Epidemiología con epiR :: **CHEAT SHEET**

epiR convierte conteos en las medidas centrales de la epidemiología: frecuencia, asociación, pruebas diagnósticas y tamaño de muestra.

1 Arma la tabla 2×2

	Desenlace +	Desenlace −
Exposición +	**a**	**b**
Exposición −	**c**	**d**

Exposición en filas · desenlace en columnas · positivos primero. Celda a = casos expuestos.

TRES FORMAS DE DARLE DATOS A epi.2by2()

A Conteos de celdas, en orden a, b, c, d

```
dat <- c(30, 44, 29, 86)
```

B Un table() de dos factores (una fila por sujeto)

```
bw <- MASS::birthwt
bw$smk <- factor(bw$smoke, levels = c(1,0))
bw$lbw <- factor(bw$low, levels = c(1,0))
tab <- table(bw$smk, bw$lbw)
```

C Una tabla 3-D: una 2×2 por estrato (ver 4)

```
table(bw$smk, bw$lbw, bw$race)
```

> **Error más común.** table() pone el 0 antes que el 1: los no expuestos y no casos quedan primero y las razones se invierten. Usa `levels = c(1, 0)` o `tab[2:1, 2:1]`.

¿Desenlace en filas? Agrega `outcome = "as.rows"`. **Etiquetas:** `elab` (exposición) y `olab` (desenlace) nombran filas y columnas en la salida.

CONSEJO: REVISA ANTES DE CORRER

```
addmargins(tab)
#       1   0 Sum
#  1   30  44  74   <- a = casos expuestos
#  0   29  86 115
#  Sum 59 130 189
```

La fila y la columna 1 (los positivos) deben ir primero.

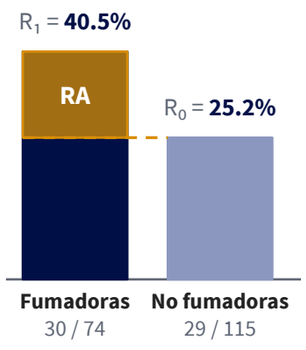
2 Elige el diseño

```
epi.2by2(tab, method = "cohort.count")
```

Cohorte conteos `"cohort.count"`	Razón de riesgos · odds ratio · riesgo atribuible · fracción atribuible (expuestos, población) · NNT · E-value
Cohorte persona-tiempo `"cohort.time"`	Razón de tasas · tasa y fracción atribuibles. Ingresa c(a, tiempo exp., c, tiempo no exp.)
Casos y controles `"case.control"`	Odds ratio de exposición · fracción atribuible estimada · E-value
Transversal `"cross.sectional"`	Razón de prevalencias · odds ratio de prevalencia · prevalencia y fracción atribuibles · E-value

QUÉ SIGNIFICA CADA MEDIDA

birthwt: tabaquismo → bajo peso al nacer (BPN)



RR = $R_1 \div R_0$ = **1.61** *veces el riesgo*

RA = $R_1 - R_0$ = **15.3** *casos extra por 100*

FA = RA ÷ R_1 = **38%** *de los casos expuestos*

OR = ad ÷ bc = **2.02** *odds, no riesgo*

NNH = 1 ÷ RA = **6.5** *expuestos por caso extra*

Las razones (RR, OR) miden la fuerza de la asociación; **las medidas de impacto** (RA, FA, NNT), su peso en salud pública.

> **CONSEJO** ¿Datos transversales con desenlace frecuente? Reporta la **razón de prevalencias**; el odds ratio de prevalencia se aleja de 1 a medida que sube la prevalencia.

3 Córrelo e interprétalo

```
library(epiR)
res <- epi.2by2(tab,
  method = "cohort.count",
  elab = "Smoking", olab = "LBW",
  conf.level = 0.95, units = 100)
res
```

	estimado	IC 95%
Inc risk ratio	**1.61**	(1.06, 2.44)
Inc odds ratio	**2.02**	(1.08, 3.78)
Attrib risk exp *	**15.32**	(1.61, 29.04)
Attrib fraction exp (%)	**37.80**	(5.38, 58.95)
Attrib risk pop *	**6.00**	(-4.33, 16.33)
Attrib fraction pop (%)	**19.22**	(10.89, 28.78)
E-value	**2.60**	(1.31, NA)

χ^2 sin corrección p = 0.026 · exacta de Fisher p = 0.036
* por 100 unidades de población (`units =`)

Salida abreviada; etiquetas acortadas.

REDÁCTALO: interpret = TRUE

La salida es en inglés: "The incidence risk of LBW among those that were smoking positive was 1.61 (95% CI 1.06 to 2.44) times the incidence risk of LBW among those that were smoking negative."

EXTRAE LOS NÚMEROS

`res$massoc.summary`
Data frame: var, est, lower, upper.

`res$massoc.detail$RR.strata.score`
Una medida con un método de IC.

`res$massoc.detail$NNT.strata.wald`
Número necesario a tratar o a dañar (6.5 aquí).

`res$massoc.detail$chi2.strata.fisher`
Prueba exacta de Fisher.

ARGUMENTOS ÚTILES

`digits = 2` decimales

`conf.level = 0.95` nivel del IC

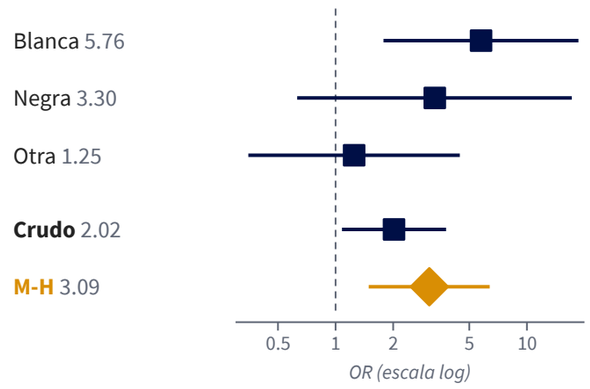
`units = 100` riesgo por 100 (o 1000…)

4 Ajusta por confusión

Pasa una tabla 3-D (exposición × desenlace × confusor) y obtén estimaciones **crudas**, **por estrato** y **ajustadas por Mantel–Haenszel (M-H)**.

```
res3 <- epi.2by2(
  table(bw$smk, bw$lbw, bw$race),
  method = "cohort.count")
```

OR POR RAZA (TABAQUISMO → BPN)



¿Estratos similares?
Homogeneidad: $\chi^2(2)$ = 2.80, p = 0.25. **Sí** → reporta M-H. **No** → modificación de efecto: reporta cada estrato.

¿Cambió el estimado?
OR crudo 2.02 vs OR M-H 3.09 → la raza confunde la asociación (regla práctica: cambio > 10%).

¿Qué tan robusto?
E-value (M-H) 3.73: un confusor oculto necesitaría un RR ≥ 3.73 con el tabaquismo y con el BPN para anular la razón de riesgos M-H (2.15).

`res3$massoc.detail$OR.mh.wald`
`res3$massoc.detail$wOR.homog`

CONSEJOS: ¿QUÉ MEDIDA PUEDO REPORTAR?

- **Casos y controles:** se muestrea por desenlace, así que no se pueden estimar riesgos. Reporta el **OR**, nunca el RR.
- **Desenlace raro (< 10%):** OR ≈ RR. Si es frecuente, el OR exagera el RR (aquí 2.02 vs 1.61).
- **Datos persona-tiempo:** usa `"cohort.time"` y fija `units` (p. ej., 1000 personas-año).

CC BY SA Anthony Romero-Cerdán • anthonyromero.netlify.app • Más información en `browseVignettes("epiR")` • versión de epiR 2.0.99 • Actualizado: 2026-10

Epidemiología con epiR :: **CHEAT SHEET**

La mayoría de funciones recibe conteos o resúmenes, no datos crudos, y devuelve estimados con intervalos de confianza.

5 Mide la frecuencia

`epi.conf()` recibe una matriz de (casos, denominador) y devuelve el estimado con su IC. Multiplica por tus unidades.

Prevalencia 26 de 200 encuestados

```
dat <- cbind(26, 200)
epi.conf(dat, ctype = "prevalence",
  method = "wilson") * 100
```

→ **13.0** (9.0 – 18.4) por 100

Riesgo de incidencia 12 casos nuevos en 300 seguidos

```
epi.conf(cbind(12, 300),
  ctype = "inc.risk",
  method = "exact") * 100
```

→ **4.0** (2.1 – 6.9) por 100

Tasa de incidencia 136 casos en 22 050 personas-año

```
epi.conf(cbind(136, 22050),
  ctype = "inc.rate",
  method = "exact") * 1000
```

→ **6.17** (5.17 – 7.30) por 1000 PA

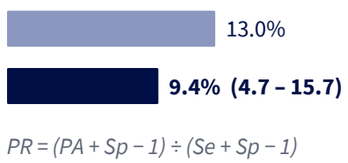
OTROS ctype = ...

`"mean.single"` `"prop.single"` `"odds"` `"smr"` y versiones pareadas / no pareadas.

PREVALENCIA APARENTE → REAL

Una prueba con Se/Sp imperfectas distorsiona la prevalencia. **`epi.prev()`** la corrige (Rogan–Gladen).

```
epi.prev(pos = 26, tested = 200,
  se = 0.90, sp = 0.95, units = 100)$tp
```



PR = (PA + Sp − 1) ÷ (Se + Sp − 1)

COMPARA CON UNA POBLACIÓN ESTÁNDAR

```
epi.smr(obs = 30, exp = 20, method = "byar")
```

→ **RME 1.50** (1.01 – 2.14): 50% más muertes de lo esperado

Tasas ajustadas: **`epi.directadj()`** (directa) · **`epi.indirectadj()`** (indirecta).

6 Pruebas diagnósticas

Resultado de la prueba en filas, estado real (estándar de oro) en columnas. **Positivos primero.**

	Enfermo +	Enfermo −
Prueba +	**a** 670	**b** 202
Prueba −	**c** 74	**d** 640

Se = a ÷ (a+c)
Sp = d ÷ (b+d)
VPP = a ÷ (a+b)
VPN = d ÷ (c+d)

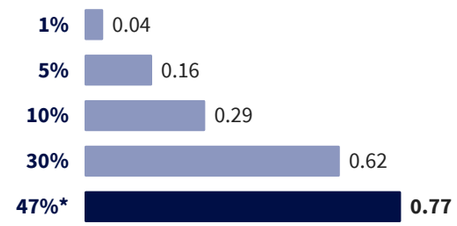
```
dx <- epi.tests(c(670, 202, 74, 640),
  method = "exact")
dx; dx$detail   # todos los estadísticos
```

Sensibilidad	**0.90** (0.88, 0.92)	*detecta a los enfermos*
Especificidad	**0.76** (0.73, 0.79)	*descarta a los sanos*
VPP	**0.77** (0.74, 0.80)	*P(D+ | T+)*
VPN	**0.90** (0.87, 0.92)	*P(D− | T−)*
RV+	**3.75** (3.32, 4.24)	*Se ÷ (1 − Sp)*
RV−	**0.13** (0.11, 0.16)	*(1 − Se) ÷ Sp*
Youden	**0.66** (0.61, 0.71)	*Se + Sp − 1*
Exactitud	**0.83** (0.81, 0.84)	*(a + d) ÷ n*

CONSEJO Se y Sp son de la prueba; **el VPP y el VPN dependen de la prevalencia**. Solo aplican a tus pacientes si la prevalencia es similar. Si no, usa las razones de verosimilitud (ver →).

MISMA PRUEBA, OTRA PREVALENCIA

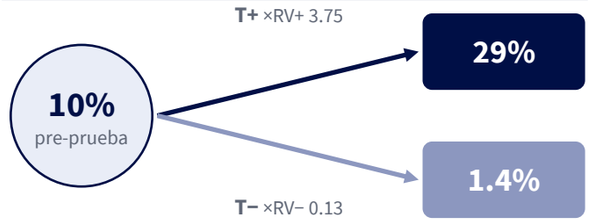
VPP de esta prueba (Se 0.90, Sp 0.76) según la prevalencia, por el teorema de Bayes:



** prevalencia del estudio (744 / 1586), según epi.tests()*

PROBABILIDAD PRE-PRUEBA → POST-PRUEBA

```
epi.nomogram(pretest.ppos = 0.10,
  se = 0.90, sp = 0.76, verbose = TRUE)
```



Odds post-prueba = odds pre-prueba × RV. Un resultado positivo sube 10% a 29%; uno negativo lo baja a 1.4%.

7 Mide la concordancia

Dos evaluadores clasifican a los mismos sujetos:

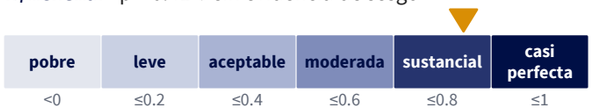
```
rat <- matrix(c(40, 5, 8, 47), nrow = 2,
              byrow = TRUE)
k <- epi.kappa(rat)
```

`k$prop.agree` observada 0.87 · esperada 0.50

`k$kappa` κ = 0.74 (0.54 – 0.93)

`k$pabak` κ ajustado por prevalencia y sesgo = 0.74

`k$mcnemar` p = 0.41 → sin evidencia de sesgo



Escala de Landis y Koch (1977); κ = 0.74 es concordancia sustancial.

¿Más de 2 categorías? Usa una matriz k × k; epi.kappa() funciona igual.

MEDICIONES CONTINUAS (CCC DE LIN)

```
x <- c(120, 135, 142, 150, 160, 171)
y <- c(122, 131, 145, 152, 158, 175)
epi.ccc(x, y)$rho.c
```

→ **ρc 0.98** (0.90 – 1.00) · también da datos de Bland–Altman

CONSEJO **Paradoja de kappa:** si una categoría domina, κ puede ser bajo pese a alta concordancia. Reporta κ con **PABAK** y la concordancia observada.

8 Tamaño de muestra

Pon NA en lo que quieres calcular.
`n = NA, power = 0.80` → tamaño de muestra
`n = 300, power = NA` → potencia (0.82, casos y controles)

Encuesta de prevalencia 15% ± 20% (relativo) — n = **545**

```
epi.sssimpleestb(Py = 0.15,
  epsilon = 0.20, error = "relative",
  se = 1, sp = 1)
```

Transversal desenlace 25% vs 15% — n = **500**

```
epi.ssxsectn(pdexp1 = 0.25,
  pdexp0 = 0.15, n = NA, power = 0.80)
```

Cohorte (riesgos) riesgo 25% vs 15% — n = **500**

```
epi.sscohortc(irexp1 = 0.25,
  irexp0 = 0.15, n = NA, power = 0.80)
```

Caso-control OR 2, 30% controles expuestos — n = **282**

```
epi.sscc(OR = 2, p0 = 0.30,
  n = NA, power = 0.80, r = 1)
```

Dos medias (ensayo) diferencia 5, DE 10 — n = **126**

```
epi.sscompc(treat = 5, control = 0,
  sigma = 10, n = NA, power = 0.80)
```

`r` = razón entre grupos (p. ej., 2 controles por caso: n = 320) · **`sided.test`** = 2 · **`conf.level`** = 0.95

MUESTREO POR CONGLOMERADOS

Los sujetos de un conglomerado se parecen, así que n crece según DEF = 1 + ρ(b − 1).

```
epi.ssclus1estb(b = 20, Py = 0.20,
  epsilon = 0.25, error = "relative",
  rho = 0.02)
```

→ **17 conglomerados × 20 = 340** (DEF 1.38)

epiR advierte: se recomiendan al menos 25 conglomerados.

CONSEJO ¿Esperas pérdidas? Divide n entre (1 − tasa de pérdida): 545 ÷ 0.90 = 606 para 10% de no respuesta.

CC BY SA Anthony Romero-Cerdán • anthonyromero.netlify.app • Más información en `browseVignettes("epiR")` • versión de epiR 2.0.99 • Actualizado: 2026-10