

Statistisk Rapport

2 reviderede udgave

Landsdækkende monitorering af diabetes.

(*Monitoreringsgruppen for diabetes:
Jette Kolding Kristensen, Anders Green, Thomas Drivsholm,
Marianne Steding-Jessen.*)

Bendix Carstensen

Indhold

0	Besværgelse	1
1	Baggrund	1
2	Responsrate	1
3	Diabetes prævalens	1
4	Praksis-identificerede patienter	3
5	Sensitivitet og prædiktive værdier	6
5.1	Sensitivitet	6
5.2	Prædiktiv værdi	7
5.3	Forbehold og antagelser	7
6	Programmer	11
6.1	read.r	11
6.2	deltag.r	13
6.3	prevalens.r	15
6.4	ny-pt.r	19
6.5	pv.r	20
6.6	tab4-5.r	26

*Statistiske Rapporter er fortrolige arbejdspapirer.
De er fortrolige indtil udtrykkelig aftale er truffet med forfatteren.*

0 Besværgelse

Formålet med en statistisk rapport er at give en præcis beskrivelse af statistiske overvejelser eller analyser, som dels kan være til støtte ved udarbejdelse af artikler og dels er statistikerens dokumentation over for sig selv (og andre statistikere) af hvordan problemet er blevet angrebet. Det er altså ikke hensigten at klienten nødvendigvis skal sætte sig ind i alle detaljer af rapporten.

Det vigtige er at klienten sikrer sig at statistikerens fremstilling af problemstillingen er korrekt og at resultaterne har en form som på adækvat måde løser det foreliggende problem.

1 Baggrund

Diabetikere er opsporet som nævnt i rapporten fra JKK, efter dels en regional dels en national algoritme. De fundne personnumre er udsendt til de praktiserende læger som har be- eller afkræftet personernes status som diabetikere. Ikke alle praktiserende læger har svaret, og to ydernumre har svaret så mangelfuldt at de er klassificeret som non-respondere.

2 Responsrate

Aldersfordelingen i patientpopulationen adskiller sig lidt mellem ydernumre der har svaret og ydernumre der ikke har svaret, jfr. figur 1

De enkelte ydernumre er registreret i data materialet med antal patienter fordelt på alder og køn, samt praksisform. Inddrages disse variable i en analyse af sandsynligheden for at en given praksis deltager i undersøgelsen får vi odds-ratios som vist i figur 2.

Det valgte intercept er for variabelværdier tæt på medianen; den empiriske deltager procent er $161/269 = 59.9\%$.

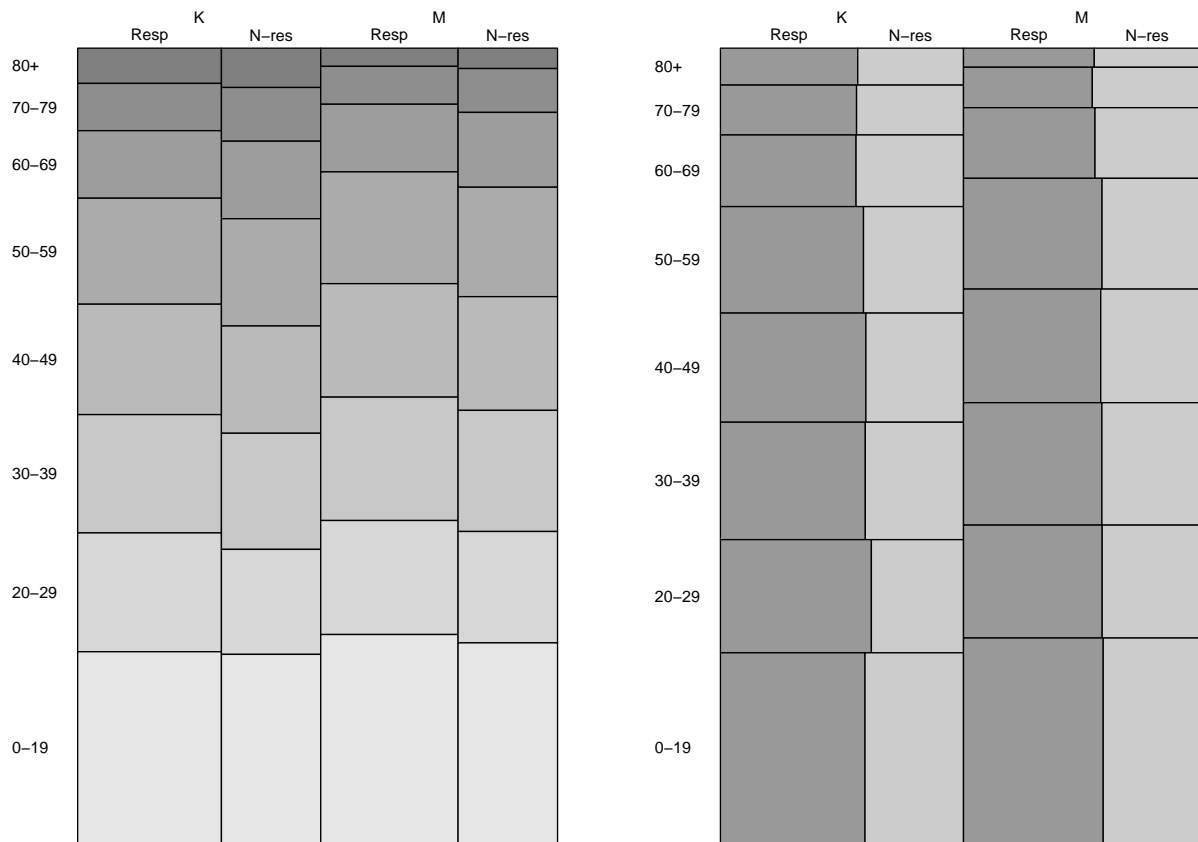
Der er en tendens til at ydernumre med mange mænd og mange ældre patienter har en lidt lavere responsrate, men generelt kan ikke udpeges enkeltfaktorer som substantielt kan bidrage til forklaring af hvilke ydernumre der har deltaget, og hvilke der ikke har.

3 Diabetes prævalens

De patienter der er fundet ved de to algoritmer kan relateres til ydernummer uanset om der foreligger et svar fra praksis.

Prævalensen af diabetes kan defineres på forskellige måder afhængigt af hvordan en patient defineres:

- Fundet ved mindst en af algoritmerne.
- Fundet ved den nationale algoritme.
- Fundet ved den regionale algoritme.



Figur 1: Venstre panel viser aldersfordelingen i patientpopulationen hos respons hhv. non-respons ydernumre. Man ser at patient-populationen blandt non-respons ydernumre er ældre.

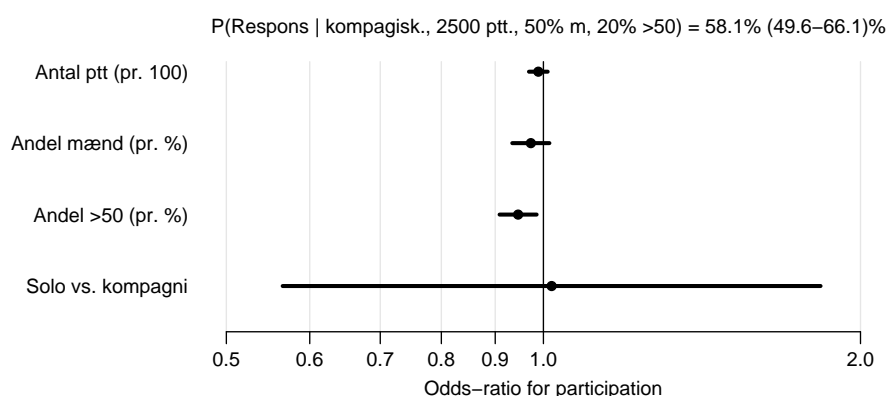
Højre panel viser fordelingen af patienter mellem respons og non-respons ydernumre i de enkelte alderklasser. Man ser her at respons ydernumre har forholdsvis stor andel af kvinderne i 20'erne.

Arealet af hver af figurerne svarer til den totale population, arealerne af de enkelte rektangler svarer til antallet af patienter i hver kategori – arealerne af rektanglerne i de to sider er således de samme.

- Fundet ved en given kombination af kriterier.

Indledningsvis vil vi analysere hvordan prævalensen defineret som DM-klassifikation ved mindst en algoritme ser ud. Dette gøres ved at tabellere de identificerede diabetikere efter køn, alder, og praksis og derefter matche den dannede tabel med praksis-datasættet hvor total-antallet af patienter er givet.

Denne analyse omfatter ikke alle opsporede patienter, idet praksis-datasættet har 277 ydernumre, og person-datasættet har 309 ydernumre, hvoraf 269 er sammenfaldende. Analysen vedrører alene de 269 ydernumre som er i begge datasæt. Under disse ydernumre med tilsammen 645.685 patienter er via registrene identificeret 19903 personer som diabetikere, dvs. en total-prævalens på 3.08 %.



Figur 2: Odds-ratios for respons blandt de 269 ydernumre, hvoraf de 161 deltog. Det ses at effekten af praksisstørrelse og -form ingen betydning har, mens der er en tendens til at praksis med flere mænd og flere ældre deltager med mindre sandsynlighed.

Modellen for prævalensen er en sædvanlig logistisk regressions-model med effekt af alder og køn. Praksis vil i første omgang ikke blive inddraget, kun via interaktionen mellem praksisform og respons, så i første omgang vil modellen være:

$$\text{logit}(P \{DM\}) = \mu_{ak} + \beta_{fr}$$

hvor $a = 0-19, 20-29, \dots, 70-79, 80+$, $k = M, K$, $f = \text{solo, multi}$ og $r = \text{respons, non-respons}$ er de forklarende variable. Estimerne for de køns- og alders-specifikke prævalenser i multi-praksis (kompagniskabs- og samarbejds-praksis) som har svaret er givet for oven i figure 3, mens prævalens odds-ratioer for de tre øvrige grupper af praksis er givet nederst.

Selv efter at der er taget højde for køns- og alders-fordelingen i de forskellige ydernumre er der altså en tydeligt højere prævalens i praksis der ikke har deltaget i undersøgelsen.

Dette er imidlertid en naiv tilgang til problemet idet alle patienter betragtes som kommende fra samme praksis¹. Hvis man tager hensyn til praksis (ydernummer, y) i modellen:

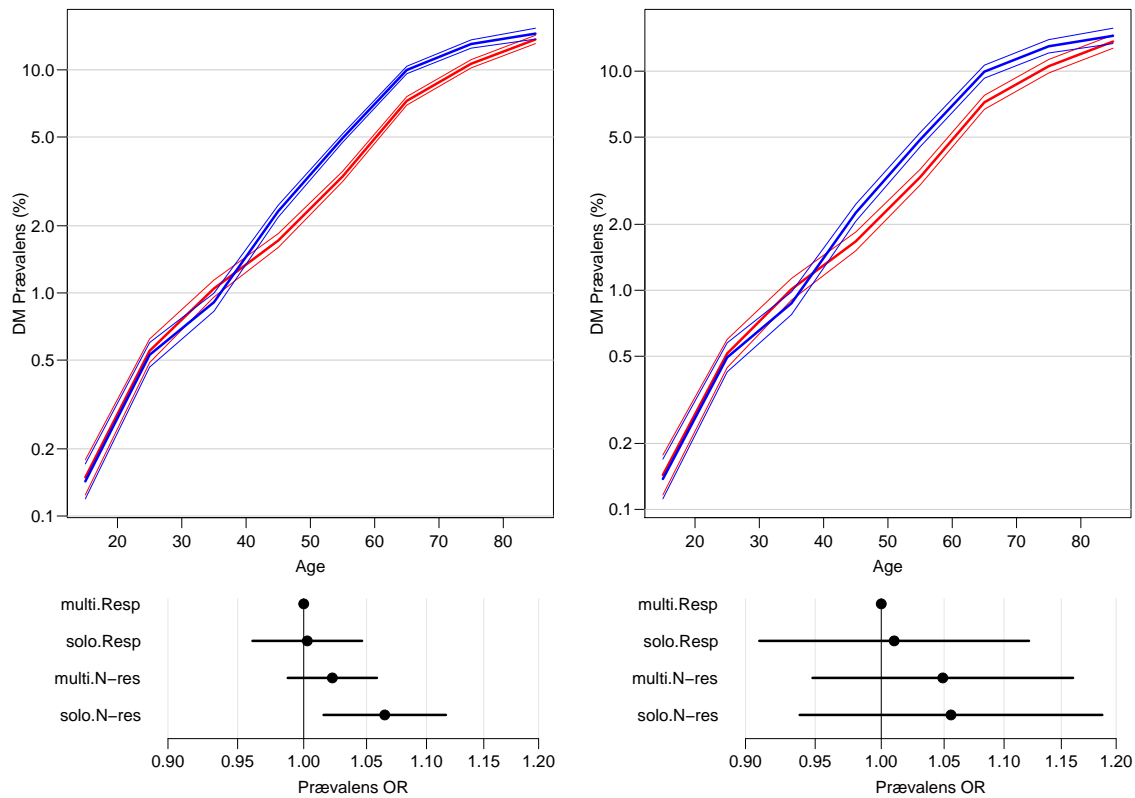
$$\text{logit}(P \{DM\}) = \mu_{ak} + \beta_{fr} + a_y, \quad a_y \sim \mathcal{N}(0, \sigma^2)$$

får man mere korrekte estimater for spredningen på estimerne idet spredningen mellem praksis nu inddrages. Som det ses af figur 3 er estimerne stort set upåvirkede men variationen af dem bliver meget større. Der er således ikke en strengt signifikant forskel på de forskellige praksis-former og respons kategorier, omend tendensen er den samme, hvor non-respons ydernumre har en prævalens OR på 1.05 i forhold til respons-ydernumre.

Denne forskel er dog såvel statistisk som epidemiologisk non-signifikant (det svarer til en forskel i prævalenser på 2.0 og 2.1 % eller på mellem 10% og 10.5%).

4 Praksis-identificerede patienter

Der er rapporteret 59 DM patienter fra praksis som ikke er fundet i registrene. Disse kommer fra 24 ydernumre, jfr. tabel 1.



Figur 3: Alders- og køns-specifikke prævalenser og prævalens odds-ratioer mellem praksisform / respons. Venstre panel er en naive analyse; højre panel er estimater fra en model hvor der tages hensyn til variationen mellem ydernumre. Prævalens er her defineret som identificeret på mindst et kriterium.

Tabel 1: Antal ydernumre fordelt efter antal praksis-identificerede patienter.

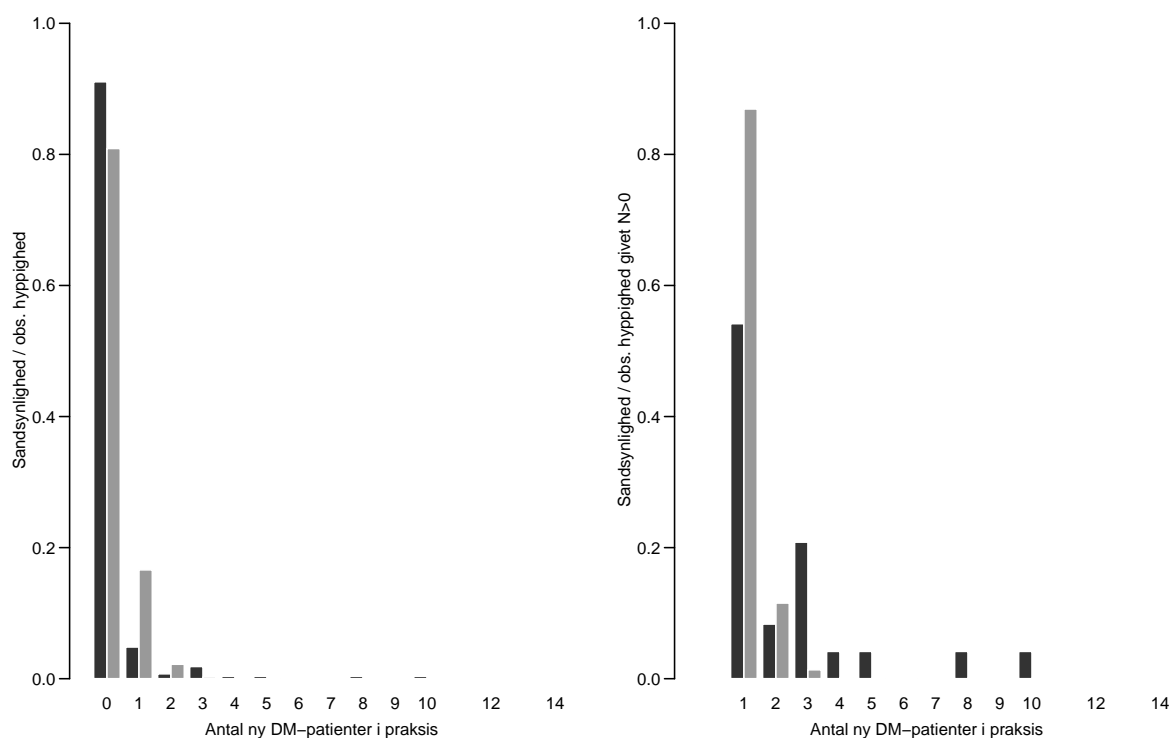
Antal ny ptt.	0	1	2	3	4	5	8	10	Ialt
Antal ydernr.	245	13	2	5	1	1	1	1	269

I figur 4 er der en sammenligning af den observerede og forventede fordeling af ydernumre på antal ny patienter, både totalt og hvis man kun medtager ydernumre hvor mindst en patient er fundet.

De forventede sandsynligheder er beregnet ved anvendelsen af Poisson-fordelingen på hver enkelt ydernummer, med en middelværdi proportional med antallet af patienter i hver praksis, og således at det totale antal forventede ny patienter i alle ydernumre er 59.

Næsten halvdelen (27) af patienterne er fundet i kun tre ydernumre. Fordelingen er langt fra det man ville forvente hvis de praksis-identificerede patienter var jævnt fordelt over ydernumre. (Et formelt χ^2 -test er stærkt signifikant, men næppe meningsfuldt at

¹Strengt taget kun at alle patienter i en given køns- og aldergruppe fra en bestemt type praksis med given responsstatus kommer fra samme praksis



Figur 4: Fordelingen af observerede (mørk) og forventede (lys) hyppigheder af antal praksis-identificerede patienter på 259 praksisnumre. Højre panel svarer til kun at betragte ydernumre med mindst én praksis-identificeret patient.

udføre på så lille et datamateriale).

En mulig forklaring er en inhomogenitet mellem ydernumre, enten i det faktiske antal ukendte patienter eller i opsporingsandsynligheden for praksis-identificerede patienter.

Inhomogeniteten kan således ses som en mulig konsekvens af manglende opsporing hos en stor del af ydernumrene. Der er i det foreliggende datamateriale ikke umiddelbart nogen mulighed for at vurdere omfanget af en underrapportering fra ydernumrene uden at gøre åbentlyst urimelige antagelser.

En antagelse kunne være at de ydernumre der har fundet patienter der ikke er fanget af registrene var repræsentative for alle ydernumre, men det ville forudsætte at der faktisk var uopdagede patienter i alle ydernumre, og at alle de havde rapporteret patienter havde været udtømmende i deres rapportering.

Spørgsmålet er om man kan tro på at der i forhold til de register-identificerede patienter er så få diabetikere der ikke fanges af registrene. Svaret på dette kan ikke bases på de indsamlede data, men må baseres på viden eller fordomme om praktiserende lægers iver og tekniske kunnen udi søgning i egne patientdatabaser, herunder viden om databasernes og lægernes egnethed til statistiske opgørelser af patientpopulationen i egen praksis.

Tabel 2: Fordelingen af de identificerede patienter efter identifikations algoritme, verifikation og deltager-status for ydernummeret.

Bemærk at dette blot er en $2 \times 2 \times 2 \times 2$ -tabel med alle marginaler udregnet.

Øverste venstre 3×3 hjørne af tabellen svarer til tabel 3 i JKKs rapport, nederste venstre til tabel 2, og nederste højre hjørne til tabel 1.

		Algoritme	Respons			Non-respons			Total		
			Regional	Ja	Nej	Total	Ja	Nej	Total	Ja	Nej
Ver. Ja	National										
	Ja		7275	267	7542	4806	4	4810	12081	271	12352
	Nej		1201	59	1260	366	0	366	1567	59	1626
	Total		8476	326	8802	5172	4	5176	13648	330	13978
Nej	Ja		183	804	987	1717	1107	2824	1900	1911	3811
	Nej		938	0	938	1566	0	1566	2504	0	2504
	Total		1121	804	1925	3283	1107	4390	4404	1911	6315
Total	Ja		7458	1071	8529	6523	1111	7634	13981	2182	16163
	Nej		2139	59	2198	1932	0	1932	4071	59	4130
	Total		9597	1130	10727	8455	1111	9566	18052	2241	20293

5 Sensitivitet og prædiktive værdier

Der er fundet i alt 20234 personer via registerkørsler og 59 fra de praktiserende læger, ialt 20293. To ydernumre har givet så mangelfulde oplysninger at de er klassificeret som non-respondere i opgørelserne.

5.1 Sensitivitet

Hvis man skal estimere sensitivitet af de registerbaserede algoritmer skal man i princippet have adgang til et komplet sæt af diabetikere, dvs. de fundne patienter skal suppleres med de praksis-identificerede, det vil i denne sammenhæng sige med de patienter der kun er kendt fra de praktiserende læger og ikke fra registrene.

Sensitiviteten bliver altså i praksis sensitiviteten af et kriterium i forhold til totaliteten af alle kriterier. Det vil sige at en høj sensitivitet for et kriterium viser at dette kriterium alene kan identificere mange af personerne; dette er nærmere belyst i tabel 4.

De 20293 identificerede patienter (incl. de 59 alene kendt fra praksis) er fordelt efter identifikations-måde i tabel 2.

Sensitiviteten som udregnet i tabel ?? (p.b.a. tallene i tabel 2) er i realiteten blot en sammenligning af de to algoritmer; dvs. af den ene i forhold til dem begge. De 59 patienter der alene er identificeret via praksis betyder ikke meget i udregningerne.

Den regionale algoritme virker bedre en den nationale, formentlig p.g.a. adgangen til receptdata. (se nedenfor).

Tabel 3: *Sensitivitet for de to algoritmer, udregnet i tre forskellige delpopulationer.*

Sensitivitet	National	Regional
Kun verificerede ptt.	7542/ 8802 = 85.7%	8476/ 8802 = 96.3%
Alle fra respons praksis	8529/10727 = 79.5%	9597/10727 = 89.5%
Alle patienter	16163/20293 = 79.6%	18052/20293 = 89.0%

Sensitiviteten er bedst hvis man alene kigger på de praksis-verificerede patienter, dvs. at register-algoritmerne identificerer forskellige sæt af ikke-verificerbare patienter.

Man ser at sensitiviteten for den nationale algoritme er høj hvis blot LPR og 5 blodsukker-målinger inden for det sidste år inkluderes, mens den regionale algoritme har en høj sensitivitet blot niveauet af HbA_{1c} og enten antallet af HbA_{1c} målinger eller recepter inddrages.

De to sidste linjer i hver afdeling af tabellen angiver sensitiviteterne for kombinationer af kriterier mellem de to algoritmer, som det er muligt at få adgang til via Danmarks Statistiks Forskerordning.

5.2 Prædiktiv værdi

For hver af de $10727 - 59 = 10668$ personer identificeret fra registre og som kommer fra ydernumre der har responderet foreligger der et udsagn om hvorvidt de rent faktisk har kunnet identificeres som diabetikere af den praktiserende læge. Det er tilfældet for $8802 - 59 = 8743$, dvs. for 82.0%. Dette er hvad man kunne kalde den totale positive prædiktive værdi.

For hver patient foreligge oplysninger om hvilke af de 4 regionale kriterier og hvilke af de 4 nationale kriterier patienten er positiv på. Laves en logistisk regressionsmodel med disse 8 variable finder vi en prædiktør for læge-verifikation af en given register-defineret person.

Det er imidlertid mere interessant at se på komponenterne i de to algoritmer hver for sig undersøgt blandt de personer der er identificeret ved pågældende algoritme. Det er illustreret i figur 5.

Af figuren fremgår at blodsukker-målinger hhv. HbA_{1c}-målinge bidrager i mindre grad til den prædiktive værdi. Dette kan muligvis skyldes at de senere års opmærksomhed på diabetes har gjort disse prøver til en del af et uorganiseret screeningsprogram i visse praksis.

I tabel 5 er vist hvilken prædiktiv værdi en udnyttelse af de i Danmarks Statistik tilgængelige data kan frembringe, dvs. at man ved anvendelse af recepter, LPR og fodterapi-ydelser kan få en meget høj positiv prædiktiv værdi.

5.3 Forbehold og antagelser

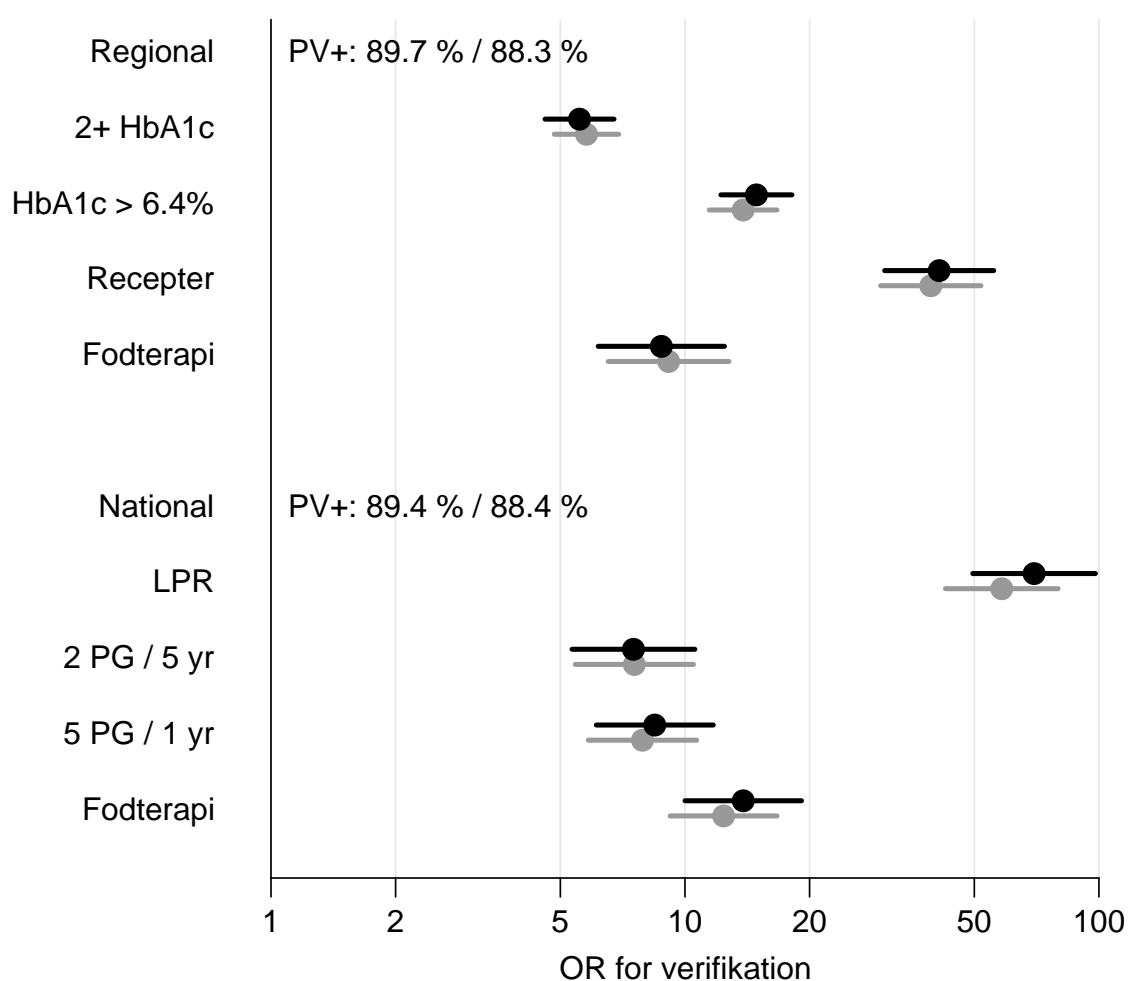
Ovenstående analyser af prædiktive værdier bygger på en antagelse om at det kun er de verificerede patienter som er diabetikere, og at de øvrige som ikke har kunnet bekræftes

Tabel 4: *Sensitivitet for de forskellige kriterier og kombinationer heraf, for de to algoritmer. Udregnet såvel i forhold til antal identificerede med samme algoritme som i forhold til identificerede med begge, samt for to forskellige populationer af patienter: Alle identificerede og de praksis-verificerede.*

Kriterium	National	Begge	Kriterium	Regional	Begge
Alle patienter					
lpr	67.4	53.7	hba1c	87.4	77.8
bg2.5	14.9	11.9	no.hba1c	82.8	73.6
bg5.1	46.3	36.9	recept	67.0	59.6
fod	42.8	34.1	feet	26.8	23.9
lpr+bg2.5	75.0	59.8	hba1c+no.hba1c	95.6	85.1
lpr+bg5.1	92.1	73.4	hba1c+recept	91.5	81.4
lpr+fod	79.8	63.6	hba1c+fod	89.8	79.9
bg2.5+bg5.1	48.9	38.9	no.hba1c+recept	90.6	80.6
bg2.5+fod	50.6	40.3	no.hba1c+fod	85.6	76.2
bg5.1+fod	72.2	57.5	recept+fod	71.4	63.5
lpr+recept+fod	87.5	74.3		78.6	74.3
lpr+recept+fod+bg5.1	99.2	83.6		82.4	83.6
Kun verificerede patienter					
lpr	74.0	63.9	hba1c	92.9	90.0
bg2.5	15.1	13.0	no.hba1c	87.8	85.1
bg5.1	44.5	38.4	recept	74.3	72.0
fod	46.2	39.8	fod	29.8	28.9
lpr+bg2.5	81.1	70.0	hba1c+no.hba1c	97.2	94.2
lpr+bg5.1	93.9	81.0	hba1c+recept	96.0	93.1
lpr+fod	85.7	73.9	hba1c+fod	94.7	91.8
bg2.5+bg5.1	46.9	40.4	no.hba1c+recept	94.4	91.5
bg2.5+fod	53.4	46.0	no.hba1c+fod	90.0	87.2
bg5.1+fod	71.4	61.6	recept+fod	78.6	76.2
lpr+recept+fod	93.9	85.9		86.7	85.9
lpr+recept+fod+bg5.1	99.7	90.8		90.7	90.8

af de praktiserende læger ikke har diabetes selv om de er identificeret som sådanne af registrene.

Sensitivitetsanalyserne er baseret såvel på alle patienter identificeret ved mindst en metode hhv. udelukkende på den del af patienterne der er verificeret i praksis. Sensitiviteterne ser pæne ud fordi der i undersøgelsen er identificeret meget få patienter uden om registrene. Det må overvejes om dette giver et retvisende billede, og man må i det mindste gøre opmærksom på at antagelsen om at der kun er af størrelsesordenen 100 diabetikere i Århus amt der ikke findes ved registerkørsler er en central antagelse bag de udregnede



Figur 5: Odds-ratio for at finde en "sand" diabetiker med to forskellige algoritmer. De grå estimater referer til analyser hvor "ved ikke" er medtaget som ej verificerede diabetikere.

sensitiviteter.

En central forudsætning for denne opgørelse er nødvendigheden af en database til monitorering hvor CPR-nummer identifikation *ud* af basen er mulig.

Hvis interessen alene samler sig om en overordnet monitorering af antallet af diabetikere, incidens, overlevelse mv. samt mulige sammenligninger med eksterne kilder der matches *ind* i databasen er en etablering af en database under Danmarks Statistiks forskerordning en mulighed som ud fra de anvendte parametre (sensitivitet og positiv prædiktiv værdi) vil være på højde med den nationale algoritme.

Der er ikke her taget stilling til omkostningerne ved de to modeller.

Tabel 5: Prædiktive værdier af en algoritme baseret på LPR, receptregisteret, samt ydelsesregisteret.

	Kriterier for identifikation			
	rec / fod / lpr		rec / fod / lpr / bg5	
Verificeret	Nej	Ja	Nej	Ja
Nej	53.8%	4.6%	53.7%	10.6%
Ja	46.2%	95.4%	46.3%	89.4%
All	100.0%	100.0%	100.0%	100.0%
N	2913	7755	1852	8816

6 Programmer

6.1 read.r

Læser SPSS-data-filerne, tabulerer dem og gemmer den i R-format til videre analyser.

```
R 2.0.1
-----
Program: read.R
Folder: C:\Bendix\Steno\DM-register\Monitor\R
Started: fredag 29. april 2005, 13:00:21
-----
> options( pl.type="win" )
> library( foreign )
> library( Lexis )

Attaching package 'Lexis':

The following object(s) are masked from package:Useful :

  steplines

>
> #-----
> # Patient population by GP
> prak <- read.spss( "../data/pp.sav", to=T )
> prak <- prak[,-c(2,5:16,19,22,25,28,31,34,37,40)]
> names( prak ) <- tolower( names( prak ) )
> names( prak ) <- gsub( "\\_19", "", names( prak ) )
> str( prak )
'data.frame': 277 obs. of 19 variables:
 $ ydernr : num 61018 61026 61050 61190 61212 ...
 $ prakform: Factor w/ 2 levels "kompagniska...",...: 1 1 1 1 2 1 2 2 1 1 ...
 $ deltyder: num 0 0 0 0 0 1 1 1 0 0 ...
 $ k0 : num 122 665 338 647 121 410 183 153 142 428 ...
 $ m0 : num 122 624 355 612 119 435 184 166 142 519 ...
 $ k20 : num 105 1274 93 268 49 ...
 $ m20 : num 123 699 139 242 70 168 84 136 77 196 ...
 $ k30 : num 78 396 171 396 66 221 86 93 90 266 ...
 $ m30 : num 101 299 195 390 127 248 118 167 142 269 ...
 $ k40 : num 62 258 220 323 75 266 137 78 112 246 ...
 $ m40 : num 82 218 244 340 118 275 138 111 132 288 ...
 $ k50 : num 74 163 185 332 76 299 206 145 153 332 ...
 $ m50 : num 67 152 231 339 121 334 218 121 175 335 ...
 $ k60 : num 53 148 193 275 110 210 124 93 166 215 ...
 $ m60 : num 55 99 172 221 111 226 124 90 158 221 ...
 $ k70 : num 71 76 131 189 92 163 61 66 139 115 ...
 $ m70 : num 57 51 116 145 87 157 66 55 102 112 ...
 $ k80 : num 52 25 93 109 59 124 32 64 92 70 ...
 $ m80 : num 26 11 53 58 48 80 16 15 44 58 ...
>
> # Reshape to long form
> praksis <- reshape( prak, varying=list( names( prak ) [4:19] ),
+ v.names="n",
+ timevar="agr",
+ times=names( prak ) [4:19],
+ dir="long" )
>
> # Nice labels to the factors
> praksis$sex <- factor( toupper( substr( praksis$agr, 1, 1 ) ) )
> praksis$agr <- factor( substr( praksis$agr, 2, 3 ) )
> levels( praksis$agr ) <- paste( nl <- as.numeric( levels( praksis$agr ) ),
+ c( rep( "-", 7 ), "+" ),
+ c( as.character( nl[-1]-1 ), "" ),
+ sep="" )
> praksis$deltyder[praksis$ydernr %in% c(65358,65412)] <- 0
> praksis$delt <- factor( praksis$deltyder, levels=1:0, labels=c("Resp","N-res") )
> levels( praksis$prakform ) <- c("multi","solo")
> praksis <- praksis[,c(1,2,8,4:7)]
>
> # Look at the result
> str( praksis )
'data.frame': 4432 obs. of 7 variables:
 $ ydernr : num 61018 61026 61050 61190 61212 ...
 $ prakform: Factor w/ 2 levels "multi","solo": 1 1 1 1 2 1 2 2 1 1 ...
 $ delt : Factor w/ 2 levels "Resp","N-res": 2 2 2 2 2 1 1 1 2 2 ...
 $ agr : Factor w/ 8 levels "0-19","20-29",...: 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
 $ n : num 122 665 338 647 121 410 183 153 142 428 ...
 $ id : int 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 ...
 $ sex : Factor w/ 2 levels "K","M": 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
>
```

```

> # Simple table of age by sex by participant status
> attach( praksis )
> sad <- tapply( n, list( sex, agr, delt ), sum, na.rm=T )
> round( ftable( pctab( addmargins( sad, 2 ), 3 ), row.vars=c(1,2) ), 1 )
      Resp  N-res  All  N
K 0-19    59.5   40.5  100.0 78359.0
  20-29    62.1   37.9  100.0 46705.0
  30-39    59.6   40.4  100.0 48457.0
  40-49    59.9   40.1  100.0 45029.0
  50-59    58.9   41.1  100.0 43952.0
  60-69    55.8   44.2  100.0 29556.0
  70-79    56.0   44.0  100.0 20587.0
  80+      56.5   43.5  100.0 15232.0
  Sum      59.2   40.8  100.0 327877.0
M 0-19    59.0   41.0  100.0 82300.0
  20-29    58.6   41.4  100.0 45395.0
  30-39    58.4   41.6  100.0 49223.0
  40-49    58.0   42.0  100.0 45675.0
  50-59    58.5   41.5  100.0 44541.0
  60-69    55.5   44.5  100.0 28403.0
  70-79    54.4   45.6  100.0 16249.0
  80+      55.2   44.8  100.0 7680.0
  Sum      58.0   42.0  100.0 319466.0
> round( ftable( pctab( sad, 2 ), col.vars=c(1,3) ), 1 )
      K      M
      Resp  N-res  Resp  N-res
0-19    24.0   23.7   26.2   25.2
20-29    15.0   13.2   14.3   14.0
30-39    14.9   14.6   15.5   15.2
40-49    13.9   13.5   14.3   14.3
50-59    13.3   13.5   14.1   13.8
60-69     8.5    9.8    8.5    9.4
70-79     5.9    6.8    4.8    5.5
80+       4.4    4.9    2.3    2.6
All      100.0  100.0  100.0  100.0
N      193959.0 133918.0 185281.0 134185.0
>
> # Graphs of the table
> plt( "pp-sex-age-delt", width=10 )
> par( mfrow=c(1,2), mar=c(1,1,1,1), mgp=c(3,1,0)/1.6, las=1, oma=c(0,0,0,0) )
> plot( as.table( sad[,8:1,1:2] ), off=rep(0,3), col=gray(seq(5,9,,8)/10), main="", sort=c(1,3,2) )
> plot( as.table( sad[,8:1,1:2] ), off=rep(0,3), col=gray(c(6,8)/10), main="" )
>
> #-----
> # Diabetic population (register detected)
> person <- read.spss( "../data/nd.sav", to=T )
> dim( person )
[1] 20293 17
>
> # Friser lidt på levels
> ( names( person ) <- tolower( names( person ) ) )
[1] "ydernr" "delytder" "id" "diablp" "abhba1c" "recept" "feet" "nrhba1c" "lpr"
[10] "bg2_5.r" "bg5_1.r" "f.dder" "national" "amt" "sup_dm" "byear" "sex"
> for( j in 4:15 ) levels( person[,j] ) <- gsub("ja ","ja", levels( person[,j] ) )
> # Inkluder missing for delytder som faktorniveau
> person$delt <- as.numeric( person$delytder )
> person$delt[is.na(person$delt)] <- 1
> # Omkod to ydernumre til non-respons
> person$delt[person$ydernr %in% c(65358,65412)] <- 1
> person$delt <- factor( person$delt, levels=2:1, labels=c("Resp","N-res") )
> levels( person$sex ) <-c("K","M")
> # adding a variable with no. of persons from each ydernr
> np <- data.frame( table( person$ydernr ) )
> names( np ) <- c("ydernr","n.ptt")
> str( np )
'data.frame': 309 obs. of 2 variables:
 $ ydernr: Factor w/ 309 levels "0","744","10006",...: 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 ...
 $ n.ptt : int 202 1 5 1 1 1 3 14 1 1 ...
> person <- merge( person, np )
> str( person )
'data.frame': 20293 obs. of 19 variables:
 $ ydernr : num 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
 $ delytder: Factor w/ 2 levels "ja, men eks..",...: NA NA NA NA NA NA NA NA NA NA ...
 $ id : num 51439 99665 48086 98092 64141 ...
 $ diablp : Factor w/ 4 levels "ved ikke","sysmis",...: 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 ...
 $ abhba1c: Factor w/ 2 levels "ja","nej": 1 1 2 2 2 1 1 2 1 2 ...
 $ recept : Factor w/ 2 levels "ja","nej": 1 2 2 2 2 2 1 2 2 1 ...
 $ feet : Factor w/ 2 levels "ja","nej": 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 ...
 $ nrhba1c: Factor w/ 2 levels "ja","nej": 1 2 1 1 1 1 1 1 1 2 ...
 $ lpr : Factor w/ 2 levels "ja","nej": 1 2 2 2 2 2 2 2 2 2 ...
 $ bg2_5.r: Factor w/ 2 levels "ja","nej": 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 ...
 $ bg5_1.r: Factor w/ 2 levels "ja","nej": 2 2 2 2 2 2 2 2 1 2 ...
 $ f.dder : Factor w/ 2 levels "ja","nej": 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 ...

```

```

$ national: Factor w/ 2 levels "ja","nej": 1 2 2 2 2 2 2 2 1 2 ...
$ amt      : Factor w/ 2 levels "ja","nej": 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
$ sup_dm   : Factor w/ 2 levels "ja","nej": 2 2 2 2 2 2 2 2 2 ...
$ byear    : num 1958 1964 1947 1947 1937 ...
$ sex      : Factor w/ 2 levels "K","M": 1 2 2 2 2 2 2 2 1 2 ...
$ delt     : Factor w/ 2 levels "Resp","N-res": 2 2 2 2 2 2 2 2 2 ...
$ n.ptt    : int 202 202 202 202 202 202 202 202 202 ...
>
> # Nice tabulation of all persons in the database
> ftable( addmargins( table( Delt=person$delt,
+                             Veri=person$diablp,
+                             "Reg."=person$amt,
+                             "Nat."=person$national ),
+                             margin=1:4 ),
+         row.vars=c(2,4) )

```

Veri	Nat.	Delt Resp		N-res		Sum		Sum			
		Reg.	ja	nej	Sum	ja	nej	Sum	ja	nej	Sum
ved ikke	ja		23	72	95	13	126	139	36	198	234
	nej		132	0	132	18	0	18	150	0	150
	Sum		155	72	227	31	126	157	186	198	384
sysmis	ja		0	0	0	1665	967	2632	1665	967	2632
	nej		0	0	0	1484	0	1484	1484	0	1484
	Sum		0	0	0	3149	967	4116	3149	967	4116
ja	ja		7275	267	7542	4806	4	4810	12081	271	12352
	nej		1201	59	1260	366	0	366	1567	59	1626
	Sum		8476	326	8802	5172	4	5176	13648	330	13978
nej	ja		160	732	892	39	14	53	199	746	945
	nej		806	0	806	64	0	64	870	0	870
	Sum		966	732	1698	103	14	117	1069	746	1815
Sum	ja		7458	1071	8529	6523	1111	7634	13981	2182	16163
	nej		2139	59	2198	1932	0	1932	4071	59	4130
	Sum		9597	1130	10727	8455	1111	9566	18052	2241	20293

```

>
> ftable( addmargins( table( Delt=person$delt,
+                             Ver=Relevel( person$diablp, list( Ja=3, Nej=c(1,2,4) ) ),
+                             "Reg."=person$amt,
+                             "Nat."=person$national ),
+                             margin=1:4 ),
+         row.vars=c(2,4) )

```

Ver	Nat.	Delt Resp		N-res		Sum		Sum			
		Reg.	ja	nej	Sum	ja	nej	Sum	ja	nej	Sum
Ja	ja		7275	267	7542	4806	4	4810	12081	271	12352
	nej		1201	59	1260	366	0	366	1567	59	1626
	Sum		8476	326	8802	5172	4	5176	13648	330	13978
Nej	ja		183	804	987	1717	1107	2824	1900	1911	3811
	nej		938	0	938	1566	0	1566	2504	0	2504
	Sum		1121	804	1925	3283	1107	4390	4404	1911	6315
Sum	ja		7458	1071	8529	6523	1111	7634	13981	2182	16163
	nej		2139	59	2198	1932	0	1932	4071	59	4130
	Sum		9597	1130	10727	8455	1111	9566	18052	2241	20293

```

>
> #-----
> # Save the databases in R-format
> save(praksis, person, file="../data/JKK.Rdata" )
>
>
-----
Program: read.R
Folder: C:\Bendix\Steno\DM-register\Monitor\R
Ended: fredag 29. april 2005, 13:00:25
Elapsed: 00:00:04
-----

```

6.2 deltag.r

Analyserer respons sandsynlighederne mellem praksis.

```

R 2.0.1
-----
Program: deltag.R
Folder: C:\Bendix\Steno\DM-register\Monitor\R
Started: fredag 29. april 2005, 13:00:29
-----
> options( pl.type="win" )
> library( Lexis )

Attaching package 'Lexis':

```

The following object(s) are masked from package:Useful :

```
steplines

> load( file="../data/JKK.Rdata" )
>
> # Medtag kun ydernumre som er i begge filer
> fm <- intersect( unique(praksis$ydernr), unique(person$ydernr) )
> praksis <- praksis[praksis$ydernr %in% fm,]
> rm( person )
> attach( praksis )
>
> pr <-
+ data.frame( tapply( as.numeric(delt), ydernr, mean ),
+             tapply( n, ydernr, sum ),
+             tapply( n, list( ydernr, sex ), sum ),
+             tapply( n, list( ydernr, agr ), sum ),
+             tapply( as.numeric(prakform), ydernr, mean ) - 1 )[, -3]
> names( pr ) <- c("delt","n","m.pct","a0", paste( "a", 2:8*10, sep="" ), "solo.pr" )
> pr[,3:11] <- pr[,3:11] / pr[,2] * 100
> pr$delt <- ( pr$delt == 1 )
> pr <- pr[complete.cases(pr),]
> str( pr )
'data.frame': 269 obs. of 12 variables:
 $ delt : logi [, 1:269] FALSE FALSE FALSE FALSE TRUE TRUE TRUE FALSE FALSE TRUE ...
 .. attr(*, "dimnames")=List of 1
 .. ..$ : chr "61018" "61026" "61050" "61190" ...
 $ n : num [, 1:269] 1250 5158 2929 4886 1449 ...
 .. attr(*, "dimnames")=List of 1
 .. ..$ : chr "61018" "61026" "61050" "61190" ...
 $ m.pct : num 50.6 41.7 51.4 48.0 55.3 ...
 $ a0 : num 19.5 25.0 23.7 25.8 16.6 ...
 $ a20 : num 18.24 38.25 7.92 10.44 8.21 ...
 $ a30 : num 14.3 13.5 12.5 16.1 13.3 ...
 $ a40 : num 11.52 9.23 15.84 13.57 13.32 ...
 $ a50 : num 11.28 6.11 14.20 13.73 13.60 ...
 $ a60 : num 8.64 4.79 12.46 10.15 15.25 ...
 $ a70 : num 10.24 2.46 8.43 6.84 12.35 ...
 $ a80 : num 6.240 0.698 4.985 3.418 7.384 ...
 $ solo.pr: num [, 1:269] 0 0 0 0 1 0 1 1 0 0 ...
 .. attr(*, "dimnames")=List of 1
 .. ..$ : chr "61018" "61026" "61050" "61190" ...
> summary( pr )
      delt          n          m.pct          a0          a20          a30
Mode :logical   Min.   : 157   Min.   :27.59   Min.   : 5.588   Min.   : 0.000   Min.   : 8.22
FALSE:108      1st Qu.: 1573   1st Qu.:47.07   1st Qu.:20.093   1st Qu.: 8.258   1st Qu.:13.00
TRUE :161      Median : 1849   Median :50.60   Median :24.363   Median :10.922   Median :14.66
              Mean   : 2400   Mean   :49.98   Mean   :23.905   Mean   :14.821   Mean   :14.99
              3rd Qu.: 3054   3rd Qu.:53.27   3rd Qu.:27.261   3rd Qu.:18.949   3rd Qu.:16.75
              Max.   :10490   Max.   :68.43   Max.   :39.861   Max.   :47.705   Max.   :30.96
      a40          a50          a60          a70          a80          solo.pr
Min.   : 5.647   Min.   : 5.117   Min.   : 2.257   Min.   : 1.204   Min.   : 0.698   Min.   :0.0000
1st Qu.:12.351   1st Qu.:11.423   1st Qu.: 6.880   1st Qu.: 4.248   1st Qu.: 2.471   1st Qu.:0.0000
Median :13.940   Median :13.681   Median : 8.931   Median : 5.787   Median : 3.527   Median :0.0000
Mean   :13.984   Mean   :13.646   Mean   : 8.989   Mean   : 5.920   Mean   : 3.741   Mean   :0.4015
3rd Qu.:15.638   3rd Qu.:15.986   3rd Qu.:10.984   3rd Qu.: 7.263   3rd Qu.: 4.893   3rd Qu.:1.0000
Max.   :22.031   Max.   :28.662   Max.   :18.763   Max.   :13.210   Max.   :10.269   Max.   :1.0000
>
> asep <- glm( delt ~ I((n-2500)/100) + I(m.pct-50) + solo.pr +
+             a0 + a20 + a30 + a40 + a50 + a60 + a70 + a80,
+             family=binomial, data= pr )
> ac50 <- glm( delt ~ I((n-2500)/100) + I(m.pct-50) + solo.pr +
+             I(a60 + a70 + a80 - 20),
+             family=binomial, data= pr )
> asum <- glm( delt ~ I((n-2500)/100) + I(m.pct-50) + solo.pr,
+             family=binomial, data= pr )
> anova( asep, ac50, asum, test="Chisq" )
Analysis of Deviance Table

Model 1: delt ~ I((n - 2500)/100) + I(m.pct - 50) + solo.pr + a0 + a20 +
a30 + a40 + a50 + a60 + a70 + a80
Model 2: delt ~ I((n - 2500)/100) + I(m.pct - 50) + solo.pr + I(a60 +
a70 + a80 - 20)
Model 3: delt ~ I((n - 2500)/100) + I(m.pct - 50) + solo.pr
Resid. Df Resid. Dev Df Deviance P(>|Chi|)
1      258      344.30
2      264      351.29 -6      -6.99      0.32
3      265      358.71 -1      -7.42      0.01
> summary( ac50 )

Call:
glm(formula = delt ~ I((n - 2500)/100) + I(m.pct - 50) + solo.pr +
I(a60 + a70 + a80 - 20), family = binomial, data = pr)

Deviance Residuals:
```

```

      Min       1Q   Median       3Q      Max
-1.8245 -1.2434  0.8162  1.0388  1.3584

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)    0.32544    0.17503   1.859  0.06298
I((n - 2500)/100) -0.01112    0.01043  -1.067  0.28607
I(m.pct - 50)   -0.02752    0.02071  -1.329  0.18401
solo.pr         0.01791    0.29997   0.060  0.95239
I(a60 + a70 + a80 - 20) -0.05535    0.02066  -2.679  0.00738

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

Null deviance: 362.40  on 268  degrees of freedom
Residual deviance: 351.29  on 264  degrees of freedom
AIC: 361.29

Number of Fisher Scoring iterations: 4

>
> OR50 <- ci.lin( ac50 )[,c(1,5,6)]
> rownames( OR50 ) <- c("Antal ptt (pr. 100)",
+ "Andel mænd (pr. %)",
+ "Solo vs. kompagni",
+ "Andel >50 (pr. %)")
> OR50 <- OR50[c(1:3,5:4),]
> plt( "delt-OR", height=3, pointsize=11 )
> par( mgp=c(3,1,0)/1.6, mar=c(3,1,2,1) )
> plot.est( exp(OR50[-1,]), xlog=T, grid=T,
+          xlab="Odds-ratio for participation",
+          lwd=3, vref=1 )
> mtext( paste( "P(Respons | kompagisk., 2500 ptt., 50% m, 20% >50) = ",
+             formatC( 100*tigol( OR50[1,1] ), format="f", digits=1 ), "% (",
+             formatC( 100*tigol( OR50[1,2] ), format="f", digits=1 ), "-",
+             formatC( 100*tigol( OR50[1,3] ), format="f", digits=1 ), "%)", sep="" ),
+       side=3, line=1, adj=1 )
>
>
-----
Program: deltag.R
Folder: C:\Bendix\Steno\DM-register\Monitor\R
Ended: fredag 29. april 2005, 13:00:30
Elapsed: 00:00:01
-----

```

6.3 prevalens.r

Analyserer diabetes prævalensen som funktion af praksis-karakteristika.

```

R 2.0.1
-----
Program: prevalens.R
Folder: C:\Bendix\Steno\DM-register\Monitor\R
Started: fredag 29. april 2005, 13:00:37
-----
> options( pl.type="win" )
> library( Lexis )

Attaching package 'Lexis':

The following object(s) are masked from package:Useful :
  steplines

> library( MASS )

Attaching package 'MASS':

The following object(s) are masked from package:Useful :
  area

> load( file="../data/JKK.Rdata" )
>
> # Common numbers
> fm <- intersect( unique(praksis$ydernr), unique(person$ydernr) )
>
> person <- person[person$ydernr %in% fm,]

```

```

> praksis <- praksis[praksis$ydernr %in% fm,]
>
> attach( person )
> abr <- (0:11)[-c(2,10,11)]*10
> alb <- paste( abr[-9], c( rep( "-", 7 ), "+" ),
+             c( as.character( abr[-c(1,9)]-1 ), "" ),
+             sep="" )
> cbind( alb, abr[-9] )
      alb
[1,] "0-19" "0"
[2,] "20-29" "20"
[3,] "30-39" "30"
[4,] "40-49" "40"
[5,] "50-59" "50"
[6,] "60-69" "60"
[7,] "70-79" "70"
[8,] "80+" "80"
> ptt <-
+ as.data.frame( table( sex=person$sex,
+                     agr=cut( 2005-person$byear, breaks=abr-0.5, labels=alb ),
+                     ydernr=person$ydernr ) )
> detach( person )
>
> dim( ptt )
[1] 4304 4
> dim( praksis )
[1] 4304 7
> prev <- merge( ptt, praksis )
> str( prev )
'data.frame': 4304 obs. of 8 variables:
 $ sex : Factor w/ 2 levels "K","M": 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
 $ agr : Factor w/ 8 levels "0-19","20-29",...: 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
 $ ydernr : Factor w/ 269 levels "61018","61026",...: 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 ...
 $ Freq : int 0 1 1 1 0 0 0 1 1 0 ...
 $ prakform: Factor w/ 2 levels "multi","solo": 1 1 1 1 2 1 2 2 1 1 ...
 $ delt : Factor w/ 2 levels "Resp","N-res": 2 2 2 2 2 1 1 1 2 2 ...
 $ n : num 122 665 338 647 121 410 183 153 142 428 ...
 $ id : int 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 ...
> attach( prev )
> ( D <- ftable( addmargins( tapply( Freq,
+                               list(pr.form=prakform, delt=delt, sex=sex, agr=agr),
+                               sum ) ), row.vars=c(3,4) ) )
+
      pr.form multi      solo      Sum
      delt  Resp N-res  Sum  Resp N-res  Sum  Resp N-res  Sum
sex agr
K 0-19      60 37 97 11 10 21 71 47 118
 20-29     122 77 199 43 18 61 165 95 260
 30-39     233 163 396 69 48 117 302 211 513
 40-49     331 239 570 130 81 211 461 320 781
 50-59     607 468 1075 224 177 401 831 645 1476
 60-69     862 712 1574 346 252 598 1208 964 2172
 70-79     861 727 1588 342 288 630 1203 1015 2218
 80+       816 648 1464 363 284 647 1179 932 2111
 Sum      3892 3071 6963 1528 1158 2686 5420 4229 9649
M 0-19      51 37 88 17 14 31 68 51 119
 20-29      92 65 157 45 41 86 137 106 243
 30-39     181 150 331 72 50 122 253 200 453
 40-49     424 335 759 193 122 315 617 457 1074
 50-59     926 654 1580 398 244 642 1324 898 2222
 60-69    1136 873 2009 468 390 858 1604 1263 2867
 70-79    803 693 1496 370 281 651 1173 974 2147
 80+      409 389 798 184 147 331 593 536 1129
 Sum     4022 3196 7218 1747 1289 3036 5769 4485 10254
Sum 0-19    111 74 185 28 24 52 139 98 237
 20-29    214 142 356 88 59 147 302 201 503
 30-39    414 313 727 141 98 239 555 411 966
 40-49    755 574 1329 323 203 526 1078 777 1855
 50-59   1533 1122 2655 622 421 1043 2155 1543 3698
 60-69   1998 1585 3583 814 642 1456 2812 2227 5039
 70-79   1664 1420 3084 712 569 1281 2376 1989 4365
 80+    1225 1037 2262 547 431 978 1772 1468 3240
 Sum    7914 6267 14181 3275 2447 5722 11189 8714 19903
> ( N <- ftable( addmargins( tapply( n,
+                               list(pr.form=prakform, delt=delt, sex=sex, agr=agr),
+                               sum ) ), row.vars=c(3,4) ) )
+
      pr.form multi      solo      Sum
      delt  Resp N-res  Sum  Resp N-res  Sum  Resp N-res  Sum
sex agr
K 0-19    35140 24126 59266 11477 7409 18886 46617 31535 78152
 20-29   22478 13113 35591 6529 4525 11054 29007 17638 46645
 30-39   21882 14885 36767 7003 4609 11612 28885 19494 48379
 40-49   19899 13342 33241 7051 4576 11627 26950 17918 44868
 50-59   18809 13230 32039 7063 4690 11753 25872 17920 43792
 60-69   11651 9621 21272 4841 3366 8207 16492 12987 29479
 70-79    7994 6510 14504 3537 2499 6036 11531 9009 20540

```

```

      80+          5807   4638   10445   2798   1965   4763   8605   6603   15208
      Sum      143660  99465  243125  50299  33639  83938  193959  133104  327063
M  0-19      36354  25572  61926  12196  7967  20163  48550  33539  82089
    20-29   18204  12222  30426  8382  6511  14893  26586  18733  45319
    30-39   20807  14471  35278  7959  5904  13863  28766  20375  49141
    40-49   19061  14004  33065  7408  5067  12475  26469  19071  45540
    50-59   18741  13243  31984  7317  5049  12366  26058  18292  44350
    60-69   11105  9150  20255  4668  3380  8048  15773  12530  28303
    70-79   6165  5367  11532  2673  2011  4684  8838  7378  16216
    80+      2943  2426  5369  1298  997  2295  4241  3423  7664
    Sum     133380  96455  229835  51901  36886  88787  185281  133341  318622
Sum 0-19   71494  49698  121192  23673  15376  39049  95167  65074  160241
    20-29   40682  25335  66017  14911  11036  25947  55593  36371  91964
    30-39   42689  29356  72045  14962  10513  25475  57651  39869  97520
    40-49   38960  27346  66306  14459  9643  24102  53419  36989  90408
    50-59   37550  26473  64023  14380  9739  24119  51930  36212  88142
    60-69   22756  18771  41527  9509  6746  16255  32265  25517  57782
    70-79   14159  11877  26036  6210  4510  10720  20369  16387  36756
    80+      8750  7064  15814  4096  2962  7058  12846  10026  22872
    Sum     277040 195920 472960 102200 70525 172725 379240 266445 645685
> round( D / N * 100, 2 )
      pr.form multi
      delt  Resp N-res  Sum  solo  Sum  Sum  N-res  Sum
sex agr
K  0-19    0.17 0.15 0.16 0.10 0.13 0.11 0.15 0.15 0.15
    20-29  0.54 0.59 0.56 0.66 0.40 0.55 0.57 0.54 0.56
    30-39  1.06 1.10 1.08 0.99 1.04 1.01 1.05 1.08 1.06
    40-49  1.66 1.79 1.71 1.84 1.77 1.81 1.71 1.79 1.74
    50-59  3.23 3.54 3.36 3.17 3.77 3.41 3.21 3.60 3.37
    60-69  7.40 7.40 7.40 7.15 7.49 7.29 7.32 7.42 7.37
    70-79 10.77 11.17 10.95 9.67 11.52 10.44 10.43 11.27 10.80
    80+   14.05 13.97 14.02 12.97 14.45 13.58 13.70 14.11 13.88
    Sum   2.71 3.09 2.86 3.04 3.44 3.20 2.79 3.18 2.95
M  0-19    0.14 0.14 0.14 0.14 0.18 0.15 0.14 0.15 0.14
    20-29  0.51 0.53 0.52 0.54 0.63 0.58 0.52 0.57 0.54
    30-39  0.87 1.04 0.94 0.90 0.85 0.88 0.88 0.98 0.92
    40-49  2.22 2.39 2.30 2.61 2.41 2.53 2.33 2.40 2.36
    50-59  4.94 4.94 4.94 5.44 4.83 5.19 5.08 4.91 5.01
    60-69 10.23 9.54 9.92 10.03 11.54 10.66 10.17 10.08 10.13
    70-79 13.03 12.91 12.97 13.84 13.97 13.90 13.27 13.20 13.24
    80+   13.90 16.03 14.86 14.18 14.74 14.42 13.98 15.66 14.73
    Sum   3.02 3.31 3.14 3.37 3.49 3.42 3.11 3.36 3.22
Sum 0-19  0.16 0.15 0.15 0.12 0.16 0.13 0.15 0.15 0.15
    20-29  0.53 0.56 0.54 0.59 0.53 0.57 0.54 0.55 0.55
    30-39  0.97 1.07 1.01 0.94 0.93 0.94 0.96 1.03 0.99
    40-49  1.94 2.10 2.00 2.23 2.11 2.18 2.02 2.10 2.05
    50-59  4.08 4.24 4.15 4.33 4.32 4.32 4.15 4.26 4.20
    60-69  8.78 8.44 8.63 8.56 9.52 8.96 8.72 8.73 8.72
    70-79 11.75 11.96 11.85 11.47 12.62 11.95 11.66 12.14 11.88
    80+   14.00 14.68 14.30 13.35 14.55 13.86 13.79 14.64 14.17
    Sum   2.86 3.20 3.00 3.20 3.47 3.31 2.95 3.27 3.08
>
> m1 <- glm( cbind( Freq, n-Freq ) ~ -1 + interaction(agr,sex) + interaction(prakform,delt),
+           family=binomial )
> summary( m1 )

Call:
glm(formula = cbind(Freq, n - Freq) ~ -1 + interaction(agr, sex) +
    interaction(prakform, delt), family = binomial)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-5.0337  -0.9458  -0.2086   0.6814   8.5396

Coefficients:
interaction(agr, sex)0-19.K      -6.50762    0.09251  -70.344 < 2e-16
interaction(agr, sex)20-29.K     -5.19697    0.06270  -82.893 < 2e-16
interaction(agr, sex)30-39.K     -4.54929    0.04517 -100.710 < 2e-16
interaction(agr, sex)40-49.K     -4.04698    0.03709 -109.119 < 2e-16
interaction(agr, sex)50-59.K     -3.36991    0.02788 -120.885 < 2e-16
interaction(agr, sex)60-69.K     -2.54655    0.02413 -105.541 < 2e-16
interaction(agr, sex)70-79.K     -2.12683    0.02433  -87.400 < 2e-16
interaction(agr, sex)80+.K       -1.84134    0.02528  -72.835 < 2e-16
interaction(agr, sex)0-19.M      -6.54861    0.09213  -71.079 < 2e-16
interaction(agr, sex)20-29.M     -5.23882    0.06498  -80.627 < 2e-16
interaction(agr, sex)30-39.M     -4.69205    0.04802  -97.713 < 2e-16
interaction(agr, sex)40-49.M     -3.73780    0.03213 -116.324 < 2e-16
interaction(agr, sex)50-59.M     -2.95674    0.02348 -125.897 < 2e-16
interaction(agr, sex)60-69.M     -2.19821    0.02177 -100.970 < 2e-16
interaction(agr, sex)70-79.M     -1.89567    0.02502  -75.762 < 2e-16
interaction(agr, sex)80+.M       -1.77168    0.03357  -52.776 < 2e-16
interaction(prakform, delt)solo.Resp  0.00276    0.02170   0.127  0.89880
interaction(prakform, delt)multi.N-res 0.02223    0.01766   1.259  0.20811
interaction(prakform, delt)solo.N-res  0.06289    0.02422   2.596  0.00942

```

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

Null deviance: 753142.9 on 4301 degrees of freedom
Residual deviance: 6721.8 on 4282 degrees of freedom
AIC: 17656

Number of Fisher Scoring iterations: 5

```

>
> lOR <- ci.lin( m1, subset="prakform" )[,c(1,5,6)]
> rownames( lOR ) <- gsub( "interaction\\(prakform\\, deltat\\)", "", rownames( lOR ) )
> lOR <- rbind( c(0,0,0), lOR )
> rownames( lOR )[1] <- "multi.Resp"
>
>
> plt( "Prevalens", height=10, pointsize=15 )
> layout( cbind( 1:2 ), heights=c(8,3) )
> par( mar=c(3,3,1,1), mgp=c(3,1,0)/1.6 )
>
> lodd <- ci.lin( m1, subset="agr" )[,c(1,5,6)]
> rownames( lodd ) <- gsub( "interaction\\(agr\\, sex\\)", "", rownames( lodd ) )
> rownames( lodd ) <- gsub( "\\K", "", gsub( "\\M", "", rownames( lodd ) ) )
> ticol( lodd )
      Estimate      2.5%      97.5%
0-19 0.001489798 0.001243051 0.001785437
20-29 0.005502869 0.004869671 0.006217887
30-39 0.010464040 0.009585924 0.011421669
40-49 0.017174865 0.015989963 0.018445925
50-59 0.033249338 0.031537160 0.035051107
60-69 0.072658390 0.069535649 0.075909927
70-79 0.106516225 0.102061568 0.111141247
80+   0.136892916 0.131143099 0.142853379
0-19 0.001430064 0.001194086 0.001712597
20-29 0.005278526 0.004650282 0.005991134
30-39 0.009084597 0.008275354 0.009972181
40-49 0.023252739 0.021864496 0.024726898
50-59 0.049419017 0.047300955 0.051626784
60-69 0.099910973 0.096138658 0.103814306
70-79 0.130599732 0.125131578 0.136269621
80+   0.145333894 0.137350519 0.153698620
>
> matplot( seq( 15, 85, 10 ), 100*ticol( cbind( lodd[1:8,], lodd[8+1:8,] ) ),
+         type="n", log="y", las=1, xlab="Age", ylab="DM Prævalens (%)" )
> abline( h=c(c(1,2,5)/10,1,2,5,10), col=gray(0.8) )
> matlines( seq( 15, 85, 10 ), 100*ticol( cbind( lodd[1:8,], lodd[8+1:8,] ) ),
+         lwd=rep(c(3,1,1),2), lty=1, col=rep(c("red","blue"), each=3) )
>
> lOR <- ci.lin( m1, subset="prakform" )[,c(1,5,6)]
> rownames( lOR ) <- gsub( "interaction\\(prakform\\, deltat\\)", "", rownames( lOR ) )
> lOR <- rbind( c(0,0,0), lOR )
> rownames( lOR )[1] <- "multi.Resp"
> exp( lOR )
      Estimate      2.5%      97.5%
multi.Resp 1.000000 1.0000000 1.000000
solo.Resp  1.002764 0.9610048 1.046337
multi.N-res 1.022481 0.9876923 1.058494
solo.N-res  1.064911 1.0155336 1.116689
>
> plot.est( exp( lOR ), xlog=T, lwd=3, cex=1.3, vref=1,
+         xlab="Prævalens OR",
+         xtic=seq(0.9,1.2,0.05), grid=T )
>
> mr <- glmmPQL( cbind( Freq, n-Freq ) ~ - 1 + interaction(agr,sex)
+               + interaction(prakform,delt),
+               random = ~ 1 | ydernr, family=binomial, data=prev[prev$n>0,] )
Loading required package: nlme
iteration 1
iteration 2
iteration 3
iteration 4
>
> plt( "Prevalens-ran", height=10, pointsize=15 )
> layout( cbind( 1:2 ), heights=c(8,3) )
> par( mar=c(3,3,1,1), mgp=c(3,1,0)/1.6 )
>
> # Odds
> lodd <- ci.lin( mr, subset="agr" )[,c(1,5,6)]
> rownames( lodd ) <- gsub( "interaction\\(agr\\, sex\\)", "", rownames( lodd ) )
> rownames( lodd ) <- gsub( "\\K", "", gsub( "\\M", "", rownames( lodd ) ) )
> ticol( lodd )
      Estimate      2.5%      97.5%
0-19 0.001435781 0.001164536 0.001770093
20-29 0.005146620 0.004436601 0.005969587
30-39 0.010112105 0.009026021 0.011327381

```

```

40-49 0.016721977 0.015154340 0.018448740
50-59 0.032807808 0.030223088 0.035605461
60-69 0.072093097 0.066973668 0.077571318
70-79 0.105334890 0.098075185 0.113064607
80+ 0.136490396 0.127234267 0.146307014
0-19 0.001376627 0.001117435 0.001695839
20-29 0.004940412 0.004240656 0.005754969
30-39 0.008723440 0.007744370 0.009825062
40-49 0.022590118 0.020654898 0.024702081
50-59 0.048641578 0.045148141 0.052390495
60-69 0.099496749 0.092895037 0.106512531
70-79 0.129874702 0.121030846 0.139262400
80+ 0.144953669 0.133649891 0.157040192
>
> matplot( seq( 15, 85, 10 ), 100*tigol( cbind( lodd[1:8,], lodd[8+1:8,] ) ),
+         type="n", log="y", las=1, xlab="Age", ylab="DM Prævalens (%)" )
> abline( h=c(c(1,2,5)/10,1,2,5,10), col=gray(0.8) )
> matlines( seq( 15, 85, 10 ), 100*tigol( cbind( lodd[1:8,], lodd[8+1:8,] ) ),
+         lwd=rep(c(3,1,1),2), lty=1, col=rep(c("red","blue"), each=3) )
>
> # Odds-ratios
> lOR <- ci.lin( mr, subset="prakform" )[c(1,5,6)]
> rownames( lOR ) <- gsub( "interaction\\(prakform\\, deltat)", "", rownames( lOR ) )
> lOR <- rbind( c(0,0,0), lOR )
> rownames( lOR )[1] <- "multi.Resp"
> exp( lOR )
      Estimate      2.5%      97.5%
multi.Resp  1.000000  1.0000000  1.000000
solo.Resp   1.010073  0.9096980  1.121523
multi.N-res 1.048906  0.9480346  1.160510
solo.N-res  1.055594  0.9386293  1.187135
>
> plot.est( exp( lOR ), xlog=T, lwd=3, cex=1.3, vref=1,
+          xlab="Prævalens OR",
+          xtic=seq(0.9,1.2,0.05), grid=T )
>
> -----
Program: prevalens.R
Folder: C:\Bendix\Steno\DM-register\Monitor\R
Ended: fredag 29. april 2005, 13:00:52
Elapsed: 00:00:15
-----

```

6.4 ny-pt.r

Analyserer fordelingen af antal ny-identificerede patienter.

```

R 2.0.1
-----
Program: ny-pt.R
Folder: C:\Bendix\Steno\DM-register\Monitor\R
Started: fredag 29. april 2005, 13:00:58
-----
> options( pl.type="win" )
> load( file="../data/JKK.Rdata" )
>
> # De enkelte praksistørrelser
> n.ptt <- tapply( praksis$n, praksis$ydernr, sum )
> n.ptt <- n.ptt[!is.na(n.ptt)]
>
> # Hvem har hvor mange ny:
> tny <- table( person$ydernr, person$sup_dm )[,"ja"]
> # Men kun blandt dem der har praksis oplysninger
> tny <- tny[names( tny ) %in% names(n.ptt)]
> table( tny )
tny
 0  1  2  3  4  5  8 10
245 13  2  5  1  1  1  1
>
> # Sørg for at vireferer til det samme sæt af praksiser
> n.ptt <- n.ptt[names( n.ptt ) %in% names( tny )]
>
> # Det forventede antal i hver praksis, under antagelse af at
> # antallet af nyopdagede er Poisson-fordelt med en middelværdi
> # der giver 59 over alle praksis
> po.pr <- matrix( NA, length( n.ptt ), 15 )
> colnames( po.pr ) <- 0:14
> po.pr[1:4,]
      0  1  2  3  4  5  6  7  8  9 10 11 12 13 14
[1,] NA NA NA NA NA NA NA NA NA NA NA NA NA NA NA

```

```

[2,] NA NA NA NA NA NA NA NA NA NA NA NA NA NA NA NA
[3,] NA NA NA NA NA NA NA NA NA NA NA NA NA NA NA NA
[4,] NA NA NA NA NA NA NA NA NA NA NA NA NA NA NA NA
> rownames( po.pr ) <- names( n.ptt )
> for( i in 1:15 ) po.pr[,i] <- dpois( i-1, n.ptt*59/sum(n.ptt) )
>
> # Sammenligning af den forventede fordeling af praktis med mindst en ny
> # med det observerede antal.
> 0 <- rep( 0, 15 )
> 0[as.numeric( names( table( tny ) ) )+1] <- table( tny )
> E <- apply( po.pr, 2, mean ) * sum( 0 )
> round( addmargins( hi <- cbind( 0, E, ( 0 - E )^2 / E ), 1 ), 2 )
  0      E
0  245 217.61      3.45
1   13  44.67     22.45
2    2   5.93      2.60
3    5   0.70     26.47
4    1   0.08     10.47
5    1   0.01    106.19
6    0   0.00      0.00
7    0   0.00      0.00
8    1   0.00   89407.39
9    0   0.00      0.00
10   1   0.00 10760325.16
11   0   0.00      0.00
12   0   0.00      0.00
13   0   0.00      0.00
14   0   0.00      0.00
Sum 269 269.00 10849904.18
> hip <- sweep( hi[,1:2], 2, apply( hi[,1:2], 2, sum ), "/" )
> hir <- rbind( c(0,0),
+             sweep( hi[-1,1:2], 2, apply( hi[-1,1:2], 2, sum ), "/" ) )
>
> plt( "ny-pt", width=8, height=5, pointsize=8 )
> par( mfrow=c(1,2), mar=c(4,4,1,1), las=1 )
>
> barplot( t(hip),
+         beside=TRUE, width=0.4, space=c(0.0,0.4), col=gray( c(2,6)/10 ),
+         names.arg=paste(0:14), xlim=c(0,14), ylim=0:1, border="white",
+         xlab="Antal ny DM-patienter i praksis",
+         ylab="Sandsynlighed / obs. hyppighed", bty="n" )
>
> barplot( t(hir),
+         beside=TRUE, width=0.4, space=c(0.0,0.4), col=gray( c(2,6)/10 ),
+         names.arg=c( " ",paste(1:14)), xlim=c(0,14), ylim=0:1, border="white",
+         xlab="Antal ny DM-patienter i praksis",
+         ylab="Sandsynlighed / obs. hyppighed givet N>0", bty="n" )
>
>
-----
Program: ny-pt.R
Folder: C:\Bendix\Steno\DM-register\Monitor\R
Ended: fredag 29. april 2005, 13:00:59
Elapsed: 00:00:01
-----

```

6.5 pv.r

Analyserer prædiktive værdier af de to algoritmer samt deres komponenter.

```

R 2.0.1
-----
Program: pv.R
Folder: C:\Bendix\Steno\DM-register\Monitor\R
Started: fredag 29. april 2005, 15:00:30
-----
> options( pl.type="win" )
> library( Lexis )

Attaching package 'Lexis':

The following object(s) are masked from package:Useful :

  steplines

> load( file=" ../data/JKK.Rdata" )
>
> # Overblik over personerne
> ftable( addmargins( table( ver=person$diablp,
+                           nat=person$national,

```

```

+           reg=person$amt,
+           delt=person$delt ),
+           margin=1:4 ),
+           col.vars=4:3 )
delt Resp      N-res      Sum
reg   ja   nej   Sum   ja   nej   Sum   ja   nej   Sum
ver   nat
ved ikke ja    23    72    95    13    126    139    36    198    234
        nej   132    0    132    18     0    18    150    0    150
        Sum   155    72    227    31    126    157    186    198    384
sysmis ja    0     0     0   1665   967   2632   1665   967   2632
        nej   0     0     0   1484   0    1484   1484   0    1484
        Sum   0     0     0   3149   967   4116   3149   967   4116
ja     ja    7275   267   7542  4806   4    4810  12081  271  12352
        nej   1201   59   1260   366   0    366   1567   59   1626
        Sum   8476   326  8802  5172   4   5176  13648  330  13978
nej    ja    160   732   892   39    14    53    199   746   945
        nej   806    0    806    64     0    64    870    0    870
        Sum   966   732  1698   103    14    117   1069   746  1815
Sum    ja    7458  1071  8529  6523  1111  7634  13981  2182  16163
        nej   2139   59  2198  1932   0    1932  4071   59   4130
        Sum   9597  1130 10727  8455  1111  9566  18052  2241  20293
>
> ftable( addmargins( table( nat=person$national,
+                           reg=person$amt,
+                           delt=person$delt ),
+                           margin=1:3 ),
+         col.vars=3:2 )
delt Resp      N-res      Sum
reg   ja   nej   Sum   ja   nej   Sum   ja   nej   Sum
nat
ja    7458  1071  8529  6523  1111  7634  13981  2182  16163
nej   2139   59  2198  1932   0    1932  4071   59   4130
Sum   9597  1130 10727  8455  1111  9566  18052  2241  20293
>
> # Reduktion til studie-populationen
> stpop <- person[person$delt=="Resp" &
+               ( person$amt=="ja" |
+                 person$national=="ja" ),]
> stpop$alder <- 2005 - stpop$byear
> str( stpop )
'data.frame': 10668 obs. of 20 variables:
 $ ydernr : num 61220 61220 61220 61220 61220 ...
 $ deltyder: Factor w/ 2 levels "ja, men eks.",...: 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 ...
 $ id      : num 104031 89280 49474 54319 66676 ...
 $ diablpl: Factor w/ 4 levels "ved ikke","sysmis",...: 4 4 3 4 4 3 4 4 3 4 ...
 $ abhbalc: Factor w/ 2 levels "ja","nej": 2 2 2 2 1 2 2 1 2 ...
 $ recept  : Factor w/ 2 levels "ja","nej": 1 2 1 2 2 1 2 2 2 2 ...
 $ feet    : Factor w/ 2 levels "ja","nej": 2 2 2 2 2 2 2 2 2 ...
 $ nrhbalc: Factor w/ 2 levels "ja","nej": 2 2 2 1 2 1 2 2 2 ...
 $ lpr     : Factor w/ 2 levels "ja","nej": 2 1 2 1 2 1 1 2 1 2 ...
 $ bg2_5.r: Factor w/ 2 levels "ja","nej": 2 2 2 2 2 2 2 2 2 1 ...
 $ bg5_1.r: Factor w/ 2 levels "ja","nej": 2 2 2 2 1 2 2 1 2 1 ...
 $ f.dder  : Factor w/ 2 levels "ja","nej": 2 2 2 2 2 1 2 2 1 2 ...
 $ national: Factor w/ 2 levels "ja","nej": 2 1 2 1 1 1 1 1 1 1 ...
 $ amt     : Factor w/ 2 levels "ja","nej": 1 2 1 1 2 1 2 2 1 2 ...
 $ sup_dm  : Factor w/ 2 levels "ja","nej": 2 2 2 2 2 2 2 2 2 ...
 $ byear   : num 1971 1945 1976 1965 1918 ...
 $ sex     : Factor w/ 2 levels "K","M": 1 2 1 2 1 2 2 1 1 1 ...
 $ delt    : Factor w/ 2 levels "Resp","N-res": 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
 $ n.ptt   : int 168 168 168 168 168 168 168 168 168 ...
 $ alder   : num 34 60 29 40 87 57 61 81 83 62 ...
> table( stpop$diablpl )
ved ikke  sysmis      ja      nej
         227         0      8743     1698
> attach( stpop )
>
> # Overblik over prädiktive værdier
> ftable( table(lpr, bg2_5.r, bg5_1.r, f.dder, diablpl)[2:1,2:1,2:1,2:1,c(4,3,1)], col.vars=5 )
diablpl nej   ja ved ikke
lpr bg2_5.r bg5_1.r f.dder
nej nej    nej    nej          806 1201    132
        ja    ja    ja          155 352     17
        ja    nej    ja          497 784     38
        ja    ja    ja           7 287     1
        ja    nej    ja           22 58      0
        ja    ja    ja           0 49      1
        ja    nej    ja           33 235     1
        ja    ja    ja           1 194     0
ja nej    nej    nej          164 2062    32
        ja    ja    ja           6 1594    2
        ja    nej    ja           4 670     1
        ja    ja    ja           0 656     2
        ja    nej    nej           2 35      0

```

```

      ja      ja      0 37      0
      ja      nej     1 216     0
      ja      ja      0 313     0
> ftable( table(nrhba1c, abhba1c, recept, feet, diablp)[2:1,2:1,2:1,2:1,c(4,3,1)], col.vars=5 )
      diablp nej      ja ved ikke
nrhba1c abhba1c recept feet
nej      nej      nej     732 290      72
      ja      ja     59 34      8
      ja      nej     51 145     9
      ja      ja     2 37      0
      ja      nej     255 388    63
      ja      ja     3 28      0
      ja      nej     0 295     2
      ja      ja     0 87      0
ja      nej      nej     392 233    33
      ja      ja     5 48      1
      ja      nej     8 52      3
      ja      ja     0 31      0
      ja      nej     190 1169   36
      ja      ja     0 254     0
      ja      nej     1 3644    0
      ja      ja     0 2008    0
>
> round( pctab(
+   table( verificeret = diablp=="ja",
+         "id(rec/fod/lpr)" = !(recept=="nej" & feet=="nej" & lpr=="nej") ),
+   1 ), 1 )
      id(rec/fod/lpr)
verificeret FALSE TRUE
FALSE      53.8  4.6
TRUE       46.2 95.4
All        100.0 100.0
N          2913.0 7755.0
> round( pctab(
+   table( verificeret = diablp=="ja",
+         "id(rec/fod/lpr/bg5)" = !(recept=="nej" & feet=="nej" & lpr=="nej"& bg5_1.r=="nej") ),
+   1 ), 1 )
      id(rec/fod/lpr/bg5)
verificeret FALSE TRUE
FALSE      53.7 10.6
TRUE       46.3 89.4
All        100.0 100.0
N          1852.0 8816.0
> detach( stpop )
>
> attach( stpop[stpop$national=="ja",] )
> sn.n <- data.frame( table(lpr, bg2_5.r, bg5_1.r, f.dder, diablp) )
> sn.n <- sn.n[sn.n$diablp!="sysmis",]
> for( i in 1:4 ) sn.n[,i] <- relevel( sn.n[,i], 2 )
> sn.n
  lpr bg2_5.r bg5_1.r f.dder  diablp Freq
1  ja      ja      ja      ja ved ikke  0
2  nej     ja      ja      ja ved ikke  0
3  ja      nej     ja      ja ved ikke  2
4  nej     nej     ja      ja ved ikke  1
5  ja      ja      nej     ja ved ikke  0
6  nej     ja      nej     ja ved ikke  1
7  ja      nej     nej     ja ved ikke  2
8  nej     nej     nej     ja ved ikke 17
9  ja      ja      ja      nej ved ikke  0
10 nej     ja      ja      nej ved ikke  1
11 ja      nej     ja      nej ved ikke  1
12 nej     nej     ja      nej ved ikke 38
13 ja      ja      nej     nej ved ikke  0
14 nej     ja      nej     nej ved ikke  0
15 ja      nej     nej     nej ved ikke 32
16 nej     nej     nej     nej ved ikke  0
33 ja      ja      ja      ja      ja 313
34 nej     ja      ja      ja      ja 194
35 ja      nej     ja      ja      ja 656
36 nej     nej     ja      ja      ja 287
37 ja      ja      nej     ja      ja 37
38 nej     ja      nej     ja      ja 49
39 ja      nej     nej     ja      ja 1594
40 nej     nej     nej     ja      ja 352
41 ja      ja      ja      nej     ja 216
42 nej     ja      ja      nej     ja 235
43 ja      nej     ja      nej     ja 670
44 nej     nej     ja      nej     ja 784
45 ja      ja      nej     nej     ja 35
46 nej     ja      nej     nej     ja 58
47 ja      nej     nej     nej     ja 2062
48 nej     nej     nej     nej     ja 0
49 ja      ja      ja      ja      nej 0
50 nej     ja      ja      ja      nej 1

```

```

51 ja      nej      ja      ja      nej      0
52 nej     nej      ja      ja      nej      7
53 ja      ja      nej     ja      nej      0
54 nej     ja      nej     ja      nej      0
55 ja      nej     nej     ja      nej      6
56 nej     nej     nej     ja      nej     155
57 ja      ja      ja      nej     nej      1
58 nej     ja      ja      nej     nej     33
59 ja      nej     ja      nej     nej      4
60 nej     nej     ja      nej     nej     497
61 ja      ja      nej     nej     nej      2
62 nej     ja      nej     nej     nej     22
63 ja      nej     nej     nej     nej     164
64 nej     nej     nej     nej     nej      0
> mn <- glm( (diablp == "ja") ~ lpr + bg2_5.r + bg5_1.r + f.dder,
+           family=binomial,
+           weights=Freq,
+           data=sn.n[sn.n$diablp!="ved ikke",] )
> summary( mn )

Call:
glm(formula = (diablp == "ja") ~ lpr + bg2_5.r + bg5_1.r + f.dder,
    family = binomial, data = sn.n[sn.n$diablp != "ved ikke",
    ], weights = Freq)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-30.555  -4.742   0.000   2.552  27.883

Coefficients:
            Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -1.6914    0.1703  -9.93  <2e-16
lprja       4.2445    0.1740  24.39  <2e-16
bg2_5.rja   2.0160    0.1743  11.57  <2e-16
bg5_1.rja   2.1348    0.1660  12.86  <2e-16
f.dderja    2.6268    0.1653  15.89  <2e-16

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

Null deviance: 5694.0 on 25 degrees of freedom
Residual deviance: 4066.6 on 21 degrees of freedom
AIC: 4076.6

Number of Fisher Scoring iterations: 6

> mn1 <- glm( (diablp == "ja") ~ lpr + bg2_5.r + bg5_1.r + f.dder,
+           family=binomial,
+           weights=Freq,
+           data=sn.n )
> summary( mn1 )

Call:
glm(formula = (diablp == "ja") ~ lpr + bg2_5.r + bg5_1.r + f.dder,
    family = binomial, data = sn.n, weights = Freq)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-29.8655  -4.6383   0.0000   0.8483  28.6551

Coefficients:
            Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -1.6926    0.1578  -10.73  <2e-16
lprja       4.0647    0.1599  25.43  <2e-16
bg2_5.rja   2.0212    0.1678  12.05  <2e-16
bg5_1.rja   2.0663    0.1537  13.45  <2e-16
f.dderja    2.5177    0.1517  16.59  <2e-16

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

Null deviance: 6112.1 on 34 degrees of freedom
Residual deviance: 4415.5 on 30 degrees of freedom
AIC: 4425.5

Number of Fisher Scoring iterations: 7

> detach( 2 )
>
> attach( stpop[stpop$amt=="ja",] )
> sn.r <- data.frame( table(nrhba1c, abhba1c, recept, feet, diablp) )
> sn.r <- sn.r[sn.r$diablp!="sysmis",]
> for( i in 1:4 ) sn.r[,i] <- relevel( sn.r[,i], 2 )
> sn.r
  nrhba1c abhba1c recept feet  diablp Freq
1      ja      ja      ja  ja ved ikke    0
2      nej      ja      ja  ja ved ikke    0

```

```

3   ja   nej   ja   ja ved ikke   0
4   nej  nej   ja   ja ved ikke   0
5   ja   ja   nej  ja ved ikke   0
6   nej  ja   nej  ja ved ikke   0
7   ja   nej  nej  ja ved ikke   1
8   nej  nej  nej  ja ved ikke   8
9   ja   ja   ja   nej ved ikke   0
10  nej  ja   ja   nej ved ikke   2
11  ja   nej  ja   nej ved ikke   3
12  nej  nej  ja   nej ved ikke   9
13  ja   ja   nej  nej ved ikke  36
14  nej  ja   nej  nej ved ikke  63
15  ja   nej  nej  nej ved ikke  33
16  nej  nej  nej  nej ved ikke   0
33  ja   ja   ja   ja   ja 2008
34  nej  ja   ja   ja   ja 87
35  ja   nej  ja   ja   ja 31
36  nej  nej  ja   ja   ja 37
37  ja   ja   nej  ja   ja 254
38  nej  ja   nej  ja   ja 28
39  ja   nej  nej  ja   ja 48
40  nej  nej  nej  ja   ja 34
41  ja   ja   ja   nej  ja 3644
42  nej  ja   ja   nej  ja 295
43  ja   nej  ja   nej  ja 52
44  nej  nej  ja   nej  ja 145
45  ja   ja   nej  nej  ja 1169
46  nej  ja   nej  nej  ja 388
47  ja   nej  nej  nej  ja 233
48  nej  nej  nej  nej  ja 23
49  ja   ja   ja   ja   nej 0
50  nej  ja   ja   ja   nej 0
51  ja   nej  ja   ja   nej 0
52  nej  nej  ja   ja   nej 2
53  ja   ja   nej  ja   nej 0
54  nej  ja   nej  ja   nej 3
55  ja   nej  nej  ja   nej 5
56  nej  nej  nej  ja   nej 59
57  ja   ja   ja   nej  nej 1
58  nej  ja   ja   nej  nej 0
59  ja   nej  ja   nej  nej 8
60  nej  nej  ja   nej  nej 51
61  ja   ja   nej  nej  nej 190
62  nej  ja   nej  nej  nej 255
63  ja   nej  nej  nej  nej 392
64  nej  nej  nej  nej  nej 0
> mr <- glm( (diablp == "ja") ~ nrhba1c + abhba1c + recept + feet,
+           family=binomial,
+           weights=Freq,
+           data=sn.r[sn.r$diablp!="ved ikke",] )
> summary( mr )

Call:
glm(formula = (diablp == "ja") ~ nrhba1c + abhba1c + recept +
    feet, family = binomial, data = sn.r[sn.r$diablp != "ved ikke",
    ], weights = Freq)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-28.2563  -3.7713   0.3215   3.5981  21.6531

Coefficients:
            Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -2.09855    0.11275  -18.61  <2e-16
nrhba1cja    1.54755    0.09508   16.28  <2e-16
abhba1cja    2.52162    0.09690   26.02  <2e-16
receptja     3.56374    0.14928   23.87  <2e-16
feetja       1.99444    0.17259   11.56  <2e-16

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

Null deviance: 6234.1 on 25 degrees of freedom
Residual deviance: 3442.3 on 21 degrees of freedom
AIC: 3452.3

Number of Fisher Scoring iterations: 5

> mr1 <- glm( (diablp == "ja") ~ nrhba1c + abhba1c + recept + feet,
+           family=binomial,
+           weights=Freq,
+           data=sn.r )
> summary( mr1 )

Call:
glm(formula = (diablp == "ja") ~ nrhba1c + abhba1c + recept +

```

```

feet, family = binomial, data = sn.r, weights = Freq)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-27.265  -3.910   0.000   1.811  22.383

Coefficients:
            Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -2.26594    0.10719  -21.14 <2e-16
nrhba1cja    1.60823    0.08899   18.07 <2e-16
abhba1cja    2.46158    0.09257   26.59 <2e-16
receptja     3.53197    0.13734   25.72 <2e-16
feetja       2.05050    0.16549   12.39 <2e-16

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

Null deviance: 6919.7 on 33 degrees of freedom
Residual deviance: 3800.3 on 29 degrees of freedom
AIC: 3810.3

Number of Fisher Scoring iterations: 6

> detach( 2 )
>
> attach( person )
> # Sensitivitet
> round( rbind(
+   lpr=pctab( addmargins( table( national, lpr      ), 1 ) ) [c(1,3),1],
+   bg2.5=pctab( addmargins( table( national, bg2_5.r ), 1 ) ) [c(1,3),1],
+   bg5.1=pctab( addmargins( table( national, bg5_1.r ), 1 ) ) [c(1,3),1],
+   fod=pctab( addmargins( table( national, f.dder  ), 1 ) ) [c(1,3),1],
+   "lpr+bg2.5"=pctab( addmargins( table( national, bg2_5.r=="nej" & lpr=="nej"), 1 ) ) [c(1,3),1],
+   "lpr+bg5.1"=pctab( addmargins( table( national, bg5_1.r=="nej" & lpr=="nej"), 1 ) ) [c(1,3),1],
+   "lpr+fod"=pctab( addmargins( table( national, f.dder=="nej" & lpr=="nej"), 1 ) ) [c(1,3),1],
+   "bg2.5+bg5.1"=pctab( addmargins( table( national, bg5_1.r=="nej" & bg2_5.r=="nej"), 1 ) ) [c(1,3),1],
+   "bg2.5+fod"=pctab( addmargins( table( national, f.dder=="nej" & bg2_5.r=="nej"), 1 ) ) [c(1,3),1],
+   "bg5.1+fod"=pctab( addmargins( table( national, f.dder=="nej" & bg5_1.r=="nej"), 1 ) ) [c(1,3),1] ), 1 )
  ja Sum
lpr      67.4 53.7
bg2.5    14.9 11.9
bg5.1    46.3 36.9
fod      42.8 34.1
lpr+bg2.5 75.0 59.8
lpr+bg5.1 92.1 73.4
lpr+fod  79.8 63.6
bg2.5+bg5.1 48.9 38.9
bg2.5+fod 50.6 40.3
bg5.1+fod 72.2 57.5
> round( rbind( hba1c=pctab( addmargins( table( amt, abhba1c ), 1 ) ) [c(1,3),1],
+   no.hba1c=pctab( addmargins( table( amt, nrhba1c ), 1 ) ) [c(1,3),1],
+   recept=pctab( addmargins( table( amt, recept ), 1 ) ) [c(1,3),1],
+   feet=pctab( addmargins( table( amt, feet ), 1 ) ) [c(1,3),1],
+   "hba1c+no.hba1c"=pctab( addmargins( table( amt, abhba1c=="nej" & nrhba1c=="nej"), 1 ) ) [c(1,3),1],
+   "hba1c+recept"=pctab( addmargins( table( amt, abhba1c=="nej" & recept=="nej"), 1 ) ) [c(1,3),1],
+   "hba1c+fod"=pctab( addmargins( table( amt, abhba1c=="nej" & feet=="nej"), 1 ) ) [c(1,3),1],
+   "no.hba1c+recept"=pctab( addmargins( table( amt, nrhba1c=="nej" & recept=="nej"), 1 ) ) [c(1,3),1],
+   "no.hba1c+fod"=pctab( addmargins( table( amt, nrhba1c=="nej" & feet=="nej"), 1 ) ) [c(1,3),1],
+   "recept+fod"=pctab( addmargins( table( amt, recept=="nej" & feet=="nej"), 1 ) ) [c(1,3),1] ), 1 )
  ja Sum
hba1c    87.4 77.8
no.hba1c 82.8 73.6
recept   67.0 59.6
feet     26.8 23.9
hba1c+no.hba1c 95.6 85.1
hba1c+recept 91.5 81.4
hba1c+fod 89.8 79.9
no.hba1c+recept 90.6 80.6
no.hba1c+fod 85.6 76.2
recept+fod 71.4 63.5
>
> round( rbind(
+   c(pctab( addmargins( table( national, recept=="nej" & f.dder=="nej" & lpr=="nej"), 1 ) ) [c(1,3),1],
+   pctab( addmargins( table(      amt, recept=="nej" & f.dder=="nej" & lpr=="nej"), 1 ) ) [c(1,3),1] ),
+   c(pctab( addmargins( table( national, recept=="nej" & f.dder=="nej" & lpr=="nej" & bg5_1.r=="nej" ), 1 ) ) [c(1,3),1],
+   pctab( addmargins( table(      amt, recept=="nej" & f.dder=="nej" & lpr=="nej" & bg5_1.r=="nej" ), 1 ) ) [c(1,3),1] ),
+   ), 1 )
  ja Sum  ja Sum
[1,] 87.5 74.3 78.6 74.3
[2,] 99.2 83.6 82.4 83.6
> detach( 2 )
>
> attach( stpop[stpop$diablp=="ja", ] )
> # Sensitivitet
> round( rbind(
+   lpr=pctab( addmargins( table( national, lpr      ), 1 ) ) [c(1,3),1],
+   bg2.5=pctab( addmargins( table( national, bg2_5.r ), 1 ) ) [c(1,3),1],
+   bg5.1=pctab( addmargins( table( national, bg5_1.r ), 1 ) ) [c(1,3),1],

```

```

+         fod=pctab( addmargins( table( national, f.dder ), 1 ) ) [c(1,3),1],
+         "lpr+bg2.5"=pctab( addmargins( table( national, bg2_5.r=="nej" & lpr=="nej"), 1 ) ) [c(1,3),1],
+         "lpr+bg5.1"=pctab( addmargins( table( national, bg5_1.r=="nej" & lpr=="nej"), 1 ) ) [c(1,3),1],
+         "lpr+fod"=pctab( addmargins( table( national, f.dder=="nej" & lpr=="nej"), 1 ) ) [c(1,3),1],
+         "bg2.5+bg5.1"=pctab( addmargins( table( national, bg5_1.r=="nej" & bg2_5.r=="nej"), 1 ) ) [c(1,3),1],
+         "bg2.5+fod"=pctab( addmargins( table( national, f.dder=="nej" & bg2_5.r=="nej"), 1 ) ) [c(1,3),1],
+         "bg5.1+fod"=pctab( addmargins( table( national, f.dder=="nej" & bg5_1.r=="nej"), 1 ) ) [c(1,3),1] ), 1 )
ja Sum
lpr      74.0 63.9
bg2.5    15.1 13.0
bg5.1    44.5 38.4
fod      46.2 39.8
lpr+bg2.5 81.1 70.0
lpr+bg5.1 93.9 81.0
lpr+fod  85.7 73.9
bg2.5+bg5.1 46.9 40.4
bg2.5+fod 53.4 46.0
bg5.1+fod 71.4 61.6
> round( rbind( hba1c=pctab( addmargins( table( amt, abhba1c ), 1 ) ) [c(1,3),1],
+             no.hba1c=pctab( addmargins( table( amt, nrhba1c ), 1 ) ) [c(1,3),1],
+             recept=pctab( addmargins( table( amt, recept ), 1 ) ) [c(1,3),1],
+             feet=pctab( addmargins( table( amt, feet ), 1 ) ) [c(1,3),1],
+             "hba1c+no.hba1c"=pctab( addmargins( table( amt, abhba1c=="nej" & nrhba1c=="nej"), 1 ) ) [c(1,3),1],
+             "hba1c+recept"=pctab( addmargins( table( amt, abhba1c=="nej" & recept=="nej"), 1 ) ) [c(1,3),1],
+             "hba1c+fod"=pctab( addmargins( table( amt, abhba1c=="nej" & feet=="nej"), 1 ) ) [c(1,3),1],
+             "no.hba1c+recept"=pctab( addmargins( table( amt, nrhba1c=="nej" & recept=="nej"), 1 ) ) [c(1,3),1],
+             "no.hba1c+fod"=pctab( addmargins( table( amt, nrhba1c=="nej" & feet=="nej"), 1 ) ) [c(1,3),1],
+             "recept+fod"=pctab( addmargins( table( amt, recept=="nej" & feet=="nej"), 1 ) ) [c(1,3),1] ), 1 )
ja Sum
hba1c    92.9 90.0
no.hba1c 87.8 85.1
recept   74.3 72.0
feet     29.8 28.9
hba1c+no.hba1c 97.2 94.2
hba1c+recept 96.0 93.1
hba1c+fod  94.7 91.8
no.hba1c+recept 94.4 91.5
no.hba1c+fod 90.0 87.2
recept+fod 78.6 76.2
>
> round( rbind(
+ c(pctab( addmargins( table( national, recept=="nej" & f.dder=="nej" & lpr=="nej"), 1 ) ) [c(1,3),1],
+   pctab( addmargins( table(      amt, recept=="nej" & f.dder=="nej" & lpr=="nej"), 1 ) ) [c(1,3),1] ),
+ c(pctab( addmargins( table( national, recept=="nej" & f.dder=="nej" & lpr=="nej" & bg5_1.r=="nej" ), 1 ) ) [c(1,3),1],
+   pctab( addmargins( table(      amt, recept=="nej" & f.dder=="nej" & lpr=="nej" & bg5_1.r=="nej" ), 1 ) ) [c(1,3),1] )
+   ), 1 )
ja Sum ja Sum
[1,] 93.9 85.9 86.7 85.9
[2,] 99.7 90.8 90.7 90.8
> detach( 2 )
>
>

```

```

-----
Program: pv.R
Folder: C:\Bendix\Steno\DM-register\Monitor\R
Ended: fredag 29. april 2005, 15:00:33
Elapsed: 00:00:03
-----

```

6.6 tab4-5.r

Analyserer prædiktive værdier af de to algoritmer samt deres komponenter, samt laver en tegning af effekterne.

```

R 2.0.1
-----
Program: Tab4-5.R
Folder: C:\Bendix\Steno\DM-register\Monitor\R
Started: fredag 29. april 2005, 13:01:32
-----
> options( pl.type="win" )
> library( Lexis )

Attaching package 'Lexis':

The following object(s) are masked from package:Useful :

  steplines

```

```

>
> dm <- c(0,352,784,287,58,49,235,194,2062,1594,670,656,35,37,216,313)
> no <- c(0,155,497,7,22,0,33,1,164,6,4,0,2,0,1,0)
> vi <- c(0,17,38,1,0,1,1,0,32,2,1,2,0,0,0,0)
> lpr <- factor( rep( c("Nej","Ja"), each=8 ), levels=c("Nej","Ja") )
> gl2 <- factor( rep( rep( c("Nej","Ja"), each=4 ), 2 ), levels=c("Nej","Ja") )
> gl5 <- factor( rep( rep( c("Nej","Ja"), each=2 ), 4 ), levels=c("Nej","Ja") )
> fod <- factor( rep( c("Nej","Ja"), 8 ), levels=c("Nej","Ja") )
> ( pvn <- data.frame( lpr, gl2, gl5, fod, no, dm, vi ) )
  lpr gl2 gl5 fod no dm vi
1 Nej Nej Nej Nej 0 0 0
2 Nej Nej Nej Ja 155 352 17
3 Nej Nej Ja Nej 497 784 38
4 Nej Nej Ja Ja 7 287 1
5 Nej Ja Nej Nej 22 58 0
6 Nej Ja Nej Ja 0 49 1
7 Nej Ja Ja Nej 33 235 1
8 Nej Ja Ja Ja 1 194 0
9 Ja Nej Nej Nej 164 2062 32
10 Ja Nej Nej Ja 6 1594 2
11 Ja Nej Ja Nej 4 670 1
12 Ja Nej Ja Ja 0 656 2
13 Ja Ja Nej Nej 2 35 0
14 Ja Ja Nej Ja 0 37 0
15 Ja Ja Ja Nej 1 216 0
16 Ja Ja Ja Ja 0 313 0
> addmargins( as.table( Nn <- apply( pvn[,5:7], 2, sum ), 2 ) )
  no dm vi Sum
892 7542 95 8529
>
> m1n <- glm( cbind( dm, no ) ~ lpr + gl2 + gl5 + fod, family=binomial, data=pvn )
> summary( m1n )

Call:
glm(formula = cbind(dm, no) ~ lpr + gl2 + gl5 + fod, family = binomial,
    data = pvn)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-2.5089  -0.4705   0.2260   0.9642   2.6846

Coefficients:
            Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  -1.6914     0.1703  -9.93 <2e-16
lprJa         4.2445     0.1740  24.39 <2e-16
gl2Ja         2.0160     0.1743  11.57 <2e-16
gl5Ja         2.1348     0.1660  12.86 <2e-16
fodJa         2.6268     0.1653  15.89 <2e-16

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

Null deviance: 1658.581 on 14 degrees of freedom
Residual deviance: 31.174 on 10 degrees of freedom
AIC: 89.18

Number of Fisher Scoring iterations: 5

> ci.lin( m1n )
            Estimate StdErr      z P      2.5%      97.5%
(Intercept) -1.691361 0.1703233 -9.930296 0 -2.025189 -1.357533
lprJa        4.244456 0.1740370 24.388243 0 3.903350 4.585562
gl2Ja        2.016046 0.1742696 11.568551 0 1.674484 2.357608
gl5Ja        2.134772 0.1659683 12.862530 0 1.809480 2.460064
fodJa        2.626820 0.1652866 15.892516 0 2.302864 2.950776
>
> m2n <- glm( cbind( dm, no+vi ) ~ lpr + gl2 + gl5 + fod, family=binomial, data=pvn )
> summary( m2n )

Call:
glm(formula = cbind(dm, no + vi) ~ lpr + gl2 + gl5 + fod, family = binomial,
    data = pvn)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-2.3753  -0.9794   0.2114   1.1360   2.6678

Coefficients:
            Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  -1.6926     0.1578  -10.73 <2e-16
lprJa         4.0647     0.1599   25.43 <2e-16
gl2Ja         2.0212     0.1678   12.05 <2e-16
gl5Ja         2.0663     0.1537   13.45 <2e-16
fodJa         2.5177     0.1517   16.59 <2e-16

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

```

Null deviance: 1725.66 on 14 degrees of freedom
Residual deviance: 29.04 on 10 degrees of freedom
AIC: 92.561

Number of Fisher Scoring iterations: 5

```
> ci.lin( m2n )
      Estimate   StdErr      z P      2.5%      97.5%
(Intercept) -1.692622 0.1578010 -10.72631 0 -2.001907 -1.383338
lprJa        4.064730 0.1598666  25.42577 0  3.751397  4.378063
gl2Ja        2.021211 0.1677662  12.04778 0  1.692395  2.350026
gl5Ja        2.066284 0.1536829  13.44512 0  1.765071  2.367497
fodJa        2.517694 0.1517190  16.59446 0  2.220330  2.815058
>
> dm <- c(0,34,145,37,388,28,295,87,233,48,52,31,1169,254,3644,2008)
> no <- c(0,59,51,2,255,3,0,0,392,5,8,0,190,0,1,0)
> vi <- c(0,8,9,0,63,0,2,0,33,1,3,0,36,0,0,0)
> hb2 <- factor( rep( c("Nej","Ja"), each=8 ), levels=c("Nej","Ja") )
> hb6 <- factor( rep( rep( c("Nej","Ja"), each=4 ), 2 ), levels=c("Nej","Ja") )
> rcp <- factor( rep( rep( c("Nej","Ja"), each=2 ), 4 ), levels=c("Nej","Ja") )
> fod <- factor( rep( c("Nej","Ja"), 8 ), levels=c("Nej","Ja") )
> ( pvr <- data.frame( hb2, hb6, rcp, fod, no, dm, vi ) )
  hb2 hb6 rcp fod no  dm vi
1 Nej Nej Nej Nej 0  0 0
2 Nej Nej Nej Ja 59 34 8
3 Nej Nej Ja Nej 51 145 9
4 Nej Nej Ja Ja 2 37 0
5 Nej Ja Nej Nej 255 388 63
6 Nej Ja Nej Ja 3 28 0
7 Nej Ja Ja Nej 0 295 2
8 Nej Ja Ja Ja 0 87 0
9 Ja Nej Nej Nej 392 233 33
10 Ja Nej Nej Ja 5 48 1
11 Ja Nej Ja Nej 8 52 3
12 Ja Nej Ja Ja 0 31 0
13 Ja Ja Nej Nej 190 1169 36
14 Ja Ja Nej Ja 0 254 0
15 Ja Ja Ja Nej 1 3644 0
16 Ja Ja Ja Ja 0 2008 0
> addmargins( as.table( Nr <- apply( pvr[,5:7], 2, sum ), 2 ) )
      no  dm  vi Sum
966 8453 155 9574
>
> m1r <- glm( cbind( dm, no ) ~ hb2 + hb6 + rcp + fod, family=binomial, data=pvr )
> summary( m1r )
```

Call:

```
glm(formula = cbind(dm, no) ~ hb2 + hb6 + rcp + fod, family = binomial,
    data = pvr)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-2.8083	-0.9753	0.5825	1.6774	4.0087

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	-2.37368	0.11751	-20.20	<2e-16
hb2Ja	1.71617	0.09789	17.53	<2e-16
hb6Ja	2.70012	0.10080	26.79	<2e-16
rcpJa	3.71661	0.15483	24.00	<2e-16
fodJa	2.17118	0.17918	12.12	<2e-16

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

Null deviance: 2959.202 on 14 degrees of freedom
Residual deviance: 64.923 on 10 degrees of freedom
AIC: 120.57

Number of Fisher Scoring iterations: 5

```
> ci.lin( m1r )
      Estimate   StdErr      z P      2.5%      97.5%
(Intercept) -2.373679 0.11751263 -20.19935 0 -2.603999 -2.143358
hb2Ja        1.716173 0.09788843  17.53193 0  1.524316  1.908031
hb6Ja        2.700117 0.10079583  26.78798 0  2.502561  2.897673
rcpJa        3.716615 0.15482815  24.00477 0  3.413157  4.020072
fodJa        2.171180 0.17918358  12.11707 0  1.819987  2.522374
>
> m2r <- glm( cbind( dm, no+vi ) ~ hb2 + hb6 + rcp + fod, family=binomial, data=pvr )
> summary( m2r )
```

Call:

```
glm(formula = cbind(dm, no + vi) ~ hb2 + hb6 + rcp + fod, family = binomial,
    data = pvr)
```

Deviance Residuals:

	Min	1Q	Median	3Q	Max
	-3.5096	-0.8641	0.6336	1.6729	4.6258

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	-2.51718	0.11129	-22.62	<2e-16
hb2Ja	1.75503	0.09131	19.22	<2e-16
hb6Ja	2.62648	0.09589	27.39	<2e-16
rcpJa	3.66996	0.14223	25.80	<2e-16
fodJa	2.21174	0.17137	12.91	<2e-16

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

Null deviance: 3300.179 on 14 degrees of freedom
 Residual deviance: 72.466 on 10 degrees of freedom
 AIC: 131.61

Number of Fisher Scoring iterations: 5

```
> ci.lin( m2r )
      Estimate      StdErr          z P          2.5%          97.5%
(Intercept) -2.517178 0.11129232 -22.61772 0 -2.735307 -2.299049
hb2Ja        1.755027 0.09130506  19.22157 0  1.576072  1.933981
hb6Ja        2.626482 0.09589378  27.38950 0  2.438534  2.814430
rcpJa        3.669957 0.14222911  25.80313 0  3.391193  3.948721
fodJa        2.211738 0.17136586  12.90652 0  1.875867  2.547608
>
> e1 <- rbind( rep( NA, 3 ),
+             ci.lin( m1r )[-1,c(1,5,6)],
+             rep( NA, 3 ),
+             ci.lin( m1n )[-1,c(1,5,6)] )
> e2 <- rbind( rep( NA, 3 ),
+             ci.lin( m2r )[-1,c(1,5,6)],
+             rep( NA, 3 ),
+             ci.lin( m2n )[-1,c(1,5,6)] )
> yt <- c( 11:7,5:1 )
> rownames( e1 ) <- c("Regional","2+ HbA1c","HbA1c > 6.4%","Recepter","Fodterapi",
+                   "National","LPR","2 PG / 5 yr","5 PG / 1 yr","Fodterapi")
> cbind( e1, exp( e1 ) )
      Estimate      2.5%      97.5% Estimate      2.5%      97.5%
Regional      NA      NA      NA      NA      NA      NA
2+ HbA1c      1.716173 1.524316 1.908031  5.563199  4.592000  6.739806
HbA1c > 6.4%  2.700117 2.502561 2.897673 14.881469 12.213728 18.131902
Recepter      3.716615 3.413157 4.020072 41.124934 30.360943 55.705128
Fodterapi     2.171180 1.819987 2.522374  8.768626  6.171777 12.458131
National      NA      NA      NA      NA      NA      NA
LPR           4.244456 3.903350 4.585562 69.717819 49.568212 98.058293
2 PG / 5 yr   2.016046 1.674484 2.357608  7.508579  5.336042 10.565651
5 PG / 1 yr   2.134772 1.809480 2.460064  8.455120  6.107273 11.705561
Fodterapi     2.626820 2.302864 2.950776 13.829724 10.002793 19.120785
>
> plt( "pvp", height=6 )
> par( mgp=c(3,1,0)/1.6, mar=c(3,1,0,0) )
> plot.est( exp( e1 ), y =yt+0.0, grid=T, xtic=c(1,2,5,10,20,50,100),
+          ylim=c(0.5,11), col.l="transparent", col.p="transparent",
+          xlog=T, vref=1, lwd=3, cex=1.5, xlab="OR for verifikation" )
> points.est( exp( e2 ), y =yt-0.1,
+            lwd=3, cex=1.5, col.l=gray(0.6), col.p=gray(0.6) )
> points.est( exp( e1 ), y =yt+0.1,
+            lwd=3, cex=1.5, col.l=gray(0.0), col.p=gray(0.0) )
> text( 1.1, 11,
+       paste( "PV+":, formatC( Nr[2]/sum(Nr[-3])*100, format="f", dig=1 ), "% /",
+             formatC( Nr[2]/sum(Nr) *100, format="f", dig=1 ), "%" ),
+       adj=0 )
> text( 1.1, 5,
+       paste( "PV+":, formatC( Nn[2]/sum(Nn[-3])*100, format="f", dig=1 ), "% /",
+             formatC( Nn[2]/sum(Nn) *100, format="f", dig=1 ), "%" ),
+       adj=0 )
>
>
-----
Program: Tab4-5.R
Folder: C:\Bendix\Steno\DM-register\Monitor\R
Ended: fredag 29. april 2005, 13:01:33
Elapsed: 00:00:01
-----
```