Wstęp do testów nieparametrycznych

Wstęp do testów nieparametrycznych

Parametryczne vs nieparametryczne

Większość poznanych przez Państwa procedur statystycznych obejmuje estymację parametrów rozkładu populacji, z której pochodziła próba lub próby. Procedury te opierają na pewnych założeniach dotyczących rozkładu populacji. Na przykład, jednym z założeń testu t jest to, że populacja, z której pochodzą próby (lub próba) ma rozkład normalny. Takie testy (opierające się na estymacji parametrów i/lub założeniach dotyczących rozkładu) nazywać będziemy testami **parametrycznymi**. Testy **nieparametryczne** nie wymagają normalności rozkładu, ale mają własne założenia.

Kiedy użyć testu nieparametrycznego?

Przede wszystkim powinniśmy się zastanowić, czy nasze dane spełniają założenia testu parametrycznego, którego chcemy użyć. Jeżeli chcemy użyć testu t, to musimy zadać sobie pytanie - na ile uprawnieni jesteśmy, żeby zakładac, że rozkład danej zmiennej w populacji jest normalny.

Kiedy możemy rozsądnie założyć, że rozkład w populacji nie jest normalny?

- kiedy nasza zmienna jest na skali porządkowej
- kiedy mamy jakieś obserwacje odstające (których nie możemy się pozbyć)
- kiedy widać to na jednym z wykresów diagnostycznych (histogram, wykres kwantyl-kwantyl)

Kiedy jeszcze możemy użyć testów nieparametryczny?

- kiedy bardziej niż średnia interesuje nas mediana
- kiedy mamy bardzo małe grupy

Kiedy nie jest rozsądnie założyć, że rozkład populacji nie jest normalny?

- kiedy mamy dużą próbę i jakiś test na normalność odrzuci nam hipotezę, że dane pochodza z rozkładu normalnego, ale w rzeczywistości rozbieżność nie jest duża (testy parametryczne sa dość odporne na lekką skośność itp.)

Testy na rangach

Test rangowanych znaków Wilcoxona dla prób zależnych

Załóżmy, że chcielibyśmy przetestować hipotezę zgodnie z którą długofalowe bieganie redukuje ciśnienie krwi. Aby przetestować tę hipotezę zmierzyliśmy ciśnienie krwi naszym uczestnikom a nastepnie kazaliśmy im systematycznie biegać przez 6 miesięcy, po których ponownie zmierzyliśmy ciśnienie krwi.

Naszą zmienną zależną jest w tym wypadku *zmiana ciśnienia krwi po 6 miesiącach*. Jeżeli bieganie rzeczywiście obniża ciśnienie krwi, to oczekujemy że większość badanych uzyska niższy wynik przy drugim pomiarze. Oczekujemy więc dodatniej różnicy między pomiarami. Oczekujemy również że wśród tych, u których ciśnienie krwi zwiększyło się, zmiana ta nie będzie duża.

Z drugiej strony, jeżeli bieganie jest nieefektywne, to oczekujemy że około połowa różnic będzie dodatnia, a połowa ujemna, a różnice dodatnie będą mniej-więcej takie same jak te ujemne, jeśli chodzi o ich odległość od zera.

Załóżmy, że opisany powyżej eksperyment dał następujące wyniki:

```
przed <- c(130, 170, 125, 170, 130, 130, 125, 160)
po <- c(120, 163, 120, 135, 143, 136, 124, 120)
roznica <- przed - po

print(przed)
```

```
[1] 130 170 125 170 130 130 125 160
```

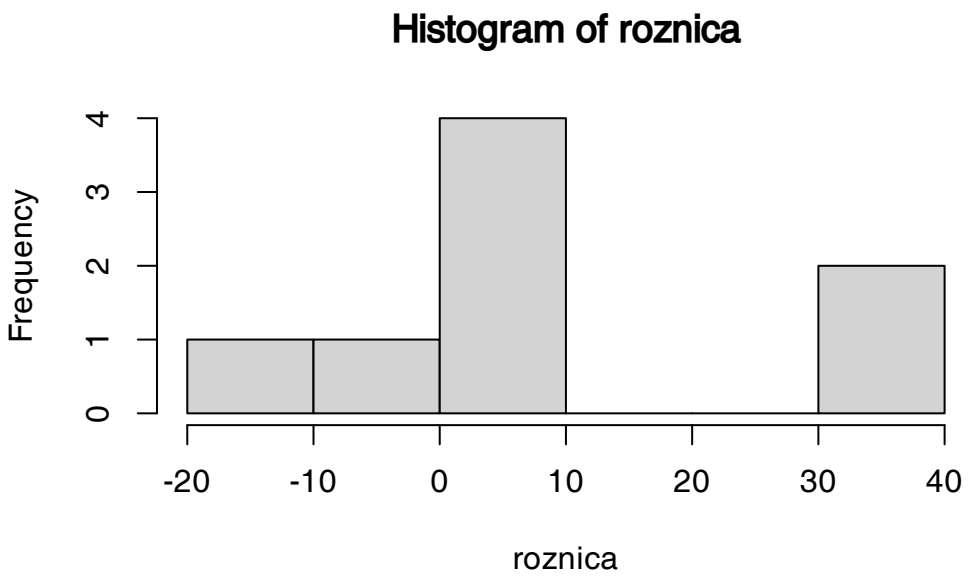
```
print(po)
```

```
[1] 120 163 120 135 143 136 124 120
```

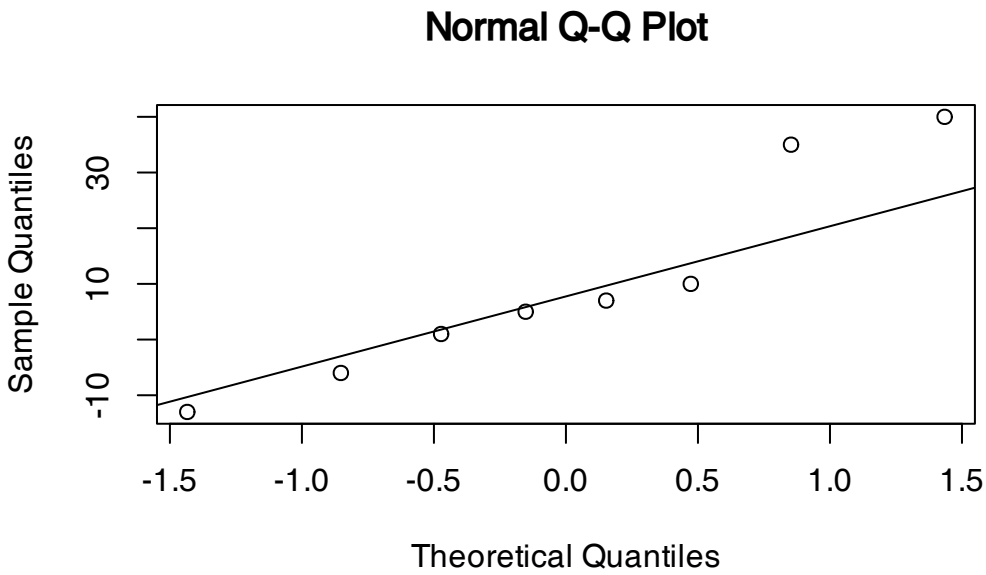
```
print(roznica)
```

```
[1]  10   7   5  35 -13  -6   1  40
```

```
hist(roznica)
```




```
qqnorm(roznica)
qqline(roznica)
```



Przyjmijmy, że nie możemy (albo nie chcemy!) zakładać, że nasze obserwacje pochodzą z rozkładu normalnego. Co możemy w takiej sytuacji zrobić? Czy jedyne co nam pozostaje, to poddać się? Nie! Tak jak powiedzieliśmy sobie wcześniej, jeśli bieganie nie ma wpływu na

ciśnienie, to oczekujemy (odrobinę upraszczając), że połowa naszych różnic będzie ujemna, a połowa będzie dodatnia. Mówiąc bardziej precyzyjnie, nasza hipoteza zerowa głosi, że różnice będzie symetrycznie rozłożone wokół zera, hipoteza alternatywna (którą chcemy potwierdzić!) mówi zaś, że nie będą symetrycznie rozłożone wokół zera.

Na początek wykluczymy z naszej próby wszystkie te obserwacje, w których różnica wynosiła dokładnie zero. W naszej próbie nie ma takich obseracji, ale przeprowadzając test Wilcoxona należy to zrobić.

```
print(roznica)
```

```
[1]  10   7   5  35 -13  -6   1  40
```

```
roznica <- roznica[roznica != 0]
```

Następnie uporządkujemy nasze obserwacje od tych, gdzie wartość bezwzględna różnic jest najmniejsza do tej, gdzie jest największej.

```
sorted_roznica <- roznica[order(abs(roznica))]
print(sorted_roznica)
```

```
[1]   1   5  -6   7  10 -13  35  40
```

Następnie przypiszemy każdej obserwacji 1 jeśli różnica jest dodatnia i -1 jeśli różnica jest ujemna (jest to funkcja *signum* nazywana także w skrócie *sgn*).

```
sgn_roznica <- ifelse(sorted_roznica > 0, 1, -1)
print(sgn_roznica)
```

```
[1]  1  1 -1  1  1 -1  1  1
```

Następnie każdej naszej obserwacji przypiszemy rangę według wartości bezwzględnej różnicy. Jeżeli dwie lub więcej wartości są takie same, przypiszemy im średnią z zajmowanych rang. Na przykład dwie jednakowe wartości na miejscach 2 i 3 otrzymają rangę 2.5. Funkcja `rank()` zrobi to za nas.

```
ranks <- rank(abs(sorted_roznica))
print(ranks)
```

```
[1] 1 2 3 4 5 6 7 8
```

Naszą statystyką testową (którą nazwiemy V) będzie suma iloczynów *signum* różnicy i jej rangi dla tych obserwacji, dla których signum jest dodatnie.

```
V <- sum(sgn_roznica[sgn_roznica > 0] * ranks[sgn_roznica > 0])
print(V)
```

```
[1] 27
```

Jaki rozkład ma tak zdefiniowana zmienna losowa? Sprawa nie jest prosta - dla małych liczebności prób rozkład ten możemy wyliczyć (ale jest to dość zasobochłonne!) dla dużych ($n > 50$) korzysta się czasami z przyblizenia z rozkładu normalnego. My jednak w ten problem nie będziemy się wgłębiać i posłużymy się odpowiednią funkcją wbudowaną w R w celu obliczenia wartości p:

```
psignrank(V-1, length(roznica), lower.tail = F)
```

```
[1] 0.125
```

Powyższy sposób obliczania wartości p za pomocą `psignrank()` dotyczy naszego przykładu bez remisów, czyli bez jednakowych wartości bezwzględnych różnic. Przy remisach skorzystajmy z funkcji `wilcox.test()`, która je uwzględnia.

Nic oczywiście nie stoi na przeszkodzie, aby posłużyć się tutaj funkcją `wilcox.test` wbudowaną w R:

```
wilcox.test(przed, po, paired = TRUE)
```

```

    Wilcoxon signed rank exact test

data:  przed and po
V = 27, p-value = 0.25
alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
```

```
wilcox.test(przed, po, paired = TRUE, alternative = 'greater')
```

```

    Wilcoxon signed rank exact test

data:  przed and po
V = 27, p-value = 0.125
alternative hypothesis: true location shift is greater than 0
```

UWAGA W literaturze spotkają się Państwo z nieco innym sposobem obliczania statystyki testowej w tym przypadku (i inną jej nazwą, W). Proszę uwierzyć, że te sposoby są ekwiwalentne (oczywiście jeśli korzystamy z właściwego rozkładu!)

Niestety, okazuje się, że 6 miesięcy biegania nie sprawi, że nagle staniemy się okazami zdrowia! A szkoda...

Test U Manna-Whitneya/Test sumy rank Wilcoxona dla prób niezależnych

Rozważmy następujące dane dotyczące liczby stresujących wydarzeń w ostatnim czasie wśród pacjentów oddziału kardiologicznego i ortopedycznego. Wiemy, że stresującym zdarzeniom w życiu (małżeństwo, nowa praca, śmierć partnera, urodzenie dziecka) często towarzyszą choroby i jest rozsądnie oczekiwać, że pacjenci oddziału kardiologicznego przeważnie doświadczyli większej liczby stresujących wydarzeń, niż pacjenci oddziału ortopedycznego. Mamy pewne podejrzenia, że wyniki na skali stresu mogą nie mieć symetrycznego rozkładu w populacji (szczególnie w przypadku pacjentów kardiologicznych, jeżeli nasza hipoteza potwierdziłaby się) dlatego użyjemy testu nieparametrycznego.

Tym razem nie będziemy przeprowadzać obliczeń ręcznie - są dość podobne do obliczeń wykonanych w poprzednim zadaniu. Zainteresowani doczytają w jaki sposób przeprowadzić ten test "na papierze". My posłużymy się funkcją `wilcox.test`.

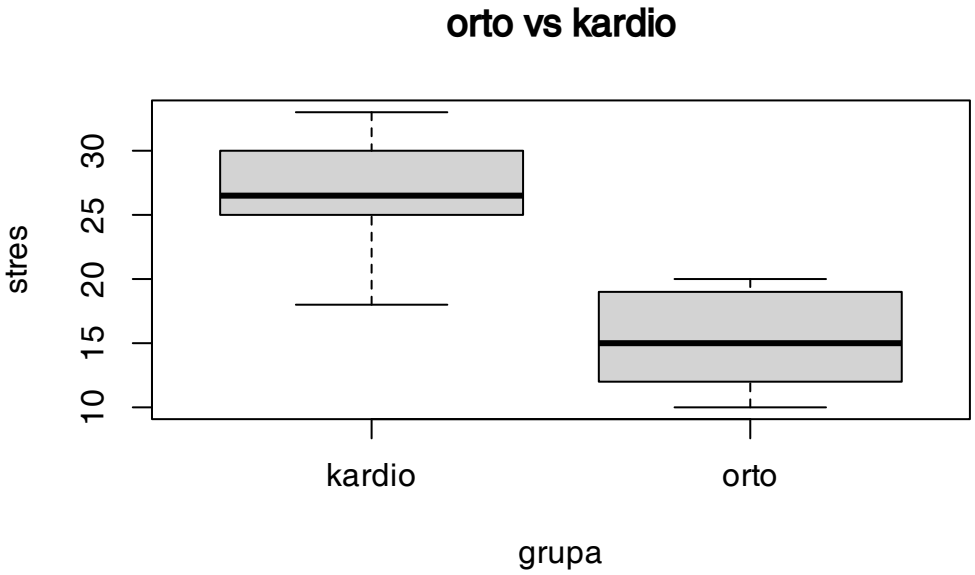
```
orto <- c(10, 12, 17, 13, 19, 20)
kardio <- c(30, 26, 25, 33, 18, 27)
data_ex <- data.frame(stres = c(orto, kardio),
                      grupa = c(rep('orto', length(orto)), rep('kardio',
                       ↪  length(kardio))))

wilcox.test(stres ~ grupa, alternative = "greater", data = data_ex)
```

```
    Wilcoxon rank sum exact test

data:  stres by grupa
W = 34, p-value = 0.004329
alternative hypothesis: true location shift is greater than 0
```

```
boxplot(stres ~ grupa, data = data_ex, main = "orto vs kardio")
```



Zgodność sędziów

Kappa Cohena

Załóżmy, że poprosiliśmy sędziego ze znacznym doświadczeniem klinicznym o przeprowadzenie wywiadów z 30 nastolatkami i zakwalifikowanie każdego z nich jako przejawiających: (1) brak problemów behawioralnych, (2) internalizację problemów behawioralnych, (3) eksternalizację problemów behawioralnych.

Każdy, kto recenzowałby naszą pracę zastanawiałby się nad wiarygodnością naszych pomiarów - skąd wiemy, że sędzia jest w tym co robi lepszy, niż gdyby po prostu zgadywał na chybił-trafił? Aby wykluczyć tę możliwość, poprosiliśmy drugiego sędziego o porównywalnym wykształcenie oraz doświadczeniu zawodowym o przeprowadzenie niezależnej klasyfikacji na podstawie transkrypcji tych samych wywiadów. Po zebraniu danych, to znaczy przeprowadzeniu wywiadów oraz ich ocenie przez dwóch sędziów, utworzyliśmy tabelę krzyżową pokazującą zgodę (oraz jej brak) między naszymi oceniającymi.

```
# Potrzebny nam jest pakiet `irr` (interrater reliability)
#install.packages('irr')

judge_1 = c(rep('brak problemu',15), rep('internalizacja', 2),
 ↪  rep('eksternalizacja', 3),
            rep('brak problemu', 1), rep('internalizacja', 3),
             ↪  rep('eksternalizacja', 2),
            rep('brak problemu', 0), rep('internalizacja', 1),
             ↪  rep('eksternalizacja', 3))
```

```r
judge_2 = c(rep('brak problemu',20), rep('internalizacja', 6),
 ↪  rep('eksternalizacja',4))

kategoryzacja = data.frame(przypadek = 1:30, sedzia_1 = judge_1, sedzia_2 =
 ↪  judge_2)
kategoryzacja
```

```
   przypadek        sedzia_1        sedzia_2
1          1   brak problemu   brak problemu
2          2   brak problemu   brak problemu
3          3   brak problemu   brak problemu
4          4   brak problemu   brak problemu
5          5   brak problemu   brak problemu
6          6   brak problemu   brak problemu
7          7   brak problemu   brak problemu
8          8   brak problemu   brak problemu
9          9   brak problemu   brak problemu
10        10   brak problemu   brak problemu
11        11   brak problemu   brak problemu
12        12   brak problemu   brak problemu
13        13   brak problemu   brak problemu
14        14   brak problemu   brak problemu
15        15   brak problemu   brak problemu
16        16  internalizacja   brak problemu
17        17  internalizacja   brak problemu
18        18 eksternalizacja   brak problemu
19        19 eksternalizacja   brak problemu
20        20 eksternalizacja   brak problemu
21        21   brak problemu  internalizacja
22        22  internalizacja  internalizacja
23        23  internalizacja  internalizacja
24        24  internalizacja  internalizacja
25        25 eksternalizacja  internalizacja
26        26 eksternalizacja  internalizacja
27        27  internalizacja eksternalizacja
28        28 eksternalizacja eksternalizacja
29        29 eksternalizacja eksternalizacja
30        30 eksternalizacja eksternalizacja
```

```r
table(kategoryzacja$sedzia_1, kategoryzacja$sedzia_2)
```

```
                brak problemu eksternalizacja internalizacja
brak problemu              15               0              1
eksternalizacja             3               3              2
internalizacja              2               1              3
```

Moglibyśmy po prostu policzyć, w jakiej liczbie przypadków nasi sędziowie się zgadzali i zobaczyć, czy jest to więcej niz 50% przypadków. Byłoby to jednak złe podejście. Gdyby np. każdy z sędziów losowo w 80% przypadków stawiał określoną diagnozę, to wówczas mielibyśmy dość duzą szansę na to, że między nimi wystąpi dość duża zgoda, ale będzie to wciąż wynik przypadku a nie faktycznej zbieżności opinii.

```
library(irr)
```

```
Loading required package: lpSolve
```

```
agree(kategoryzacja[, c("sedzia_1", "sedzia_2")])
```

```
 Percentage agreement (Tolerance=0)

 Subjects = 30
   Raters = 2
  %-agree = 70
```

Sposobem na poradzenie sobie z tym jest obliczenie wartosci Kappa (κ) Cohena. Jest to zgodność między sędziamy z poprawką na to, że jej część moze być efektem przypadku. Możemy nawet potraktować ją jako statystykę testową i sprawdzić jakie jest jej prawdopodobieństwo przy hipotezie zerowej ($\kappa = 0$, czyli cała zaobserwowana zgodność jest wynikiem przypadku) ale proszę pamiętać, ze nawet małę wartosci będą statystycznie istotne.

W tym artykule znajdą Państwo pewne reguły interpretacji Kappy dla nauk biomedycznych (a podobne artykuły dotyczące innych dziedzin łatwo znaleźć w internecie):

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3900052/

```
kappa2(kategoryzacja[, c("sedzia_1", "sedzia_2")])
```

```
 Cohen's Kappa for 2 Raters (Weights: unweighted)

 Subjects = 30
   Raters = 2
    Kappa = 0.473

        z = 3.68
  p-value = 0.000232
```

Kappa Fleissa

A co by się stalo, gdybyśmy mieli nie 2 a 3 sędziów? Musielibyśmy wówczas użyć innej miary - zamiast Kappy Cohena użyjemy wtedy Kappy Fleissa. Jej interpretacja jest analogiczna.

```
judge_3 = c(rep('brak problemu',17), rep('internalizacja', 8),
 ↪  rep('eksternalizacja',5))
kategoryzacja2 = data.frame(sedzia_1 = judge_1, sedzia_2 = judge_2, sedzia_3
 ↪  = judge_3)
kappam.fleiss(kategoryzacja2)
```

```
 Fleiss' Kappa for m Raters

 Subjects = 30
   Raters = 3
    Kappa = 0.589

        z = 7.6
  p-value = 2.86e-14
```

Nieparametryczna "analiza wariancji"

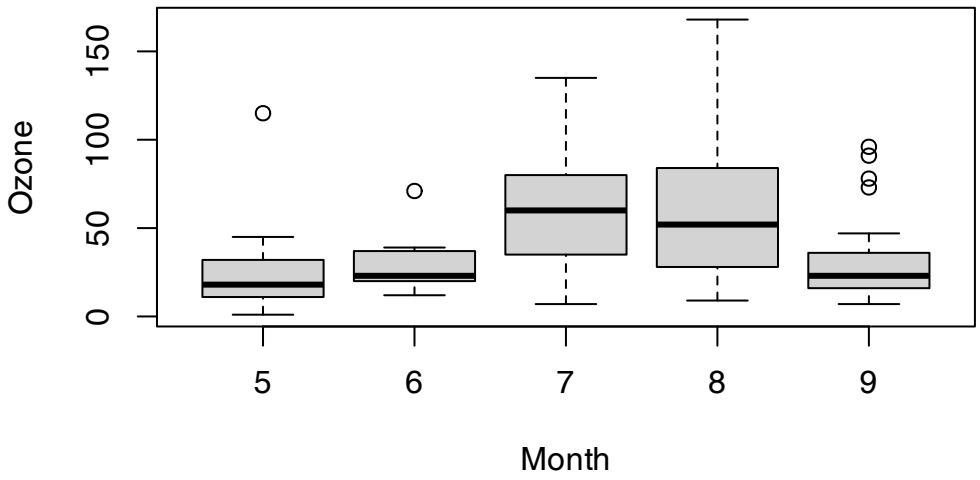
Test Kruskala-Wallisa

Jest to nieparametryczny odpowiednik analizy wariancji, z tą różnicą, że zamiast na wartościach pracujemy na rangach, tak jak w przypadku testu sumy rang Wilcoxona (test Kruskala-Wallisa jest jego uogólnieniem).

Załóżmy, że chcielibyśmy dowiedzieć się czy w którymś miesiacu roku poziom ozonu jest większy, niż w innych. W tym celu od maja do września przeprowadzaliśmy pomiary stężenia ozonu w powietrzu. Załóżmy również, że mamy dobre powody aby uznać, że rozkład, z którego pochodzą nasze obserwacje odbiega od rozkładu normalnego. Dodatkowo mamy pewne powody, żeby mniejszą wagę przyznawać obserwacjom skrajnym - to, że w jakimś miesiącu jeden czy dwa dni charakteryzowały się dużym stężeniem ozonu nie powinno mieć duzego znaczenia.

W tym przypadku hipoteza zerowa głosi, że obserwacje w każdym miesiącu pochodzą z tego samego rozkładu.

```
boxplot(Ozone ~ Month, data = airquality)
```




```
kruskal.test(Ozone ~ Month, data = airquality)
```

```
    Kruskal-Wallis rank sum test

data:  Ozone by Month
Kruskal-Wallis chi-squared = 29.267, df = 4, p-value = 6.901e-06
```

Sam test Kruskalla-Wallisa nie powie nam które miesiące statystycznie odbiegają od innych. Mówi nam tylko, że przynajmniej jedna próba pochodzi z innego rozkładu niż inna próba. Jak dowiedzieć się które to próby i które miesiące są istotnie różne od których? Musimy posłużyć się testem *post-hoc*. W przypadku testu Kruskala-Wallisa musimy wybrać taki, który również operuje na rangach. W tym przypadku odpowiedni jest test Dunna.

Porównujemy jednocześnie wiele par miesięcy, co zwiększa ryzyko znalezienia istotnej różnicy przez przypadek. Zastosujemy więc korektę Holma na wielokrotne porównania.

```
#install.packages('dunn.test')
library(dunn.test)
dunn.test(
  airquality$Ozone,
  airquality$Month,
  method = "holm",
  altp = TRUE
)
```

```
  Kruskal-Wallis rank sum test

data: x and group
```

```
Kruskal-Wallis chi-squared = 29.2666, df = 4, p-value = 0

                    Dunn's Pairwise Comparison of x by group
                                    (Holm)

Col Mean-
Row Mean            5          6          7          8

       6    -0.925159
               1.0000

       7    -4.419470  -2.244208
              0.0001*     0.1489

       8    -4.132813  -2.038635   0.286657
              0.0003*     0.2074     1.0000

       9    -1.321202   0.002539   3.217199   2.922827
               0.7457     0.9980     0.0104*    0.0243*

FWER = 0.05
Reject Ho if adjusted p  FWER with stopping rule, where (unadjusted) p =
 ↪  Pr(|Z|  |z|)
```

W każdej komórce tabeli mamy na górze wartość statystyki testowej, a na dole dwustronną wartość p po korekcie Holma na wielokrotne porównania. Przy poziomie 0.05 istotne są różnice między miesiącami 5 i 7, 5 i 8, 7 i 9 oraz 8 i 9.

Wariacje na temat χ^2

Test McNemara

Wyobraźmy sobie, że chcemy sprawdzić, czy uczestnictwo w kursie "Statystyka z R" zwiększa sympatię do statystyki. W tym celu przeprowadziliśmy badanie - spytaliśmy grupę 64 studentów kognitywistyki przed i po kursie o ich uczucia do statystyki.

Moglibyśmy skorzystać ze zwykłego testu niezależności χ^2, ale nie uwzględnilibyśmy wtedy faktu, że pomiary można połączyć w pary. Zrobilibyśmy to wtedy tak:

```
statystyka <- matrix(c(36, 28, 45, 19),
       nrow = 2,
       dimnames = list("Przed statystyką" = c("Przed statystyką", "Po
        ↪  statystyce"),
```

```
                      "Po statystyce" = c("Lubię", "Nie lubię")), byrow =
                       ↪  TRUE)
statystyka
```

```
                 Po statystyce
Przed statystyką  Lubię Nie lubię
  Przed statystyką     36        28
  Po statystyce        45        19
```

```
chisq.test(statystyka)
```

```
    Pearson's Chi-squared test with Yates' continuity correction

data:  statystyka
X-squared = 2.1518, df = 1, p-value = 0.1424
```

Możemy również sparować obserwacje i postawić trochę inną hipotezę - że częściej zmiana była w kierunki nie lubię -> lubię niż lubię -> nie lubię.

Hipoteza zerowa stwierdza więc, że prawdopodobieństwo zaklasyfikowania do komórki [i,j] i [j,i] jest takie samo.

```
statystyka <- matrix(c(33, 12, 3, 16),
       nrow = 2,
       dimnames = list("Przed statystyką" = c("Lubię", "Nie lubię"),
                       "Po statystyce" = c("Lubię", "Nie lubię")))
statystyka
```

```
               Po statystyce
Przed statystyką Lubię Nie lubię
       Lubię        33         3
       Nie lubię    12        16
```

```
mcnemar.test(statystyka)
```

```
    McNemar's Chi-squared test with continuity correction

data:  statystyka
McNemar's chi-squared = 4.2667, df = 1, p-value = 0.03887
```

Jak widzimy, w przypadku testu niezależności χ^2 różnica nie jest statystycznie istotna, a w przypadku testu MacNemara jest. Jest tak, ponieważ używajac tego drugiego, używamy dodatkowej informacji o obserwacjach. W praktyce skutkuje to większą mocą testu. Warto więc użyć testu McNemara, jeśli nasz schemat eksperymentalny zakłada dwa pomiary!

Regresja logistyczna (od strony R)

Statystyczna istotność współczynników w regresji logistycznej

Większość z państwa będzie uczyć się regresji logistycznej na zajęciach ze Statystyki II. Tutaj chciałbym Państwu pokazać tylko przykład, jak można za pomocą R dopasować odpowiedni model do danych i jak odczytać wyniki odpowiednich testów dotyczących współczynników.

Załóżmy, że chcielibyśmy dowiedzieć się, które czynniki miały wpływ na to, czy w katastrofie Titanica ktoś przeżył, czy nie. Tak się składa, że dysponujemy dość dokładnymi danymi z katastrofy (pakiet `titanic`) i możemy spróbować odpowiedzieć na to pytanie. Poniżej znajduje się objaśnienie poszczególnych zmiennych.

Data Dictionary

```
Variable    Definition  Key
survival    Survival    0 = No, 1 = Yes
pclass  Ticket class    1 = 1st, 2 = 2nd, 3 = 3rd
sex Sex
Age Age in years
sibsp   # of siblings / spouses aboard the Titanic
parch   # of parents / children aboard the Titanic
ticket  Ticket number
fare    Passenger fare
cabin   Cabin number
embarked    Port of Embarkation C = Cherbourg, Q = Queenstown, S =
 ↪  Southampton
Variable Notes
pclass: A proxy for socio-economic status (SES)
1st = Upper
2nd = Middle
3rd = Lower
```

```r
#install.packages('titanic')
library(titanic)
head(titanic_train)
```

```
  PassengerId Survived Pclass
1           1        0      3
2           2        1      1
3           3        1      3
4           4        1      1
5           5        0      3
6           6        0      3
                                                 Name    Sex Age SibSp Parch
1                             Braund, Mr. Owen Harris   male  22     1     0
2 Cumings, Mrs. John Bradley (Florence Briggs Thayer) female  38     1     0
3                              Heikkinen, Miss. Laina female  26     0     0
4        Futrelle, Mrs. Jacques Heath (Lily May Peel) female  35     1     0
5                            Allen, Mr. William Henry   male  35     0     0
6                                    Moran, Mr. James   male  NA     0     0
            Ticket    Fare Cabin Embarked
1        A/5 21171  7.2500              S
2         PC 17599 71.2833   C85        C
3 STON/O2. 3101282  7.9250              S
4           113803 53.1000  C123        S
5           373450  8.0500              S
6           330877  8.4583              Q
```

```r
model = glm(Survived ~ Sex + Age + Pclass + Fare + Embarked + SibSp,
            family = 'binomial',
            data = titanic_train)
summary(model)
```

```
Call:
glm(formula = Survived ~ Sex + Age + Pclass + Fare + Embarked +
    SibSp, family = "binomial", data = titanic_train)

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  17.926254 607.935670   0.029  0.97648
Sexmale      -2.616787   0.217336 -12.040  < 2e-16 ***
Age          -0.043310   0.008229  -5.263 1.42e-07 ***
Pclass       -1.210216   0.162953  -7.427 1.11e-13 ***
Fare          0.001152   0.002429   0.474  0.63536
EmbarkedC   -12.288495 607.935446  -0.020  0.98387
EmbarkedQ   -13.104016 607.935649  -0.022  0.98280
EmbarkedS   -12.692074 607.935424  -0.021  0.98334
SibSp        -0.379557   0.124713  -3.043  0.00234 **
```

```
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

    Null deviance: 964.52  on 713  degrees of freedom
Residual deviance: 632.58  on 705  degrees of freedom
  (177 observations deleted due to missingness)
AIC: 650.58

Number of Fisher Scoring iterations: 13
```