



Evaluation und Metaanalyse

MSc Klinische Psychologie und Psychotherapie

SoSe 2024

Prof. Dr. Dirk Ostwald

Überblick

Datum	Einheit	Thema
12.04.2024	Einführung	(1) Evaluationsforschung
19.04.2024	Metanalyse	(2) Metaanalysen
26.04.2024	Metanalyse	(3) Standardisierte Effektgrößenschätzung
03.05.2024	Metaanalyse	(4) Fixed- und Random-Effects-Modelle
10.05.2024	Linear Mixed Models	(5) Linear Mixed Models
17.05.2024	Linear Mixed Models	(5) Linear Mixed Models
24.05.2024	Präsentationen	
03.06.2024	Präsentationen	
07.06.2024	Linear Mixed Models	(5) Linear Mixed Models
17.06.2024	Linear Mixed Models	(6) Mehrebenenanalyse
24.06.2024	Präsentationen	
28.06.2024	Linear Mixed Models	(7) Longitudinalanalyse
08.07.2024	Linear Mixed Models	(7) Longitudinalanalyse
12.07.2024	Q&A	
19.07.2024	Klausur	
Februar 2025	Klausurwiederholungstermin	

(8) Longitudinalanalyse

Motivation

Zweistichproben-T-Test bei abhängigen Stichproben

Einfaktorielle Varianzanalyse mit Messwiederholung

Trendanalyse mit Linear Mixed Models

Selbstkontrollfragen

Motivation

Zweistichproben-T-Test bei abhängigen Stichproben

Einfaktorielle Varianzanalyse mit Messwiederholung

Trendanalyse mit Linear Mixed Models

Selbstkontrollfragen

Motivation

Longitudinalanalyse

Mehrere Messungen ("Repeated Measures") an einer experimentellen Einheit

Annahme der Zufallsfehlerkorrelation innerhalb einer experimentellen Einheit

Typische Beispiele

- Messungen aller Studienbedingungen an einer Proband:in ("Within-Designs")
- Mehrere Messungen an einer Patient:in über den Verlauf einer Psychotherapie

Die Standardtheorie des Allgemeinen Linearen Modells deckt diesen Fall nicht ab

- Annahme der Abwesenheit von Zufallsfehlerkorrelationen zwischen Messpunkten
- Keine mehrfachen Messungen an einer experimentellen Einheit ("Between-Designs")

Aktives Methodenforschungsfeld spätestens seit den 1970er (vgl. Huynh and Feldt (1970))

In der Anwendungen scheinen LMMs momentan Mittel der Wahl (vgl. Detry and Ma (2016))

Motivation

Longitudinalanalyse

Zweistichproben-T-Test bei abhängigen Stichproben

- Rückführung eines Within-Designs auf eine Between-Design-Analyse

Einfaktorielle Varianzanalyse mit Messwiederholung

- Rückführung eines Within-Designs auf eine (korrigierte) Between-Design-Analyse

Trendanalyse mit Linear Mixed Models

- Basale Anwendung von LMMs zur Analyse von Zeitseriendaten

Motivation

Zweistichproben-T-Test bei abhängigen Stichproben

Einfaktorielle Varianzanalyse mit Messwiederholung

Trendanalyse mit Linear Mixed Models

Selbstkontrollfragen

Zweistichproben-T-Test bei abhängigen Stichproben

Anwendungsszenario

- Zwei Messungen an einer Gruppe experimenteller Einheiten
- Annahme “abhängiger Normalverteilungen” der Gruppen
- Absicht der messungsbezogenen Erwartungswertparameterinferenz

Anwendungsbeispiel

- Pre- und Posttherapie BDI-II Daten einer Gruppe von $n = 5$ Patient:innen
- Patient:innen indiziert mit $i = 1, \dots, n$
- Messungen indiziert mit $j = 1, 2$ für Pre-Therapie bzw. Post-Therapie

Zweistichproben-T-Test bei abhängigen Stichproben

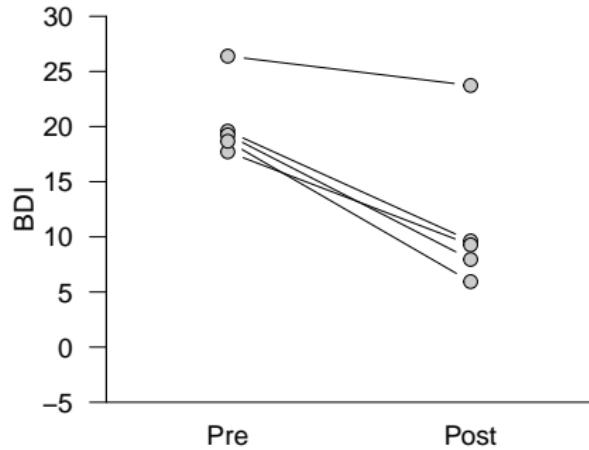
Beispieldatensatz im Wide Format

```
D           = read.csv("./7_Daten/ztt_as_w.csv")      # Dateneinlesen  
print(D, digits = 1)                                # Print
```

	X	Pre	Post	
1	Patient.in	1	20	10
2	Patient.in	2	18	9
3	Patient.in	3	26	24
4	Patient.in	4	19	8
5	Patient.in	5	19	6

Zweistichproben-T-Test bei abhängigen Stichproben

Anwendungsbeispiel



Zweistichproben-T-Test bei abhängigen Stichproben

Beispieldatensatz im Long Format

```
D = read.csv("./7_Daten/ztt_as_l.csv")          # Dateneinlesen
print(D, digits = 1)                            # Print
```

	Patient	in	Messung	BDI
1		1	Pre	20
2		1	Post	10
3		2	Pre	18
4		2	Post	9
5		3	Pre	26
6		3	Post	24
7		4	Pre	19
8		4	Post	8
9		5	Pre	19
10		5	Post	6

Zweistichproben-T-Test bei abhängigen Stichproben

Definition (ZTT-AS-Modell in struktureller Form)

y_{ij} mit $i = 1, \dots, n$ und $j = 1, 2$ sei die Zufallsvariable, die den Datenpunkt der i ten experimentellen Einheit in der j Messung eines Zweistichproben-T-Test bei abhängigen Stichproben Szenarios modelliert. Dann hat das Modell des Zweistichproben-T-Test bei abhängigen Stichproben die strukturelle Form

$$y_{ij} = \mu_j + \pi_i + \varepsilon_{ij} \text{ mit } \pi_i \sim N(0, \sigma_\pi^2) \text{ und } \varepsilon_{ij} \sim N(0, \sigma_\varepsilon^2) \text{ u.i.v. für } i = 1, \dots, n \text{ und } j = 1, 2, \quad (1)$$

wobei

- μ_j den festen Erwartungswertparameter für die j te Messung,
- $\pi_i \sim N(0, \sigma_\pi^2)$ den zufälligen Effekt der i ten experimentellen Einheit mit Varianzparameter $\sigma_\pi^2 > 0$,
- $\varepsilon_{ij} \sim N(0, \sigma_\varepsilon^2)$ den Zufallsfehler mit Varianzparameter $\sigma_\varepsilon^2 > 0$

bezeichnen.

Bemerkungen

- Eine alternative Parameterisierung mit Referenzbedingung und Erwartungswertdifferenzeffekt ist möglich.

Zweistichproben-T-Test bei abhängigen Stichproben

Theorem (ZTT-AS-Modell in Linear Mixed Model-Form)

Gegeben sei die strukturelle Form des ZTT-AS-Modells. Dann hat das ZTT-AS-Modell die Linear-Mixed-Model-Form

$$y = X_f \beta_f + X_r \beta_r + \varepsilon \Leftrightarrow \begin{pmatrix} y_{11} \\ y_{12} \\ \vdots \\ y_{n1} \\ y_{n2} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \\ \vdots & \vdots \\ \vdots & \vdots \\ 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \mu_1 \\ \mu_2 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 1 & \cdots & 0 \\ 1 & \cdots & 0 \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & \cdots & 1 \\ 0 & \cdots & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \pi_1 \\ \pi_2 \\ \vdots \\ \vdots \\ \pi_n \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} \varepsilon_{11} \\ \varepsilon_{12} \\ \vdots \\ \vdots \\ \varepsilon_{n1} \\ \varepsilon_{n2} \end{pmatrix}, \quad (2)$$

wobei

- y und ε jeweils $2n$ -dimensionale Zufallsvektoren sind,
- $X_f = 1_n \otimes I_2 \in \mathbb{R}^{2n \times 2}$ und $X_r = I_n \otimes 1_2 \in \mathbb{R}^{2n \times 2}$ sind,
- $\beta_f \in \mathbb{R}^2$ mit Einträgen μ_1 und μ_2 ist und β_r ein n -dimensionaler Zufallsvektor mit Einträgen π_1, \dots, π_n ist,
- $\beta_r \sim N(0_n, \sigma_\pi^2 I_n)$ und $\varepsilon \sim N(0_{2n}, \sigma_\varepsilon^2 I_{2n})$ sind.

Zweistichproben-T-Test bei abhängigen Stichproben

Beispiel

Es seien $n = 5$. Dann ist das ZTT-AS-Modell in LMM-Form gegeben durch

$$y = X_f \beta_f + X_r \beta_r + \varepsilon \Leftrightarrow \begin{pmatrix} y_{11} \\ y_{12} \\ y_{21} \\ y_{22} \\ y_{31} \\ y_{32} \\ y_{41} \\ y_{42} \\ y_{51} \\ y_{52} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \\ 1 & 0 \\ 0 & 1 \\ 1 & 0 \\ 0 & 1 \\ 1 & 0 \\ 0 & 1 \\ 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \mu_1 \\ \mu_2 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \pi_1 \\ \pi_2 \\ \pi_3 \\ \pi_4 \\ \pi_5 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} \varepsilon_{11} \\ \varepsilon_{12} \\ \varepsilon_{21} \\ \varepsilon_{22} \\ \varepsilon_{31} \\ \varepsilon_{32} \\ \varepsilon_{41} \\ \varepsilon_{42} \\ \varepsilon_{51} \\ \varepsilon_{52} \end{pmatrix} \quad (3)$$

Zweistichproben-T-Test bei abhängigen Stichproben

Datengeneration

```
# Modellformulierung
set.seed(0)                                     # Reproduzierbarkeit
library(MASS)
n          = 5                                    # Multivariate Normalverteilung
m          = 2                                    # Anzahl Patient:innen
j_n        = matrix(rep(1,n),ncol = 1)           # Anzahl Messungen
j_m        = matrix(rep(1,m),ncol = 1)           # 1_n Vektor
I_n        = diag(n)                            # 1_m Vektor
I_m        = diag(m)                            # n x n Identitätsmatrix
I_nm       = diag(n*m)                          # m x m Identitätsmatrix
# nm x nm Identitätsmatrix
X_f        = kronecker(j_n,I_m)                # Fixed-Effects-Designmatrix
X_r        = kronecker(I_n,j_m)                # Random-Effects-Designmatrix
s_eps      = 20                                  # Fehlervarianzparameter
s_beta_r   = 5                                    # Random-Effects-Varianzparameter
beta_f     = matrix(c(20,10), nrow = 2)          # Fixed-Effects-Parameter

# Datengeneration
beta_r     = mvtnorm(1, rep(0,n), s_beta_r*I_n) # Random-Effects-Parameter
eps        = mvtnorm(1, rep(0,m*n), s_eps*I_nm) # Zufallsfehler
y          = X_f %*% beta_f + X_r %*% beta_r + eps # Datenvektor
```

Zweistichproben-T-Test bei abhängigen Stichproben

Datenrepräsentation im Wide Format

```
# Datenspeicherung im Wide Format
DW = data.frame(Pre      = y[seq.int(1,2*n-1,2)],           # Pre-Therapie-Datenwerte
                Post     = y[seq.int(2,2*n ,2)],           # Post-Therapie-Datenwerte
                row.names = paste("Patient.in", 1:n))      # Zeilennamen
write.csv(DW, "./7_Daten/ztt_as_w.csv")
```

Datenrepräsentation im Long Format

```
# Datenspeicherung im Long Format
DL = data.frame("Patient:in" = factor(rep(1:n, each = m)),          # Patient:innenfaktor
                 "Messung"    = factor(rep(c("Pre", "Post"), times = n)),  # Messungsfaktor
                 "BDI"        = y)                                         # Datenvektor
write.csv(DL, "./7_Daten/ztt_as_l.csv", row.names = FALSE)
```

Theorem (Marginale Datenverteilung des ZTT-AS-Modells)

Gegeben sei das ZTT-AS-Modell in LMM-Form. Dann ist die marginale Verteilung des Datenvektors gegeben durch

$$y \sim N(X_f \beta_f, \Sigma) \text{ mit } \Sigma = I_n \otimes \begin{pmatrix} \sigma_\pi^2 + \sigma_\varepsilon^2 & \sigma_\pi^2 \\ \sigma_\pi^2 & \sigma_\pi^2 + \sigma_\varepsilon^2 \end{pmatrix} \quad (4)$$

Bemerkungen

- Wir verzichten auf einen allgemeinen Beweis und verdeutlichen das Theorem an einem Beispiel.
- Insbesondere gilt also $\Sigma \neq \sigma^2 I_n$.
- Die Inferenztheorie des Allgemeinen Linearen Modells $y \sim N(X\beta, \sigma^2 I_n)$ ist also *prima facie* nicht anwendbar.
- Die Daten einer experimentellen Einheit $i = 1, \dots, n$ haben den Kovarianzmatrixparameter

$$\Sigma_i := \begin{pmatrix} \sigma_\pi^2 + \sigma_\varepsilon^2 & \sigma_\pi^2 \\ \sigma_\pi^2 & \sigma_\pi^2 + \sigma_\varepsilon^2 \end{pmatrix}. \quad (5)$$

- Der Random-Effects-Varianzparameter σ_π^2 entspricht also der Kovarianz zwischen den Messungen.
- Die Daten einer experimentellen Einheit haben folglich die Korrelationsmatrix

$$P_i := \begin{pmatrix} 1 & \rho \\ \rho & 1 \end{pmatrix} \text{ mit } \rho = \frac{\sigma_\pi^2}{\sigma_\pi^2 + \sigma_\varepsilon^2}. \quad (6)$$

Zweistichproben-T-Test bei abhängigen Stichproben

Beispiel

Es sei $n = 5$. Dann gilt mit dem Theorem zur Marginalen Datenverteilung des Linear Mixed Models zunächst

$$\Sigma = \sigma_{\pi}^2 X_r I_5 X_r^T + \sigma_{\varepsilon}^2 I_{10} = \sigma_{\pi}^2 X_r X_r^T + \sigma_{\varepsilon}^2 I_{10}. \quad (7)$$

Weiterhin gilt

$$X_r X_r^T = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 \end{pmatrix} \quad (8)$$
$$= \begin{pmatrix} 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix}$$

Zweistichproben-T-Test bei abhängigen Stichproben

Beispiel

Es ergibt sich also

$$\Sigma = \sigma_{\pi}^2 X_r X_r^T + \sigma_{\varepsilon}^2 I_{10}$$

$$= \begin{pmatrix} \sigma_{\pi}^2 + \sigma_{\varepsilon}^2 & \sigma_{\pi}^2 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \sigma_{\pi}^2 & \sigma_{\pi}^2 + \sigma_{\varepsilon}^2 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_{\pi}^2 + \sigma_{\varepsilon}^2 & \sigma_{\pi}^2 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_{\pi}^2 & \sigma_{\pi}^2 + \sigma_{\varepsilon}^2 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \sigma_{\pi}^2 + \sigma_{\varepsilon}^2 & \sigma_{\pi}^2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \sigma_{\pi}^2 & \sigma_{\pi}^2 + \sigma_{\varepsilon}^2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \sigma_{\pi}^2 + \sigma_{\varepsilon}^2 & \sigma_{\pi}^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \sigma_{\pi}^2 & \sigma_{\pi}^2 + \sigma_{\varepsilon}^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \sigma_{\pi}^2 + \sigma_{\varepsilon}^2 & \sigma_{\pi}^2 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \sigma_{\pi}^2 & \sigma_{\pi}^2 + \sigma_{\varepsilon}^2 \end{pmatrix}$$
$$= I_5 \otimes \begin{pmatrix} \sigma_{\pi}^2 + \sigma_{\varepsilon}^2 & \sigma_{\pi}^2 \\ \sigma_{\pi}^2 & \sigma_{\pi}^2 + \sigma_{\varepsilon}^2 \end{pmatrix}$$

Zweistichproben-T-Test bei abhängigen Stichproben

Theorem (Verteilung der Datendifferenzvariablen im ZTT-AS-Modell)

Gegeben sei das ZTT-AS-Modell. Für $i = 1, \dots, n$ sei

$$y_i := y_{i1} - y_{i2} \quad (9)$$

die Differenzvariable der Zufallsvariablen y_{i1} und y_{i2} . Dann gilt

$$y_i \sim N(\mu, \sigma^2) \text{ u.i.v. mit } \mu := \mu_1 - \mu_2 \text{ und } \sigma^2 := 2\sigma_\varepsilon^2. \quad (10)$$

Bemerkungen

- Die Differenzvariablen y_i sind anhand des Einstichproben-T-Test-Modells verteilt.
- Die Hypothesen des Zweistichproben-T-Test bei abhängigen Stichproben hinsichtlich der Erwartungswertparameter μ_1 und μ_2 übertragen dabei sich wie folgt auf die Einstichproben-T-Test Hypothesen in bezug auf den Erwartungswertparameter μ :

Zweistichproben-T-Test		Einstichproben-T-Test	
$H_0 : \mu_1 = \mu_2$	$H_1 : \mu_1 \neq \mu_2$	\Rightarrow	$H_0 : \mu = 0$
$H_0 : \mu_1 \leq \mu_2$	$H_1 : \mu_1 > \mu_2$	\Rightarrow	$H_0 : \mu \leq 0$
$H_0 : \mu_1 \geq \mu_2$	$H_1 : \mu_1 < \mu_2$	\Rightarrow	$H_0 : \mu \geq 0$

Zweistichproben-T-Test bei abhängigen Stichproben

Beweis

Wir halten zunächst fest, dass

$$\begin{aligned} y_i &= y_{i1} - y_{i2} \\ &= \mu_1 + \pi_i + \varepsilon_{i1} - \mu_2 - \pi_i - \varepsilon_{i2} \\ &= \mu_1 - \mu_2 + \varepsilon_{i1} - \varepsilon_{i2} \\ &= \mu + \varepsilon_i, \end{aligned} \tag{11}$$

wobei wir $\mu := \mu_1 - \mu_2$ und $\varepsilon_i := \varepsilon_{i1} - \varepsilon_{i2}$ definiert haben.

In Generalisierung des Summentransformationstheorems für normalverteilte Zufallsvariablen halten wir weiterhin fest, dass für unabhängige Zufallsvariablen $\xi_j \sim N(\mu_j, \sigma_j^2)$, $j = 1, \dots, m$ und Koeffizienten a_j , $j = 1, \dots, m$ gilt, dass

$$\sum_{j=1}^m \xi_j \sim N\left(\sum_{j=1}^m \mu_j, \sum_{j=1}^m a_j^2 \sigma_j^2\right) \tag{12}$$

Mit $a_1 := 1$ und $a_2 := -1$ folgt dann aus $\varepsilon_{ij} \sim N(0, \sigma_\varepsilon^2)$ für $j = 1, 2$ direkt, dass

$$\varepsilon_j \sim N(0, 2\sigma_\varepsilon^2) \tag{13}$$

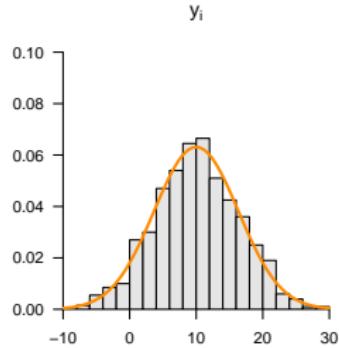
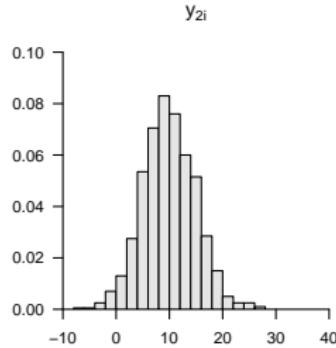
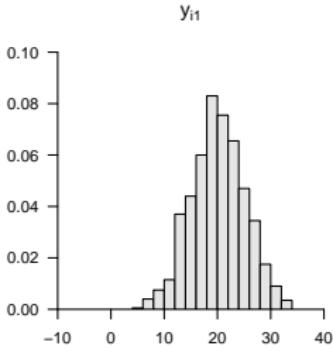
Mit der Definition $\sigma^2 := 2\sigma_\varepsilon^2$ und dem Transformationstheorem für normalverteilte Zufallsvariablen bei linear-affiner Transformation folgt das Resultat dann direkt.

□

Zweistichproben-T-Test bei abhängigen Stichproben

Visualisierung des Theorems zur Verteilung der Datendifferenzvariablen

$$n = 1000, \mu_1 = 20, \mu_2 = 10, \sigma_{\beta}^2 = 5, \sigma_{\epsilon}^2 = 20$$



Zweistichproben-T-Test bei abhängigen Stichproben

Praktisches Vorgehen

Äquivalent zu einem Zweistichproben-T-Test mit abhängigen Stichproben führt man einen Einstichproben-T-Test mit unabhängigen Stichproben basierend auf den Datendifferenzvariablen durch.

Einstichproben-T-Test mit unabhängigen Stichproben basierend auf den Datendifferenzvariablen

```
D      = read.csv("./7_Daten/ztt_as_w.csv")          # Dateneinlesen
y      = D$Pre - D$Post                            # Differenzvariablen
n      = length(y)                                 # Anzahl Patient:innen
T      = sqrt(n)*mean(y)/sd(y)                     # T-Wert für H_0 : \mu = 0
p      = 2*(1-pt(abs(T), n-1))                   # p-Wert für H_0 : \mu = 0
cat("T =", round(T,3), "p = ", round(p,3))       # Ausgabe
```

T = 5.18 p = 0.007

Zweistichproben-T-Test mit abhängigen Stichproben in R

```
R = t.test(x = D$Pre, y = D$Post, paired = T, var.equal = TRUE)    # R's T-Testfunktion
cat("T =", round(R$statistic,3), "p = ", round(R$p.value,3))      # Ausgabe
```

T = 5.18 p = 0.007

Motivation

Zweistichproben-T-Test bei abhängigen Stichproben

Einfaktorielle Varianzanalyse mit Messwiederholung

Trendanalyse mit Linear Mixed Models

Selbstkontrollfragen

Einfaktorielle Varianzanalyse mit Messwiederholung

Anwendungsszenario

- Messungen von zwei oder mehr Studienbedingungen an einer Gruppe experimenteller Einheiten
- Annahme "abhängiger Normalverteilungen" der Gruppen
- Absicht der bedingungsabhängigen Erwartungswertparameterinferenz
- Balancierte Reihung der Studienbedingungen
- Ausschluss bzw. Vernachlässigung von Reihen-, Lern- oder Zeiteffekten

Anwendungsbeispiel

- Perzeptuelle Entscheidungsgeschwindigkeit von $n = 5$ Patient:innen
- Kategorisierung eines visuellen Stimulus einer von $m = 4$ Objektkategorien
- Patient:innen indiziert mit $i = 1, \dots, n$, Studienbedingungen indiziert mit $j = 1, \dots, m$

Definition (EVA-MW-Modell in struktureller Form)

y_{ij} mit $i = 1, \dots, n$ und $j = 1, \dots, m$ sei die Zufallsvariable, die den Datenpunkt der i ten experimentellen Einheit in der j ten Messung im Szenario einer einfaktoriellen Varianzanalyse mit Messwiederholung modelliert. Dann hat das Modell der Einfaktoriellen Varianzanalyse mit Messwiederholung (EVA-MW) die strukturelle Form

$$y_{ij} = \mu_0 + \alpha_j + \pi_i + \varepsilon_{ij} \text{ mit } \pi_i \sim N(0, \sigma_\pi^2) \text{ und } \varepsilon_{ij} \sim N(0, \sigma_\varepsilon^2) \text{ u.i.v. f\"ur } i = 1, \dots, n \text{ und } j = 2, \dots, m \quad (14)$$

wobei

- μ_0 den festen Erwartungswertparameter der Referenzbedingung,
- α_j mit $j = 2, \dots, m$ den festen Effektparameter der j ten Bedingung,
- $\pi_i \sim N(0, \sigma_\pi^2)$ den zuf\"alligen Effekt der i ten experimentellen Einheit mit Varianzparameter $\sigma_\pi^2 > 0$,
- $\varepsilon_{ij} \sim N(0, \sigma_\varepsilon^2)$ den Zufallsfehler mit Varianzparameter $\sigma_\varepsilon^2 > 0$.

bezeichnen.

Bemerkungen

- Wie bei Varianzanalysen \"ublich enkodieren die α_j Erwartungswertdifferenzen bez\"uglich der Referenzbedingung.

Einfaktorielle Varianzanalyse mit Messwiederholung

Theorem (EVA-MW-Modell in Linear Mixed Model-Form)

Gegeben sei die strukturelle Form des EVA-MW-Modells. Dann hat dieses Modell die Linear-Mixed-Modell-Form

$$y = X_f \beta_f + X_r \beta_r + \varepsilon \Leftrightarrow \begin{pmatrix} y_{11} \\ y_{12} \\ \vdots \\ y_{1m} \\ \vdots \\ y_{n1} \\ y_{n2} \\ \vdots \\ y_{nm} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 & 0 & \cdots & 0 \\ 1 & 1 & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 1 & 0 & \cdots & 1 \\ \vdots & \vdots & \cdots & \vdots \\ 1 & 0 & \cdots & 0 \\ 1 & 1 & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 1 & 0 & \cdots & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \mu_0 \\ \alpha_2 \\ \vdots \\ \alpha_m \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 1 & 0 & \cdots & 0 \\ 1 & 0 & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 1 & 0 & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \cdots & \vdots \\ 0 & 0 & \cdots & 1 \\ 0 & 0 & \cdots & 1 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \cdots & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \pi_1 \\ \pi_n \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} \varepsilon_{11} \\ \varepsilon_{12} \\ \vdots \\ \varepsilon_{1m} \\ \vdots \\ \varepsilon_{n1} \\ \varepsilon_{n2} \\ \vdots \\ \varepsilon_{nm} \end{pmatrix}$$

wobei

- y und ε jeweils nm -dimensionale Zufallsvektoren,
- $X_f = 1_n \otimes \begin{pmatrix} 1 & 0 & \cdots & 0 \\ 1 & 1 & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 1 & 0 & \cdots & 1 \end{pmatrix} \in \mathbb{R}^{nm \times m}$ und $X_r = I_n \otimes 1_m \in \mathbb{R}^{nm \times n}$,
- $\beta_f \in \mathbb{R}^m$ ein fester Vektor mit Einträgen $\mu_0, \alpha_2, \dots, \alpha_m$,
- β_r ein n -dimensionaler Zufallsvektor mit Einträgen π_1, \dots, π_n und
- $\beta_r \sim N(0_n, \sigma_\pi^2 I_n)$ und $\varepsilon \sim N(0_{nm}, \sigma_\varepsilon^2 I_{nm})$

sind.

Einfaktorielle Varianzanalyse mit Messwiederholung

Beispiel

Es seien $n = 5$ und $m = 4$. Dann ist das EVA-MW-Modell in Linear-Mixed-Model-Form gegeben durch

$$y = X_f \beta_f + X_r \beta_r + \varepsilon \Leftrightarrow$$
$$\begin{pmatrix} y_{11} \\ y_{12} \\ y_{13} \\ y_{14} \\ y_{21} \\ y_{22} \\ y_{23} \\ y_{24} \\ y_{31} \\ y_{32} \\ y_{33} \\ y_{34} \\ y_{41} \\ y_{42} \\ y_{43} \\ y_{44} \\ y_{51} \\ y_{52} \\ y_{53} \\ y_{54} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \mu_0 \\ \alpha_2 \\ \alpha_3 \\ \alpha_4 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \pi_1 \\ \pi_2 \\ \pi_3 \\ \pi_4 \\ \pi_5 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} \varepsilon_{11} \\ \varepsilon_{12} \\ \varepsilon_{13} \\ \varepsilon_{14} \\ \varepsilon_{21} \\ \varepsilon_{22} \\ \varepsilon_{23} \\ \varepsilon_{24} \\ \varepsilon_{31} \\ \varepsilon_{32} \\ \varepsilon_{33} \\ \varepsilon_{34} \\ \varepsilon_{41} \\ \varepsilon_{42} \\ \varepsilon_{43} \\ \varepsilon_{44} \\ \varepsilon_{51} \\ \varepsilon_{52} \\ \varepsilon_{53} \\ \varepsilon_{54} \end{pmatrix}$$

Einfaktorielle Varianzanalyse mit Messwiederholung

```
# Modellformulierung
set.seed(0)                                     # Reproduzierbarkeit
library(MASS)                                    # multivariate Normalverteilung
n         = 5                                     # Anzahl Patient:innen
m         = 4                                     # Anzahl Bedingungen
j_n      = matrix(rep(1,n),ncol = 1)            # 1_n Vektor
j_m      = matrix(rep(1,m),ncol = 1)            # 1_m Vektor
I_n      = diag(n)                             # n x n Identitätsmatrix
X_f_i   = matrix(c(1,0,0,0,                      # proband:innenspezifische FFX Designmatrix
                 1,1,0,0,
                 1,0,1,0,
                 1,0,0,1),
                 byrow = T, nrow = m)
X_f     = kronecker(j_n,X_f_i)                  # Fixed-Effects-Designmatrix
X_r     = kronecker(I_n,j_m)                    # Random-Effects-Designmatrix
s_eps   = 100                                    # Fehlervarianzparameter
s_beta_r = 200                                    # Random-Effects-Varianzparameter
beta_f  = matrix(c(450,50,-150,0), nrow = m)    # Fixed-Effects-Parameter

# Datengeneration
beta_r  = mvtnorm(1, rep(0,n) , s_beta_r*I_n)  # Random-Effects-Parameter
eps     = mvtnorm(1, rep(0,m*n), s_eps*diag(m*n)) # Zufallsfehler
y       = X_f %*% beta_f + X_r %*% beta_r + eps  # Datenvektor
```

Einfaktorielle Varianzanalyse mit Messwiederholung

Datenrepräsentation im Wide Format

```
# Datenspeicherung im Wide Format
D = data.frame(Condition.1 = y[seq.int(1,m*n,m)],           # Datenwerte Bedingung 1
               Condition.2 = y[seq.int(2,m*n,m)],           # Datenwerte Bedingung 2
               Condition.3 = y[seq.int(3,m*n,m)],           # Datenwerte Bedingung 3
               Condition.4 = y[seq.int(4,m*n,m)],           # Datenwerte Bedingung 4
               row.names   = paste("Patient", 1:n))          # Zeilennamen
write.csv(D, "./7_Daten/eva_mw_w.csv")                      # Speichern
```

Datenrepräsentation im Long Format

```
# Datenspeicherung im Long Format
D = data.frame("Patient"      = factor(rep(1:n, each = m)),    # Patient:innenfaktor
               "Condition"     = factor(rep(1:m, times = n)),    # Messungsfaktor
               "ReactionTime" = y)                            # Datenvektor
write.csv(D, "./7_Daten/eva_mw_l.csv", row.names = FALSE)        # Speichern
```

Einfaktorielle Varianzanalyse mit Messwiederholung

Beispieldatensatz im Wide Format

	X	Condition.1	Condition.2	Condition.3	Condition.4
Patient 1		455	514	307	460
Patient 2		466	506	322	459
Patient 3		471	515	316	466
Patient 4		434	487	303	469
Patient 5		468	515	309	452

Beispieldatensatz im Long Format

Patient	Condition	ReactionTime
1	1	455
1	2	514
1	3	307
1	4	460
2	1	466
2	2	506
2	3	322
2	4	459
3	1	471
3	2	515
3	3	316
3	4	466
4	1	434
4	2	487
4	3	303
4	4	469
5	1	468
5	2	515
5	3	309
5	4	452

Einfaktorielle Varianzanalyse mit Messwiederholung

Theorem (Marginale Datenverteilung des EVA-MW-Modells)

Gegeben sei das EVA-MW-Modell in LMM-Form. Dann ist die marginale Verteilung des Datenvektors gegeben durch

$$y \sim N(X_f \beta_f, \Sigma) \quad (15)$$

mit

$$\Sigma = I_n \otimes \Sigma_i \text{ und } \Sigma_i := \begin{pmatrix} \sigma_\pi^2 + \sigma_\varepsilon^2 & \sigma_\pi^2 & \dots & \sigma_\pi^2 \\ \sigma_\pi^2 & \sigma_\pi^2 + \sigma_\varepsilon^2 & \dots & \sigma_\pi^2 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \sigma_\pi^2 & \dots & \dots & \sigma_\pi^2 + \sigma_\varepsilon^2 \end{pmatrix} \in \mathbb{R}^{m \times m} \text{ für } i = 1, \dots, n. \quad (16)$$

Bemerkungen

- Wir verzichten auf einen allgemeinen Beweis und verdeutlichen das Theorem am Beispiel $n = 2$ und $m = 4$.
- $\Sigma_i \in \mathbb{R}^{m \times m}$ encodiert die Kovarianzen der Bedingungen $j = 1, \dots, m$ innerhalb einer experimentellen Einheit
- Für die Korrelationsmatrix der Bedingungen innerhalb einer experimentellen Einheit gilt folglich

$$P_i = \begin{pmatrix} 1 & \rho & \dots & \rho \\ \rho & 1 & \dots & \rho \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \rho & \rho & \vdots & 1 \end{pmatrix} \text{ mit } \rho := \frac{\sigma_\pi^2}{\sigma_\pi^2 + \sigma_\varepsilon^2} \quad (17)$$

- Im Kontext der EVA-MW werden Matrizen der Form von Σ_i und Π_i als *sphärisch* bezeichnet.
- Man spricht in diesem Zusammenhang auch von der *Compound Symmetry* von Σ_i und P_i .

Einfaktorielle Varianzanalyse mit Messwiederholung

Beispiel

Es seien $n = 2$ und $m = 4$. Dann gilt mit dem Theorem zur Marginalen Datenverteilung des Linear Mixed Models zunächst

$$\Sigma = \sigma_{\pi}^2 X_r I_2 X_r^T + \sigma_{\varepsilon}^2 I_8 = \sigma_{\pi}^2 X_r X_r^T + \sigma_{\varepsilon}^2 I_8. \quad (18)$$

Weiterhin gilt

$$\begin{aligned} X_r X_r^T &= \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 1 & 0 \\ 1 & 0 \\ 1 & 0 \\ 0 & 1 \\ 0 & 1 \\ 0 & 1 \\ 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 1 \end{pmatrix} \\ &= \begin{pmatrix} 1 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 1 \end{pmatrix} \end{aligned} \quad (19)$$

Einfaktorielle Varianzanalyse mit Messwiederholung

Beispiel

Es ergibt sich also

$$\Sigma = \sigma_\pi^2 X_r X_r^T + \sigma_\varepsilon^2 I_8$$

$$\begin{aligned} &= \begin{pmatrix} \sigma_\pi^2 + \sigma_\varepsilon^2 & \sigma_\pi^2 & \sigma_\pi^2 & \sigma_\pi^2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \sigma_\pi^2 & \sigma_\pi^2 + \sigma_\varepsilon^2 & \sigma_\pi^2 & \sigma_\pi^2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \sigma_\pi^2 & \sigma_\pi^2 & \sigma_\pi^2 + \sigma_\varepsilon^2 & \sigma_\pi^2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \sigma_\pi^2 & \sigma_\pi^2 & \sigma_\pi^2 & \sigma_\pi^2 + \sigma_\varepsilon^2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \sigma_\pi^2 + \sigma_\varepsilon^2 & \sigma_\pi^2 & \sigma_\pi^2 & \sigma_\pi^2 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \sigma_\pi^2 & \sigma_\pi^2 + \sigma_\varepsilon^2 & \sigma_\pi^2 & \sigma_\pi^2 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \sigma_\pi^2 & \sigma_\pi^2 & \sigma_\pi^2 + \sigma_\varepsilon^2 & \sigma_\pi^2 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \sigma_\pi^2 & \sigma_\pi^2 & \sigma_\pi^2 & \sigma_\pi^2 + \sigma_\varepsilon^2 \end{pmatrix} \\ &= I_2 \otimes \begin{pmatrix} \sigma_\pi^2 + \sigma_\varepsilon^2 & \sigma_\pi^2 & \sigma_\pi^2 & \sigma_\pi^2 \\ \sigma_\pi^2 & \sigma_\pi^2 + \sigma_\varepsilon^2 & \sigma_\pi^2 & \sigma_\pi^2 \\ \sigma_\pi^2 & \sigma_\pi^2 & \sigma_\pi^2 + \sigma_\varepsilon^2 & \sigma_\pi^2 \\ \sigma_\pi^2 & \sigma_\pi^2 & \sigma_\pi^2 & \sigma_\pi^2 + \sigma_\varepsilon^2 \end{pmatrix}. \end{aligned}$$

Einfaktorielle Varianzanalyse mit Messwiederholung

Definition (F-Statistik der EVA-MW)

Gegeben sei das Modell der Einfaktoriellen Varianzanalyse mit Messwiederholung

$$y_{ij} = \mu_0 + \alpha_j + \pi_i + \varepsilon_{ij} \text{ mit } \pi_i \sim N(0, \sigma_\pi^2) \text{ und } \varepsilon_{ij} \sim N(0, \sigma_\varepsilon^2) \text{ u.i.v. f\"ur } i = 1, \dots, n \text{ und } j = 2, \dots, m. \quad (20)$$

Weiterhin seien

$$\bar{y}_i := \frac{1}{m} \sum_{j=1}^n y_{ij} \quad \text{das Stichprobenmittel der } i\text{ten experimentellen Einheit,}$$

$$\bar{y}_j := \frac{1}{n} \sum_{i=1}^m y_{ij} \quad \text{das Stichprobenmittel der } j\text{ten Bedingung,}$$

$$\bar{y} := \frac{1}{nm} \sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^n y_{ij} \quad \text{das Gesamtstichprobenmittel,}$$

$$\text{SQB} := n \sum_{j=1}^m (\bar{y}_j - \bar{y})^2 \quad \text{die Between-Sum-of-Squares,}$$

$$\text{SQE} := \sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^n (y_{ij} - \bar{y}_i - \bar{y}_j + \bar{y})^2 \quad \text{die Error-Sum-of-Squares.}$$

Dann ist die F-Statistik der EVA mit Messwiederholung definiert als

$$F := \frac{\text{MSB}}{\text{MSE}} := \frac{\text{SQB}/(m-1)}{\text{SQE}/(m-1)(n-1)}, \quad (21)$$

wobei MSB und MSE als Mean Between Squares und Mean Error Squares bezeichnet werden.

Einfaktorielle Varianzanalyse mit Messwiederholung

Bemerkungen

- Das Szenario entspricht einer additiven zweifaktoriellen Varianzanalyse mit Einzelzellbeobachtung.
- SQB quantifiziert die absoluten Abweichungen der Bedingungsstichprobenmittel vom Gesamtstichprobenmittel.
- SQE quantifiziert die residuelle Variabilität nach Anpassung des Gesamtstichprobenmittels für die j ten Bedingung und i te experimentelle Einheit.
- Man kann weiterhin eine Total Sum-of-Squares SQT und eine Within Sum-of-Squares SQW definieren.
- Es gilt dann die Varianzzerlegung

$$SQT = SSB + SSW + SSE. \quad (22)$$

- DeGroot and Schervish (2012) Kapitel 11.7. geben einen Überblick und Beweise.
- Man kann also äquivalent eine F-Statistik für den Effekt der experimentellen Einheiten definieren.
- In der Anwendung ist man jedoch primär am Effekt der Studienbedingungen interessiert.
- MSE wird manchmal auch als *mean square of interaction* bezeichnet (vgl. Huynh and Feldt (1970)).

Theorem (F-Statistik der EVA mit Messwiederholung)

Gegeben sei das Modell der Einfaktoriellen Varianzanalyse mit Messwiederholung

$$y_{ij} = \mu_0 + \alpha_j + \pi_i + \varepsilon_{ij} \text{ mit } \pi_i \sim N(0, \sigma_\pi^2) \text{ und } \varepsilon_{ij} \sim N(0, \sigma_\varepsilon^2) \text{ u.i.v. f\"ur } i = 1, \dots, n \text{ und } j = 2, \dots, m. \quad (23)$$

und es sei die F-Statistik der EVA mit Messwiederholung wie oben definiert. Dann gilt unter der Annahme der Nullhypothese

$$\alpha_2 = \dots = \alpha_m = 0, \quad (24)$$

dass

$$F \sim f(m-1, (m-1)(n-1)). \quad (25)$$

Bemerkungen

- F\"ur einen Beweis verweisen wir auf Huynh and Feldt (1970).
- Das Theorem erm\"oglicht die Angabe eines p-Wertes $\mathbb{P}(F \geq \tilde{F})$ f\"ur einen Wert \tilde{F} der F-Statistik.

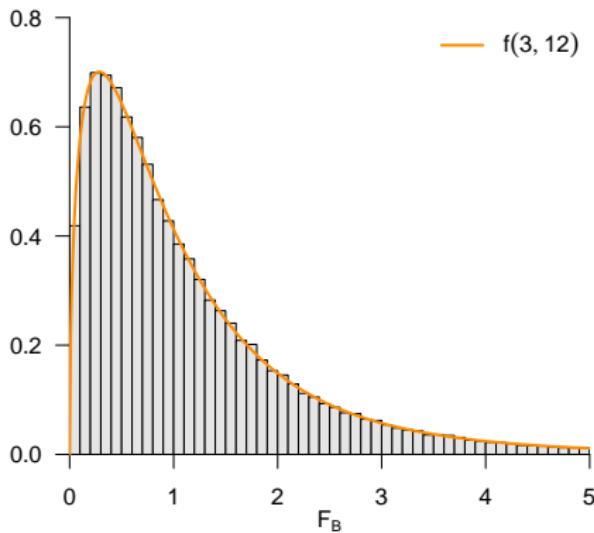
Einfaktorielle Varianzanalyse mit Messwiederholung

Verteilung der F-Statistik der EVA mit Messwiederholung bei Zutreffen der Nullhypothese

```
set.seed(0)
library(MASS)
nsim      = 1e5
n         = 5
m         = 4
j_n       = matrix(rep(1,n),ncol = 1)
j_m       = matrix(rep(1,m),ncol = 1)
I_n       = diag(n)
I_m       = diag(m)
I_nm     = diag(n*m)
X_f_i    = matrix(c(1,0,0,0,1,1,0,0,1,0,1,0, 1,0,0,1),
                  byrow = TRUE, nrow = m)
X_f       = kronecker(j_n,X_f_i)
X_r       = kronecker(I_n,j_m)
s_eps     = 20
s_beta_r = 20
beta_f   = matrix(c(0,0,0,0), nrow = m)
F         = rep(NaN,nsim)
for(s in 1:nsim){
  beta_r   = mvtnorm(1, rep(0,n) , s_beta_r*I_n)
  eps      = mvtnorm(1, rep(0,m*n), s_eps*I_nm)
  y        = X_f %*% beta_f + X_r %*% beta_r + eps
  Y        = t(matrix(y, nrow = m))
  Y_bar    = mean(Y)
  Y_bar_i  = rowMeans(Y)
  Y_bar_j  = colMeans(Y)
  SQB      = n*sum((Y_bar_j - Y_bar)^2)
  MSB      = SQB/(m-1)
  SQE      = 0
  for(i in 1:n){
    for(j in 1:m){
      SQE = SQE + (Y[i,j]-Y_bar_i[i]-Y_bar_j[j]+Y_bar)^2}
  MSE      = SQE/((m-1)*(n-1))
  F[s]     = MSB/MSE}
# Reproduzierbarkeit
# multivariate Normalverteilung
# Anzahl Simulationen
# Anzahl Patient:innen
# Anzahl Bedingungen
# 1_n Vektor
# 1_m Vektor
# n x n Identitätsmatrix
# m x m Identitätsmatrix
# n x m Identitätsmatrix
# proband:innenspezifische
# FFX Designmatrix
# Fixed-Effects-Designmatrix
# Random-Effects-Designmatrix
# Fehlervarianzparameter
# Random-Effects-Varianzparameter
# Fixed-Effects-Parameter der Nullhypothese
# F-Statistik Array
# Simulationsiterationen
# Random-Effects-Parameter
# Zufallsfehler
# Datenvektor
# Datenmatrix im Wide Format
# Gesamtstichprobenmittel
# Zeilenmittelwerte
# Spaltenmittelwerte
# Sum-of-Squares Between
# Mean-Sum-of-Squares Between
# Sum-of-Error-Squares
# Zeileniterationen
# Spalteniterationen
# Sum-of-Error-Squares
# Mean Sum-of-Error-Squares
# F-Statistik
```

Einfaktorielle Varianzanalyse mit Messwiederholung

Verteilung der F-Statistik der EVA mit Messwiederholung bei Zutreffen der Nullhypothese



Einfaktorielle Varianzanalyse mit Messwiederholung

Anwendung

```
D      = read.csv("./7_Daten/eva_mw_w.csv")          # Datensatz im Wide Format
Y      = as.matrix(D[,2:5])                          # numerische Datentabelle
n      = nrow(y)                                     # Anzahl Patient:innen
m      = ncol(y)                                     # Anzahl Bedingungen
y_bar  = mean(y)                                    # Gesamtstichprobenmittel
y_bar_i = rowMeans(y)                               # Patient:innemittelwerte
y_bar_j = colMeans(y)                               # Bedingungsmittelwerte
SQB    = n*sum((y_bar_j - y_bar)^2)                # Sum-of-Squares Between
SQW    = m*sum((y_bar_i - y_bar)^2)                # Sum-of-Squares Between
SQE    = 0                                           # Sum-of-Error-Squares
for(i in 1:n){
  for(j in 1:m){
    SQE = SQE + (y[i,j]-y_bar_i[i]-y_bar_j[j]+y_bar)^2}
  MSB   = SQB/(m-1)                                 # Mean-Sum-of-Squares Between
  MSW   = SQW/(n-1)                                 # Mean-Sum-of-Squares Between
  MSE   = SQE/((m-1)*(n-1))                         # Mean Sum-of-Error-Squares
  FB    = MSB/MSE                                   # F-Statistik Between
  FW    = MSW/MSE                                   # F-Statistik Within
  pvals = c(1-pf(FB,m-1,(m-1)*(n-1)), 1-pf(FW,n-1,(m-1)*(n-1)), NA) # p-Werte
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Condition	3	108829	36276.3	392.79	3.06e-12
Patient	4	774	193.4	2.09	1.45e-01
Residuals	12	1108	92.4	NA	NA

Einfaktorielle Varianzanalyse mit Messwiederholung

Anwendung mit R's aov() Funktion

```
D      = read.csv("./7_Daten/eva_mw_1.csv")          # Datensatz im Long Format
D$Condition = as.factor(D$Condition)                # explizite Faktorenkodierung
D$Patient   = as.factor(D$Patient)                  # explizite Faktorenkodierung
S      = summary(aov(ReactionTime ~ Condition + Patient, data = D)) # additive ZVA mit Einzelzellbeobachtung

Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
Condition     3 108829   36276 392.790 3.06e-12 ***
Patient       4    774      193   2.094   0.145
Residuals    12   1108      92
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Motivation

Zweistichproben-T-Test bei abhängigen Stichproben

Einfaktorielle Varianzanalyse mit Messwiederholung

Trendanalyse mit Linear Mixed Models

Selbstkontrollfragen

Randomisierte Klinische Studie in Anlehnung an Rief et al. (2018)

- Effekt von Therapie auf Depressionsymptomatik über Therapieverlauf
- BDI-II als primäres Ergebnismaß
- 4 Therapiegruppen
 - Cognitive-Behavioral Analysis System of Psychotherapy (CBASP)
 - Cognitive-Behavioural Therapy with focus on Physical Exercise (CBT-E)
 - Cognitive-Behavioural Therapy with focus on Mindful Activities (CBT-M)
 - Waitlist control group (WL)
- 40 Patient:innen pro Therapiegruppe
- 3 Messzeitpunkte
 - Pretreatment ($T = 0$)
 - Midtreatment ($T = 1$)
 - Posttreatment($T = 2$)
- Linear-Mixed-Model Analyse "according to current recommendations" (Detry and Ma, 2016)

Trendanalyse mit Linear Mixed Models

Randomisierte Klinische Studie in Anlehnung an Rief et al. (2018)

Daten der ersten zwei Patient:innen jeder Gruppe

	Patient	Group	Time	BDI
1		1	CBASP	0 25
2		1	CBASP	1 20
3		1	CBASP	2 17
4		2	CBASP	0 29
5		2	CBASP	1 23
6		2	CBASP	2 19
121		41	CBT-E	0 24
122		41	CBT-E	1 20
123		41	CBT-E	2 12
124		42	CBT-E	0 25
125		42	CBT-E	1 21
126		42	CBT-E	2 11
241		81	CBT-M	0 28
242		81	CBT-M	1 21
243		81	CBT-M	2 16
244		82	CBT-M	0 28
245		82	CBT-M	1 20
246		82	CBT-M	2 15
361	121	WL	0	27
362	121	WL	1	21
363	121	WL	2	23
364	122	WL	0	31
365	122	WL	1	23
366	122	WL	2	26

Trendanalyse mit Linear Mixed Models

Randomisierte Klinische Studie in Anlehnung an Rief et al. (2018)

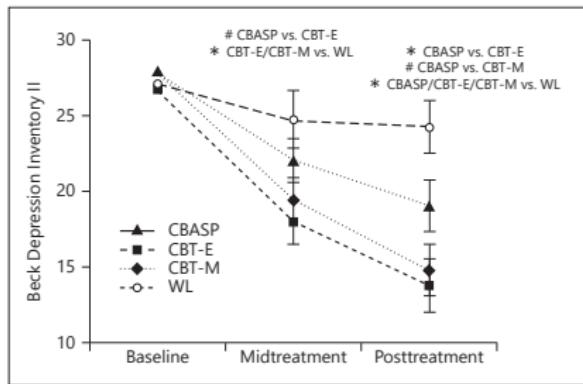


Fig. 2. Depressive symptom severity (adjusted for screening values at study entry) from baseline to week 8 (midtreatment) and to week 16 (posttreatment) by treatment group. Values are estimated marginal means (with SEM) from intention-to-treat analysis using multilevel modeling. Post hoc contrasts for cognitive behavioral analysis system (CBASP), cognitive behavioral therapy emphasizing physical exercises during behavioral activation (CBT-E), and cognitive behavioral therapy emphasizing mindfulness exercises during behavioral activation (CBT-M) versus waitlist (WL). * $p < 0.05$; # $p < 0.1$.

Trendanalyse mit Linear Mixed Models

Modell in struktureller Form

Es seien

- $g = 4$ die Anzahl an Studiengruppen,
- $k = 40$ die Anzahl an Patient:innen pro Studiengruppe,
- $m = 3$ die Anzahl an Messpunkten pro Patient:in und somit
- $n = gkm = 4 \cdot 40 \cdot 3 = 480$ die Gesamtanzahl an Datenpunkten.

Es sei

$$y_{ijt} \text{ mit } i = 1, \dots, k, j = 1, \dots, g \text{ und } t = 1, \dots, m \quad (26)$$

die Zufallsvariable, die den t ten Datenpunkt der i ten experimentellen Einheit in der j ten Studiengruppe modelliert.

Dann hat das hier betrachtete Modell die strukturelle Form

$$y_{ijt} = \mu_0 + \alpha_j + \beta_1 x_t + \gamma_j x_t + \beta_{0i} + \beta_{1i} x_t + \varepsilon_{ijt}, \quad (27)$$

wobei

- μ_0 den Interzeptparameter der Referenzgruppe
- α_j für $j = 2, \dots, m$ den festen Effektparameter der j ten Studiengruppe,
- β_1 den festen Steigungsparameter der Referenzstudiengruppe
- x_t mit $x_1 := 0, x_2 := 1, x_3 := 2$ den Messzeitpunktregressor,
- γ_j den Studiengruppen-spezifischen Steigungsparameter,
- $\beta_{0i} \sim N(0, \sigma_{\beta_r}^2)$ u.i.v. den zufälligen Interzeptparameter der i ten Patient:in,
- $\beta_{1i} \sim N(0, \sigma_{\beta_r}^2)$ u.i.v. den zufälligen Steigungsparameter der i ten Patient:in,
- $\varepsilon_{ijt} \sim N(0, \sigma_{\varepsilon}^2)$ u.i.v. den Zufallsfehler des t -Messzeitpunktes der i ten Patient:in der j ten Gruppe

bezeichnen

Theoretische Studienszenarien

Szenario (1) Daten ohne Random-Effects

- Analyse (1.1) Keine Modellierung der Random-Effects
- Analyse (1.2) Modellierung der Random-Effects

Szenario (2) Daten mit Random-Effects

- Analyse (2.1) Keine Modellierung der Random-Effects
- Analyse (2.2) Modellierung der Random-Effects

Trendanalyse mit Linear Mixed Models

Datengeneration

```
library(MASS)
set.seed(0)

g      = 4                                # multivariate Normalverteilung
k      = 40                               # Zufallszahlengenerator
m      = 3                                # Anzahl Treatmentgruppen
p      = g*k                               # Anzahl Patient:innen pro Treatmentgruppe
n      = g*k*m                            # Anzahl Messpunkte pro Patient:in
T      = matrix(0:2, nrow = 3)              # Anzahl Patient:innen
G      = matrix(c(1,0,0,0,1,0,0,1,0,1,0,1,0,0,1),   # Gruppenfaktordesign
               byrow = TRUE, nrow = 4)
R      = cbind(rep(1,m), T)                # Einfache-Lineare-Regressions-Designmatrix
j_km  = matrix(rep(1,k*m), ncol = 1)       # 1_{k*m} (Datenpunkte pro Gruppe)
j_kg  = matrix(rep(1,p), ncol = 1)         # 1_{p} (Gesamtzahl Patient:innen)
I_kg  = diag(p)                           # 1_{p} (Gesamtzahl Patient:innen)
X_g   = kronecker(G, j_km)                # Gruppenfaktordesignmatrix
X_t   = kronecker(j_kg, T)                # Zeitfaktordesignmatrix
X_i   = cbind(X_g[,2]*X_t, X_g[,3]*X_t, X_g[,4]*X_t) # Interaktionsdesignmatrix
X_f   = cbind(X_g,X_t,X_i)                # Fixed-Effects-Designmatrix
X_r   = kronecker(I_kg, R)                # Random-Effects-Designmatrix
beta_f = matrix(c(27,0,0,0,-4,-3,-2,3), nrow = ncol(X_f)) # Fixed-Effects-Parameter
s_eps = 5                                # Varianzkomponente
s_beta_r = 10                             # Varianzkomponente
beta_r = mvrnorm(1,rep(0,2*p), s_beta_r*diag(2*p)) # Random-Effects-Parameter
eps   = mvrnorm(1,rep(0,n), s_eps*diag(n)) # Fehlervektor
yf    = X_f %*% beta_f                   + eps # Daten ohne Random-Effects
yr    = X_f %*% beta_f + X_r %*% beta_r + eps # Datensatz mit Random-Effects
```

Trendanalyse mit Linear Mixed Models

Szenario (1) Daten ohne Random-Effects

```
groups      = c("CBASP", "CBT-E", "CBT-M", "WL")
Df          = data.frame("Patient" = factor(rep(1:(g*k), each = m)),      # Patient:innenfaktor
                        "Group"    = factor(rep(groups, each = k*m)),      # Gruppenfaktor
                        "Time"     = rep(c(0:2), times = g*k),            # Messungsregressor
                        "BDI"      = yf)                                # Fixed-Effects-Datensatz
write.csv(Df, "./7_Daten/ta_ffx.csv", row.names = FALSE)                      # Datei
```

Szenario (2) Daten mit Random-Effects

```
groups      = c("CBASP", "CBT-E", "CBT-M", "WL")
Dr          = data.frame("Patient" = factor(rep(1:(g*k), each = m)),      # Patient:innenfaktor
                        "Group"    = factor(rep(groups, each = k*m)),      # Gruppenfaktor
                        "Time"     = rep(c(0:2), times = g*k),            # Messungsregressor
                        "BDI"      = yr)                                # Random-Effects-Datensatz
write.csv(Dr, "./7_Daten/ta_rfx.csv", row.names = FALSE)                      # Datei
```

Trendanalyse mit Linear Mixed Models

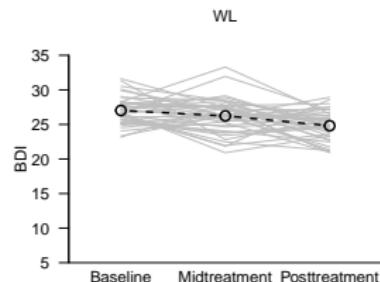
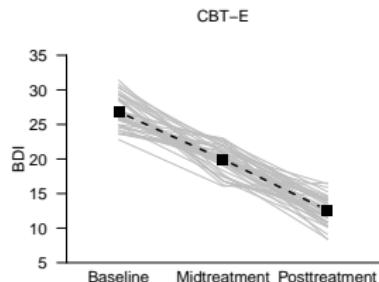
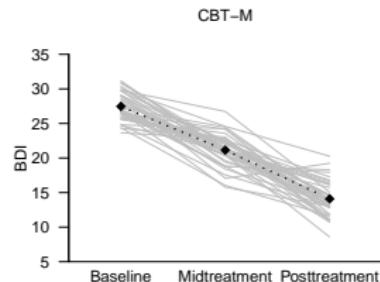
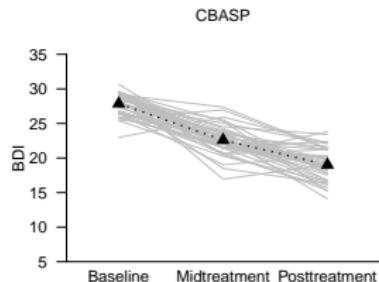
Szenario (1) Daten ohne Random-Effects

Daten der ersten zwei Patient:innen jeder Gruppe

	Patient	Group	Time	BDI
1		1	CBASP	0 25
2		1	CBASP	1 20
3		1	CBASP	2 17
4		2	CBASP	0 29
5		2	CBASP	1 23
6		2	CBASP	2 19
121		41	CBT-E	0 24
122		41	CBT-E	1 20
123		41	CBT-E	2 12
124		42	CBT-E	0 25
125		42	CBT-E	1 21
126		42	CBT-E	2 11
241		81	CBT-M	0 28
242		81	CBT-M	1 21
243		81	CBT-M	2 16
244		82	CBT-M	0 28
245		82	CBT-M	1 20
246		82	CBT-M	2 15
361		121	WL	0 27
362		121	WL	1 21
363		121	WL	2 23
364		122	WL	0 31
365		122	WL	1 23
366		122	WL	2 26

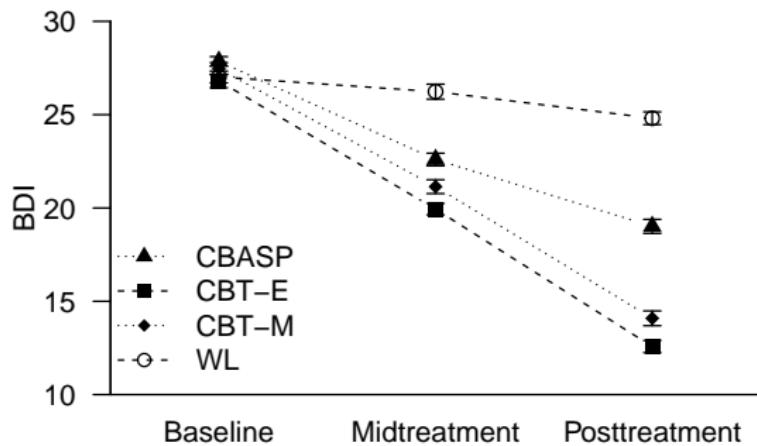
Trendanalyse mit Linear Mixed Models

Szenario (1) Daten ohne Random-Effects



Trendanalyse mit Linear Mixed Models

Szenario (1) Daten ohne Random-Effects



Trendanalyse mit Linear Mixed Models

Szenario (1) Daten ohne Random-Effects | Analyse (1.1) Keine Modellierung der Random-Effects

```
D = read.csv("./7_Daten/ta_ffx.csv")          # Dateneinlesen  
M = lm(BDI ~ Group + Time + Group:Time, data = D) # = X_fb_f + e
```

Effektparameter

Parameter	R Bezeichner	Interpretation
$\mu_0 = 27$	(Intercept)	Interzept der CBASP Referenzgruppe
$\alpha_2 = 0$	GroupCBT-E	Haupteffekt CBT-E (Differenz zu CBASP)
$\alpha_3 = 0$	GroupCBT-M	Haupteffekt CBT-M (Differenz zu CBASP)
$\alpha_4 = 0$	GroupWL	Haupteffekt WL (Differenz zu CBASP)
$\beta_1 = -4$	Time	Steigung der CBASP Referenzgruppe
$\gamma_2 = -3$	GroupCBT-E:Time	Interaktion CBT-E x Messung (Steigungs differenz zu CBASP)
$\gamma_3 = -2$	GroupCBT-M:Time	Interaktion CBT-M x Messung (Steigungs differenz zu CBASP)
$\gamma_4 = 3$	GroupWL:Time	Interaktion WL x Messung (Steigungs differenz zu CBASP)

Trendanalyse mit Linear Mixed Models

Szenario (1) Daten ohne Random-Effects | Analyse (1.1) Keine Modellierung der Random-Effects

```
summary(M)
```

Call:

```
lm(formula = BDI ~ Group + Time + Group:Time, data = D)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-6.229	-1.440	0.000	1.539	7.283

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	27.579174	0.315589	87.390	< 2e-16 ***
GroupCBT-E	-0.690213	0.446310	-1.546	0.123
GroupCBT-M	0.008261	0.446310	0.019	0.985
GroupWL	-0.452993	0.446310	-1.015	0.311
Time	-4.423279	0.244454	-18.095	< 2e-16 ***
GroupCBT-E:Time	-2.692315	0.345710	-7.788	4.36e-14 ***
GroupCBT-M:Time	-2.265134	0.345710	-6.552	1.49e-10 ***
GroupWL:Time	3.317774	0.345710	9.597	< 2e-16 ***

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

Residual standard error: 2.186 on 472 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.8421, Adjusted R-squared: 0.8397

F-statistic: 359.5 on 7 and 472 DF, p-value: < 2.2e-16

Trendanalyse mit Linear Mixed Models

Szenario (1) Daten ohne Random-Effects | Analyse (1.2) Modellierung der Random-Effects

```
library(nlme)
ctrl = lmeControl(opt = "optim", maxIter = 100) # Settings
D = read.csv("./7_Daten/ta_ffx.csv") # Dateneinlesen
M = lme(BDI ~ Group + Time + Group:Time, D, random = ~ Time | Patient, control = ctrl) # y = X_fb_f + X_rb_r + e
```

Effektparameter

Parameter	R Bezeichner	Interpretation
$\mu_0 = 27$	(Intercept)	Interzept der CBASP Referenzgruppe
$\alpha_2 = 0$	GroupCBT-E	Haupteffekt CBT-E (Differenz zu CBASP)
$\alpha_3 = 0$	GroupCBT-M	Haupteffekt CBT-M (Differenz zu CBASP)
$\alpha_4 = 0$	GroupWL	Haupteffekt WL (Differenz zu CBASP)
$\beta_1 = -4$	Time	Steigung der CBASP Referenzgruppe
$\gamma_2 = -3$	GroupCBT-E:Time	Interaktion CBT-E x Messung (Steigungs differenz zu CBASP)
$\gamma_3 = -2$	GroupCBT-M:Time	Interaktion CBT-M x Messung (Steigungs differenz zu CBASP)
$\gamma_4 = 3$	GroupWL:Time	Interaktion WL x Messung (Steigungs differenz zu CBASP)
$\beta_{0i} \sim N(0, \sigma_{\beta_r}^2)$		Patient:innenspezifisches Interzept
$\beta_{1i} \sim N(0, \sigma_{\beta_r}^2)$		Patient:innenspezifische Steigung

Trendanalyse mit Linear Mixed Models

Szenario (1) Daten ohne Random-Effects | Analyse (1.2) Modellierung der Random-Effects

```
summary(M)
```

```
Linear mixed-effects model fit by REML
Data: D
      AIC      BIC    logLik
2133.554 2183.438 -1054.777

Random effects:
Formula: ~Time | Patient
Structure: General positive-definite, Log-Cholesky parametrization
          StdDev   Corr
(Intercept) 0.3739337 (Intr)
Time         0.3147456 0.907
Residual     2.0656383

Fixed effects: BDI ~ Group + Time + Group:Time
                Value Std.Error DF  t-value p-value
(Intercept) 27.579174 0.3039549 316 90.73441 0.0000
GroupCBT-E -0.690213 0.4298572 156 -1.60568 0.1104
GroupCBT-M  0.008261 0.4298572 156  0.01922 0.9847
GroupWL    -0.452993 0.4298572 156 -1.05382 0.2936
Time       -4.423279 0.2362465 316 -18.72315 0.0000
GroupCBT-E:Time -2.692315 0.3341029 316 -8.05834 0.0000
GroupCBT-M:Time -2.265134 0.3341029 316 -6.77975 0.0000
GroupWL:Time   3.317774 0.3341029 316  9.93039 0.0000

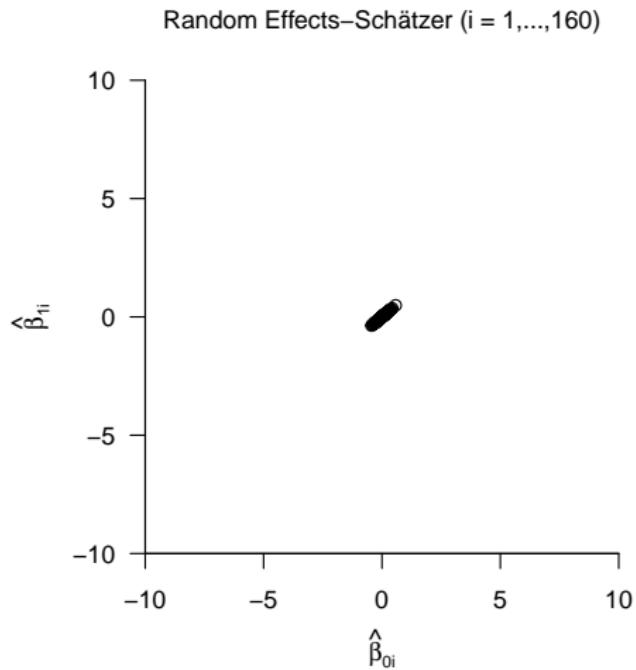
Correlation:
              (Intr) GrCBT-E GrCBT-M GropWL Time   GCBT-E: GCBT-M:
GroupCBT-E   -0.707
GroupCBT-M   -0.707  0.500
GroupWL     -0.707  0.500  0.500
Time        -0.706  0.499  0.499  0.499
GroupCBT-E:Time 0.499 -0.706 -0.353 -0.353 -0.707
GroupCBT-M:Time 0.499 -0.353 -0.706 -0.353 -0.707  0.500
GroupWL:Time   0.499 -0.353 -0.353 -0.706 -0.707  0.500   0.500

Standardized Within-Group Residuals:
      Min        Q1        Med        Q3        Max
-2.84083819 -0.61877795 -0.01508147  0.68239431  3.13956425

Number of Observations: 480
Number of Groups: 160
```

Trendanalyse mit Linear Mixed Models

Szenario (1) Daten ohne Random-Effects | Analyse (1.2) Modellierung der Random-Effects



Szenario (1) Daten ohne Random-Effects

Analyse (1.1) Keine Modellierung der Random-Effects

- Gute Schätzung der wahren, aber unbekannten, Fixed-Effects-Parameter
- Parameterstandardfehler zwischen 0.25 und 0.50

Analyse (1.2) Modellierung der Random-Effects

- Gute Schätzung der wahren, aber unbekannten, Fixed-Effects-Parameter
- Parameterstandardfehler zwischen 0.25 und 0.50
- Schätzung der Random-Effects-Parameter durch Werte nahe Null

Trendanalyse mit Linear Mixed Models

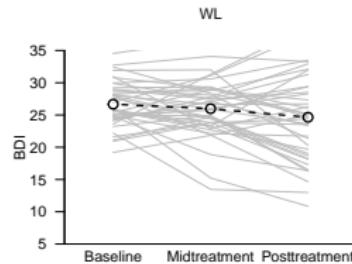
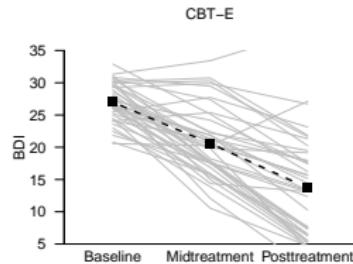
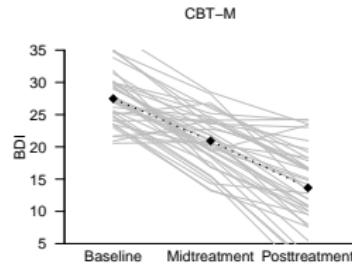
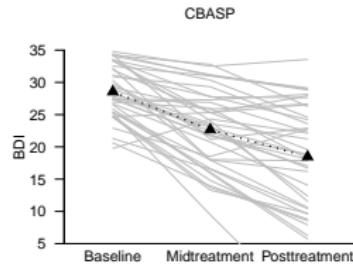
Szenario (2) Daten mit Random-Effects

Daten der ersten zwei Patient:innen jeder Gruppe

	Patient	Group	Time	BDI
1		1	CBASP	0 21
2		1	CBASP	1 14
3		1	CBASP	2 9
4		2	CBASP	0 32
5		2	CBASP	1 25
6		2	CBASP	2 20
121		41	CBT-E	0 24
122		41	CBT-E	1 18
123		41	CBT-E	2 7
124		42	CBT-E	0 24
125		42	CBT-E	1 25
126		42	CBT-E	2 21
241		81	CBT-M	0 27
242		81	CBT-M	1 20
243		81	CBT-M	2 15
244		82	CBT-M	0 30
245		82	CBT-M	1 19
246		82	CBT-M	2 11
361	121	WL	0	22
362	121	WL	1	13
363	121	WL	2	13
364	122	WL	0	31
365	122	WL	1	23
366	122	WL	2	26

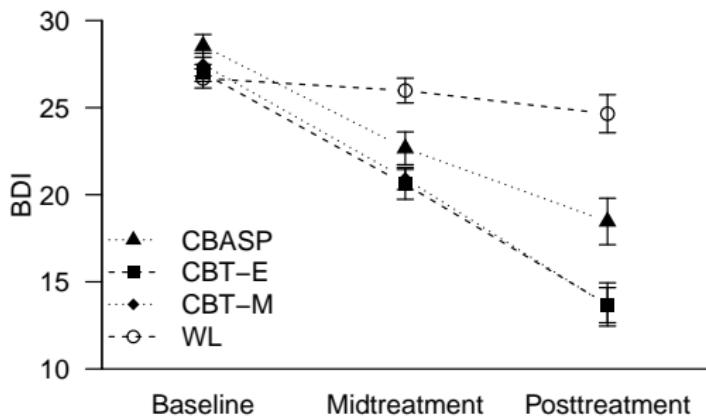
Trendanalyse mit Linear Mixed Models

Szenario (2) Daten mit Random-Effects



Trendanalyse mit Linear Mixed Models

Szenario (2) Daten mit Random-Effects



Trendanalyse mit Linear Mixed Models

Szenario (2) Daten mit Random-Effects | Analyse (2.1) Keine Modellierung der Random-Effects

```
D = read.csv("./7_Daten/ta_rfx.csv")          # Dateneinlesen  
M = lm(BDI ~ Group + Time + Group:Time, data = D) # y = X_fb_f + e
```

Effektparameter

Parameter	R Bezeichner	Interpretation
$\mu_0 = 27$	(Intercept)	Interzept der CBASP Referenzgruppe
$\alpha_2 = 0$	GroupCBT-E	Haupteffekt CBT-E (Differenz zu CBASP)
$\alpha_3 = 0$	GroupCBT-M	Haupteffekt CBT-M (Differenz zu CBASP)
$\alpha_4 = 0$	GroupWL	Haupteffekt WL (Differenz zu CBASP)
$\beta_1 = -4$	Time	Steigung der CBASP Referenzgruppe
$\gamma_2 = -3$	GroupCBT-E:Time	Interaktion CBT-E x Messung (Steigungs differenz zu CBASP)
$\gamma_3 = -2$	GroupCBT-M:Time	Interaktion CBT-M x Messung (Steigungs differenz zu CBASP)
$\gamma_4 = 3$	GroupWL:Time	Interaktion WL x Messung (Steigungs differenz zu CBASP)

Trendanalyse mit Linear Mixed Models

Szenario (2) Daten mit Random-Effects | Analyse (2.1) Keine Modellierung der Random-Effects

```
summary(M)
```

Call:

```
lm(formula = BDI ~ Group + Time + Group:Time, data = D)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-23.6810	-3.4244	-0.1139	3.5064	24.2389

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)							
(Intercept)	28.2660	0.8078	34.991	< 2e-16 ***							
GroupCBT-E	-1.1913	1.1424	-1.043	0.2976							
GroupCBT-M	-0.6709	1.1424	-0.587	0.5573							
GroupWL	-1.4843	1.1424	-1.299	0.1945							
Time	-5.0406	0.6257	-8.056	6.52e-15 ***							
GroupCBT-E:Time	-1.6054	0.8849	-1.814	0.0703 .							
GroupCBT-M:Time	-1.8678	0.8849	-2.111	0.0353 *							
GroupWL:Time	4.0272	0.8849	4.551	6.80e-06 ***							

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

Residual standard error: 5.597 on 472 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.4422, Adjusted R-squared: 0.4339

F-statistic: 53.45 on 7 and 472 DF, p-value: < 2.2e-16

Trendanalyse mit Linear Mixed Models

Szenario (2) Daten mit Random-Effects | Analyse (2.2) Modellierung der Random-Effects

```
library(nlme)
ctrl = lmeControl(opt = "optim", maxIter = 100) # Settings
D = read.csv("./7_Daten/ta_rfx.csv") # Dateneinlesen
M = lme(BDI ~ Group + Time + Group:Time, D, random = ~ Time | Patient, control = ctrl) # y = X_fb_f + X_rb_r + e
```

Effektparameter

Parameter	R Bezeichner	Interpretation
$\mu_0 = 27$	(Intercept)	Interzept der CBASP Referenzgruppe
$\alpha_2 = 0$	GroupCBT-E	Haupteffekt CBT-E (Differenz zu CBASP)
$\alpha_3 = 0$	GroupCBT-M	Haupteffekt CBT-M (Differenz zu CBASP)
$\alpha_4 = 0$	GroupWL	Haupteffekt WL (Differenz zu CBASP)
$\beta_1 = -4$	Time	Steigung der CBASP Referenzgruppe
$\gamma_2 = -3$	GroupCBT-E:Time	Interaktion CBT-E x Messung (Steigungs differenz zu CBASP)
$\gamma_3 = -2$	GroupCBT-M:Time	Interaktion CBT-M x Messung (Steigungs differenz zu CBASP)
$\gamma_4 = 3$	GroupWL:Time	Interaktion WL x Messung (Steigungs differenz zu CBASP)
$\beta_{0i} \sim N(0, \sigma_{\beta_r}^2)$		Patient:innenspezifisches Interzept
$\beta_{1i} \sim N(0, \sigma_{\beta_r}^2)$		Patient:innenspezifische Steigung

Trendanalyse mit Linear Mixed Models

Szenario (2) Daten mit Random-Effects | Analyse (2.2) Modellierung der Random-Effects

```
summary(M)
```

```
Linear mixed-effects model fit by REML
Data: D
      AIC      BIC    logLik
 2724.608 2774.492 -1350.304

Random effects:
Formula: ~Time | Patient
Structure: General positive-definite, Log-Cholesky parametrization
          StdDev   Corr
(Intercept) 3.081973 (Intr)
Time         3.112930 0.055
Residual     2.203029

Fixed effects: BDI ~ Group + Time + Group:Time
                Value Std.Error DF t-value p-value
(Intercept)    28.266045 0.5818721 316 48.57776 0.0000
GroupCBT-E    -1.191285 0.8228914 156 -1.44768 0.1497
GroupCBT-M    -0.670922 0.8228914 156 -0.81532 0.4161
GroupWL       -1.484315 0.8228914 156 -1.80378 0.0732
Time          -5.040629 0.5503862 316 -9.15835 0.0000
GroupCBT-E:Time -1.605420 0.7783637 316 -2.06256 0.0400
GroupCBT-M:Time -1.867817 0.7783637 316 -2.39967 0.0170
GroupWL:Time    4.027242 0.7783637 316  5.17399 0.0000

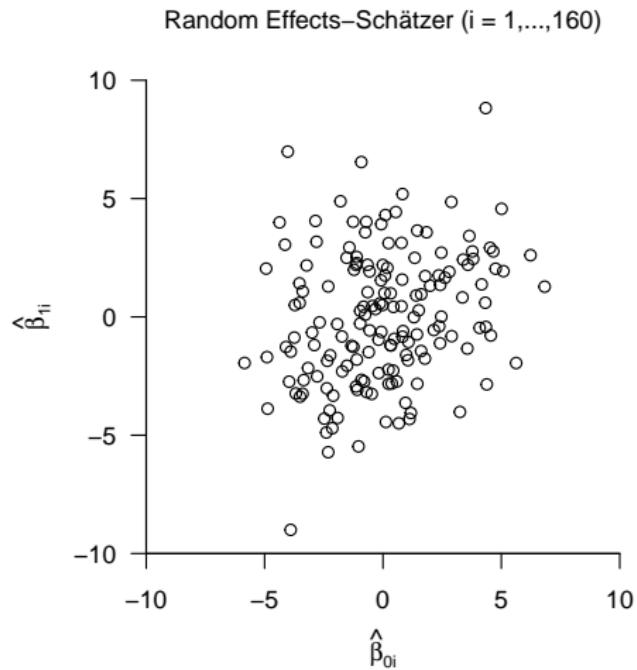
Correlation:
              (Intr) GrCBT-E GrCBT-M GropWL Time   GCBT-E: GCBT-M:
GroupCBT-E    -0.707
GroupCBT-M    -0.707  0.500
GroupWL       -0.707  0.500   0.500
Time          -0.149  0.105  0.105   0.105
GroupCBT-E:Time 0.105 -0.149 -0.074 -0.074 -0.707
GroupCBT-M:Time 0.105 -0.074 -0.149 -0.074 -0.707  0.500
GroupWL:Time   0.105 -0.074 -0.074 -0.149 -0.707  0.500   0.500

Standardized Within-Group Residuals:
      Min        Q1       Med        Q3        Max
-2.139241949 -0.407949831 -0.009498607  0.441374038  2.140736233

Number of Observations: 480
Number of Groups: 160
```

Trendanalyse mit Linear Mixed Models

Szenario (2) Daten mit Random-Effects | Analyse (2.2) Modellierung der Random-Effects



Szenario (2) Daten mit Random-Effects

Analyse (2.1) Keine Modellierung der Random-Effects

- Gute Schätzung der wahren, aber unbekannten, Fixed-Effects-Parameter
- Parameterstandardfehler zwischen 0.6 und 1.2

Analyse (2.2) Modellierung der Random-Effects

- Gute Schätzung der wahren, aber unbekannten, Fixed-Effects-Parameter
- Parameterstandardfehler zwischen 0.5 und 0.80
- Schätzung der Random-Effects-Parameter durch Werte im Bereich -5 bis 5

Zusammenfassung

- Fixed-Effects-Parameter werden durch Modelle ohne und mit Random-Effects gut geschätzt
- Wenn keine Random-Effects vorliegen, werden sie nahe Null geschätzt
- Wenn Random-Effects vorliegen, reduziert sich der Standardfehler der Fixed-Effects Schätzer
⇒ Anwendung von Linear Mixed Models ist in beiden Szenarien kein Nachteil

Motivation

Zweistichproben-T-Test bei abhängigen Stichproben

Einfaktorielle Varianzanalyse mit Messwiederholung

Trendanalyse mit Linear Mixed Models

Selbstkontrollfragen

1. Erläutern Sie das Anwendungsszenario eines Zweistichproben-T-Tests mit abhängigen Stichproben (ZTT-AS).
2. Geben Sie das Modell eines ZTT-AS in struktureller Form wieder.
3. Geben Sie das Theorem zur marginalen Datenverteilung des ZTT-AS-Modells wieder.
4. Warum ist die Standardinferenztheorie des Allgemeinen Modells für einen ZTT-AS nicht anwendbar?
5. Erläutern Sie die Durchführung eines ZTT-AS mithilfe eines Einstichproben-T-Test.

Appendix

Definition (Kroneckerprodukt)

Es seien $A \in \mathbb{R}^{m \times n}$ und $B \in \mathbb{R}^{p \times q}$. Dann ist das *Kroneckerprodukt* von A und B definiert als die Abbildung

$$\otimes : \mathbb{R}^{m \times n} \times \mathbb{R}^{p \times q} \rightarrow \mathbb{R}^{mp \times nq}, (A, B) \mapsto \otimes(A, B) := A \otimes B \quad (28)$$

mit

$$A \otimes B = \begin{pmatrix} a_{11}B & \cdots & a_{1n}B \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ a_{m1}B & \cdots & a_{mn}B \end{pmatrix}. \quad (29)$$

Bemerkungen

- Das Kroneckerprodukt kann zur Konstruktion von Matrizen mit repetitiver Struktur genutzt werden.
- In der Form $1_n \otimes M$ setzt das Kroneckerprodukt die Matrix M n -mal übereinander.
- In der Form $M \otimes 1_n$ repliziert das Kroneckerprodukt jede Zeile von M n -mal.
- In der Form $I_n \otimes M$ erzeugt das Kroneckerprodukt eine Blockdiagonalmatrix M auf der Diagonale.

Appendix

Beispiel (1)

$$\begin{pmatrix} 1 \\ 1 \\ 1 \end{pmatrix} \otimes \begin{pmatrix} 1 & 1 \\ 1 & 2 \\ 1 & 3 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 & 1 \\ 1 & 2 \\ 1 & 3 \\ 1 & 1 \\ 1 & 2 \\ 1 & 3 \end{pmatrix} \quad (30)$$

```
M      = matrix(c(1,1,
                 1,2,
                 1,3),
                 byrow = TRUE, nrow = 3)
j_2    = matrix(rep(1,2) , nrow = 2)          # j_2 Vektor
X      = kronecker(j_2,M)                      # Kroneckerprodukt
```

```
[,1] [,2]
[1,] 1 1
[2,] 1 2
[3,] 1 3
[4,] 1 1
[5,] 1 2
[6,] 1 3
```

Appendix

Beispiel (2)

$$\begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \otimes \begin{pmatrix} 1 \\ 1 \\ 1 \\ 1 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \quad (31)$$

```
M      = matrix(c(1,0,0,0,          # Matrix
                1,1,0,0,
                1,0,1,0,
                1,0,0,1),
                byrow = TRUE, nrow = 4)
j_2    = matrix(rep(1,2),      nrow = 2)      # j_2 Vektor
X      = kronecker(M,j_2)                      # Kroneckerprodukt
```

```
[,1] [,2] [,3] [,4]
[1,] 1 0 0 0
[2,] 1 0 0 0
[3,] 1 1 0 0
[4,] 1 1 0 0
[5,] 1 0 1 0
[6,] 1 0 1 0
[7,] 1 0 0 1
[8,] 1 0 0 1
```

Appendix

Beispiel (3)

$$\begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix} \otimes \begin{pmatrix} 2 & 1 \\ 1 & 2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 2 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 2 & 1 \\ 0 & 0 & 1 & 2 \end{pmatrix} \quad (32)$$

```
M      = matrix(c(2,1,          # Matrix
                1,2),
                 byrow = TRUE, nrow = 2)
I_2    = diag(2)                  # I_2
X      = kronecker(I_2,M)        # Kroneckerprodukt
```

```
[,1] [,2] [,3] [,4]
[1,] 2 1 0 0
[2,] 1 2 0 0
[3,] 0 0 2 1
[4,] 0 0 1 2
```

Referenzen

- DeGroot, Morris H., and Mark J. Schervish. 2012. *Probability and Statistics*. 4th ed. Boston: Addison-Wesley.
- Detry, Michelle A., and Yan Ma. 2016. "Analyzing Repeated Measurements Using Mixed Models." *JAMA* 315 (4): 407. <https://doi.org/10.1001/jama.2015.19394>.
- Huynh, Huynh, and Leonard S. Feldt. 1970. "Conditions Under Which Mean Square Ratios in Repeated Measurements Designs Have Exact F-Distributions." *Journal of the American Statistical Association* 65 (332): 1582–89. <https://doi.org/10.1080/01621459.1970.10481187>.
- Rief, Winfried, Gabi Bleichhardt, Katharina Dannehl, Frank Euteneuer, and Katrin Wambach. 2018. "Comparing the Efficacy of CBASP with Two Versions of CBT for Depression in a Routine Care Center: A Randomized Clinical Trial." *Psychotherapy and Psychosomatics* 87 (3): 164–78. <https://doi.org/10.1159/000487893>.