

Analiza przeżycia

Zadanie 1

Oceniamy efekt leczenia z uwzględnieniem „cielności” krów z zapaleniem wymienia. Dokonujemy analizy następujących zmiennych:

- covid – id krowy
- time – czas do odtworzenia bariery (w dniach)
- status – wskaźnik odtworzenia bariery (0 — nie, 1 – tak)
- drug – leczenie (0 — placebo, 1 – aktywny lek)
- heifer – wskaźnik „cielności” (0 — dwa lub więcej cielęta, 1 — jedno lub jałówka)

W związku z tym, że posiadamy po dwa pomiary czasów dla każdej krowy (oddzielnie dla wymion leczonych i nieleczonych), proponujemy model proporcjonalnych hazardów z uwzględnieniem skorelowanych czasów zdarzeń.

Call:

```
coxph(formula = Surv(Time, Status) ~ Drug + Heifer + cluster(Cowid),
      data = dane)
```

n= 200, number of events= 162

	coef	exp(coef)	se(coef)	robust se	z	Pr(> z)
Drug	0.3371	1.4008	0.1577	0.1370	2.460	0.0139 *
Heifer	0.2261	1.2536	0.1703	0.2076	1.089	0.2761

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

	exp(coef)	exp(-coef)	lower .95	upper .95
Drug	1.401	0.7139	1.0709	1.832
Heifer	1.254	0.7977	0.8346	1.883

Concordance= 0.572 (se = 0.023)

Rsquare= 0.032 (max possible= 1)

Likelihood ratio test= 6.44 on 2 df, p=0.03996

Wald test = 7.28 on 2 df, p=0.0263

Score (logrank) test = 6.55 on 2 df, p=0.03779, Robust = 7.03 p=0.02969

(Note: the likelihood ratio and score tests assume independence of observations within a cluster, the Wald and robust score tests do not).

Na poziomie istotności $\alpha = 0.05$ wskaźnik leczenia krów ma istotny wpływ na szybkość odbudowywania się bariery krew-mleko u krów, natomiast „cielność” nie ma istotnego wpływu. Hazard odtworzenia bariery zwiększa się 1.4 raza przy zastosowaniu leczenia względem podawania placebo. Oznacza to, że czas do odtworzenia bariery krew-mleko jest krótszy w przypadku zastosowania leczenia. % Czy estymator odporny powinien być większy czy mniejszy niż modelowy?? Jedynie test Walda bierze pod uwagę korelację w danych, zatem na jego podstawie stwierdzamy, że dopasowany przez nas model jest lepszy niż model pusty (p-value w teście Walda wynosi 0.0263).

Zadanie 2

Oceniamy czas do brakowania z uwzględnieniem efektu czasu oceny SCC i $\log(\text{SCC})$. Dokonujemy analizy następujących zmiennych:

- covid – id jałówki
- time – czas do brakowania (w dniach)
- status – wskaźnik brakowania (0 — nie, 1 – tak)
- herd – id stada
- timeassess – czas badania laboratoryjnego SCC (w dniach)
- logSCC – logarytm wartości SCC

W związku z tym, że zasugerowano, iż strategia brakowania jałówek, podobnie jak poziom SCC w mleku, mogą znacząco różnić się pomiędzy stadami, zdecydowaliśmy się na model z podatnościami.

Call:

```
coxph(formula = Surv(Time, Status) ~ Timeassess + LogSCC + frailty(Herd),
      data = data)
```

```
n= 13835, number of events= 2729
```

	coef	se(coef)	se2	Chisq	DF	p
Timeassess	0.002466	0.006951	0.006868	0.13	1.0	7.2e-01
LogSCC	0.069244	0.015549	0.015317	19.83	1.0	8.5e-06
frailty(Herd)				357.62	309.7	3.1e-02

	exp(coef)	exp(-coef)	lower .95	upper .95
Timeassess	1.002	0.9975	0.9889	1.016
LogSCC	1.072	0.9331	1.0395	1.105

Iterations: 8 outer, 30 Newton-Raphson

Variance of random effect= 0.1302054 I-likelihood = -25493.5

Degrees of freedom for terms= 1.0 1.0 309.7

Concordance= 0.742 (se = 0.006)

Likelihood ratio test= 661.7 on 311.7 df, p=0

Na poziomie istotności $\alpha = 0.05$, wszystkie zmienne wykorzystane w modelu są istotne statystycznie. Gdy czas wykonania badania laboratoryjnego SCC wzrasta o jeden dzień, to hazard czasu do brakowania jałówki wzrasta 1.002 raza, oznacza to, że im później po ocieleniu zostanie wykonane badanie, tym szybciej jałówka zostanie skazana na brakowanie. Natomiast przy wzroście logarytmu wartości SCC o jeden, hazard czasu do brakowania jałówki wzrasta 1.072 raza. Ponadto istotny wpływ ma również stado, do którego należy jałówka. Wymienione efekty odnoszą się tylko do krów z tego samego stada.

Kody:

```
## Zadanie 1.  
library(survival)  
dane <- read.table("C:\\SurvivalAnalysis\\PD3\\reconstitution.dat", header=TRUE, sep=",")  
model <- coxph(Surv(Time, Status)~Drug + Heifer + cluster(Cowid), data = dane)  
summary(model)  
  
## Zadanie 2.  
data <- read.table("C:\\SurvivalAnalysis\\PD3\\culling.dat", header=TRUE, sep=",")  
frailty <- coxph(Surv(Time, Status)~Timeassess + LogSCC + frailty(Herd), data = data)  
summary(frailty)
```