

Multiples Testen -Multiple Vergleiche im linearen Modell-

Dr. Martin Scharpenberg

MSc Medical Biometry/Biostatistics

WiSe 2019/2020



Beispieldatensatz 'cholesterol'

- Datensatz cholesterol im R-Package multcomp:
- Vergleich von 5 Behandlungen zur Cholesterol-Reduktion in randomisierter Studie mit 10 Patienten pro Gruppe (N=50)
 - Gruppe 1: Neues Medikament, 1 mal 20 mg pro Tag
 - Gruppe 2: Neues Medikament, 2 mal 10 mg pro Tag
 - Gruppe 3: Neues Medikament, 4 mal 5 mg pro Tag
 - Gruppe 4: Kontrollmedikament D
 - Gruppe 5: Kontrollmedikament E.
- Wir interessieren uns nur für die 6 Vergleiche der Gruppen mit neuem Medikament zu den Kontrollen
- Wie können wir unseren multiplen Test an die (nur) 6 Hypothesen anpassen?





Das lineare Modell

- Sei $\epsilon = (\epsilon_1, \dots, \epsilon_n)^T$ ein i.i.d. Zufallsvektor
- $X=(x_{ij})_{\substack{i=1,\ldots,n\\j=0,1,\ldots,p}}$ eine $(n\times(p+1))$ -Designmatrix (fest), deren Spalten die Beobachtungen von Kovariablen sind, wobei $x_{i0}=1\ \forall\ i$
- $\beta = (\beta_0, \beta_1, \dots, \beta_p)^T$ der Vektor der p+1 Regressionskoeffizienten
- I_n die $(n \times n)$ -Einheitsmatrix
- 0 der 0-Vektor mit Dimension, dem Kontext entsprechend (in der Normalverteilung des Ausdrucks unten ist 0 n-dim.)
- Für das lineare Modell treffen wir die Annahme

$$Y = X\beta + \epsilon, \qquad \epsilon \sim N(\mathbf{0}, \sigma^2 I_n)$$





Schätzer

ullet Bekanntermaßen gilt für den Kleinsten Quadratschätzer für eta

$$\hat{\beta} = (X^T X)^{-1} X^T Y \quad \sim \quad N(\beta, \sigma^2 (X^T X)^{-1})$$

• Wir schätzen σ^2 durch

$$\hat{\sigma}^{2} = \frac{1}{n - p - 1} \sum_{i=1}^{n} (Y_{i} - (X\hat{\beta})_{i})^{2}$$

$$= \frac{1}{n - p - 1} (Y - X\hat{\beta})^{T} (Y - X\hat{\beta}) \sim \frac{\sigma^{2}}{n - p - 1} \chi_{n - p - 1}^{2}$$

• Wir wissen, dass die Schätzer $\hat{\beta}$ und $\hat{\sigma}^2$ stochastisch unabhängig sind



Simultanes Testen von Kontrasten

- Gegeben sei eine $((p+1) \times m)$ Konrastmatrix $C = (c_{jl})$ vom Rang $m \leq p+1$
- Wir interessieren uns für die m Parameter

$$\theta_I = \sum_{j=0}^{p} c_{jl} \beta_j = (C^T \beta)_I, \qquad I = 1, \dots, m$$

• Wir möchten für $\delta = (\delta_1, \dots, \delta_m)^T \in \mathbb{R}^m$ die *m*-Hypothesen

$$H_0^l: \theta_l = \delta_l, \qquad l = 1, \ldots, m$$

simultan testen, so dass die FWER auf dem Niveau α kontrolliert wird



Schätzer und Teststatistiken

- Wir schätzen den Vektor $\theta = C^T \beta$ durch $\hat{\theta} = C^T \hat{\beta}$
- Es gilt

$$\hat{\theta} \sim N(\theta, \Sigma)$$
 mit $\Sigma = \sigma^2 C^T (X^T X)^{-1} C$

- Die Varianz von $\hat{\theta}_I$ entspricht dem I-ten Diagonalelement Σ_{II} der Kovarianzmatrix Σ
- Ein Schätzer hierfür ist das \emph{I} -te Diagonalelement $\emph{s}_\emph{I}^2 = \hat{\Sigma}_\emph{II}$ des Schätzers

$$\hat{\Sigma} = \hat{\sigma}^2 C^T (X^T X)^{-1} C$$

der Kovarianzmatrix Σ

• Wir verwenden für H_0^I die Teststatistik

$$T_I = (\hat{\theta}_I - \delta_I)/s_I = (\{\hat{\theta}_I - \delta_I\}/\sqrt{\Sigma_{II}})/(\hat{\sigma}/\sigma)$$



Simultane Testprozedur für H_0^1, \ldots, H_0^m

• Jedes T_I ist Quotient von stochastisch unabhängigen

$$Z_I = \{\hat{\theta}_I - \delta_I\} / \sqrt{\Sigma_{II}}$$

und

Nenner² =
$$\hat{\sigma}^2/\sigma^2 \sim \chi^2_{n-p-1}/(n-p-1)$$

• Unter $H_0 = \bigcap_{l=1}^m H_0^l$ gilt:

$$(Z_1,\ldots,Z_m)\sim N(0,D\Sigma D),\quad D=\mathrm{diag}(\Sigma_u^{-1/2})$$



Simultane Testprozedur für H_0^1, \ldots, H_0^m

• Wir bestimmen (numerisch) die kritische Grenze b_{α} mit

$$P_{H_0}(\max_{I=1}^m |T_I| \ge b_\alpha) = \alpha$$

- Wir verwerfen H_0^I , falls $|t_I| \geq b_{\alpha}$ (t_I beobachteter Wert von T_I)
- Alternativ können wir den adjustierten p-Wert berechnen:

$$p_{l}^{adj} = P_{H_0}(\max_{j=1}^{m} |T_j| \ge |t_l|)$$



Simultane Konfidenzintervalle

Aus den selben Überlegungen wie für die simultanen Konfidenzintervalle des Dunnettund Tukey-Tests haben die Intervalle

$$extit{CI}_{l} = \left(\hat{ heta}_{l} - b_{lpha} \cdot \sqrt{\hat{\Sigma}_{ll}} \;,\; \hat{ heta}_{l} + b_{lpha} \cdot \sqrt{\hat{\Sigma}_{ll}}
ight)$$

simultane Überdeckungswahrscheinlichkeit 1-lpha



Zurück zum Beispiel (1) – Lineares Modell

```
> chol.lm <-lm(response~trt,data=chol)
> summary(chol.lm)
Call:
lm(formula = response ~ trt, data = chol)
Residuals:
   Min
            10 Median
                                 Max
-6.5418 -1.9672 -0.0016 1.8901 6.6008
Coefficients:
           Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
            15.361
                        1.021 15.051 < 2e-16 ***
(Intercept)
trtdrugE 5.586
                   1.443 3.870 0.000348 ***
trt1time -9.579 1.443 -6.637 3.53e-08 ***
trt2times -6.136 1.443 -4.251 0.000106 ***
trt4times -2.986
                       1.443 -2.069 0.044316 *
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```



Zurück zum Beispiel (1) – Modell und Kontraste

• Modell:

$$\begin{array}{lll} \beta_0 = \mu_D & \text{(Kontrolle D)} & X_0 \text{ konstant 1} \\ \beta_1 = \mu_E - \mu_D & \text{(E - D)} & X_4 = 1 \text{ in Kontr. E, sonst 0} \\ \beta_2 = \mu_{1m} - \mu_D & \text{(M-1times - D)} & X_1 = 1 \text{ für M-1times, sonst 0} \\ \beta_3 = \mu_{2m} - \mu_D & \text{(M-2times - D)} & X_2 = 1 \text{ für M-2times, sonst 0} \\ \beta_4 = \mu_{4m} - \mu_D & \text{(M-4times - D)} & X_3 = 1 \text{ für M-4times, sonst 0} \end{array}$$

• Kontraste:

$$\begin{array}{lll} H_0^1 & \mu_D - \mu_{1m} = -\beta_2 = C_1^T \beta & \text{, wobei } C_1^T = (0,0,-1,0,0) \\ H_0^2 & \mu_D - \mu_{2m} = -\beta_3 = C_2^T \beta & \text{, wobei } C_2^T = (0,0,0,-1,0) \\ H_0^3 & \mu_D - \mu_{4m} = -\beta_4 = C_3^T \beta & \text{, wobei } C_3^T = (0,0,0,0,-1) \\ H_0^4 & \mu_E - \mu_{1m} = \beta_1 - \beta_2 = C_4^T \beta, & \text{wobei } C_4^T = (0,1,-1,0,0) \\ H_0^5 & \mu_E - \mu_{2m} = \beta_1 - \beta_3 = C_5^T \beta, & \text{wobei } C_5^T = (0,1,0,-1,0) \\ H_0^6 & \mu_E - \mu_{4m} = \beta_1 - \beta_4 = C_6^T \beta, & \text{wobei } C_6^T = (0,1,0,0,-1) \\ \end{array}$$



Zurück zum Beispiel (1) – Kontrastmatrix

• Die Kontrastmatrix ist gegeben durch

$$C = (C_1, \dots, C_6) = \left(egin{array}{cccccc} 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \ 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 \ -1 & 0 & 0 & -1 & 0 & 0 \ 0 & -1 & 0 & 0 & -1 & 0 \ 0 & 0 & -1 & 0 & 0 & -1 \end{array}
ight)$$

R-Code:

```
> c1D <- c(0,0,-1,0,0)

> c2D <- c(0,0,0,-1,0)

> c4D <- c(0,0,0,-1)

> c1E <- c(0,1,-1,0,0)

> c2E <- c(0,1,0,-1,0)

> c4E <- c(0,1,0,-1,0)

> c4E <- c(0,1,0,0,-1)

> C <- matrix( c(c1D,c2D,c4D,c1E,c2E,c4E), ncol=6)
```



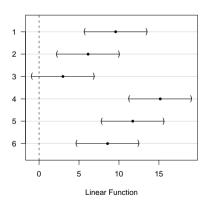
Zurück zum Beispiel (1) – R-Code und Ergebnis

```
> library(multcomp)
> chol.lm <-lm(response~trt,data=chol)
> chol.mc <- glht(chol.lm, linfct = t(C) )</pre>
> summary(chol.mc)
 Simultaneous Tests for General Linear Hypotheses
Fit: lm(formula = response ~ trt, data = chol)
Linear Hypotheses:
       Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
1 == 0
         9.579
                    1.443
                            6.637
                                    <0.001 ***
2 == 0
         6.136
                 1.443
                            4.251
                                    <0.001 ***
                 1.443
         2.986
                            2.069
                                    0.192
3 == 0
                 1.443 10.507
4 == 0
       15.166
                                    <0.001 ***
                 1.443
5 == 0
       11.723
                            8.122
                                    <0.001 ***
6 == 0
         8.573
                    1.443
                            5.939
                                    <0.001 ***
(Adjusted p values reported - single-step method)
```



Zurück zum Beispiel (1) - R-Code und Ergebnis

95% family-wise confidence level





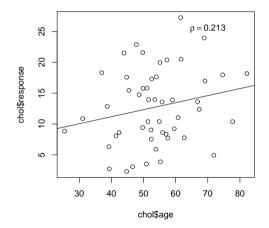
Beispieldatensatz 'cholesterol'

- Datensatz cholesterol im R-Package multcomp:
- Vergleich von 5 Behandlungen zur Cholesterol-Reduktion in randomisierter Studie mit 10 Patienten pro Gruppe (N=50)
 - Gruppe 1: Neues Medikament, 1 mal 20 mg pro Tag
 - Gruppe 2: Neues Medikament, 2 mal 10 mg pro Tag
 - Gruppe 3: Neues Medikament, 4 mal 5 mg pro Tag
 - **Gruppe 4:** Kontrollmedikament D
 - Gruppe 5: Kontrollmedikament E.
- Angenommen wir haben auch das Alter der Patienten
- Es ist bekannt, dass der Cholesterol-Wert mit dem Alter steigt
- Wie können wir den Einfluss des Alters berücksichtigen?





Daten zum Alter (mit R generiert)







Zurück zum Beispiel (2) – Modell und Kontrastmatrix

- Wir bilden nun eine lineares Modell mit denselben Gruppen- variablen wie zuvor und der zusätzlichen Kovariable Alter (β_5)
- Die Kontrastmatrix ist damit:

$$C = (C_1, \dots, C_6) = \left(egin{array}{ccccc} 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \ 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 \ -1 & 0 & 0 & -1 & 0 & 0 \ 0 & -1 & 0 & 0 & -1 & 0 \ 0 & 0 & -1 & 0 & 0 & -1 \ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{array}
ight)$$



Zurück zum Beispiel (2) – Lineares Modell

```
> chol.lm2 <-lm(response~trt+age,data=chol)
> summary(chol.1m2)
Call:
lm(formula = response ~ trt + age, data = chol)
Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) 7.52476
                       1.92397 3.911 0.000314 ***
trtdrugE
           5.17749
                     1.20773 4.287 9.73e-05 ***
trt1time
           -10.28183
                       1.21427 -8.468 8.68e-11 ***
trt2times
          -6.65009 1.20968 -5.497 1.84e-06 ***
trt4times -3.88548
                       1.22053 -3.183 0.002672 **
          0.15553
                       0 03424 4 542 4 30e-05 ***
age
Signif. codes: 0 '*** 0.001 '** 0.01 '* 0.05 '.' 0.1 ' 1
```



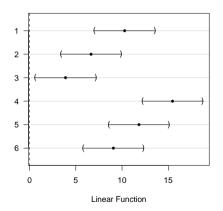
Zurück zum Beispiel (2) – R-Code und Ergebnis

```
> c1D2 < - c(0.0.-1.0.0.0)
> C2 <- matrix(c(c1D2,c2D2,c4D2,c1E2,c2E2,c4E2),ncol=6)</pre>
> chol.mc2 <- glht(chol.lm2, linfct = t(C2) )</pre>
> summary(chol.mc2)
Simultaneous Tests for General Linear Hypotheses
Fit: lm(formula = response ~ trt + age, data = chol)
Linear Hypotheses:
       Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
1 == 0 \quad 10.282
                     1.214
                             8.468
                                     <0.001 ***
2 == 0
         6.650
                 1.210
                            5.497
                                     <0.001 ***
         3.885
                  1.221
                             3.183
                                    0.014 *
3 == 0
4 == 0
       15.459
                  1.206 12.818
                                     <0.001 ***
5 == 0
       11.828
                  1.205
                             9.819
                                     <0.001 ***
6 == 0
         9.063
                     1.209
                            7.495
                                     <0.001 ***
(Adjusted p values reported - single-step method)
```



Zurück zum Beispiel (2) - R-Code und Ergebnis

95% family-wise confidence level





Starke Kontrolle der FWER

• Man kann Teilmengen-Pivotalität zeigen

(Übung: zeige, dass Σ_{ii} nur vom *i*-ten und *j*-ten Kontrast abhängt.)

• Daraus ergibt sich die Kontrolle der FWER im starken Sinn