

Biostatistika
Praktikum
Elukestvusanalüüs 3

Loe sisse näiteandmestik:

```
load(url("https://www-1.ms.ut.ee/mart/biostat/Elulemus3.RData"))
```

Ning hinda võrdeliste riskide mudel – vali üks neist variantidest:

```
m=coxph(Surv(vanus, suri)~relevel(factor(grupp), ref="B"), data=andmed,  
ties="breslow")  
m  
m=coxph(Surv(vanus, suri)~grupp, data=andmed, ties="breslow")  
m
```

Märkus: kasutame ties="breslow" valikut selleks, et saadud hinnangud paremini meie kõhutundega kattuksid. Üldiselt kasutati „breslow“ meetodit kakskümmend aastat tagasi, „efron“ meetodit eelmisel kümnendil ja „exact“ on arvatavasti peamine valik 10 aasta pärast.

Kas antud juhul on võrdeliste riskide eeldus rahuldatud või mitte? Vaata andmeid ja otsusta kõigepealt ise – kas võrdeliste riskide eeludusega võiks kõik korras olla või mitte – ja testi ka oma mudelit R-is:

```
cox.zph(m)
```

Millise järelduseni jõuad?

Andmestik andmed on ka tunnus *liitus*, mis näitab aega, millal inimene uuringuga liitus. Proovi antud tunnust kasutada järgmisel viisil:

```
coxph(Surv(liitus, vanus, suri)~factor(grupp), data=andmed, ties="breslow")
```

Mis tulemustes muutus, miks?

Muudame veidi oma andmeid:

```
andmed2=rbind(andmed, andmed[2,])  
andmed2[2,3]=2; andmed2[2,4]=0; andmed2[10,5]=2  
andmed2
```

Mida need ülaltoodud käsud tegelikult tegid? Proovi korrata analüüsi selle muditud andmestikuga:

```
coxph(Surv(liitus, vanus, suri)~factor(grupp), data=andmed2,  
ties="breslow")
```

Mis tulemustes muutub? Miks?

Inimese eluea jupitamist kasutatakse sageli ajas muutuvate riskitegurite uurimiseks. Vaatame järgmist andmestikku

```
syda[1:4, ]
```

Tunnused:

vanus - Patseindi vanus südamesiirdamise ootenimekirja lisamisel

jalgimisaeg – kui kaua oleme patsienti jälginud (aeg tema surmani või kui kaua oleme tema surma oodanud)

suri – kas jälgimisaeg lõpus patsient suri(1) või katkes jälgijate kannatus (0)

siirdamise_ooteaeg – kaua ta ootas siirdamist (NA-ei ole seni saanudki doonorsüdat)

siirdamine – kas siirdamine toimus

id – patsiendi id

Lõigume patsiendi ooteaja ajaks enne siirdamist/ajaks peale siirdamist:

```
syda2 <- tmerge(syda, syda, id=id, death = event(jalgimisaeg, suri),  
               uussyda = tdc(siirdamine_ooteaeg))
```

Vaata näiteks, mis juhtub 10. patsiendi riskiajaga:

```
syda2[syda2$id==4, ]
```

ja teostame analüüsi (proovi saadud mudeleid interpreteerida):

```
coxph(Surv(tstart, tstop, suri) ~ uussyda, data= syda2, ties="breslow")  
coxph(Surv(tstart, tstop, suri) ~ uussyda +vanus, data= syda2,  
      ties="breslow")  
coxph(Surv(tstart, tstop, suri) ~ uussyda + uussyda *vanus, data= syda2,  
      ties="breslow")
```

Kontrolli viimase mudeli jaoks, kas võrdeliste riskide eeldus on täidetud!