

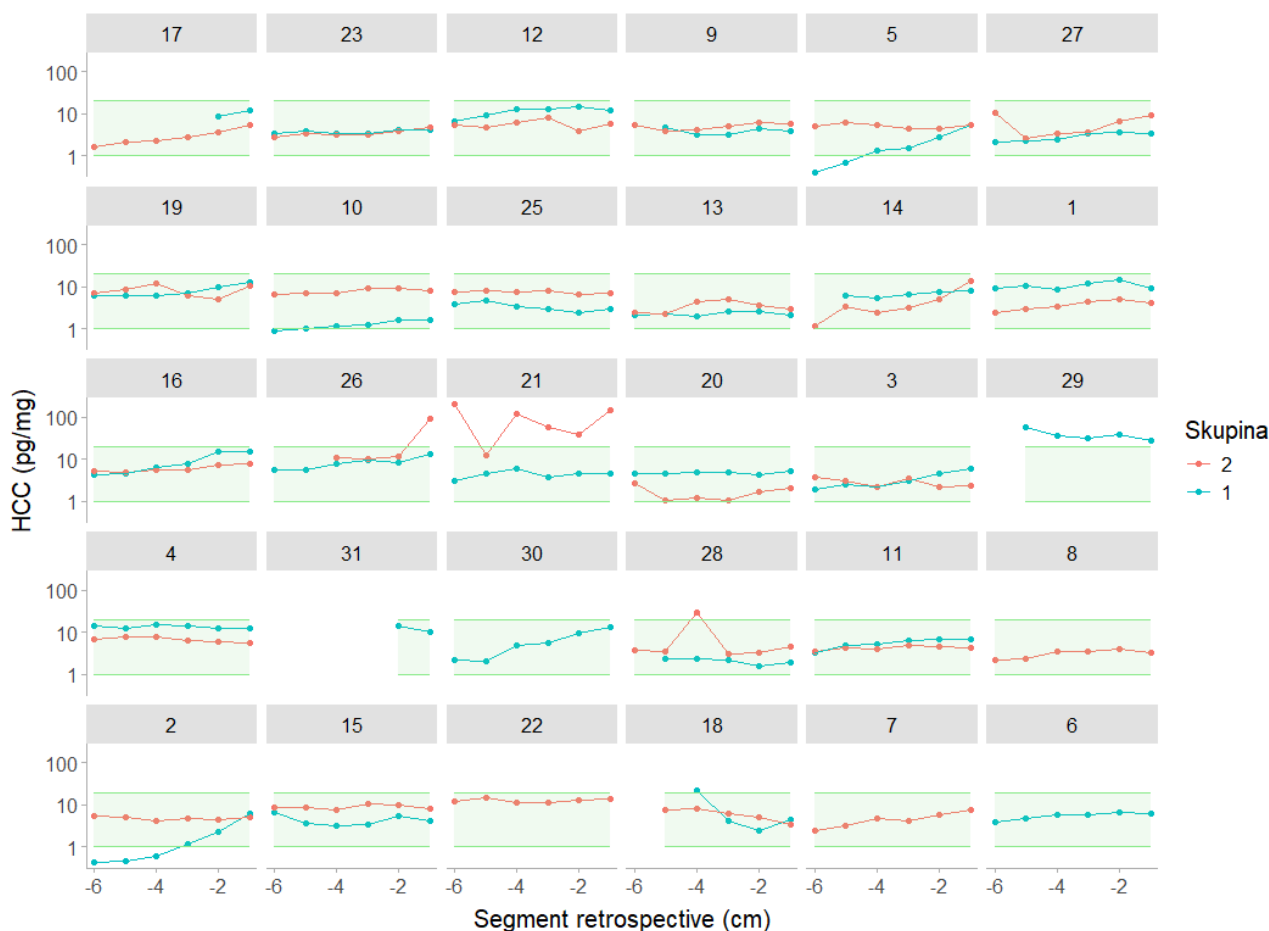
# Hairmonics - schizofrenie

## Table of contents

Schizofrenie (v1) vs. kontrola (v1) u párovaných jedinců .....	1
Schizofrenie (fu) vs. kontrola (v1) u párovaných jedinců .....	4

### Schizofrenie (v1) vs. kontrola (v1) u párovaných jedinců

Díky párovaným jedincům je možné zobrazit porovnání skupin schizofrenie vs. kontroly jako segmentovaný vlasový kortizol (Obrázek 1). I bez použití modelu je zřejmé, že se skupiny nejenže mezi sebou neliší relativně, ale také nevybočují z absolutního (námi) udávaného referenčního rozmezí 1–20 pg/mg.



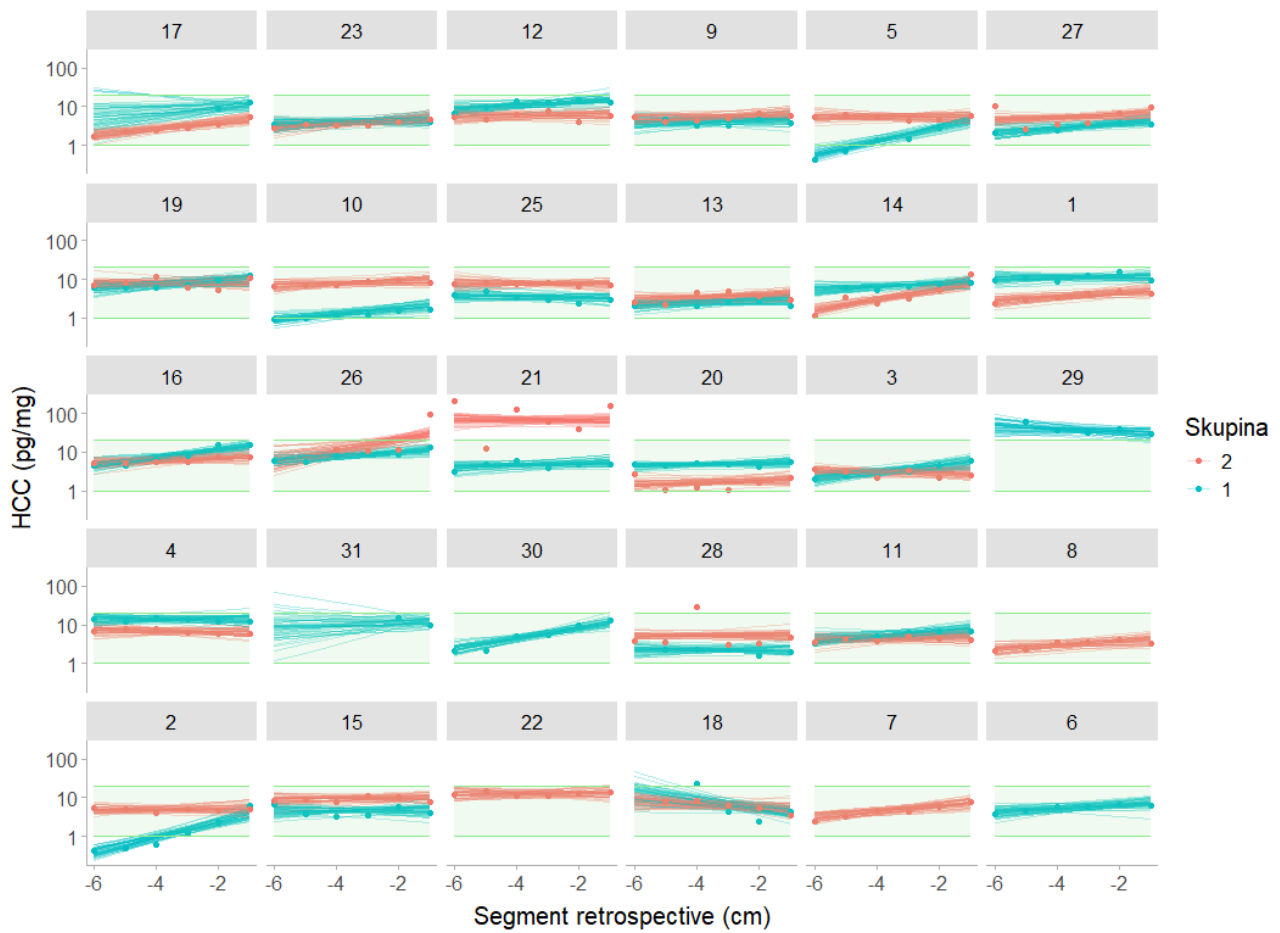
Obrázek 1: Nekorigovaný vlasový kortizol u spárovaných jedinců skupin schizofreniků (v1) a kontrol z první návštěvy (v1). Zelený obdélník představuje rozmezí hodnot 1 – 20 pg/mg.

Pro modelování se tedy nabízí dvě struktury:

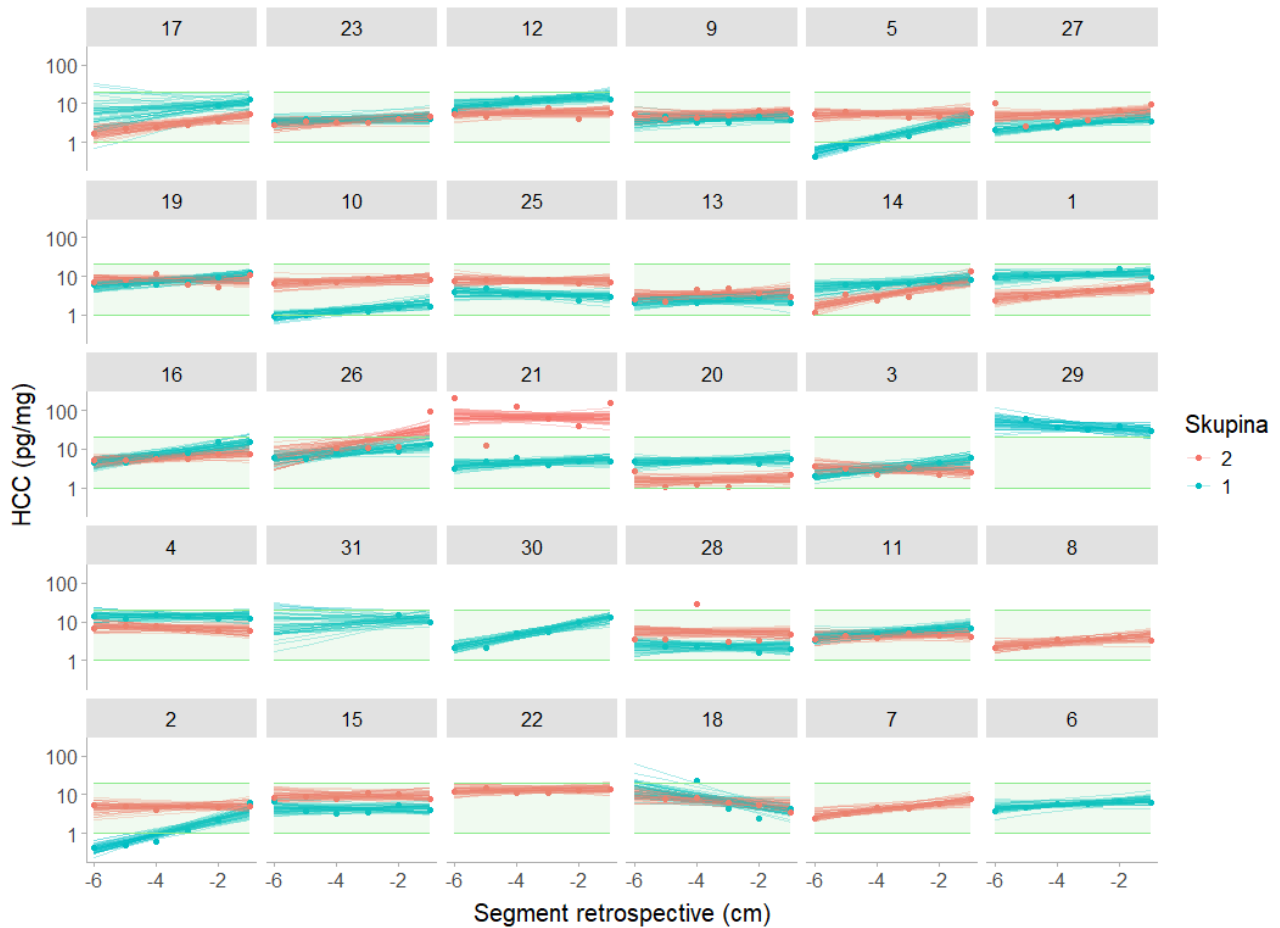
- 1)  $HCC \sim 1 + \text{segment} * \text{group} + (1 + \text{segment} | \text{kod})$
- 2)  $HCC \sim 1 + \text{segment} * \text{group} + (1 + \text{segment} | \text{MP}) + (1 + \text{segment} | \text{MP:kod})$

Model 2) zohledňuje párový design jednotlivých dvojic (kontrola – pacient) a umožňuje oddělit variabilitu jedinců (ID) od variability párů (MP).

Proč tedy modelovat i ten první model? Protože chceme vědět, jak moc párový design pomůže do sebe vstřebat variabilitu mezi jedinci. Pokud mezi 1) a 2) nebude dramatický rozdíl, lze říci, že model 1) je plně dostačující a párový design nepřináší žádnou informaci navíc.



Obrázek 2: Nekorigovaný vlasový kortizol modelovaný jako nepárová varianta (model 1) jedinců skupin schizofreniků (v1) a kontrol z první návštěvy (v1). Zelený obdélník představuje rozmezí hodnot 1 – 20 pg/mg.



Obrázek 3: Nekorigovaný vlasový kortizol modelovaný jako párová varianta (model 2) jedinců skupin schizofreniků (v1) a kontrol z první návštěvy (v1). Zelený obdélník představuje rozmezí hodnot 1 – 20 pg/mg.

## Model 1)

```

Family: lognormal
Links: mu = identity
Formula: HCC ~ segment * group + (1 + segment | kod)
Data: hairmonics_SCHZ_v1 (Number of observations: 301)
Draws: 4 chains, each with iter = 2000; warmup = 1000; thin = 1;
total post-warmup draws = 4000

```

### Multilevel Hyperparameters:

~kod (Number of levels: 53)

	Estimate	Est.Error	l-95% CI	u-95% CI	Rhat	Bulk_ESS	Tail_ESS
sd(Intercept)	0.77	0.09	0.62	0.97	1.00	1989	
sd(segment)	0.15	0.02	0.11	0.20	1.00	1482	
cor(Intercept,segment)	-0.34	0.15	-0.60	-0.00	1.00	1450	
	Tail_ESS						
sd(Intercept)	2790						
sd(segment)	2202						
cor(Intercept,segment)	2485						

### Regression Coefficients:

	Estimate	Est.Error	l-95% CI	u-95% CI	Rhat	Bulk_ESS	Tail_ESS
Intercept	1.93	0.17	1.60	2.26	1.00	2011	2474
segment	-0.06	0.03	-0.13	0.00	1.00	2357	2533
group1	0.02	0.24	-0.44	0.51	1.00	1950	2009
segment:group1	-0.04	0.05	-0.13	0.06	1.00	2591	2727

### Further Distributional Parameters:

	Estimate	Est.Error	l-95% CI	u-95% CI	Rhat	Bulk_ESS	Tail_ESS
sigma	0.32	0.02	0.29	0.36	1.00	2562	2923

Draws were sampled using `sample(hmc)`. For each parameter, `Bulk_ESS` and `Tail_ESS` are effective sample size measures, and `Rhat` is the potential scale reduction factor on split chains (at convergence, `Rhat` = 1).

## Model 2)

```

Family: lognormal
Links: mu = identity
Formula: HCC ~ segment * group + (1 + segment | MP/kod)
Data: hairmonics_SCHZ_v1 (Number of observations: 301)
Draws: 4 chains, each with iter = 2000; warmup = 1000; thin = 1;
total post-warmup draws = 4000

```

### Multilevel Hyperparameters:

~MP (Number of levels: 30)

	Estimate	Est.Error	l-95% CI	u-95% CI	Rhat	Bulk_ESS	Tail_ESS
sd(Intercept)	0.29	0.17	0.02	0.64	1.00	533	
sd(segment)	0.06	0.04	0.00	0.14	1.00	659	
cor(Intercept,segment)	-0.29	0.53	-0.97	0.85	1.01	941	
	Tail_ESS						
sd(Intercept)	1390						
sd(segment)	1719						
cor(Intercept,segment)	1789						

~MP:kod (Number of levels: 53)

	Estimate	Est.Error	l-95% CI	u-95% CI	Rhat	Bulk_ESS
sd(Intercept)	0.72	0.11	0.52	0.93	1.00	1206
sd(segment)	0.14	0.03	0.09	0.19	1.00	1045
cor(Intercept,segment)	-0.30	0.21	-0.64	0.16	1.00	1174

	Tail_ESS
sd(Intercept)	2430
sd(segment)	1486
cor(Intercept,segment)	1992

Regression Coefficients:

	Estimate	Est.Error	l-95% CI	u-95% CI	Rhat	Bulk_ESS	Tail_ESS
Intercept	1.93	0.17	1.62	2.27	1.00	2148	2595
segment	-0.06	0.03	-0.13	0.01	1.00	2328	2477
group1	0.01	0.22	-0.42	0.43	1.00	2254	2715
segment:group1	-0.04	0.05	-0.13	0.05	1.00	2375	2795

Further Distributional Parameters:

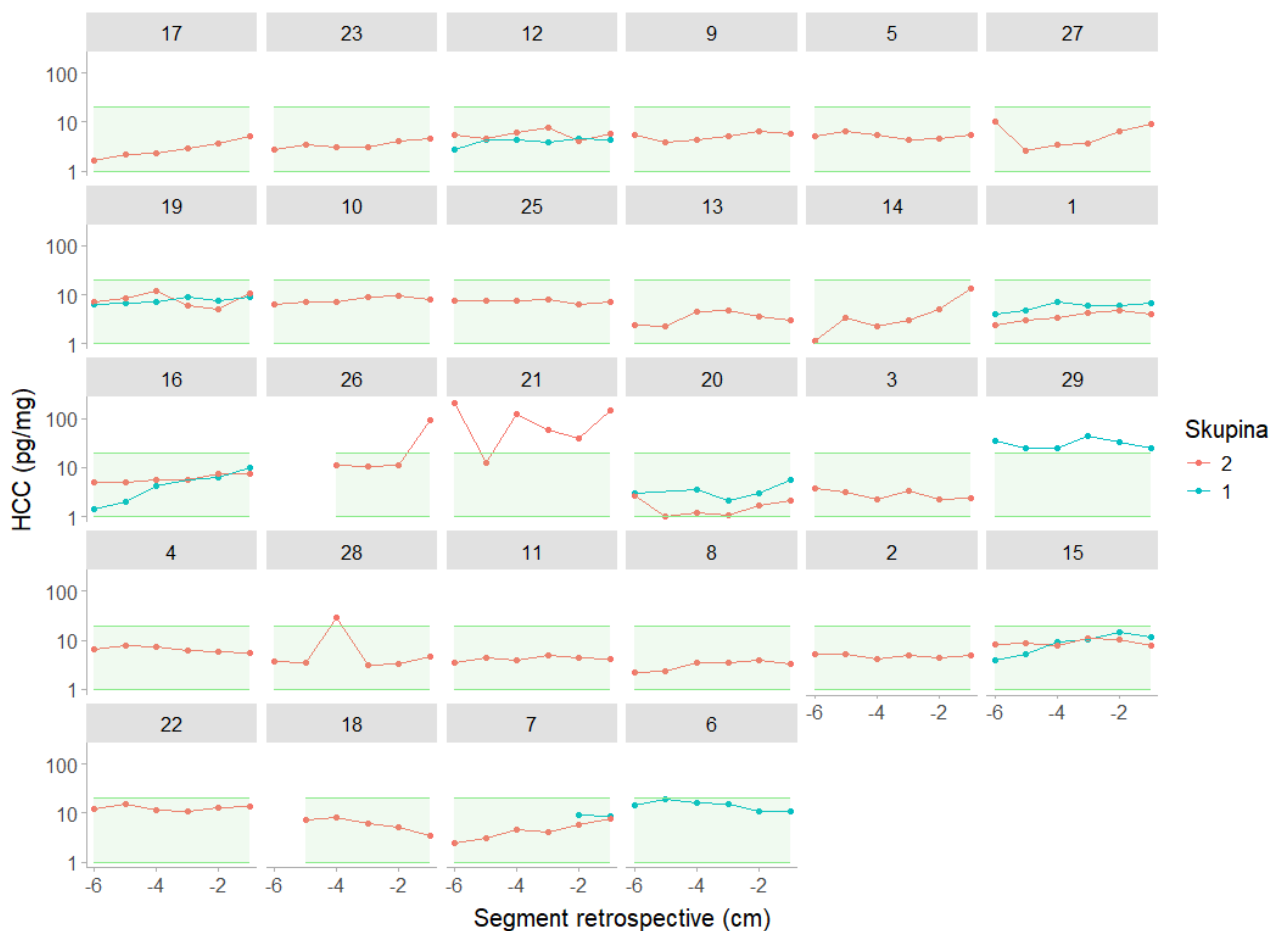
	Estimate	Est.Error	l-95% CI	u-95% CI	Rhat	Bulk_ESS	Tail_ESS
sigma	0.32	0.02	0.29	0.36	1.00	2670	2874

Draws were sampled using `sample(hmc)`. For each parameter, `Bulk_ESS` and `Tail_ESS` are effective sample size measures, and `Rhat` is the potential scale reduction factor on split chains (at convergence, `Rhat = 1`).

Prakticky lze říci, že párový design nedokáže lépe oddělit variabilitu mezi jedinci do variability párů.

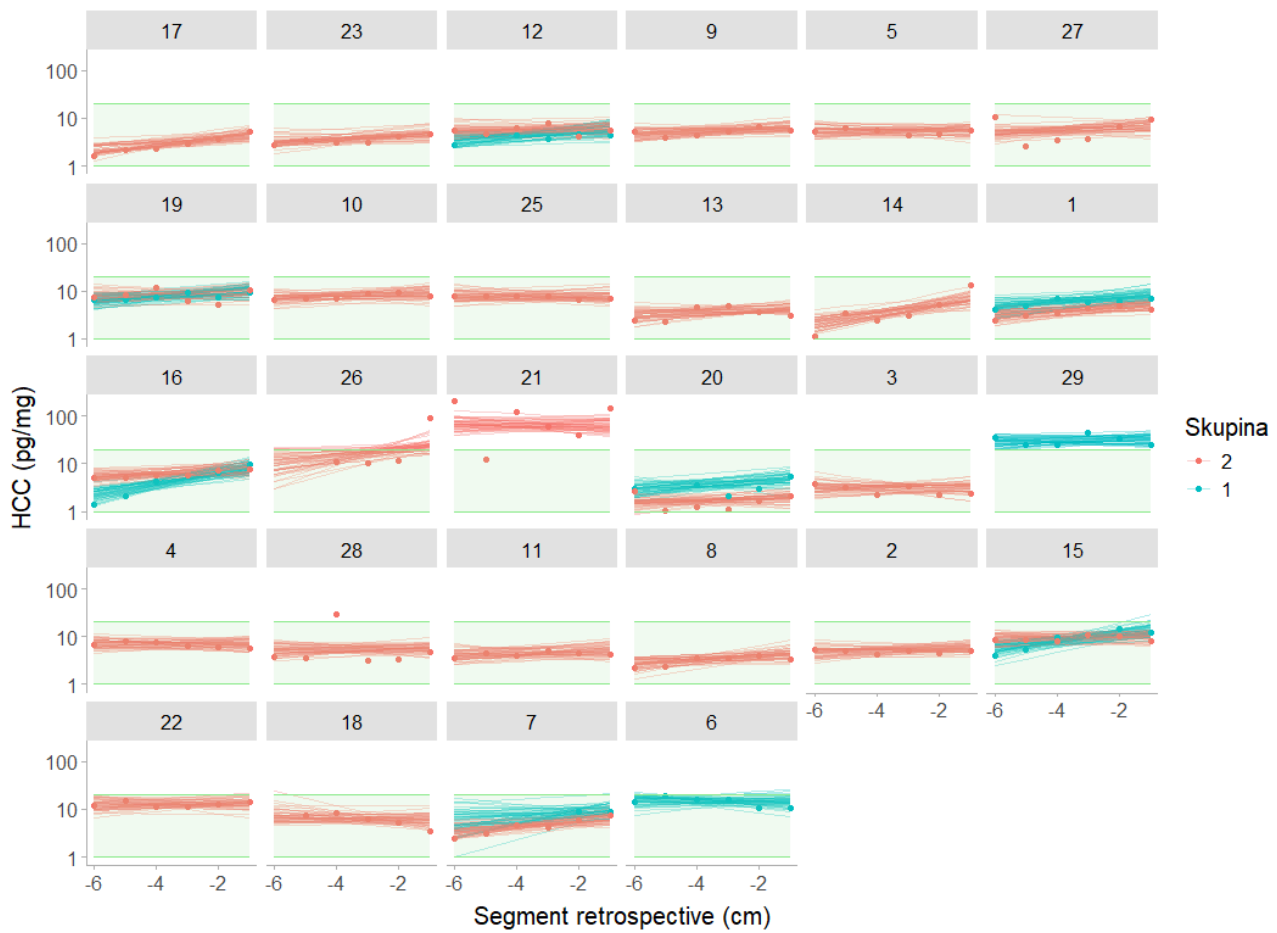
### Schizofrenie (fu) vs. kontrola (v1) u párovaných jedinců

Přestože kontroly mají pouze jeden odběr vlasů v době první návštěvy, tak je možné (a i vhodné) porovnat tytéž páry jedinců jako možné rozdíly mezi v1 kontrola a follow-up (fu) pacientů, viz Obrázek 4.

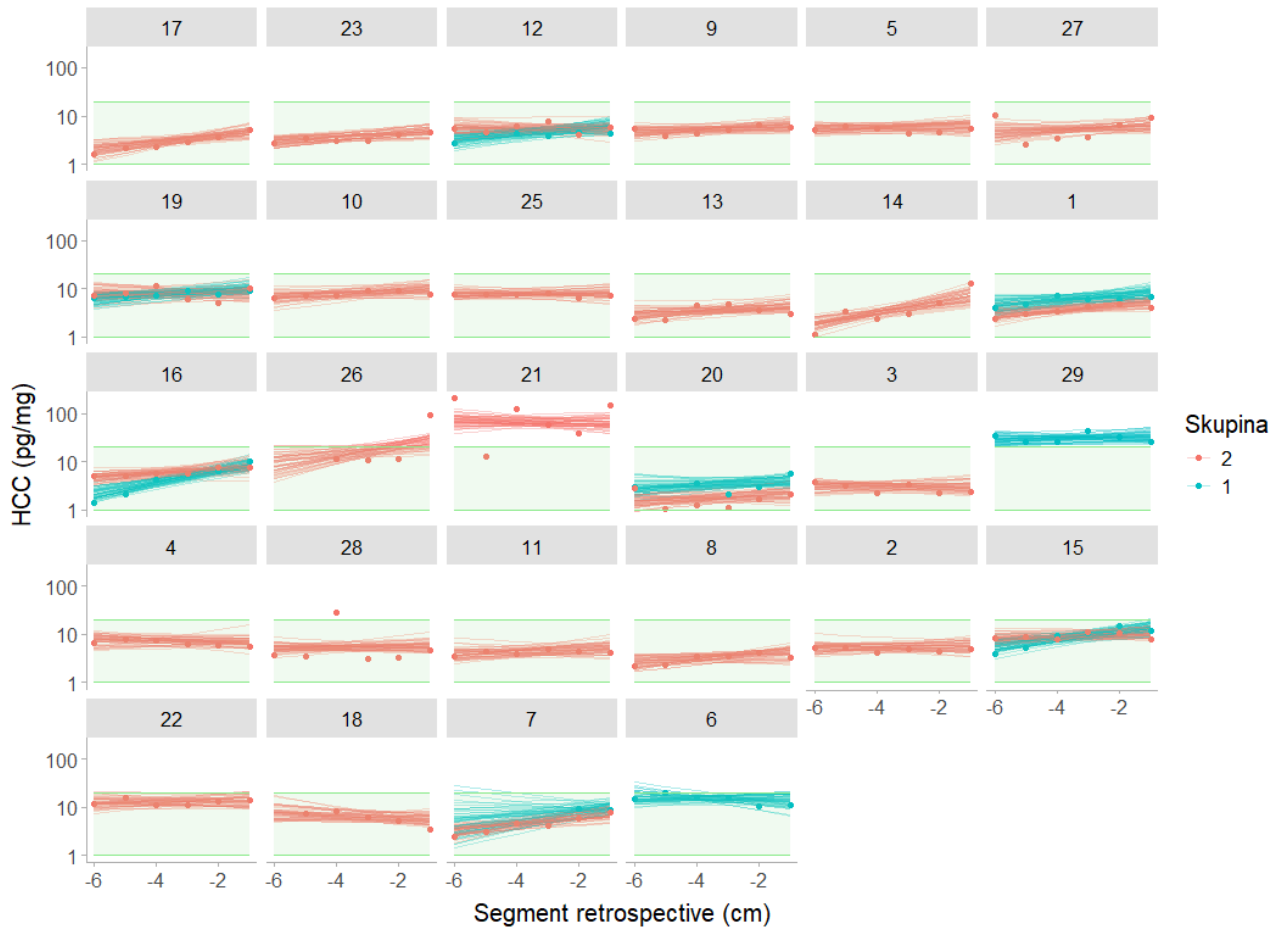


Obrázek 4: Nekorigovaný vlasový kortizol u spárovaných jedinců skupin schizofreniků (fu) a kontrol z první návštěvy (v1). Zelený obdélník představuje rozmezí hodnot 1 – 20 pg/mg.

V tomto případě je dat ještě méně, ale opět nijak nevybočují z řady. Při porovnání průměrných změn, které mají skupiny párovaných jedinců v době první návštěvy - tedy rozdíl  $E[HCC_1^{v1} - HCC_2^{v1}]$  a  $E[HCC_1^{fu} - HCC_2^{v1}]$ , obdržíme vlastně rozdíl mezi  $E[HCC_1^{fu} - HCC_1^{v1}]$ , ovšem s hierarchickým zapojením jednotlivých párů.



Obrázek 5: Nekorigovaný vlasový kortizol modelovaný jako nepárová varianta (model 1) jedinců skupin schizofreniků (fu) a kontrol z první návštěvy (v1). Zelený obdélník představuje rozmezí hodnot 1 – 20 pg/mg.



Obrázek 6: Nekorigovaný vlasový kortizol modelovaný jako párová varianta (model 2) jedinců skupin schizofreniků (fu) a kontrol z první návštěvy (v1). Zelený obdélník představuje rozmezí hodnot 1 – 20 pg/mg.

Každopádně závěrem lze asi říct, že v rámci schizofrenie lze pozorovat minimální až žádné rozdíly mezi skupinami bez ohledu na to, zda-li je využit párový design. Zajímavé by bylo toto stejné provést pro další kohorty pacientů, ale ty nejsou ještě označené v tabulce Hairmonics.