

## Handhabung des Makros OWL.SAS

Dieses in der Datei OWL.SAS vorliegende Makro wurde erstellt zur nichtparametrischen Analyse eines **One-Way Layout** Versuchsplans und lässt sich über den SAS-Editor mit folgendem Befehl einbinden:

```
%INCLUDE 'Pfad/OWL.SAS';
```

In einem One-Way Layout sind die  $N$  Versuchseinheiten unter einem einzigen Faktor  $A$ , in  $i = 1, \dots, a$  Gruppen aufgeteilt, sodass sich in Gruppe  $i$  gerade  $n_i$  Individuen befinden ( $\sum_{i=1}^a n_i = N$ ). Bei dem Faktor kann es sich zum Beispiel um die Art der Behandlung (Placebo, verschiedene Dosisstufen) oder auch um Versuchsgruppen (z.B. männlich / weiblich) handeln. Für jede Versuchseinheit wird eine Messung  $X_{ik}$  bezüglich der Zielgröße durchgeführt,  $i = 1, \dots, a$ ;  $k = 1, \dots, n_i$ .

Zur Anwendung des Makros müssen zunächst die Daten im üblichen DATA-step eingelesen werden:

```
DATA dateiname;
  INPUT behandlung$ var;
  DATALINES;
  Dosis_1 X_11
  Dosis_1 X_12
  ...
  Dosis_a X_a(n_a)
  ;
RUN;
```

Für die Gruppenvariablen sind sowohl numerische Werte (z.B.  $1, \dots, a$ ) als auch character-Werte zugelassen. Das Makro wird, wie folgt, aufgerufen (hier mit den Default-Einstellungen):

```
%OWL( DATA = _LAST_ , *Name des Datensatzes in SAS (oben: dateiname)
      VAR = , *Name der summarischen Zielvariable (oben: var)
      GROUP = , *Name der Gruppierungsvariable (oben: behandlung)
      ALPHA_C = 0.05 , *Niveau für Konfidenzintervalle ( $0 < \text{ALPHA\_C} < 1$ )
      ALPHA_P = 0.05 , *Niveau für die Paarvergleiche ( $0 < \text{ALPHA\_P} < 1$ )
      EXACT = YES , *Simulation einer PermutationsVerteilung YES/NO ?
      N_SIM = 1000 , *Anzahl der Simulationen für PV ( $\text{N\_SIM} \geq 1$ )
      DATA_PT = _NOPT_ , *Name des Datensatzes für Gewichte des Musters
      VAR_PT = , *Name der Gewichte
      GROUP_PT = ); *Name der Gruppierungsvariable
```

Wird im Aufruf kein Datensatz spezifiziert, so wird der zuletzt verwendete automatisch eingesetzt. Als Variable (VAR =) muss der Name angegeben werden, der beim Einlesen der Daten die Zielgröße kennzeichnet. Als Gruppe (GROUP =) benötigt das Makro schließlich noch den SAS-Namen der Variablen, welche die Einteilung der Gruppen kennzeichnet. Die Niveaus für die Konfidenzintervalle und Paarvergleiche sind standardmäßig auf  $\alpha = 0.05$

eingestellt. Zudem wird, wenn nicht anders eingestellt die exakte Permutationsverteilung mit 1000 Simulationen (Default-Einstellung) berechnet. Bei Bedarf können dann noch Optionen für gemusterte Alternativen ausgewählt werden.

Als Beispiel zur Anwendung des Makros wird im Folgenden der Datensatz der relativen Lebergewichte von 38 Wistar-Ratten betrachtet (siehe Brunner und Munzel, 2013; Tabelle 2.10, S. 93). Untersucht wurde der Einfluss einer Substanz in unterschiedlichen Dosisstufen (Dosis0 = Placebo, ..., Dosis4) auf das relative Lebergewicht der Ratten. Die Daten werden z.B., wie oben beschrieben, eingelesen

```
DATA leber;
  INPUT dos$ rlg;
  DATALINES;
D0 3.78
D0 3.40
...
D4 4.19
D4 5.05
;
RUN;
```

und dann wird das Makro gestartet mittels des Aufrufs

```
%OWL(DATA=leber, VAR=rlg, GROUP=dos, EXACT=YES);.
```

Als Ausgabe erscheinen zwei Seiten:

-----Seite 1-----

NONPARAMETRIC  
ONE-WAY LAYOUT

Data Information, Estimation, Confidence Intervals (alpha = 0.05)

Data Set: leber

Total Sample Size: 38

Nr. Class Levels	n_i	Rank Means	Confidence Intervals		
			p_i	p_L	p_U
1 D0	8	10.9375	0.2746711	0.1618442	0.3874979
2 D1	7	12.571429	0.3176692	0.1591695	0.4761689
3 D2	8	14.3125	0.3634868	0.2559207	0.471053
4 D3	7	27.357143	0.7067669	0.6075065	0.8060274
5 D4	8	32.4375	0.8404605	0.7850706	0.8958504

Hypothesis Testing: F\_1 = ... = F\_a

p-Values

	Statistic	Chi-Sq. Appr.	F-Appr.	Exact
Kruskal-Wallis	23.565151	0.0000976	.	0
F-Test Rank	57.883044	8.075E-12	7.5297E-7	.

Number of Simulations for the Exact p-Value: 1000

-----Seite 2-----

Pairwise Comparisons (alpha = 0.05)

Samples	Statistic	p-Values			Decision (Holm-Proc.)		
		Normal	t-Appr.	Exact	Normal	t-Appr.	Exact
1 2	-0.362518	0.7169651	0.7232695	0.7300699	0	0	0
1 3	-0.955149	0.3395025	0.3569275	0.3571096	0	0	0
1 4	-4.422278	9.7666E-6	0.0008323	0.001554	1	1	1
1 5	-6.832917	8.32E-12	0.000012	0.0001554	1	1	1
2 3	-0.415621	0.6776872	0.6850229	0.6933955	0	0	0
2 4	-3.343061	0.0008286	0.0065577	0.0087413	1	1	1
2 5	-5.205266	1.9372E-7	0.00022	0.0009324	1	1	1
3 4	-3.929579	0.0000851	0.0020002	0.0037296	1	1	1
3 5	-6.616837	3.67E-11	0.0000167	0.0001554	1	1	1
4 5	-1.792007	0.0731318	0.0983617	0.1038073	0	0	0

In der Überschrift gibt das Programm aus, welches Niveau für die Konfidenzintervalle gewählt wurde, welcher Datensatz betrachtet wird und wie viele Versuchseinheiten gemessen wurden (**Total Sample Size**). In der darauf folgenden Tabelle werden noch einmal die einzelnen Level der Gruppierung mit den entsprechend zugeordneten Nummern aufgelistet. In der Spalte **n\_i** sind die Stichprobenumfänge jeder Gruppe angegeben. Das Makro vergibt für jede Beobachtung einen Mittelrang bezogen auf die gesamte Stichprobe und berechnet die Rangmittelwerte jeder Behandlungsstufe, die dann unter **Rank Means** erscheinen.

Die drei letzten Spalten enthalten dann Informationen zum relativen Effekt  $p_i$ : Unter **p\_i** sind die Schätzer  $\hat{p}_i$  des relativen Effekts  $p_i$  der Behandlungsgruppen zu finden, die anderen beiden Spalten geben die untere (**p\_L**) sowie die obere (**p\_U**) Grenze des zweiseitigen  $(1 - \alpha)$ -Konfidenzintervalls (in diesem Fall  $(1 - \alpha) = 95\%$ ) für den relativen Effekt an.

Getestet wird die Hypothese  $H_0^F : F_1 = \dots = F_a$  (hier  $a = 5$ ). Dazu wird zuerst die *Kruskal-Wallis*-Statistik  $Q_N^H$  berechnet und der  $p$ -Wert aus der asymptotischen  $\chi_{a-1}^2$ -Verteilung von  $Q_N^H$  unter  $H_0^F$  bestimmt. Bei kleinen Stichprobenumfängen, hier z.B.  $n_1 = n_3 = n_5 = 8$  und  $n_2 = n_4 = 7$ , ist die

Güte der Approximation durch die  $\chi^2_{a-1}$ -Verteilung fraglich und es empfiehlt sich, die exakte Permutationsverteilung von  $Q_N^H$  zu simulieren. Dies wird, wie oben besprochen, im Makro standardmäßig mit 1000 Simulationen realisiert und unter **Exact** ausgegeben. In der Variablen **N\_SIM** kann auch eine andere Anzahl von Simulationen angegeben werden. Zudem wird noch die aus der Rangtransformation resultierende F-Test Rangstatistik berechnet und deren Verteilung unter  $H_0^F$  mittels einer  $\chi^2_{a-1}$ -Verteilung bzw., bei Division durch den Freiheitsgrad  $(a-1)$ , mittels einer  $F_{a-1, N-a-1}$ -Verteilung approximiert. Entsprechende  $p$ -Werte finden sich in der Tabelle.

Im betrachteten Beispiel sind alle  $p$ -Werte kleiner als das vorgegebene Niveau  $\alpha = 0.05$ , sodass die Hypothese  $H_0^F$  verworfen wird. Zu näheren Ausführungen bezüglich des *Kruskal-Wallis*-Tests oder der Simulation der Permutationsverteilung sei auf Brunner und Munzel (2013) verwiesen (Abschnitt 2.2.4).

Wenn die globale Hypothese  $H_0^F : F_1 = \dots = F_a$  abgelehnt werden konnte, stellt sich die Frage, zwischen welchen Stufen signifikante Unterschiede bestehen. Gerade der Vergleich zur Kontrollgruppe (ggf. Placebo), ist meist interessant. Dazu stellt das Makro auf der zweiten Seite des Outputs die paarweisen Vergleiche aller Gruppen zum multiplen Niveau (Default: 0.05) zur Verfügung. Im Aufruf des Makros kann hierfür auch ein anderer Wert gewählt werden. Dazu gibt das Programm eine Tabelle aus, bei der in den ersten beiden Spalten jeweils die zwei Nummern der in der entsprechenden Zeile miteinander verglichenen Gruppen zu finden sind. Danach folgt die berechnete Statistik. Die Verteilung dieser Statistik unter  $H_0^F$  wird einmal mit einer Standard-Normalverteilung (Spalte **Normal**) approximiert und einmal mit einer  $t$ -Verteilung (Spalte **t-Appr.**), wo man die resultierenden  $p$ -Werte findet. Weiterhin wird der exakte  $p$ -Wert aus der Permutationsverteilung bestimmt (Spalte **Exact**). Diese  $p$ -Werte sind alle nicht adjustiert.

Um die Ergebnisse unter Einhaltung des multiplen Niveaus  $\alpha$  zu einer Gesamtaussage zusammenzuführen, verwendet das Makro das so genannte sequentielle Holm-Verfahren, dessen Testentscheidungen für die drei mittels Normal- bzw.  $t$ -Approximation sowie exakter Permutationsverteilung erhaltenen  $p$ -Werte in den letzten drei Spalten zu finden sind. Dabei steht eine Null für keinen signifikanten Unterschied und eine Eins bezeichnet das Verwerfen der entsprechenden Hypothese.

Möchte man auch gemusterte Alternativen berücksichtigen, so muss das vermutete Muster in einem separaten Datensatz übergeben werden. Die Stufen des Behandlungsfaktors müssen dabei mit denen des Datensatzes, der die Zielgröße beinhaltet, übereinstimmen, damit eine sinnvolle Zuordnung der Gewichte erfolgen kann. Berechnet wird dann die Statistik von *Hettmansperger* und *Norton* (1987), die von Akritas und Brunner (1996) auf den un stetigen Fall verallgemeinert wurde. Die ausgegebenen  $p$ -Werte resultieren aus einer Approximation mit der Normalverteilung und der  $t$ -Verteilung.

Als Beispiel werden wieder die relativen Lebergewichte betrachtet. Zu-



Nichtparametrische Datenanalyse

Unverbundene Stichproben

Brunner, E.; Munzel, U.

2013, XVII, 285 S. 22 Abb., Softcover

ISBN: 978-3-642-37183-7