The cluster randomized crossover trial: the effects of attrition in the AB/BA design and how to account for it in sample size calculations.

R script for lavender scent example

```
alpha=0.05
ES=0.16

eta=0.005
rho=0.01
xi=0.3
#################################################################
### individual randomized trial - parallel group design
#################################################################
n=seq(2,1300,by=1)
var=4/n
power=pnorm(ES/sqrt(var)-qnorm(1-alpha/2))
plot(n,power,ylim=c(0,1),type="l")
cbind(n,power)

#################################################################
### cluster randomized trial - parallel group design
#################################################################
m=seq(2,200,by=1)
k=20
var=4*(1-rho+m*rho)/(m*k)
power=pnorm(ES/sqrt(var)-qnorm(1-alpha/2))
plot(m,power,ylim=c(0,1),type="l")
cbind(m,power)

#################################################################
### cluster randomized trial - crossover design
### cross-sectional - no dropout
#################################################################
m=seq(2,50,by=1)
var=2*(1+(m-1)*rho-m*eta)/(m*k)
```

```
power=pnorm(ES/sqrt(var)-qnorm(1-alpha/2))
plot(m,power,ylim=c(0,1),type="l")
cbind(m,power)

#################################################################
### cluster randomized trial - crossover design
### cohort - no dropout
#################################################################
m=seq(2,50,by=1)
var=2*(1-xi+(m-1)*(rho-eta))/(m*k)
power=pnorm(ES/sqrt(var)-qnorm(1-alpha/2))
plot(m,power,ylim=c(0,1),type="l")
cbind(m,power)

#################################################################
### cluster randomized trial - crossover design
### cohort - 20% dropout
#################################################################
p=0.25    # proportion attrition in second time period in each
cluster
m.vec=seq(10,80,by=1)
var=rep(0,71)
for(ii in 1:71)
     {
     m=m.vec[ii]
     n=m*p-1

     diag.mat=matrix(rho,m,m)
     diag(diag.mat)=1
     offdiag.mat=matrix(eta,m,m)
     diag(offdiag.mat)=xi

     VV.upper=cbind(diag.mat,offdiag.mat)
     VV.lower=cbind(offdiag.mat,diag.mat)
     VV=rbind(VV.upper,VV.lower)
     VV=VV[-((2*m-n):(2*m)),-((2*m-n):(2*m))]

     XXab=matrix(0,2*m,3)
     XXab[,1]=1
     XXab[(m+1):(2*m),2:3]=1
     XXab=XXab[-((2*m-n):(2*m)),]

     XXba=matrix(0,2*m,3)
     XXba[,1]=1
     XXba[1:m,3]=1
     XXba[(m+1):(2*m),2]=1
     XXba=XXba[-((2*m-n):(2*m)),]
```

```
     XVXab=t(XXab)%*%solve(VV)%*%XXab
     XVXba=t(XXba)%*%solve(VV)%*%XXba

     var.beta=solve(0.5*k*(XVXab+XVXba))
     var[ii]=var.beta[3,3]
     }
power=pnorm(ES/sqrt(var)-qnorm(1-alpha/2))
plot(m.vec,power,ylim=c(0,1),type="l")
cbind(m.vec,power)



#################################################################
### cluster randomized trial - crossover design- cohort
### 20% dropout - replacement of subjects who drop out by others
#################################################################
m.vec=seq(10,80,by=1)
var=rep(0,71)
for(ii in 1:71)
     {
     m=m.vec[ii]
     n=m*p-1

     diag.mat=matrix(rho,m,m)
     diag(diag.mat)=1
     offdiag.mat=matrix(eta,m,m)
     diag(offdiag.mat)=xi
     offdiag.mat[(m-n):m,(m-n):(m)]=eta

     VV.upper=cbind(diag.mat,offdiag.mat)
     VV.lower=cbind(offdiag.mat,diag.mat)
     VV=rbind(VV.upper,VV.lower)

     XXab=matrix(0,2*m,3)
     XXab[,1]=1
     XXab[(m+1):(2*m),2:3]=1

     XXba=matrix(0,2*m,3)
     XXba[,1]=1
     XXba[1:m,3]=1
     XXba[(m+1):(2*m),2]=1

     XVXab=t(XXab)%*%solve(VV)%*%XXab
     XVXba=t(XXba)%*%solve(VV)%*%XXba

     var.beta=solve(0.5*k*(XVXab+XVXba))
```

```
     var[ii]=var.beta[3,3]
     }

power=pnorm(ES/sqrt(var)-qnorm(1-alpha/2))
plot(m.vec,power,ylim=c(0,1),type="l")
cbind(m.vec,power)
```