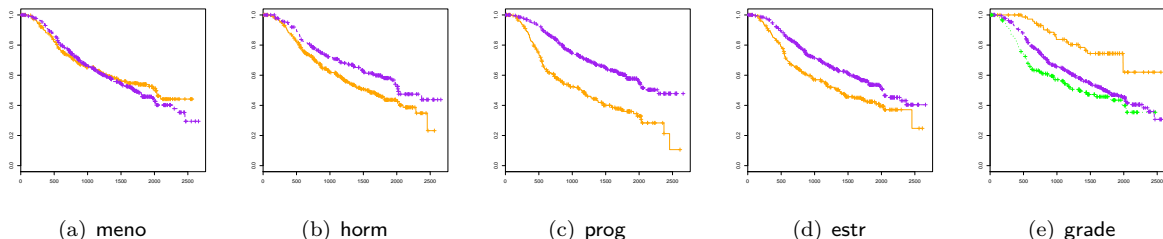


Rak piersi a czas przeżycia bez nawrotu choroby

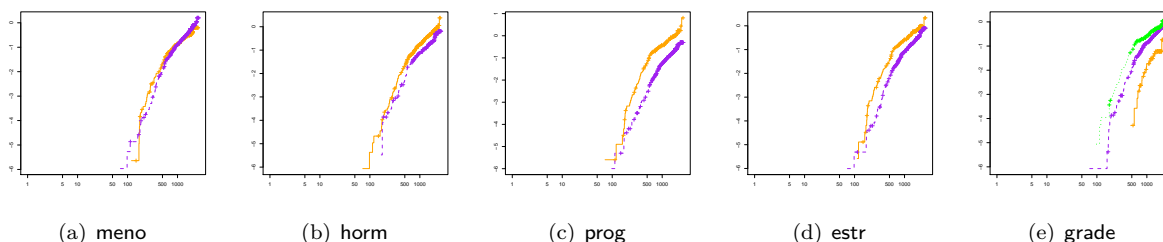
Pod analizę poddano 686 pacjentek cierpiących na raka piersi. Za cel analizy postawiono pytanie, które zmienne mają wpływ na czas przeżycia bez nawrotu choroby. Proponujemy model proporcjonalnych hazardów (PH).

Sprawdzenie założeń - krzywe przeżycia i ich transformacje.

Sprawdzamy spełnianie założeń modelu dla każdej ze zmiennych (poza ciągłymi) poprzez narysowanie krzywych Kaplana-Meiera (Rysunek 1) oraz wykresów transformacji log(-log) krzywych przeżycia (Rysunek 2).



Rysunek 1: Krzywe przeżycia Kaplana-Meiera dla zmiennych dyskretnych.



Rysunek 2: Transformacje log(-log) krzywych przeżycia Kaplana-Meiera.

Krzywe przeżycia dla różnych poziomów zmiennej **meno** przecinają się, co oznacza niespełnianie założeń modelu PH. Dla pozostałych zmiennych krzywe nie przecinają się oraz wykresy transformacji możemy uznać za nieodstające od równoległych. Z tej racji proponujemy model proporcjonalnych hazardów warstwowy względem zmiennej **meno**, gdyż nie ma podstaw by nie twierdzić, że założenia modelu ph nie są spełnione.

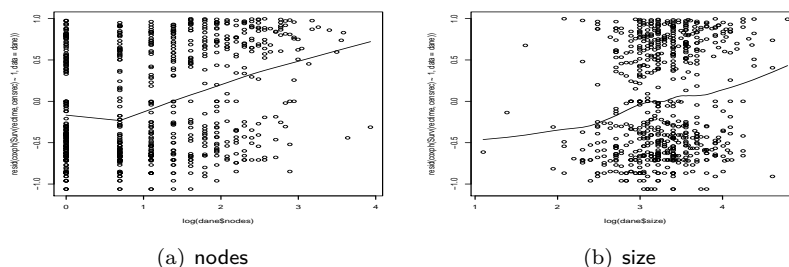
Aby potwierdzić wnioski płynące z graficznej prezentacji krzywych przeżycia, przeprowadzono formalny test logrank dla każdej zmiennej, którego podsumowanie widać w Tabeli 1. Dla zmiennej **grade** przeprowadzono test logrank dla trendu z racji na naturalne uporządkowanie poziomów. Wartości krytyczne dla zmiennych **horm**, **prog**, **estr** i **grade**(?), które są mniejsze od zakładanego poziomu istotności $\alpha = 0.05$ dają statystycznie istotne podstawy do odrzucenia hipotez zerowych w testach logrank oraz do przyjęcia hipotez alternatywnych o tym, że krzywe przeżycia dla danych zmiennych różnią się. Dla zmiennej **meno** p-wartość 0.597 nie daje podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej (dla danego poziomu istotności), mówiącej o równości krzywych przeżycia dla różnych poziomów tej zmiennej.

Tabela 1: Wyniki testów logrank.

	χ^2	St. swobody	p-wartość
meno	0.3	1	0.597
horm	8.6	1	0.003
prog	49.3	1	0.000
estr	14.3	1	0.000
grade		2	

Przekształcenia zmiennych ciągłych.

W celu sprawdzenia, czy zmienne ciągłe nie powinny zostać przekształcone przed wprowadzeniem ich do modelu, wykonujemy wykresy reszt martyngałowych pustego modelu od każdej z tych zmiennych. Wykresy umieszczone na Rysunku 3 sugerują przekształcenie zmiennych poprzez logarytm, więc dla potwierdzenia naszych przypuszczeń rysujemy jeszcze wykresy reszt od logarytmów zmiennych i obserwujemy, że wykresy są teraz bliższe liniowym. Wprowadzamy więc do modelu zmienne ciągłe przekształcone logarytmem.



Rysunek 3: Wykresy reszt martyngałowych od logarytmów zmiennych ciągłych.

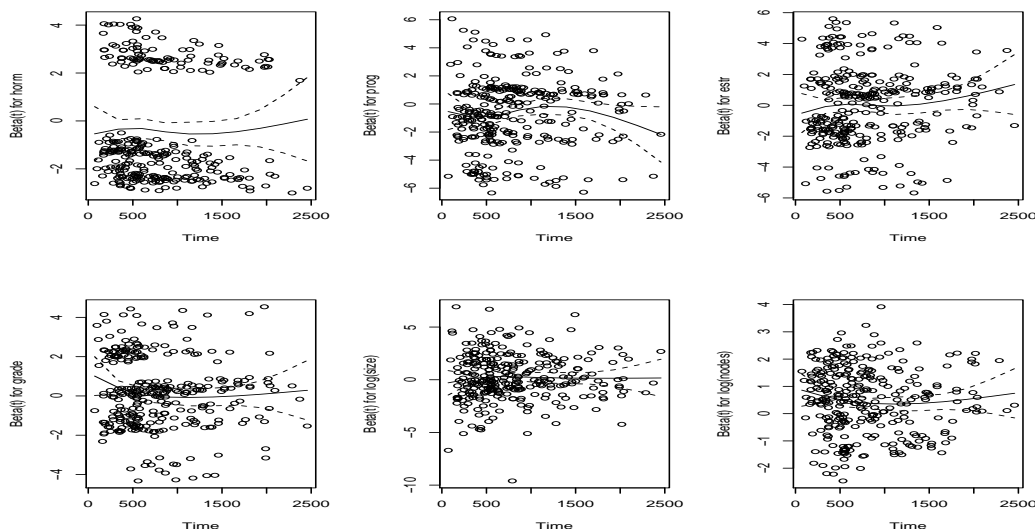
Sprawdzenie założeń - formalny test Schoenfelda.

W celu formalnego sprawdzenia czy współczynniki w modelu są stałe w czasie przeprowadzono test Schoenfelda, którego globalna p-wartość oraz pojedyncze p-wartości dla zmiennych dyskretnych oraz ciągłych przekształconych przez logarytm są większe od zakładanego poziomu istotności $\alpha = 0.05$ co nie daje podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej w tym teście, mówiącej o stałości współczynników w czasie.

Przyjrzyjmy się również wykresom skalowanych reszt Schoenfelda dla każdej zmiennej w modelu od czasu i dopasujmy krzywe do **danych**?. Dołączone granice dla 95% obszarów ufności nie dają podstawy do odrzucenia hipotez, że krzywe nie różnią się od horyzontalnych.

Tabela 2: Wyniki testu Schoenfelda.

	ρ	χ^2	p-wartość
horm	-0.008	0.019	0.891
prog	0.036	0.376	0.540
estr	0.071	1.483	0.223
grade	-0.083	1.826	0.177
log(size)	0.008	0.020	0.888
log(nodes)	-0.049	0.799	0.372
GLOBAL	NA	9.599	0.143



Rysunek 4: Wykresy skalowanych reszt Schoenfelda.

Zarówno wykresy skalowanych reszt Schoenfelda, jak i wyniki testu nie sugerują odstępstw od założenia PH.

Dopasowanie modelu proporcjonalnych hazardów.

```
model <- coxph(Surv(rectime,censrec)~horm+prog+estr+grade+strata(meno)+log(size)+log(nodes),
              data = dane)
summary(model)
```

Call:

```
coxph(formula = Surv(rectime, censrec) ~ horm + prog + estr +
      grade + strata(meno) + log(size) + log(nodes), data = dane)
```

n= 686, number of events= 299

	coef	exp(coef)	se(coef)	z	Pr(> z)	
horm	-0.39218	0.67558	0.12913	-3.037	0.00239	**
prog	-0.69283	0.50016	0.14570	-4.755	1.98e-06	***
estr	0.03958	1.04038	0.14379	0.275	0.78309	
grade	0.15096	1.16295	0.11237	1.343	0.17914	
log(size)	0.19191	1.21156	0.13175	1.457	0.14523	
log(nodes)	0.48933	1.63123	0.06690	7.314	2.59e-13	***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

	exp(coef)	exp(-coef)	lower .95	upper .95
horm	0.6756	1.4802	0.5245	0.8702
prog	0.5002	1.9994	0.3759	0.6655
estr	1.0404	0.9612	0.7849	1.3791
grade	1.1630	0.8599	0.9331	1.4495
log(size)	1.2116	0.8254	0.9358	1.5685
log(nodes)	1.6312	0.6130	1.4308	1.8598

Concordance= 0.696 (se = 0.025)

Rsquare= 0.169 (max possible= 0.99)

Likelihood ratio test= 126.9 on 6 df, p=0

Wald test = 128.6 on 6 df, p=0

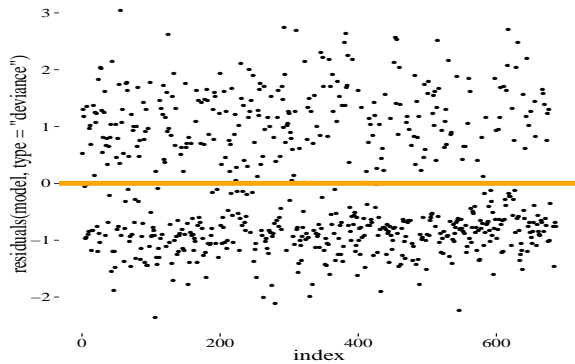
Score (logrank) test = 135.3 on 6 df, p=0

W stworzonym modelu zmiennymi istotnymi statystycznie na poziomie istotności 0.05 są: **horm**, **prog**, **log(nodes)**. Współczynniki modelu przy tych zmiennych wynoszą odpowiednio: -0.39 , -0.69 , 0.49 . Oznacza to, że jeśli została użyta terapia hormonalna, to hazard zgonu lub nawrotu choroby zmienia się $\exp(-0.39) = 0.68$ raza w stosunku do nieużycia terapii hormonalnej (gdy wszystkie inne zmienne są takie same). Jeśli wskaźnik receptorów progesteronu zmienia się z ujemnego na dodatni, to hazard zmieni się o $\exp(-0.69) = 0.5$ raza, natomiast gdy logarytm liczby węzłów chłonnych z przerzutami nowotworu wzrośnie o 1, to hazard zwiększy się $\exp(0.49) = 1.63$ raza.

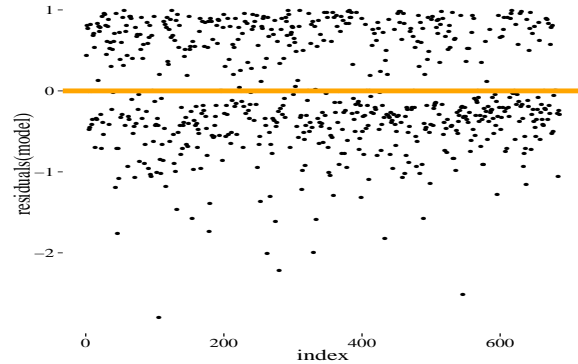
Testy Likelihood, Wald i Score dają p-wartość mniejszą od 0.05, co oznacza, że odrzucamy hipotezę o tym, że model pusty jest równie dobrze dopasowany jak dopasowany model na korzyść hipotezy, że dopasowany model jest od niego lepszy. <- poprawić.

Sprawdzenie dopasowania modelu proporcjonalnych hazardów.

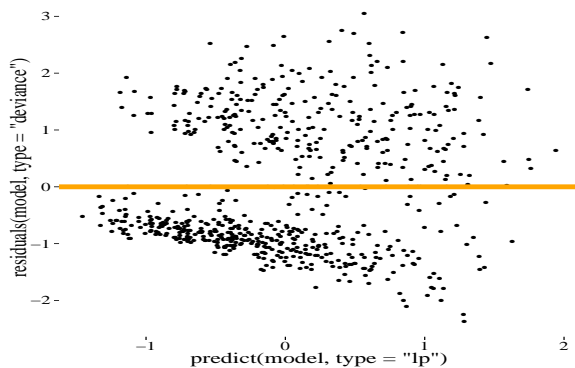
W celu sprawdzenia dopasowania modelu rysujemy wykresy reszt dewiancji/martynałowych od liniowej kombinacji zmiennych/indeksów. Na żadnym z wykresów nie można wskazać wyraźnie odstających reszt (**a wykres d?**). Wykres reszt dewiancji od indeksów można uznać za symetryczny, pozostałe niekoniecznie, co sugeruje, że dopasowany model nie jest perfekcyjny.



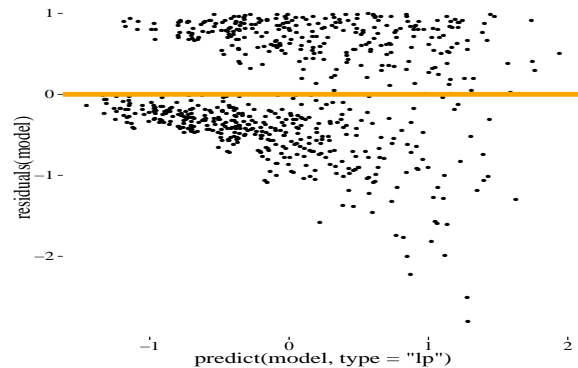
(a) Reszty dewiancji a indeks.



(b) Reszty martynałowe a indeks.



(c) Reszty dewiancji a liniowe kombinacje.



(d) Reszty martynałowe a liniowe kombinacje.

Rysunek 5: Wykresy reszt martynałowych i dewiancji.

Kody.

```
library(foreign)
dane <- read.dta("gbcs_short.dta")
library(survival)
plot(survfit(Surv(rectime,censrec)~meno, data = dane), col=c("orange","purple"), lty=c(1:2), lwd=3)
#...
plot(log(dane$size), resid(coxph(Surv(rectime,censrec)~1, data = dane)))
lines(lowess(log(dane$size), resid(coxph(Surv(rectime,censrec)~1, data = dane))), iter = 0, f = 0.6)
#...

par(mfrow=c(2,3))
plot(cox.zph(model, transform = "identity"), df=4,nsmo=10, se=TRUE)
model <- coxph(Surv(rectime,censrec)~horm+prog+estr+grade+strata(meno)+log(size)+log(nodes),
              data = dane)
summary(model)

#...
qplot(1:686,residuals(model, type="deviance"))+xlab("index")+theme_tufte(base_size=20)+geom_hline()+
  geom_hline(yintercept=0, col ="orange", size = 3)
```