# Causal inference to assess the effect of a treatment on survival

MAP 573 - Group 10 E. Askinazi, J. Feitz, C. Lescure, M. Resplandy, H. Zylberajch

## Plan de la présentation

- I. Définitions ATE et HTE
- II. Traumabase et preprocessing
- III. Stabilité de l'ATE
- IV. ATE sur des clusters et HTE

## I. Définitions ATE et HTE

#### Définitions

Individual Treatment Effect :  $Y_i(1) - Y_i(0)$ 

Average Treatment Effect :  $au := E[Y_i(1) - Y_i(0)]$ 

Conditional Average treatment Effect :  $\mathbb{E}[Y(1)-Y(0)|X\in J]$ 

Heterogeneous Treatment Effect :  $\tau(x) = \mathbb{E}\left[Y_i(1) - Y_i(0) \,\middle|\, X_i = x\right]$ 

Objectif: trouver des clusters au sein desquels l'ATE est négatif

## II. Traumabase et preprocessing

## II. Traumabase et preprocessing

Deux types de valeurs manquantes :

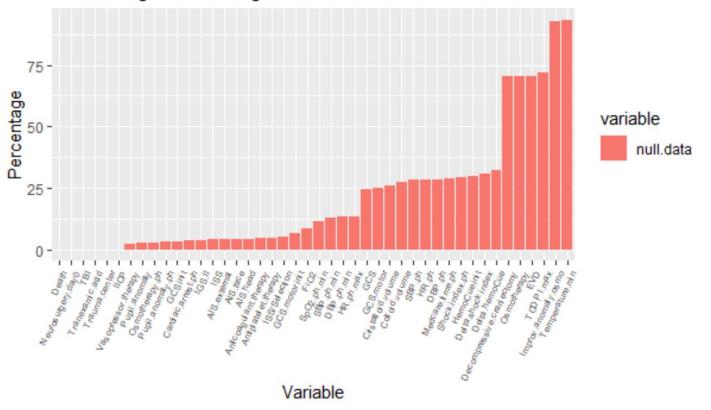
• MCAR: Missing Completely At Random.

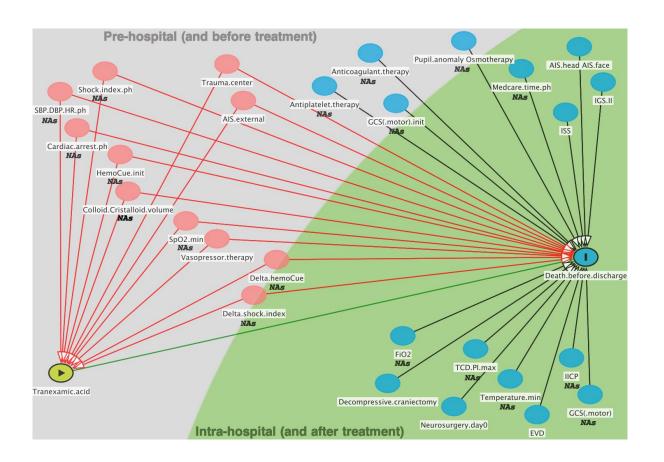
L'absence de la donnée n'a pas de cause particulière. Elle n'affecte pas les valeurs de la table.

MNAR : Missing Not At Random

La donnée manque pour une raison particulière. Cette absence peut être corrélée au contenu de la table.

#### Percentage of missing values



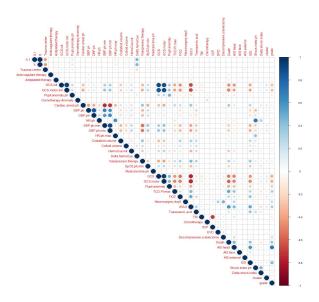


## Preprocessing

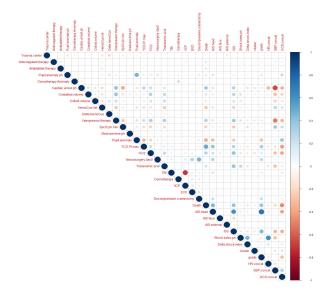
- Garder uniquement les covariables liées à Tranexamic.acid et Death →
   39 covariables
- Garder uniquement les patients dont Trauma\_cranien = 1 et AIS.head
   > 2
- Filtrer sur ISS/Selection → 5337 patients
- Fusion des colonnes Osmotherapy.ph et Improv.anomaly.osmo
- Suppression de Temperature.min (>90% de données manquantes)

# Preprocessing

• Fusionner les colonnes très corrélées



Première matrice de corrélation 42 variables



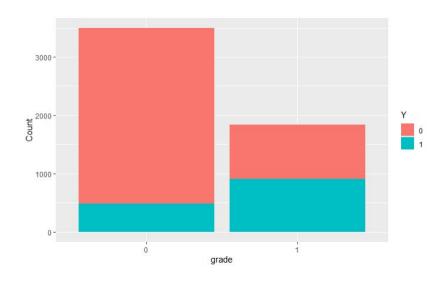
Matrice de corrélation après fusion 33 variables

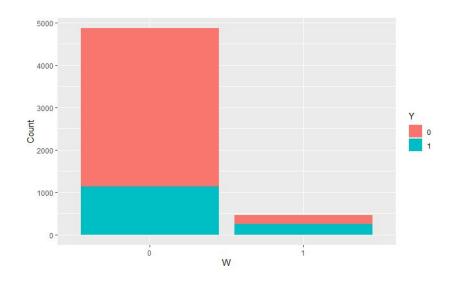
## Data imputation

#### 4 méthodes d'imputations :

- Simple Imputation : Imputation par moyenne
- MissForest : Imputation par Random Forest
- Mice: Imputation multiples avec plusieurs méthodes: pmm, logreg, polyreg
- FAMD : Imputed dataset en utilisant missMDA (ACP qui supporte des données catégorielles)
- → 8 datasets pour travailler

#### Contenu du dataset





## III. Stabilité de l'ATE

#### III. Stabilité de l'ATE

Plusieurs décisions influent sur la valeur de l'ATE estimée :

- La méthode de calcul de l'ATE (OLS, IPW, AIPW...)
- Méthode d'imputation de la base
- Les méthodes d'estimation des paramètres nécessaires au calcul de l'ATE (propensity score par exemple)

#### Méthode de calcul de l'ATE

#### Nous avons utilisé trois méthodes :

- Ordinary Least Square Regression Adjustment (généralisation)
- Inverse-Propensity-Weighting:
- Augmented-Inverse-Propensity-Weighting:

# Ordinary Least Square Regression Adjustment

$$\begin{split} \tau(x) &= E[\tau_i \mid X_i = x] \\ &= E[Y_i(1) - Y_i(0) \mid X_i = x] \\ &= E[Y_i(1) \mid X] - E[Y_i(0) \mid X_i = x] \qquad \because \text{Linearity of expectations} \\ &= E[Y_i(1) \mid W_i = 1, X_i = x] - E[Y_i(0) \mid W_i = 0, X_i = x] \qquad \because \text{Unconfoundedness} \\ &=: \mu(1, x) - \mu(0, x) \end{split}$$

L'ATE est obtenu en moyennant cette valeur sur l'échantillon

## Inverse-Propensity-Weighting

On pondère chaque entrée par la probabilité qu'un patient a d'être

traité : 
$$e(x) = P(W_i = 1 \mid X_i = x)$$

$$au = \mathbb{E}\left[rac{Y_iW_i}{e(X_i)} - rac{Y_i(1-W_i)}{1-e(X_i)}
ight]$$

## Augmented-Inverse-Propensity-Weighting

$$au = \mathbb{E}\left[W_irac{Y_i - au(1, X_i)}{e(X_i)} + (1 - W_i)rac{Y_i - au(0, X_i)}{(1 - e(X_i))} + au(1, X_i) - au(0, X_i)
ight]$$

Combinaison des deux estimateurs précédents

Doublement robuste

#### ATE en fonction de la base

On calcule l'ATE (méthode AIPW) avec les 5 bases de données créées par Mice

Base	ATE	std err.
MissForest	0.06201875	0.03421128
Mice 1	0.06599013	0.03428097
Mice 2	0.06591918	0.03269830
Mice 3	0.06515854	0.03049809
Mice 4	0.04747659	0.02389296
Mice 5	0.06897057	0.03042385

#### ATE en fonction de l'estimateur

	IPW	OLS	AIPW
Logistic regression	-1,827	-0.761	0.056
LGBoost	-0.209	-0.010	0.051
XGBoost	-0.054	0.094	0.060

L'AIPW est effectivement plus robuste : le résultat obtenu dépend moins de la méthode de régression utilisée

## ATE en fonction des modèles de prédiction

tau\propensity	Logistic regression	LGBoost	XGBoost
Logistic regression	0.066 +/- 0.011	0.047 +/- 0.002	0.012 +/- 0.004
LGBoost	0.091 +/- 0.006	0.052 +/- 0.001	0.037 +/- 0.001
XGBoost	-0.011 +/- 0.013	0.091 +/- 0.001	0.062 +/- 0.004

Même l'AIPW est relativement instable.

## IV. ATE sur clusters

## ATE sur cluster des médecins

tau\propensity	Logistic regression	LGBoost	XGBoost
Logistic regression	-0.046 +/- 0.078	-0.001 +/- 0.004	0.0016 +/- 0.002
LGBoost	-0.174 +/- 0.036	0.011 +/- 0.002	0.011 +/- 0.002
XGBoost	-0.587 +/- 0.098	0.0347 +/- 0.007	0.055 +/- 0.004

#### ATE sur cluster des médecins

On peut calculer l'ATE sur les clusters établis par les médecins mais les résultats sont peu probants

```
Lésion axonale diffuse
estimate std.err
0.04986106 0.03906732
Lésion extra-axiale
estimate std.err
0.03626871 0.05964241
Lésion intra-axiale
estimate std.err
0.1532967 0.1183543
```

## Clustering

Données catégorielles → FAMD pour passer dans un espace continu

On utilise kmeans pour former différents clusters de patients qui ont des caractéristiques similaires

On calcule l'ATE sur ces différents clusters

#### ATE sur cluster

Cluster	Nombre d'individus	ATE	std. err
0	304	0.44	0.22
1	122	0.083	0.074
2	80	0.062	0.075
3	182	0.58	0.39
4	327	-0.20	0.20
15	92	-0.11	0.06

#### Etude des clusters intéressants

Le cluster n° 15 est particulièrement intéressant pour son ATE négatif

On s'intéresse aux caractéristiques de ce cluster

Covariable	GCS.m otor.init	Cristalloid.vo lume	Vasopressor .therapy	GCS	GCS.motor	FiO2
Moyenne sur le cluster	3.478	1789	0.47	6.80	3.18	0.87
Moyenne globale	4.243	793	0.19	9.11	4.12	0.63

#### **Entrainement**

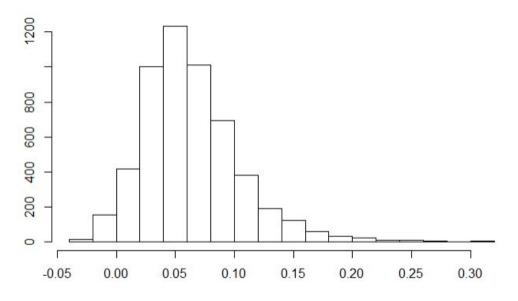
Les noeuds sont splittés de façon à maximiser l'hétérogénéité (ie. la différence de CATE) entre les 2 nouveaux noeuds enfants

Les arbres sont honnêtes : les samples des feuilles ne sont pas ceux utilisés pour décider les splits

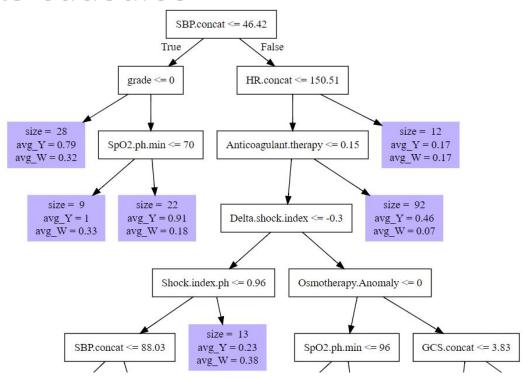
Calcul de l'ATE : on regarde la valeur moyenne pour W=1 et on soustrait la prédiction pour W=0

Sortie: on obtient une estimation de HTE

Implémentation: package grf (generalized random forests) en R



Histogramme de l'HTE



Une donnée exploitable est les variables les plus utilisées lors des splits des noeuds des arbres :

Shock.index.ph	Cristalloid.volu	ume Delta.shock.	index H	∃R.ph	Delta.hemoCue
0.1078471864	0.0925255985	0.090359314	7 0.08	322154104	0.0774661518
ISS	IGS.II	HemoCue.init	HR.ph.max	Sp02	2.ph.min
0.0657048374	0.0627114365	0.0528062748	0.05115354	171 0.02	295432506

On peut également regarder l'effet des variables importantes dans le clustering, afin de voir des corrélations entre une covariable et le HTE

