

Lista 7

Analiza przeżycia

Marta Stankiewicz (282244) Kacper Szmigielski (282255)

Spis treści

1	Lista 7	1
1.1	Zadanie 1	1
1.2	Zadanie 2	4

Spis rysunków

Spis tabel

1	Badanie przedziałów ufności (progresja choroby vs stopień jej zaawansowania)	4
---	--	---

1 Lista 7

1.1 Zadanie 1

1. Napisać deklarację funkcji, której argumentami będą dane cenzurowane losowo, wartość poziomu ufności oraz wartość τ (zobacz wyjaśnienie nad wzorem (15) w wykładzie 6,7), a wartością dolna i górna granica przedziału ufności dla wartości średniej czasu życia na poziomie ufności $1-\alpha$ (zobacz wzór (20) i (21) w notatkach do wykładu 6 i 7).

```
f <- function(dane,tau, l=1,typ = 'k'){

  #Wybranie typu

  if(typ == 'f'){
    s <- survfit(Surv(time,status)^l),
```

```

        data = dane,
        type = 'fleming-harrington')
}else{
  s <- survfit((Surv(time,status)^~1),
                data = dane)
}

# Znalezienie ostatniego indeksu surv i time
#( to jest moment tego ostatniego spadku, patrz wykres 5 lista)
last_index <- which(s$surv > min(s$surv))
last_index <- max(last_index)

time <- s$time[1:(last_index+2)]
time <- c(time,tau)

# dlaczego surv juz nie do last_index + 1 ,
#bo zobaczymy miedzy wysokosc tego ostatniego schodka,
#a w index+1 to juz jest
# po zjesciu z tego schodka ta ostatnia wartosc, jej nie chcemy.
# po zmianie do last_index+2
surv <- s$surv[1:(last_index+2)]

# dodaje ten poczatkowy przypadek
time <- c(0,time)
surv <- c(1,surv)

#teraz odcinamy z przodu, za pomoc l
which_to_leave <- which(time>l)
time <- c(l,time[which_to_leave])
surv <- surv[c(min(which_to_leave)-1,which_to_leave[1:(length(which_to_leave)-1))]]
# ostatnia linijka jest troche poplatana, ogl musialem odjac ten jeden na koncu bo s

#obliczam szerokości tych kwadratow (patrz wykresy z poprzedniej listy)

time_diff <- diff(time)
# pole pod schodkami
result <- sum(time_diff*surv)

#suma pola pod schodkami i ogonem

#zwracenie wartosci
return(result)
}

```

```

d <- function(dane, s_i){
  time <- dane$time
  status <- dane$status
  return (sum(time == s_i & status == 1))
}

r <- function(dane, s_i){
  time <- dane$time
  return (sum(time >= s_i))
}

V <- function(dane, tau){
  time <- dane$time
  status <- dane$status

  s <- sort(unique(time[status == 1]))
  s <- s[s <= tau]

  result <- 0

  for (s_i in s) {
    d_i <- d(dane, s_i)
    r_i <- r(dane, s_i)

    I_i <- f(dane, tau, l = s_i)

    result <- result + (I_i^2) * d_i / (r_i * (r_i - d_i))
  }

  return(result)
}

CInterval <- function(dane, tau, alpha){
  mu <- f(dane, tau, l = 0)
  V_value <- V(dane, tau)
  z <- qnorm(1 - alpha/2)

  Tl <- mu - z * sqrt(V_value)
  Tr <- mu + z * sqrt(V_value)

  return(c(Tl, Tr))
}

```

1.2 Zadanie 2

Tabela 1: Badanie przedziałów ufności (progresja choroby vs stopień jej zaawansowania)

niski_stopień_rozwoju	589.91	1285.56
wysoki_stopień_rozwoju	232.73	593.67

Wnioski: Zgodnie z przyjętym modelem, 95% przedział ufnosci dla średniego czasu do progresji choroby wskazuje, że jest on istotnie dłuższy u chorych w wczesnym stadium niż u pacjentów w stadium zaawansowanym. Wynik ten jest zgodny z intuicją kliniczną - w bardziej zaawansowanym stadium choroba postępuje szybciej, co wiąże się z większym obciążeniem organizmu i mniejszą rezerwą czynnościową narządów.