

Modèles de durée : TD et Examens

2024-11-10

Contents

1 Les méthodes semi-paramétriques

1.1 Le modèle de Cox

1.1.1 Lecture des données traitement de la base :

```
library(tidyverse)
Re = read.table("rossi.txt", header = TRUE)
glimpse(Re)

# Suppression de la variable race :
Re1 = Re[, -5]
```

1.1.2 Etude la durée de survie selon la valeur d'une variable. (test de log-Rank)

On regarde si les fonctions de survies des individus discriminés selon les modalités d'une variable, sont significativement similaires.

On effectue pour ça le test du log-rank à l'aide de la fonction `Surv` du package `survival`.

$$\begin{cases} H_0 : \text{les fonctions de survie sont les mêmes, } p\text{-value} \geq 0.05 \\ H_1 : \text{les fonctions de survie sont différentes} \end{cases}$$

```
library(survival)
# Test sur la variable financement :
survdif(Surv(week, arrest) ~ fin, data = Re1)
```

Call:

```
survdif(formula = Surv(week, arrest) ~ fin, data = Re1)
```

	N	Observed	Expected	(O-E) ² /E	(O-E) ² /V
fin=0	216	66	55.6	1.96	3.84
fin=1	216	48	58.4	1.86	3.84

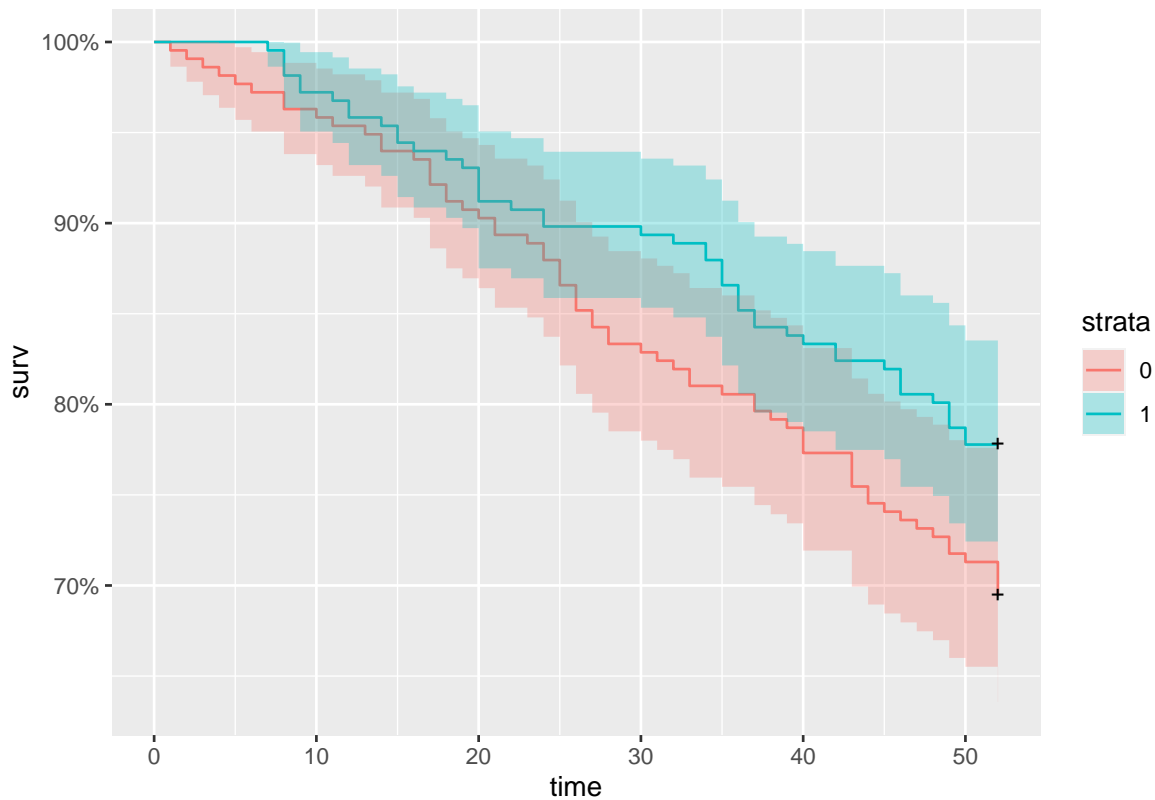
Chisq= 3.8 on 1 degrees of freedom, p= 0.05

```
# Surv créer un objet avec week le temps de survie et arrest l'indicateur
# d'évènement. Fin est la variable servant à comparer les courbes.
```

1.1.3 Modélisation de Kaplan Meier :

```
# Modélisation de kaplan meier, distinction sur la variable financement
s = survfit(Surv(week, arrest) ~ fin, data = Re1)
```

```
library(ggfortify)
library(ggplot2)
autoplot(s)
```



1.1.4 Ajustement d'un modèle de Cox :

```
cox1 = coxph(formula = Surv(week, arrest) ~ fin + age + wexp + mar +
               paro + prio, data = Re1)
summary(cox1)
```

Call:

```
coxph(formula = Surv(week, arrest) ~ fin + age + wexp + mar +
      paro + prio, data = Re1)
```

n= 432, number of events= 114

	coef	exp(coef)	se(coef)	z	Pr(> z)
fin	-0.36554	0.69382	0.19090	-1.915	0.05552 .
age	-0.05633	0.94523	0.02189	-2.573	0.01007 *
wexp	-0.15699	0.85471	0.21208	-0.740	0.45916
mar	-0.47130	0.62419	0.38027	-1.239	0.21520
paro	-0.07792	0.92504	0.19530	-0.399	0.68991
prio	0.08966	1.09380	0.02871	3.123	0.00179 **

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

	exp(coef)	exp(-coef)	lower .95	upper .95
fin	0.69382	1.44141	0.40881	1.14141
age	0.94523	1.05781	0.89881	1.01181
wexp	0.85471	1.17081	0.64881	1.61181
mar	0.62419	1.60281	0.38881	2.51181
paro	0.92504	1.08111	0.78881	1.26111
prio	1.09380	0.91411	1.04881	1.03811

fin	0.6938	1.4413	0.4773	1.0087
age	0.9452	1.0579	0.9055	0.9867
wexp	0.8547	1.1700	0.5640	1.2952
mar	0.6242	1.6021	0.2962	1.3152
paro	0.9250	1.0810	0.6308	1.3564
prio	1.0938	0.9142	1.0340	1.1571

Concordance= 0.639 (se = 0.027)
 Likelihood ratio test= 32.14 on 6 df, p=2e-05
 Wald test = 30.79 on 6 df, p=3e-05
 Score (logrank) test = 32.28 on 6 df, p=1e-05

Explication du test :

$$\begin{cases} H0 : \beta_j = 0, \Pr(>|z|), \text{prob}(|U|> z), \text{où } U \sim N(0,1) \\ H1 : \beta_j \neq 0, \text{p-value} \leq 0.05 \end{cases}$$

Le se(coef) correspond au sqrt(var(beta)). On en déduit que les variables significatives sont l'âge et le prio.

1.1.5 Graphique de la fonction de survie :

Dans le cadre des fonction de Kaplan Meier, Aalen par défaut les covariables sont fixées à la valeur moyenne.

```
kpmr = survfit(cox1) # Fonction de survie de Kaplan-Meier pour le modèle de cox
summary(kpmr)
```

Call: survfit(formula = cox1)

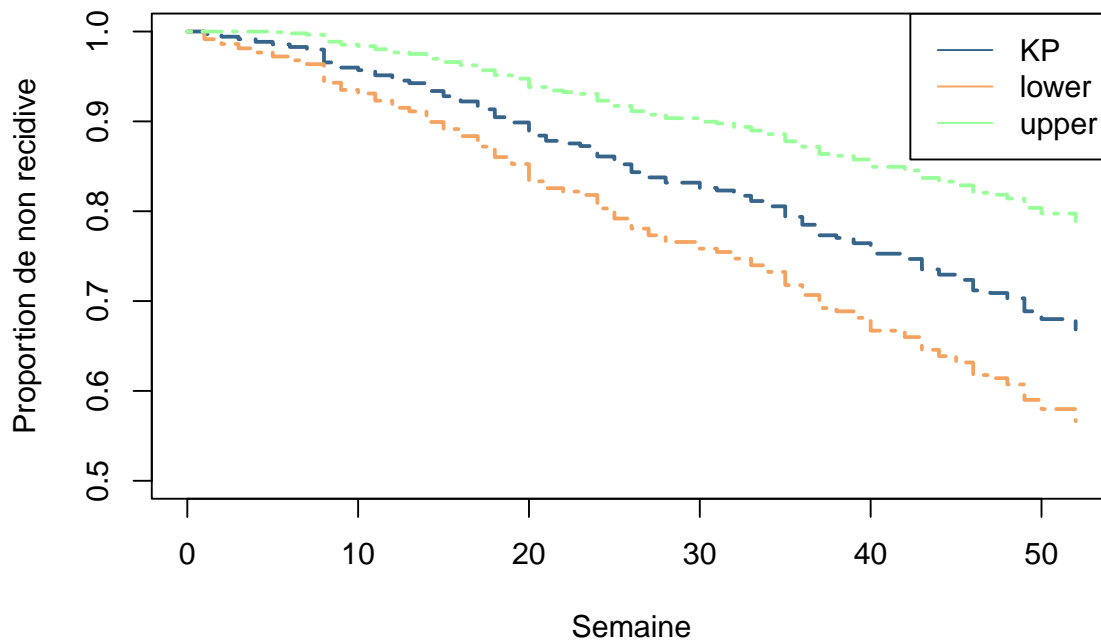
time	n.risk	n.event	survival	std.err	lower 95% CI	upper 95% CI
1	432	1	0.997	0.00292	0.991	1.000
2	431	1	0.994	0.00419	0.986	1.000
3	430	1	0.991	0.00520	0.981	1.000
4	429	1	0.989	0.00609	0.977	1.000
5	428	1	0.986	0.00690	0.972	0.999
6	427	1	0.983	0.00766	0.968	0.998
7	426	1	0.980	0.00838	0.964	0.997
8	425	5	0.966	0.01165	0.943	0.989
9	420	2	0.960	0.01285	0.935	0.985
10	418	1	0.957	0.01343	0.931	0.984
11	417	2	0.951	0.01459	0.923	0.980
12	415	2	0.945	0.01573	0.915	0.977
13	413	1	0.943	0.01629	0.911	0.975
14	412	3	0.934	0.01794	0.899	0.970
15	409	2	0.928	0.01903	0.891	0.966
16	407	2	0.922	0.02009	0.884	0.962
17	405	3	0.913	0.02167	0.872	0.957
18	402	3	0.905	0.02322	0.860	0.951
19	399	2	0.899	0.02424	0.853	0.948
20	397	5	0.884	0.02674	0.833	0.938
21	392	2	0.878	0.02772	0.826	0.934
22	390	1	0.875	0.02820	0.822	0.933
23	389	1	0.873	0.02868	0.818	0.931
24	388	4	0.861	0.03057	0.803	0.923
25	384	3	0.852	0.03196	0.792	0.917
26	381	3	0.843	0.03332	0.781	0.911

27	378	2	0.838	0.03422	0.773	0.907
28	376	2	0.832	0.03512	0.766	0.904
30	374	2	0.826	0.03601	0.758	0.900
31	372	1	0.823	0.03645	0.755	0.898
32	371	2	0.817	0.03732	0.747	0.894
33	369	2	0.811	0.03819	0.740	0.890
34	367	2	0.805	0.03906	0.732	0.886
35	365	4	0.794	0.04077	0.718	0.878
36	361	3	0.785	0.04202	0.707	0.872
37	358	4	0.773	0.04365	0.692	0.864
38	354	1	0.770	0.04405	0.689	0.862
39	353	2	0.764	0.04485	0.681	0.858
40	351	4	0.753	0.04641	0.667	0.849
42	347	2	0.747	0.04717	0.660	0.845
43	345	4	0.735	0.04867	0.646	0.837
44	341	2	0.729	0.04941	0.639	0.833
45	339	2	0.724	0.05014	0.632	0.829
46	337	4	0.712	0.05157	0.618	0.820
47	333	1	0.709	0.05191	0.614	0.818
48	332	2	0.703	0.05261	0.607	0.814
49	330	5	0.689	0.05430	0.590	0.804
50	325	3	0.680	0.05527	0.580	0.797
52	322	4	0.668	0.05653	0.566	0.789

```
plot(
  kpmr,
  ylim = c(0.5, 1),
  lty = 5,
  xlab = 'Semaine',
  ylab = 'Proportion de non recidive',
  main = 'Fonction de survie estimation de Kaplan-Meier',
  col = palette_couleur[1:3],
  lwd = 2)

legend(
  "topright", # Position de la légende
  lty = 1,
  cex = 1,
  legend = c("KP", "lower", "upper"),
  col = palette_couleur[1:3])
```

Fonction de survie estimation de Kaplan–Meier



1.1.6 Fonction de hasard cumulée avec l'estimateur de Breslow :

Interprétation Intuitive:

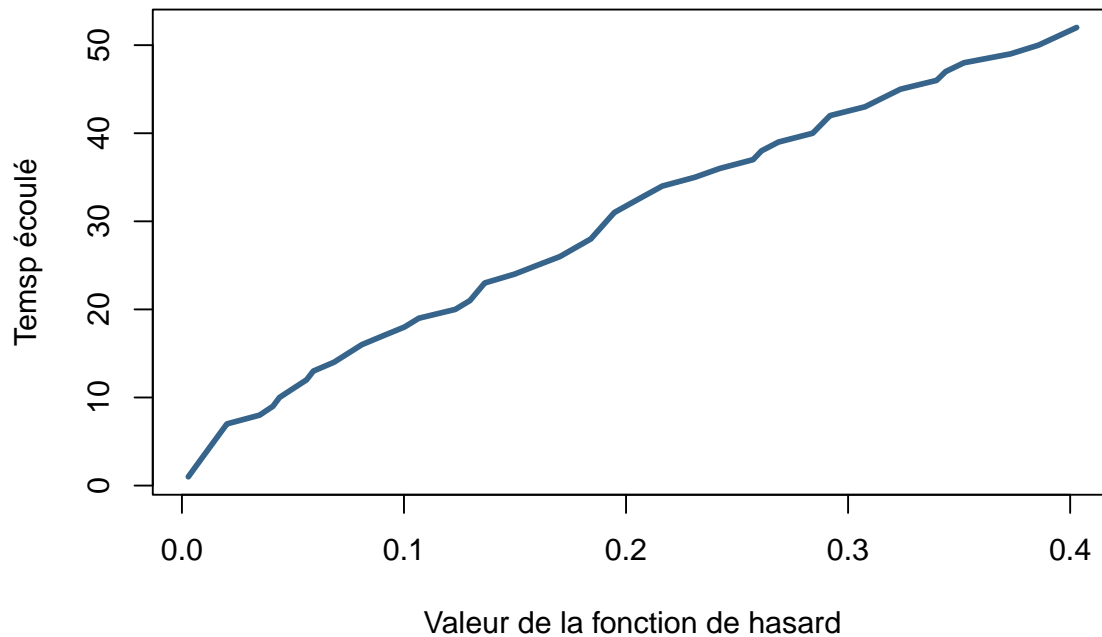
Taux Instantané: La fonction de hasard représente le taux instantané de survenue de l'événement à un moment donné.

Par exemple, si $h(t)=0.05$ à $t=10$ semaines, cela signifie que le taux de survenue de l'événement à 10 semaines est de 5% par unité de temps.

Conditionnelle à la Survie: La fonction de hasard est conditionnelle à la survie jusqu'à ce moment. Elle ne prend en compte que les individus qui n'ont pas encore subi l'événement.

```
plot(  
  basehaz(cox1),  
  main = 'Fonction de hasard de baseline',  
  xlab = 'Valeur de la fonction de hasard',  
  ylab = "Temps écoulé",  
  type = 'l',  
  col = palette_couleur[1],  
  lwd = 3  
)
```

Fonction de hasard de baseline



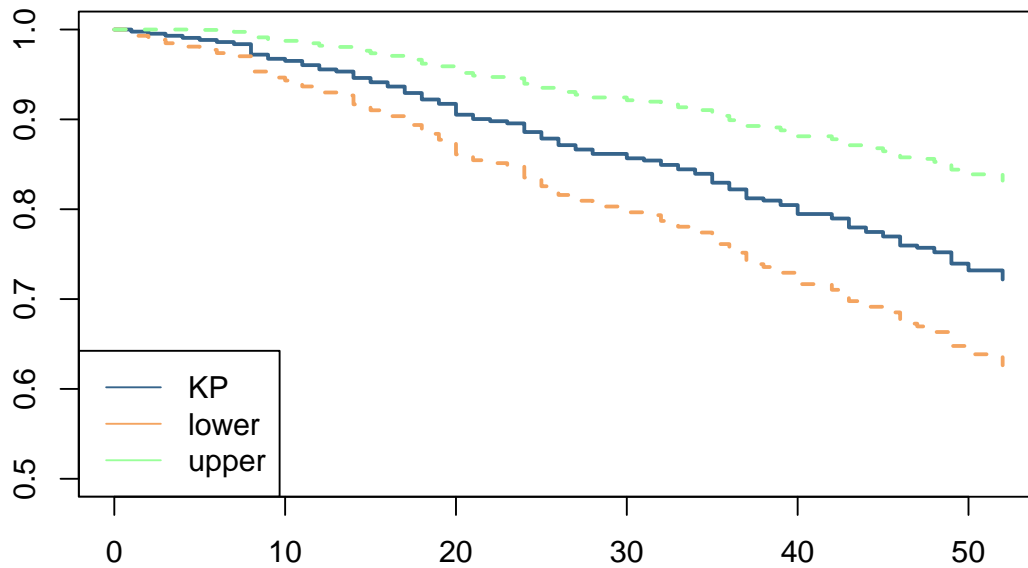
1.1.7 Fonction survie pour l'individu ayant les caractéristiques du premier individu :

```
# plot(survfit(cox1, newdata = Re1)) # fonction de survie pour tous les individus
# title("Fonction de survie pour tous les individus")

plot(survfit(cox1, newdata = Re1[1, ]),
     main = "Fonction de survie pour un individu donné",
     col = palette_couleur[1:3],
     ylim = c(0.5,1),
     lwd = 2,
     lty = 1)

legend("bottomleft",
     lty = 1,
     cex = 1,
     legend = c("KP", "lower", "upper"),
     col = palette_couleur[1:3])
```

Fonction de survie pour un individu donné



1.1.8 Etude de l'effet d'une covariable (les autres étant fixées) :

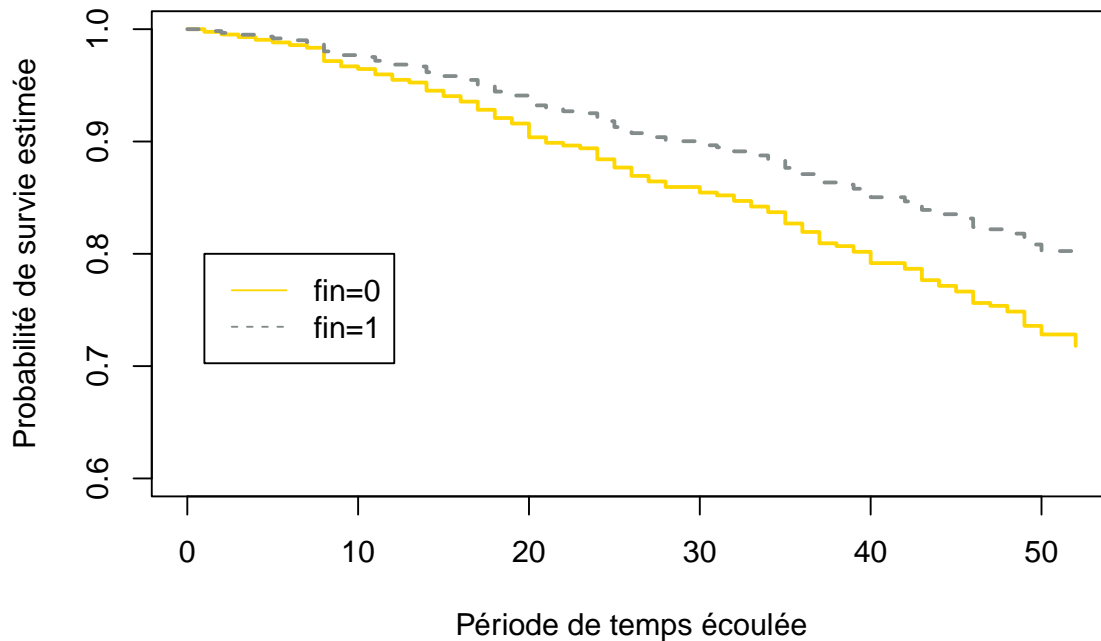
Exemple : effet de la var "financement" (0 ou 1) On fixe les autres à leur valeur moyenne.

```
ReFin = data.frame(
  fin = c(0, 1),
  age = rep(mean(Re1$age), 2),
  wexp = rep(mean(Re1$wexp), 2),
  mar = rep(mean(Re1$mar), 2),
  paro = rep(mean(Re1$paro), 2),
  prio = rep(mean(Re1$prio), 2)
)

plot(
  survfit(cox1, newdata = ReFin),
  lty = c(1, 2),
  ylim = c(.6, 1),
  col = palette_couleur[4:5],
  lwd = 2,
  main = "Fonction de survie selon la modalité de financement",
  ylab = "Probabilité de survie estimée",
  xlab = "Période de temps écoulée"
)
legend(
  1,
  0.8,
  legend = c("fin=0", "fin=1"),
  lty = c(1, 2),
```

```
col = palette_couleur[4:5]
)
```

Fonction de survie selon la modalité de financement



1.1.9 Sélection de variable une à une :

Remarque : on peut faire de la sélection de variables en enlevant de façon itérative celles expliquant le moins (p-value la plus forte) exemple :

```
cox2= coxph(formula=Surv(week,arrest)~fin+age+wexp+mar+prio,data=Re1)
summary(cox2)
```

Call:

```
coxph(formula = Surv(week, arrest) ~ fin + age + wexp + mar +
      prio, data = Re1)
```

n= 432, number of events= 114

	coef	exp(coef)	se(coef)	z	Pr(> z)
fin	-0.36094	0.69702	0.19052	-1.894	0.0582 .
age	-0.05536	0.94614	0.02172	-2.549	0.0108 *
wexp	-0.16039	0.85181	0.21201	-0.757	0.4493
mar	-0.47935	0.61919	0.37989	-1.262	0.2070
prio	0.09134	1.09564	0.02840	3.216	0.0013 **

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

	exp(coef)	exp(-coef)	lower .95	upper .95
fin	0.6970	1.4347	0.4798	1.0126

age	0.9461	1.0569	0.9067	0.9873
wexp	0.8518	1.1740	0.5622	1.2906
mar	0.6192	1.6150	0.2941	1.3037
prio	1.0956	0.9127	1.0363	1.1583

Concordance= 0.641 (se = 0.027)
 Likelihood ratio test= 31.98 on 5 df, p=6e-06
 Wald test = 30.73 on 5 df, p=1e-05
 Score (logrank) test = 32.2 on 5 df, p=5e-06

Test hypothèse de Hasard Proportionnel : (proportionnalité des risques)

$$\begin{cases} H_0 : \text{les résidus sont indépendants du temps} \\ H_1 : \text{les résidus dépendent du temps} \end{cases}$$

Explication : Si H_0 est rejetée, alors les résidus dépendent du temps

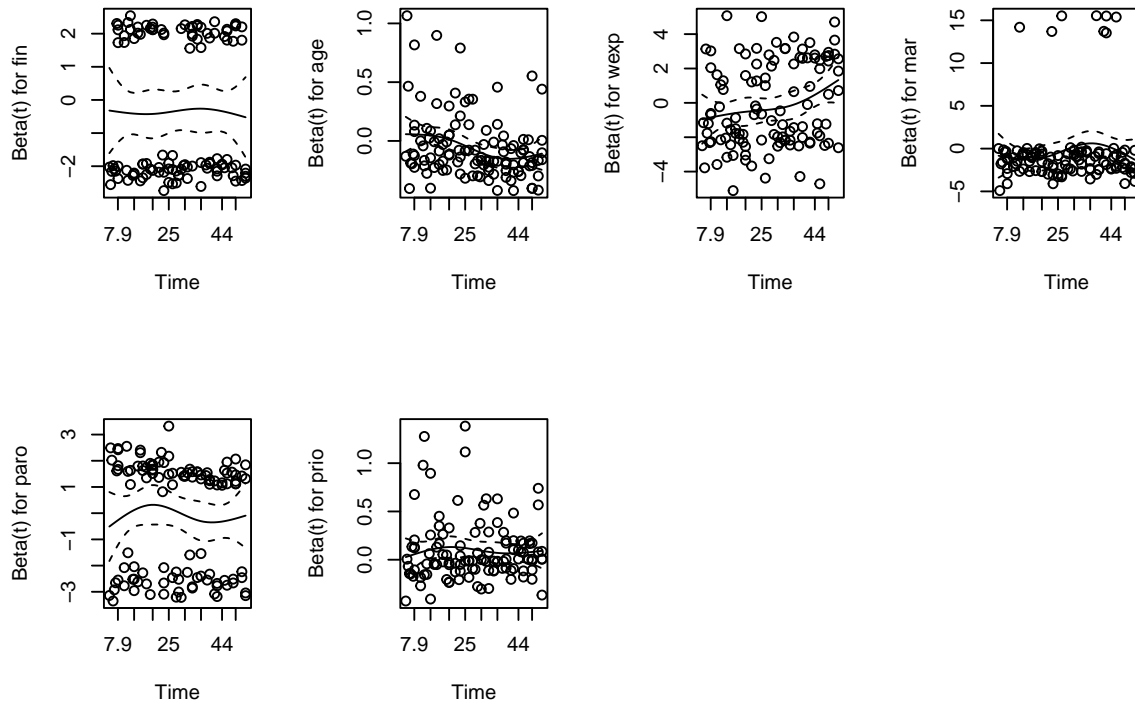
1.1.10 Test de hasard proportionnel, les résidus de Schoenfeld

```
res = cox.zph(cox1)
res
```

	chisq	df	p
fin	0.0621	1	0.803
age	5.9161	1	0.015
wexp	4.2983	1	0.038
mar	1.0207	1	0.312
paro	0.0140	1	0.906
prio	0.5254	1	0.469
GLOBAL	16.4474	6	0.012

```

# Représentation graphique
par(mfrow = c(2, 4))
plot(res)
```



2 Les méthodes non-paramétriques

2.1 La méthode de Kaplan meier :

2.1.1 Génération de la base et importation des données

On créer une base de données avec des observations censurées.

```
library(survival)
tempsGMP = c(rep(6, 4), 7, 9, 10, 10, 11, 13, 16, 17, 19, 20, 22, 23, 25, 32,
              32, 34, 35) # liste des observations
finGMP = c(1, 1, 1, 0, 1, 0, 1, 0, 0, 1, 1, 0, 0, 0, 1, 1, rep(0, 5))
# indication des obs censurées
donnF = Surv(tempsGMP, finGMP)
head(donnF)
```

```
[1] 6 6 6 6+ 7 9+
```

2.1.2 Ajustement d'un modèle de survie avec la méthode de Kaplan Meier :

```
survKM = survfit(donnF ~ 1,
                 data = donnF,
                 type = "kaplan-meier",
                 error = "greenwood")

# Graphique de la fonction de survie moyenne :

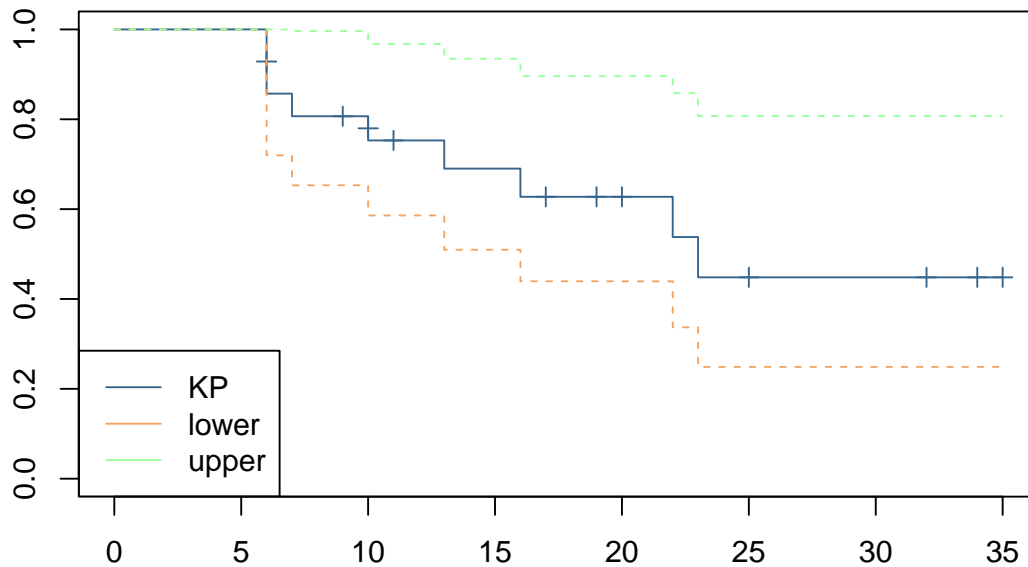
plot(survKM, mark.time = TRUE, col = palette_couleur[1:3])
```

```

title("Modèle de survie de Kaplan-Meier")
legend("bottomleft",
      lty = 1,
      cex = 1,
      legend = c("KP", "lower", "upper"),
      col = palette_couleur[1:3])

```

Modèle de survie de Kaplan-Meier



```

# Intervalle de confiance et valeur modélisée pour l'individu 10 :
IC_KM = round(c(survKM$lower[10], survKM$surv[10], survKM$upper[10]),4)

```

2.2 Le modèle de Fleming-Harrington :

2.2.1 Modèle de Fleming-Harrington, intervalle méthode Tsiatis :

```

# Par défaut, intervalle de confiance : conf.type='log' :
survFH = survfit(donnF ~ 1,
                 data = donnF,
                 type = "fleming-harrington",
                 error = "tsiatis")

# Intervalle de confiance et valeur modélisée pour l'individu 10 :
IC_FH = round(c(survFH$lower[10], survFH$surv[10], survFH$upper[10]),4)

```

2.2.2 Modèle de Fleming-Harrington, intervalle méthode delta :

```

survFHdelta = survfit(
  donnF ~ 1,

```

```
data = donnF,
type = "fleming-harrington",
error = "tsiatis",
conf.type = "plain")
```

```
IC_FHdelta = round(c(survFHdelta$lower[10], survFHdelta$surv[10], survFHdelta$upper[10]),4)
```

2.2.3 Comparaison des résultats sur l'estimation du 10e individu de la base :

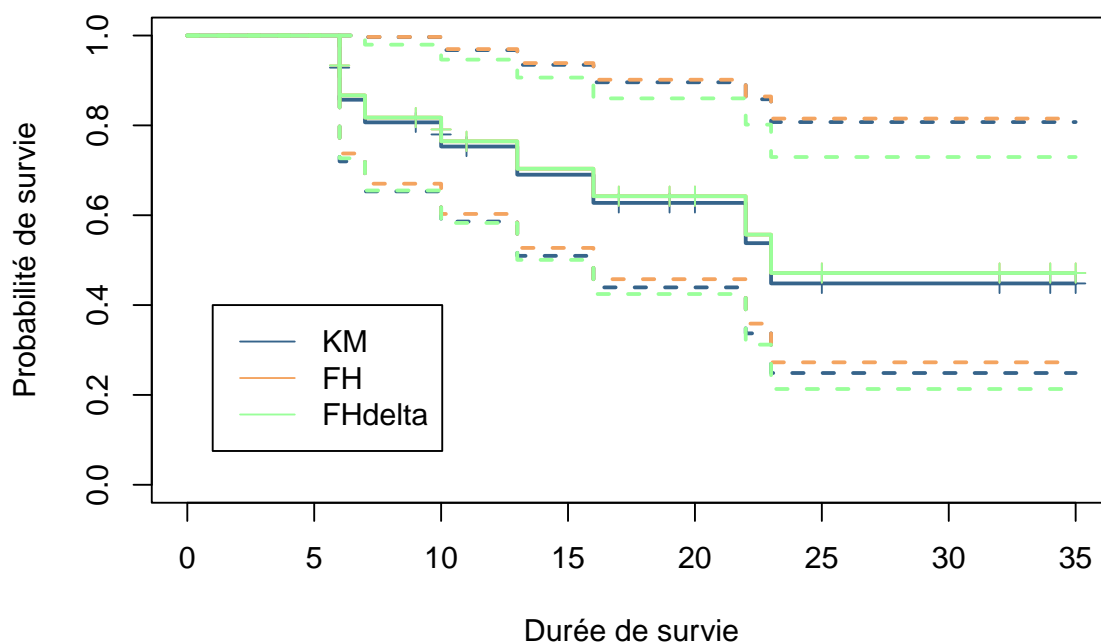
```
#Comparaison des modèles pour le 10e individu de la base
dt = data.frame(KM = IC_KM, FH = IC_FH, FHdelta = IC_FHdelta)
rownames(dt) = c("lower", "pred", "upper")
dt
```

	KM	FH	FHdelta
lower	0.4394	0.4577	0.4246
pred	0.6275	0.6424	0.6424
upper	0.8960	0.9016	0.8601

2.2.4 Représentation graphique des trois modèles :

```
# Graphiques des trois modèles :
plot(
  survKM,
  mark.time = TRUE,
  col = palette_couleur[1],
  lwd = 2,
  xlab = "Durée de survie",
  ylab = "Probabilité de survie"
)
lines(survFH,
  mark.time = TRUE,
  col = palette_couleur[2],
  lwd = 2)
lines(survFHdelta,
  mark.time = TRUE,
  col = palette_couleur[3],
  lwd = 2)
title("Comparaison des modèles de survie")
legend(
  1,
  0.4,
  lty = 1,
  cex = 1,
  legend = c("KM", "FH", "FHdelta"),
  col = palette_couleur[1:3]
)
```

Comparaison des modèles de survie



2.3 Estimation par des lois usuelles :

2.3.1 Estimation de la loi de X par une loi de Weibull :

```
survweib = survreg(donnF ~ 1, dist = "weibull")
survweib
```

Call:
survreg(formula = donnF ~ 1, dist = "weibull")

Coefficients:
(Intercept)
3.519429

Scale= 0.7386973

Loglik(model)= -41.7 Loglik(intercept only)= -41.7
n= 21

2.3.2 Estimation de la loi de X par une loi exponentielle :

```
theta = sum(finGMP) / sum(tempsGMP)
theta
```

```
[1] 0.02506964
```

```
survexp = survreg(donnF ~ 1, dist = "exponential")
lambda = exp(-survexp$coefficients)
```

```
lambda
```

```
(Intercept)  
0.02506964
```

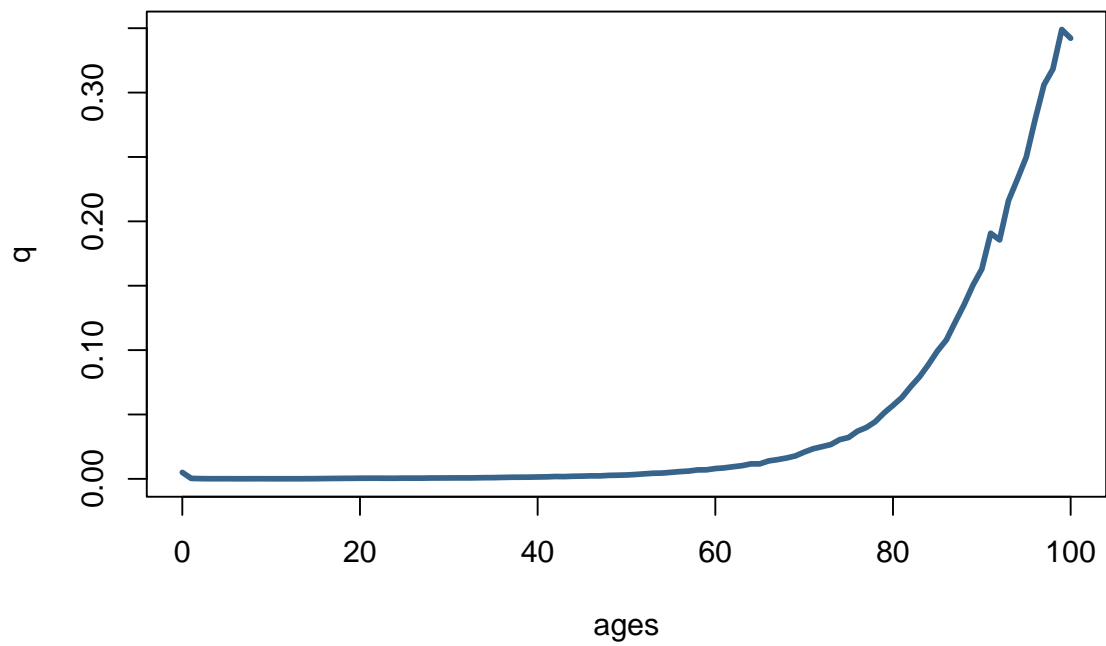
3 Examen 2018 :

3.1 Exercice 2 :

3.1.1 Importation des données et traitement de la base :

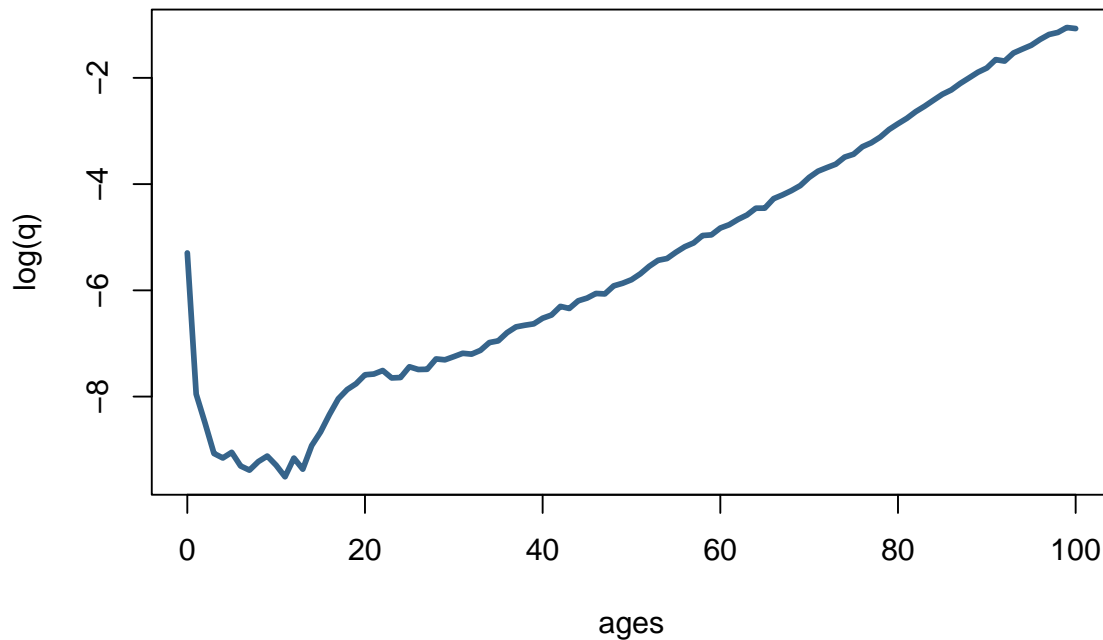
```
library(StMoMo)  
d = EWMaleData  
De = d$Dxt # décès  
  
ages = d$ages  
annees = d$years  
  
Ex = EWMaleData$Ext # Expositions en milieu d'années  
Lx = Ex + De / 2 # Exposition en début d'année (approximation)  
  
# Calcul des taux de mortalité bruts pour 2011 :  
q = De[, "2011"] / Lx[, "2011"] # taux bruts  
  
plot(  
  ages,  
  q,  
  type = 'l',  
  main = "Taux brut de mortalité",  
  col = palette_couleur[1],  
  lwd = 3  
)
```

Taux brut de mortalité



```
plot(  
  ages,  
  log(q),  
  type = 'l',  
  main = "Logarithme des taux bruts de mortalité",  
  col = palette_couleur[1],  
  lwd = 3  
)
```

Logarithme des taux bruts de mortalité



3.1.2 Calibration d'un modèle de Makeham-Gompertz :

3.1.2.1 Utilisation du package fmsb : Utilisation de la fonction `fitGm` pour calibrer le modèle $h(x) = C + A \times \exp(\beta_x)$

Avec la fonction `fitGm` on peut faire le lien avec l'autre paramétrage du type :

$h(x) = \alpha + \beta \times \gamma^x$ où x représente l'âge.

```
library(fmsb)
fit = fitGM(data = q)

A = fit[1]
B = fit[2]
C = fit[3]
cat("Modélisation fitGM : \n")
```

Modélisation fitGM :

```
c(A, B, C)
```

```
[1] 1.742762e-05 1.022779e-01 1.586628e-04
```

Lien avec l'autre paramétrage :

```
alpha2 = C
beta2 = A
gamma2 = exp(B)
cat("Apha, Beta, Gamma : \n")
```

Apha, Beta, Gamma :


```

c(alpha2, beta2, gamma2)

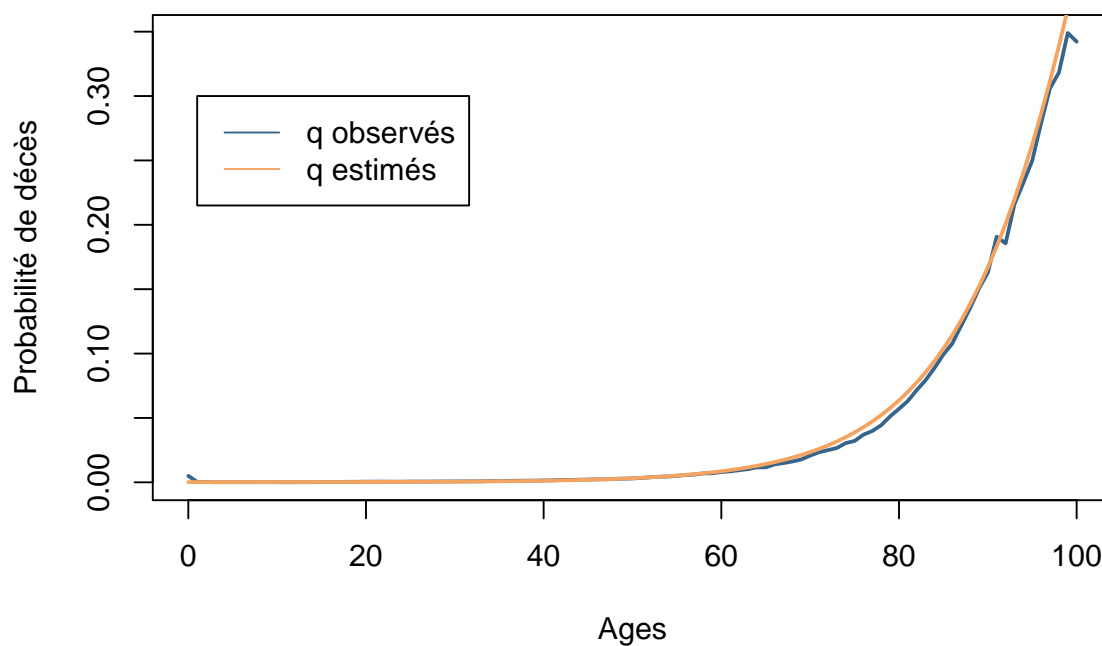
[1] 1.586628e-04 1.742762e-05 1.107691e+00

# Construction du vecteur des probabilités de décès :
qM3 = 1 - exp(-C) * exp(-A / B * exp(B * ages) * (exp(B) - 1))

# Représentation graphique de l'âge des individus :
plot(
  ages,
  q,
  type = 'l',
  ylab = "Probabilité de décès",
  xlab = "Ages",
  main = "Comparaison des taux de mortalités observés et estimés",
  col = palette_couleur[1],
  lwd = 2
)
lines(ages, qM3, col = palette_couleur[2], lwd = 2)
legend(
  1,
  0.3,
  lty = 1,
  cex = 1,
  legend = c("q observés", "q estimés"),
  col = palette_couleur[1:2]
)

```

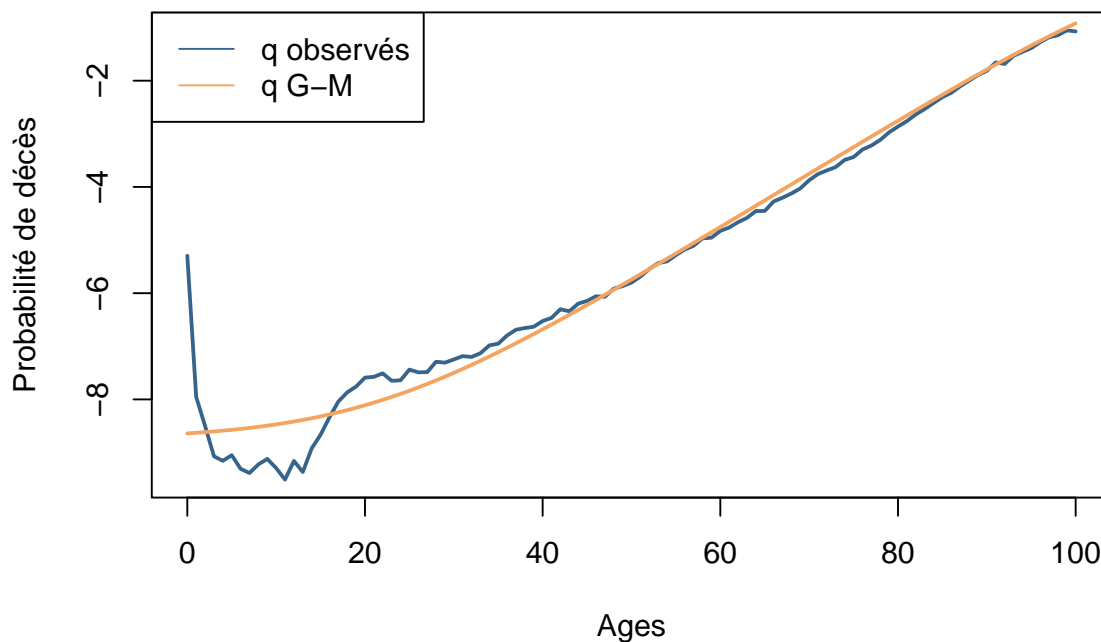
Comparaison des taux de mortalités observés et estimés



```
# Comparaison des taux de mortalités logarithmiques :

plot(
  ages,
  log(q),
  type = 'l',
  ylab = "Probabilité de décès",
  xlab = "Ages",
  main = "Comparaison des log de taux de mortalités observés et estimés",
  col = palette_couleur[1],
  lwd = 2)
lines(ages, log(qM3), col = palette_couleur[2], lwd = 2)
legend("topleft",
  lty = 1,
  cex = 1,
  legend = c("q observés", "q G-M"),
  col = palette_couleur[1:2])
)
```

Comparaison des log de taux de mortalités observés et estimés



Interprétation des résultats :

Le modèle de Gompertz - Makeham, avec h croissant, ne peut pas modéliser correctement la mortalité aux âges inférieurs à 20 ans.

```
library(MortalityLaws)

#availableLaws() # Liste des modèle de mortalité du package
```

```
fit = MortalityLaw(x = 0:100, qx = q, law = "makeham") #modèle  $h(x) = C + A \exp(Bx)$ 
fit$coefficients
```

3.1.2.2 Utilisation du package MortalityLaws :

```
      A      B      C
0.0000251412 0.0953918954 0.0001246354
```

```
A = fit$coefficients["A"]
B = fit$coefficients["B"]
C = fit$coefficients["C"]
c(A, B, C)
```

```
      A      B      C
0.0000251412 0.0953918954 0.0001246354
```

```
# Lien avec l'autre paramétrage ( $h(x) = \alpha + \beta \gamma^x$ )
alpha2 = C
beta2 = A
gamma2 = exp(B)
c(alpha2, beta2, gamma2)
```

```
      C      A      B
0.0001246354 0.0000251412 1.1000898909
```

```
# Estimation du taux de mortalité de Lee-Carter
qM4 = 1 - exp(-C) * exp(-A / B * exp(B * ages) * (exp(B) - 1))
```

```
# Représentation graphique et comparaison :
```

```
plot(
  ages,
  log(q),
  type = 'l',
  ylab = "Probabilité de décès",
  xlab = "Ages",
  main = "Comparaison des log de taux de mortalités observés et estimés",
  col = palette_couleur[1],
  lwd = 2)
lines(ages, log(qM3), col = palette_couleur[2], lwd = 2)
lines(ages, log(qM4), col = palette_couleur[3], lwd = 2)
legend("topleft",
  lty = 1,
  cex = 1,
  legend = c("q observés", "q G-M", "q G-M bis"),
  col = palette_couleur[1:3]
)
```