

Aula8_Análise_de_Sobrevivência

August 31, 2020

1 Análise de Sobrevivência

por **Cibele Russo**

- Caracterização dos dados;
- Estimação não paramétrica;
- Funções de sobrevivências usuais;
- Modelos de regressão em análise de sobrevivência

Baseado em

- <https://www.ime.usp.br/~lane/home/MCM5916/surv.pdf>
- Colosimo, E. A. ; Giolo, S. R. Análise de Sobrevivência Aplicada. Blucher, 2006.
- Louzada-Neto, F. ; Mazucheli, J. ; Achcar, J.A. . Análise de Sobrevivência e Confiabilidade. Lima, Peru: Instituto de Matematicas y Ciencias Afines, IMCA, 2002.
- [Lee, E. T., & Wang, J. \(2003\). Statistical methods for survival data analysis \(Vol. 476\). John Wiley & Sons.](#)
- [Moore, D. F. \(2016\). Applied survival analysis using R. New York, NY: Springer.](#)

Implementações:

- <https://lifelines.readthedocs.io/en/latest/Survival%20Analysis%20intro.html>

1.1 Objetivos

- Estudar o tempo desde um instante inicial até a ocorrência de um evento (falha)

Exemplo:

- Estudar o tempo de sobrevida de um paciente a partir de um instante inicial após o primeiro AVC.

O que queremos saber?

Probabilidade de Sobrevida

$P(T > 100)$ = prob. de viver mais que 100 dias

Taxa de falha

Sem censura, a **taxa de falha** em um intervalo representa quantos falharam com relação a quantos estavam suscetíveis com relação à duração do intervalo.

1.2 Censura

Poderia propor modelos como os de regressão e análise de variância para a variável resposta Tempo de vida

Mas se observei que um paciente viveu mais que 800 dias e não sei quando morreu, tenho que incluí-lo na análise!

O estudo terminou e não se observou a falha. A censura pode acontecer por diversos motivos:

- Perda de seguimento (follow up)
- Estudo acabou e o evento não foi observado
 - Paciente saiu do estudo (drop out)
- A pessoa sai do estudo por ocorrência de outro evento.
 - Ex: efeito colateral, transplante, óbito quando não for o evento de interesse

1.2.1 Tipos de censura

- **Censura à direita**, a mais comum:
 - Tempo de sobrevivência maior que o tempo observado $T \geq O$.
- **Censura à esquerda**:
 - Follow up até pessoas serem contaminadas por coronavírus $T \leq O$
 - Fez teste em t e deu positivo então sei que $T < t$.
- **Censura intervalar**: Só sei que $t_1 \leq T \leq t_2$: Fiz testes nos instantes t_1 e t_2

1.2.2 Formas de descrever a censura

- **Aleatória**: Tempo de falha (T) e de censura (C) aleatórios e observamos $t = \min(T, C)$.
- **Censura tipo I**: Estudo acaba após certo tempo e temos r falhas e no final do estudo temos $n - r$ censuras.
- **Censura tipo II**: r é fixado e só os menores r tempos são observados e todos os outros tempos são censurados. O maior tempo observado é $t(r)$.
- **Independente**: ocorrência dessa censura é independente do mecanismo que provoca a morte. E se a pessoa com melhor prognóstico sempre larga o estudo?

1.2.3 Implementação em Python: Pacote lifelines

Exemplo de <https://lifelines.readthedocs.io/en/latest/Survival%20Analysis%20intro.html>

Considere um caso onde a população é composta por duas subpopulações, A e B. A população A tem uma vida útil muito pequena, digamos 2 meses em média, e a população B tem uma vida útil muito maior, digamos 12 meses em média. Não sabemos essa distinção de antemão. Em $t = 10$, desejamos investigar a expectativa de vida média para toda a população.

```
[1]: from lifelines.plotting import plot_lifetimes
import numpy as np
from numpy.random import uniform, exponential

import random
random.seed(0)

N = 25

CURRENT_TIME = 10

actual_lifetimes = np.array([
    exponential(12) if (uniform() < 0.5) else exponential(2) for i in range(N)
])
observed_lifetimes = np.minimum(actual_lifetimes, CURRENT_TIME)
death_observed = actual_lifetimes < CURRENT_TIME

actual_lifetimes
```

```
[1]: array([1.04025432e+00, 1.50507536e+01, 1.22743198e+01, 4.95356965e-01,
        1.13019343e+01, 1.26498793e+01, 4.12227653e+00, 2.05649262e+01,
        9.36000437e+00, 1.85081613e+01, 7.57741159e-01, 1.24657334e+01,
        2.55252770e+00, 3.43666979e+01, 2.74215103e+01, 4.79186673e+01,
        1.58368665e+00, 6.89684101e+00, 3.51241669e+00, 2.27895381e+01,
        1.44447464e+01, 1.80788145e-02, 1.32400177e+00, 4.23808332e-01,
        3.70925291e+00])
```

```
[2]: observed_lifetimes
```

```
[2]: array([ 1.04025432, 10.          , 10.          , 0.49535697, 10.          ,
        10.          , 4.12227653, 10.          , 9.36000437, 10.          ,
        0.75774116, 10.          , 2.5525277 , 10.          , 10.          ,
        10.          , 1.58368665, 6.89684101, 3.51241669, 10.          ,
        10.          , 0.01807881, 1.32400177, 0.42380833, 3.70925291])
```

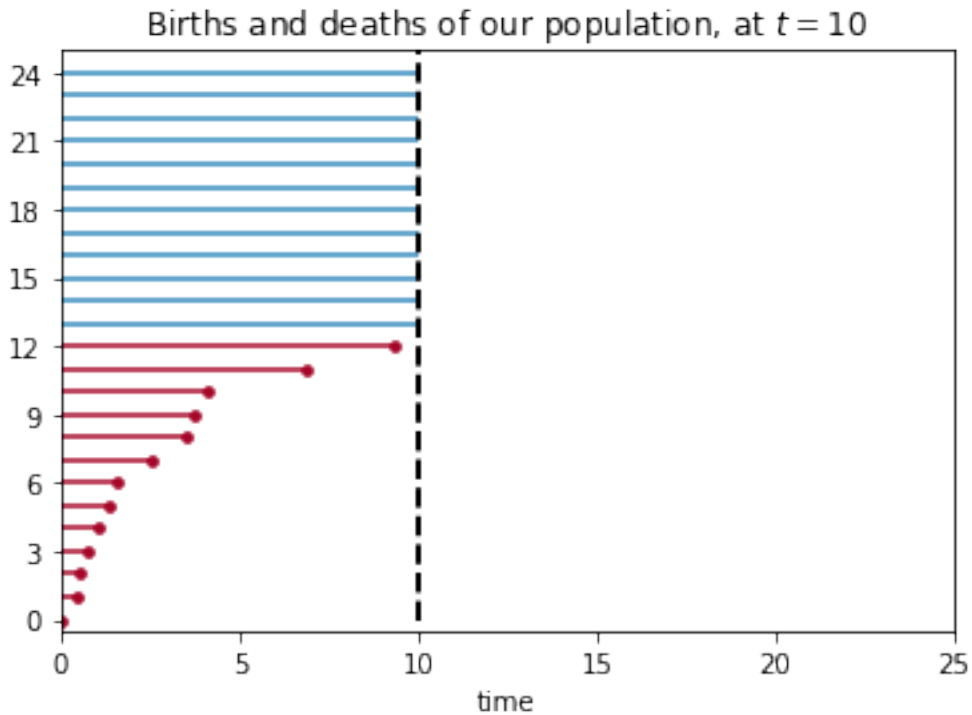
```
[3]: ax = plot_lifetimes(observed_lifetimes, event_observed=death_observed)

ax.set_xlim(0, 25)
ax.vlines(10, 0, 30, lw=2, linestyle='--')
ax.set_xlabel("time")
ax.set_title("Births and deaths of our population, at $t=10$")
print("Observed lifetimes at time %d:\n" % (CURRENT_TIME), observed_lifetimes)
```

Observed lifetimes at time 10:

```
[ 1.04025432 10.          10.          0.49535697 10.          10.
 4.12227653 10.          9.36000437 10.          0.75774116 10.
 2.5525277  10.          10.          10.          1.58368665 6.89684101
```

```
3.51241669 10.          10.          0.01807881  1.32400177  0.42380833
3.70925291]
```

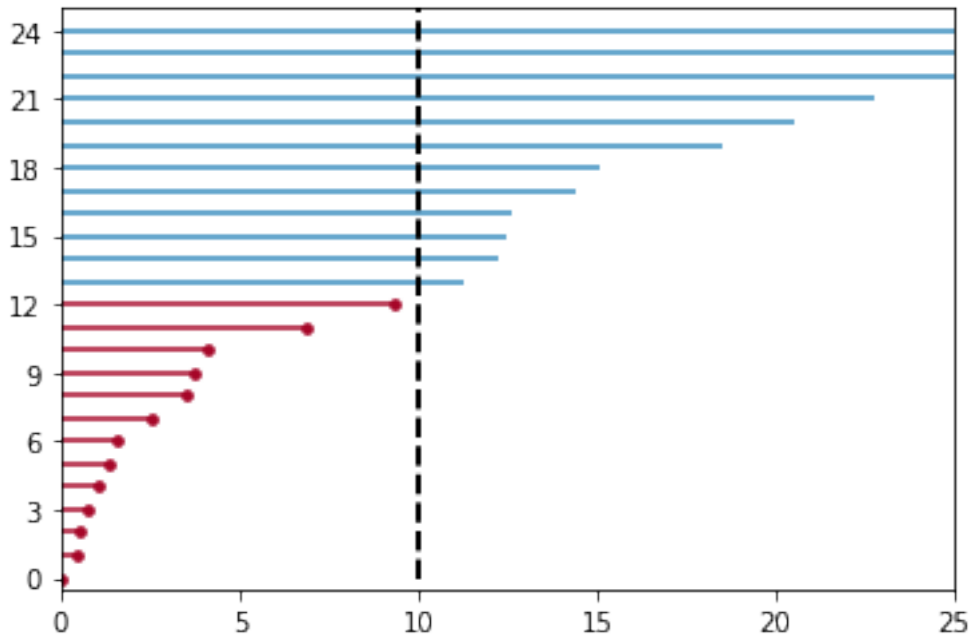


Na figura acima, as linhas vermelhas denotam o tempo de vida dos indivíduos onde o evento de morte foi observada, e as linhas azuis indicam o tempo de vida dos indivíduos censurados à direita (mortes não foram observadas). Se queremos a estimar a média de vida de nossa população e ingenuamente decidirmos não incluir os indivíduos censurados à direita, é claro que estaríamos subestimando severamente a verdadeira média de vida.

Além disso, se, em vez disso, simplesmente pegássemos a média de todas as expectativas de vida, incluindo as atuais de instâncias censuradas à direita, ainda estaríamos subestimando a verdadeira média de vida. Abaixo, plotamos as vidas úteis reais de todas as instâncias (lembre-se de que não vemos essa informação em $t = 10$).

```
[4]: ax = plot_lifetimes(actual_lifetimes, event_observed=death_observed)
      ax.vlines(10, 0, 30, lw=2, linestyle='--')
      ax.set_xlim(0, 25)
```

```
[4]: (0, 25)
```



```
[5]: len(actual_lifetimes)
```

```
[5]: 25
```

1.3 Função de sobrevivência

<https://lifelines.readthedocs.io/en/latest/Survival%20Analysis%20intro.html#survival-function>

https://en.wikipedia.org/wiki/Survival_function

1.3.1 Função de sobrevivência

Seja T um tempo de vida aleatório (possivelmente infinito, mas sempre não negativo) retirado da população em estudo. Por exemplo, quanto tempo um casal está casado. Ou o tempo que um usuário leva para entrar em uma página da Web (um tempo infinito, se isso nunca acontecer). A função de sobrevivência de uma população é definida como

$$S(t) = P(T > t)$$

A função de sobrevivência define a probabilidade de o evento de morte ainda não ter ocorrido no tempo t , ou equivalentemente, a probabilidade de sobreviver no tempo passado t .

Propriedades

1. $0 \leq S(t) \leq 1$

2. $F_T(t) = 1 - S(t)$, em que $F_T(t)$ é a função distribuição acumulada de T , o que implica que
3. $S(t)$ é uma função não-crescente de t .

Exemplo

Fonte: https://lifelines.readthedocs.io/en/latest/_images/intro_survival_function.png

1.3.2 Função de risco

Também estamos interessados na probabilidade do evento de morte ocorrer no tempo t , visto que o evento de óbito ainda não ocorreu.

Matematicamente, essa probabilidade é dada por

$$\lim_{\delta t \rightarrow 0} P(t \leq T \leq t + \delta t | T > t)$$

Essa quantidade vai para 0 quando δt diminui, então dividimos isso pelo intervalo δt . Isso define a função de risco no tempo t , $h(t)$

$$h(t) = \lim_{\delta t \rightarrow 0} \frac{P(t \leq T \leq t + \delta t | T > t)}{\delta t}$$

Pode-se mostrar que isso é igual a:

$$h(t) = \frac{-S'(t)}{S(t)}$$

e resolvendo essa equação diferencial, temos

$$S(t) = \exp \left(- \int_0^t h(z) dz \right)$$

A integral é chamada **função de risco cumulativo**, denotada $H(t)$, que pode ser reescrita como

$$S(t) = \exp(-H(t))$$

Com isso, as duas figuras abaixo representam o risco e o risco cumulativo, respectivamente, da função de sobrevivência na figura acima.

Fonte: https://lifelines.readthedocs.io/en/latest/_images/intro_hazards.png

1.4 Estimador de Kaplan-Meier

https://en.wikipedia.org/wiki/Kaplan%E2%80%93Meier_estimator

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/21455458/>

Propriedades do estimador de Kaplan-Meier

- Não viciado para amostras grandes

- Permite comparar curvas, mas não permite a inclusão de covariáveis
- É consistente
- Converge assintoticamente para processo gaussiano
- É o estimador de máxima verossimilhança de $S(t)$
- Variância do estimador e IC assint. p.41 Fórmula de Greenwood

Para altos valores de t , o IC pode apresentar valor <0 e pode ser usada transf. de $\hat{S}(t)$.

Default do R $\log(\hat{S}(t))$.

Outro estimador é o de Nelson-Aalen (vide p. 43 Colosimo e Giolo)

1.5 Aplicação

Vamos considerar os dados Waltons disponíveis no pacote lifelines. Precisamos das durações pelas quais os indivíduos são observados e se eles ‘morreram’ ou não.

```
[6]: from lifelines.datasets import load_waltons
df = load_waltons() # returns a Pandas DataFrame

print(df.head())

T = df['T']
E = df['E']
```

	T	E	group
0	6.0	1	miR-137
1	13.0	1	miR-137
2	13.0	1	miR-137
3	13.0	1	miR-137
4	19.0	1	miR-137

```
[7]: df.tail()
```

```
[7]:
```

	T	E	group
158	60.0	1	control
159	60.0	1	control
160	60.0	1	control
161	60.0	1	control
162	66.0	1	control

```
[8]: # Fonte https://lifelines.readthedocs.io/en/latest/fitters/univariate/
      ↪KaplanMeierFitter.html
      # Fonte dos dados: https://lifelines.readthedocs.io/en/latest/lifelines.datasets.
      ↪html#lifelines.datasets.load_waltons
```

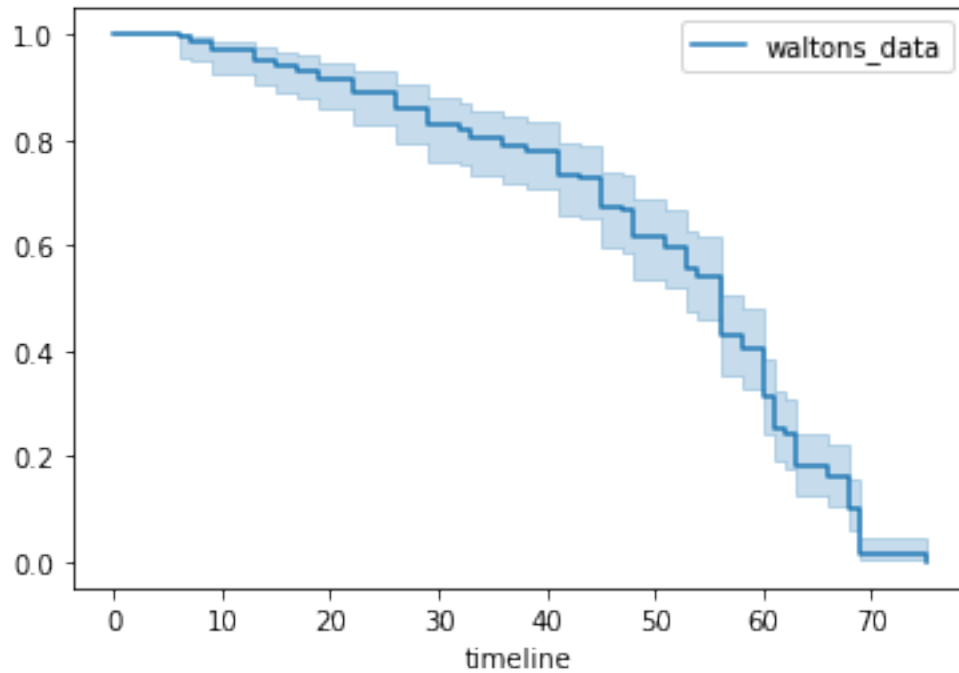
```

from lifelines import KaplanMeierFitter
from lifelines.datasets import load_waltons
waltons = load_waltons()

kmf = KaplanMeierFitter(label="waltons_data")
kmf.fit(waltons['T'], waltons['E'])
kmf.plot()

```

[8]: <matplotlib.axes._subplots.AxesSubplot at 0x7f6c884693d0>



1.6 Múltiplos grupos

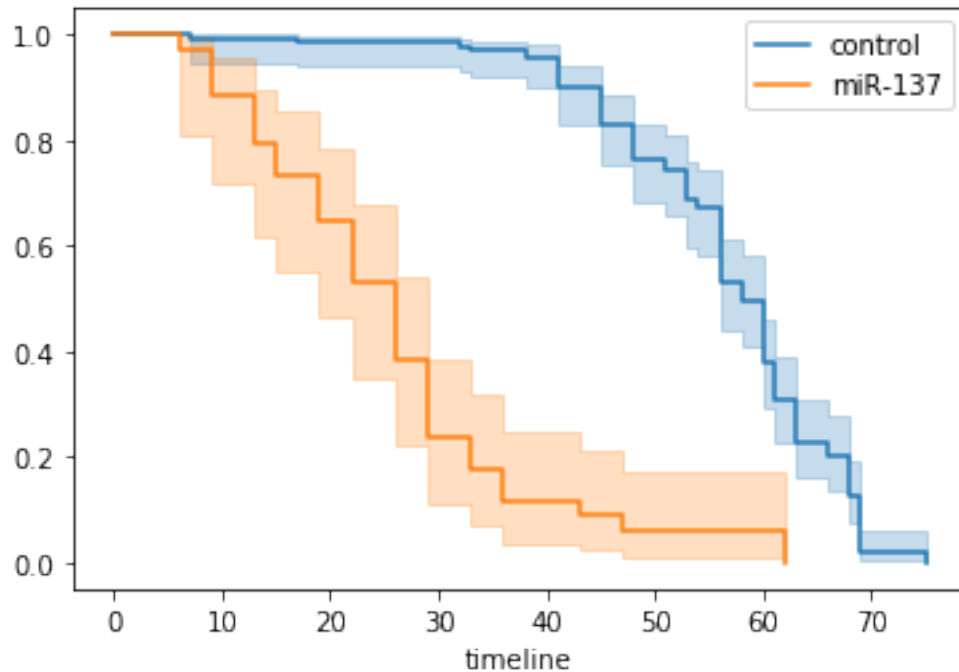
```

[9]: groups = df['group']
ix = (groups == 'miR-137')

kmf.fit(T[~ix], E[~ix], label='control')
ax = kmf.plot()

kmf.fit(T[ix], E[ix], label='miR-137')
ax = kmf.plot(ax=ax)

```

1.7 Modelos paramétricos

O pacote lifelines possui modelos paramétricos integrados.

Por exemplo: Weibull, Log-Normal, Log-Logistic e outros.

```
[10]: # Fonte: https://lifelines.readthedocs.io/en/latest/
→Survival%20analysis%20with%20lifelines.
→html#other-parametric-models-exponential-log-logistic-log-normal-and-splines
# Algumas referências adicionais:
#

import matplotlib.pyplot as plt
import numpy as np
from lifelines import *

fig, axes = plt.subplots(3, 3, figsize=(13.5, 7.5))

kmf = KaplanMeierFitter().fit(T, E, label='KaplanMeierFitter')
wbf = WeibullFitter().fit(T, E, label='WeibullFitter')
exf = ExponentialFitter().fit(T, E, label='ExponentialFitter')
lnf = LogNormalFitter().fit(T, E, label='LogNormalFitter')
llf = LogLogisticFitter().fit(T, E, label='LogLogisticFitter')
pwf = PiecewiseExponentialFitter([40, 60]).fit(T, E,
→label='PiecewiseExponentialFitter')
```

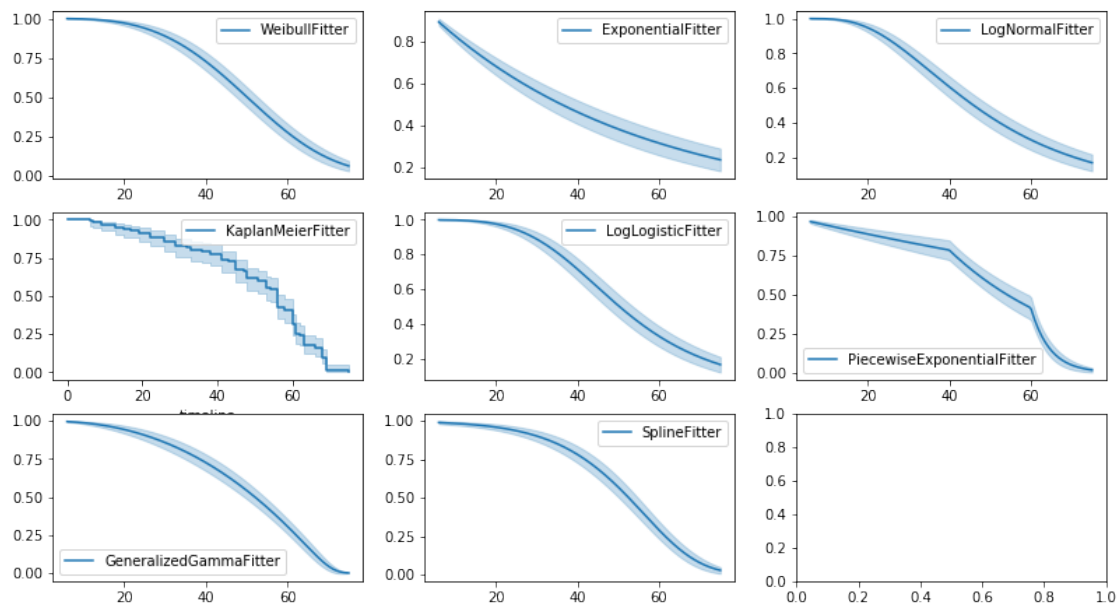
```

ggf = GeneralizedGammaFitter().fit(T, E, label='GeneralizedGammaFitter')
sf = SplineFitter(np.percentile(T.loc[E.astype(bool)], [0, 50, 100])).fit(T, E,
→label='SplineFitter')

wbf.plot_survival_function(ax=axes[0][0])
exf.plot_survival_function(ax=axes[0][1])
lnf.plot_survival_function(ax=axes[0][2])
kmf.plot_survival_function(ax=axes[1][0])
llf.plot_survival_function(ax=axes[1][1])
pwf.plot_survival_function(ax=axes[1][2])
ggf.plot_survival_function(ax=axes[2][0])
sf.plot_survival_function(ax=axes[2][1])

```

[10]: <matplotlib.axes._subplots.AxesSubplot at 0x7f6c862a1ad0>



1.8 Modelo de Cox

Leitura adicional: https://en.wikipedia.org/wiki/Proportional_hazards_model#The_Cox_model

- Modelo de riscos proporcionais
- Podem ser incluídas covariáveis

O risco no tempo t com variável explicativa X é

$$h(t|X) = h_0(t) \exp(\beta X)$$

Exemplo para $X=1$ se fuma e 0 se não fuma

$$h(t|X) = \begin{cases} h_0(t), & \text{para } X = 0 \\ h_0(t) \exp(\beta), & \text{para } X = 1 \end{cases}$$

Os riscos são proporcionais e a razão entre os riscos é

$$h(t|X) = \frac{h(t|1)}{h(t|0)} = \exp(\beta)$$

Interpretação?

Para p variáveis explicativas

$$h(t) = h_0(t) \exp\left(\sum_{i=1}^p \beta_i X_i\right)$$

```
[11]: from lifelines.datasets import load_regression_dataset
      regression_dataset = load_regression_dataset() # a Pandas DataFrame
      import pandas as pd
      import numpy as np

      from lifelines import CoxPHFitter

      regression_dataset
```

```
[11]:
```

	var1	var2	var3	T	E
0	0.595170	1.143472	1.571079	14.785652	1
1	0.209325	0.184677	0.356980	7.335846	1
2	0.693919	0.071893	0.557960	5.269797	1
3	0.443804	1.364646	0.374221	11.684092	1
4	1.613324	0.125566	1.921325	7.639492	1
...
195	0.137399	0.107748	0.354812	11.445457	1
196	0.637341	2.847188	1.459137	7.624627	1
197	1.109732	0.405561	0.018856	10.634620	1
198	0.031865	1.753759	0.252040	8.519718	1
199	1.631269	1.588621	3.709899	4.478952	1

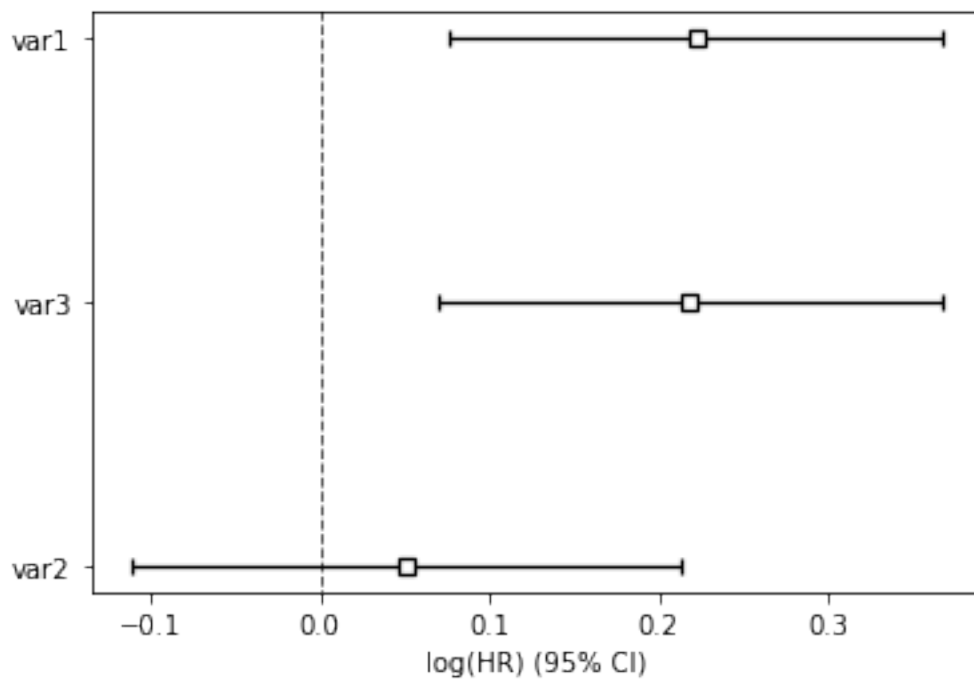
[200 rows x 5 columns]

```
[12]: # Using Cox Proportional Hazards model
      cph = CoxPHFitter()
      cph.fit(regression_dataset, 'T', event_col='E')
      cph.print_summary()

      cph.plot()
```

covariate	coef	exp(coef)	se(coef)	coef lower 95%	coef upper 95%	exp(coef) lower 95%	exp(coef) upper 95%
var1	0.22	1.25	0.07	0.08	0.37	1.08	1.61
var2	0.05	1.05	0.08	-0.11	0.21	0.89	1.23
var3	0.22	1.24	0.08	0.07	0.37	1.07	1.59

[12]: <matplotlib.axes._subplots.AxesSubplot at 0x7f6c85898090>



O mesmo conjunto de dados, mas com um modelo de tempo de falha acelerado de Weibull.

Este modelo tinha dois parâmetros, e podemos escolher modelar ambos usando nossas covariáveis ou apenas uma.

Abaixo, modelamos apenas o parâmetro de escala, lambda.

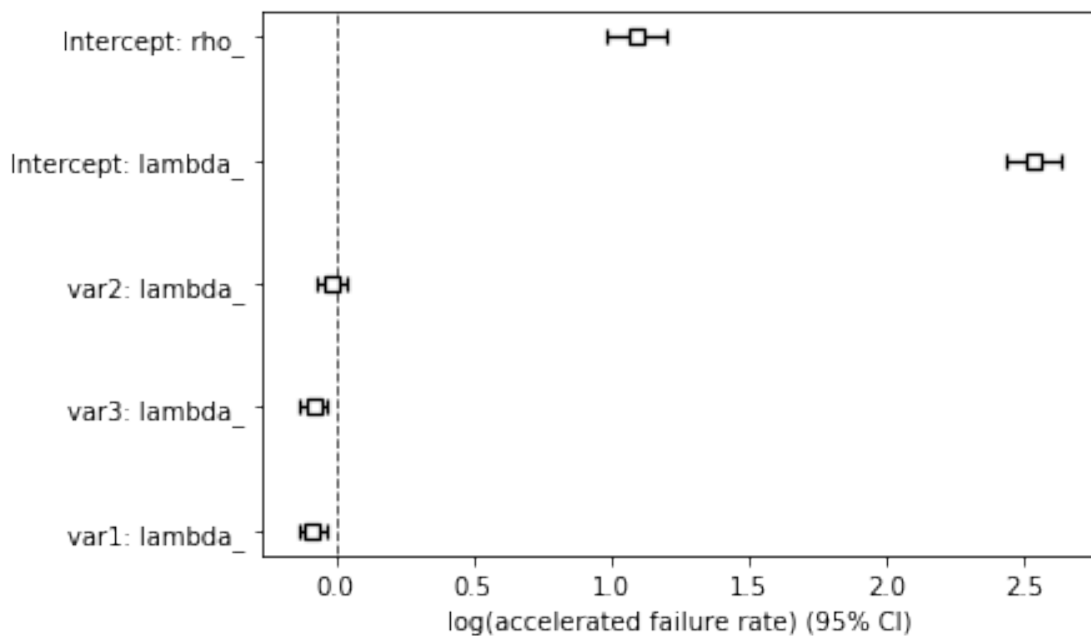
```
[13]: from lifelines import WeibullAFTFitter

wft = WeibullAFTFitter()
wft.fit(regression_dataset, 'T', event_col='E')
wft.print_summary()

wft.plot()
```

param	covariate	coef	exp(coef)	se(coef)	coef lower 95%	coef upper 95%	exp(coef) lower 95%	exp(coef) upper 95%
lambda_	var1	-0.08	0.92	0.02	-0.13	-0.04	0.88	0.96
	var2	-0.02	0.98	0.03	-0.07	0.04	0.93	1.04
	var3	-0.08	0.92	0.02	-0.13	-0.03	0.88	0.96
	Intercept	2.53	12.57	0.05	2.43	2.63	11.41	13.82
rho_	Intercept	1.09	2.98	0.05	0.99	1.20	2.68	3.32

[13]: <matplotlib.axes._subplots.AxesSubplot at 0x7f6c85837810>



Um modelo de regressão alternativo é o modelo aditivo de Aalen, que tem riscos que variam com o tempo:

```
[14]: # Using Aalen's Additive model
from lifelines import AalenAdditiveFitter
aaf = AalenAdditiveFitter(fit_intercept=False)
aaf.fit(regression_dataset, 'T', event_col='E')
```

[14]: <lifelines.AalenAdditiveFitter: fitted with 200 total observations, 11 right-censored observations>

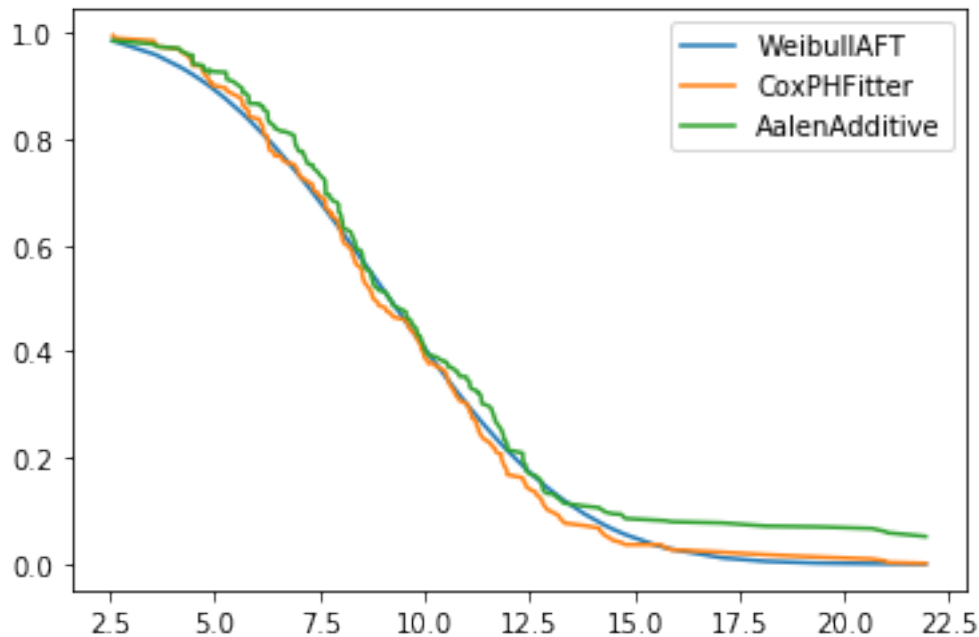
Junto com CoxPHFitter e WeibullAFTFitter, após o ajuste, você terá acesso a propriedades como `summary` e métodos como `plot`, `predict_cumulative_hazards` e `predict_survival_function`.

Os dois últimos métodos requerem um argumento adicional de covariáveis:

```
[15]: X = regression_dataset.loc[0]

ax = wft.predict_survival_function(X).rename(columns={0:'WeibullAFT'}).plot()
cph.predict_survival_function(X).rename(columns={0:'CoxPHFitter'}).plot(ax=ax)
aaf.predict_survival_function(X).rename(columns={0:'AalenAdditive'}).plot(ax=ax)
```

```
[15]: <matplotlib.axes._subplots.AxesSubplot at 0x7f6c85749550>
```



1.8.1 Modelos de longa duração ou de fração de cura

Leitura recomendada:

- Granzotto, D. C. T. (2008). Seleção de modelos de tempos com longa-duração para dados de finanças. Dissertação de mestrado. UFSCar. Disponível em <https://repositorio.ufscar.br/bitstream/handle/ufscar/4532/2168.pdf?sequence=1> Acessado em 28/08/2020.
- https://lifelines.readthedocs.io/en/latest/jupyter_notebooks/Modelling%20time-lagged%20conversion%20rates.html

Suponha que em nossa população tenhamos uma subpopulação que nunca experimentará o evento de interesse. Ou, para alguns assuntos, o evento ocorrerá tão longe no futuro que é essencialmente no tempo infinito. A função de sobrevivência não deve se aproximar assintoticamente de zero, mas de algum valor positivo.

Os modelos que descrevem isso às vezes são chamados de modelos de fração cura (ou seja, o sujeito está “curado” da morte e, portanto, não é mais suscetível) ou modelos de conversão defasados no tempo.

Há uma falha séria em usar modelos paramétricos para esses tipos de problemas que os modelos não paramétricos não têm. Os modelos paramétricos mais comuns, como Weibull, Log-Normal, etc., todos têm funções de risco cumulativas estritamente crescentes, o que significa que a função de sobrevivência correspondente sempre convergirá para 0.

Vejamos um exemplo desse problema.

A seguir alguns dados que possuem indivíduos que não vivenciarão o evento, não importa o quanto esperemos. argumento adicional de covariáveis:

```
[16]: %matplotlib inline
      %config InlineBackend.figure_format = 'retina'

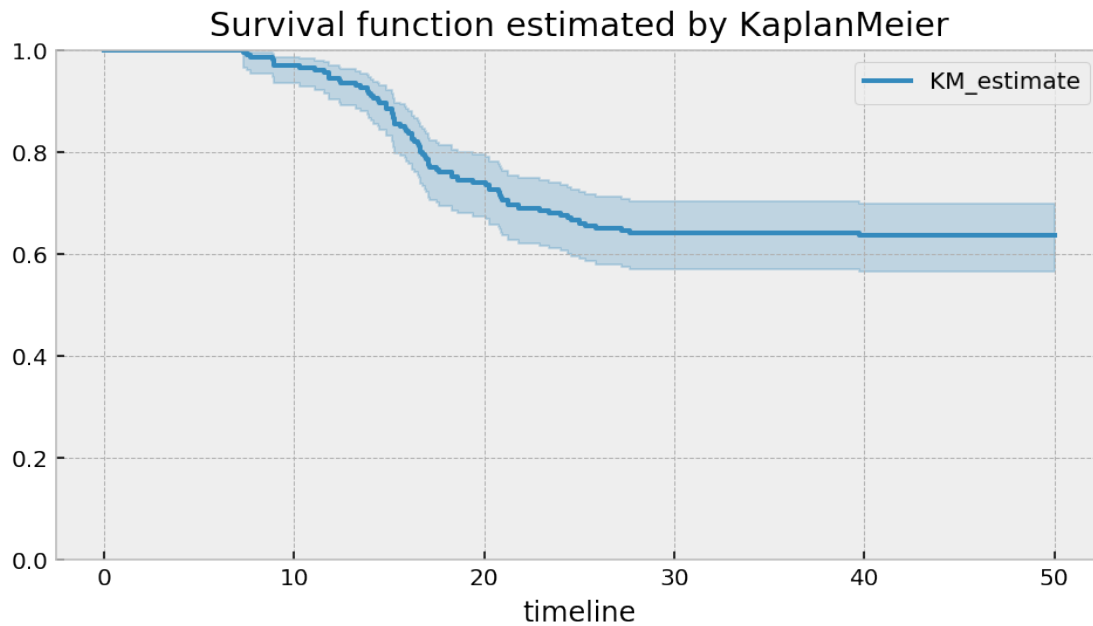
      from matplotlib import pyplot as plt
      import autograd.numpy as np
      from autograd.scipy.special import expit, logit
      import pandas as pd
      plt.style.use('bmh')
```

```
[18]: N = 200
      U = np.random.rand(N)
      T = -(logit(-np.log(U) / 0.5) - np.random.exponential(2, N) - 6.00) / 0.50

      E = ~np.isnan(T)
      T[np.isnan(T)] = 50

      from lifelines import KaplanMeierFitter
      kmf = KaplanMeierFitter().fit(T, E)
      kmf.plot(figsize=(8,4))
      plt.ylim(0, 1);
      plt.title("Survival function estimated by KaplanMeier")
```

```
[18]: Text(0.5, 1.0, 'Survival function estimated by KaplanMeier')
```

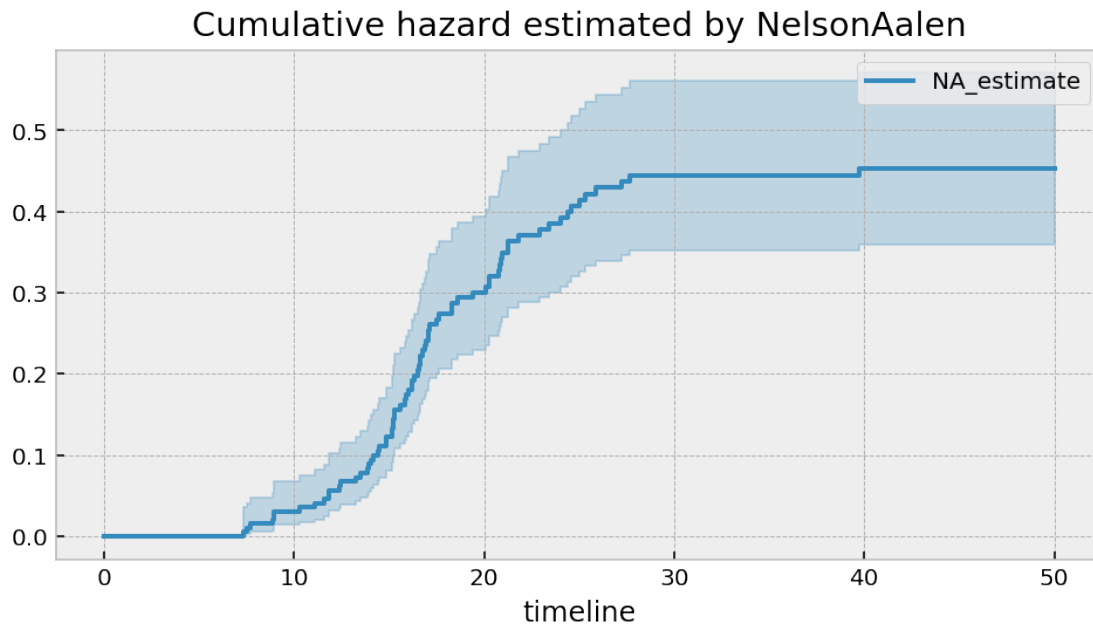


Deve ficar claro que existe uma assíntota em torno de 0,6. O modelo não paramétrico sempre mostrará isso. Se isso for verdade, a função de risco cumulativo também deve ter uma assíntota horizontal. Vamos usar o modelo Nelson-Aalen para ver isso.

```
[19]: from lifelines import NelsonAalenFitter

naf = NelsonAalenFitter().fit(T, E)
naf.plot(figsize=(8,4))
plt.title("Cumulative hazard estimated by NelsonAalen")
```

```
[19]: Text(0.5, 1.0, 'Cumulative hazard estimated by NelsonAalen')
```

No entanto, quando tentamos um modelo paramétrico, veremos que ele não extrapola muito bem. Vamos usar o modelo flexível de dois parâmetros LogLogisticFitter.

```
[21]: from lifelines import LogLogisticFitter

fig, ax = plt.subplots(nrows=1, ncols=2, figsize=(12, 4))

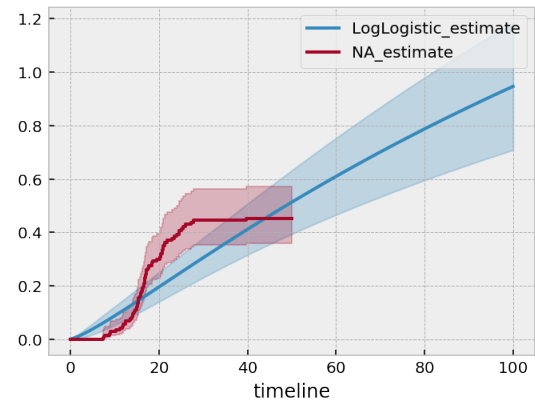
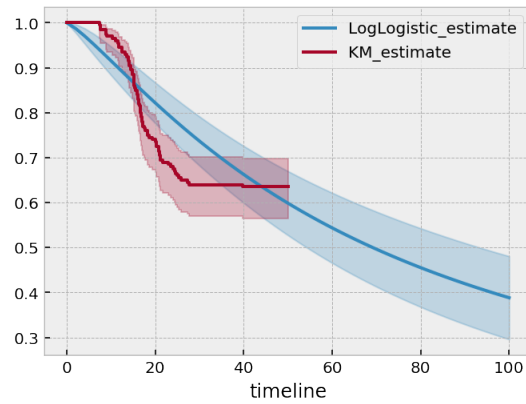
t = np.linspace(0, 40)
llf = LogLogisticFitter().fit(T, E, timeline=t)

t = np.linspace(0, 100)
llf = LogLogisticFitter().fit(T, E, timeline=t)

llf.plot_survival_function(ax=ax[0])
kmf.plot(ax=ax[0])

llf.plot_cumulative_hazard(ax=ax[1])
naf.plot(ax=ax[1])
```

```
[21]: <matplotlib.axes._subplots.AxesSubplot at 0x7f6c857baa50>
```



Ver outros modelos em

https://lifelines.readthedocs.io/en/latest/jupyter_notebooks/Modelling%20time-lagged%20conversion%20rates.html

[]:

[]: