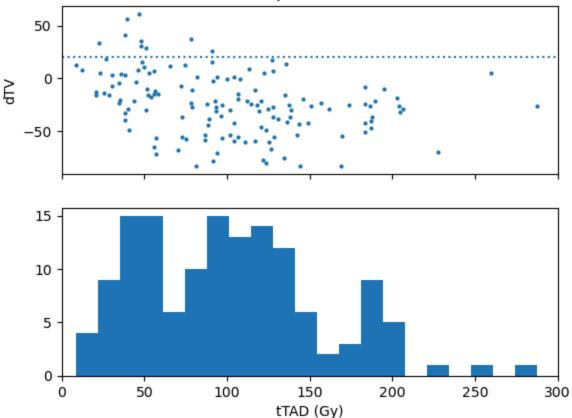
## Ekstraksjon av data fra publikasjon

Bruker figur 3 fra Hebert et al (2024, JNM, https://doi.org/10.2967/jnumed.123.267023) som et a-priori estimat på relasjon mellom total tumordose (tTAD) og relativ endring i lesjonsvolum etter 3 mnd (dTV).

Det er et variabelt antall fraksjoner, da behandlingen fortsatte inntill nyre-BED på 27 eller 40 Gy ble nådd. Studien ble brukt da det er tydelig skille mellom datapunktene som gjør det enklere å ekstrahere, men hele pipelinen kan (bør?) selvfølgelig repeteres for andre studier. Pipelinen er veldig modifiserbar etter hva vi ønsker å oppnå :)

Funksjonene som brukes er definert i utils\_tr.py

#### 141 points found



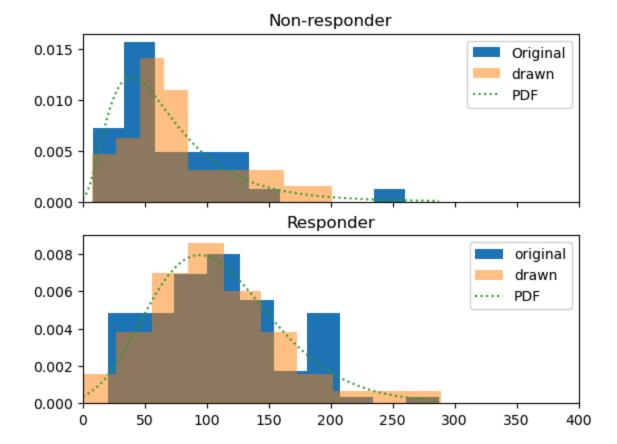
Class balance non-responder / responder: 33 108

Fem punkter ble utelatt (146 i publikasjonen vs 141 ekstrahert), men synes figuren er visuelt lik Figur 3. Dosefordelingen ser kanskje litt anderledes ut (enn Figur 3B i publikasjonen), men det kan være at jeg ikke helt fant riktig bin-with.

Respondere / ikke-respondere ble definert etter en terskel på dTV = 0, som definert for den logistiske regresjonen i figur 4 i stedet for dTV = 20% som tegnet i figur 3 (definert som stabil).

## Log-normal regresjon

To log-normale distribusjoner ble separat tilpasset dose-dataen for respondere / ikke-respondere. Ved visuell sammenlining er det litt forskjell mellom orginal og tilpasset log-normal, kanskje spesielt for ikke-respondere øverst.



## Logistisk regresjon

Logistisk regresjon ble først brukt til å validere ekstraksjonen og log-normal distribusjonene, etter visuell sammenlikning med figur 4 i publikasjonen.

En ikke-balansert variant (mtp antall observasjoner i responder / ikke-responder klassene) sammenliknes med en balansert variant, der den ikke-balanserte regresjonen er visuelt lik publikasjonen.

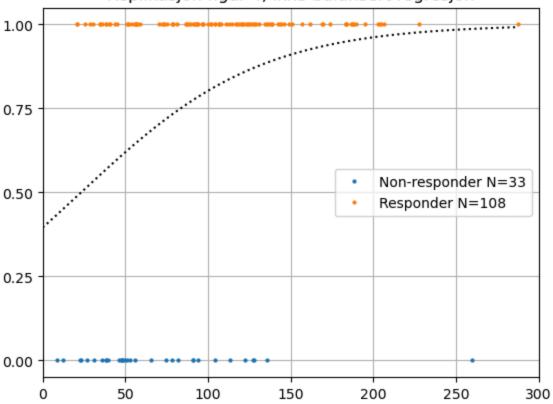
```
In [3]: lr_orig = LogisticRegression(fit_intercept=True)
lr_orig.fit(x, y)

xvals_plot = np.linspace(0, np.max(x), 1000).reshape(-1, 1)
phat_plot_orig = lr_orig.predict_proba(xvals_plot)[:, -1]

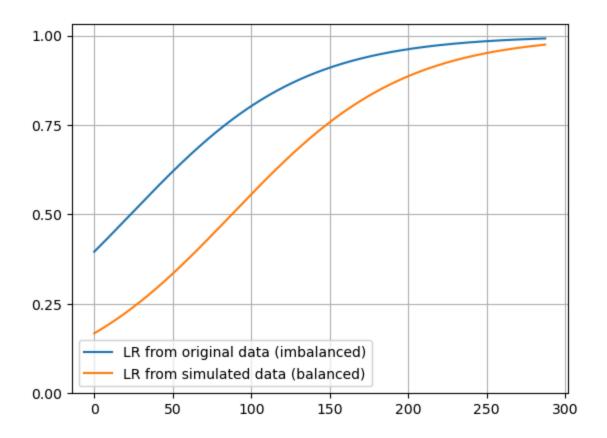
phat_orig = lr_orig.predict_proba(x)[:, -1]

plot_doseresponse_with_lognorm(x0, x1, xvals_plot, phat_plot_orig, title="Replikasj")
```

#### Replikasjon figur 4, ikke-balansert regresjon



```
In [4]: # Forsøker nå det samme med 10000 simulerte log-normal doser
        x_sim0, x_sim1 = fit_and_draw_lognorms(x0, x1, Ndraw=10000, plot=False)
        x_sim = np.concatenate([x_sim0, x_sim1]).reshape(-1, 1)
        y_{sim} = np.array([0] * len(x_sim0) + [1] * len(x_sim1)).reshape(-1, 1)
        lr_sim = LogisticRegression(fit_intercept=True)
        lr_sim.fit(x_sim, y_sim)
        phat_plot_sim = lr_sim.predict_proba(xvals_plot)[:, -1]
        phat_sim = lr_sim.predict_proba(x)[:, -1]
        get logistic_prediction_scores(y, phat_orig, p_thresh=0.5)
        get_logistic_prediction_scores(y, phat_sim, p_thresh=0.5)
        plt.plot(xvals_plot, phat_plot_orig, label="LR from original data (imbalanced)")
        plt.plot(xvals_plot, phat_plot_sim, label="LR from simulated data (balanced)")
        plt.yticks([0, .25, .5, .75, 1])
        plt.grid()
        plt.legend()
        plt.show()
```



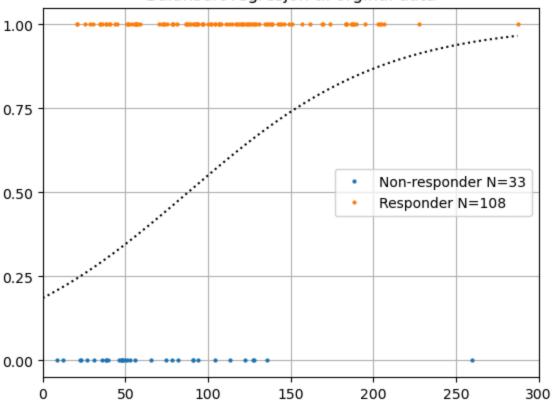
Den systematiske forskjellen henger sammen med ubalansen i antall respodere / ikkerespondere for orginaldataen, da antall genererte punkter er likt for den simulerte dataen. Forskjellen forsvinner dersom dette tas høyde for i regresjonen til orginaldataen:

```
In [5]: lr_orig_bal = LogisticRegression(fit_intercept=True, class_weight="balanced")
lr_orig_bal.fit(x, y)

xvals_plot = np.linspace(0, np.max(x), 1000).reshape(-1, 1)
phat_plot_orig = lr_orig_bal.predict_proba(xvals_plot)[:, -1]
phat_orig_bal = lr_orig_bal.predict_proba(x)[:, -1]

plot_doseresponse_with_lognorm(x0, x1, xvals_plot, phat_plot_orig, title="Balansert")
```

#### Balansert regresjon til orginal data



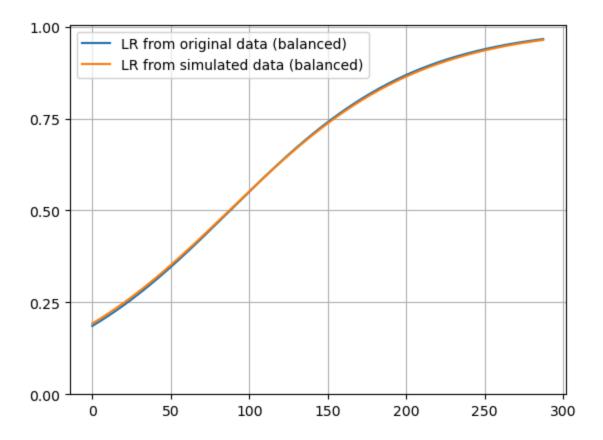
```
In [6]: x_sim0, x_sim1 = fit_and_draw_lognorms(x0, x1, Ndraw=10000, plot=False)
    x_sim = np.concatenate([x_sim0, x_sim1]).reshape(-1, 1)
    y_sim = np.array([0] * len(x_sim0) + [1] * len(x_sim1)).reshape(-1, 1)

lr_sim_bal = LogisticRegression(fit_intercept=True, class_weight="balanced")
    lr_sim_bal.fit(x_sim, y_sim)
    phat_plot_sim = lr_sim_bal.predict_proba(xvals_plot)[:, -1]
    phat_sim_bal = lr_sim_bal.predict_proba(x)[:, -1]

get_logistic_prediction_scores(y, phat_orig, p_thresh=0.5)

get_logistic_prediction_scores(y, phat_sim, p_thresh=0.5)

plt.plot(xvals_plot, phat_plot_orig, label="LR from original data (balanced)")
    plt.plot(xvals_plot, phat_plot_sim, label="LR from simulated data (balanced)")
    plt.yticks([0, .25, .5, .75, 1])
    plt.grid()
    plt.legend()
    plt.show()
```



Som vist i figuren over konvergerer den logistiske regresjonen til det samme ved balanse i gruppeantallet, uavhengig om en tilpasser simulert data eller om det tas høyde for i selve regresjonen.

```
In [12]:
         print("Score på orginal ubalansert data:")
         get_logistic_prediction_scores(y, phat_orig)
         get_logistic_prediction_scores(y, phat_orig_bal)
         get_logistic_prediction_scores(y, phat_sim)
         get_logistic_prediction_scores(y, phat_sim_bal)
         print(f"\nScore på simulert balansert data:")
         get_logistic_prediction_scores(y_sim, lr_orig.predict_proba(x_sim)[:, -1])
         get_logistic_prediction_scores(y_sim, lr_orig_bal.predict_proba(x_sim)[:, -1])
         get_logistic_prediction_scores(y_sim, lr_sim.predict_proba(x_sim)[:, -1])
         get_logistic_prediction_scores(y_sim, lr_sim_bal.predict_proba(x_sim)[:, -1])
        Score på orginal ubalansert data:
                PPV=0.779, TPR=0.981, TNR=0.091, NPV=0.600, AUC=0.742, BS=0.155, ACC=0.773
                PPV=0.880, TPR=0.676, TNR=0.697, NPV=0.397, AUC=0.742, BS=0.210, ACC=0.681
                PPV=0.880, TPR=0.676, TNR=0.697, NPV=0.397, AUC=0.742, BS=0.210, ACC=0.681
                PPV=0.880, TPR=0.676, TNR=0.697, NPV=0.397, AUC=0.742, BS=0.209, ACC=0.681
        Score på simulert balansert data:
                PPV=0.521, TPR=0.974, TNR=0.105, NPV=0.799, AUC=0.742, BS=0.264, ACC=0.539
                PPV=0.711, TPR=0.626, TNR=0.746, NPV=0.666, AUC=0.742, BS=0.210, ACC=0.686
                PPV=0.711, TPR=0.628, TNR=0.745, NPV=0.667, AUC=0.742, BS=0.210, ACC=0.686
                PPV=0.711, TPR=0.631, TNR=0.744, NPV=0.668, AUC=0.742, BS=0.210, ACC=0.687
```

```
Out[12]: (0.7111612175873732,
0.6308,
0.7438,
0.6682839173405211,
0.74204716,
0.21037838672831957,
0.6873)
```

Ubalansert logistisk regresjon til orginaldata (som fra Figur 4 i publikasjonen) har en høyere accuracy, sensitivitet (TPR, power) og NPV enn den balanserte varianten evaluert på orginal data (som den er tilpasset). Men selv her er spesifisiteten (TNR) ekstremt lav, og lavere enn for den balanserte varianten, mest sannsynlig på bekostning av den høye sensitiviteten. Generelt er det er små forskjeller i skåringer mellom evaluering på ekte og simulert data, for alle modeller.

# Estimering av populasjonsstørrelse

De to tilpassede log-normale fordelingene kan brukes til å analytisk estimere minimum populasjonsstørrelse for å oppnå en viss statistisk power (1 - sannsynlighet for type II feil = 1 -  $\beta$ ) gitt en satt terskel på sannsynlighet for type I feil ( $\alpha$ , feks 0.05). Her sammenliknes en analytisk og to simulerings-baserte tilnærminger: en monte-carlo metode ved bruk av lognormal fordelinger, og en ved bruk av reperert undermengde-sampling med tilbakelegging (en slags subset-bootstrap).

## Analytisk tilnærming

Kilde: Kapittel 14 i boka "Dose finding in drug development", Neitee Ting, 2006, Springer New York, https://doi.org/10.1007/0-387-33706-7

$$N_1 = rac{(z_{1-lpha}\sigma_0 + z_{1-eta}\sigma_a)^2}{(1+1/r)^{-1}\epsilon^2}$$

Der

- $\epsilon$  er effektstørrelsen (feks forskjell i gjennomsnitt)
- $z_{1-\alpha}$  og  $z_{1-\beta}$  er de kritiske verdiene tilhørende standard normalfordelingen (som brukes pga sentralgrenseteoremet)
- $\sigma$  er standardavviket for de to gruppene
- ullet  $r=n_2/n_1$  er forholdet mellom populasjonsmengdene i gruppene som sammenliknes

```
In [8]: from scipy.stats import norm, lognorm

za = norm.ppf(q=0.975, loc=0, scale=1) # alpha = 0.05 (one-tailed)
zb = norm.ppf(q=0.95, loc=0, scale=1) # beta = 0.10 (-> power = 0.9)
```

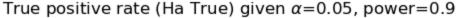
```
\# za = norm.ppf(q=0.95, loc=0, scale=1) \# alpha = 0.05 (two-tailed)
 # zb = norm.ppf(q=0.90, loc=0, scale=1)  # beta = 0.10 (-> power = 0.9)
 # n_func = lambda s0, s1, eps2: np.ceil((s0*za + s1*zb)**2 / eps2)
 n_{\text{func}} = \text{lambda s0}, s1, eps2, r=1: n_{\text{ceil}}((s0*za + s1*zb)**2 / ((1 + 1/r)**(-1) *
 print("Estimert minimum populasjonsstørrelse N_1 (per gruppe?) gitt likt antall obs
 s0, s1, eps2 = np.std(x0), np.std(x1), (np.mean(x0)-np.mean(x1))**2
 print("\toriginal data: N = ", n_func(s0, s1, eps2))
 s0, s1, eps2 = np.std(np.log(x0)), np.std(np.log(x1)), (np.mean(np.log(x0))-np.mean
 print("\tlog-transformert data: N = ", n_func(s0, s1, eps2))
 r = len(x0) / len(x1)
 print(f"\nGitt samme forholdstall mellom respondere / ikke-respondere som i Hebert
 s0, s1, eps2 = np.std(x0), np.std(x1), (np.mean(x0)-np.mean(x1))**2
 print("\toriginal data: N = ", n_func(s0, s1, eps2, r))
 s0, s1, eps2 = np.std(np.log(x0)), np.std(np.log(x1)), (np.mean(np.log(x0))-np.mean
 print("\tlog-transformert data: N = ", n_func(s0, s1, eps2, r))
 # TODO: bruke underliggende gaussisk kurve til log-normal tilpasning i estimat?
 # Get log-norm parameters from fit
 # p0, p1 = fit_and_draw_lognorms(x0, x1, return_params=True, verbose=False, evaluat
 # x_sim0, x_sim1 = fit_and_draw_lognorms(x0, x1, Ndraw=10000, return_params=False,
 \# s0, s1 = p0[0], p1[0] \# sd -> same for underlying gaussian?
 # lc0, lc1 = p0[1], p1[1] # location (shift) parameter
 \# sc0, sc1 = p0[2], p1[2] \# scale parameter = exp(mean) of gaussian
 # mu0, mu1 = np.log(sc0), np.log(sc1)
 # print("Mean in Log-norm space:", Lognorm.mean(*p0), Lognorm.mean(*p1))
 # print(np.exp(mu0 + s0**2/2) + lc0, np.exp(mu1 + s1**2/2) + lc1) # = means of log-
 # print("Mean of gaussian:", end=" ")
 # print(np.mean(np.log(x0)), np.mean(np.log(x1)))
 # print(np.log(sc0 + lc0), np.log(sc1 + lc1))
Estimert minimum populasjonsstørrelse N_1 (per gruppe?) gitt likt antall observasjon
er per gruppe
        original data: N = 39.0
        log-transformert data: N = 34.0
Gitt samme forholdstall mellom respondere / ikke-respondere som i Hebert et al 2024
(r = 33 / 108 = 0.3)
        original data: N = 82.0
        log-transformert data: N = 72.0
```

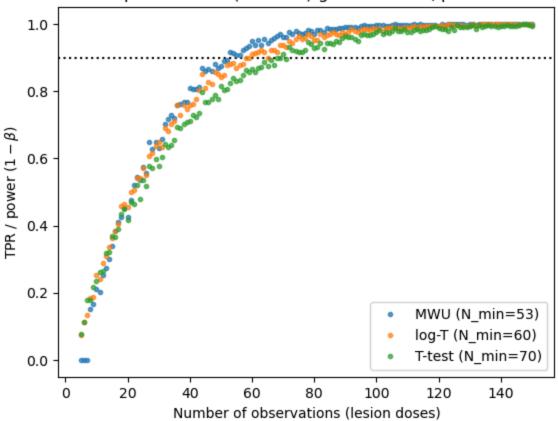
## Monte-carlo simularing av FPR / TPR

```
In [9]: from scipy.stats import lognorm
    savename = f"mc_hebert2024.csv"

# TODO: random subset sampling instead of MC -> does log-statistical test perform e
# TODO: include logistic regression p-value (thresh -> dich outcome -> chisq?)
    p0, p1 = fit_and_draw_lognorms(x0, x1, return_params=True, verbose=False, evaluate=
    monte_carlo_sample_size_calculate(sample_func=lognorm.rvs, params_0=p0, params_1=p1
    monte_carlo_sample_size_analyze_typeII(savename, alpha=0.05, power=0.9)
```

Loaded p-vals: (146000, 5) Calculated TPR: (146, 3)

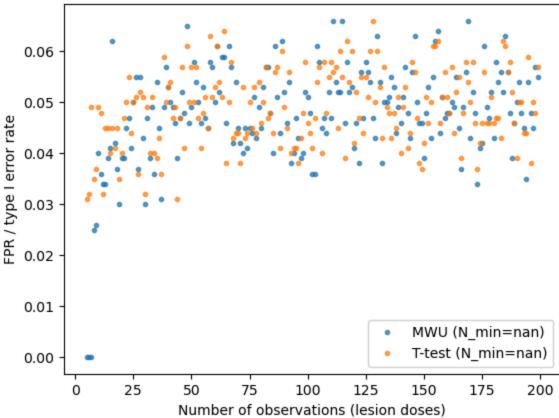




In [10]: savename = f"mc\_hebert2024\_shuff.csv"
 monte\_carlo\_sample\_size\_calculate(sample\_func=lognorm.rvs, params\_0=p0, params\_1=p1
 monte\_carlo\_sample\_size\_analyze\_typeII(savename, alpha=0.05, power=0.9)

Loaded p-vals: (195000, 3) Calculated TPR: (195, 2)





## Repeated subset sampling

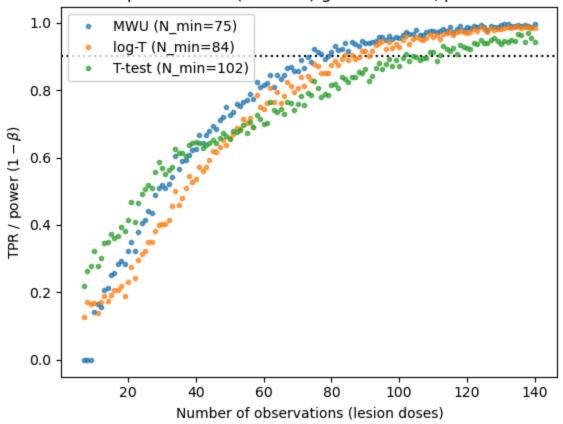
Calculated TPR: (134, 3)

Alternativ simulering uten noe antagelser om eller tilpasninger av distribusjoner, kun bruk av rådata. Trekker en undermengde av orginal data med tilbakelegging (i.e. en slags subset bootstrap), og estimerer TPR som for Monte-carlo simuleringen.

Det ble beregnet to versjoner, der forholdet mellom antallet i hver klasse ble holdt konstant (med stratifisering) og ikke (tilfeldig forholdstall per repetisjon).

```
In [11]: savename = f"rsb_hebert2024_strat=True.csv"
# repeated_bootstrap_samplesize_calculate(x, y, num_repeat=1000, stratify=False, sh
monte_carlo_sample_size_analyze_typeII(savename, alpha=0.05, power=0.9, title=f"Con
savename = f"rsb_hebert2024_strat=False.csv"
# repeated_bootstrap_samplesize_calculate(x, y, num_repeat=1000, stratify=False, sh
monte_carlo_sample_size_analyze_typeII(savename, alpha=0.05, power=0.9, title="Non-
Loaded p-vals: (134000, 4)
```

Constant ratio non-responder to responder (r=0.3) True positive rate (Ha True) given  $\alpha$ =0.05, power=0.9



Loaded p-vals: (131938, 4) Calculated TPR: (136, 3)

Non-constant ratio non-responder to responder True positive rate (Ha True) given  $\alpha$ =0.05, power=0.9

