



Biographie Santé 2018

Session 2 : Panorama des méthodes disponibles en analyse biographique

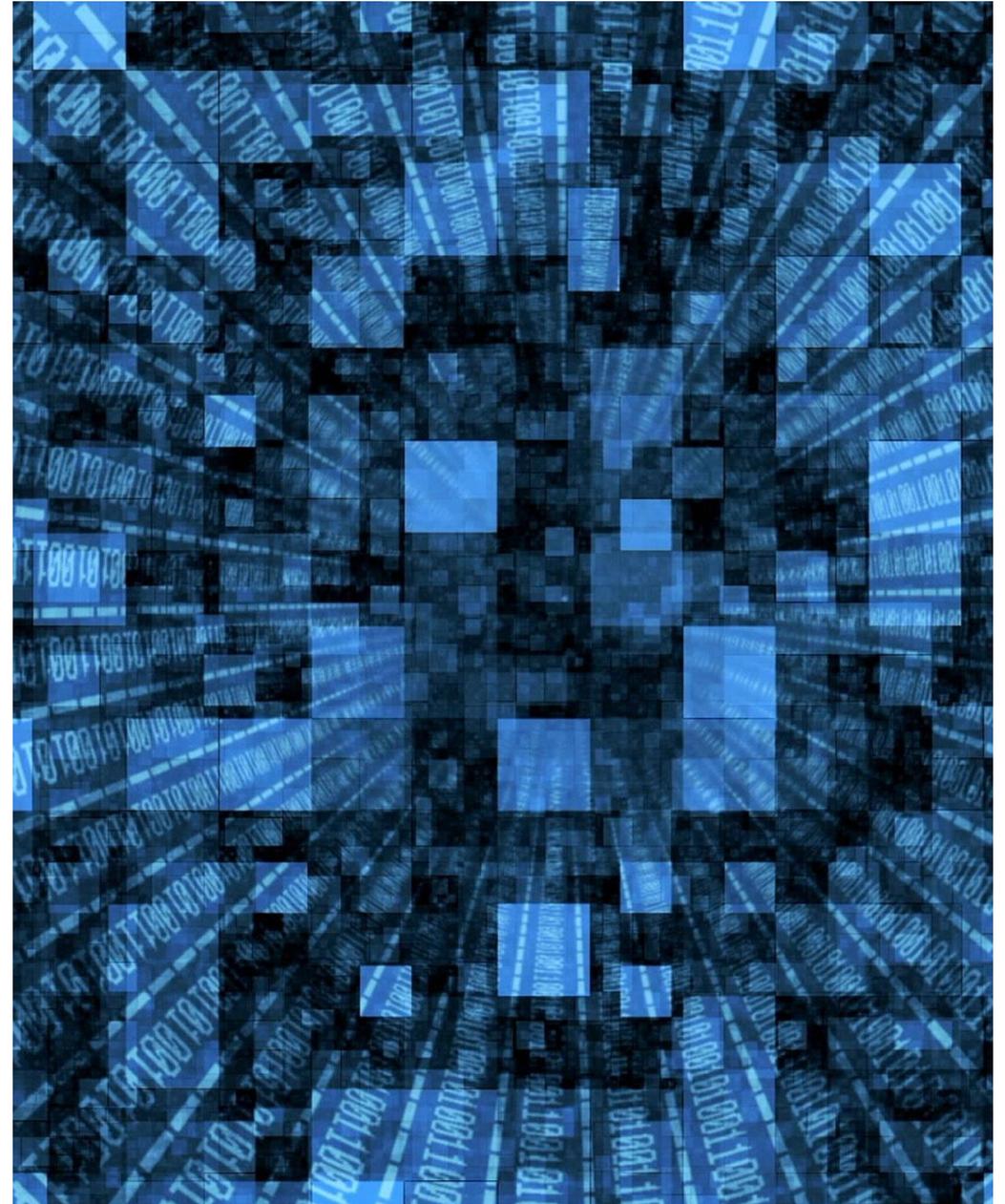
Un même objet biographique sous l'angle de plusieurs approches méthodologiques

Joseph Larmarange

Ceped (Centre Population et Développement)
IRD, Université Paris Descartes, Inserm

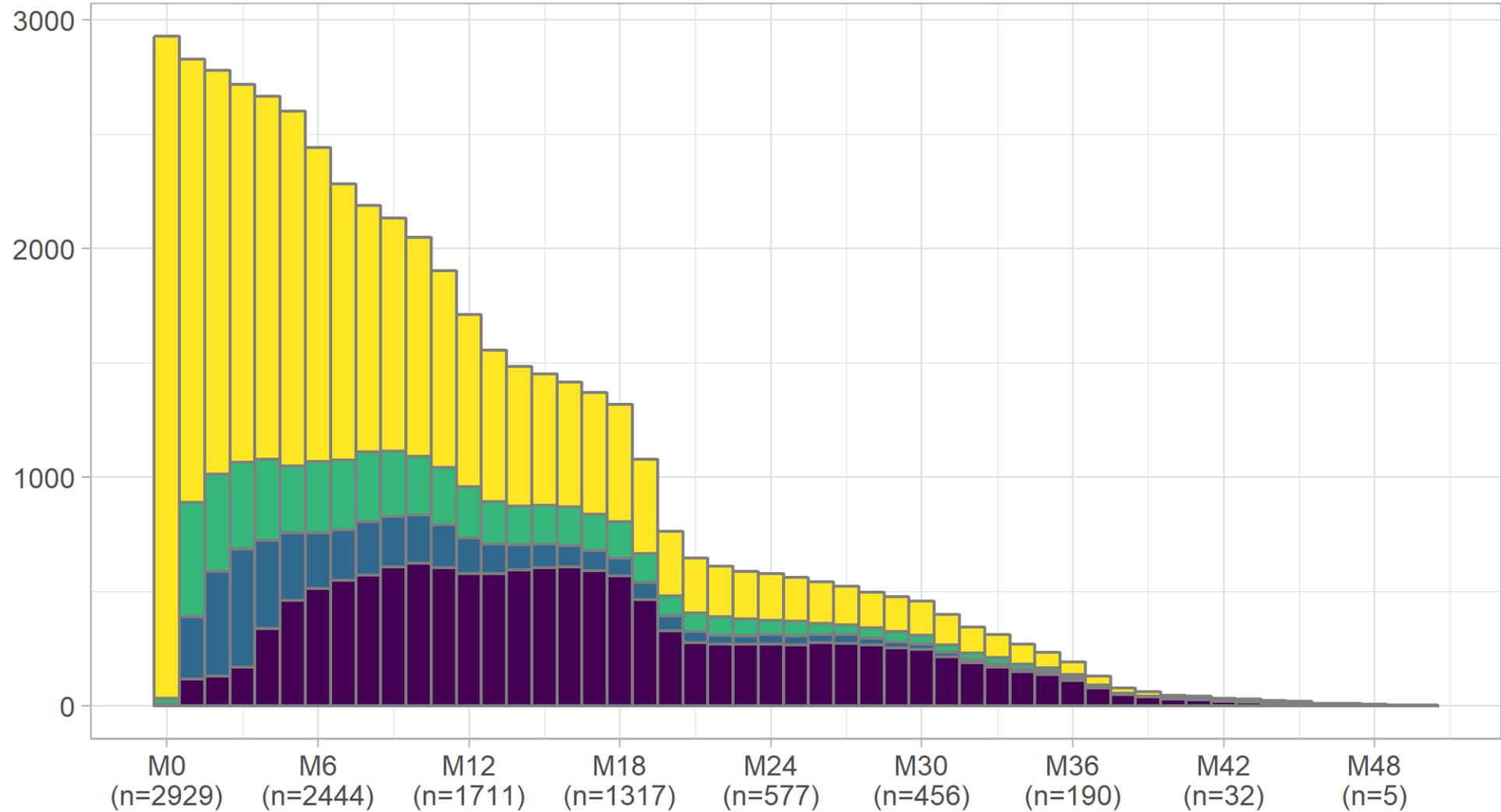
Jeu de données

- > fictif mais construit à partir de données réelles
- > 2929 individus
- > suivis de 1 à 50 mois, à partir du moment où on leur a diagnostiqué une infection à VIH
- > chaque mois est documentée leur situation dans les soins
→ 49 365 points d'observations
- > quelques variables sociodémographiques également disponibles



Analyse descriptive

Distribution du statut dans les soins chaque mois



Statut dans les soins



diagnostiqué, mais pas suivi

suivi, mais pas sous traitement



sous traitement, mais infection non contrôlée

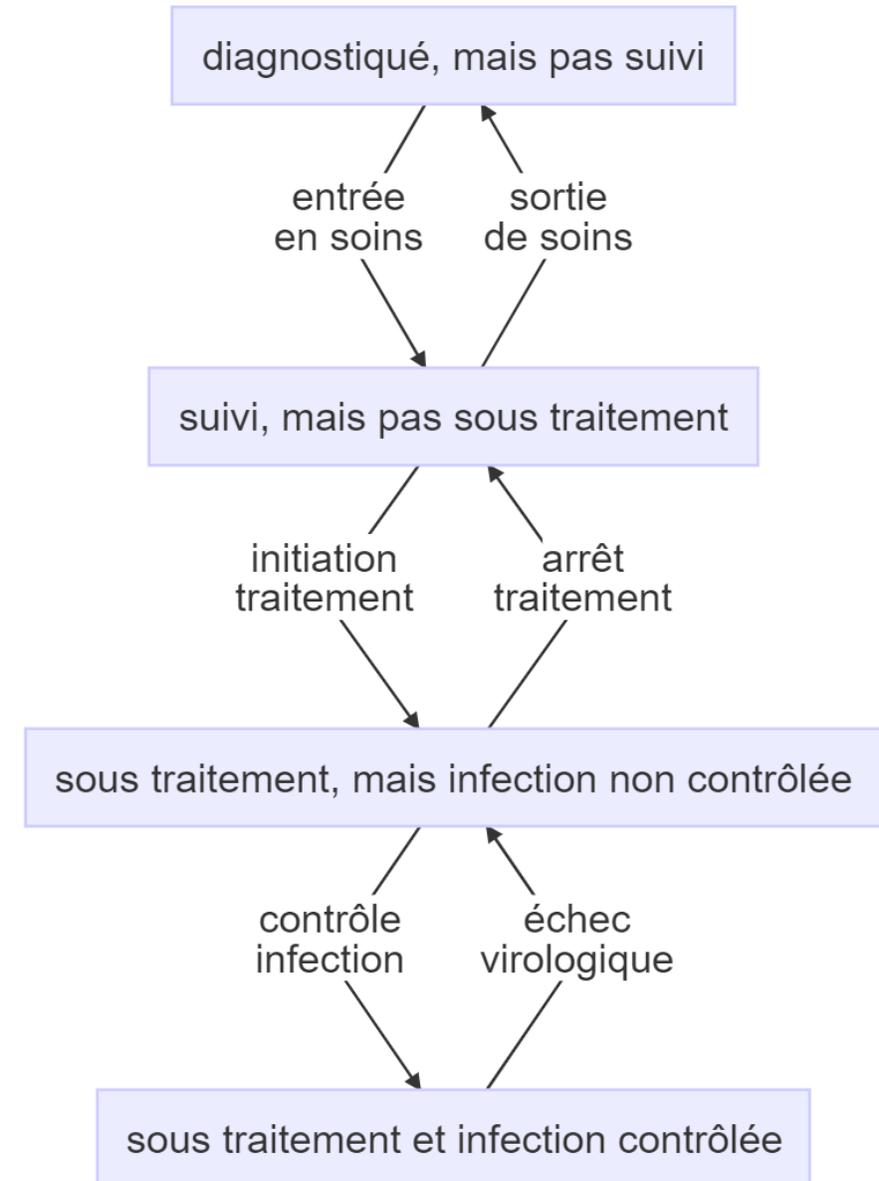


sous traitement et infection contrôlée

Jeu de données

- > fictif mais construit à partir de données réelles
- > 2929 individus
- > suivis de 1 à 50 mois, à partir du moment où on leur a diagnostiqué une infection à VIH
- > chaque mois est documentée leur situation dans les soins
→ 49 365 points d'observations
- > quelques variables sociodémographiques également disponibles

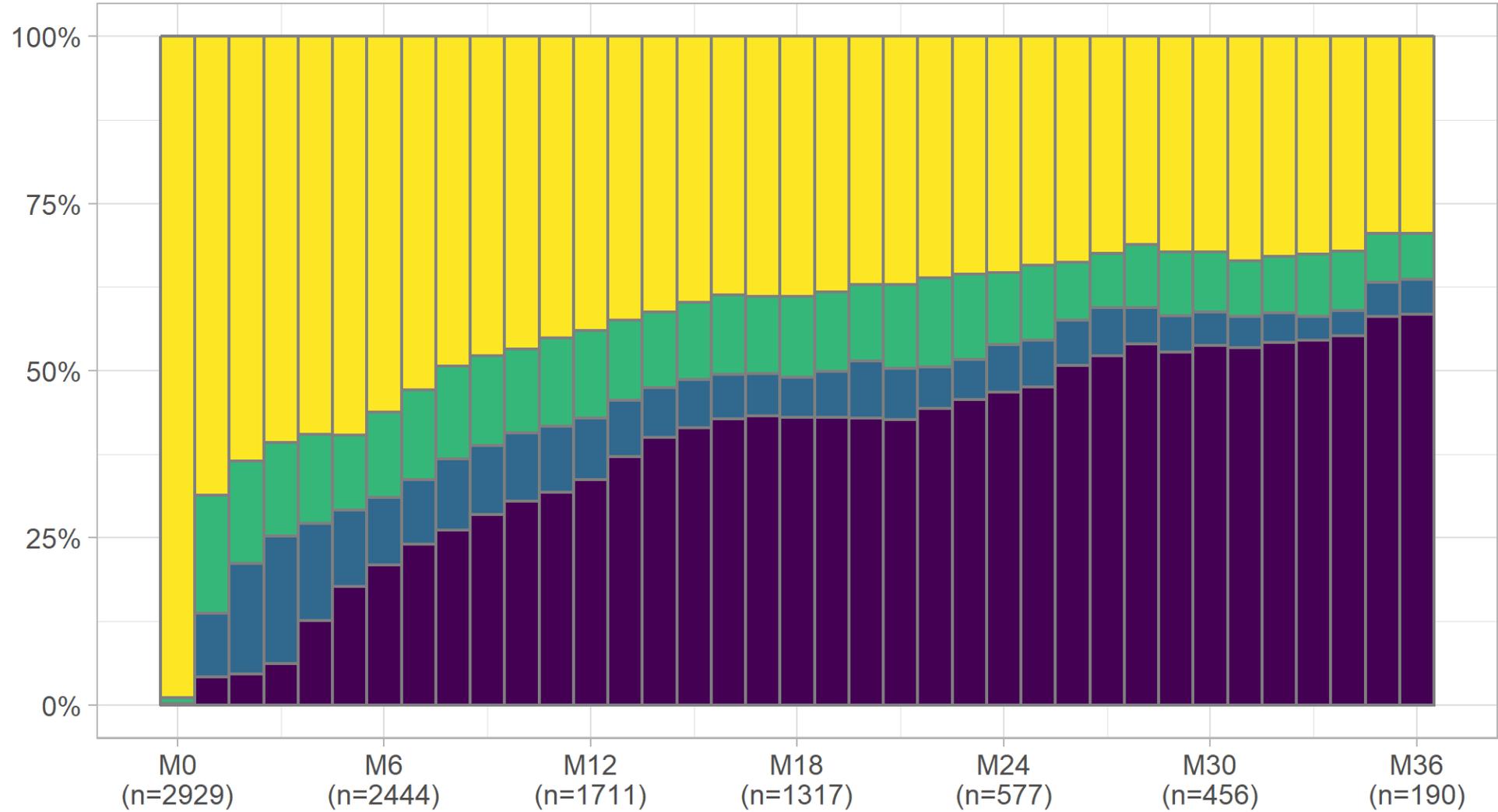
États et Transitions



Cascade des soins observée, selon le temps depuis le diagnostic

Analyse descriptive

La 'cascade' des soins



Statut dans les soins



diagnostiqué, mais pas suivi

suivi, mais pas sous traitement



sous traitement, mais infection non contrôlée

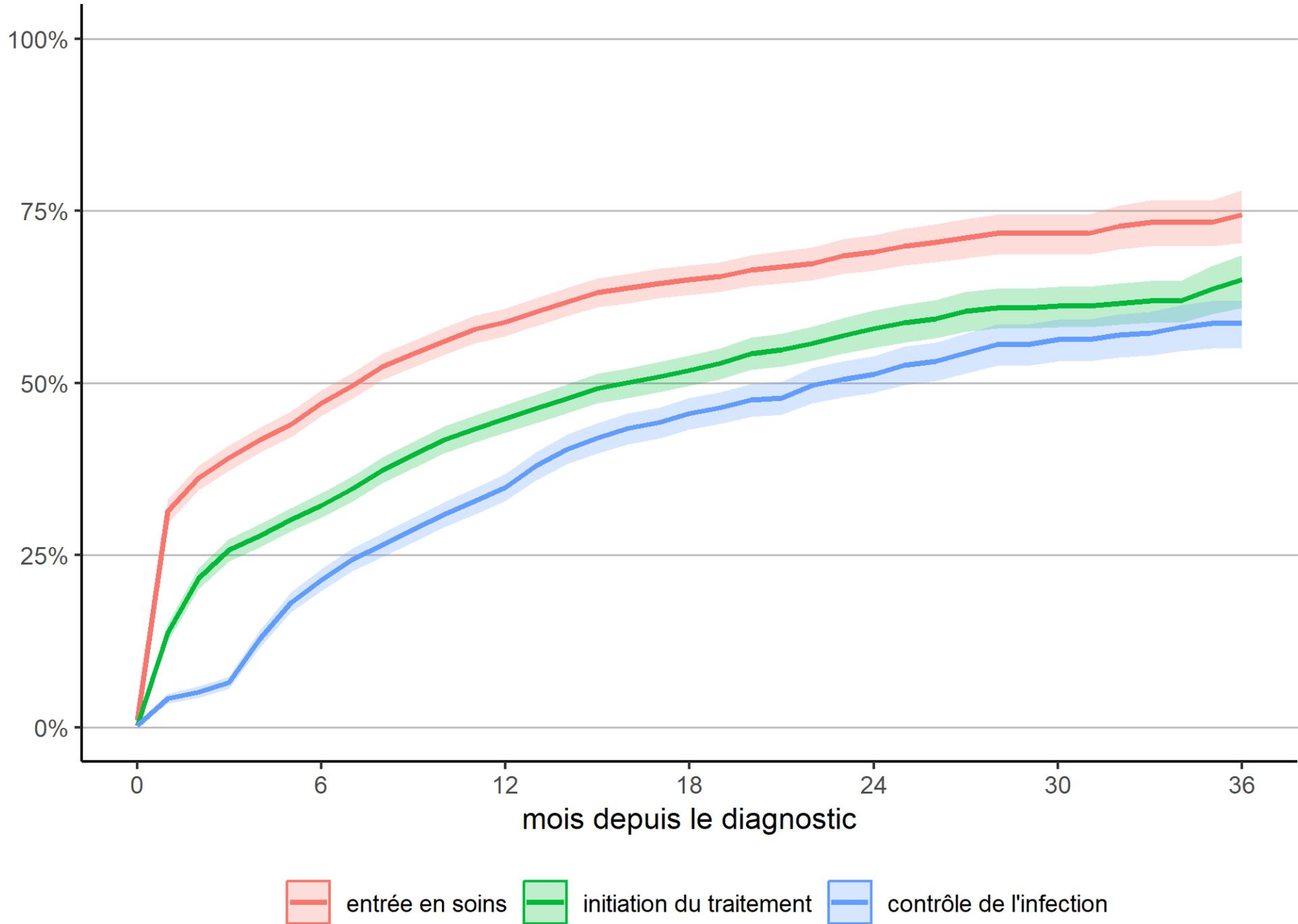
sous traitement et infection contrôlée

Analyse de survie

depuis le diagnostic

Quelle est la durée pour qu'un évènement donné arrive après un évènement origine déterminé ?

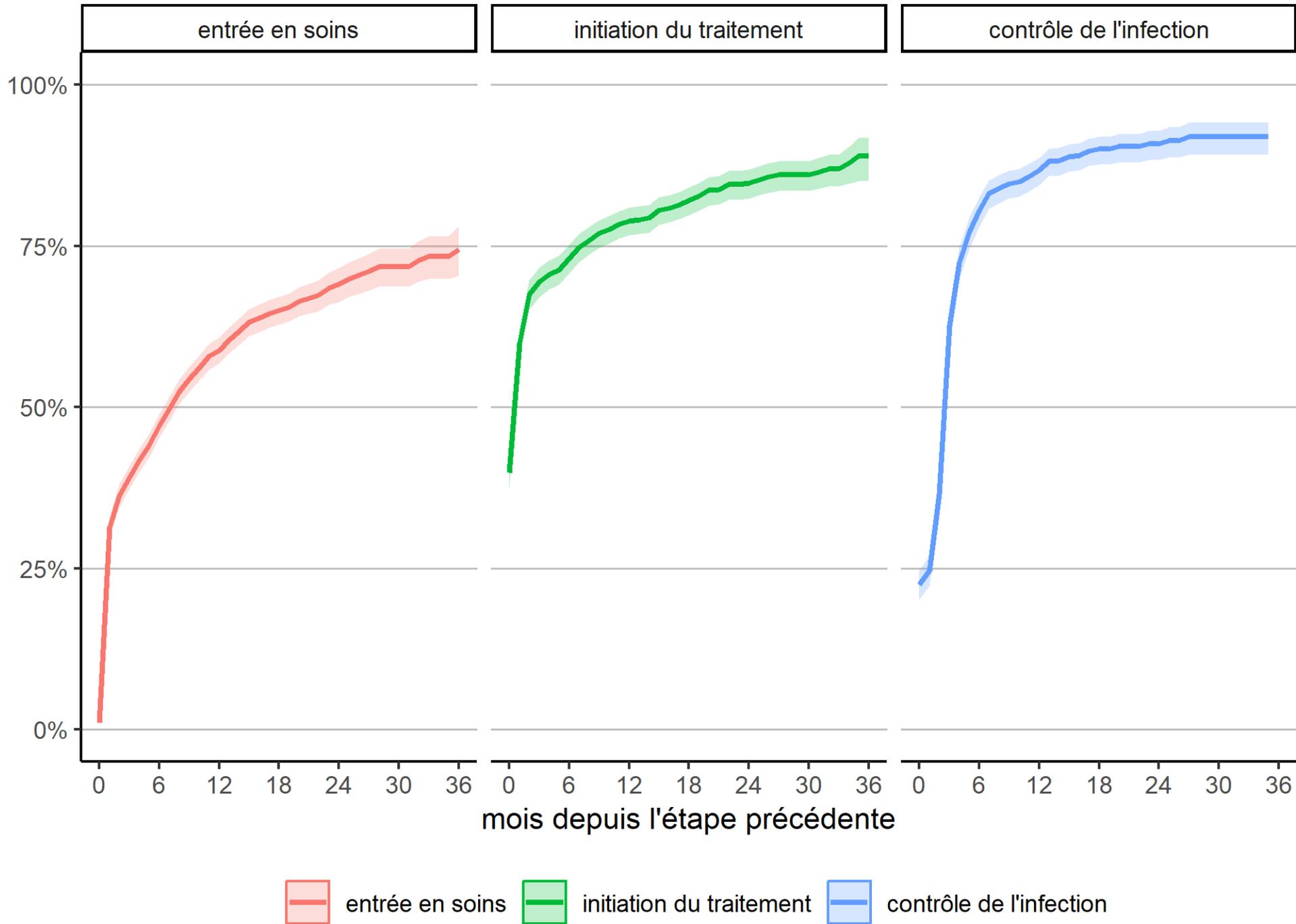
Prise en compte des censures (durées d'observations différentes)



Analyse de survie

depuis la transition précédente

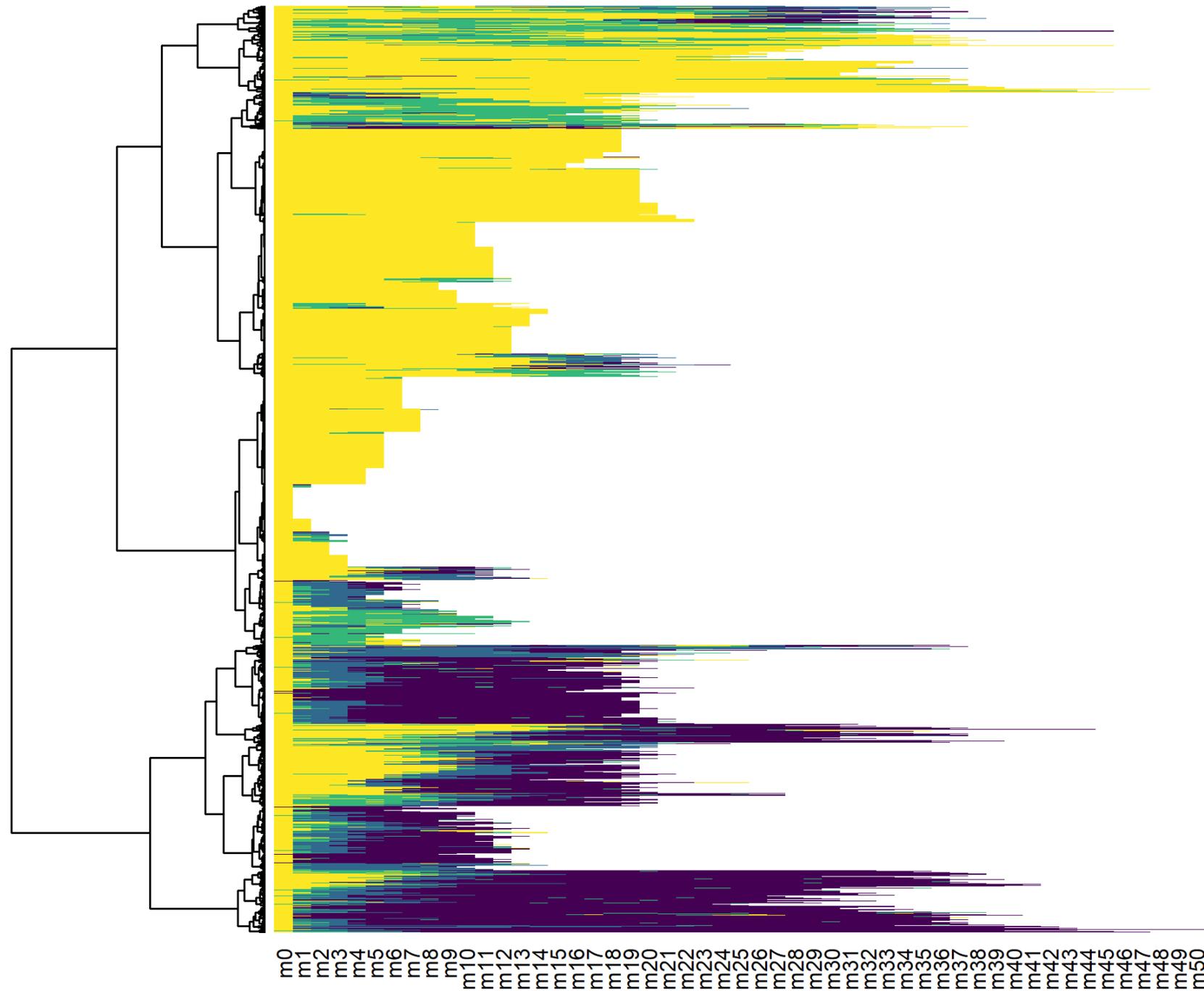
Analyse de survie classique (Kaplan Meier, Cox) peu adaptée pour considérer plusieurs transitions en même temps



Analyse de séquences

optimal
matching
fichier entier

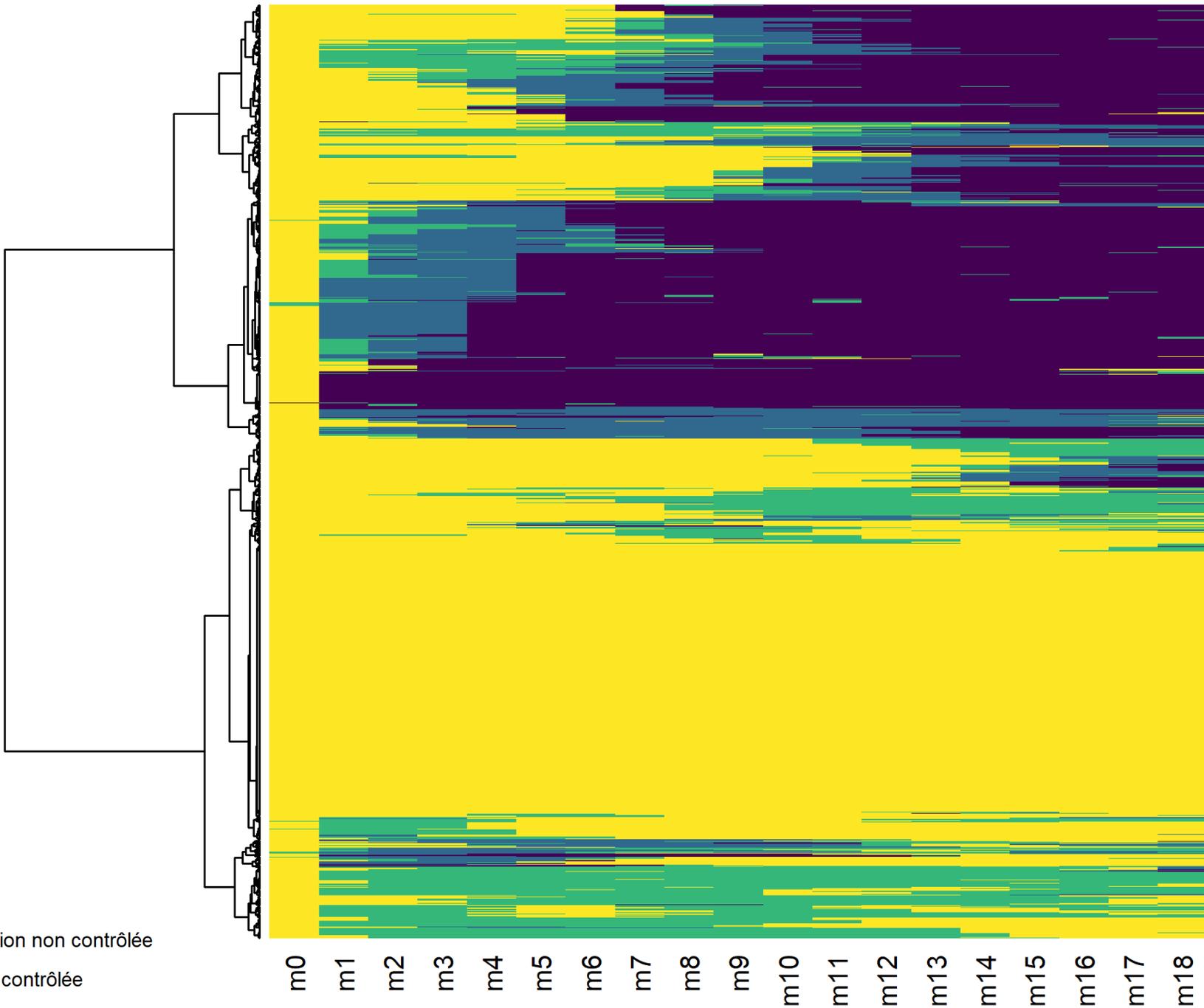
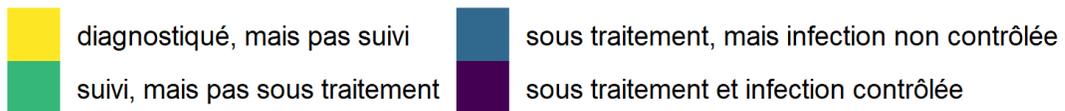
*Sensibilité de
l'optimal matching
à la durée
d'observation
(gestion des
censures)*



Analyse de séquences

optimal matching sur 18 mois

L'analyse de séquences permet de considérer une trajectoire dans sa globalité

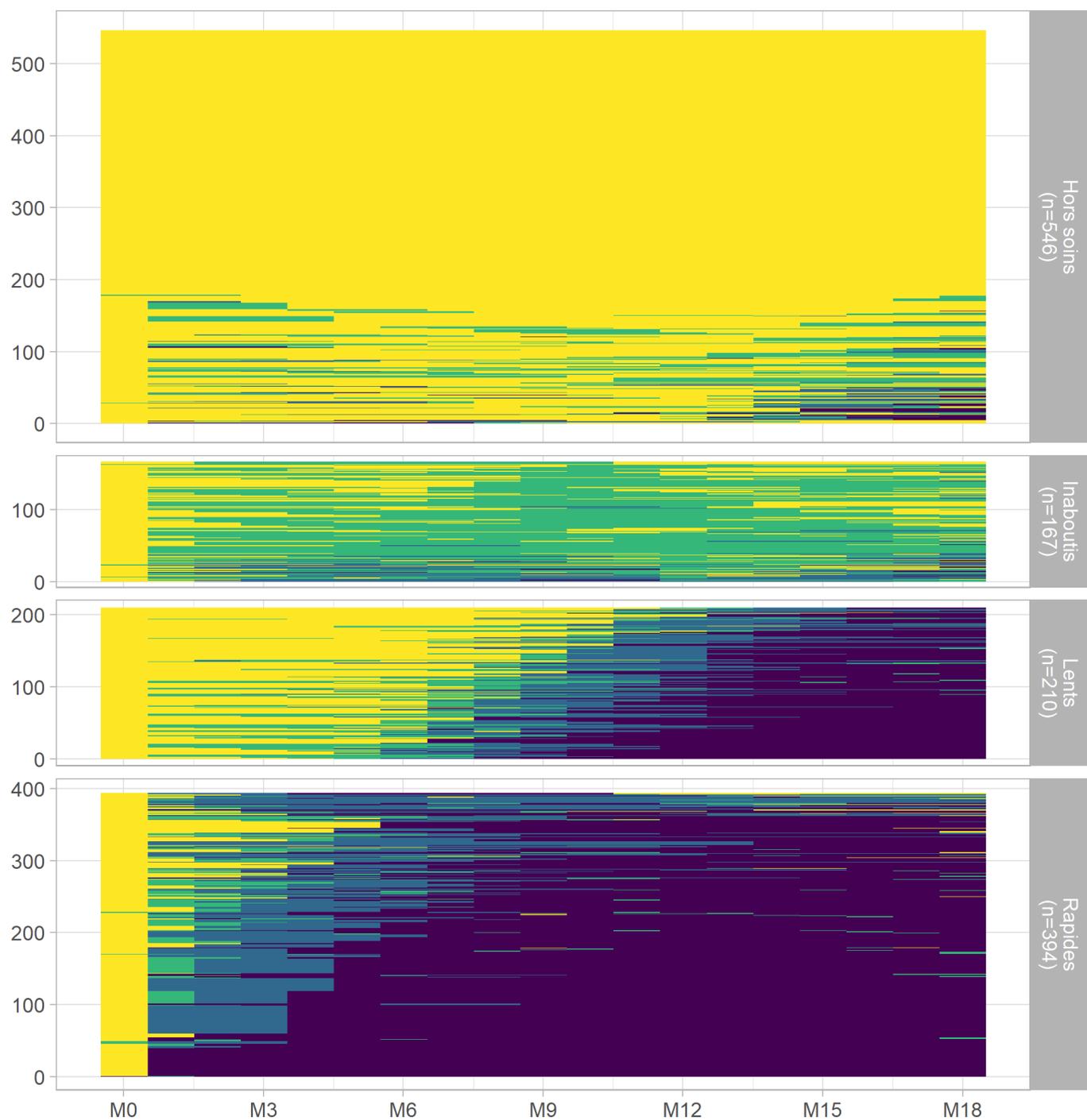
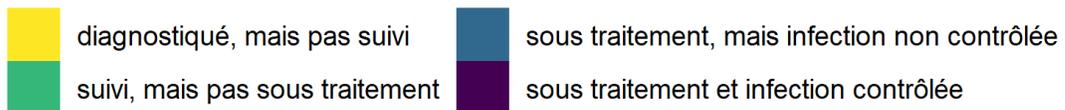


Analyse de séquences

découpage en classes

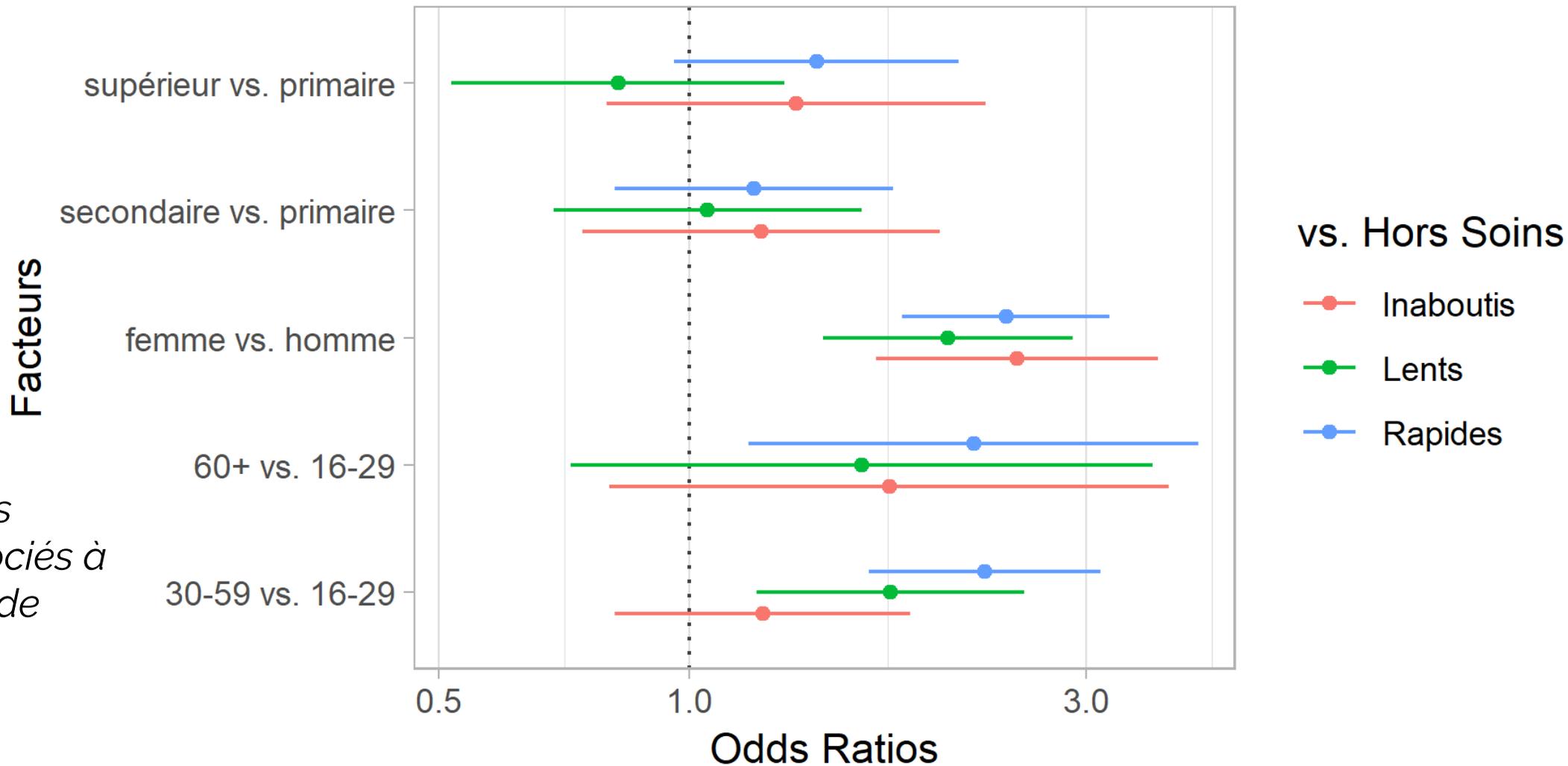
Y a-t-il une typologie de trajectoires qui émerge des données ?

Peut-on isoler des trajectoires idéales-typiques ?



Analyse de séquences

modèle logistique multinomial



Quels sont les facteurs associés à chaque type de trajectoires ?

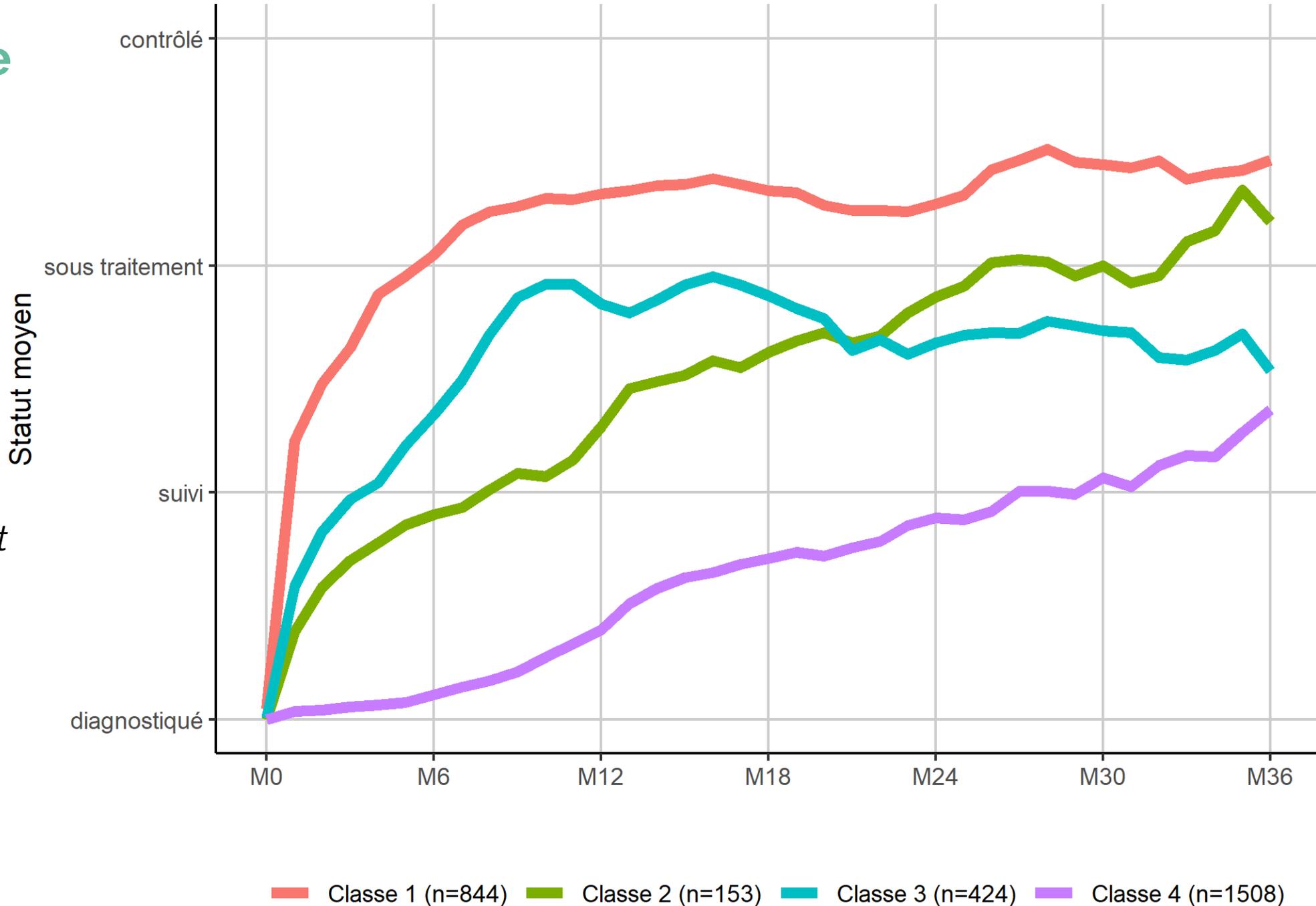
Modèle mixte à classes latentes

identification de classes

Comment évolue une variable d'intérêt au cours du temps ?

Possibilité de prendre en compte les censures

Possibilité d'intégrer des co-variables

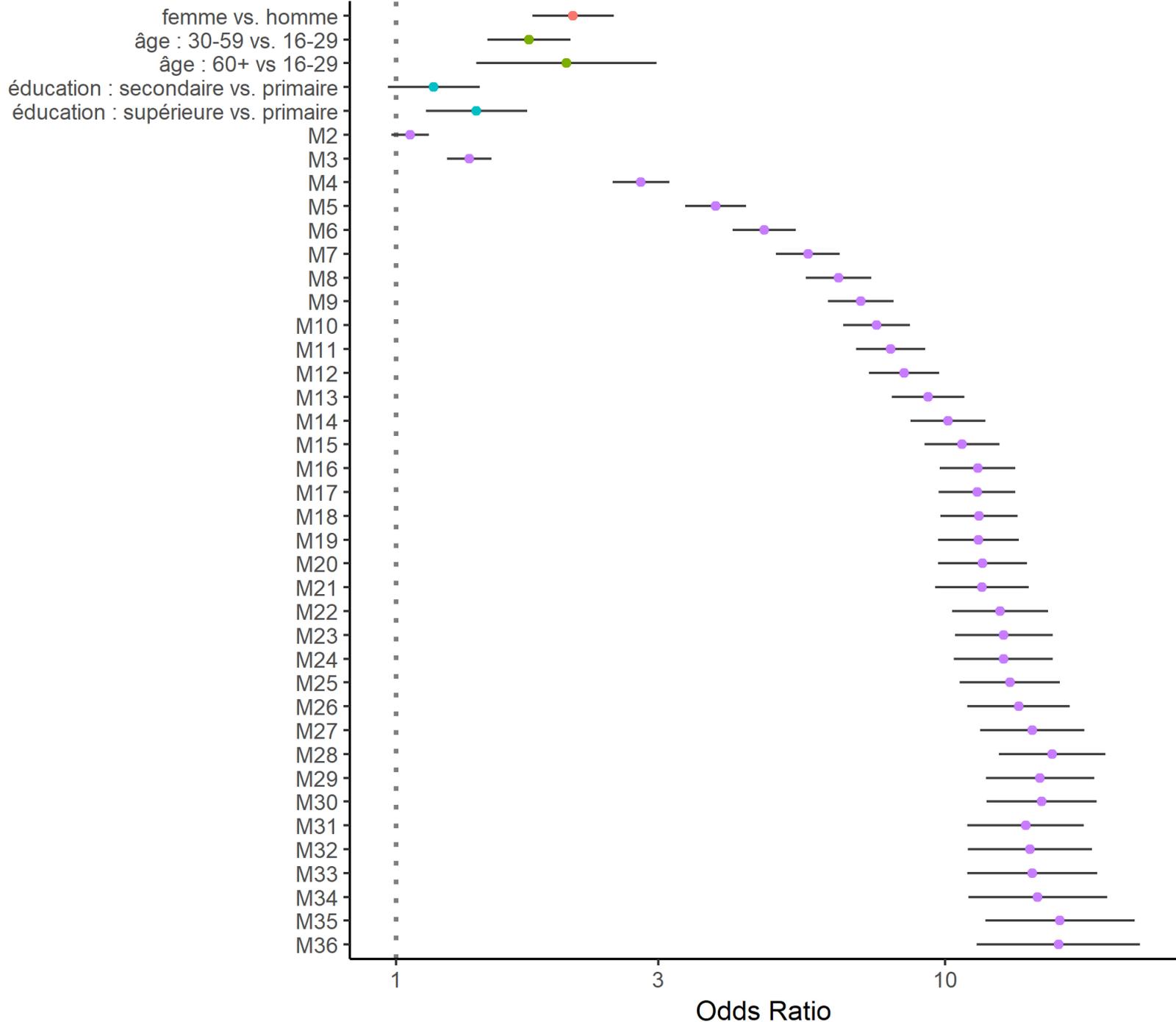


Modèle à observations répétées

modèle ordinal
GEE

Grandes variétés de questions possibles selon la manière dont on spécifie le modèle

En particulier, possibilité d'explorer les interactions avec le temps

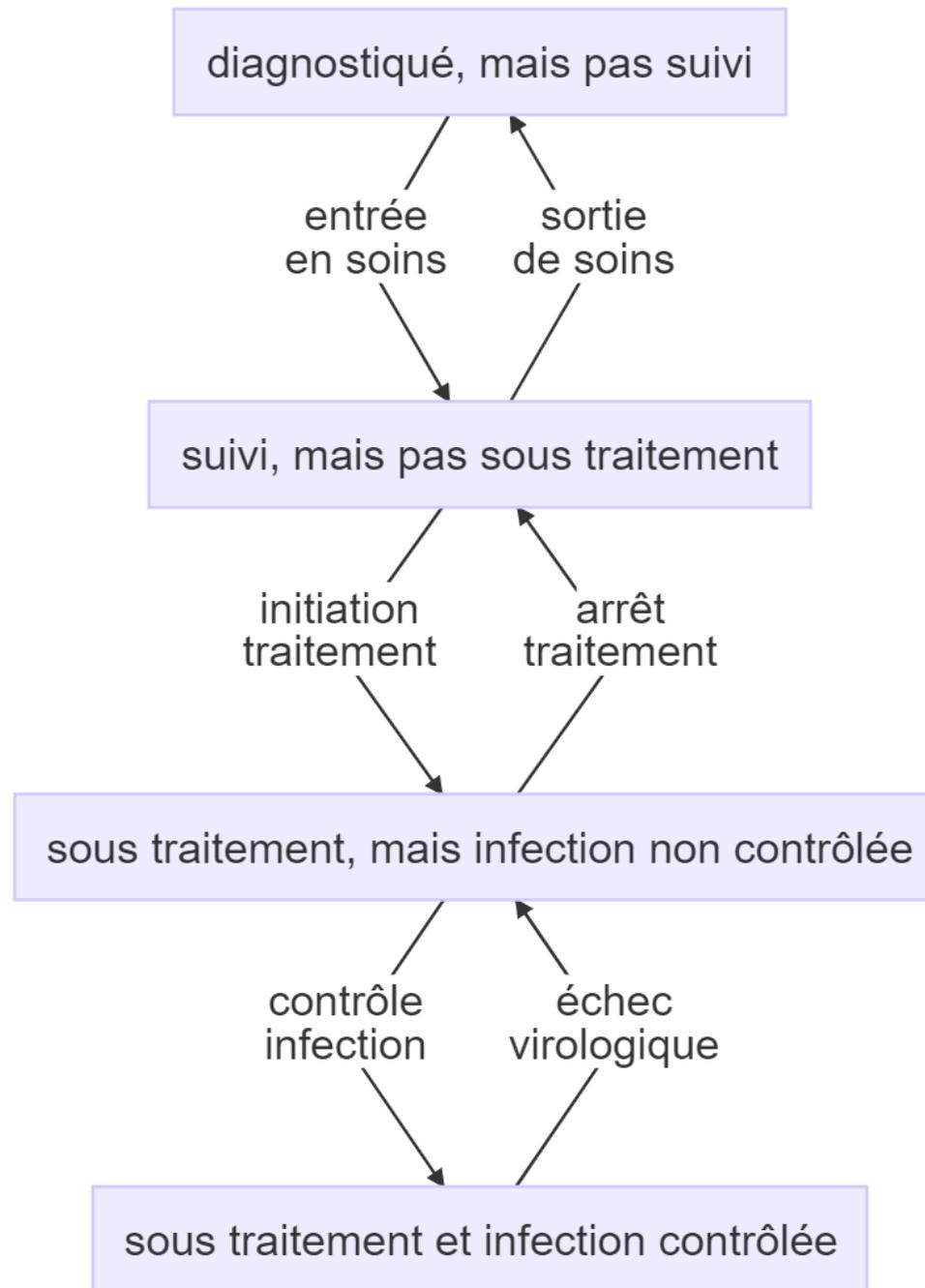


Modèle de survie multi-états

transitions autorisées

Extension des modèles de survie classiques

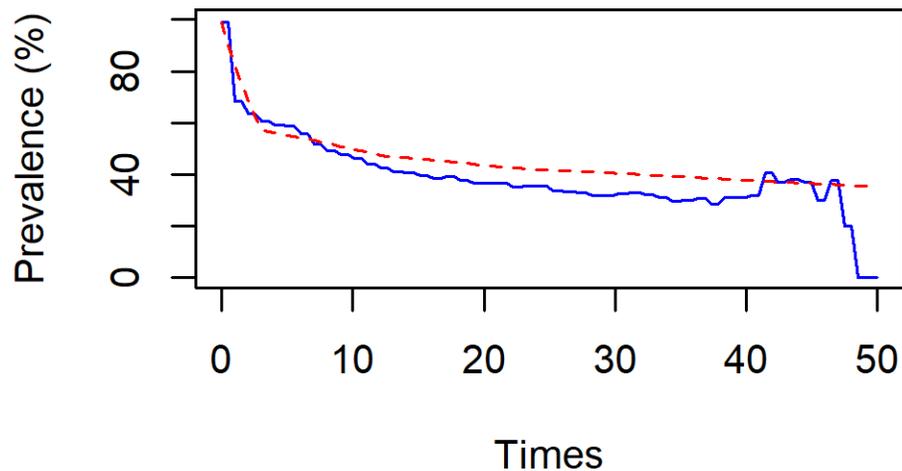
Grande souplesse sur les transitions possibles



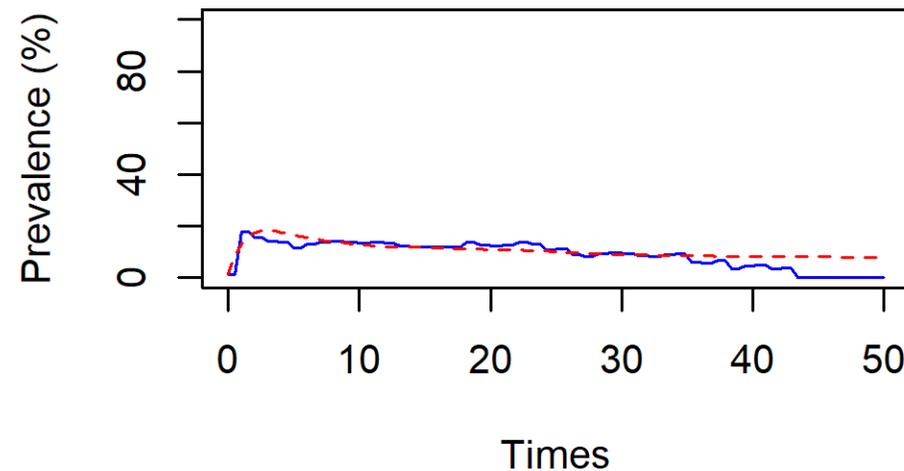
Modèle de survie multi-états

prévalences estimées vs. prévalences observées

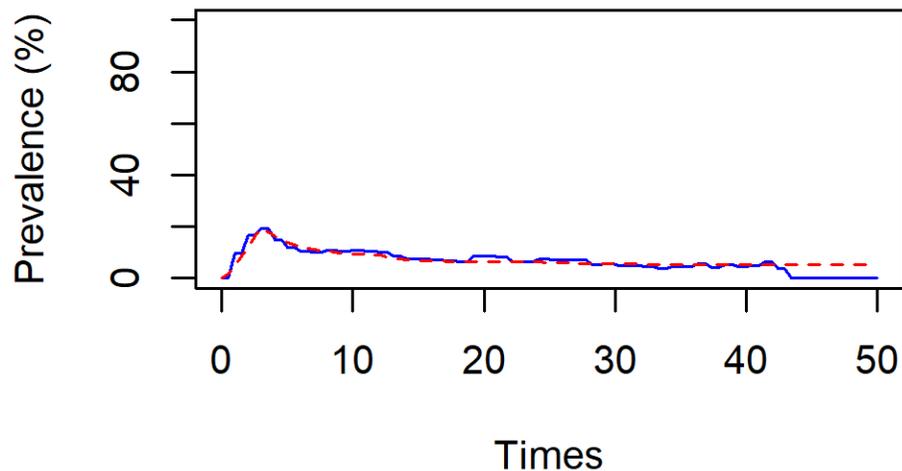
State 1



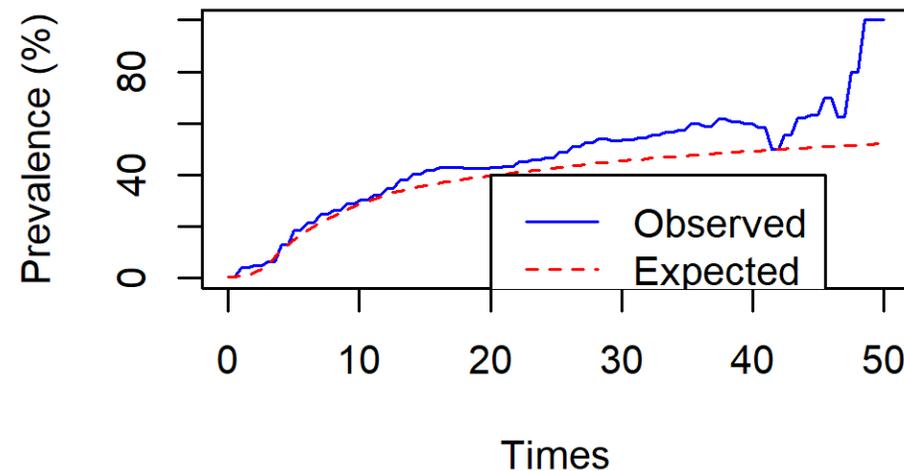
State 2



State 3

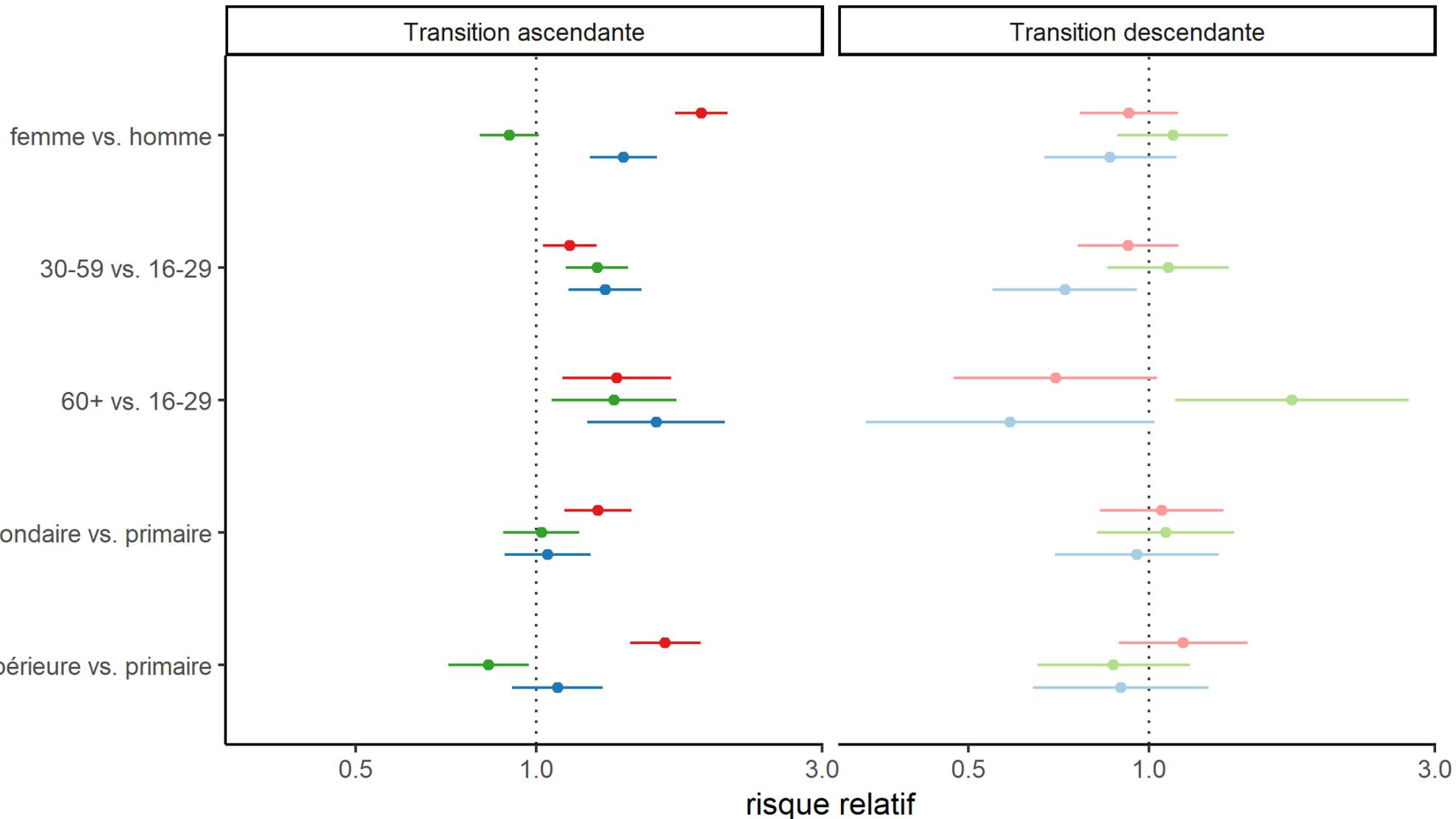


State 4



Modèle de survie multi-états

facteurs



*Séparer les effets
des variables selon
les transitions*

Transition

- entrée en soins
- sortie de soins
- initiation traitement
- arrêt traitement
- contrôle infection
- échec virologique

Discussion

- > Il n'existe pas de « bonne » ou de « mauvaise » méthode
- > Chacune modélise le réel selon un angle différent et dès lors pose une question différente
- > Aux chercheurs d'identifier la ou les bonnes questions à poser et comment croiser les résultats pour mieux appréhender les phénomènes étudiés
- > Le champs des méthodes statistiques biographiques connaît de nombreux développements





MERCI

Retrouvez le détail de ces exemples et le code R correspondant sur

<http://larmarange.github.io/analyse-R/trajec-toires-de-soins.html>