

survivalGPU : Analyses de survie sur cartes graphiques

Alexis van STRAATEN¹ Jean FEYDY² Anne-Sophie JANNOT^{2,3}

¹Assistance Publique-Hôpitaux de Paris (AP-HP), Service d'informatique Médicale, Biostatistiques Et Santé Publique,
Hôpital Européen Georges Pompidou, Paris

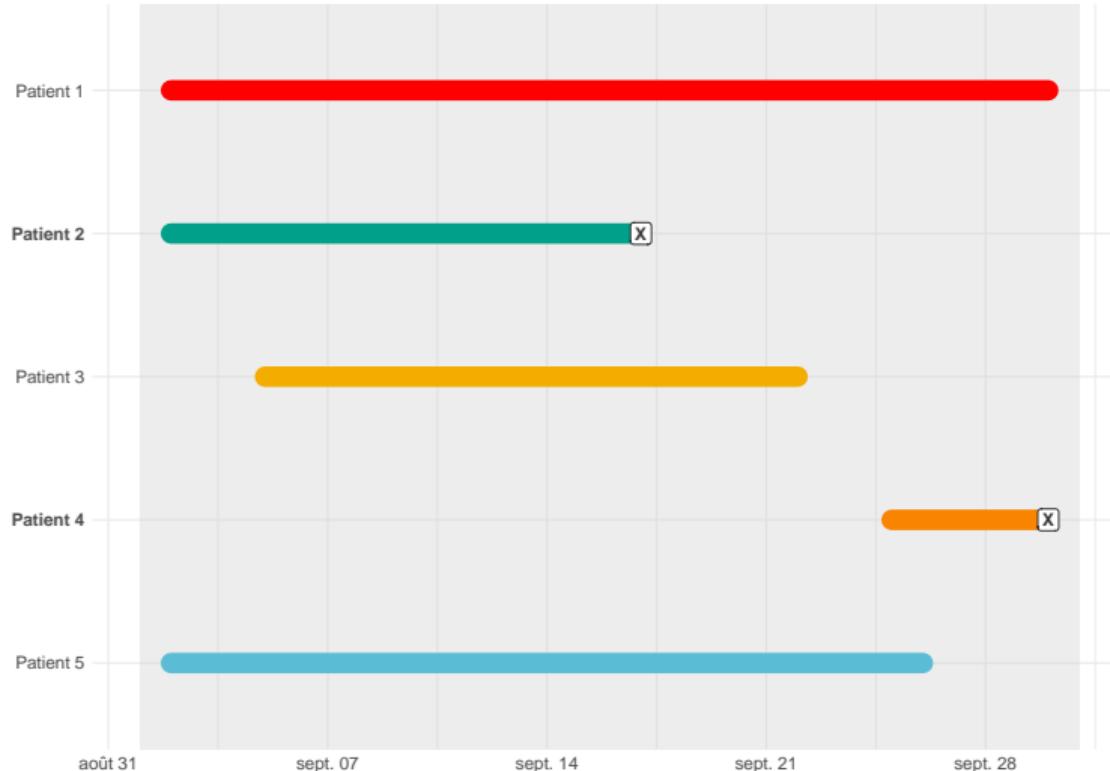
²HeKA, Centre de Recherche des Cordeliers, INSERM, INRIA, Paris

³Cellule opérationnelle de la Banque Nationale de Données Maladies Rares, AP-HP, Paris



Contexte des données censurées

Données avec une fenêtre d'observation qui dépend du patient.



L'analyse de survie

Modèle de régression avec données censurées : Cox (1972)

Implémentation sur R : package survival de Terry Therneau, avec la fonction coxph()

Actuellement dans la recherche médicale:

- ▶ Accès à de larges bases de données de santé.
- ▶ survival est acceptable pour des petites études, mais non utilisable pour des études à grande échelle.

Solution : utiliser les ressources des cartes graphiques.

Objectif : package survival avec support GPU.

survivalGPU

Implémentation de 2 modèles :

- ▶ Cox
- ▶ WCE (Weighted Cumulative Exposure) pour la pharmacovigilance

Plus-values de survivalGPU :

- ▶ Scalable
- ▶ Rapide
- ▶ Gestion des bootstraps
- ▶ Rétro-compatibilité avec survival



Construction de survivalGPU

Etapes de construction du package :

1. Revue du code du package survival
2. Traduction du solveur de Cox (Newton sur fonction convexe) en python avec pytorch pour la compatibilité avec les cartes graphiques Nvidia
3. Construction du package R avec les fonctions python en utilisant reticulate
4. Tests unitaires : reprise des tests de survival et résultats identiques entre survival et survivalGPU (en cours)

Tests unitaires

Exemple d'un test unitaire dans survival

```
test3 <- data.frame(futime=1:12,
                     fustat=c(1,0,1,0,1,0,0,0,0,0,0,0),
                     x1=rep(0:1,6),
                     x2=c(rep(0,6), rep(1,6)))
test3
futime fustat x1 x2
1      1       1  0  0
2      2       0  1  0
3      3       1  0  0
4      4       0  1  0
5      5       1  0  0
6      6       0  1  0
7      7       0  0  1
8      8       0  1  1
9      9       0  0  1
10    10      0  1  1
11    11      0  0  1
12    12      0  1  1

library(survival)
fit3 <- coxph(Surv(futime, fustat) ~ x1 + x2, test3, iter=25)

# Actual solution
# time 1, 12 at risk, 3 each of x1/x2 = 00, 01, 10, 11
# time 2, 10 at risk,           2, 3, 2 , 3
# time 5, 8  at risk,          1, 3, 1, 3
# Let r1 = exp(beta1), r2= exp(beta2)
# loglik = -log(3 + 3r1 + 3r2 + 3 r1*r2) - log(2 + 2r1 + 3r2 + 3 r1*r2) -
#           log(1 + r1 + 3r2 + 3 r1*r2)

true <- function(beta) {
  r1 <- exp(beta[1])
  r2 <- exp(beta[2])
  loglik <- -log(3*(1+ r1+ r2+ r1*r2)) - log(2+ 2*r1 + 3*r2 + 3*r1*r2) -
    log(1 + r1 + 3*r2 + 3*r1*r2)
  loglik
}

paste("log vraisemblance avec coxph() :", round(fit3$loglik[2], 3))
[1] "log vraisemblance avec coxph() : -1.792"
paste("log vraisemblance avec true()  :", round(true(fit3$coef), 3))
[1] "log vraisemblance avec true()  : -1.792"
```

Applications avec le jeu de données synthétique drugdata

Exemples et tests avec WCE::drugdata

```
library(WCE)
drugdata[43:53,]
```

| | Id | Event | Start | Stop | sex | age | dose |
|-----|----|-------|-------|------|-----|-----|------|
| 43 | 1 | 0 | 42 | 43 | 1 | 40 | 2.5 |
| 44 | 1 | 0 | 43 | 44 | 1 | 40 | 2.5 |
| 45 | 1 | 0 | 44 | 45 | 1 | 40 | 2.5 |
| 46 | 1 | 0 | 45 | 46 | 1 | 40 | 2.5 |
| 47 | 1 | 0 | 46 | 47 | 1 | 40 | 2.5 |
| 48 | 1 | 0 | 47 | 48 | 1 | 40 | 2.5 |
| 49 | 1 | 1 | 48 | 49 | 1 | 40 | 2.5 |
| 366 | 2 | 0 | 0 | 1 | 0 | 48 | 0.0 |
| 367 | 2 | 0 | 1 | 2 | 0 | 48 | 0.0 |
| 368 | 2 | 0 | 2 | 3 | 0 | 48 | 0.0 |
| 369 | 2 | 0 | 3 | 4 | 0 | 48 | 0.0 |

| Description drugdata | | |
|----------------------|--------|-----------------|
| Nombre de données | | 77 038 |
| Nombre de patients | | 500 |
| Evenements | | 383 (77%) |
| Sexe | Hommes | 365 (73%) |
| | Femmes | 135 (27%) |
| Age | | 40.76 (13.13) |
| Suivi | | 154.08 (101.11) |

mean (sd) for numeric variables
N (%) for categorical variables

Comparaison survival et survivalGPU

```
library(survival)

## Cox model
coxph_model <- coxph(Surv(Start, Stop, Event) ~ dose,
                      data = drugdata)
round(exp(coxph_model$coefficients), 3) # HR (Hazard Ratio)

dose
1.246
```

```
## WCE model
wce_model <- WCE(drugdata, "Cox", nknots = 1, cutoff = 90, id = "Id",
                   event = "Event", start = "Start", stop = "Stop",
                   expos = "dose", covariates = c("sex", "age"))
summary(wce_model)
```

Unconstrained estimated WCE function (Proportional hazards model).***

Estimated coefficients for the covariates:

| | coef | exp(coef) | se(coef) | z | p |
|-----|--------|-----------|----------|--------|--------|
| sex | 0.6876 | 1.9889 | 0.1189 | 5.7849 | 0.0000 |
| age | 0.0116 | 1.0116 | 0.0040 | 2.9097 | 0.0036 |

Partial log-likelihood: -1891.644 BIC: 3824.924

Number of events: 383

Use plot(wce_model) to see the estimated weight function corresponding to this model.

If you report these results, please cite Sylvestre MP, Abrahamowicz M. Flexible Modeling of the Effects of Time-Dependent Exposures on the Hazard. Statistics in Medicine 2009; 28(27):3437-3453.

```
library(survivalGPU)

## Cox model
coxphGPU_model <- coxphGPU(Surv(Start, Stop, Event) ~ dose,
                             data = drugdata)
round(exp(coxphGPU_model$coefficients), 3)

dose
[1,] 1.246
```

```
## WCE model
wceGPU_model <- wceGPU(drugdata, nknots = 1, cutoff = 90, id = "Id",
                        event = "Event", start = "Start", stop = "Stop",
                        expos = "dose", covariates = c("sex", "age"))
summary(wceGPU_model)
```

Estimated coefficients for the covariates :

| | coef | CI 2.5 % | CI 97.5 % | exp(coef) | se(coef) | z | p |
|-----|--------|----------|-----------|-----------|----------|-----|-----------|
| sex | 0.6876 | 0.4546 | 0.9206 | 1.9889 | 0.1189 | 5.8 | 7e-09 *** |
| age | 0.0116 | 0.0038 | 0.0194 | 1.0116 | 0.0040 | 2.9 | 0.004 ** |

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

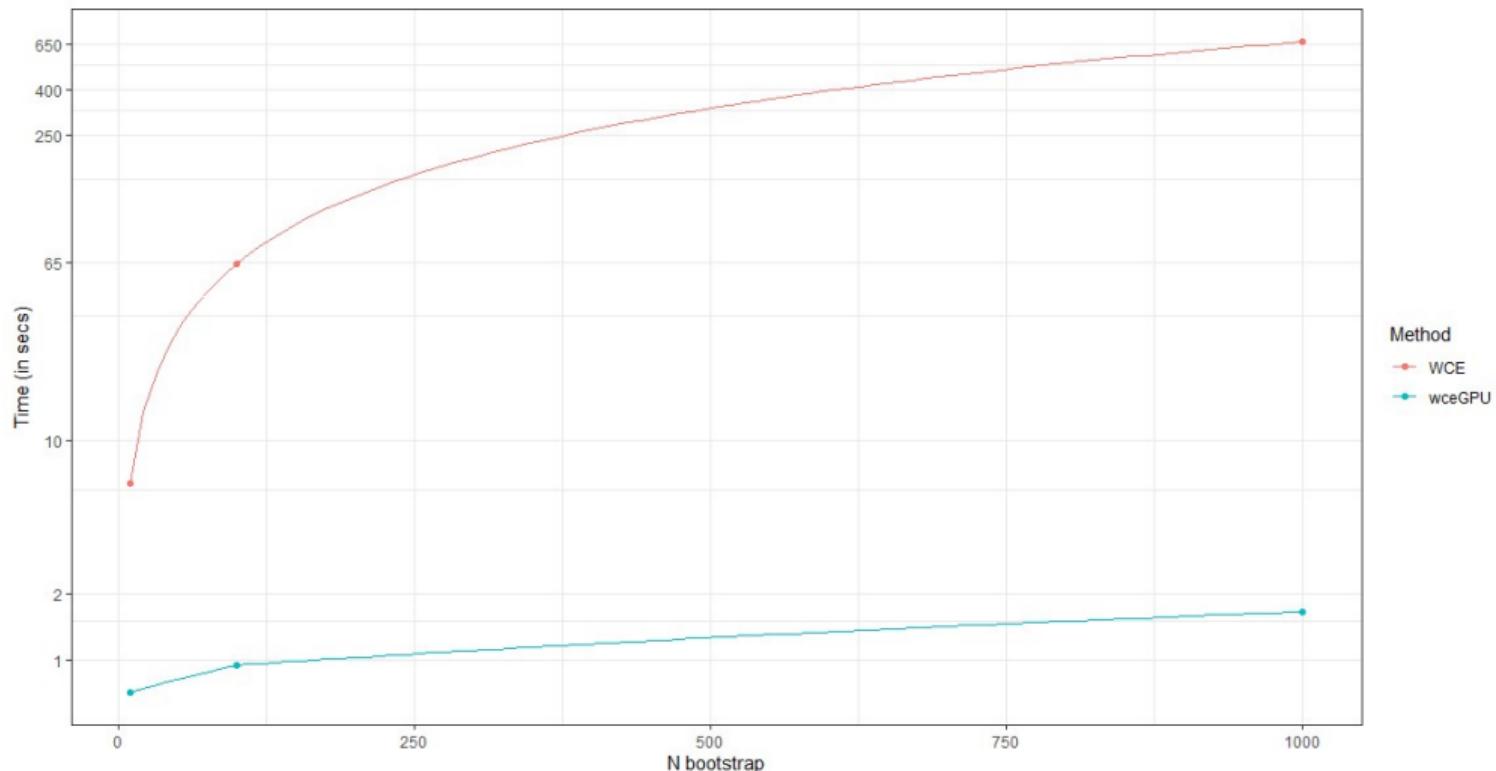
Number of events : 383

Partial log-Likelihoods : -1891.64

BIC : 3824.92

Benchmark du modèle WCE

Benchmark du modèle WCE avec drugdata



Perspectives

- ▶ Implémentation des features de survival, et de nouvelles options tels que les tests de permutation
- ▶ Validation du package à travers des simulations intensives

Package disponible sur Github : <https://github.com/jeanfeydy/survivalGPU>