

Comprobación de las propiedades del Propensity Score y de sus aplicaciones mediante las opciones gráficas de R

Lorea Martínez-Indart,
Unidad de Epidemiología Clínica-CAIBER Hospital Universitario Cruces

Arantza Urkaregi Etxepare,
Dpto Matemática Aplicada, Estadística e I.O. UPV/EHÚ

Jose Ignacio Pijoan Zubizarreta,
Unidad de Epidemiología Clínica Hospital Universitario Cruces-CIBERESP



Introducción

- Diseño óptimo para evaluar el efecto de una intervención: ensayo clínico.
- Práctica habitual: diseños no aleatorizados \Rightarrow sesgo de selección.
- Control del sesgo: Propensity Score.



Caso práctico

- Estimación del efecto de la Intervención Coronaria (ICP) frente a Fibrinólisis en el fallecimiento a los 6 meses.
- Submuestra de datos del registro MASCARA (Manejo del Síndrome Coronario Agudo. Registro Actualizado)

ICP (tratados)	641
Fibrinólisis (no tratados)	1119
Total	1760



Propensity Score

- Probabilidad condicionada de recibir un tratamiento en función de una serie de factores ó covariables.

$$e(x) = pr(z = 1 | x)$$

- Covariables a incluir: las relacionadas con el resultado, estén o no relacionadas con el tratamiento.
- NOTA: reducimos el vector de covariables a un único número.



Utilidad del Propensity Score

- Propiedad: es un score de balanceo. Todas las covariables incluidas en el modelo balanceadas para tratados y no tratados.
- Podemos reproducir un hipotético mecanismo aleatorio de asignación del tratamiento.



Caso práctico

- Cálculo del Propensity Score: librería *nonrandom* de R; comando *pscore*

Variables incluidas en el modelo final de cálculo del Propensity Score N=1760

Sexo

Antecedentes de angina

Antecedentes de AVC

Afectación arteria descendente anterior

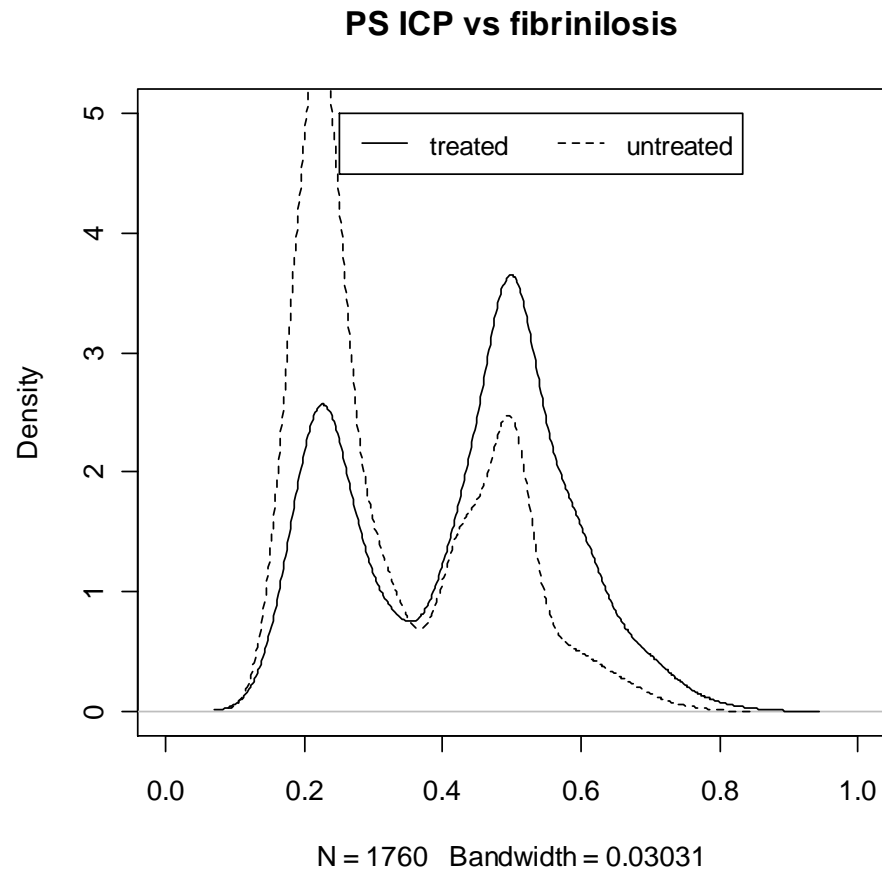
Creatinina >1,4 mg/dl.

Edad (>=65)

```
ICP_ps<- pscore (data=ICP_1760, formula=tratam_num ~desex + angina  
+anteavc_rec+da +creat_berria_rec + edad65)
```

Distribución del PS

```
pscore.plot (object=ICP_ps, main="PS ICP vs fibrinilosis", with.legend=TRUE,  
ylim=c(0,5))
```





Soporte común

- Necesidad de solapamiento
- Soporte común: Se eliminan dos tipos de sujetos
 - no tratados con menor PS que el menor PS de los tratados
 - tratados con mayor PS que el mayor PS de los no tratados

```
ICP_1760sc <- subset(ICP_1760, subset=(tratam=1)&(pscore <= 0.75496))
```




Comprobación de las propiedades del propensity score

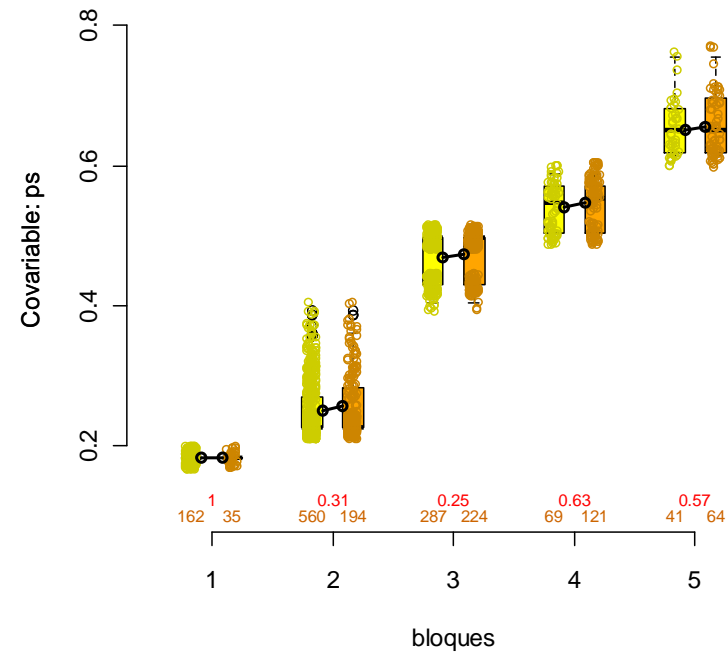
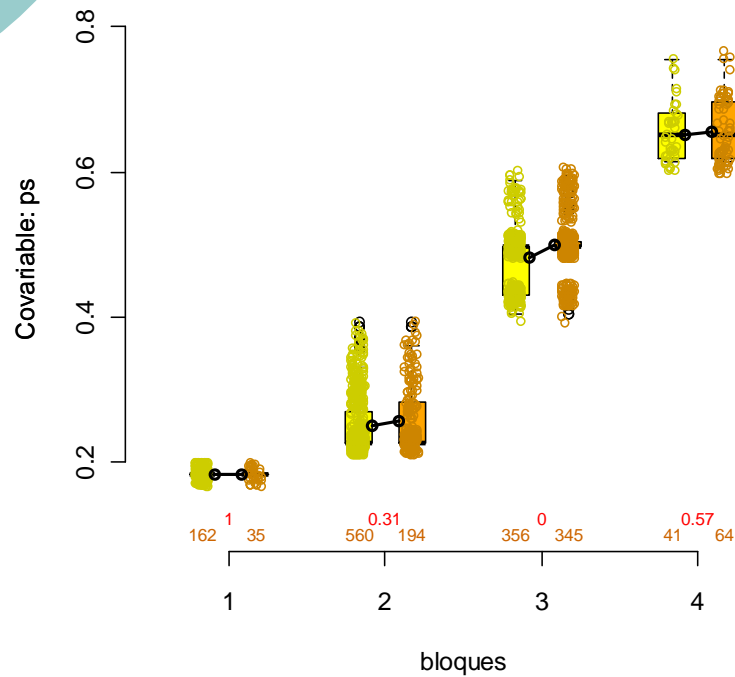
- Dividir PS en 5 bloques de igual rango y estudiar el balanceo del PS entre tratados y no tratados en cada bloque.

```
ps.5 <- cut(ICP_1760sc$pscore, seq(0, 1, 1/5), include.lowest = TRUE,  
labels = FALSE)
```

- Si en algún bloque no se cumple el balanceo se subdivide dicho bloque en 2 de igual rango y así sucesivamente hasta conseguir el balanceo del PS en todos los bloques.

Comprobación gráfica

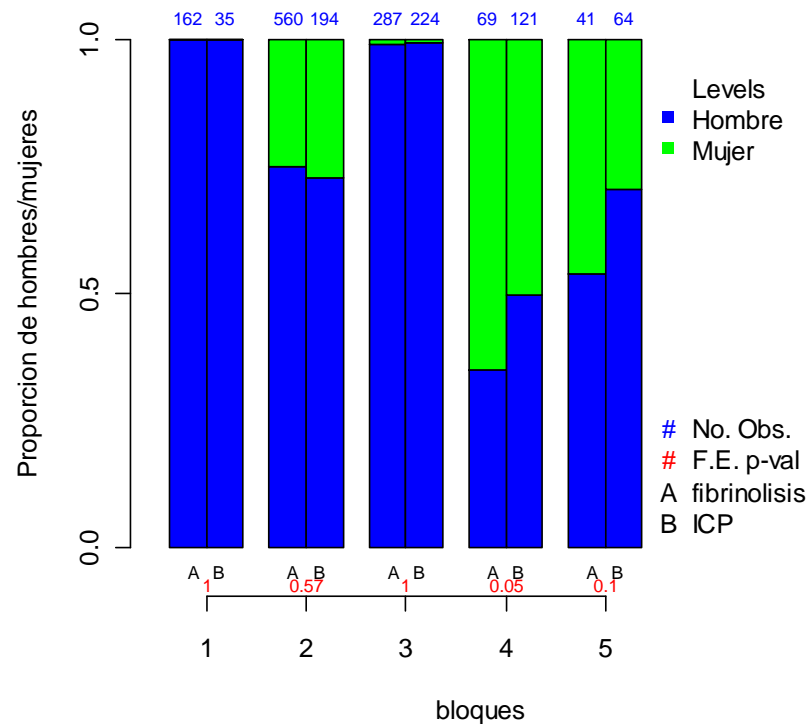
- Librería *PSAgraphics* de R, comando *box.psa*
- `box.psa(ICP_1760sc$pscore, ICP_1760sc$stratam, ps.5, xlab = "bloques", ylab = "Covariable: ps", legend.xy = c(2, 110), balance=TRUE)`



Comprobación del balance de las diferentes variables en los bloques del Índice de Propensión

comando `box.psa`

- `cat.psa(ICP_1760sc$desex, ICP_1760sc$tratam, ICP_1760sc$ps.6, title="sexo", xlab="bloques", ylab="Proporcion de hombres/mujeres", catnames = c("Hombre", "Mujer"), rtmar = 2, catcol=c("blue1", "green"), balance=TRUE, width = 0.37)`





Aplicación del PS: Matching

- Para cada individuo tratado con un PS determinado se selecciona uno o varios con PS similar.
- Diferentes métodos:
 - Vecino más próximo (con y sin reemplazamiento)
 - Caliper
 - Óptimo
 - Exacto



Caso práctico

- Librería *nonrandom*, comando *ps.match*

```
ICP_match1<-ps.match(object=ICP_ps_sc,ratio=1, x=0.25, caliper="logit",  
matched.by="pscore",setseed=38902)
```

- Comprobación estadística del balanceo: comando *ps.balance*

```
ICPmatch_balglobal <-ps.balance(object=ICP_match1, treat="tratam_num",  
sel=c(2,9,14,21,34))
```

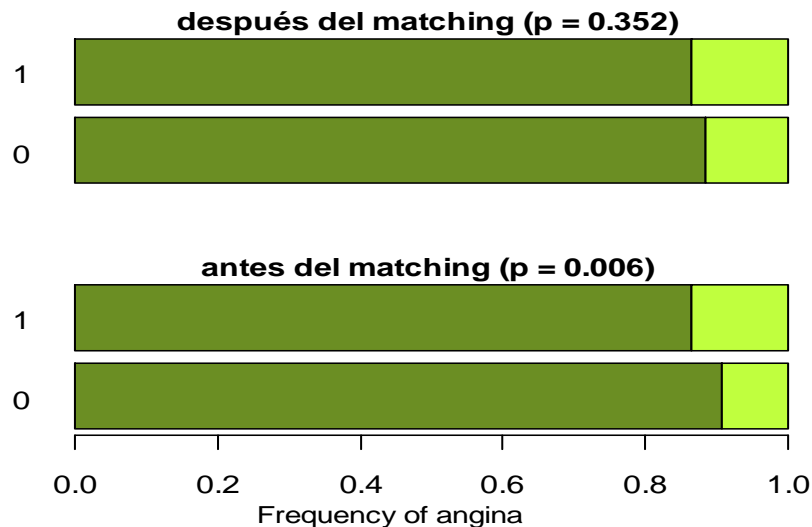
Comprobación gráfica del balanceo después del Matching

- Librería *nonrandom*, comando *dist.plot*

```
ICPmatch_plot8 <- dist.plot(object=ICP_match1,sel=c("angina"),  
plot.type=1,legend.title="antecedentes de angina", compare=TRUE, bar.cex=1,  
main.cex=0.4, legend.cex=1, label.match=c("antes del matching (p = 0.006)",  
"después del matching (p = 0.352)"),col=c("olivedrab","olivedrab1"))
```

antecedentes de angina

■ no consta ■ sí





Aplicación del PS: MatchIt

- La librería *MatchIt* realiza los diferentes métodos de matching

```
ICP_match2<- matchit(tratam_num ~desex + anteavc_rec + angina + da  
+ creat_berria_rec + edad65 , ICP_1760sc, method = "nearest", replace=  
TRUE, distance = "logit", discard = "none", reestimate = FALSE)
```

- Opciones de *method*:
 - "nearest"
 - "exact"
 - "optimal"

Estimación del efecto del tratamiento en la muerte a los 6 meses

	Tratados	No tratados	OR	IC 95%
Efecto crudo	638	1119	1,298	0.952 – 1.771
Matching vecino más próximo sin reemplazamiento	638	638	1.253	0.881 – 1.787
Matching vecino más próximo con reemplazamiento	436	638	1.608	1.065 – 2.471
Matching Caliper	638	638	1,422	0.932 – 2,171
Matching optimal	638	638	1.298	0.911 – 1.857
Matching exact	635	1106	1.310	0.955 – 1.789



Agradecimientos

- Grupo del registro MASCARA
- CIBERESP
- BIOSTATNET

Financiación

Este proyecto ha sido financiado con fondos del Grupo de Investigación en Bioestadística (GIU10/21 - UPV/EHU), del Ciber de Epidemiología y Salud Pública y del CAIBER



cäiber

PLATAFORMA ESPAÑOLA DE
ENSAYOS CLÍNICOS

BioStit



Osakidetza

GURUTZETAKO UNIBERTSITATE OSPITALEA
HOSPITAL UNIVERSITARIO CRUCES



ESKERRIK ASKO
GRACIAS