

Concordance entre 2 méthodes : un exemple

K. Chalvet-Monfray et Marie Laure Delignette-Muller

22 novembre, 2018

Du lactate dans le plasma de chevaux : jeu de données 1

Un étude expérimentale a porté sur les concentrations en lactate (en $mmol.l^{-1}$) mesurées sur 15 chevaux en clinique par deux méthodes différentes TDx et YSI (méthode de référence). On souhaiterait étudier la concordance entre les deux méthodes.

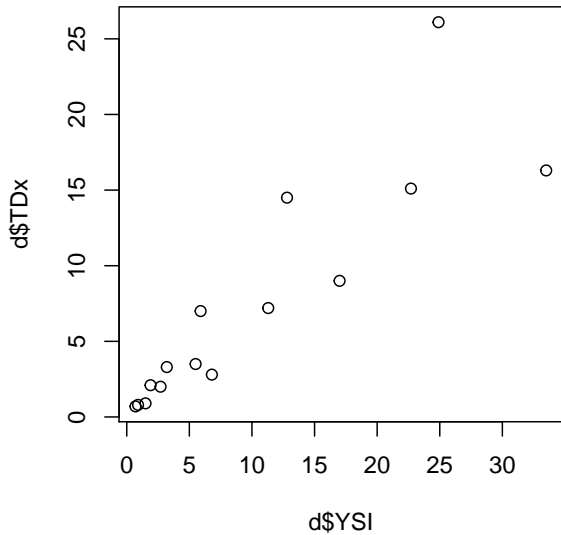
Cf. fichier : "lachors.txt"

```
d <- read.table("lachors.txt", header = T)
str(d)
```

```
## 'data.frame':    15 obs. of  2 variables:
## $ TDx: num  16.3 26.1 15.1 9 14.5 7.2 2.8 7 3.5 3.3 ...
## $ YSI: num  33.5 24.9 22.7 17 12.8 11.3 6.8 5.9 5.5 3.2 ...
```

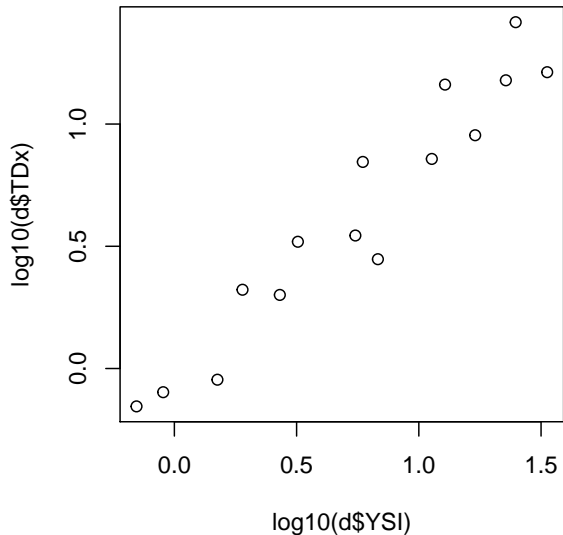
Visualisation de la relation entre les deux variables

```
par(mar = c(5, 4, 0.5, 0.5))  
plot(d$TDx ~ d$YSI)
```



Une transformation logarithmique s'impose ici

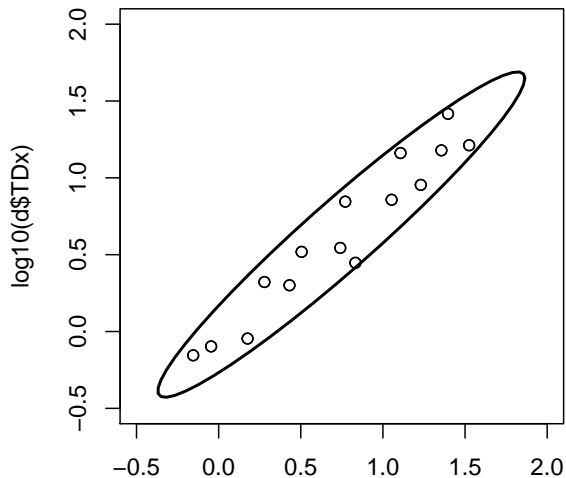
```
par(mar = c(5, 4, 0.5, 0.5))  
plot(log10(d$TDx) ~ log10(d$YSI))
```



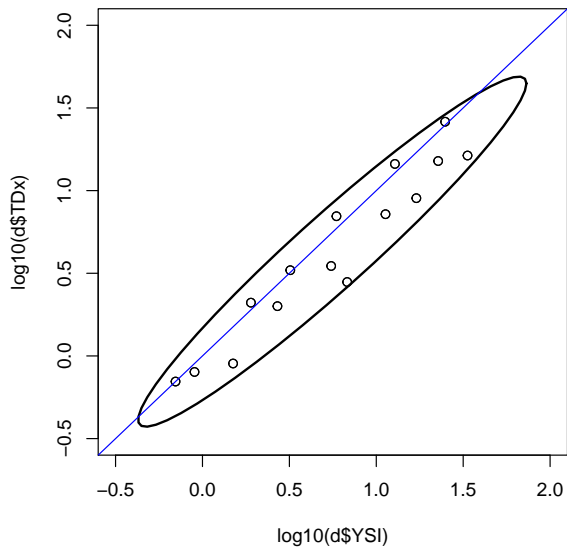
r^2 est proche de 1 ...

```
cor(log10(d$TDx), log10(d$YSI))
```

```
## [1] 0.961
```



mais les points ne sont pas tout à fait sur la droite $y = x$

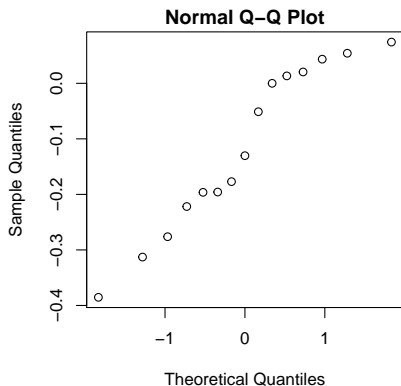
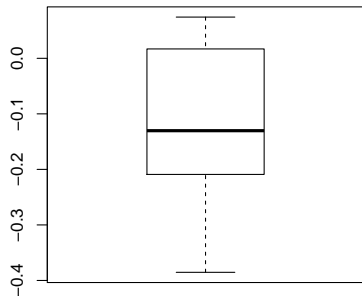


Appliquons la méthode préconisée par Bland et Altman

- ▶ Bland, J. M., & Altman, D. (1986). Statistical methods for assessing agreement between two methods of clinical measurement. *The lancet*, 327(8476), 307-310 (*41620 citations sur scholar google au 21/11/18*).
- ▶ Bland, J. M., & Altman, D. G. (2010). Statistical methods for assessing agreement between two methods of clinical measurement. *International Journal of Nursing Studies*, 47(8), 931-936 (*507 citations sur scholar google au 21/11/18*).

Représentons la distribution des différences entre les 2 méthodes

```
par(mfrow = c(1,2), mar = c(5, 4, 1.5, 0.5))  
d$diff <- log10(d$TDx) - log10(d$YSI)  
boxplot(d$diff); qqnorm(d$diff)
```



Caractérisons les différences entre les 2 méthodes

```
(md <- mean(d$diff))
```

```
## [1] -0.116
```

```
(s <- sd(d$diff))
```

```
## [1] 0.148
```

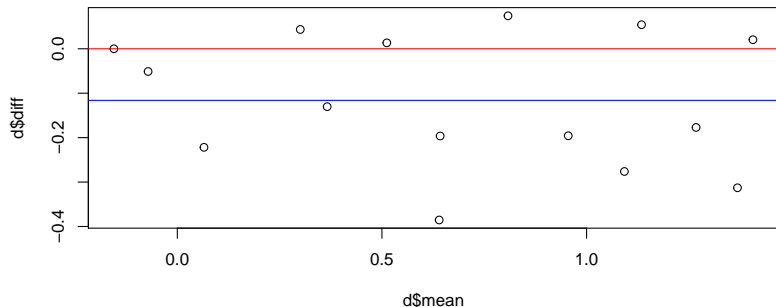
Représentons les différences entre les 2 méthodes en fonction des valeurs moyennes (graphe de Bland et Altman)

La valeur moyenne `d$mean` sera prise comme référence quand aucune des deux méthodes n'est une méthode de référence (c'est-à-dire donnant la valeur la plus proche de la valeur exacte).

```
d$mean <- (log10(d$TDx) + log10(d$YSI)) / 2
```

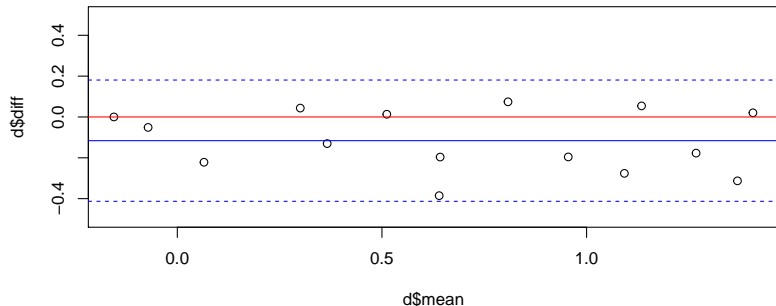
Représentons les différences entre les 2 méthodes en fonction des valeurs moyennes (graphe de Bland et Altman)

```
plot(d$diff ~ d$mean) ; abline(h = 0, col = 'red')  
abline(h = md,col = 'blue')
```



Ajoutons la zone de fluctuation à 95% des différences

```
plot(d$diff ~ d$mean, ylim = c(-0.5, 0.5))
abline(h = 0, col = 'red')
abline(h = mean(d$diff), col='blue')
abline(h = md + 2*s, col='blue', lty = 2)
abline(h = md - 2*s, col='blue', lty = 2)
```



Les fluctuations des différences sont-elles acceptables ?

Gamme de fluctuation des différences en log10

$$\left(\log_{10}(TDx) - \log_{10}(YSI)\right) = \log_{10}\left(\frac{TDx}{YSI}\right)$$

```
(md + 2*s); (md - 2*s)
```

```
## [1] 0.181
```

```
## [1] -0.413
```

Equivalent en rapport $\left(\frac{TDx}{YSI}\right)$

```
(10^(md + 2*s)); (10^(md - 2*s))
```

```
## [1] 1.52
```

```
## [1] 0.386
```

Du lactate dans le plasma de chevaux : jeu de données 2

Un étude a porté sur les concentrations en lactate mesurées sur 150 chevaux en clinique par deux méthodes différentes TDx et YSI (méthode de référence). On souhaiterait étudier la concordance entre les deux méthodes en ce qui concerne le seuil à 1.5 mmol/l qui est un signe d'appel lors des coliques de chevaux. Que proposeriez-vous ?

Cf. fichier : "lachscli.txt"

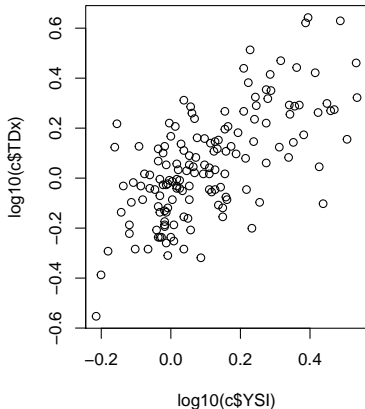
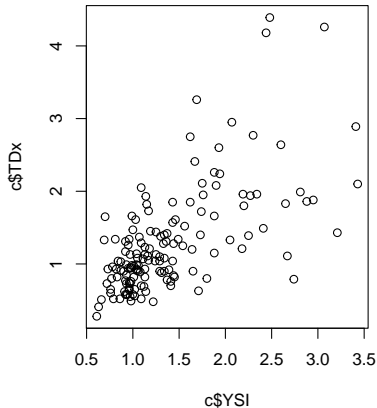
Explorons les données

```
c <- read.table("lachorscli.txt", header = T)
str(c)
```

```
## 'data.frame':    150 obs. of  2 variables:
##  $ TDx: num  1.33 1.13 0.41 0.73 0.92 0.73 0.98 0.78 1.0
##  $ YSI: num  0.69 1.13 0.63 0.93 1.39 0.72 1.06 1.37 1.1
```

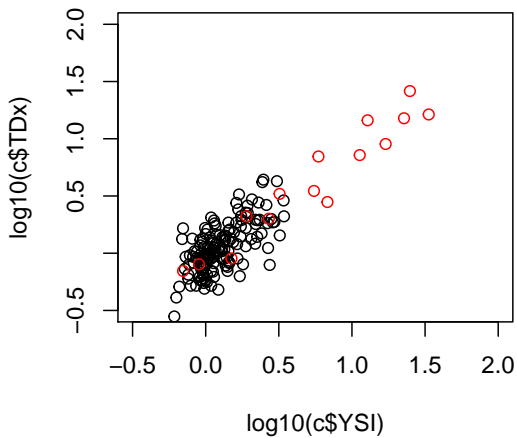
Nous ne sommes plus sur les mêmes gammes de valeurs

```
par(mfrow = c(1,2)); plot(c$TDx ~ c$YSI)  
plot(log10(c$TDx) ~ log10(c$YSI))
```

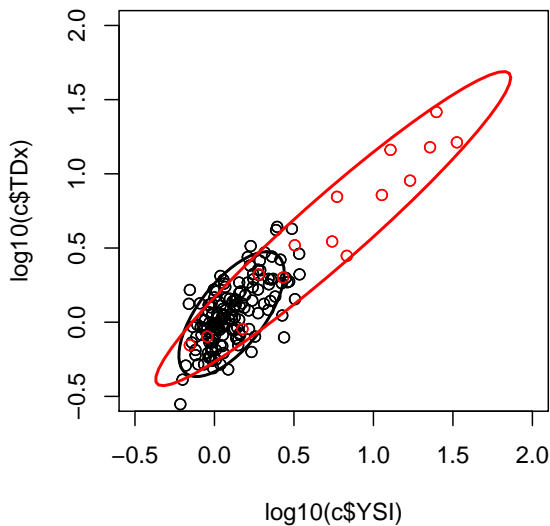


Représentation des jeux de données 1 et 2

```
plot(log10(c$TDx) ~ log10(c$YSI), xlim = c(-0.5, 2), ylim =  
points(log10(d$TDx) ~ log10(d$YSI), col = "red")
```



Impact attendu de la gamme de valeurs sur le coefficient de corrélation



Impact de la gamme de valeurs sur le coefficient de corrélation

```
cor(log10(c$TDx), log10(c$YSI))
```

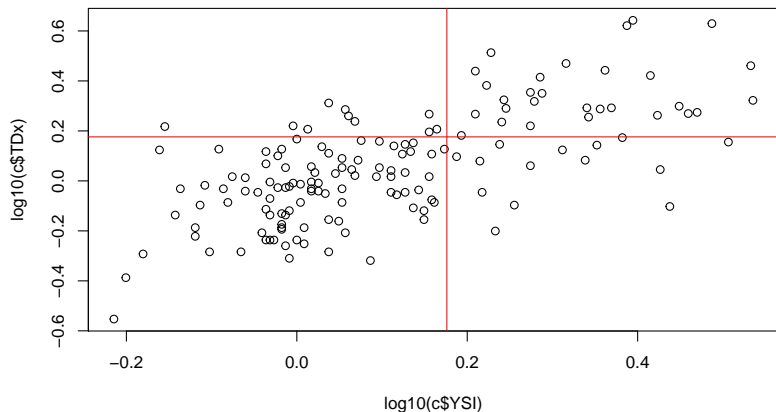
```
## [1] 0.664
```

La corrélation est moins bonne... bien que la relation entre les deux variables soit la même...

La gamme est moins étendue mais la variation pour une valeur donnée est toujours la même.

Représentation des données avec le seuil de 1.5 mmol/l

```
plot(log10(c$TDx) ~ log10(c$YSI))  
abline(v = log10(1.5), col = "red")  
abline(h = log10(1.5), col = "red")
```



Le tableau de concordance

```
c$TDxbis <- cut(c$TDx, breaks = c(0, 1.5, 5))  
c$YSIbis <- cut(c$YSI, breaks = c(0, 1.5, 5))  
(t <- table(c$TDxbis, c$YSIbis))
```

```
##  
##           (0,1.5] (1.5,5]  
## (0,1.5]         97      14  
## (1.5,5]         10      29
```

```
# proportion de résultats concordants  
(P_accord <- (t[1,1] + t[2, 2]) /sum(t))
```

```
## [1] 0.84
```

Le Kappa de Cohen mesure la concordance entre des “juges”

$$\kappa = \frac{P_{accord} - P_{hasard}}{1 - P_{hasard}}$$

avec P_{accord} la proportion d'accords observée et P_{hasard} la proportion d'accords attendue si les classements par les deux juges étaient complètement indépendants.

Une grille de lecture a été proposée par Landis et Koch en 1977 mais tout comme le coefficient de corrélation son interprétation reste subjective et dépendante du contexte.

Le Kappa peut être calculé sur une classification à plus de deux classes (ex. antibiogramme avec résultat de type SIR), mais cela nécessite alors généralement de définir une pondération des discordances (certaines discordances sont plus ou moins graves).

Calcul du Kappa et de son intervalle de confiance sur notre ex.

```
library(vcd)
(K <- Kappa(t))
```

```
##           value   ASE    z Pr(>|z|)
## Unweighted 0.598 0.0737 8.11 4.92e-16
## Weighted   0.598 0.0737 8.11 4.92e-16
```

```
confint(K)
```

```
##
## Kappa           lwr   upr
## Unweighted 0.453 0.742
## Weighted   0.453 0.742
```

Approche de type mise au point d'une méthode diagnostique

Sur un tel exemple, si l'objectif est d'utiliser chaque variable pour établir un diagnostic, et si l'on connaît le vrai statut des individus, on peut aussi comparer les caractéristiques des deux tests diagnostiques (S_e et S_p) obtenus à partir de chacune des deux variables.