y a d'analyses, plus le risque de première espèce α augmente, pour 100 analyses on arrive ainsi à $\alpha = 37{,}4\ \%$... Il y a plus d'une chance sur trois d'accepter à tort l'hypothèse alternative.

De l'usage abusif du « p »

La probabilité « p » obtenue comme résultat du test statistique est souvent considérée comme un indice reflétant le degré de discordance entre les données et l'hypothèse nulle. Il est fréquent, notamment, de considérer que si « p » est très faible ($p < 0{,}001$), on est quasiment sûr de rejeter de nouveau l'hypothèse nulle en cas de réplication de l'expérience. De telles considérations sont en partie erronées, comme nous allons le voir.

Considérons une expérience portant sur un paramètre m (par exemple la moyenne d'une série de mesures), et dont l'objet est de tester l'hypothèse nulle H_0 : $m = 0$. Le risque de première espèce α vaut 5 %, le risque de seconde espèce n'a, pour l'instant, pas besoin d'être spécifié, il vaut donc tout simplement β (pour une hypothèse alternative spécifiée : $m = \Delta$). L'expérience se déroule, nous calculons m et trouvons une valeur m_0 qui conduit à $p = 0{,}01$; $p < \alpha$, l'hypothèse nulle est donc rejetée.

Nous nous demandons maintenant la chose suivante : postulons que le paramètre m soit véritablement égal à m_0 (nous n'en sommes pas sûr, puisque des fluctuations aléatoires entachent l'estimation de m, mais nous en faisons tout de même l'hypothèse). Si nous refaisons la *même* expérience que vaut alors la nouvelle probabilité de rejeter l'hypothèse nulle ? *La réponse est 73 %* ([14]).

Alors que « p » est faible (en pratique statistique quotidienne $p = 0{,}01$ est un résultat qui enthousiasme souvent l'expérimentateur), la différence mise en évidence est en fait suffisamment peu élevée pour avoir plus d'une chance sur quatre de ne pas aboutir, dans les mêmes circonstances, à une nouvelle expérience concluante.

De la même façon, si l'on obtenait $p = 0{,}05$, on trouverait une probabilité de reproductibilité de 50 % ; si enfin $p = 0{,}001$ on trouverait alors 91 %. Il ne faut donc pas s'étonner de trouver dans la littérature biologique ou médicale des résultats contradictoires entre équipes travaillant sur des sujets identiques : même en imaginant que les méthodologies soient parfaitement identiques, le hasard peut expliquer à lui seul de telles discordances, à moins que les « p » trouvés ne soient extrêmement significatifs ($p < 0{,}0001$ par exemple).

[14] Soit z_0 l'écart réduit correspondant au « p » et au m_0 obtenus dans l'expérience. Si l'on refait une expérience identique, sous l'hypothèse que m est véritablement égal à m_0, le nouvel écart réduit mesuré z suit une loi normale d'espérance z_0 et d'écart type un. La probabilité de rejeter de nouveau l'hypothèse nulle (au seuil de 5 %) est donc égale à la probabilité que z soit supérieur à 1,96, c'est-à-dire : $(2\pi)^{-½} \int_{[(z_0 - 1{,}96) \to \infty]} \exp(-½ \cdot x^2)\, dx$.

4.
Données de survie

Ce chapitre ne traite pas d'une technique statistique particulière, mais d'un certain type de variable aléatoire : les variables aléatoires censurées.

En médecine ou en biologie, il est fréquent que le paramètre clé d'une étude corresponde à une durée :

- la durée de survie de patients ayant eu un infarctus du myocarde ;
- la durée de rémission d'une leucémie aiguë ;
- la durée de séropositivité asymptomatique de patients infectés par le VIH ;
- la durée de la fièvre chez un patient atteint de pneumonie ;
- l'âge d'entrée dans une schizophrénie ;
- ou encore le temps de division de cellules en culture ;
- ou le temps mis par un rat pour parcourir un labyrinthe.

Si de telles durées sont d'authentiques variables aléatoires continues, elles présentent néanmoins une caractéristique particulière : on ne peut être sûr de pouvoir les mesurer en un laps de temps fixé. En effet, considérons une étude portant sur la durée de rémission d_r de patients atteints de leucémie aiguë, le protocole prévoit une analyse des résultats deux ans après la première inclusion. Au bout de deux ans, un nombre non négligeable de patients ne présenteront pas de rechute : soit parce qu'ils ont été inclus tardivement, soit parce que leur rémission est de bonne qualité. Pour de tels patients, d_r n'est pas connue, mais d_r n'est pas non plus totalement inconnue puisque elle est au moins supérieure à la durée d_{obs} d'observation du malade. Ainsi, l'information portant sur d_r est-elle parcellaire, on dit que d_r est une variable « censurée ».

En pratique, s'il est souvent possible de traiter ces variables à l'aide de techniques habituelles (ainsi, au lieu de comparer des durées de rémission, il est toujours possible de comparer des pourcentages de rechute), c'est au prix d'un appauvrissement important de l'information contenue dans les données. Cela est d'autant plus critiquable que les problèmes médicaux que l'on étudie à l'aide de variables censurées sont généralement de toute première gravité.

Nous allons maintenant aborder ces méthodes. Il nous faudra dans un premier temps définir les principaux termes spécifiques au domaine des données de survie. Nous aborderons ensuite les représentations graphiques, le calcul de médianes ou de quartiles de survie, puis les tests d'hypothèses.

Définitions

– Nous dirons par convention que le patient *survit* au temps t si, à cet instant, la variable aléatoire étudiée n'a pas encore pu être mesurée (dans les exemples précédents, cela signifierait que le patient : est toujours vivant après son infarctus, est en rémission de sa leucémie, est séropositif asymptomatique, a toujours de la fièvre, n'est pas encore schizophrène ou bien que les cellules ne sont pas encore divisées ou que le rat n'est pas sorti de son labyrinthe...).

– La variable étudiée est ainsi désignée sous le terme de durée de vie « T ».

– Si T n'a pas pu être mesurée au moment de l'analyse, T est dite *censurée*. Il faut à ce sujet différencier les *exclus-vivants* (le patient est toujours vivant à la date où sont dépouillées les données, il s'agit d'un authentique cas de censure), des *perdus de vue* (le patient concerné a quitté l'étude de façon inopinée ; il faut être sûr que la raison de ce départ est indépendante des variables étudiées pour considérer cette donnée comme censurée plutôt que manquante).

– La *fonction de survie* S(t) désigne la probabilité de survivre au moins jusqu'à la date t. Cette fonction de survie est souvent représentée graphiquement par une *courbe de survie*.

– Pour terminer, il faut aborder la notion de *risque instantané de décès*. Au premier abord, un instrument intéressant pour décrire des données de survie pourrait être la probabilité de mourir à un instant t donné. Malheureusement cette probabilité n'a pas de sens : un « instant » n'ayant aucune durée, la probabilité de mourir à un « instant » donné est nulle. Bien sûr, la probabilité de mourir un jour donné à un sens, mais une probabilité ainsi définie est arbitraire, pourquoi un jour, et pas une heure, une semaine ou un mois...
On est ainsi amené à définir le risque instantané de décès h(t) de la façon suivante :

h(t) = probabilité(mourir entre t et t + Δt sachant que l'on est vivant à l'instant t) / Δt

où Δt est un intervalle de temps tendant vers 0 (1). La proposition « sachant que l'on est vivant à l'instant t » étant là uniquement pour traduire le fait que si l'on meurt à l'instant t + Δt, on était nécessairement vivant avant.

Représentations graphiques

En quelques mots : si aucune observation n'est censurée, une représentation graphique de la fonction de survie peut être obtenue en calculant simplement le pourcentage de survivants en fonction du temps. Nous allons maintenant étudier une généralisation de cette approche au cas où il y a des censures.

[1] Il existe une relation entre S(t), la fonction de survie, et h(t) : $S(t) = \exp[-\int_{0 \text{ à } t} h(u) \cdot du]$

Deux approches sont préférentiellement utilisées : la méthode de Kaplan-Meier (la plus utilisée) et la méthode actuarielle (intéressante quand les dates de décès ne sont connues qu'approximativement : tous les 6 mois ou tous les ans par exemple).

En pratique : considérons à présent une étude historique portant sur la durée de rémission induite par des stéroïdes chez des patients atteints de leucémie aiguë et traités soit par placebo, soit par 6-mercaptopurine (6-mp) (2). Les données se présentent sous la forme :

traitement	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
rémission	1	1	2	2	3	4	4	5	5	8	8
statut	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
traitement	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
rémission	8	8	11	11	12	12	15	17	22	23	
statut	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
traitement	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
rémission	6	6	6	6	7	9	10	10	11	13	16
statut	1	1	1	0	1	0	1	0	0	1	1
traitement	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
rémission	17	19	20	22	23	25	32	32	34	35	
statut	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	

où la variable « traitement » vaut 0 pour le placebo et 1 pour le 6-mp ; la variable « rémission » correspond à la durée d'observation en semaines, et la variable « statut » vaut 1 si une rechute est observée et 0 dans le cas contraire (censure).

Dans le groupe placebo, il n'y a aucune censure, la fonction de survie sans rémission peut donc être représentée au moyen de la proportion de patients en rémission, calculée au cours du temps. Nous obtenons la courbe de la figure 4.1.

La même courbe de survie peut être établie à partir du raisonnement suivant :

– à la 10e semaine, il y a 8 patients en rémission sur 21, la probabilité d'être en rémission à la 10e semaine est donc égale à 8 / 21 ;
– pendant la 11e semaine, il y a 2 rechutes parmi les 8 patients en rémission. La probabilité de ne pas rechuter la 11e semaine une fois la 10e passée vaut donc 6 / 8 ;
– la probabilité d'être en rémission à la 11e semaine est égale à la probabilité : d'être en rémission à la 10e (soit 8 / 21) *et* de continuer à l'être pendant la 11e (soit 6 / 8). Cette probabilité vaut donc (8 / 21) × (6 / 8) soit 0,286. Graphiquement, cette approche est exposée sur la figure 4.2.

[2] Freireich, E.J. *et al.* (1963). The effect of 6-mercaptopurine on the duration of steroid-induced remissions in acute leukemia: a model for evaluation of other potentially useful therapy. *Blood*, 21, 699-716.

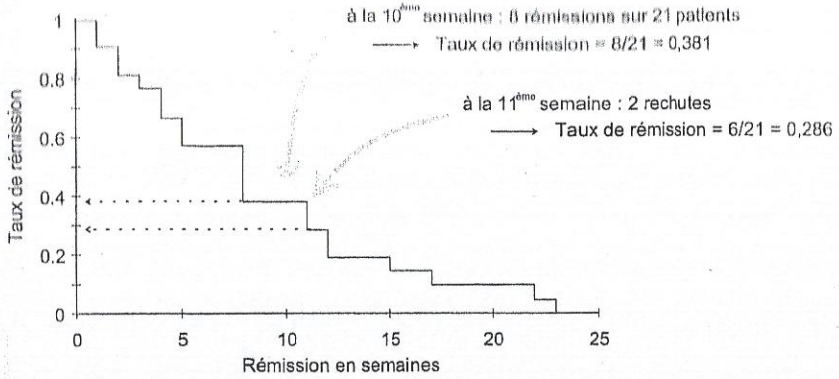

Fig. 4.1 — *Estimation d'une courbe de survie quand il n'y a pas de censure (1e approche).*

Dans le groupe 6-mp, il y a des censures ; la fonction de survie ne peut donc pas se calculer directement à partir de la proportion de patients en rémission. Il est néanmoins possible d'étendre le raisonnement fait ci-dessus, c'est le principe de la méthode de Kaplan-Meier :

- à la 6e semaine, il y a 3 rechutes parmi les 21 patients inclus, la probabilité d'être en rémission à la 10e semaine est donc égale à 18 / 21 ;
- pendant la 7e semaine, il y a 1 rechute parmi les 17 patients restant en rémission (17 car, à la 6e semaine, 18 patients étaient en rémission et 1 patient a été censuré. Puisqu'on ne peut présager du statut de ce dernier patient à la 7e semaine, il ne peut plus être considéré comme étant en rémission). La probabilité de ne pas rechuter la 7e semaine une fois la 6e passée vaut donc 16 / 17 ;

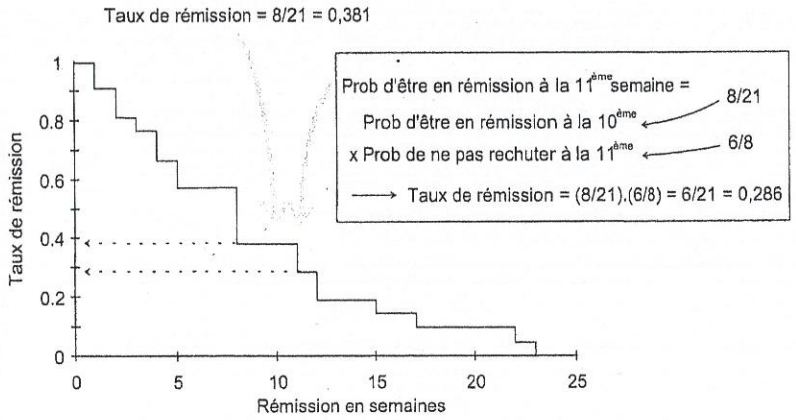

Fig. 4.2 — *Estimation d'une courbe de survie quand il n'y a pas de censure (2e approche).*

la probabilité d'être en rémission à la 7e semaine est égale à la probabilité : d'être en rémission à la 6e (soit 18 / 21) *et* de continuer à l'être pendant la 7e (soit 17 / 18). Cette probabilité vaut finalement (18 / 21) × (17 / 18) = 0,807. Graphiquement, on obtient la figure 4.3.

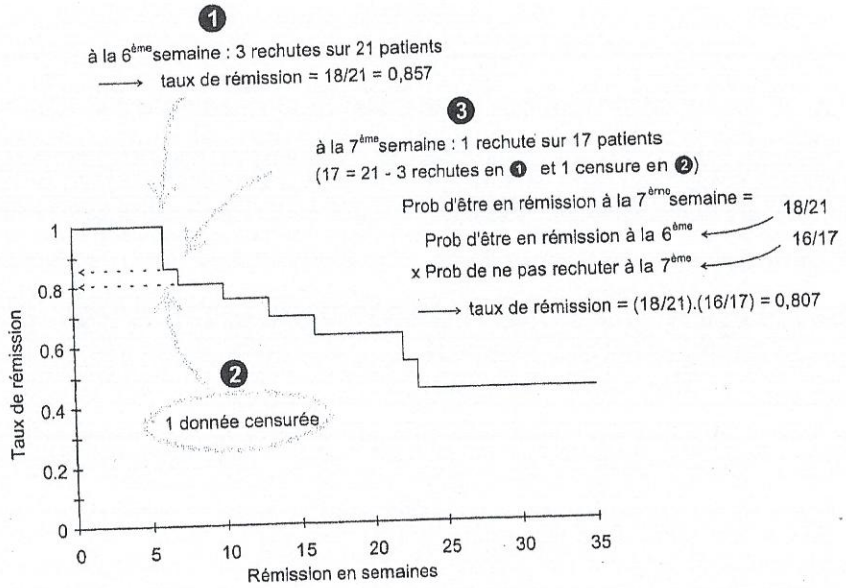

Fig. 4.3 — *Estimation d'une fonction de survie par la méthode de Kaplan-Meier.*

Considérons maintenant un deuxième exemple portant sur l'étude de la survie de 65 malades atteints d'un myélome multiple (3). Dans un premier temps, essayons simplement de représenter graphiquement la courbe de survie des patients. La courbe de survie estimée par la méthode de Kaplan-Meier est la suivante (4) :

---

3 Krall, J.M. *et al.* (1975). A step-up procedure for selecting variables associated with survival. *Biometrics* 31, 49-57.

4 Les données et les syntaxes sas et R de cet exemple sont disponibles sur le site Internet du livre.

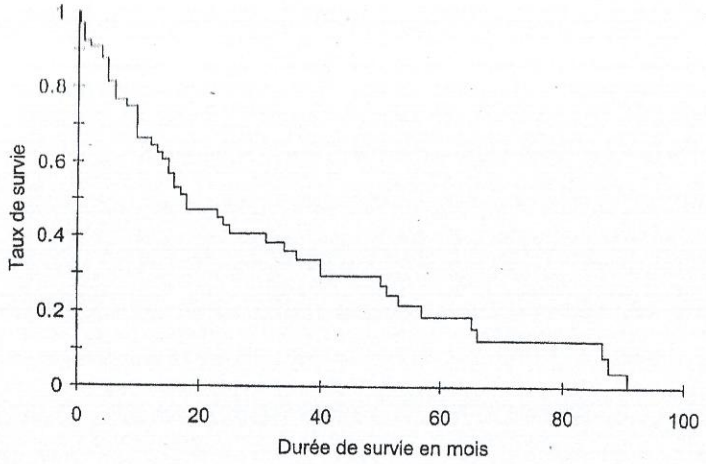

Fig. 4.4 — *Estimation de Kaplan-Meier de la survie de patients atteints de myélome.*

Il arrive parfois que l'échelle de temps soit plus grossière que le jour ou le mois. Dans un tel cas on peut utiliser une méthode alternative, la méthode actuarielle. A titre d'illustration, dans notre exemple, transformons toutes les dates en semestres. Nous obtenons maintenant :

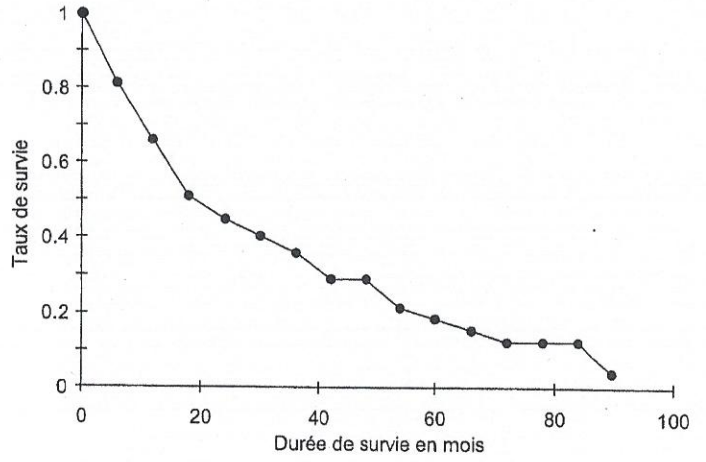

Fig. 4.5 — *Estimation de la survie de patients atteints de myélome par la méthode actuarielle.*

L'estimation

Paramètres de position et de dispersion

En quelques mots : une durée de survie étant une variable quantitative continue, il est théoriquement possible d'en extraire les paramètres de position et de dispersion habituels tels que : moyenne, médiane, écart type, étendue (*range*), etc. Le caractère généralement asymétrique des distributions de survie incite néanmoins à utiliser des paramètres robustes tels que médiane et quartiles aux dépends des paramètres plus habituels que sont la moyenne et l'écart type.

En pratique : revenons à notre exemple étudiant la survie de 65 patients atteints de myélome.

A partir des données présentées plus haut, la procédure SAS, PROC LIFETEST nous permet d'obtenir les paramètres suivants (5) :

Life Table Survival Estimates ❶

Interval [Lower,	Upper)	Survival ❷	Failure	Survival Standard Error ❸	Median Residual Lifetime	Median Standard Error
0	6	1.0000	0	0	18.9095	6.1363
6	12	0.8125	0.1875	0.0488	23.7502	8.0468
12	18	0.6602	0.3398	0.0606	26.5365	4.8112
18	24	0.5093	0.4907	0.0662	32.7991	4.0402
24	30	0.4482	0.5518	0.0670	29.2232	3.9262
30	36	0.4044	0.5956	0.0672	26.5346	10.0092
36	42	0.3595	0.6405	0.0668	25.1566	8.8502
42	48	0.2899	0.7101	0.0648	25.9005	8.1116
48	54	0.2899	0.7101	0.0648	19.9005	8.2861
54	60	0.2143	0.7857	0.0609	31.2115	2.8439
60	66	0.1857	0.8143	0.0591	26.2500	2.7557
66	72	0.1548	0.8452	0.0568	21.3750	2.5156
72	78	0.1238	0.8762	0.0532	16.5000	2.4054
78	84	0.1238	0.8762	0.0532	10.5000	2.5981
84	90	0.1238	0.8762	0.0532	4.5000	2.5981
90	96	0.0413	0.9587	0.0381	.	.

Summary Statistics for Time Variable TEMPS ❹

Quantile	Point Estimate	95% Confidence Interval (Lower,	Upper)
75%	51.0000	34.0000	66.0000
50%	18.0000 ❺	14.0000	34.0000
25%	8.0000	5.0000	13.0000

Mean 31.1460 ❻ Standard Error 4.0301

Summary of the Number of Censored and Uncensored Values

Total	Failed	Censored	%Censored
65	48	17	26.1538

(5) Les données et les syntaxes sas et R de cet exemple sont disponibles sur le site Internet du livre.

En ❶ nous trouvons des résultats en rapport avec la fonction de survie estimée par la méthode actuarielle. En ❷, la fonction de survie proprement dite, en ❸ l'écart type de la survie.

En ❹ sont calculés les principaux paramètres de position et de dispersion. En ❺ se trouve la médiane de survie (encadrée par le premier et le troisième quartile), en ❻ la survie moyenne. La différence notable entre médiane et moyenne (18 *versus* 31,1) confirme l'asymétrie de la distribution de survie.

Paramètre de liaison

En quelques mots : un risque relatif ou un odds-ratio permettent de mesurer la force de l'association entre deux variables binaires. Comment mesurer la force de l'association entre une variable censurée et une variable binaire ? Autrement dit, un risque relatif ou un odds-ratio permettent d'évaluer l'augmentation de la probabilité d'être atteint par une maladie en fonction de l'exposition ou non à un facteur de risque ; comment quantifier maintenant une augmentation de la probabilité de décéder en fonction de l'exposition à un même facteur de risque ?

Il existe un paramètre qui répond à cette question, il correspond à l'estimation globale du rapport des risques instantanés de décès calculés dans les groupes « avec facteur de risque » et « sans facteur de risque ». Très proche d'un risque relatif (dont il conserve d'ailleurs le nom), ce paramètre refléterait, dans notre exemple, l'augmentation globale du taux de mortalité dans le groupe « Bence Jone = 1 » (6).

En pratique : il y a plusieurs façons de calculer un rapport des risques instantanés de décès. La procédure SAS, PROC PHREG nous propose une estimation obtenue à partir d'un modèle de Cox (voir p. 179 pour une définition de modèle de Cox). Si nous recherchons ainsi l'influence du facteur pronostique « protéinurie de type Bence Jone » dans notre échantillon de 65 patients atteints de myélome, nous obtenons le résultat :

Analysis of Maximum Likelihood Estimates

Variable ❶	DF	Parameter Estimate	Standard Error	Wald Chi-Square	Pr > Chi-Square
BENCE_J	1	0.451990	0.32087	1.98423	0.1589

Risk Ratio and 95% Confidence Limits

Variable	Risk Ratio ❷	Lower ❸	Upper ❸
BENCE_J	1.571	0.838	2.950

6 On notera ici la présence implicite d'un modèle. Un risque relatif calculé à partir d'un tableau 2 × 2 ne suppose pas de modèle, alors qu'il faut supposer ici le rapport des risques instantanés constant au cours du temps.

La variable en ❶ est bien « Bence_J », le rapport des risques instantanés de décès est en ❷ (1,571), un intervalle de confiance de ce rapport est disponible en ❸.

Tests d'hypothèses

Comparaison de deux populations

En quelques mots : comparer la survie de deux groupes de patients ayant reçu des traitements différents est une question fondamentale. La survie étant une variable quantitative, pourquoi ne pas utiliser un simple test t qui permettrait ainsi de comparer la survie moyenne dans les deux échantillons ?

En premier lieu parce que la distribution d'une survie est souvent fortement asymétrique, l'hypothèse de normalité que nécessite le test t n'est donc pas vérifiée.

Pourquoi alors ne pas utiliser un test de rang, test non paramétrique permettant de comparer deux moyennes sans avoir à faire d'hypothèse de normalité ?

Parce qu'un test de rang ne permet pas de prendre en compte des données censurées (le test t non plus).

Alors pourquoi ne pas comparer le pourcentage de survivants ?

Car on perd alors une bonne partie de l'information, et la puissance du test chute d'autant. En effet :

- ou l'on fixe par avance un recul que tous les patients devront avoir (on compare par exemple la survie à 2 ans). Entre l'inclusion du dernier patient et l'analyse des données, il y a alors un laps de temps difficilement supportable en pratique (2 ans dans notre exemple) ;
- ou l'on compare simplement deux proportions de survivants, et l'on prend le risque d'égaler un pourcentage de 20 % de survie avec des patients vivants possédant seulement un recul de 15 jours, avec un pourcentage de survie de 20 % portant sur des patients vivants depuis plus de trois ans.

> Le test du log-rank est une généralisation d'un test non paramétrique usuel au cas où la variable mesurée est censurée. Il permet ainsi de comparer des survies sans avoir à faire d'hypothèse sur leur distribution. Néanmoins, le chi-2 utilisé pour calculer le seuil de significativité du test nécessite de nombreux temps de décès *ou* de nombreux morts à chaque temps de décès.

En pratique : revenons à l'exemple portant sur la survie de patients atteints d'un myélome. Plus haut, nous avons recherché graphiquement une éventuelle différence de survie dans le groupe « protéinurie de Bence Jone à la découverte de la maladie » *versus* le restant des malades. Dans quelle mesure la différence trouvée pourrait-elle être due au hasard ?

Pour répondre à cette question, il faut tester l'hypothèse nulle d'égalité des deux courbes de survie, nous allons effectuer pour cela un test du log-rank. La procédure SAS, PROC LIFETEST nous propose les résultats (7) :

The LIFETEST Procedure

Summary of the Number of Censored and Uncensored Values

Total	Failed	Censored	%Censored
65	48	17	26.1538

Rank Tests for the Association of TEMPS with Covariates ❶
Pooled over Strata

Univariate Chi-Squares for the WILCOXON Test ❷

Variable ❹	Test Statistic	Standard Deviation	Chi-Square	Pr > Chi-Square ❺
BENCE_J	2.8060	2.0210	1.9277	0.1650

Covariance Matrix for the WILCOXON Statistics

Variable	BENCE_J
BENCE_J	4.08455

Univariate Chi-Squares for the LOG RANK Test ❸

Variable ❹	Test Statistic	Standard Deviation	Chi-Square	Pr > Chi-Square ❺
BENCE_J	4.5549	3.2126	2.0102	0.1562

Covariance Matrix for the LOG RANK Statistics

Variable	BENCE_J
BENCE_J	10.3205

En ❶ nous notons qu'il s'agit bien d'un test de rang recherchant une liaison entre la variable « temps » et une covariable (ici la covariable « Bence_J »).

Deux tests nous sont ensuite proposés, un test dit de Wilcoxon en ❷ (il s'agit en fait d'une généralisation du test de Wilcoxon au cas de données censurées) et le test du log-rank en ❸. Le test de Wilcoxon est souvent rebaptisé test de Gehan, il est globalement moins puissant que le test du log-rank, mais peut être utilisé pour montrer une différence entre les courbes de survie portant essentiellement sur les survies de courte durée (8). En ❺ nous trouvons le « p » du test correspondant à l'effet de la variable ❹ sur la survie : pour le log-rank on a p = 0,156. Avec un risque de première espèce de 5 %, il n'est donc pas possible de rejeter l'hypothèse nulle d'absence de différence de survie entre les deux groupes.

7 Les données et les syntaxes sas et R de cet exemple sont disponibles sur le site Internet du livre.

8 Il faut toujours préciser *avant* de faire le test, quelle méthode sera utilisée. Si l'on retient *a posteriori* celle qui aboutit à un résultat significatif, le risque de première espèce est sous-estimé.

Comparaison de plus de deux populations

En quelques mots : le test du log-rank se généralise directement au cas de la comparaison de plus de deux groupes.

En pratique : séparons nos patients en trois groupes en fonction de leur âge. Pour un âge inférieur ou égal à 55 ans, nous aurons les « jeunes », pour un âge compris entre 55 et 65 ans nous aurons les « mûrs » et enfin pour un âge supérieur à 65 ans, les « vieux ». Testons l'hypothèse nulle selon laquelle il n'y a pas de différence de survie dans ces trois catégories d'âge. Les résultats correspondants sont les suivants :

The LIFETEST Procedure

Summary of the Number of Censored and Uncensored Values

AGE_QUAL	Total	Failed	Censored	%Censored
jeune	22	18	4	18.1818
mur	20	15	5	25.0000
vieux	23	15	8	34.7826
Total	65	48	17	26.1538

Testing Homogeneity of Survival Curves over Strata
Time Variable TEMPS

Rank Statistics

AGE_QUAL	Log-Rank	Wilcoxon
jeune	2.7830	45.00
mur	-3.7453	-113.00
vieux	0.9623	68.00

Test of Equality over Strata

Test	Chi-Square	DF	Pr > Chi-Square
Log-Rank	1.4827	2	0.4765 ❶
Wilcoxon	0.8191	2	0.6639

Le « p » correspondant au test du log-rank est ici en ❶ et vaut 0,477 ; on ne peut donc conclure à une différence de survie entre les trois populations.

Test d'une association entre la survie et une variable quantitative

En quelques mots : rechercher une différence de survie entre deux ou plusieurs groupes, c'est rechercher une association entre la survie et une variable *qualitative* (la variable : appartenir à tel ou tel groupe). On appelle parfois « test de tendance » une généralisation du test du log-rank au cas où l'on souhaite, cette fois, tester l'association entre la survie et une variable *quantitative* (9).

9 Il ne s'agit pas de n'importe quel type d'association, mais d'une association « monotone » : est-ce que plus la variable quantitative augmente ou diminue, plus la survie augmente?

En pratique : reprenons notre exemple portant sur la survie de patients atteints de myélome multiple. Au paragraphe précédent, nous avons artificiellement découpé l'âge en trois catégories pour rechercher une liaison entre « âge » des patients et survie au myélome. Recherchons maintenant directement une association entre la variable quantitative « âge » et la survie. Nous obtenons à l'aide de PROC LIFETEST (10) :

Summary of the Number of Censored and Uncensored Values

Total	Failed	Censored	%Censored
65	48	17	26.1538

Rank Tests for the Association of Response with Covariates

Univariate Chi-Squares for the WILCOXON Test

Variable	Test Statistic	Variance	Chi-Square	Pr > Chi-Square
AGE	-7.1125	1787.1	0.0283	0.8664

Univariate Chi-Squares for the LOG RANK Test

Variable	Test Statistic	Variance	Chi-Square	Pr > Chi-Square
AGE	8.4846	3932.3	0.0183	0.8924 ❶

Ici aussi, le « p » du test du log-rank (❶) ne permet pas de rejeter l'hypothèse nulle.

10 Les données et les syntaxes sas et R de cet exemple sont disponibles sur le site Internet du livre.

3

Modèles multivariés