
HYUN (JUNE) LIM, University of Saskatchewan

Modélisation conjointe de mesures répétées de dénombrement de CD4+ et de temps de survie dans une étude sur le VIH

Dans plusieurs études cliniques, les données sont de deux types: mesures longitudinales de biomarqueurs et temps de survie. Ces deux réponses sont souvent analysées séparément à l'aide d'un modèle à effets mixtes et d'un modèle de survie. Toutefois, les modèles séparés simplifient excessivement le problème en ignorant l'association entre ces composantes. La modélisation conjointe est sophistiquée et compliquée, mais elle permet de modéliser les mesures longitudinales et les temps de survie en prenant en compte leur association. À l'aide d'un jeu de données sur le VIH contenant des mesures répétées du CD4+ et des temps de survie, nous combinons, par l'entremise de leur dépendance à une variable latente, un sous-modèle avec effets aléatoires et un sous-modèle de Cox ou Weibull.