

JMPによる傾向スコアを用いたマッチング、層別分析、回帰分析

SAS Institute Japan 株式会社 JMP ジャパン事業部

2014年12月作成

1. はじめに

臨床医学や疫学の分野では、ランダム化比較試験の実施が困難なことが多いため、近年は「傾向スコア」を用い、観察データから共変量を調整する方法が広く用いられています。この方法では、数多くの共変量を「傾向スコア」という1つの変数にまとめることができるために、マッチング、層別分析、回帰分析等の解析が容易になるメリットがあります。

本文書ではサンプルデータを用い、JMPで傾向スコアを推定する方法、傾向スコアによるマッチング、層別分析、回帰分析をおこなう方法について説明します。なお、傾向スコアによるマッチングについては、弊社 JMP ジャパン事業部でサンプルとして提供しているアドイン「最近傍マッチング」(JMP 11.0 以上で動作)を使用します。

2章では本文書で用いるサンプルデータについて、3章では傾向スコアの推定方法について説明します。4章では傾向スコアを用いたマッチングやマッチング後の分析方法について、5章では傾向スコアを層別化し分析する方法について、6章では傾向スコアを共変量に含める回帰分析の方法について説明します。傾向スコアによる分析手法については、Douglas, F et al (2010) を参考にしています。

本文章では、執筆時点でのJMPの最新バージョンであるJMP 11.2.1を使用しています。

キーワード：傾向スコア、プロペンシティスコア (Propensity Score)、共変量の調整、c指標 (c-index)、マッチング、層別分析、回帰分析

2. サンプルデータ

本文章で用いるJMPのサンプルデータは、以下の場所からダウンロードすることができます。

<http://www.jmp.com/content/dam/jmp/documents/jp/support/propensitydata.zip>

ダウンロードしたzipファイルを解凍すると、JMPのデータテーブル「PS artificial data.jmp」が展開されます。

このサンプルデータは、4章で説明するマッチングのアドイン (JMP 11.0 以上で動作可能) をインストールすることにより、[アドイン] のメニューから開くこともできます。

サンプルデータ：「PS artificial data.jmp」

181行、8列

このサンプルデータは架空のデータです。

各変数の役割、変数のとる値については、次の通りです。

	ID	X1	X2	X3	X4	X5	T	Y
1	P-001	1	50	1	29.5	10	1	1
2	P-002	0	67	0	24	8	0	0
3	P-003	0	50	0	20.2	8	0	0
4	P-004	0	49	0	20.1	12	1	1
5	P-005	1	42	0	25.6	9	0	0
6	P-006	1	52	0	24.5	8	0	0
7	P-007	1	53	1	22.9	9	1	1
8	P-008	0	58	0	29.1	7	0	0
9	P-009	1	42	0	25.4	8	1	1
10	P-010	0	53	0	19.7	7	0	0
11	P-011	1	52	0	25.1	9	0	0
12	P-012	1	48	0	23.6	6	0	0
13	P-013	0	53	0	22.2	9	1	0
14	P-014	1	42	1	31.7	9	1	1
15	P-015	1	65	1	22	10	1	1
16	P-016	1	63	0	25.7	9	1	1
17	P-017	1	64	0	26.8	5	0	0
18	P-018	1	51	0	20.6	6	0	0
19	P-019	1	68	0	23.4	10	0	0
20	P-020	1	43	1	25.5	10	1	0
21	P-021	0	52	0	20.2	5	0	0
22	P-022	0	53	0	21.1	8	0	0
23	P-023	0	50	0	22.8	6	0	0
24	P-024	1	62	0	24.5	5	0	0
25	P-025	1	54	1	24	10	0	1
26	P-026	1	59	1	25.5	6	0	1

	変数名（列名）	変数の値
応答変数	Y	1:効果あり、0:効果なし
処置変数	T	1:処置群、0:対照群
共変量	X1、X2、X3、X4、X5	X1、X3は1,0の値をとる分類変数（名義尺度） X2、X4、X5は量的変数（連続尺度）

参考：以降では変数名としてY、T、X1～X5を用いますが、データに意味づけをするのであれば、以下のようにお考えください。

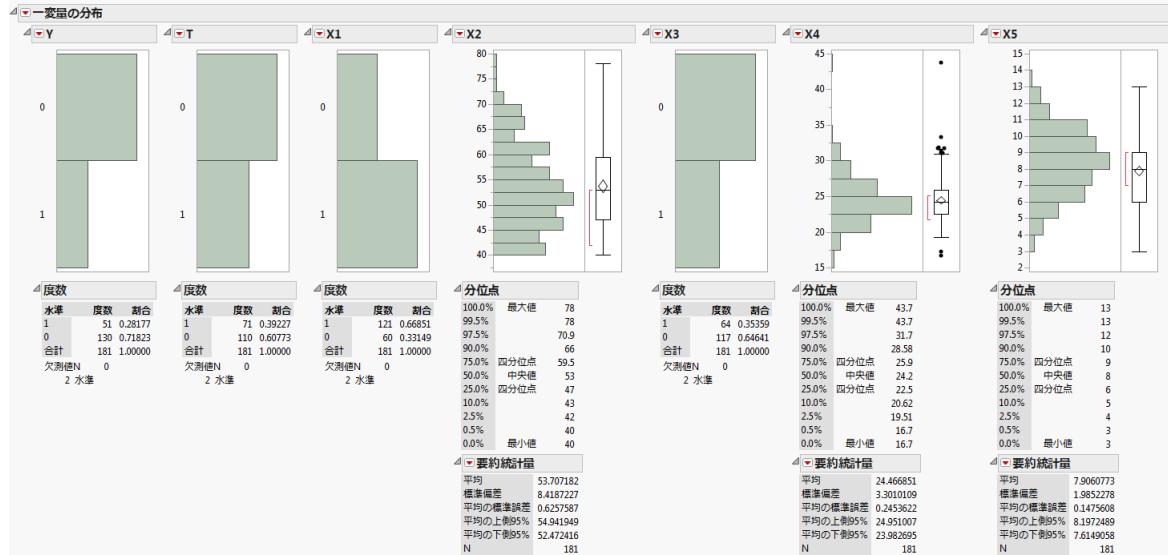
181人の被験者それぞれについて、”処置”（薬を投与（処置群）、投与しない（対照群））のいずれかをおこない、処置によって”アウトカム”（効果あり、効果なし）に差があるかどうかを見たい。その際、処置やアウトカムと関連性があると考えられる被験者特性”性別”、“年齢”、“喫煙歴”、“BMI”、“重症度スコア”を共変量とする。

データテーブル左上にあるスクリプト「Labels」を実行すると、上記のように意味づけされた変数名に変更し、値にラベルを付与することができます。

	ID	性別	年齢	喫煙歴	BMI	重症度スコア	群	アウトカム
1	P-001	男性	50	有	29.5	10	投与	効果あり
2	P-002	女性	67	無	24	8	非投与	効果なし
3	P-003	女性	50	無	20.2	8	非投与	効果なし
4	P-004	女性	49	無	20.1	12	投与	効果あり
5	P-005	男性	42	無	25.6	9	非投与	効果なし
6	P-006	男性	52	無	24.5	8	非投与	効果なし
7	P-007	男性	53	有	22.9	9	投与	効果あり
8	P-008	女性	58	無	29.1	7	非投与	効果なし
9	P-009	男性	42	無	25.4	8	投与	効果あり
10	P-010	女性	53	無	19.7	7	非投与	効果なし
11	P-011	男性	52	無	25.1	9	非投与	効果なし
12	P-012	男性	48	無	23.6	6	非投与	効果なし
13	P-013	女性	53	無	22.2	9	投与	効果なし
14	P-014	男性	42	有	31.7	9	投与	効果あり
15	P-015	重性	65	有	??	10	投与	効果あり

まずは、各変数の分布や統計量を確認します。

[一変量の分布]において、「Y」、「T」、「X1」～「X5」を [Y, 列]に指定したときのレポートは次の通りです。



「Y」が1（効果あり）の割合が約28.2%、「T」が1（処置群）の割合が約39.2%であることがわかります。

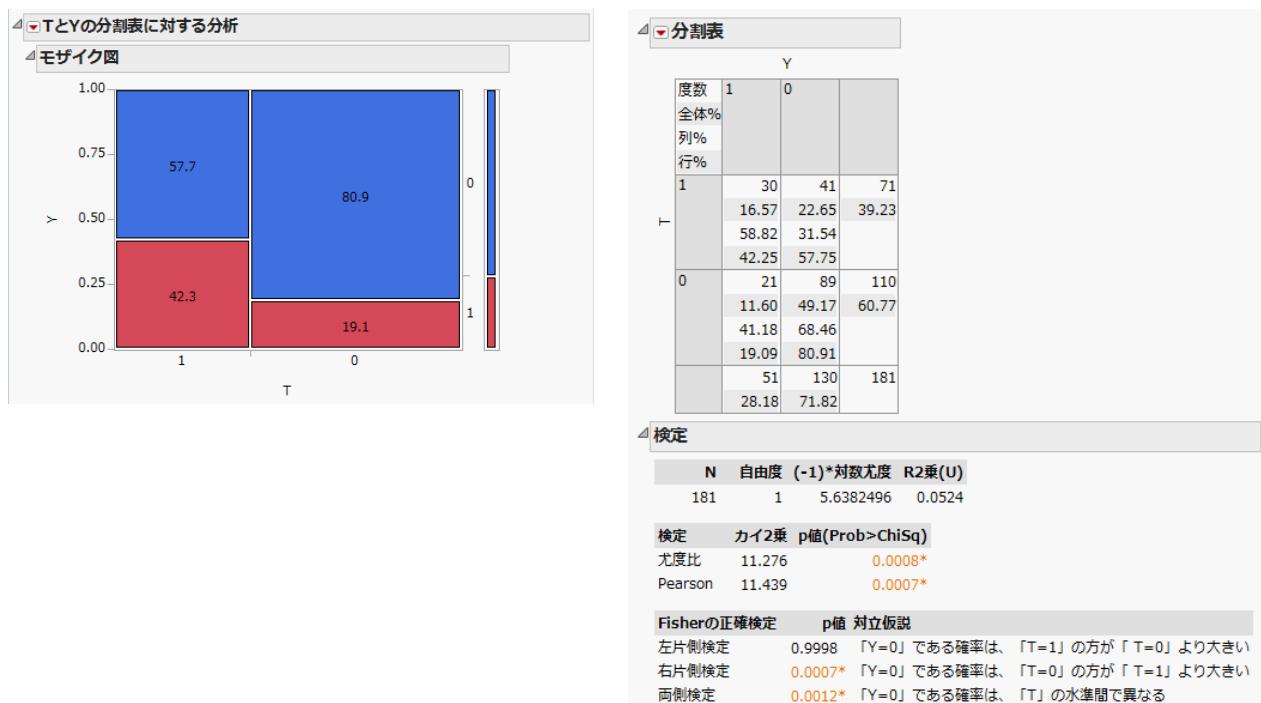
次に、処置群と対照群とで、Yや共変量X1～X5の要約統計量の算出、群間比較をおこないます。

[二変量の関係]において、「Y」、「X1」～「X5」を[Y, 目的変数]に、「T」を[X, 説明変数]に指定します。[X, 説明変数]に指定する「T」は名義尺度なので、[Y, 目的変数]が連続尺度である「X2」、「X4」、「X5」については一元配置分析のレポートが、目的変数Yが名義尺度である「X1」、「X3」については、分割表分析のレポートが表示されます。

Tの群間（処置群、対照群）で連続量を比較するときはt検定を、カテゴリの割合を比較するときはPearsonのカイ2乗検定を用います。（JMPでは、2×2表についてFisherの正確検定のレポートも表示されますが、ここではPearsonのカイ2乗検定を用います。）

連続尺度のYに対し、群ごとの要約統計量を表示するには、一元配置分散分析のレポート左上にある赤い三角ボタンから[平均と標準偏差]を選択します。さらにt検定のレポートを表示するには、同じく赤い三角ボタンから[平均/ANOVA/プリングしたt検定]を選択します。Ctrlキーを押しながらこれらのオプションを実行すると、一度に同じ形式のすべてのレポートにオプションを実行することができます。

レポート「TとYの分割表に対する分析」を参照します。ここでは、モザイク図を右クリックし、[セルのラベル] > [パーセントの表示]を選択することにより、Tの各群に対するY=1の割合（効果ありの割合）、またはY=0の割合（効果なしの割合）を表示しています。

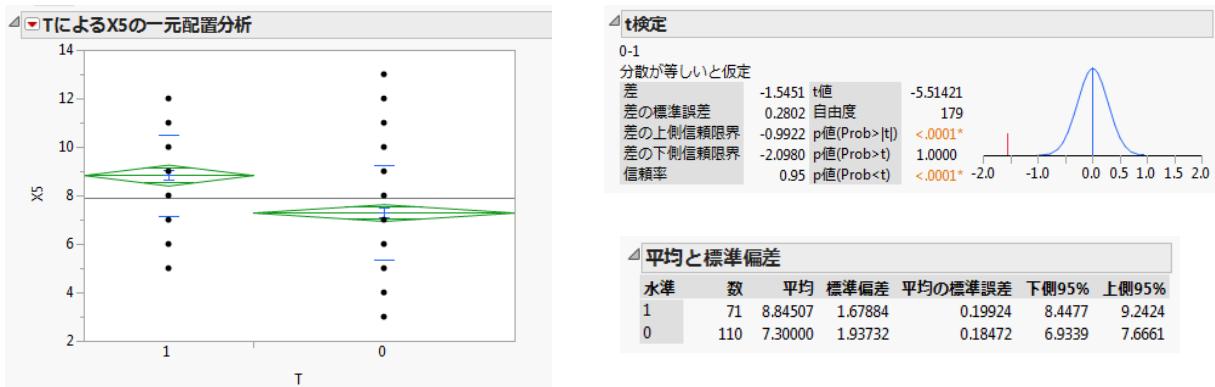


「モザイク図」のレポートより、T=1（処置群）でY=1（効果あり）の割合は約42.3%、T=0（対照群）でY=1（効果あり）の割合は約19.1%であることがわかります。「検定」のレポートに表示されているPearsonのカイ2乗検定のp値は0.0007*です。有意水準を5%とすると、処置群と対照群とで、「効果あり」の割合に統計的な有意差があることがわかります。ほかの変数についても、分割表分析のレポートのPearsonカイ2乗検定のp値を参照します。カイ2乗検定のレポートに

マウスカーソルを持っていき、右クリックメニューから「連結したデータテーブルの作成」を選択すると、すべての分割表のレポートに対するカイ²乗検定のレポートをデータテーブルにまとめて表示することができます。

	X	Y	検定	カイ ² 乗	P値 (Prob>ChiSq)
1	T	Y	尤度比	11.276	0.0008
2	T	Y	Pearson	11.439	0.0007
3	T	X1	尤度比	2.185	0.1394
4	T	X1	Pearson	2.152	0.1424
5	T	X3	尤度比	7.961	0.0048
6	T	X3	Pearson	8.023	0.0046

レポート「T と X5 の一元配置分析」を参照します。



レポート「t 検定」に表示される両側検定の p 値 (Prob >|t|) は 0.0001 未満であり、高度に有意です。たとえば「X5」が重症度のスコアであったとして、値が大きいほど重症度が高いとすると、処置群の重症度は対照群の重症度より高い位置に分布しています。観察研究において、重症度が高い被験者ほど、薬の効果が強いであろう処置をすることは十分考えられるでしょう。

分割表分析のレポートと同様に、「連結したデータテーブルの作成」を選択し、すべての一元配置分析のレポートに対する要約統計量、t 検定のレポートをデータテーブルにまとめて表示します。

	X	Y	水準	数	平均	標準偏差	平均の標準誤差	下側95%	上側95%
1	T	X2	1	71	54.11268	8.61983	1.02299	52.0724	56.1530
2	T	X2	0	110	53.44545	8.31555	0.79286	51.8740	55.0169
3	T	X4	1	71	25.03380	3.77215	0.44767	24.1409	25.9267
4	T	X4	0	110	24.10091	2.91754	0.27818	23.5496	24.6522
5	T	X5	1	71	8.84507	1.67884	0.19924	8.4477	9.2424
6	T	X5	0	110	7.30000	1.93732	0.18472	6.9339	7.6661

	X	Y	Test Assumption	列 1	列 2	列 3	列 4	列 5	列 6
7	T	X2	等分散性	差の標準誤差	1.2842	・自由度	179	・	
8	T	X2	等分散性	差の上側信頼限界	1.8670	・p値(Prob> t)	・	0.6040	
9	T	X2	等分散性	差の下側信頼限界	-3.2014	・p値(Prob>t)	・	0.6980	
10	T	X2	等分散性	信頼率	・ 0.95 p値(Prob<t)	・	0.3020		
11	T	X4	R2乗	0.0191	・	・	・	・	・
12	T	X4	自由度調整R2乗	0.0137	・	・	・	・	・
13	T	X4	誤差の標準偏差(RMSE)	3.2784	・	・	・	・	・
14	T	X4	応答の平均	24.4669	・	・	・	・	・
15	T	X4	オブザーバーション(または重みの合計)	181.0000	・	・	・	・	・
16	T	X4	等分散性	差	-0.9329	・ t値	-1.869215833	・	
17	T	X4	等分散性	差の標準誤差	0.4991	・自由度	179	・	
18	T	X4	等分散性	差の上側信頼限界	0.0519	・p値(Prob> t)	・	0.0632	
19	T	X4	等分散性	差の下側信頼限界	-1.9177	・p値(Prob>t)	・	0.9684	
20	T	X4	等分散性	信頼率	・ 0.95 p値(Prob<t)	・	0.0316		
21	T	X5	R2乗	0.1452	・	・	・	・	・
22	T	X5	自由度調整R2乗	0.1404	・	・	・	・	・
23	T	X5	誤差の標準偏差(RMSE)	1.8406	・	・	・	・	・
24	T	X5	応答の平均	7.9061	・	・	・	・	・
25	T	X5	オブザーバーション(または重みの合計)	181.0000	・	・	・	・	・
26	T	X5	等分散性	差	-1.5451	・ t値	-5.514205418	・	
27	T	X5	等分散性	差の標準誤差	0.2802	・自由度	179	・	
28	T	X5	等分散性	差の上側信頼限界	-0.9922	・p値(Prob> t)	・	<.0001	
29	T	X5	等分散性	差の下側信頼限界	-2.0980	・p値(Prob>t)	・	1.0000	

「Y」を目的変数、「T」と共変量「X1」～「X5」を説明変数とする多変量ロジスティック回帰分析をおこないます。多変量のロジスティック回帰をおこなうには、[モデルのあてはめ]を起動し、「Y」を[Y]に、「T」、「X1」、「X2」、「X3」、「X4」、「X5」を[モデル効果の構成]に追加します。

「名義ロジスティックのあてはめ」のレポートは次の通りです。「モデル全体の検定」、「あてはまりの悪さ(LOF)」、「パラメータ推定値」、「効果の尤度比検定」のレポートを確認することができます。

名義ロジスティックのあてはめ Y				
勾配で収束しました, 5回の反復				
▷ 反復履歴				
△ モデル全体の検定				
モデル	(-1)*対数尤度	自由度	カイ2乗	p値(Prob>ChiSq)
差	14.74508	6	29.49016	<.0001*
完全	92.88030			
縮小	107.62538			
R2乗(U)	0.1370			
AICc	200.408			
BIC	222.15			
オブザベーション(または重みの合計)	181			
指標	学習 定義			
エントロピー-R2乗	0.1370 1-(Loglike(model)/Loglike(0))			
一般化R2乗	0.2162 (1-(L(0)/L(model)))^(2/n)/(1-L(0)^2/n)			
平均 -Log p	0.5132 Σ -Log(p[j])/n			
RMSE	0.4161 √ Σ (y[j]-p[j])^2/n			
平均 絶対偏差	0.3428 Σ y[j]-p[j] /n			
誤分類率	0.2762 Σ (p[j]≠pMax)/n			
N	181 n			

あてはまりの悪さ(LOF)				
要因	自由度	(-1)*対数尤度	カイ2乗	
あてはまりの悪さ(LOF)	174	92.880298	185.7606	
飽和モデル	180	0.000000	p値(Prob>ChiSq)	
あてはめたモデル	6	92.880298	0.2571	

パラメータ推定値				
項	推定値	標準誤差	カイ2乗	p値(Prob>ChiSq)
切片	-5.4015891	2.1819603	6.13	0.0133*
T[1]	0.51260611	0.2044979	6.28	0.0122*
X1[1]	-0.1576366	0.2269916	0.48	0.4874
X2	0.06552206	0.0218057	9.03	0.0027*
X3[1]	0.51297459	0.2013338	6.49	0.0108*
X4	0.04963788	0.0571325	0.75	0.3849
X5	-0.0168002	0.1026752	0.03	0.8700

効果の尤度比検定				
要因	パラメータ数	自由度	尤度比カイ2乗	p値(Prob>ChiSq)
T	1	1	6.41765701	0.0113*
X1	1	1	0.48225093	0.4874
X2	1	1	9.4871484	0.0021*
X3	1	1	6.62466454	0.0101*
X4	1	1	0.75460404	0.3850
X5	1	1	0.02680082	0.8700

「効果の尤度比検定」のレポートを参照すると、要因「T」のp値は0.0113であり有意です。これより、共変量X1～X5で調整するロジスティック回帰モデルにおいて、TはYの確率を説明する変数として効果があるといえます。

Tのオッズ比、オッズ比の信頼区間を表示するには、レポート左上の赤い三角ボタンから[オッズ比]を選択します。

Tのオッズ比				
水準1	/水準2	オッズ比	p値(Prob>Chisq)	下側95%
0	1	0.3587203	0.0113*	0.1583378 0.7935031
1	0	2.787687	0.0113*	1.2602346 6.3156102

レポート「Tのオッズ比」の2行目を参照すると、1(処置群)の0(対照群)に対するオッズ比は2.787であり、オッズ比の95%信頼区間は[1.260, 6.316]です。ここでは、Y=1(効果あり)を事象としているため、処置をする方が処置をしない方に対し、効果ありのオッズが約2.79倍なります。

3. 傾向スコアの算出

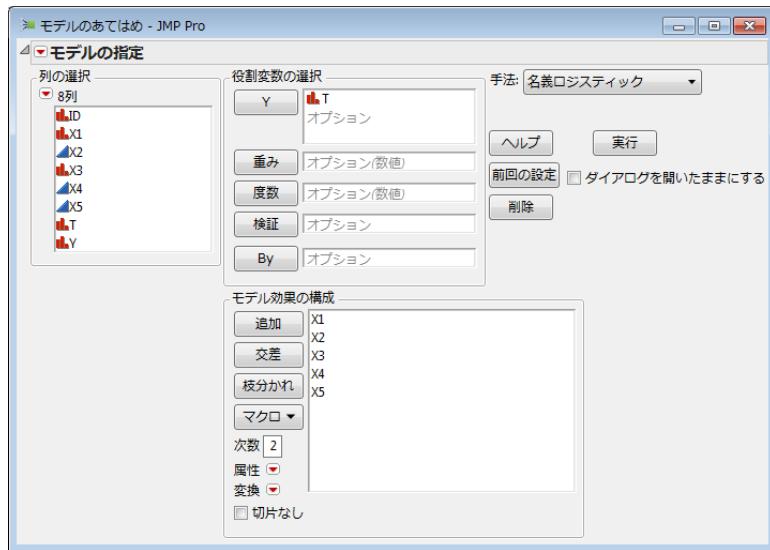
傾向スコアは、観測された共変量が与えられたもとで、処置群に割り当てられる条件付き確率です(Rosenbaum, P. R., and D. B. Rubin (1983))。傾向スコアの推定法として、処置の有無を応答変数、共変量を説明変数とした多重ロジスティック回帰が使われます。そして、処置群を予測する確率が、傾向スコアの推定値として使われます。

●ロジスティック回帰、傾向スコアの算出

- [分析] > [モデルのあてはめ]を選択します。
- 「T」を選択し、[Y]をクリックします。

(右上の「手法」は、「名義ロジスティック」となります。)

3. 「X1」～「X5」の5つの列を選択し、[追加]をクリックします。



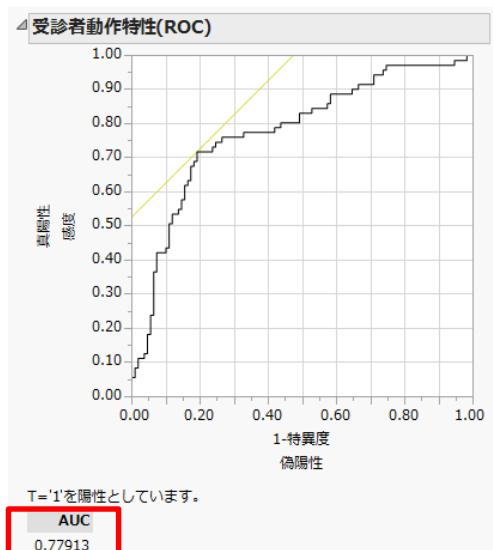
4. [実行]をクリックします。

ロジスティック回帰モデルにより推定したパラメータ推定値、効果の検定などのレポートが表示されます。ここでは、モデルのあてはめの良さを評価するために、c 指標 (c-index) を算出します。c 指標は、ROC 曲線の曲面下面積 (AUC) に相当し、c 統計量 (c-statistics), concordance index とも呼ばれています。この指標の値が大きいほど、あてはまりが良いといえます。

- レポート「名義ロジスティックのあてはめ T」の左にある赤い三角ボタンから、[ROC 曲線]を選択します。
- “どちらの水準を陽性としますか？”というダイアログが表示されるので、処置群である 1 を選択し [OK] をクリックします。

「受診者動作特性 (ROC)」のレポートが追加されます。

ROC 曲線の左下には AUC の値が表示され、その値は 0.779 です。データはロジスティック回帰のモデルに、まずまずあてはまっているとみなし、このモデルから傾向スコアを推定します。



5. レポート「名義ロジスティックのあてはめ T」の左にある赤い三角ボタンから、[確率の計算式の保存]を選択します。

データテーブルに、「線形[1]」、「確率[1]」、「確率[0]」、「最尤 T」の4つの列が保存されます。

	ID	X1	X2	X3	X4	X5	T	Y	線形[1]	確率[1]	確率[0]	最尤 T
1	P-001	1	50	1	29.5	10	1	1	1.7409534245	0.8508081276	0.1491918724	1
2	P-002	0	67	0	24	8	0	0	-0.569578089	0.3613341844	0.6386658156	0
3	P-003	0	50	0	20.2	8	0	0	-1.274150414	0.2185475976	0.7814524024	0
4	P-004	0	49	0	20.1	12	1	1	0.7392332368	0.6768281635	0.3231718365	1
5	P-005	1	42	0	25.6	9	0	0	-0.570460173	0.3611306491	0.6388693509	0
6	P-006	1	52	0	24.5	8	0	0	-1.087165815	0.2521523495	0.7478476505	0
7	P-007	1	53	1	22.9	9	1	1	0.4369765074	0.6075383576	0.3924616424	1
8	P-008	0	58	0	29.1	7	0	0	-0.553949925	0.3649484827	0.6350515173	0
9	P-009	1	42	0	25.4	8	1	1	-1.1055324	0.2487047251	0.7512952749	0
10	P-010	0	53	0	19.7	7	0	0	-1.807502623	0.1409402273	0.8590597727	0
11	P-011	1	52	0	25.1	9	0	0	-0.50156082	0.3771739405	0.6228260595	0
12	P-012	1	48	0	23.6	6	0	0	-2.273302354	0.093358317	0.906641683	0
13	P-013	0	53	0	22.2	9	1	0	-0.472061138	0.3841285161	0.6158714839	0
14	P-014	1	42	1	31.7	9	1	1	1.4034255533	0.8027269095	0.1972730905	1
15	P-015	1	65	1	22	10	1	1	0.9915619988	0.7293963359	0.2706036641	1
16	P-016	1	63	0	25.7	9	1	1	-0.280489824	0.4303336932	0.5696663068	0
17	P-017	1	64	0	26.8	5	0	0	-2.167541555	0.1027033712	0.8972966288	0
18	P-018	1	51	0	20.6	6	0	0	-2.612678518	0.0683268964	0.9316731036	0
19	P-019	1	68	0	23.4	10	0	0	0.004785261	0.501196313	0.498803687	1

確率[1]は T の値を "1"、すなわち "処置群" と予測する確率であり、これが傾向スコアの推定値です。

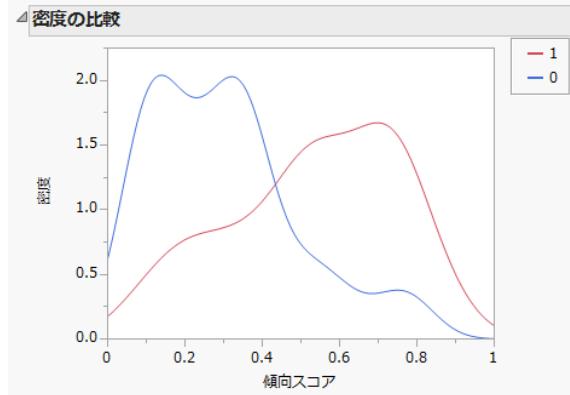
列「確率[1]」の列名ダブルクリックし、列名を「傾向スコア」に変更します。

	ID	X1	X2	X3	X4	X5	T	Y	線形[1]	傾向スコア	確率[0]	最尤 T
1	P-001	1	50	1	29.5	10	1	1	1.7409534245	0.8508081276	0.1491918724	1
2	P-002	0	67	0	24	8	0	0	-0.569578089	0.3613341844	0.6386658156	0
3	P-003	0	50	0	20.2	8	0	0	-1.274150414	0.2185475976	0.7814524024	0
4	P-004	0	49	0	20.1	12	1	1	0.7392332368	0.6768281635	0.3231718365	1
5	P-005	1	42	0	25.6	9	0	0	-0.570460173	0.3611306491	0.6388693509	0
6	P-006	1	52	0	24.5	8	0	0	-1.087165815	0.2521523495	0.7478476505	0

処置 (T) 間の傾向スコアの比較を、密度推定によりおこなってみます。

- [分析] > [二変量の関係]を選択し、「傾向スコア」を[Y, 目的変数]に、「T」を[X, 説明変数]に指定し、[OK]をクリックします。
- レポート「T による傾向スコアの一元配置分析」の左にある赤い三角ボタンから [密度] > [密度の比較] を選択します。

各群の傾向スコアに対し、カーネル密度により推定した滑らかな曲線が表示されます。赤色の曲線は処置群 ($T = 1$)、青色の曲線は対照群 ($T = 0$) です。処置群は、傾向スコアが 0.6~0.8あたりの密度が高くなっていますが、対照群は、0.1~0.3あたりの密度が高くなっていることがわかります。



4. マッチング

複数の共変量を1つの変量である「傾向スコア」にまとめたので、傾向スコアが類似している処置群の被験者と対照群の被験者をマッチングします。弊社では、最近傍マッチングにより、1対1のマッチングをおこなうサンプルアドインを提供しています。このアドインでは、キャリパー（Caliper）を指定することにより、マッチングするスコアの差の絶対値が一定の値におさまる被験者を対象に、マッチングをおこなうことができます。以下では、アドインのインストール方法、メニュー構成、実行方法について説明します。

重要事項：アドインを利用する際は、次の点にご注意ください。

- このアドインは JMP 11.0 以上のバージョンでご利用することができます。それ以前のバージョンの JMP では利用することができません。
- このアドインはサンプルとして作成したものであり、JMP 標準の機能ではありません。そのため動作の保障や結果の保障はしておりません、スクリプトの内容に関するテクニカルサポートについてもおこなっておりません。

●アドインのインストール

アドインファイル（拡張子 jmpaddin）は、以下の場所からダウンロードすることができます。

<http://www.jmp.com/content/dam/jmp/documents/jp/support/propensityaddin.zip>

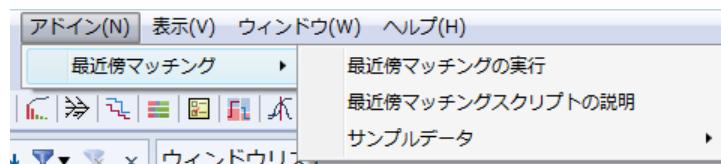
ダウンロードした zip ファイルを解凍すると、JMP のアドインファイル「jmpjapan.addin.matching.jmpaddin」が展開されます。

ダウンロード後、次の手順でインストールをおこないます。

- アドインファイル「jmpjapan.addin.matching.jmpaddin」をマシンの任意の場所に保存します。
- JMP を起動後、メニューバーから [ファイル] > [開く]を選択し、手順 1 で保存したアドインファイルの場所を指定して開きます。
- “JMP アドイン ”matching_propensity(jpjapan.addin.matching)” をインストールしますか?” というメッセージが表示されるので、[インストール]を選択します。

(手順 1、2 については、アドインファイルを直接ダブルクリックすることでも実行することができます。)

インストールが完了すると、メニューバーの [アドイン] メニューに [最近傍マッチング] が追加されます。これでアドインが登録されたことになります。



●アドインのメニュー

アドイン「最近傍マッチング」は、次の3つのメニューで構成されています。

最近傍マッチングの実行

マッチングを実行します。乱数シードやキャリパーなどを指定することができます。

最近傍マッチングスクリプトの説明

最近傍マッチングのスクリプト（アドインの中に含まれているマッチングのプログラム）について詳細に記載した資料。

傾向スコアによる分析手法について、スクリプトの使用例、最近傍マッチングの概要、スクリプトの処理方法についての記載があります。

サンプルデータ

マッチングのサンプルデータです。”小さい疑似データ”と”疑似データ”の2つのデータを用意しています。

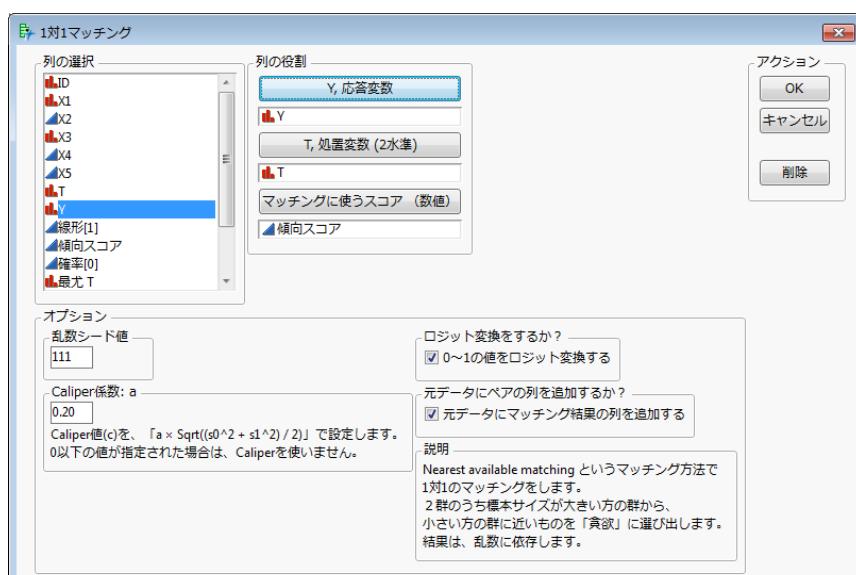
●アドインの実行

アドインを用い、3章で作成した列「傾向スコア」を用いる1対1マッチングをおこなってみます。

データテーブル「PS artificial datajmp」をアクティブにした状態で、JMPのメニューバーより【アドイン】>【最近傍マッチング】>【最近傍マッチングの実行】を選択します。

「1対1マッチング」のダイアログが起動し、ここでは、次のように列やオプションを指定します。

- 列「Y」を選択し、[Y, 応答変数]をクリックします。
- 列「T」を選択し、[T, 処置変数(2水準)]をクリックします。
- 列「傾向スコア」を選択し、[マッチングに使うスコア(数値)]をクリックします。
- 「乱数シード値」を「111」に指定します。
- Caliper係数aを「0.20」に指定します。
- 「0~1の値をロジット変換する」のチェックは入れておきます。
- 「元データにマッチング結果の列を追加する」にチェックを入れます。



以上の設定では、傾向スコアをロジット変換し、処置群の不偏分散($s1^2$)と対照群の不偏分散($s0^2$)の和を2で割り、平方根をとった値の0.2倍をキャリパーとして指定していることになります。

ダイアログの下側のオプションの意味は以下の通りです。

乱数シード値

マッチングで用いる乱数シードを指定します。用いる乱数によって、マッチングの結果は変わってきます。ここでは、本資料と同じ結果にするために、便宜的に乱数シード値を「111」とします。乱数シードが同じであれば、マッチングの結果は同じになります。

Caliper 係数 : a

キャリパーに対する係数aを指定します。デフォルトは「0.05」であり、実際のキャリパー値cは、aの値と、「T」の値が1のとき(処置群)の傾向スコアの不偏分散(s1)と、「T」の値が0のとき(対照群)の傾向スコアの不偏分散(s0)から、 $a \times \sqrt{(s0^2 + s1^2)/2}$ で計算します。aの値を小さくすると、マッチングする基準を厳しめに設定することになり、結果的にマッチングされないケースが多くなります。一方、aの値を大きくするとマッチングする基準を緩めに設定することになり、結果的に多くのケースがマッチングされます。ここでは、aの値として「0.20」を用いることにします。

ロジット変換をするか？

チェックを入れると、0~1の値に対してロジット変換をおこないます。ロジット変換とは、pをマッチングに使うスコアとするとき、 $\log(p/(1-p))$ という変換のことです。デフォルトではチェックが入っていますが、そのままチェックを入れておきます。

チェックを入れているときは、元のデータテーブルに、ロジット変換した列「ロジット変換スコア」が追加されます。

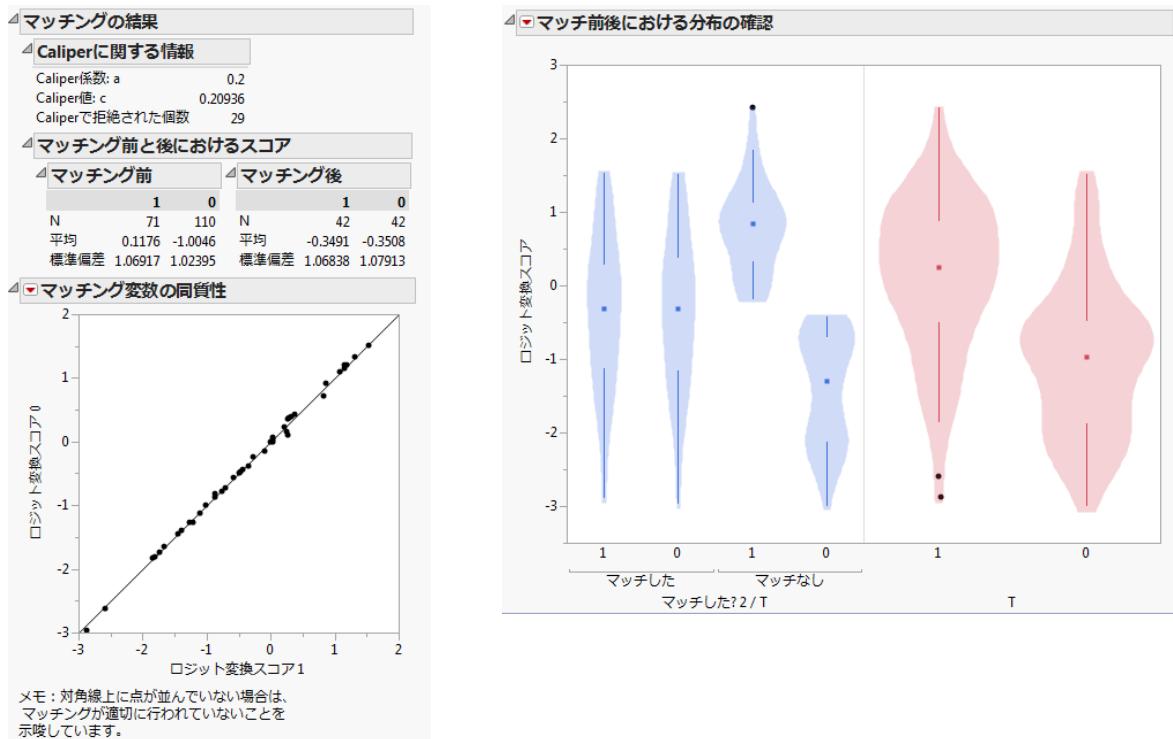
(注意：ロジスティック回帰において、確率の計算式を保存したときに作成される列「線形[1]」は、傾向スコア（「確率[1]」）をロジット変換した列に相当します。そのため、マッチングに使うスコアに「線形[1]」を指定し、ロジット変換するか？のチェックを外した設定と同じになります。)

元データにペアの列を追加するか？

チェックを入れると、元のデータテーブルの最後に、行ごとにマッチしたペアの情報、マッチングが行われたか否かの情報が追加されます。デフォルトではチェックが入っていませんが、ここではチェックを入れておきます。

列やオプションを指定し[OK]をクリックと、レポート、データテーブルが表示されます。

レポート「マッチングの結果」と「マッチ前後における分布の確認」を参照します。



●マッチングの結果

「マッチングの結果」にはキャリパー値、 T の群（処置群、対照群）ごとの N 、平均、標準偏差がマッチングの前、後で別々に表示されます。「Caliperに関する情報」より、キャリパー値 c は、0.20936 であることがわかります。マッチングをおこなう際、処置群のスコア（ロジット変換したもの）と対照群のスコア（ロジット変換したもの）の差の絶対値が 0.20936 以上であれば、マッチングは行われずキャリパーで拒絶されることになります。ここでは、キャリパーで 29 個が拒絶されたため、処置群の被験者 ($T = 1$) 71 例のうち 29 例はマッチングされず、マッチングされたのは 42 例 ($= 71 - 29$) です。

「マッチング前と後におけるスコア」より、マッチング後の処置群、対照群の被験者はいずれも 42 例であり、それぞれの平均と標準偏差がほぼ等しくなっていることがわかります。

「マッチング変数の同質性」には、マッチされた被験者に対し、横軸を処置群の傾向スコアをロジット変換した値（ロジット変換スコア 1）、縦軸を対照群の傾向スコアをロジット変換した値（ロジット変換スコア 2）としてプロットした散布図が表示されます。散布図上の対角線は、処置群のロジット傾向スコアと、対照群のロジット傾向スコアが一致するところです。この線にプロット点が並んでいれば、各群のスコアが等しくなっています。この例では、ほぼすべての点が対角線上に並んでいます。

●マッチング前後における分布の確認

「マッチ前後における分布の確認」には、バイオリンプロットが描かれます。バイオリンプロットは、カーネル密度推定により推定した密度を Y 軸に平行な直線に対して対称にプロットしたもので、マッチングする前の処置群間での分布の比較、マッチング後の処置群間での分布の比較をおこなうことができます。グラフ右半分の赤色のグラフはマッチング前の分布であり、 $T = 1$ の方が $T = 0$ に比べ、高い位置に分布しているのがわかります。グラフ左半分の青色のグラフにはマッチした被験者に対する分布、マッチしなかった被験者に対する分布が表示されます。マッチした被験者では、処置群と対照群で分布がほぼ等しくなっていることがわかります。

●マッチングの結果

データテーブル「マッチングの結果」は、マッチングされたデータの詳細を示しています。

最初の3列は処置群の被験者情報を、最後の3列は対照群の被験者情報を示します。

行番号	ロジット変換スコアA	Y1	行番号	ロジット変換スコア0	Y0
1	142	1.53754739992444	1	122	1.51584932706909
2	99	-1.38831393181003	0	149	-1.40163561683935
3	143	-1.4431885464586	0	34	-1.45639507773664
4	109	-1.01090847780412	1	84	-1.00446686493232
5	39	0.0363781040261656	1	71	0.0337313301713396
6	160	-0.0887940154188987	0	175	-0.147366655173377
7	93	0.0238731870236295	0	19	0.0047852610425084
8	126	0.216000939180895	0	135	0.227815923916612
9	9	-1.1055224003849	1	22	-1.12083209248075
10	180	1.14316030193297	1	91	1.15842192787915
11	105	1.31566197657419	0	125	1.33138178811554
12	118	-0.874474986660354	0	181	-0.868276802468881

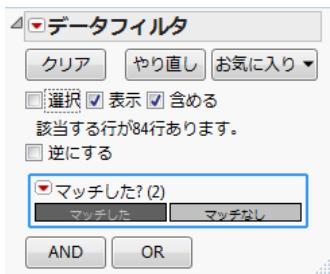
例えば1行目であれば、元データの142行目の処置群の被験者と、元データの122行目の対照群の被験者がマッチングされ、処置群の被験者のロジット傾向スコアは1.5375、Yの値は1(効果あり)であり、一方、対照群の被験者の傾向スコアは1.5158、Yの値が0(効果なし)であることを示しています。

元のデータ「PS artificial data.jmp」には、最後に新しい列「ペア」、「マッチした?」が追加されます。122行目と142行目は、1番目にマッチングされたペアであるため、「ペア」の値が1となっています。

X3	X4	X5	T	Y	線形[1]	傾向スコア	確率[0]	最尤T	ロジット変換スコア	ペア	マッチした?
121	1	24.6	7	0	0	-0.420697042	0.3963499662	0.6036500338	0	-0.420697	• マッチなし
122	1	27.3	10	0	0	1.5158493271	0.8199264595	0.1800735405	1	1.51584933	1 マッチした
123	1	43.7	8	1	1	2.422809273	0.9185501697	0.0814498303	1	2.42280927	• マッチなし
124	1	19.3	10	1	0	0.8878496894	0.7084462247	0.2915537753	1	0.88784969	• マッチなし
125	0	28.3	11	0	0	1.3313817881	0.7910691069	0.2089308931	1	1.33138179	11 マッチした
126	0	22.5	11	1	0	0.2160009392	0.553791255	0.446206745	1	0.21600094	8 マッチした
127	0	31.7	10	1	0	1.2775175329	0.7820269093	0.2179730907	1	1.27751753	• マッチなし
128	0	23.1	8	0	0	-0.802135597	0.3095688793	0.6904311207	0	-0.80213556	• マッチなし
129	0	23.2	6	0	0	-2.297422059	0.0913366901	0.9086633099	0	-2.2974221	• マッチなし
130	0	28.5	10	1	1	0.4641866117	0.6140068856	0.3859931144	1	0.46418661	• マッチなし
131	1	24.2	8	1	0	0.0253695027	0.5063420355	0.4936579645	1	0.0253695	25 マッチした
132	0	22.5	4	0	0	-2.983190779	0.0481910607	0.9518089393	0	-2.9831908	• マッチなし
133	1	23.6	10	0	1	1.2068996009	0.7697499095	0.2302500905	1	1.2068996	18 マッチした
134	0	19.8	11	0	0	0.3632127242	0.5898179209	0.4101820791	1	0.36321272	14 マッチした
135	0	23.6	10	0	0	0.2278159239	0.5567089263	0.4432910737	1	0.22781592	8 マッチした
136	0	26.8	9	0	0	-0.41886187	0.3967891267	0.6032108733	0	-0.4188619	• マッチなし
137	1	24.3	9	1	0	0.5742216006	0.6397367157	0.3602632843	1	0.5742216	• マッチなし
138	0	27.9	6	0	0	-1.558390195	0.173877765	0.826122235	0	-1.5583902	• マッチなし
139	1	28.3	7	0	1	0.15238331	0.5380222807	0.461977193	1	0.15238331	31 マッチした
140	0	31.9	7	1	0	-0.437604424	0.3923119349	0.6076880651	0	-0.4376044	40 マッチした
141	0	24.2	6	0	0	-2.091850953	0.1098913922	0.8901086078	0	-2.091851	• マッチなし
142	1	22.6	11	1	1	1.5375473999	0.8231079065	0.1768920935	1	1.5375474	1 マッチした
143	0	22.1	8	1	0	-1.443188546	0.1910520694	0.8089479306	0	-1.4431885	3 マッチした

マッチング後の、処置群と対照群に対する共変量の要約統計量、群間比較を算出するには、データテーブルの列「マッチした?」の値”マッチした”のデータに絞り込み、2章で説明したように[二変量の関係]において、「X1」～「X5」を[Y,目的変数]に、「T」を[X,説明変数]に指定します。ここでは、[データフィルタ]の機能を用い、絞り込みをおこなってみます。

- データテーブル「PS artificial data.jmp」をアクティブにし、[行] > [データフィルタ]を選択します。
- フィルタ列の追加において、列「マッチした?」を選択し、[追加]をクリックします。
- [選択]のチェックをはずし、[表示]、[含める]にチェックを入れます。



	X3	X4	X5	T	Y	線形[1]	傾向スコア	確率[0]	尾尤 T	ロジット変換スコア	ペア	マッチした?
1	1	29.5	10	1	1	1.7409534245	0.8508081276	0.1491918724	1	1.74095342	• マッチなし	
2	0	24	8	0	0	-0.569578089	0.3613341844	0.6386658156	0	-0.5695781	• マッチなし	
3	0	20.2	8	0	0	-1.274150414	0.2185475976	0.7814524024	0	-1.2741504	27 マッチした	
4	0	20.1	12	1	1	0.7392332368	0.6768281635	0.3221718365	1	0.73923324	• マッチなし	
5	0	25.6	9	0	0	-0.570460173	0.3611306491	0.6388693509	0	-0.5704602	37 マッチした	
6	0	24.5	8	0	0	-1.087165815	0.2521523495	0.7478476505	0	-1.0871658	• マッチなし	
7	1	22.9	9	1	1	0.4369765074	0.6075383576	0.3924616424	1	0.43697651	• マッチなし	
8	0	29.1	7	0	0	-0.553949925	0.3649484827	0.6350151173	0	-0.5539499	• マッチなし	

この後、分析をおこなうと、マッチングがおこなわれたデータだけを対象に分析をおこないます。

マッチング前とマッチング後の要約統計量、検定の p 値を表にまとめます。分類変数である X1、X3 については、度数、割合と Pearson カイ 2 乗検定の p 値を、連続変数である X2、X4、X5 については、平均士標準偏差と、t 検定の p 値を記載します。併せて、処置群と対照群間のマッチングのバランスを確認するために、標準化した差 (standardized difference) も記載します。

変数	マッチング前				マッチング後			
	処置群 (N = 71)	対照群 (N = 110)	p 値	標準化した差	処置群 (N = 42)	対照群 (N = 42)	p 値	標準化した差
X1			0.142	0.227			0.491	0.151
1	52 (0.732)	69 (0.627)			29 (0.690)	26 (0.619)		
0	19 (0.267)	41 (0.372)			13 (0.310)	16 (0.381)		
X2	54.11±8.62	53.45±8.32	0.604	0.079	55.83±9.41	53.52±7.84	0.225	0.267
X3			0.005	0.436			0.649	0.100
1	34 (0.479)	30 (0.272)			14 (0.333)	16 (0.381)		
0	37 (0.521)	80 (0.728)			28 (0.667)	26 (0.619)		
X4	25.03±3.77	24.10±2.92	0.063	0.277	24.76±2.80	24.14±3.16	0.412	0.180
X5	8.85±1.68	7.30±1.94	<.001	0.852	8.29±1.76	8.31±1.94	0.953	0.013

標準化した差 d (Rosenbaum, P. R., and D. B. Rubin (1985), Dongsheng, Y and Jarrod, D (2012))

連続量の共変量については次の式で計算されます。分子は処置群と対照群の平均の差の絶対値です。

$$d = \frac{|\bar{x}_1 - \bar{x}_0|}{\sqrt{\frac{s_1^2 + s_0^2}{2}}}$$

カテゴリカルな共変量については、次の式で計算されます。分子は、処置群と対照群の割合の差の絶対値です。

$$d = \frac{|p_1 - p_0|}{\sqrt{\frac{p_1(1-p_1) + p_0(1-p_0)}{2}}}$$

(注意：標準化した差は、JMP のレポートに出力される統計量から計算します。)

マッチング前の X3、X4、X5 についての p 値は小さいですが、マッチング後の p 値は大きくなっています。そこで、対応のある 2 値変数の割合を比較する McNemar (マクネマー) 検定をおこなってみます。

マッチングされたデータがあれば、対応のあるデータとして扱うことができます。そこで、対応のある 2 値変数の割合を比較する McNemar (マクネマー) 検定をおこなってみます。

●McNemar（マクネマー）検定

- データテーブル「マッチングの結果.jmp」をアクティブにし、[分析] > [二変量の関係]を選択します。
- 「Y1」を[Y, 目的変数]に、「Y0」を[X, 説明変数]に指定し、[OK]をクリックします。
- レポート「Y0とY1の分割表に対する分析」の左にある赤い三角ボタンから、[一致性の統計量]を選択します。



分割表を参照すると、マッチングされた 42 のペアに対し、Y1（処置群）で値が 1（効果あり）の割合は 35.71%、Y0（対照群）で値が 1（効果あり）の割合は 26.19%です。

2×2 表の場合、レポート「Bowker 検定」は、McNemar 検定の結果となります。この p 値は 0.3458 であり、処置、対照間で効果の割合に有意差はありません。

なお、登録したアドインを解除するには、以下の操作をおこないます。

●アドイン登録の解除方法

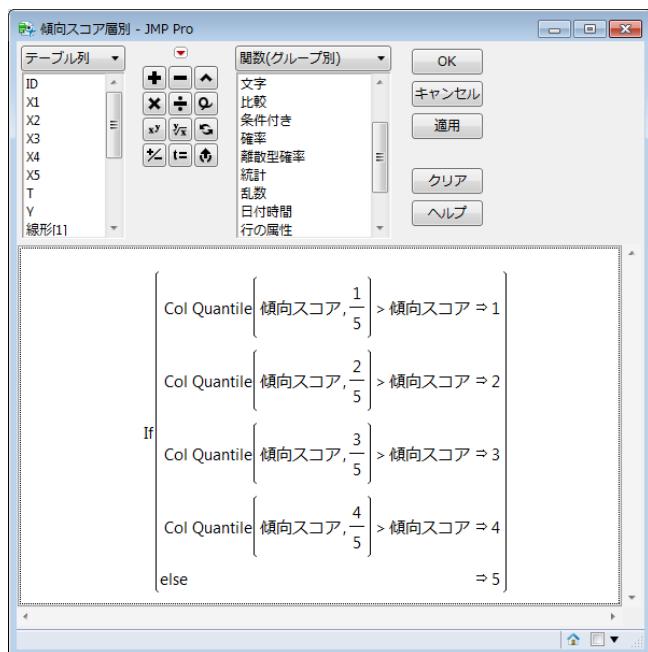
- JMP のメニューバーから [表示] > [アドイン]を選択します。
- 登録済みアドインの中から「propen_score」を選択して、[登録解除]をクリックします。

5. 層別分析

この章では、傾向スコアを用いた層別の方法を説明します。ここでは、傾向スコアの分位点により 5 つの層に分ける層別をおこないます。JMP で分位点による層別をおこなうには、計算式を作成する方法が便利です。JMP の関数 Col Quantile(列名、p) は、指定した列の p% 点を返します。これより、次の手順で傾向スコアを 5 つに層別します。

●分位点の計算式の作成

- データテーブル「PS artificial data.jmp」をアクティブにし、メニューから [列] > [列の新規作成]をクリックします。
- 列名を「傾向スコア層別」とし、尺度を[名義尺度]に変更します。
- 左下の [列プロパティ]から [計算式]を選択します。
- [条件付き] グループにある [If] 関数と、[統計] グループにある [Col Quantile] 関数を使い、次のように計算式を作成します。



5. [OK] をクリックします。

最後の列に「傾向スコア層別」が追加されます。

線形[1]	傾向スコア	確率[0]	最尤 T	ペア	マッチした?	傾向スコア層別
-0.420697042	0.3963499662	0.6036500338	0		• マッチなし	3
1.5158493271	0.8199264595	0.1800735405	1		1 マッチした	5
2.422809273	0.9185501697	0.0814498303	1		• マッチなし	5
0.8878496894	0.7084462247	0.2915537753	1		• マッチなし	5
1.3313817881	0.7910691069	0.2089308931	1	10	マッチした	5
0.2160009392	0.553791255	0.446208745	1	7	マッチした	4
1.2775175329	0.7820269093	0.2179730907	1		• マッチなし	5
-0.802135597	0.3095688793	0.6904311207	0		• マッチなし	3
-2.297422059	0.0913366901	0.9086633099	0		• マッチなし	1
0.4641866117	0.6140068856	0.3859931144	1	29	マッチした	4
0.0253695027	0.5063420355	0.4936579645	1		• マッチなし	4
-2.983190779	0.0481910607	0.9518089393	0		• マッチなし	1
1.2068996009	0.7697499095	0.2302500905	1	16	マッチした	5
0.3632127242	0.5898179209	0.4101820791	1	20	マッチした	4
0.2278159239	0.5567089263	0.4432910737	1	7	マッチした	4

処置ごとに、各層（層1～層5）に属する被験者数を知るために、[表の作成]を用いて分割表を作成してみます。

- [分析] > [表の作成]を選択します。
- 列「傾向スコア層別」を [列のドロップゾーン]にドロップします。
- 列「T」を行側にドロップします。

「T」と「傾向スコア層別」の分割表が作成されます。

表の作成

表に追加するには、列や統計量を、テーブルの列見出しや行ラベルの領域にドラッグ＆ドロップしてください。

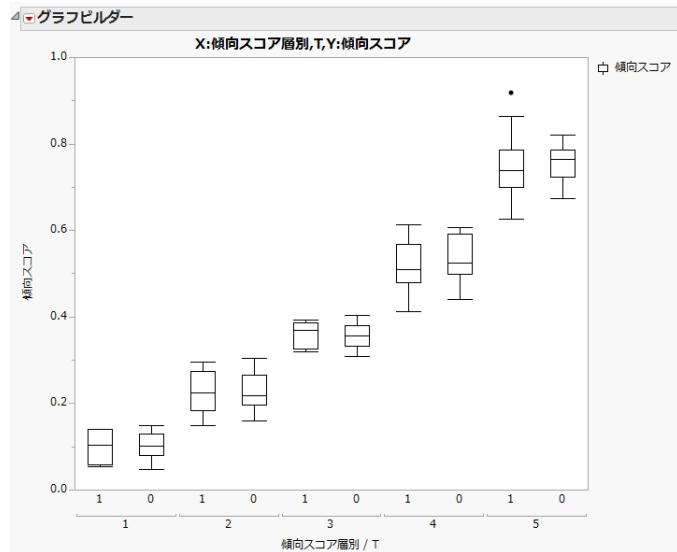
	傾向スコア層別				
T	1	2	3	4	5
1	4	10	6	23	28
0	32	26	31	13	8

元に戻す やり直し 完了

5つの層、Tで分けたときの、傾向スコアの分布を知るために、[グラフビルダー]を用いて箱ひげ図を描いてみます。

- [グラフ] > [グラフビルダー]を選択します。
- 「傾向スコア」を [Y] のゾーンにドロップします。
- 「傾向スコア層別」を [X] のゾーンにドロップします。
- 「T」を [X] のゾーンにドロップし、「傾向スコア層別」の入れ子にします。
- [箱ひげ図]のアイコンをクリックします。

箱ひげ図が描かれます。



Cochran–Mantel–Haenszel 検定は、層別化された複数の分割表における全体的な傾向を見る手法です。ここでは、「傾向スコア層別」で層別化された Y と T の関係を見る分割表を統合して分析するメタ分析として Cochran–Mantel–Haenszel 検定をおこなってみます。

●Cochran–Mantel–Haenszel 検定

1. [分析] > [二変量の関係]を選択し、「Y」を [Y, 目的変数]、「T」を [X, 説明変数]に指定し [OK]をクリックします。
2. レポート「T と Y の分割表に対する分析」の左にある赤い三角ボタンから [Cochran–Mantel–Haenszel 検定]を選択します。
3. グループ変数として「傾向スコア層別」を選択し、[OK]をクリックします。

レポート「Cochran–Mantel–Haenszel 検定」が表示され、「度数」には、層ごとの分割表が表示されます。

Cochran–Mantel–Haenszel検定			
層別変数: 傾向スコア層別	Cochran–Mantel–Haenszel検定		
	カイ2乗	自由度	p値(Prob>Chisq)
スコアの相間	5.5000	1	0.0190*
X間でのスコア比較	5.5000	1	0.0190*
Y間でのスコア比較	5.5000	1	0.0190*
カテゴリの一般連関	5.5000	1	0.0190*

度数

△傾向スコア層別 = 1

		Y	
		度数1	0
1	2	2	4
0	5	27	32
	7	29	36

△傾向スコア層別 = 2

		Y	
		度数1	0
1	5	5	10
0	2	24	26
	7	29	36

△傾向スコア層別 = 3

		Y	
		度数1	0
1	1	5	6
0	8	23	31
	9	28	37

△傾向スコア層別 = 4

		Y	
		度数1	0
1	9	14	23
0	4	9	13
	13	23	36

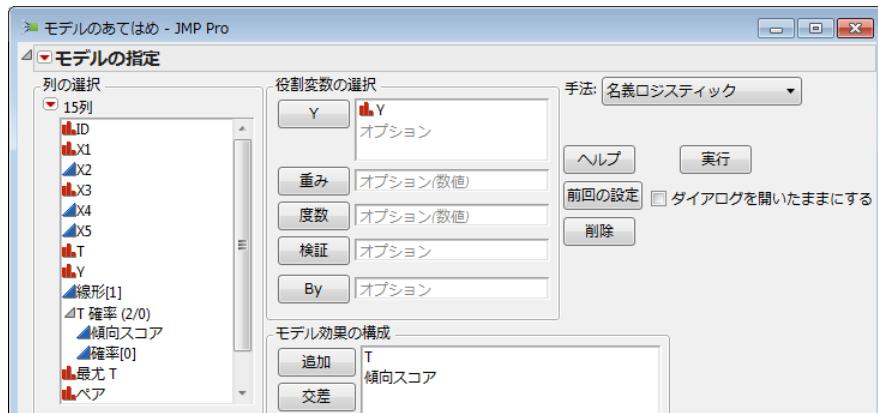
2×2表の場合、表示される4つの検定結果は等しくなります。検定のp値は0.0190であり有意です。そのため、傾向スコアの層で層別したときでも、処置群と対照群とで、効果ありの割合に有意差があります。

6. 回帰分析

傾向スコアによるマッチングや、傾向スコアによる層別分析を前の章では説明しました。または傾向スコアそのものの代わりに、傾向スコアによって層別したときの層(1~5)を説明変数に含めロジスティック回帰分析をおこなうことも考えられます。後者の分析は、一種の層別分析と言えます。T(処置)の違いによって、Y(アウトカム)に差があるかどうかを見るのが目的ですが、この関係を回帰分析によってモデル化する際、性別、年齢などの共変量は傾向スコアに吸収されたと考え、ロジスティック回帰分析において、個々の共変量の代わりに傾向スコアを説明変数に含めます。または傾向スコアの代わりに、傾向スコアによって層別したときの層(1~5)を説明変数に含めロジスティック回帰分析をおこなうことも考えられます。ここでは、これら2つのロジスティック回帰分析をおこなってみます。

●傾向スコアを共変量として含めるロジスティック回帰 (Y = T + 傾向スコア)

- [分析] > [モデルのあてはめ]を選択します。
- 「Y」を選択し、[Y]をクリックします。
- 列「T」、「傾向スコア」を選択し、[追加]をクリックします。



- [実行]をクリックします。

ロジスティック回帰のレポートが表示されます。

名義ロジスティックのあてはめ Y

勾配で収束しました、4回の反復

モデル全体の検定

モデル	(-1)*対数尤度	自由度	カイ2乗	p値(Prob>ChiSq)
差	6.39257	2	12.78514	0.0017*
完全	101.23281			
縮小	107.62538			

R2乗(U)	0.0594
AICc	208.601
BIC	218.061
オブザベーション(または重みの合計)	181

指標	学習 定義
エントロピーR2乗	0.0594 1-Loglike(model)/Loglike(0)
一般化R2乗	0.0981 (1-(L(0)/L(model))^(2/n))/(1-L(0)^(2/n))
平均 -Log p	0.5593 Σ -Log(p[j])/n
RMSE	0.4338 √ Σ(y[j]-p[j])^2/n
平均 絶対偏差	0.3761 Σ y[j]-p[j] /n
誤分類率	0.2762 Σ (p[j]≠pMax)/n
N	181 n

あてはまりの悪さ(LOF)

要因	自由度	(-1)*対数尤度	カイ2乗
あてはまりの悪さ(LOF)	178	101.23281	202.4656
飽和モデル	180	0.00000	p値(Prob>ChiSq)
あてはめたモデル	2	101.23281	0.1009

パラメータ推定値

項	推定値	標準誤差	カイ2乗	p値(Prob>ChiSq)
切片	-1.310418	0.3972578	10.88	0.0010*
T[1]	0.45280088	0.1932767	5.49	0.0191*
傾向スコア	1.01744916	0.8282687	1.51	0.2193

推定値は次の対数オッズに対するものです：1/0

推定値の共分散

効果の尤度比検定

要因	パラメータ数	自由度	尤度比カイ2乗	p値(Prob>ChiSq)
T	1	1	5.5279061	0.0187*
傾向スコア	1	1	1.50863893	0.2193

指定したモデルの適合度をみる「モデル全体の検定」の p 値は有意になっており、指定したモデルは切片だけのモデルより良いといえます。指定したモデルで十分データにあてはまっているかどうかをみる「あてはまりの悪さ (LOF)」の p 値は有意ではなく、多項式や交互作用を追加するなどしてモデルを複雑にしても、得られるものは少ないといえます。そのため、指定したモデルはよくあてはまっているといえます。

「効果の尤度比検定」を参照すると、要因 T の p 値は 0.0187 で有意です。

●傾向スコアで層別した層別変数を含めるロジスティック回帰 ($Y = T + \text{傾向スコア層別}$)

今度は 5 章で作成した傾向スコアを 5 つに層別した変数「傾向スコア層別」を「傾向スコア」の代わりにモデルに含めてロジスティック回帰をおこなってみます。

[モデルのあてはめ]で「Y」に[Y]、「モデル効果の構成」で次のように「T」、「傾向スコア層別」を追加し、[実行]をクリックします。



ロジスティック回帰のレポートが表示されます。

名義ロジスティックのあてはめ Y

勾配で収束しました、4回の反復

モデル全体の検定

モデル	(-1)*対数尤度	自由度	カイ2乗	p値(Prob>ChiSq)
差	6.41492	5	12.82983	0.0250*
完全	101.21046			
縮小	107.62538			

R2乗(U)	0.0596
AICc	214.904
BIC	233.612
オブザベーション(または重みの合計)	181

指標	学習 定義
エントロピーR2乗	0.0596 1-Loglike(model)/Loglike(0)
一般化R2乗	0.0984 (1-(L(0)/L(model))^(2/n))/(1-L(0)^(2/n))
平均 -Log p	0.5592 Σ -Log(p[j])/n
RMSE	0.4345 √ Σ(y[j]-p[j])^2/n
平均 絶対偏差	0.3767 Σ y[j]-p[j] /n
誤分類率	0.2818 Σ (p[j]≠pMax)/n
N	181 n

あてはまりの悪さ(LOF)

要因	自由度	(-1)*対数尤度	カイ2乗
あてはまりの悪さ(LOF)	4	2.92764	5.855284
飽和モデル	9	98.28282	p値(Prob>ChiSq)
あてはめたモデル	5	101.21046	0.2102

パラメータ推定値

項	推定値	標準誤差	カイ2乗	p値(Prob>ChiSq)
切片	-0.9082371	0.1749773	26.94	<.0001*
T[1]	0.47538443	0.2029933	5.48	0.0192*
傾向スコア層別[1]	-0.1701461	0.3918188	0.19	0.6641
傾向スコア層別[2]	-0.3573831	0.3759033	0.90	0.3417
傾向スコア層別[3]	0.06547797	0.3617334	0.03	0.8564
傾向スコア層別[4]	0.17314054	0.3405763	0.26	0.6112

推定値は次の対数オッズに対するものです：1/0

推定値の共分散

効果の尤度比検定

要因	パラメータ数	自由度	尤度比カイ2乗	p値(Prob>ChiSq)
T	1	1	5.56229762	0.0184*
傾向スコア層別	4	4	1.55333332	0.8172

「モデル全体の検定」は有意であり、「あてはまりの悪さ」は有意でないため、「傾向スコア層別」を共変量に含めた場合でも、あてはまりが良いといえます。

「効果の尤度比検定」を参照すると、要因 T の p 値は 0.0184 で有意です。

参考文献

- Rosenbaum, P. R., and D. B. Rubin (1983). The central role of the propensity score in observational studies for causal effects. *Biometrika* 70: 41–55.
- Douglas, F et al (2010). Analysis of Observational Health Care Data Using SAS.
- Rosenbaum, P. R., and D. B. Rubin (1985). Constructing a control group using multivariate matched sampling methods that incorporate the propensity score. *The American Statistician* 39: 33–38.
- Dongsheng, Y and Jarrod, D (2012). A unified approach to measuring the effect size between two groups using SAS. SAS Global Forum 2012.

変更履歴

2015 年 2 月 サンプルアドイン、サンプルデータのダウンロード先を変更

問い合わせ先

SAS Institute Japan 株式会社 JMP ジャパン事業部

〒106-6111 東京都港区六本木 6-10-1 六本木ヒルズ 6-10-1 六本木ヒルズ森タワー11F

http://www.jmp.com/ja_jp/

E-mail: jmpjapan@jmp.com