

## 正誤表

『できる！ 傾向スコア分析 SPSS・Stata・R を用いた必勝マニュアル』第1版第1刷（2018年6月25日発行）、第2刷（2019年7月20日発行）、第3刷（2022年1月10日）、第4刷（2024年7月5日）に誤りがございました。下記のとおり訂正し、お詫び申し上げます。

2025年6月9日

金原出版株式会社

### 記

<b>頁</b>	59																																					
<b>訂正箇所</b>	画像部分と本文																																					
<b>誤</b>	<div style="text-align: center;"> <p><b>係数<sup>a</sup></b></p> <table border="1" style="margin: auto; border-collapse: collapse;"> <thead> <tr> <th rowspan="2">モデル</th> <th colspan="2">非標準化係数</th> <th>標準化係数</th> <th rowspan="2">t値</th> <th rowspan="2">有意確率</th> <th colspan="2">Bの95.0%信頼区間</th> </tr> <tr> <th>B</th> <th>標準誤差</th> <th>ベータ</th> <th>下限</th> <th>上限</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>1 (定数)</td> <td>48.805</td> <td>.107</td> <td></td> <td>457.685</td> <td>.000</td> <td>48.596</td> <td>49.014</td> </tr> <tr> <td>TreatmentX</td> <td>1.535</td> <td>.167</td> <td>.076</td> <td>9.185</td> <td>.000</td> <td>1.207</td> <td>1.862</td> </tr> <tr> <td>予測確率</td> <td>-21.019</td> <td>.289</td> <td>-.602</td> <td>-72.799</td> <td>.000</td> <td>-21.585</td> <td>-20.454</td> </tr> </tbody> </table> <p>a. 従属変数 ADL_disc</p> </div> <p>傾向スコアで調整後、治療薬 X は退院時 ADL スコアを 1.5 点（95%信頼区間：<u>1.2–1.9</u> 点）改善する。</p>	モデル	非標準化係数		標準化係数	t値	有意確率	Bの95.0%信頼区間		B	標準誤差	ベータ	下限	上限	1 (定数)	48.805	.107		457.685	.000	48.596	49.014	TreatmentX	1.535	.167	.076	9.185	.000	1.207	1.862	予測確率	-21.019	.289	-.602	-72.799	.000	-21.585	-20.454
モデル	非標準化係数		標準化係数	t値	有意確率			Bの95.0%信頼区間																														
	B	標準誤差	ベータ			下限	上限																															
1 (定数)	48.805	.107		457.685	.000	48.596	49.014																															
TreatmentX	1.535	.167	.076	9.185	.000	1.207	1.862																															
予測確率	-21.019	.289	-.602	-72.799	.000	-21.585	-20.454																															
<b>正</b>	<div style="text-align: center;"> <p><b>係数<sup>a</sup></b></p> <table border="1" style="margin: auto; border-collapse: collapse;"> <thead> <tr> <th rowspan="2">モデル</th> <th colspan="2">非標準化係数</th> <th>標準化係数</th> <th rowspan="2">t値</th> <th rowspan="2">有意確率</th> <th colspan="2">Bの95.0%信頼区間</th> </tr> <tr> <th>B</th> <th>標準誤差</th> <th>ベータ</th> <th>下限</th> <th>上限</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>1 (定数)</td> <td>48.786</td> <td>.035</td> <td></td> <td>1385.640</td> <td>.000</td> <td>48.717</td> <td>48.855</td> </tr> <tr> <td>TreatmentX</td> <td>1.479</td> <td>.055</td> <td>.118</td> <td>26.813</td> <td>.000</td> <td>1.371</td> <td>1.587</td> </tr> <tr> <td>予測確率</td> <td>-20.843</td> <td>.095</td> <td>-.961</td> <td>-218.633</td> <td>.000</td> <td>-21.030</td> <td>-20.656</td> </tr> </tbody> </table> <p>a. 従属変数 ADL_disc</p> </div> <p>傾向スコアで調整後、治療薬 X は退院時 ADL スコアを 1.5 点（95%信頼区間：<u>1.4–1.6</u> 点）改善する。</p>	モデル	非標準化係数		標準化係数	t値	有意確率	Bの95.0%信頼区間		B	標準誤差	ベータ	下限	上限	1 (定数)	48.786	.035		1385.640	.000	48.717	48.855	TreatmentX	1.479	.055	.118	26.813	.000	1.371	1.587	予測確率	-20.843	.095	-.961	-218.633	.000	-21.030	-20.656
モデル	非標準化係数		標準化係数	t値	有意確率			Bの95.0%信頼区間																														
	B	標準誤差	ベータ			下限	上限																															
1 (定数)	48.786	.035		1385.640	.000	48.717	48.855																															
TreatmentX	1.479	.055	.118	26.813	.000	1.371	1.587																															
予測確率	-20.843	.095	-.961	-218.633	.000	-21.030	-20.656																															

<b>頁</b>	67																																													
<b>訂正箇所</b>	画像部分と本文																																													
<b>誤</b>	<div style="text-align: center;"> <p><b>パラメータ推定値</b></p> <table border="1" style="margin: auto; border-collapse: collapse;"> <thead> <tr> <th rowspan="2">パラメータ</th> <th rowspan="2">B</th> <th rowspan="2">標準誤差</th> <th colspan="2">95% Wald 信頼区間</th> <th colspan="3">仮説の検定</th> </tr> <tr> <th>下限</th> <th>上限</th> <th>Wald カイ 2 乗</th> <th>自由度</th> <th>有意確率</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>(切片)</td> <td>40.878</td> <td>.2601</td> <td>40.369</td> <td>41.388</td> <td>24702.474</td> <td>1</td> <td>.000</td> </tr> <tr> <td>[TreatmentX=1]</td> <td>1.529</td> <td>.3457</td> <td>.852</td> <td>2.207</td> <td>19.567</td> <td>1</td> <td>.000</td> </tr> <tr> <td>[TreatmentX=0]</td> <td>0<sup>a</sup></td> <td>.</td> <td>.</td> <td>.</td> <td>.</td> <td>.</td> <td>.</td> </tr> <tr> <td>(尺度)</td> <td>197.161<sup>b</sup></td> <td>2.2766</td> <td>192.749</td> <td>201.674</td> <td></td> <td></td> <td></td> </tr> </tbody> </table> <p>従属変数: ADL_disc モデル: (切片), TreatmentX</p> </div> <p>治療薬 X は退院時 ADL を 1.5（95%信頼区間：<u>0.85–2.2</u>）改善する。</p>	パラメータ	B	標準誤差	95% Wald 信頼区間		仮説の検定			下限	上限	Wald カイ 2 乗	自由度	有意確率	(切片)	40.878	.2601	40.369	41.388	24702.474	1	.000	[TreatmentX=1]	1.529	.3457	.852	2.207	19.567	1	.000	[TreatmentX=0]	0 <sup>a</sup>	.	.	.	.	.	.	(尺度)	197.161 <sup>b</sup>	2.2766	192.749	201.674			
パラメータ	B				標準誤差	95% Wald 信頼区間		仮説の検定																																						
		下限	上限	Wald カイ 2 乗		自由度	有意確率																																							
(切片)	40.878	.2601	40.369	41.388	24702.474	1	.000																																							
[TreatmentX=1]	1.529	.3457	.852	2.207	19.567	1	.000																																							
[TreatmentX=0]	0 <sup>a</sup>	.	.	.	.	.	.																																							
(尺度)	197.161 <sup>b</sup>	2.2766	192.749	201.674																																										
<b>正</b>	<div style="text-align: center;"> <p><b>パラメータ推定値</b></p> <table border="1" style="margin: auto; border-collapse: collapse;"> <thead> <tr> <th rowspan="2">パラメータ</th> <th rowspan="2">B</th> <th rowspan="2">標準誤差</th> <th colspan="2">95% Wald 信頼区間</th> <th colspan="3">仮説の検定</th> </tr> <tr> <th>下限</th> <th>上限</th> <th>Wald カイ 2 乗</th> <th>自由度</th> <th>有意確率</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>(切片)</td> <td>40.752</td> <td>.3401</td> <td>40.085</td> <td>41.418</td> <td>14354.806</td> <td>1</td> <td>.000</td> </tr> <tr> <td>[TreatmentX=1]</td> <td>1.510</td> <td>.3716</td> <td>.782</td> <td>2.238</td> <td>16.509</td> <td>1</td> <td>.000</td> </tr> <tr> <td>[TreatmentX=0]</td> <td>0<sup>a</sup></td> <td>.</td> <td>.</td> <td>.</td> <td>.</td> <td>.</td> <td>.</td> </tr> <tr> <td>(尺度)</td> <td>85.815<sup>b</sup></td> <td>.9909</td> <td>83.895</td> <td>87.779</td> <td></td> <td></td> <td></td> </tr> </tbody> </table> <p>従属変数: ADL_disc モデル: (切片), TreatmentX</p> </div> <p>治療薬 X は退院時 ADL を 1.5（95%信頼区間：<u>0.78–2.2</u>）改善する。</p>	パラメータ	B	標準誤差	95% Wald 信頼区間		仮説の検定			下限	上限	Wald カイ 2 乗	自由度	有意確率	(切片)	40.752	.3401	40.085	41.418	14354.806	1	.000	[TreatmentX=1]	1.510	.3716	.782	2.238	16.509	1	.000	[TreatmentX=0]	0 <sup>a</sup>	.	.	.	.	.	.	(尺度)	85.815 <sup>b</sup>	.9909	83.895	87.779			
パラメータ	B				標準誤差	95% Wald 信頼区間		仮説の検定																																						
		下限	上限	Wald カイ 2 乗		自由度	有意確率																																							
(切片)	40.752	.3401	40.085	41.418	14354.806	1	.000																																							
[TreatmentX=1]	1.510	.3716	.782	2.238	16.509	1	.000																																							
[TreatmentX=0]	0 <sup>a</sup>	.	.	.	.	.	.																																							
(尺度)	85.815 <sup>b</sup>	.9909	83.895	87.779																																										

<b>誤</b>	<b>グループ統計量</b>										
		TreatmentX	度数	平均値	標準偏差	平均値の標準誤差					
	ADL_disc	0	3440	39.94	8.828	.151					
		1	3440	41.29	8.988	.153					
	<b>独立サンプルの検定</b>										
	等分散性のための Levene の検定					2つの母平均の差の検定					
			F 値	有意確率	t 値	自由度	有意確率 (両側)	平均値の差	差の標準誤差	差の 95% 信頼区間	
	ADL_disc	等分散を仮定する	9.174	.002	-6.273	6878	.000	-1.347	.215	-1.768	-.926
		等分散を仮定しない			-6.273	6875.781	.000	-1.347	.215	-1.768	-.926

<b>正</b>	<b>グループ統計量</b>										
		TreatmentX	度数	平均値	標準偏差	平均値の標準誤差					
	ADL_disc	0	3440	39.93	4.349	.074					
		1	3440	41.30	4.526	.077					
	<b>独立サンプルの検定</b>										
	等分散性のための Levene の検定					2つの母平均の差の検定					
			F 値	有意確率	t 値	自由度	有意確率 (両側)	平均値の差	差の標準誤差	差の 95% 信頼区間	
	ADL_disc	等分散を仮定する	75.502	.000	-12.780	6878	.000	-1.368	.107	-1.578	-1.158
		等分散を仮定しない			-12.780	6866.996	.000	-1.368	.107	-1.578	-1.158

以上

正誤表

『できる！ 傾向スコア分析 SPSS・Stata・R を用いた必勝マニュアル』第1版第1刷（2018年6月25日発行）、第2刷（2019年7月20日発行）に誤りがございました。下記のとおり訂正し、お詫び申し上げます。

2020年7月7日

金原出版株式会社

記

頁	訂正箇所	誤	正																																																													
25	式 (2)	$p = \frac{e^{(\beta_0 + \beta_1 X_1 + \beta_2 X_2 + \dots + \beta_n X_n)}}{1 - e^{(\beta_0 + \beta_1 X_1 + \beta_2 X_2 + \dots + \beta_n X_n)}}$ $= \frac{1}{1 + e^{-(\beta_0 + \beta_1 X_1 + \beta_2 X_2 + \dots + \beta_n X_n)}}$	$p = \frac{e^{(\beta_0 + \beta_1 X_1 + \beta_2 X_2 + \dots + \beta_n X_n)}}{1 + e^{(\beta_0 + \beta_1 X_1 + \beta_2 X_2 + \dots + \beta_n X_n)}}$ $= \frac{1}{1 + e^{-(\beta_0 + \beta_1 X_1 + \beta_2 X_2 + \dots + \beta_n X_n)}}$																																																													
96	上から 5～6 行目	<p>1:1 マッチングの場合は次の 2 行は省略できるが、1:n マッチングの場合は、_weight の調整が必要である。例えば 1:4 マッチングの場合は、以下のように入力する。</p>	<p>1:n マッチングの場合は、_weight の調整が必要である。例えば 1:4 マッチングの場合は、次の 2 行を追加する。1:1 マッチングの場合、次の 2 行は省略できる。</p>																																																													
97	画像部分	<pre>. tab sequela treatmentx ,col chi2 exact</pre> <table border="1" style="margin: 10px auto;"> <tr><td colspan="4">Key</td></tr> <tr><td colspan="4">frequency</td></tr> <tr><td colspan="4">column percentage</td></tr> </table> <table border="1" style="margin: 10px auto;"> <thead> <tr> <th rowspan="2">Death</th> <th colspan="2">TreatmentX</th> <th rowspan="2">Total</th> </tr> <tr> <th>0</th> <th>1</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>0</td> <td>3,080 90.38</td> <td>3,169 92.99</td> <td>6,249 91.68</td> </tr> <tr> <td>1</td> <td>328 9.62</td> <td>239 7.01</td> <td>567 8.32</td> </tr> <tr> <td>Total</td> <td>3,408 100.00</td> <td>3,408 100.00</td> <td>6,816 100.00</td> </tr> </tbody> </table> <p>Pearson chi2(1) = 15.2376 Pr = 0.000 Fisher's exact = 0.000 1-sided Fisher's exact = 0.000</p>	Key				frequency				column percentage				Death	TreatmentX		Total	0	1	0	3,080 90.38	3,169 92.99	6,249 91.68	1	328 9.62	239 7.01	567 8.32	Total	3,408 100.00	3,408 100.00	6,816 100.00	<pre>. tab sequela treatmentx ,col chi2 exact</pre> <table border="1" style="margin: 10px auto;"> <tr><td colspan="4">Key</td></tr> <tr><td colspan="4">frequency</td></tr> <tr><td colspan="4">column percentage</td></tr> </table> <table border="1" style="margin: 10px auto;"> <thead> <tr> <th>sequela</th> <th colspan="2">TreatmentX</th> <th rowspan="2">Total</th> </tr> <tr> <th></th> <th>0</th> <th>1</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>0</td> <td>3,080 90.38</td> <td>3,169 92.99</td> <td>6,249 91.68</td> </tr> <tr> <td>1</td> <td>328 9.62</td> <td>239 7.01</td> <td>567 8.32</td> </tr> <tr> <td>Total</td> <td>3,408 100.00</td> <td>3,408 100.00</td> <td>6,816 100.00</td> </tr> </tbody> </table> <p>Pearson chi2(1) = 15.2376 Pr = 0.000 Fisher's exact = 0.000 1-sided Fisher's exact = 0.000</p>	Key				frequency				column percentage				sequela	TreatmentX		Total		0	1	0	3,080 90.38	3,169 92.99	6,249 91.68	1	328 9.62	239 7.01	567 8.32	Total	3,408 100.00	3,408 100.00	6,816 100.00
Key																																																																
frequency																																																																
column percentage																																																																
Death	TreatmentX		Total																																																													
	0	1																																																														
0	3,080 90.38	3,169 92.99	6,249 91.68																																																													
1	328 9.62	239 7.01	567 8.32																																																													
Total	3,408 100.00	3,408 100.00	6,816 100.00																																																													
Key																																																																
frequency																																																																
column percentage																																																																
sequela	TreatmentX		Total																																																													
	0	1																																																														
0	3,080 90.38	3,169 92.99	6,249 91.68																																																													
1	328 9.62	239 7.01	567 8.32																																																													
Total	3,408 100.00	3,408 100.00	6,816 100.00																																																													

以上

## 正誤表

『できる！ 傾向スコア分析 SPSS・Stata・R を用いた必勝マニュアル』第1版第1刷（2018年6月25日発行）に誤りがございましたので、訂正しお詫び申し上げます。94, 95 頁は以下の PDF ファイルに差し替えていただきますよう、お願いいたします。

2019年7月25日

金原出版株式会社

以上

## 6

# 傾向スコア・マッチング

## (1) マッチングの実行

psmatch2 は、傾向スコア・マッチングを行うための Stata のパッケージである。公式のパッケージではなく、ユーザーが作成し公開しているパッケージであり、Boston College Statistical Software Components (SSC) archive に収録されている。

psmatch2 をインストールするには、インターネット接続されている状態で、コマンドウインドウに下記のコマンドを入力し実行する。

```
ssc install psmatch2
```

SSC archive からユーザー作成コマンドをインストール可能である。

Stata による傾向スコア・マッチングの基本書式は以下の通りである。

```
psmatch2 割り当て変数 交絡因子, outcome(アウトカム変数) neighbor(n)  
caliper(数値) noreplacement
```

“neighbor(n)” は、「1:n の最近傍マッチングをする」という意味である。psmatch2 は復元抽出がデフォルトとなっている。非復元抽出に変更するには、“noreplacement” オプションを付ける。ただしこのオプションを付けられるのは 1:1 マッチングだけである。

```
psmatch2 treatmentx age male ht dm stroke mi, outcome(sequela)  
neighbor(1) noreplacement
```

結果は出力されるが、本結果はキャリパーを指定していない。“caliper(数値)” オプションによって、キャリパーを指定できる。キャリパーの値として「傾向スコアの標準偏差の 0.2 倍」がよく用いられる。psmatch2 コマンドはこの値を自動計算しないため、あらかじめ計算しておく必要がある。また、傾向スコアの算出のために一度キャリパーを指定しないコマンドの実行が必要である。

```

qui capture sum _pscore
qui capture local precal= r(sd)
qui capture local cal=`precal' * 0.2

```

qui capture は結果を出力しないためのコマンドで、psmatch2が計算した傾向スコア(\_pscore)を利用している。キャリパー(“cal”というローカル変数に格納)が計算できたため最終的に次のコマンドが実行できる。

```

psmatch2 treatmentx age male ht dm stroke mi,outcome(sequela)
neighbor(1) caliper(`cal') noreplacement

```

結果ウインドウに以下のように表示される。

```

. psmatch2 treatmentx age male ht dm stroke mi, outcome(sequela) neighbor(1) caliper(`cal') noreplacement
Probit regression                               Number of obs   =   15,000
                                                LR chi2(6)      =   5545.00
                                                Prob > chi2     =   0.0000
Log likelihood = -6997.8733                    Pseudo R2      =   0.2838

```

treatmentx	Coef.	Std. Err.	z	P> z	[95% Conf. Interval]
age	.1368065	.0029519	46.34	0.000	.1310208 .1425922
male	-.000845	.0248147	-0.03	0.973	-.0494809 .0477909
ht	.230627	.0332764	6.93	0.000	.1654065 .2958474
dm	.2156231	.0453544	4.75	0.000	.1267301 .304516
stroke	.5749795	.0632526	9.09	0.000	.4510067 .6989523
mi	.0635958	.0533538	1.19	0.233	-.0409757 .1681673
_cons	-10.87181	.2222538	-48.92	0.000	-11.30742 -10.4362

Variable	Sample	Treated	Controls	Difference	S.E.	T-stat
sequela	Unmatched	.075369366	.086915985	-.011546619	.004697297	-2.46
	ATT	.070129108	.096244131	-.026115023	.006683595	-3.91

Note: S.E. does not take into account that the propensity score is estimated.

psmatch2: Treatment assignment	psmatch2: Common support		Total
	Off suppo	On suppor	
Untreated	0	9,653	9,653
Treated	1,939	3,408	5,347
Total	1,939	13,061	15,000

psmatch2のオプションにpscore(傾向スコアの変数名)を追加することで、第3章のように自分で計算した傾向スコアを利用することも可能である。詳細はpsmatch2のhelpを参照されたい。