

保健統計学 (27 May 2025)

- Interaction (交互作用)
 - 新谷『今日から使える医療統計』Lesson 10
 - ロスマン『ロスマンの疫学』篠原出版 第 11 章 (原著: Rothman KJ "Epidemiology: An Introduction 2nd ed." Oxford Univ. Press, Chapter 11
 - Rothman KJ, Greenland S, Lash TL "Modern Epidemiology 3rd ed." LWW, Chapter 5
 - わかりやすい説明 > <http://krsk-phs.hatenablog.com/entry/interaction>
- 感度・特異度: 新谷前掲書 Lesson 11, ロスマン前掲書第 13 章
 - <https://minato.sip21c.org/publichealth/epidemiology.pdf> の 10.4
 - Raffle A, Gray M "Screening: Evidence and Practice" Oxford Univ. Press, 2007.
- 同等性・非劣性の解析: 新谷前掲書 Lesson 12
 - 吉村功「検証的比較臨床試験の計画において考慮すべきこと」統計数理, 46(1): 81-95, 1998.
<http://www.ism.ac.jp/editsec/toukei/pdf/46-1-081.pdf>
 - 佐藤俊哉「非劣性試験に潜む問題点」
<https://www.pmda.go.jp/files/000204955.pdf>
- 生存分析: 新谷前掲書 Lesson 13
 - 保健学研究共通特講 IV 資料第 17 章 <https://minato.sip21c.org/ebhc/ebhc-text.pdf>

Interaction（交互作用）

- 効果の修飾 (effect modification) と言われるが、より厳密には効果指標の修飾 (effect-measure modification)
 - 指標の選択に依存
 - 相加的效果 (additive effect) は効果を比で見るときは交互作用なしだが差で見るときは交互作用ありのこともある。例えば、新谷『今日から使える医療統計』の図 10-1A でも、効果指標がリスク差ならばワルファリンの有無によってアスピリンの効果は異なるので、統計的交互作用ありといえる(参考: <https://minato.sip21c.org/epispecial/Chap11.pdf>)
 - 相乗的效果 (multiplicative effect)
 - 生物学的交互作用(注目している要因が、1つの因果パイの構成要因となっている)とは区別して考えるべき
- 解析は層別解析により、層によって関連が異なることで示すか、交互作用項を説明変数に含めた多変量解析で示すのが普通
 - アウトカムが量的な変数であれば、交互作用項を含めた二元配置分散分析。交互作用があるときは、交互作用項の係数が統計学的に有意に0と異なる
 - アウトカムがカテゴリ変数ならロジスティック回帰分析で交互作用項を含めれば OK

二元配置分散分析で交互作用を見る例

- 舟尾さんの解説がわかりやすい
http://nfunao.web.fc2.com/files/R-intro/R-stat-intro_06.pdf
実行するコードは <https://minato.sip21c.org/healthstat/QOL-ANOVA.R>
- 大雑把なプロセスとしては以下
 - データを読む(データは縦長形式で。アウトカムとなる量的変数は1つの変数として縦に積み, 2つの要因は別々のカテゴリ変数として与える)
 - 2つの要因の組合せごとの平均値, 標準偏差, サンプルサイズを計算する
 - 標準偏差をサンプルサイズの平方根で割って標準誤差を出す
 - 2つの要因の組合せごとの平均 $\pm$ 標準誤差(または標準偏差。明記すればどちらの場合もありうる)の折れ線グラフを描く
 - アウトカムとなる量的変数を目的変数, 2つの要因とその交互作用の線形結合を説明変数とした線型モデルの当てはめを行う
 - サンプルサイズが組合せごとに異なっているときはタイプ III の平方和を使った分散分析が必要になるので, R では car パッケージの `Anova()` 関数で `type=3` オプションを使うが, サンプルサイズがすべて同じなら通常の `anova()` で良い。結果を見て, 交互作用項の p 値が予め決めた有意水準(通常は 0.05)より小さければ, アウトカム変数に対する2つの要因の効果には統計学的に有意な交互作用があると判定する
- グラフとしては `interaction.plot()` という関数を使う方が楽かも
<http://www.statsbeginner.net/entry/2016/01/06/042458>

感度・特異度

- スクリーニングの性能を示す指標値
- 既に疾病ありとわかっている人 (a+c) 人と疾病なしとわかっている人 (b+d) 人を、何らかの検査方法で検査して、陽性という結果になったのがそれぞれ a 人, b 人であったとき、下記のクロス集計表ができる

	疾病	
	あり	なし
検査陽性	a	b
陰性	c	d

- このとき、 $a/(a+c)$ が感度 (sensitivity = 病気の人を正しく病気と判定する確率) であり、 $d/(b+d)$ が特異度 (specificity = 病気なしの人を正しく病気なしと判定する確率) である。
- 通常、感度や特異度が 0.9 もあれば性能の高い検査と言えるが、スクリーニング対象集団における有病割合が低いときは**陽性的中率** (陽性と判定されたうち本当に疾病ありである確率) が低くなることもある
 - 有病割合 0.1% の病気について、感度も特異度も 0.9 の検査で陽性と出た場合、本当にその病気である確率 (陽性的中率) は？
(ヒント) 有病割合 0.1% なら、 $(a+c):(b+d)=1:999$ になるはず
全体で 10000 人とする、 $a+c=10$, $b+d=9990$ 。感度が 0.9 なので $a=9$, $c=1$ 。特異度が 0.9 なので、 $b=999$, $d=8991$ 。
陽性的中率は $a/(a+b)$ なので $9/1008=0.009$
 - このことが感染症の流行初期に一般集団のスクリーニングが推奨されない根拠になっているが、PCR 検査のような特異度 0.9999 以上の確保が可能な検査法であれば、有病割合 0.1% でも陽性的中率は 90% 以上ある。広く誤解されているので要注意。

ROC 曲線

- 既に病気か病気でないかの確定診断がついている人について量的な測定値がある状況
- 検査データの最大値から最小値までカットオフ値を順に変えて陽性・陰性を判定し、横軸に1－特異度、縦軸に感度をとってプロットして結んだ曲線（EZR でもできる）
 - 参考：<https://minato.sip21c.org/ROC-trial-2021.pdf>
 - データ：<https://minato.sip21c.org/ROC-trial-2021.txt>
- 2つの目的
 - 最適カットオフ値の決定（測定値のいくつ以上、あるいはいくつ以下を陽性と判定すべきか？）
 - 感度も特異度もなるべく大きい方がいい＝ROC 曲線のグラフが最も左上隅に近づく点を与えるカットオフが最適（右下隅から最も遠い点という計算方法もあるが）
 - 複数の検査方法の性能比較
 - 曲線下面積（AUC）が大きいほどいい検査
 - 左上角に近いところを通る曲線ほど高性能

同等性・非劣性の解析

(<https://www.pmda.go.jp/files/000204955.pdf>)

- 通常の臨床試験は優性試験
 - 新薬は従来薬（あるいはプラセボ）より有意に優れた効果を示さねばならない
 - 「差がない」が帰無仮説
- しかしジェネリック医薬品の試験は、先発医薬品と同等でも良い。劣っていなければ良い。先発医薬品よりも安く同等な性能を提供できれば十分。このような状況でやるのが同等性試験や非劣性試験
 - 検定ではなく、予め同等マージンや非劣性マージンを決めておいて、信頼区間を推定する
 - 同等性試験では信頼区間が同等マージン内に収まれば同等とみなす
 - 非劣性試験では信頼区間の下限が非劣性マージンを下回らなければ劣っていないとみなす
 - 通常、非劣性試験の方がサンプルサイズは小さくて済む

生存分析(生存時間解析)

- 保健学研究共通特講 IV テキスト Chapter 17 参照
<https://minato.sip21c.org/ebhc/ebhc-text.pdf>
- <https://minato.sip21c.org/healthstat/survival-analysis.pdf>
- 臨床試験などで、死亡や副作用発生の有無だけを情報にすると1個体について生存／死亡とか、副作用有り／無しのような2値情報1つしか得られない。
- 死亡や副作用という事象が発生するまでの時間を使えば、作用が強ければ短い待ち時間で発生するし、作用が弱ければ長い時間がかかることが示唆され、2値情報よりも豊富な情報が得られる→生存分析
(survival analysis = 生存時間解析)
- すべての個体に事象が発生するまで待てることは稀で、通常は事象が発生していない個体が残っているうちに観察期間が終了してしまう＝右側打ち切り(right censoring)
 - 右側打ち切り個体には、おそらく観察を打ち切った時点よりも後で事象が発生するはずなので、欠損にしてしまうと、事象発生までの待ち時間を過小評価することになる
 - 生存時間解析では、こうした打ち切りデータを正しく扱うための工夫がなされている

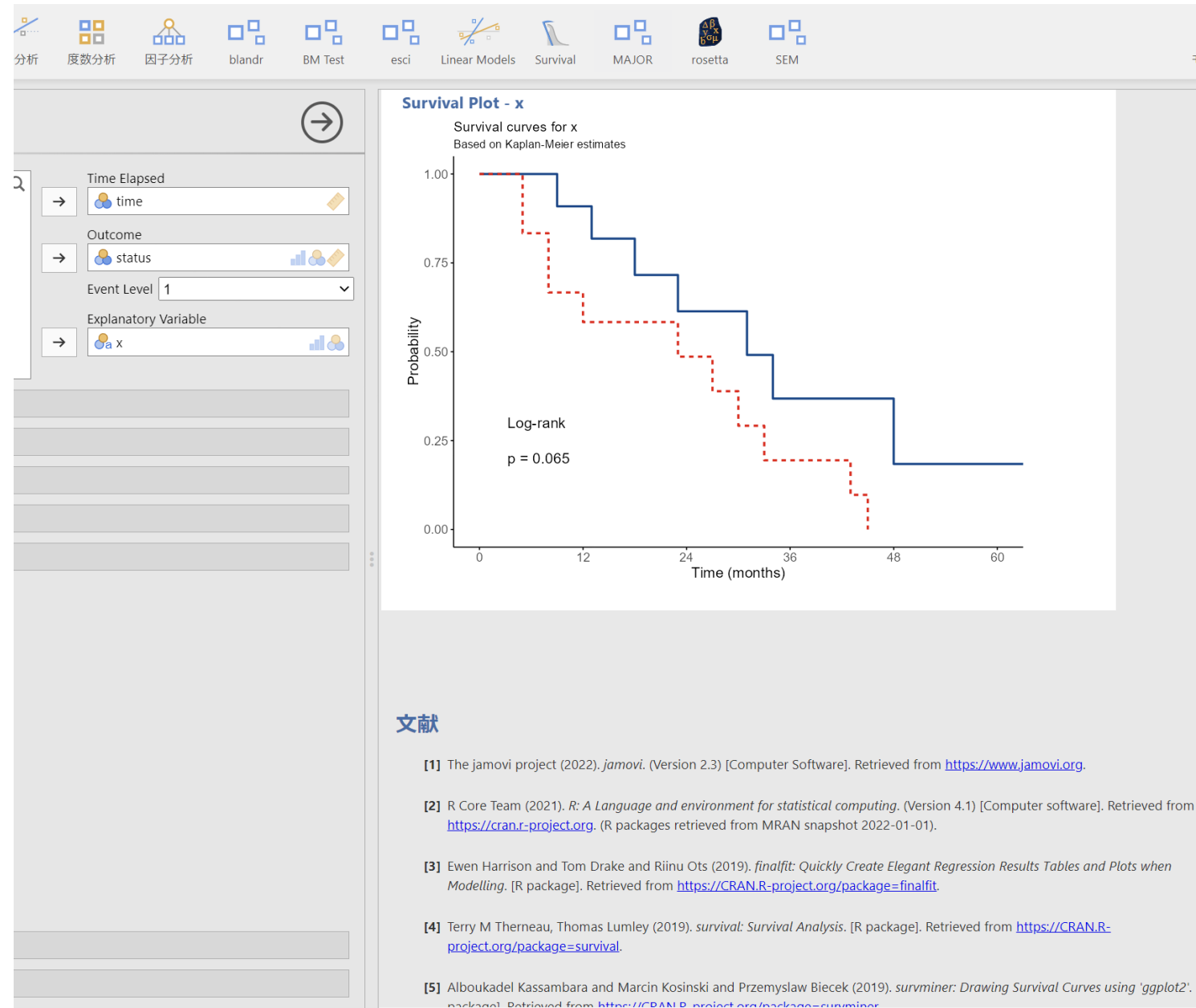
jamovi で leukemia データを扱う

R で
`library(survival)`
`leukemia`
`write.table(leukemia,`
`“leukemia.txt”, sep=”\t”,`
`row.names=FALSE)`
で書き出し

jamovi で三→開く
でファイル読み込み

拡張モジュール jsurvival の
メニューで変数を選び、
Plots で Survival Plot に
チェックを入れるだけ

(変数を選ぶだけでカプラ
ン=マイヤ法もログランク
検定もコックス回帰も自動
的にされている)



生存時間解析の典型的な手法

- 参考: <https://minato.sip21c.org/msb/pcancer.R>
- (ノンパラメトリックな方法)
 - 打ち切りを考慮した生存時間(イベント発生までの時間)の中央値と95%信頼区間の推定→カプラン・マイヤ法
 - 2群の生存時間の差の検定→ログランク検定
- (セミパラメトリックな方法)
 - すべての要因が「なし」である基準人の死亡リスク(イベントが起こるリスク。通常, 瞬間のリスクと考えればよい「ハザード」で示される)に対して, 要因となる変数が「あり」となることでリスクが何倍になるかの推定(他のリスクの影響も考慮し, そのリスクの有無によって対数ハザード曲線が平行移動すると考える, 「比例ハザードモデル」を当てはめる)→コックス回帰
- (パラメトリックな方法)
 - イベントが起こるまでの時間が何らかの既知の分布(ワイブル分布など)に当てはまっていると考え, 分布を当てはめてパラメータ推定→加速モデル

jamovi で pcancer データを扱う

data from 大橋・浜田(1995)「生存時間解析 SAS
による生物統計」東京大学出版会付録 A.3

膵臓がんデータ(Nishimura et al. 1988. の一部)

手術中放射線照射の延命効果をみる目的のデータだがランダム割付ではない。

入力 Minato Nakazawa 20/1/2007 * R では死亡が 1 なので CENSOR のカテゴリに注意。

*** 変数リスト ***

CASENO 患者番号

TIME 生存時間(月) 連続量

CENSOR 打ち切りの有無を示すフラグ(元データでは打ち切りが 1, 死亡が 0 で R と逆なので 1 から引く)

AGE 手術時の年齢 連続量

SEX 性別 0 が男性, 1 が女性

TREAT 処置法 0 が術中照射無し, 1 が術中照射あり

BUI 占拠部位 0 が頭部, 1 が頭部以外

CH 膵内胆管への浸潤 順序尺度 1:CH0, 2:CH1, 3:CH2, 4:CH3

P 腹膜播種性転移 0 がなし, 1 があり

STAGE TNM 分類のステージ 順序尺度 3:III 期, 4:IV 期

PS Performance Status (活動度) 順序尺度 1:0,1, 2:2, 3:3, 4:4

Median Survival Table: Levels for TREAT

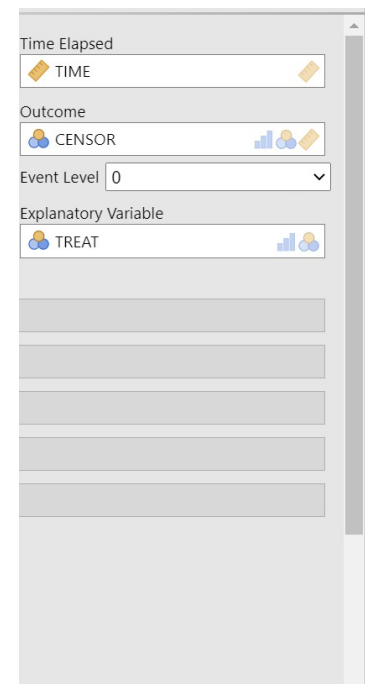
Levels	Records	Events	rmean	se_rmean	Median	95% Confidence Interval	
						Lower	Upper
TREAT=0	22	22	3.93	0.584	4.00	2.40	6.20
TREAT=1	61	60	6.29	0.606	4.80	3.50	6.90

Cox Regression Summary and Table - TREAT

When TREAT is 1, there is 0.54 (0.32-0.89, $p=0.017$) times risk than when TREAT is 0

Cox Table- TREAT

Explanatory	Levels	all	HR (Univariable)
TREAT	0	22 (26.5)	-
	1	61 (73.5)	0.54 (0.32-0.89, $p=0.017$)



Survival Plot - TREAT

Survival curves for TREAT
Based on Kaplan-Meier estimates

