

R と RStudio の使い方

芳賀敏郎 (2016) 医薬品開発のための統計解析 第3部 非線形モデル
3 計数値の解析
3.6 要因が複数の場合

テキストと利用上の注意

●テキスト

芳賀敏郎（2016）医薬品開発のための統計解析

第3部 非線形モデル 改訂版、サイエンティスト社、p.288

（サイトへアップすることに対して、サイエンティスト社の了解を得ています）

●Rによる解析事例を紹介

R スクリプトの出力結果を紹介します（tidyverse 系には次期バージョンで対応します）

R スクリプト（文字コードUTF-8に設定）を、このサイトから[ダウンロード](#)できます

R スクリプトを [Compile Report] することにより、Word または HTML で見ることができます

R と RStudio の設定と基本的な使い方は「[R と RStudio の使い方](#)」を参照してください

R の出力結果の見方は、テキストとそれを解説した [PDF ファイル](#)を参照してください

本PDF ファイルをダウンロードし、Adobe Acrobat Reader DC で注釈のメモを表示してください。

●自己責任で利用

上記のことを理解した上で、自己責任により利用してください

第3部 非線形モデル

1. 非線形最小2乗法（基礎）

- 1.1 線形と非線形、1.2 非線形最小2乗法の基本的な考え方、1.3 指数曲線のあてはめ、
1.4 Emaxモデルとロジスティック曲線

2. 非線形最小2乗法（応用）

- 2.1 誤差を考慮した解析、2.2 効力比、2.3 併用効果（相乗・拮抗交換）、
2.4 モデルの探索（複数の曲線の同時あてはめ）、2.5 薬物動態の解析

3. 計数値の解析

- 3.1 2項分布、3.2 割合の推定・検定と区間推定、3.3 割合の差の推定・検定と区間推定、
3.4 多項分布（名義尺度）、3.5 多項分布（順序尺度）、**3.6 要因が複数の場合**

4. ロジスティック回帰分析

- 4.1 復習、4.2 ロジスティック回帰分析（基本）、4.3 ロジスティック回帰分析（応用）

簡単な例：イヌを用いた副作用の実験

名義ロジスティック回帰

簡単な例：イヌを用いた副作用の実験

p.207

●表示3.6.1 簡単な例

スクリプトファイル

Green3-3-6a.R

利用した関数

read_excel, factor

方法

分割表を作成するため、

levels 引数で位置を指定

オッズ、オッズ比に合わせて

カテゴリーの位置を決める

(関数で異なる)

ここでは、基準の

カテゴリーを先頭に置く

```
df <- read_excel("Green3-3.xlsx", sheet = "36-fukusu")
df <- data.frame(df)

df$event <- factor(df$event, levels = c("yes", "no"))
df$age <- factor(df$age, levels = c("mature", "young"))
df$sex <- factor(df$sex, levels = c("female", "male"))
df
##      sex      age event freq
## 1  male  young   yes   16
## 2  male  young   no    34
## 3  male mature   yes    5
## 4  male mature   no   43
## 5 female young   yes   13
## 6 female young   no   41
## 7 female mature   yes    6
## 8 female mature   no   43
```

カテゴリーの位置を設定
(適用する関数により変更)
嘔吐のオッズ : あり/なし
雌雄のオッズ比 : 成熟/幼若
月齢のオッズ比 : 雌/雄

簡単な例：イヌを用いた副作用の実験

p.207

●表示3.6.1 簡単な例

スクリプトファイル

Green3-3-6a.R

利用した関数

xtabs、addmargins、
cbind、round

方法

データフレームを、
カテゴリーの組み合わせで
クロス集計（[§3.4](#) 参照）
周辺合計、割合、
対数オッズ（logit）を計算

age と event 列を
組み合わせ

```
tb1 <- xtabs(freq ~ I(age:sex) + event, data = df)
```

```
# 周辺合計（横方向のみ）
```

```
tb11 <- addmargins(tb1, 2)
```

```
# 割合 yes/Sum
```

```
tb11 <- cbind(tb11, ratio = tb11[, 1] / tb11[, 3])
```

```
# 対数オッズ (Logit) yes/no
```

```
tb11 <- cbind(tb11,  
              logit = log(tb11[, 1] / tb11[, 2]))
```

```
round(tb11, digits = 3)
```

```
##           yes no Sum ratio  logit  
## mature:female  6 43  49 0.122  1.969  
## mature:male   5 43  48 0.104 -2.152  
## young:female 13 41  54 0.241 -1.149  
## young:male   16 34  50 0.320 -0.754
```

I 関数で、age と sex の列を
組み合わせ（[§3.4](#) 参照）

2 : 行

3 列目

ロジット

自動的に
Sum

簡単な例：イヌを用いた副作用の実験

- 表示3.4 (簡単な例)
スクリーンショット
Green3-3-6a.R
利用
xtabs、addmargins、
cbind
方法
データ構造：テーブル
データ構造：テーブル
データ構造：マトリクス
データ構造：マトリクス
カテゴリの組の割合を
クロス集計 ([§3.4](#) 参照)
周辺合計、割合、
対数オッズ (logit) を計算

```
tb1 <- xtabs(freq ~ I(age:sex) + event, data = df)

# 周辺合計 (横方向のみ)
tb11 <- addmargins(tb1, 2)

# 割合 yes/Sum
tb11 <- cbind(tb11, ratio = tb11[, 1] / tb11[, 3])

# 対数オッズ (Logit) yes/no
tb11 <- cbind(tb11,
              logit = log(tb11[, 1] / tb11[, 2]))

round(tb11, digits = 3)

##           yes no Sum ratio  logit
## mature:female    6 43  49 0.122 -1.969
## mature:male      5 43  48 0.104 -2.152
## young:female    13 41  54 0.241 -1.149
## young:male      16 34  50 0.320 -0.754
```

簡単な例：イヌを用いた副作用の実験

● 表示3.6.1 簡単な例

スクリプトファイル

Green3-3-6a.R

利用した関数

xtabs、addmargins、

cbind、round

方法

データフレームを2次元のクロス集計

周辺合計、割合、対数オッズ (logit) を計算

表示3.6.1 (上段、中段、下段の表)

上段：
age と event を
組み合わせた
2次元の分割表

```
round(tb11, digits = 3) # 上段
##           yes no Sum ratio  logit
## mature:female  6 43  49 0.122 -1.969
## mature:male   5 43  48 0.104 -2.152
## young:female 13 41  54 0.241 -1.149
## young:male   16 34  50 0.320 -0.754
```

```
round(tb21, digits = 3) # 中段
##           yes no Sum ratio  logit
## mature    11 86  97 0.113 -2.056
## young     29 75 104 0.279 -0.950
```

```
round(tb31, digits = 3) # 下段
##           yes no Sum ratio  logit
## female    19 84 103 0.184 -1.486
## male      21 77  98 0.214 -1.299
```

中段：age と event でのクロス集計

下段：sex と event でのクロス集計

簡単な例：イヌを用いた副作用の実験

p.207

●表示3.6.1 簡単な例

スクリプトファイル：Green3-3-6a.R

利用した関数：xtabs、vcd::oddsratio

方法：3次元のクロス集計（[§3.4](#) 参照）

対数オッズ比を計算（上段の表）

tb4[age, sex, event]

```
tb4 <- xtabs(freq ~ age + sex + event,
             data = df)
ftable(tb4)
```

```
##           event yes no
## age      sex
## mature female    6 43
##          male    5 43
## young  female   13 41
##          male   16 34
```

3次元の
分割表

```
oddsratio(tb4["young", , ], log = TRUE)
## log odds ratios for sex and event
##
## [1] -0.3948509
```

age=young に限定

```
oddsratio(tb4["mature", , ], log = TRUE)
## log odds ratios for sex and event
##
## [1] 0.1823216
```

sex=male に限定

```
oddsratio(tb4[, "male", ], log = TRUE)
## log odds ratios for age and event
##
## [1] -1.39799
```

```
oddsratio(tb4[, "female", ], log = TRUE)
## log odds ratios for age and event
##
## [1] -0.8208179
```

簡単な例：イヌを用いた副作用の実験

●表示3.6.1 簡単な例

スクリプトファイル：Green3-3-6a.R

利用した関数：xtabs、vcd::assocstats

方法：4×2分割表（tb1）、2×2分割表（tb2、tb3）の尤度比検定、Pearsonのカイ2乗検定

表示3.6.1 上段、右側

```
tb1
##           yes no
## mature:female   6 43
## mature:male     5 43
## young:female   13 41
## young:male     16 34

assocstats(tb1)
##           X^2 df P(> X^2)
## Likelihood Ratio 9.7986  3 0.020358
## Pearson          9.6922  3 0.021372
```

表示3.6.1 中段、右側

```
tb2
##           yes no
## mature    11 86
## young     29 75

assocstats(tb2)
##           X^2 df  P(> X^2)
## Likelihood Ratio 8.9066  1 0.0028414
## Pearson          8.6182  1 0.0033282
```

簡単な例：イヌを用いた副作用の実験

- 表示3.6.2 JMP[二変量の関係] による解析
スクリプトファイル：Green3-3-6a.R
利用した関数：xtabs、mosaicplot
方法：4 × 2 分割表のモザイク図を描く

```
tb1
##           yes no
## mature:female    6 43
## mature:male      5 43
## young:female    13 41
## young:male      16 34

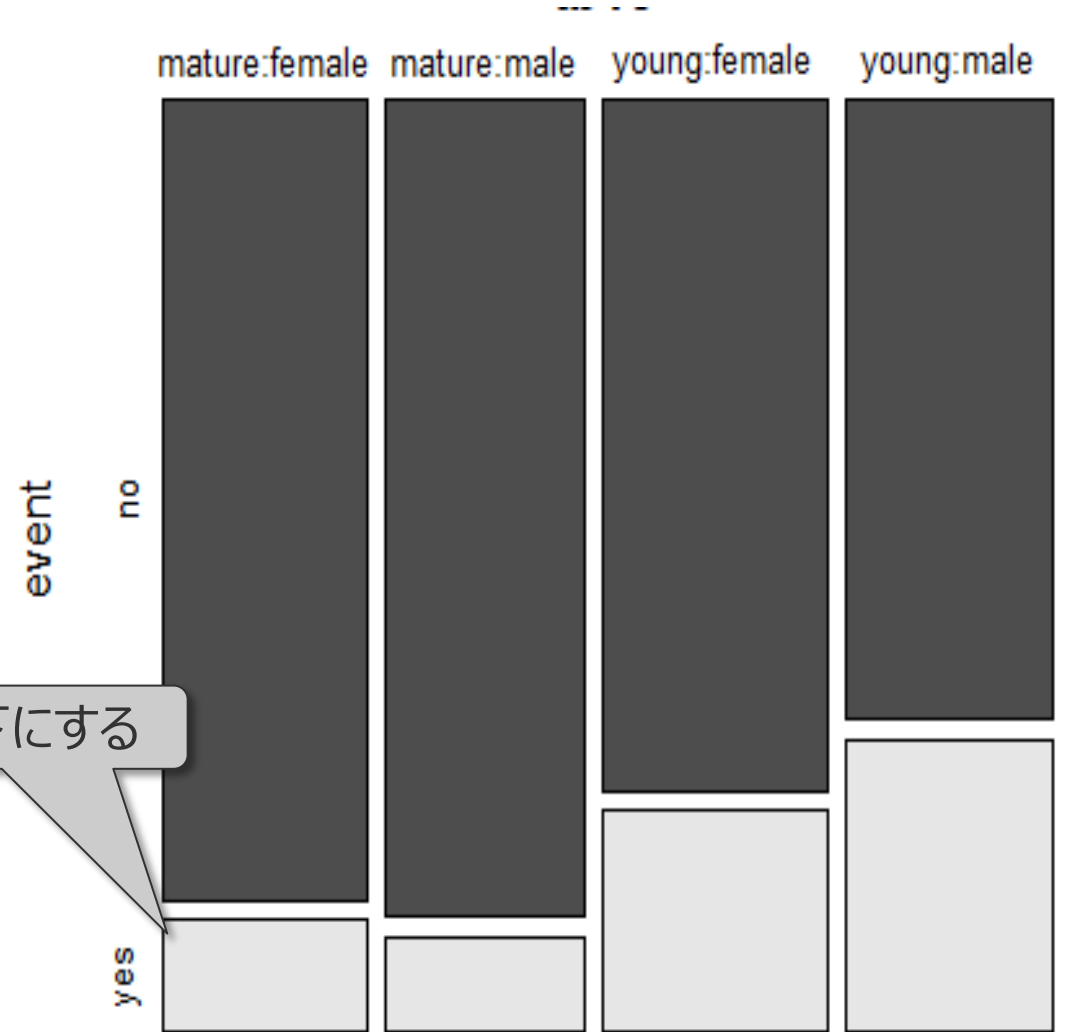
tb13 <- tb1[, c(2, 1)] # 列の入れ替え

mosaicplot(tb13, col = TRUE,
           cex.axis = 0.8, dir = "v")
```

嘔吐あり、なし

1列と2列の入替
"yes"列を後にする

"yes"を下にする



簡単な例：イヌを用いた副作用の実験

- 表示3.6.3 JMP[モデルのあてはめ]による解析（交互作用を含む）

スクリプトファイル：Green3-3-6a.R

利用した関数：glm（[§3.3](#)参照）、summary、car::Anova

方法：名義ロジスティックのあてはめ（交互作用含む）、levels 引数で位置を指定

sex とage の contrasts を contr.sum に変更（JMP と結果を合わせる[§3.3](#)）

先頭が基準
オッズ yes / no

```
df
##      sex    age event freq
## 1  male  young   yes   16
## 2  male  young   no    34
## 3  male mature   yes    5
## 4  male mature   no   43
## 5 female  young   yes   13
## 6 female  young   no   41
## 7 female mature   yes    6
## 8 female mature   no   43
```

```
df$event <- factor(df$event, levels = c("no", "yes"))

glm_out1 <- glm(event ~ sex + age + sex:age,
                weights = freq, data = df,
                family = binomial(link = "logit"),
                contrasts = list(sex = "contr.sum",
                                age = "contr.sum"))
```

交互作用項

contrastsの変更
[§3.3](#) 参照

簡単な例：イヌを用いた副作用の実験

- 表示3.6.3 JMP[モデルのあてはめ]による解析（交互作用を含む）

スクリプトファイル

Green3-3-6a.R

利用した関数

glm、summary、car::Anova

方法

名義ロジスティックの

あてはめ

```
summary(glm_out1)
```

```
## Coefficients:
```

##		Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)	
##	(Intercept)	-1.50590	0.19468	-7.735	1.03e-14	***
##	sex1	-0.05313	0.19468	-0.273	0.78491	
##	age1	-0.55470	0.19468	-2.849	0.00438	**
##	sex1:age1	0.14429	0.19468	0.741	0.45858	

パラメータ推定値

```
Anova(glm_out1, type = 3)
```

```
## Analysis of Deviance Table (Type III tests)
```

```
##
```

```
## Response: event
```

##		LR	Chisq	Df	Pr(>Chisq)	
##	sex	0.0743	1	1	0.785161	
##	age	8.8859	1	1	0.002874	**
##	sex:age	0.5517	1	1	0.457605	

効果の尤度比検定



簡単な例：イヌを用いた副作用の実験

- 表示3.6.5 JMP[モデルのあてはめ]による解析（交互作用を除く）

スクリプトファイル：Green3-3-6a.R

利用した関数：glm、summary、car::Anova

方法：名義ロジスティックのあてはめ（交互作用除く）

交互作用項なし

df		sex	age	event	freq
##		sex	age	event	freq
##	1	male	young	yes	16
##	2	male	young	no	34
##	3	male	mature	yes	5
##	4	male	mature	no	43
##	5	female	young	yes	13
##	6	female	young	no	41
##	7	female	mature	yes	6
##	8	female	mature	no	43

```
glm_out2 <- glm(event ~ sex + age,  
                weights = freq, data = df,  
                family = binomial(link = "logit"),  
                contrasts = list(sex = "contr.sum",  
                                age = "contr.sum"))
```

contrasts の変更
[§3.3](#) 参照

簡単な例：イヌを用いた副作用の実験

- 表示3.6.5 JMP[モデルのあてはめ]による解析（交互作用を除く）

スクリプトファイル

Green3-3-6a.R

利用した関数

glm、summary、car::Anova

方法

名義ロジスティックの
あてはめ

パラメータ推定値

効果の尤度比検定

```
summary(glm_out2)
## Coefficients:
##           Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)  -1.5041     0.1942  -7.747  9.4e-15 ***
## sex1         -0.1054     0.1809  -0.583  0.56001
## age1         -0.5555     0.1941  -2.862  0.00421 **

Anova(glm_out2, type = 3)
## Analysis of Deviance Table (Type III tests)
##
## Response: event
##      LR Chisq Df Pr(>Chisq)
## sex   0.3403  1  0.559667
## age   8.9668  1  0.002749 **
```

簡単な例：イヌを用いた副作用の実験

- 表示3.6.4 交互作用のグラフ化

スクリプトファイル

Green3-3-6a.R

利用した関数

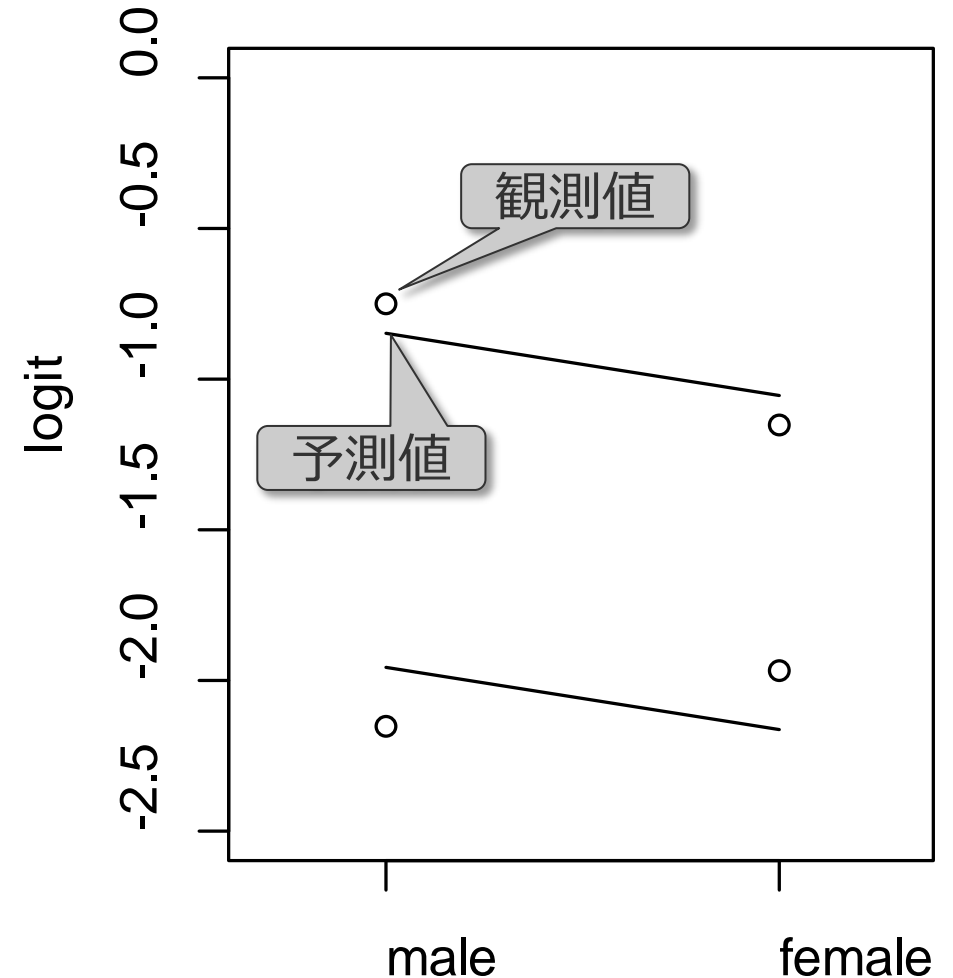
plot、segments、axis

predict

方法

表示3.6.3と表示3.6.5 の結果をグラフ化

予測値（推定値）を predict 関数で得る





シンプソンのパラドックス 手術の成功率と病院の形態

名義ロジスティック回帰

●表示3.6.6 手術の成功率の比較

スクリプトファイル

Green3-3-6b.R

利用した関数

glm、summary、
car::Anova

方法

Excelファイルから
データを読み込
因子型に指定
カテゴリーの位置
を設定

```
df <- read_excel("Green3-3.xlsx", sheet = "36-op")
df <- data.frame(df)
# 因子型に設定、水準の順番を設定
df$result <- factor(df$result, levels = c("success", "failure"))
df$inst <- factor(df$inst, levels = c("clinic", "hosp"))
df$symptom <- factor(df$symptom, levels = c("mild", "severe" ))
df
##      symptom  inst  result  freq
## 1  severe  hosp  success    21
## 2  severe  hosp  failure    11
## 3  severe clinic  success     1
## 4  severe clinic  failure     2
## 5   mild  hosp  success    17
## 6   mild  hosp  failure     1
## 7   mild clinic  success    45
## 8   mild clinic  failure     2
```

カテゴリーの位置を設定
(関数により変更)
結果のオッズ：成功／失敗
(成功のオッズ)
病院のオッズ比：個人／大学
症状のオッズ比：軽症／重症

- 表示3.6.6 手術の成功率の比較

スクリプトファイル

Green3-3-6b.R

利用した関数

xtabs、ftable、vcd::assocstats

vcd::oddsratio

方法

分割表の作成

データフレームのクロス集計

病院の形態 (inst) による

成功率の比較、オッズの比較

(対数オッズ比)

```
tb1 <- xtabs(freq ~ inst + result, data = df)
tb11 <- addmargins(tb1)
tb11 <- cbind(tb11, ratio = tb11[, 1] / tb11[, 3])
ftable(tb11)
```

success / Sum

```
##           success failure      Sum  ratio
##
## clinic      46.00     4.00  50.00  0.92
## hosp       38.00    12.00  50.00  0.76
## Sum        84.00    16.00 100.00  0.84
```

```
assocstats(tb1)
```

```
##                X^2 df P(> X^2)
## Likelihood Ratio 4.9490  1 0.026105
## Pearson           4.7619  1 0.029096
```

```
oddsratio(tb1, log = TRUE)
```

```
## log odds ratios for inst and result
```

```
##
```

```
## [1] 1.289668
```

シンプソンのパラドックス：手術の成功率と病院の形態

p.211

●表示3.6.7 重症・軽症別の分析

スクリプトファイル

Green3-3-6b.R

利用した関数

xtabs、ftable、vcd::assocstats

vcd::oddsratio

方法：重症に限定して解析

```
##      symptom  inst  result  freq
## 1  severe   hosp  success   21
## 2  severe   hosp  failure   11
## 3  severe  clinic  success    1
## 4  severe  clinic  failure    2
## 5   mild   hosp  success   17
## 6   mild   hosp  failure    1
## 7   mild  clinic  success   45
## 8   mild  clinic  failure    2
```

```
tb3 <- xtabs(freq ~ symptom + inst + result, data = df)
ftable(tb3)
```

tb3[symptom, inst, result]

```
##              result success failure
## symptom inst
## mild   clinic      45         2
##        hosp       17         1
## severe  clinic      1         2
##        hosp       21        11
```

3次元の
分割表

```
assocstats(tb3["severe", , ])
```

```
##              X^2 df P(> X^2)
## Likelihood Ratio 1.1773  1  0.27791
## Pearson          1.2251  1  0.26837
```

symptop=severe
に限定した解析

```
oddsratio(tb3["severe", , ], log = TRUE)
```

```
## log odds ratios for inst and result
##
## [1] -1.339774
```

シンプソンのパラドックス：手術の成功率と病院の形態

p.212

●表示3.6.7 重症・軽症別の解析

スクリプトファイル：Green3-3-6b.R

利用した関数：vcd::mosaic

方法：2次元の4×2分割表からモザイク図を作成

```
tb2 <- xtabs(freq ~ I(inst:symptom) + result, data = df)
```

```
mosaic(result ~ I(inst:symptom), data = tb2,
```

```
  direction = c("v", "h"),
```

```
  labeling = vcd::labeling_border(  
    rot_labels = c(45, 0, 0, 90),  
    varnames = FALSE))
```

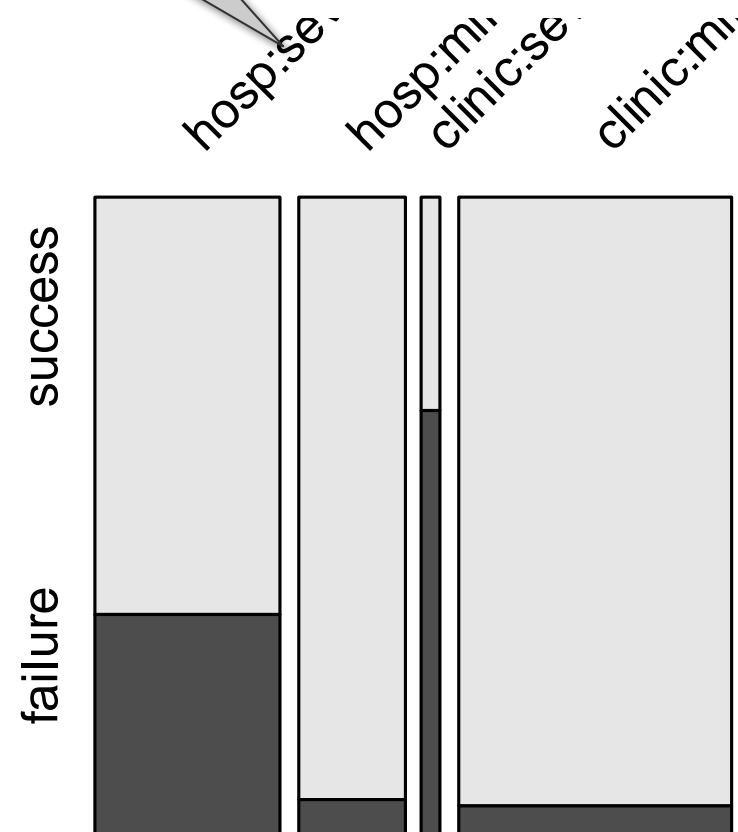
分割の方向を指定

ラベルの
設定

変数の名前を
非表示

四辺（上、右、下、左）の
ラベルの回転角度を指定
デフォルトは 0, 90, 0, 90

45度の角度を
付けて表示



シンプソンのパラドックス：手術の成功率と病院の形態

p.212

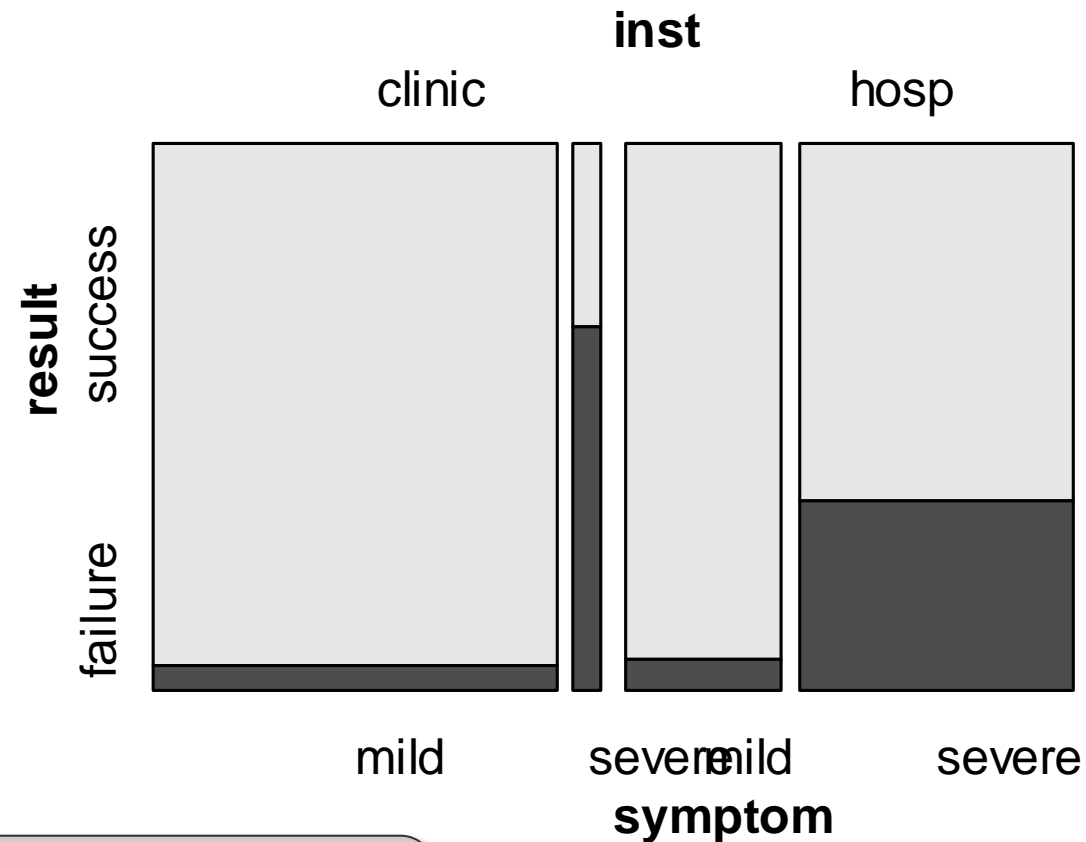
●表示3.6.7 重症・軽症別の解析

スクリプトファイル：Green3-3-6b.R

利用した関数：vcd::mosaic

方法：3次元の分割表からモザイク図を作成

```
tb3 <- xtabs(freq ~ inst + symptom + result,  
             data = df)           ①           ②           ③  
fable(tb3)  
  
## ①      ②      ③ result success failure  
## inst   symptom  
## clinic mild          45          2  
##        severe        1          2  
## hosp  mild          17          1  
##        severe        21         11  
  
mosaic(result ~ inst + symptom, data = tb3,  
        direction = c("v", "v", "h"),  
        shade = TRUE)
```



分割の方向を指定
"v"：垂直方向
"h"：水平方向

シンプソンのパラドックス：手術の成功率と病院の形態

p.212

●表示3.6.7 重症・軽症別の解析

スクリプトファイル：Green3-3-6b.R

利用した関数：vcd::mosaic

方法：3次元の分割表からモザイク図を作成

式で区分する順番を指定

direction 引数で分割する方向を指定

(デフォルトは、水平→垂直→水平・・・)

```
mosaic(result ~ inst + symptom, data = tb3,
```

```
  ③      ①      ②
```

```
  direction = c("v", "v", "h"),
```

```
                ①      ②      ③
```

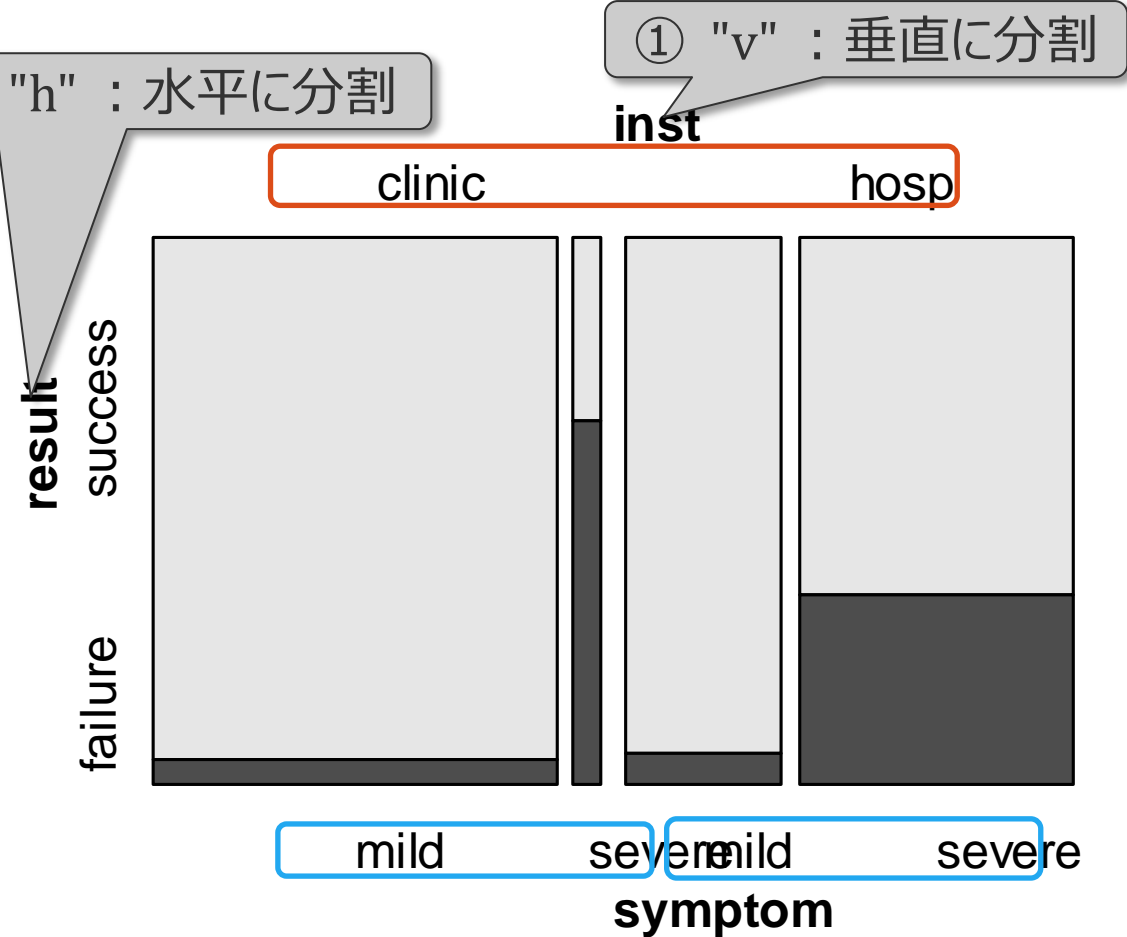
分割の順番と方向

垂直

垂直

水平

```
  shade = TRUE)
```



② "v" : 垂直に分割

- 要因の症状（重症・軽症）と施設（大学病院・個人病院）のオッズ比

スクリプトファイル

Green3-3-6b.R

利用した関数

xtabs、DescTools::OddsRatio

ftable

方法

重症・軽症と、

大学病院・個人病院の組み合わせ

のオッズ比を算出

（要因間のオッズ比）

```
tb4 <- xtabs(freq ~ symptom + inst, data = df)

ftable(tb4)

##           inst clinic hosp
## symptom
## mild           47    18
## severe          3    32

OddsRatio(tb4, method = "wald", conf.level = 0.95)

## odds ratio      lwr.ci      upr.ci
## 27.851852      7.573966 102.420001
```




シンプソンのパラドックス 虫歯と居住環境・間食習慣

名義ロジスティック回帰

症例対照研究 (case control 研究) : **オッズ比**で比較 ([§3.3](#))

●表示3.6.8 虫歯と居住環境の関連性

スクリプトファイル

Green3-3-6c.R

利用した関数

xtabs

方法

Excelファイルから

データの読込

levels 引数で

カテゴリーの

位置を設定

(関数で変更)

snack：間食習慣

area：居住環境

```
df <- read_excel("Green3-3.xlsx", sheet = "36-mushiba")
```

```
df <- data.frame(df)
```

```
df$group <- factor(df$group, levels = c("case", "control"))
```

```
df$area <- factor(df$area, levels = c("downtown", "uptown"))
```

```
df$snack <- factor(df$snack, levels = c("yes", "no"))
```

##	snack	area	group	freq
## 1	yes	downtown	case	87
## 2	yes	downtown	control	45
## 3	yes	uptown	case	49
## 4	yes	uptown	control	25
## 5	no	downtown	case	20
## 6	no	downtown	control	42
## 7	no	uptown	case	44
## 8	no	uptown	control	88

カテゴリーの位置を設定

(渡す関数によって変更)

グループのオッズ比：症例／対照

(症例のオッズ比)

居住環境のオッズ比：繁華街／住宅街

間食習慣のオッズ比：間食あり／なし

●表示3.6.8 虫歯と居住環境の関連性

スクリプトファイル：Green3-3-6c.R

利用した関数：xtabs、vcd::OddsRatio

方法

area と group の
クロス集計
オッズの計算
オッズ比と
信頼区間の計算

```
tb1 <- xtabs(freq ~ area + group, data = df)
tb11 <- cbind(tb1, Sum = rowSums(tb1), Odds = tb1[, 1] / tb1[, 2])

tb11
##           case control Sum      Odds
## downtown   107      87 194 1.2298851
## uptown     93     113 206 0.8230088

OddsRatio(tb1, method = "wald", conf.level = 0.95)
## odds ratio      lwr.ci      upr.ci
##  1.494376    1.007584    2.216353
```

●表示3.6.9 虫歯と間食の関連性

スクリプトファイル：Green3-3-6c.R

利用した関数：xtabs、vcd::OddsRatio

方法

snack と group の
クロス集計

オッズの計算

オッズ比と

信頼区間の計算

```
tb2 <- xtabs(freq ~ snack + group, data = df)

tb21 <- cbind(tb2, Sum = rowSums(tb2), Odds = tb2[, 1] / tb2[, 2])

tb21
##      case control Sum      Odds
## yes   136      70 206 1.9428571
## no    64     130 194 0.4923077

OddsRatio(tb2, method = "wald", conf.level = 0.95)

## odds ratio      lwr.ci      upr.ci
##   3.946429    2.604507    5.979749
```

● 表示3.6.10 間食習慣別にみた居住環境と虫歯の関連性

スクリプトファイル

Green3-3-6c.R

利用した関数

xtabs

vcd::OddsRatio

方法

クロス集計による

3次元分割表の作成

オッズ比と信頼区間の

計算

```
tb3 <- xtabs(freq ~ snack + area + group, data = df)
ftable(tb3)

##           group case control
## snack area
## yes  downtown      87      45
##      uptown       49      25
## no   downtown      20      42
##      uptown       44      88

OddsRatio(tb3["yes", , ], method = "wald", conf.level = 0.95)

## odds ratio      lwr.ci      upr.ci
## 0.9863946 0.5406351 1.7996874

OddsRatio(tb3["no", , ], method = "wald", conf.level = 0.95)

## odds ratio      lwr.ci      upr.ci
## 0.9523810 0.5002721 1.8130722
```

3次元の
分割表

●表示3.6.11 間食習慣と居住環境の関連性

スクリプトファイル

Green3-3-6c.R

利用した関数

xtabs

vcd::OddsRatio

方法

クロス集計、周辺合計の計算

オッズの計算

オッズ比と信頼区間の計算

```
tb4 <- xtabs(freq ~ area + snack, data = df)
tb41 <- addmargins(tb4)
tb41 <- cbind(tb41, Odds = tb41[, 1] / tb41[, 2])
tb41 <- rbind(tb41, Odds = tb41[1, ] / tb41[2, ])

tb41[3, 4] <- NA
tb41[4, 3] <- NA
tb41[4, 4] <- NA

tb41
##                yes                no Sum      Odds
## downtown 132.000000    62.000000 194 2.1290323
## uptown    74.000000   132.000000 206 0.5606061
## Sum      206.000000   194.000000 400          NA
## Odds     1.783784     0.469697  NA          NA

OddsRatio(tb4, method = "wald", conf.level = 0.95)
## odds ratio      lwr.ci      upr.ci
##    3.797733    2.508251    5.750133
```

●表示3.6.12 JMP[二変量の関係]の結果

スクリプトファイル：Green3-3-6c.R

利用した関数：xtabs、vcd::OddsRatio

方法

モザイク図はテキストのグラフと異なる

(テキストp.213 脚注*26、[PDF ファイル](#) 参照)

症例 (case) と対照 (control) の間で、

居住環境の割合・間食習慣の割合を比較

```
tb5 <- xtabs(freq ~ group + snack, data = df)
```

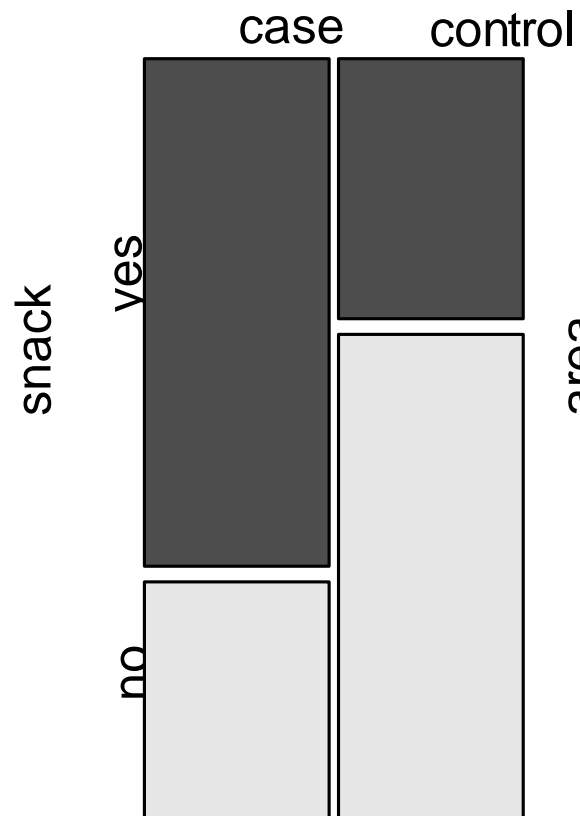
```
tb6 <- xtabs(freq ~ group + area, data = df)
```

```
mosaicplot(tb5, col = TRUE, cex.axis = 1)
```

```
mosaicplot(tb6, col = TRUE, cex.axis = 1)
```

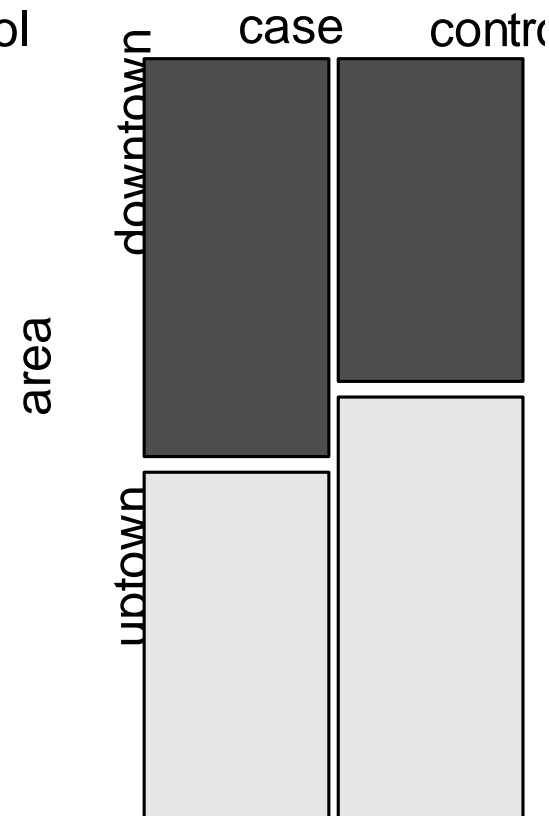
症例と対照の間で、
間食習慣の割合を比較

tb5



症例と対照の間で、
居住環境の割合を比較

tb6



●表示3.6.13 JMP[モデルのあてはめ]の結果（フルモデル、contrasts : contr.sum）

表示3.6.14 JMP[モデルのあてはめ]の結果（部分モデル、contrasts : contr.sum）

スクリプトファイル：Green3-3-6c.R

利用した関数：glm、summary、car::Anova

方法：名義ロジスティックのあてはめ（参照）

snack と area の contrasts を contr.sum に変更（§3.3）

```
df$group <- factor(df$group, levels = c("control", "case"))
df$area <- factor(df$area, levels = c("uptown", "downtown"))
df$snack <- factor(df$snack, levels = c("yes", "no"))
```

オッズ
先頭が基準
case/control

末尾が基準
ダミー変数-1

```
glm_out <- glm(group ~ snack + area + snack:area, weights = freq, data = df,
              family = binomial(link = "logit"),
              contrasts = list(snack = "contr.sum", area = "contr.sum"))
```

フルモデル

交互作用項

```
glm_out1 <- glm(group ~ snack + area, weights = freq, data = df,
                family = binomial(link = "logit"),
                contrasts = list(snack = "contr.sum", area = "contr.sum"))
```

部分モデル

- 表示3.6.13 JMP[モデルのあてはめ]の結果（フルモデル、contrasts：contr.sum）

スクリプトファイル

Green3-3-6c.R

利用した関数

glm、summary、

car::Anova、

方法

名義ロジスティックの

あてはめ

交互作用の項を

モデルに含める

JMPの結果と一致

```
summary(glm_out)
```

Coefficients:

##		Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
##	(Intercept)	-0.025724	0.112368	-0.229	0.819
##	snack1	0.691819	0.112368	6.157	7.43e-10 ***
##	area1	0.015622	0.112368	0.139	0.889
##	snack1:area1	-0.008773	0.112368	-0.078	0.938

```
Anova(glm_out, type = 3)
```

Analysis of Deviance Table (Type III tests)

##

Response: group

##		LR	Chisq	Df	Pr(>Chisq)
##	snack	40.357	1	2.115e-10	***
##	area	0.019	1	0.8894	
##	snack:area	0.006	1	0.9378	

- 表示3.6.14 JMP[モデルのあてはめ]の結果（部分モデル、contrasts : contr.sum）

スクリプトファイル

Green3-3-6c.R

利用した関数

glm、summary、

car::Anova、

方法

名義ロジスティックのあてはめ

交互作用の項をモデルから除去

JMPの結果と一致

あてはまりの悪さ（LOF）の

カイ2乗値とp値は、

表示3.6.13の交互作用と同じ

```
summary(glm_out1)
```

```
Coefficients:
```

##		Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)	
##	(Intercept)	-0.02284	0.10611	-0.215	0.830	
##	snack1	0.69127	0.11212	6.165	7.04e-10	***
##	area1	0.01503	0.11209	0.134	0.893	

```
Anova(glm_out1, type = 3)
```

```
## Analysis of Deviance Table (Type III tests)
```

```
##
```

```
## Response: group
```

##		LR Chisq	Df	Pr(>Chisq)	
##	snack	40.439	1	2.029e-10	***
##	area	0.018	1	0.8933	

- 表示3.6.13 JMP[モデルのあてはめ]の結果（フルモデル、contrasts：デフォルト contr.treatmet）

スクリプトファイル：Green3-3-6c.R

利用した関数：glm、summary、car::Anova、epiDisplay::logistic.display

方法：オッズの基準は先頭のカテゴリ、オッズ比の基準は先頭のカテゴリ

```
df$group <- factor(df$group, levels = c("control", "case"))
df$area <- factor(df$area, levels = c("uptown", "downtown"))
df$snack <- factor(df$snack, levels = c("no", "yes") )

glm_out2 <- glm(group ~ snack + area + snack:area, weights = freq, data = df,
               family = binomial(link = "logit"))

summary(glm_out2)
Anova(glm_out2, type = 2)
logistic.display(glm_out2)
s <- logistic.display(glm_out2, simplified = TRUE)
lucid(s)
```

オッズ case/control

オッズ比
downtown/uptown
yes/no

contrasts の変更なし

- 表示3.6.13 JMP[モデルのあてはめ]の結果（フルモデル、contrasts：contr.treatmet、デフォルト）

スクリプトファイル

Green3-3-6c.R

利用した関数

glm、summary、

car::Anova、

epiDisplay::

logistic.display

```
summary(glm_out2)
##
## Coefficients:
##           Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)    -0.69315     0.18464  -3.754 0.000174 ***
## snackyes         1.36609     0.30741   4.444 8.83e-06 ***
## areadowntown    -0.04879     0.32848  -0.149 0.881922
## snackyes:areadowntown  0.03509     0.44947   0.078 0.937770

Anova(glm_out2, type = 2)
## Analysis of Deviance Table (Type II tests)
##
## Response: group
##           LR Chisq Df Pr(>Chisq)
## snack      40.439  1  2.029e-10 ***
## area         0.018  1    0.8933
## snack:area   0.006  1    0.9378
```

交互作用は、
取り除いた場合の
LOFに相当

- 表示3.6.13 JMP[モデルのあてはめ]の結果（フルモデル、contrasts : contr:treatmet、デフォルト）

スクリプトファイル：Green3-3-6c.R

利用した関数：glm、summary、car::Anova、epiDisplay::logistic.display、lucid::lucid

```
logistic.display(glm_out2)
## Logistic regression predicting group : case vs control
##          crude OR(95%CI)  adj. OR(95%CI)  P(Wald's test)
## snack: yes vs no          3.95 (2.6,5.98)  3.92 (2.15,7.16)  < 0.001
## area: downtown vs uptown  1.49 (1.01,2.22)  0.95 (0.5,1.81)  0.882
## snackyes:areadowntown    -                1.04 (0.43,2.5)  0.938

s <- logistic.display(glm_out2, simplified = TRUE)
lucid(s)

##          OR    lower95ci  upper95ci  Pr(>|Z|)
## snackyes      3.92    2.15      7.16      0.0000088
## areadowntown  0.952   0.5       1.81      0.882
## snackyes:areadowntown  1.04    0.429    2.5       0.938
```



- 作成 片瀬雅彦
- 作成時期 2021年11月20日