医学データの統計解析の基本

回帰解析：ロジスティック回帰解析を中心として

朝倉こう子*・濱崎俊光*

Fundamentals of statistical analysis in biomedical research : Regression analysis

1 医学・生物学における共通の問題の1つは、例えば要因物質への曝露の有無と疾患発症の有無の関係、薬剤の服用の有無と症状改善の有無の関係といったように、変数の間に存在する(存在するとして仮定した)関係を明らかにすることにある。関心のある変数の観測値について平均や分散あるいは変数間の相関係数を求めたり、ヒストグラムや散布図の作成といった基本的な要約は、医学データの統計解析の必須の要素であり、一度に数個の変数しかとりあげず、それらの変数間の関係を吟味することのみに関心がある場合には、これらの簡単な方法で手中の疑問に対する回答を得ることには十分にこと足りるかもしれない。しかし、それらの方法には同時に吟味できる変数の数に限りがあり、多少とも複雑な事象を統計解析しようとするれば、個々の変数を個別にとりあげて解析するだけでは不十分である。回帰解析は、このような数の限界を克服し、複数の変数を同時に評価することを企図した、比較的、単純なモデルと合理的な仮定に基づく統計技法であり、統計的データ解析の主要な道具としてプログラミング可能なコンピュータの出現以来、諸種の科学分野で広範に用いられ、ほとんどの統計計算ソフトウェアで利用可能である。回帰解析では、説明変数(予測、独立、指定あるいは回帰変数と呼ばれることがある)と応答変数(以降では、単に「応答」とする)(目的、従属あるいは基準変数と呼ばれることがある)の2種類の変数間の関係が評価され、その関係に基づく「予測」と「制御」が検討される。また、ひとくちに回帰解析といっても、そこには説明変数と応答が各1個の「単回帰解析」、説明変数が2個以上で応答が1個の「重回帰解析」、さらには応答も2個以上ある場合の「多変量回帰解析」と「正準回帰解析」が含まれ、応答の型や実施の場面と狙いに応じて、適用するモデルが異なっている。代表的な回帰モデルとして、応答が連続変数である正規線形回帰モデルがある。医学研究では比較的、リスクの有無や生存時間を応答として観測することが多いが、応答が2値変数であればロジスティック回帰モデル、事象発現までの時間変数であればCoxの比例ハザードモデルなどが代表的な回帰モデルである。

第6回では、この回帰解析の基本的な考え方やデータへの適用の方法と結果の解釈について概説する。特に生物学や医学の分野においては、第3回の「2つの割合の比較」(朝倉・濱崎,2015)で扱ったような、応答が反応の有無として2値で与えられることが多いことから、ロジスティック回帰モデルを中心にとり扱う。

* Koko Asakura, Toshimitsu Hamasaki
Office of Biostatistics and Data Management
Department of Advanced Medical Technology Development
National Cerebral and Cardiovascular Center
国立循環器病研究センター先進医療・治験推進部 DM/ 統計室
〒565-8565 吹田市藤白台5-7-1 E-mail: toshi.hamasaki@ncvc.go.jp

2 表1は、Hosmer & Lemeshow(2000)に掲載された、GLOW試験における過去の骨折の経験の有無と観測開始後1年以内の骨折の発生の有無に関する2×2分割表である。このデータに基づき、過去の骨折経験の有無が1年以内の骨折の発生の有無にどのような影響をあたえるかを評価したい場合、朝倉・濱崎(2015)で紹介したカイ2乗検定を用いて、過去の骨折経験の有と無のグループにおける観測開始後1年以内の骨折発生割合を計算し、それらの骨折発生割合の違いをグループ間で比較できる。しかし、例えば、過去の骨折の経験に加えて、さらに性別や年齢の骨折発生の有無への影響を一緒に検討し、どの変数の影響がより強いかを定量的に評価したければ、カイ2乗検定では不十分である。このような場合の解析手法の1つとして、ロジスティック回帰モデルがある。ここでロジスティック回帰モデルを取りあげるのは、さきに述べた医学データの特徴のみならず、このモデルが2×2分割表と基本的な関わりを有し、従来からの適用の頻度が多く、種々の問題について数多くの検討が重ねられていることに依っている。

ロジスティック回帰モデルは、 p 個の共変量が $\mathbf{x}=(x_1, \dots, x_p)$ と与えられたときの、ある事象の発現確率 $\pi(\mathbf{x})$ に対してロジット変換を施した対数オッズ $\log(\pi(\mathbf{x})/(1-\pi(\mathbf{x})))$ と共変量との関係が次のような式で表される回帰モデルである。

$$\log \frac{\pi(\mathbf{x})}{1-\pi(\mathbf{x})} = \beta_0 + \beta_1 x_1 + \dots + \beta_p x_p$$

ここに、 $\beta_1, \dots, \beta_p$ は p 個の共変量の事象発現への関連を表す係数であり、(偏)回帰係数と呼ばれる。 β_0 は定数項である。この回帰モデルと実際のデータに基づき、回帰係数が最尤法にて推定される。特に医学の分野でロジスティック回帰モデルが選好される理由の1つとして、医学的に有用な指標であるオッズ比として結果を解釈できることがあげられる。例として表1のデータについて、ロジスティック回帰モデルをあてはめれば、表2のような結果が得られる。

このときあてはめたロジスティック回帰モデルは

$$\log \frac{p}{1-p} = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 x_{\text{過去の骨折}}$$

表1 GLOW試験における過去の骨折と観測開始後1年以内の骨折に関する2×2分割表

(Hosmer & Lemeshow, 2000)

過去の骨折の経験	骨折		計
	あり	なし	
あり	52	74	126
なし	73	301	374
計	125	375	500

表2 GLOW試験におけるロジスティック回帰解析の結果(説明変数が1つの場合)

変数	回帰係数	標準偏差	Wald統計量	p値
過去の骨折	1.064	0.223	4.77	<0.0001
切片	-1.417	0.131	-10.86	<0.0001

である。ここに、 $\hat{\beta}_0, \hat{\beta}_1$ は β_0, β_1 の推定値である。過去に骨折がある場合 ($x_{\text{過去の骨折}}=1$) の対数オッズと過去に骨折がない場合 ($x_{\text{過去の骨折}}=0$) の対数オッズをそれぞれ $\log(p_1/(1-p_1))$ と $\log(p_0/(1-p_0))$ とし、その差をとれば右辺については $\hat{\beta}_1$ のみが残る。対数オッズの差 $\log(p_1/(1-p_1)) - \log(p_0/(1-p_0))$ は $\log((p_1/(1-p_1))/(p_0/(1-p_0)))$ と同じであり、対数変換後のオッズ比であるとわかる。つまりここでは、 $\hat{\beta}_1=1.064$ に指数変換を施した値 2.90 が、過去の骨折経験がない場合に対しある場合の、1年以内の骨折の発生に関するオッズ比となる。これは、表1の分割表から計算するオッズ比 $52 \times 301 / (74 \times 73) = 2.90$ に一致する。またオッズ比の95%信頼区間(Wald型)は、回帰係数の推定値と標準偏差を用いて $[1.87, 4.49]$ と計算できる(回帰係数の標準偏差や信頼区間の算出については、例えば Hosmer & Lemeshow(2000)を参照)。また過去の骨折の関連について、有意水準を5%とし両側検定で検討すれば、p値が0.0001より小さいとの結果から、1年以内の骨折の発生との関連(骨折の経験を有すれば1年以内の骨折の発生リスクは高い傾向にある)が示唆される。なお、ここでのp値はWald統計量に基づき、上記の95%信頼区間に対応する。共変量 x_m が連続尺度で得られる場合には、回帰係数 β_m はその共変量が1単位だけ変化するときのオッズ比に対応するが、実際の解析の場面では、共変量がある一定の大きさ c だけ変化するときのオッズ比に関心があることが多い。その場合には、回帰係数に c を乗じた値に指数変換を施すことによりオッズ比を推定できる。

GLOW試験の結果について、過去の骨折経験の有無に加え試験開始時の問診中のある項目の回答が3つのカテゴリーをもつカテゴリー変数として得られ、その回答と骨折の有無に関する結果が表3のようであったとする。ここでは基本的な場面として、問診の回答は順序のないカテゴリー変数であるとする(例えば、カテゴリーがある症状の度合いについて「弱い」「中程度」「強い」である場合のように、カテゴリー間の順序を考慮したい場面も考えられる)。 k 個のカテゴリーをもつカテゴリー変数を説明変数としてロジスティック回帰解析を適用する場合には、 $k-1$ 個のダミー変数と呼ばれる変数を作成する必要がある。ここでの問診の回答に関するダミー変数 D_1, D_2 は、例えば表4のように作成できる。 D_1 は問診の回答がBである場合のみ「1」をとり、それ以外の場合には「0」をとる二値尺度の変数である。同様に D_2 は回答がCである場合のみ「1」をとり、それ以外の場合には「0」をとる。すなわち回答がAである場合には、 D_1, D_2 ともに「0」となる。このダミー変数を用いて、過去の骨折経験の有無と問診の回答を説明変数としたロジスティック回帰解析を実行すれば表5のような結果が得られる。

このときあてはめた回帰モデルは

$$\log \frac{p}{1-p} = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 x_{\text{過去の骨折}} + \hat{\beta}_2 x_{D_1} + \hat{\beta}_3 x_{D_2}$$

である。説明変数が1つの場合と同様に、例えば問診の回答がAである場合に対しBである場合の、1年以内の骨折に関するオッズ比は $\hat{\beta}_2=0.533$ に指数変換を施した値 1.70 である。また例えば過去に骨折経験がなく、問診の回答がAであった場合に対し、過去に骨折経験があり、回答がCであった場合のオッズ比は、 $\hat{\beta}_1 + \hat{\beta}_3 = 1.956$ に指数変換を施した値 7.07 となり、これは $\hat{\beta}_1$ と $\hat{\beta}_3$ のそれぞれに対応するオッズ比を掛け合わせた値に等しい。

本稿では、誌面の関係からロジスティック回帰モデルの適用の方法と結果の解釈に役だつ基本的な事項を概観した。実際の適用場面では、ロジスティック回帰モデルを手中にある解決すべき問題に十分な回答を用意できるように仕たてあげることが重要である。この仕たてあげる過程は「モデルの特定化」(Model Specification)とよばれる。モデルの特定化においては、統計計算ソフトウェアに装備された数学的なアルゴリズムのままにさせておくよりも、回帰解析の基盤となる仮定が(近似的に)充足され、そこから得られる結果が現実を反映するものであることを確認するために、その研究に関係する専門家に積極的に助言を求めながら、得られたモデルを吟味し精緻化することが必須である。さらに、そのような助言を有効に活かすには、解析にあたる者の要件として、科学的な脈略や取り組む主題に明るいことはもちろん、使用する解析方法の特徴と挙動、解析方法を通して得られる結果の解釈に明るいことがあげられる。

表3 GLOW試験における問診の回答、過去の骨折および観測開始後1年以内の骨折に関する分割表

問診の回答	過去の骨折の経験				計
	あり		なし		
	骨折		骨折		
	あり	なし	あり	なし	
A	11	27	17	112	167
B	21	27	27	111	186
C	20	20	29	78	147
計	52	74	73	301	500

表4 GLOW試験における問診の回答に関するダミー変数

問診の回答	D_1	D_2
A	0	0
B	1	0
C	0	1

表5 GLOW試験におけるロジスティック回帰解析の結果(説明変数が複数の場合)

変数	回帰係数	標準偏差	Wald統計量	p値
過去の骨折	1.057	0.226	4.67	<0.0001
問診の回答(D_1)	0.533	0.272	1.96	0.0502
問診の回答(D_2)	0.899	0.277	3.24	0.0012
切片	-1.910	0.226	-8.46	<0.0001

③ 先に紹介したロジスティック回帰解析について、統計計算ソフトウェアでの実行を例示する。SAS[®] University Edition、R、エクセル統計、JMP[®]の4つの統計計算ソフトウェアを使用し、テストデータ“prostate”を解析する(図1)。“prostate”はBrown et al.(1976)に報告された外科手術を受けた53名の前立腺がん患者に関するデータであり、報告では手術前の観察項目が転移の有無の予測に有用であるかについて検討されている。このデータでは、年齢(“age”)と血中の酸性ホスファターゼ(“acp”)が連続尺度で得られ、がんについてのX線所見(“xray”)、生検による病理学

的所見(“grade”)、直腸からの触診による大きさと位置(“stage”)が二値尺度(1：重篤である、0：重篤でない)で得られている。いま、それら観察項目のうち“xray”と“acp”ががんの転移に関連があるかどうかについて、データにロジスティック回帰モデルをあてはめ、検討したいとする。それぞれのソフトウェアについてSAS[®] Studio 3.4、R version 3.2.0、エクセル統計2015およびJMP[®] Pro 10.0.2にて動作確認を行っている。以降ではそれぞれのソフトウェアにおける実行と出力される結果について個々に述べる。なおソフトウェアによっては、すべての変数がカテゴリー変数である場合に、集計化されたデータ形式からロジスティック回帰解析を実行できる場合もあるが、ここでは図1に得られているように、個々のデータの形式から実行する場合を紹介する。

	xray	stage	grade	age	acp	nodes
1	0	0	0	66	48	0
2	0	0	0	68	56	0
3	0	0	0	66	50	0
4	0	0	0	56	52	0
5	0	0	0	58	50	0
6	0	0	0	60	49	0
7	1	0	0	65	46	0
8	1	0	0	60	62	0
9	0	0	1	50	56	1
10	1	0	0	49	55	0
11	0	0	0	61	62	0
12	0	0	0	58	71	0
13	0	0	0	51	65	0
14	1	0	1	67	67	1
15	0	0	1	67	47	0
16	0	0	0	51	49	0
17	0	0	1	56	50	0
18	0	0	0	60	78	0
19	0	0	0	52	83	0
20	0	0	0	56	98	0
21	0	0	0	67	52	0
22	0	0	0	63	75	0
23	0	0	1	59	99	1
24	0	0	0	64	187	0
25	1	0	0	61	136	1
26	0	0	0	56	82	1
27	0	1	1	64	40	0

28	0	1	0	61	50	0
29	0	1	1	64	50	0
30	0	1	0	63	40	0
31	0	1	1	52	55	0
32	0	1	1	66	59	0
33	1	1	0	58	48	1
34	1	1	1	57	51	1
35	0	1	0	65	49	1
36	0	1	1	65	48	0
37	1	1	1	59	63	0
38	0	1	0	61	102	0
39	0	1	0	53	76	0
40	0	1	0	67	95	0
41	0	1	1	53	66	0
42	1	1	1	65	84	1
43	1	1	1	50	81	1
44	1	1	1	60	76	1
45	0	1	1	45	70	1
46	1	1	1	56	78	1
47	0	1	0	46	70	1
48	0	1	0	67	67	1
49	0	1	0	63	82	1
50	0	1	1	57	67	1
51	1	1	0	51	72	1
52	1	1	0	64	89	1
53	1	1	1	68	126	1

図1 テストデータ“prostate”

① SAS[®] University Edition：一方の観察項目を説明変数としてロジスティック回帰モデルをあてはめる場合と、両方の項目を説明変数とする場合について、ロジスティック回帰解析を適用する LOGISTIC プロシジャを用いる手順を紹介する。MODEL ステートメントで応答(ここでは“nodes”)と説明変数(ここでは“xray”、“acp”のいずれかまたは両方)を指定すれば、説明変数1が1つの場合、もしくは2つの場合のロジスティック回帰解析の結果が出力される(図2、図3)。ただし SAS では応答が「0」と「1」で与えられている場合、出力される回帰係数やオッズ比の推定値は、規定値では応答が「0」であるオッズ比に対応するものであるため、応答が「1」であるオッズ比を出力する場合には、応答について「nodes(EVENT= '1')」と指定する必要がある。なおこのデータは該当しないが、3つ以上のカテゴリーをもつカテゴリー変数を説明変数とする場合には、LOGISTIC プロシジャでは、CLASS ステートメントでそのカテゴリー変数を指定し、さらに「PARAM=REF」と指定すればよい。ただし、出力される結果がどのようなオッズ比になっているかに注意し、必要に応じて「CLASS カテゴリー変数名(REF= '基準となるカテゴリー名')」などの指定によりカテゴリーの順序を変更しなければならない。

図2と図3は、すべての結果のうち説明変数が“xray”のみの場合(図2)と2つの場合(図3)の出力について、例示に必要な部分を抜粋したものである。結果より説明変数が1つの場合、それぞれの説明変数についてオッズ比の推定値と信頼区間は xray : 8.86[2.26-34.77]、acp : 1.02[1.00-1.05]と得られ、両側検定の p 値はそれぞれ

LOGISTIC プロシジャ					
オッズ比の推定				最尤推定値の分析	
効果	点推定	95% Wald 信頼限界		パラメータ	自由度
xray	8.861	2.258	34.770	Intercept	1
				xray	1
				推定値	標準誤差
				Wald カイ 2 乗	Pr > ChiSq
				-1.1701	0.3816
				2.1817	0.6975
				9.4033	0.0022
				9.7835	0.0018

図2 LOGISTIC プロシジャによるロジスティック回帰解析の実行結果：説明変数が1つの場合(SAS[®] University Edition)

LOGISTIC プロシジャ					
オッズ比の推定				最尤推定値の分析	
効果	点推定	95% Wald 信頼限界		パラメータ	自由度
xray	8.298	2.067	33.307	Intercept	1
acp	1.017	0.992	1.042	xray	1
				acp	1
				推定値	標準誤差
				Wald カイ 2 乗	Pr > ChiSq
				-2.3356	0.9683
				2.1160	0.7091
				0.0169	0.0126
				5.8181	0.0159
				8.9041	0.0028
				1.7836	0.1817

図3 LOGISTIC プロシジャによるロジスティック回帰解析の実行結果：説明変数が2つの場合(SAS[®] University Edition)

0.0018、0.1045と得られる。なお説明変数が2つの場合、オッズ比の推定値と信頼区間は `xray`:8.30[2.07-33.31]、`acp`:1.02[0.99-1.04]と得られた。これより“xray”は転移との関連がありそうであるが、“acp”に関するp値は大きく、また“xray”のみの回帰モデルに“acp”を追加した際に、“xray”に関するオッズ比の推定値やp値は大きく変化しないことから、“acp”を回帰モデルに加える必要性は認められず、「転移との関連があるとはいえない」と考察できる。ここでは、もっとも基本的な場面の1つを想定し“xray”と“acp”のみを説明変数として検討したが、ほかにも例えば“stage”と転移の関連も示唆されるため、実際には得られているすべての観察項目について適切に変数選択を行い、転移との関連を検討することが望ましい。

②R: ロジスティック回帰解析を実行できる関数の1つである `glm` 関数を用いる手順を紹介する。`glm` 関数の引数に、あてはめる回帰モデルとして「応答～説明変数(複数の場合は“+”で繋ぐ)」、実際の応答の値が従う分布として「`family=binomial`」、およびデータ名として読み込んだ際に付けたデータ名を指定し、結果がオブジェクトとして保存されるよう名前を付け(ここでは、“`lreg`”とする)実行する。次に `summary` 関数を用いて「`summary(lreg)`」と実行すれば、ロジスティック回帰解析の結果が出力される(図4、図5)。Rでは規定値で回帰係数の推定値のみが出力されるため、オッズ比の推定値や信頼区間を出力するためには、さらに「`exp(coef(lreg))`」や「`exp(confint.default(lreg))`」と実行し、回帰係数の推定値や信頼区間に指数変換を施す必要がある。Rでは説明変数や応答が「0」と「1」で与えられている場合、出力される回帰係数やオッズ比の推定値は、説明変数が「0」に対し「1」の場合の、応答が「1」であるオッズ比である。また、3カテゴリー以上の変数を説明変数とする場合でも、変数がアルファベットで与えられていれば、連続尺度や二値尺度の変数と同様に説明変数として指定すればよいが、変数が数字で与えられている場合には、そのままでは連続尺度として扱われるため、`factor` 関数などによりカテゴリー変数として認識させたいうえでロジスティック回帰解析を実行する必要がある。

図4と図5はSAS®の場合と同様に説明変数が“xray”のみの場合(図4)と2つの場合(図5)の実行結果であり、結果のp値やオッズ比の推定値と信頼区間はSAS®による実行結果と一致している。

③エクセル統計: 「多変量解析」の中の「二項ロジスティック回帰分析」を用いる。出てくるウィンドウの「変数」タブで「目的変数」に応答(ここでは“nodes”)を、「説明変数」に説明変数(ここでは“xray”、“acp”のいずれかまたは両方)を指定する。エクセル統計では、応答と質的な説明変数はすべて「0」と「1」で与える必要があり、3カテゴリー以上の変数を説明変数とする場合には、ダミー変数を作成しなければならない。出力される回帰係数やオッズ比の推定値は、説明変数が「0」に対し「1」の場合の、応答が「1」であるオッズ比である。

図6と図7は説明変数が“xray”のみの場合(図6)と2つの場合(図7)の出力のうち、例示に必要な部分を抜粋したものであり、結果のp値やオッズ比の推定値と信頼区間はSAS®やRによる実行結果と一致している。

```

Call:
glm(formula = nodes ~ xray, family = binomial, data = data)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-1.6259  -0.7352  -0.7352   0.7876   1.6973

Coefficients:
            Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  -1.1701     0.3816  -3.066  0.00217 **
xray           2.1817     0.6975   3.128  0.00176 **
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

    Null deviance: 70.252  on 52  degrees of freedom
Residual deviance: 59.001  on 51  degrees of freedom
AIC: 63.001

Number of Fisher Scoring iterations: 4

> exp(coef(lreg))
(Intercept)      xray
  0.3103448   8.8611111
> exp(confint.default(lreg))
            2.5 %      97.5 %
(Intercept) 0.1469108  0.6555944
xray         2.2582790 34.7695261
>

```

図4 glm関数によるロジスティック回帰解析の実行結果: 説明変数が1つの場合(R)

```

Call:
glm(formula = nodes ~ xray + acp, family = binomial, data = data)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-1.5494  -0.7183  -0.6319   0.7709   1.8490

Coefficients:
            Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -2.33567     0.96831  -2.412  0.01586 *
xray         2.11596     0.70911   2.984  0.00285 **
acp          0.01685     0.01262   1.336  0.18170
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

    Null deviance: 70.252  on 52  degrees of freedom
Residual deviance: 57.059  on 50  degrees of freedom
AIC: 63.059

Number of Fisher Scoring iterations: 4

> exp(coef(lreg))
(Intercept)      xray      acp
  0.09674566  8.29757603  1.01699741
> exp(confint.default(lreg))
            2.5 %      97.5 %
(Intercept) 0.01450111  0.6454489
xray        2.06708753 33.3076209
acp         0.99215066  1.0424664
>

```

図5 glm関数によるロジスティック回帰解析の実行結果: 説明変数が2つの場合(R)

図6 「二項ロジスティック回帰分析」によるロジスティック回帰解析の実行結果: 説明変数が1つの場合 (エクセル統計)

図7 「二項ロジスティック回帰分析」によるロジスティック回帰解析の実行結果: 説明変数が2つの場合 (エクセル統計)

図8と図9は、“nodes”に関し1対0のオッズ比が出力されるよう、あらかじめカテゴリの順序を指定したうえでロジスティック回帰解析を実行した結果である。「パラメータ推定値」の“xray”に関する回帰係数の推定値や標準誤差およびp値は他のソフトウェアでの実行結果と一致しているが、「効果の尤度比検定」の“xray”に関するp値や「xrayのオッズ比」のp値や95%信頼区間は他のソフトウェアによる実行結果と異なる。これは、他のソフトウェアが規定値でWald型のp値や信頼区間を出力するのに対し、JMP®は規定値で尤度比に基づくp値と信頼区間を出力するためである。検定結果については「環境設定」の「プラットフォーム」から、もしくはレポート画面の左上の三角ボタンから設定することにより、Wald型の結果を出力することができるが、オッズ比についてはWald型の信頼区間は出力されない。

名義ロジスティックのあてはめ nodes

勾配で収束しました, 4回の反復

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	-0.0792352	0.3487488	0.05	0.8203
xray[1]	1.09083608	0.3487488	9.78	0.0018*

推定値は次の対数オッズに対するものです: 1/0

オッズ比

nodes: 1対0のオッズ比に対して

オッズ比の検定と信頼区間は、尤度比に基づいて計算されています。

xrayのオッズ比

水準1	/水準2	オッズ比	p値(Prob>ChiSq)	下側95%	上側95%
0	1	0.1128527	0.0008*	0.0257261	0.4144423
1	0	8.8611111	0.0008*	2.412881	38.871093

図8 「モデルのあてはめ」によるロジスティック回帰解析の実行結果: 説明変数が1つの場合(JMP®)

名義ロジスティックのあてはめ nodes

勾配で収束しました, 4回の反復

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	-1.2776881	0.9565234	1.78	0.1816
xray[1]	1.05798171	0.3545532	8.90	0.0028*
acp	0.01685457	0.0126201	1.78	0.1817

推定値は次の対数オッズに対するものです: 1/0

オッズ比

nodes: 1対0のオッズ比に対して

オッズ比の検定と信頼区間は、尤度比に基づいて計算されています。

単位オッズ比

連続変数が1単位だけ変化した場合

項	オッズ比	下側95%	上側95%	逆数
acp	1.016997	0.993083	1.046722	0.9832867

範囲オッズ比

連続変数が範囲全体で変化した場合

項	オッズ比	下側95%	上側95%	逆数
acp	11.9129	0.360482	822.6328	0.0839426

xrayのオッズ比

水準1	/水準2	オッズ比	p値(Prob>ChiSq)	下側95%	上側95%
0	1	0.1205171	0.0015*	0.0269253	0.4545778
1	0	8.297576	0.0015*	2.1998435	37.139726

図9 「モデルのあてはめ」によるロジスティック回帰解析の実行結果: 説明変数が2つの場合(JMP®)

文献

- 1) Hosmer, D.W., Lemeshow, S. (2000). Applied Logistic Regression. 2nd Edition. New York: John Wiley & Sons.
- 2) Brown, B.W., Efron, B., Hyde, J., Leurgans, S., Miller, R.G., Moses, L.E., Wong, S., Wolfe, R. (1976). Biostatistics Case Book. Volume 1. Technical Report No. 21. Stanford: Division of Biostatistics, Stanford University.
- 3) 朝倉こう子・濱崎俊光(2015). 2つの割合の比較. Drug Delivery System 30(3), 235-245.