統計モデルの作り方

北海道大学 医学統計学 横田 勲

1

2

医学研究での目的

- ▶ "X" は "疾病Y" と <u>関連</u> がある
 - ▶X:健康状態マーカーや 疾病Yを引き起こす疾患など



- ▶ "X" は "疾病Y" の 原因 となる
- ▶ "X" は "疾病Y" を <u>予測</u> する

より目的を明確に

3

6

前立腺がんとPSA

今回の内容

▶ 因果モデル▶ 予測モデル

▶診断法の統計学 ▶ROC解析

▶モデルのあてはまりの指標

- 5
- ▶前立腺がんの発見・病勢と強い関連
 - ▶スクリーニングにも用いられる
- ▶ がんの細胞壁が壊れやすいため、 がんのvolumeに応じてPSAが血液中に漏出

前立腺がん → PSA

5

前立腺がんのリスク因子を検討

- ▶明らかなリスク因子は、年齢、家族歴
- ▶他にもリスク因子はあるに違いない!
 - ▶例えば、飲酒の影響を調べてみる
 - ▶因果関係を知りたい

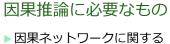
 $\left[\hspace{0.1cm} ext{ 飲酒} \hspace{0.1cm}
ight] \longrightarrow \left[\hspace{0.1cm} ext{ fi立腺がん} \hspace{0.1cm}
ight] \longrightarrow \left[\hspace{0.1cm} ext{PSA} \hspace{0.1cm}
ight]$

交絡の影響を解析で除去

▶以下の条件を満たすことで、 飲酒と前立腺がんの関係を歪めてしまう

- ▶年齢が高いほど前立腺がんは増える
- ▶年齢と飲酒には関係がある
- ▶飲酒をすれば年齢が増えるわけではない

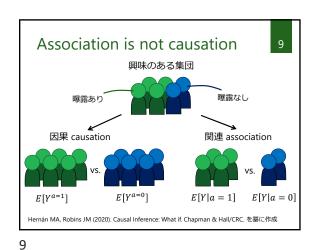




- ▶因果ネットワークに関する 専門家の意見と検証不能な仮定
- ▶ 因果ダイアグラム causal diagram
 - ▶因果関係を仮定、図示化
 - ▶生じうるバイアスを整理
 - ▶交絡バイアス、選択バイアス、情報バイアス
 - ▶因果効果の分離

8

▶直接効果・間接効果



交絡 confounding

10

8

▶実際の曝露群での結果と 集団全体が曝露した場合が違う

and / or

▶実際の非曝露群での結果と 集団全体が曝露しなかった場合が違う 潜在アウトカム potential outcome

11

- Va=1
 - ▶曝露a = 1を受けた場合のアウトカム
- $Y^{a=0}$

11

- ▶曝露a = 0を受けた場合のアウトカム
- ▶ アウトカムも2値(0,1)の場合

1	
1	1
1	0
0	1
0	0
	1 0 0

10

興味のある集団

12

- ▶研究対象集団が全員曝露を受けた場合と 全員曝露を受けなかった場合
- ▶実際に曝露を受けた集団が もし曝露を受けなかった場合
- **.** . .
- ▶潜在アウトカムの分布が異なるはず

重み付け解析での擬似集団①

13

► Average treatment effect

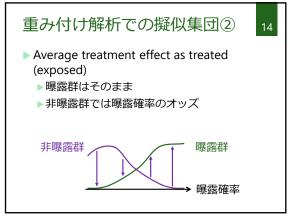
非曝露群

- ▶曝露群では曝露確率の逆数
- ▶非曝露群では非曝露確率の逆数

集団全体 曝露群

曝露確率

12 13

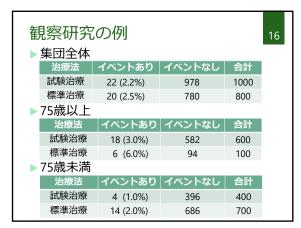


回帰分析での結果

15

- ▶条件付きの効果の大きさ
 - $\triangleright E(Y|A=a)$
 - ▶Aの水準がaである場合のYの期待値
 - ▶集団全体で平均化した効果の大きさとは違う

14 15



集団全体での効果

1

- ▶興味のある集団は集団全体
 - ▶試験治療: (700×3.0%+1100×1.0%)/1800 = 1.78%
 - ▶標準治療: (700×6.0%+1100×2.0%)/1800 = 3.56%
- ▶興味のある集団は試験治療を受けた集団
 - ▶試験治療:22/1000=2.20%
 - ▶標準治療:

17

19

 $(600 \times 6.0\% + 400 \times 2.0\%)/1000 = 4.40\%$

16

因果DAG;交絡の例①

subclinical disease

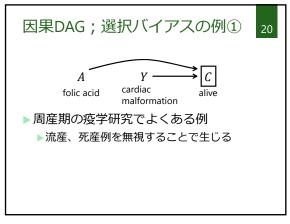
A Y lack of exercise clinical disease

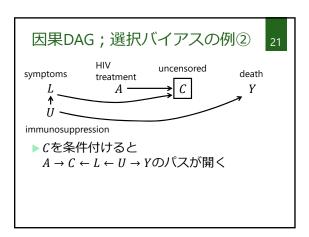
D 逆因果 reverse causation

A ← U → Yのバックドアパスが存在

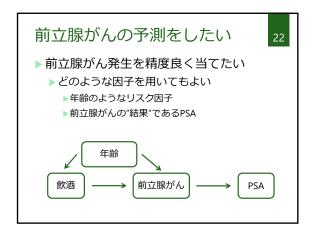
D Vをもし観察できれば、条件付けることで
バックドアパスをブロック

18





20 21



予測モデル構築の流れ 24 対象集団 性能評価 アウトカム 予 測 📙 1 光モデル モデル 妥当性検証 Ø 構築 最終的な 予測因子 提示方法の

22 24

26

DLBCLの新規予後予測モデル

- ▶びまん性大細胞型B細胞リンパ腫
- ▶全生存予後を予測したい
- ▶臨床で簡単に利用できるスコアを作りたい
 - ▶年齢、血清LDH、Ann Arborステージ、 ECOG-Performance Status、血清CRP、 低アルブミン血症、 節外(骨髄、骨、皮膚、肺/胸膜)病変
 - ▶変数選択により、予測に用いる因子を決定

予測性能指標による評価

▶予後の悪い対象者を特定するための 予測モデルがどれだけ有用かを知りたい

- ▶他の予測モデルと比較したい
- ▶予測モデルを構築する上で、 overfittingを避けたい
 - ▶ノイズまでモデルをあてはめてしまい、 将来の対象者への予測性能が悪くなること

ところで「予測性能がよい」とはどういうこと?

26 27

モデルのよさ、精度の測り方

- ▶ モデルのあてはまり
 - ▶決定係数R²
 - ▶尤度とAIC
- ▶予測精度、予測結果のよさ
 - ▶平均二乗誤差、Brierスコア
 - ▶ ROC曲線、c 統計量

決定係数 R²

29

残差平方和 $R^2 = 1 - \frac{(y_i - \hat{y}_i)^2}{(y_i - \bar{y})^2} = \frac{(\hat{y}_i - \bar{y})^2}{(y_i - \bar{y})^2}$ 全体の平方和

- データの持つ全ばらつきのうち、モデルで説明した割合
 - ▶単回帰の場合、相関係数の2乗に一致

28 29

Akaike's Information Criterion; AIC 30

- \triangleright $-2 \log L(\boldsymbol{\beta}; x) + 2K$
 - ▶ $\log L(\boldsymbol{\beta}; x)$: 対数尤度関数
 - ▶パラメータ**β**の確からしさ、あてはまりのよさ
 - $\triangleright K: \beta$ のパラメータ数
- ▶ AICが最小となるモデルがよいモデル
 - ▶パラメータを増やすことへのペナルティを 与えた指標
 - ▶自由度調整済み決定係数も同様

古典的な変数選択法

31

- ▶基準に至るまで以下の操作を繰り返す
- ▶変数増加法
 - ▶変数候補から最もp値の小さなものを加える
- ▶変数減少法
 - ▶変数候補をすべて含めたモデルから 最もp値の大きな変数を除く
- ▶ステップワイズ法
 - ▶変数候補から最もp値の小さなものを加え、 モデルから最もp値の大きな変数を除く

30

他の変数選択法

32

28

- ▶p値の代わりに用いる基準
 - ► AIC
 - ▶平均二乗誤差、Brierスコア
 - ▶ c-index
 - **.** . . .
- ▶総当たり法
 - ▶変数の組合せ全パターン調べる

平均二乗誤差 Mean Squared Error

22

$$\sum_{i=1}^{n} (\hat{y}_i - y_i)^2$$

31

- ▶予測値と実測値の差を評価
- ▶平方根をとって、Root MSE; RMSE

Brier スコア

34

- ▶イベント有無と生存確率のズレ
 - ▶生存時間アウトカムの場合、 ある時点tでのイベント有無と確率のズレ
- ▶ Brierスコア
 - $I(y = 1) \hat{y}^2$
 - $| \{I(T > t) \hat{S}(t|X)\}^2$
 - ▶*I*(·): かっこ内が真のときに1、それ以外は0
 - ▶ Ŝ(·): 生存関数の予測値

平均Brierスコアの数値例 35 ▶2人死亡、2人生存という仮想例 ▶無情報モデル ID 生存/死亡 予測確率 Brierスコア 1 死亡 $0.5 (1-0.5)^2 = 0.25$ $(1-0.5)^2=0.25$ 死亡 平均Brierスコア 0.5 3 生存 0.5 $(0-0.5)^2=0.25$ 0.25 4 生存 $0.5 \qquad (0 - 0.5)^2 = 0.25$ ▶予測モデル ID 生存/死亡 予測確率 Brierスコア 1 死亡 0.9 $(1-0.9)^2 = 0.01$ 平均Brierスコア 2 死亡 0.6 $(1-0.6)^2 = 0.16$ 3 生存 0.3 (0-0.3)2 = 0.09 0.075 4 生存 0.2 (0-0.2)2 = 0.04

34

相対Brierスコア減少

35

- ▶期待Brierスコアのとりうる範囲は0から0.25
 - ▶しかも0に近いほど「予測性能がよい」
 - ▶集団全体の生存確率によって、上限が変化
- ▶無情報モデルに対する、予測モデルでの 期待Brierスコアを小さくした割合
 - ▶0から1をとり、1に近いほど「予測性能がよい」

 $\frac{Brier$ 無情報モデル $^{-Brier}$ 予測モデルBrier無情報モデル

感度と特異度

27

	評価値			
至適基準	陽性	陰性		
陽性	а	b		
陰性	c	d		

- ▶感度: $\frac{a}{a+b}$
 - ▶本当に陽性であるものを陽性といえたか
- ▶特異度: $\frac{d}{c+d}$
 - ▶本当に陰性であるものを陰性といえたか

36 37

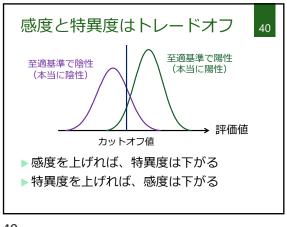
陽性的中度、陰性的中度との違い

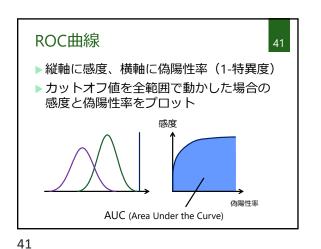
. .

	評価値			
至適基準	陽性	陰性		
陽性	а	b		
陰性	С	d		

- ▶陽性的中度: $\frac{a}{a+c}$ 、陰性的中度: $\frac{d}{b+d}$
 - ▶評価した結果が本当はどうであったか?
 - ▶真の陽性、陰性者の分布によって 変わってしまう指標

38 39





40

(ROC-)AUC

c-index

43

▶ ROC曲線の要約指標

▶判別能力を表す指標として解釈

- ▶ AUC自体はモデルに依らずに計算される
 - ▶ AUC=0.5であれば、no discriminative ability
 - ▶AUCが1に近づくほど、判別能力がよい
 - ▶絶対値的な解釈は困難
- ▶ c (concordance) indexとも呼ばれる

 $\sum_{i=1}^{n} \sum_{j=1}^{m} \{ I(\hat{p}_i > \hat{p}_j) + 0.5 \times I(\hat{p}_i = \hat{p}_j) \}$

nm

- p̂_i:実際にイベント発生したiの イベント確率の推定値
- ▶ p̂_j: 実際にイベント発生しなかったjの イベント確率の推定値
- ▶イベント有無と予測変数の
 - ▶大小関係が一致していれば1点
 - ▶大小関係が一致していなければ0点
 - ▶値が等しければ0.5点(引き分け)

c-indexの数値例①

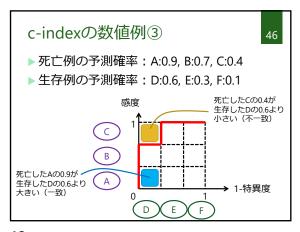
42

- ▶死亡例の予測確率: A:0.9, B:0.7, C:0.4
- ▶生存例の予測確率: D:0.6, E:0.3, F:0.1
- ▶総当たり表

42

			生存例		
		0.6	0.3	0.1	
	0.4	×	0	0	
死亡例	0.7	\circ	\circ	\circ	c-indexは
	0.9	\circ	\circ	0	8/9=0.89
○:一致 ×:不一致					

c-indexの数値例② 45 ▶死亡例の予測確率: A:0.9, B:0.7, C:0.4 ▶生存例の予測確率: D:0.6, E:0.3, F:0.1 0.4から0.3 感度 - 0.3から0.1 0.7から0.6 0.1から0 0.9から0.7 0.6から0.4 予測確率P → 1-特異度 1.0から0.9



DLBCL予測モデル研究 47 c-index RBSR c-index RBSR R-IPI 0.668 0.122 0.642 0.135 NCCN-IPI 0.749 0.172 0.736 0.251 提案スコア(4段階) 0.703 0.183 0.740 0.305 元の0-5点スコア 0.356 0.711 0.215 0.754 RBSR:相対Brierスコア減少 ▶ 提案スコアが従来スコアより 概ね性能がよいことを示した

46 47

まとめ

DURモデル

潜在アウトカム

条件付きの効果と集団全体での効果

DURDAG

関連から因果、予測へ

予測モデルの構築のあと、妥当性の検証

決定係数

平均二乗誤差、Brierスコア

| 感度、特異度、ROC曲線、c-index