

K個の2 × 2分割表におけるオッズ比の傾向性検定

明星大学 広津千尋, 東京都健康長寿医療センター研究所 鶴田陽和

1. 概要

二つの2項分布母集団をK層上で比較する問題を考える. オッズ比の一様性が仮定出来る場合は例えば Gart (1970)により共通オッズ比に関する推論を行えば良い. 一様性検定については最尤法や, Breslow & Day 検定が良く知られている他, Zelen (1971)の正確検定も利用出来る. 正確推論に関しては Agresti (1992)のサーベイが参考になる. 本論はK層に自然な順序がある場合に, 単調性, および凸性を対立仮説とする検定について論ずる. このうち単調性に対する最大対比検定は Hirotsu et al. (2001)の特殊ケースに当たり, その特殊ケースはまた太田他(2003)で詳しく論じられている. 本論ではまず, この検定について基礎統計量の規準化に用いられている漸近分散を正確分散に置き換える改良を行い, Fleiss 他(2003)のロジット線形モデルによる交互作用解析と比較する. その結果は良く整合する. 次にオッズ比に関する凸性仮説検定の定式化を行い, 新たに最大対比正確検定を提案する. この二つの問題について, 累積 χ^2 乗型検定も与える.

2. 定式化

第k層のデータを y_{ijk} , その確率を $p_{ijk}(p_{i\cdot k} = 1)$ で表す, ただし, $i = 1, 2$ は二つの2項分布母集団, $j = 1, 2$ は成否の反応, そして $k = 1, \dots, K$ は層を表す. この時, y_{ijk} を並べたベクトルを $\mathbf{y}$ として, 確率分布は $g(\mathbf{y}) = \prod_{k=1}^K \prod_{i=1}^2 \left\{ y_{i\cdot k}! \prod_{j=1}^2 \left(p_{ijk}^{y_{ijk}} / y_{ijk}! \right) \right\}$ で与えられる. ここで 対数線形模型: $\log p_{ijk} = \gamma_k + \varphi_{ik} + \tau_{jk} + \omega_{ijk}$ を想定した上, 周辺和 $y_{i\cdot k}$ および $y_{\cdot jk}$ を与えた相似検定を考えると, 条件付き確率分布は $g(\mathbf{y}, \boldsymbol{\omega}) = \prod_{k=1}^K C^{-1}(\boldsymbol{\omega}_k) b(y_{11k}) \exp(\boldsymbol{\omega}_k y_{11k})$ という簡単な形になる. ただし, $\mathbf{y}$ は改めて y_{11k} を並べたベクトルとし, $\boldsymbol{\omega}_k$ が推論対象である対数オッズ比である. この先, $\boldsymbol{\omega}_k$ に関する単調性, および凸性検定は Poisson 分布に対する Hirotsu & Tsuruta (2017)にならい, カーネルおよび漸化式遂行の不等式の変更を適切に行うことにより実行出来る.

引用文献

- Agresti, A. (1992). A survey of exact inference for contingency tables. *Statistical Science* 7, 131-177.
- Fleiss, J. L., Levin, B. and Paik, M. C. (2003). *Statistical methods for rates and proportions*. Wiley, New York.
- Gart, J. J. (1970). Point and interval estimation of the common odds ratio in the combination of 2 x 2 tables with fixed marginals. *Biometrika* 57, 471-475.
- Hirotsu, C., Aoki, S., Inada, T. & Kitao, Y. (2001). An exact test for the association between the disease and alleles at highly polymorphic loci with particular interest in the haplotype analysis, *Biometrics* 57, 0769-778.
- Hirotsu, C. and Tsuruta, H. (2017). An algorithm for a new method of change-point analysis in the independent Poisson sequence. *Biometrical Letters* 54, 1-24.
- 太田絵里, 青木敏, 広津千尋(2003). 2 × 2 × K分割表における単調仮説の検定. 応用統計学 32, 107-126.
- Zelen, M. (1971). The analysis of several 2 x 2 contingency tables. *Biometrika* 58, 129-137.