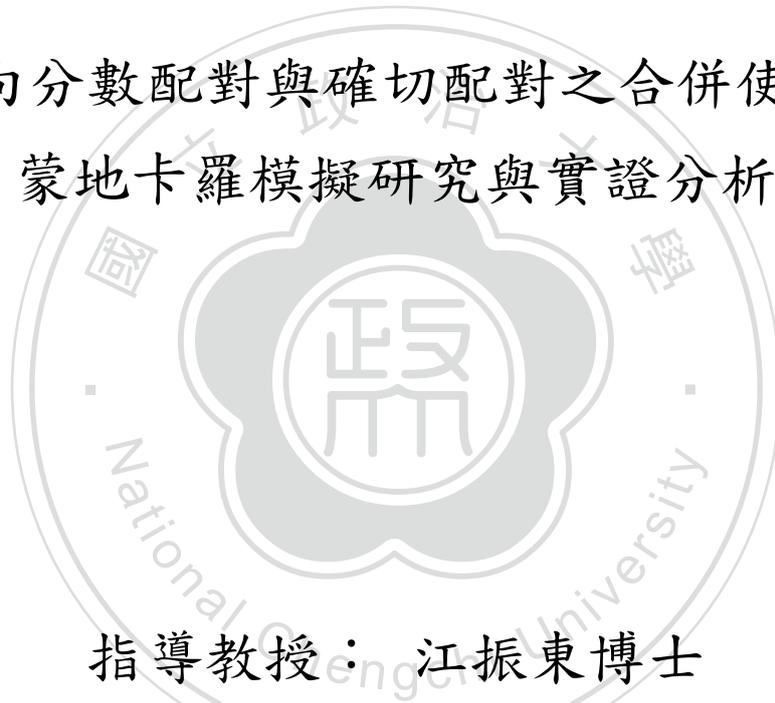


國立政治大學統計學研究所

碩士論文

傾向分數配對與確切配對之合併使用：

蒙地卡羅模擬研究與實證分析



指導教授：江振東博士

研究生：賴致淵 撰

中華民國一百零一年六月

謝辭

完成論文口試之後，同時亦代表著兩年來的碩士班生活即將告一段落。回顧這段碩班生涯，應該算是在歡樂中過著既辛苦又紮實的研究生活吧！

首先，辛苦與紮實來自於課業與論文。回想當初進入碩士班時，抱持著碩士班就是要紮實學習的態度，選擇成為江老師的學生，而此篇論文得以順利完成，必須感謝老師這一年多來的教導與鼓勵，老師耐心的指導使駑鈍的我在大部分的討論中都能了解問題的所在，老師常鼓勵我們去不斷嘗試，藉由從錯誤中學習來解決問題，並且時常貼心地幫助我們抒發論文壓力。要這邊要跟老師說一聲，辛苦了，謝謝您。

其次，歡樂來自於我親愛的同學們。這段期間我們一起玩樂、一起為學業與論文努力的日子是一段無可取代的珍貴回憶，謝謝你們。此外，謝謝我的夥伴斯淵、安婷，與你們一起奮鬥使我學習到許多。謝謝宿舍幫聖航、冠全、昱航、強哥、詠勳、瑋哥在日常生活上的陪伴。謝謝斯淵，與你一起學習與討論使我受益良多，有你的大力幫助，使這篇論文更臻完美。謝謝一路以來支持我、幫助我的老朋友們，志偉、大胖、啟賢、名新、阿揚、小朱等等。

最後，謝謝我最重要的家人們，尤其是我的母親、我的弟妹們、我的阿姨們，有你們長久以來的支持與照顧，才能成就今日的我。以及最重要的伴侶小婕和肥寶，在我為了論文焦躁不安時，支持我鼓勵我陪伴我，幫助我調適面對壓力與負面情緒，謝謝你的體貼。

感謝上天，我何其幸運。有家人與朋友的陪伴，我才能順利地完成碩士學位，未來的日子我也會繼續常保感恩與謙卑的心，邁向人生中的每一個挑戰！希望大家都能健健康康地追求人生中的夢想，夢想就在前方！

賴致淵 101/07/06 書於政大

摘要

在觀察性研究或非隨機試驗研究中，欲探討因果效應時，研究者需要重新對觀察性研究進行設計，設計目的在於重新建立一個隨機指派受試者的機制，使其得以近似一個隨機試驗研究，這樣的研究一般稱為「類隨機試驗研究」(quasi-randomized-experiments)。

傾向分數分析即為一種設計觀察性研究的方法，在不牽涉到反應變數結果之下進行設計。本文於一個病例對照研究(case-control study)中使用傾向分數進行配對接著再進一步估計處理效果，傾向分數配對是可降低觀察性研究中的選擇性偏誤的方法，透過配對可減少實驗組與對照組間的系統性差異，使研究群體在所觀察到的控制變數分配達到相似，進而得到處理效果(treatment effect)的不偏估計，為近年廣受流行病學、經濟學以及社會學領域使用的方法之一。傾向分數本身為一個條件機率，定義為研究受試者在其所觀察到的控制變數之下，接受某處理或被指派至某特定群體的機率，估計傾向分數最常見的方法為羅吉斯迴歸。

此外，自 1970 年代起，配對方法(matching method)開始被使用來選取合適的實驗組與對照組並進行兩群體的比較，其中「確切配對」屬於最常使用的配對方法，過去文獻中經常可見各種配對方法的結合使用，因此，本文電腦模擬研究部份，欲比較四種情境之下「傾向分數配對」與「確切配對」結合使用的效果，分別以偏誤降低比例、信賴區間覆蓋率、均方誤衡量兩種配對方法結合使用的適合情境。結果顯示若對「與處理指派中度相關的變數」且「與反應變數高度相關的變數」，其效果最為明顯。根據結果，我們總結認為「確切配對與傾向分數配對合併使用」確實會有較好的表現，但表現的好壞也取決於確切配對的變數。實證研究部份，探討家庭結構對青少年偏差行為之影響，欲了解來自非完整家庭之青少年是否較來自完整家庭之青少年更有容易出現偏差行為。

關鍵字：類隨機試驗研究、傾向分數分析、傾向分數配對、確切配對、電腦模擬

Abstract

In observational or nonrandomized studies, treatments are not randomly assigned so that baseline differences between treated and control groups are typically observed. Without properly executed, the differences would bias the treatment effect estimates. There has been a long history of using matching to eliminate confounder bias, and inferences are made based on the matched observations.

The theoretical basis for matching has been developed since 1970, and among those matching methods commonly in use, the exact matching is probably the most popular one. On the other hand, introduced by Rosenbaum and Rubin in 1983, propensity scores, the conditional probability of being exposed or treated given the observed covariates, has been a welcome alternative used to adjust for baseline differences between study groups of late. Instead of matching a treated with an untreated subject by their covariates, subjects in both treated and control groups are matched by their propensity scores.

In this study, we explore the benefits of using propensity score matching together with the exact matching for adjusting for baseline differences through Monte Carlo simulations. An empirical study is also provided for illustration.

Key words: Propensity scores analysis, Propensity scores matching, Exact matching, Monte Carlo simulation

目錄

第一章、緒論	1
第一節、研究背景與動機	1
第二節、研究目的	2
第三節、本文架構	3
第二章、文獻探討	4
第一節、處理效果	4
第二節、傾向分數之基本概念	7
第三節、傾向分數之使用方式	11
第四節、配對方法之發展	13
第五節、配對後之平衡診斷	18
第三章、研究方法	22
第一節、研究設計	22
第二節、邊際處理效果	23
第三節、資料生成	25
第四節、情境設定	28
第五節、模擬結果之評估方式	29
第四章、模擬分析結果	31
第一節、對數勝算比之估計	31
第二節、偏誤與偏誤降低比例	32
第三節、均方誤	37
第四節、95%信賴區間覆蓋率	41
第五節、小結	42
第五章、實證研究	44
第一節、實證主題探討	44

第二節、資料來源與研究母體·····	45
第三節、變數定義·····	45
第四節、實證結果分析·····	47
第六章、結論與建議·····	54
第一節、結論·····	54
第二節、建議·····	55
參考文獻·····	56
附錄一、對數勝算比分配·····	59
附錄二、其餘 11 種 Exact-PS 配對實證分析結果·····	61
附錄三、內政部臺閩地區少年身心狀況調查表·····	61
附錄四、程式碼·····	68



第一章 緒論

第一節 研究背景與動機

Rosenbaum 於 2010 年《Design of Observational Studies》一書中提出以下觀點：『使用觀察性資料進行因果效應(causal effect)的估計，可將此觀察性資料視為來自一個複雜的隨機實驗，而指派受試者的機制已缺失，因此需要重新建構指派機制。』

一般而言，探討因果效應的標準作法通常為執行一個隨機控制試驗(randomized control trial)。在隨機控制試驗或實驗性研究中，研究者為了正確衡量處理(treatment)或介入措施(intervention)的效果，會將受試者分為兩個群體，即接受處理的實驗組(case group)、以及不接受處理的對照組(control group)。在控制住一切干擾變數的情形下，藉由比較實驗組和控制組在反應變數上的變動，便可以獲知處理所帶來的影響，稱之為「處理效果」(treatment effect)或因果效應，進而探討「處理」與「反應變數」之因果關係。

在隨機控制試驗中，隨機指派(randomized assignment)所賦予的隨機性是試驗的重要特性之一。如果受試者接受處理與否為一隨機現象，表示試驗中的每個受試者有相同的機會被指派至各組，此種試驗屬於隨機試驗；反之則稱為非隨機試驗。當研究者的目的是討論變數間的因果效應時，隨機指派受試者的試驗組別，可確保實驗組和控制組在所有控制變數上僅會出現隨機性的差異，使研究者能明確地衡量出處理效果。

然而，現實生活中，諸多現象的探討無法經由隨機試驗來獲取資料。因此，許多學者致力於發展適用之研究方法來改善此問題。一般而言，在觀察性研究中進行因果關係的探討時，研究者必須設法建立一個隨機指派受試者的機制。這是因為觀察性研究使用的資料通常是經由非隨機試驗或調查方法所得到，受試者接受處理與否通常不是一個隨機現象。因此當研究者逕行使用觀察性資料來估計處理效果時，非隨機指派的機制可能使估計帶有偏誤。此種偏誤稱為選樣偏誤

(selection bias)，可能導致研究者錯誤地詮釋結果。

第二節 研究目的

如同實驗性研究，觀察性研究欲進行因果效應的估計與推論，同樣需要一個良好的設計，配對即可視為一種設計。在觀察性研究中，配對(matching)是一種改善選樣偏誤的方法，將相似的實驗組與對照組受試者配成一對，進而得到一組配對樣本，使用此樣本進行估計可減少估計之偏誤。配對的目的在於將觀察性研究重新設計為一類隨機試驗研究，以探討處理效果。

本文探討的配對方法為傾向分數配對(propensity score matching)以及確切配對。確切配對為最直覺的配對方法，即將控制變數結果完全相同者配對在一起，而傾向分數將多維度控制變數轉為單一維度的條件機率，可處理變數過多時難以執行確切配對的困境。研究目的在於探討不同配對方法的合併使用，即「傾向分數配對」與「確切配對」兩種配對方法的合併使用，使用蒙地卡羅模擬研究找出兩種配對方法合併使用之適當情境，在配對方法之結合使用上提出相關建議。

第三節 本文架構

本文共分為六章節。第一章為緒論，闡述研究動機與背景、研究目的以及本文架構。第二章為文獻回顧，由相關文獻探討「配對」與「傾向分數」的歷史與發展過程，以及過去學者使用傾向分數配對所進行的實證研究與模擬研究結果，其內容包含處理效果、傾向分數之性質、傾向分數之估計，最後說明配對後之平衡診斷。第三章為研究方法，說明本研究所使用的研究方法，以及模擬的假設情境。本文考慮四種情境來進行模擬比較，欲了解在何種情境之下，結合傾向分數配對與確切配對能得到較佳之估計結果。第四章為蒙地卡羅模擬研究的結果與分析。第五章為實證研究，使用內政部「青少年身心狀況調查」資料進行傾向分數配對與確切配對之實證分析。探討社會學與犯罪學領域之相關議題「家庭結構對青少年偏差行為之影響」，目的是想要了解來自非完整家庭之青少年是否較完整家庭之青少年出現較多的偏差行為，希望能了解單親家庭之青少年成長過程中面臨之難題，以協助單親家庭青少年接受到更多社會資源之協助與關懷。第六章為結論，此章節將說明本研究之結論、研究方法之限制和相關建議。

第二章 文獻回顧

本章將針對因果效應、傾向分數之概念、配對方法的發展、估計方法與使用方式、距離之定義，以及對配對後樣本進行平衡性檢查進行回顧。

第一節 處理效果

一、 平均處理效果

根據 Neyman(1923)提出的反事實分析架構(counterfactual framework)及 Rubin(1974)對因果效應或稱處理效果的定義，處理效果可被定義為「可觀測到的潛在結果」與「無法觀測到的潛在結果」(也就是所謂的反事實的結果)之間的比較，這可以是兩者的差異 $Y_1 - Y_0$ 或兩者的比率 Y_1/Y_0 。

由於在反應變數上，我們只能觀測到受試者兩個潛在反應中的其中一個，即受試者在實驗組之下的潛在結果 Y_{i1} 或在對照組之下的潛在結果 Y_{i0} ，令 W 為一個代表處理指派的二元變數，受試者為實驗組時， $W=1$ ，為對照組時， $W=0$ ，則

$$Y_i = \begin{cases} Y_{i0} & \text{if } W_i = 0 \\ Y_{i1} & \text{if } W_i = 1 \end{cases} \quad (2.1)$$

其中 Y_{i1} 表示為受試者 i 在實驗組之下的潛在結果， Y_{i0} 為受試者 i 在對照組之下的潛在結果。因此受試者 i 所能觀察到的潛在結果可表示為：

$$Y_i = W_i Y_{i1} + (1 - W_i) Y_{i0} \quad (2.2)$$

而其處理效果(treatment effect)可表示為：

$$\Delta_i = Y_{i1} - Y_{i0} \quad (2.3)$$

再者，就一組樣本大小為 N 的隨機樣本來說，其平均處理效果(average treatment effect)可定義為：

$$ATE = E[\Delta] = E[Y_1 - Y_0] = E[Y_1] - E[Y_0]$$

而實驗組的平均處理效果(average treatment effect for the treated group)可定義為：

$$ATT = E[Y_1 - Y_0 | W = 1] = E[Y_1 | W = 1] - E[Y_0 | W = 1]$$

然而，無論於觀察性研究或隨機試驗，我們皆無法同時觀察到受試者 i 的兩種潛在結果，使得 ATE 與 ATT 皆無法經由觀察來得到。因此，本文所要探討的內容即是針對觀察性研究中，如何使用傾向分數一對一配對的方式來處理這個問題。

二、處理指派可忽略

Rosenbaum 與 Rubin(1983)認為在一個觀察性研究中，必須完整地觀察到所有會造成選樣偏誤的變數，這些變數與處理指派或反應變數相關。在控制住這些變數後，才能達到隨機試驗的隨機指派特性。而控制住這些變數可等價於假設一。

假設一：處理指派可忽略(strongly ignorable treatment assignment)

$$[(Y_0, Y_1) \perp W] | X$$

(假設一)中， X 代表所有會造成選樣偏誤的變數，已被觀測到且控制住，受試者接受處理與否與反應變數潛在結果獨立。因此在控制住 X 之下，便可以得到隨機指派特性。

在處理指派可忽略之下，觀察性資料可以(2.4)式得到不偏的 ATE 與 ATT ，

(2.4)式為可觀察到的結果：

$$E [Y_1 | W = 1, X] - E [Y_0 | W = 0, X] \quad (2.4)$$

對控制變數 X 取期望值就可以得到不偏處理效果，如下兩式所得：

(1)由(2.4)式得不偏 ATE

$$\begin{aligned} & E_X\{E [Y_1 | W = 1, X] - E [Y_0 | W = 0, X]\} \\ &= E_X\{E [Y_1 | X] - E [Y_0 | X]\} \\ &= E_X\{E [Y_1 - Y_0 | X]\} \\ &= E [Y_1 - Y_0] \\ &= E[Y_1] - E[Y_0] \end{aligned} \quad (2.5)$$

(2) 由(2.4)式得不偏 ATT

$$\begin{aligned} & E_X\{E [Y_1 | W = 1, X] - E [Y_0 | W = 0, X]\} \\ &= E_X\{E [Y_1 | W = 1, X] - E [Y_0 | W = 1, X]\} \\ &= E_X\{E [Y_1 - Y_0 | W = 1, X]\} \\ &= E [Y_1 - Y_0 | W = 1] \\ &= E[Y_1 | W = 1] - E[Y_0 | W = 1] \end{aligned} \quad (2.6)$$

在滿足處理指派可忽略之下， $E [Y_0 | W = 1, X]$ 能取代 $E [Y_0 | W = 0, X]$ 。

此外，於觀察性研究中我們藉由配對來估計「無法觀測到的潛在結果」，本文使用的傾向分數一對一配對以實驗組為主角，對實驗組受試者進行 Y_0 的估計，故所估計的處理效果為發生在實驗組受試者身上的效果，即 ATT 。最後，在處理指派可忽略之下，經由(1)與(2)可知 ATT 等價於 ATE 。

第二節 傾向分數之基本概念

如何將觀察性研究的資料經過適當的設計與安排後，能夠視為隨機試驗的方式來客觀探討處理效果的相關研究相當多，其中傾向分數在過去的這一、二十年來受到各領域學者廣泛使用。舉例來說，Rubin(2001)使用傾向分數配對，來評估吸食菸草對罹患肺癌之影響；Hansen(2004)則藉由傾向分數配對，來評估不同教學方式對學生 SAT 成績的成效；Austin 與 Mamdani(2006)則針對出院三年內的死亡率，使用傾向分數配對，來評估心臟病患者服用處方藥物 Statin 的效果；Rosenbaum、Ross 與 Silber(2007)針對病患出院後的存活率，使用傾向分數配對，來評估不同科別的醫師對於腫瘤的治療成效；Yoon、Huskamp、Busch 與 Normand(2011)則依據心理衛生醫療服務的使用程度，透過傾向分數配對來評估美國聯邦政府於 2000 年健保政策改變後之成效¹。

一、 何謂傾向分數

一般而言，研究群體間的系統性差異(system difference)主要來自受試者本身的差異(subject effect)。Rosenbaum 與 Rubin (1983)提出的傾向分數，主要用途是調整群體間的系統性差異，是一種能夠有效平衡群體間差異的方法。受試者的傾向分數被定義為給定該受試者所有觀察得到的控制變數的情況下，接受某處理或被指派至某特定群體的條件機率。以一個病例對照研究(case-control study)來做說明。令 W 代表處理指派的二元變數， $W = 1$ 代表實驗組、 $W = 0$ 代表對照組；令 X 代表可觀察到之控制變數向量，則一位受試者 i 的傾向分數可表示為：

$$e(X_i) = p(W_i = 1 | X_i = x_i) \quad (2.7)$$

即受試者 i 在其所觀察得到的控制變數之下，接受處理或被指派至實驗組的機率。

¹美國聯邦政府所提供之健保政策，於 2000 年增加心理衛生醫療服務方面的保障。

二、 傾向分數的性質

依據 Rosenbaum 與 Rubin(1983)的論述，傾向分數具有兩項重要性質：

(i) 傾向分數為平衡分數、(ii) 給定傾向分數下，處理指派可忽略。

(i)平衡分數(balancing score)

平衡表示兩組群體控制變數的分配相似，任何具有平衡性質的配對依據即可稱為平衡分數。Rosenbaum 與 Rubin(1983)的「定理 1」及「定理 2」證明傾向分數為平衡分數且具有單一維度的優點。傾向分數的平衡性質可以表示為：

$$[X \perp W] | e(X) \quad (2.8)$$

即給定傾向分數之下，處理指派與可觀察到的控制變數為獨立。表示若將傾向分數 $e(X)$ 定義為控制變數的函數，在給定傾向分數之下，實驗組和對照組控制變數 X 的分配為相同，即平衡之意義可表示為：

$$prob(X | W = 1, e(X)) = prob(X | W = 0, e(X)) = prob(X | e(X)) \quad (2.9)$$

因此，使用傾向分數作為配對依據能使兩組群體在控制變數分配達到平衡，即分配相同。

(ii) 給定傾向分數下，處理指派可忽略

Rosenbaum 與 Rubin(1983)的「定理 3」依據「傾向分數具有平衡性質」與「假設 1 處理指派可忽略： $[(Y_0, Y_1) \perp W] | X$ 」，證明在控制傾向分數之下，處理指派與反應變數潛在結果獨立，使得在給定傾向分數之下，處理指派可忽略亦成立：

$$[(Y_0, Y_1) \perp W] | e(X) \quad (2.10)$$

因此，若將(2.4)式中控制變數 X 改以傾向分數 $e(X)$ 取代，得下式：

$$E [Y_1 | W = 1, e(X)] - E [Y_0 | W = 0, e(X)] \quad (2.11)$$

使用(2.10)和(2.11)式，同樣可推得不偏的 ATE 與 ATT 。

Rosenbaum 與 Rubin(1983)的「定理 4」，即是證明給定傾向分數之下，平均處理效果為不偏的處理效果。

三、 如何估計傾向分數

在隨機試驗中，處理指派變數 W 為隨機指派，每位受試者有相同機率被指派至處理，然而在觀察性研究中，被指派至處理的機率未知，故可將傾向分數視為一未知函數，需要進一步使用觀察資料進行估計。

估計傾向分數最常見的方法為 Rosenbaum 與 Rubin (1983)所使用之羅吉斯迴歸(logistic regression)，模型中反應變數為處理指派 W 、解釋變數為所觀察到的控制變數 X ，令 β 代表迴歸係數的向量，則對受試者而言，其傾向分數可由二元羅吉斯迴歸估計得到：

$$e(X) = P(W = 1 | X = x) = \frac{e^{X\beta}}{1+e^{X\beta}} = \frac{1}{1+e^{-X\beta}} \quad (2.12)$$

從配適的模型中得到接受處理的預測機率即為傾向分數。由於此模型屬於非線性模型，表示處理指派與控制變數非線性函數關係。

Rosenbaum 與 Rubin (1985b) 提出，在作傾向分數配對時可以使用線性傾向分數(linear propensity score)取代原本的傾向分數。作法為使用 Logit function 對傾向分數 $e(X)$ 做線性轉換，以便得到線性傾向分數：

$$q(X) = \text{Log}\left(\frac{e(X)}{1 - e(X)}\right) = \text{Log}\left(\frac{P}{1 - P}\right) = X\beta$$

(2.13)

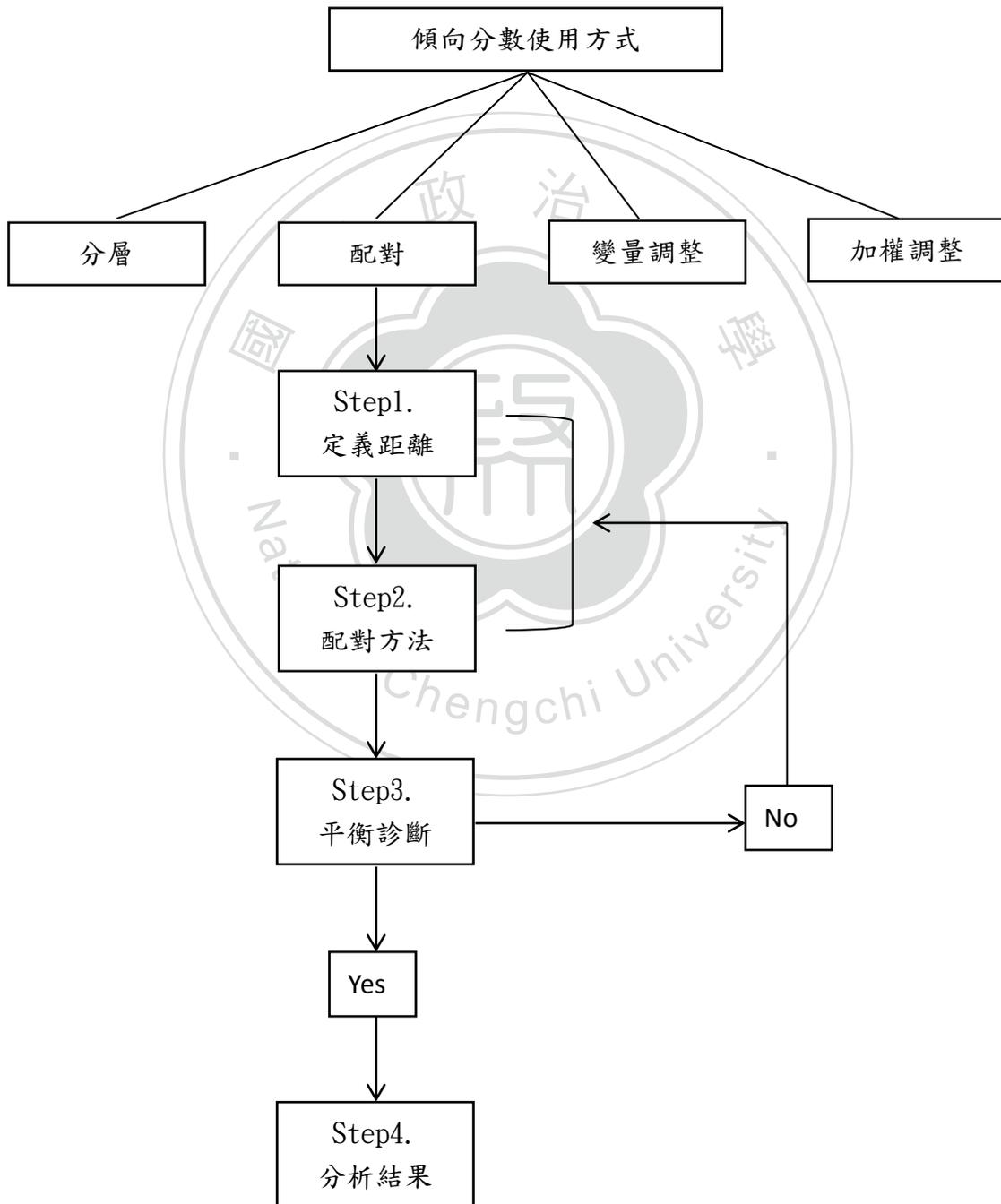
轉換過後的線性傾向分數 $q(X)$ 與控制變數 X 為線性函數關係，好處在於其分配近似常態分配。此外，Rosenbaum 與 Rubin (1983)亦提出可以使用 Probit regression model 或透過 Discriminant analysis 來估計傾向分數。



第三節 傾向分數之使用方式

在估計完傾向分數之後，傾向分數的使用方式主要分為四種，分別由 Rosenbaum 與 Rubin (1983)及 Rosenbaum (1987)提出。

傾向分數使用方式之架構圖



一、傾向分數分層(sub-classification on the propensity score)

Rosenbaum 與 Rubin (1983)提出之分層方式如下：依據傾向分數來對受試者區分為五至十層後，分別估計各層的處理效果並以加權方式得到一個整體的平均處理效果估計值。

二、傾向分數配對(propensity score matching)

Rosenbaum 與 Rubin (1983)使用傾向分數來進行配對。配對的主角為實驗組受試者，就對照組中尋找與實驗組傾向分數相近的受試者加以配對以組成配對樣本，再藉由配對樣本來進行處理效果之估計。

三、傾向分數變量調整(covariate adjustment using the propensity score)

Rosenbaum 與 Rubin (1983)建議可以將傾向分數視為一個獨立變數。在建構探討反應變數的迴歸模型中，解釋變數中除了包含必要的處理指派變數外，也一併納入傾向分數來做為一個控制變數。

四、傾向分數加權調整 (weighting adjustments using the propensity score)

Rosenbaum (1987)建議將傾向分數的倒數視為一種權重，經由此權重進行加權調整後來進行平均處理效果的估計。

其中傾向分數配對與傾向分數分層為較常見的使用方式，Austin與Mamdani(2006)使用標準化差異²來比較傾向分數配對與分層的平衡效果。研究結果顯示，傾向分數配對相較於傾向分數分層能較有效地平衡兩組群體在控制變數上的系統差異。此外，Austin(2007)也採模擬研究的方式，以邊際勝算比作為衡量處理效果的工具，分別使用傾向分數配對、傾向分數分層以及傾向分數變量調整三種方式來估計真實勝算比。評估方式為偏誤減少比例、均方誤以及95%信賴區間覆蓋率，研究結果顯示勝算比的估計，以傾向分數配對的表現最佳。

² Rosenbaum 與 Rubin (1985)提出使用標準化差異作為衡量平衡效果的工具，詳見本章第四節。

第四節 配對方法之發展

Stuart(2010)指出任何可以使實驗組與對照組在控制變數分配上達到平衡的方式，均可廣泛定義為配對。配對的想法最早在 1940 年代就已經被提出，不過直到 1970 年代才開始有學者進行配對方法的相關研究 (Rubin, 1973)。配對經常用來幫助研究者從大量的對照組受試者中挑選出一部份合適的受試者與實驗組受試者配對，進而組成一組配對樣本。因此，配對亦是一種再抽樣(resampling)的方法。不過相對原始樣本而言，配對樣本可推論的廣度亦相對減少。

配對的執行可以分為下列四個步驟：

- 步驟 1: 受試者間的距離定義
- 步驟 2: 選擇配對方法
- 步驟 3: 得到配對樣本並評估是否達到平衡
- 步驟 4: 進行結果的分析

一. 距離定義

進行配對前，需要選擇一種距離來測量受試者間的相似性，Stuart(2010)討論四種類型的距離。

(1) 確切距離 (exact distance)

確切距離的測量方式是配對變數的值或類別必須完全相同，兩位受試者才會被配對。就控制變數 X 而言，兩受試者 i 與 j 的確切距離可表示為：

$$D_{ij} = \begin{cases} 0 & \text{if } X_i = X_j \\ \infty & \text{if } X_i \neq X_j \end{cases}$$

(2)馬氏距離 (Mahalanobis distance)

馬氏距離最早被使用於配對上是在 Cochran 與 Rubin(1973)的研究中。就控制變數 X 而言，兩受試者 i 與 j 的距離，可表示為下式，其中 S 代表樣本之共變異矩陣：

$$M(X_i, X_j) = (X_i - X_j)^T S^{-1} (X_i - X_j)$$

馬氏距離的測量考慮到控制變數間共變異的關係，適用於連續型變數且變量個數少於八個時 (Zhao, 2004)，當變量個數過多或非常態分配時較不適用 (Gu and Rosenbaum, 1993)。

(3)傾向分數 (propensity score)

傾向分數將高維度的控制變量轉換至單一維度，在控制變數較多時有助於配對的執行。使用傾向分數作為距離時，兩受試者 i 與 j 的距離，可表示為：

$$D_{ij} = |e(X)_i - e(X)_j|$$

Gu 與 Rosenbaum(1993)進行馬氏距離和傾向分數的模擬比較，在設定控制變數服從常態分配，變數個數分別為 2 個、5 個及 20 個之下，使用馬氏距離和傾向分數作為距離，分別進行配對並比較配對樣本的平衡性。結果發現在變數個數較多時，使用傾向分數平衡效果越優於馬氏距離。

(4)線性傾向分數 (linear propensity score)

Rosenbaum 與 Rubin(1985b)指出使用線性傾向分數會比傾向分數更能有效地減少偏誤。由於線性傾向分數和控制變數間為線性關係，並近似常態分配，此為傾向分數所不具備的性質，因此，傾向分數配對實際多

為使用線性傾向分數作為距離。

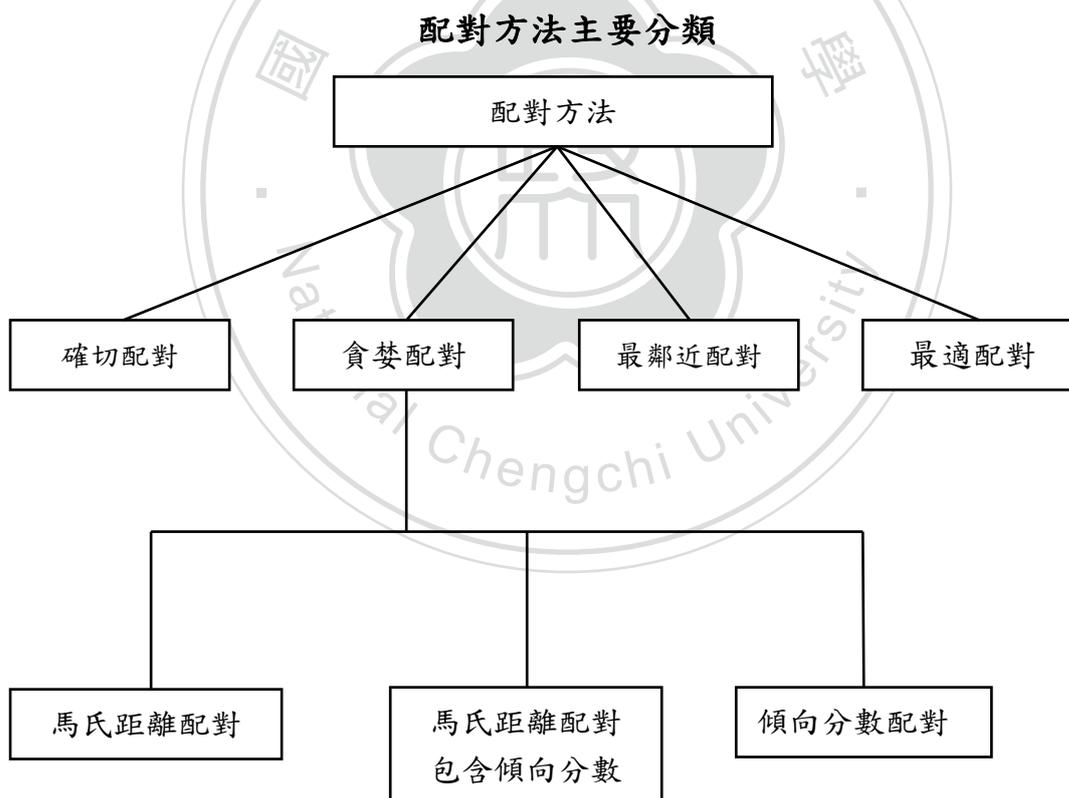
計算實驗組受試者與對照組受試者之間線性傾向分數的絕對差異，兩受試者 i 與 j 的距離可表示為：

$$D_{ij} = |q(X)_i - q(X)_j|$$

絕對差異越小表示兩個受試者相似程度越高；相似程度越高的受試者在執行配對時越可能被配成一對成對樣本。

二. 配對方法

常見的配對方法可分為下列四大類，即確切配對、貪婪配對、最鄰近配對與最適配對，下圖為配對方法之分類圖：



(1) 確切配對 (exact matching)

當我們希望將兩群體的受試者配對成一組配對樣本時，最直覺的配對方法為確切配對，也就是使用確切距離來進行配對。但當配對變數過多時，確切配對的

進行將遭遇到困難，部分實驗組受試者可能會沒有可配對的對照組受試者，導致配對樣本的樣本數過小。通常在配對變數維度過高時會有此問題，這樣的配對結果稱為不完整配對。由於無法配到對的受試者過多，將造成大量的資料損失，這是研究者所不樂見的事情。

使用確切距離來進行配對時，若配對變數為類別型變數，兩群體間的受試者在此變數之下的所屬類別必須相同才會被配成一對；若配對變數為連續型變數，則兩群體間的受試者在此變數下的數值必須相同才會被配成一對。

(2) 最鄰近配對法 (nearest neighbor matching)

Rubin (1973) 提出，當無法做到確切配對時，可以將距離最近的受試者配對在一起，稱為最鄰近配對法。針對每一位實驗組受試者去尋找一位距離最近的對照組受試者來進行配對，此方法成為一種最常見也最容易執行的配對方法。

(3) 貪婪配對 (greedy matching)

貪婪配對使用最鄰近配對的概念，在實驗組受試者本身的某個區域內尋找最接近的對照組受試者來配對。配對的流程先將實驗組受試者隨機進行編號，對編號 1 的實驗組受試者尋找最近距離的對照組受試者，配對後便移置配對樣本中，接著對編號 2 實驗組受試者尋找對照組受試者，重複此過程直到所有實驗組受試者皆被配對完成為止，即可得到一組配對樣本。

常見的貪婪配對法依照不同之距離定義可區分為下列三種：一為馬氏距離貪婪配對、一為傾向分數之貪婪配對、一為馬氏距離包含傾向分數之貪婪配對，即傾向分數被視為馬氏距離中的一個變數。此外，貪婪配對可進一步結合門檻值配對 (caliper matching)，門檻值配對會設定一個距離來作為門檻值，兩組受試者距離的差異必須小於門檻值才具有被配對在一起的機會，門檻值設定越小，每一對配對樣本的相似程度會越高，但同時亦會提高資料損失的可能性。

一般而言，在進行傾向分數配對時，當實驗組線性傾向分數的變異數較大於對照組時，必須取較小的門檻值。針對門檻值的選取，Rosenbaum 與 Rubin (1985b) 指出，若實驗組的變異數為對照組的兩倍時，選取 0.2 倍的線性傾向分數標準差

為門檻值時，對於常態分配的變量可以移除 98% 的偏誤。取 0.4 倍則可移除 93% 的偏誤，選取 0.6 倍則可移除 86% 的偏誤，並建議使用 0.2 倍線性傾向分數標準差做為門檻值。此外，Austin(2009)針對門檻值的選取，就醫學期刊中最常使用的 8 種傾向分數配對門檻值來進行模擬研究，比較處理效果的均方誤，模擬結果顯示使用 0.2 倍線性傾向分數標準差的效果最佳。

(4) 最適配對 (optimal matching)

Rosenbaum(1989)提出最適配對的作法。最適配對與貪婪配對最大不同在於，貪婪配對致力於極小化配對樣本中每一對樣本間的距離，而最適配對則是極小化配對樣本中實驗組與對照組的總距離，也就是說貪婪配對尋找局部的最小距離，最適配對尋找整體的最小距離。在設定控制變數服從常態分配，變數個數分別為 2 個、5 個及 20 個之下，Gu 與 Rosenbaum (1993)以配對後偏誤降低比例來評估兩種配對方法之平衡效果。模擬結果顯示，最適配對和貪婪配對在平衡效果上沒有孰優孰劣的問題，兩種方法都能有效地降低偏誤。貪婪配對在執行上會比最適配對有效率，但貪婪配對需要隨機決定一位實驗組受試者，若起始的實驗組受試者改變，最後的配對樣本亦有可能改變。最適配對則沒有類似的困擾。

第五節 配對後之平衡診斷

在執行完配對方法之後，我們會得到一組配對樣本，此時需要對此配對樣本進行平衡性的檢查。檢查的目的在於希望配對樣本中實驗組與對照組在控制變數上擁有相似的分配，若使用傾向分數配對，平衡診斷等同於在檢查傾向分數的平衡性質，即 $[X \perp W] | e(X)$ ，再平衡性達到一定程度後，方能進一步估計處理效果。Stuart(2010)曾對診斷方法進行分類，將診斷方法分為數值診斷方法和圖形診斷方法兩大類。

一、數值診斷方法

(1) 標準化差異

當進行的配對方法屬於「非確切配對」時，兩組群體在控制變數上仍存在些

微差異，必須使用一些測量工具幫助我們衡量此差異。其中最常見的平衡診斷工具為 Rosenbaum 與 Rubin(1985a)建議採用的標準化差異(standardized difference)，標準化差異越小表示兩組群體在此變數的分配越相似。連續型變數的標準化差異為兩群體在變量上平均數的差異除以兩群體的混合標準差，而類別型變數標準化差異的計算方式相同但改以比例來取代。

定義 s_{ti} 為原始樣本中第 i 個控制變數的標準差，其中 $t=1$ 代表實驗組、 $t=0$ 代表對照組，則兩群體控制變數 i 的混合標準差為：

$$\bar{s}_i = \left(\frac{s_{1i}^2 + s_{0i}^2}{2} \right)^{1/2} \quad (2.14)$$

原始樣本中第 i 個控制變數的標準化差異定義為：

$$B_{Ci} = \frac{\bar{x}_{1i} - \bar{x}_{0i}}{\bar{s}_i} \quad (2.15)$$

其中 \bar{x}_{1i} 和 \bar{x}_{0i} 分別為原始樣本中實驗組與對照組控制變數 i 的樣本平均數。

配對樣本中第 i 個控制變數的標準化差異計算公式為：

$$B_{Mi} = \frac{\bar{x}_{M1i} - \bar{x}_{M0i}}{\bar{s}_i} \quad (2.16)$$

其中 \bar{x}_{M1i} 和 \bar{x}_{M0i} 分別為配對樣本中控制變數 i 的樣本平均數。

我們分別對每一個控制變數計算標準化差異，若配對後各控制變數的標準化差異較配對前低，則表示我們透過配對的過程，確實能減少群體間的系統性差異。必須注意到的是，兩個標準化差異分母均為混合標準差 \bar{s}_i ，其目的在於將差異比例

化，接著可設定一個作為平衡診斷標準的比例值，若配對後的標準化差異低於此標準，則認為配對樣本已達到平衡。Normand(2001)建議，平衡診斷標準可設定為 0.1，若超過 0.1 即代表此控制變數仍未被平衡。

(2)顯著性檢定

除了標準化差異之外，也可以利用一般的顯著性檢定來判斷實驗組和對照組在各個控制變數上是否存在顯著差異。針對連續型變數，可以使用兩獨立樣本 T 檢定比較兩群體的平均數是否存在顯著差異；類別型變數則可使用卡方檢定之齊一性檢定，來了解分配的結構是否存在顯著差異。

顯著性檢定相對標準化差異而言是較為客觀的平衡診斷方法，此為其優點。然而我們必須了解到原始樣本經過配對後在樣本數上必會有所減少，樣本數的變動亦可能會造成檢定結果改變，因此我們並不能將原始樣本的檢定結果與配對樣本的檢定結果進行比較，藉以反應配對的平衡效果，此為其缺點所在。Imai、King 與 Stuart(2008)具體說明配對樣本不適合做顯著性檢定，其原因有二：一為配對樣本的樣本數相對原始樣本有所減少，在配對樣本上做顯著性檢定其檢定力是較低的，平衡性的改善有可能是因為樣本數減少所造成。一為研究者只是想了解此配對樣本是否具備平衡性，並沒有要對母體進行推論。

相反的，無論原始樣本或配對樣本的標準化差異計算公式中，其分母為相同的混合標準差。使標準化差異不會受到樣本數變動的影響，因此在配對前後的標準化差異是可進行合理比較的，此為標準化差異的優點。由於平衡標準的設定與顯著性檢定未必可行，使得標準化差異成為較為主觀的平衡診斷方法。

關於使用顯著性檢定進行平衡診斷，Rosenbaum 與 Rubin (1985b)以及 D'Agostino(1998)之實證研究中，除了使用標準化差異來進行平衡診斷外，在配對前後亦使用兩獨立樣本 T 檢定來進行連續型變數平衡性的檢查。

二、圖形診斷方法

診斷方法除了上述所提及的標準化差異和顯著性檢定之外，亦可使用圖形來進行診斷。針對連續型變數，進行圖形繪製以了解實驗組與對照組分配的相似性。

如常見的圖形診斷方法為使用 Quantile-Quantile 圖對實驗組與對照組的百分位數進行比較，若兩組群體變量的分配相同，則在 Quantile-Quantile 圖上可觀察到所有的觀測點會座落於四十五度斜線上。此外對於實驗組與對照組的分配進行直方圖、箱型圖以及累積分配圖的比較，也可以幫助判斷兩組分配是否相似。



第三章 研究方法

第一節 研究設計

文獻中經常可見各種配對方法合併使用的情況，所謂的「合併使用」指的是合併採用多種不同配對方法後，再進行結果的分析。舉例來說，Rubin(2001)於吸菸與肺癌實證研究中，針對名目變數「性別」先作確切配對後，再執行傾向分數配對；Rosenbaum、Ross 及 Silber(2007)於探討腫瘤治療之實證研究中，針對名目變數「治療年份」作確切配對後，再執行傾向分數配對；Stuart(2010)則明確建議研究者可以先就重要的「名目變數」作確切配對後，再執行傾向分數配對。針對 Stuart (2010)的建議，本文將藉由一蒙地卡羅模擬實驗來加以驗證。欲探討的問題為：「若先對一個重要名目變數進行確切配對後，再進行傾向分數配對，相較於直接進行傾向分數配對，在後續處理效果的估計是否有所幫助？估計結果是否會較接近真實處理效果？」，此為我們的目的之一。另一個目的則在於 Stuart (2010)所謂的重要名目變數並沒有明確定義，故本文設定了四種情境，想了解與處理指派以及反應變數相關程度不一的四個名目變數，分別對這四個名目變數作確切配對後，再執行傾向分數配對，哪一種情境的有較好的估計結果。這其中，傾向分配對我們採用的是一對一貪婪配對，門檻值設定為 0.2 倍的線性傾向分數標準差。

第二節 邊際處理效果

本章中我們欲執行一模擬實驗來了解不同配對方法下的處理效果估計值與真實處理效果的差異。目標是對平均處理效果進行估計，故此處我們所謂的處理效果指的是邊際處理效果。由於第五章實證資料的反應變數為一個二元變數，因此本文使用對數勝算比(log- odds ratio)來衡量處理效果。反應變數發生率與邊際處理效果分別可由下列兩個羅吉斯迴歸模型得到：

$$\text{logit}(p_{outcome}) = \alpha_{0,outcome} + \beta_{treat}W + \alpha_1x_1 + \dots + \alpha_px_p \quad (3.1)$$

$$\text{logit}(p_{outcome}) = \alpha_{0,outcome} + \beta_{treat}W \quad (3.2)$$

一、 原始樣本邊際處理效果

根據反應變數模型(3.1)，對照組受試者反應變數發生率可由下式所得：

$$\text{logit}(p_0) = \alpha_{0,outcome} + \alpha_1x_1 + \dots + \alpha_px_p \quad (3.3)$$

而實驗組受試者反應變數發生率可由下式所得：

$$\text{logit}(p_1) = \alpha_{0,outcome} + \beta_{treat} + \alpha_1x_1 + \dots + \alpha_px_p \quad (3.4)$$

由上兩式，可得每位實驗組受試者反應變數發生率 p_1 和每位對照組受試者反應變數發生率 p_0 ，並分別以實驗組與對照組的反應變數發生率平均值 \bar{p}_1 和 \bar{p}_0 ，得到原始樣本邊際對數勝算比估計量為：

$$\log \frac{\frac{\bar{p}_1}{1-\bar{p}_1}}{\frac{\bar{p}_0}{1-\bar{p}_0}} \quad (3.5)$$

二、 配對樣本邊際處理效果

配對樣本屬於成對樣本，因此配對後的資料型態屬於二元成對樣本(binary matched-pairs data)。在此資料型態之下，可以藉由下列的二維列聯表進行來邊際對數勝算比的估計。

二元成對樣本的二維列聯表如下：

表 3-1 二元成對樣本的二維列聯表

列	行		總和
	成功	失敗	
成功	a	b	$a+b$
失敗	c	d	$c+d$
總和	$a+c$	$b+d$	n

表 3-1 中，成對樣本中兩位受試者皆為「成功」的成對樣本個數定義為 a ，皆為「失敗」則定義為 d ，第一位受試者為「成功」且第二位受試者為「失敗」的成對樣本個數定義為 b ，而第一位受試者為「失敗」且第二位受試者為「成功」的成對樣本個數則定義為 c 。

根據 Agresti 與 Min(2004)，成對樣本的邊際對數勝算比之最大概似估計量為：

$$\log \frac{(a+c)(c+d)}{(b+d)(a+b)} \quad (3.6)$$

而邊際對數勝算比之標準誤為：

$$\sqrt{\frac{n[(a+d)(b+c)+4bc]}{(a+b)(c+d)(a+c)(b+d)}}$$

第三節 資料生成

本文所使用之軟體為統計軟體 R 2.12 版本，使用範圍包含模擬資料之生成、第四章的模擬資料分析與第五章之實證分析，其中配對方法所使用的套件為「nonrandom」。該套件可以執行傾向分數貪婪配對，亦可搭配門檻值之設定，同時亦具備執行傾向分數分層的功能。

一、變數生成之架構

本模擬研究的資料生成方式主要參考 Austin(2007)之模擬研究架構，除了反應變數 Y 與處理指派變數 W 外，考慮實證資料中變數多為二元變數，故加入八個母體參數比例為 0.5 的二元變數 x_1, \dots, x_8 來進行探討，其中這八個變數與處理指派變數及反應變數間的關聯情形如表 3.1 所示。變數 x_1, x_2, x_4, x_5, x_7 及 x_8 設定為與處理指派有相關之變數，而 x_1, x_2, x_3, x_4, x_5 及 x_6 ，則為與反應變數有相關之變數，其中 x_1, x_2, x_4, x_5 為同時與處理指派和反應變數有所關聯的變數， x_7, x_8 僅與處理指派有相關， x_3, x_6 則僅與反應變數有相關。由於這八個變數與處理指派及反應變數皆為二元隨機變數，參酌 Austin(2007)的定義方式，我們將高度相關定義為 5 倍的勝算比，中度相關則定義為 2 倍勝算比，無相關定義為 1 倍勝算比。

表 3.1 變數 x_1, \dots, x_8 與處理指派變數及反應變數間之關聯架構

	與處理指派 高度相關	與處理指派 中度相關	與處理指派 無相關
與反應變數 高度相關	x_1	x_2	x_3
與反應變數 中度相關	x_4	x_5	x_6
與反應變數 無相關	x_7	x_8	-

二、 受試者資料之生成

我們先就 x_1, \dots, x_8 分別生成樣本數為 1000 及 3000 之兩組樣本資料。

(1) 處理指派狀態之生成

依據 Austin(2007)的研究結果，使用 x_1 、 x_2 、 x_4 、 x_5 、 x_7 及 x_8 此六個與處理指派有相關之變數來建立傾向分數模型最為適合，因此我們也藉由此六個變數來對每一位受試者生成其處理指派資料：

$$\text{logit}(p_{\text{treatment}}) = \beta_{0,\text{treat}} + \beta_1 x_1 + \beta_2 x_2 + \beta_3 x_4 + \beta_4 x_5 + \beta_5 x_7 + \beta_6 x_8 \quad (3.8)$$

根據上式可以建立一個服從伯努利分配的處理指派變數 W ：

$$W \sim \text{Bernoulli}(p_{\text{treatment}}) \quad (3.9)$$

此外為了使模擬研究的資料能夠適度反應實證研究資料的特性，我們根據實證研究的資料特性來設定(3.8)式中的 $\beta_{0,\text{treat}}$ 值為-6.3，可使處理指派變數 W_i 中的比例參數 $p_{i,\text{treatment}}$ 近似 11%，以符合實證資料中實驗組受試者的比例。此外，依據前述高度相關設定為五倍勝算比，故其係數設定為 $\log(5)$ ，而中度相關為設定為兩倍勝算比，其係數設定為 $\log(2)$ 。因此(3.8)式中係數之設定如下所示：

$$\begin{aligned} \beta_{0,\text{treat}} & : -6.3 \\ \beta_1, \beta_3, \beta_5 & : \log(5) \\ \beta_2, \beta_4, \beta_6 & : \log(2) \end{aligned}$$

(2) 反應變數之生成

由於變數 x_1 、 x_2 、 x_3 、 x_4 、 x_5 及 x_6 設定為與反應變數有相關之變數，因此使用此六個變數以及處理指派變數 W 來建立反應變數模型，並藉以生成受試者之反應變數資料。反應變數模型為：

$$\text{logit}(p_{\text{outcome}}) = \alpha_{0,\text{outcome}} + \beta_{\text{treat}}W + \alpha_1x_1 + \alpha_2x_2 + \alpha_3x_3 + \alpha_4x_4 + \alpha_5x_5 + \alpha_6x_6 \quad (3.10)$$

根據上式得到一個服從伯努利分配的反應變數 Y ：

$$Y \sim \text{Bernoulli}(p_{\text{outcome}}) \quad (3.11)$$

一如前述，為了適度反映實證資料的特性，我們將將 $\alpha_{0,\text{outcome}}$ 設定為 -4.4 ，可使反應變數比例參數 p_{outcome} 近似 32.5% ，以符合實證資料中對照組受試者在反應變數上的發生率。因此(3.2)式中係數之設定如下所示：

$$\begin{aligned} \alpha_{0,\text{outcome}} &: -4.4 \\ \alpha_1, \alpha_2, \alpha_3 &: \log(5) \\ \alpha_4, \alpha_5, \alpha_6 &: \log(2) \end{aligned}$$

再者，由於係數 β_{treat} 代表實驗組與對照組的條件對數勝算比(conditional log-odds ratio)，亦即條件處理效果。本文設定邊際處理效果真實值分別為 $\log(1)$ 、 $\log(2)$ 、 $\log(4)$ 、 $\log(6)$ 、 $\log(8)$ 之下，模擬結果顯示將 β_{treat} 設定為 0 、 0.989 、 1.980 、 2.557697 、 2.557 、 2.950 ，可使邊際處理效果的估計值趨近設定的真實值。

第四節 情境設定

對於重要名目變數，我們設定此類變數必須與反應變數和處理指派變數皆有關聯，也就是生成架構中的 x_1 、 x_2 、 x_4 及 x_5 這四個變數，因此我們考慮對這四個變數分別進行確切配對的四種不同模擬情境，比較「確切配對結合傾向分數配對」與「傾向分數配對」，並找出在何種情境之下，事先執行確切配對會有最好的效果。情境設定如下表：

表 3.3 情境設定

四種情境設定	與處理指派 高度相關	與處理指派 中度相關
與反應變數 高度相關	情境一： x_1	情境二： x_2
與反應變數 中度相關	情境三： x_4	情境四： x_5

於情境一中，將「對變數 x_1 作確切配對，再進行傾向分數配對」來與直接進行「傾向分數配對」作比較。相同地情境二、三及四則分別對 x_2 、 x_4 及 x_5 作確切配對。在每種情境之下皆可得到三個邊際處理效果估計值，一為「確切配對結合傾向分數配對」配對樣本之估計值，一為「傾向分數配對」配對樣本之估計值，一為原始樣本之估計值。我們將依據這三種估計結果來進行評估與比較。

第五節 模擬結果之評估方式

欲了解四種情境之估計結果是否接近真實值，本文使用四種評估方式，用以比較「確切配對與傾向分數配對合併使用」與「傾向分數配對」之表現。

一、 偏誤(bias)

根據模擬 1000 次之結果，令 $\bar{\theta}$ 代表 1000 個邊際處理效果之平均值，此為估計值，而 θ_{True} 代表邊際處理效果之真實值，則偏誤可表示為：

$$bias = \bar{\theta} - \theta_{True}$$

若以 *Exact-PS* 代表「確切配對與傾向分數配對合併使用」配對樣本，*PS* 代表「傾向分數配對」配對樣本，而 *Crude* 代表原始樣本。三組樣本估計偏誤分別以 $bias_{Crude}$ 、 $bias_{PS}$ 及 $bias_{Exact-PS}$ 來表示。

二、 偏誤降低比例(bias reduction in marginal log-odds ratio)

Austin(2007)使用偏誤降低比例對估計的準確性作為評估方式，以原始樣本的估計偏誤為基準，偏誤計算偏誤減少比例定義為：

$$100 \times \frac{abs(bias_{crude}) - abs(bias_{exact-ps})}{abs(bias_{crude})} \quad (3.13)$$

$$100 \times \frac{abs(bias_{crude}) - abs(bias_{ps})}{abs(bias_{crude})} \quad (3.14)$$

偏誤降低比例越高，表示配對方法的估計準確性越好。

三、 均方誤(mean square error)

第三個評估指標為均方誤，均方誤越小，表示配對方法的估計精確性越好。

四、 95%信賴區間覆蓋率(coverage of 95% C.I.)

第四個評估指標為 95%信賴區間覆蓋率。藉由這 1000 筆模擬資料，計算 1000 個 95%信賴區間，並計算包含真實值的信賴區間個數，將此區間個數除以模擬次數後得 95%信賴區間覆蓋率，覆蓋率越接近 95%越符合預期。



第四章 模擬結果分析

由於樣本數 1000 或 3000 結果相同，故本章使用樣本數 1000 的模擬結果進行分析說明。在以下的表格中，Crude 代表未經配對，Exact-PS 代表「確切配對與傾向分數配對合併使用」的配對方式，而 PS 則代表「傾向分數配對」單獨使用的配對方式，故我們將有三組樣本，分別為 Crude 原始樣本、Exact-PS 配對樣本及 PS 配對樣本。我們設定五個對數勝算比真實值： $\log(1)$ 、 $\log(2)$ 、 $\log(4)$ 、 $\log(6)$ 及 $\log(8)$ ，並以 1000 次模擬結果之平均值作為對數勝算比之估計值。

第一節 對數勝算比之估計

表 4.1 呈現 Crude 原始樣本、PS 配對樣本以及 Exact-PS 配對樣本的估計結果

表 4.1 對數勝算比之估計值

		True log-odds ratio				
Scenario	Method	$\log(1)$ 0	$\log(2)$ 0.69315	$\log(4)$ 1.3863	$\log(6)$ 1.79176	$\log(8)$ 2.07944
1	Crude	0.7623	1.4934	2.2311	2.7132	3.0348
	PS	0.0615	0.7933	1.5279	2.0073	2.3260
	Exact-PS	0.0571	0.7888	1.5274	2.0033	2.3253
2	Crude	0.7555	1.4895	2.2571	2.6897	3.0389
	PS	0.0566	0.7819	1.5452	1.9853	2.3327
	Exact-PS	0.0283	0.7549	1.5137	1.9504	2.2979
3	Crude	0.7493	1.4640	2.2055	2.7131	3.0240
	PS	0.0398	0.7526	1.5064	2.0040	2.3227
	Exact-PS	0.0445	0.7541	1.5057	2.0050	2.3231
4	Crude	0.7413	1.4673	2.2286	2.7037	3.0397
	PS	0.0267	0.7597	1.5270	1.9935	2.3350
	Exact-PS	0.0230	0.7563	1.5204	1.9918	2.3310

總體而言，在四種情境之下，不論何種方式，其估計結果皆呈現高估的現象，此乃由於 1000 筆對數勝算比估計值的分配呈現些微右偏¹的現象。此外我們也可觀察到偏誤大小與真實值大小呈現正向關聯性，也就是說估計的準確性會隨著真實值的上升而降低，真實值越大偏誤也越大。

第二節 偏誤與偏誤降低比例

表 4.2 為對數勝算比估計值與真實值之差異，即估計的偏誤。

表 4-2 對數勝算比之估計偏誤

Scenario	Method	True log-odds ratio				
		log(1) 0	log(2) 0.69315	log(4) 1.3863	log(6) 1.79176	log(8) 2.07944
1	Crude	0.7623	0.8003	0.8448	0.9215	0.9553
	PS	0.0615	0.1002	0.1416	0.2156	0.2465
	Exact-PS	0.0571*	0.0956*	0.1411*	0.2115*	0.2459*
2	Crude	0.7555	0.7963	0.8708	0.8980	0.9594
	PS	0.0566	0.0887	0.1589	0.1936	0.2533
	Exact-PS	0.0283*	0.0617*	0.1274*	0.1586*	0.2184*
3	Crude	0.7493	0.7708	0.8192	0.9214	0.9445
	PS	0.0398*	0.0595*	0.1201	0.2122*	0.2433*
	Exact-PS	0.0445	0.0609	0.1194*	0.2132	0.2436
4	Crude	0.7413	0.7741	0.8423	0.9119	0.9603
	PS	0.0267	0.0666	0.1407	0.2017	0.2556
	Exact-PS	0.0230*	0.0631*	0.1341*	0.2001*	0.2516*

*:表示偏誤最小的方法。

一、 原始樣本與配對樣本比較

在不同情境與真實值之組合情況下，我們發現原始樣本的估計偏誤皆為三組樣本中最大的，故我們認為經由實驗組與對照組的配對，確實可以改善了估計的準確性。

¹ 1000 筆對數勝算比估計值的分配詳見附錄二。

二、 PS 配對與 Exact-PS 配對的比較

由表 4-2 可以發現在不同真實值設定之下，Exact-PS 配對在情境一、情境二與情境四之下，偏誤皆較 PS 配對小；然而在情境三之下，Exact-PS 配對則僅在真實值為 $\log(4)$ 時，偏誤小於 PS 配對。

三、 不同情境下 Exact-PS 配對的效果

由估計偏誤已知配對確實有助於改善估計的準確性，並且發現於情境一、情境二及情境四之下，Exact-PS 配對的改善效果優於 PS 配對。我們將藉由偏誤降低比例，進一步來比較 Exact-PS 配對與 PS 配對的差異。

表 4.3 偏誤降低比例

Scenario	Method	log(1)	log(2)	log(4)	log(6)	log(8)
		0	0.69315	1.3863	1.79176	2.07944
1	PS	91.93	87.48	83.24	76.61	74.19
	Exact-PS	92.51†	88.05†	83.30†	77.04†	74.26†
2	PS	92.51	88.86	81.76	78.44	73.60
	Exact-PS	96.26†	92.25†	85.37†	82.33†	77.23†
3	PS	94.69†	92.29†	85.34	76.97†	74.24†
	Exact-PS	94.06	92.10	85.42†	76.86	74.21
4	PS	96.40	91.40	83.30	77.88	73.38
	Exact-PS	96.89†	91.85†	84.08†	78.06†	73.80†

†: 表示偏誤降低比例較高的方法。

表 4-3 與圖 4.1 呈現出偏誤降低比例，基本上偏誤降低比例越高越好，表示配對的改善效果越明顯。整體而言，在所有情境之下，Exact-PS 配對的偏誤降低比例介於 73.8% 至 96.89% 之間，而 PS 配對介於 73.38% 至 96.4% 之間，且發現隨著真實值越大，其偏誤降低比例將越低。除情境三之外，其餘三種情境的 Exact-PS 配對偏誤降低比例皆較 PS 配對來得高，表示在這四種情境之下，有三種情境顯示事先執行確切配對再執行傾向分數配對表現較佳。

此外，由於想要找出在何種情境下 Exact-PS 配對的效果較佳，我們將透過 Exact-PS 配對的偏誤降低比例減去 PS 配對的偏誤降低比例的這個指標來進行評比。這項指標值若為正數，即代表 Exact-PS 配對準確性較佳。

(1)情境一中，Exact-PS 配對與 PS 配對的比例差異，依真實值順序分別為 0.58%、0.57%、0.06%、0.43%、0.07%，其平均差異為 0.342%，表示於情境一中執行 Exact-PS 配對，平均約可再降低 0.342%的偏誤。

(2)情境二中，Exact-PS 配對與 PS 配對的比例差異，依真實值順序分別為 3.75%、3.39%、3.61%、3.89%、3.63%，平均差異為 3.654%，表示於情境二中執行 Exact-PS 配對，平均約可再降低 3.654%的偏誤。

(3)情境三中，Exact-PS 配對與 PS 配對的比例差異，依真實值順序分別為 -0.63%、-0.19%、0.08%、-0.11%、-0.03%，平均差異為-0.176%，表示於情境三中執行 Exact-PS 配對效果反而較差。

(4)情境四中，Exact-PS 配對與 PS 配對的比例差異，依真實值順序分別為 0.49%、0.45%、0.78%、0.18%、0.42%，差異為 0.464%，表示於情境四中執行 Exact-PS 配對，平均約可再降低 0.464%的偏誤。

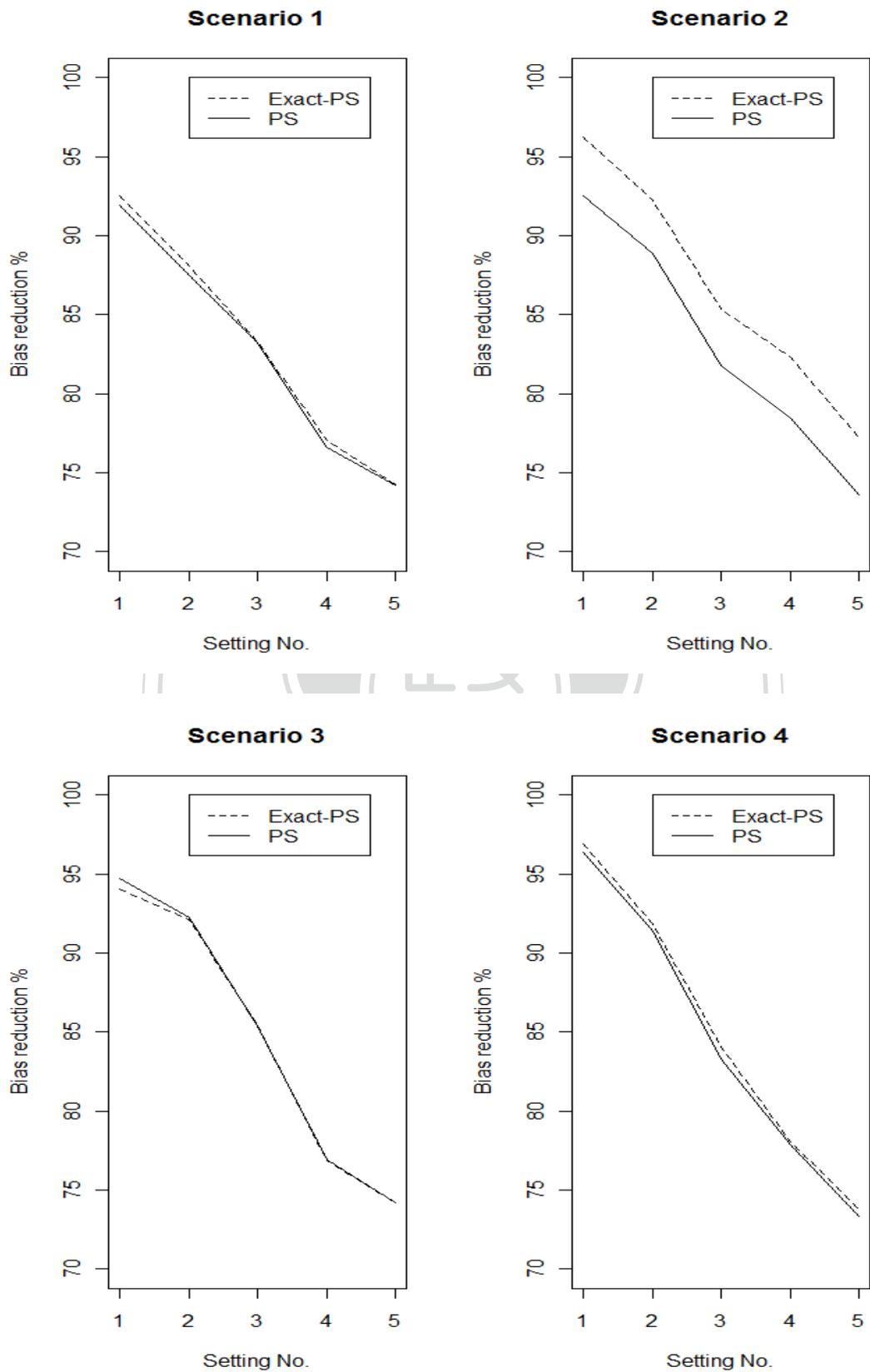


圖 4-1 四種情境之偏誤降低比例

表 4-4 執行 Exact-PS 配對平均約可再降低的偏誤比例

四種情境設定	與處理指派	與處理指派
	高度相關	中度相關
與反應變數	情境一: x_1	情境二: x_2
高度相關	(0.342%)	(3.654%)
與反應變數	情境三: x_4	情境四: x_5
中度相關	(-0.176%)	(0.464%)

由表 4-4 與圖 4-1，將情境一與情境二作比較，兩情境的確切配對變數皆為與反應變數高度相關，此時，與處理指派中度相關的情境二 Exact-PS 配對表現會比情境一好(3.654%>0.342%)。若將情境三與情境四作比較，兩情境的確切配對變數皆為與反應變數中度相關，此時，與處理指派中度相關的情境四 Exact-PS 配對表現會比情境三好(0.464%>-0.176%)。因此，無論確切配對變數與反應變數的相關程度為何，對「與處理指派中度相關的情境」作確切配對都能帶來較好的效果。

此外，情境一表現優於情境三(3.654%>-0.176%)、情境二表現優於情境四(18.27%>2.32%)，因此，無論確切配對變數與處理指派的相關程度為何，對「與反應變數高度相關的情境」作 Exact-PS 配對都能帶來較好的效果。

四種情境中，情境二的確切配對變數 x_2 ，滿足與反應變數高度相關以及與與處理指派中度相關，為最適合執行 Exact-PS 配對的情境。

第三節 均方誤

表 4-5 對數勝算比之均方誤

Scenario	Method	log(1)	log(2)	log(4)	log(6)	log(8)
		0	0.69315	1.3863	1.79176	2.07944
1	Crude	0.6197	0.6867	0.7874	0.9497	1.0380
	PS	0.0689	0.0790	0.1248	0.1735	0.2132
	Exact-PS	0.0677*	0.0765*	0.1232*	0.1688*	0.2079*
2	Crude	0.6126	0.6821	0.8294	0.8976	1.0449
	PS	0.0712	0.0815	0.1196	0.1571	0.2218
	Exact-PS	0.0652*	0.0722*	0.1066*	0.1439*	0.1974*
3	Crude	0.6026	0.6413	0.7397	0.9396	1.0179
	PS	0.0698*	0.0765	0.1066*	0.1653	0.2119*
	Exact-PS	0.0722	0.0747*	0.1074	0.1638*	0.2137
4	Crude	0.5926	0.6457	0.7762	0.9303	1.0462
	PS	0.0727	0.0804	0.1097	0.1714	0.2109
	Exact-PS	0.0727	0.0795*	0.1083*	0.1699*	0.2089*

*:表示均方誤最小的方法。

以均方誤來衡量兩種配對方法的估計精確性，均方誤越小表示估計的精確性越佳，代表配對的改善效果越明顯。模擬實驗的結果呈現於表 4-5 與圖 4-2。

一、 原始樣本與配對樣本比較

在各種情境與真實值之下，我們發現原始樣本的均方誤皆為三組樣本中最大的，故我們認為經由配對實驗組與對照組，確實可以改善估計的精確性。

二、 PS 配對與 Exact-PS 配對的比較

整體而言，在所有情境之下，Exact-PS 配對的均方誤介於 0.0652 至 0.2137 之間，而 PS 配對則介於 0.0689 至 0.2218 之間。此外，隨著真實值的增加，均方誤會越大。除情境三之外，其餘三種情境的 Exact-PS 配對均方誤皆較 PS 配對小，表示在這四種情境之下，有三種情境顯示事先執行確切配對再執行傾向分數配對估計的精確性較佳。

三、 比較不同情境 Exact-PS 配對的效果

欲找出在何種情境下 Exact-PS 配對的效果較佳，我們將藉由 PS 配對的均方誤減去 Exact-PS 配對的均方誤來進行評比，這個差異若為正數，即代表 Exact-PS 配對精確性較佳。

- (1) 情境一中，Exact-PS 配對與 PS 配對均方誤的差異，依真實值順序分別為 0.0013、0.0025、0.0016、0.0047、0.0053，平均差異為 0.00308，表示於情境一中執行 Exact-PS 配對，平均約可再降低 0.0154 的均方誤。
- (2) 情境二中，Exact-PS 配對與 PS 配對均方誤的差異，依真實值順序分別為 0.006、0.0093、0.013、0.0132、0.0244，平均差異為 0.01318，表示於情境二中執行 Exact-PS 配對，平均約可再降低 0.0658 的均方誤。
- (3) 情境三中，Exact-PS 配對與 PS 配對均方誤的差異，依真實值順序分別為 -0.0024、0.0018、-0.0008、0.0015、-0.0018，其總差異為 -0.00034，表示於情境三中執行 Exact-PS 配對效果反而較差。
- (4) 情境四中，Exact-PS 配對與 PS 配對均方誤的差異，依真實值順序分別為 0、0.001、0.0015、0.0015、0.0021，平均差異為 0.00122，表示於情境四中執行 Exact-PS 配對，平均約可再降低 0.006 的均方誤。

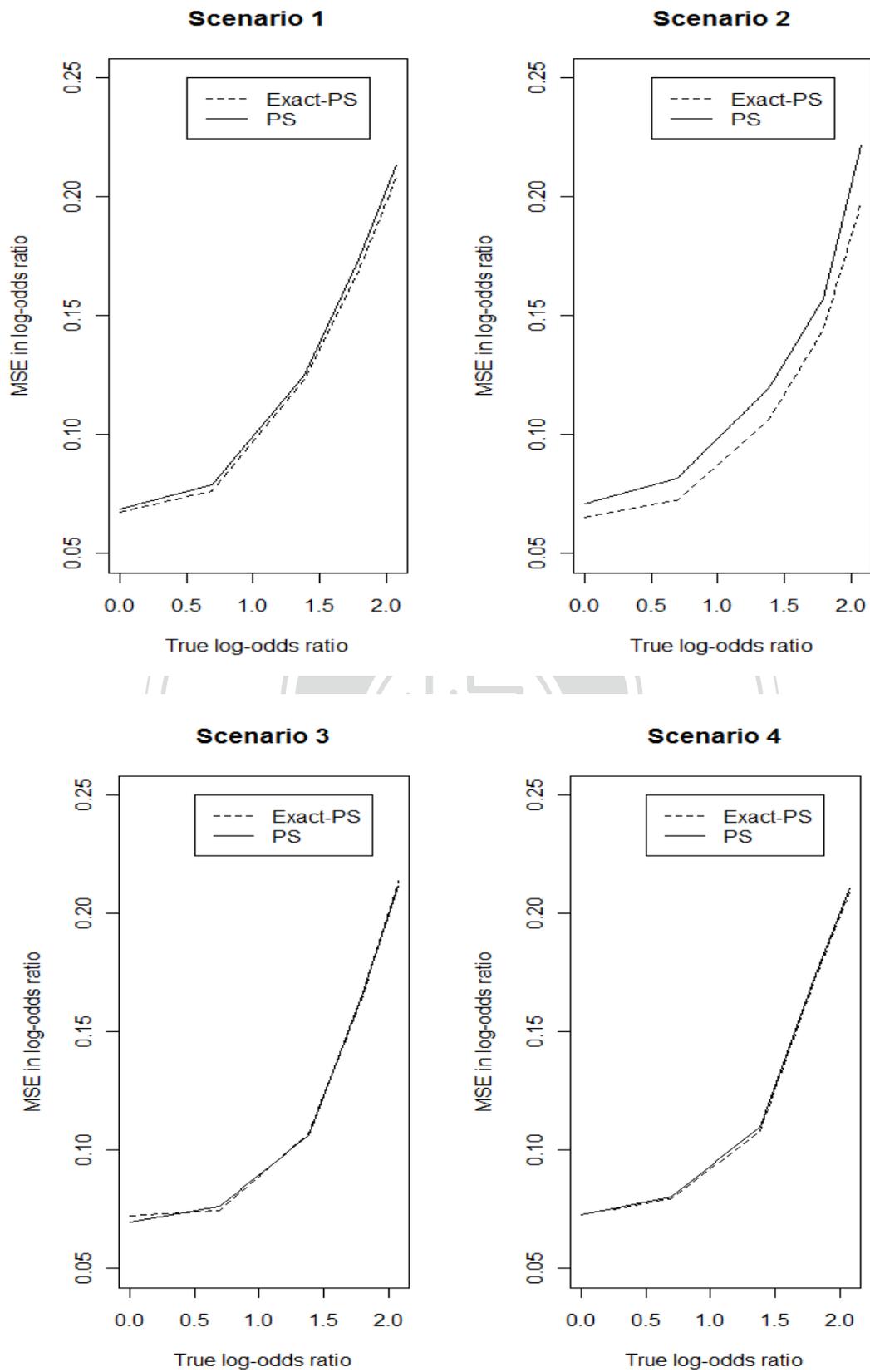


圖 4-2 四種情境之均方誤

表 4-6 執行 Exact-PS 配對平均約可再降低的均方誤。

四種情境設定	與處理指派	與處理指派
	高度相關	中度相關
與反應變數	情境一: x_1	情境二: x_2
高度相關	(0.00308)	(0.01318)
與反應變數	情境三: x_4	情境四: x_5
中度相關	(-0.00034)	(0.00122)

由表 4-6 與圖 4-2，可發現情境二表現優於情境一($0.01318 > 0.00308$)、情境四表現優於情境三($0.00122 > -0.00034$)，因此，無論確切配對變數與反應變數的相關程度為何，對「與處理指派中度相關的情境」作 Exact-PS 配對都可帶來較好的效果。

此外，情境一表現優於情境三($0.00308 > -0.00034$)、情境二表現優於情境四($0.01318 > 0.00122$)，因此，無論確切配對變數與處理指派的相關程度為何，對「與反應變數高度相關的情境」作 Exact-PS 配對都可帶來較好的效果。

四種情境中，情境二的確切配對變數 x_2 ，滿足與反應變數高度相關及與處理指派中度相關，因此為執行 Exact-PS 配對的最佳選擇變數。

第四節 95%信賴區間覆蓋率

表 4-5 95%信賴區間覆蓋率

Scenario	Method	log(1)	log(2)	log(4)	log(6)	log(8)
		0	0.69315	1.3863	1.79176	2.07944
1	PS	94.7*	95.1*	93.4	92.6	93.3
	Exact-PS	95.9*	95.8*	93.8*	93.0	94.1*
2	PS	96.0*	94.5*	94.1*	93.3	92.2
	Exact-PS	96.6	95.8*	94.7*	94.1*	94.3*
3	PS	94.9*	95.9*	94.2*	93.0	92.9
	Exact-PS	95.4*	95.9*	94.0*	93.6*	93.8*
4	PS	95.0*	95.3*	94.5*	92.6	94.2*
	Exact-PS	95.2*	94.4*	95.1*	92.9	93.7*

*:表示在顯著水準為 5%之下，覆蓋率與 95%無顯著差異。

模擬實驗所得到的 1000 組 95%信賴區間中，預期包含真實值的區間數為 950 組，也就是期望覆蓋率為 95%。我們將藉由顯著性檢定來判斷覆蓋率是否與 95% 有顯著差異。針對不同情境及五種真實值的情況，我們將比較兩種配對方法覆蓋率的不顯著個數，不顯著個數較多，表示此配對方法在覆蓋率之表現較佳。

在情境一、情境二、情境三之下，Exact-PS 配對與 PS 配對的不顯著個數分別為為四比二、四比三、五比三，表示在此三種情境之下，Exact-PS 配對在 95% 信賴區間覆蓋率上的表現較 Exact-PS 配對佳。然而，在情境四之下，Exact-PS 配對與 PS 配對的不顯著個數相同，為四比四。因此，在四種情境之下，有三種情境顯示 Exact-PS 配對在 95%信賴區間覆蓋率上表現較佳。

第五節 小結

- (1) 根據偏誤與均方誤的模擬結果，發現原始樣本的偏誤與均方誤皆為三組樣本中最大，故我們認為經由配對實驗組與對照組，確實改善了估計的準確性與精確性。
- (2) 根據偏誤與偏誤降低比例、95%信賴區間覆蓋率及均方誤的模擬結果，發現 Exact-PS 配對的表現均較 PS 配對來得好。
- (3) 根據偏誤降低比例衡量估計準確性、以均方誤衡量估計精確性的結果，發現對「與處理指派中度相關的變數」或「與反應變數高度相關的變數」作 Exact-PS 配對，都會有較佳的效果，而若對「與處理指派中度相關的變數」且「與反應變數高度相關的變數」，其效果最為明顯。
- (4) 由於在準確性、精確性及信賴區間覆蓋率的表現上，Exact-PS 配對皆較 PS 配對佳，由表 4-6 進一步觀察配對資訊，可發現在四種情境之下，Exact-PS 配對的門檻值皆較 PS 配對小，這表示受試者被配對的標準較為嚴格，我們所得到的 Exact-PS 配對樣本其受試者間的總距離亦會較 PS 配對樣本大。在準確性、精確性及信賴區間覆蓋率的表現上，Exact-PS 配對在情境二效果最為明顯，而我們發現情境二及情境四中兩種配對方法門檻值的差異是較大的(情境一及情境三差異較小)，表示情境二及情境四的情況下，Exact-PS 配對的配對標準比 PS 配對更為嚴格，而且嚴格的程度會比情境一和情境三高。
- (5) 我們所發現的結果顯示了以下兩點，其一為與反應變數高度相關的變數會有較好的效果，對與反應變數高度相關的變數作確切配對理當比中度相關的變數來得好，而其二為與處理指派中度相關的變數會有較好的效果，與處理指派中度相關的變數在傾向分數模型中的影響程度較低，再對其執行確切配對後，則能使此變數更為平衡性，而有較佳的估計結果，也因此使情境二成為最佳情境。

表 4-6 四種情境模擬結果之配對樣本資訊

Scenario	Method	Exact variable	Caliper	Sample size	Matched size	Case group size
1	PS	-	0.313	1000	260	130
	Exact-PS	$x_1 = 0$	0.306	519	100	
		$x_1 = 1$	0.3	481	160	
2	PS	-	0.301	1000	198	99
	Exact-PS	$x_2 = 0$	0.257	506	46	
		$x_2 = 1$	0.248	494	152	
3	PS	-	0.31	1000	230	115
	Exact-PS	$x_4 = 0$	0.3	476	76	
		$x_4 = 1$	0.293	524	154	
4	PS	-	0.298	1000	202	101
	Exact-PS	$x_5 = 0$	0.252	522	42	
		$x_5 = 1$	0.253	478	160	

第五章 實證研究

第一節 實證主題探討

一、 家庭結構與青少年偏差行為

本章節所要探討的主題為「家庭結構與青少年偏差行為之關聯探討」。

家庭是由婚姻，血緣或收養關係所組成，為社會中最基本的團體單位。家庭結構指的是家庭的組成及成員間的關係，一般以家庭成員的共同居住狀況來區分家庭結構，如一般雙親家庭即是原生雙親與子女居住在一起，由兩位具有血緣關係的父母所領導，屬於完整家庭；而僅有一位原生父親或母親與其子女居住在一起稱為一般單親家庭，單親家庭的結構較雙親家庭缺少了第二位成人，屬於非完整家庭。此外，家庭結構更可細分為繼親(雙/單親)家庭、領養(雙/單親)家庭、隔代教養家庭等其他家庭結構。

家庭結構對青少年身心的成長與發展扮演極重要的角色，近年來社會變遷與家庭結構快速變化，有愈來愈多的青少年成長於單親家庭。根據行政院主計處民國 99 年人口及住宅普查統計結果，近十年來，單親家庭增加十八萬八千戶，單親家庭共有五十六萬兩千戶，增幅達到 50.2%。單親家庭為第二高比例的家庭結構，而單親家庭青少年形成的主因有：父母一方死亡、父母離婚、父母分居、父母一方行方不明、由單一養父或養母收養、由單一繼父或繼母照顧。

另一方面，青少年犯罪問題逐漸成為社會問題之一，犯罪學家與社會學家經常探討家庭結構與青少年偏差行為的關係。所謂的偏差行為是指違反社會規範之行為，通常只觸犯法律之行為。而國內外皆有研究發現，來自非完整家庭的小孩比來自完整家庭的小孩更容易出現偏差行為，如侯崇文(2001)提到美國底特律市於 1977 與 1984 年間因殺人罪被捕的青少年，發現這些犯罪者中只有 30%與雙親居住，其餘 70%皆來自非完整家庭；侯崇文(2001)探討家庭結構、家庭關係與青少年偏差行為的研究，發現來自非完整家庭的青少年偏差行為較多，完整家庭的青少年偏差行為較少，並提到無論國內外學者，對於家庭結構與青少年偏差行為研究的發現並沒有完全一致，仍需要更多的實證研究來釐清。

第二節 資料來源與研究母體

一、 資料來源

資料來自中央研究院調查研究專題中心「學術調查研究資料庫」，資料名稱為「內政部民國 92 年臺閩地區少年身心狀況調查」。調查的對象為居住於臺灣省、臺北市、高雄市及金馬地區之「年滿十二歲至未滿十八歲之少年」。

二、 研究母體

由原始資料中進行研究對象篩選，首先由 22571 筆青少年資料中，透過「家庭組成」與「同住狀況」兩大問項篩選出完整家庭「一般雙親家庭」與非完整家庭「單親家庭」兩類之青少年共 18746 筆，其餘 3825 筆則為其他類型家庭結構之青少年。

接著，由 18746 筆中，刪除 434 筆偏差行為遺漏值，得到 18312 筆青少年資料為本實證研究之樣本資料，其中一般雙親家庭為 16291 筆，單親家庭為 2021 筆。2021 筆單親家庭中，依照單親家庭原因可分為：因離婚、喪偶、行方不明等原因之單親家庭為 1614 筆、收養之單親家庭為 13 筆、父母分居之單親家庭為 394 筆，依照單親家庭領導人可分為：由父親帶領之單親家庭為 772 筆、由母親帶領之單親家庭為 1249 筆。因此，研究母體可定義為來自一般雙親家庭和單親家庭之「年滿十二歲至未滿十八歲之少年」。

第三節 變數定義

一、 變數說明

研究群體依照家庭結構分為「一般雙親家庭」與「單親家庭」兩類之青少年，將單親家庭視為實驗組，一般雙親家庭視為對照組。來自單親家庭代表處理，而反應變數為二元變數，共有兩種分類方式。第一種分類方式，判斷青少年本身是否曾有過下列 16 種偏差行為的任意一種，如：參加幫派、偷竊行為、吸食迷幻藥或管制藥品、玩賭博性電玩、婚前性經驗、吸食菸酒或檳榔、性交易、性侵犯或性騷擾他人、危險駕駛及噪音、蓄意破壞公物或他人物品、辱罵或恐嚇師長、聚眾滋事或打架、未婚懷孕、無照駕駛汽機車、向他人敲詐或勒索以及出入少年不當進入場所。第二種分類方式，將婚前性經驗、性交易、性侵犯或性騷擾他人、未婚懷孕此四種偏差行為歸類為「與性相關之偏差行為」、將吸食菸酒或檳榔、吸食迷幻藥或管制藥品此兩種偏差行為歸類為「菸酒毒品類之偏差行為」、將其餘十種偏差行為歸類為「暴力滋事類之偏差行為」，包含參加幫派、偷竊行為、玩賭博性電玩、危險駕駛及噪音、蓄意破壞公物或他人物品、辱罵或恐嚇師長、聚

眾滋事或打架、無照駕駛汽機車、向他人敲詐或勒索、出入少年不當進入場所。

此外，傾向分數模型中共使用了 21 個變數(包含 12 個二元變數與 9 個五分量尺變數)，以估計受試者傾向分數。變數資訊如表 5-1:

表 5-1 變數說明

變數名稱	來源問項	變數敘述	使用編碼
Addr_House	q0_11	戶籍地	五都=1,非五都=0
Gender	q1	性別	男=1,女=0
Age_Group	age_1	年齡分組	12-14=1,15-17=0
School_Situ	q3_1	在學狀況	在學=1,未在學=0
Education	q4	目前教育程度	國中以下=1,高中以上=0
Aborigine	q5	是否為原住民	是=1,否=0
Sibling	q9	兄弟姊妹個數	有=1,無=0
Help_FEHS	q17_1-q17_3	家庭、經濟、居住處的協助	需要=1,不需要=0
Fam_Prob	q20_2a-q20_2c	家庭問題為壓力或困擾	是=1,否=0
Law_Teenage	q27_3	少年事件處理法	熟悉=1,不熟悉=0
Law_Tobacco	q27_4	菸害防治法	熟悉=1,不熟悉=0
Law_Sex	q27_6	性侵害犯罪防治法	熟悉=1,不熟悉=0
滿意程度			
Confidence	q18_5	自信心	非常滿意=5,非常不滿意=1
Fam_Living	q18_8	家庭的生活	非常滿意=5,非常不滿意=1
Fam_Economic	q18_10	家庭的經濟狀況	非常滿意=5,非常不滿意=1
Fam_Rel	q18_11	家庭的親子關係	非常滿意=5,非常不滿意=1
Respected	q18_12	被人尊重的情形	非常滿意=5,非常不滿意=1
贊同程度			
Sex_Konw	q19_1	目前青少年對於性觀念過於開放	非常滿意=5,非常不滿意=1
HW_Perfor	q19_3	您父母對您的課業表現還算滿意	非常滿意=5,非常不滿意=1
Intrest	q19_4	您父母很了解您的興趣與志向	非常滿意=5,非常不滿意=1
Do_Anything	q19_6	在不犯法下，沒有什麼不可以	非常滿意=5,非常不滿意=1
反應變數與處理			
Outcome	q22	是否有過偏差行為	是=1,否=0
Sex_Outcome	q22	是否有過與性相關之偏差行為	是=1,否=0
Drug_Outcome	q22	是否有過菸酒毒品類之偏差行為	是=1,否=0
Crime_Outcome	q22	是否有過暴力滋事類之偏差行為	是=1,否=0
Single_Fam	q7-q8	是否來自單親家庭	是=1,否=0

第四節 實證結果分析

一、 尋找確切配對變數

實證分析結果包含對原始樣本、PS 配對樣本及 Exact-PS 配對樣本的分析結果。由於 Exact-PS 配對必須尋找一個適合的二元變數作確切配對，我們於是先對 12 個二元變數分別對處理指派和反應變數建立一個簡單羅吉斯迴歸模型，希望藉由迴歸係數來尋找適合的確切配對變數。根據模擬研究結果，我們希望找到一個與處理指派中度相關且與反應變數高度相關的變數來進行確切配對，然而由表 5.2 中我們無法找到滿足條件的變數。其中變數 Fam_Prob 似乎是最近似條件的一個變數，故我們決定選擇對 Fam_Prob 作確切配對，並詳述其配對過程。此外，我們也於附錄三中呈現其餘 11 個二元變數 Exact-PS 配對的估計結果。

表 5-2 各變數於羅吉斯迴歸模型中的係數

二元變數	處理指派模型	反應變數模型
Addr_House	log(0.87)	log(0.80)
Gender	log(0.96)	log(2.18)
Age_Group	log(0.95)	log(0.54)
School_Situ	log(0.27)	log(0.39)
Education	log(1.15)	log(0.59)
Aborigine	log(1.32)	log(2.75)
Sibling	log(0.27)	log(0.99)
Help_FEHS	log(1.75)	log(1.47)
Fam_Prob	log(2.03)	log(1.83)
Law_Teenage	log(1.01)	log(1.03)
Law_Tobacco	log(1.13)	log(0.93)
Law_sex	log(1.08)	log(1.07)

二、 原始樣本與配對樣本資訊

表 5-3 至 5-5 呈現原始樣本與配對樣本的分配、顯著性檢定結果和標準化差異。表格內單位為比例，包括二元變數的發生率、多類別變數的比例結構、標準化差異，以及顯著水準為 5% 情況下之卡方獨立性檢定的檢定結果。

表 5-3 中，原始樣本有 10 個控制變數的標準化差異大於 10%，依據 Normand (2001) 的建議，表示實驗組與對照組在這 10 個變數的分配尚未達到足夠平衡性，而顯著性檢定結果亦發現有 15 個控制變數在兩組受試者上存在顯著差異。

表 5-3 原始樣本分配、標準化差異及顯著性檢定結果

變數名稱	原始樣本			p-value
	完整家庭 (N=16291/89%)	非完整家庭 (N=2021/11%)	標準化差異	
Addr_House	51.0	47.9	6.855	0.004*
Gender	50.0	50.0	1.848	0.447
Age_Group	53.9	52.7	2.476	0.305
School_Situ	98.1	93.5	23.184†	<0.001*
Education	55.3	58.9	7.292	0.002*
Aborigine	2.5	6.0	17.633†	<0.001*
Sibling	96.4	88.1	31.598†	<0.001*
Help_FEHS	38.8	52.6	27.992†	<0.001*
Fam_Prob	11.2	20.4	25.48†	<0.001*
Law_Teenage	9.3	9.4	0.307	0.928
Law_Tobacco	17.0	18.9	4.805	0.041
Law_Sex	10.0	10.8	2.601	0.281
Confidence	5.7 / 26.9 / 4.1 / 47.9 / 15.4	6.4 / 27.1 / 5 / 44.7 / 16.8	1.8	0.024*
Fam_Living	2.9 / 12.1 / 2.4 / 52.3 / 30.2	6 / 18.1 / 4.2 / 50.1 / 21.6	28.52†	<0.001*
Fam_Economic	4.4 / 15.3 / 4.1 / 55.2 / 20.9	12.6 / 26 / 7.7 / 44.5 / 9.3	52*	<0.001*
Fam_Relation	3.4 / 11.8 / 3.2 / 50.3 / 31.2	7.7 / 17.8 / 5.4 / 47.4 / 21.7	31.972†	<0.001*
Respected	3.1 / 13.3 / 4 / 60.6 / 19	4.8 / 15.4 / 5.7 / 56.3 / 17.7	11.929†	<0.001*
Sex_Konw	5.9 / 28.4 / 6.1 / 46.6 / 13	6.5 / 26.3 / 7 / 45.9 / 14.3	2.251	0.053
HW_Perfor	10.7 / 36.4 / 4.4 / 41.5 / 7	13.6 / 35.2 / 6.6 / 38 / 6.7	6.999	<0.001*
Intrest	9.7 / 28.1 / 6.4 / 39.1 / 16.6	14 / 26.4 / 8.4 / 35.8 / 15.5	9.356	<0.001*
Do Anything	32 / 30.5 / 6.5 / 21.1 / 9.9	29.4 / 27 / 7.1 / 23.8 / 12.6	11.977†	<0.001*
Outcome	32.5	45.1	-	<0.001*

†:代表標準化差異大於 10%，認定為兩組受試者分配不具平衡性。
*:代表顯著水準 5%之下，兩群體存在顯著差異。

表 5-4 中，PS 配對樣本中所有變數的標準化差異皆小於 10%，表示實驗組與對照組在這 21 個控制變數的分配都達到足夠平衡性，而顯著性檢定結果亦發現 21 個控制變數在兩組受試者上均無顯著差異，表示在進行 PS 配對後確實使兩組受試者更為相似。

表 5-4 PS 配對樣本分配、標準化差異及顯著性檢定結果

變數名稱	PS 配對樣本			
	完整家庭 (N=2021/50%)	非完整家庭 (N=2021/50%)	標準化差異	p-value
Addr_House	46	47.9	3.867	0.231
Gender	51.3	50	2.672	0.413
Age_Group	52.4	52.7	0.595	0.875
School_Situ	94.4	93.5	3.726	0.263
Education	57.6	58.9	2.709	0.407
Aborigine	5.8	6	0.629	0.894
Sibling	88.9	88.1	2.479	0.46
Help_FEHS	53.1	52.6	1.09	0.753
Fam_Prob	20.5	20.4	0.368	0.938
Law_Teenage	9.1	9.4	1.025	0.786
Law_Tobacco	18.4	18.9	1.144	0.747
Law_Sex	10	10.8	2.595	0.439
Confidence	6.3 / 27.6 / 4.5 / 46 / 15.7	6.4 / 27.1 / 5 / 44.7 / 16.8	0.973	0.762
Fam_Living	5.5 / 20.3 / 3.6 / 49.5 / 21.1	6 / 18.1 / 4.2 / 50.1 / 21.6	2.388	0.4
Fam_Economic	12.5 / 28.7 / 5.9 / 43.1 / 9.7	12.6 / 26 / 7.7 / 44.5 / 9.3	2.516	0.084
Fam_Rel	7 / 19.4 / 4.4 / 48.1 / 21.1	7.7 / 17.8 / 5.4 / 47.4 / 21.7	0.406	0.297
Respected	4.4 / 14.7 / 5 / 60.1 / 15.8	4.8 / 15.4 / 5.7 / 56.3 / 17.7	1.627	0.18
Sex_Konw	5.7 / 25.4 / 5.8 / 49.1 / 14	6.5 / 26.3 / 7 / 45.9 / 14.3	4.346	0.204
HW_Perfor	13.7 / 36.4 / 5.2 / 38.2 / 6.5	13.6 / 35.2 / 6.6 / 38 / 6.7	1.438	0.426
Intrest	12.8 / 28.8 / 7.5 / 37.1 / 13.9	14 / 26.4 / 8.4 / 35.8 / 15.5	1.459	0.163
DoAnything	28.4 / 27 / 7.1 / 23.5 / 14.1	29.4 / 27 / 7.1 / 23.8 / 12.6	3.158	0.735
Outcome	38.3	45.1	-	<0.001

†:代表標準化差異大於 10%，認定為兩組群體分配不具平衡性。

*:代表顯著水準 5%之下，兩群體存在顯著差異。

表 5-5，Exact- PS 配對樣本中，確切配對使兩組受試者在 Fam_Prob 結構完全相同，且實驗組與對照組在這 21 個控制變數的分配都達到足夠平衡性且皆無顯著差異，表示在進行 Exact- PS 配對後確實使兩組受試者更為相似。

表 5-5 Exact- PS 配對樣本分配、標準化差異及顯著性檢定結果

變數名稱	Exact- PS 配對樣本			
	完整家庭 (N=2021/50%)	非完整家庭 (N=2021/50%)	標準化差異	p-value
Addr_House	46.3	47.9	3.27154	0.313
Gender	51.4	50.0	2.870437	0.378
Age_Group	52.7	52.7	0	1
School_Situ	94.6	93.5	4.589523	0.164
Education	57.6	58.9	2.709447	0.407
Aborigine	5.6	6.0	1.695037	0.637
Sibling	87.5	88.1	1.663264	0.631
Help_FEHS	52.5	52.6	0.1981795	0.975
Fam_Prob	20.4	20.4	0	1
Law_Teenage	9.4	9.4	0	1
Law_Tobacco	18.4	18.9	1.271545	0.716
Law_Sex	10.0	10.8	2.429954	0.471
Confidence	6 / 26.7 / 4.7 / 46.5 / 16.1	6.4 / 27.1 / 5 / 44.7 / 16.8	1.30203	0.828
Fam_Living	6.2 / 20.1 / 3.5 / 48.6 / 21.6	6 / 18.1 / 4.2 / 50.1 / 21.6	3.281579	0.44
Fam_Economic	12.3 / 28 / 5.7 / 43.6 / 10.4	12.6 / 26 / 7.7 / 44.5 / 9.3	0.157043	0.074
Fam_Rel	7 / 19.6 / 4.3 / 47.7 / 21.4	7.7 / 17.8 / 5.4 / 47.4 / 21.7	0.4457666	0.258
Respected	4.8 / 15.2 / 5 / 58.7 / 16.3	4.8 / 15.4 / 5.7 / 56.3 / 17.7	0.09198066	0.535
Sex_Konw	5.7 / 26.1 / 5.7 / 49 / 13.4	6.5 / 26.3 / 7 / 45.9 / 14.3	2.717287	0.181
HW_Perfor	14.5 / 35.4 / 5.2 / 38.4 / 6.5	13.6 / 35.2 / 6.6 / 38 / 6.7	1.711052	0.427
Intrest	12.9 / 28.5 / 7.8 / 37 / 13.9	14 / 26.4 / 8.4 / 35.8 / 15.5	1.533601	0.269
DoAnything	29.8 / 25.7 / 6.4 / 24.1 / 13.9	29.4 / 27 / 7.1 / 23.8 / 12.6	2.289355	0.598
Outcome	5.7 / 26.1 / 5.7 / 49 / 13.4	6.5 / 26.3 / 7 / 45.9 / 14.3	2.717287	0.181

†:代表標準化差異大於 10%，認定為兩組群體分配不具平衡性。

*:代表顯著水準 5%之下，兩群體存在顯著差異。

三、 配對與分析結果

(1) 配對結果

在門檻值為 0.133 的條件下，進行的傾向分數一對一貪婪配對後所得到的 PS 配對樣本中，2021 位來自非完整家庭(實驗組)的青少年均尋找到相似的完整家庭(對照組)青少年與之配對。總計有 2021 對配對樣本，共 4042 位青少年，而未被配對到的非完整家庭青少年為 14270 位。至於 Exact-PS 配對樣本的取得方式，則是先對變數 Fam_Prob 作確切配對，將「有家庭問題困擾或壓力的青少年」與「無家庭問題困擾或壓力的青少年」分開進行傾向分數配對，得到兩組配對樣本後再將之合併來進行結果分析。在 2232 位「有家庭問題困擾或壓力的青少年」中有 412 位為非完整家庭青少年(實驗組)。在門檻值為 0.133 的情況下，412 位實驗組均尋找到相似的對照組與之配對，總計得到 412 對配對樣本，共 824 位青少年，而未被配對到的非完整家庭青少年為 1408 位。另外，在 16080 位「無家庭問題困擾或壓力的青少年」中有 1609 位為非完整家庭青少年(實驗組)，在門檻值為 0.122 的情況下，1609 位均實驗組均尋找到相似的對照組與之配對，總計得到 1609 對配對樣本，共 3218 位青少年，而未被配對到的非完整家庭青少年為 12862 位。最後，合併此兩組配對樣本，824 位青少年與 3218 位青少年合併後，同樣地也得到一組 4042 位青少年的配對樣本，與 PS 配對樣本的樣本數相同。

(2) 分析結果-偏差行為的第一類定義方式

對原始樣本、PS 配對樣本及 Exact-PS 配對樣本進行結果分析，並以勝算比詮釋結果。在原始樣本中，勝算比為 1.708，即表示非完整家庭青少年會有偏差行為的可能性為完整家庭青少年的 1.708 倍，而在 PS 配對樣本中，勝算比為 1.329，非完整家庭青少年會有偏差行為的可能性為完整家庭青少年的 1.329 倍，最後於 Fam_pro 的 Exact-PS 配對樣本中，勝算比為 1.317，表示非完整家庭青少年會有偏差行為的可能性為完整家庭青少年的 1.317 倍，三個估計結果其顯著性檢定皆為顯著，信賴區間皆未包含 1。因此，本實證分析結果顯示家庭結構完整與否確實會對青少年偏差行為有顯著影響。

不過由表 5-6 之分析結果可以發現，配對樣本與原始樣本是有所差異的。所有配對樣本勝算比估計結果在 1.3 左右，配對樣本間結果差異較小，而與原始樣本的勝算比 1.708 則有較大的差異。

表 5-6 第一種偏差行為定義方式之樣本分析結果

是否曾有過任一種偏差行為				
	Odds Ratio	SE[log-odds ratio]	95% C.I for Odds Ratio	N
原始樣本	1.708	0.0477	[1.556 , 1.875]	18312
PS 配對樣本	1.329	0.064	[1.172 , 1.507]	4042
Exact-PS 配對樣本	1.317	0.064	[1.162 , 1.43]	4042

(3)分析結果-偏差行為的第二類定義方式

由表 5-7 的「與性相關之偏差行為」中，樣本分析結果顯示兩配對樣本中，非完整家庭青少年會有與性相關之偏差行為可能性約為完整家庭青少年的 2.1 倍，而原始樣本則為 1.6 倍，顯著性檢定結果皆為顯著，信賴區間皆未包含 1。

於「菸酒毒品類之偏差行為」中，非完整家庭青少年會有菸酒毒品類之偏差行為可能性約為完整家庭青少年的 1.1 倍，原始樣本則約為 1.7 倍，必須注意的是，原始樣本檢定結果為顯著，而兩配對樣本檢定結果皆為不顯著。

於「暴力滋事類之偏差行為」中，非完整家庭青少年會有暴力滋事類之偏差行為可能性約為完整家庭青少年的 1.3 倍，原始樣本則約為 1.7 倍，顯著性檢定結果皆為顯著，信賴區間皆未包含 1。

最後，根據實證分析結果，我們認為家庭結構完整與否確實會對青少年偏差行為有顯著影響，特別是「與性相關之偏差行為」以及「暴力滋事類之偏差行為」。

表 5-7 第二種偏差行為定義方式之樣本分析結果

是否曾有過與性相關之偏差行為				
	Odds Ratio	SE[log-odds ratio]	95% C.I for Odds Ratio	N
原始樣本	1.619	0.1278	[1.26 , 2.08]	18312
PS 配對樣本	2.135	0.2579	[1.288 , 3.539]	4042
Exact-PS 配對樣本	2.114	0.2432	[1.312 , 3.405]	4042
是否曾有過菸酒毒品類之偏差行為				
	Odds Ratio	SE[log-odds ratio]	95% C.I for Odds Ratio	N
原始樣本	1.683	0.0701	[1.467 , 1.931]	18312
PS 配對樣本	1.115	0.0991	[0.918 , 1.354]	4042
Exact-PS 配對樣本	1.119	0.0975	[0.924 , 1.355]	4042
是否曾有過暴力滋事類之偏差行為				
	Odds Ratio	SE[log-odds ratio]	95% C.I for Odds Ratio	N
原始樣本	1.672	0.0481	[1.522 , 1.837]	18312
PS 配對樣本	1.296	0.0645	[1.142 , 1.471]	4042
Exact-PS 配對樣本	1.287	0.0645	[1.134 , 1.46]	4042

第六章 結論與建議

第一節 結論

現實生活中，諸多現象的探討無法經由隨機試驗來獲取資料，在僅能取得觀察性資料的情況下，欲明確釐清某處理(某事件)的效果確實成為一個複雜的問題。這是一個重要且值得解決的問題，1970年代初期就開始有配對方法的相關研究。配對經常用來幫助研究者從大量的對照組受試者中挑選出一部份合適的受試者與實驗組受試者配對，進而組成一組配對樣本以進行分析。最常見的配對方法為確切配對，但大部分的配對方法在高維度變量之下皆不易執行。直到1983年，Rosenbaum與Rubin提出的傾向分數，將多變量資訊轉化為單一維度的資訊後，才逐漸受到學界的重視。由於傾向分數不牽涉到反應變數的結果，可以直接對觀察性研究進行設計與調整，以幫助研究者正確衡量處理的效果，進而探討處理與反應變數之因果關係，在過去這一、二十年來廣泛應用於經濟、社會、醫學與流行病學領域。在傾向分數的四種使用方式中，以傾向分數配對為最常見且有較好的平衡表現。

本文研究目的在於探討「確切配對與傾向分數配對合併使用」的效果，我們設計一蒙地卡羅模擬實驗來驗證「確切配對與傾向分數配對合併使用」和「傾向分數配對」的效果與差異。依據模擬結果分析，總結有三。其一，根據偏誤與均方誤的模擬結果，發現未經配對的原始樣本若直接進行邊際處理效果估計，所得到的偏誤與均方誤均為三組樣本中最大者，故我們認為經由配對實驗組與對照組，確實改善了估計的準確性與精確性。其二，在偏誤與偏誤降低比例、95%信賴區間覆蓋率及均方誤的模擬結果，發現Exact-PS配對的表現均較PS配對來得好。其三，以偏誤降低比例衡量估計準確性、均方誤衡量估計精確性的結果，在四種情境之下，發現對「與處理指派中度相關的變數」或「與反應變數高度相關的變數」作Exact-PS配對，都會有較佳的效果，而若對「與處理指派中度相關的變數」且「與反應變數高度相關的變數」，其效果最為明顯。我們總結認為「確切

配對與傾向分數配對合併使用」確實會有較好的表現，但表現的好壞也取決於確切配對的變數。

實證分析部份，探討的主題為「家庭結構與青少年偏差行為之關聯探討」，資料為「內政部民國 92 年臺閩地區少年身心狀況調查」。依據直接進行 PS 配對，與針對變數 Fam_pro 作 Exact-PS 配對所得到兩組配對樣本，我們進行邊際勝算比的估計。結果顯示在 PS 配對樣本中，非完整家庭青少年會有偏差行為的可能性為完整家庭青少年的 1.329 倍，而 Exact-PS 配對樣本中，非完整家庭青少年會有偏差行為的可能性為完整家庭青少年的 1.317 倍。至於原始樣本，則為 1.708 倍。由於顯著性檢定結果皆為顯著，故本實證分析結果顯示家庭結構完整與否確實會對青少年偏差行為有顯著影響。若定義為三種偏差行為類別，則配對樣本中，「與性相關之偏差行為」與「暴力滋事類之偏差行為」為顯著結果，分別為 2.1 倍和 1.3 倍，而「菸酒毒品類之偏差行為」則不顯著，約為 1.1 倍。

第二節 建議

本文建議有四。其一，我們必須了解到配對是一種再抽樣的方法，於觀察性研究中使用配對方法所得到的配對樣本，相較於原始樣本，可推論的廣度是較低的，因此若是原始樣本的兩群體已達到平衡性，則可以不需要經由配對而直接進行分析。此外，資料調查對象為來自臺閩地區的青少年，故實證研究推論範圍僅限於臺閩地區青少年，而此研究主題仍需要更多實證研究結果來佐證。

其二，根據模擬研究結果，顯示與處理指派中度相關且與反應變數高度相關的變數最適合作 Exact-PS 配對，而本文實證資料中則缺少與模擬結果相符特性的二元變數。因此，對於蒙地卡羅模擬實驗的設計，可在模擬情境的設定上作更多的變化與改良，例如探討變數與處理指派和反應變數相關程度的定義、增加情境數量、及將二元類別變數改為多元類別變數。

其三，對於「探討不同配對方法合併使用的效果」，其中的配對方法並不局限於傾向分數配對與確切配對，任何配對方法的合併使用都可能會有不同的效果，

例如馬氏距離配對搭配線性傾向分數門檻值、傾向分數的四種使用方式之合併使用、確切配對與最適配對的合併使用等。

其四，模擬架構中，亦可嘗試將各變數交互作用項放入反應變數與傾向分數模型中。



參考文獻

中文部份

侯崇文(2001)-家庭結構、家庭關係與青少年偏差行為
《應用心理研究，第11期，25-43頁》

英文部份

Agresti, A. , Min, Y.(2004).Effects and non-effects of paired identical observations in comparing proportions with binary matched-pairs data. *Statistics in Medicine*, 23, 65-75.

Austin, P. C.(2007). The performance of different propensity score methods for estimating marginal odds ratios. *Statistics in Medicine*, 26, 3078-3094.

Austin, P. C., Mamdani, M. M. (2006). A comparison of propensity score methods: A case-study estimating the effectiveness of post-AMI statin use. *Statistics in Medicine*, 25, 2084-2106.

Cochran, W.G., Rubin, D.B.(1973). Controlling bias in observational studies: A review. *The Indian Journal of Statistics, Series A*, 35, 417-446.

D'Agostino, R. B., Jr. (1998). Propensity score methods for bias reduction in the comparison of a treatment to a non-randomized control group. *Statistics in Medicine*, 17, 2265-2281.

Gu, X. S., Rosenbaum, P. R. (1993).Comparison of multivariate matching methods: Structures, distances, and algorithms. *Journal of Computational and Graphical Statistics*, 2, 405-420.

Hansen, B. B. (2004). Full matching in an observational study of coaching for the SAT. *Journal of the American Statistical Association*, 99, 609-618.

Imai, K., King, G., Stuart, E.A.(2008). Misunderstandings between experimentalists and observationalists about causal inference. *Journal of the Royal Statistical Society, Series A*, 171:481-502.

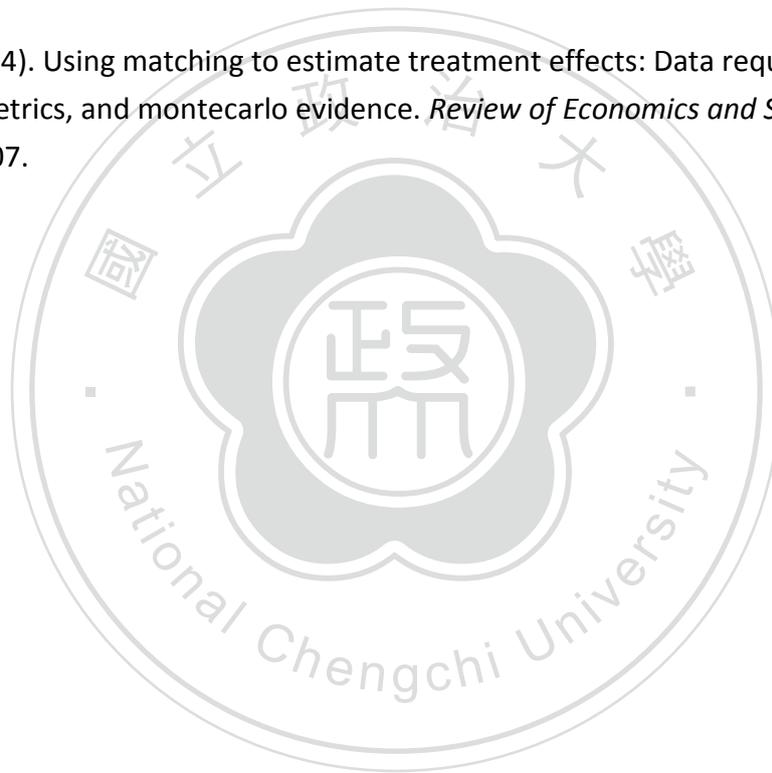
- Neyman, J.(1923). On the application of probability theory to agricultural experiments. *Statistical Science*, 5(4), 465-472.
- Normand, S. L. T., Landrum, M. B., Guadagnoli, E., Ayanian, J. Z., Ryan, T. J., Cleary, P. D., McNeil, B.J.(2001). Validating recommendations for coronary angiography following an acute myocardial infarction in the elderly: a matched analysis using propensity scores. *Journal of Clinical Epidemiology*, 54, 387-398.
- Rosenbaum, P. R.(1987). Model-based direct adjustment. *Journal of the American Statistical Association*, 82, 387–394.
- Rosenbaum, P. R.(1989). Optimal matching for observational Studies *Journal of the American Statistical Association*, 1024-1032.
- Rosenbaum, P. R.(2010). Design of Observational Studies. *Springer series in Statistics*.
- Rosenbaum, P. R., Rubin, D. B.(1983). The central role of the propensity score in observational studies for causal effects. *Biometrika*, 70, 41–55.
- Rosenbaum, P. R., Rubin, D. B. (1985a). The bias due to incomplete matching. *Biometrics*, 41, 103–116.
- Rosenbaum, P. R., Rubin, D. B. (1985b). Constructing a control group using multivariate matched sampling methods that incorporate the propensity score. *The American Statistician*, 39, 33–38.
- Rosenbaum, P. R., Ross, R. N., Silber, J. H.(2007). Minimum distance matched sampling with fine balance in an observational study of treatment for ovarian cancer. *Journal of the American Statistical Association*, 102, 75–83.
- Rubin, D. B. (1973). Matching to remove bias in observational studies. *Biometrics*, 29:159–184.
- Rubin, D. B.(1974). Estimating causal effects of treatments in randomized and nonrandomized studies. *Journal of Educational Psychology*, 66, 688–701.

Rubin, D. B.(2001). Using Propensity Scores to Help Design Observational Studies: Application to the Tobacco Litigation. *Health Services & Outcomes Research Methodology* 2, 169–188.

Stuart, E. A. (2010). Matching methods for causal inference: A review and a look forward . *Statistics Science*, 25(1), 1–21.

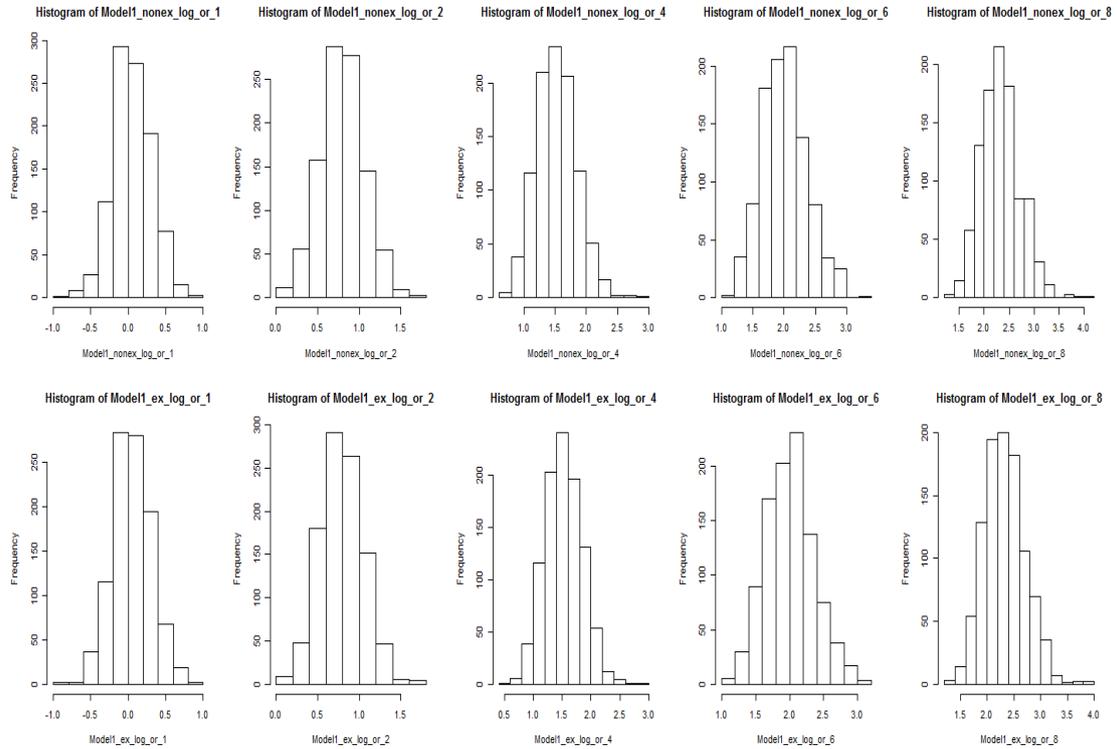
Yoon, F. B., Huskamp, H. A. Busch, A. B., Normand, SLT. (2011). Using multiple control groups and matching to address unobserved biases in comparative effectiveness research an observational study of the effectiveness of mental health parity. *Statistics in Biosciences*, 3, 63–78.

Zhao, Z.(2004). Using matching to estimate treatment effects: Data requirements, matching metrics, and monte carlo evidence. *Review of Economics and Statistics*, 86(1), 91–107.

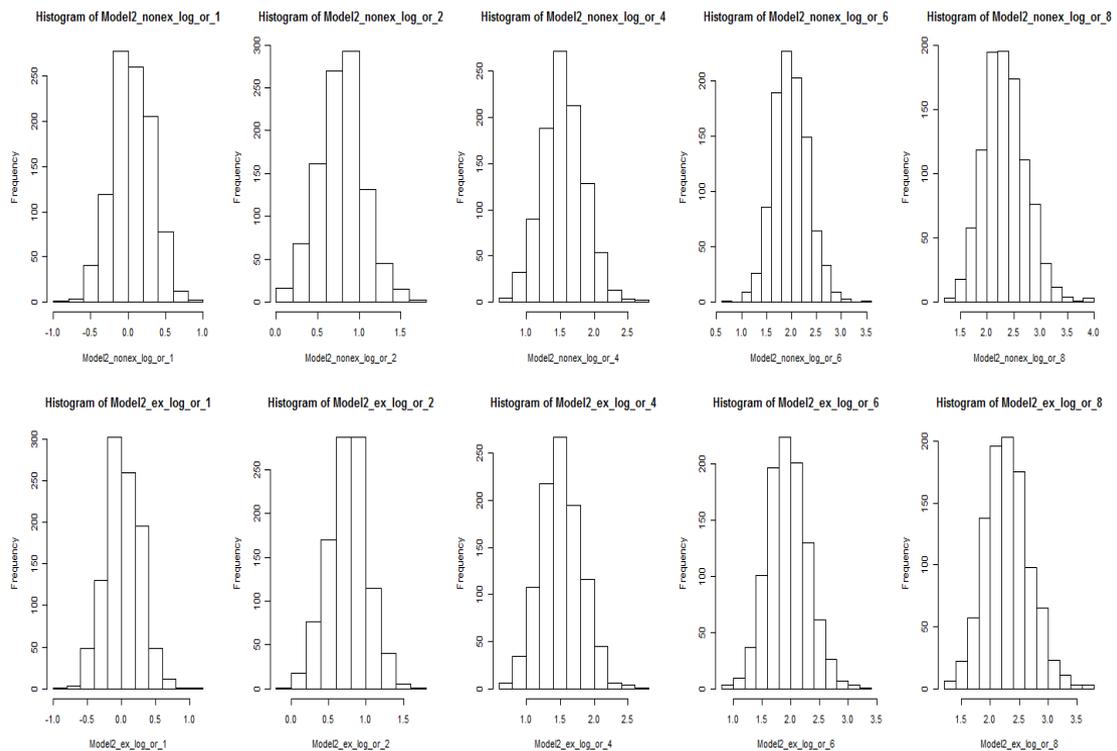


附錄一、對數勝算比分配

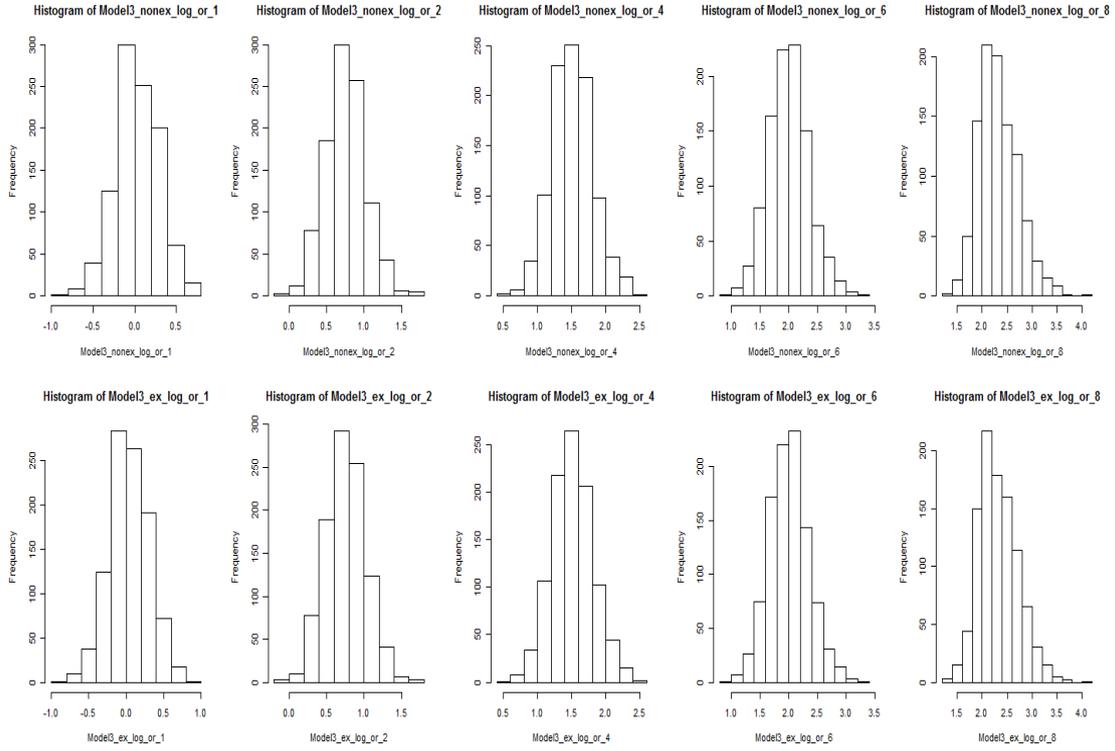
情境一：PS 配對(上)與 Exact-PS 配對(下)對數勝算比分配



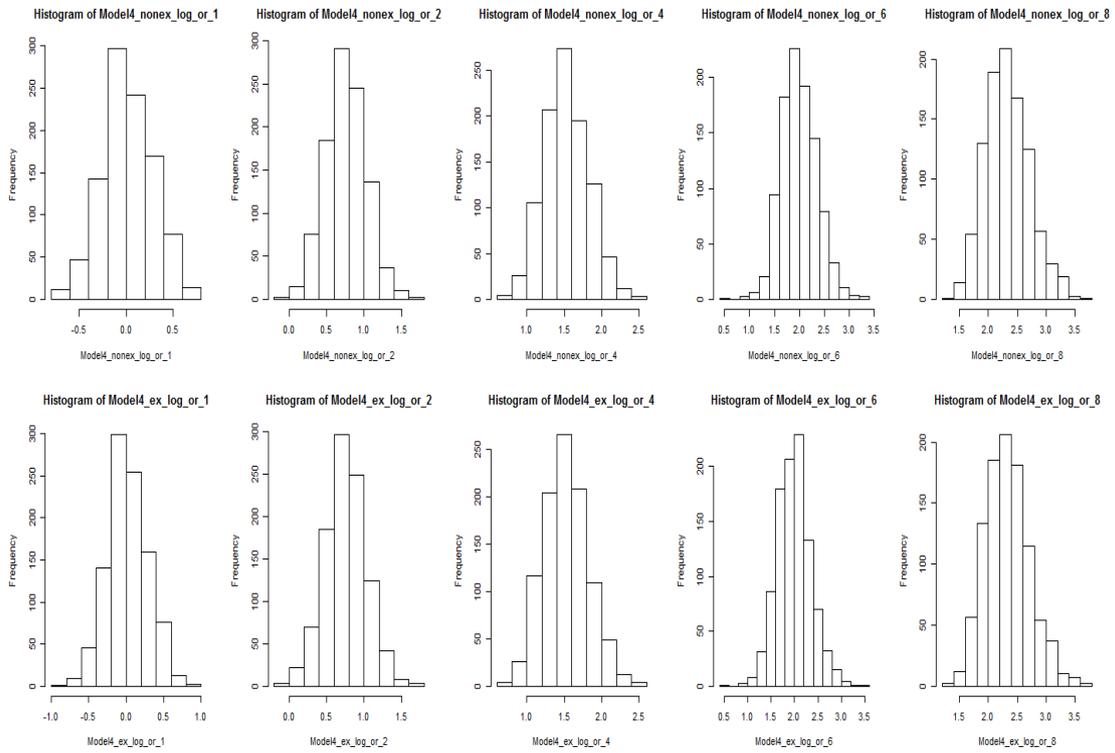
情境二：PS 配對(上)與 Exact-PS 配對(下)對數勝算比分配



情境三:PS 配對(上)與 Exact-PS 配對(下)對數勝算比分配



情境四:PS 配對(上)與 Exact-PS 配對(下)對數勝算比分配



附錄二、其餘 11 種 Exact-PS 配對實證分析結果

Exact-PS 配對樣本	Odds Ratio	SE[log-odds ratio]	95% C.I for Odds Ratio	N
Addr_House	1.240	0.0638	[1.094 , 1.405]	4042
Gender	1.317	0.064	[1.162 , 1.493]	4042
Age_Group	1.392	0.0643	[1.227 , 1.579]	4042
School_Situ	1.352	0.0641	[1.192 , 1.533]	4040
Education	1.417	0.0643	[1.249 , 1.607]	4040
Aborigine	1.335	0.0641	[1.177 , 1.514]	4042
Sibling	1.378	0.0642	[1.215 , 1.563]	4040
Help_FEHS	1.374	0.0642	[1.212 , 1.558]	4042
Law_Teenage	1.329	0.064	[1.172 , 1.507]	4042
Law_Tobacco	1.344	0.0642	[1.185 , 1.524]	4042
Law_Sex	1.325	0.0641	[1.169 , 1.502]	4042

附錄三、內政部臺閩地區少年身心狀況調查表

一、少年的基本資料

0. 戶籍地：縣(市) (請填代碼)

(1) 鄉 (2) 鎮 (3) 市 (4) 區 (請勾選一項)

1. 您的性別： 男 女

2. 您的出生年月：民國 年 月

3. 您目前是否在學？ (請依實況勾選一項)

甲、 是

公立學校日間部 公立學校夜間部、進修學校或補校

私立學校日間部 私立學校夜間部、進修學校或補校

乙、 否

乙-1 就業(含在家庭事業幫忙工作)

乙-2 未在學也未就業：

正自修、補習、準備升學 (10) 料理家務

正在找工作 (含準備就業考試) (11) 無所事事

正接受職業訓練 (12) 其他 (請說明)

健康不良

4. 您目前的教育程度： (請依實況勾選一項)

小學及以下 普通高中 高職 大專以上(不含五專前三年)

國中 綜合高中 五專前三年

5. 您是否為原住民：

是 否

6. 請問您目前未在學主要的原因為何？(請目前未在學者填寫，目前已在學者免填)(請就主要的原因勾選一項)

想休息一下再就學 需要照顧家人
 未考取理想學校 對讀書沒有興趣
 身心健康因素 與老師或同學不和
 家庭經濟因素 其他(請說明)

6-1. 請問您未來是否有繼續就學意願？(請勾選一項)

(1) 有意願，並希望儘快就學 (3) 沒有意願
(2) 有意願，但須等無法就學 (4) 以後有用時再說
原因改善後再就學 (5) 其他(請說明)

二、家庭組成及親子互動狀況

7. 目前照顧、扶養您的父母親狀況：(請依實況勾選一項)

7-1. 父親： 生父 養父 繼父 母親的同居人
 父親因死亡、離婚、行方不明等原因不在了(免填7-3 問項)

7-2. 母親： 生母 養母 繼母 父親的同居人
 母親因死亡、離婚、行方不明等原因不在了(免填7-3 問項)

7-3. 上述的父母同住狀況：

父母同住一起 因感情不睦而分居
 因工作常分住二地 其他(請說明)

8. 請問您最近一個月與誰同住一起：(將同住人員均予勾選，請勿遺漏)

父親(有勾選此選項者免填答8-1 問項) 伯、叔、姑、舅、姨
 母親(有勾選此選項者免填答8-1 問項) 同學、同事、朋友
 祖父母(或外祖父母) 獨居
 兄弟姊妹 (10) 寄養家庭
 配偶(或同居之異性朋友) (11) 社會福利機構
 子女 (12) 其他(請說明)

8-1 若您目前未與父親及母親同住，請問您日常生活及課業主要照顧者(即管教者)是誰？(單選，請依實況勾選一項)

祖父或祖母 配偶(或同居之異性朋友)
 外祖父或外祖母 寄養家庭人員
 伯、叔、姑 社會福利機構人員
 舅、姨 其他(請說明)
 兄姊 (10) 無人照顧

9. 請問您有幾位兄弟姊妹？(單選，請依實況勾選一項)

無 二位 四位
 一位 三位 五位以上

10. 請問您父母親的工作狀況及教育程度：（無父親或母親者，該欄位免填。）

10-1 父親工作狀況

- 有工作 其他
 正在找工作（請說明）
 料理家務 (5) 無父親(免填10-2)

10-1 母親工作狀況

- 有工作 其他
 正在找工作（請說明）
 料理家務 (5) 無母親(免填10-2)

10-2 教育程度

- 小學及以下 專科、大學
 國(初)中 研究所以上
 高中(職) 不清楚

10-2 教育程度

- 小學及以下 專科、大學
 國(初)中 研究所以上
 高中(職) 不清楚

11. 請問您認為您的父母親（或主要照顧者）對您的管教方式為何？（請就下面五項選取最主要的一項，填寫選號，沒有與父及母同住者填答主要照顧者）

甲. 父親_____；乙. 母親_____；（丙. 其他主要照顧者）

- 總是強迫我去做他想作的事 會以我的意見為主
會和我討論後再作決定 其他（請說明）
根本不在乎我作什麼事情

12. 請問通常有那件事最常導致您和父母親(或主要照顧者)意見發生不一致？（請就下面八項選取最主要的一項，填寫選號，沒有與父及母同住者填答主要照顧者）

甲. 父親；乙. 母親；（丙. 其他主要照顧者）

- 課業與升學問題 個人儀容 其他（請說明）
工作適應問題 生活習慣 很少或沒有意見不一致
交友人際問題 購買物品

13. 請問您和父母親(或主要照顧者)意見不一致時,最常採取的態度是什麼？（請就下面八項選取最主要的一項，填寫選號，沒有與父及母同住者填答主要照顧者）

甲. 父親；乙. 母親；（丙. 其他主要照顧者）

- 欣然接受他的意見 在他面前避而不談 其他（請說明）
消極接受他的意見 互相討論直到雙方同意為止 很少或沒有意見不一致
假意接受他的意見 堅持己見

三、生活狀況及滿意情形

14. 請問您通常與比較知心的朋友或同學做什麼事？(請就下面(1)至(18)的項目選取，可複選)

最主要： 次要： 再次要： (請填選號)

見面聊天或吃東西 (10) 游泳、打球、慢跑等運動

通電話聊天 (11) 郊遊、登山、健行

看電視、VCD、DVD (12) 逛街、購物

看電影或看MTV (13) 閱讀書報、雜誌、漫畫

唱KTV (14) 參加藝文活動

上PUB (15) 參加演唱會或藝人簽唱會

上網咖 (16) 參加公益性服務活動

在家上網、BBS 站 (17) 研習功課

打電玩 (18) 其他 (請說明)

15. 請問您在假日最常從事的休閒活動為何？(請就上面14 問項中的項目選取，可複選)

最主要： 次要： 再次要： (請填選號)

16. 請問您目前有無參加校外補習？(單選，請依實況勾選一項)

甲、 無

乙、 有；參加補習最主要的原因為：

同儕壓力 父母要求 其他 (請說明)

自己想補習 老師要求

17. 請問目前您需要那些方面的協助？(可複選，最多可選三項)

最主要： 次要： 再次要： (請填選號)

課業升學 性知識 (13) 社會適應

感情輔導 就業輔導 (14) 身心健康

同儕關係 法律知識 (15) 脫離幫派

家人關係 (10) 戒毒 (16) 其他 (請說明)

師生關係 (11) 安全保護 (17) 不需任何協助

經濟支持 (12) 短期住宿處所

18. 請問您對下列事項的滿意程度？(請逐項勾選，註※的項目，未在學者免填)

非常滿意 還算滿意 不太滿意 非常不滿意 很難說

甲. 對自己的身材儀表(容貌)

※乙. 對自己的功課表現

丙. 對自己的健康狀況

丁. 對自己的人際關係

戊. 對自己的自信心

己. 對自己的休閒活動

※庚. 在學校的生活

- 辛. 在家庭的生活
- 壬. 對自己的零用錢
- 癸. 對家庭的經濟狀況
- 子. 對家庭的親子關係
- 丑. 被人尊重的情形

四、身心狀況、偏差行為與特殊遭遇的經驗

19. 請問您對於下列事項的贊同程度？（請逐項勾選）

非常贊同 還算贊同 不太贊同 非常不贊同 很難說

- 甲. 目前青少年對於性觀念過於開放
- 乙. 目前的社會風氣、倫理道德還算良好
- 丙. 您父母對您的課業表現還算滿意
- 丁. 您父母很了解您的興趣與志向
- 戊. 您對自己的前途是很樂觀的
- 己. 只要我喜歡, 在不犯法下, 沒有什麼不可以
- 庚. 您的行為舉止或裝扮常與眾不同
- 辛. 目前的教育改革是成功的
- 壬. 您覺得自己是個幸福快樂的人

20. 請問您是否常感到有「很大的」壓力或困擾？（單選，請依實況勾選一項）

- 從沒有感覺有很大的壓力或困擾(僅感覺到小壓力或困擾者勾選此項, 勾選此項者跳答第21問項)
- 偶而感覺有很大的壓力或困擾
- 經常感覺有很大的壓力或困擾
- 很難說(勾選此項者跳答第21 問項)

20-1. 請問您的壓力或困擾來自於那些人？(可複選，最多選三項)

- 父親 自己 同事
- 母親 兄弟姊妹 (10) 親戚
- 老師 異性朋友 (11) 鄰居
- 同學、朋友 上司 (12) 其他 (請說明)

20-2. 請問您的壓力或困擾來自於那些方面？(可複選，最多選三項)

- 學校課業問題 同學競爭 (11) 師生問題
- 經濟問題 人際關係 (12) 性衝動問題
- 外貌問題 健康問題 (13) 其他 (請說明)
- 家庭問題 升學問題
- 感情問題 (10) 事業問題

20-3. 通常碰到很大壓力或困擾時，請問您會出現的情緒反應？(可複選，最多選三項)

- 攻擊 憂鬱 大吃大喝 (13) 自虐
- 逃避退縮 沮喪 (10) 摔東西 (14) 其他_____ (請說明)

生悶氣 痛苦 (11) 漫罵 (15) 不反應出來

焦慮 大哭大鬧 (12) 想死

20-4. 請問您有很大壓力或困擾時通常會向誰尋求協助?(可複選, 最多選三項)

父親 其他親戚 專業輔導機構 (10) 其他人員

母親 同學朋友 同事 (11) 不知道找誰協助

兄弟姊妹 老師或教官 上司 (12) 不向他人求助

21. 通常對一件事情的處理, 您會考慮下列那個原則來決定做不做?(可複選, 最多選二項)

符合自己的利益 要看別人的看法而定

不使自己受到傷害 普遍社會大眾認定的標準

不會違反自己的良心 法律的規範為準

父母平時告誡 其他 (請說明)

老師的教導

22. 請問您是否曾有下列經驗或行為?(可複選, 請就曾發生過的均予勾選)

(1) 被恐嚇、敲詐、勒索 (10) 吸食迷幻藥或管制藥品 (19) 蓄意破壞公物或他人物品

(2) 被拐騙、綁架 (11) 自殺 (20) 辱罵或恐嚇師長

(3) 遭家人虐待 (12) 離家出走 (21) 聚眾滋事、打架

(4) 遭受性侵害 (13) 玩賭博性電玩 (22) 未婚懷孕

(5) 遭受性騷擾 (14) 婚前性經驗 (23) 無照駕駛汽、機車

(6) 遭受同學或外人暴力傷害 (15) 吸食菸酒或檳榔 (24) 向他人敲詐、勒索

(7) 因故中途輟學 (16) 性交易 (25) 出入少年不當進入場所

(8) 參加幫派 (17) 性侵犯或性騷擾他人 (如賭博、色情、暴力遊戲等場所)

(9) 偷竊行為 (18) 危險駕駛及噪音(如飆車)(26) 沒有以上經驗

五、對少年福利服務及保護措施的瞭解情形

23. 請問您覺得學校與社會提供的下列教育足夠嗎?(請逐項閱讀後勾選)

非常足夠 還算足夠 不太足夠 非常不足 不清楚

甲. 打工安全教育

乙. 兩性教育

丙. 性教育

丁. 休閒教育

戊. 衛生保健教育

己. 兒童少年保護教育

庚. 反毒教育

辛. 法律教育

壬. 網路安全教育

24. 您知道國內對於受虐、逃家、失學、失親或中途輟學少年有提供那些福利服

務？

(可複選，請逐項閱讀，就您知道有提供的予以勾選)

- (1) 急難救助 (4) 緊急庇護 (7) 法律協助 (10) 就業輔導
(2) 諮商輔導 (5) 協尋 (8) 救援保護 (11) 其他 (請說明)
(3) 安置保護 (6) 經濟補助 (9) 升學輔導

25. 請問您知道政府所設立的婦幼保護專線電話是多少？

- (1) 知道：電話號碼為_____ (2) 不知道

26. 您知道下列機構中，那些機構有提供心理衛生諮商服務？(可複選，就您知道有提供的予以勾選)

- (1) 生命線 (4) 少年輔導委員會 (7) 縣市政府社會局
(2) 張老師 (5) 董氏基金會 (8) 內政部
(3) 青少年福利服務中心 (6) 社區心理衛生中心 (9) 都不知道

27. 您對於下列法規的相關內容知道程度？(請逐項閱讀後勾選)

知道且 知道有該項 知道有該項 不知道

熟悉 法規但內容 法規但完全 有該項

內容 僅知道一點 不知道內容 法規

甲. 兒童及少年福利法

乙. 兒童及少年性交易防制條例

丙. 少年事件處理法

丁. 菸害防制法

戊. 家庭暴力防治法

己. 性侵害犯罪防治法

庚. 志願服務法

六、對少年福利措施之期望

28. 請問您認為政府或民間團體應優先提供那些少年福利措施？(可複選，最多選三項)

第一優先；第二優先；第三優先 (請填選號)

- (1) 增設休閒活動場所 (8) 提供急難救助
(2) 多舉辦夏、冬令營隊 (9) 增設收容教養機構
(3) 提供心理諮商輔導服務 (10) 興建少年保護中心
(4) 協助課業或升學輔導 (11) 增建少年福利服務中心
(5) 增設圖書館 (12) 增設中輟學園
(6) 提供就業輔導服務 (13) 其他 (請說明)
(7) 提供助學貸款

29. 請問您知不知道貴縣(市)政府的青少年福利服務中心設在那裡？

(單選，請依實況勾選一項)

- (1) 不知道有沒有設置 (4) 知道設在哪裡但有辦活動才去

(2) 知道有設置，但不知設在那裡 (5) 知道設在哪裡且經常去

(3) 知道設在哪裡但從未去過

30. 請問您期待青少年福利服務中心提供那些福利內容?(可複選，最多選三項)

- 圖書視聽室 野外活動 (13) 安置保護
 書報雜誌 演講座談 (14) 就業輔導
 健身運動器材 益智遊戲器材 (15) 法律服務
 研習活動 (10) 休閒活動 (16) 救援服務
 增置PC 及網路 (11) 諮詢、諮商 (17) 其他 (請說明)
 架設網站服務 (12) 志願服務

附錄四、程式碼

```
library(nonrandom)
```

```
temp1=NULL
```

```
temp2=NULL
```

```
temp3=NULL
```

```
temp4=NULL
```

```
temp5=NULL
```

```
for(i in 1:1000){
```

```
  x1=rbinom(1000,1,0.5)
```

```
  x2=rbinom(1000,1,0.5)
```

```
  x3=rbinom(1000,1,0.5)
```

```
  x4=rbinom(1000,1,0.5)
```

```
  x5=rbinom(1000,1,0.5)
```

```
  x6=rbinom(1000,1,0.5)
```

```
  x7=rbinom(1000,1,0.5)
```

```
  x8=rbinom(1000,1,0.5)
```

```
  beta1=beta3=beta5=log(5)
```

```
  beta2=beta4=beta6=log(2)
```

```
  alpha1=alpha2=alpha3=log(5)
```

```
  alpha4=alpha5=alpha6=log(2)
```

```
  alpha0outcome=-4.4
```

```
  beta0trt=-6.3
```

exp. x=exp(beta0trt+beta1*x1+beta2*x2+beta3*x4+beta4*x5+beta5*x7+beta6*x8)

ps=exp. x/(1+exp. x)

z=rbinom(1000, 1, prob=ps)

b1=0

b2=0. 989

b4=1. 980

b6=2. 557

b8=2. 950

exp. b1=exp(alpha0outcome+b1*z+alpha1*x1+alpha2*x2+alpha3*x3+alpha4*x4+alpha5*x5+alpha6*x6)

exp. b2=exp(alpha0outcome+b2*z+alpha1*x1+alpha2*x2+alpha3*x3+alpha4*x4+alpha5*x5+alpha6*x6)

exp. b4=exp(alpha0outcome+b4*z+alpha1*x1+alpha2*x2+alpha3*x3+alpha4*x4+alpha5*x5+alpha6*x6)

exp. b6=exp(alpha0outcome+b6*z+alpha1*x1+alpha2*x2+alpha3*x3+alpha4*x4+alpha5*x5+alpha6*x6)

exp. b8=exp(alpha0outcome+b8*z+alpha1*x1+alpha2*x2+alpha3*x3+alpha4*x4+alpha5*x5+alpha6*x6)

prob. outcome1=exp. b1/(1+exp. b1)

y1=rbinom(1000, 1, prob=prob. outcome1)

prob. outcome2=exp. b2/(1+exp. b2)

y2=rbinom(1000, 1, prob=prob. outcome2)

prob. outcome3=exp. b4/(1+exp. b4)

y3=rbinom(1000, 1, prob=prob. outcome3)

prob. outcome4=exp. b6/(1+exp. b6)

y4=rbinom(1000, 1, prob=prob. outcome4)

prob. outcome5=exp. b8/(1+exp. b8)

y5=rbinom(1000, 1, prob=prob. outcome5)

```

c1=cbind(x1, x2, x3, x4, x5, x6, x7, x8, z, ps, y1)
table1=data.frame(c1)
z1_1=table1[table1$z==1, ]
z0_1=table1[table1$z==0, ]

or1_1=mean(z1_1$y1)/(1-mean(z1_1$y1))/(mean(z0_1$y1)/(1-mean(z0_1$y1)
))
or1_1
c2=cbind(x1, x2, x3, x4, x5, x6, x7, x8, z, ps, y2)
table2=data.frame(c2)
z1_2=table2[table2$z==1, ]
z0_2=table2[table2$z==0, ]

or2_1=mean(z1_2$y2)/(1-mean(z1_2$y2))/(mean(z0_2$y2)/(1-mean(z0_2$y2)
))
or2_1
c3=cbind(x1, x2, x3, x4, x5, x6, x7, x8, z, ps, y3)
table3=data.frame(c3)
z1_3=table3[table3$z==1, ]
z0_3=table3[table3$z==0, ]

or3_1=mean(z1_3$y3)/(1-mean(z1_3$y3))/(mean(z0_3$y3)/(1-mean(z0_3$y3)
))
or3_1
c4=cbind(x1, x2, x3, x4, x5, x6, x7, x8, z, ps, y4)
table4=data.frame(c4)
z1_4=table4[table4$z==1, ]
z0_4=table4[table4$z==0, ]

or4_1=mean(z1_4$y4)/(1-mean(z1_4$y4))/(mean(z0_4$y4)/(1-mean(z0_4$y4)
))
or4_1
c5=cbind(x1, x2, x3, x4, x5, x6, x7, x8, z, ps, y5)
table5=data.frame(c5)
z1_5=table5[table5$z==1, ]
z0_5=table5[table5$z==0, ]

or5_1=mean(z1_5$y5)/(1-mean(z1_5$y5))/(mean(z0_5$y5)/(1-mean(z0_5$y5)
)

```

```

))
or5_1
table1_x1_0=subset(table1, table1$x1=="0")
table1_x1_1=subset(table1, table1$x1=="1")

data.match1_0=ps.match(object=table1_x1_0, ratio=1, x=0.2, caliper="logit",
treat="z", who.treated=1, matched.by="ps", setseed=FALSE, combine.output=T)

data.match1_1=ps.match(object=table1_x1_1, ratio=1, x=0.2, caliper="logit",
treat="z", who.treated=1, matched.by="ps", setseed=FALSE, combine.output=T)

match1_1=rbind(data.match1_0$data.matched, data.match1_1$data.matched)
glm1_1= ps.estimate(object = match1_1, resp =
"y1", family="binomial", treat="z")
estimate.sel_1= glm1_1$ps.estimate$unadj$se
estmate.or1_1= glm1_1$ps.estimate$unadj$effect

data.match1=ps.match(object=table1, ratio=1, x=0.2, caliper="logit", treat="z",
who.treated=1, matched.by="ps", setseed=FALSE, combine.output=T)
glm1= ps.estimate(object = data.match1$data.matched, resp =
"y1", family="binomial", treat="z")
estimate.sel= glm1$ps.estimate$unadj$se
estmate.or1= glm1$ps.estimate$unadj$effect

table2_x1_0=subset(table2, table1$x1=="0")
table2_x1_1=subset(table2, table1$x1=="1")

data.match2_0=ps.match(object=table2_x1_0, ratio=1, x=0.2, caliper="logit",
treat="z", who.treated=1, matched.by="ps", setseed=FALSE, combine.output=T)

data.match2_1=ps.match(object=table2_x1_1, ratio=1, x=0.2, caliper="logit",
treat="z", who.treated=1, matched.by="ps", setseed=FALSE, combine.output=T)

match2_1=rbind(data.match2_0$data.matched, data.match2_1$data.matched)

```

```

glm2_1= ps.estimate(object = match2_1, resp =
"y2", family="binomial", treat="z")
estimate.se2_1= glm2_1$ps. estimation$unadj$se
estmate.or2_1= glm2_1$ps. estimation$unadj$effect

data.match2=ps.match(object=table2, ratio=1, x=0.2, caliper="logit", trea
t="z", who.treated=1, matched.by="ps", setseed=FALSE, combine.output=T)
glm2= ps.estimate(object = data.match2$data.matched, resp =
"y2", family="binomial", treat="z")
estimate.se2= glm2$ps. estimation$unadj$se
estmate.or2= glm2$ps. estimation$unadj$effect

table3_x1_0=subset(table3, table1$x1=="0")
table3_x1_1=subset(table3, table1$x1=="1")

data.match3_0=ps.match(object=table3_x1_0, ratio=1, x=0.2, caliper="logi
t", treat="z", who.treated=1, matched.by="ps", setseed=FALSE, combine.outp
ut=T)

data.match3_1=ps.match(object=table3_x1_1, ratio=1, x=0.2, caliper="logi
t", treat="z", who.treated=1, matched.by="ps", setseed=FALSE, combine.outp
ut=T)

match3_1=rbind(data.match3_0$data.matched, data.match3_1$data.matched)
glm3_1= ps.estimate(object = match3_1, resp =
"y3", family="binomial", treat="z")
estimate.se3_1= glm3_1$ps. estimation$unadj$se
estmate.or3_1= glm3_1$ps. estimation$unadj$effect

data.match3=ps.match(object=table3, ratio=1, x=0.2, caliper="logit", trea
t="z", who.treated=1, matched.by="ps", setseed=FALSE, combine.output=T)
glm3= ps.estimate(object = data.match3$data.matched, resp =
"y3", family="binomial", treat="z")
estimate.se3= glm3$ps. estimation$unadj$se
estmate.or3= glm3$ps. estimation$unadj$effect

table4_x1_0=subset(table4, table1$x1=="0")
table4_x1_1=subset(table4, table1$x1=="1")

```

```
data.match4_0=ps.match(object=table4_x1_0, ratio=1, x=0.2, caliper="logit", treat="z", who.treated=1, matched.by="ps", setseed=FALSE, combine.output=T)
```

```
data.match4_1=ps.match(object=table4_x1_1, ratio=1, x=0.2, caliper="logit", treat="z", who.treated=1, matched.by="ps", setseed=FALSE, combine.output=T)
```

```
match4_1=rbind(data.match4_0$data.matched, data.match4_1$data.matched)  
glm4_1= ps.estimate(object = match4_1, resp =  
"y4", family="binomial", treat="z")  
estimate.se4_1= glm4_1$ps.estimate$unadj$se  
estimate.or4_1= glm4_1$ps.estimate$unadj$effect
```

```
data.match4=ps.match(object=table4, ratio=1, x=0.2, caliper="logit", treat="z", who.treated=1, matched.by="ps", setseed=FALSE, combine.output=T)  
glm4= ps.estimate(object = data.match4$data.matched, resp =  
"y4", family="binomial", treat="z")  
estimate.se4=glm4$ps.estimate$unadj$se  
estimate.or4=glm4$ps.estimate$unadj$effect
```

```
table5_x1_0=subset(table5, table1$x1=="0")  
table5_x1_1=subset(table5, table1$x1=="1")
```

```
data.match5_0=ps.match(object=table5_x1_0, ratio=1, x=0.2, caliper="logit", treat="z", who.treated=1, matched.by="ps", setseed=FALSE, combine.output=T)
```

```
data.match5_1=ps.match(object=table5_x1_1, ratio=1, x=0.2, caliper="logit", treat="z", who.treated=1, matched.by="ps", setseed=FALSE, combine.output=T)
```

```
match5_1=rbind(data.match5_0$data.matched, data.match5_1$data.matched)
```

```
glm5_1=ps.estimate(object=match5_1, resp="y5", family="binomial", treat="z")  
estimate.se5_1= glm 5_1$ps.estimate$unadj$se
```

```

  estimate.or5_1= glm 5_1$ps.estimation$unadj$effect
data.match5=ps.match(object=table5, ratio=1, x=0.2, caliper="logit", treat="z", who.treated=1, matched.by="ps", setseed=FALSE, combine.output=T)
  glm5= ps.estimate(object = data.match5$data.matched, resp = "y5", family="binomial", treat="z")
  estimate.se5=glm5$ps.estimation$unadj$se
  estimate.or5= glm 5$ps.estimation$unadj$effect

unex_matched=c(estimate.or1, estimate.or2, estimate.or3, estimate.or4, estimate.or5)

unex_selogor=c(estimate.se1, estimate.se2, estimate.se3, estimate.se4, estimate.se5)
  crude=c(or1_1, or2_1, or3_1, or4_1, or5_1)

matched=c(estimate.or1_1, estimate.or2_1, estimate.or3_1, estimate.or4_1, estimate.or5_1)

selogor=c(estimate.se1_1, estimate.se2_1, estimate.se3_1, estimate.se4_1, estimate.se5_1)
  temp1=c(temp1, crude)
  temp2=c(temp2, matched)
  temp3=c(temp3, selogor)
  temp4=c(temp4, unex_matched)
  temp5=c(temp5, unex_selogor)
}

crude_log6=matrix(temp1, nrow=5)
matched_log6=matrix(temp2, nrow=5)
selogor_log6=matrix(temp3, nrow=5)
unex_matched_log6=matrix(temp4, nrow=5)
unex_selogor_log6=matrix(temp5, nrow=5)

Ans_log6=cbind(c(1, 2, 4, 6, 8), exp(rowMeans(log(crude_log6))), exp(rowMeans(log(matched_log6))), rowMeans(selogor_log6), exp(rowMeans(log(unex_matched_log6))), rowMeans(unex_selogor_log6))

bias_crude_1=abs(log(Ans_log6[1, 2])-log(1))

```

```

bias_matched_1=abs(log(Ans_log6[1, 3])-log(1))
rebias_1=100*(bias_crude_1-bias_matched_1)/bias_crude_1
bias_crude_2=abs(log(Ans_log6[2, 2])-log(2))
bias_matched_2=abs(log(Ans_log6[2, 3])-log(2))
rebias_2=100*(bias_crude_2-bias_matched_2)/bias_crude_2
bias_crude_4=abs(log(Ans_log6[3, 2])-log(4))
bias_matched_4=abs(log(Ans_log6[3, 3])-log(4))
rebias_4=100*(bias_crude_4-bias_matched_4)/bias_crude_4
bias_crude_6=abs(log(Ans_log6[4, 2])-log(6))
bias_matched_6=abs(log(Ans_log6[4, 3])-log(6))
rebias_6=100*(bias_crude_6-bias_matched_6)/bias_crude_6
bias_crude_8=abs(log(Ans_log6[5, 2])-log(8))
bias_matched_8=abs(log(Ans_log6[5, 3])-log(8))
rebias_8=100*(bias_crude_8-bias_matched_8)/bias_crude_8

bias_unex_matched_1=abs(log(Ans_log6[1, 5])-log(1))
unex_rebias_1=100*(bias_crude_1-bias_unex_matched_1)/bias_crude_1
bias_unex_matched_2=abs(log(Ans_log6[2, 5])-log(2))
unex_rebias_2=100*(bias_crude_2-bias_unex_matched_2)/bias_crude_2
bias_unex_matched_4=abs(log(Ans_log6[3, 5])-log(4))
unex_rebias_4=100*(bias_crude_4-bias_unex_matched_4)/bias_crude_4
bias_unex_matched_6=abs(log(Ans_log6[4, 5])-log(6))
unex_rebias_6=100*(bias_crude_6-bias_unex_matched_6)/bias_crude_6
bias_unex_matched_8=abs(log(Ans_log6[5, 5])-log(8))
unex_rebias_8=100*(bias_crude_8-bias_unex_matched_8)/bias_crude_8

unex_rebias=c(unex_rebias_1, unex_rebias_2, unex_rebias_4, unex_rebias_6
, unex_rebias_8)
rebias=c(rebias_1, rebias_2, rebias_4, rebias_6, rebias_8)
Ans_log6_ok=cbind(Ans_log6, rebias, unex_rebias)
model_x1=Ans_log6_ok
model_x1

```

95% 信賴區間覆蓋率

```

templ=NULL
for(i in 1:1000){

CI=c(exp(log(matched_log6[1, i])-1.96*selogor_log6[1, i]), exp(log(match

```

```

ed_log6[1, i])+1.96*selogor_log6[1, i]))
  temp1=c(temp1, CI)
}
or1_CI=temp1
or1_CI=matrix(or1_CI, 1000, 2, byrow=T)

temp2=NULL
for(i in 1:1000){
  if(or1_CI[i, 1]<=1 && 1<=or1_CI[i, 2])w=1 else w=0
  temp2=c(temp2, w)
}
or1_CI_YN=temp2
sum(or1_CI_YN)

temp1=NULL
for(i in 1:1000){
  CI=c(exp(log(matched_log6[2, i])-1.96*selogor_log6[2, i]), exp(log(match
ed_log6[2, i])+1.96*selogor_log6[2, i]))
  temp1=c(temp1, CI)
}
or2_CI=temp1
or2_CI=matrix(or2_CI, 1000, 2, byrow=T)

temp2=NULL
for(i in 1:1000){
  if(or2_CI[i, 1]<=2 && 2<=or2_CI[i, 2])w=1 else w=0
  temp2=c(temp2, w)
}
or2_CI_YN=temp2
sum(or2_CI_YN)

temp1=NULL
for(i in 1:1000){
  CI=c(exp(log(matched_log6[3, i])-1.96*selogor_log6[3, i]), exp(log(match
ed_log6[3, i])+1.96*selogor_log6[3, i]))
  temp1=c(temp1, CI)
}

```

```

}
or4_CI=temp1
or4_CI=matrix(or4_CI,1000,2,byrow=T)

temp2=NULL
for(i in 1:1000){
  if(or4_CI[i,1]<=4 && 4<=or4_CI[i,2])w=1 else w=0
  temp2=c(temp2,w)
}
or4_CI_YN=temp2
sum(or4_CI_YN)

temp1=NULL
for(i in 1:1000){

CI=c(exp(log(matched_log6[4,i])-1.96*selogor_log6[4,i]),exp(log(match
ed_log6[4,i])+1.96*selogor_log6[4,i]))
  temp1=c(temp1,CI)
}
or6_CI=temp1
or6_CI=matrix(or6_CI,1000,2,byrow=T)

temp2=NULL
for(i in 1:1000){
  if(or6_CI[i,1]<=6 && 6<=or6_CI[i,2])w=1 else w=0
  temp2=c(temp2,w)
}
or6_CI_YN=temp2
sum(or6_CI_YN)
temp1=NULL
for(i in 1:1000){

CI=c(exp(log(matched_log6[5,i])-1.96*selogor_log6[5,i]),exp(log(match
ed_log6[5,i])+1.96*selogor_log6[5,i]))
  temp1=c(temp1,CI)
}
or8_CI=temp1
or8_CI=matrix(or8_CI,1000,2,byrow=T)

```

```

temp2=NULL
for(i in 1:1000){
  if(or8_CI[i,1]<=8 && 8<=or8_CI[i,2])w=1 else w=0
  temp2=c(temp2, w)
}
or8_CI_YN=temp2
sum(or8_CI_YN)

log6_coverage=c(sum(or1_CI_YN)/10,
                 sum(or2_CI_YN)/10, sum(or4_CI_YN)/10,
                 sum(or6_CI_YN)/10, sum(or8_CI_YN)/10, sum(or10_CI_YN)/10)

model_x1_coverage=log6_coverage

M_MSE_log6=c(
  var(log(matched_log6[1, ]))+(mean(log(matched_log6[1, ]))-log(1))^2,
  var(log(matched_log6[2, ]))+(mean(log(matched_log6[2, ]))-log(2))^2,
  var(log(matched_log6[3, ]))+(mean(log(matched_log6[3, ]))-log(4))^2,
  var(log(matched_log6[4, ]))+(mean(log(matched_log6[4, ]))-log(6))^2,
  var(log(matched_log6[5, ]))+(mean(log(matched_log6[5, ]))-log(8))^2
)
M_MSE_log6_m=matrix(M_MSE_log6, 6, 1)

C_MSE_log6=c(
  var(log(crude_log6[1, ]))+(mean(log(crude_log6[1, ]))-log(1))^2,
  var(log(crude_log6[2, ]))+(mean(log(crude_log6[2, ]))-log(2))^2,
  var(log(crude_log6[3, ]))+(mean(log(crude_log6[3, ]))-log(4))^2,
  var(log(crude_log6[4, ]))+(mean(log(crude_log6[4, ]))-log(6))^2,
  var(log(crude_log6[5, ]))+(mean(log(crude_log6[5, ]))-log(8))^2
)
C_MSE_log6_m=matrix(C_MSE_log6, 6, 1)

unex_MSE_log6=c(
  var(log(unex_matched_log6[1, ]))+(mean(log(unex_matched_log6[1, ]))-log(1))^2,
  var(log(unex_matched_log6[2, ]))+(mean(log(unex_matched_log6[2, ]))-log(2))^2,
  var(log(unex_matched_log6[3, ]))+(mean(log(unex_matched_log6[3, ]))-log(4))^2,
  var(log(unex_matched_log6[4, ]))+(mean(log(unex_matched_log6[4, ]))-log(6))^2,
  var(log(unex_matched_log6[5, ]))+(mean(log(unex_matched_log6[5, ]))-log(8))^2
)

```

```

nex_matched_log6[3, ])-log(4))^2, var(log(unex_matched_log6[4, ]))+
(mean(log(unex_matched_log6[4, ]))-log(6))^2, var(log(unex_matched_
log6[5, ]))+(mean(log(unex_matched_log6[5, ]))-log(8))^2, var(log(un
ex_matched_log6[6, ]))+(mean(log(unex_matched_log6[6, ]))-log(10))^
2
)
unex_MSE_log6_m=matrix(unex_MSE_log6, 6, 1)

```

