

Causal Inference: *The Mixtape*

Ch5 Matching and Subclassification

三澤崇治 倉橋 優亜

Roadmap

Subclassification



Exact matching



Propensity score methods



Curse of dimensionality



Approximate matching



Conclusion

0

復習と導入

● 5.0 復習と導入

○ 【全体観】

因果関係を推論したい

⇓
↓そのために

バックドア基準を満たす

⇓
↓そのために

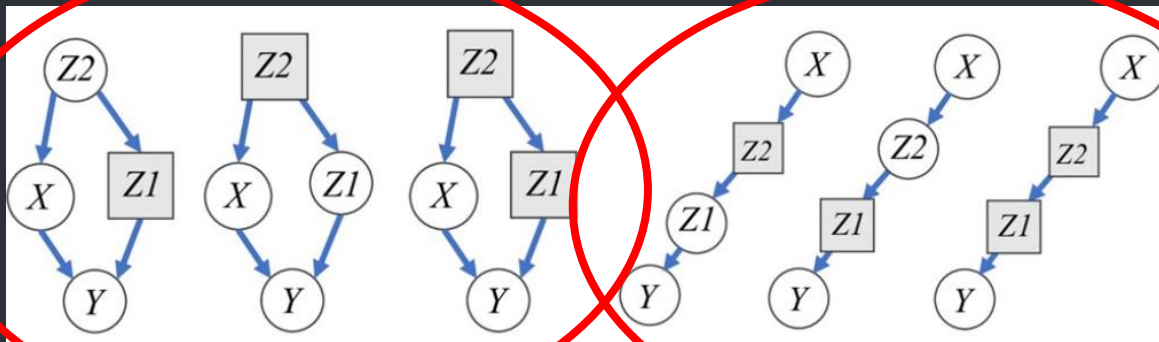
背景情報（交絡変数）を揃える
= Subclassification と Matching

● 5.0.1 復習

例：「Zがバックドア基準を満たす」

≡ 「開いているバックドアパスがない

+処理 (X) →結果 (Y) の道がブロックされていない」



バックドアパスをブロック○

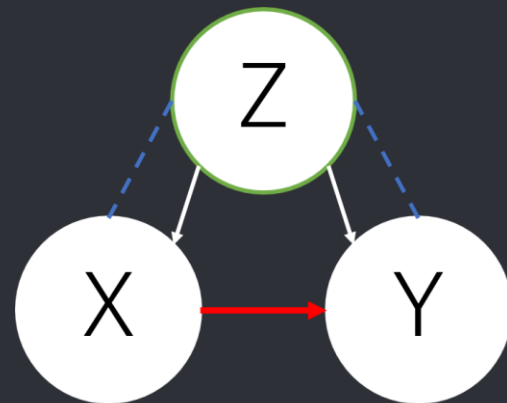
バックドアパスをブロック×

● 5.0.1 復習

例：「Zがバックドア基準を満たす」

条件：

- ① XからZに有向道がない
- ② ZがXからYへの矢印を含むすべての交絡変数間の経路を塞いでいること



効果：⇒ 「X→Yの介入効果をバイアスなく推定できる」

● 5.0 復習と導入

○ 【対象のあり方】

仮想：10人の20歳男性がいます



現実：不揃い



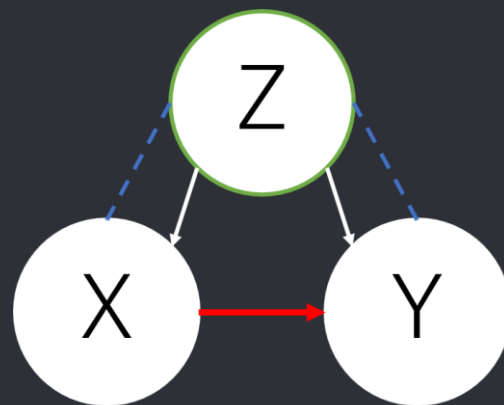
- CIA (条件付独立性の仮定)

○ 結果に影響を与える**共変量 (Z)** を所与 (条件) として、**介入効果 (X)** と**結果変数 (Y)** が独立であることを支える

$$(Y^1, Y^0) \perp\!\!\!\perp D \mid X$$

$$E[Y^1 \mid D = 1, X] = E[Y^1 \mid D = 0, X]$$

$$E[Y^0 \mid D = 1, X] = E[Y^0 \mid D = 0, X]$$



⇒Xの値を決めたときの、Y1とY0の期待値は治療群と対照群とで同じ

- 5.0.2 導入

- 「バックドア基準を満たすためには？」
⇒条件付けをする＝背景情報を同じにする

条件付けの種類：

1. Subclassification
2. Matching
 - a. Exact Matching
 - b. Approximate Matching

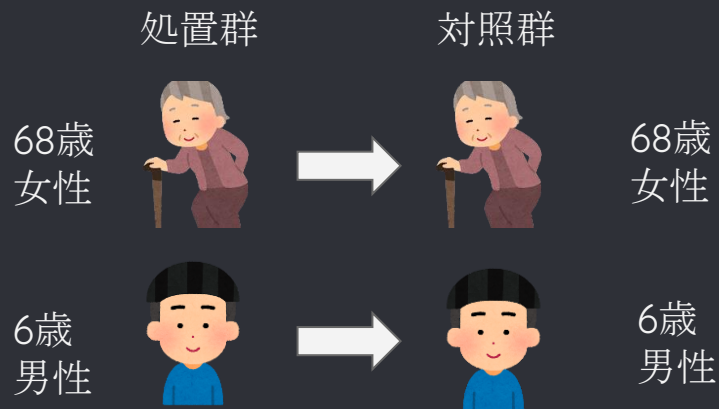
5.0.2 導入

Subclassification

	処置群 (薬飲んだ)	対照群 (薬飲でない)
20代	70	10
30代	20	20
40代	10	70
死亡率	10%	20%

交絡変数：年齢

Matching



交絡変数：年齢と性別

1

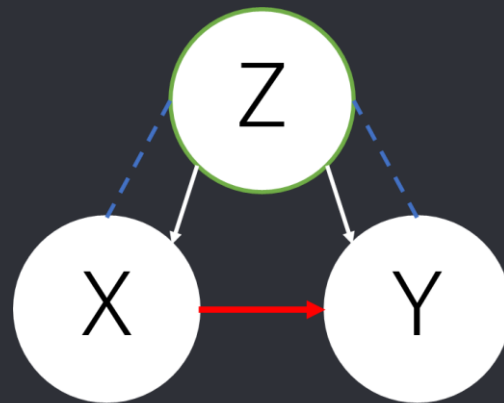
Subclassification

● Subclassificationとは？

目的：背景情報を揃えて交絡バイアスを小さくする

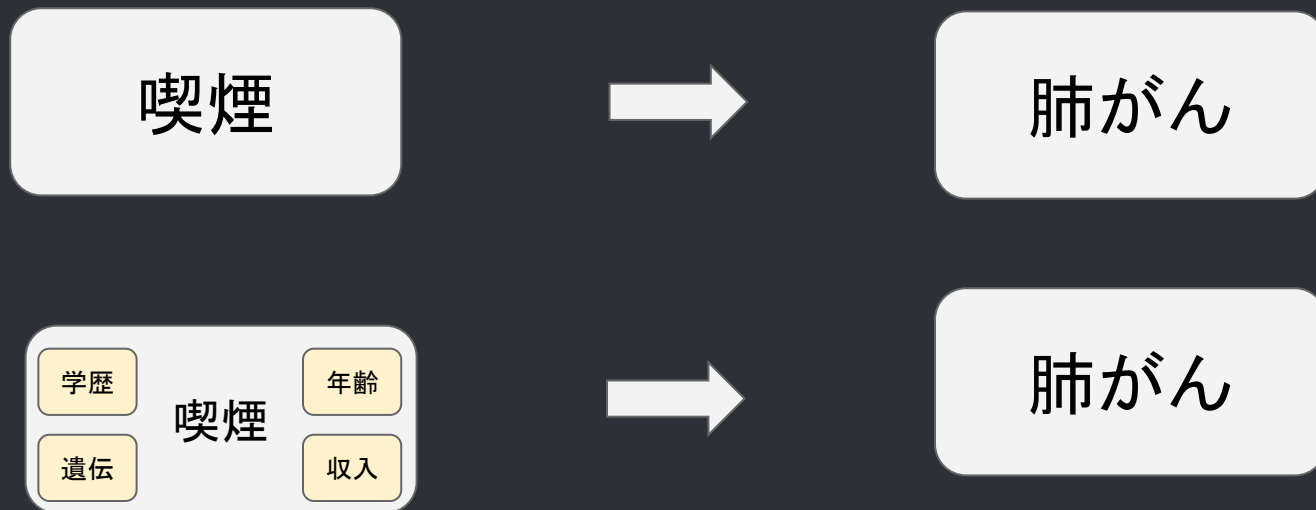
方法：交絡変数の値によって層に分ける⇒層ごとに重みづけ

	処置群	対照群
20代	70	10
30代	20	20
40代	10	70



● 5.1.1 背景

○ 20世紀半ば～後半：喫煙⇒肺がんの研究



- 5.1.1 背景 : Cochran(1968)の研究

- 例 : 喫煙タイプと死亡率の関係

Smoking group	Canada	UK	US
Non-smokers	20.2	11.3	13.5
Cigarettes	20.5	14.1	13.5
Cigars/pipes	35.5	20.7	17.4

Table 5.1: Death rates per 1,000 person-years (Cochran 1968)

死亡率

- 5.1.1 背景 : Cochran(1968)の研究

○ 単純な平均値では比較できない

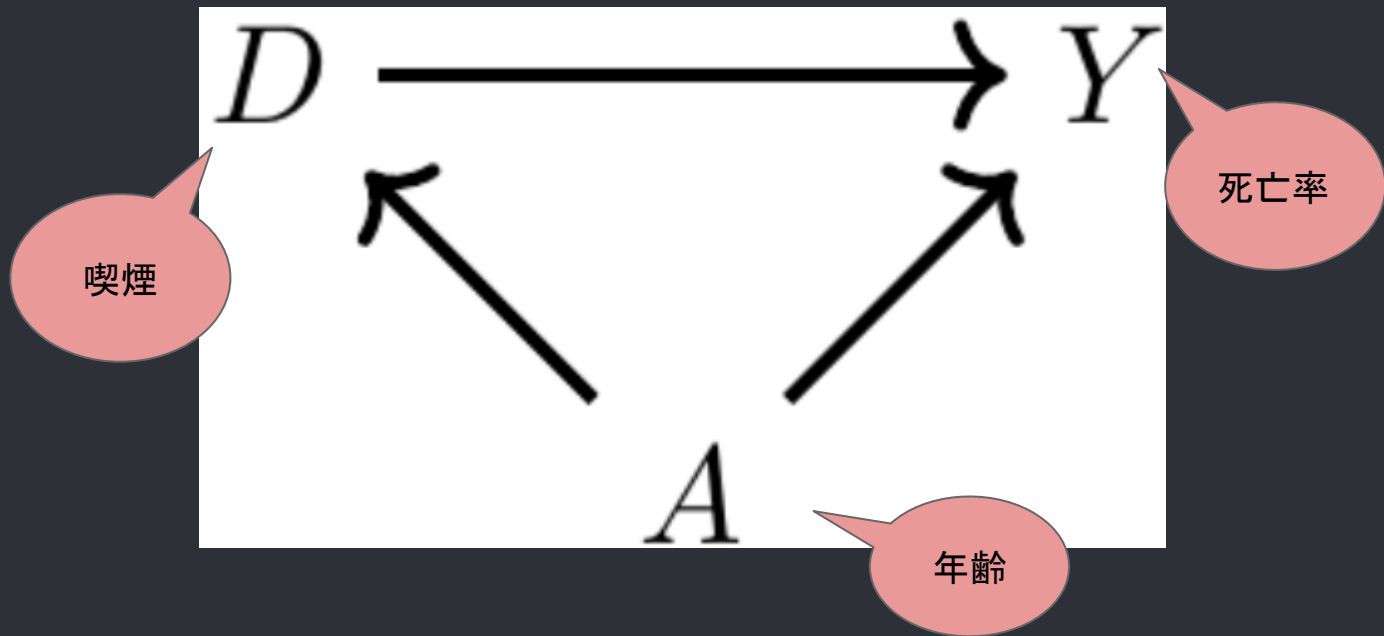
Smoking group	Canada	British	US
Non-smokers	54.9	49.1	57.0
Cigarettes	50.5	49.8	53.2
Cigars/pipes	65.9	55.7	59.7

Table 5.2: Mean ages, years (Cochran 1968).



- 5.1.1 背景 : Cochran(1968)の研究

- 例 : 喫煙タイプと死亡率の関係



- 5.1.1 背景 : Cochran(1968)の研究

- Subclassification : 全体の流れ

①年齢を層に分ける : 20~40歳、41~70歳、71歳~

②処置群 (タバコを吸う人) の層 (ここでは年齢) 別の死亡率を計算する

③処置群の死亡率に、対照群に対応する層別 (年齢別) 重みづけをする⇒処置群の年齢調整死亡率が計算できる

⇒バックドア基準が満たされる

⇒CIAが達成される

- 5.1.1 背景 : Cochran(1968)の研究

- Subclassification : ①年齢を層別に分類

	②タバコを吸う人の 死亡率 (/10万人)	若い人が多い群	高齢者が多い群
	Death rates	# of Cigarette smokers	# of Pipe or cigar smokers
Age 20-40	20	65	10
Age 41-70	40	25	25
Age \geq 71	60	10	65
Total		100	100

Table 5.3: Subclassification example.

年齢層の割合

- 5.1.1 背景 : Cochran(1968)の研究

- ③Cigarette smokerの平均死亡率を計算

タバコ (若い人が多い群) の
年齢層別重みづけ =

$$20 \times \frac{65}{100} + 40 \times \frac{25}{100} + 60 \times \frac{10}{100} = 29.$$

パイプ、葉巻 (高齢者が多い群) の
年齢層別重みづけ =

$$20 \times \frac{10}{100} + 40 \times \frac{25}{100} + 60 \times \frac{65}{100} = 51$$



20~40歳の
喫煙者の死亡率
(10万人当たり)

20~40歳の割合

- 5.1.1 背景 : Cochran(1968)の研究

- 結果 : 年齢を層別に分類 (調整済)

Smoking group	Canada	UK	US
Non-smokers	20.2	11.3	13.5
Cigarettes	29.5	14.8	21.2
Cigars/pipes	19.8	11.0	13.7

Table 5.4: Adjusted mortality rates using 3 age groups (Cochran 1968).

- Subclassification : 今までのまとめ

○ 因果関係を推論したい

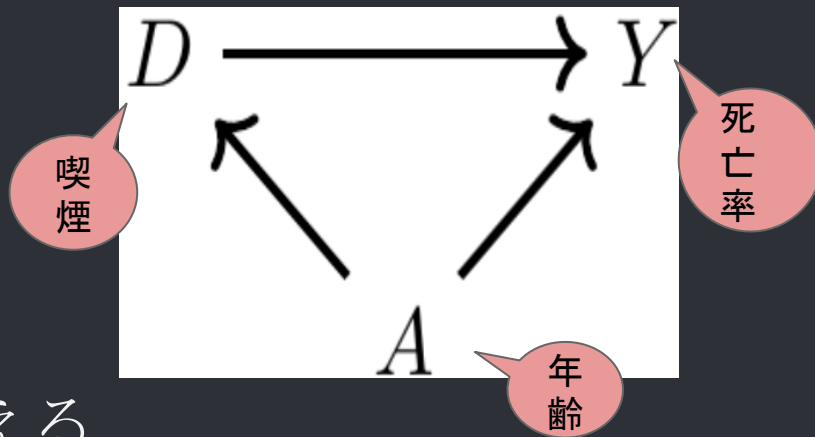
↓そのために

バックドア基準を満たす

↓そのために

背景情報（交絡変数）を揃える

→ Subclassificationを使う



- 5.1.2 前提条件の確認

- Subclassificationに必要な仮定

仮定1 : CIA(条件つき独立の仮定)

$$(Y^1, Y^0) \perp\!\!\!\perp D \mid X$$

仮定2 : Common Support(コモン・サポート)

$$0 < P_r(D = 1 \mid X) < 1$$

ーデータを重みづけするため。

- ATEの推定値を算出する

○ 仮定1: CIAが成り立つとき、ある階層における平均処置効果は、

$$\begin{aligned} E[Y^1 - Y^0 | X] &= E[Y^1 - Y^0 | X, D = 1] \\ &= E[Y^1 | X, D = 1] - E[Y^0 | X, D = 0] \\ &= E[Y | X, D = 1] - E[Y | X, D = 0] \end{aligned}$$

さらに、仮定2: Common Supportより全ての階層において
[処置群のyの平均] - [対照群のyの平均] (前章だと τ とされていた)
が識別できるため、

$$\widehat{\delta_{ATE}} = \int (E[Y | X, D = 1] - E[Y | X, D = 0]) dP_r(X)$$

5.1.3 Subclassification exercise: Titanic data set



目的：富と規範が乗客の生存率に与えた影響を知りたい

仮説：ファーストクラスに座っていたことで生存確率は上昇していたのではないか

—様々な席があり、富裕層は上層デッキに集中していた

—女性や子どもは？→**問題！**

- 5.1.3 Subclassification exercise: Titanic data set

- 問題：

女性や子供は救命ボートに優先的に乗船できた

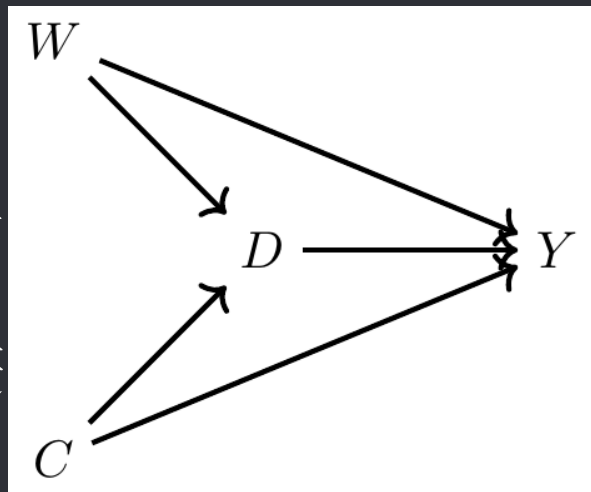
↳女性や子どもがファーストクラスに座る確率が高かったら、ファーストクラスに座っていたことによる生存率の差は単にその社会規範の影響を拾い上げているだけなのかもしれない

- 5.1.3 Subclassification exercise: Titanic data set

- DAGを使用して因果関係を特定する
- 各有向辺の意味

- $W/C \rightarrow D$: 女性/子どもであれば
ファーストクラス
座る可能性が高
- $W/C \rightarrow Y$: 女性/子どもであれば
救命ボートが優
に

割り当てられるので

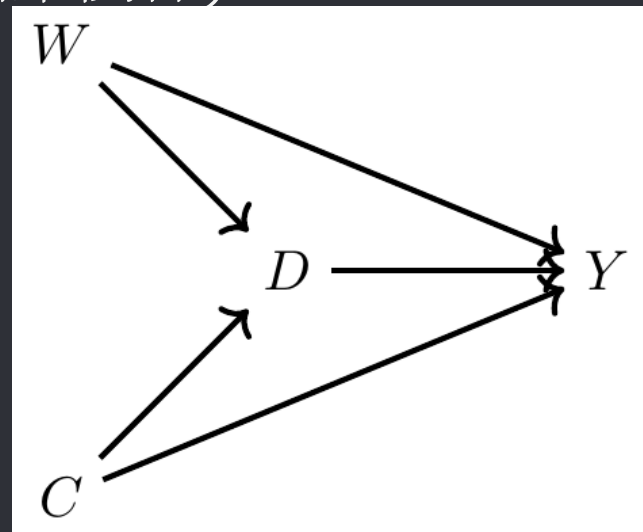


※観察・非観察を問わず、ほかにconfounderはないとする
生き残りやすさ

- 5.1.3 Subclassification exercise: Titanic data set

- DとYの間の直接的なパス(因果関係)は1つ
- バックドアパスは2つ
 - $D \leftarrow C \rightarrow Y$
 - $D \leftarrow W \rightarrow Y$

→subclassificationを用いる



- 5.1.3 Subclassification exercise: Titanic data set

Subclassificationによる統制の手順

1. 若い男性、若い女性、年配の男性、年配の女性の4つのグループにデータを層別する。
2. 各グループにおいて処置群と対照群の生存率の差を計算する。
3. 各グループのファーストクラスでなかった人数を計算し、ファーストクラスでなかった総人数で割る。
これが層別の重みとなる。
4. 層別の重みを用いて加重平均生存率を算出する

- 5.1.3 Subclassification exercise: Titanic data set

○ ファーストクラスに座ることで生存確率が

SDO : 35.4%

↓subclassification

The weighted ATE : 18.9%

上昇する

2

Curse of dimensionality ～次元の呪い～

- 5.1.4 Curse of dimensionality ～次元の呪い～

- Curse of dimensionality ～次元の呪い～

- Titanicのケース：{2共変量, 2値}

- ={(性別, 年齢), (男性/女性, 子ども/大人)}

- ↳ もし年齢の取り得る値が複数あったら？

- ↳ 層内の差を計算するために必要な情報が

- 得られず層別の重みを計算できない可能性

● 5.1.4 Curse of dimensionality ～次元の呪い～

Age and Gender	Survival Prob. 1st Class	Controls	Diff	# of 1st Class	# of Controls
Male 11-yo	1.0	0	1	1	2
Male 12-yo	—	1	—	0	1
Male 13-yo	1.0	0	1	1	2
Male 14-yo	—	0.25	—	0	4

年齢の詳細なデータを持っていると仮定

↳ Common Supportが成立していない

● 5.1.4 Curse of dimensionality ～次元の呪い～

年齢と性別の全ての組み合わせについて考えると、
Common Supportの不成立はかなり一般的



Subclassificationを用いてATEを推定することが出来ない

つまり「次元の呪い」とは. . .

層別に使用した変数が多次元になりすぎて、その結果、
サンプルが小さすぎるが故に、いくつかのセルでデータが
欠損してしまうという問題。

● 5.1.4 Curse of dimensionality ～次元の呪い～

Age and Gender	Survival Prob. 1st Class	Controls	Diff	# of 1st Class	# of Controls
Male 11-yo	1.0	0	1	1	2
Male 12-yo	—	1	—	0	1
Male 13-yo	1.0	0	1	1	2
Male 14-yo	—	0.25	—	0	4

この問題が処置群のみに生じる場合



ATTは計算できる。

$$\widehat{\delta}_{ATT} = \sum_{k=1}^K (\bar{Y}^{1,k} - \bar{Y}^{0,k}) \times \left(\frac{N_T^k}{N_T} \right)$$

- 5.1.4 Curse of dimensionality ～次元の呪い～

- つまり. . .

有限標本の場合、共変量の数が増えるにつれ、
Subclassificationの実現性は低くなる

∴多くのセルでいずれか片方、もしくはその両方を含まない
可能性が高まり、Common Supportを満たさないため

☞別の方法は. . . ?

3

Exact Matching

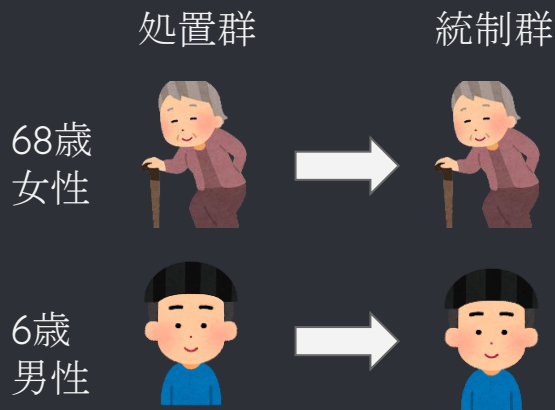
5.2 Exact Matching

Subclassification

	処置群	対照群
20代	7 0	1 0
30代	2 0	2 0
40代	1 0	7 0

交絡変数：年齢

Matching



交絡変数：年齢と性別

● 5.2 Exact Matching

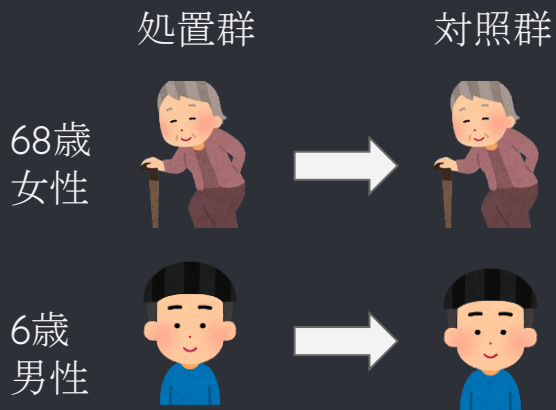
❖ マッチングの種類

- Exact Matching (厳格なマッチング)
- Approximate Matching (近似一致)

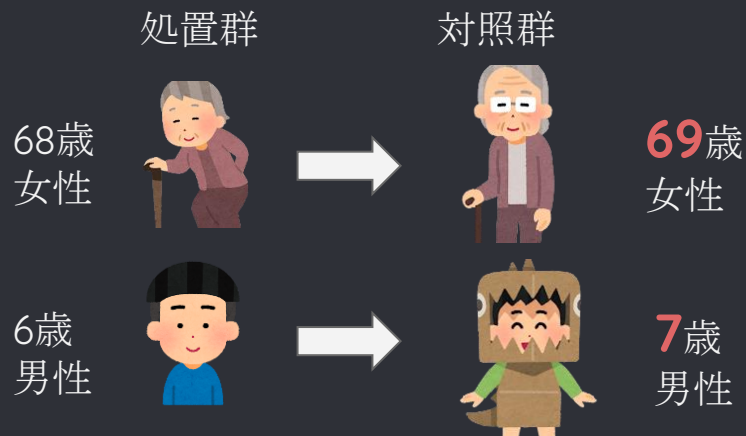
- Propensity score Matching (傾向スコアマッチング)

- 5.2 Exact Matching

Exact Matching



Approximate Matching



交絡変数：年齢と性別

- 5.2 Exact Matching

○ 単純なマッチング推定量

$$\hat{\delta}_{ATT} = \frac{1}{N_T} \sum_{D_i=1} (Y_i - Y_{j(i)})$$

5.2 Exact Matching

例：
研修への参加と収入の
関係

Trainees			Non-Trainees		
Unit	Age	Earnings	Unit	Age	Earnings
1	18	9500	1	20	8500
2	29	12250	2	27	10075
3	24	11000	3	21	8725
4	27	11750	4	39	12775
5	33	13250	5	38	12550
6	22	10500	6	29	10525
7	19	9750	7	39	12775
8	20	10000	8	33	11425
9	21	10250	9	24	9400
10	30	12500	10	30	10750
			11	33	11425
			12	36	12100
			13	22	8950
			14	18	8050
			15	43	13675
			16	39	12775
			17	19	8275
			18	30	9000
			19	51	15475
			20	48	14800
Mean	24.3	\$11,075		31.95	\$11,101.25

Table 5.6: Training example with exact matching

5.2 Exact Matching

例：
研修への参加と収入の
関係

Trainees			Non-Trainees			Matched Sample		
Unit	Age	Earnings	Unit	Age	Earnings	Unit	Age	Earnings
1	18	9500	1	20	8500	14	18	8050
2	29	12250	2	27	10075	6	29	10525
3	24	11000	3	21	8725	9	24	9400
4	27	11750	4	39	12775	8	27	10075
5	33	13250	5	38	12550	11	33	11425
6	22	10500	6	29	10525	13	22	8950
7	19	9750	7	39	12775	17	19	8275
8	20	10000	8	33	11425	1	20	8500
9	21	10250	9	24	9400	3	21	8725
10	30	12500	10	30	10750	10,18	30	9875
			11	33	11425			
			12	36	12100			
			13	22	8950			
			14	18	8050			
			15	43	13675			
			16	39	12775			
			17	19	8275			
			18	30	9000			
			19	51	15475			
			20	48	14800			
Mean	24.3	\$11,075		31.95	\$11,101.25		24.3	\$9,380

Table 5.7: Training example with exact matching (including matched sample)

4

Approximate Matching

- 5.3 Approximate Matching

- Exact Matching



Approximate Matching

- 共変量が連続変数、多次元の場合、
「完全に一致」するケースは無い場合がほとんど
⇒ 「一致」ではなく、「最も似ている」ケース同士と

比較

- 5.3.1 Nearest-neighbor covariate matching

Nearest-neighbor covariate Matching

❖ 近さの基準

- The Euclidean distance
- The normalized Euclidean distance
- The Mahalanobis distance

- 5.3.1 Nearest-neighbor covariate Matching

- The Euclidean distance

$$\|X_i - X_j\| = \sqrt{(X_i - X_j)'(X_i - X_j)} = \sqrt{\sum_{n=1}^k (X_{ni} - X_{nj})^2}$$

- 問題点：距離尺度自体が変数自体のスケールに依存する

- 5.3.1 Nearest-neighbor covariate Matching

The normalized Euclidean distance

$$\|X_i - X_j\| = \sqrt{(X_i - X_j)' \hat{V}^{-1} (X_i - X_j)} = \sqrt{\sum_{n=1}^k \frac{(X_{ni} - X_{nj})^2}{\hat{\sigma}_n^2}}$$

Where

$$\hat{V}^{-1} = \begin{pmatrix} \hat{\sigma}_1^2 & 0 & \dots & 0 \\ 0 & \hat{\sigma}_2^2 & \dots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \dots & \hat{\sigma}_k^2 \end{pmatrix}$$

Xのスケールに変化があっても、その変化は分散にも影響するので、the normalized Euclidean distanceは変化しない。

- 5.3.1 Nearest-neighbor covariate Matching

- The Mahalanobis distance

$$\|X_i - X_j\| = \sqrt{(X_i - X_j)' \widehat{\Sigma}_X^{-1} (X_i - X_j)}$$

Where

$\widehat{\Sigma}_X$ は X の標本分散・共分散行列

● 5.3.1 Nearest-neighbor covariate Matching

- ◦ マッチングの不一致はサンプルサイズが大きくなるほど0に収束する。
- 次元が大きければ大きいほど、マッチングの不一致度は高くなり、より多くのデータが必要になる。



マッチング問題では大きなデータセットが必要になる！！

Causal Inference: *The Mixtape*

Ch5 Matching and Subclassification

三澤崇治 倉橋 優亜

● Table of Contents

● Last Week Review

● バイアス補正

● Propensity Score matching (傾向スコアマッチング)

● Propensity Score matching : 例

● Nearest-neighbor matching (最近傍マッチング)

● Coarsened exact matching

● Conclusion

5

Last Week Review

● Last Week Review

○ 【全体観】

因果関係を推論したい

⇓
↓そのために

バックドア基準を満たす

⇓
↓そのために

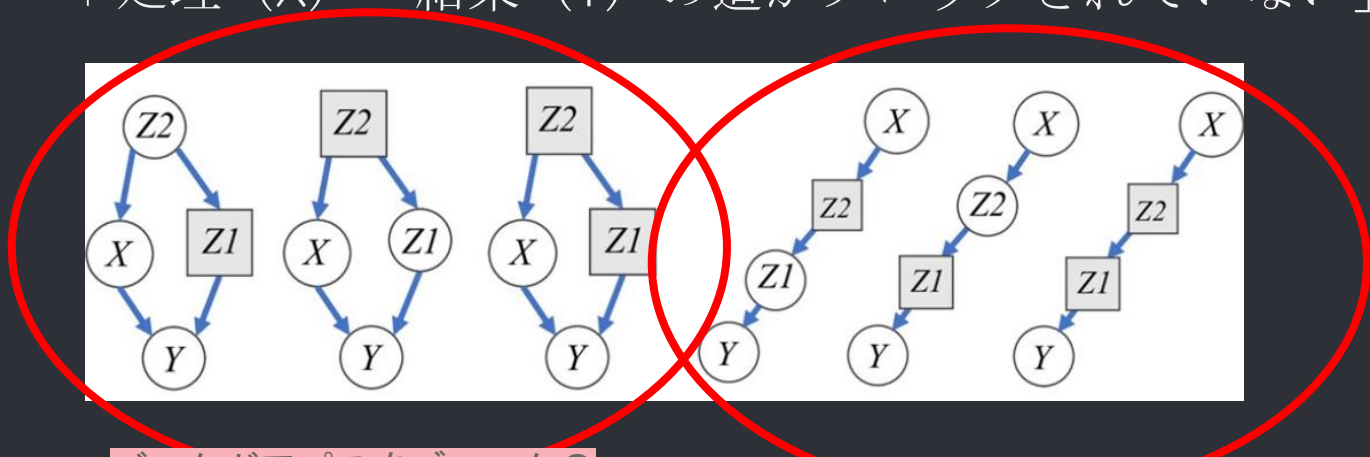
背景情報（交絡変数）を揃える
= Subclassification と Matching

- Last Week Review

例：「Zがバックドア基準を満たす」

≡ 「開いているバックドアパスがない

+処理 (X) →結果 (Y) の道がブロックされていない」



バックドアパスをブロック○

バックドアパスをブロック×

● Last Week Review

❖ Subclassification

- Cochran(1968) 🏠
- Titanic data set 🚢
- Curse of dimensionality(次元の呪い)

❖ Matching

- Exact matching(厳格なマッチング)
- Approximate matching(近似一致)
 - Nearest-neighbor Matching(最近傍マッチング)
 - The Euclidean distance
 - The normalized Euclidean distance
 - The Mahalanobis distance

6

バイアス補正

● 前回の続き

○ Q. マッチングの不一致を解消するには、
大規模なデータセットが必要であった

↳ Abadie and Imbens(2011)

有限標本でマッチングの不一致がある場合の
マッチング推定量によるバイアス補正方法

- 5.3.2 バイアス補正

○ バイアスを導き出してみよう！

1. サンプルのATT推定量を求める
2. 真のATTを引く

- 5.3.2 バイアス補正

- 1. サンプルのATT推定量を求める

$$\widehat{\delta}_{ATT} = \frac{1}{N_T} \sum_{D_1=1} (Y_i - Y_{j(i)})$$

where

$$X_i \approx X_{j(i)}, D_{j(i)} = 0$$

処置群のユニット*i*と対照群のユニット*j(i)*が
マッチングされている

- 5.3.2 バイアス補正

- 1. サンプルのATT推定量を求める

- μ を定義する

$$\mu^0(x) = E[Y|X = x, D = 0] = E[Y^0|X = x]$$


$$\mu^1(x) = E[Y|X = x, D = 1] = E[Y^1|X = x]$$

$$Y_i = \mu^{D_i}(X_i) + \varepsilon_i$$

確率的要素

- 5.3.2 バイアス補正

- 1. サンプルのATT推定量を求める


$$\left\{ \begin{array}{l} \widehat{\delta}_{ATT} = \frac{1}{N_T} \sum_{D_1=1} (Y_i - Y_{j(i)}) \\ Y_i = \mu^{D_i}(X_i) + \varepsilon_i \end{array} \right.$$

$$\begin{aligned} \widehat{\delta}_{ATT} &= \frac{1}{N_T} \sum_{D_1=1} (\mu^1(X_i) + \varepsilon_i) - (\mu^0(X_{j(i)}) + \varepsilon_{j(i)}) \\ &= \frac{1}{N_T} \sum_{D_1=1} (\mu^1(X_i) - \mu^0(X_{j(i)})) + \frac{1}{N_T} \sum_{D_i=1} (\varepsilon_i - \varepsilon_{j(i)}) \end{aligned}$$

ATT推定量

マッチングしたサンプルの確率的要素の平均差

- 5.3.2 バイアス補正

- 2. 真のATTを引く

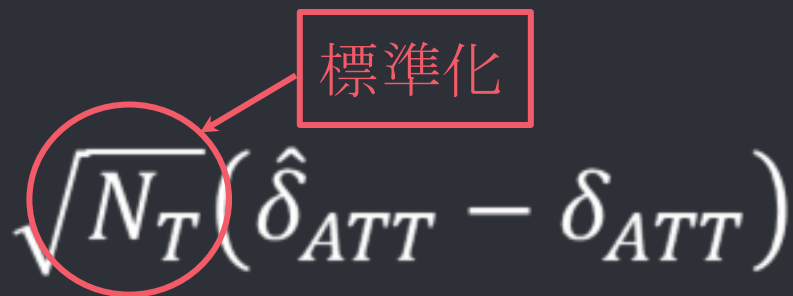
$$\begin{aligned}\widehat{\delta_{ATT}} - \delta_{ATT} &= \frac{1}{N_T} \sum_{D_1=1} (\mu^1(X_i) - \mu^0(X_{j(i)})) - \delta_{ATT} + \frac{1}{N_T} \sum_{D_i=1} (\varepsilon_i - \varepsilon_{j(i)}) \\ &= \frac{1}{N_T} \sum_{D_1=1} (\mu^1(X_i) - \underline{\mu^0(X_i)} - \delta_{ATT}) \\ &\quad + \frac{1}{N_T} \sum_{D_i=1} (\varepsilon_i - \varepsilon_{j(i)}) \\ &\quad + \frac{1}{N_T} \sum_{D_1=1} (\underline{\mu^0(X_i)} - \mu^0(X_{j(i)}))\end{aligned}$$

● 5.3.2 バイアス補正

○ 【中心極限定理】

- 平均 μ , 分散 σ^2 に従う母集団からサンプルサイズ n の標本を抽出する場合、その平均値 \bar{X} の分布は n が大きくなるにつれて正規分布 $N(\mu, \sigma^2/n)$ に近づく
- 標準化を行うとその分布はサンプルサイズが大きくなるにつれて、標準正規分布 $N(0,1)$ に近づく

- 5.3.2 バイアス補正


$$\sqrt{N_T}(\hat{\delta}_{ATT} - \delta_{ATT})$$

→平均0の正規分布に近づく(∵中心極限定理)

5.3.2 バイアス補正

$$E[\sqrt{N_T}(\hat{\delta}_{ATT} - \delta_{ATT})] = E[\sqrt{N_T}(\mu^0(X_i) - \mu^0(X_{j(i)})) | D = 1]$$

Diagram illustrating the bias correction in matching estimation. The equation shows the expectation of the bias term. The bias is zero because the matching process ensures that the difference between the treated unit's potential outcome and the control unit's potential outcome converges to zero as the sample size increases.

Annotations:

- The term $\sqrt{N_T}(\hat{\delta}_{ATT} - \delta_{ATT})$ is crossed out with a red X, indicating it converges to 0 as $n \rightarrow \infty$.
- The term $\mu^0(X_i) - \mu^0(X_{j(i)})$ is underlined in pink, indicating it converges to 0 as $n \rightarrow \infty$.
- The term $\mu^0(X_{j(i)})$ is crossed out with a red X, indicating it converges to 0 as $n \rightarrow \infty$.

Boxed note: $(\because X_i - X_{i(j)} \xrightarrow{n \rightarrow \infty} 0)$

マッチング推定量にかかるバイアスは0にならず、
マッチングの不一致の大きさに依存する

- 5.3.2 バイアス補正

【補足】

$$\begin{aligned}\widehat{\delta_{ATT}} - \delta_{ATT} &= \frac{1}{N_T} \sum_{D_1=1} (\mu^1(X_i) - \mu^0(X_i) - \delta_{ATT}) \\ &+ \frac{1}{N_T} \sum_{D_i=1} (\varepsilon_i - \varepsilon_{j(i)}) \leftarrow \text{unbiased} \\ &+ \frac{1}{N_T} \sum_{D_1=1} (\mu^0(X_i) - \mu^0(X_{j(i)}))\end{aligned}$$

unbiasedなので $\sqrt{N_T}$ をかけてEを取ると0に！！

- 5.3.2 バイアス補正

- 問題

マッチング推定量にかかるバイアスは0にならず、
マッチングの不一致の大きさに依存する

- 5.3.2 バイアス補正


○ Q. どうすれば...??



1. 不一致は観察可能である
2. 未処置ユニットのドナープールを大きくすれば
マッチングの不一致を小さくできる

- 5.3.2 バイアス補正

バイアス補正法(Abadie and Imbens 2011)


$$\mu^0(X_i) - \mu^0(X_{j(i)}) \quad \text{全体のバイアス}$$

- 。 バイアス補正した推定量

$$\hat{\delta}_{ATT}^{BC} = \frac{1}{N_T} \sum_{D_i=1} [(Y_i - Y_{j(i)}) - (\hat{\mu}^0(X_i) - \hat{\mu}^0(X_{j(i)}))]$$

where $\mu^0(X) = E[Y|X = x, D = 0]$

● 5.3.2 バイアス補正

$\mu^0(X_i) - \mu^0(X_{j(i)})$ とは. . .

- 今まで私たちがやってきたこと

処置を受けたユニットが処置を受けていなかったら
どうなっていたかは観察できない！



対照群から共変量が似たユニットを持ってきて
マッチングさせてそのアウトカムを代わりに使おう！



ATT算出できる！

※通常、OLSなどを用いてYをXの回帰式で
表わすことで、fitted valuesを算出している。

これって本当に
一緒なの??
↳ バイアス!!

- 5.3.2 バイアス補正 : 例

Exact matching



Nearest-neighbor matching

Unit	γ^1	γ^0	D	X
1	5		1	11
2	2		1	7
3	10		1	5
4	6		1	3
5		4	0	10
6		0	0	8
7		5	0	4
8		1	0	1


- 5.3.2 バイアス補正：例

- ATT

$$\hat{\delta}_{ATT} = \frac{5-4}{4} + \frac{2-0}{4} + \frac{10-5}{4} + \frac{6-1}{4} = 3.25$$

※バイアスを補正するには $\hat{\mu}^0(X)$
が欲しい！

Unit	γ^1	γ^0	D	X
1	5	4	1	11
2	2	0	1	7
3	10	5	1	5
4	6	1	1	3
5		4	0	10
6		0	0	8
7		5	0	4
8		1	0	1



● 5.3.2 バイアス補正：例

○ $\hat{\mu}^0(X)$ を求める

□ YをXとDへ回帰

$$\hat{\mu}^0(X) = \widehat{\beta}_0 + \widehat{\beta}_1 X = 4.42 - 0.049X$$

Unit	Y^1	Y^0	Y	D	X	$\hat{\mu}^0(X)$
1	5	4	5	1	11	3.89
2	2	0	2	1	7	4.08
3	10	5	10	1	5	4.18
4	6	1	0	1	3	4.28
5		4	4	0	10	3.94
6		0	0	0	8	4.03
7		5	5	0	4	4.23
8		1	1	0	1	4.37

● 5.3.2 バイアス補正：例

○ ATTの算出

□ 例：行1

■ 今まで：5-4

■ バイアス補正

$$\hat{\delta}_{ATT}^{BC} = \frac{5 - 4 - (3.89 - 3.94)}{4} + \dots$$

【Memo】

$$\hat{\delta}_{ATT}^{BC} = \frac{1}{N_T} \sum_{D_i=1} [(Y_i - Y_{j(i)}) - (\hat{\mu}^0(X_i) - \hat{\mu}^0(X_{j(i)}))]$$

Unit	Y^1	Y^0	Y	D	X	$\hat{\mu}^0(X)$
1	5	4	5	1	11	3.89
2	2	0	2	1	7	4.08
3	10	5	10	1	5	4.18
4	6	1	0	1	3	4.28
5		4	4	0	10	3.94
6		0	0	0	8	4.03
7		5	5	0	4	4.23
8		1	1	0	1	4.37

● 5.3.2 バイアス補正：例

$$\hat{\delta}_{ATT}^{BC} = \frac{1}{N_T} \sum_{D_i=1} [(Y_i - Y_{j(i)}) - (\hat{\mu}^0(X_i) - \hat{\mu}^0(X_{j(i)}))]$$

○ ATTの算出

$$\begin{aligned} \hat{\delta}_{ATT}^{BC} &= \frac{(5 - 4) - (\widehat{\mu}^0(11) - \widehat{\mu}^0(10))}{4} + \frac{(2 - 0) - (\widehat{\mu}^0(7) - \widehat{\mu}^0(8))}{4} \\ &+ \frac{(10 - 5) - (\widehat{\mu}^0(5) - \widehat{\mu}^0(4))}{4} + \frac{(6 - 1) - (\widehat{\mu}^0(3) - \widehat{\mu}^0(1))}{4} \\ &= 3.28 (> 3.25 \text{ unadjusted ATE}) \end{aligned}$$

- 5.3.2 バイアス補正

○ マッチングの不一致を最小にするには. . . ?

1. 小さいM

2. Matching with replacement

➤ 統制ユニットを使いまわせる！

3. Fitted valueに対する β の大きな共変量を
マッチングさせる

7

Propensity score Matching (傾向スコアマッチング)

- 前回の復習：全体観

【目的】

因果関係を推論したい

⇓
↓そのために

バックドア基準を満たす

⇓
↓そのために

背景情報（交絡変数）を揃える
= Subclassification と Matching

- 前回の復習：全体観

○ 【目的】

因果関係を

↓ その

バック

背景情

- context

〈目的〉

交絡変数による
バイアスを
小さくしたい！！

interfering

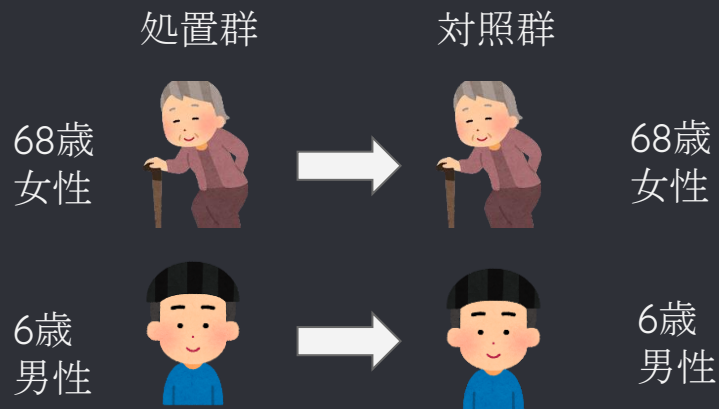
● 前回の復習 : Subclassification & Matching

Subclassification

	処置群 (薬飲んだ)	対照群 (薬飲でない)
20代	70	10
30代	20	20
40代	10	70
死亡率	10%	20%

交絡変数 : 年齢

Matching



交絡変数 : 年齢と性別

- 5.3.3 Propensity score Matching (傾向スコアマッチング)

- ◆ マッチングの種類

- Exact Matching (厳格なマッチング)
- Approximate Matching (近似一致)

- Propensity score Matching (傾向スコアマッチング)

- 5.3.3 Propensity score Matching (傾向スコアマッチング)

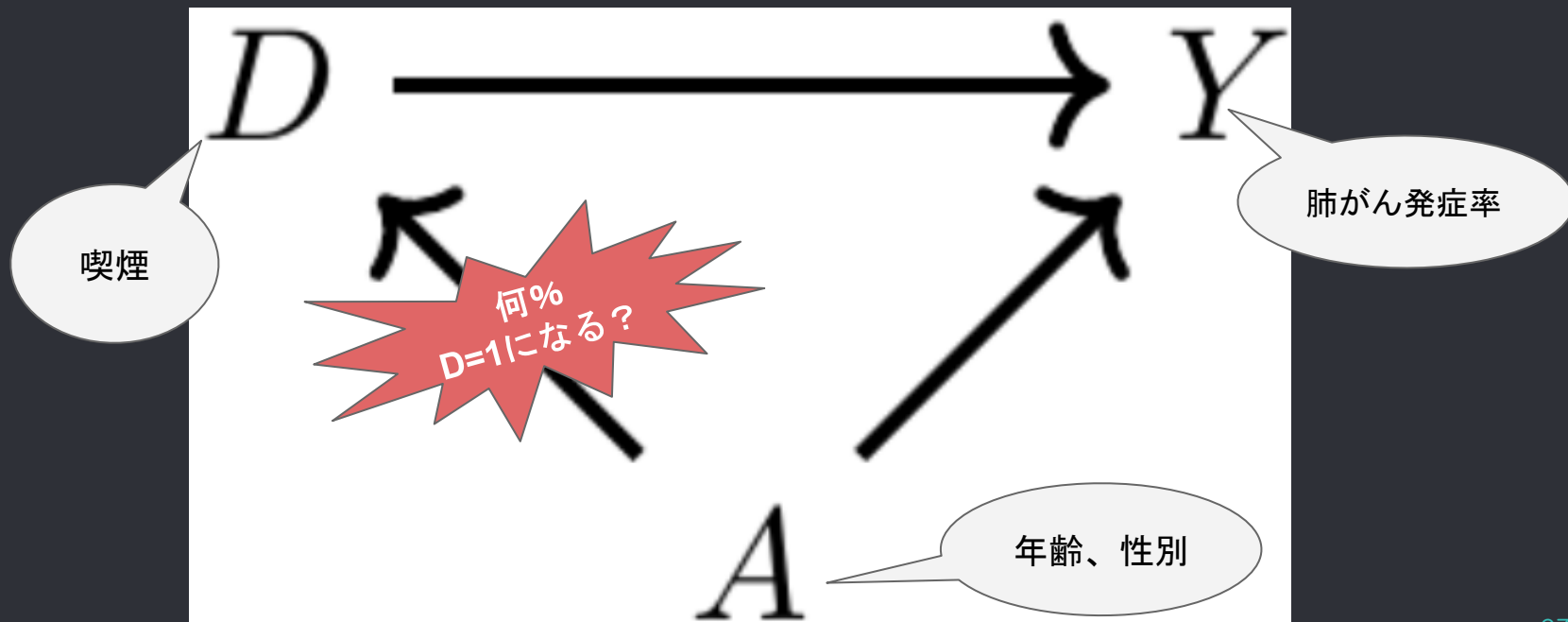
- ❖ 傾向スコアの定義

交絡変数 (X) に条件づけられた
処置群の選択確率 ($D=1$ を選ぶ確率)

$$p(X) = \Pr(D = 1 | X)$$

- 5.3.3 Propensity score Matching (傾向スコアマッチング)

例：喫煙と肺がん発症の関係



- 5.3.3 Propensity score Matching (傾向スコアマッチング)

- 傾向スコアマッチング：全体の流れ

- ①合わせる背景情報（交絡変数）を決定
- ②傾向スコアの算出
- ③傾向スコアが近い人同士でマッチング

- 5.3.3 Propensity score Matching (傾向スコアマッチング)

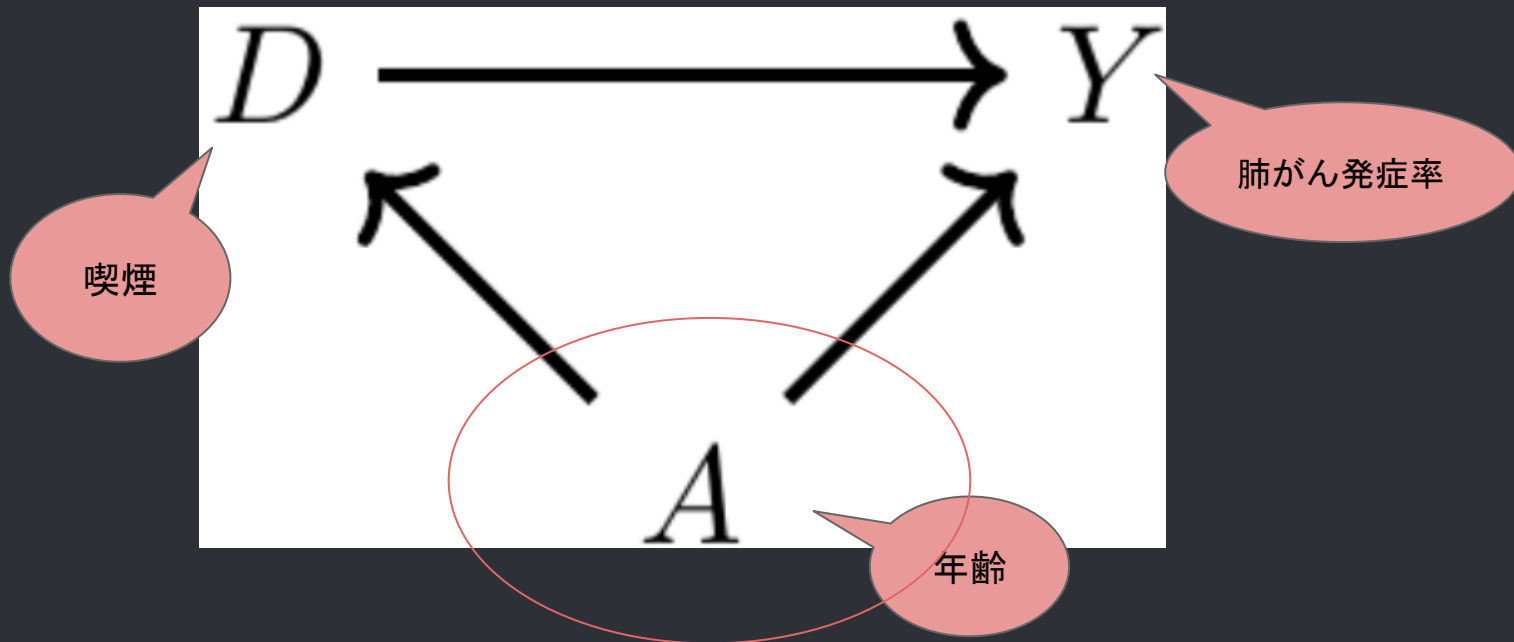
- 傾向スコアマッチング：全体の流れ

- ①合わせる背景情報（交絡変数）を決定
- ②傾向スコアの算出
- ③傾向スコアが近い人同士でマッチング

- 5.3.3 Propensity score Matching (傾向スコアマッチング)

〈①合わせる背景情報 (交絡変数) を決定〉

例：喫煙と肺がん発症の関係



- 5.3.3 Propensity score Matching (傾向スコアマッチング)

- 傾向スコアマッチング：全体の流れ

- ① 合わせる背景情報（交絡変数）を決定
- ② 傾向スコアの算出
- ③ 傾向スコアが近い人同士でマッチング

● 5.3.3 Propensity score Matching (傾向スコアマッチング)

○ 〈②傾向スコアの算出〉

○ 傾向スコア (Propensity Score)

□ 「あるユニット*i*が**処置を受ける(D=1になる)確率**」

=観察された共変量(*X*)で条件付けた処置される確率

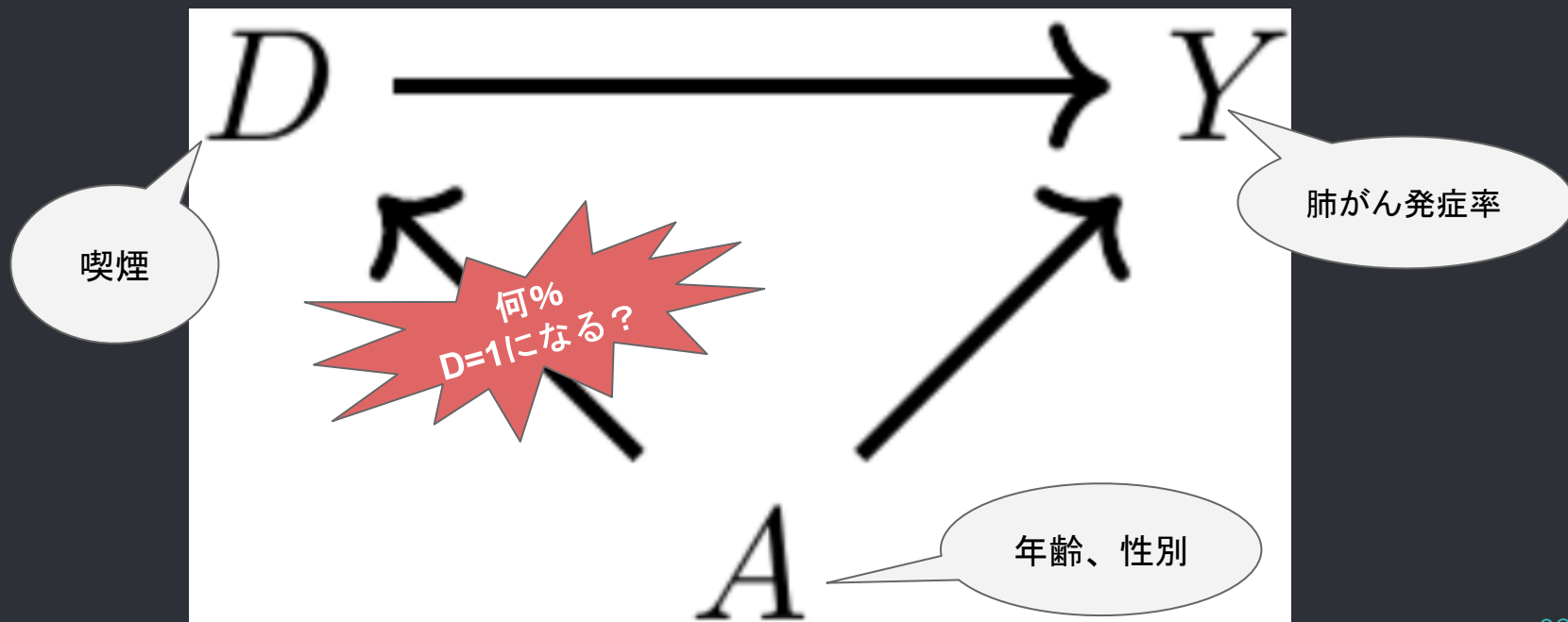
$$p(x) = Pr(D_i = 1 | X_i = x)$$

$$\blacksquare 0 \leq p(x) \leq 1$$

□ 一般的には**ロジスティック回帰分析**が使われる (他の手法でも良い)

- 5.3.3 Propensity score Matching (傾向スコアマッチング)

例：喫煙と肺がん発症の関係



- 5.3.3 Propensity score Matching (傾向スコアマッチング)

- 傾向スコアマッチング：全体の流れ

- ① 合わせる背景情報（交絡変数）を決定
- ② 傾向スコアの算出
- ③ 傾向スコアが近い人同士でマッチング

● 5.3.3 Propensity score Matching (傾向スコアマッチング)

〈③傾向スコアが近い人同士でマッチングをするとは?〉

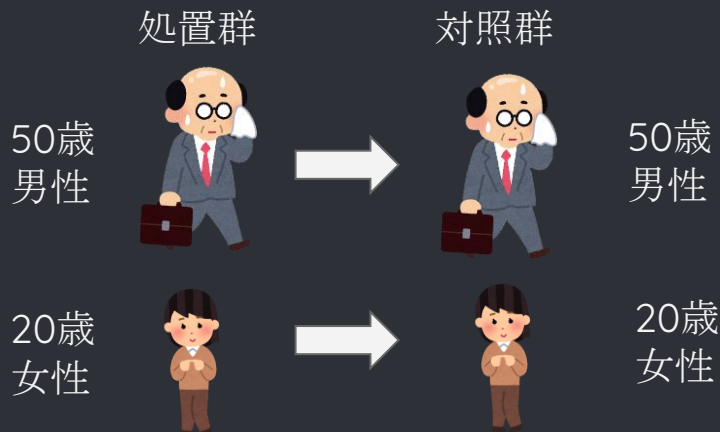
例：タバコと肺がん

Matching

傾向スコア

= (交絡変数：年齢/性別/会社/職種/学歴から考えて)

タバコを吸う(D=1) 確率



交絡変数：年齢/性別/会社/職種/学歴

● 5.3.3 Propensity score Matching (傾向スコアマッチング)

〈③傾向スコアが近い人同士でマッチングをするとは?〉

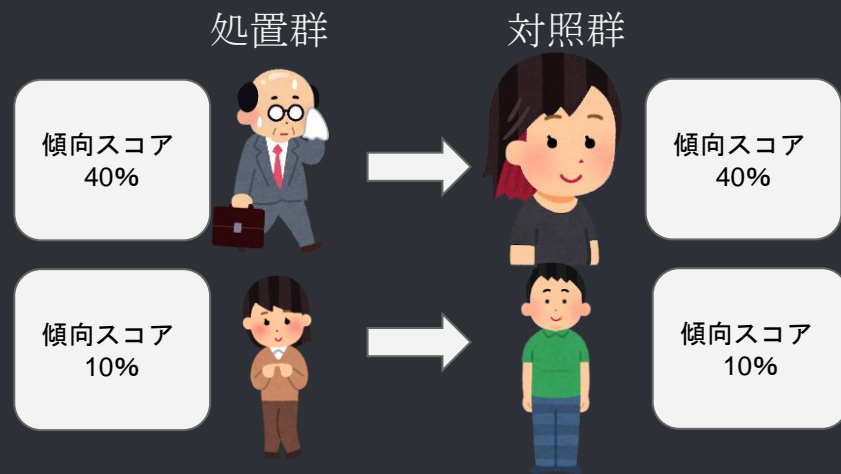
例：タバコと肺がん

傾向スコア

= (交絡変数：年齢/性別/会社/職種/学歴から考えて)

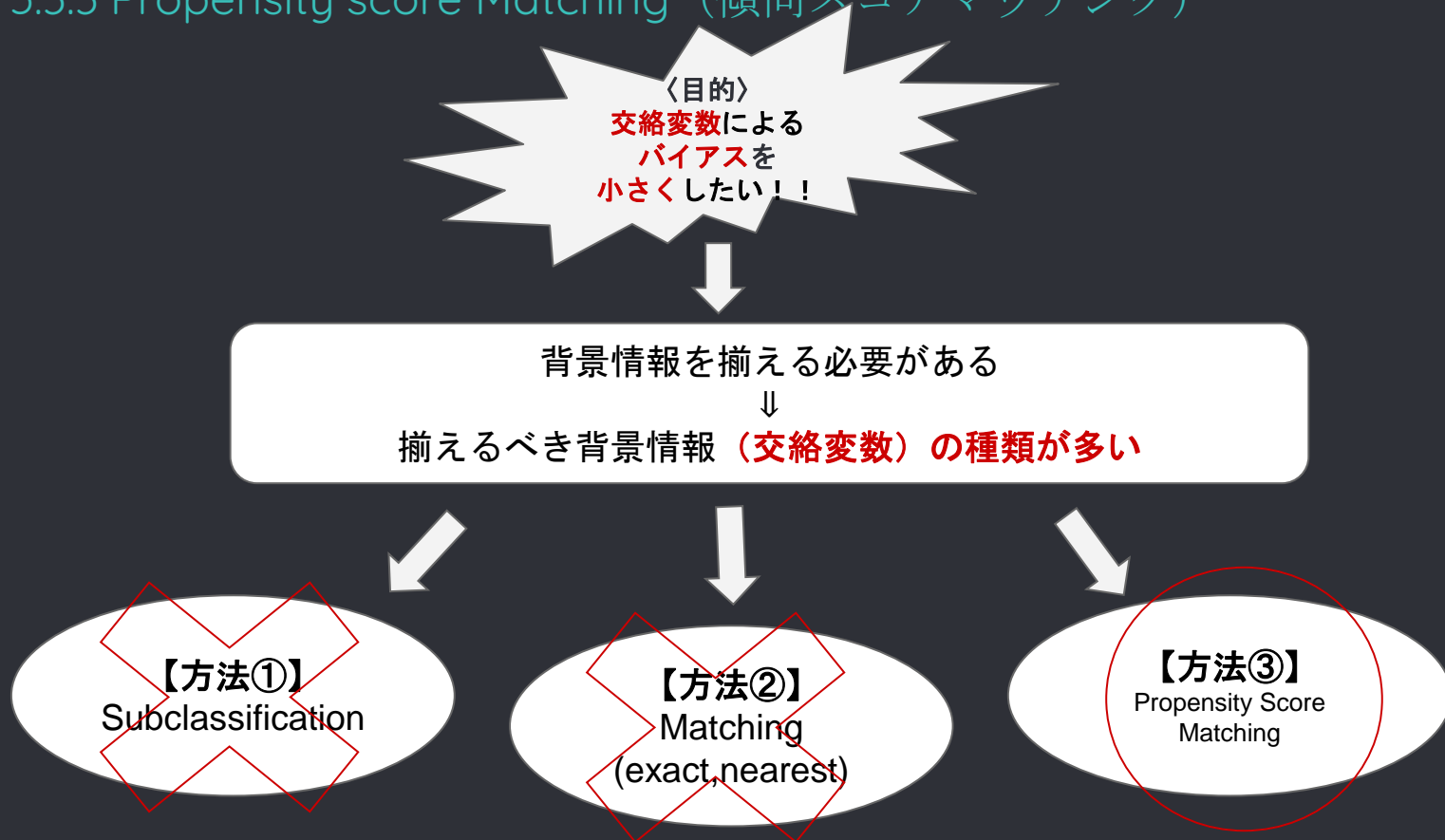
タバコを吸う(D=1) 確率

Matching



交絡変数：年齢/性別/会社/職種/学歴

● 5.3.3 Propensity score Matching (傾向スコアマッチング)



7

Example : The NSW job training program

- 5.3.4 Propensity score Matching : NSWの例 (概要)

- 例：アメリカ(NSW州)の職業訓練プログラム

サンプル：職業能力に欠けた不利な立場の労働者



ランダム化

【処置群】
仕事体験、カウ
セリングの実施など

【対照群】
処置なし

- 5.3.4 Propensity score Matching : NSWの例 (概要)

例：アメリカ(NSW州)の職業訓練プログラム

ランダムサンプリング

→交絡変数が統制されている状態

→平均処置効果が測れる

【平均処置効果】 計算式

$$\frac{1}{N_T} \sum_{D_i=1} Y_i - \frac{1}{N_C} \sum_{D_i=0} Y_i \approx E[Y^1 - Y^0] \approx ATE$$

- 5.3.4 Propensity score Matching : NSWの例 (概要)

例：アメリカの職業訓練プログラム

【平均処置効果】 計算式

$$\frac{1}{N_T} \sum_{D_i=1} Y_i - \frac{1}{N_C} \sum_{D_i=0} Y_i \approx E[Y^1 - Y^0] \approx ATE$$

【平均処置効果】 計算結果

処置群の収入 - 対照群の収入 = 約 \$ 900 ~ \$ 1800 の差

- 5.3.4 Propensity score Matching : NSWの例 (Lalonde)

- Lalonde(1986)

目的：サンプルの背景情報を合わせることの重要性の検証

方法：サンプルの背景情報をわざとずらす

①実験対照群(職能に欠けた集団から抽出)

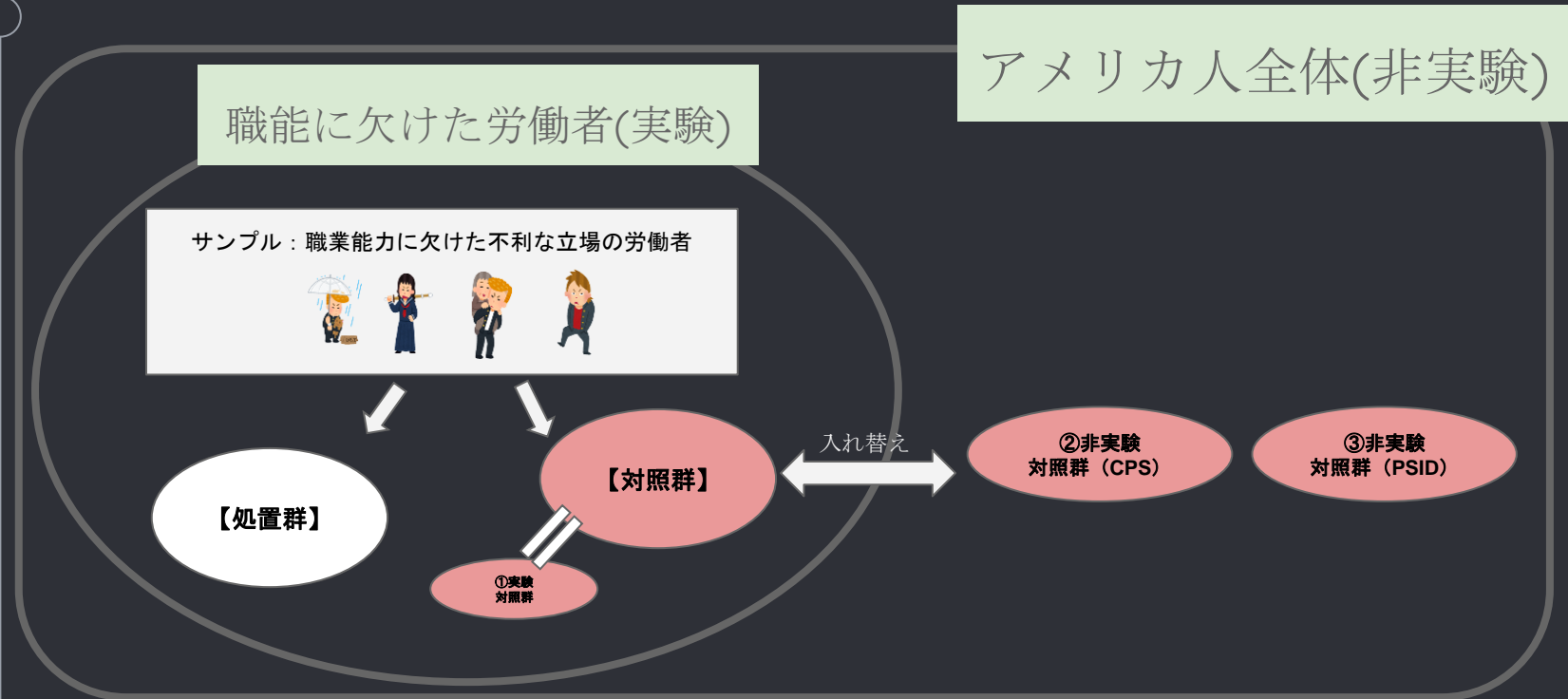
↓入れ替え

②非実験対照群(アメリカ市民集団から抽出)

結果：処置の効果が見えなくなった

5.3.4 Propensity score Matching : NSWの例 (Lalonde)

〈処置群と対照群（実験/非実験）の関係〉



5.3.4 Propensity score Matching : NSWの例 (Lalonde)

対照群

処置群

【選択バイアスあり】

実際にサンプル
の中を覗くと...

処置群と対照群：
ほぼすべての共変量の
平均値が大きく異なる

Covariate	All		CPS Controls		NSW Trainees		T-statistic	Diff.
	Mean	SD	Mean	Mean				
			$N_c = 15,992$		$N_t = 297$			
Black	0.09	0.28	0.07	↔	0.80	47.04	-0.73	
Hispanic	0.07	0.26	0.07		0.94	1.47	-0.02	
Age	33.07	11.04	33.2		24.63	13.37	8.6	
Married	0.70	0.46	0.71		0.17	20.54	0.54	
No degree	0.30	0.46	0.30		0.73	16.27	-0.43	
Education	12.0	2.86	12.03		10.38	9.85	1.65	
1975 Earnings	13.51	9.31	13.65		3.1	19.63	10.6	
1975 Unemp	0.11	0.32	0.11		0.37	14.29	-0.26	

Table 5.12: Completed matching example with single covariate

● Propensity score Matching : NSWの例 (Lalonde)

対照群 (背景情報) を
入れ替えたことで
選択バイアスが生じると

$$E[Y^0 | D = 1] \neq E[Y^0 | D = 0]$$



処置の効果が
見えなくなる

(ATE推定値に下方バイアス
がかかった)

NSW Treatment - Control Earnings					
Name of comparison group	Pre- Treatment Unadjusted	Pre- Treatment Adjusted	Post- Treatment Unadjusted	Post- Treatment Adjusted	Difference- in- Differences
Experimental controls	\$ 39 (383)	\$ -21 (378)	\$ 886 (476)	\$ 798 (472)	\$ 856 (558)
PSID-1	-\$15,997 (795)	-\$7,624 (851)	-\$15,578 (913)	-\$8,067 (990)	-\$749 (692)
CPS-SSA-1	-\$10,585 (539)	-\$4,654 (509)	-\$8,870 (562)	-\$4,416 (557)	\$195 (441)

Table 5.11: Earnings Comparisons and Estimated Training Effects for the NSW Male Participants Using Comparison Groups from the PSID and the CPS-SSA

- 5.3.4 Propensity score Matching : NSWの例 (Lalonde)

- Lalonde(1986)

目的：サンプルの背景情報を合わせることで因果推定を厳密に検証

方法：サンプルの背景情報

①実験対照群

↓入れ替え

②非実験対照群

結果：処置の効果が小さくなった

〈結論〉

サンプルの
背景情報を合わせることは大切

- 5.3.4 Propensity score Matching : NSWの例 (Dehejia and Wahba)

Dehejia and Wahba(1999)

Dehejia and Wahba(1999)

目的：傾向スコアマッチングの有効性をたしかめる

方法：傾向スコアで調整する

結果：傾向スコアマッチングは有効

- 5.3.4 Propensity score Matching : NSWの例 (Dehejia and Wahba)

【傾向スコアに必要な前提条件】

①CIA (条件付き独立性の仮定)

②Common support

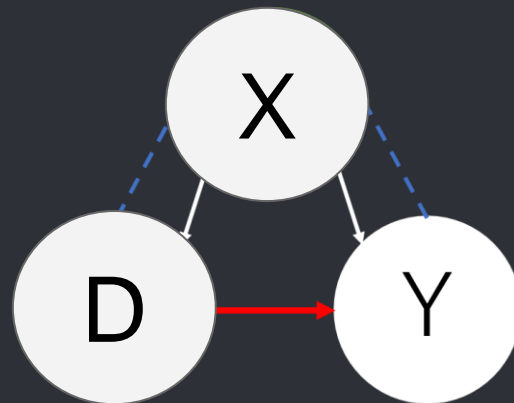
- 補足資料：①CIA（条件付独立性の仮定）とは

結果に影響を与える**共変量（X）**を所与（条件）として、**介入効果（D）**と**結果変数（Y）**が独立であることを支える

$$(Y^1, Y^0) \perp\!\!\!\perp D \mid X$$

$$E[Y^1 \mid D = 1, X] = E[Y^1 \mid D = 0, X]$$

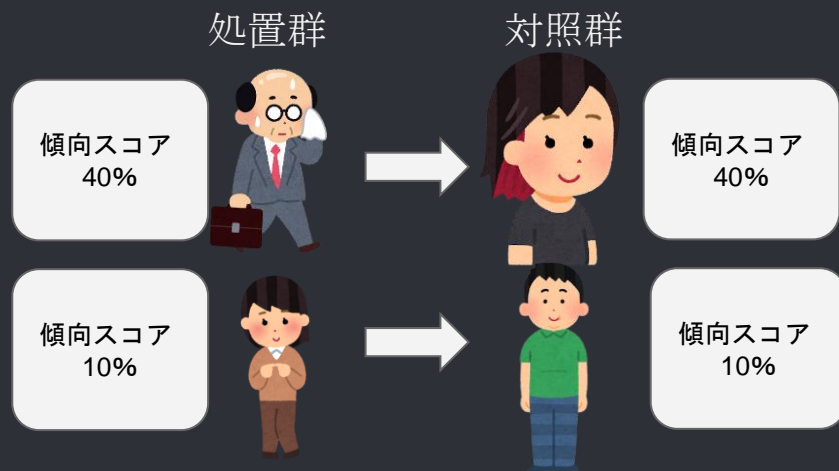
$$E[Y^0 \mid D = 1, X] = E[Y^0 \mid D = 0, X]$$



⇒Xの値を決めたときの、Y1とY0の期待値は治療群と対照群とで同じ

● 補足資料：②Common Supportとは

○ =任意の傾向スコアについて、処置群、対照群の両方にその傾向スコアのユニットが存在する



- 5.3.4 Propensity score Matching : NSWの例 (Dehejia and Wahba)

○ 傾向スコアマッチング：全体の流れ

- ① 合わせる背景情報（交絡変数）を決定
- ② 傾向スコアの算出
- ③ 傾向スコアが近い人同士でマッチング

- 5.3.4 Propensity score Matching : NSWの例 (Dehejia and Wahba)

- ◦ 傾向スコア (Propensity Score) の算出
 - 一般的には**ロジスティック**回帰分析が使われる (他の手法でも良い)

$$\Pr(D = 1 | X) = F(\beta_0 + \gamma \text{Treat} + \alpha X)$$

● 5.3.4 Propensity score Matching : NSWの例 (Dehejia and Wahba)

【各群の傾向スコアの分布：
ヒストグラム】

処置群 \Leftrightarrow 対照群：
傾向スコアの分布に偏り

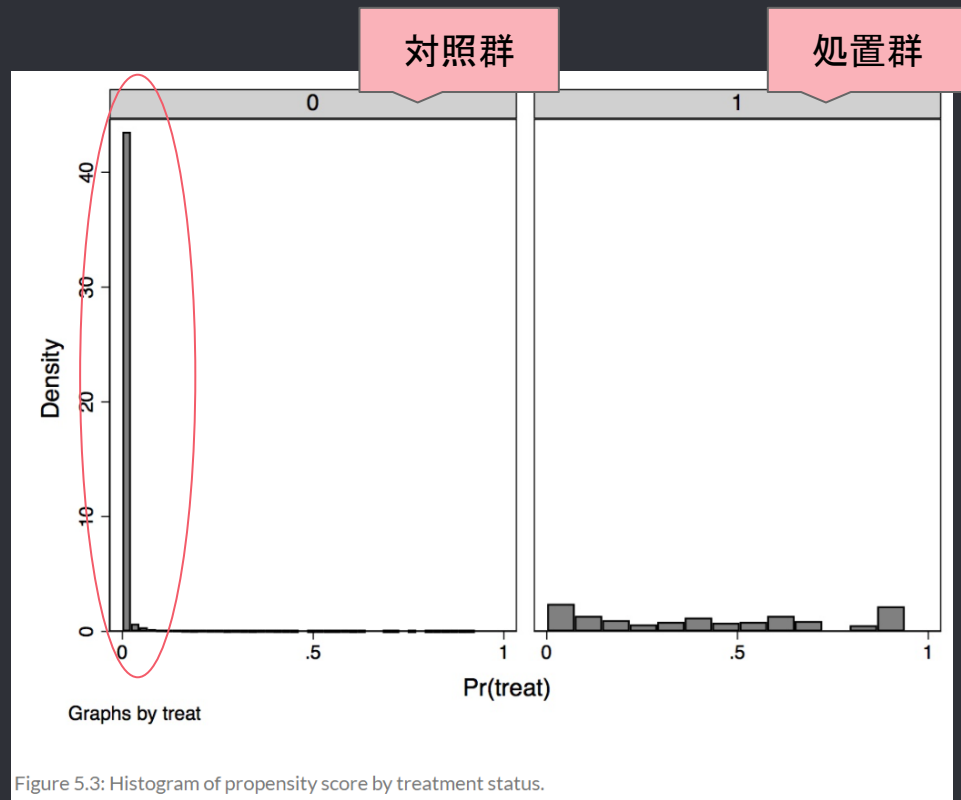


Figure 5.3: Histogram of propensity score by treatment status.

● 5.3.4 Propensity score Matching : NSWの例 (Dehejia and Wahba)

対照群の傾向スコア

CPS Control group		
Percentiles	Values	Largest
1%	5.90e-07	1.18e-09
5%	1.72e-06	4.07e-09
10%	3.58e-06	4.24e-09
25%	0.0000193	1.55e-08
50%	0.0001187	
50%	.0003544	
Percentiles	Values	Largest
75%	0.0009635	0.8786677
90%	0.0066319	0.8893389
95%	0.0163109	0.9099022
99%	0.1551548	0.9239787

Table 5.16: Distribution of propensity score for CPS Control group.

処置群の傾向スコア

Treatment group		
Percentiles	Values	Smallest
1%	0.0011757	0.0010614
5%	0.0072641	0.0011757
10%	0.0260147	0.0018463
25%	0.1322174	0.0020981
50%	0.4001992	
Percentiles	Values	Largest
75%	0.6706164	0.935645
90%	0.8866026	0.93718
95%	0.9021386	0.9374608
99%	0.9374608	0.9384554

Table 5.15: Distribution of propensity score for treatment group.

〈各群の傾向スコア分布〉

5.3.4 Propensity score Matching : NSWの例 (Dehejia and Wahba)

傾向スコアに偏り



傾向スコアでマッチング

= 処置群と対照群で

傾向スコアの分布を合わせる

⇒ 処置群の傾向スコアと

合っていないユニットを対照群から削除

= 「トリミング」

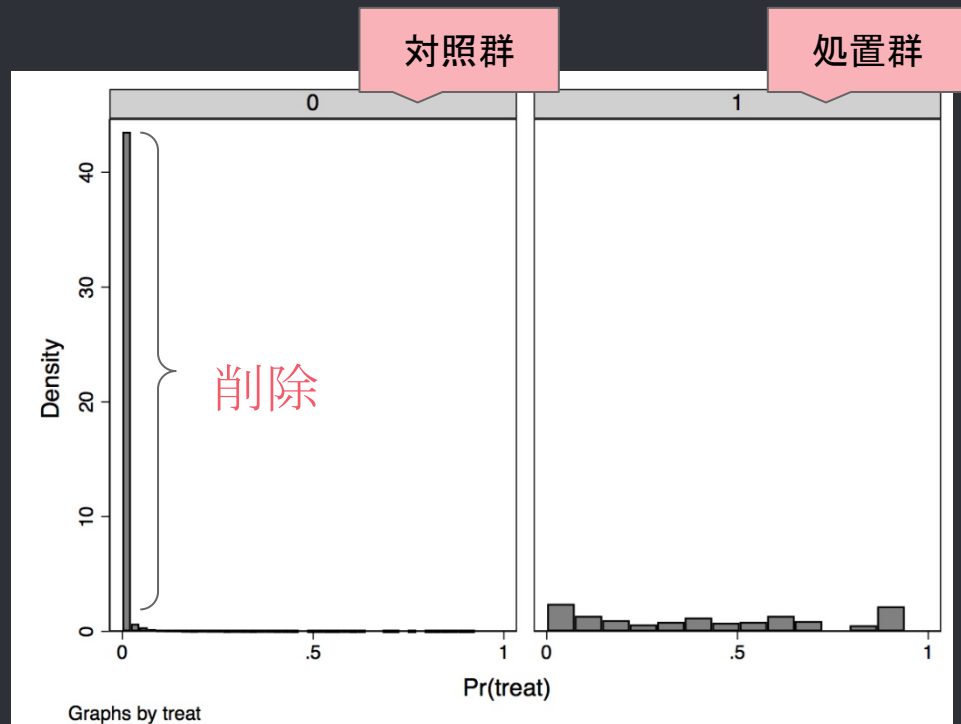


Figure 5.3: Histogram of propensity score by treatment status.

● 5.3.4 Propensity score Matching : NSWの例 (Dehejia and Wahba)

【傾向スコアがマッチしたサンプルの特性】

傾向スコアマッチングを試してみた結果...

Matched Sample	N	Age	Education	Black	Hispanic	No Degree	Married	RE74	RE75
NSW	185	25.81	10.335	0.84	0.06	0.71	0.19	2,096	1,532
PSID	56	26.39 (2.56)	10.62 (0.63)	0.86 (0.13)	0.02 (0.06)	0.55 (0.13)	0.15 (0.13)	1,794 (0.12)	1,126 (1,406)
CPS	119	26.91 (1.25)	10.52 (0.32)	0.86 (0.06)	0.04 (0.04)	0.64 (0.07)	0.19 (0.06)	2,110 (841)	1,396 (563)

Table 5.14: Sample Means of Characteristics for Matched Control Samples
Standard error on the difference in means with NSW sample is given in parentheses.

⇒ 共変量が揃った！

● 5.3.4 Propensity score Matching : NSWの例 (Dehejia and Wahba)

処置群⇔対照群の背景
情報に偏り



傾向スコアマッチング
で偏りを調整



推定に成功
(処置効果が実験対照
群と同じくらいの結果
になった)

	NSW T-C Earnings		Propensity Score Adjusted				
	Unadj.	Adj.	Quadratic Score	Stratification		Matching	
Comparison group	Unadj.	Adj.	Quadratic Score	Unadj.	Adj.	Unadj.	Adj.
Experimental controls	1,794	1,672					
	(633)	(638)					
PSID-1	-15,205	731	294	1,608	1,494	1,691	1,473
	(1154)	(886)	(1389)	(1571)	(1581)	(2209)	(809)
CPS-1	-8498	972	1,117	1,713	1,774	1,582	1,616
	(712)	(550)	(747)	(1115)	(1152)	(1069)	(751)

Table 5.13: Estimated Training Effects using Propensity Scores

- 5.3.4 Propensity score Matching : NSWの例 (Dehejia and Wahba)

Dehejia and Wahba(1999)

Dehejia and Wahba(1999)

目的：傾向スコアマッチングの有効性をたしかめる

方法：傾向スコアで調整する

結果：傾向スコアマッチングは有効

- 5.3.4 Propensity score Matching : NSWの例

- 傾向スコア = $p(X) = \Pr(D = 1 | X)$

傾向スコアを用いると

① $\Pr(D = 1 | Y^1, Y^0, p(X)) = \Pr(D = 1 | p(X)) = p(X)$

② $\Pr(D = 1 | X, p(X)) = \Pr(D = 1 | X)$
 $= p(X)$

$\Pr(X | D = 1, p(X)) = \Pr(X | D = 0, p(X))$

- 5.3.4 Propensity score Matching : NSWの例

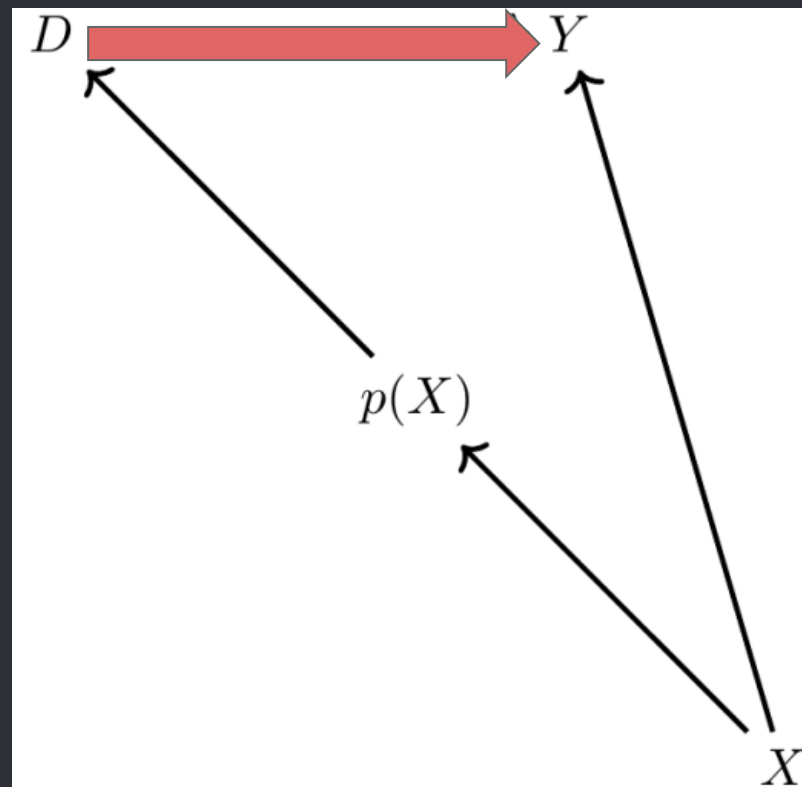
傾向スコアで
Xを揃える



DとXが独立

$$D \perp\!\!\!\perp X \mid p(X)$$

= 交絡変数 (X) を統制できた



● 5.3.3/5.3.4 傾向スコアマッチングのまとめ

〈傾向スコアマッチングの意義〉

交絡変数が多次元（多種類）である場合でも
処置群と対照群で背景情報を合わせやすい(交絡変数を統制しやすい)こと

〈傾向スコアマッチングの方法〉

- ①交絡変数の決定
 - ②傾向スコアを算出（ロジスティック回帰分析により）
 - ③傾向スコアの利用：傾向スコアの近い人同士でマッチング
- ↓
- ③傾向スコアの利用：5.3.5 重みづけをする

8

Weighting on the propensity score

- 5.3.5 Weighting on the propensity score

傾向スコアによる重みづけ

- 逆確率重みづけ推定 (IPW)
 - 本来処置を受ける確率が低いのに受けた人の処置効果もちゃんと推定に反映させたい！
(逆も然り)
 - そもそも処置を受けやすい人の方が処置効果が高いかもしれない．．．？

- 5.3.5 Weighting on the propensity score

- 逆確率重みづけ推定(IPW)

- 推定した傾向スコアの逆数を用いた重み付きの結果変数の平均値を処置群と対照群で計算し、それを用いて推定する

- 5.3.5 Weighting on the propensity score

- 逆確率重みづけ推定(IPW)

- 処置群：傾向スコアが小さいほど
サンプルに含まれない確率が高くなるため、
 $1/\hat{p}(X_i)$ をかけて重みを増やす
- 対照群：傾向スコアが大きいかほど $1/(1 - \hat{p}(X_i))$
をかけて重みを増やす

- 5.3.5 Weighting on the propensity score

逆確率重みづけ (:: CIA)

- 理論

$$\delta_{ATE} = E[Y^1 - Y^0] = E \left[Y \cdot \frac{D - p(X)}{p(X) \cdot (1 - p(X))} \right]$$

$$\delta_{ATT} = E[Y^1 - Y^0 | D = 1] = \frac{1}{P_r(D = 1)} \cdot E \left[Y \cdot \frac{D - p(X)}{1 - p(X)} \right]$$

- 5.3.5 Weighting on the propensity score

○ ATE(前式)の証明

$$\begin{aligned} E \left[Y \frac{D - p(X)}{p(X)(1 - p(X))} \mid X \right] &= E \left[\frac{Y}{p(X)} \mid X, D = 1 \right] p(X) \\ &\quad + E \left[\frac{-Y}{1 - p(X)} \mid X, D = 0 \right] (1 - p(X)) \\ &= E[Y \mid X, D = 1] - E[Y \mid X, D = 0] \end{aligned}$$

- 5.3.5 Weighting on the propensity score

逆確率重みづけ (::: CIA)

- 実務

1. ロジット/プロビット回帰を用いて傾向スコアを推定する
2. 推定されたスコアを用いて前述のATTもしくはATEのどちらかを算出する。

- 5.3.5 Weighting on the propensity score

○ ATT, ATEの式(サンプル版)

$$\hat{\delta}_{ATE} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N Y_i \cdot \frac{D_i - \hat{p}(X_i)}{\hat{p}(X_i) \cdot (1 - \hat{p}(X_i))}$$

$$\hat{\delta}_{ATT} = \frac{1}{N_T} \sum_{i=1}^N Y_i \cdot \frac{D_i - \hat{p}(X_i)}{1 - \hat{p}(X_i)}$$

● 5.3.5 Weighting on the propensity score

○ ATT, ATE推定量の分散を推定する

○ ブートストラップ法

- 元データの無作為標本を繰り返し抽出する
- その小さい標本を使って、推定量を計算する
- データ自体の異なるカットに対応する分布が得られる
- これを繰り返すことでパラメータ推定値の分布が得られ、そこから標準偏差を計算することが出来る

⇒この標準偏差が標準誤差のようになり、
パラメータ推定値の分散を知ることが出来る。

- 5.3.5 Weighting on the propensity score

○ IPWは傾向スコアの極端な値に対する感度が高い

↳正規化推定量

各グループ内で重みの和が1になり、より安定する

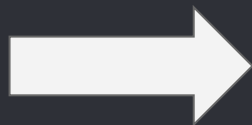
$$\hat{\delta}_{ATT} = \left[\sum_{i=1}^N \frac{Y_i D_i}{\hat{p}} \right] / \left[\sum_{i=1}^N \frac{D_i}{\hat{p}} \right] - \left[\sum_{i=1}^N \frac{Y_i (1 - D_i)}{(1 - \hat{p})} \right] / \left[\sum_{i=1}^N \frac{(1 - D_i)}{(1 - \hat{p})} \right]$$

- 5.3.5 Weighting on the propensity score

○ 実際に計算してみよう！

- 推定ATT

- 非正規化重みづけ：-\$11,876
- 正規化重みづけ：-\$7,238



なぜこんなにも違うのか？

- 5.3.5 Weighting on the propensity score

○ なぜこんなにも違うのか？

- 逆確率重みづけ

- 傾向スコアの値が非常に小さいユニットが

ATTの計算で異常な影響力をもつ. . .



トリミング！！

- 5.3.5 Weighting on the propensity score

- Crump et al. (2009)

- [0.1, 0.9]の観測値だけを保持するのが良い！！

再推定

- 非正規化重みづけ：\$2,006
- 正規化重みづけ：\$1,806 (≒\$1,794)

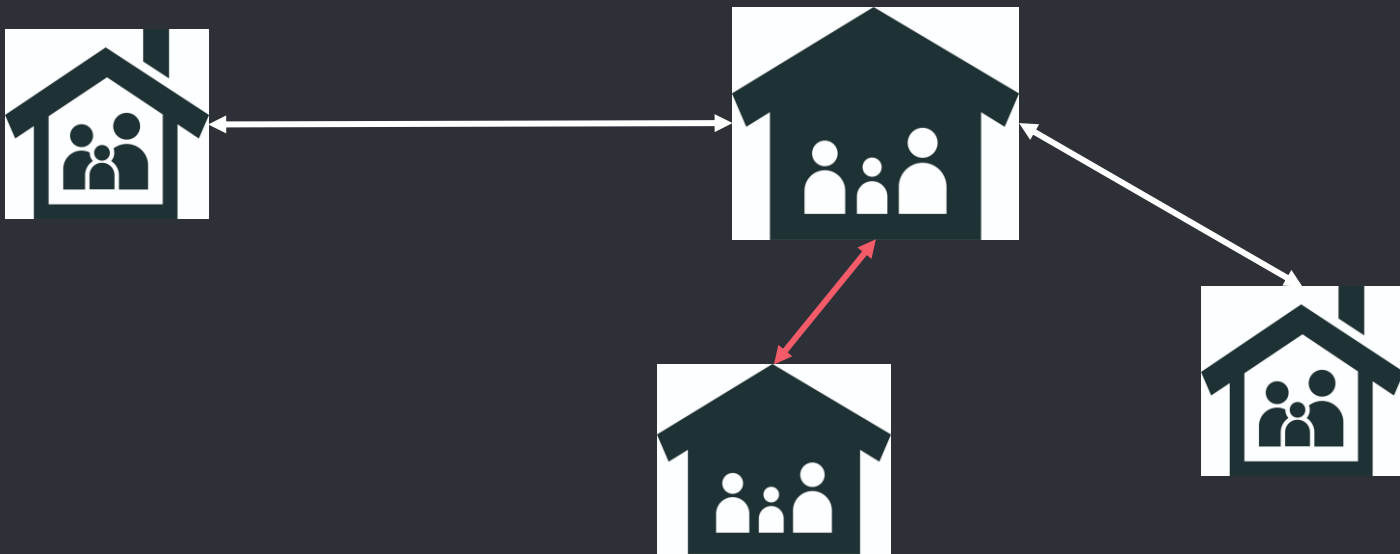
※標準誤差も計算する必要がある(ブートストラップ法)

9

Nearest-neighbor matching

- 5.3.6 Nearest-neighbor matching

Nearest-neighborとは. . . ?



- 5.3.6 Nearest-neighbor matching

○ King and Nielsen(2019)

*“The more balanced the data, or the more balance it becomes by trimming some of the observations through matching, the more likely propensity score matching will **degrade inferences**”*

- 5.3.6 Nearest-neighbor matching

- 傾向スコアモデルの推定

- IPW(逆確率重みづけ)
- Nearest-neighbor matching
(最近傍マッチング)

- 5.3.6 Nearest-neighbor matching

- 傾向スコアを用いた最近傍マッチング

- 処置ユニット i → 統制ユニット j (1 or more)

傾向スコアを用いた”距離”が最も近いもの

- 統制ユニットの結果 → matched sample

- 5.3.6 Nearest-neighbor matching

- ◦ ATTの算出

- 5人の最近傍を使用

↳ 5人の平均アウトカムを各処置ユニットにマッチさせる

$$\widehat{ATT} = \frac{1}{N_T} (Y_i - Y_{i(j)})$$

→ \$1,725 [p < 0.05] (≐ \$1,794)

10

Coarsened exact matching

- 復習 : Exact Matching

○ Exact matching

- データ内の共変量が**完全に一致**するケース同士をマッチングさせる

でも...

共変量が連続変数、多次元の場合、
「完全に一致」ケースは無い場合がほとんど

- 復習 : Exact Matching

F

データを十分に粗くすると、
exact matchingが
可能になるかも????

共有

「完全に一致」ケースがほとんど

- 5.3.7 Coarsened exact matching

○ データを粗くする(coarsen the data)って??



カテゴリ変数を作成する

(e.g., 0歳から10歳、11歳から20歳)

- 5.3.7 Coarsened exact matching

- Coarsened exact matching[CEM]
(Iacus, King, and Porro 2012)

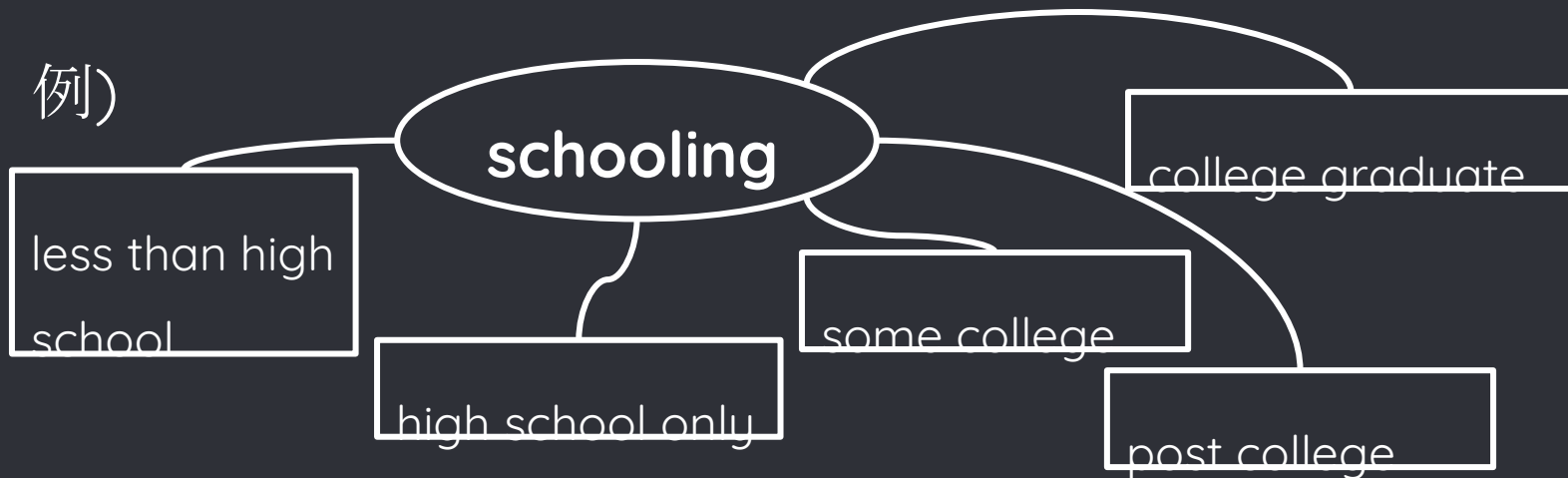
- I. 共変量をいくつかの層へ分割する。
- II. 各層にそれぞれ該当する処置・統制ユニットを入れる。
- III. 最低1つ以上の処置・統制ユニットがない層は削る。
- IV. 各層の処置・統制ユニットの結果変数の差分を計算し、すべての層に対して加重平均を取る

- 5.3.7 Coarsened exact matching

1. 共変量をいくつかの層へ分割する。

- ユーザーが設定したカットポイント
- CEMの自動ビンニングシステム

例)



● 5.3.7 Coarsened exact matching

CEMではデータを粗くすることで、マッチング解の不均衡を制御することができる



ビン(階級幅)が大きい
↳ データが粗くなる
↳ 層が少なくなる
↳ 同じ層内の観測値が多様になる
↳ 共変量がより不均衡になる

● 5.3.7 Coarsened exact matching

トレードオフ


CEMではデータを粗くすることで、マッチング解の不均衡を制御することができる



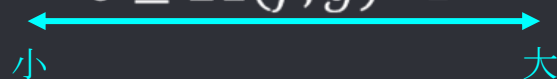
ビン(階級幅)が大きい
↳ データが粗くなる
↳ 層が少なくなる
↳ 同じ層内の観測値が多様になる
↳ 共変量がより不均衡になる

- 5.3.7 Coarsened exact matching

不均衡ってどう測定するの？


$$L1(f, g) = \frac{1}{2} \sum_{l_1, \dots, l_k} |f_{l_1 \dots l_k} - g_{l_1 \dots l_k}|$$

- 意味

$$0 \leq L1(f, g) \leq 1$$


小 大

- Fとg→処置・統制ユニットの相対頻度

5.3.7 CEM

実際に推定してみよう！

(NSW)

- ATE推定量
→ \$2,152 (> \$1,794)
- L1(不均衡)
→ 0に近い！！

Covariate	L1	Mean	Min.	25%	50%	75%	Max.
age	.08918	.55337	1	1	0	1	0
agesq	.1155	21.351	33	35	0	49	0
agecube	.05263	626.9	817	919	0	1801	0
school	6.0e-16	-2.3e-14	0	0	0	0	0
schoolsq	5.4e-16	-2.8e-13	0	0	0	0	0
married	1.1e-16	-1.1e-16	0	0	0	0	0
nodegree	4.7e-16	-3.3e-16	0	0	0	0	0
black	4.7e-16	-8.9e-16	0	0	0	0	0
hispanic	7.1e-17	-3.1e-17	0	0	0	0	0
re74	.06096	42.399	0	0	0	0	-94.801
re75	.03756	-73.999	0	0	0	-222.85	-545.65
u74	1.9e-16	-2.2e-16	0	0	0	0	0

11

Conclusion

What methods did we learn in this chapter?

● 5.4 Conclusion

❖ Subclassification

❖ Matching

➤ Exact Matching (厳格なマッチング)

■ Coarsened exact matching

➤ Approximate Matching (近似一致)

■ Nearest-neighbor Matching (最近傍マッチング)

■ Propensity score Matching (傾向スコアマッチング)