

TRAJ プロシジャを用いた縦断測定データ解析方法

○石渡量太、橋口正行、志賀剛

(¹東京慈恵医科大学 医学部臨床薬理講座)

Analysis method using Group-based modeling of longitudinal data

Ryota Ishiwata, Masayuki Hashiguchi, Tsuyoshi Shiga

Clinical Pharmacology and Therapeutics, The Jikei University School of Medicine,

要旨

近年、大規模なデータベースが利用できるようになり、より多くの時点を扱うような経時的な変化に関する縦断的データを扱うことができるようになった。複数の時点で測定された縦断データは、仮説検定において検出力を高めるだけでなく、横断データや 2 時点の観測データでは対処できない仮説を検証できる。これまで多くの分析手法が開発され、マルチレベルモデリング（階層線形モデル (HLM)、潜在成長（曲線）モデル、混合効果モデル）は、縦断的データをモデル化する潜在成長曲線モデルの代替手段である。

本発表ではこれらのモデルのうち Nagin らにより開発された集団軌跡モデル（GBTM）(Nagin 1999) に焦点を当て、その概要と TRAJ プロシジャの詳細な使用方法と機能に焦点を当てて解説する。さらに、共変量を入れるステートメントやグラフを描画するためのステートメント、オプションについて解説する。

本稿では、この TRAJ プロシジャを用いて、診療データベースの処方箋レコードデータを用いて GTBM を実装する方法を紹介する。

キーワード：経時測定データ，集団軌跡モデル

はじめに

大規模データベースでは、既に収集されているデータを用いて特定の治療法や介入の効果を後ろ向きに評価する研究が実施される。後ろ向きコホート研究は、過去の医療記録からある疾患の発症と特定の治療法の関係を調べるなど、縦断データを用いて時間の経過とともに要因がどのように変化し、結果にどのような影響を与えるかを分析する。多くの研究では、各時点のデータに平均値を算出して時間的な変化を分析する。時間の経過とともにデータに変化が生じる場合、平均値などでまとめた分析では潜在的な（観測することのできない）個人内の差や個人間の差（変動）を単純化してしまうため、これらの情報を適切に分析できていないことがある。(Nguefack, 2020)

例えば、服薬アドヒアランスを評価する場合、「薬所持率」(MPR)や「対象日数の割合」(PDC) (Pednekar 2018)の2つの指標を用いて、評価したい期間の平均値の推移を全症例やサブグループで評価する。服薬アドヒアランスには、個人の行動パターン（生活のリズム、通院の利便性など）や個人の考え（自己判断で服用を中止、経済的な理由など）などさまざまな要因による影響が服薬状況に変化をもたらすと考えられる。(池野 2014) そのように変化のパターンに違いがあると考えられ、時系列の変化に個人差があるのかを検討したい場合、時系列に伴う変化のパターンの個人差をうまく分析する方法を用いる。潜在クラスモデリング手法、成長混合モデリング (GMM)、集団軌跡モデル (GBTM)、潜在クラス分析 (LCA)、潜在遷移分析 (LTA) などがある。(大橋 2023) 本稿では、集団軌跡モデル (GBTM) に注目して、SAS の TRAJ プロシジャを用いた経時測定データ解析を行う方法を紹介する。

1. グループベース軌跡モデリング (GBTM)

軌跡 (trajectory) とは、時間経過に伴って変化する様相や増加または減少といった方向性を表す。疫学調査や後ろ向きコホート研究 (縦断研究) では、時間経過に伴う変数の軌跡に加えて、変数 (共変量) がその軌跡 (変化の様相、形状) にどのように影響を及ぼすかについて検討する。縦断データ (繰り返し測定されたデータ) の様相を分析する方法として、階層マルチレベルモデリングと潜在曲線分析 (階層線形モデル (HLM)、潜在成長 (曲線) モデル、混合効果モデル) があり、グループベース軌跡モデリング (GBTM) もその一つである。(高橋 2015) 階層マルチモデリングと潜在曲線分析では、母集団の平均軌跡を推定し共変量を用いてこの平均の変動を検討する。GBTM は集団内に潜在的な異なるサブグループが存在すると仮定し、それらのグループごとに異なる変化パターンをモデル化する手法です。この GTBM では、個々の患者の治療経過を時系列データとして扱い、関数を当てはめることで、疾患の進行パターンや治療反応のサブグループを確率に基づいて分類することができる。(Nguena Nguefack, Pagé et al. 2020) 近年、GBTM を用いた研究結果が多く報告されている。(Ishiwata, AlAshqar et al. 2024) (Hamada, Thomas et al. 2025)

GBTM は、最大尤度法 (Maximum Likelihood Estimation) に基づいて推定する。この方法では、観測されたデータが最も高い確率で説明されるように、軌跡グループの特徴 (平均的な傾向や変化のパタ

ーン) を決定します。個人ごとに、どの軌跡グループに属する可能性が高いかを計算し、最も適したグループに分類する。(Nagin 1999)

経時的に繰り返し測定された値の分布：アウトカムの軌跡を表す分布を $P(Y_i|Time_i)$ で表す。ランダムベクトル (Y_i) は個人 (i) の繰り返し測定された値（縦断的に時間とともに変化するデータ）、ベクトル $Time_i$ は個人のアウトカムが測定された時点 (i) を表す。ここで J は、なんからの軌跡を辿る母集団分布で未知の J グループによる有限混合モデルと仮定する。GBTM は軌道の母集団分布が未知の J 有限混合モデル（クラスタ）をもち、それぞれのクラスタが混合する確率分布から生じると仮定している。個人 (i) の尤度はグループ数 (J) によって条件付けられており、以下のように表す。

$$P(Y_i|Time_i) = \sum_{j=1}^J \pi^j P(Y_i|Time_i, j; \beta^j)$$

個人 (i) の観測データ (Y_i) の尤度は、グループの数 J に依存する。ここで π^j はグループメンバーシップ (j) に対する確率 $(0 \leq \pi^j \leq 1, \sum_{j=1}^J \pi^j = 1)$ であり、 $P(\cdot)$ は j 番目のクラスのモデルにおける応答変数の条件付き確率密度関数である。

グループ (j) に属する個人 (i) の (Y_i) の条件付き分布は、グループ固有の軌道の形状を決める未知のパラメータベクトル β^j 、グループ特有の軌跡の形状（1 次、2 次、3 次関数）を指標化する。（軌道は時間を最大 3 次の多項式によってモデル化する。）グループ (j) について、条件付き独立の仮定のもと、評価期間 T ポイントでの (Y_i) と (Y_{it}) のパラメーターの最適化（逐次合成）によって仮定される。

$$P(Y_i|Time_{it}, j; \beta^j) = \prod_{t=i}^T p(y_{it}|Time_{it}, j; \beta^j)$$

ここで $p(\cdot)$ はグループ (j) に属する個人 (i) のタイムポイント (t) における変数 y_{it} の条件付き確率分布である。PROC TRAJ ではこの $p(\cdot)$ のモデルにいくつかの確率分布：打ち切り正規分布（CNROM）、ゼロ過剰ポアソン分布（ZIP）、ベータ分布、およびベルヌーイ分布（ロジスティックモデル）を指定できる。 Y_i の条件付き分布は、未知のパラメータベクトル β^j （グループ固有の軌道の形状を特定する）に依存する。グループ (j) における、条件付き独立を仮定する。

GBTM では推定される軌跡とその軌跡がグループに所属する確率に加え、個人 (i) がそれぞれのグループ (J) に属する確率：事後確率推定量（PPGM $_j$ ）を算出する。ベイズ則に基づいて、事後確率が最大となるパラメータの推定方法（Maximum A Posteriori estimation）により $\hat{\beta}^j$ と $\hat{\pi}^j$ を解を出す。

$$\hat{P}(j|Y_i) = \frac{\hat{P}(Y_i|j)\hat{\pi}_j}{\sum_j \hat{P}(Y_i|j)\hat{\pi}_j}$$

グループメンバーシップ事後確率 (j) は、時間の経過に伴って変化する個人のデータ (Y_i) が軌跡 (j) のア

ウトカムである確率である。

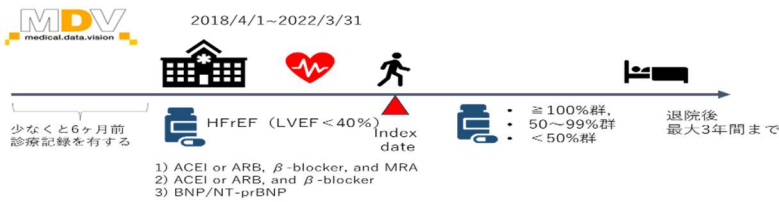
$$\hat{P}(j|Y_i) = \frac{\hat{P}(j|Y_i)}{\sum_j^J \hat{P}(j|Y_i) \hat{\pi}_j}$$

個人(i)がそれぞれのグループ(J)に属する確率の合計は1になり、最も高い事後確率（PPGMj）が算出されたグループに割り当てられる。（Maximum Probability Assignment）。内的整合性は、グループの個人(i)の平均事後確率に近似する。そのグループメンバーシップの平均事後確率が>0.70 ～ 0.80 を超える場合、そのグループは同じ変化パターン（軌跡）を持つ個人のグループとみなす。（Nagin,2025）

2. 本稿で使用する事例データ

本稿では、MDV 診療データベースを用いた後ろ向きコホート研究のデータを用いる。（石渡,2024）

図 1 試験デザイン（心不全により初回入院した心不全患者を選択）



この事例データから、退院時より少なくとも 1 年間の診療記録を有する患者を対象とし、それらの患者における処方箋（β 遮断薬）の処方パターンを評価する。評価方法として、退院日から monthly（30 日間）期間を区切り、その monthly における処方記録（処方日数分）を 30 日で割り、Monthly PDC を算出した。Monthly PDC が ≥0.8 を服薬アドヒアランス(=1)、<0.80 を服薬 non-アドヒアランス(=0)の二値データと定義した。

表 1 本稿で使用する解析データ (N=19132)

ID	退院後（期間）	処方薬（日数）	PDC	服薬アドヒアランス（PDC ≥ 0.8）
001	1 st month	30 日分	30/30 = 1.0	アドヒアランス（1）
	2 nd month	15 日分	15/30 = 0.5	ノンアドヒアランス(0)
	3 rd Month	0 日分	0/30 = 0.0	ノンアドヒアランス(0)

3. TRAJ プロシジャ

3.1 SAS code

本節では TRAJ プロシジャの基本的な構文を以下に示す。PROC TRAJ は Base SAS, SAS/STAT 分析プロシジャには含まれていないので、以下のリンク（www.andrew.cmu.edu/~bjones）から SAS programs

がダウンロードできる。

```
PROC TRAJ;
  ID; VAR; INDEP;
  MODEL; ORDER; START; WEIGHT;RISK; REFGROUP;TCOV; PLOTTTCOV;
  MIN; MAX; RORDER; /* cnorm options */
  IORDER; EXPOS; /* zip options */
  OUTCOME; OMODEL; OCOV; /* outcome model */
  DROPOUT; DCOV; OBSMAR; /* dropout options */
  MULTGROUPS; MULTRISK; /* multi-trajectory */
```

PROC TRAJ 文の主なオプションを以下に示す。

*Data をサブセットする “where” 構文は PROC TRAJ では指定できない。

INPUT ファイル:

DATA 解析データセット

OUTPUT ファイル:

OUT グループ分けとグループに所属する確率

OUTSTAT TRAJPLOT macro より算出したパラメータ推定値

OUTPLOT 軌跡プロットデータ

OUTEST パラメータと共分散の行列推定値

ITDETAIL モデルの最適化をイテレーティブに最小値を求める

/******

ID; 個人識別番号

VAR; 従属変数 測定時点 (例: 1 カ月後、2 カ月後..) 例: VAR V1-V12;

INDEP; 測定時点の変数を指定 例: INDEP T1-T12;;

MODEL; 従属変数の確率モデルを指定 (BETA, CNORM, ZIP, LOGIT): 例: Logit

ORDER; 多項式: 各群の軌跡の関数 (0=intercept, 1=linear, 2=quadratic, 3=cubic)

/*確率モデルを指定した場合*/

/* CNORM */

MIN; (CNORM) 打ち切り最小値 e. g.) 1 (デフォルト 0)

MAX; (CNORM) 打ち切りの最大値

RORDER; (CNORM) 各グループのランダム成長曲線パラメータ (-1=なし, 0=切片, 1=1 次関数, 2=2 次関数, 3=3 次関数) グループに共有のランダム成長曲線パラメータを設定する場合、単一の値を指定する e. g.) RORDER 0 or RORDER 0 0 0 0;

/*ゼロ過剰モデル (ZIP) */

IORDER; (ZIP) 各グループのゼロ過剰モデルパラメータ (0=切片, 1=1 次関数, 2=2 次関数, 3=3 次関数) ポアソン分布を使ったゼロ過剰ポアソンモデルには、どのグループにも -1 を指定する。各グループに共通の過剰モデルを指定する e. g.) IORDER 1 1 1 1 ; or IORDER 2;

EXPOS;	(ZIP) 変数 e. g.) EXPOS E1-E8;
START;	パラメータの開始値 e. g.) SAS ログを参照
RISK;	独立変数 (グループメンバーシップ (群分け) の確率を説明する) を指定 e. g.) 教育レベル
REFGROUP;	独立変数 (コントロールレファレンスを指定) 例: デフォルト (0)
TCOV;	時間依存共変量 e. g.) TCOV C1-C8
PLOTTCOV;	グループ軌跡を算出する時間依存共変量の値 (設定する値は TCOV で指定した変数の数と同じ数にする) e. g.) PLOTTCOV 0 0 0 0 1 1 1 1
WEIGHT;	重み付き尤度関数における重み付け変数 (サンドイッチ推定量を用いたパラメータ推定値の共分散行列)

その他の options については以下を参照する。(TRAJ SAS)

3.2 モデルを選択

GBTM を実施するにあたり、以下の手順によりモデルを選択する。(Troiano , 2023)

1. 医学専門家や参考文献などを基に、適切なグループ分けの数を仮定する。
2. モデルの検討
 - i. 検討するグループ数は 1 グループから多くても 7 グループで特定する (各グループは全体の $\geq 5\%$ のサンプル数を有する)
 - ii. 軌道の形状 (各軌道の一次、二次、および三次関数) を特定する。
3. モデルの適合度をベイズ情報 (BIC)、割当てられた平均事後確率など指標を用いて評価する。
4. グラフ化してその当てはまりを確認して、実質的な解釈などを評価する。

解析結果:TRAJ プロシジャを実行すると、収束診断の結果やプロット, MODEL 文で指定したパラメータおよび パラメータ推定値、事後確率などが出力される。

① SAS code と Output	
PROC TRAJ	
DATA= PDC OUTPLOT=OP CI95M OUTSTAT=OS	
OUT=POST_OF_all OUTEST=OE ITDETAIL;	
ID patientid;	
VAR PDC_beta_1mo PDC_beta_2mo PDC_beta_3mo PDC_beta_4mo	
PDC_beta_5mo PDC_beta_6mo PDC_beta_7mo PDC_beta_8mo	
PDC_beta_9mo PDC_beta_10mo PDC_beta_11mo PDC_beta_12mo;	
INDEP T1-T12;	
MODEL LOGIT; NGROUPS 4; ORDER 3 3 3 3;RUN;	

%TRAJPLOT(OP,OS,,', "Adherence", 'Beta-blocker with 4 groups')					
Maximum Likelihood Estimates Model: Logistic (LOGIT)					
Group	Parameter	Estimate	Standard Error	T for H0: Parameter=0	Prob > T
1	Intercept	0.75322	0.07570	9.950	0.0000†
	Linear	-1.21569	0.06757	-17.993	0.0000†
	Quadratic	0.05892	0.01378	4.276	0.0000†
	Cubic	0.00146	0.00075	1.941	0.0522†
2	Intercept	1.64389	0.14565	11.286	0.0000†
	Linear	0.96474	0.08738	11.041	0.0000†
	Quadratic	-0.26547	0.01504	-17.653	0.0000†
	Cubic	0.01318	0.00076	17.436	0.0000†
3	Intercept	1.26819	0.06866	18.469	0.0000†
	Linear	1.11269	0.05631	19.760	0.0000†
	Quadratic	-0.13178	0.01021	-12.908	0.0000†
	Cubic	0.00417	0.00051	8.106	0.0000†
4	Intercept	0.57013	0.10664	5.346	0.0000†
	Linear	-0.96133	0.07513	-12.796	0.0000†
	Quadratic	0.22217	0.01393	15.945	0.0000†
	Cubic	-0.01102	0.00073	-15.056	0.0000†
Group membership					
1	(%)	21.66602	0.30643	70.704	0.0000†
2	(%)	9.70043	0.23667	40.987	0.0000†
3	(%)	60.94793	0.39637	153.764	0.0000†
4	(%)	7.68562	0.26399	29.114	0.0000†
BIC= -68293.42 (N= 229584) BIC= -68269.82 (N= 19132) AIC= -68195.16 ll= -68176.16					

表 2 に各グループ(2,3,4,5,6)の PROC TRAJ を実行した解析結果(BIC と各グループの割合(%))を示す。BIC が最も小さい値をもつモデルが優先するため、BIC が改善されなくなるまでグループ分け評価を続ける。各モデルの BIC を用いてそれぞれ比較したいモデルを評価する。その評価方法は、複雑なモデル（より多くの軌道の数を持つモデル）から、よりシンプルなモデル（軌道数が少ないモデル）の BIC の差（対数ベイズ係数の推定値）で評価する。(Jones et al., 2001)

対数ベイズ係数の推定値を解釈する指標を示す。

BIC の差 (2log ≈ 2 (BIC))	
0~2	Weak evidence
2~6	Moderate evidence
6~10	Strong evidence
>10	very strong evidence

グループ分けの数多くても 7 グループ（解釈できる範囲内であること）され、各グループは少なくとも全体の 5%以下にならないことが推奨される。この Guideline に従い、BIC が最も小さい統計量をもつ Group 5 を選択する。医学専門家との協議により Group 5 においてグループ 1 と 2 を区別することは臨床的に解釈しづらいため、本稿では Group 4 を採用した。（図 3）

表 2 : BIC 統計量 Group 2,3,4,5,6

Group	BIC	~2BIC	グループ (%)
2	-78436.03		70.6(%) 29.4(%)
3	-71987.50	6448.53	10.7(%) 66.5(%) 22.7(%)
4	-68293.42	3694.08	21.7(%) 9.7(%) 60.9(%) 7.7(%)
5	-66759.23	1534.19	6.5(%) 7.2(%) 59.0(%) 19.4(%) 7.9(%)
6	-67102.28 (収束しない)	-343.05	8.1(%) 7.1 (%) 10.1 (%) 54.8 (%) 14.9 (%) * 4.9(%)

3.3 軌道の形状の選び方について

軌道の形状 (Liner, Quadric, Cubic) を選ぶにあたり、まずは軌跡の形状をすべて 3 次関数(cubic)に設定したモデルから評価する。e.g.) MODEL LOGIT; NGROUPS 4; ORDER 3 3 3 3; /*3 次関数*/

パラメータの数を最小限に抑えながら適切なモデルを選ぶ (モデルの儉約性) ために、統計的に有意性が確認できた次項をそれぞれ選択する。(Helgeson, Snyder et al. 2004) ただし、3 次関数と 2 次関数 に統計的な有意性が確認できなかった場合、1 次関数を選択する。(Louvet, Gaudreau et al. 2009)

選択した 4 グループ分けの結果 (SAS code と Output) より、それぞれのグループに設定する多項式を検討する。グループ 1 のパラメーターは 3 次 (p-value=0.052) 2 次 (p=0.000) なので、グループ 1 は 2 次を選択した。同様にグループ 2、3、4 において 3 次 (p-value=0.000) を選択する。また、すべての次項を 2 次で選択した場合、BIC は-68510.61 であった。モデル (2,3,3,3) とモデル (2,2,2,2) の BIC の差は、2BIC = -68266.79 - (-68510.61) = 243 であった。

3.4 モデルの適合度

モデルの適合度について、各グループの事後確率の平均値で検討する。症例ごとに算出された事後確率(Posterior probability)より最大の値をとるグループに割り付ける。(Maximum Probability Assignment)。内的整合性は、データからグループ分けされたの平均事後確率に近似するため、そのグループの平均事後確率が $>0.70\sim0.80$ を超える場合、そのグループは同じ変化パターン(軌跡)を持つ個々のグループとする。

例) Group 3: $(0.93 + 0.99 + 0.99) / 3 = 0.97$ (SAS code : OUT=Post_of_all)

ID	Group 1 Probability	Group 2 Probability	Group 3 Probability	Group 4 Probability	Group
1	0.000000	0.000767	0.932525	0.066708	3
2	0.999998	0.000000	0.000000	0.000002	1
3	0.000000	0.000931	0.997594	0.001475	3
4	0.000000	0.000000	0.058984	0.941015	4
5	0.999991	0.000007	0.000000	0.000002	1
6	0.000000	0.000011	0.999849	0.000141	3

3.5 開始値の設定について

PROC TRAJ は最尤推定の閉形式解 (a closed form solution) を持たない非線形モデルを近似する。閉形式解の代替方法として、尤度のパラメータ空間を繰り返し検索して最尤解を求める開始値を設定する。デフォルト (開始値 (start value) を設定しない) では、TRAJ procedure で従属変数の範囲または標準偏差に基づいてグループ切片を計算して、その値をデフォルトの開始値として設定する。(グループのサイズ数は均等に設定 例: 4 つのグループを仮定した場合、25%)

SAS ログ :

```

Start:
Parameter estimates
-2.523450  0.000000  0.000000  0.000000  -0.174747  0.000000
0.000000  0.000000  1.647980  0.000000  0.000000  0.000000
-3.000000  0.000000  0.000000  0.000000  25.000000  25.000000
25.000000  25.000000  0.000000  0.000000  0.000000  0.000000

```

モデルの複雑さやデータの特徴により GBTM の適合度が悪くなること、またデフォルトの Start value では GBTM が収束しないことがあるので開始値 (Start value) の設定を推奨する。その開始値を設定する手順を以下に示す。それぞれのグループの軌道の形状について、次項 (0 は切片モデル、1 は線形モデル、2 は二次式、3 は三次式) を特定する。

モデルに組み入れる適切な次項 (order) は 1 グループは 2 次関数、2,3,4 グループは 3 次関数とした。SAS ログに設定したモデルのパラメータ推定値が出力されるので、選択した各パラメータの次項 (1 次、2 次、3 次) に合わせて開始値、また Intercept を設定する。(以下)

SAS ログ

Start:

Parameter estimates

0.753224	-1.215689	0.058925	1.643889	0.964739	-0.265470
0.013180	1.268195	1.112693	-0.131777	0.004173	0.570134
-0.961328	0.222170	-0.011017	21.666019	9.700432	60.947926
7.685623	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000

SAS code に Start value を設定

```

/*Parameter estimates*/
START 0.753224 -1.215689 0.058925 /*0.001460 */
      1.643889 0.964739 -0.265470 0.013180
      1.268195 1.112693 -0.131777 0.004173
      0.570134 -0.961328 0.222170 -0.011017
      21.666019 9.700432 60.947926 7.685623;

RUN;

```

選択した 4 グループ分けモデル解析結果：Group 4 BIC-68266.79, 各グループの事後平均確率：

1)0.98, 2)0.95, 3)0.98, 4)0.87 であり全ての Groups は 0.8 以上であった。

LCGM の最近の拡張機能：「CI95M」をプログラムに追加「%TRAJPLOTNEW」により 95%信頼区間を計算可(Jones & Nagin, 2007)

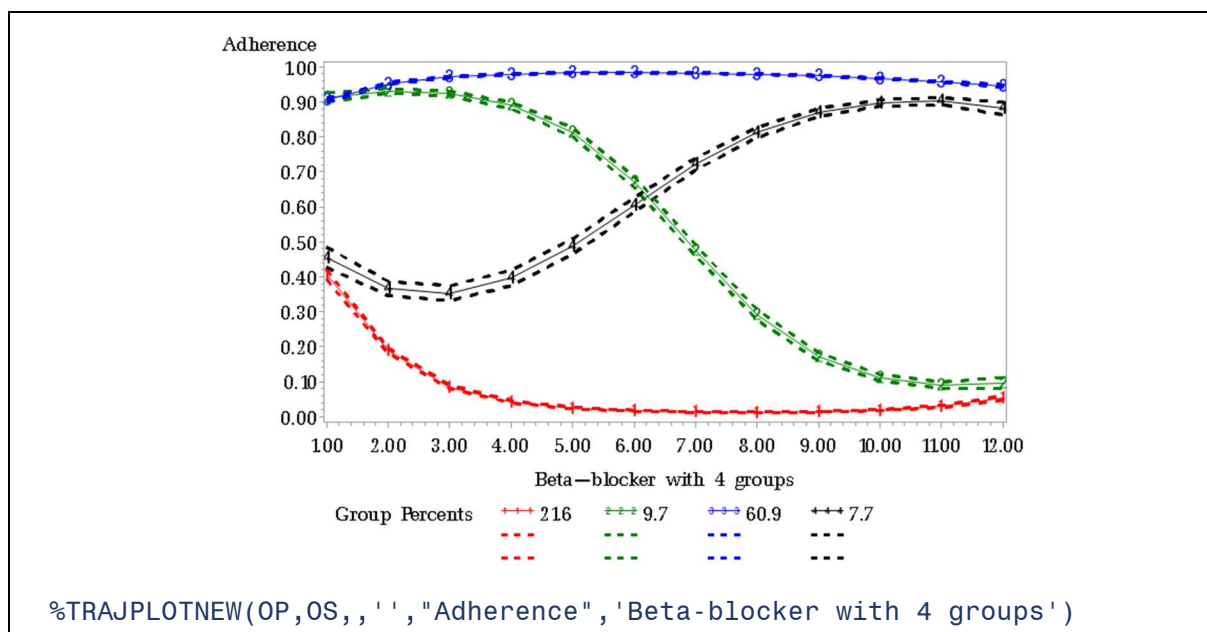
Maximum Likelihood Estimates
Model: Logistic (LOGIT)

Group	Parameter	Estimate	Standard Error	T for H0: Parameter=0	Prob > T
1	Intercept	0.86794	0.04763	18.223	0.0000†
	Linear	-1.33661	0.02711	-49.301	0.0000†
	Quadratic	0.08540	0.00219	39.081	0.0000†
2	Intercept	1.64318	0.14497	11.334	0.0000†
	Linear	0.95979	0.08719	11.008	0.0000†
	Quadratic	-0.26477	0.01501	-17.640	0.0000†
	Cubic	0.01316	0.00075	17.438	0.0000†
3	Intercept	1.26753	0.06877	18.432	0.0000†
	Linear	1.11587	0.05637	19.795	0.0000†
	Quadratic	-0.13239	0.01022	-12.956	0.0000†
	Cubic	0.00420	0.00052	8.155	0.0000†
4	Intercept	0.56972	0.10675	5.337	0.0000†
	Linear	-0.95862	0.07529	-12.732	0.0000†
	Quadratic	0.22189	0.01397	15.880	0.0000†
	Cubic	-0.01100	0.00073	-14.986	0.0000†

Group membership

1	(%)	21.64858	0.30649	70.635	0.0000†
2	(%)	9.73032	0.23656	41.132	0.0000†
3	(%)	60.92874	0.39695	153.492	0.0000†
4	(%)	7.69237	0.26466	29.066	0.0000†

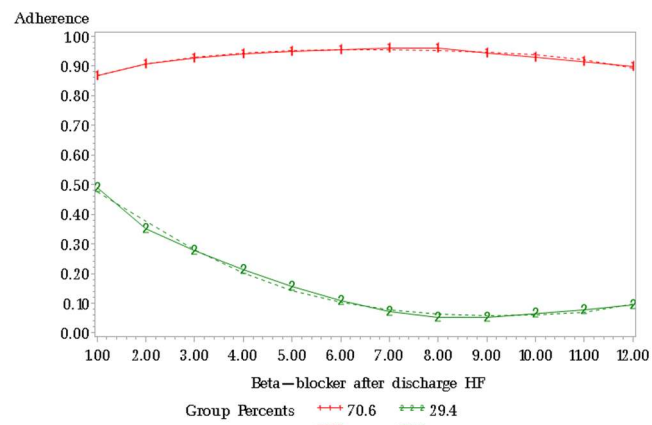
BIC= -68289.15 (N= 229584) BIC= -68266.79 (N= 19132) AIC= -68196.05 ll= -68178.05



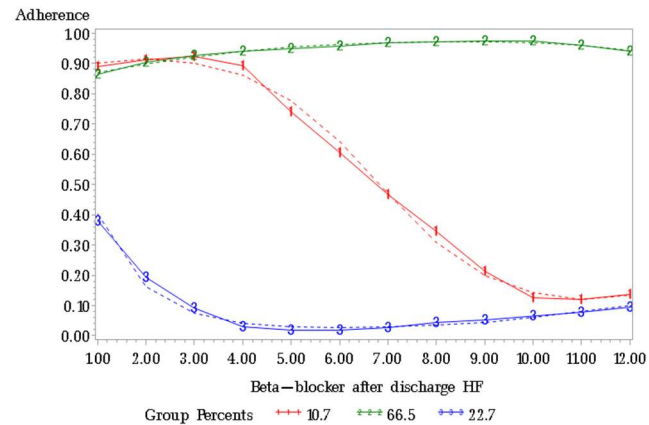
3.6 その他

複数の変数をモデルに組み入れて様々な種類の軌跡を作成できる。この手順は、これまで紹介した手順に従い異なる変数をモデルに組み入れる。ただし、事前にグループ数を定義する必要があり、異なる変数ごとにグループ数が同じであることが前提になる。

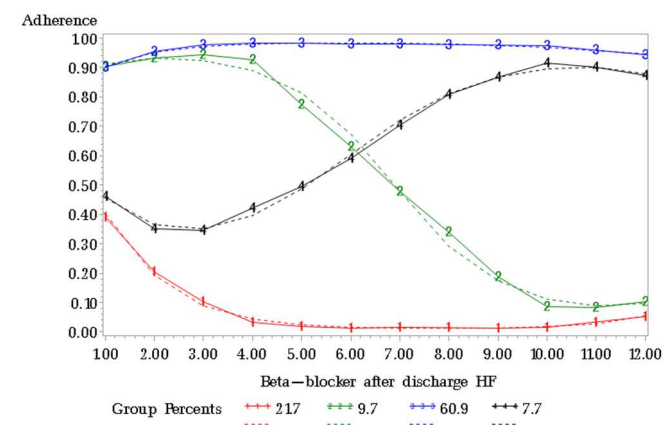
図 3：GBTM plot Group 2, 3, 4, 5, 6 and BIC



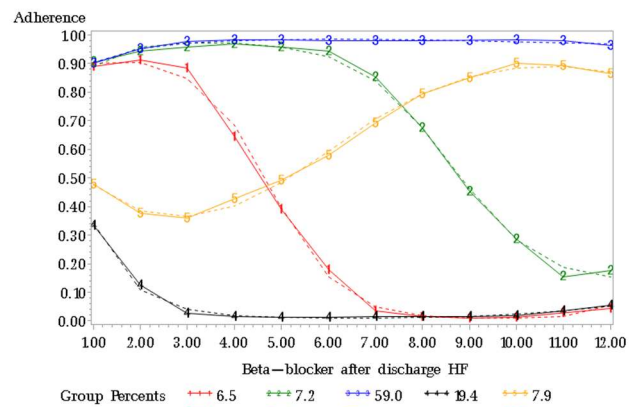
N=2



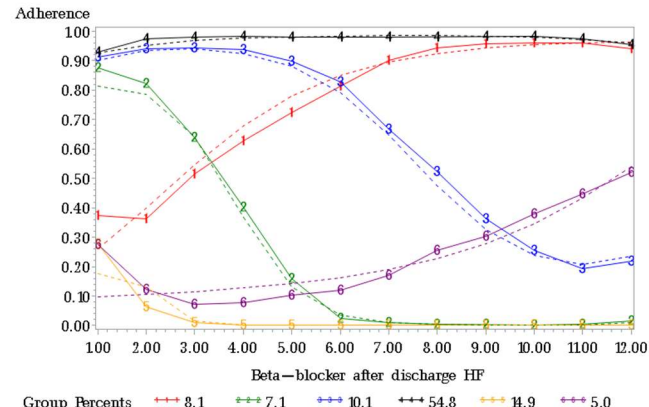
N=3



N=4



N=5



N=6

Group (N=) BIC

2	-78436.03
3	-71987.50
4	-68293.42
5	-66759.23
6	-67102.28

4. まとめ：

本稿では、PROC TRAJ を用いて、経時的に測定されるデータの解析方法である Group-based trajectory model 方法を紹介した。GBTM は、時間の経過とともに変化する結果を分析するのに役立つ手法で、特にこの手法の利点として、特定のタイプまたは数の軌跡の存在を事前に仮定するのではなく、規定された手順より、実データから仮定した軌跡を得られるかを評価できる。特に、他の解析手法では見落としてしまうような（予測できない）軌跡も、GBTM を用いることで、潜在的に意義のある軌跡を評価することができる。（Nagin、2005）

本稿が SAS で縦断データにおける経時測定データ解析（特に、いくつかの変化のパターンが想定される）を評価する際の参考になると幸いである。

SAS ユーザー総会 2025 年度：TRAJ プロシジャを用いた縦断測定データ解析方法

参考文献：

高橋 雄介：時間を含むデータをどう分析するか？2015 <http://hdl.handle.net/2115/58521>

石渡量太、橋口正行、志賀剛：保険者 DPC データベースを用いた心不全患者における β 遮断薬の適切な漸増投与量と臨床評価：日本臨床薬理学会 2024 <https://www.congre.co.jp/jscpt2024/>

池野敬、伊藤弘人：精神保健研究 60：49- 54, 服薬アドヒアランス 2014

大橋 洸太郎 (翻訳)：在成長曲線モデル (計量分析 One Point) 共立出版 2023

Helena Troiano Ona Valls Janine Jongbloed Jean-François Giret Chris Edwards (2023) "GROUP BASED TRAJECTORY MODELLING Examples of analysis." Comparative Report. July 2023

https://fe.up.pt/complex/images/demo/GBTM_comparative%20report.pdf

Nagin,D.S: Analyzing developmental trajectories: A semiparametric, group-based approach. *Psychological Methods*, 4(2), 139–157.1999 <https://doi.org/10.1037/1082-989X.4.2.139>

Hamada, Y., D. Thomas, E. S. Harvey, S. Stevens, M. Fricker, H. Lewthwaite, V. M. McDonald, A. Gillman, M. Hew, V. Kritikos, J. W. Upham and P. G. Gibson (2025). "Distinct trajectories of treatment response to mepolizumab toward remission in patients with severe eosinophilic asthma." *Eur Respir J* **65**(1).

Helgeson, V. S., P. Snyder and H. Seltman (2004). "Psychological and physical adjustment to breast cancer over 4 years: identifying distinct trajectories of change." *Health Psychol* **23**(1): 3-15.

Ishiwata, R., A. AlAshqar, M. Miyashita-Ishiwata and M. A. Borahay (2024). "Dispensing patterns of antidepressant and antianxiety medications for psychiatric disorders after benign hysterectomy in reproductive-age women: Results from group-based trajectory modeling." *Womens Health (Lond)* **20**: 17455057241272218.

Louvet, B., P. Gaudreau, A. Menaut, J. Genty and P. Deneuve (2009). "Revisiting the changing and stable properties of coping utilization using latent class growth analysis: A longitudinal investigation with soccer referees." *Psychology of Sport and Exercise* **10**(1): 124-135.

Nagin, D. (1999). "Analyzing Developmental Trajectories: A Semiparametric, Group-Based Approach." *Psychological Methods* **4**: 139-157.

Nguena Nguefack, H. L., M. G. Pagé, J. Katz, M. Choinière, A. Vanasse, M. Dorais, O. M. Samb and A. Lacasse (2020). "Trajectory Modelling Techniques Useful to Epidemiological Research: A Comparative Narrative Review of Approaches." *Clin Epidemiol* **12**: 1205-1222.

Websites

TRAJ SAS: Download Proc Traj and view examples of its application:

<http://www.andrew.cmu.edu/user/bjones/index.htm>

R package for latent class mixed models to implement group-based trajectory models:

[http://cran.r-project.org/web/packages/lcmm/index.html\(link is external and opens in a new window\)](http://cran.r-project.org/web/packages/lcmm/index.html(link is external and opens in a new window))

Stata: Implementation and example of GBTM:

[https://ssrc.indiana.edu/doc/wimdocs/2013-03-29_nagin_trajectory_stata-plugin-info.pdf\(link is external and opens in a new window\)](https://ssrc.indiana.edu/doc/wimdocs/2013-03-29_nagin_trajectory_stata-plugin-info.pdf(link is external and opens in a new window))

