Propensity score matching method의 소개

고려대학교 의과대학 구로병원 마취통증의학과

이동규

An introduction to propensity score matching methods

Department of Anesthesiology and Pain Medicine, Korea University Guro Hospital, Seoul, Korea

Dong Kyu Lee

(Anesth Pain Med 2016; 11: 130-148)

Appendix에 포함된 standardized difference 사항을 아래와 같이 수정합니다.

Standardized difference 계산 과정(R code)은 다음과 같습니다.

- > std.diff = apply(cov, 2, function(x) 100*(mean(x[treated]) mean(x[!treated]))/(.5*(var(x[treated])+var(x[!treated])))) 계산 과정 중 100이 곱해진 부분을 삭제하여 다음과 같은 code가 사용되어야 합니다.
- $> std.diff = apply(cov, \ 2, \ function(x) \ (mean(x[treated]) \ mean(x[!treated]))/(.5*(var(x[treated]) + var(x[!treated]))))$
- 이 결과에 따라 Table 2에 포함된 모든 공변량의 Standardized difference는 0.1 이하로 "matching 전에도 차이가 없다"라고 해석해야 합니다.

PSM 이후의 standardized difference를 구하는 code에도 '100*'는 삭제되어야 하며 해석은 "matching이후 두 군의 공변량에 차이는 감소하였다"라고 해석해야 합니다.

오류에 대해 사과드립니다.