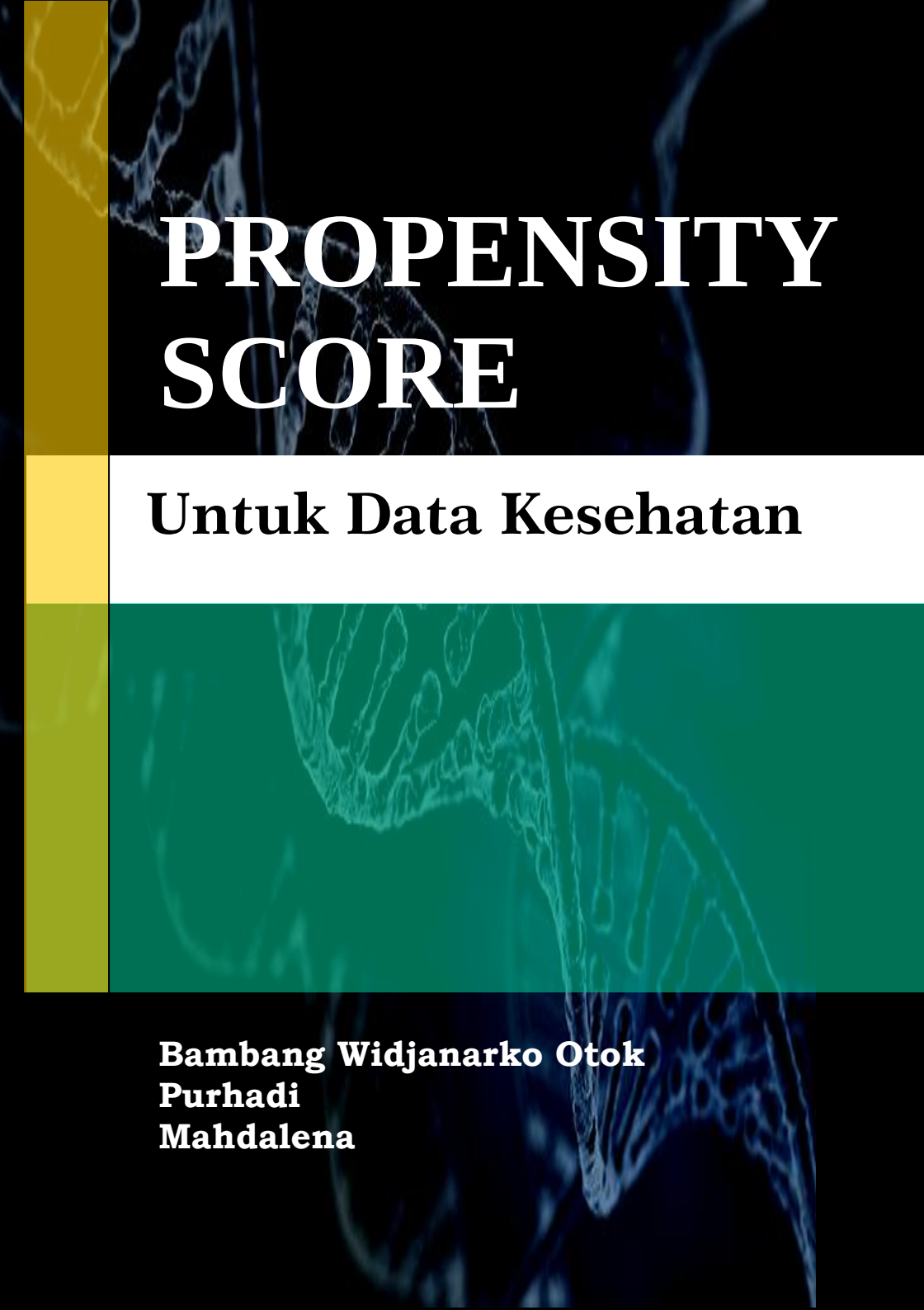




PROPENSITY SCORE

Untuk Data Kesehatan

**Bambang Widjanarko Otok
Purhadi
Mahdalena**

PROPENSITY SCORE

Untuk Data Kesehatan

Penulis:

DR. BambangWidjanarkoOtok, Ir., M.Si

Dr. Purhadi, M.Sc

Dr. Mahdalena, S.Pd.,M.Kes

ISBN.

Editor:

EkaDiahKartiningrum, MKes

Penyunting:

Dr. Rifaatul Laila Mahmudah, MFarm.Klin.Apt

Desain Sampul dan Tata Letak:

Widya Puspitasari, AMd

Penerbit:

STIKes Majapahit Mojokerto

Redaksi:

Jalan Raya Jabon Km 02 Mojoanyar Mojokerto

Telp. 0321 329915

Fax. 0321 329915

Email: mojokertostikesmajapahit@gmail.com

Distributor Tunggal:

STIKes Majapahit Mojokerto

Jalan Raya Jabon Km 02 Mojoanyar Mojokerto

Telp. 0321 329915

Fax. 0321 329915

Email: mojokertostikesmajapahit@gmail.com

Cetakan pertama, November 2019

Hak Cipta Dilindungi undang-undang

Dilarang memperbanyak karya tulis ini dalam bentuk dan dengan cara apapun tanpa ijin tertulis dari penerbit

KATA PENGANTAR

Puji Syukur kehadiran Alloh SWT atas karunia dan hidayah Nya sehingga buku Propensity Score untuk data kesehatan dapat tersusun dengan baik. Buku ini merupakan dedikasi penulis terhadap kesejahteraan masyarakat di bidang kesehatan sehingga tujuan mulia pembangunan kesehatan di Indonesia dapat tercapai.

Rasa terima kasih tak lupa kami ucapkan untuk seluruh civitas Institut Teknologi Sepuluh November Surabaya yang telah memberikan dukungan moril maupun materiil sehingga buku yang merupakan intisari hasil penelitian yang penulis laksanakan dalam dua tahun terakhir dapat terrealisasi dengan baik.

Semua karya pasti ada kurang dan lebihnya, untuk kesempurnaan karya penulis selanjutnya, maka kritikan dan saran dari pembaca sangat kami harapkan. Semoga buku ini dapat bermanfaat bagi seluruh pembaca.

Surabaya, 19 November 2019

Tim Penulis

DAFTAR ISI

COVER	i
HALAMAN BALIK	ii
KATA PENGANTAR	iii
DAFTAR ISI	iv
CHAPTER 1 Pendahuluan	1
CHAPTER 2 <i>Propensity Score Analysis</i>	5
A. Konsep <i>Propensity Score</i>	5
B. Metode Berbasis <i>Propensity Score</i>	12
CHAPTER 3 <i>Propensity Score Stratification</i> <i>Using R Language</i>	33
CHAPTER 4 <i>Propensity Score Weighting</i> <i>Using R Language</i>	51
CHAPTER 5 <i>Apply of Propensity Score with Marginal</i> <i>Mean Weighting Through Stratification</i> <i>(MMWS) Using R Language</i>	65
CHAPTER 6 <i>Propensity Score Stratification Bootstrap</i> <i>Using R Language</i>	81
REFERENCES	105
LAMPIRAN	107
Riwayat Penulis	121

DAFTAR ISI

	Halaman
COVER	i
KATA PENGANTAR	ii
DAFTAR ISI	iii
CHAPTER 1Pendahuluan	1
CHAPTER 2Propensity Score Analysis	5
A. Konsep <i>Propensity Score</i>	5
B. Metode Berbasis <i>Propensity Score</i>	12
CHAPTER 3Propensity Score Stratification	
<i>Using R Language</i>	33
CHAPTER 4Propensity Score Weighting	
<i>Using R Language</i>	51
CHAPTER 5Apply of Propensity Score with Marginal	
<i>Mean Weighting Through Stratification (MMWS)</i>	
<i>Using R Language</i>	65
CHAPTER 6Propensity Score Stratification Bootstrap	
<i>Using R Language</i>	81
REFERENCES	105
LAMPIRAN	107
Riwayat Penulis	121

Pendahuluan

Metode penelitian yang biasa digunakan pada dasarnya disesuaikan dengan bidang yang akan diteliti. Pada bidang keilmuan eksakta atau sains seringkali digunakan metode penelitian yang bersifat eksperimen untuk mengetahui seberapa efektif suatu treatment yang diberikan. Dalam penelitian eksperimen ini subjek penelitian ditempatkan pada kelompok kontrol dan kelompok treatment berdasarkan pengacakan. Pada bidang sosial atau kesehatan penelitian eksperimen tidak selalu dapat digunakan, pada kondisi tertentu biasanya digunakan metode penelitian yang bersifat observasional atau non-eksperimental seperti survey, sensus, rekam medis pasien rumah sakit, dan lain-lain.

Penelitian non-eksperimental atau studi observasi merupakan investigasi empiris untuk mengetahui dampak dari suatu perlakuan pada saat eksperimen acak tidak layak dilakukan (Guo & Fraser, 2010). Jika dalam suatu penelitian pengacakan tidak dilakukan, maka akan muncul permasalahan bias yang disebabkan karena pemilihan subjek penelitian yang tidak acak. Permasalahan ini merupakan masalah seleksi bias yang dapat menyebabkan kesimpulan penelitian yang diperoleh tidak valid. Selain itu, untuk menganalisis hubungan sebab-akibat pada penelitian non-

eksperimental menggunakan model regresi *Ordinary Least Square* (OLS) dengan indikator perlakuan (dikotomus/politomus) tidak akan bekerja karena error dari model yang ada berkorelasi dengan variabel prediktor, hal ini tentunya dapat menyebabkan asumsi OLS tidak terpenuhi sehingga hasil estimasi efek perlakuan juga akan bias dan diragukan kebenarannya.

Oleh karena itu, dibutuhkan metode yang mampu mengatasi permasalahan seleksi bias diatas serta mampu menggambarkan hubungan sebab-akibat antara variabel prediktor dengan variabel respon pada penelitian non-eksperimental atau studi observasi. Salah satu metode yang dapat mengatasi permasalahan diatas adalah metode *propensity score*.

Metode *Propensity score* didefinisikan sebagai probabilitas bersyarat untuk menerima suatu treatment berdasarkan pada karakteristik-karakteristik sebelum treatment (Rosenbaum and Rubin, 1983). *Propensity score* diperkenalkan oleh Rosenbaum dan Rubin pada tahun 1983. Metode ini merupakan metode penyesuaian statistik yang dapat digunakan untuk menyeimbangkan atau menyamakan kelompok subjek penelitian sehingga dapat mengurangi bias akibat pemberian perlakuan yang tidak acak. Bias karena pengacakan ini akan tereduksi ketika hasil perbandingan antara kelompok control dan perlakuan hampir sama atau sedekat mungkin. Kata “terdekat” diukur dalam ukuran karakteristik-karakteristik yang dapat diobservasi (Akolo, 2016).

Seiring perkembangan zaman metode propensity score sudah banyak digunakan oleh para peneliti. Berbagai macam software yang digunakan untuk mengolah data berbasis propensity, misalnya software R dengan menggunakan package R yang sudah tersedia ataupun dengan menggunakan syntax manual, software STATA, software

Propensity Score Analysis

A. Konsep *Propensity Score*

Propensity Score pertama kali diperkenalkan oleh Rosenbaum dan Rubin tahun 1983 dalam jurnalnya yang berjudul “*The central role of the propensity score in observational studies for causal effects*”. Analisis *propensity score* adalah metode statistika inovatif yang berkembang pesat dan digunakan untuk mengevaluasi efek perlakuan pada data observasi (Guo & Fraser, 2010). Rosenbaum dan Rubin (1983) mendefinisikan *propensity score* untuk observasi ke- i ($i = 1, \dots, n$) sebagai probabilitas bersyarat dari *treatment* tertentu ($Z_i = 1$) berdasarkan pada karakteristik kovariat x_i yang diobservasi dimana pengacakan tidak bisa dilakukan. Nilai *propensity score* $e(\mathbf{x}_i)$ didefinisikan sebagai berikut (Guo & Fraser, 2010).

$$e(\mathbf{x}_i) = P(Z_i = 1 | X_i = x_i) \quad (1.1)$$

Propensity score merupakan metode yang tepat untuk mengatasi permasalahan seleksi bias pada data observasi. Metode *propensity score* pada umumnya ada tiga yakni: *Propensity Score Matching* (PSM), *Propensity Score Stratification* (PSS), dan *Propensity Score Weighting* (PSW). Rossi dan Freeman (1989) menjelaskan bahwa Metode PSM menitikberatkan bagaimana menyeimbangkan data kelompok

perlakuan dan kontrol dengan melakukan pencocokan berdasarkan kovariat yang diamati, sedangkan PSS merupakan prosedur dimana observasi dibagi menjadi beberapa kelompok atas dasar kovariat, dan PSW menitikberatkan pada pemberian bobot untuk setiap observasi berdasarkan kovariat yang diamati atau berdasarkan estimasi nilai dari *propensity score* (Guo & Fraser, 2010). Jika diterapkan dengan tepat, maka metode ini dapat membantu memecahkan masalah seleksi bias dan memberikan estimasi yang valid dari efek rata-rata perlakuan (Guo & Fraser, 2010).

Selain memecahkan masalah seleksi bias, salah satu keuntungan dari *propensity score matching* dan *stratification* adalah mereduksi dimensi, dimana jika vector x memiliki banyak kovariat yang direpresentasikan dalam banyak dimensi maka pendekatan *propensity* mampu mereduksi semua dimensi menjadi satu skor dimensi, yakni nilai *propensity score* (Guo & Fraser, 2010).

Ada beberapa tahapan yang dilakukan dalam analisis propensity score (Yanovitzky, Zanutto, & Hornik, 2005), yakni:

1. Pemilihan kovariat sebagai variabel *confounding*

Confounding merupakan *distorsi* (gangguan) dalam menaksir pengaruh paparan terhadap kejadian penyakit/*outcome* akibat tercampurnya pengaruh faktor luar. Faktor luar (*extraneous variable*) ini yang dapat mempengaruhi faktor resiko dan penyakit secara bersama-sama dalam proses timbulnya penyakit, sehingga menyebabkan bias terhadap kesimpulan hasil studi. Faktor inilah yang disebut faktor *confounding*. Faktor *confounding* biasanya ada jika perbandingan antara kelompok perlakuan dan kontrol tidak seimbang. Kriteria variabel *confounding* yaitu: (1) Merupakan faktor resiko bagi kasus yang diteliti; (2)

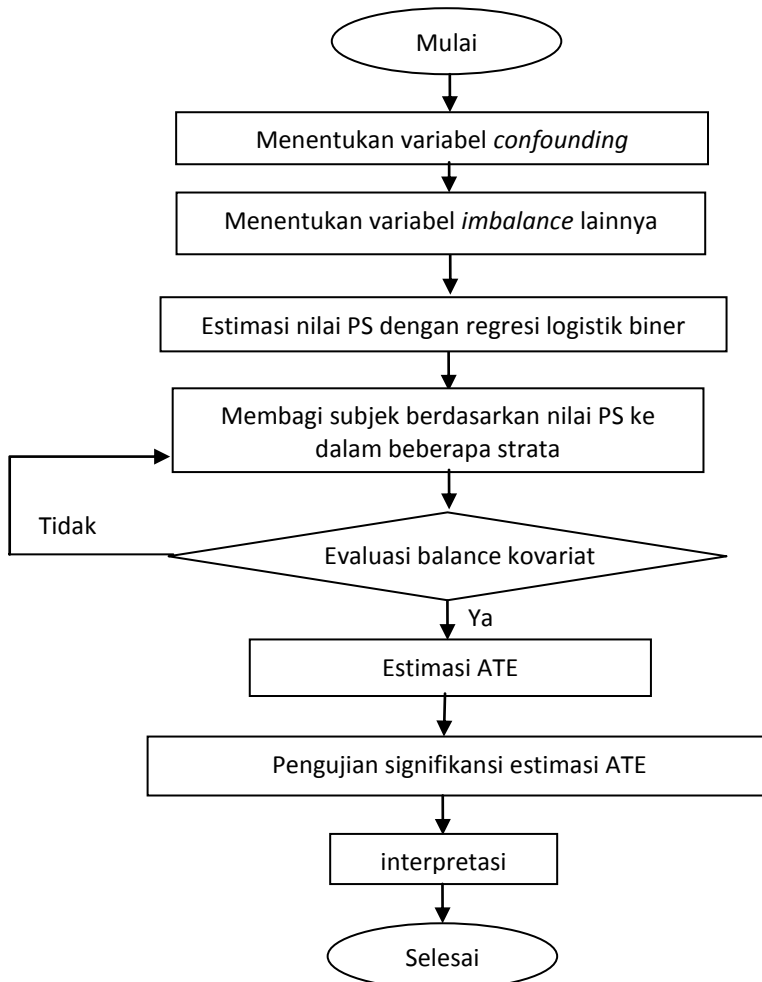
Propensity Score Stratification Using R Language

Software R mempunyai 2 package yang digunakan untuk mengolah data dengan propensity score stratification. Package tersebut adalah *nonrandom package* dan *PSAgraphics package*. Nonrandom package merupakan package yang membahas analisis data secara komprehensif menggunakan propensity score matching dan stratification. Beberapa fungsi pada package ini diimplementasikan mulai dari estimasi nilai propensity score berdasarkan level treatment sampai dengan menguji balance untuk setiap kovariat.

PSA graphics package merupakan package yang digunakan untuk menggambar grafik balance setiap kovariat baik kovariat dengan tipe data kategori maupun kontinu. Selain itu package ini dapat digunakan untuk menghitung perbedaan mean setiap strata, estimasi *Average Treatment Effect* (ATE) serta informasi inferensial lainnya tentang treatment. Adapun tahapan propensity score stratification menggunakan program R dibahas pada kasus berikut.

Diberikan data kasus Diabetes Melitus (DM) tipe-2 pada sebuah rumah sakit X dengan responden sebanyak 82 pasien (Akolo, 2016). Data DM terdiri atas 7 variabel yakni 1 variabel

respon berupa Status NDP pasien DM, dan 6 variabel bebas (kovariat) berupa Umur pasien (X1), lama menderita DM (X2), jenis kelamin (X3), Obesitas (X4), Hipertensi (X5), Kadar Asam Urat Serum (X6). Seorang peneliti ingin mengetahui apakah metode propensity score dapat digunakan pada data ini atau tidak. Tahapan propensity score untuk kasus ini digambarkan dalam diagram alir berikut.



Gambar 3.1 Tahapan PSS untuk kasus DM

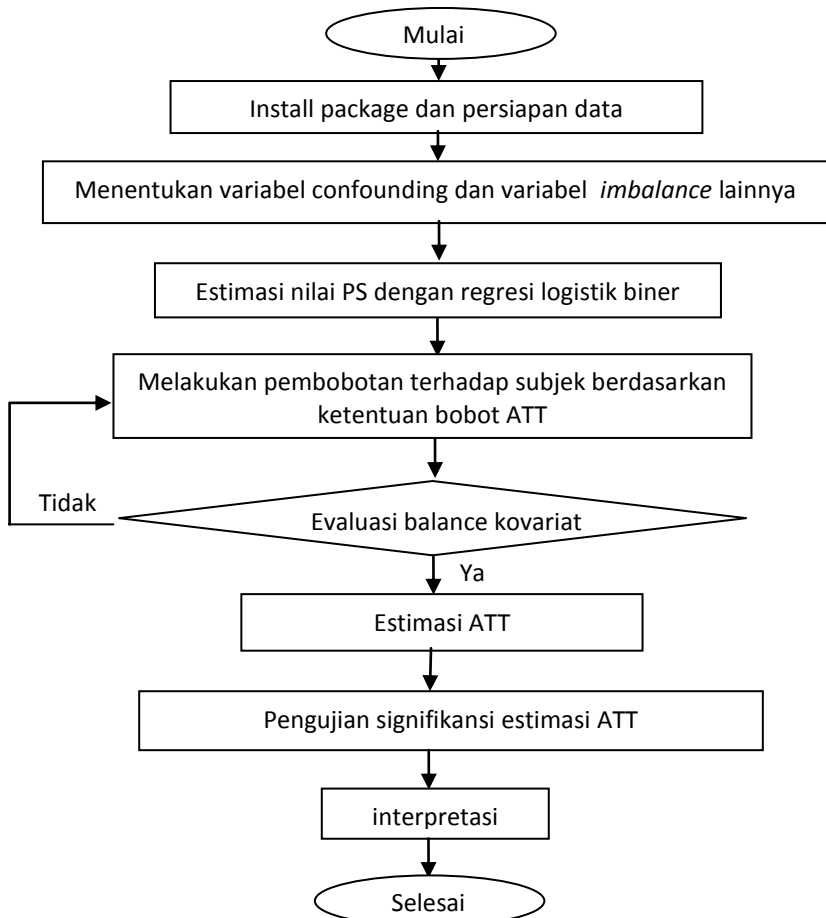
Propensity Score Weighting Using R Language

Untuk mendukung pengolahan data observasi melalui estimasi dan estimasi efek treatment dengan propensity score weighting, software R secara khusus telah menyediakan 1 package yang membahas tentang PSW. Package tersebut adalah *TWANG* (Toolkit for Weighting and Analysis of Nonequaivalent Groups) *package*. *Twang* package merupakan package yang bertujuan untuk estimasi propensity score untuk keperluan estimasi efek perlakuan yang lebih akurat, mengecek kualitas dari hasil PSW berdasarkan asumsi balance kovariat, serta menggunakan hasil PSW yang balance untuk menghitung estimasi dari efek treatment.

Seorang peneliti ingin menerapkan metode *Propensity Score Weighting* pada data kasus HIV/AIDS (Islamiyah, 2015). Data HIV yang digunakan terdiri atas 218 responden dengan 14 variabel, yakni 1 variabel respon (Y) yakni kejadian HIV/AIDS, dan 13 variabel prediktor yakni jenis kelamin (X_1), usia (X_2), pendidikan terakhir (X_3), penghasilan (X_4), status nikah (X_5), pasangan tetap (X_6), pasangan tidak tetap (X_7), selalu pakai kondom (X_8), zat yang disuntikkan (X_9), frekuensi suntik (X_{10}), pernah berbagi jarum suntik (X_{11}), selalu pakai

jarum steril (X_{12}), selalu pakai jarum untuk sendiri (X_{13}). Pada kasus ini peneliti ingin mengetahui estimasi dari *Average Treatment Effect on Treated* (ATT).

Sama halnya dengan metode *Propensity Score Stratification* (PSS), metode PSW juga memiliki tahapan yang hampir sama dengan PSS perbedaannya hanya pada bagian pembagian strata untuk PSS dan pembobotan untuk PSW. Berikut ini tahapan PSW untuk kasus diatas menggunakan software R.



Gambar 4.1 Tahapan PSW untuk kasus HIV

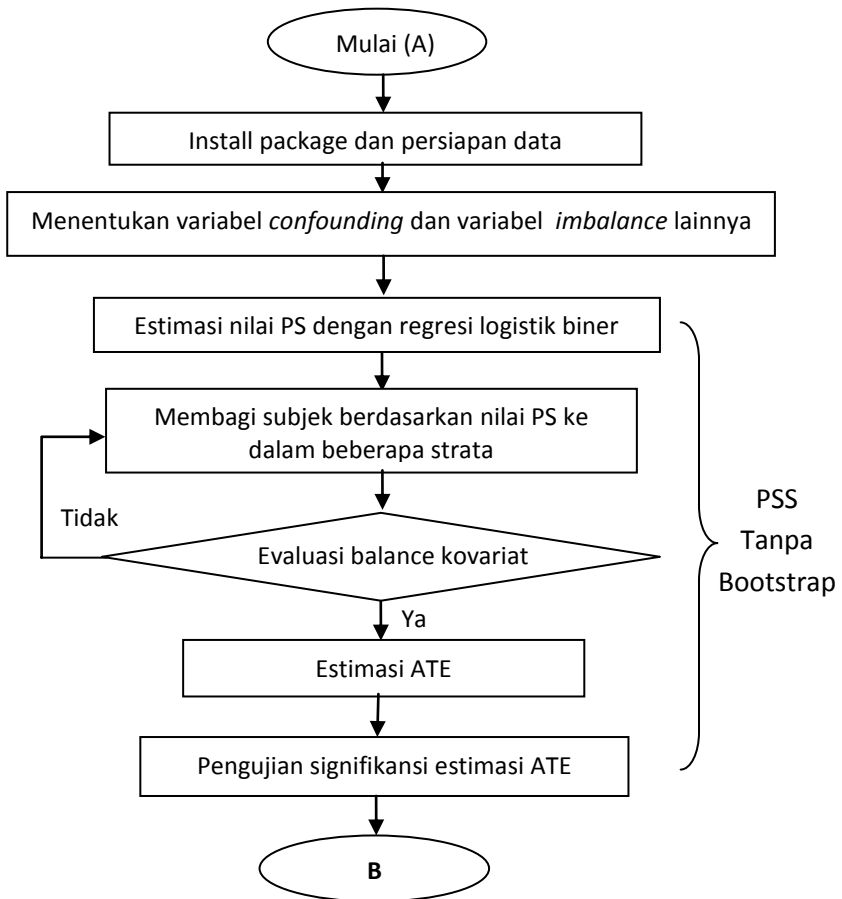
Propensity Score Stratification Bootstrap Using R Language

Pada dasarnya PSSB merupakan lanjutan dari PSS tanpa bootstrap. Oleh karena itu, akan digunakan kasus yang sama dengan PSS yang telah dibahas pada pembahasan sebelumnya.

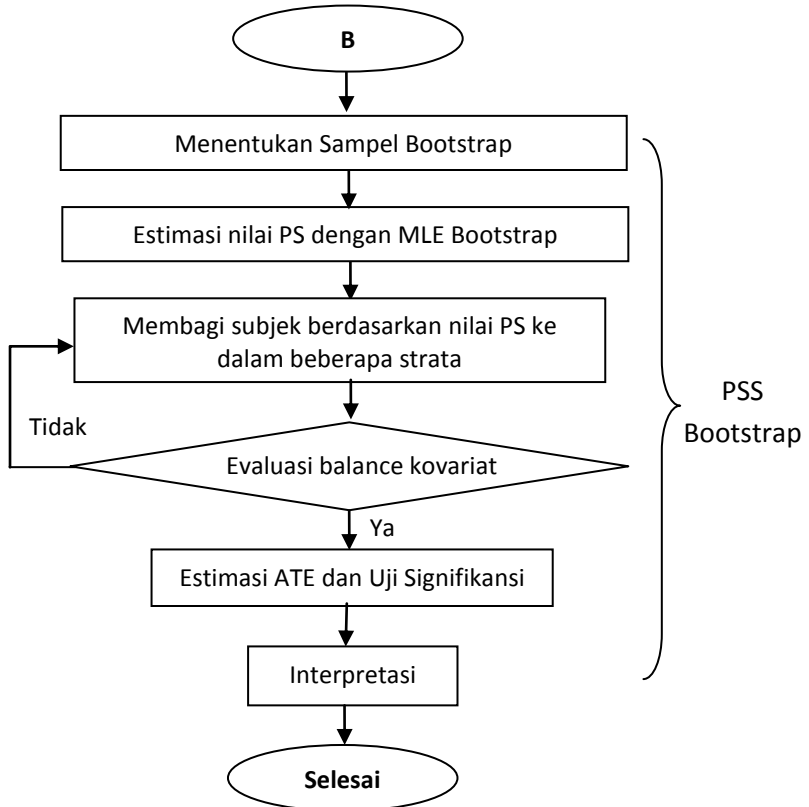
Diberikan Data pasien DM untuk kasus Neuropati Diabetik Perifer (NDP) yang terdiri atas 7 variabel yakni 1 variabel respon berupa Status NDP pasien DM, dan 6 variabel bebas (kovariat) berupa Umur pasien (X1), lama menderita DM (X2), jenis kelamin (X3), Obesitas (X4), Hipertensi (X5), Kadar Asam Urat Serum (X6). Peneliti ingin menerapkan metode propensity score stratification bootstrap pada data ini. Mengingat banyak langkah yang dilakukan untuk sampai pada tahapan estimasi efek treatment, maka strata yang dibuat pada kasus ini hanya 2 strata saja. Untuk mengetahui lebih detail terkait dengan penerapan PSSB pada data NDP, pada pembahasan ini akan diuraikan cara pengerjaan manualnya menggunakan software R.

Pada Pembahasan ini akan digunakan informasi yang diperoleh pada PSS untuk kasus yang sama yang telah

dibahas sebelumnya. Pada pembahasan metode PSS tanpa bootstrap diketahui bahwa kovariat yang dijadikan sebagai variabel *confounding* adalah kadar Asam Urat Serum (AUS). Variabel kadar AUS ini akan dijadikan juga sebagai *confounding* pada metode ini. Setelah variabel *confounding* ditentukan, maka langkah selanjutnya adalah estimasi nilai propensity score. Untuk lebih jelas, tahapan PSSB pada kasus ini dapat dilihat pada Gambar 6.1.



Gambar 6.1 Tahapan PSS Bootstrap untuk kasus DM



Gambar 6.1 Tahapan PSS Bootstrap untuk kasus DM (lanjutan)

- A. Analisis Data menggunakan Propensity Score Stratification (PSS) tanpa Bootstrap
1. Install package yang digunakan

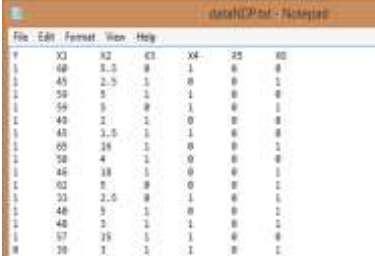
Untuk menggunakan package boot, terlebih dahulu install package dari menu package, jika sudah diinstall selanjutnya load package dengan perintah berikut.

```
## memanggil package yang digunakan
library(boot)
```

2. Mempersiapkan data yang digunakan

Untuk memulai tahapan propensity score stratification diperlukan data terkait kasus yang diteliti. Data disimpan dalam notepad (.txt) dengan format variabel sebagai kolom dan observasi (subjek) sebagai baris.

Berikut contoh format data dalam notepad



	X1	X2	X3	X4	X5	X6
1	68	1.5	0	1	0	0
1	45	2.5	1	0	0	1
1	50	5	1	1	0	0
1	54	5	0	1	0	1
1	40	2	1	0	0	0
1	43	1.5	1	1	0	0
1	65	18	1	0	0	1
1	50	4	1	0	0	0
1	46	18	1	0	0	1
1	02	0	0	0	0	1
1	33	2.5	0	1	0	1
1	48	5	1	0	0	1
1	40	5	1	1	0	1
1	57	19	1	1	0	0
0	30	1	1	1	0	1

Selanjutnya mendefinisikan kovariat yang bertipe kategori (kecuali X6 yang ditetapkan sebagai variabel *confounding*) sebagai faktor.

```
#read data
> data_NDP<-read.table("D:/lain-lain/dataNDP.txt",
  header = TRUE)
> data_NDP$X3<-factor(data_NDP$X3)
> data_NDP$X4<-factor(data_NDP$X4)
> data_NDP$X5<-factor(data_NDP$X5)
```

3. Memilih kovariat sebagai variabel *confounding* dan kovariat *imbalance*

Pemilihan variabel *confounding* didasarkan pada teori dan bukti empiris tentang hubungan antara kovariat. Berdasarkan pembahasan pada bab-4 tentang PSS pada data yang sama (DM), diketahui bahwa kovariat yang dijadikan variabel *confounding* adalah kadar asam urat serum (X6) dan kovariat yang *imbalance* adalah X2 (lama DM).

4. Estimasi Nilai Propensity Score dengan Metode MLE

Estimasi nilai propensity yang diperoleh pada sub-bab ini hampir sama dengan estimasi nilai propensity yang dibahas pada bab-4, akan tetapi nilai propensity score yang dihasilkan sedikit berbeda, namun tidak merubah hasil pada tahapan stratifikasi sampai estimasi ATE. Berikut ini estimasi nilai propensity menggunakan software R.

```
> attach(data_NDP)
> ps_logit <- glm(X6~X1+X2+X3+X4+X5,data=data_NDP,
  family=binomial("logit"))
> summary(ps_logit)
> data_NDP$ps = ps_logit$fitted #nilai propensity

# analisis data asli
> coefs <- ps_logit$coef #parameter beta
> se <- sqrt(diag(vcov(ps_logit))) #parameter se
> z <- coefs/se
```

Statistik uji z pada perintah diatas diperoleh berdasarkan persamaan (1.19).

5. Stratifikasi dan Pengujian Balance Kovariat

Stratifikasi dan pengujian balance kovariat sama dengan pembahasan sebelumnya (lihat bab-4), akan tetapi pada bab ini subjek dibagi menjadi dua strata saja. Pada kasus ini, balance kovariat diuji menggunakan uji z untuk data kategori dan uji t untuk data kontinu. Berikut ini perintah yang digunakan di R untuk stratifikasi dan pengujian balance kovariat.

```
### uji balance sebelum strata
## untuk X1 dan X2
> tx1=t.test(data_NDP$X1[data_NDP$X6 == "0"],
  data_NDP$X1[data_NDP$X6 == "1"])
> tx2=t.test(data_NDP$X2[data_NDP$X6 == "0"],
  data_NDP$X2[data_NDP$X6 == "1"])
#untuk X3
> ax3_1=data_NDP$X3[(data_NDP$X3=="0" &
  data_NDP$X6 == "0")]
> ax3_2=data_NDP$X3[(data_NDP$X3=="1" &
  data_NDP$X6 == "0")]
> ax3_3=data_NDP$X3[(data_NDP$X3=="0" &
  data_NDP$X6 == "1")]
> ax3_4=data_NDP$X3[(data_NDP$X3=="1" &
  data_NDP$X6 == "1")]
> X3tes = as.table(rbind(c(length((ax3_1)),
  length((ax3_2))),c(length((ax3_3)),length((ax3_4)))))
> x3_0=length((ax3_1))
> n3_0=length((ax3_1))+length((ax3_2))
> x3_1=length((ax3_3))
> n3_1=length((ax3_3))+length((ax3_4))
> z.propx3 = function(x3_0,x3_1,n3_0,n3_1){
  numeratorx3 = ((x3_0)/(n3_0)) - ((x3_1)/(n3_1))
  p.commonx3 = ((x3_0)+(x3_1)) / ((n3_0)+(n3_1))
  denominatorx3 = sqrt(p.commonx3 * (1-p.commonx3) *
  (1/(n3_0) + 1/(n3_1)))
  z.prop.risx3 = numeratorx3/denominatorx3
  return(z.prop.risx3)}
> zx3=z.propx3(x3_0,x3_1,n3_0,n3_1) #memanggil z score
> p.value_x3=2*pnorm(-abs(zx3))
```

```

#untuk X4
> ax4_1=data_NDP$X4[(data_NDP$X4=="0" &
  data_NDP$X6 == "0")]
> ax4_2=data_NDP$X4[(data_NDP$X4=="1" &
  data_NDP$X6 == "0")]
> ax4_3=data_NDP$X4[(data_NDP$X4=="0" &
  data_NDP$X6 == "1")]
> ax4_4=data_NDP$X4[(data_NDP$X4=="1" &
  data_NDP$X6 == "1")]
> X4tes = as.table(rbind(c(length((ax4_1)),
  length((ax4_2))), c(length((ax4_3)),length((ax4_4)))))
> colnames(X4tes) <- rownames(X4tes) <- c("0", "1")
> names(dimnames(X4tes)) = c("X8", "X4")
> x4_0=length((ax4_1))
> n4_0=length((ax4_1))+length((ax4_2))
> x4_1=length((ax4_3))
> n4_1=length((ax4_3))+length((ax4_4))
> z.propx4 = function(x4_0,x4_1,n4_0,n4_1){
  numeratorx4 = ((x4_0)/(n4_0)) - ((x4_1)/(n4_1))
  p.commonx4 = ((x4_0)+(x4_1)) / ((n4_0)+(n4_1))
  denominatorx4 = sqrt(p.commonx4 * (1-p.commonx4) *
  (1/(n4_0) + 1/(n4_1)))
  z.prop.risx4 = numeratorx4/denominatorx4
  return(z.prop.risx4)}
> zx4=z.propx4(x4_0,x4_1,n4_0,n4_1) #memanggil z score
> p.value_x4=2*pnorm(-abs(zx4))

#untuk X5
> ax5_1=data_NDP$X5[(data_NDP$X5=="0" &
  data_NDP$X6 == "0")]
> ax5_2=data_NDP$X5[(data_NDP$X5=="1" &
  data_NDP$X6 == "0")]
> ax5_3=data_NDP$X5[(data_NDP$X5=="0" &
  data_NDP$X6 == "1")]
> ax5_4=data_NDP$X5[(data_NDP$X5=="1" &
  data_NDP$X6 == "1")]
> X5tes = as.table(rbind(c(length((ax4_1)),

```

```

length((ax5_2))), c(length((ax5_3)),length((ax5_4))))
> colnames(X5tes) <- rownames(X5tes) <- c("0", "1")
> names(dimnames(X5tes)) = c("X6", "X5")
> x5_0=length((ax5_1))
> n5_0=length((ax5_1))+length((ax5_2))
> x5_1=length((ax5_3))
> n5_1=length((ax5_3))+length((ax5_4))
> z.propx5 = function(x5_0,x5_1,n5_0,n5_1){
  numeratorx5 = ((x5_0)/(n5_0)) - ((x5_1)/(n5_1))
  p.commonx5 = ((x5_0)+(x5_1)) / ((n5_0)+(n5_1))
  denominatorx5 = sqrt(p.commonx5 * (1-p.commonx5) *
    (1/(n5_0) + 1/(n5_1)))
  z.prop.risx5 = numeratorx5 /denominatorx5
  return(z.prop.risx5)}
> zx5=z.propx5(x5_0,x5_1,n5_0,n5_1) #memanggil z score
> p.value_x5=2*pnorm(-abs(zx5))

## test balance setelah strata untuk data kontinu __ X1
tx11=t.test(data_NDP$X1[data_NDP$strata == "1" &
data_NDP$X6 == "0"],
data_NDP$X1[data_NDP$strata == "1" & data_NDP$X6 == "1"])
tx12=t.test(data_NDP$X1[data_NDP$strata == "2" &
data_NDP$X6 == "0"],data_NDP$X1[data_NDP$strata == "2" &
data_NDP$X6 == "1"])

## test balance setelah strata untuk data kontinu __ X2
tx21=t.test(data_NDP$X2[data_NDP$strata == "1" &
data_NDP$X6 == "0"],
data_NDP$X2[data_NDP$strata == "1" & data_NDP$X6 == "1"])
tx22=t.test(data_NDP$X2[data_NDP$strata == "2" &
data_NDP$X6 == "0"],data_NDP$X2[data_NDP$strata == "2" &
data_NDP$X6 == "1"])
:
## test balance setelah strata untuk data kategori __ X5
#strata1
> ax51_1=data_NDP$X5[(data_NDP$X5=="0" &
data_NDP$strata == "1" & data_NDP$X6 == "0")]
> ax51_2=data_NDP$X5[(data_NDP$X5=="1" &
data_NDP$strata == "1" & data_NDP$X6 == "0")]
> ax51_3=data_NDP$X5[(data_NDP$X5=="0" &

```

```

data_NDP$strata=="1" & data_NDP$X6=="1")]
> ax51_4=data_NDP$X5[(data_NDP$X5=="1" &
  data_NDP$strata=="1" & data_NDP$X6=="1")]
> X5tes1 = as.table(rbind(c(length((ax51_1)),
  length((ax51_2))),c(length((ax51_3)),
  length((ax51_4)))))
> colnames(X5tes1) <- rownames(X5tes1) <- c("0", "1")
> names(dimnames(X5tes1)) = c("X6", "X5")
> x5_01=length((ax51_1))
> n5_01=length((ax51_1))+length((ax51_2))
> x5_11=length((ax51_3))
> n5_11=length((ax51_3))+length((ax51_4))
> z.propx51 = function(x5_01,x5_11,n5_01,n5_11){
  numeratorx51 = ((x5_01)/(n5_01)) - ((x5_11)/(n5_11))
  p.commonx51 = ((x5_01)+(x5_11)) / ((n5_01)+(n5_11))
  denominatorx51 = sqrt(p.commonx51 * (1-p.commonx51) *
    (1/(n5_01) + 1/(n5_11)))
  z.prop.risx51 = numeratorx51 /denominatorx51
  return(z.prop.risx51)}
> zx51=z.propx51(x5_01,x5_11,n5_01,n5_11) #call z score

#strata2
> ax52_1=data_NDP$X5[(data_NDP$X5=="0" &
  data_NDP$strata=="2" & data_NDP$X6=="0")]
> ax52_2=data_NDP$X5[(data_NDP$X5=="1" &
  data_NDP$strata=="2" & data_NDP$X6=="0")]
> ax52_3=data_NDP$X5[(data_NDP$X5=="0" &
  data_NDP$strata=="2" & data_NDP$X6=="1")]
> ax52_4=data_NDP$X5[(data_NDP$X5=="1" &
  data_NDP$strata=="2" & data_NDP$X6=="1")]
> X5tes2 = as.table(rbind(c(length((ax52_1)),
  length((ax52_2))),c(length((ax52_3)),
  length((ax52_4)))))
> colnames(X5tes2) <- rownames(X5tes2) <- c("0", "1")
> names(dimnames(X5tes2)) = c("X6", "X5")
> x5_02=length((ax52_1))
> n5_02=length((ax52_1))+length((ax52_2))
> x5_12=length((ax52_3))

```

```

> n5_12=length((ax52_3))+length((ax52_4))
> z.propx52 = function(x5_02,x5_12,n5_02,n5_12){
  Numeratorx52 = ((x5_02)/(n5_02)) - ((x5_12)/(n5_12))
  p.commonx52 = ((x5_02)+(x5_12)) / ((n5_02)+(n5_12))
  denominatorx52 = sqrt(p.commonx52 * (1-p.commonx52) *
    (1/(n5_02) + 1/(n5_12)))
  z.prop.risx52 = numeratorx52 /denominatorx52
  return(z.prop.risx52)}
> zx52=z.propx52(x5_02,x5_12,n5_02,n5_12)#fungsi z score

#summary balance
> summary.bal.strat2=cbind(c(tx1$p.value,tx11$p.value,
  tx12$p.value),c(tx2$p.value,tx21$p.value,
  tx22$p.value),c(p.value_x3,p.value_x31,p.value_x32),
  c(p.value_x4,p.value_x41,p.value_x42),
  c(p.value_x5,p.value_x51,p.value_x52))
> colnames(summary.bal.strat2)=c("X1","X2","X3",
  "X4","X5")
> rownames(summary.bal.strat2) <- c("before strata",
  "strata 1", "strata 2")
> summary.bal.strat2

```

dan diperoleh hasil pengujian balance sebagai berikut.

	X1	X2	X3
before strata	0.5547476	0.004888416	0.03076844
strata 1	0.8823585	0.347517015	0.87882781
strata 2	0.4572331	0.534169440	0.27967256
	X4	X5	
before strata	0.5369626	0.0005003408	
strata 1	0.7351517	0.1252456588	
strata 2	0.8325063	0.5398416450	

Hasil pengujian balance menunjukkan bahwa semua kovariat sudah memenuhi asumsi balance untuk semua strata

6. Estimasi ATE dan Uji Signifikansinya

Setelah dilakukan pengujian balance, selanjutnya estimasi ATE manual. Berikut ini perintah yang digunakan untuk estimasi ATE sesuai persamaan (1.22)

```
##### ESTIMASI ATE MANUAL #####
> Y2.QT0 <- split(data_NDP$Y[data_NDP$X6==0],
  data_NDP$strata[data_NDP$X6==0])
> Y2.QT1 <- split(data_NDP$Y[data_NDP$X6==1],
  data_NDP$strata[data_NDP$X6==1])
> P=sapply(Y2.QT1, mean)      # estimates for group trt=1
> S=sapply(Y2.QT0, mean)      # estimates for group trt=0
> K=sapply(Y2.QT1, mean)-sapply(Y2.QT0, mean) #TE strata
> nc1=length(Y2.QT0[[1]])     #n control strata 1
> nc2=length(Y2.QT0[[2]])     #n control strata 2
> nt1=length(Y2.QT1[[1]])     #n treatment strata 1
> nt2=length(Y2.QT1[[2]])     #n treatment strata 2
> nc=nc1+nc2                  # n control
> nt=nt1+nt2                  # n treatment
> theta1=((nt1+nc1)*(K[1]))/(nt+nc) # ate strata 1
> theta2=((nt2+nc2)*(K[2]))/(nt+nc) # ate strata 2
> theta_hat2=(theta1+theta2)   #ATE_final

### mencari SE_ATE #####
> Svar_treat=sapply(Y2.QT1, var)      # var treatment
> Svar_control=sapply(Y2.QT0, var)    # var control
> Vt1=((1/nt1))*Svar_treat[1]         # var treat strata 1
> Vt2=((1/nt2))*Svar_treat[2]         # var treat strata 2
> Vc1=((1/nc1))*Svar_control[1]       # var control strata1
> Vc2=((1/nc2))*Svar_control[2]       # var control strata2
> var1=Vt1+Vc1                      # var strata 1
> var2=Vt2+Vc2                      # var strata 2
> Var_theta1=((nt1+nc1)^2)*(var1) # var_ate strata 1
> Var_theta2=((nt2+nc2)^2)*(var2) # var_ate strata 2
> Var_theta_hat=(Var_theta1+Var_theta2)/((nt+nc)^2)
> se_theta_hat2=sqrt(Var_theta_hat)   # SE ATE
```

```
## uji t stat ##
> t2=(theta_hat2)/(se_theta_hat2)

## calculating estimate of df ##
> numstrata=2
> df2 = length((Y)) - (2*numstrata)

## calculating p-value for t test ##
> p_value2=pt(-abs(t2),df2)

## print output
> theta_hat2
> se_theta_hat2
> t2
> p_value2
```

Berdasarkan syntax diatas, diperoleh estimasi ATE dan hasil uji signifikansi menggunakan uji t seperti ditunjukkan pada Tabel berikut.

```
> theta_hat2
      1
0.4738336

> se_theta_hat2
      1
0.1075199

> t2
      1
4.406937

> p_value2
      1
1.652954e-05
```

Output diatas menunjukkan bahwa estimasi ATE adalah sebesar 0,4738 dengan standar error sebesar 0,1075. Pada uji signifikansi ATE diperoleh nilai $p\text{-value} < \alpha = 5\%$. Hal ini menunjukkan bahwa kadar asam urat serum tinggi berpengaruh signifikan terhadap kejadian NDP dengan pengaruh sebesar 0,4738.

B. Analisis Data menggunakan Propensity Score Stratification (PSS) Bootstrap

1. Estimasi Nilai Propensity Score dengan Metode MLE Bootstrap

Metode bootstrap pada software R menggunakan package khusus yang membahas tentang bootstrap yakni package **boot**. Pada metode ini salah satu hal penting adalah banyak replikasi yang dilakukan untuk estimasi. Untuk kasus DM digunakan 200 replikasi. Estimasi parameter bootstrap menggunakan persamaan (1.17).

Sebelum estimasi dengan metode bootstrap, terlebih dahulu dilakukan estimasi parameter pada full data, hal ini disebabkan karena kriteria penolakan H_0 menggunakan nilai $p\text{-value}$ (persamaan 1.22) yang melibatkan statistik uji pada full data. Berikut ini perintah estimasi parameter untuk full data menggunakan package **glm**.

Setelah diperoleh statistik uji untuk full data (data tanpa bootstrap), selanjutnya dilakukan estimasi parameter menggunakan package **boot** dengan perintah sebagai berikut.

```
#bootstrap dengan package
> library(boot)
```

```

> logit.bootstrap <- function(data_NDP, indices) {
  d <- data_NDP[indices, ]
  fit <- glm(X6~X1+X2+X3+X4+X5, data = d,
    family = "binomial")
  return(coef(fit))}
> set.seed(2000)
> logit.boot <- boot(data=data_NDP,
  statistic=logit.bootstrap,R=200)
> b0=mean(logit.boot$t[,1])    #parameter intercept
> b1=mean(logit.boot$t[,2])    #parameter x1
:
:
> b5=mean(logit.boot$t[,6])    #parameter x5
> se_boot=sqrt(diag(cov(logit.boot$t)))

```

Nilai b0 sampai b5 masing-masing merupakan estimasi parameter intercept sampai parameter X5. Nilai estimasi diperoleh menggunakan persamaan (1.30). setelah diperoleh nilai estimasi parameter bootstrap, Selanjutnya dilakukan pengujian signifikansi parameter menggunakan uji Z* bootstrap sesuai persamaan (1.20) dan menghitung nilai p-value sesuai persamaan (1.24). Perintah yang digunakan untuk menguji signifikansi parameter pada software R adalah sebagai berikut.

```

## p-value
> z1.under.h0=(logit.boot$t[,1]-
  logit.boot$t0[1])/se_boot[1]
> z2.under.h0=(logit.boot$t[,2]-
  logit.boot$t0[2])/se_boot[2]
:
:
> z6.under.h0=(logit.boot$t[,6]-
  logit.boot$t0[8])/se_boot[6]

> p.valu1 = 1/(1+logit.boot$R) *
  (1+sum(ifelse(abs(z1.under.h0) >= abs(z[1]),1,0)))
> p.valu2 = 1/(1+logit.boot$R) *
  (1+sum(ifelse(abs(z2.under.h0) >= abs(z[2]),1,0)))
:
:

```

```

> p.valu6 = 1/(1+logit.boot$R) *
  (1+sum(ifelse(abs(z6.under.h0) >= abs(z[6]),1,0)))

> summary.logbootx_z=cbind(c(b0,b1,b2,b3,b4,b5),
  c(se_boot[1],se_boot[2],se_boot[3],
  se_boot[4], se_boot[5], se_boot[6]), c(p.valu1,
  p.valu2, p.valu3,p.valu4, p.valu5,p.valu6))
> colnames(summary.logbootx_z) <-
  c("parameter boot", "std.error","p_value.boot")
> rownames(summary.logbootx_z) <- c("intercept",
  "X1","X2","X31","X41","X51")

```

Berdasarkan perintah diatas, diperoleh hasil pengujian parameter bootstrap sebagai berikut.

```

> summary.logbootx_z
      parameter boot  std.error p_value.boot
intercept    -0.02129353  2.41311526   0.96019900
X1            -0.02193475  0.04437778   0.58208955
X2             0.15106950  0.09572770   0.03980100
X31           -0.80782168  0.72673725   0.15422886
X41           -0.02245063  0.56367131   0.86567164
X51            1.34624212  0.71989665   0.05472637

```

Output diatas menunjukkan nilai propensity score sebagai berikut.

$$e(X_i)^* = \frac{\exp(b_0 + b_1 X_1 + b_2 X_2 + b_3 X_3 + b_4 X_4 + b_5 X_5)}{1 + \exp(b_0 + b_1 X_1 + b_2 X_2 + b_3 X_3 + b_4 X_4 + b_5 X_5)} \quad (1.1)$$

Selain itu, uji signifikansi parameter bootstrap memberikan gambaran bahwa pada taraf signifikansi $\alpha = 10\%$ terdapat dua kovariat yang signifikan, yakni kovariat pasien DM menderita hipertensi dan lama pasien menderita DM.

C. Stratifikasi, Mengecek Balance Kovariat dan Estimasi ATE

Stratifikasi, cek balance kovariat dan estimasi ATE pada sampel bootstrap menggunakan package **boot**. Akan tetapi sebelum melakukan stratifikasi, terlebih dahulu kovariat yang didefinisikan sebagai faktor pada full data, diubah menjadi integer dengan memanfaatkan package **varhandle** dengan perintah **unfactor** sesuai yang ditunjukkan pada tabel berikut. Setelah itu dihitung estimasi nilai propensity score berdasarkan estimasi parameter bootstrap yang telah diperoleh pada tahapan sebelumnya. Selanjutnya mendefinisikan fungsi statistic yang akan dibootstrapping. Fungsi statistic berisi perhitungan manual uji balance kovariat masing-masing strata dan estimasi ATE manual. Untuk lebih jelasnya dapat dilihat pada tabel berikut ini.

```
> require(varhandle)
> data_NDP$X3<- unfactor(data_NDP$X3)
> data_NDP$X4<- unfactor(data_NDP$X4)
> data_NDP$X5<- unfactor(data_NDP$X5)
> numlog<-exp(b0+b1*data_NDP$X1+b2*data_NDP$X2+
  b3*data_NDP$X3+b4* data_NDP$X4+b5*data_NDP$X5)
> data_NDP$ps1=(numlog/(1+numlog)) #nilai propensity
> fn.boot.bedamean2 <- function(data_NDP, indices){
  newdata <- data_NDP[indices,]
  breakvals = quantile(newdata$ps1,
    prob = seq(from = 0,to = 1, by = 1/2), na.rm = T)
  newdata$strat1 = cut(newdata$ps1,
    breaks=breakvals,labels=c('1','2'),
    include.lowest=TRUE)
### uji balance sebelum strata
## untuk X1
x1_0= newdata$X1[newdata$X8 == "0"]
x1_1= newdata$X1[newdata$X8 == "1"]
n1_0=length(newdata$X1[newdata$X8 == "0"])
n1_1=length(newdata$X1[newdata$X8 == "1"])
ttest <- function(m1,m2,s1,s2,n1,n2,m0=0,
```

```

equal.variance=FALSE)
{diff_mean <- (m1-m2-m0)
  return(diff_mean)}
tx1=ttest( mean(x1_0), mean(x1_1), sd(x1_0), sd(x1_1),
n1_0, n1_1)

#untuk X2
x2_0= newdata$X2[newdata$X6 == "0"]
x2_1= newdata$X2[newdata$X6 == "1"]
n2_0=length(newdata$X2[newdata$X6 == "0"]) #nc strata
n2_1=length(newdata$X2[newdata$X6 == "1"]) #nt strata
ttest <- function(m1,m2,s1,s2,n1,n2,m0=0,
equal.variance=FALSE)
{diff_mean <- (m1-m2-m0)
  return(diff_mean)}
tx2=ttest( mean(x2_0), mean(x2_1), sd(x2_0), sd(x2_1),
n2_0, n2_1)

#untuk X3
ax3_1=newdata$X3[(newdata$X3=="0" &
newdata$X6 == "0")]
ax3_2=newdata$X3[(newdata$X3=="1" &
newdata$X6 == "0")]
ax3_3=newdata$X3[(newdata$X3=="0" &
newdata$X6 == "1")]
ax3_4=newdata$X3[(newdata$X3=="1" &
newdata$X6 == "1")]
X3tes = as.table(rbind(c(length((ax3_1)),
length((ax3_2))),c(length((ax3_3)),length((ax3_4)))))
x3_0=length((ax3_1))
n3_0=length((ax3_1))+length((ax3_2))
x3_1=length((ax3_3))
n3_1=length((ax3_3))+length((ax3_4))
z.propx3 = function(x3_0,x3_1,n3_0,n3_1){
  numeratorx3 = ((x3_0)/(n3_0)) - ((x3_1)/(n3_1))
  p.commonx3 = ((x3_0)+(x3_1)) / ((n3_0)+(n3_1))
  denominatorx3 = sqrt(p.commonx3 * (1-p.commonx3) *
  (1/(n3_0) + 1/(n3_1)))

```

```

z.prop.risx3 = numeratorx3
return(z.prop.risx3) }
zx3=z.propx3(x3_0,x3_1,n3_0,n3_1) #memanggil z score
p.value_x3=2*pnorm(-abs(zx3))

#untuk X4
ax4_1=newdata$X4[(newdata$X4=="0" &
newdata$X6 == "0")]
ax4_2=newdata$X4[(newdata$X4=="1" &
newdata$X6 == "0")]
ax4_3=newdata$X4[(newdata$X4=="0" &
newdata$X6 == "1")]
ax4_4=newdata$X4[(newdata$X4=="1" &
newdata$X6 == "1")]
X4tes = as.table(rbind(c(length((ax4_1)),
length((ax4_2))), c(length((ax4_3)),length((ax4_4))))
colnames(X4tes) <- rownames(X4tes) <- c("0", "1")
names(dimnames(X4tes)) = c("X8", "X4")
x4_0=length((ax4_1))
n4_0=length((ax4_1))+length((ax4_2))
x4_1=length((ax4_3))
n4_1=length((ax4_3))+length((ax4_4))
z.propx4 = function(x4_0,x4_1,n4_0,n4_1){
numeratorx4 = ((x4_0)/(n4_0)) - ((x4_1)/(n4_1))
p.commonx4 = ((x4_0)+(x4_1)) / ((n4_0)+(n4_1))
denominatorx4 = sqrt(p.commonx4 * (1-p.commonx4) *
(1/(n4_0) + 1/(n4_1)))
z.prop.risx4 = numeratorx4
return(z.prop.risx4) }
zx4=z.propx4(x4_0,x4_1,n4_0,n4_1) #memanggil z score
p.value_x4=2*pnorm(-abs(zx4))

#untuk X5
ax5_1=newdata$X5[(newdata$X5=="0" &
newdata$X6 == "0")]
ax5_2=newdata$X5[(newdata$X5=="1" &
newdata$X6 == "0")]
ax5_3=newdata$X5[(newdata$X5=="0" &
newdata$X6 == "1")]

```

```

ax5_4=newdata$X5[(newdata$X5=="1" &
newdata$X6 == "1")]
X5tes = as.table(rbind(c(length((ax4_1)),
length((ax5_2))), c(length((ax5_3)),length((ax5_4)))))
colnames(X5tes) <- rownames(X5tes) <- c("0", "1")
names(dimnames(X5tes)) = c("X6", "X5")
x5_0=length((ax5_1))
n5_0=length((ax5_1))+length((ax5_2))
x5_1=length((ax5_3))
n5_1=length((ax5_3))+length((ax5_4))
z.propx5 = function(x5_0,x5_1,n5_0,n5_1){
Numeratorx5 = ((x5_0)/(n5_0)) - ((x5_1)/(n5_1))
p.commonx5 = ((x5_0)+(x5_1)) / ((n5_0)+(n5_1))
denominatorx5 = sqrt(p.commonx5 * (1-p.commonx5) *
(1/(n5_0) + 1/(n5_1)))
z.prop.risx5 = numeratorx5
return(z.prop.risx5)}
zx5=z.propx5(x5_0,x5_1,n5_0,n5_1) #memanggil z score
p.value_x5=2*pnorm(-abs(zx5))

## test balance setelah strata untuk data continu __ X1
#strata 1
bx10_1= newdata$X1[newdata$strata=="1" &
newdata$X6 == "0"]
bx11_1= newdata$X1[newdata$strata=="1" &
newdata$X6 == "1"]
nx10_1=length(bx10_1)
nx11_1=length(bx11_1)
ttest <- function(m1,m2,s1,s2,n1,n2,m0=0,
equal.variance=FALSE)
{diff_mean <- (m1-m2-m0)
return(diff_mean)}
tx11=ttest( mean(bx10_1), mean(bx11_1), sd(bx10_1),
sd(bx11_1), nx10_1, nx11_1)
#strata 2
bx10_2= newdata$X1[newdata$strata=="2" &
newdata$X6 == "0"]
bx11_2= newdata$X1[newdata$strata=="2" &

```

```

newdata$X6 == "1"]
nx10_2=length(bx10_2)
nx11_2=length(bx11_2)
ttest <- function(m1,m2,s1,s2,n1,n2,m0=0,
equal.variance=FALSE)
{diff_mean <- (m1-m2-m0)
return(diff_mean)}
tx12=ttest( mean(bx10_2), mean(bx11_2), sd(bx10_2),
sd(bx11_2), nx10_2, nx11_2)
:
:
## test balance setelah strata untuk data kategori __ X5
#strata1
ax51_1=newdata$X5[(newdata$X5=="0" &
newdata$strata == "1" & newdata$X6 == "0")]
ax51_2=newdata$X5[(newdata$X5=="1" &
newdata$strata == "1" & newdata$X6 == "0")]
ax51_3=newdata$X5[(newdata$X5=="0" &
newdata$strata == "1" & newdata$X6 == "1")]
ax51_4=newdata$X5[(newdata$X5=="1" &
newdata$strata == "1" & newdata$X6 == "1")]
X5tes1 = as.table(rbind(c(length((ax51_1)),
length((ax51_2))),c(length((ax51_3)),
length((ax51_4)))))
colnames(X5tes1) <- rownames(X5tes1) <- c("0", "1")
names(dimnames(X5tes1)) = c("X6", "X5")
x5_01=length((ax51_1))
n5_01=length((ax51_1))+length((ax51_2))
x5_11=length((ax51_3))
n5_11=length((ax51_3))+length((ax51_4))
z.propx51 = function(x5_01,x5_11,n5_01,n5_11){
Numeratorx51 = ((x5_01)/(n5_01)) - ((x5_11)/(n5_11))
p.commonx51 = ((x5_01)+(x5_11)) / ((n5_01)+(n5_11))
denominatorx51 = sqrt(p.commonx51 * (1-p.commonx51) *
(1/(n5_01) + 1/(n5_11)))
z.prop.risx51 = numeratorx51
return(z.prop.risx51)}
zx51=z.propx51(x5_01,x5_11,n5_01,n5_11) #call z score

#strata2
ax52_1=newdata$X5[(newdata$X5=="0" &

```

```

newdata$strata=="2" & newdata$X6 == "0") ]
ax52_2=newdata$X5[(newdata$X5=="1" &
newdata$strata=="2" & newdata$X6 == "0") ]
ax52_3=newdata$X5[(newdata$X5=="0" &
newdata$strata=="2" & newdata$X6 == "1") ]
ax52_4=newdata$X5[(newdata$X5=="1" &
newdata$strata=="2" & newdata$X6 == "1") ]
X5tes2 = as.table(rbind(c(length((ax52_1)),
length((ax52_2))),c(length((ax52_3)),
length((ax52_4)))))
colnames(X5tes2) <- rownames(X5tes2) <- c("0", "1")
names(dimnames(X5tes2)) = c("X6", "X5")
x5_02=length((ax52_1))
n5_02=length((ax52_1))+length((ax52_2))
x5_12=length((ax52_3))
n5_12=length((ax52_3))+length((ax52_4))
z.propx52 = function(x5_02,x5_12,n5_02,n5_12){
Numeratorx52 = ((x5_02)/(n5_02)) - ((x5_12)/(n5_12))
p.commonx52 = ((x5_02)+(x5_12)) / ((n5_02)+(n5_12))
denominatorx52 = sqrt(p.commonx52 * (1-p.commonx52) *
(1/(n5_02) + 1/(n5_12)))
z.prop.risx52 = numeratorx52
return(z.prop.risx52)}
zx52=z.propx52(x5_02,x5_12,n5_02,n5_12)#fungsi z score

#estimasi ATE
Y1.QT0 <- (newdata$Y[newdata$X8==0 &
newdata$strata==1])
Y1.QT1 <- (newdata$Y[newdata$X8==1 &
newdata$strata==1])
Y2.QT1 <- (newdata$Y[newdata$X8==1 &
newdata$strata==2])
Y2.QT0 <- (newdata$Y[newdata$X8==0 &
newdata$strata==2])
P11=mean(Y1.QT1)
P10=mean(Y1.QT0)
P21=mean(Y2.QT1)
P20=mean(Y2.QT0)

```

```

c(tx1,p.value_x2,p.value_x3,p.value_x4,tx5,p.value_x6,
p.value_x7,tx11,tx12,zx21,zx22,zx31,zx32,zx41,zx42,
tx51,tx52,zx61,zx62,zx61,zx72,P11,P10,P21,P20) }
> set.seed(2000)
> boot.bedamean2 <- boot(data_NDP, fn.boot.bedamean2,
R=200, stype="i")

```

Setelah bootstrap dilakukan, langkah selanjutnya adalah menghitung estimasi ATE dengan bootstrap pada masing-masing strata dan dilanjutkan dengan pengujian balance kovariat serta uji signifikansi parameter ATE yang sudah diestimasi. Berikut ini perintah yang diketikkan di R.

```

> Y11_bar=(boot.bedamean2$t[,16])
> Y10_bar=(boot.bedamean2$t[,17])
> Y21_bar=(boot.bedamean2$t[,18])
> Y20_bar=(boot.bedamean2$t[,19])
> mean_bootstrata1=Y11_bar-Y10_bar
> mean_bootstrata2=Y21_bar-Y20_bar
> theta1.boot=((nt1+nc1)*
(mean_bootstrata1))/(nt+nc) #ate_S1
> theta2.boot=((nt2+nc2)*
(mean_bootstrata2))/(nt+nc) # ate strata2
> theta_hat2.boot=(theta1.boot+theta2.boot) #ate boot
> theta1.bar.boot=mean(theta1.boot)
> theta2.bar.boot=mean(theta2.boot)
> theta_hat2.bar.boot=mean(theta_hat2.boot)
> num.se2=sum((theta_hat2.boot-theta_hat2.bar.boot)^2)
> denum.se2=boot.bedamean2$R - 1
> se2=num.se2/denum.se2 #estimasi SE bootstrap

## calculate p-value
> se_boot2=sqrt(diag(cov(boot.bedamean2$t))) # se
> z2_1.under.h0=(boot.bedamean2$t[,1]-
boot.bedamean2$t0[1])/se_boot2[1]
> z2_2.under.h0=(boot.bedamean2$t[,2]-
boot.bedamean2$t0[2])/se_boot2[2]
:
> z2_15.under.h0=(boot.bedamean2$t[,15]-

```

```

boot.bedamean2$t0[15])/se_boot2[15]
> z2_ate.under.h0=(theta_hat2 - theta_hat2.bar.boot)/se2

> p.value2_1 = 1/(1+boot.bedamean2$R) *
  (1+sum(ifelse(abs(z2_1.under.h0)>=
    abs(tx1$statistic),1,0)))
> p.value2_2 = 1/(1+boot.bedamean2$R) *
  (1+sum( ifelse(abs(z2_2.under.h0) >=
    abs(tx1$statistic),1,0)))
> p.value2_3 = 1/(1+boot.bedamean2$R) *
  (1+sum( ifelse(abs(z2_3.under.h0) >= abs(zx3),1,0)))
:
> p.value2_15 = 1/(1+boot.bedamean2$R) *
  (1+sum( ifelse(abs(z2_15.under.h0) >= abs(zx52),1,0)))
> p.value2_ate = 1/(1+boot.bedamean2$R) *
  (1+sum( ifelse(abs(z2_ate.under.h0) >= abs(t2),1,0)))

#summary balance bootstrap __ p value
> summary.bal.bootstrata2=cbind(c(p.value2_1,p.value2_6,
  p.value2_7),c(p.value2_2,p.value2_8,p.value2_9),
  c(p.value2_3,p.value2_10,p.value2_11),
  c(p.value2_4,p.value2_12,p.value2_13),
  c(p.value2_5,p.value2_14,p.value2_15))
> colnames(summary.bal.bootstrata2) <-
  c("X1", "X2","X3","X4","X5"

> rownames(summary.bal.bootstrata2) <-
  c("before strata","strata 1", "strata 2")

```

Diperoleh hasil pengujian balance dan estimasi ATE sebagai berikut

```

> summary.bal.bootstrata2

```

	X1	X2	X3	X4
before strata	0.5074627	0.00497512	0.0348259	0.5472637
strata 1	0.9054726	0.33333333	0.8557214	0.7462687
strata 2	0.4676617	0.46268657	0.2835821	0.8258706

```

                                X5
before strata 0.0049751
strata 1      0.1194030
strata 2      0.6218905

> theta1.bar.boot           # TE strata 1
[1] 0.2563184

> theta2.bar.boot           # TE strata 2
[1] 0.2047533

> theta_hat2.bar.boot       # ATE bootstrap
[1] 0.4610718

> se2                       # se bootstrap
[[1]] 0.01330783

> p.value2_ate              # p value ATE
[1] 0.004975124

```

Hasil pengujian balance dari output diatas menunjukkan bahwa sebelum dilakukan stratifikasi terdapat 3 kovariat yang *imbalance*, hal ini ditunjukkan oleh nilai *p-value* yang kurang dari $\alpha = 5\%$. Kovariat tersebut adalah lama pasien menderita DM (X2), jenis kelamin pasien (X3), dan status hipertensi (X5). Setelah dilakukan stratifikasi berdasarkan nilai propensity, diperoleh bahwa semua kovariat sudah balance pada semua strata ($p\text{-value} > \alpha = 5\%$). Hal ini menunjukkan bahwa metode propensity score stratification bootstrap telah mereduksi bias dari *confounding* dan tahapan bisa dilanjutkan ke estimasi ATE.

Berdasarkan output diatas juga diperoleh informasi bahwa efek perlakuan pada strata 1 sebesar 0,256 dan pada strata 2 sebesar 0,205, serta estimasi efek perlakuan (ATE) secara keseluruhan adalah sebesar 0,461 dengan standar error sebesar 0,013. Nilai $p\text{-value} < \alpha = 5\%$ menunjukkan bahwa kadar asam urat serum tinggi berpengaruh signifikan terhadap kejadian Neuropati Diabetik Perifer (NDP). Kesimpulan ini

sama dengan yang diperoleh ketika menggunakan PSS tanpa bootstrap.

References

- Akolo, I.R. *Propensity Score Stratification Bootstrap menggunakan Regresi Logistik Biner pada Kasus Diabetes Melitus (DM)*. Surabaya: Statistika ITS
- Austin, P.C. (2011). *A Tutorial and Case Study in Propensity Score Analysis: AN Application to Estimating the Effect of In-Hospital Smoking Cessation Counseling on Mortality*. *Multivariate Behavioral Research*, 46:119–151
- Dehejia, R.H., & Wahba, S. (1999). *Causal Effect in Nonexperimental Studies: Reevaluating the Evaluation of Training Programs*. *Journal of the American Statistical Association*, Vol.94 No. 448
- D'Agostino, R.B. (1998) *Tutorial in Biostatistics Propensity Score Method for Bias Reduction in the Comparison of a Treatment to a Non-Randomized Control Group*. 17, 2265-2281
- Efron, B., & Tibshirani, Robert J. (1993). *An introduction to the Bootstrap*. New York: Chapman & Hall
- Guo, S. & Fraser, M. W. (2010). *Propensity score analysis: Statistical methods and applications*. California: Sage Publications
- Imbens, G. W. (2004). *Nonparametric estimation of average treatment effects under exogeneity: A review*. *The Review of Economics and Statistics*, 86, pp. 4–29
- Islamiah, F. *Propensity Score menggunakan Regresi Logistik pada Kasus Data HIV/AIDS LSM Orbit Surabaya*. Surabaya: Statistika ITS
- Littnerova, S., Jarkovsky, J., Parenica, J., Pavlik, T., Spinar, J., & Dusek, L. (2013). *Why to use Propensity Score in*

Observational Studies? Case Study Based on Data from the Czech Clinical Database AHEAD 2006-09, cor et Vasa, 55(4), pp. 383-390.

- McCaffrey, D.F., Ridgeway, G., & Moral, A.R. (2004). *Propensity Score Estimation with Boosted Regression for Evaluating Causal Effect in Observational Studies*. *Psychological Method*, 9(4), pp 403.
- McCandless, L.C., Gustafson, P., & Austin, P.C. (2009). *Bayesian propensity score analysis for observational data*. *Statistics in Medicine*, 28, pp 94-112.
- Ningsih, S. (2016).
- Pan, W., & Bai, H. (2015). *Propensity Score Analysis: Fundamental and Developments*. New York: Gulford Press
- Rosenbaum, P.R. (2010). *Design of Observational Studies*. New York: Springer
- Rosenbaum, P.R., & Rubin, D.B. (1983). *The Central Role of the Propensity Score in Observational Studies for Causal Effects*. *Journal Biometrika*, vol.70, No.1, pp 41-55.
- Tu, W., & Zhou, X.H. (2002). *A Bootstrap Confidence Interval Procedure for the Treatment Effect Using Propensity Score Subclassification*. *Health Services & Outcomes Research Methodology* 3: 135–147
- Yanovitzky, I., Zanutto, E., & Hornik, R. (2005). *Estimating Causal Effects of Public Health Education Campaigns using Propensity Score Methodology*. *Journal Elsevier Evaluation and Program Planning* 28 (2005) pp. 209–220.

Lampiran

1. Data DM untuk Propensity Score Stratification (PSS) dan PSS Bootstrap

No	Y	X1	X2	X3	X4	X5	X6
1	1	60	5.5	0	1	0	0
2	1	45	2.5	1	0	0	1
3	1	59	5	1	1	0	0
4	1	59	5	0	1	0	1
5	1	49	2	1	0	0	0
6	1	45	1.5	1	1	0	0
7	1	65	16	1	0	0	1
8	1	58	4	1	0	0	0
9	1	46	18	1	0	0	1
10	1	62	5	0	0	0	1
11	1	33	2.5	0	1	0	1
12	1	40	5	1	0	0	1
13	1	48	3	1	1	0	1
14	1	57	15	1	1	0	0
15	0	39	3	1	1	0	1
16	0	58	5	1	1	0	0
17	0	56	1.5	0	0	0	0
18	0	50	2	1	0	0	0
19	0	52	6	1	0	0	1
20	0	59	3	1	1	0	0
21	0	56	2	0	0	0	0
22	0	58	2.5	1	0	0	0
23	0	45	5	0	1	0	0
24	0	47	5	1	0	0	0
25	0	61	2	0	0	0	0
26	0	51	4	1	1	0	0
27	0	55	5	1	1	0	0
28	0	55	2.5	0	0	0	0
29	0	41	2.5	0	1	0	0
30	0	50	5	1	1	0	0

31	0	54	2	0	1	0	0
32	0	47	1.6	1	0	0	0
33	0	55	3	1	0	0	0
34	1	51	12	0	1	1	1
35	1	58	2.5	1	0	1	1
36	1	59	10	1	1	1	0
37	1	46	8	0	1	1	1
38	1	42	10	1	1	1	0
39	1	43	4	0	0	1	1
40	1	65	6	0	1	1	0
41	1	56	15	0	0	1	1
42	1	62	4	0	0	1	1
43	1	51	3	0	0	1	1
44	1	65	6	0	1	1	1
45	1	55	7	0	1	1	1
46	1	65	3.5	1	1	1	1
47	1	51	10	0	1	1	1
48	1	44	9	0	0	1	1
49	1	50	14	0	1	1	1
50	1	53	2	0	1	1	1
51	1	60	5	0	1	1	1
52	1	63	5	0	1	1	1
53	1	59	13	0	1	1	1
54	1	62	8	1	1	1	1
55	1	57	12	1	1	1	1
56	1	63	9	0	1	1	1
57	1	65	10	1	1	1	0
58	1	61	13	0	0	1	1
59	1	61	15	1	1	1	1
60	1	48	1.5	0	0	1	0
61	1	50	5	0	1	1	1
62	1	56	10	1	0	1	1
63	1	59	20	1	0	1	1
64	1	56	10	0	0	1	1
65	1	55	6	0	1	1	1

66	1	51	10	0	0	1	1
67	1	65	10	0	1	1	1
68	1	51	5	0	1	1	1
69	1	55	6	0	1	1	0
70	1	64	3	0	1	1	1
71	1	55	20	0	0	1	0
72	1	65	6	0	1	1	1
73	0	52	8	0	1	1	0
74	0	39	7	1	0	1	0
75	0	65	6	1	0	1	0
76	0	63	10	1	0	1	1
77	0	62	3.5	0	0	1	1
78	0	46	3	0	0	1	0
79	0	61	4	0	0	1	0
80	0	48	6	0	1	1	0
81	0	63	1.5	1	0	1	0
82	0	65	8	1	0	1	0

1. Data HIV LSM Surabaya untuk PSW

No	Y	X1	X2	X3	X4	X5	X6	X7	X8	X9	X10	X11	X12	X13
1	0	1	37	2	2	3	1	4	0	2	1	1	1	2
2	0	1	31	2	2	3	1	2	0	1	2	1	2	2
3	0	1	30	2	2	2	1	2	0	4	1	1	2	2
4	0	1	43	2	2	3	3	4	0	1	1	2	2	2
5	1	1	31	2	1	4	3	4	0	4	3	1	2	2
6	0	1	37	2	1	4	3	4	0	1	1	2	2	2
7	0	1	33	2	1	4	1	2	1	1	1	1	2	2
8	1	2	28	1	2	2	1	1	1	4	1	2	2	2
9	1	2	28	1	2	2	1	1	0	4	1	2	2	2
10	0	2	23	1	1	4	1	4	0	4	3	2	2	2
11	0	1	32	0	1	4	3	4	0	1	1	2	1	2
12	0	1	29	0	1	4	1	2	0	4	3	2	2	2
13	1	1	34	1	2	4	3	4	0	3	1	2	2	2
14	0	1	42	0	1	4	1	2	1	1	2	2	2	1
15	0	1	32	2	1	4	1	2	0	4	3	2	2	2
16	0	1	34	2	1	4	3	4	0	1	1	1	2	2
17	0	1	46	2	1	4	3	4	0	1	1	2	2	2
18	0	1	35	2	1	4	3	4	0	4	2	1	1	2
19	0	1	35	2	1	4	3	2	0	4	1	2	1	2
20	1	1	38	2	1	4	3	4	0	4	1	1	1	2
21	0	1	31	2	1	4	1	4	0	4	2	1	1	2
22	0	1	32	2	1	4	3	4	0	4	2	2	2	1
23	0	1	32	0	1	4	3	4	0	1	1	1	1	2
24	0	1	35	2	2	2	3	4	0	4	1	1	1	2
25	1	1	35	2	1	3	3	4	0	1	3	2	2	2
26	0	1	37	1	1	4	3	2	0	4	1	1	1	2
27	0	1	39	2	2	3	1	4	0	1	2	1	1	2
28	0	1	30	2	2	4	1	2	0	4	1	2	2	2
29	1	1	24	0	1	4	3	4	0	4	3	1	2	2

30	0	1	35	0	1	4	3	4	0	3	1	2	2	2
31	0	1	35	2	2	3	1	1	0	4	1	1	1	2
32	0	1	31	0	1	4	3	4	0	4	2	1	1	2
33	0	1	32	1	2	2	3	4	0	4	1	2	2	2
34	0	1	34	2	1	4	3	4	0	4	1	1	1	2
35	0	1	30	2	1	4	3	4	0	1	2	1	1	2
36	0	1	30	2	1	4	3	4	0	4	1	1	1	2
37	0	1	31	0	1	4	3	4	0	4	1	1	2	2
38	0	1	32	0	1	4	3	4	0	1	1	1	2	2
39	0	1	31	2	2	1	1	3	0	4	1	2	2	1
40	0	1	29	2	1	4	3	4	0	4	1	1	1	2
41	0	1	33	2	1	4	3	2	0	1	1	1	1	2
42	0	1	35	2	2	4	3	2	0	4	2	2	2	1
43	1	1	35	3	1	3	3	4	0	1	1	2	2	1
44	0	1	37	2	2	3	3	4	0	4	1	2	1	2
45	1	1	22	0	1	4	3	2	0	4	3	1	2	2
46	0	1	39	2	1	4	1	2	0	4	1	2	2	2
47	0	1	32	2	2	3	3	4	0	1	1	1	2	2
48	0	1	35	2	1	4	3	4	0	1	1	2	2	2
49	0	1	32	1	2	4	3	4	0	4	3	2	1	1
50	0	1	37	2	1	4	3	4	0	4	3	2	2	2
51	0	1	37	1	2	4	3	4	0	4	2	2	2	2
52	0	1	41	2	1	4	3	4	1	1	1	1	1	1
53	0	1	36	2	2	2	3	2	0	4	1	2	2	2
54	0	1	34	0	1	4	1	4	0	4	3	2	2	2
55	0	1	34	2	1	4	1	2	0	4	1	2	2	2
56	0	1	33	0	1	4	3	4	0	4	3	2	2	2
57	0	1	36	1	1	4	1	4	0	1	1	1	1	2
58	0	1	36	1	1	4	1	4	0	4	1	1	1	2
59	0	1	27	2	1	4	3	4	0	4	1	1	2	2
60	1	1	29	3	2	3	3	2	1	4	1	2	2	2
61	1	1	35	2	2	2	3	4	0	4	2	2	2	1

62	0	1	33	2	2	3	1	2	0	1	1	1	1	2
63	0	1	25	1	2	2	1	2	0	4	1	1	2	2
64	0	1	48	2	2	1	3	4	0	1	1	2	1	2
65	0	1	31	2	2	2	3	4	0	1	1	1	1	1
66	0	1	28	2	2	2	3	2	0	4	1	1	2	2
67	0	1	33	2	1	4	2	4	0	1	2	1	2	2
68	0	1	38	2	1	4	1	4	0	4	2	2	2	2
69	1	1	32	2	1	4	3	4	1	4	2	1	1	2
70	0	1	35	2	1	4	1	2	0	4	2	2	2	1
71	0	1	31	2	1	4	3	4	0	1	1	1	1	2
72	0	1	28	2	2	2	3	2	0	1	3	2	2	2
73	0	1	30	2	1	4	1	2	0	4	1	1	1	1
74	1	2	41	0	1	4	3	4	0	1	3	2	2	2
75	0	1	38	2	2	2	1	2	0	4	3	2	1	2
76	1	1	33	2	1	4	3	2	1	4	1	2	2	1
77	1	1	33	0	1	4	3	4	0	4	2	2	2	2
78	1	1	30	2	1	4	3	4	0	4	2	1	1	2
79	1	1	30	2	1	4	3	2	0	4	3	2	2	1
80	0	1	26	2	1	4	3	4	0	1	1	1	1	2
81	0	1	34	0	1	4	3	4	0	1	2	1	1	2
82	0	1	33	2	1	4	2	4	1	1	2	1	1	1
83	0	1	23	2	2	2	1	2	0	4	3	2	2	2
84	0	1	25	2	1	4	1	4	0	1	2	1	1	2
85	0	1	33	0	1	4	3	4	0	1	1	2	2	2
86	0	1	35	2	2	4	3	4	0	4	3	2	2	2
87	0	1	31	2	2	3	3	4	0	1	1	1	1	1
88	0	1	24	2	1	4	1	2	0	1	2	2	1	2
89	0	2	24	2	2	3	2	4	0	2	1	1	2	2
90	0	1	32	2	2	2	1	2	0	4	1	2	2	2
91	0	1	28	2	2	2	1	2	0	4	1	1	2	2
92	1	1	26	2	2	4	3	2	0	1	2	2	2	2

93	1	1	28	2	2	4	3	4	0	4	1	1	2	2
94	0	1	36	0	1	4	3	4	0	4	2	1	1	2
95	0	1	33	0	1	4	3	4	0	4	1	1	1	2
96	1	1	28	2	1	4	3	4	0	4	1	2	2	2
97	0	1	37	0	1	4	3	4	0	4	2	2	1	1
98	0	1	49	2	2	3	3	4	0	4	1	2	2	2
99	0	1	28	3	1	4	1	4	0	4	2	2	2	2
100	1	1	23	1	2	4	1	2	0	2	2	2	2	2
101	0	1	36	3	2	3	1	4	0	3	2	2	2	1
102	0	1	35	2	1	2	3	4	1	4	3	1	1	1
103	0	1	33	2	2	2	3	4	0	5	3	2	2	1
104	1	1	31	2	1	4	3	1	0	4	2	2	2	1
105	1	1	29	2	2	2	1	2	0	4	1	2	2	1
106	0	1	30	2	1	4	3	4	0	4	1	1	2	2
107	0	1	35	2	2	4	1	2	0	1	1	2	2	1
108	0	1	33	2	2	2	1	4	0	4	2	1	1	1
109	0	1	33	2	1	4	1	2	1	1	1	1	1	2
110	0	1	33	2	1	4	1	2	0	1	1	1	1	2
111	0	1	31	0	1	4	1	2	0	3	1	2	1	2
112	1	1	28	2	1	4	1	2	0	4	3	1	1	2
113	0	1	33	2	1	4	3	4	0	4	1	1	2	2
114	1	1	26	0	1	4	1	4	0	4	1	2	2	2
115	0	1	37	1	1	4	3	2	0	1	1	1	1	2
116	0	1	37	2	1	4	3	4	0	1	1	2	2	2
117	0	1	31	2	1	4	3	4	0	4	1	1	2	2
118	1	1	33	2	1	4	3	2	0	5	1	2	2	2
119	1	1	32	2	1	4	3	4	0	1	1	1	1	1
120	0	1	34	0	1	4	3	4	0	1	1	1	1	2
121	0	1	28	3	2	3	3	4	1	1	1	1	2	1
122	0	1	31	2	1	4	3	4	0	4	1	1	1	2
123	1	1	38	1	2	4	3	4	0	4	1	2	1	2
124	0	1	36	2	1	4	1	2	0	4	2	1	1	2

125	0	1	34	2	1	4	3	4	0	4	2	1	1	1
126	1	1	25	1	1	4	1	4	0	4	1	1	1	2
127	0	1	35	0	1	4	3	4	0	4	2	2	2	2
128	0	1	30	3	2	3	3	3	0	1	3	1	1	1
129	0	1	33	1	1	4	3	2	0	4	1	2	2	2
130	0	1	32	2	1	4	3	4	0	1	1	1	1	2
131	0	1	46	2	2	3	1	4	0	2	2	1	1	2
132	0	1	31	2	1	4	3	2	0	4	1	2	2	2
133	1	1	35	1	2	2	3	4	0	4	3	2	2	1
134	0	1	37	0	1	4	3	4	0	1	3	2	2	2
135	0	1	37	1	2	4	1	2	0	4	3	2	2	1
136	0	1	28	0	1	4	1	2	0	3	1	1	2	2
137	0	1	22	1	1	4	3	4	0	4	1	1	2	2
138	1	2	29	3	2	3	1	3	0	1	1	1	1	2
139	0	1	29	2	2	4	1	2	0	4	1	1	1	2
140	1	1	28	2	1	4	1	2	0	4	1	2	2	2
141	0	1	40	2	2	2	1	2	0	4	1	1	1	2
142	0	1	42	2	2	3	3	4	0	1	1	2	1	2
143	0	1	27	0	1	4	2	4	0	4	1	1	1	2
144	0	1	32	2	2	2	3	4	0	4	1	2	2	2
145	0	1	31	2	2	3	3	4	0	1	1	1	2	2
146	0	1	29	2	2	3	1	2	0	1	2	1	1	2
147	0	1	33	2	2	2	3	4	0	4	1	1	2	2
148	1	1	25	2	1	4	1	4	1	1	2	1	1	1
149	0	1	28	2	1	4	1	2	0	4	1	2	2	2
150	1	1	58	0	1	4	3	4	0	1	1	1	1	1
151	1	1	33	0	1	4	3	4	0	4	1	1	1	2
152	0	1	46	2	1	4	1	2	0	4	1	2	2	2
153	1	1	32	2	2	3	3	4	0	4	1	2	2	2
154	0	1	35	2	2	3	3	4	0	1	1	1	1	2
155	0	1	18	0	1	4	1	2	0	2	1	1	2	2

156	0	1	36	0	1	4	3	4	0	1	1	1	1	2
157	1	1	33	2	2	3	3	4	0	1	2	2	2	2
158	0	1	28	2	2	2	3	4	1	4	2	1	1	1
159	0	1	29	2	2	2	3	4	0	4	1	2	2	2
160	0	1	34	2	1	4	1	4	0	4	2	2	2	2
161	0	1	28	2	2	3	3	4	0	4	1	2	1	2
162	1	1	31	2	1	4	3	4	0	4	1	1	1	2
163	1	1	22	0	1	4	1	2	0	1	2	1	1	2
164	0	1	36	0	1	4	1	2	0	4	2	2	2	2
165	0	1	28	2	1	4	3	4	0	4	1	2	2	2
166	1	1	35	2	1	4	3	4	0	4	1	1	2	2
167	0	1	34	1	1	4	3	4	0	1	1	1	2	2
168	0	1	31	2	2	3	3	4	0	4	1	1	1	2
169	0	1	31	2	2	3	3	4	0	4	1	1	1	2
170	0	1	32	2	2	2	1	4	0	4	3	2	2	2
171	0	1	43	3	1	4	3	4	0	1	1	1	1	2
172	0	1	26	2	1	4	3	2	0	4	2	2	2	2
173	0	1	33	2	2	3	3	4	0	4	1	1	2	2
174	1	1	29	0	1	4	1	2	0	1	2	1	1	2
175	0	1	24	0	1	4	1	2	0	4	3	2	2	2
176	1	1	33	2	1	4	1	2	0	4	2	2	2	1
177	0	1	33	2	1	4	1	2	0	4	1	1	2	2
178	0	1	34	2	1	4	1	2	0	3	1	1	2	2
179	1	1	35	2	2	2	1	2	0	4	1	2	2	2
180	0	1	37	2	1	4	3	4	0	4	1	2	2	2
181	0	1	38	2	1	4	1	4	0	4	2	1	1	2
182	0	1	34	2	1	4	1	2	0	4	1	2	2	2
183	0	1	29	1	1	4	1	3	0	1	3	2	2	2
184	0	1	31	2	2	2	3	4	1	4	3	1	1	2
185	0	1	36	2	2	2	3	4	1	5	1	1	1	1
186	0	1	34	2	1	4	1	2	0	4	1	2	2	2
187	0	1	29	2	2	3	1	4	0	1	2	1	1	2

188	0	1	31	0	1	4	3	4	0	1	1	1	1	2
189	0	1	34	2	1	4	1	2	0	4	3	1	1	2
190	0	1	33	0	1	4	3	2	0	4	1	2	2	2
191	0	2	38	2	1	4	2	4	0	1	1	2	2	2
192	0	1	34	0	1	4	3	4	0	1	1	2	2	2
193	0	1	34	0	1	4	3	4	1	1	1	1	1	2
194	0	1	30	1	1	4	3	4	0	4	3	2	2	2
195	0	1	28	0	1	4	3	4	0	2	1	1	1	2
196	0	1	47	2	1	2	3	4	0	4	2	1	1	2
197	0	1	38	2	2	3	3	4	0	1	1	1	2	2
198	0	1	38	2	2	3	3	4	0	1	1	1	1	1
199	0	1	25	2	1	4	3	4	0	4	3	1	2	2
200	0	1	29	0	1	4	3	4	0	4	1	1	1	2
201	1	1	35	2	2	3	3	4	0	4	3	2	1	2
202	0	1	34	2	1	4	1	4	0	4	1	1	2	2
203	1	1	27	2	1	4	1	2	0	1	1	2	2	2
204	0	1	32	2	1	4	1	4	0	1	1	1	1	2
205	0	1	33	0	1	4	3	4	0	4	3	2	2	2
206	0	1	33	0	1	4	3	4	0	4	2	2	2	2
207	0	1	29	2	1	4	1	2	0	4	1	2	2	2
208	0	1	34	2	1	4	3	4	0	4	2	1	2	2
209	1	1	35	0	1	4	3	4	1	1	1	1	1	1
210	0	1	35	0	1	4	3	4	0	4	1	1	1	2
211	0	1	33	2	1	4	1	2	0	4	2	1	1	2
212	0	1	34	2	2	4	1	4	0	1	1	2	2	2
213	0	1	39	2	1	4	3	4	0	4	1	2	2	2
214	0	1	26	2	1	4	3	4	0	4	1	2	2	2
215	0	1	39	2	1	4	3	2	0	4	3	2	2	2
216	0	1	23	0	1	4	1	3	0	3	1	1	2	2
217	1	1	33	1	1	4	3	4	0	4	1	1	2	2
218	1	1	31	1	1	4	1	4	0	4	1	1	1	1

2. Data HIV RS X untuk Propensity Score with Marginal Mean Weighting through Stratification

RES	IO (Y)	X1.1	x1.2	X1.3	X1.4	X1.5	X2.1	X2.2	KPH©
1	2	1	1	1	2	2	3	2	1
2	2	4	1	3	2	2	2	3	2
3	1	1	2	1	1	1	2	1	1
4	2	3	1	2	2	2	3	2	2
5	2	1	1	2	1	1	3	3	2
6	2	1	1	2	1	1	3	3	1
7	1	1	1	1	2	2	1	1	1
8	1	1	1	1	1	1	2	2	1
9	2	1	1	3	2	1	3	3	1
10	2	2	1	2	2	2	3	2	2
11	2	1	1	2	1	1	4	3	2
12	2	2	1	3	2	2	2	3	2
13	1	4	1	3	2	1	1	1	2
14	1	4	2	3	2	1	2	2	2
15	1	2	1	2	2	2	3	2	1
16	1	1	1	1	1	1	2	2	1
17	1	1	2	1	1	1	1	1	1
18	1	1	2	2	1	1	2	2	1
19	2	2	1	2	2	2	4	3	2
20	2	2	1	2	2	2	3	2	1
21	1	2	1	2	1	1	1	1	1
22	2	1	1	2	2	2	3	2	1
23	1	1	2	1	1	2	1	1	1
24	2	2	1	2	2	2	4	3	2
25	2	4	1	3	2	2	2	3	1
26	1	1	1	2	1	1	2	2	1
27	1	1	1	1	1	1	3	3	1
28	2	1	1	1	2	2	4	3	1

29	1	1	2	1	2	1	1	1	1
30	2	1	2	2	1	1	3	3	2
31	1	1	2	1	2	1	2	2	1
32	2	1	1	1	1	1	4	3	2
33	1	4	1	3	2	2	1	1	2
34	1	1	2	1	1	1	3	2	1
35	1	1	2	1	1	2	3	2	1
36	2	2	1	2	2	2	4	3	2
37	1	1	1	1	1	1	2	1	1
38	2	3	1	2	2	2	4	3	1
39	2	1	2	2	2	2	3	3	2
40	2	3	2	3	2	2	3	2	1
41	2	1	2	1	1	1	3	3	2
42	1	1	2	1	1	1	2	2	1
43	2	1	1	1	1	2	4	3	2
44	2	1	1	2	2	1	3	2	1
45	2	1	2	3	2	2	4	3	2
46	2	1	2	2	1	2	3	2	1
47	2	1	2	2	2	1	3	3	2
48	2	1	2	2	2	1	4	3	2
49	1	1	2	1	2	2	2	1	1
50	1	1	2	2	1	1	2	2	1
51	1	1	2	1	2	1	1	1	1
52	2	1	2	2	2	2	4	3	1
53	1	1	1	1	2	2	2	2	1
54	2	1	2	2	1	1	3	3	2
55	2	1	1	3	2	2	4	3	2
56	2	1	2	2	2	1	2	2	1
57	2	2	2	2	2	2	3	3	2
58	2	1	2	2	1	1	3	2	2
59	1	4	2	3	2	2	2	2	1

60	2	1	1	2	1	1	4	3	2
61	2	1	2	2	2	1	3	3	2
62	1	1	1	1	1	2	2	2	1
63	2	1	2	2	1	2	3	3	2
64	1	1	2	1	2	1	2	2	2
65	1	1	1	1	1	1	2	2	1
66	1	1	1	1	1	1	3	3	1
67	2	1	2	2	1	2	4	3	2
68	1	2	1	1	2	1	2	2	1
69	1	2	2	1	2	2	2	2	2
70	1	1	1	1	2	2	1	1	2
71	1	2	1	1	2	1	2	2	1
72	2	1	2	2	1	1	3	2	2
73	1	1	2	1	1	2	3	2	2
74	1	1	2	1	1	1	2	2	1
75	2	1	1	1	1	1	4	3	2
76	1	1	1	2	2	2	3	2	2
77	2	4	2	3	2	2	4	3	2
78	1	1	2	1	1	1	2	2	1
79	1	1	1	2	1	1	2	2	2
80	1	1	2	1	1	1	3	2	1
81	2	2	2	1	2	2	3	3	1
82	2	1	2	2	2	1	2	2	2
83	1	1	2	1	1	1	2	2	2
84	2	2	2	1	2	2	3	2	2
85	1	1	2	2	1	1	1	1	1
86	2	2	1	1	2	2	3	3	2
87	1	1	2	1	1	1	2	2	1
88	1	1	2	1	1	1	1	1	1
89	2	1	2	1	1	1	4	3	2
90	2	1	2	3	2	2	4	3	2

RIWAYAT PENULIS



Dr. Bambang Widjanarko Otok, M.Si lahir di Surabaya pada tahun 1968. Lulusan S1 Program studi Statistika, Institut Teknologi Sepuluh November (ITS) Surabaya pada tahun 1994, lulus pendidikan Magister Statistika di Institut Pertanian Bogor pada tahun 2000 serta program doktoral bidang Statistika Universitas Gajah Mada pada tahun 2008. Saat ini beliau memiliki jabatan Lektor Kepala. Beliau bekerja sebagai dosen mulai tahun 1994. Sampai sekarang beliau berprofesi sebagai dosen dan Kepala Laboratorium Statistika Bisnis dan Sosial di Institut Teknologi Sepuluh November Surabaya.

Beliau aktif melakukan riset dan pengajaran pada beberapa bidang statistika seperti Teori Statistika, Komputasi Statistika, Teknik Survei dan *Sampling*, Model Linier, Analisis Data, Analisis Multivariate dan lain-lain. Beliau juga aktif sebagai narasumber pelatihan statistik seperti Pemodelan statistik untuk industry, Analisis Regresi Linier, SEM, AMOSS, Pemodelan Time Series, dan lain-lain. Sejumlah karya tulis dipublikasikan dalam jurnal internasional bereputasi seperti *European Journal of Scientific Research*, *Statistic in Science*, dan nasional terakreditasi sebagai bentuk kepedulian beliau dalam penyebaran ilmu pengetahuan.



Dr. Purhadi, M.Sc lahir di Sidoarjo, pada tanggal 04 Februari 1962. Lulus dari pendidikan S1 Matematika Institute Teknologi Bandung pada tahun 1986 beliau mengabdikan sebagai dosen di ITS Surabaya. Lulus S2 Matematika Statistika dari Universitas Waseda Tokyo pada tahun 1992 sedangkan program doctoral di Universitas Gajah Mada Yogyakarta bidang keilmuan Matematika Statistika pada tahun 2005 dengan judul disertasi Rancangan Percobaan Optimal Dan Kondisi Optimum pada Model Permukaan Multirespon.

Beliau mengampu mata kuliah Kalkulus, Probabilitas, Matematik Statistik, Analisis Data Kualitatif, Model Linier dan Statistik Inferensi. Dalam dua tahun terakhir beliau memenangkan program Hibah Penelitian Dasar Unggulan PT Kemenristekdikti dengan judul Penentuan Standar Pengendalian Pelayanan Minimal Prevalensi Ispa dan Diare Suatu Wilayah dengan Pendekatan Spasial Mars dan Generalized Bivariate Poisson Regression, serta pada tahun 2018 mampu kembali menerima program Hibah Kompetensi Kemenristekdikti Penaksiran Parameter Dan Pengujian Hipotesis Pada Geographically Weighted Trivariate Generalized Poisson Regression (Studi Kasus : Jumlah Kematian Bayi, Balita dan Kematian Ibu di Provinsi Jawa Timur Tahun 2017).

Karya tulis beliau banyak dipublikasikan dalam jurnal internasional bereputasi diantaranya Applied Mathematical Sciences dengan judul Parameter Estimation of Geographically Weighted Multivariate Poisson Regression (2015), Parameter Estimation Of Geographically Weighted Multivariate T Regression Model dalam Journal of Theoretical and Applied Information Technology (2016), dan lain-lain.



Dr. Mahdalena, S.Pd., MKes merupakan dosen Poltekkes Kementerian Kesehatan Banjarmasin yang bertugas sebagai Kepala Pusat Penelitian dan Pengabdian Masyarakat Poltekkes Kemenkes Banjarmasin. Beliau tinggal di Kompleks Banua Permai No.344 RT. 39 Rw. 07 Kelurahan Sungai Besar Banjarbaru – 70714. Lulus pendidikan Diploma 3 Keperawatan di Akper Depkes

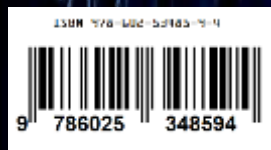
Banjarmasin pada tahun 1992, Program Bidan B di Akper Pajajaran pada tahun 1994, Program Sarjana Pendidikan di Universitas Islam Kalimantan Muhammad Arsyad Al Banjary pada tahun 1999, Magister Ilmu Kesehatan Masyarakat Universitas Airlangga Surabaya pada tahun 2002 serta lulus dalam program doktoral Ilmu Kesehatan Masyarakat di Universitas Airlangga pada tahun 2017. Sebagai dosen dan ketua Lemlit yang menghasilkan banyak karya penelitian dan pengabdian masyarakat maka telah banyak artikel dalam jurnal terindeks scopus yang telah beliau hasilkan sebagai bentuk publikasi seluruh kegiatan akademik yang dilaksanakan.

PROPENSITY SCORE Untuk Data Kesehatan

Metode *Propensity score* didefinisikan sebagai probabilitas bersyarat untuk menerima suatu *treatment* berdasarkan pada karakteristik sebelum *treatment*. Buku ini membahas tentang konsep dasar dan metode *propensity score*, penggunaan *propensity score* dalam *stratification*, *weighting* serta dalam *bootstrap*.

Buku ini disusun dalam 6 bab yang diterjemahkan dari beberapa referensi dan memuat panduan praktis yang bisa diaplikasikan untuk data kesehatan. Buku ini dilengkapi lampiran-lampiran data yang bisa dipraktekkan pembaca.

Penerbit:
STIKes Majapahit Mojokerto
Jalan Raya Jabon KM 02 Mojoanyar
Mojokerto
Telp. 0321 329915
Fax. 0321 329915
Email: mojokertostikesmajapahit@gmail.com



References

- Akolo, I.R. *Propensity Score Stratification Bootstrap menggunakan Regresi Logistik Biner pada Kasus Diabetes Melitus (DM)*. Surabaya: Statistika ITS
- Austin, P.C. (2011). *A Tutorial and Case Study in Propensity Score Analysis: AN Application to Estimating the Effect of In-Hospital Smoking Cessation Counseling on Mortality*. *Multivariate Behavioral Research*, 46:119–151
- Dehejia, R.H., & Wahba, S. (1999). *Causal Effect in Nonexperimental Studies: Reevaluating the Evaluation of Training Programs*. *Journal of the American Statistical Association*, Vol.94 No. 448
- D'Agostino, R.B. (1998) *Tutorial in Biostatistics Propensity Score Method for Bias Reduction in the Comparison of a Treatment to a Non-Randomized Control Group*. 17, 2265-2281
- Efron, B., & Tibshirani, Robert J. (1993). *An introduction to the Bootstrap*. New York: Chapman & Hall
- Guo, S. & Fraser, M. W. (2010). *Propensity score analysis: Statistical methods and applications*. California: Sage Publications
- Imbens, G. W. (2004). *Nonparametric estimation of average treatment effects under exogeneity: A review*. *The Review of Economics and Statistics*, 86, pp. 4–29
- Islamiah, F. *Propensity Score menggunakan Regresi Logistik pada Kasus Data HIV/AIDS LSM Orbit Surabaya*. Surabaya: Statistika ITS
- Littnerova, S., Jarkovsky, J., Parenica, J., Pavlik, T., Spinar, J., & Dusek, L. (2013). *Why to use Propensity Score in*

Observational Studies? Case Study Based on Data from the Czech Clinical Database AHEAD 2006-09, cor et Vasa, 55(4), pp. 383-390.

- McCaffrey, D.F., Ridgeway, G., & Moral, A.R. (2004). *Propensity Score Estimation with Boosted Regression for Evaluating Causal Effect in Observational Studies*. *Psychological Method, 9(4)*, pp 403.
- McCandless, L.C., Gustafson, P., & Austin, P.C. (2009). *Bayesian propensity score analysis for observational data*. *Statistics in Medicine, 28*, pp 94-112.
- Ningsih, S. (2016).
- Pan, W., & Bai, H. (2015). *Propensity Score Analysis: Fundamental and Developments*. New York: Gulford Press
- Rosenbaum, P.R. (2010). *Design of Observational Studies*. New York: Springer
- Rosenbaum, P.R., & Rubin, D.B. (1983). *The Central Role of the Propensity Score in Observational Studies for Causal Effects*. *Journal Biometrika*, vol.70, No.1, pp 41-55.
- Tu, W., & Zhou, X.H. (2002). *A Bootstrap Confidence Interval Procedure for the Treatment Effect Using Propensity Score Subclassification*. *Health Services & Outcomes Research Methodology 3*: 135–147
- Yanovitzky, I., Zanutto, E., & Hornik, R. (2005). *Estimating Causal Effects of Public Health Education Campaigns using Propensity Score Methodology*. *Journal Elsevier Evaluation and Program Planning 28* (2005) pp. 209–220.

Lampiran

1. Data DM untuk Propensity Score Stratification (PSS) dan PSS Bootstrap

No	Y	X1	X2	X3	X4	X5	X6
1	1	60	5.5	0	1	0	0
2	1	45	2.5	1	0	0	1
3	1	59	5	1	1	0	0
4	1	59	5	0	1	0	1
5	1	49	2	1	0	0	0
6	1	45	1.5	1	1	0	0
7	1	65	16	1	0	0	1
8	1	58	4	1	0	0	0
9	1	46	18	1	0	0	1
10	1	62	5	0	0	0	1
11	1	33	2.5	0	1	0	1
12	1	40	5	1	0	0	1
13	1	48	3	1	1	0	1
14	1	57	15	1	1	0	0
15	0	39	3	1	1	0	1
16	0	58	5	1	1	0	0
17	0	56	1.5	0	0	0	0
18	0	50	2	1	0	0	0
19	0	52	6	1	0	0	1
20	0	59	3	1	1	0	0
21	0	56	2	0	0	0	0
22	0	58	2.5	1	0	0	0
23	0	45	5	0	1	0	0
24	0	47	5	1	0	0	0
25	0	61	2	0	0	0	0
26	0	51	4	1	1	0	0
27	0	55	5	1	1	0	0
28	0	55	2.5	0	0	0	0
29	0	41	2.5	0	1	0	0
30	0	50	5	1	1	0	0

31	0	54	2	0	1	0	0
32	0	47	1.6	1	0	0	0
33	0	55	3	1	0	0	0
34	1	51	12	0	1	1	1
35	1	58	2.5	1	0	1	1
36	1	59	10	1	1	1	0
37	1	46	8	0	1	1	1
38	1	42	10	1	1	1	0
39	1	43	4	0	0	1	1
40	1	65	6	0	1	1	0
41	1	56	15	0	0	1	1
42	1	62	4	0	0	1	1
43	1	51	3	0	0	1	1
44	1	65	6	0	1	1	1
45	1	55	7	0	1	1	1
46	1	65	3.5	1	1	1	1
47	1	51	10	0	1	1	1
48	1	44	9	0	0	1	1
49	1	50	14	0	1	1	1
50	1	53	2	0	1	1	1
51	1	60	5	0	1	1	1
52	1	63	5	0	1	1	1
53	1	59	13	0	1	1	1
54	1	62	8	1	1	1	1
55	1	57	12	1	1	1	1
56	1	63	9	0	1	1	1
57	1	65	10	1	1	1	0
58	1	61	13	0	0	1	1
59	1	61	15	1	1	1	1
60	1	48	1.5	0	0	1	0
61	1	50	5	0	1	1	1
62	1	56	10	1	0	1	1
63	1	59	20	1	0	1	1
64	1	56	10	0	0	1	1
65	1	55	6	0	1	1	1

66	1	51	10	0	0	1	1
67	1	65	10	0	1	1	1
68	1	51	5	0	1	1	1
69	1	55	6	0	1	1	0
70	1	64	3	0	1	1	1
71	1	55	20	0	0	1	0
72	1	65	6	0	1	1	1
73	0	52	8	0	1	1	0
74	0	39	7	1	0	1	0
75	0	65	6	1	0	1	0
76	0	63	10	1	0	1	1
77	0	62	3.5	0	0	1	1
78	0	46	3	0	0	1	0
79	0	61	4	0	0	1	0
80	0	48	6	0	1	1	0
81	0	63	1.5	1	0	1	0
82	0	65	8	1	0	1	0

1. Data HIV LSM Surabaya untuk PSW

No	Y	X1	X2	X3	X4	X5	X6	X7	X8	X9	X10	X11	X12	X13
1	0	1	37	2	2	3	1	4	0	2	1	1	1	2
2	0	1	31	2	2	3	1	2	0	1	2	1	2	2
3	0	1	30	2	2	2	1	2	0	4	1	1	2	2
4	0	1	43	2	2	3	3	4	0	1	1	2	2	2
5	1	1	31	2	1	4	3	4	0	4	3	1	2	2
6	0	1	37	2	1	4	3	4	0	1	1	2	2	2
7	0	1	33	2	1	4	1	2	1	1	1	1	2	2
8	1	2	28	1	2	2	1	1	1	4	1	2	2	2
9	1	2	28	1	2	2	1	1	0	4	1	2	2	2
10	0	2	23	1	1	4	1	4	0	4	3	2	2	2
11	0	1	32	0	1	4	3	4	0	1	1	2	1	2
12	0	1	29	0	1	4	1	2	0	4	3	2	2	2
13	1	1	34	1	2	4	3	4	0	3	1	2	2	2
14	0	1	42	0	1	4	1	2	1	1	2	2	2	1
15	0	1	32	2	1	4	1	2	0	4	3	2	2	2
16	0	1	34	2	1	4	3	4	0	1	1	1	2	2
17	0	1	46	2	1	4	3	4	0	1	1	2	2	2
18	0	1	35	2	1	4	3	4	0	4	2	1	1	2
19	0	1	35	2	1	4	3	2	0	4	1	2	1	2
20	1	1	38	2	1	4	3	4	0	4	1	1	1	2
21	0	1	31	2	1	4	1	4	0	4	2	1	1	2
22	0	1	32	2	1	4	3	4	0	4	2	2	2	1
23	0	1	32	0	1	4	3	4	0	1	1	1	1	2
24	0	1	35	2	2	2	3	4	0	4	1	1	1	2
25	1	1	35	2	1	3	3	4	0	1	3	2	2	2
26	0	1	37	1	1	4	3	2	0	4	1	1	1	2
27	0	1	39	2	2	3	1	4	0	1	2	1	1	2
28	0	1	30	2	2	4	1	2	0	4	1	2	2	2
29	1	1	24	0	1	4	3	4	0	4	3	1	2	2

30	0	1	35	0	1	4	3	4	0	3	1	2	2	2
31	0	1	35	2	2	3	1	1	0	4	1	1	1	2
32	0	1	31	0	1	4	3	4	0	4	2	1	1	2
33	0	1	32	1	2	2	3	4	0	4	1	2	2	2
34	0	1	34	2	1	4	3	4	0	4	1	1	1	2
35	0	1	30	2	1	4	3	4	0	1	2	1	1	2
36	0	1	30	2	1	4	3	4	0	4	1	1	1	2
37	0	1	31	0	1	4	3	4	0	4	1	1	2	2
38	0	1	32	0	1	4	3	4	0	1	1	1	2	2
39	0	1	31	2	2	1	1	3	0	4	1	2	2	1
40	0	1	29	2	1	4	3	4	0	4	1	1	1	2
41	0	1	33	2	1	4	3	2	0	1	1	1	1	2
42	0	1	35	2	2	4	3	2	0	4	2	2	2	1
43	1	1	35	3	1	3	3	4	0	1	1	2	2	1
44	0	1	37	2	2	3	3	4	0	4	1	2	1	2
45	1	1	22	0	1	4	3	2	0	4	3	1	2	2
46	0	1	39	2	1	4	1	2	0	4	1	2	2	2
47	0	1	32	2	2	3	3	4	0	1	1	1	2	2
48	0	1	35	2	1	4	3	4	0	1	1	2	2	2
49	0	1	32	1	2	4	3	4	0	4	3	2	1	1
50	0	1	37	2	1	4	3	4	0	4	3	2	2	2
51	0	1	37	1	2	4	3	4	0	4	2	2	2	2
52	0	1	41	2	1	4	3	4	1	1	1	1	1	1
53	0	1	36	2	2	2	3	2	0	4	1	2	2	2
54	0	1	34	0	1	4	1	4	0	4	3	2	2	2
55	0	1	34	2	1	4	1	2	0	4	1	2	2	2
56	0	1	33	0	1	4	3	4	0	4	3	2	2	2
57	0	1	36	1	1	4	1	4	0	1	1	1	1	2
58	0	1	36	1	1	4	1	4	0	4	1	1	1	2
59	0	1	27	2	1	4	3	4	0	4	1	1	2	2
60	1	1	29	3	2	3	3	2	1	4	1	2	2	2
61	1	1	35	2	2	2	3	4	0	4	2	2	2	1

62	0	1	33	2	2	3	1	2	0	1	1	1	1	2
63	0	1	25	1	2	2	1	2	0	4	1	1	2	2
64	0	1	48	2	2	1	3	4	0	1	1	2	1	2
65	0	1	31	2	2	2	3	4	0	1	1	1	1	1
66	0	1	28	2	2	2	3	2	0	4	1	1	2	2
67	0	1	33	2	1	4	2	4	0	1	2	1	2	2
68	0	1	38	2	1	4	1	4	0	4	2	2	2	2
69	1	1	32	2	1	4	3	4	1	4	2	1	1	2
70	0	1	35	2	1	4	1	2	0	4	2	2	2	1
71	0	1	31	2	1	4	3	4	0	1	1	1	1	2
72	0	1	28	2	2	2	3	2	0	1	3	2	2	2
73	0	1	30	2	1	4	1	2	0	4	1	1	1	1
74	1	2	41	0	1	4	3	4	0	1	3	2	2	2
75	0	1	38	2	2	2	1	2	0	4	3	2	1	2
76	1	1	33	2	1	4	3	2	1	4	1	2	2	1
77	1	1	33	0	1	4	3	4	0	4	2	2	2	2
78	1	1	30	2	1	4	3	4	0	4	2	1	1	2
79	1	1	30	2	1	4	3	2	0	4	3	2	2	1
80	0	1	26	2	1	4	3	4	0	1	1	1	1	2
81	0	1	34	0	1	4	3	4	0	1	2	1	1	2
82	0	1	33	2	1	4	2	4	1	1	2	1	1	1
83	0	1	23	2	2	2	1	2	0	4	3	2	2	2
84	0	1	25	2	1	4	1	4	0	1	2	1	1	2
85	0	1	33	0	1	4	3	4	0	1	1	2	2	2
86	0	1	35	2	2	4	3	4	0	4	3	2	2	2
87	0	1	31	2	2	3	3	4	0	1	1	1	1	1
88	0	1	24	2	1	4	1	2	0	1	2	2	1	2
89	0	2	24	2	2	3	2	4	0	2	1	1	2	2
90	0	1	32	2	2	2	1	2	0	4	1	2	2	2
91	0	1	28	2	2	2	1	2	0	4	1	1	2	2
92	1	1	26	2	2	4	3	2	0	1	2	2	2	2

93	1	1	28	2	2	4	3	4	0	4	1	1	2	2
94	0	1	36	0	1	4	3	4	0	4	2	1	1	2
95	0	1	33	0	1	4	3	4	0	4	1	1	1	2
96	1	1	28	2	1	4	3	4	0	4	1	2	2	2
97	0	1	37	0	1	4	3	4	0	4	2	2	1	1
98	0	1	49	2	2	3	3	4	0	4	1	2	2	2
99	0	1	28	3	1	4	1	4	0	4	2	2	2	2
100	1	1	23	1	2	4	1	2	0	2	2	2	2	2
101	0	1	36	3	2	3	1	4	0	3	2	2	2	1
102	0	1	35	2	1	2	3	4	1	4	3	1	1	1
103	0	1	33	2	2	2	3	4	0	5	3	2	2	1
104	1	1	31	2	1	4	3	1	0	4	2	2	2	1
105	1	1	29	2	2	2	1	2	0	4	1	2	2	1
106	0	1	30	2	1	4	3	4	0	4	1	1	2	2
107	0	1	35	2	2	4	1	2	0	1	1	2	2	1
108	0	1	33	2	2	2	1	4	0	4	2	1	1	1
109	0	1	33	2	1	4	1	2	1	1	1	1	1	2
110	0	1	33	2	1	4	1	2	0	1	1	1	1	2
111	0	1	31	0	1	4	1	2	0	3	1	2	1	2
112	1	1	28	2	1	4	1	2	0	4	3	1	1	2
113	0	1	33	2	1	4	3	4	0	4	1	1	2	2
114	1	1	26	0	1	4	1	4	0	4	1	2	2	2
115	0	1	37	1	1	4	3	2	0	1	1	1	1	2
116	0	1	37	2	1	4	3	4	0	1	1	2	2	2
117	0	1	31	2	1	4	3	4	0	4	1	1	2	2
118	1	1	33	2	1	4	3	2	0	5	1	2	2	2
119	1	1	32	2	1	4	3	4	0	1	1	1	1	1
120	0	1	34	0	1	4	3	4	0	1	1	1	1	2
121	0	1	28	3	2	3	3	4	1	1	1	1	2	1
122	0	1	31	2	1	4	3	4	0	4	1	1	1	2
123	1	1	38	1	2	4	3	4	0	4	1	2	1	2
124	0	1	36	2	1	4	1	2	0	4	2	1	1	2

125	0	1	34	2	1	4	3	4	0	4	2	1	1	1
126	1	1	25	1	1	4	1	4	0	4	1	1	1	2
127	0	1	35	0	1	4	3	4	0	4	2	2	2	2
128	0	1	30	3	2	3	3	3	0	1	3	1	1	1
129	0	1	33	1	1	4	3	2	0	4	1	2	2	2
130	0	1	32	2	1	4	3	4	0	1	1	1	1	2
131	0	1	46	2	2	3	1	4	0	2	2	1	1	2
132	0	1	31	2	1	4	3	2	0	4	1	2	2	2
133	1	1	35	1	2	2	3	4	0	4	3	2	2	1
134	0	1	37	0	1	4	3	4	0	1	3	2	2	2
135	0	1	37	1	2	4	1	2	0	4	3	2	2	1
136	0	1	28	0	1	4	1	2	0	3	1	1	2	2
137	0	1	22	1	1	4	3	4	0	4	1	1	2	2
138	1	2	29	3	2	3	1	3	0	1	1	1	1	2
139	0	1	29	2	2	4	1	2	0	4	1	1	1	2
140	1	1	28	2	1	4	1	2	0	4	1	2	2	2
141	0	1	40	2	2	2	1	2	0	4	1	1	1	2
142	0	1	42	2	2	3	3	4	0	1	1	2	1	2
143	0	1	27	0	1	4	2	4	0	4	1	1	1	2
144	0	1	32	2	2	2	3	4	0	4	1	2	2	2
145	0	1	31	2	2	3	3	4	0	1	1	1	2	2
146	0	1	29	2	2	3	1	2	0	1	2	1	1	2
147	0	1	33	2	2	2	3	4	0	4	1	1	2	2
148	1	1	25	2	1	4	1	4	1	1	2	1	1	1
149	0	1	28	2	1	4	1	2	0	4	1	2	2	2
150	1	1	58	0	1	4	3	4	0	1	1	1	1	1
151	1	1	33	0	1	4	3	4	0	4	1	1	1	2
152	0	1	46	2	1	4	1	2	0	4	1	2	2	2
153	1	1	32	2	2	3	3	4	0	4	1	2	2	2
154	0	1	35	2	2	3	3	4	0	1	1	1	1	2
155	0	1	18	0	1	4	1	2	0	2	1	1	2	2

156	0	1	36	0	1	4	3	4	0	1	1	1	1	2
157	1	1	33	2	2	3	3	4	0	1	2	2	2	2
158	0	1	28	2	2	2	3	4	1	4	2	1	1	1
159	0	1	29	2	2	2	3	4	0	4	1	2	2	2
160	0	1	34	2	1	4	1	4	0	4	2	2	2	2
161	0	1	28	2	2	3	3	4	0	4	1	2	1	2
162	1	1	31	2	1	4	3	4	0	4	1	1	1	2
163	1	1	22	0	1	4	1	2	0	1	2	1	1	2
164	0	1	36	0	1	4	1	2	0	4	2	2	2	2
165	0	1	28	2	1	4	3	4	0	4	1	2	2	2
166	1	1	35	2	1	4	3	4	0	4	1	1	2	2
167	0	1	34	1	1	4	3	4	0	1	1	1	2	2
168	0	1	31	2	2	3	3	4	0	4	1	1	1	2
169	0	1	31	2	2	3	3	4	0	4	1	1	1	2
170	0	1	32	2	2	2	1	4	0	4	3	2	2	2
171	0	1	43	3	1	4	3	4	0	1	1	1	1	2
172	0	1	26	2	1	4	3	2	0	4	2	2	2	2
173	0	1	33	2	2	3	3	4	0	4	1	1	2	2
174	1	1	29	0	1	4	1	2	0	1	2	1	1	2
175	0	1	24	0	1	4	1	2	0	4	3	2	2	2
176	1	1	33	2	1	4	1	2	0	4	2	2	2	1
177	0	1	33	2	1	4	1	2	0	4	1	1	2	2
178	0	1	34	2	1	4	1	2	0	3	1	1	2	2
179	1	1	35	2	2	2	1	2	0	4	1	2	2	2
180	0	1	37	2	1	4	3	4	0	4	1	2	2	2
181	0	1	38	2	1	4	1	4	0	4	2	1	1	2
182	0	1	34	2	1	4	1	2	0	4	1	2	2	2
183	0	1	29	1	1	4	1	3	0	1	3	2	2	2
184	0	1	31	2	2	2	3	4	1	4	3	1	1	2
185	0	1	36	2	2	2	3	4	1	5	1	1	1	1
186	0	1	34	2	1	4	1	2	0	4	1	2	2	2
187	0	1	29	2	2	3	1	4	0	1	2	1	1	2

188	0	1	31	0	1	4	3	4	0	1	1	1	1	2
189	0	1	34	2	1	4	1	2	0	4	3	1	1	2
190	0	1	33	0	1	4	3	2	0	4	1	2	2	2
191	0	2	38	2	1	4	2	4	0	1	1	2	2	2
192	0	1	34	0	1	4	3	4	0	1	1	2	2	2
193	0	1	34	0	1	4	3	4	1	1	1	1	1	2
194	0	1	30	1	1	4	3	4	0	4	3	2	2	2
195	0	1	28	0	1	4	3	4	0	2	1	1	1	2
196	0	1	47	2	1	2	3	4	0	4	2	1	1	2
197	0	1	38	2	2	3	3	4	0	1	1	1	2	2
198	0	1	38	2	2	3	3	4	0	1	1	1	1	1
199	0	1	25	2	1	4	3	4	0	4	3	1	2	2
200	0	1	29	0	1	4	3	4	0	4	1	1	1	2
201	1	1	35	2	2	3	3	4	0	4	3	2	1	2
202	0	1	34	2	1	4	1	4	0	4	1	1	2	2
203	1	1	27	2	1	4	1	2	0	1	1	2	2	2
204	0	1	32	2	1	4	1	4	0	1	1	1	1	2
205	0	1	33	0	1	4	3	4	0	4	3	2	2	2
206	0	1	33	0	1	4	3	4	0	4	2	2	2	2
207	0	1	29	2	1	4	1	2	0	4	1	2	2	2
208	0	1	34	2	1	4	3	4	0	4	2	1	2	2
209	1	1	35	0	1	4	3	4	1	1	1	1	1	1
210	0	1	35	0	1	4	3	4	0	4	1	1	1	2
211	0	1	33	2	1	4	1	2	0	4	2	1	1	2
212	0	1	34	2	2	4	1	4	0	1	1	2	2	2
213	0	1	39	2	1	4	3	4	0	4	1	2	2	2
214	0	1	26	2	1	4	3	4	0	4	1	2	2	2
215	0	1	39	2	1	4	3	2	0	4	3	2	2	2
216	0	1	23	0	1	4	1	3	0	3	1	1	2	2
217	1	1	33	1	1	4	3	4	0	4	1	1	2	2
218	1	1	31	1	1	4	1	4	0	4	1	1	1	1

2. Data HIV RS X untuk Propensity Score with Marginal Mean Weighting through Stratification

RES	IO (Y)	X1.1	x1.2	X1.3	X1.4	X1.5	X2.1	X2.2	KPH©
1	2	1	1	1	2	2	3	2	1
2	2	4	1	3	2	2	2	3	2
3	1	1	2	1	1	1	2	1	1
4	2	3	1	2	2	2	3	2	2
5	2	1	1	2	1	1	3	3	2
6	2	1	1	2	1	1	3	3	1
7	1	1	1	1	2	2	1	1	1
8	1	1	1	1	1	1	2	2	1
9	2	1	1	3	2	1	3	3	1
10	2	2	1	2	2	2	3	2	2
11	2	1	1	2	1	1	4	3	2
12	2	2	1	3	2	2	2	3	2
13	1	4	1	3	2	1	1	1	2
14	1	4	2	3	2	1	2	2	2
15	1	2	1	2	2	2	3	2	1
16	1	1	1	1	1	1	2	2	1
17	1	1	2	1	1	1	1	1	1
18	1	1	2	2	1	1	2	2	1
19	2	2	1	2	2	2	4	3	2
20	2	2	1	2	2	2	3	2	1
21	1	2	1	2	1	1	1	1	1
22	2	1	1	2	2	2	3	2	1
23	1	1	2	1	1	2	1	1	1
24	2	2	1	2	2	2	4	3	2
25	2	4	1	3	2	2	2	3	1
26	1	1	1	2	1	1	2	2	1
27	1	1	1	1	1	1	3	3	1
28	2	1	1	1	2	2	4	3	1

29	1	1	2	1	2	1	1	1	1
30	2	1	2	2	1	1	3	3	2
31	1	1	2	1	2	1	2	2	1
32	2	1	1	1	1	1	4	3	2
33	1	4	1	3	2	2	1	1	2
34	1	1	2	1	1	1	3	2	1
35	1	1	2	1	1	2	3	2	1
36	2	2	1	2	2	2	4	3	2
37	1	1	1	1	1	1	2	1	1
38	2	3	1	2	2	2	4	3	1
39	2	1	2	2	2	2	3	3	2
40	2	3	2	3	2	2	3	2	1
41	2	1	2	1	1	1	3	3	2
42	1	1	2	1	1	1	2	2	1
43	2	1	1	1	1	2	4	3	2
44	2	1	1	2	2	1	3	2	1
45	2	1	2	3	2	2	4	3	2
46	2	1	2	2	1	2	3	2	1
47	2	1	2	2	2	1	3	3	2
48	2	1	2	2	2	1	4	3	2
49	1	1	2	1	2	2	2	1	1
50	1	1	2	2	1	1	2	2	1
51	1	1	2	1	2	1	1	1	1
52	2	1	2	2	2	2	4	3	1
53	1	1	1	1	2	2	2	2	1
54	2	1	2	2	1	1	3	3	2
55	2	1	1	3	2	2	4	3	2
56	2	1	2	2	2	1	2	2	1
57	2	2	2	2	2	2	3	3	2
58	2	1	2	2	1	1	3	2	2
59	1	4	2	3	2	2	2	2	1

60	2	1	1	2	1	1	4	3	2
61	2	1	2	2	2	1	3	3	2
62	1	1	1	1	1	2	2	2	1
63	2	1	2	2	1	2	3	3	2
64	1	1	2	1	2	1	2	2	2
65	1	1	1	1	1	1	2	2	1
66	1	1	1	1	1	1	3	3	1
67	2	1	2	2	1	2	4	3	2
68	1	2	1	1	2	1	2	2	1
69	1	2	2	1	2	2	2	2	2
70	1	1	1	1	2	2	1	1	2
71	1	2	1	1	2	1	2	2	1
72	2	1	2	2	1	1	3	2	2
73	1	1	2	1	1	2	3	2	2
74	1	1	2	1	1	1	2	2	1
75	2	1	1	1	1	1	4	3	2
76	1	1	1	2	2	2	3	2	2
77	2	4	2	3	2	2	4	3	2
78	1	1	2	1	1	1	2	2	1
79	1	1	1	2	1	1	2	2	2
80	1	1	2	1	1	1	3	2	1
81	2	2	2	1	2	2	3	3	1
82	2	1	2	2	2	1	2	2	2
83	1	1	2	1	1	1	2	2	2
84	2	2	2	1	2	2	3	2	2
85	1	1	2	2	1	1	1	1	1
86	2	2	1	1	2	2	3	3	2
87	1	1	2	1	1	1	2	2	1
88	1	1	2	1	1	1	1	1	1
89	2	1	2	1	1	1	4	3	2
90	2	1	2	3	2	2	4	3	2

RIWAYAT PENULIS



Dr. Bambang Widjanarko Otok, M.Si lahir di Surabaya pada tahun 1968. Lulusan S1 Program studi Statistika, Institut Teknologi Sepuluh November (ITS) Surabaya pada tahun 1994, lulus pendidikan Magister Statistika di Institut Pertanian Bogor pada tahun 2000 serta program doktoral bidang Statistika Universitas Gajah Mada pada tahun 2008. Saat ini beliau memiliki jabatan Lektor Kepala. Beliau bekerja sebagai dosen mulai tahun 1994. Sampai sekarang beliau berprofesi sebagai dosen dan Kepala Laboratorium Statistika Bisnis dan Sosial di Institut Teknologi Sepuluh November Surabaya.

Beliau aktif melakukan riset dan pengajaran pada beberapa bidang statistika seperti Teori Statistika, Komputasi Statistika, Teknik Survei dan *Sampling*, Model Linier, Analisis Data, Analisis Multivariate dan lain-lain. Beliau juga aktif sebagai narasumber pelatihan statistik seperti Pemodelan statistik untuk industry, Analisis Regresi Linier, SEM, AMOSS, Pemodelan Time Series, dan lain-lain. Sejumlah karya tulis dipublikasikan dalam jurnal internasional bereputasi seperti *European Journal of Scientific Research*, *Statistic in Science*, dan nasional terakreditasi sebagai bentuk kepedulian beliau dalam penyebaran ilmu pengetahuan.



Dr. Purhadi, M.Sc lahir di Sidoarjo, pada tanggal 04 Februari 1962. Lulus dari pendidikan S1 Matematika Institute Teknologi Bandung pada tahun 1986 beliau mengabdikan sebagai dosen di ITS Surabaya. Lulus S2 Matematika Statistika dari Universitas Waseda Tokyo pada tahun 1992 sedangkan program doctoral di Universitas Gajah Mada Yogyakarta bidang keilmuan Matematika Statistika pada tahun 2005 dengan judul disertasi Rancangan Percobaan Optimal Dan Kondisi Optimum pada Model Permukaan Multirespon.

Beliau mengampu mata kuliah Kalkulus, Probabilitas, Matematik Statistik, Analisis Data Kualitatif, Model Linier dan Statistik Inferensi. Dalam dua tahun terakhir beliau memenangkan program Hibah Penelitian Dasar Unggulan PT Kemenristekdikti dengan judul Penentuan Standar Pengendalian Pelayanan Minimal Prevalensi Ispa dan Diare Suatu Wilayah dengan Pendekatan Spasial Mars dan Generalized Bivariate Poisson Regression, serta pada tahun 2018 mampu kembali menerima program Hibah Kompetensi Kemenristekdikti Penaksiran Parameter Dan Pengujian Hipotesis Pada Geographically Weighted Trivariate Generalized Poisson Regression (Studi Kasus : Jumlah Kematian Bayi, Balita dan Kematian Ibu di Provinsi Jawa Timur Tahun 2017).

Karya tulis beliau banyak dipublikasikan dalam jurnal internasional bereputasi diantaranya Applied Mathematical Sciences dengan judul Parameter Estimation of Geographically Weighted Multivariate Poisson Regression (2015), Parameter Estimation Of Geographically Weighted Multivariate T Regression Model dalam Journal of Theoretical and Applied Information Technology (2016), dan lain-lain.



Dr. Mahdalena, S.Pd., MKes merupakan dosen Poltekkes Kementerian Kesehatan Banjarmasin yang bertugas sebagai Kepala Pusat Penelitian dan Pengabdian Masyarakat Poltekkes Kemenkes Banjarmasin. Beliau tinggal di Kompleks Banua Permai No.344 RT. 39 Rw. 07 Kelurahan Sungai Besar Banjarbaru – 70714. Lulus pendidikan Diploma 3 Keperawatan di Akper Depkes

Banjarmasin pada tahun 1992, Program Bidan B di Akper Pajajaran pada tahun 1994, Program Sarjana Pendidikan di Universitas Islam Kalimantan Muhammad Arsyad Al Banjary pada tahun 1999, Magister Ilmu Kesehatan Masyarakat Universitas Airlangga Surabaya pada tahun 2002 serta lulus dalam program doktoral Ilmu Kesehatan Masyarakat di Universitas Airlangga pada tahun 2017. Sebagai dosen dan ketua Lemlit yang menghasilkan banyak karya penelitian dan pengabdian masyarakat maka telah banyak artikel dalam jurnal terindeks scopus yang telah beliau hasilkan sebagai bentuk publikasi seluruh kegiatan akademik yang dilaksanakan.

PROPENSITY SCORE Untuk Data Kesehatan

Metode *Propensity score* didefinisikan sebagai probabilitas bersyarat untuk menerima suatu *treatment* berdasarkan pada karakteristik sebelum *treatment*. Buku ini membahas tentang konsep dasar dan metode *propensity score*, penggunaan *propensity score* dalam *stratification*, *weighting* serta dalam *bootstrap*.

Buku ini disusun dalam 6 bab yang diterjemahkan dari beberapa referensi dan memuat panduan praktis yang bisa diaplikasikan untuk data kesehatan. Buku ini dilengkapi lampiran-lampiran data yang bisa dipraktekkan pembaca.

Penerbit:
STIKes Majapahit Mojokerto
Jalan Raya Jabon KM 02 Mojoanyar
Mojokerto
Telp. 0321 329915
Fax. 0321 329915
Email: mojokertostikesmajapahit@gmail.com

