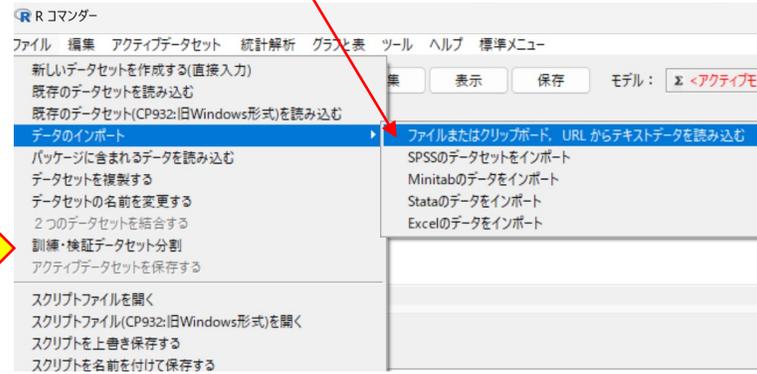


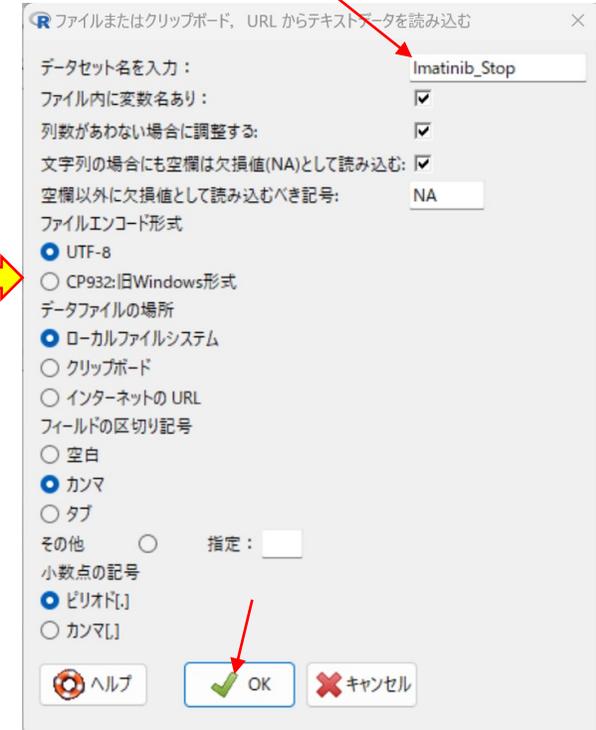
①「Imatinib_Stop.csv」をそのまま開くと
欠損データ有り

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J
1	PatientNo	Exclusion	Age	Sex	Stop400	BW60	Age50	GPT30	WBC4500	Plt40
2	1	0	42	M	1	1	0	0	0	1
3	2	0	45	M	0	0	0	0	0	0
4	3	0	19	F	1	0	0	0	1	1
5	4	1	53	M	1	1	1	1	0	0
6	5	0	60	F	0	0	1	0	0	0
7	6	0	29	M	0	0	0	0	1	1
8	7	0	74	M	1	0	1	0	0	1
9	8	0	48	M	0	0	0	0	0	0
10	9	1	47	M	0	0	0	0	1	0
11	10	0	75	M	1	1	1	0	1	0
12	11	0	65	M	1	1	1	0	0	1
13	12	0	43	M	0	1	0	0	1	0
14	13	1	31	M	0	1	0	1	1	1
15	14	0	64	M	1	1	1	1	1	1
16	15	1	52	M	1	0	1	0	1	1

②EZR起動→ファイル→データのインポート
→ファイルまたはクリップ……



③ファイル名入力→OK



⑥データが表示 欠損セルに「NA」が表示

rowname	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
	PatientNo	Exclusion	Age	Sex	Stop400	BW60	Age50	GPT30	WBC4500	Plt40
1	1	1	0	42	M	1	1	0	0	1
2	2	2	0	45	M	0	0	0	0	0
3	3	3	0	19	F	1	0	0	0	1
4	4	4	1	53	M	1	1	1	0	0
5	5	5	0	60	F	0	0	1	0	0
6	6	6	0	29	M	0	0	0	1	1
7	7	7	0	74	M	1	0	1	0	1
8	8	8	0	48	M	0	NA	0	NA	0
9	9	9	1	47	M	0	0	0	0	1
10	10	10	0	75	M	1	NA	1	0	1
11	11	11	0	65	M	1	NA	1	0	1
12	12	12	0	43	M	0	1	0	0	1
13	13	13	1	31	M	0	1	0	1	1
14	14	14	0	64	M	1	NA	1	NA	1
15	15	15	1	52	M	1	0	1	0	1
16	16	16	0	36	M	0	1	0	0	1
17	17	17	0	25	M	0	1	0	0	1
18	18	18	0	55	M	0	1	1	1	NA

⑤出力画面に読み込んだことが表示
→「編集」をクリック



④以下ファイルが表示
→OK

名前	更新日時
Imatinib_Stop.csv	2020/10/01 0:00

⑦統計解析→名義変数の解析→頻度分布

⑧頻度を算出したい項目を選択→OK

欠損値も表示する口にチェックのレ点



頻度の算出結果

rowname	PatientNo	Exclusion	Age	Sex	Stop400	BW60	Age50	GPT30	WBC45000	Pit40
1	1	0	42	M	1	1	0	0	0	1
2	2	0	45	M	0	0	0	0	0	0
3	3	0	19	F	1	0	0	0	1	1
4	4	1	53	M	1	1	1	0	0	0
5	5	0	60	F	0	NA	1	NA	0	0
6	6	0	29	M	0	0	0	0	1	1
7	7	0	74	M	1	0	1	0	0	1
8	8	0	48	M	0	NA	0	NA	0	NA
9	9	1	47	M	0	0	0	0	1	0
10	10	0	75	M	1	NA	1	0	1	0
11	11	0	65	M	1	NA	1	0	0	1
12	12	0	43	M	0	1	0	0	1	0
13	13	1	31	M	0	1	0	1	1	1
14	14	0	64	M	1	NA	1	NA	1	1
15	15	1	52	M	0	0	1	0	1	1
16	16	0	36	M	0	1	0	0	1	0
17	17	0	25	M	0	1	0	0	1	1
18	18	0	55	M	0	1	1	1	NA	1

```

> #####頻度分布#####
> .Table <- NULL
> (.Table <- table(Imatinib_Stop$Age50, exclude=NULL)) # 頻度分布 変数: Age50
  0 1
48 54

> .Table <- NULL
> (.Table <- table(Imatinib_Stop$BW60, exclude=NULL)) # 頻度分布 変数: BW60
  0 1 <NA>
30 37 33

> (.Table <- table(Imatinib_Stop$Stop400, exclude=NULL)) # 頻度分布 変数: Stop400
  0 1
53 47
    
```

←0、1及びNAの数

⑨統計解析→名義変数の解析→比率の信頼区間の計算

```
> (.Table <- table(Imatinib_Stop$Stop400, exclude=NULL)) # 頻度分布 変数: Stop400
```

```
0 1
53 47
```

比率の信頼区間の計算

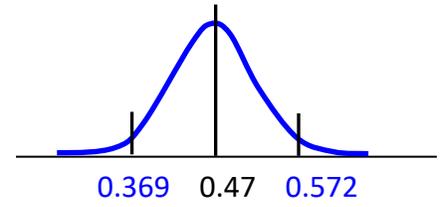
総サンプル数: 100
 イベント数: 47
 信頼区間: 95

OK キャンセル

0: イマチニブ投与
 1: イマチニブ投与中止

```
> #####比率の信頼区間の計算#####
> prop.conf(47, 100, 95)
```

```
[1] 比率 : 0.47
[1] 95% 信頼区間 : 0.369 - 0.572
```



⑩統計解析→名義変数の解析→1標本の比率の検定

1標本の比率の検定

二値変数 (1つ選択)

Age
 Age50
 BW60
 Exclusion
 GPT30
 PatientNo
 Plt40
 Sex
Stop400
 WBC45000

カイ2乗検定 正確検定

対立仮説

母比率 $p \neq p_0$ ← 両側検定
 母比率 $p < p_0$ ← 片側検定
 母比率 $p > p_0$ ← 片側検定

帰無仮説: $p = p_0$; $p_0 = 0.5$

信頼水準: 0.95

ヘルプ リセット OK キャンセル 適用

2値変数の比率検定 比率の信頼区間

```
> (res <- binom.test(.Table[2], .Table[1] + .Table[2], p=0.5, alternative="two.sided", conf.level=0.95))
```

```
Exact binomial test
```

```
data: .Table[2] and .Table[1] + .Table[2]
number of successes = 47, number of trials = 100, p-value = 0.6173
alternative hypothesis: true probability of success is not equal to 0.5
95 percent confidence interval:
0.3694052 0.5724185
sample estimates:
probability of success
0.47
```

```
> cat(gettextRcmdr("Proportion"), " ", signif(res$estimate, digits=3), " ", gettextRcmdr("95% CI"), " ", signif(res$conf.int[1], digits=3), " - ", signif(res$conf.int[2], digits=3), " ", sep="")
比率 0.47, 95%信頼区間 0.369-0.572
```

```
> cat(gettextRcmdr("Single-Sample Proportion Test"), " ", gettextRcmdr("p.value"), " = ", signif(res$p.value, digits=3), " ", sep="")
1標本の比率の検定(母不良率の検定) P値 = 0.617
```

0か1のどちらかなので、0.5を代入

帰無仮説: 0.5に等しい に対して
 p値0.6173なので有意差があるとは言えない