

```

1  /////*****12_gv_outcome*****/////
2  ///*****OS/Relapse/G2-4 aGVHD概説*****///
3
4  *****Overall Survival*****
5  *****survival, event_os*****
6  tab survival
7  gen event_os = 1 if survival=="死亡"
8  replace event_os = 0 if survival=="生存"
9
10 *****lday and lyear 生存日数と生存年数*****
11 gen ldate = date(last_date, "YMD")
12 gen lday = ldate - tdate
13
14 *Day0死亡に対応するために以下を追加する
15 *→Day0死亡はKM curveやCox解析等から自動的に除外されるため
16 *死亡日を0.1日とすることで対処する。
17 replace lday = 0.1 if lday==0
18
19 *生死不明でも最終観察日のみ記載がある症例あり
20 *→生死不明の場合は欠損値とする
21 replace lday = . if event_os==.
22
23 *うるう年も考慮して一応365.25で割る
24 gen lyear = lday / 365.25
25
26 *生存解析可能症例
27 gen sa = 1
28 replace sa = 0 if survival==" "
29 replace sa = 0 if lyear==.
30 replace sa = 0 if lyear<0
31
32 count
33 tab sa, missing
34 *最終確認日
35 sum lday, detail
36
37
38
39
40 *****Relapse*****
41 *****event_relapse*****
42 **clinical/hematological relapseを再発とする
43 **再発データの確認とマニピュレーション
44 gen relapse_manip = 1 if relapse=="有"
45
46 *寛解ならずを移植後0.1日で再発したと扱い、再発群に入れる
47 replace relapse_manip = 1 if relapse=="寛解ならず"
48 replace relapse_manip = 1 if relapse==" " & dstatus=="移植後も寛解ならず"
49 replace relapse_manip = 0 if relapse=="無"
50
51 *relapseが空欄の場合「移植後の疾患の状況」 dstatusを参照する
52 replace relapse_manip = 0 if relapse==" " & dstatus=="寛解維持"
53 replace relapse_manip = 1 if relapse==" " & dstatus=="移植後再発"
54
55 *再発が有りだが、clinical/hematological relapseが無しとなっているものの確認
56 *cytogenetic/molecular relapse有りでhematological relapse無しのは再発なし
57 *しかし、再発後治療を受けているものはclinical relapse有りと扱う
58 replace relapse_manip = 0 if relapse=="有" & rel_clinemat_reldx=="無"
59 replace relapse_manip = 1 if relapse=="有" & rel_clinemat_reldx=="無" & addtherapy=="有"
60
61 gen event_relapse = 1 if relapse_manip==1 /*再発あり*/
62 replace event_relapse = 2 if event_os==1 & relapse_manip==0 /*再発なし、死亡*/
63 replace event_relapse = 3 if event_os==0 & relapse_manip==0 & event_relapse==.
/*再発なし、生存*/
64
65 label define event_relapse_label 1 "再発" 2 "寛解時死亡" 3 "Censor"
66 label values event_relapse event_relapse_label
67
68

```

```

69
70
71
72 *****Relapse day and year*****
73 gen rel_date = date(rel_clinhemat_examdate, "YMD")
74 gen rel_day = rel_date - tdate
75
76 *JMDP/成人血縁移植、旧移植日で変換不可だったものをclinical/hematological relapse
dateとして扱う
77 gen rel_date_old = date(old_relapse_date, "YMD")
78 /**!!!!注意!!!!エクセルマクロ運用後、日付の記載順が異なることあり。月・日・年の場合は上記""内
を"MDY"に変更
79 gen rel_day_old = rel_date_old - tdate
80 count if event_relapse==1 & rel_day==. & rel_day_old!=.
81 replace rel_day = rel_day_old if event_relapse==1 & rel_day==. & rel_day_old!=.
82
83 *寛解ならずを移植後0.1日で再発したと扱う
84 replace rel_day = 0.1 if relapse=="寛解ならず"
85 replace rel_day = 0.1 if relapse==" " & dstatus=="移植後も寛解ならず"
86 replace rel_day = 0.1 if relapse=="有" & rel_clinhemat_reldx=="無" & addtherapy=="有" &
dstatus=="移植後も寛解ならず"
87
88 *cytogenetic/molecular relapse有りでhematological
relapse無しだが、再発後治療を受けている場合はその再発日
89 gen rel_cyto_date = date(rel_cyto_examdate, "YMD")
90 gen rel_cyto_day = rel_cyto_date - tdate
91 gen rel_mol_date = date(rel_mol_examdate, "YMD")
92 gen rel_mol_day = rel_mol_date - tdate
93 replace rel_day = rel_cyto_day if rel_cyto_reldx=="有" & rel_clinhemat_reldx=="無" &
addtherapy=="有" & rel_cyto_day!=.
94 replace rel_day = rel_mol_day if rel_mol_reldx=="有" & rel_clinhemat_reldx=="無" &
addtherapy=="有" & rel_mol_day!=.
95
96 ***relapse解析時間変数 ci_rel_day, ci_rel_year***
97 gen ci_rel_day = rel_day if event_relapse==1 /*再発ありには再発日を割り当て*/
98 replace ci_rel_day = lday if event_relapse==2 | event_relapse==3
/*再発なしには、最終観察日を割り当て*/
99 *それぞれにおいてイベント日がないものの確認
100 count if rel_day==. & event_relapse==1
101 count if lday==. & event_relapse==2 | lday==. & event_relapse==3
102 /*再発日に未入力多いので注意を要する!!*/
103
104
105
106
107
108
109
110 **再発日付未入力データに対するimputation 研究者による検討が必要です
111 **対策案その1、急性白血病に限り再発日=最終観察日-(急性白血病の再発から最終観察までの中央値)
で補う。(生存例、死亡例別々に補う)
112 * /*(*と*/間のコマンドを実行する場合は、「/*」 「*/」を取ってください)
113 gen rel_to_last = ldate - rel_date
114 quietly sum rel_to_last if event_os==1 & diagnosis2<=2, detail
/*急性白血病で死亡した人の、再発から最終観察までの中央値を計算*/
115 replace ci_rel_day = lday - r(p50) if relapse=="有" & rel_day==. & event_os==1 & diagnosis2<=
2 /*r(p50)は直前の中央値*/
116 quietly sum rel_to_last if event_os==0 & diagnosis2<=2, detail
/*急性白血病で生存している人の再発から最終観察までの中央値を計算*/
117 replace ci_rel_day = lday - r(p50) if relapse=="有" & rel_day==. & event_os==0 & diagnosis2<=2
118 replace dx_to_sct = . if dx_to_sct<0
119 */
120 **対策案その2、再発日不明の場合に最終観察日で補う(これが適切かどうかは研究者の判断が必要)
121 * /*(*と*/間のコマンドを実行する場合は、「/*」 「*/」を取ってください)
122 replace ci_rel_day = lday if relapse=="有" & rel_day==.
123 */
124
125
126

```

```

127
128
129 *****
130 *****acute GVHD*****
131 *****agvhd_grade_manip*****
132 tab agvhd_grade
133 tab donor_cd
134 tab agvhd
135 gen agvhd_grade_manip = 0 if agvhd_grade=="0"
136 replace agvhd_grade_manip = 1 if agvhd_grade=="I"
137 replace agvhd_grade_manip = 2 if agvhd_grade=="II"
138 replace agvhd_grade_manip = 3 if agvhd_grade=="III"
139 replace agvhd_grade_manip = 4 if agvhd_grade=="IV"
140 replace agvhd_grade_manip = 9 if agvhd_grade==" " & donor_cd!=1
141 replace agvhd_grade_manip = 8 if agvhd_grade=="評価不能"
142 replace agvhd_grade_manip = 8 if agvhd_grade==" " & agvhd=="評価不能"
143 replace agvhd_grade_manip = 0 if agvhd_grade==" " & agvhd=="無"
144 *8:評価不能、9:未記入
145 tab agvhd_grade_manip
146 tab agvhd_grade_manip if auto_allo==2
147 /**データ確認、皮膚・肝・腸ステージ情報のみでグレードが未記入の場合のチェック**/
148 list id agvhd_skin_stage agvhd_liver_stage agvhd_gut_stage agvhd_grade_manip if agvhd_grade==
    "" & agvhd_skin_stage!=""
149 list id agvhd_skin_stage agvhd_liver_stage agvhd_gut_stage agvhd_grade_manip if agvhd_grade==
    "" & agvhd_liver_stage!=""
150 list id agvhd_skin_stage agvhd_liver_stage agvhd_gut_stage agvhd_grade_manip if agvhd_grade==
    "" & agvhd_gut_stage!=""
151
152
153 *****event_agvhd24*****
154 gen event_agvhd24 = 1 if agvhd_grade_manip>=2 & agvhd_grade_manip<=4
155 **上のデータ確認から
156 replace event_agvhd24 = 1 if agvhd_grade_manip==9 & agvhd_grade==" " & agvhd_skin_stage=="3"
157 replace event_agvhd24 = 1 if agvhd_grade_manip==9 & agvhd_grade==" " & agvhd_skin_stage=="4"
158 replace event_agvhd24 = 1 if agvhd_grade_manip==9 & agvhd_grade==" " & agvhd_liver_stage=="1"
159 replace event_agvhd24 = 1 if agvhd_grade_manip==9 & agvhd_grade==" " & agvhd_liver_stage=="2"
160 replace event_agvhd24 = 1 if agvhd_grade_manip==9 & agvhd_grade==" " & agvhd_liver_stage=="3"
161 replace event_agvhd24 = 1 if agvhd_grade_manip==9 & agvhd_grade==" " & agvhd_liver_stage=="4"
162 replace event_agvhd24 = 1 if agvhd_grade_manip==9 & agvhd_grade==" " & agvhd_gut_stage=="1"
163 replace event_agvhd24 = 1 if agvhd_grade_manip==9 & agvhd_grade==" " & agvhd_gut_stage=="2"
164 replace event_agvhd24 = 1 if agvhd_grade_manip==9 & agvhd_grade==" " & agvhd_gut_stage=="3"
165 replace event_agvhd24 = 1 if agvhd_grade_manip==9 & agvhd_grade==" " & agvhd_gut_stage=="4"
166
167 replace event_agvhd24 = 2 if agvhd_grade_manip>=0 & agvhd_grade_manip<=1 & event_os==1
    /*Death before grade2-4 aGVHD*/
168 replace event_agvhd24 = 2 if agvhd_grade_manip==8 & event_os==1
    /*Death before grade2-4 aGVHD*/
169 replace event_agvhd24 = 3 if agvhd_grade_manip>=0 & agvhd_grade_manip<=1 & event_relapse==1
    /*Relapse before grade2-4 aGVHD*/
170 replace event_agvhd24 = 3 if agvhd_grade_manip==8 & event_relapse==1
    /*Relapse before grade2-4 aGVHD*/
171 replace event_agvhd24 = 4 if event_agvhd24==. & agvhd_grade_manip>=0 & agvhd_grade_manip<=1 &
    event_os==0 /*Censor*/
172 replace event_agvhd24 = 4 if event_agvhd24==. & agvhd_grade_manip==8 & event_os==0
    /*Censor*/
173
174
175 label define event_agvhd24_label 1 "Grade2-4 aGVHD" 2 "Death before grade2-4 aGVHD" 3
    "Relapse before grade2-4 aGVHD" 4 "Censor"
176 label values event_agvhd24 event_agvhd24_label
177
178 *****agvhd24_day*****
179 gen agvhd_g2_date = date(agvhd_g2_onset, "YMD")
180 gen agvhd_g2_day = agvhd_g2_date - tdate
181 gen agvhd_g3_date = date(agvhd_g3_onset, "YMD")
182 gen agvhd_g3_day = agvhd_g3_date - tdate
183 gen agvhd_date = date(agvhd_onset, "YMD")
184 gen agvhd_day = agvhd_date - tdate
185

```

```

186 //**データ確認**//
187 count if event_agvhd24==1 & agvhd_g2_onset=="
188 *grade2以上で、II度以上の発症日データなしの場合、急性GVHDの発症日を代用する
189 gen agvhd24_day = agvhd_g2_day
190 replace agvhd24_day = agvhd_day if agvhd_g2_day==. & event_agvhd24==1
191 *II度以上のaGVHD発症日、III度以上のaGVHD発症日およびaGVHD発症日のデータいずれもないものの確認
192 count if agvhd_onset==" & agvhd_g2_onset==" & agvhd_g3_onset==" & event_agvhd24==1
193
194
195 *上記より、grade2-4の発症例につき、II度以上のaGVHD発症日、III度以上のaGVHD発症日およびaGVHD発症
  日いずれのデータもないものには、
196 *皮膚出現日、肝臓出現日、腸管出現日のうち一番早い日付データを代入する
197 gen agvhd_skin_date = date(agvhd_skin_onset, "YMD")
198 gen agvhd_skin_day = agvhd_skin_date - tdate
199 gen agvhd_liver_date = date(agvhd_liver_onset, "YMD")
200 gen agvhd_liver_day = agvhd_liver_date - tdate
201 gen agvhd_gut_date = date(agvhd_gut_onset, "YMD")
202 gen agvhd_gut_day = agvhd_gut_date - tdate
203 gen agvhd_day2 = agvhd_skin_day
204 replace agvhd_day2 = agvhd_liver_day if agvhd_liver_day < agvhd_day2
205 replace agvhd_day2 = agvhd_gut_day if agvhd_gut_day < agvhd_day2
206 replace agvhd24_day = agvhd_day2 if agvhd24_day==. & agvhd_day2!=. & event_agvhd24==1
207 sum agvhd24_day if event_agvhd24==1, detail
208
209
210 *****ci_agvhd24, time variable for event_agvhd24*****
211 gen ci_agvhd24 = agvhd24_day if event_agvhd24==1
212 replace ci_agvhd24 = lday if event_agvhd24==2
213 replace ci_agvhd24 = rel_day if event_agvhd24==3
214 replace ci_agvhd24 = lday if event_agvhd24==4
215
216
217 **急性GVHDの解析は200日までのカーブを描出、とする場合は以下のスクリプトをactiveにしてください
  。
218 **200日以降にevent_agvhd24が1(grade2to4 aGVHD)、2(死亡)、3(再発)は4に変更
219 /* (/*と*/間のコマンドを実行する場合は、「/*」 「*/」を取ってください)
220 replace event_agvhd24 = 4 if event_agvhd24==1 & ci_agvhd24>200 & ci_agvhd24<.
221 replace event_agvhd24 = 4 if event_agvhd24==2 & ci_agvhd24>200 & ci_agvhd24<.
222 replace event_agvhd24 = 4 if event_agvhd24==3 & ci_agvhd24>200 & ci_agvhd24<.
223 replace ci_agvhd24 = 200 if ci_agvhd24>200 & ci_agvhd24<.
224 */
225
226 //**データ確認：日付データはとくにおかしなデータあり・上記最終行を行う前に以下のチェックなどを
  実施する**//
227 **移植後2年を超すデータもあり**
228 sum agvhd24_day if event_agvhd24==1, detail
229 **Grade2-4の急性GVHD発症ありで、発症日の情報がないものの数**
230 count if event_agvhd24==1 & ci_agvhd24==.
231 **Grade2-4の急性GVHD発症前の死亡日確認
232 **死亡の最終確認日**
233 sum ci_agvhd24 if event_agvhd24==2, detail
234 **マイナスもあり**
235
236

```

```

1 *****OS*****
2
3 /**"stset"で、生存データであることをあらかじめ示す必要がある**//
4 *stset 時間変数, failure (エンドポイントを表す変数=イベントの値)
5 stset lyear, failure(event_os==1)
6 **event_os==1は死亡、0は打ち切り
7
8 *群分けなし(全体)での解析
9 sts graph
10 *群分け (disease stage) での解析
11 sts graph, by(stage1)
12 *一定の条件を満たしたサブグループに限る場合
13 *AML
14 sts graph if diagnosis2==1, by(stage1)
15 *AML & 16さい未満の小児患者
16 sts graph if diagnosis2==1 & pt_age<16, by(stage1)
17 *censored時点におけるマーキングを行いたい場合
18 sts graph, by(stage1) censored(single)
19 sts graph, by(stage1) censored(multiple)
20 sts graph, by(stage1) censored(number)
21 *95%信頼区間の表示を行いたい
22 sts graph, by(stage1) ci level(95)
23
24 /**生存曲線の体裁をあらかじめ整えておくと、そのまま学会発表や論文原稿につかえて便利**//
25 /**タイトル**//
26 *sts graph, title(グラフのタイトル) ytitle(y軸のタイトル) xtitle(x軸のタイトル)
27 sts graph, by(stage1) title(Overall Survival by stage at transplant) ytitle(Probability)
28 xtitle(Years after transplant)
29 *x軸をもうすこし短くしたい, 10 years
30 sts graph, by(stage1) title(Overall Survival by stage at transplant) ytitle(Probability)
31 xtitle(Years after transplant) /*
32 */ tmax(10) xlabel(0(2)10)
33 *背景を白くして、不必要な線を除く
34 sts graph, by(stage1) title(Overall Survival by stage at transplant) ytitle(Probability)
35 xtitle(Years after transplant) /*
36 */ tmax(10) xlabel(0(2)10) ylabel(0 (0.25) 1, nogrid) scheme(s1color)
37 *線を黒白 (gray scale) に、線を太く、その1
38 sts graph, by(stage1) title(Overall Survival by stage at transplant) ytitle(Probability)
39 xtitle(Years after transplant) /*
40 */ tmax(10) xlabel(0(2)10) ylabel(0 (0.25) 1, nogrid) scheme(s1color) /*
41 */ plotlopts(lpattern(solid) lwidth(thick) lcolor(gs7)) plot2opts(lpattern(solid) lwidth(
42 thick) lcolor(black))
43 *線を黒白 (gray scale) に、線を太く、その2
44 sts graph, by(stage1) title(Overall Survival by stage at transplant) ytitle(Probability)
45 xtitle(Years after transplant) /*
46 */ tmax(10) xlabel(0(2)10) ylabel(0 (0.25) 1, nogrid) scheme(s1color) /*
47 */ plotlopts(lpattern(dash) lwidth(thick) lcolor(black)) plot2opts(lpattern(solid) lwidth(
48 thick) lcolor(black))
49 *字を大きく、タイトルはなし
50 sts graph, by(stage1) title("") ytitle(Probability, size(5)) xtitle(Years after transplant,
51 size(5)) /*
52 */ tmax(10) xlabel(0(2)10, labs(4)) ylabel(0 (0.25) 1, nogrid labs(4)) scheme(s1color) /*
53 */ plotlopts(lpattern(solid) lwidth(thick) lcolor(gs7)) plot2opts(lpattern(solid) lwidth(
54 thick) lcolor(black)) /*
55 */ legend(off) text(.7 6 "Standard", place(e) size(6) color(gs7)) text(.35 6 "Advanced", place
56 (e) size(6))
57 *legendを図の中に、その2
58 sts graph, by(stage1) title("") ytitle(Probability, size(5)) xtitle(Years after transplant,
59 size(5)) /*
60 */ tmax(10) xlabel(0(2)10, labs(4)) ylabel(0 (0.25) 1, nogrid labs(4)) scheme(s1color) /*
61 */ plotlopts(lpattern(solid) lwidth(thick) lcolor(gs7)) plot2opts(lpattern(solid) lwidth(
62 thick) lcolor(black)) /*
63 */ legend(ring(0) position(1) cols(1) region(lwidth(none)) order(1 "Standard" 2 "Advanced")

```

```

size(5))
56 *ring(0):図の中にlegend, position(1):右上, cols(1):縦に並べる,
region(lwidth(none)):四角で囲まない
57
58 /**グラフを保存するコマンド書式**//
59 *translate @Graph グラフ名.emf, trans(Graph2emf)
60 *emfの形式にて(.dtaファイル)保存先のフォルダに保存されます
61 sts graph, by(stage1) title("") ytitle(Probability, size(5)) xtitle(Years after transplant,
size(5)) /*
62 */ tmax(10) xlabel(0(2)10, labs(4)) ylabel(0 (0.25) 1, nogrid labs(4)) scheme(s1color) /*
63 */ plotlopts(lpattern(solid) lwidth(thick) lcolor(gs7)) plot2opts(lpattern(solid) lwidth(
thick) lcolor(black)) /*
64 */ legend(off) text(.7 6 "Standard", place(e) size(6) color(gs7)) text(.35 6 "Advanced",place
(e) size(6))
65 translate @Graph OS_stage1.emf, trans(Graph2emf)
66
67 sts graph if diagnosis2==1, by(stage1) title("") ytitle(Probability, size(5)) xtitle(Years
after transplant, size(5)) /*
68 */ tmax(10) xlabel(0(2)10, labs(4)) ylabel(0 (0.25) 1, nogrid labs(4)) scheme(s1color) /*
69 */ plotlopts(lpattern(solid) lwidth(thick) lcolor(gs7)) plot2opts(lpattern(solid) lwidth(
thick) lcolor(black)) /*
70 */ legend(ring(0) position(1) cols(1) region(lwidth(none)) order(1 "Standard" 2 "Advanced")
size(5)) /*
71 */ text(0.05 0 "AML", place(e) size(9))
72 translate @Graph OS_stage1_AML.emf, trans(Graph2emf)
73
74 sts graph if diagnosis2==2, by(stage1) title("") ytitle(Probability, size(5)) xtitle(Years
after transplant, size(5)) /*
75 */ tmax(10) xlabel(0(2)10, labs(4)) ylabel(0 (0.25) 1, nogrid labs(4)) scheme(s1color) /*
76 */ plotlopts(lpattern(solid) lwidth(thick) lcolor(gs7)) plot2opts(lpattern(solid) lwidth(
thick) lcolor(black)) /*
77 */ legend(ring(0) position(1) cols(1) region(lwidth(none)) order(1 "Standard" 2 "Advanced")
size(5))/*
78 */ text(0.05 0 "ALL", place(e) size(9))
79 translate @Graph OS_stage1_ALL.emf, trans(Graph2emf)
80
81
82 /**やってみよう**//
83 **abo_majormisで群分け
84
85 **abo_mismatchで群分け、成人に限って
86
87 **abo_mismatchで群分け、小児に限って
88
89 **abo_mismatchで群分け、MACに限って
90
91
92
93 /**生存解析結果を表示するコマンド書式**//
94 *sts list ,by(グループ変数) at(時間時点リスト)
95 sts list,by(abo_majormis) at(1 3 5 7 10)
96
97
98 /**Log-rank検定のコマンド**//
99 *sts test グループ変数,オプション
100 *オプションで設定変更を行わない場合、Log-rank検定を行います。
101 sts test abo_majormis
102 sts test abo_majormis if pt_age>=16 & pt_age<.
103
104 /**Wilcoxon検定**//
105 *sts test グループ変数,wilcoxon
106 sts test abo_majormis, wilcoxon
107 sts test abo_majormis if pt_age>=16 & pt_age<., wilcoxon
108
109
110
111 ****解析結果のログを取る****
112 ****ログファイルを作成****
113 *結果はStata

```

Resultsウィンドウに表示されますが、結果が長くなると遡って見ることができなくなります。
114 *ログを取ると結果を遡って見るのに便利です。テキストファイルで保存されるため、メモ帳などで見る
ことができます。

115 *例
116 /*log using ログファイル名
117 xxx
118 log off
119 yyy
120 log on
121 zzz
122 log close
123 translate ログファイル名.smcl ログファイル名.txt*/
124 *ログファイルに「xxx」と「zzz」の部分のログは記録されますが、yyyの部分は記録されません。
125 *textファイルをExcelで開くことができるため、table作成の際に便利です。
126 *Excelで開く際には、開く→「カンマやタブなどの区切り文字によってフィールドごとに区切られたデー
タ」を選択
127 *→「次へ」→区切り文字として「タブ」に加え「スペース」をチェック→「次へ」→「完了」
128 log using univariate_OS
129 stset lyear, failure(event_os==1)
130 sts list, by(abo_majormis) at(1 3 5 7 10)
131 sts test abo_majormis
132 sts test abo_majormis, wilcoxon
133 log close
134 translate univariate_OS.smcl univariate_OS.txt
135
136
137 ///***やってみよう、solution***///
138 **abo_majormisで群分け
139 sts graph, by(abo_majormis)
140
141 **abo_mismatchで群分け、成人に限って
142 sts graph if pt_age>=16 & pt_age<., by(abo_majormis)
143
144 **abo_mismatchで群分け、小児に限って
145 sts graph if pt_age<16, by(abo_majormis)
146
147 **abo_mismatchで群分け、MACIに限って
148 sts graph if ric_mac==0, by(abo_majormis)
149
150

```

1  //***Cumulative incidence***//
2
3  **user written command, stcompetを使います
4  **findit levels7
5  **st0059をインストール
6
7  *****Non-relapse mortality*****
8
9  *解析用のイベント変数 : event_relapse*
10 * 1, relapse, 2, death in remission, 3, censored
11 *解析用の生存時間 : ci_rel_year*
12
13 *****Cumulative incidence*****
14
15 tab abo_majormis
16
17 stset ci_rel_year, failure(event_relapse==2)
18 stcompet CI = ci Low = lo High = hi SE = se, compet1(1) by(abo_majormis)
19
20 sort abo_majormis _t event_relapse
21 *各群の最初の症例が寛解時死亡でなければ、CI=0とする
22 by abo_majormis: replace CI = 0 if _n==1 & event_relapse!=2
23
24 *それぞれの競合リスクのCIが算出されるため、ここではNRMのCIのみを残す
25 replace CI = . if event_relapse!=2
26 by abo_majormis: replace CI = CI[_n-1] if missing(CI)
27
28 **グラフを描出する際に、時間0の時のy軸値を0に記載するためのコマンドです。
29 **_N+1以上の数字を記載する必要があります。
30 count
31 set obs 5000
32 replace _t = 0 in 5000
33 replace CI = 0 in 5000
34 replace abo_majormis = 0 in 5000
35
36 count
37 set obs 5001
38 replace _t = 0 in 5001
39 replace CI = 0 in 5001
40 replace abo_majormis = 1 in 5001
41
42
43 sort abo_majormis _t event_relapse
44 twoway line CI _t if abo_majormis==1, connect(stairstep) lpattern(solid) lwidth(thick) lcolor
(black) || line CI _t if abo_majormis==0, connect(stairstep) lpattern(solid) lwidth(thick)
lcolor(gs9) /*
45 */ title("") ytitle(Cumulative incidence of NRM, size(5)) xtitle(Years after transplant, size
(5)) /*
46 */ scheme(sicolor) ylabel(0(0.1)0.5, nogrid labs(4)) xlabel(0(2)10, labs(4)) /*
47 */ legend(ring(0) position(1) cols(1) region(lwidth(none)) order(1 "Major mismatch" 2
"Matched or minor mismatch") size(5))
48 translate @Graph CI_NRM.emf, trans(Graph2emf)
49
50
51 log using S32_TRM_StataSeminar2012
52
53 set more off
54 list ci_rel_year event_relapse CI Low High SE if abo_majormis==0 & event_relapse==2
55 list ci_rel_year event_relapse CI Low High SE if abo_majormis==1 & event_relapse==2
56
57
58 **datasetは保存しない！！
59
60 log close
61 translate S32_TRM_StataSeminar2012.smcl S32_TRM_StataSeminar2012.txt
62
63
64 //***群間比較***//
65 *1. KM法でのlogrank検定 (S31参照)

```


66 *2. Gray's test (→Stataでは不可、Rで可)
67 *3. Point estimation
68
69
70

```

1 *****Cumulative incidence*****
2
3 ///**Competing risk regression modelを用いた方法**///
4 **Stata ver. 11より上記がdefaultで追加
5
6 **Transplant-related mortality (or non-relapse mortality) curveの描出
7 stset ci_rel_year, failure(event_relapse==2)
8 stcrreg abo_majormis, compet(event_relapse==1)
9 stcurve, cif at1(abo_majormis=0) at2(abo_majormis=1) range(0 10)
10 stcurve, cif at1(abo_majormis=0) at2(abo_majormis=1) range(0 10) yscale(range(0 0.5)) ylabel(
11 0 (0.1) 0.5)
12
13 **他の因子で補正したcurveが描出できる
14 stset ci_rel_year, failure(event_relapse==2)
15 *(以下の一行は多変量解析で説明予定)
16 stcrreg abo_majormis (i.pt_age_group1) pt_sex (i.sex_mismatch2) diagnosis2 stage1 (i.sct_type
17 ) ric_mac gvhd_pro2, compet(event_relapse==1)
18 stcurve, cif at1(abo_majormis=0) at2(abo_majormis=1) range(0 10)
19
20 **実際のincidence
21 stset ci_rel_year, failure(event_relapse==2)
22 stcrreg abo_majormis, compet(event_relapse==1)
23 stcurve, cif at1(abo_majormis=0) at2(abo_majormis=1) range(0 10) outfile(cif)
24
25 ///**Null modelを用いたnon-parametricな方法**///
26 stset ci_rel_year, failure(event_relapse==2)
27 stcrreg if abo_majormis==0, compet(event_relapse==1)
28 predict cif_abo_0, basecif
29 label var cif_abo_0 "Matched or minor mismatch"
30 stcrreg if abo_majormis==1, compet(event_relapse==1)
31 predict cif_abo_1, basecif
32 label var cif_abo_1 "Majormismatch"
33 twoway line cif_abo*_t if _t<10, connect(stairstep stairstep) lpattern(solid solid) lwidth(
34 thick thick) lcolor(gs9 black) sort /*
35 */ title(NRM) ytitle(Cumulative incidence of NRM, size(5)) xtitle(Years after transplant,
36 size(5)) /*
37 */ scheme(s1color) yscale(range(0 0.5)) ylabel(0(0.1)0.5, nogrid labs(4)) xlabel(0(2)10, labs
38 (4)) /*
39 */ legend(ring(0) position(1) cols(1) region(lwidth(none)) order(1 "Matched or minor
40 mismatch" 2 "Major mismatch") size(5))
41
42 **実際のincidence
43 sort abo_mismatch _t
44 list _t cif_abo_0 if abo_majormis==0
45 list _t cif_abo_1 if abo_majormis==1

```

**問題点、estimatesの95% CI, SEの算出がされない。

```

1  /////*****時間依存性変数*****/////
2
3  *移植後120日でcGVHDを発症した場合
4  *固定時間変数
5  *cGVHDの値：1 観察期間0日から最終観察日まで
6  *時間依存性変数
7  *cGVHDの値：0→1 (120日) →1 (最終観察日まで)
8
9  /*慢性GVHD (extensive type) イベント、時間データの確認 (復習) */
10 sum cgvhd_day, detail
11 tab event_excgvhd
12 tab event_excgvhd, nolabel
13 label list event_excgvhd_label
14 count if cgvhd_day==. & event_excgvhd==1
15
16 /*時間固定変数としての扱い*/
17 *cGVHDなし、あり変数を作成する
18 gen excgvhd_tf = 1 if event_excgvhd==1
19 replace excgvhd_tf = 0 if event_excgvhd>=2 & event_excgvhd<=4
20 tab excgvhd_tf
21 *生存に対する慢性GVHDの影響を見る、固定時間変数での群分けでKM生存曲線を描いてみる (復習)
22 stset lyear, failure(event_os==1)
23 sts graph, by(excgvhd_tf)
24 *100日以上生存者に限る
25 sts graph if lday>=100 & lday<., by(excgvhd_tf)
26
27 /*時間依存性変数としての扱い*/
28 *生存に対する慢性GVHDの影響を見る場合
29 sort id
30 *id() で同一患者を示す
31 stset lyear, failure(event_os==1) id(id)
32
33 stsplit excgvhd_split1 if event_excgvhd==1, at(0) after(time=ci_excgvhd_year)
34 gen excgvhd_split2 = 0 if event_excgvhd>=2 & event_excgvhd<=4
35 replace excgvhd_split2 = 0 if excgvhd_split1==1
36 replace excgvhd_split2 = 1 if excgvhd_split1==0
37 * (注意) データの構造が変わっている
38 sort id
39 list id event_excgvhd excgvhd_split2 _t0 _t in 1/20
40 *生存に対する慢性GVHDの影響を見る、時間依存性変数での群分けでKM生存曲線を描いてみる
41 sts graph if lday>=100 & lday<., by(excgvhd_split2)
42
43

```

```

1 ****Multivariate analyses****
2
3 ///***補正変数作成***///
4 /*Sample protocolより
5   - 年齢 (0-15, 16-39, 40-)
6   - 患者性別 (F/M)
7   - 患者・donor, 性別一致度 (match, M to F, F to M)
8   - 原疾患 (AML, ALL)
9   - 移植時病期 (standard, advanced)
10  - Donor, 細胞種類 combination :
11      Rel-BM
12      Rel-PB
13      UR-BM
14      UR-CB
15  - 移植前処置 (MAC / RIC)
16  - GVHD prophylaxis (CyA-based, Tac-based) */
17
18 *patient age
19 tab pt_age_group1, missing
20 label list pt_age_group1_label
21 *patient sex
22 tab pt_sex, missing
23 label list sex_label
24 *patient-donor sex mismatch
25 tab sex_mismatch2, missing
26 label list sex_mismatch2_label
27 *diagnosis
28 tab diagnosis2, missing
29 label list diagnosis2_label
30 *stage at transplant
31 tab stage1, missing
32 label list stage1_label
33 *donor, source combination
34 tab sct_type, missing
35 label list sct_type_label
36 *RIC/MAC
37 tab ric_mac, missing
38 *ric if 1
39 *GVHD prophylaxis
40 tab gvhd_pro2, missing
41 label list gvhd_pro2_label
42
43 ///***Cox analysesの基本コマンド書式***///
44 *stcox var1 var2 var3
45 stset lyear, failure(event_os==1)
46 stcox abo_majormis
47 stcox abo_majormis stage1
48 *結果の見方の確認: HR, SE, z, P value, HRの95%信頼区間の順
49
50 ///***ダミー変数***///
51 *ダミー変数1
52 tab pt_age_group1, missing
53 stcox pt_age_group1
54 stcox i.pt_age_group1
55
56 *ダミー変数2, missing values
57 tab sex_mismatch2, missing
58 stcox i.sex_mismatch2
59 *Number of obs確認, complete datasetでの解析となる。
60 stcox i.pt_age_group1
61 stcox i.pt_age_group1 i.sex_mismatch2
62 /*Missing valuesが有る場合の対応、以下の2を実施する。
63 1. complete
64 dataset (missingが<5%の場合はこれでもよいが、変数が多いと全体での割合大きくなることに注意)
65 2. missingを一つの値として扱う
66 3. multiple imputation
67 */
68 gen sex_mismatch2_dummy = sex_mismatch2
69 replace sex_mismatch2_dummy = 9 if sex_mismatch2==.

```

```

69 tab sex_mismatch2 sex_mismatch2_dummy
70 stcox i.sex_mismatch2_dummy
71 *Number of obs確認
72
73 *その他の変数もmissing valuesに関してdummy変数化
74 foreach x of varlist stage1 ric_mac gvhd_pro2 {
75 gen `x'_dummy = `x'
76 replace `x'_dummy = 9 if `x'==.
77 }
78
79
80 ///***ステップワイズ法による変数の絞り込み***///
81 **手動で (complete datasetで) 行ってみる
82 stcox abo_majormis i.pt_age_group1 pt_sex i.sex_mismatch2 diagnosis2 stage1 i.sct_type
ric_mac gvhd_pro2
83 *P valueが高い変数から一つずつ抜いて走らせる, backward selection, begin with full model
84
85 **コマンドを使う、まずは二値変数に限って
86 sw, pr(.05): stcox abo_majormis pt_sex diagnosis2 stage1 ric_mac gvhd_pro2
87 **dummy variable (factor variable)を含む場合
88 xi: sw, pr(.05): stcox abo_majormis (i.pt_age_group1) pt_sex (i.sex_mismatch2) diagnosis2
stage1 (i.sct_type) ric_mac gvhd_pro2
89
90 /*Sample protocolの方法
91 ① 変数をすべて用いるフルモデルで補正する。
92 : 文献や医学的見地を参照し、主要評価項目全生存に対するリスク因子を用いる。*/
93 stcox abo_majormis i.pt_age_group1 pt_sex i.sex_mismatch2 diagnosis2 stage1 i.sct_type
ric_mac gvhd_pro2
94
95 /*Sample protocolの方法
96 ③ 選択した因子をモデルに加える。
97 ③-1: 全ての検討する因子を含めたフルモデルからスタートし、血液型の変数は常に残した上で、
98 backward
stepwiseにてP値が高い変数から順にフルモデルから除き血液型の変数以外は有意な因子のみを残した最
終モデルとする。
99 */
100 *"lockterm1"で、最初の変数を強制的に常にモデルに入れる
101 *複数の変数を強制的に常にモデルに入れる場合は、stcoxの次の最初の変数として、括弧内にまとめて記
載する
102 xi: sw, lockterm1 pr(.05): stcox abo_majormis (i.pt_age_group1) pt_sex (i.sex_mismatch2)
diagnosis2 stage1 (i.sct_type) ric_mac gvhd_pro2
103
104 ///***Competing risk regression model***/// *competing risk event example aGVHD*
105 /*event確認*/
106 tab event_agvhd24
107 /*survival time ??*/
108 gen ag2d=agvhd_g2_day if event_agvhd24==1
109 replace ag2d=1day if event_agvhd24==2
110 replace ag2d=100 if 1day>=100 & event_agvhd24==2
111 replace ag2d=100 if event_agvhd24>2
112 /*stcrreg 例 基本的な考え方はstcoxと同じ*/
113 stset ag2d, failure(event_agvhd24 ==1)
114 stcrreg i.abo_majormis , compete(event_agvhd24 ==2)
115 xi: sw, pr(.05): stcrreg abo_majormis (i.pt_age_group1) pt_sex (i.sex_mismatch2) diagnosis2
stage1 (i.sct_type) ric_mac gvhd_pro2, compete(event_agvhd24 ==2)
116
117
118
119
120
121

```

解析セミナー出席者名簿

	氏名	施設名
1	多賀 崇	滋賀医科大学附属病院
2	富澤 大輔	東京医科歯科大学医学部附属病院
3	長谷川 大一郎	兵庫県立こども病院
4	横山 洋紀	東京慈恵会医科大学附属病院
5	増子 正義	新潟大学医歯学総合病院
6	町田 真一郎	東海大学医学部附属病院
7	杉田 純一	北海道大学
8	小野田 浩	愛知県立がんセンター研究所
9	宇佐美 郁哉	神戸市立医療センター中央市民病院
10	石田 宏之	京都府立医科大学
11	堀越 泰雄	静岡県立こども病院
12	水田 秀一	藤田保健衛生大学病院
13	重松 明男	北海道大学大学院医学研究科
14	嶋田 博之	慶應義塾大学病院
15	谷澤 昭彦	福井大学医学部附属病院
16	小林 良二	札幌北楡病院
17	藤田 直人	広島赤十字・原爆病院
18	近藤 英生	岡山大学病院
19	内田 直之	国家公務員共済組合連合会 虎の門病院
20	工藤 寿子	地方独立行政法人 静岡県立病院機構 静岡県立こども病院
21	山崎 宏人	金沢大学附属病院
22	崔 日承(チェイルスン)	独立行政法人国立病院機構 九州がんセンター
23	福島 卓也	琉球大学医学部保健学科
24	井上 雅美	大阪府立母子保健総合医療センター
25	山本 将平	東京大学医科学研究所
26	金光奈緒子	名古屋第一赤十字病院
27	矢部 普正	東海大学医学部基盤診療学系再生医療科学
28	鬼塚 真仁	東海大学医学部附属病院
29	藤 重夫	国立がん研究センター 中央病院
30	寺倉 精太郎	名古屋大学大学院医学系研究科
31	屋部 登志雄	東京都赤十字血液センター
32	松本 公一	名古屋第一赤十字病院

33	中根 孝彦	大阪市立大学大学院医学研究科
34	酒井 リカ	神奈川県立がんセンター
35	西森 久和	岡山大学大学院医歯薬学総合研究科
36	薬師神 公和	神戸大学医学部附属病院
37	西田 徹也	名古屋大学医学部附属病院
38	前田 猛	京都大学医学部附属病院
39	林 良樹	国立がん研究センター 中央病院
40	河野 彰夫	愛知県厚生農業協同組合連合会 江南厚生病院
41	大島 久美	聖路加国際病院
42	森 有紀	国家公務員共済組合連合会 虎の門病院
43	塩原 正明	長野県立こども病院
44	一戸 辰夫	佐賀大学医学部附属病院
45	村田 誠	名古屋大学医学部附属病院
46	森島 泰雄	愛知県立がんセンター研究所
47	黒澤 彩子	国立がん研究センター 中央病院
48	飯田 美奈子	愛知医科大学
49	森島 聡子	藤田保健衛生大学病院
50	今橋 伸彦	名古屋大学大学院医学系研究科
51	青木 一成	神戸市立医療センター中央市民病院
52	徳永 雅仁	今村病院分院
53	石田 也寸志	聖路加国際病院
54	鈴木 達也	名古屋第二赤十字病院
55	植木 俊充	長野赤十字病院
56	小林 光	長野赤十字病院
57	栗田 尚樹	筑波大学附属病院
58	糸永 英弘	長崎大学大学院医歯薬総合研究科原研内科
59	倉田 美穂	血液疾患臨床研究サポートセンター
60	柳澤 昌実	血液疾患臨床研究サポートセンター
61	松尾 恵太郎	愛知県立がんセンター研究所
62	諫田 淳也	自治医科大学附属さいたま医療センター
63	鈴木 律朗	造血細胞移植情報管理・生物統計学
64	熱田 由子	造血細胞移植情報管理・生物統計学
65	鎌倉 美鈴	造血細胞移植情報管理・生物統計学

《セミナーアンケート結果》

厚生労働科学研究費補助金難治性疾患等克服研究事業（免疫アレルギー疾患等予防・治療研究事業）
「本邦における造血細胞移植一元化登録研究システムの確立」研究班
平成 24 年度 TRUMP 統計セミナー

参加者アンケート

1. 今回のセミナーはどのようにして知りましたか？

- (2 8) 参加ワーキンググループ責任者からの案内
- (1 4) 移植合同班会議での案内
- (4) その他（自由記載：学会のミーティング、また関係者からの口コミ（黒澤）
熱田先生からのお知らせ（井上）
2012 年 5 月 17 日の Stata 共同購入者へのメール（雀）
熱田班代表から stata 共同購入者へのメールにて（西田）

2. 全体的なセミナーの難易度はいかがでしたか？

- (0) 簡単すぎた
- (2) 易しかった
- (1 5) ちょうどよかった
- (2 2) やや難しかった
- (2) 難しすぎた

コメント

- ・自身の不勉強故ですが、松尾先生の講義はやや難しいと感じました（中根）
- ・STATA のコマンド操作を自分で初めて try したので、なかなか全てを follow しきれませんでした。ですが、手を動かしてみて、その使い勝手も体感できました。今回をとりかかりとして、自分自身で STATA を動かした解析ができるようになればいいなー、と思っています（“なります！”ではないところが情けないのですが・・・）（酒井）
- ・セミナーでは、講師の先生方のご指導があったので、それなりに進めましたが、コマンドなど十分理解できているか？と言われると、自信がありません。（井上）
- ・多変量の話は、全然解らなくなった（多賀）
もう少し全体的な概要がマクロであると助かります。例えば、以前の Stat View のように全体的な記述統計を表示できる機能はないのでしょうか？（山本将平）
- ・自力で Stata を使いこなせるようになる」には甚だ心もとないですが、統計家に依頼するにしても、ある程度は理解していた方がいいと感じました。（山崎）

3. 今後さらに Stata を用いた統計解析の勉強をしたいと思われましたか？

- (4 1) さらに勉強したい
- (2) 解析は無理そうなので、統計家に頼もうと思った
- (0) 現在使用している統計ソフトのままでよいと思った

(統計ソフト名：R (中根))

コメント

・2つの統計ソフトで相互チェックしつつ利用したいと思っています。今はRの方が早く扱えるのでこちらをメインで使っていますが、なれたら stata でもやってみたいと思っています。(中根)

・統計的の考えかたやそのプロセスが誤っていないかを確認するためにも、統計家とコンタクトをとることは、今私にとっては必要な事だと考えますが、一方で、自分自身で作業をすすめる方が小回りが利くのも事実です。この2つのアプローチをうまく使って、誤りのない解析ができればよいと、考えています。

(酒井)

・私が使いこなせるようになるには、まだまだと思いますが、Stata がいかに優秀な統計ソフトであるか、ということを実感しました。(井上)

・最初のDataセットがまず大事だと思います。どんなことが出来るのか、と言う事が改めて解りました。(雀)

4. 他のWGメンバーや研究者にも、参加を勧めたいと思いますか？

(41) はい

(0) いいえ

コメント

・STATA を使いこなしたい、という強い希望のある先生にはお勧めできると思います。(酒井)

・WGメンバー以外の参加は認められないのでしょうか？(井上)

・次回の参加者募集をWGを越えたJSHCT全会員に向けて案内してはいかがでしょうか？(ただし準備がもっと大変になりますね・・・)(飯田)

5. 参加者のレベルに応じて、もっと基礎的な内容に特化した「基礎セミナー」と、経験者を対象とした「応用セミナー」に分けて開催すべきと考えますか？

(35) はい

(7) いいえ

コメント

・個人的にはどちらもお聞きしたいので一回で参加できる方がありがたいです。(中根)

・是非分けて開催して下さい。その方が、お互い効率がいい気がします。Stata どころか以前に統計の知識が欠けすぎている方に対して、どうかカバーするかも問題かと思います。(青木)

・今回は、私のようなビギナーから、お一人で解析ができてしまうセミプロまで、レベルの違うメンバーが対象でしたので、多分、一部の先生には物足りなく、一部の先生には難しすぎたと思います。講師の先生方も、最初の所に時間がとられてしまい、思い描いたような進行ができなかつたのではないのでしょうか？また、どの程度をマスターしていれば、応用セミナーにさんかしても大丈夫なのか、そのあたりを明示して頂いた方が、どちらを選ぶべきか迷いが少ない気がいたします。(酒井)

- ・熟練度に合わせたセミナーの方が、初心者も熟練者も気兼ねなく勉強できますね。(井上)
- ・TRUMP から解析データファイルを作成して行く作業と作成されたデータから具体的な解析をしていく作業に分けては如何でしょうか？(水田)
- ・今後は一元化データを用いる研究でPI となる方には研修を推奨した方がよいかと思います(林)
- ・どこからが基礎で、どこからが応用なのかが難しそうです(雀)
- ・初めて動かす人と実際に使った人の間にはギャップがあると思うので、セミナーの回数を重ねれば重ねるほど、そのギャップが大きくなると思います。(飯田)
- ・私は初心者でしたが経験者と講師の方々のやりとりなどは難しくてわからなかったのですが、将来に役立つ貴重な情報だったので、基礎セミナーの形でなかったことは良かったです。ただ経験者の方は応用セミナーでもっと高度な内容に集中したいと思われたかもしれません。(屋部)
- ・各レベルがあるとは思いますがおそらく自分のように基礎の基礎から分からないか、それ以上だと思しますので、基礎の基礎、それ以上の二つに分けるのが良いのではないのでしょうか？(山本将平)

6. 講義時間が足りなかった(「もっと時間をかけて解説してほしかった」と思われた講義内容にチェックしてください(複数回答可))

- (3) TRUMP データを用いた移植登録研究を実施する際の注意点 (鈴木律朗)
- (1 5) Stata の基本動作と変数作成の基礎 (熱田由子)
- (1 7) 変数作成の応用と解析データセットの作成 (諫田淳也)
- (1 5) 単変量解析 (生存解析) (熱田由子)
- (2 5) 多変量解析 (生存解析) (松尾恵太郎)

コメント

- ・私は、どれも講義についていくのが精一杯でした。(井上)
- ・解析に関してはスクリプトがあればコピーできますがそれ以前は自分のデータは自分で準備する必要がありますので重要と思います(水田)
- ・多変量解析については解説が中心(それはそれで内容の濃いものでしたが)、実際手を動かしながらやる実習形式の作業もあった方がいいように思いました。もちろん限られた時間の中で大変とは思いますが。(富澤)
- ・Stata をいただいたはいいものの、使用法がよくわからず、そのままになっていました。今回の講習にて Stata の基本的な構成や使用法について幾らかでも理解できましたので、今後使用していくにあたってよりきっかけとなりました。講師の先生方や、裏方の皆様におかれましても、大変だったと思いますが、ありがとうございました。(今橋)
- ・興味深いお話が満載でした。もっと聞きたかったです。(飯田)
- ・それぞれの解析を実際に行う作業時間がもう少し欲しかったです。(屋部)
- ・一日の講義としてはこれ以上の内容を盛り込むことは難しいですが、個々の解析について少し時間をかけて頂けると良いかと思います。(西田)
- ・変数の作り方の練習時間がもうちょっとあったらよかったです。(寺倉)
- ・内容に不満があるのではなく、もっと勉強したかったということです。(山崎)

6.1. 上記とは別に、解説してほしいテーマがありましたら、お書きください。

- ・生存分析以外の解析や、ROC 曲線の書き方などについても講義頂ければありがたいです(長谷川)
- ・ロジスティック回帰分析、競合因子を加味した生存分析をもう少し詳しく、Cox 回帰分析後の比例ハザード性の確認など (石田也寸志)
- ・TRUMP データベースとの関連はないかも知れませんが「研究計画における症例設定方法 (1 アーム、RCT、非劣性試験など)」(中根)
- ・Patient characteristics に関する解析に関してもう少し詳しく (4 群だったりとか)。競合イベントがあるとき、Fine & gray でやるか Cox でやるか、利点と欠点。打ち切り data を outcome としたとき、連続変数の cut-off の決め方。(青木)
- ・Win と Mac を分けて解説して頂けると有り難い。(村田)
- ・多変量解析の交絡因子のところはもう少し時間をとってゆっくり説明してほしい。(小野田)
- ・コマンドについて、ゆっくり時間をかけて解説してほしいです (初心者としての希望) (井上)
- ・将来的には研究を提案する際に自分の知りたい事をどのように解析すべきかをシュミレーションできるしくみにするとより質の高い研究が提案できると思います (水田)
- ・前々日に初めて Stata をインストールした「超」初心者だったのですが、Stata の大体の仕組みが分かったことだけでも大きな収穫だと思っています。変数作成に関して、do file をコピーするだけならできますが、Script を自分で組み立てるとなると、コマンドの意味も分からない状態だったのでお上手でした。変数作成の基礎講座があるととても良いと思います。(金光)
- ・時間依存変数の解析の実技をして頂くとありがたいです。(内田)
- ・データの加工の仕方や加工の意義の基礎。差の分析や分散分析など基本的な解析。(嶋田)
- ・Interaction をどのように考え、実際にどのように解析したらいいのか。(今橋)
- ・矛盾した入力データの検証の仕方、など。(大島)
- ・変数の作成については、もっと詳細な講義を聴きたいと思いました。(糸永)
- ・会議の主眼とはずれてしまうかもしれませんが、Stata の日本語のよいテキストがないため解説していただければ大変ありがたい (増子)
- ・データの marge の方法、特に 2 次調査をする際にもとの TRUMP データと 2 次調査データをくっつけるのは、思ったよりずっと大変なので。「やってみよう」的な練習問題シリーズ(飯田)
- ・メタアナリシス、Matched pair の抽出方法、Interaction (屋部)
- ・Pull down menu からたくさんの統計項目が出てきますが、一般にはこちらからの解析の方がしやすいのではないのでしょうか? こちらからの説明もあればよかったですかなと思います (石田宏之)
- ・Mac User のこつなど (工藤)

7. 印刷費・弁当代などの実費は払ってもらわなければならないかという意見も聞かれました。数千円程度の開催実費用分の参加費を支払う必要があった場合でも、参加したいと思われませんか?

- (3 0) 参加する
- (1 0) 参加費の額次第で検討する
- (0) 参加しない
- (0) もっと額は上げてよい

コメント

- ・資料の中には業者の有料講習会の資料も含まれていましたので、業者の講習会に参加すれば数万円かかるものと推測します。講義内容も充実しており、参加者は参加費を払うべきと思いました。(長谷川)
- ・ソフトを支給・配布いただいていたので、費用はいくらでも、参加させていただくつもりでした。(林)
- ・無料というのが申し訳ないくらい充実した内容、豪華な講師陣、お弁当やお茶などのお気遣いだと思いました。(金光)
- ・STATA も無料でいただいております、参加費は当然払うべきだと思います。講師の先生方の負担/手間も大きいと思いますので、謝金として使っていただけたらと思います。(重松)
- ・もともと実費のつもりで、むしろ恐縮でした。ありがとうございました。(内田)
- ・資料がとても充実しておりましたので、費用を支払っても参加したいと思います。お弁当のセンスもよく、コーヒーやお菓子などもご準備いただいておりますので、ありがたく思いました。(大島)
- ・実費の支払いは全く問題ないと思います。セミナーを継続するのに、すべて開催側の持ち出しでは大変すぎます・・・(飯田)
- ・是非、講師の先生の講演料も含めるべきかと思います。(山本将平)
- ・交通費がかかっておりますので・・・(藤田)

8. その他、ご感想、ご要望など自由にお書きください。

- ・資料の中には業者の有料講習会の資料も含まれていましたので、業者の講習会に参加すれば数万円かかるものと推測します。講義内容も充実しており、参加者は参加費を払うべきと思いました。(長谷川)
- ・準備お疲れ様でした。また当日はハードの問題もあり、最初なかなかスムーズにいかず、ご苦勞をされたと思います。ありがとうございました。DoFile の活用は非常に有用ですので、今後ともよろしく願います。(石田也寸志)
- ・勉強になりました。これまで、ここまで具体的に自分の臨床研究に直結した形の講義をお聞きできる機会は皆無でした。このような機会を作っていただき、大変感謝しております。ありがとうございました。自分で臨床統計解析を自信を持って行えるように今後も精進していきたいです。(中根)
- ・大変勉強になりました。ありがとうございました。引き続き、上級編を期待しております。(青木)
- ・熱田先生他、講師をしてくださった先生方、ほか準備をしてくださった方々ありがとうございました。(徳永)
- ・セミナーの準備大変だったとお察し致します。有り難うございました。変数作成と解析方法の二部に分けて(二日間に分けて)も良いように思いました。(村田)
- ・熱田先生、講師の皆様、C-SHOTのスタッフの皆様。本当に有難うございました。内容をフォローするのに必死であったという間に closed の時間になりました。帰りの新幹線の中では STATA で解析してみたい！と強く思いましたが、横浜に戻って、一人で try してみると・・・まだまだ前途多難です。始めの一步ということで、また、このような機会があれば是非とも参加させて頂きたいと思います。(酒井)
- ・TRUMP データで、変数・解析データセットが作成された状態でのファイルがあればよいと思いました。解析したい内容によって当然作成方法が違ってくると思いますが、いわゆる「このハードルを乗り越えなければ先がない！」と言っておられたハードルがあまりに高い印象でした。(西森)