

例えば、以下のように入力してみてください。

```
> wilcox.test(group1.wil,group2.wil,alternative=c("two.sided"),mu=0,paired=FALSE,correct=TRUE,conf.int=FALSE)
```



Enterキーを押してください。

以下のような出力結果を得ます。

```
Wilcoxon rank sum test with continuity correction

      data:  group1.wil and group2.wil
      W = 4238, p-value = 0.2471
      alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
```

## $\chi^2$ (カイ二乗) 検定

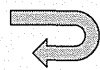
## Rを用いた $\chi^2$ (カイ二乗)検定

「birthwt」のデータを用いて解析しましょう。

	2.5kg未満の児	2.5kg以上の児	合計
喫煙有り	30	29	59
喫煙なし	44	86	130
合計	74	115	189

関数「chisq.test」を用いることにより、 $\chi^2$ (カイ二乗)検定を行うことができます。

```
> chisq.test(table(birthwt[,5],birthwt[,1]))
```



Enterキーを押してください。

Pearson's Chi-squared test with Yates' continuity correction

```
data: table(birthwt[,5],birthwt[,1])
```

```
X-squared = 4.2359, df = 1, p-value = 0.03958
```



help(chisq.test)を実行していただきますと、詳しい情報を参照いただけます。

Rでは様々な関数が用意されています。

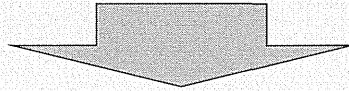
fisher.test()    フィッシャーの直接確率検定

mcnemar.test()    マクネマー検定

prop.test()    2群の比率の差の検定

## ロジスティック回帰分析

様々な一般化線形モデルによる解析を行う関数として、glm()があります。ロジスティック回帰分析を行う際には、この関数を用いるときに、family=binomialと指定する必要があります。



データフレーム「birthwt」の変数「低体重出生の有無」を「人種」および「喫煙の有無」により説明するロジスティック回帰を行ってみましょう。

```
> birth.result<-glm(low~race+smoke,data=birthwt,family=binomial)
```



Enterキーを押してください。

```
> summary(birth.result)
```



Enterキーを押してください。

```
Call:
glm(formula = low ~ race + smoke, family = binomial, data = birthwt)
```

```
Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-1.3818 -0.9169 -0.5619  1.4620  1.9615
```

```
Coefficients:
            Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  -2.3249     0.5115  -4.545 5.49e-06 ***
race           0.5590     0.1979   2.824 0.00474 **
smoke         1.1167     0.3681   3.034 0.00241 **
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
```

```
Null deviance: 234.67 on 188 degrees of freedom
Residual deviance: 221.34 on 186 degrees of freedom
AIC: 227.34
```

```
Number of Fisher Scoring iterations: 4
```

残差に関する情報が表示されます。

係数に関する情報が表示されます。

```
Call:
glm(formula = low ~ race + smoke, family = binomial, data = birthwt)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-1.3818	-0.9169	-0.5619	1.4620	1.9615

残差の四分位数

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z )
(Intercept)	-2.3249	0.5115	-4.545	5.49e-06 ***
race	0.5590	0.1979	2.824	0.00474 **
smoke	1.1167	0.3681	3.034	0.00241 **

---  
Signif. codes: 係数 \*\*\* 標準誤差 \*\* z値 0.1 ' 0.05 ' 0.1 ' 1

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

Null deviance: 234.67 on 188 degrees of freedom  
Residual deviance: 221.34 on 186 degrees of freedom  
AIC: 227.34

Number of Fisher Scoring iterations: 4

## ロジスティック回帰分析の結果のプロット

関数「step」により、AIC基準による変数選択を行うことができます。



関数「fitted」により、ロジスティック回帰式による予測値を求めることができます。

```
> fit<-fitted(birth.result)
```



Enterキーを押してください。

```

> fit
      85      86      87      88      89      91      92      93      94
0.2302446 0.3434509 0.3431633 0.3431633 0.3431633 0.3434509 0.1460520 0.3434509 0.3431633
      95      96      97      98      99      100      101      102      103
0.3431633 0.3434509 0.3434509 0.3434509 0.3434509 0.3431633 0.3431633 0.2302446 0.3431633
      104      105      106      107      108      109      111      112      113
0.3434509 0.3431633 0.3434509 0.1460520 0.1460520 0.3434509 0.3434509 0.1460520 0.3431633
      114      115      116      117      118      119      120      121      123
0.1460520 0.4774523 0.2302446 0.2302446 0.3431633 0.4774523 0.1460520 0.2302446 0.3431633
      124      125      126      127      128      129      130      131      132
0.3431633 0.3431633 0.3431633 0.3431633 0.4774523 0.1460520 0.2302446 0.1460520 0.3431633
      133      134      135      136      137      138      139      140      141
0.3431633 0.1460520 0.3434509 0.1460520 0.6150820 0.1460520 0.3434509 0.3431633 0.3431633
      142      143      144      145      146      147      148      149      150
0.3434509 0.3434509 0.6150820 0.3434509 0.3434509 0.3434509 0.3434509 0.3434509 0.3434509
      151      154      155      156      159      160      161      162      163
0.1460520 0.6150820 0.3434509 0.3434509 0.6150820 0.1460520 0.2302446 0.3431633 0.6150820
      164      166      167      168      169      170      172      173      174
0.6150820 0.2302446 0.3431633 0.2302446 0.1460520 0.3431633 0.4774523 0.1460520 0.1460520
      175      176      177      179      180      181      182      183      184
0.1460520 0.3434509 0.3434509 0.3434509 0.6150820 0.3434509 0.1460520 0.1460520 0.1460520
      185      186      187      188      189      190      191      192      193
0.1460520 0.3434509 0.3431633 0.3431633 0.3431633 0.1460520 0.1460520 0.3431633 0.3431633
      195      196      197      199      200      201      202      203      204
0.1460520 0.1460520 0.3431633 0.3434509 0.1460520 0.3434509 0.2302446 0.1460520 0.1460520
      205      206      207      208      209      210      211      212      213
0.3431633 0.2302446 0.1460520 0.3434509 0.3431633 0.1460520 0.3431633 0.3434509 0.1460520
      214      215      216      217      218      219      220      221      222
0.3434509 0.1460520 0.3434509 0.1460520 0.3434509 0.1460520 0.1460520 0.1460520 0.1460520

```

● ● ●   ● ● ●   ● ● ●   ● ● ●   ● ● ●   ● ● ●

(最後に) Rを終了する場合は、以下のコマンドを入力してください。

> q()  Enterキーを押してください。

本日、作成した変数を保存する場合は、「はい」をクリックしてください。



「はい」をクリックすると、プロンプト上から本日入力いたしましたログが全て保存されます。次回、Rを起動した際、「↑矢印(PgUp)」を押していくことでログをたどることができます。

本日は代表的な分析を中心に学習しました。現在は、Web上にRの使用方法やマニュアルが数多く公開されています。今後は、本日学習したこととこれらの情報も活用して、Rを身近な統計ソフトとしてご活用ください。

1 フリーソフトウェアRについて

2 Rのインストール方法

3 本日のまとめについて

## まとめ

### 本日の学習事項

1. データの読み込みと関数の使用方法
2. 母平均の差の検定・推定
3.  $\chi^2$ (カイ二乗)検定
4. ロジスティック回帰分析



## 参考資料

### 文献

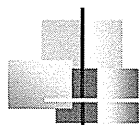
- (1) 岡田昌史[編](2004). The R book「データ解析環境Rの活用事例集」, 九天社。(生存時間分析やマルチレベルモデリングなどの解説もあります。)
- (2) 岡田昌史[監訳](2006). Rによる医療統計学, 丸善。(医療統計に関する解説が充実しています。)
- (3) 中村永友[著](2009). Rで学ぶデータサイエンス「多次元データ解析法」, 共立出版。(多変量解析に関する解説が充実しています。)
- (4) 舟尾暢男[著](2005). The R Tips「データ解析環境Rの基本技・グラフィックス活用集」, 九天社。(グラフィック機能に関する解説が充実しています。)

## 参考資料

### URL

- (1) <http://cran.r-project.org/doc/contrib/manuals-jp/Mase-Rstatman.pdf>
- (2) <http://cse.naro.affrc.go.jp/takezawa/r-tips/r.html>  
(辞書のような形でご使用いただけます。)
- (3) <http://minato.sip21c.org/msb/medstatbook.pdf>  
(保健医療データ解析に関する解説が充実しています。)





ご清聴ありがとうございました

平成26年度厚生労働省科学研究費補助金事業「研究マインドを持つ臨床医を育てるプロジェクト報告会と臨床研究ワークショップ」

(追加資料)  
簡単な計算

## Rを用いて簡単な計算を行ってみよう

### 簡単な演算について

記号	意味
+	足し算
^	累乗
-	引き算
*	掛け算
/	割り算
%%	剰余

```
R Console
Copyright (C) 2012 The R Foundation for Statistical Computing
ISBN 3-900051-07-0
Platform: x86_64-pc-mingw32/x64 (64-bit)


Rは、自由なソフトウェアであり、「完全に無保証」です。
一定の条件に従えば、自由にこれを再配布することができます。
配布条件の詳細に関しては、'license()'あるいは'licence()'と入力してください。

Rは多くの貢献者による共同プロジェクトです。
詳しくは'contributors()'と入力してください。
また、RやRのパッケージを出版物で引用する際の形式については
'citation()'と入力してください。

'demo()'と入力すればデモをみることができます。
'help()'とすればオンラインヘルプが出ます。
'help.start()'でHTMLブラウザによるヘルプがみられます。
'q()'と入力すればRを終了します。

【以前にセーブされたワークスペースを復帰します】

> 1+2
[1] 3
> |
```

 「1+2」と入力し、Enterキーを押してください。

```
R Console
Platform: x86_64-pc-mingw32/x64 (64-bit)

Rは、自由なソフトウェアであり、「完全に無保証」です。
一定の条件に従えば、自由にこれを再配布することができます。
配布条件の詳細に関しては、'license()'あるいは'licence()'と入力してください。

Rは多くの貢献者による共同プロジェクトです。
詳しくは'contributors()'と入力してください。
また、RやRのパッケージを出版物で引用する際の形式については
'citation()'と入力してください。

'demo()'と入力すればデモをみることができます。
'help()'とすればオンラインヘルプが出ます。
'help.start()'でHTMLブラウザによるヘルプがみられます。
'q()'と入力すればRを終了します。

【以前にセーブされたワークスペースを復帰します】

> 1+2
[1] 3
> 3^3
[1] 27
> |
```

「3^3」と入力し、Enterキーを押してください。

```
R Console

また、RやRのパッケージを出版物で引用する際の形式については
'citation()'と入力してください。

'demo()'と入力すればデモをみることができます。
'help()'とすればオンラインヘルプが出ます。
'help.start()'でHTMLブラウザによるヘルプがみられます。
'q()'と入力すればRを終了します。

【以前にセーブされたワークスペースを復帰します】

> 1+2
[1] 3
> 3^3
[1] 27
> 4-2
[1] 2
> 5*6
[1] 30
> 10/2
[1] 5
> 5%%2
[1] 1
> |
```

プロンプト上において、様々な演算を行ってみてください。

以下のような2行2列の行列を作成し、この行列を「Data1」に代入したい場合は以下のようなコマンドを書きます。

$$\begin{pmatrix} 3 & 2 \\ 1 & 5 \end{pmatrix} \quad \text{例) } 2 \times 2 \text{ の行列の場合}$$

```
> Data1<-matrix(c(3,1,2,5),2,2)
```

「Data1」の中身を確認するために、「Data1」と入力し、Enterキーを押してみてください。次のような出力を得ます。

```
> Data1
      [,1] [,2]
[1,]    3    2
[2,]    1    5
```

## 母分散の比の検定・推定

## Rを用いた2群の母分散の比の検定

```
var.test(x, y, ratio = 1, alternative = c("two.sided",  
["less", "greater"]), conf.level = 0.95, ...)
```

両側検定を行う場合は、  
こちらを指定します。

片側検定を行う場合は、信頼区間の信頼レベルを指定します。  
こちらを指定します。



引数についてさらに詳しく学びたい方は、`help(var.test)`を実行すると参照いただけます。

```
> var.test(group1, group2, ratio=1, alternative=c("two.sided"), conf.level=0.95)
```



Enterキーを押してください。

```
F test to compare two variances
F値  group1の自由度  group2の自由度  p値の値
data:  group1 and group2
F = 1.0141, num df = 8, denom df = 8, p-value = 0.9847
alternative hypothesis: true ratio of variances is not equal to 1
95 percent confidence interval:
 0.2287372 4.4955539
sample estimates:
ratio of variances
 1.014052
```

下側信頼限界

上側信頼限界

## 母平均の差の検定・推定 (対応のある場合)

### Rを用いた2群の母平均の差の検定

対応のある場合： 同一対象から異なる2時点の観測値の「ペア」が得られる場合

① どちらの群も正規分布に従うときは対応のある2標本のt検定を行います。

② 正規分布が仮定できない場合はWilcoxonの順位和符号検定を行います。

① どちらの群も正規分布に従うときの対応のある2標本のt検定

```
t.test(x, y = NULL, alternative = c("two.sided",  
"less", "greater"), mu = 0, paired = TRUE,  
var.equal = FALSE, conf.level = 0.95, ...)
```

この部分を「TRUE」に変更します。

引数「var.equal」の部分は、「FALSE」でも「TRUE」でも同じ結果を得ます。

(「group1」と「gorup2」の59人を解析に用いることにします。)

```
> t.test(group1[1:59], group2[1:59], alternatie=c("two.sided"), mu=0, paired=TRUE, var.equal=FALSE, conf.level=0.95)
```



Enterキーを押してください。

Paired t-test

data: 値group1 自由度 and group2 値  
t = 0.7553, df = 58, p-value = 0.4531

alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0  
95 percent confidence interval:

-6.153425 13.611052 ← ----- 上側信頼限界

sample estimates:

mean of the differences  
3.728814 ----- 下側信頼限界



② 正規分布が仮定できない場合のWilcoxonの順位和符号検定

関数「wilcox.test」を用いることで実行することができます。

```
wilcox.test(x, y = NULL, alternative =  
c("two.sided", "less", "greater"), mu = 0,  
paired = TRUE, exact = NULL, correct = TRUE,  
conf.int = FALSE, conf.level = 0.95, ...)
```

引数「paired」を「TRUE」に指定します。



引数についてさらに詳しく学びたい方は、`help(wilcox.test)`を実行すると参照いただけます。

(「group1.wil」と「group2.wil」の59人を解析に用いることにします。)

```
> wilcox.test(group1.wil[1:59], group2.wil[1:59], alternative=c("two.sided"), mu=0, paired=TRUE, correct=TRUE, conf.int=FALSE)
```



Enterキーを押してください。

```
Wilcoxon signed rank test with continuity correction
```

```
      p値
```

```
data: group1.wil[1:59] and group2.wil[1:59]
```

```
V = 921, p-value = 0.3169
```

```
alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
```

# 研究マインドを持つ臨床医に対する 疫学教育プログラムの開発と基礎整備： 概要と報告

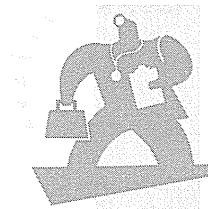
聖ルカ・ライフサイエンス研究所  
臨床疫学センター  
高橋 理

2015/1/20

1

## 背景

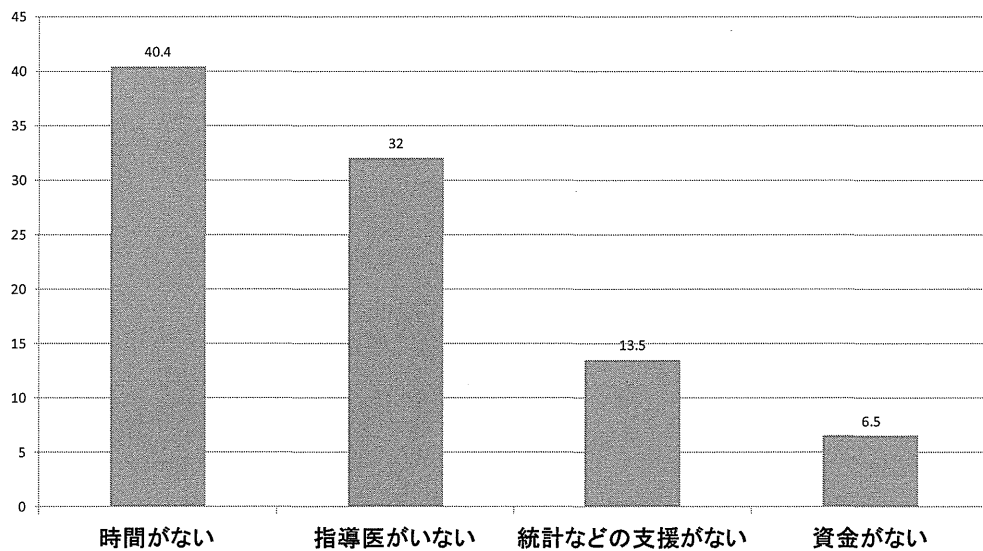
- 質の高い医療提供にはEBMが必要不可欠
- 臨床研究による質の高いエビデンスが基盤
- 様々な臨床医の関与が重要



2015/1/20

2

## 学術活動を阻害するもの



2015/1/20

Takahashi O and Fukui T et al. J Gen Intern Med. 2009; 24: 716-20.

## どのような戦略があるか

- E-learningによる基礎知識の習得
- 臨床研究メンターリング手法の開発と普及
- 個人間・病院間・国際間のネットワーク構築

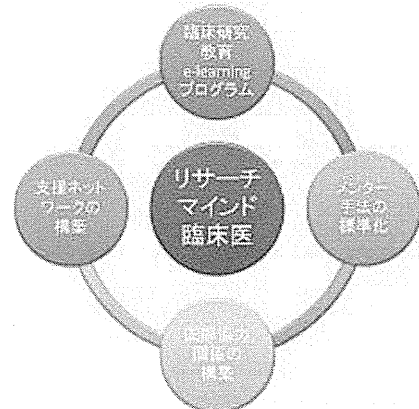


新たな医師像: 研究マインド臨床医師の育成

2015/1/20

# H25年度厚労科研究研究班

研究マインドを持つ臨床医に対する疫学教育  
プログラムの開発と基礎整備（高橋班）



2015/1/20

## 目的

忙しい臨床医が臨床を継続しながら  
研究マインドを習得すること

2015/1/20

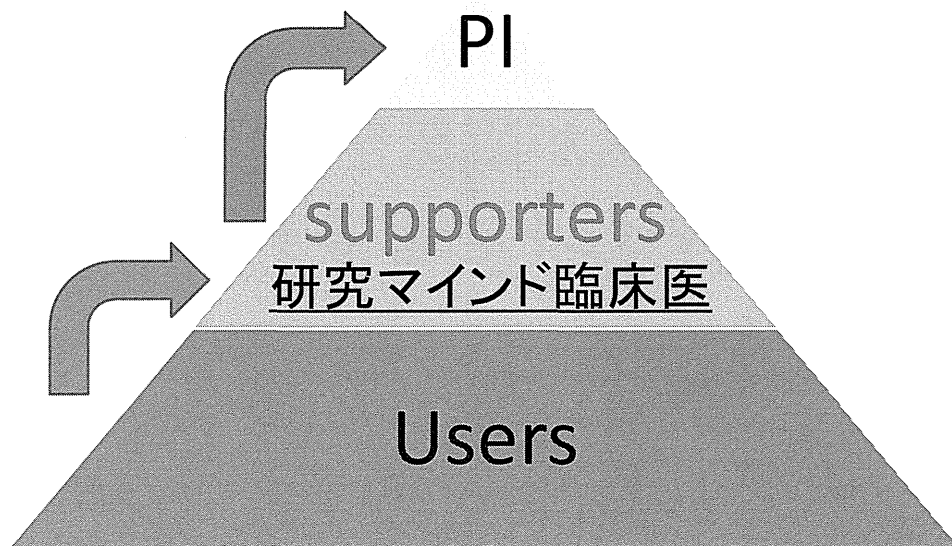
6

## EBM時代の2種類の臨床医



2015/1/20

## 新たな臨床医師像: 研究マインド臨床医



2015/1/20