

2020/5/18 JMP実習④

# 生存時間解析



北海道大学 医学統計学  
横田 勲

## 今回の内容

2

- ▶ Kaplan-Meier法
- ▶ Cox回帰
- ▶ Poisson回帰

## Gehanデータを入力しよう

3

- ▶ プラセボ群の再発までの時間(week)
  - ▶ 1, 1, 2, 2, 3, 4, 4, 5, 5, 8, 8, 8, 8, 11, 11, 12, 12, 15, 17, 22, 23 (n=21)
- ▶ 6-MP群の再発までの時間(week)
  - ▶ 6\*, 6, 6, 6, 7, 9\*, 10\*, 10, 11\*, 13, 16, 17\*, 19\*, 20\*, 22, 23, 25\*, 32\*, 32\*, 34\*, 35\* (n=21)
  - ▶ \*付はその時点で追跡不能となった

## こんな感じ

4

GEHAN - JMP Pro

ファイル(F) 編集(E) テーブル(T) 行(R) 列(C) 実験計画(DOE) 分析(A) グラフ(G) ツール(O) 表示(V) ウィンドウ(W)

GEHAN

ノート 白血病治療 (維持療法)

▶ 生存時間

	DRUG	WEEK	REMISS	CENSORED
1	1	6	0	1
2	1	6	1	0
3	1	6	1	0
4	1	6	1	0
5	1	7	1	0
6	1	9	0	1
7	1	10	0	1
8	1	10	1	0
9	1	11	0	1
10	1	13	1	0
11	1	16	1	0
12	1	17	0	1
13	1	19	0	1
14	1	20	0	1
15	1	22	1	0
16	1	23	1	0
17	1	25	0	1
18	1	32	0	1
19	1	32	0	1
20	1	34	0	1
21	1	35	0	1
22	0	1	1	0
23	0	1	1	0

列(4/1)

- DRUG
- WEEK
- REMISS
- CENSORED

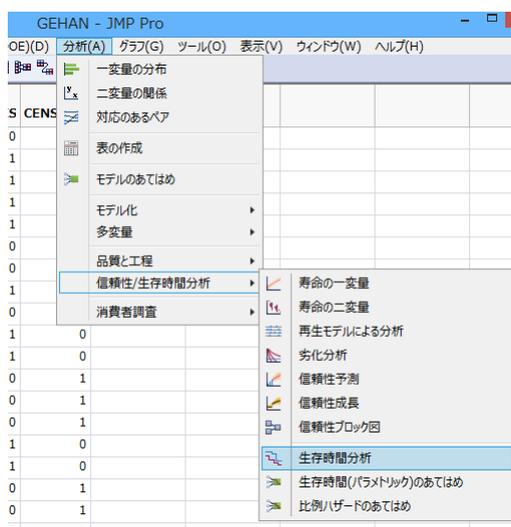
行

すべての行 42

選択されている行 1

## Kaplan-Meier曲線を描く①

5

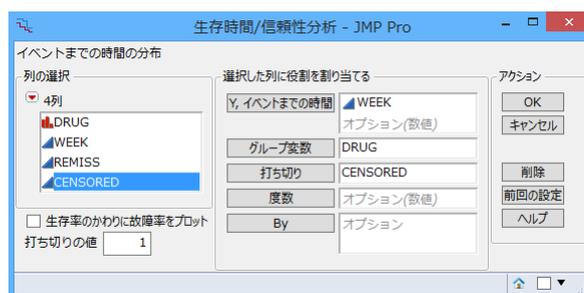


分析

> 信頼性/  
 生存時間分析  
 > 生存時間分析  
 をクリック

## Kaplan-Meier曲線を描く②

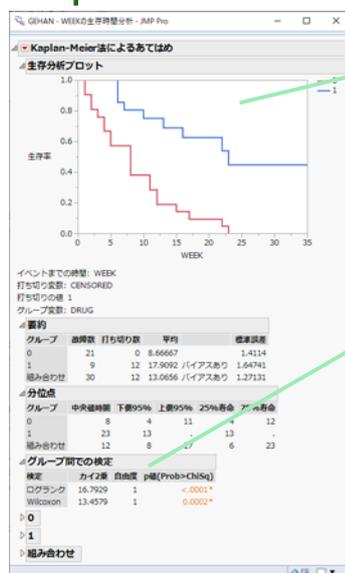
6



- ▶ Y, イベントまでの時間 に 生存時間
- ▶ グループ変数 に 治療群
- ▶ 打ち切り に 打ち切り変数

## Kaplan-Meier曲線を描く③

7



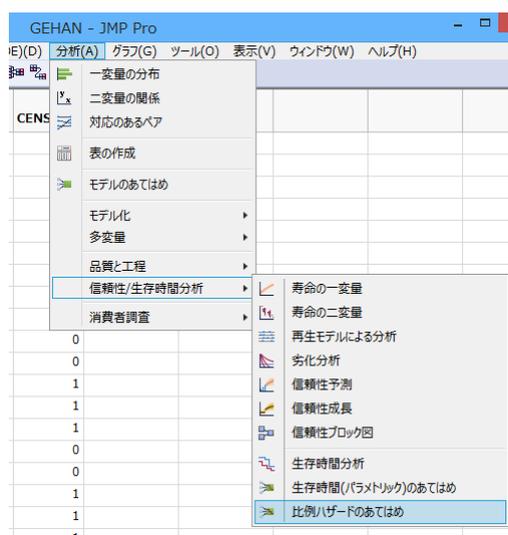
Kaplan-Meier曲線

ログランク検定

▶ 出てくるp値は両側

## Cox回帰分析でのハザード比推定①

8



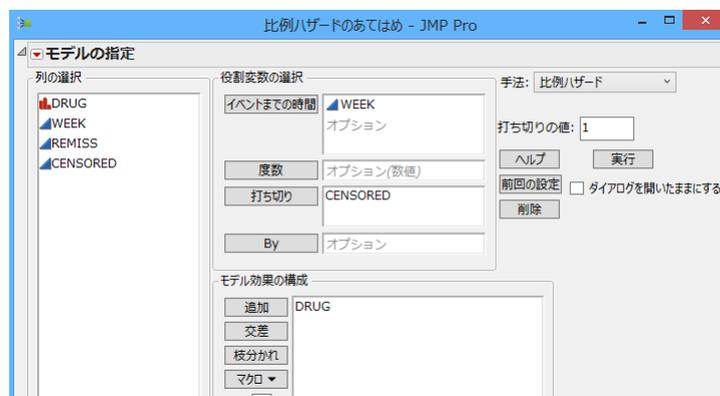
分析

> 信頼性/  
生存時間分析  
> 比例ハザード  
のあてはめ

をクリック

## Cox回帰分析でのハザード比推定②

9



- ▶ イベントまでの時間 に 生存時間
- ▶ モデル効果の構成 に 治療群
- ▶ 打ち切り に 打ち切り変数

## Cox回帰分析でのハザード比推定③

10

GEHAN - 比例ハザードモデルのあてはめ - JMP ...

比例ハザードモデルのあてはめ

リスク比  
モデルダイアログ  
スクリプト

イベントの数 30  
打ち切りの数 12  
合計数 42

モデル	(-1)*対数尤度	カイ2乗	自由度	p値(Prob>ChiSq)
差分	7.60543	15.2109	1	<.0001*

リスク比

DRUGのリスク比

水準1	/水準2	リスク比	p値(Prob>ChiSq)	下側95%	上側95%
1	0	0.2210887	<.0001*	0.0942443	0.4785836
0	1	4.523072	<.0001*	2.0894991	10.610724

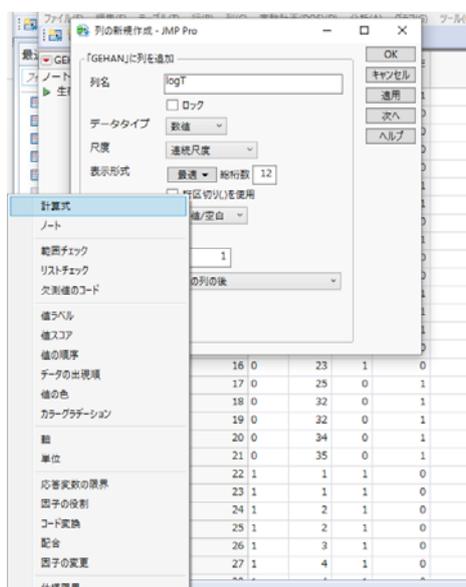
- ▶ ▼から、  
リスク比を選択  
(ハザード比の誤り)

- ▶ ハザード比と  
95%信頼区間が推定

## 観察時間の対数を追加①

11

### ▶ 計算式を追加

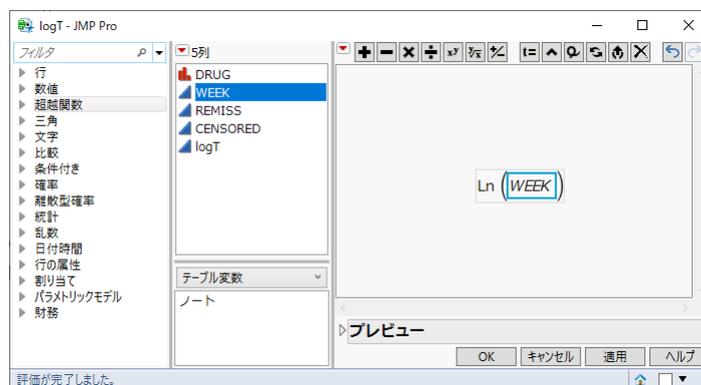


## 観察時間の対数を追加②

12

### ▶ 超越関数 > Ln

#### ▶ 自然対数



## 回帰係数をわかりやすく

13

### ▶ DRUGを名義変数から連続変数に

GEHAN - JMP Pro

ファイル(F) 編集(E) テーブル(T) 行(R) 列(C) 実験計画(DOE)(D) 分析(A) グラフ(G) ツール(O) 表示(V) ウィンドウ(W) ヘルプ(H)

GEHAN

ノート 白血病治療 (維持療)

生存時間

	DRUG	WEEK	REMI	CENSORE	D	logT
1	1	6	0	1	1	1.7917594692
2	1	6	1	0	0	1.7917594692
3	1	6	1	0	0	1.7917594692
4	1	6	1	0	0	1.7917594692
5	1	7	1	0	0	1.9459101491
6	1	9	0	1	1	2.1972245773
7	1	10	0	1	1	2.302585093
8	1	10	1	0	0	2.302585093
9	1	11	0	1	1	2.3978952728
10	1	13	1	0	0	2.5649493575
11	1	16	1	0	0	2.7725887222
12	1	17	0	1	1	2.8332133441
13	1	19	0	1	1	2.9444389792
14	1	20	0	1	1	2.9957322736
15	1	22	1	0	0	3.0910424534

列(5/0)

- DRUG
- WEEK
- REMISS
- CENSORED
- logT

## Poissonモデルのあてはめ

14

モデルのあてはめ - JMP Pro

Yにイベント発生回数

一般化線形モデル

モデルの指定

列の選択

- DRUG
- WEEK
- REMISS
- CENSORED
- logT

変数選択

Y: REMISS

重み: オプション(数値)

変数: オプション(数値)

オフセット: logT

By: オプション

分布: 一般化線形モデル

分布: Poisson

リンク関数: 対数

過分散に基づく検定と信頼区間:

Firth/バイアス調整推定値:

ヘルプ 実行

前回の設定  ダイアログを開いたままにする

削除

モデル効果の構造

追加: DRUG

交差

枝分かれ

マクロ

次数: 2

属性:

変換:

切片なし

オフセットにlogTを指定

説明変数

