

『超入門！すべての医療従事者のための Rstudio ではじめる医療統計
—サンプルデータでらくらくマスター—』 第1版第3刷

正誤表

(2021年10月現在)

このたびは上記書籍をご購入いただきまして誠に有難うございます。本書に以下の誤りがございましたので、深くお詫び申し上げますとともに、下記のように訂正させていただきます。

株式会社 金芳堂

56頁 下から2行目

誤

51_70 71_80 80_100

正

51_70 71_80 81_100

『超入門！すべての医療従事者のための Rstudio ではじめる医療統計 —サンプルデータでらくらくマスター—』 第1版第2刷

正誤表

(2021年1月現在)

このたびは上記書籍をご購入いただきまして誠に有難うございます。本書に以下の誤りがございましたので、深くお詫び申し上げますとともに、下記のように訂正させていただきます。

株式会社 金芳堂

48頁1行目～

誤

New_Treatment が1のグループ（青丸）、New_Treatment が2のグループ（青四角）をまず作り出します。次に各グループごとにAgeの平均、標準偏差、分散を求めます（[図5-5](#)）

正

New_Treatment が0のグループ（青丸）、New_Treatment が1のグループ（青四角）をまず作り出します。次に各グループごとにLOSの平均、標準偏差、分散を求めます（[図5-5](#)）

48頁中段

誤

平均値は mean()、標準偏差は sd()、分散は var() で求めることができます。 group_by() > summarize() と処理が2つ以上続くときもパイプを用いることが可能です。

正

平均値は mean()、標準偏差は sd()、分散は var() で求めることができます。 group_by() %>% summarize() と処理が2つ以上続くときもパイプを用いることが可能です。

155 頁 7 行目～

誤

```
ROC roc(Y ~X, data, ci)
```

疾患	疾患の有無 (2 値変数)
検査	検査の変数
data	変数を含むデータフレームを指定
ci	TRUE を指定すると AUROC の信頼区間を算出

正

```
roc(Y ~X, data, ci)
```

Y	疾患の有無 (2 値変数)
X	検査の変数
data	変数を含むデータフレームを指定
ci	TRUE を指定すると AUROC の信頼区間を算出

155 頁 14 行目

誤

```
plot(ROC, identity, print.thres,  
     main = "ROC" , xlab = " 1-特異度" , ylab=" 感度" )
```

正

```
plot(ROC, identity, print.thres,  
     main = "ROC" , xlab = " 1-特異度" , ylab=" 感度" , legacy.axes = TRUE )
```



```
pairwise.prop.test(table(x, y), p.adjust.method)
```

x	変数 1 (検定を行いたいカテゴリー変数)
y	変数 2 (検定の際の群分け変数)
p.adjust.method	“bonferroni” を指定

```
pairwise.prop.test(table(x, y), p.adjust.method)
```

x	変数 1 (検定の際の群分け変数)
y	変数 2 (検定を行いたいカテゴリー変数)
p.adjust.method	“bonferroni” を指定