SAS Package and PharmaForest
ハンズオンセミナー

PharmaForestについて

森岡裕

PharmaForestはSAS Package Framework(SPF)を
使って製薬業界向けに構成されたエコシステム.
PharmaverseのSAS版みたいなもので,
実際Pharmaverseと同じ,現在 Phuseのグローバル公式
のワーキングとなる予定で進行中.
https://github.com/PharmaForest

Packages

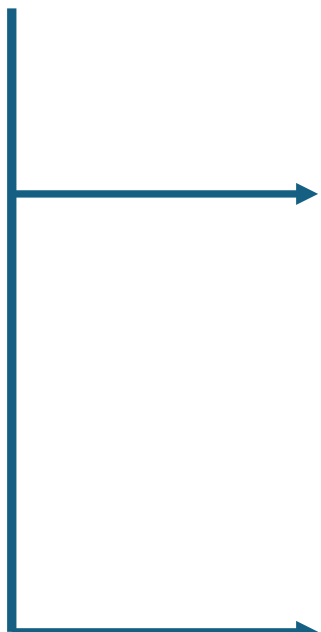| #	Package	#	Package	#	Package
1	OncoPlotter (PharmaForest original package)	16	maxims4sas (PharmaForest original package)	31	basketMiningKit
2	sashash	17	laglead	32	datacut_sas
3	sas_dataset_json	18	ctcae5_grader	33	retro_spell_check
4	SASPACer	19	love_matrix	34	sas_dataset_toon
5	misc (PharmaForest original package)	20	SASPACerShiny (R Package)	35	defensivechk
6	SAS FAKER	21	change_tracer_dog	36	GetCDISCCodelist
7	SASLogChecker	22	yaml_writer	37	kpi_viz_toolbox
8	sas_compare	23	Adamski (PharmaForest original package)	38	outlier_screening
9	rtfCreator	24	RWDExpress	39	sARDen
10	shutter_chance	25	freqsum	40	sARDenX
11	devil (PharmaForest original package)	26	qc_cat_referee	41	sARDenMTS
12	xattr_kit	27	SASToolbox	42	corr
13	cloak	28	trial_flow	43	sas2typst_report
14	vis_review_kit	29	valivali (PharmaForest original package)	44	
15	odstable_layoutshowcase	30	mergex	45	

実際，OSS利用に慣れていないSASプログラマにとって，オープンパッケージを利用して，研究や業務のプログラム開発するというのがピンとこなくて，なんとなく忌避されてる方も多いと思うので
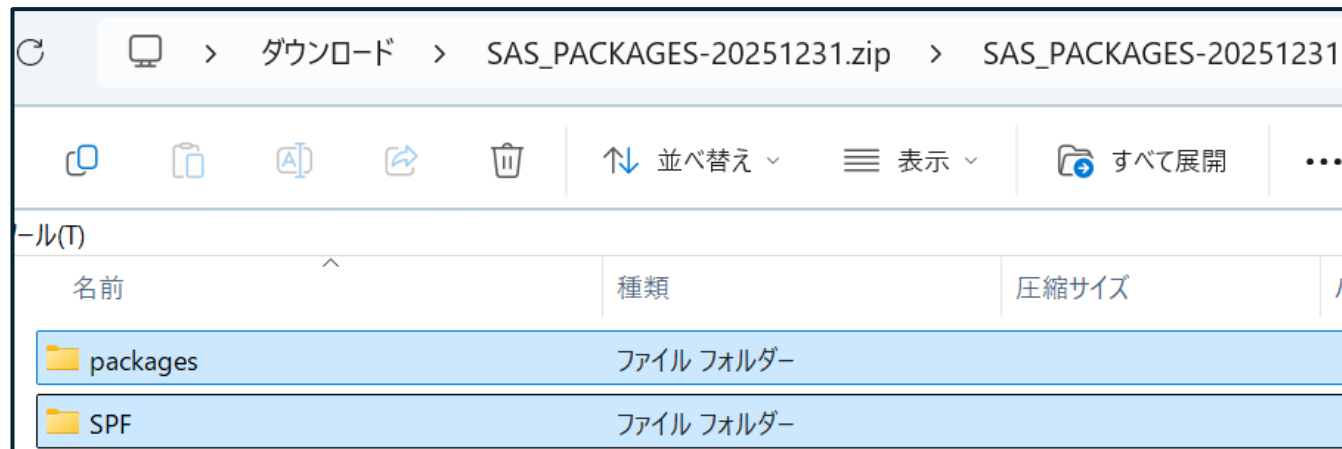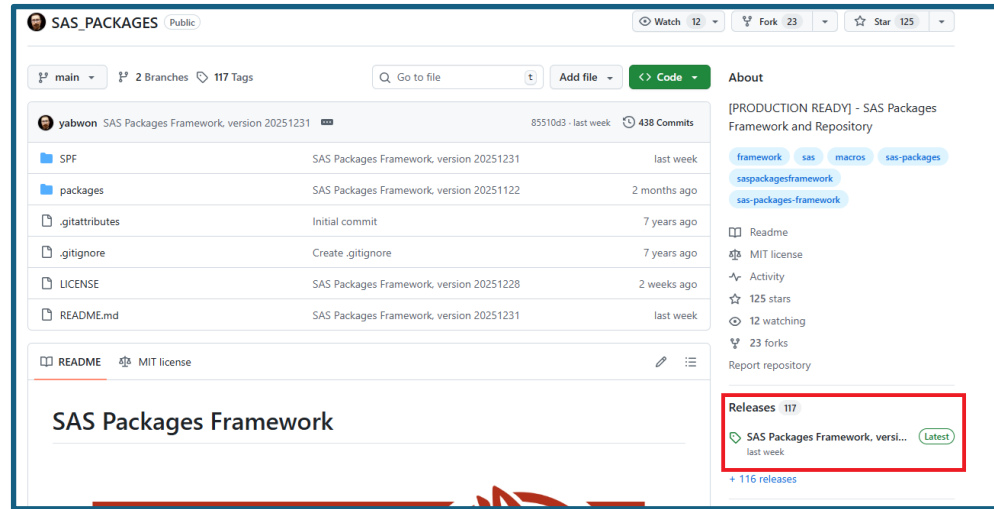
とりあえず，動かしてみて，肌感だけでも　経験していってもらえればっていうのが
本日のハンズオンの主旨です

所属組織のSASサーバーのネット接続が制限されていていたりなど，
ウェブ経由でのパッケージのインストール，**%installPackage**が通らない場合でも
大丈夫

① あらかじめzipファイルをローカルにダウンロードしていただいて
そこに**%loadPackage（パッケージ名）** かけていただく

② SAS ondemand（無料のSAS webサービス）でやっていただく

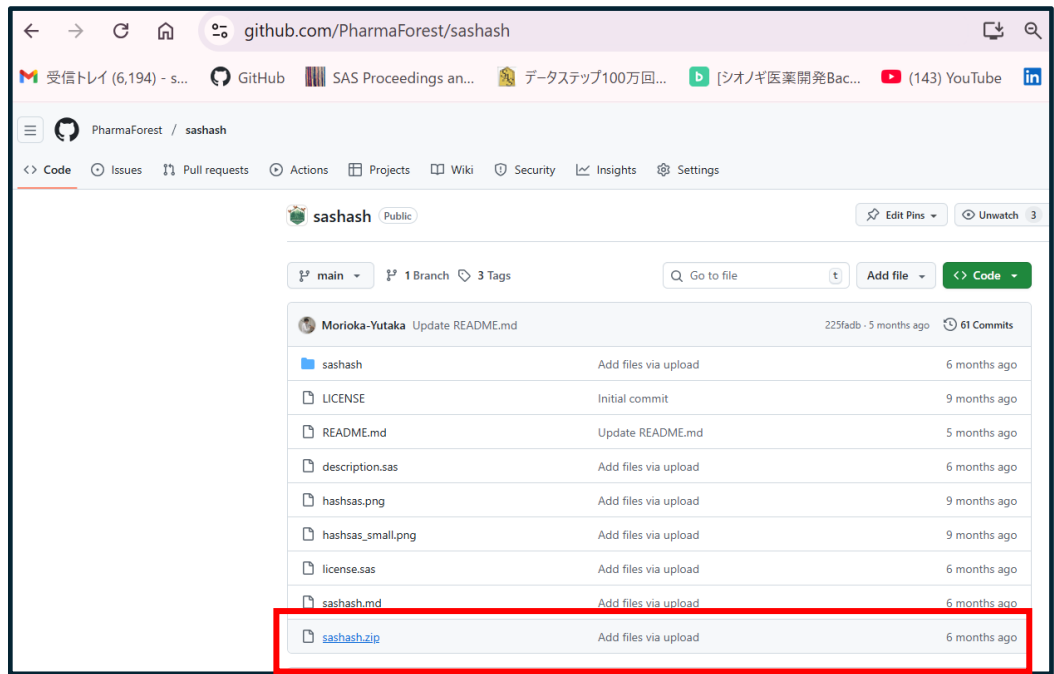③ あらかじめ本ハンズオンで使用するもの全部集めたzipをつくったので
とりあえずそれを丸ごと使ってもらう

① 所属組織のSASサーバーのネット接続が制限されていて，あらかじめダウンロードして試したい方
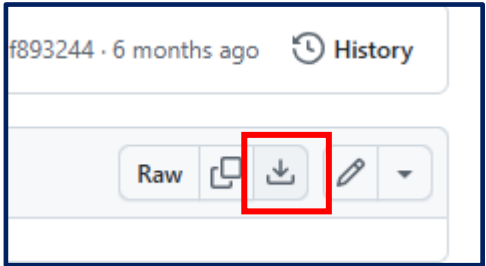
https://github.com/yabwon/SAS_PACKAGES

zipを展開して，[SPF]と[packages]を
SASから参照できるローカルのどこかに置
く

使いたいパッケージのページ(github)の直下にそのパッケージ名でzipファイルがあるのでそれをクリックしてダウンロードして
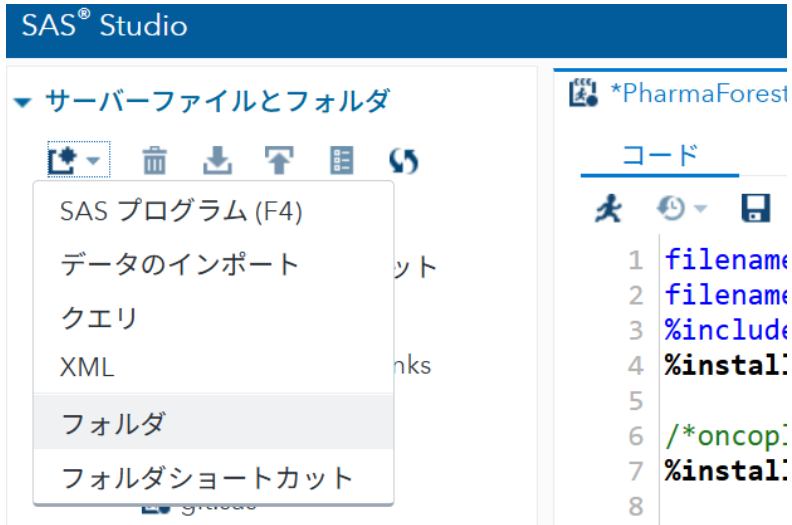

前ページで展開した「packages」フォルダの中へ


```
filename spf "XXXX¥SPF" ;
%include spf(SPFinit.sas) ;
filename packages "XXXXXXX¥packages";

%loadPackage(sashash)
```

② 所属組織のSASサーバーのネット接続が制限されていて，SAS on demandで試したい方

SAS on demandのアカウントを持っていない方はまずこちらから
[SAS ondemandガイド(鈴木徳太さん)](#)

filename packages "/home/<mark>自身のアカウント</mark>/saspac";
filename SPFinit url
"https://raw.githubusercontent.com/yabwon/SAS_PACKAGES/main/SPF/SPFinit.sas";
%include SPFinit;
%installPackage(SPFinit);

%installPackage(oncoplotter,
sourcePath=https://github.com/PharmaForest/OncoPlotter/raw/main/)

本日のハンズオンで一緒に動かしてみるパッケージ一覧

sas_faker（ https://github.com/PharmaForest/sas_faker ）

ダミーデータで，SDTM,ADaMのサンプルを作ってくれるパッケージ．群の数と群ごとの症例数を指定可能．作成される一連のデータセットは症例番号や投与日付・検査日付が一応整合している

/*インストール webアクセス可能の場合．無理な場合は先に説明した①の方法で直にインストール*/
%installPackage(sas_faker, mirror=PharmaForest)

/*パッケージのロード*/
%loadPackage(sas_faker)

/*使用*/
%sas_faker(n_groups=**2**,n_per_group=**50**)

👆 これで2群で1群50例で，
ダミーのDM,SV,VS,AE,ADSL,ADAE,ADTTE,ADVSがWORKにできる

sashash (https://github.com/PharmaForest/sashash)

事前のソートなしで，keyと参照先から結合したい変数をしているすると，データステップ中に何回でもいくつものデータセットでも自由に結合できる%kvlookupや，keyが存在するかをYNでフラグとして返せる%keycheckなどハッシュオブジェクトを利用したハンドリングパッケージ

/*インストール　webアクセス可能の場合．無理な場合は先に説明した①の方法で直にインストール*/
%installPackage(sashash, mirror=PharmaForest)

/*パッケージのロード*/
`%loadPackage(sashash)`

```
/*USUBJIDをキーにして、VSにDMからAGEを結合*/
data wk1;
set vs(keep=USUBJID VSTESTCD VSTEST VSORRES VSDTC);
%kvlookup(master = dm, key = USUBJID, var = AGE)
run;
```



```
/*SAEが発現しているかどうかをDMからAEをみてフラグづけ*/
data dm_sae;
set dm(keep=USUBJID ARM);
%keycheck(master = ae, key = USUBJID,
wh=%nrbquote(AESER="Y"),fl = SAEFL)
run;
```

```
/*インストール　webアクセス可能の場合．　無理な場合は先に説明した①の方法で直にインストール*/
%installPackage(mergex, mirror=PharmaForest)
/*パッケージのロード*/
%loadPackage(mergex)


/*SAE発現の2週間以内に測定されたもっとも新しい体重*/
data AE_WEIGHT;
set ADAE(keep=USUBJID AETERM ASTDT AESER);
where AESER="Y";
ADT=ASTDT;
%rolling_match(master=ADVS,
wh=%nrbquote(PARAMCD="WEIGHT")
                        , key=USUBJID,
rollvar=ADT, rolltype=BACK,
roll_back_limit=14, var=AVAL VSDTC);
drop ADT;
run;
```

Rolling Join

	USUBJID	AETERM	ASTDT	AESER	VSDTC	AVAL
1	FAKE-00001	Neuro Surge#fake	2025-06-07	Y	2025-06-03	70.8
2	FAKE-00001	Pulmo Stutter#fake	2025-07-02	Y	2025-07-01	74.8
3	FAKE-00001	Neuro Quiver#fake	2025-07-29	Y	2025-07-29	72.8
4	FAKE-00003	Renal Skip#fake	2024-11-21	Y	2024-11-19	60.2
5	FAKE-00004	Gastro Skip#fake	2025-05-13	Y	2025-05-10	92.6
6	FAKE-00005	Gastro Skip#fake	2025-03-10	Y	2025-03-10	89.3
7	FAKE-00005	Neuro Slip#fake	2025-04-25	Y	2025-04-24	92.3
8	FAKE-00005	Ophtho Stutter#fake	2025-04-30	Y	2025-04-24	92.3
9	FAKE-00006	Myomuscle Snap#fake	2025-08-26	Y	2025-08-26	61.3

VIEWTABLE: Work.Ae_weight

```sas
/*重複する変数を上書きせずに_データセット名で変数をわけるマージ*/
%varconf_merge(
    ds1=DM ,
    ds2=ADSL,
    byvars=USUBJID,
    output_ds=conf_merge_output(keep=USUBJID SUBJID: TRT01P: ARM:),
    in1=1,
    operator=AND,
    in2=1,
    auto_sort=N
    );
```


VIEWTABLE: Work.Conf_merge_output

	USUBJID	SUBJID_DM	ARMCD	ARM_DM	SUBJID_ADSL	ARM_ADSL	TRT01P	TRT01PN
1	FAKE-00001	00001	GR1	Group1	00001	Group1	Group1	1
2	FAKE-00002	00002	GR1	Group1	00002	Group1	Group1	1
3	FAKE-00003	00003	GR1	Group1	00003	Group1	Group1	1
4	FAKE-00004	00004	GR1	Group1	00004	Group1	Group1	1
5	FAKE-00005	00005	GR1	Group1	00005	Group1	Group1	1
6	FAKE-00006	00006	GR1	Group1	00006	Group1	Group1	1
7	FAKE-00007	00007	GR1	Group1	00007	Group1	Group1	1
8	FAKE-00008	00008	GR1	Group1	00008	Group1	Group1	1
9	FAKE-00009	00009	GR1	Group1	00009	Group1	Group1	1
10	FAKE-00010	00010	GR1	Group1	00010	Group1	Group1	1
11	FAKE-00011	00011	GR1	Group1	00011	Group1	Group1	1
12	FAKE-00012	00012	GR1	Group1	00012	Group1	Group1	1
13	FAKE-00013	00013	GR1	Group1	00013	Group1	Group1	1

misc（https://github.com/PharmaForest/misc）

ちょっとした便利ツールの集合体パッケージ

/*インストール　webアクセス可能の場合．　無理な場合は先に説明した①の方法で直にインストール*/
%installPackage(misc, mirror=PharmaForest)

/*パッケージのロード*/
%*loadPackage*(misc)

/*文字変数のLengthを必要最低限に変更する%minimize_charlen*/
%*minimize_charlen*(class, inlib=sashelp, outlib=work)

laglead （https://github.com/PharmaForest/laglead）

あるレコードのnオブザベーション前の値やnオブザベーション後の値を取得できるパッケージ

/*インストール　webアクセス可能の場合．　無理な場合は先に説明した①の方法で直にインストール*/
%installPackage(laglead, mirror=PharmaForest)

/*パッケージのロード*/
%**loadPackage**(laglead)

```
/*USUBJIDごとに1つ前と1つ後の体重を取得する*/
data weight;
set vs;
where VSTESTCD="WEIGHT";
keep USUBJID VSTESTCD VSDTC VSORRES;
run;
data weight_1;
set weight;
%laglead(dataset=weight, id=USUBJID, var=VSORRES,
offset=-1);
%laglead(dataset=weight, id=USUBJID, var=VSORRES,
offset=+1);
run;
```

VIEWTABLE: Work.Weight_1

	USUBJID	VSTESTCD	VSORRES	VSDTC	VSORRES_prev_1	VSORRES_next_1
1	FAKE-00001	WEIGHT	71.8	2025-04-20		72.8
2	FAKE-00001	WEIGHT	72.8	2025-05-20	71.8	68.8
3	FAKE-00001	WEIGHT	68.8	2025-05-21	72.8	67.8
4	FAKE-00001	WEIGHT	67.8	2025-05-22	68.8	65.8
5	FAKE-00001	WEIGHT	65.8	2025-05-23	67.8	73.8
6	FAKE-00001	WEIGHT	73.8	2025-05-24	65.8	74.8
7	FAKE-00001	WEIGHT	74.8	2025-05-27	73.8	70.8
8	FAKE-00001	WEIGHT	70.8	2025-06-03	74.8	66.8
9	FAKE-00001	WEIGHT	66.8	2025-06-10	70.8	65.8
10	FAKE-00001	WEIGHT	65.8	2025-06-17	66.8	74.8
11	FAKE-00001	WEIGHT	74.8	2025-06-24	65.8	74.8
12	FAKE-00001	WEIGHT	74.8	2025-07-01	74.8	70.8
13	FAKE-00001	WEIGHT	70.8	2025-07-08	74.8	74.8
14	FAKE-00001	WEIGHT	74.8	2025-07-15	70.8	75.8
15	FAKE-00001	WEIGHT	75.8	2025-07-22	74.8	72.8
16	FAKE-00001	WEIGHT	72.8	2025-07-29	75.8	
17	FAKE-00002	WEIGHT	83.2	2024-09-25		90.2
18	FAKE-00002	WEIGHT	90.2	2024-10-25	83.2	82.2
19	FAKE-00002	WEIGHT	82.2	2024-10-26	90.2	87.2
20	FAKE-00002	WEIGHT	87.2	2024-10-27	82.2	87.2
21	FAKE-00002	WEIGHT	87.2	2024-10-28	87.2	84.2
22	FAKE-00002	WEIGHT	84.2	2024-10-29	87.2	84.2
23	FAKE-00002	WEIGHT	84.2	2024-11-01	84.2	83.2
24	FAKE-00002	WEIGHT	83.2	2024-11-08	84.2	82.2
25	FAKE-00002	WEIGHT	82.2	2024-11-15	83.2	87.2

ctcae5_grader（https://github.com/PharmaForest/ctcae5_grader ）

CTCAE v5.0に基づいてGradingしてくれるパッケージ

```
/*インストール webアクセス可能の場合． 無理な場合は先に説明した①の方法で直にインストール*/
%installPackage(ctcae5_grader, mirror=PharmaForest)

/*パッケージのロード*/
%loadPackage(ctcae5_grader)

/*ヘモグロビン,ALT,好中球をGrading*/
data lab_testcases;
    length PARAMCD $12 AVALU $16;
    infile datalines dsd truncover;
    input PARAMCD :$12. AVAL AVALU :$16. ANRLO ANRHI BASE
MFRHI;
    datalines;
HGB,  14.5,g/dL,  12, 13.5, .,    .
HGB,  15.4,g/dL,  12, 14.0, .,    .
HGB,  17.0,g/dL,  12, 12.5, .,    .
HGB,   7.5,g/dL,  12, 13.5, .,    .
ALT,   70, U/L,    ., 40,   30,   .
ALT,  900, U/L,    ., 40,   60,   .
NEUT,  0.8, 10^9/L, 1.5, .,  .,   .
NEUT,  0.45,10^9/L, 1.5, .,  .,   .
;
run;
```

```
data lab_checked;
    set lab_testcases;
    %CTCAE5_HGB()
    %CTCAE5_ALT()
    %CTCAE5_NEUT()
run;
```

VIEWTABLE: Work.Lab_checked

	PARAMCD	AVALU	AVAL	ANRLO	ANRHI	BASE	MFRHI	ATOXGRH	ATOXGRL	ATOXGR	ATOXGRHN	ATOXGRLN	ATOXGRN	HGB_diff
1	HGB	g/dL	14.5	12	13.5	.	.	Grade 1	Grade 0	Grade 1	1	0	1	1
2	HGB	g/dL	15.4	12	14	.	.	Grade 1	Grade 0	Grade 1	1	0	1	1.4
3	HGB	g/dL	17	12	12.5	.	.	Grade 3	Grade 0	Grade 3	3	0	3	4.5
4	HGB	g/dL	7.5	12	13.5	.	.	Grade 0	Grade 3	Grade 3	0	3	3	-6
5	ALT	U/L	70	.	40	30	.	Grade 1		Grade 1	1	.	1	
6	ALT	U/L	900	.	40	60	.	Grade 3		Grade 3	3	.	3	
7	NEUT	10^9/L	0.8	1.5	.	.	.	Grade 3	Grade 3		.	3	3	
8	NEUT	10^9/L	0.45	1.5	.	.	.	Grade 4	Grade 4		.	4	4	

Adamski（ https://github.com/PharmaForest/adamski ）

ADaMを作成するためのユーティリティを提供するパッケージ．R, PharmaverseのadmiralをSAS で真似たもの

/*インストール　webアクセス可能の場合．無理な場合は先に説明した①の方法で直にインストール*/
%installPackage(adamski, mirror=PharmaForest)

/*パッケージのロード*/
%*loadPackage*(adamski)

```
/*DY変数の導出*/
data DY;
set ADAE(keep=USUBJID  ASTDT AENDT);
%kvlookup(master=ADSL,
key=USUBJID,var=TRTSDT)
%derive_vars_dy(
      reference_date = TRTSDT,
      source_vars    = ASTDT AENDT
   );
run;
```

VIEWTABLE: Work.Dy

	USUBJID	ASTDT	AENDT	TRTSDT	ASTDY	AENDY
1	FAKE-00001	2025-05-27	2025-06-01	2025-05-22	6	11
2	FAKE-00001	2025-05-29	.	2025-05-22	8	.
3	FAKE-00001	2025-05-31	2025-05-31	2025-05-22	10	10
4	FAKE-00001	2025-06-09	2025-06-09	2025-05-22	19	19
5	FAKE-00001	2025-06-09	2025-06-12	2025-05-22	19	22
6	FAKE-00001	2025-06-09	2025-06-13	2025-05-22	19	23
7	FAKE-00001	2025-06-13	2025-07-03	2025-05-22	23	43
8	FAKE-00001	2025-06-16	2025-06-17	2025-05-22	26	27
9	FAKE-00001	2025-06-25	.	2025-05-22	35	.
10	FAKE-00001	2025-06-28	2025-06-29	2025-05-22	38	39
11	FAKE-00001	2025-07-04	.	2025-05-22	44	.
12	FAKE-00001	2025-07-11	2025-07-14	2025-05-22	51	54
13	FAKE-00001	2025-07-12	.	2025-05-22	52	.
14	FAKE-00001	2025-07-13	2025-07-13	2025-05-22	53	53
15	FAKE-00001	2025-07-14	2025-07-15	2025-05-22	54	55
16	FAKE-00001	2025-07-17	2025-07-31	2025-05-22	57	71
17	FAKE-00001	2025-07-19	.	2025-05-22	59	.
18	FAKE-00001	2025-07-31	2025-07-31	2025-05-22	71	71
19	FAKE-00002	2024-11-05	2024-11-06	2024-10-27	10	11
20	FAKE-00002	2024-11-22	2024-11-22	2024-10-27	27	27

SASLogChecker（https://github.com/PharmaForest/saslogchecker）

対面実行時のログチェック(※SAS9.4/Windows環境のみ)
フォルダ指定でのログチェック(※SAS9.4/Windows環境のみ)

/*インストール　webアクセス可能の場合．無理な場合は先に説明した①の方法で直にインストール*/
%installPackage(SASLogChecker, mirror=PharmaForest)

/*パッケージのロード*/
%*loadPackage*(SASLogChecker)

対面実行時のログチェック(※SAS9.4/Windows環境のみ)

```
data a;
length x 8.;
run;

data b;
set a;
c= 10/0;
keep y;
run;

%interact_logchk
```

Message ✕

⚠ ERROR:[0] WARNING:[1] NOTE:[2]

OK

VIEWTABLE: _log

	cate	record	target	line
1	NOTE	NOTE: Variable x is uninitialized.	is uninitialized	6
2	NOTE	NOTE: Division by zero detected during the compilation phase, detected at line 26250 column 6.	Division by zero	17
3	WARNING	WARNING: The variable y in the DROP, KEEP, or RENAME list has never been referenced.		21

フォルダ指定でのログチェック(※SAS9.4/Windows環境のみ)

%logchk2directory(folder=C:¥logs, out_folder=C:¥output);

	A	B	C	D
1	FileName	Category	Hit keyword	Hit recorf
2	aaas.log	ERROR	ERROR	ERROR 73-322: Expecting an =.
3	aaas.log	ERROR	ERROR	ERROR 200-322: The symbol is not recognized and will be ignored.
4	aaas.log	WARNING	WARNING	WARNING: The data set WORK.A may be incomplete. When this step was stopped there were 0
5	aaas.log	NOTE	Division by zero	NOTE: Division by zero detected during the compilation phase, detected at line 6 column 5
6	aaas.log	NOTE	Character values have been converted to	NOTE: Character values have been converted to numeric values at the places given by
7	aaas.log	ERROR	ERROR	ERROR: Errors printed on page 1
8	bbbb.log	NOTE	Division by zero	NOTE: Division by zero detected during the compilation phase, detected at line 2 column 5
9	bbbb.log	NOTE	Character values have been converted to	NOTE: Character values have been converted to numeric values at the places given by
10	bbbb.log	NOTE	Invalid	NOTE: Invalid numeric data, 'A', at line 3 column 3.
11	bbbb.log		_ERROR_=1	x= _ERROR_=1 _N_=1
12				

sas_compare（ https://github.com/PharmaForest/sas_compare ）

フォルダ指定でのメイン・サブのコンペア(※SAS9.4/Windows環境のみ)

/*インストール webアクセス可能の場合．無理な場合は先に説明した①の方法で直にインストール*/
%installPackage(sas_compare, mirror=PharmaForest)

/*パッケージのロード*/
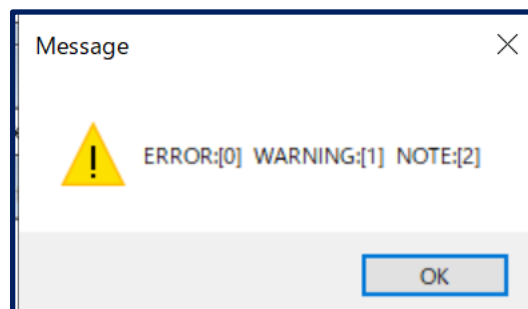**%loadPackage(sas_compare)**

```
%ads_compare(
    output_folder = D:/project/output,
    main_lib_path = D:/project/main,
    sub_lib_path  = D:/project/sub,
    target_list   = A
                    B
                    C
                    D
                    E
);
```

名前

- __Compare_Status_Summary_20250709T0811.xlsx
- 202507090811Compare.lst
- NG_A.pdf
- NG_C.pdf
- NG_D.pdf
- NG_E.pdf
- OK_B.pdf

	A	B	
1	name	res	message
2	A	Unmatch	[A value comparison was unequal]
3	B	Perfect Match	
4	C	Unmatch	[Data set labels differ][Variable has different label][
5	D	Unmatch	[Variable has different label][Sub data set has obser
6	E	Unmatch	[Main does not exist][Sub does not exist]

[sas dataset] : MAIN.A vs Sub.A

The COMPARE Procedure
Comparison of MAIN_LIB.A with SUB_LIB.A
(Method=EXACT)

Data Set Summary

Dataset	Created	Modified	NVar	NObs
MAIN_LIB.A	09JUL25:06:15:33	09JUL25:06:15:33	2	2
SUB_LIB.A	09JUL25:06:15:33	09JUL25:06:15:33	2	2

Variables Summary

Number of Variables in Common: 2.

The COMPARE Procedure
Comparison of MAIN_LIB.A with SUB_LIB.A
(Method=EXACT)

Observation Summary

Observation	Base	Compare
First Obs	1	1
First Unequal	2	2
Last Unequal	2	2
Last Obs	2	2

Number of Observations in Common: 2.
Total Number of Observations Read from MAIN_LIB.A: 2.
Total Number of Observations Read from SUB_LIB.A: 2.

Number of Observations with Some Compared Variables Unequal: 1.
Number of Observations with All Compared Variables Equal: 1.

The COMPARE Procedure
Comparison of MAIN_LIB.A with SUB_LIB.A
(Method=EXACT)

Values Comparison Summary

Number of Variables Compared with All Observations Equal: 1.
Number of Variables Compared with Some Observations Unequal: 1.

sas_dataset_json (https://github.com/PharmaForest/sas_dataset_json)

Dataset-JSON v1.1に基づくDataset-JSONとSASデータセットの相互読み書きができるパッケージ

/*インストール　webアクセス可能の場合．　無理な場合は先に説明した①の方法で直にインストール*/
%installPackage(sas_dataset_json, mirror=PharmaForest)

/*パッケージのロード*/
%*loadPackage***(sas_dataset_json)**

/*SASデータセットをDataset-JSONへ*/
%*m_sas_to_json1_1*(outpath
=D:¥Users¥XXXXX¥Desktop¥test,
　　　　　　　library = work,
　　　　　　　dataset = adsl,
　　　　　　　pretty = Y);

JSONの出力先は自環境にあわせて書き換えてください

adsl.json - メモ帳

ファイル(F)　編集(E)　書式(O)　表示(V)　ヘルプ(H)

```
{
  "datasetJSONCreationDateTime": "2026-01-13T06:35:28",
  "datasetJSONVersion": "1.1.0",
  "fileOID": "www.cdisc.org/StudyMSGv2/1/Define-XML_2.1.0/2024-11-11//adsl",
  "dbLastModifiedDateTime": "2026-01-13T05:49:59",
  "originator": "DUMMY Corporation",
  "sourceSystem": {
    "name": "SAS on X64_SRV19",
    "version": "9.04.01M8"
  },
  "studyOID": "DUMMY-111",
  "metaDataVersionOID": "MDV.MSGv2.0.SDTMIG.3.3.SDTM.1.7",
  "metaDataRef": "define.xml",
  "itemGroupOID": "IG.ADSL",
  "records": 100,
  "name": "ADSL",
  "label": "",
  "columns": [
    {
      "itemOID": "IT.ADSL.STUDYID",
      "name": "STUDYID",
      "label": "Study Identifier",
      "dataType": "string",
      "length": 10
    },
    {
      "itemOID": "IT.ADSL.USUBJID",
      "name": "USUBJID",
      "label": "Unique Subject Identifier",
      "dataType": "string",
      "length": 10
```

Dataset-JSONを読み込みSASデータセットへ

%m_json1_1_to_sas(inpath=/data/definejson, ds=AE);

xptを読み込みSASデータセットへ


```
%xpt2sas(
        indir=C:¥place¥for¥xpt,              /* Directory with xpt files */
        outdir=C:¥place¥for¥sas7bdat         /* Directory for sas7bdat files */
)
```

datacut_sas（ https://github.com/PharmaForest/datacut_sas ）

カットオフ解析用に，カットオフ日をさだめて，レコードの抽出，日付の補完を行い
トレサビリティ用にカットオフ処理前後の履歴を出力する

/*インストール　webアクセス可能の場合．　無理な場合は先に説明した①の方法で直にインストール*/
%installPackage(datacut_sas, mirror=PharmaForest)

/*パッケージのロード*/
%*loadPackage*(datacut_sas)

準備が少しいるので，時間が余れば説明

sARDen（https://github.com/PharmaForest/sARDen）

CDISCのARS(Analysis Standard Result)にもとづくARD(Analysis Result Data)を作成する基礎パッケージ

/*インストール　webアクセス可能の場合．　無理な場合は先に説明した①の方法で直にインストール*/
%installPackage(sARDen, mirror=PharmaForest)

/*パッケージのロード*/
%*loadPackage*(sARDen)

/*□□の年齢と体重の□□□□□*/
%*sard_summary*(
    data=ADSL,
    by=TRT01P,
    variable=AGE WEIGHTBL,
    statistic=N MEDIAN MIN MAX MEAN SD,
    out=sard_summary_mean
    );

	group1	group1_level	variable	context	stat_name	stat_label	stat	fmt_fun
1	TRT01P	Group1	AGE	summary	n	N	50	0
2	TRT01P	Group1	AGE	summary	median	Median	56.5	1
3	TRT01P	Group1	AGE	summary	min	Min	20	0
4	TRT01P	Group1	AGE	summary	max	Max	80	0
5	TRT01P	Group1	AGE	summary	mean	Mean	54.44	1
6	TRT01P	Group1	AGE	summary	sd	SD	16.816124429	1
7	TRT01P	Group1	WEIGHTBL	summary	n	N	50	0
8	TRT01P	Group1	WEIGHTBL	summary	median	Median	65.35	2
9	TRT01P	Group1	WEIGHTBL	summary	min	Min	37.7	1
10	TRT01P	Group1	WEIGHTBL	summary	max	Max	113.3	1
11	TRT01P	Group1	WEIGHTBL	summary	mean	Mean	68.62	2
12	TRT01P	Group1	WEIGHTBL	summary	sd	SD	17.195395682	2
13	TRT01P	Group2	AGE	summary	n	N	50	0
14	TRT01P	Group2	AGE	summary	median	Median	38.5	1
15	TRT01P	Group2	AGE	summary	min	Min	21	0
16	TRT01P	Group2	AGE	summary	max	Max	80	0
17	TRT01P	Group2	AGE	summary	mean	Mean	46.32	1
18	TRT01P	Group2	AGE	summary	sd	SD	19.067484879	1
19	TRT01P	Group2	WEIGHTBL	summary	n	N	50	0
20	TRT01P	Group2	WEIGHTBL	summary	median	Median	67.85	2
21	TRT01P	Group2	WEIGHTBL	summary	min	Min	40.6	1
22	TRT01P	Group2	WEIGHTBL	summary	max	Max	107.9	1
23	TRT01P	Group2	WEIGHTBL	summary	mean	Mean	69.212	2
24	TRT01P	Group2	WEIGHTBL	summary	sd	SD	16.151459655	2

VIEWTABLE: Work.Sard_summary_mean

```sas
/*AEの群別SOC別PT別集計*/
  %sard_stack_hierarchical(
    data=ADAE,
    variable=AEBODSYS AEDECOD,
    variable_hieral_code=AEBDSYCD F_AEPTCD,
    by=TRTA,
    id=USUBJID,
    denominator_dataset=ADSL(rename=(TRT01A=TRTA)),
    out=sard_stack_hierarchical
  );
```

VIEWTABLE: Work.Sard_stack_hierarchical

	group1	group1_level	variable	variable_level	context	stat_name	stat_label	stat	fmt_fun
1			TRTA	Group1	tabulate	n	n	50	0
2			TRTA	Group1	tabulate	N	N	100	0
3			TRTA	Group1	tabulate	p	%	0.5	xxx
4			TRTA	Group2	tabulate	n	n	50	0
5			TRTA	Group2	tabulate	N	N	100	0
6			TRTA	Group2	tabulate	p	%	0.5	xxx
7	TRTA	Group1	hierarchical_overall	Y	hierarchical	n	n	48	0
8	TRTA	Group1	hierarchical_overall	Y	hierarchical	N	N	50	0
9	TRTA	Group1	hierarchical_overall	Y	hierarchical	p	%	0.96	xxx
10	TRTA	Group1	AEBODSYS	Nervous System Events#fake	hierarchical	n	n	32	0
11	TRTA	Group1	AEBODSYS	Nervous System Events#fake	hierarchical	N	N	50	0
12	TRTA	Group1	AEBODSYS	Nervous System Events#fake	hierarchical	p	%	0.64	xxx
13	TRTA	Group1	AEDECOD	Lung Haze#fake	hierarchical	n	n	22	0
14	TRTA	Group1	AEDECOD	Lung Haze#fake	hierarchical	N	N	50	0
15	TRTA	Group1	AEDECOD	Lung Haze#fake	hierarchical	p	%	0.44	xxx
16	TRTA	Group1	AEDECOD	Cardiac Flutter#fake	hierarchical	n	n	23	0
17	TRTA	Group1	AEDECOD	Cardiac Flutter#fake	hierarchical	N	N	50	0
18	TRTA	Group1	AEDECOD	Cardiac Flutter#fake	hierarchical	p	%	0.46	xxx
19	TRTA	Group1	AEDECOD	Endo Flick#fake	hierarchical	n	n	15	0
20	TRTA	Group1	AEDECOD	Endo Flick#fake	hierarchical	N	N	50	0
21	TRTA	Group1	AEDECOD	Endo Flick#fake	hierarchical	p	%	0.3	xxx
22	TRTA	Group1	AEBODSYS	Cardiac Irregularities#fake	hierarchical	n	n	32	0
23	TRTA	Group1	AEBODSYS	Cardiac Irregularities#fake	hierarchical	N	N	50	0
24	TRTA	Group1	AEBODSYS	Cardiac Irregularities#fake	hierarchical	p	%	0.64	xxx
25	TRTA	Group1	AEDECOD	Dermal Sway#fake	hierarchical	n	n	19	0
26	TRTA	Group1	AEDECOD	Dermal Sway#fake	hierarchical	N	N	50	0
27	TRTA	Group1	AEDECOD	Dermal Sway#fake	hierarchical	p	%	0.38	xxx
28	TRTA	Group1	AEDECOD	Pulse Ripple#fake	hierarchical	n	n	13	0
29	TRTA	Group1	AEDECOD	Pulse Ripple#fake	hierarchical	N	N	50	0
30	TRTA	Group1	AEDECOD	Pulse Ripple#fake	hierarchical	p	%	0.26	xxx
31	TRTA	Group1	AEBODSYS	Respiratory Complaints#fake	hierarchical	n	n	25	0
32	TRTA	Group1	AEBODSYS	Respiratory Complaints#fake	hierarchical	N	N	50	0

sARDenX (https://github.com/PharmaForest/sARDenX)

CDISCのARS(Analysis Standard Result)にもとづくARD(Analysis Result Data)を作成するパッケージ，sARDenにない統計的処理をサポート

```
/*インストール　webアクセス可能の場合．　無理な場合は先に説明した①の方法で直にインストール*/
%installPackage(sARDenX, mirror=PharmaForest)

/*パッケージのロード*/
%loadPackage(sARDenX)


/* ウェルチのt検定による二群の年齢の検定 */
  %sard_stats_t_test(
    data=ADSL,
    out=sard_stats_t_test,
    class=TRT01PN,
    var=AGE,
    alpha=0.05,
    side=2,
    h0=0,
    Welch=Y
  );
```

VIEWTABLE: Work.Sard_stats_t_test

	group1	variable	context	stat_name	stat_label	stat	fmt_fun	Additional_Notes_in_SAS
1	TRT01PN	AGE	stats_t_test	estimate1	Group 1 Mean	54.44	1	TRT01PN=1
2	TRT01PN	AGE	stats_t_test	estimate2	Group 2 Mean	46.32	1	TRT01PN=2
3	TRT01PN	AGE	stats_t_test	estimate	Group Mean	8.12	1	Diff (1-2)
4	TRT01PN	AGE	stats_t_test	conf.low	CI Lower Bound	0.9836193955	1	
5	TRT01PN	AGE	stats_t_test	conf.high	CI Upper Bound	15.256380605	1	
6	TRT01PN	AGE	stats_t_test	statistic	t Statistic	2.2584309249	1	
7	TRT01PN	AGE	stats_t_test	parameter	Degrees of Freedom	96.492562666	1	
8	TRT01PN	AGE	stats_t_test	p.value	p-value	0.0261708004	1	
9	TRT01PN	AGE	stats_t_test	method	method	2	2:Welch Two Sample t-test	Satterthwaite
10	TRT01PN	AGE	stats_t_test	alternative	alternative	2	2:two.sided	
11	TRT01PN	AGE	stats_t_test	conf.level	CI Confidence Level	0.95	1	
12	TRT01PN	AGE	stats_t_test	mu	H0 Mean	0	1	
13	TRT01PN	AGE	stats_t_test	var.equal	Equal Variances	0	0:N	
14	TRT01PN	AGE	stats_t_test	paired	Paired t-test	0	0:N	

freqsum (https://github.com/PharmaForest/freqsum)

要約統計やカウント集計について
Proc reportやproc odstableなどの帳票出力プロシジャで出しやすい　OUT1, OUT2…の形で結果をだすパッケージ

/*インストール　webアクセス可能の場合．　無理な場合は先に説明した①の方法で直にインストール*/
%installPackage(freqsum, mirror=PharmaForest)

/*パッケージのロード*/
%*loadPackage*(freqsum)

/*性別の群別集計*/
```
%FreqStat(inds=ADSL,sortNum=1, outds=sum01, grpNum=2, trtGrp=TRT01PN,
label=%nrstr(Sex), trgtVar=SEX,trgtVarTyp=C, trgtValue=%str('M','F','U'),
trgtLabel=%str('Male','Female','Unknown') );
```

VIEWTABLE: Work.Sum01

	num1	num2	out1	out2	out3	out4
1	1	1	Sex	Male	20 (40.0)	24 (48.0)
2	1	2	Sex	Female	30 (60.0)	26 (52.0)
3	1	3	Sex	Unknown	0	0

/*年齢の群別要約統計*/
```
%SummaryStat(inds=ADSL, sortNum=2, outds=sum02, grpNum=2, trtGrp=TRT01PN, label=%str(Age), trgtVar=AGE);
```

VIEWTABLE: Work.Sum02

	NUM1	NUM2	out1	out2	out3	out4
1	2	1	Age	n	50	50
2	2	3	Age	Mean (SD)	54.4 (16.8)	46.3 (19.1)
3	2	4	Age	Median	56.5	38.5
4	2	6	Age	[Min, Max]	[20, 80]	[21, 80]

```
/*インストール　webアクセス可能の場合．　無理な場合は先に説明した①の方法で直にインストール*/
%installPackage(rtfcreator, mirror=PharmaForest)

/*パッケージのロード*/
%loadPackage(rtfcreator)

/*前のfreqsumで出した解析結果を縦に積んでみる*/
data output;
set sum01 sum02;
out1_lag=lag(out1);
if out1=out1_lag then call missing(out1);
label out1="Item" out2="Category/Statics"
out3="Group1" out4="Group2";
run;

%rtfCreator(DS=output
,COLNUM   =4
,VARLST   =OUT1 OUT2 OUT3 OUT4
,JUSTLST =Left Left Center Center
,WIDTHLST=200 250 200 200
,TBLHEAD=%str(Table 14-1-2)
,TBLFOOT=%str(Table Foot xxxxx));
```

The SAS System

Table 14-1-2			
Item	Category/Statics	Group1	Group2
Sex	Male	20 (40.0)	24 (48.0)
	Female	30 (60.0)	26 (52.0)
	Unknown	0	0
Age	n	50	50
	Mean (SD)	54.4 (16.8)	46.3 (19.1)
	Median	56.5	38.5
	[Min, Max]	[20, 80]	[21, 80]
Table Foot xxxxx			

odstable_layoutshowcase （https://github.com/PharmaForest/odstable_layoutshowcase）

rtfcreaterで作れないRTF帳票を作成する際の見本を出力(※SAS9.4/Windows環境のみ)

/*インストール　webアクセス可能の場合．　無理な場合は先に説明した①の方法で直にインストール*/
%installPackage(odstable_layoutshowcase, mirror=PharmaForest)

/*パッケージのロード*/
%*loadPackage*(odstable_layoutshowcase)

%*odstable_layoutshowcase*(sampleno=2);

見本帳票とともに
その帳票を作成するProc templateの
スタイル設定と
Proc Odstableのコードがでてくるので
それをベースに自分の帳票を
作れる

Sample 2--Table 1
Proc ODSTABLE

		Treatment		Placebo
		Group 1 N = xx n (%)	Group 2 N = xx n (%)	N = xx n (%)
AAAA	BBBB	CCCC	DDDD	EEEE
AAAA	BBBB	CCCC	DDDD	EEEE
AAAA	BBBB	CCCC	DDDD	EEEE
AAAA	BBBB	CCCC	DDDD	EEEE
AAAA	BBBB	CCCC	DDDD	EEEE
AAAA	BBBB	CCCC	DDDD	EEEE
AAAA	BBBB	CCCC	DDDD	EEEE

Footer1 xxxxxxx
Footer2 xxxxxxx

template_style.txt - メモ帳
ファイル(F) 編集(E) 書式(O) 表示(V) ヘルプ(H)
```
ods path (prepend) work.rtfstyle(update);
proc template;
 define style work.sample_style;
 parent=styles.rtf;
 style systemtitle/
   fontfamily = "Times New Roman"
   font_size = 9pt
   font_weight= medium
   font_style = roman
   foreground = black
   background = white
 ;
 style systemfooter/
   font_face = "Times New Roman"
   font_size = 9pt
   font_weight = medium
   font_style = roman
   foreground = black
   background = white
 ;
 style header/
   font_face = "Times New Roman"
   font_size = 9pt
   font_weight = medium
   font_style = roman
   foreground = black
   background = white
 ;
 style footer/
   font_face = "Times New Roman"
   font_size = 9pt
```


sample2.txt - メモ帳
ファイル(F) 編集(E) 書式(O) 表示(V) ヘルプ(H)
```
options nocenter nodate nonumber orientation=landscape;
ods rtf file = "D:¥Users¥10089669¥AppData¥Local¥Temp¥79¥SAS Temporary Files¥_TD231744_GAP-SAS64-001_¥sample_2_Table_1.rtf" style=work.sample_st
title1 "Sample 2--Table 1" ;
title2 "Proc ODSTABLE";
proc odstable data= dummy;
 column out1 - out5;

 define header header1; start=out1; end=out1; vjust=top; split="#"; just=center;text "";end;
 define header header2; start=out2; end=out2; vjust=top; split="#"; just=center;text "";end;
 define header header3_4; start=out3; end=out4; vjust=top; split="#"; just=center;style={borderbottomstyle=solid borderbottomwidth=1};text "Tre
 define header header3; start=out3; end=out3; vjust=top; split="#"; just=center;text "Group 1# N = xx#n (%)";end;
 define header header4; start=out4; end=out4; vjust=top; split="#"; just=center;text "Group 2# N = xx#n (%)"; end;
 define header header5; start=out5; end=out5; vjust=top; split="#"; just=center;text "Placebo# #N = xx#n (%)"; end;

 define out1; print_headers=off; just=center; style={cellwidth=220}; end;
 define out2; print_headers=off; just=center; style={cellwidth=200}; end;
 define out3; print_headers=off; just=center; style={cellwidth=150}; end;
 define out4; print_headers=off; just=center; style={cellwidth=150}; end;
 define out5; print_headers=off; just=center; style={cellwidth=150}; end;

 define footer MYFOOT1; just=left; style={borderbottomstyle=hidden}; text "Footer1 xxxxxxx"; end;
 define footer MYFOOT2; just=left; style={borderbottomstyle=hidden}; text "Footer2 xxxxxxx"; end;
 run;
ods rtf close;
```

OncoPlotter （https://github.com/PharmaForest/OncoPlotter)

オンコロジー領域で頻出のグラフを出力

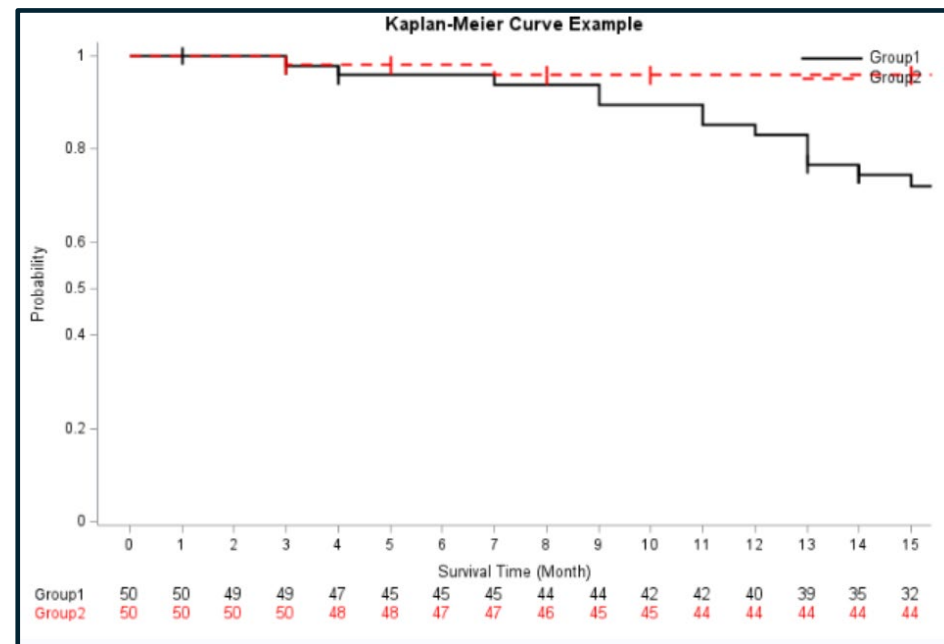/*インストール　webアクセス可能の場合.　無理な場合は先に説明した①の方法で直にインストール*/
%installPackage(oncoplotter, mirror=PharmaForest)

/*パッケージのロード*/
%loadPackage(oncoplotter)

```
%kaplan_meier_plot(
data = ADTTE,
groupn = TRTPN,
groupc = TRTP,
Time_var = AVAL,
Censore_var = CNSR,
Censore_val = 1,
Title = %nrquote(Kaplan-Meier Curve Example),
Group_color_list = %nrquote(black red blue green),
Group_linepattern_list = %nrquote(solid dash longdash
shortdash),
XLABEL = %nrquote(Survival Time (Month)),
YLABEL = %nrquote(Probability),
AxisValues = %nrquote(0 to 15 by 1),
Generate_Code = N
);
```

/*インストール　webアクセス可能の場合．　無理な場合は先に説明した①の方法で直にインストール*/
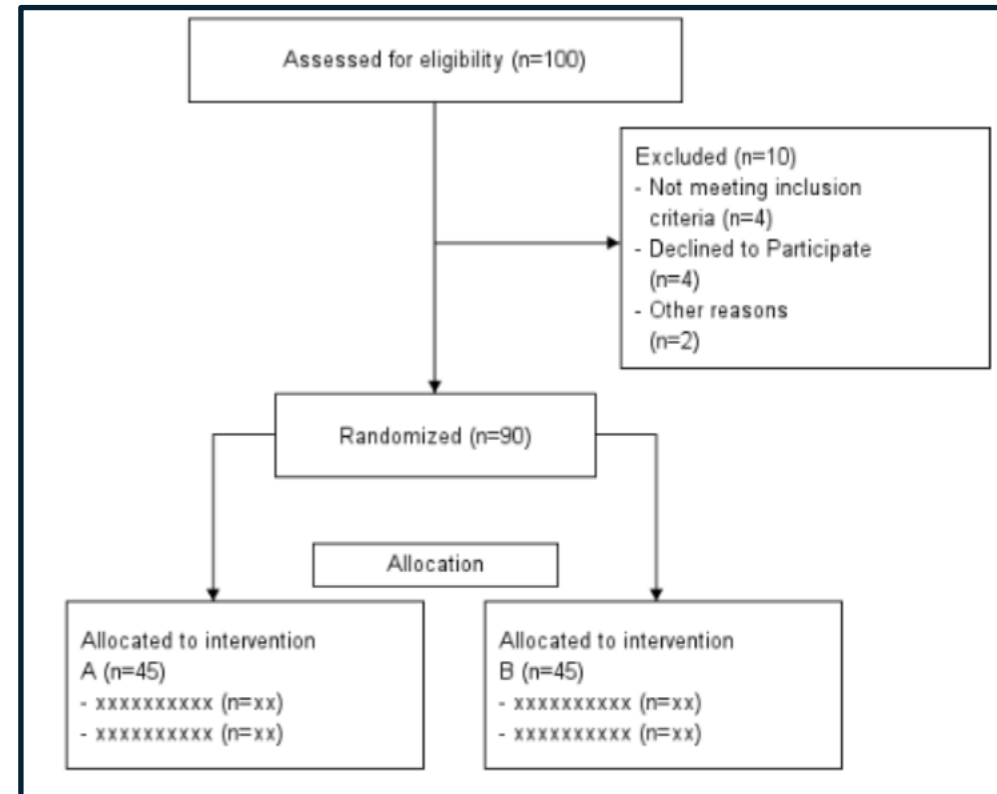**%installPackage(trial_flow, mirror=PharmaForest)**

/*パッケージのロード*/
%*loadPackage*(trial_flow)

```
%diagram_box(boxid=1,
              left_x=30,top_y=100
              ,right_x=70,bottom_y=90,
              text=Assessed for eligibility (n=100))
%diagram_line(lineid=1,
              start_x=50,
              start_y=90,
              end_x=50,
              end_y=55)
%diagram_line(lineid=2,
              start_x=50,
              start_y=73,
              end_x=65,
              end_y=73)
%diagram_box(boxid=2,
              left_x=65,top_y=87
              ,right_x=95,bottom_y=58
              ,text_just=left
              ,text=Excluded (n=10)#- Not meeting inclusion#  criteria (n=4)
              #- Declined to Participate#   (n=4)
              #- Other reasons#   (n=2))
%diagram_box(boxid=3,
              left_x=37,top_y=55
              ,right_x=63,bottom_y=45,
              text=Randomized (n=90))
%diagram_line(lineid=3,
              start_x=37,
              start_y=50,
              midpoint_x=32,
              midpoint_y=50,
              end_x=32,
              end_y=30)
%diagram_line(lineid=4,
              start_x=63,
              start_y=50,
              midpoint_x=68,
              midpoint_y=50,
              end_x=68,
              end_y=30)
%diagram_box(boxid=5,
              left_x=40,top_y=37
              ,right_x=60,bottom_y=32
              ,text=Allocation)
%diagram_box(boxid=6,
              left_x=20,top_y=30
              ,right_x=49,bottom_y=10
              ,text_just=left
              ,text=Allocated to intervention #A (n=45)
              #- xxxxxxxxxx (n=xx)
              #- xxxxxxxxxx (n=xx))
%diagram_box(boxid=7,
              left_x=54,top_y=30
              ,right_x=83,bottom_y=10
              ,text_just=left
              ,text=Allocated to intervention #B (n=45)
              #- xxxxxxxxxx (n=xx)
              #- xxxxxxxxxx (n=xx))
/*plot*/
%diagram_plot();
```

実務的なお話

・例えば，片側をPharmaForestのパッケージをできるだけ利用するとかにしてもいいかもしれません

・例えば，片側をR/Pharmavserseをつかって片側SAS/PharmaForestを利用するなどでもいいかもしれません（統計解析の結果はパッケージとプロシジャで差異がでることがあるので留意）

・承認申請やCROからメーカーへのプログラム納品に，PharmaForestのパッケージを含める場合はライセンスの記載や取り扱いにご注意ください．PharmaForestのパッケージはおおむねMITライセンスのため，それほど手間はかかりませんが．以下の資料の「使用にあたって注意すべき点-MITライセンス」を参考にしてください

https://sas-user2025.ywstat.jp/download.html?n=107&key=zsnwgqfynypm

・パッケージの利用はオープンですが，自己責任になるので，もしポリシー上，パッケージのテストを自組織でしないといけない場合などはSASパッケージをバリデーションするためのツールセットであるVALIVALIというパッケージがあり，レポートをだせるので，こちらを必要に応じてご利用ください

https://github.com/PharmaForest/valivali

お疲れ様でした！

午後からのセッションもお楽しみください

pharmaforest