การพัฒนาชุดคำสั่งการสุ่มเลือกเวชระเบียน แบบชั้นภูมิรายกลุ่มโรคเพื่อตรวจสอบ ความสมบูรณ์เวชระเบียนภายใน : ขั้นตอนที่ 1

บทคัดย่อ

สรปสั้น

บทนำ: การตรวจสอบความสมบรณ์ของ เวชระเบียน เป็นกระบวนการที่สำคัญที่ เพิ่มคณภาพการบันทึกเวชระเบียน ซึ่ง ใช้การส่บแบบชั้นภูมิแยกรายกลุ่มโรค เป็นขั้นต่อนที่จะนำสการเลือกเวช ระเบียนที่ผัดรวจสอบเวชระเบียน ต้อง ใช้ในการพำเพาน เทคนิคกระบวนการส่บเป็นไปได้อย่าง ยากลำบาก เบื่องจากควาบสลับชับช้อน ของวิธีการส่นซึ่งกำหนดโดยกอง

ยทธศาสตร์และแผนงาน โปรแกรม สำเร็จรปจึงมีความจำเป็น การศึกษานี้จะ พัฒนาโปรแกรมสำเร็จรูปนั้น วัตถประสงค์: เพื่อพัฒนาชดคำสั่งที่ ข่วยส่มเลือกเวชระเ**บี**ยน

Internal medical record audit ต้องส่มเลือก แบบชั้นภูมิรายกลุ่มโรค แต่ในปัจจบันยังไม่มี โปรแกรมสำเร็จรูปที่จะ ส่มเลือกได้ทันที

วิธีการศึกษา: ผู้วิจัยจะใช้โปรแกรม วิเคราะห์ข้อมลท[้]างสถิติที่เป็นมาตรฐาน คือโปรแกรม Stata เพื่อเลือกและสม โดยผู้วิจัยจะพัฒนาชดคำสั่งการสม โดยเป็นการสมแบบขั้นภูมิแยกรายกลุ่ม โรคจากคำสั่งที่ใช้ในการส่นอย่างง่าย

จึงต้องเขียนชุดคำสั่ง ขึ้นนาเลง

ผล: ชุดคำสั่งที่เขียนโดยผู้ใช้งานถูก พัฒนาขึ้นและแขวนไว้บน GitHub platform เพื่อแจกจ่ายให้กับผัสนใจ

อภิปราย: เนื่องจากโปรแกรม Stata ยังคงมีลิขสิทธิ์ และฐานข้อมูลซึ่ง รวบรวมเอารายชื่อของเวชระเทียนนั้นไว้ จะต้องถูกทำความสะอาดก่อนที่จะ นำเข้าส่โปรแกรม

ได้ชุดคำสั่งสำเร็จรูปและ เป็นต้นแบบสำหรับ พัฒนาเป็น application

ข้อเสนอแนะ: สามารถใช้ชุดคำสั่งนี้เป็นดันแบบเพื่อพัฒนาต่อยอดด้วย python-based library ที่นิยม เช่น tkinter

use ipd_opd_stratified sampling.dta,clear

destring hn, replace

stratified sampling the auditation process

gen diag group=substr(pdx,1,1)

gen d_diag_group_number=substr(pdx,2,2) if diag_group=="D"
destring d_diag_group_number,replace

count if diag_group=="A" | diag_group=="B" drop if diag_group==""

10 drop if status=="ipd"

There are missing in the principle diagnosis, 414 charts, IPD=2, OPD=412 **Start sampling**

set seed 1234 sample 4 if diag_group=="A" | diag_group=="B" ,count

sample 2 if d_diag_group_number>=50 & d_diag_group_number!=.,count

