

图书基本信息

书名：<<卫生统计方法与应用进展 (第2卷) >>

13位ISBN编号：9787117093811

10位ISBN编号：7117093811

出版时间：2008-1

出版单位：人民卫生

作者：饶克勤

页数：316

版权说明：本站所提供下载的PDF图书仅提供预览和简介，请支持正版图书。

更多资源请访问：<http://www.tushu007.com>

内容概要

《卫生统计方法与应用进展 (第2卷)》重点介绍：近年来在医学卫生研究中所应用的卫生统计的新理论和新方法，全卷共有10章，各章相对独立。

内容包括Cox比例风险模型、生物信息分析统计方法、非经典条件下的回归分析方法、结构方程模型、广义估计方程和多水平模型、Bootstrap方法，Permutation检验、Monte Carlo方法、数据挖掘、Bayes统计方法等。

每章在介绍方法的基础上大多附有实际例子和计算机程序，使读者了解方法的意义和实际应用。

《卫生统计方法与应用进展 (第2卷)》各章内容相对独立，具有一定的实用性、先进性和新颖性，期望《卫生统计方法与应用进展 (第2卷)》能够不断更新基层卫生统计工作者、科研人员以及硕士、博士研究生的卫生统计知识，提高卫生统计水平，对我国的卫生统计理论、方法和应用的交流有所推动和促进。

书籍目录

第一章 Cox比例风险模型的发展与应用第一节 Cox比例风险模型一、Cox比例风险模型的结构二、参数估计三、关于参数的解释四、变量的不同编码方式对参数估计值的影响第二节 比例风险性质的判别一、比例风险的性质二、比例风险的生存概率曲线识别法三、比例风险的参数识别法四、比例风险的残差分析法第三节 非比例风险的Cox模型配合一、配合协变量与时间交互作用模型(时依系数法)二、配合带时依协变量的Cox模型(分段模型)三、非比例风险的分层分析法第四节 多次事件的生存分析一、多次事件的资料结构二、各种整理模式下的模型结构三、多次事件资料的模型配合过程四、多种事件的分析第二章 生物信息分析统计方法第一节 生物信息学概述一、生物信息学研究现状与发展趋势二、生物信息学的生物内涵三、生物信息学的信息学内涵四、生物信息学研究和发展的交叉学科和大科学特点第二节 序列比较方法一、数据库搜索简介二、序列相似性定义三、序列类似性的统计显著性四、算法的敏感性与准确度(选择性)五、有空隔配准的BLAST程序与位置特异的迭代BLAST程序第三节 基因芯片的统计分析方法一、基因芯片二、基于基因芯片的数据挖掘及可视化三、基因转录调控网络分析第四节 蛋白质序列模式和序列结构域模式一、基准序列(序列模式):标纹、标志、指纹和位点二、序列结构与模式匹配方法第三章 非经典条件下的若干回归分析方法第一节 稳健回归方法一、稳健统计的基本理论二、稳健回归方法进展三、应用实例及软件实现第二节 截取回归模型一、Tobit模型概述二、Tobit模型的异方差性和非正态性三、应用实例及软件实现第三节 非参数回归与广义可加模型一、非参数回归的基本方法二、偏倚-方差权衡和光滑参数的选择三、可加模型四、广义可加模型五、应用实例及软件实现第四章 结构方程模型第一节 前言第二节 结构方程模型中的几个基本概念第三节 结构方程模型中的两类子模型第四节 路径图及SEM的协方差结构第五节 结构方程模型的分析步骤第六节 结构方程模型中的模型识别第七节 结构方程模型分析软件第八节 结构方程模型参数估计第九节 结构方程模型的拟合度评价第十节 结构方程模型的修正第十一节 应用实例第五章 广义估计方程和多水平模型第一节 广义估计方程一、GEE模型简介二、几种常见的组内相关矩阵三、GEE的参数估计四、GEE在生物医学领域中的应用五、其他应用第二节 多水平模型一、多水平模型简介二、多水平模型的参数估计三、多水平logistic模型四、多水平probit模型及余重对数模型五、多水平Poisson模型六、多类结果及有序结果的多水平logistic回归七、多元重复测量资料的多水平模型第三节 广义估计方程与多水平模型的正确应用一、GEE中作业相关矩阵的选择二、关于缺失数据三、GEE与多水平模型比较四、GEE与多水平模型的软件实现第六章 Bootstrap方法及其应用第一节 发展简史第二节 基本思想第三节 与传统方法的比较一、Bootstrap区间估计二、Bootstrap假设检验第四节 在生物医学领域中的应用一、主成分的可信区间估计二、可加性logistic回归模型参数的估计三、临床试验中生物等效性检验第五节 Bootstrap方法的正确应用一、Bootstrap方法的资料要求二、E]ootstrap的误差与自举样本数的确定三、Bootstrap的刀切法诊断四、Bootstrap法的偏差校正第七章 Permutation检验及其应用第一节 发展简史第二节 基本思想和实施步骤一、基本思想二、实施步骤第三节 Permutation检验与传统方法的比较一、在一元分析中的应用二、在多元分析中的应用第四节 在生物医学领域中的应用一、微阵列数据分析中的应用二、临床试验资料分析中的应用第五节 Permutation检验的正确应用一、Permutation含义和特点二、检验统计量与模拟次数三、应用前景第八章 MonteCarlo方法及其在医学中的应用第一节 简介第二节 MonteCarlo方法的基本思想一、MonteCarlo方法的基本原理二、MoteCarlo方法的一般步骤三、一个简单的例子四、MonteCarlo方法的适用范围第三节 MonteCarlo方法的收敛性和误差一、MonteCarlo方法的收敛性二、MonteCarlo方法的误差三、减少方差的一些技巧四、MonteCarlo方法的优缺点第四节 随机数和伪随机数一、随机数及其性质二、产生随机数的方法三、伪随机数的独立性和均匀性四、伪随机数的产生方法第五节 常用的MonteCarlo抽样方法一、连续型变量的抽样方法二、离散型变量的抽样方法三、特殊的抽样方法四、多维随机变量的抽样五、关于正态分布的抽样第六节 MonteCarlo方法在医学上的应用一、回归分析中的应用二、饮食暴露评价三、生物医学现象(过程)的直接模拟四、疾病预防与监测中抽样方案的考查五、药物的临床实验六、应用中的注意事项第九章 数据挖掘技术及其应用第一节 数据挖掘概述一、数据挖掘的定义和范畴二、数据挖掘的特点三、数据挖掘算法的基本要求四、数据挖掘的过程第二节 概念描述:一、概念描述的生成过程二、概念分层三、数据泛化第三节 数据挖掘

基础数学理论一、基于概率论和数理统计的数据挖掘二、模糊理论三、粗糙集理论四、不确定性理论的关系
第四节 数据挖掘最优化理论一、模拟退火算法二、人工神经元模型三、进化算法(evolutionaryalgorithm)四、蚁群算法(antcolonyalgorithm)五、支持向量机六、SA、ANN、EA、ACA、SVM的比较
第五节 分类方法一、基于数理统计的分类算法二、基于机器学习的分类算法第六节 聚类方法一、聚类分析概述二、聚类处理的数据结构三、相似性测度四、聚类算法种类五、典型聚类方法
第七节 关联规则一、基本概念二、关联规则挖掘算法三、基于兴趣度的关联规则挖掘第十章 Bayes统计方法应用
第一节 概述一、Bayes定理二、Bayes统计对信息的利用三、先验分布的选择与确定四、Bayes统计推断五、Bayes统计学与经典统计学的联系
第二节 使用MCMC方法解决Bayes统计计算问题一、Bayes统计学所面临的实际困难二、MCMC方法概述三、使用MCMC方法需要考虑的几个实际问题
第三节 Bayes统计分析软件——WinBUGS一、构造统计模型二、迭代收敛性的诊断三、WinBUGS一般操作
第四节 应用实例一、对各医院心脏手术死亡率的估计二、一般线性回归三、logistic回归四、meta分析五、应用Cox回归进行生存分析

编辑推荐

《卫生统计方法与应用进展(第2卷)》由人民卫生出版社出版。

版权说明

本站所提供下载的PDF图书仅提供预览和简介, 请支持正版图书。

更多资源请访问:<http://www.tushu007.com>