

《卫生统计方法与应用进展（第2卷）》

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

出版社：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以及在线试读，请支持正版图书。

更多资源请访问：www.tushu111.com

《卫生统计方法与应用进展（第2卷）》

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、Ejootstrap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(antcolonyalogrithm)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

《卫生统计方法与应用进展（第2卷）》

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。

《卫生统计方法与应用进展（第2卷）》

精彩短评

- 1、书的内容很全面，包括近几年较全的几种统计方法，操作都是SAS程序，要是多一些操作方法就好了。内容有些理论，不通俗。
- 2、在外面转了很久没找到，在这里买到了，不错

《卫生统计方法与应用进展（第2卷）》

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:www.tushu111.com