第一图书网, tushu007.com

<<SAS统计分析教程>>

图书基本信息

书名：<<SAS统计分析教程>>

13位ISBN编号：9787121109768

10位ISBN编号：712110976X

出版时间：2010-6

出版时间：电子工业

作者：胡良平

页数：706

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

前言

众所周知，统计学内容非常丰富，学习和正确使用它的难度很大；SAS软件功能非常强大，适用面极宽，SAS语言又十分繁杂，学习和全面掌握其用法并非易事；显然，实际工作者要想在较短的时间内，学会用SAS软件方便、快捷且正确地解决各种实验设计、统计表达与描述、常见和多元统计分析、现代回归分析、数据挖掘和基因表达谱分析等问题，几乎是天方夜谭，然而，本书却使其成为现实！笔者有何灵丹妙药呢？
“面向问题”的思维模式和写作手法是解决复杂问题、并使其化繁为简、实用方便的“锦囊妙计”。本书各章针对拟解决的每个具体问题，首先给出“问题、数据和统计分析方法的选择”，接着，用编制好的SAS程序分析给定的资料，并给出程序修改指导、主要输出结果及其解释。
为了压缩篇幅而不影响读者的学习效果，笔者对书稿进行精简，使本书的篇幅缩为原稿的三分之一，而其余的内容则以附录的形式放在与本书配套的光盘上。
本书正文内容共分8篇47章。
第1篇对定量结果进行差异性分析；第2篇对定性结果进行差异性分析；第3篇对定量结果进行预测性分析；第4篇对定性结果进行预测性分析；第5篇对多变量间相互依赖关系进行分析；第6篇对变量或样品间亲疏关系或近似程度进行分析；第7篇对数据挖掘技术与基因表达谱进行分析；第8篇用编程法绘制统计图与实现实验设计。
各章末尾均注明参编者详细名单。
值得一提的是：本书中的所有计算基于SAS9.2 版本，少量SAS过程（特别是涉及SAS／Genetics模块）在SAS9.2 以前的环境下不能正常运行。

内容概要

本书内容丰富且新颖，适用面宽且可操作性强。
涉及到定量与定性资料差异性和预测性分析、变量间和样品间相互与依赖关系及近似程度分析、数据挖掘与基因表达谱分析、绘制统计图与实验设计、SAS语言和SAS非编程模块用法。
这些内容高质量高效率地解决了实验设计、统计表达与描述、各种常用和多元统计分析、现代回归分析和数据挖掘、SAS语言基础和SAS实现及结果解释等人们迫切需要解决却又十分棘手的问题。
本书第1~2篇共9章，对各种单因素和多因素设计下定量与定性结果进行差异性分析；第3~4篇共19章，对定量与定性结果提供了数十种预测性分析方法；第5~6篇共13章，介绍多变量间相互与依赖关系分析和变量或样品间亲疏关系或近似程度分析；第7篇共3章，介绍数据挖掘技术与基因表达谱分析；第8篇共3章，用编程法绘制统计图与实现实验设计。
与SASPAL软件调用、SAS语言、SAS模块操作、SAS输出结果、统计计算原理和公式、实例与数据和参考文献等有关的翔实内容放在与本书配套的光盘上，方便读者学习和查阅。
本书适合于需要学习和运用实验设计、统计表达与描述和统计分析及SAS实现的本科生、研究生、博士生、科研和管理工作者、临床医生和杂志编辑学习和使用。

作者简介

胡良平，教授，博士生导师。
现任军事医学科学院生物医学统计学咨询中心主任，国际一般系统论研究会中国分会概率统计系统专业理事会常务理事，第八届中国现场统计研究会理事，中国生物医学统计学会副会长，《中华医学杂志》等10余种杂志编委，北京大学口腔医学院客座教授，国家食品药品监督管理局评审专家：主编统计学专著16部，参编统计学专著8部，发表第一作者学术论文150余篇，发表合作论文90余篇，获军队科技成果和肖部级科技成果多项；在从事统计学工作的20会年中，为几千名研究生、医学科研人近、临床医生和杂志编辑讲授生物医学统计学，左全国各地作统计学学术报告100余场，举办十余期全国统计学培训班，培养多矗统计学专业硕士和博士研究生；近几年年来，参加国家级新药和医疗嚣械项目评审数十项：归纳并提炼出“八性”和“八思维”的统计学思想：独创了逆向统计学教学法和统计学三型理论。

书籍目录

第1篇 对定量结果进行差异性分析 第1章 SAS软件与SAS用法简介 1.1 SAS软件简介 1.2 SAS用法简介 1.3 本章小结 第2章 单因素设计一元定量资料差异性分析 2.1 单组设计一元定量资料t检验与符号秩和检验 2.2 配对设计一元定量资料t检验与符号秩和检验 2.3 成组设计一元定量资料t检验 2.4 成组设计一元定量资料Wilcoxon秩和检验 2.5 单因素k（k≥3）水平设计定量资料一元方差分析 2.6 单因素k（k≥3）水平设计定量资料一元协方差分析 2.7 单因素k（k≥3）水平设计一元定量资料 Kruskal-Wallis秩和检验 2.8 本章小结 第3章 单因素设计一元生存资料差异性分析 3.1 单因素设计一元生存资料分析简介 3.2 生存资料统计描述 3.3 生存曲线比较 3.4 本章小结 第4章 多因素设计一元定量资料差异性分析 4.1 随机区组设计一元定量资料方差分析与 Friedman秩和检验 4.2 双因素无重复实验设计一元定量资料方差分析 4.3 平衡不完全随机区组设计一元定量资料方差分析 4.4 拉丁方设计一元定量资料方差分析 4.5 二阶段交叉设计一元定量资料方差分析 4.6 析因设计一元定量资料方差分析 4.7 含区组因素的析因设计一元定量资料方差分析 4.8 嵌套设计一元定量资料方差分析 4.9 裂区设计一元定量资料方差分析 4.9.1 问题与数据 4.10 正交设计一元定量资料方差分析 4.11 重复测量设计一元定量资料方差分析 4.12 常见多因素实验设计一元定量资料协方差分析 4.13 多个单因素两水平设计定量资料Meta分析 4.14 本章小结 第5章 单因素设计多元定量资料差异性分析 5.1 问题、数据及统计分析方法的选择 5.2 单因素设计定量资料多元方差和协方差分析 5.3 本章小结 第6章 多因素设计多元定量资料差异性分析 6.1 问题、数据及统计分析方法的选择 6.2 多因素设计定量资料多元方差和协方差分析 6.3 本章小结 第2篇 对定性结果进行差异性分析 第7章 单因素设计一元定性资料差异性分析 7.1 单组设计一维表资料统计分析 7.2 配对设计四格表资料统计分析 7.3 配对设计扩大形式的方表资料统计分析 7.4 成组设计横断面研究四格表资料统计分析 7.5 成组设计队列研究四格表资料统计分析 7.6 成组设计病例对照研究四格表资料统计分析 7.7 成组设计结果变量为多值有序变量的2×C表资料统计分析 7.8 成组设计结果变量为多值名义变量的2×C表资料统计分析 7.9 单因素多水平设计无序原因变量R×2表资料统计分析 7.10 单因素多水平设计有序原因变量R×2表资料统计分析 7.11 单因素多水平设计双向无序R×C表资料统计分析 7.12 单因素多水平设计有序结果变量R×C表资料统计分析 7.13 单因素多水平设计双向有序R×C表资料统计分析 7.14 数据库形式表达资料的统计分析 7.15 本章小结 第8章 多因素设计一元定性资料差异性分析 8.1 用加权 检验处理结果变量为二值变量的高维列联表资料 8.2 用 检验处理结果变量具有3种性质的高维列联表资料 8.3 用Meta分析分别合并处理多个成组设计定性资料 8.4 ROC方法分析诊断试验资料 8.5 本章小结 第9章 多因素设计一元定性资料对数线性模型分析 9.1 问题、数据及统计分析方法的选择 9.2 用对数线性模型分析列联表资料 9.3 本章小结 第3篇 对定量结果进行预测性分析 第10章 两变量简单线性回归分析 10.1 问题、数据及统计分析方法的选择 10.2 Pearson线性相关分析 10.3 Spearman秩相关分析 10.4 简单线性回归分析 10.5 加权线性回归分析 10.6 本章小结 第11章 两变量可直线化曲线回归分析 11.1 问题、数据及统计分析方法的选择 11.2 对数函数、幂函数和双曲函数曲线回归分析 11.3 指数函数曲线回归分析 11.4 Logistic函数曲线回归分析 11.5 本章小结 第12章 各种复杂曲线回归分析 12.1 多项式曲线回归分析 12.2 Logistic曲线回归分析 12.3 Gompertz曲线回归分析 12.4 二项型指数曲线回归分析 12.5 三项型指数曲线回归分析 12.6 本章小结 第13章 多重线性回归分析 13.1 问题、数据及统计分析方法的选择 13.2 多重线性回归分析 13.3 REG过程语法简介 13.4 本章小结 第14章 主成分回归分析 14.1 问题、数据及统计分析方法的选择 14.2 单组设计多元定量资料主成分回归分析 14.3 本章小结 第15章 现岭回归分析 15.1 问题、数据及统计分析方法的选择 15.2 岭回归分析 15.3 与岭回归分析有关的SAS语句说明 15.4 本章小结 第16章 Poisson回归分析 16.1 问题、数据及统计分析方法的选择 16.2 Poisson回归分析 16.3 本章小结 第17章 负二项回归与Probit回归分析 17.1 问题、数据及统计分析方法的选择 17.2 负二项回

归分析 17.3 对例17-2资料进行Probit回归分析 17.4 对例17-3资料进行Probit回归分析 17.5 相关的SAS过程语法简介 17.6 本章小结 第18章 生存资料COX模型回归分析 18.1 实例 18.2 生存资料COX模型回归分析简介 18.3 生存资料COX模型回归分析 18.4 本章小结 第19章 生存资料参数模型回归分析 19.1 实例 19.2 生存资料参数模型回归分析简介 19.3 生存资料参数模型回归分析 19.4 LIFEREG过程简介 19.5 本章小结 第20章 时间序列分析 20.1 时间序列分析简介 20.2 指数平滑法 20.3 ARIMA模型 20.4 谱分析 20.5 X12方法 20.6 本章小结 第4篇 对定性结果进行预测性分析 第21章 非配对设计定性资料多重logistic回归分析 21.1 问题、数据及统计分析方法的选择 21.2 二值变量的多重logistic回归分析 21.3 多值有序变量的多重logistic回归分析 21.4 多值名义变量的多重logistic回归分析 21.5 本章小结 第22章 配对设计定性资料多重logistic回归分析 22.1 问题、数据及统计分析方法的选择 22.4 本章小结 第23章 原因变量为定量变量的判别分析 23.1 实例 23.2 原因变量为定量变量的判别分析简介 23.3 原因变量为定量变量的判别分析 23.4 本章小结 第24章 原因变量为定性变量的判别分析 24.1 实例 24.2 原因变量为定性变量的判别分析简介 24.3 原因变量为定性变量的判别分析 24.4 本章小结 第25章 遗传资料统计分析的SAS实现 25.1 SAS/Genetics简介 25.2 ALLELE、HAPLOTYPE和HTSNP过程简介 25.3 利用CASECONTROL和FAMILY过程进行关联分析 25.4 亲缘系数和近交系数 25.5 结果校正和图形输出 25.6 本章小结 第26章 用SAS/Genetics分析遗传流行病学资料 26.1 基因、基因型频率测定与Hardy-Weinberg平衡定律的验证 26.2 连锁不平衡与单体型分析 26.3 多位点基因型与疾病关联分析 26.4 标签SNP的确认与SAS程序 26.5 一般人群病例对照遗传资料的关联分析 26.6 家系数据的关联分析 26.7 本章小结 第27章 决策树分析 27.1 决策树简介 27.2 决策树的基本原理 27.3 决策树种类及决策树构造思路 27.4 递归分割的分裂准则 27.5 变量重要性检测 27.6 实际应用与结果解释 27.7 用数据挖掘模块近似实现各种决策树算法 27.8 本章小结 第28章 神经网络分析 28.1 前馈型神经网络简介 28.2 多层感知器的学习 28.3 模型过拟合 28.4 模型复杂性的评价 28.5 实际应用与结果解释 28.6 本章小结 第5篇 多变量间相互与依赖关系分析 第29章 主成分分析 29.1 实例 29.2 主成分分析简介 29.3 主成分分析 29.4 PRINCOMP过程简介 29.5 本章小结 第30章 探索性因子分析 30.1 实例 30.2 因子分析简介 30.3 探索性因子分析 30.4 FACTOR过程简介 30.5 本章小结 第31章 路径分析 31.1 问题与数据结构 31.2 用REG过程实现路径分析 31.3 用CALIS过程实现路径分析 31.4 如何处理非同质资料的思考 31.5 本章小结 第32章 证实性因子分析 32.1 实例 32.2 证实性因子分析简介 32.3 证实性因子分析 32.4 CALIS过程简介 32.5 本章小结 第33章 结构方程模型分析 33.1 实例 33.2 结构方程模型简介 33.3 结构方程模型分析 33.4 本章小结 第34章 典型相关分析 34.1 实例 34.2 典型相关分析概述 34.3 典型相关分析 34.4 CANCORR过程简介 34.5 本章小结 第6篇 变量或样品间亲疏关系或近似程度分析 第35章 变量聚类分析 35.1 实例 35.2 变量聚类分析简介 35.3 变量聚类分析 35.4 VARCLUS过程简介 35.5 本章小结 第36章 无序样品聚类分析 36.1 实例 36.2 无序样品聚类分析简介 36.3 无序样品聚类分析 36.4 CLUSTER过程等简介 36.5 本章小结 第37章 有序样品聚类分析 37.1 实例 37.2 有序样品聚类分析概述 37.3 用编程法实现有序样品聚类分析 37.4 本章小结 第38章 综合评价 38.1 问题、数据及统计分析方法的选择 38.2 用几种常用的综合评价方法解决实际问题 38.3 本章小结 第39章 多维尺度分析 39.1 实例 39.2 多维尺度分析简介 39.3 多维尺度分析 39.4 MDS过程简介 39.5 本章小结 第40章 定量资料对应分析 40.1 实例 40.2 对应分析简介 40.3 定量资料对应分析 40.4 数据结构及语句简介 40.5 本章小结 第41章 定性资料对应分析 41.1 实例 41.2 定性资料对应分析 41.3 本章小结 第7篇 数据挖掘技术与基因表达谱分析简析 第42章 数据挖掘的概念及常用统计分析技术简介 42.1 数据挖掘的基本概念 42.2 SAS企业数据挖掘器介绍 42.3 关联规则与序列规则 42.4 分类预测 42.5 本章小结 第43章 基因表达谱的概念与数据分析技术简介 43.1 基因表达谱的概念 43.2 基因表达谱的数据获取及标

准化　43.3 基因表达数据分析技术　43.4 基因调控网络分析　43.5 本章小结　第44章 生物信息学简介　44.1 生物信息学定义　44.2 统计学在生物信息学中的应用　44.3 本章小结
第8篇 用编程法绘制统计图与实现实验设计　第45章 绘制统计图　45.1 问题、数据及统计描述方法的选择　45.2 绘制单式条图　45.3 绘制复式条图　45.4 绘制百分条图　45.5 绘制圆图　45.6 绘制箱式图　45.7 绘制直方图　45.8 绘制散布图　45.9 绘制普通线图　45.10 绘制半对数线图　45.11 绘制P-P图和Q-Q图　45.12 本章小结　第46章 实验设计方案的SAS实现　46.1 成组设计方案的SAS实现　46.2 单因素多水平设计方案的SAS实现　46.3 随机区组设计方案的SAS实现　46.4 拉丁方设计方案的SAS实现　46.5 2×2交叉设计方案的SAS实现　46.6 3×3交叉设计方案的SAS实现　46.7 析因设计方案的SAS实现　46.8 含区组因素的析因设计方案的SAS实现　46.9 裂区设计方案的SAS实现　46.10 平衡不完全区组设计方案的SAS实现　46.11 本章小结　第47章 样本含量估计和检验效能分析　47.1 样本含量估计的意义　47.2 确定样本含量时应具备的条件　47.3 估计总体均值时样本含量的估计　47.4 估计总体率时样本含量的估计　47.5 单组设计均值与率的检验时样本含量的估计　47.6 配对设计均值与率的检验时样本含量的估计　47.7 成组设计均值与率的差异性检验时样本含量的估计　47.8 成组设计均值与率的等效性检验时样本含量的估计　47.9 成组设计均值与率的非劣效或优效性检验时样本含量的估计　47.10 单因素多水平设计均值与率的检验时样本含量的估计　47.11 检验效能分析的概述　47.12 单组、配对或交叉设计定量资料假设检验时检验效能的计算　47.13 成组设计均值与率的差异性检验时检验效能的计算　47.14 成组设计均值与率的等效性检验时检验效能的计算　47.15 成组设计均值与率的非劣效或优效性检验时检验效能的计算　47.16 本章小结　放在与本书配套的光盘上的内容附录A 与SAS语言有关的内容简介（第48章～第55章）附录B 四个非编程模块简介（第56章～第59章）附录C 数据挖掘技术与基因表达谱分析（第60章～第62章）附录D 各章实例与数据附录E 直接调用的SAS引导程序—SASPAL附录F 各章SAS输出结果附录G 各章计算原理与计算公式附录H 各章参考文献附录I 胡良平专著及配套软件简介

章节摘录

插图：由表8-6可以看出，各项研究所对应的实验设计类型均为病例一对照研究设计。
该设计是指在了解暴露于某种因素对疾病的发生有无影响及其影响程度时，针对某因素从部分病人发病之后开始调查，将病人设为病例组，并选择其他条件与病例接近的非病人设为对照组，分别调查这两组人暴露于可疑致病因子的情况，故此表资料本质上为9个病例一对照研究设计的四格表资料。
由表8-7可以看出，各项研究所对应的实验设计类型均为诊断试验设计。
诊断试验设计是指按照配对原则分别接受两种不同的处理方法，每种处理方法的结果都可分为“阳性”和“阴性”两种，故此表资料本质上为10个诊断试验四格表资料（或2x2配对设计定性资料）。
8.3.3 分析目的与统计分析方法的选择在科研中，针对同一问题常常同时或者先后有许多类似的研究。然而，由于研究对象、设计方案、干预措施、结局变量、样本含量、随访时间、各种干扰因素（即非试验因素）的影响、研究过程中质量控制的严格程度等方面并不完全相同，致使各研究结果也不完全一致，有些研究结果甚至相互矛盾。
当出现针对同一问题的各项研究结果不一致甚至相反时，人们究竟该相信哪一项研究的结论呢？
要回答这一问题，有两种办法：一是通过严格设计的大规模随机对照试验进行验证；二是通过对这些研究及其结果进行综合分析和再评价。
。
Meta分析就是后一种办法中经常要用到的用于定量合成的一种统计学处理方法。
由于例8-6～例8-8的分析目的是比较同一研究的不同结果的同质性，所以可根据各自的实验设计类型选择单因素两水平设计定量资料、队列研究设计四格表资料、病例一对照研究设计四格表资料和诊断试验四格表资料Meta分析。

编辑推荐

《SAS统计分析教程》由电子工业出版社出版。

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