



高维列联表资料的统计分析与 SAS 软件实现(六)

葛毅¹, 胡良平²

1. 后勤指挥学院, 北京 100858

2. 军事医学科学院生物医学统计学咨询中心, 北京 100850

关键词: 统计学; 医学; 数据分析, 统计; 定性资料; SAS 软件

Ge Y, Hu LP. *J Chin Integr Med*. 2009; 8(4): 385-391.

Received March 5, 2010; accepted April 7, 2010; published online April 15, 2010.

Indexed/abstracted in and full text link-out at PubMed. Journal title in PubMed: *Zhong Xi Yi Jie He Xue Bao*.

Free full text (HTML and PDF) is available at <http://www.jcimjournal.com>.

Forward linking and reference linking via CrossRef.

DOI: 10.3736/jcim20100415

Open Access

Statistical analysis for data of multidimensional contingency table with SAS software package (Part six)

Yi GE¹, Liang-ping HU²

1. Command Academy of Logistics, Beijing 100858, China

2. Consulting Center of Biomedical Statistics, Academy of Military Medical Sciences, Beijing 100850, China

Keywords: statistics; medicine; data analysis, statistical; qualitative data; SAS software

非条件 logistic 回归分析方法的主要算法是采用最大似然法对参数进行估计。最大似然法在大样本前提下进行参数估计是非常有效的,但当处理样本量小的数据,特别是按多个定性变量进行分层且每一层中样本量很小时,最大似然法就不太合适了,尤其当模型中要估计的参数较多时,最大似然法就更加无能为力了。而上述情况在生物医学科研中是经常遇到的,例如配对设计就是其中的一种表现形式。配对设计一般是按照某种或某些重要的非试验因素,如性别、年龄、种族、婚姻状况等将观察样本进行配对,从而能够改善每个配对组中研究对象的齐同性,降低其影响,从而提高研究效率。在配对设计中,每一个配对组可以看作一个分层。对于这样的数据,用非条件 logistic 回归分析就不合适了。为此就要采用条件 logistic 回归分析。定性资料的配对设计通常可进一步细分为:(1)1 个病例与 r 个条件相近的非病例形成一个配对组时,该设计为 $1:r$ 配对设计,值得注意的是,通常情况下 $r \leq 5$;(2)在上述设计中, $r=1$ 时,该设计为 $1:1$ 配对设计;(3)有 m 个病例与 n 个非病

例形成一个配对组时,该设计为 $m:n$ 配对设计,值得注意的是,通常情况下 $1 < m, n \leq 5$ 。本文将介绍如何运用 SAS 软件对以上 3 种形式的配对设计定性资料进行条件 logistic 回归分析。

1 条件 logistic 回归分析的原理

假设 A、B 两人形成一个配对,他们各自发病的概率分别为 P_A 和 P_B ;有一人发病的情况下,A 发病的概率为 P ,B 发病的概率为 P' 。由于 A、B 中只有 1 人发病,因此 A 发病和 B 发病是一对互不相容事件;又由于在病例对照研究中 A 发病和 B 发病之间没有联系,因此他们还是一对独立事件^[1]。设 A 为病例,B 为对照,根据 Bayes 条件概率公式,在只有一人发病的情况下,发病的这个人恰好是病例(A)的条件概率 P 为:

$$P = \frac{P_A(1-P_B)}{P_A(1-P_B) + (1-P_A)P_B}$$

假设 P 与可能导致发病的影响因素(自变量) X 的关系符合 logistic 回归模型,则有:

$$P = \frac{\left\{ \frac{\exp(\beta_0 + \beta x_A)}{1 + \exp(\beta_0 + \beta x_A)} \right\} \left\{ \frac{1}{1 + \exp(\beta_0 + \beta x_B)} \right\}}{\left\{ \frac{\exp(\beta_0 + \beta x_A)}{1 + \exp(\beta_0 + \beta x_A)} \right\} \left\{ \frac{1}{1 + \exp(\beta_0 + \beta x_B)} \right\} + \left\{ \frac{1}{1 + \exp(\beta_0 + \beta x_A)} \right\} \left\{ \frac{\exp(\beta_0 + \beta x_B)}{1 + \exp(\beta_0 + \beta x_B)} \right\}}$$

上述回归模型经过转换后可得：

$$P = \frac{1}{1 + \exp[-\beta(x_A - x_B)]}$$

由此可知，与非条件 logistic 回归模型相比，截距项 β_0 被消去了，这是二者的一个重要区别。进而可以写出 logit P 为：

$$\text{logit}(P) = \ln \frac{P}{1 - P} = \beta(x_A - x_B)$$

条件 logistic 回归中的参数是通过条件似然函数估计得到，其假设检验与非条件 logistic 回归基本相同，可以选用似然比检验、计分检验和 Wald 检验。

对条件 logistic 回归模型进行参数估计时，采用的是条件似然函数，由于条件似然函数与生存分析中 cox 比例风险模型的似然函数相同，因此，在计算时可以采用 cox 比例风险模型中参数估计的方法对条件 logistic 回归模型的参数进行估计。所以，在 SAS 软件中可以通过应用 phreg 过程来实现条件 logistic 回归分析。

在 SAS 软件中 logistic 和 phreg 过程均可以进行条件 logistic 回归分析。当 1：1 配对时，可调 logistic 过程，也可调用 phreg 过程。当应用 logistic 过程时，需引入新变量，使其等于配对组内 2 个研究对象中各变量的差值，然后将新变量代入回归模型即可。当应用 phreg 过程时，则可以直接使用原始数据。若进行非 1：1 配对时，应用 logistic 过程处理资料较为困难，此时可调用 phreg 过程实现条件 logistic 回归分析^[2]。

2 应用 phreg 过程实现 1：1 配对设计 logistic 回归分析

例如，在 Kelsy 和 Hardy 于 1975 年进行关于驾车与否是否为急性腰椎间盘突出引发腰疼的危险因素调查研究中^[1]，调查了 1971 年 6 月至 1973 年 5 月期间由于急性腰椎间盘突出引发的腰疼患者，将其作为病例组，年龄在 20 岁至 64 岁之间，并且将在同一医院就诊的与脊柱疾病无关的患者按照年龄、性别与病例组进行 1：1 配对，一共有 217 对，具体数据见表 1。

表 1 驾车与否是否为急性腰椎间盘突出引发腰疼的危险因素调查数据

组别	是否驾车	是否住郊区	对子数	组别	是否驾车	是否住郊区	对子数
病例组	否	否	9	病例组	否	是	10
对照组	否	否		对照组	否	否	
病例组	否	是	2	病例组	否	是	1
对照组	否	否		对照组	是	否	
病例组	是	否	14	病例组	是	否	20
对照组	否	否		对照组	是	否	
病例组	是	是	22	病例组	是	是	32
对照组	否	否		对照组	是	否	
病例组	否	否	0	病例组	否	否	7
对照组	否	是		对照组	是	是	
病例组	否	是	2	病例组	是	是	1
对照组	否	是		对照组	否	是	
病例组	是	否	1	病例组	是	否	29
对照组	否	是		对照组	是	是	
病例组	是	是	4	病例组	是	是	63
对照组	否	是		对照组	是	是	

表 1 是对这 217 对数据汇总后的结果，在运用 SAS 软件进行分析时需要将表 1 中的数据转换成数据库记录的形式才能进行分析。其中每一对需进行编号，作为分析中分层的标志。其数据转换程序如下：

data matched1;
input id status \$ driver \$ res \$ count@@;
datalines;
1 case no no 9 1 control no no 9 2 case no yes 2 2 control no no 2
3 case yes no 14 3 control no no 14 4 case yes yes 22 4 control no no 22
5 case no no 0 5 control no yes 0 6 case no yes 2 6 control no yes 2
7 case yes no 1 7 control no yes 1 8 case yes yes 4 8 control no yes 4
9 case no no 10 9 control yes no 10 10 case no yes 1 10 control yes no 1

```
11 case yes no 20 11 control yes no 20 12 case yes yes 32 12 control yes no 32
13 case no no 7 13 control yes yes 7 14 case no yes 1 14 control yes yes 1
15 case yes no 29 15 control yes yes 29 16 case yes yes 63 16 control yes yes 63
;
/* status 代表组别,case 表示病例组,control 表示对照组 */
/* driver 代表是否驾车,yes 表示驾车,no 表示不驾车 */
/* res 代表是否住郊区,yes 表示住在郊区,no 表示不住在郊区 */
data matched2;
set matched1;
if status = 'control' then delete;
do n=1 to count;output;end;run;
data matched2;
set matched2;idd=_N_;run;
/* 以上是将病例组的数据提取出来,对其每一对进行编号,作为分层的
标志 */
data matched3;
set matched1;
if status = 'case' then delete;
do n=1 to count;
idd=_N_;output;end;run;
data matched3;
set matched3;idd=_N_;run;
/* 以上是将对照组的数据提取出来,对其每一对进行编号,作为分层的
标志 */
data matched4;
set matched2 matched3;
drop id count n;run;
proc sort;by idd;run;
/* 以上是将病例组与对照组提取后的两个数据集进行合并,并按分层标
志 idd 排序 */
```

运用“proc print data=matched4;run;”将形成的新数据集“matched4”打印出来,其部分结果如下:

Ods	Status	Driver	Res	Idd
1	case	no	no	1
2	control	no	no	1
3	case	no	no	2
4	control	no	no	2
5	case	no	no	3
6	control	no	no	3
7	case	no	no	4
8	control	no	no	4
9	case	no	no	5

以上结果中共有 217 对,434 个观测,因此“idd”的编号最大为 217。对形成的新数据集“matched4”采用“phreg”过程进行 1:1 配对设计 logistic 回归分析,其程序如下:

```
data matched4;
set matched4;
if status='case' then event=1;
else event=0;
if driver='yes' then x1=1;
else x1=0;
if res='yes' then x2=1;
else x2=0;
x3=x1 * x2;
run;
/* 以上是对各变量进行赋值,1 表示
yes,0 表示 no。并且引入了结果变量
event,1 表示病例组,0 表示对照组。
X3 表示是否驾车与居住地两个因素
的交互作用。 */
data new;
set matched4;
event=2-event;
run;
/* 以上将结果变量 event 与 2 相
减,使其取值分别 1 与 2,从而便于
计算。 */
proc print data=new;
run;
proc phreg data=new;
strata idd;
model event=x1 x2 /ties=discrete rl;
run;
/* 以上是采用 phreg 过程进行 1:
1 配对设计 logistic 回归分析。 */
```

上述程序的运行结果如下:

Testing global null hypothesis: BETA=0

Test	Chi-square	df	Pr>ChiSq
Likelihood ratio	9.621 0	3	0.022 1
Score	9.374 9	3	0.024 7
Wald	8.887 5	3	0.030 8

以上是对模型的总体检验,其结果 $P<0.05$,说明模型总体有意义。

由条件 logistic 回归分析的参数估计结果可以看出,交互作用项“x3”无统计学意义,说明是否驾车与居住地两个因素之间的交互作用无统计学意义,因此应将其去掉,重新拟合模型。条件 logistic 回归分析的参数估计和重新拟合模型分别见以下两个输出结果。

Analysis of maximum likelihood estimates

Variable	df	Parameter estimate	Standard error	Chi-square	Pr>ChiSq	Hazard ratio	95% hazard ratio confidence
x1	1	0.691 31	0.318 93	4.698 4	0.030 2	1.996	1.068 3.730
x2	1	0.443 85	0.720 34	0.379 7	0.537 8	1.559	0.380 6.396
x3	1	-0.205 79	0.747 57	0.075 8	0.783 1	0.814	0.188 3.523

Analysis of maximum likelihood estimates

Variable	df	Parameter estimate	Standard error	Chi-square	Pr>ChiSq	Hazard ratio	95% hazard ratio confidence
x1	1	0.657 61	0.293 96	5.004 3	0.025 3	1.930	1.085 3.434
x2	1	0.255 42	0.225 83	1.279 2	0.258 1	1.291	0.829 2.010

以上结果中,x1 有统计学意义,而 x2 无统计学意义,说明驾车与否这个因素对于急性腰椎间盘突出引发的腰疼是有影响的,而是否居住在郊区则对

急性腰椎间盘突出引发的腰疼无关。最后一列是条件危险比(odds ratio, OR),从所计算的 OR 值来看,驾车相对于不驾车的 OR 值为 1.930,说明驾车

患急性腰椎间盘突出引发的腰疼的危险约为不驾车的 2 倍。严格地说,还应把 x_2 从模型中删掉并重新拟合 logistic 回归方程,请读者自己完成,此处从略。

3 应用 phreg 过程实现 1 : r 配对设计 logistic 回归分析

配对设计的病例对照研究在 1 : 1 配对时的效率最高,当研究一些罕见病例时,为提高检验的把握

度,会增加配对比例,使其达到 1 : r。幸运的是,对此类资料进行 logistic 回归分析的原理与 1 : 1 配对设计时是一样的。

例如,为研究视网膜母细胞瘤的危险因素,2 年内共收集病例 8 例。对患者的性别、年龄、民族进行匹配,在同一病区选择 32 例患有非恶性肿瘤的患者作为对照,对患者母亲孕期吸烟、接受 X 线照射、阴道出血情况(有此类情况赋值为 1,无此类情况赋值为 0)进行调查,资料总结见表 2。

表 2 视网膜母细胞瘤发病影响因素的 1 : 4 配对病例对照研究资料

配对 编号	母孕期 吸烟(X1)	母孕期接受 X 线照射(X2)	母孕期 阴道出血(X3)	配对 编号	母孕期 吸烟(X1)	母孕期接受 X 线照射(X2)	母孕期 阴道出血(X3)
病例组				对照组 I			
1	1	1	0	1	1	0	1
2	1	1	0	2	1	0	0
3	1	1	0	3	1	0	0
4	1	1	0	4	0	0	0
5	1	0	0	5	1	1	0
6	1	1	0	6	1	0	0
7	0	1	0	7	1	0	1
8	1	1	1	8	0	0	0
对照组 II				对照组 III			
1	1	0	0	1	0	0	0
2	1	0	0	2	0	0	0
3	0	0	0	3	0	0	0
4	1	1	0	4	1	0	0
5	1	0	0	5	1	0	0
6	1	0	0	6	0	0	1
7	0	0	0	7	1	0	0
8	1	0	0	8	1	1	0
对照组 IV				对照组 V			
1	0	0	0	5	0	0	0
2	1	0	0	6	1	0	0
3	0	0	0	7	1	0	0
4	1	0	0	8	1	0	1

从表 2 中可以看出所观察的数据有如下特点:每个配对组中,有 1 个病例和 4 个对照,由于配对条件由 3 个(性别、年龄和民族)两水平因素复合而成,故复合因素对应 8 种配对条件的水平组合,即有 8 个水平,每个水平对应一个配对组,故总共有 $8 \times 5 = 40$ 个观测。此研究是 1 : 4 配对设计的病例对照研究,属于调查设计。研究对象包括视网膜母细胞瘤患者、同一病区其他疾病患者;匹配因素包括患者性别、年龄和民族,研究因素包括母孕期吸烟史(X1)、X 线照射史(X2)和出血史(X3)。

在对表 2 资料进行条件 logistic 回归分析的 SAS 程序中,其数据步中的数据是以数据库记录的形式读取的,其中 idd 是分层标志,X1 为母孕期吸烟史,X2 为 X 线照射史,X3 为孕期阴道出血史,y 为是否发

病。在数据中,0 表示没有,1 表示有。 $y=2-y$ 的作用是使结果变量 y 的值变为 1,表示病例,2 表示对照,这样就可以按病例发生的概率进行建模。在采用 phreg 过程进行分析时,运用了逐步法对 x_1 、 x_2 、 x_3 这 3 个自变量进行筛选。对表 2 资料进行条件 logistic 回归分析的 SAS 程序及对 3 个自变量进行筛选后的程序运行结果分别如下:

data matched;	6	1	0	0	0
input idd x1 x2 x3 y;	7	0	0	0	0
y=2-y;	8	1	0	0	0
cards;	1	0	0	0	0
1 1 1 0 1	2	0	0	0	0
2 1 1 0 1	3	0	0	0	0
3 1 1 0 1	4	1	0	0	0
4 1 1 0 1	5	1	0	0	0
5 1 0 0 1	6	0	0	1	0
6 1 1 0 1	7	1	0	0	0

7	0	1	0	1
8	1	1	1	1
1	1	0	1	0
2	1	0	0	0
3	1	0	0	0
4	0	0	0	0
5	1	1	0	0
6	1	0	0	0
7	1	0	1	0
8	0	0	0	0
1	1	0	0	0
2	1	0	0	0
3	0	0	0	0
4	1	1	0	0
5	1	0	0	0

```

proc phreg;
model Y=X1 X2
X3/selection=stepwise sle=0.3
sls=0.05;
strata idd;
run;

```

Testing global null hypothesis: BETA=0

Test	Chi-square	df	Pr>ChiSq
Likelihood ratio	5.854 1	1	0.015 5
Score	6.775 1	1	0.009 2
Wald	6.142 8	1	0.013 2

以上是对模型的整体检验,其结果 $P < 0.05$,说明模型整体有意义。

Analysis of maximum likelihood estimates

Variable	df	Parameter estimate	Standard error	Chi-square	Pr>ChiSq	Hazard ratio
X2	1	1.117 99	0.451 08	6.142 8	0.013 2	3.059

No (additional) variables met the 0.3 level for entry into the model.

Summary of stepwise selection

Step	Variable		Number	Score	Wald	Pr>ChiSq
	Entered	Removed	In	Chi-square	Chi-square	
1	X2		1	6.775 1		0.009 2

No (additional) variables met the 0.3 level for entry into the model.

以上为条件 logistic 回归分析的参数估计部分。在逐步变量筛选方法中,进入模型的自变量只有 X2,说明这 3 个自变量中仅有母孕期接受 X 线照射对视网膜母细胞瘤的发病有影响,其 OR 值为 3.059,说明孕期接受过 X 线照射的母亲,其子代发生视网膜母细胞瘤的风险是未接受 X 线照射者的 3.059 倍。

4 应用 phreg 过程实现 $m:n$ 配对设计 logistic 回归分析

在配对设计研究中,有时会出现这种情况:最终收集到的资料中,不同配对组中病例数与对照数的比例不相等。这种配对方式称为 $m:n$ 配对病例对照研究。SAS 软件中仍调用 phreg 过程来完成此类研究资料的条件 logistic 回归分析。

例如,在一项研究中,调查了 174 例年龄 16~32 岁的孕妇,其中 54 人生出的婴儿体质量过轻,120 人生出的婴儿体质量正常。为探查原因,调查了以下几个可能的危险因素:最后一次月经期的体质量(last weight, LWT)(单位:磅)、高血压(hypertension, HT)状况、孕期吸烟(smoke)状况、子宫过敏状况(uterine allergy, UI)。后 3 个变量取值为 1 时表明有此状态,取值为 0 时表明无此状

态^[3]。各配对组按孕妇的年龄配对,资料是以数据库记录的形式表示,每行包含 4 个观测指标,每个观测指标由 6 个变量的取值组成,这 6 个变量依次为 age、low、LWT、smoke、HT、UI,如表 3 所示。因篇幅所限,详细数据见文献^[3]。

在上述程序的数据步中,采用的是先将表 3 中的数据转换成 DAT 文件,再由 SAS 程序读入。与前面两个例子不一样的地方是增加了一个 time 变量。当 time 变量取 0(病例)、取 1(对照)时,它就是通常所说的那个只取 0、1 的二值变量。low(0)表示 low=0 时是对照,病例相当于生存分析中的“死亡”,而对照则相当于“存活或失访”,称为截尾或删除。用 phreg 过程时必须指出代表删失的变量及其标志,见 model 语句的等号左边。值得注意的是,引入 time 变量主要是为了提高计算的效率,在前面两个例子中,模型的表示方法虽然比较直观,但是其计算的效率不高,如果观测或待估参数很多时,其计算的时间将会很长,而在 phreg 过程中引入 time 变量,并以 time*low(0)表示,则将大大提高计算的效率,这也是 phreg 过程的一个主要特点。值得注意的是,在程序中“ties=discrete”是必不可少的,它是指用 logistic 模型来替代比例风险模型。用来配对的变量 age 应写在 strata 语句中。

表 3 关于婴儿出生体质量过轻的影响因素的调查研究数据

A	B	C	D	E	F	A	B	C	D	E	F	A	B	C	D	E	F	A	B	C	D	E	F
16	1	130	0	0	0	16	0	110	0	0	0	22	0	169	0	0	0	22	0	129	0	0	0
16	0	112	0	0	0	16	0	135	1	0	0	23	1	97	0	0	1	23	1	187	1	0	0
16	0	135	1	0	0	16	0	170	0	0	0	23	1	120	0	0	0	23	1	110	1	0	0
16	0	95	0	0	0	17	1	130	1	0	1	23	1	94	1	0	0	23	0	130	0	0	0
...
17	1	110	1	0	0	17	1	120	1	0	0	23	0	128	0	0	0	23	0	119	0	0	0
22	0	158	0	0	0	22	0	112	1	0	0	32	1	105	1	0	0	32	0	121	0	0	0
22	0	131	0	0	0	22	0	125	0	0	0	32	0	132	0	0	0	32	0	134	1	0	0
32	0	170	0	0	0	32	0	186	0	0	0												

A: 年龄(age, 岁); B: 生出婴儿体质量过轻(low); C: 最后一次月经期的体质量(LWT, 磅); D: 孕期吸烟(smoke); E: 高血压(HT); F: 子宫过敏状况(UI)。

对表 3 资料进行条件 logistic 回归分析的 SAS 程序如下:

data matched3; infile "d:\data.dat"; Input age low LWT smoke HT UI @@; time=1-low;	Proc phreg; Model time * low(0) = LWT smoke HT UI / ties=discrete; strata age; run;
--	---

上述程序的运行结果如下:

Testing global null hypothesis BETA=0			
Test	Chi-square	df	Pr>ChiSq
Likelihood ratio	17.984 5	4	0.001 2
Score	17.333 6	4	0.001 7
Wald	15.570 9	4	0.003 7

以上是对全部参数总体进行检验的结果, 这

3 种检验的极限分布都是 χ^2 分布。当样本含量有限时, 以似然比检验近似 χ^2 分布为好, 比较稳定。 $df=4, \chi^2=17.984 5, P=0.001 2$, 拒绝全部参数总体为 0 的假设, 表明所拟合的模型具有统计学意义。

以上是用最大似然估计值对模型中参数的估计结果, 给出了各参数的最大似然估计值、标准误、Wald χ^2 值及其 P 值。由 P 值可知, 变量 UI 的作用尚未达到具有统计学意义的水平, 前 3 个变量的作用都有统计学意义。最后一列是条件 OR, 它等于 $\exp(\text{参数估计值})$, 如 HT 的估计值为 1.749 09, 则其 OR 值为 $\exp(1.749 09)=5.749$ 。如果某预后因素的危险比大于 1 (如 UI 的 OR=2.423), 该因素取得一个正增量时, OR 值就在原来基础上扩大 2.419 倍; 如果某预后因素的危险比小于 1 (如 LWT 的 OR=0.967), 该因素取得一个正增量时, OR 值就减少到原来的 0.967。

Analysis of maximum likelihood estimates

Parameter	df	Parameter estimate	Standard error	Chi-square	Pr>ChiSq	Hazard ratio
LWT	1	-0.033 11	0.015 58	4.516 4	0.033 6	0.967
Smoke	1	0.806 99	0.367 99	4.809 1	0.028 3	2.241
HT	1	1.749 09	0.738 34	5.611 9	0.017 8	5.749
UI	1	0.884 83	0.480 31	3.393 7	0.065 4	2.423

由以上结果可以得出结论, 是否患高血压和是否吸烟是生出轻体质量婴儿的危险因素, 也就是说如果孕妇有高血压病或有吸烟的习惯, 就更易于生出轻体质量的婴儿。其中高血压的影响最大, 它是没有患高血压妇女生出轻体质量婴儿危险的 5.749 倍。

5 结 语

以上就如何运用 SAS 软件对 1:1, 1:r, m:n 配对设计定性资料进行分析作了论述, 从上述几个例子可以看出, 对这类资料进行分析主要是运用

SAS 软件中的 phreg 过程。在进行设计时, 需要注意的是对于配对本质的理解。也就是说, 配对设计可以消除某些混杂因素对结果的影响, 但是配对的因素并不是随意选择, 其效果也并不是一定比非配对设计要好^[4]。当配对的因素确实为影响观察结果的重要非试验因素时, 则配对可以使研究产生更加准确的结果, 但是若配对的因素对结果影响不大, 而是随意选择的, 那么将会降低研究结果的准确性, 这时可以采用非配对设计所对应的统计分析方法对资料进行分析。所以把对观察结果有重要影响的非试验因素全部找出来并依据他们形成复合型配对条件

是配对设计成败的关键所在。

REFERENCES

- 1 Lawal HB. Categorical data analysis with SAS and SPSS applications. London: Lawrence Erlbaum Associates, Inc. 2003: 332.
- 2 SAS Institute Inc. SAS/Stat 9.2 user's guide. Cary, NC: SAS Institute Inc. 2008: 5364.
- 3 Hu LP. Applied course of statistical analysis by Windows 6.12 & 8.0. Beijing: Press of Military Medical Sciences. 2001: 355-362. Chinese.
- 4 Vittinghoff E, Glidden D, Shiboski SC, McCulloch CE. Regression methods in biostatistics: linear, logistic, survival, and repeated measures models. New York: Springer. 2005: 188.

第十一次全国中西医结合防治呼吸系统疾病学术研讨会征文通知

由中国中西医结合学会呼吸病专业委员会主办、中国中医科学院广安门医院承办的“第十一次全国中西医结合防治呼吸系统疾病学术研讨会暨全国呼吸病中西医结合研究高级进修班”定于 2010 年 10 月底在北京召开。会议主题突出“临床实用”。届时将邀请呼吸内科领域的名老中医及北京协和医院、北大医院等单位的著名专家进行学术讲座,交流中医、中西医结合防治呼吸系统疾病的基础理论、临床治疗经验和最新进展。现将会议征文事宜通知如下。

1 征文内容 肺部感染、哮喘、慢性阻塞性肺疾病、弥漫性肺间质疾病、肺血管病、呼吸睡眠暂停综合征、肺动脉血栓栓塞症、胸膜和纵隔疾病及其他呼吸疾病的临床治疗经验、综合防治策略或基础研究等方面的文章,呼吸系统少见病、疑难病中西医结合诊治的临床报道,临床治疗上述疾病的名老中医专家经验总结及介绍等。

2 征文要求 论文须尚未公开发表,字数不超过 3 000 字,摘要不超过 300 字;注明作者姓名、工作单位、通讯地址、邮政编码及第一作者的电子邮箱及联系电话;论文格式为 Word 文本,标题黑体 3 号字,内容宋体 5 号字。

3 截稿日期 2010 年 8 月 31 日。

4 联系方式 联系人:边永君,刘志国,吴若菡;联系电话:010-88001444;投稿邮箱:hxn timer@163.com, hxn timer2010@sina.com。

中国中西医结合学会