|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **Formula** | **Term** | **Statistic?** | **Comments?** |
|  | *Sensitivity* | **Frequency of T among MT**  Probability of being T for MT  *Conditional probability of correctly indentifying the MT by T ??? НЕТ!  Это****Probability to find T morphotype among MT (P\_T|MT)*** | From the frequency of morphotypes among  MT and ME, one can derive *sensitivity* and *specificity*.  **Statistics measures the discriminatory value of the morphotypes:**  **Неее!**  *Sensitivity* evaluates how good the T is at detecting a MT;  ***Sensitivity* evaluates how strongly associated   T-morphtype with  MT - genotype**;    *Specificity* estimates how likely ME can be correctly ruled out .  ***Specificity* estimates how likely the absence of T-morphotype could be considered as the evidence of ME-genotype**. OR  **how strongly associated  E-morphtype with  ME - genotype**;  In ideal case of stable association between genotype and morphotype these statistics are independent **on the structure**of  the population of interest – про эту формулировку ещё думать надо |
|  | *Specificity* | **Frequency of E among ME**  Probability of being E for ME  *Conditional probability of correctly identifying the ME by E ???*  ***Probability to find E among ME (P\_E|ME)*** |
|  | *Positive predictive value (PPV)* | **Frequency of MT among T**  Probability of being MT for T, **а вот это как раз *Conditional probability of correctly indentifying the MT by T (P\_MT|T)*** | These two statistics are influenced by the prior prevalence of MT in population. PPV is elevated with a higher prevalence of MT while the NPV decreases with a higher prevalence.  **Это правильно!**  OR  PPV and NVP are 1) dependent on the taxonomic structure of a sample, 2) negatively correlated. Roughly speaking, in pure ME population rare mussels with T-morphotypes would be 100% ME, and vice versa. |
|  | *Negative predictive value (NPV)* | **Frequency of ME among E**  Probability of being ME for E  ***Conditional probability of correctly indentifying the ME by E (P\_ME|E)*** |
|  | *Prevalence* | **Frequency of MT among total sample**  Probability of being MT for total sample | Statistic reflects the taxonomic structure of a sample.  Сюда ещё можно писать что-то про теорему Байеса, если нужно, и ниже формулы давать **Это как раз в предыдущую часть про PPV** |
|  | *Accuracy* | **Frequency of correct test results (MT with T and ME with E)?? among total sample** | Statistic measures how correct a test (morphotype) identifies and excludes a genotype.  **Вот здесь как раз и надо сказать, что одним из методов оценки Accuracy и является AUC (в иранской статье про это и написано, там дается еще два метода оценки Accuracy).** |
|  | *Positive likelihood ratio (LR+)* | **Ratio between the frequency of T among MT and the frequency of T among ME** | The conventional diagnostic test indexes (sensitivity and specificity) can be combined into a single index as likelihood ratio.  The *LR* is ranged from 0 to infinity.  **Я бы вообще не плодил этой сущности. Это ведь по сути своей Стрелковские бублики. Можно просто вривести два бублика и ничего про это не писать.**  The higher value of *LR+* has a greater information value for diagnostic test.  The lower (i.e close to 0) *LR-* has a greater information values of a negative test. The larger value of *LR-* has lower information values. |
|  | *Negative likelihood ratio (LR-)* | **Ratio between the frequency of E among MT and the frequency of E among ME** |