

## Методы биометрического анализа.

В работе применялись следующие методы биометрического анализа: анализ таблиц сопряженности, дисперсионный анализ, корреляционный анализ и логистическая регрессия (Бикел П., Доксам., К., 1983; Леонов В.П., 1990, Гланц С., 1999; Сергиенко В.И., Бондарева И.Б., 2000). При анализе таблиц сопряженности оценивались значения статистики Пирсона Хи-квадрат ( $\chi^2$ ), число степеней свободы (df), достигнутый уровень значимости (p) и фи-коэффициент - показатель силы связи ( $\phi$ ). Для определения вклада отдельных клеток таблицы в связь двух качественных признаков, оценивались вклады  $\Delta\chi_{ij}^2$  данных клеток в итоговое значение статистики Пирсона  $\chi^2$ . Когда по результатам дисперсионного анализа отвергалась гипотеза равенства групповых средних, и число групп было более двух, проводилось попарное сравнение групп с помощью контрастов Шеффе. Это позволяло установить те пары групп, которые приводили к отвержению гипотезы равенства всех групповых средних. Корреляционный анализ проводился как для всей группы пациентов, так и в отдельных подгруппах. Учитывая, что ряд показателей не имел нормального распределения, использовался ранговый коэффициент корреляции Спирмэна.

Метод логистической регрессии позволяет оценивать параметры уравнения регрессии, с помощью которого производится прогноз вероятности принадлежности конкретного объекта к тому или иному состоянию. Состояние объекта описывается дискретным качественным признаком, чаще всего относящимся к ранговой шкале. В качестве признаков предикторов выступают номинальные, ранговые или же количественные признаки. Метод используется для прогноза вероятности принадлежности изучаемых объектов как для случая дихотомических зависимых признаков, так и для тех случаев, когда число градаций этого признака более двух. Основная сложность в

использовании этого метода - его трудоемкость, поскольку уже для набора предикторов в количестве 1-2 десятков возникает множество вариантов уравнений регрессии. Вклад отдельных предикторов отражается величиной статистики Вальда  $\chi^2$  (Wald Chi-Square) а также величиной стандартизованного коэффициента регрессии (Standardized Estimate). Вероятность отнесения отдельного пациента к первой градации дихотомического признака АГ вычисляли исходя из уравнения регрессии. В качестве показателя согласия реального распределения наблюдений по отдельным градациям признака АГ и прогноза использовался процент правильной переклассификации на основе уравнения логистической регрессии (Concordant), а также величина коэффициента D-Зоммера (Somers'D). Общая оценка согласия модели и реальных данных оценивалась с использованием теста Хосмера-Лемешова (Hosmer and Lemeshow Goodness-of-Fit Test). При оценке уравнений регрессии использовался метод пошагового включения предикторов, который ранжирует признаки в соответствии с их вкладом в модель. Уровень значимости для включения (исключения) предикторов в уравнение регрессии задавался таким, чтобы достигнутый уровень значимости статистики Вальда  $\chi^2$  ( $Pr > Chi-Square$ ) для каждого предиктора по окончании пошаговой процедуры не превышал 10%. В тех случаях, когда достигнутый уровень значимости для свободного члена  $\beta_0$  (INTERCPT) в уравнении регрессии превышал 5%, производилась повторная оценка уравнения регрессии без включения  $\beta_0$ .

Для всех видов анализа критический уровень значимости для статистических критериев принимался равным 0,05.

Анализ данных проводился в центре «БИОСТАТИСТИКА» с использованием статистических пакетов SAS 8, SPSS 11, NCSS-2000.