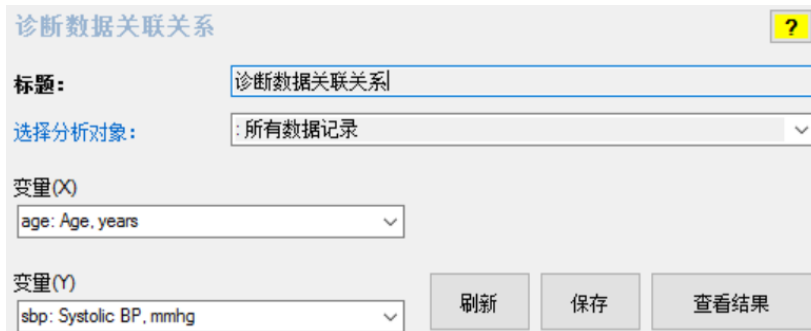


诊断数据关联关系

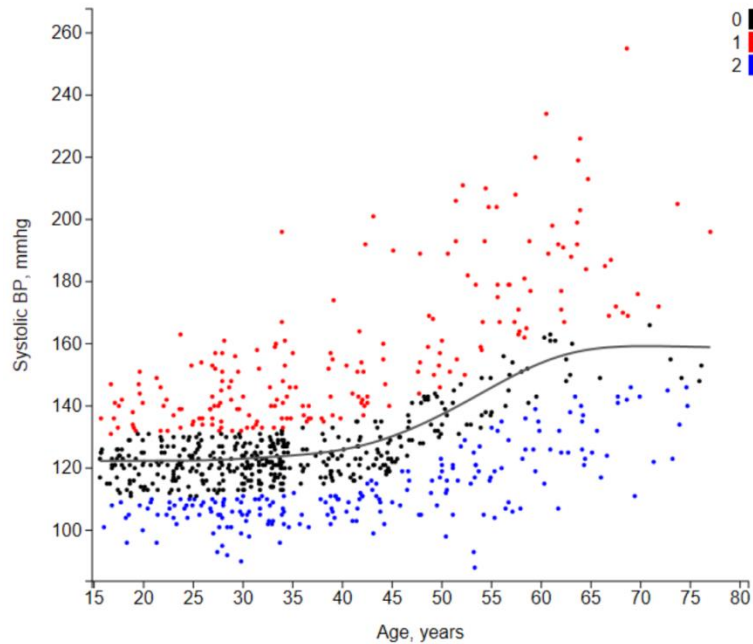
运用该模块，分析人员只需给出想要研究的一个 Y，结果就会输出数据库中与 Y 有关的所有变量；如果同时还给出了一个 X，结果输出的是在曲线拟合调整了 X 后，还有那些因素与 Y 有关。

该模块输出 X 与 Y 的散点与曲线拟合图，进行可视化数据分析，即可直接在图形上重新圈出研究对象，进行分组比较，挖掘潜在的有科研价值的信息。

例 1. 打开易侓软件自带的练习项目“demo”，调用数据分析菜单下的“诊断数据关联关系”模块。选择变量(X)为 age；选择变量(Y)为 SBP，如下图所示，点击“查看结果”。



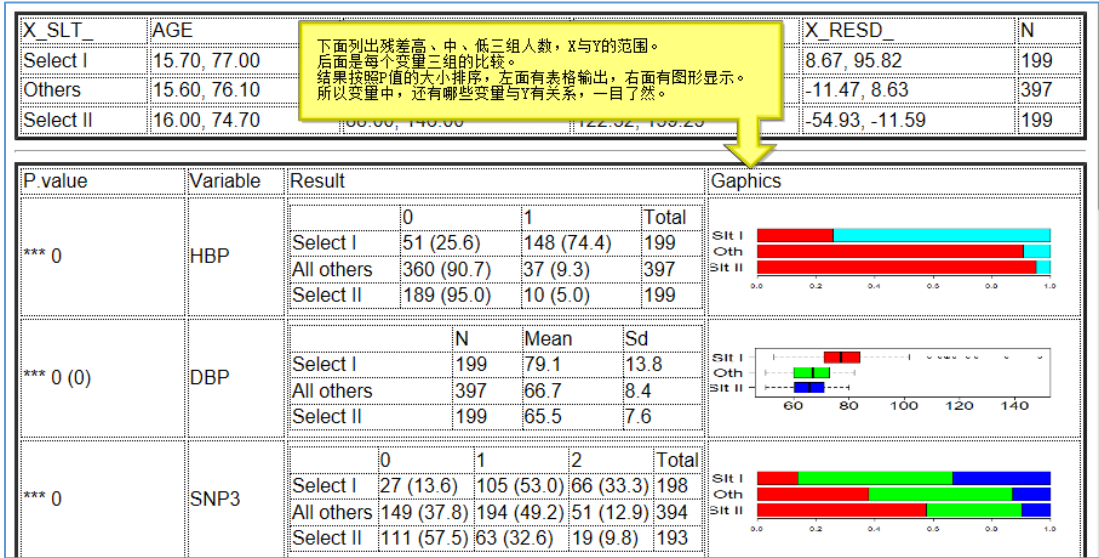
结果如下图所示。这是两变量的散点加曲线拟合图，散点分成红、黑、兰三种颜色，分别表示 Y 的残差高、中、低三组。通过点击图形操作菜单切换到“残差散点图”可以更清楚地查看残差图。



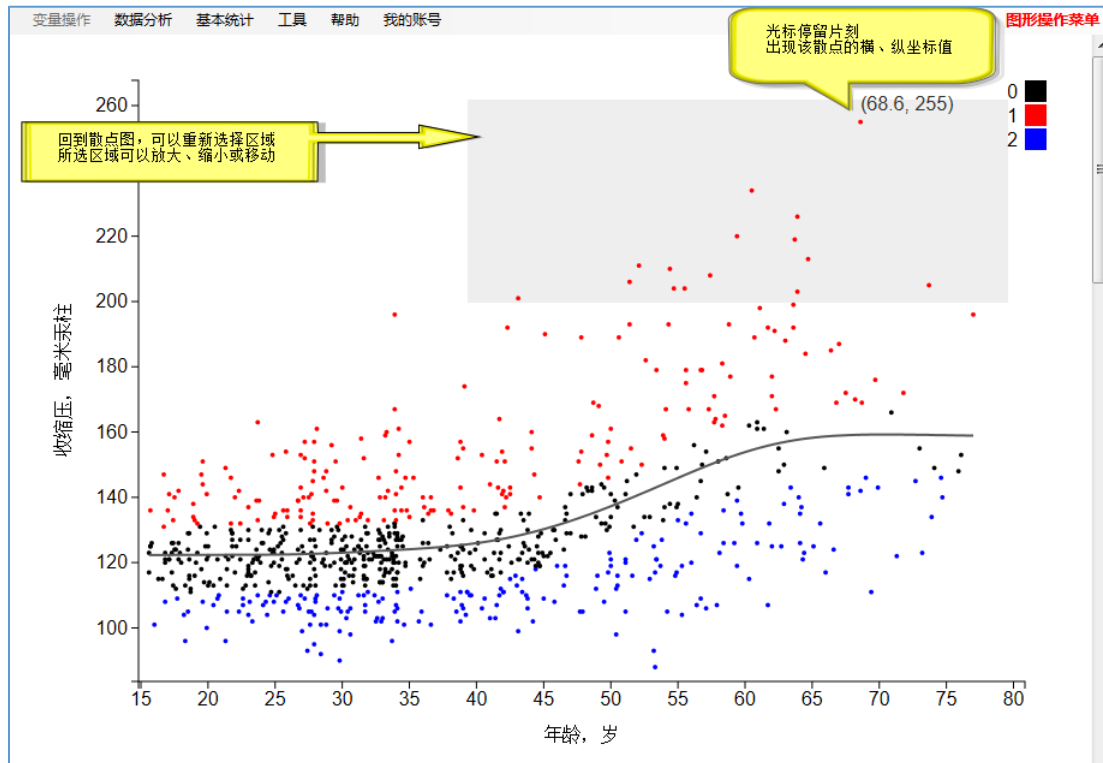
散点图的下方列出残差高、中、低三组人数，及其对应的 X 值与 Y 值的范围。对这三组之间的比较，可以发现在调整了 X 的作用后，还有哪些变量与 Y 有关。模块自动输出了每个变量三组间的比较的结果，如下图所示。

比较的结果按照 P 值排序，不仅有表格输出，而且有图形显示，所有其它变量中，哪些因

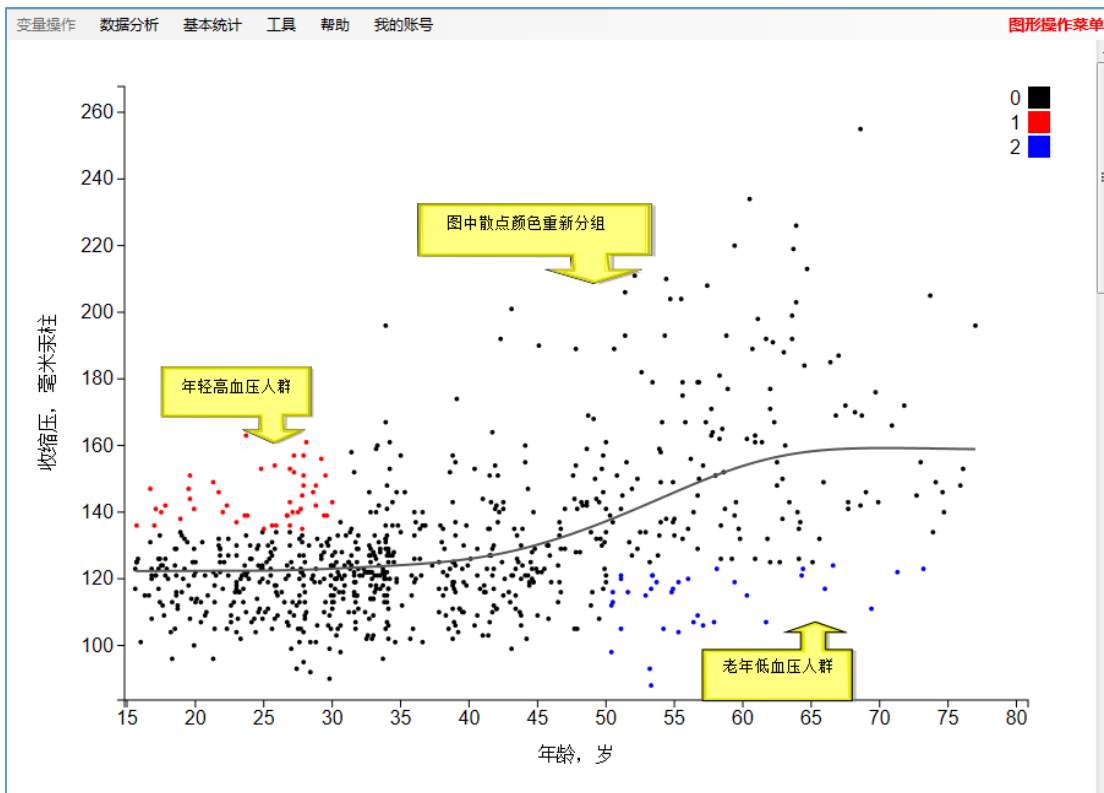
素与 Y 有关，一目了然。



在散点图上，可以重新选择区域，并点击图形操作菜单，定义所选区域内的观察对象为第 I 组或第 II 组，然后点击更新图形，重新进行组间比较。



如把人群分成年轻的高血压组、年老的低血压组、其他人归为一组，比较这三组间有哪些差异。操作步骤如下：选取年轻高血压的数据点，点击图形操作菜单，保存为组 I，然后选取年老低血压的数据点，保存为组 II，并更新图形，得出新的三组间所有其它变量逐一比较的结果，如下图所示。



下面是新的三组所有其他变量的逐一比较结果

X_SLT_	AGE	SBP	X_PRED_	X_RESD_	N
Select I	15.70, 30.00	135.00, 163.00	122.31, 123.05	12.29, 40.59	48
Others	15.60, 77.00	90.00, 255.00	122.31, 159.26	-33.30, 95.82	711
Select II	50.40, 73.20	88.00, 124.00	137.93, 159.25	-54.93, -18.10	36

P.value	Variable	Result	Graphics																
*** 0 (0)	FEV1	<table border="1"> <thead> <tr> <th></th> <th>N</th> <th>Mean</th> <th>Sd</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Select I</td> <td>44</td> <td>4.4</td> <td>1</td> </tr> <tr> <td>All others</td> <td>646</td> <td>3.4</td> <td>1.1</td> </tr> <tr> <td>Select II</td> <td>34</td> <td>2.2</td> <td>1</td> </tr> </tbody> </table>		N	Mean	Sd	Select I	44	4.4	1	All others	646	3.4	1.1	Select II	34	2.2	1	
	N	Mean	Sd																
Select I	44	4.4	1																
All others	646	3.4	1.1																
Select II	34	2.2	1																
*** 0 (0)	NID	<table border="1"> <thead> <tr> <th></th> <th>N</th> <th>Mean</th> <th>Sd</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Select I</td> <td>48</td> <td>12</td> <td>0.9</td> </tr> <tr> <td>All others</td> <td>711</td> <td>7.3</td> <td>5.5</td> </tr> <tr> <td>Select II</td> <td>36</td> <td>1.8</td> <td>2.3</td> </tr> </tbody> </table>		N	Mean	Sd	Select I	48	12	0.9	All others	711	7.3	5.5	Select II	36	1.8	2.3	
	N	Mean	Sd																
Select I	48	12	0.9																
All others	711	7.3	5.5																
Select II	36	1.8	2.3																
*** 0	HBP	<table border="1"> <thead> <tr> <th></th> <th>0</th> <th>1</th> <th>Total</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Select I</td> <td>15 (31.2)</td> <td>33 (68.8)</td> <td>48</td> </tr> <tr> <td>All others</td> <td>549 (77.2)</td> <td>162 (22.8)</td> <td>711</td> </tr> <tr> <td>Select II</td> <td>36 (100.0)</td> <td>0 (0.0)</td> <td>36</td> </tr> </tbody> </table>		0	1	Total	Select I	15 (31.2)	33 (68.8)	48	All others	549 (77.2)	162 (22.8)	711	Select II	36 (100.0)	0 (0.0)	36	
	0	1	Total																
Select I	15 (31.2)	33 (68.8)	48																
All others	549 (77.2)	162 (22.8)	711																
Select II	36 (100.0)	0 (0.0)	36																
*** 0 (0)	FVC	<table border="1"> <thead> <tr> <th></th> <th>N</th> <th>Mean</th> <th>Sd</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Select I</td> <td>44</td> <td>5.4</td> <td>1.1</td> </tr> <tr> <td>All others</td> <td>646</td> <td>4.5</td> <td>1.1</td> </tr> </tbody> </table>		N	Mean	Sd	Select I	44	5.4	1.1	All others	646	4.5	1.1					
	N	Mean	Sd																
Select I	44	5.4	1.1																
All others	646	4.5	1.1																

该模块也适用于单个变量 (Y)，扫描出哪些变量与 Y 的高、中、低有关。因为没有给出 X 变量，与上面所述不同的是没有调整 X 的作用。

该模块也适用于分类变量，如下图显示咳嗽与三种某 SNP 的三种基因型的分布图，原点的

直径反映分组频数的相对高低，同样也可以重新选点、分组比较。

