
诊断试验的meta分析

作者：王晓晓，赵一鸣 来源：临床流行病学和循证医学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/statistics/1404.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

在诊断试验中，通过金标准诊断为患者和非患者，采用某种试验方法诊断为阳性或阴性，列成四格表的形式，计算相关指标评价该试验方法的价值。单个诊断试验中，常用灵敏度、特异度、似然比、预测值等评价诊断试验的价值。

除上述我们熟悉的指标外，我们需要了解下列指标：

诊断优势比(DOR)

=真阳性*真阴性/(假阳性*假阴性)，主要用于诊断试验meta分析中，作为meta分析合并时每个诊断试验权重的依据。

SROC曲线

是根据单个诊断试验中的诊断优势比的权重，绘制的集成ROC曲线。从SROC曲线上可以得到每一个研究的灵敏度和特异度，在存在阈值效应时，该方法最适合。在绘制SROC曲线的基础上，可计算SROC曲线下面积以及Q指数。Q指数为在SROC曲线上，灵敏度=特异度，且最靠近左上角的坐标。

接下来，我们看看诊断试验meta分析的步骤。

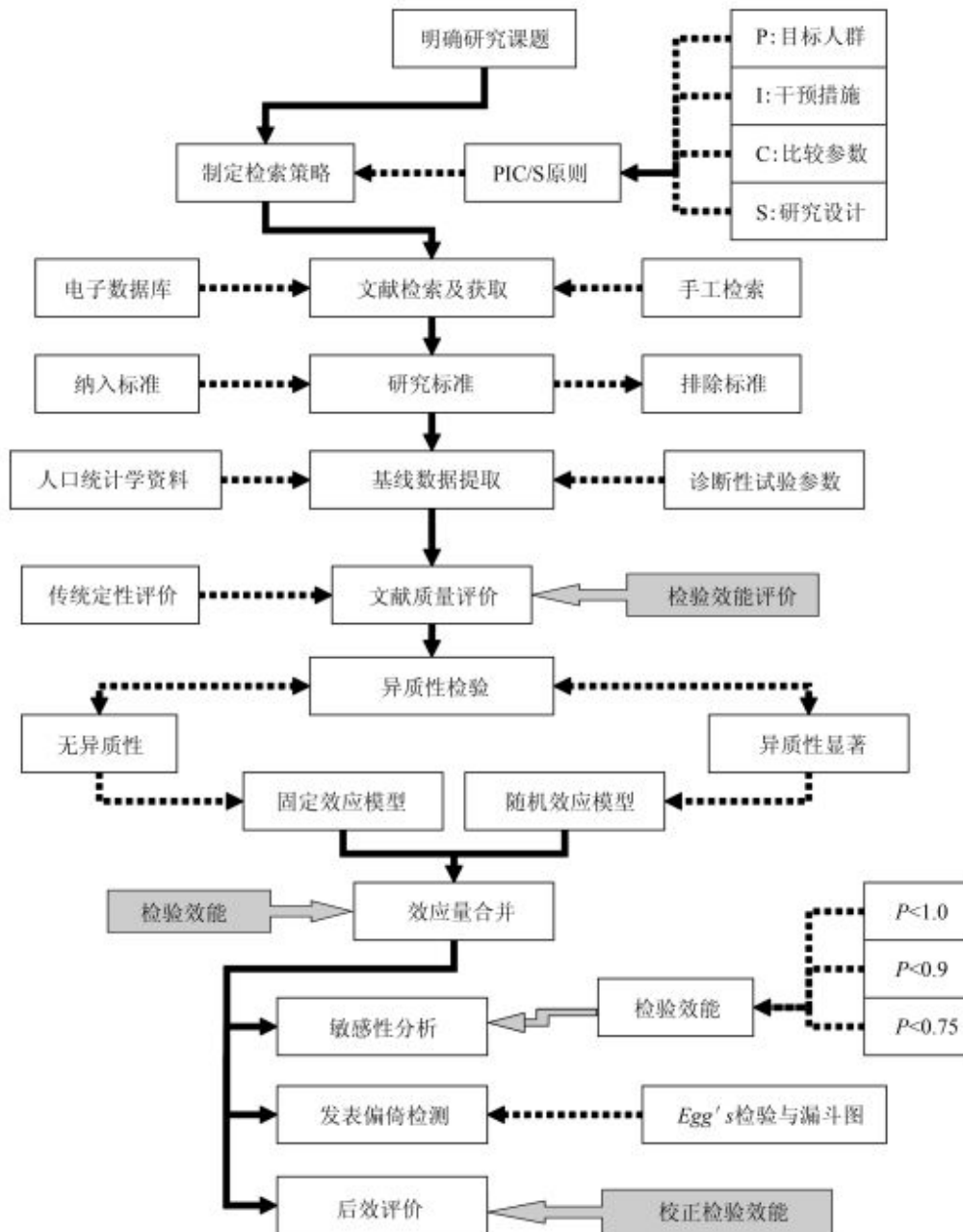


图1 基于检验效能的诊断性试验 Meta 分析及系统评价方法的流程

与其他类型的meta分析不同的是，诊断试验meta分析中，阈值效应是异质性的重要来源。阈值效应是因为单个诊断试验中采用不同的诊断界值引起的。当存在阈值效应时，随着灵敏度的增加，特异度逐渐减小，反之亦然。

我们常通过计算灵敏度与特异度的Spearman相关系数探讨阈值效应，二者之间若存在强负相关则提示存在阈值效应。但需要注意的是，灵敏度与特异度的相关并不一定都是由阈值效应引起。

当不存在阈值效应时，可以直接合并灵敏度、特异度等单一评价指标;当存在阈值效应时，应采用SROC曲线法，计算SROC曲线下面积和Q指数。

目前，可用来进行诊断试验meta分析的软件有RevMan、meta-DiSc、Stata、R软件等。今天，我们

以R软件的meta4diag程序包为例，演示下如何做诊断试验的meta分析。

meta4diag程序包的功能是基于INLA实现的，因此在使用时还需同时安装相关程序包，即INLA程序包和sp程序包，程序如下：

(1)下载程序包，若运行出错，可通过R/RStudio的工具栏，手动安装。

```
install.packages("meta4diag")
```

```
install.packages("INLA", repos="http://www.math.ntnu.no/inla/R/testing")
```

(2)加载程序包。library(meta4diag);library(INLA)。

(3)读取数据。mydata<-read.csv(file.choose())。数据至少应包括studynames，真阳性例数TP、假阴性例数FN、真阴性例数TN、假阳性例数FP。

studynames	TP	FN	TN	FP
Zhou 2008	8	1	16	2
Zhao 2000	14	2	9	2
Zhang 2001	29	3	60	10
Wang 2001	40	4	31	4
Sun 2008	4	2	27	7
Qian 2005	6	3	44	9
Li 2003	11	4	33	2

(4)整理数据。需要将录入的数据整理成函数要求的格式，这个不用担心，直接运行下列程序即可。将res<-meta4diag(mydata)中的mydata改成您自己的数据即可。

```
if(requireNamespace("INLA", quietly = TRUE)){
```

```
  require("INLA", quietly = TRUE)
```

```
  res <- meta4diag(mydata)
```

```
}
```

(5)探讨阈值效应。计算灵敏度(真阳性)与特异度(真阴性的)Spearman相关系数，若二者之间Spearman相关系数呈现强负相关，且 $p < 0.05$ ，提示存在阈值效应，则不适合合并灵敏度、特异度等，而应该拟合SROC曲线。cor.test(mydata\$TP,mydata\$TN,method = "spearman")。

(6)绘制森林图。可通过accuracy.type选择绘制哪个指标的森林图，如

"sens", "spec", 分别代表灵敏度、特异度。

```
forest(res, accuracy.type = "sens");forest(res, accuracy.type = "spec")。
```

(7)绘制SROC曲线，计算其曲线下面积。

```
SROC(res, est.type="mean");AUC(res,est.type="mean")。
```

诊断试验meta分析流程图

引自：刘鸿, 周洁, 冯巧灵,

顾海涛,基于检验效能的诊断性试验Meta分析及系统评价方法《转化医学杂志》2015年1期。

复制下列程序至R或RStudio软件，按要求整理数据，选择存储数据的路径即可。

#下载程序包

```
install.packages("meta4diag")
```

```
install.packages("INLA", repos="http://www.math.ntnu.no/inla/R/testing")
```

#加载程序包

```
library(meta4diag)
```

```
library(INLA)
```

#读取数据

```
mydata<-read.csv(file.choose())
```

```
mydata
```

#数据整理

```
if(requireNamespace("INLA", quietly = TRUE)){
```

```
require("INLA", quietly = TRUE)
```

```
res <- meta4diag(mydata)
```

```
}
```

#探讨阈值效应

```
cor.test(mydata$TP,mydata$TN,method = "spearman")
```

```
#绘制森林图
```

```
forest(res, accuracy.type = "sens")
```

```
forest(res, accuracy.type = "spec")
```

```
#拟合SROC曲线，计算其曲线下面积
```

```
SROC(res, est.type="mean")
```

```
AUC(res,est.type="mean")
```

更多 统计方法 请访问 <https://www.iikx.com/news/statistics/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](http://www.iikx.com)转发