累积meta分析原理以及软件的实现

作者：Doctor J 来源：临床科研与meta分析

本文原地址：https://www.iikx.com/news/statistics/5749.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！

累积Meta分析

是指各原始研究按照某个变量的变化依次引人Meta分析过程的一种独特的显示方法。类似于序贯分析，但又有所不同。累积变量最常见的模式是按照年代顺序排列.此时结果会显示证据是如何随时间累积而变化的。当然，单个原始研究也可以按照其它变量(如样本量大小、研究质量等)进行排序，逐步引人Meta分析。如果研究者采用研究质量进行累积分析，结果将会显示效应是如何随着低质量研究增加而变化的，同样，如果采用样本量大小排序进行累积分析，潜在的发表偏倚将会被显示。

CMA软件简介

CMA(comprehensive meta.analvsis)是专门用于Meta分析的商业软件(网址www.meta-analysis.com)，由Borenstein等开发，2007年推出Version2.0以上版本.目前已经推出Version3.0版本。该软件界面友好，操作简单，可以导人100多种数据结构，可以定制绘制森林图，美观且分辨率高，能够实现亚组分析、Meta回归和累积Meta分析等高级统计分析功能。

实例分析

资料背景

Lau等研究者在1992年发表了链激酶对预防心肌梗死影响的系统综述，该系统综述合成了33个原始研究的数据，研究时间跨度达29年之久。标准的Meta分析结果显示每一行代表某个原始研究的结果，直至第31行。累积Meta分析从图中仍然能看到33个研究，但是每一行的结果并不是对应于该研究的分析数据，而是基于这一行之前研究(包含本行研究)的Meta分析的合并效应。显然随着年代的增长，森林图显示的效应趋于稳定，可信区间越来越窄，这是因为样本量的增加。

CMA软件实现建立如图1所示的数据集文件，点击Analvses菜单，即执行标准的Meta分析，然后选择再点击Cumulative Analvsis选项即可完成累积Meta分析。下面我们选择了22个研究作示例介绍，Meta分析和累积Meta分析结果如图2、图3和图4所示。

File Edit Format View Insert Identity Tools Computational options Analyses Help

Run analyses

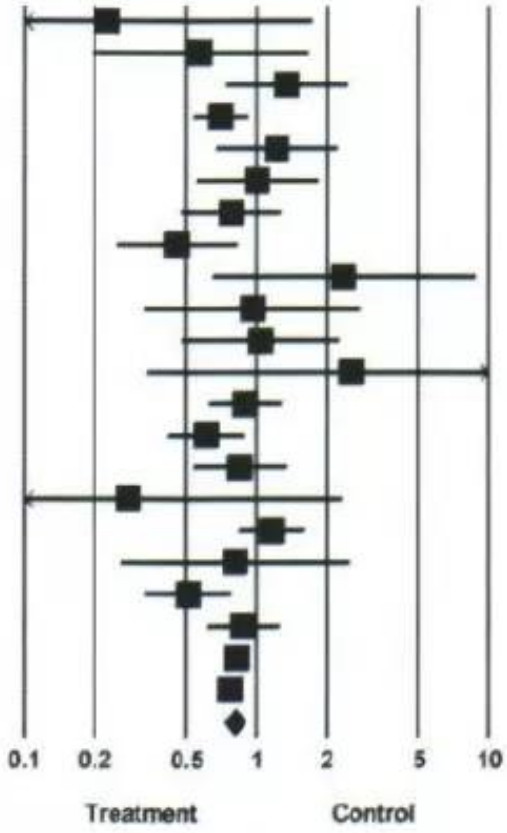
	Study name	Time point	Treatment Events	Treatment Total N	Control Events	Control Total N	Risk ratio	Log risk ratio	Std Err	Variance
1	Fletcher	1959	1	12	4	11	0.229	-1.473	1.037	1.076
2	Dewar	1963	4	21	7	21	0.571	-0.560	0.546	0.298
3	1st European	1969	20	83	15	84	1.349	0.300	0.304	0.093
4	2nd European	1971	69	373	94	357	0.703	-0.353	0.140	0.020
5	Heikinheimo	1971	22	219	17	207	1.223	0.201	0.308	0.095
6	Italian	1971	19	164	18	157	1.011	0.010	0.309	0.096
7	1st Australian	1973	26	264	32	253	0.779	-0.250	0.249	0.062
8	2nd Frankfurt	1973	13	102	29	104	0.457	-0.783	0.303	0.092
9	NHLBI SMIT	1974	7	53	3	54	2.377	0.866	0.662	0.439
10	Frank	1975	6	55	6	53	0.964	-0.037	0.544	0.296
11	Valere	1975	11	49	9	42	1.048	0.047	0.397	0.158
12	Klein	1976	4	14	1	9	2.571	0.944	1.033	1.067
13	UK Collab	1976	48	302	52	293	0.896	-0.110	0.183	0.033
14	Austrian	1977	37	352	65	376	0.608	-0.498	0.192	0.037
15	2nd Australian	1977	25	112	31	118	0.850	-0.163	0.234	0.055
16	Lasierra	1977	1	13	3	11	0.282	-1.266	1.080	1.166
17	N Ger Collab	1977	63	249	51	234	1.161	0.149	0.165	0.027
18	Witchitz	1977	5	32	5	26	0.813	-0.208	0.575	0.330
19	3rd European	1979	25	156	50	159	0.510	-0.674	0.217	0.047
20	ISAM	1986	54	859	63	882	0.880	-0.128	0.179	0.032
21	GISSI-1	1986	628	5860	758	5852	0.827	-0.190	0.051	0.003
22	ISIS-2	1988	791	8592	1029	8595	0.769	-0.263	0.045	0.002

临床科研与meta分析

图 1　CMA 界面及数据录入窗口

爱科学
iikx.com

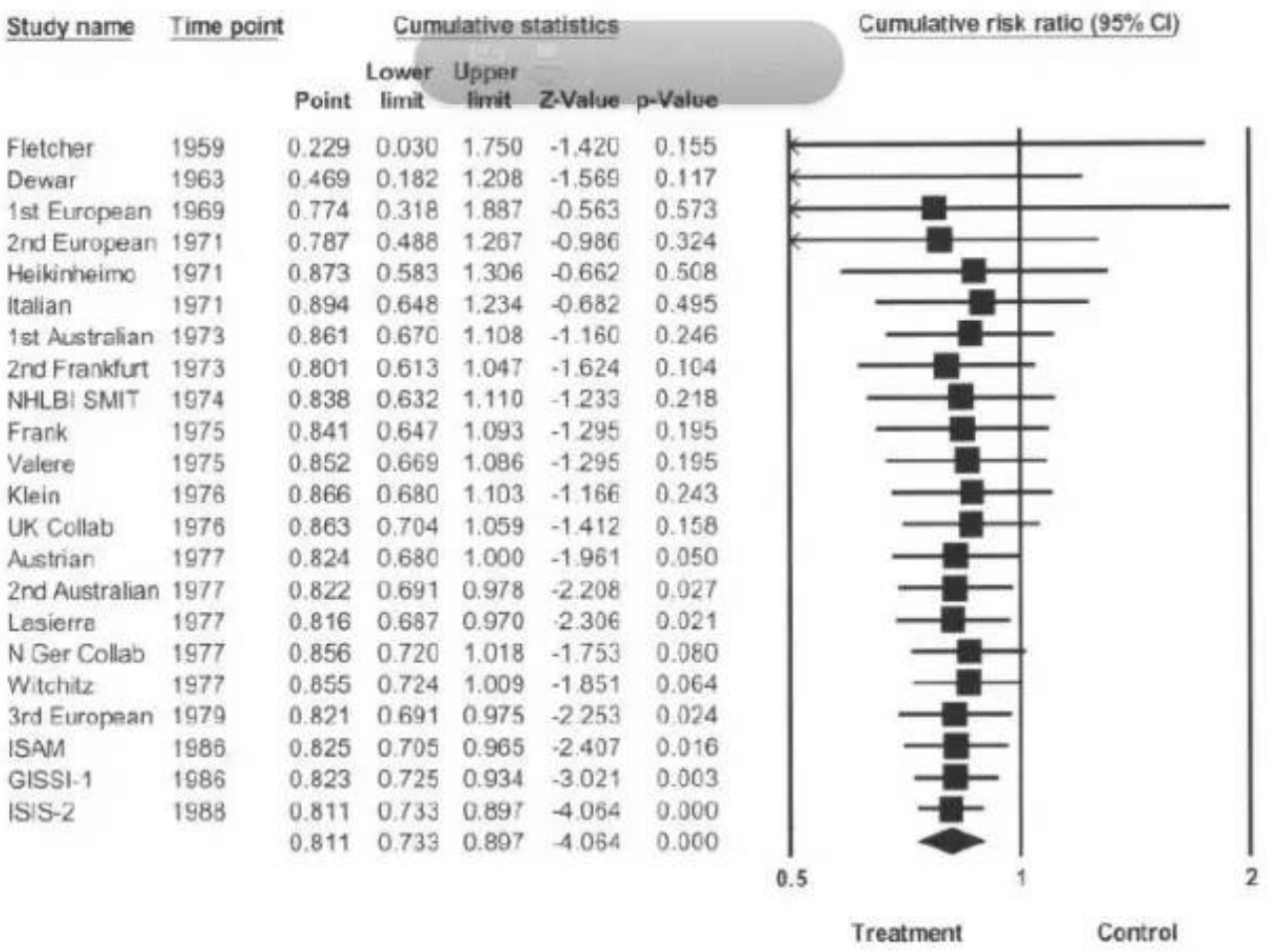
Study name	Time point	Risk ratio	Lower limit	Upper limit	Z-Value	p-Value
Fletcher	1959	0.229	0.030	1.750	-1.420	0.155
Dewar	1963	0.571	0.196	1.665	-1.026	0.305
1st European	1969	1.349	0.743	2.451	0.984	0.325
2nd European	1971	0.703	0.534	0.925	-2.519	0.012
Heikinheimo	1971	1.223	0.669	2.237	0.654	0.513
Italian	1971	1.011	0.551	1.853	0.034	0.973
1st Australian	1973	0.779	0.478	1.268	-1.005	0.315
2nd Frankfurt	1973	0.457	0.252	0.828	-2.581	0.010
NHLBI SMIT	1974	2.377	0.649	8.709	1.307	0.191
Frank	1975	0.964	0.332	2.801	-0.068	0.946
Valere	1975	1.048	0.481	2.282	0.117	0.907
Klein	1976	2.571	0.339	19.481	0.914	0.361
UK Collab	1976	0.896	0.626	1.281	-0.604	0.546
Austrian	1977	0.608	0.417	0.886	-2.590	0.010
2nd Australian	1977	0.850	0.537	1.345	-0.696	0.487
Lasierra	1977	0.282	0.034	2.340	-1.172	0.241
N Ger Collab	1977	1.161	0.840	1.604	0.905	0.366
Witchitz	1977	0.813	0.263	2.506	-0.361	0.718
3rd European	1979	0.510	0.333	0.780	-3.099	0.002
ISAM	1986	0.880	0.619	1.250	-0.713	0.476
GISSI-1	1986	0.827	0.749	0.914	-3.738	0.000
ISIS-2	1988	0.769	0.704	0.839	-5.869	0.000
		0.811	0.733	0.897	-4.064	0.000



公众号·临床科研与meta分析

图 2　链激酶预防心肌梗死的 22 个研究的 Meta 分析结果森林图

爱科学
iikx.com



Study name	Time point	Cumulative statistics				
		Point	Lower limit	Upper limit	Z-Value	p-Value
Fletcher	1959	0.229	0.030	1.750	-1.420	0.155
Dewar	1963	0.469	0.182	1.208	-1.569	0.117
1st European	1969	0.774	0.318	1.887	-0.563	0.573
2nd European	1971	0.787	0.488	1.267	-0.986	0.324
Heikinheimo	1971	0.873	0.583	1.306	-0.662	0.508
Italian	1971	0.894	0.648	1.234	-0.682	0.495
1st Australian	1973	0.861	0.670	1.108	-1.160	0.246
2nd Frankfurt	1973	0.801	0.613	1.047	-1.624	0.104
NHLBI SMIT	1974	0.838	0.632	1.110	-1.233	0.218
Frank	1975	0.841	0.647	1.093	-1.295	0.195
Valere	1975	0.852	0.669	1.086	-1.295	0.195
Klein	1976	0.866	0.680	1.103	-1.166	0.243
UK Collab	1976	0.863	0.704	1.059	-1.412	0.158
Austrian	1977	0.824	0.680	1.000	-1.961	0.050
2nd Australian	1977	0.822	0.691	0.978	-2.208	0.027
Lesierre	1977	0.816	0.687	0.970	-2.306	0.021
N Ger Collab	1977	0.856	0.720	1.018	-1.753	0.080
Witchitz	1977	0.855	0.724	1.009	-1.851	0.064
3rd European	1979	0.821	0.691	0.975	-2.253	0.024
ISAM	1986	0.825	0.705	0.965	-2.407	0.016
GISSI-1	1986	0.823	0.725	0.934	-3.021	0.003
ISIS-2	1988	0.811	0.733	0.897	-4.064	0.000
		0.811	0.733	0.897	-4.064	0.000

图 3　链激酶预防心肌梗死的 22 个研究的累积 Meta 分析结果森林图(年代为累积变量)

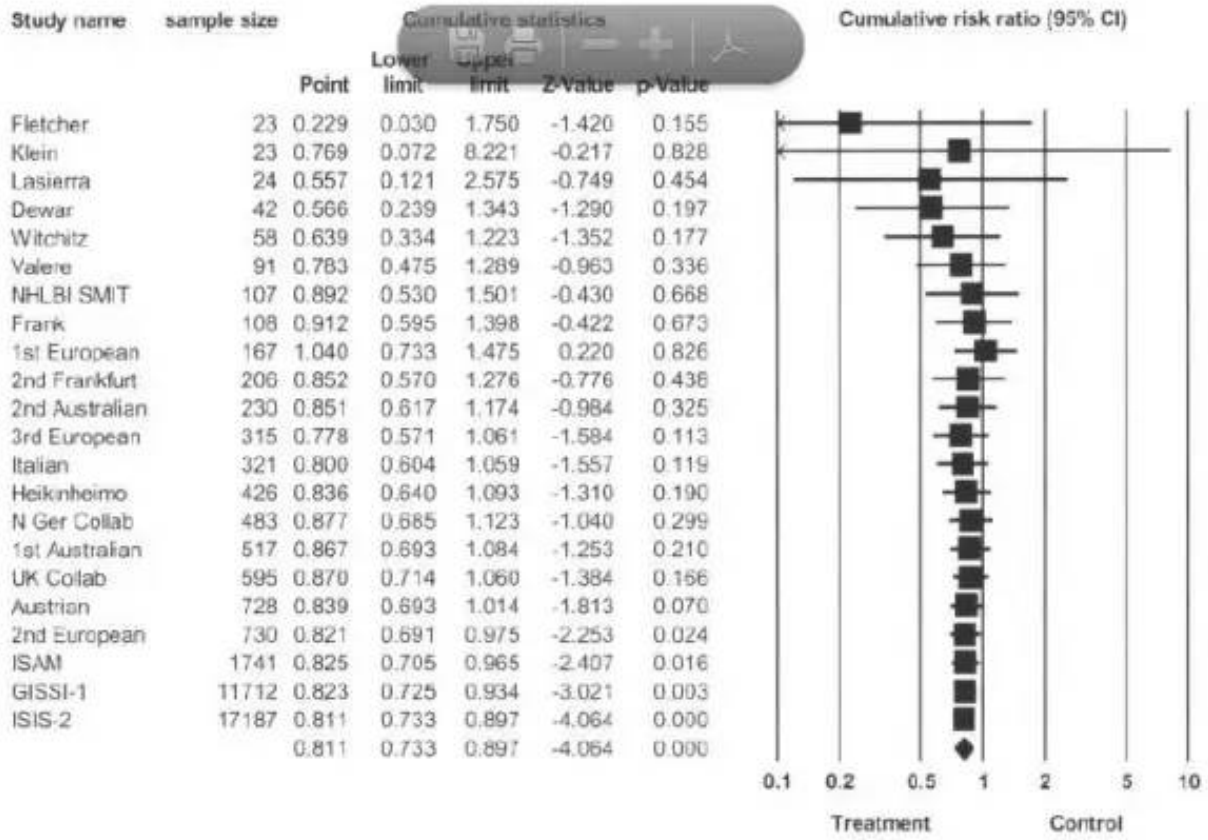


图 4　链激酶预防心肌梗死的 22 个研究的累积 Meta 分析结果森林图(样本量为累积变量)

结果解释

图2显示了链激酶预防心肌梗死导致死亡的22个研究的标准Meta分析结果.本研究采用随机效应模型。合并风险比为0.811(95%可信区间0.733—0.897)，P<0.000 1，支持链激酶预防心肌梗死，能降低19%的死亡风险。图3显示了22个研究随时间顺序累积的结果.时间跨度从1959年到1988年近30年，第15个研究开始显示证据出现了统计学差异，时间点是1977年，也就是说从1977年开始证据已说明该方法是有效的，提前了将近15年时间，也许该方法在当时如果得到及时的推广.可以避免更多的人死于心肌梗死。图4同样显示了各个独立研究随着样本量从小到大逐步累积的结果。森林图显示如一个正漏斗图，小的样本具有较大的可信区间，而大的样本量，则具有较小的可信区间.随着样本量的累积，可信区间不断变窄而趋于稳定。值得注意的是.标准Meta分析结果的每一行显示了各个研究的风险值和可信区间，而累积Meta分析则显示了当前所有累积分析的整合结果。

李国春. 累积Meta分析方法的应用及CMA软件的实现[J]. 循证医学, 2015, (04):247-251.

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转发