
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入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，逐步引入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.analysis)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，可以导入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 Ident 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	Valerie	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

图 1 CMA 界面及数据录入窗口

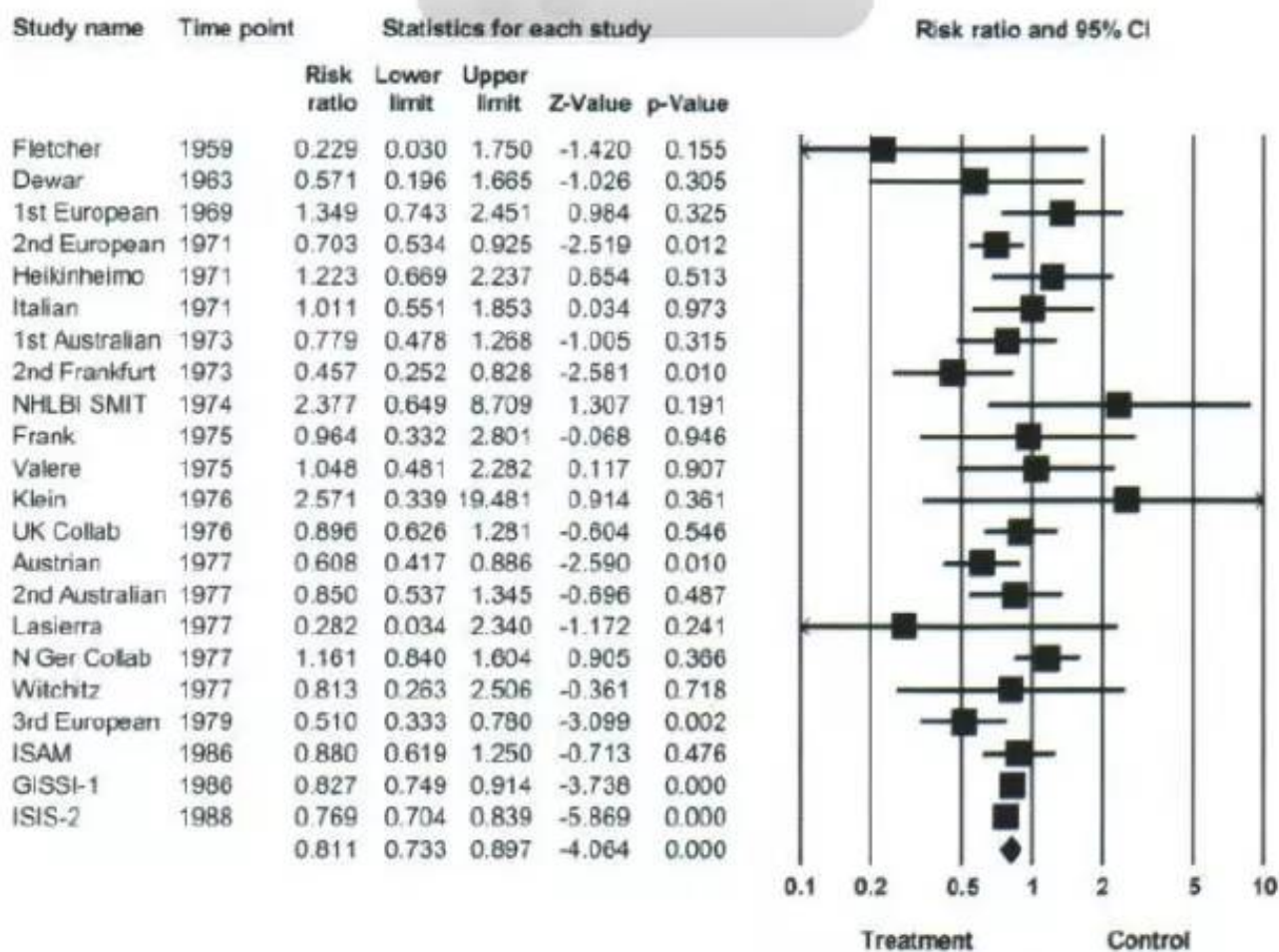


图2 链激酶预防心肌梗死的22个研究的Meta分析结果森林图

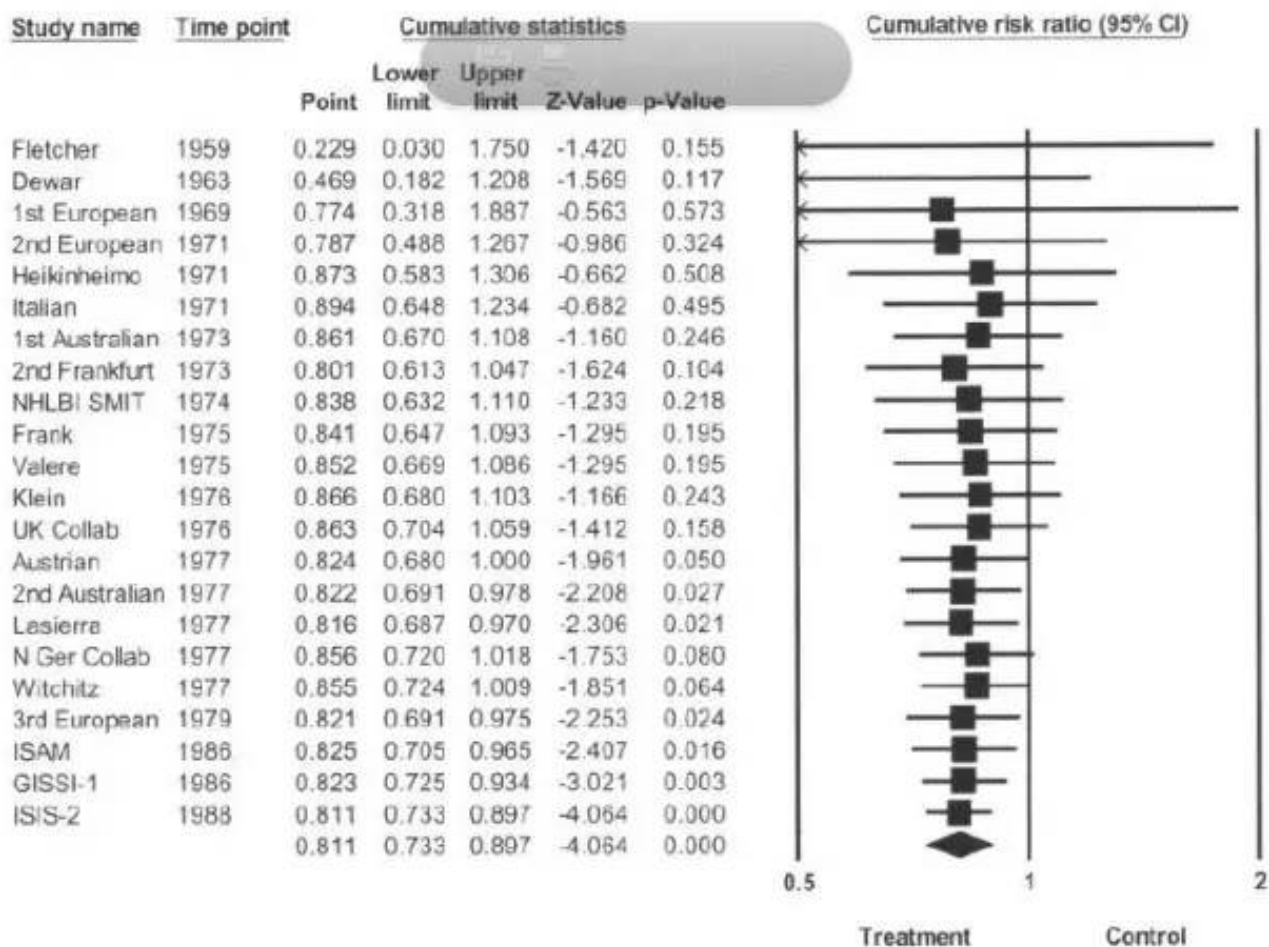


图3 链激酶预防心肌梗死的22个研究的累积Meta分析结果森林图(年代为累积变量)

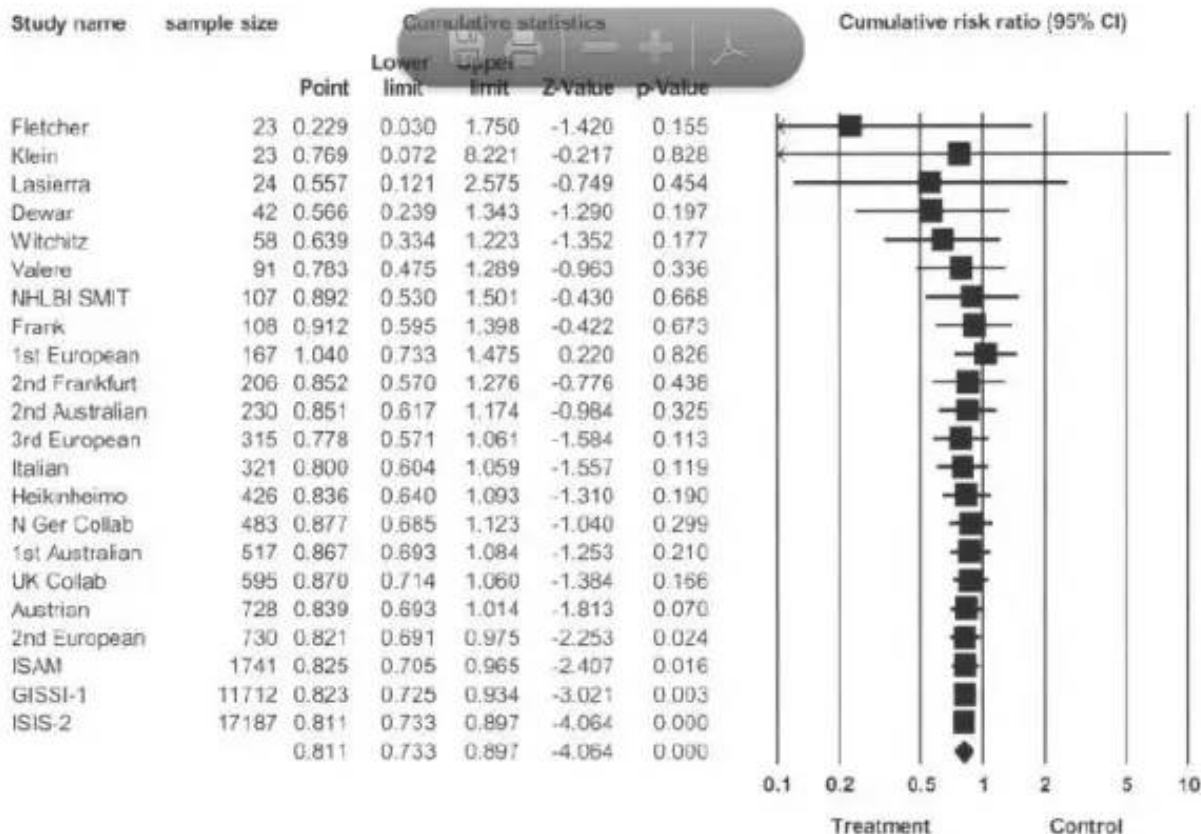


图4 链激酶预防心肌梗死的22个研究的累积Meta分析结果森林图(样本量为累积变量)

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), $P < 0.0001$, 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/>

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