

R软件Metafor程序包在Meta分析中的应用

董圣杰¹ 曾宪涛² 郭 毅^{3,4*}

1. 苏州大学附属第一医院骨科(苏州 215006); 2. 湖北医药学院附属太和医院口腔医学中心(十堰 442000);
3. 武汉大学公共卫生学院流行病学教研室(武汉 430071); 4. 武汉大学病毒学国家重点实验室(武汉 430071)

摘要 R 软件是一款免费使用且功能强大的统计软件,常用的 Meta 分析程序包有 Metafor、Meta、Rmeta 等。Metafor 程序包可以方便地进行 Meta 分析,包括二分类及连续性变量的 Meta 分析、Meta 回归、累积 Meta 分析及对发表偏倚的 Begg's 检验和 Egger's 检验等,以及绘制森林图、漏斗图、星状图、拉贝图、Q-Q 正态分位图等图形。此外,Metafor 程序包是 R 软件 Meta 分析程序包中唯一可以进行混合效应模型(包括单个、多个分类或连续性变量)拟合运算的,还可以检验模型系数并获得可信区间。本文结合实例对应应用 Metafor 程序包进行 Meta 分析的具体操作方法进行详细介绍。

关键词 R 软件; Metafor 程序包; Meta 分析

Application of Metafor Package in R Software

DONG Sheng-jie¹, ZENG Xian-tao², GUO Yi^{3,4*}

1. Department of Orthopaedic, The First Affiliated Hospital of Soochow University, Suzhou 215006, China;
2. Department of Stomatology, Taihe Hospital, Hubei University of Medicine, Shiyan 442000, China;
3. Department of Epidemiology, School of Public Health, Wuhan University, Wuhan 430071, China;
4. State Key Laboratory of Virology, Wuhan University, Wuhan 430071, China

Abstract R software is a free and powerful statistical tool, including Metafor, Meta as well as Rmeta packages, all of which could conduct meta-analysis. Metafor package provides functions for meta-analyses which include analysis of continuous and categorical data, meta-regression, cumulative meta-analysis as well as test for funnel plot asymmetry. The package can also draw various plots, such as forest plot, funnel plot, radial plot and so forth. Mixed-effects models (involving single or multiple categorical and/or continuous moderates) can only be fitted with Metafor packages. Advanced methods for testing model coefficients and confidence intervals are also implemented only in this package. This article introduces detailed operation steps of Metafor package for meta-analysis using cases.

Key words R software; Metafor package; Meta-analysis

伴随着 Meta 分析类型的不断扩展^[1],其支持软件也不断地研发出来。R 软件是近年出现的一种免费开放式的统计编程环境。R 具备完整的数据处理、计算和作图功能,可运行于 Unix、Linux、Windows 及 Macintosh 系统;可通过相应的程序包完成 Meta 分析,具有功能完整、作图精美等优点。目前,R 软件常用的 Meta 分析程序包有 Metafor、Meta、Rmeta 等。蒋文瀚等^[2]已对 Meta 程序包行二分类变量、连续性变量及影响性分析的方法进行了介绍,但 Meta 程序包的功能、灵活度及范围均不如 Metafor 程序包,例如无法进行多变量 Meta 回归分析等。

Metafor 程序包由 Viechtbauer 开发,除可完成二分类及连续性变量的 Meta 分析外,还可行 Meta 回归分析、累积 Meta 分析及对发表偏倚的 Begg's 检验和 Egger's 检验,同时可以绘制森林图(forest plot)、漏斗图(funnel plot)、星状图(radial plot)、拉贝图(L'Abbé plot)以及 Q-Q 正态分位图(Q-Q normal plot)。此外,Metafor 程序包是 R 软件 Meta 分析程序包中唯一可以进行混合效应模型(包括单个、多个分类或连续性变量)拟合运算的程序包,还可以检验模型系数并获得可信区间,以及对参数进行精确检验如置换检验(permutation tests)。

1 R软件及Metafor程序包的安装

R 软件 1995 年由 Auckland 大学 Ross Ihaka 和 Robert Gentleman 及其他志愿者开发,目前由 R 核心开发小组维护,其部分统计功能整合在 R 语言

基金项目:湖北医药学院 2011 年度优秀中青年科技创新团队项目(编号:2011 CZX01)。

作者简介:董圣杰,男(1984 年~),在读博士,以关节外科、循证骨科学为主要研究方向。Email: dongshengjay@126.com

* 通讯作者,Email: guoyi@whu.edu.cn

底层,大多数功能以程序包的形式提供,用户可以从 R 软件的官方网站(<http://www.r-project.org>)获取最新的软件及相应的统计包。目前最新版本为 R-2.15.1,读者可以从其官方网站下载封装好的 R 软件安装到本地计算机。安装成功后,双击桌面的 R 软件图标,可启动 R 的交互式窗口(R-GUI)。于命令提示符“>”后输入命令 `install.packages("metafor")`,选择镜像安装(CRAN),注意 R 软件严格区别大小写。除 R 的标准程序包外,多数程序包使用前需要加载,可由 `library("metafor")` 命令完成,加载成功即可应用。

2 数据的录入

R 软件录入数据文件的方法较多,本文主要介绍读取 Excel 数据文件。首先将所纳入文献的基本数据录入 Excel 表格中,由于 R 软件无法直接读取 Excel 数据,需要通过 RODBC 包进行读取,故常用的方法是将 Excel 文件另存为“TXT (制表符分隔)”或者“CSV (逗号分隔)”文件。用函数 `read.delim()` 或 `read.csv()` 读取文件。本文均以 Colditz 等^[3]《BCG 对结核病的预防作用 Meta 分析》为例(数据格式见表 1)进行简介。

转换数据格式后,于 R-GUI 窗口输入如下命令:`>bcbg=read.delim("c:/bcbg.txt")`,假设转换文件保存在 c 盘,同时注意反斜杠。该命令将数据存入 `bcbg` 中,在后续的分析将对其分析。

3 Metafor程序包Meta分析介绍

3.1 效应值的计算

在行 Meta 分析前可先进行效应值及其样本方差的计算,命令格式如下:

`escalc(measure, ai, bi, ci, di, n1i, n2i, m1i, m2i, sd1i, sd2i,`

`xi, mi, ri, ni, data = NULL, add = 1/2, to = "only0", vtype = "LS", append = FALSE)`

其中 `measure` 是根据资料类型选择合并效应值,有“RR”、“OR”、“RD”等。`ai`、`bi`、`ci`、`di` 为对应 2×2 四格表数据,`data` 是指定分析的数据的命令参数,`add=1/2` 为如果有 0 存在自动加 1/2,为系统默认的。`m1i`、`m2i` 等命令参数用于连续性资料的计算。具体的命令使用读者可以通过帮助命令获得。结合实例给予演示:

`>dat=escalc(measure= "RR",ai=a, bi=b ,ci=c, di=d, data=bcbg, append=TRUE)`
`>dat`

读者可以理解为以上命令将计算结果保存于 `dat` 中,后续的分析将应用 `dat` 保存的数据。命令参数中的 `data=bcbg` 为指定数据来自 `bcbg` 数据集,若 `append=FALSE`,则结果中只输出 `yi` 及 `vi`。第二个命令将显示 `dat` 的内容,其中 `yi` 为效应值,`vi` 为相应的方差(图 1)。

3.2 模型的拟合

Meta 分析中不同的模型拟合采用如下命令进行:

`rma.uni(yi, vi, sei, ai, bi, ci, di, n1i, n2i,x1i, x2i, t1i, t2i, m1i, m2i, sd1i, sd2i, xi, mi, ri, ni, ti, mods, measure="GEN", intercept=TRUE, data, slab, subset, add=1/2, to="only0", vtype="LS", method="REML", weighted=TRUE, knha=FALSE, level=95, digits=4, btt, tau2, control)`

其中 `yi`、`vi` 即由 `escalc` 命令计算所得效应值对数及相应方差;`ai`、`bi`、`ci`、`di` 等同 `escalc` 命令参数;

表 1 13个关于 BCG 预防结核病的临床试验数据

纳入研究	年	a	b	c	d	试验地区纬度*	患者分配方法*
Aronson	1948	4	119	11	128	44	1
Ferguson & Simes	1949	6	300	29	274	55	1
Rosenthal <i>et al</i>	1960	3	228	11	209	42	1
Hart & Sutherland	1977	62	13 536	248	12 619	52	1
Frimodt-Moller <i>et al</i>	1973	33	5 036	47	5 761	13	2
Stein & Aronson	1953	180	1 361	372	1 079	44	2
Vandiviere <i>et al</i>	1973	8	2 537	10	619	19	1
TPT Madras	1980	505	87 886	499	87 892	13	1
Coetzee & Berjak	1968	29	7 470	45	7 232	27	1
Rosenthal <i>et al</i>	1961	17	1 699	65	1 600	42	3
Comstock <i>et al</i>	1974	186	50 448	141	27 197	18	3
Comstock & Webster	1969	5	2 493	3	2 338	33	3
Comstock <i>et al</i>	1976	27	16 886	29	17 825	33	3

a、b 分别为接种 BCG 死亡的人数、非死亡人数;c、d 为对照组死亡人数及非死亡人数;* 用于分析异质性。

mods 为混合效应模型分析(Meta 回归分析)时指定进入模型的变量的命令参数;method 为估计方差分量 τ^2 可选用的方法,默认为限制极大似然估计(REML);knha 为 Knapp-Hartung 修正^[4],对估计系数的方差进行修正,同 t 分布原理计算 P 值及可信区间。level 指定可信区间,digits 指定结果小数位数。实例如下(图 2):

```
> res=rma.uni(yi, vi, data=dat, slab=paste(dat$author,
dat$year, sep=","), digits=2, method="REML")
> summary(res)
```

命令参数中 slab 为添加标签,内容来自 dat 数据集中的 author 及 year 两个变量,并由“,”分隔。summary() 命令将 res 中结果作一总结,可见纳入研究数为 13,采用随机效应模型,限制性极大似然估计方差分量 $\tau^2=0.31$, $se=0.16$, $I^2=92.22\%$, $H^2=12.86$, 异质性检验 $Q=152.23$, $P<0.01$,说明纳

入研究间存在较大异质性。logLik、Deviance 等指标为模型评价标准,读者可暂不考虑。模型结果中显示估计值为 -0.71,标准差为 0.18, $P<0.01$,此处 -0.71 为模型变量系数,即合并效应值的对数, $\ln RR=-0.71$, $RR=\exp(-0.71)=0.49$,可用如下命令在 R 中实现指数与对数的转换:

```
> predict(res,transf=exp)
```

由结果可知,纳入研究存在异质性,需探索异质性来源。在 Metafor 程序中,采用混合效应模型来探索分析异质性,与 Stata 软件的 Meta 回归分析结果相同。在命令中添加 mods 参数即可,数据中包括了纬度差异及患者分配方法的差异,将这两个变量纳入模型中分析其对异质性的影响。命令如下(图 3):

```
> reg=rma(yi,vi,data=dat,mods=~latitude+allocation)
```

```
> dat<-escalc(measure="RR",ai=a, bi=b, ci=c, di=d, data=beg, append=TRUE)
```

```
> dat
```

authors	year	a	b	c	d	latitude	allocation	yi	vi
Aronson	1948	4	119	11	128	44	1	-0.88931133	0.325584765
Ferguson & Simes	1949	6	300	29	274	55	1	-1.58538866	0.194581121
Rosenthal et al	1960	3	228	11	209	42	1	-1.34807315	0.415367965
Hart & Sutherland	1977	62	13536	248	12619	52	1	-1.44155119	0.020010032
Frimodt-Moller et al	1973	33	5036	47	5761	13	2	-0.21754732	0.051210172
Stein & Aronson	1953	180	1361	372	1079	44	2	-0.78611559	0.006905618
Vandiviere et al	1973	8	2537	10	619	19	1	-1.62089822	0.223017248
TPT Madras	1980	505	87886	499	87892	13	1	0.01195233	0.003961579
Coetzee & Berjak	1968	29	7470	45	7232	27	1	-0.46941765	0.05643421
Rosenthal et al	1961	17	1699	65	1600	42	3	-1.3713448	0.073024794
Comstock et al	1974	186	50448	141	27197	18	3	-0.33935883	0.012412214
Comstock & Webster	1969	5	2493	3	2338	33	3	0.4459134	0.532505845
Comstock et al	1976	27	16886	29	17825	33	3	-0.01731395	0.07140466

图 1 escalc 命令计算结果

```
> res<-rma.uni(yi,vi,data=dat,slab=paste(dat$author,dat$year,sep=","),digits=2,method="REML")
```

```
> summary(res)
```

```
Random-Effects Model (k = 13; tau^2 estimator: REML)
```

```
logLik  Deviance  AIC  BIC
-13.48   26.97   30.97  31.94
```

```
tau^2 (estimate of total amount of heterogeneity): 0.31 (SE = 0.17)
```

```
tau (sqrt of the estimate of total heterogeneity): 0.56
```

```
I^2 (% of total variability due to heterogeneity): 92.22%
```

```
H^2 (total variability / sampling variability): 12.86
```

```
Test for Heterogeneity:
```

```
Q(df = 12) = 152.23, p-val < .01
```

```
Model Results:
```

```
estimate  se    zval  pval  ci.lb  ci.ub    ***
-0.71     0.18  -3.97  <.01  -1.07  -0.36
```

```
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

图 2 rma 命令随机效应模型计算结果

>reg

命令参数中 $\text{mods}=\sim\text{latitude}+\text{allocation}$ 为指定回归分析所纳入的变量,注意“ \sim ”不能遗漏,结果显示将纬度及患者分配方法纳入模型后,模型的方差分量 τ^2 变为 $0.1108 (0.31-0.1108)/0.31=65\%$,说明纬度的差异可以解释总异质性的 65% ,由模型结果可知,不同分配方式对异质性的影响无统计学意义,而纬度的差异对异质性的影响有统计学意义, $P=0.008$,说明仍有 35% 的异质性来源未探查。

3.3 相关图像的完成

Metafor 程序包可以完成森林图 $\text{forest}(\text{objects})$ 、漏斗图 $\text{funnel}(\text{objects})$ 、星状图 $\text{radial}(\text{objects})$ 、Q-Q 正态分位图 $\text{qqnorm}(\text{objects})$ 、拉贝图 $\text{labbe}(\text{objects})$ 及模型分析诊断图 $\text{plot}(\text{influence}(\text{objects}))$, objects 为 rma 运算后保存的结果。在完成模型拟合后,输入相关命令即可获得以上图形。命令如下(森林图见图 4):

>forest(res); >funnel(res); >radial(res); >labbe(res);

读者也可以通过下面的命令获得组合图(图 5):

```
>reg=rma(yi,vi,data=dat,mods=~latitude+allocation)
>res
Mixed-Effects Model (k = 13; tau^2 estimator: REML)
tau^2 (estimate of residual amount of heterogeneity): 0.1108 (SE = 0.0837)
tau (sqrt of the estimate of residual heterogeneity): 0.3329
Test for Residual Heterogeneity:
QE(df = 10) = 30.7265, p-val = 0.0007
Test of Moderators (coefficient(s) 2,3):
QM(df = 2) = 13.3575, p-val = 0.0013
Model Results:
      estimate      se      zval      pval      ci.lb      ci.ub
intrcpt    -0.0752   0.4052   -0.1855   0.8528   -0.8693    0.7190
latitude    -0.0278   0.0083   -3.3469   0.0008   -0.0441   -0.0115 ***
allocation    0.1523   0.1406    1.0832   0.2787   -0.1233    0.4280
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

图 3 rma 命令混合效应模型计算结果

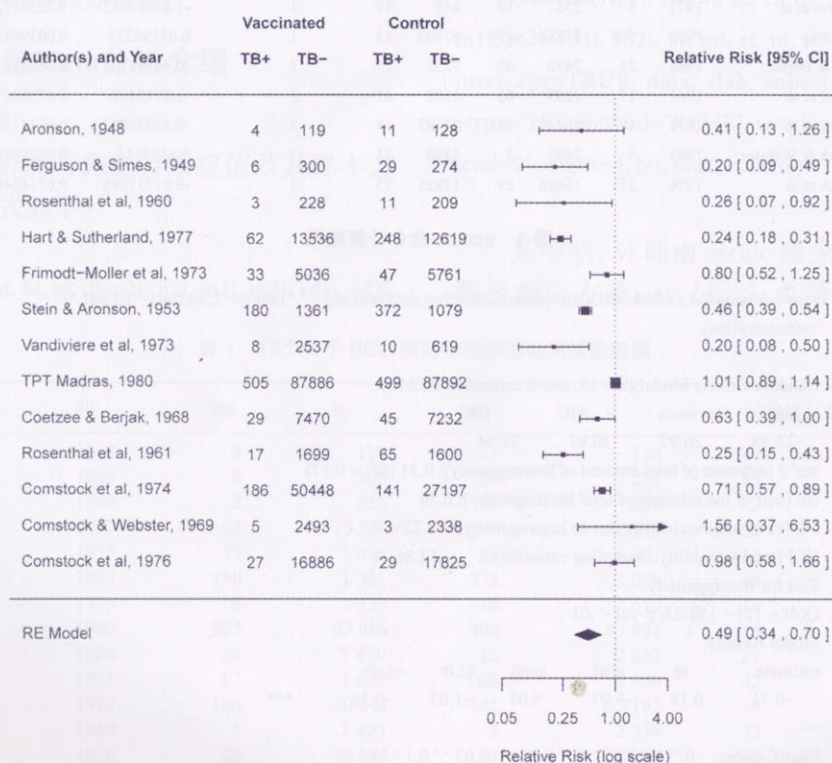


图 4 BCG 对结核病预防作用的森林图

```
>plot(res,qqplot=TRUE)
```

$z = -0.8033, p = 0.4218$

3.4 Begg's检验和Egger's检验

Egger 及其同事^[5]采用加权线性回归的方法,根据优势比的自然对数数值来衡量漏斗图的对称性。如果研究间存在不对称性,小样本试验的效应量将系统偏离大样本试验,回归线将不通过原点,故回归方程的截距代表不对称的程度。Begg's 法^[6]是通过减去权重平均值并除以标准误将效应量标化,然后进行校正 Kendall 秩相关检验,来检验效应量是否与标准误存在相关性。Metafor 程序包中采用 ranktest() 及 regtest() 来实现这两种检验。命令如下:

```
>ranktest(res); >regtest(res);
```

结果如下:

Rank Correlation Test for Funnel Plot Asymmetry

Kendall's tau = 0.0256, $p = 0.9524$

Regression Test for Funnel Plot Asymmetry

model: mixed-effects meta-regression model

predictor: standard error

二者结果均显示漏斗图对称性良好, P 均大于 0.05。

3.5 Permutation检验

Metafor 是 R 语言关于 Meta 分析程序包中唯一可以进行 Permutation 检验的程序包。Permutation 检验又称为置换检验,其基本原理是从原假设 H_0 出发,根据所研究的问题构造一个新的检验统计量,利用样本数据按排列组合的原理,得到检验统计量的理论抽样分布,或者采用抽样模拟的方法获得近似分布,然后从获得分布计算样本数据的概率,对此概率做出统计推断^[7]。Permutation 检验对原始数据的分布无要求,鉴于此优点, Follmann 等^[8]提出采用 Permutation 检验替代 Wald 及似然比检验(二者要求参数符合正态性),对 Meta 分析的模型参数进行检验。对于参数符合正态性,三种检验方法是等效的,若不符合 Wald 及似然比检验的结果可能是有偏差的。命令格式如下:

```
permutest(x, exact=FALSE, iter=1000, progbar=TRUE,
retpermdist=FALSE, digits=x$digits, ...)
```

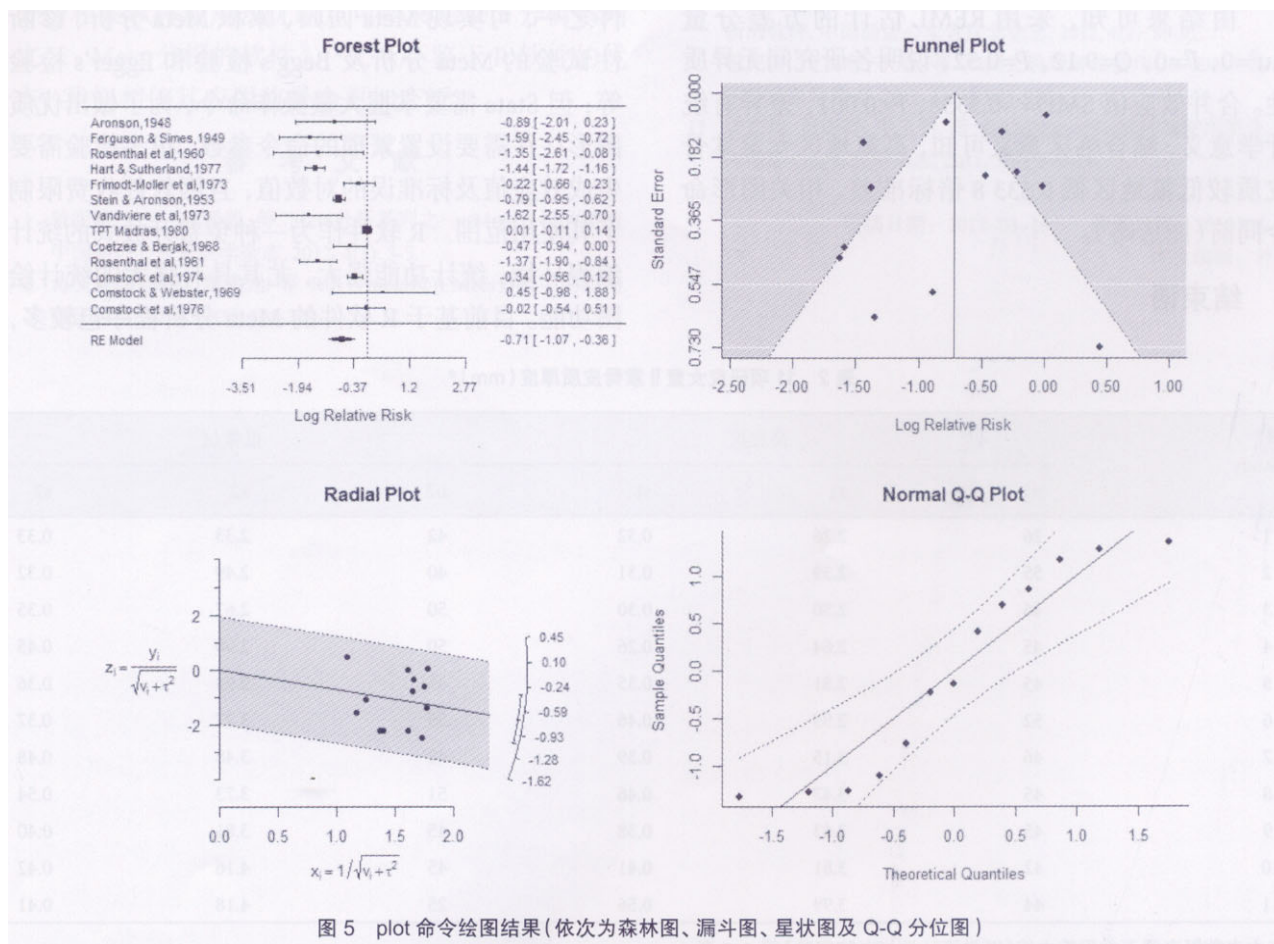


图5 plot 命令绘图结果(依次为森林图、漏斗图、星状图及 Q-Q 分位图)

其中 x 为 rma 计算后保存结果对象(object); exact 参数是关于是否进行精确置换检验,默认值为 FALSE; iter 参数为指定迭代次数; progbar 为是否显示进度条; retperdist 参数指定是否返回检验统计量的排列分布。结合本文实例演示如下:

否显示进度条; retperdist 参数指定是否返回检验统计量的排列分布。结合本文实例演示如下:

```
>permutest (res, exact=TRUE,iter=10000, retperdist=TRUE)
Model Results:
              estimate      se      zval      pval*      ci.lb      ci.ub
intrcpt      -0.7145      0.1798     -3.9744     0.0015     -1.0669     -0.3622**
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

由结果可知模型系数估计值也即效应值的对数为 -0.7145,标准差为 0.18,精确 Permutation 检验 $P=0.0015$,计算结果同随机效应模型计算结果相同,但 Permutation 检验给出了精确的 P 值。

4 其他类型数据的Meta分析

Metafor 程序包除可以完成二分类数据的 Meta 分析外,还可以对连续型数据、单个率、相关系数等进行合并,命令同前,只需将命令参数修改成相应的格式即可,相关图形及检验同前。下面以 11 项研究女童第 掌骨皮质厚度为例(表 2)简要介绍连续型资料的 Meta 分析。

连续型资料 Meta 分析过程如下(图 6):

由结果可知,采用 REML 估计的方差分量 $\tau^2=0$, $I^2=0$, $Q=9.12$, $P=0.52$,说明各研究间无异质性。合并效应值 $SMD=-0.5338$, $P<0.001$,差异有统计学意义,结合临床意义可知,高氟地区女童掌骨皮质较低氟地区低 0.533 8 倍标准差。相关图形命令同前(图形略)。

目前可以进行 Meta 分析的软件较多,包括 Cochrane 协作网的 RevMan (Review Manager)、CMA(Comprehensive Meta-Analysis)、Stata、R 软件等^[9]。RevMan 软件简单易学,可与系统评价书写结合,特别是 RevMan 5 可以遵照 GRADE (Grades of Recommendations Assessment, Development and Evaluation,推荐分级的评价、制定与评估)系统^[10]做出证据结果总结表,是目前所有 Meta 分析软件中唯一可与 GRADEprofiler 软件^[11]相互导入进行证据等级评级的软件;但其统计功能有限,无法实现 Meta 回归,对偏倚只能通过漏斗图进行直观判读,无法对其对称性进行检验。Stata 软件具有强大的数理统计功能,是目前 Meta 分析受推崇的软件之一,可实现 Meta 回归、累积 Meta 分析、诊断性试验的 Meta 分析及 Begg's 检验和 Egger's 检验等;但 Stata 需要掌握大量操作命令,为了做出优质图形往往需要设置繁琐的命令参数,很多检验需要生成效应值及标准误的对数值,且因软件收费限制了其使用范围。R 软件作为一种免费开放式的统计编程环境,统计功能强大,尤其具有强大的统计绘图功能。目前基于 R 软件的 Meta 分析程序包较多,

5 结束语

表 2 11 项研究女童 掌骨皮质厚度(mm)*

Study	高氟区			低氟区		
	n1	x1	s1	n2	x2	s2
1	26	2.26	0.32	42	2.33	0.33
2	55	2.39	0.31	40	2.49	0.32
3	46	2.50	0.30	50	2.67	0.35
4	45	2.64	0.26	50	2.90	0.45
5	45	2.81	0.35	45	2.93	0.36
6	52	2.95	0.46	55	3.27	0.37
7	46	3.15	0.39	42	3.48	0.48
8	45	3.47	0.46	51	3.73	0.54
9	45	3.63	0.38	45	3.81	0.40
10	42	3.81	0.41	45	4.16	0.42
11	44	3.99	0.56	25	4.18	0.41

* 本表数据来源于方积乾主编《医学统计学与电脑实验》第 349 页


```

>res=rma.uni(n1=n1,n2=n2,m1=x1,m2=x2,sd1=s1,sd2=s2,measure="SMD",data=cont)
>res
Random-Effects Model (k = 11; tau^2 estimator: REML)
tau^2 (estimate of total amount of heterogeneity): 0 (SE = 0.0210)
tau (sqrt of the estimate of total heterogeneity): 0
I^2 (% of total variability due to heterogeneity): 0.00%
H^2 (total variability / sampling variability): 1.00
Test for Heterogeneity:
Q(df = 10) = 8.8678, p-val = 0.5447
Model Results:

```

estimate	se	zval	pval	ci.lb	ci.ub	
-0.5338	0.0655	-8.1443	<.0001	-0.6623	-0.4054	***

```

---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```

图6 连续性变量 rma 命令随机效应模型计算结果

常用的如 Metafor、Meta 及 Rmeta 等,其中 Metafor 功能齐全,Rmeta 程序包功能最少。Metafor 程序包采用统一命令对不同数据类型进行计算,结果保存于一个对象中,进一步的分析可直接作用于生成的对象,大大简化了分析计算过程。Meta 程序包对于不同类型的数据对应不同的命令,例如二分类变量采用 Metabin,连续性变量采用 Metacon 命令,而且 Meta 程序包无法实现多变量及连续性变量的混合效应模型的运算,同时也无法实现 Knapp-Hartung 修正、似然比检验及 Permutation 检验(Meta 分析相关软件应用及优缺点可参阅《Meta 分析系列之二:Meta 分析的软件》一文^[9])。鉴于 R 软件的优点,我们相信其应用前景会更加广泛。

参 考 文 献

- 1 曾宪涛,冷卫东,郭毅,等. Meta分析系列之一: Meta分析的类型. 中国循证心血管医学杂志, 2012, 4(1): 3-5.
- 2 蒋文瀚,陈炳为,郑建光,等. R语言meta包在Meta分析中的应用. 循证医学, 2011, 11(5): 305-309.

- 3 Colditz GA, Brewer TF, Berkey CS, *et al.* Efficacy of BCG vaccine in the prevention of tuberculosis. Meta-analysis of the published literature. *JAMA*, 1994, 271(9): 698-702.
- 4 Knapp G, Hartung J. Improved tests for a random effects meta-regression with a single covariate. *Stat Med*, 2003, 22(17): 2693-2710.
- 5 Egger M, Davey Smith G, Schneider M, *et al.* Bias in meta-analysis detected by a simple, graphical test. *BMJ*, 1997, 315(7109): 629-634.
- 6 Begg CB, Mazumdar M. Operating characteristics of a rank correlation test for publication bias. *Biometrics*, 1994, 50(4): 1088-1101.
- 7 Mielke PW, Berry KJ. Permutation methods: a distance function approach (2nd. edition). Springer-Verlag, New York, Inc, 2007.
- 8 Follmann DA, Proschan MA. Valid inference in random effects meta-analysis. *Biometrics*, 1999, 55(3): 732-737.
- 9 曾宪涛, Joey S.W. Kwong, 田国祥, 等. Meta分析系列之二: Meta分析的软件. 中国循证心血管医学杂志, 2012, 4(2): 89-91.
- 10 曾宪涛,冷卫东,李胜,等. 如何正确理解及使用GRADE系统. 中国循证医学杂志, 2011, 11(9): 985-990.
- 11 曾宪涛,田国祥,牛玉明,等. GRADEprofiler软件的使用简介. 中国循证心血管医学杂志, 2011, 3(5): 390-392.

收稿日期: 2012-03-15

修回日期: 2012-06-30

本文编辑: 杜亮