

meta - meta 系コマンドの紹介 【 評価版 】

本 whitepaper ではメタアナリシス機能を提供する meta 系コマンド群の機能概要と基本的な用例について紹介します。

1. meta 系コマンド群の紹介
2. Example データセット
 - 2.1 pupiliq.dta
 - 2.2 strepto.dta
 - 2.3 bcg.dta
 - 2.4 nsaid.s.dta
 - 2.5 periodontal.dta
3. meta 系コマンドの用例
 - 3.1 データの準備 Example 1
 - 3.2 基本的なサマリ情報 Example 2
 - Example 3
 - 3.3 サブグループメタアナリシス Example 4
 - 3.4 累積メタアナリシス Example 5
 - Example 6
 - 3.5 異質性：メタ回帰、バブルプロット、他 Example 7
 - Example 8
 - Example 9
 - Example 10
 - 3.6 ファネルプロット Example 11
 - Example 12
 - 3.7 小規模研究効果の検定 Example 13
 - 3.8 Trim-and-fill 分析 Example 14
 - 3.9 多変量メタ回帰 Example 15
 - 3.10 多階層メタ回帰 Example 16

1. meta 系コマンド群の紹介

Stata の meta コマンドは種々の効果量の計算に始まり、研究間の異質性や出版バイアスの有無を調べるためのグラフ作成に至るまで、メタアナリシスについてのフルサポート機能を提供します。変量効果モデル、共通効果モデル、固定効果モデルによる分析が行えます。

標準的な効果量 (effect sizes) — 2 値データであれば対数オッズ比等、連続データであれば Hedges の g 等 — の計算は meta esize コマンドによって行うことができます。また一般的な効果量については meta set コマンドを用いて設定することができます。

meta esize と meta set はメタアナリシスに関する各種宣言を行うためのステップを構成するコマンドです。このステップの中ではメタアナリシスに関する主要な情報を規定します。具体的には

- 研究固有の効果量と対応する標準誤差
- メタアナリシスモデルとその手法

等が含まれます。これらの情報はその後実行されるすべての meta 系コマンドの中で参照され使用されます。meta update コマンドを使うとその情報をメタアナリシスセッションの途中で更新することができます。また設定情報を確認したいときのためには meta query コマンドが用意されています。この宣言ステップに関する情報についてはセクション 3.1、及び [META] meta data を参照ください。

メタアナリシスモデルとしては

- 変量効果 (RE: random-effects) モデル
- 共通効果 (CE: common-effect) モデル
- 固定効果 (FE: fixed-effects) モデル

の 3 種類がサポートされています。これらを宣言ステップの中で指定し、メタアナリシスを通してそれを使い続けることもできれば、コマンドごとにモデルを切替えながら分析を進めることもできます。また meta update を用いてモデルの切替えを行うこともできます。詳細については [META] meta data のセクション “*Declaring a meta-analysis model*” を参照ください。

メタアナリシスモデルの選択に応じて種々の推定法が用意されています。CE モデルと FE モデルに対しては逆分散法と Mantel-Haenszel 法が、RE モデルに対しては 7 種類の推定法が利用できます。詳細については [META] meta data のセクション “*Declaring a meta-analysis estimation method*” を参照ください。

また、モデルと推定法のデフォルト設定については [META] meta data のセクション “*Default meta-analysis model and method*” を参照ください。

基本的なメタアナリシスの結果は meta summarize を用いてテーブル形式で出力させることもできれば、meta forestplot を用いてフォレストプロットの形で出力させることもできます。具体例についてはセクション 3.2 を参照ください。

全体的効果量 (overall effect sizes) の推定値間のトレンドを評価するには meta summarize、あるいは meta forestplot の cumulative() オプションを使用します。この累積メタアナリシス機能についてはセクション 3.4 を参照ください。

サブグループ間での異質性が認められる場合には、`meta summarize`、あるいは `meta forestplot` の `subgroup()` オプションを使用することによってサブグループ分析を行うことができます。このサブグループメタアナリシスについてはセクション 3.3 を参照ください。

異質性 (heterogeneity) の分析にメタ回帰を使いたい場合には `meta regress` コマンドを使用します。メタ回帰後の `postestimation` 機能についてはセクション 3.5 を参照ください。

異質性を視覚的に分析するには Galbraith プロット (`[META] meta galbraithplot` 参照) や L'Abbé プロット (`[META] meta labbeplot` 参照) の機能も有効です。

出版バイアスの分析はファネルプロットを用いて行うことができます。そのためのコマンドが `meta funnelplot` です。その他にも `meta bias` や `meta trimfill` といったコマンドも利用できます。出版バイアスの分析についてはセクション 3.6、セクション 3.7、セクション 3.8 を参照ください。

Stata では多変量のメタ回帰分析も行うことができます。具体的には `meta mvregress` コマンド (`[META] meta mvregress` 参照) を使用するわけですが、その用例についてはセクション 3.9 を参照ください。

多階層のメタ回帰分析を行うには `meta meregress` コマンド (`[META] meta meregress` 参照) もしくは `meta multilevel` コマンド (`[META] meta multilevel` 参照) を使用します。

2. Example データセット

2.1 pupiliq.dta

評価版では割愛しています。

2.2 strepto.dta

評価版では割愛しています。

2.3 bcg.dta

評価版では割愛しています。

2.4 nsaid.s.dta

評価版では割愛しています。

2.5 periodontal.dta

評価版では割愛しています。

3. meta 系コマンドの用例

3.1 データの準備

Stata でメタアナリシスを行う際の第 1 ステップは分析対象のデータをメタデータであると宣言することです。このステップの中で効果量やその標準誤差といったメインとなる情報を指定します。その指定には `meta set`、または `meta esize` コマンドを使用するわけですが、それによって設定された情報はすべての meta 系コマンドによって利用されます。また `meta update` コマンドを使用すれば、メタアナリシスのセッション途中でその設定を変更することができます。詳細については [META] `meta data` を参照ください。

▷ Example 1: データの準備

ここではセクション 2.1 で紹介した Example データセット `pupiliq.dta` を使用します。

```
. use https://www.stata-press.com/data/r18/pupiliq.dta
(Effects of teacher expectancy on pupil IQ)
. describe studylbl stdmdiff se week1
```

Variable name	Storage type	Display format	Value label	Variable label
studylbl	str26	%26s		Study label
stdmdiff	double	%9.0g		Standardized difference in means
se	double	%10.0g		Standard error of stdmdiff
week1	byte	%9.0g	catweek1	Prior teacher-student contact > 1 week

このデータセットにおいてキーとなる変数は次の 2 つです。

- `stdmdiff` - 効果量を表す変数で、標準化平均差 (standardized mean differences) の値を表す
- `se` - `stdmdiff` の標準誤差を表す

ここでは `meta set` コマンドを使ってこれらの変数に対する宣言を行います。なお、効果量とその標準誤差を他のデータから算出する必要がある場合には `meta esize` コマンドを使用してください。

meta set に対しては効果量が stdmdiff であり、その標準誤差が se である旨指定します。同時に研究を特定するためのラベル情報が変数 studylbl 中に含まれていることを studylabel() オプションによって、また効果量に対するラベル情報を eslabel() オプションによって指定します。これらのオプションを指定しなかった場合には単なる番号によって研究が特定され、また効果量については一般的な Effect size というラベルが用いられることになります。

- Statistics ▸ Meta-analysis ▸ Setup
- Declare meta-analysis data: Declare generic, precomputed effect sizes: •
- Main タブ: Effect size: stdmdiff
Standard error: se

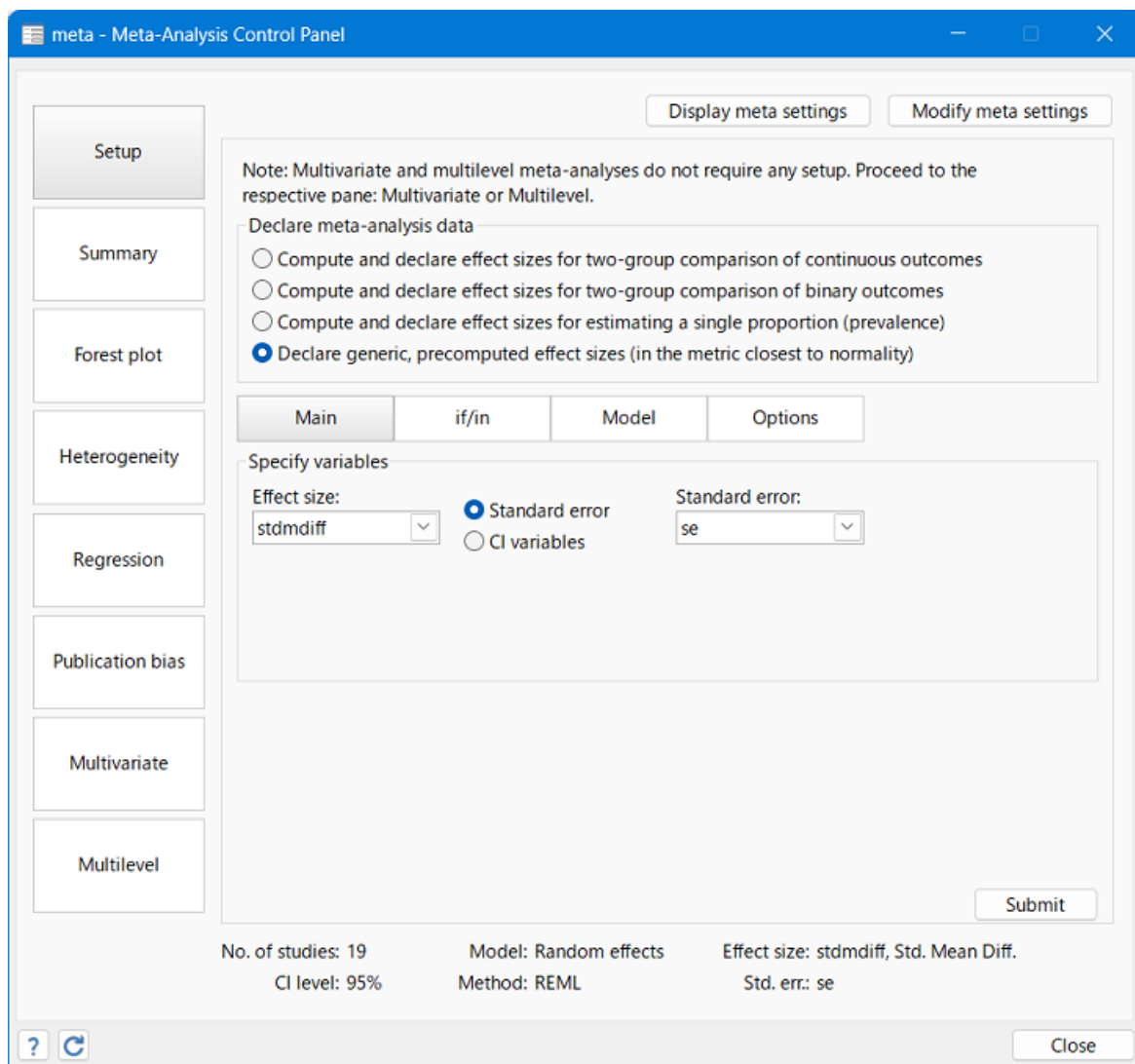


図 1 meta Setup ダイアログ - Main タブ

- Options タブ: Study label: studylbl
Effect-size label: Std. mean diff.

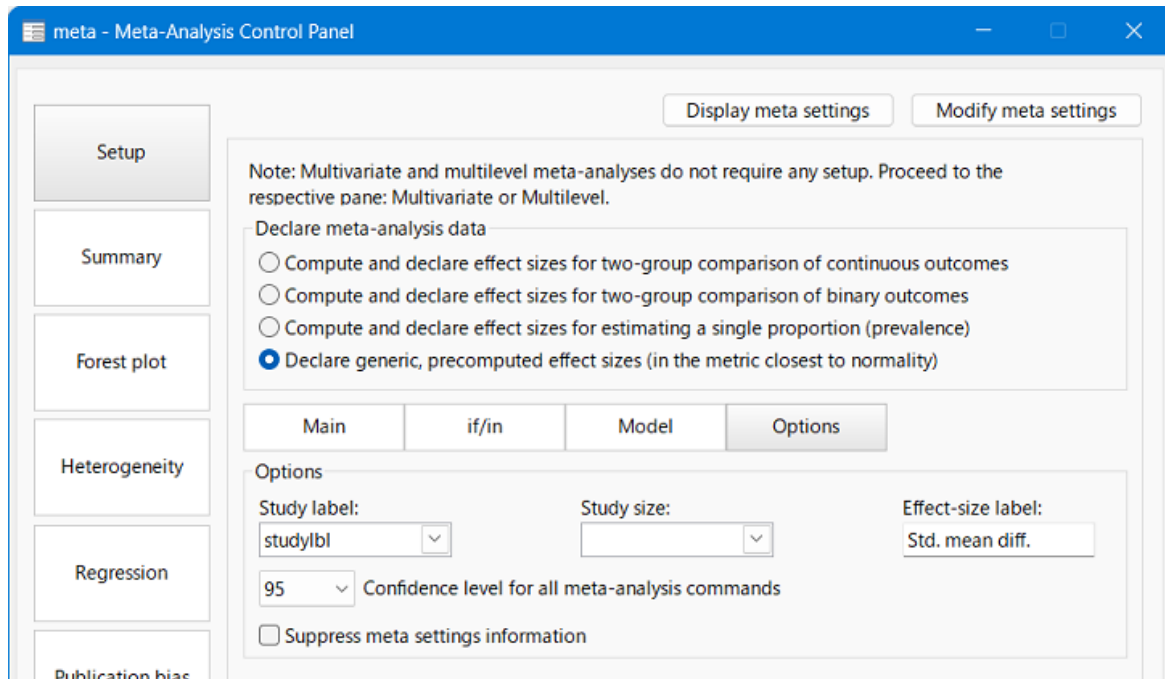


図 2 meta Setup ダイアログ - Options タブ

- ⇒ Submit

```
. meta set stdmdiff se, studylabel(studylbl) eslabel(Std. mean diff.)

Meta-analysis setting information

Study information
  No. of studies: 19
  Study label: studylbl
  Study size: N/A

Effect size
  Type: <generic>
  Label: Std. mean diff.
  Variable: stdmdiff

Precision
  Std. err.: se
  CI: [_meta_cil, _meta_ciu]
  CI level: 95%

Model and method
  Model: Random effects
  Method: REML
```

ヘッダ部には $K = 19$ 個の研究がメタアナリシスの対象であること、どの変数が研究ラベル、効果量、標準誤差の情報を含んでいるかが示されています。また出力中には変量効果モデルが前提であり、推定法としては REML が用いられることが示されています。この設定については `meta set`、もしくは使用する `meta` コマンドのオプション指定で変更できます。

`meta set` の実行によって `_meta_` で始まるシステム変数がいくつか生成されます。例えば `_meta_cil` と `_meta_ciu` には効果量に対する信頼区間の下限值と上限値が格納されます。システム変数の詳細については [META] `meta data` のセクション“*System variables*”を参照ください。

`meta set` コマンドの詳細については [META] `meta set` を参照ください。 ◀

3.2 基本的なサマリ情報

評価版では割愛しています。

3.3 サブグループメタアナリシス

評価版では割愛しています。

3.4 累積メタアナリシス

評価版では割愛しています。

3.5 異質性：メタ回帰、バブルプロット、他

評価版では割愛しています。

3.6 ファネルプロット

評価版では割愛しています。

3.7 小規模研究効果の検定

評価版では割愛しています。

3.8 Trim-and-fill 分析

評価版では割愛しています。

3.9 多変量メタ回帰

評価版では割愛しています。

