

การใช้โปรแกรม R ในการวิเคราะห์ห่อภิมาณเพื่อการวิจัย: บริบทวิทยาศาสตร์สุขภาพ An Application of R on Analyzing Meta-Analysis for Research: Health Science Context

กมล เสวตสมบุญ¹, สมศักดิ์ อภาศิริทองสกุล², ไพฑูรย์ ยันตระกุล³,
ประเสริฐ เรือนนระการ⁴, อองอาจ ชาญประสิทธิ์ชัย^{5,*}

Gamon Savatsomboon¹, Somsak Aphasitongsakun², Phaitoon Hantrakool³,
Prasert Ruannakarn⁴, Ong-art Chanprasitchai^{5,*}

¹ สาขาการจัดการ คณะการบัญชีและการจัดการ มหาวิทยาลัยมหาสารคาม มหาสารคาม 44150 ประเทศไทย

² สาขากลุ่มเภสัชศาสตร์สังคม คณะเภสัชศาสตร์, มหาวิทยาลัยมหาสารคาม มหาสารคาม 44150 ประเทศไทย

³ นักวิจัยอิสระ ประเทศไทย

⁴ ภาควิชาวิจัยและพัฒนาการศึกษา คณะศึกษาศาสตร์ มหาวิทยาลัยมหาสารคาม มหาสารคาม 44150 ประเทศไทย

⁵ สาขาการบริหารการเงิน คณะการบัญชีและการจัดการ มหาวิทยาลัยมหาสารคาม มหาสารคาม 44150 ประเทศไทย

¹ Department of Management, Maharakham Business School, Maharakham University, Maharakham 44150, Thailand

² Social and Administrative Pharmacy, Faculty of Pharmacy, Maharakham University, Maharakham 44150, Thailand

³ Independent Researcher, Thailand

⁴ Department of Educational Research and Development, Faculty of Education, Maharakham University, Maharakham 44000, Thailand

⁵ Department of Financial Management, Maharakham Business School, Maharakham University, Maharakham 44150, Thailand

* Corresponding Author: Ong-art Chanprasitchai, ongart.c@msu.ac.th

Received:

26 July 2023

Revised:

19 September 2023

Accepted:

27 September 2023

คำสำคัญ:

การวิเคราะห์ห่อภิมาณ, PICO, PRISM,
โปรแกรม R, meta Package,
dmetar Package

Keywords:

Meta analysis, PICO, PRISM,
R, meta Package, dmetar
Package

บทคัดย่อ: มีการตีพิมพ์โดยใช้การวิเคราะห์ห่อภิมาณเป็นส่วนหนึ่งของการตีพิมพ์เพิ่มขึ้นเรื่อยๆ แต่นักวิชาการไทยและนักวิจัยไทยยังมีการใช้โปรแกรม R ในการวิเคราะห์ห่อภิมาณน้อยมากในบริบทการวิจัยด้านวิทยาศาสตร์สุขภาพ รวมถึงการสอนการใช้โปรแกรม R ในการวิเคราะห์สถิติเพื่อการวิจัย ดังนั้น บทความวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์คือ 1) เพื่อสังเคราะห์เอกสารสำหรับการวิเคราะห์ห่อภิมาณด้วยโปรแกรม R ขั้นพื้นฐาน และ 2) เพื่อเสนอแนะแนวทางให้ผู้วิจัยได้ศึกษาวิธีการวิเคราะห์สถิติเพื่อการวิจัยเพิ่มเติมที่สูงกว่าการวิเคราะห์ห่อภิมาณขั้นพื้นฐาน

ผลการวิจัย พบว่า 1. โปรแกรม R สามารถวิเคราะห์ห่อภิมาณขั้นพื้นฐานได้ไม่ด้อยไปกว่าโปรแกรมทางสถิติอื่นๆ ดังนั้น บทความนี้จะแบ่งการนำเสนอการวิเคราะห์ห่อภิมาณขั้นพื้นฐานเป็น 2 ส่วน ส่วนที่หนึ่งได้มีการแนะนำแนวคิดการทบทวนวรรณกรรมอย่างเป็นระบบ (Systematic Review) ซึ่งประกอบด้วย 2 ส่วนย่อย *ส่วนย่อยที่ 1*) กล่าวถึงการประยุกต์ใช้ PICO สำหรับกำหนดคำถามการวิจัยให้ชัดเจนเพื่อเป็นฐานในการคัดเลือวรรณกรรมเพื่อการวิเคราะห์

อภิมานต่อไป และส่วนย่อยที่ 2) เป็นการประยุกต์ใช้ PRISMA เพื่ออธิบายการคัดเข้าและคัดออกการศึกษาที่จะนำไปวิเคราะห์อภิมาน ในส่วนที่ย่อยได้มีการแนะนำการวิเคราะห์อภิมานด้วยโปรแกรม R ในหัวข้อที่เกี่ยวข้องตามหลักสากล เริ่มตั้งแต่การนำเข้าชุดข้อมูลเพื่อการวิเคราะห์อภิมาน การวิเคราะห์อภิมานจะแสดงผลการวิเคราะห์ในรูปแบบของตัวหนังสือ การวิเคราะห์สถิติย่อยต่างๆ ที่สำคัญที่ต้องใช้ในการรายงานผลการวิจัย เช่น ขนาดอิทธิพลรวมในรูปแบบของ Common (fixed) effect และ Random effect รวมถึงการวิเคราะห์ Test of heterogeneity นอกจากนี้ยังมีกราฟวิเคราะห์ที่เป็นภาพ Forest plot และ Funnel plot ที่เกี่ยวข้องกับการวิเคราะห์ Publication bias

2. แนวทางให้ผู้วิจัยได้ศึกษาเพิ่มเติมที่สูงกว่าการวิเคราะห์อภิมานขั้นพื้นฐาน คือ สามารถใช้โปรแกรม R เพื่อมุ่งเน้นให้วิเคราะห์อภิมานได้ครอบคลุมและมีมาตรฐานสูง ทั้งนี้ โปรแกรม R มีความสามารถหลายประการที่อาจสูงกว่าโปรแกรมทางสถิติอื่นๆ ด้วยเหตุนี้ นักวิชาการไทยและนักวิจัยไทยสามารถใช้โปรแกรม R ในการวิเคราะห์อภิมาน และสามารถตีพิมพ์ในวารสารระดับชั้นนำของโลกได้ไม่ต่างจากนักวิจัยในระดับนานาชาติที่ได้นำโปรแกรม R มาใช้ในการวิเคราะห์อภิมานในบริบทของวิทยาศาสตร์สุขภาพและตีพิมพ์ในวารสารระดับโลก

Abstract: There is an ever-increasing number of publications using meta-analyses, but Thai academics and Thai researchers still have very little use of the R program for meta-analysis in the health sciences research context, including teaching the use of R in statistical analysis for research. Therefore, in this research article, the objectives are 1) to synthesize documents for meta-analysis using the basic R program and 2) to suggest guidelines for researchers to conduct additional studies beyond meta-analysis basic.

The research results found that. 1. Basic meta-analysis had shown that R could perform basic meta-analysis no worse than any other program. This research article would divide the presentation of basic meta-analysis into 2 Parts. Part 1 introduced the concept of systematic literature review (Systematic Review), which consisted of 2 sub-parts as follows: *Sub-part 1*) discussed the application of PICO to clearly define research questions as a basis for selection. into the literature for meta-analysis next, and *in the second sub-part* was the application of PRISMA to explain the inclusion and exclusion of studies that would be used for meta-analysis next in the section Second, a meta-analysis using R program on relevant topics according to international principles was introduced. Starting from importing the dataset for further meta-analysis, the meta-analysis would display the analysis results in the form of text (Text Output), and analysis of various sub-statistics. Important factors required in reporting research results included the pooled effect size in the form of Common (fixed) effect and Random effect, as well as Test of heterogeneity analysis. There was also a visual analysis of the Forest plot and Funnel plot related to Publication bias analysis.

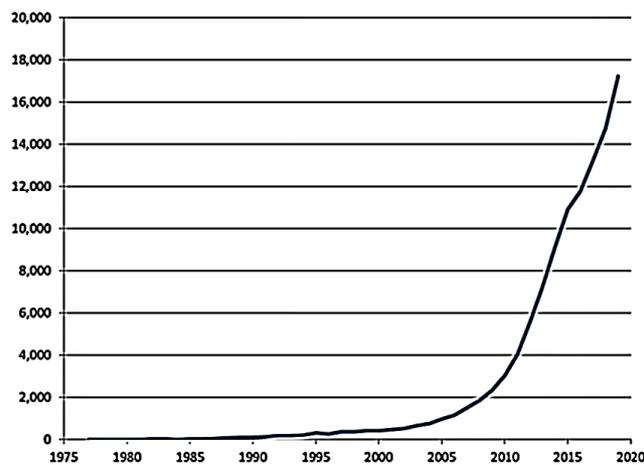
2. The guidelines for researchers to conduct additional studies that were higher than basic meta-analysis was to be able to use the R program to conduct a meta-analysis that was comprehensive had a high standard and had many capabilities that may be higher than the

program. For this reason, Thai academics and Thai researchers could use the R program to conduct meta-analyses and publish in world-leading journals, no different from international researchers who had used the R program. It was used in meta-analyses in the context of health sciences and published in world-class journals.

1. บทนำ

การตีพิมพ์ระดับนานาชาติที่ใช้การวิเคราะห์ห่อภิมาณ (Meta Analysis) เพิ่มขึ้นเรื่อยๆ ตามลำดับจากปี ค.ศ. 2000-2016 (Hsu & Lin, 2019) แสดงถึงภาพประกอบ 1 จึงทำให้ซอฟต์แวร์ (Software) ที่ใช้สำหรับการวิเคราะห์ค่าทางสถิติต่างๆ เกิดขึ้นอย่างมากมาย แต่มีโปรแกรมที่รวบรวมวิธีการวิเคราะห์ห่อภิมาณไว้มากที่สุดคือโปรแกรม R และ STATA (Balduzzi, Rücker, & Schwarzer, 2019) แท้จริงแล้วมีอีกหนึ่งซอฟต์แวร์ที่มีความสามารถสูงและครอบคลุมในการวิเคราะห์ห่อภิมาณชื่อว่า Comprehensive Meta-Analysis (CMA) แต่อย่างไรก็ตามต้องอย่าลืมว่าโปรแกรม STATA หรือ CMA มีค่าใช้จ่ายสูง เพราะเป็นโปรแกรมที่มีลิขสิทธิ์ นอกจากนี้ โปรแกรม R สามารถดาวน์โหลดได้จากเว็บไซต์ ไม่มีค่าใช้จ่ายใดๆ และปัจจุบันใช้กันแพร่หลายในระดับโลก แต่การประยุกต์ใช้โปรแกรม R ในการวิเคราะห์ห่อภิมาณและการตีพิมพ์ยังมีจำนวนน้อยมากสำหรับนักวิชาการและนักวิจัยไทย ทั้งนี้ อาจเป็นเพราะ

การเรียนรู้โปรแกรม R ยากกว่าซอฟต์แวร์ที่ใช้วิเคราะห์ห่อภิมาณตัวอื่นๆ ถึงแม้จะมีการแนะนำวิธีการวิเคราะห์ห่อภิมาณด้วยโปรแกรม R โดยนักวิชาการไทยมากกว่า 10 ปี (Chanant, 2010) และยังมีร่องรอยการใช้โปรแกรม R ในการวิเคราะห์ห่อภิมาณ เช่น งานของ Dechpichai *et al.* (2017) ก็ตาม การใช้โปรแกรม R ในการวิเคราะห์ห่อภิมาณในบริบทของวิทยาศาสตร์สุขภาพมีจำนวนน้อยมาก อาจเป็นเพราะโปรแกรม R สามารถเรียนรู้ได้ค่อนข้างยาก ในขณะที่โปรแกรม R ได้มีการพัฒนาอย่างต่อเนื่อง ไม่หยุดยั้งและเป็นที่ยอมรับและยอมรับกันทั่วโลกมากขึ้นเรื่อยๆ ด้วยเหตุผลดังกล่าว การเรียนรู้โปรแกรม R จึงเป็นสิ่งที่คุ้มค่าและเป็นอีกหนึ่งทางเลือกที่น่าสนใจสำหรับนักวิชาการและนักวิจัยไทยในการวิเคราะห์ห่อภิมาณ ดังนั้น บทความวิชาการนี้จึงได้นำศักยภาพของโปรแกรม R ในการวิเคราะห์ห่อภิมาณในบริบทของวิทยาศาสตร์สุขภาพมาแนะนำให้เห็นเชิงประจักษ์เพื่อกระตุ้นให้นักวิชาการและนักวิจัยไทยมีการใช้โปรแกรม R สำหรับช่วยในการวิเคราะห์ห่อภิมาณเพิ่มมากขึ้น



ภาพประกอบ 1 จำนวนบทความที่ใช้การวิเคราะห์ห่อภิมาณ (Meta Analysis) ในการตีพิมพ์ระดับนานาชาติ

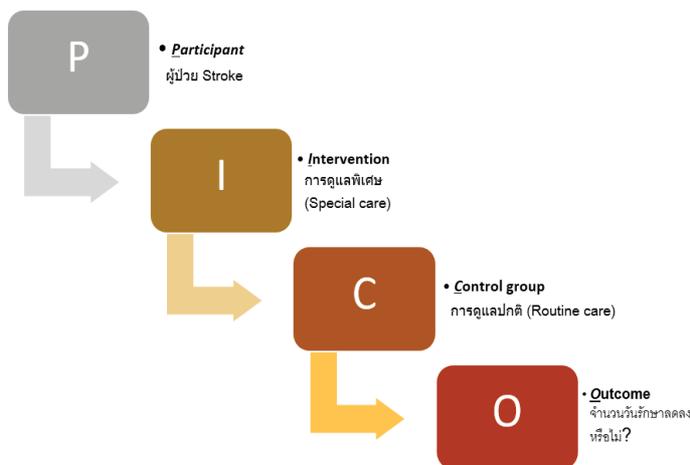
2. ความเป็นมาของการวิเคราะห์ห่อภิมาณ

O'rouke (2007) ได้กล่าวว่า การคิดเชิงการวิเคราะห์ห่อภิมาณได้เริ่มนำเข้ามาตั้งแต่ปี ค.ศ. 1904 ซึ่งในปีดังกล่าว Karl Pearson ได้ทำการศึกษาทหารอังกฤษในหลายพื้นที่และได้เปรียบเทียบกลุ่มที่ได้รับวัคซีนเพื่อป้องกันโรค Typhoid fever กับกลุ่มทหารที่ไม่ได้รับวัคซีน และได้้นำเอาผลการศึกษาจากพื้นที่ต่างๆ มาวิเคราะห์และสรุปผล ซึ่งแนวคิดดังกล่าวสอดคล้องกับ Pooled effect size ในการวิเคราะห์ห่อภิมาณในปัจจุบัน Karl Pearson ไม่ใช่เป็นผู้ที่บัญญัติคำว่า Meta analysis แต่ในปี ค.ศ. 1976 นั้น Gene Glass กลับเป็นผู้ที่บัญญัติคำว่า “Meta Analysis” ขึ้นเป็นคนแรก เขาได้กล่าวไว้ว่า “The statistical analysis of a large collection of results from individual studies for the purpose of integrating the findings” และได้กล่าวเพิ่มเติมอีกว่าเป็น “An analysis of analyses” (Gogtay & Thatte, 2017) จากคำกล่าวของ Gene Glass สามารถสรุปได้ว่า “Meta Analysis” เป็นการวิเคราะห์ทางสถิติของการศึกษาย่อยๆ จำนวนมากเพื่อที่จะบูรณาการข้อค้นพบ จากการศึกษาย่อยๆ ดังกล่าวนั้นให้เกิดการวิเคราะห์เป็นเดี่ยว (รวมการศึกษาย่อยๆ ให้เป็นหนึ่ง) ต่อมาการประยุกต์ใช้การวิเคราะห์ห่อภิมาณ

ในวงการแพทย์ได้เริ่มขึ้นไม่กี่ปีหลังจากการบัญญัติคำว่าวิเคราะห์ห่อภิมาณโดย Gene Glass (O'rouke, 2007) และได้มีการวิเคราะห์ห่อภิมาณจนมาถึงปัจจุบันอย่างแพร่หลายในระดับสากล

3. การทบทวนวรรณกรรมอย่างเป็นระบบ (Systematic Review)

การทบทวนวรรณกรรมอย่างเป็นระบบ (Systematic Review) เป็นจุดเริ่มต้นของการวิเคราะห์ห่อภิมาณ การทบทวนวรรณกรรมอย่างเป็นระบบจะสามารถบรรลุเป้าหมายได้นั้น ต้องอาศัยแนวคิดของ PICO และ PRISMA มาประยุกต์เข้าด้วยกัน โดยแนวคิดของ PICO เป็นแนวทางที่จะนำไปสู่การระบุคำถามการวิจัย (Research Question) ที่ชัดเจน ซึ่งคำถามการวิจัยจะนำไปสู่คำตอบที่ผู้วิจัยต้องการ เช่น จำนวนวันการรักษาสำหรับผู้ป่วยโรคหลอดเลือดสมองที่ได้รับการดูแลแบบพิเศษ น้อยกว่ากลุ่มที่ได้รับการดูแลแบบปกติหรือไม่? จะเห็นได้ว่าจุดแข็งของ PICO จะช่วยให้ผู้วิจัยระบุปัญหาการวิจัยได้อย่างชัดเจน (ตัวอย่างดังภาพประกอบ 1) ซึ่งเป็นสิ่งที่สำคัญมากเพราะการทบทวนวรรณกรรมอย่างเป็นระบบจะลัดตามปัญหาการวิจัยที่ผู้วิจัยได้ระบุไว้ในช่วงท้ายของการประยุกต์ใช้ PICO แต่อย่างไร



ภาพประกอบ 2 การประยุกต์ใช้ PICO ในการทบทวนวรรณกรรมอย่างเป็นระบบ

ก็ตามผู้วิจัยควรศึกษา PICO เพิ่มเติมเพราะ PICO มีขอบเขตที่กว้างกว่าเนื้อหาที่นำเสนอในบทความนี้ ที่สำคัญต้องปรับให้เข้ากับบริบทงานวิจัยของผู้วิจัยเอง และอาจศึกษาเพิ่มเติมจากบทความของ Cumpston *et al.* (2021) ส่วนแนวคิดของ PRISMA จะนำไปสู่การคัดเข้าและคัดออกของผลการศึกษา (Studies) ที่ชัดเจน และจำนวนการศึกษาที่เหมาะสม ก่อนที่จะนำเข้าสู่ขั้นตอนการวิเคราะห์ห่อภิณต่อไป ผู้วิจัยอาจศึกษาการทบทวนวรรณกรรมอย่างเป็นระบบได้จากบทความของ Cajal *et al.* (2020) และอาจมีอีกหนึ่งแนวคิดความเสี่ยงจากอคติ (Risk of Bias) ที่อาจเป็นทางเลือกเสริมที่ผู้วิจัยสามารถนำมาประยุกต์ใช้ในตอนท้ายของการทบทวนวรรณกรรมอย่างเป็นระบบ

3.2 การประยุกต์ใช้ PRISMA เพื่อคัดกรองวรรณกรรมสำหรับการนำเข้าวิเคราะห์ห่อภิณ

เมื่อได้คำถามการวิจัย (Research Question) จากการประยุกต์ใช้แนวคิดของ PICO ในหัวข้อที่ผ่านมา คำถามการวิจัยคือ “จำนวนวันรักษาลดลงหรือไม่?” (สำหรับกลุ่มผู้ป่วยโรคหลอดเลือดสมองที่ได้รับการดูแลเป็นพิเศษ เมื่อเทียบกับกลุ่มผู้ป่วยโรคหลอดเลือดสมองที่ไม่ได้รับการดูแลปกติ ผู้วิจัยจะต้องทบทวนวรรณกรรมอย่างเป็นระบบในลำดับต่อไป การทบทวนวรรณกรรมอย่างเป็นระบบหมายถึงการสืบค้นวรรณกรรม (Literature Search) ให้เป็นไปตามเกณฑ์การคัดเข้าและการคัดออก (Inclusion and Exclusion Criteria) ที่ผู้วิจัยได้กำหนดขึ้นโดยลัดตามคำถามการวิจัยที่ได้ในช่วงของการประยุกต์ใช้ PICO เพื่อจะนำไปสู่การวิเคราะห์ห่อภิณต่อไป ผู้วิจัยในระดับนานาชาติส่วนใหญ่จะใช้ PRISMA ในการอธิบายกระบวนการทบทวนวรรณกรรมอย่างเป็นระบบ สำหรับงานวิจัยที่ใช้การวิเคราะห์ห่อภิณนั้น PRISMA ย่อมาจาก Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses (Page *et al.* 2021) องค์ประกอบของ PRISMA

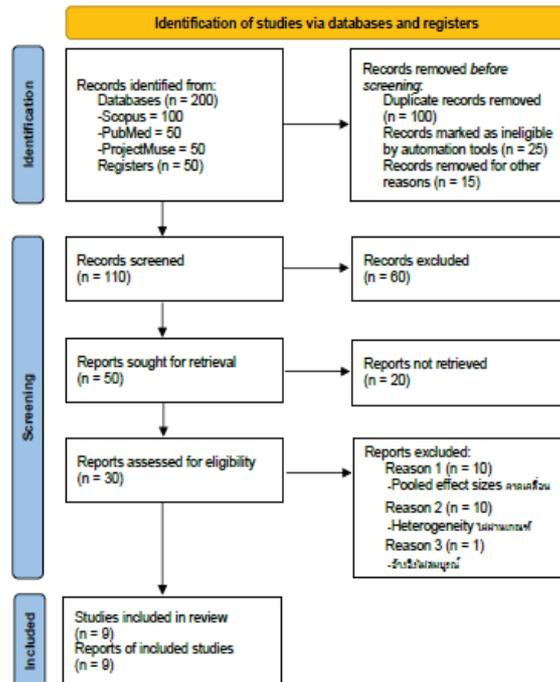
(ภาพประกอบ 3) เป็นรูปแบบการรายงานจำนวนการศึกษาที่จะคัดเข้ามาเพื่อทำการวิเคราะห์ห่อภิณต่อไป คำถามการวิจัยของงานที่ใช้เป็นตัวอย่างในบทความนี้คือจำนวนวันที่รักษาอยู่ในโรงพยาบาลของกลุ่มผู้ป่วยโรคหลอดเลือดสมองที่ได้รับการดูแลเป็นพิเศษ กับกลุ่มที่ได้รับการดูแลปกติว่าจำนวนวันรวมที่เข้ารักษาแตกต่างกันหรือไม่? จำนวนวันลดลง หรือไม่ (สำหรับกลุ่มที่ได้รับการดูแลเป็นพิเศษ)? ดังนั้นการทบทวนวรรณกรรมอย่างเป็นระบบจะต้องสืบค้นงานวิจัยที่มีการเปรียบเทียบผู้ป่วยที่เป็นโรคหลอดเลือดสมอง 2 กลุ่ม กลุ่มที่หนึ่งเป็นกลุ่มที่ได้รับการดูแลเป็นพิเศษ และกลุ่มที่สองเป็นกลุ่มที่ได้รับการดูแลปกติ

ประการสำคัญงานทั้งหมดที่จะคัดเข้ามารอบสุดท้ายจะต้องมีตัวแปรที่สำคัญดังนี้ จำนวนวันรวม (Number of Days) ที่ผู้ป่วย 2 กลุ่มรักษาตัวอยู่ในโรงพยาบาล รวมค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน (Standard Deviation: SD) ของจำนวนวันที่พักรักษาตัวในโรงพยาบาล ขนาดตัวอย่าง (Sample Size, n) ของการศึกษาที่คัดเข้าทั้งหมด

จากภาพประกอบ 3 เป็นการประยุกต์ใช้ PRISMA ในการคัดเข้าและคัดออกการศึกษาที่จะนำไปสู่การวิเคราะห์ห่อภิณ (Page *et al.* 2021) จะเห็นได้ว่าจำนวนการศึกษาที่ได้คัดเข้าที่จะนำไปทำการวิเคราะห์ห่อภิณต่อไปรวมเป็นจำนวนทั้งสิ้น 9 การศึกษา หัวข้อถัดไปจะเป็นการแนะนำการวิเคราะห์ห่อภิณด้วยโปรแกรม R พร้อมอ้างอิงแพ็คเกจ (Package) ที่ใช้

3.1 การประยุกต์ใช้ PICO เพื่อนำไปสู่การกำหนดคำถามการวิจัยที่ชัดเจน

แนวคิด PICO จะช่วยให้ผู้วิจัยกำหนดปัญหาการวิจัยได้ชัดเจน (ดังภาพประกอบ 2) จุดเริ่มต้นของการประยุกต์ใช้แนวคิด PICO จะต้องระบุว่ากลุ่มที่ผู้วิจัยจะศึกษาเป็นใคร (Participant) เช่น ผู้ป่วยที่เป็นโรคหลอดเลือดสมอง (Stroke) ต่อไปต้องระบุ



ภาพประกอบ 3 การทบทวนวรรณกรรมอย่างเป็นระบบโดยใช้รูปแบบการรายงาน PRISMA

วิธีการแทรกแซง (Intervention) เช่น มีการดูแลผู้ป่วยโรคหลอดเลือดสมองเป็นพิเศษ (Special Care) และกลุ่มควบคุมเป็นใคร (Control Group)

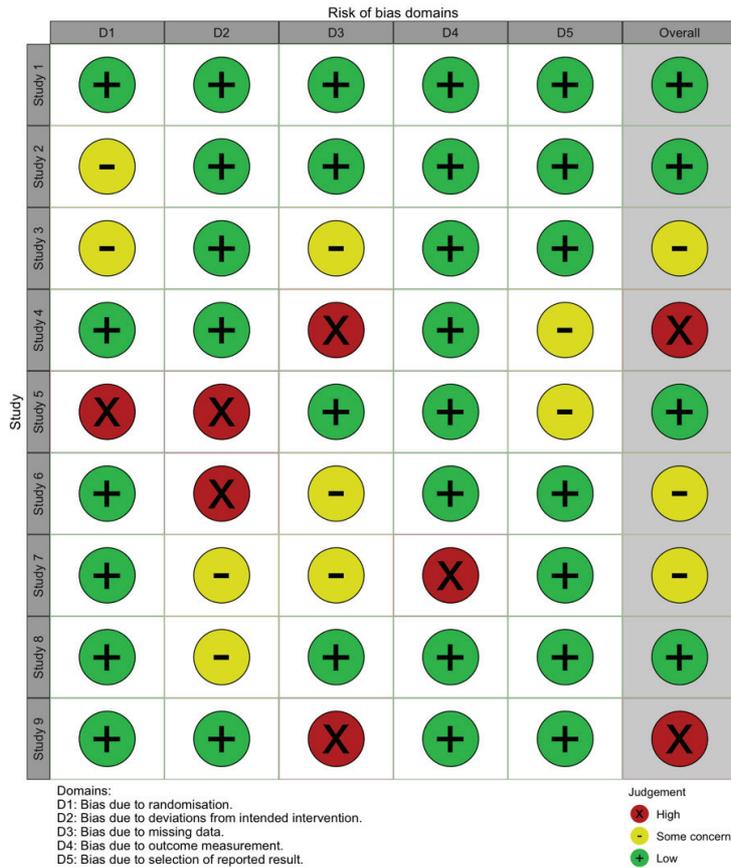
3.3 การวิเคราะห์ความเสี่ยงต่ออคติ (Risk of Bias) เป็นทางเลือกเสริม

ความเสี่ยงต่ออคติ (Risk of Bias) เป็นแนวคิดที่ให้ผู้วิจัยได้ประเมินด้วยตนเองว่างานวิจัยที่ได้คัดเข้ามาแล้วเพื่อทำการวิเคราะห์ห่อหุ้มต่อไปว่ามีความเสี่ยงต่ออคติ หรือไม่?

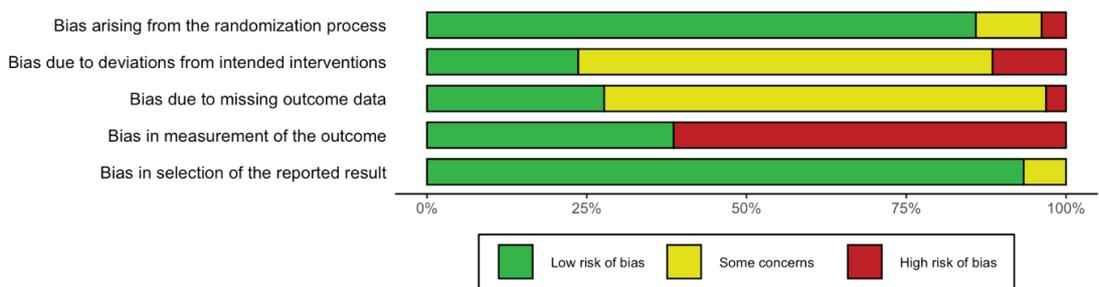
ผู้วิจัยสามารถศึกษาแนวคิดความเสี่ยงต่ออคติได้จาก บทความของ Durand *et al.* (2014) ปกติการประเมินในลักษณะดังภาพประกอบ 4 จะต้องสร้างจากโปรแกรม Review Manager (RevMan) ของสถาบัน Cochrane Institute

ผู้วิจัยหลายคนทั่วโลกอาจไม่ได้ใช้โปรแกรม RevMan ในการทำการทบทวนวรรณกรรมอย่างเป็นระบบ แต่ผู้วิจัยสามารถจัดทำผลการวิเคราะห์ตาม

ภาพประกอบ 4 ได้ด้วยโปรแกรม R กล่าวอีกแบบหนึ่งคือโปรแกรม R สามารถวิเคราะห์ความเสี่ยงต่ออคติด้วยแพ็คเกจที่ชื่อว่า robvis Package ซึ่งเป็นผลงานของ McGuinness (2019) โดยที่ robvis Package สามารถทำ Traffic light plot และ Bar plot (ดังภาพประกอบ 4a และ 4b) ได้ โดยที่ภาพประกอบ 4a นั้น Traffic light plot ประกอบด้วย 2 แกน แกน Y (แนวนอน) จะเรียง Study จากบนลงล่าง และแกน X (แนวตั้ง) จะเรียง Risks of bias domains จากซ้ายไปขวา ตามตัวอย่างมีความเสี่ยงอยู่ 5 ประเภท คำอธิบายความเสี่ยง ดังนี้ Bias due to randomization, Bias due to deviations from intended interventions, Bias due to missing outcome data, Bias due to outcome measurement และ Bias due to selection of reported result ต่อไปภาพประกอบ 4b แสดงถึง Bar plot โดยจะแสดงระดับความเสี่ยงของ 5 ประเภทแบ่งเป็น 3 ระดับ Low risk bias, Some concerns และ High risk bias



(a)



(b)

ภาพประกอบ 4 ตัวอย่างผลการวิเคราะห์ความเสี่ยงต่ออคติด้วยโปรแกรม R โดยใช้ robvis Package โดยที่ (a) แสดง Traffic light plot และ (b) แสดง Bar plot

ท้ายสุดขอแนะนำให้ศึกษาเกี่ยวกับความเสี่ยงจากอคติเพิ่มเติม เช่น หนังสือของ Littell, Corcoran, & Pillai (2008) ที่ได้มีการกล่าวถึงเรื่องของเกณฑ์

คุณภาพที่เอาไว้คัดกรองการศึกษาที่คัดเข้าเพื่อทำการวิเคราะห์ห่อภิมานต่อไป

3.4 องค์ประกอบหลักการวิเคราะห์ หอกิมาณทั่วไป

องค์ประกอบแรกคือการนำข้อมูลการวิจัย
เข้าโปรแกรมเพื่อการวิเคราะห์หอกิมาณอาจทำได้
สองแบบ

แบบที่หนึ่งคือการนำเข้าข้อมูลในรูปแบบ
ของมุลดิบ (Raw Data) เช่น Mean, SD, และ n
ของกลุ่มที่หนึ่งและกลุ่มที่สองจากการศึกษาที่ได้คัด
เข้ามาวิเคราะห์หอกิมาณ แล้วให้ Software ที่ผู้วิจัย
เลือกคำนวณขนาดอิทธิพล (Effect Sizes) ก่อนการ
วิเคราะห์หอกิมาณในขั้นตอนต่อไป

แบบที่สองเป็นการใช้ขนาดอิทธิพลเป็น
ข้อมูลนำเข้าที่มาจากการศึกษาที่คัดเข้ามาวิเคราะห์
หอกิมาณ ต่อไปเป็นการวิเคราะห์ขนาดอิทธิพลรวม
(Pooled Effect Size), การวิเคราะห์ Forest plot,
การวิเคราะห์ Test of heterogeneity, การวิเคราะห์
Funnel plot และการวิเคราะห์อคติจากการตีพิมพ์
(Publication Bias) ตามลำดับ รวมทั้งควรมีการ
วิเคราะห์ความไว (Sensitivity Analysis) และอาจ
มีการวิเคราะห์กำลังการทดสอบ (Power Analysis)
เพื่อทดสอบว่าจำนวนการศึกษาที่คัดเข้าเพียงพอหรือไม่
มีกำลังพอหรือไม่ ผู้วิจัยอาจวิเคราะห์หรือไม่วิเคราะห์
กำลังการทดสอบก็ได้ ทั้งนี้ขึ้นอยู่กับความตั้งใจ
ของผู้วิจัยแต่ถ้ามีการวิเคราะห์กำลังการทดสอบอาจ
ทำให้การวิเคราะห์หอกิมาณของผู้วิจัยมีความน่าเชื่อถือ
มากยิ่งขึ้น

4. ผลการสังเคราะห์การวิเคราะห์หอกิ มาณด้วยโปรแกรม R

โปรแกรม R นั้นสามารถวิเคราะห์ขนาด
อิทธิพลโดยพิจารณาจากตาราง 1 โดยโปรแกรม R มี
ความสามารถในการสร้างพล็อต (Plot) ต่างๆ ดังนั้น
การที่จะนำเข้าข้อมูลและวิเคราะห์ข้อมูลจะต้องเขียน
คำสั่งเพื่อสั่งให้โปรแกรม R ทำงานตามที่ผู้วิจัยต้องการ

และต้องสอดคล้องกับหลักสถิติที่ถูกต้อง ตัวอย่างการ
เขียนคำสั่งของโปรแกรม R แสดงดังภาพประกอบ
6 โดยจะต้องสามารถอ่านผลได้ทั้งในรูปแบบอักษร
(Text Output) และพล็อต

4.1 ความสามารถในการวิเคราะห์ ขนาดอิทธิพลรวม (Pooled Effect Size) ของโปรแกรม R โดยใช้ meta Package

ก่อนที่จะเริ่มการวิเคราะห์หอกิมาณด้วย meta
Package จะขอกล่าวถึงความสามารถในการวิเคราะห์
ขนาดของอิทธิพลรวมของ meta Package ซึ่งสรุป
อยู่ในตาราง 1 ซึ่ง ตาราง 1 แสดงให้เห็นถึงรายชื่อ
วิธีการวิเคราะห์ทางสถิติ (สดมภ์ 1) ชื่อวิธีการวิเคราะห์
ใน R (สดมภ์ 2) และขนาดอิทธิพลรวมที่สามารถวิเคราะห์
(สดมภ์ 3) กล่าวโดยย่อจะเห็นได้ว่า meta Package
สามารถวิเคราะห์ขนาดอิทธิพลรวมได้หลากหลาย
รายละเอียดเพิ่มเติมขอแนะนำให้ผู้่านศึกษาเพิ่มเติม
จากงานของ Balduzzi, Rücker, & Schwarzer (2019)
วิธีที่ 1-4 ในตาราง 1 ใช้กับ Single-group designs
วิธีการที่ 5-8 ใช้กับ Two-group designs โดยผู้่าน
สามารถศึกษาความแตกต่างระหว่าง Single-group
design กับ Two-group designs จากบทความ
ของ Barker *et al.* (2021) โปรแกรม R นอกจากมี
ความสามารถในการวิเคราะห์ขนาดอิทธิพลรวมได้
หลากหลายแล้วยังสามารถพล็อตค่าต่างๆ ที่ใช้
ประกอบกับการวิเคราะห์หอกิมาณได้ ดังนี้

- Forest plot
- Funnel plot
- Galbraith plot / Radial plot
- L'Abbe plot
- Baujat plot
- Bubble plot

ตาราง 1 ชื่อวิธีการวิเคราะห์ทางสถิติ, ชื่อวิธีการวิเคราะห์ใน R, และขนาดอิทธิพลรวม

ชื่อวิธีการวิเคราะห์ (ทางสถิติ)	ชื่อวิธีการ วิเคราะห์ (ใน R)	ขนาดอิทธิพลรวม (Pooled Effect Size)
1. Meta-analysis of single means	Metameans	MRAW และ MLN
2. Meta-analysis of single proportions	Metaprop	Proportion
3. Meta-analysis of single incidence rates	Metarate	Incident rate และ HR
4. Meta-analysis of single correlations	Metacor	COR และ ZCOR
5. Meta-analysis of continuous outcome data	metacont	MD, SMD, และ ROM
6. Meta-analysis of binary outcome data	Metabin	RR, RD, OR, ASD, DOR, และ VE
7. Meta-analysis of incidence rates	Metainc	IRR, IRD, IRSD, และ VE
8. Meta-analysis of genetic inverse variance	metagen	RR, logRR, RD, OR, ASD, DOR, และ VE

คำเต็ม: MRAW = mean, MLN = log transformed mean, HR = hazard ratio, COR = correlation, ZCOR = Fisher's z transformed correlation, MD = mean difference, SMD = standardized mean difference, ROM = ratio of mean, RR = relative risk/risk ratio, RD = risk difference, OR = odds ratio, ASD = arcsine difference, DOR = diagnostic odds ratio, VE = vaccine effectiveness, IRR = Incidence rate ratio, IRD = Incidence rate different, IRSD = Square root transformed incidence rate difference

4.2 การนำเข้าชุดข้อมูลเพื่อการวิเคราะห์ อภิमानในโปรแกรม R

เริ่มต้นด้วยการกล่าวถึงคำถามการวิจัยของงานที่ใช้เป็นตัวอย่างของบทความนี้อีกครั้งที่ได้กำหนดในช่วงที่มีการประยุกต์ใช้ PICO คำถามการวิจัยคือ “ระหว่างผู้ป่วยโรคหลอดเลือดสมอง (Stroke) ในกลุ่มที่ได้รับการดูแลเป็นพิเศษ (Specialized Care) กับกลุ่มที่ได้รับการดูแลแบบปกติ (Routine Management) กลุ่มที่ได้รับการดูแลเป็นพิเศษ (Specialized Care) ใช้เวลาในการรักษาจำนวนวัน น้อยกว่า หรือไม่?” การนำเข้าข้อมูลเพื่อการวิเคราะห์สำหรับโปรแกรม R สามารถนำเข้าได้ 2 รูปแบบ: ข้อมูลดิบ หรือขนาดอิทธิพล (Effect Sizes) บทความนี้จะใช้ตัวอย่างการนำเข้าข้อมูลดิบในรูปแบบของไฟล์โปรแกรม Excel ข้อมูลนำเข้ามาจากบทความของ Norman ในปี ค.ศ. 1999 (Herra *et al.* 2021) ข้อมูลประกอบด้วย 2 กลุ่มกลุ่มที่ 1 ผู้ป่วยโรคหลอดเลือดสมองที่ได้รับการดูแลเป็นพิเศษ กลุ่มที่ 2 ผู้ป่วยโรคหลอดเลือดสมองที่

ได้รับการดูแลปกติ โดย N หมายถึงจำนวนผู้ป่วยทั้งสองกลุ่ม LOS หมายถึงจำนวนวันที่ได้รับการรักษา และ SD หมายถึงค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของทั้งสองกลุ่ม การวิเคราะห์ข้อมูลชุดนี้จะวิเคราะห์ด้วยโปรแกรม R โดยใช้คำสั่ง metacont ที่อยู่ใน meta Package (เป็นวิธีการที่เอาไว้วิเคราะห์ Continuous data ซึ่งในที่นี้คือค่าเฉลี่ย (Mean) ของจำนวนวันที่ผู้ป่วยโรคหลอดเลือดสมองพักรักษาตัวอยู่ในโรงพยาบาล) ดังนั้น ข้อมูลต้องมี 3 ตัวแปรประกอบด้วยค่า N , Mean และ SD ของกลุ่มที่ได้รับการดูแลเป็นพิเศษ และกลุ่มที่ได้รับการดูแลปกติ เพื่อนำเข้าโปรแกรม R สำหรับการวิเคราะห์อิทธิพลรวมด้วยวิธีการ Common (fixed) effect model และ Random effect model และการวิเคราะห์อื่นๆ ที่เกี่ยวข้องต่อไปตามลำดับ การกำหนดคีย์ข้อมูลในไฟล์ Excel ดูได้ดังตัวอย่างตามภาพประกอบ 5 โดยภาพประกอบ 5a คือข้อมูลที่มีค่าตัวแปรครบถ้วน และภาพประกอบ 5b คือการแปลงค่าให้อยู่ในรูปแบบของไฟล์ Excel

Source	Specialist care			Routine management		
	N	Mean LOS	SD	N	Mean LOS	SD
1. Edinburgh	155	55.0	47.0	156	75.0	64.0
2. Orpington-Mild	31	27.0	7.0	32	29.0	4.0
3. Orpington-Moderate	75	64.0	17.0	71	119.0	29.0
4. Orpington-Severe	18	66.0	20.0	18	137.0	48.0
5. Montreal-Home	8	14.0	8.0	13	18.0	11.0
6. Montreal-Transfer	57	19.0	7.0	52	18.0	4.0
7. Newcastle 1993	34	52.0	45.0	33	41.0	34.0
8. Umea 1985	110	21.0	16.0	183	31.0	27.0
9. Uppsala 1982	60	30.0	27.0	52	23.0	20.0
Total	548			610		

LOS = length of stay measured in days; SD = standard deviation.

(a)

	A	B	C	D	E	F	G
1	n.e	mean.e	sd.e	n.c	mean.c	sd.c	studlab
2	155	55	47	156	75	64	Edinburgh
3	31	27	7	32	29	4	Orpington-Mild
4	75	64	17	71	119	29	Orpington-Moderate
5	18	66	20	18	137	48	Orpington-Severe
6	8	14	8	13	18	11	Montreal-Home
7	57	19	7	52	18	4	Montreal-Transfer
8	34	52	45	33	41	34	New Castle
9	110	21	16	183	31	27	Umea
10	60	30	27	52	23	20	Uppsala

(b)

ภาพประกอบ 5 แสดงให้เห็นถึงตัวอย่างข้อมูลการวิจัย โดย (a) แสดงถึงตัวอย่างข้อมูล และ (b) ข้อมูลที่ถูกแปลงให้อยู่ในรูปแบบของโปรแกรม Excel เพื่อนำเข้าไปวิเคราะห์ในโปรแกรม R โดยใช้ meta Package

4.3 การเขียนคำสั่งในโปรแกรม R เพื่อการวิเคราะห์หอกิมาณโดยใช้ meta Package

จากภาพประกอบ 6 แสดงให้เห็นถึงตัวอย่างชุดคำสั่งที่เอาไว้สั่งโปรแกรม R ให้วิเคราะห์หอกิมาณเพื่อให้ได้ค่าสถิติต่างๆ ที่ต้องการ เริ่มต้นที่ชุดคำสั่ง

- **บรรทัดที่ 1-2** เป็นคำสั่งเพื่อติดตั้งแพ็คเกจที่ผู้วิจัยต้องการ เช่น meta ที่ใช้วิเคราะห์หอกิมาณ และ readxl สำหรับอ่านข้อมูลจากไฟล์ Excel

- **บรรทัดที่ 3** library(meta) เป็นการเรียก meta Package ซึ่งผู้พัฒนาผลงานคือ Balduzzi, Rücker, & Schwarzer (2019) มาใช้งาน

- **บรรทัดที่ 4** library("readxl") เป็นการเรียกใช้ readxl Package ผลงานของ Wickham & Bryan (2023) เพื่ออ่านข้อมูลจากไฟล์ Excel

- **บรรทัดที่ 6** data <-read_excel("D:/Normand1999.xlsx") เป็นการอ่านไฟล์ Excel เป็นไฟล์ข้อมูลดิบจากไดร์ D

- **บรรทัดที่ 7** data เป็นสิ่งให้แสดงข้อมูลนำเข้า

- **บรรทัด 9-18** เป็นชุดคำสั่งที่ใช้ metacont function วิเคราะห์ข้อมูลนำเข้าที่ประกอบด้วย mean, SD และ n ของกลุ่ม Experiment (Specialized Care) และกลุ่ม Control (Routine Care)

หลังจากการสั่งให้โปรแกรม R รันชุดคำสั่ง จะได้ผลลัพธ์ 2 แบบ ผลลัพธ์ที่เป็นตัวอักษร (Text Output) แสดงดังภาพประกอบ 7 และ Forest Plot แสดงดังภาพประกอบ 8 เพิ่มเติม meta Package สามารถใช้วิธีการคำนวณที่หลากหลาย ยกตัวอย่าง เช่น metacont function สามารถคำนวณ mean difference ด้วย Hedges' g, Cohen's d, และ Glass' delta และสามารถคำนวณ Between-study variance ได้ด้วยหลากหลายวิธีเช่นกันรวมถึง DerSimonian-Laird estimator, Paule-Mandel estimator, Restricted maximum-likelihood estimator, Maximum-likelihood estimator, Hunter-Schmidt estimator, Sidik-Jonkman estimator, Hedges estimator และ Empirical Bayes estimator (Balduzzi, Rücker, & Schwarzer, 2019)

4.4 ผลการวิเคราะห์ห่อภิมาณและสถิติที่เกี่ยวข้องในรูปแบบที่เป็นอักษรด้วยโปรแกรม R โดยใช้ meta Package

ตัวอย่างโปรแกรม R ดังภาพประกอบ 7 สามารถแบ่งผลการวิเคราะห์ออกเป็น 4 ส่วนหลักๆ

ส่วนที่ 1 ประกอบด้วยขนาดอิทธิพลที่ผู้วิจัยสามารถเลือกใช้ในการวิเคราะห์ ตัวอย่างใช้ Standardized mean difference (SMD) ของ 9 ปัจเจกการศึกษา (จาก 1,158 ตัวอย่าง) สามารถดูตัวอย่างเลือกขนาดอิทธิพลเพิ่มเติมได้ที่ตาราง 1

ส่วนที่ 2 เป็นการวิเคราะห์อิทธิพลรวม (Pooled Effect Size) พร้อมมีการแสดงค่าช่วงความเชื่อมั่น 95% (Confidence Interval) และค่า p-value และสามารถให้แสดงผลเป็นแบบ Common (fixed) effect model และ/หรือ Random effect

```
1 install.packages("meta")
2 install.packages("readxl")
3 library(meta)
4 library("readxl")
5
6 data <- read_excel("D:/Normand1999.xlsx")
7 data
8
9 m1 <- metacont(n.e,
10   mean.e,
11   sd.e,
12   n.c,
13   mean.c,
14   sd.c,
15   studlab,
16   data = data, sm = "SMD")
17 m1
18 forest(m1)
```

ภาพประกอบ 6 ตัวอย่างชุดคำสั่ง R ที่ใช้วิเคราะห์ห่อภิมาณสั่งให้แสดงผลการวิเคราะห์ในรูปแบบของอักษรและภาพ

	SMD	95%-CI	%W(common)	%W(random)
Edinburgh	-0.3552	[-0.5792; -0.1311]	29.1	11.9
Orpington-Mild	-0.3479	[-0.8458; 0.1499]	5.9	11.1
Orpington-Moderate	-2.3176	[-2.7393; -1.8958]	8.2	11.4
Orpington-Severe	-1.8880	[-2.6874; -1.0886]	2.3	10.0
Montreal-Home	-0.3840	[-1.2740; 0.5060]	1.8	9.6
Montreal-Transfer	0.1721	[-0.2044; 0.5487]	10.3	11.5
New Castle	0.2721	[-0.2092; 0.7533]	6.3	11.2
Umea	-0.4246	[-0.6636; -0.1856]	25.6	11.8
Uppsala	0.2896	[-0.0838; 0.6629]	10.5	11.5

Number of studies combined: k = 9
 Number of observations: o = 1158

	SMD	95%-CI	z	p-value
Common effect model	-0.4078	[-0.5287; -0.2869]	-6.61	< 0.0001
Random effects model	-0.5362	[-1.1406; 0.0683]	-1.74	0.0821

Quantifying heterogeneity:
 tau² = 0.7887 [0.3241; 3.1068]; tau = 0.8881 [0.5693; 1.7626]
 I² = 93.5% [89.7%; 95.9%]; H = 3.91 [3.12; 4.91]

Test of heterogeneity:
 Q d.f. p-value
 122.42 8 < 0.0001

Details on meta-analytical method:
 - Inverse variance method
 - Restricted maximum-likelihood estimator for tau²
 - Q-Profile method for confidence interval of tau² and tau
 - Hedges' g (bias corrected standardised mean difference; using exact formulae)

ภาพประกอบ 7 ผลการวิเคราะห์ห่อภิมาณในรูปแบบของอักขรโดยใช้ meta Package

model เหตุผลหนึ่งที่น่าจะ Common (fixed) effect model เพราะระดับ Heterogeneity เป็น 0 หรือต่ำ และเหตุผลที่อาจใช้ Random effect model เพราะระดับ Heterogeneity อยู่ในระดับต่ำถึงปานกลาง อีกหนึ่งเหตุผลอาจเป็นเพราะว่าขนาดอิทธิพลของการศึกษามีการแจกแจงไม่ปกติ (Spineli & Pandis, 2020)

ส่วนที่ 3 เป็นผลการทดสอบความไม่เป็นเอกพันธ์ (Heterogeneity) จากตัวอย่างไม่ผ่านเกณฑ์เพราะ I² (93.5%) อยู่ในระดับที่สูงมาก แต่มีวิธีแก้ไขคืออาจวิเคราะห์ว่าการศึกษาใดเป็น Outlier

แล้วนำการศึกษาที่ถือว่าเป็น Outlier นั้นออกจากการวิเคราะห์ซ้ำก็จะทำให้สามารถผ่านเกณฑ์ความไม่เป็นเอกพันธ์ได้ หรืออาจใช้วิธีการอื่น เช่น การวิเคราะห์ Sensitivity analysis (Migliavaca *et al.* 2022) ถ้าการวิเคราะห์ Sensitivity analysis ผ่านเกณฑ์ก็อาจมองข้ามการทดสอบความไม่เป็นเอกพันธ์ที่ไม่ผ่านเกณฑ์ได้ ในบทความนี้แก้ปัญหาเรื่องความไม่เป็นเอกพันธ์โดยใช้การวิเคราะห์การศึกษาที่เป็น Outliers แล้วนำการศึกษาที่เป็นอาจเป็น Outliers ออกจากการวิเคราะห์ซึ่งส่งผลทำให้ค่าความไม่เป็นเอกพันธ์ ผ่านเกณฑ์ (ก็คือเป็นเอกพันธ์)

ส่วนที่ 4 แสดงรายละเอียดการวิเคราะห์
Meta-analytic method เช่น การใช้วิธี Inverse
variance method

4.5 การวิเคราะห์ Between-study Heterogeneity และค่าสถิติที่สำคัญ ด้วยโปรแกรม R โดยใช้ meta Package

เอกพันธ์ (Heterogeneity) หมายถึงความ
แตกต่างของอิทธิพลรวมระหว่างการศึกษาที่นำเข้า
วิเคราะห์ห่อภิมาณ (Linden & Hönekopp, 2021)
ว่าไม่มีความเป็นเอกพันธ์ หรือไม่ (ผู้วิจัยต้องการให้
ไม่เกิดความไม่มีความเอกพันธ์ หรือกล่าวอีกแบบหนึ่ง
คือต้องการให้ผลการทดสอบชี้ว่าการศึกษาที่คัดเข้ามา
วิเคราะห์ห่อภิมาณมีความเป็นเอกพันธ์) ค่าสถิติที่แสดง
ระดับ Heterogeneity มีดังนี้ Cochran's Q-statistic,
Higgin's & Thompson's I^2 และ Tau-squared τ^2
ซึ่งในโปรแกรม R จะมีค่า p-value กำกับซึ่งจะช่วย
ให้ผู้วิจัยทราบว่า Heterogeneity มีนัยสำคัญ หรือไม่
แน่นอนผู้วิจัยไม่ต้องการให้มีนัยสำคัญ และค่าที่
ผู้วิจัยควรจะต้องดูเพิ่มเติมเป็นพิเศษคือ I^2 (ที่แสดง
หน่วยเป็น %) สิ่งที่ผู้วิจัยต้องการมากที่สุดคือระดับ
“Low” รองลงมาคือ “Moderate” ตามและสิ่ง
ไม่ปรารถนาคือ “Substantial” คำอธิบายค่า I^2 อยู่
ด้านล่างนี้ (ในกรณีที่ Heterogeneity ไม่ผ่านผู้วิจัย
อาจพิจารณาวิเคราะห์ Outlier เพื่อหาว่าการศึกษา
ใดเป็น Outlier แล้วพิจารณานำเอาการศึกษานั้นออก
จากการวิเคราะห์เพื่อทำให้ผ่านเกณฑ์ Heterogeneity)
หรือใช้ผลการวิเคราะห์ Sensitivity analysis ที่ผ่าน
เกณฑ์อาจทำให้ผู้วิจัยสามารถมองข้ามเรื่องการไม่ผ่าน
เกณฑ์ความไม่เป็นเอกพันธ์ เกณฑ์การจัดระดับ
ความไม่เป็นเอกพันธ์ ดังนี้

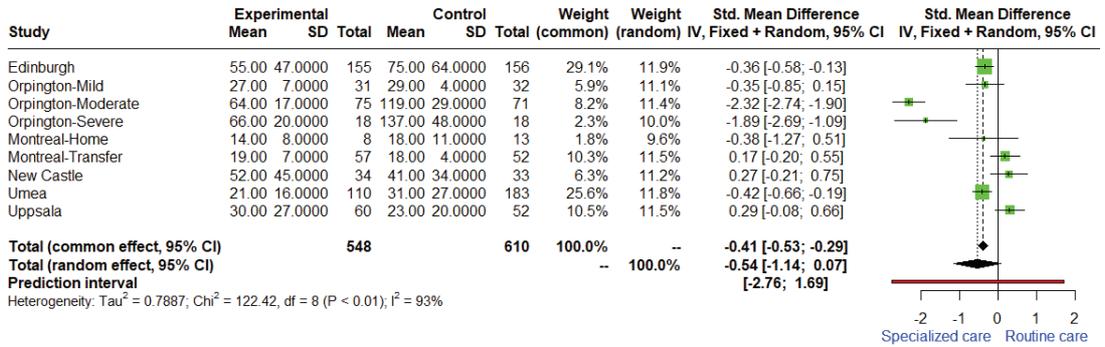
$I^2 = 25\%$: ต่ำ (Low Heterogeneity)

$I^2 = 50\%$: ปานกลาง (Moderate
Heterogeneity)

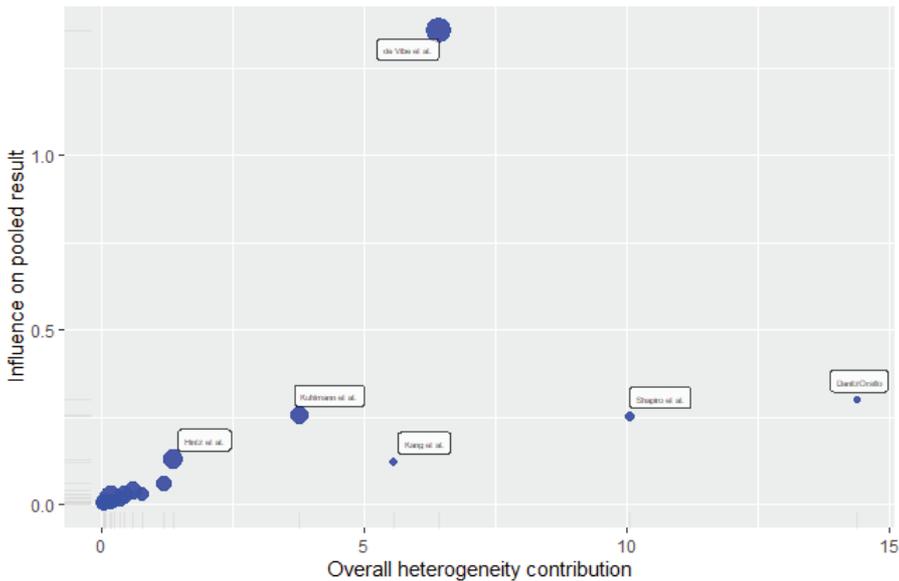
$I^2 = 75\%$: สูง (Substantial
Heterogeneity)

4.6 การวิเคราะห์และผลการวิเคราะห์ Forest Plot ด้วยโปรแกรม R โดยใช้ meta Package

หลังจากการวิเคราะห์ห่อภิมาณที่ได้ผลการ
วิเคราะห์เป็นตัวหนังสือแล้ว โปรแกรม R สามารถ
วิเคราะห์ Forest plot แสดงผลเป็นภาพได้อีกด้วย
และมีความจำเป็นอย่างยิ่งที่ต้องแสดงผลเป็นภาพ
เพราะการตีพิมพ์มีความจำเป็นต้องแสดง Forest
plot เป็นภาพ จากภาพประกอบ 8 จะเห็นได้ว่า
มีการศึกษาและวิเคราะห์รายชื่อของการศึกษาทั้ง
9 นี้ ซึ่งอยู่ภายใต้สดมภ์ที่ชื่อว่า Study ต่อสดมภ์
Mean และ SD ของ 2 กลุ่มที่มีการเปรียบเทียบกัน
กลุ่มที่หนึ่งคือกลุ่ม Experimental (Specialized
Care) คือกลุ่มผู้ป่วยที่ได้รับการดูแลเป็นพิเศษ
กลุ่มที่สอง คือ Control (Routine Care) คือกลุ่ม
ผู้ป่วยที่ได้รับการดูแลแบบปกติทั่วไป แต่ละกลุ่มจะ
แสดงค่า Mean หมายถึงจำนวนวันเฉลี่ยที่เข้ารับการ
รักษาค่า SD คือค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน และ Total
หมายถึงจำนวนผู้ป่วยรวมที่เข้าร่วมในแต่ละการศึกษา
ต่อจากนี้เป็นสดมภ์ Weight (Common) เป็นค่า
น้ำหนักของการศึกษาที่คำนวณจาก Common (fixed)
model และ Random model ทั้งสองวิธีแสดงเป็น
เปอร์เซ็นต์ (%) กล่องสี่เหลี่ยมจัตุรัสเป็นสัญลักษณ์
แสดงถึงค่าน้ำหนักของแต่ละการศึกษา (กล่องยิ่งใหญ
แสดงว่าการศึกษานั้นมีน้ำหนักมากกว่าการศึกษาอื่น)
ขนาดอิทธิพล (Effect Sizes) ที่ใช้ในการศึกษาตาม
ตัวอย่างนี้คือ Standardized mean difference
(SDM) และประกอบด้วยค่า Confidence intervals
(CIs) ซึ่งจะเห็นได้ว่าการศึกษาที่นำเข้าการวิเคราะห์
ห่อภิมาณมีนัยสำคัญทางสถิติทั้งหมดรวมถึง Total
(Common effect) และ Total (Random effect)
ด้านซ้ายล่างสุดของตารางแสดงค่า Heterogeneity
($p < 0.01$) และ $I^2 = 93\%$ ความหลากหลายของการ
ศึกษาอาจสูงเกินไป (วิธีแก้วิธีหนึ่งอาจตัดการศึกษา
ที่นับว่าเป็น Outlier(s) ออกไปเพื่อลดความ
หลากหลายของการศึกษาลงให้อยู่ในระดับที่เหมาะสม



ภาพประกอบ 8 แสดงการพล็อตแบบ Forest Plot ด้วย meta Package



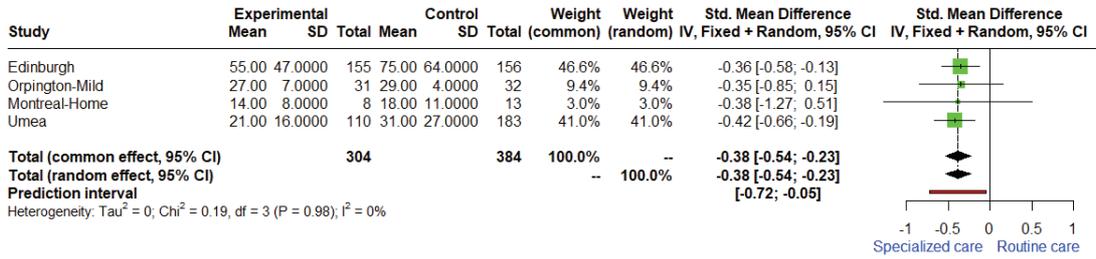
ภาพประกอบ 9 ผลการวิเคราะห์ Baujat Plot ด้วย meta Package

ผู้วิจัยเป็นผู้พิจารณาว่าจะตัด Outlier(s) ออก หรือไม่) ในบทความนี้ยังไม่ได้มีการตัด Outlier(s) ออก ตอนนี้ และมีการวิเคราะห์ Funnel plot

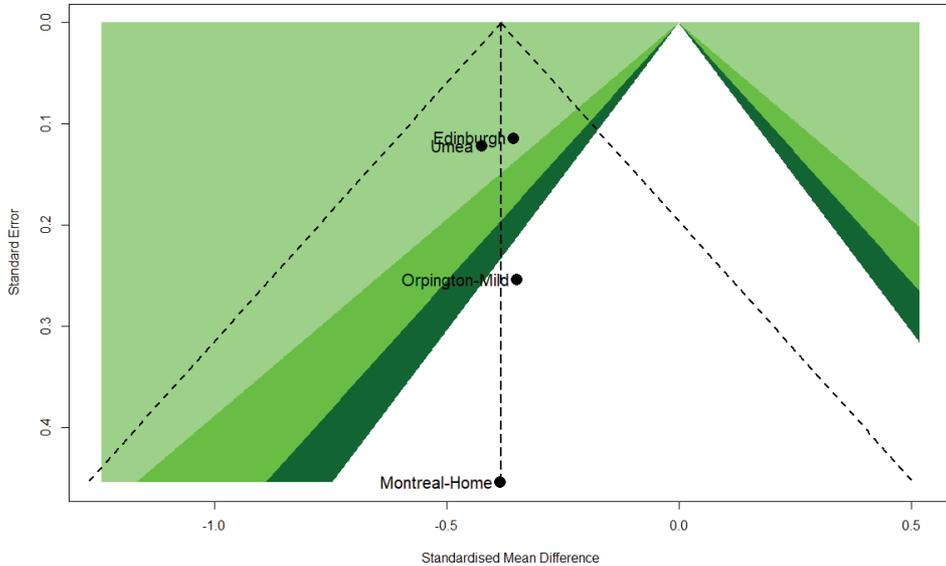
4.7 การประยุกต์ใช้ Baujat Plot ในการระบุการศึกษาที่อาจเป็น Outlier ด้วยโปรแกรม R โดยใช้ meta Package

โปรแกรม R สามารถใช้ Baujat Plot ในการระบุการศึกษาที่คัดเข้าที่อาจถือว่าเป็น Outlier (ดังภาพประกอบ 9) จากการวิเคราะห์ Outlier ด้วย dmetar Package พบว่ามี Outlier อยู่ 5 การศึกษา (Orpington-Moderate, Orpington-Severe, Montreal-Transfer, New Castle และ Uppsala)

จาก 9 การศึกษา ถ้าพบการศึกษาที่เป็น Outliers เช่นในกรณีตัวอย่างนี้ให้ตัดออกแล้ววิเคราะห์หอกิมนซ้ำอีกครั้ง จะทำให้ค่า Heterogeneity ดีขึ้นหรืออาจผ่านเกณฑ์ได้เลย ในกรณีของโปรแกรม R โปรแกรมจะดำเนินการตัดออกให้อัตโนมัติถ้ามีการเขียนคำสั่งเพิ่มได้ถูกต้อง และหากตัดการศึกษาที่เป็น Outliers ออกแล้ว 5 การศึกษาพบว่า Heterogeneity ผ่านเกณฑ์ (p>0.05) ในการวิเคราะห์จริงผู้วิจัยอาจมีทางเลือกมากกว่าสิ่งที่นำเสนอในบทความนี้ เช่น อาจตั้งใจไม่ได้เอา Outliers ออกจากการวิเคราะห์ทั้งหมดก็อาจเป็นได้ ทั้งนี้ขึ้นอยู่กับวัตถุประสงค์ของการวิเคราะห์



ภาพประกอบ 10 การวิเคราะห์ Forest Plot โดยใช้ meta Package



ภาพประกอบ 11 ผลการวิเคราะห์ Funnel Plot โดยใช้ meta Package

4.8 การวิเคราะห์การศึกษาที่อาจเป็น Outlier ด้วยโปรแกรม R โดยใช้ meta Package

การวิเคราะห์การศึกษาด้วย Forest plot แสดงดังภาพประกอบ 10 ซึ่งแสดงให้เห็นถึง Forest plot ที่ได้มีการตัด Outliers ออกไปทั้งหมด 5 การศึกษา (Orpington-Moderate, Orpington-Severe, Montreal-Transfer, New Castle และ Uppsala) ตามที่เคยกล่าวไปแล้วนั้น จะเห็นได้ว่าทั้ง Common (fixed) effect model และ Random effects model มีนัยสำคัญทั้งคู่โดยสามารถดูจากค่าช่วงความเชื่อมั่นของทั้งสองโมเดลได้ ที่สำคัญการทดสอบความไม่เป็นเอกพันธ์ (Heterogeneity) ก็ผ่านเกณฑ์ค่า I^2 และ

$p = 0.98$ ($p > 0.05$) หมายความว่ามีความเป็นเอกพันธ์ 4 การศึกษาที่เหลือมีความเป็นเอกพันธ์ (หลังจากตัด 5 การศึกษาที่เป็น Outliers ออกจากการวิเคราะห์)

4.9 การวิเคราะห์และผลการวิเคราะห์ Funnel Plot ด้วยโปรแกรม R โดยใช้ meta Package

การวิเคราะห์ Funnel plot เป็นการวิเคราะห์ที่แสดงอคติจากการตีพิมพ์ (Publication Bias) ในรูปแบบของกราฟ ได้มีการวิเคราะห์อคติจากการตีพิมพ์ในรูปแบบที่แสดงผลการวิเคราะห์เป็นอักษร (Text Output) จากภาพประกอบ 11 ผลการวิเคราะห์ Funnel plot จะเห็นได้ว่าอคติจากการตีพิมพ์ไม่มีนัยสำคัญ แต่อ่านจากผลการวิเคราะห์ที่เป็นตัวอักษร

อาจเข้าใจได้ง่ายกว่า จึงขอให้ผู้วิจัยใช้ประกอบกับ
 ผลการวิเคราะห์ที่เป็นแบบอักษรและพล็อต

4.10 การวิเคราะห์และผลการวิเคราะห์ ความไว (Sensitivity Analysis) ด้วย โปรแกรม R โดยใช้ meta Package

ในโปรแกรม R การวิเคราะห์ความไวจะใช้
 วิธีการที่เรียกว่า Influential analysis หลักการของ
 วิธีการนี้คือดึงการศึกษา (Study) ออกที่ละการศึกษา
 (เช่น Omitting Edinburgh) เมื่อวิเคราะห์เสร็จแล้ว
 ให้ใส่ข้อมูลกลับเข้าไป ก่อนที่จะวิเคราะห์รอบต่อไป
 โดยอัตโนมัติจนถึงการศึกษาสุดท้ายที่นำเข้าวิเคราะห์
 ขนาดอิทธิพลรวม (Pooled Effect Size) ยังมี
 นัยสำคัญอยู่ หรือไม่? แต่ก่อนที่จะเอาข้อมูลออก ใน
 รอบต่อไปจะต้องนำเข้า Study ที่ดึงออกไปก่อนหน้านี้
 เข้ามาเสียก่อน (แต่โปรแกรม R จะทำให้โดยอัตโนมัติ)
 คำตอบหลังการวิเคราะห์ Influential analysis มี
 ความเป็นไปได้ 2 กรณีใหญ่ๆ ดังนี้

กรณีที่ 1 ดึงออกที่ละการศึกษาแล้วแต่
 อิทธิพลรวมยังมีนัยสำคัญอยู่ทุกรอบ (หรือยัง Sig. อยู่
 ทุกรอบ) ในกรณีแรกนี้ถือว่าผ่านการทดสอบความไว
 (Sensitivity Analysis) หรือกล่าวได้ว่าไม่มีปัญหา
 ประการใด เพราะไม่มีการศึกษาใดการศึกษาหนึ่งที่มี
 ค่าน้ำหนักมากพอที่จะทำให้อิทธิพลรวม (Pooled
 effect size) เป็น Sig. หรือ มีนัยสำคัญ (โดยแบก
 การศึกษาอื่นๆ ไว้ได้ทั้งๆ ที่การศึกษาอื่นไม่ Sig. หรือ
 ไม่มีนัยสำคัญ)

กรณีที่ 2 แต่ถ้าพบว่าการศึกษาใดเมื่อถูก
 ดึงออกแล้วทำให้ขนาดอิทธิพลรวมไม่มีนัยสำคัญ ใน
 กรณีนี้ถือว่าไม่ผ่านการทดสอบการวิเคราะห์ความไว
 กล่าวโดยย่อการศึกษาย่อยๆ ที่คัดเข้ามาวิเคราะห์หอคิ
 มานจะต้องมีผลกระทบต่อขนาดอิทธิพลรวมอย่าง
 มีนัยสำคัญทางสถิติ (อย่างน้อยอาจไม่เท่ากันแต่ต้อง
 มีนัยสำคัญ) กล่าวโดยย่อ ค่าอิทธิพลรวมต้องไม่ขึ้น
 อยู่กับการศึกษาใดการศึกษาหนึ่ง ผลการวิเคราะห์
 Influential analysis สามารถดูผลการวิเคราะห์ได้
 ดังภาพประกอบ 12

Influential analysis (random effects model)				
	SMD	95%-CI	p-value	tau^2
Omitting Edinburgh	-0.4088	[-0.6182; -0.1994]	0.0001	0.0000
Omitting Orpington-Mild	-0.3875	[-0.5483; -0.2268]	0.0001	0.0000
Omitting Montreal-Home	-0.3838	[-0.5391; -0.2285]	0.0001	0.0000
Omitting Umea	-0.3555	[-0.5546; -0.1563]	0.0005	0.0000
Pooled estimate	-0.5362	[-1.1406; 0.0683]	0.0821	0.7887
	tau	I^2		
Omitting Edinburgh	0.0000	0.0%		
Omitting Orpington-Mild	0.0000	0.0%		
Omitting Montreal-Home	0.0000	0.0%		
Omitting Umea	0.0000	0.0%		
Pooled estimate	0.0000	0.0%		
Details on meta-analytical method:				
- Inverse variance method				
- Restricted maximum-likelihood estimator for tau^2				

ภาพประกอบ 12 ผลการวิเคราะห์ Influential Analysis ด้วย meta Package

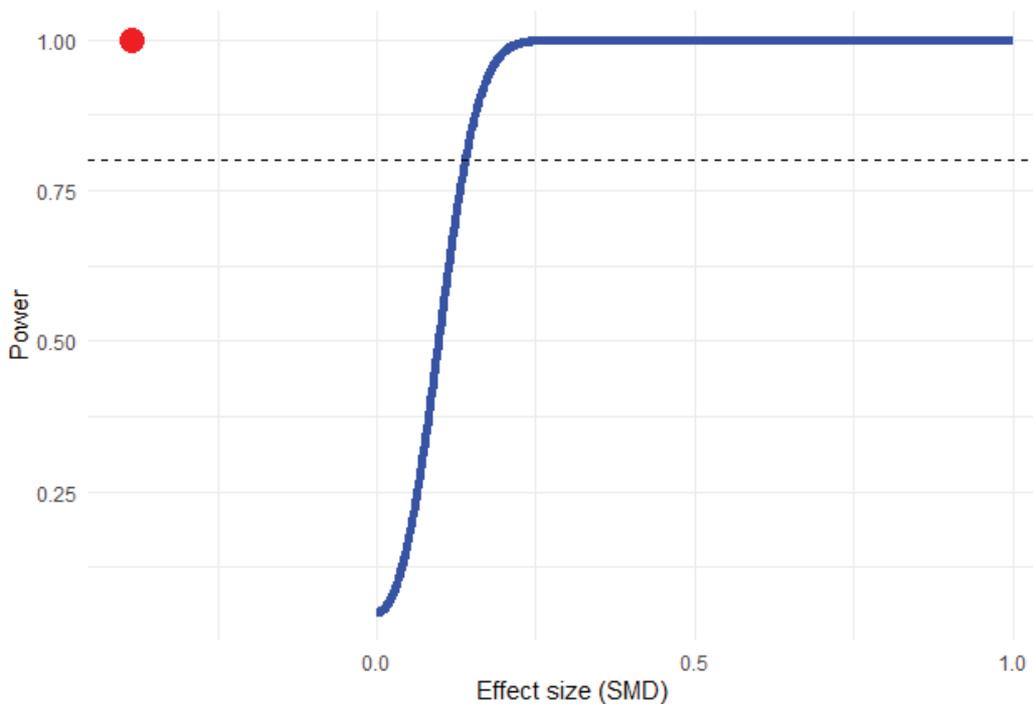
4.11 การวิเคราะห์กำลังการทดสอบ Power Analysis ด้วยโปรแกรม R โดยใช้ dmetar Package

การวิเคราะห์กำลังการทดสอบ (Power Analysis) แสดงถึงภาพประกอบ 13 สำหรับตัวอย่างนี้ ใช้ dmetar Package ซึ่งผลงานของ Harrer *et al.* (2021) ในการพล็อต การวิเคราะห์กำลังการทดสอบ เป็นการทดสอบว่าจำนวนการศึกษา (k) ที่คัดเข้ามา วิเคราะห์อภิมานรอบสุดท้ายมีจำนวนเพียงพอ หรือไม่ ถ้าดูจากผลการทดสอบตามภาพประกอบ 13 จะเห็นได้ว่ากำลังการทดสอบเพียงพอเพราะเกินจุดตัดขั้นต่ำที่ 0.75 แต่ในกรณีที่จำนวนการศึกษาที่คัดเข้า มีจำนวนไม่เพียงพอก็อาจจะไม่ผ่านการทดสอบ ซึ่งผู้วิจัยอาจจะต้องพิจารณาเพิ่มจำนวนการศึกษาให้มากยิ่งขึ้นเพื่อให้ผ่านเกณฑ์การทดสอบกำลังการทดสอบ (Power Analysis)

5. ผลการสังเคราะห์แนวทางให้ผู้วิจัย ได้ศึกษาเพิ่มเติมที่สูงกว่าการวิเคราะห์ อภิมานขั้นพื้นฐาน

5.1 แนวทางที่ 1: กรณีหัวข้อขั้นสูง การวิเคราะห์อภิมาน (เพิ่มเติม)

กรณีที่ยังมีหัวข้อขั้นสูงอีกหลายหัวข้อที่ โปรแกรม R สามารถวิเคราะห์ได้แต่ไม่ได้มีการวิเคราะห์ ในบทความวิจัยนี้ ซึ่งหัวข้อขั้นสูงที่กล่าวถึงนี้เป็น หัวข้อที่ควรเรียนรู้เป็นอย่างยิ่งเพราะจะทำให้ผู้วิจัย สามารถวิเคราะห์ข้อมูลเชิงอภิมาน (Meta Analysis) ได้ในระดับที่สูงขึ้น ไม่ใช่เพียงแค่การวิเคราะห์อภิมาน ขั้นพื้นฐานเท่านั้น โดยหัวข้อขั้นสูงที่กล่าวถึงสามารถ แสดงได้ดังต่อไปนี้



ภาพประกอบ 13 ผลการวิเคราะห์กำลังการทดสอบ Power Analysis ด้วยโปรแกรม R โดยใช้ dmetar Package

- การวิเคราะห์ Subgroup analysis
- การวิเคราะห์ Cumulative meta-analysis
- การวิเคราะห์ Meta regression
- การวิเคราะห์ Multi-level meta analysis
- การวิเคราะห์ Structural equation meta analysis
- การวิเคราะห์ Network meta analysis
- การวิเคราะห์ Bayesian meta analysis

5.2 แนวทางที่ 2: การรายงานผลการศึกษาที่ใช้การวิเคราะห์ห่อภิมาณขั้นพื้นฐาน

สำหรับแนวทางการรายงานผลการการศึกษาที่ใช้การวิเคราะห์ห่อภิมาณควรประกอบด้วยโจทย์การวิจัย (Research Problem) ซึ่งอาจมาจากการประยุกต์ใช้แนวคิด PICO การคัดเข้าและคัดออกและจำนวนการศึกษาที่ใช้ในการวิเคราะห์ห่อภิมาณ รวมทั้งแสดงผลการวิเคราะห์เป็นตัวหนังสือ (Text Output) และ Forest plot ต่อด้วย Funnel plot และสุดท้ายคือ Sensitivity analysis ซึ่งใน meta Package เรียกว่า Influential analysis นอกจากนี้อาจวิเคราะห์กำลังทดสอบ (Power Analysis) องค์ประกอบกรรายงานผลในบทความนี้เป็นเพียงแค่ขั้นพื้นฐานเท่านั้นในการวิเคราะห์จริง ขอบเขตของการวิเคราะห์ของแต่ละงานอาจไม่เท่ากัน ดังนั้นการรายงานผลอาจจะแตกต่างกันออกไปตามความเหมาะสม

6. สรุปและข้อเสนอแนะ

งานการวิเคราะห์ห่อภิมาณ (Meta Analysis) ด้วยโปรแกรม R ในบริบทของวิทยาศาสตร์สุขภาพ มีอยู่เป็นจำนวนมาก เช่น งานของ Egger, Higgins, & Smith (2022) และจากการแนะนำการวิเคราะห์ห่อภิมาณในบริบทของวิทยาศาสตร์ในบทความนี้จะเห็น

ได้ว่าโปรแกรม R มีศักยภาพในการวิเคราะห์ห่อภิมาณไม่แพ้โปรแกรมสำเร็จทางสถิติรูปร่างอื่น ๆ ที่สำคัญโปรแกรม R เป็นโปรแกรมที่มีลิขสิทธิ์แบบฟรี บทความนี้ได้เริ่มต้นการแนะนำ PICO (เป็นวิธีการระบุปัญหาการวิจัยที่ใช้การวิเคราะห์ห่อภิมาณได้อย่างชัดเจน) และ PRISMA (เป็นวิธีการแสดงกระบวนการคัดเข้าจำนวนเรื่องการศึกษาที่นำมาวิเคราะห์ห่อภิมาณ) หรืออาจกล่าวได้ว่าเป็นการรายงานผลการทบทวนวรรณกรรมอย่างมีระบบ (Systematic Review) และต่อมาได้แนะนำวิธีการวิเคราะห์ห่อภิมาณด้วยโปรแกรม R ในระดับขั้นพื้นฐานด้วย meta Package เป็นหลัก และแนะนำองค์ประกอบกรวิเคราะห์ห่อภิมาณ การอ่านผลและการแปลผล ครอบงำองค์ประกอบกรวิเคราะห์เบื้องต้นที่สำคัญ รวมถึงการวิเคราะห์กำลังการทดสอบ (Power Analysis) แต่การวิเคราะห์บางหัวข้อ เช่น การทดสอบกำลังขึ้นอยู่กับการตัดสินใจของผู้วิจัยว่าจะทำการวิเคราะห์และรวมเข้าไปในการศึกษาของตนเองหรือไม่ แต่อย่างไรก็ตามยังมีหัวข้อขั้นสูงที่เกี่ยวข้องกับการวิเคราะห์ห่อภิมาณอีกหลายหัวข้อ ดังนั้น ขอแนะนำให้ผู้วิจัยได้ค้นคว้าเพิ่มเติมในประเด็นที่เกี่ยวข้องกับการวิเคราะห์ห่อภิมาณด้วยโปรแกรม R เช่น เอกสาร PDF ดันดาร์รับของ meta Package ที่เรียกว่า Package ‘Meta’ (<https://cran.r-project.org/web/packages/meta/meta.pdf>) หนังสือ “Doing Meta-analysis with R: A Hands-on Guide” แต่งโดย Harrer *et al.* (2021) เว็บไซต์ที่ใช้คู่กับหนังสือเล่มดังกล่าวคือ https://bookdown.org/MathiasHarrer/Doing_Meta_Analysis_in_R/ และยังมี R package อื่นๆ อีกมากมาย เช่น metafor Package ที่ควรศึกษาเพิ่มเติม ทรัพยากรการเรียนรู้ที่ไม่เสียค่าใช้จ่ายมีอยู่มากมายในเว็บไซต์ต่างๆ และในรูปแบบอื่นๆ ที่อาจมีค่าใช้จ่าย เช่น หลักสูตรระยะสั้นหรือการอบรม ทั้งนี้ ขอชักชวนให้นักวิชาการไทยและนักวิจัยไทยได้ประยุกต์ใช้โปรแกรม R ในการทำวิจัยและวิเคราะห์ผลให้มากขึ้นเพื่อทำให้การเรียนการสอนและการตีพิมพ์ที่เกี่ยวข้องกับการวิเคราะห์

อภิมาณมีพรมแดนที่กว้างขึ้นและหลากหลายมากยิ่งขึ้น ประการสำคัญคือนักวิชาการไทยและนักวิจัยไทยสามารถใช้โปรแกรม R ในการวิเคราะห์ห่อภิมาณ และสามารถตีพิมพ์ในวารสารชั้นนำของโลกเหมือนกับนักวิจัยในระดับนานาชาติท่านอื่นๆ ที่ใช้โปรแกรม R ในการตีพิมพ์ในวารสารระดับโลกที่กล่าวถึงเหล่านั้น ด้วยการวิเคราะห์ห่อภิมาณในบริบทของวิทยาศาสตร์สุขภาพ (Health Science Context) ด้วยโปรแกรม R

กิตติกรรมประกาศ

ขอขอบคุณ Mahasarakham Business School (MBS) มหาวิทยาลัยมหาสารคามในการพัฒนาโครงสร้างองค์กรและระบบการทำงานที่เอื้ออำนวยต่อการทำวิจัยสำหรับคณาจารย์ เจ้าหน้าที่และนิสิตทุกระดับที่นำไปสู่ผลผลิตการวิจัย (Research Outputs) ที่เพิ่มขึ้นทั้งในมิติของจำนวนและคุณภาพ

เอกสารอ้างอิง

Balduzzi, S., Rücker, G., & Schwarzer, G. (2019). How to perform a meta-analysis with R: A practical tutorial. *Evidence-Based Mental Health*. 22(4), 153-160. <https://mentalhealth.bmj.com/content/22/4/153>

Barker, T. H., Migliavaca, C. B., Stein, C., Colpani, V., Falavigna, M., Aromataris, E., & Munn, Z. (2021). Conducting proportional meta-analysis in different types of systematic reviews: A guide for synthesisers of evidence. *BMC Medical Research Methodology*. 21(1), 189. <https://doi.org/10.1186/s12874-021-01381-z>

Cajal, B., Jiménez, R., Gervilla, E., & Montaña, J. J. (2020). Doing a systematic review in health sciences. *Clínica Y Salud*. 31(2), 77-83. <https://doi.org/10.5093/clysa2020a15>

Chanant, C. (2010). Using R program for meta-analysis. *The Journal of Applied Science*. 9(1), 28-38. https://www.journal.sci.kmutnb.ac.th/journal_files/3_1_2553.pdf. [In Thai]

Cumpston, M. S., McKenzie, J. E., Thomas, J., & Brennan, S. E. (2021). The use of 'PICO for synthesis' and methods for synthesis without meta-analysis: Protocol for a survey of current practice in systematic reviews of health interventions. *F1000Research*. 9, 678. <https://doi.org/10.12688/f1000research.24469.2>

Dechpichai, P., Kongchareon, J., Suwanateep, N., Tuprakay, S. R., & Pongsopa, J. (2017). The pooled prevalence of allergic disease in Thai Children: Meta-analysis. *Advances Science*. 17(2), 78-98. <https://sci.bsru.ac.th/sciweb/e-magazine/17-2/chapter-7.pdf>. [In Thai]

Durand, M.-A., Carpenter, L., Dolan, H., Bravo, P., Mann, M., Bunn, F., & Elwyn, G. (2014). Do interventions designed to support shared decision-making reduce health inequalities? A systematic review and meta-analysis. *PLOS ONE*. 9(4), e94670. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0094670>

- Egger, M., Higgins, J. P. T., & Smith, G. D. (2022). *Systematic Reviews in Health Research: Meta-Analysis in Context*. London: BMJ Book.
- Gogtay, N. J. & Thatte, U. M. (2017). An introduction to meta-analysis. *Journal of the Association of Physicians of India*. 65, 78-85. <https://www.japi.org/x2e464/an-introduction-to-meta-analysis>
- Harrer, M., Cuijpers, P., Furukawa, T.A., & Ebert, D.D. (2021). *Doing meta-analysis with R: A hands-on guide*. London: Chapman & Hall/CRC Press.
- Hsu, C.-Y. & Lin, Y.-N. (2019). Meta-analyzability concerns in meta-analyses. *Archives of Physical Medicine and Rehabilitation*. 100(8), 1574–1577. <https://doi.org/10.1016/j.apmr.2019.01.002>
- Linden, A. H., & Hönekopp, J. (2021). Heterogeneity of research results: A new perspective from which to assess and promote progress in psychological science. *Perspectives on Psychological Science*. 16(2), 358–376. <https://doi.org/10.1177/1745691620964193>
- Littell, J. H., Corcoran, J., & Pillai, V. (2008). *Systematic reviews and meta-analysis*. USA: Oxford University Press.
- McGuinness, L. A. (2019). robvis: An R package and web application for visualising risk-of-bias assessments. Retrieved 10 June 2023. Retrieved from <https://github.com/mcguinlu/robvis>.
- Migliavaca, C. B., Stein, C., Colpani, V., Barker, T. H., Ziegelmann, P. K., Munn, Z., & Falavigna, M. (2022). Meta-analysis of prevalence: I^2 statistic and how to deal with heterogeneity. *Research Synthesis Methods*. 13(3), 363–367. <https://doi.org/10.1002/jrsm.1547>
- O’rourke, K. (2007). An historical perspective on meta-analysis: Dealing quantitatively with varying study results. *Journal of the Royal Society of Medicine*. 100(12), 579–582. <https://doi.org/10.1177/0141076807100012020>
- Page, M. J., et al. (2021). The PRISMA 2020 statement: An updated guideline for reporting systematic reviews. *PLOS Medicine*. 18(3), Article e1003583. <https://doi.org/10.1371/journal.pmed.1003583>
- Spineli, L. M. & Pandis, N. (2020). Fixed-effect versus random-effects model in meta-regression analysis. *Statistics and Research Design*. 158(5), 770–772. <https://doi.org/10.1016/j.ajodo.2020.07.016>
- Wickham, H & Bryan, J. (2023). Readxl: Read Excel Files. Retrieved 8 June 2023. Retrieved from <https://readxl.tidyverse.org>.