貝氏網絡統合分析工作坊：使用 R 與 Shiny App

Workshop on Bayesian Network Meta-Analysis with R Shiny App

地點：台北市中正區徐州路 17 號 1 樓(台大公共衛生學院 118 教室)
日期：115/11/21(六)-22(日)

網絡統合分析（network meta-analysis）是近十多年來統合分析方法的重要發展。傳統統合分析通常一次只能比較兩種治療方法；網絡統合分析則可以整合直接與間接證據，在同一個統計模型中同時比較多種治療方法，並估計不同治療之間的相對效果及排序。因此，網絡統合分析已廣泛應用於臨床研究、系統性回顧、臨床指引及醫療科技評估。

貝氏方法具有高度的彈性，可以處理多種結局指標、複雜的研究設計及不同形式的統計模型，因此一直是網絡統合分析的重要方法。然而，傳統的貝氏網絡統合分析往往需要撰寫程式、設定統計模型，並判讀馬可夫鏈蒙地卡羅（MCMC）模擬的結果。這些技術要求對許多初學者而言，形成了一道不容易跨越的門檻。

本次工作坊將以「貝氏網絡統合分析」為主題，並以互動式 R Shiny App 作為主要特色。學員可以透過圖形化操作介面匯入及整理資料、設定分析模型、執行貝氏網絡統合分析，並產生網絡圖、森林圖、league table、治療排序及其他常用圖表。即使尚未熟悉 R 程式語言，也能透過實際操作，逐步掌握完整的分析流程。

除了軟體操作之外，課程也將介紹貝氏網絡統合分析的基本概念，包括直接與間接證據、相似性與可傳遞性、一致性、固定效應與隨機效應模型、先驗分布、收斂診斷，以及治療效果與排序結果的正確解讀。課程將搭配當代醫學文獻的實例與資料，說明如何從研究問題、資料整理及模型選擇，一步步完成分析並呈現研究結果。

R Shiny App 的目的不只是簡化軟體操作，更是讓學員能夠將注意力放在研究設計、模型假設與結果解釋。對希望進一步學習程式分析的學員，課程也會說明 Shiny App 背後的 R 分析概念，使學員未來可以依研究需求，進一步使用 R 套件完成更具彈性的分析。

課程目標

本課程旨在介紹貝氏網絡統合分析的基本原理與實際應用，並著重於使用 R Shiny App 進行電腦實作。範例與資料將盡量取材自當代醫學文獻，帶領學員從資料準備、模型設定、分析執行、模型診斷到結果呈現，完成一套可應用於研究與論文發表的分析流程。

參加課程後，學員應該能夠：

- 描述網絡統合分析與傳統統合分析之間的差異
- 瞭解直接證據、間接證據及混合證據的意義
- 說明貝氏網絡統合分析的基本概念與主要模型假設
- 使用 R Shiny App 整理資料及進行貝氏網絡統合分析
- 選擇固定效應模型或隨機效應模型，並解釋模型分析結果
- 評估模型收斂情形、異質性及網絡一致性
- 製作網絡圖、森林圖、league table 及治療排序等常用圖表
- 正確解讀治療效果、可信區間及治療排序結果
- 將貝氏網絡統合分析的結果整理成適合研究報告或學術論文的形式

課程結束之後，由台灣公共衛生學會頒發出席證書以茲證明。

報名與繳費期間

報名手續以完成報名費繳交為準，一般人士費用為 50,000 元，學生、台灣公共衛生學會會員、台灣實證醫學學會會員、Cochrane Taiwan、以及曾經參加過之前舉辦的課程的學員為 45,000 元。學生需檢附學生證正反面影本(蓋有學校註冊章)或檢附在學證明。限額 30 名，即日起即可報名至額滿為止，報名截止日為民國 115 年 11 月 13 日止。請於收到報名正取回覆後三天內匯款學費(匯款帳號將會連同正取通知由工作人員寄發)。

退費規定

1. 於民國 115 年 11 月 13 日前辦理退費者，學費退 90%，民國 115 年 11 月 14 日起(含)，則不予退費。
2. 課程前置作業已支出之費用，須由學員負擔。

注意事項

1. 開課一周前，倘若課程報名人數未滿 15 人，將不予以開班，屆時將以 E-mail 通知，並且全額退費。
2. 主辦單位視情況需要，保留調整課程內容及授課老師之權利。
3. 主辦單位遇人力不可抗拒之因素，保有隨時修改、暫停或終止本短期課程之權利，一切調整將以主辦單位寄發之 E-mail 為主。
4. 其他疑問，請 Email 至 Dr.Tu.Lab@gmail.com，或電洽 02-2391-9529，台灣公共衛生學會孫小姐，謝謝。

師資介紹

杜裕康老師

- 畢業於台灣大學牙醫學系，英國倫敦大學牙周病學碩士，英國里茲大學統計流行病學博士，目前擔任國立台灣大學公共衛生學院教授兼院長。
- 杜老師近年來的研究集中在網絡統合分析的方法學發展，研究成果發表在 Value in Health、Medical Decision Making、Research Synthesis Methods 等重要國際期刊。
- 杜老師擁有豐富的統合分析教學經驗，並發表了許多統合分析和網絡統合分析在國際期刊，如 Lancet Oncology，British Medical Journal，JAMA Internal Medicine，JAMA Psychiatry、Gastroenterology，Sleep Medicine Review，Lancet Gastroenterology & Hepatology，JNCI，Obesity Review、Clinical Gastroenterology & Hepatology，Critical Care Medicine，Arthroscopy，Age & Aging，Archives of Physical Medicine and Rehabilitation，Journal of Dental Research，Journal of Clinical Periodontology，Clinical Oral Implant Research，以及 Journal of Dentistry 等等。
- 杜裕康老師現擔任 Journal of Dental Research 的編輯委員，Journal of Periodontal Research 和 Clinical Oral Implant Research 的統計編輯顧問以及 Journal of Clinical Periodontology 和 Oral Diseases 的副主編。

第一天：從研究問題到完成基本分析

時間	單元	主要內容
09:00–09:50	課程導論	傳統統合分析的限制；為何需要網絡統合分析；直接、間接與混合證據；相似性、可傳遞性與一致性
10:00–10:50	資料結構與準備	arm-based 與 contrast-based 資料； continuous, binomial, and Poisson distributions；資料檢查
11:10–12:00	貝氏分析入門	先驗分布、概似、後驗分布與可信區間；與頻率學派信賴區間的差異
12:00–13:00	午餐	
13:00–13:50	介紹 multinma 套件	匯入資料、選擇效果指標、設定參考治療、固定效應與隨機效應模型
14:00–14:50	Shiny App 基本操作	匯入資料、選擇效果指標、設定參考治療、固定效應與隨機效應模型
15:10–16:00	結果呈現與解讀	網絡圖、森林圖、聯賽表與相對治療效果；如何選擇適當的參考治療

第二天：模型評估、進階分析與論文發表

時間	單元	主要內容
09:00–09:50	固定與隨機效應模型	異質性的意義與參數；模型選擇；DIC、WAIC 或 LOO 等模型比較指標
10:00–10:50	MCMC 與收斂診斷	chains、iterations、warm-up；trace plot、密度圖、R-hat 與有效樣本數
11:10–12:00	一致性評估	全域與局部不一致性；node-splitting；直接與間接證據的比較
12:00–13:00	午餐	
13:00–13:50	偏差與限制	可傳遞性、效應修飾因子、小型研究效應與網絡中的偏差風險
14:00–14:50	論文圖表與報告	PRISMA-NMA 與 CINeMA 的概念
15:10–16:00	網絡統合迴歸	治療效果與研究特徵的交互作用與資料量限制