

Nevrovitenskap på gyngende grunn?

Den statistiske styrken i nevrovitenskapelige studier er ofte lav.

Lav statistisk styrke i studier fører til redusert sjans for å oppdage en sann effekt. Men at lav styrke også gir mindre sannsynlighet for at signifikante funn representerer en sann effekt, er lite erkjent. En internasjonal forskergruppe har nylig kartlagt statistisk styrke i studier innen nevrovitenskap (1).

Forskerne søkte etter artikler publisert i 2011 som inneholdt metaanalyser av tidligere publiserte studier. De identifiserte 48 artikler som var basert på 49 metaanalyser og 730 enkeltstudier. Median statistisk styrke var 21 %. Over 50 % av metaanalysene hadde i snitt en statistisk styrke på < 20 %, mens sju hadde en statistisk styrke på > 90 %. For humane hjerneavbildningsstudier var median statistisk styrke 8 %.

– Denne artikkelen understreker at resultater fra studier med lav statistisk styrke må tolkes med forsiktighet, sier førsteamanuensis Lars T. Westlye ved Psykologisk institutt, Universitetet i Oslo. – Dette er særlig relevant hvis effektstørrelsene i utgangspunktet er forventet å være små og prestisjen knyttet til funn er stor for de enkelte forskerne.

– Den første studien der man rapporterer nye assosiasjoner, får ofte stor oppmerksomhet og konsekvenser for videre forskning. Små studier med lav statistisk styrke som publiseres i prestisjetunge tidsskrifter, viser ofte de sterkeste eksperimentelle effektene. Dette er et typisk tegn på seleksjonsskjevhet i publikasjoner og avdekker grunnleggende svakheter med dagens publiseringssystem, sier Westlye.

– Det er både dyrt og tidkrevende å forfølge falske spor, og ny informasjon som kan føre til mer effektiv behandling av sårbare pasientgrupper, kan forsinkes. Problemstillingene knyttet til statistisk styrke har derfor også etiske aspekter, sier Westlye.

Trine B. Haugen

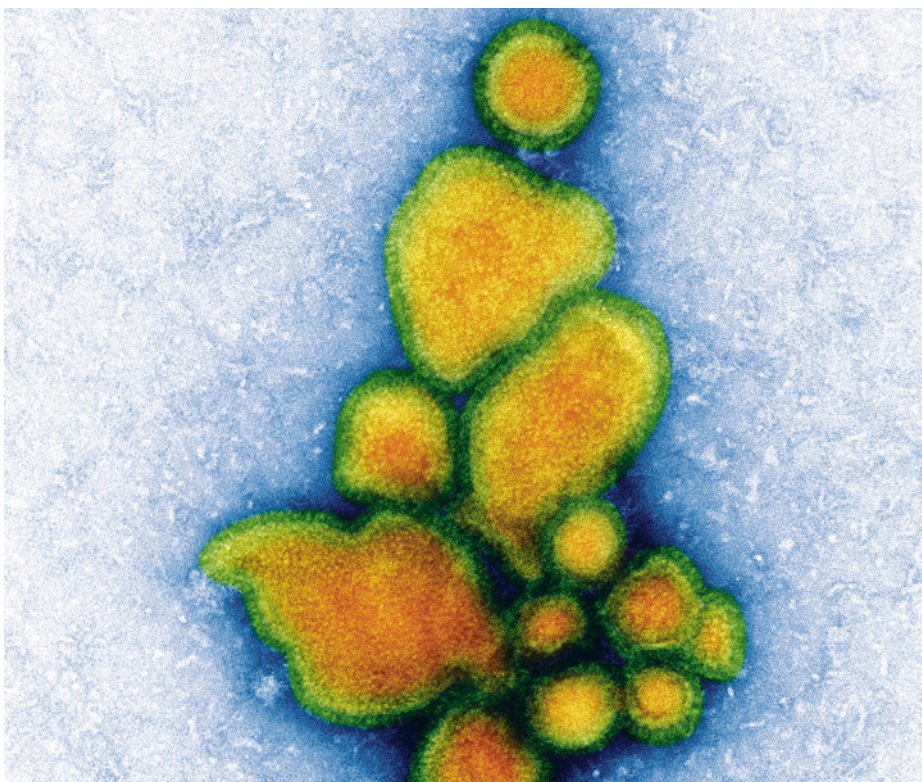
trine.b.haugen@hioa.no
Tidsskriftet

Litteratur

1. Button KS, Ioannidis JP, Mokrysz C et al. Power failure: why small sample size undermines the reliability of neuroscience. *Nat Rev Neurosci* 2013; 14: 365–76.

Ny fugleinfluensa i Kina

En ny influensastamme har forårsaket en rekke dødsfall i Kina. Viruset har opphav hos fugler, og mange smittede kan rapportere om direkte kontakt med fjørfe før de ble syke.



Illustrasjonsfoto Science Photo library/NTB scanpix

I februar 2013 kom de første rapportene om en ny type influensa med alvorlig forløp i Kina (1), med området rundt Shanghai som episenter (2). Allerede innen utgangen av mars hadde kinesiske forskere kartlagt et tidligere ukjent influensa A-virus (H7N9). Sykdommen kan gi raskt progredierende pneumoni, med akutt lungesviktsyndrom (ARDS), disseminert intravaskulær koagulasjon (DIC) og påvirket lever- og nyrefunksjon.

I en studie fra mars/april ble virusmateriale fra fire infiserte personer sammenliknet med prøver fra 86 fugler i samme område (1), og man kunne konstatere at alle de genetiske segmentene i viruset hadde opphav fra fugleinfluensa. Alle pasientene hadde vært i kontakt med fugler 3–8 dager før symptomdebut.

Innen 10. mai var 131 tilfeller av laboratoriebekreftet influensa A-virus (H7N9) meldt til kinesiske myndigheter. Kliniske karakteristika for 111 av disse ble rapportert i en studie basert på journalgjennomgang (2). Av disse var 85 innlagt i intensivavdeling, 65 trengte respirator, 20 trengte ekstrakorporal

membranoksygenering (ECMO), og 30 hadde dødd. 30 pasienter var fremdeles innlagt da studien ble gjennomført.

Alderssammensetningen likner den man ser ved sesonginfluensa, med medianalder på 61 år, til forskjell fra H1N1-pandemien i 2009 og H5N1-epidemien i 2004, som i større grad affiserte langt yngre mennesker. Forfatterne spekulerer i om forskjellen kan skyldes at eldre er mer eksponert for fugler, og/eller at de har økt komorbiditet som gjør dem ekstra utsatt (2).

Kristoffer Brodwall

kristoffer.brodwall@gmail.com
Institutt for global helse og samfunnsmedisin
Universitetet i Bergen

Litteratur

1. Chen Y, Liang W, Yang S et al. Human infections with the emerging avian influenza A H7N9 virus from wet market poultry: clinical analysis and characterisation of viral genome. *Lancet* 2013; 381: 1916–25.
2. Gao H-N, Lu H-Z, Cao B et al. Clinical findings in 111 cases of influenza A (H7N9) virus infection. *N Engl J Med* 2013; 368: 2277–85.