



UvA-DARE (Digital Academic Repository)

Handleiding voor het uitvoeren van een drie-level meta-analyse in R

Wibbelink, C.; Assink, M.

Publication date
2015

[Link to publication](#)

Citation for published version (APA):

Wibbelink, C., & Assink, M. (2015). *Handleiding voor het uitvoeren van een drie-level meta-analyse in R*. Afdeling Forensische Orthopedagogiek, Universiteit van Amsterdam.

General rights

It is not permitted to download or to forward/distribute the text or part of it without the consent of the author(s) and/or copyright holder(s), other than for strictly personal, individual use, unless the work is under an open content license (like Creative Commons).

Disclaimer/Complaints regulations

If you believe that digital publication of certain material infringes any of your rights or (privacy) interests, please let the Library know, stating your reasons. In case of a legitimate complaint, the Library will make the material inaccessible and/or remove it from the website. Please Ask the Library: <https://uba.uva.nl/en/contact>, or a letter to: Library of the University of Amsterdam, Secretariat, Singel 425, 1012 WP Amsterdam, The Netherlands. You will be contacted as soon as possible.

Handleiding voor het uitvoeren van een drie-level meta-analyse in R

Auteurs

Carlijn Wibbelink

Mark Assink

Contactgegevens

Carlijn Wibbelink / Mark Assink

Afdeling Forensische Orthopedagogiek

Universiteit van Amsterdam

C.J.M.Wibbelink@uva.nl / M.Assink@uva.nl

Datum

10 augustus 2015

Versie

3.2

Inhoudsopgave

Voorwoord	3
1. Voorbereiding	5
1.1 Voorbereiding in R.....	5
1.2 Inlezen databestand vanuit SPSS in R.....	5
2. Overall effect size	6
3. Heterogeniteit.....	8
3.1 Heterogeniteit op niveau 2	9
3.2 Heterogeniteit op niveau 3	10
3.3 De verdeling van de totale variantie over de drie niveaus	11
3.4 Een tweede benadering van heterogeniteit.....	12
4. Moderatoranalyses	13
4.1 Categorische moderator met twee categorieën.....	13
4.2 Categorische moderator met drie categorieën.....	16
4.3 Continue moderator.....	17
5. Model met meerdere moderatoren	18
5.1 Vaststellen van de verklaarde variantie.....	19
Referenties	21
Volledige syntax (zonder toelichting).....	22
Volledige output (zonder toelichting).....	25

Voorwoord

De huidige handleiding heeft betrekking op het uitvoeren van een multilevel meta-analyse in R waarbij drie niveaus worden gemodelleerd. Een drie-level-structuur is noodzakelijk wanneer meerdere effect sizes per studie worden gecodeerd, omdat dan sprake is van drie typen varianties die gemodelleerd moeten worden (Van den Noortgate, 2015, persoonlijke communicatie):

- Variantie van de geobserveerde effect sizes rond de populatie-effect sizes (i.e., *sampling variance*; niveau 1);
- Variantie tussen de populatie-effect sizes van eenzelfde studie (niveau 2);
- Variantie tussen de populatie-effect sizes van studies (niveau 3).

In deze handleiding wordt met name ingegaan op het uitvoeren van een drie-level meta-analyse in het statistische programma R, waarbij uitgebreide informatie over de theoretische achtergrond achterwege is gelaten. Van den Noortgate en collega's (2013; 2014) geven een goede beschrijving van de theorie die ten grondslag ligt aan drie-level meta-analyses. Voorbeelden van drie-level meta-analyses zijn de studies van Assink et al. (2015), Houben et al. (2015), Van der Hallen et al. (2014) en Weisz et al. (2013).

Belangrijk om hier te vermelden is dat het toepassen van een drie-level-structuur op meta-analytische modellen een recente en nog niet volledig ontwikkelde statistische techniek is. Bovendien verschillen onderzoekers in hun visie op het juist modelleren van (mogelijke) afhankelijkheid tussen effect sizes binnen studies. Zo stelt Viechtbauer (2015, persoonlijke communicatie) dat multivariate meta-analytische modellen noodzakelijk zijn om afhankelijkheid tussen effect sizes te modelleren. In deze modellen is dan niet alleen sprake van *sampling variance*, maar ook van *sampling covariance* (Viechtbauer verwijst hierbij naar Gleser en Olkin, 2009). Van den Noortgate (2013) stelt echter dat middels het tweede niveau in een drie-level meta-analytisch model op een juiste manier rekening gehouden wordt met *sampling covariance*. Deze onenigheid is slechts één voorbeeld waaruit blijkt dat consensus over het omgaan met afhankelijkheid in meta-analytische modellen tot op heden ontbreekt. Deze handleiding moet dan ook niet worden gezien als een vastomlijnd stappenplan waarin de juiste methode wordt beschreven. De auteurs van deze handleiding hebben weloverwogen gekozen voor één statistische benadering, waar andere onderzoekers het wellicht niet of slechts gedeeltelijk mee eens zijn.

In deze handleiding wordt voor het schatten van de parameters in de meta-analytische modellen de "Restricted Maximum Likelihood estimation"-methode gebruikt ("REML" in R en "RIGLS" in MLwiN). Dikwijls kan in statistische software een keuze worden gemaakt uit verschillende schattingsmethoden waarbij geldt dat elke methode haar eigen voor- en nadelen kent. Ook de REML-methode heeft voordelen ten opzichte van andere methoden (zie bijvoorbeeld Viechtbauer, 2005 en Hox, 2010), maar ook beperkingen (zie bijvoorbeeld Cheung, 2014 en Van den Noortgate et al., 2013). Voor deze handleiding voert het te ver om

al deze voor- en nadelen op te sommen. Wel is het belangrijk om te vermelden dat door toepassing van de REML-methode geen log-likelihood-ratio-toets uitgevoerd kan worden om de fit van een model zonder predictoren (i.e., een intercept-only-model) te vergelijken met de fit van een model met één of meerdere predictoren (zie bijvoorbeeld Hox, 2010 en Van den Noortgate et al., 2014).

Bij het invoeren van de syntax uit deze handleiding in R verdienen enkele punten de aandacht: De syntax is specifiek voor een meta-analytisch model met een drie-level-structuur, maar kan eenvoudig worden uitgebreid met één of meerdere extra niveaus indien een onderzoeksopzet dit vereist. Alle rode tekst tussen “*/” en “*\” omvat een toelichting van de syntax ter verduidelijking en hoeft niet ingevoerd te worden in R. Alle syntax beginnend met “##” is commentaar op de betreffende analyse en wordt niet uitgevoerd door R. Tot slot bestaan alle effect sizes in de dataset, zoals gebruikt voor de meta-analytische modellen in deze handleiding, uit Cohen’s *d*-waarden. De syntax is echter ook van toepassing wanneer sprake is van andere type effect sizes, zoals correlaties. De dataset waarop de syntax is toegepast is opvraagbaar bij de auteurs van deze handleiding.

Aan de huidige handleiding kan als volgt gerefereerd worden: Wibbelink, C. J. M., & Assink, M. (2015). *Handleiding voor het uitvoeren van een drie-level meta-analyse in R* [Manual for conducting a three-level meta-analysis in R]. Amsterdam: Universiteit van Amsterdam.

Een Engelstalige publicatie over deze handleiding is momenteel in voorbereiding.

Amsterdam, augustus 2015

Carlijn Wibbelink
Mark Assink

1. Voorbereiding

- Als de dataset in SPSS wordt opgebouwd, dan kunnen “missing values” lege cellen blijven;
- Alle effect sizes in de dataset moeten een uniek nummer toegekend krijgen (bijvoorbeeld in de variabele “effectsizeID”);
- Er moet een variabele worden aangemaakt waarin de variantie per effect size wordt opgeslagen (variantie = standaard error in het kwadraat);
- De codering van studies kan volgens de methode die eerder in onze vakgroep gehanteerd is voor de analyses in MLwiN (denk hierbij aan (1) het centreren van continue variabelen, (2) het aanmaken van dummyvariabelen voor de antwoordcategorieën van categorische variabelen en (3) het eventueel corrigeren voor outliers);
- Voordat begonnen kan worden met de analyses, moet een recente versie van R gedownload worden (zie: <http://cran.r-project.org/bin/windows/base/>).

1.1 Voorbereiding in R

```
## Instellen van de werkomgeving (let op de voorwaartse slashes in de syntax)
setwd("C:/Users/cwibbel1/Desktop/metafor")
```

```
/* Deze syntax geeft aan dat bestanden zoals syntax- en databestanden gevonden kunnen
worden in de map “metafor”. *\
```

```
## Installatie van de packages “foreign” en “metafor”
install.packages("foreign")
```

```
/* Package om een databestand vanuit SPSS in R in te lezen. *\
```

```
install.packages("metafor")
```

```
/* Package om multilevel meta-analyses mee uit te voeren. *\
```

```
## Ophalen van de “libraries”
library(foreign)
library(metafor)
```

1.2 Inlezen databestand vanuit SPSS in R

```
## Inlezen databestand
datavoorbeeld <- read.spss("voorbeeldbestand.sav", to.data.frame=TRUE)
```

```
/* In het object “datavoorbeeld” wordt het databestand opgeslagen. De waarschuwing die kan
verschijnen (“Unrecognized record type 7, subtype 18 encountered in system file”) heeft geen
invloed op de ingelezen data. *\
```

```
summary(datavoorbeeld)
```

```
/* Geeft een samenvatting (per variabele) van de data. */\
```

```
str(datavoorbeeld)
```

```
/* Weergave van de structuur van de data. */\
```

```
head(datavoorbeeld)
```

```
/* Weergave van de eerste zes cases (regels) in het databestand. */\
```

2. Overall effect size

Eerst wordt de overall effect size berekend:

```
## Berekenen overall effect size
```

```
overall <- rma.mv(y, v, random = list(~ 1 | effectsizeID, ~ 1 | studyID), tdist=TRUE,  
data=datavoorbeeld)
```

```
/* Toelichting:
```

```
y = variabele met effect sizes;
```

```
v = variabele met varianties (standaard error in het kwadraat);
```

```
random = list(~ 1 | effectsizeID, ~ 1 | studyID) -> hiermee wordt de drie-level-structuur  
gedefinieerd;
```

```
effectsizeID = variabele met een uniek nummer voor elke effect size in de dataset;
```

```
studyID = variabele met een uniek nummer voor elke studie in de dataset;
```

```
tdist=TRUE -> zie de toelichting hieronder;
```

```
datavoorbeeld = het object waarin de data is weggeschreven (zie eerdere syntax).
```

```
*/
```

De standaardinstellingen van de `rma.mv`-functie in de `metafor`-package (Viechtbauer, 2015) schrijven voor dat (1) de teststatistieken van alle geschatte coëfficiënten in het model (inclusief de betrouwbaarheidsintervallen van elke coëfficiënt) gebaseerd worden op de standaardnormale verdeling (i.e., de Z-verdeling) en dat (2) de omnibustoets die in de output van moderatoranalyses wordt vermeld (zie paragraaf 4.1) gebaseerd wordt op een chi-kwadratverdeling met m vrijheidsgraden (m = het aantal coëfficiënten in het model dat wordt getoetst, exclusief een intercept indien dit is opgenomen in het model). Middels het toevoegen van het argument “`tdist=TRUE`” aan de syntax (zie hierboven) wordt echter de methode van Knapp en Hartung (2003) toegepast op de berekening van de standaardfouten van alle geschatte coëfficiënten in het model. In deze methode wordt rekening gehouden met de onzekerheid in de schatting van de hoeveelheid (residuele) heterogeniteit, wat leidt tot betere berekeningen van standaardfouten en minder fouten van de eerste soort (i.e., type 1

fout). Deze methode geeft dus meer betrouwbare resultaten dan wanneer de standaardinstellingen worden gebruikt van de `rma.mv`-functie. Het toepassen van deze methode heeft als gevolg dat niet meer de standaardnormale verdeling de optimale referentieverdeling is, maar de t - en F -verdelingen.

Met de Knapp en Hartung-methode worden teststatistieken van afzonderlijke coëfficiënten in het model (en de bijbehorende betrouwbaarheidsintervallen) gebaseerd op de t -verdeling waarbij het aantal vrijheidsgraden (df) gelijkstaat aan k (het aantal effect sizes) – p (het aantal predictoren in het model inclusief het intercept). De omnibustoets (zie paragraaf 4.1) kent juist een F -verdeling waarbij $df1$ gelijkstaat aan het aantal predictoren in het model en waarbij $df2$ gelijkstaat aan k (het aantal effect sizes) – p (het aantal predictoren in het model inclusief het intercept). In het geval van één predictor in het model is de F -waarde van de omnibustoets gelijk aan het kwadraat van de t -waarde die hoort bij de betreffende regressiecoëfficiënt. Weisz et al. (2013) en Houben et al. (2015) zijn voorbeelden van studies waarin de Knapp en Hartung-methode is toegepast.

In sommige drie-level meta-analyses worden vrijheidsgraden van t - of F -teststatistieken berekend met een Satterthwaite-correctie (Satterthwaite, 1946), die toegepast wordt wanneer varianties van de te vergelijken groepen ongelijk zijn aan elkaar. Dit levert vaak fractionele vrijheidsgraden op zoals te zien is in Tabel 2 van Weisz et al. (2013) en Tabel 2 van Houben et al. (2015). In de `rma.mv`-functie is de Satterthwaite-correctie (nog) niet geïmplementeerd en kan daarom niet toegepast worden in gevallen wanneer sprake is van ongelijke varianties van groepen. Dit lijkt echter niet problematisch omdat tot op heden geen wetenschappelijk bewijs beschikbaar is waaruit blijkt dat de Satterthwaite-correctie juiste resultaten levert in meta-analytische modellen (Viechtbauer 2015, persoonlijke communicatie).

N.B. De omnibustoets is alleen van toepassing wanneer een moderatoranalyse wordt uitgevoerd en niet wanneer alleen een overall effect wordt vastgesteld. Omdat hier in eerste instantie alleen het overall effect wordt vastgesteld, ontbreekt het resultaat van de omnibustoets in de output hieronder (er is immers nog geen sprake van een moderatoranalyse).

```
## Resultaten opvragen  
summary(overall, digits=3)
```

/ Geeft een samenvatting van de resultaten met drie decimalen (want “digits=3”). */*

Output

Multivariate Meta-Analysis Model (k = 100; method: REML)

logLik	Deviance	AIC	BIC	AICc
-73.632	147.264	153.264	161.050	153.517

Variance Components:

```
      estim  sqrt  nlvls  fixed  factor
sigma^2.1  0.112  0.335   100   no    effectsizeID
/* Variantie (0.112) tussen effect sizes binnen studies (niveau 2). */
sigma^2.2  0.188  0.433    17   no    studyID
/* Variantie (0.188) tussen studies (niveau 3). */
```

Test for Heterogeneity:

$Q(df = 99) = 808.848, p\text{-val} < .001$

/* In dit voorbeeld geeft deze toets aan dat er significante variantie is tussen alle effect sizes in de dataset (want $p < .001$). Dit is echter niet zo informatief, omdat wij juist geïnteresseerd zijn in de heterogeniteit van effect sizes *binnen* studies (niveau 2) en *tussen* studies (niveau 3). */

Model Results:

estimate	se	tval	pval	ci.lb	ci.ub	
0.427	0.118	3.604	<.001	0.192	0.662	***

/* estimate = overall effect size; se = standaard error; tval = *t*-waarde; pval = *p*-waarde; ci.lb = confidence interval lower bound; ci.ub = confidence interval upper bound.

Dus: de overall effect size is significant: mean $d = 0.427$ ($SE = 0.118$), $t(99) = 3.604$, $p < .001$. */

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

3. Heterogeniteit

Om te bepalen of sprake is van significante variantie tussen effect sizes binnen studies (niveau 2) en tussen studies (niveau 3) worden twee log-likelihood-ratio-toetsen uitgevoerd (en geen *Z*-toets zoals in MLwiN, want die is problematisch volgens onder andere Hox, 2010; blz. 229). Deze toetsen worden bij voorkeur éézijdig uitgevoerd, omdat variantiecomponenten alleen in positieve richting van 0 kunnen afwijken. Dus, in elk van de twee toetsen luidt de nulhypothese (H_0) dat een variantiecomponent gelijk is aan 0 en de alternatieve hypothese (H_1) dat een variantiecomponent groter is dan 0. Wanneer deze toetsen tweezijdig worden uitgevoerd dan is doorgaans sprake van een te conservatieve toetsing. Ook in de meta-analytische modellen zoals geconstrueerd met de `rma.mv`-functie van de Metafor-package lijkt éézijdige toetsing van variantiecomponenten een verbetering ten opzichte van tweezijdige toetsing (Viechtbauer, 2015; persoonlijke communicatie). In de output van R wordt echter standaard een *p*-waarde gerapporteerd van een tweezijdige toets. Om de *p*-

waarde te verkrijgen die hoort bij een éézijdige toets moet de p -waarde zoals gerapporteerd in de output van R door twee worden gedeeld.

3.1 Heterogeniteit op niveau 2

De fit van het oorspronkelijke model waarin beide varianties geschat zijn (dus op niveaus 2 én 3), wordt vergeleken met de fit van een model waarbij de variantie op niveau 2 op nul wordt gezet en waarbij de variantie op niveau 3 wordt geschat. Dit betekent dat je het oorspronkelijke model gaat vergelijken met een model waarbij op niveau 2 geen variantie wordt geschat (en dus alleen op niveau 3). Zo kun je bepalen of de variantie op niveau 2 significant verschilt van nul. Indien de fit van het model zonder geschatte variantie op niveau 2 significant slechter is dan de fit van het model waarbij wel beide varianties worden geschat, dan is sprake van significante variantie op niveau 2 (dus significante variantie tussen effect sizes binnen studies).

```
## Berekenen heterogeniteit op niveau 2
modelzondervar2 <- rma.mv(y, v, random = list(~ 1 | effectsizeID, ~ 1 | studyID),
sigma2=c(0,NA), tdist=TRUE, data=datavoorbeeld)

/* sigma2=c(0,NA) -> hiermee zet je de variantie op niveau 2 op 0 en wordt de variantie op
niveau 3 wel geschat (NA). */

fitstats(overall)

/* Fitstatistieken van het originele model (varianties op niveaus 2 en 3 zijn beide geschat). */

fitstats(modelzondervar2)

/* Fitstatistieken van het model zonder variantie op niveau 2 en met variantie op niveau 3. */

anova(overall,modelzondervar2)

/* Dit is de eerste van de twee log-likelihood-ratio-toetsen (chi-kwadraattoetsen) waarmee
bepaald wordt of de fit van het oorspronkelijke model (waarin de variantie op zowel niveau 2
als niveau 3 is geschat) significant verschilt van de fit van het model waarin de variantie op
niveau 2 niet wordt geschat, maar de variantie op niveau 3 wel wordt geschat. */
```

Output

	df	AIC	BIC	AICc	logLik	LRT	pval	QE
Full	3	153.2644	161.0498	153.5170	-73.6322			808.8482
Reduced	2	233.1567	238.3470	233.2817	-114.5784	81.8923	<.0001	808.8482

/* df = degrees of freedom; logLik = log-likelihood; LRT = log-likelihood-ratio-toets; pval = tweezijdige p -waarde; QE -> niet informatief, want de Q -toets voor heterogeniteit is hier niet

relevant (zie “Test for Heterogeneity” in de output bij het berekenen van de overall effect size).

Dus: $\chi^2(1) = 81.8923$, $p < .0001$ (tweezijdig).

Voor de éénzijdige p -waarde (bovenstaande p -waarde delen door twee) blijft gelden dat $p < .0001$.

Dit betekent dat er significante variantie is op niveau 2 (omdat de fit van het model waarin de variantie op niveau 2 niet wordt geschat (want deze is op 0 gezet) en waarin de variantie op niveau 3 wel wordt geschat, significant slechter is dan het oorspronkelijke model waarbij beide varianties wel worden geschat). *\

3.2 Heterogeniteit op niveau 3

Net als bij het testen van de heterogeniteit op niveau 2, wordt nu de fit van het oorspronkelijke model (waarin varianties op niveaus 2 en 3 worden geschat) vergeleken met de fit van een model waarin de variantie op niveau 3 niet wordt geschat (dus op nul wordt gezet) en de variantie op niveau 2 juist wel wordt geschat.

```
## Berekenen heterogeniteit op niveau 3
```

```
modelzondervar3 <- rma.mv(y, v, random = list(~ 1 | effectsizeID, ~ 1 | studyID),  
sigma2=c(NA,0), tdist=TRUE, data=datavoorbeeld)
```

```
/* sigma2=c(NA,0) -> hiermee zet je de variantie op niveau 3 op 0 en wordt de variantie op  
niveau 2 wel geschat (NA). *\  

```

```
anova(overall,modelzondervar3)
```

```
/* Dit is de tweede log-likelihood-ratio-toets (chi-kwadraattoets) waarmee bepaald wordt of  
de fit van het oorspronkelijke model (waarin de variantie op zowel niveau 2 als niveau 3 is  
geschat) significant verschilt van de fit van het model zonder variantie op niveau 3 maar met  
variantie op niveau 2. *\  

```

Output

	df	AIC	BIC	AICc	logLik	LRT	pval	QE
Full	3	153.2644	161.0498	153.5170	-73.6322			808.8482
Reduced	2	214.0668	219.2570	214.1918	-105.0334	62.8024	<.0001	808.8482

```
/* Dus:  $\chi^2(1) = 62.8024$ ,  $p < .0001$  (tweezijdig).
```

```
Voor de éénzijdige  $p$ -waarde (bovenstaande  $p$ -waarde delen door twee) blijft gelden dat  $p < .0001$ , en daarom kan geconcludeerd worden dat sprake is van significante variantie op  
niveau 3. *\  

```

Aangezien in dit voorbeeld significante variantie is tussen de effect sizes binnen studies (niveau 2) en tussen studies (niveau 3), zullen moderatoranalyses uitgevoerd worden. Uit de

hierboven beschreven resultaten blijkt immers dat meer variantie aanwezig is dan op basis van alleen sampling variance verwacht kan worden.

3.3 De verdeling van de totale variantie over de drie niveaus

Vervolgens kan worden vastgesteld hoe de totale variantie verdeeld is over de drie niveaus van het meta-analytische model:

- Niveau 1 = variantie van de geobserveerde effect sizes rond de populatie-effect sizes (i.e., *sampling variance*);
- Niveau 2 = variantie tussen de populatie-effect sizes van eenzelfde studie;
- Niveau 3 = variantie tussen de populatie-effect sizes van studies.

Om te bepalen hoeveel variantie kan worden toegeschreven aan verschillen tussen studies en verschillen tussen effect sizes binnen studies worden formules van Cheung (2014) gebruikt. De variantie op niveau 1 heeft niet één vaste waarde, omdat deze afhankelijk is van de omvang van de steekproef die per studie en per effect size kan verschillen. Om toch vast te kunnen stellen hoe de totale variantie is verdeeld over de drie niveaus, wordt een schatting gemaakt van de variantie op niveau 1 met behulp van formule 14 van Cheung (2014, blz. 2015). Deze geschatte variantie wordt ook wel de *typical within-study sampling variance* genoemd. Hieronder wordt formule 14 in stappen uitgerekend, waarbij elke stap in een object wordt weggeschreven.

```
## Vaststellen van de verdeling van de totale variantie over de drie niveaus
# "datavoorbeeld$v" = variabele "v" in object "datavoorbeeld"
# ^2 = gekwadrateerd
n <- length(datavoorbeeld$v)
list.inverse.variances <- 1/(datavoorbeeld$v)
sum.inverse.variances <- sum(list.inverse.variances)
squared.sum.inverse.variances <- (sum.inverse.variances)^2
list.inverse.variances.square <- 1/(datavoorbeeld$v^2)
sum.inverse.variances.square <- sum(list.inverse.variances.square)

teller <- (n-1) * sum.inverse.variances
noemer <- squared.sum.inverse.variances - sum.inverse.variances.square

## Estimated typical within-study sampling variance wordt weggeschreven in een object
estimated.sampling.variance <- teller/noemer

I2_1 <-
(estimated.sampling.variance)/(overall$sigma2[1]+overall$sigma2[2]+estimated.sampling.va
riance)

/* Proportie variantie van de totale variantie op niveau 1 (i.e., typical within-study sampling
variance). */
```

```
I2_2 <-  
(overall$sigma2[1])/(overall$sigma2[1]+overall$sigma2[2]+estimated.sampling.variance)  
  
/* Proportie variantie van de totale variantie op niveau 2 (variantie tussen effect sizes binnen  
studies). */\
```

```
I2_3 <-  
(overall$sigma2[2])/(overall$sigma2[1]+overall$sigma2[2]+estimated.sampling.variance)
```

```
/* Proportie variantie van de totale variantie op niveau 3 (variantie tussen studies). */\
```

```
## Proporties varianties omzetten in percentages
```

```
groottevariantieniveau1 <- I2_1 * 100  
groottevariantieniveau2 <- I2_2 * 100  
groottevariantieniveau3 <- I2_3 * 100  
groottevariantieniveau1  
groottevariantieniveau2  
groottevariantieniveau3
```

```
Output
```

```
> groottevariantieniveau1  
[1] 6.942732
```

```
/* Percentage variantie op niveau 1, oftewel de typical within-study sampling variance. */\
```

```
> groottevariantieniveau2  
[1] 34.75388
```

```
/* Percentage variantie op niveau 2; dus ongeveer 35% van de totale variantie kan worden  
toegeschreven aan verschillen tussen effect sizes binnen studies. */\
```

```
> groottevariantieniveau3  
[1] 58.30339
```

```
/* Percentage variantie op niveau 3; dus ongeveer 58% van de totale variantie kan worden  
toegeschreven aan verschillen tussen studies. */\
```

3.4 Een tweede benadering van heterogeniteit

Ondanks dat het toetsen van variantiecomponenten de voorkeur heeft voor het bepalen van heterogeniteit van effect sizes (zie de beschrijving hierboven), kan het goed zijn om ook op een andere wijze heterogeniteit te benaderen. Een probleem bij het uitvoeren van log-likelihood-ratio-toetsen is namelijk dat deze mogelijk geen significant resultaat geven wanneer sprake is van een gering aantal effect sizes en/of studies in een dataset, ook al is in werkelijkheid wel substantiële variantie aanwezig (i.e., een powerprobleem). Wanneer

vervolgens op basis van niet significante resultaten besloten wordt om geen moderatoranalyses uit te voeren, dan zal dit geen optimale strategie zijn.

Ter aanvulling op de log-likelihood-ratio-toetsen kan de 75%-regel van Hunter en Schmidt (1990) worden toegepast. Zij stellen dat heterogeniteit (tussen effect sizes en/of studies) substantieel is als minder dan 75% van de totale variantie toegeschreven kan worden aan sampling variance. Is dit het geval, dan zou de invloed van mogelijke moderatoren op het overall effect onderzocht moeten worden. In ons voorbeeld kan ongeveer 7% van de totale variantie toegeschreven worden aan sampling variance (zie hierboven). Dit betekent dat ook op basis van de regel van Hunter en Schmidt (1990) geconcludeerd kan worden dat sprake is van heterogeniteit waardoor het relevant is om moderatoranalyses uit te voeren.

Er zijn gepubliceerde meta-analyses beschikbaar waarin beide methoden worden toegepast om heterogeniteit te bepalen. Zie het werk van Van den Bussche, Van den Noortgate en Reynvoet (2009) voor een voorbeeld.

4. Moderatoranalyses

4.1 Categorische moderator met twee categorieën

Om te toetsen of publicatiestatus (wel / niet gepubliceerd) een significante moderator is, voeg je aan het model de juiste predictor toe, net als in MLwiN. De predictor die niet toegevoegd wordt, fungeert als referentiecategorie.

Door parameters in het model te schatten met de “Restricted Maximum-Likelihood estimation”-methode (RIGLS in MLwiN) is het niet mogelijk om de fit van het model zonder predictoren te vergelijken met de fit van het model met predictoren (i.e., het uitvoeren van een log-likelihood-ratio-toets; zie Hox (2010), blz. 215). In plaats daarvan wordt een omnibustoets uitgevoerd om te bepalen of sprake is van een modererend effect van één of meerdere predictoren die toegevoegd zijn aan het model. Middels een omnibustoets wordt namelijk getoetst of alle regressiecoëfficiënten in het model gelijk zijn aan de waarde 0 (dus de nulhypothese luidt $H_0: \beta_1 = \beta_2 = \beta_3 = \dots = 0$). Indien het model een intercept bevat (dat is meestal het geval), dan wordt het intercept buiten beschouwing gelaten in deze toets.

```
## Moderatoranalyse (binaire predictor)
```

```
notpublished <- rma.mv(y, v, mods = ~ pstatpub, random = list(~ 1 | effectsizeID, ~ 1 | studyID), tdist=TRUE, data=datavoorbeeld)
```

/ mods = ~ pstatpub -> hiermee neem je de moderator publicatiestatus op in het model. In dit voorbeeld zijn gepubliceerde artikelen met “1” gecodeerd en niet-gepubliceerde artikelen met “0”. De referentiecategorie bestaat in dit geval dus uit niet-gepubliceerde artikelen. */*

summary(notpublished, digits=3)

Output

Multivariate Meta-Analysis Model (k = 100; method: REML)

logLik	Deviance	AIC	BIC	AICc
-71.435	142.870	150.870	161.210	151.300

Variance Components:

	estim	sqrt	nlvs	fixed	factor
sigma^2.1	0.113	0.336	100	no	effectsizeID /* Variantie op niveau 2. */
sigma^2.2	0.171	0.414	17	no	studyID /* Variantie op niveau 3. */

Test for Residual Heterogeneity:

QE(df = 98) = 702.194, p-val < .001

Test of Moderators (coefficient(s) 2):

QM(df = 1) = 1.844, p-val = 0.178

/* In het huidige voorbeeld wordt middels de omnibustoets vastgesteld of één regressiecoëfficiënt van één predictor significant afwijkt van nul. Dus: $F(1, 98) = 1.844$, $p = .178$; de moderator “publicatiestatus” blijkt geen significante moderator. */

Model Results:

	estimate	se	tval	pval	ci.lb	ci.ub
intrcpt	0.812	0.306	2.656	0.009	0.205	1.418 **

/* Gemiddelde effect size (0.812) van de referentiecategorie (dus van de niet-gepubliceerde artikelen). */

pstatpub	-0.447	0.329	-1.358	0.178	-1.101	0.206
----------	--------	-------	--------	-------	--------	-------

/* Regressiecoëfficiënt (-0.447) van de predictor “gepubliceerde artikelen”. Omdat in dit model één predictor wordt getoetst is de F -waarde van de omnibustoets (1.844) gelijk aan de t -waarde van deze regressiecoëfficiënt (-1.358) in het kwadraat. */

Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

De significantie van de varianties op niveaus 2 en 3 (na het opnemen van één of meerdere moderatoren in het model) kan wederom worden vastgesteld door de procedure zoals beschreven in paragraaf 3.1 (Heterogeniteit op niveau 2) en paragraaf 3.2 (Heterogeniteit op niveau 3) te herhalen.

Om de gemiddelde effect size te bepalen van gepubliceerde artikelen, voeg je de predictor “pstatnotpub” toe:

```
## Moderatoranalyse (binaire predictoren omgedraaid)
published <- rma.mv(y, v, mods = ~ pstatnotpub, random = list(~ 1 | effectsizeID, ~ 1 |
studyID), tdist=TRUE, data=datavoorbeeld)

summary(published, digits=3)
```

Output

Multivariate Meta-Analysis Model (k = 100; method: REML)

logLik	Deviance	AIC	BIC	AICc
-71.435	142.870	150.870	161.210	151.300

Variance Components:

	estim	sqrt	nlvls	fixed	factor
sigma ^{2.1}	0.113	0.336	100	no	effectsizeID/* Variantie op niveau 2. *\
sigma ^{2.2}	0.171	0.414	17	no	studyID /* Variantie op niveau 3. *\

Test for Residual Heterogeneity:

QE(df = 98) = 702.194, p-val < .001

Test of Moderators (coefficient(s) 2):

QM(df = 1) = 1.844, p-val = 0.178

/* Omnibus-toets (zie hierboven). *\

Model Results:

	estimate	se	tval	pval	ci.lb	ci.ub	
intrcpt	0.364	0.123	2.962	0.004	0.120	0.609	**
pstatnotpub	0.447	0.329	1.358	0.178	-0.206	1.101	

/* Gemiddelde effect size van de referentiecategorie (dus van de gepubliceerde artikelen). *\

/* Regressiecoëfficiënt van de predictor “niet-gepubliceerde artikelen”. *\

Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

De significantie van de varianties op niveaus 2 en 3 (na het opnemen van één of meerdere moderatoren in het model) kan wederom worden vastgesteld door de procedure zoals beschreven in paragraaf 3.1 (Heterogeniteit op niveau 2) en paragraaf 3.2 (Heterogeniteit op niveau 3) te herhalen.

4.2 Categorische moderator met drie categorieën

Om te toetsen of type delinquentie (openlijke delinquentie, heimelijke delinquentie, algemene delinquentie) een significante moderator is, voeg je aan het model twee predictoren toe. In dit geval is “algemene delinquentie” de referentiecategorie, dus je voegt de predictoren “openlijke delinquentie” en “heimelijke delinquentie” toe.

```
## Moderatoranalyse (drie antwoordcategorieën)
delinquencygeneral <- rma.mv(y, v, mods = ~ typeovert + typecover, random = list(~ 1 |
effectsizeID, ~ 1 | studyID), tdist=TRUE, data=datavoorbeeld)
```

```
/* typeovert + typecover -> de predictoren openlijke en heimelijke delinquentie zijn
toegevoegd aan het model. Met behulp van een plusteken (+) kun je meerdere predictoren
toevoegen. */
```

```
summary(delinquencygeneral, digits=3)
```

Output

Multivariate Meta-Analysis Model (k = 100; method: REML)

logLik	Deviance	AIC	BIC	AICc
-66.290	132.581	142.581	155.454	143.240

Variance Components:

	estim	sqrt	nlvls	fixed	factor
sigma ^{2.1}	0.085	0.291	100	no	effectsizeID /* Variantie op niveau 2. */
sigma ^{2.2}	0.190	0.436	17	no	studyID /* Variantie op niveau 3. */

Test for Residual Heterogeneity:

QE(df = 97) = 761.162, p-val < .001

Test of Moderators (coefficient(s) 2,3):

QM(df = 2) = 7.490, p-val < .001

```
/* Omnibus-toets,  $F(2, 97) = 7.490, p < .001$ ; dus type delinquentie is een significante
moderator. */
```

Model Results:

	estimate	se	tval	pval	ci.lb	ci.ub
intrcpt	0.470	0.118	3.986	<.001	0.236	0.704 ***

```
/* Gemiddelde effect size van de referentiecategorie (dus van algemene delinquentie; 0.470).
*/
```

typeovert	-0.222	0.139	-1.594	0.114	-0.498	0.054
-----------	--------	-------	--------	-------	--------	-------

```
/* Regressiecoëfficiënt van de predictor “openlijke delinquentie” (-0.222). */
```

typecover	-0.730	0.192	-3.795	<.001	-1.111	-0.348 ***
-----------	--------	-------	--------	-------	--------	------------

```
/* Regressiecoëfficiënt van de predictor “heimelijke delinquentie” (-0.730). *\
```

```
---
```

```
Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1
```

De significantie van de varianties op niveaus 2 en 3 (na het opnemen van één of meerdere moderatoren in het model) kan wederom worden vastgesteld door de procedure zoals beschreven in paragraaf 3.1 (Heterogeniteit op niveau 2) en paragraaf 3.2 (Heterogeniteit op niveau 3) te herhalen.

Om de gemiddelde effect size te berekenen van openlijke delinquentie voeg je de predictoren “typegen” en “typecovert” toe. Om de gemiddelde effect size te berekenen van heimelijke delinquentie voeg je de predictoren “typegen” en “typeovert” toe.

4.3 Continue moderator

Net als bij de categorische predictor, voeg je de continue predictor toe aan het model na “mods = ~”. Bijvoorbeeld het moderatoreffect van publicatiejaar:

```
## Moderatoranalyse (continue variabele)
publicationyear <- rma.mv(y, v, mods = ~ pyear, random = list(~ 1 | effectsizeID, ~ 1 |
studyID), tdist=TRUE, data=datavoorbeeld)
```

```
summary(publicationyear, digits=3)
```

Output

Multivariate Meta-Analysis Model (k = 100; method: REML)

logLik	Deviance	AIC	BIC	AICc
-70.282	140.564	148.564	158.904	148.994

Variance Components:

	estim	sqrt	nlvls	fixed	factor
sigma^2.1	0.113	0.336	100	no	effectsizedID /* Variantie op niveau 2. *\
sigma^2.2	0.135	0.367	17	no	studyID /* Variantie op niveau 3. *\

Test for Residual Heterogeneity:

QE(df = 98) = 672.545, p-val < .001

Test of Moderators (coefficient(s) 2):

QM(df = 1) = 5.464, p-val = 0.021

```
/* Omnibus-toets,  $F(1, 98) = 5.464, p = .021$ ; dus publicatiejaar is een significante moderator.
*\
```

Model Results:

```
      estimate   se    tval   pval   ci.lb  ci.ub
intrcpt  0.426  0.104  4.095  <.001  0.219  0.632 ***
pyear   -0.042  0.018 -2.338  0.021 -0.078 -0.006 *
/* Regressiecoëfficiënt (-0.042) van de predictor "publicatiejaar". */
```

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

De significantie van de varianties op niveaus 2 en 3 (na het opnemen van één of meerdere moderatoren in het model) kan wederom worden vastgesteld door de procedure zoals beschreven in paragraaf 3.1 (Heterogeniteit op niveau 2) en paragraaf 3.2 (Heterogeniteit op niveau 3) te herhalen.

5. Model met meerdere moderatoren

Om het unieke effect te bepalen van moderatoren die significant bleken in de univariate moderatoranalyses (zie hierboven), worden publicatiejaar en type delinquentie toegevoegd aan het model.

```
## Multivariaat model (met twee moderatoren)
multivariate <- rma.mv(y, v, mods = ~ pyear + typeovert + typecover, random = list(~ 1 |
effectsizeID, ~ 1 | studyID), tdist=TRUE, data=datavoorbeeld)
```

```
summary(multivariate, digits=3)
```

Output

Multivariate Meta-Analysis Model (k = 100; method: REML)

```
logLik  Deviance   AIC   BIC   AICc
-63.375  126.750  138.750  154.136  139.694
```

Variance Components:

```
      estim  sqrt  nlvls  fixed  factor
sigma^2.1  0.085  0.292  100   no    effectsizeID /* Variantie op niveau 2. */
sigma^2.2  0.149  0.386   17   no    studyID     /* Variantie op niveau 3. */
```

Test for Residual Heterogeneity:

QE(df = 96) = 609.357, p-val < .001

Test of Moderators (coefficient(s) 2,3,4):
QM(df = 3) = 6.414, p-val < .001

/ Omnibustoets, $F(3, 96) = 6.414, p < .001$; dus minstens één van de drie regressiecoëfficiënten wijkt significant af van nul. Nu kun je hieronder in de output gaan aflezen welke regressiecoëfficiënt(en) significant van nul afwijkt. **

Model Results:

	estimate	se	tval	pval	ci.lb	ci.ub	
intrcpt	0.466	0.107	4.346	<.001	0.253	0.678	***
pyear	-0.038	0.018	-2.077	0.040	-0.074	-0.002	*

/ Regressiecoëfficiënt (-0.038) van de predictor “publicatiejaar”. **

typeovert	-0.204	0.139	-1.472	0.144	-0.479	0.071	
-----------	--------	-------	--------	-------	--------	-------	--

/ Regressiecoëfficiënt (-0.204, ns) van de predictor “openlijke delinquentie” (vs. algemene delinquentie). **

typecovert	-0.709	0.191	-3.707	<.001	-1.089	-0.330	***
------------	--------	-------	--------	-------	--------	--------	-----

/ Regressiecoëfficiënt (-0.709) van de predictor “heimelijke delinquentie” (vs. algemene delinquentie). **

Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

De significantie van de varianties op niveaus 2 en 3 (na het opnemen van één of meerdere moderatoren in het model) kan wederom worden vastgesteld door de procedure zoals beschreven in paragraaf 3.1 (Heterogeniteit op niveau 2) en paragraaf 3.2 (Heterogeniteit op niveau 3) te herhalen.

5.1 Vaststellen van de verklaarde variantie

Om vast te stellen hoeveel van de variantie op niveaus 2 en 3 wordt verklaard door het toevoegen van meerdere moderatoren aan het model, moeten de volgende stappen doorlopen worden:

1. Maak in SPSS een dataset waarin alleen die effect sizes voorkomen die gekoppeld zijn aan een waarde op *alle* moderatoren die in één model worden opgenomen (dus geen “missing values” in de dataset op de moderatoren die in het model worden opgenomen);
2. Haal de aangepaste dataset op in R;
3. Bereken opnieuw het “overall effect” (dit is het “intercept only”-model; je weet nu de varianties op niveaus 2 en 3 van het model zonder predictoren);
4. Voer vervolgens de moderatoranalyse uit met alle moderatoren in één model (dit is het model met predictoren; je weet nu de varianties op niveaus 2 en 3 van het model met predictoren);

5. Voor het vaststellen van de verklaarde varianties op niveaus 2 en 3, zie formule 17 op blz. 216 van Cheung (2014):
- a. Deze formule voor de verklaarde variantie op niveau 2 is in het kort samengevat als volgt:
1 – (variantie op niveau 2 van het model met predictoren / variantie op niveau 2 van het “intercept only”-model);
 - b. Deze formule voor de verklaarde variantie op niveau 3 is in het kort samengevat:
1 – (variantie op niveau 3 van het model met predictoren / variantie op niveau 3 van het “intercept only”-model).

Referenties

- Assink, M., Van der Put, C., Hoes, M., De Vries, S. L. A., Stams, G. J. J. M., & Oort, F. J. (2015). Risk factors for persistent delinquent behavior among juveniles: A meta-analytic review. *Clinical Psychology Review, 42*, 47-61.
- Cheung, M. W. L. (2014). Modeling dependent effect sizes with three-level meta-analyses: A structural equation modeling approach. *Psychological Methods, 19*, 211-229.
- Gleser, L. J., & Olkin, I. (2009). Stochastically dependent effect sizes. In H. Cooper, L. V. Hedges, & J. C. Valentine (Eds.), *The handbook of research synthesis and meta-analysis* (2nd ed., pp. 357-376). New York: Russell Sage Foundation.
- Houben, M., Van den Noortgate, W., & Kuppens, P. (2015). The relation between short-term emotion dynamics and psychological well-being: A meta-analysis. *Psychological Bulletin*. Advance online publication.
- Hox, J. J. (2010). *Multilevel analysis: Techniques and applications*. New York, NY: Routledge.
- Hunter, J. E., & Schmidt, F. L. (1990). *Methods of meta-analysis: Correcting error and bias in research findings*. Newbury Park, CA: Sage.
- Knapp, G., & Hartung, J. (2003). Improved tests for a random effects meta-regression with a single covariate. *Statistics in Medicine, 22*, 2693-2710.
- Satterthwaite, F. E. (1946). An approximate distribution of estimates of variance components. *Biometrics Bulletin, 6*, 110-114.
- Van der Hallen, R., Evers, K., Brewaeys, K., Van den Noortgate, W., & Wagemans, J. (2014). Global processing takes time: A meta-analysis on local–global visual processing in ASD. *Psychological Bulletin*. Advance online publication.
- Van den Bussche, Van den Noortgate, & Reynvoet (2009). Mechanisms of masked priming: A meta-analysis. *Psychological Bulletin, 135*(3), 452-477.
- Van den Noortgate, W., López-López, J. A., Marín-Martínez, F., & Sánchez-Meca, J. (2013). Three-level meta-analysis of dependent effect sizes. *Behavior Research Methods, 45*, 576-594.
- Van den Noortgate, W., López-López, J. A., Marín-Martínez, F., & Sánchez-Meca, J. (2014). Meta-analysis of multiple outcomes: A multilevel approach. *Behavior Research Methods, 1-21*.
- Viechtbauer, W. (2005). Bias and efficiency of meta-analytic variance estimators in the random-effects model. *Journal of Educational and Behavioral Statistics, 30*, 261-293.
- Viechtbauer, W. (2015). Meta-analysis package for R. Opgehaald van <http://cran.r-project.org/web/packages/metafor/metafor.pdf>
- Weisz, J. R., Kuppens, S., Eckshtain, D., Ugueto, A. M., Hawley, K. M., & Jensen-Doss, A. (2013). Performance of evidence-based youth psychotherapies compared with usual clinical care: A multilevel meta-analysis. *JAMA Psychiatry, 70*, 750-761.

Volledige syntax (zonder toelichting)

```
## Instellen van de werkomgeving (let op de voorwaartse slashes in de syntax)
setwd("C:/Users/cwibbel1/Desktop/metafor")

## Installatie van de packages "foreign" en "metafor"
install.packages("foreign")
install.packages("metafor")

## Ophalen van de "libraries"
library(foreign)
library(metafor)

## Inlezen databestand
datavoorbeeld <- read.spss("voorbeeldbestand.sav", to.data.frame=TRUE)

summary(datavoorbeeld)
str(datavoorbeeld)
head(datavoorbeeld)

## Berekenen overall effect size
overall <- rma.mv(y, v, random = list(~ 1 | effectsizeID, ~ 1 | studyID), tdist=TRUE,
data=datavoorbeeld)

## Resultaten opvragen
summary(overall, digits=3)

## Berekenen heterogeniteit op niveau 2
modelzondervar2 <- rma.mv(y, v, random = list(~ 1 | effectsizeID, ~ 1 | studyID),
sigma2=c(0,NA), tdist=TRUE, data=datavoorbeeld)

fitstats(overall)
fitstats(modelzondervar2)
anova(overall,modelzondervar2)

## Berekenen heterogeniteit op niveau 3
modelzondervar3 <- rma.mv(y, v, random = list(~ 1 | effectsizeID, ~ 1 | studyID),
sigma2=c(NA,0), tdist=TRUE, data=datavoorbeeld)

anova(overall,modelzondervar3)
```

```

## Vaststellen van de verdeling van de totale variantie over de drie niveaus
# "datavoorbeeld$v" = variabele "v" in object "datavoorbeeld"
# ^2 = gekwadrateerd
n <- length(datavoorbeeld$v)
list.inverse.variances <- 1/(datavoorbeeld$v)
sum.inverse.variances <- sum(list.inverse.variances)
squared.sum.inverse.variances <- (sum.inverse.variances)^2
list.inverse.variances.square <- 1/(datavoorbeeld$v^2)
sum.inverse.variances.square <- sum(list.inverse.variances.square)

teller <- (n-1) * sum.inverse.variances
noemer <- squared.sum.inverse.variances - sum.inverse.variances.square

## Estimated typical within-study sampling variance wordt weggeschreven in een object
estimated.sampling.variance <- teller/noemer

I2_1 <-
(estimated.sampling.variance)/(overall$sigma2[1]+overall$sigma2[2]+estimated.sampling.va
riance)
I2_2 <-
(overall$sigma2[1])/(overall$sigma2[1]+overall$sigma2[2]+estimated.sampling.variance)
I2_3 <-
(overall$sigma2[2])/(overall$sigma2[1]+overall$sigma2[2]+estimated.sampling.variance)

## Proporties varianties omzetten in percentages
groottevariantieniveau1 <- I2_1 * 100
groottevariantieniveau2 <- I2_2 * 100
groottevariantieniveau3 <- I2_3 * 100
groottevariantieniveau1
groottevariantieniveau2
groottevariantieniveau3

## Moderatoranalyse (binaire predictor)
notpublished <- rma.mv(y, v, mods = ~ pstatpub, random = list(~ 1 | effectsizeID, ~ 1 |
studyID), tdist=TRUE, data=datavoorbeeld)

summary(notpublished, digits=3)

## Moderatoranalyse (binaire predictoren omgedraaid)
published <- rma.mv(y, v, mods = ~ pstatnotpub, random = list(~ 1 | effectsizeID, ~ 1 |
studyID), tdist=TRUE, data=datavoorbeeld)

summary(published, digits=3)

```



```
## Moderatoranalyse (drie antwoordcategorieën)
delinquencygeneral <- rma.mv(y, v, mods = ~ typeovert + typecovert, random = list(~ 1 |
effectsizeID, ~ 1 | studyID), tdist=TRUE, data=datavoorbeeld)
```

```
summary(delinquencygeneral, digits=3)
```

```
## Moderatoranalyse (continue variabele)
publicationyear <- rma.mv(y, v, mods = ~ pyear, random = list(~ 1 | effectsizeID, ~ 1 |
studyID), tdist=TRUE, data=datavoorbeeld)
```

```
summary(publicationyear, digits=3)
```

```
## Multivariaat model (met twee moderatoren)
multivariate <- rma.mv(y, v, mods = ~ pyear + typeovert + typecovert, random = list(~ 1 |
effectsizeID, ~ 1 | studyID), tdist=TRUE, data=datavoorbeeld)
```

```
summary(multivariate, digits=3)
```

Volledige output (zonder toelichting)

R version 3.1.0 (2014-04-10) -- "Spring Dance"
Copyright (C) 2014 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: i386-w64-mingw32/i386 (32-bit)

R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.
You are welcome to redistribute it under certain conditions.
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.

R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.

Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
Type 'q()' to quit R.

```
> ## Instellen van de werkomgeving (let op de voorwaartse slashes in de syntax)
> setwd("C:/Users/cwibbel1/Desktop/metafor")
>
> ## Installatie van de packages "foreign" en "metafor"
> install.packages("foreign")
--- Please select a CRAN mirror for use in this session ---
trying URL 'http://cran.xl-mirror.nl/bin/windows/contrib/3.1/foreign_0.8-63.zip'
Content type 'application/zip' length 288107 bytes (281 Kb)
opened URL
downloaded 281 Kb
```

package 'foreign' successfully unpacked and MD5 sums checked

The downloaded binary packages are in

```
  C:\Users\cwibbel1\AppData\Local\Temp\RtmpMPfoxa\downloaded_packages
> install.packages("metafor")
trying URL 'http://cran.xl-mirror.nl/bin/windows/contrib/3.1/metafor_1.9-6.zip'
Content type 'application/zip' length 2107465 bytes (2.0 Mb)
opened URL
downloaded 2.0 Mb
```

package 'metafor' successfully unpacked and MD5 sums checked

The downloaded binary packages are in

C:\Users\cwibbel1\AppData\Local\Temp\RtmpMPfoxa\downloaded_packages

>

> ## Ophalen van de "libraries"

> library(foreign)

Warning message:

package 'foreign' was built under R version 3.1.3

> library(metafor)

Loading required package: Matrix

Loading 'metafor' package (version 1.9-6). For an overview and introduction to the package please type: help(metafor).

Warning message:

package 'metafor' was built under R version 3.1.3

>

> ## Inlezen databestand

> datavoorbeeld <- read.spss("voorbeeldbestand.sav", to.data.frame=TRUE)

Warning message:

In read.spss("voorbeeldbestand.sav", to.data.frame = TRUE) :

voorbeeldbestand.sav: Unrecognized record type 7, subtype 18 encountered in system file

>

> summary(datavoorbeeld)

studyID	effectsizeID	y	v	pstatpub
Min. : 1.00	Min. : 1.00	Min. :-0.7645	Min. :0.002524	Min. :0.00
1st Qu.: 6.00	1st Qu.: 25.75	1st Qu.: 0.1178	1st Qu.:0.030477	1st Qu.:0.00
Median :11.00	Median : 50.50	Median : 0.5144	Median :0.047902	Median :1.00
Mean :10.14	Mean : 50.50	Mean : 0.6128	Mean :0.080166	Mean :0.73
3rd Qu.:14.25	3rd Qu.: 75.25	3rd Qu.: 1.0153	3rd Qu.:0.093678	3rd Qu.:1.00
Max. :17.00	Max. :100.00	Max. : 2.3580	Max. :0.453277	Max. :1.00

pstatnotpub	typegen	typeovert	typecovert	pyear
Min. :0.00	Min. :0.00	Min. :0.00	Min. :0.00	Min. :-13.50
1st Qu.:0.00	1st Qu.:1.00	1st Qu.:0.00	1st Qu.:0.00	1st Qu.: -6.50
Median :0.00	Median :1.00	Median :0.00	Median :0.00	Median : 2.50
Mean :0.27	Mean :0.78	Mean :0.13	Mean :0.09	Mean : -0.85
3rd Qu.:1.00	3rd Qu.:1.00	3rd Qu.:0.00	3rd Qu.:0.00	3rd Qu.: 4.50
Max. :1.00	Max. :1.00	Max. :1.00	Max. :1.00	Max. : 5.50

> str(datavoorbeeld)

'data.frame': 100 obs. of 10 variables:

\$ studyID : num 1 1 1 1 1 1 2 2 2 3 ...

\$ effectsizeID: num 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 ...

\$ y : num 0.9066 0.4295 0.2679 0.2078 0.0526 ...

\$ v : num 0.074 0.0398 0.0481 0.0239 0.0331 ...

\$ pstatpub : num 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...

\$ pstatnotpub : num 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...

```

$ typegen : num 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
$ typeovert : num 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
$ typecover : num 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
$ pyear : num 4.5 4.5 4.5 4.5 4.5 4.5 1.5 1.5 1.5 -8.5 ...
- attr(*, "variable.labels")= Named chr "Study ID number" "" "" "" "" ...
..- attr(*, "names")= chr "studyID" "effectsizeID" "y" "v" ...
- attr(*, "codepage")= int 1252
> head(datavoorbeeld)
  studyID effectsizeID      y      v pstatpub pstatnotpub typegen typeovert typecover
pyear
1      1          1 0.90661710 0.07397227      1      0      1      0      0 4.5
2      1          2 0.42952561 0.03980822      1      0      1      0      0 4.5
3      1          3 0.26791111 0.04809225      1      0      1      0      0 4.5
4      1          4 0.20784247 0.02387682      1      0      1      0      0 4.5
5      1          5 0.05262222 0.03307494      1      0      1      0      0 4.5
6      1          6 -0.05070792 0.08863073      1      0      1      0      0 4.5
>
> ## Berekenen overall effect size
> overall <- rma.mv(y, v, random = list(~ 1 | effectsizeID, ~ 1 | studyID), tdist=TRUE,
data=datavoorbeeld)
>
> ## Resultaten opvragen
> summary(overall, digits=3)

```

Multivariate Meta-Analysis Model (k = 100; method: REML)

```

logLik Deviance  AIC  BIC  AICc
-73.632 147.264 153.264 161.050 153.517

```

Variance Components:

```

      estim sqrt  nlvls fixed factor
sigma^2.1 0.112 0.335  100  no  effectsizeID
sigma^2.2 0.188 0.433   17  no  studyID

```

Test for Heterogeneity:

Q(df = 99) = 808.848, p-val < .001

Model Results:

```
estimate   se   tval   pval   ci.lb   ci.ub  
0.427  0.118  3.604  <.001  0.192  0.662  ***
```

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

>

> ## Berekenen heterogeniteit op niveau 2

```
> modelzondervar2 <- rma.mv(y, v, random = list(~ 1 | effectsizeID, ~ 1 | studyID),  
sigma2=c(0,NA), tdist=TRUE, data=datavoorbeeld)
```

>

```
> fitstats(overall)
```

REML

```
logLik: -73.6322
```

```
deviance: 147.2644
```

```
AIC: 153.2644
```

```
BIC: 161.0498
```

```
AICc: 153.5170
```

```
> fitstats(modelzondervar2)
```

REML

```
logLik: -114.5784
```

```
deviance: 229.1567
```

```
AIC: 233.1567
```

```
BIC: 238.3470
```

```
AICc: 233.2817
```

```
> anova(overall,modelzondervar2)
```

	df	AIC	BIC	AICc	logLik	LRT	pval	QE
Full	3	153.2644	161.0498	153.5170	-73.6322			808.8482
Reduced	2	233.1567	238.3470	233.2817	-114.5784	81.8923	<.0001	808.8482

>

> ## Berekenen heterogeniteit op niveau 3

```
> modelzondervar3 <- rma.mv(y, v, random = list(~ 1 | effectsizeID, ~ 1 | studyID),  
sigma2=c(NA,0), tdist=TRUE, data=datavoorbeeld)
```

>

```
> anova(overall,modelzondervar3)
```

	df	AIC	BIC	AICc	logLik	LRT	pval	QE
Full	3	153.2644	161.0498	153.5170	-73.6322			808.8482
Reduced	2	214.0668	219.2570	214.1918	-105.0334	62.8024	<.0001	808.8482

>

```

> ## Vaststellen van de verdeling van de totale variantie over de drie niveaus
> # "datavoorbeeld$v" = variabele "v" in object "datavoorbeeld"
> # ^2 = gekwadrateerd
> n <- length(datavoorbeeld$v)
> list.inverse.variances <- 1/(datavoorbeeld$v)
> sum.inverse.variances <- sum(list.inverse.variances)
> squared.sum.inverse.variances <- (sum.inverse.variances)^2
> list.inverse.variances.square <- 1/(datavoorbeeld$v^2)
> sum.inverse.variances.square <- sum(list.inverse.variances.square)
>
> teller <- (n-1) * sum.inverse.variances
> noemer <- squared.sum.inverse.variances - sum.inverse.variances.square
>
> ## Estimated typical within-study sampling variance wordt weggeschreven in een object
> estimated.sampling.variance <- teller/noemer
>
> I2_1 <-
(estimated.sampling.variance)/(overall$sigma2[1]+overall$sigma2[2]+estimated.sampling.va
riance)
> I2_2 <-
(overall$sigma2[1])/(overall$sigma2[1]+overall$sigma2[2]+estimated.sampling.variance)
> I2_3 <-
(overall$sigma2[2])/(overall$sigma2[1]+overall$sigma2[2]+estimated.sampling.variance)
>
> ## Proporties varianties omzetten in percentages
> groottevariantieniveau1 <- I2_1 * 100
> groottevariantieniveau2 <- I2_2 * 100
> groottevariantieniveau3 <- I2_3 * 100
> groottevariantieniveau1
[1] 6.942732
> groottevariantieniveau2
[1] 34.75388
> groottevariantieniveau3
[1] 58.30339
>
> ## Moderatoranalyse (binaire predictor)
> notpublished <- rma.mv(y, v, mods = ~ pstatpub, random = list(~ 1 | effectsizeID, ~ 1 |
studyID), tdist=TRUE, data=datavoorbeeld)
>
> summary(notpublished, digits=3)

```

Multivariate Meta-Analysis Model (k = 100; method: REML)

logLik	Deviance	AIC	BIC	AICc
-71.435	142.870	150.870	161.210	151.300

Variance Components:

	estim	sqrt	nlvls	fixed	factor
sigma^2.1	0.113	0.336	100	no	effectsizeID
sigma^2.2	0.171	0.414	17	no	studyID

Test for Residual Heterogeneity:

QE(df = 98) = 702.194, p-val < .001

Test of Moderators (coefficient(s) 2):

QM(df = 1) = 1.844, p-val = 0.178

Model Results:

	estimate	se	tval	pval	ci.lb	ci.ub	
intrcpt	0.812	0.306	2.656	0.009	0.205	1.418	**
pstatpub	-0.447	0.329	-1.358	0.178	-1.101	0.206	

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

>

> ## Moderatoranalyse (binaire predictoren omgedraaid)

> published <- rma.mv(y, v, mods = ~ pstatnotpub, random = list(~ 1 | effectsizeID, ~ 1 | studyID), tdist=TRUE, data=datavoorbeeld)

>

> summary(published, digits=3)

Multivariate Meta-Analysis Model (k = 100; method: REML)

logLik	Deviance	AIC	BIC	AICc
-71.435	142.870	150.870	161.210	151.300

Variance Components:

	estim	sqrt	nlvls	fixed	factor
sigma^2.1	0.113	0.336	100	no	effectsizeID
sigma^2.2	0.171	0.414	17	no	studyID

Test for Residual Heterogeneity:

QE(df = 98) = 702.194, p-val < .001

Test of Moderators (coefficient(s) 2):

QM(df = 1) = 1.844, p-val = 0.178

Model Results:

	estimate	se	tval	pval	ci.lb	ci.ub
intrcpt	0.364	0.123	2.962	0.004	0.120	0.609 **
pstatnotpub	0.447	0.329	1.358	0.178	-0.206	1.101

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

>

> ## Moderatoranalyse (drie antwoordcategorieën)

> delinquencygeneral <- rma.mv(y, v, mods = ~ typeovert + typecovert, random = list(~ 1 | effectsizeID, ~ 1 | studyID), tdist=TRUE, data=datavoorbeeld)

>

> summary(delinquencygeneral, digits=3)

Multivariate Meta-Analysis Model (k = 100; method: REML)

logLik	Deviance	AIC	BIC	AICc
-66.290	132.581	142.581	155.454	143.240

Variance Components:

	estim	sqrt	nlvls	fixed	factor
sigma^2.1	0.085	0.291	100	no	effectsizeID
sigma^2.2	0.190	0.436	17	no	studyID

Test for Residual Heterogeneity:

QE(df = 97) = 761.162, p-val < .001

Test of Moderators (coefficient(s) 2,3):
QM(df = 2) = 7.490, p-val < .001

Model Results:

	estimate	se	tval	pval	ci.lb	ci.ub	
intcpt	0.470	0.118	3.986	<.001	0.236	0.704	***
typeovert	-0.222	0.139	-1.594	0.114	-0.498	0.054	
typecovert	-0.730	0.192	-3.795	<.001	-1.111	-0.348	***

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

>

> ## Moderatoranalyse (continue variabele)

> publicationyear <- rma.mv(y, v, mods = ~ pyear, random = list(~ 1 | effectsizeID, ~ 1 | studyID), tdist=TRUE, data=datavoorbeeld)

>

> summary(publicationyear, digits=3)

Multivariate Meta-Analysis Model (k = 100; method: REML)

logLik	Deviance	AIC	BIC	AICc
-70.282	140.564	148.564	158.904	148.994

Variance Components:

	estim	sqrt	nlvls	fixed	factor
sigma^2.1	0.113	0.336	100	no	effectsizeID
sigma^2.2	0.135	0.367	17	no	studyID

Test for Residual Heterogeneity:

QE(df = 98) = 672.545, p-val < .001

Test of Moderators (coefficient(s) 2):

QM(df = 1) = 5.464, p-val = 0.021

Model Results:

	estimate	se	tval	pval	ci.lb	ci.ub	
intrept	0.426	0.104	4.095	<.001	0.219	0.632	***
pyear	-0.042	0.018	-2.338	0.021	-0.078	-0.006	*

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

>

> ## Multivariaat model (met twee moderatoren)

> multivariate <- rma.mv(y, v, mods = ~ pyear + typeovert + typecover, random = list(~ 1 | effectsizeID, ~ 1 | studyID), tdist=TRUE, data=datavoorbeeld)

>

> summary(multivariate, digits=3)

Multivariate Meta-Analysis Model (k = 100; method: REML)

logLik	Deviance	AIC	BIC	AICc
-63.375	126.750	138.750	154.136	139.694

Variance Components:

	estim	sqrt	nlvls	fixed	factor
sigma^2.1	0.085	0.292	100	no	effectsizedID
sigma^2.2	0.149	0.386	17	no	studyID

Test for Residual Heterogeneity:

QE(df = 96) = 609.357, p-val < .001

Test of Moderators (coefficient(s) 2,3,4):

QM(df = 3) = 6.414, p-val < .001

Model Results:

	estimate	se	tval	pval	ci.lb	ci.ub	
intrept	0.466	0.107	4.346	<.001	0.253	0.678	***
pyear	-0.038	0.018	-2.077	0.040	-0.074	-0.002	*
typeovert	-0.204	0.139	-1.472	0.144	-0.479	0.071	
typecover	-0.709	0.191	-3.707	<.001	-1.089	-0.330	***

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