

# 生物等效性研究的统计学指导原则

## 一、概述

生物等效性 (Bioequivalence, BE) 研究是比较受试制剂 (T) 与参比制剂 (R) 的吸收速度和吸收程度差异是否在可接受范围内的研究, 可用于化学药物仿制药的上市申请, 也可用于已上市药物的变更 (如新增规格、新增剂型、新的给药途径) 申请。

目前生物等效性研究通常推荐使用平均生物等效性 (Average Bioequivalence, ABE) 方法。平均生物等效性方法只比较药代动力学参数的平均水平, 未考虑个体内变异及个体与制剂的交互作用引起的变异。在某些情况下, 可能需要考虑其他分析方法。例如气雾剂的体外 BE 研究可采用群体生物等效性 (Population Bioequivalence, PBE) 方法, 以评价制剂间药代动力学参数的平均水平及个体内变异是否等效。

本指导原则旨在为以药代动力学参数为终点评价指标的生物等效性研究的研究设计、数据分析和结果报告提供技术指导, 是对生物等效性研究数据资料进行统计分析的一般原则。在开展生物等效性研究时, 除参考本指导原则的内容外, 尚应综合参考《以药动学参数为终点评价指标的化学药物仿制药人体生物等效性研究技术指导原则》和《药物临床试验的生物统计学指导原则》等相关指导原则。

## 二、研究设计

### (一) 总体设计考虑

生物等效性研究可采用交叉设计或者平行组设计。

## 1.交叉设计

生物等效性研究一般建议采用交叉设计的方法。交叉设计的优势包括：可以有效减少个体间变异给试验评价带来的偏倚；在样本量相等的情况下，使用交叉设计比平行组设计具有更高的检验效能。

两制剂、两周期、两序列交叉设计是一种常见的交叉设计，见表 1。

表 1 两制剂、两周期、两序列交叉设计

| 序列 | 周期 |   |
|----|----|---|
|    | 1  | 2 |
| 1  | T  | R |
| 2  | R  | T |

如果需要准确估计某一制剂的个体内变异，可采用重复交叉设计。重复交叉设计包括部分重复（如两制剂、三周期、三序列）或者完全重复（如两制剂、四周期、两序列），见表 2 和表 3。

表 2 两制剂、三周期、三序列重复交叉设计

| 序列 | 周期 |   |   |
|----|----|---|---|
|    | 1  | 2 | 3 |
| 1  | T  | R | R |
| 2  | R  | T | R |
| 3  | R  | R | T |

表 3 两制剂、四周期、两序列重复交叉设计

| 序列 | 周期 |   |   |   |
|----|----|---|---|---|
|    | 1  | 2 | 3 | 4 |
| 1  | T  | R | T | R |
| 2  | R  | T | R | T |

## 2. 平行组设计

在某些特定情况下（例如半衰期较长的药物），也可以使用平行组设计。平行组设计因个体间变异给试验带来的影响较交叉设计大，应有更严格的受试者入选条件，如年龄、性别、体重、疾病史等，且需使用合理的随机化方案确保组间的基线水平均衡以得到更好的组间可比性。

## 3. 其他设计

如果采用适应性设计等其他设计方法，可参考《药物临床试验的生物统计学指导原则》，且应事先与监管机构沟通。

### （二）样本量

试验前需充分估计所需的样本量，以保证足够的检验效能，并在试验方案中详细说明样本量估计方法和结果。使用 ABE 方法进行生物等效性分析时，应基于明确的公式合理估计样本量。不同的设计，对应的样本量估计公式不同。

交叉设计的样本量需考虑的因素包括：（1）检验水准  $\alpha$ ，通常为双侧 0.1（双单侧 0.05）；（2）检验效能  $1-\beta$ ，通常至少为 80%；（3）个体内变异系数（Within-subject coefficient of variation,  $CV_w\%$ ），可基于文献报道或预试验结果进行估计；（4）几何均值比（Geometric mean ratio, GMR）；（5）等效性界值。平行组设计

的样本量估计可参考一般连续型变量的样本量计算公式。

如果使用的分析方法没有明确的样本量计算公式，也可以采用计算机模拟的方法估计样本量。

### （三）受试者脱落

为了避免研究过程中因受试者的脱落导致样本量不足，申请人在进行样本量估计时应考虑适当增加样本量。

一般情况下，试验开始后不应再追加受试者。已分配随机号的受试者通常不可以被替代。

### （四）残留效应

使用交叉设计进行 **BE** 研究通过每个受试者自身对照来增加比较的精度，其基本假设是所比较的制剂在下一周期试验时均不存在残留效应，或残留效应相近。如果交叉设计中存在不相等的残留效应，那么对于 **GMR** 的估计可能有偏。

研究设计时应避免发生残留效应。如果发现存在残留效应，申请人应当分析产生的可能原因，提供相应的判断依据，评估其对最终结论的影响。

## 三、数据处理和分析

### （一）数据集

数据集事先需要在方案中明确定义，包括具体的受试者剔除标准。一般情况下，**BE** 研究的数据集应至少包括药代动力学参数集（**Pharmacokinetics Parameter Set, PKPS**）、生物等效性集（**Bioequivalence Set, BES**）。用于不同药代动力学参数分析的受试者数量可能不同。

**药代动力学参数集 (PKPS)**: 包括接受过至少一次研究药物的受试者中获得的药代动力学参数数据集。本数据集的作用在于

描述性统计受试者的药代动力学参数数据。

生物等效性集 (BES): 通常包括至少一个周期且具有至少一个可评价药代动力学参数的统计分析集。本数据集是推断受试制剂和参比制剂是否生物等效的主要数据集。

## (二) 数据转换

建议对药代动力学参数 (如 AUC 和  $C_{\max}$ ) 使用自然对数进行数据转换。选择的对数转换方式应在试验过程中保持一致, 且需在方案中指明。在生物等效性研究中, 由于样本量较少, 难以确定数据的分布。因此, 不建议以对数转换后数据不服从正态分布, 或原始数据服从正态分布为由, 而使用原始数据进行统计分析。

## (三) 统计假设与推断

平均生物等效要求受试制剂和参比制剂的差异在一定可接受范围内, 通过以下假设检验来进行统计推断。

原假设  $H_0: \mu_T - \mu_R \leq -\theta$  或  $\mu_T - \mu_R \geq \theta$

备择假设  $H_1: -\theta < \mu_T - \mu_R < \theta$

其中  $\mu_T$  为受试制剂对数变换后药代参数总体均数,  $\mu_R$  为参比制剂对数变换后药代参数总体均数,  $\theta$  为生物等效性界值。在设定的检验水准下, 若拒绝原假设  $H_0$ , 则表明生物等效。通常设定  $\theta = \ln(1.25)$ ,  $-\theta = \ln(0.8)$ , 即生物等效性要求受试制剂和参比制剂的 GMR 落在 80.00%—125.00% 范围内。

生物等效性标准应同时适用于各主要药代动力学参数, 包括  $C_{\max}$ 、 $AUC_{0-t}$  和  $AUC_{0-\infty}$ 。

通常情况下, 如果研究药物包含多个组分, 则每个组分均应符合生物等效性标准。

当  $T_{\max}$  与药物的临床疗效密切相关时，通常采用配对非参数方法对  $T_{\max}$  进行差异性检验。

#### （四）数据分析

##### 1.概述

对于上文提到的生物等效性标准，通常是构建  $\mu_T - \mu_R$  的双侧 90% 置信区间，若此置信区间落在区间  $[-\theta, \theta]$  内，则可推断受试制剂和参比制剂满足生物等效。此方法等价于在 0.05 的检验水准下进行双单侧假设检验。应根据不同的试验设计选择恰当的置信区间计算方法。计算出  $\mu_T - \mu_R$  的双侧 90% 置信区间后，可通过逆对数变换（指数变换）得到受试制剂和参比制剂原始数据的 GMR 的双侧 90% 置信区间。

##### 2.交叉设计

对于交叉设计，建议使用线性混合效应模型进行分析计算。

##### 3.平行组设计

建议采用基于正态分布均数差值的置信区间构建方法。

#### （五）离群数据处理

通常不建议剔除离群值。必要时需要针对离群值进行敏感性分析，即评价剔除和不剔除离群值对生物等效性结果的影响。如果结论不一致，需解释说明并分析原因。

#### （六）其他问题

如果一个交叉设计是在两个及以上的中心进行，统计模型中应该考虑中心效应。所用模型应该能估计不同中心的效应，反映不同中心的实际情况，并说明来自不同中心的试验数据是否可以合并进行分析。

如果存在多种受试制剂和/或多种参比制剂，通常会有多个

生物等效的假设检验。若多个假设检验需同时满足，则无需进行 I 类错误的调整；若不要求同时满足，则需对 I 类错误进行调整，调整的方法有 Bonferroni 法、Hochberg 法等。

#### 四、结果报告

结果报告中应对以下内容进行详细说明。

##### （一）随机化

应具体说明试验用的随机化系统和随机化方案，包括随机化控制的 因素、区组、种子数等，并附有随机化数字表。

随机化的结果应用表格描述，其中包含受试者编号、每一周 期的用药情况，以及随机化控制的 因素等。随机化结果可在附录 中展现。

##### （二）统计学方法

应说明所采用的统计学方法，包括药代动力学参数的计算方 法、分析模型和等效性检验方法、对数转换等内容。还需说明使 用软件的名称与版本号。

##### （三）统计分析结果

应提供每个受试者给药后的检测成分浓度检测结果。在附录 中应同时给出算术坐标以及对数坐标下每个受试者给药后的药 时曲线、不同药物制剂的平均药时曲线。

应提供每个受试者的药代动力学参数结果，包括受试制剂和 参比制剂的算术均值、几何均值、标准差和变异系数。

应提供包含序列内嵌套受试者、序列、周期和制剂因素的混 合效应模型结果。若存在其他还需考虑的因素，也应包含在模型 中。

应提供药代动力学参数几何均值比及其置信区间估计结果。

## 五、数据管理

以注册上市为目的的生物等效性研究的数据管理可参考临床试验数据管理相关技术要求。

生物等效性研究中生物样本分析等数据为外部数据，在样本分析及相关数据传输过程中应保持盲态，并按照提前制定的传输协议进行数据传输。试验涉及到的生物样本分析、数据传输和统计分析相关的计算机化系统应经过验证并保持验证状态。

## 六、参考文献

1.CFDA: 以药动学参数为终点评价指标的化学药物仿制药人体生物等效性研究技术指导原则. 2016年3月.

2.CFDA: 药物临床试验的生物统计学指导原则. 2016年6月.

3.FDA: Guidance for Industry: Statistical Approaches to Establishing Bioequivalence. Jan 2001.

4.EMA: Guideline on the Investigation of Bioequivalence. Aug 2010.

5.EMA: Questions & Answers: Positions on Specific Questions Addressed to the Pharmacokinetics Working Party. Nov 2015.

## 七、术语表

| 英文全称                                    | 英文缩写              | 中文全称    |
|---|-------------------|---------|
| Bioequivalence                          | BE                | 生物等效性   |
| Average Bioequivalence                  | ABE               | 平均生物等效性 |
| Population Bioequivalence               | PBE               | 群体生物等效性 |
| Geometric mean ratio                    | GMR               | 几何均值比   |
| Within-subject coefficient of variation | CV <sub>w</sub> % | 个体内变异系数 |

| 英文全称                               | 英文缩写 | 中文全称     |
|------------------------------------|------|----------|
| Bioequivalence Set                 | BES  | 生物等效性集   |
| Pharmacokinetics Concentration Set | PKCS | 药代动力学浓度集 |
| Pharmacokinetics Parameter Set     | PKPS | 药代动力学参数集 |
| Safety Set                         | SS   | 安全集      |
| Subject nested in sequence         | /    | 序列内嵌套受试者 |