

KUDH Basics

第2回 統計ソフトウェア『R』 ワークショップ

② Rで仮説検定入門

藤本花音（京都大学）

2023.03.22.

本日のテーマ

□統計的仮説検定の考え方

□t検定

□ANOVA

□午後の授業準備

統計的仮説検定の考え方

統計的仮説検定をすげー簡単にいうと...

□フェアなコインが使用されているか？

- ・ 15回コイントスをして、15回連続で表が出た

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
表	表	表	表	表	表	表	表	表	表	表	表	表	表	表

ー通常「表も裏も50%の確率で出るフェアなコインではないのでは？」と疑う

- ・ 表も裏も50%の確率で出る「フェアな」コインだったとすると、表が15回連続で出るのは「めったにない」
- ・ 「フェアなコインではめったにないこと」が現に起こっているので「今回のコインは『フェア』なコインではなくて、表が出やすい『いかさま』コインなんじゃないか？」と考える



統計的仮説検定の考え方

□統計的仮説検定の考え方

①帰無仮説と対立仮説を設定する

- 帰無仮説：「表も裏も出る確率が50%の『フェアな』コイン」
- 対立仮説：「表か裏のどちらかが出やすくなってる『いかさま』コイン」

②統計的仮説検定に用いる標本統計量を選択する

- 15回コイントスしたときの表がでた回数

③「帰無仮説は誤り」という判断の基準（有意水準）を設定する

- 5%（慣例として）

④実際のサンプルから標本統計量の実現値を計算する

- 実際に15回にコイントスすると10回表がでた

⑤「帰無仮説は誤り」と言えるかどうか判断する

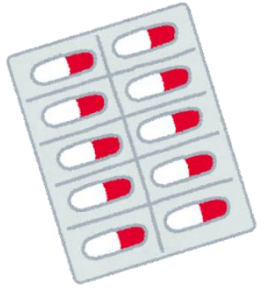
- 10回は、帰無仮説が正しい場合に「よくある範囲」のデータ（棄却域に入らない）
- 帰無仮説を棄却しない ⇒ 「『フェアなコインではない』とはいえない」

t 検定

2つの平均値を比較したい

□高血圧患者のために、新しい薬を開発した

- ・新しい薬が本当に治療に役立つのか調べたい
- ・高血圧の患者100名を2組に分けて、片方に新薬を、他方に偽薬を飲ませる
 - －新薬を飲んだ患者さんの血圧が偽薬を飲んだ患者さんの血圧より低ければ新薬は効果があるといえそう
- ・そもそも血圧は患者さんによってばらつく
 - －新薬を飲んだ患者と偽薬を飲んだ患者の間で「観測値のばらつきの位置（＝平均値）」を比較する ⇒ **t 検定**



偽薬



新薬

データの種類によって、異なる t 検定を使う

□ 「対応のあるデータ」と「対応のないデータ」で使う t 検定が違う

・ 対応のあるデータ

- 同じ場所・対象から、異なる条件で複数回観測をする
- 「対応のある t 検定」をおこなう
- paired t -test

血圧の変化（新薬を投与前と投与後）

	参加者	投与前	投与後
1	伊藤	160	135
2	佐藤	155	140
3	田村	145	125

・ 対応のないデータ

- 同じ場所・対象からは1回だけしか観測しない
- 「t 検定」をおこなう
- two sample t -test

薬投与後の血圧（偽薬投与群と新薬投与後）

	偽薬	投与後		新薬	投与後
1	本郷	160	1	川添	135
2	仲澤	155	2	坪川	140
3	山本	145	3	湯本	125

独立な2群の平均値差に関する t 検定

独立な2群の平均値差に関する t 検定

□新薬の効果を考える

- ある病院で患者16名をランダムに選び、
8名に新薬を投与・8名に偽薬を投与
- 投与後、健康の度合いを測るテストを実施
– 点数が大きいほど健康

新薬	30	50	70	90	60	50	70	60
偽薬	20	40	60	40	40	50	40	30

- **新薬は偽薬に比べて患者の健康に寄与する？**
 - 新薬投与群と偽薬投与群で健康テストの平均値を比較
 - t検定による平均値の比較



独立な2群の平均値差に関する t 検定

□まず、サンプルの記述統計から

新薬	30	50	70	90	60	50	70	60
偽薬	20	40	60	40	40	50	40	30

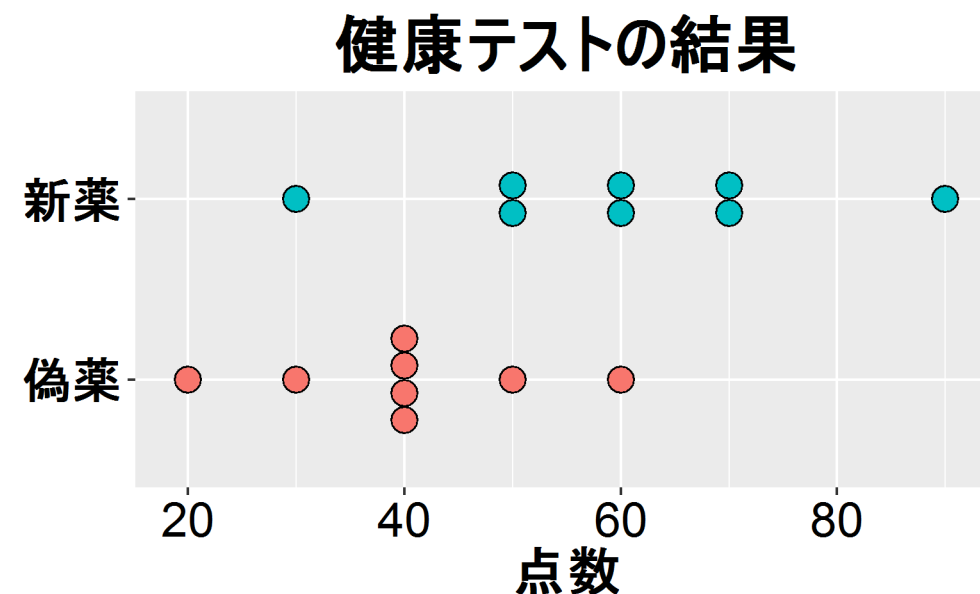


①投与群ごとに

標本平均・不偏分散を計算

	標本平均	不偏分散
新薬	60	314.29
偽薬	40	142.86

②データの可視化



Rで独立な2群の平均値差に関する t 検定を実施

□t.test()関数を用いて t 検定を実施

```
# データの入力
treat <- c(30, 50, 70, 90, 60, 50, 70, 60)
control <- c(20, 40, 60, 40, 40, 50, 40, 30)

# 独立な2群の平均値差に関するt検定
t.test(treat, control, var.equal = TRUE)
```

```
## 独立な2群の平均値差に関する t 検定
## Two Sample t-test
##
## data: treat and control
## t = 2.6458, df = 14, p-value = 0.01919
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  3.786937 36.213063
## sample estimates:
## mean of x mean of y
##      60      40
```

自由度

p値

対立仮説：両側検定

2群の平均値差の標準得点

対応のあるt検定

対応のある検定

□新薬の効果を考える

- ・ある病院で患者8名をランダムに選び、新薬を投与
 - 新薬を投与する前後に健康テストを実施

	赤木	伊藤	上田	加藤	清水	田中	中村	山田
投与前	20	44	55	62	50	48	60	45
投与後	30	56	68	70	55	64	60	37

- ・投与前より投与後の方が患者の健康状態は良い？
 - 同じ参加者から複数回データをとっている（対応あり）
 - 対応のあるt検定



Rで対応のある t 検定を実施

□t.test()関数+paired=TRUEオプションを用いて対応のある t 検定

```
df <- read.csv("data.csv")  
head(df, 2) # 先頭2行を表示
```

```
##   subject before after  
## 1      1      20     30  
## 2      2      44     56
```

```
t.test(df$before, df$after, paired = TRUE) before - afterで差得点が計算されることに注意！
```

```
## 対応のある t 検定  
## Paired t-test  
##  
## data: df$before and df$after  
## t = -2.5261, df = 7, p-value = 0.03945 p値  
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0  
## 95 percent confidence interval: 対立仮説：両側検定  
## -13.5524295 -0.4475705  
## sample estimates:  
## mean of the differences  
## -7
```

差得点の標準得点

対応のある t 検定と 1 つの平均値の検定

□ 「対応のある t 検定」は結果的に「1 つの平均値の検定」と同じ

	赤木	伊藤	上田	加藤	清水	田中	中村	山田	平均
投与前	20	44	55	62	50	48	60	45	48
投与後	30	56	68	70	55	64	60	37	55
差得点	10	12	13	8	5	16	0	-8	7

・ 対応のある t 検定

– 「投与前と投与後の変化」の母平均が 0 かどうかを調べる

– 「差得点」の母平均が 0 かどうかを調べることになる

⇒ 母平均が 0 かどうかを調べる 1 つの平均値の検定と同じ

Rで1つの平均値検定を実施

□t.test()関数+mu=...オプションを用いて1つの平均値の検定

```
library(tidyverse)
mutate(df, diff = after - before) -> df # 差得点を計算
t.test(df$diff, mu = 0)
```

```
## 1つの平均値の検定
## One Sample t-test
##
## data: df$diff
## t = 2.5261, df = 7, p-value = 0.03945
## alternative hypothesis: true mean is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
## 0.4475705 13.5524295
## sample estimates:
## mean of x
```

自由度

p値

対立仮説：両側検定

差得点の標準得点

t値・自由度・p値などの値が、対応のある t 検定のものと同じ

R+ANOVA君で分散分析

分散分析って...？

□ データによって、適切な分析方法は異なる

・ t 検定

- 独立な2群の平均値を比較

	偽薬	投与後		新薬	投与後
1	本郷	160	1	川添	135
2	仲澤	155	2	坪川	140
3	山本	145	3	湯本	125

・ 対応のある t 検定

- 対応のある2群の平均値を比較

	参加者	投与前	投与後
1	伊藤	160	135
2	佐藤	155	140
3	田村	145	125

・ 分散分析

- 3群以上の平均値を比較
- 複数要因の組み合わせで平均値を比較

男子			女子		
国語	数学	英語	国語	数学	英語
60	100	90	50	70	100
40	80	100	40	60	80
50	100	100	20	50	50

Rで分散分析

- Rで分散分析ができる関数はいくつかある
- おすすめは「ANOVA君」
 - 井関龍太先生が開発した、Rで分散分析を行うための関数
- 以下のWebページから無料でダウンロードできる
 - <http://riseki.php.xdomain.jp/index.php?ANOVA%E5%90%9B>

ANOVA君で分散分析

- ANOVA君公式サイトからソースコードをダウンロードする

ANOVA君

Last-modified: 2019年07月01日 (月) 22:53:28 (5d)

Top > ANOVA君

ANOVA君とは

フリーの統計ソフトウェア「R」で動作する分散分析関数です。

- 被験者間要因（独立測度）、被験者内要因（反復測度）のいずれか、または、両方を含むタイプの分散分析を扱います
- 単純主効果の検定を行います（一次の交互作用についてのみ）
- 多重比較を行います（修正Bonferroniの方法による）
- 非釣り合い型計画（unbalanced design）に対応しています（タイプⅡ、タイプⅢ平方和の計算）
- 球面性検定と自由度調整を行います

R上でjs-STARやANOVA4のように手軽に分散分析を行える関数があればと思って作成しました。

ANOVA君のファイル

下のアイコンをクリックしてファイルを保存してください。
保存用のポップアップが表示されない場合は、右クリックして“対象をファイルに保存”を選んでください

 anovakun_483.txt

【リリースノート】

2019-07-01 anovakun version 4.8.3公開

- 現在の最新バージョンは4.8.3
- アイコンを右クリック⇒「名前をつけてリンク先を保存」

ANOVA君をRに読みこむ

□RでANOVA君を使用できるようにする

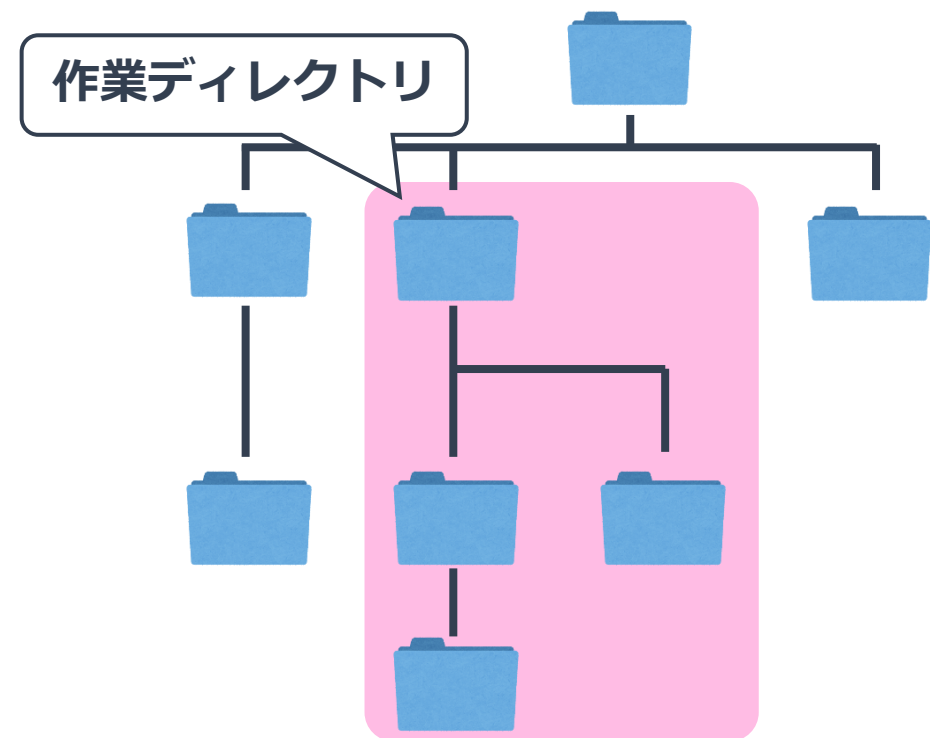
①ダウンロードしたANOVA君のソースコードを
作業ディレクトリに入れる

- 作業ディレクトリやその変更については、
第1回の授業資料を参照
- 全角文字を含まないフォルダ名が無難

②`source("anovakun_***.txt")` を実行

- *** にはanovakunのバージョンを表す半角数字

```
source("anovakun_483.txt") # ANOVA君の読み込み
```



簡単にデータを入出力できる範囲

ANOVA君の使い方

□ `anovakun()`関数でANOVA君を実行

- `anovakun(df, "As", 3, long = TRUE)`
 - 第1引数：データフレーム (ロング型がオススメ)
 - 第2引数：要因計画を表す文字列
 - 第3引数以降：各要因の水準数
 - ※データフレームで左にあるから順に
 - 最後の引数：データフレームがロング型かどうかを表す

```
anovakun(d, "As", 3, long = TRUE)
```

← 1 要因被験者間計画(3水準)の分散分析を実行

```
anovakun(d, "sA", 3, long = TRUE)
```

← 1 要因被験者内計画(3水準)の分散分析を実行

```
anovakun(d, "AsB", 3, 2, long = TRUE)
```

← 2 要因混合計画(3水準×2水準)の分散分析を実行

ANOVA君の要因計画の指定の仕方

要因の数	被験者間要因の数	被験者内要因の数	指定の仕方	実験計画の名称
1	1	0	“As”	一要因被験者間計画
	0	1	“sA”	一要因被験者内計画
2	2	0	“ABs”	二要因被験者間計画
	1	1	“AsB”	二要因混合計画
	0	2	“sAB”	二要因被験者内計画
3	3	0	“ABCs”	
	2	1	“ABsC”	
	1	2	“AsBC”	
	0	3	“sABC”	

anova君に渡すデータフレームのお作法

□ロング型データフレームの場合

- 1列目は実験参加者のラベルを表す。
- 中間の列は各要因の水準を表す。
 - 一列がひとつの要因に対応⇒要因の数だけ列が増える。
 - 左から被験者要因をまとめて並べ、
被験者内要因は右のほうにまとめる。
 - “AsB”など実験計画を表す文字列に対応した順番
- 右端の列は平均値を比較したい変数(応答変数)
- anova君の実行時に“long=T”とオプションを指定する

```
> d
   id group trial score
1  a01    a   pre    51
2  a02    a   pre    41
3  a03    a   pre    60
4  a04    a   pre    43
5  a05    a   pre    42
6  a01    a  post    65
7  a02    a  post    62
8  a03    a  post    72
9  a04    a  post    65
10 a05    a  post    43
11 b01    b   pre    80
12 b02    b   pre    75
13 b03    b   pre    78
14 b04    b   pre    63
15 b05    b   pre    61
16 b01    b  post    93
17 b02    b  post    92
18 b03    b  post    84
19 b04    b  post    87
20 b05    b  post    61
>
```

一要因分散分析

まあirisデータでやってみましょーや

□種によってがく片の長さには違いはあるか？

- 3種のアヤメ(setosa/versicolor/virginica)150個体のがく片の長さ(Sepal.Length)のデータ

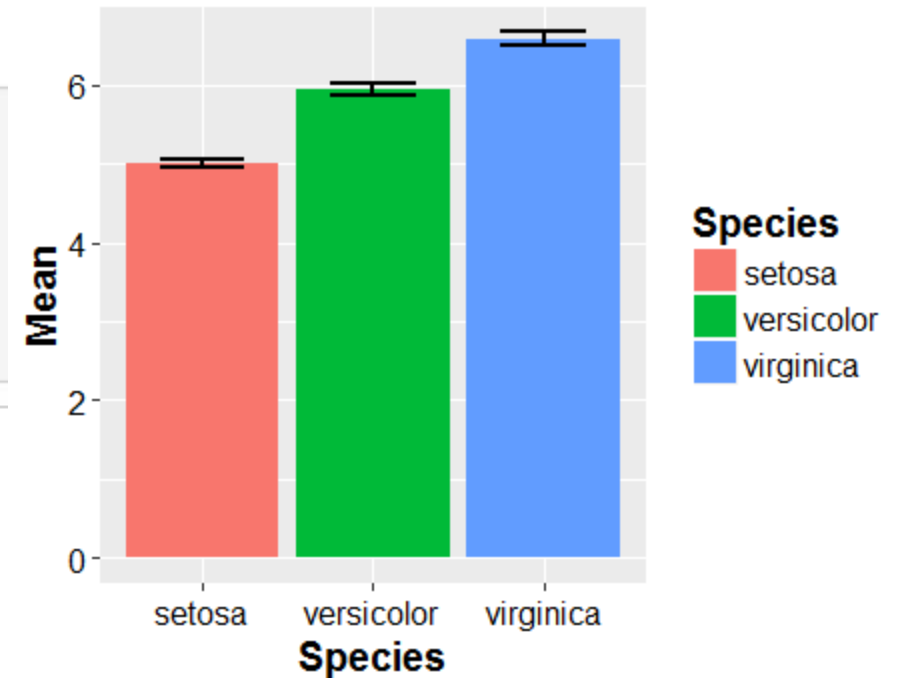
	がく辺の長さ	種
1	5.1	setosa
2	4.9	setosa
3	4.7	setosa
4	4.6	setosa
5	5.0	setosa
⋮	⋮	⋮
149	6.2	virginica
150	5.9	virginica



- 分散分析の前に、**要約統計量の計算と可視化!**

```
iris_g <- group_by(iris, Species)
summarise(iris_g,
  N = n(),
  Mean = mean(Sepal.Length),
  SD = sd(Sepal.Length),
  SE = SD / sqrt(N))
```

```
## # A tibble: 3 x 5
##   Species      N Mean   SD   SE
##   <fct>    <int> <dbl> <dbl> <dbl>
## 1 setosa     50  5.01 0.352 0.0498
## 2 versicolor 50  5.94 0.516 0.0730
## 3 virginica  50  6.59 0.636 0.0899
```



ANOVA君用にデータフレームを整形

□tidyrパッケージの関数群でデータフレームをANOVA君用に整形

- ANOVA君が扱えるデータフレームの形式
 - 1列目は実験参加者のラベル
 - 中間の列は各要因の水準
 - 右端の列は平均値を比較したい変数(応答変数)
- ワイド型の場合
 - ワイド型のデータフレームなら、`tidyr::gather()`関数でロング型に変換
- ロング型の場合
 - `dplyr::mutate()`関数+`row_number()`関数で実験参加者のラベルをつける
 - `dplyr::select()`関数で必要な変数を選択・列の順序を指定

ANOVA君を実行

□整形後のデータフレームをANOVA君に渡して実行

```
iris_id <- mutate(iris, id = row_number()) # 各行にidをふる  
df_anova <- select(iris_id, id, Species, Sepal.Length) # 変数の選択・列の順序を指定  
head(df_anova)
```

```
##   id Species Sepal.Length  
## 1  1  setosa         5.1  
## 2  2  setosa         4.9  
## 3  3  setosa         4.7  
## 4  4  setosa         4.6  
## 5  5  setosa         5.0  
## 6  6  setosa         5.4
```

```
anovakun(df_anova, "As", 3, long = TRUE)
```

ANOVA君の出力

□記述統計

- ・記述統計量（各水準のサンプルサイズ、平均値、標準偏差）が出力される

```
##
## [ As-Type Design ]
##
## This output was generated by anovakun 4.8.2 under R version 3.5.0.
## It was executed on Mon Apr 30 23:37:51 2018.
##
##
## << DESCRIPTIVE STATISTICS >>
##
## -----
##      Species    n    Mean    S.D.
## -----
##      setosa    50    5.0060    0.3525
##      versicolor 50    5.9360    0.5162
##      virginica  50    6.5880    0.6359
## -----
```

ANOVA君を実行

□分散分析表

- ・分散分析表が出力される
 - 要因間 / 要因内のばらつき・自由度・標本統計量である F 値・ p 値を表示。
- ・変数Speciesの水準によって、がく片の長さの母平均が異なることがわかる。

```
## << ANOVA TABLE >>
##
## -----
##      Source          SS   df      MS   F-ratio  p-value
## -----
## Species      63.2121    2   31.6061  119.2645  0.0000 ***
## Error       38.9562  147    0.2650
## -----
## Total      102.1683  149    0.6857
##
##          +p < .10, *p < .05, **p < .01, ***p < .001
```

ANOVA君を実行

□事後検定

- ・ 要因の効果が有意である場合、自動的に多重比較が行われる

```
## << POST ANALYSES >>
##
## < MULTIPLE COMPARISON for "Species" >
##
## == Shaffer's Modified Sequentially Rejective Bonferroni Procedure ==
## == The factor < Species > is analysed as independent means. ==
## == Alpha level is 0.05. ==
##
## -----
##      Species   n   Mean   S.D.
## -----
##      setosa    50  5.0060  0.3525
##  versicolor   50  5.9360  0.5162
##  virginica    50  6.5880  0.6359
## -----
##
## -----
##      Pair      Diff  t-value  df      p    adj.p
## -----
##      setosa-virginica  -1.5820  15.3655  147  0.0000  0.0000      setosa < virginica *
##      setosa-versicolor -0.9300   9.0328  147  0.0000  0.0000      setosa < versicolor *
##  versicolor-virginica -0.6520   6.3327  147  0.0000  0.0000  versicolor < virginica *
## -----
```

デフォルトでは、
Shafferの方法による
多重比較が行われる

ANOVA君で多重比較

- ANOVA君は要因の効果が有意な場合、自動的に多重比較をおこなってくれる
- デフォルトはシェイファーの方法
 - 「holm=T」と指定すると、ホルムの方法になる
 - 各ペアの調整済みp値はより差が大きいペアの調整済みp値を下回らないように調整される

```
<< POST ANALYSES >>
< MULTIPLE COMPARISON for "condition" >
== Shaffer's Modified Sequentially Rejective Bonferroni Procedure ==
== The factor < condition > is analysed as independent means. ==
== Alpha level is 0.05. ==

-----
condition  n      Mean      S.D.
-----
          A  20  47.1000   8.9260
          B  20  53.3500   9.5547
          C  20  57.8000  10.9285
-----

-----
Pair      Diff  t-value  df      p      adj.p      A < C *
-----
A-C     -10.7000   3.4391  57   0.0011  0.0033  A < C *
A-B      -6.2500   2.0088  57   0.0493  0.0493  A < B *
B-C      -4.4500   1.4303  57   0.1581  0.1581  B = C
-----

output is over -----///
```

二要因分散分析

ToothGrowth : モルモットの歯の長さデータ

□モルモットの歯の長さのデータ

- ・モルモット60個体にビタミン剤かジュースを投与して歯の長さの変化を調べる
- ・投与量は0.5mg / 1.0mg/ 2.0mgの3水準を設定

	歯の長さ(len)	投与したもの(supp)	投与量(dose)
1	4.2	ビタミン剤	0.5
2	11.5	ビタミン剤	0.5
3	7.3	ビタミン剤	0.5
⋮	⋮	⋮	⋮
58	27.3	ジュース	2.0
59	29.4	ジュース	2.0
60	23.0	ジュース	2.0

比率尺度

名義尺度

比率尺度



ToothGrowthデータでやってみましょー

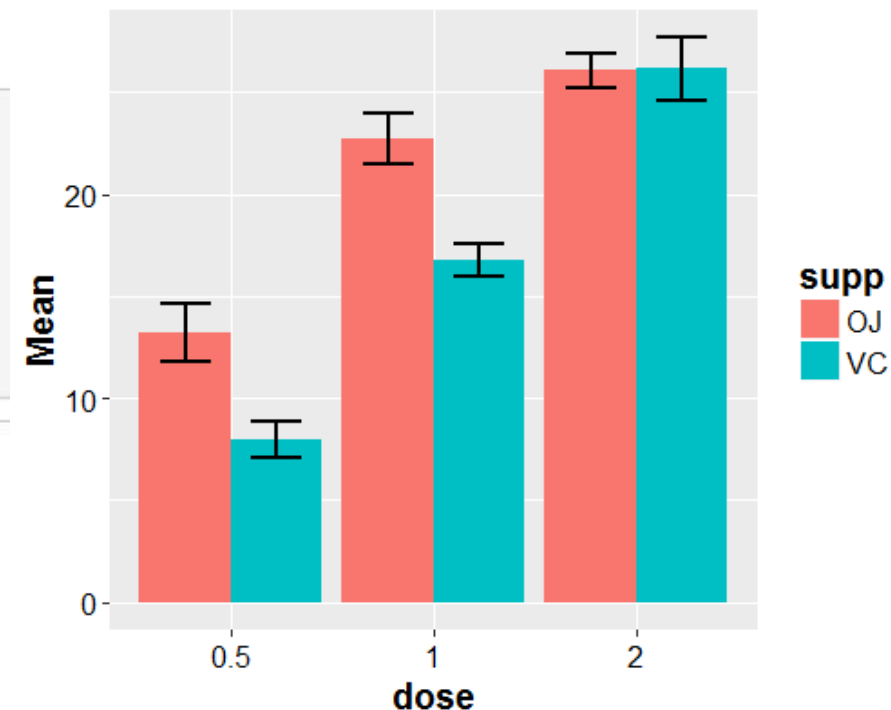
□投与物・投与量で歯の成長量に違いはあるか？

- ・モルモット60個体にビタミン剤かジュースを投与 (supp)
投与量 (dose)は0.5mg / 1.0mg/ 2.0mgの3水準
- ・分散分析の前に、**要約統計量の計算と可視化!**



```
group_by(ToothGrowth, dose, supp) %>%  
  summarise(N = n(),  
            Mean = mean(len),  
            SD = sd(len),  
            SE = SD / sqrt(N)) %>%  
  ungroup() %>%  
  mutate(dose = as.character(dose)) # 変数doseを文字列型に変換
```

```
## # A tibble: 6 x 6  
##   dose supp      N Mean   SD   SE  
##   <chr> <fct> <int> <dbl> <dbl> <dbl>  
## 1 0.5 OJ      10 13.2  4.46 1.41  
## 2 0.5 VC      10  7.98  2.75 0.869  
## 3 1 OJ      10 22.7  3.91 1.24  
## 4 1 VC      10 16.8  2.52 0.795  
## 5 2 OJ      10 26.1  2.66 0.840  
## 6 2 VC      10 26.1  4.80 1.52
```



ANOVA君を実行

□整形後のデータフレームをANOVA君に渡して実行

```
ToothGrowth %>%  
  mutate(id = row_number()) %>%  
  select(id, supp, dose, len) -> d  
head(d)
```

```
##   id supp dose  len  
## 1  1  VC  0.5  4.2  
## 2  2  VC  0.5 11.5  
## 3  3  VC  0.5  7.3  
## 4  4  VC  0.5  5.8  
## 5  5  VC  0.5  6.4  
## 6  6  VC  0.5 10.0
```

```
anovakun(d, "ABs", 2, 3, long = TRUE)
```

ANOVA君の出力

□記述統計

- ・記述統計量（各水準のサンプルサイズ、平均値、標準偏差）が出力される

```
## [ ABs-Type Design ]
##
## This output was generated by anovakun 4.8.2 under R version 3.5.0.
## It was executed on Tue May 01 00:15:01 2018.
##
##
## << DESCRIPTIVE STATISTICS >>
##
## -----
##      supp  dose   n      Mean   S.D.
## -----
##      VC    0.5  10    7.9800  2.7466
##      VC     1  10   16.7700  2.5153
##      VC     2  10   26.1400  4.7977
##      OJ    0.5  10   13.2300  4.4597
##      OJ     1  10   22.7000  3.9110
##      OJ     2  10   26.0600  2.6551
## -----
```

ANOVA君を実行

□分散分析表

- ・分散分析表が出力される
 - 要因間 / 要因内のばらつき・自由度・標本統計量である F 値・ p 値を表示。
- ・変数suppと変数doseの交互作用が有意

```
## << ANOVA TABLE >>
##
## -----
##      Source          SS   df      MS   F-ratio  p-value
## -----
##      supp      205.3500    1   205.3500  15.5720  0.0002 ***
##      dose     2426.4343    2  1213.2172  92.0000  0.0000 ***
##  supp x dose    108.3190    2    54.1595   4.1070  0.0219 *
##      Error      712.1060   54    13.1871
## -----
##      Total     3452.2093   59    58.5120
##
##      +p < .10, *p < .05, **p < .01, ***p < .001
```

投与物の主効果： $F(1, 54) = 15.57, p < 0.001$

投与量の主効果： $F(2, 54) = 92.00, p < 0.001$

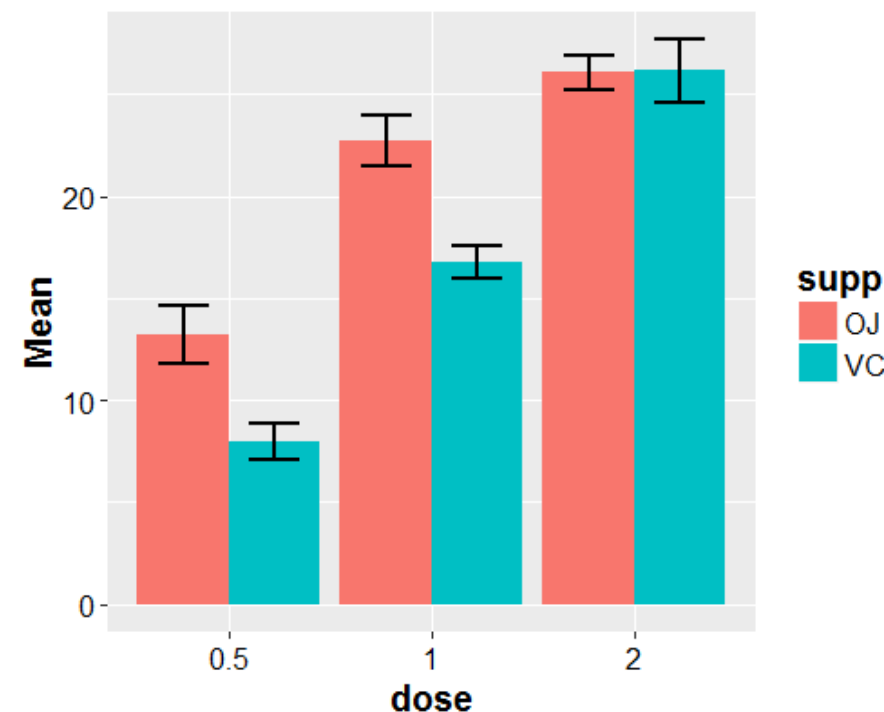
投与物と投与量の交互作用：

$F(2, 54) = 4.11, p = 0.022$

交互作用があるとき

□交互作用があるときは主効果単独の議論はできない

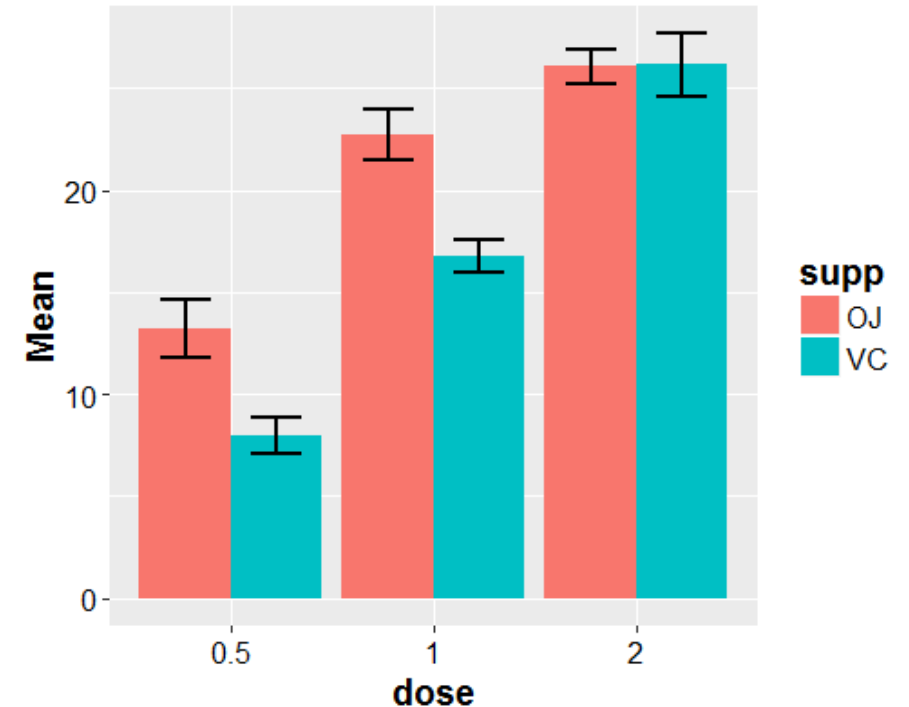
- 一方の要因の水準によって、
他方の要因の効果があったりなかったりするため
- 今回は、投与量0.5および投与量1のとき、
投与物の効果があるが、
投与量2のときは投与物の効果がない。
- 交互作用項があるときは、
事後検定として**単純主効果の検定**をおこなう



単純主効果の検定

□単純主効果 (simple effect)

- 一方の要因の水準を固定したときの、他方の要因の効果
 - 固定する要因によって見るものがちがうことに注意
- 変数doseを固定した場合
 - 投与量が0.5のときの投与物の効果
 - 投与量が1のときの投与物の効果
 - 投与量が2のときの投与物の効果
- 変数suppを固定した場合
 - 投与物がOJのときの投与量の効果
 - 投与物がVCのときの投与量の効果



ANOVA君を実行

□事後検定(単純主効果の検定)

- ・ 有意な交互作用が見られた場合に、自動的に単純主効果の検定がおこなわれる
- ・ 投与量 2 における投与物の効果を除いて、すべての単純主効果が有意

```
## < SIMPLE EFFECTS for "supp x dose" INTERACTION >
##
## -----
##          Source          SS   df      MS   F-ratio  p-value
## -----
##  supp at 0.5    137.8125    1   137.8125   10.4505   0.0021 **
##    supp at 1    175.8245    1   175.8245   13.3330   0.0006 ***
##    supp at 2     0.0320    1    0.0320    0.0024   0.9609 ns
##  dose at VC   1649.4887    2   824.7443   62.5415   0.0000 ***
##  dose at OJ    885.2647    2   442.6323   33.5654   0.0000 ***
##      Error    712.1060   54    13.1871
## -----
##
##          +p < .10, *p < .05, **p < .01, ***p < .001
##
```

ANOVA君を実行

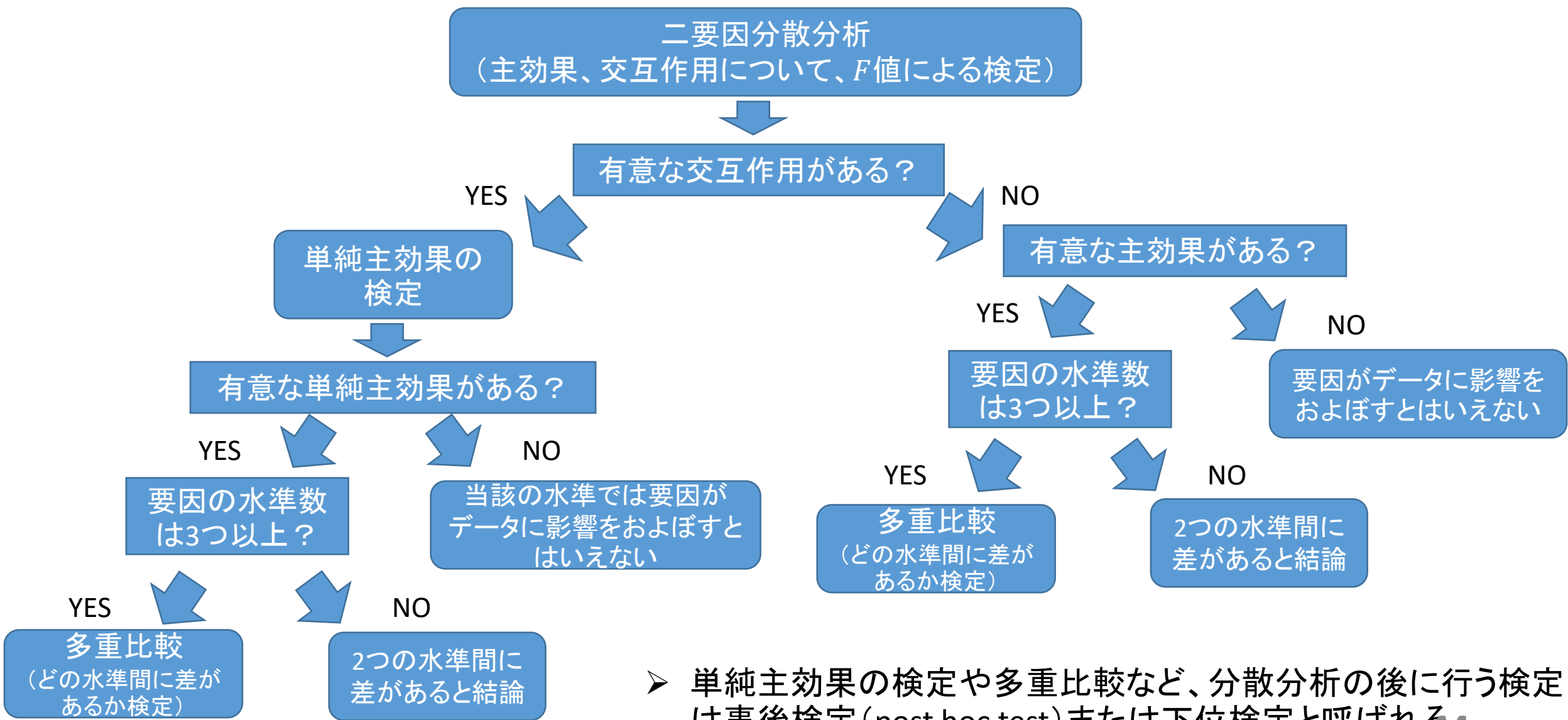
□事後検定(多重比較)

- 3水準以上の要因の単純主効果がある場合、自動で多重比較がおこなわれる
- 投与物がVCであった場合のdoseの単純主効果について、多重比較
- 投与物がOJであった場合のdoseの単純主効果について、多重比較

```
## < MULTIPLE COMPARISON for "dose at VC" >
##
## == Shaffer's Modified Sequentially Rejective Bonferroni Procedure ==
## == The factor < dose at VC > is analysed as independent means. ==
## == Alpha level is 0.05. ==
##
## -----
##      Pair      Diff  t-value  df      p  adj.p
## -----
## 0.5-2  -18.1600  11.1822  54  0.0000  0.0000  0.5 < 2 *
##   1-2   -9.3700   5.7696  54  0.0000  0.0000   1 < 2 *
## 0.5-1   -8.7900   5.4125  54  0.0000  0.0000  0.5 < 1 *
## -----
##
```

```
## < MULTIPLE COMPARISON for "dose at OJ" >
##
## == Shaffer's Modified Sequentially Rejective Bonferroni Procedure ==
## == The factor < dose at OJ > is analysed as independent means. ==
## == Alpha level is 0.05. ==
##
## -----
##      Pair      Diff  t-value  df      p  adj.p
## -----
## 0.5-2  -12.8300   7.9002  54  0.0000  0.0000  0.5 < 2 *
## 0.5-1   -9.4700   5.8312  54  0.0000  0.0000  0.5 < 1 *
##   1-2   -3.3600   2.0689  54  0.0434  0.0434   1 < 2 *
## -----
##
```

二要因分散分析のフローチャート



➤ 単純主効果の検定や多重比較など、分散分析の後に行う検定は事後検定 (post hoc test)または下位検定と呼ばれる

補足1

- 球面性の仮定

球面性の仮定

- 水準間の差の分散が等しいという仮定
- 参加者内要因で、水準数が3以上のときに問題になる
 - 水準数が2のときは考慮する必要はない



球面性の仮定が成り立たない場合の対処法

- 球面性の仮定が成り立っていない場合は、第一種の誤りをおかす確率(=危険率)が高くなる
- 危険率を下げるために、自由度の調整を行う
- 自由度調整係数(ε)と呼ばれる値を計算し、もともとの自由度に ε をかけたものを自由度として p 値を計算する

※ ε は「イプシロン」と読むギリシャ文字

球面性検定と ε

- 自由度調整係数 ε にはいくつかの種類がある
 - ANOVA君では、参加者内要因があるときに自動的に球面性の検定が行われ、検定結果とともに四種類の ε が出力される
- 球面性の仮定が成り立っていない例

```
<< SPHERICITY INDICES >>
```

```
== Mendoza's Multisample Sphericity Test and Epsilons ==
```

Effect	Lambda	approx.Chi	df	p	LB	GG	HF	CM
condition	0.0001	17.3481	2	0.0002 ***	0.5000	0.5303	0.5420	0.5000

球面性検定の結果、 $p < 0.05$ になっている

四種類の ε

LB = lower.bound, GG = Greenhouse-Geisser
HF = Huynh-Feldt-Lecoutre, CM = Chi-Muller

自由度の調整

- ANOVA君では「auto=T」と指定すると、球面性の仮定が成り立たない場合にグリーンハウスとゲイザー (Greenhouse & Geisser) の ϵ による自由度の調整が行われる

```
> anovakun(d, "sA", 3, long=T, auto=T)
```

```
<< SPHERICITY INDICES >>
```

```
== Mendoza's Multisample Sphericity Test and Epsilons ==
```

Effect	Lambda	approx.Chi	df	p	LB	GG	HF	CM
condition	0.0001	17.3481	2	0.0002 ***	0.5000	0.5303	0.5420	0.5000

LB = lower.bound, GG = Greenhouse-Geisser
HF = Huynh-Feldt-Lecoutre, CM = Chi-Muller

グリーンハウスとゲイザーの ϵ

F値を計算するときの自由度に $\epsilon = 0.53$ をかけている

```
<< ANOVA TABLE >>
```

```
== Adjusted by Greenhouse-Geisser's Epsilon for Suggested Violation ==
```

Source	SS	df	MS	F-ratio	p-value
s	2350.5333	9	261.1704		
condition	8839.2667	1.06	8333.8934	34.7688	0.0002 ***
s x condition	2288.0667	9.55	239.6944		

```
Total 13477.8667 29 464.7540
```

```
+p < .10, *p < .05, **p < .01, ***p < .001
```

補足2

- 非釣り合い型データの分析

釣り合い型データ (balanced data)

- 各セルのデータ数が揃っているデータ

- 例: data9

```
> d<-read.csv("data9.csv")  
>  
> table(d$condition,d$gender)
```

	female	male
control	20	20
test	20	20

➤ どちらの条件でも、男女を同数ずつ集めている

非釣り合い型データ (unbalanced data)

- 各セルのデータ数が揃っていないデータ
- 例: data9_Re

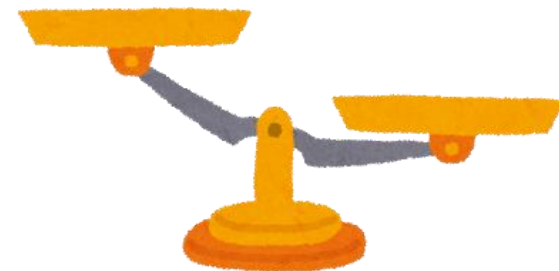
```
> d<-read.csv("data9_Re.csv")  
>  
> table(d$condition,d$gender)
```

	female	male
control	19	19
test	20	18

➤ 条件間で、男女比が異なる

非釣り合い型データの分散分析

- 非釣り合い型データでは、釣り合い型データと同じように平方和を分解することができない
 - できるだけ釣り合い型になるようにデータを集める方がよい
- ただし、非釣り合い型データになっても分散分析はできる
 - 非釣り合い型データに対応するための、平方和の分解方法がいくつか考案されている
 - 平方和のタイプと呼ばれる



平方和タイプの使い分け

- 釣り合い型データの場合は気にする必要はない
 - どのタイプを使っても同じ結果になる
- 非釣り合い型データの場合、使用するタイプによって結果が変わることがある

平方和タイプの使い分け

- 非釣り合い型データの場合
- タイプ I は使わない方がよい
 - 要因を入れる順序によって結果が変わってしまうため
- タイプ II と III のどちらがよいかについては論争があり、一概には決められない
 - 詳細は、井関龍太先生のWebページ「平方和のタイプ」を参照

ANOVA君での平方和タイプ

- ANOVA君では、タイプⅢ平方和がデフォルト

➤ data9_ReをANOVA君で分析した結果(分散分析表のみ抜粋)

```
<< ANOVA TABLE >>
```

```
== This data is UNBALANCED!! ==  
== Type III SS is applied. ==
```

←非釣り合い型データの場合はこのようなメッセージが出てくる

```
-----  
Source          SS    df      MS    F-ratio  p-value  
-----  
condition      1740.0471    1  1740.0471    8.1832  0.0055 **  
gender         1157.4312    1  1157.4312    5.4432  0.0224 *  
condition x gender  1302.0803    1  1302.0803    6.1235  0.0157 *  
Error         15309.8365   72   212.6366  
-----  
Total         19665.9474   75   262.2126  
+p < .10, *p < .05, **p < .01, ***p < .001
```


ANOVA君での平方和タイプ

- オプションでタイプ II 平方和も計算できる

```
> anovakun(d, "ABs", 2, 2, long=T, type2=T) ➤ 「type2=T」と指定する
```

```
<< ANOVA TABLE >>
```

```
== This data is UNBALANCED!! ==  
== Type II SS is applied. ==
```

Source	SS	df	MS	F-ratio	p-value
condition	1821.5482	1	1821.5482	8.5665	0.0046 **
gender	1154.0305	1	1154.0305	5.4272	0.0226 *
condition x gender	1302.0803	1	1302.0803	6.1235	0.0157 *
Error	15309.8365	72	212.6366		
Total	19665.9474	75	262.2126		

+p < .10, *p < .05, **p < .01, ***p < .001

- タイプ III とは平方和の値が異なる
- 平方和が異なるので、 F 値も変わってくる

平方和タイプの使い分け

- 特別な理由がない限りはタイプⅡまたはⅢを使うのがよい
- ⅡとⅢのどちらがよいかは一概に決められないので、使用しているソフトのデフォルトに任せてもよいかも
 - ただし、どちらを使用しているかは確認しておく
 - タイプⅢの方が多数派(ANOVA君もデフォルトはタイプⅢ)

午後の授業に向けて

パッケージをインストールしよう

□パッケージ

- R用の関数のセット
 - Rのインストール時から備わっているもの
 - ウェブ上からダウンロードして使うもの
- **install.packages()**関数を使用して、パッケージをインストール
 - パッケージ名をダブルクォーテーション("")でくくって指定
- 午後の授業では**car**パッケージと**multcomp**パッケージを使用します.
 - **install.packages("car")**
 - **install.packages("multcomp")**

質問など