第５章

問１

母集団平均値を μ とし, H_0 : $\mu=100$ vs. H_1 : $\mu\neq100$ の両側 t 検定を行う. 結果は下表のとおり. ③では $\mu\neq100$ とはいえないが，それ以外では，$\mu>100$ と結論できる．標本数が増え，標本分散が小さくなるほど，P 値は小さくなり，$(1-\alpha)100$％信頼区間幅は狭くなる．有意水準を上げると P 値は変わらないが，信頼区間は狭くなる．標本平均 $\overline{X}$ が増えると，P 値は小さくなるが，信頼区間幅は変わらず, $\overline{X}$ が増えた分, 横にシフトするのみ．R の実行結果は①の場合のみ示す.

	n	$\overline{X}$	S^2	α	T	P	$(1-\alpha)$ 100％信頼区間	
①	10	110	10^2	0.05	3.16	0.0115	102.8	117.2
②	10	110	10^2	0.10	3.16	0.0115	104.2	115.8
③	10	110	15^2	0.05	2.11	0.0643	99.3	120.7
④	10	115	10^2	0.05	4.74	0.0011	107.8	122.2
⑤	20	110	10^2	0.05	4.47	0.0003	105.3	114.7

```
> mu0 <- 100; n <- 10; xbar <- 110; s2 <- 10^2; alp <- 0.05     # ①
> ( t <- (xbar-mu0)/sqrt(s2/n) )
[1] 3.162278
> (p1 <- (1 - pt( t, df=n-1 ))*2)   # 両側 p- 値
[1] 0.01150799
> (ci1 <- xbar + c(-1,1)*qt(1-alp/2,df=n-1)*sqrt(s2/n))   # 信頼区間
[1] 102.8464 117.1536
```

問２

① 男性患者の標本サイズ，標本平均，標本分散をそれぞれ $n_x=14$, $\overline{X}=15.2$, $S_x^2=2.6$ とする．男性の血清色素量の母平均を μ_x として，H_0 : $\mu_x=14$ vs. H_1 : $\mu_x>14$ の上側 t 検定を行う．検定統計量 $T=(\overline{X}-14)/\sqrt{S_x^2/n_x}=(15.2-14)/\sqrt{2.6/14}=2.78$，上側 P 値 $=0.008$（下記 R コードを参照のこと）．P 値 <0.05 より，5％有意水準で H_0 を棄却できる．すなわち，男性の血色素量の平均値は 14 g/dL よりも大きいといえる．

② 女性患者の標本サイズ，標本平均，標本分散はそれぞれ $n_y=12$, $\overline{Y}=13.4$, $S_y^2=3.2$ となる．女性の血清色素量の母平均を μ_y として，H_0 : $\mu_y=12$ vs. H_1 : $\mu_y\neq12$ の両側 t 検定を行う．検定統計量 $T=(\overline{Y}-12)/\sqrt{S_y^2/n_y}=(13.4-12)/\sqrt{3.2/12}=2.71$，両側 P 値 $=$ 上側 P 値 $\times2=0.02$（下記 R コードを参照のこと）．P 値 <0.05 より，5％有意水準で H_0 を棄却できる．標本平均 $\overline{Y}=13.4>12$ より，女性の血色素量の平均値は 12 g/dL よりも大きいといえる．

③ 男性血色素量平均値の 95％信頼区間 $=\overline{X}\mp t_{13}(0.975)\sqrt{S_x^2/n_x}=(14.3, 16.1)$
女性血色素量平均値の 95％信頼区間 $=\overline{Y}\mp t_{11}(0.975)\sqrt{S_y^2/n_y}=(12.3, 14.5)$

```
> n <- c(14,12); xbar <- c(15.2, 13.4 ); s2  <- c( 2.6, 3.2 )
> mu0 <- c(14,12)
>                                                  #---------------------- ①
> ( t <- (xbar[1]-mu0[1])/sqrt(s2[1]/n[1]) )        # t-検定統計量
[1] 2.784573
> (1-pt(t,df=n[1]-1))                                # p-値
[1] 0.007740017
>                                                  #---------------------- ②
> ( t <- (xbar[2]-mu0[2])/sqrt(s2[2]/n[2]) )        # t-検定統計量
[1] 2.711088
> (1-pt(t,df=n[2]-1))*2                              # p-値
[1] 0.02025146
>
> alp <- 0.05                                    #---------------------- ③
> xbar[1] + c(-1,1)*qt(1-alp/2,df=n[1]-1)*sqrt(s2[1]/n[1])    #男性
[1] 14.269 16.131
> xbar[2] + c(-1,1)*qt(1-alp/2,df=n[2]-1)*sqrt(s2[2]/n[2])    #女性
[1] 12.26342 14.53658
```

問 3

① おおまかに平均を中心に左右対称にちらばっているため，正規性に従っているといえる．

② 標本サイズ，標本平均，標本分散はそれぞれ $n=15$, $\overline{X}=152.8$, $S^2=505.8$ となる．母平均を μ として，H_0：$\mu=165$ vs. H_1：$\mu\neq165$ の両側 t 検定を行う．検定統計量 $T=(\overline{X}-165)/\sqrt{S^2/n}$ $=(152.8-165)/\sqrt{505.8/15}=-2.10$，両側 P 値＝下側 P 値×2＝0.054（下記 R コードを参照のこと）．P 値＞0.05 であるため，5％有意水準で H_0 を棄却できない．つまり，このデータから，患者の収縮期血圧の平均値は 165 mmHg と異なるとは結論できない．（あるいは，P 値＝0.054 はわずかに 0.05 を上回る程度であるため，境界的に有意性を示している，あるいは，165 mmHg よりも下がることを示唆しているともいえる）．

③ 95％信頼区間：$\overline{X}\mp t_{n-1}(0.975)\sqrt{S^2/n}=(140.3, 165.3)$

```
> x <- c( 182, 192, 162, 172, 156, 163, 144, 124, 178, 152,
          118, 138, 142, 148, 121)
> hist(x)                                        # ヒストグラム
> (n <- length(x))                               # 標本数
[1] 15
> (xbar <- mean(x))                              # 標本平均
[1] 152.8
```

```
> (s2   <- var(x))                                # 標本分散
[1] 505.7429
> mu0 <- 165
> ( t <- (xbar-mu0)/sqrt(s2/n) )                # t 検定統計量
[1] -2.10107
> pt( t, df=n-1 )                               # 下側 P 値
[1] 0.02711283
> pt( t, df=n-1 )*2                             # 両側 P 値
[1] 0.05422566
> xbar + c(-1,1)*qt(.975,df=n-1)*sqrt(s2/n)  # 95%信頼区間
[1] 140.3462 165.2538
```

問 4

① 母集団の改善比率を π として，H_0：$\pi=0.8$ vs. H_1：$\pi<0.8$ の下側検定を行う．患者数 $n=20$，改善患者数 $x=11$ より，標本比率は $\hat{\pi}=11/20=0.55$ となる．H_0 の下で，改善患者数 X の分布は，二項分布 $B(n=20, \pi=0.8)$ に従う．二項分布による P 値＝$\mathrm{P}(X\leq 11)=\sum_{i=0}^{11}\binom{20}{i}0.8^i\,0.2^{20-i}$ である．これを計算すると 0.027 となる（下記 R コード参照）．正規近似による方法では，検定統計量 $Z=(\hat{\pi}-\pi_0)/\sqrt{\pi_0(1-\pi_0)/n}=-2.80$ となることから，下側 P 値＝$P(Z\leq -2.80)=0.003$ となる．いずれの手法からも P 値＜0.05 となり，有意水準 5％で H_0 を棄却できる．つまり，この地域の気管支喘息患者は，副腎皮質機能が低下していると考えられる．

② 正規近似による 95％信頼区間：$\hat{\pi}\pm 1.96\sqrt{\hat{\pi}(1-\hat{\pi})/n)}=(0.33, 0.77)$ となる．この信頼区間は，$\pi_0=0.8$ を含んでいないため，両側有意水準 5％で H_0 を棄却できる．あるいは，90％信頼区間＝（0.37, 0.73）が 0.8 を含んでいないため，5％有意水準の片側検定で H_0 を棄却できる．

```
> n <- 20; x <- 11; pi0 <- 0.8
> (pihat <- x/n)
[1] 0.55
> sum( dbinom( 0:x, prob=pi0, size=n ) )      # 二項分布に基づく P 値
[1] 0.009981786
> ( Z <- (pihat-pi0)/sqrt(pi0*(1-pi0)/n) )   # 正規近似 Z 検定統計量
[1] -2.795085
> pnorm(Z)                                     # 正規近似による P 値 ( 下側 )
[1] 0.002594304
>
> pihat +c(-1,1)*1.96*sqrt( pihat*(1-pihat)/n )  #95%信頼区間
[1] 0.3319638 0.7680362
> pihat +c(-1,1)*1.645*sqrt( pihat*(1-pihat)/n ) #90%信頼区間
```


●統計学_CS5.indb　14　　2025/12/24　8:39:49

```
[1] 0.3670053 0.7329947
```


（Web Appendix）