第７章

問１

① (a) 1272.8 (b) 3 (c) 424.27 (d) 22.07 (e) 19.23

② 治療法は，4 種類，1 つの治療法に割り当てられた人数は 6 人

③ H_0：処理効果がすべて同じ(vs H_1：処理効果がすべて同じではない)についてＦ検定を行う．

$\dfrac{MSA}{MSE} = 19.23 > 3.1 = F_{3,20}(0.95)$ であるため，有意水準 5％で H_0 を棄却でき，治療法間で検査値への影響について差がある（少なくとも 1 つの治療効果が異なる）といえる（P＜0.0001）．

④ 治療法は 4 種類で，総比較数は 6 組であるため，有意水準を 0.05/6＝0.0083 として両側多重対比較を行う．

$\mathrm{LSD} = t_{20}(1-0.0083/2)\sqrt{MSE(1/6+1/6)} = 7.94$

```
> qf(.95,3,20)                                # ③ 95％値
[1] 3.098391
> 1-pf(19.226,3,20)                           #      P 値
[1] 4.145641e-06
> qt(1-0.05/6/2,20)*sqrt(22.07*(1/6+1/6))     # ④ LSD
[1] 7.939277
```

問２

① 体重減少について摂生法Ａの効果が少ない．その他では，摂生法Ｄの効果が高めであるが，ＢやＣとの差は少ない．初期体重多い場合，体重減少量も多くなる傾向がみられる．

A	B	C	D
9.88	10.25	11.0	13.0

② 一元配置分散分析モデル $Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \varepsilon_{ij}$, $\varepsilon_{ij} \sim N(0, \sigma^2)$, $i = 1, \dots, 4$, $j = 1, \dots, 4$. を考える．分散分析は以下のようになり，H_0: $\alpha_1 = \alpha_2 = \alpha_3 = \alpha_4 = 0$ vs. H_1: Not H_0 のＦ検定（自由度 3,12）では，H_0 は有意水準 5％で棄却されない（p＝0.38）．この解析からは，摂生法によって減量効果に違いがあるといえない．

③ 初期体重を考慮した二元配置分散分析モデル：$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \varepsilon_{ij}$, $\varepsilon_{ij} \sim N(0, \sigma^2)$, $i = 1, \dots, 4$, $j = 1, \dots, 4$ を考える．分散分析表は以下の R 実行例に示すように得られた．H_0: $\alpha_1 = \cdots = \alpha_4 = 0$ vs. H_1: Not H_0 のＦ検定（自由度 3,9）では，H_0 は有意水準 5％で棄却される（P＝0.001）．すなわち，摂生法によって減量効果に違いがあるといえる．

④ Bonferroni の方法では，有意水準を 0.05/6＝0.0083 として，多重対比較を行う．i 番目と k 番目の摂生法の群別標本平均をそれぞれ $\overline{Y}_{i\cdot}$, $\overline{Y}_{k\cdot}$ とすると，$\overline{Y}_{i\cdot} - \overline{Y}_{k\cdot} \sim N(\alpha_i - \alpha_k, \sigma^2/4 + \sigma^2/4)$ が成り立つ．σ^2 の推定値として③の MSE＝0.6128（自由度 9）を用いると，$T = (\overline{Y}_{i\cdot} - \overline{Y}_{k\cdot} - (\alpha_i - \alpha_k))/\sqrt{MSE(1/4+1/4)}$ は自由度 9 の t 分布に従う．よって $\alpha_i - \alpha_k$ の 100α％信頼区間は $\overline{Y}_{i\cdot} - \overline{Y}_{k\cdot} \pm t_9(1-\alpha/2)\sqrt{MSE(1/4+1/4)}$ となり，求める LSD は，$\mathrm{LSD} = t_9(1-0.0083/2)\sqrt{0.6128(1/4+1/4)} = 1.86$ と

なる．①で求めた摂生法別の平均値の差がLSDよりも大きいかどうかを調べることによって，摂生法Dが他のすべて(A, B, C)より有意に効果が大きい(A＜D, C＜D, B＜D)ことが示される．

なお，このデータには各因子の組み合わせに複数の測定値が含まれていないため，摂生法と初期体重の交互作用を調べることはできない．

```
> dat2 <- data.frame( wgt_loss=c( 6.0,  7.5,  7.0,  9.0,
                                10.0,  9.5, 12.5, 13.0,
                                12.0, 11.5, 12.5, 14.5,
                                11.5, 12.5, 12.0, 15.5),
                   treatment=rep( c("A","B","C","D"), times=4 ),
               ini_weight=rep( c("80-90","90-100","100-110",">=110"),
each=4 )
            )
> dat2
   wgt_loss treatment ini_weight
1       6.0         A      80-90
2       7.5         B      80-90
3       7.0         C      80-90
4       9.0         D      80-90
5      10.0         A     90-100
6       9.5         B     90-100
7      12.5         C     90-100
8      13.0         D     90-100
9      12.0         A    100-110
10     11.5         B    100-110
11     12.5         C    100-110
12     14.5         D    100-110
13     11.5         A      >=110
14     12.5         B      >=110
15     12.0         C      >=110
16     15.5         D      >=110
>
> dat2$treatment   <- as.factor(dat2$treatment)      # 要因のカテゴリ化
> dat2$ini_weight <- as.factor(dat2$ini_weight)
> with( dat2, interaction.plot( treatment, ini_weight, wgt_loss,
col=1:4 ) )
> tapply( dat2$wgt_loss, dat2$treatment, mean )    # 摂生法別標本平均
     A      B      C      D
```

```
 9.875 10.250 11.000 13.000
>
> anova( lm( wgt_loss ~ treatment, data=dat2 ) )                # ②
Analysis of Variance Table

Response: wgt_loss
          Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
treatment  3 23.297  7.7656  1.1236 0.3783
Residuals 12 82.937  6.9115
> anova( lm( wgt_loss ~ ini_weight + treatment, data=dat2 ) )   # ③
Analysis of Variance Table

Response: wgt_loss
           Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
ini_weight  3 77.422 25.8073  42.111 1.269e-05 ***
treatment   3 23.297  7.7656  12.671  0.001396 **
Residuals   9  5.516  0.6128
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1
> qt(1-0.025/6,9)*sqrt(0.6128*(1/4+1/4))                         # ④
LSD
[1] 1.862201
```

問 3

2 つの要因の組み合わせ毎に 4 人ずつ測定値があるため，交互作用を含む二元配置分散分析モデル：$Y_{ijk}=\mu+\alpha_i+\beta_j+\gamma_{ij}+\varepsilon_{ijk}, \varepsilon_{ijk}\sim N(0,\sigma^2), i=1,2,3, j=1,2,3, k=1,\dots,4$ を考える（α_i は i 番目のリハビリプログラムの効果，β_j は j 番目の頻度の効果，γ_{ij} はそれらの交互作用）．分散分析表によってそれぞれの要因効果の検定を行う．

プログラム効果：

- $H_{0A}:\alpha_1=\alpha_2=\alpha_3=0$　vs.　H_{1A}: Not H_{0A}
- $F=21.57$ の $F_{2,27}$ における P 値＜0.001
- よって，5％有意水準にて H_0A を棄却できる．すなわち，リハビリプログラムの違いによって改善度に差があるといえる．

頻度の効果：

- $H_{0B}:\beta_1=\beta_2=\beta_3=0$　vs.　H_{1B}: Not H_{0B}
- $F=38.78$ の $F_{2,27}$ における P 値＜0.001
- よって，5％有意水準にて H_0B を棄却できる．すなわち，実施頻度によって改善度に差

があるといえる．

プログラム-頻度間の交互作用：

- $H_{0C}: \gamma_{11} = \cdots = \gamma_{33} = 0$　vs.　H_{1C}: Not H_{0C}
- $F = 2.24$ の $F_{4,27}$ における P 値 $= 0.09$
- よって 5%有意水準にて H_{0C} を棄却できない．すなわち，このデータからは，特定のリハビリプログラムと実施頻度の組合せに特に効果が異なるとはいえない．

さらにプログラム群間，頻度群間での平均値比較の多重比較を行う場合は，問 2 ④のように，補正した有意水準 0.05/3＝0.017 と分散分析表の MSE＝64.1（自由度 27）を用いて，$\mathrm{LSD} = t_{27}(1 - 0.017/2)\sqrt{\mathrm{MSE}(1/12 + 1/12)} = 8.34$ を得る（プログラム，頻度，両要因とも同じ）．要因ごとに群別平均を計算し，平均差が LSD よりも大きいかどうかを調べることによって，実施頻度では，Low ＜ Medium ＜ High，プログラムでは，C＜A，C＜B における有意差が認められる．

```
> dat3 <- data.frame(   score=c( 52, 76, 60, 58, 58, 56, 68, 74, 58,
24, 32, 39,
                    60, 78, 75, 72, 60, 70, 74, 77, 56, 66, 54, 49,
                   98, 94, 96, 98, 76, 80, 84, 80, 72, 74, 76, 70 ),
                  frequency=rep( c("Low","Medium","High"), each=12 ),
              program=rep( rep( c("A","B","C"), each=4 ), times=3 ) )
> dat3$frequency <- factor(dat3$frequency, ordered=T,
levels=c("Low","Medium","High") )
> dat3$program <- factor(dat3$program )
> dat3
   score frequency program
1     52       Low       A
2     76       Low       A
3     60       Low       A
4     58       Low       A
5     58       Low       B
6     56       Low       B
7     68       Low       B
8     74       Low       B
9     58       Low       C
10    24       Low       C
11    32       Low       C
12    39       Low       C
13    60    Medium       A
14    78    Medium       A
15    75    Medium       A
```

```
16    72    Medium       A
17    60    Medium       B
18    70    Medium       B
19    74    Medium       B
20    77    Medium       B
21    56    Medium       C
22    66    Medium       C
23    54    Medium       C
24    49    Medium       C
25    98      High       A
26    94      High       A
27    96      High       A
28    98      High       A
29    76      High       B
30    80      High       B
31    84      High       B
32    80      High       B
33    72      High       C
34    74      High       C
35    76      High       C
36    70      High       C
>
> with( dat3, interaction.plot(program, frequency, score) )
>
> anova( lm(score ~  program + frequency + program:frequency,
data=dat3 ) )
Analysis of Variance Table

Response: score
                  Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
program            2 2766.1 1383.03  21.572 2.526e-06 ***
frequency          2 4972.1 2486.03  38.777 1.154e-08 ***
program:frequency  4  574.4  143.61   2.240   0.09113 .
Residuals         27 1731.0   64.11
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
>
> tapply( dat3$score, dat3$frequency, mean )
```

```
     Low   Medium     High
54.58333 65.91667 83.16667
> tapply( dat3$score, dat3$program, mean )
       A        B        C
76.41667 71.41667 55.83333
> qt(1-0.025/3,27)*sqrt(64.1*(1/12+1/12))     #LSD
[1] 8.342806
```

(Web Appendix)