

生体情報工学演習第14回

北海道大学工学部情報エレクトロニクス学科

生体情報コース3年

学生番号: 02180144 茂木貴紀

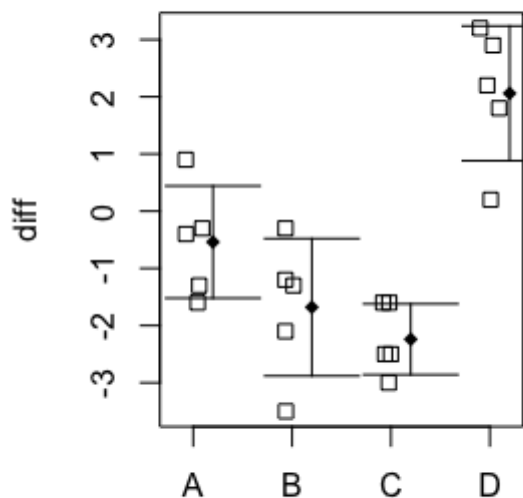
作成日: 2021/01/20

No1

まず, データをimport して分布を可視化する. 以下のコードを実行.

```
> dat <- read.delim('./R08.txt')
> attach(dat)
> stripchart(diff~drug, method="jitter", vert=T)
> mean <- tapply(diff, group, mean)
> sd <- tapply(diff, drug, sd)
> IX <- c( 1.2, 2.2, 3.2, 4.2 )
> points(IX,mean,pch=18)
> arrows(IX,mean-sd,IX,mean+sd,angle=90,code=3)
```

以下のグラフが生成される.



このグラフを見ると, CとD, BとDで大きな有意差がみられ, 逆にAとB, BとCでは, 全く有意差が見られなかった. そのため, 全体としての有意差はわからなかった. 実際一元配置分散分析を行ってみると, 以下のような結果が得られた.

```
> summary(res)
      Df Sum Sq Mean Sq F value
drug      3  54.68  18.225    17.46
Residuals 16  16.70   1.044
      Pr(>F)
drug    2.67e-05 ***
Residuals
---
Signif. codes:
  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*'
  0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

p値が, 0.05を大きく下回っているので, 帰無仮説は棄却され, 全体として有意差があると考えられる.

では, 個々のdrugでの有意差はどうだろうか.

```
> TukeyHSD(res, ordered = TRUE)
Tukey multiple comparisons of means
95% family-wise confidence level
factor levels have been ordered

Fit: aov(formula = diff ~ drug)

$drug
      diff      lwr      upr      p adj
B-C 0.56 -1.2888476 2.408848 0.8217901
A-C 1.70 -0.1488476 3.548848 0.0771997
D-C 4.30  2.4511524 6.148848 0.0000300
A-B 1.14 -0.7088476 2.988848 0.3253657
D-B 3.74  1.8911524 5.588848 0.0001478
D-A 2.60  0.7511524 4.448848 0.0048846
```

```
> pairwise.t.test( data, group, p.adj = "bonf" )
```

Pairwise comparisons using t tests with pooled SD

data: data and group

	A	B	C
B	0.30791	-	-
C	0.00016	0.05051	-
D	1.3e-07	6.2e-05	0.15114

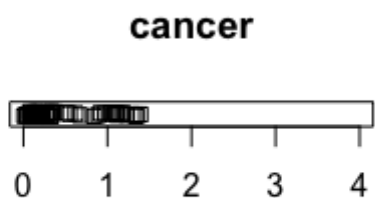
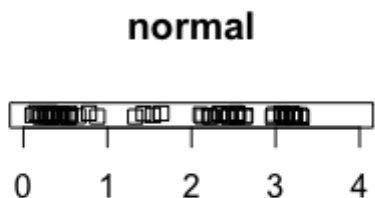
P value adjustment method: bonferroni

Tukey-Kramer法だと, C-D,B-D,A-D間で有意性があり, 先ほどの推定通りになっているとわかる. 逆に, B-C間では $p=0.82$ とあり, 帰無仮説が受理され, 有意差は全く見られなかった.

No2

まず, 先ほどと同様に, 可視化してみる.

```
> dat <- read.delim('./R08.txt')
> par(mfrow=c(2,1))
> stripchart(normal,xlim=c(0,4),method="jitter" , main="normal")
> stripchart(cancer,xlim=c(0,4),method="jitter", main="cancer")
```



どちらも, 平均値あたりに母数が集中していないので, 正規性があるとは言い難い. No1のような検定は正規分布になる仮定で行っているので, 別の方法を用いる必要がある. 念のため, 正規分布になっているかの検定を行う.

```
> shapiro.test(normal)
// W = 0.84662, p-value = 2.426e-06
> shapiro.test(cancer)
// W = 0.81396, p-value = 3.062e-07
```

どちらも, p値がかなり小さく, 帰無仮説は棄却され, 正規性は担保されていないと考えられることがわかった (帰無仮説は, 「正規分布とその分布に有意差がない」である)

正規分布に従っていなかったなので, ノンパラメータ手法の一つで, 代表的なマン・ホイットニーのU検定を行う.

```
> wilcox.test(normal, cancer)

Wilcoxon rank sum test with continuity
correction

data: normal and cancer
W = 2950, p-value = 1.599e-09
alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
```

この結果から, p値がかなり小さいので, 帰無仮説が棄却され, 通常の細胞と癌細胞における蛍光量変化は, 有意差が見られる.

tags: 生体情報工学演習