

多変量分散分析 (SAS による実験データの解析 : 第 14 章)

高橋行雄・大橋靖雄・芳賀敏郎

1989 (東京大学出版会)

1 概要

- 複数の特性 (従属変数) いずれにも同様の関心がある場合に、特性間の相関を考慮して仮説検証を行う¹。
- ただし、MANOVA は手続きが大変な割に結果の解釈がうまくできない。通常は特性ごとに ANOVA を適用する²。
- 経時変化データも、各時点の観測値を別々の特性と考えることで、MANOVA を適用できる³。

2 独立な 2 群の比較 (従属変数が 2 つ以上)

図 1.1 は、薬剤の投与によってラットの肝臓量と体重がどう変化するか検証するために集められたデータ `dataliverweight.csv` である。

図 1.2 は薬剤の有無別にデータをプロットしたものである。体重が同じであれば、薬ありの方が肝臓量は高い傾向にある。

2.1 Hotelling の T^2

特性 k について、 i 群の j 番目の観測値を x_{ijk} とする。このとき、通常の t 検定では、検定統計量

$$t_k = \frac{\bar{x}_{1k} - \bar{x}_{2k}}{\sqrt{\left(\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2}\right) S_k^2}} \quad (2.1)$$

$$(2.2)$$

を用いる。ただし、

$$S_k^2 = \frac{1}{n_1 + n_2 - 2} \sum_{i=1}^2 \sum_{j=1}^{n_i} (x_{ijk} - \bar{x}_{ik})^2 \quad (2.3)$$

であり、特性 k についてプールされた群内不偏分散を表す。

ここで、

$$t_k^2 = \left(\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2}\right)^{-1} (\bar{x}_{1k} - \bar{x}_{2k}) (S_k^2)^{-1} (\bar{x}_{1k} - \bar{x}_{2k}) \quad (2.4)$$

と表すこともできる。

例のように特性が 2 個の場合、

$$\bar{\mathbf{x}}_i = \begin{pmatrix} \bar{x}_{i1} \\ \bar{x}_{i2} \end{pmatrix}, \mathbf{V} = \begin{pmatrix} v_{11} & v_{12} \\ v_{21} & v_{22} \end{pmatrix} \quad (2.5)$$

¹多くの従属変数について検定を繰り返すことで、多重性が生じる。

²スクリーニングとして利用し、MANOVA で有意差があれば特性ごとに ANOVA という順でもよいだろう。

³球面性仮定 (H-F 条件) が満たされていなければ対応あり ANOVA は適用できないし、自由度調整によってこれに対処しようとする
とそれ以上複雑な分析に進めない。

	A	B	C	D
1	個体	薬	肝臓量	体重
2		1 x	710	245
3		2 x	627	224
4		3 x	865	342
5		4 x	1064	403
6		5 x	736	214
7		6 x	940	325
8		7 x	935	384
9		8 x	822	276
10		9 x	603	168
11		10 x	897	313
12		11 o	1074	347
13		12 o	806	220
14		13 o	1013	282
15		14 o	893	227
16		15 o	798	185
17		16 o	861	231
18		17 o	1162	393
19		18 o	1060	320
20		19 o	741	148
21		20 o	947	238

Figure 2.1: 薬剤の投与がラットの肝臓量（mg）と体重（g）に及ぼす影響

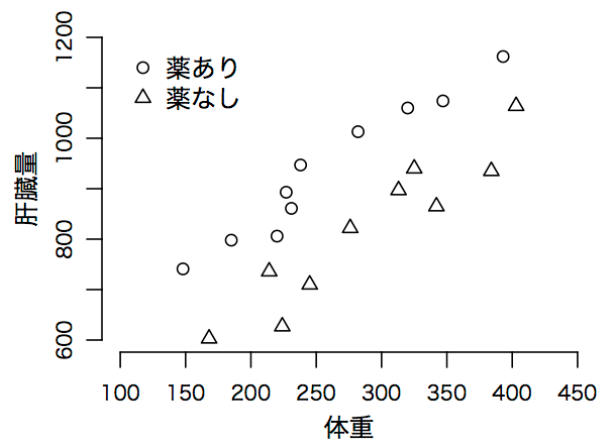


Figure 2.2: 群別プロット

と定義する。ただし、 v_{11} と v_{22} はそれぞれ特性 1 と特性 2 に関するプールされた群内不偏分散（つまり S_1^2 と S_2^2 ）、 $v_{12} = v_{21}$ は特性 1 と特性 2 に関するプールされた群内不偏共分散である。一般には、 $\mathbf{V} = \{v_{kk'}\}$ で

$$v_{kk'} = \frac{1}{n_1 + n_2 - 2} \sum_{i=1}^2 \sum_{j=1}^{n_i} (x_{ijk} - \bar{x}_{ik})(x_{ijk'} - \bar{x}_{ik'}) \quad (2.6)$$

と書ける。

このとき、

$$T^2 = \left(\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2} \right)^{-1} (\bar{\mathbf{x}}_1 - \bar{\mathbf{x}}_2)' \mathbf{V}^{-1} (\bar{\mathbf{x}}_1 - \bar{\mathbf{x}}_2) \quad (2.7)$$

を Hotelling の T^2 統計量という。

もし帰無仮説 $H_0: \boldsymbol{\mu}_1 = \boldsymbol{\mu}_2$ が真で、観測値ベクトルが共通の群内母分散共分散行列をもつ多変量正規分布に従うなら、

$$\frac{n_1 + n_2 - p - 1}{p(n_1 + n_2 - 2)} T^2 \sim F(p, n_1 + n_2 - p - 1) \quad (2.8)$$

となり（ p は特性の数）、 F 検定によってこの H_0 を検定できる。

R による分析

R では、DescTools パッケージの関数 HotellingsT2Test() によって Hotelling の T^2 にもとづいた F 検定を行うことができる。

図 1.1 のデータ dataliverweight.csv で肝臓量と体重の平均が薬の有無に関わらず等しいという帰無仮説を検定するには、以下のスクリプトを実行すればよい。

```
> library("DescTools")
> head(data01,5)
  個体 薬 肝臓量 体重
1    1  x   710  245
2    2  x   627  224
3    3  x   865  342
4    4  x  1064  403
5    5  x   736  214
> HotellingsT2Test(cbind(肝臓量, 体重)~薬, data=data01)

Hotelling's two sample T2-test

data:  cbind(肝臓量, 体重) by 薬
T.2 = 41.086, df1 = 2, df2 = 17, p-value = 3.087e-07
alternative hypothesis: true location difference is not equal to c(0,0)
```

このアウトプットでは $T^2 = 41.086$ であるかのように表示されているが、本当は $T^2 = 87.00$ であり、T.2 の値は F 値である。結果は、 $F(2, 17) = 41.086, p = .000$ と書ける。

2.2 平方和積和行列の分割

特性が 2 つ以上の場合、ANOVA における平方和の分割を平方和積和行列の分割として以下のように拡張できる。

$$\mathbf{T} = \mathbf{H} + \mathbf{E} \quad (2.9)$$

ただし、 $\mathbf{T} = \{T_{kk'}\}$ は総平方和積和行列、

$$T_{kk'} = \sum_{i=1}^2 \sum_{j=1}^{n_i} (x_{ijk} - \bar{x}_k)(x_{ijk'} - \bar{x}_{k'}) \quad (2.10)$$

$\mathbf{H} = \{H_{kk'}\}$ は群間平方和積和行列、

$$H_{kk'} = \sum_{i=1}^2 n_i (\bar{x}_{ik} - \bar{x}_k) (\bar{x}_{ik'} - \bar{x}_{k'}) \quad (2.11)$$

$\mathbf{E} = \{E_{kk'}\}$ は残差平方和積和行列

$$E_{kk'} = \sum_{i=1}^2 \sum_{j=1}^{n_i} (x_{ijk} - \bar{x}_{ik}) (x_{ijk'} - \bar{x}_{ik'}) \quad (2.12)$$

$$= (n_1 + n_2 - 2)v_{kk'} \quad (2.13)$$

である。

平方和積和行列の対角成分には特性 k に関する平方和が、非対角成分には特性 k と k' の積和（共分散 × 自由度）が格納されている。

このとき、

$$\mathbf{E}^{-1}\mathbf{H} \quad (2.14)$$

の固有値は、 $l = \min(p, q)$ 個得られる⁴。この固有値を $\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \dots \geq \lambda_l$ とすると、検定のための統計量が⁴ 4 種類

$$\Lambda = \frac{|\mathbf{E}|}{|\mathbf{H} + \mathbf{E}|} = \prod_i \frac{1}{1 + \lambda_i} \quad [\text{Wilks' lambda}] \quad (2.15)$$

$$V = \text{tr}(\mathbf{H})(\mathbf{H} + \mathbf{E})^{-1} = \sum_i \frac{\lambda_i}{1 + \lambda_i} \quad [\text{Pillai's trace}] \quad (2.16)$$

$$U = \text{tr}(\mathbf{E}^{-1}\mathbf{H}) = \sum_i \lambda_i \quad [\text{Hotelling-Lawley's trace}] \quad (2.17)$$

$$\Theta = \lambda_1 \quad [\text{Roy's largest root}] \quad (2.18)$$

得られる。

例のように 2 特性 2 群比較だと、 $l = 1$ であり、

$$T^2 = (n_1 + n_2 - 2)\lambda_1 \quad (2.19)$$

が成り立つ。

Λ, V, U, Θ は $l = 1$ の時のみ等しい値を取り、かつ正確に H_0 の下で F 分布に従う。 $l = 2$ のときは Λ のみが正確。

2.3 正準変量

$\mathbf{E}^{-1}\mathbf{H}$ の固有ベクトルを用いて、もとのデータを l 個の正準変量に変換することができる。これらを C_1, C_2, \dots, C_l とすると、 C_1 は群内平方和が 1、群内積和が 0 となるように基準化されており、かつ群間平方和が最大値 λ_1 を取る。また、 C_2 は C_1 と無相関かつ群内平方和が 1、群内積和が 0 で、群間平方和が最大値 λ_2 を取る。以下同様。

群間差を視覚的に把握するため、特性数が 3 以上、群の数が 2 以上の場合、正準変量を 2 次元平面上にプロットすることがある。これを正準判別分析という。

R による分析

R では、MANOVA による分析を行うための関数 `manova()` が装備されている。

図 1.1 のデータ `dataliverweight.csv` で肝臓量と体重の平均が薬の有無に関わらず等しいという帰無仮説を MANOVA によって検定するには、以下のスクリプトを実行すればよい。

⁴一元配置の場合、 $q = l - 1$

```

> fit01 <- manova(cbind(肝臓量, 体重)~薬, data=data01)
> summary(fit01, test="Wilks")
      Df  Wilks approx F num Df den Df    Pr(>F)
薬      1 0.17142   41.086     2    17 3.087e-07 ***
Residuals 18
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
> summary(fit01, test="Pillai") # デフォルト
      Df Pillai approx F num Df den Df    Pr(>F)
薬      1 0.82858   41.086     2    17 3.087e-07 ***
Residuals 18
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
> summary(fit01, test="Hotelling-Lawley")
      Df Hotelling-Lawley approx F num Df den Df    Pr(>F)
薬      1         4.8337   41.086     2    17 3.087e-07 ***
Residuals 18
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
> summary(fit01, test="Roy")
      Df  Roy approx F num Df den Df    Pr(>F)
薬      1 4.8337   41.086     2    17 3.087e-07 ***
Residuals 18
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```

この例は2群比較であるので、 $l = 1$ より4つの統計量いずれにもとづいても同じ結果が得られる。
 上記の例ではMANOVAで群間差が有意であったので、次に特性ごとのANOVAを行うことになる。この場合、関数 `summary.aov()` に `manova()` の結果を渡せばよい。

```

> summary.aov(fit01)
Response 体重 :
      Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
薬      1   4590   4590.4   0.7883 0.3863
Residuals 18 104813   5823.0

Response 肝臓量 :
      Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
薬      1   66817   66817   3.2366 0.0888 .
Residuals 18 371599   20644
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```

この場合、MANOVAでは有意差が得られていたものが、体重と肝臓量それぞれについて検討すると、有意差なしという結果になる。

上記の例で、平方和積和行列 H , E と $E^{-1}H$ の固有値は以下の通り。

```

> summary(fit01)$SS
$薬
      肝臓量      体重
肝臓量 66816.8 -17513.40
体重   -17513.4   4590.45

$Residuals
      肝臓量      体重
肝臓量 371599.4 189145.9
体重   189145.9 104813.3

```

```
> summary(fit01)$Eigenvalues
      [,1] [,2]
薬 4.833669    0
```

後藤 (1973, p.212) を参照して正準変量を算出すると、以下の通り。

```
> # E^(-1) %*% H の固有ベクトル
> H <- summary(fit01)$SS[[1]]
> E <- summary(fit01)$SS[[2]]
> inverseE.H <- solve(E) %*% H
> eigen.v <- eigen(inverseE.H)$vectors
>
> c.v <- cbind(scale(data01$肝臓量, scale=F), scale(data01$体重, scale=F)) %*%
+           eigen.v      # 正準変量
> colnames(c.v) <- c("c1", "c2")
> data02 <- cbind(data01[,1:2], c.v)
> head(data02, n=3)
  個体 薬      c1      c2
1     1  x -53.79489 -70.81384
2     2  x -74.67694 -112.17194
3     3  x -65.66752  62.31613
```

図 1.3 は薬剤の有無別に正準変量をプロットしたものである。

メモ

後藤 (1973, p.212) では各変数から全体平均を引いたものに固有ベクトルをかけることで正準変量を求めている。一方、「SAS による実験データの解析」図表 14.3 (p.275) ではこれとメトリックが異なっているし、そもそも SAS のアウトプットでは固有ベクトル (に何かを演算したもの) を用いて正準変量を算出している (図表 14.2, p.272)。この点については詳しく説明されていないのでよくわからない。

メモここまで

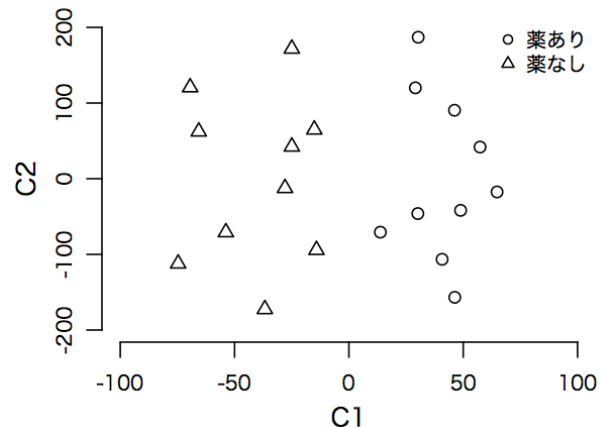


Figure 2.3: 群別正準変量プロット

3 経時変化データ

3.1 Hotelling の T^2 と MANOVA による 2 群比較

- 分散共分散構造に H-F 条件のような仮定を必要としない
- 多重性を考慮した同時信頼区間を算出できる
- 標本数は時点数に比べある程度大きくないと検定力が低くなる
- 欠測を含む個体は除去する必要がある
- H-F 条件が成り立っている場合は、通常の ANOVA の方が検定力が高い

図 1.4 は、降圧剤の投与量（10mg, 20mg）と血圧の経時変化（投与前、1 時間後、3 時間後）に関するデータ databloodpressure.csv を示したものである。

	A	B	C	D	E
1	被験者	降圧剤	投与前	一時間後	三時間後
2	1	10mg	119	113	114
3	2	10mg	110	115	112
4	3	10mg	123	126	111
5	4	10mg	130	127	100
6	5	10mg	121	115	124
7	6	10mg	135	125	115
8	7	20mg	125	109	113
9	8	20mg	108	98	104
10	9	20mg	133	118	117
11	10	20mg	125	114	110
12	11	20mg	113	107	106
13	12	20mg	126	118	110

Figure 3.1: 降圧剤の投与量と血圧の経時変化

図 1.5 は、このデータを箱ひげ図として表したものである。投与後時間が経過するごとに血圧が下がっていくこと、また 20mg 投与群の方が 10mg 投与群より全体的に血圧の低いことがわかる。低下の程度は 20mg 投与群の方が大きいようにも見えるが、判然とはしない。

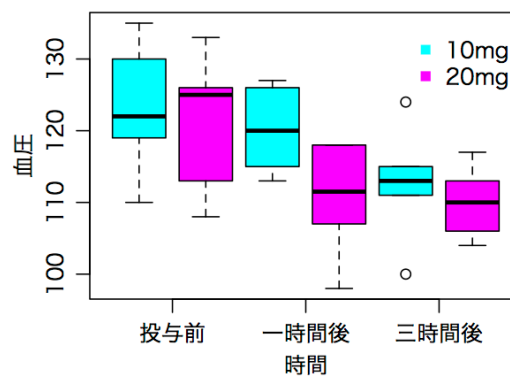


Figure 3.2: 箱ひげ図

今、Hotelling の T^2 と MANOVA によって、10mg 群と 20mg 群で血圧の母平均ベクトルが等しいという帰無仮説を検定する。すると、 $F(3, 8) = 5.5624, p = .02334$ となってこの帰無仮説は棄却される⁵。

ただし、母平均ベクトルが2群で等しくないという結果だけでは、「血圧の高さそのものが異なる」のか「血圧の下がり方が異なる」のかわからない。

R による分析

R のスクリプトと実行結果は以下の通り。

```
> HotellingsT2Test(cbind(投与前, 一時間後, 三時間後)~降圧剤, data=data01)

Hotelling's two sample T2-test

data: cbind(投与前, 一時間後, 三時間後) by 降圧剤
T.2 = 5.5624, df1 = 3, df2 = 8, p-value = 0.02334
alternative hypothesis: true location difference is not equal to c(0,0,0)

> fit01 <- manova(cbind(投与前, 一時間後, 三時間後)~降圧剤, data=data01)
> summary(fit01, test="Wilks")
              Df  Wilks approx F num Df den Df  Pr(>F)
降圧剤          1 0.32405   5.5624      3     8 0.02334 *
Residuals    10
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

3.2 Repeated ANOVA による分析

同じデータについて、repeated ANOVA による分析も行ってみることにしよう⁶。R のデフォルトの関数 `aov()` を用いることにすると⁷、従属変数が1列になるようデータの変形を行って、

R による分析

```
> data02 <- data.frame(被験者=factor(rep(data01[,1],3)),
+                      降圧剤=rep(data01[,2],3),
+                      時間=c(rep("0h",12),rep("1h",12),rep("3h",12)),
+                      血圧=rbind(as.matrix(data01[,3]),
+                                as.matrix(data01[,4]),
+                                as.matrix(data01[,5])))
> head(data02,5)
  被験者 降圧剤 時間 血圧
1      1   10mg  0h  119
2      2   10mg  0h  110
3      3   10mg  0h  123
4      4   10mg  0h  130
5      5   10mg  0h  121
>
> fit02 <- aov(血圧~降圧剤*時間+Error(被験者/時間), data=data02)
> summary(fit02)

Error: 被験者
              Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
降圧剤          1  182.2    182.2   1.806  0.209
```

⁵この場合も2群比較であるから $l = 1$ であり、いずれの方法でも結果は同じになる。

⁶<https://ww2.coastal.edu/kingw/statistics/R-tutorials/repeated2.html> 参照。

⁷A が B にネストしている場合、`Error(B/A)` と指定する。


```
Residuals 10 1009.4 100.9
```

```
Error: 被験者:時間
```

```
      Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
時間      2  742.1    371.0  10.343 0.000824 ***
降圧剤:時間 2  115.2     57.6   1.605 0.225663
Residuals 20  717.4     35.9
```

```
---
```

```
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

となる。時間の主効果は有意であるものの、降圧剤の主効果、降圧剤と時間の交互作用は有意でない。ただし、関数 `aov()` を用いるやり方では以下のような限界がある。

- タイプ I の平方和しか選べない（バランスデザインであることが大前提）
- 多重比較を `TukeyHSD()` で行うことができない
- 球面性の仮定の検証、自由度の調整ができない
- 単純主効果の検証（多重比較も含めて）ができない

パッケージ `car` の関数 `Anova()` を用いることで、平方和の種類と球面性の仮定については解決できる⁸。同じ分析を、タイプ III の平方和を指定して行った場合の結果は以下の通り。

```
> library(car)
> fit03 <- Anova(lm(as.matrix(data01[,3:5])~降圧剤, data=data01),
+               idata=data.frame(時間=factor(c(0,1,3))),
+               idesign=~時間, type="III")
> summary(fit03, multivariate=F)
```

```
Univariate Type III Repeated-Measures ANOVA Assuming Sphericity
```

```
      SS num Df Error SS den Df      F    Pr(>F)
(Intercept) 253235      1 1009.39    10 2508.7924 2.431e-13 ***
降圧剤      182      1 1009.39    10   1.8055   0.20874
時間      342      2  717.44    20   4.7685   0.02026 *
降圧剤:時間 115      2  717.44    20   1.6052   0.22566
```

```
---
```

```
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
Mauchly Tests for Sphericity
```

```
      Test statistic p-value
時間      0.56172 0.074618
降圧剤:時間 0.56172 0.074618
```

```
Greenhouse-Geisser and Huynh-Feldt Corrections
for Departure from Sphericity
```

```
      GG eps Pr(>F[GG])
時間      0.69528   0.03672 *
降圧剤:時間 0.69528   0.23315
```

```
---
```

```
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

⁸<https://egret.psychol.cam.ac.uk/statistics/R/anova.html>

```

      HF eps Pr(>F[HF])
時間      0.7721787 0.03157477
降圧剤:時間 0.7721787 0.23172547

```

この例では、Mauchly の検定により球面性の仮定は棄却されない。よって結果は変わらず、時間の主効果のみが有意ということになる。ただし、これでも TukeyHSD() で多重比較を行うことはできない。

3.3 対比を用いた線形性の検定

時間の主効果が有意であったので、時間に伴う血圧変化が線形であるか対比を用いて検定する。

$$C = \begin{pmatrix} 1 & -1 & 0 \\ 0 & 1 & -1 \end{pmatrix} \quad (3.1)$$

として、

$$\psi = XC' \quad (3.2)$$

対比を作る。

R による分析

```

> contrast <- matrix(c(1,-1,0,
+                       0,1,-1), 2, 3, byrow=T)
> psi <- cbind(data01$投与前, data01$一時間後, data01$三時間後) %*% t(contrast)
> data03 <- cbind(data01[,1:2], data.frame(psi1=psi[,1], psi2=psi[,2]))
> head(data03, 5)
  被験者 降圧剤 psi1 psi2
1      1   10mg    6  -1
2      2   10mg   -5   3
3      3   10mg   -3  15
4      4   10mg    3  27
5      5   10mg    6  -9

```

これを ANOVA で分析することにする。

```

> data04 <- data.frame(被験者=factor(rep(data03[,1],2)), # ※ factor() を忘れないこと
+                      降圧剤=rep(data03[,2],2),
+                      対比=factor(c(rep(1,12),rep(2,12))),
+                      血圧変化=rbind(as.matrix(data03[,3]),
+                                      as.matrix(data03[,4])))
> head(data04,5)
  被験者 降圧剤 対比 血圧変化
1      1   10mg    1         6
2      2   10mg    1        -5
3      3   10mg    1        -3
4      4   10mg    1         3
5      5   10mg    1         6
> fit05 <- aov(血圧変化~降圧剤*対比+Error(被験者/対比), data=data04)
> summary(fit05)

```

Error: 被験者

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
降圧剤	1	2.7	2.67	0.055	0.819
Residuals	10	485.3	48.53		

Error: 被験者:対比

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
対比	1	48.2	48.2	0.692	0.4250
降圧剤:対比	1	337.5	337.5	4.847	0.0523
Residuals	10	696.3	69.6		

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

対比の主効果は有意でなく、「血圧の減少は線形である」という帰無仮説は棄却されなかった ($F(1, 10) = 0.692, p = .425$)。なお、降圧剤の効果および交互作用も有意でない。

3.4 球面性の仮定とその検証

以下、「SAS による実験データの解析」第 12 章 (p.248-) による。

ある群での経時観測値 x_1, x_2, \dots, x_p の分散共分散行列が $\Sigma = \{\sigma_{ij}\}$ であるとする。このとき、正規性と分散共分散行列の等質性に加え、

$$\sigma_{ij} = \begin{cases} 2\alpha_i + \tau & (i = j) \\ \alpha_i + \alpha_j & (i \neq j) \end{cases} \quad \text{where } \tau > 0 \quad (3.3)$$

$$\iff V(x_i - x_j) = 2\tau \quad (\forall i \neq j) \quad (3.4)$$

でないといけない (Huynh & Feldt, 1970; **H-F** 条件)。

これは、 $1, 1, \dots, 1$ に直交する $(p-1)$ 本の正規直交対比 z_1, z_2, \dots, z_{p-1} について、その分散共分散行列が $\tau \mathbf{I}$ であることも同等である。これを、正規直交対比の分布に関する球面性の仮定という。

正規直交対比のプールされた平方和積和行列を \mathbf{A} とすると、

$$l = \frac{|\mathbf{A}|}{\text{tr}[\mathbf{A}/p]^p} \quad (3.5)$$

を **Mauchly** の基準といい ($0 \leq l \leq 1$)、 \mathbf{A} の自由度 df_A が大きければ、H-F 条件の下で

$$-\left(df_A - \frac{2p^2 + p + 2}{6p}\right) \log l \sim \chi^2_{\frac{1}{2}p(p+1)-1} \quad (3.6)$$

となることが知られている。

3.5 球面性仮定からの逸脱と自由度修正

球面性の仮定が満たされていないと、 p 値は実際よりも小さくなることが知られている。

Greenhouse & Geiser (1959) により、母集団標準偏差 σ_{ij} の関数 ϵ

$$\frac{1}{p-1} \leq \epsilon \leq 1 \quad (3.7)$$

を用いて⁹、時間の主効果もしくは時間と被験者間要因との交互作用について

$$F = \frac{SS_1/(\epsilon \times df_1)}{SS_2/(\epsilon \times df_2)} \quad (3.8)$$

を自由度 $(\epsilon \times df_1, \epsilon \times df_2)$ の F 分布で近似できることが示された。

この ϵ について、定義式中の σ_{ij} を s_{ij} で置き換えたものを $\hat{\epsilon}_{GG}$ とすると、Huynh & Feldt (1976) によりバイアスを修正した

$$\hat{\epsilon}_{HF} = \frac{n(p-1)\hat{\epsilon}_{GG-2}}{(p-1)(n-1-(p-1)\hat{\epsilon}_{GG})} \quad (3.9)$$

⁹H-F 条件の下で $\epsilon = 1$

が提案され、

$$\frac{1}{p-1} \leq \hat{\epsilon}_{\text{GG}} \leq \hat{\epsilon}_{\text{HF}} \quad (3.10)$$

であることが知られている。

球面性の仮定が棄却されたり、 $\hat{\epsilon}_{\text{HF}} < 1$ となるようなケースでは、自由度修正を行うことが推奨される。