

学籍番号:

公衆衛生学

疫学演習 2019-6-5 & 2019-6-12

氏名:

問題1

200名の認知症患者を募集し, 認識能力テスト(cognitive test, COG), 及び脳萎縮の進行度 (brain atrophy, 脳体積の平均年間減少率, 単位は%) の検査を全員に行った. COG, 及び脳萎縮のデータは大きいほど認知症の進行度がより進んでいる. また, この200名の参加者から採取した血液検体を利用して, ある遺伝子の変異の有無を検査した. このデータは以下の表でまとめた:

変数	遺伝変異あり (n = 50)		遺伝変異なし (n = 150)	
	平均値 (mean)	標準偏差 (standard deviation)	平均値 (mean)	標準偏差 (standard deviation)
認識能力テスト, COG	69.2	9.2	60.2	9.0
脳萎縮度, atrophy, %/year	0.67	0.21	0.23	0.10

1. 帰無仮説を「遺伝子変異ありと変異なし両群の間に, COGの平均値は等しい」とする. 上記のデータ及び適宜な方法を使って検定せよ. 検定の結果を分かりやすく説明せよ. なお, 分散が等しいと仮定できる場合, 以下の式で両群の共通標準偏差が計算できる:

$$S = \sqrt{\frac{(n_A - 1)S_A^2 + (n_B - 1)S_B^2}{n_A + n_B - 2}}$$

- ・ S_A : A群の標準偏差;
- ・ n_A : A群の人数;
- ・ S_B : B群の標準偏差;
- ・ n_B : B群の人数;
- ・ S : A群及びB群の共通標準偏差;
- ・ $n_A + n_B - 2$: 共通標準偏差を推定する時の自由度.

また, EZR で t value, 自由度 (degree of freedom) を使って P 値を計算する時, 以下のコマンドを利用してください:

```
2*pt(t value, degree of freedom, lower=FALSE)
```

以下のコードをRスクリプトに入力して,実行をクリックしてください.自分の検定結果とは一致するかを確認してください.

```
source("http://aoki2.si.gunma-u.ac.jp/R/src/my_t_test.R", encoding="euc-jp")  
my.t.test(50, 69.2, 9.0^2, 150, 60.2, 9.0^2, var.equal=TRUE)
```

2. この患者データから, 遺伝子変異ありとなしの群の間に脳萎縮度の比較を 1. と同じ方法で検定してもよいか? どの検定方法を使えば 1. と同じ検定方法を使えるかどうかを判断できるを説明せよ.

参考図書:

1. 「Rによる保健医療データ解析演習」, 中澤 港, (<http://minato.sip21c.org/msb/medstatbookx.pdf>)
2. 「みんなの医療統計 12日間で基礎理論とEZRを完全マスター!」, 新谷 歩.