

图10-2 五分组的单因素ANOVA中检测显著效应所需的样本大小（假定0.90的功效和0.05的显著性水平）

实验设计中，这样的图形有助于估计不同条件时的影响值。例如，从图形可以看到各组样本量高于200个观测时，再增加样本已经效果不大了。下一节我们将看看其他图形示例。

10.3 绘制功效分析图形

结束pwr包的探讨前，我们再学习一个涉及面更广的绘图示例。假设对于相关系数统计显著性的检验，你想计算一系列效应值和功效水平下所需的样本量，此时可用pwr.r.test()函数和for循环来完成任务，参见代码清单10-2。

代码清单10-2 检验各种效应值下的相关性所需的样本量曲线

```
library(pwr)
r <- seq(.1,.5,.01)
nr <- length(r)

p <- seq(.4,.9,.1)
np <- length(p)

samsize <- array(numeric(nr*np), dim=c(nr,np))
for (i in 1:np){
  for (j in 1:nr){
    result <- pwr.r.test(n = NULL, r = r[j],
      sig.level = .05, power = p[i],
```

① 生成一系列相关系数和功效值

② 获取样本大小

```

        alternative = "two.sided")
        samsize[j,i] <- ceiling(result$n)
    }
}

xrange <- range(r)                                ← ❸ 创建图形
yrange <- round(range(samsize))
colors <- rainbow(length(p))
plot(xrange, yrange, type="n",
      xlab="Correlation Coefficient (r)",
      ylab="Sample Size (n) ")

for (i in 1:np){                                  ← ❹ 添加功效曲线
    lines(r, samsize[,i], type="l", lwd=2, col=colors[i])
}

abline(v=0, h=seq(0,yrange[2],50), lty=2, col="grey89") ← ❺ 添加注释
abline(h=0, v=seq(xrange[1],xrange[2],.02), lty=2,
      col="gray89")
title("Sample Size Estimation for Correlation Studies\n
      Sig=0.05 (Two-tailed)")
legend("topright", title="Power", as.character(p),
      fill=colors)

```

代码清单10-2使用seq函数来生成一系列的效应值 r (H_1 时的相关系数)和功效水平 p ❶。然后,利用两个for循环来循环读取这些效应值和功效水平,并计算相应所需的样本大小,将其存储在数组samsize中❷。随后,创建图形,设置合适的水平轴和垂直轴以及标签❸。使用曲线形式(lines)而不是点形式(points)来添加功效曲线❹。最后,添加网格和图例,以使图形易于理解❺。结果见图10-3。

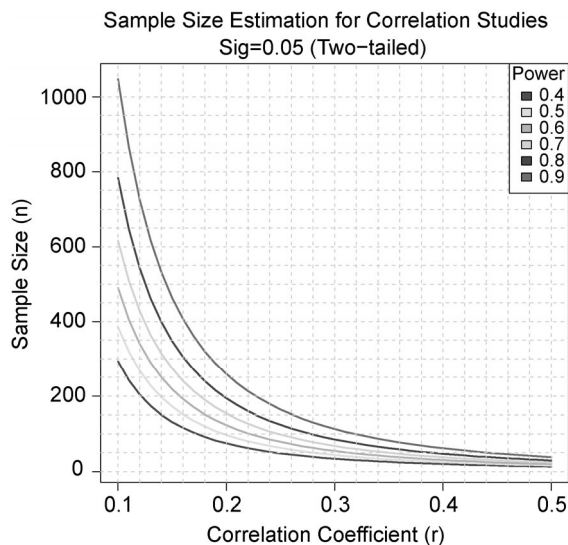


图10-3 在不同功效水平下检测到显著的相关性所需的样本量

从图10-3中可以看到，在40%的置信度下，要检测到0.20的相关性，需要约75的样本量。在90%的置信度下，要检测到相同的相关性，需要大约185个额外的观测（ $n=260$ ）。做少许改动，这个方法便可以用来对许多统计检验创建样本量和功效的曲线图。

最后，让我们来看一下功效分析可能会用到的其他R函数。

10.4 其他软件包

对于研究的规划阶段，R还提供了不少其他有用的软件包。它们有的可能包含一般性的分析工具，而有的则可能是高度专业化的。

piface包（见图10-4）提供了一个与R交互的Java图形用户界面（GUI），包含各种计算样本量的方法。该GUI允许用户交互性地修改研究的参数，观察它们对其他参数的影响。

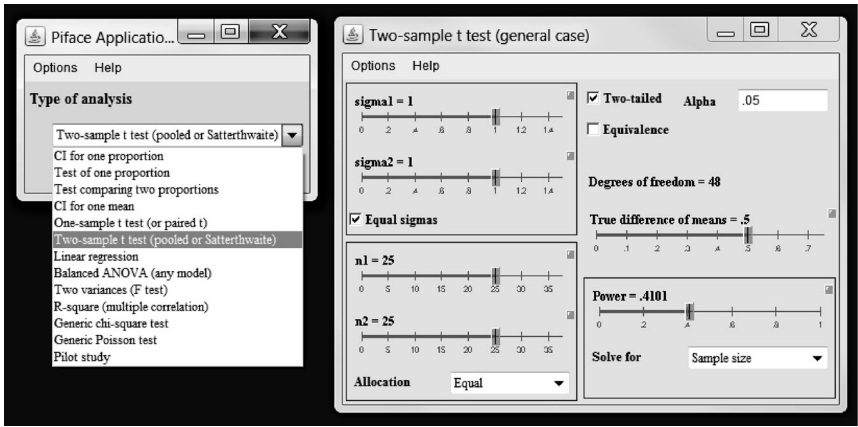


图10-4 piface项目的对话框示例

虽然该包仍在测试阶段，但是非常值得探究。在<http://r-forge.r-project.org/projects/piface/>上，可以下载piface包的源代码和供Windows和Mac OS X使用的二进制文件。在R中，输入代码：

```
install.packages("piface", repos="http://R-Forge.R-project.org")
library(piface)
piface()
```

该包在探索样本大小、效应值、显著性水平和预期功效水平的改变对其他参数的影响时非常有用。

表10-4列出了其他与功效分析有关的软件包。最后5个包聚焦于基因研究中的功效分析。识别基因与可观测特征的关联性的研究称为全基因组关联研究（GWAS）。例如，它们可能关注为什么一些人会得某种特殊类型的心脏病。

表10-4 专业化的功效分析软件包

软 件 包	目 的
asypow	通过渐进似然比方法计算功效
PwrGSD	组序列设计的功效分析
pamm	混合模型中随机效应的功效分析
powerSurvEpi	流行病学研究的生存分析中功效和样本量的计算
powerpkg	患病同胞配对法和TDT（Transmission Disequilibrium Test，传送不平衡检验）设计的功效分析
powerGWASinteraction	GWAS交互作用的功效计算
pedantics	一些有助于种群基因研究功效分析的函数
gap	一些病例队列研究设计中计算功效和样本量的函数
ssize.fdr	微阵列实验中样本量的计算

最后，**MBESS包**也包含了可供各种形式功效分析所用的函数。这些函数主要供行为学、教育学和社会科学的研究者使用。

10.5 小结

在第7章、第8章和第9章，我们探索了各种各样的统计假设检验R函数。本章中，我们主要关注研究的筹备阶段。功效分析不仅可以帮助你判断在给置信度和效应值的前提下所需的样本量，也能说明在给定样本量时检测到要求效应值的概率。对于限定误报效应显著性的可能性（I型错误）和正确检测真实效应（功效）的可能性的平衡，你也有了一个直观的了解。

本章主要内容是pwr包中函数的使用方法。这些函数可以对常见的统计方法（包括t检验、卡方检验、比例检验、ANOVA和回归）进行功效和样本量的计算。本章最后还介绍了一些专业化的功效分析方法。

典型的功效分析是一个交互性的过程。研究者会通过改变样本量、效应值、预期显著性水平和预期功效水平这些参数，来观测它们对于其他参数的影响。这些结果对于研究的筹备是非常有意义的。过去研究的信息（特别是效应值）可以帮助你未来设计更有效和高效的研究。

功效分析的一个重要附加效益是引起方向性的转变，它鼓励不要仅仅关注于二值型（即效应存在还是不存在）的假设检验，而应该仔细思考效应值增加的意义。期刊编辑越来越多地要求作者在报告研究结果的时候既包含p值又包含效应值。因为它们不仅能够帮助你判断研究的实际意义，还能提供用于未来研究的信息。

下一章，我们将学习一些可视化多元关系的新方法。这些可视化的图形不仅能补充和加强到目前为止我们已经讨论过的分析方法，还能为你学习第三部分的高级方法做一些准备。