

```
v = 184.2426
f2 = 0.0769
sig.level = 0.05
power = 0.9
```

在多元回归中，分母的自由度等于 $N-k-1$ ， $N$ 是总观测数， $k$ 是预测变量数。本例中， $N-7-1=185$ ，即需要样本大小 $N=185+7+1=193$ 。

## 10.2.5 比例检验

当比较两个比例时，可使用 `pwr.2p.test()` 函数进行功效分析。格式为：

```
pwr.2p.test(h=, n=, sig.level=, power=)
```

其中， $h$ 是效应值， $n$ 是各组相同的样本量。效应值 $h$ 定义如下：

$$h = 2 \arcsin(\sqrt{p_1}) - 2 \arcsin(\sqrt{p_2})$$

可用 `ES.h(p1, p2)` 函数进行计算。

当各组中 $n$ 不不同时，则使用函数：

```
pwr.2p2n.test(h =, n1 =, n2 =, sig.level=, power=).
```

`alternative` = 选项可以设定检验是双尾检验 (`two.sided`) 还是单尾检验 (`less` 或 `greater`)。默认是双尾检验。

假定你对某流行药物能缓解60%使用者的症状感到怀疑。而一种更贵的新药如果能缓解65%使用者的症状，就会被投放到市场中。此时，在研究中你需要多少受试者才能够检测到两种药物存在这一特定的差异？

假设你想有90%的把握得出新药更有效的结论，并且希望有95%的把握不会误得结论。另外，你只对评价新药是否比标准药物更好感兴趣，因此只需用单边检验，代码如下：

```
> pwr.2p.test(h=ES.h(.65, .6), sig.level=.05, power=.9,
  alternative="greater")

Difference of proportion power calculation for binomial
distribution (arcsine transformation)

      h = 0.1033347
      n = 1604.007
sig.level = 0.05
  power = 0.9
alternative = greater
```

NOTE: same sample sizes

根据结果可知，为满足以上要求，在本研究中需要1605个人试用新药，1605个人试用已有药物。

## 10.2.6 卡方检验

卡方检验常常用来评价两个类别型变量的关系。典型的零假设是变量之间独立，备择假设是不独立。`pwr.chisq.test()` 函数可以评估卡方检验的功效、效应值和所需的样本大小。格式为：

```
pwr.chisq.test(w = , N = , df = , sig.level = , power = )
```

其中， $w$ 是效应值， $N$ 是总样本大小， $df$ 是自由度。此处，效应值 $w$ 如下定义：

$$w = \sqrt{\sum_{i=1}^m \frac{(p0_i - p1_i)^2}{p0_i}}$$

其中  $p0_i = H_0$ 时第 $i$ 单元格中的概率  
 $p1_i = H_1$ 时第 $i$ 单元格中的概率

此处从1到 $m$ 进行求和，连加号上的 $m$ 指的是列联表中单元格的数目。**函数ES.w2(P)**可以计算双因素列联表中各择假设的效应值， $P$ 是一个假设的双因素概率表。

举一个简单的例子，假设你想研究人种与工作晋升的关系。你预期样本中70%是白种人，10%是美国黑人，20%西班牙裔人。而且，你认为相比30%的美国黑人和50%的西班牙裔人，60%的白种人更容易晋升。研究假设的晋升概率如表10-2所示。

表10-2 研究假设下预期晋升的人群比例

人 种	晋升比例	未晋升者比例
白种人	0.42	0.28
美国黑人	0.03	0.07
西班牙裔	0.10	0.10

从表中看到，你预期总人数的42%是晋升的白种人（ $0.42 = 0.70 \times 0.60$ ），总人数的7%是未晋升的美国黑人（ $0.07 = 0.10 \times 0.70$ ）。让我们取0.05的显著性水平和0.90的预期功效水平。双因素列联表的自由度为 $(r-1)(c-1)$ ， $r$ 是行数， $c$ 是列数。编写如下代码，你可以计算假设的效应值：

```
> prob <- matrix(c(.42, .28, .03, .07, .10, .10), byrow=TRUE, nrow=3)
> ES.w2(prob)
```

```
[1] 0.1853198
```

使用该信息，你又可以计算所需的样本大小：

```
> pwr.chisq.test(w=.1853, df=2, sig.level=.05, power=.9)
```

```
Chi squared power calculation
```

```
      w = 0.1853
      N = 368.5317
      df = 2
sig.level = 0.05
      power = 0.9
```

NOTE: N is the number of observations

结果表明，在既定的效应值、功效水平和显著性水平下，该研究需要369个受试者才能检验人种与工作晋升的关系。

### 10.2.7 在新情况中选择合适的效应值

功效分析中，**预期效应值是最难决定的参数**。它通常需要你主题有一定的了解，并有相应

的测量经验。例如，过去研究中的数据可以用来计算效应值，这能为后面深层次的研究提供一些参考。

但是当面对全新的研究情况，没有任何过去的经验可借鉴时，你能做些什么呢？在行为科学领域，Cohen（1988）曾尝试提出一个基准，**可为各种统计检验划分“小”、“中”、“大”三种效应值**。表10-3列出了这些基准值。

表10-3 Cohen效应值基准

统计方法	效应值测量	建议的效应值基准		
		小	中	大
t检验	d	0.20	0.50	0.80
方差分析	f	0.10	0.25	0.40
线性模型	f <sup>2</sup>	0.02	0.15	0.35
比例检验	h	0.20	0.50	0.80
卡方检验	w	0.10	0.30	0.50

当你对研究的效应值一无所知时，这个表可给你提供一些指引。例如，假如你想在0.05的显著性水平下，对5个组、每组25个受试者的设计进行单因素方差分析，那么拒绝错误零假设（也就是发现真实的效应值）的概率是多大呢？

使用`pwr.anova.test()`函数和表10-3中f的建议值，得到对于小效应值功效水平为0.118，中等效应值的为0.574，大效应值的为0.957。给定样本大小的限制，在大效应值时你才可能发现要研究的效应。

另外，你一定要牢记Cohen的基准值仅仅是根据许多社科类研究得出的一般性建议，对于特殊的研究领域可能并不适用。其他可选择的方法是改变研究参数，记录其对诸如样本大小和功效等方面的影响。仍以五个分组的单因素方差分析（显著性水平为0.05）为例，代码清单10-1计算了为检测一系列效应值所需的样本大小，结果见图10-2。

10

代码清单10-1 单因素ANOVA中检测显著效应所需的样本大小

```
library(pwr)
es <- seq(.1, .5, .01)
nes <- length(es)

samsize <- NULL
for (i in 1:nes){
  result <- pwr.anova.test(k=5, f=es[i], sig.level=.05, power=.9)
  samsize[i] <- ceiling(result$n)
}

plot(samsize,es, type="l", lwd=2, col="red",
     ylab="Effect Size",
     xlab="Sample Size (per cell)",
     main="One Way ANOVA with Power=.90 and Alpha=.05")
```

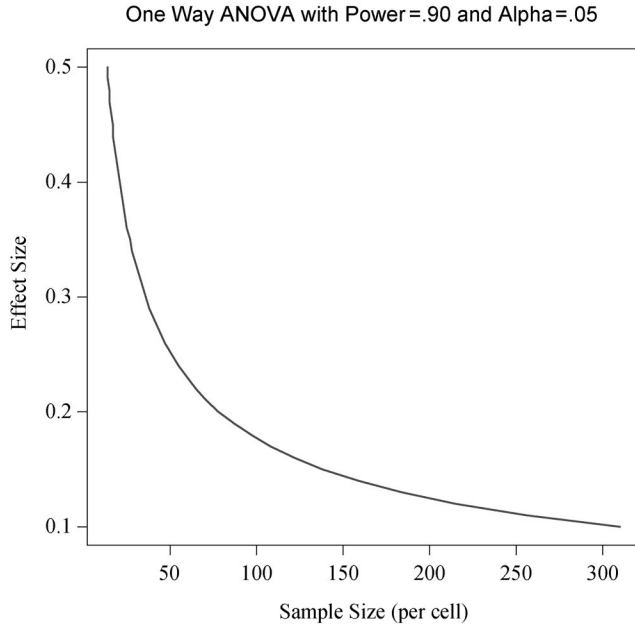


图10-2 五分组的单因素ANOVA中检测显著效应所需的样本大小（假定0.90的功效和0.05的显著性水平）

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