

クレジット:

UTokyo Online Education 統計データ解析 I 2017 小池祐太

ライセンス:

利用者は、本講義資料を、教育的な目的に限ってページ単位で利用することができます。特に記載のない限り、本講義資料はページ単位でクリエイティブ・コモンズ 表示-非営利-改変禁止 ライセンスの下に提供されています。

<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>

本講義資料内には、東京大学が第三者より許諾を得て利用している画像等や、各種ライセンスによって提供されている画像等が含まれています。個々の画像等を本講義資料から切り離して利用することはできません。個々の画像等の利用については、それぞれの権利者の定めるところに従ってください。



## 統計データ解析 I (平成 29 年度)

東京大学大学院数理科学研究科  
統計データ解析教育研究グループ

村田 昇 (早稲田大学, 東京大学)

吉田朋広 (東京大学)

小池祐太 (首都大学東京, 東京大学)

## 第10章 分散分析

前章の平均の差の検定の節では、2つのグループ間で平均の差があるか否かを検定する方法を学習した。分散分析とは、大雑把にいうと、2つ以上のグループ間で平均の差があるか否かを検定する方法である。例えば、ある小売店について、「売上高は月によって差があるか」という仮説を検定したり、また、ある銘柄の株価について「収益率は曜日によって差があるか」という仮説を検定するのに分散分析は有用である。

分散分析の基本的な考え方は、データの変動からグループ間での変動と観測誤差のみに起因する変動を抽出し、両者を比較することである。もしグループ間で平均に差がなければ、グループ間での変動は観測誤差のみに起因する変動と自由度を除いて本質的な差がないはずである。逆にグループ間で平均に差があれば、前者はその分だけ変動が増して後者より大きくなるはずなので、両者の比較によって目的の検定が実行できる。従って、分散分析は「分散の分析」というよりむしろ「データの変動の分析」であるといえる。

### 10.1. 一元配置

この節ではグループ分けが1種類の場合を考え、 $p$ 個のグループ  $A_1, A_2, \dots, A_p$  があるとする。なお、統計学では、グループ分けのことを**因子**と呼び、因子内の各グループのことを**水準**と呼ぶことが多いため、以下これらの用語を用いることにする。

各  $i = 1, 2, \dots, p$  について  $n_i$  個の観測データ  $Y_{i1}, Y_{i2}, \dots, Y_{in_i}$  が与えられている状況を考える (例えば、 $A_1, A_2, \dots, A_p$  が月に対応し、 $Y_{i1}, Y_{i2}, \dots, Y_{in_i}$  が  $i$  月の各日における売上高に対応していると考えれば良い)。観測データは以下のモデルに従うと仮定する:

$$(10.1) \quad Y_{ij} = \mu_i + \varepsilon_{ij} \quad (i = 1, \dots, p; j = 1, \dots, n_i).$$

ここで、 $\mu_i$  は定数であり、水準  $A_i$  における観測データの平均値を表す。また、 $\varepsilon_{ij}$  は確率変数であり、 $\varepsilon_{11}, \dots, \varepsilon_{1n_1}, \dots, \varepsilon_{p1}, \dots, \varepsilon_{pn_p}$  は独立同分布で平均0、分散  $\sigma^2$  の正規分布に従うと仮定する。水準  $A_1, A_2, \dots, A_p$  の間の平均値に差があるか否かを検定する問題は、以下のように定式化できる:

$$H_0: \mu_1 = \dots = \mu_p \quad \text{vs} \quad H_1: \text{ある } i, j \text{ に対して } \mu_i \neq \mu_j.$$

冒頭で述べたように、分散分析ではデータの変動から因子間での変動と観測誤差のみに起因する変動を抽出し、両者を比較することで検定を構成する。まず、データ全体の標本平均  $\bar{Y}$  および水準  $A_i$  における標本平均  $\bar{Y}_i$  を以下で定義する:

$$\bar{Y} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^p \sum_{j=1}^{n_i} Y_{ij}, \quad \bar{Y}_i = \frac{1}{n_i} \sum_{j=1}^{n_i} Y_{ij} \quad (i = 1, \dots, p).$$

ただし、 $n := \sum_{i=1}^p n_i$  は全サンプル数を表す。次に、各水準内でのデータの変動 (の合計)  $SS_W$ 、水準間でのデータの変動  $SS_B$  を以下で定義する:

$$SS_W = \sum_{i=1}^p \sum_{j=1}^{n_i} (Y_{ij} - \bar{Y}_i)^2, \quad SS_B = \sum_{i=1}^p \sum_{j=1}^{n_i} (\bar{Y}_i - \bar{Y})^2 = \sum_{i=1}^p n_i (\bar{Y}_i - \bar{Y})^2.$$

$SS_W$  を**級内変動**、 $SS_B$  を**級間変動**と呼ぶ。いまの設定では、級内変動  $SS_W$  は観測誤差のみに起因して生じる。仮に帰無仮説  $H_0$  が正しければ、水準内でのデータの変

動・水準間でのデータの変動ともに観測誤差のみが原因で生じるはずなので、自由度を除けば本質的な違いはないはずである。逆に、対立仮説  $H_1$  が正しければ、水準間でのデータの変動は観測誤差のみならず、水準間での平均値  $\mu_1, \dots, \mu_p$  の異質性にも影響されるはずなので、 $SS_B$  は  $SS_W$  より本質的に大きくなるはずである。数学的には、帰無仮説の下で、 $SS_W/(n-p)$ ,  $SS_B/(p-1)$  はともに  $\sigma^2$  の不偏推定量となることが示せる。従って、検定統計量として

$$F = \frac{SS_B/(p-1)}{SS_W/(n-p)}$$

を考えるのが自然である。対立仮説の下では  $F$  は大きな値をとるはずなので、この検定は右片側検定となる。帰無仮説の下で次の事実が成り立つことが知られている： $SS_B, SS_W$  は独立であり、 $SS_B$  は自由度  $p-1$  の  $\chi^2$  分布に従い、 $SS_W$  は自由度  $n-p$  の  $\chi^2$  分布に従う。従って、帰無仮説の下で  $F$  は自由度  $p-1, n-p$  の  $F$  分布に従う (6.3.6 節参照)。よって、 $\alpha \in (0, 1)$  に対して、自由度  $p-1, n-p$  の  $F$  分布の  $100(1-\alpha)\%$  分位点を  $F_{1-\alpha}(p-1, n-p)$  とすれば、 $H_0$  の下では

$$P(F > F_{1-\alpha}(p-1, n-p)) = \alpha$$

が成り立つ。以上より、有意水準を  $\alpha$  とする場合、棄却域を

$$(F_{1-\alpha}(p-1, n-p), \infty)$$

と設定すれば、第一種過誤の上限が  $\alpha$  となる。具体的な検定の手順としては、データから検定統計量  $F$  の値を計算し、

$$F > F_{1-\alpha}(p-1, n-p)$$

であった場合には帰無仮説を棄却する。もしくは、 $f(x)$  を自由度  $p-1, n-p$  の  $F$  分布の確率密度関数として、 $p$  値

$$\int_F^\infty f(x)dx$$

が  $\alpha$  未満であった場合に帰無仮説を棄却するという手順をとっても同等である。

なお、データ全体の変動  $SS_T$  を

$$SS_T = \sum_{i=1}^p \sum_{j=1}^{n_i} (Y_{ij} - \bar{Y}_{..})^2$$

で定義すると、以下の分解が成り立つ：

$$SS_T = SS_B + SS_W.$$

特に、 $SS_T, SS_B, SS_W$  のうち2つがわかれば、残り1つも計算できる。

分散分析の結果は表1のように表形式にまとめることが多い。このような表を**分散分析表**と呼ぶ(全変動の欄は他の2つから計算できるので省略されることが多い)。

表 1. 分散分析表 (一元配置の場合)

	自由度	平方和	平均平方和	$F$ 値	$p$ 値
級間	$p-1$	$SS_B$	$SS_B/(p-1)$	$F$	$\int_F^\infty f(x)dx$
級内	$n-p$	$SS_W$	$SS_W/(n-p)$		
全変動	$n-1$	$SS_T$			

モデル (10.1) では各水準の効果をその水準における平均値で表していたが、因子  $A$  全体の平均効果を  $\mu$  で表して、平均  $\mu$  を基準とした各水準  $A_i$  の相対的な効果  $\alpha_i$  で表すことも可能である。すなわち、

$$\mu_i = \mu + \alpha_i, \quad \mu = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^p n_i \mu_i$$

とする。このとき、

$$\sum_{i=1}^p n_i \alpha_i = 0$$

であるから、帰無仮説  $H_0$  は

$$\alpha_1 = \dots = \alpha_p = 0$$

と同等となる。

Rには分散分析を実行するための関数 `aov()` が用意されている。

```
> ## 気候データによる例
> # 月ごとの気温に差があるか否かを分散分析
> kikou <- read.csv("kikou2016.csv", fileEncoding = "sjis")
> kikou$月 <- as.factor(kikou$月) # 因子扱いするために月を factor に変換
> (result <- aov(気温 ~ 月, data = kikou)) # 月ごとの気温差に関する分散分析
Call:
  aov(formula = 気温 ~ 月, data = kikou)

Terms:
              月 Residuals
Sum of Squares 19134.42  2385.59
Deg. of Freedom    11     354

Residual standard error: 2.59595
Estimated effects may be unbalanced
> summary(result) # 分散分析表の表示 (棄却される)
              Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
月              11  19134  1739.5   258.1 <2e-16 ***
Residuals      354   2386     6.7
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
> model.tables(result, type = "means") # 水準ごとの平均値 (今の場合月ごと)
Tables of means
Grand mean
16.47022

月
      1      2      3      4      5      6      7      8      9     10     11     12
rep  6.081  7.228 10.14 15.45 20.16 22.35 25.37 27.12 24.4 18.72 11.41  8.865
rep 31.000 29.000 31.00 30.00 31.00 30.00 31.00 31.00 30.0 31.00 30.00 31.000
> model.tables(result, type = "effects") # 水準ごとの効果 (今の場合月ごと)
Tables of effects

月
      1      2      3      4      5      6      7      8      9     10     11
rep -10.39 -9.243 -6.328 -1.024  3.691  5.883  8.904 10.65  7.93  2.252 -5.064
rep  31.00 29.000 31.000 30.000 31.000 30.000 31.000 31.00 30.00 31.000 30.000
      12
rep -7.606
rep 31.000
> boxplot(気温 ~ 月, data = kikou, col = "lavender", main = "月ごとの気温") # 箱ひげ図で可視化
> ### 検定のみ実行する場合
> oneway.test(気温 ~ 月, data = kikou, var.equal = TRUE) # summary(result) と同じ
One-way analysis of means

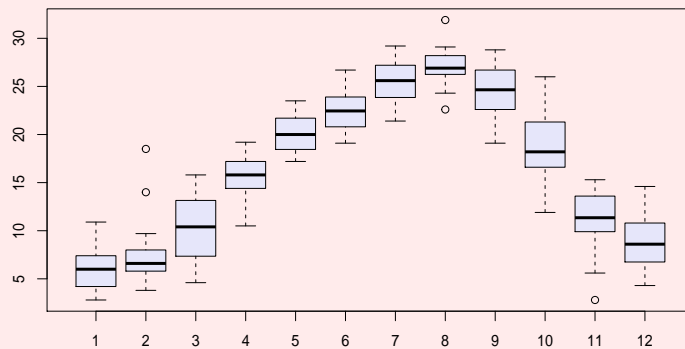
data:  気温 and 月
F = 258.12, num df = 11, denom df = 354, p-value < 2.2e-16
> oneway.test(気温 ~ 月, data = kikou) # 等分散性を仮定せず, Welch の近似法によって帰無仮説を近似
```

## One-way analysis of means (not assuming equal variances)

data: 気温 and 月

F = 320.99, num df = 11.00, denom df = 139.09, p-value < 2.2e-16

月ごとの気温



```
> # 曜日ごとの気温に差があるか否かを分散分析
> days <- as.Date(paste(2016, kikou$月, kikou$日, sep = "-")) # 日付オブジェクトの作成
> youbi <- weekdays(days) # 各日付の曜日を計算
> kikou2 <- cbind(kikou, 曜日 = as.factor(youbi)) # 項目に曜日因子を追加したデータセットを作成
> (result <- aov(気温 ~ 曜日, data = kikou2)) # 曜日ごとの気温差に関する分散分析
```

Call:

```
aov(formula = 気温 ~ 曜日, data = kikou2)
```

Terms:

	曜日	Residuals
Sum of Squares	34.959	21485.047
Deg. of Freedom	6	359

Residual standard error: 7.73608

Estimated effects may be unbalanced

```
> summary(result) # 分散分析表の表示 (棄却されない)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
曜日	6	35	5.83	0.097	0.997
Residuals	359	21485	59.85		

```
> model.tables(result, type = "means") # 水準ごとの平均値 (今の場合曜日ごと)
```

Tables of means

Grand mean

16.47022

曜日

火曜日 金曜日 月曜日 水曜日 土曜日 日曜日 木曜日

16.47 16.03 16.52 16.43 16.32 17.14 16.4

rep 52.00 53.00 52.00 52.00 53.00 52.00 52.0

```
> model.tables(result, type = "effects") # 水準ごとの効果 (今の場合曜日ごと)
```

Tables of effects

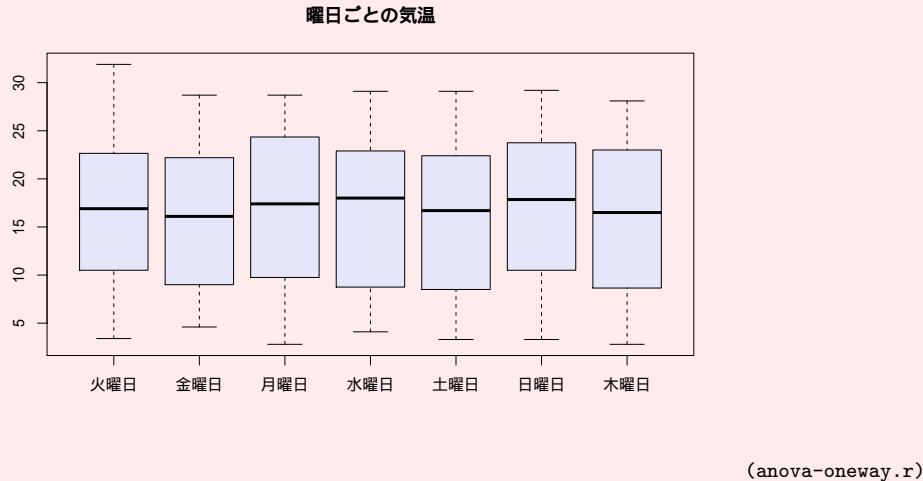
曜日

火曜日 金曜日 月曜日 水曜日 土曜日 日曜日 木曜日

-0.0009878 -0.4381 0.04709 -0.03945 -0.1532 0.6663 -0.07022

rep 52.000000 53.0000 52.00000 52.00000 53.0000 52.0000 52.00000

```
> boxplot(気温 ~ 曜日, data = kikou2, col = "lavender", main = "曜日ごとの気温") # 箱ひげ図で可視化
```



**演習 10.1.** 一元配置分散分析について調べてみよう.

- (1) 上の実行例において, 気温の代わりに日射量もしくは風速とした場合に結果がどうなるか観察せよ.
- (2) 適当な正規分布を設定し, 検定のための統計量の標本分布をシミュレーションにより求めなさい.
- (3) 帰無仮説が正しい状況および正しくない状況を設定し, 正しく受容される確率および正しく棄却される確率をシミュレーションにより調べなさい.
- (4) 実際のデータについて適用な仮説を設定して, 一元配置分散分析を実行してみよ.

## 10.2. 二元配置

前節では因子が1種類の場合について考えたが, 本節では因子が2種類ある場合を考え, 一方の因子の水準間の平均値に差があるか否かを検定する問題を考える(もう一方の因子の水準間で平均値に差があるかは問わない). 例えば, いくつかの薬の効能を比較するために何人かの被験者にそれぞれの薬を投与して治験結果を集めた場合, 観測データには「薬の種類」と「被験者番号」という2種類の因子が設定される. この場合, 検証したいのは「薬の種類」という因子の水準間で効能に差があるかということだが, 薬の効き目には個人差があると考えられるため, 同一の薬に対して被験者間で効能に差があることは許容したい. この場合, 前節の方法は適用できない(因子内での効能は一定でなければならないため). しかし, 同一被験者に対しては, 薬の効能の上乗せ/下乗せ分は薬によらず一定であると考えられるため, 「被験者番号」という因子を考慮(コントロール)することで, 薬の効能の違いについて検証できると考えられる.

2種類の因子  $A, B$  があるとし, 因子  $A$  には  $a$  個の水準  $A_1, \dots, A_a$  があり, 因子  $B$  には  $b$  個の水準  $B_1, \dots, B_b$  があるとする. 因子  $A, B$  の水準がそれぞれ  $A_i, B_j$  であるようなデータの観測値が  $Y_{ij}$  で与えられているとし, 以下のモデルに従うとする:

$$(10.2) \quad Y_{ij} = \alpha_i + \beta_j + \varepsilon_{ij} \quad (i = 1, \dots, a; j = 1, \dots, b).$$

ここで,  $\alpha_i, \beta_j$  はともに定数であり, それぞれ因子  $A, B$  の水準  $A_i, B_j$  における効果を表す.  $\varepsilon_{ij}$  は確率変数であり,  $\varepsilon_{11}, \dots, \varepsilon_{1b}, \dots, \varepsilon_{a1}, \dots, \varepsilon_{ab}$  は独立同分布で平均 0, 分散  $\sigma^2$  の正規分布に従うと仮定する. 上の例でいうと, 因子  $A$  が「薬の種類」, 因子  $B$  が「被験者番号」に対応し,  $\alpha_i$  は薬  $A_i$  の効能を,  $\beta_j$  は被験者  $B_j$  固有の薬の効きやすさに対応すると考えられる. そして, 薬の効能に差があるか否かという検定は, 因

因子 A の水準間の効果に差があるか否かを検定する問題となる。因子 A の水準間の効果に差があるか否かの検定は以下のように定式化できる:

$$H_0: \alpha_1 = \cdots = \alpha_a \quad \text{vs} \quad H_1: \text{ある } i_1, i_2 \text{ に対して } \alpha_{i_1} \neq \alpha_{i_2}.$$

前節と同様に、データの変動から因子間での変動と観測誤差のみに起因する変動を抽出し、両者を比較することで検定を構成する。まず、データ全体の標本平均  $\bar{Y}_{..}$ 、因子 A の水準  $A_i$  における標本平均  $\bar{Y}_{i.}$ 、および因子 B の水準  $B_j$  における標本平均  $\bar{Y}_{.j}$  をそれぞれ以下で定義する:

$$\bar{Y}_{..} = \frac{1}{ab} \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^b Y_{ij}, \quad \bar{Y}_{i.} = \frac{1}{b} \sum_{j=1}^b Y_{ij} \quad (i = 1, \dots, a),$$

$$\bar{Y}_{.j} = \frac{1}{a} \sum_{i=1}^a Y_{ij} \quad (j = 1, \dots, b).$$

次に、因子 A 内でのデータの変動  $SS_A$  および因子 B 内でのデータの変動  $SS_B$  を以下で定義する:

$$SS_A = b \sum_{i=1}^a (\bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..})^2, \quad SS_B = a \sum_{j=1}^b (\bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..})^2.$$

$SS_A$  を行間変動,  $SS_B$  を列間変動と呼ぶ。仮に帰無仮説  $H_0$  が正しければ、因子 A 内でのデータの変動  $SS_A$  は観測誤差のみが原因で生じるはずなので、 $SS_A$  を観測誤差による変動と比較するのが自然である。観測誤差による変動は次の統計量で計算できる:

$$SS_E = \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^b (Y_{ij} - \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{.j} + \bar{Y}_{..})^2.$$

実際、 $\bar{Y}_{i.}$ ,  $\bar{Y}_{.j}$ ,  $\bar{Y}_{..}$  はそれぞれ  $\alpha_i + \frac{1}{b} \sum_{j=1}^b \beta_j$ ,  $\frac{1}{a} \sum_{i=1}^a \alpha_i + \beta_j$ ,  $\frac{1}{ab} \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^b (\alpha_i + \beta_j) = \frac{1}{a} \sum_{i=1}^a \alpha_i + \frac{1}{b} \sum_{j=1}^b \beta_j$  の推定量とみなせるため、 $Y_{ij} - \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{.j} + \bar{Y}_{..}$  は観測誤差  $\varepsilon_{ij}$  に対応するものと考えられる。 $SS_E$  は誤差変動と呼ばれる。

帰無仮説  $H_0$  が正しければ、変動  $SS_A, SS_E$  はともに観測誤差のみが原因で生じるはずなので、自由度を除けば本質的な違いはないはずである。逆に、対立仮説  $H_1$  が正しければ、因子 A 内でのデータの変動は観測誤差のみならず、因子 A 内の水準間での効果  $\alpha_1, \dots, \alpha_a$  の異質性にも影響されるはずなので、 $SS_A$  は  $SS_E$  より本質的に大きくなるはずである。数学的には、帰無仮説の下で、 $SS_A/(a-1)$ ,  $SS_E/\{(a-1)(b-1)\}$  はともに  $\sigma^2$  の不偏推定量となることが示せる。従って、検定統計量として

$$F_A = \frac{SS_A/(a-1)}{SS_E/\{(a-1)(b-1)\}}$$

を考えるのが自然である。対立仮説の下では  $F_A$  は大きな値をとるはずなので、この検定は右片側検定となる。帰無仮説の下で次の事実が成り立つことが知られている:  $SS_A, SS_E$  は独立であり、 $SS_A$  は自由度  $a-1$  の  $\chi^2$  分布に従い、 $SS_E$  は自由度  $(a-1)(b-1)$  の  $\chi^2$  分布に従う。従って、帰無仮説の下で  $F_A$  は自由度  $a-1$ ,  $(a-1)(b-1)$  の  $F$  分布に従う (6.3.6 節参照)。よって、 $\alpha \in (0, 1)$  に対して、自由度  $a-1$ ,  $(a-1)(b-1)$  の  $F$  分布の  $100(1-\alpha)\%$  分位点を  $F_{1-\alpha}(a-1, (a-1)(b-1))$  とすれば、 $H_0$  の下では

$$P(F_A > F_{1-\alpha}(a-1, (a-1)(b-1))) = \alpha$$

が成り立つ。以上より、有意水準を  $\alpha$  とする場合、棄却域を

$$(F_{1-\alpha}(a-1, (a-1)(b-1)), \infty)$$

と設定すれば、第一種過誤の上限が  $\alpha$  となる。具体的な検定の手順としては、データから検定統計量  $F_A$  の値を計算し、

$$F_A > F_{1-\alpha}(a-1, (a-1)(b-1))$$



であった場合には帰無仮説を棄却する。もしくは、 $f_{a-1,(a-1)(b-1)}(x)$  を自由度  $a-1, (a-1)(b-1)$  の  $F$  分布の確率密度関数として、 $p$  値

$$\int_{F_A}^{\infty} f_{a-1,(a-1)(b-1)}(x)dx$$

が  $\alpha$  未満であった場合に帰無仮説を棄却するという手順をとっても同等である。

因子  $A$  ではなく因子  $B$  の水準間の平均の差に関心がある場合、すなわち検定

$$H_0: \beta_1 = \cdots = \beta_b \quad \text{vs} \quad H_1: \text{ある } j_1, j_2 \text{ に対して } \beta_{j_1} \neq \beta_{j_2}$$

に興味がある場合は、行間変動  $SS_A$  の代わりに列間変動  $SS_B$  を考えればよい。この場合、検定統計量は

$$F_B = \frac{SS_B/(b-1)}{SS_E/\{(a-1)(b-1)\}}$$

となり、帰無分布は自由度  $b-1, (a-1)(b-1)$  の  $F$  分布となる。

前節と同様に、データ全体の変動  $SS_T$  を

$$SS_T = \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^b (Y_{ij} - \bar{Y}_{..})^2$$

で定義すると、以下の分解が成り立つ:

$$SS_T = SS_E + SS_A + SS_B.$$

特に、 $SS_T, SS_E, SS_A, SS_B$  のうち 3 つがわかれば、残り 1 つも計算できる。

一元配置の場合と同様に、分散分析の結果は表 2 のような**分散分析表**にまとめることが多い。

表 2. 分散分析表 (二元配置の場合)

	自由度	平方和	平均平方和	$F$ 値	$p$ 値
因子 $A$	$a-1$	$SS_A$	$SS_A/(a-1)$	$F_A$	$\int_{F_A}^{\infty} f_{a-1,(a-1)(b-1)}(x)dx$
因子 $B$	$b-1$	$SS_B$	$SS_B/(b-1)$	$F_B$	$\int_{F_B}^{\infty} f_{b-1,(a-1)(b-1)}(x)dx$
誤差	$(a-1)(b-1)$	$SS_E$	$SS_E/\{(a-1)(b-1)\}$		

前節と同様に、モデル (10.2) において各水準の効果を全体の平均  $\mu^*$  に対する相対効果で表すことも可能である。実際、 $\bar{\alpha} = \frac{1}{a} \sum_{i=1}^a \alpha_i, \bar{\beta} = \frac{1}{b} \sum_{j=1}^b \beta_j$  とし、

$$\mu^* = \bar{\alpha} + \bar{\beta}, \alpha_i^* = \alpha_i - \bar{\alpha}, \beta_j^* = \beta_j - \bar{\beta}$$

とおけば、 $\alpha_i^*, \beta_j^*$  はそれぞれ水準  $A_i, B_j$  の相対効果に対応し、モデル (10.2) は

$$Y_{ij} = \mu^* + \alpha_i^* + \beta_j^* + \varepsilon_{ij} \quad (i = 1, \dots, a; j = 1, \dots, b)$$

と書き直せる。このとき

$$\sum_{i=1}^a \alpha_i^* = \sum_{j=1}^b \beta_j^* = 0$$

であるから、帰無仮説  $H_0$  は、因子  $A$  について考える場合は

$$\alpha_1^* = \cdots = \alpha_a^* = 0$$

と同等となり、因子  $B$  について考える場合は

$$\beta_1^* = \cdots = \beta_b^* = 0$$

と同等となる。

```

> ## sleep データによる例
> # 2種類の睡眠薬の効能は異なるか? (有意水準 5%では棄却できない)
> oneway.test(extra ~ group, data = sleep, var.equal = TRUE)
      One-way analysis of means

data:  extra and group
F = 3.4626, num df = 1, denom df = 18, p-value = 0.07919
> # 薬の効き目の個人差をコントロールするために, 薬の種類と
> # 被験者 ID という 2つの因子を考慮した分散分析を実行
> (result <- aov(extra ~ group + ID, data = sleep))
Call:
  aov(formula = extra ~ group + ID, data = sleep)

Terms:
              group      ID Residuals
Sum of Squares 12.482 58.078    6.808
Deg. of Freedom    1     9        9

Residual standard error: 0.8697381
Estimated effects may be unbalanced
> summary(result) # 分散分析表 (棄却される)
              Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
group         1  12.48   12.482   16.501 0.00283 **
ID            9  58.08    6.453    8.531 0.00190 **
Residuals    9   6.81    0.756
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
> # いまの場合, 因子 group は 2つの水準しか持たないため, 検定統計量
> # F は「対応のある t 検定」の検定統計量の二乗と同一のものとなるので,
> # 検定結果はその場合と同じになる
> t.test(extra ~ group, data = sleep, paired = TRUE)
      Paired t-test

data:  extra by group
t = -4.0621, df = 9, p-value = 0.002833
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -2.4598858 -0.7001142
sample estimates:
mean of the differences
          -1.58
> model.tables(result, type = "means") # 水準ごとの効果
Tables of means
Grand mean
1.54

      group
group
  1      2
0.75 2.33

      ID
ID
  1      2      3      4      5      6      7      8      9      10
1.30 -0.40 0.45 -0.55 -0.10 3.90 4.60 1.20 2.30 2.70
> model.tables(result, type = "effects") # 水準ごとの相対効果
Tables of effects

```

```
group
group
  1    2
-0.79 0.79

ID
ID
  1    2    3    4    5    6    7    8    9    10
-0.24 -1.94 -1.09 -2.09 -1.64 2.36 3.06 -0.34 0.76 1.16

(anova-twoway.r)
```

**演習 10.2.** 二元配置分散分析について調べてみよう.

- (1) 適当な正規分布を設定し, 検定のための統計量の標本分布をシミュレーションにより求めなさい.
- (2) 帰無仮説が正しい状況および正しくない状況を設定し, 正しく受容される確率および正しく棄却される確率をシミュレーションにより調べなさい.
- (3) 実際のデータについて適用な仮説を設定して, 二元配置分散分析を実行してみよ.

### 10.3. 参考文献

1. 吉田朋広著「数理統計学」, 朝倉書店 (2006 年).