

4.4 A numerical vector and a factor: analysis of variance (continued)

- 因子が 3 つ以上の水準をもつ場合 → 多重比較 (multiple comparisons)

e.g. 3 つのグループの平均を比較したい時、t 検定 ($\alpha = 0.05$) を 3 回繰り返しては？

```
> 1 - pbinom(0, 3, 0.05) #起こる確率が 0.05 のものを 3 回試行し、少なくとも 1 回は起こる確率
[1] 0.142625 ← inflation in surprise
```

それに対して、...

- Bonferroni correction (ボンフェローニ補正)

n 回の比較に対して、単純に有意確率 α を n で割る → $\frac{\alpha}{n}$

e.g. データセット Aux は 3 水準、組み合わせ 3 回の比較 (4 水準なら、組み合わせ 6 回 $p = 0.0083$)

■ $n = 3, p = \frac{0.05}{3} = 0.0167$

- Tukey honestly significant difference (テューキーの HSD 検定)

- R では、TukeyHSD() を用いる。
- 利点: Bonferroni 法よりも、検定力が強い。
- 欠点: 比較するサンプルサイズが等しいという前提条件がある。
 → 多少の違いなら、等価することで意味のある結果を出すことが可能

e.g. データセット Aux の場合は、水準間のサンプル数に大きな差異があるために Tukey HSD ではな、Bonferroni 法を用いる。

e.g. データセット warpbreaks を用いて、一元配置分散分析を行う。

```
因子: breaks (numerical), wool (2 水準), & tension (3 水準)
> warpbreaks.lm = lm(breaks ~ tension, data = warpbreaks)
> anova(warpbreaks.lm)
Analysis of Variance Table
```

Response: breaks

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
tension	2	2034.3	1017.1	7.2061	0.001753 **
Residuals	51	7198.6	141.1		

```
> summary(warpbreaks.lm)
lm(formula = breaks ~ tension, data = warpbreaks)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-22.389	-8.139	-2.667	6.333	33.611

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	36.39	2.80	12.995	< 2e-16 ***
tensionM	-10.00	3.96	-2.525	0.014717 *
tensionH	-14.72	3.96	-3.718	0.000501 ***

Residual standard error: 11.88 on 51 degrees of freedom
 Multiple R-squared: 0.2203, Adjusted R-squared: 0.1898
 F-statistic: 7.206 on 2 and 51 DF, p-value: 0.001753

- 糸の張り具合の medium-high と low との間で有意な差がある。

コメント [T1]: p 値は 3 つのうちどこか 1 つで surprise

コメント [T2]: これでは、意味のない結果になってしまう。

- `aov()`を用いて、Tukey HSD を利用してみる。
- ```
> warpbreaks.aov = aov (breaks ~ tension, data = warpbreaks)
> summary (warpbreaks.aov)
```

|           | Df | Sum Sq | Mean Sq | F value | Pr(>F)      |
|-----------|----|--------|---------|---------|-------------|
| tension   | 2  | 2034.3 | 1017.1  | 7.2061  | 0.001753 ** |
| Residuals | 51 | 7198.6 | 141.1   |         |             |

```
> 1 - pf (7.206, 2, 51)
[1] 0.001752972
```

- 結果は、`summary(warpbreaks.lm)`と同じ。

```
> TukeyHSD(warpbreaks.aov)
```

```
Tukey multiple comparisons of means
95% family-wise confidence level
Fit: aov(formula = breaks ~ tension, data = warpbreaks)
$tension
```

|     | diff       | lwr       | upr        | p adj     |
|-----|------------|-----------|------------|-----------|
| M-L | -10.000000 | -19.55982 | -0.4401756 | 0.0384598 |
| H-L | -14.722222 | -24.28205 | -5.1623978 | 0.0014315 |
| H-M | -4.722222  | -14.28205 | 4.8376022  | 0.4630831 |

summary(warpbreaks.lm)  
よりも保守的！

```
> plot(TukeyHSD(warpbreaks.aov)) #作図(Figure 4.15, p. 108)
```

- `lm()`と `aov()`は根底では同じなので、両方使うことに意味はなく、さらに、Aux のサンプルの等分散性がそもそも満たされていないので、問題！

```
> tapply(auxiliaries$VerbalSynsets, auxiliaries$Aux, var)
```

| hebben   | zijn      | zijnheb   |
|----------|-----------|-----------|
| 5.994165 | 18.066667 | 11.503932 |

- ノンパラメトリックである、**Kruskal-Wallis rank sum test(クラスカル・ウォリス検定)**を用いる。

```
> kruskal.test(auxiliaries$VerbalSynsets, auxiliaries$Aux)
```

Kruskal-Wallis rank sum test

```
data: auxiliaries$VerbalSynsets and auxiliaries$Aux
Kruskal-Wallis chi-squared = 11.7206, df = 2, p-value = 0.002850
```

#### ● 4.4.1 Two numerical vectors and a factor: Analysis of covariance

これまでの:

線型回帰 → numerical vector が予測変数

分散分析 → 因子(複数の水準)が、予測変数

} 2つの numerical vectors と 1つの因子で予測 = **analysis of covariance**

- 線型回帰、分散分析、共分散分析(analysis of covariance, ANCOVA)はすべて、`lm()`を用いる。

コメント [T3]: 根底は同じ原理

```
> ratings.lm = lm(meanSizeRating ~ meanFamiliarity * Class + I(meanFamiliarity^2), data = ratings)
```

```
> summary (ratings.lm)
```

```
lm(formula = meanSizeRating ~ meanFamiliarity * Class + I(meanFamiliarity^2), data = ratings)
```

Residuals:

| Min      | 1Q       | Median  | 3Q      | Max     |
|----------|----------|---------|---------|---------|
| -0.97325 | -0.19146 | 0.03541 | 0.19628 | 0.90686 |

| Coefficients:              |          |            |         |             | 説明                                                                             |
|----------------------------|----------|------------|---------|-------------|--------------------------------------------------------------------------------|
|                            | Estimate | Std. Error | t value | Pr(> t )    |                                                                                |
| (Intercept)                | 4.42894  | 0.54787    | 8.084   | 7.6e-12 *** | ... modified group mean                                                        |
| meanFamiliarity            | -0.63131 | 0.29540    | -2.137  | 0.03580 *   | ... linear term coefficient                                                    |
| I(meanFamiliarity^2)       | 0.10971  | 0.03801    | 2.886   | 0.00508 **  | ... quadric term coefficient                                                   |
| Classplant                 | -1.01248 | 0.41530    | -2.438  | 0.01711 *   | ... plant の group mean にする<br>ために coefficient 分引く<br>→ -0.631 - 0.212 = -0.843 |
| meanFamiliarity:Classplant | -0.21179 | 0.09779    | -2.166  | 0.03346 *   | ... <b>interaction</b>                                                         |

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

コメント [T4]: 両クラスでシェア = 傾き同じで、分布の高さが違う

Residual standard error: 0.3424 on 76 degrees of freedom  
 Multiple R-squared: 0.8805, Adjusted R-squared: 0.8742  
 F-statistic: 140 on 4 and 76 DF, p-value: < 2.2e-16

■ Figure 4.16 (p. 111) を作図する。

```
> ratings$fitted = fitted(ratings.lm) #適合値を各名詞に列として付与

> plot(ratings$meanFamiliarity, ratings$meanSizeRating, xlab="mean familiarity", ylab="mean size rating",
+ type="n") #枠作り
> text(ratings$meanFamiliarity, ratings$meanSizeRating, substr(as.character(ratings$Class), 1, 1),
+ col="darkgrey") #頭文字 (i.e., a と p) の挿入

> plants = ratings[ratings$Class == "plant",]
> animals = ratings[ratings$Class == "animal",]

> plants = plants[order(plants$meanFamiliarity),]
> animals = animals[order(animals$meanFamiliarity),]

> lines(plants$meanFamiliarity, plants$fitted)
> lines(animals$meanFamiliarity, animals$fitted)
```

Class それぞれのデータセットに分割し、meanFamiliarity 順に並べ替える。