



バージョン 11

基本的な統計分析

「真の発見の旅とは、新しい風景を探すことではなく、新たな視点を持つことである。」

マルセル・プルースト

JMP, A Business Unit of SAS
SAS Campus Drive
Cary, NC 27513

11.2

このマニュアルを引用する場合は、次の正式表記を使用してください：SAS Institute Inc. 2014.
『JMP® 11 基本的な統計分析』Cary, NC: SAS Institute Inc.

JMP® 11 基本的な統計分析

Copyright © 2014, SAS Institute Inc., Cary, NC, USA

ISBN 978-1-61290-758-1

All rights reserved. Produced in the United States of America.

印刷物の場合：この出版物のいかなる部分も、出版元である SAS Institute Inc. の書面による許可なく、電子的、機械的、複写など、形式や方法を問わず、複製すること、検索システムへ格納すること、および転送することを禁止します。

Webからのダウンロードや電子本の場合：この出版物の使用については、入手した時点で、ベンダーが規定した条件が適用されます。

この出版物を、インターネットまたはその他のいかなる方法でも、出版元の許可なくスキャン、アップロード、および配布することは違法であり、法律によって罰せられます。正規の電子版のみを入手し、著作権を侵害する不正コピーに関与または加担しないでください。著作権の保護に関するご理解をお願いいたします。

U.S. Government Restricted Rights Notice: Use, duplication, or disclosure of this software and related documentation by the U.S. government is subject to the Agreement with SAS Institute and the restrictions set forth in FAR 52.227-19, Commercial Computer Software-Restricted Rights (June 1987).

SAS Institute Inc., SAS Campus Drive, Cary, North Carolina 27513.

2014年7月、第1刷

SAS® Publishing provides a complete selection of books and electronic products to help customers use SAS software to its fullest potential. For more information about our e-books, e-learning products, CDs, and hard-copy books, visit the SAS Publishing Web site at support.sas.com/publishing or call 1-800-727-3228.

SAS® and all other SAS Institute Inc. product or service names are registered trademarks or trademarks of SAS Institute Inc. in the USA and other countries. ® indicates USA registration.

Other brand and product names are registered trademarks or trademarks of their respective companies.

技術ライセンスに関する通知

- Scintilla - Copyright © 1998-2012 by Neil Hodgson <neilh@scintilla.org>.

All Rights Reserved.

Permission to use, copy, modify, and distribute this software and its documentation for any purpose and without fee is hereby granted, provided that the above copyright notice appear in all copies and that both that copyright notice and this permission notice appear in supporting documentation.

NEIL HODGSON DISCLAIMS ALL WARRANTIES WITH REGARD TO THIS SOFTWARE, INCLUDING ALL IMPLIED WARRANTIES OF MERCHANTABILITY AND FITNESS, IN NO EVENT SHALL NEIL HODGSON BE LIABLE FOR ANY SPECIAL, INDIRECT OR CONSEQUENTIAL DAMAGES OR ANY DAMAGES WHATSOEVER RESULTING FROM LOSS OF USE, DATA OR PROFITS, WHETHER IN AN ACTION OF CONTRACT, NEGLIGENCE OR OTHER TORTIOUS ACTION, ARISING OUT OF OR IN CONNECTION WITH THE USE OR PERFORMANCE OF THIS SOFTWARE.

- Telerik RadControls: Copyright © 2002-2012, Telerik. Usage of the included Telerik RadControls outside of JMP is not permitted.
- ZLIB Compression Library - Copyright © 1995-2005, Jean-Loup Gailly and Mark Adler.
- Made with Natural Earth. Free vector and raster map data @ naturalearthdata.com.
- Packages - Copyright © 2009-2010, Stéphane Sudre (s.sudre.free.fr). All rights reserved. Redistribution and use in source and binary forms, with or without modification, are permitted provided that the following conditions are met:

Redistributions of source code must retain the above copyright notice, this list of conditions and the following disclaimer.

Redistributions in binary form must reproduce the above copyright notice, this list of conditions and the following disclaimer in the documentation and/or other materials provided with the distribution.

Neither the name of the WhiteBox nor the names of its contributors may be used to endorse or promote products derived from this software without specific prior written permission.

THIS SOFTWARE IS PROVIDED BY THE COPYRIGHT HOLDERS AND CONTRIBUTORS "AS IS" AND ANY EXPRESS OR IMPLIED WARRANTIES, INCLUDING, BUT NOT LIMITED TO, THE IMPLIED WARRANTIES OF MERCHANTABILITY AND FITNESS FOR A PARTICULAR PURPOSE ARE DISCLAIMED. IN NO EVENT SHALL THE COPYRIGHT OWNER OR CONTRIBUTORS BE LIABLE FOR ANY DIRECT, INDIRECT, INCIDENTAL, SPECIAL, EXEMPLARY, OR CONSEQUENTIAL DAMAGES (INCLUDING, BUT NOT LIMITED TO, PROCUREMENT OF SUBSTITUTE GOODS OR SERVICES; LOSS

OF USE, DATA, OR PROFITS; OR BUSINESS INTERRUPTION) HOWEVER CAUSED AND ON ANY THEORY OF LIABILITY, WHETHER IN CONTRACT, STRICT LIABILITY, OR TORT (INCLUDING NEGLIGENCE OR OTHERWISE) ARISING IN ANY WAY OUT OF THE USE OF THIS SOFTWARE, EVEN IF ADVISED OF THE POSSIBILITY OF SUCH DAMAGE.

- iODBC software - Copyright © 1995-2006, OpenLink Software Inc and Ke Jin (www.iodbc.org). All rights reserved.

Redistribution and use in source and binary forms, with or without modification, are permitted provided that the following conditions are met:

- Redistributions of source code must retain the above copyright notice, this list of conditions and the following disclaimer.
- Redistributions in binary form must reproduce the above copyright notice, this list of conditions and the following disclaimer in the documentation and/or other materials provided with the distribution.
- Neither the name of OpenLink Software Inc. nor the names of its contributors may be used to endorse or promote products derived from this software without specific prior written permission.

THIS SOFTWARE IS PROVIDED BY THE COPYRIGHT HOLDERS AND CONTRIBUTORS "AS IS" AND ANY EXPRESS OR IMPLIED WARRANTIES, INCLUDING, BUT NOT LIMITED TO, THE IMPLIED WARRANTIES OF MERCHANTABILITY AND FITNESS FOR A PARTICULAR PURPOSE ARE DISCLAIMED. IN NO EVENT SHALL OPENLINK OR CONTRIBUTORS BE LIABLE FOR ANY DIRECT, INDIRECT, INCIDENTAL, SPECIAL, EXEMPLARY, OR CONSEQUENTIAL DAMAGES (INCLUDING, BUT NOT LIMITED TO, PROCUREMENT OF SUBSTITUTE GOODS OR SERVICES; LOSS OF USE, DATA, OR PROFITS; OR BUSINESS INTERRUPTION) HOWEVER CAUSED AND ON ANY THEORY OF LIABILITY, WHETHER IN CONTRACT, STRICT LIABILITY, OR TORT (INCLUDING NEGLIGENCE OR OTHERWISE) ARISING IN ANY WAY OUT OF THE USE OF THIS SOFTWARE, EVEN IF ADVISED OF THE POSSIBILITY OF SUCH DAMAGE.

- bzip2, the associated library "libbzip2", and all documentation, are Copyright © 1996-2010, Julian R Seward. All rights reserved.

Redistribution and use in source and binary forms, with or without modification, are permitted provided that the following conditions are met:

Redistributions of source code must retain the above copyright notice, this list of conditions and the following disclaimer.

The origin of this software must not be misrepresented; you must not claim that you wrote the original software. If you use this software in a product, an acknowledgment in the product documentation would be appreciated but is not required.

Altered source versions must be plainly marked as such, and must not be misrepresented as being the original software.

The name of the author may not be used to endorse or promote products derived from this software without specific prior written permission.

THIS SOFTWARE IS PROVIDED BY THE AUTHOR "AS IS" AND ANY EXPRESS OR IMPLIED WARRANTIES, INCLUDING, BUT NOT LIMITED TO, THE IMPLIED WARRANTIES OF MERCHANTABILITY AND FITNESS FOR A PARTICULAR PURPOSE ARE DISCLAIMED. IN NO EVENT SHALL THE AUTHOR BE LIABLE FOR ANY DIRECT, INDIRECT, INCIDENTAL, SPECIAL, EXEMPLARY, OR CONSEQUENTIAL DAMAGES (INCLUDING, BUT NOT LIMITED TO, PROCUREMENT OF SUBSTITUTE GOODS OR SERVICES; LOSS OF USE, DATA, OR PROFITS; OR BUSINESS INTERRUPTION) HOWEVER CAUSED AND ON ANY THEORY OF LIABILITY, WHETHER IN CONTRACT, STRICT LIABILITY, OR TORT (INCLUDING NEGLIGENCE OR OTHERWISE) ARISING IN ANY WAY OUT OF THE USE OF THIS SOFTWARE, EVEN IF ADVISED OF THE POSSIBILITY OF SUCH DAMAGE.

- R software is Copyright © 1999-2012, R Foundation for Statistical Computing.
- MATLAB software is Copyright © 1984-2012, The MathWorks, Inc. Protected by U.S. and international patents. See www.mathworks.com/patents. MATLAB and Simulink are registered trademarks of The MathWorks, Inc. See www.mathworks.com/trademarks for a list of additional trademarks. Other product or brand names may be trademarks or registered trademarks of their respective holders.

目次

基本的な統計分析

1 JMPの概要

マニュアルとその他のリソース	17
表記規則	19
JMPのマニュアル	19
JMP ドキュメンテーションライブラリ	20
JMP ヘルプ	24
JMPを習得するためのその他のリソース	24
チュートリアル	24
サンプルデータテーブル	25
統計用語とJSL用語の習得	25
JMPを使用するためのヒント	25
ツールヒント	25
JMP User Community	26
JMPer Cable	26
JMP関連書籍	26
「JMP スターター」 ウィンドウ	26

2 基本的な統計分析について

基本的な分析手法の概要	27
-------------------	----

3 分布

「一変量の分布」 プラットフォームを使用する	29
「一変量の分布」 プラットフォームの概要	31
カテゴリカル変数	31
連続尺度の変数	31
「一変量の分布」 プラットフォームの例	31
「一変量の分布」 プラットフォームの起動	33
「一変量の分布」 レポート	34
ヒストグラム	35

「度数」レポート	38
「分位点」レポート	39
「要約統計量」レポート	39
「一変量の分布」プラットフォームのオプション	41
カテゴリカル変数のオプション	42
連続変数のオプション	44
正規分位点プロット	47
外れ値の箱ひげ図	47
分位点の箱ひげ図	48
幹葉図	49
累積確率プロット	50
平均の検定	51
標準偏差の検定	51
連続変数における信頼区間	52
連続変数における保存コマンド	52
予測区間	53
許容区間	54
工程能力分析	54
分布のあてはめ	56
連続分布のあてはめ	56
離散分布のあてはめ	57
あてはめた分布のオプション	58
「一変量の分布」プラットフォームのその他の例	61
複数のヒストグラムにおけるデータ選択の例	61
[割合の検定] オプションの例	61
予測区間の例	63
許容区間の例	65
工程能力分析の例	66
「一変量の分布」プラットフォームの統計的詳細	67
標準誤差バーの統計的詳細	67
分位点の統計的詳細	67
要約統計量の統計的詳細	68
正規分位点プロットの統計的詳細	69
Wilcoxon の符号付順位検定の統計的詳細	70
標準偏差の検定の統計的詳細	70

正規分位点の統計的詳細	70
標準化データの統計的詳細	70
予測区間の統計的詳細	71
許容区間の統計的詳細	71
工程能力分析の統計的詳細	72
〔連続分布のあてはめ〕の統計的詳細	75
〔離散分布のあてはめ〕の統計的詳細	81
あてはめた分布の分位点	83
あてはめた分布に対するオプション	83

4 「二変量の関係」 プラットフォームの概要

2変数の関係を調べる	87
「二変量の関係」 プラットフォームの概要	89
「二変量の関係」 プラットフォームの起動	89
「JMP スターター」 ウィンドウからの各分析の実行	90

5 二変量分析

2つの連続変数の関係を調べる	91
二変量分析の例	93
「二変量」 プラットフォームの起動	93
二変量に対する散布図	94
あてはめ用コマンドと一般的なオプション	95
あてはめ用コマンドの種類	98
同じあてはめ用コマンドの繰り返し	98
平均のあてはめ	98
「平均のあてはめ」 レポート	99
直線のあてはめと多項式のあてはめ	99
「直線のあてはめ」と「多項式のあてはめ」のレポート	100
その他のあてはめ	106
その他のあてはめのレポートとメニュー	107
スプライン曲線のあてはめ	108
「平滑化スプライン曲線によるあてはめ」 レポート	108
カーネル平滑化	109
「局所的な平滑化」 レポート	109
値ごとのあてはめ	110

「値ごとのあてはめ」レポート	110
直交のあてはめ	110
「直交のあてはめ」のオプション	110
「直交回帰」レポート	111
確率楕円	112
「相関」レポート	112
ノンパラメトリック密度	113
「ノンパラメトリック二変量の密度」レポート	114
ロバストなあてはめ	114
ヒストグラム軸	115
グループ別	115
あてはめ用メニュー	116
あてはめ用メニューのオプション	116
診断プロット	119
「二変量」プラットフォームのその他の例	120
「その他のあてはめ」コマンドの例	120
「直交のあてはめ」コマンドの使用例	122
「ロバストなあてはめ」コマンドの使用例	123
グループ別確率楕円の例	125
グループ別回帰直線の例	126
「二変量」プラットフォームの統計的詳細	127
「直線のあてはめ」の統計的詳細	127
「スプライン曲線のあてはめ」の統計的詳細	127
「直交のあてはめ」の統計的詳細	127
「あてはめの要約」レポートの統計的詳細	128
「あてはまりの悪さ (LOF)」レポートの統計的詳細	128
「パラメータ推定値」レポートの統計的詳細	129
「平滑化スプライン曲線によるあてはめ」レポートの統計的詳細	129
「相関」レポートの統計的詳細	129
6 一元配置分析	
連続尺度のY変数とカテゴリカルなX変数の関係を調べる	131
一元配置分析の概要	133
一元配置分析の例	133
「一元配置」プラットフォームの起動	135

一元配置プロット	135
「一元配置」プラットフォームのオプション	136
表示オプション	140
分位点	142
外れ値の箱ひげ図	142
平均/ANOVA および平均/ANOVA/ブーリングしたt検定	143
「あてはめの要約」レポート	144
「t検定」レポート	145
「分散分析」レポート	146
「各水準の平均」レポート	147
「ブロック平均」レポート	147
平均のひし形と標本サイズに比例したX軸	147
平均線、平均誤差バー、標準偏差線	148
平均分析法	149
平均の比較	149
標準偏差（分散）の比較	150
平均分析のチャート	150
平均分析のオプション	150
平均の比較	151
比較円の使用	153
各ペア,Student のt検定	154
すべてのペア,Tukey のHSD検定	154
最適値との比較 (Hsu のMCB)	154
コントロール群との比較 (Dunnett)	155
「平均の比較」のオプション	155
ノンパラメトリック	156
ノンパラメトリック検定のレポート	158
等分散性の検定	161
「分散が等しいことを調べる検定」レポート	162
同等性の検定	163
ロバストなあてはめ	164
検出力	164
「検出力の詳細」ウィンドウとレポート	165
正規分位点プロット	166

累積確率プロット	166
密度	166
対応のある列を設定	167
「一元配置」プラットフォームのその他の例	167
平均分析法の例	167
分散に対する平均分析法の例	168
[各ペア, Student の t 検定] の例	169
[すべてのペア, Tukey の HSD 検定] の例	171
[最適値との比較 (Hsu の MCB)] の例	173
[コントロール群との比較 (Dunnett)] の例	174
「平均の比較」で用意されているすべての検定	175
等分散性検定の例	176
同等性の検定の例	177
[ロバストなあてはめ] オプションの例	178
[検出力] オプションの例	180
正規分位点プロットの例	181
累積確率プロットの例	182
[密度] の各オプションの例	183
[対応のある列を設定] オプションの例	184
「一元配置」プラットフォームの統計的詳細	186
比較円の統計的詳細	186
検出力の統計的詳細	187
「あてはめの要約」レポートの統計的詳細	188
「分散が等しいことを調べる検定」レポートの統計的詳細	188

7 分割表分析

2つのカテゴリカルな変数の関係を調べる	191
分割表分析の例	193
「分割表」プラットフォームの起動	194
「分割表」レポート	195
「分割表」プラットフォームのオプション	196
モザイク図	197
コンテキストメニュー	198
分割表	200
検定	202

Fisher の正確検定	203
割合の平均分析	203
対応分析	203
対応分析プロットの理解	204
「対応分析」のオプション	204
「詳細」レポート	204
Cochran-Mantel-Haenszel 検定	205
一致性の統計量	205
相対リスク	206
割合の2標本検定	206
関連の指標	207
Cochran-Armitage の傾向検定	208
正確検定	209
「分割表」プラットフォームのその他の例	210
割合の平均分析の例	210
対応分析の例	211
Cochran-Mantel-Haenszel 検定の例	215
[一致性の統計量] オプションの例	217
[相対リスク] オプションの例	218
割合の2標本検定の例	219
[関連の指標] オプションの例	220
Cochran-Armitage の傾向検定の例	221
「分割表」プラットフォームの統計的詳細	222
[一致性の統計量] オプションの統計的詳細	222
[オッズ比] オプションの統計的詳細	223
「検定」レポートの統計的詳細	223
対応分析の特異値について	224
8 ロジスティック分析	225
カテゴリカルなY変数と連続尺度のX変数の関係を調べる	225
ロジスティック回帰の概要	227
名義ロジスティック回帰	227
順序ロジスティック回帰	227
名義ロジスティック回帰の例	228
「ロジスティック」プラットフォームの起動	230

8 ロジスティック分析

カテゴリカルなY変数と連続尺度のX変数の関係を調べる	225
ロジスティック回帰の概要	227
名義ロジスティック回帰	227
順序ロジスティック回帰	227
名義ロジスティック回帰の例	228
「ロジスティック」プラットフォームの起動	230

「ロジスティック」レポート	231
ロジスティックプロット	232
反復	232
モデル全体の検定	232
パラメータ推定値	234
「ロジスティック」プラットフォームのオプション	235
ROC曲線	236
確率の計算式の保存	237
逆推定	237
ロジスティック回帰のその他の例	238
順序ロジスティック回帰の例	238
ロジスティックプロットの例2	239
ROC曲線の例	241
十字ツールを使用した逆推定の例	242
[逆推定] オプションを使用した逆推定の例	243
「ロジスティック」プラットフォームの統計的詳細	245
「モデル全体の検定」レポートの統計的詳細	245

9 対応のあるペア分析

同一対象に関する測定値を比較する	247
「対応のあるペア」プラットフォームの概要	249
対応のあるペアの比較例	249
「対応のあるペア」プラットフォームの起動	250
複数のY列	251
「対応のあるペア」レポート	251
「差」のプロットとレポート	252
グループ効果を含めた分析	252
「対応のあるペア」プラットフォームのオプション	253
グループ効果を含めたペア比較の例	254
「対応のあるペア」プラットフォームの統計的詳細	255
対応のあるペアのグラフ	255
応答の相関	256

10 ブートストラップ

標本再抽出によって統計量の分布を近似する	259
ブートストラップの例	261
ブートストラップ分析の実行	262
「ブートストラップ」 ウィンドウのオプション	262
結果を積み重ねたテーブル	263
結果を積み重ねていないテーブル	264
作成した統計量データの分析	264

11 表の作成

対話的に要約テーブルを作成する	267
「表の作成」 プラットフォームの使用例	269
「表の作成」 プラットフォームの起動	273
ダイアログボックスの使用	274
統計量の追加	275
「表の作成」 の出力	278
分析列	279
グループ列	279
列テーブルと行テーブル	280
表の編集	281
「表の作成」 プラットフォームのオプション	282
テスト集計パネルの表示	282
列の右クリックメニュー	283
「表の作成」 プラットフォームのその他の例	283
複数の列を持つテーブルの例	287
ページ列の使用例	290

A 参考文献

索引

基本的な統計分析	297
----------	-----

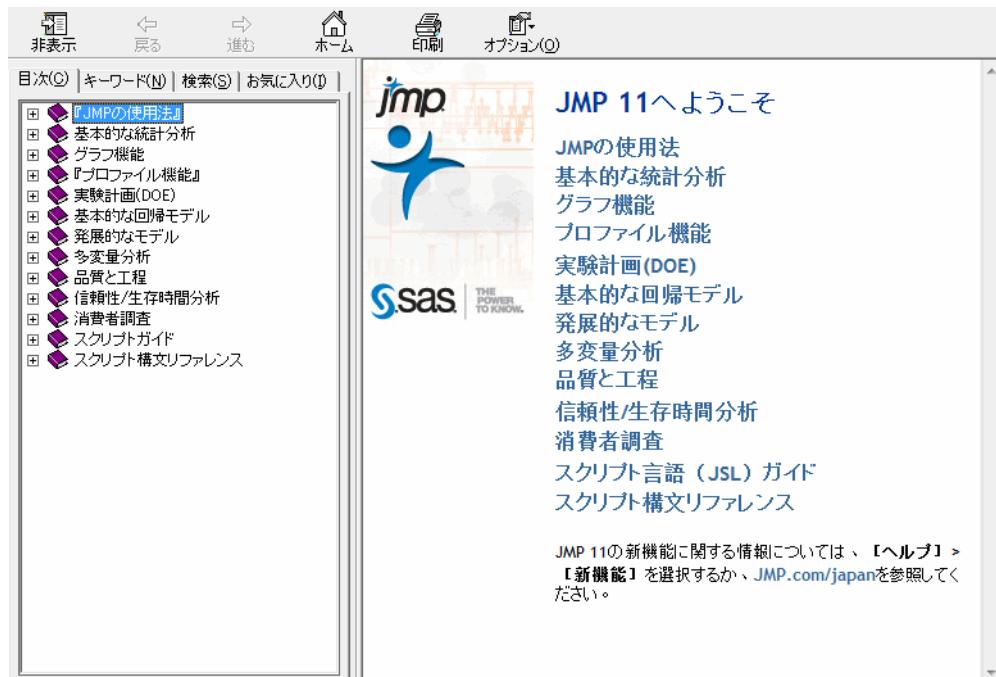
第1章

JMPの概要 マニュアルとその他のリソース

この章には以下の情報が記載されています。

- 本書の表記法
- JMPのマニュアル
- JMPヘルプ
- その他のリソース
 - その他のJMPのドキュメンテーション
 - チュートリアル
 - 索引
 - Webリソース

図1.1 JMPヘルプのホームウィンドウ (Windows)



目次

表記規則	19
JMPのマニュアル	19
JMP ドキュメンテーションライブラリ	20
JMP ヘルプ	24
JMPを習得するためのその他のリソース	24
チュートリアル	24
サンプルデータテーブル	25
統計用語とJSL用語の習得	25
JMPを使用するためのヒント	25
ツールヒント	25
JMP User Community	26
JMPer Cable	26
JMP 関連書籍	26
「JMP スターター」 ウィンドウ	26

表記規則

マニュアルの内容と画面に表示される情報を対応付けるために、次の表記規則を使っています。

- サンプルデータ名、列名、パス名、ファイル名、ファイル拡張子、およびフォルダ名は「」で囲んで表記しています。
- スクリプトのコードは *Lucida Sans Typewriter* フォントで表記しています。
- スクリプトコードの結果（ログに表示されるもの）は *Lucida Sans Typewriter*（斜体）フォントで表記し、先に示すコードよりインデントされています。
- クリックまたは選択する項目は [] で囲んで太字で表記しています。これには以下の項目があります。
 - ボタン
 - チェックボックス
 - コマンド
 - 選択可能なリスト項目
 - メニュー
 - オプション
 - タブ名
 - テキストボックス
- 次の項目は太字で表記しています。
 - 重要な単語や句、JMPに固有の定義を持つ単語や句
 - マニュアルのタイトル
 - 変数名
- JMP Proのみの機能には JMP Pro アイコン  がついています。JMP Proの機能の概要については <http://www.jmp.com/software/pro/> をご覧ください。

注：特別な情報および制限事項には、この文のように「注：」という見出しがついています。

ヒント：役に立つ情報には「ヒント」という見出しがついています。

JMPのマニュアル

JMPには、印刷版、PDF版、電子本など、さまざまな形式のマニュアルが用意されています。

- PDF版は [ヘルプ] > [ドキュメンテーション] メニューまたは JMP オンラインヘルプのフッタから開くことができます。

- 検索しやすいようにすべてのドキュメンテーションが1つのPDFファイルにまとめられた『JMP ドキュメンテーションライブラリ』と呼ばれるファイルがあります。『JMP ドキュメンテーションライブラリ』のPDFファイルは [ヘルプ] > [ドキュメンテーション] メニューから開くことができます。
- 電子本は [Amazon](#)、[Safari Books Online](#)、および [Apple iBookstore](#) でお求めになれます。

JMP ドキュメンテーションライブラリ

以下の表は、JMPライブラリに含まれている各ドキュメンテーションの目的および内容をまとめたものです。

マニュアル	目的	内容
『はじめてのJMP』	JMPをあまりご存知ない方を対象とした入門ガイド	JMPの紹介と、データを作成および分析し始めるための情報
『JMPの使用法』	JMPのデータテーブルと、基本操作を理解する	一般的なJMPの概念と、データの読み込み、列プロパティの変更、データの並べ替え、SASへの接続など、JMP全体にわたる機能の説明
『基本的な統計分析』	このマニュアルを見ながら、基本的な分析を行う	<p>[分析] メニューからアクセスできる以下のプラットフォームの説明：</p> <ul style="list-style-type: none"> 一変量の分布 二変量の関係 対応のあるペア 表の作成 <p>ブートストラップを使用した標本分布の近似方法も含まれています。</p>

マニュアル	目的	内容
『グラフ機能』	データに合った理想的なグラフを見つける	<p>【グラフ】メニューからアクセスできる以下のプラットフォームの説明：</p> <ul style="list-style-type: none">• グラフビルダー• 重ね合わせプロット• 三次元散布図• 等高線図• バブルプロット• パラレルプロット• セルプロット• ツリーマップ• 散布図行列• 三角図• チャート <p>背景マップやカスタムマップの作成方法も記載されています。</p>
『プロファイル機能』	対話式のプロファイルツールの使い方を学ぶ。任意の応答曲面の断面を表示できるようになります。	【グラフ】メニューに表示されるすべてのプロファイルについて。誤差因子の分析が、ランダム入力を使用したシミュレーションの実行とともに含まれています。
『実験計画(DOE)』	実験の計画方法と適切な標本サイズの決定方法を学ぶ	【実験計画 (DOE)】メニューのすべてのトピックについて。
『基本的な回帰モデル』	「モデルのあてはめ」プラットフォームとその多くの手法について学ぶ	<p>【分析】メニューの「モデルのあてはめ」プラットフォームで使用できる、以下の手法の説明：</p> <ul style="list-style-type: none">• 標準最小2乗• ステップワイズ• 正則化回帰• 混合モデル• MANOVA• 対数線形-分散• 名義ロジスティック• 順序ロジスティック• 一般化線形モデル

マニュアル	目的	内容
『発展的なモデル』	付加的なモデリング手法について学ぶ	<p>【分析】>【モデリング】メニューで使用できる以下のプラットフォームの説明：</p> <ul style="list-style-type: none"> • パーティション • ニューラル • モデルの比較 • 非線形回帰 • Gauss過程 • 時系列分析 • 応答スクリーニング <p>【分析】>【モデリング】メニューの「スクリーニング」プラットフォームについては『実験計画(DOE)』で説明しています。</p>
『多変量分析』	複数の変数を同時に分析するための手法について理解を深める	<p>【分析】>【多変量】メニューで使用できる以下のプラットフォームの説明：</p> <ul style="list-style-type: none"> • 多変量の相関 • クラスター分析 • 主成分分析 • 判別分析 • PLS
『品質と工程』	工程を評価し、向上させるためのツールについて理解を深める	<p>【分析】>【品質と工程】メニューで使用できる以下のプラットフォームの説明：</p> <ul style="list-style-type: none"> • 管理図ビルダーと個々の管理図 • 測定システム分析 • 変動性図/計数値用ゲージチャート • 工程能力 • パレート図 • 特性要因図

マニュアル	目的	内容
『信頼性/生存時間分析』	製品やシステムにおける信頼性を評価し、向上させる方法、および人や製品の生存時間データを分析する方法について学ぶ	[分析] > [信頼性/生存時間分析] メニューで使用できる以下のプラットフォームの説明： <ul style="list-style-type: none">• 寿命の一変量• 寿命の二変量• 再生モデルによる分析• 劣化分析• 信頼性予測• 信頼性成長• 信頼性ブロック図• 生存時間分析• 生存時間(パラメトリック)のあてはめ• 比例ハザードのあてはめ
『消費者調査』	消費者選好を調査し、その洞察を使用してより良い製品やサービスを作成するための方法を学ぶ	[分析] > [消費者調査] メニューで使用できる以下のプラットフォームの説明： <ul style="list-style-type: none">• カテゴリカル• 因子分析• 選択モデル• アップリフト• 項目分析
『スクリプトガイド』	パワフルなJMPスクリプト言語 (JSL) の活用方法について学ぶ	スクリプトの作成やデバッグ、データテーブルの操作、ディスプレイボックスの構築、JMPアプリケーションの作成など。
『スクリプト構文リファレンス』	JSL 関数、その引数、およびオブジェクトやディスプレイボックスに送信するメッセージについて理解を深める	JSLコマンドの構文、例、および注意書き。

注：[ドキュメンテーション] メニューでは、印刷可能な2つのリファレンスカードも用意されています。『メニューカード』はJMPのメニューをまとめた表で、『クリックリファレンス』はJMPのショートカットキーをまとめた表です。

JMPヘルプ

JMPヘルプは、一連のマニュアルの簡易版です。JMPのヘルプは、次のいくつかの方法で開くことができます。

- Windowsでは、F1キーを押すとヘルプシステムウィンドウが開きます。
- データテーブルまたはレポートウィンドウの特定の部分のヘルプを表示します。[ツール] メニューからヘルプツール  を選択した後、データテーブルやレポートウィンドウの任意の位置でクリックすると、その部分に関するヘルプが表示されます。
- JMP ウィンドウ内で [ヘルプ] ボタンをクリックします。
- Windowsの場合、[ヘルプ] メニューの [ヘルプの目次]、[ヘルプの検索]、[ヘルプの索引] の各オプションを使用して、JMPヘルプ内を検索し、目的の内容を表示します。Macの場合、[ヘルプ] > [JMP ヘルプ] を選択します。
- <http://jmp.com/support/help/> でヘルプを検索します（英語のみ）。

JMPを習得するためのその他のリソース

JMPのマニュアルとJMPヘルプの他、次のリソースもJMPの学習に役立ちます。

- チュートリアル（「チュートリアル」（24ページ）を参照）
- サンプルデータ（「サンプルデータテーブル」（25ページ）を参照）
- 索引（「統計用語とJSL用語の習得」（25ページ）を参照）
- 使い方ヒント（「JMPを使用するためのヒント」（25ページ）を参照）
- Webリソース（「JMP User Community」（26ページ）を参照）
- 専門誌『JMPer Cable』（「JMPer Cable」（26ページ）を参照）
- JMPに関する書籍（「JMP関連書籍」（26ページ）を参照）
- JMPスタート（「JMPスタート」 ウィンドウ（26ページ）を参照）

チュートリアル

[ヘルプ] > [チュートリアル] を選択して、JMPのチュートリアルを表示できます。[チュートリアル] メニューの最初の項目は [チュートリアルディレクトリ] です。この項目を選択すると、すべてのチュートリアルをカテゴリ別に整理した新しいウィンドウが開きます。

JMPに慣れていない方は、まず [初心者用チュートリアル] を試してみてください。JMPのインターフェースおよび基本的な使用方法を学ぶことができます。

他のチュートリアルでは、円グラフの作成、グラフビルダーの使用など、JMPの具体的な活用法を学習できます。

サンプルデータテーブル

JMPのマニュアルで取り上げる例は、すべてサンプルデータを使用しています。次の操作はすべて [ヘルプ] > [サンプルデータ] で表示されるウィンドウで行えます。

- サンプルデータディレクトリを開く。
- すべてのサンプルデータテーブルを文字コード順に並べた一覧を表示する。
- カテゴリ別に整理されたリストからサンプルデータテーブルを見つける。

サンプルデータテーブルは次のディレクトリにインストールされています。

Windowsの場合: C:\Program Files\SAS\JMP\<バージョン番号>\Samples\Data

Macintoshの場合: \Library\Application Support\JMP\<バージョン番号>\Samples\Data

JMP Proでは、サンプルデータが（JMPではなく）JMPPROディレクトリにインストールされています。

統計用語とJSL用語の習得

[ヘルプ] メニューには、次の索引が用意されています。

統計の索引 統計用語が説明されています。

スクリプトの索引 JSL関数、オブジェクト、ディスプレイボックスに関する情報を検索できます。スクリプトの索引からサンプルスクリプトを編集して実行することもできます。

JMPを使用するためのヒント

JMPを最初に起動すると、「使い方ヒント」ウィンドウが表示されます。このウィンドウには、JMPを使うまでのヒントが表示されます。

「使い方ヒント」ウィンドウを表示しないようにするには、[起動時にヒントを表示する] のチェックを外します。再表示するには、[ヘルプ] > [使い方ヒント] を選択します。または、「環境設定」ウィンドウで非表示に設定することもできます。詳細については、『JMPの使用法』を参照してください。

ツールヒント

次のような項目の上にカーソルを置くと、その項目を説明するツールヒントが表示されます。

- メニューまたはツールバーのオプション
- グラフ内のラベル
- レポートウィンドウ内の結果（テキスト）（カーソルで円を描くと表示される）
- 「ホームウィンドウ」内のファイル名またはウィンドウ名
- スクリプトエディタ内のコード

ヒント: JMP 環境設定で、ツールヒントを表示しないよう設定できます。[ファイル] > [環境設定] > [一般] (Macintosh の場合は [JMP] > [環境設定] > [一般]) を選択し、[メニューのヒントを表示] のチェックを外します。

JMP User Community

JMP User Community では、さまざまな方法で JMP をさらに習得したり、他の SAS ユーザとのコミュニケーションを図ったりできます。ラーニングライブラリには 1 ページ構成のガイド、チュートリアル、デモなどが用意されており、JMP を使い始める上でとても便利です。また、JMP のさまざまなトレーニングコースに登録して、自己教育を進めることも可能です。

その他のリソースとして、ディスカッションフォーラム、サンプルデータやスクリプトファイルの交換、Webcast セミナー、ソーシャルネットワークグループなども利用できます。

Web サイトの JMP リソースにアクセスするには [ヘルプ] > [JMP User Community] を選択します。

JMPer Cable

JMPer Cable は、JMP ユーザを対象とした年刊の専門誌です。JMPer Cable は次の JMP Web サイトで閲覧可能です。

<http://www.jmp.com/about/newsletters/jmpercable/> (英語)

JMP 関連書籍

JMP 関連書籍は、次の JMP Web ページで紹介されています。

<http://www.jmp.com/japan/academic/books.shtml>

「JMP スターター」 ウィンドウ

JMP またはデータ分析にあまり慣れていないユーザは、「JMP スターター」 ウィンドウから開始するとよいでしょう。カテゴリ分けされた項目には説明がついており、ボタンをクリックするだけで該当の機能を起動できます。「JMP スターター」 ウィンドウには、[分析]、[グラフ]、[テーブル]、および [ファイル] メニュー内の多くのオプションがあります。

- 「JMP スターター」 ウィンドウを開くには、[表示] (Macintosh では [ウィンドウ]) > [JMP スターター] を選択します。
- Windows で JMP の起動時に自動的に「JMP スターター」 を表示するには、[ファイル] > [環境設定] > [一般] を選び、「開始時の JMP ウィンドウ」 リストから [JMP スターター] を選択します。Macintosh では、[JMP] > [環境設定] > [起動時に JMP スターターウィンドウを表示する] を選択します。

第2章

基本的な統計分析について 基本的な分析手法の概要

本書では、JMPでよく使用される基本的な分析機能について解説します。

- ・「一変量の分布」プラットフォームでは、ヒストグラムやその他のグラフ、統計量のレポートなどを使用して1つの変数の分布を調べられます。データがどのように分布しているかわかられば、さらに具体的な分析を行い、検討を進めることができます。[第3章「分布」](#)を参照してください。
- ・「二変量の関係」プラットフォームでは、X変数とY変数の尺度によって、自動的に分析が選択されます。[第4章「二変量の関係」](#)[プラットフォームの概要](#)を参照してください。次の4種類の分析を実行できます。
 - 「二変量」プラットフォームでは、2つの連続変数における関係を分析します。[第5章「二変量分析」](#)を参照してください。
 - 「一元配置」プラットフォームでは、X変数のグループごとに、連続尺度のY変数の分布がどのように異なるかを分析します。[第6章「一元配置分析」](#)を参照してください。
 - 「分割表」プラットフォームでは、X変数のグループごとに、カテゴリカルなY変数の分布がどのように異なるかを分析します。[第7章「分割表分析」](#)を参照してください。
 - 「ロジスティック」プラットフォームでは、カテゴリカルな応答変数(Y)の確率を、連続尺度の説明変数(X)にあてはめます。[第8章「ロジスティック分析」](#)を参照してください。
- ・「対応のあるペア」プラットフォームでは、相関がある2変数間の平均を比較し、その差を評価します。[第9章「対応のあるペア分析」](#)を参照してください。
- ・ブートストラップ分析は、データから何度もサンプリングすることによって統計量の標本分布を近似する手法です。データは復元抽出（重複抽出）され、抽出されたデータから統計量が計算されます。この計算を反復して、統計量の分布を求めます。[第10章「ブートストラップ」](#)を参照してください。
- ・「表の作成」プラットフォームでは、記述統計量のテーブルを対話形式で作成できます。[第11章「表の作成」](#)を参照してください。

分布

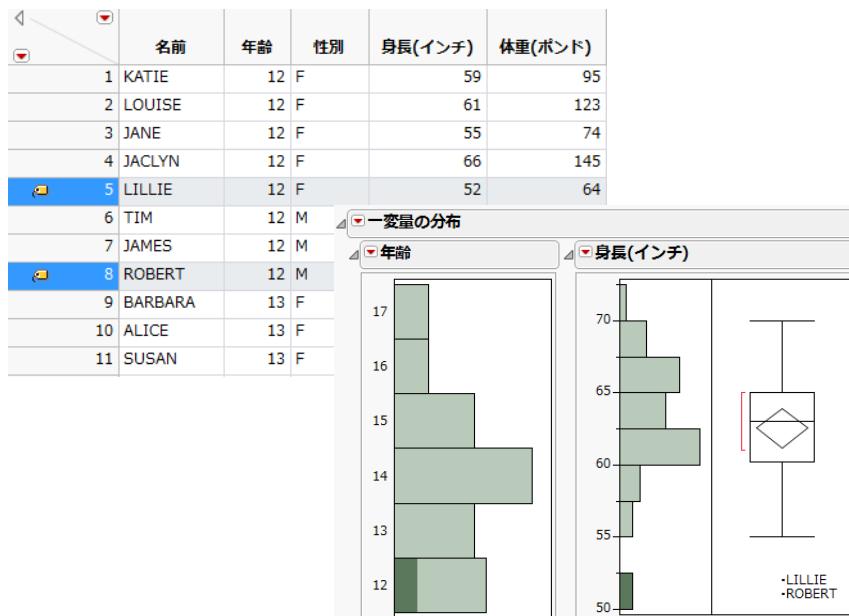
「一変量の分布」プラットフォームを使用する

「一変量の分布」プラットフォームでは、1変数の分布を分析できます。ヒストグラムを表示し、平均や標準偏差などをレポートします。「一変量」という用語は単に、分析対象の変数が2つ（二変量）や複数（多変量）ではなく、1つであることを示しています。ただし、複数の変数の分布を1つのレポート内に表示して調べることもできます。レポートの内容は、カテゴリカル変数（名義または順序変数）か、連続変数かによって異なります。

データがどのように分布しているかわかれば、さらに具体的な分析を行い、検討を進めることができます。

「一変量の分布」レポートウィンドウは対話的に操作できます。ヒストグラムの棒をクリックすると、他のヒストグラムやデータテーブル内で、対応するデータが強調表示されます。図3.1を参照してください。

図3.1 「一変量の分布」プラットフォームの例



目次

「一変量の分布」 プラットフォームの概要	31
「一変量の分布」 プラットフォームの例	31
「一変量の分布」 プラットフォームの起動	33
「一変量の分布」 レポート	34
ヒストグラム	35
「度数」 レポート	38
「分位点」 レポート	39
「要約統計量」 レポート	39
「一変量の分布」 プラットフォームのオプション	41
カテゴリカル変数のオプション	42
連続変数のオプション	44
正規分位点プロット	47
外れ値の箱ひげ図	47
分位点の箱ひげ図	48
幹葉図	49
累積確率プロット	50
平均の検定	51
標準偏差の検定	51
連続変数における信頼区間	52
連続変数における保存コマンド	52
予測区間	53
許容区間	54
工程能力分析	54
分布のあてはめ	56
「一変量の分布」 プラットフォームのその他の例	61
「一変量の分布」 プラットフォームの統計的詳細	67

「一変量の分布」プラットフォームの概要

「一変量の分布」プラットフォームでは、変数がカテゴリカル（名義尺度または順序尺度）か連続尺度かによって、変数の処理方法が異なります。

カテゴリカル変数

カテゴリカル変数の場合、最初に表示されるグラフはヒストグラムです。ヒストグラムとは、順序尺度または名義尺度の変数の各水準をそれぞれ1本の棒で表したもので。モザイク図（分割された棒グラフ）を追加することもできます。

レポートには度数と割合が表示されます。信頼区間や割合の検定を追加することもできます。

連続尺度の変数

分析対象の変数が数値で連続尺度の場合は、ヒストグラムと外れ値の箱ひげ図が最初に表示されます。ヒストグラムは、連続変数の値をいくつかのグループに分け、各グループをそれぞれ1本の棒で表したもので。次のプロットも必要に応じて表示できます。

- 分位点の箱ひげ図
- 正規分位点プロット
- 幹葉図
- 累積確率プロット

レポートには、分位点と要約統計量が表示されます。次のようなレポートオプションが用意されています。

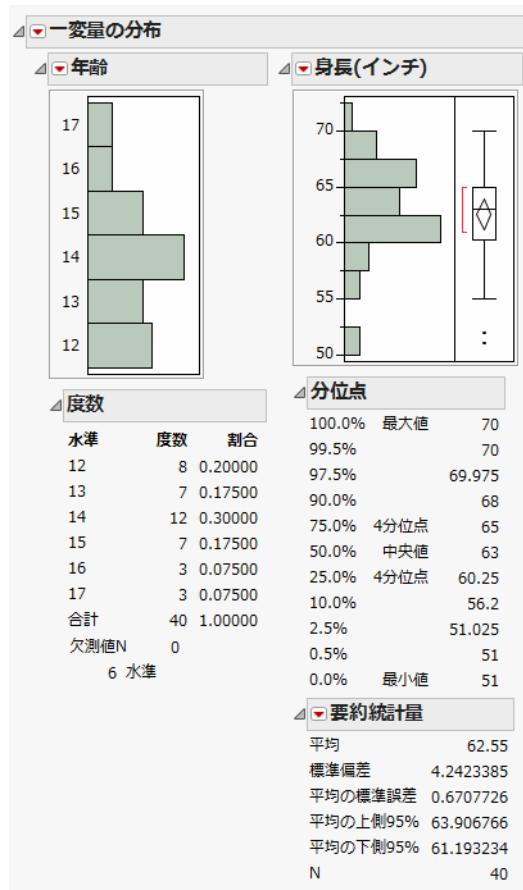
- 順位、確率スコア、正規分位点などをデータテーブルの新しい列に保存する。
- ある定数に対して、列の平均や標準偏差を検定する。
- 各種分布およびノンパラメトリックな平滑曲線をあてはめる。
- 品質管理を目的とした工程能力分析を実施する。
- 信頼区間、予測区間、許容区間。

「一変量の分布」プラットフォームの例

40名の生徒のデータが手元にあるとします。これらの生徒の年齢と身長の分布を確認してみましょう。

1. 「Big Class.jmp」サンプルデータテーブルを開きます。
2. [分析] > [一変量の分布] を選びます。
3. 「年齢」と「身長(インチ)」を選択し、[Y, 列] をクリックします。
4. [OK] をクリックします。

図3.2 「一変量の分布」プラットフォームの例



ヒストグラムを見ると、次のことがわかります。

- 年齢の分布は一様ではありません。
- 「身長(インチ)」のヒストグラムには、離れている点が2つあります（外れ値である可能性があります）。

「身長(インチ)」のヒストグラムで「50」の棒をクリックし、外れ値の可能性が高い点について検討します。

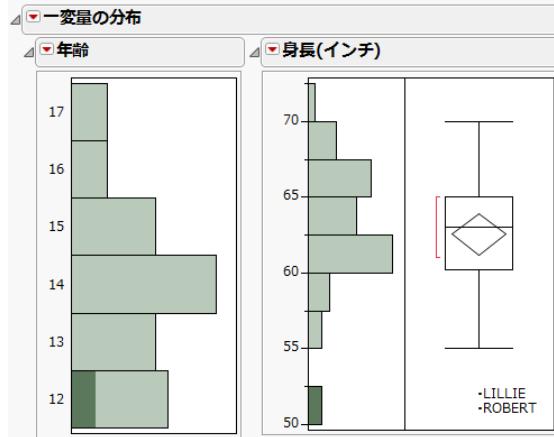
- 「年齢」のヒストグラムで、対応する年齢が強調表示されます。外れ値の年齢は12であることがわかります。
- データテーブル内では、選択した棒に対応する行が強調表示されます。外れ値の名前はLillieとRobertであることがわかります。

「身長(インチ)」のヒストグラムの外れ値にラベルを追加します。

- 両方の外れ値を選択します。

2. いずれかの外れ値を右クリックして [行ラベル] を選択します。
データテーブルでは、該当行にラベルアイコンが追加されます。
3. 必要に応じて、ラベル全体が表示されるように箱ひげ図の幅を広げてください。

図3.3 ラベルを付けた外れ値



「一変量の分布」プラットフォームの起動

「一変量の分布」プラットフォームを起動するには、[分析] > [一変量の分布] を選択します。

図3.4 「一変量の分布」の起動ウィンドウ

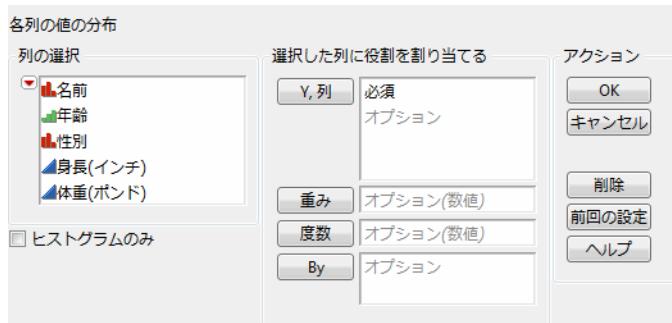


表3.1 「一変量の分布」起動ウィンドウの説明

Y, 列	分析の対象となる変数を割り当てます。選択した変数ごとに、ヒストグラムと、いくつかのレポートが表示されます。
重み	オブザーバーションに異なる重みを付けるための変数を指定します。平均や標準偏差などのモーメントの統計量は、重みを考慮して計算されます。

表3.1 「一変量の分布」起動ウィンドウの説明（続き）

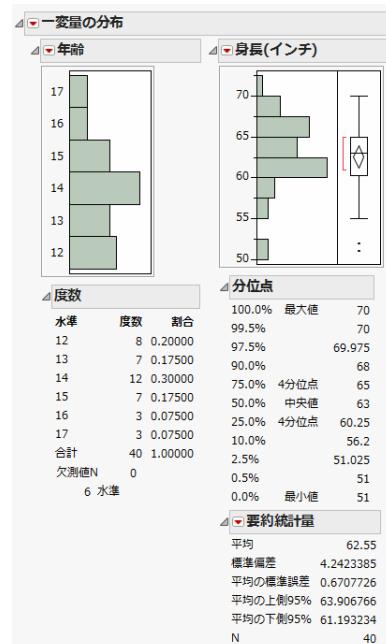
度数	度数の変数を指定します。データがすでに要約されている場合に便利です。度数の変数には、Y値の発生頻度を含む変数を指定してください。度数の合計は、「要約統計量」レポートに全体の度数（[N]）として表示されます。「要約統計量」レポートに表示されるすべての統計量（平均や標準偏差など）が、度数を考慮して計算されます。
By	By変数の水準ごとに個別のレポートが作成されます。複数のBy変数を割り当てた場合、それらのBy変数の水準の組み合わせごとに個別のレポートが作成されます。
ヒストグラムのみ	レポートウィンドウに、ヒストグラムだけを表示し、それ以外の情報は表示しません。

起動ウィンドウ全般については、『JMPの使用法』を参照してください。

「一変量の分布」レポート

「「一変量の分布」プラットフォームの例」（31ページ）の手順に従って作業すると、図3.5のレポートが作成されます。

図3.5 最初に表示される「一変量の分布」レポートウィンドウ



注：データテーブルで除外した行は、ヒストグラムで非表示になります。

「一変量の分布」レポートウィンドウには、変数ごとにヒストグラムとレポートが表示されます。次の点を念頭に置いてください。

- 現在の変数を、別の変数に置き換えることができます。データテーブルの「列」パネルから変数をドラッグし、ヒストグラムの軸の上にドロップすると、変数が置き換えられます。
- 新しい変数を追加できます。データテーブルの「列」パネルから変数をドラッグし、既存のヒストグラムの外にドロップすると、その変数が新たに追加されます。変数は、既存のヒストグラムの、一番先頭、間、または、一番後ろのいずれにも追加できます。

注: 変数を削除するには、赤い三角ボタンのメニューから **【削除】** を選択します。

- 「一変量の分布」の横にある赤い三角ボタンをクリックするとメニューが開き、レポートウィンドウ内のすべての変数に適用されるオプションが表示されます。[「一変量の分布」プラットフォームのオプション](#) (41ページ) を参照してください。
- 各変数名の横にある赤い三角ボタンをクリックするとメニューが開き、該当する変数にのみ適用されるオプションが表示されます。[「カテゴリカル変数のオプション」](#) (42ページ) または [「連続変数のオプション」](#) (44ページ) を参照してください。Ctrlキーを押したまま変数のオプションを選択すると、尺度が同じすべての変数にそのオプションが適用されます。
- ヒストグラムはデータを視覚的に表示します。[「ヒストグラム」](#) (35ページ) を参照してください。
- カテゴリカル変数のレポートには、「度数」レポートが含まれます。[「度数」レポート](#) (38ページ) を参照してください。
- 連続変数のレポートには、「分位点」レポートと「要約統計量」レポートが含まれます。[「分位点」レポート](#) (39ページ) および [「要約統計量」レポート](#) (39ページ) を参照してください。

ヒストグラム

ヒストグラムはデータを視覚的に表示します。変数がカテゴリカル（名義尺度もしくは順序尺度）の場合は、棒グラフが表示されます。棒グラフは、変数の水準ごとに1本の棒で度数を表します。変数が連続尺度である場合は、ヒストグラムが表示されます。ヒストグラムは、変数の数値をいくつかのグループに分け、各グループをそれぞれ1つの棒で度数を表します。

表3.2 ヒストグラムの操作

データの強調表示	ヒストグラムの棒をクリックすると、対応する行がデータテーブル内で強調表示されます。他にもヒストグラムがある場合は、そのヒストグラムでも対応する部分が強調表示されます。 「棒の強調表示と行の選択」 (37ページ) を参照してください。
サブセットの作成	ヒストグラムの棒をダブルクリックするか、ヒストグラムの棒を右クリックして 【サブセット】 を選択すると、該当するデータだけを抽出した新しいデータテーブルが作成されます。

表3.2 ヒストグラムの操作（続き）

ヒストグラム全体のサイズの変更	ヒストグラムの枠線の上にマウスを置くと、カーソルの形が双方向の矢印に変わります。カーソルの形が変化したら、枠線をクリックしてドラッグすると、グラフのサイズが変更されます。詳細については、『JMPの使用法』を参照してください。
軸の再スケール	(連続尺度の変数のみ) 軸をクリックしてドラッグすると、スケールが変更されます。 または、軸の上にマウスを置くと、手のひらの形にカーソルが変わります。カーソルの形が変化したら、軸をダブルクリックし、「軸の指定」ウィンドウでスケールを設定しても、スケールが変更されます。
ヒストグラムの棒のサイズの変更	(連続尺度の変数のみ) ヒストグラムの棒のサイズは、複数の方法で変更できます。「連続変数のヒストグラムにおける棒のサイズ変更」(36ページ) を参照してください。
棒の選択方法	複数のヒストグラムにおける棒を選択するには、いくつかの方法があります。「複数のヒストグラムにまたがる選択」(38ページ) を参照してください。

ヒストグラムに関するオプションを表示するには、次の操作を実行します。

- ヒストグラム上で右クリックします。『JMPの使用法』を参照してください。
- 変数名の横にある赤い三角ボタンをクリックし、[ヒストグラムオプション]を選択します。表示されるオプションは、変数の尺度によって若干異なります。「カテゴリカル変数のオプション」(42ページ) または「連続変数のオプション」(44ページ) を参照してください。

連続変数のヒストグラムにおける棒のサイズ変更

連続変数に対するヒストグラムでは、次を使用して棒のサイズを変更できます。

- 手のひらツール
- [棒の幅の設定] オプション
- [目盛り間隔] オプション

手のひらツールの使用

手のひらツールを使用すると、データをすばやく調べることができます。

- [ツール] > [手のひら] を選択します。

注：(Windowsのみ) デフォルトの設定では、ウィンドウタイトルの下にあるバーの上にマウスを置かないと、メニューバーは表示されません。この設定は、[ファイル] > [環境設定] > [Windowsのみ] で変更することもできます。

2. ヒストグラム上の任意の位置に手のひらツールを配置します。
3. ヒストグラムの棒をクリックしてドラッグします。

ヒストグラムの各棒を、オブザベーションを含む入れ物と考えてください。手のひらツールによって、その入れ物の大きさが変更されます。

- 手のひらツールを左へ動かすと、区間が結合されて棒の幅が広くなります。1本1本の棒の幅が広くなると、棒の数は減ります。
- 手のひらツールを右へ動かすと、棒の幅が狭くなり、棒の数が増えます。
- 手のひらツールを上下へ動かすと、軸上の棒の位置がシフトし、それに応じて各棒の位置や高さも変化します。

[棒の幅の設定] オプションの使用

[棒の幅の設定] オプションによって、ヒストグラムにおける棒の幅を正確に設定できます。[棒の幅の設定] オプションを使用するには、変数名の横にある赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [ヒストグラムオプション] > [棒の幅の設定] を選択します。そして、[棒の幅] に数値を指定すると、ヒストグラムの棒がその幅になります。

[目盛り間隔] オプションの使用

[目盛り間隔] オプションでも、棒の幅を正確に設定できます。[目盛り間隔] オプションを使用するには、軸をダブルクリックし、[目盛り間隔] の値を変更します。

棒の強調表示と行の選択

ヒストグラムの棒をクリックすると、その棒と、データテーブル内の対応する行が強調表示されます。また、他のグラフでも対応するデータの部分が強調表示されます。図3.6は、「身長(インチ)」のヒストグラムにおいて1本の棒を強調表示した結果です。データテーブル内では、その棒に対応する行が選択されています。

ヒント: ヒストグラムの棒の選択を解除するには、Ctrlキーを押しながら、強調表示されている棒をクリックします。

図3.6 棒と行の強調表示



複数のヒストグラムにまたがる選択

複数のヒストグラムにまたがる選択では、論理OR、もしくは、論理ANDのいずれかで、棒を選択していくことができます。

- すでに選択されているものに新しいものを追加していくときには、Shiftキーを押しながら別の棒を選択していきます。これは、OR演算と同じです。
- 選択を絞り込んでいくときには、Altキーを押しながら棒を選択していきます。これは、AND演算と同じです。

関連情報

- 「複数のヒストグラムにおけるデータ選択の例」(61ページ)

「度数」レポート

名義変数と順序変数の場合は、「度数」レポートに変数の水準と、各水準の発生頻度および全体に占める割合が表示されます。

「度数」レポートには、カテゴリカル変数（名義または順序変数）の水準ごとに、表3.3に示す情報が表示されます。欠測値は分析から除外されます。

表3.3 「度数」レポートの説明

水準	応答変数の値をリストしたもの。
度数	応答変数の水準ごとの行数をリストしたもの。ただし、度数変数を指定した場合、度数変数の値の合計が表示されます。

表3.3 「度数」レポートの説明（続き）

p 値	応答変数の水準ごとに、その割合（確率）をリストしたもの。割合は、度数を変数全体の度数（表の下端に表示されている）で割ったものです。
割合の標準誤差	割合の標準誤差をリストしたもの。デフォルトでは、この列は非表示になっています。表示するには、度数表内を右クリックし、[列] > [割合の標準誤差]を選択します。
累積割合	割合の累積合計が表示されます。デフォルトでは、この列は非表示になっています。表示するには、度数表内を右クリックし、[列] > [累積割合]を選択します。

「分位点」レポート

連続変数の場合には、「分位点」レポートに分位点（パーセント点）が表示されます。

関連情報

- 「[分位点の統計的詳細](#)」（67ページ）

「要約統計量」レポート

連続変数の場合には、「要約統計量」レポートに平均や標準偏差などが表示されます。表示する要約統計量は、自由に選べます。「要約統計量」の赤い三角ボタンのメニューから「要約統計量のカスタマイズ」を選択して、表示したい統計量を選んでください。

- 表3.4に、デフォルトで表示される統計量を示します。
- 表3.5に、「要約統計量のカスタマイズ」ウィンドウで追加できる統計量を示します。

表3.4 「要約統計量」レポートの説明

平均	算術平均。標本平均。平均は、応答変数の母集団分布における期待値の推定値です。非欠測値に関して、それらの合計を個数で割って求めます。
標準偏差	データのばらつきを示す指標。なお、正規分布は、平均と標準偏差だけによって定義されます。標本サイズが大きく、データが正規分布に従っている場合、これら2つのパラメータによって、次のようにデータを簡単に要約することができます。 <ul style="list-style-type: none">データの68%は、平均から± 1標準偏差の区間にあります。データの95%は、平均から± 2標準偏差の区間にあります。データの99.7%は、平均から± 3標準偏差の区間にあります。
平均の標準誤差	平均（標本平均）の標準偏差の推定値。

表3.4 「要約統計量」レポートの説明（続き）

平均の上側95%信頼限界と 平均の下側95%信頼限界	平均に関する両側95%信頼区間。「この区間に、母平均が含まれている」という判断の信頼性が高い区間を表します。
N	非欠測値の個数。

表3.5 その他の要約統計量

重みの合計	（起動ウィンドウで）[重み] の役割を割り当てられた列の合計。平均を計算する際、Nの代わりに分母として使用されます。
合計	応答の値の合計。
分散	不偏分散。標準偏差の2乗。
歪度	歪みや対称性に関する指標。
尖度	尖りや裾の重さに関する指標。
変動係数	単位がパーセントの変動係数。標準偏差を平均で割り、100を掛けた値です。変動係数は相対的な変動の評価に効果的です。たとえば、異なる単位で測定されたデータの変動を比較するときに使用できます。
欠測値N	欠測値の個数。
ゼロの個数	0の値の数。
一意な値の個数	一意（ユニーク）な値の個数。
無修正平方和	修正を加えていない平方和。データそのものの2乗和。
修正平方和	修正を加えた平方和。平均からの偏差の2乗和。
自己相関	（[度数] 変数を指定していない場合のみ表示されます。）1次の自己相関。行と、その1つ前の行との間に、相関が見られるかどうかを示します。データにおける系列相関を検出するのに役立ちます。
最小値	0パーセント点。
最大値	100パーセント点。
中央値（メディアン）	メディアン。50パーセント点。
最頻値	モード。データ内で最も出現頻度が高い値。最頻値が複数ある場合、その中の最小値が表示されます。
トリム平均	データの大きい方からpパーセントと小さい方からpパーセントを除外して計算した平均値。pの値は、ウィンドウの最下部にある[トリム平均に用いるパーセントを入力]に入力される値です。「重み」変数を指定した場合は、[トリム平均]オプションは表示されません。
幾何平均	データの積のn乗根。

表3.5 その他の要約統計量 (続き)

範囲	データの最大値と最小値の差。
四分位範囲	第3四分位点と第1四分位点の差。
中央絶対偏差	([重み] 変数を指定した場合は表示されません。) 中央値からの偏差の絶対値の中央値。
ロバスト 平均	ロバスト平均値。外れ値の影響を受けにくいHuberのM推定で求めます。Huber and Ronchetti (2009) を参照してください。
ロバスト 標準偏差	ロバスト標準偏差値。外れ値の影響を受けにくいHuberのM推定で求めます。Huber and Ronchetti (2009) を参照してください。
平均の信頼区間にに対する (1- α)を入力	平均の信頼区間にに対する α 水準を指定します。
トリム平均に用いるパーセントを入力	トリム平均に使用するパーセントを指定します。指定したパーセントのデータが、データの上下から除外されます。

要約統計量のオプション

「要約統計量」の赤い三角ボタンのメニューには、次のオプションが含まれています。

要約統計量のカスタマイズ 表示したい統計量を、一覧から選択してください。すべての統計量を選択したり、逆に、すべての選択を解除したりもできます。用意されている統計量については、表3.5を参照してください。

すべての最頻値を表示 複数の最頻値があるときに、そのすべてが表示されます。

関連情報

- ・ [「要約統計量の統計的詳細」 \(68 ページ\)](#)

「一変量の分布」プラットフォームのオプション

「一変量の分布」の横にある赤い三角ボタンをクリックするとメニューが開きます。このメニューで用意されているオプションは、「一変量の分布」プラットフォームのすべてのレポートとグラフに適用されます。

表3.6 「一変量の分布」プラットフォームのオプションの説明

スケールの統一	すべての軸で最小値、最大値、間隔が同じになり、分布が簡単に比較できるようになります。
---------	--

表3.6 「一変量の分布」 プラットフォームのオプションの説明（続き）

積み重ねて表示	ヒストグラムとレポートを横に並べて表示します。複数の変数の分布レポートがある場合は、縦に積み重ねて表示します。このオプションの選択を解除すると、レポートウィンドウのレイアウトは元に戻ります。
複数行に配置	横に並べて表示するプロットの数を入力します。プロットを横長ではなく縦長に並べて表示したい場合に便利です。
Flash(.SWF)形式で保存	ヒストグラムをAdobe Flash Playerに対応した.SWFファイル形式で保存します。保存したファイルはプレゼンテーションやWebページで使用できます。SWFファイルの使用に必要なコードを含むHTMLページも同時に保存されます。
	このオプションの詳細については、 http://www.jmp.com/support/swfhelp/ja を参照してください。
スクリプト	このメニューには、すべてのプラットフォームに共通するスクリプト関連のコマンドがリストされています。分析をやり直すコマンド、分析のJSLコマンドをウィンドウやファイルに保存するコマンドなどがあります。詳細は、『JMPの使用法』を参照してください。

カテゴリカル変数のオプション

各変数名の横にある赤い三角ボタンをクリックするとメニューが開きます。このメニューで用意されているオプションは、該当する変数にのみ適用されます。ここでは、カテゴリカル変数（名義尺度または順序尺度の変数）に適用されるオプションについて説明します。

連続尺度の変数に適用されるオプションについては、「[連続変数のオプション](#)」（44ページ）を参照してください。

表3.7 カテゴリカル変数のオプションの説明

[表示オプション] サブメニューには、次のようなオプションが含まれます	
度数	「度数」レポートの表示／非表示を切り替えます。「 「度数」レポート 」（38ページ）を参照してください。
横に並べる	ヒストグラムとレポートの表示方向を縦／横に切り替えます。
軸を左に	度数、割合、密度の各軸を右側から左側へ移動させます。 このオプションは、[横に並べる] が選択されている場合のみ使用可能です。
[ヒストグラムオプション] サブメニューには、次のようなオプションが含まれます。	
ヒストグラム	ヒストグラムの表示／非表示を切り替えます。「 ヒストグラム 」（35ページ）を参照してください。

表3.7 カテゴリカル変数のオプションの説明（続き）

縦に表示	ヒストグラムの表示方向を縦／横に切り替えます。
標準誤差バー	ヒストグラムの水準ごとに標準誤差バーが描かれます。
棒の間を離す	ヒストグラムの棒を離して表示します。
ヒストグラムの色	ヒストグラムの棒の色を変更します。
度数軸	それぞれの棒に含まれている値の度数を表す軸が表示されます。
割合軸	それぞれの棒に含まれている値の割合を表す軸が表示されます。
密度軸	ヒストグラムの棒の長さを示す軸が追加されます。 度数と割合は、それぞれ次のように計算されます。 $\text{割合} = (\text{棒の幅}) \times \text{密度}$ $\text{度数} = (\text{棒の幅}) \times \text{密度} \times (\text{合計度数})$
パーセントの表示	ヒストグラムの各棒に、その棒の度数が全体に占める割合が表示されます。
度数の表示	ヒストグラムの各棒に、その棒の度数が表示されます。
モザイク図	1変数に対するモザイク図が表示されます。モザイク図とは、長方形を縦に積み重ねた一種の棒グラフであり、長方形の面積がグループの度数に比例しています。
棒の表示順序	ヒストグラム、モザイク図、「度数」レポートを度数の大きい順または小さい順に並べ替えます。新しい順序を列プロパティとして保存するには、[保存] > [値の順序] オプションを使用します。
割合の検定	仮説の割合を検定したレポートが表示されます。詳細は、「[割合の検定] オプションの例」(61ページ) を参照してください。
信頼区間	割合に対する信頼区間が計算されます。信頼区間の計算方法は、スコア法です。このメニューでは、信頼区間の α 水準を選択できます。メニューにある値を選択するか、[その他] を選択して独自の値を入力します。
保存】	サブメニューには、次のようなオプションが含まれます。
水準番号	データテーブルの中に、「水準<列名>」という新しい列が作成されます。各オブザベーションの水準番号は、ヒストグラム上でそのオブザベーションが属している棒の番号です。
値の順序	(このオプションは、[棒の表示順序] オプションと併用してお使いください。) データテーブルの列に、「値の順序」列プロパティを作成します。保存された「値の順序」列プロパティでは、現在、指定されている順序でデータが並びかえられています。

表3.7 カテゴリカル変数のオプションの説明（続き）

スクリプトをログに保存	現在のレポートを生成するためのスクリプトコマンドがログウィンドウに表示されます。[表示] > [ログ] を選択して、ログウィンドウを表示します。
削除	「一変量の分布」レポートから、変数とそのすべてのレポートが完全に削除されます。

連続変数のオプション

各変数名の横にある赤い三角ボタンをクリックするとメニューが開きます。このメニューで用意されているオプションは、該当する変数にのみ適用されます。ここでは、連続変数に適用されるオプションについて説明します。

名義尺度または順序尺度の変数に適用されるオプションについては、「[カテゴリカル変数のオプション](#)」（42ページ）を参照してください。

表3.8 連続尺度の変数のオプションの説明

[表示オプション] サブメニューには、次のようなオプションが含まれます	
分位点	「分位点」レポートの表示／非表示を切り替えます。「 「分位点」レポート 」（39ページ）を参照してください。
分位点の間隔の設定	分位点の間隔を変更するか、デフォルトの値に戻します。
カスタム分位点	計算する分位点を、値または増分によって指定できます。信頼区間の信頼水準を変更することもできます。カーネル密度推定に基づいて平滑化した経験尤度法による分位点推定値がレポートに追加されます。これらの分位点推定値の信頼区間は、所与の信頼水準での分位点を含む確率が高い傾向にあります。
要約統計量	「要約統計量」レポートの表示／非表示を切り替えます。「 「要約統計量」レポート 」（39ページ）を参照してください。
要約統計量のカスタマイズ	「要約統計量」レポートに表示される統計量を追加または削除します。「 「要約統計量」レポート 」（39ページ）を参照してください。
横に並べる	ヒストグラムとレポートの表示方向を縦／横に切り替えます。
軸を左に	度数、割合、密度、正規分位点プロットの各軸を右側から左側へ移動させます。このオプションは、[横に並べる] が選択されている場合のみ使用可能です。
[ヒストグラムオプション] サブメニューには、次のようなオプションが含まれます。	
ヒストグラム	ヒストグラムの表示／非表示を切り替えます。「 ヒストグラム 」（35ページ）を参照してください。

表3.8 連続尺度の変数のオプションの説明（続き）

シャドウグラム	ヒストグラムの代わりにシャドウグラムを表示します。ヒストグラムのバンド幅を変更すると、ヒストグラムの形状が変化します。シャドウグラムは、いくつかのバンド幅に対するカーネル密度推定の結果を合わせたものです。シャドウグラムにすると、分布の主要な特長は把握しにくくなります。 シャドウグラムでは次のオプションは使用できません。 <ul style="list-style-type: none">標準誤差バー度数の表示パーセントの表示
縦に表示	ヒストグラムの表示方向を縦／横に切り替えます。
標準誤差バー	標準誤差を使って、ヒストグラムの水準ごとに標準誤差バーが作成されます。手のひらツールで棒の数を変更すると、標準誤差バーも自動的に調整されます。「連続変数のヒストグラムにおける棒のサイズ変更」（36ページ）および「標準誤差バーの統計的詳細」（67ページ）を参照してください。
棒の幅の設定	ヒストグラムの棒の幅を変更します。「連続変数のヒストグラムにおける棒のサイズ変更」（36ページ）を参照してください。
ヒストグラムの色	ヒストグラムの棒の色を変更します。
度数軸	それぞれの棒に含まれている値の度数を表す軸が表示されます。 注：ヒストグラムの棒のサイズを変更すると、度数軸も変化します。
割合軸	それぞれの棒に含まれている値の割合を表す軸が表示されます。 注：ヒストグラムの棒のサイズを変更すると、割合軸も変化します。
密度軸	密度軸が追加されます。密度とは、ヒストグラムの棒の長さを指します。度数と割合は、それぞれ次のように計算されます。 $\text{割合} = (\text{棒の幅}) \times \text{密度}$ $\text{度数} = (\text{棒の幅}) \times \text{密度} \times (\text{合計度数})$ [分布のあてはめ] オプションで作成した密度曲線を検討する場合は、密度軸によって、密度曲線上の値を知ることができます。 注：ヒストグラムの棒のサイズを変更すると、密度軸も変化します。
パーセントの表示	ヒストグラムの各棒に、その棒の度数が全体に占める割合が表示されます。
度数の表示	ヒストグラムの各棒に、その棒の度数が表示されます。
正規分位点プロット	変数がどの程度正規分布に従っているかを示す正規分位点プロットが作成されます。「正規分位点プロット」（47ページ）を参照してください。

表3.8 連続尺度の変数のオプションの説明（続き）

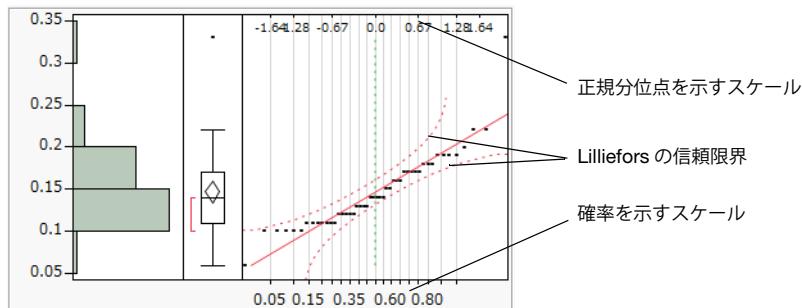
外れ値の箱ひげ図	外れ値の箱ひげ図が表示されます。「外れ値の箱ひげ図」は、外れ値を探すのに役立ちます。「外れ値の箱ひげ図」（47ページ）を参照してください。
分位点の箱ひげ図	分位点の箱ひげ図が表示されます。「分位点」レポートに示されている分位点が表示されます。「分位点の箱ひげ図」（48ページ）を参照してください。
幹葉図	ヒストグラムの一種である幹葉図が作成されます。「幹葉図」（49ページ）を参照してください。
累積確率プロット	経験累積分布関数のプロットが作成されます。「累積確率プロット」（50ページ）を参照してください。
平均の検定	平均の一標本検定が実行されます。「平均の検定」（51ページ）を参照してください。
標準偏差の検定	標準偏差の一標本検定が実行されます。「標準偏差の検定」（51ページ）を参照してください。
信頼区間	平均と標準偏差に対する信頼区間が計算されます。「連続変数における信頼区間」（52ページ）を参照してください。
予測区間	次に無作為抽出される1つの観測値、もしくは、次に無作為抽出される標本の平均や標準偏差が含まれる区間が計算されます。「予測区間」（53ページ）を参照してください。
許容区間	少なくとも指定した割合だけのオブザベーションを含むと主張できる区間が計算されます。「許容区間」（54ページ）を参照してください。
工程能力分析	工程が特定の仕様限界に適合しているかどうかを測定します。「工程能力分析」（54ページ）を参照してください。
連続分布のあてはめ	連続分布をデータにあてはめます。「分布のあてはめ」（56ページ）を参照してください。
離散分布のあてはめ	離散分布をデータにあてはめます。「分布のあてはめ」（56ページ）を参照してください。
保存	連続変数またはカテゴリカル変数についての情報が保存されます。「連続変数における保存コマンド」（52ページ）を参照してください。
削除	「一変量の分布」レポートから、変数とそのすべてのレポートが完全に削除されます。

正規分位点プロット

【正規分位点プロット】オプションを選択すると、変数がどの程度正規分布に従っているかを確認できます。ある変数が正規分布に従っている場合、正規分位点プロットはほぼまっすぐな対角線になります。このプロットは、分位点一分位点プロットまたはQ-Qプロットとも言います。

正規分位点プロットには、Lillieforsの信頼限界 (Conover 1980)、確率スケール、正規分位点スケールも表示されます。

図3.7 正規分位点プロット



次の点に注目してください。

- Y軸は、列の値を表します。
- X軸は、各値の経験累積確率を示します。

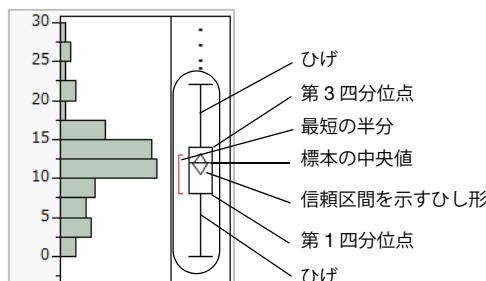
関連情報

- 「正規分位点プロットの統計的詳細」 (69ページ)

外れ値の箱ひげ図

外れ値の箱ひげ図では、分布を観察したり、外れ値を見つけたりすることができます。一般に、箱ひげ図には、いくつかの分位点が表されています。

図3.8 外れ値の箱ひげ図



外れ値の箱ひげ図には、次のような情報が描かれます。

- 箱を横切る線は標本の中央値（メディアン）を示します。
- ひし形は、平均と、平均の95%信頼区間を表します。ひし形の中央にある水平線が平均を示し、ひし形の上下の点が、それぞれ平均の上側と下側の95%信頼限界を表します。
- 箱の両端は25%と75%の分位点で、それぞれ第1および第3四分位点とも呼ばれます。
- 第1四分位点と第3四分位点の差が四分位範囲です。
- 箱の両端にはひげと呼ばれる線が付いています。ひげは、箱の端から、次の式で計算された範囲内で最も遠くにある点まで伸びています。

第1四分位点 - 1.5* (四分位範囲)

第3四分位点 + 1.5* (四分位範囲)

上の式で計算された範囲内にあるデータ点の一番大きい値と小さい値（外れ値は除く）が、ひげの両端になります。

- 箱の外側に表示されている括弧は、最短の半分（**shortest half**）を示します。これは、オブザベーションの50%が密集する最も短い範囲です（Rousseeuw and Leroy 1987）。

箱ひげ図からのひし形や最短半分の削除

外れ値の箱ひげ図から、信頼区間を示すひし形や、「最短の半分」を示す括弧を削除するには、次の手順に従います。

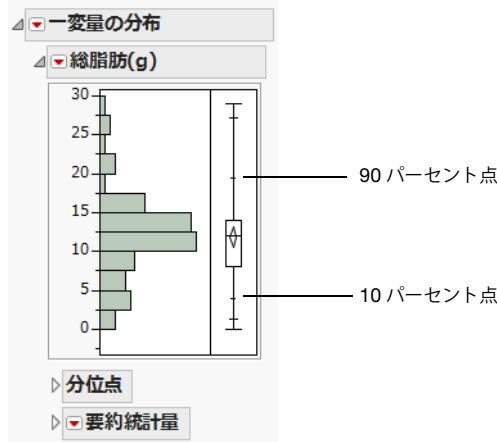
- 外れ値の箱ひげ図を右クリックし、[カスタマイズ] を選択します。
- 「箱ひげ図」を選択します。
- [信頼のひし形] または [最短の半分] のチェックを外します。

「グラフをカスタマイズ」ウィンドウの詳細については、『JMPの使用法』を参照してください。

分位点の箱ひげ図

[分位点の箱ひげ図] を選択すると、「分位点」レポートに示されている分位点が表示されます。分布が対称であれば、箱ひげ図に表示される分位点も対称に並んでいるはずです。これを目安にすれば、分布が対称かは一目で判断できます。たとえば、分位点を示すマークの間隔が一方では狭く、もう一方では広い場合、その分布は間隔の広い側に歪んでいることがわかります。図3.9を参照してください。

図3.9 分位点の箱ひげ図



p パーセント点は、値を小さい方から数えて $p\%$ のところにある値です。たとえば、小さい方から数えて 10% のところにある点が 10 パーセント点、90% のところにある点が 90 パーセント点となります。

幹葉図

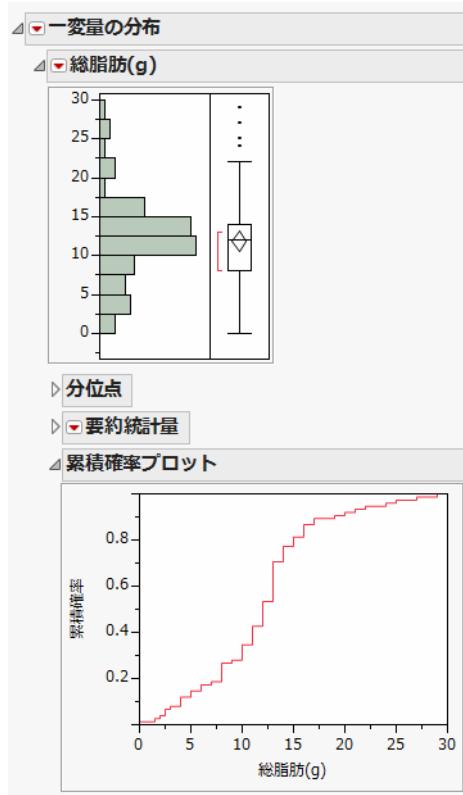
プロットの各行に表示された幹の値は、データ値の最初のいくつかの桁を表します。葉の値は、各データ値の残りの桁を示します。幹と葉を結合すると、データ値になります。幹葉図には、テーブル上の実測値を丸めた値が表示される場合もあります。幹葉図の値はマウスやブラシツールで選択できます。

注：幹葉図は、度数が小数点であるデータをサポートしていません。

累積確率プロット

経験累積分布関数のプロットが作成されます。累積確率プロットでは、X軸上の所定値以下に収まるデータの割合を確認できます。

図3.10 累積確率プロット



たとえば、この累積確率プロットでは、データのおよそ30%で総脂肪の値が10グラムを下回っています。

平均の検定

[平均の検定] オプションを選択すると、検定を設定するためのウィンドウが開きます。そこで指定された検定方法によって、一標本の平均に対する検定が実行されます。標準偏差の値を指定すると、*z*検定が実行されます。標準偏差を入力しなかった場合は、標本から推定された標準偏差を使って、*t*検定が実行されます。ノンパラメトリックなWilcoxonの符号付順位検定を実行することもできます。

[平均の検定] オプションは、帰無仮説における平均を変えて、何回でも実行できます。実行するたびに、新しい「平均の検定」レポートが追加されます。

表3.9 「平均の検定」レポートの説明

平均の検定で計算される統計量	
<i>t</i> 検定 (または <i>z</i> 検定)	検定統計量の値と、片側検定と両側検定の <i>p</i> 値がリストされます。
Wilcoxon の符号付順位検定	(Wilcoxon の符号付順位検定を実施した場合のみ表示) Wilcoxon の符号付順位検定の統計量と、片側検定と両側検定の <i>p</i> 値がリストされます。この検定の仮定は、分布が対称であることだけです。 「Wilcoxon の符号付順位検定の統計的詳細」(70ページ) を参照してください。
p 値	
<i>p</i> 値(<i>Prob</i> > <i>t</i>)	母平均が仮説値と等しいと仮定したときに、まったくの偶然だけで、計算された標本の <i>t</i> 値の絶対値よりも、 <i>t</i> 値の絶対値が大きくなる確率です。これは両側 <i>t</i> 検定の <i>p</i> 値です。
<i>p</i> 値(<i>Prob</i> > <i>t</i>)	母平均が仮説値と等しいと仮定したときに、まったくの偶然だけで、計算された標本の <i>t</i> 値より大きい <i>t</i> 値を得る確率です。これは上側の片側検定の <i>p</i> 値です。
<i>p</i> 値(<i>Prob</i> < <i>t</i>)	母平均が仮説値と等しいと仮定したときに、まったくの偶然だけで、計算された標本の <i>t</i> 値より小さい <i>t</i> 値を得る確率です。これは下側の片側検定の <i>p</i> 値です。

表3.10 「平均の検定」オプションの説明

p 値アニメーション	対話的なグラフに、 <i>p</i> 値を描きます。平均の仮説値などを変更した場合に、 <i>p</i> 値にどのような影響が及ぶかを確認できます。
検出力アニメーション	対話的なグラフに、検出力とベータを描きます。真の平均や、平均の仮説値によって、検出力とベータがどのように変化するを確認できます。
検定結果の削除	平均の検定結果を削除します。

標準偏差の検定

[標準偏差の検定] オプションを選択すると、一標本の標準偏差に対する検定 (Neter, Wasserman and Kutner 1990) が実行されます。**[標準偏差の検定]** オプションは、帰無仮説における標準偏差を変えて、何回でも実行できます。実行するたびに、新しい「標準偏差の検定」レポートが追加されます。

表3.11 「標準偏差の検定」レポートの説明

検定統計量	カイ2乗検定統計量の値。「標準偏差の検定の統計的詳細」(70ページ) を参照してください。
最小p値	母標準偏差が仮説値と等しいと仮定したときに、まったくの偶然だけで、計算された標本のカイ2乗値より大きいカイ2乗値を得る確率です。詳細については、「標準偏差の検定の統計的詳細」(70ページ) を参照してください。
p値 (Prob>ChiSq)	母標準偏差が仮説値と等しいと仮定したときに、まったくの偶然だけで、計算された標本のカイ2乗値より大きいカイ2乗値を得る確率です。これは片側t検定のp値です。
p値 (Prob<ChiSq)	母標準偏差が仮説値と等しいと仮定したときに、まったくの偶然だけで、計算された標本のカイ2乗値より小さいカイ2乗値を得る確率です。これは片側t検定のp値です。

連続変数における信頼区間

【信頼区間】サブメニューの各オプションを選択すると、平均と標準偏差の信頼区間が計算されます。[0.90]、[0.95]、[0.99] の各オプションを選択した場合、両側信頼区間が計算されます。【信頼区間】>【その他】オプションを選択した場合、信頼水準を入力し、片側か両側のどちらかを選択できます。また、既知の σ を入力することもできます。既知の σ を入力した場合は、 t 値ではなく z 値によって、平均の信頼区間が計算されます。

「信頼区間」レポートには、平均と標準偏差のパラメータ推定値、および $1 - \alpha$ の上側信頼限界と下側信頼限界が表示されます。

連続変数における保存コマンド

【保存】メニューのコマンドを使用して、連続尺度の変数に関する情報を保存できます。各保存コマンドを選択すると、現在のデータテーブルに新しい列が作成されます。新しい列の名前は、選択した保存コマンド名の後に変数名（下の表で<列名>と表記）が付いた形になります。表3.12を参照してください。

【保存】メニューのコマンドを繰り返し選択し、ヒストグラムの棒を組み合わせる前と後など、異なる状況で同じ情報を何度も保存できます。【保存】メニューのコマンドを2回以上実行した場合、列の名前には列名1、列名2、列名3というように連番が振られます。

表3.12 [保存] メニューのコマンドの説明

コマンド	データテーブルに 追加される列	説明
水準番号	水準 <列名>	各オブザベーションの水準番号は、ヒストグラム上でそのオブザベーションが属している棒の番号です。棒に対して、小さいものから順に1から始まる通し番号が付けられます。
水準中間点	中間点 <列名>	各オブザベーションの中間点の値は、水準の下側の境界に、水準の幅の半分を足したものです。
順位	順位 <列名>	対応する列の値の1から始まる順位が保存されます。重複している値には、データテーブル内での順序に従って、連続した順位が割り当てられます。
平均順位	平均順位 <列名>	データに重複がない場合は、平均順位は、通常の順位と同じです。同じ値が k 回起こっている場合、それらの値の順位を合計し、 k で割ったものが平均順位です。
確率スコア	確率 <列名>	非欠測値の数を N としたとき、ある値の確率スコアは、その値の平均順位を $N + 1$ で割って算出されます。この列の値は、経験累積分布関数 (CDF) に似ています。
正規分位点	正規分位点 <列名>	正規分位点がデータテーブルに保存されます。「 正規分位点プロットの統計的詳細 」(69ページ) を参照してください。
標準化	標準化 <列名>	標準化したデータがデータテーブルに保存されます。「 標準化データの統計的詳細 」(70ページ) を参照してください。
中心化	中心化 <列名>	0で中心化した値が保存されます。
仕様限界	(なし)	工程能力分析での仕様限界が、現在のデータテーブルの対応列の列プロパティとして保存されます。次に工程分析を再実行したとき、自動的にこの仕様限界が読み込まれ、表示されます。
スクリプトをログ に保存	(なし)	スクリプトをログウィンドウに出力します。スクリプトを実行すると、分析を再現できます。

予測区間

予測区間とは、次に無作為抽出される1つの観測値、もしくは、次に無作為抽出される標本の平均や標準偏差が含まれる区間を計算したものです。これらの予測区間は、「正規分布に従う母集団から、標本が無作為抽出されている」という仮定の下で計算されます。片側予測区間と両側予測区間のいずれかを選択できます。

変数の「**予測区間**」オプションを選択すると、「**予測区間**」ウィンドウが表示されます。このウィンドウで、信頼水準、予測する標本サイズ、片側または両側限界を指定します。

関連情報

- ・「予測区間の統計的詳細」(71ページ)
- ・「予測区間の例」(63ページ)

許容区間

少なくとも指定した割合だけのオブザベーションを含むと主張できる区間を指します。つまり、平均や標準偏差ではなく、母集団の割合に対する信頼区間ということができます。許容区間は、Hahn and Meeker (1991) と Tamhane and Dunlop (2000) で詳細に論述されています。

変数の【許容区間】オプションを選択すると、「許容区間」ウィンドウが表示されます。このウィンドウで、信頼水準、オブザベーションの割合、片側または両側限界を指定します。これらの許容区間は、「正規分布に従う母集団から、標本が無作為抽出されている」という仮定の下で計算されます。

関連情報

- ・「許容区間の統計的詳細」(71ページ)
- ・「許容区間の例」(65ページ)

工程能力分析

【工程能力分析】オプションでは、工程が特定の仕様限界に適合しているかどうかを測定します。変数の【工程能力分析】オプションを選択すると、「工程能力分析」ウィンドウが表示されます。このウィンドウで、仕様限界、分布の種類、シグマについての情報を入力します。

注：仕様限界を列のプロパティとしてデータテーブルに保存するには、【保存】>【仕様限界】を選択します。次に工程能力分析を再実行したとき、保存済みの仕様限界が自動的に読み込まれます。

「工程能力分析」レポートは、「工程能力分析」と分布の種類（「長期シグマ」、「指定されたシグマ」など）の2つのセクションに分かれています。

工程能力分析の説明

「工程能力分析」のウィンドウ、レポート、オプションを以下の表で説明します。

表3.13 「工程能力分析」 ウィンドウの説明

<分布の種類>

デフォルトでは、工程能力の統計量や仕様限界から外れているものの割合は、正規分布の仮定に基づいて算出されます。非正規分布について工程能力分析を実行するには、「あてはめた分布のオプション」(58ページ) の「仕様限界」の説明を参照してください。

表3.13 「工程能力分析」 ウィンドウの説明（続き）

<シグマの種類>	シグマ（ σ ）の推定値が選択した手法で計算されます。 「工程能力分析の統計的詳細」（72ページ） を参照してください。
----------	---

表3.14 「工程能力分析」 レポートの説明

仕様	仕様限界のリストです。
値	仕様限界と目標値のフィールドにユーザが入力した値のリストです。
比率、実測値 %	「比率」列には、「実測値 %」列の数値について説明する次のラベルが表示されます。 <ul style="list-style-type: none">「LSL 以下」は、下限仕様限界未満のデータの割合を示します。「USL 以上」は、上限仕様限界超のデータの割合を示します。「限界外の合計数」は、下限仕様限界未満と上限仕様限界超の割合の合計を示します。
工程能力	工程能力指数の種類。表3.19 を参照してください。 注：環境設定で「Ppk 工程能力ラベル設定」をオンにした場合、全データから推定した工程能力統計量には、「P _{pk} 」というラベルが付きます。この環境設定を確認するには、「環境設定」 ウィンドウを開き（[ファイル] > [環境設定]）、[プラットフォーム] > [工程能力] を選択します。
指数	工程能力指数の値。
上側信頼限界	上側信頼限界。
下側信頼限界	下側信頼限界。
比率、パーセント	「比率」列には、「パーセント」列の数値について説明するラベルが表示されます。 <ul style="list-style-type: none">「LSL 以下」は、あてはめた分布における、下限仕様限界未満のデータの割合を示します。「USL 以上」は、あてはめた分布における、上限仕様限界超のデータの割合を示します。「限界外の合計数」は、あてはめた分布における、下限仕様限界未満と上限仕様限界超の割合を合計したものです。
PPM (100万分の1)	「PPM」列の値は、「パーセント」列の値に1万を掛けたものです。
シグマクオリティ	「シグマクオリティ」は、シックスシグマ分析の基準として使用するもので、 Process Sigma (工程シグマ) とも言います。 「工程能力分析の統計的詳細」（72ページ） を参照してください。

表3.15 「工程能力分析」のオプションの説明

Zベンチ	ベンチマークZの値を、「指標」という列に表示します。この指標については、『AIAG Statistical Process Control』マニュアルで説明されています。平均と仕様限界との差を、標準偏差を単位として表した指標です。Z USLおよびZ LSLは、それぞれ上側仕様限界と下側仕様限界までの平均からの距離を表します。「 工程能力分析の統計的詳細 」(72ページ) を参照してください。
工程能力アニメーション	仕様限界や平均が変化したときの工程能力指数の変化を、対話的に確認することができます。このオプションは、正規分析に基づく工程能力分析でのみ使用できます。

関連情報

- 「[工程能力分析の統計的詳細](#)」(72ページ)
- 「[工程能力分析の例](#)」(66ページ)

分布のあてはめ

【連続分布のあてはめ】または【離散分布のあてはめ】の各オプションを使用して、連続変数または離散変数に分布をあてはめます。

ヒストグラム上に曲線が表示され、レポートウィンドウに新たに「パラメータ推定値」レポートが表示されます。赤い三角ボタンのメニューには、追加のオプションが表示されます。「[あてはめた分布のオプション](#)」(58ページ) を参照してください。

注:「寿命の一変量」プラットフォームでも、分布をあてはめることができます。ただし、パラメータ化が異なるものもあります。また、打ち切りを指定できます。『品質と工程』を参照してください。

連続分布のあてはめ

【連続分布のあてはめ】オプションでは、次のような連続分布が用意されています。

- 正規分布。左右対称で、ほとんどのデータが中央にある分布です。JMPは、不偏推定量を使用して正規分布のパラメータを求めます。
- 対数正規分布。0を下限値とします。右に大きく歪んでおり、非常に大きな値がいくつかある場合に使います。正規分布に従うデータの指數をとると、対数正規分布になります。JMPは、最尤推定を使用して対数正規分布のパラメータを求めます。
- Weibull分布、閾値つきWeibull分布、極値分布。これらの分布は、特に、工業製品の故障時間や、生物学の生存時間を分析するときに使われています。

- 指数分布。特に、工業製品の故障時間や、生物学の生存時間を分析するときに使われています。また、あるイベントが生じる間隔をモデル化するのにも使われます。たとえば、コンピュータのサーバーにクエリーが送られてくる時間、お客様がサービスカウンターに来る間隔、交換機が着信する間隔などです。
- ガンマ分布。この分布も、下限値は0です。
- ベータ分布。 $(0, 1)$ の区間を範囲としています。標準ベータ分布は、割合などの0から1の範囲に収まるデータに対してよく使われています。
- 正規混合分布。正規分布を混合した分布です。多峰性の分布にも対応した柔軟な分布です。【二重正規混合】、【三重正規混合】、または【その他】オプションを選択すると、指定した数だけの分布を混合した正規混合分布があてはめられます。
- 【平滑曲線】オプションを選択すると、カーネル密度推定が行われます。カーネル密度推定は、ノンパラメトリックな密度推定の一種で、密度曲線は滑らかです。ヒストグラム上に平滑曲線が表示され、プロットの下にスライダが表示されます。スライダを使ってカーネル標準偏差を変更することで、平滑化の度合いを調節できます。カーネル標準偏差の初期値は、データの標準偏差に基づいて算出されます。
- Johnson Su分布、Johnson Sb分布、Johnson Sl分布。これら3つで構成される分布システムは、歪度と尖度のあらゆる組み合わせに対応しており、柔軟にデータにあてはまります。
- 一般化対数分布 (Glog分布)。生物検定法 (バイオアッセイ) など、分散が一定でない非正規なデータに役立ちます。

すべての分布の比較

【すべて】オプションは、現在のデータに適用可能なすべての分布があてはめます。「分布の比較」レポートに、あてはめられた各分布の統計量が表示されます。チェックボックスで分布を選択することによって、その分布のレポート、およびヒストグラム上に描かれる密度曲線の表示／非表示を切り替えることができます。デフォルトでは、データに最も適合している分布のチェックボックスがオンになっています。

「表示分布」のリストは、AICcの値で昇順に並んでいます。

すべての分布があてはめる際に、データに負の値がある場合は、正の値のみを対象とする分布は除外されます。データに整数以外の値がある場合は、離散分布は除外されます。すべての場合において、閾値パラメータがある分布 (ベータ分布やJohnson Sb分布など) は除外されます。

関連情報

- 「[連続分布のあてはめ] の統計的詳細」(75ページ)
- 「あてはめた分布の分位点」(83ページ)
- 「あてはめた分布に対するオプション」(83ページ)

離散分布のあてはめ

【離散分布のあてはめ】の各オプションは、離散値のデータに対して、Poisson分布や二項分布などをあてはめます。分布の種類は次のとおりです。

- Poisson

- 二項
- ガンマ Poisson
- ベータ二項

関連情報

- 「[離散分布のあてはめ] の統計的詳細」(81ページ)
- 「あてはめた分布の分位点」(83ページ)
- 「あてはめた分布に対するオプション」(83ページ)

あてはめた分布のオプション

あてはめた分布の各レポートには、赤い三角ボタンがあり、クリックすると追加のオプションが表示されます。

表3.16 分布のあてはめのオプションの説明

診断プロット	分位点プロットまたは確率プロットが作成されます。「診断プロット」(59ページ)を参照してください。
密度曲線	分布のパラメータ推定値を基に密度曲線が計算され、ヒストグラムに重ねて表示されます。
適合度	あてはめた分布に対して、適合度検定が計算されます。「適合度」(60ページ)を参照してください。
分布パラメータの指定	一部のパラメータを任意の値に設定し、他のパラメータの推定値を計算することができます。また、入力したパラメータ値がデータにあてはまるかどうかが検定され、その結果が「妥当性の尤度比検定」レポートとして表示されます。
分位点	このオプションを選択すると、指定した下側累積確率に対して、尺度化も中心化もしていない分位点が戻されます。
Kシグマから仕様限界を設定	設定すべき仕様限界（規格限界）が決まっておらず、データから求めたい場合にこのオプションを使ってください。
仕様限界	仕様限界は、工程を工学的に検討して決めるのが普通です。工学的な検討が行えず、かつ、現在のデータが信頼に足るベンチマークである（工程能力が高い）場合には、現在のデータに分布をあてはめて、その分位点を仕様限界としてもよいでしょう。「あてはめた分布に対するオプション」(83ページ)を参照してください。
あてはめたモデルの分位点を保存	指定した仕様限界と目標値を基に、一般化された工程能力指数が計算されます。「仕様限界」(60ページ)を参照してください。
あてはめた分布の分位点を保存	あてはめた分布の分位点が、データテーブルの列に保存されます。「あてはめた分布の分位点」(83ページ)を参照してください。

表3.16 分布のあてはめのオプションの説明（続き）

密度関数の保存	あてはめた分布の密度関数が、データテーブルの列に保存されます。密度関数では、パラメータ推定値が使用されます。
仕様限界の保存	仕様限界を列プロパティとして保存します。 「あてはめた分布に対するオプション」 （83ページ）を参照してください。
変換の計算式を保存	正規分布に変換するための計算式が保存されます。この計算式は、あてはめた分布に基づいて、データを正規分布に近づくように変換するものです。このオプションは、Johnson分布か一般化対数分布があてはめられた場合にのみ使用できます。
あてはめの削除	分布のあてはめに関する情報がレポートウィンドウから削除されます。

診断プロット

【診断プロット】オプションを選択すると、分位点プロットまたは確率プロットが作成されます。あてはめた分布に応じて、作成されるプロットは4つの形式のいずれかになります。

表3.17 プロット形式の説明

プロット形式	対象の分布
X軸：データ、Y軸：あてはめた分布の分位点	<ul style="list-style-type: none"> 閾値つき Weibull ガンマ ベータ Poisson ガンマ Poisson 二項 ベータ二項
X軸：データ、Y軸：あてはめた分布の確率	<ul style="list-style-type: none"> 正規 正規混合分布法 指数
X軸：対数スケールのデータ、Y軸：あてはめた分布の確率	<ul style="list-style-type: none"> Weibull 損失関数 対数正規 極値損失関数
X軸：標準正規分布の分位点、Y軸：あてはめた分布の確率	<ul style="list-style-type: none"> Johnson Sl Johnson Sb Johnson Su 一般化対数

表3.18では、「診断プロット」の横の赤い三角ボタンをクリックすると表示されるオプションについて説明しています。

表3.18 「診断プロット」のオプションの説明

回転	X軸とY軸を入れ替えます。
信頼限界	正規分位点プロットではLillieforsの95%信頼限界、その他の分位点プロットでは $a = 0.01$ 、 $b = 0.99$ のときの95%等精度信頼帯(95% equal precision band)を表示します(Meeker and Escobar 1998)。
あてはめ線	参照線としてまっすぐな対角線を表示します。変数の値がこの参照線の付近にあるなら、選択した分布が変数にあてはまっていることがわかります。
中央値の参照線	応答変数の中央値を示す水平線を表示します。

適合度

【適合度】オプションを選択すると、あてはめた分布に対して、適合度検定が計算されます。ここで適合度検定は、カイ2乗検定ではなく経験分布関数(EDF)検定です。経験分布関数に基づく検定は、カイ2乗検定よりも検出力が高く、ヒストグラムの中間点によって検定結果が変わらないという点でカイ2乗検定より優れています。

- 正規分布については、標本サイズが2000以下のときは正規性に関するShapiro-Wilkの検定が、標本サイズが2000より大きいときはKSL(Kolmogorov-Smirnov-Lilliefors)の検定が計算されます。
- Poisson分布などの離散分布において標本サイズが30以下の場合は、2つの正確なKolmogorov片側検定を組み合わせて両側検定とした方法(Conover 1972)が使われます。この両側検定は、ほぼ正確です。また、離散分布において標本サイズが30を超える場合は、Pearsonのカイ2乗検定が使われます。

関連情報

- [「あてはめた分布に対するオプション」\(83ページ\)](#)

仕様限界

【仕様限界】オプションを選択すると、仕様限界と目標値の入力用ウィンドウが開きます。指定した値を基に、一般化された工程能力指数が計算されます。この計算は、正規分布での 3σ に対応する分位点を用いて計算されます。正規分布では、中央値(平均値)から下側に 3σ 離れた位置は、0.135パーセント点です。また、上側に 3σ 離れた位置は、99.865パーセント点です。一般化された工程能力指数は、あてはめた分布のこれらのパーセント点から計算されます。正規分布を仮定した標準の計算式では、該当するパーセント点から中央値までの距離は 3σ です。

関連情報

- [「あてはめた分布に対するオプション」\(83ページ\)](#)

「一変量の分布」プラットフォームのその他の例

ここでは、「一変量の分布」プラットフォームを使った例をさらに紹介します。

複数のヒストグラムにおけるデータ選択の例

1. 「Companies.jmp」サンプルデータテーブルを開きます。
2. [分析] > [一変量の分布] を選びます。
3. 「タイプ」と「会社規模」を選択し、[Y, 列] をクリックします。
4. [OK] をクリックします。

小規模企業について、「タイプ」の分布を確認しましょう。

5. 「small」の横にある棒をクリックします。

製薬 (Pharmaceutical) よりもコンピュータ関連 (Computer) の会社において、小規模企業 (small) が多いことがわかります。次に、選択範囲を拡げて、小規模企業だけでなく、中規模企業も選択しましょう。

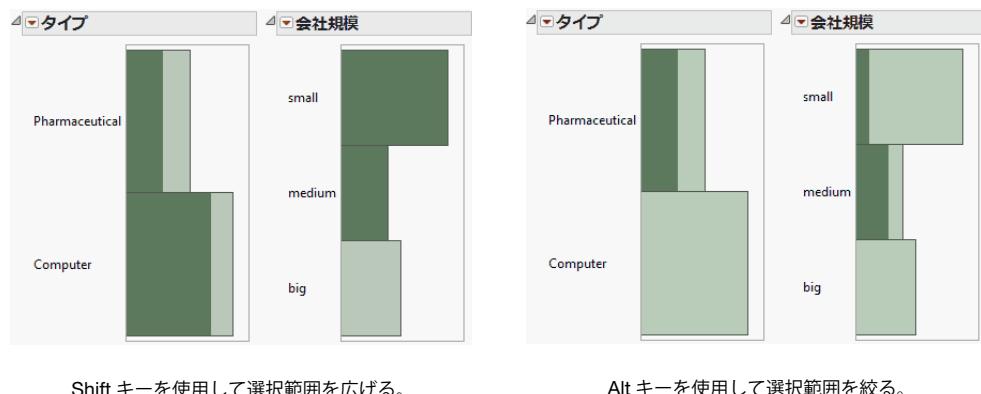
6. 「会社規模」のヒストグラム上で、Shiftキーを押しながら、「medium」の棒をクリックします。

小規模 (small) および中規模 (medium) における「タイプ」の分布を確認できます。図3.11の左側を参照してください。次は、選択範囲を絞って、小規模および中規模の製薬会社だけを表示することにします。

7. 「タイプ」のヒストグラム上で、Altキーを押しながら、「Pharmaceutical」の棒をクリックします。

小規模 (small)、もしくは中規模 (medium) の製薬会社 (Pharmaceutical) が、どれぐらいデータにあるかが分かります。図3.11の右側を参照してください。

図3.11 複数のヒストグラムにおけるデータの選択



[割合の検定] オプションの例

3水準以上のカテゴリカルな変数に対して、割合の検定を実行する例を述べます。

1. 「VA Lung Cancer.jmp」データテーブルを開きます。

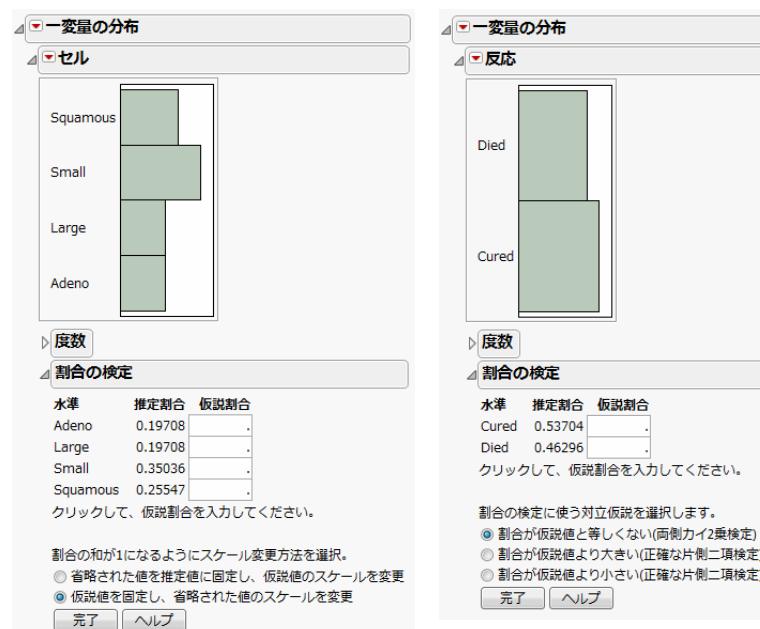
2. [分析] > [一変量の分布] を選びます。
 3. 「セル」を選択し、[Y, 列] をクリックします。
 4. [OK] をクリックします。
 5. 「セル」の横にある赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [割合の検定] を選択します。
- 図3.12の左側を参照してください。

2水準のカテゴリカルな変数に対しても、同じ操作で割合の検定を実行できます。以下に、例を述べます。

1. 「Penicillin.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [一変量の分布] を選びます。
3. 「反応」を選択し、[Y, 列] をクリックします。
4. [OK] をクリックします。
5. 「反応」の横にある赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [割合の検定] を選択します。

図3.12の右側を参照してください。

図3.12 「割合の検定」のオプションの例



水準が3つ以上の変数のレポート
オプション

水準が2つの変数のレポート
オプション

「割合の検定」の実行例

3水準以上の場合には、先ほど述べた操作例のあとに、次のような操作を行ってください。

1. 図3.12の左側における「仮説割合」のすべてのフィールドに「0.25」と入力します。
2. 「仮説値を固定し、省略された値のスケールを変更」ボタンをクリックします。
3. 「完了」をクリックします。

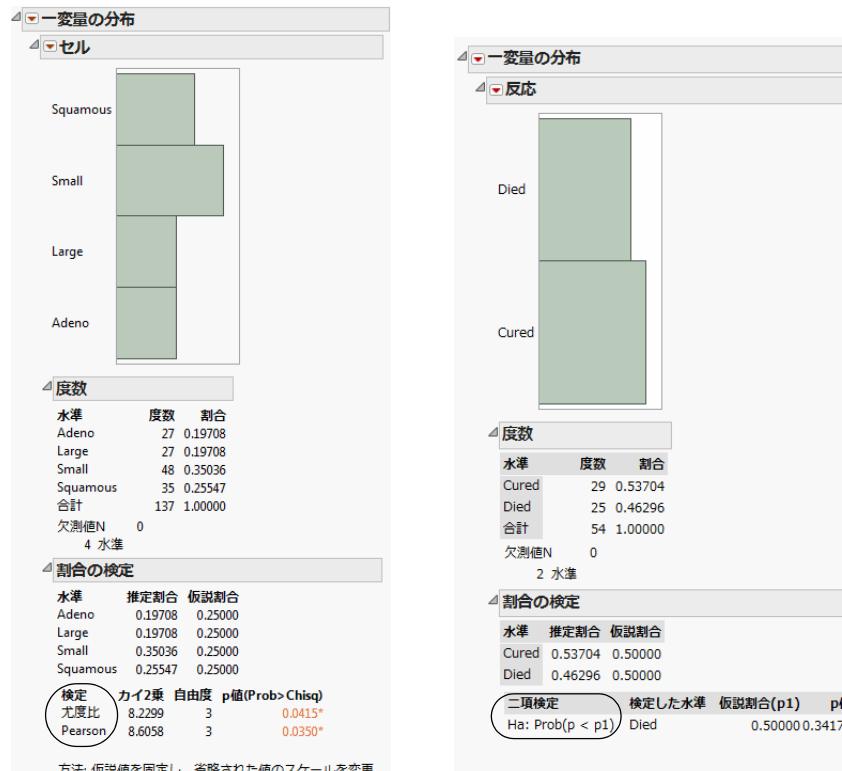
尤度比検定とPearsonのカイ2乗検定が計算されます。図3.13の左側を参照してください。

2水準の場合には、先ほど述べた操作例のあとに、次のような操作を行ってください。

1. 図3.12の右側における「仮説割合」の両方のフィールドに「0.5」と入力します。
2. 「割合が仮説値より小さい」ボタンをクリックします。
3. 「完了」をクリックします。

二項検定の正確なp値が計算されます。図3.13の右側を参照してください。

図3.13 「割合の検定」レポートの例



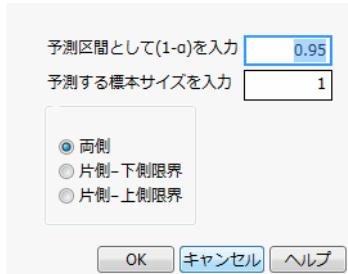
予測区間の例

将来、観測される10個のオゾン量の観測値に関して、予測区間を計算したいとしましょう。

1. 「Cities.jmp」データテーブルを開きます。

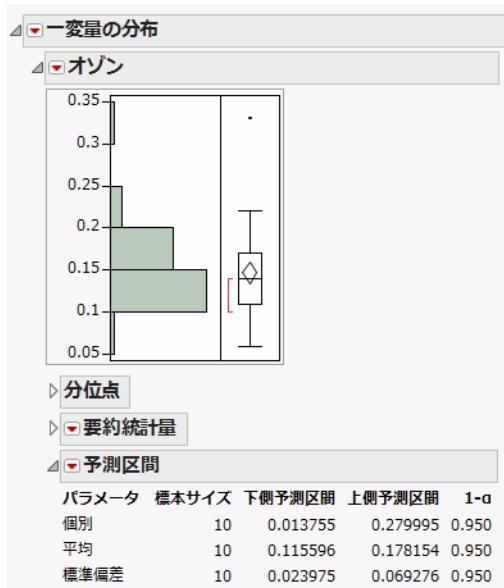
2. [分析] > [一変量の分布] を選びます。
3. 「オゾン」を選択し、[Y, 列] をクリックします。
4. [OK] をクリックします。
5. 「オゾン」の横にある赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [予測区間] を選択します。

図3.14 「予測区間」 ウィンドウ



6. 「予測区間」 ウィンドウで、「予測する標本サイズを入力」 の横に「10」 と入力します。
7. [OK] をクリックします。

図3.15 「予測区間」 レポートの例



この例では、95%の信頼水準で、次のように結論することができます。

- 将来、観測される 10 個の観測値は、すべて、0.013755 ~ 0.279995 の区間にある。

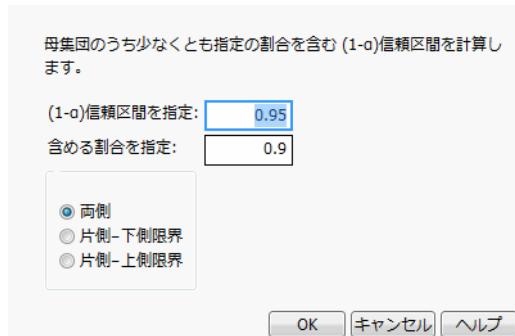
- 将来、観測される 10 個の観測値の平均値は、0.115596～0.178154 の区間にある。
- 将来、観測される 10 個の観測値の標準偏差は 0、0.023975～0.069276 の区間にある。

許容区間の例

オゾン量の測定値の 90% が含まれる区間を推定したいとしましょう。

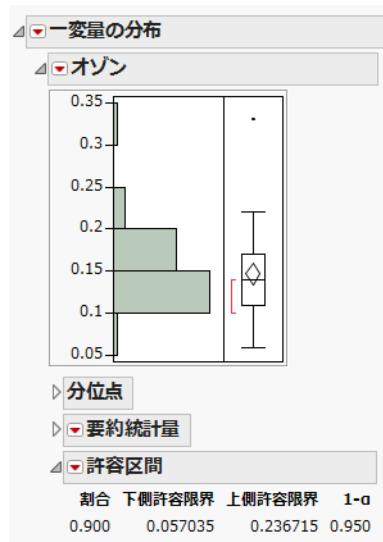
- 「Cities.jmp」データテーブルを開きます。
- 【分析】>【一変量の分布】を選びます。
- 「オゾン」を選択し、[Y, 列] をクリックします。
- 【OK】をクリックします。
- 「オゾン」の横にある赤い三角ボタンをクリックし、メニューから【許容区間】を選択します。

図 3.16 「許容区間」 ウィンドウ



- デフォルトの値をそのまま使用し、【OK】をクリックします。

図3.17 「許容区間」レポートの例



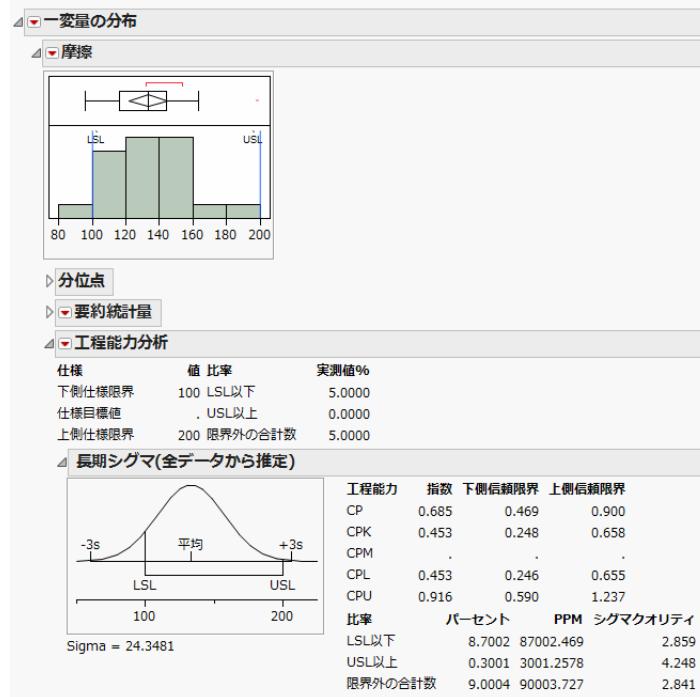
この例では、「下限許容限界」と「上限許容限界」の結果から、95%の信頼水準で、「母集団の少なくとも90%が0.057035～0.236715の区間にある」と結論できます。

工程能力分析の例

会社で製造しているタイヤの摩擦度を調べたいとしましょう。この例では、下限仕様限界は100、上限仕様限界は200とします。

1. 「Tiretread.jmp」データテーブルを開きます。
2. [分析] > [一変量の分布] を選びます。
3. 「摩擦」を選択し、[Y, 列] をクリックします。
4. [OK] をクリックします。
5. 「摩擦」の横にある赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [工程能力分析] を選択します。
6. 「下限仕様限界」に「100」と入力します。
7. 「上限仕様限界」に「200」と入力します。
8. 残りの設定項目についてはデフォルトの値をそのまま使用し、[OK] をクリックします。
9. 「摩擦」の横にある赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [ヒストグラムオプション] > [縦に表示] を選択します。

図3.18 「工程能力分析」レポートの例



工程能力分析を実行すると、ヒストグラムに仕様限界線も表示されます。ヒストグラムを見ると、データの中には、下限仕様限界を下回るものや、上限仕様限界に近いものがあるのが分かります。「工程能力分析」レポートに、計算結果が表示されます。CPKなどの数値結果 (CPK=0.453) からも、現在の工程能力は、与えられた仕様限界に対して十分ではないことがわかります。

「一変量の分布」プラットフォームの統計的詳細

ここでは、「一変量の分布」で使われている統計分析の詳細について説明します。

標準誤差バーの統計的詳細

ヒストグラムで表示される標準誤差のバーは、 $\sqrt{np_i(1-p_i)}$ で求めた標準誤差を表しています。この式で、 $p_i=n_i/n$ です。

分位点の統計的詳細

ここでは、分位点の計算方法について説明します。

データに非欠測値が n 個あり、そのデータから p パーセント点を計算するとします。まず、 n 個のデータ値を昇順に並べ、それぞれのデータ値を y_1, y_2, y_n とします。そして、 p パーセント点に対する、データの順位を、 $p/100(n+1)$ とします。

- 計算された順位が整数のときは、その順位に相当するデータ値が p パーセント点です。
- 計算された順位が整数でないときは、補間を行って p パーセント点を求めます。 p パーセント点 (q_p) は次の式で計算されます。

$$q_p = (1-f)y_i + fy_{i+1}$$

ここで、

- n は、非欠測値の個数
- y_1, y_2, \dots, y_n は、データを小さい順に並べた値
- y_{n+1} は y_n として扱う
- i, f はそれぞれ、 $(n+1)p$ の整数部と小数部
- $(n+1)p = i + f$

たとえば、データテーブルに 15 の行があり、連続尺度の列の 75 パーセント点と 90 パーセント点を計算するとしましょう。まず、データ値を昇順に並べてから、各分位点に該当する順位を次のように計算します。

$$\frac{75}{100}(15+1) = 12 \text{ および } \frac{90}{100}(15+1) = 14.4$$

75 パーセント点は y_{12} の値です。90 パーセント点は、補間によって求められます。それは、14 番目と 15 番目のデータの重み付き平均で、 $y_{90} = 0.6y_{14} + 0.4y_{15}$ で計算されます。

要約統計量の統計的詳細

ここでは、「要約統計量」レポートに表示される個々の統計量について説明します。

平均

非欠測値の合計を、非欠測値の個数で割った値です。なお、[重み] や [度数] の列を起動ウィンドウで指定した場合は、次のように計算されます。

- 各データ値に、対応する重みや度数を掛け合わせます。
- 乗算後の値を合計し、それを、重みや度数の合計で割ります。

標準偏差

平均周辺の分布の広がりを示す値です。通常は s で表されます。標準偏差は標本から計算された分散 s^2 の平方根です。

$$s = \sqrt{s^2} \quad \text{ここで、}$$

$$s^2 = \sum_{i=1}^N \frac{w_i(y_i - \bar{y}_w)^2}{N-1}$$

$$\bar{y}_w = \text{(重みつき) 平均}$$

平均の標準誤差

標準偏差 s を、 N の平方根で割ったものです。ただし、[重み] や [度数] の列を起動ウィンドウで指定した場合は、重みや度数の合計の平方根で割ります。

歪度

平均に周りの3次のモーメントを表す指標です。次式によって計算されます。

$$\sum w_i^{\frac{3}{2}} z_i^3 \frac{N}{(N-1)(N-2)} \quad \text{この式で、 } z_i = \frac{x_i - \bar{x}}{s}$$

上の式で、 w_i は重みを表す係数（重み付けをしない場合は 1）です。

尖度

平均に周りの4次のモーメントに関する指標です。次式によって計算されます。

$$\frac{n(n+1)}{(n-1)(n-2)(n-3)} \sum_{i=1}^n w_i^2 \left(\frac{x_i - \bar{x}}{s} \right)^4 - \frac{3(n-1)^2}{(n-2)(n-3)}$$

ここで、 w_i は重みです（重み付けをしない場合、すべての重みは 1 です）。この式によって求められた尖度は、正規分布の場合には 0 となります。

正規分位点プロットの統計的詳細

各値の経験累積確率は、次のような式で計算されます。

$$\frac{r_i}{N+1}$$

ここで、 r_i はデータ値の順位、 N は非欠測値の個数を表します。

正規分位点の値は次のような式で計算されます。

$$\Phi^{-1} \left(\frac{r_i}{N+1} \right)$$

ここで、 Φ は正規分布の累積確率分布関数です。

これらの正規分位点の値は、正規分布を仮定したときの順序統計量の期待値に対する Van Der Waerden の近似値です。

Wilcoxon の符号付順位検定の統計的詳細

Wilcoxon の符号付順位検定では、タイ（同順位）に対して平均順位が使用されます。仮説値に等しくない値の数を n とすると、 $n \leq 20$ の場合、 p 値は正確な方法により計算されます。 $n > 20$ の場合、Iman (1974) による Student の t 検定の近似が使用されます。

標準偏差の検定の統計的詳細

検定統計量は次の式で計算されます。

$$\frac{(n-1)s^2}{\sigma^2}$$

検定統計量は、母集団が正規分布に従うとき、自由度 $n - 1$ のカイ²乗分布に従います。

「最小 p 値」は、両側検定の p 値で、次の式で計算されます。

$$2 * \min(p1, p2)$$

ここで、 $p1$ は下側の片側検定の p 値で、 $p2$ は上側の片側検定の p 値です。

正規分位点の統計的詳細

正規分位点の値は次のような式で計算されます。

$$\Phi^{-1}\left(\frac{r_i}{N+1}\right) \text{ ここで、}$$

- Φ は正規分布の累積確率分布関数
- r_i は i 番目のオブザベーションの順位
- N は欠測値でないオブザベーションの個数

標準化データの統計的詳細

標準化された値は、次の式で計算されます。

$$\frac{X - \bar{X}}{S_X} \text{ ここで、}$$

- X は、元のデータ値
- \bar{X} は、平均
- S_X は標準偏差

予測区間の統計的詳細

JMPでは、次式により予測区間を計算しています。

- 将来の m 個の観測値に対する予測区間

$$[\tilde{y}_m, \tilde{y}_m] = \bar{X} \pm t_{(1-\alpha/2m, n-1)} \times \sqrt{1 + \frac{1}{n}} \times s \quad \text{この式で } m \geq 1$$

- 将来の m 個の観測値から計算される平均に対する予測区間

$$[Y_l, Y_u] = \bar{X} \pm t_{(1-\alpha/2, n-1)} \times \sqrt{\frac{1}{m} + \frac{1}{n}} \times s \quad (m \geq 1 \text{ に対して})$$

- 将来の m 個の観測値から計算される標準偏差に対する予測区間

$$[s_l, s_u] = \left[s \times \sqrt{\frac{1}{F_{(1-\alpha/2, (n-1, m-1))}}}, s \times \sqrt{F_{(1-\alpha/2, (m-1, n-1))}} \right] \quad (m \geq 2 \text{ に対して})$$

上式において、 m は将来の観測値の個数、 n は現在、分析に用いているデータの標本サイズです。

- なお、予測区間が片側の場合には、 $1-\alpha$ の分位点を用いて計算します。

これらの式は、Hahn and Meeker (1991) の 61 ~ 64 ページに記載されています。

許容区間の統計的詳細

ここでは、片側許容区間と両側許容区間の統計的詳細について説明します。

片側許容区間

許容区間は、片側区間の場合、次式によって計算されます。

上側の場合 = $\bar{x} + g's$

下側の場合 = $\bar{x} - g's$

この式で、

$g' = t(1-\alpha, n-1, \Phi^{-1}(p) \cdot \sqrt{n}) / \sqrt{n}$ は、Odeh and Owen (1980) の表1に記載されています。

t は非心 t 分布の分位点、 Φ^{-1} は標準正規分布の分位点です。

両側区間

両側区間は次の式で計算されます。

$$[\tilde{T}_{p_L}, \tilde{T}_{p_U}] = [\bar{x} - g_{(1-\alpha/2; p_L, n)} s, \bar{x} + g_{(1-\alpha/2; p_U, n)} s]$$

この式で、

s は標準偏差、 $g_{(1-\alpha/2;p,n)}$ は Odeh and Owen (1980) の表4に記載されている定数です。

g は、許容区間に内に母集団が収まる割合に基づき計算されます。この割合は、次のように定義されます (Tamhane and Dunlop (2000))。

$$\Phi\left(\frac{\bar{x} + gs - \mu}{\sigma}\right) - \Phi\left(\frac{\bar{x} - gs - \mu}{\sigma}\right)$$

Φ は標準正規分布の 累積分布関数を表します。この割合に対して、 g は次式を解くことにより計算されます。

$$P\left\{\Phi\left(\frac{\bar{X} + gs - \mu}{\sigma}\right) - \Phi\left(\frac{\bar{X} - gs - \mu}{\sigma}\right) \geq 1 - \gamma\right\} = 1 - \alpha$$

$1 - \gamma$ が、母集団のうち、許容区間に含まれるもの割合となります。

詳細については、Hahn and Meeker (1991) の表 A.1a、A.1b、A.11a、A.11b を参照してください。

工程能力分析の統計的詳細

いくつかのオプションがありますが、正規分布に基づく工程能力分析では、基本的に同じ計算式が使用されています。オプションは、シグマ (σ) の計算方法が異なるだけです。

- 【 σ (全データから推定)】では、全体のシグマを使用します。この統計量は P_{pk} とも呼ばれており、計算式は次のとおりです。

$$\sigma = \sqrt{\sum_{i=1}^n \frac{(x_i - \bar{x})^2}{n-1}}$$

注：環境設定で「Ppk 工程能力ラベル設定」をオンにした場合、全データから推定した工程能力統計量には、「 P_{pk} 」というラベルが付きます。このオプションを確認するには、[ファイル] > [環境設定] を選択し、[プラットフォーム] > [一変量の分布] を選択します。

- 【 σ の指定】では、既知のシグマで工程能力分析を行います。シグマの値は計算されるのではなく、ユーザが入力します。
- 【移動範囲】では、移動範囲を計算する際の範囲を入力することができます。次式により、シグマが算出されます。

$$\sigma = \frac{\bar{R}}{d_2(n)} \text{ この式で、}$$

\bar{R} は移動範囲の平均

$d_2(n)$ は、母標準偏差が1である n 個の独立した正規分布に従う確率変数の範囲の期待値

- **[\(\sigma\) (グループに分けて推定)、サブグループサイズの指定]** では、データの並び順によって、データをサブグループに分割して、次式によりシグマが計算されます。ここで、サイズ n_j のサブグループの数を r としています。

$$\sigma = \sqrt{\frac{1}{r} \sum_{i=1}^r \sum_{j=1}^{n_j} \frac{(X_{ij} - \bar{X}_i)^2}{n_j - 1}}$$

この式で、 $\bar{X}_i = \frac{1}{n_j} \sum_{j=1}^{n_j} X_{ij}$

- この式は、一般には「誤差の標準偏差 (RMSE、誤差の平均平方の平方根)」と呼ばれます。

表3.19 工程能力指数と計算式の説明

指数	指数名	計算式
CP	工程能力指数 C_p	$(USL - LSL)/6s$ ここで <ul style="list-style-type: none"> • USL は上限仕様限界 • LSL は下限仕様限界
CPの信頼区間	CPの下側信頼限界	$CP \sqrt{\frac{\chi_{\alpha/2, n-1}^2}{n-1}}$
CPの上側信頼限界		$CP \sqrt{\frac{\chi_{1-\alpha/2, n-1}^2}{n-1}}$
CPK (AIAG の PPK)	工程能力指数 C_{pk}	$\min(CPL, CPU)$
CPKの信頼区間 (Bissell (1990) を参照)	下側信頼限界	$\hat{C}_{pk} \left[1 - \Phi^{-1}(1 - \alpha/2) \sqrt{\frac{1}{9n\hat{C}_{pk}^2} + \frac{1}{2(n-1)}} \right]$
	上側信頼限界	$\hat{C}_{pk} \left[1 + \Phi^{-1}(1 - \alpha/2) \sqrt{\frac{1}{9n\hat{C}_{pk}^2} + \frac{1}{2(n-1)}} \right]$
CPM	工程能力指数 C_{pm}	$\frac{\min(target - LSL, USL - target)}{3\sqrt{s^2 + (mean - target)^2}}$

注：CPM 信頼区間は、目標値が「下側信頼下限界」から「上側信頼限界」の範囲にない場合は表示されません。目標値がこの範囲に含まれる場合に限り表示されます。CPM の信頼区間が算出されない場合は、ログにメッセージが書き込まれます。

表3.19 工程能力指数と計算式の説明（続き）

指標	指標名	計算式
CPMの信頼区間	CPMの下側信頼限界	$CPM \sqrt{\frac{\chi_{\alpha/2, \gamma}^2}{\gamma}}, \text{ ここで } \gamma$ $= \frac{n \left(1 + \left(\frac{\bar{x} - \text{Target}}{s} \right)^2 \right)^2}{1 + 2 \left(\frac{\bar{x} - \text{Target}}{s} \right)^2}$
	CPMの上側信頼限界	$CPM \sqrt{\frac{\chi_{1-\alpha/2, \gamma}^2}{\gamma}}$ <p>ここで γ = 同上。</p>
CPL	下側仕様の工程能力比	(平均 - LSL)/3s
CPU	上側仕様の工程能力比	(USL - 平均) /3s

- 工程能力指数が 1.33 以上であるべきと考えられています。工程能力指数が 1.33 である場合、正規分布に従っているならば、10万個の製品のうち不適合品となる個数の期待値は、約 6 個です。
- CPL の正確な $100(1 - \alpha)\%$ 下側および上側信頼限界が、Chou et al. (1990) による手法を一般化した式によって計算されます。Chou et al. (1990) によると、CPU の $100(1 - \alpha)\%$ の下側信頼限界 (CPULCL) は、次式を満たします。

$$\Pr\{T_{n-1}(\delta = 3\sqrt{n}) \text{CPLLLCL} \leq 3\text{CPL}\sqrt{n}\} = 1 - \alpha$$

$T_{n-1}(\delta)$ は、自由度が $n - 1$ 、非心度パラメータが δ の非心 t 分布に従います。

- CPU の正確な $100(1 - \alpha)\%$ 下側および上側信頼限界も、Chou et al. (1990) による手法を一般化した式によって計算されます。Chou et al. (1990) によると、CPU の $100(1 - \alpha)\%$ の下側信頼限界 (CPULCL) は、次式を満たします。

$$\Pr\{T_{n-1}(\delta = 3\sqrt{n}) \text{CPULCL} \geq 3\text{CPU}\sqrt{n}\} = 1 - \alpha$$

$T_{n-1}(\delta)$ は、自由度が $n - 1$ 、非心度パラメータが δ の非心 t 分布に従います。

注：本稿執筆時点では裏付けとなる研究がないため、工程能力が標準偏差から算出された場合だけしか、工程能力指数の信頼区間は計算されません。

- シグマクオリティは次のように定義されます。

$$\text{シグマクオリティ} = \text{Normal Quantile}\left(1 - \frac{\text{不適合の \%}}{100}\right) + 1.5$$

$$\text{シグマクオリティ (USL 以上)} = \text{Normal Quantile}\left(1 - \frac{\text{USL 以上の \%}}{100}\right) + 1.5$$

$$\text{シグマクオリティ (LSL 以下)} = \text{Normal Quantile}\left(1 - \frac{\text{LSL 以下の \%}}{100}\right) + 1.5$$

たとえば、100万個のオブザベーションの中に3つの不適合があった場合、シグマクオリティは6.03という値になります。「シグマクオリティ」においては、「限界外の合計数」の行における値が、「USL以上」と「LSL以下」の合計にはなりません。これは、シグマクオリティは正規分布の分位点から求められており、それらは加法的でないためです。

- ベンチマークZの値は次の式で計算されます。

$$Z_{\text{USL}} = (\text{USL} - \bar{X})/\sigma = 3 * \text{CPU}$$

$$Z_{\text{LSL}} = (\bar{X} - \text{LSL})/\sigma = 3 * \text{CPL}$$

$Z_{\text{Bench}} = \lceil 1 - P(\text{LSL}) - P(\text{USL}) \rceil$ に対する分位点

ここで、

$$P(\text{LSL}) = \text{Prob}(X < \text{LSL}) = Z_{\text{LSL}} \text{ における下側累積確率}$$

$$P(\text{USL}) = \text{Prob}(X > \text{USL}) = 1 - \lceil Z_{\text{LSL}} \text{ における下側累積確率} \rceil$$

[連続分布のあてはめ] の統計的詳細

ここでは、[連続分布のあてはめ] メニューで用意されている統計分布について説明します。

正規

[正規] オプションを選択すると、正規分布のパラメータが推定されます。正規分布は、分布が左右対称で、ほとんどのデータが中央にある分布です。正規分布は、負の値や小数点などが、データにあってもかまいません。[正規] を選択し、正規分布がデータにどれほど良くあてはまるかを調べてみることができます。

正規分布には、次のパラメータがあります。

- μ (平均) は、 X 軸上での分布の位置を定義します。
- σ (標準偏差) は、分布のばらつきまたは広がりを定義します。

標準正規分布では $\mu = 0$ 、 $\sigma = 1$ です。「パラメータ推定値」レポートには、 μ と σ の推定値、および上側と下側の 95% 信頼限界が表示されます。

$$\text{確率密度関数: } \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma^2}} \exp\left[-\frac{(x-\mu)^2}{2\sigma^2}\right] \quad \text{ただし } -\infty < x < \infty; \quad -\infty < \mu < \infty; \quad 0 < \sigma$$

$$E(x) = \mu$$

$$\text{Var}(x) = \sigma^2$$

対数正規

【対数正規】オプションを選択すると、2パラメータの対数正規分布があてはめられ、パラメータ μ (尺度) と σ (形状) が推定されます。対数正規分布に従う変数 Y を、 $X = \ln(Y)$ と変換すると、 X は正規分布に従います。データはゼロより大きくなければなりません。

$$\text{確率密度関数: } \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} \frac{\exp\left[\frac{-(\log(x) - \mu)^2}{2\sigma^2}\right]}{x} \quad \text{ただし } 0 \leq x; \ -\infty < \mu < \infty; \ 0 < \sigma$$

$$E(x) = \exp(\mu + \sigma^2/2)$$

$$\text{Var}(x) = \exp(2(\mu + \sigma^2)) - \exp(2\mu + \sigma^2)$$

Weibull、閾値つき Weibull、極値

Weibull 分布は、 α (尺度パラメータ) と β (形状パラメータ) によって決められる分布です。特に機械装置や生物学上の寿命を推定するときのモデルとしてよく使用されます。【Weibull】オプションの結果は、【閾値つき Weibull】オプションで閾値パラメータ (θ) を0としたときと同じです。【閾値つき Weibull】オプションのデフォルトでは、閾値パラメータは、データの最小値に設定されます。閾値パラメータが既知の場合は、【分布パラメータの指定】オプションで、その値を指定してください。[「あてはめた分布のオプション」\(58ページ\)](#) を参照してください。

閾値つき Weibull 分布の確率密度関数は、次のような式で計算されます。

$$\text{確率密度関数: } \frac{\beta}{\alpha^\beta} (x - \theta)^{\beta-1} \exp\left[-\left(\frac{x - \theta}{\alpha}\right)^\beta\right] \quad \text{ただし } \alpha, \beta > 0; \ \theta < x$$

$$E(x) = \theta + \alpha \Gamma\left(1 + \frac{1}{\beta}\right)$$

$$\text{Var}(x) = \alpha^2 \left\{ \Gamma\left(1 + \frac{2}{\beta}\right) - \Gamma^2\left(1 + \frac{1}{\beta}\right) \right\}$$

上の式で、 $\Gamma(\cdot)$ はガンマ関数です。

【極値】分布は、2パラメータの Weibull 分布における (α, β) を、 $\delta = 1/\beta$ および $\lambda = \ln(\alpha)$ に変換した分布です。

指数

指数分布は、工業製品の故障時間や、生物学分野の生存時間を分析するときに使われています。また、あるイベントが生じる間隔をモデル化するのにも使われます。たとえば、コンピュータのサーバーにクエリーが送られてくる時間、お客様がサービスカウンターに来る間隔、交換機が着信する間隔などです。

β が1である Weibull 分布は、指数分布です（このとき、Weibull 分布の α は、指数分布の σ 対応しています）。また、 α が1であるガンマ分布も、指数分布です。

$$\text{確率密度関数: } \frac{1}{\sigma} \exp(-x/\sigma) \quad \text{ただし } 0 < \sigma; \quad 0 \leq x$$

$$E(x) = \sigma$$

$$\text{Var}(x) = \sigma^2$$

Devore (1995) などによると、指数分布は無記憶性の分布です。「無記憶性」とは、 t 時間後にまだ正常に機能している部品の、 t 時点以降での生存時間分布 (t 時点以降の生存時間の条件付き分布) が、元の生存時間分布と同じになることです。

ガンマ

[ガンマ] オプションを選択すると、ガンマ分布があてはめられ、 $\alpha > 0$ 、 $\sigma > 0$ というパラメータが推定されます。 α は分布の形状を、 σ は分布の尺度を表します。「閾値」(θ) と呼ばれる3番目のパラメータは、分布の下限値を示します。この閾値パラメータは、デフォルトでは0に設定されていますが（負のデータ値がない場合）、[分布パラメータの指定] オプションを選択すれば、任意の値に変更できます。「[あてはめた分布のオプション](#)」(58ページ) を参照してください。

$$\text{確率密度関数: } \frac{1}{\Gamma(\alpha)\sigma^\alpha} (x - \theta)^{\alpha-1} \exp(-(x - \theta)/\sigma) \quad \text{ただし } \theta \leq x; \quad 0 < \alpha, \sigma$$

$$E(x) = \alpha\sigma + \theta$$

$$\text{Var}(x) = \alpha\sigma^2$$

- $\sigma = 1$ の時のガンマ分布は、標準ガンマ分布と呼ばれています。 σ を変更すると、分布がX軸に沿って伸縮します。このようなパラメータは、一般に、尺度パラメータと呼ばれています。
- $\sigma = 2$ 、 $\alpha = v/2$ 、 $\theta = 0$ のときのガンマ分布は、カイ2乗分布 $\chi^2_{(v)}$ になります。
- $\alpha = 1$ 、 $\theta = 0$ のときのガンマ分布は、指数分布になります。

標準のガンマ分布の密度関数は、 $\alpha \leq 1$ の場合、常に減少します。 $\alpha > 1$ の場合、0から最大値に達するまで増加した後、減少します。

ベータ

ベータ分布の中で、標準ベータ分布は、 $(0, 1)$ の区間しか取りません。標準ベータ分布は、割合などの0から1の範囲に収まるデータに対してよく使われています。[ベータ] オプションを選択すると、ベータ分布の2つの形状パラメータ $\alpha > 0$ 、 $\beta > 0$ が推定されます。また、下限と上限を決める θ と σ というパラメータも、同時に推定されます。ベータ分布では、 $\theta \leq x \leq (\theta + \sigma)$ の区間にのみ値があります。 θ は最小値、 σ は範囲を表しています。標準ベータ分布は、 $\theta = 0$ 、 $\sigma = 1$ です。

[分布パラメータの指定] オプションを選択すれば、パラメータを任意の値に設定できます。その際、上側の閾値はデータの最大値以上、下側の閾値はデータの最小値以下にしなければなりません。[分布パラメータの指定] オプションの詳細については、「[あてはめた分布のオプション](#)」(58ページ) を参照してください。

$$\text{確率密度関数: } \frac{1}{B(\alpha, \beta)\sigma^{\alpha+\beta-1}} (x - \theta)^{\alpha-1} (\theta + \sigma - x)^{\beta-1} \quad \text{ただし } \theta \leq x \leq \theta + \sigma; \quad 0 < \sigma, \alpha, \beta$$

$$E(x) = \theta + \sigma \frac{\alpha}{\alpha + \beta}$$

$$\text{Var}(x) = \frac{\sigma^2 \alpha \beta}{(\alpha + \beta)^2 (\alpha + \beta + 1)}$$

上の式で、 $B(\cdot)$ はベータ関数です。

正規混合分布法

[正規混合] オプションでは、正規分布の混合分布をあてはめます。多峰性の分布にも対応した柔軟な分布です。

2つもしくは3つの正規分布の混合分布をあてはめるには、[二重正規混合] もしくは [三重正規混合] オプションをそれぞれ選択します。または、[その他] オプションを選択して、 k 個の正規分布の混合分布をあてはめることもできます。グループごとに1つずつ個別の平均、標準偏差、全体に占める割合が推定されます。

$$\text{確率密度関数: } \sum_{i=1}^k \frac{\pi_i}{\sigma_i} \phi\left(\frac{x - \mu_i}{\sigma_i}\right)$$

$$E(x) = \sum_{i=1}^k \pi_i \mu_i$$

$$\text{Var}(x) = \sum_{i=1}^k \pi_i (\mu_i^2 + \sigma_i^2) - \left(\sum_{i=1}^k \pi_i \mu_i \right)^2$$

上の式で、 i 番目のグループの μ_i 、 σ_i 、 π_i はそれぞれ平均、標準偏差、割合です。 $\phi(\cdot)$ は標準正規分布の確率密度関数です。

平滑曲線

[平滑曲線] オプションは、ノンパラメトリックな密度の推定値（カーネル密度推定）を計算し、平滑曲線をあてはめます。ヒストグラム上に平滑曲線が表示され、プロットの下にスライダが表示されます。スライダを使ってカーネル標準偏差を変更することで、平滑化の度合いを調節できます。カーネル標準偏差の初期値は、データの標準偏差に基づいて算出されます。

Johnson Su、Johnson Sb、Johnson Sl

Johnson の分布システムは、変換すると正規分布になる3つの分布で構成されています。これら3つの分布は、Yに関して有界でないJohnson Su分布、上下に有界なJohnson Sb分布 ($0 < Y < 1$)、そして対数正規分布のJohnson Sl分布です。

注: Sは「システム」、添え字は範囲を示します。JMPで採用されている手法とは異なりますが、各Johnsonシステムの選択基準については、Slifker and Shapiro (1980) が参考になります。

Johnson分布システムは、柔軟性が高いことで人気があります。これら3つで構成される分布システムは、歪度と尖度のあらゆる組み合わせに対応しており、柔軟にデータにあてはまります。

Zを標準正規変量とすると、分布システムは次のように定義されます。

$$Z = \gamma + \delta f(y)$$

Johnson Su の場合は、

$$f(y) = \ln(Y + \sqrt{1 + Y^2}) = \sinh^{-1}Y$$

$$Y = \frac{X - \theta}{\sigma} \quad -\infty < X < \infty$$

Johnson Sb の場合は、

$$f(Y) = \ln\left(\frac{Y}{1 - Y}\right)$$

$$Y = \frac{X - \theta}{\sigma} \quad \theta < X < \theta + \sigma$$

Johnson Sl の場合は、 $\sigma = \pm 1$ で

$$f(Y) = \ln(Y)$$

$$Y = \frac{X - \theta}{\sigma} \quad \begin{array}{ll} \theta < X < \infty & \text{if } \sigma = 1 \\ -\infty < X < \theta & \text{if } \sigma = -1 \end{array}$$

Johnson Su

$$\text{確率密度関数: } \frac{\delta}{\sigma} \left[1 + \left(\frac{x - \theta}{\sigma} \right)^2 \right]^{-1/2} \phi \left[\gamma + \delta \sinh^{-1} \left(\frac{x - \theta}{\sigma} \right) \right] \quad \text{ただし } -\infty < x, \theta, \gamma < \infty; \quad 0 < \theta, \delta$$

Johnson Sb

$$\text{確率密度関数: } \phi \left[\gamma + \delta \ln \left(\frac{x - \theta}{\sigma - (x - \theta)} \right) \right] \left(\frac{\delta \sigma}{(x - \theta)(\sigma - (x - \theta))} \right) \quad \text{ただし } \theta < x < \theta + \sigma; \quad 0 < \sigma$$

Johnson Sl

$$\text{確率密度関数: } \frac{\delta}{|x - \theta|} \phi \left[\gamma + \delta \ln \left(\frac{x - \theta}{\sigma} \right) \right] \quad \text{ただし } \sigma = 1 \text{ の場合 } \theta < x, \quad \sigma = -1 \text{ の場合 } \theta > x$$

上の式で、 $\phi(\cdot)$ は標準正規分布の確率密度関数です。

注：デフォルトのレポートには、パラメータの信頼区間は表示されません。Johnsonの分布は正規分布へと変換するためのものであり、パラメータの信頼区間にはあまり意味がないためです。パラメータの信頼区間を表示するには、レポートを右クリックし、[列] > [下側 95% 信頼限界] と [上側 95% 信頼限界] を選択します。

一般化対数 (Glog)

この分布は、生物検定法など、正規分布に従うことがほとんどなく、分散が一定でないデータに役立ちます。[一般化対数] 分布は、 μ (位置)、 σ (尺度)、 λ (形状) の3つのパラメータで記述されます。

$$\text{確率密度関数: } \phi\left\{\frac{1}{\sigma}\left[\log\left(\frac{x + \sqrt{x^2 + \lambda^2}}{2}\right) - \mu\right]\right\} \frac{x + \sqrt{x^2 + \lambda^2}}{\sigma(x^2 + \lambda^2 + x\sqrt{x^2 + \lambda^2})}$$

$$\text{ただし } 0 \leq \lambda; 0 < \sigma; -\infty < \mu < \infty$$

一般化対数分布は、正規分布へと変換するためのものであり、正規分布とは次のような関係にあります。

$$z = \frac{1}{\sigma}\left[\log\left(\frac{x + \sqrt{x^2 + \lambda^2}}{2}\right) - \mu\right] \sim N(0,1) \text{ のとき, } x \sim Glog(\mu, \sigma, \lambda)$$

$\lambda = 0$ の場合、一般化対数分布は LogNormal (μ, σ) に等しくなります。

注：デフォルトのレポートには、パラメータの信頼区間は表示されません。一般化対数分布は正規分布へと変換するためのものであり、パラメータの信頼区間にはあまり意味がないためです。パラメータの信頼区間を表示するには、レポートを右クリックし、[列] > [下側 95% 信頼限界] と [上側 95% 信頼限界] を選択します。

すべて

[すべて] オプションを選択すると、用意されているほとんどすべての分布があてはめられ、「分布の比較」レポートにおいて、AICcが小さい順に、それらの分布の名前が表示されます。

AICcは、次のような式で計算されます。

$$AICc = -2\log L + 2v + \frac{2v(v+1)}{n-(v+1)}$$

ここで、

- $\log L$ は対数尤度
- n は標本サイズ
- v はパラメータの個数

すべての分布をあてはめる際に、データに負の値がある場合は、正の値のみを対象とする分布は除外されます。データに整数以外の値がある場合は、離散分布は除外されます。すべての場合において、閾値パラメータがある分布（ベータ分布やJohnson Sb 分布など）は除外されます。

[離散分布のあてはめ] の統計的詳細

ここでは、[離散分布のあてはめ] メニューで用意されている統計分布について説明します。

Poisson

Poisson 分布では、尺度パラメータ $\lambda > 0$ が推定されます。

$$\text{確率関数: } \frac{e^{-\lambda} \lambda^x}{x!} \quad \text{ただし } 0 \leq \lambda < \infty; \quad x = 0, 1, 2, \dots$$

$$E(x) = \lambda$$

$$\text{Var}(x) = \lambda$$

Poisson 分布は離散分布なので、分布関数は整数ごとに変化する階段関数になります。

ガンマ Poisson

ガンマ Poisson 分布は、平均 μ が異なる複数の Poisson 分布から、データが生成されているときに役立ちます。例として、複数の交差点で発生した事故の発生数などが挙げられます。この場合、各交差点における事故発生数の平均 (μ) は、交差点によって異なると考えられます。

ガンマ Poisson 分布は、 $x | \mu$ が平均 μ の Poisson 分布に従い、 μ がパラメータ (α, τ) のガンマ分布に従うという仮定から導出できます。ガンマ Poisson 分布には、 $\lambda = \alpha\tau$ と $\sigma = \tau + 1$ の2つのパラメータがあります。 σ は、過分散パラメータです。 $\sigma > 1$ の場合は、過大分散、つまり通常の Poisson 分布よりも分散が大きくなります。 $\sigma = 1$ の場合、 x の分布は平均 λ の Poisson 分布になります。

$$\text{確率関数: } \frac{\Gamma\left(x + \frac{\lambda}{\sigma - 1}\right)}{\Gamma(x + 1)\Gamma\left(\frac{\lambda}{\sigma - 1}\right)} \left(\frac{\sigma - 1}{\sigma}\right)^x \sigma^{-\frac{\lambda}{\sigma - 1}} \quad \text{ただし } 0 < \lambda; \quad 1 \leq \sigma; \quad x = 0, 1, 2, \dots$$

$$E(x) = \lambda$$

$$\text{Var}(x) = \lambda\sigma$$

上の式で、 $\Gamma(\cdot)$ はガンマ関数です。

前述のとおり、 $x | \mu$ は平均 μ の Poisson 分布に従い、 μ はパラメータ (α, τ) のガンマ分布に従っていると仮定されています。このプラットフォームでは、 $\lambda = \alpha\tau$ および $\sigma = \tau + 1$ がパラメータとして推定されます。 α と τ の推定値は、次式により計算できます。

$$\hat{\tau} = \hat{\sigma} - 1$$

$$\hat{\alpha} = \frac{\hat{\lambda}}{\hat{\tau}}$$

ただし、 σ の推定値が1の場合は、上記の式を使用できません。その場合、ガンマ Poisson 分布は平均 λ の Poisson 分布に等しくなり、 $\hat{\lambda}$ がその λ の推定値となります。

α の推定値が整数の場合、ガンマ Poisson 分布は、次の確率関数を持つ負の二項分布に等しくなります。

$$p(y) = \binom{y+r-1}{y} p^r (1-p)^y \quad \text{ただし } 0 \leq y$$

ここで $r = \alpha$ および $(1-p)/p = \tau$

二項

[二項] オプションでは、一定の標本サイズか、標本サイズを含む列のいずれかを指定することができます。

$$\text{確率関数: } \binom{n}{x} p^x (1-p)^{n-x} \quad \text{ただし } 0 \leq p \leq 1; \quad x = 0, 1, 2, \dots, n$$

$$E(x) = np$$

$$\text{Var}(x) = np(1-p)$$

上の式で、nは独立した試行の回数を示します。

注: 二項分布のパラメータに対する信頼区間の計算には、スコア信頼区間 (Agresti 1998) が使用されています。

ベータ二項

ベータ二項分布は、確率 π が異なる複数の二項分布から、データが生成されているときに役立ちます。たとえば、複数の製造ラインにおける不適合品の個数などが挙げられます。この場合、不適合となる確率 (π) は、製造ラインによって異なると考えられます。

ベータ二項分布は、 $x|\pi$ が二項分布(n, π)に従い、 π がベータ分布(α, β)に従うという仮定から導出できます。ベータ二項分布には、 $p = \alpha/(\alpha+\beta)$ と $\delta = 1/(\alpha+\beta+1)$ の2つのパラメータがあります。 δ は、過分散パラメータです。 $\delta > 0$ の場合は、過大分散、つまり通常の二項分布よりも分散が大きくなります。 $\delta < 0$ の場合は、過小分散です。 $\delta = 0$ の場合、 x は二項分布(n, p)に従います。ベータ二項分布は、 $n \geq 2$ の場合にのみ存在します。

$$\text{確率関数: } \binom{n}{x} \frac{\Gamma\left(\frac{1}{\delta}-1\right) \Gamma\left[x + p\left(\frac{1}{\delta}-1\right)\right] \Gamma\left[n-x+(1-p)\left(\frac{1}{\delta}-1\right)\right]}{\Gamma\left[p\left(\frac{1}{\delta}-1\right)\right] \Gamma\left[(1-p)\left(\frac{1}{\delta}-1\right)\right] \Gamma\left(n + \frac{1}{\delta}-1\right)}$$

$$\text{ただし } 0 \leq p \leq 1; \quad \max\left(-\frac{p}{n-p-1}, -\frac{1-p}{n-2+p}\right) \leq \delta \leq 1; \quad x = 0, 1, 2, \dots, n$$

$$E(x) = np$$

$$\text{Var}(x) = np(1-p)[1+(n-1)\delta]$$

上の式で、 $\Gamma(\cdot)$ はガンマ関数です。

前述のとおり、 $x|\pi$ は二項分布(n, π)に従い、 π はベータ分布(α, β)に従うと仮定されています。このプラットフォームでは、 $p = \alpha/(\alpha+\beta)$ と $\delta = 1/(\alpha+\beta+1)$ のパラメータ推定値が計算されます。 α と β の推定値は、次式で計算できます。

$$\hat{\alpha} = \hat{p} \left(\frac{1 - \hat{\delta}}{\hat{\delta}} \right)$$

$$\hat{\beta} = (1 - \hat{p}) \left(\frac{1 - \hat{\delta}}{\hat{\delta}} \right)$$

ただし、 δ の推定値が0の場合は、上記の式が使用できません。その場合、ベータ二項分布は、確率 p の二項分布となり、 \hat{p} がその p の推定値となります。

なお、ベータ二項分布におけるパラメータの信頼区間は、プロファイル尤度法によって計算されます。

すべての分布の比較

[すべて] オプションを選択すると、用意されているほとんどすべての分布があてはめられ、「分布の比較」レポートにおいて、AICcが小さい順に、それらの分布の名前が表示されます。

AICcは、次のような式で計算されます。

$$AICc = -2\log L + 2v + \frac{2v(v+1)}{n-(v+1)}$$

ここで、

- $\log L$ は対数尤度
- n は標本サイズ
- v はパラメータの個数

あてはめた分布の分位点

「診断プロット」に表示される分位点と、[あてはめたモデルの分位点を保存] コマンドで保存される分位点は、次の方法で計算されます。

1. データを昇順に並べ、順位を付けます。タイ（同順位）にも別々の順位を割り当てます。
2. 各データに対して、 $p_{[i]} = \text{順位}/(n+1)$ を計算します。
3. $\text{quantile}_{[i]} = \text{Quantile}_d(p_{[i]})$ を計算します。 Quantile_d は、あてはめた分布の分位点関数です。また、 $i = 1, 2, \dots, n$ です。

あてはめた分布に対するオプション

ここでは、あてはめた分布に対する、適合度検定と仕様限界について説明します。

適合度

表3.20 JMPの適合度検定の説明

分布	パラメータ	適合度検定
正規 ^a	μ と σ が未知	Shapiro-Wilk (n ≤ 2000) KSL (Kolmogorov-Smirnov-Lilliefors) (n > 2000)
	μ と σ が既知	KSL (Kolmogorov-Smirnov-Lilliefors)
	μ と σ のどちらかが既知	(なし)
対数正規	μ と σ が未知または既知	KolmogorovのD検定
Weibull損失関数	α と β が未知または既知	Cramér-von Misesの W^2 検定
閾値つき Weibull	α 、 β 、 θ が未知または既知	Cramér-von Misesの W^2 検定
極値損失関数	α と β が未知または既知	Cramér-von Misesの W^2 検定
指数	σ が既知または未知	KolmogorovのD検定
ガンマ	α と σ が既知	Cramér-von Misesの W^2 検定
	α と σ のどちらかが未知	(なし)
ベータ	α と β が既知	KolmogorovのD検定
	α と β のどちらかが未知	(なし)
二項	p が既知または未知、 n が既知	KolmogorovのD検定(n ≤ 30) Pearsonのカイ2乗 (χ^2) (n > 30)
ベータ二項	p と δ が既知または未知	KolmogorovのD検定(n ≤ 30) Pearsonのカイ2乗 (χ^2) (n > 30)
Poisson	λ が既知または未知	KolmogorovのD検定(n ≤ 30) Pearsonのカイ2乗 (χ^2) (n > 30)
ガンマ Poisson	λ または σ が既知または未知	KolmogorovのD検定(n ≤ 30) Pearsonのカイ2乗 (χ^2) (n > 30)

a. Johnsonの3つの分布と一般化対数分布では、データを正規分布に変換してから、正規性の検定が行われます。

仕様限界

非正規分布に一般化された工程能力指数は、次のように計算されます。次式において、 T は目標値、 LSL および USL は、それぞれ下側仕様限界および上側仕様限界、 P_α はあてはめた分布の分位点です。

$$C_{pl} = \frac{P_{0.5} - LSL}{P_{0.5} - P_{0.00135}}$$

$$C_{pu} = \frac{USL - P_{0.5}}{P_{0.99865} - P_{0.5}}$$

$$C_p = \frac{USL - LSL}{P_{0.99865} - P_{0.00135}}$$

$$C_{pk} = \min\left(\frac{P_{0.5} - LSL}{P_{0.5} - P_{0.00135}}, \frac{USL - P_{0.5}}{P_{0.99865} - P_{0.5}}\right)$$

$$K = 2 \times \frac{\left| \frac{1}{2}(USL + LSL) - P_{0.5} \right|}{USL - LSL}$$

$$C_{pm} = \frac{\min\left(\frac{T - LSL}{P_{0.5} - P_{0.00135}}, \frac{USL - T}{P_{0.99865} - P_{0.5}}\right)}{\sqrt{1 + \left(\frac{\mu - T}{\sigma}\right)^2}}$$

分布が正規分布の場合には、これらは、通常の工程能力指数と等しくなります。通常の工程能力指数については、表3.19を参照してください。

Kシグマから仕様限界を設定

このオプションを選択した後、工程能力分析におけるKの値を入力し、仕様限界が片側なのか、両側なのかを選択してください。まず、正規分布において「平均±標準偏差のK倍」の範囲外になる確率（上側または下側）が計算されます。そして、あてはめた分布において、その確率に相当する分位点が求められます。その分位点が、工程能力分析の仕様限界として設定されます。このオプションは【分位点】オプションで計算される工程能力分析と似ていますが、このオプションを指定した場合には、確率の代わりにKを指定します。Kは、正規分布において、仕様限界が平均値から標準偏差の何倍離れているかを示す値です。

たとえば、K = 3と指定した場合、正規分布において、平均値から標準偏差の3倍だけ移動した分位点は、それぞれ下側確率0.00135と0.99865に対応した分位点です。よって、下側仕様限界は、あてはめた分布の0.00135に対する分位点が、上側仕様限界には0.99865に対する分位点が設定されます。そして、工程能力分析がこれらの仕様限界に基づいて実行されます。

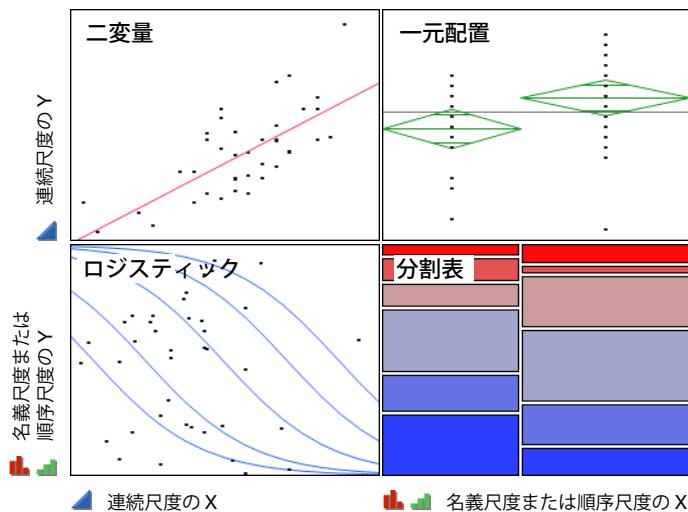
「二変量の関係」プラットフォームの概要 2変数の関係を調べる

「二変量の関係」プラットフォームでは、X変数とY変数の尺度によって、自動的に分析が選択されます。

次の4種類の分析を実行できます。

- 二変量分析
- 一元配置の分散分析
- ロジスティック回帰
- 分割表分析

図4.1 4種類の分析



目次

「二変量の関係」プラットフォームの概要	89
「二変量の関係」プラットフォームの起動	89
「JMPスター」ウィンドウからの各分析の実行	90

「二変量の関係」プラットフォームの概要

「二変量の関係」プラットフォームは、次の4つの分析プラットフォームで構成されています。

プラットフォーム	尺度	説明	参照
二変量	X: 連続 Y: 連続	2つの連続変数における関係を分析します。	「二変量分析」を参照してください。
一元配置	X: 名義／順序 Y: 連続	X変数のグループごとに、連続尺度のY変数の分布がどのように異なるかを分析します。	「一元配置分析」を参照してください。
ロジスティック	X: 連続 Y: 名義／順序	カテゴリカルな応答変数の確率を、連続な説明変数 (X) にあてはめます。	「ロジスティック分析」を参照してください。
分割表	X: 名義／順序 Y: 名義／順序	X変数のグループごとに、カテゴリカルなY変数の分布がどのように異なるかを分析します。	「分割表分析」を参照してください。

「二変量の関係」プラットフォームの起動

「二変量の関係」プラットフォームを起動するには、[分析] > [二変量の関係] を選択します。

図4.2 「二変量の関係」起動ウィンドウ

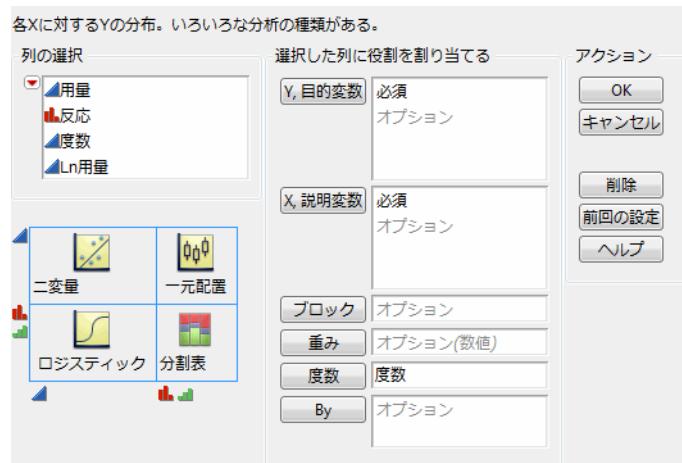


表4.1 「二変量の関係」起動ウィンドウの説明

二変量、一元配置、ロジスティック、分割表	このグリッドには、変数の尺度に応じて、どの分析が実行されるかが示されています。列に役割を割り当てるとき、実行される分析名がグリッドの上部に表示されます。
プロック	(オプション。一元配置分析または分割表分析の場合のみ) <ul style="list-style-type: none"> 分散分析の場合には、指定された因子を第2の因子として、交互作用のない二元配置分散分析が行われます。分散分析でプロック変数を指定する場合には、釣り合いがとれていなければいけません。つまり、プロックごとの各グループのセル度数がすべて等しくないといけません。プロック変数を指定する場合には、データのバランスがとれています。各プロックごとの各グループのセル度数がすべて等しくないといけません。プロットでは、Y変数の値がプロック変数ごとに中心化されます。 分割表の場合には、指定されたプロックの列を、層別因子として、Cochran-Mantel-Haenszel検定が行われます。

起動ウィンドウの詳細については、『JMPの使用法』を参照してください。

「JMPスターター」 ウィンドウからの各分析の実行

「JMPスターター」 ウィンドウから、特定の分析（「二変量」、「一元配置」、「ロジスティック」、または「分割表」）を実行できます。この方法では、列の尺度（Y変数とX変数）に応じた分析を自分自身で指定する必要があります。表4.2を参照してください。

「JMPスターター」 ウィンドウから特定の分析を実行するには、次の手順に従います。

1. カテゴリリストの [基本統計] をクリックします。
2. 実行する分析のボタンをクリックします。

プラットフォームの起動ウィンドウはほとんど同じですが、[Y] ボタンと [X] ボタンの名前が、選択された分析によって次のように異なっています。

表4.2 プラットフォームとボタン

プラットフォームまたは分析	[Y] ボタン	[X] ボタン
二変量の関係	Y, 応答変数	X, 説明変数
二変量	Y, 応答変数	X, 説明変数
一元配置	Y, 目的変数	X, グループ変数
ロジスティック	Y, カテゴリカル応答変数	X, 連続量の説明変数
分割表	Y, 応答カテゴリ	X, グループ化カテゴリ

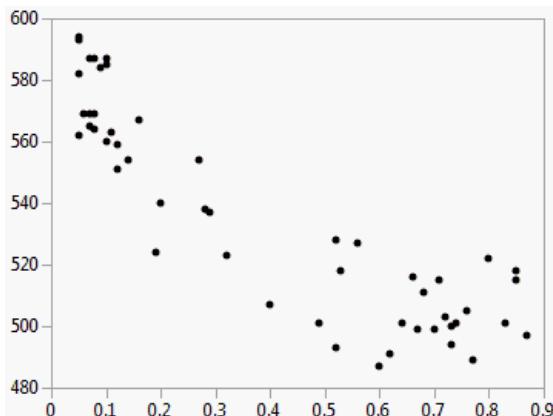
第 5 章

二变量分析 2つの連続変数の関係を調べる

「二变量」プラットフォームでは、2つの連続変数における関係を分析します。**2つの連続変数**に対して「二变量の関係」を実行すると、「二变量」プラットフォームが呼び出されます。「二变量」という用語は単に、分析対象の変数が1つ（一変量）や複数（多変量）ではなく、2つであることを表しています。

結果は、散布図によって図示されます。散布図の各点は、单一の被験者または個体のXスコアとYスコアを表します。つまり、各点が2つの変数の値を示しています。散布図では、2つの変数間の関係の程度や傾向を一目で把握できます。単回帰や多項式回帰などの様々なモデルのあてはめを追加していくことができます。

図 5.1 二变量分析の例



目次

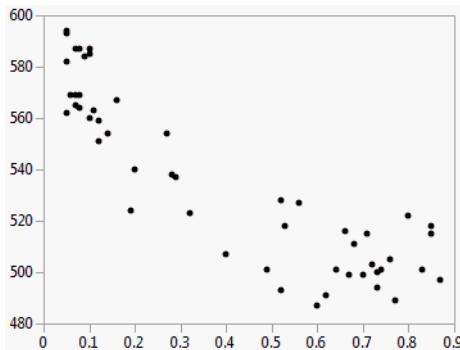
二変量分析の例	93
「二変量」プラットフォームの起動	93
二変量に対する散布図	94
あてはめ用コマンドと一般的なオプション	95
平均のあてはめ	98
直線のあてはめと多項式のあてはめ	99
その他のあてはめ	106
スプライン曲線のあてはめ	108
カーネル平滑化	109
値ごとのあてはめ	110
直交のあてはめ	110
確率楕円	112
ノンパラメトリック密度	113
ロバストなあてはめ	114
ヒストグラム軸	115
グループ別	115
あてはめ用メニュー	116
「二変量」プラットフォームのその他の例	120
「二変量」プラットフォームの統計的詳細	127

二変量分析の例

この例では、「SAT.jmp」サンプルデータテーブルを使用します。米国の50州およびコロンビア特別区に対して、大学進学適性全国テスト（SAT）における言語と数学の点数が記録されています。2004年度について、受験率と言語テストの点数との関係を調べましょう。

1. 「SAT.jmp」データテーブルを開きます。
2. 【分析】 > 【二変量の関係】 を選択します。
3. 「2004 言語」を選択し、【Y, 目的変数】をクリックします。
4. 「2004 受験率(%)」を選択し、【X, 説明変数】をクリックします。
5. 【OK】をクリックします。

図5.2 受験率に対するテストスコアの例



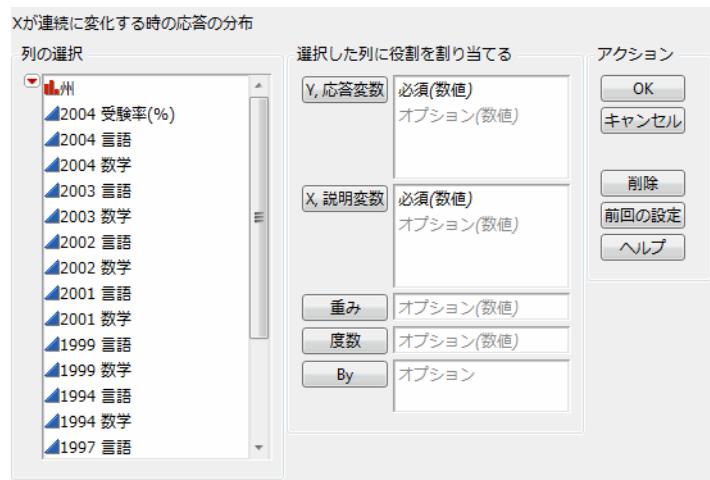
受験率が低い州ほど、言語テストの点数が高いことがわかります。

「二変量」 プラットフォームの起動

二変量分析は、「二変量の関係」 プラットフォームまたは「二変量」 プラットフォームを使用して実行できます。どちらのプラットフォームを使用しても結果は同じです。

- 「二変量の関係」 プラットフォームを起動するには、【分析】 > 【二変量の関係】 を選択します。
または
- 「二変量」 プラットフォームを起動するには、「JMP タイプ」 ウィンドウのカテゴリリストで 【基本統計】 をクリックし、【二変量】 をクリックします。

図5.3 「二変量」起動ウィンドウ

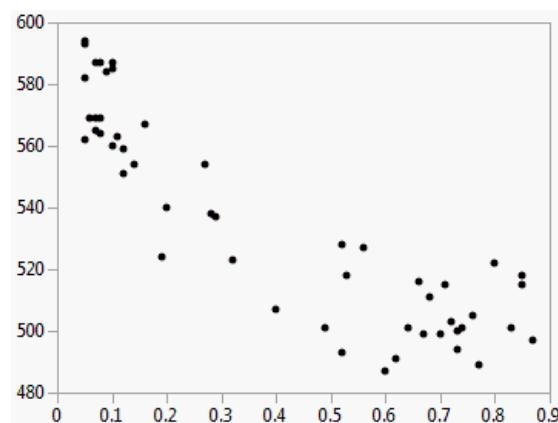


この起動ウィンドウの詳細については、「[「二変量の関係」プラットフォームの概要](#)」(87ページ) の章を参照してください。

二変量に対する散布図

図5.4は、「[二変量分析の例](#)」(93ページ) の手順に従って作成したものです。

図5.4 二変量に対する散布図



注：データテーブルで非表示にした行は、二変量の散布図でも非表示になります。

「二変量の関係」レポートには、まず、XとYの組み合わせごとに、散布図が描かれます。プロット上の変数は、ドラッグ&ドロップ操作で置き換えることができます。使用中の変数を入れ替える場合は、一方の軸の変数をドラッグし、他方の軸の上にドロップします。データテーブル内の他の変数を使いたい場合は、「列」パネルで該当する変数をクリックし、軸の上までドラッグします。

この散布図は、JMPの他のグラフと同じような操作を行えます（散布図のサイズの変更、矢印ツールやブラシツールによる点の強調表示、点のラベルの指定など）。これらの機能の詳細については、『JMPの使用法』を参照してください。

赤い三角ボタンをクリックすると、メニューが表示されます。このメニューには、さまざまなあてはめのコマンドが用意されています。コマンドを選択すると、プロットに曲線をあてはめたり、統計量のレポートを表示したり、追加のメニューを表示したりできます。「あてはめ用コマンドと一般的なオプション」（95ページ）を参照してください。

あてはめ用コマンドと一般的なオプション

注：Y変数またはX変数を複数指定した場合は、「あてはめのグループ」メニューが表示されます。このメニューのオプションを使って、レポートの配置を変えたり、適合度の良い順に並べ替えたりできます。詳細については、『基本的な回帰モデル』を参照してください。

「二変量の関係」の赤い三角ボタンのメニューには、あてはめに関連するコマンドと一般的なオプションが含まれています。

図5.5 あてはめ用コマンドと一般的なオプション

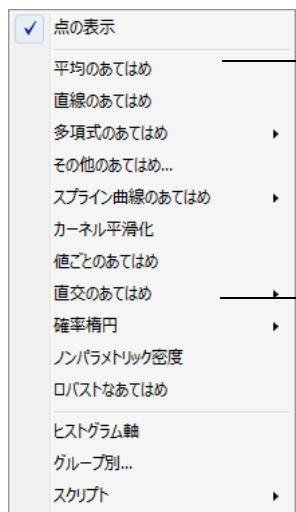


表5.1 一般的なオプションの説明

点の表示	散布図上の点の表示／非表示を切り替えます。チェックマークが付いている場合は、点が表示されています。
ヒストグラム軸	散布図のX軸とY軸にヒストグラムを追加表示します。チェックマークが付いている場合は、ヒストグラム軸が表示されています。「ヒストグラム軸」(115ページ)を参照してください。
グループ別	分類変数(グループ変数)を選択できます。グループ変数の水準ごとに個別の分析が行われ、散布図に回帰曲線または楕円が重ねて表示されます。「グループ別」(115ページ)を参照してください。
スクリプト	すべてのプラットフォームに共通なオプションが表示されます。分析を再実行するオプションや、JSLコマンドをウィンドウやファイルに保存するオプションがあります。詳細は、『JMPの使用法』を参照してください。

あてはめのコマンドを選択すると、次の情報が追加で表示されます。

- 直線、曲線、密度などが、散布図に重ねて表示されます。
- 赤い三角ボタンのメニューが、レポートウィンドウに追加されます。
- 分析結果が、レポートウィンドウに追加されます。

図5.6 [平均のあてはめ] コマンドの例

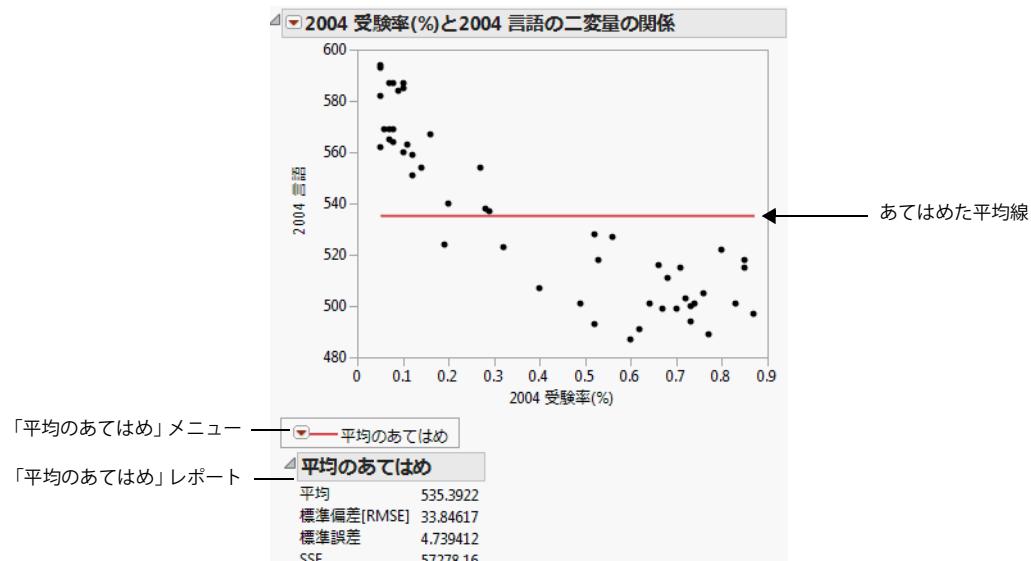


表5.2 あてはめコマンドの説明

平均のあてはめ	応答変数Yの平均を示す水平線を、散布図に表示します。	「平均のあてはめ」(98ページ) を参照してください。
直線のあてはめ	最小2乗法によって、散布図に回帰直線をあてはめます。	「直線のあてはめと多項式のあてはめ」(99ページ) を参照してください。
多項式のあてはめ	最小2乗法によって、指定された次数の多項式曲線をあてはめます。	「直線のあてはめと多項式のあてはめ」(99ページ) を参照してください。
その他のあてはめ	YやXを変換した後に、直線や曲線をあてはめます。変換には、自然対数、平方根、2乗、逆数、指數があります。多項式の中心化をオフにしたり、切片と傾きの制約を指定したり、多項式モデルをあてはめることも可能です。	「その他のあてはめ」(106ページ) を参照してください。
スプライン曲線のあてはめ	平滑化スプライン曲線をあてはめます。曲線の滑らかさ(柔軟性)は、ラムダ(λ)の値によって変わります。 λ は、スプライン曲線を調整するパラメータです。	「スプライン曲線のあてはめ」(108ページ) を参照してください。
カーネル平滑化	直線や2次曲線といった単純なモデルを局所的に重み付けて、Xの定義域内におけるいくつかの点でデータをあてはめます。	「カーネル平滑化」(109ページ) を参照してください。
値ごとのあてはめ	X変数の一意の値ごとに、値をあてはめます。他のあてはめた曲線と見比べて、あてはまりの悪さ(LOF)を理解するのに役立ちます。	「値ごとのあてはめ」(110ページ) を参照してください。
直交のあてはめ	XとY両方の変動に考慮して、直線をあてはめます。	「直交のあてはめ」(110ページ) を参照してください。
確率楕円	母集団が指定された割合だけ含まれる確率楕円を描画します。	「確率楕円」(112ページ) を参照してください。
ノンパラメトリック密度	点の密度を図示します。点が密集しすぎて、散布図だけではパターンが分かりづらい場合に便利です。	「ノンパラメトリック密度」(113ページ) を参照してください。
ロバストなあてはめ	データセットの外れ値の影響を受けにくいロバスト推定を行うことができます。	「ロバストなあてはめ」(114ページ) を参照してください。

注: あてはめた線は、[あてはめの削除] コマンドで削除できます。詳細は、「あてはめ用メニューのオプション」(116ページ) を参照してください。

あてはめ用コマンドの種類

あてはめを行うコマンドは、回帰のあてはめと、密度推定の2つに大別されます。

カテゴリ	説明	あてはめコマンド
回帰のあてはめ	回帰分析は、点に線をあてはめます。あてはめられた線は、最小2乗法によって推定された式（モデル）です。最小2乗法では、各点から線までの距離の平方和が最小になるような線が求められます。回帰分析では、変数Yが線の上下にランダムに散らばっていると仮定されます。	平均のあてはめ 直線のあてはめ 多項式のあてはめ その他のあてはめ スプライン曲線のあてはめ 値ごとのあてはめ 直交のあてはめ
密度推定	密度推定では、二変量の分布が点にあてはめられます。楕円形の等高線で表される二変量正規密度と、一般的なノンパラメトリック密度が用意されています。	確率楕円のあてはめ ノンパラメトリック密度

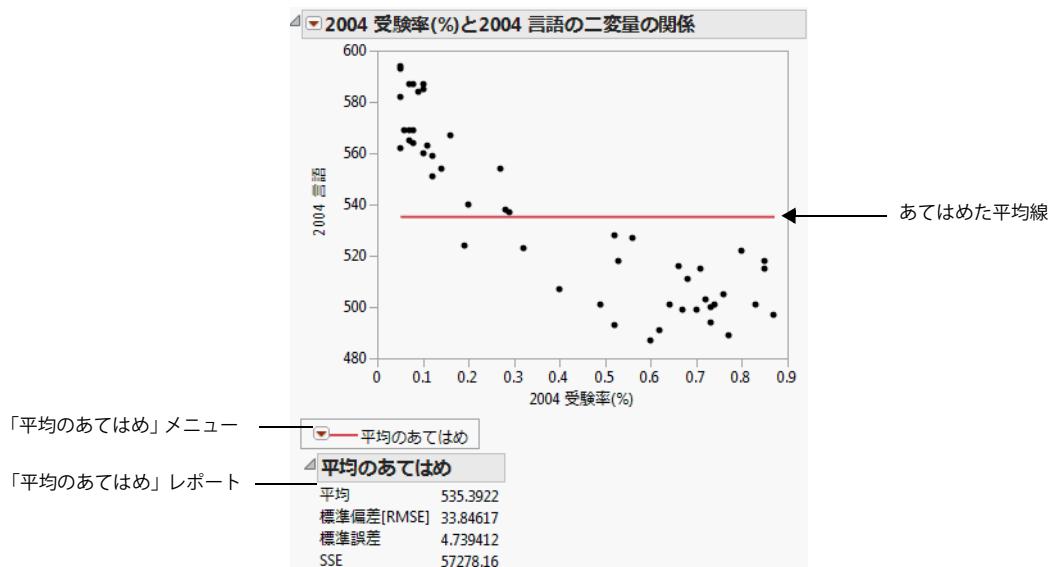
同じあてはめ用コマンドの繰り返し

同じあてはめ用コマンドを、繰り返し選択できます。あてはめを行うたびに散布図に新しい線が追加されます。ある分析を試した後、点を除外してから同じ分析を実行し、それらの分析結果を散布図上で比較できます。複数の分析結果に同じあてはめ用コマンドを一括で適用したい場合は、Ctrlキーを押しながらコマンドを選択します。

平均のあてはめ

【平均のあてはめ】コマンドを選ぶと、応答変数Yの平均を示す水平線が、散布図に追加されます。平均の水平線は、他のあてはめ（直線、信頼曲線、多項式曲線などのあてはめ）と比較するための参照線として使えます。

図5.7 平均のあてはめの例



「平均のあてはめ」レポート

「平均のあてはめ」レポートは、平均のあてはめに関連する要約統計量をまとめたものです。

表5.3 「平均のあてはめ」レポートの説明

平均	応答変数の平均。モデル内で効果が指定されていないときの応答の予測値です。
標準偏差 [RMSE]	応答変数の標準偏差。誤差の平均平方の平方根で、「誤差の標準偏差 (RMSE)」と呼ばれます。
標準誤差	応答変数の平均の標準偏差。RMSE を標本サイズの平方根で割った値です。
SSE	単純な平均モデルの誤差平方和。モデルのあてはめでは、「分散分析」レポートに「誤差」の平方和として表示されます。

関連情報

- 「あてはめ用メニュー」 (116ページ)

直線のあてはめと多項式のあてはめ

「直線のあてはめ」コマンドは、最小2乗法により、散布図に回帰直線をあてはめます。[多項式のあてはめ]コマンドは、最小2乗法により、指定された次数の多項式曲線をあてはめます。

図5.8 直線と多項式のあてはめ

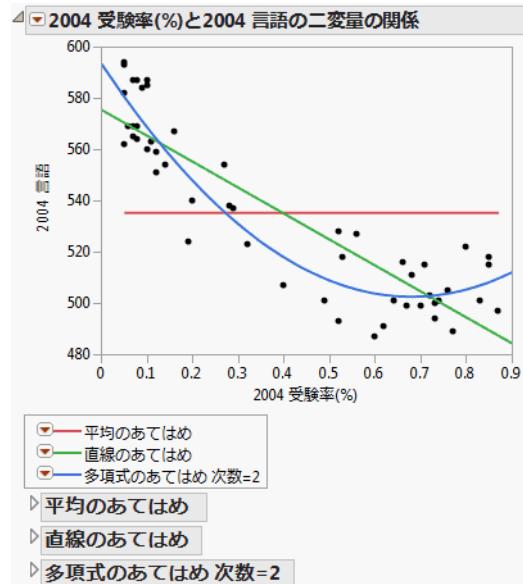


図5.8は、平均線、回帰直線、2次多項式を比較したものです。

次の点に注目してください。

- ・ [直線のあてはめ] は、1次の多項式をあてはめるのと同じことです。
- ・ [平均のあてはめ] は、次数が0の多項式をあてはめるのと同じことです。

「直線のあてはめ」と「多項式のあてはめ」のレポート

「直線のあてはめ」と「多項式のあてはめ」のレポート冒頭には、あてはめられた式が表示されます。

図5.9 あてはめの式の例



注：式はクリックして編集できます。

「直線のあてはめ」と「多項式のあてはめ 次数=X」の各レポートには、少なくとも3つのレポートが表示されます。Xが同じ値を持つオプザベーションが複数ある場合は、4つ目の「あてはまりの悪さ(LOF)」レポートも表示されます。

「あてはめの要約」レポート

次図の「あてはめの要約」レポートは、同じデータに直線と2次多項式をあてはめたときの要約です。このレポートを比較すると、直線から2次多項式にすることで、どの程度、モデルのあてはまりが良くなるのかが分かります。「R2乗」が大きくなるほど、「誤差の標準偏差(RMSE)」の値が小さくなるほど、モデルのあてはまりは良くなっています。

図5.10 直線と多項式の「あてはめの要約」レポート

直線のあてはめ	
2004 言語 = 575.62539 - 101.32814*2004 受験率(%)	
あてはめの要約	
R2乗	0.790274
自由度調整R2乗	0.785994
誤差の標準偏差(RMSE)	15.65752
Yの平均	535.3922
オプザベーション(または重みの合計)	51

多項式のあてはめ次数=2	
2004 言語 = 562.47113 - 111.07875*2004 受験率(%) + 196.95725*(2004 受験率(%) - 0.39706)^2	
あてはめの要約	
R2乗	0.879413
自由度調整R2乗	0.874389
誤差の標準偏差(RMSE)	11.99566
Yの平均	535.3922
オプザベーション(または重みの合計)	51

表5.4 「あてはめの要約」レポートの説明

R2乗	モデルによって説明できる変動の割合を表します。残りの変動は、モデルで説明できないため、ランダムな誤差とみなされます。モデルが完全にあてはまっていると、「R2乗」は1になります。
図5.10の「R2乗」の値から、2次多項式は、ほんの少しだけ直線よりもあてはまりが良いことがわかります。	「あてはめの要約」レポートの統計的詳細 (128ページ) を参照してください。
自由度調整R2乗	パラメータ数の異なるモデルでも比較できるように「R2乗」に調整を加えたもので、計算の際に自由度が考慮されます。
	「あてはめの要約」レポートの統計的詳細 (128ページ) を参照してください。
誤差の標準偏差 (RMSE)	ランダムな誤差の標準偏差の推定値です。「分散分析」レポートにある「誤差」の平均平方の平方根です。図5.12を参照してください。
	「あてはめの要約」レポートの統計的詳細 (128ページ) を参照してください。
Yの平均	応答変数の標本平均(算術平均)。これは、モデルで効果が指定されていないときのYの予測値です。
	「あてはめの要約」レポートの統計的詳細 (128ページ) を参照してください。
オプザベーション(または重みの合計)	あてはめを推定するために使われたオプザベーションの数。ただし、重み変数が使われた場合は、重みの合計です。
	「あてはめの要約」レポートの統計的詳細 (128ページ) を参照してください。

「あてはまりの悪さ(LOF)」レポート

注:「あてはまりの悪さ(LOF)」レポートは、Xが同じ値を持つ行が複数ある場合にのみ表示されます。

Xが同じ値をもつオブザーバーションが複数ある場合には、あてはめられたモデルが正しいかどうかに關係なく、誤差の大きさを推定できます。このような反復(Xが同じ値をもつオブザーバーション)から計算された誤差を**純粋誤差**(pure error)と言います。純粋誤差は、データの誤差のうち、どのようなモデルを構築しても説明や予測ができない変動を表します。なお、自由度が非常に少ない(反復されたXの値が少ない)場合は、「あてはまりの悪さ(LOF)」検定はあまり役に立たない可能性があります。

図5.11 直線および多項式のあてはめの「あてはまりの悪さ(LOF)」レポートの例

直線のあてはめ					多項式のあてはめ次数=2				
2004 言語 = 575.62539 - 101.32814*2004 受験率(%)					2004 言語 = 562.47113 - 111.07875*2004 受験率(%) + 196.95725*(2004 受験率(%) - 0.39706)^2				
▶ あてはめの要約					▶ あてはめの要約				
▶ あてはまりの悪さ(LOF)					▶ あてはまりの悪さ(LOF)				
要因	自由度	平方和	平均平方	F値	要因	自由度	平方和	平均平方	F値
あてはまりの悪さ(LOF)	36	9662.983	268.416	1.4850	あてはまりの悪さ(LOF)	35	4557.2473	130.207	0.7204
純粋誤差	13	2349.750	180.750	p値(Prob>F)	純粋誤差	13	2349.7500	180.750	p値(Prob>F)
合計誤差	49	12012.733		0.2252	合計誤差	48	6906.9973		0.7862
			最大R2乗	0.9590				最大R2乗	0.9590

モデルの残差誤差から、純粋誤差を引いたものを、**あてはまりの悪さ(LOF; Lack Of Fit)**の誤差といいます。指定したモデルが不適切だと、LOF誤差が純粋誤差よりも有意に大きくなります。その場合は、別のモデルをあてはめるようにしてください。「あてはまりの悪さ(LOF)」レポートでは、LOF誤差が0かどうかも検定されます。

表5.5 「あてはめの要約」レポートの説明

要因	変動の3つの要因(「あてはまりの悪さ(LOF)」、「純粋誤差」、「合計誤差」)。
自由度	誤差の各要因の自由度(DF)。
	<ul style="list-style-type: none"> 「合計誤差」の自由度は、「分散分析」レポートの「誤差」の行に表示されている自由度です(「分散分析」レポート(103ページ)を参照)。この自由度は、データ全体の自由度から、モデルの自由度を引いたものです。「誤差」の自由度は、あてはまりの悪さ(LOF)と純粋誤差の2つの自由度に分けることができます。 「純粋誤差」の自由度は、X値が同じである行をグループにまとめ、それぞれのグループの自由度を合算したものです。「「あてはまりの悪さ(LOF)」レポートの統計的詳細」(128ページ)を参照してください。 「あてはまりの悪さ(LOF)」の自由度は、「合計誤差」と「純粋誤差」の自由度の差です。

表5.5 「あてはめの要約」レポートの説明（続き）

平方和	誤差の各要因の平方和 (SS)。 <ul style="list-style-type: none">「合計誤差」の平方和は、「分散分析」レポートの「誤差」の行に表示されている平方和です（「分散分析」レポート（103ページ）を参照）。「純粹誤差」の平方和は、X値が同じである行をグループにまとめ、それぞれのグループの平方和を合算したものです。この平方和は、モデルのX効果ではまったく説明できない、純粹にランダムな誤差の大きさを推定したものです。「「あてはまりの悪さ (LOF)」レポートの統計的詳細」（128ページ）を参照してください。「あてはまりの悪さ (LOF)」の平方和は、「合計誤差」と「純粹誤差」の平方和の差です。LOFの平方和が大きいときは、モデルがデータに適していない可能性があります。この後で説明する「F値」によって、あてはまりの悪さによって生じる変動が十分に小さいかどうか、つまり、純粹誤差に対して無視できる大きさであるかが検定されます。
平均平方	平方和を関連する自由度で割った値。この計算により、平方和が平均（平均平方）に換算されます。統計的検定で使用するF値は平均平方の比です。
F値	「あてはまりの悪さ (LOF)」の平均平方の、「純粹誤差」の平均平方に対する比。「LOF誤差は0である」という帰無仮説を検定します。
p値 (Prob > F)	LOFに起因する変動がない場合に、まったくの偶然だけで、現在のF値よりも大きなF値を得る確率。p値が大きい場合は、あてはまりの悪さの誤差は有意ではありません。
最大R2乗	モデルに含まれている変数で達成できる最大の R^2 乗。 「「あてはまりの悪さ (LOF)」レポートの統計的詳細」（128ページ）を参照してください。

「分散分析」レポート

回帰モデルに対する分散分析表では、標本全体の変動が、いくつかの成分に分割されます。これらの成分は、モデルの有効性を評価する「F値」の計算に使用されます。「F値」に関する確率（p値）が小さいときは、「そのモデルは、Yの平均だけのモデルよりも、良くあてはまっている」と見なすことができます。

図5.12は、線形のあてはめ（[直線のあてはめ]）と2次のあてはめ（[多項式のあてはめ]）の「分散分析」レポートです。どちらも平均だけのモデルよりも統計的にあてはまりが良いことがわかります。

図5.12 直線および多項式のあてはめの「分散分析」レポートの例

直線のあてはめ					多項式のあてはめ次数=2																																												
2004 言語 = 575.62539 - 101.32814*2004 受験率(%)					2004 言語 = 562.47113 - 111.07875*2004 受験率(%) + 196.95725*(2004 受験率(%) - 0.39706)^2																																												
▶ あてはめの要約					▶ あてはめの要約																																												
▶ あてはまりの悪さ(LOF)					▶ あてはまりの悪さ(LOF)																																												
△ 分散分析					△ 分散分析																																												
<table border="1"> <thead> <tr> <th>要因</th> <th>自由度</th> <th>平方和</th> <th>平均平方</th> <th>F値</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>モデル</td> <td>1</td> <td>45265.424</td> <td>45265.4</td> <td>184.6379</td> </tr> <tr> <td>誤差</td> <td>49</td> <td>12012.733</td> <td>245.2</td> <td>p値(Prob>F)</td> </tr> <tr> <td>全体(修正済み)</td> <td>50</td> <td>57278.157</td> <td></td> <td><.0001*</td> </tr> </tbody> </table>					要因	自由度	平方和	平均平方	F値	モデル	1	45265.424	45265.4	184.6379	誤差	49	12012.733	245.2	p値(Prob>F)	全体(修正済み)	50	57278.157		<.0001*	<table border="1"> <thead> <tr> <th>要因</th> <th>自由度</th> <th>平方和</th> <th>平均平方</th> <th>F値</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>モデル</td> <td>2</td> <td>50371.160</td> <td>25185.6</td> <td>175.0265</td> </tr> <tr> <td>誤差</td> <td>48</td> <td>6906.997</td> <td>143.9</td> <td>p値(Prob>F)</td> </tr> <tr> <td>全体(修正済み)</td> <td>50</td> <td>57278.157</td> <td></td> <td><.0001*</td> </tr> </tbody> </table>					要因	自由度	平方和	平均平方	F値	モデル	2	50371.160	25185.6	175.0265	誤差	48	6906.997	143.9	p値(Prob>F)	全体(修正済み)	50	57278.157		<.0001*
要因	自由度	平方和	平均平方	F値																																													
モデル	1	45265.424	45265.4	184.6379																																													
誤差	49	12012.733	245.2	p値(Prob>F)																																													
全体(修正済み)	50	57278.157		<.0001*																																													
要因	自由度	平方和	平均平方	F値																																													
モデル	2	50371.160	25185.6	175.0265																																													
誤差	48	6906.997	143.9	p値(Prob>F)																																													
全体(修正済み)	50	57278.157		<.0001*																																													

表5.6 「分散分析」レポートの説明

要因	変動の3つの要因（「モデル」、「誤差」、「全体(修正済み)」）。
自由度	変動の各要因の自由度（DF）。
	<ul style="list-style-type: none"> 自由度は、非欠測値の標本サイズ（N）から、使用したパラメータ数を引いて求めます。標本全体の変動においては、全体平均を表す1つのパラメータだけが使用されるので、標本サイズから自由度が1つ引かれます。例では、49となっています。「全体(修正済み)」の自由度は、「モデル」項と「誤差」項に分かれます。 「直線のあてはめ」では、切片のパラメータに、傾きのパラメータを1つ追加したモデルが推定されます。分散分析表における「モデル」の自由度は、1です。また、2次の「多項式のあてはめ」では、切片のパラメータに、2つのパラメータ（β_1 と β_2）を追加したモデルが推定されます。分散分析表における「モデル」の自由度は2となります。 「誤差」の自由度は、「全体(修正済み)」と「モデル」の自由度の差です。
平方和	変動の各要因の平方和（SS）。
	<ul style="list-style-type: none"> 図5.12の例では、各応答から標本平均までの距離の平方和（「全体(修正済み)」）は57,278.157です。これは、基本モデル（単純な平均モデル）の平方和で、その他のモデルとの比較に使用されます。 線形回帰においては、各点から直線までの距離の平方和は12,012.733に減少します。これが、線形モデルでは説明できない「誤差」（残差）の平方和です。2次多項式をあてはめると、残差の平方和は6,906.997になり、直線のときよりわずかに多く変動が説明されることになります。言い換えると、2次多項式の方が、直線よりもモデル平方和が大きくなっています。言い換えると、「全体(修正済み)」の平方和から「誤差」の平方和を引くと、モデルで説明される平方和が求められます。

表5.6 「分散分析」レポートの説明（続き）

平均平方	平方和を関連する自由度で割った値。統計的検定で使用される「F値」は、次に示す2つの平均平方の比です。
	<ul style="list-style-type: none"> 「直線のあてはめ」の「モデル」平均平方は、45,265.4です。この値は、モデルのパラメータが0であるという仮説のもとでの誤差分散の推定値です。 「誤差」平均平方である245.2は、誤差分散の推定値です。
F値	モデルの平均平方を誤差の平均平方（MSE）で割ったもの。これは、（切片を除く）すべての回帰パラメータが0であるという仮説を検定します。この仮説が真のとき、「誤差」と「モデル」の両方の平均平方が誤差分散の推定値となり、その比はF分布に従います。0でないパラメータがある場合、「F値」は通常、偶然だけから期待される値よりも大きくなります。
p値 (Prob > F)	真のモデルが、平均だけのモデルであった場合に、まったくの偶然だけで、現在より大きなF値が得られる確率（p値）を表します。有意確率が0.05以下だと、効果があると考えられます。

「パラメータ推定値」レポート

「直線のあてはめ」の「パラメータ推定値」レポートには、項として切片とX変数が1つ表示されています。

k 次多項式のあてはめでは、切片の推定値と、X変数の k 個のべき乗それぞれに1つの推定値があります。

図5.13 直線および多項式のあてはめの「パラメータ推定値」レポートの例

直線のあてはめ	多項式のあてはめ次数=2
2004 言語 = 575.62539 - 101.32814*2004 受験率(%)	2004 言語 = 562.47113 - 111.07875*2004 受験率(%) + 196.95725*(2004 受験率(%) - 0.39706)^2
▶あてはめの要約	▶あてはめの要約
▶あてはまりの悪さ(LOF)	▶あてはまりの悪さ(LOF)
▶分散分析	▶分散分析
パラメータ推定値	パラメータ推定値
項 推定値 標準誤差 t値 p値(Prob> t)	項 推定値 標準誤差 t値 p値(Prob> t)
切片 575.62539 3.684288 156.24 <.0001*	切片 562.47113 3.583843 156.95 <.0001*
2004 受験率(%) -101.3281 7.457094 -13.59 <.0001*	2004 受験率(%) -111.0788 5.942967 -18.69 <.0001*
	(2004 受験率(%) - 0.39706)^2 196.95725 33.06487 5.96 <.0001*

表5.7 「パラメータ推定値」レポートの説明

項	モデルの各パラメータの名前。定数項である切片は、どのモデルにも含まれます。
推定値	線形モデルのパラメータ推定値。回帰モデルの予測式は、これらの推定値と、対応する変数との線形結合で表されます。
標準誤差	パラメータ推定値の標準誤差を推定した値。この標準誤差を使って、検定と信頼区間が計算されます。

表5.7 「パラメータ推定値」レポートの説明（続き）

t 値	各パラメータが0であるという仮説を検定する統計量。t 値は、パラメータ推定値とその標準誤差の比です。仮説が真のとき、t 値は Student の t 分布に従います。
p 値 (Prob> t)	それぞれの t 値から計算した有意確率。これは、帰無仮説が真のときに、まったくの偶然だけで、計算された t 値より（絶対値が）大きい t 値が得られる確率を示します。値が 0.05（場合によっては 0.01）より小さいときは、パラメータがゼロとは有意に異なる証拠と解釈されます。

追加の統計量を表示するには、レポートを右クリックし、[列] の各オプションを選択します。次の統計量はデフォルトでは表示されません。

下側 95% パラメータ推定値の下側 95% 信頼限界。

上側 95% パラメータ推定値の上側 95% 信頼限界。

標準 β 標準化されたパラメータ推定値。異なるスケールで測定した X 变数の効果を比較する場合に便利です。「[「パラメータ推定値」レポートの統計的詳細](#)」（129 ページ）を参照してください。

VIF 分散拡大係数（Variance Inflation Factor）。X 变数の相関行列の逆行列における対角要素。

計画の標準誤差 計画行列に基づく、パラメータ推定値の標準誤差。「[「パラメータ推定値」レポートの統計的詳細](#)」（129 ページ）を参照してください。

関連情報

- 「[\[直線のあてはめ\] の統計的詳細](#)」（127 ページ）
- 「[あてはめ用メニュー](#)」（116 ページ）

その他のあてはめ

[他のあてはめ] コマンドは、Y や X を変換した後に、直線や曲線をあてはめます。変換には、自然対数、平方根、2 乗、逆数、指数があります。切片と傾きの制約を指定したり、指定した次数の多項式をあてはめたり、多項式の中心化をオフすることも可能です。

表5.8 「変換または制約を指定」 ウィンドウの説明

Y の変換	ここで選択したオプションに従って Y 变数が変換されます。
X の変換	ここで選択したオプションに従って X 变数が変換されます。
次数	指定した次数の多項式をあてはめます。

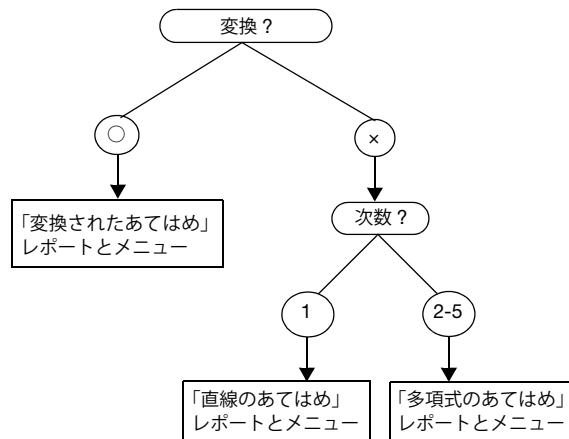
表5.8 「変換または制約を指定」 ウィンドウの説明（続き）

多項式の中心化	多項式の中心化をオフにするには、[多項式の中心化] のチェックを外します。図5.20を参照してください。なお、X変数を変換した場合、多項式の中心化は行われません。多項式の中心化オプションを用いると、多重共線性の影響が軽減され、回帰係数の数値計算が安定します。
切片の制約	このチェックボックスをオンにすると、指定された数値にモデルの切片が固定されます。
傾きの制約	このチェックボックスをオンにすると、指定された数値にモデルの傾きが固定されます。

その他のあてはめのレポートとメニュー

「変換または制約を指定」 ウィンドウで選択した値によって、表示されるレポートやメニューは異なります。図5.14では、選択内容によってどのレポートとメニューが表示されるかをフローチャートで示しています。

図5.14 その他のあてはめのフローチャート



「変換されたあてはめ」 レポート

「変換されたあてはめ」 レポートには、[「直線のあてはめ」と「多項式のあてはめ」のレポート](#)（100ページ）で説明されているレポートが表示されます。

また、Yを変換した場合は、このほかにも、「元のスケールで測定したあてはめ」 レポートも表示されます。このレポートに表示される統計量は、Y変数に関して、変換前のスケールで計算されています。

関連情報

- [「他のあてはめ」 コマンドの例](#)（120ページ）
- [「直線のあてはめ」と「多項式のあてはめ」のレポート](#)（100ページ）
- [「あてはめ用メニュー」](#)（116ページ）

スプライン曲線のあてはめ

【スプライン曲線のあてはめ】コマンドは、平滑化スプライン曲線をあてはめます。曲線の滑らかさ（柔軟性）は、ラムダ (λ) 値によって変わります。 λ は、スプライン曲線を調整するパラメータです。 λ の値を小さくすると、目的関数における誤差平方和の比重が大きくなり、データに曲線をあてはめようとする傾向が強くなり、曲線のカーブが多くなります。逆に、 λ の値を大きくすると、あてはめが硬くなり、スプライン曲線は直線に近付きます。

次の点に注目してください。

- 平滑化スプライン曲線は、Xに対するYの期待値を調べるのに役立ちます。
- 曲線の各部分に近い点ほど、その各部分の形状に大きな影響を及ぼしています。 λ の値を小さくすると、局所的に点が曲線に与える影響が大きくなり、曲線が柔軟になります。
- メニューに表示されていないラムダ値を使用する場合は、[スプライン曲線のあてはめ] > [その他] を選択します。X変数のスケールが変わると、あてはめたモデルも変わります。これを避けるためには、「Xの標準化」オプションを選択します。このオプションを選択すると、X変数のスケールや単位をどのように変更しても、あてはめたモデルの結果は、どれも同じになります。
- 異なる λ 値を試してみてください。「平滑化スプライン曲線によるあてはめ」レポートの下にある「 λ の変更」スライダを動かして λ の値を変更できます。ただし、 λ はデータのスケールによって変化するので注意が必要です。たとえば、X軸がインチ単位の場合とセンチメートル単位の場合では、 λ の値が異なります。

「平滑化スプライン曲線によるあてはめ」レポート

「平滑化スプライン曲線によるあてはめ」レポートには、「R2乗」と「誤差平方和(SSE)」が表示されます。これらの値は、スプライン曲線を他のモデルや別のスプライン曲線と比較するのに役立ちます。

表5.9 「平滑化スプライン曲線によるあてはめ」レポートの説明

R2乗	データの全変動のうち、平滑化スプライン曲線モデルによって説明されている割合。詳細は、「 「平滑化スプライン曲線によるあてはめ」レポートの統計的詳細 」(129ページ) を参照してください。
誤差平方和 (SSE)	各点からスプライン曲線までの距離の平方和。これは、スプラインモデルをあてはめた後もまだ説明できていない「誤差」(残差) を表します。
λ の変更	λ 値を変更できます。値を入力するか、スライダを動かして変更します。

関連情報

- 「[あてはめ用メニュー](#)」(116ページ)
- 「[「\[スプライン曲線のあてはめ\] の統計的詳細」](#) (127ページ)

カーネル平滑化

【カーネル平滑化】コマンドは、直線や2次曲線といった単純なモデルを局所的に重み付けて、Xの定義域内におけるいくつかの点において、データにあてはめます。最大で合計128個の局所的回帰が組み合わされ、データ全体にわたって滑らかな曲線が作成されます。この局所的に重み付けた回帰は、**loess**、もしくは、提案された当初の名前である**lowess**とも呼ばれています。Lowessという呼び名は、locally weighted scatterplot smoother(局所重み付き散布図平滑化)が由来です。Cleveland (1979) を参照してください。

この手法は、変数間の関係を特定して、その後に必要な分析やモデル式を考察するのに役立ちます。

「局所的な平滑化」レポート

「局所的な平滑化」レポートには、「R2乗」と「誤差平方和(SSE)」が表示されます。これらの値は、カーネル平滑化曲線を、別の曲線やモデルと比較するのに役立ちます。

表5.10 「局所的な平滑化」レポートの説明

R2乗	データの全変動のうち、カーネル平滑化モデルによって説明されている割合。詳細は、「 平滑化スプライン曲線によるあてはめ 」レポートの統計的詳細」(129ページ) を参照してください。
誤差平方和 (SSE)	各点からカーネル平滑化曲線までの距離の平方和。これは、カーネル平滑化モデルをあてはめた後もまだ説明できていない「誤差」(残差)を表します。
局所的なあてはめ (λ)	個々の局所的なあてはめに対し、多項式の次数を選択します。2次多項式を使用すると、局所的なでこぼこが滑らかになります。 λ は、この手法であてはめる多項式の次数を表します。 λ には、0次(平均)、1次(線形)、および、2次のいずれかを指定できます。
重み関数	それぞれの局所的な回帰において、近傍のデータをどのように重み付けするかを指定します。デフォルトでは、重み付けの関数として、トリキューブ(3次式の3乗)が使われます。このような重み付け関数は、局所的な回帰をあてはめていくときに、各点 (x_i, y_i) が局所的な回帰に与える影響を決めます。重みは、 x から x_i までの距離が大きくなるにつれて小さくなり、やがてゼロになります。
滑らかさ (α)	個々の局所的なあてはめを構成する点の数を指定します。スライダーで値を調整するか、値を直接入力します。 α は、平滑化パラメータで、正の数値なら何でもかまいいませんが、通常は0.25~1の値を使用します。 α を大きくすると、曲線の滑らかさが増します。
ロバスト性	モデルから離れた点に小さな重みを与えることにより、外れ値による影響を小さくします。ここには、重みを再計算する計算過程の反復回数(パスの回数)を指定します。この反復計算の目的は、外れ値に対する重みを小さくすることで、自動的に外れ値をなくすことです。

関連情報

- ・[「あてはめ用メニュー」\(116ページ\)](#)

値ごとのあてはめ

【値ごとのあてはめ】 コマンドは、X変数の一意の値ごとに値をあてはめます。X変数の一意の値ごとに応答の平均があてはめられます。

「値ごとのあてはめ」レポート

「値ごとのあてはめ」レポートには、モデルのあてはめに関する要約統計量が表示されます。

表5.11 「値ごとのあてはめ」レポートの説明

オブザベーションの数	オブザベーションの合計数。
異なるXの値の個数	Xの異なる値の個数。
自由度	純粋誤差の自由度。
平方和	純粋誤差の平方和。
平均平方	純粋誤差の平均平方。

関連情報

- ・[「あてはめ用メニュー」\(116ページ\)](#)

直交のあてはめ

【直交のあてはめ】 コマンドでは、XとY両方の変動を考慮して直線があてはめられます。

「直交のあてはめ」のオプション

次の表では、分散比を指定するオプションについて説明します。

一変量分散, 主成分	XとYの一変数ずつから求めた分散の推定値を使います。この結果は、標準化したデータに対する主成分分析の第1主成分です。このオプションは、測定システムの分析には向いていません。得られたデータにおける分散の比は、母集団における分散の比と異なる場合が多いからです。
------------	--

等分散性	誤差分散が等しいと仮定し、分散比を1とします。この結果は、標準化していないデータに対する主成分分析の第1主成分です。散布図において、X軸とY軸のスケールを同じにし、正規密度楕円を表示すると、得られた線が楕円の長軸になります。
Y→Xのあてはめ	Yの分散が0であるとし、分散比を0とします。
指定された分散比	このオプションでは、任意の分散比を入力できます。XとYの測定誤差の大きさが事前にわかっている場合に活用できます。

「直交回帰」レポート

「直交回帰」レポートは、直交回帰モデルの要約統計量をまとめたものです。

次の表では、「直交回帰」レポートについて説明します。

表5.12 「直交回帰」レポートの説明

変数	直線のあてはめに使用された変数の名前。
平均	各変数の平均。
標準偏差	各変数の標準偏差。
分散比	直線のあてはめに使用された分散比。
相関	2つの変数間の相関。
切片	あてはめた直線の切片。
傾き	あてはめた直線の傾き。
下側信頼限界	傾きの下側信頼限界。
上側信頼限界	傾きの上側信頼限界。
有意水準(α)	信頼区間の計算に使用する α 水準を入力します。

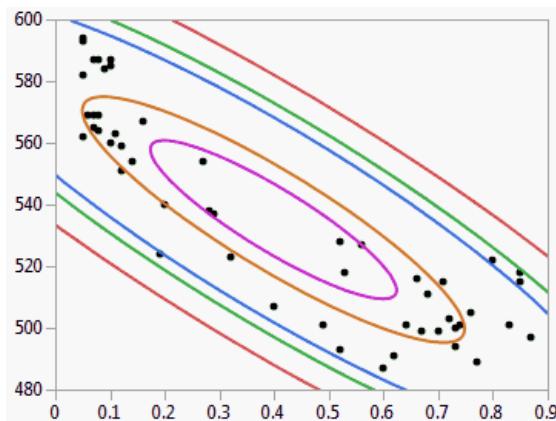
関連情報

- 「あてはめ用メニュー」(116ページ)
- 「[直交のあてはめ] の統計的詳細」(127ページ)
- 「[直交のあてはめ] コマンドの使用例」(122ページ)

確率楕円

【確率楕円】オプションは、サブメニューで選択された確率の確率楕円を描きます。楕円内に位置する確率が、選択された確率になっている楕円が描かれます。

図5.15 確率楕円の例



確率楕円は、 X と Y から推定された二变量正規分布から計算されます。二变量正規分布は、 X 変数と Y 変数の平均と標準偏差、および、その相関によって決められます。なお、[その他]オプションを選択すると、0より大きく1未満の、任意の確率を指定することができます。

確率楕円は、確率密度が等しいところを示す等高線です。また、信頼領域を示す等高線もあります。二变量正規分布を仮定した上で、指定された割合だけ点が含まれる範囲を表しています。

確率楕円は、2変数間の相関を調べるのに役立ちます。2変数間の相関が1または-1へ近付くにつれて、楕円は対角線方向に長くなります。2変数に相関がない場合、楕円は（対角線方向に伸びず）水平もしくは垂直に伸びます。

「相関」レポート

確率楕円ごとに作成される「相関」レポートには、 X 変数と Y 変数の相関係数が表示されます。

注：複数の変数に対して、確率楕円と相関を行列形式で表示させたい場合には、メニューバーから [分析] > [多变量] > [多变量の相関] を選択してください。

表5.13 「相関」レポートの説明

変数	楕円の作成に使用された変数の名前。
平均	X 変数と Y 変数のそれぞれの平均。

表5.13 「相関」レポートの説明（続き）

標準偏差	X変数とY変数のぞれぞれの標準偏差。
	平均と標準偏差の詳細については、「分布」の章の「 「要約統計量」レポート 」（39ページ）を参照してください。
相関	Pearsonの相関係数。二変量間に完全な線形関係がある場合、相関係数は1（正の相関）または-1（負の相関）になり、関係が存在しない場合、相関は0に近くなります。 詳細は、「 「相関」レポートの統計的詳細 」（129ページ）を参照してください。
p値	X変数とY変数の間に相関関係がないときに、まったくの偶然だけで、計算された相関よりも絶対値の大きい相関が得られる確率。
数	計算に使用されたオブザベーションの数。

関連情報

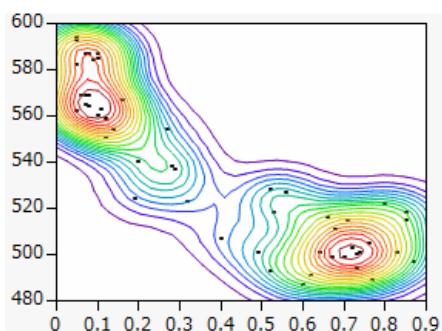
- 「[あてはめ用メニュー](#)」（116ページ）
- 「[グループ別確率楕円の例](#)」（125ページ）

ノンパラメトリック密度

プロットに数千にのぼる点が密集している場合、点が塊になって表示され、密度のパターンが見えなくなってしまいます。[ノンパラメトリック密度] コマンドを使用すると、密度のパターンがわかりやすくなります。

二変量のノンパラメトリック密度推定は、各座標における密度が滑らかな曲面で求められます。レポートの散布図上には、密度が等しくなっている等高線が表示されます（図5.16）。等高線は5%間隔で表示されます。最も低い等高線より下に位置する点は全体の5%、その次の等高線より下に位置するのは10%、というように続いている。最も高い等高線より下には約95%の点が位置します。

図5.16 ノンパラメトリック密度の例



ノンパラメトリック密度等高線のグリッド点の個数を変更して、等高線を滑らかに表示することができます。デフォルト値は51個ですが、高密度部分の等高線がぎざぎざになる場合があります。

個数を変更するには、Shiftキーを押しながら「二変量の関係」の赤い三角ボタンをクリックし、メニューから【ノンパラメトリック密度】を選択してください。デフォルトの51よりも大きい値を入力できます。

「ノンパラメトリック二変量の密度」レポート

「ノンパラメトリック二変量の密度」レポートには、ノンパラメトリック密度の計算に使用されたカーネル標準偏差が表示されます。

関連情報

- 「あてはめ用メニュー」(116ページ)

ロバストなあてはめ

注：ロバストなあてはめの詳細については、Huber (1973) を参照してください。

【ロバストなあてはめ】オプションを使用すると、データセットの外れ値の影響を受けにくいロバスト推定を行うことができます。この場合の外れ値は、データ本来の分布から大きく外れて観測される点を指します。たとえば、複数の個人の標本について体重（ポンド単位）を測定したとします。このとき、1名の体重が誤ってポンドではなくキログラムで記録された場合、データの本来の分布から外れた点として現れます。こうした外れ値がデータに影響し、誤った判断につながる恐れがあります。【ロバストなあてはめ】オプションは、このような外れ値による影響を低減します。

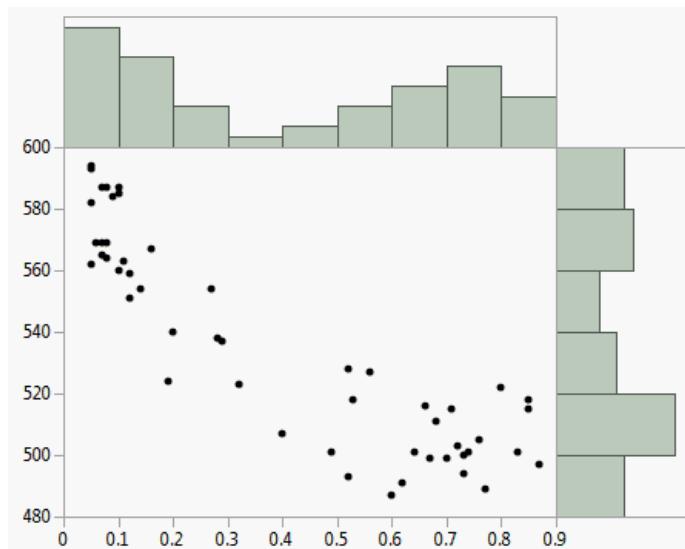
関連情報

- 「あてはめ用メニュー」(116ページ)
- 「[ロバストなあてはめ] コマンドの使用例」(123ページ)

ヒストグラム軸

[ヒストグラム軸] は、散布図の X 軸と Y 軸にヒストグラムを表示するオプションです。ヒストグラムを使用して、X 変数と Y 変数の周辺分布を視覚化できます。

図 5.17 ヒストグラム軸の例



グループ別

[グループ別] オプションは、分類変数(グループ変数)を指定するためのものです。「二変量」プラットフォームでは、グループ変数を指定すると、グループ変数の水準ごとに分析が行われ、回帰直線や楕円が散布図に重ねて描かれます。グループ変数のどの水準の結果なのかは、散布図の下の凡例を見ると分かります。この凡例の1つ1つにポップアップメニューがあり、情報を保存したり、削除したりできます。

グループ変数が指定されている場合には、[グループ別] オプションにチェックマークが付きます。グループ変数を変更するには、まず、[グループ別] オプションを選択してチェックマークを外します。これで、既存のグループ変数が削除されることになります。次に、[グループ別] オプションを再び選択し、前回同様にグループ変数を選択します。

[グループ別] オプションは、次のような用途で使用できます。

- グラフに複数の回帰直線を重ね合わせると、傾きが簡単に比較できます。
- 複数の確率楕円を重ね合わせると、グループ変数の水準ごとに点がクラスター(塊)に分かれて表示されます。

関連情報

- 「グループ別確率楕円の例」 (125ページ)
- 「グループ別回帰直線の例」 (126ページ)

あてはめ用メニュー

各種のあてはめを実行するコマンドを選択すると、レポートが表示されるとともに、あてはめ用のメニューも新たに追加されます。次の表は、あてはめ用コマンドとそれに対応するあてはめ用メニューをまとめたものです。

あてはめ用コマンド	あてはめ用メニュー
平均のあてはめ	平均のあてはめ
直線のあてはめ	直線のあてはめ
多項式のあてはめ	多項式のあてはめ 次数= X^*
その他のあてはめ	直線のあてはめ 多項式のあてはめ 次数= X^* 変換されたあてはめ X^* 制約のあるあてはめ
スプライン曲線のあてはめ	平滑化スプライン曲線によるあてはめ、 $\lambda=X^*$
カーネル平滑化	局所的な平滑化
値ごとのあてはめ	値ごとのあてはめ
直交のあてはめ	直交回帰 分散比= X^*
確率楕円	二変量正規楕円 $P=X^*$
ノンパラメトリック密度	分位点密度等高線
ロバストなあてはめ	ロバストなあてはめ

X は、何らかの文字または数字です。

あてはめ用メニューのオプション

次の表では、あてはめ用メニューのオプションについて説明します。

回帰の信頼区間	期待値（平均）に対する信頼限界の表示／非表示を切り替えます。このオプションは、スプライン曲線のあてはめ、確率楕円、値ごとのあてはめ、および直交のあてはめではグレー表示になっていて使用できません。
個別の値に対する信頼区間	個別の予測値に対する信頼限界の表示／非表示を切り替えます。信頼区間は、誤差における変動とパラメータ推定値における変動の両方を考慮しています。このオプションは、平均のあてはめ、スプライン曲線のあてはめ、確率楕円、値ごとのあてはめ、直交のあてはめではグレー表示になっていて使用できません。
線の色	パレットが開き、各あてはめ線に割り当てる色を選択できます。
あてはめ線	あてはめ線の表示／非表示を切り替えます。
線種	パレットが開き、各あてはめ線に割り当てる線種を選択できます。
線の幅	あてはめ線の幅を3つの中から選択します。デフォルトでは最も細い線が使われています。
レポート	あてはめのレポートの表示／非表示を切り替えます。
予測値の保存	データテーブル内に「予測値 列名」という新しい列を作成します。「列名」の部分にはY変数の名前が挿入されます。この列には、計算式の形式で予測式が保存されます。データテーブルに行を追加すると、保存された予測式によって、その行の予測値が自動的に計算されます。このオプションは、値ごとのあてはめ、確率楕円のあてはめではグレー表示になっていて使用できません。 注：【予測値の保存】と【残差の保存】のコマンドは、あてはめごとに適用できます。これらのコマンドを何度も実行した場合や、グループ変数と併用した場合は、データテーブル内に作成された列がどのあてはめのものかわかるように列名を変更してください。
残差の保存	データテーブル内に「残差 列名」という新しい列を作成します。「列名」の部分にはY変数の名前が挿入されます。この列には、各行の実測値（観測値）と予測値の差が保存されます。【予測値の保存】コマンドとは異なり、このコマンドでは新しい列に計算式は保存されません。このオプションは、値ごとのあてはめ、確率楕円のあてはめではグレー表示になっていて使用できません。 注：【予測値の保存】と【残差の保存】のコマンドは、あてはめごとに適用できます。これらのコマンドを何度も実行した場合や、グループ変数と併用した場合は、データテーブル内に作成された列がどのあてはめのものかわかるように列名を変更してください。
あてはめの削除	グラフとレポートからあてはめ線を削除します。

「直線のあてはめ」、「多項式のあてはめ」、「その他のあてはめ」、「ロバストなあてはめ」のみ：

平均の信頼限界の計算式	平均の信頼区間の計算式が保存されます。
個別の信頼限界の計算式	個々の応答値に対する信頼区間の計算式が保存されます。
回帰の信頼区間内を塗る	【回帰の信頼区間】コマンドと同じ曲線を描き、曲線間に陰影を付けます。
個別の値に対する信頼区間内を塗る	【個別の値に対する信頼区間】コマンドと同じ曲線を描き、曲線間に陰影を付けます。
残差プロット	「予測値と残差のプロット」、「予測値と実測値のプロット」、「行番号と残差のプロット」、「残差の正規分位点プロット」の4種類の診断プロットを表示します。【診断プロット】(119ページ) を参照してください。
α 水準の設定	直線、多項式、およびその他のあてはめで、信頼区間を計算するための α 水準を指定します。

「平滑化スプライン曲線によるあてはめ」のみ：

係数の保存	新しいデータテーブルが作成され、スプライン曲線の係数が、 X 、 A 、 B 、 C 、 D という列に保存されます。 X 列の値は節点を指します。 A 、 B 、 C 、 D はそれぞれ、現在の X 値から次に大きな X 値までの区間における3次スプライン曲線の切片、1次係数、2次係数、3次係数です。
-------	--

「二変量正規楕円」のみ：

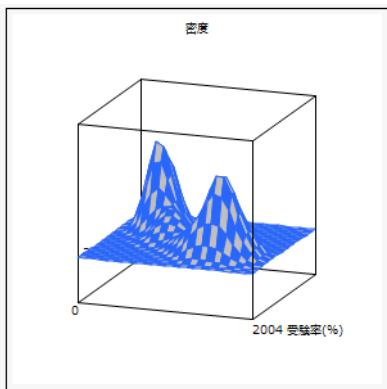
楕円内を塗る	確率楕円の内側の領域を塗ります。
内側の点を選択	確率楕円の内側の点を選択します。
外側の点を選択	確率楕円の外側の点を選択します。

「分位点密度等高線」のみ：

カーネルの制御	カーネル標準偏差を変更するためのスライダを各変数に表示します。ノンパラメトリック密度を計算するためのXとYのカーネル標準偏差を変更できます。
5%の等高線	5%の等高線の表示／非表示を切り替えます。
等高線	等高線の表示／非表示を切り替えます。
等高線間を塗りつぶす	等高線と等高線の間の領域を塗りつぶします。
密度による点の選択	指定された分位点範囲内の点を選択します。
密度分位点による色分け	密度分位点に応じて点を色分けします。
密度分位点の保存	新しい列を作成し、各点の密度分位点を保存します。
メッシュプロット	分析対象の2変数をグリッドにして、密度推定値を3次元でプロットします。図5.18を参照してください。

峰型クラスター	データテーブル内に新しい列を作成し、クラスター値を保存します。
密度グリッドの保存	注：峰型クラスター値を先に保存してから密度グリッドを保存すると、グリッドテーブルにもクラスター値が含まれます。クラスター値は、プロットの点に色やマークを付けるときに役立ちます。

図5.18 メッシュプロットの例



診断プロット

【残差プロット】オプションを選択すると、残差プロットを始め、モデルの適合度を診断するプロットが表示されます。プロットの種類は次のとおりです。

予測値と残差のプロット 予測値と残差をプロットしたものです。残差のヒストグラムも作成されます。

予測値と実測値のプロット 予測値と実測値をプロットしたものです。

行番号と残差のプロット 行番号と残差をプロットしたものです。

Xと残差のプロット X変数と残差をプロットしたものです。

残差の正規分位点プロット 残差の正規分位点プロットです。

「二变量」プラットフォームのその他の例

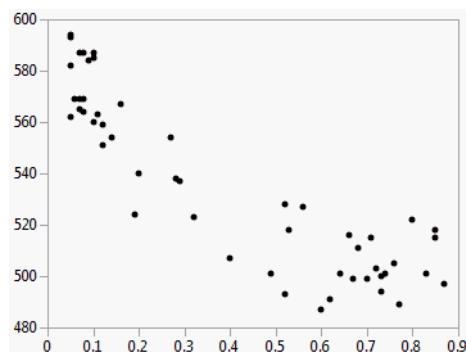
ここでは、「二变量」プラットフォームを使った例をさらに紹介します。

「その他のあてはめ」コマンドの例

Yを対数変換、Xを平方根変換するには、次の手順に従います。

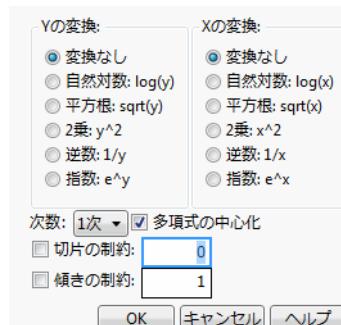
1. 「SAT.jmp」データテーブルを開きます。
2. [分析] > [二变量の関係] を選びます。
3. 「2004 言語」を選択し、[Y, 目的変数] をクリックします。
4. 「2004 受験率(%)」を選択し、[X, 説明変数] をクリックします。
5. [OK] をクリックします。

図5.19 受験率に対するテストスコアの例



6. 「二变量の関係」の赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [その他のあてはめ] を選択します。「変換または制約を指定」ウィンドウが表示されます。このウィンドウの説明については、表5.8を参照してください。

図5.20 「変換または制約を指定」 ウィンドウ



7. 「Yの変換」で、[自然対数: log(y)] を選択します。
8. 「Xの変換」で、[平方根: sqrt(x)] を選択します。
9. [OK] をクリックします。

図5.21 その他のあてはめのレポートの例

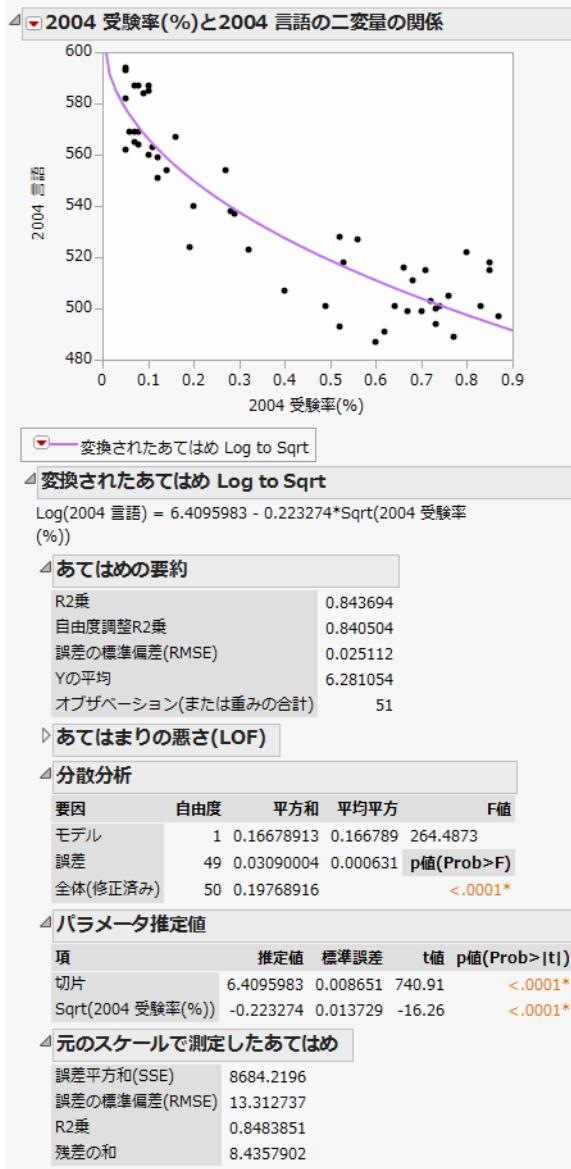


図5.21に示すように、あてはめられた線は元のスケールでプロットされます。プロットされた線の近くにデータが分布しているので、このモデルはデータに良くあてはまっているようです。

[直交のあてはめ] コマンドの使用例

この例は、2段階に分かれています。まず、「一変量の分布」プラットフォームを使用して、変数を標準化します。次に、標準化された変数を使用して、直交回帰モデルをあてはめます。

変数の標準化

1. 「Big Class.jmp」データテーブルを開きます。
2. [分析] > [一変量の分布] を選びます。
3. 「身長(インチ)」と「体重(ポンド)」を選択し、[Y, 列] をクリックします。
4. [OK] をクリックします。
5. Ctrlキーを押しながら、「身長(インチ)」の赤い三角ボタンをクリックし、[保存] > [標準化] を選択します。Ctrlキーを押しながらコマンドを選択すると、レポートウィンドウに表示されているすべての変数に、選択されたコマンドが一括して適用されます。上記の操作により、「Big Class.jmp」サンプルデータテーブルに、新しい列が2つ追加されます。
6. 「一変量の分布」レポートウィンドウを閉じます。

標準化された変数を使用した直交回帰モデルのあてはめ

1. 「Big Class.jmp」サンプルデータテーブルから、[分析] > [二変量の関係] を選択します。
2. 「標準化体重 (ポンド)」を選択し、[Y, 目的変数] をクリックします。
3. 「標準化身長 (インチ)」を選択し、[X, 説明変数] をクリックします。
4. [OK] をクリックします。
5. 赤い三角ボタンのメニューから、[直線のあてはめ] を選びます。
6. 赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [直交のあてはめ] を選択します。次に、以下のサブメニューをそれぞれ選択します。
 - 等分散性
 - Y→Xのあてはめ
 - [指定された分散比] > 「0.2」を入力
 - [指定された分散比] > 「5」を入力

図5.22 「直交のあてはめ」のオプション例

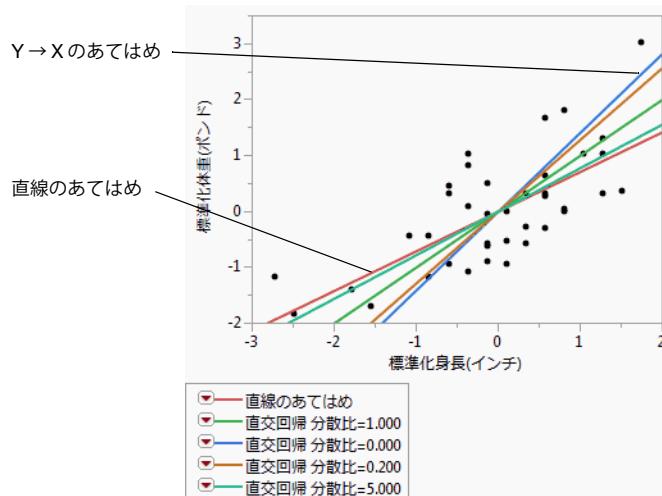


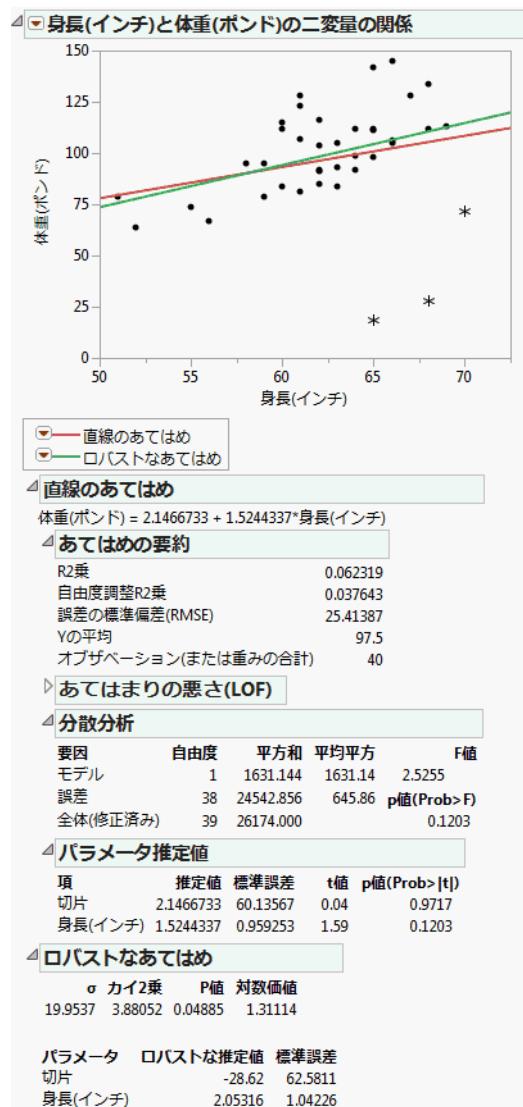
図5.22の散布図は、「身長(インチ)」と「体重(ポンド)」を標準化し、いろいろな直線をあてはめたものです。分散比を変化させたときの「直交のあてはめ」の様子がわかります。X変数の分散をゼロとした場合は、普通の回帰直線です。その対極にあるのがXのYへの回帰で、そこではY変数の分散をゼロとしています。他の直線は、これら2つの間に位置し、分散比に応じて少しずつ傾きが変わっています。分散比が大きくなるにつれて、Yの変動だけが考慮されるようになります。直線の傾きがYのXへの回帰直線(普通の回帰直線)に近付きます。逆に、分散比を小さくすると、直線の傾きはXのYへの回帰直線に近付きます。

[ロバストなあてはめ] コマンドの使用例

「Weight Measurements.jmp」サンプルデータテーブルには、40名の学生の身長と体重が記録されています。

1. 「Weight Measurements.jmp」サンプルデータテーブルを開きます。
2. [分析] > [二変量の関係] を選びます。
3. 「体重(ポンド)」を選択し、[Y, 目的変数] をクリックします。
4. 「身長(インチ)」を選択し、[X, 説明変数] をクリックします。
5. [OK] をクリックします。
6. 赤い三角ボタンのメニューから、[直線のあてはめ] を選択します。
7. 赤い三角ボタンのメニューから、[ロバストなあてはめ] を選択します。

図5.23 ロバストなあてはめの例



標準の「分散分析」レポートを見ると、p値が0.1203であるため、身長と体重に線形関係はないという誤った結論に導かれてしまう可能性がありますが、「ロバストなあてはめ」レポートを確認すれば、p値が0.0489になっているため、線形関係は成立すると結論付けられるでしょう。一部の測定値が不自然に低いようなので、ユーザーによる誤入力が疑われます。これらの測定値が分析に好ましくない影響を与えたものと考えられます。

グループ別確率楕円の例

この例では、「Hot Dogs.jmp」サンプルデータを使用します。「タイプ」列には、ホットドッグの種類（牛肉、合い挽き、鳥肉）が記録されています。3種類のホットドッグでグループ分けして、コストを分析します。

1. 「Hot Dogs.jmp」サンプルデータテーブルを開きます。
2. [分析] > [二変量の関係] を選びます。
3. 「1オンスあたりのコスト(\$)」を選択し、[Y, 目的変数] をクリックします。
4. 「蛋白質1ポンドあたりのコスト(\$)」を選択し、[X, 説明変数] をクリックします。
5. [OK] をクリックします。
6. 赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [グループ別] を選択します。
7. リストから「タイプ」を選択します。
8. [OK] をクリックします。もう一度 [グループ別] オプションを確認すると、横にチェックマークが付いていることがわかります。
9. 赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [確率楕円] > [0.90] を選択します。

点を「タイプ」別に色分けするには、次の手順に従います。

10. 散布図上を右クリックし、[行の凡例] を選択します。
11. 列のリストで「タイプ」を選択し、[OK] をクリックします。

図5.24 グループ別の例

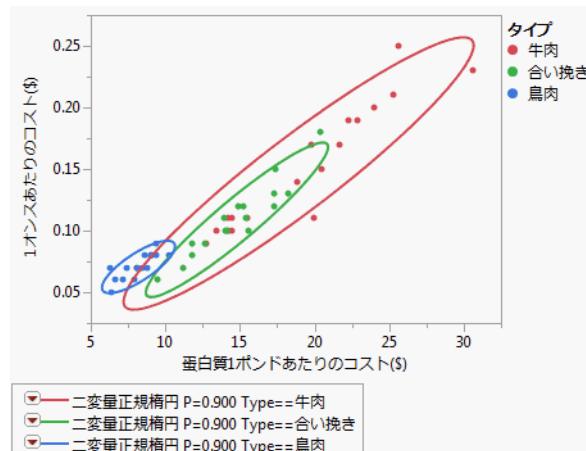


図5.24は、異なる種類のホットドッグの確率楕円を、コストを変数としてプロットしたものです。種類ごとに点がクラスターを形成しているのがわかります。

グループ別回帰直線の例

次の例では、グループ別に回帰直線を求めて、その傾きを比較します。

1. 「Big Class.jmp」データテーブルを開きます。
2. [分析] > [二变量の関係] を選びます。
3. 「体重(ポンド)」を選択し、[Y, 目的変数] をクリックします。
4. 「身長(インチ)」を選択し、[X, 説明変数] をクリックします。
5. [OK] をクリックします。

図5.25 左側の回帰直線を描画するには、次の手順に従います。

6. 赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [直線のあてはめ] を選択します。

図5.25 右側の回帰直線を描画するには、次の手順に従います。

7. [直線のあてはめ] メニューから [あてはめの削除] を選択します。
8. 赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [グループ別] を選択します。
9. リストから「性別」を選択します。
10. [OK] をクリックします。

11. 赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [直線のあてはめ] を選択します。

図5.25 データ全体とグループ別の回帰分析の例

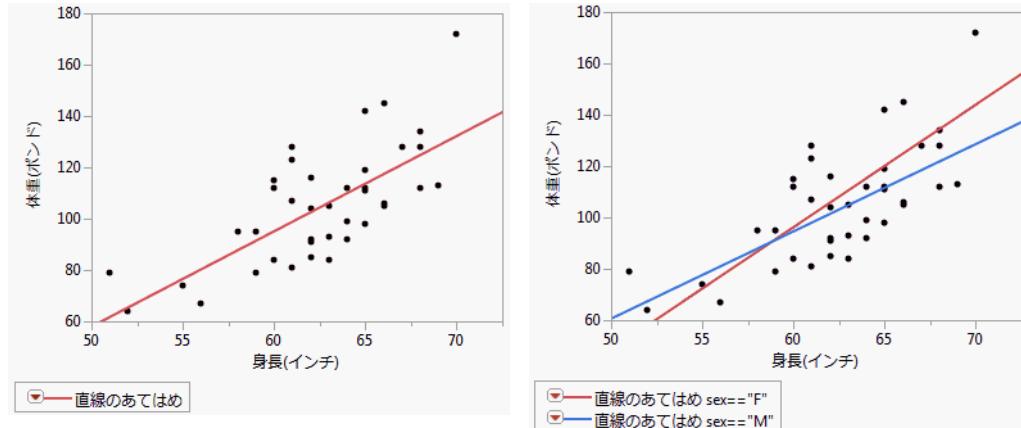


図5.25 右側の散布図に描かれている回帰直線は、それぞれ男子および女子のデータから推定されています。左側の散布図に描かれている回帰直線は、データ全体から推定されています。

「二変量」プラットフォームの統計的詳細

ここでは、「二変量」プラットフォームの統計的詳細について説明します。

[直線のあてはめ] の統計的詳細

[直線のあてはめ] コマンドでは、残差の平方和を最小にするような直線のパラメータ β_0 と β_1 が求められます。なお、 i 番目の行に対して、直線のモデルは $y_i = \beta_0 + \beta_1 x_i + \varepsilon_i$ と表されます。

2次多項式は放物線、3次多項式は3次曲線です。次数を k としたとき、 i 行目のモデルは、次式で表されます。

$$y_i = \sum_{j=0}^k \beta_j x_i^j + \varepsilon_i$$

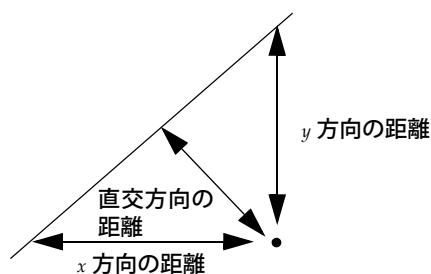
[スプライン曲線のあてはめ] の統計的詳細

3次の平滑化スプライン法では、複数の3次多項式を、つなぎ目（節点）においても滑らかで連続な曲線になるように、つなぎ合わせます。また、ペナルティ（曲線の曲がり具合を、曲線全体の範囲で積分したもの）と誤差平方和の合計が最小になるような推定値を求めます。この手法の詳細については、Reinsch (1967) の論文か Eubank (1988) の本を参照してください。

[直交のあてはめ] の統計的詳細

標準的な最小2乗法では、X変数が所与で、Xの関数に誤差を加えたものがY変数であると仮定されます。しかし、Xの測定値にもランダムなばらつきがあるときは、y方向の距離ではなく、垂直方向の距離の平方和を最小にする直線を求めた方がよいでしょう。図5.26を参照してください。ただし、垂線の長さは、XとYのスケールに左右されます。XとYのスケールをどのように決めるべきかということは、単なるグラフ上の問題ではなく、統計的な問題です。

図5.26 回帰直線への垂線



直交のあてはめを行うには、Yの誤差の、Xの誤差に対する分散比を指定する必要があります。ここで、「分散」はデータから計算される分散ではなく、誤差の母分散であることに注意してください。 $(\sigma_y^2)/(\sigma_x^2)$ の比は、標準的な最小2乗法では σ_x^2 が0なので、無限大になります。大きな分散比を指定して「直交のあてはめ」を行うと、求められた直線は、標準的な最小2乗法の回帰直線に近くなります。逆に、分散比を0にすると、YのXへの回帰ではなく、XのYへの回帰に等しい結果が得られます。

この直交のあてはめが最も使われるのは、2つの測定システム（測定器）で、同じ対象を測定したときです。この場合、XとYの測定値には、同じような種類の測定誤差があります。この分析において、測定誤差の分散はどうやって求めたらよいでしょうか。二変量のデータからは、誤差のうちどれだけがどちらの測定システムで生じているのかがわからないので、測定誤差の分散を求ることはできません。そのため、何らかの適当な分散比（たとえば、1.0）を設定するか、2つの測定システムそれぞれで同じ対象を繰り返し測定して、誤差分散を求める必要があります。

この手法の長所は、XとY両方の予測値が計算できることです。この予測値は、直線上でデータ点に最も近い座標です。ただし、この「近さ」は、分散比に対応したスケールで計算されます。

信頼区間は、Tan and Iglewicz (1999) で説明されている方法で計算されます。

「あてはめの要約」レポートの統計的詳細

R2乗

応答変数が連続尺度の場合、「分散分析」レポートの統計量から、次式によって「R2乗」は計算されます。

$$\frac{\text{モデルの平方和}}{\text{修正済みの全平方和}}$$

自由度調整R2乗

R2乗値は平方和の比でしたが、自由度調整済みR2乗値は、次のように、平均平方の比です。

$$1 - \frac{\text{誤差の平均平方}}{\text{全体の修正済みの平均平方}}$$

「誤差」の平均平方は、「分散分析」レポートに表示されています。図5.12を参照してください。分母の平均平方は、「全体（修正済み）」の平方和を、対応する自由度で割ったものです。

「あてはまりの悪さ (LOF)」レポートの統計的詳細

「純粋誤差」の自由度

たとえば、「Big Class.jmp」データテーブルには、身長が同じ生徒が複数名います。一般に、X値が同じであるグループが g 個あるとき、それらの自由度を合算した、純粋誤差の自由度(DF_p)は、次式で表されます。

$$DF_p = \sum_{i=1}^g (n_i - 1)$$

ここで、 n_i は*i*番目のグループの被験者数を表します。

「純粋誤差」の平方和

一般に、*X*値が同じであるグループが*g*個あるとき、それらの平方和を合算した、純粋誤差の平方和(SS_p)は、次式で表されます。

$$SS_p = \sum_{i=1}^g SS_i$$

ここで、 SS_i は*i*番目のグループにおける平方和（各グループで、グループの平均を引いて計算された平方和）です。

最大R2乗

「純粋誤差」は、指定されたモデルに関係なく不变です。また、あらゆるモデルの中での誤差分散の最小値を示します。「最大R2乗」は、次式で計算されます。

$$1 - \frac{\text{純粋誤差の平方和}}{\text{修正済みの全平方和}}$$

「パラメータ推定値」レポートの統計的詳細

標準 β

標準 β は、次の式で計算されます。

$$\hat{\beta}(s_x/s_y)$$

ここで、 $\hat{\beta}$ はパラメータ推定値、 s_x と s_y は*X*変数と*Y*変数の標準偏差です。

計画の標準誤差

この値は、パラメータ推定値の標準誤差をRMSEで割って求めます。

「平滑化スプライン曲線によるあてはめ」レポートの統計的詳細

JMPの平滑化スプラインにおけるR2乗は、 $1 - SSE/SST$ によって計算されています。ここで、SSEは平滑化スプラインの誤差平方和です。また、SSTは修正済みの全平方和で、「直線のあてはめ」の「分散分析」レポートに表示されます。

「相関」レポートの統計的詳細

「相関」レポートに表示される相関は、Pearsonの相関係数です。Pearsonの相関係数は、“*r*”という記号で表されることが多いです。次式で計算されます。

$$r_{xy} = \frac{s_{xy}^2}{\sqrt{s_x^2 s_y^2}}$$
 この式で、 $s_{xy}^2 = \frac{\sum w_i (x_i - \bar{x}_i)(y_i - \bar{y}_i)}{df}$

この式の w_i は、「重み」列を指定してあるときは*i*番目のオブザベーションの重み、「重み」列がないときは1です。

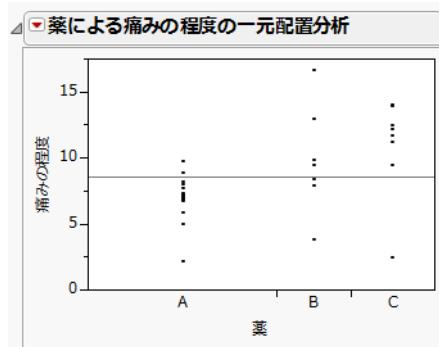
一元配置分析 連続尺度のY変数とカテゴリカルなX変数の関係を調べる

「一元配置」または「二変量の関係」プラットフォームでは、カテゴリカルなX変数のグループによって、連続尺度のY変数における分布がどのように異なるかを検討できます。たとえば、薬剤の種類(X)によって、連続尺度で測定した痛みの程度(Y)がどのように異なるかを調べることができます。

「一元配置」は、「二変量の関係」のプラットフォームにおいて、Yが連続変数で、Xが名義／順序変数の場合に使われるものです。追加で行った統計分析の情報は、プロットにも重ねて描かれてきます。結果を対話的に操作して、次のような分析を追加で行うことができます。

- 一元配置の分散分析を実行する。グループごとに平均を求めて、それらが等しいかどうかを検定する
- ノンパラメトリックな検定を行う
- 等分散性を検定する
- 検定結果を比較円で示しながら、平均の多重比較を行う
- 外れ値の箱ひげ図を、グループごとに表示する
- 一元配置分散分析に関して、検出力などを求める

図6.1 一元配置分析



目次

一元配置分析の概要	133
一元配置分析の例	133
「一元配置」プラットフォームの起動	135
一元配置プロット	135
「一元配置」プラットフォームのオプション	136
分位点	142
平均/ANOVA および平均/ANOVA/プーリングしたt検定	143
平均分析法	149
平均の比較	151
ノンパラメトリック	156
等分散性の検定	161
同等性の検定	163
ロバストなあてはめ	164
検出力	164
正規分位点プロット	166
累積確率プロット	166
密度	166
対応のある列を設定	167
「一元配置」プラットフォームのその他の例	167
「一元配置」プラットフォームの統計的詳細	186

一元配置分析の概要

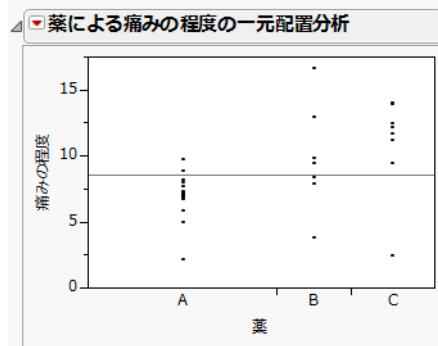
一元配置の分散分析では、群（グループ）ごとの平均に差があるかどうかを検定します。応答変数の総変動は、群内変動と群間変動に分割できます。群内変動に比べて群間変動が大きいときは、群ごとの平均に有意差があると判定します。

一元配置分析の例

この例では、「Analgesics.jmp」サンプルデータテーブルを使用します。33人の被験者が3種類の鎮痛剤（A、B、C）を服用し、痛みの程度を数値で評価しています。A、B、およびCの平均値に有意差があるかどうかを調べてみましょう。

1. 「Analgesics.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [二変量の関係] を選びます。
3. 「痛みの程度」を選択し、[Y, 目的変数] をクリックします。
4. 「薬」を選択し、[X, 説明変数] をクリックします。
5. [OK] をクリックします。

図6.2 一元配置分析の例



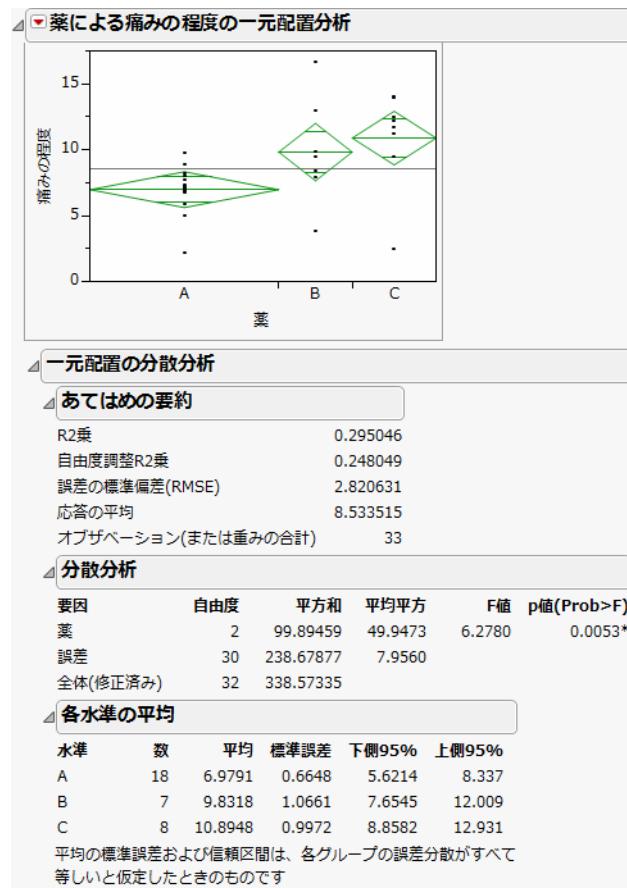
A薬のスコアが、他の薬と比べて全体的に低いことがわかります。なお、X軸の目盛りが等間隔ではありませんが、これは、各薬ごとのデータの個数に目盛りの幅が比例しているためです。

データの分散分析を行います。

6. 「薬による痛みの程度の一元配置分析」の赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [平均/ANOVA] を選択します。

注：X変数の水準が2つしかない場合は、[平均/ANOVA] オプションの代わりに [平均/ANOVA/ブーリングしたt検定] が表示され、レポートウィンドウにはブーリングしたt検定のレポートも表示されます。

図6.3 [平均/ANOVA] オプションの例



次の点を確認してください。

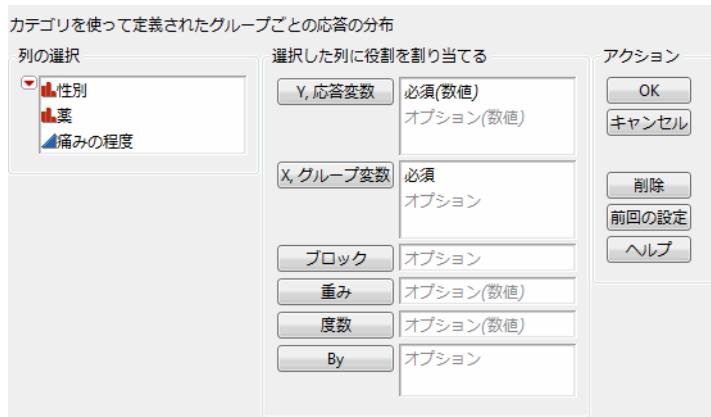
- 信頼区間を示す平均のひし形が表示されます。
 - 各ひし形の中央に引かれている水平線はグループ平均を示します。一見したところでは、各薬の平均に有意差があるように見えます。
 - ひし形の縦の長さがグループ平均の95%信頼区間を表します。
- 「平均のひし形と標本サイズに比例したX軸」(147ページ)を参照してください。
- 「あてはめの要約」レポートは、分析に関する全体的な要約情報をまとめたものです。
- 「分散分析」レポートには、分散分析(ANOVA; Analysis of Variance)の基本的な情報が表示されます。この例では「Prob>F」(p値)が0.0053です。これは、薬の平均には有意差がありそうだという、グラフからの直観的な判断が正しいことを裏付けています。
- 「各水準の平均」レポートには、カテゴリカルな因子の水準ごとに、平均、標本サイズ、標準誤差が表示されます。

「一元配置」プラットフォームの起動

一元配置の分散分析は、「二変量の関係」または「一元配置」プラットフォームを使用して実行できます。どちらを使用しても結果は同じです。

- 「二変量の関係」プラットフォームを起動するには、[分析] > [二変量の関係] を選択します。
または
- 「一元配置」プラットフォームを起動するには、「JMPスター」ウィンドウのカテゴリリストで [基本統計] をクリックし、[一元配置] をクリックします。

図6.4 「一元配置」起動ウィンドウ



この起動ウィンドウの詳細については、[「二変量の関係」プラットフォームの概要](#)（87ページ）の章を参照してください。

一元配置プロット

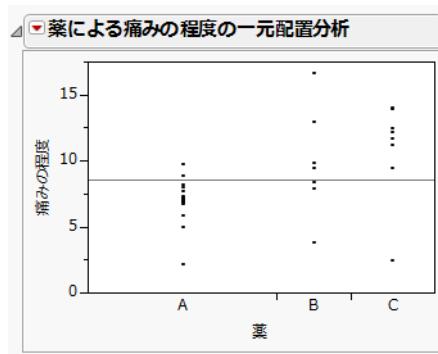
一元配置プロットは、説明変数 (X) の値ごとに、応答変数 (Y) の点の分布を示します。Yの分布を、Xの水準間で比較できます。Xにおける一意な各値は、「水準」とも言います。

プロットで使われている変数は、ドラッグ & ドロップ操作によって、別の変数に置き換えることができます。X軸とY軸の変数を入れ替えるには、一方の軸の変数をドラッグし、他方の軸の上にドロップします。また、データテーブルの他の変数に置き換えるには、「列」パネルで該当する変数をクリックし、プロットの軸上までドラッグします。

「一元配置分析」の赤い三角ボタンをクリックし、メニューから各種オプションを選択して、レポート、プロット、検定結果をレポートウィンドウに追加できます。[「一元配置」プラットフォームのオプション](#)（136ページ）を参照してください。

図6.5は、「[一元配置分析の例](#)」（133ページ）の手順に従って作成したものです。

図6.5 一元配置プロット

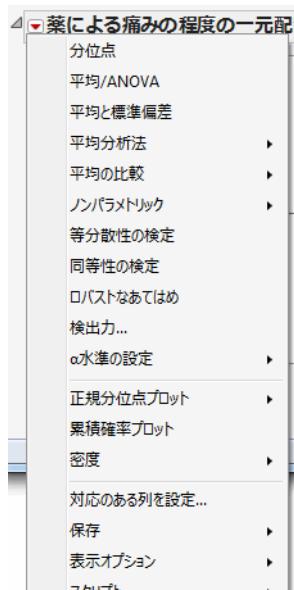


「一元配置」プラットフォームのオプション

注: Y変数またはX変数を複数指定した場合は、「あてはめのグループ」メニューが表示されます。このメニューのオプションを使って、レポートの配置を変えたり、適合度の良い順に並べ替えたりできます。詳細については、『基本的な回帰モデル』を参照してください。

図6.6は、「一元配置分析」の赤い三角ボタンをクリックすると表示されるオプションの一例です。

図6.6 「一元配置」プラットフォームのオプションの例



オプションを選択すると、追加のグラフ要素がプロットに描画され、また、レポートウィンドウに数値結果が追加されます。

表6.1 オプションと要素の例

プラットフォーム オプション	プロットに追加されるグラフ要素	レポートウィンドウに追加される結果
分位点	箱ひげ図	「分位点」レポート
平均/ANOVA	平均のひし形	「一元配置の分散分析」(ANOVA) レポート
平均と標準偏差	平均線、平均誤差バー、標準偏差線	「平均と標準偏差」レポート
平均の比較	比較円 (「ノンパラメトリックな多重比較」 オプションを除く)	「平均の比較」レポート

次の表では、「一元配置分析」の赤い三角ボタンのメニューにあるプラットフォームオプションについて説明します。特定の条件下でなければ表示されないオプションもあります。

表6.2 「一元配置分析」プラットフォームオプションの説明

分位点	グループごとに次の分位点が表示されます。 <ul style="list-style-type: none">• 0% (最小値)• 10%• 25%• 50% (中央値)• 75%• 90%• 100% (最大値) <p>【表示オプション】サブメニューの【箱ひげ図】オプションが選択状態になります。</p> <p>「分位点」(142ページ)を参照してください。</p>
平均/ANOVA または 平均/ANOVA/ プーリングしたt検定	各グループの平均が求められ、一元配置分散分析によって平均間に差があるかどうかが検定されます。「平均/ANOVA および平均/ANOVA/ プーリングしたt検定」(143ページ)を参照してください。

表6.2 「一元配置分析」プラットフォームオプションの説明（続き）

平均と標準偏差	グループごとに要約統計量が表示されます。ここで計算される平均の標準誤差は、各グループの誤差分散がすべて等しいと仮定した推定値ではなく、グループごとに計算された標準偏差が使われます。
	プロットには、平均線、平均誤差バー、標準偏差線が表示されます。これらの要素の簡単な説明については、「 表示オプション 」（140ページ）を参照してください。さらに詳しい解説については、「 平均線、平均誤差バー、標準偏差線 」（148ページ）を参照してください。
個々の分散を用いたt検定	分散が等しくないと仮定したときのt検定が計算されます。「 t検定 レポート」（145ページ）を参照してください。
	このオプションは、X変数の水準数が2つの場合にのみ表示されます。
平均分析法	サブメニューが開き、平均分析（Analysis of Means）を実行するコマンドが4つ表示されます。これらは、平均や分散などを比較するコマンドです。「 平均分析法 」（149ページ）を参照してください。
平均の比較	サブメニューが開き、複数のグループ平均を比較するための多重比較法が表示されます。「 平均の比較 」（151ページ）を参照してください。
ノンパラメトリック	サブメニューが開き、グループの位置を、ノンパラメトリックに比較するための方法が表示されます。「 ノンパラメトリック 」（156ページ）を参照してください。
等分散性の検定	4種類の等分散性の検定を実行します。さらにWelch検定も行います。Welch検定は、グループ内の分散が等しくないときに、平均を比較する分散分析です。「 等分散性の検定 」（161ページ）を参照してください。
同等性の検定	平均の差が、特定の閾値より小さいことを検定します。「 同等性の検定 」（163ページ）を参照してください。
ロバストなてはめ	データの外れ値の影響を受けにくいロバスト推定を行うことができます。「 ロバストなてはめ 」（164ページ）を参照してください。

表6.2 「一元配置分析」プラットフォームオプションの説明（続き）

検出力	特定の仮説検定に関して、検出力などを計算します。「 検出力 」（164ページ）を参照してください。 「検出力の詳細」ウィンドウとレポートは、「モデルのあてはめ」プラットフォームでも表示されます。検出力の計算の詳細および例については、『 基本的な回帰モデル 』を参照してください。
α 水準の設定	サブメニューから、よく使われている α 水準を選択するか、【 その他 】を選択して任意の α 水準を入力します。 α 水準を変更すると、次の処理が行われます。 <ul style="list-style-type: none">信頼限界が再計算されます。プロット上に平均のひし形が表示されている場合は調整されます。レポート内の上側信頼限界と下側信頼限界の値が変更されます。すべての「平均の比較」レポートの基準値と比較円が変更されます。すべての「ノンパラメトリックな多重比較」レポートの基準値が変更されます。
正規分位点プロット	サブメニューが開き、各グループの分位点プロットに関する次のオプションが表示されます。 <ul style="list-style-type: none">【分位点-実測値プロット】を選択すると、X軸が正規分布の分位点、Y軸が実測値を表す分位点プロットが作成されます。カテゴリカルなX因子の水準ごとの分位点プロットが表示されます。【実測値-分位点プロット】は、【分位点-実測値プロット】のX軸とY軸を逆にしたものです。【あてはめ線】を選択すると、X変数の水準ごとに、プロット上に参照線として直線が引かれます。このオプションは、プロットを作成（【分位点-実測値プロット】または【実測値-分位点プロット】を選択）してからでないと使用できません。
累積確率プロット	グループごとの累積分布関数がプロットされます。「 累積確率プロット 」（166ページ）を参照してください。
密度	グループ間の密度を比較します。「 密度 」（166ページ）を参照してください。

表6.2 「一元配置分析」プラットフォームオプションの説明（続き）

対応のある列を設定	対応のあるモデルの分析を行うときに、対応のある変数を指定します。このオプションは、異なるグループのオブザーバーションが同じ個体から取られた場合など、一元配置分析で使うデータが対応のあるデータから取り出されたものである場合に使用します。 プロット上では、対応のある点が線でつながれます。 「対応のある列を設定」（167ページ）を参照してください。
保存	現在のデータテーブルの新しい列に、次の数値を保存します。 <ul style="list-style-type: none"> 【残差の保存】では、Xの各水準ごとに、YからYの平均を引いた値が保存されます。 【標準化データの保存】では、Xの各水準ごとに標準化されたYの値が保存されます。これは、各水準ごとに、中心化したYを標準偏差で割ったものです。 【正規分位点の保存】では、カテゴリカルなX変数の各水準内で計算された正規分位点が保存されます。 【予測値の保存】では、Xの水準ごとに応答変数の平均が保存されます。
表示オプション	プロットに対して要素を追加または削除します。「表示オプション」（140ページ）を参照してください。
スクリプト	このメニューには、すべてのプラットフォームに共通するスクリプト関連のコマンドがリストされています。分析をやり直すコマンド、分析のJSLコマンドをウィンドウやファイルに保存するコマンドなどがあります。詳細は、『JMPの使用法』を参照してください。

表示オプション

【表示オプション】サブメニューを使用して、プロットに要素を追加したり、プロットから要素を削除したりします。条件が合わないと表示されないオプションもあります。

表6.3 【表示オプション】の説明

すべてのグラフ	プロット全体の表示／非表示を切り替えます。
点	プロット上のデータ点の表示／非表示を切り替えます。
箱ひげ図	各グループの箱ひげ図の表示／非表示を切り替えます。

表6.3 [表示オプション] の説明 (続き)

平均のひし形	ひし形の中央にある水平線は、各グループの平均に位置しています。また、その長さは、X軸の長さに比例しています。ひし形の上下の点は、グループの上側と下側の95%信頼限界を表します。「平均のひし形と標本サイズに比例したX軸」(147ページ) を参照してください。
平均線	各グループの平均を表す線が引かれます。「平均線、平均誤差バー、標準偏差線」(148ページ) を参照してください。
平均の信頼区間	各グループ平均の上側と下側の95%信頼限界に線が引かれます。
平均誤差バー	各グループの平均と、平均から上下へ1標準誤差の区間が表示されます。「平均線、平均誤差バー、標準偏差線」(148ページ) を参照してください。
全体平均	プロット上に、Y変数の全体平均を示す線が引かれます。
標準偏差線	各グループの平均から上下へ1標準偏差だけ離れたところに、線が表示されます。「平均線、平均誤差バー、標準偏差線」(148ページ) を参照してください。
比較円	比較円の表示／非表示を切り替えます。このオプションは、[平均の比較] のオプションが選択されている場合にだけ使用できます。「比較円の統計的詳細」(186ページ) を参照してください。
平均をつなぐ	グループの平均をつなぐ直線が表示されます。
平均の平均	グループ平均の平均を表す線が引かれます。
標本サイズに比例したX軸	X軸が、各水準の標本サイズに比例した長さに区切られます。「平均のひし形と標本サイズに比例したX軸」(147ページ) を参照してください。
点の拡散	点がX軸方向に拡散して表示されます。
点をずらす	Yの値が等しいために重なってしまっている点を少しずつずらして表示します。4*(一様分布乱数 - 0.5) ⁵ の乱数により、-0.125～0.125の範囲で点が水平方向に移動します。
対応を表す線	([対応のある列を設定] オプションが選択されている場合にのみ表示されます)。対応のある点を線でつなぎます。
対応を表す点線	([対応のある列を設定] オプションが選択されている場合にのみ表示されます)。テーブル内の欠損セルのセル平均を点線でつなぎます。線の終点は、二元配置の分散分析モデルで計算されます。
ヒストグラム	元のプロットの隣に、横に並べたヒストグラムが表示されます。
ロバスト 平均線	([ロバストなあてはめ] が選択された場合にのみ表示される) 各グループのロバスト平均を表す線が引かれます。

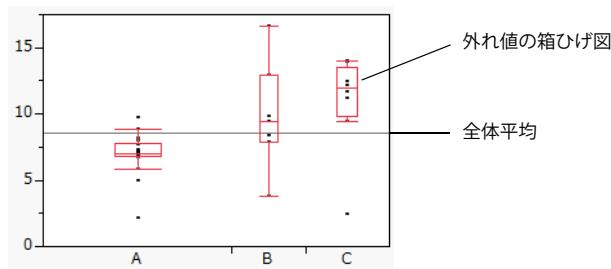
分位点

「分位点」レポートには、X変数の水準ごとに所定のパーセント点が表示されます。中央値は50パーセント点で、25パーセント点と75パーセント点は四分位点とも呼ばれます。

【分位点】オプションを選択すると、プロットに次のような要素が追加されます。

- Y変数の全体平均を示す線
- Xの水準別に点の分布を要約した箱ひげ図

図6.7 外れ値の箱ひげ図と全体平均



注：これらの要素を非表示にするには、「一元配置分析」の赤い三角ボタンをクリックし、【表示オプション】>【箱ひげ図】または【全体平均】をクリックします。

外れ値の箱ひげ図

外れ値の箱ひげ図は、データの分布をグラフの形で要約したものです。外れ値の箱ひげ図について、次の点を確認してください（図6.8を参照）。

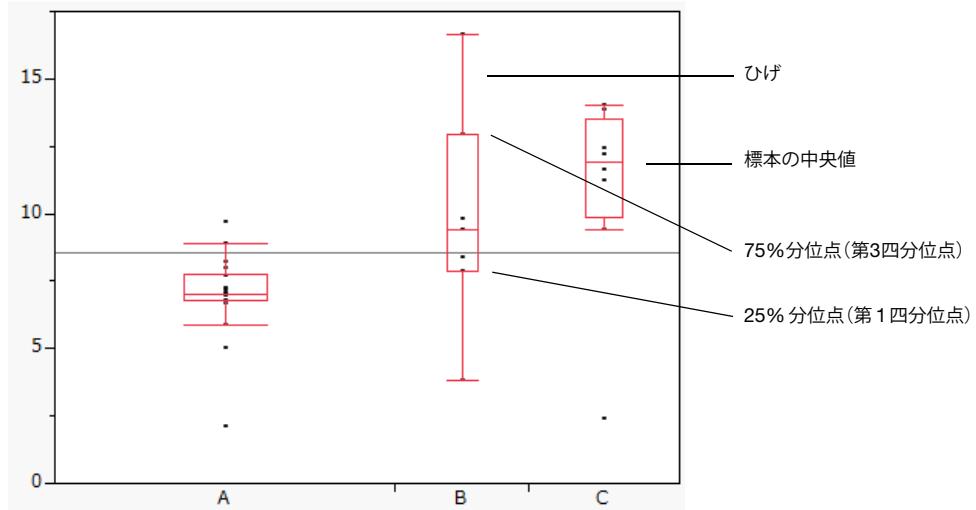
- 箱を横切る線は標本の中央値（メディアン）を示します。
- 箱の両端は25%と75%の分位点で、それぞれ第1および第3四分位点とも呼ばれます。
- 第1四分位点と第3四分位点の差が四分位範囲です。
- どの箱にも両端にひげと呼ばれる線が付いています。ひげは、箱の端から、次の式で計算された範囲内でも最も遠くにある点まで伸びています。

第3四分位点 + 1.5* (四分位範囲)

第1四分位点 - 1.5* (四分位範囲)

上の式で計算された範囲内にあるデータ点の一番大きい値と小さい値（外れ値は除く）が、ひげの両端になります。

図6.8 外れ値の箱ひげ図の例



平均/ANOVA および平均/ANOVA/ プーリングしたt検定

【平均/ANOVA】オプションは、分散分析を実行します。X変数の水準が2つしかない場合は、このオプションは【平均/ANOVA/ プーリングしたt検定】という名前で表示されます。その場合は、他のレポートに加えて、「t検定」レポートも作成され、誤差分散をプールして求めた検定（誤差分散が等しいと仮定した検定）が表示されます。

表6.4 レポートウィンドウの要素の説明

要素	参照
一元配置プロットに平均のひし形が表示されます。	「表示オプション」(140ページ) および 「平均のひし形と標本サイズに比例したX軸」(147ページ) を参照してください。

表6.4 レポートウィンドウの要素の説明（続き）

要素	参照
レポート	<p>「あてはめの要約」レポート」（144ページ）を参照してください。</p> <p>「分散分析」レポート」（146ページ）を参照してください。</p> <p>「各水準の平均」レポート」（147ページ）を参照してください。</p> <p>「t検定」レポート」（145ページ）を参照してください。</p> <p>注：このレポートは、[平均/ANOVA/ プーリングしたt検定] オプションを選択した場合にのみ表示されます。</p>
	<p>「「ブロック平均」レポート」（147ページ）を参照してください。</p> <p>注：このレポートは、起動ウィンドウでブロック変数を指定した場合にのみ表示されます。</p>

「あてはめの要約」レポート

「あてはめの要約」レポートは、一元配置の分散分析の要約をまとめたものです。

レポートに表示される統計量は次のとおりです。

表6.5 「あてはめの要約」レポートの説明

R2乗	Yの変動のうち、Xの各水準に平均をあてはめることにより説明される変動の割合を表します。残りの変動は、モデルで説明できないため、ランダムな誤差とみなされます。 R^2 が1ということは、グループ平均をあてはめることで変動のすべてが説明され、誤差がないことを意味します。 R^2 が0だと、このあてはめが予測モデルとして全体平均より優っていないことを示します。詳細は、「「あてはめの要約」レポートの統計的詳細」（188ページ）を参照してください。
自由度調整R2乗	パラメータ数が異なるモデルでも比較できるように、自由度によって R^2 を調整したもの。詳細は、「「あてはめの要約」レポートの統計的詳細」（188ページ）を参照してください。
誤差の標準偏差 (RMSE)	ランダムな誤差の標準偏差の推定値です。「分散分析」レポートにある「誤差」の平均平方の平方根です。
応答の平均	Y変数の全体平均（算術平均）。

表6.5 「あてはめの要約」レポートの説明（続き）

オブザベーション (または重みの合計)	あてはめを推定するために使われたオブザベーションの数。重み変数がある場合は、重みの合計と等しくなります。
	「「あてはめの要約」レポートの統計的詳細」（188ページ）を参照してください。

「t検定」レポート

注: このレポートは、[平均/ANOVA/ プーリングしたt検定] オプションを選択した場合にのみ表示されます。

t検定には2種類あります。

- 等分散性を仮定して、平均を比較する検定。[平均/ANOVA/ プーリングしたt検定] オプションを選択した場合は、「t検定」レポートが表示されます。これは、分散が等しいと仮定した場合のt検定です。
- 等分散性を仮定しないで、平均を比較する検定。赤い三角ボタンのメニューから【個々の分散を用いたt検定】オプションを選択した場合も、「t検定」レポートが表示されます。これは、分散が等しくないと仮定した場合のt検定です。

レポートには次の情報が表示されます。

表6.6 「t検定」レポートの説明

t検定プロット	帰無仮説が真であると仮定したときの、平均の差の標本分布を示します。赤色の縦線は平均の実際の差を表しています。陰影が付いた領域はp値に相当します。
差	2つのX水準に見られる差の推定値を表示します。プロットでは、2水準を比較した「差」の値が赤い線で示されます。
差の標準誤差	差の標準誤差を示します。
差の上側信頼限界	差の上側信頼限界を示します。
差の下側信頼限界	差の下側信頼限界を示します。
信頼率	信頼水準 ($1 - \alpha$) を示します。信頼水準を変更するには、プラットフォームの赤い三角ボタンをクリックし、[α 水準の設定] サブメニューから新しい α 水準を選択します。
t値	t検定統計量の値。
自由度	t検定で使用された自由度。
p値(Prob> t)	両側検定のp値。
p値(Prob>t)	下側の片側検定のp値。
p値(Prob<t)	上側の片側検定のp値。

「分散分析」レポート

「分散分析」レポートでは、標本の合計変動が2つの要素に分かれています。そのうち、平均平方の比は F 値と呼ばれます。 F 値の確率が小さいときは、そのモデルが Y の全体平均よりも統計的に良いあてはめであることを意味します。

注：ブロック列を指定した場合は、「分散分析」レポートにブロック変数も表示されます。

「分散分析」レポートには、次のような情報が表示されます。

表6.7 「分散分析」レポートの説明

要因	変動の3つの要因（モデル要因、「誤差」、「全体(修正済み)」）。
自由度	<p>各変動因の自由度（DF）。</p> <ul style="list-style-type: none"> 「全体(修正済み)」の自由度は、$N - 1$ で求められます。N は分析に使用されたオブザベーションの数です。 X 変数の水準数を k とすると、モデルの自由度は $k - 1$ になります。 <p>「誤差」の自由度は、「全体(修正済み)」とモデルの自由度の差 ($N - k$) です。</p>
平方和	<p>変動の各要因の平方和（SS）。</p> <ul style="list-style-type: none"> 全体（「全体(修正済み)」）の平方和は、各応答から全体平均までの距離の平方和です。この平方和は、基本モデルの平方和として、その他のモデルとの比較に使用されます。 「誤差」（残差）の平方和は、各点からそれぞれのグループ平均までの距離の平方和です。この平方和は、分散分析モデルをあてはめた後に残った、説明できない部分の平方和です。 <p>全体平方和から誤差平方和を引いたものがモデルの平方和です。全変動のうちモデルによって説明されている部分を表します。</p>
平均平方	<p>平方和を関連する自由度で割った値。</p> <ul style="list-style-type: none"> モデルの平均平方は、グループ平均が等しいという仮説のもとで推定した誤差の分散です。 「誤差」の平均平方は、モデルの平均平方とは無関係に推定した誤差の分散で、モデルの仮説による制約を受けません。
F 値	モデルの平均平方を「誤差」の平均平方（MSE）で割ったもの。グループ平均が等しい（実際に差がない）という仮説が真のとき、誤差とモデルの平均平方が両方とも誤差分散の推定値となり、その比は F 分布に従います。分散分析モデルをあてはめた結果、誤差の変動が全体の変動よりも有意に減少した場合、「 F 値」は期待値よりも大きくなります。

表6.7 「分散分析」レポートの説明（続き）

p 値(Prob>F)	グループ平均の間に実際には差がないときに、まったくの偶然だけで現在のF 値よりも大きなF 値を得る確率。観測有意確率が0.05 以下だと、グループ平均に有意差があるとみなされます。
-------------	--

「各水準の平均」レポート

「各水準の平均」レポートは、名義／順序尺度のXの水準ごとに、Y変数の情報をまとめたものです。

「各水準の平均」レポートには、次のような情報が表示されます。

表6.8 「各水準の平均」レポートの説明

水準	X変数の水準。
数	各グループ内のオブザベーションの個数。
平均	各グループの平均。
標準誤差	グループ平均の標準偏差の推定値。標準誤差は、Yの分散がどの水準でも等しいという仮定のもとに計算されます。この標準誤差は、「あてはめの要約」レポートにある誤差の標準偏差 (RMSE) を、グループごとの標本サイズの平方根で割ったものです。
下側95%と上側95%	グループ平均の下側95%信頼限界と上側95%信頼限界。

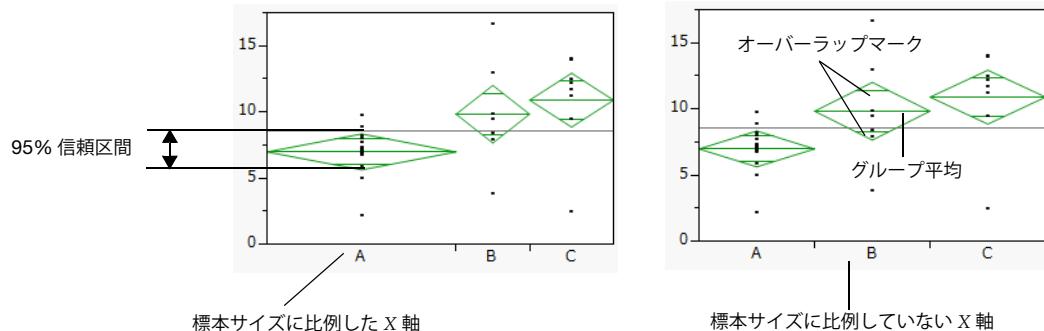
「ブロック平均」レポート

起動ウィンドウでブロック変数を指定した場合は、[平均/ANOVA] コマンドと [平均/ANOVA/ プーリングしたt検定] コマンドを選択すると、「ブロック平均」レポートが作成されます。このレポートには、各ブロックの平均と、各ブロックのオブザベーションの個数が表示されます。

平均のひし形と標本サイズに比例したX軸

平均のひし形は、標本平均とその信頼区間を表します。

図6.9 平均のひし形と標本サイズに比例したX軸の例



次の点を確認してください。

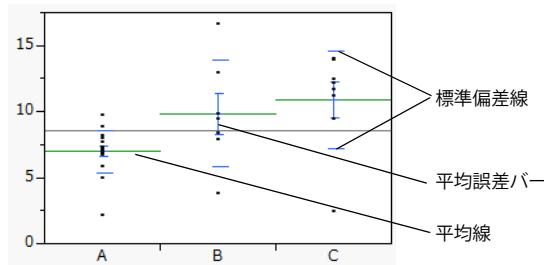
- 各ひし形の上下の点が、各グループの $(1 - \alpha) \times 100\%$ の信頼区間を表します。信頼区間は、分散がすべてのオブザーベーションにわたって等しいという前提のもとに計算されるので、ひし形の高さは、グループ内にあるオブザーベーション数の平方根の逆数に比例します。
- [標本サイズに比例した X 軸] オプションが選択されているときは、X 軸に沿った各グループの幅（ひし形の横幅）が、そのグループ（X変数の各水準）の標本サイズに比例します。そのため、幅の狭いひし形は縦長になる傾向があります。それは、データ点の数が少ないと信頼区間が広くなるためです。
- 各ひし形の中央を横切る線はグループ平均を表します。
- グループ平均から上下に離れた位置に引かれている線はオーバーラップマークです。グループの標本サイズが等しい場合、オーバーラップマークを見ると、2つのグループ平均が所定の信頼水準において有意に異なるかどうかがわかります。オーバーラップマークは、グループ平均 $\pm (\sqrt{2})/2 \times CI/2$ で計算されます。標本サイズが等しいとき、あるひし形の両側のオーバーラップマークが2つとも、別のひし形のオーバーラップマークを超えていない場合は、所定の信頼水準において2つのグループが異なることを意味します。
- 平均のひし形は、プラットフォームのメニューから [平均/ANOVA/ プーリングしたt検定] または [平均/ANOVA] オプションを選択すると自動的に表示されますが、赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [表示オプション] > [平均のひし形] を選択すれば、いつでも表示／非表示を切り替えることができます。

平均線、平均誤差バー、標準偏差線

平均線を表示するには、[表示オプション] > [平均線] を選択します。平均線は、X変数の水準ごとに応答変数の平均を示します。

平均誤差バーと標準偏差線は、赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [平均と標準偏差] オプションを選択すると表示されます。図6.10を参照してください。平均誤差バーと標準偏差線の表示／非表示を個別に切り替える場合は、[表示オプション] > [平均誤差バー] または [標準偏差線] をそれぞれ選択します。

図6.10 平均線、平均誤差バー、標準偏差線



平均分析法

注：平均分析（ANOM）法の解説については、Nelson, Wludyka, and Copeland (2005) を参照してください。分散の平均分析（ANOMV）法の解説については、Wludyka and Nelson (1997) を参照してください。

平均分析（ANOM; analysis of means）は、複数のグループの平均や分散を比較する手段です。次のような場合に、この分析は用いることができます。

- いずれかのグループ平均が、全体平均と有意に異なるかどうかを確認する場合
- いずれかのグループの標準偏差が、データ全体から計算される誤差の標準偏差（RMSE）と有意に異なるかどうかを確認する場合

注：「分割表」プラットフォームでは、応答のカテゴリが2つの場合は【割合の平均分析】を使用できます。詳細については、「[分割表分析](#)」（191ページ）の章を参照してください。

平均の比較

【平均分析】オプションと【順位変換平均分析】オプションでは、各グループの平均を全体平均と比較します。

表6.9 平均の比較方法の説明

平均分析	各グループの平均を、全体平均と比較します。この分析法では、データがほぼ正規分布に従っているものと仮定します。【 平均分析法の例 】（167ページ）を参照してください。
順位変換平均分析	ノンパラメトリック版の平均分析法です。この方法は、データが明らかに正規分布に従っておらず、正規分布に変換できない場合に使用します。各グループで計算した順位平均を、全体の順位平均と比較します。

標準偏差（分散）の比較

【分散の平均分析】オプションと【分散の平均分析-LeveneのADM】オプションでは、グループごとの標準偏差を、データ全体から計算される誤差の標準偏差（RMSE）と比較し、等分散性を検定します。

表6.10 標準偏差（分散）の比較方法の説明

分散の平均分析	グループごとの標準偏差を、誤差の標準偏差（RMSE）と比較します。この分析法では、データがほぼ正規分布に従っているものと仮定します。この方法を使用するには、各グループのオブザベーション数が4個以上でなければなりません。「 分散に対する平均分析法の例 」（168ページ）を参照してください。
分散の平均分析-LeveneのADM	ノンパラメトリック版の分散の平均分析法です。この方法は、データが明らかに正規分布に従っておらず、正規分布に変換できない場合に使用します。中央値からの偏差の絶対値（ADM; Absolute Deviation from Median）のグループ平均を、ADMの全体平均と比較します。

平均分析のチャート

平均分析法の各オプションを選択すると、レポートウィンドウに次の情報を示すチャートが表示されます。

- 全体平均または誤差の標準偏差（RMSE）（Y軸のスケールが分散の場合はMSE）を示す中心線
- 上側決定限界（UDL; Upper Decision Limits）
- 下側決定限界（LDL; Lower Decision Limits）

グループ平均が決定限界の外にある場合は、そのグループ平均は全体平均と有意に異なります。また、グループの標準偏差が決定限界の外にある場合は、その標準偏差は誤差の標準偏差（RMSE）と有意に異なります。

平均分析のオプション

平均分析法を実行すると、それぞれの平均分析のレポートに対して、赤い三角ボタンのメニューが追加されます。

表6.11 「平均分析法」のオプションの説明

有意水準の設定	サブメニューから、よく使われている α 水準を選択するか、【その他】を選択して任意の α 水準を入力します。有意水準を変更すると、上側決定限界と下側決定限界が変更されます。
---------	--

表6.11 「平均分析法」のオプションの説明（続き）

要約レポートの表示	[平均分析] の場合は、グループ平均と決定限界を示すレポートが作成されます。
	<ul style="list-style-type: none">・ [順位変換平均分析] の場合は、順位のグループ平均と決定限界を示すレポートが作成されます。・ [分散の平均分析] の場合は、グループごとの標準偏差（もしくは、分散）と決定限界を示すレポートが作成されます。・ [分散の平均分析 -LeveneのADM] の場合は、ADMのグループ平均と決定限界を示すレポートが作成されます。
Y軸スケールを分散に	（[分散の平均分析] のみ）Y軸のスケールを標準偏差から分散に変更します。
表示オプション	次の表示オプションがあります。 <ul style="list-style-type: none">・ [決定限界の表示] は、決定限界線の表示／非表示を切り替えます。・ [決定限界の陰影の表示] は、決定限界の陰影の表示／非表示を切り替えます。・ [中心線の表示] は、中心線の表示／非表示を切り替えます。・ 点のオプション<ul style="list-style-type: none">- [垂線の表示] は、垂線を表示します。これがデフォルトのオプションです。- [接続線の表示] は、各グループの平均をつなぐ線を表示します。- [点のみを表示] は、各グループの平均を示す点のみを表示します。

平均の比較

注：平均の比較方法としては、平均分析（ANOM）法もあります。「[平均分析法](#)」（149ページ）を参照してください。

[平均の比較] の各オプションを使用して、グループ平均の多重比較を実行できます。これらのオプションの結果は、誤差分散が等しいと仮定して、ブーリングした分散推定値を使っています。各オプションを選択すると、プロットの横に比較円が追加され、レポートウィンドウに特定のレポートが追加されます。比較円の詳細については、「[比較円の使用](#)」（153ページ）を参照してください。

オプション	説明	参照	[ノンパラメトリック] メニューのオプション
各ペア,Studentのt検定	Studentのt検定を使用してペアごとの比較が計算されます。ペアごとの検定をたくさん行うと、仮説検定における実際の α 水準(第1種の誤り)が、検定に使用する名目的な α 水準よりも大きくなります。	「各ペア,Studentのt検定」(154ページ)を参照してください。	[ノンパラメトリック] > [ノンパラメトリックな多重比較] > [ペアごと Wilcoxon 検定]
すべてのペア,TukeyのHSD検定	平均間のすべての差に対して検定が行われます。これは Tukey の HSD (honestly significant difference) 検定、または Tukey-Kramer の HSD 検定と呼ばれます (Tukey 1953, Kramer 1956)。この検定は、グループごとの標本サイズが同じときは、指定された有意水準の正確な検定です。グループごとの標本サイズが異なるときは、保守的な結果になります (Hayter 1984)。	「すべてのペア,TukeyのHSD検定」(154ページ) を参照してください。	[ノンパラメトリック] > [ノンパラメトリックな多重比較] > [すべてのペア Steel-Dwass 検定]
最適値との比較 (HsuのMCB)	平均が未知の最大平均よりも小さいかどうか、未知の最小平均よりも大きいかどうかが検定されます。これは Hsu の MCB 検定と呼ばれます (Hsu 1981)。	「最適値との比較 (HsuのMCB)」(154ページ) を参照してください。	なし
コントロール群との比較(Dunnett)	平均がコントロール群の平均と異なるかどうかが検定されます。これは Dunnett の検定と呼ばれます (Dunnett 1955)。	「コントロール群との比較(Dunnett)」(155ページ) を参照してください。	[ノンパラメトリック] > [ノンパラメトリックな多重比較] > [コントロール群との比較 Steel 検定]

注: ブロック列を指定した場合は、多重比較の前に、データがブロック平均に合わせて調整されます。

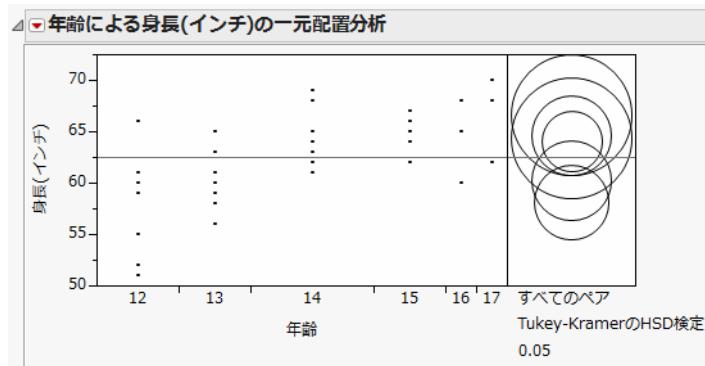
関連情報

- 「平均の比較」で用意されているすべての検定」(175ページ)

比較円の使用

多重比較検定では、まず、比較円プロットが作成されます。比較円プロットはグループ平均を比較するためのグラフです。図6.11は、[すべてのペア,TukeyのHSD検定] の比較円を示しています。他の多重比較検定でも同じような比較円が描かれますが、円の直径が異なります。

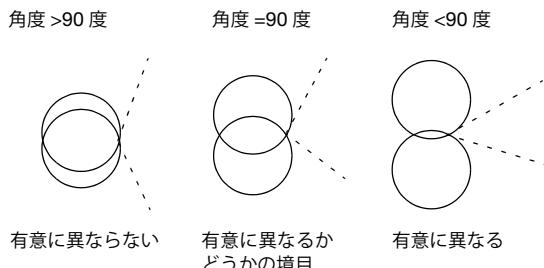
図6.11 グラフによるグループ平均の比較



グループ平均の各ペアを、比較円の交わりを見て比較することができます。外側の交角によってグループ平均が有意に異なるかどうかがわかります。図6.12を参照してください。

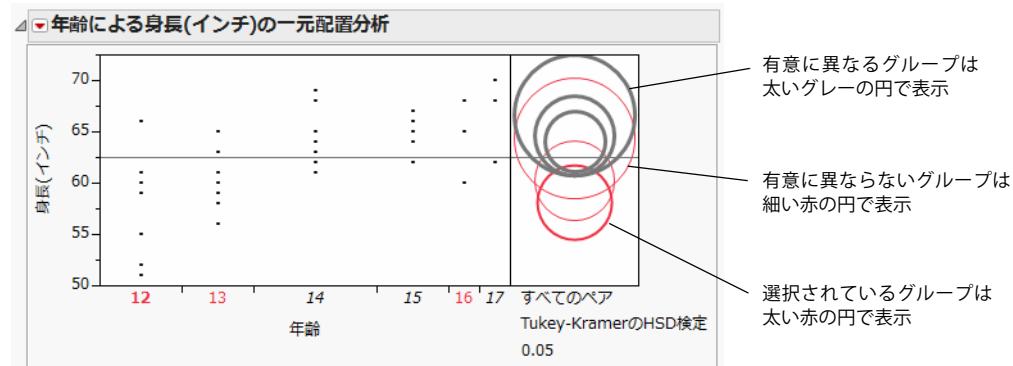
- 平均が有意に異なる場合、比較円は交わらないか交わりが浅く、外側の交角が90度以下になります。
- 比較円が90度以上の交角で交わっているか入れ子になっている場合は、平均が有意には異なることを意味します。

図6.12 交角と有意性



交角がほぼ90度になっていて、見た目では判断がつきにくい場合には、該当する比較円をクリックすると、平均が有意に異なるかどうかを確認できます。図6.13を参照してください。選択を解除するには、円の外側の白い領域をクリックします。

図6.13 比較円の選択



関連情報

- 「比較円の統計的詳細」 (186ページ)

各ペア, Student の t 検定

【各ペア, Student の t 検定】では、グループ水準の各ペアに対して Student の t 検定が行われます。この検定は、個々の比較だけを考慮したものです。

関連情報

- 「[各ペア, Student の t 検定] の例」 (169ページ)

すべてのペア, Tukey の HSD 検定

【すべてのペア, Tukey の HSD 検定】(または Tukey-Kramer の HSD 検定) は、すべてのペアを比較するときの有意水準を保護します。そのため、HSD はペアごとの Student の t 検定の LSD より大きくなります。グラフでは比較円が大きくなり、差の有意性は低くなります。

q 統計量は、 $q^* = (1/\sqrt{2}) * q$ という式で計算されます。q はスチューデント化された範囲の分布のパーセント点です。詳細については、Neter, Wasserman, and Kutner (1990) の T 統計量に関する文献を参照してください。

関連情報

- 「[すべてのペア, Tukey の HSD 検定] の例」 (171ページ)

最適値との比較 (Hsu の MCB)

【最適値との比較 (Hsu の MCB)】では、各平均が平均の最大値または最小値と異なるかどうかを検定します。Hsu の MCB 検定は、最大値と最小値に対して水準ごとに実行されます。

LSDのスケールに使われる分位点はどの水準でも同じというわけではないので、比較円のグラフはあまりうまく機能しません。標本サイズが等しくない限り、検定対象の水準に応じて比較円をスケールし直さなければならぬからです。比較円は最大分位点を使って作成されます。正確に有意差を評価したい場合には、グラフではなく、検定のp値を見てください。

次の点を念頭に置いてください。

- 平均より上に有意に離れた平均がある場合、その平均は最大値ではないとみなされます。
- 平均より下に有意に離れた平均がある場合、その平均は最小値ではないとみなされます。
- 他のすべての平均より有意に離れて上にある平均は、最大値とみなされます。
- 他のすべての平均より有意に離れて下にある平均は、最小値とみなされます。

注：MCBで最大値または最小値とみなされない平均は、Gupta (1965) の部分集合(最大平均または最小平均をもつ可能性があるとして選択された群の集合)にも含まれません。

最大値の表には、行の平均から列の平均を引き、さらにLSDを引いたものが表示されています。値が正の場合は、行の平均が列の平均より大きいため、列の平均は最大値とはみなされません。

最小値の表には、行の平均から列の平均を引き、LSDを加算したものが表示されています。値が負の場合は、行の平均が列の平均より有意に小さいため、列の平均は最小値とはみなされません。

関連情報

- [「\[最適値との比較\(HsuのMCB\)\] の例」](#) (173ページ)

コントロール群との比較 (Dunnett)

[コントロール群との比較(Dunnett)] 検定では、各群の平均が、コントロール群の平均と比較されます。この検定で比較を行う回数は、Studentのt検定とTukey-Kramerの検定の中間となるため、LSDもStudentのt検定とTukey-Kramer検定の間の値になります。

Dunnettの検定のレポートに表示される $|d|$ 分位点は、Studentのt検定と同じように使用できます。LSD閾値行列には、差の絶対値からLSDを引いた値が表示されます。値が正のときは、その平均がコントロール群の平均よりLSD以上大きく、したがってコントロール群の平均と有意に異なることを意味します。

関連情報

- [「\[コントロール群との比較\(Dunnett\)\] の例」](#) (174ページ)

「平均の比較」のオプション

「平均の比較」の各検定のレポートには、赤い三角ボタンのメニューがあり、カスタマイズ用のオプションが用意されています。

表6.12 「平均の比較」の各オプションの説明

差の行列	平均の差を、表にまとめて表示します。
棄却限界値	信頼区間に使用される t 値、または該当する他の分位点を表示します。
LSD 閾値行列	それぞれの比較における差が最小有意差を上回るかどうかを示す行列を表示します。
	注: Hsu の MCB 検定と Dunnett 検定では、[差の行列]、[棄却限界値]、[LSD 閾値行列] だけが表示されます。
文字の接続レポート	平均の有意差をアルファベットで示した、伝統的なレポートが作成されます。同じ文字でつながっていないグループの平均は、有意に異なります。
差の順位レポート	正の値を取る差とその信頼区間が順番に並べて表示されます。Student の t 検定と Tukey-Kramer の HSD 検定で選択することができ、選択するとレポートの最後に「差の順位」レポートが追加されます。 このレポートは差を大きいものから順に並べたリストです。プロット上には信頼区間を示す帯が重ねて表示されます。差の信頼区間にゼロが含まれていない場合、平均が有意に異なることを示しています。
詳細な比較レポート	各比較の詳細なレポートを表示します。比較ごとに、水準間の差、標準誤差と信頼区間、 t 値、 p 値、および自由度が表示されます。検定結果を図示したグラフが、各レポートの右側に表示されます。 このオプションは、[すべてのペア, Tukey の HSD 検定] と [ノンパラメトリックな多重比較] では使用できません。

ノンパラメトリック

ノンパラメトリックな検定は、グループの平均または中央値がすべてのグループで同じ位置にあるかどうかを検定するのに役立ちます。ただし、通常の分散分析で仮定される正規性が、ここでは仮定されません。ノンパラメトリックな検定では、「順位スコア」と呼ばれる、 Y 変数の順位を特定の関数で変換した値が使用されます (Hajek 1969)。

注: ブロック列を指定してある場合は、ノンパラメトリックな検定を行う前に、データがブロック平均に合わせて調整されます。

表6.13 ノンパラメトリックな検定の説明

Wilcoxon 検定 ^a	Wilcoxon の順位スコアに基づく検定を実行します。Wilcoxon の順位スコアは、データの順位そのものです。Wilcoxon の検定は、誤差がロジスティック分布に従っている場合に、最強力の順位検定となります。因子の水準が3つ以上の場合は、Kruskal-Wallis 検定が実行されます。
	Wilcoxon 検定は Mann-Whitney 検定とも呼ばれます。
メディアン検定	メディアン順位スコアに基づく検定を実行します。メディアン順位スコアは、順位がメディアン（中央値）の順位の上か下かによって1または0の値を取ります。メディアン検定は、誤差が二重指数分布に従っている場合に、最強力の順位検定となります。
Van der Waerden の検定	Van der Waerden の順位スコアに基づく検定を実行します。Van der Waerden の順位スコアは、データの順位をオブザベーション数+1で割り、正規分布関数の逆関数を使って正規スコアに変換したものです。Van der Waerden の検定は、誤差が正規分布に従っている場合に、最強力の順位検定となります。
Kolmogorov-Smirnov 検定	経験分布関数 (EDF) に基づいて、応答の分布がグループ間で同じかどうかを検定します。近似検定と正確検定の両方が行われます。この検定は、X変数の水準が2つの場合にだけ実行できます。
正確検定	サブメニューが開き、Wilcoxon、メディアン、Van der Waerden、Kolmogorov Smirnov の正確検定を実行するためのオプションが表示されます。これらのオプションは、JMP Proにおいて、X変数が2水準である時だけに使えます。

表6.13 ノンパラメトリックな検定の説明（続き）

ノンパラメトリックな多重比較	サブメニューが開き、ノンパラメトリックな多重比較検定を実行するためのオプションが表示されます。これらは順位を用いた検定で、[ペアごと Wilcoxon 検定] 以外では多重比較の調整が行われます。次の検定を実行できます。
ペアごと Wilcoxon 検定	多重比較の調整を行わず、各ペアに対して Wilcoxon 検定を実行します。これは、[平均の比較] メニューの [各ペア, Student の t 検定] オプションのノンパラメトリック版です。
すべてのペア Steel-Dwass 検定	各ペアに対して Steel-Dwass 検定を実行します。これは、[平均の比較] メニューの [すべてのペア, Tukey の HSD 検定] オプションのノンパラメトリック版です。
コントロール群との比較 Steel 検定	各水準をコントロール水準と比較します。これは、[平均の比較] メニューの [コントロール群との比較 (Dunnett)] オプションのノンパラメトリック版です。
コントロール群との比較 併合順位の Dunn 検定	[コントロール群との比較 Steel 検定] オプションと同様、各水準をコントロール水準と比較しますが、この Dunn 検定では、比較対象のペアにおける順位でなく、すべてのデータを通じた順位が計算に使われます。
すべてのペア 併合順位の Dunn 検定	[すべてのペア Steel-Dwass 検定] オプションと同様に各ペアを比較しますが、この Dunn 検定では、比較対象のペアにおける順位でなく、すべてのデータを通じた順位が計算に使われます。

Dunn (1964) および Hsu (1996) を参照してください。

a. Wilcoxon 検定、メディアン検定、van der Waerden の検定では、X 变数に水準が 3 つ以上ある場合、一元配置検定のカイ 2 乗近似が計算されます。X 变数の水準が 2 つの場合は、「カイ 2 乗近似」というレポートのほかに、「正規近似」というレポートも出力されます。

ノンパラメトリック検定のレポート

すべてのノンパラメトリック検定のレポートを、次の表で説明します。

- 表6.14 (158 ページ)
- 表6.15 (160 ページ)
- 表6.16 (160 ページ)

表6.14 Wilcoxon 検定、メディアン検定、Van der Waerden 検定の説明

水準	因子の水準。
----	--------

表6.14 Wilcoxon検定、メディアン検定、Van der Waerden 検定の説明（続き）

度数	各水準の度数。
スコア和	各水準の順位スコアの和。
スコアの期待値	水準間に差はないという帰無仮説のもとでのスコアの期待値。
スコア平均	各水準の平均順位スコア。
(平均-平均0)/標準偏差0	標準化したスコア。「平均0」は帰無仮説のもとでの平均スコアの期待値で、「標準偏差0」は帰無仮説のもとでの平均スコアの標準偏差です。帰無仮説は、グループの平均または中央値がすべてのグループで同じ位置にあるというものです。
カイ2乗	カイ2乗検定統計量の値。
自由度	検定の自由度。
p 値 (Prob>ChiSq)	検定の p 値。
S	順位スコアの和。X 变数の水準が2つの場合に表示されます。
Z	正規近似検定の検定統計量。X 变数の水準が2つの場合に表示されます。
p 値(Prob> Z)	正規近似検定の p 値。X 变数の水準が2つの場合に表示されます。
p 値(Prob≥S)	片側検定の p 値。X 变数の水準が2つで、正確検定が実行された場合に表示されます。
JMP[®] PRO 正確検定は JMP Pro でのみ実行できます。	
p 値(Prob≥ S-Mean)	両側検定の p 値。X 变数の水準が2つで、正確検定が実行された場合に表示されます。
JMP[®] PRO 正確検定は JMP Pro でのみ実行できます。	

表6.15 Kolmogorov Smirnov 検定の説明

水準	因子の水準。
度数	各水準の度数。
最大時の経験分布関数	標本全体の経験分布関数 (EDF) の平均からの乖離が最大となっているときの EDF の値。
最大時の平均からの乖離	標本全体の経験分布関数 (EDF) の平均からの乖離が最大となっているときの乖離。
KS	Kolmogorov-Smirnov 検定の検定統計量。
KSa	漸近的な Kolmogorov-Smirnov 検定の検定統計量。
D=max F1-F2	2群の EDF の差で、その絶対値が最大のもの。
p 値(Prob > D)	F 検定に対する p 値。水準間に差はないという帰無仮説のもとで、D が観測値 d よりも大きくなる確率です。
D+=max(F1-F2)	第1群の EDF から、第2群の EDF を引いた差の最大値。片側検定の検定統計量。
p 値(Prob > D+)	水準間に差はないという帰無仮説のもとで、D+ が観測値 d+ よりも大きくなる確率。
D-=max(F2-F1)	第2群の EDF から、第1群の EDF を引いた差の最大値。片側検定の検定統計量。
p 値(Prob > D-)	D- が観測値 d- より大きくなる確率。

表6.16 ノンパラメトリックな多重比較検定の説明

q*	信頼区間で使用されている分位点の値。
Alpha	信頼区間で使用されている α 水準。
水準	現在の比較で使用されているペア。
スコア平均の差	スコア平均間の差。
差の標準誤差	スコア平均間の差の標準誤差。
Z	標準化された検定統計量。帰無仮説のもとで漸近的に標準正規分布に従います。
p 値	両側検定の場合の統計量 Z の漸近有意確率 (p 値)。
Hodges-Lehmann	位置の差に対する Hodges-Lehmann 推定値。2 標本のオブザベーションのすべての組み合わせの差の中央値です。
下側信頼限界	Hodges-Lehmann 推定値の下側信頼限界。
上側信頼限界	Hodges-Lehmann 推定値の上側信頼限界。

等分散性の検定

グループごとの分散が等しくない場合、通常の分散分析が必要とする仮定が満たされないので、通常の分散分析のF検定は適切ではありません。JMPには、4種類の等分散性の検定の他に、グループ標本の分散が等しくないときにも妥当な分散分析が用意されています。等分散性の検定のうちの3つは、各グループ内の広がりを測定するための新しいY変数を作成し、それに対して分散分析を行います。もう1つはBartlettの検定です。Bartlettの検定は、正規分布のもとでの尤度比検定に類似しています。

注：等分散性の検定には、分散の平均分析（ANOMV）法も使用できます。「[平均分析法](#)」（149ページ）を参照してください。

表6.17 等分散性の検定の説明

O'Brien	グループ平均が元のY変数のグループごとの不偏分散と等しくなるような従属変数が新しく作成されます。O'Brien検定は、グループごとの分散に対するANOVAであると言えます（O'Brien 1979、Olejnik and Algina 1987）。
Brown-Forsythe	グループの中央値と各観測値との差の絶対値を応答としてANOVAを実行し、F検定を行います（Brown and Forsythe 1974）。
Levene	グループの平均と各観測値との差の絶対値を応答としてANOVAを実行し、F検定を行います（Levene 1960）。ばらつきが（SASのデフォルトが $z_{ij}^2 = (y_{ij} - \bar{y}_i)^2$ であるのとは対照的に） $z_{ij} = y_{ij} - \bar{y}_i $ として計算されます。
Bartlett	標本分散の重み付きの算術平均を、標本分散の重み付きの幾何平均と比べます。幾何平均は必ず算術平均以下になり、算術平均と幾何平均が等しくなるのは、すべての値が等しい場合です。すべての標本分散が等しいと、それらの算術平均と幾何平均は等しくなります。グループ分散の間に見られる変動が大きいほど、2つの平均の差が大きくなります。2つの平均から計算された値が、 χ^2 分布によって近似されます（ χ^2 分布は、ある定式化におけるF分布の一種です）。値が大きいということは、算術平均／幾何平均の比が大きい、つまりグループ分散の変動が大きいことを意味します。Bartlettのカイ2乗検定統計量を自由度で割ったものが、表の中のF値です。Bartlettの検定は、正規性の仮定が満たされないケースに対して頑健ではありません（Bartlett and Kendall 1946）。

検定の対象が2つのグループだけである場合、等分散性の検定として標準的なF検定も行われます。F検定は、小さい方の分散値に対する大きい方の分散推定値の比です。両側検定にする目的で、F分布のp値に2が掛けられます。

注：ブロック列を指定した場合は、分散検定を行う前に、データがブロック平均に合わせて調整されます。

「分散が等しいことを調べる検定」レポート

「分散が等しいことを調べる検定」レポートには、標準偏差、グループの平均と各観測値との差の絶対値を平均した値、グループの中央値と各観測値との差の絶対値を平均した値、および検定の要約が表示されます。

等分散性の検定からグループの分散が有意に異なることがわかったときは、通常のANOVA検定ではなく、Welchの検定を使用した方がよいでしょう。Welchの統計量は、通常のANOVAのF検定を基にしていますが、グループごとの不偏分散の逆数で加重された平均が計算に使われています (Welch 1951; Brown and Forsythe 1974b; Asiribo, Osebekwin and Gurland 1990)。水準が2つしかないとき、Welchの一元配置分散分析は分散が等しくない場合のt検定と等価です。

表6.18 「分散が等しいことを調べる検定」レポートの説明

水準	因子の水準。
度数	各水準の度数。
標準偏差	X変数の水準ごとに応答の標準偏差を表示したもの。O'Brien検定における変換された変数のグループ平均は、標準偏差の2乗(分散)です。データが1つしかない水準については、標準偏差は計算されません。
平均からの平均絶対偏差	グループ平均からのYの偏差の絶対値を平均した値。Levene検定における変換された変数のグループ平均は、この平均絶対偏差になります。
中央値からの平均絶対偏差	グループ中央値からのYの偏差の絶対値を平均した値。Brown-Forsythe検定における変換された変数のグループ平均は、この平均絶対偏差になります。
検定	実行された検定の種類。
F値	検定ごとの方法で計算されたF統計量。 「分散が等しいことを調べる検定」レポートの統計的詳細 (188ページ) を参照してください。
分子自由度	各検定の分子で使用される自由度。因子の水準数をkとすると、分子にはk-1個の自由度があります。O'Brien、Brown-Forsythe、およびLeveneの統計量の計算では、データが1つしかない水準は無視されます。その場合の分子自由度は、計算に使用された水準数から1を引いた数だけあります。
分母自由度	各検定の分母で使用される自由度。O'Brien、Brown-Forsythe、およびLeveneでは、検定統計量の計算に使用された因子水準の数だけ自由度が引かれます。因子の水準数をkとすると、分母自由度はn-kとなります。
p値	分散がすべての水準にわたって等しい場合に、まったくの偶然だけで現在のF値より大きなF値を得る確率。

表6.19 「Welchの検定」レポートの説明

F 値	等分散性の検定の F 統計量。 「分散が等しいことを調べる検定」レポートの統計的詳細 (188 ページ) を参照してください。
分子自由度	検定の分子で使用される自由度。因子の水準数を k とすると、分子には $k-1$ 個の自由度があります。データ内で一度しか起こらなかった水準は、Welchの一元配置の計算に使用されません。その場合の分子自由度は、計算に使用された水準数から 1 を引いた数だけあります。
分母自由度	検定の分母で使用される自由度。 「分散が等しいことを調べる検定」レポートの統計的詳細 (188 ページ) を参照してください。
p 値(Prob>F)	平均がすべての水準にわたって等しい場合に、まったくの偶然だけで現在の F 値より大きな F 値を得る確率。0.05 以下の有意確率は、平均が水準にわたって等しくない証拠とみなされます。
t 検定	F 値と t 値の関係を示すために出力されます。 t 値は、 F 値の平方根です。この結果は、 X 変数の水準が 2 つしかない時にだけ表示されます。

関連情報

- [「等分散性検定の例」](#) (176 ページ)
- [「分散が等しいことを調べる検定」レポートの統計的詳細](#) (188 ページ)

同等性の検定

同等性の検定では、実質的な差が平均にあるかどうかを検定します。差に対して閾値を設定し、差がそれより小さい場合は、平均は実質的に等しいと結論付けます。同等性検定の最も単純なものは、実質的に同等とみなす区間の上限と下限のそれぞれで、1回ずつ片側 t 検定を行う方法です。2つの片側検定で帰無仮説が棄却されれば（平均間の差が、下限以上で、かつ、上限以下であると検定により結論できれば）、2つのグループの平均は実質的に等しいと主張できます。【同等性の検定】オプションは、このような Two One-Sided Tests (TOST; 2つの片側検定) アプローチを採用しています。

関連情報

- [「同等性の検定の例」](#) (177 ページ)

ロバストなあてはめ

注：ロバストなあてはめの詳細については、Huber (1973) を参照してください。

【ロバストなあてはめ】 オプションを使用すると、データセットの外れ値の影響を受けにくいロバスト推定を行うことができます。この場合の外れ値は、データ本来の分布から大きく外れて観測される点を指します。たとえば、複数の個人の標本について体重（ポンド単位）を測定したとします。このとき、1名の体重が誤ってポンドではなくキログラムで記録された場合、データの本来の分布から外れた点として現れます。こうした外れ値がデータに影響し、誤った判断につながる恐れがあります。【ロバストなあてはめ】オプションは、このような外れ値による影響を低減します。

関連情報

- 「[ロバストなあてはめ] オプションの例」(178ページ)

検出力

【検出力】 オプションを選択すると、特定の仮説検定に対して、検出力に関連した結果が表示されます

- 最小有意値 (LSV: Least Significant Value)** は、 p 値が特定の値になるようなパラメータ（もしくはパラメータ関数）の値です。つまり、ある値以下に p 値がなって有意と判断される最小の効果の大きさを表します。最小有意値 (LSV) は、確率のスケールではなく、パラメータのスケール上で有意度を測定しているすることができます。その値によって、計画とデータがどのくらい敏感かがわかります。
- 最小有意数 (LSN: Least Significant Number)** は、 p 値が特定の値になるようなオブザベーションの合計数を表します。つまり、Alpha (有意水準)、Sigma (誤差の標準偏差)、Delta (効果の大きさ) が与えられているときに、結果が有意となるほど推定値の分散が減少するために必要なオブザベーションの数が、最小有意サイズ (LSN) です。有意性を得るためにさらに多くのデータが必要な場合は、最小有意数 (LSN) を参考にすれば、どれだけのデータが必要かがわかります。最小有意数 (LSN) の値だけオブザベーションがあるとき、検出力は約 50% になります。
- 検出力** とは、グループ間に実際に差がある場合に、検定が有意となる確率 (p 値 $< \alpha$ となる確率) を指します。これは、標本サイズ、効果の大きさ、誤差の標準偏差、および有意水準の関数です。検出力からは、その実験で、与えられた有意水準において差（効果の大きさ）をどれだけ的確に検出できるかがわかります。

注：一元配置でグループが2つしかないときは、「検出力の詳細」で計算された最小有意値 (LSV) の値が「多重比較」表の最小有意差 (LSD) と等しくなります。

「検出力の詳細」 ウィンドウとレポート

「検出力の詳細」 ウィンドウとレポートは、「モデルのあてはめ」 プラットフォームで実行される一般的な検出力計算と同じです。検出力の計算の詳細については、『基本的な回帰モデル』を参照してください。

「 α 」、「 σ 」、「 δ 」、「数」の各列には値を1～2つ入力するか、連続した値の範囲として開始値、終了値、および間隔を入力します。図6.27を参照してください。入力した値のすべての組み合わせに対して、検出力が計算されます。

表6.20 「検出力の詳細」 レポートの説明

α	0～1の値を取る有意水準（通常は0.05、0.01、0.10のどれかを使用します）。デフォルトでは0.05に設定されています。
σ	モデル内の残差の標準誤差（誤差の標準偏差に対する推定値）。デフォルトとして、誤差の平均平方の平方根から推定されたRMSEが表示されています。
δ	標準化していない効果の大きさ。効果の大きさを計算する方法については、『基本的な回帰モデル』を参照してください。最初のフィールドには仮説の平方和を n で割ったものの平方根、つまり $\delta = \sqrt{SS/n}$ が表示されます。
数 (n)	すべてのグループの標本サイズの合計。デフォルトでは、最初のフィールドに現在の標本サイズが表示されます。
検出力を求める	「 α 」、「 σ 」、「 δ 」、および「数」の関数として、検出力（有意な結果が出る確率）が計算されます。
最小有意数を求める	指定された「 α 」、「 σ 」、「 δ 」で、およそ50%の検出力を得るために必要なオプザベーションの個数。
最小有意値を求める	p 値が α 以下となるパラメータまたは線形検定の値。これは「 α 」、「 σ 」、「数」、および推定値の標準誤差の関数です。この機能は、X変数の水準数が2つの場合にだけ使用でき、通常は個々のパラメータに適用します。
調整済み検出力と信頼区間	事後的に検出力を調べるときは、誤差の標準偏差と検定するパラメータに対して推定値を使用します。 <ul style="list-style-type: none">推定値を単純に代入して F 分布の非心度パラメータを計算するとバイアスが生じるため、バイアスの少ない推定値を使って計算したものが、調整済み検出力です。また、調整済み検出力の信頼区間は、非心度推定値の信頼区間にに基づいています。 調整済み検出力と信頼限界が計算されるのは、元の「 δ 」の推定値に対してだけで、 δ にその他の値を指定して計算することはできません（調整済み検出力は、 δ の推定値におけるランダムな変動を調整したものです）。

関連情報

- 「[検出力] オプションの例」 (180ページ)

- ・「[検出力の統計的詳細](#)」(187ページ)

正規分位点プロット

2種類の正規分位点プロットを作成できます。

- ・[分位点-実測値プロット]を選択すると、X軸が正規分位点で、Y軸が応答変数の実測値であるプロットが作成されます。ここでも、正規分位点は、X変数の水準ごとに計算されます。
- ・[実測値-分位点プロット]を選択すると、X軸が応答変数の実測値で、X軸が正規分位点であるプロットが作成されます。ここでも、正規分位点は、X変数の水準ごとに計算されます。

[あてはめ線] オプションを選択すると、分位点プロット上のあてはめ線の表示／非表示が切り替わります。

関連情報

- ・「[正規分位点プロットの例](#)」(181ページ)

累積確率プロット

累積確率プロットには、「一元配置」レポートのすべてのグループの累積分布関数が表示されます。X変数の水準に対する応答変数の分布を比較する場合に役立ちます。

関連情報

- ・「[累積確率プロットの例](#)」(182ページ)

密度

[密度] オプションで描かれるグラフは、応答変数の分布や構成を、X変数の各水準で比較します。3つのオプションがあります。

- ・[密度の比較]を選択すると、各グループの密度推定値（カーネル密度推定値）を表す滑らかな曲線が表示されます。
- ・[密度の構成]を選択すると、グループの度数で重み付けした密度の合計がグラフで表示されます。「密度の構成」プロットでは、応答変数の各値において、全体の密度が、どのように各グループによって構成されているかが分かります。
- ・[密度の割合]を選択すると、応答変数の各値において、全体の密度に占める各グループの割合がグラフで表示されます。

関連情報

- ・「[\[密度\] の各オプションの例](#)」(183ページ)

対応のある列を設定

[対応のある列を設定] オプションでは、対応がある場合の分析を行うために、対応付けのための変数（ID変数）を指定します。**[対応のある列を設定]** オプションは、異なるグループのデータが同じ個体から取られた場合など、データに対応がある場合に使用します。

注：この分析の特殊なケースが、対応のあるt検定です。「対応のあるペア」プラットフォームでも対応のあるデータを分析できます。ただし、ペアとなっているデータが異なる行ではなく、異なる列に入っている必要があります。

[対応のある列を設定] オプションでは、主に2つの処理が行われます。

- グループ変数（「二変量の関係」におけるX変数）と対応付けのための変数の両方を含んだ加法モデルが（反復比例あてはめアルゴリズムを使用して）あてはめられます。反復比例あてはめアルゴリズムは個体が何百もあるときに非常に有効です。個体数が多い場合に、線形モデルを普通にあてはめると、計算に時間がかかり、膨大なメモリが必要になります。
- グループにわたって対応する点が線でつながれます。同じIDを持つオブザベーションが複数ある場合は、それらのオブザベーションの平均から線が引かれます。

[対応のある列を設定] オプションを選択すると、自動的に**[対応を表す線]**オプションも選択され、対応する点が線でつながれます。この線の表示／非表示を切り替えるには、**[表示オプション] > [対応を表す線]**を選択します。

「対応のあるあてはめ」レポートには、効果とそのF検定が表示されています。これは、「モデルのあてはめ」プラットフォームで交互作用項のあるモデルとないモデルの2つを実行したときに計算される検定と同じです。水準が2つしかないときは、F検定は対応のあるt検定と等しくなります。

注：「モデルのあてはめ」プラットフォームの詳細については、『[基本的な回帰モデル](#)』を参照してください。

関連情報

- [「\[対応のある列を設定\] オプションの例」](#) (184ページ)

「一元配置」プラットフォームのその他の例

ここでは、「一元配置」プラットフォームの例をさらに紹介します。

平均分析法の例

1. 「Analgesics.jmp」サンプルデータを開きます。
2. **[分析] > [二変量の関係]** を選びます。
3. 「痛みの程度」を選択し、**[Y, 目的変数]** をクリックします。

4. 「薬」を選択し、[X, 説明変数] をクリックします。
5. [OK] をクリックします。
6. 赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [平均分析法] > [平均分析] を選択します。

図6.14 「平均分析」チャートの例

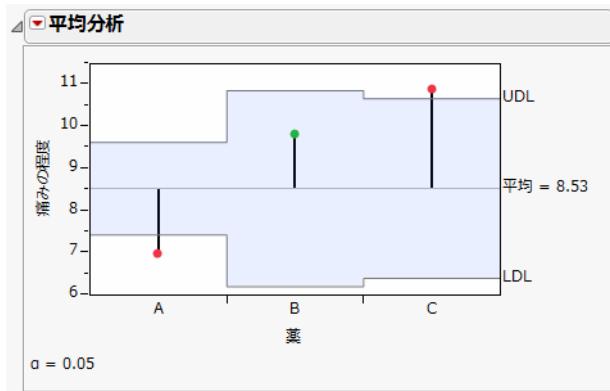


図6.14の例では、薬AとCの平均は、全体平均と有意に異なります。薬Aの平均は低く、薬Cの平均は高くなっています。各薬で標本サイズが異なっているため、薬ごとに決定限界が違っています。

分散に対する平均分析法の例

この例では、「Spring Data.jmp」サンプルデータを使用します。4つのブランドのバネ製品について、0.10インチ伸ばすのに必要な重量を調べました。ブランドごとに6製品ずつ調べました。ANOMV (ANalysis Of Means for Variance; 分散の平均分析) の統計的検定は、非正規分布に対して頑健ではありません。そこで、データが正規分布に従っていることが確認されました。ANOMVによって、ブランド間で分散が有意に異なるかどうかを調べます。

1. 「Spring Data.jmp」サンプルデータテーブルを開きます。
2. [分析] > [二変量の関係] を選びます。
3. 「重さ」を選択し、[Y, 目的変数] をクリックします。
4. 「ブランド」を選択し、[X, 説明変数] をクリックします。
5. [OK] をクリックします。
6. 赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [平均分析法] > [分散の平均分析] を選択します。
7. 「分散の平均分析」の横にある赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [要約レポートの表示] を選択します。

図6.15 「分散の平均分析」チャートの例

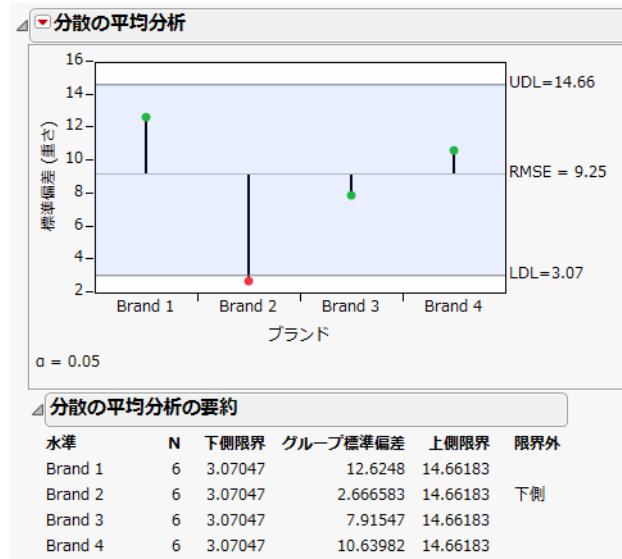


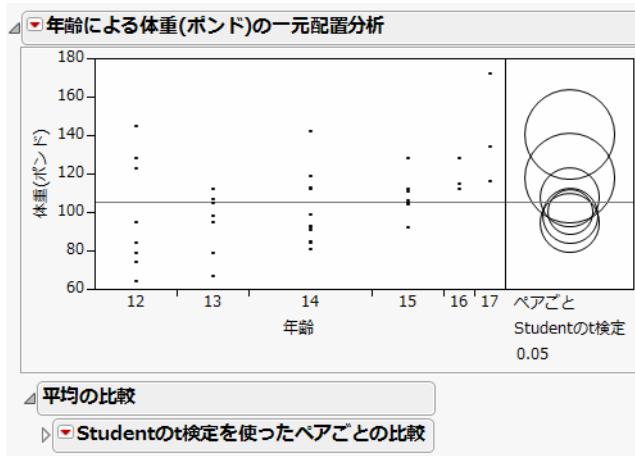
図6.15から、「Brand 2」の標準偏差が下側決定限界を下回っていることがわかります。つまり、「Brand 2」は、他のブランドと比較して、分散が有意に小さいことを示しています。

[各ペア,Studentのt検定] の例

この例では、「Big Class.jmp」サンプルデータテーブルを使用して、「年齢」を因子、「体重(ポンド)」を応答変数とした一元配置分析を行います。そして、各ペアの平均を、t検定で比較します。

1. 「Big Class.jmp」データテーブルを開きます。
2. [分析] > [二変量の関係] を選びます。
3. 「体重(ポンド)」を選択し、[Y, 目的変数] をクリックします。
4. 「年齢」を選択し、[X, 説明変数] をクリックします。
5. [OK] をクリックします。
6. 赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [平均の比較] > [各ペア,Studentのt検定] を選択します。

図6.16 [各ペア ,Student のt検定] の比較円の例



平均の差に対する検定が統計的に有意になるのは、観測された平均の差が、検定が有意となる差よりも大きい場合です。この「検定が有意となる差」を、LSD (Least Significant Difference; 最小有意差) と呼びます。LSDはStudentのt検定だけでなく、他の検定でも同じような働きをします。比較円のグラフでは、2つの円の中心間の距離が、観測された平均の差を表します。一方、LSDは、2つの円の交角が直角となった場合の中心間の距離です。

図6.17 「Studentのt検定を使ったペアごとの比較」レポートの例

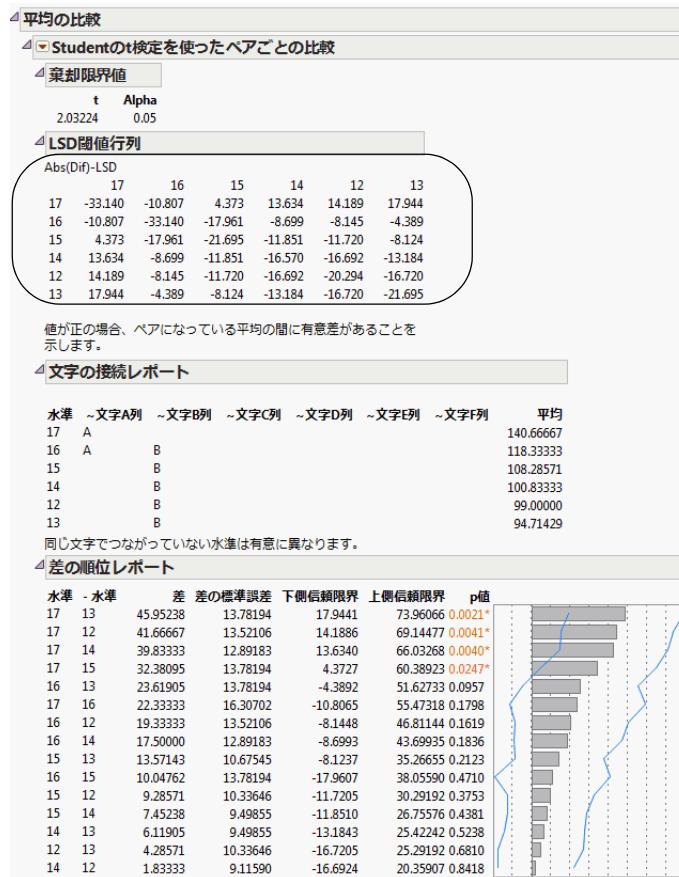


図6.17の先頭に表示されている行列は、観測された平均の差の絶対値から、LSD (最小有意差; 検定が有意となる差) を引いたものです。値が正の場合、観測された平均の差がLSDよりも大きいことを意味していますので、2つの平均には有意差があると結論できます。

[すべてのペア,Tukey の HSD 検定] の例

- 「Big Class.jmp」データテーブルを開きます。
- 【分析】>【二変量の関係】を選びます。
- 「体重(ポンド)」を選択し、【Y, 目的変数】をクリックします。
- 「年齢」を選択し、【X, 説明変数】をクリックします。
- 【OK】をクリックします。
- 赤い三角ボタンをクリックし、メニューから【平均の比較】>【すべてのペア,Tukey の HSD 検定】を選択します。

図6.18 [すべてのペア,TukeyのHSD検定] の比較円の例

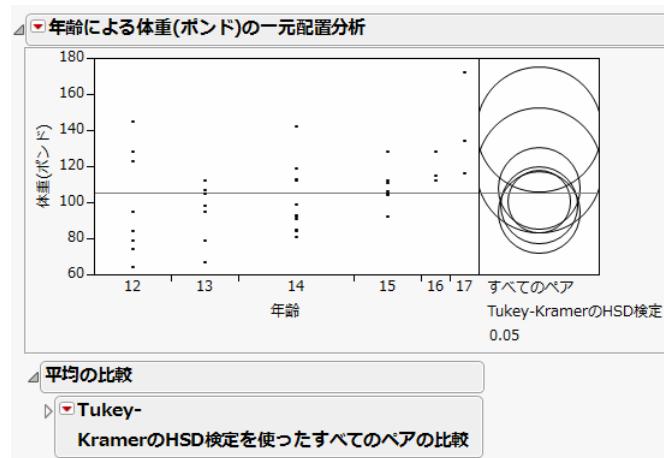


図6.19 「Tukey-KramerのHSD検定を使ったすべてのペアの比較」レポートの例

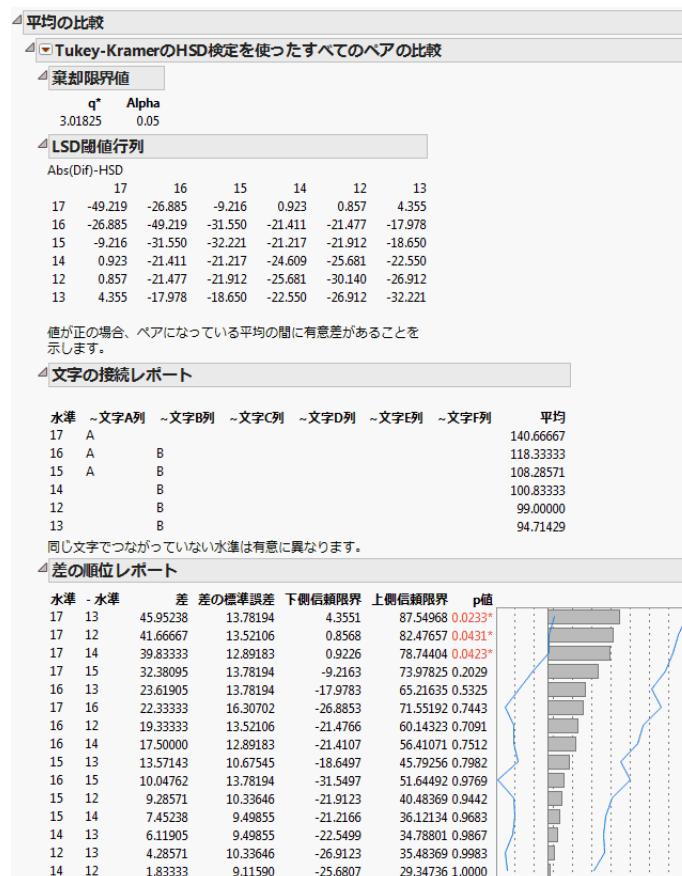


図6.19の先頭に表示されている行列は、観測された平均の差の絶対値から、HSD (Tukey 検定における最小有意差) を引いたものです。値が正の場合、観測された平均の差がHSDよりも大きいことを意味していますので、2つの平均には有意差があると結論できます。 q^* (レポートの先頭に表示されている値) は、Tukey 検定の HSD を計算するのに使用される分位点です。計算上では、ペアごとの比較における、Studentの t 統計量と同じような役割を果たします。

[最適値との比較 (Hsu の MCB)] の例

1. 「Big Class.jmp」データテーブルを開きます。
2. [分析] > [二変量の関係] を選びます。
3. 「体重(ポンド)」を選択し、[Y, 目的変数] をクリックします。
4. 「年齢」を選択し、[X, 説明変数] をクリックします。
5. [OK] をクリックします。
6. 赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [平均の比較] > [最適値との比較 (Hsu の MCB)] を選択します。

図6.20 [最適値との比較 (Hsu の MCB)] の比較円の例

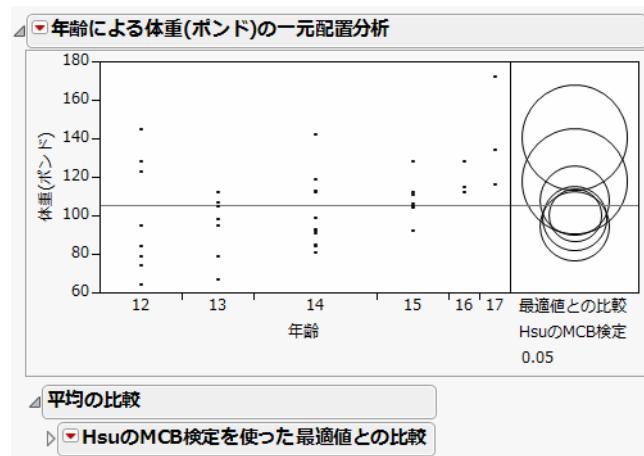


図6.21 「HsuのMCB検定を使った最適値との比較」レポートの例

HsuのMCB検定を使った最適値との比較						
棄却限界値						
d	Alpha					
2.23157	0.05					
2.23157						
2.34056						
2.38159						
2.35278						
2.34056						
最小/最大との比較						
水準	p値(vs. 最大)	p値(vs. 最小)				
17	.	0.0039*				
16	0.2162	0.1268				
15	0.0441*	0.2978				
14	0.0075*	0.6416				
12	0.0080*	0.7071				
13	0.0036*	0.9365				
LSD閾値行列						
平均[i]-平均[j]-LSD	17	16	15	14	12	13
17	-36.390	-14.057	0.124	9.130	9.855	13.695
16	58.724	-36.390	-22.210	13.203	-12.479	-8.638
15	-63.136	-40.803	-24.987	-19.169	-15.034	-11.415
14	-68.602	-46.268	-29.684	-19.418	-19.614	-16.113
12	-71.840	-49.507	-33.479	-23.544	-23.495	-19.907
13	-76.708	-54.374	-38.558	-28.741	-28.605	-24.987
列内に正の値がある場合、平均が最大値より有意に小さいことを示します。						
平均[i]-平均[j]+LSD	17	16	15	14	12	13
17	36.390	58.724	64.638	70.536	73.479	78.210
16	14.057	36.390	42.305	48.203	51.145	55.876
15	-1.626	20.708	24.987	30.074	33.605	38.558
14	-11.064	11.269	14.780	19.418	23.281	28.351
12	-11.493	10.840	14.907	19.877	23.495	28.479
13	-15.197	7.136	11.415	16.503	20.034	24.987
列内に負の値がある場合、平均が最小値より有意に大きいことを示します。						

「最小/最大との比較」レポートは、各水準の平均を、その水準以外での最小平均、および、最大平均と比較したもので、たとえば、最小平均をもつ13才と有意に異なる水準は、17才だけであることがわかります。

[コントロール群との比較 (Dunnett)] の例

- 「Big Class.jmp」データテーブルを開きます。
 - 【分析】>【二変量の関係】を選びます。
 - 「体重(ポンド)」を選択し、【Y, 目的変数】をクリックします。
 - 「年齢」を選択し、【X, 説明変数】をクリックします。
 - 【OK】をクリックします。
 - 赤い三角ボタンをクリックし、メニューから【平均の比較】>【コントロール群との比較 (Dunnett)】を選択します。
 - コントロール群として使用するグループを選択します。この例では、年齢「12」を選択します。
- または、行をクリックして散布図上で該当する点を強調表示してから、【平均の比較】>【コントロール群との比較 (Dunnett)】オプションを選択します。選択した行がコントロール群として使用されます。

8. [OK] をクリックします。

図6.22 [コントロール群との比較(Dunnett)] の比較円の例

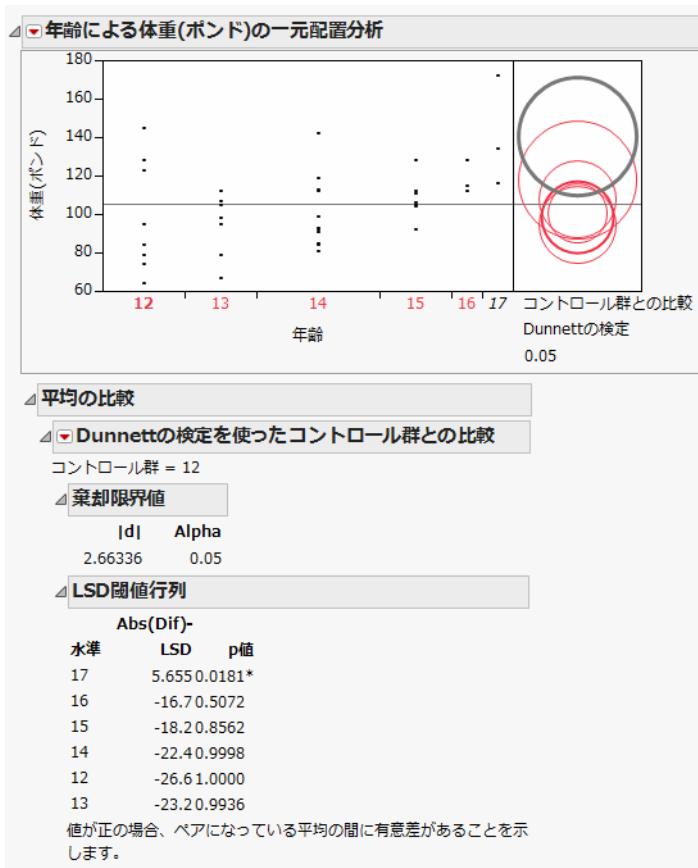


図6.22の比較円を見ると、水準17だけが、コントロール群である水準12と有意に異なることがわかります。

「平均の比較」で用意されているすべての検定

1. 「Big Class.jmp」データテーブルを開きます。
2. [分析] > [二変量の関係] を選びます。
3. 「体重(ポンド)」を選択し、[Y, 目的変数] をクリックします。
4. 「年齢」を選択し、[X, 説明変数] をクリックします。
5. [OK] をクリックします。
6. 赤い三角ボタンをクリックし、[平均の比較] サブメニューから各オプションを選択します。

4種類の検定はどれもグループ平均の差を検定するものですが、結果は異なります。図6.23は、4つの検定の比較円を示しています。この例のDunnett検定では、「年齢」が17のグループをコントロール群としています。

図6.23 4つの多重比較検定の比較円

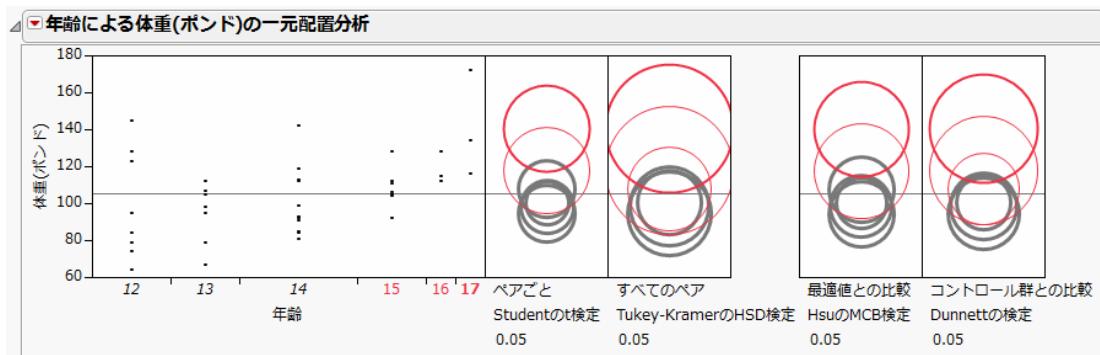


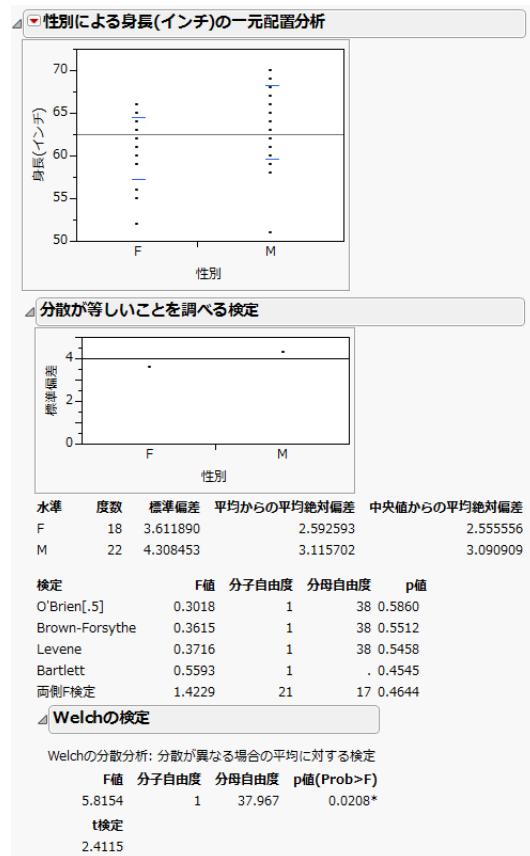
図6.23のStudentのt検定とHsu検定では、「年齢」が15才のグループ（上から3番目の円）が、17才のグループと有意に異なり、グレーで表示されています。しかし、Tukey検定とDunnett検定では、15才と17才には有意差が認められず、赤で表示されています。

等分散性検定の例

この例では、分析者は、男性と女性の身長に関して、平均ではなく、分散の比較に興味があるとします。

1. 「Big Class.jmp」データテーブルを開きます。
2. [分析] > [二変量の関係] を選びます。
3. 「身長(インチ)」を選択し、[Y, 目的変数] をクリックします。
4. 「性別」を選択し、[X, 説明変数] をクリックします。
5. [OK] をクリックします。
6. 赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [等分散性の検定] を選択します。

図6.24 「分散が等しいことを調べる検定」レポートの例



両側F検定のp値が大きいことから、「2つの分散は等しくない」とは結論できません。

同等性の検定の例

この例では、「Big Class.jmp」サンプルデータテーブルを使用して、男性と女性の身長差が6インチ未満かどうかを調べます。

1. 「Big Class.jmp」データテーブルを開きます。
 2. [分析] > [二変量の関係] を選びます。
 3. 「身長(インチ)」を選択し、[Y, 目的変数] をクリックします。
 4. 「性別」を選択し、[X, 説明変数] をクリックします。
 5. [OK] をクリックします。
 6. 赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [同等性の検定] を選択します。
 7. 「実質的に0とみなす差」に「6」と入力します。

8. [OK] をクリックします。

図 6.25 同等性の検定の例

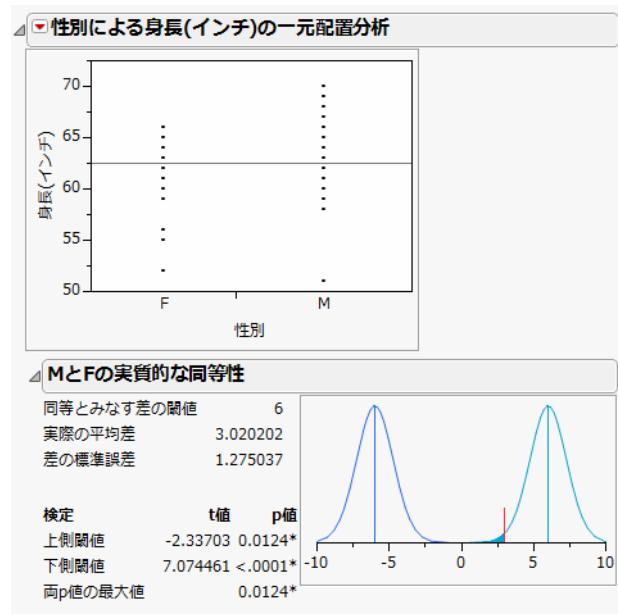


図 6.25 から次のようなことが読み取れます。

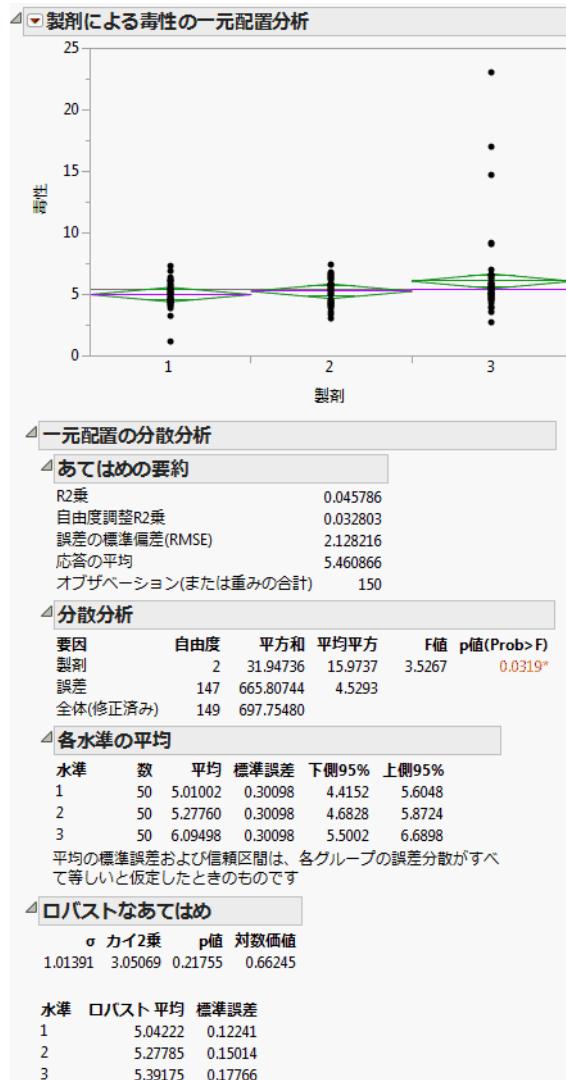
- 「上側閾値」の検定は、帰無仮説における平均の差を 6 としたときの下側の片側検定です。
- 「下側閾値」の検定は、帰無仮説における平均の差を -6 としたとの上側の片側検定です。
- 2 つの片側検定の両方で p 値が小さいため、母平均の差は、-6 から 6 までの間にあると結論付けることができます。したがって、平均は実質的に等しいということができます。

[口バストなあてはめ] オプションの例

「Drug Toxicity.jmp」サンプルデータテーブルには、3種類の製剤における毒性のデータが記録されています。

- 「Drug Toxicity.jmp」サンプルデータテーブルを開きます。
- 【分析】 > 【二変量の関係】 を選びます。
- 「毒性」を選択し、【Y, 目的変数】をクリックします。
- 「製剤」を選択し、【X, 説明変数】をクリックします。
- [OK] をクリックします。
- 赤い三角ボタンのメニューから、【平均/ANOVA】を選択します。
- 赤い三角ボタンのメニューから、【口バストなあてはめ】を選択します。

図6.26 ロバストなあてはめの例

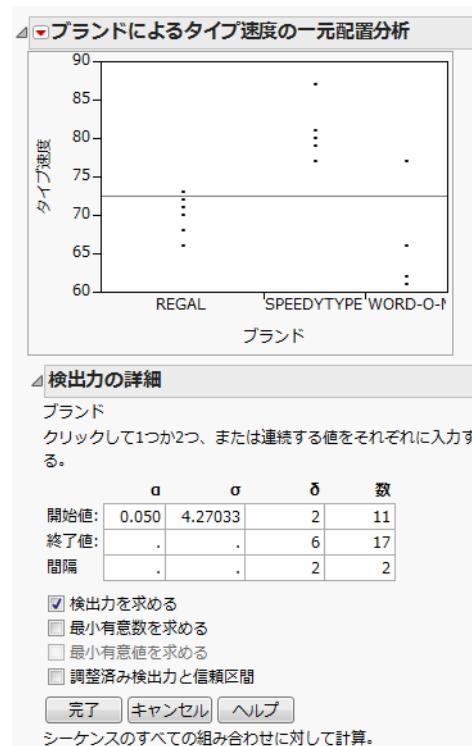


標準の「分散分析」レポートを見ると、p値が0.0319であるため、3つの製剤は有意に異なるという誤った結論に導かれてしまう可能性がありますが、「ロバストなあてはめ」レポートを確認すれば、p値が0.21755になっているため、3つの製剤に有意差があるという誤った結論には行きつかないでしょう。いくつかのオブザーベーションで毒性が不自然に高く記録され、データに思わしくない影響を生んでいることが伺えます。

[検出力] オプションの例

1. 「Typing Data.jmp」サンプルデータテーブルを開きます。
2. [分析] > [二変量の関係] を選びます。
3. 「タイプ速度」を選択し、[Y, 目的変数] をクリックします。
4. 「ブランド」を選択し、[X, 説明変数] をクリックします。
5. [OK] をクリックします。
6. 赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [検出力] を選択します。
7. 「開始値」行の「 δ 」(3番目のボックス) に「2」、「数」に「11」と入力します。
8. 「終了値」行の「 δ 」に「6」、「数」に「17」と入力します。
9. 「間隔」行の「 δ 」と「数」に「2」と入力します。
10. [検出力を求める] チェックボックスをオンにします。

図6.27 「検出力の詳細」ウィンドウの例



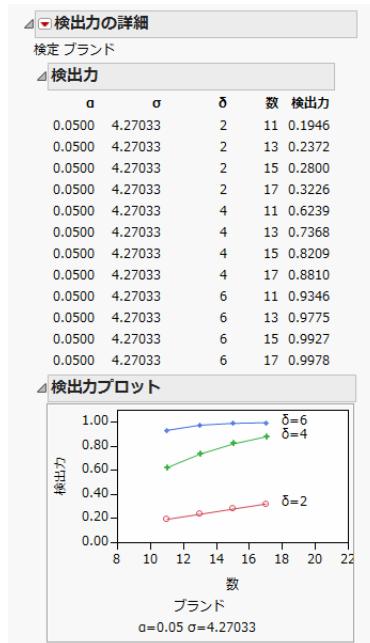
11. [完了] をクリックします。

「 δ 」と「数」の組み合わせごとに検出力が計算され、「検出力」レポートに表示されます。

検出力の値をプロットにするには、次の手順に従います。

12. レポートの下部にある赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [検出力プロット] を選択します。

図6.28 「検出力」レポートの例



13. プロット上にすべてのデータが表示されていない場合は、「検出力」軸をクリックし、縦にドラッグする必要があります。

検出力は「 δ 」と「数」の組み合わせごとにプロットされています。一般的な性質として、「数」(標本サイズ)と「 δ 」(平均の差)が大きくなるほど検出力は上がりますが、この例でもその性質を確認することができます。

正規分位点プロットの例

1. 「Big Class.jmp」データテーブルを開きます。
2. [分析] > [二変量の関係] を選びます。
3. 「身長(インチ)」を選択し、[Y, 目的変数] をクリックします。
4. 「性別」を選択し、[X, 説明変数] をクリックします。
5. [OK] をクリックします。
6. 赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [正規分位点プロット] > [分位点-実測値プロット] を選択します。

図6.29 正規分位点プロットの例

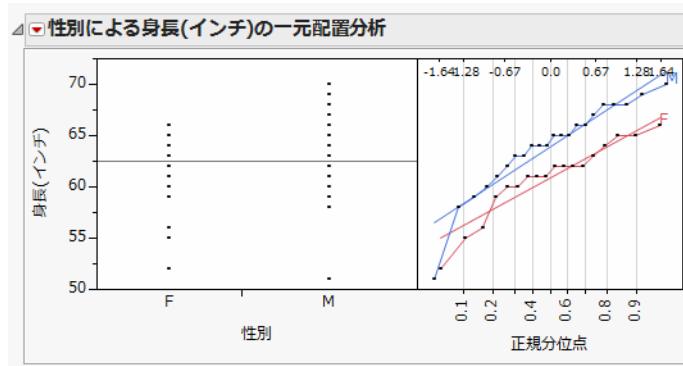


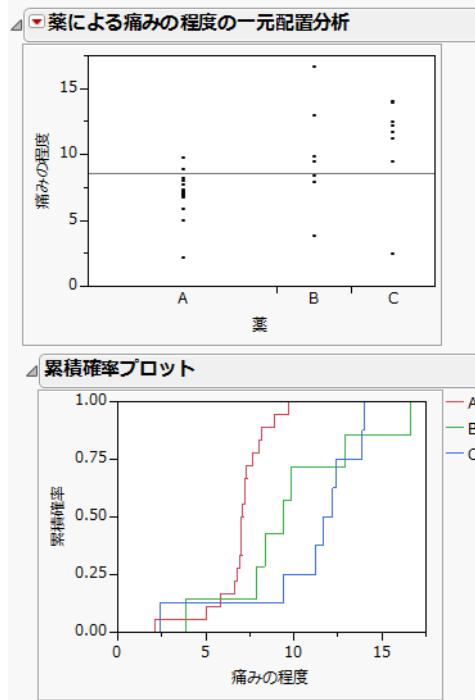
図6.29のような正規分位点プロットが描かれます。

- あてはめ線はデフォルトで表示されます。
- データ点はあてはめ線のごく近くに分布しています。つまり、データは正規分布に従っていることを示唆しています。

累積確率プロットの例

- 「Analgesics.jmp」サンプルデータを開きます。
- 【分析】>【二変量の関係】を選びます。
- 「痛みの程度」を選択し、【Y, 目的変数】をクリックします。
- 「薬」を選択し、【X, 説明変数】をクリックします。
- 【OK】をクリックします。
- 赤い三角ボタンをクリックし、メニューから【累積確率プロット】を選択します。

図6.30 累積確率プロットの例

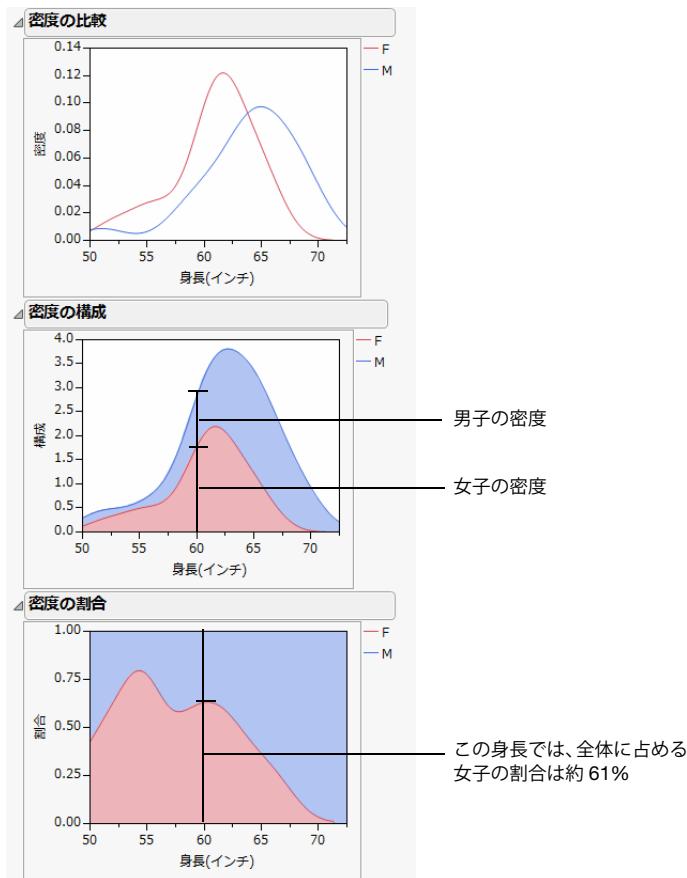


累積確率プロットでは、X変数の各水準が1本の線で表されています。また、横軸はYの値になっています。

[密度] の各オプションの例

1. 「Big Class.jmp」データテーブルを開きます。
2. 「分析」 > 「二変量の関係」 を選びます。
3. 「身長(インチ)」を選択し、「Y, 目的変数」をクリックします。
4. 「性別」を選択し、「X, 説明変数」をクリックします。
5. 「OK」をクリックします。
6. 赤い三角ボタンをクリックし、メニューから 「密度」 > 「密度の比較」、 「密度」 > 「密度の構成」、 および 「密度」 > 「密度の割合」 を選択します。

図6.31 [密度] の各オプションの例



[対応のある列を設定] オプションの例

この例では、6頭の動物が移動した距離を、季節ごとに記録した「Matching.jmp」サンプルデータを使用します。

1. 「Matching.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [二変量の関係] を選択します。
3. 「距離(マイル)」を選択し、[Y, 目的変数] をクリックします。
4. 「季節」を選択し、[X, 説明変数] をクリックします。
5. [OK] をクリックします。
6. 赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [対応のある列を設定] を選択します。
7. 対応のある列として「個体」を選択します。
8. [OK] をクリックします。

図6.32 「対応のあるあてはめ」レポートの例



「個体」を対応のある変数として、季節ごとの移動距離がプロットに表示されます。「種別」と「個体」がラベルの列として設定されており、また、各個体の最初の測定値において、ラベルが表示されるように設定されています。

「対応のあるあてはめ」レポートには、「季節」効果と「個体」効果、およびそのF検定が表示されています。これは、「モデルのあてはめ」プラットフォームで交互作用項のあるモデルとないモデルの2つを実行したときに計算される検定と同じです。水準が2つしかないときは、F検定は対応のあるt検定と等しくなります。

注:「モデルのあてはめ」プラットフォームの詳細については、『基本的な回帰モデル』を参照してください。

「一元配置」プラットフォームの統計的詳細

この節では、いくつかのオプションとレポートの統計的詳細を解説します。

比較円の統計的詳細

2つの平均の差が統計的に有意かどうかを確認する方法の1つは、観測された平均の差が**最小有意差 (LSD; Least Significant Difference)** より大きいかどうかを見ることです。最小有意差は、2つの平均の差の標準誤差を Student の t 統計量に掛けたもので、次式で表されます。

$$LSD = t_{\alpha/2} \cdot \text{std}(\hat{\mu}_1 - \hat{\mu}_2)$$

2つの独立した平均の差の標準誤差は、次の関係から計算されます。

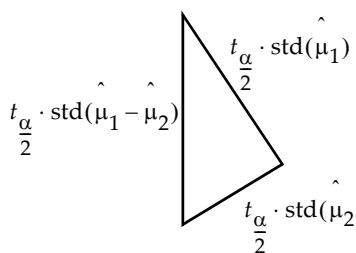
$$[\text{std}(\hat{\mu}_1 - \hat{\mu}_2)]^2 = [\text{std}(\hat{\mu}_1)]^2 + [\text{std}(\hat{\mu}_2)]^2$$

平均の間に相関がない場合、統計量の関係は次のようになります。

$$LSD^2 = [t_{\alpha/2} \cdot \text{std}((\hat{\mu}_1 - \hat{\mu}_2))]^2 = [t_{\alpha/2} \cdot \text{std}(\hat{\mu}_1)]^2 + [t_{\alpha/2} \cdot \text{std}(\hat{\mu}_2)]^2$$

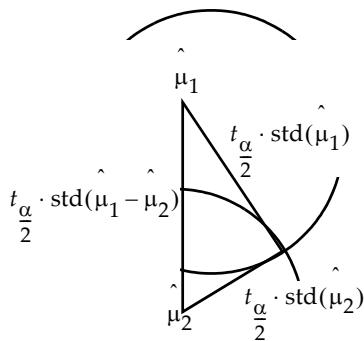
これらの平方値を図にすると、ピタゴラスの定理に基づく直角三角形になります（図6.33）。

図6.33 2平均の差の関係



三角形の斜辺が、平均を比較する際の目安になります。観測された平均の差が、斜辺の長さ（最小有意差）よりも大きい場合に限り、平均は有意に異なります。

では、2つの平均がちょうど境界線上にあり、観測された平均の差が最小有意差に等しい場合にはどうなるでしょうか。縦軸に2つの平均を置き、それを頂点として三角形を描きます。また、それぞれの平均を中心として、それぞれの信頼区間の長さを直径とした円を描きます。

図6.34 t 検定統計量の幾何学的関係

各円の半径は対応する三角形の辺の長さと等しく、 $t_{\alpha/2} \cdot \text{std}(\hat{\mu}_i)$ で表されます。

円は三角形の2辺と同じ角度で交わるため、次のような関係が成り立ちます。

- 平均の差が最小有意差と等しい場合、平均を中心とした信頼区間の円は直角に交わります。つまり、接線の角度が直角になります。

では、平均の差が最小有意差より大きい場合や、逆に小さい場合に、円がどのように交わるかを考えてみましょう。

- 円の外側の交角が直角より大きいとき、平均は有意には異なりません。円の外側の交角が直角より小さいとき、平均は有意に異なります。外側の交角が90度より小さいということは、平均の差が最小有意差より大きいことを意味します。
- 円が交わらない場合、平均は有意に異なり、円が入れ子になる場合、平均は有意には異なりません。図6.12を参照してください。

Studentの t 分布の分位点ではなく、他の分位点を用いれば、いろいろな多重比較検定に対しても同様のグラフを描くことができます。

検出力の統計的詳細

検出力を計算するには、非心度の F 分布を使用します。計算式は、次のとおりです (O'Brien and Lohr 1984)。

$$\text{Power} = \text{Prob}(F > F_{\text{crit}}, v_1, v_2, nc)$$

ここで、

- 上の式は、非心度パラメータ nc 、分子自由度 v_1 、分母自由度 v_2 の F 分布に従う確率変数が、 F_{crit} よりも大きくなる確率を指します。 $F_{\text{crit}} = F_{(1 - \alpha, v_1, v_2)}$ は v_1 および v_2 の自由度を持つ F 分布の累積確率 $1 - \alpha$ における分位点です。
- $v_1 = r - 1$ は分子自由度。
- $v_2 = r(n - 1)$ は分母自由度。
- n は、各グループの標本サイズ。

- r はグループの数。
- $nc = n(CSS)/\sigma^2$ は非心度パラメータ。

$$CSS = \sum_{g=1}^r (\mu_g - \mu)^2$$

は仮説の平方和。

- μ_g は g 番目のグループの平均。
- μ は全体平均。
- σ^2 は平均2乗誤差 (MSE) による推定値。

「あてはめの要約」レポートの統計的詳細

R2乗

連続尺度の応答のあてはめでは、 R^2 はモデルの「分散分析」レポートの統計量を使用して、次のように計算されます。

$$\frac{\text{モデルの平方和}}{\text{修正済みの全平方和}}$$

自由度調整 R2乗

R2乗値は平方和の比でしたが、自由度調整済み R2乗値は、次のように、平均平方の比です。

$$1 - \frac{\text{誤差の平均平方}}{\text{全体の修正済みの平均平方}}$$

ここで、「誤差」の平均平方は「分散分析」レポートにある値です。分母の平均平方は、「**全体 (修正済み)**」の平方和を、対応する自由度で割ったものです。「[「分散分析」レポート](#)」(146 ページ) を参照してください。

「分散が等しいことを調べる検定」レポートの統計的詳細

F値

O'Brien の検定では、元の応答変数を変換して、新しい応答変数を作成し、それに対して一元配置分散分析を行います。変換後の応答変数は、そのグループ平均が、元の応答変数のグループごとの不偏分散と等しくなるように作成されます。この変換後の応答変数は、次式で計算されます。

$$r_{ijk} = \frac{(n_{ij} - 1.5)n_{ij}(y_{ijk} - \bar{y}_{ij})^2 - 0.5s_{ij}^2(n_{ij} - 1)}{(n_{ij} - 1)(n_{ij} - 2)}$$

n は、観測値 y_{ijk} の個数を表します。

Brown-Forsythe 検定は、 $z_{ij} = |y_{ij} - \tilde{y}_i|$ に対する一元配置分散分析の F 検定です。ここで、 \tilde{y}_i は i 番目の水準における Y の中央値です。0 の値を取る z_{ij} は、同じグループの中で次に小さい z_{ij} で置き換えられます。これは、オブザベーション数が奇数のグループでは、0 となるデータが必ず生じてしまう現象を回避するためです。

Leven 検定は、 $z_{ij} = |y_{ij} - \bar{y}_i|$ に対する一元配置分散分析の F 検定です。ここで、 \bar{y}_i は i 番目の水準の応答平均です。

Bartlett 検定は、次式により計算されます。

$$T = \frac{v \log \left(\sum_i \frac{v_i}{v} s_i^2 \right) - \sum_i v_i \log(s_i^2)}{1 + \left(\frac{\sum_i \frac{1}{v_i} - \frac{1}{v}}{3(k-1)} \right)}$$

この式で、 $v_i = n_i - 1$ および $v = \sum_i v_i$

n_i は i 番目の水準における度数、 s_i^2 は i 番目の水準における Y の不偏分散です。この Bartlett 検定の検定統計量は、カイ²乗分布に従います。表中の Bartlett 検定の F 値に出力されている値は、この Bartlett のカイ²乗検定統計量を自由度で割ったものです。

Welch の検定の F 値

Welch の検定の F 値は、次の式で計算されます。

$$F = \frac{\left[\sum_i w_i (\tilde{y}_i - \bar{y}_{..})^2 \right]}{\left(1 + \frac{2(k-2)}{k^2-1} \left[\sum_i \frac{\left(1 - \frac{w_i}{u} \right)^2}{n_i - 1} \right] \right)}$$

この式で $w_i = \frac{n_i}{s_i^2}$ 、 $u = \sum_i w_i$ 、 $\bar{y}_{..} = \sum_i \frac{w_i \tilde{y}_i}{u}$

n_i は i 番目の水準における度数、 \tilde{y}_i は i 番目の水準における Y の平均、 s_i^2 は i 番目の水準における Y の不偏分散です。

Welch 検定の分母自由度

Welch 検定の分母自由度は、次の近似式によって計算されます。

$$df = \frac{1}{\left(\frac{3}{k^2-1} \right) \left[\sum_i \frac{w_i^2}{n_i-1} \right]}$$

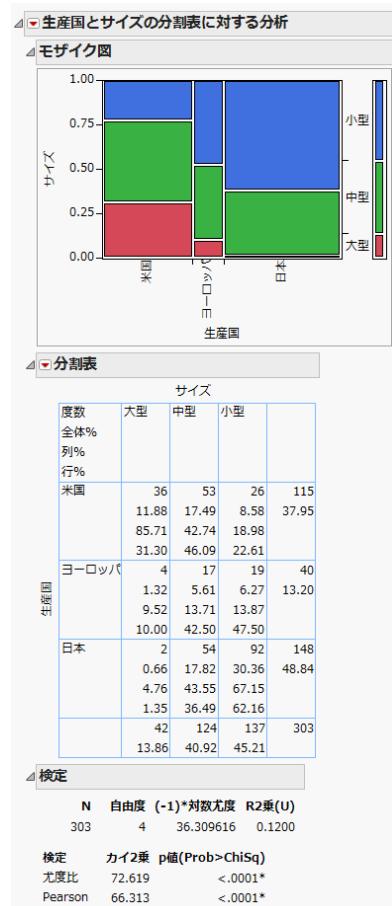
ここで、 w_i 、 n_i 、 u は F 値の式と同じ定義です。

第7章

分割表分析 2つのカテゴリカルな変数の関係を調べる

「分割表」または「二変量の関係」プラットフォームは、カテゴリカルなY変数の分布を、カテゴリカルなX変数の水準ごとに比較します。カテゴリカル変数とは、名義尺度や順序尺度の変数を指します。分割表分析は、「二変量の関係」プラットフォームにおいて、XおよびYが、両方ともカテゴリカル変数のときに行われる分析です。分析結果として、モザイク図、度数、割合などが表示されます。また、割合の平均分析や対応分析なども行えます。

図7.1 分割表分析の例



目次

分割表分析の例	193
「分割表」プラットフォームの起動	194
「分割表」レポート	195
「分割表」プラットフォームのオプション	196
モザイク図	197
分割表	200
検定	202
割合の平均分析	203
対応分析	203
Cochran-Mantel-Haenszel 検定	205
一致性の統計量	205
相対リスク	206
割合の2標本検定	206
関連の指標	207
Cochran-Armitage の傾向検定	208
正確検定	209
「分割表」プラットフォームのその他の例	210
「分割表」プラットフォームの統計的詳細	222

分割表分析の例

この例では、車に関する調査の「Car Poll.jmp」サンプルデータを使用します。データには、調査対象者の性別、配偶者の有無、年齢などが記録されています。また、所有する車について、生産国やサイズ、タイプなどの情報も記録されています。ここでは、車のサイズ（小型、中型、大型）と生産国との関係について調べます。

1. 「Car Poll.jmp」サンプルデータテーブルを開きます。
2. 【分析】>【二変量の関係】を選びます。
3. 「サイズ」を選択し、【Y, 目的変数】をクリックします。
4. 「生産国」を選択し、【X, 説明変数】をクリックします。
5. 【OK】をクリックします。

図7.2 分割表分析の例

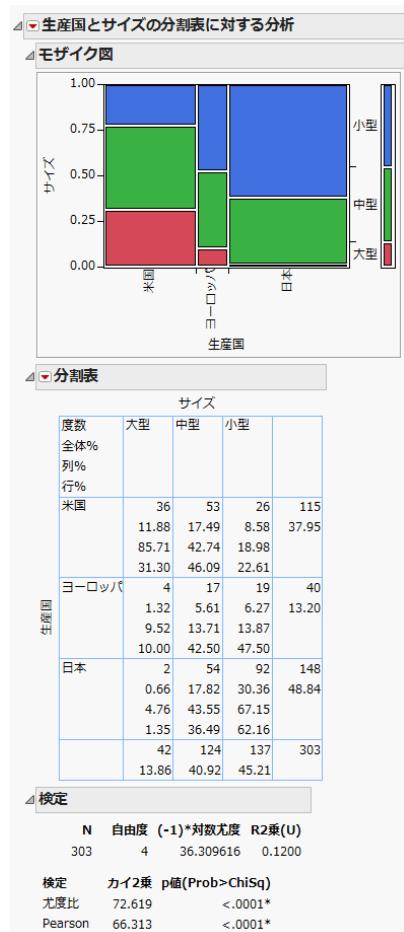


図7.2のモザイク図と凡例から、次のことがわかります。

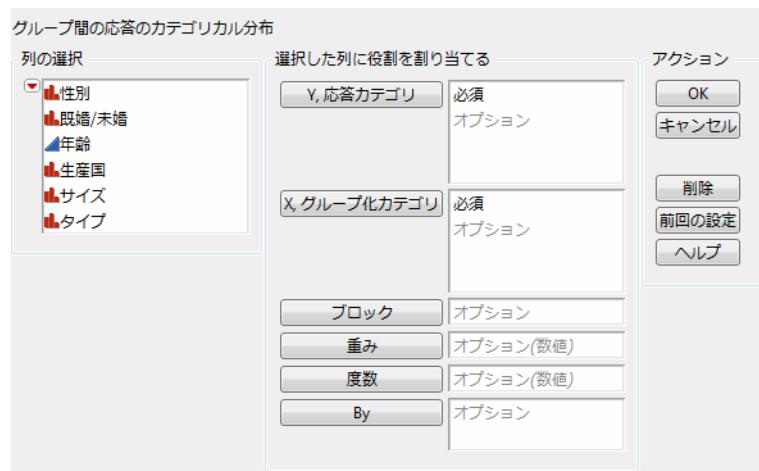
- 日本車において、大型車に分類されるものはごくわずかです。
- ヨーロッパ車の大半は、小型車か中型車に分類されます。
- 米国車の大半は、大型車か中型車に分類されます。

「分割表」プラットフォームの起動

分割表分析は、「二変量の関係」プラットフォームまたは「分割表」プラットフォームを使用して実行できます。どちらを使用しても結果は同じです。

- 「二変量の関係」プラットフォームを起動するには、[分析] > [二変量の関係] を選択します。
または
- 「分割表」プラットフォームを起動するには、「JMPスターター」ウィンドウのカテゴリリストで [基本統計] をクリックし、[分割表] をクリックします。

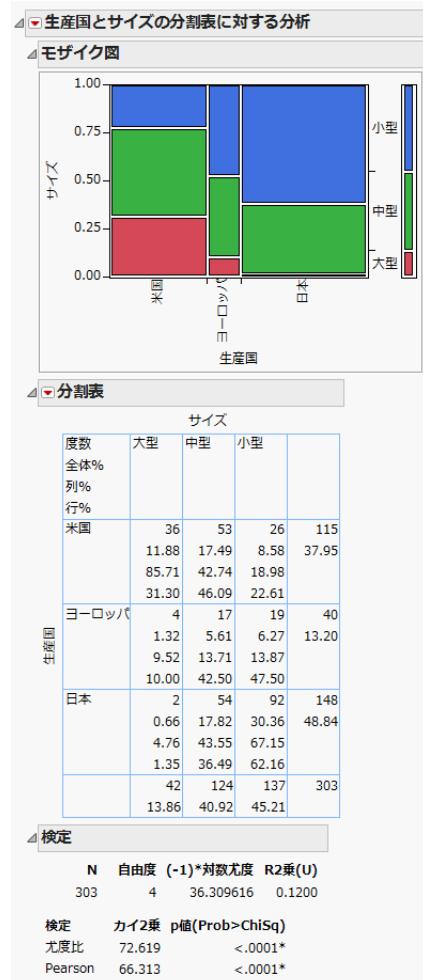
図7.3 「分割表」起動ウィンドウ



「分割表」レポート

図7.4は、「分割表分析の例」(193ページ)の手順に従って作成したものです。

図7.4 「分割表」レポートの例



注: データテーブルで除外した行は、モザイク図で非表示になります。

「分割表に対する分析」レポートには最初、「モザイク図」、「分割表」、「検定」レポートが表示されます。赤い三角ボタンをクリックし、表示されるメニューのオプションを使用して、他の分析や検定を追加できます。これらのレポートやオプションの詳細については、「[「分割表」プラットフォームのオプション](#)」(196ページ) を参照してください。

「分割表」プラットフォームのオプション

注: Y変数を複数指定した場合は、「あてはめのグループ」メニューが表示されます。このメニューのオプションを使って、レポートの配置を変えたり、適合度の良い順に並べ替えたりできます。詳細については、『基本的な回帰モデル』を参照してください。

「分割表に対する分析」の横にある赤い三角ボタンをクリックし、表示されるメニューのオプションを選択することにより、追加の分析や検定を実行できます。

モザイク図	「分割表」に表示されているデータをグラフで示します。「モザイク図」(197ページ)を参照してください。
分割表	2元度数表。列はYの水準と同数、行はXの水準と同数だけあります。「分割表」(200ページ)を参照してください。
検定	連続量のデータに対して作成される「分散分析」レポートに相当します。すべてのX水準においてY水準の割合が等しいかどうかを示す検定結果を表示します。「検定」(202ページ)を参照してください。
α水準の設定	信頼区間のα水準を変更します。サブメニューから、よく使われている有意水準([0.10]、[0.05]、[0.01])を選択するか、[その他]を選択して任意の有意水準を入力します。
割合の平均分析	応答変数の水準数が2つの場合にのみ表示されます。X変数の水準ごとの応答の割合を、割合の全体平均と比較します。「割合の平均分析」(203ページ)を参照してください。
対応分析	度数表において度数のパターンが似ている行や列をグラフに示します。対応分析のグラフには、分割表の各行と各列につき1つの点がプロットされます。「対応分析」(203ページ)を参照してください。
Cochran-Mantel-Haenszel検定	3つ目の分類変数で層別したときに、2つのカテゴリカル変数の間に関係が見られるかどうかを検定します。「Cochran-Mantel-Haenszel検定」(205ページ)を参照してください。
一致性の統計量	XとYにおける水準がまったく同じ場合にのみ表示されます。カッパ統計量(Agresti 1990)とその標準誤差、信頼区間、仮説検定、Bowkerの対称性検定(McNemarの検定)が表示されます。「一致性の統計量」(205ページ)を参照してください。
相対リスク	リスク比を計算します。XとYの両変数の水準数が2つの場合にのみ表示されます。「相対リスク」(206ページ)を参照してください。

オッズ比	オッズ比を計算します。XとYが両方とも2水準である場合にのみ表示されます。詳細は、「 [オッズ比] オプションの統計的詳細 」(223ページ) を参照してください。	
	また、レポートには、オッズ比に対する信頼区間も表示されます。[α 水準の設定] オプションを使用して α 水準を変更できます。	
割合の2標本検定	2標本の割合に対する検定を実行します。X変数の2水準間で、Y変数の割合が異なるかどうかを比較します。XとYの両変数の水準数が2つの場合にのみ表示されます。「 割合の2標本検定 」(206ページ) を参照してください。	
関連の指標	分割表の変数間における関連度を表す指標を計算します。「 関連の指標 」(207ページ) を参照してください。	
Cochran-Armitageの傾向検定	ある変数の水準間に見られる、二項割合の傾向を調べます。この検定は、片方の変数が2水準の変数で、もう一方が順序変数の場合にだけ適切な検定です。「 Cochran-Armitageの傾向検定 」(208ページ) を参照してください。	
JMP PRO	正確検定	次の正確検定を実行するためのオプションが表示されます。
		<ul style="list-style-type: none">• Fisherの正確検定• Cochran-Armitageの傾向検定• 一致性に対する検定
		詳細については、「 正確検定 」(209ページ) を参照してください。

モザイク図

モザイク図は、2元度数表（分割表）をグラフにしたものです。モザイク図は長方形に分割したプロットで、それぞれの長方形における縦の長さが、X変数の各水準内における、Y変数の各水準の割合を表します。モザイク図は1981年にHartiganとKleinerによって考案され、Friendly (1994) が改良を加えました。

図7.5は、「[分割表分析の例](#)」(193ページ) の手順に従って作成したものです。

図7.5 モザイク図の例

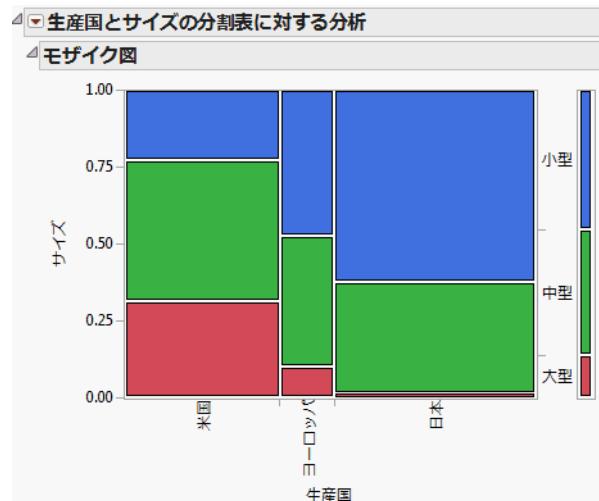


図7.5のモザイク図で、次の点に注目してください。

- X軸上の長さは、X変数（「生産国」）の各水準のオブザベーション数を示します。
- 右側のY軸は、全水準（「米国」、「ヨーロッパ」、「日本」）を組み合わせたときに、「小型」車、「中型」車、「大型」車が全体に占める割合を示します。
- 左側のY軸は、軸全体を1（標本合計）としたときの応答確率を表します。

モザイク図の長方形をクリックすると、その領域が強調表示され、関連するデータテーブルで対応するデータが選択されます。

モザイク図で使われている変数は、ドラッグ&ドロップ操作によって、別の変数に置き換えることができます。X軸とY軸の変数を入れ替えるには、一方の軸の変数をドラッグし、他方の軸の上にドロップします。また、データテーブルの他の変数に置き換えるには、「列」パネルで該当する変数をクリックし、モザイク図の軸上までドラッグします。

コンテキストメニュー

モザイク図上を右クリックして、色を変更したり、セルのラベルを指定したりすることができます。

表7.1 コンテキストメニューのオプション

色の設定	水準に割り当てられている色を表示します。「色の設定」(199ページ)を参照してください。
------	--

表7.1 コンテキストメニューのオプション（続き）

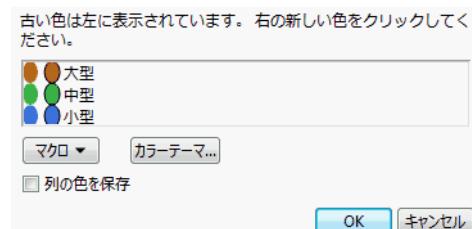
セルのラベル	モザイク図に表示するラベルを指定します。次のいずれかのオプションを選択します。
ラベルなし	ラベルを表示しません。ラベルが表示されている場合は削除します。
度数の表示	各セルにオブザベーション数を表示します。
パーセントの表示	各セルにオブザベーションの割合を表示します。
ラベルを表示	各セルに対応するY変数の水準を表示します。
行ラベルの表示	セルが表しているすべての行の行番号を表示します。

注：コンテキストメニューの他のオプションの詳細については、『JMPの使用法』を参照してください。

色の設定

[色の設定] オプションを選択すると、「値の色を選択」ウィンドウが開きます。

図7.6 「値の色を選択」 ウィンドウ



デフォルトのモザイク図の色は、応答列が順序尺度か名義尺度か、「値の色」列プロパティが設定されているかどうかによって異なります。水準の色を変更するには、2列目の色の楕円形をクリックし、新しい色を選択します。

表7.2 「値の色を選択」 ウィンドウの説明

マクロ	2つの水準間における色のグラデーションを、次のような方法で設定できます。
	<ul style="list-style-type: none">2つの水準を選択し（それら2つの水準の範囲をドラッグするか、Shiftキーを押しながら最初と最後の水準をクリックする）、[選択した点の間でグラデーション]を選択すると、それらの範囲にだけグラデーションが適用されます。[両端の間でグラデーション] オプションを選択すると、変数のすべての水準にグラデーションが適用されます。[元の色に戻す] を選択すると、変更内容を取り消すことができます。
カラーテーマ	カラーテーマに従って各値の色を変更します。

表7.2 「値の色を選択」 ウィンドウの説明（続き）

列の色を保存 このチェックボックスをオンにすると、関連するデータテーブルの列に新しい列プロパティ（[値の色]）が追加されます。データテーブルからこのプロパティを編集する場合は、[列] > [列情報] を選択します。

分割表

「分割表」は2元度数表です。列はYの水準と同数、行はXの水準と同数だけあります。

図7.7は、「分割表分析の例」(193ページ)の手順に従って作成したものです。

図 7.7 分割表の例

分割表		サイズ			
生産国	度数 全体% 列% 行%	大型	中型	小型	
		36 11.88 85.71 31.30	53 17.49 42.74 46.09	26 8.58 18.98 22.61	115 37.95
		ヨーロッパ 4 1.32 9.52 10.00	17 5.61 13.71 42.50	19 6.27 13.87 47.50	40 13.20
		日本 2 0.66 4.76 1.35	54 17.82 43.55 36.49	92 30.36 67.15 62.16	148 48.84
		42 13.86	124 40.92	137 45.21	303

この分割表について、次の点を確認してください。

- この分割表において、「度数」、「全体%」、「列%」、「行%」は、行と列が交わる各セル（たとえば、「米国」と「大型」が交差するセルなど）内の数値を指しています。
 - 最後の列には、各行の合計度数と割合が表示されています。
 - 最下行には、各列の合計度数と割合が表示されています。

たとえば、図7.7で、「米国」製の「大型」車に着目してください。次の表で、車の分割表から導き出せる結論について説明します。

表7.3

数値	説明	表のラベル
36	米国製大型車の台数	度数
11.88%	全車両のうち米国製大型車が占める割合 (36/303) ^a	全体 %
85.71%	大型車のうち米国車が占める割合 (36/42) ^b	列 %
31.30%	米国車のうち大型車が占める割合 (36/115) ^c	行 %
37.95%	全車両のうち米国車が占める割合 (115/303)	(なし)
13.86%	全車両のうち大型車が占める割合 (42/303)	(なし)

a. 303は、調査対象の全車両の台数です。

b. 42は、調査対象の大型車の台数です。

c. 115は、調査対象の米国車の台数です。

ヒント：分割表における「度数」、「全体 %」、「列 %」、「行 %」の数値は、「分割表」の赤い三角ボタンをクリックし、その項目を選択すると、表示／非表示を切り替えられます。

表7.4 「分割表」レポートの説明

度数	セルの度数、行／列の合計度数、全体の合計度数（合計標本サイズ）。
全体 %	セルの度数と行／列の合計度数が全体の合計度数に占める割合。
行 %	セルの度数が行の合計度数に占める割合。
列 %	セルの度数が列の合計度数に占める割合。
期待値	行と列が独立していると仮定して計算された各セルの期待度数 (E)。対応する行合計と列合計の積を全体合計で割った値です。
偏差	観測されたセル度数 (O) から期待値 (E) を引いたもの。
セルのカイ2乗	$(O - E)^2 / E$ で求めた各セルのカイ2乗。
累積列度数	列の累積合計。
累積列 %	列の累積割合。
累積行度数	行の累積合計。
累積行 %	行の累積割合。

検定

「検定」レポートには、すべてのX水準においてY水準の割合が等しいかどうかを調べる2つの検定の結果が表示されます。

図7.8のレポートを作成するには、「[分割表分析の例](#)」(193ページ) の手順に従います。

図7.8 「検定」レポートの例

検定			
N	自由度	(-1)*対数尤度	R2乗(U)
303	4	36.309616	0.1200
検定 カイ2乗 p値(Prob>ChiSq)			
尤度比	72.619	<.0001*	
Pearson	66.313	<.0001*	

カイ2乗統計量について、次の点を確認してください。

- これらのカイ2乗検定は、2つのカテゴリカル変数が両方とも応答(Y変数)のとき、その2つの変数が独立であることを検定します。
- 2つの変数のうち、Xが所与である場合、カイ2乗統計量は、Y変数の分布がXの全水準で同じであることを検定します。

表7.5 「検定」レポートの説明

N	オブザベーションの合計数。
自由度	検定に関係する自由度。 自由度は $(c - 1)(r - 1)$ に等しくなります。cは列数、rは行数です。
(-1)*対数尤度	対数尤度の符号を逆にしたもの。適合度や不確定性を表す指標です(連続尺度の応答変数における平方和と同じような指標です)。
R2乗(U)	全体の不確定性のうち、モデルによって説明される割合。 <ul style="list-style-type: none">R^2が1のときは、カテゴリカルな応答が因子によって完全に予測できることを意味します。R^2が0ということは、標本全体で応答確率が一定であることに比べて、モデルを使っても予測が向上しないことを意味しています。 <p>詳細は、「「検定」レポートの統計的詳細」(223ページ) を参照してください。</p>
検定	「すべての標本グループにおいて、応答確率は等しい」という仮説を検定する2種類のカイ2乗検定。詳細は、「 「検定」レポートの統計的詳細 」(223ページ) を参照してください。

表7.5 「検定」レポートの説明（続き）

p 値 (Prob>ChiSq)	X変数とY変数の間に関係が存在しないときに、まったくの偶然だけで、現在のカイ2乗値より大きなカイ2乗値を得る確率。両方の変数が2水準しかない場合は、Fisherの正確検定も実行されます（両側検定と片側検定のp値が表示されます）。
---------------------	--

Fisher の正確検定

このレポートには、 2×2 分割表に対する Fisher の正確検定の結果が表示されます。 2×2 分割表の場合は、Fisher の正確検定が自動的に実行されます。 2×2 および $r\times c$ 分割表に対する Fisher の正確検定の詳細については、「[正確検定](#)」（209 ページ）を参照してください。

割合の平均分析

応答変数が2水準である場合、このオプションによって、X変数の水準ごとの応答の割合を、割合の全体平均と比較できます。この方法では、二項分布に対する正規近似を計算に用いているため、標本サイズが小さすぎる場合は、警告が表示されます。

注：平均分析法の解説については、Nelson, Wludyka, and Copeland (2005) を参照してください。分散の平均分析 (ANOMV) 法の解説については、Wludyka and Nelson (1997) を参照してください。

表7.6 「割合の平均分析」のオプションの説明

有意水準の設定	分析に使用する α 水準を選択します。
要約レポートの表示	X変数の水準ごとに、応答変数の割合と決定限界を表示します。このレポートには、決定限界を超過しているかどうかも示されます。
応答水準の切り替え	分析に使用する応答変数のカテゴリを変更します。
表示オプション	【決定限界の表示】、【決定限界の陰影の表示】、【中心線の表示】、【点のオプション】の各オプションがあります。

関連情報

- 「[割合の平均分析の例](#)」（210 ページ）

対応分析

対応分析は、度数表の中から度数のパターンが似ている行や列を見つけるための手法です。対応分析のグラフでは、各行と各列につき1つの点がプロットされます。水準数が多く、モザイク図から有用な情報を引き出すのが難しい場合は、対応分析が有効です。

対応分析プロットの理解

行ごとの割合、つまり、行内にある度数をその行の合計度数で割ったものを、**行プロファイル**と言います。2つの行の行プロファイルが似ているとき、対応分析のグラフにおいて、それらの行を表す点は互いに近い位置にあります。プロットにおける2点間の平方距離は、「カイ2乗距離」という2行の等質性を示す距離を近似したものです。

列プロファイルも、行プロファイルと同じように定義され、同じように解釈できます。行の点と列の点の距離には意味がありませんが、原点からの方向には意味があり、その関係を見ることでプロットを解釈できます。

「対応分析」のオプション

「対応分析」の横にある赤い三角ボタンをクリックし、表示されるメニューのオプションを使用して、三次元散布図を作成したり、データテーブルに列プロパティを追加したりすることができます。

表7.7 「対応分析」のオプションの説明

三次元対応分析	三次元散布図を作成します。
値の順序を各列に保存	対応分析における第1次元のスコアで値を並べた順序が、X列とY列の「値の順序」列プロパティに保存されます。

「詳細」レポート

「詳細」レポートは、対応分析の統計情報をまとめたもので、プロットに使われている値をリストしています。

表7.8 「詳細」レポートの説明

特異値	分割表の特異値分解。式については、「 対応分析の特異値について 」(224ページ) を参照してください。
慣性	特異値の平方。各次元で説明できる相対的な変動を反映しています。
割合	合計慣性に対する各慣性の割合。
累積	慣性の割合の累積。最初の2つの特異値が慣性のほとんどを捉えているときは、2次元の対応分析プロットで、表内に存在する関係を十分に示すことができます。
X変数 (チーズ) c1、c2、c3	対応分析プロット上に表示される値 (図7.11)。
Y変数 (評価)、c1、c2、c3	対応分析プロット上に表示される値 (図7.11)。

関連情報

- 「[対応分析の例](#)」(211ページ)

Cochran-Mantel-Haenszel 検定

Cochran-Mantel-Haenszel 検定では、3つ目の分類変数で層別したときに、2つのカテゴリカル変数の間に関係が見られるかどうかを調べます。

表7.9 Cochran-Mantel-Haenszel 検定の説明

スコアの相関	X と Y のいずれかも、順序尺度か間隔尺度であるときに使います。対立仮説は、層別変数の少なくとも1つの層において、X と Y の間に線形関係があるというものです。
X 間でのスコア比較	Y が順序尺度か間隔尺度であるときに使います。対立仮説は、層別変数の少なくとも1つの層において、ある列の行スコアの平均が、他の列の行スコアの平均と異なるというものです。
Y 間でのスコア比較	X が順序尺度か間隔尺度であるときに使います。対立仮説は、層別変数の少なくとも1つの層において、ある行の列スコアの平均が、他の行の列スコアの平均と異なるというものです。
カテゴリの一般連関	層別変数の少なくとも1つの水準で、X と Y の間に何らかの関連があることを検定します。

関連情報

- 「Cochran-Mantel-Haenszel 検定の例」(215ページ)

一致性的統計量

2変数の水準がまったく同じ場合には、[一致性的統計量] オプションが使用できます。このオプションは、カッパ統計量 (Agresti 1990) の算出と、Bowkerの対称性検定を行います。カッパ統計量に対しては、標準誤差、信頼区間、仮説検定が計算されます。

この節で紹介しているカッパ統計量と p 値は近似値ですが、正確な値も計算できます。正確な計算については、「[正確検定](#)」(209ページ) を参照してください。

表7.10 「一致性的統計量」レポートの説明

カッパ	カッパ統計量。
標準誤差	カッパ統計量の標準誤差。
下側 95%	カッパ統計量の下側信頼区間。
上側 95%	カッパ統計量の上側信頼区間。
p 値(Prob>Z)	カッパ統計量の片側検定の p 値。「カッパ統計量が0である」という帰無仮説を検定します。

表7.10 「一致性的統計量」レポートの説明（続き）

p 値 (Prob> Z)	カッパ統計量の両側検定の p 値。
カイ2乗	分割表の対称性に対する Bowker 検定の検定統計量です。Bowker 検定の帰無仮説は、「分割表における確率が対称性である（すべてのセルにおいて $p_{ij}=p_{ji}$ である）」というものです。なお、X と Y が2水準の場合、Bowker 検定は、McNemar 検定と等しくなります。
p 値 (Prob>ChiSq)	Bowker 検定の p 値。

関連情報

- 「[一致性的統計量] オプションの例」(217ページ)
- 「[一致性的統計量] オプションの統計的詳細」(222ページ)

相対リスク

分割表が2×2表である場合、[相対リスク] オプションを選択すると、リスク比が計算されます。レポートには信頼区間も表示されます。この手法の詳細は、Agresti (1990) の3.4.2節で説明されています。

[相対リスク] オプションを選択すると、「相対リスクカテゴリの選択」ウィンドウが開きます。1対の応答と因子について、または、応答と因子のすべての組み合わせについて相対リスクを計算することができます。

関連情報

- 「[相対リスク] オプションの例」(218ページ)

割合の2標本検定

分割表が2×2表である場合、割合の差に対する信頼区間も計算できます。また、信頼区間に相当する検定も計算されます。

表7.11 「割合の2標本検定」レポートの説明

説明	行われている検定の種類。
割合の差	X 变数の2水準における割合の差。
下側 95%	割合の差に対する両側信頼区間の下限。この信頼区間は、調整を伴った Wald 法によって計算されています。
上側 95%	割合の差に対する両側信頼区間の上限。この信頼区間は、調整を伴った Wald 法によって計算されています。
調整済み Wald 検定	両側検定と片側検定を示します。

表7.11 「割合の2標本検定」レポートの説明（続き）

p 値	検定の p 値。
対象となる応答<変数> のカテゴリ	検定で使用する応答の水準を選択します。

関連情報

- 「割合の2標本検定の例」（219ページ）

関連の指標

【関連の指標】オプションを選択すると、分割表の変数間における関連を示す、複数の指標が計算されます。

関連の指標の詳細については、次の文献を参考にしてください。

- Brown and Benedetti (1977)
- Goodman and Kruskal (1979)
- Kendall and Stuart (1979)
- Snedecor and Cochran (1980)
- Somers (1962)

表7.12 「関連の指標」レポートの説明

ガンマ	順序関係が一致するペアと一致しないペアの個数から計算される相関係数です。同順位のペアは無視します。-1から1の値を取ります。
Kendallのタウ-b	ガンマに似ていますが、同順位のペアに対して、修正が行われます。-1から1の値を取ります。
Stuartのタウ-c	ガンマに似ていますが、表のサイズによる調整、および、同順位のペアに対する修正が行われます。-1から1の値を取ります。
SomersのD	<p>Kendallのタウ-bに、非対称性の修正を加えた指標です。</p> <ul style="list-style-type: none">• 「C R」は、行変数Xを独立変数、列変数Yを従属変数とすることを示します。• 同様に、「R C」は、列変数Yを独立変数、行変数Xを従属変数とすることを示します。 <p>SomersのDは、同順位のペアに対する修正を、独立変数の同順位に対してだけ行うという点で、タウ-bとは異なります。-1から1の値を取ります。</p>

表7.12 「関連の指標」レポートの説明（続き）

非対称ラムダ	<ul style="list-style-type: none"> 「非対称ラムダ (C R)」は、行変数Xで列変数Yを予測したときに、予測的中率がどれくらい向上するかを示します。 「非対称ラムダ (R C)」は、列変数Yから行変数Xを予測したときに、予測的中率がどれくらい向上するかを示します。 <p>0から1の値を取ります。</p>
対称ラムダ	2つの非対称ラムダ係数の平均のような指標です。0から1の値を取ります。
不確実性係数	<ul style="list-style-type: none"> 「不確実性係数 (C R)」は、行変数Xによって説明される列変数Yの不確実性の割合を示します。 「不確実性係数 (C R)」は、列変数Yによって説明される列変数Xの不確実性の割合を示します。 <p>0から1の値を取ります。</p>
不確実性係数(対称)	上記2つの不確実性係数を、対称性をもつように変えた指標です。0から1の値を取ります。

各推定値、および、その標準誤差と信頼区間が表示されます。次の点を念頭に置いてください。

- ガンマ、Kendallのタウ-b、Stuartのタウ-c、SomersのDは、X変数の増加に伴い、Y変数も増加する傾向にあるかどうかを示す順序的な関係を示す指標です。これらの統計量は、順序関係の一致するペアと一致しないペアの個数から計算されます。データのペアにおいて、X値がより大きい方が、Y値もより大きくなっているペアを、「順序関係が一致するペア」と言います。逆に、X値が大きい方が、Y値が小さくなっているペアを「順序関係が一致しないペア」と言います。これらの指標は、両変数が順序尺度の場合だけに適しています。
- ラムダおよび不確実性係数は、順序尺度と名義尺度の変数に適しています。

関連情報

- [「\[関連の指標\] オプションの例」\(220ページ\)](#)

Cochran-Armitage の傾向検定

Cochran-Armitage の傾向検定は、順序変数の水準間における二項割合の傾向を調べます。この検定は、片方の変数が2水準の変数で、もう一方が順序変数の場合にだけ適切な検定です。2水準の変数が応答変数、順序尺度の変数が説明変数として扱われます。帰無仮説は「割合の傾向がない」、つまり、「説明変数の全水準において二項割合が同じ」というものです。

この節で紹介している検定統計量とp値は近似値です。正確な傾向検定も実行できます。詳細については、[「正確検定」\(209ページ\)](#)を参照してください。

関連情報

- 「Cochran-Armitage の傾向検定の例」(221 ページ)

正確検定



次の表では、「分割表」プラットフォームで実行できる3つの正確検定について説明します。

表 7.13

Fisher の正確検定	<p>$r \times c$ 分割表に対する Fisher の正確検定を実行します。この検定は、2変数の関連を調べます。Fisher の正確検定は、行和および列和を固定して、超幾何分布を用いて p 値を求めます。</p> <p>この検定は大標本近似ではありません。標本サイズが小さい場合や、度数が 0 のセルがある場合など、尤度比検定や Pearson 検定では妥当な結果が得られないときに適しています。</p> <p>レポートには次の情報も表示されます。</p>
表の確率(P)	現在、観測されている表が生じる確率。検定の p 値ではありません。
両側 p 値(Prob≤P)	両側検定の p 値。
正確 Cochran-Armitage 傾向検定	2x2 分割表の場合、Fisher の正確検定が自動的に実行されます。「検定」(202 ページ) を参照してください。
正確一致性検定	正確な Cochran-Armitage 傾向検定を実行します。この検定は、いずれかの変数が 2 水準である場合にのみ実行できます。傾向検定の詳細については、「Cochran-Armitage の傾向検定」(208 ページ) を参照してください。
2 变数間の一致性に対する正確検定	2 变数間の一致性に対する正確検定を実行します。これはカッパ統計量に対する正確検定です。2 变数の水準がまったく同じである場合にのみ実行できます。一致性検定の詳細については、「一致性の統計量」(205 ページ) を参照してください。

「分割表」プラットフォームのその他の例

ここでは、「分割表」プラットフォームのオプションを使った例をさらに紹介します。

割合の平均分析の例

この例では、「Office Visits.jmp」サンプルデータを使用します。このデータには、ある地域の6つの診療所において、予約どおりの時間に患者が診察できたかどうかが記録されています。6つの診療所ごとに、1週間分のデータから、60の診察予約データを無作為抽出しました。予約時間から5分以内に診察室に通された場合には、定刻どおりの診察とみなします。予約時間どおりに診察を受けた患者の割合を調べてみましょう。

1. 「Office Visits.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [二変量の関係] を選びます。
3. 「時間どおり」を選択し、[Y, 目的変数] をクリックします。
4. 「診療所」を選択し、[X, 説明変数] をクリックします。
5. 「度数」を選択し、[度数] をクリックします。
6. [OK] をクリックします。
7. 「分割表に対する分析」の横にある赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [割合の平均分析] を選択します。
8. 「割合の平均分析」の横にある赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [要約レポートの表示] および [応答水準の切り替え] を選択します。

図7.9 割合の平均分析の例



図7.9は予約時間どおりに診察を受けた患者の割合を、診療所ごとに示しています。図7.9のような正規分位点プロットが描かれます。

- 予約時間どおりに受診できた割合が一番高いのは、診療所Fです。診療所Bがそれに次いでいます。
- 診療所Dは、予約時間どおりに受診できた割合が一番低く、診療所Aがそれに次いでいます。
- 診療所CとEは平均に近く、決定限界を超えていません。

対応分析の例

この例では、「Cheese.jmp」サンプルデータを使用します。このデータは、Newellによるチーズの試食試験の結果で、McCullagh and Nelder (1989) で取り上げられています。試験では、4種類のチーズ添加物ごとに、9段階評価の度数が記録されました。

- 「Cheese.jmp」データテーブルを開きます。
- 【分析】>【二変量の関係】を選びます。
- 「評価」を選択し、【Y, 目的変数】をクリックします。
「評価」は、1（最下位）から9（第1位）までを範囲としています。
- 「チーズ」を選択し、【X, 説明変数】をクリックします。
「A」、「B」、「C」、「D」はチーズの4つの添加物を表します。
- 「度数」を選択し、【度数】をクリックします。
- 【OK】をクリックします。

図7.10 チーズデータのモザイク図

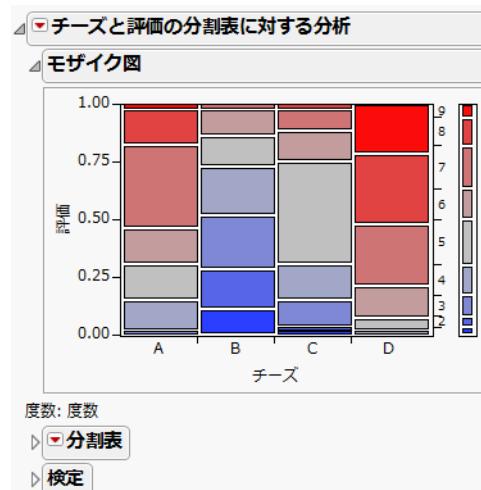


図7.10のモザイク図を見ると、分布はそれぞれ異なるようですが、9つも水準があるのでモザイク図だけでは傾向が読みません。このようなときは、対応分析が役立ちます。

7. 対応分析プロットを表示するには、「分割表に対する分析」の横にある赤い三角ボタンをクリックし、[対応分析] を選択します。

図7.11 対応分析プロットの例

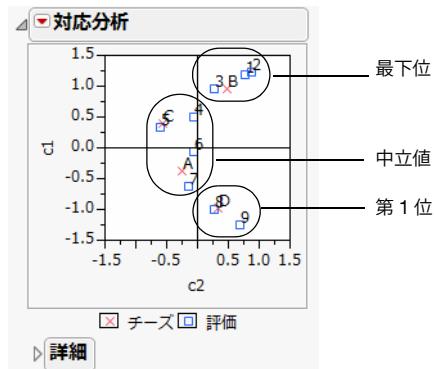


図7.11は、対応分析をグラフ化したもので、軸にはc1とc2という名前が付いています。上の例で、次の点に注意してください。

- c1は、全体的な満足度に対応しているようです。c1軸の上部に1（最下位）、下部に9（第1位）という評価が分布しています。
- c2は、チーズA・Cと、チーズB・Dを区別する軸になっているようです。
- チーズDは、評価が8と9である割合が、他よりも高くなっています。
- チーズBは、評価が1、2、3である割合が、他よりも高くなっています。
- チーズCとAは、4、5、6、7という中間的な評価を得ています。

8. 「対応分析」の横にある赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [三次元対応分析] を選択します。

図7.12 三次元散布図の例

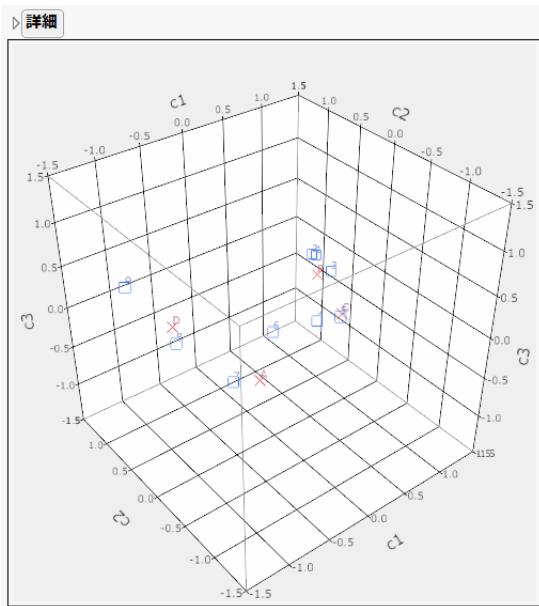


図7.12のような正規分位点プロットが描かれます。

- c1軸を見ると、評価1から評価9までが、正から負に並んでいます。
- c2軸を見ると、AとCが0の右側（正）、BとDが0の左側（負）に位置しています。
- c1は全体的な満足度を表しています。c2は、チーズA・CとチーズB・Dを区別する何らかの軸になっているようです。

対応分析の例2

この例では、電子メールの送受信を記録した「Mail Messages.jmp」サンプルデータを使用します。時刻、送信者、受信者のデータが記録されています。電子メールの送信者と受信者のパターンを調べてみましょう。

1. 「Mail Messages.jmp」サンプルデータテーブルを開きます。
2. 「分析」 > 「二変量の関係」 を選びます。
3. 「受信者」を選択し、[Y, 目的変数] をクリックします。
4. 「送信者」を選択し、[X, 説明変数] をクリックします。
5. [OK] をクリックします。
6. 「分割表」の横にある赤い三角ボタンをクリックし、メニューで [度数] 以外のすべてのオプションの選択を解除します。

図7.13 電子メールデータの分割表分析



度数表を見ると、次のことがわかります。

- 「Jeff」は、他の全員にメールを送っていますが、メールを受け取ったのは「Michael」だけからです。
- 「Michael」と「John」は、他の人よりずっと多くメールを送っています。
- 「Michael」は、全員にメールを送っています。
- 「John」は、「Jeff」以外の全員にメールを送っています。
- 「Katherine」と「Ann」は、「Michael」と「John」だけにメールを送っています。

分割表の結果を対応分析でグラフ化してみます。「分割表に対する分析」の横にある赤い三角ボタンをクリックし、メニューから「対応分析」を選択します。

図7.14 電子メールデータの対応分析

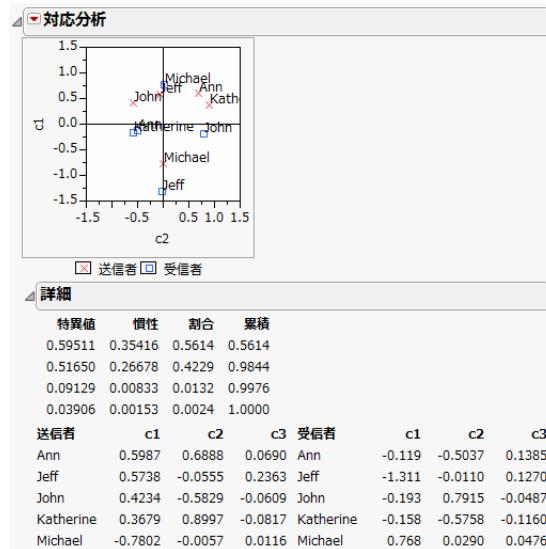


図7.14の「詳細」レポートから、次のことがわかります。

- 「割合」列を見ると、メールの送信パターンに見られる変動のうちほとんど (56% + 42%) が、受信者と送信者のグループを表す「c1」と「c2」で捉えられています。
- 「c1」と「c2」の対応分析プロットを作成すれば、メールグループの分布について、次のようなパターンが判明します。
 - 「Katherine」と「Ann」の送受信パターンは似ています。二人とも、「Michael」と「John」にメールを送り、「Michael」、「John」、「Jeff」からメールを受け取っています。
 - 「Jeff」と「Michael」は、第2次元の座標はほぼ同じですが、送受信パターンは異なっています。「Jeff」は全員にメールを送り、「Michael」だけからメールを受け取っているのに対し、「Michael」は全員にメールを送り、全員からメールを受け取っています。
 - 他の人とパターンが違うのは、「John」です。「John」は「Ann」、「Katherine」、「Michael」にメールを送り、全員からメールを受け取っています。

Cochran-Mantel-Haenszel 検定の例

この例では、「Hot Dogs.jmp」サンプルデータを使用します。ホットドッグに関して、タイプと味の関係を調べてみましょう。

- 「Hot Dogs.jmp」サンプルデータを開きます。
- 【分析】>【二変量の関係】を選びます。
- 「タイプ」を選択し、【Y, 目的変数】をクリックします。
- 「味」を選択し、【X, 説明変数】をクリックします。

5. [OK] をクリックします。
6. 「分割表に対する分析」の横にある赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [Cochran-Mantel-Haenszel 検定] を選択します。
7. 層別変数として「脂肪に対する蛋白質の比率」を選択し、[OK] をクリックします。

図 7.15 Cochran-Mantel-Haenszel 検定の例

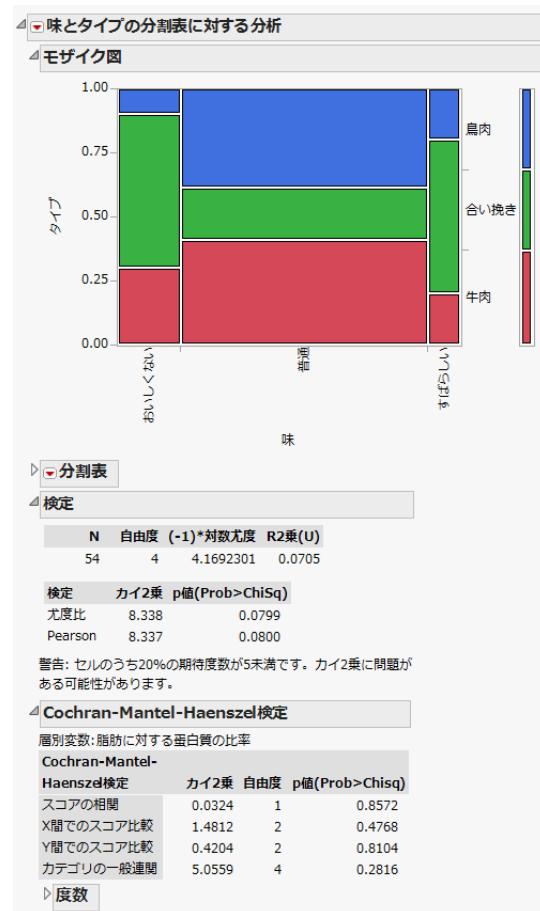


図 7.15 からは次のようなことがわかります。

- 「検定」レポートを見ると、Pearson のカイ 2 乗検定に対する p 値は 0.0800 で、5% よりは少し大きいですが、ホットドッグの「味」と「タイプ」の間に何らかの関係があるかもしれないことを示唆しています。
- 一方、「Cochran-Mantel-Haenszel 検定」レポートを見ると、「脂肪に対する蛋白質の比率」で層別化した場合、「味」と「タイプ」における一般的な連関性に対する p 値は、0.2816 と、5% よりもかなり大きくなっています。

[一致性の統計量] オプションの例

この例では、「Attribute Gauge.jmp」サンプルデータを使用します。3人の判定者が50個の部品をそれぞれ3回評価した結果が記録されています。判定者AとBの関係を調べてみましょう。

1. 「Attribute Gauge.jmp」サンプルデータテーブルを開きます。
2. [分析] > [二変量の関係] を選びます。
3. 「A」を選択し、[Y, 目的変数] をクリックします。
4. 「B」を選択し、[X, 説明変数] をクリックします。
5. [OK] をクリックします。
6. 「分割表に対する分析」の横にある赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [一致性の統計量] を選択します。

図7.16 「一致性の統計量」レポートの例

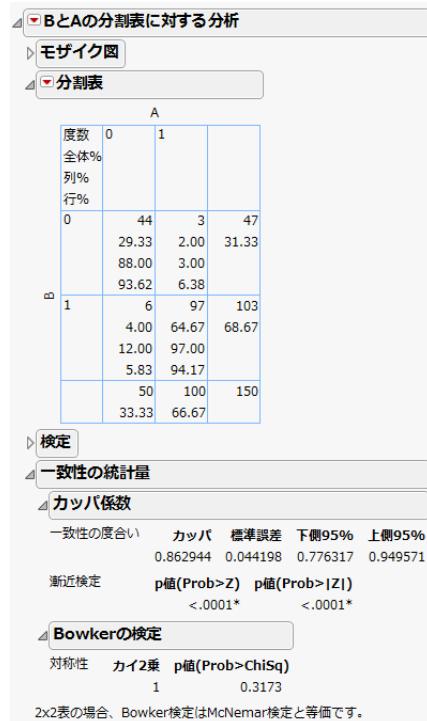


図7.16を見ると、一致性の統計量は0.86と、1に近い大きな値となっています。また、そのp値は<.0001と小さくなっています。分割表を見ても、対角線上における度数が大きく、一致性が高いことを裏付けています。2名の評価者が同じ評価をしている場合（つまり、ともに0と評価するか、または、ともに1と評価している場合）、一致性の統計量は大きくなります。

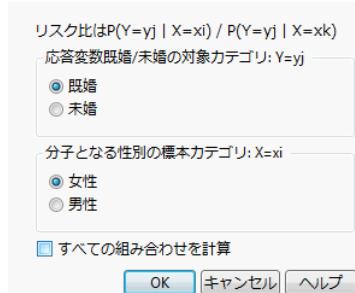
[相対リスク] オプションの例

この例では、「Car Poll.jmp」サンプルデータを使用して、調査対象者における性別ごとの既婚の割合を調べてみます。

1. 「Car poll.jmp」サンプルデータテーブルを開きます。
2. [分析] > [二変量の関係] を選びます。
3. 「既婚/未婚」を選択し、[Y, 目的変数] をクリックします。
4. 「性別」を選択し、[X, 説明変数] をクリックします。
5. [OK] をクリックします。
6. 「分割表に対する分析」の横にある赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [相対リスク] を選択します。

「相対リスクカテゴリの選択」ウィンドウが表示されます。

図7.17 「相対リスクカテゴリの選択」 ウィンドウ



「相対リスクカテゴリの選択」 ウィンドウについて、次の点を確認してください。

- 1 対の応答と因子についてのみ相対リスクを計算するには、このダイアログボックスで対象の変数を指定します。たとえば、図7.17のウィンドウで [OK] をクリックすると、次のように計算されます。
$$\frac{P(Y = \text{既婚} | X = \text{女性})}{P(Y = \text{既婚} | X = \text{男性})}$$
- 応答と因子のすべての組み合わせ ($2 \times 2 = 4$) について相対リスクを計算するには、[すべての組み合わせを計算] チェックボックスをオンにします。図7.18を参照してください。
- 7. [すべての組み合わせを計算] チェックボックスをオンにして、すべての組み合わせについて計算を行います。他のすべての設定はデフォルト値のままにしておきます。

図7.18 「相対リスク」レポートの例



次の手順に従って、相対リスクがどのように計算されているのか確認してみましょう。

1. 「相対リスク」レポートの最初の項目 ($P(\text{既婚}|\text{女性})/P(\text{既婚}|\text{男性})$) を調べます。
2. $P(\text{既婚女性})$ および $P(\text{既婚男性})$ といった確率は、分割表に表示されています。これらの確率は、分割表では、女性および男性の各行における、既婚の「行%」に相当します。

$$P(\text{既婚}|\text{女性}) = 0.6884$$

$$P(\text{既婚}|\text{男性}) = 0.6121$$

したがって、計算式は次のようにになります。

$$P(\text{既婚}|\text{女性})/P(\text{既婚}|\text{男性}) = \frac{0.6884}{0.6121} = 1.1247$$

割合の2標本検定の例

この例では、「Car Poll.jmp」サンプルデータを使用して、女性と男性について既婚者の割合を調べてみましょう。

1. 「Car Poll.jmp」サンプルデータテーブルを開きます。
2. 「分析」 > 「二変量の関係」 を選びます。
3. 「既婚/未婚」を選択し、「Y, 目的変数」をクリックします。
4. 「性別」を選択し、「X, 説明変数」をクリックします。
5. 「OK」をクリックします。

6. 「分割表に対する分析」の横にある赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [割合の2標本検定] を選択します。

図7.19 「割合の2標本検定」レポートの例



この例では、女性と男性で既婚者の割合を比較します。「分割表」の「行%」で次の値を確認します。

$$P(\text{既婚}|\text{女性}) = 0.6884$$

$$P(\text{既婚}|\text{男性}) = 0.6121$$

2つの割合の差は 0.0763 で、これがレポートの「割合の差」に表示されています。割合の差に対する両側信頼区間は、[-0.03175, 0.181621] となっています。この信頼区間に対応した修正 Wald 法による両側検定の p 値は、0.1686 となっています。

[関連の指標] オプションの例

この例では、「Car Poll.jmp」サンプルデータを使用して、女性と男性について既婚者の割合を調べてみましょう。

- 「Car poll.jmp」サンプルデータテーブルを開きます。
- 【分析】>【二変量の関係】を選びます。
- 「既婚/未婚」を選択し、【Y, 目的変数】をクリックします。
- 「性別」を選択し、【X, 説明変数】をクリックします。

5. [OK] をクリックします。
6. 「分割表に対する分析」の横にある赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [関連の指標] を選択します。

図7.20 「関連の指標」レポートの例



指標	値	標準誤差	下側95%	上側95%
ガンマ	0.1667	0.1184	-0.0654	0.3987
Kendallのタウ-b	0.0795	0.0570	-0.0321	0.1911
Stuartのタウ-c	0.0757	0.0543	-0.0307	0.1821
SomersのD (C R)	0.0763	0.0547	-0.0309	0.1835
SomersのD (R C)	0.0828	0.0593	-0.0335	0.1991
非対称ラムダ(C R)	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
非対称ラムダ(R C)	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
対称ラムダ	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
不確実性係数(C R)	0.0049	0.0070	0.0000	0.0186
不確実性係数(R C)	0.0046	0.0066	0.0000	0.0176
不確実性係数(対称)	0.0047	0.0068	0.0000	0.0181

分析の対象である変数（性別と既婚/未婚）が名義尺度なので、ラムダと不確実性係数を使用します。いずれの値も小さくなっているので、関連性は弱いようです。

Cochran-Armitage の傾向検定の例

1. 「Car poll.jmp」サンプルデータテーブルを開きます。

この検定の目的に合わせて、「サイズ」を順序尺度に変更します。

2. 「列」パネルで、「サイズ」の横にあるアイコンを右クリックし、[順序尺度] を選択します。
3. [分析] > [二変量の関係] を選びます。
4. 「性別」を選択し、[Y, 目的変数] をクリックします。
5. 「サイズ」を選択し、[X, 説明変数] をクリックします。
6. [OK] をクリックします。
7. 「分割表に対する分析」の横にある赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [Cochran-Armitage の傾向検定] を選択します。

図7.21 「Cochran-Armitageの傾向検定」レポートの例



両側検定のp値(0.7094)は大きい値になっています。このことから、各サイズの車両を購入する男性と女性の割合には関係があるとは結論できません。

「分割表」プラットフォームの統計的詳細

ここでは、「分割表」プラットフォームのいくつかの統計手法の詳細について説明します。

[一致性の統計量] オプションの統計的詳細

2名の評価者が、 n 個の対象を判定したとします。2人の判定者の判定が完全に一致している場合は、カッパ係数が1になります。観測された一致が、偶然によって一致する期待値を上回ると、カッパ係数は正の値になります。カッパ係数が大きいほど、一致性の高いことを示します。実際にはほとんどあり得ませんが、観測された一致が、偶然によって一致する期待値を下回ると、カッパは負になります。カッパ係数の最小値は、周辺度数に応じて-1から0までの間の値を取ります。

カッパ統計量は、次式により計算されます。

$$\hat{\kappa} = \frac{P_0 - P_e}{1 - P_e} \text{ この式で } P_0 = \sum_i p_{ii} \text{ および } P_e = \sum_i p_{i.} p_{.i}$$

単純なカッパ係数の漸近分散は、次のような推定式で計算されます。

$$\text{var} = \frac{A + B - C}{(1 - P_e)^2 n} \text{ この式で } A = \sum_i p_{ii} [1 - (p_{i.} + p_{.i})(1 - \hat{\kappa})]^2, B = (1 - \hat{\kappa})^2 \sum_{i \neq j} \sum_{i \neq j} p_{ij} (p_{i.} + p_{.i})^2 \text{ および}$$

$$C = [\hat{\kappa} - P_e(1 - \hat{\kappa})]^2$$

Fleiss, Cohen, and Everitt (1969) を参照してください。

対称性に対する Bowker 検定は、「分割表における確率が対称である ($p_{ij} = p_{ji}$ である)」という帰無仮説を検定します。

[オッズ比] オプションの統計的詳細

オッズ比は次の式で計算されます。

$$\frac{p_{11} \times p_{22}}{p_{12} \times p_{21}}$$

上の式で、 p_{ij} は 2×2 分割表の第*i*行第*j*列の度数です。

「検定」レポートの統計的詳細

R2乗(U)

R2乗(U)は次の式で計算されます。

$$\frac{\text{モデルの} \langle -1 \rangle^* \text{対数尤度}}{\text{全体の修正済み} \langle -1 \rangle^* \text{対数尤度}}$$

分母の「 $\langle -1 \rangle^*$ 対数尤度」は、標本全体において応答確率が一定であるモデルのものです。

検定

次の2種類の検定が行われます。

「尤度比」カイ2乗検定の検定等計量は、「検定」レポートに表示されている「 $\langle -1 \rangle^*$ 対数尤度」を2倍した値です。この「 $\langle -1 \rangle^*$ 対数尤度」は、グループごとに応答確率をあてはめたモデルの対数尤度から、標本全体において応答確率が一定であるモデルの対数尤度を引いたものです。尤度比カイ2乗値は、 G^2 という記号で示されることがあり、次式で求めます。

$$G^2 = 2 \left[\sum_{ij} (-n_{ij}) \ln(p_j) - \sum_{ij} -n_{ij} \ln(p_{ij}) \right] \text{この式で, } p_{ij} = \frac{n_{ij}}{N} \text{ および } p_j = \frac{N_j}{N}$$

この式は簡略に次式のようにも表せます。

$$G^2 = 2 \sum_i \sum_j n_{ij} \ln \left(\frac{n_{ij}}{e_{ij}} \right)$$

「Pearson」カイ2乗検定の検定統計量は、各セルにおける観測度数と期待度数の差の平方和から計算されます。Pearsonのカイ2乗検定は、大標本では度数が正規分布に従う傾向にあるという性質を用いています。Pearsonのカイ2乗統計量を算出するには、次式がよく知られています。

$$\chi^2 = \sum \frac{(O - E)^2}{E}$$

上式において、Oはセルの観測度数、Eはセルの期待度数です。和記号は、すべてのセルの合計を表しています。 2×2 分割表に対してときどき採用されている連続修正は、JMPでは行っていません。

対応分析の特異値について

対応分析の「詳細」レポートに表示される特異値は、次の行列の特異値です。

$$D_r^{-0.5} (P - rc^t) D_c^{-0.5}$$

ここで、

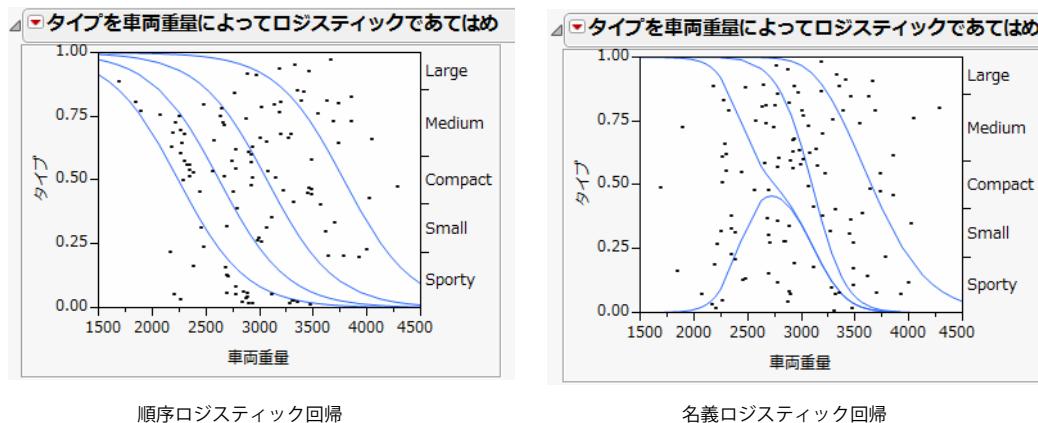
- P は、各セルの度数を合計度数で割ったものを要素としてもつ行列。
- r は P の行和。 c は P の列和。
- D は、 r と c を対角要素とする対角行列。

ロジスティック分析 カテゴリカルなY変数と連続尺度のX変数の関係を調べる

「ロジスティック」プラットフォームは、カテゴリカルな応答変数（Y）の確率を、連続尺度の説明変数（X）にあてはめます。モデルをあてはめた結果、各X値における応答変数の確率を予測する式が作成されます。「ロジスティック」プラットフォームは、「二変量の関係」プラットフォームのうち、応答変数が名義尺度もしくは順序尺度で、説明変数が連続尺度の場合に実行される分析です。応答変数が名義尺度のときには名義ロジスティック回帰、順序尺度のときには順序ロジスティック回帰が行われます。

- 名義ロジスティック回帰では、応答変数の値ごとに、各値が生じる確率のロジスティック曲線が計算されます。
- 順序ロジスティック回帰では、応答変数の値が与えられた値以下になる確率がモデル化されます。そのため、ロジスティック曲線は1つだけ計算され、それを水平に移動させることですべての順序カテゴリの確率が推定されます。このモデルは、名義ロジスティックよりも複雑でなく、順序尺度の応答変数に適しています。

図8.1 ロジスティック回帰の例



目次

ロジスティック回帰の概要	227
名義ロジスティック回帰	227
順序ロジスティック回帰	227
名義ロジスティック回帰の例	228
「ロジスティック」プラットフォームの起動	230
「ロジスティック」レポート	231
ロジスティックプロット	232
反復	232
モデル全体の検定	232
パラメータ推定値	234
「ロジスティック」プラットフォームのオプション	235
ROC曲線	236
確率の計算式の保存	237
逆推定	237
ロジスティック回帰のその他の例	238
順序ロジスティック回帰の例	238
ロジスティックプロットの例2	239
ROC曲線の例	241
十字ツールを使用した逆推定の例	242
[逆推定] オプションを使用した逆推定の例	243
「ロジスティック」プラットフォームの統計的詳細	245
「モデル全体の検定」レポートの統計的詳細	245

ロジスティック回帰の概要

ロジスティック回帰は古くから普及している手法で、医薬品開発における用量反応データや、マーケティングの購買選択など、いろいろな分野で応用されています。非常に単純な手法であるにもかかわらず、初步的な統計の授業では残念ながらあまり取り上げられません。ロジスティック回帰の文献 (Hosmer and Lemeshow 1989) のほかに、多くのカテゴリカル分析のテキスト (Agresti 1998) で取り上げられています。正規分布の分布関数を使用する手法もあり、その場合の分析はプロビット分析と言います。また、同じ状況でも、カテゴリカル変数を X、連続変数を Y として考えて、ロジスティック回帰ではなく判別分析を行う人もいます。判別分析では、連続量のデータが固定された説明変数ではなく正規分布に従ったランダムな応答であると仮定されます。

単純ロジスティック回帰は、「モデルのあてはめ」プラットフォームで行われるカテゴリカル応答の分析を、単純かつグラフィカルにしたもので、より複雑なロジスティック回帰モデルについては、『基本的な回帰モデル』を参照してください。

名義ロジスティック回帰

名義ロジスティック回帰では、ある水準に応答変数がなる確率を、説明変数の滑らかな関数によって表します。あてはめた確率は 0~1 の間をとります。また、説明変数のある値に対する確率を、すべての応答変数の水準で合計すると、1 になります。

ロジスティック確率プロットでは Y 軸が確率を表します。応答変数の水準数を k とすると、 $k - 1$ 本の滑らかな曲線が作成され、それによって合計確率 (1) が応答水準ごとに分割されます。ロジスティック回帰のあてはめでは、「観測された応答データが生じる確率の自然対数」を合計した値の符号を逆にしたものが最小化されます。この推定方法を「最尤法」と呼びます。

順序ロジスティック回帰

Y が順序尺度の場合、順序性を考慮したロジスティック回帰が行われます。応答変数が特定の水準以下になる累積確率がロジスティック曲線で表されます。どの水準に対しても曲線の形状は同じで、ただ水平方向に位置がずれているだけです。

順序ロジスティックモデルでは、応答変数の水準数を r としたとき、累積ロジスティック曲線の $r - 1$ 個の異なる切片を推定しますが、傾きは 1 つです。実際に必要になることはまずありませんが、各パラメータ推定値を個別に検定することも可能です。

順序モデルは計算されるパラメータが名義モデルより少ないため、適切であれば順序モデルを使用した方が効率的です。特に、順序尺度の応答変数に水準が何百もあるときに適しています。

名義ロジスティック回帰の例

この例では、「Penicillin.jmp」サンプルデータを使用します。このデータは、ウサギを12匹ずつ5群に分け、連鎖球菌を注入した実験から得たものです。体内に連鎖球菌が認められたウサギに対して、用量を変えてペニシリソウを投与します。ウサギの治癒率に対して、用量の自然対数（「Ln用量」）が効果を持つかどうかを調べます。

1. 「Penicillin.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [二変量の関係] を選びます。
3. 「反応」を選択し、[Y, 目的変数] をクリックします。
4. 「Ln用量」を選択し、[X, 説明変数] を選択します。

「度数」が自動的に [度数] に設定されます。これは、[度数] の役割が、あらかじめ「度数」列に割り当てられているためです。

5. [OK] をクリックします。

図8.2 名義ロジスティックのレポートの例



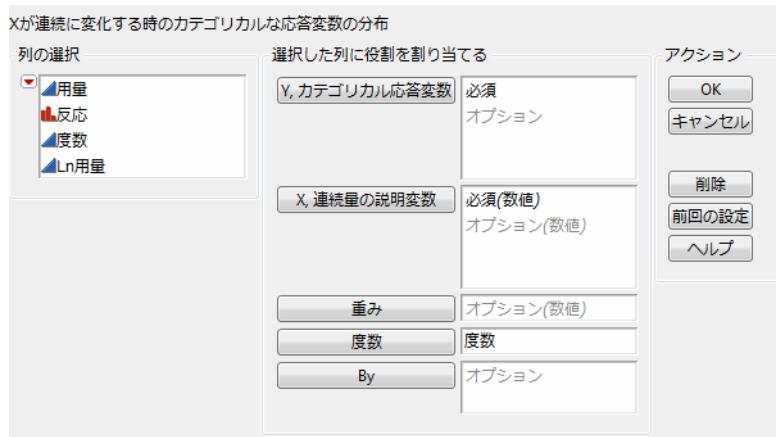
あてはめられたモデルを示すグラフが作成されます。治癒の予測確率が「Ln用量」の関数として表示されます。p値は統計的に有意で、「薬の用量は、ウサギが治癒する確率に影響している」と結論できます。

「ロジスティック」プラットフォームの起動

ロジスティック分析は、「二変量の関係」または「ロジスティック」プラットフォームで実行できます。どちらを使用しても結果は同じです。

- 「二変量の関係」プラットフォームを起動するには、[分析] > [二変量の関係] を選択します。
または
- 「ロジスティック」プラットフォームを起動するには、「JMPスター」ウィンドウのカテゴリリストで [基本統計] をクリックし、[ロジスティック] をクリックします。

図8.3 「ロジスティック」起動ウィンドウ



この起動ウィンドウの詳細については、「[「二変量の関係」プラットフォームの概要](#)」(87ページ) の章を参照してください。

「ロジスティック」レポート

図8.4は、「名義ロジスティック回帰の例」(228ページ)の手順に従って作成したものです。

図8.4 「ロジスティック」レポートの例



「ロジスティック」レポートウィンドウには、ロジスティックプロット、「反復回数」レポート、「モデル全体の検定」レポート、「パラメータ推定値」レポートが表示されます。

注: 赤い三角ボタンをクリックするとメニューが開き、最初に表示されるレポートウィンドウに情報を追加するための各種オプションが表示されます。「「ロジスティック」プラットフォームのオプション」(235ページ)を参照してください。

ロジスティックプロット

ロジスティックプロットを見ると、ロジスティック回帰の全体像を把握できます。Xのそれぞれの値において、応答変数のカテゴリごとの確率にY軸が区切られています。曲線と曲線の間の縦方向の間隔が確率を表し、すべてのYカテゴリにわたって確率を合計すると1になります。

プロットで使われている変数は、ドラッグ＆ドロップ操作によって、別の変数に置き換えることができます。X軸とY軸の変数を入れ替えるには、一方の軸の変数をドラッグし、他方の軸の上にドロップします。また、データテーブルの他の変数に置き換えるには、「列」パネルで該当する変数をクリックし、プロットの軸上でドラッグします。

関連情報

- 「ロジスティックプロットの例2」(239ページ)

反復

「反復回数」レポートには、各反復計算とモデルの収束判定基準が表示されます。「反復回数」は名義ロジスティック回帰の場合にのみ表示されます。

モデル全体の検定

「モデル全体の検定」レポートには、「データ全体で応答確率が一定である」と仮定したときよりも、現在のモデルがどれくらい良くあてはまっているかが示されます。このレポートは、連続尺度の応答に対する分散分析表に相当します。ここでは、モデルがデータを説明しているかどうかが、カイ2乗近似の尤度比検定で検定されます。観測された確率の自然対数を取り、その合計の符号を逆にしたものが「(-1)*対数尤度」です。カテゴリカルな応答における「(-1) * 対数尤度」は、連続尺度の応答における平方和に相当します。現在のモデルの「(-1) * 対数尤度」から、全体で確率が一定であると仮定したモデルの「(-1) * 対数尤度」を引いた差を2倍したものが、ここでの尤度比検定のカイ2乗統計量です。この尤度比検定は、「X変数が応答変数に対して、まったく効果を持たない」という帰無仮説を検定します。

「R2乗(U)」(R^2) は0~1の値を取ります。モデルのあてはまりがよい場合は R^2 値が高い値になりますが、カテゴリカルなモデルでは高い値になることはほとんどありません。

表8.1 「モデル全体の検定」の説明

モデル	<ul style="list-style-type: none">「縮小」モデルは、切片だけを含むモデルです。
（「要因」ともいう）	<ul style="list-style-type: none">「完全」モデルは、すべての効果と切片を含むモデルです。「差」は、完全モデルと縮小モデルの対数尤度の差です。
自由度	モデルに関係する自由度。

表8.1 「モデル全体の検定」の説明（続き）

(-1)* 対数尤度	データの変動やばらつきを表す指標。 不確定性 ともいう。 「完全」（完全モデル）は、あてはめたモデルの「(-1)* 対数尤度」（不確定性）です。ロジスティック回帰では、線形式をロジスティック変換して、確率が予測されます。この予測された確率から計算される不確定性が最小になるように、モデルがあてはめられます。 「縮小」（縮小モデル）は、応答確率が全体で一定であると仮定し、応答全体の割合で応答確率を推定したときの「(-1)* 対数尤度」（不確定性）です。これは、モデルに効果がないときの不確定性を表します。 上の2つの「(-1)* 対数尤度」の差は、モデルがあてはめた結果生じた対数尤度の減少で、それに2を掛けた値が尤度比カイ2乗です。
カイ2乗	尤度比カイ2乗。「応答確率が標本全体で一定であるとしたときよりも、モデルの適合度は良いわけではない」という帰無仮説を検定する値です。これは「差」の「(-1)* 対数尤度」を、2倍したものです。つまり、あてはめたモデルの対数尤度から、標本全体で応答確率が一定であるとしたモデルの対数尤度を引いた差を、2倍したものです。 詳細は、「 「モデル全体の検定」レポートの統計的詳細 」（245ページ）を参照してください。
p 値 (Prob>ChiSq)	カイ2乗検定の観測有意確率 (p 値)。これは、まったくの偶然だけで、現在のカイ2乗値よりも大きいカイ2乗値を得る確率です。通常、p 値が0.05よりも小さないとモデルが有意だと考えられます。
R2乗(U)	不確定性のうちモデルのあてはめに起因する部分。 説明変数が応答に対して効果を持たないという仮説を検定するには、次の2つの数値の差を調べます。 <ul style="list-style-type: none">あてはめたモデルの対数尤度水平線のモデル（切片だけのモデル）の対数尤度 詳細は、「 「モデル全体の検定」レポートの統計的詳細 」（245ページ）を参照してください。
AICc	修正済みの赤池の情報量規準 (Corrected AIC)。
BIC	ベイズ情報量規準。
オブザベーション (または重みの合計)	計算に使用したすべてのデータの標本サイズ。ただし、重み変数を指定した場合は、重みの合計です。

表8.1 「モデル全体の検定」の説明（続き）

指標	次の適合度指標が表示されます。
	エントロピー R2乗 あてはめたモデルの対数尤度と、切片だけのモデルの対数尤度を比較します。
	一般化 R2乗 R2乗を、一般化した指標です。正規分布に従う連続尺度の応答変数に対する通常のR2乗に相当します。エントロピーR2乗に似ていますが、対数尤度ではなく尤度の $2/n$ 乗根が計算に使われています。
	平均 -Log p $-\log(p)$ の平均。pは、実際に発生したイベントの確率の予測値です。
	RMSE 誤差の標準偏差。応答とp（実際に発生したイベントの確率の予測値）の差を示します。
	平均 絶対偏差 応答とp（実際に発生したイベントの確率の予測値）の差の絶対値の平均。
	誤分類率 確率の予測値が最も大きい応答カテゴリが、観測されたカテゴリではない確率。
	[エントロピー R2乗] と [一般化 R2乗] は、1に近いほど適合度が良いことを示します。[平均 -Log p]、[RMSE]、[平均 絶対偏差]、[誤分類率] は、値が小さいほど、適合度が良いことを示します。
学習	適合度指標の値。
定義	適合度指標の定義式。

パラメータ推定値

名義ロジスティックモデルでは、応答水準の数を k としたとき、 $k-1$ 個の比較ごとに切片と傾きのパラメータがあてはめられます。「パラメータ推定値」レポートには、次のような推定値が表示されます。実際に必要になることはまずありませんが、各パラメータ推定値を個別に検定することも可能です。

表8.2 「パラメータ推定値」レポートの説明

項	ロジスティックモデル内のパラメータ。応答変数の各水準（最後の水準を除く）における因子ごとに、切片と傾きが表示されます。
推定値	ロジスティックモデルで計算されたパラメータ推定値。
標準誤差	各パラメータ推定値の標準誤差。各項を0と比較する統計量の計算に使用されます。
カイ2乗	各パラメータが0であるという仮説を検定する Wald 検定。Wald のカイ2乗は（推定値/標準誤差） ² という式で計算されます。
p値(Prob>ChiSq)	カイ2乗検定の観測有意確率。



「パラメータ推定値」レポートウィンドウの詳細については、[ヘルプ] > [ドキュメンテーション] メニューにある『基本的な統計分析』PDF ファイルを参照してください。

推定値の共分散

パラメータ推定値の分散および共分散の推定値が表示されます。分散推定値の平方根は、「標準誤差」で表示される数値に一致します。

「ロジスティック」プラットフォームのオプション

注: Y変数を複数指定した場合は、[あてはめのグループ] メニューが表示されます。このメニューのオプションを使って、レポートの配置を変えたり、適合度の良い順に並べ替えたりできます。詳細については、『基本的な回帰モデル』を参照してください。

次の表では、「ロジスティックであてはめ」の赤い三角ボタンをクリックすると表示されるオプションについて説明します。

オッズ比	「パラメータ推定値」レポートにオッズ比を追加します。詳細については、『基本的な回帰モデル』を参照してください。 このオプションは、応答の水準数が2つの場合のみ使用できます。
逆推定	与えられたYの値からXの値を推定します。詳細は、「逆推定」(237ページ) を参照してください。 このオプションは、応答の水準数が2つの場合のみ使用できます。
ロジスティックプロット	ロジスティックプロットの表示／非表示を切り替えます。
プロットのオプション	「プロットのオプション」サブメニューには次のオプションが表示されます。 点の表示 点の表示／非表示を切り替えます。 応答率折れ線の表示 各X値に複数の点がある場合に役立つコマンドです。各X値のグループごとに応答の割合が計算されます。このように計算された応答の割合を、ロジスティック曲線と比較することができます。度数が少なくて応答の割合が0か1になってしまふグループが多数生じるのを防ぐため、点が3つ以上あるX値のグループに対してだけ、応答の割合は表示されます。 線の色 プロットの曲線の色を指定できます。
ROC曲線	受診者動作特性(ROC)曲線は、Xの値ごとに、「1-特異度」に対して感度をプロットしたものです。「ROC曲線」(236ページ) を参照してください。

リフトチャート

このコマンドを選択すると、リフトチャートが描画されます。リフトチャートは、ROC曲線と同じ情報を使って計算されますが、順序付けした情報の上位の部分に特に重点を置きます。Y軸には、予測確率が上位のグループにおいて、該当する応答水準をもつ割合がどれくらい高いかが、集団全体における割合に対する比として表示されます。リフトチャートの詳細については、『基本的な回帰モデル』を参照してください。

確率の計算式の保存

データテーブル内の新しい列に計算式が保存されます。「[確率の計算式の保存](#)」(237ページ) を参照してください。

スクリプト

このメニューには、すべてのプラットフォームに共通するスクリプト関連のコマンドがリストされています。分析をやり直すコマンド、分析のJSLコマンドをウィンドウやファイルに保存するコマンドなどがあります。詳細は、『[JMPの使用法](#)』を参照してください。

ROC曲線

ある疾患にかかっているかどうかを、次のように X の値によって診断するとします。

- X の値が特定の閾値より大きいときは、その疾患にかかっているとします。
- X の値が閾値より小さいときは、その疾患にかかっていないと診断するとします。

たとえば、特定の種類のガンを診断する検査では、ある血液成分の濃度を測定します。診断における閾値をいろいろな値に変更し、それに伴って変化した偽陽性率と偽陰性率をプロットしてみれば、診断の良し悪しが分かります。分析の目的は、真陰性と真陽性を最も高める X の基準値を求める 것입니다。受診者動作特性 (ROC) 曲線を見ると、これらの値がどれだけ急激に変化するかがわかります。理想的な診断では、ROC 曲線における曲線下の面積 (AUC: Area Under Curve) が大きくなります。

次の2つは、医学の分野で使用されている概念です。

- **感度** ある状態が存在しているときに、その状態が存在していることを、与えられた X の値によって（診断や基準値によって）正確に予測する確率。X の値が与えられているときに、状態が本当は存在しているのに存在していないと予測される確率は、「1-感度」です。
- **特異性** ある状態が存在していないときに、その状態が存在しないことを、診断によって正確に予測する確率。

受診者動作特性 (ROC) 曲線は、X の値ごとに、「1-特異度」に対して感度をプロットしたものです。ROC 曲線より下の面積 (AUC: Area Under Curve) は、曲線によって示唆された情報を要約するための指標として使用されます。

単純ロジスティック回帰の応答が2値の場合は、ROC 曲線コマンドがプラットフォームのポップアップメニューに表示されます。[ROC曲線] オプションを選択すると、どちらの水準を「陽性」にするかを指定するウィンドウが開きます。

検査による予測が完全であれば、1つの値を境にして、その上にすべての異常な標本値が位置し、下にすべての正常な値が位置するようになります。その場合、曲線は完璧な感度を持ち、グリッド上の(0,1)の点を通ります。ROC曲線がこの理想の点に近ければ近いほど、その判別能力は高くなります。逆に、予測することができない場合は、ROC曲線はグリッドの対角線上を通ります(DeLong, et al. 1988)。

ROC曲線は、偽陽性率と偽陰性率の関係をグラフ化したものです。関係は通常、レポートのプロットの下に表示される曲線下の面積(AUC)に基づいて評価されます。プロット内には、ROC曲線に接する45度の線が黄色で表示されます。黄色い線と曲線との交点は、偽陰性と偽陽性のコストが等しいと仮定したときに、コストが最小になる点を示しています。

関連情報

- [「ROC曲線の例」\(241ページ\)](#)

確率の計算式の保存

【確率の計算式の保存】 オプションを選択するとデータテーブルに新しい列が作成されます。これらのデータテーブル列には、次の情報が保存されます。

- X因子の線形結合式(ロジット)
- 各水準が生じる確率の予測式
- 最も生じる確率が高い応答変数の値を計算する予測式

逆推定

逆推定は予測の反対で、与えられたYの値からXの値を推定するものです。ただし、ロジスティック回帰では、Yの値ではなくYの1水準の確率を使います。逆推定は、応答のカテゴリが2つ(2値応答)の場合にしか機能しません。

「モデルのあてはめ」プラットフォームにも、逆推定の信頼限界を計算するオプションがあります。逆推定の詳細については、『[基本的な回帰モデル](#)』を参照してください。

関連情報

- [「十字ツールを使用した逆推定の例」\(242ページ\)](#)
- [「\[逆推定\] オプションを使用した逆推定の例」\(243ページ\)](#)

ロジスティック回帰のその他の例

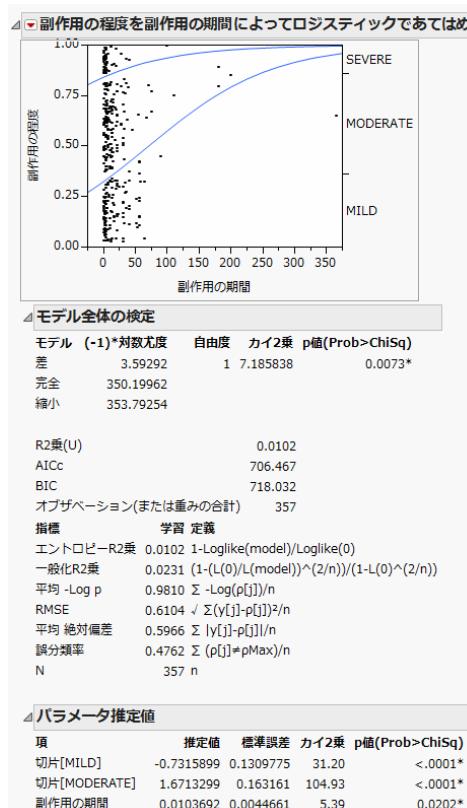
ここでは、ロジスティック回帰を使った例をさらに紹介します。

順序ロジスティック回帰の例

この例では、「AdverseR.jmp」サンプルデータを使用します。副作用の程度を、治療期間の関数として、順序ロジスティック回帰によりモデル化します。

1. 「AdverseR.jmp」サンプルデータを開きます。
2. 「副作用の程度」の左側のアイコンを右クリックし、順序尺度に変更します。
3. [分析] > [二変量の関係] を選びます。
4. 「副作用の程度」を選択し、[Y, 目的変数] をクリックします。
5. 「副作用の期間」を選択し、[X, 説明変数] をクリックします。
6. [OK] をクリックします。

図8.5 順序ロジスティックのレポートの例



このレポートの内容は、名義尺度のレポートと同様です。「「ロジスティック」レポート」(231ページ)を参照してください。

プロットにおける点のX座標は、データ値をそのまま反映しています。一方、点のY軸は、同じY値をもつデータをランダムに散らばせて表示しています。ランダムに散らばせることにより、点の間に間隔をあけ、各点を見やすくしています。

点の数が多いところでは曲線と曲線の間隔が広くなり、点の数が少ないとところでは曲線どうしが接近しています。データ点が曲線の間隔を押し広げる傾向にあるのは、確率の積が最大になるようにモデルが推定されるからです。つまり、混み合った点の確率が小さくならないように、曲線は求められています。計算の詳細については、『基本的な回帰モデル』を参照してください。

「モデル全体の検定」レポートと「パラメータ推定値」レポートの詳細については、「「ロジスティック」レポート」(231ページ)を参照してください。「パラメータ推定値」レポートを見ると、切片パラメータは最後の応答水準を除いたすべての水準について計算されていますが、傾きパラメータは1つしかありません。切片パラメータは応答水準間の間隔を示し、常に単調増加しています。

ロジスティックプロットの例2

この例では、「Car Physical Data.jmp」サンプルデータを使用して、ロジスティックプロットの例をもう1つ紹介します。「車両重量」によって、116台の車両のサイズ（「タイプ」）を予測するとしましょう。車両サイズは小さいものから順に、「Sporty」、「Small」、「Compact」、「Medium」、「Large」とします。

1. 「Car Physical Data.jmp」サンプルデータを開きます。
2. 「列」パネルで、「タイプ」の左側のアイコンを右クリックし、[順序尺度]を選択します。
3. 「タイプ」を右クリックし、[列情報]を選択します。
4. 「列プロパティ」メニューから [値の順序]を選択します。
5. 上から順に「Sporty」、「Small」、「Compact」、「Medium」、「Large」となるようにデータを移動します。
6. [OK]をクリックします。
7. [分析] > [二変量の関係] を選びます。
8. 「タイプ」を選択し、[Y, 目的変数]をクリックします。
9. 「車両重量」を選択し、[X, 説明変数]をクリックします。
10. [OK]をクリックします。

レポートウィンドウが表示されます。

図8.6 「タイプ」を「車両重量」によってロジスティックであてはめたプロットの例

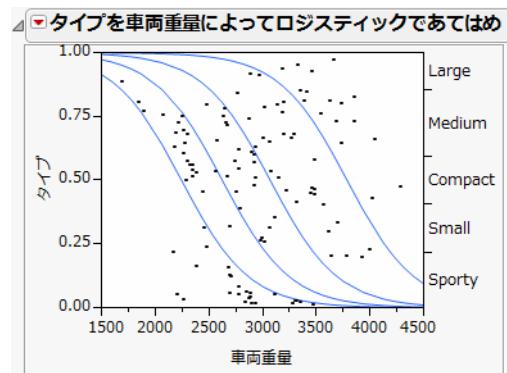
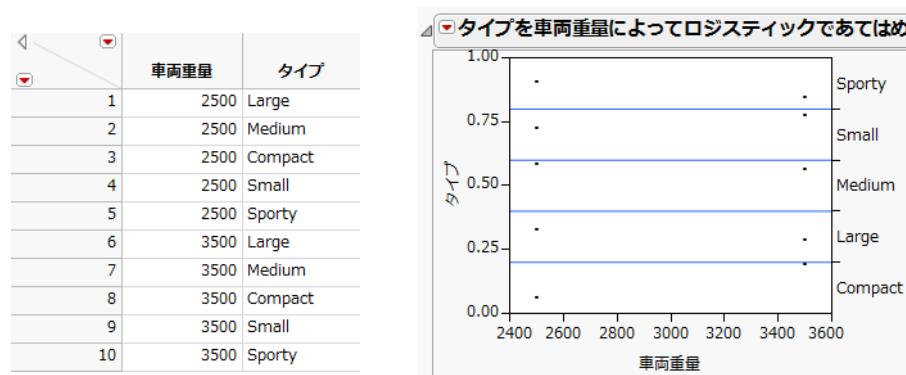


図8.6を見ると、次のことがわかります。

- 最初（一番下）の曲線は、所定の「車両重量」の車両が「Sporty」である確率を表しています。
- 2番目の曲線は、車両が「Small」または「Sporty」である確率を表しています。1番目と2番目の曲線の垂直距離が、車両が「Small」である確率です。
- プロットを見ると、予想どおり、重量が重い車両ほど「Large」である確率が高くなります。
- プロット上に描かれている点のX座標での位置はデータの値を反映していますが、Y軸方向では応答カテゴリの内側でランダムに散らばっています。

X変数が応答変数に対して効果を持たない場合はロジスティック曲線は水平になります。つまり、応答変数の各水準の確率が、説明変数の範囲全体にわたって一定になります。図8.7のロジスティックプロットが、ロジスティック曲線が水平となる例です。このような場合では、「タイプ」の確率を予測するのに、「車両重量」は役立ちません。

図8.7 予測が無意味なデータとロジスティックプロットの例

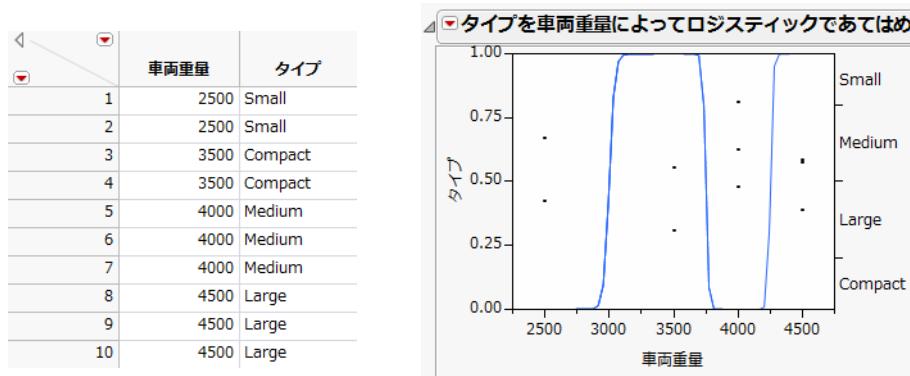


注：図8.7および図8.8のプロットを再現するには、図中のデータテーブルを作成してから、この節の冒頭で紹介した手順7～10を実行します。

説明変数の値から応答変数の値を完全に予測できる場合、ロジスティック曲線は事実上垂直になります。応答の予測値はどの説明変数の値においてもほぼ確か（確率がほとんど1）です。図8.8のロジスティックプロットでは、「車両重量」が「タイプ」をほぼ完全に予測しています。

注：この場合、パラメータ推定値が非常に大きくなり、回帰レポート上に「不安定」と表示されます。

図8.8 予測が完全となるデータとロジスティックプロット



ROC曲線の例

ROC曲線を表示するには、次の手順に従います。

1. 「Penicillin.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [二変量の関係] を選びます。
3. 「反応」を選択し、[Y, 目的変数] をクリックします。
4. 「Ln用量」を選択し、[X, 説明変数] を選択します。

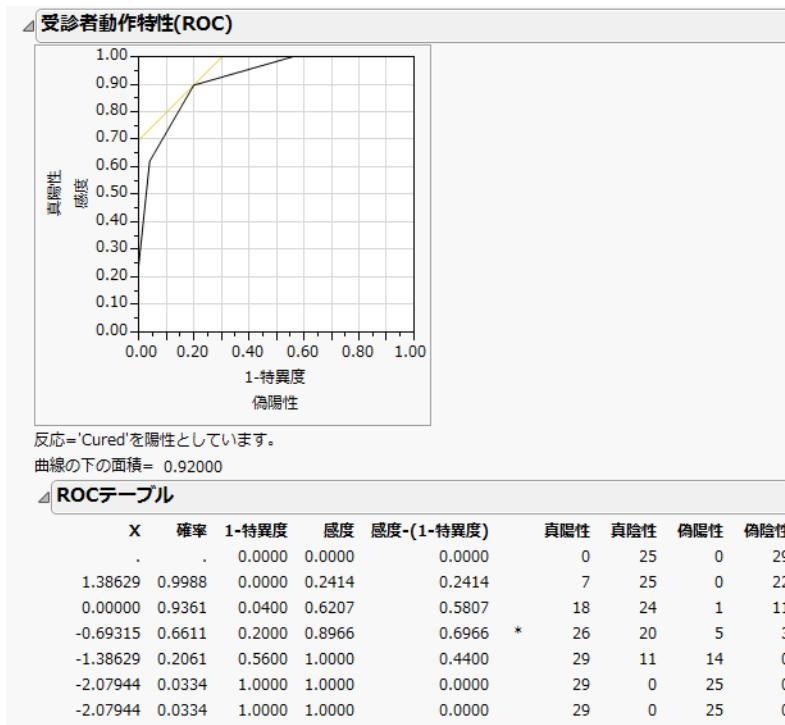
「度数」が自動的に「度数」に設定されます。これは、「度数」の役割が、あらかじめ「度数」列に割り当てられているためです。

5. [OK] をクリックします。
6. 赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [ROC曲線] を選択します。
7. 「Cured」を陽性として選択します。
8. [OK] をクリックします。

注：この例では、名義尺度の応答のROC曲線を示します。順序尺度のROC曲線の詳細については、『発展的なモデル』の対話的パーティショニングの章を参照してください。

この例では、「反応」を応答として、「Ln用量」を説明変数としています。応答を予測する確率が、前述した説明によって計算され、それらの結果に基づきROC曲線が描かれます。なお、「ROCテーブル」では、「感度 - (1 - 特異度)」が最も大きい行にアスタリスクが付けられます。

図8.9 ROC曲線と「ROCテーブル」の例



ROC曲線が対角線より明らかに上にあるため、モデルの予測能力は高いと言えます。

十字ツールを使用した逆推定の例

ウサギを用いた試験をもとに、50%の確率でウサギが治癒する投与量（の自然対数）を求めるとしています。治癒率が50%になるときの投与量は、ED50（Effective Dose 50）と呼ばれています。この例では、十字ツールを使用して、グラフ上で逆推定の大まかな値を求めてみます。

治癒率が50%となる「Ln用量」を求めるには、次の手順に従います。

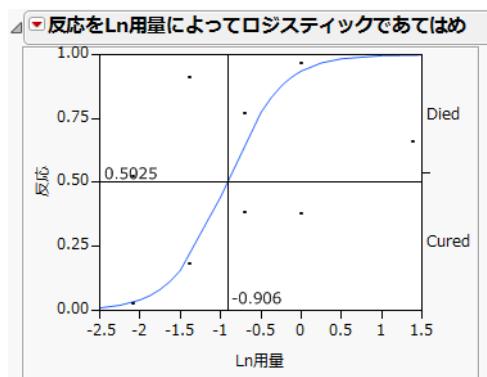
1. 「Penicillin.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [二変量の関係] を選びます。
3. 「反応」を選択し、[Y, 目的変数] をクリックします。
4. 「Ln用量」を選択し、[X, 説明変数] を選択します。

「度数」が自動的に【度数】に設定されます。これは、【度数】の役割が、あらかじめ「度数」列に割り当てられているためです。

5. 【OK】をクリックします。
6. 十字ツールをクリックします。
7. まず、縦軸（「反応」）が0.5となる位置に十字ツールを合わせ、次に、ロジスティック曲線との交点まで、カーソルを動かします。
8. 十字ツールのカーソルと、ロジスティック曲線が交わった点で、横軸における「Ln用量」の値を読みます。

この例では、「Ln用量」の値が約-0.9のときに、治癒率と致死率が等しくなります。

図8.10 ロジスティックプロット上の十字ツールの例



〔逆推定〕オプションを使用した逆推定の例

応答の水準が2つのときは、〔逆推定〕オプションを選択すれば正確な逆推定が計算されます。低い方の応答カテゴリが生じる確率に対するX値と、そのX値の信頼区間が求められます。

〔逆推定〕オプションを使用するには、次の手順に従います。

1. 「Penicillin.jmp」サンプルデータを開きます。
2. 【分析】>【二変量の関係】を選びます。
3. 「反応」を選択し、【Y, 目的変数】をクリックします。
4. 「Ln用量」を選択し、【X, 説明変数】を選択します。

「度数」が自動的に【度数】に設定されます。これは、【度数】の役割が、あらかじめ「度数」列に割り当てられているためです。

5. 【OK】をクリックします。
6. 赤い三角ボタンをクリックし、〔逆推定〕を選択します。図8.11を参照してください。
7. 「信頼水準」の入力ボックスに「0.95」と入力します。
8. 「信頼水準」のドロップダウンリストから「両側」を選択します。

9. 対象となる応答確率を指定します。この例では、「0.5」と「0.9」を入力します。つまり、治癒率が0.5と0.9であるときの「**Ln用量**」の値を求めます。

10. [OK] をクリックします。

逆推定プロットが表示されます。

図8.11 「逆推定」 ウィンドウ

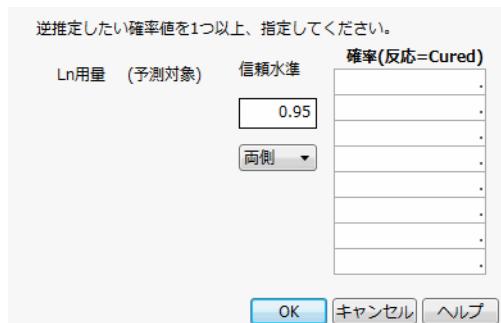
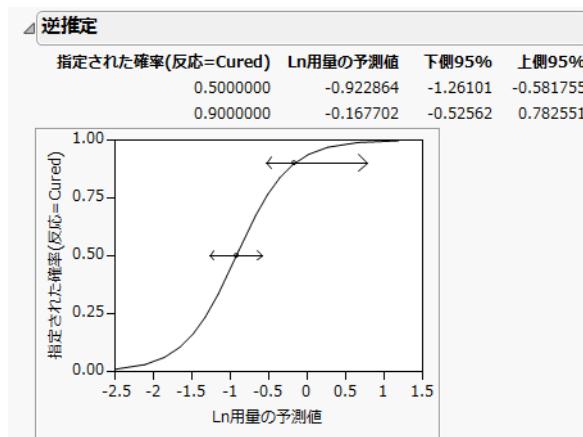


図8.12 逆推定プロットの例



Xの推定値と信頼区間がレポートと確率プロットに示されます。たとえば、治癒率が90%になるときの「Ln用量」の両側信頼区間は、-0.526から0.783までとなっています。

「ロジスティック」プラットフォームの統計的詳細

「モデル全体の検定」レポートの統計的詳細

カイ2乗

モデル全体に対する尤度比検定のカイ2乗統計量は、次式により計算されます。この統計量は、教科書では、ときどき、 G^2 という記号で表されています。

$$G^2 = 2(\sum -\ln p(\text{縮小モデル}) - \sum -\ln p(\text{モデル}))$$

ここでの総和は、すべてのオブザベーションに対する和を表しています。

R2乗(U)

縮小モデルの対数尤度に対するこの統計量の比が R^2 です。式では、次のように表されます。

$$\frac{\text{差の「(-1)*対数尤度」}}{\text{縮小モデルの「(-1)*対数尤度」}}$$

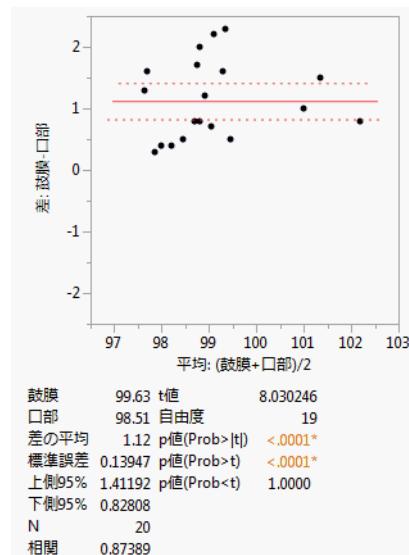
これらの統計量の値は、「モデル全体の検定」レポートに表示されています。

対応のあるペア分析 同一対象に関する測定値を比較する

「対応のあるペア」プラットフォームでは、相関がある2変数間の平均を比較し、その差を評価します。たとえば、同じ被験者から測定した、治療前後の血圧を比較します。応答に相関があることを考慮した統計手法として、対応のあるt検定が使用されます。

このプラットフォームでは、ペアの平均と差をプロットした散布図が描かれます。また、両側検定、下側の片側検定、上側の片側検定という3つの対立仮説に対する検定が実行されます。なお、3列以上の応答を指定すると、それらの組み合わせに対して、処理が行われます。また、グループ列を指定した場合、単純な反復測定分散分析モデルに基づき、検定が行われます。

図9.1 対応のあるペア分析の例



目次

「対応のあるペア」 プラットフォームの概要	249
対応のあるペアの比較例	249
「対応のあるペア」 プラットフォームの起動	250
複数のY列	251
「対応のあるペア」 レポート	251
「差」のプロットとレポート	252
グループ効果を含めた分析	252
「対応のあるペア」 プラットフォームのオプション	253
グループ効果を含めたペア比較の例	254
「対応のあるペア」 プラットフォームの統計的詳細	255
対応のあるペアのグラフ	255
応答の相関	256

「対応のあるペア」プラットフォームの概要

「対応のあるペア」プラットフォームは、行ごとの対応がある2つの応答変数を、対応のあるt検定によって比較します。対応のあるデータの例としては、同じ被験者で反復測定した処置前後データが挙げられます。また、同一の対象を、2つの異なる計器で測定したデータも該当します。

「対応のあるペア」プラットフォームを使用するには、応答データが2列に保存されていなければいけません。すべての測定値が1列に入っているときは、次のいずれかの操作を実行してください。

- [テープル] メニューの [列の分割] オプションで列を2つに分けます。その後、「対応のあるペア」プラットフォームを実行してください。
- 応答データが2列に含まれている場合には、まず、その差を計算する3つ目の列を作成し、次に、差の列の平均が0かどうかを「一変量の分布」プラットフォームで検定することでも、同じ分析を実行できます。
- 応答データが1列で保存されている場合は、2元配置分散分析でも、同じ分析を実行できます。1つの因子によって2つの応答のいずれであるかを、もう1つの因子によって各被験者を区別します。「二変量の関係」の「一元配置」プラットフォームでブロック変数（被験者の列）を指定するか、「モデルのあてはめ」プラットフォームで二元配置分散分析を実行します。応答を区別する因子に対する検定が、対応のあるt検定に一致します。

注: データに対応があるときは、対応のないt検定を行わないようにしてください。データを1列に積み重ね、ブロック変数を指定せずに、「二変量の関係」で一元配置分散分析を行うのは、適切ではありません。それは、応答の間にある相関を無視して検定を行うと、応答に負の相関がある場合には効果を過大評価し、応答に正の相関がある場合には効果を過小評価してしまうからです。

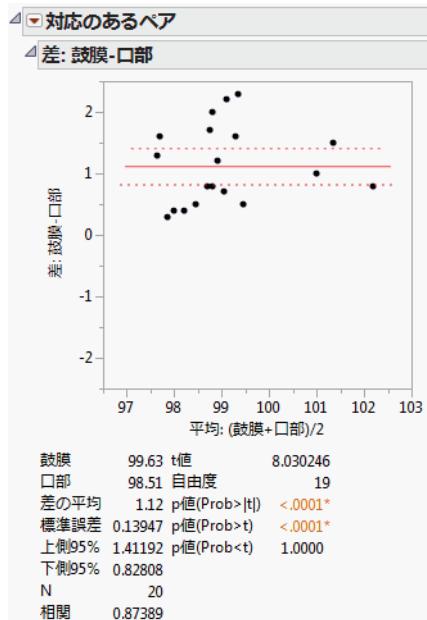
対応のあるペアの比較例

この例では、「Therm.jmp」サンプルデータを使用します。このデータには、20人の被験者に関して、口腔体温計と鼓膜体温計（耳式体温計）で計測した体温が記録されています。2種類の体温計で計測された体温が等しいかどうかを調べます。ここでは、被験者の個体差には興味がなく、2つの体温計における測定値の差に興味があります。

1. 「Therm.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [対応のあるペア] を選択します。
3. 「口部」と「鼓膜」を選択し、[Y, 対応のある応答] をクリックします。
4. [OK] をクリックします。

レポートウィンドウが表示されます。

図9.2 「対応のあるペア」レポートウィンドウ



この結果から、鼓膜体温計の方が口腔体温計に比べ、平均して1.12度高い測定値が得られることがわかります。「p値(Prob>|t|)」が小さい値であるため、この差は偶然の結果ではなく、統計的に有意と判断できます。

なお、この分析は、どちらの体温計が正しいかを判定するものではなく、体温計間に差があることを示しているにすぎません。

「対応のあるペア」プラットフォームの起動

「対応のあるペア」プラットフォームを起動するには、[分析] > [対応のあるペア] を選択します。

図9.3 「対応のあるペア」起動ウィンドウ

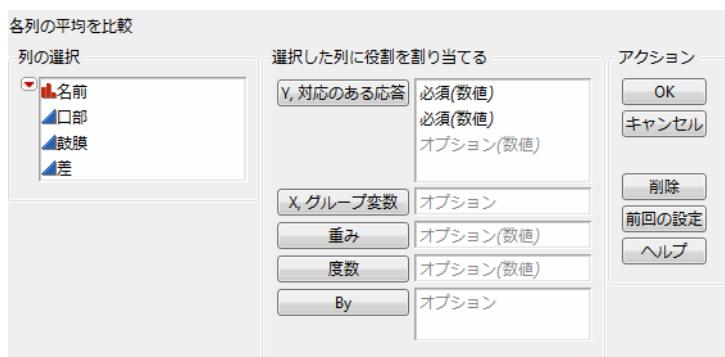


表9.1 「対応のあるペア」起動ウィンドウの説明

Y, 対応のある応答	2つの応答列を指定します。3つ以上の応答変数を分析する方法については、「複数のY列」(251ページ) を参照してください。
X, グループ変数	(オプション) グループ間の差を比較するためのグループ変数を指定します。詳細は、「グループ効果を含めた分析」(252ページ) を参照してください。
重み	(オプション) この役割を割り当てた列の数値は、分析において各行の重みとして使用されます。
度数	(オプション) この役割を割り当てた列の数値は、分析において各行の度数として使用されます。
By	(オプション) By変数の水準ごとに、個別に分析が行われます。

起動ウィンドウの詳細については、『JMPの使用法』を参照してください。

複数のY列

対応するペア分析では複数の応答変数を処理できます。応答変数の数が奇数の場合、可能な組み合わせがすべて分析対象となります。次の表は、応答変数の数が3つの場合の例を示しています。

Y1-Y2	Y1-Y3
	Y2-Y3

応答変数の数が偶数の場合は、可能な組み合わせをすべて分析するかどうかを確認するメッセージが表示されます。すべての組み合わせを分析しない場合は、隣接する応答変数をペアとして分析します。次の表は、応答変数の数が4つの場合の例を示しています。

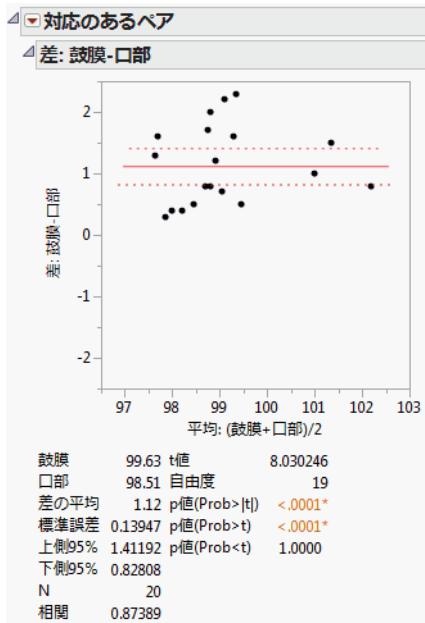
Y1-Y2	Y3-Y4

「対応のあるペア」レポート

「対応のあるペアの比較例」(249ページ) の手順に従って作業すると、図9.4のレポートウィンドウが作成されます。

「対応のあるペア」レポートには、Tukeyの差-平均プロット (Tukey difference-mean plot)、要約統計量、対応のあるt検定の結果が表示されます。「「差」のプロットとレポート」(252ページ) を参照してください。[X, グループ変数] を指定した場合は、「グループごと」レポートも表示されます。「グループ効果を含めた分析」(252ページ) を参照してください。

図9.4 「対応のあるペア」レポートの例



注：赤い三角ボタンをクリックするとメニューが開き、最初に表示されるレポートウィンドウにレポートを追加するための各種オプションが表示されます。「「対応のあるペア」プラットフォームのオプション」(253ページ) を参照してください。

「差」のプロットとレポート

「差」プロットには差と平均が表示されます。「差」プロットについて、次の点を確認してください。

- 水平線が平均の差を示し、その上下に95%信頼区間を表す点線が表示されています。0が信頼区間の中に挟まれている場合は、平均が0.05の水準において有意には異なることを意味します。この例では、信頼区間が0の水平線より上に位置しているため、差が有意であることがわかります。
- 参照枠を追加した場合は、ペアの平均は垂直線で表されます。参照枠の詳細については、「「対応のあるペア」プラットフォームのオプション」(253ページ) を参照してください。

「差」レポートには、各応答変数の平均、差の平均、差の信頼区間が表示されます。また、対応のあるt検定の結果も表示されます。

グループ効果を含めた分析

注：「グループごと」レポートは、[X, グループ変数] を指定した場合にのみ表示されます。

グループ効果を含めた分析は、単純な反復測定分析です。（「モデルのあてはめ」プラットフォームで「MANOVA」手法を使用して反復測定分析を行うと同じ結果が出ます。）

表9.2 「グループごと」レポートの説明

差の平均	対応のある2列の差を計算し、それらのグループ別平均を比較したものです。言い換えると、これは個体内因子と個体間因子の交互作用（一次因子と二次因子の交互作用）を表しています。
平均の平均	対応のある2列の平均を計算し、それらのグループ別平均を比較したものです。言い換えると、個体間因子（一次因子）の主効果を表しています。
グループ別検定	次の2つについて、グループごとの平均が異なるかを、F検定によって検定します。 <ul style="list-style-type: none">「差の平均」は、応答の差がグループによって異なるかどうかを検定します。「平均の平均」は、応答の平均がグループによって異なるかどうかを検定します。

関連情報

- 「[グループ効果を含めたペア比較の例](#)」(254ページ)

「対応のあるペア」プラットフォームのオプション

次の表では、「対応のあるペア」の赤い三角ボタンをクリックすると表示されるオプションについて説明します。

表9.3

平均値と差のプロット	「平均値と差」のプロットの表示／非表示を切り替えます。このプロットの詳細については、「 「差」のプロットとレポート 」(252ページ) を参照してください。
行ごとに差をプロット	「行番号ごとの差」のプロットの表示／非表示を切り替えます。
参照枠	「平均値と差」のプロットにおける参照枠の表示／非表示を切り替えます。この参照枠は、図中に傾いて表示される矩形です。参照枠は、かなり押しつぶされて表示される場合もあります。赤い縦線は、「平均の平均」を表します。参照枠は、差の範囲がデータ範囲の半分より大きい場合にはデフォルトで表示されます。
Wilcoxonの符号付順位検定	「Wilcoxonの符号付順位検定」の表示／非表示を切り替えます。これは、対応のあるt検定のノンパラメトリック版です。正の値を取る差と負の値を取る差の大きさを比較します。この検定では、差の分布が対称であると仮定します（Conover 1999の350ページを参照）。

表9.3 (続き)

符号検定	符号検定の表示／非表示を切り替えます。これは、対応のあるt検定のノンパラメトリック版です。差の符号（正負）だけを検定に使用します。
α 水準の設定	分析で使用する α 水準を変更します。レポートとプロット内の信頼区間に影響します。
スクリプト	このメニューには、すべてのプラットフォームに共通するスクリプト関連のコマンドがリストされています。分析をやり直すコマンド、分析のJSLコマンドをウィンドウやファイルに保存するコマンドなどがあります。詳細は、『JMPの使用法』を参照してください。

グループ効果を含めたペア比較の例

この例では、「Dogs.jmp」サンプルデータを使用して、「対応のあるペア」でグループを含めた分析と、「MANOVAのあてはめ」（「モデルのあてはめ」を使用）を用いる方法を紹介します。両者の検定結果は、同じです。

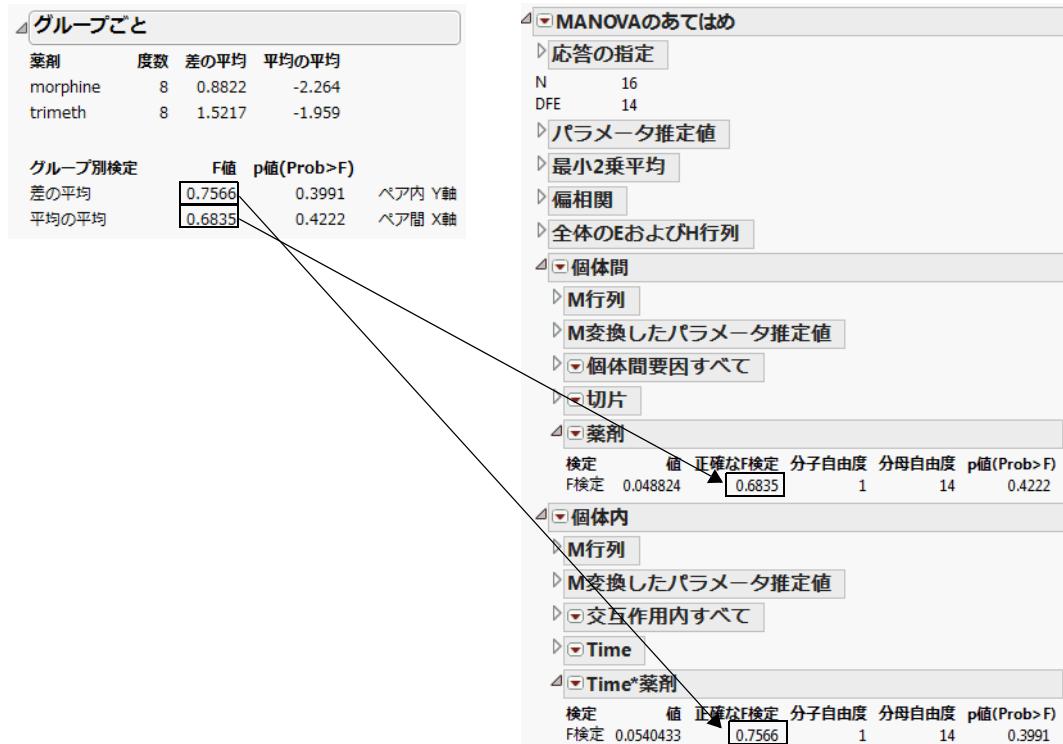
1. 「Dogs.jmp」データテーブルを開きます。
2. [分析] > [対応のあるペア] を選択します。
3. 「Log(ヒスタミン0)」と「Log(ヒスタミン1)」を選択し、[Y, 対応のある応答] をクリックします。
4. 「薬剤」を選択し、[X, グループ変数] をクリックします。
5. [OK] をクリックします。

図9.5の左側のレポートが表示されます。

次に、「モデルのあてはめ」で同じデータテーブルを使用してレポートを作成します。

1. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
2. 「Log(ヒスタミン0)」と「Log(ヒスタミン1)」を選択し、[Y] をクリックします。
3. 「薬剤」を選択し、[追加] をクリックします。
4. 「手法」から「MANOVA」を選択します。
5. [実行] をクリックします。
6. 「応答の指定」レポートで、[応答の選択] メニューから [反復測定] を選択します。
7. [OK] をクリックします。

図9.5 「対応のあるペア」の「グループごと」レポートと「モデルのあてはめ」の反復測定データに対するMANOVAレポートの例



「グループごと」レポートの「差の平均」の「F値」が、「個体内」レポートの「時間*薬剤」の「正確なF検定」の値に対応しています。「グループごと」レポートの「平均の平均」の「F値」が、「個体間」レポートの「薬剤」の「正確なF検定」の値に対応しています。

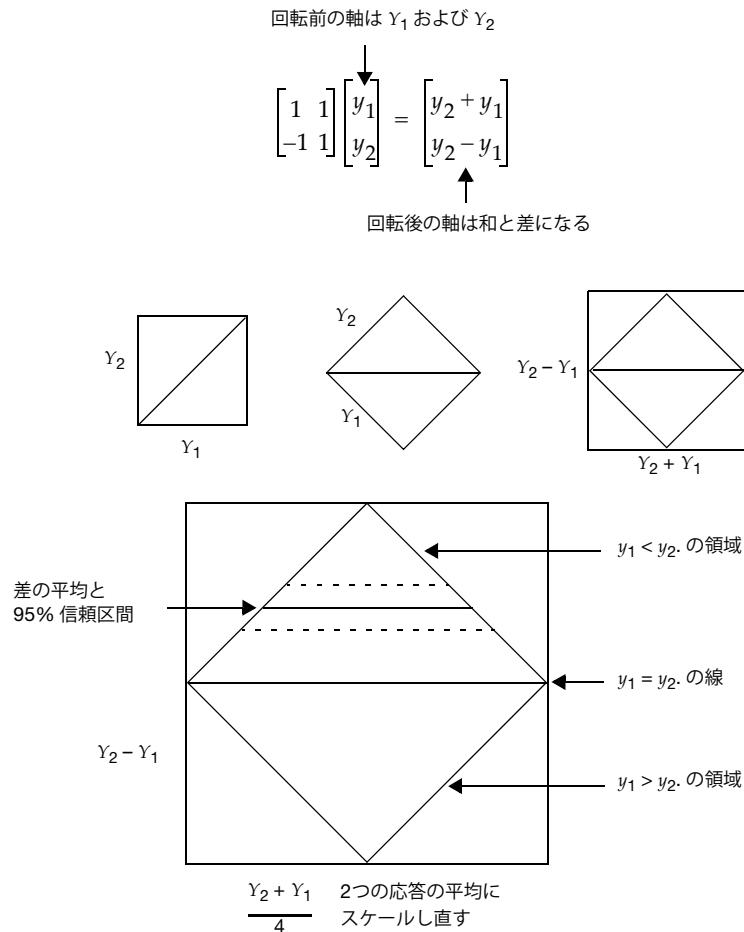
「対応のあるペア」プラットフォームの統計的詳細

ここでは、対応のあるペア分析の統計的詳細について説明します。

対応のあるペアのグラフ

このプラットフォームのグラフは、X軸に2変数の平均、Y軸に2変数の差をプロットしています。「Tukeyの平均-差プロット」(Tukey mean-difference plot)と呼ばれています(Cleveland 1994です)。これは、2変数の散布図を45度回転させたものと同じです。45度の回転と再スケールによって元の座標軸が差と平均に変換されます。

図9.6 45度の回転による差と平均への変換例

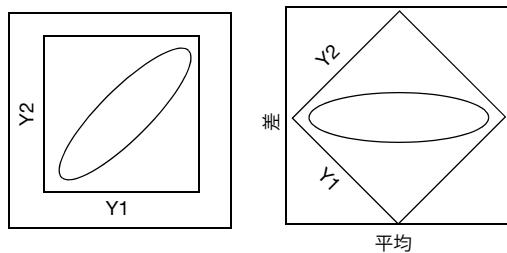


応答の相関

対応のあるデータが同じ個体から複数回にわたって測定されたものである場合は、多くの場合、正の相関があります。ただし、一方が他方を阻害する応答の場合などには、負の相関があるかもしれません。

図9.7は、2つの応答変数に正の相関があると差の分散（Y軸上）が小さくなることを示しています。負の相関があるときは橿円が反対の方向に伸び、回転させたグラフではY軸上での分散が大きくなります。

図9.7 回転前後の正の相関の例



ブートストラップ 標本再抽出によって統計量の分布を近似する

JMP
PRO

ブートストラップは、データから標本を何度も無作為抽出することにより、統計量の標本分布を近似する手法です。反復ごとに、データは複元抽出（重複抽出）され、抽出されたデータから統計量が計算されます。この計算を反復して、統計量の分布を求めます。

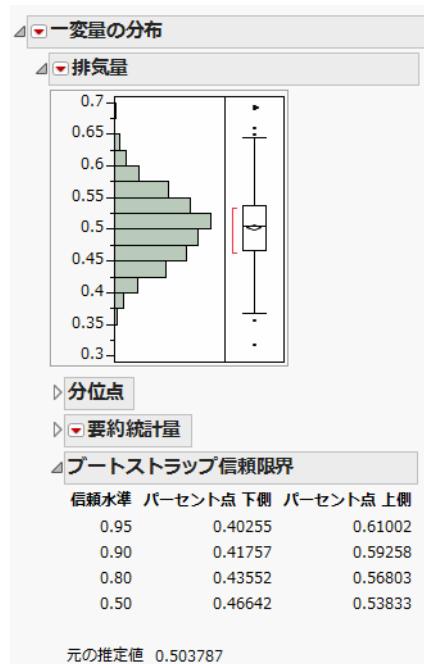
ブートストラップは、以下のような状況で、統計量（平均、標準誤差など）を推測するのに役立ちます。

- 統計量の標本分布を理論的に導出するのが複雑であるか、不明である
- 推測を行うための仮定が満たされないため、パラメトリックな推測が行えない

JMPのブートストラップは、各行が互いに独立なデータを分析するプラットフォームで実行できます。

「ブートストラップ」オプションは、通常の赤い三角ボタンのコマンドではなく、レポートの表を右クリック（コンテキストクリック）すると呼び出されるメニューに用意されています。

図10.1 ブートストラップで作成される分布の例



目次

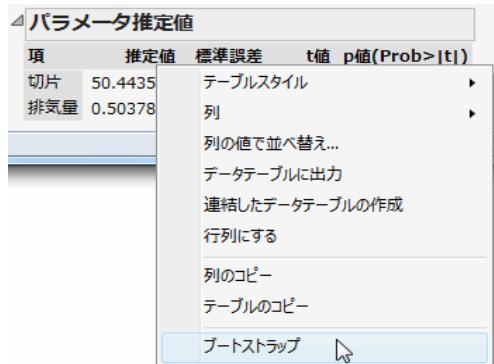
ブートストラップの例	261
ブートストラップ分析の実行	262
「ブートストラップ」 ウィンドウのオプション	262
結果を積み重ねたテーブル	263
結果を積み重ねていないテーブル	264
作成した統計量データの分析	264

ブートストラップの例

あるタイヤメーカーが、エンジンの排気量 (in³) からエンジンの馬力を予測しようとしています。2つの変数には直線関係があるとし、傾きについて推測するとなります。直線の傾きがわかれれば、排気量の増加に伴う、馬力の増加が分かります。

1. 「Car Physical Data.jmp」サンプルデータテーブルを開きます。
2. 【分析】 > 【二変量の関係】 を選びます。
3. 「馬力」に [Y, 目的変数] の役割を割り当てます。
4. 「排気量」に [X, 説明変数] の役割を割り当てます。
5. [OK] をクリックします。
6. 赤い三角ボタンをクリックし、メニューから [直線のあてはめ] を選択します。
7. 「パラメータ推定値」レポートの「推定値」列を右クリックし、開いたメニューから [ブートストラップ] を選択します (図10.2)。

図10.2 [ブートストラップ] オプションの選択



[選択された列の分割] オプションを選択する場合は、どの列で右クリックしたかによって、分析対象となる列が変わる点に注意してください。詳細は、「「ブートストラップ」ウィンドウのオプション」(262ページ) を参照してください。

8. 「ブートストラップ標本数」に「1000」と入力します。
9. [小数の重み] にチェックマークをつけます。他の2つのオプションは選択したままにしておきます。
10. [OK] をクリックします。

ブートストラップ処理が行われ、傾きと切片の結果を積み重ねていないデータテーブルが作成されます。

次に、ブートストラップによって生成された傾きの分布を分析します。

11. 積み重ねていないデータテーブルを選択して、【分析】 > 【一変量の分布】 を選択します。

ヒント： [一変量の分布] を実行する前に、必ず適切なデータテーブルを選択してください。そうしないと、「ブートストラップ信頼限界」レポートが表示されます。

12. 「排気量」に [Y, 列] を割り当てます。

13. [OK] をクリックします。

「一変量の分布」レポートには、「ブートストラップ信頼限界」レポートが含まれます（図10.3）。

図10.3 ブートストラップのレポート

ブートストラップ信頼限界		
信頼水準	パーセント点 下側	パーセント点 上側
0.95	0.40255	0.61002
0.90	0.41757	0.59258
0.80	0.43552	0.56803
0.50	0.46642	0.53833

元の推定値 0.503787

この例では、元のデータの傾きの推定値が0.504です。信頼水準が95%であれば、傾きは0.4026～0.6100であると推定できます。つまり、排気量が1単位増加すると、馬力は0.4026～0.6100だけ増加すると言えます。

ブートストラップ分析の実行

ブートストラップを実行するには、特定のプラットフォームを実行した後、そのレポート内の表において右クリックし、メニューから [ブートストラップ] を選択します。そして、ブートストラップ標本の標本数を入力し、小数の重みを使用するかどうか、また、選択した列を分割するかどうかを指定します。詳細は、「[ブートストラップ](#) ウィンドウのオプション」（262ページ）を参照してください。レポートに含まれるすべての統計量がブートストラップ法で処理されます。

ブートストラップでは、元データから、標本が何回も無作為抽出されます。無作為抽出される標本のデータは非表示の状態で、処理は行われます。

「ブートストラップ」ウィンドウのオプション

レポート内の列を右クリックし、開いたメニューから [ブートストラップ] を選択すると、次のようなオプションを含む「ブートストラップ」ウィンドウが表示されます。

ブートストラップ標本数 データからの無作為抽出と、そこからの統計量の計算といった一連の処理を反復する回数。回数を増やせば、それだけ統計量の状態をより正確に推定することができます。

小数の重み このオプションをチェックすると、標本抽出の際に、小数の重みを用います。

[小数の重み] を選択しなかった場合、抽出結果は次のようになります。

- 標本抽出の際に使われる、各オブザベーションに対する重みは、整数です。
- 各オブザベーションが推定に与える影響は、相対的な重みに左右されます。たとえば、重みが2のオブザベーションは、その標本に2回出現します。
- 重みが0のこともあります。重みが0のオブザベーションは、その標本で行われる推定から除外されます。

[小数の重み] を選択した場合は、次のようにになります。

- 重みが、整数ではなく、小数点以下の値をもつ数値になります。各オブザベーションが推定に与える影響は、相対的な重みに左右されます。
- 重みが0になることはありません。すべてのオブザベーションが推定に含まれます。

どちらの場合も、重みの合計は n (元のデータのオブザベーション数) です。

選択された列の分割 結果のデータテーブルにおいて、統計量は縦に積み重なっています。このオプションをチェックすると、統計量ごとの個別の列に分割したデータテーブルも作成します。たとえば、[ブートストラップ] オプションを選択するために右クリックした列が、3つの統計量を含んでいたとします。ブートストラップを行うと、3つの統計量を縦に積み重ねたテーブルのほかに、それらを3つの列に分割したテーブルが作成されます。例として、「[結果を積み重ねたテーブル](#)」(263ページ) を参照してください。

分割が成功したら積み重ねたテーブルを破棄 ([選択された列の分割] オプションが選択されている場合にのみ適用) [選択された列の分割] が成功した場合、結果を積み重ねたテーブルは表示されません。結果を積み重ねていないテーブルだけが表示されます。

結果を積み重ねたテーブル

ブートストラップを行うと、結果が縦に積み重なったデータテーブルが作成されます(図10.4)。[分割が成功したら積み重ねたテーブルを破棄] オプションを選択した場合、このテーブルは表示されないことがあります。

図10.4 結果を積み重ねたテーブル

		X	Y	項	~バイアス	推定値	標準誤差	t値	p値 Prob> t	BootID•
×	1	排気量	馬力	切片		50.443509471	6.7436209999	7.48	<.0001	0
×	2	排気量	馬力	排気量		0.5037874592	0.0398202611	12.65	<.0001	0
	3	排気量	馬力	切片		49.066021402	6.7923828018	7.22	<.0001	1
	4	排気量	馬力	排気量		0.5229410644	0.0403481627	12.96	<.0001	1
	5	排気量	馬力	切片		44.945440879	7.2524201403	6.20	<.0001	2
	6	排気量	馬力	排気量		0.5583090878	0.0402667802	13.87	<.0001	2
	7	排気量	馬力	切片		46.581500604	6.339193916	7.35	<.0001	3
	8	排気量	馬力	排気量		0.5409317075	0.0362753845	14.91	<.0001	3
	9	排気量	馬力	切片		47.20954584	6.5502975195	7.21	<.0001	4

縦に積み重なったデータテーブルには、次のような特徴があります。

- 分析で使用したデータテーブル列が含まれます。
- ブートストラップを行った表のすべての列が含まれます。この例では、「二変量の関係」の「パラメータ推定値」表が元になっています。この表には、「項」、「バイアス」、「推定値」、「標準誤差」、「t値」、「p値 (Prob>|t|)」といった列があります。
- 「BootID•」列の値は、ブートストラップ処理の反復を識別する番号です。「BootID•」が0の行には、元の推定値が含まれています。この行には、x印のマーカーと、「除外」の行属性が与えられます。

【選択された列の分割】オプションを選択した場合は、結果を積み重ねていないデータテーブルも作成されます。「結果を積み重ねていないテーブル」(264ページ) を参照してください。

結果を積み重ねていないテーブル

レポート上の列を右クリックして「ブートストラップ」を選択し、「選択された列の分割」を選択すると、結果を積み重ねていないデータテーブルが作成されます。その際、レポート上で右クリックした列が分割の対象となります。たとえば、図10.5では、図10.4の「推定値」列が、2つの列（「排気量」と「切片」）に分割されています。この2列は、「項」に含まれている2つの統計量です。

図10.5 結果を積み重ねていないテーブル

	X	Y	BootID•	切片	排気量
x	1	排気量 馬力	0	50.443509471	0.5037874592
	2	排気量 馬力	1	25.672934626	0.6585617977
	3	排気量 馬力	2	46.401614885	0.5020573438
	4	排気量 馬力	3	50.517072009	0.4978244894
	5	排気量 馬力	4	57.240010782	0.4434724344
	6	排気量 馬力	5	63.399681795	0.4014883027
	7	排気量 馬力	6	57.666919893	0.4119716824
	8	排気量 馬力	7	51.943743427	0.4663459323
	9	排気量 馬力	8	46.291323632	0.5444316084

「BootID•」列の値は、ブートストラップ処理の反復を識別する番号です。「BootID•」が0の行には、元の推定値が含まれています。この行には、x印のマーカーと、「除外」の行属性が与えられます。

作成した統計量データの分析

ブートストラップ抽出で作成された統計量のデータテーブルは、「一変量の分布」プラットフォームで分析してください。【分析】>【一変量の分布】をクリックし、分析したい列に、「Y」の役割を割り当てます。「一変量の分布」プラットフォームは、「BootID•」列がデータテーブルにある場合、「ブートストラップ信頼限界」レポートを自動的に追加します（図10.6）。

図10.6 「ブートストラップ信頼限界」レポート

ブートストラップ信頼限界		
信頼水準	パーセント点 下側	パーセント点 上側
0.95	0.40255	0.61002
0.90	0.41757	0.59258
0.80	0.43552	0.56803
0.50	0.46642	0.53833

元の推定値 0.503787

「ブートストラップ信頼限界」レポートには、次のような分位点が表示されます。

信頼水準 分位点に対応する累積確率。ブートストラップ・パーセント点信頼区間の信頼水準。

パーセント点 下側 信頼区間の下限。ブートストラップ抽出で作成された統計量のデータにおいて、信頼水準を p としたとき、 $100((1-p)/2)$ 番目の分位点。

パーセント点 上側 信頼区間の上限。ブートストラップ抽出で作成された統計量のデータにおいて、信頼水準を p としたとき、 $100(p + (1-p)/2)$ 番目の分位点。

元の推定値 元のデータから計算された統計量。

「ブートストラップ信頼限界」レポートの解釈の詳細については、「[ブートストラップの例](#)」(261ページ) を参照してください。

第 11 章

表の作成 対話的に要約テーブルを作成する

「表の作成」プラットフォームでは、記述統計量の表を対話的に作成できます。簡単かつ柔軟な方法で、要約データを表形式にできます。表は、グループ列、分析列、および各種統計量により構成されます。

図11.1 表の作成例

	性別													
	F							M						
	年齢													
	12	13	14	15	16	17	12	13	14	15	16	17	12	13
体重(ポンド)														
最小値	64	67	81	92	112	116	79	79	92	104	128	134		
平均	100.2	95.3	96.6	102.0	113.5	116.0	97.0	94.3	103.9	110.8	128.0	153.0		
最大値	145	112	142	112	115	116	128	105	119	128	128	172		

	性別													
	女性							男性						
	既婚/未婚				既婚/未婚				既婚/未婚				既婚/未婚	
	既婚	未婚	既婚	未婚	既婚	未婚								
平均	年齢	標準偏差	年齢	標準偏差	年齢	標準偏差								
生産国	サイズ	年齢	年齢	年齢	年齢	年齢	年齢	年齢	年齢	年齢	年齢	年齢	年齢	年齢
米国	大型	33.6	8.107	41.0	.	34.7	3.931	32.0	6.265					
	中型	31.4	5.827	29.0	9.258	31.3	5.413	32.1	11.05					
	小型	31.0	5.657	29.0	9.539	31.8	4.813	26.5	6.455					
ヨーロッパ	大型	34.0	7.071	28.0	.	.	.	26.0	.					
	中型	31.0	5.06	28.7	5.508	32.3	5.62	31.0	10.13					
	小型	29.8	6.611	28.0	1.414	33.8	4.381	25.7	2.517					
日本	大型	25.0	.	.	.	32.0	.	.	.					
	中型	30.5	4.993	28.0	3.071	32.3	3.878	27.4	5.016					
	小型	29.6	4.251	31.1	9.562	29.8	5.357	28.7	4.739					
生産国														
米国		31.9	6.452	30.0	9.115	32.6	4.919	31.0	8.179					
ヨーロッパ		31.0	5.612	28.3	3.559	33.3	4.608	28.4	7.328					
日本		29.8	4.54	30.1	8.113	30.9	4.822	28.3	4.781					

タイプ	会社規模	平均		
		利益(\$M)	売上(\$M)	従業員一人あたりの利益
Computer	big	1089.9	20597.48	4530.478
	medium	-85.75	3018.85	-3462.51
	small	44.94	1758.06	7998.815
	すべて	240.87	5652.02	6159.015
Pharmaceutical	big	894.42	7474.04	17140.70
	medium	698.98	4261.06	24035.11
	small	156.95	1083.75	38337.19
	すべて	690.08	5070.25	23546.12
すべて	すべて	409.32	5433.86	12679.18
タイプ				
Computer		240.87	5652.02	6159.015
Pharmaceutical		690.08	5070.25	23546.12
すべて		409.32	5433.86	12679.18

目次

「表の作成」プラットフォームの使用例	269
「表の作成」プラットフォームの起動	273
ダイアログボックスの使用	274
統計量の追加	275
「表の作成」の出力	278
分析列	279
グループ列	279
列テーブルと行テーブル	280
表の編集	281
「表の作成」プラットフォームのオプション	282
テスト集計パネルの表示	282
列の右クリックメニュー	283
「表の作成」プラットフォームのその他の例	283
複数の列を持つテーブルの例	287
ページ列の使用例	290

「表の作成」プラットフォームの使用例

男子生徒と女子生徒の身長を測定したデータがあります。このデータを基に、男子生徒と女子生徒それぞれの平均身長と全体の平均を示す 図11.2のような表を作成します。

図11.2 平均身長を示す表

性別	身長(インチ)
F	60.9
M	63.9
すべて	62.6

1. 「Big Class.jmp」データテーブルを開きます。

2. [分析] > [表の作成] を選択します。

身長が分析対象の変数であるため、これを表の一番上に表示します。

3. 「身長(インチ)」をクリックし、「列のドロップゾーン」にドラッグします。

図11.3 「身長」変数の追加後

表の作成

表に追加するには、列や統計量を、テーブルの列見出しや行ラベルの領域にドラッグ＆ドロップしてください。

身長(インチ)
合計
2502.0

元に戻す やり直し 完了

5列

名前 年齢 性別 身長(インチ) 体重(ポンド)

度数

重み

ページ列

N 平均 標準偏差 最小値 最大値 範囲 全体に対する欠測値 N カテゴリ数 合計 重みの合計 分散 標準誤差 变動係数 中央値 (× 四分位範囲 分位点 列% 行%

□ グループ度数の欠測値を含める

□ グループ度数の度数順

□ 集計統計量の追加

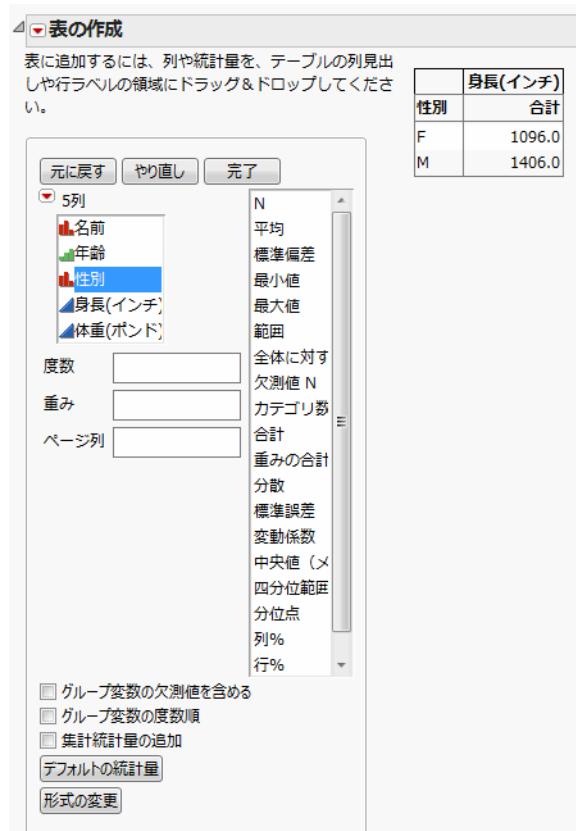
デフォルトの統計量

形式の変更

性別の統計量が必要なため、性別を左側に表示します。

4. 「性別」をクリックしてドラッグし、数値「2502.0」の横にある空のセルにドロップします。

図11.4 「性別」変数の追加後



合計の代わりに平均を表示します。

5. [平均] をクリックしてドラッグし、「合計」の上にドロップします。

図11.5 [平均] の追加後

性別	身長(インチ)
F	平均
F	60.9
M	63.9

元に戻す やり直し 完了

5列

N

- 平均
- 標準偏差
- 最小値
- 最大値
- 範囲
- 全体に対する
- 欠測値 N
- カテゴリ数
- 合計
- 重みの合計
- 分散
- 標準誤差
- 変動係数
- 中央値 (メデ
- 四分位範囲
- 分位点
- 列%
- 行%
- すべて

度数

重み

ページ列

グループ変数の欠測値を含める

グループ変数の度数順

集計統計量の追加

デフォルトの統計量

形式の変更

さらに、男子と女子を合わせた全体の平均も表示します。

- [すべて] をクリックしてドラッグし、「性別」の上にドロップします。または、[集計統計量の追加] チェックボックスをオンにします。

図11.6 [すべて] の追加後

表の作成

表に追加するには、列や統計量を、テーブルの列見出しや行ラベルの領域にドラッグ＆ドロップしてください。

元に戻す やり直し 完了

5列

名前 年齢 性別 身長(インチ) 体重(ポンド)

度数 重み ページ列

N 平均 標準偏差 最小値 最大値 範囲 全体に対する% 欠測値 N カテゴリ数 合計 重みの合計 分散 標準誤差 変動係数 中央値 (メデ) 四分位範囲 分位点 列% 行% すべて

グループ変数の欠測値を含める
 グループ変数の度数順
 集計統計量の追加
 デフォルトの統計量
 形式の変更

	身長(インチ)
性別	平均
F	60.9
M	63.9
すべて	62.6

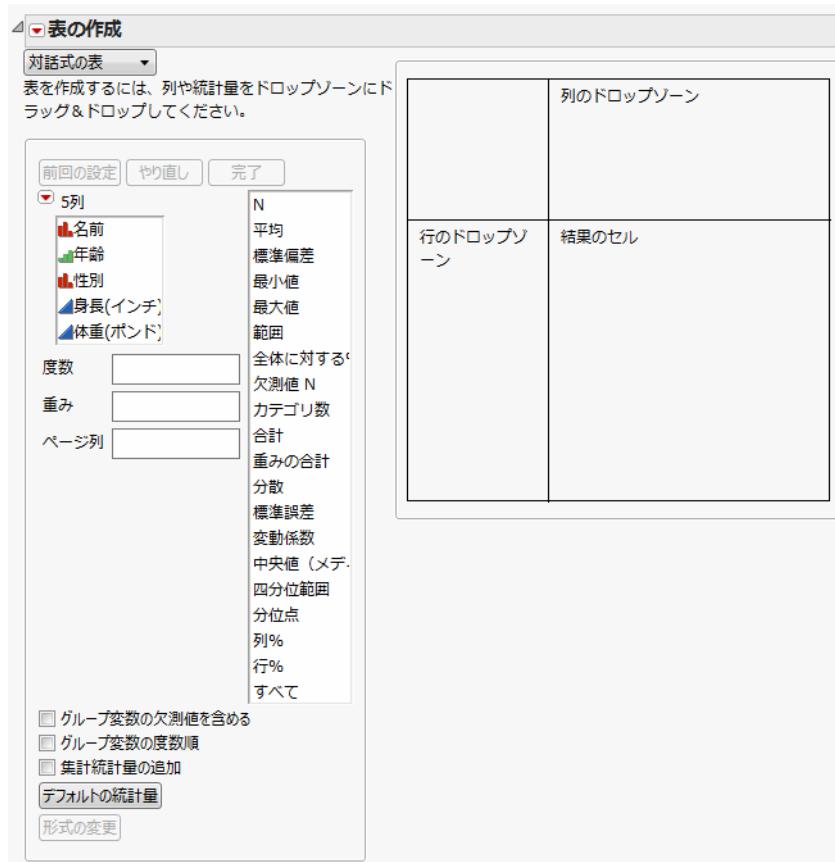
7. (オプション) [完了] をクリックします。

完成した表に、女子と男子の平均身長と全体の平均身長が表示されます。

「表の作成」プラットフォームの起動

「表の作成」プラットフォームを起動するには、[分析] > [表の作成] を選択します。

図11.7 「表の作成」の対話的な表



注：赤い三角ボタンのメニューのオプションについては、「[「表の作成」プラットフォームのオプション](#)」(282ページ) を参照してください。

「表の作成」ウィンドウには、次のオプションがあります。

对话式の表／ダイアログボックス 2つのモード間で切り替えます。項目をドラッグ＆ドロップしながら独自の表を作成していく場合は、[对话式の表] を、決まった形式の簡単な表を作成する場合は [ダイアログボックス] を選択します。[ダイアログボックスの使用] (274ページ) を参照してください。

[統計量] オプション 標準的な統計量のリストが表示されます。統計量をリストから表にドラッグして表に組み込むことができます。[統計量の追加] (275ページ) を参照してください。

列のドロップゾーン 列または統計量をドラッグしてこのゾーンにドロップし、列を作成します。

注: [統計量] オプションに表示されているものと同じ名前の列がデータテーブルにある場合は、必ず列リストから列名をドラッグ&ドロップしてください。そうしないと、表で同名の統計量が代用される場合があります。

行のドロップゾーン 列または統計量をドラッグしてこのゾーンにドロップし、行を作成します。

結果のセル ドラッグ&ドロップした列や統計量に基づいて結果のセルが表示されます。

度数 この役割を割り当てた列の値は、各行の度数（繰り返し数）を表します。このオプションは、分析対象のデータが要約されたものである場合に、度数を割り当てるのに便利です。

重み データに重み（重要度、影響度など）をつけるのに使う変数の列を指定します。

ページ列 名義尺度または順序尺度の列のカテゴリごとに個別の表を作成します。「[ページ列の使用例](#)」(290ページ) を参照してください。

グループ変数の欠測値を含める グループ変数にある欠測値を1つのグループとして集計した結果を、表に追加します。これをチェックしない場合、欠測値はテーブルに含まれません。列プロパティとして定義した欠測値のコードが考慮されます。

グループ変数の度数順 度数の大きい順に並べ直してグループを表示します。

集計統計量の追加 すべての行と列の集計統計量を追加します。

デフォルトの統計量 分析列または非分析列（グループ変数など）をドラッグ&ドロップしたときにデフォルトで表示される統計量を変更できます。

形式の変更 特定の統計量の表示形式を変更できます。「[数値の表示形式の変更](#)」(277ページ) を参照してください。

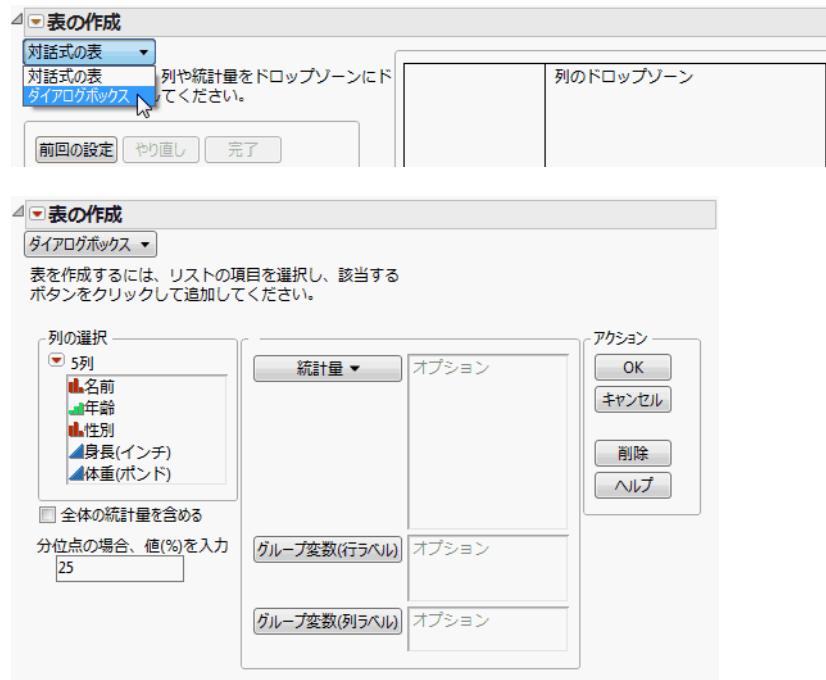
プロットスケールの変更 (赤い三角ボタンのメニューで [チャートの表示] が選択されている場合にのみ表示) 統一したカスタムスケールを指定できます。

プロットスケールの統一 (赤い三角ボタンのメニューで [チャートの表示] が選択されている場合にのみ表示) このチェックボックスをオフにすると、各列のデータに基づき、それぞれの棒グラフのスケールが決められます。

ダイアログボックスの使用

ドラッグ&ドロップを使って対話式の表を作成する代わりに、ダイアログボックスを使って簡単な表を作成することもできます。この場合、[分析] > [表の作成] の選択後に、メニューから [ダイアログボックス] を選択してください (図11.8を参照)。表の作成後、必要であれば赤い三角ボタンのメニューから [設定パネルの表示] を選択し、新しい項目を表にドラッグ&ドロップして、より複雑な表にすることもできます。

図11.8 ダイアログボックスの使用



ダイアログボックスには、次のオプションがあります。

全体の統計量を含める グループ列のカテゴリごとに集計した要約統計量を表示します。

分位点の場合、値(%)を入力 指定した分位点を求めます。たとえば、75%の分位点を求めた場合、データの75%がその分位点より小さくなっています。すべてのグループ列に適用されます。

統計量 列を選択したら、その列に関して求めたい統計量をこのリストから選択します。「統計量の追加」(275ページ) を参照

グループ変数(行ラベル) 行ラベルとして使用する列を選択します。

グループ変数(列ラベル) 列ラベルとして使用する列を選択します。

統計量の追加

ヒント：列と統計量の両方を選択して、表にドラッグできます。

表には標準的な統計量を含めることができます。使用できる統計量は、設定パネルに表示されます。列の操作と同じく、任意の統計量をリストから表にドラッグできます。次の点を念頭に置いてください。

- グループ列によって定義されるカテゴリに属する全オブザベーションから、分析列の値に基づいて統計量が計算されます。
- 統計量も、行テーブルと列テーブルのどちらにでも指定できますが、どちらかに統一しておく必要があります。
- 連続尺度の列をデータ領域にドラッグすると、分析列として扱われます。

「表の作成」では、次の統計量を使用できます。

N その列にある欠測値でないデータの数です。分析列がない場合のデフォルトの統計量です。

平均 列の値の算術平均です。つまり、欠測値以外の値の合計を【重みの合計】で割った値です（定義されている場合は、【重み】変数を掛けます）。

標準偏差 欠測値以外の値について計算される標本の標準偏差です。つまり、分散の平方根です。

最小値 欠測値を除く、列内の最小値です。

最大値 欠測値を除く、列内の最大値です。

範囲 【最大値】と【最小値】の差です。

全体に対する % データ全体の合計に対する割合を計算します。分母はすべてのオブザベーションの合計で、分子はカテゴリごとの合計です。分析列がない場合、【全体に対する %】は度数の合計に対する割合になります。分析列がある場合、【全体に対する %】は分析列の全合計に対する割合になります。つまり、分母はオブザベーションすべての分析列の合計で、分子はカテゴリに属するオブザベーションの分析列の合計になります。テーブルに統計量のキーワードをドラッグして、異なる割合を求めることができます。

- 【全体に対する %】の見出しに、表の中から1つまたは複数のグループ列をドロップすると、分母の定義が変わります。このとき、各グループごとの合計が分母に使われます。
- 行テーブルと列テーブルにグループ列を指定して2元表を作成したとき、列合計に対する割合を取得したい場合は、行テーブルのすべてのグループ列をドラッグして、【全体に対する %】の見出しにドロップします（【列 %】と同様）。同様に、行合計に対する割合を取得したい場合は、列テーブルのすべてのグループ列をドラッグして、【全体に対する %】の見出しにドロップします（【行 %】と同様）。

欠測値N 欠測値の数です。

カテゴリ数 カテゴリの数です。

合計 列内のすべての値の合計です。表に他の統計量が表示されていない場合の、分析列のデフォルトの統計量です。

重みの合計 列内のすべての【重み】の合計です。【重み】に割り当てられた列がない場合、【重みの合計】は欠測値以外の値の個数になります。

分散 欠測値以外の値について計算される分散（不偏分散）です。つまり、平均からの偏差の2乗の合計を、欠測値以外の値の個数から1を引いた数で割った値です。

標準誤差 平均の標準誤差です。つまり、標準偏差を N の平方根で割った値です。列に「重み」役割が割り当てられている場合、分母は重みの和の平方根です。

変動係数 ばらつきの度合いを示す指標で、標準偏差を平均で割り、100を掛けて求められます。

中央値（メディアン） 50%のパーセント点です。下半分のデータが中央値より小さく、上半分のデータが中央値より大きくなっています。

四分位範囲 第3四分位点と第1四分位点の差です。

分位点 指定した分位点を求めます。たとえば、75%の分位点を求めた場合、データの75%がその分位点より小さくなっています。異なる分位点を指定するには、[分位点] をクリックして表にドラッグし、表示されるボックスに分位点を入力します。

列 % 分析列がない場合は、セルの度数が列の合計度数に占める割合を示します。分析列がある場合、[列 %] は分析列の値の列合計に対する割合になります。統計量を上部に配置した表の場合、複数の行テーブルがある表（縦に積み重ねて表示されているもの）に [列 %] を追加できます。

行 % 分析列がない場合は、セルの度数が行の合計度数に占める割合を示します。分析列がある場合、[行 %] は分析列の値の行合計に対する割合になります。統計量を左側に配置した表の場合、複数の列テーブルがある表（横に並べて表示されているもの）に [行 %] を追加できます。

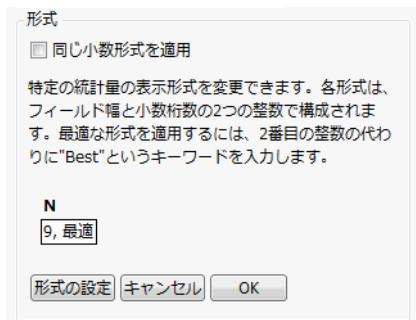
すべて グループ列のカテゴリごとに集計した要約統計量を表示します。

数値の表示形式の変更

各セルの形式は、分析列と統計量によって決まります。度数の場合、デフォルトでは小数点以下は表示されません。統計量を含むセルの形式は、分析列および指定した統計量の形式に基づき、適切な形式に設定されます。デフォルトの形式を変更するには、次の手順を行います。

1. 「表の作成」ウィンドウの下部にある [形式の変更] ボタンをクリックします。
2. 表示されるパネルで、フィールドの幅、カンマ、小数点以下の桁数を入力します。図11.9を参照してください。
3. (オプション) 最適な形式を自動的に選択するには、テキストボックスに「最適」と入力します。
すると、各セル値の精度を考慮した上で、その値を表示するのに最適な表示形式が選ばれます。
4. 変更内容を確定し、「形式」セクションを閉じるには [OK] をクリックします。または、[形式の設定] をクリックすると、「形式」セクションが開いたまま、変更内容が反映されます。

図11.9 数値の表示形式の変更



「表の作成」の出力

「表の作成」の出力ウィンドウには、行テーブルや列テーブルが上下左右に連結された表を表示できます。列テーブルや行テーブルが1つのみの場合も考えられます。

図11.10 「表の作成」の出力

	性別													
	F							M						
	年齢			年齢				年齢			年齢			
	12	13	14	15	16	17	12	13	14	15	16	17	12	13
体重(ポンド)														
最小値	64	67	81	92	112	116	79	79	92	104	128	134		
平均	100.2	95.3	96.6	102.0	113.5	116.0	97.0	94.3	103.9	110.8	128.0	153.0		
最大値	145	112	142	112	115	116	128	105	119	128	128	172		

	性別										
	女性					男性					
	既婚/未婚		既婚/未婚			既婚/未婚		既婚/未婚			
	既婚	未婚	既婚	未婚	既婚	未婚	既婚	未婚	既婚	未婚	
	平均	標準偏差	平均	標準偏差	平均	標準偏差	平均	標準偏差	平均	標準偏差	
	年齢	年齢	年齢	年齢	年齢	年齢	年齢	年齢	年齢	年齢	
米国	大型	33.6	8.107	41.0	.	34.7	9.393	32.0	6.265		
	中型	31.4	5.827	29.0	9.258	31.3	5.413	32.1	11.05		
	小型	31.0	5.657	29.0	9.539	31.8	4.813	26.5	6.455		
ヨーロッパ	大型	34.0	7.071	28.0	.	.	.	26.0	.		
	中型	31.0	5.06	28.7	5.508	32.3	5.62	31.0	10.13		
	小型	29.8	6.611	28.0	1.414	33.8	4.381	25.7	2.517		
日本	大型	25.0	.	.	32.0		
	中型	30.5	4.993	28.0	3.071	32.3	3.878	27.4	5.016		
	小型	29.6	4.251	31.1	9.562	29.8	5.357	28.7	4.739		

タイプ	会社規模	平均		
		利益(\$M)	売上(\$M)	従業員一人あたりの利益
Computer	big	1089.9	20597.48	4530.478
	medium	-85.75	3018.85	-3462.51
	small	44.94	1758.06	7998.815
	すべて	240.87	5652.02	6159.015
Pharmaceutical	big	894.42	7474.04	17140.70
	medium	698.98	4261.06	24035.11
	small	156.95	1083.75	38337.19
	すべて	690.08	5070.25	23546.12
すべて		409.32	5433.86	12679.18
タイプ				
Computer		240.87	5652.02	6159.015
Pharmaceutical		690.08	5070.25	23546.12
すべて		409.32	5433.86	12679.18

表を対話的に作成する際は、次のような作業を繰り返します。

- 項目（列または統計量）を適切なリスト内でクリックし、（行または列の）ドロップゾーンまでドラッグします。「表の編集」（281ページ）および「列テーブルと行テーブル」（280ページ）を参照してください。
- ドラッグ＆ドロップ操作を繰り返してテーブルに適宜項目を追加します。表は、項目を追加するたびに更新されます。すでに列見出しや行ラベルがある場合は、既存の項目を基準にして別の項目の追加場所を決めます。

クリック操作やドラッグ操作の際には、次の点に注意してください。

- JMP では、尺度を基に列の役割を判断します。連続尺度の列は分析列と想定されます。「分析列」（279ページ）を参照してください。順序尺度または名義尺度の列はグループ列と想定されます。「グループ列」（279ページ）を参照してください。
- 複数の列を表にドラッグ＆ドロップした場合は、次のように処理されます。
 - 複数の列が共通の値のセットを持っている場合は、1つのテーブルに結合され、列名とそれらの列が持つカテゴリから成る集計表が生成されます。この時、各セルは、指定された各列と、それらの列の各値から構成されます。
 - 複数の列が共通の値のセットをもっていない場合は、個別のテーブルに分かれます。
 - このデフォルトの結果は、列を右クリックして【テーブルの結合】または【テーブルを分離】を選択すれば変更できます。詳細は、「列の右クリックメニュー」（283ページ）を参照してください。
- 列を入れ子状にする場合は、表に第1列を作成してから、追加の列をその第1列にドラッグします。
- 適切に作成された表では、グループ列、分析列、統計量がそれぞれまとまって配置されます。分析列のリストの中に統計量が配置されたり、グループ列のリストの中に分析列が挿入されたりすることはありません。
- 「表の作成」上の設定パネルだけではなく、データテーブルのテーブルパネルからも、「表の作成」テーブルに列をドラッグすることができます。

分析列

分析列は、統計量の計算に使用する任意の数値列であり、連続尺度です。グループ列によって区別されるカテゴリごとに、分析列の統計量が計算されます。

分析列は、行テーブルと列テーブルのどちらにでも指定できますが、どちらかに統一しておく必要があります。

グループ列

データをカテゴリ別に分類するために使う列を、グループ列と呼びます。文字、整数値、小数値などを使用できますが、カテゴリ数は制限する必要があります。グループ列は名義尺度または順序尺度です。

次の点を念頭に置いてください。

- グループ列が入れ子状になっている場合は、列の値の入れ子階層に基づいてカテゴリが作成されます。たとえば、「性別」と「既婚／未婚」の2つのグループ列がある場合、「女性で既婚」、「女性で未婚」、「男性で既婚」、「男性で未婚」の4つのカテゴリを持つ表が作成されます。
- グループ列は、列テーブルと行テーブルのどちらでも使用できます。これらのグループ列を組み合わせて、表のセルのカテゴリが決まります。
- グループ列の値に欠測値がある場合、そのオプザベーションはデフォルトでは表に含まれません。[グループ変数の欠測値を含める] オプションをクリックすると、それらのオプザベーションを含めることができます。
- 欠測値として扱うコードまたは値を指定するには、「欠測値のコード」列プロパティを使用します。[グループ変数の欠測値を含める] オプションをクリックすると、それらのオプザベーションを含めることができます。欠測値のコードの詳細については、『JMPの使用法』を参照してください。

列テーブルと行テーブル

表は、列見出しと行ラベルを基準として作成されます。これらのサブテーブルは、行テーブルおよび列テーブルと呼ばれます。図11.11を参照してください。

行テーブルと列テーブルの例

1. 「Car poll.jmp」サンプルデータテーブルを開きます。
2. [分析] > [表の作成] を選択します。
3. 「サイズ」をドラッグし、「行のドロップゾーン」にドロップします。
4. 「生産国」をドラッグし、「サイズ」見出しの左側にドロップします。
5. [平均] をドラッグし、「N」見出しの上にドロップします。
6. [標準偏差] をドラッグし、「平均」見出しの下にドロップします。
7. 「年齢」をドラッグし、「平均」見出しの上にドロップします。
8. 「タイプ」をドラッグし、表の右端にドロップします。
9. 「性別」をドラッグし、表の下にドロップします。

図11.11 行テーブルと列テーブル

生産国	サイズ	年齢		タイプ		
		平均	標準偏差	ファミリー	スポーツ	ワーク
米国	大型	33.8	6.167	28	1	7
	中型	31.1	6.976	35	14	4
	小型	30.4	5.846	11	8	7
ヨーロッパ	大型	30.5	5.802	1	0	3
	中型	30.9	6.194	9	8	0
	小型	30.8	5.388	5	13	1
日本	大型	28.5	4.95	1	0	1
	中型	30.2	4.668	32	15	7
	小型	29.7	5.928	33	41	18
性別						
女性		30.6	6.386	76	41	21
男性		30.8	5.643	79	59	27

複数の列テーブルがある場合は、左側のラベルを複数の列テーブルが共有します。この例では、「生産国」と「性別」が共有されています。同様に、複数の行テーブルがある場合は、上部の見出しを複数の行テーブルが共有します。この例では、「年齢」と「タイプ」の両方がテーブル間で共有されています。

表の編集

表に追加した項目を編集するにはいくつかの方法があります。

項目の削除

表に項目を追加した後で、次のいずれかの方法で項目を削除できます。

- 項目をドラッグし、表の外側にドロップします。
- 最後の項目を削除するには、[元に戻す] をクリックします。
- 項目を右クリックし、[削除] を選びます。

列ラベルの削除

グループ列の各カテゴリの上部には列名が表示されますが、列名が必要ない場合もあります。列テーブルから列名を削除するには、列名を右クリックし、[列ラベルの削除] を選びます。列ラベルを再度挿入するには、カテゴリのいずれかを右クリックし、[列ラベルの復元] を選びます。

統計量とラベルの編集

統計量の名前やラベルを編集できます。たとえば、「平均」の代わりに「平均値」とすることができます。編集する項目を右クリックし、[項目ラベルの変更] を選びます。表示されるボックスに、新しいラベルを入力します。または、名前やラベルをダブルクリックして編集ボックスへ直接入力することもできます。

統計量の名前を、別の統計量の名前に変更した場合、実際に計算される統計量も別のものになるので注意してください。別の統計量の名前にはすることは、統計量をいったん表から削除し、その別の統計量を追加するのとまったく同じです。

「表の作成」プラットフォームのオプション

「表の作成」の横にある赤い三角ボタンをクリックすると、メニューに次のオプションが表示されます。

表の表示 要約データを表形式で表示します。

チャートの表示 要約統計量の表のデータを棒グラフで表示します。簡単な棒グラフで、要約統計量の相対的大きさを視覚的に比較できます。デフォルトでは、すべての列の棒グラフに同じスケールが適用されます。[プロットスケールの統一] チェックボックスをオフにすると、各列のデータに基づき、それぞれの棒グラフのスケールが決まります。[プロットスケールの変更] ボタンを使用して、統一したカスタムスケールを指定できます。チャートの0の線は、左端か中央に位置します。データがすべて負か正のどちらかに統一されている場合は、0を基準線としてチャートが作成され、それ以外の場合は、チャートの中央が0になります。

設定パネルの表示 インタラクティブに操作するための設定パネルを表示します。

濃淡の表示 表内に複数の行がある場合に、グレーの濃淡を適用します。

ツールヒントの表示 表上でマウスを動かすと、関連項目のヒントが表示されます。

テスト集計パネルの表示 元のテーブルから無作為に抽出した値を使ってテスト集計を行うための、テスト集計パネルを表示します。膨大な量のデータがある場合に特に便利です。「[テスト集計パネルの表示](#)」(282ページ) を参照してください。

データテーブルに出力 表からデータテーブルを作成します。行テーブルが複数ある場合は、それぞれのラベルの構成が異なるため、行テーブルごとにデータテーブルが作成されます。

スクリプト スクリプトの保存、分析のやり直し、データテーブルの表示などのオプションがあります。詳細については、『[JMPの使用法](#)』を参照してください。

注:「列の選択」の赤い三角ボタンのメニューのオプションについては、『[JMPの使用法](#)』を参照してください。

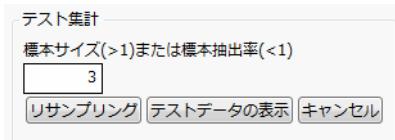
テスト集計パネルの表示

大量のデータを含むデータテーブルを使用する場合、そのデータテーブルのサブセットを使ってさまざまな表のレイアウトを試し、最適なレイアウトを見つけることができます。そのような場合、JMPでは、標本サイズを指定して無作為抽出を行った後、表を作成します。テスト集計機能を使うには、次の手順を行います。

1. 「表の作成」の横にある赤い三角ボタンをクリックし、[テスト集計パネルの表示] を選びます。

2. 図11.12に示すように、「標本サイズ(>1)または標本抽出率(<1)」の下のボックスに、標本のサイズを入力します。標本のサイズは、アクティブなテーブルに対する割合、または新しいテーブルの行数のどちらかとして認識されます。

図11.12 テスト集計パネル



3. [リサンプリング] をクリックします。
4. JMP データテーブルでサンプリングされたデータを確認するには、[テストデータの表示] ボタンをクリックします。テスト集計パネルを非表示にすると、データテーブルのすべてのデータを使って表が再生成されます。

列の右クリックメニュー

「表の作成」で列を右クリックすると、次のオプションが表示されます。

削除 選択した列を削除します。

グループ変数として使用 分析列をグループ列に変更します。

分析列として使用 グループ列を分析列に変更します。

項目ラベルの変更 (個別の列または入れ子状の列の場合にのみ表示) 新しいラベルを入力できます。

テーブルの結合(カテゴリごとの列) (個別の列または入れ子状の列の場合にのみ表示) 個々の列または入れ子状の列を結合します。[「複数の列を持つテーブルの例」\(287ページ\)](#) を参照してください。

テーブルを分離 (結合したテーブルの場合にのみ表示) 列ごとに個別のテーブルを作成します。

グループ変数を入れ子にする グループ変数を縦または横に入れ子にします。

「表の作成」プラットフォームのその他の例

この例は、次の手順で進めます。

1. [「度数表の作成」\(284ページ\)](#)
2. [「統計量の表の作成」\(285ページ\)](#)
3. [「表の配置の変更」\(286ページ\)](#)

度数表の作成

日本車、ヨーロッパ車、米国車の所有者数を車のサイズ別に表示する表を作成してみましょう。図11.3のような表を作成します。

図11.13 車の所有者数を示す表

生産国	サイズ	N
米国	大型	36
	中型	53
	小型	26
ヨーロッパ	大型	4
	中型	17
	小型	19
日本	大型	2
	中型	54
	小型	92

1. 「Car poll.jmp」サンプルデータテーブルを開きます。
2. [分析] > [表の作成] を選択します。
3. 「生産国」をクリックし、「行のドロップゾーン」にドラッグします。
4. 「サイズ」をクリックしてドラッグし、「生産国」見出しの右側にドロップします。

図11.14 「生産国」と「サイズ」を表に追加

生産国	サイズ	N
米国	大型	36
	中型	53
	小型	26
ヨーロッパ	大型	4
	中型	17
	小型	19
日本	大型	2
	中型	54
	小型	92

統計量の表の作成

次に、各サイズの車の所有者の平均年齢と標準偏差を表示してみましょう。図11.15のような表を作成します。

図11.15 年齢と標準偏差を年齢別に示した表

生産国	サイズ	年齢	平均	33.8
米国	大型	年齢	標準偏差	6.2
			平均	31.1
	中型	年齢	標準偏差	7.0
			平均	30.4
	小型	年齢	標準偏差	5.8
			平均	30.5
ヨーロッパ	大型	年齢	標準偏差	5.8
			平均	30.9
	中型	年齢	標準偏差	6.2
			平均	30.8
	小型	年齢	標準偏差	5.4
			平均	28.5
日本	大型	年齢	標準偏差	4.9
			平均	30.2
	中型	年齢	標準偏差	4.7
			平均	29.7
	小型	年齢	標準偏差	5.9
			平均	

1. 図11.14の状態から開始します。「年齢」をクリックしてドラッグし、「サイズ」見出しの右側にドロップします。
2. 「平均」をクリックしてドラッグし、「合計」の上にドロップします。
3. 「標準偏差」をクリックしてドラッグし、「平均」の下側にドロップします。

表の「平均」の下に「標準偏差」が表示されます。[標準偏差]を「平均」の上にドロップすると、「平均」の上に「標準偏差」が表示されます。

図11.16 「年齢」、[平均]、[標準偏差]を表に追加

生産国	サイズ	年齢	平均	33.8
米国	大型	年齢	標準偏差	6.167
	中型	年齢	平均	31.1
	小型	年齢	標準偏差	6.976
ヨーロッパ	大型	年齢	平均	30.4
	中型	年齢	標準偏差	5.846
	小型	年齢	平均	30.5
日本	大型	年齢	標準偏差	5.802
	中型	年齢	平均	30.9
	小型	年齢	標準偏差	6.194

表の配置の変更

「サイズ」を表の上部に移動し、クロス表形式にします。図11.17のような表を作成します。

図11.17 「サイズ」を上部に移動

生産国	サイズ					
	大型		中型		小型	
	平均	標準偏差	平均	標準偏差	平均	標準偏差
米国	33.8	6.167	31.1	6.976	30.4	5.846
ヨーロッパ	30.5	5.802	30.9	6.194	30.8	5.388
日本	28.5	4.95	30.2	4.668	29.7	5.928

表の配置を変更するには、次の手順を行います。

1. 図11.16の状態から開始します。「サイズ」見出しをクリックしてドラッグし、表見出しの一番右側にドロップします。図11.18を参照してください。

図11.18 「サイズ」の移動



生産国	サイズ			
米国	大型	年齢	平均	33.8
			標準偏差	6.167
		中型	年齢	平均
ヨーロッパ	小型	年齢	標準偏差	6.976
			平均	30.4
		大型	年齢	標準偏差
日本	中型	年齢	平均	30.5
			標準偏差	5.802
		小型	年齢	標準偏差
	大型	年齢	平均	6.194
			標準偏差	30.8
		中型	年齢	標準偏差
	小型	年齢	平均	28.5
			標準偏差	4.95
		大型	年齢	平均
	中型	年齢	標準偏差	4.668
			平均	29.7
		小型	年齢	標準偏差

生産国			サイズ		
			大型	中型	小型
米国	年齢	平均	33.8	31.1	30.4
ヨーロッパ	年齢	平均	30.5	30.9	30.8
日本	年齢	平均	28.5	30.2	29.7
		標準偏差	4.95	4.668	5.928

2. 「年齢」をクリックしてドラッグし、「大型」、「中型」、「小型」見出しの下にドロップします。
3. 「平均」と「標準偏差」の両方を選択してドラッグし、「大型」見出しの下にドロップします。

これで、見やすい表になりました。車のサイズと生産国別に、所有者の平均年齢と標準偏差がすぐにわかります。

複数の列を持つテーブルの例

人気者になるのに重要な要素（成績、スポーツ、要望、お金持ち）を、生徒が評価した結果のデータがあります。これらの要素をすべて1つのテーブルにまとめ、統計量や他の因子もあわせて表示してみましょう。図11.19のような表を作成します。

図11.19 人口統計データの追加

性別		全体に対する%														
		都會/田舎														
		Rural							Suburban							
		1	2	3	4	すべて	1	2	3	4	すべて	1	2	3	4	すべて
boy	成績	2.30%	2.93%	3.56%	5.02%	13.81%	2.72%	5.86%	5.02%	5.02%	18.62%	3.14%	3.97%	5.44%	2.51%	15.06%
	スポーツ	6.49%	3.97%	2.72%	0.63%	13.81%	11.30%	4.60%	2.30%	0.42%	18.62%	8.79%	3.97%	1.46%	0.84%	15.06%
	容貌	3.14%	4.60%	2.72%	3.35%	13.81%	3.77%	5.86%	5.44%	3.56%	18.62%	2.30%	5.02%	4.18%	3.56%	15.06%
	お金持ち	1.88%	2.30%	4.81%	4.81%	13.81%	0.84%	2.30%	5.86%	9.62%	18.62%	0.84%	2.09%	3.97%	8.16%	15.06%
	成績	4.39%	4.39%	4.39%	4.18%	17.36%	2.51%	3.35%	2.93%	4.18%	12.97%	4.60%	5.23%	6.49%	5.86%	22.18%
	スポーツ	2.30%	6.69%	5.44%	2.93%	17.36%	1.67%	3.56%	5.65%	2.09%	12.97%	3.97%	9.41%	5.86%	2.93%	22.18%
girl	容貌	9.62%	3.35%	3.35%	1.05%	17.36%	7.95%	2.93%	1.26%	0.84%	12.97%	11.92%	4.60%	4.18%	1.46%	22.18%
	お金持ち	1.05%	2.93%	4.18%	9.21%	17.36%	0.84%	3.14%	5.86%	12.97%	1.67%	2.93%	5.65%	11.92%	22.18%	

- 「Children's Popularity.jmp」サンプルデータテーブルを開きます。
- 【分析】>【表の作成】を選択します。
- 「成績」、「スポーツ」、「容貌」、「お金持ち」を選択してドラッグし、「行のドロップゾーン」にドロップします。

図11.20 カテゴリの列

表の作成

表に追加するには、列や統計量を、テーブルの列見出
いや行ラベルの領域にドラッグ＆ドロップしてくださ
い。

11列

性別	1	2	3	4
成績	94	123	133	128
スポーツ	165	154	112	47
容貌	185	126	101	66
お金持ち	34	75	132	237

度数

重み

ページ列

N
平均
標準偏差
最小値
最大値
範囲
全体に対する
欠測値 N
カテゴリ数
合計
重みの合計
分散
標準誤差
変動係数
中央値（メデ
四分位範囲
分位点
列%
行%
すべて

□ グループ変数の欠測値を含める
□ グループ変数の度数順
□ 集計統計量の追加
□ デフォルトの統計量
□ 形式の変更

4つの列は同じ水準値を持つため、これらをまとめたテーブルが表示されます。

各要素に対する4段階評価の割合を表にします。

4. 「性別」をドラッグし、左側の空の見出しにドロップします。
5. 「全体に対する%」をドラッグし、数字の見出しの上にドロップします。
6. 「すべて」をドラッグし、数字の見出し「4」の右側にドロップします。

図11.21 「性別」、「全体に対する%」、「すべて」を表に追加

性別		全体に対する%				
		1	2	3	4	すべて
boy	成績	8.16%	12.76%	14.02%	12.55%	47.49%
	スポーツ	26.57%	12.55%	6.49%	1.88%	47.49%
	容貌	9.21%	15.48%	12.34%	10.46%	47.49%
girl	お金持ち	3.56%	6.69%	14.64%	22.59%	47.49%
	成績	11.51%	12.97%	13.81%	14.23%	52.51%
	スポーツ	7.95%	19.67%	16.95%	7.95%	52.51%
	容貌	29.50%	10.88%	8.79%	3.35%	52.51%
	お金持ち	3.56%	9.00%	12.97%	26.99%	52.51%

人の属性データを追加して、さらに細かく集計します。

7. 「都会/田舎」をドラッグし、「全体に対する%」見出しの下にドロップします。

図11.22 「都会/田舎」を表に追加

性別		全体に対する%									
		Rural					Suburban				
		1	2	3	4	すべて	1	2	3	4	すべて
boy	成績	2.30%	2.93%	3.56%	5.02%	13.81%	2.72%	5.86%	5.02%	5.02%	18.62%
	スポーツ	6.49%	3.97%	2.72%	0.63%	13.81%	11.30%	4.60%	2.30%	0.42%	18.62%
	容貌	3.14%	4.60%	2.72%	3.35%	13.81%	3.77%	5.86%	5.44%	3.56%	18.62%
girl	お金持ち	1.88%	2.30%	4.81%	4.81%	13.81%	0.84%	2.30%	5.86%	9.62%	18.62%
	成績	4.39%	4.39%	4.39%	4.18%	17.36%	2.51%	3.35%	2.93%	4.18%	12.97%
	スポーツ	2.30%	6.69%	5.44%	2.93%	17.36%	1.67%	3.56%	5.65%	2.09%	12.97%
	容貌	9.62%	3.35%	3.35%	1.05%	17.36%	7.95%	2.93%	1.26%	0.84%	11.92%
	お金持ち	1.05%	2.93%	4.18%	9.21%	17.36%	0.84%	3.14%	3.14%	5.86%	12.97%

これで、田舎（「Rural」）、郊外（「Suburban」）、都会（「Urban」）の男子（「boys」）にとって、人気者になるために一番重要な要素は「スポーツ」だということがわかります。田舎、郊外、都会の女子（「girls」）は、「容貌」を一番大事な要素だと考えているようです。

ページ列の使用例

男子生徒と女子生徒の身長を測定したデータがあります。平均身長を生徒の年齢別にまとめた表を作成してみましょう。さらにデータを性別で層別し、性別ごとの表を作成します。このとき、層別の列をページ列として追加します。ページ列を指定すると、グループごとにページが作成されます。図11.23のような表を作成します。

図11.23 生徒の性別ごとの平均身長

身長(インチ)		身長(インチ)	
年齢	合計	年齢	合計
12	293	12	172
13	177	13	245
14	313	14	457
15	126	15	326
16	125	16	68
17	62	17	138

女子

男子

1. 「Big Class.jmp」データテーブルを開きます。
2. [分析] > [表の作成] を選択します。
身長が分析対象の変数であるため、これを表の一番上に表示します。
3. 「身長(インチ)」をクリックし、「列のドロップゾーン」にドラッグします。
年齢別の統計量が必要なため、年齢を左側に表示します。
4. 「年齢」をクリックしてドラッグし、数値「2502」の横にある空のセルにドロップします。
5. 「性別」をクリックしてドラッグし、「ページ列」のフィールドにドロップします。
6. 「ページ列」リストから「F」を選択すると、女子の平均身長だけが表示されます。
7. 「ページ列」リストから「M」を選択すると、男子の平均身長だけが表示されます。[選択行なし] をクリックして、性別を指定せず、全体の値を表示させることもできます。

図11.24 ページ列の使用例

表の作成

表に追加するには、列や統計量を、テーブルの列見出し
しや行ラベルの領域にドラッグ & ドロップしてください。

性別=M

元に戻す やり直し 完了

5列

名前 年齢 性別 身長(インチ) 体重(ポンド)

度数 重み ページ列 sex

M

N
平均
標準偏差
最小値
最大値
範囲
全体に対する
欠測値 N
カテゴリ数
合計
重みの合計
分散
標準誤差
変動係数
中央値 (×)
四分位範囲
分位点
列%
行%

□ グループ変数の欠測値を含める
□ グループ変数の度数順
□ 集計統計量の追加
DEFAULTの統計量
形式の変更

年齢	身長(インチ)
12	172
13	245
14	457
15	326
16	68
17	138

付録 A

参考文献

-
- Agresti, A. (1984), *Analysis of Ordinal Categorical Data*, New York: John Wiley and Sons, Inc.
- Agresti, A. (1990), *Categorical Data Analysis*, New York: John Wiley and Sons, Inc.
- Agresti, A., and Coull, B. (1998), "Approximate is Better Than 'Exact' for Interval Estimation of Binomial Proportions," *The American Statistician*, 52, 119–126
- Akaike, H. (1974), "Factor Analysis and AIC," *Psychometrika*, 52, 317–332.
- Akaike, H. (1987), "A new Look at the Statistical Identification Model," *IEEE Transactions on Automatic Control*, 19, 716–723.
- American Society for Quality Statistics Division (2004), *Glossary and Tables for Statistical Quality Control*, Fourth Edition, Milwaukee: Quality Press.
- Bartlett, M.S. and D.G. Kendall (1946), "The Statistical Analysis of Variances–Heterogeneity and the Logarithmic Transformation," *JRSS Suppl* 8, 128–138.
- Bartlett, M.S. (1966), *An Introduction to Stochastic Processes*, Second Edition, Cambridge: Cambridge University Press.
- Bissell, A. F. (1990), "How Reliable is Your Capability Index?", *Applied Statistics*, 30, 331–340.
- Brown, M.B. and Benedetti, J.K. (1977), "Sampling Behavior of Tests for Correlation in Two-Way Contingency Tables," *Journal of the American Statistical Association* 72, 305–315.
- Brown, M.B. and Forsythe, A.B. (1974a), "The Small Sample Behavior of Some Statistics Which Test the Equality of Several Means," *Technometrics* 16:1, 129–132.
- Brown, M.B. and Forsythe, A.B. (1974), "Robust tests for the equality of variances" *Journal of the American Statistical Association*, 69, 364–367.
- Chou, Y.M., Owen, D.B., and Borrego, S.A. (1990), "Lower confidence limits on process capability indices," *Journal of Quality Technology*, 22(3): 223–229.
- Cleveland, W.S. (1979). "Robust Locally Weighted Regression and Smoothing Scatterplots." *Journal of the American Statistical Association* 74 (368): 829–836.
- Cohen, J. (1960), "A coefficient of agreement for nominal scales," *Education Psychological Measurement*, 20: 37–46.
- Cochran, W.G. and Cox, G.M. (1957), *Experimental Designs*, Second Edition, New York: John Wiley and Sons.
- Conover, W. J. (1972). "A Kolmogorov Goodness-of-fit Test for Discontinuous Distributions". *Journal of the American Statistical Association* 67: 591–596.
- Conover, W.J. (1980), *Practical Nonparametric Statistics*, New York: John Wiley and Sons, Inc.

- DeLong, E., Delong, D, and Clarke-Pearson, D.L. (1988), "Comparing the Areas Under Two or more Correlated Receiver Operating Characteristic Curves: A Nonparametric Approach," *Biometrics* 44, 837-845.
- Devore, J. L. (1995), *Probability and Statistics for Engineering and the Sciences*, Duxbury Press, CA.
- Dunn, O.J. (1964), "Multiple Comparisons Using Rank Sums," *Technometrics* 6, 241-252.
- Dunnett, C.W. (1955), "A multiple comparison procedure for comparing several treatments with a control" *Journal of the American Statistical Association*, 50, 1096-1121.
- Dwass, M. (1955), "A Note on Simultaneous Confidence Intervals," *Annals of Mathematical Statistics* 26: 146-147.
- Eubank, R.L. (1999), *Nonparametric Regression and Spline Smoothing*, Second Edition, Boca Raton, Florida: CRC.
- Fisher, L. and Van Ness, J.W. (1971), "Admissible Clustering Procedures," *Biometrika*, 58, 91-104.
- Fleiss, J.L., Cohen J., and Everitt, B.S. (1969), "Large-Sample Standard Errors of Kappa and Weighted Kappa," *Psychological Bulletin*, 72: 323-327.
- Friendly, M. (1991), "Mosaic Displays for Multiway Contingency Tables," *New York University Department of Psychology Reports*: 195.
- Goodman, L.A. and Kruskal, W.H. (1979), *Measures of Association for Cross Classification*, New York: Springer-Verlag (reprint of JASA articles).
- Gupta, S.S. (1965), On Some Multiple Decision (selection and ranking), Rules., *Technometrics* 7, 225-245.
- Hahn, G. J. and Meeker, W. Q. (1991) *Statistical Intervals: A Guide for Practitioners*. New York: Wiley.
- Hajek, J. (1969), *A Course in Nonparametric Statistics*, San Francisco: Holden-Day.
- Hartigan, J.A. and Kleiner, B. (1981), "Mosaics for Contingency Tables," *Proceedings of the 13th Symposium on the Interface between Computer Science and Statistics*, Ed. Eddy, W. F., New York: Springer-Verlag, 268-273.
- Hayter, A.J. (1984), "A proof of the conjecture that the Tukey-Kramer multiple comparisons procedure is conservative," *Annals of Mathematical Statistics*, 12 61-75.
- Hosmer, D.W. and Lemeshow, S. (1989), *Applied Logistic Regression*, New York: John Wiley and Sons.
- "Hot Dogs," (1986), *Consumer Reports* (June), 364-367.
- Hsu, J. (1981), "Simultaneous confidence intervals for all distances from the 'best'," *Annals of Statistics*, 9, 1026-1034.
- Hsu, J. (1989), *Tutorial Notes on Multiple Comparisons*, American Statistical Association, Washington, DC.
- Hsu, J.C. (1996), *Multiple Comparisons: Theory and Methods*, Chapman and Hall.
- Huber, Peter J. (1973), "Robust Regression: Asymptotics, Conjecture, and Monte Carlo," *Annals of Statistics*, Volume 1, Number 5, 799-821.

- Huber, P.J. and Ronchetti, E.M. (2009), *Robust Statistics*, Second Edition, Wiley.
- Iman, R.L. (1974), "Use of a t-statistic as an Approximation to the Exact Distribution of Wilcoxon Signed Ranks Test Statistic," *Communications in Statistics—Simulation and Computation*, 795–806.
- Kendall, M. and Stuart, A. (1979), *The Advanced Theory of Statistics, Volume 2*, New York: Macmillan Publishing Company, Inc.
- Kramer, C.Y. (1956), "Extension of multiple range tests to group means with unequal numbers of replications," *Biometrics*, 12, 309–310.
- Levene, H. (1960), "Robust tests for the equality of variances" In I. Olkin (ed), *Contributions to probability and statistics*, Stanford Univ. Press.
- McCullagh, P. and Nelder, J.A. (1983), *Generalized Linear Models*, London: Chapman and Hall Ltd.
- Meeker, W.Q. and Escobar, L.A. (1998), *Statistical Methods for Reliability Data*, pp. 60–62, New York: John Wiley and Sons.
- Nelson, P.R., Wludyka, P.S., and Copeland, K.A.F. (2005), *The Analysis of Means: A Graphical Method for Comparing Means, Rates, and Proportions*, Philadelphia: Society for Industrial and Applied Mathematics.
- Neter, J., Wasserman, W. and Kutner, M.H. (1990), *Applied Linear Statistical Models*, Third Edition, Boston: Irwin, Inc.
- O'Brien, R.G. (1979), "A general ANOVA method for robust tests of additive models for variances," *Journal of the American Statistical Association*, 74, 877–880.
- O'Brien, R., and Lohr, V. (1984), "Power Analysis For Linear Models: The Time Has Come," *Proceedings of the Ninth Annual SAS User's Group International Conference*, 840–846.
- Odeh, R. E. and Owen, D. B. (1980) *Tables for Normal Tolerance Limits, Sampling Plans, and Screening*. New York: Marcel Dekker, Inc.
- Olejnik, S.F. and Algina, J. (1987), "Type I Error Rates and Power Estimates of Selected Parametric and Nonparametric Tests of Scale," *Journal of Educational Statistics* 12, 45–61.
- Reinsch, C.H. (1967), *Smoothing by Spline Functions*, Numerische Mathematik, 10, 177–183.
- Rousseeuw, P.J. and Leroy, A.M. (1987), *Robust Regression and Outlier Detection*, New York: John Wiley and Sons.
- Slifker, J. F. and Shapiro, S. S. (1980). *Technometrics*, 22, 239–246.
- Snedecor, G.W. and Cochran, W.G. (1980), *Statistical Methods*, 7th edition, Ames, Iowa: Iowa State University Press.
- Somers, R.H. (1962), "A New Asymmetric Measure of Association for Ordinal Variables," *American Sociological Review*, 27, 799–811.
- Tan, Charles Y., and Iglewicz, Boris (1999), "Measurement-methods Comparisons and Linear Statistical Relationship," *Technometrics*, 41:3, 192–201.
- Tamhane, A. C. and Dunlop, D. D. (2000) *Statistics and Data Analysis*. Prentice Hall.
- Tukey, J. (1953), "A problem of multiple comparisons," Dittoed manuscript of 396 pages, Princeton University.

Welch, B.L. (1951), "On the comparison of several mean values: an alternative approach," *Biometrika* 38, 330-336.

Wludyka, P.S. and Nelson, P.R. (1997), "An Analysis-of-Means- Type Test for Variances From Normal Populations", *Technometrics*, 39:3, 274-285.

索引

基本的な統計分析

記号

- α 水準の設定
 - 対応のあるペア [254](#)
- α 水準の設定オプション
 - 一元配置 [139, 150](#)
 - 二変量 [118](#)
 - 分割表 [196, 203](#)

数字

- 5% の等高線オプション [118](#)

A

- ANOM [149](#)
 - 順位変換平均分析 [149](#)
 - 分散の平均分析-Levene の ADM [150](#)
 - 平均分析も参照

B

- Bartlett の検定 [161](#)
- Brown-Forsythe の検定 [161](#)

C

- Cochran-Armitage の傾向検定 [197, 208](#)
- Cochran-Mantel-Haenszel 検定 [196, 205](#)

F

- Fisher の正確検定 [203](#)
- Flash(.SWF)形式で保存オプション [42](#)

J

- JMP スターター [26](#)
- JMP スターターウィンドウを閉じる [26](#)
- JMP チュートリアル [24](#)
- Johnson 分布のあてはめ [78, 80](#)

K

- Kolmogorov Smirnov 検定 [157](#)
- Kruskal-Wallis 検定
 - Wilcoxon 検定を参照
- K シグマから仕様限界を設定オプション [58](#)

L

- Levene の検定 [161](#)
- LSD 閾値行列オプション [156](#)

M

- Mann-Whitney 検定
 - Wilcoxon 検定を参照

N

- N と欠測値N (要約統計量) [276](#)

O

- O'Brien の検定 [161](#)

P

- Poisson 分布のあてはめ [81](#)

R

- ROC 曲線オプション [235](#)

S

- Student の t 検定 [152, 154, 171](#)

T

- Tukey 法による差と平均のプロット [251, 252](#)
- t 検定
 - オプション [138](#)

レポート 145

V

van der Waerdenの検定 157

W-Z

Weibull分布のあてはめ 76

Welchの検定 162

Wilcoxon

検定 157

符号付順位検定 253

ペアごとの検定 158

X, グループ化カテゴリボタン 90

X, グループ変数ボタン 90

X, 説明変数ボタン 90

X, 連続量の説明変数ボタン 90

Y, 応答カテゴリボタン 90

Y, カテゴリカル応答変数ボタン 90

Y→Xのあてはめオプション 111

Y軸スケールを分散にオプション 151

ア

値ごとのあてはめ

コマンド 97, 110

メニュー 116, 117

レポート 110

値の色を選択ウィンドウ 199

値の順序を各列に保存オプション 204

あてはまりの悪さ (LOF) レポート 102, 103

あてはめ線オプション 60, 117, 166

あてはめたモデルの分位点を保存コマンド 58

あてはめの削除オプション 59, 117

あてはめの要約レポート 101, 144

イ

一元配置プラットフォーム 131, 133

オプション 136, 141

起動 135

プロット 135

例 133, 134

一変量の分布の保存コマンド 43, 52, 53

一変量の分布プラットフォーム 29

オプション 41, 53

カテゴリカル変数 31

起動 33

例 31, 33

レポートウィンドウ 34, 35

連続尺度の変数 31

一変量分散, 主成分オプション 110

一致性的統計量オプション 196, 205, 206, 222

一般化対数分布のあてはめ 80

色の設定オプション 198

ウ

内側の点を選択オプション 118

オ

応答水準の切り替えオプション 203

オッズ比オプション 197, 235

力

カーネルの制御オプション 118

カーネル平滑化コマンド 97

回帰の信頼区間オプション 117

回帰の信頼区間内を塗るオプション 118

回転オプション 60

各水準の平均レポート 147

各ペア, Studentのt検定 152, 154, 171

確率積円オプション 97, 112, 113

確率の計算式の保存オプション 236

カテゴリ数 (要約統計量) 276

カラーテーマオプション 199

ガンマPoisson分布のあてはめ 81, 82

ガンマ分布のあてはめ 77

幹葉図 49

関連の指標オプション 197, 207, 208

キ

逆推定オプション 235

行ごとに差をプロットオプション 253

行テーブル 280

行プロファイル 204

極値分布のあてはめ 76

許容区間オプション 54, 66, 71, 72

ク

グループ別オプション 96, 115, 116
グループ変数の欠測値を含めるオプション 274
グループ変数の度数順オプション 274

ケ

形式の変更オプション 274
係数の保存オプション 118
決定限界の陰影の表示オプション 151
決定限界の表示オプション 151
検出力オプション 139, 164, 165, 187, 188
検定
 分割表のオプション 196
 レポート 202, 203

コ

工程能力分析オプション 54, 56, 72, 74
項目ラベルの変更 281
個別の値に対する信頼区間オプション 117
個別の値に対する信頼区間内を塗るオプション 118
コントロール群との比較(Dunnett)検定 152, 155
コントロール群との比較 Steel検定 158
コントロール群との比較 併合順位のDunn検定 158

サ

最小値(要約統計量) 276
最大値(要約統計量) 276
最適値との比較(HsuのMCB)検定 152, 154, 174
差の行列オプション 156
差の順位レポート 156
サブセットオプション 35
残差の保存オプション 117
残差プロットオプション 118
三次元対応分析オプション 204, 213
参照枠オプション 253

シ

指數分布のあてはめ 76
実測値-分位点プロットオプション 166
指定された分散比オプション 111
シャドウグラムオプション 45
順序オプション 43

仕様限界オプション 58, 60
仕様限界の保存コマンド 59
詳細な比較レポート 156
詳細レポート 204
診断プロットオプション 58, 60
信頼区間オプション 43, 52
信頼区間の分位点オプション 156
信頼限界オプション 60

ス

推定値の共分散レポート 235
スケールの統一オプション 41
スプライン曲線のあてはめコマンド 97, 108, 109, 127
すべてのグラフオプション 140, 141
すべての分布のあてはめ 57, 80
すべてのペア Steel-Dwass 検定 158
すべてのペア,TukeyのHSD検定 152, 154, 173
すべてのペア 併合順位のDunn検定 158

セ

正確検定 197, 209
オプション 157
Fisherの正確検定も参照
正規混合分布のあてはめ 78
正規分位点プロット 45, 47, 139, 166
正規分布のあてはめ 75
設定パネルの表示オプション 282
セルのラベルオプション 199
線種オプション 117
全体平均オプション 141
選択した点の間でグラデーションオプション 199
線の色オプション 117
線の幅オプション 117

ソ

相関レポート 112
相対リスクオプション 196, 206
外側の点を選択オプション 118
その他のあてはめコマンド 97, 106, 107

タ

対応のあるt検定 247, 249

対応のあるペアプラットフォーム 247, 249
 Tukey 法による差と平均のプロット 251, 252
 オプション 253
 起動 250
 統計的詳細 255
 複数のY列 251
 例 249, 250, 254, 255
 レポートウィンドウ 251, 253
 対応のある列を設定オプション 140, 167
 対応分析オプション 196, 203, 215
 対応を表す線オプション 141, 167
 対応を表す点線オプション 141
 対数正規分布のあてはめ 76
 横円内を塗るオプション 118
 多項式のあてはめコマンド 97, 99, 129
 多項式のあてはめ次数メニュー 116, 118
 多項式のあてはめレポート 100, 129
 縦方向に表示オプション 43, 45

チ

チャートの表示オプション 282
 チュートリアル 24
 中央値の参照線オプション 60
 中央値(メディアン)(要約統計量) 277
 中心線の表示オプション 151
 直線のあてはめ
 　メニュー 116, 118
 　レポート 100, 129
 直線のあてはめコマンド 97, 99, 106, 127
 直交回帰 分散比メニュー 116, 117
 直交回帰レポート 111
 直交のあてはめコマンド 97, 110, 114, 127

ツ

ツールヒント 25
 ツールヒントの表示オプション 282
 積み重ねて表示オプション 42

テ

データテーブルに出力オプション 282
 適合度
 　オプション 58

検定 60, 84
 テスト集計パネルの表示オプション 282
 点オプション 140
 点の拡散オプション 141
 点の表示オプション
 　二変量 96
 点をずらす 239
 点をずらすオプション 141

ト

等高線オプション 118
 等高線間を塗りつぶすオプション 118
 同等性の検定オプション 138, 163, 178
 等分散性オプション 111
 等分散性の検定 138, 161
 度数
 　オプション 42
 　レポート 38, 39
 度数軸オプション 43, 45
 度数の表示オプション 43, 45

二

二項分布のあてはめ 82
 二変量正規横円メニュー 116, 118
 二変量の回帰のあてはめ 98
 二変量の関係プラットフォーム 87
 二変量プラットフォーム 91
 　オプション 95, 98, 116, 119
 　起動 93
 　例 93
 　レポートウィンドウ 94

ノ

濃淡の表示オプション 282
 ノンパラメトリック
 　オプション 138
 　検定 156
 ノンパラメトリックな多重比較検定 158
 ノンパラメトリック二変量の密度レポート 114
 ノンパラメトリック密度コマンド 97, 113, 114

ハ

パーセントの表示オプション 43, 45
箱ひげ図 140
外れ値の箱ひげ図 47, 48
パラメータ推定値レポート 105, 129, 234
範囲、要約統計量 276
反復回数レポート 232

ヒ

比較円 141, 153, 154, 186, 187
ヒストグラム 35, 61
一元配置のオプション 141
色オプション 43, 45
カテゴリカル変数のオプション 42
再スケール 36
サイズの変更 36
サブセットの作成 35
軸オプション 96, 115
データの強調表示 35, 37
データの指定 36
データの選択 38
連続尺度の変数のオプション 44, 45
ヒストグラムオプション 44
表示オプション 140, 141, 151, 203
連続尺度の変数 44
標準誤差 277
標準誤差バーのオプション 43, 45
標準偏差 276
標準偏差線オプション 141, 148
標準偏差と標準誤差（要約統計量） 276
標準偏差の検定オプション 51, 52
表の作成 267, 291
表の表示オプション 282
標本サイズに比例したX軸オプション 141, 147, 148
標本サイズ、表 283
開く
JMPスタートーウィンドウ 26

フ

ポートストラップ 259, 265
符号検定 254
プロック平均レポート 147

プロックボタン 90
プロットスケールの統一オプション 274
プロットスケールの変更オプション 274
プロットのオプションメニュー、ロジスティック 235
分位点
オプション 44, 58, 67, 137, 142, 143
レポート 39
分位点-実測値プロットオプション 166
分位点の箱ひげ図 48, 49
分位点密度等高線メニュー 116, 119
分割表 196, 200, 201
分割表プラットフォーム 191
オプション 196, 197
起動 194
例 193, 194
レポートウィンドウ 195
分散分析
レポート 103, 105, 146, 147
一元配置も参照
分散（要約統計量） 276
分布パラメータの指定オプション 58

ヘ

ベータ二項分布のあてはめ 82, 83
ベータ分布のあてはめ 77
平滑化スプライン曲線によるあてはめ
メニュー 116
レポート 108
平滑曲線のあてはめ 78
平均/ANOVAオプション 137, 143
平均/ANOVA/ブーリングしたt検定オプション 137, 143
平均誤差バーのオプション 141, 148
平均線オプション 141, 148
平均値と差のプロットオプション 253
平均と標準偏差オプション 138
平均のあてはめ
コマンド 97, 99
メニュー 116, 117
レポート 99
平均の検定オプション 51
平均の信頼区間オプション 141
平均の比較のオプション 138, 151, 156

平均のひし形オプション 141, 147, 148

平均の平均オプション 141

平均分析

 オプション 150, 151

 チャート 150, 168

 分散 150, 168, 169

 割合オプション 196, 203

平均分析法 138, 149, 151

平均をつなぐオプション 141, 142

変換されたあてはめ

 メニュー 116, 117

 レポート 107

変換の計算式を保存コマンド 59

変換または制約を指定ウィンドウ 107, 120

変動係数 277

木

棒の間を離すオプション 43

棒の幅の設定オプション 45

保存オプション

 一元配置 140

マ

マクロオプション 199

ミ

密度関数の保存コマンド 59

密度曲線オプション 58

密度グリッドの保存オプション 119

密度軸オプション 43, 45

密度推定 98

密度による点の選択オプション 118

密度のオプション 139, 166

密度の構成オプション 166

密度の比較オプション 166

密度の割合オプション 166

密度分位点による色分けオプション 118

密度分位点の保存オプション 118

峰型クラスターオプション 119

メ

メッシュプロットオプション 118

メディアン検定 157

メニューのヒント 25

モ

モザイク図

 一変量の分布のオプション 43

 分割表 196, 200

文字の接続レポート 156

モデル全体の検定レポート 232, 234

元の色に戻すオプション 199

ヨ

要約統計量

 オプション 41

 カスタマイズ 44

 レポート 39, 44

要約レポートの表示オプション 151, 203

横に並べるオプション 42, 44

予測区間オプション 53, 65, 71

予測値の保存オプション 117

リ

離散分布のあてはめのオプション 57, 83

リフトチャートオプション 236

両端の間でグラデーションオプション 199

ル

累積確率プロット 139, 140, 166

レ

列テーブル 280

列の色を保存オプション 200

列ラベルの削除 281

列ラベルの復元 281

レポートオプション 117

連続分布のあてはめのオプション 56, 80

ロ

ロジスティック回帰 225, 227

ロジスティックプラットフォーム 225

 オプション 235, 237

起動 [230](#)
推定値の共分散レポート [235](#)
パラメータ推定値レポート [234](#)
反復回数レポート [232](#)
モデル全体の検定レポート [232, 234](#)
例 [228, 229, 238, 241](#)
レポートウィンドウ [231, 235](#)
ロジスティックプロット [232, 235](#)
ロジスティック回帰も参照
ロバストなあてはめコマンド [97](#)

ワ

割合軸オプション [43, 45](#)
割合の2標本検定 [197, 206, 207](#)
割合の検定オプション [43, 63](#)

