



バージョン 11

基本的な回帰モデル

「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

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 基本的な回帰モデル』Cary, NC: SAS Institute Inc.

JMP® 11 基本的な回帰モデル

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

ISBN 978-1-61290-759-8

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

基本的な回帰モデル

1 JMPの概要

マニュアルとその他のリソース	15
表記規則	17
JMPのマニュアル	17
JMPドキュメンテーションライブラリ	18
JMPヘルプ	22
JMPを習得するためのその他のリソース	22
チュートリアル	22
サンプルデータテーブル	23
統計用語とJSL用語の習得	23
JMPを使用するためのヒント	23
ツールヒント	23
JMP User Community	24
JMPer Cable	24
JMP関連書籍	24
「JMPスターター」ウィンドウ	24

2 モデルのあてはめについて

線形モデルの指定	25
「モデルのあてはめ」プラットフォームの概要	27
「モデルのあてはめ」で行う回帰分析の例	28
「モデルのあてはめ」プラットフォームの起動	30
あてはめの手法	30
「モデルのあてはめ」起動ウィンドウの要素	33
モデル効果の構成	36
追加	36
交差	36
枝分かれ	36
マクロ	37

属性	38
変換	40
切片なし	41
「モデル効果の構成」のタブ	41
「モデルの指定」のオプション	42
欠測値をカテゴリとして扱う	44
妥当性のチェック	45
代表的なモデルの指定方法	46
統計的詳細	65

3 標準最小2乗のレポートとオプション

モデルの共通クラスを分析する	67
標準最小2乗法の使用例	69
[標準最小2乗] 手法の起動	71
「最小2乗法によるあてはめ」レポート	75
応答変数に対するオプション	79
回帰レポート	80
推定値	100
推定値の並べ替え	102
全水準の推定値	106
指示変数に対する推定値	107
逐次検定	108
カスタム検定	109
多重比較	111
複合因子検定	124
逆推定	125
Cox 配合	129
パラメータに対する検出力	130
推定値の相関	132
要因のスクリーニング	134
因子プロファイル	144
行ごとの診断統計量	152
列の保存	157
混合効果モデルのレポートとオプション	160
混合モデルと変量効果モデル	160

REML法（制限最尤法）	164
EMS法のレポート	169
1次従属性がある場合	171
統計の詳細	175

4 標準最小2乗の例

標準最小2乗を用いた様々な分析例	191
一元配置分散分析の例	193
傾きが等しい共分散分析の例	196
傾きが異なる共分散分析の例	198
応答曲面モデルの例	200
分割実験の例	203
変量効果パラメータの推定の例	207
節点スプラインの例	209
Bayes流因子スクリーニングの例	211

5 ステップワイズ回帰モデル

回帰モデルにおける変数選択	213
ステップワイズ回帰の概要	215
ステップワイズ回帰の使用例	215
ステップワイズのレポート	217
ステップワイズのプラットフォームオプション	217
「ステップワイズ回帰の設定」パネル	218
「現在の推定値」レポート	223
「ステップ履歴」レポート	224
交差、交互作用、多項式の項を含んだモデル	225
名義尺度または順序尺度の項を含んだモデル	227
階層的項に対する [モデルの作成] コマンドの使用	229
ロジスティック回帰でのステップワイズ	230
[すべてのモデル] オプション	231
[モデル平均化] オプション	233
検証の使用	234

6 一般化回帰モデル

正則化手法を使ったモデルの構築	237
一般化回帰の概要	239
一般化回帰の例	240
「一般化回帰」手法の起動	242
モデルのあてはめレポート	247
モデルの要約	247
パラメータ推定値の経路	248
標準化した説明変数に対する推定値	249
元の説明変数に対するパラメータ推定値	250
効果の検定	250
モデルのあてはめのオプション	251
「一般化回帰」のオプション	252
「一般化回帰」手法のその他の例	252
Poisson 一般化回帰	252
二項一般化回帰	254
ZI Poisson 回帰	256
統計的詳細	258

7 混合モデル

誤差の共分散構造もモデル化	261
混合モデル手法の概要	263
混合モデルを使った例	264
混合モデル手法の起動	269
「混合モデルのあてはめ」レポート	274
モデルのレポート	275
適合度統計量	276
変量効果の共分散パラメータ推定値	278
固定効果のパラメータ推定値	279
反復構造の共分散パラメータ推定値	280
ランダム係数	280
変量効果の予測値	281
固定効果の検定	281
多重比較	281

周辺予測値プロット	282
条件付き予測値プロット	284
列の保存	286
その他の例	287
統計的詳細	318
収束スコア検定	318
ランダム係数モデル	319
反復測定	320
空間的構造	323
Kackar-Harville の修正	324

8 多変量の応答モデル

多変量分散分析モデル	327
複数の応答をもつモデルの例	329
MANOVA のレポート	331
「MANOVA のあてはめ」のオプション	332
応答の指定	332
[応答の選択] のオプション	333
[カスタム検定] オプション	333
多変量検定	337
多変量検定の詳細	338
適切な多変量検定とは	339
一変量検定と球面性の検定	340
反復測定データに対する多変量モデル	341
応答側が複合しているモデルの例	343
線形判別分析	345

9 対数線形分散モデル

応答の分散と平均をモデル化	349
対数線形分散モデルの概要	351
ばらつきの効果	351
モデルの指定	351
ノート	352
対数線形分散の使用例	352
対数線形のレポート	354

対数線形プラットフォームのオプション	356
列の保存	356
行ごとの診断統計量	357
残差の検討	358
あてはめたモデルのプロファイル	358

10 名義／順序尺度の応答変数に対するロジスティック回帰

カテゴリーカルな応答のモデルのあてはめ	361
ロジスティックモデルについて	363
ロジスティックのあてはめのレポート	364
ロジスティックプロット	365
反復計算の履歴	365
モデル全体の検定	365
あてはまりの悪さ (LOF) 検定	367
パラメータ推定値	368
尤度比検定	369
「ロジスティックのあてはめ」プラットフォームのオプション	370
プロットのオプション	370
尤度比検定	370
効果に対する Wald 検定	370
信頼区間	371
オッズ比 (名義尺度の応答)	371
逆推定	373
列の保存コマンド	376
ROC 曲線	377
リフトチャート	378
混同行列	379
プロファイル	379
検証	379
名義ロジスティックモデルの例	379
順序ロジスティックモデルの例	383
2 次式の順序ロジスティックモデルの例	389
複数列の度数の積み重ね	391

11 一般化線形モデル

さまざまな分布を応答とした回帰モデル	393
一般化線形モデルの概要	395
一般化線形モデルによるあてはめ	396
一般化線形モデルの例	397
例	399
Poisson 回帰	399
Poisson 回帰とオフセット	402
正規分布の回帰モデル（対数リンク関数）	405
プラットフォームオプション	408

A 参考文献

B 統計的詳細

基本的な回帰モデル	419
応答モデル	421
連続尺度の応答	421
名義尺度の応答	421
順序尺度の応答	423
因子モデル	424
連続尺度の因子	424
名義尺度の因子	425
順序尺度の因子	434
通常の仮定	440
想定されているモデル	440
相対的な有意度	440
多重性の問題	441
妥当性の評価	441
その他の手法	441
鍵となる統計的概念	442
不確定性という統合概念	442
2つの基本的なあてはめメカニズム	443
検出力の計算	445
LSN の計算	446
LSV の計算	446

検出力の計算 447

調整済み検出力の計算 448

逆推定の信頼限界 449

索引

基本的な回帰モデル 451

第 1 章

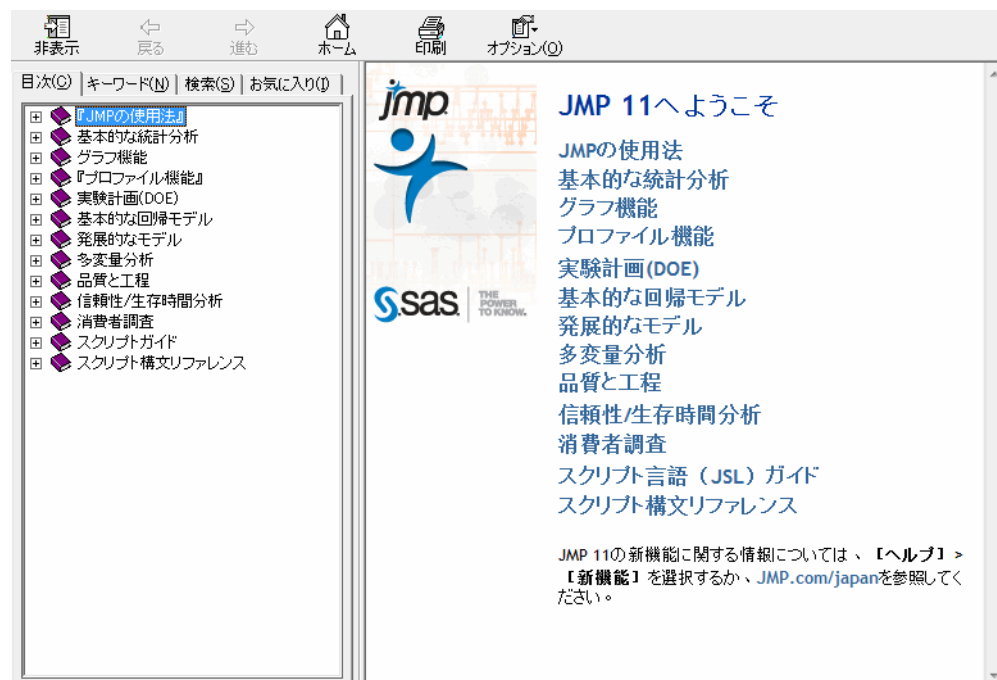
JMP の概要

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	17
JMPのマニュアル.....	17
JMPドキュメンテーションライブラリ	18
JMPヘルプ	22
JMPを習得するためのその他のリソース.....	22
チュートリアル	22
サンプルデータテーブル	23
統計用語とJSL用語の習得	23
JMPを使用するためのヒント	23
ツールヒント	23
JMP User Community	24
JMPer Cable	24
JMP関連書籍.....	24
「JMPスターター」ウィンドウ	24

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	[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： • 一変量の分布 • 二変量の関係 • 対応のあるペア • 表の作成 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。

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	[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： • 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 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。
『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	[分析] メニューの「モデルのあてはめ」プラットフォームで利用できる、以下の手法の説明： • 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	[分析] > [モデリング] メニューで利用できる以下のプラットフォームの説明： • 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 [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。
『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	[分析] > [多変量] メニューで利用できる以下のプラットフォームの説明： • 多変量の相関 • クラスタ分析 • 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	[分析] > [品質と工程] メニューで利用できる以下のプラットフォームの説明： • 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] メニューで利用できる以下のプラットフォームの説明： • 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] メニューで利用できる以下のプラットフォームの説明： • 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、『クイックリファレンス』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](#)」（22 ページ）を参照）
- サンプルデータ（「[サンプルデータテーブル](#)」（23 ページ）を参照）
- 索引（「[統計用語と JSL 用語の習得](#)」（23 ページ）を参照）
- 使い方ヒント（「[JMP を使用するためのヒント](#)」（23 ページ）を参照）
- Web リソース（「[JMP User Community](#)」（24 ページ）を参照）
- 専門誌『JMPer Cable』（「[JMPer Cable](#)」（24 ページ）を参照）
- JMP に関する書籍（「[JMP 関連書籍](#)」（24 ページ）を参照）
- JMP スターター（「[JMP スターター ウィンドウ](#)」（24 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を使う上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

モデルのあてはめについて

線形モデルの指定

「モデルのあてはめ」プラットフォームによって、複雑なモデルを簡単に作成できます。「マクロ」、「属性」、「変換」といった機能を利用することにより、効果の指定を簡略化できます。「モデルのあてはめ」プラットフォームでは、様々なモデルがサポートされています。

次のようなモデルが作成できます。

- 単回帰や重回帰の線形モデル
- 分散分析、共分散分析
- 変量効果や枝分かれ効果をもつモデル。混合モデル、反復測定モデル、分割実験モデル
- 名義および順序ロジスティック回帰
- 多変量分散分析（MANOVA）
- 正準相関分析や判別分析
- 対数線形分散モデル（平均だけでなく、分散もモデル化）
- 一般化線形モデル（GLM; Generalized Linear Model）
- パラメトリックな生存時間モデルや、比例ハザードモデル
- 応答のスクリーニング（応答の数が多い場合の分析）



JMP Pro では、次のようなあてはめも可能です。

- 誤差の共分散行列が決められた構造を持つ反復測定モデル
- 弾性ネット回帰、LASSO回帰、リッジ回帰（これらを、「一般化回帰」とJMPでは呼んでいます）
- PLS回帰

目次

- 「モデルのあてはめ」プラットフォームの概要..... 27
- 「モデルのあてはめ」で行う回帰分析の例 28
- 「モデルのあてはめ」プラットフォームの起動..... 30
 - あてはめの手法 30
 - 「モデルのあてはめ」起動ウィンドウの要素..... 33
- モデル効果の構成 36
 - 追加 36
 - 交差 36
 - 枝分かれ..... 36
 - マクロ 37
 - 属性 38
 - 変換 40
 - 切片なし..... 41
 - 「モデル効果の構成」のタブ 41
- 「モデルの指定」のオプション 42
 - 欠測値をカテゴリとして扱う..... 44
- 妥当性のチェック 45
- 代表的なモデルの指定方法..... 46
- 統計的詳細 65

「モデルのあてはめ」プラットフォームの概要

「モデルのあてはめ」プラットフォームでは、複雑なモデルを簡単に指定できます。このプラットフォームで用意されているモデルは、説明変数に関して線形です。起動ダイアログでは、「手法」を選択できます。手法を選択すると、その手法に応じたオプションが表示されます。この章では、ほとんどの手法に共通する機能だけを説明します。なお、用意されているすべての手法について、「[あてはめの手法](#)」（30 ページ）で簡単に説明しています。

[モデルのあてはめ] では、さまざまな効果を指定することができます。表 2.1 に、[モデルのあてはめ] であてはめることができる一般的なモデルを示します。この表では、効果 X と Z は連続変数、A、B、C は名義尺度または順序尺度の変数を表しています。

これらのモデル効果や、モデルのプロット、例を作成する手順については、「[代表的なモデルの指定方法](#)」（46 ページ）を参照してください。

表 2.1 標準的なモデルの種類

モデルの種類	モデル効果
単回帰	X
k 次多項式 (X)	X、X*X、...、X ^k
k 次多項式 (X、Z)	X、X*X、...、X ^k 、Z、Z*Z、...、Z ^k
重回帰	X、Z、およびその他の連続尺度の列
一元配置分散分析	A
二元配置分散分析	A、B
交互作用のある二元配置の分散分析	A、B、A*B
すべての交互作用を含む三元配置分散分析	A、B、C、A*B、A*C、B*C、A*B*C
共分散分析（等しい傾き）	A、X
共分散分析（異なる傾き）	A、X、A*X
2 因子の枝分かれ変量効果モデル	A、B[A]& 変量効果
3 因子の完全枝分かれ変量効果モデル	A、B[A]& 変量効果、C[A,B]& 変量効果
単純な分割実験または反復測定モデル	A、B[A]& 変量効果、C、C*A
2 因子の応答曲面モデル	X&RS、Z&RS、X*X、X*Z、Z*Z

「モデルのあてはめ」で行う回帰分析の例

エアロビクスの試験データをもとに、いくつかの変数から酸素摂取量を予測するモデルを作成してみましょう。

1. 「Fitness.jmp」データテーブルを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します この時点で「手法」のボックスは空です。
3. 「酸素摂取量」を選択し、[Y] をクリックします。

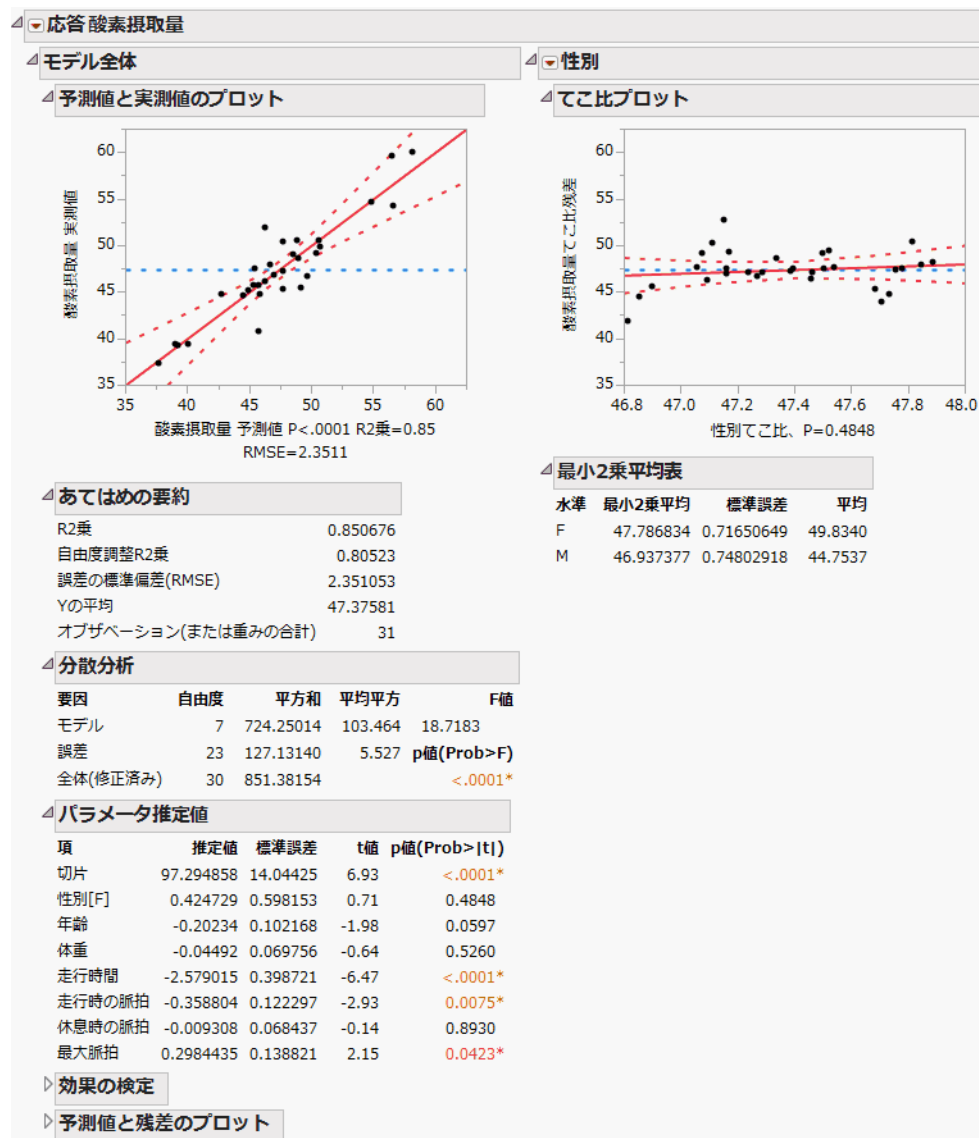
このように連続尺度の応答を指定すると、デフォルトの「手法」は「標準最小2乗」となります（他の手法に変更することもできます）。「強調点」はデフォルトで「効果てこ比」になります。

4. Ctrlキーを押しながら、「性別」、「年齢」、「体重」、「走行時間」、「走行時の脈拍」、「休息時の脈拍」、「最大脈拍」を選択します。[追加] をクリックして、「モデル効果の構成」リストに追加します。このウィンドウを開いたままにするには、[ダイアログを開いたままにする] チェックボックスをオンにします。これで、「モデルの指定」ウィンドウは、図2.1のようになります。
5. [実行] をクリックします。図2.2は、表示されたレポートの一部です。

図2.1 「Fitness.jmp」を使った回帰モデルの「モデルの指定」ウィンドウ



図2.2 「Fitness.jmp」の「最小2乗法によるあてはめ」レポートの一部



一番左の列には、モデル全体のプロットとレポートが表示されます。右側の列には、モデル内で指定した各効果のてこ比プロットが表示されます。スペースの都合で図2.2には「性別」の列しか表示されていませんが、実際のレポートにはその他6つの効果も表示されています。赤い三角ボタンをクリックすると、レポートウィンドウにレポートやプロットを追加するためのオプションが表示されます。「最小2乗法によるあてはめ」レポートウィンドウの詳細については、「標準最小2乗のレポートとオプション」の章の「[「最小2乗法によるあてはめ」レポート](#)」(75ページ)を参照してください。

「パラメータ推定値」レポートのp値を見ると、「走行時間」、「走行時の脈拍」、および「最大脈拍」が酸素摂取量の説明変数として有意であることがわかります。この後に、有意でない説明変数をモデルから削除しても良いかもしれません。変数選択の詳細については、「ステップワイズ回帰モデル」の章（213ページ）を参照してください。

「モデルのあてはめ」プラットフォームの起動

「モデルのあてはめ」プラットフォームを起動するには、[分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。図2.3は、「Fitness.jmp」サンプルデータテーブルの起動ウィンドウです。

図2.3 「モデルのあてはめ」起動ウィンドウ



注: 「モデル」というスクリプトが保存されているデータテーブルで [分析] > [モデルのあてはめ] を選択すると、スクリプトで指定されている列の役割が起動ウィンドウに自動入力されます。

「モデルのあてはめ」起動ウィンドウでは、任意の「手法」を選択することで多様なモデルをあてはめることができます。表2.2では、各手法について簡単に説明し、詳細が記されている節やドキュメントを紹介しています。この章では、ほとんどの手法に共通する機能だけを説明します。

あてはめの手法

「モデルのあてはめ」プラットフォームでは、さまざま手法が用意されています。手法は、入力した応答と因子に従って自動的に選択されますが、[手法] メニューを使って変更することもできます。

表 2.2 では、各手法について簡単に説明し、詳細が記されている節やドキュメントを紹介しています。

表 2.2 あてはめの手法の説明

手法	説明	参照
標準最小 2 乗	連続尺度の応答変数に対して、線形モデルをあてはめます。線形回帰分析、分散分析、共分散分析、混合モデルなどが行えます。	詳細については、「 標準最小 2 乗のレポートとオプション 」の章 (67 ページ) を参照してください。
ステップワイズ法	線形回帰モデルやロジスティックモデル (二値応答もしくは順序応答) に関して、変数選択を行います。応答が連続尺度である線形モデルの場合には、交差検証、p 値、BIC 規準、AICc 規準に基づいて変数を選択できます。また、説明変数のすべての組み合わせをあてはめる機能や、モデル平均化を行う機能があります。応答が二値もしくは順序尺度であるロジスティックモデルの場合は、p 値、BIC 規準、AICc 規準に基づいて変数を選択できます。	詳細については、「 ステップワイズ回帰モデル 」の章 (213 ページ) を参照してください。
一般化回帰 	正則化した (罰則を課した) 推定方法により、一般化線形モデルをあてはめます。正則化の手法には、リッジ回帰、LASSO、弾性ネット、適応型弾性ネットがあります。応答の分布として、正規分布、二項分布、Poisson 分布、ゼロ強調 Poisson 分布、負の二項分布、ゼロ強調の負の二項分布、ガンマ分布が用意されています。	詳細については、「 一般化回帰モデル 」の章 (237 ページ) を参照してください。
混合モデル 	連続尺度の応答に対して、特定の共分散構造を誤差に仮定した線形モデルをあてはめます。次のような状況に適しています。 – 分割実験 – ランダム係数モデル – 反復測定実験 – 空間データ – 相関がある応答データ	詳細については、「 混合モデル 」の章 (261 ページ) を参照してください。
MANOVA	連続尺度の応答変数が複数あるデータに対して、多変量分散分析を行います。ここに含まれる分析としては、多変量分散分析、反復測定データの分析、判別分析、正準相関分析があります。	詳細については、「 多変量の応答モデル 」の章 (327 ページ) を参照してください。

表 2.2 あてはめの手法の説明（続き）

対数線形 - 分散	連続尺度の応答変数に対して、分散に対する効果ももつモデルをあてはめます。平均と分散に対して、別々の効果を指定することができます。	詳細については、「 対数線形分散モデル 」の章 (349 ページ) を参照してください。
名義ロジスティック	名義尺度の応答にロジスティック回帰をあてはめます。	詳細については、「 名義／順序尺度の応答変数に対するロジスティック回帰 」の章 (361 ページ) を参照してください。
順序ロジスティック	順序尺度の応答にロジスティック回帰をあてはめます。	詳細については、「 名義／順序尺度の応答変数に対するロジスティック回帰 」の章 (361 ページ) を参照してください。
比例ハザード	セミパラメトリックモデルである、Cox の比例ハザードモデルをあてはめます。打ち切りデータも考慮しながら、説明変数が生存時間に及ぼす効果を調べます。 この手法は、[分析] > [信頼性/生存時間分析] > [比例ハザードのあてはめ] を選択して起動することもできます。	『信頼性 / 生存時間分析』を参照してください。
生存時間（パラメトリック）	生存時間データに対して、パラメトリックな回帰モデルをあてはめます。この手法は、生存時間の分布が説明変数の関数によって表せる場合に使用します。応答の分布には、いくつかの分布が用意されています。この手法は、打ち切りデータも考慮します。 この手法は、[分析] > [信頼性/生存時間分析] > [生存時間(パラメトリック)のあてはめ] を選択して起動することもできます。	『信頼性 / 生存時間分析』を参照してください。
一般化線形モデル	一般化線形モデルをあてはめます。分布とリンク関数を指定することにより、さまざまな回帰モデルを指定できます。一般化線形モデルには、ロジスティック回帰、Poisson 回帰、指数回帰などが含まれます。	詳細については、「 一般化線形モデル 」の章 (393 ページ) を参照してください。

表 2.2 あてはめの手法の説明（続き）

PLS 回帰 	1 つまたは複数の応答変数に対して、PLS 回帰モデルをあてはめます。PLS 回帰モデルは、説明変数間に強い相関がある場合や、オブザベーション数よりも説明変数が多い場合などに有用です。 PLS 分析は、[分析] > [多変量] > [PLS 回帰] を選択して行うこともできます。	『多変量分析』を参照してください。
応答のスクリーニング	応答変数が数多くあるようなデータに対して、線形モデルをあてはめ、説明変数に対する検定の p 値を一度に求めます。検定の結果は、データテーブルに出力され、グラフに描画されます。検定の多重性を考慮し、偽発見率（FDR; False Discovery Rate）も算出されます。また、外れ値が検定に及ぼす影響を小さくするための、ロバストな推定方法も用意されています。 注：この手法は、連続量の応答にのみ使用できます。個別の因子に対する応答のスクリーニングは、[分析] > [モデル化] > [応答のスクリーニング] を選択しても実行できます。こちらのプラットフォームでは、カテゴリカルな応答もサポートされており、また、同等性や実質的有意差に対する検定もサポートされています。	『発展的なモデル』を参照してください。

「モデルのあてはめ」起動ウィンドウの要素

表 2.3 では、「モデルのあてはめ」のほとんどの手法に共通する要素を説明しています。

表 2.3 ほとんどの手法に共通する要素

モデルの指定	「モデルの指定」の赤い三角ボタンのメニューには、次のようなオプションがあります。 • 多項式が含まれている場合に、変数を中心化する • 欠測値をカテゴリとして扱う • 有意水準を設定する • モデルの指定をスクリプトウィンドウに保存したり、データテーブルにスクリプトとして保存したりする • SAS システムで実行する • 収束基準を設定する 「モデルの指定」のオプション (42 ページ) を参照してください。
列を選択	現在のデータテーブルの列のうち、除外されていないものが一覧表示されます。
Y	モデルの応答変数です。複数の列を指定できます。
重み	1 つの列だけ指定できます。この役割を持った列の値は、分析において各行の重みとして使用されます。 「重み」 (35 ページ) を参照してください。
度数	1 つの列だけ指定できます。この役割を持った列の値は、分析において各行の度数として使用されます。度数が整数の場合、度数を指定したときの結果は、度数が k である行を k 行にしたデータに対する結果と同じになります。小数点を含む度数を指定することもできます。 「度数」 (35 ページ) を参照してください。
By	変数の各水準ごとに個別に分析が行われます。
追加	モデルに効果を追加します。 「追加」 (36 ページ) を参照してください。
交差	2 つ以上の変数を交差させて交互作用および多項式を作成します。 「交差」 (36 ページ) を参照してください。
枝分かれ	枝分かれ効果を作成します。 「枝分かれ」 (36 ページ) を参照してください。
マクロ	一般によく使用されるモデルの効果を自動的に生成します。 「マクロ」 (37 ページ) を参照してください。
次数	マクロで設定される多項式の次数を指定します。 「マクロ」 (37 ページ) の 【設定された次数まで】 および 【多項式の次数】 を参照してください。
属性	モデル効果に属性を適用します。これらの属性によって、効果の扱いが決まります。 「属性」 (38 ページ) を参照してください。
変換	選択した連続尺度の効果または Y 列を変換します。 「変換」 (40 ページ) を参照してください。

表 2.3 ほとんどの手法に共通する要素（続き）

切片なし	モデルから切片項を除外します。
手法	あてはめの手法を指定します。「 モデル効果の構成 」（36 ページ）を参照してください。
ヘルプ	「モデルのあてはめ」プラットフォームのヘルプが表示されます。
前回の設定	前回使用した設定内容が起動ウィンドウに自動的に入力されます。
削除	役割から変数を削除します。効果をダブルクリックするか、効果を選択して Backspace キーを押しても、効果が削除されます。
実行	指定したモデルと手法でレポートウィンドウを作成します。
ダイアログを開いたままにする	分析の実行後も、起動ウィンドウが開いたままになります。いつでも設定を変更し、分析をやり直すことができます。

度数

度数の列は、「モデルのあてはめ」のほとんどの手法で、[**度数**] リストボックスにオプションとして指定できます。度数は、一般に次のように解釈されます。ある行の度数が f だとします。このときの計算結果は、その行のコピーを f 個含むデータの計算結果と同じになります。

度数が 0 または欠測値の行は、分析から除外されます。負の度数は、「生存時間（パラメトリック）」で打ち切りのある行に対してのみ使用できます。それ以外の場合は分析から除外されます。「生存時間（パラメトリック）」において、区間打ち切りデータの形式で適切な負の度数を使用すると、切断分布（truncated distribution）があてはめられます。

度数の値は整数でなくてもかまいません。度数列（整数以外の度数値を持つ例を含む）の処理に関する技術的な詳細は、「[統計的詳細](#)」（65 ページ）を参照してください。

重み

重み変数は、「手法」が最小 2 乗法や正規分布の最尤法、または一般化線形モデルの場合に、オプションで使用できます。ある行の重みが w である場合、その行の損失関数の値に $w^{-1/2}$ が掛けられます。

重み変数は、データの行ごとに、誤差分散の大きさが異なる場合に役立ちます。たとえば、各行が予め集計された平均から成るデータで、回帰モデルをあてはめる場合などです。このような場合、平均を計算するのに用いたデータ数が多い行（分散が小さい行）は、データ数が少ない行（分散が大きい行）よりも、損失関数に対する寄与が大きくなるはずで、適切な重みを使えば、このような分散が異なる状態を考慮することができます。

重み変数は、推定値と標準誤差に影響します。ただし、度数変数とは異なり、仮説検定で使用される自由度には影響しません。

重みが負の値または 0 である行は、分析から除外されます。

モデル効果の構成

ここでは、モデルの効果を指定するときのオプションについて説明します。これらのオプションを利用して作成できるモデルの例は、「[代表的なモデルの指定方法](#)」(46ページ)にあります。

追加

[追加] ボタンをクリックすると、選択されている列がモデルに効果として追加されます。モデルに効果を追加するには、「列の選択」リストで選択してから、[追加] ボタンをクリックするか、[マクロ] ボタンをクリックします。なお、交互作用や枝分かれ効果を指定するには、[交差] や [枝分かれ] を使います。また、追加された効果の属性は、[属性] の赤い三角ボタンで変更できます。追加された効果が計算においてどのように扱われるかは、変数の尺度や属性によって決まります。

注: 「モデル効果の構成」リストから効果を削除するには、効果をダブルクリックするか、効果を選択してから [削除] ボタン、Backspace キー、または Delete キーを押します。

交差

[交差] ボタンをクリックすると、交互作用や多項式の効果が作成されます。「列の選択」リストで2つ以上の列を選択し、[交差] ボタンをクリックしてください。または、「列の選択」リストで1つ以上の変数を選択し、「モデル効果の構成」リストで1つ以上の効果を選択し、[交差] をクリックしてください。

交互作用の効果が、JMPにおいてどのようにパラメータ化されるかについては、「[統計的詳細](#)」(419ページ)を参照してください。

注: 「交差」および「枝分かれ」において組み合わせることができる列は、最大10列です。

交互作用の例

製品のコーティングに、ある染料を利用する例を考えてみましょう。染料のpHと色素濃度が、コーティングの最終的な色に影響しています。そこで、pHが高いときと低いとき、色素濃度の濃いときと薄いときで組み合わせた実験を行いました。染料のpHが最終的な色に与える影響は、色素濃度が高いときよりも、低いときの方が大きいです。このような状態が、**交互作用**です。この例の交互作用をJMPで指定するには、「モデル効果の構成」リストに、「pH * 色素濃度」という効果を含めます。これで、交互作用の項がモデルに含まれます。

枝分かれ

枝分かれ効果を作成します。ある効果(B)の水準が別の効果(A)の水準のうち1つでしか出現しない場合、「BはAから**枝分かれ**している」といいます。これは通常、 $B[A]$ (「Aから枝分かれしているB」と読む)と表記されます。枝分かれは、階層型の関係を定義するものです。Aは**外側効果**、Bは**内側効果**と呼ばれます。

注：枝分かれの項は、外側効果から先に指定する必要があります。たとえば、BがAから枝分かれしていて、CがBから枝分かれしている場合は、モデルをA、B[A]、C[B,A]（または、A、B[A]、C[A,B]）と指定します。「交差」および「枝分かれ」において組み合わせることができる列は、最大10列です。

枝分かれ効果の例

枝分かれ効果を理解するために、ここでは、ある2つの中学校の数学クラスに関する例を挙げます。一方の中学校には数学教師が3名おり、他方の中学校には2名います。そして、各教師たちは、それぞれ幾つかのクラスを教えています（これらのクラスの生徒は重複していません）。この例では、学校（A）から教師（B）が枝分かれしており、さらに、教師（B）からクラス（C）が枝分かれしています。これらの効果は、「モデルのあてはめ」起動ウィンドウで次のように指定します。

- 1. AとBの両方を「モデル効果の構成」パネルに追加します。
- 2. 「モデル効果の構成」パネルで、Bをクリックします。
- 3. 「列の選択」リストで、Aをクリックします。
- 4. [枝分かれ] ボタンをクリックします。これにより、Bが効果B[A]に変換されます。
- 5. 「モデル効果の構成」パネルにCを追加し、それをクリックします。
- 6. 「列の選択」リストで、AとBをクリックします。
- 7. [枝分かれ] ボタンをクリックします。これにより、Cが効果C[A, B]に変換されます。

マクロ

[マクロ] ボタンにはよく使用される効果が用意されており、「モデル効果の構成」に指定する手間が省けます。

表2.4 [マクロ] のオプションの説明

完全実施要因	「列の選択」リストで選択された列に対し、すべての主効果と交互作用を作成します。入力される順序は、「列の選択」リストでの主効果の順序に基づきます。別の順序で入力したい場合は、この表の「すべての組み合わせ」を参照してください。
設定された回数まで	すべての主効果と、指定した回数までの交互作用を作成します。回数は[マクロ] ボタンの下の「回数」ボックスで指定します。
すべての組み合わせ	[完全実施要因] オプションと同じ効果を作成しますが、効果は回数の順にリストされます。最初に主効果、次に2次の交互作用、その次に3次の交互作用という順でリストされます。

表 2.4 [マクロ] のオプションの説明（続き）

応答曲面	主効果、2 次の交互作用、2 乗項を作成します。選択した主効果には「応答曲面」の属性が適用されます。主効果に応答曲面の属性を適用し、[標準最小 2 乗]の手法を選択した場合、「応答曲面」レポートが表示されます。このレポートには、最適解と応答曲面の形状に関する情報が表示されます。 「属性」(38 ページ) の「応答曲面効果」と『実験計画 (DOE)』も参照してください。
配合 応答曲面	主効果と 2 次の交互作用を作成します。主効果には「応答曲面」と「配合」の属性があります。[標準最小 2 乗]の手法では、「配合」の属性により配合モデルがあてはめられます。「応答曲面」の属性は、配合モデルに固有の「応答曲面」レポートを作成します。 「属性」(38 ページ) の「配合効果」と『実験計画 (DOE)』も参照してください。
多項式の 次数	主効果と、指定した次数までの多項式の項を作成します。次数は [マクロ] ボタンの下の「次数」ボックスで指定します。
Scheffe の 3 次多項式	主効果、交互作用、Scheffé の 3 次多項式を作成します。これらの項によって構成されるモデルは、配合計画における 3 次多項式の応答曲面モデルになっています。 配合実験データに 3 次多項式モデルをあてはめる場合、$X_1 \times X_1 \times X_2$ といった偶数乗の項は推定できません。そこで、Scheffé の 3 次多項式モデルでは、代わりに、$X_1 \times X_2 \times (X_1 - X_2)$ という形式の項を使います。 Scheffé の 3 次多項式は、「次数」ボックスに 3 と入力し、[マクロ] から [配合応答曲面] コマンドを選択して含めることもできます。
動径	選択された連続変数を用いて、動径基底型の平滑化関数をあてはめます。データにおける一意な値がすべて、節点として使われます。この平滑化は、Ruppert, Wand, and Carroll (2003; Chapter 13.4–13.5) で説明されている方法に基づきます。 JMP によるこの結果は、SAS/STAT の GLIMMIX プロシジャにて、RANDOM ステートメントで <code>TYPE=RSMOOTH</code> と <code>KNOTMETHOD=DATA</code> を指定した結果と同じになります。

属性

表 2.5 に、効果の属性を示します。これらの属性は、「モデル効果の構成」リストで効果を選択した後、これらの属性のいずれかを選択することにより、割り当てることができます。

表 2.5 [属性] のオプションの説明

変量効果	効果に変量効果の属性を割り当てます。変量効果の詳細については、「標準最小 2 乗のレポートとオプション」の章の「 変量効果とあてはめ手法の指定 」(163 ページ) を参照してください。
応答曲面効果	効果に「 応答曲面 」の属性を割り当てます。この属性を用いるときには、関連する 2 乗項や 2 次交互作用などが、「モデル効果の構成」リストに含まれていなければなりません。「マクロ」リストの「 応答曲面 」オプションを使用すると、自動的にこれらの項が生成され、主効果に応答曲面の属性が割り当てられます。なお、交互作用や多項式の項には「 応答曲面 」の属性を割り当てる必要はありません。主効果だけに、この属性を割り当ててください。
対数分散効果	効果に対数分散の属性を割り当てます。この属性が指定された効果は、分散に対するモデル式に含まれます。 平均と分散の両方のモデルに含めたい効果は、2 回指定する必要があります。そのような効果は、「対数分散効果」の属性なしとありで 2 回入力することにより指定できます。または、タブ形式の場合には、「平均の効果」と「分散の効果」の両方のタブに入力することにより指定できます。
配合効果	主効果に配合の属性を割り当てます。これは、配合に関係する主効果を指定するのに使用されます。なお、「マクロ」リストの「 配合応答曲面 」オプションは、選択した効果に自動的に配合属性を割り当て、可能な場合は「 応答曲面 」レポートを表示します。
除外した効果	効果に除外の属性を割り当てます。そうすることで、その効果をモデルのあてはめから除外し、LOF 検定（あてはまりの悪さの検定）におけるグループの構成に使用されます。また、「標準最小 2 乗法」法では最小 2 乗平均が計算されます。
節点スプライン効果	連続尺度の主効果に節点スプラインの属性を割り当てます。これにより、3 次の節点スプラインがあてはめられます。「 節点スプライン効果 」(39 ページ) を参照してください。

節点スプライン効果

節点スプラインを使うと、滑らかな関数をあてはめることができます。ある説明変数に節点スプライン効果を割り当てた場合、説明変数 1 つあたりにつき k 個の節点が設定され、 $k-2$ 個の効果が追加されます。これらの効果により、モデルが区分 3 次多項式によって表される節点スプラインとなります。各区分は、節点によって分割されます。節点スプラインについては、Stone and Koo (1985) を参照してください。

節点スプラインにおける区分の数は、ユーザが指定する節点の個数によって決まります。モデルの係数は、最小 2 乗法や最尤法などによって推定されます。

節点の配置方法は、Stone and Koo（1985）に従っています。データ点が100個以下の場合は、最小と最大から5番目の点が、それぞれ最初と最後の節点になります。データ点が101個以上の場合は、節点が5つ以下のときは5%と95%の分位点が最初と最後の節点になり、節点が6つ以上のときは2.5%と97.5%の分位点が最初と最後の節点になります。デフォルトの節点の数は、データ点が31以上の場合は5点、データ点が30以下の場合は3点です。

注：節点スプライン曲線の効果は、主効果の連続尺度の項にしか設定できません。

変換

〔変換〕オプションは、「モデル効果の構成」で選択されているY列または主効果を変換します。

注：「列の選択」リストで列を右クリックして〔変換〕を選ぶことでも、列を変換できます。列を右クリックして〔変換〕を選ぶと、「列の選択」リストに変換した列が表示されます。この変換した列は、「モデルのあてはめ」ウィンドウにおいて、データテーブルの列と同じ様に使用できます。詳細については、『JMPの使用法』を参照してください。

表 2.6 〔変換〕のオプションの説明

なし	現在適用されている変換を削除します。
対数	選択された変数に、自然対数変換を適用します。
平方根	選択された変数の値の平方根を取ります。
2乗	選択された変数の値を2乗します。
逆数	変数Xを、逆数1/Xに変換します。
指数	選択された変数に、指数変換を適用します。
Arrhenius	変数T（摂氏での温度）に Arrhenius 変換を適用します。 $X = \frac{11605}{T + 273.15}$ これは、Arrhenius 式において、活性化エネルギーに乘じられる項です。
Arrhenius 逆変換	変数Xに Arrhenius の逆変換を適用します。 $T = \frac{11605}{X} - 273.15$
Logit	選択された変数を、ロジット変換します（pは、0より大きく、1未満でなければいけません）。ロジット変換は、ロジスティック変換の逆変換です。 $\text{Logit}(p) = \log\left(\frac{p}{1-p}\right)$

表 2.6 [変換] のオプションの説明（続き）

Logistic	選択された変数を、ロジスティック変換します。結果は、0 より大きく、1 未満です）。ロジスティック関数は、「シグモイド関数」、「ロジスト関数」などとも呼ばれています。 $\text{Logistic}(x) = \frac{1}{(1 + e^{-x})}$
LogitPct	選択された変数を、パーセントを単位としてロジット変換します (<i>pct</i> は、0 より大きく、100 未満でなければいけません)。 $\text{LogitPct}(pct) = \log \left(\frac{\left(\frac{pct}{100} \right)}{1 - \left(\frac{pct}{100} \right)} \right)$
LogisticPct	選択された変数を、パーセントを単位としてロジスティック変換します（結果は、0 より大きく、100 未満です）。 $\text{LogisticPct}(x) = \frac{100}{(1 + e^{-x})}$

切片なし

切片項のないモデルをあてはめたい場合は、[切片なし] を選択してください。また、モデルのなかには、配合モデルのように、切片が構造上、必要ではないものがあります。そのような場合は、デフォルトで [切片なし] がオンになります。

「モデル効果の構成」のタブ

表 2.7 では、起動ダイアログにて各手法を選択した時に、モデル効果を指定するために表示されるタブを説明しています。

注：最初の起動ダイアログで、効果に何らかの属性を適用すると、適用された属性によって効果の扱われ方が決まります。また、モデルを実行した後、レポートの赤い三角ボタンメニューから [モデルダイアログ] を選択すると、それらの効果が適切なタブに表示されます。

表 2.7 手法の説明と「モデル効果の構成」のタブへの入力

標準最小 2 乗	[固定効果] タブ: 固定効果として扱う効果を指定します。固定効果では、因子のそれぞれの水準が推定対象となります。水準ごとの平均を比較するのが主な目的です。
	[変量効果] タブ: 変量効果として扱う効果を指定します。変量効果における各水準は、母集団から無作為抽出された標本と見なされます。変量効果によって、応答がどれだけばらつくかを推定するのが主な目的です。
混合モデル	[固定効果] タブ: 固定効果を指定します。この表の「標準最小 2 乗」の欄を参照してください。
	[変量効果] タブ: 変量効果を指定します。このタブにおいて、分散成分モデルやランダム係数モデルを指定できます。
	[反復構造] タブ: 反復測定モデルにおける共分散構造を選択します。
対数線形 - 分散	[主効果] タブ: 平均をモデル化するのに用いる効果を指定します。
	[分散効果] タブ: 分散をモデル化するのに用いる効果を指定します。 平均のモデル化にも、分散のモデル化にも用いたい効果は、両方のタブに入力してください。
生存時間（パラメトリック）	[位置の効果] タブ:（対数変換した後の分布において）位置パラメータに対する効果を指定します。なお、この効果は、対数変換しない元の分布（たとえば Weibull 分布）では、尺度パラメータへの効果に該当します。
	[尺度効果] タブ:（対数変換した後の分布において）尺度パラメータに対する効果を指定します。

「モデルの指定」のオプション

表 2.8 では、「モデルの指定」の赤い三角ボタンで用意されているオプションを説明しています。

表 2.8 「モデルの指定」のオプションの説明

多項式の中心化	2以上の次数を持つ連続尺度の項を、平均を引いて中心化します。このオプションはデフォルトでオンになっています（ただし、配合効果の属性が割り当てられている場合や、「配合」の列プロパティが付与されている場合は除く）。なお、「コード変換」の列プロパティを持つ項は、平均ではなく、指定されている最大値と最小値の中間値で中心化されます。 中心化を行うことで、回帰係数が解釈しやすくなり、また、効果間の共線性が軽減されます。
欠測値をカテゴリとして扱う 	このオプションを選択すると、欠測値を1つのカテゴリとして扱って、モデルがあてはめられます。このオプションをオンにすると、説明変数に欠測値があるデータに対しても、予測値が算出されます。欠測値を分析に組み込みたい場合に便利です。詳細は、「欠測値をカテゴリとして扱う」（44 ページ）を参照してください。 このオプションは、[標準最小2乗法]、[ステップワイズ法]、[一般化回帰]、[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]、[比例ハザード]、[生存時間（パラメトリック）]、[一般化線形モデル]、[応答のスクリーニング] で使用できます。
有意水準の設定	「モデルのあてはめ」で使用する信頼区間の有意水準を設定します。デフォルトのα水準は0.05です。
データテーブルに保存	「モデルのあてはめ」起動ウィンドウで指定した内容を、スクリプトとしてデータテーブルに保存します。このスクリプトには「モデル」という名前がつけます。テーブルに「モデル」という名前のスクリプトがある場合、[分析] > [モデルのあてはめ]を選択すると、スクリプトの内容が自動的に起動ウィンドウに入力されます。（自動入力を希望しない場合は、スクリプトの名前を変更してください。） JSLスクリプトの詳細については、『JMPスクリプト言語（JSL）ガイド』を参照してください。
スクリプトウィンドウに保存	「モデルのあてはめ」起動ウィンドウでの指定内容をスクリプトウィンドウにコピーします。このスクリプトウィンドウの内容を保存すれば、いつでもスクリプトを実行して同じモデルを作成することができます。

表 2.8 「モデルの指定」のオプションの説明（続き）

SAS ジョブの作成	現在のデータを作成し、分析を実行するため SAS プログラムを、スクリプトウィンドウに作成します。このプログラムを SAS システムで実行するには、次のような方法があります。 1. SAS のプログラムエディタにコードをコピーして貼り付け、実行します。SAS の旧バージョン（バージョン 8.2 以前）でも、この方法なら実行できます。 2. JMP のスクリプトウィンドウ上において、[編集] > [SAS でサブミット] を選択します。 3. ファイルを保存した後、それをダブルクリックして、ローカルの SAS でそのファイルを開きます。ローカルの SAS では、ODS 機能を用いて、HTML 形式や PDF 形式のファイルを出力するといった操作も行えます。 『JMP の使用法』を参照してください。
SAS でサブミット	コードを SAS で実行し、その結果を JMP に表示します。JMP が SAS サーバーに接続されていない場合、接続するためのダイアログが表示されます。 『JMP の使用法』を参照してください。
収束の設定	注：このオプションは、起動ウィンドウで特定の手法を選択した場合、または、方法として [REML] を選択した場合にのみ表示されます。 [収束の設定] メニューには、モデルの選択内容に応じて、次のようなオプションが用意されています。 • 最大反復回数 • 収束限界 [最大反復回数] および [収束限界] のデフォルト値は、それぞれ 100 および 0.00000001 です。これらの値を変更するには、値をクリックして選択し、新しい値を入力します。データの規模が大きかったり、モデルが複雑だったりするため、計算時間が長くなるので、途中で反復計算を打ち切りたい場合は、反復回数を減らしてください。また、モデルがなかなか収束しない状況で解を得たい場合には、[最大反復回数] の値を増やすか、または [収束限界] の値を大きめにしてください。

欠測値をカテゴリとして扱う

 [欠測値をカテゴリとして扱う] オプションをオンにすると、欠測値があっても予測値を求めることができるように、欠測値が処理されます。連続尺度の効果と、名義尺度や順序尺度などのカテゴリカルな効果に対して、以下で説明するような欠測値処理が行われます。

連続尺度の効果

連続尺度の主効果に欠測値に対しては、内部的に指示変数が作成されます。この指示変数は、欠測値の場合は1、欠測値でない場合は0となっています。また、元の欠測値には、非欠測値の平均値が代入されます。代入するのはどのような値でも良いのですが、平均値を代入するのは、非欠測値の平均値は一種の「中立的」な値で、パラメータ推定値が解釈しやすくなるからです。

こうして求められた指示変数のパラメータ推定値は、説明変数の平均値における、欠測値グループと非欠測値グループとの応答予測値の差を表しています。

多項式における2次以上の項でも、各変数の欠測値は、非欠測値の平均値に置き換えられます。なお、[多項式の中心化] がオンになっている場合は（デフォルトではオンになっています）、この平均値は0になります。なぜなら、[多項式の中心化] オプションがオンになっている場合、多項式の項における各変数は、平均を引くことにより中心化されているからです。

「効果の検定」レポートでは、欠測値のある連続尺度の主効果におけるパラメータ数は、2となります。そして、「パラメータの推定値」レポートにおいて、パラメータ名が、連続尺度の主効果は「<列名> (平均値補完)」、指示変数は「<列名> 欠測値」となっています。データテーブルに保存される予測式は、これらのモデルパラメータを用いて、欠測値を考慮した計算式になっています。

カテゴリカルな効果

名義尺度または順序尺度の主効果に欠測値がある場合、その欠測値は、その因子における1つの水準として扱われます。このように扱われるため、「効果の検定」レポートにおけるパラメータ数は、1つ増えます。

「パラメータ推定値」レポートでは、名義尺度の効果のパラメータ名は、「<列名>[]」となります。また、順序尺度では、「<列名>[-x]」となります。ここで、「x」は、値の順序で最も先頭にある水準です。

連続尺度の効果と同じように、データテーブルに保存される予測式は、これらのモデルパラメータを用いて、欠測値を考慮した計算式になっています。

コーディングのテーブル

[標準最小2乗] の手法を使用している場合、[列の保存] > [コーディングのテーブルを保存] を選択することで、[欠測値をカテゴリとして扱う] オプションをオンにしたときに使用された計画行列を見ることができます。

妥当性のチェック

「モデルのあてはめ」プラットフォームでは、指定したモデル効果の階層に重複や不足がないかが自動的にチェックされ、何らかの不備があれば警告メッセージのダイアログが表示されます。ダイアログにて、[続行] をクリックしてあてはめを続行するか、[キャンセル] をクリックして分析を中止してください。

代表的なモデルの指定方法

ここでは、いくつかの有名なモデルを、「モデルのあてはめ」起動ウィンドウでどのように指定するかを説明します。以下の説明では、次のアルファベットを用います。

- XとZは、連続尺度の列を表します。
- A、B、Cは、名義または順序尺度の列を表します。

また、一緒に出力されるグラフも例示します。

単回帰

入力する効果: X

1. 「列の選択」リストで、Xを選択します。
2. [追加] ボタンをクリックします。

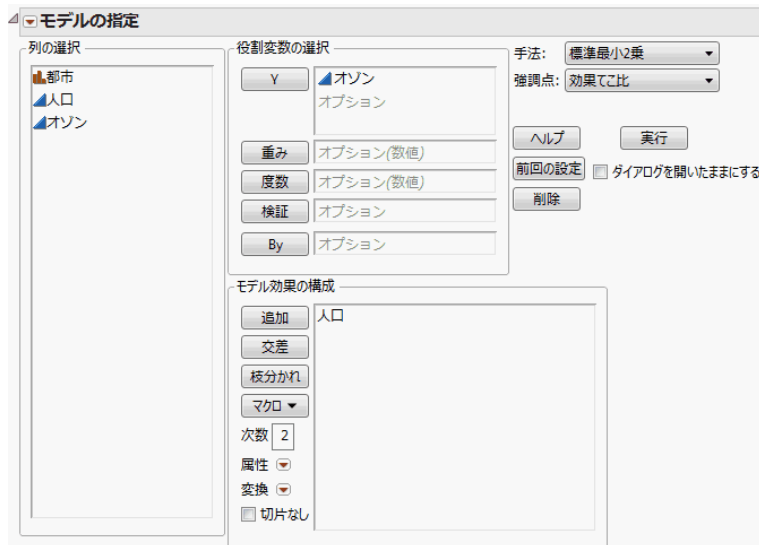
単回帰の例

「Polycity.jmp」データテーブルを開いて、都市の「人口」（単位は千人）と「オゾン」との関係を調べましょう。「オゾン」が関心のある応答、「人口」が連続尺度のモデル効果です。

1. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
2. 「列の選択」リストで「オゾン」を選択し、[Y] をクリックします。
3. 「列の選択」リストで、「人口」を選択します。
4. [追加] ボタンをクリックします。

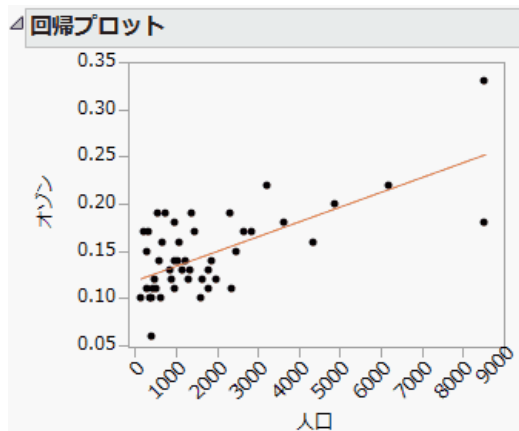
「モデルのあてはめ」ウィンドウは図2.4のようになります。

図2.4 単回帰を指定した「モデルのあてはめ」ウィンドウ



[実行] をクリックすると、「最小2乗法によるあてはめ」レポートが開き、「回帰プロット」などの分析結果が表示されます。「回帰プロット」には、データと回帰直線が描かれています (図2.5)。

図2.5 単回帰モデルのあてはめ



1 変数の多項式

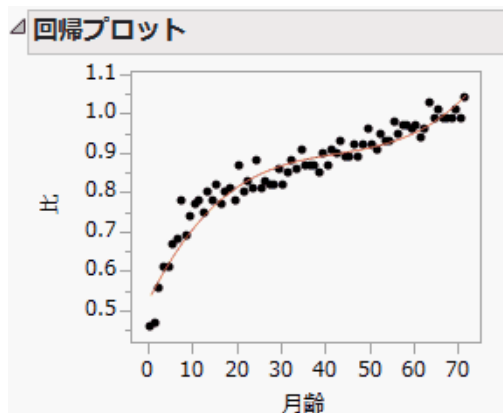
入力する効果: X 、 X^2 、...、 X^k

1. 「次数」のテキストボックスに「 k 」とタイプします。
2. 「列の選択」リストで、 X を選択します。

3. [マクロ] > [多項式の次数] を選択します。

図2.6は、「Growth.jmp」サンプルデータに3次多項式をあてはめたときのグラフです。なお、このサンプルデータに添付されている「二変量の関係」スクリプトを実行すると、いくつかの多項式モデルがあてはめられます。

図2.6 3次多項式のあてはめ



2 変数の多項式

入力する効果: X 、 X^2 、...、 X^k 、 Z 、 Z^2 、...、 Z^k

1. 「次数」のテキストボックスに「 k 」とタイプします。
2. 「列の選択」リストで、 X と Z を選択します。
3. [マクロ] > [多項式の次数] を選択します。

図2.21に、2変数2次多項式のグラフを示しています。

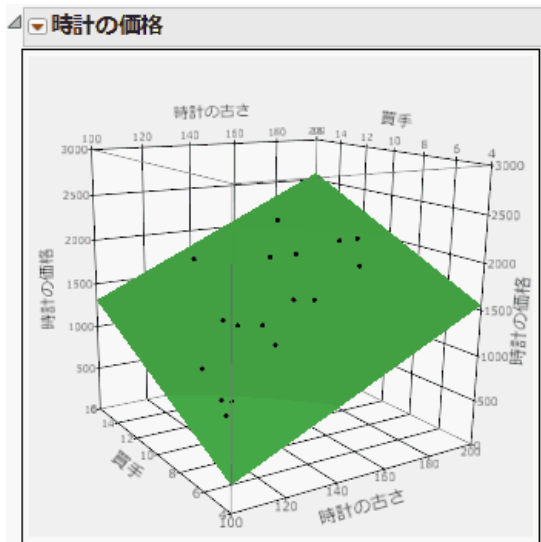
重回帰

入力する効果: 選択した列

1. 「列の選択」リストで、連続尺度の効果を2つ選択します。
2. [追加] ボタンをクリックします。

図2.7の平面は、「Grandfather Clocks.jmp」サンプルデータに重回帰モデルをあてはめたときの回帰平面です。説明変数は「時計の古さ」と「買手」、応答変数は「時計の価格」です。このグラフは、サンプルデータに添付されている「モデルのあてはめ 曲面プロファイルプロット」スクリプトを実行すると描かれます。

図2.7 重回帰モデルの回帰平面



重回帰モデルの例

重回帰分析の例は、「[「モデルのあてはめ」で行う回帰分析の例](#)」(28ページ)を参照してください。

一元配置分散分析

入力する効果: A

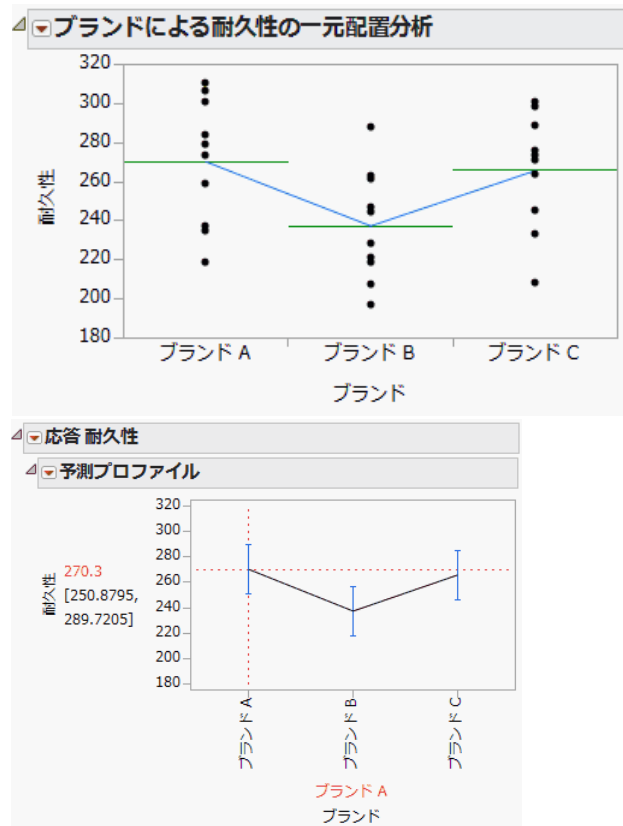
1. 「列の選択」リストで、1つの名義尺度または順序尺度の効果Aを選択します。
2. [追加] ボタンをクリックします。

「Golf Balls.jmp」サンプルデータを見てみましょう。「ブランド」によって「耐久性」の平均に違いがあるかどうかを調べます。図2.8は、平均の違いを示す2つグラフです。

図中の最初のグラフは、「二変量の関係」のものです。横線は各ブランドの平均を示し、折れ線で各平均をつないでいます。このグラフは、「Golf Balls.jmp」サンプルデータにある「一元配置: ブランドによる耐久性」スクリプトを実行すると描かれます。

2番目のグラフは「モデルのあてはめ」で作成したプロファイルです。各ブランドの平均が線分でつながれています。このプロットを作成するには、「Golf Balls.jmp」サンプルデータの「モデルのあてはめ: ブランドによる耐久性」スクリプトを実行します。このグラフは対話的で、赤い縦の点線に関心のあるブランドにドラッグすると、そのブランドの平均値に赤い横の点線が移動します。

図2.8 一元配置分散分析



二元配置分散分析

入力する効果: A、B

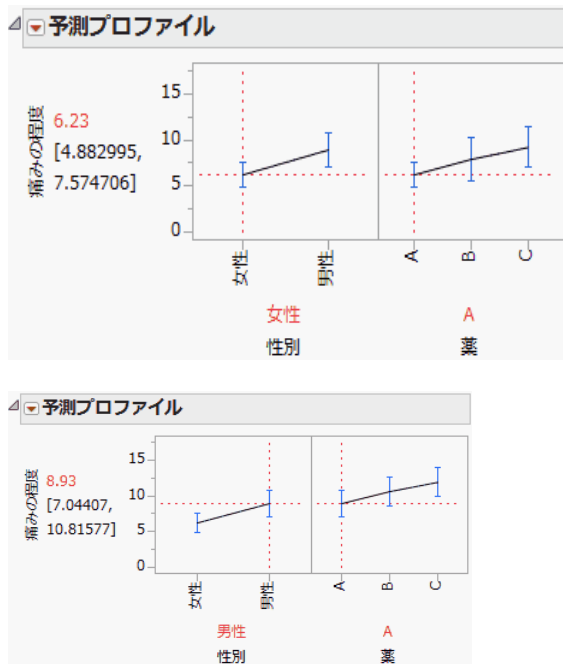
1. 「列の選択」リストで、2つの名義尺度または順序尺度の効果 A、B を選択します。
2. [追加] ボタンをクリックします。

図2.9は、「Analgesics.jmp」サンプルデータを使って描いたプロファイルです。モデルの効果は「性別」と「薬」で、応答変数は「痛みの程度」です。このプロファイルを作成するには、「モデルのあてはめ」の起動ダイアログにて、「痛みの程度」を「Y」に、「性別」と「薬」をモデル効果に指定します。そして、レポートの赤い三角ボタンのメニューから「因子プロファイル」>「プロファイル」を選択します。

プロファイルで描かれている折れ線は、赤い縦の点線で示された水準の予測値を示しています。赤い縦の点線をマウスで動かして、他の水準での予測値を見てみましょう。

図2.9の上のプロットは女性の予測値、下のプロットは男性の予測値を示しています。3つの薬の相対的な効果は、「性別」の水準全体で一定です。これは、モデル内に交互作用項がないからです。交互作用がある例については、図2.11を参照してください。

図2.9 交互作用がない二元配置分散分析



交互作用のある二元配置の分散分析

入力する効果: A、B、A*B

1. 「列の選択」リストで、2つの名義尺度または順序尺度の効果A、Bを選択します。
2. [マクロ] > [完全実施要因] を選択します。

もしくは、次のように指定します。

1. 「列の選択」リストで、2つの名義尺度または順序尺度の効果A、Bを選択します。
2. [追加] ボタンをクリックします。
3. 「列の選択」リストで、AとBを選択し、[交差] をクリックします。

交互作用のある二元配置の分散分析の例

「Popcorn.jmp」サンプルデータにおいて、「コーンの種類」と「一回にポップする量」が「収率」に影響しているかを調べてみましょう。

1. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
2. 「列の選択」リストで「収率」を選択し、[Y] をクリックします。
3. 「列の選択」リストで、「コーンの種類」と「一回にポップする量」を選択します。
4. [マクロ] > [完全実施要因] を選択します。

「モデルのあてはめ」ウィンドウは図2.10のようになります。

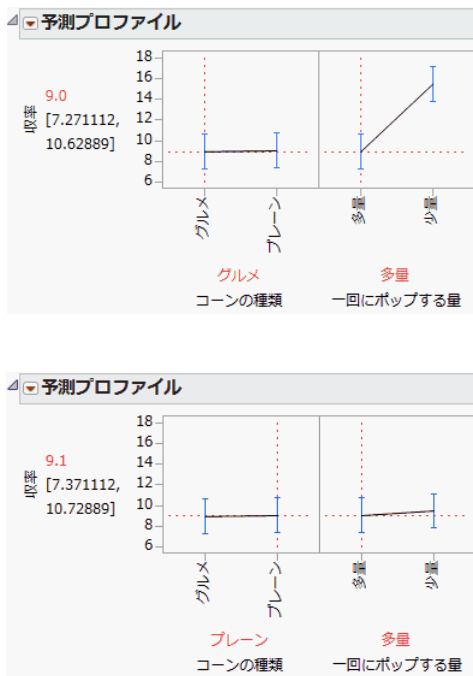
図2.10 交互作用のある二元配置分散分析の指定



図2.11は、この例のプロファイルです。このプロファイルを作成するには、図2.10の「モデルのあてはめ」ウィンドウで [実行] ボタンをクリックします。そして、「最小2乗法によるあてはめ」レポートの赤い三角ボタンメニューから、[因子プロファイル] > [プロファイル] を選択します。

図の上側では、「コーンの種類」が「グルメ」に、下側では「プレーン」に設定されています。「一回にポップする量」の効果が、「コーンの種類」によって変化している点に注目してください。この変化は、「コーンの種類」と「一回にポップする量」の交互作用を示しています。

図2.11 交互作用のある二元配置の分散分析モデルのあてはめ



すべての交互作用を含む三元配置分散分析

入力する効果: A、B、C、A*B、A*C、B*C、A*B*C

1. 「列の選択」リストで、3つの名義尺度または順序尺度の効果A、B、Cを選択します。
2. [マクロ] > [完全実施要因] を選択します。

すべての交互作用を含む三元配置分散分析の例

「Tool Wear.jmp」サンプルデータにおいて、「回転速度」、「角度」、「材質」、そして、その交互作用が、切削工具の「磨耗」に影響しているかを調べてみましょう。

1. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
2. 「列の選択」リストで「磨耗」を選択し、[Y] をクリックします。
3. 「列の選択」リストで「回転速度」、「角度」、「材質」を選択します。
4. [マクロ] > [完全実施要因] を選択します。

「モデルのあてはめ」ウィンドウは図2.12のようになります。

図2.12 すべての交互作用を含む三元配置分散分析の指定

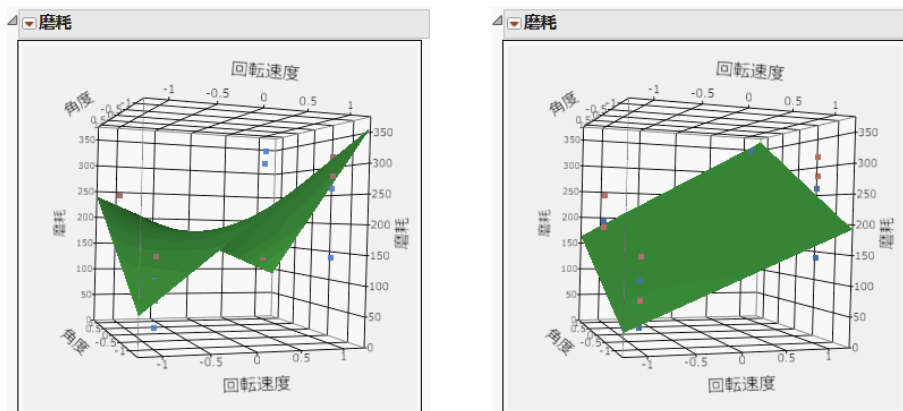


この例の「回転速度」と「角度」は、連続尺度に設定されています。図2.13は、それらに対する「曲面プロファイル」です。左側は「材質」が「A」のときの応答の予測値で、右側は「B」のときのものです。「材質」が「A」のものは赤色の点、「B」のものは青色の点で描かれています。「材質」によって応答曲面が変化しているのは、3次の交互作用をモデルに含めているからです。

この曲面プロファイルを作成するには、図2.12の「モデルのあてはめ」ウィンドウで【実行】ボタンをクリックします。そして、「最小2乗法によるあてはめ」レポートの赤い三角ボタンメニューから、【因子プロファイル】>【曲面プロファイル】を選択します。プロファイルに点を描画するには、「表示形式」パネルを開いて【実測値】をクリックします。点を大きくするには、グラフ上を右クリックして【設定】を選択し、【マーカーサイズ】を調整します。

「独立変数」パネルの「材質」を「0」にすると、材質Aの曲面が描かれます。「1」にすると、材質Bのものが描かれます。なお、「Tool Wear.jmp」サンプルデータには、これらの曲面プロファイルを作成する2つのデータテーブルスクリプトが用意されています（「予測プロファイル・曲面プロファイル」と「2つの材質の曲面プロファイル」）。

図2.13 三元配置分散分析 - 左側が材質A、右側が材質B



共分散分析（傾きが等しい場合）

共分散分析は、Aの効果を調べるときに、Xが共変量となっている状況で使われる分析です。この節では、Xの効果がAの水準で変化しないと仮定し、共通の傾きをもつ共分散分析を説明します。

入力する効果: A、X

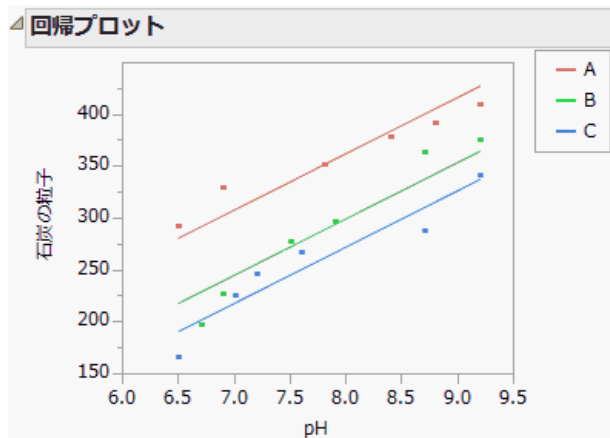
1. 「列の選択」リストで、名義尺度または順序尺度の効果Aと、連続尺度の効果Xを選択します。
2. [追加] ボタンをクリックします。

図2.14は、「Cleansing.jmp」サンプルデータに対する共分散分析です。どの「ポリマー」が浄化槽の「石炭の粒子」を一番よく除去するかに興味があります。ただし、石炭粒子が除去される程度には、浄化槽の「pH」も影響しています。図は、あてはめられた共分散モデルを示しています。ここでは、「pH」を説明変数とした回帰直線の傾きは、「ポリマー」の全水準で等しいと仮定しています。

図2.14のグラフは次の手順により作成できます。「モデルのあてはめ」ウィンドウで、「石炭の粒子」を[Y]に指定し、「pH」と「ポリマー」を「モデル効果の構成」テキストボックスに追加し、[実行] ボタンをクリックします。この操作により、「最小2乗法によるあてはめ」レポートに回帰プロットが表示されます。ポリマーの種類ごとに点の色を変えるには、[行] > [列の値による色/マーカー分け] を選択し、「列の値によるマーカー分け」のリストから「ポリマー」を選択して [OK] をクリックします。

ここでは説明のために共通の傾きをもつモデルを想定しましたが、実際には、「pH」と「ポリマー」が「石炭の粒子」に与える影響には交互作用があります。より適切なモデルは、この後の「[共分散分析（傾きが異なる場合）](#)」(56ページ) で説明しています。

図2.14 傾きが等しい共分散分析



共分散分析（傾きが異なる場合）

ここでも、Xが共変量となっているときの、Aの効果を調べてみます。ただし、ここでは、Aの水準によってXの傾きが異なるモデルを想定します。

入力する効果: A、X、A*X

1. 「列の選択」リストで、1つの名義尺度または順序尺度の効果A、および1つの連続尺度の効果Xを選択します。
2. [マクロ] > [完全実施要因] を選択します。

もしくは、次のように指定します。

1. 「列の選択」リストで、1つの名義尺度または順序尺度の効果A、および1つの連続尺度の効果Xを選択します。
2. [追加] ボタンをクリックします。
3. 「列の選択」リストで、AとXを選択し、[交差] をクリックします。

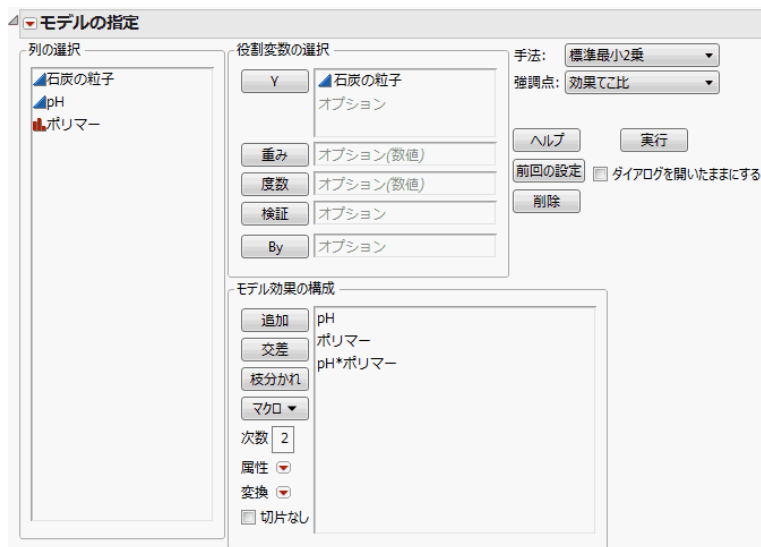
傾きが異なる共分散分析の例

「Cleansing.jmp」サンプルデータにおいて、3つの「ポリマー」によって、「石炭の粒子」の除去に違いがあるかを調べます。ただし、浄化槽の「pH」によって、ポリマーの除去効果は違ってくるので、「pH」を共変量としてモデルに含めます。また、3つの「ポリマー」において、「pH」と「石炭の粒子」の回帰直線の傾きは異なると仮定します。

1. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
2. 「列の選択」リストで「石炭の粒子」を選択し、[Y] をクリックします。
3. 「列の選択」リストで、「pH」と「ポリマー」を選択します。
4. [マクロ] > [完全実施要因] を選択します。

「モデルのあてはめ」ウィンドウは図2.15のようになります。

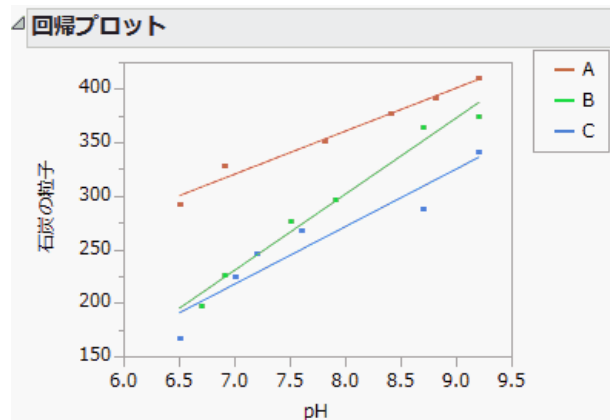
図 2.15 傾きが異なる共分散分析の指定



[実行] をクリックすると、「最小2乗法によるあてはめ」レポートが表示されます。「効果の検定」レポートを見れば、「pH」と「ポリマー」の交互作用は有意で、モデルに含めるべきであることがわかります。

レポートに表示される回帰プロットを図2.16に示します。この回帰プロットには、回帰直線とデータ点が表示されています。「pH」と「ポリマー」の交互作用を含めているので、直線の傾きは「ポリマー」によって異なります。ただし、この交互作用に関わらず、分析に用いた pH の範囲内において、ポリマー A の除去力が最も強いことが、回帰プロットを見るとわかります。図2.16のように点に色を付けるには、[行] > [列の値による色/マーカー分け] を選択し、「列の値によるマーカー分け」のリストから「ポリマー」を選択して [OK] をクリックします。

図2.16 傾きが異なる共分散分析



2 因子の枝分かれ変量効果モデル

ここでは枝分かれ効果を例示します。AとBの2因子があり、BがAから枝分かれしている場合を考えてみましょう。実用上では、枝分かれ効果は、固定効果ではなく、変量効果として扱われることが多いです。ここでも、枝分かれ効果を変量効果として扱います。

入力する効果: A、B[A]&変量効果

1. 「列の選択」リストで、2つの名義尺度または順序尺度の効果A、Bを選択します。
2. [追加] ボタンをクリックします。
3. BをAの枝分かれとするには: 「モデル効果の構成」リストでBを選択します。「列の選択」リストで、Aを選択します。2つの効果が強調表示されます。
4. [枝分かれ] ボタンをクリックします。
5. 「モデル効果の構成」リストでB[A]を強調表示し、[属性] > [変量効果] を選択します。

2 因子の枝分かれ変量効果モデルの例

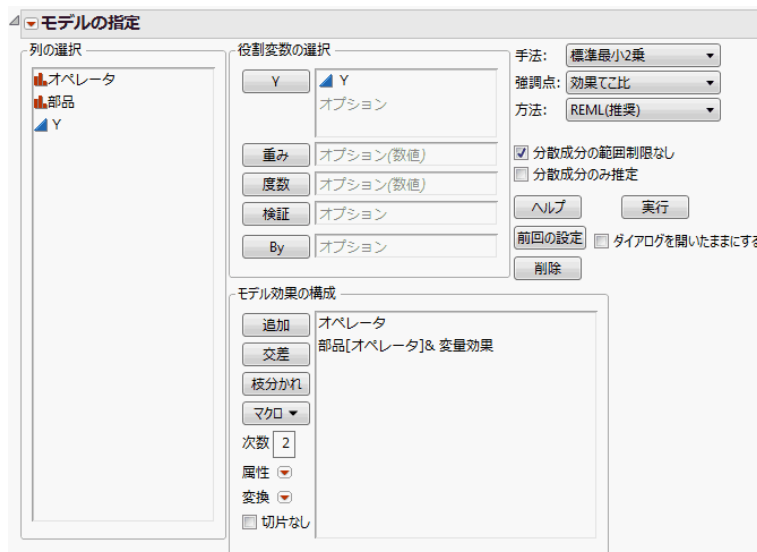
「Variability Data」サブフォルダにある「2 Factors Nested.jmp」サンプルデータを開いてください。このデータは、測定システム分析のために、無作為抽出された24個の部品を測定したものです。24個の部品は、常駐している6人のオペレータに等分に分けられました。各オペレータは、4つの部品それぞれについて、異なる3種類の測定を独立に行いました。

各部品は、特定の1名のオペレータによってのみ測定されたため、「部品」は「オペレータ」からの枝分かれ効果です。また、「部品」は無作為抽出されているので、変量効果と見なすのが自然です。オペレータの効果を考えるとき、測定を行った6名に興味があるならば、「オペレータ」は固定効果として扱います。このモデルは次のように指定します。

1. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
2. 「列の選択」リストで「Y」を選択し、[Y] をクリックします。

3. 「列の選択」リストで、「オペレータ」と「部品」を選択します。
4. [追加] ボタンをクリックします。
5. 「部品」を「オペレータ」からの枝分かれ効果とするには、まず、「モデル効果の構成」リストで「部品」を選択します。次に、「列の選択」リストで、「オペレータ」を選択します。これらの操作により、2つの効果が強調表示されます。
6. [枝分かれ] ボタンをクリックします。
7. 「モデル効果の構成」リストで「部品[オペレータ]」を強調表示したまま、[属性]>[変量効果]を選択します。「モデルのあてはめ」ウィンドウは図2.17のようになります。

図2.17 2因子の枝分かれ変量効果モデルの指定



8. [実行] をクリックすると、「最小2乗法によるあてはめ」レポートが表示されます。

図2.18に、2つのプロットを示します。最初のプロットは、4つの部品それぞれについて、各「オペレータ」による3種類の測定結果を示した変動性図です。横の線分は、各「オペレータ」の平均の測定値を示しています。

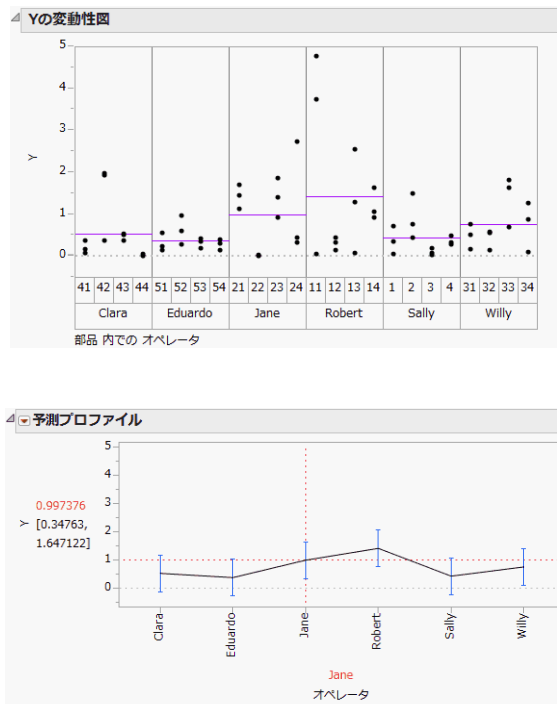
図2.18の変動性図を作成するには、「2 Factors Nested.jmp」サンプルデータ内の「変動性図 - 枝分かれ」データテーブルスクリプトを実行します。そして、レポートの赤い三角ボタンメニューで「範囲バーの表示」の選択を解除し、「グループ平均の表示」を選択します。

2番目のプロットは、「最小2乗法によるあてはめ」レポート内の「オペレータ」の「予測プロファイル」プロットです。このプロットには、各オペレータの応答の予測値が表示されます。Janeに設定された赤い縦の点線は、Janeの応答の予測値が0.997であることを示しています。「予測プロファイル」プロットに示されたモデルの予測値と「変動性図」内の生データとの対応が見てとれます。

「予測プロファイル」プロットを作成するには、「最小2乗法によるあてはめ」レポートの赤い三角ボタンメニューから「因子プロファイル」>「プロファイル」を選択します。

これらのプロットでは、各「オペレータ」の測定値の予測がモデル化される様子がわかります。ただし、分析したいのは、部品の測定においてオペレータ間で差が見られるかどうかだけではありません。部品の測定自体の変動も分析の対象であるため、「部品」に関連する分散成分の推定値が必要です。

図2.18 2因子の枝分かれ変量効果モデル



3 因子の完全枝分かれ変量効果モデル

3つの因子A、B、Cがあり、AからBが枝分かれしており、さらに、BからCが枝分かれしているモデルを見てみましょう。ここでも、BとCは変量効果と見なします。

入力する効果: A、B[A]&変量効果、C[A,B]&変量効果

1. 「列の選択」リストで、3つの名義尺度または順序尺度の効果A、B、Cを選択します。
2. [追加] ボタンをクリックします。
3. BをAからの枝分かれ効果とするには、まず、「モデル効果の構成」リストでBを選択します。次に、「列の選択」リストで、Aを選択します。こうすると、これら2つの効果が強調表示された状態になります。
4. [枝分かれ] ボタンをクリックします。
5. CをAとBからの枝分かれ効果とするには、まず、「モデル効果の構成」リストでCを選択します。次に「列の選択」リストで、AとBを選択します。こうすると、これら3つの効果が強調表示された状態になります。

6. [枝分かれ] ボタンをクリックします。
7. 「モデル効果の構成」リストでB[A]とC[A,B]の両方を強調表示し、[属性] > [変量効果] を選択します。

単純な分割実験または反復測定モデル

ここで、Aは1次単位の変数、B[A]は1次単位 ID、Cは分割実験（または反復測定）の変数です。

入力する効果: A、B[A]& 変量効果、C、C*A

1. 「列の選択」リストで、2つの名義尺度または順序尺度の効果A、Bを選択します。
2. [追加] ボタンをクリックします。
3. BをAの枝分かれとするには: 「モデル効果の構成」リストでBを選択します。「列の選択」リストで、Aを選択します。2つの効果が強調表示されます。
4. [枝分かれ] ボタンをクリックします。
5. 「モデル効果の構成」リストでB[A]を選択します。
6. [属性] > [変量効果] を選択します。
7. 「列の選択」リストで、3番目の名義尺度または順序尺度の効果Cをクリックします。
8. [追加] ボタンをクリックします。
9. 「モデル効果の構成」リストでCを選択します。「列の選択」リストで、Aをクリックします。両方の効果が強調表示されます。
10. [交差] ボタンをクリックします。

誤差構造が複合対称である反復測定モデルの例

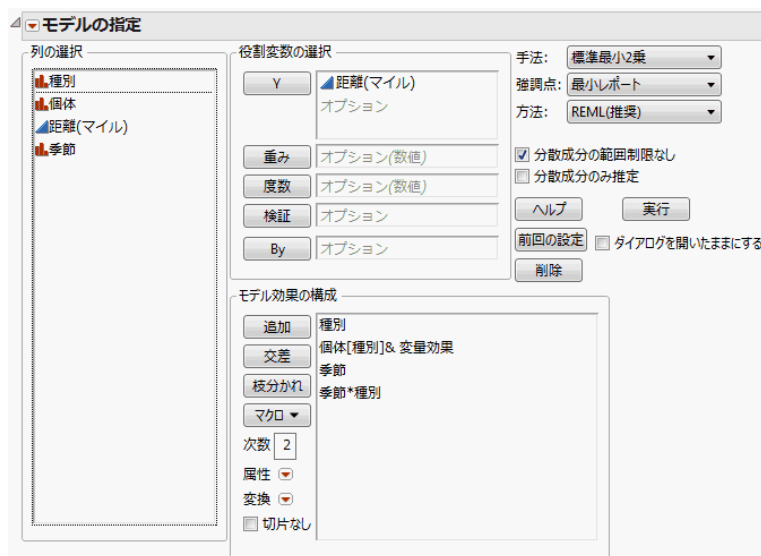
「Animals.jmp」サンプルデータを分析してみましょう。このデータの「距離(マイル)」列には、6匹の動物が各季節で移動した距離が含まれています。動物の「種別」は2種類です。「個体」(各個体に対する通し番号)は、「種別」から枝分かれしています。6匹の動物はより大きな母集団から抽出されたと考えられるので、「個体」を変量効果として扱うことにします。「距離(マイル)」に対する「種別」と「季節」の影響をモデル化しましょう。

1. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
2. 「列の選択」リストで「距離(マイル)」を選択し、[Y] をクリックします。
3. 「列の選択」リストで、「種別」と「個体」を選択します。
4. [追加] ボタンをクリックします。
5. 個体を種別からの枝分かれ効果とするには、まず、「モデル効果の構成」リストで「個体」を選択します。次に、「列の選択」リストで、「種別」を選択します。こうすると、これら2つの効果が強調表示された状態になります。
6. [枝分かれ] ボタンをクリックします。
7. 「モデル効果の構成」リストで「個体[種別]」を選択します。
8. [属性] > [変量効果] を選択します。

9. 「列の選択」リストで、「季節」を選択します。
10. [追加] ボタンをクリックします。
11. 「モデル効果の構成」リストで「季節」を選択します。「列の選択」リストで、「種別」を選択します。両方の効果が強調表示されます。
12. [交差] ボタンをクリックします。

「モデルのあてはめ」ウィンドウは図2.19のようになります。

図2.19 複合対称の反復測定モデルの指定



2 因子の応答曲面モデル

入力する効果: $X \times RS$, $Z \times RS$, $X \times X$, $X \times Z$, $Z \times Z$

1. 「列の選択」リストで、2つの連続尺度の効果XとZを選択します。
2. [マクロ] > [応答曲面] を選択します。

2 因子の応答曲面モデルの例

「Odor Control Original.jmp」サンプルデータにおいて、「温度」と「気液比」によって「臭気」を予測する応答曲面モデルを作成してみましょう。（「応答曲面」データテーブルスクリプトの場合のように、「高さ」を含めることもできますが、この例では含めません。）

1. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
2. 「列の選択」リストで「臭気」を選択し、[Y] をクリックします。
3. 「列の選択」リストで「温度」と「気液比」をクリックします。

4. [マクロ] > [応答曲面] を選択します。

「モデルのあてはめ」ウィンドウは図2.20のようになります。

図2.20 2因子の応答曲面モデルの指定

モデルの指定

列の選択

- 実験
- 温度
- 気液比
- 高さ
- 臭気

役割変数の選択

Y: 臭気
オプション

重み: オプション(数値)

度数: オプション(数値)

検証: オプション

By: オプション

手法: 標準最小2乗

強調点: 要因のスクリーニング

ヘルプ 実行

前回の設定 ☐ ダイアログを開いたままにする

削除

モデル効果の構成

追加 温度 & 応答曲面

交差 気液比 & 応答曲面

枝分かれ 温度 * 温度

マクロ 温度 * 気液比

気液比 * 気液比

次数: 2

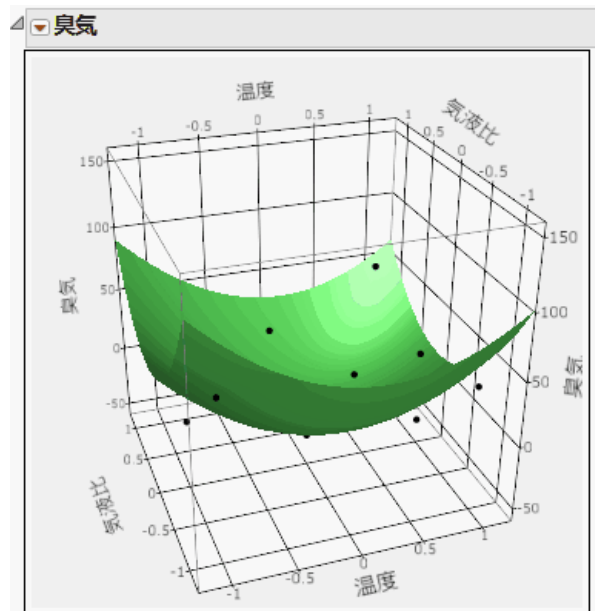
属性: 変換

☐ 切片なし

5. [実行] をクリックします。

図2.21 は、「Odor Control Original.jsp」サンプルデータに応答曲面モデルをあてはめたときの「曲面プロファイル」です。このプロファイルを作成するには、レポートの赤い三角ボタンのメニューから [因子プロファイル] > [曲面プロファイル] を選択します。プロファイルに点を描画するには、「表示形式」パネルを開いて [実測値] をクリックします。点を大きくするには、グラフ上を右クリックして [設定] を選択し、[マーカーサイズ] を調整します。

図 2.21 2変数の2次多項式のモデルのあてはめ



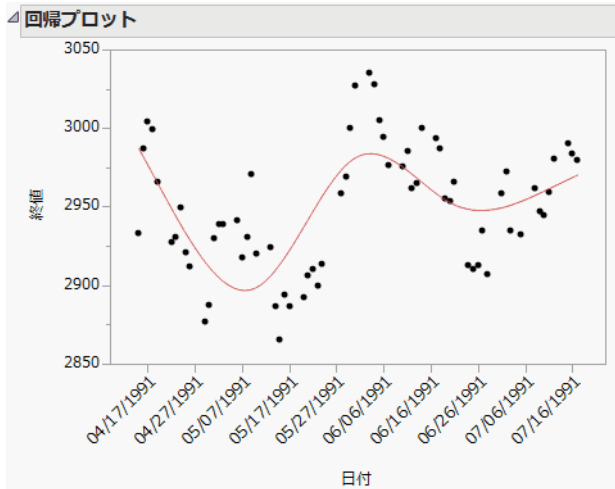
節点スプライン効果

入力する効果: X& 節点スプライン

1. 「列の選択」リストで、連続尺度の効果Xを選択します。
2. [追加] ボタンをクリックします。
3. 「モデル効果の構成」リストでXを選択します。
4. [属性] > [節点スプライン効果] を選択します。
5. 表示されるウィンドウで、節点の数を指定します。「0」と指定すると、デフォルトの個数が使われます。
6. [OK] をクリックします。

図 2.22 は、「XYZ Stock Averages (plots).jmp」サンプルデータに節点スプライン曲線をあてはめたときの回帰プロットです。「日付」を[節点スプライン効果]とし、5つの節点を指定しています。応答変数は、「終値」です。

図 2.22 5 個の節点をもつ節点スプライン曲線



統計的詳細

度数

度数の列を指定した場合、各行の度数は損失関数に影響します。なお、度数は必ずしも整数である必要はありません。応答 y_i と説明変数 x_{i1} , x_{i2} , ..., x_{in} をデータとして、パラメータ θ を推定するとします。度数の列が指定されていない場合は、損失関数は次式で定義されます。

$$L(\theta|y) = \sum_{i=1}^n L(\theta|y_i, x_{i1}, x_{i2}, \dots, x_{in})$$

各行の度数が f_i である場合、損失関数は次式で定義されます。

$$L(\theta|y, f) = \sum_{i=1}^n f_i L(\theta|y_i, x_{i1}, x_{i2}, \dots, x_{in})$$

パラメータ推定値、標準誤差、仮説検定、信頼区間などの統計的推測は、上式によって定義される損失関数に基づいて行われます。

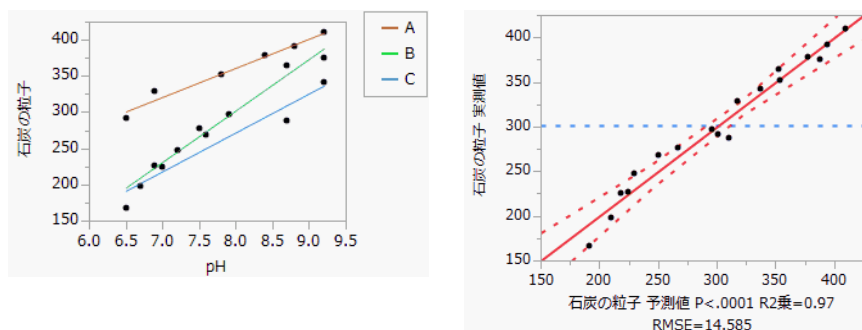
第3章

標準最小2乗のレポートとオプション モデルの共通クラスを分析する

「モデルのあてはめ」プラットフォームの[標準最小2乗]手法を使うと、さまざまな線形モデルをあてはめることができます。実験計画法で使われるモデルのほか、回帰モデル、分散分析モデル、共分散分析モデル、および混合モデルなどをあてはめることができます。[標準最小2乗]手法は、連続尺度の応答データに対して、最小2乗推定により線形モデルをあてはめます。なお、モデルに変量効果がある場合は、推定方法としてREML法（制限最尤法）が使われます。

分析結果は、プロファイル、等高線プロファイル、曲面プロファイルなどの動的なグラフで表されます（これらのプロファイルについては、別冊のドキュメントである『プロファイル機能』も参照してください）。結果を視覚化することにより、モデルの理解が深まります。また、これらのプロファイルを用いることにより、複数の応答を同時に最適化したり、説明変数における誤差の影響を調べたりできます。

図3.1 標準最小2乗のグラフ例



目次

標準最小2乗法の使用例	69
[標準最小2乗] 手法の起動	71
「最小2乗法によるあてはめ」レポート	75
応答変数に対するオプション	79
回帰レポート	80
推定値	100
推定値の並べ替え	102
全水準の推定値	106
指示変数に対する推定値	107
逐次検定	108
カスタム検定	109
多重比較	111
複合因子検定	124
逆推定	125
Cox 配合	129
パラメータに対する検出力	130
推定値の相関	132
要因のスクリーニング	134
因子プロファイル	144
行ごとの診断統計量	152
列の保存	157
混合効果モデルのレポートとオプション	160
混合モデルと変量効果モデル	160
REML 法（制限最尤法）	164
EMS 法のレポート	169
1次従属性がある場合	171
統計的詳細	175

標準最小2乗法の使用例

薬効を調べるために、30名の患者に対して薬剤が無作為に割り付けられました。薬剤は3種類あり、データでは、「a」、「d」、および、偽薬である「f」と記録されています。処置前後で患者の状態が測定され、処置前の値を x 、処置後の値を y としています。処置前の値 x は、患者ごとの疾患の程度の違いを考慮するために、共変量としてモデルに含めるとします（このデータの出典は、Snedecor and Cochran, 1967, p. 422です）。

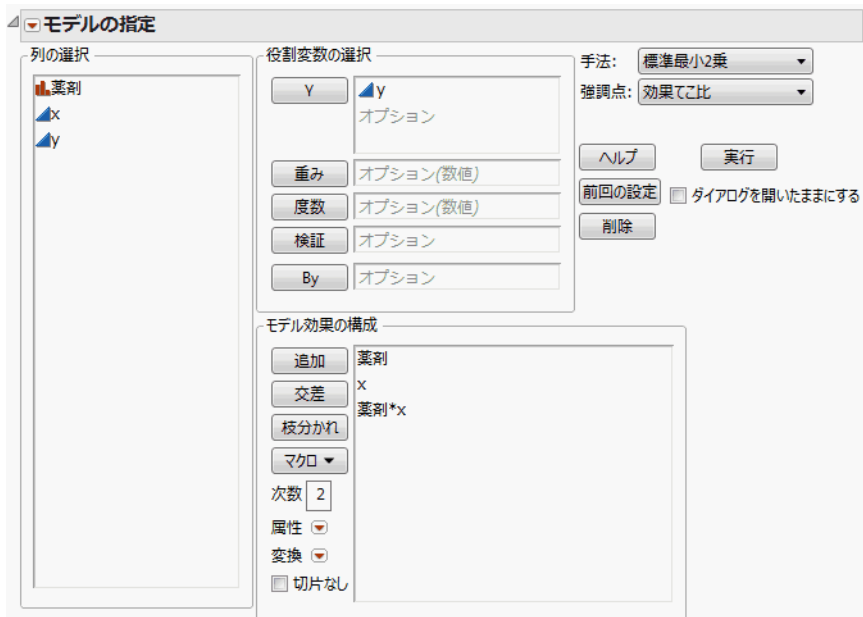
これら3群で差があるかどうかを調べるのが目的です。「 y 」を応答変数とし、「薬剤」、「 x 」、「薬剤」と「 x 」の交互作用を効果としたモデルをあてはめます。交互作用をモデルに含めたのは、疾患の程度によって、それぞれの薬剤の効果の大きさが異なるかもしれないからです（「モデルのあてはめ」の概略については、「[モデルのあてはめについて](#)」の章（25ページ）を参照してください）。

1. 「Drug.jmp」データテーブルを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「 y 」を選択し、[Y] をクリックします。

この列を[Y]として追加すると、「手法」が「標準最小2乗」になります。「強調点」オプションには「効果てこ比」が選択されますが、これは必要に応じて変更できます。

4. 「薬剤」と「 x 」を選択します。「列の選択」リストでこの2つの効果を強調表示したまま、「マクロ」をクリックして「完全実施要因」を選択します。この操作により、これら2つの効果と、これらの2因子間交互作用が「モデル効果の構成」リストに追加されます（図3.2）。

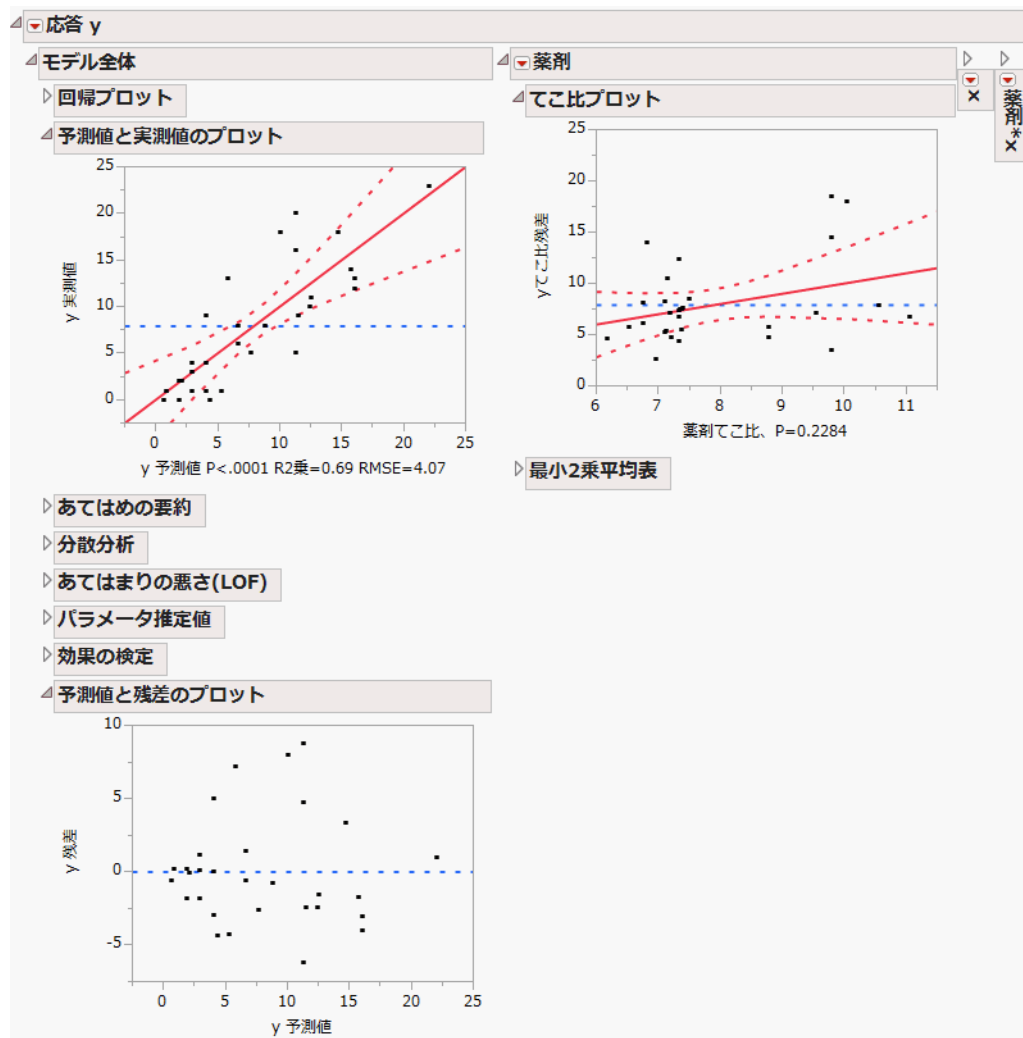
図3.2 入力完了した「モデルのあてはめ」起動ウィンドウ



5. [実行] をクリックします。

図3.3に、「最小2乗法によるあてはめ」レポートを示します。図のレポートは、紙面スペースの都合により、いくつかの要素を閉じています。「予測値と実測値のプロット」、「予測値と残差のプロット」、および「てこ比プロット」を見ると、誤差などのモデルの前提に関して、データは矛盾していないようです。

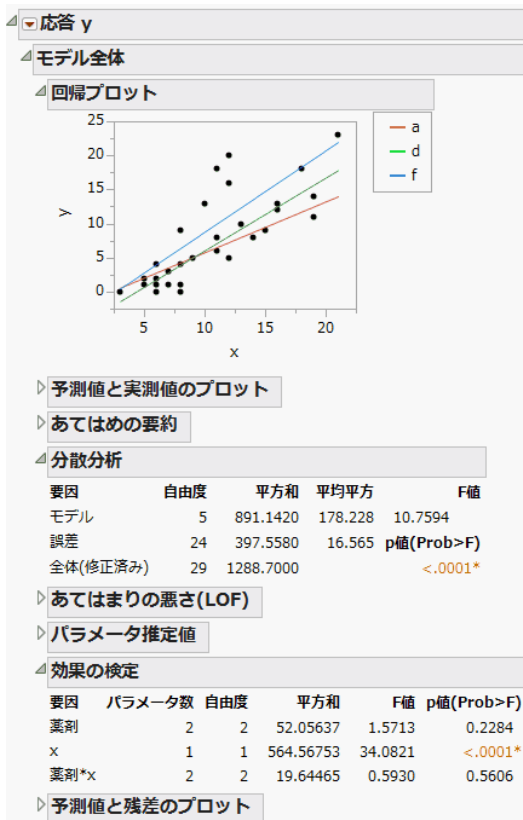
図3.3 「最小2乗法によるあてはめ」レポート



モデルの前提には明らかな問題がないようなので、次に検定を解釈していきましょう。図3.4に、関連する検定結果を表示しています。まず、「分散分析」レポートを見てみると、モデル全体は統計的に有意です。

「回帰プロット」では、直線の傾きが異なっており、「薬剤」と処置前値「x」には交互作用があることが示唆されています。しかし、「効果の検定」レポートの「p値(Prob>F)」を見ると、交互作用項は統計的には有意ではありません。また、「x」は有意ですが、「薬剤」は有意ではありません。つまり、このデータからは、3群間の差は検出されませんでした。ただし、この検定結果から直ちに「薬剤には効果がない」と結論付けることはできません。実際には薬剤に何らかの効果があつたのに、その効果を検出するには、データの標本サイズが小さすぎただけかもしれません。

図3.4 「最小2乗法によるあてはめ」レポートでの検定結果



[標準最小2乗] 手法の起動

[標準最小2乗] は、「モデルのあてはめ」起動ウィンドウで選択できる手法の1つです。

ここでは、[標準最小2乗] を用いるときの操作手順を説明します。また、[標準最小2乗] における追加のオプションについても説明します。

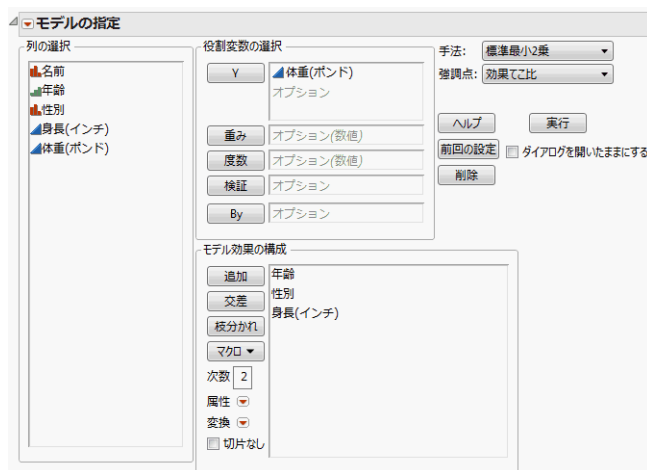
「モデルのあてはめ」起動ウィンドウ

「モデルのあてはめ」の「標準最小2乗」では、固定効果だけではなく、変量効果を含んだモデルも指定できます。起動ダイアログに表示されるオプションは、変量効果を指定するかどうかによって異なります。

固定効果しか含まない場合

標準最小2乗手法によってモデルをあてはめるには、[分析] > [モデルのあてはめ] を選択し、「手法」のリストから「標準最小2乗」を選択します。なお、「Y」リストに1つまたは複数の連続変数を入力した場合、デフォルトで「標準最小2乗」が選択されますが、そこから、他の手法に変更することもできます。「標準最小2乗」で固定効果だけを指定したときの「モデルのあてはめ」起動ウィンドウは、図3.5のようになります。図では、「Big Class.jmp」サンプルデータを使用しています。

図3.5 固定効果モデルの「モデルのあてはめ」起動ウィンドウ



「手法」として「標準最小2乗」を選択すると、「強調点」オプションが表示されます。「強調点」で選択したオプションによって、レポートウィンドウに最初に表示される表やグラフが決まります。指定されているモデルや効果に基づいて、必要なレポートがJMPによって自動的に類推されて表示されます。なお、赤い三角ボタンのメニューからオプションを選ぶことで、最初に表示されていないレポートも追加することができます。

「強調点」の各オプションで表示されるレポートの詳細については、「標準最小2乗法の強調点オプション」(74ページ)を参照してください。

変量効果を含むモデル

指定したモデルに変量効果が含まれている場合、「モデルのあてはめ」起動ウィンドウに追加のオプションが表示されます。「Machine.jmp」サンプルデータを例に見てみましょう。無作為抽出された6名の担当者が、それぞれ3種類の機械を操作し、それに対する評価が記録されました。6名だけにおける違いではなく、担当者によるばらつきの大きさを推定するのがここでの目的です。そこで、「担当者」および「機械*担当者」を変量効果に指定します。

図 3.6 は、このモデルの「モデルのあてはめ」起動ウィンドウを示しています。「担当者」に変量効果の属性が適用された場合、「モデルのあてはめ」起動ウィンドウに「方法」のオプションと分散成分に関連する 2 つのオプションが表示されます。

図 3.6 変量効果を含むモデルの「モデルのあてはめ」起動ウィンドウ



「標準最小 2 乗」手法のオプション

「標準最小 2 乗」手法を選択した場合に「モデルのあてはめ」起動ウィンドウに表示されるオプションを、表 3.1 に示します。

表 3.1 「標準最小 2 乗」手法のオプション

強調点	ここで選択したオプションに応じて、最初のレポートウィンドウに表示される表やグラフの種類が決まります。表 3.2 を参照してください。
方法	変量効果が指定された場合にのみ表示されます。次のいずれかの方法を使ってモデルを推定します。 - REML。「REML 法による分散成分推定値」(166 ページ) を参照してください。 - EMS。期待平均平方法。モーメント法とも呼ばれます。「EMS 法のレポート」(169 ページ) を参照してください。

表3.1 [標準最小2乗] 手法のオプション (続き)

分散成分の範囲制限なし	[分散成分の範囲制限なし] を選択すると、分散成分の推定値が負になる場合も許容されます。このオプションは、デフォルトでオンになっています。固定効果に対する検定が重要な場合は、このオプションをオンにしてください。分散推定値を非負だけに制約すると、固定効果の検定にバイアスが生じるためです。「負の分散」 (163 ページ) を参照してください。 注: 「方法」で [REML] を選択した場合にのみ表示されます。
分散成分のみ推定	分散成分の推定値のみを示したレポートが表示されます。「分散成分のみ推定」 (164 ページ) を参照してください。 注: 「方法」で [REML] を選択した場合にのみ表示されます。

標準最小2乗法の強調点オプション

「強調点」で選択されたオプションにより、レポートに表示される表やグラフの種類が決まります (表3.2)。デフォルトの強調点は、データテーブルの行数と、「モデル効果の構成」リストで設定された効果の数に基づいて自動的に決められます。分析者は、強調点を自由に変更できます。デフォルトの強調点がどのように決められるかについては、[「強調点のルール」](#) (175 ページ) を参照してください。

なお、最初のレポートウィンドウが呼び出された後、レポートにある赤い三角ボタンのメニューからグラフや表を追加することもできます。

表3.2 「強調点」のオプション

効果てこ比	てこ比プロットと残差プロット、および、モデルのあてはまりに関する詳細レポートを表示します。このオプションは、モデルのあてはまりに焦点を当てたい場合に便利です。 [効果てこ比] で出力されるレポートは、最も包括的です。この強調点のレポートは、モデル全体に対する結果と、各効果に対する結果に分けることができます。モデル全体に対する結果は、レポート左側の「モデル全体」の下に表示されます。一方、各効果に対する結果は右側に表示されます。
要因のスクリーニング	並べ替えたパラメータ推定値、または尺度化したパラメータ推定値の表が表示されます。また、予測プロファイル、および、回帰プロットとモデルのあてはまりに関する要約も表示します。このオプションは、因子のスクリーニング実験などのように、数多くの効果から重要な効果を見つけ出したい時に役立ちます。
最小レポート	回帰プロットと、モデルのあてはまりに関する要約だけを表示します。 このレポートは、最も大まかで簡潔です。表やグラフを追加したい場合には、レポートにある赤い三角ボタンのメニューから特定のオプションを選んでください。

欠測値

デフォルトでは、応答変数や説明変数に1つでも欠測値がある行は、分析から除外されます。



注：JMP Proの場合、「モデルのあてはめ」ウィンドウの「モデルの指定」の赤い三角ボタンメニューから、「欠測値をカテゴリとして扱う」というオプションを選択できます。このオプションを選ぶと、モデル効果に欠測値がある場合でも、その行がモデルの推定に使われます。詳細は、「モデルのあてはめについて」の章の「欠測値をカテゴリとして扱う」（44ページ）節を参照してください。

モデルに変量効果がある場合は、応答変数ごとにモデルがあてはめられ、応答変数ごとに個別のレポートが表示されます。

モデルに含まれている効果が、固定効果だけの場合には、2つの処理のうちのいずれかを選択できます。今、複数の応答変数があり、それらの一部に欠測値があるとします。この場合、ダイアログが呼び出され、次の処理のいずれかを選択できます。

- 「個別にあてはめ」。応答変数のそれぞれについて、その1つの応答変数が欠測ではないすべての行を使用します。
- 「全体をあてはめ」。指定された応答変数のいずれか1つに欠測値がある行は、すべて分析から除外します。

「個別にあてはめ」を選択した場合、「あてはめのグループ」の下に、応答変数ごとのレポートが表示されます。このレポートの「あてはめのグループ」の赤い三角ボタンメニューから「プロファイル」を選択すると、すべての応答変数のプロファイルを1つにまとめたものが表示されます。また、個別の応答変数からプロファイルを選択した場合は、該当する応答変数だけのプロファイルが表示されます。

「全体をあてはめ」を選択した場合、「最小2乗法によるあてはめ」の下に、応答変数ごとのレポートが表示されます。ただし、プロファイルは、すべての応答変数に対するプロファイルを1つにまとめたものが表示されます。

「最小2乗法によるあてはめ」レポート

「標準最小2乗」手法を使ってモデルをあてはめると、「最小2乗法によるあてはめ」レポートが表示されます。レポートの内容は、データの特徴と「モデルのあてはめ」起動ウィンドウでの選択内容によって異なります。

ヒント：デフォルトで表示されないレポートを常に表示させるには、[ファイル] > [環境設定] > [プラットフォーム] > [最小2乗法によるあてはめ] から任意のレポートを選択します。

応答が1つの場合と複数の場合

応答変数(Y)が1つだけの場合、「応答 Y」というタイトルでレポートが表示されます。応答変数が複数ある場合は、「最小2乗法によるあてはめ」というタイトルの下に各応答変数のレポートが表示されます。ただし、応答変数にいくつかの欠測値があり、かつ、「個別にあてはめ」を選択した場合は、「あてはめのグループ」というタイトルの下にレポートが表示されます。

強調点に関連するレポートの構造

「モデルのあてはめ」起動ウィンドウで「強調点」に「効果てこ比」を選択した場合、2種類の分析結果が左右に配置されて表示されます。左側には、モデル全体に対する分析結果が表示されます。また、右側には各効果に対する分析結果が表示されます。

「モデルのあてはめ」起動ウィンドウで「強調点」に「要因のスクリーニング」か「最小レポート」のどちらかを選択した場合、すべての分析結果が1列に縦に並べて配置されます。

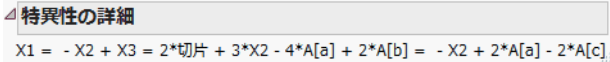
特別なレポート

ここでは、データが特定の構造をもつときや、効果に特定の属性を指定したときに表示されるレポートを説明します。

特異性の詳細

モデル効果の間に一次従属性がある場合、先頭に「特異性の詳細」レポートが表示されます。このレポートには、ある効果と別の効果との関係が線形関数によって表されています。この線形関数は、モデル効果の間の交絡関係を示しています。図3.7は、「Singularity.jsp」サンプルデータでの例です。

図3.7 「特異性の詳細」レポート



特異性の詳細
$$X1 = -X2 + X3 = 2 * \text{切片} + 3 * X2 - 4 * A[a] + 2 * A[b] = -X2 + 2 * A[a] - 2 * A[c]$$

効果間に一次従属性がある場合、いくつかのパラメータ推定値は一意には決まりません。「[1次従属性がある場合](#)」(171ページ)を参照してください。

「応答曲面」レポート

「応答曲面 (&RS)」または「配合応答曲面 (&RS&Mixture)」の属性をもつ効果がモデルにある場合、「応答曲面」レポートが表示されます。図3.8は、「Tiretread.jsp」サンプルデータに対する「応答曲面」レポートです。

図3.8 「応答曲面」レポート

応答 摩擦

応答曲面

係数	シリカ	シラン	硫黄	摩擦
シリカ	-16.0384	1.025	28.5	32.987289
シラン	.	-0.034471	1.575	1.7880765
硫黄	.	.	-6.288485	21.813077

解

変数	最適解			
シリカ	0.5982746			
シラン	36.317583			
硫黄	0.9573951			

解は 鞍点

最適解はデータ範囲外

最適解における予測値 102.31882

正準曲率

固有値と固有ベクトル				
固有値	4.1100	-0.2470	-26.2243	
シリカ	0.56690	-0.12971	0.81351	
シラン	0.22090	0.97530	0.00157	
硫黄	0.79361	-0.17882	-0.58155	

2次項の行列

「応答曲面」レポートの「係数」表には、2次の項に対するパラメータ推定値が表示されます。この表は、パラメータ推定値を簡潔に表したものです。

「解」レポート

臨界点（最大、最小、または鞍点）がある場合、「解」レポートに臨界点の座標とその予測値が表示されます。また、臨界点がデータの範囲外にある場合は、その旨を伝える警告が表示されます。

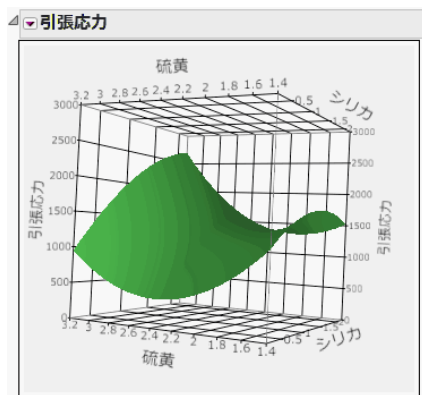
「正準曲率」レポート

2次項に対するパラメータ推定値の行列から、固有値と固有ベクトルを計算すると、曲面の形状が分かります。固有値からは、曲面が最大値をもつか、それとも最小値をもつかが分かります。また、固有ベクトルからは、曲面（楕円）の主軸が分かります。

固有値は「正準曲率」表の1行目に表示されます。

- 固有値がすべて負の場合、応答曲面は最大値をもちます。そして、曲面の形状は、最大値から下へカーブする形になります。
- 固有値がすべて正の場合、応答曲面は最小値をもちます。そして、曲面の形状は、最小値から上へカーブする形になります。
- 固有値に正と負が両方存在している場合は、一方で上へ、もう一方で下へとカーブする、馬の鞍（くら）のような形になります。図3.9は、「Tiretread JMP」サンプルデータの例です。

図3.9 鞍状の曲面プロット



固有値の下には、固有ベクトルが表示されています。固有ベクトルは、主軸の方向を示します。固有値の絶対値が大きいほど、その方向での応答曲面の曲がり具合が大きくなります。固有値がゼロになることもあります。固有値がゼロの場合、それに対応する固有ベクトルの方向では、曲面は変化せず、平らになっていることを意味します。

注：因子が21個以上の場合には、「応答曲面」レポートは表示されません。このとき、エラーメッセージや警告も表示されません。なお、応答曲面の実験計画については、『実験計画 (DOE)』を参照してください。

混合効果モデルや変量効果モデルのレポート

「モデルのあてはめ」起動ウィンドウで変量効果を指定すると、「方法」のリストが表示されます。このリストには、[REML(推奨)] と [EMS(従来)] という2つの推定方法があります。推定方法によって、レポートに出力される結果や、[列の保存] および [プロファイル] オプションが異なってきます。

REMLのレポートの詳細については、「[REML法\(制限最尤法\)](#)」(164ページ)を参照してください。EMSのレポートの詳細については、「[EMS法のレポート](#)」(169ページ)を参照してください。

「最小2乗法によるあてはめ」のオプション

応答変数が複数あるときで、欠測値が1つもない場合、または、[全体をあてはめ]を選択した場合は、「最小2乗法によるあてはめ」というタイトルの下に各応答の結果がレポートされます。このタイトルの赤い三角ボタンのメニューには、次のようなオプションがあります。

プロファイル すべての応答変数に対するプロファイルを、1つにまとめて表示します。各応答変数に対する効果を同時に見ることができるので、複数の応答変数を最適化するのに役立ちます。「[因子プロファイル](#)」(144ページ)を参照してください。

モデルダイアログ 現在の分析の起動ダイアログを呼び出します。

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。『JMPの使用法』を参照してください。

「あてはめのグループ」のオプション

応答変数が複数あるときで、いくつか欠測値があり、かつ、[個別にあてはめ]を選択した場合、「あてはめのグループ」というタイトルの下に各応答の結果がレポートされます。このタイトルの赤い三角ボタンのメニューには、次のようなオプションがあります。

プロファイル すべての応答変数に対するプロファイルを、1つにまとめて表示します。各応答変数に対する効果を同時に見ることができるので、複数の応答変数を最適化するのに役立ちます。[「プロファイル」](#) (145ページ) を参照してください。

等高線プロファイル すべての応答変数に対する等高線プロファイルを、1つにまとめて表示します。各応答変数に対する効果を同時に見ることができます。

曲面プロファイル 応答ごとに個別の曲面プロファイルを表示します。

複数行に配置 指定された数のレポートを1行あたりに横に並べて表示します。このオプションは、多くのレポートがある場合に、横に並べて配置したい場合に便利です。

適合度の良い順に表示 レポートを適合度 (R^2 乗) の良い順に並べ替えます。たとえば、100個もの応答変数に対する一元配置分析の結果が、「あてはめのグループ」の下に表示されている場合、それらを適合度の高い順に並べ替えることができます。なお、このオプションは、最小2乗法が使われた結果だけに使用できます。

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。『JMPの使用法』を参照してください。

JMPのプロファイルの詳細については、『プロファイル機能』を参照してください。

応答変数に対するオプション

応答の赤い三角ボタンメニューのオプションを使うと、必要に応じてレポートをカスタマイズできます。

表 3.3 応答変数に対するオプションの説明

回帰レポート	基本的なグラフやレポートを表示します。 「回帰レポート」 (80ページ) を参照してください。
推定値	パラメータ推定値に対するレポートを表示します。 「推定値」 (100ページ) を参照してください。
要因のスクリーニング	有意な効果を探し出すためのグラフやレポートを表示します。 「要因のスクリーニング」 (134ページ) を参照してください。

表 3.3 （続き）応答変数に対するオプションの説明

因子プロファイル	応答が効果とどのように関係しているかを調べるためのプロファイル、交互作用プロット、およびキューブプロットを表示します。また、Box-Cox 変換に関するグラフやレポートを表示します。 「因子プロファイル」 （144 ページ）を参照してください。
行ごとの診断統計量	残差を調べるためのグラフやレポートを表示します。また、PRESS、Durbin-Watson 比も表示します。 「行ごとの診断統計量」 （152 ページ）を参照してください。
列の保存	モデルの予測値や残差などを、データテーブルの列に保存します。[コーディングのテーブルを保存] だけは、分析に用いたものとは別のデータテーブルに結果を保存します。 「列の保存」 （157 ページ）を参照してください。
モデルダイアログ	現在の分析の起動ダイアログを呼び出します。
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。『JMP の使用法』を参照してください。

回帰レポート

「回帰レポート」メニューには、「あてはめの要約」、「効果の検定」、「パラメータ推定値」などのレポートがあります。

表 3.4 回帰レポートとオプションの説明

あてはめの要約	モデルの適合度に関するレポートを表示します。 「あてはめの要約」 （81 ページ）を参照してください。
分散分析	分散分析表を表示します。分散分析表は、あてはめたモデルと、全体平均だけのモデルとを比較した統計量から構成されています。 「分散分析」 （82 ページ）を参照してください。
パラメータ推定値	パラメータごとに、その推定値と、「パラメータ値が 0 である」という仮説に対する <i>t</i> 検定を表示します。 「パラメータ推定値」 （83 ページ）を参照してください。
効果の検定	モデルに含まれている固定効果に対する検定を表示します。 「効果の検定」 （85 ページ）を参照してください。
効果の詳細	個々の効果に関する詳細、グラフ、および検定を含むレポートを表示します。 「効果の詳細」 （85 ページ）を参照してください。 注： 「効果てこ比」オプションを選択した場合は、各効果に関するレポートは、「最小 2 乗法によるあてはめ」レポートウィンドウの上部に表示されます。このレポートには、てこ比プロットとともに効果の詳細オプションも含まれます。 「てこ比プロット」 （153 ページ）を参照してください。

表 3.4 回帰レポートとオプションの説明（続き）

あてはまりの悪さ (LOF)	モデルに十分、適切な効果が含まれているかどうかを評価するための検定を表示します（実行可能な場合）。「あてはまりの悪さ (LOF)」(98 ページ) を参照してください。
信頼区間をすべて表示	次の信頼区間を表示します。 「パラメータ推定値」レポートのパラメータ推定値 - 最小 2 乗平均表の最小 2 乗平均
AICc	「あてはめの要約」レポートに、AICc および BIC を表示します。表 5.4 (220 ページ) を参照してください。

あてはめの要約

「あてはめの要約」レポートには、R2 乗、AICc、BIC などの適合度に関する統計量が表示されます。

表 3.5 「あてはめの要約」レポートの説明

R2 乗	応答変数の変動のうち、どれぐらいの割合がモデルの効果によって説明されるかを表します。R2 乗は決定係数、寄与率ともいい、分散分析表の値を使って次のように計算されます。 $\frac{\text{モデルの平方和}}{\text{全平方和}}$ R2 乗が 1 に近いほど、モデルのデータへのあてはまりが良いことを示します。R2 乗がほぼ 0 である場合、モデルによる予測は、応答の単なる平均とほぼ同じであることを意味します。
自由度調整 R2 乗	R2 乗をモデルのパラメータ数で調整した指標です。自由度調整 R2 乗では、パラメータ数の異なるモデルを比較するのに役立ちます。自由度調整 R2 乗の計算には自由度が加味されており、分散分析表の値を使って次のように計算されます。 $1 - \frac{\text{誤差の平均平方}}{\text{修正済み全体平方和 / 修正済み全体平方和の自由度}}$
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。これは、「分散分析」レポートにある誤差の平均平方の平方根です。 注：この値は、RMSE と呼ばれることが多いです。
応答の平均	応答値の全体平均。

表 3.5 「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)	モデルで使用されたオブザベーションの数を示します。 - 欠測値や除外された行がなく、また、「重み」または「度数」の役割に割り当てられた列もない場合、この値は、データテーブルの行数と同じになります。 「重み」の列が指定した場合、「重み」列にある正の値を合計したものになります。 「度数」の列が指定した場合、「度数」列にある正の値を合計したものになります。
AICc	修正赤池情報量規準 (AICc) とベイズ情報量規準 (BIC) の表示／非表示を切り替えます。これら2つは、モデルを比較するときに使われる規準です。値が小さいほど、モデルとして良いことを示します。詳細は、表 5.4 (220 ページ) の節を参照してください。 注：AICc と BIC は、「回帰レポート」メニューから「AICc」オプションを選択するか、または、環境設定の「最小 2 乗法によるあてはめ」で「AICc」を選択している場合にのみ表示されます。

分散分析

「分散分析」レポートには、分散分析表が表示されます。分散分析表は、現在のモデルと切片だけのモデルとを比較した統計量で構成されています。

注：「モデルのあてはめ」起動ウィンドウで「度数」または「重み」を入力した場合、「分散分析」レポート内の項目は、「[度数](#)」(35 ページ) および「[重み](#)」(35 ページ) での説明のように調整されます。

表 3.6 「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	変動の各要因に関連した自由度 (DF)。 「全体 (修正済み)」の自由度は、データの総度数から1を引いた値です。 「全体 (修正済み)」の自由度は、「モデル」の自由度と「誤差」の自由度に分割できます。 「モデル」の自由度は、モデルで使用するパラメータの数（切片を除く）に相当します。 「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。

表3.6 「分散分析」レポートの説明（続き）

平方和	変動の各要因に関連した平方和（SS）を示します。 - 全体（「全体（修正済み）」）の平方和は、各応答値から平均までの距離を2乗して合計したものです。これは、応答値の合計変動を示します。 「誤差」の平方和は、予測値から実測値までの距離の平方和です。これは、あてはめたモデルでは説明のつかない変動を示します。 「モデル」の平方和は、「全体（修正済み）」の平方和と「誤差」の平方和の差です。これは、モデルで説明される変動を示します。
平均平方	モデルと誤差の平均平方が示されます。平均平方は、平方和を、その自由度で割った値です。 注：「誤差」の平均平方の平方根は、「あてはめの要約」レポートにある「誤差の標準偏差 (RMSE)」と同じです。
F 値	モデルの平均平方を、誤差の平均平方（MSE）で割った値です。F 値は、「現在のモデルが、切片だけのモデル（つまり、予測値が単なる応答平均であるモデル）と有意に異なるかどうか」を検定するのに使われる検定統計量です。
p 値(Prob > F)	モデル全体に対する検定の p 値です。「p 値(Prob>F)」は、「切片を除くすべてのパラメータが0である」という仮想的な状況で、実際に観測されたF 値よりも大きなF 値が得られる確率です。p 値が小さい場合は、前述の状況のもとでは観測されたF 値は生じにくいことを意味します。p 値が小さかった場合は、得られた結果は「少なくともいずれか1つの効果が0ではない」ことを示す証拠だと考えられます。

パラメータ推定値

「パラメータ推定値」レポートは、モデルパラメータの推定値を表示します。各パラメータに対して、「パラメータが0である」という帰無仮説に対する t 検定を行います。

注：モデル項の間に一次従属性がある場合でも、「パラメータ推定値」レポートでは、推定値がなるべく計算され、検定されます。ただし、一次従属性がある項は、推定値を一意的に決められないので、「バイアスあり」または「ゼロに固定」と表示されます。詳細は、「[1次従属性がある場合](#)」（171 ページ）を参照してください。

表3.7 「パラメータ推定値」レポートの説明

項	パラメータ推定値に対応するモデル項です。「モデルのあてはめ」起動ウィンドウで [切片なし] オプションを選択した場合を除いて、最初の項は常に切片です。連続尺度の変数は、データテーブルの列名で表されます。高次の効果の一部である連続尺度の列は中心化される場合があります。名義尺度または順序尺度の効果には、列名のあとに、括弧で囲んだ水準値が追加されます。名義尺度および順序尺度の項のコード変換については、「名義尺度効果のコード変換」（133 ページ）および「統計の詳細」の章（424 ページ）を参照してください。

表 3.7 「パラメータ推定値」レポートの説明（続き）

推定値	各項のパラメータ推定値を示します。これらは、モデル係数の推定値です。モデル項間に一次従属性がある場合、それらの項には「バイアスあり」または「ゼロに固定」と表示されます。「1 次従属性がある場合」（171 ページ）を参照してください。
標準誤差	各パラメータ推定値の標準誤差の推定値を示します。
t 値	「真のパラメータ値は 0 である」という帰無仮説を検定します。t 値は、標準誤差に対する推定値の比で、モデルに関するいくつかの仮定が満たされ、帰無仮説が成り立つときは、Student の t 分布に従います。
p 値 (Prob> t)	「真のパラメータ値は 0 である」という帰無仮説で、「真のパラメータ値は 0 ではない」という対立仮説の両側検定に対する p 値です。
下側 95%	パラメータ推定値の下側 95% 信頼限界を示します。 注：[回帰レポート] > [信頼区間の表示] オプションを選択した場合、またはレポートを右クリックし、[列] > [下側 95%] を選択した場合にのみ表示されます。
上側 95%	パラメータ推定値の上側 95% 信頼限界を示します。 注：[回帰レポート] > [信頼区間の表示] オプションを選択した場合、またはレポートを右クリックし、[列] > [上側 95%] を選択した場合にのみ表示されます。
標準 β	すべての項を平均 0、分散 1 に標準化したときの回帰モデルから得られるパラメータ推定値を示します。 注：レポートを右クリックし、[列] > [標準 β] を選択した場合のみ表示されます。
VIF	モデル内の各項の分散拡大係数を示します。この値が大きい場合、モデル内の項間に共線性があると考えられます。 i 番目の項の VIF 値、 x_i は次のような式で表されます。 $VIF_i = \frac{1}{1 - R_i^2}$ この式において、R_i^2 は x_i を応答変数とし、その他の変数を説明変数として回帰分析したときの決定係数（R2 乗）です。 注：レポートを右クリックし、[列] > [VIF] を選択した場合のみ表示されます。
計画の標準誤差	パラメータ推定値の相対分散の平方根 (Goos and Jones, 2011, p. 25) を示します。 $\sqrt{\text{diag}(X'X)^{-1}}$ これらは、標準誤差を RMSE で割った値です。 注：レポートを右クリックし、[列] > [計画の標準誤差] を選択した場合のみ表示されます。

効果の検定

「効果の検定」レポートは、モデルに固定効果があるときにのみ表示されます。ここで行われる検定は、「該当する効果に関連するすべてのパラメータが0である」という帰無仮説を検定するものです。連続尺度の説明変数に対する検定では、検定されるパラメータ数は1個です。この場合、その項に対する検定結果は、「パラメータ推定値」レポートの t 検定と同じになります。名義尺度や順序尺度の効果は、3水準以上の場合、複数のパラメータが検定されます。その場合、「関連するすべてのパラメータが0である」ことを帰無仮説とした検定が行われます。

次の点を念頭に置いてください。

- 効果の検定は、一次従属性がある効果に対しても、検定が可能な場合には実行されます。詳細は、「[1次従属性がある場合](#)」(171 ページ)を参照してください。
- JMP におけるパラメータ化と特異性への対処は、SAS システムの GLM プロシジャと異なります。パラメータ化と特異性についての詳細は、付録「統計的詳細」の「[因子モデル](#)」(424 ページ)を参照してください。

表 3.8 「効果の検定」レポートの説明

要因	モデル内の効果。
パラメータ数	効果に含まれるパラメータの個数。連続尺度の効果のパラメータ数は、1 個です。名義尺度や順序尺度の主効果のパラメータ数は、その水準数よりも 1 つ少ない値です。交互作用のパラメータ数は、各主効果のパラメータ数の積です。
自由度	効果の自由度。通常、「パラメータ数」と「自由度」は同じ値ですが、説明変数間に一次従属性がある場合は異なります。そのような場合は、その効果に関連する少なくとも 1 つのパラメータが検定できなくなり、「自由度」が「パラメータ数」よりも小さくなります。「自由度」が「パラメータ数」より小さいときは、レポートの行の右側に「足りない自由度」という注釈が表示されます。なお、誤差に自由度がない場合は、「効果の検定」で使われている F 検定は行えません。詳細は、「 効果の検定レポート 」(172 ページ)を参照してください。
平方和	「効果が0である」という帰無仮説を検定するための平方和。
F 値	「効果が0である」という帰無仮説を検定するための F 統計量。効果の平均平方を誤差の平均平方で割った比です。平均平方は、平方和を自由度で割ったものです。
p 値(Prob > F)	「効果が0である」という帰無仮説を検定する p 値。
平均平方	平均平方は平方和を自由度で割ったものです。
注：レポートを右クリックし、[列] > [平均平方] を選択した場合のみ表示されます。	

効果の詳細

「効果の詳細」レポートには、各効果に関するグラフや検定などが表示されます。「モデルのあてはめ」起動ウィンドウで選択した強調点に基づき、レポートの内容は変わります。

- 強調点で「効果てこ比」オプションを選択した場合は、各効果に関するレポートが、ウィンドウの上部、「モデル全体」レポートの右側に表示されます。このとき、「てこ比プロット」も描かれます。
- 強調点で「要因のスクリーニング」または「最小レポート」を選択した場合、「効果の詳細」レポートが含まれますが、最初は閉じています。レポートを表示するには、開閉アイコンをクリックしてください。

「効果の詳細」レポートの先頭は、最小2乗平均表です。ただし、連続尺度の効果に関しては、この表は表示されません。赤い三角ボタンのメニューから特定のオプションを選択することにより、最小2乗平均に対する検定を行うことができます。

効果のオプションの表

表3.9は、効果の名前の横にある赤い三角ボタンのオプションを説明したものです。モデルの手法によっては、これらのオプションの一部は使えず、表示されない場合があります。

表3.9 効果のオプションの説明

最小2乗平均表	効果に対する検定を行うときに比較される統計量です。「 最小2乗平均表 」(87ページ)を参照してください。 このオプションは、連続尺度の効果には使用できません。
最小2乗平均プロット	名義／順序尺度の主効果／交互作用に対して、最小2乗平均をプロットします。「 最小2乗平均プロット 」(88ページ)を参照してください。
最小2乗平均の対比	「対比の指定」パネルが開き、ここで、名義／順序尺度の主効果／交互作用に対して、水準を比較するための対比を指定および検定できます。「 最小2乗平均の対比 」(90ページ)を参照してください。
最小2乗平均の Student の t 検定	Student の <i>t</i> 検定を使って、最小2乗平均のペアごとの比較の検定と信頼区間を計算します。「 Student の t 検定と Tukey の HSD 検定 」(92ページ)を参照してください。 注：この検定の <i>p</i> 値や有意水準は、すべての比較に対してではなく、個々の1つ1つの比較に対して計算されたものです。一般的に、すべての比較での第1種の誤りは、個々の比較のものよりも大きくなります。
最小2乗平均の Tukey の HSD 検定	Tukey-Kramer の HSD (Honestly Significant Difference) 検定 (Tukey 1953, Kramer, 1956) を使って、最小2乗平均のペアごとの比較の検定および信頼区間を計算します。「 Student の t 検定と Tukey の HSD 検定 」(92ページ)を参照してください。 注：この検定の有意水準や <i>p</i> 値は、すべてのペア比較をまとめて考慮して計算されたものです。この検定は、標本サイズが等しい場合は正確で、標本サイズが異なる場合は保守的になります (Hayter, 1984)。
最小2乗平均の Dunnett の検定	指定したコントロール水準との比較を行い、検定および信頼区間を計算します。また、検定結果をグラフにします。「 最小2乗平均の Dunnett の検定 」(95ページ)を参照してください。

表3.9 効果のオプションの説明（続き）

輪切り検定(単純主効果検定)	交互作用内にある変数の各水準ごとに、他の分類変数の全水準で平均が等しいという仮説を検定します。「 輪切り検定(単純主効果検定) 」(96ページ)を参照してください。 注：名義尺度および順序尺度の効果に関する交互作用にのみ使用できます。
検出力の分析	各効果の検定に対する検出力について、「 検出力の詳細 」レポートを表示します。詳細は、「 検出力の分析 」(97ページ)を参照してください。

最小2乗平均表

最小2乗平均は、指定のモデルで他の効果を中立的な値に固定したときの、カテゴリカルな効果の各水準における予測値です。連続尺度の説明変数では、標本平均が「中立的な値」として使用されます。名義尺度の効果では、その効果の係数を平均した値（つまり、ゼロ）が「中立的な値」として使用されます。順序尺度の効果では、最初の水準が「中立的な値」として使われます。

最小2乗平均は、調整済み平均または調整平均と呼ばれることもあります。モデルに複数の効果がある場合、最小2乗平均は単なる平均とは違う値になります。実際の場面では、最小2乗平均の値は、標本平均よりも互いに近くなるのが普通です。これは、最小2乗平均が「中立的な値」に基づいた予測値であるためです。

最小2乗平均は他の効果を特定の値に固定したときの予測値なので、それらを比較し、検定することができます。JMPでの各効果に対する検定は、最小2乗平均に対する検定になっています。最小2乗平均の詳細については、付録「統計的詳細」の「[名義尺度因子の最小2乗平均](#)」(428ページ)および「[順序尺度の最小2乗平均](#)」(437ページ)を参照してください。

なお、結果において、主効果に対しては、最小2乗平均と一緒に標本平均(単純な平均)も表示されます(図3.10)。

最小2乗平均表の例

1. 「Big Class.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「体重(ポンド)」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「年齢」、「性別」、「身長(インチ)」を選択して、[追加] をクリックします。
5. 「強調点」のリストから[要因のスクリーニング] を選択します。
6. [実行] をクリックします。
7. 「最小2乗法によるあてはめ」レポートの下のように「効果の詳細」レポートが表示されますが、これは最初は閉じた状態です。「効果の詳細」レポートのタイトルの横にある開閉ボタンをクリックし、レポートを開きます。

「効果の詳細」レポートには、3つの効果それぞれのレポートが表示されます(図3.10)。「年齢」と「性別」には最小2乗平均表が表示されていますが、連続尺度の効果である「身長(インチ)」には表示されていません。最小2乗平均が標本平均とどのように異なるかに注目してください。

図3.10 最小2乗平均表

△ 応答 体重(ポンド)

△ 効果の詳細

△ 年齢

△ 最小2乗平均表

水準	最小2乗平均	標準誤差	平均
12	119.38671	5.5302002	99.000
13	105.70112	5.2695143	94.714
14	93.53945	3.9461891	100.833
15	99.61686	5.1729356	108.286
16	109.22769	7.7788438	118.333
17	121.90696	8.0768318	140.667

△ 性別

△ 最小2乗平均表

水準	最小2乗平均	標準誤差	平均
F	121.43592	6.1844278	100.944
M	117.33750	5.7895918	108.318

△ 身長(インチ)

表3.10 最小2乗平均表の説明

水準	カテゴリーカル因子の水準または水準の組み合わせ。
最小2乗平均	各水準における最小2乗平均の推定値。
推定	最小2乗平均が推定可能でない場合に警告を表示します。 注：この列は、警告がある場合のみ表示されます。
標準誤差	各水準における最小2乗平均の標準誤差。
下側95%	最小2乗平均の下側95%信頼限界。 注：[回帰レポート] > [信頼区間の表示] オプションを選択した場合、またはレポートを右クリックし、[列] > [下側95%] を選択した場合にのみ表示されます。
上側95%	最小2乗平均の上側95%信頼限界。 注：[回帰レポート] > [信頼区間の表示] オプションを選択した場合、またはレポートを右クリックし、[列] > [上側95%] を選択した場合にのみ表示されます。
平均	指定した水準における標本平均。バランスがとれたデータの場合は、最小2乗平均と同じ値になります。

最小2乗平均プロット

名義／順序尺度の主効果／交互作用に対して、[最小2乗平均プロット] オプションを選択すると、最小2乗平均がプロットされます。図3.11は、「Popcorn.jmp」サンプルデータから作成した最小2乗平均表と最小2乗平均プロットです。図の右側は、2因子の交互作用に対する結果となっています。

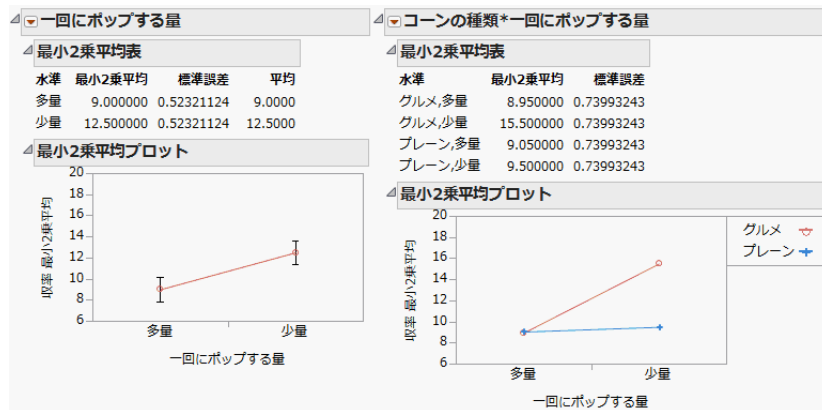
2因子間交互作用に対する最小2乗平均プロットで、因子を入れ替えるには、次の操作を行います。

- [最小2乗平均プロット] オプションの選択を解除します。

- Shift キーを押しながら「最小2乗平均プロット」オプションを再度選択します。

元のプロットに戻すには、「最小2乗平均プロット」オプションの選択をいったん解除してから、Shift キーを押さずに選択し直します。

図3.11 2つの効果の最小2乗平均表およびプロット



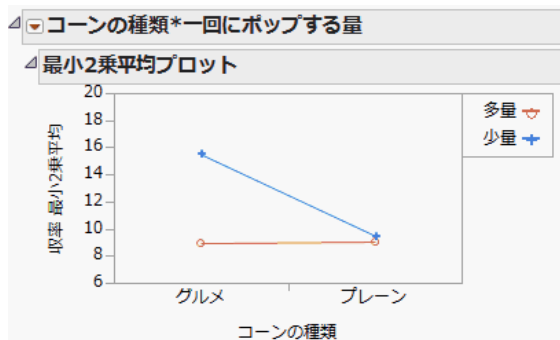
最小2乗平均プロットの例

図3.11のレポートを作成するには、次の手順に従います。

1. 「Popcorn.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「収率」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「コーンの種類」、「油の量」、「一回にポップする量」を選択し、[マクロ] > [完全実施要因] を選択します。「強調点」が「要因のスクリーニング」に変わります。
5. [実行] をクリックします。
6. 「効果の詳細」の開閉アイコンをクリックして、7つのモデル効果の詳細を開きます。
7. Ctrl キーを押しながら、いずれかの効果の赤い三角ボタンをクリックし、[最小2乗平均プロット] を選択します。
すべての最小2乗平均プロットのレポートが開きます。
8. 「コーンの種類*一回にポップする量」のプロットの因子を転置するには、最小2乗平均プロットオプションの選択を解除します。そして、Shift キーを押しながら「最小2乗平均プロット」オプションを再度選択します。

図3.12は、因子を入れ替えた後の「コーンの種類*一回にポップする量」のプロットです。図3.11のプロットと比較してください。これらのプロットは同じ情報を示していますが、プロットする因子を入れ替えています。

図3.12 因子を入れ替えた最小2乗平均プロット



最小2乗平均の対比

対比はパラメータ値の線形結合です。「対比の指定」パネルで、複数の対比を指定し、それらがすべてゼロかどうかを検定できます（図3.13）。

JMPでは、最小2乗平均に対する対比を指定できます。対比の各列は、通常、合計が0、絶対値の合計が2になるように正規化されます。対比に共変量が含まれている場合は、対比を検定するときの共変量の値を指定できます。

「対比の指定」パネルに、効果名と効果の水準名が表示されています。対比の値は最初は0に設定されており、横にはプラス記号とマイナス記号のボタンがあります。これらのボタンをクリックして水準を比較します。

プラスボタンまたはマイナスボタンをクリックするたびに、合計が0、絶対値の合計が2になるように可能な限り正規化されます。追加の水準を比較したい場合は、[列の新規作成] ボタンをクリックします。新しい列が表示され、ここで新しい対比を定義できます。完了したら、[完了] クリックします。「対比」レポートが表示されます（図3.14）。全体の検定は、対比のすべての列に対する同時F検定です。

注： 指定できる最大数以上の対比の列を追加しようとした場合、対比の列は追加されず、その時点で検定が実行されます。

「対比」レポートには、同時F検定に関する次のような詳細が表示されます。

平方和 同時検定の平方和。

分子自由度 分子の自由度。

分母自由度 分母の自由度。

F値 平均平方／誤差の平均平方。

p値(Prob > F) 有意性検定のp値。

「検定の詳細」レポート

「検定の詳細」レポート（図3.14）には、対比の各列に関する結果も計算されます。推定値、標準誤差、 t 値、 p 値、平方和が、対比の列ごとに計算されます。

「パラメータ関数」レポート

「パラメータ関数」レポート（図3.14）には、指定した対比が、モデル項の線形結合で示されます。

最小2乗平均の対比の例

[最小2乗平均の対比] オプションを理解するために、年齢の最初の2水準を次の2水準と比較する方法を見ていきましょう。

次の手順に従い、図3.13のようなレポートを作成します。

1. 「Big Class.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「体重(ポンド)」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「年齢」、「性別」、「身長(インチ)」を選択して、[追加] をクリックします。
5. 「列の選択」リストから「年齢」を選択し、「モデル効果の構成」リストから「身長(インチ)」を選択して、[交差] をクリックします。
6. [実行] をクリックします。
「最小2乗法によるあてはめ」レポートが表示されます。
7. 「年齢」タイトルバーの赤い三角ボタンをクリックし、[最小2乗平均の対比] を選択します。

図3.13のような「対比の指定」パネルが表示されます。

図3.13 「年齢」の対比を指定する

対比の指定

年齢		身長(インチ)
12	0 + -	62.55
13	0 + -	
14	0 + -	
15	0 + -	
16	0 + -	
17	0 + -	

+または-をクリックして対比値を作成。

列の新規作成 完了 ヘルプ

8. 12と13のプラス記号をクリックします。
9. 14と15のマイナス記号をクリックします。

この対比は、身長が62.55インチでの予測値に基づいて、体重の平均が2つの年齢グループ間で異なるかどうかを検定します。

10. 連続尺度の効果「身長(インチ)」の横にテキストボックスがあります。このデフォルト値は、該当する連続尺度の列の、標本平均です。
11. [完了] をクリックします。
12. 「検定の詳細」レポートと「パラメータ関数」レポートを開きます。

図3.14のような「対比」レポートが表示されます。対比の検定は、有意水準5%で統計的に有意です。身長が62.55インチである生徒においては、12歳と13歳の年齢グループの平均体重は、14歳と15歳の年齢グループの平均体重と、統計的に有意に異なると言えます。

図3.14 最小2乗平均の「対比」レポート

年齢

対比

検定の詳細

12	0.5
13	0.5
14	-0.5
15	-0.5
16	0
17	0
推定値	15.585
標準誤差	6.5334
t値	2.3854
p値(Prob> t)	0.0243
平方和	1059.4

平方和	分子自由度	分母自由度	F値	p値(Prob>F)
1059	1	27	5.6900	0.0243*

身長(インチ)62.55

パラメータ関数

パラメータ

切片	0
年齢[13-12]	-0.5
年齢[14-13]	-1
年齢[15-14]	-0.5
年齢[16-15]	0
年齢[17-16]	0
性別[F]	0
身長(インチ)	0
(身長(インチ)-62.55)*年齢[13-12]	0
(身長(インチ)-62.55)*年齢[14-13]	0
(身長(インチ)-62.55)*年齢[15-14]	0
(身長(インチ)-62.55)*年齢[16-15]	0
(身長(インチ)-62.55)*年齢[17-16]	0

Studentのt検定とTukeyのHSD検定

Studentのt検定と、TukeyのHSD (honestly significant difference) 検定のオプションは、最小2乗平均をペアごとに比較します。これらのオプションを選択すると、最小2乗平均の差、差の標準誤差、差の信頼限界が含まれている行列が表示されます。信頼区間や検定の有意水準と棄却値は、行列の上に表示されます。デフォルトの有意水準は0.05ですが、「モデルのあてはめ」起動ウィンドウで有意水準は変更できます。

図3.15は、「Big Class.jmp」サンプルデータの「年齢」に対する「最小2乗平均差のTukeyのHSD検定」レポートです（このレポートは、このサンプルデータに添付されている「モデルのあてはめ」スクリプトを実行した後、「年齢」の赤い三角ボタンのメニューから「最小2乗平均のTukeyのHSD検定」を選択すると表示できます）。最小2乗平均の差、標準誤差、信頼限界が表に表示されています。赤字で表示されているセルは、有意水準5%で、差が統計的に有意であることを示しています。

表の下には、デフォルトで、統計的な有意差があるかどうかをアルファベット文字で表したレポートが表示されます。水準17、12、16、13、15は、文字「A」でつながっています。この接続は、5%で有意ではないことを示しています。また、水準16、13、15、14は文字「B」でつながっており、これも5%で有意ではないことを示しています。しかし、年齢17と14、年齢12と14は、同じ文字でつながっていません。これは、これら2つの水準のペアでは、統計的に有意な差があることを示しています。

図3.15 「最小2乗平均のTukeyのHSD検定」レポート

最小2乗平均差のTukeyのHSD検定							
$\alpha = 0.050 \quad Q = 3.02917$							
最小2乗平均[j]							
平均[i]-平均[j]	12	13	14	15	16	17	
差の標準誤差							
差の下側信頼限界							
差の上側信頼限界							
最小2乗平均[i]	12	0 13.6856	25.8473	19.7698	10.159	-2.5203	
		0 6.96659	7.24776	8.04937	9.96733	10.5955	
		0 -7.4174	3.89261	-4.613	-20.034	-34.616	
		0 34.7886	47.8019	44.1527	40.3517	29.5754	
	13	-13.686	0 12.1617	6.08426	-3.5266	-16.206	
		6.96659	0 6.82786	7.59798	9.69566	10.0859	
		-34.789	0 -8.521	-16.931	-32.896	-46.758	
		7.41737	0 32.8444	29.0998	25.8432	14.346	
	14	-25.847	-12.162	0 -6.0774	-15.688	-28.368	
		7.24776	6.82786	0 6.28014	8.57237	8.65355	
		-47.802	-32.844	0 -25.101	-41.655	-54.581	
		-3.8926	8.52105	0 12.9462	10.2789	-2.1545	
	15	-19.77	-6.0843	6.07741	0 -9.6108	-22.29	
		8.04937	7.59798	6.28014	0 9.23282	9.21068	
		-44.153	-29.1	-12.946	0 -37.579	-50.191	
		4.61302	16.9313	25.101	0 18.3569	5.61058	
	16	-10.159	3.52657	15.6882	9.61083	0 -12.679	
		9.96733	9.69566	8.57237	9.23282	0 10.8916	
		-40.352	-25.843	-10.279	-18.357	0 -45.672	
		20.0337	32.8963	41.6554	37.5786	0 20.3131	
	17	2.52026	16.2058	28.3675	22.2901	12.6793	0
		10.5955	10.0859	8.65355	9.21068	10.8916	0
		-29.575	-14.346	2.15448	-5.6106	-20.313	0
		34.6159	46.7577	54.5806	50.1908	45.6716	0
水準 最小2乗平均							
17	A	121.90696					
12	A	119.38671					
16	A B	109.22769					
13	A B	105.70112					
15	A B	99.61686					
14	B	93.53945					
同じ文字でつながっていない水準は有意に異なります。							

「最小2乗平均のStudentのt検定」オプションは、通常のt分布に基づき、検定結果が算出されています。各ペアに対する検定は、1つ1つの比較の有意水準に基づいています。複数の検定を行うと、全体において第1種の誤りを犯す確率は、1つあたりの検定の有意水準を上回ってしまいます。

[最小2乗平均の Tukey の HSD 検定] オプションは、Tukey 検定を実行します。この検定は、先ほどの Student の t 検定とは異なり、複数の検定を行った場合の全体に対する有意水準を制御しています。このように多重性を考慮しているため、Tukey 検定の信頼区間のほうが、t 検定の信頼区間よりも広がります。この検定は、標本サイズが等しい場合は正確で、標本サイズが異なる場合は保守的になります (Hayter, 1984)。

各効果にある赤い三角ボタンのオプションを使用すると、表やレポートの表示と非表示を切り替えることができます。[最小2乗平均の Student の t 検定] では、次の5つのオプションすべてが使用できます。[最小2乗平均の Tukey の HSD 検定] では、最初の3つのオプションが使用できます。[クロス集計レポート] と [文字の接続レポート] は、デフォルトで表示されます。

クロス集計レポート 最小2乗平均の差、差の標準誤差、差の信頼限界を、水準のペアごとに示した2元表を表示します。統計的に有意な差は、赤色の字で表示されます。

文字の接続レポート 有意な差と、有意ではない差を、アルファベット文字をつなげることで示したレポートです。同じ文字でつながっていない水準は、有意差があります。同じ文字でつながっている水準は、有意ではありません。

差の順位レポート 差、標準誤差、信頼区間、および p 値を差の降順に並べて表示します。また、差を棒グラフで示し、信頼区間を重ねて表示します。

詳細な比較 比較ごとに、詳細なレポートを表示します。このレポートには、差の推定値、標準誤差、信頼区間、 t 値、自由度、および片側および両側検定の p 値が表示されます。また、検定結果を視覚化した、 t 分布の密度曲線も表示されます。この密度曲線の影がついた領域は、両側検定の p 値を表します。

同等性の検定 2回の片側検定法 (TOST 法; Two One-Sided Tests method) によって、同等性検定を行います (Schuirmann, 1987)。同等性検定では、平均差が特定の閾値より小さい場合は、「平均は実質的に等しい」とします。同等性検定の帰無仮説は、「真の平均差は、閾値を超える」というものです。2回の検定がともにこの帰無仮説を棄却すれば、平均の差はどちらの閾値も超えないということになります。したがって、2つのグループの平均は実質的に等しいとみなされます。

最小2乗平均の Dunnett の検定

Dunnett の検定 (Dunnett, 1955) は、各群の平均を、コントロール群の平均と比較します。この検定では、行われる複数の比較全体に対して、第1種の誤りが制御されています。[最小2乗平均の Dunnett の検定] オプションを選択すると、Dunnett の検定が行われます。一般的な状況での p 値と信頼区間の計算には、Hsu の因子分析型近似法が使用されています (Hsu, 1992)。

[最小2乗平均の Dunnett の検定] を選択すると、コントロール群 (対照群) を指定するためのダイアログが表示されます。「最小2乗平均差の Dunnett の検定」レポートには、有意水準、検定統計量の値 (Q)、およびコントロール群が表示されます。

図3.16は、「Cholesterol.jmp」サンプルデータの「処置群」に対して [最小2乗平均の Dunnett の検定] オプションを選択したときのレポートです。この例では、応答変数を「6月午後」としています。また、コントロール群は、「処置群」列の「コントロール」です。

図3.16 「最小2乗平均差のDunnettの検定」レポート



このレポートには次の2つのオプションがあります。

コントロール群との差のレポート このレポートは、デフォルトで表示されます。効果の各水準に対して、コントロール群と比較した水準、差の推定値、標準誤差、信頼区間、**p**値といった情報が表示されます。

コントロール群との差のグラフ コントロール以外の各水準について、コントロール群との差が点で示されます。また、上側と下側決定限界（UDL、LDL）が線で描かれます。このグラフには、[要約レポートの表示] オプションと [表示オプション] オプションがあります。[要約レポートの表示] オプションを選択すると、グラフの詳細が表示されます。[表示オプション] では、グラフの外観を変更できます。

輪切り検定 (単純主効果検定)

[輪切り検定] オプションは、名義尺度や順序尺度の列から成る交互作用効果に対して使用できます。このオプションは、ある因子の水準内において、別の因子の水準がすべて等しいかどうかをF検定します。言い換えると、交互作用を「輪切り」して検定します。

たとえば、 $A*B*C$ という交互作用を輪切り検定（単純主効果検定）するとします。ここで、因子Aの水準の1つが「小」だとします。「 $A = \text{小}$ 」における輪切り検定は、「 $A = \text{小}$ 」のときの、 $B*C$ 水準の最小2乗平均に差があるかどうかのF検定です。輪切り検定により、交互作用内のどこに差があるかを調べることができます。

「輪切り検定」レポートは、最小2乗平均の「対比」レポートと同じ形式になっています。[「最小2乗平均の対比」](#) (90ページ) を参照してください。

検出力の分析

[検出力の分析] コマンドを選択すると、「検出力の詳細」レポートが開きます。ここで、該当する効果の F 検定について、事前や事後の検出力分析を行います。

注：特定の差を検出するのに必要な標本サイズを求めるには、実験を行う前の計画段階で、検出力を求めます。実験を行う前に検出力を求める作業は、「検出力の事前計算」などと呼ばれています。「実験計画 (DOE)」プラットフォームでは、さまざまな実験計画法が用意されています。検出力の事前計算には、[実験計画 (DOE)] > [標本サイズ/検出力] および [実験計画 (DOE)] > [計画の評価] が役に立ちます。「モデルのあてはめ」の「標準最小2乗」での検出力の事前計算については、「[検出力の事前計算](#)」(186 ページ) を参照してください。

図3.17は、「Big Class.jmp」サンプルデータの「検出力の詳細」レポートです。この「検出力の詳細」レポートで、アルファ (α)、シグマ (σ)、デルタ (δ) の値を入力すると、その値に対する検出力が求められます。値を1つだけ（開始値のみ）入力するか、値を2つ（開始値と終了値）入力するか、もしくは、等差数列（開始値、終了値、間隔）で入力してください。入力した値に対して、検出力が計算されます。

図3.17 「検出力の詳細」ウィンドウ

検出力の詳細

年齢
クリックして1つか2つ、または連続する値をそれぞれに入力する。

	α	σ	δ	数
開始値:	0.050	13.15009	3	20
終了値:	.	.	6	60
間隔	.	.	1	10

☒ 検出力を求める

☒ 最小有意数を求める

☐ 最小有意値を求める

☐ 調整済み検出力と信頼区間

完了

キャンセル

ヘルプ

シーケンスのすべての組み合わせに対して計算。

詳細は、「[検出力の分析](#)」(180 ページ) を参照してください。

表3.11 「検出力の詳細」ウィンドウの説明

アルファ (α)	検定の有意水準です。この値は0～1の間で、通常は、0.05、0.01、または0.10です。「モデルのあてはめ」起動ウィンドウで [有意水準の設定] を選択して異なる値を設定していない限り、1行目にあらかじめ入力されている α の値は0.05です。
シグマ (σ)	誤差の標準偏差。現在のデータとモデルから計算されたRMSE（誤差の標準偏差の推定値）が、参考値として1行目にあらかじめ入力されています。
デルタ (δ)	対象となる効果の大きさ (effect size; 効果量)。詳細は、「 効果の大きさ 」(181 ページ) の節を参照してください。1行目にあらかじめ入力されている値は、仮説の平方和を標本サイズで割った値の平方根です。

表 3.11 「検出力の詳細」ウィンドウの説明（続き）

数 (n)	標本サイズ。1 行目にあらかじめ入力されている値は、現在のデータにおけるオブザベーション数です。
検出力を求める	α 、 σ 、 δ 、 n から、検出力が求められます。検出力とは、指定した σ および n のとき、水準 α で検定が有意となり、大きさ δ の差が検出される確率です。詳細は、付録「統計的詳細」の「 検出力の計算 」(447 ページ) を参照してください。
最小有意数を求める	指定した δ および σ のとき、水準 α で検定が有意となるために必要なオブザベーションの最小数を求めます。詳細は、付録「統計的詳細」の「 LSN の計算 」(446 ページ) を参照してください。
最小有意値を求める	p 値が α となるパラメータまたはパラメータの線形関数の最小絶対値を求めます。最小有意値は、 α 、 σ 、 n の関数です。このオプションは、自由度が 1 の検定に対してだけ使用できます。詳細は、付録「統計的詳細」の「 LSV の計算 」(446 ページ) を参照してください。
調整済み検出力と信頼区間	検出力を事後的に計算するときは、誤差分散とパラメータに関して、真値ではなく、推定値を使用します。これらの推定値を用いると、F 分布の非心度パラメータの推定においてバイアスが生じます。調整済み検出力は、非心度の推定値における正のバイアスを除去するために、計算を調整して検出力を求めたものです (Wright and O'Brien 1988)。 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から算出されています。 調整済み検出力は、現在のデータから算出された推定値に基づくため、検出力やその信頼区間は、δ に対する現在の推定値に対してのみ計算されます。詳細は、付録「統計的詳細」の「調整済み検出力の計算」(448 ページ) を参照してください。

あてはまりの悪さ (LOF)

「あてはまりの悪さ (LOF)」レポートには、モデルがデータにうまくあてはまっているかどうかを評価する検定の結果が表示されます。このレポートは、LOF 検定 (Lack Of Fit 検定; あてはまりの悪さの検定) が実行できる場合にのみ表示されます。モデルに依存しないで、誤差分散を推定できる場合には、LOF 検定を実行できます。このような誤差分散の推定値を算出するには、同一条件で実験が反復されなければいけません。LOF 検定では、反復されている実験のデータから、**純粋誤差** (pure error) を算出します。

以下の状況で、LOF 検定が実行できないので、「あてはまりの悪さ (LOF)」レポートは表示されません。

- X 変数に関して反復がなく、純粋誤差の平方和を計算できない。
- 飽和モデルである。つまり、オブザベーションと同じ数だけパラメータがある。この状況では、モデルがデータに完全にあてはまるので、あてはまりの悪さを評価できません。

モデルの誤差平方和から、純粋誤差平方和を引いたものを、**あてはまりの悪さ**（LOF; Lack Of Fit）の平方和といいます。あてはまりの悪さによる変動は、モデルが適切でないと、純粋誤差の変動よりもかなり大きくなってしまうことがあります。たとえば、予測変数の関数式が間違っていたり、モデルの交互作用効果が十分でなかったり適切でなかったりした場合です。

表3.12 「あてはまりの悪さ (LOF)」 レポートの説明

要因	変動の要因をリストしたもので、「あてはまりの悪さ (LOF)」、「純粋誤差」、「合計誤差」の3つが表示されます。
自由度	誤差の各要因に関連した自由度。 「合計誤差」の自由度は、「分散分析」表の「誤差」の行に表示されている値です。平方和分解の定理に基づき、「合計誤差」の自由度は、「あてはまりの悪さ (LOF)」と、「純粋誤差」の2つに分解することができます。 「純粋誤差」の自由度は、反復されたオブザベーションの各グループにおける自由度を足し合わせた値です。すべての説明変数の値がまったく同じグループが g 個があった場合、純粋誤差の自由度 (DF_{PE}) は、次式によって求められます。$DF_{PE} = \sum_{i=1}^g (n_i - 1)$ここで、$n_i$ は、i 番目のグループにおける繰り返し数（すべての説明変数の値がまったく同じであるデータの行数）です。 「あてはまりの悪さ (LOF)」の自由度は、「合計誤差」の自由度から、「純粋誤差」の自由度を引いた値です。
平方和	誤差の各要因に関連した平方和 (SS)。 「合計誤差」の平方和は、「分散分析」表の「誤差」の行にある平方和です。 「純粋誤差」の平方和は、反復されたオブザベーションの各グループにおける平方和を足し合わせものです。この平方和を自由度で割った値は、モデルに依存しない、誤差分散の推定値になります。すべての説明変数の値がまったく同じグループが g 個があった場合、純粋誤差の平方和 (SS_{PE}) は、次式によって求められます。$SS_{PE} = \sum_{i=1}^g SS_i$ここで、$SS_i$ は、i 番目のグループにおける応答平方和で、実測値とそのグループの平均との差を2乗して計算されます。 「あてはまりの悪さ (LOF)」の平方和は、「合計誤差」の平方和から、「純粋誤差」の平方和を引いた値です。

表 3.12 「あてはまりの悪さ (LOF)」 レポートの説明（続き）

平均平方	「要因」の平均平方。平方和を自由度で割った値です。「純粋誤差」の平均平方を基準にして、「あてはまりの悪さ (LOF)」の平均平方が相対的に大きくなっている場合、モデルがうまくあてはまっていないことを示します。検定統計量の F 値を求めるために、これらの値が使われます。
F 値	「あてはまりの悪さ (LOF)」の平均平方の、「純粋誤差」の平均平方に対する比。 F 値は、「あてはまりが悪いことによる変動は、純粋誤差による変動と等しい」、言い換えると「あてはまりが悪くない」という帰無仮説を検定します。
p 値 (Prob > F)	あてはまりの悪さ (LOF) に対する検定の p 値。 p 値が小さいときは、現在のモデルがデータにあてはまっていないことを意味します。
最大 R2 乗	モデルで使われている説明変数を組み合わせることによって得られる最大の R2 乗。この値は、「純粋誤差」の平方和から計算されます。「純粋誤差」の平方和はモデル式に関係なく不変です。次式により、説明変数を組み合わせることによって得られる最大の R2 乗は計算されます。 $\frac{\text{修正済みの全平方和} - \text{純粋誤差の平方和}}{\text{修正済みの全平方和}} = 1 - \frac{\text{純粋誤差の平方和}}{\text{修正済みの全平方和}}$ 上式によって計算された値が、「最大 R2 乗」に表示されます。

推定値

「推定値」メニューは、モデルパラメータに関する分析を行います。JMP で算出される推定値を理解するには、JMP において名義尺度や順序尺度の効果がどのようにコード変換されるかを確認してください。[「カスタム検定の例の詳細」](#)（175 ページ）、付録「統計的詳細」の「[名義尺度の因子](#)」（425 ページ）、および付録「統計的詳細」の「[順序尺度の因子](#)」（434 ページ）を参照してください。

「推定値」メニューでは次のオプションが用意されています。ただし、モデルに変量効果が含まれている場合は、いくつかのオプションは使えません。

表 3.13 「推定値」メニューにあるオプションの説明

予測式の表示	「予測式」というレポートを追加します。このレポートには、モデルの予測式が表示されます。例については、 「予測式の表示」 （101 ページ）を参照してください。
推定値の並べ替え	「並べ替えたパラメータ推定値」というレポートを追加します。これは、スクリーニングの際に便利です。実験計画が飽和計画ではない場合、このレポートは、「パラメータ推定値」レポートにおける切片以外の項を、 p 値の小さい順に並び替えたものになります。実験計画が飽和計画の場合、疑似 t 検定が実行されます。 「推定値の並べ替え」 （102 ページ）を参照してください。

表 3.13 [推定値] メニューにあるオプションの説明 (続き)

全水準の推定値	「全水準の推定値」レポートを追加します。このレポートでは、名義尺度の効果に関して、パラメータ推定値が全水準に対して求められます。「 全水準の推定値 」(106 ページ) を参照してください。
指示変数に対する推定値	「指示変数に対する推定値」レポートを追加します。このレポートの推定値は、最後の水準を基準とした指示変数に対するパラメータ推定値となっています。「 指示変数に対する推定値 」(107 ページ) を参照してください。
逐次検定	モデルに効果を1つずつ追加していったときの平方和を表示します。また、その平方和に基づいて F 検定を実施します。「 逐次検定 」(108 ページ) を参照してください。
カスタム検定	ユーザ自身が定義した仮説を検定します。「 カスタム検定 」(109 ページ) を参照してください。
多重比較	どのような比較を行うかを設定するためのウィンドウが呼び出されます。単一の因子内での水準の比較を行ったり、分析者が自由に比較を定義したりできます。全体平均との比較、コントロール群との比較が行えます。すべてのペアの比較として、Tukey の HSD 検定と Student の t 検定が行えます。また、同等性の検定も行えます。「 多重比較 」(111 ページ) を参照してください。
複合因子検定	モデルの主効果ごとに、その主効果に関連するパラメータすべてが同時に検定されます。このオプションは、モデルに交互作用がある場合にのみ有効です。「 複合因子検定 」(124 ページ) を参照してください。
逆推定	応答の特定の値に対して、説明変数の値を逆予測します。応答の値には、複数の値を指定できます。「 逆推定 」(125 ページ) を参照してください。
Cox 配合	Cox 配合モデルのパラメータ推定値を求めます。計算された推定値から、因子の効果と応答曲面の形状を解釈できます。「 Cox 配合 」(129 ページ) を参照してください。 注：配合効果のあるモデルにのみ表示されます。
パラメータの検出力	「パラメータ推定値」レポートに、対応する仮説検定に関連する検出力とその他の詳細を示した列を追加します。「 パラメータに対する検出力 」(130 ページ) を参照してください。
推定値の相関	モデル内のすべてのパラメータ推定値間の相関行列を表示します。「 推定値の相関 」(132 ページ) を参照してください。

予測式の表示

[予測式の表示] オプションを使用すると、推定されたモデル式が表示されます。この式は、応答変数の予測値を求めるのに使えます。図 3.18 は、「Drug.jmp」サンプルデータを用いた例です。予測式は、JMP で使うことができる計算式の形式です。この例では、投与前値が $x = 10$ で薬剤 a が割り付けられた患者に対し、その応答の予測値は、 $-2.696 - 1.185 + 0.987(10) = 5.99$ のように求められます (説明のために、数値は丸めています)。

図3.18 予測式

$$\begin{aligned}
 & -2.695772906127 \\
 & + \text{Match}(\text{Drug}) \begin{cases} \text{"a"} \Rightarrow -1.1850365373806 \\ \text{"d"} \Rightarrow -1.0760652051714 \\ \text{"f"} \Rightarrow 2.261101742552 \\ \text{else} \Rightarrow . \end{cases} \\
 & + 0.98718381112985 * x
 \end{aligned}$$

このレポートを作成するには、次の手順に従います。

予測式の例

1. 「Drug.jmp」データテーブルを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「y」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「薬剤」と「x」を選択し、[追加] をクリックします。
5. [実行] をクリックします。
6. 「応答 y」のタイトルバーにある赤い三角ボタンをクリックし、[推定値] > [予測式の表示] を選択します。図3.18のようなレポートが表示されます。

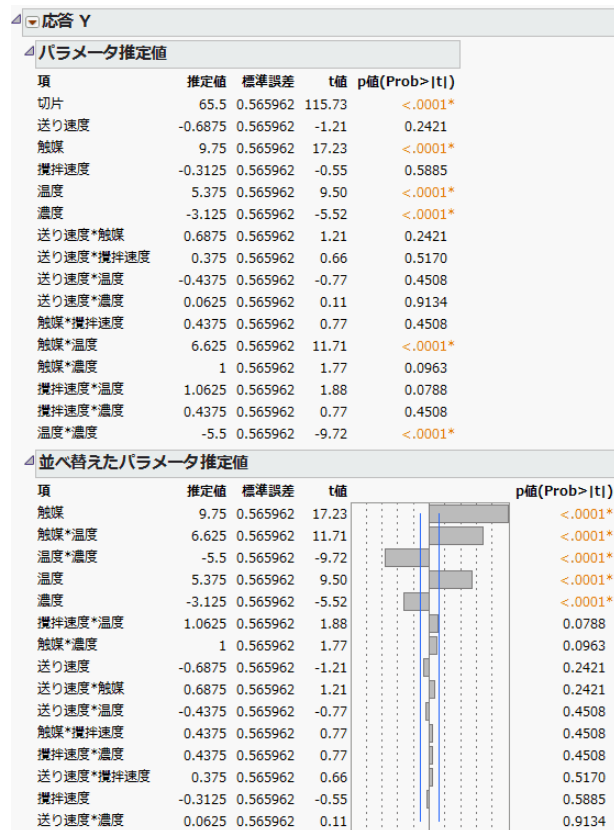
推定値の並べ替え

[推定値の並べ替え] オプションで表示されるレポートは、「パラメータ推定値」レポートに似ていますが、因子のスクリーニングに役立ちます。実験計画が飽和計画でない場合、このレポートは、「パラメータ推定値」レポートにおける切片以外の項を、p 値の小さい順に並び替えたものです（図3.19の2番目のレポート）。実験計画が飽和計画の場合、疑似t検定が実行されます。疑似t検定は、Lenthの疑似標準誤差に基づき計算されています（Lenth, 1989）。「[LenthのPSE](#)」（104ページ）を参照してください。

「並べ替えた推定値」レポートの例

1. 「Reactor.jmp」データテーブルを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「Y」を選択し、[Y] をクリックします。
4. ウィンドウの下の方にある「次数」ボックスに2という数値が入っていることを確認します。
5. 「送り速度」、「触媒」、「攪拌速度」、「温度」、および「濃度」を選択し、[マクロ] > [設定された次数まで] をクリックします。
6. [実行] をクリックします。

図3.19 並べ替えたパラメータ推定値



「並べ替えたパラメータ推定値」レポートは、「強調点」として「要因のスクリーニング」を選択し、かつ、すべての効果においてパラメータが1つしかない場合には、メニューで選択しなくても、デフォルトで表示されます。

「並べ替えたパラメータ推定値」レポートは、「パラメータ推定値」レポートと次のような違いがあることに注意してください（図3.19を参照）。

- 「並べ替えたパラメータ推定値」レポートには切片が表示されない。
- パラメータ推定値は、 t 値の絶対値が大きい順に並び替えられている。つまり、一番上が、 p 値が最も小さい効果になっています。
- 数値だけでなく、 t 値を示す棒グラフが描画される。このグラフにおいて、青色の縦線は、有意水準5%の棄却値を示しています。

飽和モデルの「並べ替えたパラメータ推定値」レポート

スクリーニング計画で使われることが多い完全飽和モデルには、誤差分散を推定できるだけの自由度がありません。そのような場合、「並べ替えたパラメータ推定値」レポート（図3.19）では、相対標準誤差と Lenth の疑似標準誤差（PSE; Pseudo Standard Error）を使って、 t 値と p 値が算出されます。PSE に基づく統計量には、「疑似」という語句が先頭に付けられます。「Lenth の PSE」（104 ページ）および「疑似 t 値」（104 ページ）を参照してください。

また、PSE の値と、解釈上の注意を示したメッセージが表示されます。レポートには次の情報も表示されます。

項 係数を求めたいモデル項。

推定値 パラメータ推定値は、 p 値が小さいものから順に並んでいます。

相対標準誤差 残差誤差の自由度がない場合、レポートには相対標準誤差が表示されます。相対標準誤差は、誤差の標準偏差（RMSE）を 1 に設定することによって計算されます。

疑似 t 値 疑似標準誤差を使って計算される推定値の t 値。Lenth の疑似標準誤差は、レポートの下部に表示されます。

疑似 p 値 $m/3$ を誤差自由度（DFE）として計算した p 値。ここで、 m は切片以外のパラメータ数です。計算に使われた DFE は、レポートの下部に表示されます。

Lenth の PSE

Lenth の疑似標準誤差（PSE; Pseudo Standard Error）は、Lenth（1989）によって提案された、標準誤差の推定値です。PSE が妥当なものになるには、「効果の稀薄性」が成立していなければなりません。「効果の稀薄性」とは、「スクリーニング計画においては、調べられる因子のほとんどが効果をもたない」という仮定です。重要ではない効果は、推定量のランダムなばらつきを反映しているので、標準誤差を推定するのに利用することができます。

Lenth の疑似標準誤差は、次のように計算されます。

1. 切片を除くすべてのパラメータに関して、推定値の絶対値を求めます。
2. 絶対値が、その中央値の 3.75 倍を超えるすべてのパラメータを除去します。
3. 残ったパラメータの絶対値の中央値を 1.5 倍します。

疑似 t 値

すべての相対標準誤差が互いに等しい場合、レポートの下部に表示されている Lenth の疑似標準誤差をもとに、疑似 t 値は次式によって計算されます。

$$\text{疑似 } t \text{ 値} = \frac{\text{推定値}}{\text{疑似標準誤差}}$$

相対標準誤差が等しくない場合、Lenth の疑似標準誤差が、 t 値スケールで計算されます。この値は、推定値を相対標準誤差で割った値から求められた、Lenth の疑似標準誤差です。次式によって、疑似 t 値は計算されます。

$$\text{擬似}t\text{ 値} = \frac{\text{推定値}}{t\text{ 値スケールの疑似標準誤差} \times \text{相対標準誤差}}$$

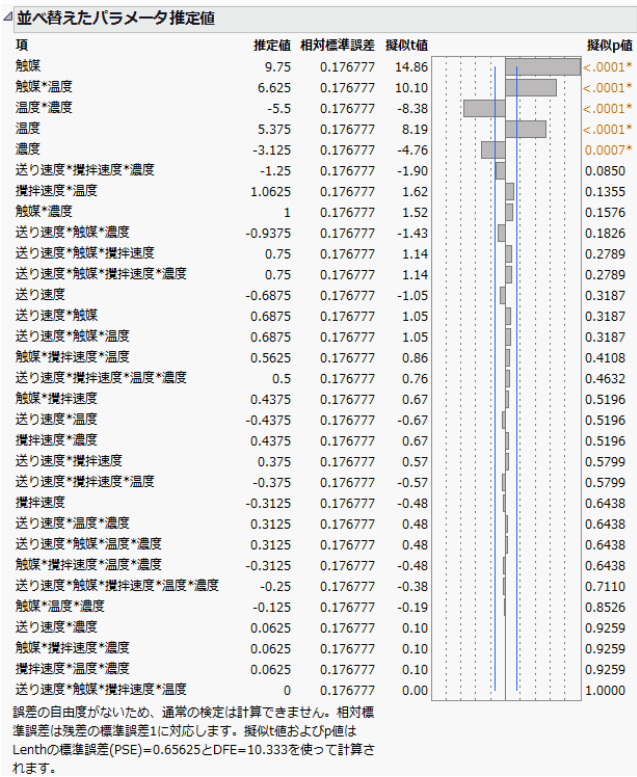
この式の分母において、t 値スケールの疑似標準誤差に、相対標準誤差を掛けたものを、推定値の標準誤差としている点に注意してください。

飽和モデルの例

1. 「Reactor.jmp」データテーブルを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「Y」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「送り速度」、「触媒」、「攪拌速度」、「温度」、「濃度」の5列を選択します。
5. [マクロ] ボタンをクリックして [完全実施要因] を選択します。
6. [実行] をクリックします。

「並べ替えたパラメータ推定値」レポートが表示されます (図3.20)。使用された Lenth の PSE および自由度は、レポートの下部に表示されます。レポートは、疑似 p 値に基づき、効果「触媒」、「触媒 * 温度」、「温度 * 濃度」、「温度」、「濃度」は高度に有意であることを示しています。

図 3.20 飽和モデルの「並べ替えたパラメータ推定値」レポート



全水準の推定値

JMPで計算されるパラメータ推定値を解釈するには、名義尺度や順序尺度の列が、JMPにおいてどのようにコード化されるかを理解しておく必要があります。名義尺度の列については、「[カスタム検定の例の詳細](#)」(175ページ)を参照してください。また、詳細は、「[名義尺度の因子](#)」(425ページ) および「[順序尺度の因子](#)」(434ページ)を参照してください。

[全水準の推定値] オプションを使うと、名義尺度の因子において、すべての水準に対するパラメータ推定値を求められます。また、推定値とあわせて、標準誤差、 t 値、および p 値が求められます。

「全水準の推定値」レポートの例

1. 「Drug.jmp」データテーブルを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「y」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「薬剤」と「x」を選択し、[追加] をクリックします。
5. [実行] をクリックします。
6. 「応答 y」のタイトルバーにある赤い三角ボタンをクリックし、[推定値] > [全水準の推定値] を選択します。

「パラメータ推定値」レポートの下に、「全水準の推定値」レポートが追加されます(図3.21)。「全水準の推定値」レポートには薬剤[f]という項が表示されています。薬剤[f]に対する検定の帰無仮説は、「薬剤fグループの平均は、全体平均と変わらない」というものです。薬剤[f]の検定は、有意水準を5%とした場合、統計的に有意となっています。「薬剤fグループにおける平均は、全体平均とは異なる」と言えるでしょう。詳細は、「[全水準の推定値](#)」の解釈」(107ページ)を参照してください。

図3.21 「パラメータ推定値」と「全水準の推定値」

▼ 応答 y				
▲ パラメータ推定値				
項	推定値	標準誤差	t値	p値(Prob> t)
切片	-2.695773	1.911085	-1.41	0.1702
薬剤[a]	-1.185037	1.060822	-1.12	0.2742
薬剤[d]	-1.076065	1.041298	-1.03	0.3109
x	0.9871838	0.164498	6.00	<.0001*
▲ 全水準の推定値				
名義尺度の要因においては、全水準に対して推定値が求められている				
項	推定値	標準誤差	t値	p値(Prob> t)
切片	-2.695773	1.911085	-1.41	0.1702
薬剤[a]	-1.185037	1.060822	-1.12	0.2742
薬剤[d]	-1.076065	1.041298	-1.03	0.3109
薬剤[f]	2.2611017	1.093974	2.07	0.0488*
x	0.9871838	0.164498	6.00	<.0001*

「全水準の推定値」の解釈

名義尺度の因子に、 n 個の水準があるとしましょう。その名義尺度の因子は、モデルにおいて、 $n-1$ 個のダミーの説明変数で表されます ($n-1$ 個の各水準に対して、1 変数ずつ)。JMP で採用されているコード化では、パラメータ推定値は、その水準の応答平均と全水準の応答平均との差を表します。(「[カスタム検定の例の詳細](#)」(175 ページ) を参照)。JMP のコード変換によって得られたパラメータ推定値は、多くの場合、その水準がもつ「効果」とみなすことができます。

たとえば、「Cholesterol.jmp」サンプルデータで、「処置群」を因子とし、「6月 午後」を応答とした一元配置分散分析を行ったとします。このとき、処置群 [A] のパラメータ推定値は、「処置群」A における応答平均と、応答の全体平均との差を表しています。

JMP で採用されているコード化では、名義尺度の因子の全水準における推定値を合計すると 0 になります。JMP のコード化では、名義尺度の因子における最後の水準は「-1」に変換されます。このようにコード化した場合、ある水準の推定値は、その水準以外の $n-1$ 個の推定値を合計したものの符号を逆にした値になります。これは、JMP のコード化に従えば、最後の水準のパラメータが、それ以外の $n-1$ 個の水準すべてのパラメータの合計の符号を逆にした値になっているからです。

[推定値] メニューにある [全水準の推定値] オプションを選択すると、最後の水準に対する推定値も計算されます。これにより、名義尺度の因子において、全水準の推定値を合計すると、0 になっていることが確認できます。なお、合計すると 0 になるので、名義尺度の因子内におけるパラメータ推定値は、独立ではなく、互いに関係しています。

図 3.21 の「Drug.jmp」のレポートは、 x を共変量としたモデルでの「薬剤」に関する推定値です。

メモ:

- 薬剤 [a] の推定値は、薬剤 a の最小 2 乗平均と、全体の最小 2 乗平均との差です。
- 薬剤 [f] の推定値は、薬剤 [a] と薬剤 [d] の推定値の合計して、その符号を逆にしたものです。
- 薬剤 [f] の t 検定は、「薬剤」f グループの最小 2 乗平均が、全体の最小 2 乗平均と異なっているかどうかを調べます。
- 名義尺度の因子の交互作用が高次になると、「全水準の推定値」レポートには、大量の推定値が表示されます。たとえば、5 次の交互作用の場合、因子が 2 水準ならば、パラメータは 1 個だけですが、「全水準の推定値」のレポートには、 $2^5=32$ 個もの推定値が表示されることになります。2 水準因子の場合、これらの推定値は符号が違っただけで、絶対値は同じです。

指示変数に対する推定値

このオプションで出力されるパラメータ推定値は、名義尺度および順序尺度の列に関して、SAS システムの GLM プロシジャで採用されているコード化に従って算出しています。SAS の GLM プロシジャと JMP の相違点に関しては、付録「統計の詳細」の「[因子モデル](#)」(424 ページ) を参照してください。

図 3.22 のレポートを再現するには、「[「全水準の推定値」レポートの例](#)」(106 ページ) の手順を行ってください。ただし、最後の操作において、[全水準の推定値] ではなく [指示変数に対する推定値] を選択してください。

図 3.22 指示変数に対する推定値

応答 y					
指示変数に対する推定値					
項	推定値	標準誤差	分母自由度	t値	p値(Prob> t)
切片	-0.434671	2.471354	26.00	-0.18	0.8617
薬剤[a]	-3.446138	1.886781	26.00	-1.83	0.0793
薬剤[d]	-3.337167	1.853866	26.00	-1.80	0.0835
x	0.9871838	0.164498	26.00	6.00	<.0001*

このレポートの結果も、JMPとGLMプロシジャでは異なるコード化を採用しているため、両方で異なる場合があります。切片がないモデル、欠測セルのあるモデル、配合モデルなどでは、ほとんどの場合、両方で結果が異なります。

逐次検定

「逐次検定」レポートは、モデルに効果を1つずつ追加していったときの平方和を計算し、それを検定します。追加していく順番は、「モデルのあてはめ」起動ウィンドウの「モデル効果の構成」リストでの表示順に従います。図3.23のレポートは「Drug.jmp」サンプルデータのものであります。

図 3.23 「逐次検定」レポート

応答 y					
逐次(タイプ1)検定					
要因	パラメータ数	自由度	逐次平方和	F値	p値(Prob>F)
薬剤	2	2	293.60000	9.1486	0.0010*
x	1	1	577.89740	36.0145	<.0001*

逐次検定のベースとなる平方和は、「タイプI平方和」とも呼ばれます。タイプI平方和は、モデルに1つずつ順番に効果を追加していった計算されます。ある効果のタイプI平方和を求めるには、まず、その効果の前に指定されたすべての効果を含むモデルの平方和を計算します。次に、そのモデルに該当の効果を追加して、平方和を計算します。タイプI平方和は、これら2つのモデルの平方和の差です。

「Drug.jmp」サンプルデータの逐次平方和を示す図3.23を例に説明します。このレポートを作成するにあたり、「モデルのあてはめ」起動ウィンドウでは、「薬剤」が最初に指定され、その後に「x」が指定されました。「薬剤」だけでのモデル平方和は293.6です。また、「x」をモデルに追加すると、モデル平方和は871.4974になります。これら2つのモデルの平方和の差である577.8974が、「x」のタイプI平方和となります。

「逐次(タイプ1)検定」レポートに表示される検定は、「タイプIの検定」とも呼ばれています。この検定は、逐次平方和(タイプI平方和)から計算されたF値に基づいています。この検定は、該当する効果より以前に指定されている効果をもつモデルと、それに該当する効果を追加したモデルとを比較するものです。

タイプI平方和の和は、モデル全体の平方和となります。他の望ましい特徴として、各効果に対する仮説検定が、互いに直交している点が挙げられます。しかし、検定の結果が、効果の指定順に依存するため、タイプIの検定は多くの場合、適切ではありません。

タイプIの検定は、次のような状況では適切です。

- 分散分析において、釣り合い（バランス）が取れており、かつ、効果が適切な順序で指定してある場合（ここで、「適切な順序」とは、「モデル効果の構成」リストにおいて、2次の交互作用が必ず主効果の後に並んでいるなどの条件が満たされていることを指します）
- 純粋な枝分かれモデル（枝分かれ効果しかないモデル）を適切な順序で指定してある場合
- 多項式回帰モデルを適切な順序で指定してある場合

「パラメータ推定値」レポートおよび「効果の検定」レポートでの検定は、**タイプIII平方和**に基づいています。タイプIII平方和は、該当の効果だけを除いたモデルの平方和と、すべての効果を加えたモデルの平方和との差です。

カスタム検定

モデルパラメータに関する1つまたは複数のカスタムな仮説を検定するには、[推定値]メニューから[カスタム検定]を選択します。このウィンドウでは、モデルパラメータの1つまたは複数の線形関数（**対比**）を指定できます。

結果には、各対比に対する個々の検定と、すべての対比に対する同時検定が含まれます。図3.24を参照してください。個々の対比のレポートでは、指定したパラメータの線形関数の推定値とその標準誤差が表示されます。*t*値、**p**値、およびそれに関連する平方和も表示されます。個々の対比の結果の下には、すべての対比に対する同時検定の結果の、平方和、分子の自由度、*F*値、およびその**p**値が表示されます。

警告：モデルに変量効果があり、REML法ではなくEMS法を用いた場合、このレポートで計算される検定は適切でない可能性があります。EMS法を用いた場合、ここでの検定では残差誤差が分母に使われるからです。

注：特に、高次の効果がある場合には、カスタム検定ではなく、最小2乗平均に対して対比を指定するほうが指定が簡単です。最小2乗平均は、その他のモデル効果に対しては中立的な値が設定されます。最小2乗平均の対比に対する検定は「効果の詳細」で行えます。

「カスタム検定」レポートの要素

カスタム検定の指定ウィンドウには、次の要素が表示されます。

編集可能なテキストボックス 「カスタム検定」タイトルバーのすぐ下にあるフィールドには、検定の名前を入力することができます。

パラメータ モデル項がリストされます。デフォルトでは、項名の隣に、0が並んだ列が表示されています。これは、それぞれのパラメータに対する係数が0であることを意味しています。これらのセルに値を入力して、検定の線形関数を指定します。

「=」記号 最後のパラメータ名は「=」と表示されます。このセルに定数を入力して、各対比の指定を完了します。

列の追加 検定したい仮説が、2つ以上の線形関数からなる複合仮説の場合に、このボタンを押して新しい列を追加してください。新しく追加された列でも、デフォルトの係数は0となっています。

完了 [完了] ボタンをクリックすると、検定が実行されます。検定統計量の値、標準誤差、および、各列に対する統計量が表示されます。列全体に対するF検定は、レポートの末尾のボックス内に表示されます。

「カスタム検定」レポートのオプション

「カスタム検定」レポートの赤い三角ボタンをクリックすると、次の2つのオプションが表示されます。

検出力の分析 行われた検定に対する検出力を計算します。このオプションは検定が実行された後に使用可能になります。詳細は、「[パラメータに対する検出力](#)」(130ページ)を参照してください。

削除 「カスタム検定」レポートを削除します。

注: 複数列に対するカスタム検定を追加で行いたい場合には、再度、[推定値] > [カスタム検定] を選択します。

図3.24は、「Cholesterol.jmp」サンプルデータで、3列の対比を検定している例です。3つすべての検定において、定数は0に設定されています。この対比に対する検定の結果は、図3.25のようになります。

「カスタム検定」の例

「Cholesterol.jmp」サンプルデータは、20名の患者に対して、6時点で4群の反復測定データです。このような反復測定データでは、すべての時点のデータを考慮した分析を行わなければなりません、ここでは説明のために、「6月 午後」だけを応答とした分析を行います。

ここで、次のような3つの比較を行いたいとします。第1は、A群とB群との比較です。第2は、A群およびB群と、コントロール群との比較です。第3は、A群およびB群と、コントロール群およびプラシボ群との比較です。

このような3つの比較を行うには、「カスタム検定」を使って、次のように対比を指定します。

1. 「Cholesterol.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「6月 午後」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「処置群」を選択し、[追加] をクリックします。
5. [実行] をクリックします。
6. 「応答 6月 午後」の赤い三角ボタンのメニューから、[推定値] > [カスタム検定] を選択します。
7. 「カスタム検定」の設定パネルで、[列の追加] を2回クリックして3つの列を作成します。
8. 3つの列に、図3.24に示すとおり数値を入力します。

対比をどのように指定するか、特に、3列目のように最後の水準が関係するときにどのように対比を指定をするかは、付録「統計的詳細」の「[名義尺度の応答の基本モデル](#)」(422ページ)を参照してください。

9. [完了] をクリックします。

図 3.24 「カスタム検定」における 3 つの対比の設定

▼ 応答 6月 午後

▼ カスタム検定

Three joint tests

パラメータ

切片	0	0	0
処置群[A]	1	0.5	1
処置群[B]	-1	0.5	1
処置群[コントロール]	0	-1	0
=	0	0	0

上のボックスをクリックし、仮説検定のための値を入力。

完了 列の追加 ヘルプ

図 3.25 の結果を見ると、3 つの検定は、個別でも、また、包括した全体でも有意になっています。

図 3.25 「カスタム検定」レポートの検定結果

▼ カスタム検定

Three joint tests

パラメータ

切片	0	0	0
処置群[A]	1	0.5	1
処置群[B]	-1	0.5	1
処置群[コントロール]	0	-1	0
=	0	0	0

値	-14.41375873	-93.80687936	-93.00687936
標準誤差	5.1212686663	4.4351487646	3.6212838022
t値	-2.814489859	-21.15078532	-25.68339971
p値(Prob> t)	0.0124630384	4.031938e-13	1.963232e-14
平方和	519.39110157	29332.435386	43251.398044

平方和	43777.189146
分子自由度	3
F値	222.55199394
p値(Prob>F)	2.973317e-13

対比をどのように指定するか、特に、3 列目のように最後の水準が関係するときにはどのように対比を指定をするかは、付録「統計的詳細」の「[名義尺度の応答の基本モデル](#)」(422 ページ)を参照してください。

多重比較

[多重比較] オプションを用いると、ある群と別の群との平均を比較し、その差の信頼区間を求めることができます。比較や検定を複数行うと、全体において第 1 種の誤りを犯す確率が大きくなるので、多重性を調整する必要があります。[多重比較] オプションでは、全体平均との比較 (ANOM 型の比較) や、コントロール群との比較 (Dunnett 型の比較) が行えます。また、すべてのペアを比較する検定として、Tukey の HSD 検定と Student の *t* 検定が行えます。これらの検定のほかに、実質的に同等と見なせる範囲内に差があることを確かめるための同源性検定も実行できます。

Studentの t 検定は、1つ1つの比較の第1種の誤りしか制御しません。そのため、Studentの t 検定は、「多重比較」の手法とは言えないでしょう。Studentの t 検定以外の手法は、比較全体における第1種の誤りを制御します。言い換えると、Studentの t 検定以外の手法は、 p 値や信頼限界の計算において、多重性を調整しています。

名義尺度や順序尺度の効果に対しては、「最小2乗平均の推定値」を使って比較するか、または「ユーザ定義の推定値」を使って特定の比較を定義できます。連続尺度の効果に対しては、「ユーザ定義の推定値」しか使えません。

注：「混合モデル」の手法では、「ユーザ定義の推定値」を使用できません。

注：「最小2乗平均の推定値」は、連続尺度の効果には使えません。各水準の最小2乗平均を比較したいのであれば、そして、その因子の水準数が少ないのであれば、連続尺度ではなく、順序尺度（または名義尺度）にして再分析するのも1つの手でしょう。

設定パネルの起動

図3.26は、「多重比較」オプションの設定パネルです。この例では、「Big Class.jmp」サンプルデータにて、「体重(ポンド)」を応答変数、「年齢」、「性別」、および「身長(インチ)」をモデル効果に指定しています。設定パネルでは、「最小2乗平均の推定値」と「ユーザ定義の推定値」という2種類のいずれかで、比較を指定できます。

最小2乗平均の推定値

このオプションは最小2乗平均を比較するもので、名義尺度または順序尺度の効果に対してだけ使えます。最小2乗平均は、他の効果を中立的な値に固定した時の応答の予測値です（最小2乗平均の定義については、「[最小2乗平均表](#)」(87ページ)を参照)。この比較を行うには、比較を行いたい効果を選択してください。図3.26では、「年齢」の「最小2乗平均の推定値」が指定されています。

図3.26 「最小2乗平均の推定値」の起動ウィンドウ

推定値の種類

☒ 最小2乗平均の推定値
☐ ユーザ定義の推定値

効果の選択

年齢
性別

比較の選択

☐ 全体平均との比較
☐ コントロール群との比較
☐ すべてのペアの比較 - TukeyのHSD検定
☒ 各ペアの比較 - Studentの t 検定

OK キャンセル ヘルプ

ユーザ定義の推定値

図 3.27 は、[ユーザ定義の推定値] の設定を示しています。年齢の 3 水準と性別の 2 水準を選択しています。また、身長の高さを 2 つの値をキーボードで入力しています。その後、[推定値の追加] ボタンをクリックすると、図のように、指定された水準を組み合わせたリストが表示されます。なお、この状態で、さらに推定値を指定し、[推定値の追加] ボタンを再度クリックし、「比較の推定値」リストにそれらを追加することもできます。

図 3.27 [ユーザ定義の推定値] の起動ウィンドウ

推定値の種類

☐ 最小 2 乗平均の推定値

☒ ユーザ定義の推定値

年齢の水準を選択

12

13

14

15

16

17

性別の水準を選択

F

M

身長(インチ)

62

68

.

.

.

.

因子の水準を選択し、[推定値の追加] ボタンをクリックする操作を繰り返して、「ユーザ定義の推定値」を定義してください。

推定値の追加

▲ 比較の推定値

年齢	性別	身長(インチ)
12	F	62
12	F	68
12	M	62
12	M	68
14	F	62
14	F	68
14	M	62
14	M	68
17	F	62
17	F	68
17	M	62
17	M	68

比較の選択

☐ 全体平均との比較

☐ コントロール群との比較

☐ すべてのペアの比較 - Tukey の HSD 検定

☐ 各ペアの比較 - Student の t 検定

OK

キャンセル

ヘルプ

[ユーザ定義の推定値] において、水準や値の指定が行われなかった効果は次のように設定されます。

- 連続尺度の説明変数は、その説明変数における単純な標本平均に設定されます。
- 名義尺度および順序尺度の効果は、最初的水準に設定されます。

注：この節では、「平均を比較する」といった場合は、特に断らない限り、「最小 2 乗平均を比較する」または「ユーザ定義の推定値を比較する」ことを指します。

比較の選択

比較したい推定値を指定したら、「比較の選択」の下で比較の種類を選択します。または、何も選択せずに[OK]をクリックします。

選択された種類の比較が、最初のレポートに表示されます。

- 全体平均との比較
- コントロール群との比較
- すべてのペアの比較 - Tukey の HSD 検定
- 各ペアの比較 - Student の t 検定

いずれかの比較を選択すると、そのレポートに固有の詳細を上部に表示したレポートが開きます。この情報には、分位点または棄却値が含まれます。真の多重比較手順では、多重比較調整に使用される手法が表示されます。[ユーザ定義の推定値]を指定した場合、レポートには、指定した推定値に相対して変化しない効果と、これらの効果が設定された水準のリストが表示されます。特に指定していない限り、連続尺度の効果はすべて平均に設定されます。名義尺度および順序尺度の効果は、値の順序の最初の水準に設定されます。

「比較の選択」リストで何も選択せずに[OK]をクリックした場合、「多重比較」レポートには「推定値」表だけが表示されます。この状態でも、「多重比較」の赤い三角ボタンメニューから、前述した4つの比較のいずれも選択できます。以下では、用意されているレポートとオプションを説明します。

「推定値」レポート

[多重比較] オプションを実行すると、レポートの先頭には「推定値」表が表示されます。この表は、設定ダイアログでいずれの比較を選択しなくても、常に表示されます。この表には、比較したい水準について、推定値、 t 値、信頼区間が表示されます。この表では次のことがわかります。

カテゴリカルな効果の水準 レポートの最初の列には、比較するグループ（水準）が示されています。この列の値は、分析されるグループを示します。

推定値 グループ平均（該当する水準の平均）の推定値。

標準誤差 グループ平均の推定値に対する標準誤差。

自由度 グループ平均が0かどうかの検定の自由度。

t 値 有意性検定の t 値。

p 値 (Prob>| t |) 有意性検定の p 値。

下側 95% 平均の下側信頼限界を示します。「モデルのあてはめ」ウィンドウで[有意水準の設定]を選択することによって、信頼水準を変更することができます。

上側 95% 平均の上側信頼限界を示します。

全体平均との比較

このオプションは、各グループの平均を、全体平均と比較します。また、全体平均との差の信頼区間を、表とグラフで示します。この手法は、平均分析 (ANOM; analysis of means) と呼ばれます (Nelson, et al., 2005)。この比較では、各グループの平均を全体平均と比較するので、複数回の比較が行われます。平均分析では、複数回の比較で生じる多重性を調整しています。図3.28は、「Movies.jmp」サンプルデータの例です。

平均分析は、分散分析と同じように思えるかもしれませんが、しかし、平均分析は、いくつかの水準のなかで、どのグループの平均が全体平均と異なるかを特定します。一方、分散分析のF検定は、いずれかのグループの平均が全体平均と異なっていることが分かるだけで、どのグループの平均が全体平均と異なっているかは特定できません。

「全体平均との比較」レポートの上部には、次のものが表示されます。

分位点 決定限界を計算するのに使用される Nelson の h 統計量。

平均 一元配置分散分析の場合には、これは応答の単純な平均です。比較する推定値が最小2乗平均の場合、この「平均」は、最小2乗平均の重み付き平均です。

この重み付き平均の重みには、 $L(X'X)^{-1}L'$ の対角要素の逆数が使われます。ここで、 L は、最小2乗平均を算出する係数からなる行列です。最小2乗平均と、それらの重み付き平均の詳細については、『SAS/STAT 9.3 User's Guide』の「GLM Procedure」の項を参照してください。特に、「Construction of Least Squares Means」を参考にしてください。

ユーザ定義の推定値でも、「平均」は、同様に推定値の重み付き平均として定義されます。この場合、 L は推定値を算出する係数からなる行列になります。

調整方法 レポートの先頭には、棄却値や p 値を求めるために使用された計算方法も表示されます。次のような計算方法が使われます。

- Nelson 法: この方法は、正確な棄却値と p 値を算出します。この方法は、推定値の間に相関がない場合だけに使えます。
- Nelson-Hsu 法: Hsu の因子分析型近似法です (Hsu, 1992)。この方法は、棄却値と p 値の近似値を算出します。Nelson 法が使えないような状況で使用されます。
- Sidak 法: Nelson 法、Nelson-Hsu 法の計算が失敗した場合に使用されます。

技術的な詳細については、『SAS/STAT 9.3 User's Guide』の「GLM Procedure」の章を参照してください。特に、「Approximate and Simulation-Based Methods」を参考にしてください。

「全体平均との比較」レポートメニューからは、次の3つのオプションが使用できます。

全体平均との差

各グループの平均を、全体平均と比較します。次のような統計量が表示されます。

- 差 - 差の推定値
- 標準誤差 - 差の標準誤差
- 自由度 - 信頼区間を算出する際に使用された自由度

- 信頼区間の上限と下限

全体平均との比較 グラフ

このグラフでは、各グループの平均が点でプロットされます。また、全体平均が水平線で描かれ、その上側と下側に決定限界が描かれます。あるグループの平均の点が、決定限界の外側にある場合、そのグループは平均分析において有意な差があります。グラフで使われている有意水準は、グラフの下に表示されます。

「全体平均との比較 グラフ」レポートのメニューには、次のオプションがあります。

要約レポートの表示 各グループの推定値、決定限界、および限界外を示した表を表示します。

表示オプション グラフの見栄えを変更するためのいくつかのオプションがあります。

多重調整p値の計算

「全体平均との比較 グラフ」レポートに、「 t 値」と「 p 値 (Prob>|t|)」の列を追加します。バランスが取れていないデータや複雑な比較などでは積分が複雑になり、Nelson 法や Nelson-Hsu 法で棄却値や p 値を求められない場合があります。そのような場合は、Sidak 法によって棄却値が計算されます（このとき、 p 値は計算されません）。

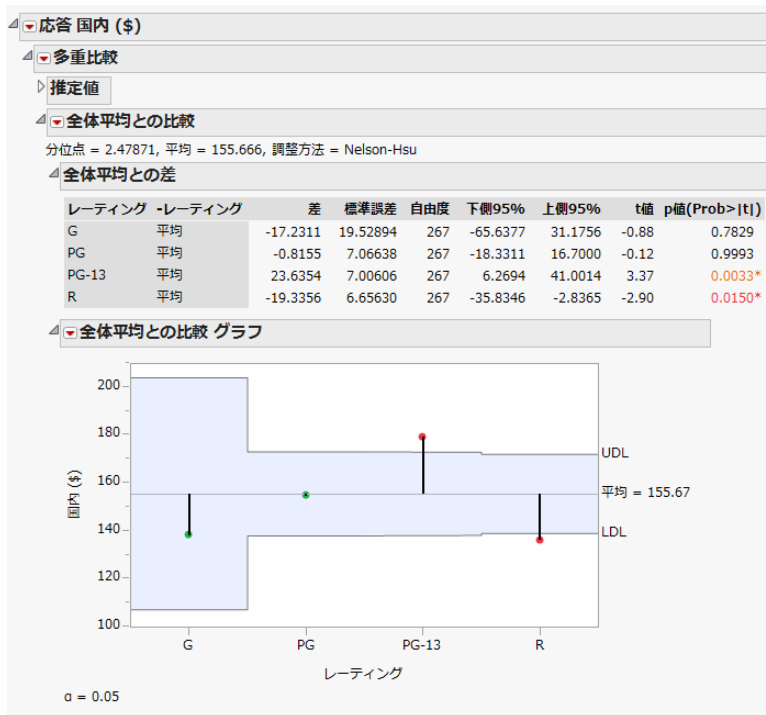
全体平均との比較の例

「Movies.jsp」サンプルデータを例に見てみましょう。関心があるのは、4つの「レーティング」のいずれかに、「国内(\$)」の平均が全体平均と異なるものがあるかどうかです。「国内(\$)」を応答変数とし、「タイプ」、「レーティング」、「封切りの年」を効果にしてモデルを作成します。

1. 「Movies.jsp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「国内(\$)」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「タイプ」、「レーティング」、「封切りの年」を選択し、[追加] をクリックします。
5. [実行] をクリックします。
6. 「応答 国内(\$)」の横の赤い三角ボタンのメニューから、[推定値] > [多重比較] を選択します。
7. 「効果の選択」リストから、「レーティング」を選択します。
8. 「比較の選択」リストから、[全体平均との比較] を選択します。
9. [OK] をクリックします。
10. 「全体平均との比較」の赤い三角ボタンのメニューから、[多重調整p値の計算] を選択します。

図3.28の結果からわかるように、「レーティング」がPG-13とRの映画の最小2乗平均は、「国内(\$)」に関して全体平均とは有意に異なっています。

図3.28 レーティングの全体平均との比較



コントロール群との比較

「コントロール群との比較」を選択すると、コントロール群を選択するためのウィンドウが開きます。コントロール群を選択した後、「OK」をクリックすると、「コントロール群との比較」レポートが表示されます。

このオプションは、各グループの平均を、コントロール群の平均と比較します。また、コントロール群との差の信頼区間に関して、表とグラフを作成します。p値や信頼区間の計算には、Dunnett法が使われます。Dunnett法は、コントロール群との比較の全体において、第1種の誤りを犯す確率を制御します (Hsu, 1996 and Westfall et al., 2011)。

Dunnett法での正確な計算ができない状況では、Hsuの因子分析型近似法が使われます (Hsu, 1992)。バランスが取れていないデータや複雑な比較などでは積分が複雑になり、棄却値やp値を求められないことがあります。そのような場合は、Sidak法によって棄却値が計算されます。

「コントロール群との比較」レポートの上部には、次のような情報が表示されます。

分位点 Dunnett 検定の棄却値。

コントロール群 対照群。コントロール水準。

調整方法 棄却値や p 値を求めるために使用された計算手法。

- Dunnett 法: この方法は、正確な棄却値と p 値を算出します。この方法は、推定値の間に相関がない場合だけに使えます。
- Dunnett-Hsu 法: Hsu の因子分析型近似法です (Hsu, 1992)。この方法は、棄却値と p 値の近似値を算出します。Dunnett 法が使えないような状況で使用されます。
- Sidak 法: Dunnett 法、Dunnett-Hsu 法の計算が失敗した場合に使用されます。

技術的な詳細については、『SAS/STAT 9.3 User's Guide』の「GLM Procedure」の章を参照してください。特に、「Approximate and Simulation-Based Methods」を参考にしてください。

「コントロール群との比較」レポートメニューからは、次の3つのオプションが使用できます。

コントロール群との差

各グループの平均を、コントロール群の平均と比較します。次のような統計量が表示されます。

- 差 - 差の推定値
- 標準誤差 - 差の標準誤差
- 自由度 - 信頼区間を算出する際に使用された自由度
- 信頼区間の上限と下限

コントロール群との比較 グラフ

このグラフでは、各グループの平均が点でプロットされます。また、コントロール群の平均が水平線で描かれ、その上側と下側に決定限界が描かれます。あるグループの平均の点が、決定限界の外側にある場合、そのグループは Dunnett 検定において有意な差があります。グラフで使われている有意水準は、グラフの下に表示されます。

「コントロール群との比較 グラフ」レポートのメニューには、次のオプションがあります。

要約レポートの表示 各グループの推定値、決定限界、および限界外を示した表を表示します。

表示オプション グラフの見栄えを変更するためのいくつかのオプションがあります。

多重調整 p 値の計算

「コントロール群との比較グラフ」レポートに、「 t 値」と「 p 値 (Prob>|t|)」の列を追加します。バランスが取れていないデータや複雑な比較などでは積分が複雑になり、Dunnett 法や Dunnett-Hsu 法で棄却値や p 値を求められないときがあります。そのような場合は、Sidak 法によって棄却値が計算されます（このとき、 p 値は計算されません）。

すべてのペアの比較

[すべてのペアの比較] オプションは、「すべてのペアの比較 - Tukey の HSD 検定」レポートまたは「各ペアの比較 - Student の t 検定」レポートを表示します。Tukey の HSD 検定は、すべてのペアの比較に関して有意水準が制御されています (Hsu, 1996 および Westfall et al., 2011)。一方、Student の t 検定は、1 つ 1 つの比較のみにしか有意水準が保たれていません。Student の t 検定を用いた場合、行った複数の比較のうちのいずれか 1 つで第 1 種の誤りを犯す確率は、設定した有意水準をかなり超えてしまいます。

「すべてのペアの比較 - Tukey の HSD 検定」レポートの上部には、次のものが表示されます。

分位点 検定の棄却値。Tukey の HSD 検定では、分位点は $q/(\sqrt{2})$ です。ここで、 q はスチューデント化された範囲の分位点です。

調整方法 棄却値や p 値を求めるために使用された計算手法。

- Tukey 法: この方法は、正確な棄却値と p 値を算出します。この方法は、推定値の間に相関がなく、かつ、推定値の分散が等しい場合にだけ使えます。バランスが取れているデータ (釣り合い型データ) の場合には、この条件を満たしています。
- Tukey-Kramer 法: この方法は、棄却値と p 値の近似値を算出します。Tukey 法が使えないような状況で使用されます。

技術的な詳細については、『SAS/STAT 9.3 User's Guide』の「GLM Procedure」の章を参照してください。特に、「Approximate and Simulation-Based Methods」を参考にしてください。

一方、「各ペアの比較 - Student の t 検定」レポートの上部には、 t 検定の分位点または棄却値が表示されます。

「すべてのペアの平均差」レポート

Tukey の HSD 検定も、Student の t 検定も、水準のすべてのペアを比較します。それぞれのペアに対して、レポートには次の統計量が表示されます。

- 比較する水準
- 差 - 平均間の差の推定値
- 標準誤差 - 差の標準誤差
- 自由度 - 信頼区間を算出する際に使用された自由度
- t 値 - 差がゼロかどうかの検定の t 値
- p 値 (Prob > | t |) - 検定の p 値
- 平均の差の信頼区間の上限および下限

ペア比較の散布図

「ペア比較の散布図」は、すべてのペアについて、平均差の信頼区間を描いたグラフです。ディフォグラム (diffogram) や、平均 - 平均散布図 (mean-mean scatterplot) などとも呼ばれています。図 3.30 に、このグラフの例を示しています。有意な差が分かるように、色分けされています。

図には、右上から左下に向けて対角線が描かれています。この対角線は、2つの平均が等しい座標を示します。各線分がペアごとの比較の信頼区間に対応しています。左上から右下に向けて描かれた線分は、平均の差の信頼区間を表しています。線分上の中点の座標は、グループの平均を表しています。これらの点をクリックすると、グループ名と差の推定値を示したツールヒントが呼び出されます。線分が対角線に交わっている場合、統計的な有意差はありません。

同等性検定

このオプションを選択すると、同等性検定が行われます。**実質的に**意味がある差の範囲内にあることを検証したい場合には、同等性検定が役立ちます。差の閾値を指定し、その閾値内に差がある場合には「平均は実質的に等しい」と見なします。つまり、2つのグループの平均差が閾値以下である場合は、それらは同等であると見なします。

ダイアログで閾値を設定して分析を実行すると、「同等性検定」レポートが表示されます。指定した閾値は、レポートの上部に表示されます。レポートは、同等性検定の表とグラフで構成されます。同等性検定と信頼区間には、選択した比較方法に応じて、Tukey の HSD 検定、または Student の t 検定のいずれかの棄却値が使われます。

同等性検定

同等性検定には、2回の片側検定法 (TOST metod; Two One-Sided Tests metod) を用いています (Schuirmann, 1987)。この方法では、「真の差は、閾値を超えている」という帰無仮説を検定するために、片側検定を2回、行います。2回の検定が両方ともこの帰無仮説を棄却すれば、「平均の差は、上限値と下限値のどちらの閾値も超えていない」とみなされます。したがって、平均の差は実質的に等しいとみなされます。どちらか一方だけ棄却されたか、または、どちらの検定も棄却されなかった場合は、統計的に有意ではありません。

各比較に関して、「同等性検定」レポートは次の情報を表示します。

- 差 - 平均の差の推定値
- 下限値 t 値、上限値 t 値 - 2回の片側検定の上限および下限の t 値
- 下限値 p 値、上限値 p 値 - 下限および上限の t 値に対応する p 値
- 最大 p 値 - 下限および上限の p 値の最大値
- 平均の差の $1 - 2\alpha$ 信頼区間の上限および下限

同等性検定 散布図

この散布図では、どの平均が実質的に同等で、どの平均がそうでないかを色分けして示します（図3.31を参照）。

図には、対角線と、影のついた帯が描かれます。対角線から帯までの距離が、実質的な差を表しています。各線分は、差に対する $1-2\alpha$ 信頼区間を表しています。線分上の中点の座標は、グループの平均を表しています。これらの点をクリックすると、グループ名と差の推定値を示したツールヒントが呼び出されます。対角線上の帯の中に完全に線分が含まれている場合、平均が実質的に同等であることを示しています。

削除

このオプションは、「同等性検定」レポートを削除します。

すべてのペアの比較 - TukeyのHSD検定の例

「Movies.jmp」サンプルデータを例に見てみましょう。「レーティング」がPG-13やRであるアクション映画 (Action) とドラマ (Drama) の、1998年における国内興行収入（「国内(\$)」）の違いに関心があるとします。

1. 「Movies.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「国内(\$)」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「タイプ」、「レーティング」、「封切りの年」を選択し、[追加] をクリックします。
5. [実行] をクリックします。
6. 「応答 国内(\$)」の横の赤い三角ボタンのメニューから、[推定値] > [多重比較] を選択します。
7. 「推定値の種類」リストから [ユーザ定義の推定値] をクリックします。
8. 「タイプの水準を選択」から「Action」（これはデフォルトで選択されているはずです）と「Drama」を選択します。
9. 「レーティングの水準を選択」から、「PG-13」と「R」を選択します。
10. 「封切りの年」のリストに「1998」と入力します。
11. [推定値の追加] をクリックします。[推定値の追加] ボタンの下に、指定した水準について考えうるすべての組み合わせが表示されます。
12. 「比較の選択」リストで、[すべてのペアの比較 - TukeyのHSD検定] を選択します。

これで、ウィンドウは図3.29のようになっているはずです。

図 3.29 ユーザ定義の推定値を指定

推定値の種類

☐ 最小2乗平均の推定値

☒ ユーザ定義の推定値

タイプ, !Typeの水準を選択

Action

Comedy

Drama

Family

Mystery-Suspense

レーティング, !Ratingの水準を選択

G

PG

PG-13

R

封切りの年

1998

.

.

.

.

.

因子の水準を選択し、[推定値の追加]ボタンをクリックする操作を繰り返して、「ユーザ定義の推定値」を定義してください。

推定値の追加

比較の推定値

タイプ	レーティング	封切りの年
Action	PG-13	1998
Action	R	1998
Drama	PG-13	1998
Drama	R	1998

比較の選択

☐ 全体平均との比較

☐ コントロール群との比較

☒ すべてのペアの比較 - TukeyのHSD検定

☐ 各ペアの比較 - Studentのt検定

OK

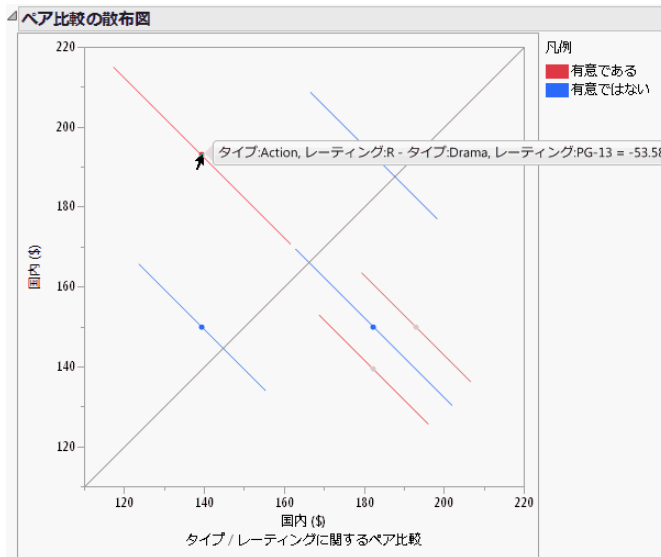
キャンセル

ヘルプ

13. [OK] をクリックします。

「すべてのペアの平均差」レポートを見ると、6つのペアの比較の中で3つが有意になっています。「ペア比較の散布図」(図 3.30) では、これらの比較の信頼区間が赤色になっています。この散布図で左上の点をクリックすると、ツールヒントが呼び出され、R指定のアクションと、PG-13指定のドラマとの平均差が-53.58であることが分かります。

図3.30 ユーザ定義の推定値のペア比較の散布図



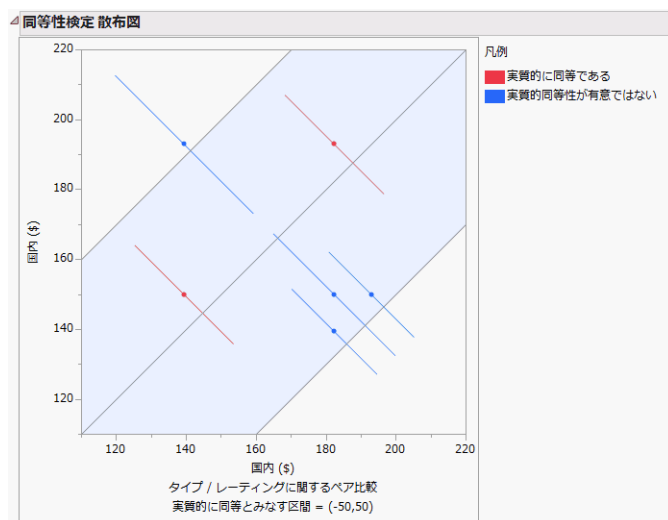
14. 「すべてのペアの比較 - TukeyのHSD検定」レポートの赤い三角ボタンのメニューから、「同等性検定」を選択します。

15. 次に表示されるウィンドウで、「50」と入力します。

16. [OK] をクリックします。

この操作により、平均差が50以下のカテゴリは同等とみなして、2回の片側検定（TOST）が実行されます。この検定は、国内興行収入の平均が実質的に同等とみなせる映画カテゴリを調べます。「同等性検定散布図」（図3.31）では、2つのペアは同等であることが示されました。

図 3.31 同等性検定 散布図



複合因子検定

〔複合因子検定〕 オプションは、交互作用があるときに表示されます。モデルの主効果ごとに、その主効果に関連するすべての項（主効果と交互作用の項）のすべての係数がゼロであるかどうかと同時に検定されます。この検定は、関連するパラメータがすべて0であることを検定します。つまり、この検定は、現在のモデルと、制限を付けたモデルとを比べる検定になっています。その制限を付けたモデルでは、該当する効果に関するすべてのパラメータが、交互作用を含めて、ゼロに固定されます。

「複合因子検定」レポートの例

1. 「Big Class.jmp」 サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「体重(ポンド)」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「次数」ボックスに「2」と表示されていることを確認します。
5. 「年齢」、「性別」、「身長(インチ)」を選択し、[マクロ] > [設定された次数まで] をクリックします。
6. [実行] をクリックします。
7. 「応答 体重(ポンド)」タイトルバーにある赤い三角ボタンをクリックし、[推定値] > [複合因子検定] を選択します。

図 3.32 のようなレポートが表示されます。

「年齢」の検定では自由度が15になっています。この検定では、「年齢」の5つのパラメータ、「年齢*性別」の5つのパラメータ、および「身長(インチ)*年齢」の5つのパラメータについて調べます。この検定の帰無仮説は、15個のパラメータがすべてゼロであるというものです。

図3.32 「複合因子検定」レポート

複合因子検定				
項	自由度	平方和	F値	p値(Prob>F)
年齢	15	6116.2127	2.8488	0.0139*
性別	7	2113.1080	2.1091	0.0879
身長(インチ)	7	9217.8156	9.2002	<.0001*

逆推定

応答変数の値から、説明変数の値を推測することを**逆推定**と言います。逆推定は、**較正**（calibration）と呼ばれることもあります。

[推定値] メニューから [逆推定] を選択すると、指定した応答変数の値（図3.36）に対応する説明変数の値が推定されます。なお、説明変数が複数ある場合は、応答変数の値に加えて、他の説明変数の値も指定する必要があります（図3.36）。レポートには、逆推定の点推定値だけではなく、信頼区間も求められます。信頼区間としては、応答の期待値（平均）に対応した信頼区間、個別の応答値に対応した信頼区間のいずれかを選択できます。例として、[「逆推定の例」](#)（125ページ）を参照してください。

説明変数が複数ある時の逆推定

モデルに複数の説明変数があるときも、逆推定を行えます。その場合は、他の説明変数の値を指定してください。たとえば、応答変数が酸素摂取量、説明変数が脈拍数と走行時間の回帰モデルにおいて、脈拍数が60である条件での酸素摂取量が50となる走行時間を逆推定できます。男性と女性などのグループ別に逆推定を行うこともできます。これらの条件は、[逆推定] オプションを選択すると呼び出される「逆推定」ウィンドウで設定してください。

「逆推定」ウィンドウの左側には、説明変数のリストが表示されます（図3.36）。連続尺度の説明変数は、最初は平均値となっています。名義尺度や順序尺度の説明変数は、最小の水準となっています。予測したい説明変数は、これらの最初に設定されている数値を削除して、欠測値にしてください。また、逆推定したい変数以外の説明変数に関して、最初と異なる値を指定したい場合には、設定を変更してください。ウィンドウの右側のテキストボックスに、応答変数の値を入力します。例として、[「効果が複数あるときの逆推定の例」](#)（127ページ）を参照してください。

注：逆推定の信頼区間が、一方が無限大となり片側しか求まらなかったり、両方とも無限大になったりすることがあります。詳細については、付録「統計の詳細」の[「逆推定の信頼限界」](#)（449ページ）を参照してください。

逆推定の例

この例では、まず、「**走行時間**」から「**酸素摂取量**」を予測する回帰モデルをあてはめます。そして、「**酸素摂取量**」が特定の値となる「**走行時間**」を逆推定します。この例では、説明変数が「**走行時間**」の1変数しかないので、「**二変量の関係**」プラットフォームの散布図でも、見た目で、大まかな逆推定値を求めることができます。

1. 「Fitness.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。

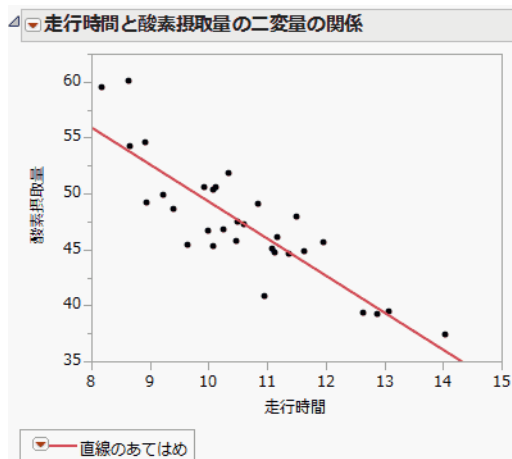
3. 「酸素摂取量」を選択し、[Y, 目的変数] をクリックします。
4. 「走行時間」を選択し、[X, 説明変数] をクリックします。
5. [OK] をクリックします。
6. 赤い三角ボタンのメニューから、[直線のあてはめ] を選びます。

次のように十字カーソルを使用して、平均「酸素摂取量」が50となる「走行時間」を目算します。

7. [ツール] > [十字ツール] を選択します。
8. 「酸素摂取量」軸を50の辺りでクリックし、十字ツールが回帰直線と交わるようにカーソルをドラッグします。

図3.33の回帰直線から、大まかな見た目で、「酸素摂取量」が50となるのは、「走行時間」が9.8ぐらいのようです。

図3.33 「Fitness.jmp」の二変数の関係



「走行時間」の逆推定値を求めるために、また、逆推定値の信頼区間を求めるために、「モデルのあてはめ」を用いましょう。

1. 「Fitness.jmp」サンプルデータを開いた後、[分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
2. 「酸素摂取量」を選択し、[Y] をクリックします。
3. 「走行時間」を選択し、[追加] をクリックします。
4. [実行] をクリックします。
5. 「応答 酸素摂取量」のタイトルバーにある赤い三角ボタンをクリックし、[推定値]>[逆推定]を選択します。
6. 図3.34に示すように、「酸素摂取量」の4つの値を入力します。
7. [OK] をクリックします。

図3.34 指定し終えた「逆推定」ウィンドウ

逆推定したいY値を1つ以上、指定してください。

走行時間 (予測対象) 信頼水準 酸素摂取量

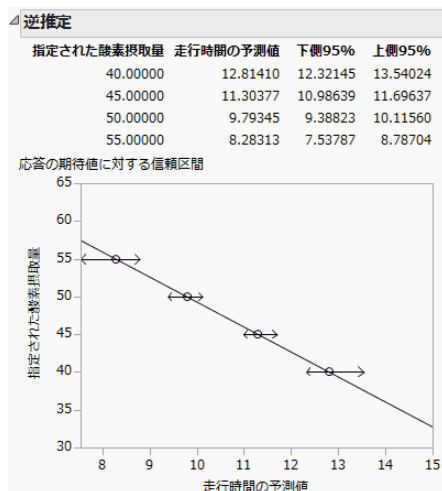
0.95 両側 40
45
50
55
.
.
.
.

☐ 応答変数の期待値ではなく、個々の値に対する信頼区間

OK キャンセル ヘルプ

「逆推定」レポート（図3.35）には、「酸素摂取量」の指定された各値に対応する「走行時間」の予測値が表示されます。また、これらの両側95%信頼区間も表示されます。

図3.35 「逆推定」レポート



「酸素摂取量」が50となるときの「走行時間」の正確な逆推定値は9.7935です。この値は図3.33において目算で求めた9.8という値に近いです。「逆推定」レポートには、「走行時間」と「酸素摂取量」の直線関係を描いている図も表示されます。この図には、逆指定値の信頼区間も描かれています。

効果が複数あるときの逆推定の例

この例では、「休息時の脈拍」が60の場合の、酸素摂取量が50になる「走行時間」を男女別に逆推定します。「走行時間」は男性と女性の両方に対して予測されます。

1. 「Fitness.jmp」サンプルデータを開いた後、[分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
2. 「酸素摂取量」を選択し、[Y] をクリックします。

3. 「性別」、「走行時間」、「休息時の脈拍」を選択して、「追加」を選択します。
4. 「実行」をクリックします。
5. 「応答 酸素摂取量」のタイトルバーにある赤い三角ボタンをクリックし、「推定値」>「逆推定」を選択します。
6. 逆推定の対象である「走行時間」の値を削除します。
7. 「性別」のすべての水準に対して「走行時間」を予測するので、「性別」の横の「すべて」のボックスにチェックを入れます。
8. 「休息時の脈拍」の値を「60」にします。
9. 図3.36のように、「酸素摂取量」の値として「50」を入力します。
10. 「OK」をクリックします。

図3.36 重回帰モデルの「逆推定」パネル

逆推定したい項以外の項に、値を指定してください。
逆推定したい項は、空または欠測値にしてください。
逆推定したいY値を1つ以上、指定してください。

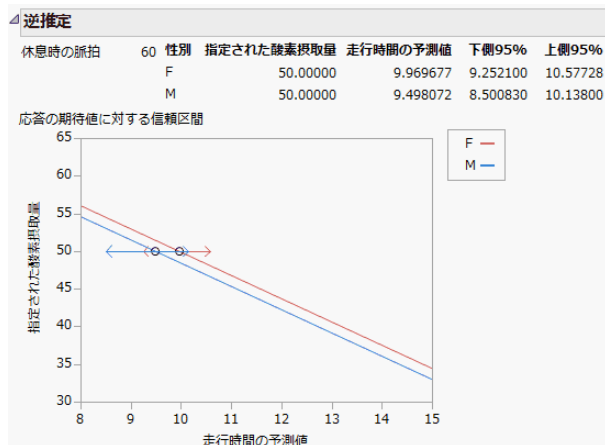
性別	F ▼	☒ すべて	信頼水準	酸素摂取量
走行時間			0.95	50
休息時の脈拍			両側 ▼	.
				.
				.
				.
				.
				.

☐ 応答変数の期待値ではなく、個々の値に対する信頼区間

OK キャンセル ヘルプ

逆推定の結果は、図3.37のようになります。酸素摂取量が50となるとき逆推定の結果が、男性と女性の両方に対して表示されています。また、両側95%の信頼区間も表示されています。

図3.37 重回帰モデルの「逆推定」レポート



図は、「休息時の脈拍」が60であるときの、男性と女性の回帰直線です。2つの信頼区間が、それぞれ赤と青で表されています。男女間で逆推定値はあまり違いがなく、信頼区間はかなり重なっています。

Cox 配合

注：このオプションは、配合計画モデルの場合にだけ選択できます。

JMPの「モデルのあてあめ」では、Scheffé (1958) によって提唱された配合モデルをあてはめることができます。Schefféの配合モデルでは、モデルパラメータから配合成分の効果を単純に判断できません。そこで、JMPでは、Schefféモデルを変形した「Coxの配合モデル」もサポートしています。Coxの配合モデルは、Schefféモデルとは異なったパラメータ化を採用しており、また、パラメータに対していくつかの制約を課しています。Coxの配合モデルは、その推定値から、因子の効果や応答曲面の形状を解釈しやすくなっています。詳細については、Cornell (1990) を参照してください。

[Cox 配合] オプションを選択すると、ベースとする配合成分を入力するためのウィンドウが表示されます。ここで入力した配合成分の値は、レポートの「ベース配合成分」に表示されます。なお、合計して1にならない配合成分を指定した場合は、それらは、合計が1になるように比例的に調整されます。

Cox 配合の例

1. 「Five Factor Mixture.jmp」を開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「Y1」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「X1」、「X2」、「X3」、「X4」、「X5」を選択します。
5. [マクロ] > [配合応答曲面] を選択します。
6. [実行] をクリックします。

7. 「応答 Y1」のタイトルバーにある赤い三角ボタンをクリックし、[推定値] > 「Cox 配合」を選択します。

図 3.38 「ベース配合成分」ウィンドウ

8. 図 3.38 に示すように、ベース配合成分を入力します。

9. [OK] をクリックします。

Cox 配合モデルのパラメータ推定値が、標準誤差および仮説検定とともにレポートに表示されます (図 3.39)。ベース配合成分は右側に表示されます。

図 3.39 Cox 配合

Cox 配合モデル						
パラメータ	推定値	標準誤差	t 値	p 値(Prob> t)	因子	ベース配合成分
切片	3.5355	1.29870	2.722	0.0083*	X1	0.3000000
X1	1.1823	2.43535	0.485	0.6290	X2	0.1000000
X2	-3.6222	3.83989	-0.943	0.3490	X3	0.2000000
X3	-3.2085	2.92501	-1.097	0.2767	X4	0.2000000
X4	3.6197	5.62643	0.643	0.5223	X5	0.2000000
X5	-0.3736	5.62792	-0.066	0.9473		
X1^2	-5.1994	4.11707	-1.263	0.2111		
X2^2	5.8185	5.51911	1.054	0.2957		
X3^2	1.4651	4.57698	0.320	0.7499		
X4^2	-25.5399	31.68302	-0.806	0.4231		
X5^2	-33.7424	31.36937	-1.076	0.2861		
X1*X2	-0.6103	8.08798	-0.075	0.9401		
X1*X3	-2.9727	7.15726	-0.415	0.6793		
X2*X3	-2.5568	8.77822	-0.291	0.7718		
X1*X4	9.4671	17.81579	0.531	0.5970		
X2*X4	-5.8065	18.85488	-0.308	0.7591		
X3*X4	-4.5258	18.05964	-0.251	0.8029		
X1*X5	9.4090	17.72527	0.531	0.5973		
X2*X5	3.4602	18.73234	0.185	0.8540		
X3*X5	7.3330	17.94454	0.409	0.6841		
X4*X5	44.3083	27.48105	1.612	0.1117		

パラメータに対する検出力

検出力とは、特定の大きさをもつ差が実際に存在する場合に、検定が有意となる確率です。「実験によって、実質的な差を検出できるかどうか」が検出力によって示されます。なお、[パラメータに対する検出力] オプションは、検出力の事後計算も行えます。

注：差を検出するのに必要な標本サイズを、実験や調査を行う前に算出する作業は、「検出力の事前計算」と呼ばれています。実験計画は「実験計画 (DOE)」プラットフォームで行えますが、検出力の事前計算には「実験計画 (DOE)」 > 「標本サイズ/検出力」 および 「実験計画 (DOE)」 > 「計画の評価」 が役に立ちます。「モデルのあてはめ」を利用した検出力の事前計算の例については、「[検出力の事前計算](#)」(186 ページ) を参照してください。

ある検定の検出力は、次の要因によって決まります。

- 標本サイズ
- 誤差の分散（通常、これは未知です）
- 検定の有意水準
- 検出したい効果の大きさ

実験や調査を終え、データを分析したところ、関心のある効果が有意ではなかったとします。この場合、現在のデータで有意となる差の大きさや、現在のデータでの検出力を確認したいときがあるかもしれません。または、現在のデータにおける差を高い確率で検出するのに必要な標本サイズに興味があるかもしれません。

[パラメータに対する検出力] オプションを選択すると、「パラメータ推定値」レポートに検出力の事後計算に関する3つの列が追加されます。「LSV(最小有意値)0.05」、「LSN(最小有意数)0.05」、「調整済み検出力 0.05」です。

「調整済み検出力 0.05」は、現在のデータと同じ誤差分散をもつ標本を想定して計算されています。

警告：「LSV(最小有意値)0.05」、「LSN(最小有意数)0.05」、「調整済み検出力 0.05」の結果の解釈には注意が必要です。これらの結果だけをもとに、将来の実験や調査の標本サイズを決めてはいけません。これらの結果には、将来の実験や調査における不確実性が反映されていないからです。

- 「LSV(最小有意値)0.05」列の値は、**最小有意値 (LSV; Least Significant Value)** です。最小有意値は、現在のデータにおいて（有意水準 5% で）検定が有意となるような、推定値の最小絶対値です。標本サイズ、誤差の平均平方、説明変数の構成が、現在のデータとまったく変わらない場合に、推定値の絶対値が（有意水準が 5% の）最小有意値よりも大きいとき、p 値が 5% より小さくなり、検定は有意となります（詳細は、「[最小有意値 \(LSV\)](#)」(183 ページ) を参照してください）。
- 「LSN(最小有意数)0.05」列の値は、**最小有意数 (LSN; Least Significant Number)** です。最小有意数は、現在のデータにおいて（有意水準 5% で）検定が有意となる標本サイズです。効果の大きさ、誤差の平均平方、説明変数の構成が、現在のデータとまったく変わらない場合に、標本サイズが（有意水準が 5% の）最小有意数よりも大きいとき、p 値が 5% より小さくなり、検定は有意となります（詳細は、「[最小有意数 \(LSN\)](#)」(183 ページ) を参照してください）。
- 「調整済み検出力 0.05」列の値は、**調整済み検出力**です。調整済み検出力は、検定が有意となる確率の推定値です。検出力の計算に必要なパラメータ値に、現在のデータから得られた推定値を代入して、検出力を計算します。この時、非心度パラメータの値として、バイアスを調整したものを uses (Wright and O'Brien, 1988)（詳細は、「[調整済み検出力と信頼区間](#)」(184 ページ) を参照してください）。

最小有意値、最小有意数、および調整済み検出力は、検定の感度を評価するうえで役立ちます。また、これらは、統計的検定を教育する上でも役立つでしょう。しかし、これらの解釈には注意が必要です (Hoenig and Heisey, 2001)。

最小有意値、最小有意数、および調整済み検出力についての詳細は、「[検出力の分析](#)」(180ページ)を参照してください。例については、「[検出力の事後計算の例](#)」(184ページ)を参照してください。

推定値の相関

[推定値] メニューにある [推定値の相関] は、パラメータ推定値 (パラメータ推定量) の相関行列を計算します。この相関行列は、多重共線性を調べるのに役立ちます。

次のような回帰モデルを考えてみましょう。回帰モデルでは、応答 (Y) は、説明変数 (x) と誤差 (ε) の線形関数によって表されます。

$$Y = \beta_0 + \beta_1 x_1 + \dots + \beta_p x_p + \varepsilon$$

データの各行は、1 個の応答変数と p 個の説明変数が含まれています。回帰モデルでは、説明変数の値は所与で固定と見なされ、応答変数だけが確率変数と見なされます。

所与の説明変数の値と、確率変数である応答変数の実現値から、パラメータ $\beta_0, \beta_1, \dots, \beta_p$ は推定されます。得られた応答変数の値が変化すれば、パラメータの推定値も変化します。パラメータ推定値はこのような理由で変動します。[推定値の相関] オプションは、パラメータ推定値の理論上の相関を計算します (技術的な詳細は、「[カスタム検定の例の詳細](#)」(175ページ)を参照してください)。

パラメータ推定値の相関は、説明変数の値と切片だけに依存し、応答の値には影響されません。2つのパラメータ推定値の間の相関は、応答の値に影響を受けません。

2つの推定値の間に強い相関がある場合、それらの説明変数の間に多重共線性があることが示唆されます。ただし、これらの相関の解釈には注意が必要です (Belsley, D.A., Kuh, E., and Welsch, R.E., 1980, p. 185 and pp. 92-94)。なお、説明変数から平均を引いて中心化すると、回帰係数の推定値は同じですが、切片と説明変数の間の相関は変わります。

推定値の相関の例

1. 「Socioeconomic.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「住宅価格の平均値」を選択して [Y] をクリックします。
4. 「人口」、「学年の平均値」、「雇用数」、「プロフェッショナルサービス」を選択して、[追加] をクリックします。
5. 「強調点」リストで [最小レポート] を選択します。
6. [実行] をクリックします。
7. 「応答」のタイトルバーにある赤い三角ボタンをクリックし、[推定値] > [推定値の相関] を選択します。

図3.40 「推定値の相関」表

推定値の相関					
相関	切片	人口	学年の平均値	雇用数	プロフェッショナルサービス
切片	1.0000	-0.5743	-0.9818	0.4719	0.6903
人口	-0.5743	1.0000	0.5871	-0.9746	-0.2398
学年の平均値	-0.9818	0.5871	1.0000	-0.5132	-0.7085
雇用数	0.4719	-0.9746	-0.5132	1.0000	0.1094
プロフェッショナルサービス	0.6903	-0.2398	-0.7085	0.1094	1.0000

レポート（図3.40）を見ると、切片と「**学年の平均値**」のパラメータ推定値の間に強い負の相関があります（ -0.9818 ）。また、「**人口**」と「**雇用数**」のパラメータ推定値の間にも、強い負の相関があります（ -0.9746 ）。

名義尺度効果のコード変換

JMPでは、回帰モデルをあてはめるときに、名義尺度の列を -1 、 0 、 1 という値をもつダミー変数に変換します（名義変数をコード変換する方法には、他にもいろいろな方法が存在します。JMPで採用されている方法は、そのうちの1つです）。名義尺度の列に n 個の水準がある場合、 $n-1$ 個のダミー変数が必要となります（これは、名義尺度の主効果の自由度が $n-1$ であることを意味しています）。詳細は、付録「統計的詳細」の「[名義尺度の因子](#)」（425ページ）を参照してください。

4水準がある名義尺度の列を例にしましょう。「Cholesterol.jmp」サンプルデータの「**処置群**」の列には、「A」、「B」、「コントロール」、「プラシボ」の4つの水準があります。この場合、最初の3水準が、内部的にはダミー変数に変換されます。レポートにおいて、それらの3つのダミー変数の名前は、「処置群[A]」、「処置群[B]」、「処置群[コントロール]」とされます。

これらのダミー変数には、該当する水準には1が、最後の水準には -1 が、他の水準には0が割り当てられます。表3.14に、4水準でのダミー変数を示します。たとえば、処置群[A]を見てみましょう。表3.14に示すように、このダミー変数には次のように値が割り当てられます。

- ・「処置群」が「A」である行には、1が割り当てられます。
- ・「処置群」が「B」や「コントロール」の行には、0が割り当てられます。
- ・「処置群」が「プラシボ」の行には、 -1 が割り当てられます。

表3.14 「Cholesterol.jmp」の「処置群」のダミー変数

データの値	処置群[A]	処置群[B]	処置群[コントロール]
A	1	0	0
B	0	1	0
コントロール	0	0	1
プラシボ	-1	-1	-1

水準の順序は、「値の順序」列プロパティが割り当てられている場合はその順序で、それ以外の場合は、JMP によるデフォルトの順序で並べられます。デフォルトの順序は、通常、数値の場合は数字の順、文字データの場合はアルファベット順です。ただし、月の名前など、一定のカテゴリカルな値は、デフォルトによって適切に並べられます。値の順序については、『JMP の使用法』を参照してください。

これらのダミー変数はデータとして作成されるわけではありませんが、これらのダミー変数に対する推定値は「パラメータ推定値」などのレポートに表示されます。JMP で採用されている方法以外にもさまざまなコード変換が使われています。JMP の方法で求められた推定値は、実用的で解釈しやすいのが特長です。

順序尺度の効果のコード変換については、付録「統計的詳細」の「[順序尺度の因子](#)」(434 ページ)を参照してください。

要因のスクリーニング

スクリーニング計画では、誤差の自由度がまったくない場合があります。誤差の自由度がなければ、効果に対して検定を行う際に、従来の検定が使用できません。特にそのような場合、「要因のスクリーニング」の機能が役に立ちます。

多くのスクリーニング計画では、パラメータ推定値は、相関がなく、等分散になっています。この性質は、多くの古典的な実験計画で成立します。しかし、この性質をもたない実験計画もあります。どちらの状況でも、「要因のスクリーニング」の機能は、どの効果が有意であるかを見つけるのに役立ちます。

「要因のスクリーニング」で行われる統計分析は、前提として、**効果の希薄性** (effect sparsity) が成立していなければいけません (Box and Meyer, 1986)。この前提は、「スクリーニング実験において、応答に強い影響を与えている因子はごくわずかであり、ほとんどの効果は重要ではない」というものです。この前提にもとづき、「ほとんどの効果は、その真の大きさが0で、それらの推定値はランダムな誤差として分布する」と仮定します。

[要因のスクリーニング] オプションには次のものがあります。

尺度化した推定値 説明変数の平均を0、範囲を2に変換したときのパラメータ推定値が計算されます。「[尺度化した推定値](#)」(135 ページ)を参照してください。

正規プロット 正規分位点プロットを描きます。このグラフに基づき、正規分布から外れている因子が、効果を持つ因子だと判断できます。「[正規プロット](#)」[レポート](#)」(140 ページ)を参照してください。

Bayes プロット Bayes (ベイズ) 流の計算によって、すべてのモデル項の事後確率を計算します。「[Bayes プロット](#)」[レポート](#)」(142 ページ)を参照してください。

パレート図 直交化し、かつ標準化したパラメータ推定値の絶対値をプロットします。また、絶対値の合計に対する累積割合を折れ線で描きます。「[パレート図](#)」[レポート](#)」(143 ページ)を参照してください。

尺度化した推定値

パラメータ推定値は、説明変数の尺度に大いに依存します。説明変数の値をグラムからキログラム換算すると、単位を変えただけでもかわらず、パラメータ推定値は1,000倍になります。多項式の2乗項に対するパラメータ推定値は、100万倍にもなります。

効果の大きさをよりよく理解し、比較するためには、尺度不変な（スケールに左右されない）値で検討しなければなりません。パラメータ推定値の大きさを効果の大きさだと考えられるような値を求めることが必要です。それにはいろいろな方法があります。

レポートの赤い三角ボタンから「要因のスクリーニング」>「尺度化した推定値」コマンドを選択すると、平均を0、範囲を2に尺度化した要因に対する係数が計算されます。要因は、平均を0、範囲を2に尺度化されます。

ある説明変数の値が、最大値、中間値、最小値から構成されており、その平均が中間値に一致している場合、尺度化した要因は-1、0、1となります。-1、0、1とする尺度化は、実験計画の分野でよく使われているコード変換と同じです。なお、尺度化した推定値は、説明変数が最小値から最大値まで移動したときに応答の予測値が変化する量の半分になっています。

尺度化した推定値は、単位や尺度が異なるモデル項の影響を評価するのに重要です。通常の直交計画では、尺度化した推定値は、元の推定値と一致します。

注：データテーブルの列において「コード変換」列プロパティを設定すると、その列に対する結果は、-1 ~ 1 に尺度化したものに対する結果になります。この列プロパティを設定していれば、パラメータ推定値は尺度化されて算出されるため、「尺度化した推定値」オプションを改めて用いる必要ありません（ただし、「コード変換」列プロパティを用いた場合、「尺度化した推定値」オプションとは異なり、尺度化された説明変数の平均は必ずしも0にはなりません）。

尺度化した推定値の例

1. 「Drug.jmp」サンプルデータを開きます。
2. 「分析」>「モデルのあてはめ」を選択します。
3. 「y」を選択し、「Y」をクリックします。
4. 「薬剤」と「x」を選択し、「モデル効果の構成」リストに追加します。
5. 「強調点」を「最小レポート」に変更します。
6. 「実行」をクリックします。
7. 「応答 Y」のタイトルバーにある赤い三角ボタンをクリックし、「要因のスクリーニング」>「尺度化した推定値」を選択します。

レポート（図3.41）には、連続尺度の要因xを平均で中心化し、範囲/2で尺度化したことが示されています。

図3.41 「尺度化した推定値」レポート

尺度化した推定値					
名義尺度の要因においては、全水準に対して推定値が求められている					
連続尺度の要因に対する推定値は、平均で中心化し、範囲/2で尺度化した時のもの					
項	尺度化した推定値		標準誤差	t値	p値(Prob> t)
切片	7.9		0.731352	10.80	<.0001*
薬剤[a]	-1.185037		1.060822	-1.12	0.2742
薬剤[d]	-1.076065		1.041298	-1.03	0.3109
薬剤[f]	2.2611017		1.093974	2.07	0.0488*
x	8.8846543		1.480478	6.00	<.0001*

このモデルは、「薬剤」の各群に1本ずつ、合わせて3本の平行な回帰直線になっています。 x は、3～21の範囲です。 x の尺度化した推定値は、8.8846543になっています。この値は、「薬剤」のいずれの群において、 $x = 21$ の予測値から $x = 3$ の予測値を引いた差の半分です。このことは、レポートの赤い三角ボタンのメニューから「列の保存」>「予測式」を選択し、「薬剤」のいずれかの群で $x = 21$ および $x = 3$ である行を追加して予測値を求めれば確認できます。

この結果から x の値が最小値から最大値に変化すると、応答の期待値は約17.8だけ変化します。元データに対する x のパラメータ推定値は0.9871838ですが、この値からは応答に関する直接的な解釈はできません。

プロットのオプション

「正規プロット」、[Bayes プロット]、および「パレート図」のオプションは、要因のスクリーニングに関するレポートを作成します。これらの分析では、推定値の分散が等しくない場合や、推定値間に相関がある場合、それらを調整して分析を行います。

注：「正規プロット」、[Bayes プロット]、および「パレート図」のオプションを使用するには、モデルに少なくとも4つのパラメータがある必要があります。そのうち1つは切片でもかまいません。

変換

いずれかのプロットオプションを選択すると、「要因のスクリーニング」レポートのタイトルのすぐ下に次の情報が表示されます。

- 推定値が等分散であり、かつ、無相関の場合は次のような注釈が出力されます。
 - 「パラメータ推定値は等分散」
 - 「パラメータ推定値は無相関」
- 推定値の分散が等しくないか、もしくは、相関がある場合は、代わりに、それに応じたリスト項目が表示されます。そこで選択されている方法によって、JMPは推定値を変換しています。変換のいずれかまたは両方を無効にしたい場合は、該当するリスト項目を変更してください。

Lenthの疑似標準誤差

Lenthの方法で計算された**疑似的な標準誤差**（PSE; pseudo standard error）が、注釈またはオプションリストのすぐ下に表示されます（Lenthの疑似標準誤差については、「[LenthのPSE](#)」（104ページ）を参照してください）。

この表では、次の統計量のうち1つまたは2つが表示されます。

Lenthの標準誤差（PSE） Lenthの疑似標準誤差。パラメータ推定値が等分散で、無相関の場合に計算されます。

t値スケールでのLenthの標準誤差（PSE） パラメータ推定値を相対標準誤差で割ったt値に基づき計算された、Lenthの疑似標準誤差。パラメータ推定値の分散が等しくないか、相関がある場合に表示されます。

コード化されたスケールのLenthの標準誤差（PSE） 変換した推定値に基づき計算された、Lenthの疑似標準誤差。パラメータ推定値の分散が等しくないか、相関がある場合に表示されます。

「パラメータ推定値の母集団」レポート

「パラメータ推定値の母集団」レポートには、パラメータ推定値に対する検定が表示されます。この検定は、オプションのリストで指定した変換に基づいて実行されます。

- **「標準化して等分散になった推定値を使用」** オプションは、分散を標準化するために正規化した変換を適用します。分散が等しくない場合、このオプションがデフォルトで選択されています。
- **「直交化して無相関になった推定値を使用」** オプションは、パラメータ推定値間の相関をなくし、無相関にする変換を適用します。元のパラメータ推定値の間に相関がある場合、このオプションがデフォルトで選択されます。なお、直交化で適用される変換は、逐次平方和（タイプIの平方和）を計算するのに使われる変換と同じです。変換された推定値は、現在の変数を、それ以前の変数を含んでいるモデルに追加したときに、どれだけ寄与が増加するかを表します。
- 元のパラメータ推定値が等分散で無相関である場合は、変換は適用されません。レポートには、パラメータ推定値は等分散で無相関であるという注釈が出力されます。

レポートには、「項」、「推定値」、「t値」、「p値(Prob>|t|)」(もしくは「**疑似t値**」、「**疑似p値**」)が表示されます。推定値や検定結果は、リストで選択した変換方法に依存します。なお、p値が0.15以下である行は強調表示されます。

項 パラメータ推定値を求めたいモデル項。

推定値 パラメータ推定値。モデル効果の尺度(スケール)が同じ場合にのみ、推定値の大きさを比較できます。

t値 誤差の自由度がある場合、表示されます。この値は、パラメータ推定値をその標準誤差で割ったものです。

p値(Prob>|t|) 検定のp値を示します。変換が適用された場合は、変換したデータを使った検定のp値を示します。

疑似t値 誤差の自由度がない場合、t値の代わりに計算されます。パラメータの相対標準誤差が同じ場合、疑似t値は、パラメータ推定値をLenthの疑似標準誤差で割ったものとなります。相対標準誤差が異なる場合、「[疑似t値](#)」（104ページ）に示すように計算されます。

疑似p値 誤差の自由度がない場合、p値の代わりに表示されます。この疑似p値は t 分布を使って求められます。自由度は $m/3$ を整数に丸めた値です。 m はパラメータの数です。

【標準化して等分散になった推定値を使用】が選択され、「パラメータ推定値は無相関」という注釈が表示されている場合、レポートには「標準化推定値」という列が表示されます。この列には、等分散になるよう変換したパラメータ推定値が表示されます。

【標準化して等分散になった推定値を使用】と【直交化して無相関になった推定値を使用】の両方が選択されている場合、レポートには「直交コード化」という列が表示されます。次の情報が示されます。

直交コード化 直交するように変換したパラメータ推定値を表示します。

直交t値 誤差の自由度がある場合、表示されます。変換した推定値に対する t 値です。

疑似直交t値 誤差の自由度がない場合、表示されます。直交化した推定値（「直交コード化」の列に表示される値）を、コード化されたスケールの「Lenthの標準誤差 (PSE)」で割ることによって算出された t 値です。

「要因のスクリーニング」レポート

図3.42のレポートは、「Bicycle.jmp」サンプルデータに添付されている「モデルのあてはめ」スクリプトを実行すると作成されます。メニューより作成する場合は、【要因のスクリーニング】>【正規プロット】を選択します。レポートの先頭にある注釈は、推定値は等分散で無相関であり、変換が必要でないことを示しています。このような場合、元の推定値から「Lenthの標準誤差 (PSE)」が計算されます。誤差には自由度がないため、誤差分散の推定値は求められません。そのため、Lenthの標準誤差によって、 t 値を求めます。そして、その t 値に基づき、p値を求めます。この例のレポートでは、3つの推定値のp値が0.15以下であり、それらは強調表示されています。

図3.42 等分散で無相関の推定値の「要因のスクリーニング」レポート

▲ 要因のスクリーニング			
パラメータ推定値は等分散。			
パラメータ推定値は無相関。			
Lenthの標準誤差 (PSE)			
0.75			
▲ パラメータ推定値の母集回			
項	推定値	疑似t値	疑似p値
切片	66.5000	88.6667	0.0001*
ハンドル[down]	0.5000	0.6667	0.5736
電動モーター[off]	-6.0000	-8.0000	0.0153*
座席位置[down]	1.7500	2.3333	0.1448
タイヤ[hard]	-1.2500	-1.6667	0.2375
ギヤ[low]	-11.2500	-15.0000	0.0044*
レインコート[off]	0.2500	0.3333	0.7706
朝食[no]	0.5000	0.6667	0.5736
直交t検定ではPSEを使用。			
▷ 正規プロット			

4 要因のスクリーニング

標準化して等分散になった推定値を使用
直交化して無相関になった推定値を使用

Lenthの標準誤差(PSE)

t値スケール 1.7815489

コード化されたスケール 14.253752

4 パラメータ推定値の母集団

項	推定値	t値	直交コード化	直交t値	p値(Prob> t)
切片	-4.3333	-0.2422	15.2000	1.8998	0.1159
温度	-25.8750	-2.3618	-18.8964	-2.3618	0.0646
気液比	-23.5000	-2.1450	-17.1620	-2.1450	0.0848
高さ	-10.6250	-0.9698	-7.7594	-0.9698	0.3767
温度*気液比	-22.0000	-1.4200	-11.3608	-1.4200	0.2149
温度*高さ	-5.2500	-0.3389	-2.7111	-0.3389	0.7485
気液比*高さ	-5.0000	-0.3227	-2.5820	-0.3227	0.7600
温度*温度	25.2917	1.5684	12.2138	1.5266	0.1874
気液比*気液比	18.5417	1.1498	9.5025	1.1877	0.2883
高さ*高さ	-7.2083	-0.4470	-3.5763	-0.4470	0.6736

各直交推定値はその前の効果に制約される。

4 推定値の相関

相関

切片	1.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	-0.5547	-0.5547	-0.5547
温度	0.0000	1.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
気液比	0.0000	0.0000	1.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
高さ	0.0000	0.0000	0.0000	1.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
温度*気液比	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	1.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
温度*高さ	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	1.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
気液比*高さ	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	1.0000	0.0000	0.0000	0.0000
温度*温度	-0.5547	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	1.0000	0.0769	0.0769
気液比*気液比	-0.5547	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0769	1.0000	0.0769
高さ*高さ	-0.5547	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0769	0.0769	1.0000

▷ 無相関にするための変換

「推定値の相関」レポート

「推定値の相関」レポートは、推定値に相関がある場合にのみ表示されます（図3.43）。このレポートには、パラメータ推定値の相関行列が表示されます。このレポートは、赤い三角ボタンメニューから「推定値」>「推定値の相関」を選択したときに表示される相関行列と同じです。ただし、よりコンパクトに表示するために、列見出しは付いていません。詳細は、「[推定値の相関](#)」（132ページ）の節を参照してください。

「無相関にするための変換」レポート

「無相関にするための変換」レポートは、推定値に相関がある場合にのみ表示されます。レポートには、計画行列を変換して無相関のパラメータ推定値を計算するために使用する行列が表示されます。変換された推定値（「直交コード化」の列に表示される値）は、元の推定値にこの行列を掛けて、2で割ることによって求められます。

この変換行列は、Cholesky 分解によって求めることができます。交差積行列 $X'X$ を、 LL' と Cholesky 分解します。ここで L は、下三角行列です。分解された L' から変換行列が求められます。

この変換は、各説明変数を、モデルに指定された順序でそれより前にある説明変数に対して直交化します。直交化された推定値は、このような計算を反復して行うことにより得ることができます。直交化されたパラメータ推定値の共分散行列は、対角要素が等しい対角行列になります。

注：直交化された推定値は、起動ダイアログで指定された効果の順番に依存します。各効果の寄与は、それより前に指定された効果に対して直交化されます。基本的には、主効果、2次の交互作用、3次の交互作用、という順番で効果を指定してください。

「正規プロット」レポート

「正規プロット」レポートのタイトルの下で、「正規プロット」または「半正規プロット」（Daniel 1959）のいずれかを選択できます。両プロットとも、効果の希薄性、つまり、わずかな因子だけが重要で効果があるという前提に基づいています。その前提に基づき、重要でない効果はランダムな誤差として、平均が0で分散が σ^2 の正規分布に従うと仮定します。ここで、 σ^2 は、重要でない効果の分散です。この仮定から、重要でない効果は傾きが σ の直線付近にプロットされ、重要な効果はその直線から離れた位置にプロットされます。

正規プロット

パラメータ推定値を変換する必要がない場合、正規プロットの縦軸は推定値、横軸は正規分位点です。重要でない効果の点は、傾きが σ の直線の近くにプロットされます。 σ の推定値としては $Lenth$ の疑似標準誤差が使用され、それに対応した直線は青色で描かれます。

直交化の変換が適用された場合、縦軸は正規化された推定値です。これらの値は、「パラメータ推定値の母集団」レポートにある「直交 t 値」です（「直交 t 値」は、直交化された推定値を、コード化されたスケールの $Lenth$ の標準誤差で割ったものです）。

t 値スケールの推定値は、正規化されているため、重要でない効果に対応する点が、場合によっては、傾き1の直線にも近づくことが期待されます。傾き1の赤い直線が、 $Lenth$ の標準誤差を示す青い直線とともに、プロットに表示されます。

正規プロットの点には、「パラメータ推定値の母集団」レポートの p 値に基づいて、 p 値が0.15以下である推定値にラベルが付けられます。

半正規プロット

半正規プロットでは、推定値そのものではなく、推定値の絶対値がプロットされます。軸や参照線は、正規プロットのものと同じ性質をもちます。

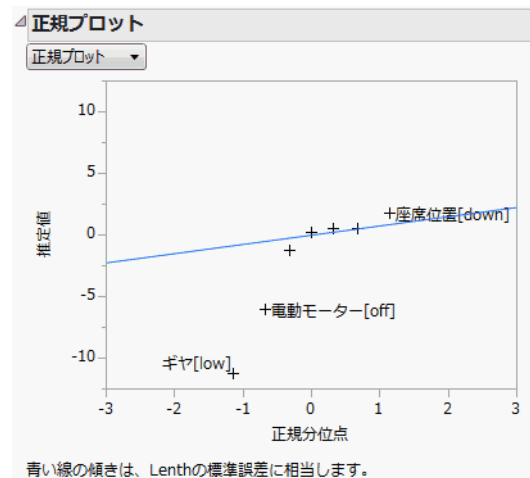
図3.44は、「Bicycle.jmp」サンプルデータの「正規プロット」レポートです。この例の結果は変換を必要としません。そのため、正規プロットには生の推定値がプロットされています。青色の直線は、その傾きがLenthの標準誤差である直線です。この正規プロットからは、「ギヤ」、「電動モーター」、「座席位置」が重要な因子であることがわかります。

正規プロットの例

1. 「Bicycle.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「時間」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「ハンドル」から「朝食」までを選択して [追加] をクリックします。
5. [実行] をクリックします。
6. 「応答 Y」のタイトルバーにある赤い三角ボタンをクリックし、[要因のスクリーニング] > [正規プロット] を選択します。

次のような正規プロットが表示されます。

図3.44 正規プロット



「Bayes プロット」レポート

「Bayes プロット」では、正規プロットとは別の方法で、どの効果が重要かを見極めることができます。このレポートは、Box and Meyer (1986) によって紹介された、Bayes (ベイズ) 流の方法で事後確率を計算します。この方法では、推定値が2つの分布の混合分布から抽出されていると仮定します。一方の分布は、重要でない効果を表し、その分散が σ^2 の正規分布であるとしします。もう一方の分布は、重要な効果を表し、分散が σ^2 の K 倍である正規分布であるとしします。後者の分布は、**不純物分布** (contaminating distribution) と呼ばれています。

項 パラメータ推定値に対応するモデル項。

推定値 パラメータ推定値。Bayes プロットは、標準偏差 (標準誤差) が1になるように変換された推定値に対して作成されます。推定値が無相関の場合、 t 値が使用されます。推定値に相関がある場合、直交 t 値が使用されます。

事前確率 重要である効果の割合を指定できます (つまり、推定値が不純物分布から来る確率)。この事前確率は、通常、どの推定値にも等しい値が設定されます。デフォルトでは一般的に推奨される0.2という値がいずれの推定値にも設定されていますが、これを変更することができます。

係数 K 重要でない効果の分散に対する、重要である効果の分布 (不純物分布) の分散の比。デフォルトでは、 K は一般的に推奨される10に設定されています。

標準誤差尺度 標準誤差の推定値に自由度がある場合、この値は1に設定されます。Bayes プロットで使われる推定値は変換され、その標準偏差 (標準誤差) が1になるように尺度化されているからです。誤差分散が推定できない飽和モデル (誤差自由度が0であるモデル) では、この値が0に設定されます。このワールドに何らかの数値を指定するときは、推定値がRMSEの何倍になっているかを指定してください。

DFE 誤差の自由度。

図3.45は、「Bicycle.jmp」サンプルデータに対するデフォルトにおけるBayesプロットの設定です。このウィンドウで「実行」をクリックすると、各項の事後確率と棒グラフが表示されます (図3.46)。

Bayes プロットの例

1. 「Bicycle.jmp」サンプルデータを開きます。
2. 「分析」>「モデルのあてはめ」を選択します。
3. 「時間」を選択し、「Y」をクリックします。
4. 「ハンドル」から「朝食」までを選択して「追加」をクリックします。
5. 「実行」をクリックします。
6. 「応答 Y」のタイトルバーにある赤い三角ボタンをクリックし、「要因のスクリーニング」>「Bayes プロット」を選択します。

図3.45 Bayes プロットの設定

Bayesプロット

仕様
事前確率、混合分布の係数Kを入力し、[実行]をクリック。
応答: 時間

項	推定値	事前確率	係数K	標準誤差尺度	DFE
ハンドル[down]	0.6667	0.2000	10	0	0
電動モーター[off]	-8.0000	0.2000			
座席位置[down]	2.3333	0.2000			
タイヤ[hard]	-1.6667	0.2000			
ギヤ[low]	-15.0000	0.2000			
レインコート[off]	0.3333	0.2000			
朝食[no]	0.6667	0.2000			

[実行] [ヘルプ]

7. [実行] をクリックすると、事後確率が計算されます。

図3.46 「Bayes プロット」 レポート

Bayesプロット

応答: 時間

係数K	誤差の標準偏差	DFE
10	0	0

項	推定値	事前	事後
ハンドル[down]	0.66667	0.2000	0.0282
電動モーター[off]	-8.00000	0.2000	0.9332
座席位置[down]	2.33333	0.2000	0.1676
タイヤ[hard]	-1.66667	0.2000	0.0692
ギヤ[low]	-15.00000	0.2000	0.9827
レインコート[off]	0.33333	0.2000	0.0253
朝食[no]	0.66667	0.2000	0.0282

標本に不純物がないという事後確率: 0.0144

「Bayes プロット」レポートの下に注釈には、標本に不純物がないという事後確率が表示されます。事後確率は、事前確率とデータに基づいて計算される、重要な効果がないという確率です。事後確率0.0144は小さいので、重要な効果があることを示唆しています。「事後」確率列を見ると、少なくとも「電動モーター」と「ギア」が重要な効果であることがわかります。

「パレート図」レポート

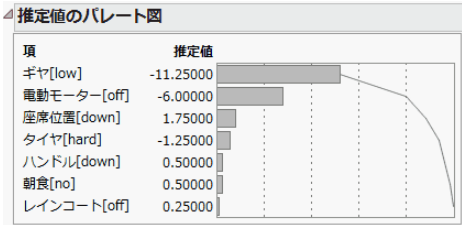
「パレート図」レポートには、推定値の絶対値のパレート図が表示されます。図3.47は、「Bicycle.jmp」サンプルデータのパレート図です。

- 元の推定値が等分散で無相関の場合、元の推定値がプロットされます。
- 元の推定値が等分散ではなく無相関の場合、デフォルトでは、 t 値がプロットされます。
- 元の推定値が等分散ではなく、相関がある場合、デフォルトでは、直交化された推定値がプロットされます。

プロットの累積和は、推定値の絶対値を合計したものです。なお、直交化された推定値は、起動ダイアログで指定された効果の順番に依存する点に注意してください。

注：パレート図に描かれる推定値は、等分散でなかったり、相関があったりした場合、デフォルトでは、正規化されたり、直交化されたりします。これらの変換を適用しない場合のパレート図も描くことができます。[「変換」](#)（136 ページ）を参照してください。

図 3.47 パレート図



因子プロファイル

〔因子プロファイル〕メニューは、モデルを視覚化するのに役立ちます。このメニューには、応答曲面の形状を調べたり、因子の最適な設定を見つけたり、モデルに基づいて応答を乱数シミュレートしたり、応答を変数変換したりする機能が用意されています。〔プロファイル〕、〔等高線プロファイル〕、〔配合プロファイル〕、および〔曲面プロファイル〕は、標準最小2乗以外のモデルでも使えます。これらの詳細や使用方法については、『プロファイル機能』を参照してください。

表 3.15 因子プロファイルのオプションの説明

プロファイル	各X変数の予測トレースを描いたグラフです。他にも、シミュレーションをしたり、複数の応答変数を最適化したりできます。 「プロファイル」 （145 ページ）および『プロファイル機能』を参照してください。
交互作用プロット	モデルに交互作用効果がある場合に、交互作用プロットを行列形式で表示します。 「交互作用プロット」 （146 ページ）を参照してください。
等高線プロファイル	対話的な等高線プロファイルを表示します。このグラフは、応答曲面をグラフ上で最適化するのに役立ちます。 「等高線プロファイル」 （147 ページ）および『プロファイル機能』を参照してください。
配合プロファイル	配合計画モデルにおける応答変数の等高線を、三角図上に表示したグラフです。 「配合プロファイル」 （148 ページ）および『プロファイル機能』を参照してください。 注：このオプションは、3 つ以上の効果に「配合効果」属性を適用しているか、または、3 つ以上の列に「配合」プロパティを適用している場合にのみ表示されます。

表3.15 因子プロファイルのオプションの説明（続き）

キューブプロット	各因子の両端における予測値を、キューブの頂点に表示したグラフです。「 キューブプロット 」（149ページ）を参照してください。
Box-Cox Y 変換	正規性と等分散性の仮定が満たされるような、応答の最適な Box-Cox 変換を見つけます。「 Box-Cox Y 変換 」（150 ページ）を参照してください。
曲面プロファイル	3次元上に応答曲面を描きます。「 曲面プロファイル 」（152ページ）および『 プロファイル機能 』を参照してください。

プロファイル

注：詳細については、『[プロファイル機能](#)』の「[プロファイル](#)」の章を参照してください。

「[プロファイル](#)」（「[予測プロファイル](#)」）は、X変数ごとに、予測値のトレースを描画したグラフです。

図3.48は、「[Reactor.jmp](#)」サンプルデータの[プロファイル](#)の一部です。各X変数に対して描かれている縦の点線は、[現在の値（現在の設定）](#)を示しています。各グラフは、一度に1つずつ、X変数の値を変化させるときに、応答変数の予測値がどのように変化するかを表しています。

図3.48 予測プロファイル

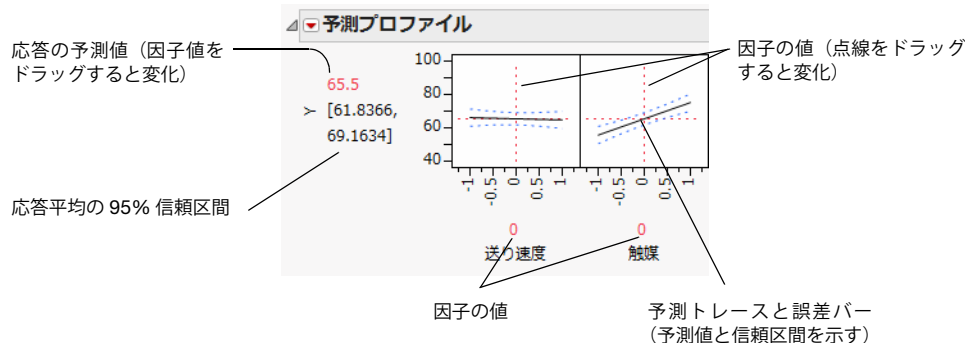


図3.48において、「[送り速度](#)」と「[触媒](#)」は連続尺度で、X軸は数値になっています。因子が名義尺度の場合は、X軸は水準になります。

X変数ごとに、現在の値が、因子名の上に表示されます。この値を変更するには、グラフの中をクリックするか、または点線を任意の値までドラッグします。

- 横の点線は、X変数の現在値に対する、Y変数の[予測値](#)を示します。
- プロット内の黒色の線を見ると、個々のX変数の値を変更したときに予測値がどのように変化するかわかります。なお、予測値の95%信頼区間が、連続変数の場合は点線の曲線、カテゴリカル変数の場合は誤差バーとして、予測トレースの周りに表示されます。

交互作用プロット

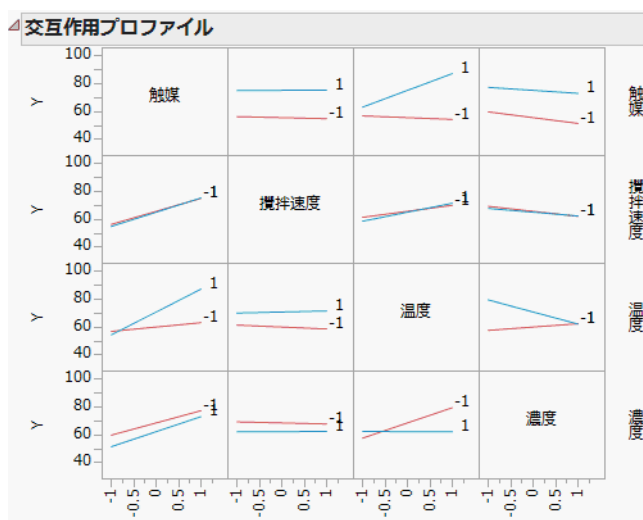
モデルに交互作用効果がある場合、[交互作用プロット] オプションを選択すると、交互作用プロットの行列が表示されます。各セルの横軸は、行列の列にある効果の値です。各セルに描かれている線分は、行にある効果の水準ごとに、列の効果プロットしたものです。つまり、交互作用プロットは、行の効果と列の効果との交互作用を描いたグラフになっています。

行の効果の各水準に対して、線分がプロットされます。これらの線分は、モデルの予測値を繋いだ折れ線です。これらの線分が平行でないことは、交互作用の存在を示唆しています。ただし、このグラフだけではなく、交互作用に対する検定の p 値でも、確認したほうが良いでしょう。図3.49は、「Reactor.jmp」サンプルデータの交互作用プロットです。

交互作用プロットの例

1. 「Reactor.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「Y」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「次数」ボックスに「2」が入力されていることを確認します。
5. 「触媒」、「攪拌速度」、「温度」、および「濃度」を選択し、[マクロ] > [設定された次数まで] をクリックします。
6. [実行] をクリックします。
7. 「応答 Y」のタイトルバーにある赤い三角ボタンをクリックし、[因子プロファイル] > [交互作用プロット] を選択します。

図3.49 交互作用プロット



「温度*濃度」の交互作用を描いたプロットは、最後の行の左から3番目のプロット、および、最後の列の上から3番目のプロットです。このプロットを見ると、「温度」が低いときには、「濃度」の値が変化しても、応答変数の予測値は変化しないことが分かります。一方、「温度」が高いときには、「濃度」の値が変化すれば、応答変数の予測値も変化します。温度が高い時は、「濃度」が-1のときの予測値が、「濃度」が1のときのものよりも大きくなっています。なお、この交互作用に対する検定は、 p 値が0.0001より小さく、有意となっています。

計画によっては、2次交互作用が、他の2次交互作用と交絡する場合があります。交絡が起きている交互作用のセルでは、線分が薄い色で描かれます。

等高線プロファイル

注：詳細については、『プロファイル機能』の「等高線プロファイル」の章を参照してください。

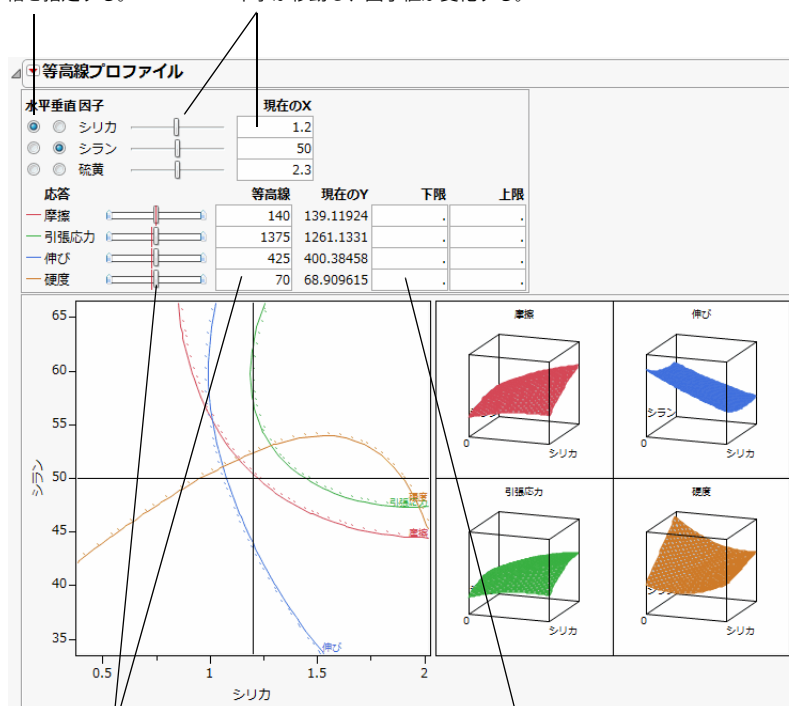
等高線プロファイルは、応答曲面を最適化するのに役立ちます。等高線プロファイルは、2因子に対する予測式を描いた対話的なグラフです。また、レポートには、等高線プロファイルだけでなく曲面プロットも描かれます。

図3.50は、「Tiretread.jmp」サンプルデータの等高線です。このグラフを作成するには、サンプルデータに添付されている「4 応答の応答曲面モデル」スクリプトを実行し、「最小2乗法によるあてはめ」の赤い三角ボタンのメニューから [プロファイル] > [等高線プロファイル] を選択します。

図3.50 等高線プロファイル

等高線プロファイルの軸を指定する。

スライダを動かすか値を編集すると、十字が移動し、因子値が変化する。



スライダを動かすか値を編集すると、等高線が変化する。

限界より外の領域に影がつく。

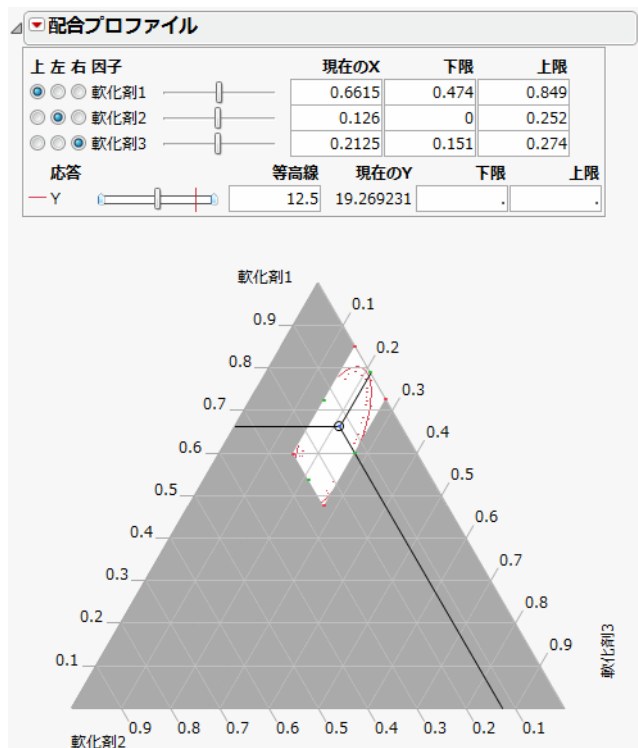
配合プロファイル

注：このオプションは、効果に対して [マクロ] > [配合応答曲面] オプションを指定した場合にのみ表示されます。詳細については、『プロファイル機能』の「配合プロファイル」の章を参照してください。

配合プロファイルは、配合計画モデルにおける応答変数の等高線を、三角図上に表示したグラフです。このグラフは、配合成分の因子が3つ以上モデルに含まれている場合に選択できます。配合プロファイルは、配合実験の応答曲面を視覚的に表し、最適化するのに役立ちます。

図3.51は、「Plasticizer.jmp」サンプルデータの「配合プロファイル」です。このグラフを作成するには、サンプルデータに添付されている「モデル」スクリプトを実行し、レポートの赤い三角ボタンのメニューから [因子プロファイル] > [配合プロファイル] を選択します。グラフの左上にあるラジオボタンを使用すると、因子の軸を変更できます。また、右上にある「下限」列と「上限」列を使うと、因子や応答に対して制約を設定できます。

図3.51 配合プロフィール



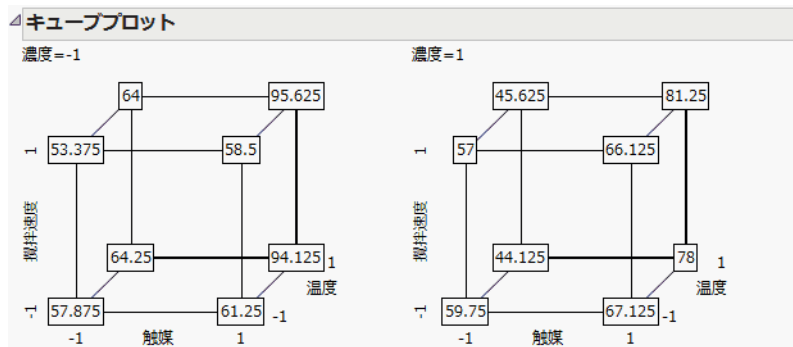
キューブプロット

〔キューブプロット〕は、各因子の両端における予測値を、キューブの頂点に表示したグラフです（図3.52）。頂点は、データにおける因子の最小値と最大値によって定義されます。複数の応答がある場合、それら複数の予測値が各頂点で重ねて表示されます。

キューブプロットの例

1. 「Reactor.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「Y」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「次数」ボックスに「2」が入力されていることを確認します。
5. 「触媒」、「攪拌速度」、「温度」、および「濃度」を選択し、[マクロ] > [設定された次数まで] をクリックします。
6. [実行] をクリックします。
7. 「応答 Y」の赤い三角ボタンのメニューから [因子プロファイル] > [キューブプロット] を選択します。

図3.52 キューブプロット



「濃度」 = -1 と「濃度」 = 1 の2つのキューブが作成されます。ある軸に別の因子を割り当ててレイアウトを変えるには、最初のキューブにて、変更したい因子の名前をクリックし、任意の軸の因子名の上までドラッグします。任意の軸の因子名の上までドラッグします。たとえば、図3.52で「温度」をクリックし、「濃度」の位置までドラッグすると、「温度」と「濃度」が入れ替わります。同様に、最初のキューブにて、「濃度」を「温度」の上にドラッグ&ドロップしても、それらの因子が入れ替わります。

Box-Cox Y 変換

Box-Cox のべき乗変換は、誤差の正規性と等分散性を満たすように変数変換するときに、よく用いられています。誤差の正規性と等分散性は、回帰モデルの前提となっています。ただし、Box-Cox のべき乗変換は、その他の理由でも使われています。この変換は、応答変数の値がすべて正の場合にのみ適切です。

べき乗変換は変数変換の1つとしてよく使われていますが、Box and Cox (1964) によって一般的なべき乗変換が提案されました。Box and Cox (1964) によって提案された変換では、変換式がパラメータ λ によって連続的に変化し、また、変換後の誤差平方和を単純に比較できるようになっています。その変換は、次の通りです。

$$Y_{\lambda} = \begin{cases} \frac{y^{\lambda} - 1}{\lambda y^{\lambda-1}} & \lambda \neq 0 \text{ の場合} \\ y \ln(y) & \lambda = 0 \text{ の場合} \end{cases}$$

ここで、 y は幾何平均です。

[Box-Cox Y 変換] オプションは、 $\lambda = -2 \sim 2$ の間で、0.2 刻みで変換を行います。 λ の適切な値を決めるために、これらの変換ごとに誤差平方和が計算されます。上式で変換された応答の誤差平方和は、応答を変換した後で、誤差が平均0で分散 σ^2 の互いに独立な正規分布に従うという仮定のもとで計算された対数尤度の相対的な大きさと一対一対応になっています。つまり、上式の変換での誤差平方和を最小にする λ は、変換後の尤度を最大化します。

「Box-Cox 変換」レポートには、 λ の値に対して誤差平方和がプロットされたグラフが表示されます。

「Box-Cox Y変換」レポートのオプションには次のものがあります。

最良の変換を保存 データテーブル内に新しい列を作成し、そこに最良の変換式を保存します。

指定の変換を保存 指定した任意の λ での変換の計算式を含む新しい列がデータテーブルに追加されます。ダイアログには、最良の λ の値が表示されますが、任意の値に変更できます。

推定値のテーブル $-2 \sim 2$ の λ の値について0.2刻みでパラメータ推定値と誤差平方和を計算し、新しいデータテーブルに保存します。

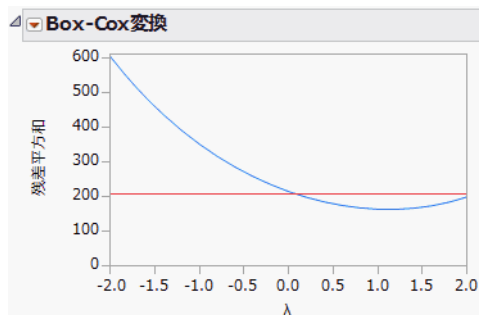
Box-Cox Y変換の例

1. 「Reactor.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「Y」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「次数」ボックスに「2」が入力されていることを確認します。
5. 「送り速度」、「触媒」、「攪拌速度」、「温度」、および「濃度」を選択し、[マクロ] > [設定された次数まで] をクリックします。
6. [実行] をクリックします。
7. 「応答 Y」のタイトルバーにある赤い三角ボタンをクリックし、[因子プロファイル] > [Box-Cox Y変換] を選択します。

図3.53のプロットを見ると、 λ の最良値はだいたい1.0 ~ 1.5の間にあることがわかります。JMPが0.2刻みで求めた λ の最良値は、1.2です。

8. この値 1.2 を確認するには、[最良の変換を保存] を選択して計算式を見るか、[指定の変換を保存] を選択して、表示された値を見ます。
9. グラフで描かれている誤差平方和の値を確認するには、[推定値のテーブル] を選択します。

図3.53 Box-Cox Y変換



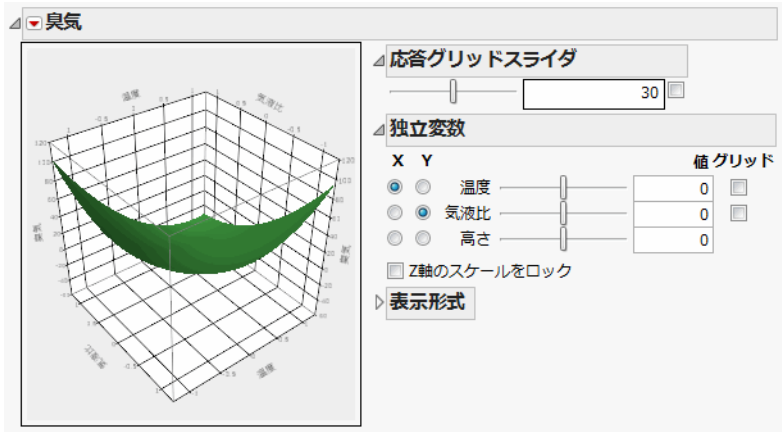
曲面プロファイル

注：詳細については、『プロファイル機能』の「曲面プロット」の章を参照してください。

「曲面プロファイル」は、3次元上に曲面を描きます。

図3.54は、「Odor.jmp」サンプルデータの「曲面プロファイル」です。このグラフを作成するには、サンプルデータに添付されている「モデル」スクリプトを実行し、レポートの赤い三角ボタンのメニューから「因子プロファイル」>「曲面プロファイル」を選択します。軸上の変数は、「独立変数」の下ラジオボタンを使って変更できます。また、「表示形式」の下で「実測値」を選択することで、プロット上に点を表示できます。

図3.54 曲面プロット



行ごとの診断統計量

「行ごとの診断統計量」メニューでは、データの各行（各オブザベーション）に関する統計量を求めます。

表3.16 「行ごとの診断統計量」オプションの説明

回帰プロット	回帰プロットを表示します。このグラフには、データ点と回帰直線が描かれます。カテゴリーカルな効果がある場合、その各水準ごとに回帰直線が描かれます。 注：このオプションは、モデルに1つの連続尺度の効果と、1つ以下のカテゴリーカルな効果がある場合にのみ表示されます。その場合、「回帰プロット」レポートはデフォルトで表示されます。
予測値と実測値のプロット	Yの予測値と実測値を示すプロットを表示します。このプロットは、モデル全体に対するてこ比プロットです。「てこ比プロット」(153ページ)を参照してください。

表 3.16 [行ごとの診断統計量] オプションの説明 (続き)

効果てこ比のプロット	モデルの効果ごとに、てこ比プロットを表示します。てこ比プロットによって、各オブザベーションが効果の検定に与える影響や、多重共線性を知ることができます。「てこ比プロット」 (153 ページ) を参照してください。 注: 「モデルのあてはめ」の起動ウィンドウで、「強調点」に [効果てこ比] を選択した場合、各効果に対するてこ比プロットは「モデル全体」レポートの右側にデフォルトで表示されます。別の強調点を選択した場合、てこ比プロットは、オプションを選択すると「効果の詳細」レポートの下に表示されます。どちらにしても、てこ比プロットを表示するには、[回帰レポート] > [効果の詳細] が選択されていなければいけません。
予測値と残差のプロット	予測値と残差のプロットを表示します。このグラフでは、Y の予測値に対して残差がプロットされます。回帰モデルの前提が満たされている場合は、残差は 0 を中心にランダムに散らばります。
行番号と残差のプロット	行番号と残差のプロットを表示します。このグラフでは、行番号に対応して残差がプロットされます。行の出現順によって残差にパターンがあるかどうかを確認するのに役立ちます。
PRESS	PRESS と、その RMSE (平均平方誤差の平方根) を表示します。PRESS は、複数のモデルを比較する時に役立ちます。モデルが良いと、PRESS の値は小さくなります (詳細については、「PRESS」 (157 ページ) を参照)。
Durbin-Watson 比	「Durbin-Watson」レポートを表示します。このレポートには、誤差に 1 次の自己相関があるかどうかを検定する Durbin-Watson 比が表示されます。また、残差の自己相関も表示されます。このオプションは、時系列データに対してのみ有効で、オブザベーションは時間順に並んでいると仮定されます。 注: レポートには、[p 値] というオプションがあります。このオプションは、Durbin-Watson 統計量に対する p 値を計算します。オブザベーションが多いと、正確な p 値を計算するのに多くのメモリを必要とし、また時間がかかります。

てこ比プロット

各効果に対するてこ比プロットは、次の点で役立ちます。

- 効果の仮説検定に関して、どの点が影響を持っているかを確認できる。
- 効果の仮説検定に関して、異常なパターンや外れ値を発見できる。
- 多重共線性の問題を発見できる。

作図

ある効果のてこ比プロットでは、他の効果がすでにモデルにある場合に、その効果をモデルに追加することによる影響がわかります。ここでは、連続尺度の説明変数に対するてこ比プロットを説明します。より一般的なてこ比プロットについては、「[横軸のスケール](#)」(155ページ)を参照してください。

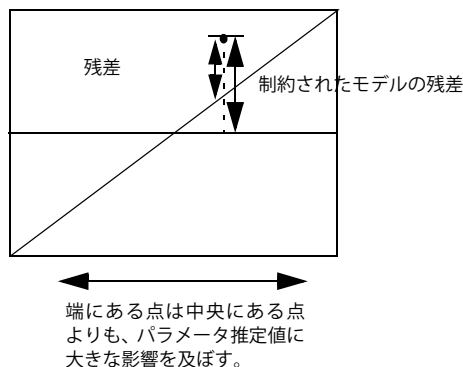
連続尺度の説明変数をX、応答変数をYとします。Xのてこ比プロットでは、まず、X以外のすべての説明変数で応答変数をYとして回帰分析を行い、残差を求めます。この残差を、ここでは「Y残差」といいます。次に、X以外のすべての説明変数で応答変数をXとして回帰分析を行い、残差を求めます。この残差を、ここでは「X残差」といいます。X残差には、Y残差を説明するだけの情報が、まだ十分に残っているかもしれません。

効果Xのてこ比プロットは、基本的には、X残差とY残差の散布図です(図3.57)。ただ、解釈しやすいように、Y残差にはYの標本平均が、Xの残差にはXの標本平均が足されています。このようにY残差に平均を足したものは「Yてこ比」、X残差に平均を足したものは「Xてこ比」とJMPでは呼んでいます。つまり、Xのてこ比プロットは、Xてこ比とYてこ比の散布図です。

JMPは、こうして描かれたてこ比の散布図に、回帰直線と、平均の信頼区間を重ねて描きます。回帰直線は赤の実線で、信頼区間は赤の点線の曲線で表示されます。この回帰直線はY残差をX残差に対して最小2乗推定によって回帰することによって得られますが、その傾きは、すべての説明変数を含んだモデルでの、Xの偏回帰係数に一致します。青い破線の水平線は、Yの標本平均を表しています。この水平線は、X残差とY残差に線形関係がない状態を示しています。描かれた回帰直線の傾きが0以外であるとき、モデルにXを追加することにより、Yの変動を説明する能力が高まることを意味します。

図3.55は、てこ比プロットで残差がどのように表現されているかを示しています。点から回帰直線までの距離は、すべての効果を含んだモデルでの残差です。点から水平線までの距離は、その効果がモデルに含まれていないときの残差を表します。つまり、てこ比プロットの水平線は、その効果のパラメータの値が0に制約されているときのモデルを表しています。

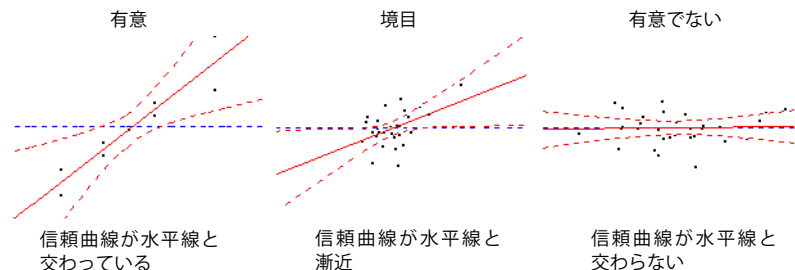
図3.55 てこ比プロットの仕組み



信頼曲線

てこ比プロットには、回帰直線に対する信頼曲線が描かれます。この曲線は、検定が5%水準（または、「モデルのあてはめ」起動ウィンドウの「 α 水準の設定」で指定した水準）で有意かどうかを表したものです。Yの平均を表している水平線が、曲線と曲線の間に含まれているとき、その効果は有意ではありません。曲線が水平線と交差しているときは、効果は有意です。図3.56の例を参照してください。

図3.56 てこ比プロットで示される有意性



横軸のスケール

説明変数が連続変数の場合、てこ比プロットの横軸のスケールは説明変数と同じ単位になっています。この時、横軸の範囲は、説明変数におけるデータ値の範囲と同じになっています。また、てこ比プロットの直線の傾きは、その説明変数に対するパラメータ推定値になっています。図3.57の右側を参照してください。

効果が名義／順序尺度だったり、交互作用のような複雑な効果である場合、てこ比プロットの横軸は説明変数の値そのものではありません。横軸のスケールには、応答変数の単位が使われます。また、描かれる回帰直線は、 $Y=X$ の直線となります。「モデル全体」に対するてこ比プロットも、このような方法で描かれます（「[てこ比プロットの詳細](#)」（177ページ）を参照）。モデル全体に対するてこ比プロットでは、図3.57の左側のように、横軸はモデルの予測値になっています。

なお、単回帰の場合、そのてこ比プロットは、応答の実測値と説明変数をプロットしたものと同じです。

てこ比

てこ比という用語を用いているのは、これらのプロットが、各効果の検定に対する点の影響を視覚化しているからです。てこ比プロットの横軸方向で端にある点は、中央付近にある点よりも、その効果の検定に対して影響が大きいことを示唆しています。ある効果の検定では、モデル全体の残差平方和と、その効果を除外したモデルでの残差平方和が比較されます。プロットの両端のほうにある点は、仮説で制約した場合としない場合の残差の差が大きくなる傾向があります。そのため、両端のほうにある点は、その効果の仮説検定の平方和に大きく影響します。

多重共線性

多重共線性は、2つ以上の説明変数が強く関連している状態です。より専門的に言えば、いくつかの説明変数がほぼ1次従属になっている状態です。多重共線性がある場合、標準誤差が大きくなり、パラメータ推定値が不安定になります。ある効果に他の説明変数と強い共線性がある場合、その効果には新しい情報がありません。その効果のてこ比プロットの回帰直線は、平均の水平線に非常に近くなります。また、共線性がある場合は、点が水平方向で中央に集まります。点が中央に集まっている状態は、回帰直線の傾きの推定値が不安定であることを示しています。

モデル全体の予測値と実測値のプロット

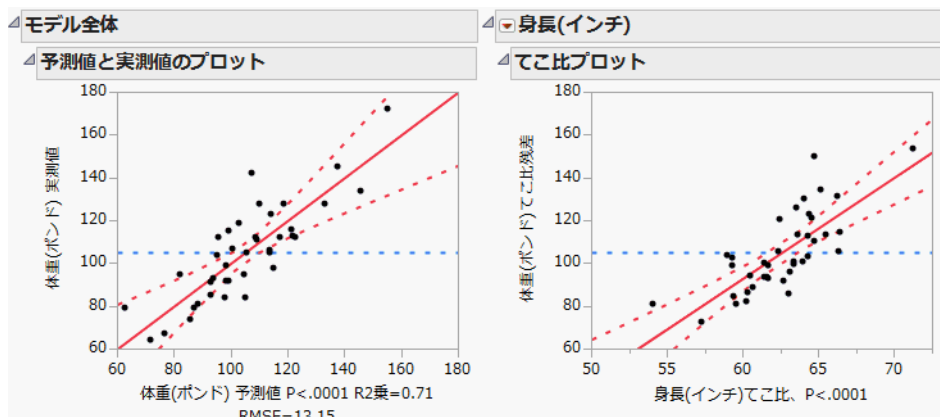
「効果でてこ比のプロット」オプションは、モデルの各効果に対して、てこ比プロットを作成します。また、「予測値と実測値のプロット」もてこ比プロットの一種で、「モデル内の（切片を除く）すべてのパラメータが0である」という帰無仮説に対する検定をグラフにしたものです。この帰無仮説に対する検定は、「分散分析」レポートで計算されています（詳細は、「[てこ比プロットの詳細](#)」（177ページ）を参照してください）。

てこ比プロットの例

1. 「Big Class.jmp」サンプルデータを開きます。
2. 「分析」>「モデルのあてはめ」を選択します。
3. 「体重(ポンド)」を選択し、「[Y]」をクリックします。
4. 「身長(インチ)」、「年齢」、および「性別」を選択し、「追加」をクリックします。
5. 「実行」をクリックします。

図3.57の左側は、予測値と実測値のプロットです。右側は、「身長(インチ)」に対するてこ比プロットです。左側のグラフは、モデル全体に対する検定、つまり、モデルに含まれるすべての効果についての検定を表しています。信頼曲線が水平線と交わっているので、モデル全体では有意であることが分かります。一方、右側の「身長(インチ)」に対するてこ比プロットでは、「年齢」と「性別」のモデルに、さらに「身長(インチ)」を追加することは有意であることを示しています。いずれのてこ比プロットでも、影響力が飛びぬけて強い点や、多重共線性の問題は見られません。

図3.57 モデル全体と効果のてこ比プロット



PRESS

PRESS (prediction error sum of squares) は、1つ取って置き法 (leave-one-out method) によって計算される予測誤差の平方和です。1つ取って置き法では、データの各行が1行ずつ順番に除外されて、モデルが推定されます。そして、推定されたモデルに基づき、その除外された1行に対して予測値が求められ、その残差が計算されます。この手順がすべての行に適用されます。それらの残差の平方和がPRESSです。この手順はすべてのオブザベーションに適用され、残差の平方和によりPRESSが求められます。

具体的には、PRESSは次の式で求められます。

$$\text{Press} = \sum_{i=1}^n (\hat{y}_{(i)} - y_i)^2$$

ここで、 n は標本サイズ、 y_i は、応答変数の i 行目の値です。 $\hat{y}_{(i)}$ は i 行目の予測値です。この予測値は、該当する行を除外したデータから推定されたモデルのものです。

PRESSのRMSEは $\sqrt{\text{Press}/n}$ です。

列の保存

[列の保存] の各オプションは、現在のデータテーブルに1つまたは複数の列を追加します。手法がREMLの場合は、ここで説明するオプション以外のものが追加で表示されます。それらについては、「[REML法の \[列の保存\] のオプション](#)」(168ページ)で説明しています。

次の点に注意してください。

- いくつかの列は、計算式として保存されます。その場合、「計算式」列プロパティを使って保存されます。

- 新しく作成された列の多くに、「ノート」という列プロパティが追加されます。そこには、列の説明と、最小2乗法によるあてはめで作成されたことが記されます。
- [予測式] と [予測値] のオプションで作成された列には、「予測対象」という列プロパティが追加されます。このプロパティは、([分析] > [モデル化] > [モデルの比較] で呼び出される)「モデルの比較」プラットフォームにおいて、JMPの内部で使用されます。また、たくさんのモデルをあてはめた場合、どのモデルの予測値であるかを知るのに使えます。

表3.17 [列の保存] のオプションの説明

予測式	「予測式 <列名>」という列が作成され、予測値を求める計算式が保存されます。作成された列には、どの列に対する予測値であるかを記した「予測対象」列プロパティが追加されます。 注：作成された予測式の列は、元の応答変数の列から、「応答変数の限界」、「仕様限界」、「管理限界」といった列プロパティを継承します。なお、予測式の列を作成した後、元の応答変数の列プロパティを変更しても、予測式の列の列プロパティは変更されません。 詳細は、「予測式」(160ページ)を参照してください。
予測値	「予測値 <列名>」という列が作成され、予測値が保存されます。作成された列には、どの列に対する予測値であるかを記した「予測対象」列プロパティが追加されます。 注：作成された予測値の列は、元の応答変数の列から、「応答変数の限界」、「仕様限界」、「管理限界」といった列プロパティを継承します。なお、予測値の列を作成した後、元の応答変数の列プロパティを変更しても、予測値の列の列プロパティは変更されません。
残差	「残差 <列名>」という列が作成され、残差が保存されます。残差は応答の観測値から予測値を引いたものです。
平均の信頼区間	「平均 <列名>の下側95%」と「平均 <列名>の上側95%」という列が作成され、応答の平均に対する下側と上側の95%信頼限界が保存されます。 注：このオプションを、Shift キーを押しながら選択すると、ダイアログボックスが開き、信頼区間のα水準を変更することができます。
個別の信頼区間	「個別 <列名>の下側95%」と「個別 <列名>の上側95%」という列が作成され、個々の応答値に対する下側と上側の95%信頼限界が保存されます。 注：このオプションを、Shift キーを押しながら選択すると、ダイアログボックスが開き、信頼区間のα水準を変更することができます。
スチューデント化残差	「スチューデント化残差 <列名>」という列が作成され、残差を標準誤差で割った値が保存されます。

表 3.17 [列の保存] のオプションの説明 (続き)

ハット	「 h <列名> 」という列が作成され、 $X(X'X)^{-1}X'$ という行列の対角要素(ハット値) が保存されます。
予測値の標準誤差	「 予測値の標準誤差 <列名> 」という列が作成され、予測値の標準誤差が保存されます。
残差の標準誤差	「 残差の標準誤差 <列名> 」という列が作成され、残差の標準誤差が保存されます。
個々の標準誤差	「 個々の標準誤差 <列名> 」という列が作成され、個々の応答値に対する標準誤差が保存されます。
効果てこ比ペア	各効果のてこ比プロットでの X てこ比と Y てこ比が保存されます。モデルの各効果について、それぞれ 2 つの列が作成されます。応答列の列名が R で効果が E の場合、新しい列の列名は次のようになります。 R に対する E の X てこ比 R に対する E の Y てこ比 データテーブルの列パネルにおいて、これらの列は「てこ比」という列グループにまとめられます。
Cook の距離	「 Cook の距離 <列名> 」という列が作成され、影響度を示す統計量である Cook の距離が保存されます。
予測値の標準誤差の計算式	「予測値の標準誤差 <列名>」という列が作成され、予測値の標準誤差を求める計算式が保存されます。 注: 保存される式は長くなることがあります。式を必要としない場合は、[予測値の標準誤差] オプションを使用してください。
平均の信頼限界の計算式	「平均 <列名> の下側 95%」と「平均 <列名> の上側 95%」という列が作成され、応答の平均に対する下側と上側の 95% 信頼限界を求める計算式が保存されます。 注: このオプションを、Shift キーを押しながら選択すると、ダイアログボックスが開き、信頼区間の α 水準を変更することができます。
個別の信頼限界の計算式	「個別 <列名> の下側 95%」と「個別 <列名> の上側 95%」という列が作成され、個々の平均応答に対する下側と上側の 95% 信頼限界を求める計算式が保存されます。 注: このオプションを、Shift キーを押しながら選択すると、ダイアログボックスが開き、信頼区間の α 水準を変更することができます。
コーディングのテーブルを保存	JMP のコード変換による計画行列を含むデータテーブルが作成されます。応答変数も最後の列に保存されます。応答値は最後の列に保存されます。

予測式

「予測式 <列名>」の列は、計算式によって予測値を求めている点が、「予測値 <列名>」の列と異なります。この列に保存されている計算式を見るには、「予測式 <列名>」の列名を右クリックして【計算式】を選択してください。モデルが大きいと、その予測式を表示するにはかなりのスペースが必要となります。予測値を保存するのに、計算式ではなく値だけを保存すればよいときは、【列の保存】>【予測値】オプションのほうを使ってください。計算式の詳細については、『JMPの使用法』を参照してください。

【予測式】オプションは、新しい行の値を予測したり、プロファイルで使用したりするのに便利です。プロファイルは、予測式を保存しなくても、【因子プロファイル】メニューより、「最小2乗法によるあてはめ」レポートからも呼び出すことができます。ただし、データテーブルに予測式を保存すれば、その列に対して【グラフ】メニューにある【プロファイル】を使用することができます。特に複数の応答を分析する際は、【グラフ】メニューの【プロファイル】機能を用いると便利です。

注：【グラフ】>【プロファイル】を選択してプロファイルに呼び出す場合、まず【予測式】および【予測値の標準誤差の計算式】によって、計算式の列をデータテーブルに保存してください。それから「プロファイル」起動ウィンドウで、それら両方の計算式に【Y, 予測式】の役割を割り当ててください。【OK】をクリックした後、呼び出されたダイアログで、【予測値の標準誤差 <列名>】と【予測式 <列名>】で信頼区間を作成するように指定します（そのように指定しないと、【予測値の標準誤差 <列名>】が標準誤差と認識されず、個別のプロファイルが作成されます）。

混合効果モデルのレポートとオプション

「モデルのあてはめ」起動ウィンドウの【標準最小2乗】手法では、変量効果を指定することにより、混合効果モデルや変量効果モデルを指定できます。モデルの推定方法として、REMLとEMSのいずれかを選択できます。



注：JMP Proのユーザには、「モデルのあてはめ」ウィンドウの「手法」で、【混合モデル】を選択することをお勧めします。【混合モデル】では、【標準最小2乗】よりも幅広い共分散構造が用意されています。

混合モデルと変量効果モデル

すべての因子が変量効果のモデルは、**変量効果モデル**と呼ばれています（「[変量効果](#)」（161ページ）を参照）。変量効果モデルは、**分散成分モデル**とも呼ばれています。変量効果モデルは、多くの場合、因子が階層的になっています。固定効果と変量効果の両方を含んでいるモデルは、**混合モデル**、もしくは、混合効果モデルと呼ばれています。反復測定モデルや分割実験モデルは、混合モデルの特殊なケースです。単に**混合モデル**と言った場合、そのなかには変量効果モデルも含まれます。

混合モデルをあてはめるには、「モデルのあてはめ」起動ウィンドウで変量効果を指定しなければなりません。ただし、モデル効果がすべて変量効果の場合は、「計量値/計数値チャート」プラットフォームでモデルをあてはめることもできます。このプラットフォームでは、特定のモデルのみをあてはめることができます。「計量値/計数値チャート」プラットフォームで使用されるあてはめ手法では、負の分散成分推定値を取ることができません。「計量値/計数値チャート」プラットフォームでの分散成分モデルのあてはめに関する詳細は、『品質と工程』を参照してください。

変量効果

変量効果とは、その水準が、母集団から無作為抽出された標本と見なされる効果です。ある因子を変量効果として扱う場合は、1つ1つの特定の水準が与える効果を推定するのに関心があるのではなく、水準が与える効果のばらつき具合（分散成分）に関心があります。ただし、変量効果における特定の1つの水準がもつ効果を予測することもできます。モデルとしては、変量効果は平均が0の正規分布に従うと仮定されます。

2基の炉について、部品を鋳造したときの収縮に違いがあるかどうかに関心があるとします。1基の炉で1度に処理される部品は、50個です。各炉につき3バッチで収縮率を調べることにします。さらに、50個の各バッチから無作為抽出して、5個の部品についてのみ寸法を測定します。

この実験では、全部で6バッチが使われます（各炉につき、3バッチが処理されます。各炉で処理される3バッチは異なるもので、バッチは炉からの枝分かれ効果となっています）。この実験のモデルに、炉とバッチの効果を含めるとします。分析者は、実験に用いた2つの炉がもつ効果に関心があります。その場合、炉は固定効果とするのが自然でしょう。一方、バッチについては、実験に用いた6つのバッチそのものには分析者は関心がありません。実験に用いたバッチは、より大きな母集団から無作為に抽出されたものなので、そのことを考慮したモデルにしたほうがよいでしょう。その場合、バッチは変量効果とするのが自然です。バッチを変量効果とした場合、母集団におけるバッチの効果のばらつきが分析対象となり、バッチの違いによって応答が母集団でどれくらい変動するかが推定されます。

別の例として、2つの飼育法を比較するために、ニワトリの卵の重さを時系列で調べるとします。そこで、10羽のニワトリに無作為に飼育法A、Bのいずれかを割り付けます（5羽にAを、残りの5羽にBを割り付けます）。これら10羽のニワトリには、遺伝などの個体差があります。10羽のニワトリにおける個体差は、実験者によって制御や変更はできません。このような場合は、ニワトリの効果は変量効果とみなすことができます。

従来の線形混合モデル

JMPは、次式で表される線形混合モデルをあてはめます。

$$\begin{aligned} Y &= X\beta + Z\gamma + \varepsilon \\ \gamma &\sim N(0, G) \\ \varepsilon &\sim N(0, \sigma^2 I_n) \end{aligned}$$

ここで、

- Y は、応答ベクトル（ $n \times 1$ ベクトル）
- X は、固定効果に対する計画行列（ $n \times p$ 行列）

- β は、計画行列 X に対する未知の固定効果パラメータ ($p \times 1$ ベクトル)
- Z は、変量効果に対する計画行列 ($n \times s$ 行列)
- γ は、計画行列 Z に対する変量効果 ($s \times 1$ ベクトル。値は観測されない)
- ε は、誤差ベクトル ($n \times 1$ ベクトル。値は観測されない)
- G は、変量効果の分散を表す行列 ($s \times s$ 行列)。1つの変量効果に対して同一の要素を持つ対角行列。
- I_n は、 $n \times n$ の単位行列
- γ と ε は、独立に分布

G の対角要素と、誤差分散 σ^2 は、**分散成分**と呼ばれています。これらの分散成分は、固定効果パラメータ β とともに、推定対象のモデルパラメータです。なお、変量効果 γ に対しても、推定されたモデルパラメータに基づき、予測値を算出することができます。

このモデルの共分散構造は、**分散成分構造** (variance component structure) と呼ばれることがあります (SAS/STAT 9.2 User's Guide, 2008, p. 3955)。一般的な線形混合モデルには様々な共分散構造がありますが、JMP の「標準最小2乗」手法でサポートされているのは、ここで説明した分散成分構造のみです。



JMP Pro の「混合モデル」手法では、1次の自己相関 (**AR(1)**)、無構造 (**unstructured**)、空間構造といった共分散構造が用意されています。詳細については、「混合モデル」の章の「[\[反復構造\] タブ](#)」(273 ページ) を参照してください。

変量効果のあるモデルのあてはめの REML と EMS

JMP には、変量効果のあるモデルの推定方法として、次の2つが用意されています。

- **REML 法 (制限最尤法)**。常に、こちらの推定方法を使うことを推奨します。
- **EMS 法 (期待平均平方法)**。古典的な教科書で説明されている方法を確認するのに使用してください。

混合モデルの推定方法には、従来、EMS 法が使われてきましたが、現在は REML 法が主流です。REML 法は、扱えるモデルや推定した後の統計分析において、EMS 法よりも汎用的です。REML 法は Patterson and Thompson (1974) で提案されました。Wolfinger, Tobias and Sall (1994) や Searle, Casella and McCulloch (1992) も参考にしてください。

EMS 法は**モーメント法**とも呼ばれ、性能が高いコンピュータが登場する以前にも使われていました。研究者たちは、特にバランスの取れたデータで EMS 法を愛用しました。バランスの取れたデータだと、EMS 法の計算は単純になり、簡単な計算によって、混合モデルを推定することができるからです。多くの教科書では、変量効果を含むモデルを紹介するのにまだ EMS 法が使用されているため、JMP にも EMS 法のオプションを用意しています (たとえば、McCulloch, Searle, and Neuhaus (2008) や Poduri (1997)、Searle, Casella, and McCulloch (1992) を参考にしてください)。

REML 法では、固定効果パラメータに依存しない制限された尤度関数を最大化することにより、分散成分の推定値を求めます。そして、推定された分散成分の値に基づき、固定効果の推定値を求めます。パラメータ推定量の共分散行列も推定され、それに基づき標準誤差などが算出されます。データのバランスが取れていない場合でも、REML 法では汎用的に、妥当な推定値、検定、および信頼区間が得られます。

EMS法では、平均平方の期待値と、分散成分の線形結合との関係式に基づき、その期待値の部分に観測された平均平方を代入することにより、分散成分の推定値を求めます。この方法は、バランスの取れたデータでは、妥当な推定結果が得られます。EMS法をバランスの取れていないデータに適用すると問題があるかもしれません。

バランスの取れたデータに対しては、REML法とEMS法による推定結果は同じです。しかし、EMS法とは異なり、REML法はバランスの取れていないデータに対しても汎用的に妥当な結果が得られます。

変量効果とあてはめ手法の指定

変量効果の指定は、「モデルのあてはめ」起動ウィンドウで行えます。ある効果が変量効果であることを指定するには、「モデル効果の構成」リストの中からその効果を選択し、**[属性] > [変量効果]**を選択します。すると、モデル効果リストの中に表示されているその効果名の後ろに、「& 変量効果」というラベルが追加されます（変量効果の定義については、**「変量効果」**（161ページ）を参照してください）。変量効果は個別のタブでも指定できます（「モデルのあてはめについて」の章の**「モデル効果の構成」のタブ**（41ページ）を参照）。

「モデルのあてはめ」起動ウィンドウで、いずれかの効果を変量効果とし、その効果に「& 変量効果」というラベルが付けられたら、**[REML(推奨)]** または **[EMS(従来)]** のいずれかを選択できるようになります。

警告：各効果が、交差であることや、枝分かれであることは、きちんと指定してください。たとえば、ある臨床試験において、各患者はいずれかの群に割り振られるとします。このとき、患者IDは各群からの枝分かれ効果となっています。特にEMS法を用いる場合は、たとえ患者IDだけによって一意に各患者を識別できるとしても、群からの枝分かれ効果として定義しなければいけません。

無制限法による分散成分のパラメータ化

分散成分をパラメータ化するには、**無制限法**と**制限法**の2つの方法があります。これらの方法の違いは、固定効果と変量効果との交互作用で生じます（このような固定効果と変量効果の交互作用は、変量効果とみなされます）。

制限法では、そのような交互作用において、変量効果の各水準で、固定効果の合計が0であると仮定されます。一方、無制限法では、そのような交互作用は、平均が0の同一で独立な正規分布に沿う確率変数であると仮定されます（この仮定は、誤差に対する通常の仮定と同じです）。

JMPとSASが採用しているのは無制限法です。数多くの統計の教科書が制限法を使用しているので、この区別は重要です。どちらの方法も60年前から広く普及しているものです（これらの手法については、Cobb, 1998, Section 13.3を参照してください）。

負の分散

母分散そのものは常に正の値ですが、REML法やモーメント法では、分散に対する推定値が負になることがあります。推定値が負になるのは、変量効果の母分散が小さいか、または、変量効果の水準が少ない場合です。そのような場合は、観測されたデータから計算された分散推定値が、偶然によって、負になることがあります。

分散成分の範囲制限なし

REML法とEMS法のどちらでも、分散成分の推定値が負になることがあります。「モデルのあてはめ」起動ウィンドウでREML法を選択した場合、[分散成分の範囲制限なし]というチェックボックスが表示されます。この[分散成分の範囲制限なし]オプションは、デフォルトで選択されています。このオプションのオフにすると、分散成分の推定値が0以上の値に制限されます。

固定効果に対して検定を行う場合は、[分散成分の範囲制限なし]オプションをオンのままにしておいてください。分散成分の推定値を0以上に制約すると、固定効果の検定にバイアスが生じる可能性があります。

分散成分のみ推定

[分散成分のみ推定]オプションを選択すると、「REML法による分散成分推定値」レポートだけが表示されます。固定効果の検定などには興味がなく、分散成分だけに興味がある場合は、分散成分の推定値を0以上に制約したほうがよいでしょう。分散成分の推定値を0以上に制約し、固定効果などの結果を表示しないようにするには、[分散成分の範囲制限なし]オプションの選択を解除し、[分散成分のみ推定]オプションを選択します。

REML法（制限最尤法）

REML法を選択すると、REML推定した結果がレポートに表示されます。また、[列の保存]や[プロファイル]メニューに、REML推定に関するオプションが追加されます。REML推定では、通常の最小2乗法のような平方和の計算は行われないので、分散分析表などは作成されません。なお、誤差分散の推定値は、「REML法による分散成分推定値」レポートに出力されます（「[REML法による分散成分推定値](#)」（166ページ）を参照）。「固定効果の検定」レポートに、固定効果に対する検定が表示されます。その他にも、変量効果の各水準に対する予測値も計算されます。

図3.58は、「Investment Castings.jmp」サンプルデータでのREML法のレポートです。サンプルデータに添付されている「モデル: REML」スクリプトを実行すると、このレポートが作成されます。「鑄造」が、「温度」から枝分かれしている変量効果になっています。

図 3.58 REML 手法の「最小2乗法によるあてはめ」レポート

応答 収縮

パラメータ推定値

変量効果の予測

項	BLUP	標準誤差	分母自由度	t値	p値(Prob> t)
温度[1]:挿進[1]	-0.353959	0.337993	7.939	-1.05	0.3258
温度[1]:挿進[3]	0.0524938	0.337993	7.939	0.16	0.8805
温度[1]:挿進[5]	0.5139011	0.337993	7.939	1.52	0.1672
温度[1]:挿進[7]	-0.212436	0.337993	7.939	-0.63	0.5473
温度[2]:挿進[2]	0.4367848	0.337993	7.939	1.29	0.2326
温度[2]:挿進[4]	-0.094099	0.337993	7.939	-0.28	0.7878
温度[2]:挿進[6]	-0.862231	0.337993	7.939	-2.55	0.0343*
温度[2]:挿進[8]	0.519546	0.337993	7.939	1.54	0.1631

REML法による分散成分推定値

変量効果	分散比	分散成分	標準誤差	95%下側	95%上側	全体に対する百分率
挿進[温度]	1.511973	0.3205234	0.2161944	-0.10321	0.7442566	60.191
残差		0.2119901	0.0611963	0.1292489	0.4102654	39.809
合計		0.5325135	0.2204825	0.2716915	1.4771758	100.000

-2対数尤度 = 57.247690262

注:「合計」は、分散成分のうち、正のものだけを足した和です。

負の推定値も含めた合計 = 0.5325135

分散成分推定値の共分散行列

反復回数

固定効果の検定

要因	パラメータ数	自由度	分母自由度	F値	p値(Prob>F)
温度	1	1	6	6.5130	0.0434*

変量効果の予測

このレポートには、変量効果の各水準に対して、**最良線形不偏予測量**（BLUP; Empirical Best Linear Unbiased Predictor）の経験的推定値と、その効果が0かどうかの検定が表示されます。

注:「変量効果の予測」レポートが表示されていない場合は、[回帰レポート] > [パラメータ推定値] オプションを選択してください。

表 3.18 「変量効果の予測」レポートの説明

項	変量効果の水準名。
BLUP	変量効果の各水準における 最良線形不偏予測子 （BLUP）の経験的推定値（「 最良線形不偏予測子（BLUP） 」（166 ページ）を参照）。
標準誤差	BLUP の標準誤差。
分母自由度	「該当する水準の効果は0である」という帰無仮説を検定するための分母自由度。ほとんどの場合、この t 検定の自由度は小数点以下をもつ実数となります。
t 値	「該当する水準の効果は0である」という仮説を検定するための t 値。BLUP を標準誤差で割って求めます。
p 値 (Prob> t)	検定の p 値。

表 3.18 「変量効果の予測」レポートの説明（続き）

下側 95%	BLUP の下側 95% 信頼限界。 注：[回帰レポート] > [信頼区間をすべて表示] オプションを選択した場合、またはレポートを右クリックし、[列] > [下側 95%] を選択した場合にのみ表示されます。
上側 95%	BLUP の上側 95% 信頼限界。 注：[回帰レポート] > [信頼区間をすべて表示] オプションを選択した場合、またはレポートを右クリックし、[列] > [上側 95%] を選択した場合にのみ表示されます。

最良線形不偏予測子（BLUP）

最良線形不偏予測量（BLUP; Best Linear Unbiased Predictor）は、変量効果の各水準に対する予測量のことです。BLUP は、不偏な予測量のなかで、予測誤差の平均平方を最小化するものを指します。「変量効果の予測」レポートには、この BLUP の経験的推定値（経験的 BLUP）が表示されます。BLUP は、分散成分の値に依存しますが、それらは通常、未知です。「経験的」とは、それらの未知である分散成分に、その推定値を代入して BLUP を求めることを意味します。

REML 法による分散成分推定値

「モデルのあてはめ」起動ウィンドウの「手法」で [REML 法] を選択すると、「REML 法による分散成分推定値」レポートが表示されます。

表 3.19 「REML 法による分散成分推定値」レポートの説明

変量効果	モデルに指定された変量効果。
分散比	変量効果の分散成分の、誤差の分散成分に対する比。変量効果の分散と誤差分散を比べるのに役立ちます。
分散成分	変量効果の分散成分（の推定値）。最後の行にある「合計」は、分散成分のうち正のものだけを足した和です。負の分散成分も含めた合計は、表の下に表示されます。
標準誤差	分散成分推定値の標準誤差。
95% 下側	分散成分の下側 95% 信頼限界（詳細については、「分散成分の信頼区間」（167 ページ）を参照）。
95% 上側	分散成分の上側 95% 信頼限界（詳細については、「分散成分の信頼区間」（167 ページ）を参照）。
全体に対する百分率	各変量効果の分散成分の全体に占める割合を百分率で表したものです。
分散成分の平方根	分散成分の平方根。変量効果の標準偏差の推定値です。 注：レポートを右クリックし、[列] > [分散成分の平方根] を選択した場合のみ表示されます。

表 3.19 「REML 法による分散成分推定値」レポートの説明（続き）

ノルム KHC	Kackar-Harville の修正（詳細については、「 Kackar-Harville の修正 」（167 ページ）を参照）。 注：レポートを右クリックし、[列] > [ノルム KHC] を選択した場合のみ表示されます。

分散成分の信頼区間

信頼限界を計算するのに使用する方法は、「モデルのあてはめ」起動ウィンドウで [分散成分の範囲制限なし] を選択したかどうかによって異なります。なお、[分散成分の範囲制限なし] オプションはデフォルトで選択されています。

- [分散成分の範囲制限なし] が選択されている場合、Wald 法によって信頼区間が計算されます。これらは、漸近的には妥当な近似法なのですが、標本サイズが小さい場合は近似が悪いです。
- [分散成分の範囲制限なし] が選択されていない場合、つまり、分散成分の推定値の下限が 0 に制約されている場合は、Satterthwaite 法が使用されます（Satterthwaite, 1946）。

Kackar-Harville の修正

REML 法では、固定効果の標準誤差は、分散成分の推定値を使って求められます。この時、それらの推定値がもつばらつきが考慮されていなければ、固定効果の標準誤差は過小評価されます。JMP では、分散成分の推定値がもつばらつきを考慮するために、Kackar-Harville の修正によって、固定効果の共分散行列が調整されます（Kackar and Harville, (1984)、Kenward and Roger (1997)）。固定効果の共分散行列に関係するすべての計算において、この修正が使われます。この修正が行われるものには、固定効果の最小 2 乗平均、固定効果の検定、固定効果の信頼区間、および予測値の分散が含まれます。詳細については、「[Kackar-Harville の修正](#)」（179 ページ）を参照してください。

「ノルム KHC」の列に表示される値は、Kackar-Harville 修正におけるフロベニウス（行列）ノルムです。データのバランスが良いと、ノルム KHC は小さくなる傾向にあります。

分散成分推定値の共分散行列

このレポートには、分散成分推定値の共分散行列の漸近的な推定値が表示されます。この行列は、観測された Fisher 情報量行列の逆行列です。

反復回数

REML 法は、 σ^2 と G の分散成分を、これらのパラメータだけに依存する残差尤度関数を最大化することにより推定する方法です。JMP の反復計算では、この残差対数尤度の -2 倍（(-2)* 対数尤度）を最小化していきます。「反復回数」レポートには、反復計算の履歴が表示されます。

反復 反復回数。

(-2)* 対数尤度 負の対数尤度を 2 倍したもの。これを反復計算における目的関数とします。

勾配のノルム 目的関数の勾配（1 次微分）のノルム。

パラメータ 「パラメータ」以降の列には、分散成分推定値が表示されます。表示順序は、「REML 法による分散成分推定値」レポートで表示されている順序と同じです。反復の各ステップにおける分散成分の推定値が表示されます。

反復計算の収束基準は、勾配ベクトルのノルムに基づいています。デフォルトの基準値は、 10^{-8} です。この収束基準は、「モデルのあてはめ」起動ウィンドウで変更できます。それには、「モデルの指定」の赤い三角ボタンメニューから「収束の設定」>「収束限界」を選択し、任意の基準値を指定します。

固定効果の検定

REML法を使用した場合、「固定効果の検定」レポートに固定効果の検定が表示されます。

表 3.20 「効果の検定」レポートの説明

要因	モデルの固定効果。
パラメータ数	効果に含まれるパラメータの個数。
自由度	効果に関係する自由度。
分母自由度	分母の自由度。これらは、Kenward-Roger 近似によって計算されています。Kenward-Roger 近似は、共分散行列の推定値を調整し、近似を良くした統計量の分布に基づいています（「 Kackar-Harville の修正 」（167 ページ）と「 変量効果を含むモデル 」（72 ページ）を参照）。
F 値	計算された F 値。
p 値(Prob>F)	「効果がまったくない」という帰無仮説を検定する p 値。

REML 法の [列の保存] のオプション

REML法を使用すると、[列の保存] メニューに5つの追加のオプションが表示されます。これらのオプション名には、「条件付き」という接頭語が付きます。この接頭語は、これらの列が、固定効果の周辺期待値ではなく、変量効果も考慮した条件付きの予測値であることを意味しています。

表 3.21 REML 法の [列を保存] のオプションの説明

条件付き予測式	予測式を、データテーブルの新しい列に保存します。
条件付き予測値	予測値を、データテーブルの新しい列に保存します。
条件付き残差	残差を、データテーブルの新しい列に保存します。
条件付き平均の信頼区間	平均の信頼区間を保存します。
条件付き個別の信頼区間	個々の応答に対する信頼区間を保存します。

REML法のプロファイルオプション

REML法のレポートで、[因子プロファイル] > [プロファイル] を選択すると、「予測プロファイル」の赤い三角ボタンのメニューに「条件付き予測」というオプションが追加で表示されます。条件付き予測値は、固定効果の周辺期待値ではなく、変量効果も考慮した条件付きの予測値のプロファイルを描きます。

注：プロファイルでは、常に、因子にあるデータ値全部を横軸にプロットして、予測値を描きます。枝分かれ効果などでは、意味がないプロファイルが描かれる場合があります。

EMS法のレポート

警告：EMS法の使用は推奨していません。REML法を推奨しています。

起動ウィンドウの手法で「EMS法」を選択した場合、次に説明する4つのレポートが表示されます。固定効果や変量効果に対する検定は、どちらも「変量効果を考慮した検定」レポートに表示されます。

期待平均平方

モデル効果の平均平方の期待値（期待平均平方）は、誤差も含む分散成分や、固定効果の線形結合によって表すことができます。「期待平均平方」の表には、各モデル効果の期待平均平方を表す関係式における、分散成分や固定効果に対する係数が表示されます。各行は、一番左にリストされている効果の期待平均平方に対応しています。各列は、表の一番上に表示されている分散成分や固定効果に対応します。各期待平均平方には、係数1の誤差分散が含まれます。そのことは表の下に注釈に記載されています。

図3.59は、「Investment Castings.jmp」サンプルデータの「期待平均平方」レポートです。サンプルデータに添付されている「モデル: EMS」スクリプトを実行し、次にモデルを実行すると作成されます。

図3.59 「期待平均平方」レポート

期待平均平方			
各行の平均平方の期待値を構成する各列の分散成分の係数			
期待平均平方			
	切片	温度 铸造[温度]&変量効果	
切片	0	0	0
温度	0	16	4
铸造[温度]&変量効果	0	0	4
プラス1.0倍の残差誤差分散			

この表から、「温度」の期待平均平方は次の線形結合と等しいことが分かります。

$$16\theta_{\text{温度}}^2 + 4\sigma_{\text{铸造 [温度]}}^2 + \sigma_{\text{誤差}}^2$$

ここで、 $\theta_{\text{温度}}^2$ は、「温度」の平方和を「温度」の水準数から1を引いたもので割った値です。

分散成分推定値

EMS法では、前節で説明した関係式の期待平均平方に、観測された平均平方を代入し、その連立方程式を解くことで、分散成分の推定値を求めます。「分散成分推定値」レポートには、そうして得られた分散成分の推定値が表示されます。

成分 変量効果の名前。

分散成分推定値 分散成分の推定値。

全体に対する百分率 分散成分の合計に対する各分散成分の割合。

変動係数 分散成分の変動係数。分散成分の平方根を、応答の平均値で割り、100倍したもの。変動係数は、レポートを右クリックし、**[列] > [変動係数]** を選択した場合のみ表示されます。Macintoshの場合は、controlキーを押しながら **[列] > [変動係数]** を選択します。

F 検定の分母

各効果の検定には、F 検定が使われています。このF 検定の分母は、その期待値が、帰無仮説のもとでの分子の平均平方期待値と一致するような平均平方です。この分母は、分散成分と固定効果に関係する値から**合成**されて求められます。

要因 検定対象の効果。

分母平均平方 F 検定の分母で使われる平均平方の合成値。

分母自由度 合成された分母の自由度。これらは Satterthwaite 法で計算されます (Satterthwaite, 1946)。

分母平均平方合成 合成された分母に使用された分散成分。誤差分散は、常に分母での合成値に使われます。

変量効果を考慮した検定

固定効果および変量効果の検定は、このレポートに表示されます。

要因	検定対象の効果。これには、固定効果と変量効果が含まれます。
平方和	効果の平方和。
分子平均平方	分子の平均平方。
分子自由度	分子の自由度。
F 値	検定の F 値。分子平均平方と、「F 検定の分母」レポートで求められた分母平均平方の比。
p 値(Prob > F)	「効果がまったくない」という帰無仮説に対する検定の p 値。

警告：EMS法を用いた場合、最小2乗平均の標準誤差、および、最小2乗平均の対比に対するF検定の分母では、上記した合成分母が使用されます。しかし、交互作用で共通の水準内で比較する対比の検定など、特定の状況では、検定や標準誤差などが適切でなくなることがあります。また、「カスタム検定」や「てこ比プロット」オプションの結果は、合成分母ではなく、単なる誤差分散の推定値を使って計算されます。そのため、EMS法を用いた場合、これらの結果が適切でなくなることがあります。

EMS プロファイル

EMS法を使用し、[因子プロファイル] > [プロファイル] を選択した場合、条件付き予測と条件付き平均信頼区間が表示されます（「REML法の[列の保存]のオプション」（168ページ）を参照）。これらの条件付きの値は、期待値0ではなく、変量効果の予測値を使用します。

注：プロファイルには、因子の水準のすべての組み合わせについて、条件付き予測値と条件付き平均信頼区間が表示されます。これらの一部は入れ子のために意味がない場合があります。

1次従属性がある場合

計画行列（デザイン行列）の列の間に1次従属性があると、注意を促すためのメッセージが標準最小2乗レポートに出力されます。

特異性の詳細

線形 regres モデルのモデル式は、 $Y = X\beta + \varepsilon$ です。通常、 X の第1列は切片を表し、要素がすべて1のベクトルになっています。第2列以降は、モデルの各効果を表します。モデルが切片を含め p 個の項から成る場合、 X は $n \times p$ の行列になります（ n は標本サイズです）。パラメータ推定値のベクトル b は、通常、次式によって求められます。

$$b = (X'X)^{-1}X'Y$$

しかし、この式は、 $X'X^{-1}$ が存在しなければいけません。言い換えれば、 $p \times p$ の行列 $X'X$ は、逆行列が存在するためにフルランクでなければいけません。 X の列の間に1次従属性があると、 $X'X$ がランク落ちし、上式ではパラメータ推定値を求められません。現実では、1次従属が生じるような状況はよくあります。

1次従属がある場合、行列 $X'X$ は特異になります。JMPの「最小2乗法によるあてはめ」では、そのような場合、「特異性の詳細」レポートが先頭に表示されます（図3.60）。このレポートでは、1次従属性の関係式が表示されます。このレポートで報告される項は、その関係式で表されている項と交絡しています。

図3.60は、「Reactor 8 Runs.jmp」サンプルデータのレポートです。これらのレポートを作成するには、「反応率(%)」を Y に指定します。また、「送り速度」、「触媒」、「攪拌速度」、「温度」、「濃度」、「触媒*攪拌速度」、「触媒*濃度」、「送り速度*触媒」をモデル効果に指定します。

- モデル全体の自由度が該当する効果を除くと減少する場合、その効果の自由度は1以上になります。ただし、効果の自由度は、その効果のパラメータの個数よりも小さい場合があります。これは、パラメータのうちの一部だけが検定可能であることを意味しています。

効果の自由度が1以上であれば（かつ、誤差の自由度も1以上であれば）、F検定が実行されます。効果の自由度がパラメータ数よりも小さい場合は、その効果には「足りない自由度」とラベルが表示されます（図3.60）。この時の検定は、交絡していない部分の平方和だけにに基づいています。そのため、こうして計算された平方和は、平方和の「真の」大きさを過小評価しているかもしれません。検定が有意であれば、その有意性には意義がありますが、有意でなければ、特に注意して解釈するべきです。

詳細については、『SAS/STAT 9.2 User's Guide』（2008）の「Introduction to Statistical Modeling with SAS/STAT Software」章の「Statistical Background」を参照してください。

例

「Singularity.jmp」サンプルデータを開きます。応答変数Yと、4つの説明変数X1、X2、X3、Aがあります。データは5行あります。A以外は連続変数で、Aは4水準の名義変数です。また、連続変数の間には、 $X3 = X1 + X2$ という一次従属性があります。

推定値が一意でない場合

一次従属性があるときには、推定値が一意に定めることができません。この例で、そのことを見てみましょう。

- 「Singularity.jmp」サンプルデータを開きます。
- 「モデル 1」スクリプトを実行します。「モデルのあてはめ」起動ウィンドウが開き、そこに X1、X2、X3 の効果がこの順番で入力されています。
- 【実行】をクリックします。レポートウィンドウを開いたままにしておきます。
- 「モデル 2」スクリプトを実行します。「モデルのあてはめ」起動ウィンドウが開き、そこに X1、X3、X2 の効果がこの順番で入力されています。
- 【実行】をクリックします。レポートウィンドウを開いたままにしておきます。

2つのレポートを比較していきましょう（図3.61）。2つのレポート先頭の「特異性の詳細」レポートには、 $X1 = X3 - X2$ という一次従属性の関係式が示されています。

次に、2つのレポートの「パラメータ推定値」レポートを比較してみましょう。「モデル1」ではX1の推定値は-1.25であるのに対し、「モデル2」ではX1の推定値は2.75です。モデル全体の自由度は2であり、両モデルとも、3個のパラメータのうち、2個しか推定されていません。分散分析表におけるモデルの自由度も2になっています。推定された2個のパラメータ推定値には、「バイアスあり」というラベルが表示されています。また、残りの推定値は0に固定されており、「ゼロに固定」というラベルが表示されています。

「効果の検定」レポートでは、どの検定も実行されていません。効果の検定は、すべての効果を含んだモデルと、該当する効果だけを除いたモデルとが比較されます。この例では、いずれか2つの効果だけを含んだモデルは、3つのすべての効果を含んだモデルの平方和を完全に説明します。そのため、各効果には、検定に用いる自由度や平方和が残されておらず、いずれの効果も検定が行えません。

図3.61 モデル1（左）とモデル2（右）の「最小2乗法によるあてはめ」レポート

モデル1 (左)					モデル2 (右)				
応答 Y					応答 Y				
特異性の詳細					特異性の詳細				
X1 = - X2 + X3					X1 = X3 - X2				
あてはめの要約					あてはめの要約				
分散分析					分散分析				
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
モデル	2	97.800000	48.9000	97.8000	モデル	2	97.800000	48.9000	97.8000
誤差	2	1.000000	0.5000	p値(Prob>F)	誤差	2	1.000000	0.5000	p値(Prob>F)
全体(修正済み)	4	98.800000		0.0101*	全体(修正済み)	4	98.800000		0.0101*
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	11.75	0.433013	27.14	0.0014*	切片	11.75	0.433013	27.14	0.0014*
X1 バイアスあり	-1.25	0.433013	-2.89	0.1020	X1 バイアスあり	2.75	0.661438	4.16	0.0533
X2 バイアスあり	-4	0.353553	-11.31	0.0077*	X3 バイアスあり	-4	0.353553	-11.31	0.0077*
X3 ゼロに固定	0	0	.	.	X2 ゼロに固定	0	0	.	.
効果の検定					効果の検定				
効果の詳細					効果の詳細				

足りない自由度

次の例によって、「足りない自由度」について理解を深めましょう。

1. 「Singularity.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「Y」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「X1」と「A」を選択し、[追加] をクリックします。
5. 「強調点」を「最小レポート」に設定します。
6. [実行] をクリックします。

図3.62はレポートの一部です。「特異性の詳細」レポートから、効果Aに関連する3つの項と、Xとに一次従属性があることが分かります（名義尺度の効果のコード変換方法については、「[カスタム検定の例の詳細](#)」(175ページ)を参照してください)。「分散分析」レポートから、モデル全体の自由度は3であることが分かります。「パラメータ推定値」レポートでは、X1、A[a]、およびA[b]の3つの項が「バイアスあり」と示され、4番目のA[c]が「ゼロに固定」と示されています。

「効果の検定」レポートは、X1を検定できないことを示しています。X1に対する検定は、Aだけを含んだモデルと、X1とAとを含んだモデルを比較します。Aだけを含んだモデルで既に自由度が3あるので、Xを検定する自由度は残っておりません。一方、Aに対する検定は、自由度2だけを使って検定することができます（X1だけのモデルが自由度1で、X1とAとを含んだモデルは自由度2で、その差が2です）。Aに対する検定は、Aに関係するパラメータのうち、一部のものだけに対する検定になっています。解釈には注意が必要です。

図 3.62 X1 と A のモデルの「最小2乗法によるあてはめ」レポート

△ 応答 Y

△ 特異性の詳細

切片 = $2 * X1 - A[a] - A[b] + 3 * A[c]$

▷ 回帰プロット

▷ あてはめの要約

△ 分散分析

要因	自由度	平方和	平均平方	F値
モデル	3	98.300000	32.7667	65.5333
誤差	1	0.500000	0.5000	p値(Prob>F)
全体(修正済み)	4	98.800000		0.0905

△ パラメータ推定値

項		推定値	標準誤差	t値	p値(Prob> t)
切片	バイアスあり	14.416667	0.399653	36.07	0.0176*
X1	バイアスあり	-2.583333	0.399653	-6.46	0.0977
A[a]	バイアスあり	-5.333333	0.471405	-11.31	0.0561
A[b]	バイアスあり	3.1666667	0.552771	5.73	0.1100
A[c]	ゼロに固定	0	0	.	.

△ 効果の検定

要因	パラメータ数	自由度	平方和	F値	p値(Prob>F)
X1	1	0	0.000000	.	足りない自由度
A	3	2	64.500000	64.5000	0.0877 足りない自由度

▷ 効果の詳細

統計的詳細

この節では、この章で説明した機能の詳細を解説します。

強調点のルール

「モデルのあてはめ」起動ウィンドウのデフォルトの「強調点」は、行数 (n) と、「モデル効果の構成」リストに入力される効果の数 (k) に基づいて決定されます。

- $n > 1000$ の場合、「強調点」は「最小レポート」に設定されます。
- $n \leq 1000$ かつ $k \leq 4$ の場合、「強調点」は「効果てこ比」に設定されます。
- $n \leq 1000$ かつ $k \geq 10$ の場合、「強調点」は「要因のスクリーニング」に設定されます。
- $n \leq 1000$ かつ $4 < k < 10$ かつ $n - k > 20$ 場合、「強調点」は「効果てこ比」に設定されます。
- これらの条件をどれも満たさない場合、「強調点」は「要因のスクリーニング」に設定されます。

カスタム検定の例の詳細

「[カスタム検定](#)」の例 (110 ページ) では、「Cholesterol.jmp」サンプルデータを使って、次の3つの比較を行いました。

- A 群と、B 群
- A 群と B 群の平均と、コントロール群

- A群とB群の平均と、コントロール群とプラシボ群の平均

「カスタム検定」の列に入力する係数を導き出すには、次のような計算を行います。ここで、4群の効果を表すパラメータを、それぞれ α_A 、 α_B 、 $\alpha_{Control}$ 、 $\alpha_{Placebo}$ とします。これらのパラメータは合計が0になるような制約が課されています。「カスタム検定」で表示されているパラメータは、4つのうち、最初の3つだけです。よって、最初の3つのパラメータに対する係数を求める必要があります。詳細については、「[カスタム検定の例の詳細](#)」(175ページ)および付録「統計的詳細」の「[パラメータの解釈](#)」(425ページ)を参照してください。

上述した比較を、パラメータを使って表すと、次のようになります。

- A群と、B群: $\alpha_A - \alpha_B = 0$
- A群とB群の平均と、コントロール群: $0.5(\alpha_A + \alpha_B) - \alpha_{Control} = 0$
- A群とB群の平均と、コントロール群とプラシボ群の平均:

$$0.5(\alpha_A + \alpha_B) - 0.5(\alpha_{Control} + \alpha_{Placebo}) = \alpha_A + \alpha_B = 0$$

最後の係数を求めるには、計算が必要です。4つのパラメータは合計すると0なので、

$\alpha_A + \alpha_B + \alpha_{Control} + \alpha_{Placebo} = 0$ という制約が課せられています。これをプラセボ群のパラメータについて解くと、 $\alpha_{Placebo} = -\alpha_A - \alpha_B - \alpha_{Control}$ となります。これを、上式の左辺に代入して計算すると、中辺のようになります。

$$\begin{aligned} 0.5(\alpha_A + \alpha_B) - 0.5(\alpha_{Control} + \alpha_{Placebo}) &= 0.5(\alpha_A + \alpha_B) - 0.5(\alpha_{Control} - \alpha_A - \alpha_B - \alpha_{Control}) \\ &= 0.5(\alpha_A + \alpha_B) - 0.5\alpha_{Control} + 0.5(\alpha_A + \alpha_B + \alpha_{Control}) \\ &= \alpha_A + \alpha_B \\ &= 0 \end{aligned}$$

推定値の相関

データの標本サイズは n で、 $p - 1$ の説明変数があるとします。このデータに対する $n \times p$ の計画行列を、 $\mathbf{X}$ とします。 $\mathbf{X}$ の第1列は、通常、切片を表し、すべての要素が1である列ベクトルになっています。残りの $p - 1$ 個の列は説明変数の値を含みます（名義尺度の列はダミー変数に変換され、各ダミー変数が行列 $\mathbf{X}$ の1列になります）。

パラメータ推定値のベクトルは、次式によって求められます。

$$\hat{\beta} = (\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-1}\mathbf{X}'\mathbf{Y}$$

ここで、 $\mathbf{Y}$ は応答値のベクトルです。

回帰モデルの通常の仮定のもとでは、 $\hat{\beta}$ の共分散行列は次のようになります。

$$\text{Cov}(\hat{\beta}) = \sigma^2 (\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-1}$$

ここで、 σ^2 は応答の分散（誤差の分散）です。

相関は、共分散を標準偏差の積で割ったものです（標準偏差は、共分散行列の対角要素の平方根です）。 V を、次式のように計算される、標準偏差を対角要素にもつ対角行列とします。

$$V = \text{Sqrt}(\text{Diag}(\text{Cov}(\hat{\beta})))$$

パラメータ推定値の相関行列は、次式で求められます。

$$\text{Corr}(\hat{\beta}) = V^{-1} \sigma^2 (X'X)^{-1} V^{-1}$$

てこ比プロットの詳細

てこ比プロットは、**偏回帰残差てこ比プロット**（partial-regression residual leverage plot; Berlsley, Kuh, and Welsch (1980)）や、**追加変数プロット**（added variable plot; Cook and Weisberg (1982)）とも呼ばれます。Sall (1990) は、これらのプロットを一般化し、あらゆる線形仮説に適用できるようにしました。

JMPには、次のようなてこ比プロットが用意されています。

- 各効果のてこ比プロット。このてこ比プロットは、すべての効果を含めたモデルと該当する効果だけを除いたモデルとを比較する検定への各行の影響を表しています。
- モデル全体のてこ比プロット。このてこ比プロットは、「予測値と実測値のプロット」で、モデル全体に対する検定への各行の影響を表しています。

各効果のてこ比プロットを描くにあたっては、該当する1つの効果だけが0であると制約されます。一方、モデル全体のてこ比プロットである「予測値と実測値のプロット」では、すべての効果が0であると制約されます。Sall (1990) では、任意の線形仮説に対してもてこ比プロットが描けるように、一般化しています。以下では、Sall (1990) を要約して説明します。

作図

次のような（推定可能な）仮説に興味があるとします。

$$L\beta = 0$$

てこ比プロットでは、各点から回帰直線までの距離が、制約のないモデルの残差になっています。また、各点から水平線までの距離が、仮説によって制約されたモデルの残差になっています。なお、これら2つのモデルの誤差平方和の差は、仮説を検定するF検定で使われます。仮説を検定するF検定で使われます。

仮説によって制約されたパラメータ推定値は、次のように書き表されます。

$$b_0 = b - (X'X)^{-1}L'\lambda$$

b は、次の式で表される最小2乗推定値です。

$$b = (X'X)^{-1}X'y$$

λ は、仮説による制約のラグランジュ乗数で、次のように計算します。

$$\lambda = (L(X'X)^{-1}L')^{-1}Lb$$

制約のない残差と、仮説によって制約された残差は、以下のような式で計算できます。

$$r = y - Xb$$

$$r_0 = r + X(X'X)^{-1}L'\lambda$$

てこ比プロットの各点の x 座標を v_x 、 y 座標を v_y とします。これらは、以下のように定義されます。

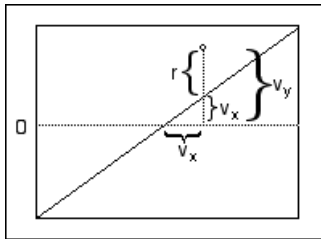
- v_x は、制約のあるモデルの残差から、制約のないモデルの残差を引いた値、つまり、 $r_0 - r$ です。これは、制約を課することによって説明されなくなる情報を反映しています。
- v_y は、 r_0 です。制約がないモデルの残差を、 x 座標の値に足したものに一致します。

数式で書くと、以下ようになります。

$$v_x = X(X'X)^{-1}L'\lambda \text{ および } v_y = r + v_x$$

なお、実際のてこ比プロットでは、軸のスケールを変更して、より解釈をしやすいものにしています。上記で説明した構成を図に描くと、図3.63のようになります。図の回帰直線の傾きは、1です。

図3.63 てこ比プロットの構成



てこ比プロットに検定を重ねる

1つの説明変数による単回帰では、応答の期待値に対する信頼区間は、次式のように説明変数の関数になっています。

$$\text{Upper}(x) = \mathbf{x}b + t_{\alpha/2} s \sqrt{\mathbf{x}(X'X)^{-1}\mathbf{x}'}$$

$$\text{Lower}(x) = \mathbf{x}b - t_{\alpha/2} s \sqrt{\mathbf{x}(X'X)^{-1}\mathbf{x}'}$$

上式において、 $\mathbf{x} = [1 \ x]$ は、切片を表す1と、説明変数の値を要素にもつ行ベクトルです。

この信頼区間には、対応する仮説検定の有意性と次のような関係があります（図3.56）。

- 有意である場合: 傾きのパラメータがゼロと有意に異なるときは、信頼区間の曲線が応答の平均を表す水平線と交わります。
- 境目の場合: 傾きのパラメータに対する t 検定がちょうど有意か有意でないかの境目に位置するときは、応答の平均を表す水平線に、信頼区間の曲線が漸近しています。
- 有意でない場合: 傾きのパラメータがゼロと有意には異ならないときは、信頼区間の曲線が応答の平均を表す水平な線と交わりません。

てこ比プロットは、単回帰の信頼区間と同じ性質をもつ曲線を描画します。これらの曲線は、プロットの中央に描かれるように調整されます。てこ比プロットの x 座標を z とすると、以下のように定義されます。

$$\text{Upper}(z) = z + \sqrt{s^2 t_{\alpha/2}^2 \bar{h} + (F_{\alpha}/F) z^2}$$

および

$$\text{Lower}(z) = z - \sqrt{s^2 t_{\alpha/2}^2 \bar{h} + (F_{\alpha}/F) z^2}$$

ここで、 F は仮説検定の F 値です。 F_{α} は有意水準 α に対応した F 分布の分位点です。また、

$\bar{h} = \bar{x}(X'X)^{-1}\bar{x}'$ で、 $\bar{x}$ は説明変数の適切な中間値（平均など）から構成された行ベクトルです。

こうして定義された曲線は、単回帰の信頼区間と同じように次の性質をもちます。

- F 検定が有意なときは、曲線は水平線と交わります。
- F 検定がちょうど有意と有意でない境目にあるときは、曲線は水平線に漸近しています。
- F 検定が有意でないときは、曲線は交わりません。

なお、 $\text{Upper}(z) - \text{Lower}(z)$ は、 z に対応した説明変数における予測値の信頼区間の幅になっています。

Kackar-Harville の修正

REML 法で混合モデルが推定された場合、固定効果の共分散行列は、Kackar-Harville の修正法で求められています。ただし、BLUP の共分散行列と、BLUP と固定効果の間の共分散には、Kackar-Harville 修正は行われていません。これは、変量効果の水準が多い場合に Kackar-Harville 修正の計算が複雑になり、多くのメモリを必要とするからです。

SAS では、Kackar-Harville の修正は、DDFM=KENWARDROGER が設定された場合にのみ、固定効果と BLUP の両方に対して行われます。

- 固定効果パラメータしかない線形結合の標準誤差は、PROC MIXED DDFM=KENWARDROGER に一致します（PROC MIXED と JMP で、同じパラメータ化を行った場合）。
- BLUP パラメータしかない線形結合の標準誤差は、PROC MIXED DDFM=SATTERTHWAITE に一致します。
- 固定効果と BLUP の両方のパラメータを持つ線形結合の標準誤差は、データが不釣り合い（アンバランス）であると、PROC MIXED のどの DDFM オプションの結果にも一致しません。JMP の標準誤差は、DDFM=SATTERTHWAITE オプションと DDFM=KENWARDROGER オプションから得られる標準誤差の中間に

なります。データが釣り合い（バランス）がとれている場合は、どのようなDDFMオプションであっても、Kackar-Harville修正は影響しないため、JMPとSASで得られる標準誤差は一致します。

自由度

固定効果パラメータの線形結合だけを含む検定の自由度は、Kenward-Rogerの修正を使って計算されるため、JMPでの検定結果はDDFM=KENWARDROGERオプションを使用した場合のPROC MIXEDと一致します。線形結合にBLUPパラメータが含まれている場合は、JMPではSatterthwaiteの近似を使って自由度を求めます。このため、結果は前述したようなパターンになります。

Kackar-Harvilleの修正とKenward-Rogerの自由度のアプローチの詳細については、Kenward and Roger (1997)を参照してください。Satterthwaite法については、SASのPROC MIXEDに関するドキュメントで詳しく説明されています（『SAS/STAT 9.2 User's Guide』、第56章）。

検出力の分析

検出力に関連するオプションは、応答が連続尺度で、最小2乗推定を行った場合だけ使えます。検出力は、次のような個所で計算できます。

パラメータ推定値

レポートの赤い三角ボタンメニューから[推定値] > [パラメータに対する検出力]を選択すると、パラメータ推定値の事後的な検出力が求められます。このオプションを選択すると、「パラメータ推定値」レポートに、有意水準を5%としたときの、最小有意値、最小有意数、調整済み検出力が表示されます。

効果の詳細

ある効果のF検定における検出力を求めるには、その効果の赤い三角ボタンメニューから[検出力の分析]を選択します。各効果の赤い三角ボタンメニューは、手法として[要因のスクリーニング]と[最小レポート]を選んだ場合は、「効果の詳細」の下に表示されます。手法として[効果てこ比]を選んだ場合は、ウィンドウの右側に表示されます。

最小2乗平均の対比

1つまたは複数の対比の検定における検出力を求めるには、まず、効果の赤い三角ボタンメニューから[最小2乗平均の対比]を選択します。次に、分析する対比を定義し、[完了]をクリックします。そして、「対比」の赤い三角ボタンをクリックし、メニューから[検出力の分析]を選択します。

カスタム検定

カスタム検定における検出力を求めるには、まず、応答の赤い三角ボタンメニューから[推定値] > [カスタム検定]を選択します。次に、分析する対比を定義し、[完了]をクリックします。そして、「カスタム検定」の赤い三角ボタンをクリックし、メニューから[検出力の分析]を選択します。

最初の「パラメータ推定値」のケース以外では、[検出力の分析]を選択すると「検出力の詳細」ウィンドウが開きます。そのウィンドウで、検出力の計算に必要な情報を入力してください。

効果の大きさ

δ という記号で表される効果の大きさ (effect size; 効果量) は、パラメータの真値が帰無仮説からどれくらい離れているかを表しています。帰無仮説は、1つの対比で表されることもあれば、複数の対比で表される場合もあるでしょう。 δ は、対比の真値が、帰無仮説の値からどれくらい離れているかを示しています。

一般的には、効果の大きさは次のように定義します。

$$\delta = \sqrt{SS_{Hyp(Pop)}/n}$$

ここで、 $SS_{Hyp(Pop)}$ は、パラメータの真値から計算した仮説検定の平方和、 n は標本サイズです。

データから検出力を事後的に計算したい場合は、 δ を求める上式の平方和として、データから計算された平方和を代入します。

バランスのとれた一元配置

バランス (釣り合い) のとれた一元配置分散分析では、次式により、効果の大きさ (の2乗) は定義されます。次式において、因子は k 水準で、第 i 群の応答平均は α_i とします。

$$\delta^2 = \frac{\sum (\alpha_i - \bar{\alpha})^2}{k}$$

JMPでは、 $i=1, 2, \dots, k-1$ のときに、

$$\beta_i = (\alpha_i - \bar{\alpha})$$

および

$$\beta_k = - \sum_{m=1}^{k-1} \alpha_m$$

となるようにパラメータ化されています。よって、JMPで使われているパラメータで、2群のt検定における δ を表すと、次式のようになります。

$$\delta^2 = \frac{\beta_1^2 + (-\beta_1)^2}{2} = \beta_1^2$$

または $\delta = |\beta_1|$

バランスのとれていない一元配置

バランス (釣り合い) がとれていない一元配置分散分析では、次式により、効果の大きさ (の2乗) は定義されます。次式において、因子は k 水準で、第 i 群の応答平均と標本サイズは、それぞれ α_i 、 n_i とします。

$$\delta^2 = \sum \frac{n_i}{n} (\alpha_i - \bar{\alpha})^2$$

効果の大きさと検出力

F検定の検出力は、真の効果の大きさが指定した値であるときに、F検定が有意水準 α で有意になる確率です。真の効果の大きさが δ であるとき、検定統計量は、次の非心度パラメータを持つ非心F分布に従います。

$$\lambda = (n\delta^2)/\sigma^2$$

帰無仮説が真の場合（つまり、効果の大きさが0の場合）、非心度パラメータは0で、検定統計量は非心F分布に従います。

λ が大きいほど、検出力は高くなります。標本サイズ n や効果の大きさ δ が大きくなるほど、また、誤差分散 σ^2 が小さいほど、検出力は高くなります。

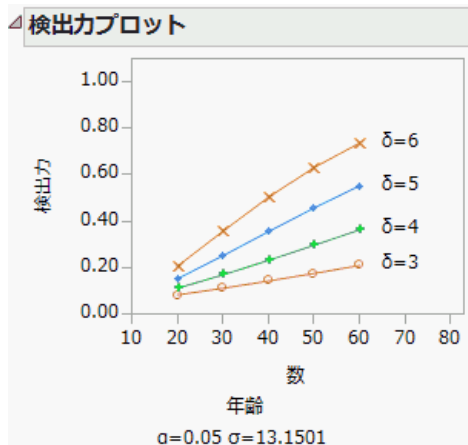
一部の書籍では（たとえば、Cohen, 1977）、JMPで使用されている生の効果の大きさではなく、標準化した効果の大きさ $\Delta = \delta/\sigma$ を使用しています。標準化した効果の大きさを表した場合、非心度パラメータは $\lambda = n\Delta^2$ になります。

「検出力の詳細」ウィンドウでは、最初、 δ は $\sqrt{SS_{Hyp}/n}$ に設定されています。 SS_{Hyp} は仮説の平方和、 n は現在のデータにおける標本サイズです。 SS_{Hyp} を用いて計算された δ は、真の効果の大きさではなく、それを推定した値になっています。この推定値にはバイアスがあります（Wright and O'Brien, 1988）。 δ の推定値を使って検出力を計算するには、「検出力を求める」ではなく、「調整済み検出力と信頼区間」で計算したほうが良いでしょう。調整済みの検出力の計算には、バイアスを調整した δ の推定値が使われます。付録「統計的詳細」の「[調整済み検出力の計算](#)」（448ページ）を参照してください。

標本サイズと検出力のプロット

標本サイズと検出力の関係をグラフで描くには、「検出力」レポートの下部にある赤い三角ボタンをクリックし、「検出力プロット」オプションを選択します。「検出力」表の「数」列に対して、検出力がプロットされます。図3.64のグラフは、「[検出力の事後計算の例](#)」（184ページ）の「検出力」表をプロットした結果です。

図3.64 標本サイズと検出力のプロット



最小有意数 (LSN)

最小有意数 (LSN; Least Significant Number) は、 α (有意水準)、 σ (誤差の標準偏差)、 δ (効果の大きさ) が与えられているときに、結果が有意となるのに最低限必要な標本サイズです。最小有意数に基づいて、将来の標本サイズを決めるのはお勧めできません。

注：最小有意数は δ と σ が指定された値に固定されているときに有意となる標本サイズを意味しており、それらの値がばらつくことを考慮していません。

最小有意数には、次のような特徴があります。

- 最小有意数が実際の標本サイズである n より小さい場合、効果は有意です。
- 最小有意数が n より大きい場合、効果は有意ではありません。最小有意数は、誤差の標準偏差や、データの構造が変わらないという条件のもとで、検定が有意になるのに必要な標本サイズです。
- 最小有意数が n と等しい場合、 p 値は有意水準 (α) と等しくなり、検定が有意かどうかの境界にあります。
- 最小有意数が n と等しいときの検出力は、常に 0.5 以上になります。ただし、検出力は 0.5 ぐらいになる場合があり、これは差を検出する計画としては検出力が低すぎます。

最小有意値 (LSV)

最小有意値 (LSV; Least Significant Value) は、自由度が 1 である仮説検定に対して計算されます。自由度が 1 である仮説検定には、モデルパラメータに対する検定や、より一般的な対比に対する検定があります。最小有意値は、検定が有意となるパラメータ値の最小値です。最小有意値は、確率ではなく、パラメータ値を単位として検定の有意度を表していると言えます。

最小有意値には、次のような特徴があります。

- パラメータ推定値の絶対値または対比が最小有意値以上の場合、 p 値は α 以下になります。

- パラメータ推定値の絶対値または対比が最小有意値と等しい場合、 p 値はちょうど α になります。
- 最小有意値は、パラメータまたはパラメータの線形結合に対する、信頼水準 $1 - \alpha$ の信頼区間の半径です。なお、 $1 - \alpha$ 信頼区間の中心は、その点推定値です。

検出力

ある検定の検出力は、その検定が有意となる確率です。検出力は、効果の大きさ δ 、有意水準 α 、誤差の標準偏差 σ 、および標本サイズ n の関数です。検出力は、指定した有意水準で、指定した効果の大きさを検出できる確率です。実質的または科学的に意味がある大きさをもつ効果を高い確率で検出できるような実験を計画するのが望ましいです。

検出力には、次のような特徴があります。

- パラメータの真値が帰無仮説の値と等しい場合、検出力の値は有意水準 α になります。有意水準は通常、0.05 などの小さい値です。帰無仮説が真であるときに、検定が有意になってしまう確率は低いほうが良いので、有意水準には小さな値を設定するべきです。
- パラメータの真値が帰無仮説の値と異なる場合には、検定が有意となって差を検出できたほうが良いので、検出力はなるべく高くなるのが望ましいです。
- 標本サイズが大きくなるほど、誤差分散が小さくなるほど、または、パラメータ値と仮説値の差が大きくなるほど、検出力は高くなります。

調整済み検出力と信頼区間

検出力の事後計算では、検出力を計算するにあたって、母集団での真値ではなく、標本の推定値を用います。そのままの値を代入して計算した非心度パラメータの推定値には、正のバイアスがあります (Wright and O'Brien, 1988)。調整済み検出力の計算は、このバイアスを修正した非心度パラメータ推定値を用います。

調整済み検出力は、バイアスを調整した、より適切な検出力になっています。信頼区間も計算されますが、その区間の幅は広くなる傾向にあります。Wright and O'Brien (1988) における2節の終わりのほうを参照してください。

調整済み検出力とその信頼区間は、データから求められる δ の推定値 (デフォルトで求められた値) だけに対して計算できます。 δ に任意の値を分析者が設定して、調整済み検出力や信頼区間を求めることはできません。

詳細は、付録「統計的詳細」の「[調整済み検出力の計算](#)」(448 ページ) を参照してください。

検出力の事後計算の例

この例では、「Big Class.jmp」サンプルデータを使って、検出力の事後計算を説明します。「検出力の詳細」ウィンドウ (図 3.65) で、 α 、 σ 、 δ 、および数の値の範囲にさまざまな値を入力し、[完了] をクリックすると、検出力の結果が表示されます。

1. 「Big Class.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「体重 (ポンド)」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「年齢」、「性別」、「身長 (インチ)」を効果として追加します。

5. [実行] をクリックします。
6. 「年齢」タイトルバーの赤い三角ボタンをクリックし、[検出力の分析] を選択します。

図 3.65 「年齢」の「検出力の詳細」ウィンドウ

検出力の詳細

年齢
クリックして1つか2つ、または連続する値をそれぞれに入力する。

	α	σ	δ	数
開始値:	0.050	13.15009	3	20
終了値:	.	.	6	60
間隔	.	.	1	10

☒ 検出力を求める
☒ 最小有意数を求める
☐ 最小有意値を求める
☐ 調整済み検出力と信頼区間

完了 キャンセル ヘルプ

シーケンスのすべての組み合わせに対して計算。

7. 図 3.65 のように、 δ の「開始値」を「3」に変更し、「終了値」に「6」、「間隔」に「1」を入力します。
8. 図 3.65 のように、数の「開始値」を「20」に変更し、「終了値」に「60」、「間隔」に「10」を入力します。
9. 「検出力を求める」と「最小有意数を求める」にチェックマークをつけます。
10. [完了] をクリックします。
11. 図 3.66 のような「検出力の詳細」レポートが表示されます。

図 3.66 「年齢」の「検出力の詳細」レポート

検出力の詳細				
検定 年齢				
検出力				
α	σ	δ	数	検出力
0.0500	13.15009	3	20	0.0828
0.0500	13.15009	3	30	0.1117
0.0500	13.15009	3	40	0.1426
0.0500	13.15009	3	50	0.1755
0.0500	13.15009	3	60	0.2099
0.0500	13.15009	4	20	0.1117
0.0500	13.15009	4	30	0.1694
0.0500	13.15009	4	40	0.2317
0.0500	13.15009	4	50	0.2969
0.0500	13.15009	4	60	0.3630
0.0500	13.15009	5	20	0.1524
0.0500	13.15009	5	30	0.2515
0.0500	13.15009	5	40	0.3554
0.0500	13.15009	5	50	0.4575
0.0500	13.15009	5	60	0.5529
0.0500	13.15009	6	20	0.2063
0.0500	13.15009	6	30	0.3572
0.0500	13.15009	6	40	0.5035
0.0500	13.15009	6	50	0.6320
0.0500	13.15009	6	60	0.7368
最小有意数				
α	σ	δ	最小有意数	
0.0500	13.15009	3	216.8578	
0.0500	13.15009	4	123.8892	
0.0500	13.15009	5	80.93391	
0.0500	13.15009	6	57.6814	

この分析は、「Big Class.jmp」サンプルデータから得られた結果をもとに検出力を事後的に求めています。このようにデータを得た後に検出力を求めることを、「検出力の事後計算」と言います。たとえば、この例では、 σ の値として、現在のデータから得られた推定値を用いています。この値は、データ値やモデルに含める効果によって変化します。 σ の真値は、その推定値とは大きく異なるかもしれません。

図 3.66 の検出力の結果については、「[検出力](#)」(184 ページ) に詳しい説明があります。最小有意数 (LSN) の詳細については、「[最小有意数 \(LSN\)](#)」(183 ページ) を参照してください。

検出力の事前計算

検出力の事前計算は、「ある大きさの差が存在していて、誤差分散が特定の値である場合に、現在、想定している標本サイズや有意水準で差を検出できるかどうか」を調べるのに役立ちます。検出力の事前計算では、グループ平均や標本サイズを入力する必要があります。また、誤差の標準偏差 σ を指定する必要があります。

グループの標本サイズが等しい場合

3群の平均を比較する例を取り上げてみましょう。高い検出力をもつための標本サイズを求めるには、まず、[実験計画 (DOS)] > [標本サイズ/検出力] を選択し、[k 標本平均] を選択します。そして、表示されたウィンドウで、誤差の標準偏差（の予想される値）を入力します。次に、平均のリストに、（検出したい差をもつ）平均の値をキーボードで入力します。たとえば、ある1群と他の2群との平均差が8である状況を検出したい場合には、40、40、48 というように入力します。検出力は平均間の差だけに依存しますので、0、0、8 などと入力しても構いません。

この状態で[続行] をクリックすると、検出力と標本サイズのグラフが表示されます。「標本サイズ」ウィンドウで、「検出力」または「標本サイズ」を入力すると、もう一方の値は自動的に計算されます。なお、求められた標本サイズは全体での標本サイズです。[k 標本平均] の計算では、グループごとの標本サイズは等しいと仮定されています。1群あたりの標本サイズを得るには、得られた標本サイズを3で割ってください。k 標本平均の詳細は、『実験計画 (DOE)』を参照してください。

グループの標本サイズが等しくない場合

異なる標本サイズのグループで実験を計画する場合を取り上げてみましょう。バクテリアの数を減らすと報告されている2種類の処置に関する実験を考えています。これら2種類の処置を、処置を受けないコントロール群と比較することが目的です。ここでは、どちらかの処置群とコントロール群の平均間で少なくとも8単位の差がある場合には、その差を検出したいとします。コントロール群の標本サイズは、処置群の標本サイズの倍で、また、2つの処置群は同じ標本サイズでなければなりません。前回の実験から、誤差の標準偏差は5～6であることが分かっています。

この例のような状況で、検出力を事前計算するには、「Bacteria.jmp」サンプルデータのような情報を含むデータテーブルを用意します（図3.67）。

図3.67 「Bacteria.jmp」データテーブル

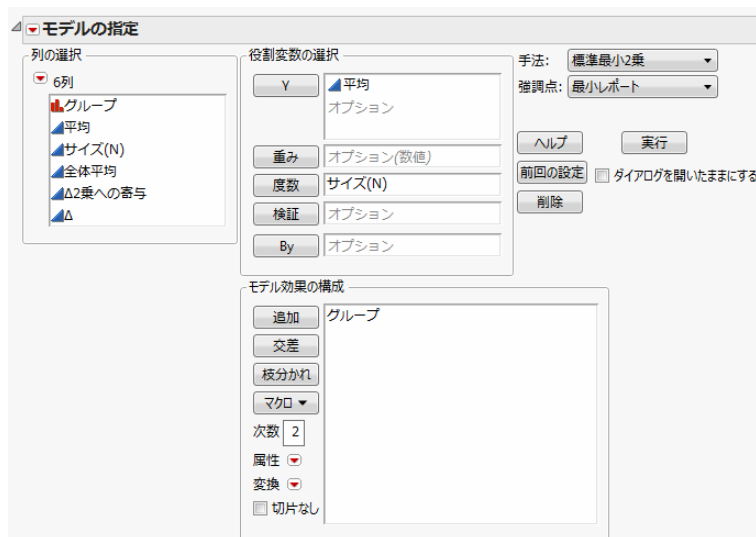
3/0判		グループ	平均	サイズ(N)
1	Control	40	2	
2	Treatment A	40	1	
3	Treatment B	48	1	

- 「グループ」列は、群の名前を含んでいます。
- 「平均」列で、検出したい差を定義しています。ここでは、コントロール群の平均を40としています。どちらかの処置群の平均がコントロール群の平均よりも少なくとも8だけ大きい場合に、その差を検出する計画を立てるのがここでの目的です。そこで、2つの処置群のいずれかに、48という平均を割り当てます。そして、もう一方の処置群の平均には、コントロール群と同じ40という平均を割り当てます。なお、コントロール群といずれか一方の処置群に平均0を割り当てて、もう一方の処置群に平均8を割り当てても同じ結果となります。また、これらの平均値や差は、母集団での平均値や差です。
- 「サイズ(N)」列には、各群の相対的な標本サイズを指定します。この列では、コントロール群の標本サイズを各処置群のサイズの倍にすることが指定されています。ここでは、1と2を指定していますが、2と4などを指定しても構いません。

注：このサンプルデータの「サイズ(N)」列には、「度数」の役割が割り当てられています。「列」パネルの列名の右側にあるアイコンを確認してください。

次に、「モデルのあてはめ」を使って一元配置分散分析を行います（図3.68）。起動ウィンドウで、「サイズ(N)」を「度数」に指定します。また、「平均」を「Y」に、「グループ」をモデル効果に指定します。最後に、「最小レポート」オプションを選択します。

図3.68 バクテリア調査の「モデルのあてはめ」起動ウィンドウ



[実行] をクリックすると、「最小2乗法によるあてはめ」レポートが表示されます。データには誤差がないため、誤差の標準偏差や平方和は0.0になっています。検出力を求めるには、想定される誤差分散の範囲を入力します。ここでは、誤差分散は5から6までの大きさだと想定します。

1. 「効果の詳細」の開閉ボタンをクリックし、レポートを開きます。
2. 「グループ」の横にある赤い三角ボタンをクリックし、メニューから「検出力の分析」を選択します。
3. 誤差分散の大きさとして5から6までの範囲を探索するには、 σ の最初のボックスに「5」を入力し、2番目のボックスに「6」を入力します（図3.69）。
4. δ には「3.464102」と入力されています。この効果の大きさは、サンプルデータに入力されているグループ平均から計算されています。なお、サンプルデータには、効果の大きさを計算する式を含む列が、非表示の状態です3列あります（「[バランスのとれていない一元配置](#)」（181ページ）を参照）。
5. 検出力を求める標本サイズを指定します。「数」の下にある最初のボックスに「16」、2番目に「64」、3番目に間隔として「4」を入力します（図3.69）。
6. 「検出力を求める」にチェックを入れます。
7. 「完了」をクリックします。

図 3.69 バクテリア調査の「検出力の詳細」ウィンドウ

▲ 検出力の詳細

グループ
クリックして1つか2つ、または連続する値をそれぞれに入力する。

	α	σ	δ	数
開始値:	0.050	5	3.464102	16
終了値:	.	6	.	64
間隔	.	1	.	4

☒ 検出力を求める
☐ 最小有意数を求める
☐ 最小有意値を求める
☐ 調整済み検出力と信頼区間

完了 キャンセル ヘルプ

シーケンスのすべての組み合わせに対して計算。

図 3.70 のような「検出力の詳細」レポートが表示されます。このレポートには、16～64 までの 4 刻みの標本サイズ、 $s = 5$ および $\sigma = 6$ 、 $\alpha = 0.05$ での検出力が表示されています。 $\sigma = 5$ のとき、90% 以上の検出力を得るには、全体の標本サイズを 32 にする必要があります。つまり、コントロール群の標本サイズを 16、各処置群の標本サイズを 8 にする必要があります。一方、 $\sigma = 6$ のときは、全体の標本サイズを 44 にする必要があります。

図 3.70 バクテリア調査の「検出力の詳細」レポート

▲ ▼ 検出力の詳細

検定 グループ

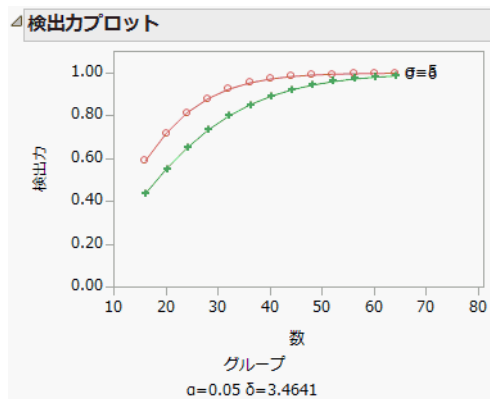
▲ 検出力

α	σ	δ	数	検出力
0.0500	5	3.464102	16	0.5894
0.0500	5	3.464102	20	0.7184
0.0500	5	3.464102	24	0.8134
0.0500	5	3.464102	28	0.8799
0.0500	5	3.464102	32	0.9246
0.0500	5	3.464102	36	0.9537
0.0500	5	3.464102	40	0.9721
0.0500	5	3.464102	44	0.9835
0.0500	5	3.464102	48	0.9903
0.0500	5	3.464102	52	0.9944
0.0500	5	3.464102	56	0.9968
0.0500	5	3.464102	60	0.9982
0.0500	5	3.464102	64	0.9990
0.0500	6	3.464102	16	0.4361
0.0500	6	3.464102	20	0.5510
0.0500	6	3.464102	24	0.6501
0.0500	6	3.464102	28	0.7323
0.0500	6	3.464102	32	0.7986
0.0500	6	3.464102	36	0.8506
0.0500	6	3.464102	40	0.8906
0.0500	6	3.464102	44	0.9208
0.0500	6	3.464102	48	0.9433
0.0500	6	3.464102	52	0.9598
0.0500	6	3.464102	56	0.9717
0.0500	6	3.464102	60	0.9803
0.0500	6	3.464102	64	0.9864

▼

図3.71は、2つの σ の値において、標本サイズに対して検出力をプロットしたグラフです。このグラフを表示するには、「検出力の詳細」レポートの表の最下部にある赤い三角ボタンをクリックします。この図では、赤色の曲線が $\sigma = 5$ に対応し、緑色の曲線が $\sigma = 6$ に対応しています。

図3.71 バクテリア調査の「検出力プロット」



第 4 章

標準最小 2 乗の例

標準最小 2 乗を用いた様々な分析例

この章では、標準最小 2 乗法の機能を用いた分析例を紹介します。分析手法としては、分散分析、共分散分析、応答曲面モデル、分割実験モデル、変量効果モデル、節点スプライン曲線、スクリプトによる Bayes（ベイズ）流の因子スクリーニングを取り上げます。

目次

- 一元配置分散分析の例 193
- 傾きが等しい共分散分析の例 196
- 傾きが異なる共分散分析の例 198
- 応答曲面モデルの例 200
- 分割実験の例..... 203
- 変量効果パラメータの推定の例 207
- 節点スプラインの例 209
- Bayes 流因子スクリーニングの例..... 211

一元配置分散分析の例

一元配置分散分析モデルは、グループごとにそれぞれ異なる平均をもつモデルです。JMPの「モデルのあてはめ」で一元配置分散分析を行うには、応答変数に連続尺度の列を、効果に名義尺度の列を選択します。ここでは、「Drug.jmp」サンプルデータに対して一元配置分散分析を行います。

1. 「Drug.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「y」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「薬剤」を選択し、[追加] をクリックします。
5. [実行] をクリックします。

この例の「薬剤」は名義尺度の列であり、「a」、「d」、「f」という3つの値があります。「モデルのあてはめ」の「標準最小2乗」は、この「薬剤」の列を1、0、-1という数値をもつダミー変数に変換して、線形モデルをあてはめます。この例における線形モデルのモデル式は、次のようになります。線形モデルの式は、次のようになります。

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 x_{1i} + \beta_2 x_{2i} + \varepsilon_i$$

ここで、

- y_i は、第 i 行における、応答の観測値。
- x_{1i} は、第 i 行における、1 番目のダミー変数の値。
- x_{2i} は、第 i 行における、2 番目のダミー変数の値。
- β_0 , β_1 , β_2 はそれぞれ、切片パラメータ、1 番目のダミー変数に対する係数パラメータ、1 番目のダミー変数に対する係数パラメータ。
- ε_i は独立した正規分布に従う誤差項。

1 番目のダミー変数 x_1 は、「薬剤」=a の場合は1とし、「薬剤」=d の場合は0とし、「薬剤」=f の場合は-1とします。

$$x_{1i} = \begin{cases} 1, & \text{薬剤} = a \text{ の場合} \\ 0, & \text{薬剤} = d \text{ の場合} \\ -1, & \text{薬剤} = f \text{ の場合} \end{cases}$$

2 番目のダミー変数 x_2 は、次のような値を取ります。

$$x_{2i} = \begin{cases} 0, & \text{薬剤} = a \text{ の場合} \\ 1, & \text{薬剤} = d \text{ の場合} \\ -1, & \text{薬剤} = f \text{ の場合} \end{cases}$$

このパラメータ化においては、3群の平均は、それぞれ次のように表されます。

$$\mu_a = \beta_0 + \beta_1$$

$$\mu_d = \beta_0 + \beta_2$$

$$\mu_f = \beta_0 - \beta_1 - \beta_2$$

これらの式を、 β_i について解くと、次のようになります。

$$\beta_0 = \frac{(\mu_a + \mu_d + \mu_f)}{3} = \mu \text{ (全水準にわたる平均)}$$

$$\beta_1 = \mu_a - \mu$$

$$\beta_2 = \mu_d - \mu$$

つまり、このモデルにおける2つのダミー変数は、各水準の指示変数から、最後の水準の指示変数を引いたものです。指示変数とは、その水準に属しているときに1、属していないときに0をとる変数のことです。そして、ダミー変数に対するパラメータは、該当する水準の平均から、全水準の平均を引いた差を表します。このようなパラメータの解釈については、付録の「統計的詳細」(419ページ)を参照してください。

図4.1は、「薬剤」に対する「てこ比プロット」と「最小2乗平均表」です。図4.2は、「薬剤」データの一元配置分析の「パラメータ推定値」レポートと「効果の検定」レポートです。

図4.1 「てこ比プロット」と「最小2乗平均表」

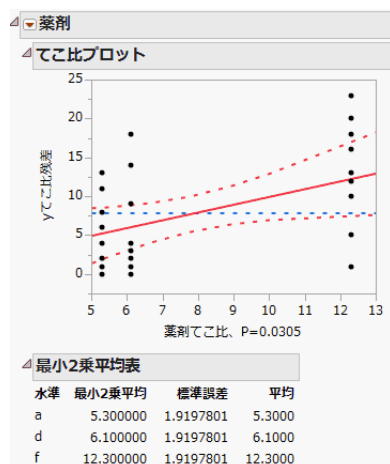


図 4.2 「Drug.jmp」の「パラメータ推定値」と「効果の検定」

パラメータ推定値				
項	推定値	標準誤差	t 値	p 値(Prob> t)
切片	7.9	1.108386	7.13	<.0001*
薬剤[a]	-2.6	1.567494	-1.66	0.1088
薬剤[d]	-1.8	1.567494	-1.15	0.2609

効果の検定					
要因	パラメータ数	自由度	平方和	F 値	p 値(Prob>F)
薬剤	2	2	293.60000	3.9831	0.0305*

[最小 2 乗平均の対比] を使って、「薬剤」効果をさらに詳しく分析しましょう。

1. 「薬剤」のタイトルバーにある赤い三角ボタンをクリックし、[最小 2 乗平均の対比] を選択します。
2. 「a」と「d」の平均を「f」と比較する対比を作成するため、「a」と「d」のプラス記号、および、「f」のマイナス記号をクリックしてください (図 4.3)。
3. [完了] をクリックします。

図 4.3 薬剤実験の対比の例

対比	
対比の指定	
薬剤	
a	0.5 + -
d	0.5 + -
f	-1 + -
+または-をクリックして対比値を作成。	
列の新規作成	完了 ヘルプ

対比	
検定の詳細	
a	0.5
d	0.5
f	-1
推定値	-6.6
標準誤差	2.3512
t 値	-2.807
p 値(Prob> t)	0.0092
平方和	290.4
平方和	290.4
分子自由度	1
分母自由度	27
F 値	7.8794
p 値(Prob>F)	0.0092*
パラメータ関数	
パラメータ	
切片	0
薬剤[a]	1.5
薬剤[d]	1.5

「対比」レポートを見ると、薬剤「f」の平均は、2つの薬剤の平均をさらに平均した値と明らかに異なります。

傾きが等しい共分散分析の例

共分散分析モデルは、連続尺度の説明変数を共変量として持つ分散分析モデルです。「Drug.jmp」サンプルデータでは、列「x」が共変量です。

前節の一元配置分散分析モデルに、 x_{3i} という共変量の項を追加すると、共分散分析モデルとなります。次のようなモデル式になります。

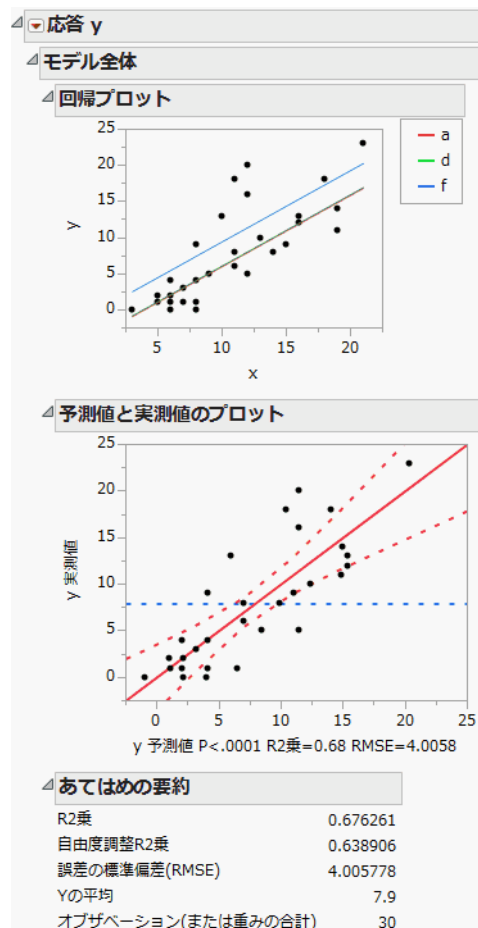
$$y_i = \beta_0 + \beta_1 x_{1i} + \beta_2 x_{2i} + \beta_3 x_{3i} + \varepsilon_i$$

この例において、モデル効果は2つあります。1つは名義尺度の主効果で、もう1つは連続尺度の共変量です。名義尺度の主効果に対しては、2個のパラメータがあります。共変量に対しては、1個のパラメータがあります。

1. 「Drug.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「y」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「薬剤」と「x」の両方を選択し、[追加] をクリックします。
5. [実行] をクリックします。

レポートの先頭にある「回帰プロット」を見ると、回帰直線が平行になっています（図4.4）。これは、モデルとして、傾きが等しいモデルをあてはめたからです。一元配置分散分析モデル（「薬剤」効果のみだけのモデル）と比較すると、R2乗が22.8%から67.6%に増加しています。誤差の標準偏差（RMSE）は6.07から4.0に減少しています（図4.4）。また、モデル全体に対するF検定のp値は、0.03から0.0001以下に減少しています。

図 4.4 薬剤データの共分散分析



このデータは、反復している行があります。たとえば、行 1 と行 11 を見てください。両方とも、「薬剤」= a で「x」= 11 になっています。このような反復している行がある場合、それらの行の情報を用いて、純粋誤差 (pure error) を求めることができます。そして、純粋誤差から、あてはまりの悪さ (LOF; Lack of Fit) の検定を実行できます。LOF 検定が有意な場合、モデルがデータを十分に説明していないことを示唆しています。その場合、共変量の効果が直線的ではなく非線形であったり、交互作用の効果が存在していたりするなどの原因が考えられます。

LOF 検定の結果は、「あてはまりの悪さ (LOF)」レポートに表示されます。「p 値 (Prob>F)」の値が 0.7507 であることから、LOF 検定は有意にはなっていません。

この例において、共変量 x は、応答の変動の多くを説明します。そのため、共変量を追加すると、誤差平方和が大幅に減少します。一方で、「薬剤」は有意でなくなります。「薬剤」だけのモデルで説明された応答の変動の多くは、共変量によって説明されるようです。

共分散分析での各群の最小2乗平均は、群ごとの単純な標本平均とは異なります。共変量 x によって調整されるためです。共分散分析での各群の最小2乗平均は、共変量 x をある中立な値に固定したときの、各群における予測値です。連続尺度の説明変数の中立な値としては、その平均（ここでは10.7333）が使われます。

最小2乗平均は、[パラメータ推定値] レポートで提示されたパラメータ推定値を使って、次のように計算されます。

予測式: $-2.696 - 1.185 \times \text{薬剤} [a] - 1.0761 \times \text{薬剤} [d] + 0.98718 \times x$

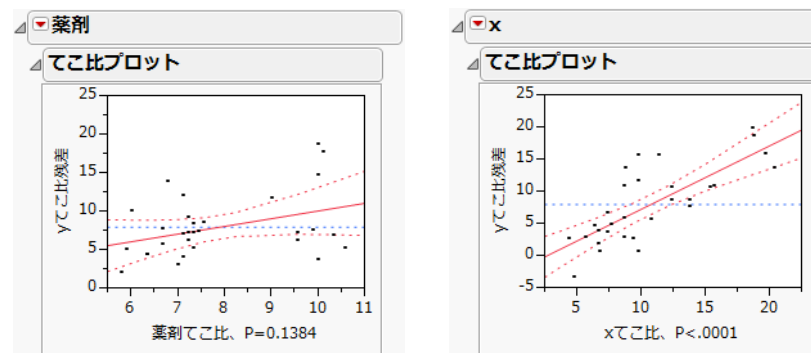
a: $-2.696 - 1.185 \times (1) - 1.0761 \times (0) + 0.98718 \times (10.7333) = 6.71$

d: $-2.696 - 1.185 \times (0) - 1.0761 \times (1) + 0.98718 \times (10.7333) = 6.82$

f: $-2.696 - 1.185 \times (-1) - 1.0761 \times (-1) + 0.98718 \times (10.7333) = 10.16$

図4.5は、各効果のてこ比プロットです。共変量が影響をもっているので、「薬剤」のてこ比において、点が最小2乗平均から多少離れて散らばっています。

図4.5 薬剤実験データのてこ比プロットを比較する



傾きが異なる共分散分析の例

引き続き、「Drug.jmp」サンプルデータを使います。今度は、「薬剤」群ごとに回帰直線の傾きが異なるモデルをあてはめてみましょう。

1. 「Drug.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「y」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「薬剤」と「x」の両方を選択し、[マクロ] > [設定された次数まで] をクリックします。

これにより、「次数」ボックスで指定した次数までの項がモデルに追加されます。「次数」のデフォルト値は2です。これで、「薬剤」と「x」の主効果と、それらの交互作用である「薬剤*x」がモデル効果のリストに追加されたはずですが。

5. [実行] をクリックします。

以上のような指定によるモデルは、前節の傾きが等しい共分散分析モデルに、2 つの変数 (x_{4i} と x_{5i}) が追加したことになります。これは、共変量に対する傾きが「薬剤」の水準ごとに異なるモデルになります。追加される 2 つの変数は、「薬剤」のダミー変数に共変量を掛けたものです。モデル式は、次のようになります。

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 x_{1i} + \beta_2 x_{2i} + \beta_3 x_{3i} + \beta_4 x_{4i} + \beta_5 x_{5i} + \varepsilon_i$$

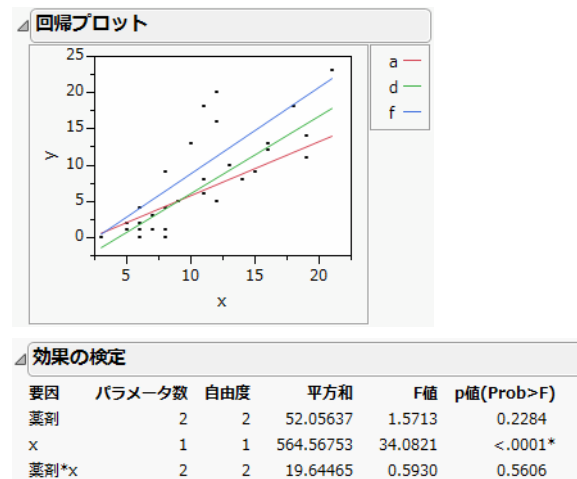
表 4.1 は、このモデルのコード変換を示しています。なお、連続尺度の項は、 X の平均 10.7333 を引くことにより中心化されます。

表 4.1 異なる傾きを持つ共分散分析のコード変換

説明変数	効果	値
x_1	薬剤 [a]	a のとき +1、d のとき 0、f のとき -1
x_2	薬剤 [d]	a のとき 0、d のとき +1、f のとき -1
x_3	X	X の値
x_4	薬剤 [a]* (X-10.733)	a のとき X-10.7333、d のとき 0、f のとき -(X-10.7333)
x_5	薬剤 [d]* (X-10.733)	a のとき 0、d のとき X-10.7333、f のとき -(X-10.7333)

レポートの一部を図 4.6 に示します。「回帰プロット」に描かれている回帰直線は、傾きが異なっており、平行にはなっていません。「効果の検定」レポートを見ると、交互作用の p 値は 0.56 で、統計的には有意ではありません。

図 4.6 プロットと交互作用



応答曲面モデルの例

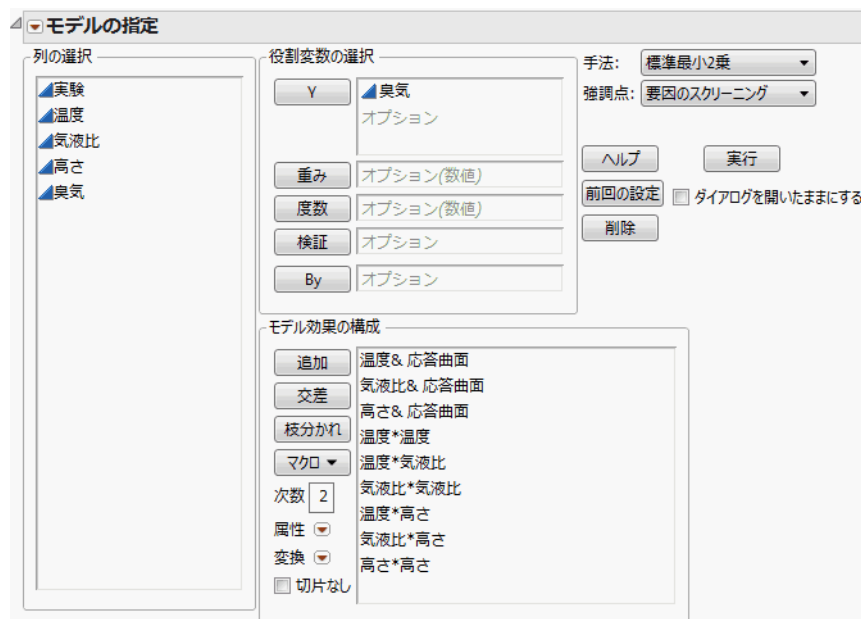
ここでは、「Sample Data」フォルダ内の「Odor Control Original.jmp」サンプルデータを使って応答曲面モデルを作成しましょう。目的は、化学薬品の製造工程で生じる臭気を最小にするような「温度」、「気液比」、「高さ」を求めることです。

1. 「Odor Control Original.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「臭気」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「温度」、「気液比」、「高さ」を選択し、[マクロ] > [応答曲面] をクリックします。

このマクロは、2次までの項をモデルに追加します（図4.7）。「モデル効果の構成」リストを見ると、主効果の名前の後ろには自動的に「& 応答曲面」という属性がついています。この属性を設定すると、分析結果に「応答曲面」レポートが含まれます。

5. [実行] をクリックします。

図4.7 応答曲面分析を指定した「モデルのあてはめ」ダイアログボックス



パラメータ推定値

「パラメータ推定値」表に、モデルパラメータの推定値が表示されます（図4.8）。2次の効果のうち2つ（「気液比*気液比」と「温度*温度」）と、主効果の「高さ」が、有意水準5%で有意になっています。

図 4.8 「パラメータ推定値」表

パラメータ推定値				
項	推定値	標準誤差	t値	p値(Prob> t)
切片	-30.66667	12.97797	-2.36	0.0645
温度	-12.125	7.947353	-1.53	0.1876
気液比	-17	7.947353	-2.14	0.0854
高さ	-21.375	7.947353	-2.69	0.0433*
温度*温度	32.083333	11.69819	2.74	0.0407*
温度*気液比	8.25	11.23925	0.73	0.4959
気液比*気液比	47.833333	11.69819	4.09	0.0095*
温度*高さ	1.5	11.23925	0.13	0.8990
気液比*高さ	-1.75	11.23925	-0.16	0.8824
高さ*高さ	6.0833333	11.69819	0.52	0.6252

6. レポートの赤い三角ボタンのメニューから「列の保存」>「予測式」を選択します。

この操作により、データテーブルに「予測式 臭気」という列が追加されます。この列には、「パラメータ推定値」表にある係数によって定義された予測式が含まれます。

「応答曲面」レポート

分析結果のなかには、「応答曲面」というレポートがあります（図 4.9）。このレポートには、2 次の項に対するモデル係数が、行列の形式で表わされています。また、「解」レポートに、臨界点の座標が示されます。2 次の応答曲面は、臨界点において、最大となっているか、最小となっているか、または、鞍点となっているか、のいずれかの状態になっています。「解」レポートの注釈では、どの状態になっているかが示されます。この例では、応答曲面は臨界点において最小となります。

図 4.9 「応答曲面」レポート

応答曲面				
係数	温度	気液比	高さ	臭気
温度	32.083333	8.25	1.5	-12.125
気液比	.	47.833333	-1.75	-17
高さ	.	.	6.0833333	-21.375

解	
変数	最適解
温度	0.1219125
気液比	0.1995746
高さ	1.7705249
解は 最小	
最適解はデータ範囲外	
最適解における予測値 -52.02463	

「正準曲率」レポート

「応答曲面」レポートには、「正準曲率」というレポートも含まれています（図4.10）。このレポートは、2次の項に対するモデル係数の行列を、固有値分解した結果です。固有値分解の結果から、曲面の形状と、主軸の方向を知ることができます。「正準曲率」表の第1行は、固有値です。この固有値がすべて負の場合、応答曲面は最大値をもち、山のような形状になっています。固有値がすべて正の場合、応答曲面は最小値をもち、窪みのような形状になっています。固有値に正と負が混ざっている場合は、一方は上へ、もう一方は下へとカーブする馬の鞍（くら）のような形状になっています。

固有値の下には、固有ベクトルが表示されています。固有ベクトルは、曲面の主軸の方向を示します。この例では固有値が正なので、曲面は最小値をもちます。最大固有値に対応した固有ベクトルの方向が、曲面が最も大きくカーブしている方向です。この例では、最大固有値は48.8588で、その固有ベクトルでは「気液比」が0.97112と大きな値になっています。これより、この主軸は「気液比」の方向を向いていることが分かります。第2固有値31.1035に対応した固有ベクトルでは、「温度」(0.97070)が大きくなっています。

固有値がゼロになることもあります。固有値がゼロということは、それに対応する固有ベクトルの方向では、あてはめた曲面が平らになっていることを表します。

図4.10 応答曲面モデルの基本レポート

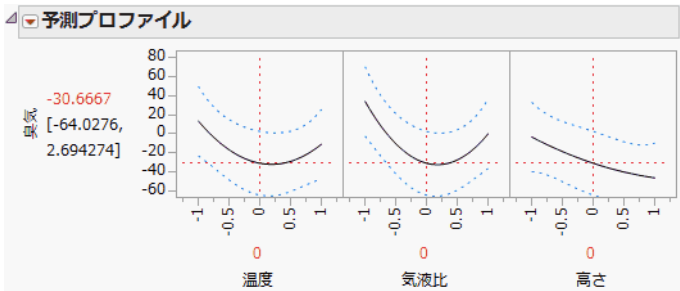
正準曲率			
固有値と固有ベクトル			
固有値	48.8588	31.1035	6.0377
温度	0.23809	0.97070	-0.03259
気液比	0.97112	-0.23738	0.02413
高さ	-0.01569	0.03740	0.99918

最適化のための「予測プロファイル」の使用

この例では、「解」レポートを見ると、曲面が最小となる点は、実験で調べた設定の範囲外に位置していることが分かります。計画の範囲内で、最小点を求めましょう。

結果のウィンドウの一番下にある「予測プロファイル」レポートには、「温度」と「気液比」の軌跡とともに応答曲面の2次動作が示されます（図4.11）。

図4.11 予測プロファイル



7. 「予測プロファイル」の赤い三角ボタンメニューから、[満足度関数]を選択します。

「臭気」の行の一番右に満足度関数をプロットしたセルが追加されます。また、満足度の軌跡を示すセルの行が、「臭気」の行の下に追加されます。

8. 右上のセル上を、Ctrlキーを押しながらクリックします。

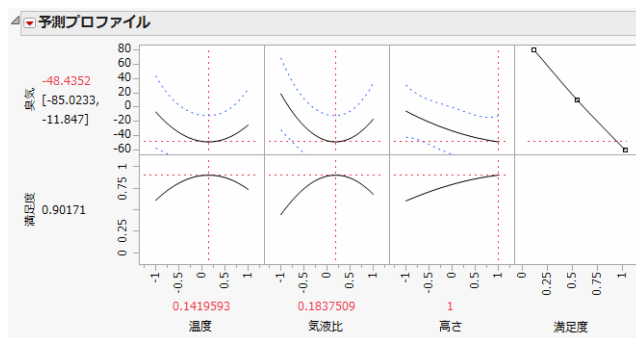
9. ドロップダウンリストから[最小化]を選択します。

10. [OK] をクリックします。

11. 「予測プロファイル」の赤い三角ボタンメニューから、[満足度の最大化]を選択します。

計画の範囲内で「臭気」を最小化する設定が、プロファイルの下に表示されます（図4.12）。

図4.12 満足度関数を最適化した予測プロファイル



分割実験の例

変量効果とは、その水準が、母集団から無作為抽出された標本と見なされる効果です。モデルとしては、変量効果は平均が0の正規分布に従うと仮定されます。変量効果の分散は、**分散成分**と呼ばれることもあります。

この定義から考えると、どんな線形回帰モデルにも少なくとも1つの変量効果があると言えます。それは残差誤差と呼ばれる効果です。この残差誤差の項は、通常、母集団において平均が0で正の分散 (σ^2) を持つ正規分布に従うと仮定されます。

典型的な変量効果モデルとして、分割実験モデルが挙げられます。この分割実験モデルは、誤差が複合対称の反復測定モデルと等価です。表4.2は、分割実験モデルの効果と、それに等価な反復測定モデルの効果をもとめたものです。これらのモデルでは、実験は2層に分かれています。まず、処理（処置）のうちのいくつかは、1次単位または被験者（個体）に施されます。次に、それらが2次単位に分割され（反復測定実験では、被験者ごとに複数回、測定が行われ）、2次単位に別の処理が施されます。このモデルでは、1次単位（または被験者）と、2次単位の効果の変量効果です。通常、2次単位の効果はモデル効果としては含めず、残差誤差として扱います。

表4.2 分割実験モデルに見られる効果の種類

分割実験モデル	効果の種類	反復測定モデル
1次単位への処理	固定効果	被験者（個体）に対する処置
1次単位のID	変量効果	被験者のID
2次単位への処理	固定効果	被験者内の処置
2次単位のID	変量効果	測定時点（反復測定のID）

これらのモデルを、多層構造のモデル（layered model）として扱う計算方法があります。そこでは、モデルは次のような2つの異なる実験で構成されているとみなされます。

1. 1次単位への処理。区画または被験者を実験単位として、誤差が計算されます。
2. 2次単位への処理。個々の測定値を実験単位として、誤差が計算されます。この誤差は、残差誤差に相当します。

従来の古典的方法では、1次単位への処理（第1層における効果）を検定する際、次の方法のいずれかを用いていました。

- 1次単位（区画、被験者）ごとに平均を計算し、それをデータとして、1次単位に対する処理の一元配置分散分析を実行する。
- 1次単位に対する処理の平均平方を、1次単位IDの平均平方で割ったものを、 F 値として計算する。
- データを2次単位（時点）ごとの複数の列に分割して、MANOVAモデルをあてはめ、単変量の統計量を計算する。MANOVAモデルをあてはめ、単変量統計量を使用します。

これらの計算方法は、モデルが単純で、欠測値がない釣り合い型データでないと適用できません。また、変量効果を含むモデルには、分割実験モデルや反復測定モデルより複雑なモデルも存在します。固定効果と変量効果の両方を含むモデルは、混合モデルと呼ばれています。

釣り合い型分割実験は、複数の層から構成される計画のなかで最もよく使われています。なお、反復測定モデルは、分割実験モデルと見なすこともできます。分割実験では、ある効果を1次単位に割り付けた後、その1次単位を分割し（反復測定の場合は、時点によって分割し）、分割された2次単位に他の効果を割り付けます。

サンプルデータのフォルダにある「Animals.jmp」データを見てみましょう（これは架空のデータです）。このデータは、キツネとコヨーテの餌の捕獲習性について、季節ごとの差を調べたものです。3頭ずつのキツネとコヨーテに印をつけ、それを1年間にわたって定期的に（季節ごとに）観察し、穴からどれぐらい離れて徘徊したかを平均距離（マイル、四捨五入した数値）として記録しました。モデルは次の要素で定義されます。

- 「距離（マイル）」。連続尺度の応答変数。
- 「種別」。効果。値は「キツネ」または「コヨーテ」。
- 「季節」。効果。値は「秋」、「冬」、「春」、「夏」。
- 「個体」。各個体を識別する番号。名義尺度。キツネとコヨーテで重複する番号1、2、3が使われています。

モデルには2つの層があります。

1. 上の層は個体間変動（被験者間変動）を扱う層です。キツネであること、またはコヨーテであることの効果（「種別」効果）について、個体間の変動を考慮に入れて検定します。
2. 下の層は、個体内変動（被験者内変動）を扱う層です。4つの季節を水準とする因子（「季節」効果）について、個体内変動を考慮して検定します。なお、個体内変動は、残差誤差として表されます。

「季節」効果に対しては、残差誤差をそのまま F 統計量の分母として使用することができます。一方、個体間の変動は、残差誤差ではなく、「種別」から枝分かれしている「個体」の効果（個体 [種別]）によって把握しなければなりません。個体間の効果である「種別」の F 統計量を計算するときは、残差誤差ではなく、この枝分かれ効果を分母にします。

注：JMP Pro のユーザは、手法として [混合モデル] を使っても、以下と同じ分析を行えます。

このデータの分割実験モデルを指定するには、次の手順に従います。

1. 「Animals.jmp」データテーブルを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「距離（マイル）」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「種別」と「個体」を選択し、[追加] をクリックします。
5. 「列の選択」リストで、「種別」を選択します。
6. 「モデル効果の構成」リストで「個体」を選択します。
7. [枝分かれ] ボタンをクリックします。

「種別」から枝別れしている「個体」の効果（個体 [種別]）がモデルに追加されます。

8. 枝分かれ効果の「個体 [種別]」を選択します。
9. [属性] > [変量効果] を選択します。

これで、枝分かれ効果が「個体 [種別] & 変量効果」のように表示され、「種別」効果の誤差項として指定されたことになります。

10. 「列の選択」リストで「季節」を選択し、[追加] をクリックします。

[属性] ポップアップメニューを使って効果を変量効果として指定すると、ダイアログボックスの右上の方に、「方法」オプション（[REML] と [EMS]）が表示されます。デフォルトでは [REML] が選択されています。図4.13に指定の終わった起動ウィンドウを示します。

図4.13 「モデルのあてはめ」ダイアログボックス

モデルの指定

列の選択

- 種別
- 個体
- 距離(マイル)
- 季節

役割変数の選択

Y: 距離(マイル) オプション

重み: オプション(数値)

度数: オプション(数値)

By: オプション

手法: 標準最小2乗

強調点: 効果てこ比

方法: REML(推奨)

☒ 分散成分の範囲制限なし

☐ 分散成分のみ推定

ヘルプ 実行

前回の設定 ☐ ダイアログを開いたままにする

削除

モデル効果の構成

追加 交差 校分かれ マクロ

次数: 2

属性: 変換

☐ 切片なし

種別
個体[種別]& 変量効果
季節

11. [実行] をクリックします。

図4.14のようなレポートが作成されます。固定効果である「種別」と「季節」は、両方とも有意です。「REML法による分散成分推定値」レポートには、「個体」と残差誤差に対して、分散の推定値が表示されています。

図4.14 REML分析のレポート（一部）

応答 距離(マイル)						
あてはめの要約						
R2乗		0.823497				
自由度調整R2乗		0.786338				
誤差の標準偏差(RMSE)		1.219062				
Yの平均		4.458333				
オブザベーション(または重みの合計)		24				
パラメータ推定値						
項	推定値	標準誤差	分母自由度	t値	p値(Prob> t)	
切片	4.4583333	0.42287	4	10.54	0.0005*	
種別[コヨーテ]	1.4583333	0.42287	4	3.45	0.0261*	
季節[秋]	-0.625	0.431003	15	-1.45	0.1676	
季節[春]	1.7083333	0.431003	15	3.96	0.0012*	
季節[夏]	0.875	0.431003	15	2.03	0.0605	
変量効果の予測						
REML法による分散成分推定値						
変量効果	分散比	分散成分	標準誤差	95%下側	95%上側	全体に対する百分率
個体[種別]	0.4719626	0.7013889	0.7707006	-0.809157	2.2119344	32.063
残差		1.4861111	0.5426511	0.8109483	3.5597535	67.937
合計		2.1875	0.8609382	1.1475492	5.700522	100.000
-2対数尤度 = 78.806486054						
注: 「合計」は、分散成分のうち、正のものだけを足した和です。						
負の推定値も含めた合計 = 2.1875						
分散成分推定値の共分散行列						
反復回教						
固定効果の検定						
要因	パラメータ数	自由度	分母自由度	F値	p値(Prob>F)	
種別	1	1	4	11.8932	0.0261*	
季節	3	3	15	10.6449	0.0005*	
効果の詳細						

変量効果パラメータの推定の例

変量効果は二重の性質を持っています。一方では、ランダムにばらつくもので、誤差のように振る舞うという性質をもちます。もう一方では、変量効果の1つ1つの水準に注目すれば、固定効果のようでもあります。変量効果の1つ1つの水準を予測するとき、固定効果の各水準に対するパラメータ推定とは異なり、「平均が0の正規分布に従う」という情報も追加で用いることができます（なお、変量効果の分散はデータから推定されます）。平均0の正規分布に従っているという情報を用いることにより、変量効果の各水準に対する予測値は0に向かって収縮します。

変量効果の各水準に対する予測量は、**BLUP**（Best Linear Unbiased Predictor）と呼ばれています。研究者の間には、BLUPを重要な統計量とみなす意見と、手法の副産物として生じるだけでそれ自体はあまり意味がないとする意見があります。

BLUPは、固定効果のパラメータ推定値に比べて、ゼロに近い値になります。また、変量効果の最小2乗平均の推定にもBLUPが使われますが、変量効果の最小2乗平均は、固定効果の最小2乗平均よりも、全体平均に近い値になります。BLUPのこの性質を、縮小(shrinkage)と言います。どれぐらい縮小するかは、その変量効果の分散の大きさと、その水準に属するデータ数によって決まります。分散が大きいときは、ほとんど縮小しません。分散が小さいときは、大きく縮小します。分散がゼロのときは、変量効果の各水準はゼロになるまで縮小します（変量効果の最小2乗平均は、全体平均まで縮小します）。分散が負になっているときは、縮小ではなく、拡大します。固定効果は、「分散が非常に大きい変量効果」と見なすこともできます。

また、該当する水準に属するデータ数が多いと、その水準のBLUPはあまり縮小しません。逆に、データ数が少ないと、大きく縮小します。データ数が無限大の場合は縮小せず、固定効果のときと同じ結果になります。BLUPは、個々の水準における情報と、水準全体の情報とを組み合わせで計算されます。

野球選手の打率データを例に、BLUPの縮小について考えましょう。野球選手のなかには、打率が高い選手もいれば、打率が低い選手もいます。選手を変量効果として考えた場合、その分散は選手の違いによるばらつきを表しています。ある選手の打率が非常に高くても（もしくは、非常に低くても）、出場回数が少なかったら、その結果はあまり信用できません。なぜなら、その打率は、限られた少ない打席数に基づいているからです。そこで、個人の打率を、選手全体の全体平均と組み合わせて考えれば、つまり、推定値を全体平均に向かって縮小させれば、その推定値はより信用できるものになるでしょう。なお、出場回数が多く、打席数も多い選手であれば、BLUPはあまり縮小せず、その選手の打率とほぼ同じになります。

このことを、例を使って確認してみましょう。

1. 「Baseball.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「打率」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「選手」を選択し、[追加] をクリックします。
5. 「モデル効果の構成」ボックスで「選手」を選択し、[属性] ポップアップメニューから [変量効果] を選択します。
6. [実行] をクリックします。

表4.3は、RELM法による最小2乗平均と、EMS法（モーメント法）による最小2乗平均を示しています。EMS法のレポートにおける最小2乗平均は、BLUPではなく、選手ごとの単なる標本平均です。REML法では、BLUPが使われます。REML法のレポートを見ると、打席数が3回しかないSuarezの最小2乗平均は、打席数の多い他の選手の推定値よりも全体平均に向かって縮小しています。

表 4.3 モーメント法と REML 法での推定値の比較

	モーメント法	REML	N
分散成分	0.01765	0.019648	
Anderson	0.29500000	0.29640407	6
Jones	0.20227273	0.20389793	11
Mitchell	0.32333333	0.32426295	6
Rodriguez	0.55000000	0.54713393	6
Smith	0.35681818	0.35702094	11
Suarez	0.55000000	0.54436227	3
最小2乗平均	通常の平均と同じ	平均から縮小	

節点スプラインの例

〔節点スプライン効果〕属性は、滑らかな区分多項式をあてはめます。この属性を選択すると、節点の個数を指定するウィンドウが開きます。なお、〔節点スプライン効果〕の属性は、連続尺度の主効果にしか設定できません。

節点スプラインは、Stoneのスプライン、またはStone-Kooのスプラインとも呼ばれます。Stone and Koo (1985) を参照してください。節点の配置方法は、Stone and Koo (1985) に従っています。データ点が100個以下の場合は、最小と最大から5番目の点が、それぞれ最初と最後の節点になります。データ点が101個以上の場合は、節点が5つ以下のときは5%と95%の分位点が最初と最後の節点になり、節点が6つ以上のときは2.5%と97.5%の分位点が最初と最後の節点になります。デフォルトの節点の数は、データ点が31以上の場合は5点、データ点が30以下の場合は3点です。

平滑化スプライン曲線と節点スプライン曲線の違いは次のとおりです。

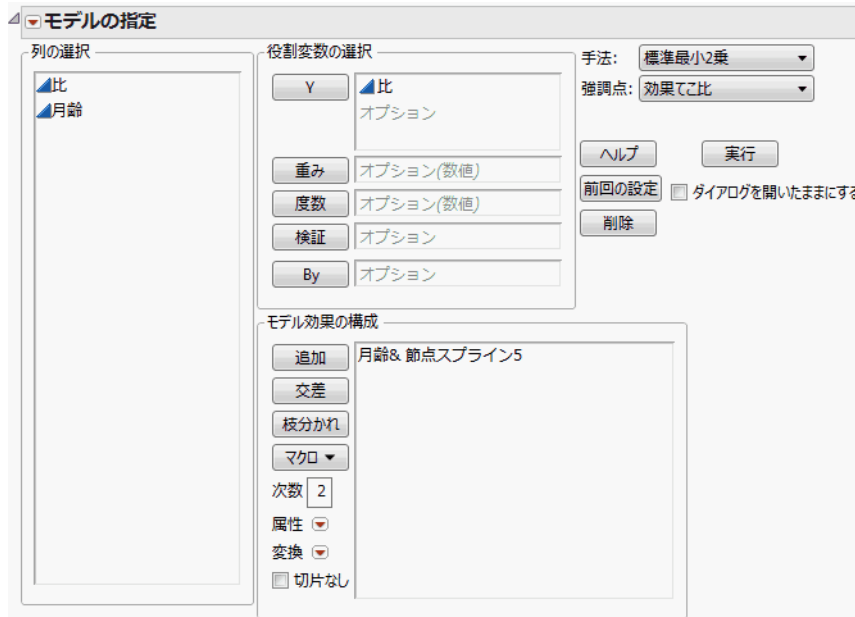
- 平滑化スプライン曲線は単回帰の枠組みで使用されるのに対して、節点スプライン曲線は一般的な回帰モデル内の効果として使用できます。
- 節点スプラインの回帰基底 (regression basis) は、応答変数には依存せず、説明変数だけによって決まります。
- 節点スプライン曲線では、 k 個の節点を設定した場合に、 $k-2$ の項を追加するだけで済みます。
- 節点スプライン曲線は、データ範囲外の予測値は (多項式曲線ではなく) 直線になっています。その点で、通常の多項式モデルに比べて保守的です。
- 節点スプライン曲線では、曲線性に対する検定を、簡単に行えます。

節点スプライン効果を使って曲線性に対する検定を行う例

曲線性に対する検定を行うには、次の手順に従います。

1. 「Growth.jmp」 サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
「モデルのあてはめ」 起動ウィンドウが開きます。

図4.15 「モデルのあてはめ」 起動ウィンドウ



3. 「比」列を選択して [Y] をクリックします。
4. 「月齢」列を選択して [追加] をクリックします。
5. 「モデル効果の構成」パネルで「月齢」を選択して、[属性] > [節点スプライン効果] を選択します。
6. 節点の数を「5」に設定し、[OK] をクリックします。
7. [実行] をクリックします。
8. レポートの赤い三角ボタンのメニューから [推定値] > [カスタム検定] を選択します。
列が1つしかないことに注意してください。ここでは3つの列が必要です。
9. [列の追加] ボタンを2回クリックして、合計3つの列を作成します。
10. 1列目の「月齢 & 接点スプライン@4.5」の行に1を入力します。
11. 2列目の「月齢 & 接点スプライン@20.5」の行に1を入力します。
12. 3列目の「月齢 & 接点スプライン@36」の行に1を入力します。

図 4.16 曲線性に対するカスタム検定の値

カスタム検定

パラメータ

切片	0	0	0
月齢&節点スプライン	0	0	0
月齢&節点スプライン@4.5	1	0	0
月齢&節点スプライン@20.25	0	1	0
月齢&節点スプライン@36	0	0	1
=	0	0	0

上のボックスをクリックし、仮説検定のための値を入力。

完了

列の追加

ヘルプ

13. [完了] をクリックします。

図 4.17 のようなレポートが表示されます。「p 値(Prob>F)」が小さいとき、説明変数と応答変数との関係は（直線ではなく）曲線的であることを示しています。

図 4.17 曲線性のレポート

カスタム検定

パラメータ

切片	0	0	0
月齢&節点スプライン	0	0	0
月齢&節点スプライン@4.5	1	0	0
月齢&節点スプライン@20.25	0	1	0
月齢&節点スプライン@36	0	0	1
=	0	0	0

値	-1.436874e-5	0.0000365148	-0.000033071
標準誤差	1.9803969e-6	6.0647971e-6	8.0723366e-6
t値	-7.255483783	6.020782207	-4.096860562
p値(Prob> t)	5.275629e-10	8.1625874e-8	0.0001152566
平方和	0.0583271224	0.0401646174	0.0185968833

平方和	0.112524874
分子自由度	3
F値	33.852401355
p値(Prob>F)	1.955866e-13

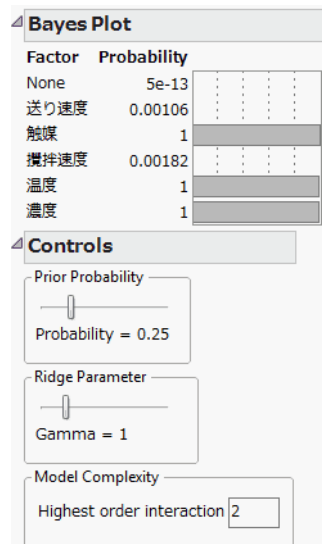
Bayes 流因子スクリーニングの例

スクリーニング実験などをもとに、どの因子が効果をもっているかを調べたいとします。JMP には、因子のスクリーニングを行う分析手法がいくつか用意されていますが、ここでは、Bayes（ベイズ）流の方法で因子をスクリーニングするスクリプトについて紹介します。

1. 「Reactor.jmp」 サンプルデータを開きます。
2. 「BayesPlotforFactors.jsl」 サンプルスクリプトを開きます。

3. [編集] > [スクリプトの実行] を選択します。
4. 「Y」を選択し、[Y, Response] をクリックします。
5. 「送り速度」、「触媒」、「攪拌速度」、「温度」、および「濃度」を選択し、[X, Factors] をクリックします。
6. [OK] をクリックします。

図4.18 有効な因子を調べる Bayes プロット



「Model Complexity」(モデルの複雑性)には、最高次の交互作用は2であると示されています。その場合、2次交互作用までの組み合わせのすべてのモデルがあてはめられます。そして、「Prior Probability」(事前確率)に割り当てられた値に基づいて、各モデルの事後確率が計算されます。各因子に対する事後確率は、その因子を含むモデルの事後確率を合計したものです。

このアプローチにより、「触媒」、「温度」、「濃度」が有効な効果で、「攪拌速度」と「送り速度」が有効でないと判断されます。

リッジパラメータは、0にはできません。リッジパラメータが0の場合は、最小2乗推定に相当します。リッジパラメータが大きくなるにつれて、すべてのパラメータ推定値は0に向かって縮小します。リッジパラメータについての詳細と、このパラメータを0にできない理由についても、Box and Meyer (1993) で説明されています。

第5章

ステップワイズ回帰モデル 回帰モデルにおける変数選択

ステップワイズ法は、回帰モデルの説明変数を取捨選択する手法です。回帰モデルにどの効果を含めるべきかを判断するための材料が少ないときに、とにかく適合度が良いモデルを作るために使用します。JMPの「ステップワイズ法」では、ステップワイズ回帰だけでなく、説明変数のすべての組み合わせをあてはめる機能や、モデル平均化（model averaging）の機能も備えています。すべての組み合わせをあてはめる機能では、交互作用項に対して親子関係の制約を課すこともできます。

目次

- ステップワイズ回帰の概要..... 215
- ステップワイズ回帰の使用例 215
- ステップワイズのレポート..... 217
 - ステップワイズのプラットフォームオプション 217
 - 「ステップワイズ回帰の設定」パネル 218
 - 「現在の推定値」レポート 223
 - 「ステップ履歴」レポート 224
- 交差、交互作用、多項式の項を含んだモデル..... 225
- 名義尺度または順序尺度の項を含んだモデル..... 227
- 階層的項に対する [モデルの作成] コマンドの使用 229
- ロジスティック回帰でのステップワイズ 230
- [すべてのモデル] オプション 231
- [モデル平均化] オプション 233
- 検証の使用 234

ステップワイズ回帰の概要

JMP でステップワイズ回帰を実行するには、「モデルのあてはめ」プラットフォームの手法で、[ステップワイズ法] を選択します。ステップワイズ法の機能では、他の手法と同じように最小 2 乗法や最尤法でモデルを推定しますが、他の手法と異なり、モデルの変数選択を行えます。

この方法は、すべての人に肯定的に認められているアプローチとは言えません。ステップワイズ法においては、予め決められた変数ではなく、取捨選択した変数に対して検定が行われます。そのため、検定の有意水準は通常の統計的仮定を満たしません。しかし、悪い面だけではなく、ステップワイズ法は過去 30 年にわたって使用され、項数を減らすのに貢献してきた実績があります。A. J. Miller の『Subset Selection in Regression』(1990) では、ステップワイズ法における統計量について、統計的な意味が説明されています。

この章では、**p 値 (p-value)** という言葉を形式的な意味で使っています。その計算方法は、説明変数が固定されているモデルでは妥当なものです。ステップワイズ回帰を行ったモデルから計算された「p 値」は、真の p 値からほど遠いものかもしれません。

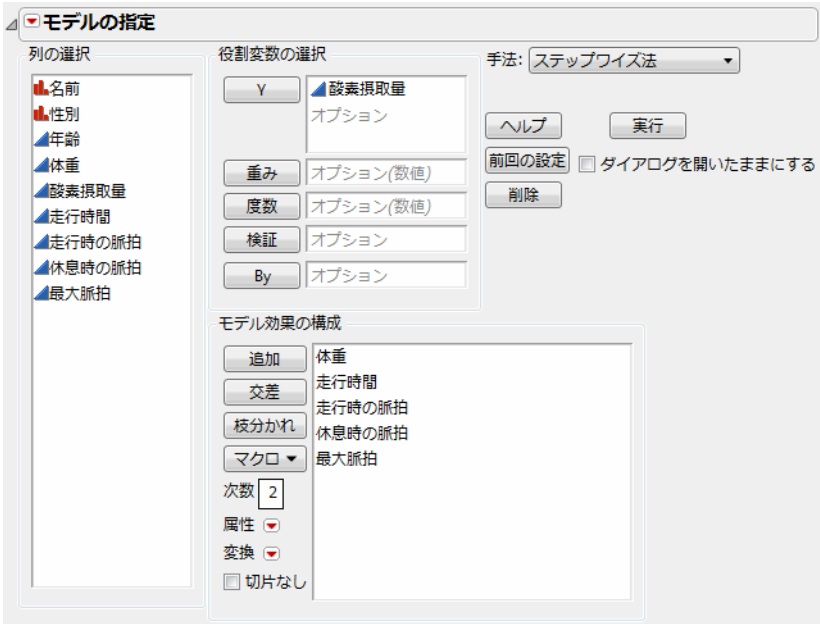
ステップワイズ回帰の使用例

「Fitness.jmp」(SAS Institute Inc. 1987) データテーブルには、エアロビクスに関する調査の結果が含まれています。エアロビクスを行っているときの体の状態を評価するには、トレッドミル上で特定の距離を走った人の酸素摂取量を測定すればいいでしょう。しかし、もっと手軽な項目から酸素摂取量を予測できる計算式があれば、手間がかからず、経済的です。このような予測式を求めるために、31 人の参加者に 1.5 マイルを走ってもらい、年齢、体重、走行時間、脈拍のデータを取りました。

注：これは Rawlings (1988, p.105) によるデータですが、手法の説明をわかりやすくするため、「最大脈拍」および「走行時の脈拍」の値の一部を変更しています。

1. 「Fitness.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「酸素摂取量」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「体重」、「走行時間」、「走行時の脈拍」、「休息時の脈拍」、「最大脈拍」を選択し、[追加] をクリックします。
5. 「手法」として [ステップワイズ法] を選択します。

図 5.1 入力完了した「モデルのあてはめ」起動ウィンドウ



[検証] ボタンは、JMP Pro でのみ使用できます。

6. [実行] をクリックします。

図 5.2 ステップワイズのレポートウィンドウ



酸素摂取量を精度良く予測できる式を見つけるには、多数の回帰モデルを比較する必要があります。ステップワイズのレポートには、様々なモデルを確かめるためのオプションが用意されています。

ステップワイズのレポート

ステップワイズのレポートウィンドウには、赤い三角ボタン、「ステップワイズ回帰の設定」パネル、現在の推定値、ステップ履歴が表示されます。

表 5.1 ステップワイズのレポートウィンドウの説明

プラットフォームオプション	「ステップワイズ」のタイトルバーにある赤い三角ボタンのメニューには、すべての説明変数に関するオプションが含まれます。 「ステップワイズのプラットフォームオプション」 (217 ページ) を参照してください。
ステップワイズ回帰の設定	説明変数を取捨選択するときの有意水準や方法を指定し、処理を開始／停止します。 「「ステップワイズ回帰の設定」パネル」 (218 ページ) を参照してください。
現在の推定値	説明変数項の追加、削除、およびロックができます。 「「現在の推定値」レポート」 (223 ページ) を参照してください。
ステップ履歴	モデルに追加された項が記録されます。 「「ステップ履歴」レポート」 (224 ページ) を参照してください。

ステップワイズのプラットフォームオプション

「ステップワイズ」のタイトルバーにある赤い三角ボタンをクリックすると、次のようなオプションが表示されます。

表 5.2 ステップワイズのプラットフォームオプションの説明

K 分割交差検証	K 分割交差検証によって変数選択を行います。このオプションを選択すると、停止ルールが「最大 K 分割 R ² 乗」に切り替わります（ 「「ステップワイズ回帰の設定」パネル」 (218 ページ)）。
	連続尺度の応答でのみ使用できます。検証については、 「検証の使用」 (234 ページ) を参照してください。

表 5.2 ステップワイズのプラットフォームオプションの説明（続き）

すべてのモデル	指定された項数までのすべてのモデルがあてはめられます。オプションを選択すると、1 つのモデルに含める項の最大数を入力するダイアログが呼び出されます。このダイアログで、表示する最良モデルの最大数も入力します。また、あてはめるモデルを、親子関係になっているものに制限する（交互作用を含める場合にはその低次の効果も必ず含める）こともできます。「[すべてのモデル] オプション」（231 ページ）を参照してください。 連続尺度の応答でのみ使用できます。
モデル平均化	最良のモデルを 1 つだけ選択するのではなく、複数のモデルの結果を平均化します。「[モデル平均化] オプション」（233 ページ）を参照してください。 連続尺度の応答でのみ使用できます。
規準履歴のプロット	AICc と BIC をパラメータ数に対してプロットしたグラフが作成されます。
R2 乗履歴のプロット	学習 R2 乗および検証 R2 乗をパラメータ数に対してプロットしたグラフが作成されます。 連続尺度の応答でのみ使用できます。
履歴のクリア	ステップの履歴をクリアし、リセットします。
モデルダイアログ	現在の分析の起動ダイアログを呼び出します。

「ステップワイズ回帰の設定」パネル

「ステップワイズ回帰の設定」パネルでは、説明変数を取捨選択するときの有意水準や方法を指定し、処理を開始／停止します。

図 5.3 「ステップワイズ回帰の設定」パネル



表 5.3 「ステップワイズ回帰の設定」 パネルの説明

停止ルール	• 〔閾値 p 値〕 では、p 値にもとづいて変数を追加 / 削除します。このオプションを選択すると、さらに2つのオプションが表示されます。そのうちの〔変数を追加するときのp値〕には、モデルに変数を追加するときのp値の上限を指定します。〔変数を除去するときのp値〕には、モデルから変数を削除するときのp値の下限を示します。 • 〔最小 AICc〕 は、AICc（修正された赤池情報量規準）が最小となるモデルを選択します。 • 〔最小 BIC〕 は、BIC（Schwartz のベイズ情報量規準）が最小となるモデルを選択します。 • 〔最大検証 R2 乗〕 は、検証データの R2 乗が最大となるモデルを選択します。これは、検証列が指定されており、その列に一意な値が2～3つある場合のみ指定できます。検証については、「検証の使用」（234 ページ）を参照してください。 • 〔最大 K 分割 R2 乗〕 は、K 分割交差検証の R2 乗が最大となるモデルを選択します。これは、K 分割交差検証を使用した場合のみ表示されます。検証については、「検証の使用」（234 ページ）を参照してください。
方向	変数を決定する際の方向を指定します。 • 〔変数増加〕 は、前進法、変数増加法とも呼ばれる方法です。p 値が小さい変数から順に、モデルに追加されます。ただし、説明変数の p 値が「変数を追加するときのp値」で指定した水準以下のものしか追加されません。「変数増加法の例」（222 ページ）を参照してください。 • 〔変数減少〕 は、後退法、変数減少法とも呼ばれる方法です。p 値が大きい変数から順に、モデルから削除されます。ただし、説明変数の p 値が「変数を除去するときのp値」で指定した水準以上のものしか削除されません。「変数減少法の例」（223 ページ）を参照してください。 • 〔変数増減〕 は、変数増減法とも呼ばれる方法で、変数の追加と削除を交互に実行します。「変数を追加するときのp値」を満たす変数のうちでp値が最小のものが追加され、「変数を除去するときのp値」を満たす変数のうちでp値が最大のものが削除されます。モデルから変数を削除する処理は、すべての変数が有意になるまで行われ、有意な項だけが残った時点で、変数を追加するステップに切り替わります。

表 5.3 「ステップワイズ回帰の設定」パネルの説明（続き）

ルール	注：モデルに関連項が含まれている場合のみ表示されます。 モデルの項に階層的な関係があるときに適用されるルールを選択します。次のいずれかのオプションを選択します。 組み合わせ 該当する項と、それより下位の項とをまとめてグループにし、グループ全体の p 値を計算します。「組み合わせ」はデフォルトで選択されています。 制限 下位の項が追加されないと上位の項も追加されないように、制限が課されます。 ルールなし 階層に関係なく、項が完全に自由に選択されます。 効果全体 その効果に関与する項が有意な場合に、効果全体が追加されます。このルールは、水準が3つ以上あるカテゴリカル変数がモデル効果として追加された場合のみ適用されます。
実行	選択処理を最後まで実行します。
停止	選択処理を停止します。
ステップ	選択処理を 1 ステップずつ実行します。
矢印ボタン 	変数追加や変数除去を、1 ステップだけ実行します。
すべて追加	ロックされていない項をすべてモデルに追加します。
すべて削除	ロックされていない項をすべてモデルから削除します。
モデルの作成	「モデルのあてはめ」ウィンドウを開き、「現在の推定値」表に表示されているモデルを作成します。名義尺度または順序尺度の変数がある場合は、[モデルの作成] を実行したときに、変数選択の結果に応じて、データテーブルに新しい説明変数の列が追加されます。
モデルの実行	「現在の推定値」表に表示されているモデルを実行します。

表 5.4 に、「ステップワイズ回帰の設定」パネルの下に表示される統計量を説明します。

表 5.4 現在のモデルの統計量の説明

SSE	現在のモデルの平方和。
DFE	現在のモデルの自由度。
RMSE	現在のモデルの誤差の標準偏差（誤差の平均平方の平方根）。

表 5.4 現在のモデルの統計量の説明（続き）

R2 乗	決定係数、寄与率とも呼ばれている統計量。応答変数の変動のうちで、モデルの効果によって説明される割合を表します。
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。モデルに含まれる項の数を調整してあるため、ステップワイズ法で候補に上がったモデルを比較するときに有効です。
Cp	Mallows の C_p 規準。誤差平方和を調整した指標で、次の式で定義されます。 $C_p = \left(\frac{\text{SSE}_p}{s^2} \right) - (N - 2p)$ s^2 は完全モデルの MSE（誤差の平均平方）で、SSE_p は、説明変数が p 個で切片があるモデルの誤差平方和です。p は説明変数の数に 1 を足したものです。Mallows (1973) は、説明変数の数 p に対して C_p をプロットしたときに、C_p が p に近づき始めたところのモデルを選ぶことを推奨しています。
p	切片を含むモデルパラメータの数。
AICc	修正された赤池情報量規準（Corrected AIC）。次の式で定義されます。 $\text{AICc} = -2 \text{対数尤度} + 2k + \frac{2k(k+1)}{n-k-1}$ ここで、-2 対数尤度は次のように計算されます。 - $n (\ln(2\pi \times \text{SSE}/n) + 1)$ - k は、切片項や誤差分散も含む、モデルに含まれているすべてのパラメータの個数 - n は、標本サイズ 注：$n \leq k+1$ のとき、AICc は欠測値として報告され、修正モデルが選択されます。 - Burnham and Anderson (2004) は、モデル選択における AIC_c の使用について論じています。AICc が最小であるモデルが最良のモデルとみなされます (Akaike 1974)。

表 5.4 現在のモデルの統計量の説明（続き）

BIC	Schwarz のベイズ情報規準。次のように計算されます。
	$-2 \text{ 対数尤度} + k \ln(n)$
	ここで、-2 対数尤度は次のように計算されます。
	- $n (\ln(2\pi \times \text{SSE}/n) + 1)$ - k は、切片項や誤差分散も含む、モデルに含まれているすべてのパラメータの個数 - n は、標本サイズ

変数増加法の例

変数増加法は、切片だけのモデルに、有意な項から順に追加していきます。モデルに含まれていない項がすべて有意でなくなるまで、項は追加されていきます。

1. 「[ステップワイズ回帰の使用例](#)」(215 ページ) の手順を行います。

「**方向**」のデフォルトの値は「**変数増加**」です。

2. 「**ステップ**」をクリックします。

図 5.4 の上のように、この 1 ステップを行った時点で、最も有意な項である「**走行時間**」がモデルに追加されます。

3. 「**実行**」をクリックします。

図 5.4 の下のように、「**体重**」と「**休息時の脈拍**」を除いたすべての効果が追加されています。

図 5.4 変数増加の「現在の推定値」表

1 ステップ実行後の推定値	現在の推定値						
	ロック追加	パラメータ	推定値	自由度	平方和	"F値"	"p値(Prob>F)"
	☒	☒ 切片	82.4217727	1	0	0.000	1
	☐	☐ 体重	0	1	1.323628	0.171	0.68267
	☐	☒ 走行時間	-3.3105554	1	632.9001	84.008	4.6e-10
	☐	☐ 走行時の脈拍	0	1	15.36208	2.118	0.15673
	☐	☐ 休息時の脈拍	0	1	0.130138	0.017	0.89814
	☐	☐ 最大脈拍	0	1	1.567361	0.202	0.65632
全ステップ実行後の推定値	現在の推定値						
	ロック追加	パラメータ	推定値	自由度	平方和	"F値"	"p値(Prob>F)"
	☒	☒ 切片	80.9007896	1	0	0.000	1
	☐	☐ 体重	0	1	4.989591	0.827	0.37137
	☐	☒ 走行時間	-2.9701867	1	443.2028	73.971	3.25e-9
	☐	☒ 走行時の脈拍	-0.3751142	1	55.14175	9.203	0.00529
	☐	☐ 休息時の脈拍	0	1	0.350744	0.056	0.81399
	☐	☒ 最大脈拍	0.35421891	1	41.34703	6.901	0.01403

変数減少法の例

変数増加法は、すべての項を含むモデルから、有意でない項を順に削除していきます。モデルに含まれている項がすべて有意になるまで、項は削除されていきます。

1. 「[ステップワイズ回帰の使用例](#)」(215 ページ) の手順を行います。
2. 「[すべて追加](#)」をクリックします。

図 5.5 すべての効果が追加されたモデル

現在の推定値						
ロック追加	パラメータ	推定値	自由度	平方和	"F値"	"p値(Prob>F)"
☒	☒ 切片	82.3936054	1	0	0.000	1
☐	☒ 体重	-0.0509071	1	4.83788	0.772	0.38784
☐	☒ 走行時間	-2.9518165	1	366.3375	58.489	5.29e-8
☐	☒ 走行時の脈拍	-0.3970425	1	59.51519	9.502	0.00495
☐	☒ 休息時の脈拍	0.01239004	1	0.199033	0.032	0.85995
☐	☒ 最大脈拍	0.38479281	1	45.83023	7.317	0.01212

3. 「[方向](#)」で「[変数減少](#)」を選択します。
4. 「[ステップ](#)」を2回クリックします。

第1ステップで「[休息時の脈拍](#)」が、第2ステップで「[体重](#)」がモデルから削除されます。

図 5.6 有意でない項が削除された後の結果

現在の推定値						
ロック追加	パラメータ	推定値	自由度	平方和	"F値"	"p値(Prob>F)"
☒	☒ 切片	80.9007896	1	0	0.000	1
☐	☐ 体重	0	1	4.989591	0.827	0.37137
☐	☒ 走行時間	-2.9701867	1	443.2028	73.971	3.25e-9
☐	☒ 走行時の脈拍	-0.3751142	1	55.14175	9.203	0.00529
☐	☐ 休息時の脈拍	0	1	0.350744	0.056	0.81399
☐	☒ 最大脈拍	0.35421891	1	41.34703	6.901	0.01403

ステップ履歴									
ステップ	パラメータ	アクション	"有意確率"	逐次平方和	R2乗	Cp	p	AICc	BIC
1	すべて	追加	.	.	0.8161	6	6	157.051	162.22
2	休息時の脈拍	削除	0.8600	0.199033	0.8158	4.0318	5	153.721	158.825
3	体重	削除	0.3714	4.989591	0.8100	2.8284	4	151.592	156.362

変数減少法の結果は、図 5.6 のようになります。

「現在の推定値」レポート

「現在の推定値」レポートでは、説明変数項を追加、削除、ロックできます。(切片は常にモデルに含めた状態でロックされています。)

図 5.7 「現在の推定値」表

SSE	DFE	RMSE	R2乗	自由度調整R2乗	Cp	p	AICc	BIC
851.38154	30	5.3272305	0.0000	0.0000	106.93073	1	195.1018	197.5412
現在の推定値								
ロック追加	パラメータ	推定値	自由度	平方和	"F値"	"p値(Prob>F)"		
☒	☒ 切片	47.3758065	1	0	0.000	1		
☐	☐ 体重	0	1	22.55181	0.789	0.38169		
☐	☐ 走行時間	0	1	632.9001	84.008	4.6e-10		
☐	☐ 走行時の脈拍	0	1	134.8447	5.457	0.0266		
☐	☐ 休息時の脈拍	0	1	135.7828	5.503	0.02604		
☐	☐ 最大脈拍	0	1	47.71646	1.722	0.19975		

表 5.5 「現在の推定値」レポートの説明

ロック	モデルに含めた状態、またはモデルから削除した状態でロックします。チェックマークをつけた項は、追加も削除もできません。
追加	モデルに追加されているかどうかを示します。このチェックボックスをクリックすれば、項を手動でモデルに含める（または削除する）ことができます。
パラメータ	効果をリストしたもの。
推定値	現在のパラメータ推定値。モデルに含まれていない項には 0 が表示されます。
自由度	項の自由度。その項がモデルに追加されることで、必然的に他にも項が追加される場合、自由度は 2 以上になります。
平方和	その項がモデルに追加された場合は誤差平方和（残差平方和）の減少、モデルから削除された場合は誤差平方和の増加を示します。項が何らかの形で制限されている場合は、平方和が 0（ゼロ）と表示されることもあります。
"F 値"	効果がゼロであることを検定するための検定統計量。従来の計算式に従って計算され、自由度が 1 の場合、値は t 値の 2 乗になります。引用符で囲んであるのは、変数を取捨選択する方法では、 F 値が F 分布に従わないからです。
"p 値 (Prob>F)"	F 統計量から計算される p 値。"F 値" と同じように引用符で囲んであるのは、 p 値として信頼できない値であることを示すためです。
R	注：レポートを右クリックし、 [列] > [R] を選択した場合のみ表示されます。 モデルに含まれている他の効果との重相関。

「ステップ履歴」レポート

1 ステップ実行されるたびに、モデルに追加された項が「ステップ履歴」レポートに記録されます。たとえば、「Fitness.jump」データの「ステップ履歴」レポートを見ると、項がどの順序でモデルに追加されたかがわかります。「[ステップワイズ回帰の使用例](#)」（215 ページ）を参照してください。

右端のラジオボタンによってモデルを選ぶことができます。

図 5.8 「ステップ履歴」レポート

ステップ履歴									
ステップ	パラメータ	アクション	"有意確率"	逐次平方和	R2乗	Cp	p	AICc	BIC
1	走行時間	追加	0.0000	632.9001	0.7434	7.8825	2	155.397	158.81
2	走行時の脈拍	追加	0.1567	15.36208	0.7614	7.4298	3	155.787	159.984
3	最大脈拍	追加	0.0140	41.34703	0.8100	2.8284	4	151.592	156.362

交差、交互作用、多項式の項を含んだモデル

実験計画のモデルの多くは、交差積や交互作用の項を含んでいます。これらの項は、連続量の因子（説明変数）なら、単純な乗算で求められますが、名義尺度や順序尺度の因子だと、たくさんの列の外積を計算しなければなりません。交差（交差積や交互作用）の項をモデルに追加するときは、その交差を構成している下位の項をすべてモデルに含めておくというルールを課するのが普通です。

交互作用項の使用例

1. 「Reactor.jmp」サンプルデータ（Box, Hunter and Hunter 1978）を開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「Y」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「次数」ボックスに「2」と入力します。
5. 「送り速度」、「触媒」、「攪拌速度」、「温度」、および「濃度」を選択し、[マクロ] > [設定された次数まで] をクリックします。
6. 「手法」として [ステップワイズ法] を選択します。
7. [実行] をクリックします。

図 5.9 最初の「現在の推定値」レポート

現在の推定値						
ロック追加	パラメータ	推定値	自由度	平方和	"F値"	"p値(Prob>F)"
☒	☒ 切片	65.5	1	0	0.000	1
☐	☐ 送り速度	0	1	15.125	0.066	0.79972
☐	☐ 触媒	0	1	3042	23.412	3.67e-5
☐	☐ 攪拌速度	0	1	3.125	0.014	0.90823
☐	☐ 温度	0	1	924.5	4.611	0.03998
☐	☐ 濃度	0	1	312.5	1.415	0.24363
☐	☐ 送り速度*触媒	0	3	3072.25	7.414	0.00084
☐	☐ 送り速度*攪拌速度	0	3	22.75	0.031	0.9926
☐	☐ 送り速度*温度	0	3	945.75	1.473	0.24335
☐	☐ 送り速度*濃度	0	3	327.75	0.463	0.71063
☐	☐ 触媒*攪拌速度	0	3	3051.25	7.323	0.0009
☐	☐ 触媒*温度	0	3	5371	31.950	3.51e-9
☐	☐ 触媒*濃度	0	3	3386.5	8.895	0.00027
☐	☐ 攪拌速度*温度	0	3	963.75	1.505	0.23482
☐	☐ 攪拌速度*濃度	0	3	321.75	0.454	0.71671
☐	☐ 温度*濃度	0	3	2205	4.346	0.01235

図 5.9 のモデルは、連続尺度の因子が 5 つと、その 2 因子までの交互作用から構成されています（つまり、5 つの連続変数と、2 次までの交差積を含めたモデル）。交差積における「自由度」が 2 以上になっていますが、これは主効果と組み合わせで検定が行われているためです。ルールが「組み合わせ」になっている場合、交差項を追加する場合は、その下位の項もモデルに含める必要があります。たとえば、あるステップにおいて「送り速度*触媒」が追加される場合、必然的に「送り速度」と「触媒」も追加されます。そして、主効果と合わせて検定が行われるため、「送り速度*触媒」の「自由度」は 3 になります。

図 5.10 ステップ 1 の「現在の推定値」レポート

現在の推定値						
ロック追加	パラメータ	推定値	自由度	平方和	"F値"	"p値(Prob>F)"
☒	☒ 切片	65.5	1	0	0.000	1
☐	☐ 送り速度	0	1	15.125	0.263	0.61236
☐	☒ 触媒	9.75	2	4446.5	39.676	6.74e-9
☐	☐ 攪拌速度	0	1	3.125	0.054	0.81819
☐	☒ 温度	5.375	2	2329	20.781	2.93e-6
☐	☐ 濃度	0	1	312.5	6.715	0.01524
☐	☐ 送り速度*触媒	0	2	30.25	0.256	0.7764
☐	☐ 送り速度*攪拌速度	0	3	22.75	0.123	0.9459
☐	☐ 送り速度*温度	0	2	21.25	0.178	0.83755
☐	☐ 送り速度*濃度	0	3	327.75	2.200	0.11303
☐	☐ 触媒*攪拌速度	0	2	9.25	0.077	0.92601
☐	☒ 触媒*温度	6.625	1	1404.5	25.064	2.72e-5
☐	☐ 触媒*濃度	0	2	344.5	3.657	0.03984
☐	☐ 攪拌速度*温度	0	2	39.25	0.334	0.7194
☐	☐ 攪拌速度*濃度	0	3	321.75	2.150	0.11924
☐	☐ 温度*濃度	0	2	1280.5	57.700	2.7e-10

ルールが「組み合わせ」の場合は、交差の項を追加する処理では、主効果も含めて追加されます。つまり、有意な交互作用項があるときは、一度に複数の項が追加されます。この例では、「ステップ」ボタンを 1 回クリックすると、「触媒*温度」だけでなく、それを構成する「触媒」と「温度」の効果も同時に追加されます。変数を削除するステップだと、この制限が逆になります。交差項を削除するのに、その構成要素である 2 つの主効果の項を削除する必要はありません。しかし、「触媒」または「温度」を削除するときは、必ず「触媒*温度」も削除しなければなりません。図では「触媒」の「自由度」が 2 になっていますが、これは「触媒」を削除するには、まず「触媒*温度」も削除する必要がある、これら 2 つを合わせた検定の p 値が出力されているためです。

名義尺度または順序尺度の項を含んだモデル

昔のソフトウェアでは、ステップワイズ回帰を行うのに、カテゴリカルな変数があるケースを想定していませんでした。そのため、一度、名義尺度や順序尺度の変数を、ダミー変数（もしくは指示変数）に変換していました。この方法は、2 水準のときはダミー変数は 1 つしか生成されないため、特に問題はありません。しかし、3 水準以上ある場合は、複数のダミー変数を処理しなければなりません。なお、JMP のほとんどのプラットフォームでは、名義尺度の列は、各水準でのパラメータ推定値の合計が 0 になるようなコード変換を行います。

JMP のステップワイズ回帰のプラットフォームは、他のプラットフォームとは異なり、カテゴリカル変数（名義尺度や順序尺度の変数）に対して、階層的な関係を考慮したコード変換を行います。まず、カテゴリカル変数の水準が特定の順序に並べられ、応答変数における平均の差が最大になるような 2 グループに分割されます。さらに各グループが、応答変数における平均の差が最大になる 2 グループに分割されます。このような 2 分割を繰り返し、最終的に $k-1$ 個の項によって k グループに分割されます。

名義尺度の項は、上記した方法により、応答変数の平均によって分割の順序が決まります。一方、順序尺度の項は、分割の順序が固定されています。

名義尺度の項を含むモデルの例

1. 「Football.jmp」サンプルデータを開きます。
2. 「分析」>「モデルのあてはめ」を選択します。
3. 「スピード」を選択し、「Y」をクリックします。
4. 「体重(ポンド)」と「ポジション2」を選択し、「追加」をクリックします。
「ポジション2」は、フットボールでのポジションを表す名義尺度の変数です。
5. 「手法」として「ステップワイズ法」を選択します。
6. 「実行」をクリックします。

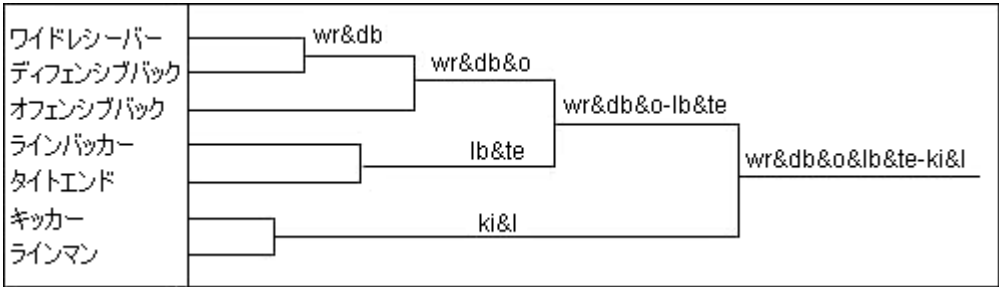
図 5.11 ポジションの階層

現在の推定値		推定値	自由度	平方和	"F値"	"p値(Prob>F)"
☒	☒ 切片	61.0852252	1	0	0.000	1
☐	☐ 体重(ポンド)	0	1	619.6596	77.646	2.2e-14
☐	☐ ポジション2{wr&db&o&lb&te-ki&l}	0	1	723.3538	102.906	2e-17
☐	☐ ポジション2{wr&db&o-lb&te}	0	2	818.9823	65.952	1.9e-19
☐	☐ ポジション2{wr&db-o}	0	3	824.4063	44.207	1.2e-18
☐	☐ ポジション2{wr-db}	0	4	826.0589	32.993	7.4e-18
☐	☐ ポジション2{lb-te}	0	3	819.667	43.642	1.7e-18
☐	☐ ポジション2{ki-l}	0	2	749.098	54.631	4.1e-17

- まず、「ポジション 2」が「Position2{wr&db&o&lb&te-ki&l}」の項を使って2つのグループに分割されます。一方のグループ（走るのが遅いグループ）に入っているのは、ワイドレシーバー（wr）、ディフェンシブバック（db）、オフENSEイブバック（o）、ラインバッカー（lb）、タイトエンド（te）です。もう一方（走るのが速いグループ）はキッカー（ki）とラインマン（l）で、このグループをさらに分割する項は「ポジション 2{ki-l}」です。
- 次の分割では、遅い方のグループがワイドレシーバー（wr）、ディフェンシブバック（db）、オフENSEイブバック（o）から成るグループと、ラインバッカー（lb）、タイトエンド（te）から成るグループに分割されます。この分割は、「ポジション 2{wr&db&o-lb&te}」と書き表されます。さらにラインバッカー（lb）とタイトエンド（te）を分割する項は、「ポジション 2{lb-te}」です。
- 遅い方のグループは再び分割されて「ポジション 2{wr&db-o}」、つまりワイドレシーバー（wr）とディフェンシブバック（db）から成るグループと、オフENSEイブバック（o）に分かれます。
- 最後の分割でワイドレシーバー（wr）とディフェンシブバック（db）が分かれ、「ポジション 2{wr-db}」となります。

項の分割を図示したものが、図 5.12 です。

図 5.12 項の階層ツリーと「現在の推定値」表



デフォルトの「組み合わせ」ルールか、「制限」ルールを使った場合、項を追加するには、階層内でそれより上位にあるすべての項が追加されていなければなりません。「ポジション 2{wr&db&o&lb&te-ki&l}」は、それより上位の項がないため、簡単に追加できます。しかし「ポジション 2{lb-te}」を追加するには、階層内でそれより上位にある「ポジション 2{wr&db&o-lb&te}」、「ポジション 2{wr&db&o&lb&te-ki&l}」も含めなければなりません。

このような階層的なコード変換は、次のような理由で使用しています。

- ・ 階層があることで、自然に段階的なルールができあがります。
- ・ はじめに分割されたグループ（平均の差が大きいグループ）が、より早い段階においてモデルに追加されます。

階層的項に対する [モデルの作成] コマンドの使用

モデルに名義尺度や順序尺度の項がある場合は、[モデルの作成] または [モデルの実行] をクリックすると、「モデルのあてはめ」プラットフォームによりデータテーブルに複数の新しい列が追加されます。そして、それらの追加された列を用いたモデルが、「モデルのあてはめ」の起動ウィンドウに表示されます。次の例では、「Hotdogs2」サンプルデータを使い、[ステップワイズ法] の階層的効果を含んだモデルが構成される様子を説明しています。

階層的項に対する [モデルの作成] コマンドの使用例

ここでは、ホットドッグの「1 オンスあたりのコスト (\$)」を、「タイプ」(Meat, Beef, Poultry) と「サイズ」(Jumbo, Regular, Hors d'oeuvre) で予測する式を作成します。

1. 「Hot Dogs2.jmp」データテーブルを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「1 オンスあたりのコスト (\$)」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「タイプ」と「サイズ」を選択し、[追加] をクリックします。
5. 「手法」として [ステップワイズ法] を選択します。
6. [実行] をクリックします。
7. [停止ルール] で [閾値 p 値] を選択します。
8. [ルール] で [制限] を選択します。
9. [実行] をクリックします。

図 5.13 階層的効果を含むモデルの「現在の推定値」レポート

現在の推定値						
ロック追加 パラメータ		推定値	自由度	平方和	"F値"	"p値(Prob>F)"
☒	☒ 切片	0.10849381	1	0	0.000	1
☐	☒ タイプ{Poultry&Meat-Beef}	-0.0275278	0	0	.	.
☐	☒ タイプ{Poultry-Meat}	-0.0205527	1	0.013985	11.083	0.00164
☐	☒ サイズ{Hors d'oeuvre-Regular&Jumbo}	-0.0121982	1	0.002596	2.057	0.1577
☐	☐ サイズ{Regular-Jumbo}	0	1	0.000125	0.097	0.7566

10. [モデルの作成] をクリックします。

次のような処理が行われます。

- 「現在の推定値」表にリストされた項のうち、チェックマークがついたものに対してダミー変数が作成されます。この例では、「タイプ」に対して2列、「サイズ」に対して1列が作成されます。
- 「モデルのあてはめ」起動ウィンドウが呼び出されます。そのウィンドウでは、ステップワイズで選択された項がモデル効果として設定されています。「モデルのあてはめ」を実行します。

ロジスティック回帰でのステップワイズ

JMPでは、ロジスティック回帰でも、標準最小2乗法のとおり同じような枠組みで、ステップワイズ法を行います。ロジスティック回帰のステップワイズ法を実行するには、通常の方法でモデルに項を追加し、[手法]メニューから[ステップワイズ法]を選択します。

ロジスティック回帰では、標準最小2乗のとおり異なる統計量が使われます。「現在の推定値」表で使われる統計量は、F検定ではなく、「Wald/スコアカイ2乗」統計量です。また、モデル全体の適合度に関する統計量は、「(-1)*対数尤度」になっています。

ロジスティック回帰でのステップワイズの使用例

1. 「Fitness.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「性別」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「体重」、「走行時間」、「走行時の脈拍」、「休息時の脈拍」、「最大脈拍」を選択し、[追加] をクリックします。
5. 「手法」として[ステップワイズ法] を選択します。
6. [実行] をクリックします。
7. [実行] をクリックします。

図 5.14 ロジスティック回帰でのステップワイズのレポート

現在の推定値

		Wald/			
ロック追加	パラメータ	推定値	自由度	スコアカイ2乗	"有意確率"
☒	☒ 切片[M]	35.8078459	1	0	1
☐	☒ 体重	-0.2822965	1	5.471429	0.01933
☐	☒ 走行時間	-1.3268037	1	2.545732	0.11059
☐	☐ 走行時の脈拍	0	1	0.470408	0.4928
☐	☐ 休息時の脈拍	0	1	0.007216	0.9323
☐	☐ 最大脈拍	0	1	0.076497	0.7821

ステップ履歴

ステップ	パラメータ	アクション	尤度比カイ2乗	"有意確率"	R2乗	p	AICc	BIC
1	体重	追加	12.16669	0.0005	0.2833	2	35.2047	37.6441
2	走行時間	追加	8.017826	0.0046	0.4700	3	29.6472	33.0603
3	走行時の脈拍	追加	1.440088	0.2301	0.5036	4	30.8567	35.0542
4	最大脈拍	追加	0.071809	0.7887	0.5052	5	33.6464	38.4164
5	休息時の脈拍	追加	0.007156	0.9326	0.5054	6	36.7393	41.8432
6	最速	特定	.	.	0.4700	3	29.6472	33.0603

変数を追加するときは、スコア検定のカイ2乗統計量が使われます。一方、変数を削除するときは、Wald 検定のカイ2乗統計量が使われます。Wald やスコアの検定統計量を使うのは、計算量を少なくするためです。ただし、対数尤度や回帰パラメータの推定値は、最尤推定の反復計算を最後まで完全に行って計算されます。尤度比検定のカイ2乗統計量と、Wald / スコア検定のカイ2乗統計量とを比較するには、「ステップ履歴」表を参考にしてください。

[すべてのモデル] オプション

応答変数が連続尺度の場合には、[すべてのモデル] オプションを選択できます。このオプションは、設定パネルの「ステップワイズ法」タイトルバーにある赤い三角ボタンをクリックすると表示されます。メニューを選択すると表示されるウィンドウで、1つのモデルに含める項の最大数や、モデルの項数ごとに表示する最良モデルの最大数を指定します。

[すべてのモデル] オプションの使用例

1. 「Fitness.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「酸素摂取量」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「走行時間」、「走行時の脈拍」、「休息時の脈拍」、「最大脈拍」を選択し、[追加] をクリックします。
5. 「手法」として [ステップワイズ法] を選択します。
6. [実行] をクリックします。
7. 「ステップワイズ」のタイトルバーにある赤い三角ボタンをクリックし、[すべてのモデル] を選択します。
8. 最大項数に「3」、最良モデル数に「5」と入力します。

図5.15 「すべてのモデル」 ダイアログボックス

すべてのモデル

モデルの最大項数:

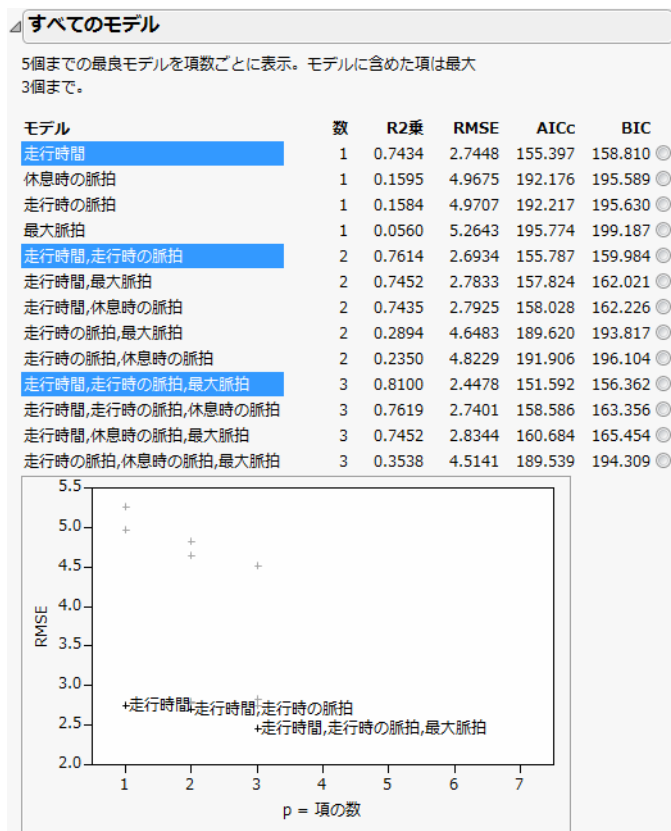
表示する最良モデルの数:

☐ 交互作用を含める場合には、その低次の効果も含める(「親子関係」の制限)。

9. [OK] をクリックします。

項数が3までのモデルがすべてあてはめられます。

図5.16 「すべてのモデル」 レポート



モデルは、パラメータ数の少ない順に並んでいます。それぞれのパラメータ数のうち、 R^2 の値が最も高いモデルが強調表示されています。表の右端に並んでいるラジオボタンによって、各モデルの結果を確認できます。

注：推奨される規準はBICやAICcですが、Mallowsの C_p 規準も確認した方がいい場合もあります。 C_p 規準は、表に表示されていませんが、計算されています。 C_p 規準を表示するには、表を右クリック（Macintoshではcontrolキーを押しながらクリック）し、表示されたメニューから [列] > [Cp] を選択します。

[モデル平均化] オプション

モデル平均化の手法を使用すると、最良のモデルを1つだけ選択するのではなく、複数のモデルの結果を平均化できます。モデル平均化を行えば、予測精度が高いモデルが得られます。未知の新しいモデルを推定する場面で、オーバーフィットを防ぎたい場合にモデル平均化は有用です。モデルのパラメータ数が増えると、推定値を過大に見積もってしまう傾向があります。モデル平均化は、重要度の低い項の推定値を収縮（shrink）させ、モデルの予測精度を上げます。モデルは、次式で算出されるAICc重み（AICcWeight）に従って平均化されます。

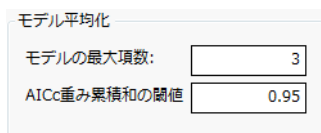
$$\text{AICcWeight} = \exp[-0.5(\text{AICc} - \text{AICcBest})]$$

AICcBestは、あてはめたモデルの中で最小のAICc値です。算出されたAICc重みは大きい順に並べられます。そして、AICc重みの累積和を計算していき、設定された閾値を超えるまでのモデルが平均化の計算に採用されます。分析者は、閾値として、累積和の割合を指定します。閾値を超えたモデルのAICc重みはゼロとされます。つまり、AICcが大きいモデルのパラメータ推定値はゼロとされ、平均化の計算には使われません。

[モデル平均化] オプションの使用例

1. 「Fitness.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「酸素摂取量」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「走行時間」、「走行時の脈拍」、「休息時の脈拍」、「最大脈拍」を選択し、[追加] をクリックします。
5. 「手法」として [ステップワイズ法] を選択します。
6. [実行] をクリックします。
7. 「ステップワイズ」のタイトルバーにある赤い三角ボタンをクリックし、[モデル平均化] を選択します。
8. 最大項数に「3」を入力し、重みの閾値を「0.95」のままにします。

図 5.17 「モデル平均化」ウィンドウ



モデル平均化	
モデルの最大項数:	3
AICc重み累積和の閾値	0.95

9. [OK] をクリックします。

図 5.18 「モデル平均化」レポート

モデル平均化		
AICc重みに対して0.9707の分位点を閾値とし、1個から3個までの項を持つモデルが平均化されました。適用された閾値の結果、あてはめられた14個のモデルのうち、5個が使用されました。		
パラメータ	推定値	標準誤差
切片	82.4063	.
走行時間	-3.0422	0.3465967
走行時の脈拍	-0.2832	0.1053199
休息時の脈拍	-0.000286	0.0126522
最大脈拍	0.2603	0.1141399
予測式の保存		

「モデル平均化」レポートには、パラメータごとに平均化された推定値とその標準誤差が表示されます。標準誤差は、モデル選択によるばらつきが考慮されています。

10. 予測式を元のデータテーブルに保存するには、[予測式の保存] をクリックします。

検証の使用



検証 (validation) とは、データの一部をモデルパラメータの推定に使用し、残りのデータでモデルの予測能力を評価する方法を指します。

- モデルパラメータの推定に使うデータを、**学習セット**といいます。
- モデルの予測能力を評価するのに用いるデータを、**検証セット**といいます。
- 予測能力の最終評価に使うデータを、**テストセット**といいます。検証列を指定した場合のみ、テストセットを使用できます。

学習セット、検証セット、テストセットは、1つのデータテーブルを分割して作成します。データを各セットに分割するには、「モデルのあてはめ」起動ウィンドウで検証列を指定します。

検証列の値によってデータの分割形式と検証の方法が決まります。

- 検証列に異なる値が2つある場合は、データが学習セットと検証セットに分かれます。
- 検証列に異なる値が3つある場合は、データが学習セット、検証セット、テストセットに分かれます。
- 検証列に異なる値が4つ以上ある場合は、K分割交差検証が行われます。

検証列を使用した場合は、セットごとに適合度統計量が計算されます。

K分割交差検証

この検証方法は、元のデータをK個に分割します。順番に、(K-1) 個分のデータにモデルがあてはめられ、残っているデータでモデルが検証されます。全部でK個のモデルがあてはめられます。検証に用いた統計量が最良のものが、最終的なモデルとして選ばれます。この方法は、少ないデータを効果的に利用するので、小規模なデータセットに適しています。

K 分割交差検証は、次のいずれかの方法で行えます。

- 異なる値が 4 つ以上ある検証列を指定する。
- 「ステップワイズ」のタイトルバーにある赤い三角ボタンをクリックし、[K 分割交差検証] を選択する。

第6章

一般化回帰モデル

正則化手法を使ったモデルの構築

JMP
PRO

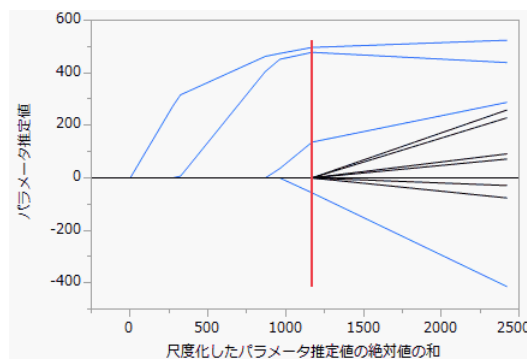
JMP Proの「モデルのあてはめ」プラットフォームで提供されている「一般化回帰」手法は、パラメータ推定値を収縮(shrink)させた回帰分析を行います。この手法は、相関の高い説明変数が多数あるようなデータで役立ちます。用意されている方法のうち、Lassoと弾性ネットは、パラメータ推定値を収縮させるだけでなく、変数選択を行う側面もあります。

相関の高い説明変数が多数あるデータでは、一般的に、多重共線性の問題が生じます。最近のデータには、標本サイズよりも変数の数の方が多いこともよくあります。そのような場合は、変数を選択する必要があります。しかし、多重共線性や説明変数が多数あることにより、従来の方ではうまく分析できないことがあります。

実験計画などの、小規模で相関があまりないようなデータでも、Lassoや弾性ネットは役立ちます。予測モデルの予測精度を上げる場合や、モデルに含める変数を選択する場合に役立ちます。

「一般化回帰」手法は、さまざまなモデルをサポートしています。「一般化回帰」手法では、応答変数の分布として、さまざまな分布を用意しています。たとえば、正規分布(連続尺度の応答のため)、二項分布やPoisson分布(応答が度数のときのため)、ゼロ強調(zero inflated)の分布が用意されています。「一般化回帰」は、説明変数を取捨選択したい場合や、説明変数に共線性がある場合に役立ちます。

図6.1 弾性ネットのパラメータ推定値の経路



目次

- 一般化回帰の概要 239
- 一般化回帰の例 240
- 「一般化回帰」手法の起動 242
- モデルのあてはめレポート 247
 - モデルの要約 247
 - パラメータ推定値の経路 248
 - 標準化した説明変数に対する推定値 249
 - 元の説明変数に対するパラメータ推定値 250
 - 効果の検定 250
- モデルのあてはめのオプション 251
- 「一般化回帰」のオプション 252
- 「一般化回帰」手法のその他の例 252
 - Poisson 一般化回帰 252
 - 二項一般化回帰 254
 - ZI Poisson 回帰 256
- 統計的詳細 258

一般化回帰の概要

「一般化回帰」手法は、正則化した（罰則を課した）回帰分析を行います。正則化した回帰分析では、パラメータ推定値をゼロの方向に収縮（shrink）することで、モデルの予測精度を高めようとします。正則化によりパラメータ推定値を収縮させると、予測値にはバイアスが生じます。バイアスは増加するのですが、それと引き換えに、ばらつき（分散）が減れば、全体として予測誤差は小さくなります。なお、「一般化回帰」で用意されている方法のうち、Lasso と弾性ネットは、変数選択を行う側面もあります。

弾性ネットやLassoなどは、多重共線性が生じている横長のデータを分析するのに適しています。最近のデータには、標本サイズよりも変数の数の方が多いこともよくあります。この状況は、しばしば「 $n < p$ 問題」などと呼ばれています。 n は標本サイズ、 p は説明変数の個数です。そのようなデータに対して従来の統計手法を使用する場合は、変数を取捨選択する必要があります。

実験計画などの、小規模で相関があまりないようなデータでも、Lasso や弾性ネットは役立ちます。予測モデルの予測精度を上げる場合や、モデルに含める変数を選択する場合に役立ちます。

「一般化回帰」手法には、4 種類の方法が用意されています。

- 最尤法
- Lasso
- 弾性ネット
- リッジ回帰

Lasso、弾性ネット、リッジ回帰は、パラメータ推定値の大きさに罰則を課すことにより、パラメータ推定値をゼロの方向に向けて収縮させます。どの程度、収縮させればよいかは、何らかの検証法によって決定されます。このなかで、Lasso と弾性ネットは比較的最近の手法です（Tibshirani, 1996, Zou and Hastie, 2005）。Lasso と弾性ネットは、いくつかのパラメータ推定値をゼロにする傾向があり、収縮させるのに加えて、変数を選択する性質も持ち合わせています。弾性ネットモデルは、Lasso とリッジ回帰の中間的な性質を持ち合わせています。

Lasso には 2 つの欠点があります。第 1 に、同じ程度に重要な変数のあいだに高い相関がある場合、Lasso はそこから変数を 1 つだけしか選択しない傾向があります。第 2 に、変数の個数 p が標本サイズ n よりも多い場合、Lasso は最大で n 個しか説明変数を選択しません。

一方、弾性ネットは、重要な変数間に高い相関があっても、そこから複数の変数を選択しようとします。また、弾性ネットは、 $n < p$ のとき、 n 個以上の説明変数を選択することもできます。ただし、弾性ネットは、通常、Lasso よりも計算時間が長くなります。

リッジ回帰は、罰則を課す回帰手法の中では初期のものの 1 つです（Hoerl, 1962, Hoerl and Kennard, 1970）。リッジ手法は係数を 0 に収縮しないので、変数の選択は行いません。

最尤法は古典的な手法の 1 つで、他の手法と比較できるベースラインとなります。

「一般化回帰」手法では、Lasso と弾性ネットにおいて、**適応型**推定も行えます。適応型推定では、効果のある変数に対して、効果があまりない変数より少ない罰則が課されます。適応型推定は、モデルが預言的性質 (oracle property) をもつようにするために提案されました。預言的性質とは、漸近的には効果のある説明変数がきちんと選択されるという性質です。より具体的には、次のような性質をもつことを指します。

- パラメータがゼロである説明変数を正確に識別すること。
- 得られるパラメータ推定値が、効果のある説明変数だけを使って構成したモデルのパラメータ推定値に、漸近的に一致すること。

「一般化回帰」手法では、応答変数にさまざまな分布をあてはめることができます。応答の分布には、正規分布、二項分布、Poisson 分布、ゼロ強調 Poisson 分布、負の二項分布、ゼロ強調負の二項分布、ガンマ分布があります。これらの分布を用いることにより、連続尺度の応答、右に歪んだ連続尺度の応答、度数の応答などをモデル化できます。また、「一般化回帰」手法には、モデルの選択や検証のためのさまざまな方法が用意されています。

一般化回帰の例

「Diabetes.jmp」は、糖尿病患者 442 名の測定データで構成されています。関心のある応答 Y は、ベースライン時点から 1 年後の症状進行を定量的に表わしたものです。症状の進行に関連すると思われる 10 個の変数も、ベースライン時点で測定されています。この例では、一般化回帰手法を使って予測モデルを作成する方法を説明します。

1. 「Diabetes.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「列の選択」リストで「Y」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「年齢」から「グルコース」までを選択し、[マクロ] > [設定された次数まで] をクリックします。
これにより、2 次までのすべての項（「次数」ボックスでのデフォルト）がモデルに追加されます。

5. 「列の選択」リストで「検証」を選択し、[検証] をクリックします。

6. 「手法」のリストから「一般化回帰」を選択します。

7. [実行] をクリックします。

一般化回帰の「モデルの設定」パネルが表示されます。デフォルトのあてはめが適合型弾性ネットになっていることを確認してください。

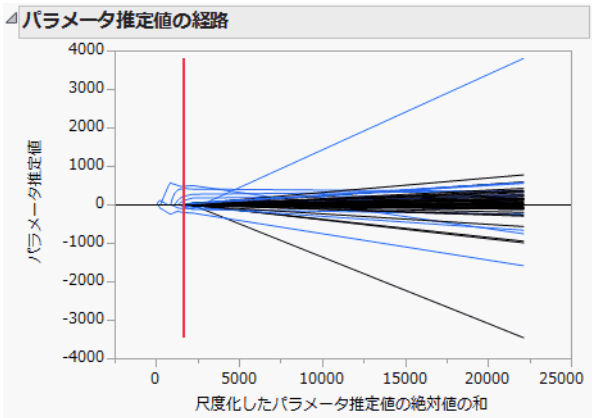
「モデルのあてはめ」ウィンドウで検証列を指定したので、「検証法」は「検証列」になっています。

8. 「推定法」リストから「Lasso」を選択します。
9. [実行] をクリックします。

「パラメータ推定値の経路」レポート (図 6.2) に、パラメータ推定値のプロットが表示されます。「尺度化したパラメータ推定値の絶対値の和」が小さくなるほど、パラメータ推定値はより収縮されています。プロットが一番右の推定値は、最尤度の推定値になります。赤い縦線は、指定された検証法によって選択

されたパラメータ推定値を表しています。この例で指定された検証法は、「検証」列に定義された値に基づき、学習データと検証データに分割して検証を行っています。

図 6.2 「パラメータ推定値の経路」プロット



10. 「適応法 Lasso による推定 (検証法: 検証列)」レポートの赤い三角ボタンのメニューから、[非ゼロの項を選択] オプションを選択します。

このオプションは、「標準化した説明変数に対する推定値」レポート (図 6.3) と、「パラメータ推定値の経路」プロットで、ゼロでない項を強調表示します。55 個のパラメータ推定値のうち、ゼロでないものは 11 個だけです。なお、「標準化した説明変数に対する推定値」レポートの最後の行に表示されているのは、正規分布の標準偏差 (シグマ、尺度パラメータ) です。

図 6.3 「標準化した説明変数に対する推定値」レポートの一部

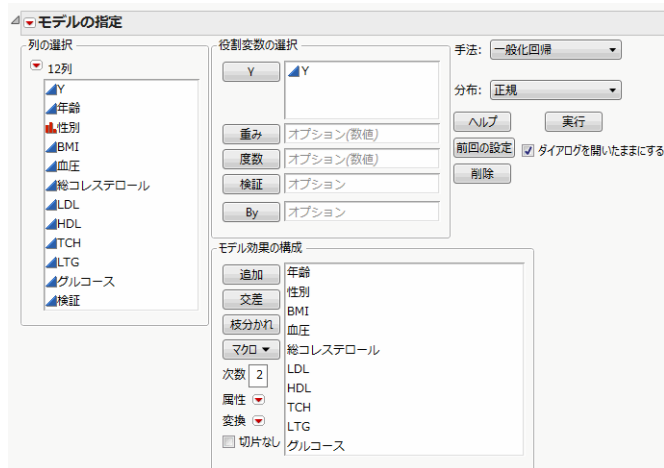
標準化した説明変数に対する推定値						
項	推定値	標準誤差	Waldカイ2乗	p値(Prob>Chisq)	下側95%	上側95%
切片	152.15858	2.9700831	2624.555	<.0001*	146.33732	157.97983
年齢	0	0	0	1.0000	0	0
性別[1]	121.78183	59.268881	4.2219349	0.0399*	5.616958	237.9467
BMI	431.81318	68.218843	40.066656	<.0001*	298.10671	565.51966
血圧	230.65486	59.48748	15.033984	0.0001*	114.06155	347.24818
総コレステロール	-84.84646	72.200367	1.3809839	0.2399	-226.3566	56.663661
LDL	0	0	0	1.0000	0	0
HDL	-191.8392	63.386878	9.159585	0.0029*	-316.0752	-67.60316
TCH	0	0	0	1.0000	0	0
LTG	487.86837	77.547087	39.579869	<.0001*	335.87888	639.85787
グルコース	0	0	0	1.0000	0	0
(年齢-48.5181)*性別[1]	-49.82189	60.080227	0.6876656	0.4070	-167.577	67.933191
(年齢-48.5181)*(BMI-26.3758)	0	0	0	1.0000	0	0
(年齢-48.5181)*(血圧-94.647)	0	0	0	1.0000	0	0
(年齢-48.5181)*(総コレステロール-189.14)	0	0	0	1.0000	0	0
(年齢-48.5181)*(LDL-115.439)	0	0	0	1.0000	0	0
(年齢-48.5181)*(HDL-49.7885)	0	0	0	1.0000	0	0
(年齢-48.5181)*(TCH-4.07025)	0	0	0	1.0000	0	0
(年齢-48.5181)*(LTG-4.64141)	0	0	0	1.0000	0	0
(年齢-48.5181)*(グルコース-91.2602)	0	0	0	1.0000	0	0
性別[1]*(BMI-26.3758)	0	0	0	1.0000	0	0
性別[1]*(血圧-94.647)	0	0	0	1.0000	0	0
性別[1]*(総コレステロール-189.14)	0	0	0	1.0000	0	0
性別[1]*(LDL-115.439)	0	0	0	1.0000	0	0

予測式を保存するには、「適応法 Lasso による推定（検証法: 検証列）」レポートの赤い三角ボタンのメニューから、[列の保存] > [予測式の保存] を選択します。

「一般化回帰」手法の起動

「一般化回帰」プラットフォームを起動するには、[分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。1つ以上の列を [Y] に指定し、「手法」メニューから「一般化回帰」を選択します（図 6.4）。

図 6.4 「一般化回帰」手法を選択した「モデルのあてはめ」起動ウィンドウ



すべての手法に共通の「モデルのあてはめ」ウィンドウの要素の詳細については、「[モデルのあてはめについて](#)」の章（25ページ）を参照してください。ここでは、「一般化回帰」手法に特有の機能について説明します。

「一般化回帰」手法においても、モデル効果に欠測値が含まれている場合、それらの欠測値を1つのカテゴリとして処理することができます。「モデルの指定」ウィンドウの赤い三角ボタンのメニューから、[欠測値をカテゴリとして扱う] を選択します。

「手法」のメニューから「一般化回帰」を選択すると、「分布」オプションが表示されます。ここで、Yの分布を指定できます。「ゼロ強調」(ZI; Zero Inflated、ゼロ膨張)とは、Poisson分布や負の二項分布において、度数がゼロの確率を増やした分布のことを指します。以下で、各オプションについて説明します。

正規 応答Yが、平均 μ 、標準偏差 σ の正規分布を仮定します。 μ に対するリンク関数は、恒等関数です。つまり、Yの平均が、線形関数に等しいと仮定されます。回帰係数パラメータを推定する途中においては、尺度パラメータ σ に影響しない尤度関数が使われます。そして、最終的な段階で、最尤推定値に置き換えられます（この最尤推定値は、分散の不偏推定値ではありません）。

二項 応答Yが、パラメータが n と p の二項分布に従っていると仮定します。 p に対するリンク関数は、ロジット関数です。「分布」に「二項分布」を選択した場合は、応答変数のデータが次のいずれかの形式になっていないといけないかもしれません。

- データが要約されていない場合: データが要約されていない場合は、2 値データを含んでいる列 1 つを、応答として指定します。
- データが要約されている場合: データが要約されていて、成功回数と失敗回数が 2 行に渡って保存されている場合も、2 値データを含んでいる列 1 つを、応答として指定します。そして、[度数] 列に、各行の度数を含む列を指定します。
- データが要約されていて、度数が 2 列に含まれている場合: データが要約されていて、成功回数と試行回数の 2 列がある場合は、「Y」に対して、成功回数を含む列、次に試行回数を含む列の順に指定します。この場合、2 つの列とも連続尺度でなければいけません。

Poisson 応答 Y が、平均 λ の Poisson 分布に従っていると仮定します。 λ に対するリンク関数は、対数です。Y に整数以外の値がある場合でも実行できます。

ゼロ強調 Poisson 応答 Y が、ゼロ強調 Poisson 分布に従っていると仮定されます。ゼロ強調 Poisson 分布には、 λ と π という 2 つのパラメータがあります。パラメータ λ は、Poisson 分布の部分に関するパラメータです。 π は、度数がゼロである割合を左右するパラメータです。 λ に対するリンク関数は、対数です。Y に 0 がない場合や、整数以外の値がある場合でも実行できます。「分布」(258 ページ) を参照してください。

負の二項 応答 Y が、平均 μ 、過分散パラメータ σ の負の二項分布に従っていると仮定されます。 μ に対するリンク関数は、対数です。Y に整数以外の値がある場合でも実行できます。「分布」(258 ページ) を参照してください。

ゼロ強調 負の二項 応答 Y が、位置パラメータ μ 、過分散パラメータ σ 、ゼロ強調パラメータ π の、ゼロ強調の負の二項分布に従っていると仮定されます。パラメータ μ は、負の二項分布の部分に関するパラメータです。 μ のリンク関数は、対数です。Y に 0 がない場合や、整数以外の値がある場合でも実行できます。「分布」(258 ページ) を参照してください。

ガンマ 応答 Y が、パラメータ μ および σ のガンマ分布に従っていると仮定されます。 μ に対するリンク関数は、対数です。「分布」(258 ページ) を参照してください。

表 6.1 に、それぞれの分布について、Y に指定できる列のデータタイプと尺度を示します。

表 6.1 各分布に対する Y のデータタイプと尺度

分布	データタイプ	尺度	その他
正規分布	数値	連続尺度	
二項分布 (要約していないもの)	すべて	すべて	二値
二項分布 (度数に要約)	すべて	すべて	二値
二項分布 (2 列の度数に要約)	数値	連続尺度	0 以上の数値
Poisson 分布	数値	すべて	0 以上の数値
ゼロ強調の Poisson 分布	数値	すべて	0 以上の数値
負の二項分布	数値	すべて	0 以上の数値

表 6.1 各分布に対するYのデータタイプと尺度（続き）

分布	データタイプ	尺度	その他
ゼロ強調の負の二項分布	数値	すべて	0以上の数値
ガンマ分布	数値	連続尺度	正の数値

分布の密度関数は、「[分布](#)」（258 ページ）に記載しています。表 6.2 には、各分布の概要を示します。

表 6.2 分布、パラメータ、リンク関数

分布	パラメータ	モデルの平均のリンク関数
正規分布	μ, σ	μ そのもの
二項分布	p	$\text{Logit}(p)$
Poisson 分布	λ	$\text{Log}(\lambda)$
ゼロ強調の Poisson 分布	λ, π （ゼロ強調）	$\text{Log}(\lambda)$
負の二項分布	μ, σ	$\text{Log}(\mu)$
ゼロ強調の負の二項分布	μ, σ, π （ゼロ強調）	$\text{Log}(\mu)$
ガンマ分布	μ, σ	$\text{Log}(\mu)$

起動ウィンドウにおいて適切な分布を選択した後、**[実行]** ボタンをクリックすると、「モデルの設定」パネルが表示されます。

モデルの設定ウィンドウ

「モデルの設定」ウィンドウでは、「推定法」と「検証法」のオプションを選択します。その後、**[実行]** をクリックすると指定した分析が実行されます。

「推定法」のオプション

リッジ、Lasso、弾性ネットは、罰則（ペナルティ）を課した回帰分析です。これらの回帰分析は、回帰係数の大きさを縮小させることにより、予測精度を向上させます。これらで使われる罰則項には、次のような種類があります。

- l_1 ペナルティ。回帰係数の**絶対値**の合計を、罰則項とします。
- l_2 ペナルティ。回帰係数の**2乗**の合計を、罰則項とします。

「推定法」では、次のいずれかを選択できます。

最尤法 最尤法によってパラメータを推定します。罰則は課しません。

リッジ リッジ回帰の枠組みで、パラメータを推定します。回帰係数の2乗和 (l_2 ペナルティ) を罰則項とします。

Lasso 回帰係数の絶対値の和 (l_1 ペナルティ) を罰則項として、パラメータを推定します。 l_1 ペナルティがもつ性質により、一部のパラメータ推定値が0になりやすい傾向をもちます。したがって、この推定法は、パラメータの収縮だけではなく、変数選択も同時に行います。通常のLassoは、すべての回帰パラメータに対して均等に罰則を課します。

適応型 Lasso 回帰係数の絶対値を重み付けた和 (重み付きの l_1 ペナルティ) を罰則項として、パラメータを推定します。この罰則項は、モデルが預言的性質をもつように、データから決定されます (Zou, 2006)。この推定には、回帰係数の最尤推定値が使われます。なお、説明変数の数が標本サイズより多い場合や、説明変数間に1次従属性がある場合、最尤推定値は計算できません。

弾性ネット l_1 ペナルティと l_2 ペナルティの両方を組み合わせたものを罰則項として、パラメータを推定します。 l_1 ペナルティは、変数選択の性質をもちます。一方、 l_2 ペナルティは、リッジ回帰と同じ性質をもちます。

適応型弾性ネット l_1 ペナルティと l_2 ペナルティの両方を組み合わせ、かつ、適応型の罰則項を用いて、パラメータを推定します。この推定には、回帰係数の最尤推定値が使われます。なお、説明変数の数が標本サイズより多い場合や、説明変数間に1次従属性がある場合、最尤推定値は計算できません。

注：弾性ネットのあてはめを選択した場合、Lasso、弾性ネットがこの順番で計算されます。処理の実行中は進捗バーに、Lasso、弾性ネットのいずれの計算が行われているかが表示されます。計算に時間がかかっている場合は、[現在の推定値を採用] をクリックするとその時点で処理を中断できます。たとえば、Lasso の計算が終了するのを待ってから、時間がかかるようであれば処理を中断させて、現在の推定値を採用することができます。

推定法について

推定法として [最尤法] オプションを選択した場合は、「一般化回帰」手法でサポートされている応答の分布を仮定して、通常的最尤推定を行います。罰則を課す方法と比べるための出発点の分析になるでしょう。

リッジ回帰も、罰則を課した回帰分析の一つです。ただし、この方法は、Lasso や弾性ネットと異なり、パラメータ推定値は0になりません。よって、すべての説明変数を常にモデルに含めておきたい場合に役立ちます。

Lasso と適応型 Lasso は、説明変数が強く相関している場合に良い結果を出せないことがあります。これらの手法では、それらの説明変数から1つの説明変数だけを選択する傾向があります。説明変数の間に強い相関があるなら、Lasso ではなく弾性ネットの方が適しています。

説明変数の間に強い相関があるなら、予測精度の点で、Lasso よりも弾性ネットのほうが優れています (なお、リッジ回帰と Lasso は、どちらも弾性ネットの特殊形です)。多くの場合、適応型弾性ネットの方が、弾性ネットや適応型 Lasso よりも予測精度が優れています。弾性ネットには、変数選択を行う側面と、相関の高い複数の説明変数に適切なパラメータ推定値を割り振る側面の両方を持ち合わせています。

「検証法」のオプション

K 分割 まず、元のデータを k 個に分割します。そして、順番に、 $(K-1)$ 個分のデータにモデルをあてはめ、残っているデータでモデルを検証します。全部で K 回、モデルをあてはめます。この方法は、少ないデータを効果的に利用するので、小規模なデータセットに適しています。

保留 指定された割合のデータを検証セットに使用し、残りのデータをモデルのあてはめに使用します。この手法は大規模なデータセットに有効です。

1 つ取って置き法 1 つ取って置きの交差検証法 (LOOCV; Leave-One-Out Cross Validation) を実行します。これは [K 分割] と同じですが、分割の数が行数に等しくなります。このオプションは、中規模または大規模のデータセットには適しません。データがそれほど大きくなくても、この検証法は処理時間が長くなる可能性があります。

BIC ベイズ情報量規準 (BIC) を最小にするパラメータ推定値を選択します。 k をパラメータの数、 n を標本サイズとすると、BIC は次のように定義されます。

$$\text{BIC} = -2 \times \text{対数尤度} + k \ln(n)$$

AIC 赤池の情報量規準 (AIC) を最小にするパラメータ推定値を選択します。 k をパラメータの数、 n を標本サイズとすると、AIC は次のように定義されます。

$$\text{AIC} = -2 \times \text{対数尤度} + 2k$$

修正済み AIC ではなく、AIC が使用されることに注意してください。これは、パラメータの数が標本サイズに近い、標本サイズを上回る場合に生じる問題に対処するためです。

なし 検証を使用しません。このオプションは、[最尤法] を選択した場合にのみ使用できます。

検証列 「モデルのあてはめ」ウィンドウで「検証」列に指定された列を使用します。

早期打ち切り

Lasso とリッジ回帰の推定法では、パラメータ推定値の経路は 1 つの調整パラメータによって決まります。特定のグリッド上での調整パラメータの値に対して、解が求められていきます。調整パラメータの値ごとに、罰則を課した対数尤度を最小化するパラメータ推定値が求められます。弾性ネットのパラメータ推定値の経路は、2 つの調整パラメータによって決まります。2 次元グリッド上の各調整パラメータに対して、罰則を課した対数尤度が最小化されます。

「早期打ち切り」オプションは、次のようなルールで早期打ち切りを行います。

- Lasso およびリッジ回帰の場合、調整パラメータの連続した 10 個の値において、指定された検証法で、それまでの最良値よりも適合度が改善できなかったとき、アルゴリズムが停止されます。このときの解は、この連続した 10 個に先行する調整パラメータ値でのパラメータ推定値です。
- 弾性ネットには、調整パラメータが 2 つあります。最初の調整パラメータに関しては、グリッド全体の値が計算されます。そして、最初の調整パラメータの各値に対して、2 番目の調整パラメータで早期打ち切りが適用されます。

実行

「実行」をクリックすると、分析結果のレポートが開きます。レポートのタイトルには、選択した推定法と検証法が記載されています。一度、分析を実行した後にでも、「モデルの設定」パネルに戻って、別の推定法や検証法を選択して、追加の分析を行えます。

モデルのあてはめレポート

「モデルの設定」パネルで指定した推定法と検証法のそれぞれに対し、レポートが作成されます。レポートのタイトルには、選択した推定法と検証法が示されます。

次のレポートがデフォルトで表示されます。

- モデルの要約
- パラメータ推定値の経路（「最尤法」を除く全推定法で表示されます）
- 標準化した説明変数に対する推定値
- 元の説明変数に対する推定値
- 効果の検定

モデルの要約

「モデルの要約」レポートには、あてはめたモデルに関する説明と、その要約情報が表示されます。

モデルの説明の詳細

「モデルの要約」レポートの最初の部分は、あてはめたモデルの説明です。

応答 「モデルのあてはめ」ウィンドウで「Y」の役割に指定した列。

分布 「モデルのあてはめ」ウィンドウで選択した分布。

推定法 「モデルのあてはめ」ウィンドウで選択した推定法。

検証法 「モデルのあてはめ」ウィンドウで選択した検証法。

平均 モデルのリンク関数 平均に対する式で使われているリンク関数。「モデルのあてはめ」ウィンドウで選択した分布に基づく。

尺度 モデルのリンク関数 尺度に対する式で使われているリンク関数。「モデルのあてはめ」ウィンドウで選択した分布に基づく。

確率 モデルのリンク関数 確率に対する式で使われているリンク関数。「モデルのあてはめ」ウィンドウの「分布」で「二項」を選択した場合に表示される。

ばらつき モデルのリンク関数 ばらつきに対する式で使われているリンク関数。「モデルのあてはめ」ウィンドウで選択した分布に基づく。

ゼロ強調 モデルのリンク関数 ゼロ強調パラメータに対する式で使われているリンク関数。「モデルのあてはめ」ウィンドウで選択した分布に基づく。

モデルの適合度に関する情報

「モデルの要約」レポートには、モデルの適合度に関する統計量も表示されます。「検証法」として [K 分割]、[保留]、[1 つ取って置き法]、[検証列] のいずれかを選択した場合、学習セットと検証セットそれぞれの統計量が表示されます。「検証法」として [K 分割] または [1 つ取って置き法] を選択した場合、最小の予測誤差を持つ分割の検証セットの統計量と、それに対応した学習セットの統計量が表示されます。

行数 行の数。

度数の合計 「モデルのあてはめ」ウィンドウで、[度数] または [重み] の役割に指定した列の値の合計。

(-1)* 対数尤度 指定したモデルの尤度関数の自然対数に -1 を掛けたもの。小さいほど良い。

BIC ベイズ情報量規準: $BIC = -2 \times \text{対数尤度} + k \ln(n)$ 。小さいほど良い。

AIC 赤池の情報量規準: $AIC = -2 \times \text{対数尤度} + 2k$ 。小さいほど良い。

パラメータ推定値の経路

ヒント: 「パラメータ推定値の経路」プロットで経路を選択すると、パラメータ推定値の表（「標準化した説明変数に対する推定値」と「元の説明変数に対する推定値」）でも対応する項が強調表示されます。この時、データテーブルでも、対応する列が選択されます。また、パラメータ推定値の表で行を選択しても、「パラメータ推定値の経路」プロットで対応する経路が強調表示されます。なお、複数の経路や行を選択する場合は、Shift キーを押したままクリックしてください。

「パラメータ推定値の経路」は、横軸に尺度化されたパラメータ推定値の絶対値の和を、縦軸にパラメータ推定値をプロットしたグラフです。このグラフは、[最尤度] を除くすべての推定法で表示されます。

このグラフの縦軸は、パラメータ推定値です。このパラメータ推定値は、**尺度化されたもの**であり、標準化された説明変数に対する回帰係数です（「**標準化した説明変数に対する推定値**」（249 ページ）を参照）。

このグラフの横軸は、尺度化されたパラメータ推定値の絶対値の和です。これは、パラメータ推定値の l_1 ノルムです（なお、切片、過分散パラメータ、およびゼロ強調パラメータは、この l_1 ノルムの計算からは除外されています）。赤い縦線は、最終的に選択されたモデルを指します。これは、「標準化した説明変数に対する推定値」レポートに表示された推定値の l_1 ノルムを示します。

説明変数の数が標本サイズより少ない場合、このグラフには、ゼロ（罰則が無限大のときの推定値）から最尤推定値（罰則がまったく無いときの推定値）までの全範囲が描画されます。そうでない場合は、全範囲はプロットされません。なお、「標準化した説明変数に対する推定値」レポートで行をクリックすると、その項の経路がグラフでも選択されます。

標準化した説明変数に対する推定値

ヒント：「標準化した説明変数に対する推定値」レポートで行をクリックすると、「パラメータ推定値の経路」プロットで対応する経路が強調表示されます。この時、データテーブルでも対応する列が選択されます。この機能は、さらに分析を進めるときに便利です。なお、複数の行を選択する場合は、Shift キーを押したままクリックしてください。

[一般化回帰] 手法のすべての推定法において、すべての説明変数が、平均0、ノルム1になるように中心化、尺度化されます。

- 各列から平均が引かれます。
- 平均からの差を、その平方和の平方根で割ります。

このような標準化により、すべての説明変数が、適用されるペナルティに対して相対的に同じ尺度になります。

「標準化した説明変数に対する推定値」レポートには、説明変数を標準化したときのモデルのパラメータ推定値が表示されます。最終的なモデルは、指定した検証法によって決定されます。最終的なモデルは「パラメータ推定値の経路」プロットに赤い縦線として表示されます。

レポートには次の情報も表示されます。

項 モデル項のリスト。

推定値 モデル項を標準化したときのパラメータ推定値。

標準誤差 推定値の標準誤差。これは、M 推定におけるサンドイッチ公式を使って求められます（Zou, 2006 および Huber and Ronchetti, 2009）。

Wald カイ 2 乗 パラメータが0かどうかを調べる Wald 検定のカイ 2 乗値。

p 値(Prob > ChiSquare) Wald 検定に対する p 値。

下側 95% パラメータの両側 95% 信頼区間の下限。信頼水準を変更するには、「モデルのあてはめ」ウィンドウで赤い三角ボタンのメニューから「有意水準の設定」を選択します。

上側 95% パラメータの両側 95% 信頼区間の上限。信頼水準を変更するには、「モデルのあてはめ」ウィンドウで赤い三角ボタンのメニューから「有意水準の設定」を選択します。

元の説明変数に対するパラメータ推定値

ヒント:「元の説明変数に対する推定値」レポートで行をクリックすると、「パラメータ推定値の経路」プロットで対応する経路が強調表示されます。この時、データテーブルでも対応する列が選択されます。この機能は、さらに分析を進めるときに便利です。なお、複数の行を選択する場合は、Shift キーを押したままクリックしてください。

「元の説明変数に対する推定値」レポートには、標準化していない元の説明変数に対するパラメータ推定値が表示されます。

レポートには次の情報も表示されます。

項 モデル項のリスト。

推定値 元の説明変数に対するパラメータ推定値。

標準誤差 推定値の標準誤差。これは、M 推定におけるサンドイッチ公式を使って求められます (Zou, 2006 および Huber and Ronchetti, 2009)。

Wald カイ 2 乗 パラメータが 0 かどうかを調べる Wald 検定のカイ 2 乗値。

p 値 (Prob > ChiSquare) Wald 検定に対する p 値。

下側 95% パラメータの両側 95% 信頼区間の下限。信頼水準を変更するには、「モデルのあてはめ」ウィンドウで赤い三角ボタンのメニューから「有意水準の設定」を選択します。

上側 95% パラメータの両側 95% 信頼区間の上限。信頼水準を変更するには、「モデルのあてはめ」ウィンドウで赤い三角ボタンのメニューから「有意水準の設定」を選択します。

効果の検定

「効果の検定」レポートには、次の情報が表示されます。

要因 モデル内の効果。

パラメータ数 効果に含まれるパラメータの個数。

自由度 Wald カイ 2 乗検定の自由度。これは、効果に含まれるパラメータのうち、その推定値がゼロではないものの個数です。

Wald カイ 2 乗 要因に関連するすべてのパラメータが 0 かどうかを調べる Wald 検定のカイ 2 乗値。

p 値 (Prob > ChiSquare) Wald カイ 2 乗検定に対する p 値。

効果の係数がゼロと推定された場合:

- 効果のパラメータ数が 1 の場合、行の一番右に「削除」と表示されます。

- 効果のパラメータ数が2以上の場合、「削除された水準数」と表示され、その後にパラメータ推定値がゼロになっている水準の個数が示されます。

モデルのあてはめのオプション

モデルのあてはめレポートには、それぞれ赤い三角ボタンのメニューがあり、次のようなオプションが用意されています。

非ゼロの項を選択 レポートにおいて、パラメータ推定値がゼロではない項を強調表示します。この時、データテーブルでも対応する列が選択されます。

ゼロの項を選択 レポートにおいて、パラメータ推定値がゼロとなっている項を強調表示します。この時、データテーブルでも対応する列が選択されます。

プロファイル 予測プロファイルを表示します。詳細については、『プロファイル機能』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共分散行列を表示します。これは、M推定におけるサンドイッチ公式を使って求められます (Zou, 2006 および Huber and Ronchetti, 2009)。

推定値の相関 パラメータ推定値の相関行列を表示します。これは、M推定におけるサンドイッチ公式を使って求められます (Zou, 2006 および Huber and Ronchetti, 2009)。

診断プロット [予測値と実測値のプロット] と、[予測値と残差のプロット] の2つのオプションがあります。「検証法」として [K分割]、[保留]、[1つ取って置き法]、[検証列] のいずれかを選択した場合、学習セットと検証セットそれぞれのプロットが表示されます。「検証法」として [K分割] または [1つ取って置き法] を選択した場合、最小の予測誤差を持つ分割の検証セットのプロットと、それに対応した学習セットのプロットが表示されます。

- [予測値と実測値のプロット] は、Yの実測値を縦軸に、Yの予測値を横軸にプロットします。
- [予測値と残差のプロット] は、残差を縦軸に、Yの予測値を横軸にプロットします。

列の保存 次の列をデータテーブルに保存することができます。

- [予測式の保存] : 観測された (標準化されていない) データ値の予測式を保存します。平均の計算式については、「[分布](#)」(258 ページ) を参照してください。
- [残差計算式の保存] : Yから予測値を引いた残差を、計算式として保存します。「分布」に [二項] を選択した場合、このオプションは使用できません。
- [分散計算式の保存] : 分散の計算式を保存します。これは、選択した分布に基づき計算される、応答変数の分散の推定値です。分散に対するリンク関数の逆関数を、線形成分の推定値に適用することで、この分散は推定されます。各分布における分散の式については、「[分布](#)」(258 ページ) を参照してください。「分布」に [二項] を選択した場合、このオプションは使用できません。
- [検証列の保存] : 「検証法」に [K分割]、[保留]、[1つ取って置き法]、または [検証列] を選択した場合のみ使用できます。どのデータに分割されたかを示す列を保存します。[K分割] の場合、複数

に分割されたデータを示します。[保留] と [検証列] の場合、各行は学習セットと検証セットのいずれかを示します。[1つ取って置き法] の場合、学習データとされた順序を示します。

注：起動ウィンドウで「検証」列を指定した場合、[検証列の保存] オプションは表示されません。

あてはめの削除 あてはめのレポートを削除します。

「一般化回帰」のオプション

モデルダイアログ 現在の分析の起動ダイアログを呼び出します。

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。『JMP の使用法』を参照してください。

「一般化回帰」手法のその他の例

Poisson 一般化回帰

「Liver Cancer.jmp」サンプルデータには、136 名の患者の「結節数」の値がまとめられています。また、関連があると考えられる 6 つの変数、「BMI」、「年齢」、「時間」、「マーカー」、「肝炎」、「黄疸」も含まれています。これらの列については、データテーブルの各列のノートに説明があります。

この例では、6 つの説明変数を使って「結節数」の予測モデルを作成します。「結節数」は Poisson 分布を使ってモデル化します。

1. 「Liver Cancer.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「列の選択」リストで「結節数」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「BMI」から「黄疸」までを選択し、[マクロ] > [設定された回数まで] をクリックします。
これにより、2 次までのすべての項（「回数」ボックスでのデフォルト）がモデルに追加されます。
5. 「列の選択」リストで「検証」を選択し、[検証] をクリックします。
6. 「手法」のリストから [一般化回帰] を選択します。
7. 「分布」リストから [Poisson] を選択します。
8. [実行] をクリックします。

一般化回帰の「モデルの設定」パネルが表示されます。デフォルトの「推定法」が [弾性ネット] になっています。

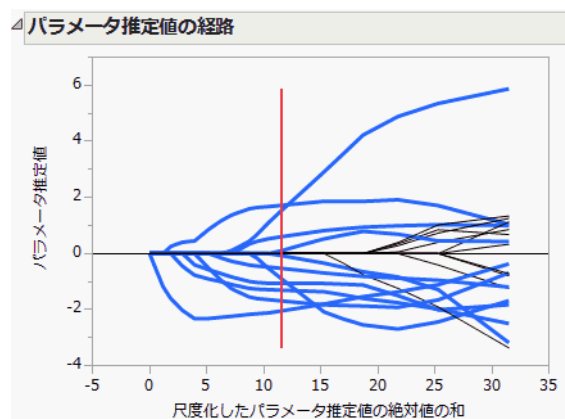
9. 「推定法」リストから [Lasso] を選択します。
10. [実行] をクリックします。

11. レポートの赤い三角ボタンのメニューから、**[非ゼロの項を選択]** を選択します。

「パラメータ推定値の経路」は図 6.5 のようになります。パラメータ推定値がゼロではない項の経路が強調表示されています。パラメータ推定値の経路は、プロット上を右から左へ見てください。一番右側は最尤推定値です。罰則を大きくするにつれて、プロットの左側へと移動していき、パラメータ推定値はゼロに収縮していきます。いくつかの項は、かなり早い時点でゼロに収縮する経路になっています。

「パラメータ推定値の経路」プロットの縦軸は、標準化した説明変数のパラメータ推定値を示しています。赤い縦線は、交差検証によって選択されたモデルを示しています。選択されたモデルでは、11 個の項においてパラメータ推定値がゼロではありません。

図 6.5 非ゼロの項が強調表示された、Lasso の経路



「標準化した説明変数に対する推定値」レポート (図 6.6) には、説明変数を標準化したときのパラメータ推定値が表示されます。「元の説明変数に対する推定値」レポートには、標準化していない元の説明変数に対するパラメータ推定値が表示されます。ゼロではないパラメータ推定値を持つ 11 個の項が、両レポートで強調表示されます。これには、交互作用の効果も含まれています。データテーブルで選択されている 6 つの列は、ゼロではないパラメータ推定値の項を含む列です。

「効果の検定」レポートでは、パラメータ推定値がゼロである 10 個の項が「削除」されています。「効果の検定」レポートを見ると、0.05 の有意水準において有意な効果は「年齢*マーカー」の 1 つだけです。

12. 「標準化した説明変数に対する推定値」または「元の説明変数に対するパラメータ推定値」レポートで、「(年齢 - 56.3994)* マーカー [0]」をクリックしてみてください。

すると、「パラメータ推定値の経路」プロットで対応する経路が強調表示されます。この時、データテーブルでは「年齢」列と「マーカー」列が選択されます。

図 6.6 非ゼロの項が強調表示されたパラメータ推定値レポート

標準化した説明変数に対する推定値						
項	推定値	標準誤差	Waldカイ2乗	p値(Prob>Chisq)	下側95%	上側95%
切片	1.5725222	0.0673373	545.35918	<.0001*	1.4405436	1.7045008
BMI	-0.910698	3.636565	0.0627142	0.8023	-8.038234	6.2168385
年齢	-0.075249	0.8029454	0.0087827	0.9253	-1.648993	1.4984952
時間	0	0	0	1.0000	0	0
マーカー[0]	1.7207948	1.4729512	1.3648391	0.2427	-1.166136	4.6077262
肝炎[0]	0	0	0	1.0000	0	0
黄疸[0]	-1.065721	0.7923292	1.8091561	0.1786	-2.618658	0.4872153
(BMI-23.1737)*(年齢-56.3994)	0.6030588	1.1247203	0.287495	0.5918	-1.601352	2.80747
(BMI-23.1737)*(時間-9.00945)	0	0	0	1.0000	0	0
(BMI-23.1737)*マーカー[0]	-1.306123	0.9938521	1.7271281	0.1888	-3.254037	0.6417914
(BMI-23.1737)*肝炎[0]	1.5477808	4.3618225	0.1259166	0.7227	-7.001234	10.096796
(BMI-23.1737)*黄疸[0]	0	0	0	1.0000	0	0
(年齢-56.3994)*(時間-9.00945)	0	0	0	1.0000	0	0
(年齢-56.3994)*マーカー[0]	-2.044333	0.7289274	7.8656539	0.0050*	-3.473005	-0.615662
(年齢-56.3994)*肝炎[0]	0	0	0	1.0000	0	0
(年齢-56.3994)*黄疸[0]	0	0	0	1.0000	0	0
(時間-9.00945)*マーカー[0]	-0.528608	0.7088382	0.5561263	0.4558	-1.917906	0.8606893
(時間-9.00945)*肝炎[0]	0	0	0	1.0000	0	0
(時間-9.00945)*黄疸[0]	0.1039959	0.6265926	0.0275462	0.8682	-1.124103	1.3320948
マーカー[0]*肝炎[0]	-1.689482	1.5602898	1.1724563	0.2789	-4.747594	1.3686297
マーカー[0]*黄疸[0]	0	0	0	1.0000	0	0
肝炎[0]*黄疸[0]	0	0	0	1.0000	0	0

13. 「適応型 Lasso による推定 (検証法: 検証列)」レポートの赤い三角ボタンのメニューから、[列の保存] > [予測式の保存] を選択します。また、[列の保存] > [分散計算式の保存] も選択します。

データテーブルに、「結節数 予測式」と「分散 結節数」という2つの列が追加されます。

14. 計算式を確認するために、いずれかの列の見出しを右クリックして、メニューから [計算式] を選択します。または、「列」パネルで列名の右側にある＋記号をクリックします。

「結節数 予測式」列の計算式は、モデルの線形式に指数関数を適用したものになっています。「分散 結節数」の計算式は、予測式と同じ計算式によって求められます。同じ計算式になっているのは、Poisson 分布の分散は、その平均と等しいからです。

二項一般化回帰

この例では、「Liver Cancer.jmp」サンプルデータの二項応答「重症」に対する予測モデルを作成します。

1. 「Liver Cancer.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「列の選択」リストで「重症」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「BMI」から「黄疸」までを選択し、[マクロ] > [設定された回数まで] をクリックします。

2次までのすべての項（「回数」ボックスでのデフォルト）がモデルに追加されます。

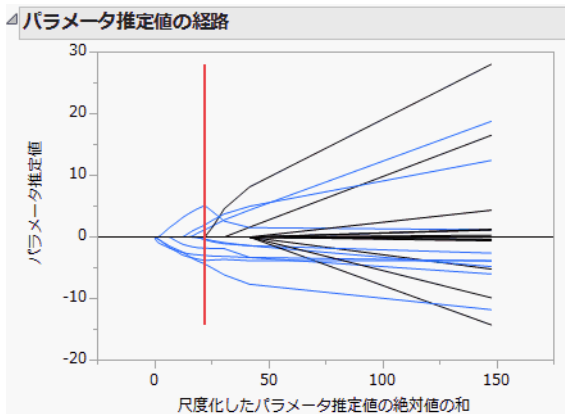
5. 「列の選択」リストで「検証」を選択し、[検証] をクリックします。
6. 「手法」のリストから [一般化回帰] を選択します。
7. 「分布」リストから [二項] を選択します。
8. [実行] をクリックします。

一般化回帰の「モデルの設定」パネルが表示されます。

9. 「推定法」で「弾性ネット」が選択されています。「実行」をクリックします。

「パラメータ推定値の経路」は図 6.7 のようになります。パラメータ推定値がゼロではない項の経路が青色で表示されています。最適なパラメータ値は、最尤推定値からはかなり離れた、収縮した値になっています。

図 6.7 「パラメータ推定値の経路」プロット



10. 「適応型弾性ネットによる推定（検証法：検証列）」レポートの赤い三角ボタンのメニューから、「ゼロの項を選択」オプションを選択します。

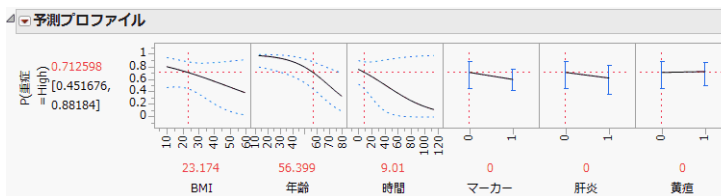
パラメータ推定値がゼロである 11 個の項が、「標準化した説明変数に対する推定値」レポートと「元の説明変数に対する推定値」レポートで強調表示されます。「効果の検定」レポートでは、これらの項には「削除」と記されています。

「効果の検定」レポートを見ると、0.05 の有意水準において有意な効果は「時間」の 1 つだけであることもわかります。ただし、「時間*マーカー」の交互作用に対する p 値は 0.0665 と、5% 有意に近くなっています。

11. 「時間」と「時間*マーカー」の交互作用が「重症」にどのように影響を与えるかは、「適応型弾性ネット」レポートの赤い三角ボタンのメニューから「プロファイル」を選択して確認できます。

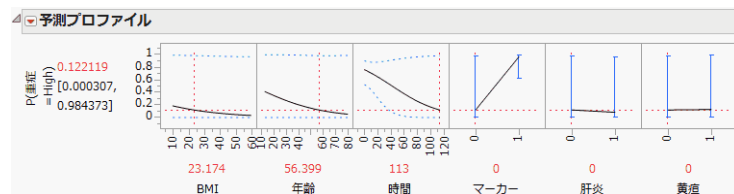
図 6.8 は、この例におけるプロファイルです。

図 6.8 P(重症=High) で時間値が小の場合のプロファイル



12. 「時間」の赤い点線を左から右に動かすと、「マーカー」との交互作用が確認できます（図 6.8 および図 6.9）。「時間」値が小さい患者の場合、「マーカー」は「重症」にほとんど影響を与えません。しかし、時間が長い患者の場合は、「マーカー」が重要です。時間が長くなると、マーカーが「0」のほうが、「重症」が High になる確率が低いことがわかります。

図 6.9 時間値を大きくしたときの、P(重症=High)のプロファイル



ZI Poisson 回帰

「Fishing.jmp」サンプルデータは、公園を訪れたグループが釣った魚の数の架空データです。データは、家族連れやグループから収集した250行のデータです。この例では、「釣った魚」の数を、「生き餌」、「釣竿の本数」、「キャンプをした?」、「人数」、「子供」で予測します。これらの列については、データテーブルの各列のノートに説明があります。

このサンプルデータには、「釣りをした?」という非表示の列もあります。ただし、データの収集時には、グループ内の誰かが実際に釣りをしたかどうかは特定されておらず、この列の情報は観測されていません。データの魚がゼロ匹である場合、グループの誰も釣りをしなかったケースと、釣りをした人がいるけれども1匹も釣れなかったケースの2つが考えられます。「釣りをした?」列には、どちらのケースに該当するかが含まれています。

応答が0であるのには、前述した2つの原因が考えられます。このような場合には、ゼロ強調分布が適しています。釣りをしたグループでの釣った魚の数には Poisson 分布が適しているため、ゼロ強調 Poisson 分布をあてはめます。

1. 「Fishing.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「列の選択」リストで「釣った魚」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「生き餌」から「子供」までを選択し、[マクロ] > [設定された次数まで] をクリックします。
2次までの項（「次数」ボックスでのデフォルト）がモデルに追加されます。
5. 「列の選択」リストで「検証」を選択し、[検証] をクリックします。
6. 「手法」のリストから [一般化回帰] を選択します。
7. 「分布」リストから [ゼロ強調 Poisson] を選択します。
8. [実行] をクリックします。
「モデルの設定」ウィンドウが表示されます。「推定法」に「弾性ネット」が選択されています。
9. [実行] をクリックします。

「パラメータ推定値の経路」、両パラメータ推定値のレポート、そして「効果の検定」レポートを見ると、かなりの数の項がゼロであることがわかります。また、両パラメータ推定値レポートの最終行に表示されている「ゼロ強調」パラメータは高度に有意です。つまり、「釣った魚」という応答の変動の一部は、釣りをしなかったグループがあることに起因しているようです。

図 6.10 「標準化した説明変数に対する推定値」レポート

項	推定値	標準誤差	Waldカイ2乗	p値(Prob>Chisq)	下側95%	上側95%
切片	1.0935249	0.1345579	66.04484	<.0001*	0.8297962	1.3572535
生き餌[0]	-1.578097	0.4819653	10.721017	0.0011*	-2.522732	-0.633463
釣竿の本数	3.8934594	0.6135973	40.262847	<.0001*	2.6908309	5.096088
キャンプをした？[0]	-1.877825	1.2134067	2.3949554	0.1217	-4.256058	0.5004085
人数	0	0	0	1.0000	0	0
子供	-1.24678	0.9364512	1.7725942	0.1831	-3.082191	0.5886307
生き餌[0]*(釣竿の本数-0.856)	0	0	0	1.0000	0	0
生き餌[0]*キャンプをした？[0]	0	0	0	1.0000	0	0
生き餌[0]*(人数-2.516)	0	0	0	1.0000	0	0
生き餌[0]*(子供-0.936)	0	0	0	1.0000	0	0
(釣竿の本数-0.856)*キャンプをした？[0]	-3.935288	0.8879124	19.643225	<.0001*	-5.675564	-2.195012
(釣竿の本数-0.856)*(人数-2.516)	0	0	0	1.0000	0	0
(釣竿の本数-0.856)*(子供-0.936)	-2.099941	0.6195777	11.487419	0.0007*	-3.31429	-0.885591
キャンプをした？[0]*(人数-2.516)	0	0	0	1.0000	0	0
キャンプをした？[0]*(子供-0.936)	0	0	0	1.0000	0	0
(人数-2.516)*(子供-0.936)	0	0	0	1.0000	0	0
ゼロ強調	0.7864579	0.0331981	561.21011	<.0001*	0.7213909	0.8515249

「効果の検定」レポートからは、「生き餌」、「釣竿の本数」、「釣竿の本数*キャンプをした?」、「釣竿の本数*子供」の4つの項が、有意水準0.05において有意であることがわかります。

10. 「適応型弾性ネット (検証法: 検証列)」レポートの赤い三角ボタンのメニューから [プロフィール] を選択します。

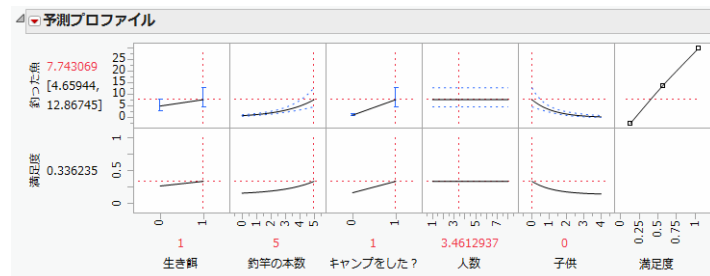
11. 「予測プロフィール」の赤い三角ボタンメニューから、[満足度関数] を選択します。

「釣った魚」の数の最大化を目標とする満足度関数が、応答に適用されます。(満足度関数についての詳細は、『プロフィール機能』を参照してください。)

12. 「予測プロフィール」の赤い三角ボタンメニューから、[満足度の最大化] を選択します。

釣った魚の数を最大にする設定のプロフィールを図 6.11 に示します。設定を変えながら、有意な要因である「生き餌」、「釣竿の本数」、「釣竿の本数*キャンプをした?」、「釣竿の本数*子供」の影響を確認できます。たとえば、生き餌を使うと、より多くの魚が釣れています。そして、キャンプをしたほうが、また、持参した釣竿が多いほど、より多くの魚を釣っています。

図 6.11 釣った魚の数を最大にしたときの予測プロフィール



13. 「適応型弾性ネットによる推定 (検証法: 検証列)」レポートの赤い三角ボタンのメニューから、[列の保存] > [予測式の保存] と [列の保存] > [分散計算式の保存] を選択します。

データテーブルに、「釣った魚 予測式」と「分散 釣った魚」という2つの列が追加されます。

14. 計算式を確認するには、どちらかの列の見出しを右クリックし、[計算式] をクリックします。または、「列」パネルの列名の右側にある+記号をクリックします。これらの2つの計算式には、ゼロ強調パラメータの推定値0.7864579が使用されています。

統計的詳細

分布

「一般化回帰」手法で使われる分布の密度関数（確率関数）・期待値・分散を、以下に示します。なお、「一般化回帰」手法の離散分布では、同じ確率関数を使って、整数以外のデータ値も処理します（下の計算式では、離散分布は整数値のみをとるように説明しています）。

正規分布

$$f(y|\mu, \sigma) = \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} \exp[-(y-\mu)^2/2\sigma^2], -\infty < y < \infty$$

$$E(Y) = \mu$$

$$Var(Y) = \sigma^2$$

二項分布

$$f(y|n, p) = \binom{n}{y} p^y (1-p)^{n-y}, y = 0, 1, 2, \dots, n$$

$$E(Y) = np$$

$$Var(Y) = np(1-p)$$

Poisson 分布

$$f(y|\lambda) = \frac{\lambda^y}{y!} \exp(-\lambda), y = 0, 1, 2, \dots$$

$$E(Y) = \lambda$$

$$Var(Y) = \lambda$$

ゼロ強調 Poisson 分布

$$f(y|\lambda, \pi) = \begin{cases} \pi + (1 - \pi)\exp(-\lambda), & y = 0 \text{ の場合} \\ (1 - \pi)\frac{\lambda^y}{y!}\exp(-\lambda), & y = 1, 2, \dots \text{ の場合} \end{cases}$$

$$E(Y) = (1 - \pi)\lambda$$

$$Var(Y) = \lambda(1 - \pi)(1 + \pi\lambda)$$

負の二項分布

$$f(y|\mu, \sigma) = \frac{\Gamma(y + (1/\sigma))}{\Gamma(y + 1)\Gamma(1/\sigma)} \left[\frac{(\mu\sigma)^y}{(1 + \mu\sigma)^{y + (1/\sigma)}} \right], y = 0, 1, 2, \dots$$

$$E(Y) = \mu$$

$$Var(Y) = \mu + \sigma\mu^2$$

ゼロ強調の負の二項分布

$$f(y|\mu, \sigma, \pi) = \begin{cases} \pi + (1 - \pi)(1 + \mu\sigma)^{-(1/\sigma)}, & y = 0 \text{ の場合} \\ (1 - \pi)\frac{\Gamma(y + (1/\sigma))}{\Gamma(y + 1)\Gamma(1/\sigma)} \left[\frac{(\mu\sigma)^y}{(1 + \mu\sigma)^{y + (1/\sigma)}} \right], & y = 1, 2, \dots \text{ の場合} \end{cases}$$

$$E(Y) = (1 - \pi)\mu$$

$$Var(Y) = \mu(1 - \pi)[1 + \mu(\sigma + \pi)]$$

ガンマ分布

$$f(y|\mu, \sigma) = \frac{y^{(\mu/\sigma) - 1} \exp(-y/\sigma)}{\Gamma(\mu/\sigma)\sigma^{\mu/\sigma}}, y > 0$$

$$E(Y) = \mu$$

$$Var(Y) = \mu\sigma$$

第7章

混合モデル

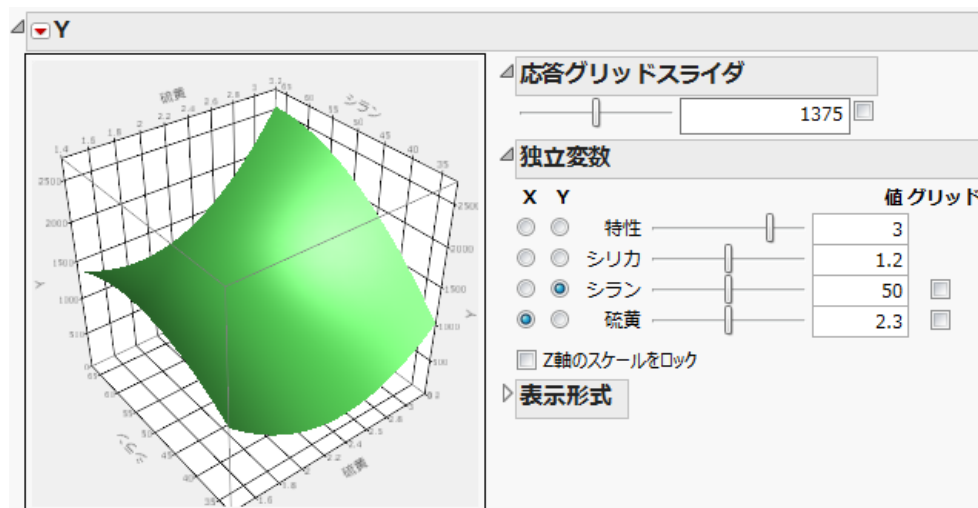
誤差の共分散構造もモデル化

JMP
PRO

JMP Proでは、「モデルのあてはめ」プラットフォームの手法に「混合モデル」という項目が用意されています。この手法は、複雑な誤差共分散構造をもつ線形モデルをあてはめるものです。ランダム係数モデル、反復測定モデル、空間モデル、応答に相関があるモデルなどをあてはめることができます。「混合モデル」手法では、変量効果および誤差の共分散構造を簡単に指定できます。モデルは、REML法により推定されます。

分析結果は、プロファイル、曲面プロット、等高線図などの動的なグラフでも表示できます。これらのグラフは、モデルをより理解するのに役立ちます。詳細は、『プロファイル機能』を参照してください。

図7.1 反復測定実験の曲面プロファイル



目次

混合モデル手法の概要	263
混合モデルを使った例	264
混合モデル手法の起動	269
「混合モデルのあてはめ」レポート	274
モデルのレポート	275
適合度統計量	276
変量効果の共分散パラメータ推定値	278
固定効果のパラメータ推定値	279
反復構造の共分散パラメータ推定値	280
ランダム係数	280
変量効果の予測値	281
固定効果の検定	281
多重比較	281
周辺予測値プロット	282
条件付き予測値プロット	284
列の保存	286
その他の例	287
統計的詳細	318
収束スコア検定	318
ランダム係数モデル	319
反復測定	320
空間的構造	323
Kackar-Harville の修正	324

混合モデル手法の概要



JMP Pro では、[混合モデル] 手法を使って、複雑な共分散構造を持つモデルを分析できます。次のようなモデルをあてはめることができます。

- 分割実験モデル
- ランダム係数モデル
- 反復測定モデル
- 空間モデル
- 相関がある応答に対するモデル

分割実験では、実験単位が多段階になっており、各段階ごとに誤差が想定されます。実験において変更するのが容易な因子と、困難な因子がある場合に、分割実験は用いられています。『実験計画 (DOE)』のカスタム計画に関する章を参照してください。

ランダム係数モデルは、階層型モデル、階層型線形モデル、多層モデルなどとも呼ばれます (Singer 1998; Sullivan, Dukes, and Losina 1999)。ランダム係数モデルでは、切片や傾きが個体やバッチごとにランダムに分布していると仮定されます。製薬での安定性試験や教育研究での成績調査で広く使われています。

反復測定データ、空間データ、相関がある応答データなどは、いずれも誤差が独立ではありません。そのため、誤差の相関構造もモデル化する必要があります。

- 反復測定モデルでは、複数時点で測定された応答の変化をモデル化します。誤差の間に相関を仮定します。
- 空間データは、2 次元以上（通常は 2 次元）の座標上で測定されたデータです。空間データには、多くの場合、距離が近いほど、高い相関が見られます。空間モデルでは、距離によって誤差の間の相関を表します。
- 同じ単位に対していくつかの測定を行うと、それらの測定値の間には相関が見られます。たとえば、ある 1 個人における身長・体重・血圧などの医療データや、ある 1 製品における硬度、強度、弾力性などの特性値は、互いに相関しているでしょう。これらの測定値は、1 つ 1 つバラバラに分析することもできますが、相関のある応答データとして一度に分析すると、より有益な情報が得られることもあります。

誤差の共分散構造を仮定しないと、処置や処理がもつ効果を誤って見積もってしまうかもしれません。しかし、一方で、誤差の共分散構造におけるパラメータは、既知ではないので、現在、得られたデータから推定しなければいけません。推定するパラメータの個数は、検出力と第 1 種の誤りに影響を及ぼします。このため、誤差の共分散に対してどのような構造を仮定するかは、慎重に考えなければいけません。詳細は、「[反復測定の例](#)」(287 ページ) を参照してください。

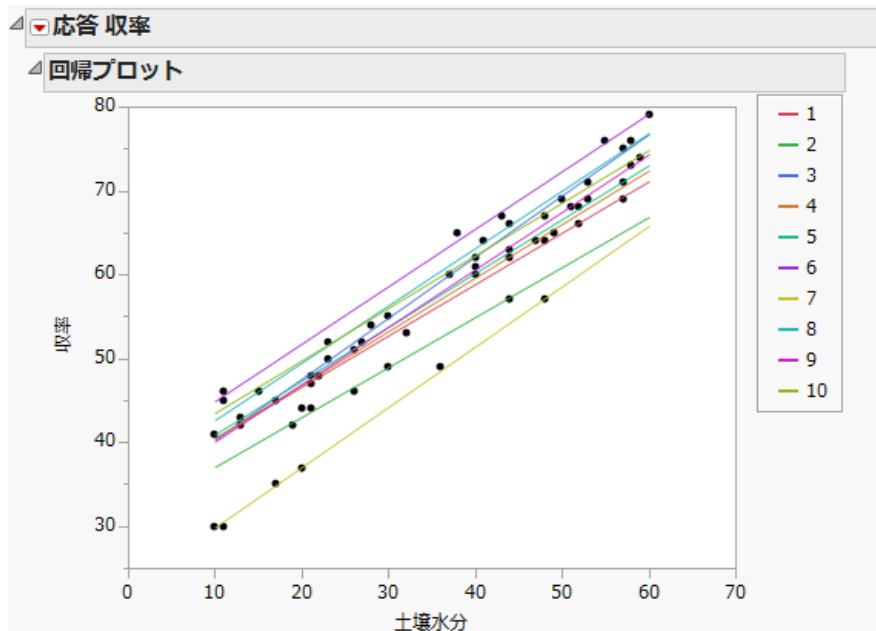
混合モデルを使った例

乾燥地域向けに改良した小麦（ハードレッドウインター小麦）の中から、10種類の品種を無作為抽出し、農業試験を行いました。この農業試験では、各品種ごとに6つの区画が用意され（合計で60区画）、無作為に割り付けられました。なお、1区画の面積は1エーカーで、全体では60エーカーです。研究者は、各区画における土壌の水分量が小麦の発芽に影響を与えていると考えています。さらに、その結果、最終的な収量にも土壌の水分量が影響していると考えています。そこで、種蒔きの前に、地面下36インチの土壌の水分量を全区画で測定しました。水分量が収量にどのように影響しているかを特定したいため、水分量を説明変数とし、収量を応答変数とした回帰式をあてはめます。

この農業試験では、品種は無作為に抽出されているため、次のようなモデルが仮定できます。「母集団においては、数多くの品種が存在しており、品種ごとに回帰式が成立している。母集団におけるその回帰式は、1つ1つの品種ごとに異なっている。そして、ここでの10品種の1つ1つの回帰式は、その母集団の回帰式から無作為に抽出したものである」というモデルです。このような仮定やモデルをもとに、切片や傾きが、それぞれの品種ごとにランダムに異なっているとします（つまり、回帰式の切片や傾きが、確率変数であると仮定します）。ランダムに分布している切片と傾きには相関があると考えるのが自然でしょう。また、このランダムな切片や傾きは、固定効果で表される期待値を中心として、確率的に分布していると仮定します。固定効果として指定された切片や傾きは、品種ごとにランダムに散らばっている切片と傾きの期待値を表します。この固定効果は、母集団において、ランダムではない、固定された値です。（この例は、SAS for Mixed Models, 2nd ed. (2006) の320ページから引用したものです。）

品種ごとに回帰直線を描いてみると、切片と傾きにおけるばらつきを確認できます（図7.2）。傾きはあまりばらついていませんが、切片はかなりばらついています。また、切片と傾きには、切片が小さい品種の方が傾きが大きそう、つまり、負の相関がありそうです。

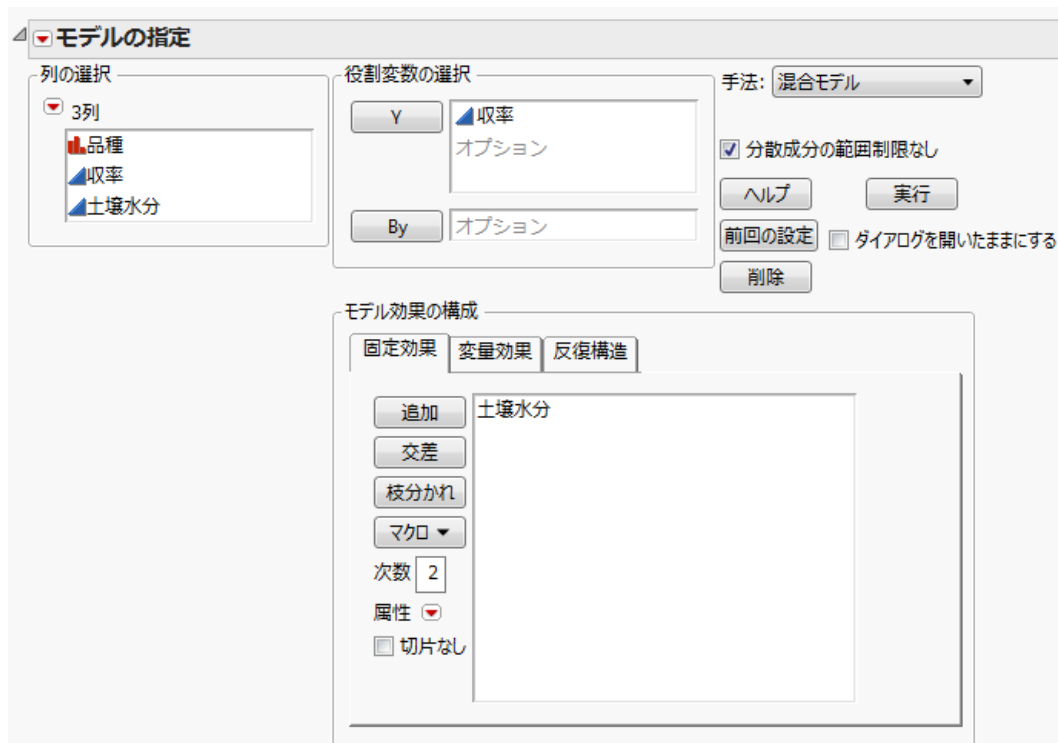
図 7.2 標準最小 2 乗の回帰



切片と傾きを確率変数としたランダム係数モデルをあてはめるために、[混合モデル] 手法を使ってみましょう。ここでの分析目的は、母集団での全体の回帰式、および、各品種での回帰式を推定することです。

1. 「Wheat.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「収率」を選択し、[Y] をクリックします。
この列を [Y] として追加すると、「手法」が [標準最小 2 乗] になります。
4. 「手法」リストから [混合モデル] を選択します。または、[混合モデル] 手法を選択してから、[Y] をクリックして「収率」を追加します。
5. 「土壌水分」を選択し、[固定効果] タブで [追加] をクリックします。

図7.3 指定が完了した「モデルのあてはめ」起動ウィンドウの「固定効果」タブ



6. 「変数効果」タブをクリックします。
7. 「土壌水分」を選択し、「追加」をクリックします。
8. 「列の選択」リストから「品種」を選択し、「変数効果」タブの「土壌水分」を選択し、「ランダム係数 枝分かれ」ボタンをクリックします。

図 7.4 入力が完了した「モデルのあてはめ」起動ウィンドウ、「変量効果」タブ

モデルの指定

列の選択
☒ 3列
 品種
 収率
 土壌水分

役割変数の選択
 Y
 収率
 オプション
 By
 オプション

手法: 混合モデル

☒ 分散成分の範囲制限なし

ヘルプ 実行

前回の設定 ☐ ダイアログを開いたままにする

削除

モデル効果の構成

固定効果 変量効果 反復構造

追加 交差 枝分かれ ランダム係数 枝分かれ マクロ

次数 2

切片[品種]&ランダム係数(1)
 土壌水分[品種]&ランダム係数(1)

この操作により、指定された変量効果が品種ごとにグループ化されます。また、切片も変量効果に追加されます。

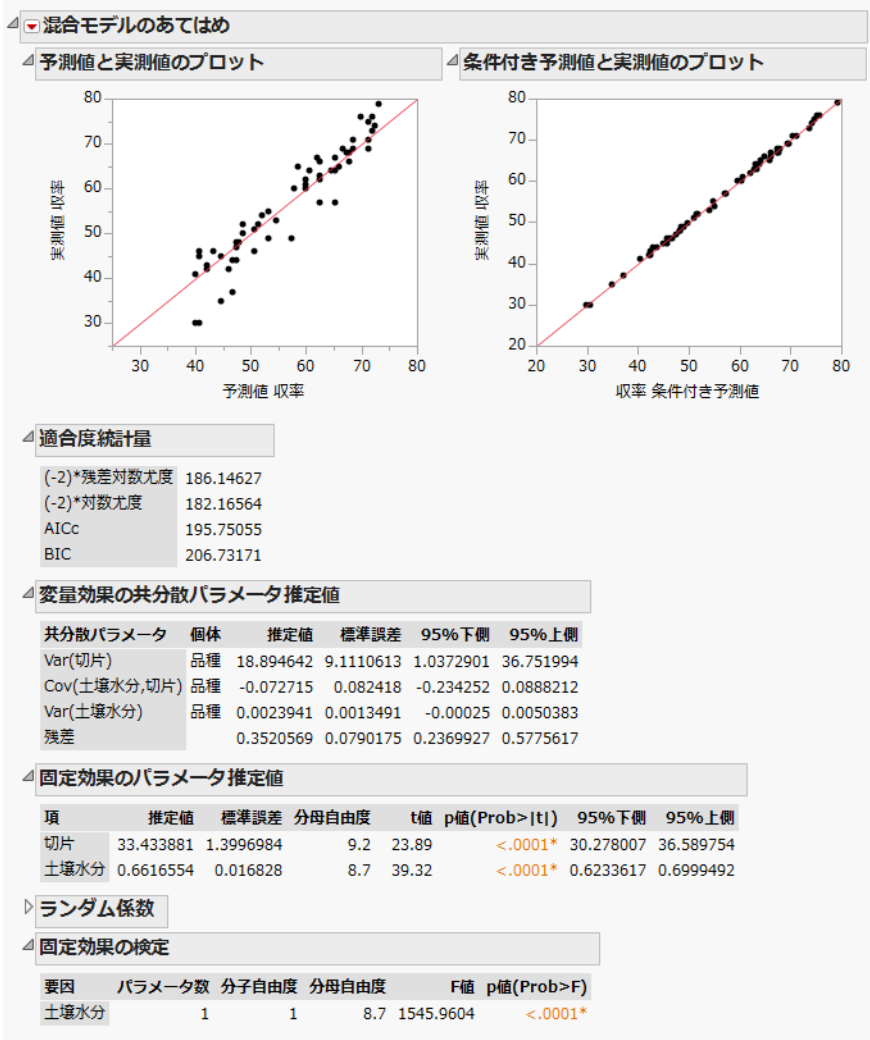
9. [実行] をクリックします。

図 7.5 のような「混合モデルのあてはめ」レポートが表示されます。なお、「ランダム係数」のレポートは閉じられています。「予測値と実測値のプロット」を見ると、モデルの仮定には特に問題がなさそうです。モデルの仮定には特に問題がなさそうなので、次に検定や回帰式を解釈していきましょう。「固定効果の検定」レポートを見ると、収率に対する土壌水分の効果は有意です。「固定効果のパラメータ推定値」にレポートされている推定値から、母集団での全体の回帰式は次のようになります。

$$\text{収率} = 33.43 + 0.66 * \text{土壌水分}$$

「変量効果の共分散パラメータ推定値」レポートを見ていきましょう。「Var(切片)」には、品種による切片のばらつき（分散）の推定値が表示されています。「Var(土壌水分)」には、品種による傾きのばらつき（分散）の推定値が表示されています。「Cov(土壌水分, 切片)」には、切片と傾きとの共分散が表示されています。この例では、共分散の推定値に対する信頼区間には 0 が含まれているので、切片と傾きとの相関は有意ではありません。最後の行の推定値は、残差誤差の分散に対する推定値です。

図 7.5 「混合モデルのあてはめ」 レポート



母集団での全体での回帰式の推定値が求まりました。さらに、品種ごとの回帰式を見ていきましょう。ここでは、品種が「2」であるときの回帰式も求めてみましょう。

10. 「ランダム係数」レポートを開き、切片と土壌水分の推定値を見ましょう。これらの係数は、各品種が全体の期待値から、どれぐらい異なるかを予測したものです。

このレポートでの品種2に対する推定値を使って、次の回帰式が得られます。

$$\text{収率} = 33.43 - 2.28 + 0.66 * \text{土壌水分} - 0.07 * \text{土壌水分} = 31.15 + 0.59 * \text{土壌水分}$$

品種2の切片は、母集団全体での切片の平均よりも小さくなっています。また、傾きも、母集団全体での傾きの平均よりも小さくなっています。

図7.6 「ランダム係数」レポート

混合モデルのあてはめ

ランダム係数

品種

品種	切片	土壌水分
1	0.9577912	-0.049211
2	-2.284293	-0.066697
3	-0.408104	0.0672224
4	0.6960203	-0.023306
5	1.1159026	-0.019904
6	4.6391525	0.0238887
7	-10.73004	0.0564233
8	2.4011726	0.0224336
9	-0.176205	0.0233566
10	3.7886003	-0.034207

共分散行列

変量効果	切片	土壌水分
切片	18.89464	-0.07271
土壌水分	-0.07271	0.002394

混合モデル手法の起動

「混合モデル」は、「モデルのあてはめ」起動ウィンドウに用意されている手法の1つです。ここでは、「モデルのあてはめ」起動ウィンドウで混合モデルを選択する操作について説明します。また、この手法で用意されているオプションについても説明します。

「モデルのあてはめ」起動ウィンドウ

手法として「混合モデル」を指定すると、固定効果、変量効果、反復構造を指定できます。レポートで表示されるオプションは、指定したモデルの種類によって異なります。

[混合モデル] 手法を使ってモデルをあてはめるには、[分析] > [モデルのあてはめ] を選択し、「手法」のリストから [混合モデル] を選択します。なお、手法を選択する前に Y リストに連続変数を指定した場合、「手法」には [標準最小2乗] が表示されます。

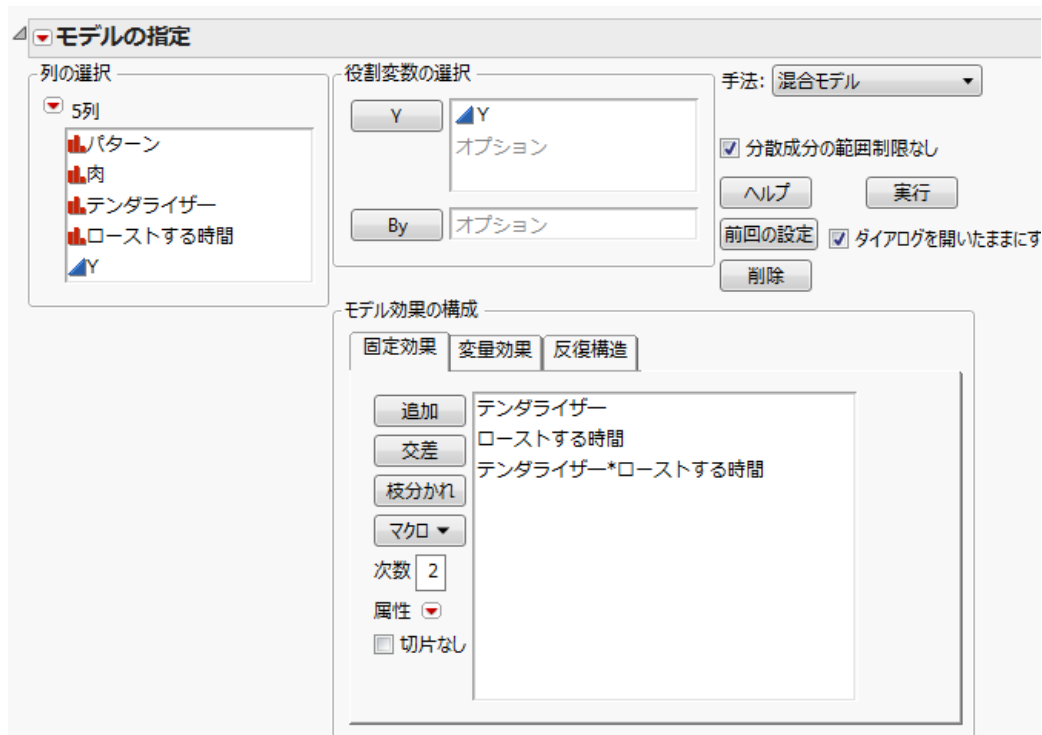
[混合モデル] を使ってモデルをあてはめる場合、[分散成分の範囲制限なし] というオプションが表示されます。このオプションがオンになっている場合、分散の推定値が負になることを許容します。このオプションは、デフォルトでオンになっています。固定効果に対する検定に主に興味がある場合は、このオプションをオンにしておいたほうが良いでしょう。分散推定値に非負の制約を課すと、固定効果の検定にバイアスが生じるためです。[分散成分の範囲制限なし] の詳細は、「標準最小2乗のレポートとオプション」の章の「[負の分散](#)」(163 ページ) を参照してください。

[固定効果] タブ

[固定効果] タブにすべての固定効果を追加します。必要に応じて、[追加]、[交差]、[枝分かれ]、[マクロ]、[属性] の各オプションを使用します。各オプションの詳細については、「[モデルのあてはめについて](#)」の章 (25 ページ) を参照してください。

図 7.7 は、「Split Plot.jmp」サンプルデータの固定効果を追加したところです。なお、データやモデルによっては1つも固定効果がないものもあります。例として、「[空間モデルの例: 正方形分割された農場での試験](#)」(306 ページ) を参照してください。

図 7.7 固定効果を追加した「モデルのあてはめ」起動ウィンドウ



「変数効果」タブ

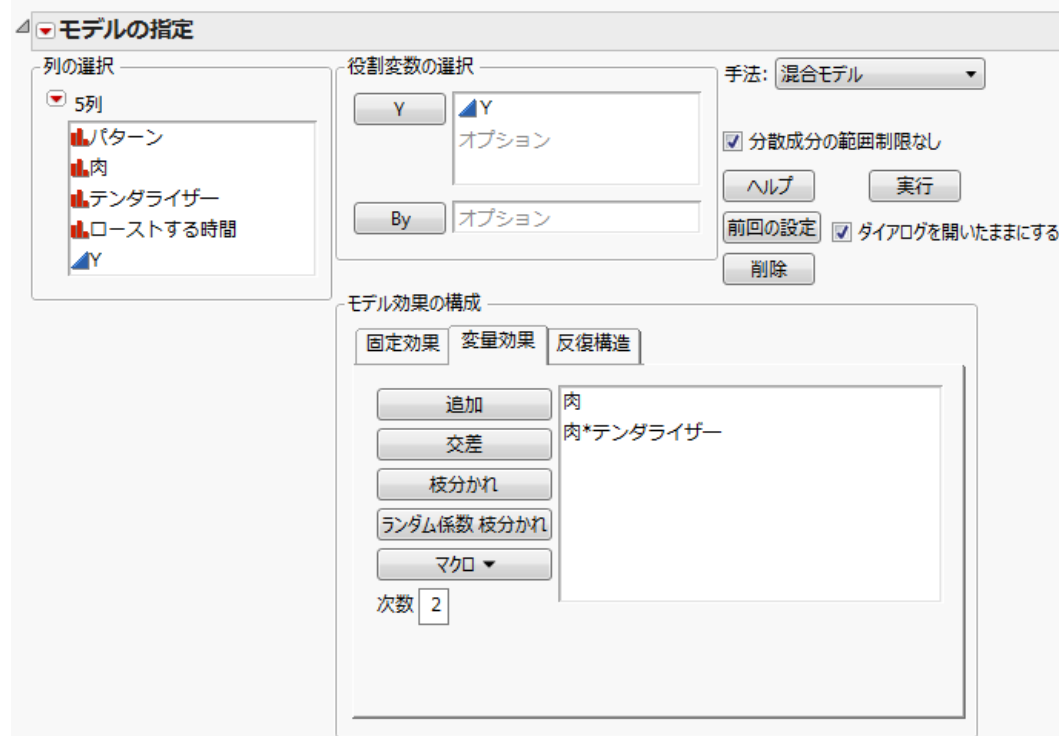
「変数効果」タブは、従来の分散成分モデルや、ランダム係数モデルを指定するときに用います。

分散成分モデル

従来の分散成分モデルを指定する場合は、「追加」、「交差」、または「枝分かれ」オプションを使用して、乱塊実験におけるブロック効果や、分割実験における 1 次単位効果などの変数効果を指定します。各オプションの詳細については、「[モデルのあてはめについて](#)」の章（25 ページ）を参照してください。

図 7.8 は、「Split Plot.jmp」サンプルデータテーブルの変数効果を指定したところです。ここでは、「肉」が 1 次単位となっています。この例については、「[分割実験モデルの例](#)」（300 ページ）で詳述しています。

図 7.8 「モデルのあてはめ」起動ウィンドウの「変数効果」タブで効果を追加



ランダム係数モデル

ランダム係数モデルを作成するには、「ランダム係数 枝分かれ」ボタンを使ってランダム係数のグループを作成します。

1. 「列の選択」リストから、説明変数となる連続尺度の列を選択します。
2. 「変数効果」タブを選択し、「追加」をクリックします。

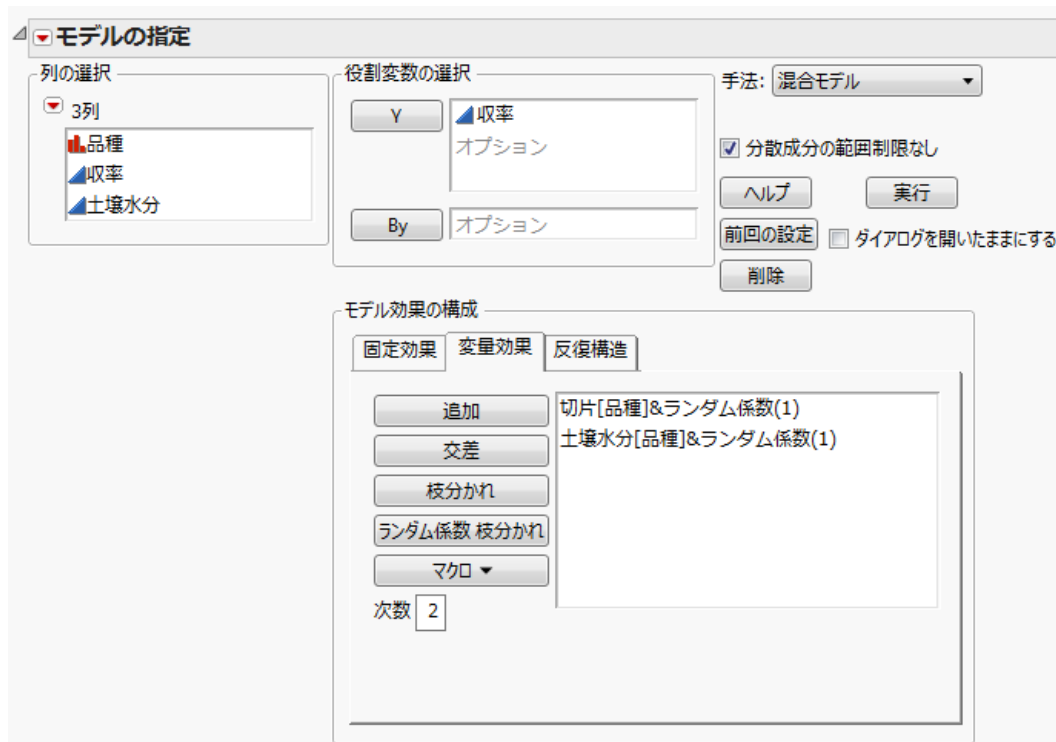
3. 「変量効果」タブで連続尺度の説明変数の列を選択して（説明変数が複数ある場合には、それらすべてを選択してください）、さらに、「列の選択」リストにおいて個々の回帰モデルに該当する水準の列を選択します。この各水準を表す列は、SAS PROC MIXEDでのRANDOMステートメントのSUBJECT= オプションで指定される変数に該当します。
4. 「ランダム係数 枝分かれ」ボタンをクリックします。

この最後の操作により、ランダムな切片とランダムな（複数の）傾きがモデルに追加されます。なお、切片と（複数の）傾きの間には、すべて相関が仮定されます。また、最後の操作では、ランダムな切片も自動的に追加されます。「切片はすべてのグループで共通で固定されている」と仮定するなら、「切片 [<グループ>]& ランダム係数 (1)」を選択して「削除」をクリックすると、ランダムな切片がモデルから削除されます。

同様の手順を繰り返すことにより、ランダム係数に関して複数のグループを指定できます。これにより、より複雑なランダム係数モデルを指定できます。たとえば、製造業の分割実験において、バッチの効果と、処置とバッチの交互作用という、2つの効果を含めたランダム係数モデルを指定できます。また、教育効果の調査においては、学校の効果と、（学校から枝分かれした）生徒の効果という、2つの効果を含めたランダム係数モデルを指定できます。

同一グループのランダム係数の共分散構造には、無構造 (unstructured) が仮定されます。図 7.9 は、「Wheat JMP」サンプルデータでランダム係数を指定したところです（「混合モデルを使った例」（264 ページ）も参照）。

図 7.9 ランダム係数を指定した「モデルのあてはめ」起動ウィンドウ



「反復構造」タブ

「反復構造」タブは、誤差の共分散構造を選択するのに使用します。反復構造は、デフォルトでは「残差」に設定されています。「残差」構造は、「誤差間には共分散が存在しない」、つまり、「誤差は互いに独立している」と仮定します。その他のすべての共分散構造は、誤差間に何らかの共分散があることを仮定します。反復構造に関する詳細は、「反復測定」(320 ページ) と「空間的構造」(323 ページ) の節を参照してください。

表 7.1 に、使用できる共分散構造と、各構造を使用するための要件をリストします。

表 7.1 反復共分散構造の要件

構造	反復列の種類	反復列の必要数	個体
残差		0	
AR(1)	連続尺度	1	オプション
無構造	カテゴリカル	1	必須
空間的構造	連続尺度	2+	オプション
空間的異方性	連続尺度	2+	オプション
空間的構造 (ナゲットあり)	連続尺度	2+	オプション
空間的異方性 (ナゲットあり)	連続尺度	2+	オプション

構造として「残差」を指定した場合、「反復」や「個体」の列に指定された列は無視されます。そして、「共分散構造として「残差」が選択されているので、「反復」や「個体」に指定された列を無視して分析を行います。」というメッセージが表示されます。

「個体」列に指定する列は、カテゴリカル（順序尺度もしくは名義尺度）でなければなりません。

共分散構造として空間的な構造のいずれを選択すると、「種類」リストが表示されます。このリストから空間的構造を表す関数を 1 つ選択します。「べき乗」、「指数」、「Gauss」、「球型 1」という 4 種類があります。図 7.10 は、「UniformityTrial.jmp」サンプルデータで球型の空間的構造を選択したところです。

図 7.10 指定が完了した「モデルのあてはめ」起動ウィンドウの「反復構造」タブ

▼ モデルの指定

列の選択

▼ 5列

▲ 収率

■ クォーター

■ サブクォーター

▲ 行

▲ 列

役割変数の選択

Y

▲ 収率

オプション

By

オプション

手法: 混合モデル

☒ 分散成分の範囲制限なし

ヘルプ

実行

前回の設定

☒ ダイアログを開いたままにする

削除

モデル効果の構成

固定効果

変量効果

反復構造

反復における共分散構造

構造

空間的構造

種類

球型

反復

行

列

オプション

Subject

オプション

「混合モデルのあてはめ」レポート

「混合モデルのあてはめ」の赤い三角ボタンメニューを使うと、必要に応じてレポートをカスタマイズできます。表 7.2 に、赤い三角ボタンメニューに用意されているオプションを説明しています。

表 7.2 「混合モデルのあてはめ」のオプション

オプション	説明	参照
モデルのレポート	混合モデルの推定や検定に関するレポートを表示します。これらのレポートには、モデルパラメータの推定値、効果に対する検定、モデル全体の適合度がなどがあります。	「 モデルのレポート 」(275 ページ)
多重比較	「多重比較」ダイアログが開き、固定効果内の水準を比較できます。このオプションは、あてはめられたモデルにカテゴリーカルな固定効果がある場合にだけ表示されます。	「 多重比較 」(281 ページ)

表 7.2 「混合モデルのあてはめ」のオプション（続き）

オプション	説明	参照
周辺予測値プロット	周辺予測値に基づいたグラフを描きます。周辺予測値は、固定効果の部分だけから求められた予測値です。	「周辺予測値プロット」 (282 ページ)
条件付き予測値プロット	条件付き予測値に基づいたグラフを描きます。条件付き予測値は、変量効果の各水準も考慮した予測値です。	「条件付き予測値プロット」 (284 ページ)
列の保存	推定されたモデルのさまざまな結果を、データテーブルの列として保存します。	「列の保存」 (286 ページ)
モデルダイアログ	現在の分析の起動ダイアログを呼び出します。	「「モデルのあてはめ」起動ウィンドウ」 (269 ページ)
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。	『JMP の使用法』を参照してください。

モデルのレポート

「モデルのレポート」の下にあるオプションを選択すると、そのレポートが作成されます。作成できるレポートは、指定されたモデルの種類によって異なります。デフォルトでは、作成できるレポートのオプションだけがメニューに表示されます。

表 7.3 「モデルのレポート」のオプション

適合度統計量	モデルの適合度を示す統計量のレポートが作成されます。	「適合度統計量」 (276 ページ)
変量効果の共分散パラメータ推定値	変量効果の共分散パラメータ推定値のレポートを表示します。このオプションは、起動ウィンドウで変量効果を指定した場合にだけ表示されます。	「変量効果の共分散パラメータ推定値」 (278 ページ)
固定効果のパラメータ推定値	固定効果のパラメータ推定値のレポートを表示します。	「固定効果のパラメータ推定値」 (279 ページ)
反復構造の共分散パラメータ推定値	反復構造の共分散パラメータ推定値のレポートを表示します。このオプションは、起動ウィンドウで反復構造を指定した場合にだけ表示されます。	「反復構造の共分散パラメータ推定値」 (280 ページ)

表 7.3 （続き）「モデルのレポート」のオプション

ランダム係数	ランダム係数のレポートを表示します。このオプションは、起動ウィンドウで変数効果を指定した場合にだけ表示されます。	「ランダム係数」(280 ページ)
変数効果の予測値	変数効果の予測値のレポートを表示します。このオプションは、起動ウィンドウで変数効果を指定した場合にだけ表示されます。	「変数効果の予測値」(281 ページ)
固定効果の検定	固定効果の検定を表示します。このオプションは、起動ウィンドウで固定効果を指定した場合にだけ表示されます。	「固定効果の検定」(281 ページ)

適合度統計量

「適合度統計量」レポートには、複数のモデルを比較するのに役立つ統計量が表示されます。どの統計量も、基本的には、値が小さいほどモデルが優れていることを示しています。2つのモデルを比較するとき、一方のモデルが他方のモデルに内包されている場合は、それらのモデル間で尤度比検定を行えます。そうでない場合は、尤度の比較は慎重に行わなければいけません。例として、「空間モデルのあてはめ」(306 ページ)を参照してください。

表 7.4 では、次の表記法を使用しています。

- 混合モデルを、次のような記号で表します。

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\boldsymbol{\gamma} + \boldsymbol{\varepsilon}$$

ここで、 $\mathbf{y}$ は観測された応答値を含む $n \times 1$ のベクトル、 $\boldsymbol{\beta}$ は固定効果パラメータのベクトル、 $\boldsymbol{\gamma}$ は変数効果のベクトル、 $\boldsymbol{\varepsilon}$ は誤差のベクトルです。

- ベクトル $\boldsymbol{\gamma}$ とベクトル $\boldsymbol{\varepsilon}$ は、次のような多変量正規分布に従うと仮定されます。

$$E \begin{bmatrix} \boldsymbol{\gamma} \\ \boldsymbol{\varepsilon} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \end{bmatrix}$$

および

$$Var \begin{bmatrix} \boldsymbol{\gamma} \\ \boldsymbol{\varepsilon} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{G} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{R} \end{bmatrix}$$

- これらの仮定に基づくと、 $\mathbf{y}$ の共分散行列は次式ようになります。

$$\mathbf{V} = \mathbf{ZGZ}' + \mathbf{R}$$

表7.4 「適合度統計量」レポートの説明

(-2)* 残差対数尤度	残差対数尤度をマイナス2倍したもの。これが反復計算の目的関数として使われています。

$$-2 \text{ 残差対数尤度 } (\mathbf{G}, \mathbf{R}) = \log|\mathbf{V}| + \log|\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X}| + \mathbf{r}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{r} + (n-p)\log(2\pi)$$

この式で、

$$\mathbf{r} = \mathbf{y} - \mathbf{X}(\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X})^{-1}\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{y}$$

p は $\mathbf{X}$ のランク。残差対数尤度は、固定効果の部分が同じで、変量効果や誤差共分散構造だけが異なるモデルでしか、モデルの比較に使えません。

(-2)* 対数尤度	対数尤度をマイナス2倍したもの。

$$-2 \text{ 対数尤度 } (\mathbf{G}, \mathbf{R}) = \log|\mathbf{V}| + \mathbf{r}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{r} + n\log(2\pi)$$

ここで

$$\mathbf{r} = \mathbf{y} - \mathbf{X}(\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X})^{-1}\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{y}$$

対数尤度は、残差対数尤度とは異なり、固定効果、変量効果や誤差共分散構造だけではなく、固定効果が異なるモデルでも、モデルの比較に使えます。

AICc	修正された赤池情報量規準 (Corrected AIC)。次の式で定義されます。

$$AICc = -2 \text{ 対数尤度 } + 2k + \frac{2k(k+1)}{n-k-1}$$

k は、パラメータの個数（切片パラメータ、分散や共分散のパラメータなども含む、すべてのパラメータの個数）、 n は標本サイズです。Burnham and Anderson (2004) and Akaike (1974)を参照してください。

BIC	Schwarzのベイズ情報規準。次のように計算されます。

$$-2 \text{ 対数尤度 } + k \log(n)$$

k はパラメータの個数、 n は標本サイズです。

収束スコア検定

モデルの収束に問題がある場合、適合度統計量の下に警告メッセージが表示されます。この警告メッセージには、収束の問題に関して考えられる原因と解決法を示されています（図 7.11）。また、最終反復での相対的な勾配に対する検定も表示されています。この検定が有意でない場合、モデル自体は正しいのかもしれませんが、それにも関わらず反復計算は収束しなかったことを示唆しています。そのような場合は、注意しながらも、現在のモデルや結果を用いることができるかもしれません。詳細は、「[収束スコア検定](#)」（318 ページ）を参照してください。

図 7.11 収束スコア検定



変量効果の共分散パラメータ推定値

「変量効果の共分散パラメータ推定値」レポートには、指定された変量効果に関して、分散や共分散のパラメータ推定値が表示されます。

表 7.5 「変量効果の共分散パラメータ推定値」レポートの説明

共分散パラメータ	指定された変量効果の分散パラメータや共分散パラメータの名前。
個体	個体の名前。全体の共分散行列としては、個体ごとの共分散行列を対角にもつ、対角ブロック行列が形成されます。
推定値	分散や共分散の推定値。
標準誤差	分散や共分散の推定値の標準誤差。

表 7.5 「変量効果の共分散パラメータ推定値」レポートの説明（続き）

95% 下側	分散や共分散の推定値に対する両側 95% 信頼区間の下限。詳細は、「 分散成分の信頼区間 」（279 ページ）を参照してください。
95% 上側	分散や共分散の推定値に対する両側 95% 信頼区間の上限。詳細は、「 分散成分の信頼区間 」（279 ページ）を参照してください。

分散成分の信頼区間

信頼限界を計算するのに使用する方法は、「モデルのあてはめ」起動ウィンドウで [分散成分の範囲制限なし] を選択したかどうかによって異なります。なお、[分散成分の範囲制限なし] オプションはデフォルトで選択されています。

- [分散成分の範囲制限なし] が選択されている場合、Wald 法によって信頼区間が計算されます。これらは、漸近的には妥当な近似法なのですが、標本サイズが小さい場合は近似が悪いです。傾向としては、算出された近似の信頼区間は広くなりがちです。よって、Wald 法の近似信頼区間がゼロを含んでいるので検定が有意でないとしたとき、実質的には有意であるのに「有意でない」と判断してしまっている危険性があります。
- [分散成分の範囲制限なし] が選択されていない場合、つまり、分散成分の推定値の下限が 0 に制約されている場合は、Satterthwaite 法が使用されます (Satterthwaite, 1946)。信頼区間も、必ず 0 以上の値になります。

固定効果のパラメータ推定値

「固定効果のパラメータ推定値」レポートには、モデルに指定した固定効果の各パラメータについて、次のような詳細が表示されます。

- 推定値
- 標準誤差
- 「パラメータがゼロである」ことを帰無仮説とした t 検定
- 推定値の 95% 信頼区間

表 7.6 「固定効果のパラメータ推定値」レポートの説明

項	パラメータ推定値に対応するモデル項。「モデルのあてはめ」起動ウィンドウで [切片なし] オプションを選択した場合を除いて、最初の項は常に切片です。2 次以上の項においては、連続尺度の列はデフォルトで中心化されます。名義尺度や順序尺度の効果では、列名のあとに、括弧で囲んだ水準値が表示されます。名義尺度と順序尺度の項のコード変換については、「 統計的詳細 」（318 ページ）を参照してください。
推定値	各項のパラメータ推定値。これは、モデルにある各項に対する係数の推定値です。
標準誤差	パラメータ推定値の標準誤差。

表 7.6 「固定効果のパラメータ推定値」レポートの説明（続き）

分母自由度	分母自由度は、効果の検定における分母に相当する部分の自由度です。分母自由度は、Kenward-Roger の 1 次近似を使って計算されます。詳細は、「 Kackar-Harville の修正 」（324 ページ）を参照してください。
t 値	「真のパラメータ値は 0 である」という帰無仮説を検定します。t 値は、標準誤差に対する推定値の比で、モデルに関するいくつかの仮定が満たされ、帰無仮説が成り立つときは、Student の t 分布に従います。
p 値 (Prob> t)	t 値に基づく両側検定の p 値。
95% 下側	パラメータの両側 95% 信頼区間の下限。
95% 上側	パラメータの両側 95% 信頼区間の上限。

反復構造の共分散パラメータ推定値

「反復構造の共分散パラメータ推定値」レポートには、指定した反復構造の共分散パラメータに関する結果が表示されます。このレポートには、各パラメータの「推定値」、「標準誤差」、95%の信頼限界が含まれます。

注：ここで言う「共分散」は、共分散だけではなく、分散も指します。

表 7.7 「変量効果の共分散パラメータ推定値」レポートの説明

共分散パラメータ	モデルの反復構造における分散パラメータや共分散パラメータの名前。
推定値	反復構造における分散パラメータや共分散パラメータの推定値。
標準誤差	分散や共分散の推定値の標準誤差。
95% 下側	分散や共分散の推定値に対する両側 95% 信頼区間の下限。詳細は、「 分散成分の信頼区間 」（279 ページ）を参照してください。
95% 上側	分散や共分散の推定値に対する両側 95% 信頼区間の上限。詳細は、「 分散成分の信頼区間 」（279 ページ）を参照してください。

ランダム係数

「ランダム係数」レポートには、変量効果の各水準ごとに、係数の推定値が表示されます。また、同レポートには、それらの間の共分散行列も表示されます。レポートの各行は、変量効果の 1 つの水準に対応しています。各行には、変量効果のその水準に関連する係数の推定値がすべて表示されます。固定効果の推定値とランダム係数の推定値とを組み合わせることにより、変量効果の特定の水準における予測値を求めることができます。

変量効果の予測値

「変量効果の予測値」レポートには、モデルの各変量効果について、**最良線形不偏予測量**（BLUP; Best Linear Unbiased Predicator）の経験的な推定値とその標準誤差、そして、Wald 法による漸近的な信頼区間が表示されます。

BLUP の共分散行列（この共分散行列から BLUP の標準誤差が算出されます）を計算するのに、時間を要する場合があります。計算に時間がかかる場合は、進捗を示すバーが表示されます。

固定効果の検定

「固定効果の検定」レポートには、モデルの各固定効果に対する統計的検定が表示されます。ある固定効果の検定では、「その効果に関連するすべてのパラメータが 0 である」という帰無仮説が検定されます。なお、1 つの連続尺度の説明変数に対する固定効果の検定では、検定されるパラメータは 1 個だけです。検定されるパラメータが 1 個の場合、このレポートの検定結果は、「固定効果のパラメータ推定値」レポートの t 検定と同じになります。名義尺度や順序尺度の効果では、3 水準以上の場合には、複数のパラメータを持ちます。その場合、「すべての関連パラメータが 0 である」を帰無仮説とした検定が行われます。

表 7.8 「固定効果の検定」レポートの説明

要因	モデル内の固定効果。
パラメータ数	効果に含まれるパラメータの個数。連続尺度の効果のパラメータ数は、1 個です。名義尺度や順序尺度の主効果のパラメータ数は、その水準数よりも 1 つ少ない値です。交互作用のパラメータ数は、各主効果のパラメータ数の積です。
分子自由度	効果の検定の分子自由度。
分母自由度	分母自由度は、効果の検定における分母に相当する部分の自由度です。分母自由度は、Kenward-Roger の 1 次近似を使って計算されます。詳細は、 「Kackar-Harville の修正」 （324 ページ）を参照してください。
F 値	「効果が 0 である」という帰無仮説を検定するための F 値。
p 値 (Prob > F)	「効果が 0 である」という帰無仮説を検定する p 値。

多重比較

[多重比較] オプションは、主効果や交互作用効果の最小 2 乗平均を比較するための、いくつかの統計手法を提供します。[多重比較] オプションでの比較では、固定効果の部分だけが比較されます。「多重比較」レポートの先頭には、最小 2 乗平均、標準誤差、 t 検定、および 95% の信頼区間が表示されます。それに続いて、選択した多重比較の検定結果が表示されます。なお、Student の t 検定や Tukey の検定を選択した場合は、同等性検定も実行できます。

多重比較のオプションの詳細については、「標準最小2乗のレポートとオプション」の章の「[多重比較](#)」(111ページ)を参照してください。なお、「混合モデル」手法では、順序尺度や名義尺度の効果における最小2乗平均の多重比較しか行えません。図7.12は、「Split Plot.jmp」サンプルデータの多重比較ウィンドウを示しています。表7.9では、多重比較のオプションについて説明しています。

図 7.12 「多重比較」ウィンドウ

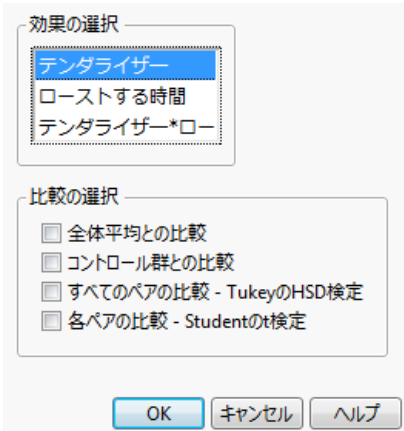


表 7.9 多重比較のオプション

全体平均との比較	各水準の最小2乗平均を、それらの全体平均と比較します。(平均分析)。
コントロール群との比較	各水準の最小2乗平均を、コントロール水準の最小2乗平均と比較します (Dunnett の検定)。
すべてのペアの比較 - Tukey の HSD 検定	すべてのペアの効果の最小2乗平均を比較します。その際、Tukey 法による多重性調整を行います。
各ペアの比較 - Student の t 検定	すべてのペアの効果の最小2乗平均を比較します。ただし、この方法では、Tukey 法とは異なり、多重性の調整を行いません。

周辺予測値プロット

「周辺予測値プロット」の下には、周辺予測値に関するグラフを描くオプションが用意されています。

表 7.10 周辺予測値プロットのオプション

予測値と実測値のプロット	予測値と実測値とのプロットを作成します。このプロットで使われる予測値は、変量効果を含めていません。このプロットはデフォルトで表示されます。	「 予測値と実測値のプロット 」 (283 ページ)
残差プロット	残差プロットを作成します。このプロットで使われる残差は周辺予測値から計算されたものであり、変量効果を含めていません。	「 残差プロット 」 (283 ページ)
プロファイル、等高線プロファイル、配合プロファイル、曲面プロファイル	各種のプロファイルを作成します。このプロファイルで使われる予測値は、変量効果を含めていません。	「 プロファイル 」 (284 ページ)

予測値と実測値のプロット

「予測値と実測値のプロット」はデフォルトで表示されます。このプロットにより、「モデルにおける固定効果の部分が、得られたデータにどれくらい適合しているか？」を視覚的に確認できます。このプロットは、Y の周辺予測値に対して、Y の実測値をプロットしたものです。なお、周辺予測値は、[列の保存] > [予測式] を選択すると、データテーブルに保存されます。

線形混合モデルは、 $E[Y|\gamma] = X\beta + Z\gamma$ のように表します。ここで、 β は固定効果係数のベクトルで、 γ は変量効果係数のベクトルです。**周辺予測値**は、このモデルの固定効果の部分から求められる予測値で、 $X\hat{\beta}$ と表されます。

残差プロット

周辺残差は、固定効果の部分から計算される周辺予測値に基づく残差です。周辺残差は、実測値から、[列の保存] > [予測式] を選択すると保存される予測値を引いた値です。

線形混合モデルは、 $E[Y|\gamma] = X\beta + Z\gamma$ のように表します。ここで、 β は固定効果係数のベクトルで、 γ は変量効果係数のベクトルです。**周辺残差**は、予測モデルの固定効果の部分から求められる残差です。

$$r = Y - X\hat{\beta}$$

この「残差プロット」オプションには、次の 3 つのグラフが用意されています。

予測値と残差のプロット Y の予測値に対する残差をプロットしたものです。通常、残差は、0 を中心にしてランダムに散らばります。

残差分位点プロット 標準正規分布の分位点と残差の分位点をプロットしたものです。残差の棒グラフも表示されます。残差が正規分布に従っていれば、正規分位点プロットの点は赤い対角線にほぼ重なるはずです。この種類のプロットは、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) も表示されます。

行番号と残差のプロット 行番号と残差のプロットを表示します。このグラフでは、行番号に対応して残差がプロットされます。行の出現順によって残差にパターンがあるかどうかを確認するのに役立ちます。

プロファイル

「周辺予測値プロット」におけるプロファイルは、周辺予測値に基づいて描かれます。周辺予測値は、[列の保存] > [予測式] を選択すると、データテーブルに保存されます。

線形混合モデルは、 $E[Y|\gamma] = X\beta + Z\gamma$ のように表します。ここで、 β は固定効果係数のベクトルで、 γ は変量効果係数のベクトルです。**周辺予測値**は、このモデルの固定効果の部分から求められる予測値で、 $X\hat{\beta}$ と表されます。

注：「周辺予測値プロット」におけるプロファイルで描かれる周辺予測値は、固定効果の設定だけに依存し、変量効果の設定には依存しません。「予測プロファイル」では、固定効果に対応するセルだけが表示されます。「予測プロファイル」以外のプロファイルでは、変量効果も表示されますが、固定効果の設定のみが予測値に影響します。

プロファイルには次の 4 種類があります。

- プロファイル
- 等高線プロファイル
- 配合プロファイル
- 曲面プロファイル

各プロファイルによって、用意されているオプションは異なります。プロファイルの例は、図 7.20 を参照してください。曲面プロファイルの例は、図 7.39 を参照してください。詳細については、『プロファイル機能』を参照してください。

条件付き予測値プロット

「条件付き予測値プロット」の下には、条件付き予測値に関するグラフを描くオプションが用意されています。条件付き予測値は、固定効果と変量効果の両方を用いて計算された予測値です。

表 7.11 条件付き予測値プロットのオプション

条件付き予測値と実測値のプロット	予測値と実測値とのプロットを作成します。このプロットで使われる予測値は、変量効果を含めています。このプロットはデフォルトで表示されます。	「条件付き予測値と実測値のプロット」 (285 ページ)
条件付き残差プロット	残差プロットを作成します。このプロットで使われる残差は条件付き予測値から計算されたものであり、変量効果を含めています。	「条件付き残差プロット」 (285 ページ)

表 7.11 条件付き予測値プロットのオプション（続き）

条件付きプロファイル、条件付き等高線プロファイル、条件付き配合プロファイル、条件付き曲面プロファイル	各種のプロファイルを作成します。このプロファイルで使われる予測値は、変数効果を含めています。	「条件付きプロファイル」 (285 ページ)

条件付き予測値と実測値のプロット

「条件付き予測値と実測値のプロット」はデフォルトで表示されます。このプロットにより、「固定効果と変数効果の両方から計算された予測値が、得られたデータにどれくらい適合しているか？」を視覚的に確認できます。このプロットは、 Y の条件付き予測値に対して、 Y の実測値をプロットしたものです。なお、条件付き予測値は、[列の保存] > [条件付き予測式] を選択すると、データテーブルに保存されます。

線形混合モデルは、 $E[Y|\gamma] = X\beta + Z\gamma$ のように表します。ここで、 β は固定効果係数のベクトルで、 γ は変数効果係数のベクトルです。条件付き予測値は、 $X\hat{\beta} + Z\hat{\gamma}$ によって求められる予測値です。

条件付き残差プロット

条件付き残差は、固定効果と変数効果の両方を含めて計算された予測値に基づいています。条件付き残差は、実測値から、[列の保存] > [予測式] を選択すると保存される条件付き予測値を引いた値です。

線形混合モデルは、 $E[Y|\gamma] = X\beta + Z\gamma$ のように表します。ここで、 β は固定効果係数のベクトルで、 γ は変数効果係数のベクトルです。条件付き残差は次の式で求められます。

$$r = Y - (X\hat{\beta} + Z\hat{\gamma})$$

この [条件付き残差プロット] オプションには、次の 3 つのグラフが用意されています。

条件付き予測値と残差のプロット Y の条件付き予測値に対して、条件付き残差をプロットしたものです。通常、条件付き残差は、0 を中心にしてランダムに散らばります。

条件付き残差分位点プロット 標準正規分布の分位点と条件付き残差の分位点をプロットしたものです。条件付き残差の棒グラフも表示されます。条件付き残差が正規分布に従っていれば、正規分位点プロットの点は赤い対角線にほぼ重なるはずです。この種類のプロットは、分位点－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) も表示されます。

行番号と条件付き残差のプロット 行番号と条件付き残差のプロットを表示します。このグラフでは、行番号に対応して条件付き残差がプロットされます。行の出現順によって条件付き残差にパターンがあるかどうかを確認するのに役立ちます。

条件付きプロファイル

「条件付き予測値プロット」におけるプロファイルは、条件付き予測値に基づいて描かれます。条件付き予測値は、[列の保存] > [条件付き予測式] を選択すると、データテーブルに保存されます。

線形混合モデルは、 $E[Y|\gamma] = X\beta + Z\gamma$ のように表します。ここで、 β は固定効果係数のベクトルで、 γ は変量効果係数のベクトルです。条件付き予測値は、 $X\hat{\beta} + Z\hat{\gamma}$ によって求められる予測値です。

プロファイルには次の 4 種類があります。

- 条件付きプロファイル
- 条件付き等高線プロファイル
- 条件付き配合プロファイル
- 条件付き曲面プロファイル

各プロファイルによって、用意されているオプションは異なります。プロファイルの例は、図 7.20 を参照してください。曲面プロファイルの例は、図 7.39 を参照してください。プロファイルの詳細については、『プロファイル機能』を参照してください。

列の保存

[列の保存] の各オプションは、データテーブルに新しい列を追加します。

表 7.12 保存される列

予測式	「 予測式 <列名> 」という列が作成され、その列に周辺予測値を算出するための計算式が保存されます。この列には、予測式を含んでいる列であることを示す列プロパティが与えられます。「 周辺予測値プロット 」(282 ページ) を参照してください。
予測値の標準誤差	「 予測値の標準誤差 <列名> 」という列が作成され、周辺予測値の標準誤差が保存されます。
残差	「 残差 <列名> 」という列が作成され、残差が保存されます。この残差は、応答の観測値から周辺予測値を引いたものです。「 周辺予測値プロット 」(282 ページ) を参照してください。
条件付き予測式	「 条件付き予測式 <列名> 」という列が作成され、その列に条件付き予測値を算出するための計算式が保存されます。この列には、予測式を含んでいる列であることを示す列プロパティが与えられます。「 条件付きプロファイル 」(285 ページ) を参照してください。
条件付き予測値の標準誤差	「 条件付き予測値の標準誤差 <列名> 」という列が作成され、条件付き予測値の標準誤差が保存されます。
条件付き残差	「 条件付き残差 <列名> 」という列が作成され、残差が保存されます。この残差は、応答の観測値から条件付き予測値を引いたものです。「 条件付き予測値プロット 」(284 ページ) を参照してください。

その他の例

反復測定の場合

「Cholesterol Stacked.jmp」サンプルデータを例に見てみましょう。コレステロールを下げるための2剤の実薬を、プラセボ群やコントロール群と比較する試験が行われました。コレステロール値が高い5名の患者に対し、4種類の処置（2種類の実薬群、コントロール群、プラシボ群）のいずれかが無作為に割り付けられました。各患者の総コレステロール値が、4、5、6月の第1日目において、午前・午後で測定されました（計6回の測定）。興味があるのは、新薬のいずれかにコレステロール値を下げる効果があるかどうかと、処置と時刻の間に交互作用があるかどうかです。

このような反復測定データの統計分析には、2つの古典的なアプローチがあります。1つは、多変量分散分析（MANOVA）の枠組みです。もう1つは、分割実験データとみなし、一変量の分散分析（ANOVA）の枠組みです。後者の方法では、Huynh-Feldt (1976) の修正や、Greenhouse-Geisser (1959) の修正が適用されることもあります。これらの2つの方法は、JMPでは「モデルのあてはめ」の「MANOVA」手法で実行できます。これら2つの統計手法は、異なる誤差共分散構造を想定しています。多変量分散分析の枠組みでは、共分散構造として無構造（unstructured）を仮定しています。一方、分割実験データの一変量分散分析の枠組みでは、各患者の変量効果に、独立で同一な誤差が加わることで、応答の共分散構造が決まると想定しています。変量効果や誤差が正規分布に従っている場合、この枠組みの応答の共分散構造は、反復測定モデルの誤差に複合対称（compound symmetry）の共分散構造を仮定したものと同一になります。

これら2つの方法は、処置に対する検定において、大幅に異なる結論になる場合があります。共分散パラメータはデータから推定されます。複雑すぎる共分散構造を仮定すると、推定する共分散パラメータが多すぎる状態になっているかもしれません。

- 共分散構造のパラメータが過度に多いと、あまり複雑でない共分散構造を仮定した場合よりも、処置の差を検出する検出力が小さくなります。
- 仮定した共分散構造が過度に単純で、真の共分散構造を含んでいないと、第1種の誤りが制御できなくなります。つまり、実質的な有意水準が、名目的な有意水準を超えてしまう可能性があります。また、逆に、標準誤差が大きくなることで、実質的な有意水準が減少してしまう場合もあります。

反復測定データを分析するときには、これらの問題を慎重に検討し、ほどよい共分散構造をモデルで用いる必要があります。

[混合モデル] 手法には、さまざまな共分散構造が用意されています。反復測定データは、1次の自己相関（AR(1)）の共分散構造に従っている場合がよくあります。AR(1)構造は、多くの反復測定データの特徴をよく捉えている一方で、推定するパラメータ数は少なくすみます。

観察時点数を J 時点とした場合、無構造、AR(1)、分割実験モデルの共分散構造は、それぞれ次のようなパラメータ数となります。

- 無構造： $J(J+1)/2$ 個
- AR(1)：2 個
- 分割実験モデル：2 個

詳細については、「[反復測定](#)」(320 ページ) を参照してください。

「Cholesterol.jmp」を開いてください。このような形式は、反復測定データを記録するのによく使用されます。しかし、このデータの形式では、[混合モデル] の機能を用いることができません。[混合モデル] の機能を用いるには、「Cholesterol Stacked.jmp」のように、各時点の測定値を、1つ1つの行に入力する必要があります。「Cholesterol.jmp」の形式から「Cholesterol Stacked.jmp」のようなデータを作成するには、[テーブル] > [列の積み重ね] を用います。

積み重ねたデータテーブルの「日数」列では、実験の開始日から測定日までの経過日数が、計算式によって算出されています。この列は連続尺度になっています。共分散構造として AR(1) を使う場合、時点を表す列は連続尺度でなければなりません。尺度は連続尺度です。AR(1) の共分散構造で使用する反復効果は、連続尺度でなければなりません。

まず、どのような共分散構造がこのデータに適しているのかを見てみましょう。ここでは、次の3つの共分散構造のモデルをあてはめてみます。

- 無構造: この構造は、すべての時点間において、別々の共分散パラメータをもちます。
- 残差: この構造は、単なる、独立で同一な誤差です。この例では、患者の効果を変量効果として含めることにより、全部でのパラメータ数は2個になります。
- AR(1): この構造のパラメータ数は、2個です。そのうちの1個は、共分散が時点が離れると減少する程度を表します。

ここでは、モデルの良さを、AICcによって評価してみましょう。他にも、BICによって、モデルを比較することもできます。この例では、AICcとBICのいずれの規準を用いても、同じモデルが選択されます。

ヒント: 以下の操作例では、異なった複数の反復測定モデルをあてはめていきます。指定方法の違いを確認するために、「モデルのあてはめ」起動ウィンドウを開いたままにしておいてください。

共分散構造が「無構造」の例

最初に、共分散構造が無構造であるモデルをあてはめましょう。

1. 「Cholesterol Stacked.jmp」を開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. [ダイアログを開いたままにする] にチェックを入れ、次の例に移る際に起動ウィンドウに戻るようしておきます。
4. 「Y」を選択し、[Y] をクリックします。
5. 「手法」リストから [混合モデル] を選択します。
6. 「処置」、「月」、「午前/午後」を選択し、[マクロ] > [完全実施要因] を選択します。

図 7.13 「モデルのあてはめ」 起動ウィンドウの「固定効果」タブでの指定

モデルの指定

列の選択
7列
患者
Y
処置
時刻
月
午前/午後
日数

役割変数の選択
Y
オプション
By
オプション

手法: 混合モデル
☒ 分散成分の範囲制限なし
ヘルプ 実行
前回の設定 ☒ ダイアログを開いたままにする
削除

モデル効果の構成
固定効果 変量効果 反復構造

追加 交差 枝分かれ マクロ
回数 2 属性 属性なし
処置
月
処置*月
午前/午後
処置*午前/午後
月*午前/午後
処置*月*午前/午後

7. 「反復構造」タブを選択します。
8. 「構造」リストから、「無構造」を選択します。
9. 「時刻」を選択し、「反復」をクリックします。「反復」列が被験者内の反復測定値を定義します。
10. 「患者」を選択して「個体」をクリックします。

注：共分散構造として「無構造」を選択した場合、各個体（各被験者）は、一意な ID で識別されていなければいけません。この例では、患者は処置から枝分かれしています。この時、患者の ID が、全体ではなく、処置ごとの通し番号になっていたとします。そのような場合、「無構造」で分析を実行しようとする、警告が表示されます。各患者が全体で一意に識別されるように、ID を振り直す必要があります。計算式で、処置の値と ID の値を組み合わせて、一意な ID の列を作成しても構いません。

図7.14 「モデルのあてはめ」起動ウィンドウの「反復構造」タブでの指定

The screenshot shows the 'Model Specification' dialog box with the following components:

- 列の選択 (Column Selection):** A list of variables including '患者' (Patient), 'Y', '処置' (Treatment), '時刻' (Time), '月' (Month), '午前/午後' (AM/PM), and '日数' (Days). The 'Y' variable is selected.
- 役割変数の選択 (Role Variable Selection):** The 'Y' variable is assigned to the 'Y' role, and the 'By' role is currently empty.
- 手法 (Method):** Set to '混合モデル' (Mixed Model).
- オプション (Options):** The checkbox '分散成分の範囲制限なし' (No range restriction on variance components) is checked. There are buttons for 'ヘルプ' (Help), '実行' (Execute), '前回の設定' (Previous settings), and '削除' (Delete).
- モデル効果の構成 (Model Effect Structure):** The '反復構造' (Repeated Structure) tab is active. It shows the '反復における共分散構造' (Covariance structure in the repeated measures) section. The '構造' (Structure) is set to '無構造' (Unstructured). The '反復' (Repeated) variable is '時刻' (Time), and the 'Subject' variable is '患者' (Patient).

11. [実行] をクリックします。

図7.15のような「混合モデルのあてはめ」レポートが表示されます。3つのモデルをAICcまたはBICを使って比較したいので、「適合度統計量」レポートを見てみましょう。無構造モデルのAICcは703.84です。

「反復構造の共分散パラメータ推定値」レポートには、全部で21個の共分散パラメータ推定値が表示されています。予想されるように、近い時点間での共分散は、遠い時点間での共分散よりも大きくなっています。また、分散は時間の経過とともに大きくなっているようです。

図7.15 「混合モデルのあてはめ」レポート - 無構造の共分散構造

混合モデルのあてはめ

適合度統計量

(-2)*残差対数尤度	554.98818
(-2)*対数尤度	557.89101
AICc	703.83696
BIC	773.32814

反復構造の共分散パラメータ推定値

反復構造: 時刻

被験者: 患者

共分散パラメータ	推定値	標準誤差	95%下側	95%上側
Var(April AM)	18.725	6.620287	5.7494755	31.700524
Cov(April PM,April AM)	18.354883	6.6035619	5.41214	31.297627
Var(April PM)	19.268932	6.8125961	5.9164889	32.621375
Cov(May AM,April AM)	9.2756707	8.4629179	-7.311344	25.862685
Cov(May AM,April PM)	5.5074057	8.3703999	-10.89828	21.913088
Var(May AM)	56.603346	20.012305	17.37995	95.826742
Cov(May PM,April AM)	9.4147225	8.5038582	-7.252533	26.081978
Cov(May PM,April PM)	6.6230804	8.4532301	-9.944946	23.191107
Cov(May PM,May AM)	55.365522	19.83529	16.489068	94.241976
Var(May PM)	57.058089	20.17308	17.519578	96.5966
Cov(June AM,April AM)	1.1945478	8.6266095	-15.7133	18.102392
Cov(June AM,April PM)	0.3183447	8.7461243	-16.82374	17.460433
Cov(June AM,May AM)	1.106725	14.992148	-28.27735	30.490795
Cov(June AM,May PM)	0.6455101	15.050552	-28.85303	30.144049
Var(June AM)	63.512276	22.45498	19.501324	107.52323
Cov(June PM,April AM)	1.5810194	8.768799	-15.60551	18.76755
Cov(June PM,April PM)	0.7647113	8.8882624	-16.65596	18.185386
Cov(June PM,May AM)	0.9262595	15.232066	-28.92804	30.78056
Cov(June PM,May PM)	0.6543895	15.292237	-29.31784	30.626624
Cov(June PM,June AM)	63.878685	22.700344	19.386829	108.37054
Var(June PM)	65.568481	23.181958	20.132677	111.00428

固定効果の検定

要因	パラメータ数	分子自由度	分母自由度	F値	p値(Prob>F)
処置	3	3	16.0	274.96713	<.0001*
月	2	2	15.0	340.48166	<.0001*
処置*月	6	6	18.3	123.47461	<.0001*
午前/午後	1	1	16.0	360.93594	<.0001*
処置*午前/午後	3	3	16.0	0.6339843	0.6038
月*午前/午後	2	2	15.0	1.1988248	0.3289
処置*月*午前/午後	6	6	18.3	1.1642781	0.3671

共分散構造が「残差」の例

分割実験モデルをあてはめる際は、患者の列を変量効果に指定し、共分散構造に「残差」を指定します。

1. 「共分散構造が「無構造」の例」(288 ページ) の手順1から手順7までを行います。
2. 「反復構造」タブの「構造」リストから「残差」を選択します。
3. 前回の例の続きで行う場合は、「時刻」と「患者」を削除してください。削除しなかった場合は、「共分散構造として「残差」が選択されているので、[反復] や [個体] に指定された列を無視して分析を行います。」という警告が表示されるので、そこで [OK] をクリックして分析を続行してください。
4. 「変量効果」タブをクリックします。
5. 「患者」を選択し、[追加] をクリックします。
6. 変量効果の領域で「患者」を選択し、次に「処置」を選択してから「枝分かれ」をクリックします。

図 7.16 「モデルのあてはめ」起動ウィンドウの「変量効果」タブでの指定

7. 「実行」をクリックします。

図7.17のような「混合モデルのあてはめ」レポートが表示されます。「適合度統計量」レポートでAICcを見ると、無構造モデルでは703.84だったのに対して、分割実験モデルでは832.55 となっています。

分割実験モデルにおける 2 つの分散パラメータの推定値は、「変量効果の共分散パラメータ推定値」レポートに表示されます。これらの推定値は、「患者」の分散と残差誤差の分散を推定した値です。

図 7.17 「混合モデルのあてはめ」レポート - 分割実験モデル

混合モデルのあてはめ					
予測値と実測値のプロット					
適合度統計量					
(-2)*残差対数尤度	721.03949				
(-2)*対数尤度	765.45515				
AICc	832.55192				
BIC	889.92993				
変量効果の共分散パラメータ推定値					
共分散パラメータ	推定値	標準誤差	95%下側	95%上側	
患者[処置]	11.70743	6.2749002	-0.591148	24.006009	
残差	35.081923	5.5469391	26.320844	49.105828	
固定効果のパラメータ推定値					
ランダム係数					
変量効果の予測値					
固定効果の検定					
要因	パラメータ数	分子自由度	分母自由度	F値	p値(Prob>F)
処置	3	3	16.0	274.96715	<.0001*
月	2	2	80.0	622.88065	<.0001*
処置*月	6	6	80.0	226.49464	<.0001*
午前/午後	1	1	80.0	13.700114	0.0004*
処置*午前/午後	3	3	80.0	0.0240643	0.9949
月*午前/午後	2	2	80.0	0.0324977	0.9680
処置*月*午前/午後	6	6	80.0	0.030708	0.9999

共分散構造が「AR(1)」の例

最後に、共分散構造が AR(1) 構造であるモデルをあてはめます。

1. 「共分散構造が「無構造」の例」(288 ページ) の手順 1 から手順 6 までを行います。
2. 前回の例の続きで行う場合は、[変量効果] タブの「患者[処置]」を選択して「削除」をクリックします。
反復測定モデルでは、変量効果と反復効果の両方は推定できなかったり、両方を推定するにはデータが少なすぎることは良くあります。
3. [反復構造] タブを選択します。
4. 「構造」リストから、[AR(1)] を選択します。
5. 「日数」を選択し、[反復] をクリックします。
6. 「患者」を選択して [個体] をクリックします。

図 7.18 「モデルのあてはめ」 起動ウィンドウの「反復構造」タブでの指定

The screenshot shows the 'Model Specification' dialog box with the following components:

- Model Selection:** A list of 7 variables: 患者 (Patient), Y, 処置 (Treatment), 時刻 (Time), 月 (Month), 午前/午後 (AM/PM), and 日数 (Days). The variable 'Y' is selected.
- Role Variable Selection:** A section for selecting the role of the variable 'Y'. It includes a 'Y' button, a dropdown menu showing 'Y', and an 'オプション' (Options) button. Below this is a 'By' button and another 'オプション' (Options) button.
- Method:** A dropdown menu set to '混合モデル' (Mixed Model).
- Options:** A checked checkbox for '分散成分の範囲制限なし' (No range restriction on variance components). There are buttons for 'ヘルプ' (Help), '実行' (Execute), '前回の設定' (Previous settings), and '削除' (Delete). A checked checkbox for 'ダイアログを開いたままにする' (Keep dialog open) is also present.
- Model Effect Structure:** A section with three tabs: '固定効果' (Fixed effects), '変量効果' (Variance effects), and '反復構造' (Repeated structure). The '反復構造' tab is active.
 - 反復における共分散構造 (Covariance structure in repetition):** A dropdown menu set to 'AR(1)'.
 - 反復 (Repetition):** A button next to a text box containing '日数' (Days).
 - Subject:** A button next to a text box containing '患者' (Patient).

7. 「実行」をクリックします。

図 7.19 のような「混合モデルのあてはめ」レポートが表示されます。「適合度統計量」レポートを見ると、AR(1) 構造のモデルでは、AICc が 652.63 となっています。分割実験モデルは 832.55、無構造モデルは 703.84 であったため、AICc 規準に基づくと、3 つのモデルのうち AR(1) モデルが最良と言えます。

AR(1) 構造には、2 つの共分散パラメータがあります。これらの推定値は、「反復効果の共分散パラメータ推定値」レポートに表示されます。「AR(1) 日数」に表示されている推定値は、AR(1) 構造での相関を決める ρ の推定値になっています。

図 7.19 「混合モデルのあてはめ」レポート - AR(1) の共分散構造

混合モデルのあてはめ

適合度統計量

(-2)*残差対数尤度	577.09954
(-2)*対数尤度	585.53021
AICc	652.62698
BIC	710.00499

反復構造の共分散パラメータ推定値

被験者: 患者

共分散パラメータ	推定値	標準誤差	95%下側	95%上側
AR(1) 日数	0.9536532	0.0120225	0.9300895	0.9772168
残差	44.579921	9.1281274	30.970215	69.685214

固定効果の検定

要因	パラメータ数	分子自由度	分母自由度	F値	p値(Prob>F)
処置	3	3	22.8	242.61165	<.0001*
月	2	2	80.8	266.42271	<.0001*
処置*月	6	6	82.7	98.224978	<.0001*
午前/午後	1	1	57.6	461.72978	<.0001*
処置*午前/午後	3	3	57.6	0.8110288	0.4930
月*午前/午後	2	2	58.0	1.0871135	0.3440
処置*月*午前/午後	6	6	58.0	1.0275594	0.4168

AR(1)モデルの適合度が最も優れているため、これをモデルに採用し、分析を進めます。「固定効果の検定」レポートには、「処置」と「月」の交互作用と「午前/午後」の主効果が有意であることが示されています。

これらの効果を視覚的に見るために、「混合モデルのあてはめ」の赤い三角ボタンメニューから「**周辺予測値プロット**」>「**プロファイル**」を選択します。描かれたプロファイル（図 7.20）を見ると、処置「A」と「B」においては、コレステロールが3か月間で次第に減少していることがわかります。しかし、「処置」を「Control」（コントロール）または「Placebo」（プラセボ）に切り替えてみると、コレステロールは減少していません（図 7.21）。

5月の時点においては、処置「A」のほうが、処置「B」よりもコレステロールが低くなっています。もしこの差が有意であるなら、5月の時点では処置「A」の平均は、処置「B」の平均よりも小さいことを意味しています。次の「**処置Aと処置Bの比較**」（296ページ）では、時点×処置の組み合わせすべてにおいて、平均を比較しています。

「午前/午後」のプロファイルも見てみましょう。「処置」と「月」との12個の組み合わせすべてをチェックすると、午前より午後の方が常に平均が少し大きいことが分かります。

図7.20 処置A群の周辺プロフィール

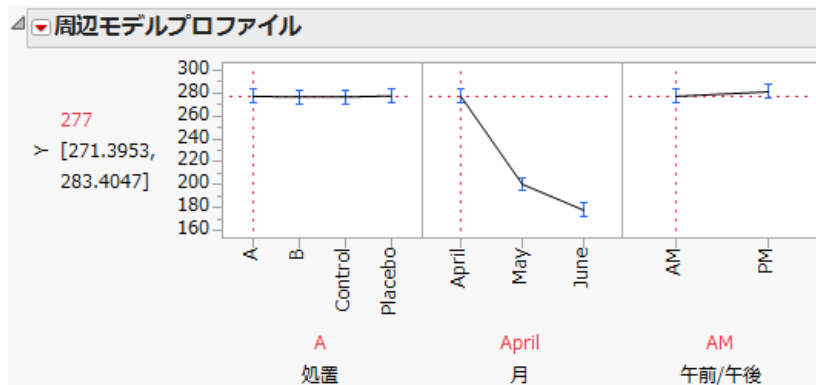
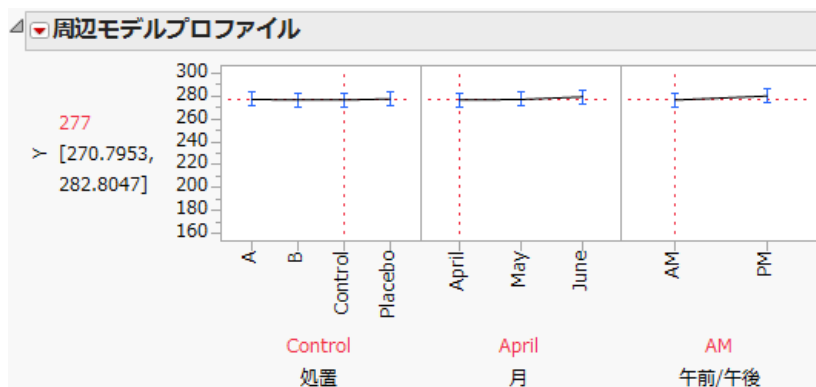


図7.21 コントロール群の周辺プロフィール



処置Aと処置Bの比較

さて、時点×処置の組み合わせすべてにおいて、平均を比較してみましょう。

1. 「混合モデルのあてはめ」の赤い三角ボタンメニューから「多重比較」を選択します。
2. 「効果の選択」リストから、「処置*月」を選択します。
3. 「比較の選択」リストで「すべてのペアの比較 - TukeyのHSD検定」を選択します。
4. [OK] をクリックします。

たとえば、「すべてのペアの平均差」レポート（図7.22）で、5月の時点での処置Aと処置Bとの比較を見てみましょう。「平均が等しい」という帰無仮説に対する検定のp値は、0.0001未満です。また、差の信頼区間は-39.62～-11.38です。これらの結果から、5月の時点において、処置Aの平均は、処置Bの平均よりも低いと結論付けることができます。

他の検定結果も見えてみましょう。5月と6月において、処置Aと処置Bともに、コントロール群との有意な平均差があります。信頼区間を見ると、それらの平均差は大きいことが分かります。

図 7.22 「すべてのペアの平均差」レポートの一部、「処置*月」の交互作用効果

すべてのペアの平均差									
処置	月	-処置	-月	差	標準誤差	t値	p値(Prob> t)	下側95%	上側95%
A	April	A	May	76.302	3.650726	20.90	<.0001*	64.023	88.581
A	April	A	June	99.848	4.078780	24.48	<.0001*	86.129	113.567
A	April	B	April	0.600	4.197964	0.14	1.0000	-13.520	14.720
A	April	B	May	50.800	4.197964	12.10	<.0001*	36.680	64.920
A	April	B	June	85.900	4.197964	20.46	<.0001*	71.780	100.020
A	April	Control	April	0.810	4.197964	0.19	1.0000	-13.310	14.930
A	April	Control	May	-0.181	4.197964	-0.04	1.0000	-14.301	13.939
A	April	Control	June	-1.600	4.197964	-0.38	1.0000	-15.720	12.520
A	April	Placebo	April	-0.440	4.197964	-0.10	1.0000	-14.560	13.679
A	April	Placebo	May	-3.800	4.197964	-0.91	0.9989	-17.920	10.320
A	April	Placebo	June	0.500	4.197964	0.12	1.0000	-13.620	14.620
A	May	A	June	23.546	3.677888	6.40	<.0001*	11.176	35.917
A	May	B	April	-75.702	4.197964	-18.03	<.0001*	-89.822	-61.582
A	May	B	May	-25.502	4.197964	-6.07	<.0001*	-39.622	-11.382
A	May	B	June	9.598	4.197964	2.29	0.4943	-4.522	23.718
A	May	Control	April	-75.492	4.197964	-17.98	<.0001*	-89.612	-61.372
A	May	Control	May	-76.483	4.197964	-18.22	<.0001*	-90.603	-62.363
A	May	Control	June	-77.902	4.197964	-18.56	<.0001*	-92.022	-63.782
A	May	Placebo	April	-76.742	4.197964	-18.28	<.0001*	-90.862	-62.623
A	May	Placebo	May	-80.102	4.197964	-19.08	<.0001*	-94.222	-65.982
A	May	Placebo	June	-75.802	4.197964	-18.06	<.0001*	-89.922	-61.682

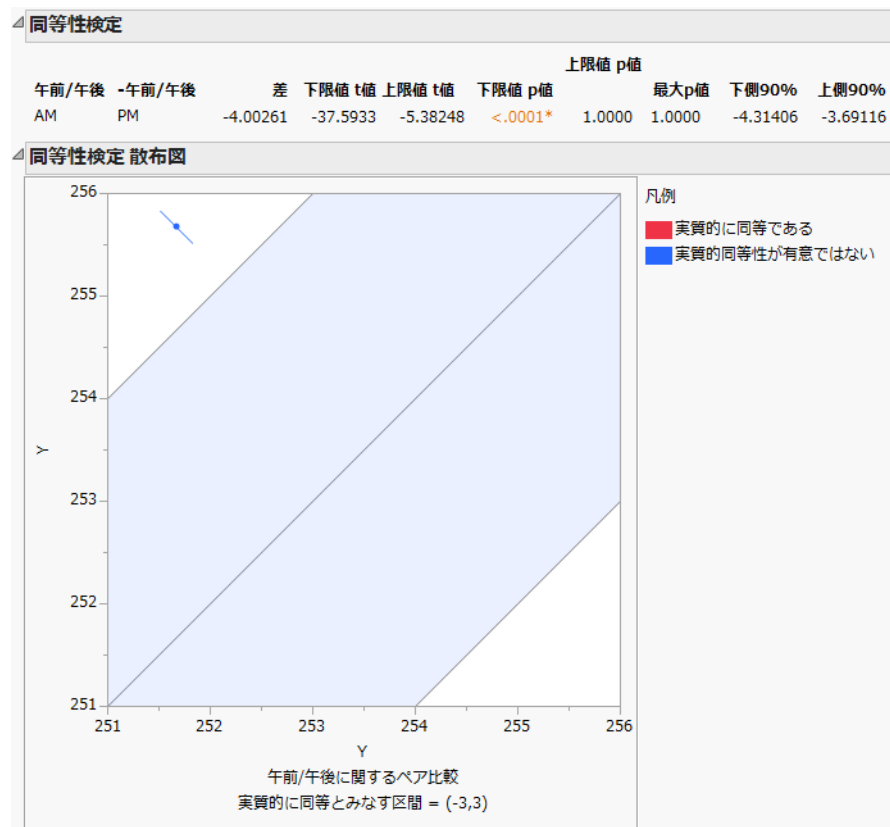
同等性の検定

さて、別の研究者は、「午前/午後」の差が実質的に同等と言えるかどうかに興味があるとします。その研究者は、3ポイントを超えていなければ、実質的に同等と見なせると考えています。同等性の検定を行って、「午前/午後」の差が実質的にはないかどうかを確認してみましょう。

1. 「混合モデルのあてはめ」の赤い三角ボタンメニューから **【多重比較】** を選択します。
2. 「効果の選択」リストから、「午前/午後」を選択します。
3. 「比較の選択」リストで **【すべてのペアの比較 - TukeyのHSD検定】** もしくは **【各ペアの比較 - Studentのt検定】** を選択します。
4. **【OK】** をクリックします。
レポートを見ると、午前と午後の平均差は約4.0となっており、すでに3.0を超えています。この時点で、統計的検定によって、同等であると結論付けることはできないことが分かります。
5. 「すべてのペアの比較 - TukeyのHSD検定」レポートの赤い三角ボタンのメニューから、**【同等性検定】** を選択します。
6. 「実質的に0とみなす差」に「3」と入力します。
7. **【OK】** をクリックします。

「同等性検定」レポートと「同等性検定 散布図」は、同等性が主張できないこと、つまり、同等性の検定が統計的には有意ではないことを示しています（図7.23）。

図7.23 「午前/午後」効果の「同等性検定」レポートと「同等性検定 散布図」



AR(1) 構造の回帰モデルの例

前節までの例では、名義尺度の列である「月」と「午前/午後」を使って、3つの共分散構造を比較しました。なお、無構造の場合には、時点の列は名義尺度になっていなければいけません。そして、共分散構造をAR(1)として、分析を進めました。

ここでは、連続尺度の列「日数」によって時点の効果を表すことにしましょう。時点の効果を連続尺度にすると、（その回帰モデルが正しければ）任意の時点におけるコレステロールを予測できるようになります。

1. 「共分散構造が「AR(1)」の例」（293ページ）の手順を行った後、「モデルのあてはめ」起動ウィンドウに戻ります。
2. [固定効果] タブの既存の固定効果を選択し、[削除] をクリックします。
3. 「処置」と「日数」を選択し、[マクロ] > [完全実施要因] を選択します。

図 7.24 「モデルのあてはめ」 起動ウィンドウの「固定効果」 タブ

4. 「実行」をクリックします。

図 7.25 のような「混合モデルのあてはめ」レポートが表示されます。「処置」と「日数」の交互作用が有意になっています。これは、日数を説明変数とした回帰直線の傾きが、薬剤によって異なることを示しています。

注：ある日数における予測値を求めるには、プロファイルを用いてください。詳細は、『プロファイル機能』を参照してください。

図 7.25 「混合モデルのあてはめ」レポート - AR(1) 構造の連続時間モデル

混合モデルのあてはめ

予測値と実測値のプロット

適合度統計量

(-2)*残差対数尤度	791.54856
(-2)*対数尤度	789.76817
AICc	811.78652
BIC	837.64309

反復構造の共分散パラメータ推定値

被験者: 患者

共分散パラメータ	推定値	標準誤差	95%下側	95%上側
AR(1) 日数	0.7983047	0.0473108	0.7055773	0.8910322
残差	100.55352	18.519321	72.239052	149.60183

固定効果のパラメータ推定値

項	推定値	標準誤差	分母自由度	t値	p値(Prob> t)	95%下側	95%上側
切片	276.17699	1.9946102	52.7	138.46	<.0001*	272.17583	280.17815
処置[A]	-6.13599	3.4547662	52.7	-1.78	0.0815	-13.0662	0.7942178
処置[B]	-0.352826	3.4547662	52.7	-0.10	0.9190	-7.283034	6.5773811
処置[Control]	1.945326	3.4547662	52.7	0.56	0.5758	-4.984882	8.8755335
日数	-0.735803	0.0505394	53.3	-14.56	<.0001*	-0.83716	-0.634446
処置[A]*日数	-0.877856	0.0875368	53.3	-10.03	<.0001*	-1.053411	-0.702301
処置[B]*日数	-0.643666	0.0875368	53.3	-7.35	<.0001*	-0.819221	-0.468111
処置[Control]*日数	0.788161	0.0875368	53.3	9.00	<.0001*	0.612606	0.963716

固定効果の検定

要因	パラメータ数	分子自由度	分母自由度	F値	p値(Prob>F)
処置	3	3	52.7	1.3028973	0.2832
日数	1	1	53.3	211.96425	<.0001*
処置*日数	3	3	53.3	76.472817	<.0001*

分割実験モデルの例

分割実験モデルは、[標準最小2乗] 手法において変量効果を指定することにより、指定できます。しかし、[混合モデル] 手法でも指定できます。[混合モデル] 手法では、変量効果を指定するタブが表示されます。結果の分析は、変量効果を対象にします。ただし、分割実験は、[標準最小2乗] 手法を使って分析することもできます。

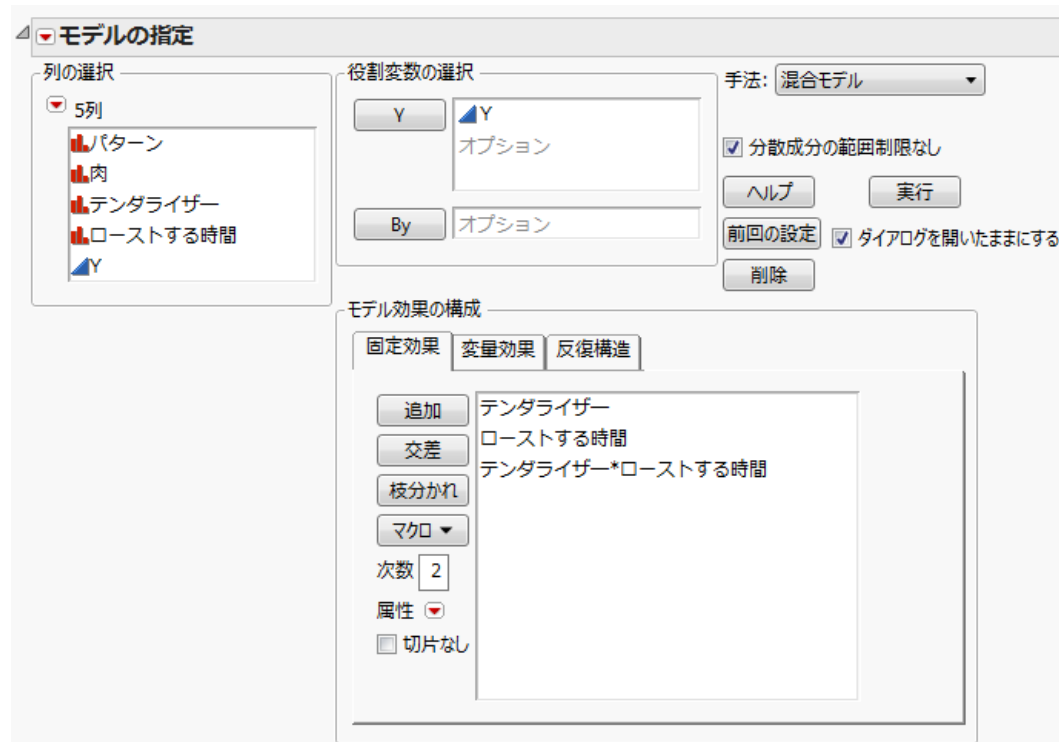
「Split Plot.jmp」サンプルデータは、テンダライザー（柔化剤）とロースト時間の効果について調査したデータです。ある精肉工場において、まず、6つの枝肉が無作為に抽出されました。続いて、各枝肉は、さらに3つの塊に分割されました。そして、分割された3つの塊に対して、3種類の柔化処理（テンダライジング処理）のいずれかが無作為に割り付けられました。その後、オープンで加熱した後、肉の中心部に近いから、4個所をくりぬいて測定します。

同一の枝肉における3つの塊は、同じオープンに入れられました。30分後、各塊の中心部に近いところから、肉をくりぬいて測定しました。同様に、36分後、42分後、そして48分後において各塊から肉をくりぬいて測定しました。くりぬいた肉が適温まで冷めるのを待ち、Warner-Bratzler装置によって肉の硬さを測定しました。測定値は、大きいほど硬いことを示します。

分析者が興味があるのは、テンダライザー（柔化剤）とロースト時間の効果、さらに、テンダライザーとロースト時間との交互作用です。それを調べる目的で、この分割実験は計画されました。

1. 「Split Plot.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「Y」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「手法」リストから [混合モデル] を選択します。
5. 「テンダライザー」と「ローストする時間」を選択して、[マクロ] > [完全実施要因] を選択します。

図7.26 「モデルのあてはめ」起動ウィンドウの「固定効果」タブでの指定

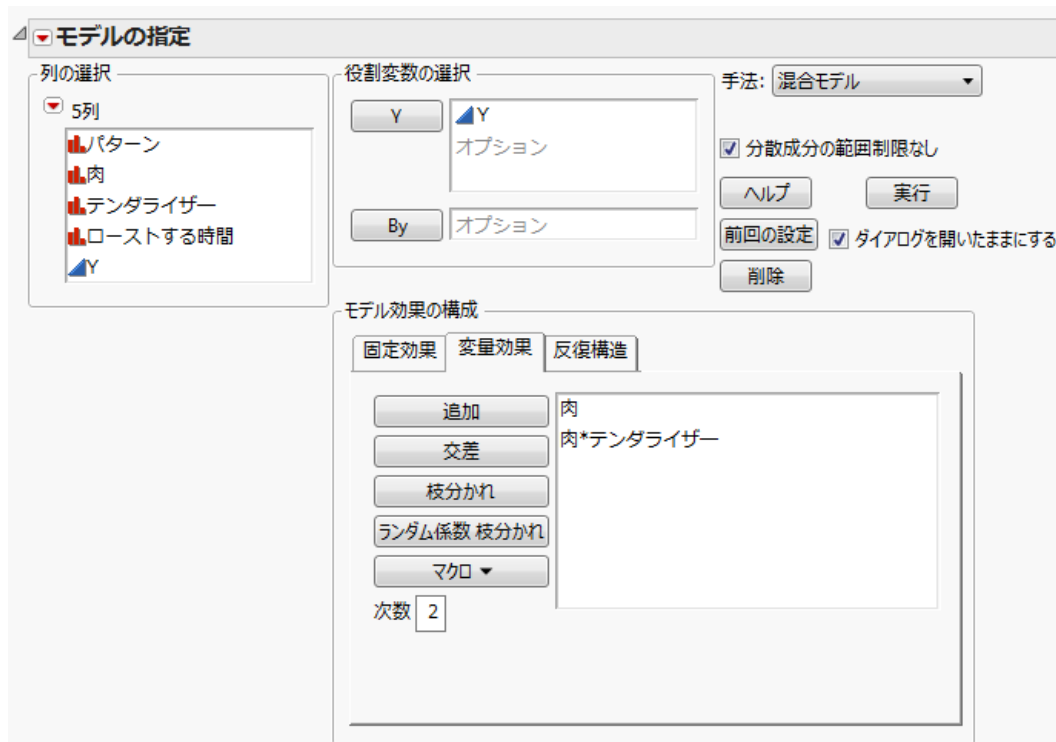


6. [変量効果] タブをクリックします。
7. 「肉」を選択して [追加] をクリックし、肉を変量効果に指定します。

8. 「肉」と「テンダライザー」を選択し、[交差] ボタンをクリックします。

「肉」の変量効果は、一次単位である枝肉の効果です。一方、「肉*テンダライザー」の交互作用は、二次単位である塊の効果で、「標準最小2乗」手法の場合の「肉*テンダライザー & 変量効果」と同じです。

図7.27 「モデルのあてはめ」起動ウィンドウの「変量効果」タブでの指定

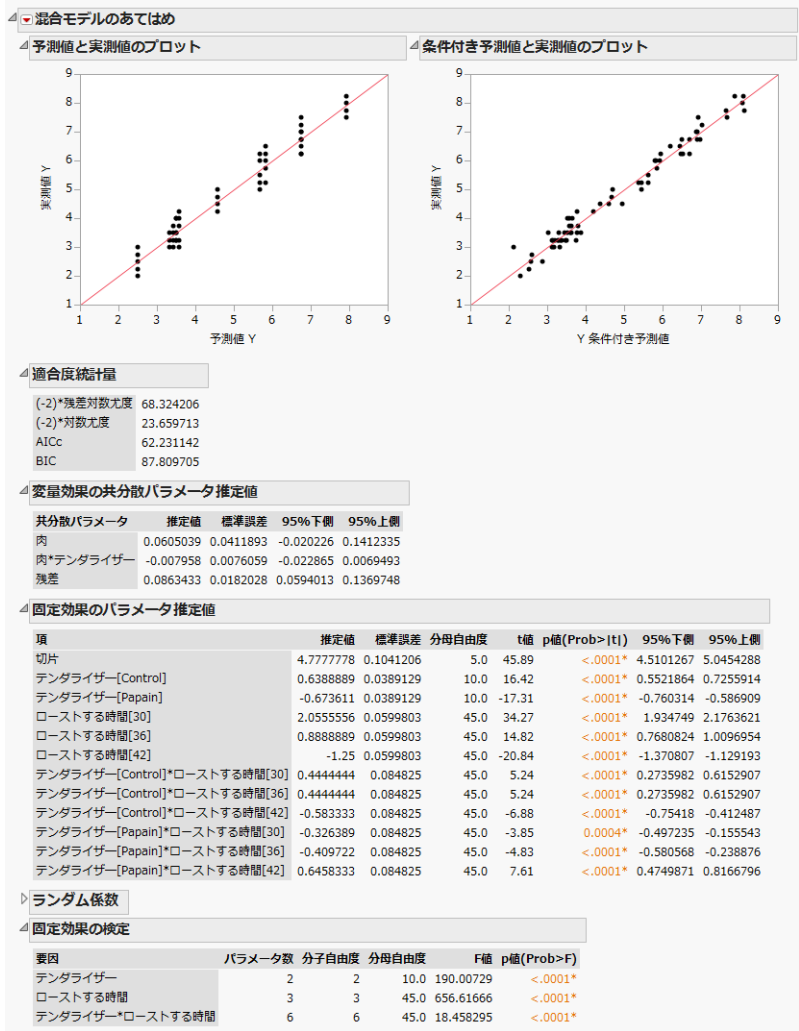


9. [実行] をクリックします。

図7.29のような「混合モデルのあてはめ」レポートが表示されます。

まず、「予測値と実測値のプロット」と「条件付き予測値と実測値のプロット」を見ると、あてはめたモデルについて特に問題はないようです。次に、結果の解釈に進みましょう。「固定効果の検定」レポートを見ると、「テンダライザー」と「ローストする時間」の間の交互作用は、統計的に有意になっています。

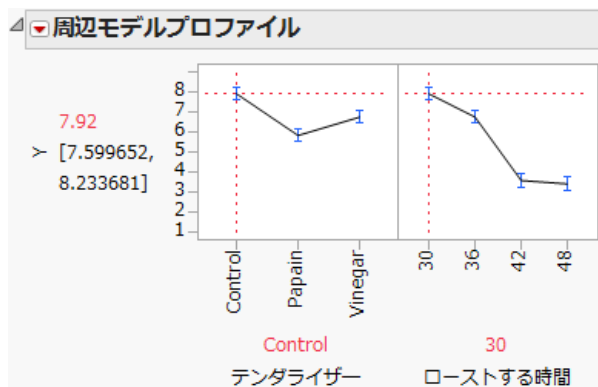
図 7.28 「混合モデルのあてはめ」レポート



テンダライザーとロースト時間との交互作用

1. 「混合モデルのあてはめ」の赤い三角ボタンメニューから、[周辺予測値プロット] > [プロファイル] を選択します。

図 7.29 ロースト時間が30分のときの周辺モデルプロファイル



2. 「ローストする時間」のグラフで、赤い縦の点線を36、42、48に移動してください。

図 7.30 のすべてのペアに対する検定結果を見ると、テンダライザーの「Papain」(パパイン) と「Vinegar」(酢) の両方とも、ロースト時間が30分や36分のときは、コントロール群よりも硬さが有意に低いことがわかります。この多重検定では、42分においては差は有意ではありません。48分では、パパインはコントロール群より低い値を示していますが、酢はそうではありません。パパインの硬さは、42分のときを除き、常に酢よりも低くなっています。

3. 「混合モデルのあてはめ」の赤い三角ボタンメニューから [多重比較] を選択します。
4. 「テンダライザー * ローストする時間」を選択します。
5. 「すべてのペアの比較 - Tukey の HSD 検定」を選択して [OK] をクリックします。

図 7.30 は、すべてのペアを比較した結果の一部です。いくつかのペアで有意差が見られています。たとえば、プロファイルで確認できたパパインと酢の差のほとんども、有意になっています。パパインのほうが、酢よりも優れたテンダライザー（柔化剤）であると言えるようです。

図 7.30 すべてのペアに対する多重比較の結果 (一部)

多重比較

推定値

デングライザー	ローストする時間	推定値	標準誤差	自由度	t値	p値(Prob> t)	下側95%	上側95%
Control	30	7.9166667	0.15214533	20.356	52.03	<.0001*	7.5996522	8.2336811
Control	36	6.7500000	0.15214533	20.356	44.37	<.0001*	6.4329855	7.0670145
Control	42	3.5833333	0.15214533	20.356	23.55	<.0001*	3.2663189	3.9003478
Control	48	3.4166667	0.15214533	20.356	22.46	<.0001*	3.0996522	3.7336811
Papain	30	5.8333333	0.15214533	20.356	38.34	<.0001*	5.5163189	6.1503478
Papain	36	4.5833333	0.15214533	20.356	30.12	<.0001*	4.2663189	4.9003478
Papain	42	3.5000000	0.15214533	20.356	23.00	<.0001*	3.1829855	3.8170145
Papain	48	2.5000000	0.15214533	20.356	16.43	<.0001*	2.1829855	2.8170145
Vinegar	30	6.7500000	0.15214533	20.356	44.37	<.0001*	6.4329855	7.0670145
Vinegar	36	5.6666667	0.15214533	20.356	37.25	<.0001*	5.3496522	5.9836811
Vinegar	42	3.5000000	0.15214533	20.356	23.00	<.0001*	3.1829855	3.8170145
Vinegar	48	3.3333333	0.15214533	20.356	21.91	<.0001*	3.0163189	3.6503478

すべてのペアの比較 - TukeyのHSD検定

分位点 = 3.44501, 調整方法 = Tukey-Kramer

すべてのペアの平均差

デングライザー	ローストする時間	-デングライザー	-ローストする時間	差	標準誤差	自由度	t値	p値(Prob> t)	下側95%	上側95%
Control	30	Control	36	1.16667	0.1696498	45	6.88	<.0001*	0.58222	1.75111
Control	30	Control	42	4.33333	0.1696498	45	25.54	<.0001*	3.74889	4.91778
Control	30	Control	48	4.50000	0.1696498	45	26.53	<.0001*	3.91556	5.08444
Control	30	Papain	30	2.08333	0.1616430	45	12.89	<.0001*	1.52647	2.64019
Control	30	Papain	36	3.33333	0.1616430	45	20.62	<.0001*	2.77647	3.89019
Control	30	Papain	42	4.41667	0.1616430	45	27.32	<.0001*	3.85981	4.97353
Control	30	Papain	48	5.41667	0.1616430	45	33.51	<.0001*	4.85981	5.97353
Control	30	Vinegar	30	1.16667	0.1616430	45	7.22	<.0001*	0.60981	1.72353
Control	30	Vinegar	36	2.25000	0.1616430	45	13.92	<.0001*	1.69314	2.80686
Control	30	Vinegar	42	4.41667	0.1616430	45	27.32	<.0001*	3.85981	4.97353
Control	30	Vinegar	48	4.58333	0.1616430	45	28.35	<.0001*	4.02647	5.14019
Control	36	Control	42	3.16667	0.1696498	45	18.67	<.0001*	2.58222	3.75111
Control	36	Control	48	3.33333	0.1696498	45	19.65	<.0001*	2.74889	3.91778
Control	36	Papain	30	0.91667	0.1616430	45	5.67	<.0001*	0.35981	1.47353
Control	36	Papain	36	2.16667	0.1616430	45	13.40	<.0001*	1.60981	2.72353
Control	36	Papain	42	3.25000	0.1616430	45	20.11	<.0001*	2.69314	3.80686
Control	36	Papain	48	4.25000	0.1616430	45	26.29	<.0001*	3.69314	4.80686
Control	36	Vinegar	30	0.00000	0.1616430	45	0.00	1.0000	-0.55686	0.55686
Control	36	Vinegar	36	1.08333	0.1616430	45	6.70	<.0001*	0.52647	1.64019
Control	36	Vinegar	42	3.25000	0.1616430	45	20.11	<.0001*	2.69314	3.80686
Control	36	Vinegar	48	3.41667	0.1616430	45	21.14	<.0001*	2.85981	3.97353
Control	42	Control	48	0.16667	0.1696498	45	0.98	0.9974	-0.41778	0.75111
Control	42	Papain	30	-2.25000	0.1616430	45	-13.92	<.0001*	-2.80686	-1.69314
Control	42	Papain	36	-1.00000	0.1616430	45	-6.19	<.0001*	-1.55686	-0.44314
Control	42	Papain	42	0.08333	0.1616430	45	0.52	1.0000	-0.47353	0.64019
Control	42	Papain	48	1.08333	0.1616430	45	6.70	<.0001*	0.52647	1.64019
Control	42	Vinegar	30	-3.16667	0.1616430	45	-19.59	<.0001*	-3.72353	-2.60981
Control	42	Vinegar	36	-2.08333	0.1616430	45	-12.89	<.0001*	-2.64019	-1.52647
Control	42	Vinegar	42	0.08333	0.1616430	45	0.52	1.0000	-0.47353	0.64019
Control	42	Vinegar	48	0.25000	0.1616430	45	1.55	0.9187	-0.30686	0.80686

空間モデルの例：正方形分割された農場での試験

ここでは、「Uniformity Trial.jmp」サンプルデータをもとに、農場試験データに空間モデルをあてはめる例を取り上げます。8x8に分けられた正方形の区画において、農業試験が行われました。この実験では、特定の処置は何も割り付けません。条件をほぼ一様にした農場で試験用作物を育て、応答変数（通常は収率）を測定します。このような試験の目的は、特定の処置に関する試験を実施する前に、農場の区画によって、どれぐらい結果がばらつくのかを把握しておくことです。（『SAS for Mixed Models, 2nd Edition, 2006』pp. 447を参照してください。）

今回の分析結果をもとに、16種類の処置の試験を実施したいと考えています。そこで、この農場で次のどの実験を行うべきかを特定したいと考えています。

- 農場を4つのブロック（データ内では「クォーター」と表記）に分割した乱塊法
- 農場を16個のブロック（データ内では「サブクォーター」と表記）に分割した乱塊法
- 誤差構造に空間的相関構造を想定したモデル

空間的相関構造は、「反復構造」タブで設定できます。また、「適合度検定量」レポートの統計量をもとに、モデルを比較できます。ここでは、最初に、空間的な変動性が存在しているかどうかを特定し、次に、モデルにナゲット効果を追加すべきかどうかを特定します。

そして、ナゲット効果を追加すべきかどうかを判断した後に、最良の空間的相関構造を特定します。最後に、乱塊法モデルをあてはめ、最良の空間モデルと比較します。この例では、最良のモデルを選択するのに、AICcやBICを使います。「空間的構造」（323ページ）に、空間モデルのナゲット効果などに関する詳細を説明しています。

ヒント：以下の操作例では、異なった複数の空間モデルをあてはめていきます。指定方法の違いを確認するために、「モデルのあてはめ」起動ウィンドウを開いたままにしておいてください。

空間モデルのあてはめ

まず、空間的な変動性があるかどうかを調べます。そのために、誤差の共分散構造が空間的であるモデルをあてはめます。次に、独立で同一な誤差のモデルをあてはめます。そして、これら2つのモデルの尤度と比較します。空間モデルは、独立で同一な誤差のモデルを包括しています。独立で独立な誤差のモデルは、空間相関 ρ が0である空間モデルです。よって、空間相関が有意かどうかを確かめるために、尤度比検定を行えます。

まず、誤差の共分散構造が空間的になっているモデルをあてはめます。

1. 「Uniformity Trial.jmp」サンプルデータを開きます。
2. 「分析」>「モデルのあてはめ」を選択します。
3. 「ダイアログを開いたままにする」にチェックを入れて、次の例を行う際に起動ウィンドウに戻れるようにしておきます。
4. 「収率」を選択し、「Y」をクリックします。
5. 「手法」リストから「混合モデル」を選択します。
6. 「反復構造」タブを選択します。

7. 「構造」リストから「空間的構造」を選択します。
8. 「種類」リストから「球型」を選択します。
9. 「行」と「列」を選択し、「反復」をクリックします。

図 7.31 「モデルのあてはめ」起動ウィンドウの「反復構造」タブでの指定

モデルの指定

列の選択

- 5列
- 収率
- クォーター
- サブクォーター
- 行
- 列

役割変数の選択

Y: 収率

By: オプション

手法: 混合モデル

☒ 分散成分の範囲制限なし

ヘルプ 実行

前回の設定 ☒ ダイアログを開いたままにする

削除

モデル効果の構成

固定効果 変量効果 反復構造

反復における共分散構造

構造: 空間的構造

種類: 球型

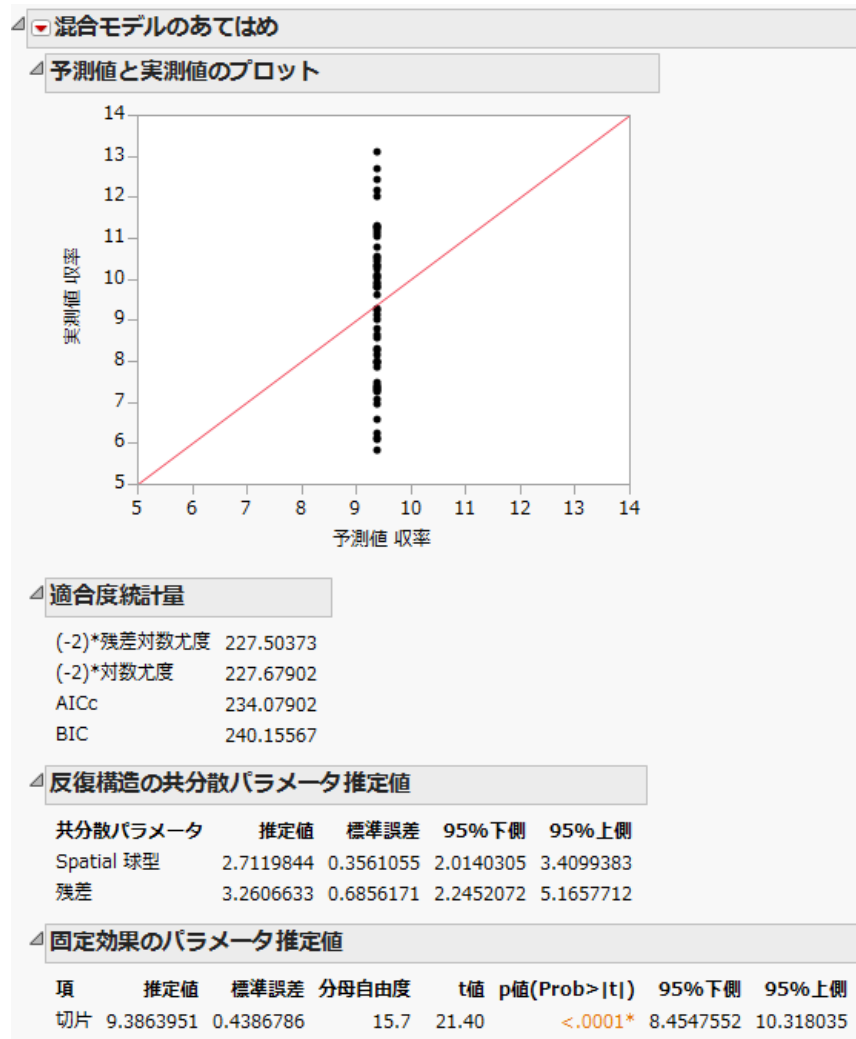
反復: 行
列
オプション

Subject: オプション

10. [実行] をクリックします。

図 7.32 のような「混合モデルのあてはめ」レポートが表示されます。「予測値と実測値のプロット」を見ると、予測値は 1 つの値しか取っていません。これは、切片だけの空間モデルがあてはめられたからです。「適合度統計量」レポートを見ると、「(-2)*対数尤度」は 227.68 で、AICc は 234.08 になっています。

図 7.32 「混合モデルのあてはめ」レポート - Spatial 球型



誤差が同一で独立なモデルのあてはめ

次に、同一で独立な誤差を仮定したモデルをあてはめましょう。

1. 「モデルのあてはめ」起動ウィンドウに戻ります。
2. [反復構造] タブを選択します。
3. 「構造」リストから[残差]を選択します。
4. 「反復」効果リストから「行」と「列」を削除します。なお、削除しなかった場合は、「共分散構造として「残差」が選択されているので、[反復]や[個体]に指定された列を無視して分析を行います。」という警告が表示されます。

5. **〔実行〕** をクリックします。

同一で独立な誤差を仮定したモデルでは、「(-2)*対数尤度」が254.22、AICcが258.41になっています。どちらも、空間モデルでは、対数尤度が227.68、AICcが234.08でした。AICcが小さいほうが良いモデルと判断できるので、空間モデルのほうが良いでしょう。

尤度比検定の実施（オプション）

この例では、尤度比検定によって、空間相関が有意かどうかを判断できます。一般的に、尤度比検定を行うには、一方のモデルが、他方のモデルの部分モデルとなっていなければいけません。

通常、空間モデルは、尤度比検定ではなく、AICcやBICによって比較されます。AICcやBICの方が計算が楽であり、多くの空間モデルは別の空間モデルの部分モデルとはなっていないからです。

この例では、同一で独立な誤差のモデルは、空間モデルに包含されています。そのため、尤度比検定を行えます。同一で独立な誤差モデルは、空間相関 ρ が0に等しい空間モデルです。つまり、尤度比検定によって、空間相関がゼロかどうかを検定できます。

この例では、尤度比検定の検定統計量は、 $254.22 - 227.68 = 26.54$ です。この検定統計量をもとに自由度1のカイ2乗分布からp値を計算すると、 p 値 < 0.0001 となり、「空間相関がゼロである」という帰無仮説は棄却されます。つまり、これらのデータには有意な空間的変動性が見られると結論付けることができます。

共分散構造の選択

続いて、次のような空間的共分散構造のなかから、データに最も良くあてはまるものを選択しましょう。

- ナゲット効果あり／なし（ナゲット効果は、同一地点におけるばらつきを表します）
- 等方性（空間相関が全方向で一緒）／異方性（空間相関が方向によって異なる）
- 共分散構造を表す関数（球型、Gauss、指数、べき乗）

1. 「モデルのあてはめ」起動ウィンドウに戻ります。
2. **〔反復構造〕** タブを選択します。
3. 「行」と「列」を選択して**〔反復〕** をクリックします。
4. 「構造」リストから**〔空間的構造（ナゲットあり）〕** を選択します。
5. 「種類」リストから**〔球型〕** を選択します。
6. **〔実行〕** をクリックします。

図7.33のような「混合モデルのあてはめ」レポートが表示されます。対数尤度はナゲットの無い球型空間モデルのものと同じです。AICcは少し高くなっています（234.08に対して236.36）。「反復構造の共分散パラメータ推定値」レポートを見ると、「ナゲット」共分散パラメータ推定値はゼロになっています。現在のデータには、ナゲット効果が存在するという証拠は見当たりません。

図7.33 「混合モデルのあてはめ」レポート - ナゲット効果ありの球型空間的構造

混合モデルのあてはめ

適合度統計量

(-2)*残差対数尤度	227.50373
(-2)*対数尤度	227.67899
AICc	236.35695
BIC	244.31452

反復構造の共分散パラメータ推定値

共分散パラメータ	推定値	標準誤差	95%下側	95%上側
空間的構造 球型	2.7119492	0.3561092	2.0139879	3.4099104
ナゲット	0	0	0	0
残差	3.2606273	0.6856083	2.2451838	5.1657093

固定効果のパラメータ推定値

項	推定値	標準誤差	分母自由度	t値	p値(Prob> t)	95%下側	95%上側
切片	9.3863962	0.438672	15.7	21.40	<.0001*	8.4547679	10.318025

7. 「モデルのあてはめ」起動ウィンドウに戻ります。
8. [反復構造] タブを選択します。
9. 異方性を選ぶために、「構造」リストから [空間的異方性] を選択します。
10. 「種類」リストから [球型] を選択します。
11. [実行] をクリックします。

図7.34のような「混合モデルのあてはめ」レポートが表示されます。AICcを見ると、等方性の球型モデルに比べて、異方性の球形モデルは良くないようです（AICcは234.08に対して262.62）。「反復構造の共分散パラメータ推定値」レポートを見ると、「行」の推定値（「空間的構造 球型 行」）と「列」（「空間的構造 球型 列」）の推定値は非常に近い値になっています。現在のデータには、行と列とで空間相関が異なることを示す証拠はありません。

図 7.34 「混合モデルのあてはめ」レポート - 異方性球型の空間的構造

混合モデルのあてはめ

適合度統計量

(-2)*残差対数尤度	232.09009
(-2)*対数尤度	231.86637
AICc	240.54434
BIC	248.50191

反復構造の共分散パラメータ推定値

共分散パラメータ	推定値	標準誤差	95%下側	95%上側
空間的構造 球型 行	2.2453436	0.4114847	1.4388484	3.0518389
空間的構造 球型 列	2.2285839	0.3316819	1.5784993	2.8786684
残差	3.0050357	0.6112678	2.0921736	4.6820351

固定効果のパラメータ推定値

項	推定値	標準誤差	分母自由度	t値	p値(Prob> t)	95%下側	95%上側
切片	9.4039777	0.3585799	21.3	26.23	<.0001*	8.6589792	10.148976

共分散構造の決定

誤差の共分散構造としては、ナゲットなしの等方性空間構造が適切なようです。JMP で用意されている空間構造を比較するには、それらをあてはめてみて、AICc や BIC で比較します。

JMP で用意されているモデルのうちで、どれが良いかを判断するため、「[共分散構造の選択](#)」(309 ページ)の手順 1 から手順 4 を実行します。そうして、構造を [空間的構造 (ナゲットあり)]、種類を [球型]、[べき乗]、[指数]、[Gauss] に変更して、モデルをあてはめます。同じように、構造を [空間的構造] にして、同様に 4 つの種類のモデルをあてはめます。そうして得られた AICc と BIC を表 7.13 に示します。

表 7.13 空間モデルのモデル比較規準

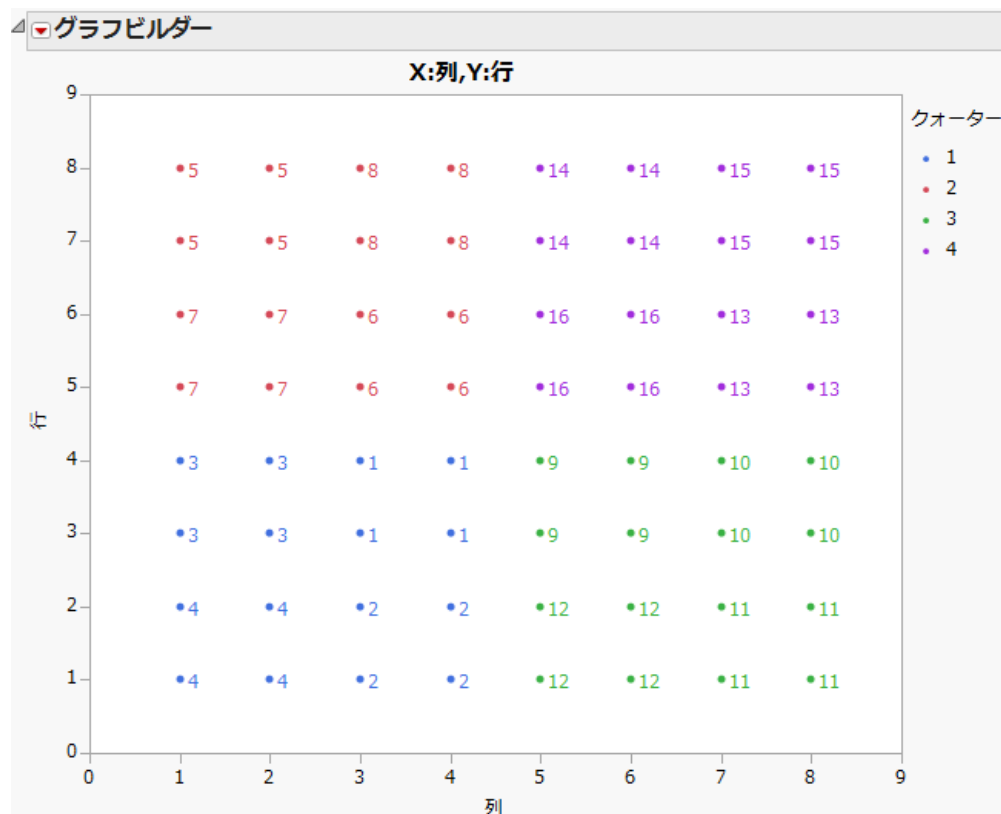
構造	種類	AICc	BIC
空間的構造	球型	234.08	240.16
残差		258.41	262.53
空間的構造 (ナゲットあり)	球型	236.36	244.31
空間的異方性	球型	262.62	270.58
空間的構造	べき乗	240.24	246.32
空間的構造	指数	240.24	246.32
空間的構造	Gauss	238.37	244.44

このなかで最も良い空間モデルは、誤差の共分散構造が球型関数のものです。次に、当初の分析目的を果たすため、この空間モデルを、乱塊法モデルと比較します。

空間モデルと乱塊法モデルとの比較

「Uniformity Trial.jmp」サンプルデータの「グラフビルダー」スクリプトを実行すると、図7.35のグラフが描かれます。このグラフは、実験に用いた試験場がどのように分割されているかを示しています。色によって分けられているブロックは、4つに分かれています。1つのブロックは、16区画あるので、16個の処理を割り付けるなら、試験は完備型乱塊法になります。番号によって分けられたブロックは、さらに細かく16個のブロックに分けられています。この場合、1つのブロックには4区画しかないため、試験は不完備型乱塊法になります。

図7.35 試験場のブロック



乱塊法モデルをあてはめるには、次の手順に従います。

1. 「モデルのあてはめ」起動ウィンドウに戻ります。
2. [反復構造] タブを選択します。
3. 「構造」リストから、[残差] を選択します。
4. 効果の「行」と「列」を削除します。削除しなかった場合は、「共分散構造として「残差」が選択されているので、[反復] や [個体] に指定された列を無視して分析を行います。」という警告が表示されます。
5. [変量効果] タブをクリックします。

6. 「クォーター」を選択し、[追加] をクリックします。
7. [実行] をクリックします。
8. 以上の操作で、ブロック数が4つの乱塊法モデルがあてはめられます。ブロック数が16個の乱塊法モデルをあてはめるには、手順6において、「クォーター」の代わりに「サブクォーター」を追加します。

空間モデルと乱塊法モデルのAICcとBICを、表7.14に示します。AICcやBICで見ると、共分散構造を球型空間構造としたモデルが、最も良いモデルになっています。この結果は、この試験場で得られたデータを統計分析するときには、空間モデルが良いことを示唆しています。

表7.14 空間モデルと乱塊法モデルのモデル比較規準

モデル	AICc	BIC
球型	234.08	240.16
RCBD	259.90	265.97
不完備ブロック	248.77	254.85

相関がある応答の例

「Tiretread Stacked.jmp」サンプルデータをもとに、相関があるデータの分析例を紹介します。このデータでは、3つの因子（「シリカ」、「シラン」、「硫黄」）に対して、4つの応答（「Abrasion」（摩擦）、「Modulus」（引張応力）、「Elong」（伸び）、「Hardness」（硬度））が調べられています。

元々、このデータは「Tiretread.jmp」サンプルデータのような形式で記録されていました。[混合モデル] 分析を行うためには、「Tiretread Stacked.jmp」のように各応答値が1つ1つの行に入力されている必要があります。「Tiretread.jmp」から「Tiretread Stacked.jmp」を作成するには、[テーブル]>[列の積み重ね]を用います。

このデータを分析する方法の1つは、4つの応答それぞれに個別の応答曲面をあてはめることです。この方法では、応答間で相関がどれくらいあるかは見ることはできません。1つの同じタイヤで測定しているので、4つの応答値には相関があると考えられます。この相関に興味がある場合もあるでしょう。[混合モデル] 手法を使えば、相関を考慮したモデルを作成できます。

応答間に存在し得る相関を考慮しながら、4つの応答に個別の応答曲面をあてはめることにしましょう。

1. 「Tiretread Stacked.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「Y」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「手法」リストから [混合モデル] を選択します。
5. 「特性」を選択し、[追加] をクリックします。
「特性」は、応答測定値の種類ごとに個別の効果を作成します。そのため、4つの応答曲面の切片は異なるものとなります。
6. 「シリカ」、「シラン」、「硫黄」を選択し、[マクロ] リストから [応答曲面] を選択します。
7. [固定効果] タブで、追加した9つの応答曲面効果を選択します。

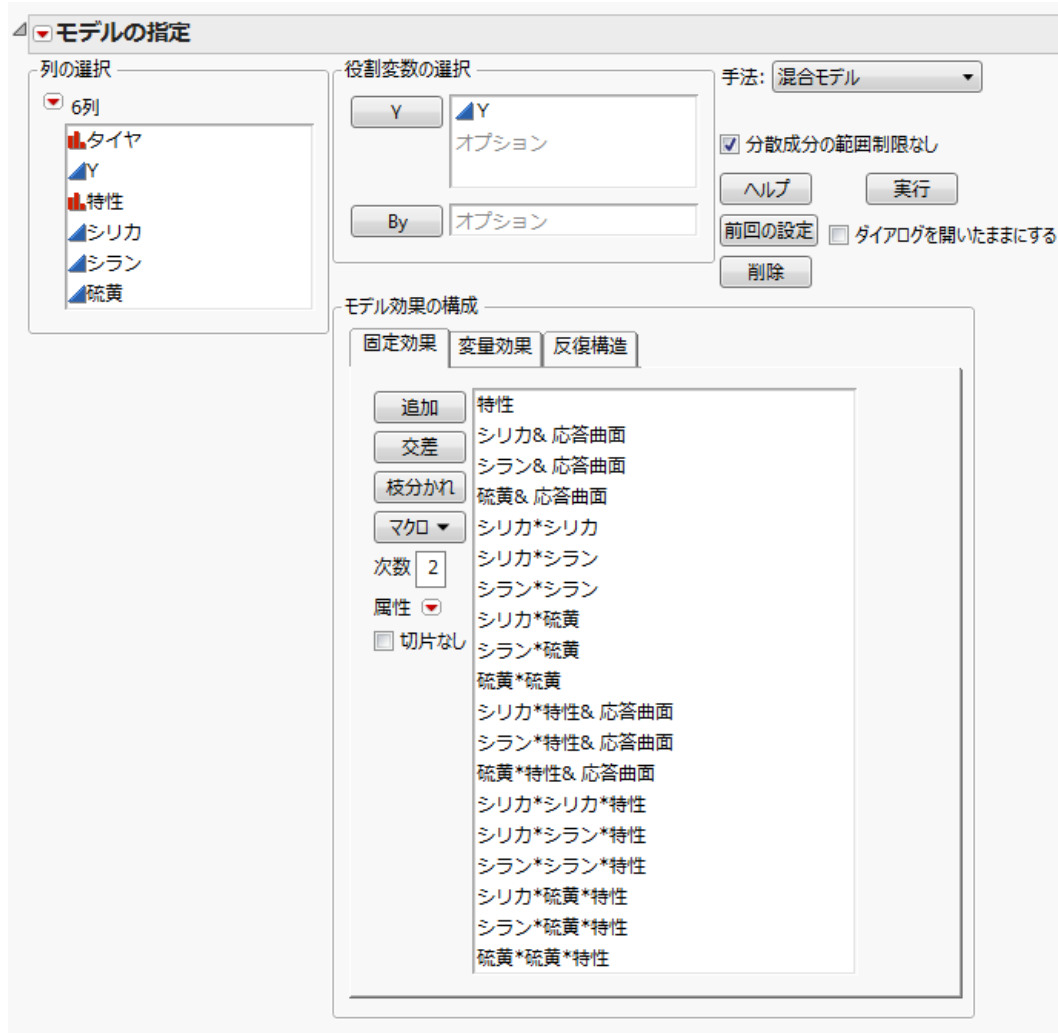
8. 「列の選択」リストから「特性」を選択します。

9. [交差] ボタンをクリックします。

これにより、4つの応答に対して別々の応答曲面があてはめられるように、効果が追加されます。

図7.36に、入力完了した「固定効果」タブを示します。

図7.36 「モデルのあてはめ」起動ウィンドウの「固定効果」タブでの指定



10. [反復構造] タブを選択します。

11. 「構造」リストから、[無構造] を選択します。

12. 「特性」を選択し、[反復] をクリックします。

13. 「タイヤ」を選択し、[**個体**] をクリックします。

図7.37 「モデルのあてはめ」起動ウィンドウの[反復構造]タブ

モデル効果の構成

固定効果 変数効果 反復構造

反復における共分散構造

構造 無構造

反復 特性

Subject タイヤ

14. [**実行**] をクリックします。

図7.38のような「混合モデルのあてはめ」レポートが表示されます。「反復構造の共分散パラメータ推定値」レポートには、4つの応答に関する分散と共分散の推定値が表示されます。共分散推定値の信頼区間には、すべてゼロが含まれています。したがって、応答間の相関は統計的に有意ではありません。ただ、共分散を検出するだけのデータ量がなかっただけである可能性もあります。

いずれにせよ、反復測定のアプローチを使うと、複数の4つの応答をまとめて検定することもできます。

「固定効果の検定」レポートを見てください。まず、「特性」が有意であることがわかります。これは予想通りです。また、「シラン*硫黄*特性」と「シリカ*特性」も有意になっています。これらの検定は、1つの1つの応答に分けてではなく、4つの応答をまとめた検定になっています。

図7.38 「混合モデルのあてはめ」レポート

混合モデルのあてはめ

予測値と実測値のプロット

適合度統計量

反復構造の共分散パラメータ推定値

反復構造: 特性

被験者: タイヤ

共分散パラメータ	推定値	標準誤差	95%下側	95%上側
Var(ABRASION)	31.486091	14.081007	3.8878236	59.084358
Cov(ELONG,ABRASION)	-3.136819	36.476597	-74.62964	68.355998
Var(ELONG)	422.26845	188.84418	52.140649	792.39624
Cov(HARDNESS,ABRASION)	1.1290491	2.2770024	-3.333794	5.5918918
Cov(HARDNESS,ELONG)	-1.355163	8.2466954	-17.51839	14.808063
Var(HARDNESS)	1.6061902	0.7183101	0.1983283	3.014052
Cov(MODULUS,ABRASION)	34.783018	583.34773	-1108.558	1178.1236
Cov(MODULUS,ELONG)	-1489.08	2187.2118	-5775.936	2797.7767
Cov(MODULUS,HARDNESS)	30.362221	132.08087	-228.5115	289.23597
Var(MODULUS)	108039.33	48316.655	13340.425	202738.23

固定効果の検定

要因	パラメータ数	分子自由度	分母自由度	F値	p値(Prob>F)
特性	3	3	8.0	12.763209	0.0020*
シリカ	1	1	10.0	0.1483013	0.7082
シラン	1	1	10.0	0.3405648	0.5724
硫黄	1	1	10.0	6.0320281	0.0339*
シリカ*シリカ	1	1	10.0	0.7622472	0.4031
シリカ*シラン	1	1	10.0	0.504554	0.4937
シラン*シラン	1	1	10.0	1.537452	0.2433
シリカ*硫黄	1	1	10.0	0.8771776	0.3710
シラン*硫黄	1	1	10.0	0.9712648	0.3476
硫黄*硫黄	1	1	10.0	4.8874559	0.0515
シリカ*特性	3	3	8.0	4.3927425	0.0418*
シラン*特性	3	3	8.0	3.2957607	0.0788
硫黄*特性	3	3	8.0	3.8033097	0.0581
シリカ*シリカ*特性	3	3	8.0	3.9850108	0.0523
シリカ*シラン*特性	3	3	8.0	3.9625343	0.0530
シラン*シラン*特性	3	3	8.0	3.9563037	0.0532
シリカ*硫黄*特性	3	3	8.0	3.8748404	0.0557
シラン*硫黄*特性	3	3	8.0	4.8355538	0.0332*
硫黄*硫黄*特性	3	3	8.0	1.5870342	0.2671

曲面プロファイルを使った「シラン*硫黄*特性」の交互作用の探索

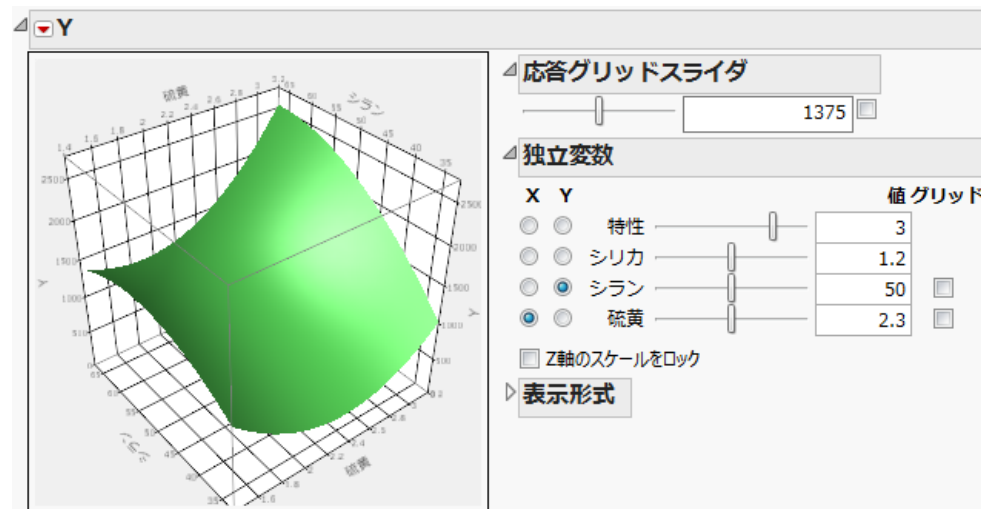
1. 「混合モデルのあてはめ」の赤い三角ボタンメニューから「周辺予測値プロット」>「曲面プロファイル」を選択します。
2. 「独立変数」パネルで「シラン」と「硫黄」を選択します。

「特性」が0のときは、「ABRASION」（摩擦）の応答曲面が描かれます。1のときは「ELONG」（伸び）、2のときは「HARDNESS」（硬度）、3のときは「MODULUS」（引張応力）の応答曲面が描かれます。これらの整数値は、データ値のアルファベット順で決められています。

- 「特性」の値を3に変更します（図7.39）。「MODULUS」（引張応力）の応答曲面が描かれます。

図7.39は、シリカの値が1.2のときの応答曲面の断面を示しています。

図7.39 シリカが1.2のときのMODULUS（引張応力）の曲面プロファイル

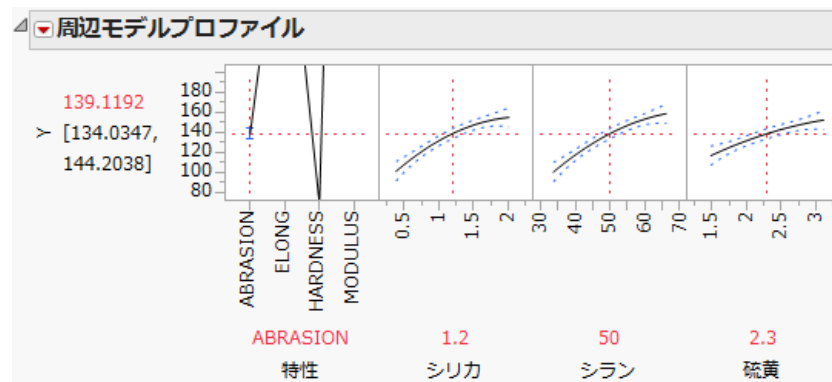


プロファイルを使った交互作用の探索

- 「混合モデルのあてはめ」の赤い三角ボタンメニューから「周辺予測値プロット」>「プロファイル」を選択します。
- 「特性」パネルの赤い縦の点線を動かしてみて、それぞれの応答における変化を確認してください。

プロファイルで描かれる予測値は、応答ごとに個別に行った結果とまったく同じです。ただ、このプロファイルには、特性も因子として含まれており、どの応答のプロファイルを描くかを切り替えることができます。図7.40は、ABRASIONのプロファイルを示しています。「シリカ」、「シラン」、「硫黄」の効果をわかりやすくするために、Y軸のスケールを変更しています。

図7.40 「Tiretread」データのプロファイル



統計的詳細

収束スコア検定

反復計算の収束に失敗すると、「収束スコア検定」というレポートが表示されます。この検定では、「最尤推定値は、現在の反復計算で得られた最終ステップでのパラメータ値と等しい」という帰無仮説に対するスコア検定が表示されます。この検定は、収束基準として用いている相対的な傾き（**gradient**）を、検定統計量として用いています。なお、このスコア検定では、本当の最尤推定値がどのような値をとるかを知らなくても構いません。

スコア検定

最初に、推定するパラメータ θ が1個の場合を見てみましょう。 θ における対数尤度関数を l 、得られたデータを $\mathbf{x}$ とします。 θ における対数尤度関数の導関数のベクトルを、「スコア」と呼びます。

$$U(\theta) = \frac{\partial l(\theta|\mathbf{x})}{\partial \theta}$$

以下のように、対数尤度関数を2回微分したことによって得られる行列を、「(観察された) 情報量行列」と呼びます。

$$I(\theta) = -\frac{\partial^2}{\partial \theta^2} l(\theta|\mathbf{x})$$

$H_0: \theta = \theta_0$ に対するスコア検定の検定統計量は次のとおりです。

$$S(\theta_0) = \frac{U(\theta_0)^2}{I(\theta_0)}$$

この検定統計量は、帰無仮説のもとで、自由度が1の漸近的なカイ2乗分布に従います。

スコア検定は、複数のパラメータに対して一般化できます。複数のパラメータを含むベクトルを θ とすると、 $H_0: \theta = \theta_0$ に対するスコア検定の検定統計量は次のとおりです。

$$S(\theta_0) = \mathbf{U}'(\theta_0) \mathbf{I}^{-1}(\theta_0) \mathbf{U}(\theta_0)$$

この式で、

$$\mathbf{U}(\theta) = \frac{\partial l(\theta|\mathbf{x})}{\partial \theta}$$

および

$$\mathbf{I}(\theta) = -\frac{\partial^2 l(\theta|\mathbf{x})}{\partial \theta (\partial \theta')}$$

また、 $\mathbf{U}'$ は、行列 $\mathbf{U}$ の転置を表します。

この検定統計量は、自由度 k のカイ 2 乗分布に漸近的に従います。ここで、 k は、制約されていない自由パラメータの個数です。

相対的な勾配

[混合モデル] 手法での収束基準は相対的な勾配 $\mathbf{g}'\mathbf{H}^{-1}\mathbf{g}$ に基づいています。ここで、 $\mathbf{g}(\theta) = \mathbf{U}(\theta)$ は対数尤度関数の勾配、 $\mathbf{H}(\theta) = -\mathbf{I}(\theta)$ はヘッセ行列です。

θ_0 を、反復計算が終了したときの θ の値とします。 θ_0 で評価される相対的な勾配が、スコア検定の検定統計量となります。 p 値は、自由度 k のカイ 2 乗分布に基づいて計算されます。この p 値によって、「最尤推定値は、 θ_0 と等しい」という帰無仮説が検定されます。なお、 k は、「変量効果の共分散パラメータ推定値」レポートにリストされている、制約されていないパラメータの個数です。

ランダム係数モデル

標準的なランダム係数モデルは、個体ごとの切片と傾きがランダムに分布しているモデルです。 y_{ij} を、第 i 個体における j 番目の測定値とします。単回帰のランダム係数モデルは次のようなモデルです。

$$y_{ij} = a_i + b_i x_{ij} + e_{ij}$$

この式で、

$$i = 1, 2, \dots, t$$

$$j = 1, 2, \dots, n_i$$

$$\begin{bmatrix} a_i \\ b_i \end{bmatrix} \sim iid N\left(\begin{bmatrix} \alpha \\ \beta \end{bmatrix}, \mathbf{G}\right)$$

$$\mathbf{G} = \begin{bmatrix} \sigma_a^2 & \sigma_{ab} \\ \sigma_{ab} & \sigma_b^2 \end{bmatrix}$$

および

$$e_{ij} \sim iid N(0, \sigma^2)$$

上記のモデルは、下式のようにも表されます。JMP では、下式に基づいて、その固定効果と変量効果が推定されます。

$$y_{ij} = (\alpha + a_i^*) + (\beta + b_i^*)x_{ij} + e_{ij}$$

この式で、

$$a_i^* = \alpha_i - \alpha$$

$$b_i^* = \beta_i - \beta$$

および

$$\begin{bmatrix} a_i^* \\ b_i^* \end{bmatrix} \sim iid N \left(\begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \mathbf{G} \right)$$

$\mathbf{G}$ と e_{ij} は、前述のように定義されます。

反復測定

反復測定モデルの式は、 $y_{ijk} = \alpha_{ij} + s_{ik} + e_{ijk}$ です。ここで、

α_{ij} は、処置*i*の時点*j*における平均です。

s_{ik} は、処置*i*を割り付けられた個体*k*の変量効果です。

$j = 1, \dots, m$ は、時点を表します。

s_{ik} は、互いに独立な $N(0, \sigma_s^2)$ の正規分布に従うと仮定します。処置の水準数を t 、個体の水準数を s とします。
 e_{ijk} の分布は、 $N(0, \Sigma)$ に従うと仮定されます。ここで、

$$\Sigma = \mathbf{I}_{ts} \otimes \text{Var}(\mathbf{y}_{ik} | s_{ik})$$

および

$$\mathbf{y}'_{ik} | s_{ik} = \left(\begin{bmatrix} y_{i1k} & y_{i2k} & \dots & y_{imk} \end{bmatrix} \middle| s_{ik} \right)$$

Σ のブロック対角成分、つまり、処置*i*での個体*k*がもつ誤差共分散行列を、 Σ_{ik} とします ($\Sigma_{ik} = \text{Var}(\mathbf{y}_{ik} | s_{ik})$)。反復測定データの誤差は、多くの場合、独立ではないため、 $\mathbf{y}_{ijk} | s_{ik}$ の間の共分散を推定する必要があります。それらの相関を考慮しないで分析した場合、誤った推測になる可能性があります。以下の節で、 Σ_{ik} として仮定できる共分散構造について説明します。

無構造の共分散構造

$$\Sigma = \begin{bmatrix} \sigma_1^2 & \sigma_{12} & \sigma_{13} & \cdots & \sigma_{1[m-1]} & \sigma_{1m} \\ & \sigma_2^2 & \sigma_{23} & \cdots & \sigma_{2[m-1]} & \sigma_{2m} \\ & & \sigma_3^2 & \cdots & \sigma_{3[m-1]} & \sigma_{3m} \\ & & & \ddots & \vdots & \vdots \\ & & & & \sigma_{m-1}^2 & \sigma_{[m-1]m} \\ & & & & & \sigma_m^2 \end{bmatrix}$$

この行列の対角要素は、以下のように定義される、時間 j における誤差の分散です。

$$\sigma_j^2 = \text{Var}(y_{ijk} | s_{ik})$$

この行列の非対角要素は、以下のように定義される、時間 j と時間 j' における誤差間の共分散です。

$$\sigma_{jj'} = \text{Cov}(y_{ijk}, y_{ij'k} | s_{ik})$$

無構造の共分散構造では、どの時点の分散も、互いに異なります。また、どの時点間の共分散も、互いに異なります。

AR(1) 共分散構造

$$\Sigma = \begin{bmatrix} \sigma^2 & \rho^{|t_1-t_2|}\sigma^2 & \rho^{|t_1-t_3|}\sigma^2 & \cdots & \rho^{|t_1-t_{m-1}|}\sigma^2 & \rho^{|t_1-t_m|}\sigma^2 \\ & \sigma^2 & \rho^{|t_2-t_3|}\sigma^2 & \cdots & \rho^{|t_2-t_{m-1}|}\sigma^2 & \rho^{|t_2-t_m|}\sigma^2 \\ & & \sigma^2 & \cdots & \rho^{|t_3-t_{m-1}|}\sigma^2 & \rho^{|t_3-t_m|}\sigma^2 \\ & & & \ddots & \vdots & \vdots \\ & & & & \sigma^2 & \rho^{|t_{m-1}-t_m|}\sigma^2 \\ & & & & & \sigma^2 \end{bmatrix}$$

ここで、 t_j は、第 j 時点の時刻です。この構造では、どの時点でも同じ分散 σ^2 を持ちます。パラメータ ρ ($-1 < \rho < 1$) は、1 単位時間だけ離れた 2 時点の誤差間の相関です。時間の差が大きくなるにつれて、 ρ のべき乗が大きくなるので、誤差間の相関は小さくなります。AR(1) 共分散構造は、多くの分野で個体内相関として適しており、第 1 種の誤りを制御しながらも、高い検出力が得られることが期待されます。

複合対称共分散構造

JMPでは、反復測定モデルの誤差構造としては、複合対称（compound symmetry）の構造を提供していません。しかし、複合対称の反復測定モデルは、個体を変量効果とした分割実験モデルと等価です。反復測定モデルではR行列において相関を表しますが、分割実験モデルでは、それをG行列で表します。詳細については、Searle, Casella, and McCulloch（1992）を参照してください。

G行列は、変量効果の計画行列と関係しています。一方、R行列は、残差誤差と関係しています。個体間分散は、G行列でモデル化されます。一方、個体内分散は残差構造に含まれ、R行列でモデル化されます。分割実験モデルでは、G行列およびR行列は、以下のように仮定されます。

- 変量効果は、独立同一の正規分布に従うと仮定されます。つまり、 $s_{ik} \sim \text{iid } N(0, \sigma_s^2)$ です。
- 残差誤差も、独立で同一の正規分布に従うと仮定されます。つまり、 $e_{ijk} \sim \text{iid } N(0, \sigma^2)$ です。

このように仮定された分割実験モデルでは、応答変数の共分散行列が次のようになります。

$$\Sigma_{ik} = \sigma_s^2 \mathbf{J} + \sigma^2 \mathbf{I} = \begin{bmatrix} \sigma_s^2 + \sigma^2 & \sigma_s^2 & \dots & \sigma_s^2 \\ & \sigma_s^2 + \sigma^2 & \dots & \sigma_s^2 \\ & & \ddots & \vdots \\ & & & \sigma_s^2 + \sigma^2 \end{bmatrix}$$

ここで、 $\mathbf{J}$ は、要素がすべて1である行列です。 $\mathbf{I}$ は単位行列です。

この分割実験モデルは、誤差構造が複合対称である反復測定モデルと等価です。分割実験モデルの共分散構造は、正規分布の仮定のもとでは、上記したように複合対称となります。よって、誤差に複合対称を仮定した反復測定モデル（SASのPROC MIXEDではType=CS）と等価です。なお、JMPの「反復構造」タブでは、複合対称の構造は用意されていません。JMPでは使用できません。等価な分割実験モデルをあてはめてください。複合対称の共分散行列は、以下のように表されます。

$$\Sigma_{ik} = \sigma_e^2 \begin{bmatrix} 1 & \rho & \dots & \rho \\ & 1 & \dots & \rho \\ & & \ddots & \vdots \\ & & & 1 \end{bmatrix}$$

この複合対称のパラメータは、分割実験モデルのパラメータと、以下のように関係しています。

$$\sigma_e^2 = \sigma_s^2 + \sigma^2$$

および

$$\rho = \frac{\sigma_s^2}{\sigma_s^2 + \sigma^2}.$$

空間的構造

ここでは、空間モデルについて説明します。 $y_i = \mu + e_i$ という切片だけの単純なモデルを考えましょう。空間モデルでは、誤差項 e_i の共分散行列に対して、空間的な構造を仮定します。異なる 2 地点の誤差間の共分散 $Var(e_i) = \sigma_i^2$ および $Cov(e_i, e_j) = \sigma_{ij}$ を、特定の関数で表します。

s_i が、 y_i が測定された地点の座標を表わすとします。この座標は、緯度と経度、行と列、南北と東西の方位など、何でもかまいません。空間モデルは、通常、「2 つの地点の誤差間の共分散は、場所 s_i と s_j の間のユークリッド距離 d_{ij} の関数である」と仮定します。

つまり、空間モデルでは、誤差の共分散が、 $Cov(e_i, e_j) = \sigma^2[f(d_{ij})]$ のように仮定されます。

$f(d_{ij})$ が方向に依存していない場合、その共分散構造の性質を「等方性」と呼びます。一方、依存している場合は「異方性」と呼びます。JMP では、次の等方性である空間的共分散構造が用意されています。

- 球型

$$f(d_{ij}) = [1 - 1.5(d_{ij}/\rho) + 0.5(d_{ij}/\rho)^3] \times 1_{\{d_{ij} < \rho\}}$$

$$\text{この式で、} 1_{\{d_{ij} < \rho\}} = \begin{cases} 1, & d_{ij} < \rho \text{ の場合} \\ 0, & d_{ij} \geq \rho \text{ の場合} \end{cases}$$

- 指数

$$f(d_{ij}) = \exp(-d_{ij}/\rho)$$

- Gauss

$$f(d_{ij}) = \exp(-d_{ij}^2/\rho^2)$$

- べき乗

$$f(d_{ij}) = \rho^{d_{ij}}$$

異方性の構造では、等方性の計算式における距離において、各方向に個別の距離を代わりに用います。等方性の計算式における d_{ij} が、 d_{ijk} を組み合わせて定義されます。ここで、 d_{ijk} は、 i 番目と j 番目の第 k 座標方向での距離です ($k = 1, 2, \dots, c$ 。 c は次元数)。

上記したような空間モデルに、「ナゲット効果」というものを追加する場合があります。ナゲット効果は、測定誤差などの同一地点での誤差を表したものです。ナゲット効果を仮定した場合、次のように、共分散はそのままですが、分散に対してパラメータ σ_1^2 が足されます。

$$Var(e_i) = \sigma^2 + \sigma_1^2$$

および

$$Cov(e_i, e_j) = \sigma^2[f(d_{ij})]$$

セミバリオグラムとの関係

空間過程が2次定常性の場合、空間データの特徴は、セミバリオグラムによって把握できます。セミバリオグラムは地球統計学の分野で、空間データの特徴を表すグラフとして使われています。セミバリオグラムは、空間的なばらつきを、地点間の距離 d_{ij} の関数として表します。セミバリオグラムでの主なパラメータは次のとおりです。

ナゲット セミバリオグラムの切片で、 $d_{ij}=0$ における観測値間のばらつきを表します。これは、空間モデルにおける σ_1^2 です。

シル 距離を増加させていき、平坦になったときのセミバリオグラムの値です。これは、観測値の分散に該当します。ナゲット効果のないモデルでは、シルは σ^2 です。ナゲット効果のあるモデルでは、シルは $\sigma^2 + \sigma_1^2$ です。シルからナゲット効果を引いたものは「部分シル」と呼ばれています。部分シルは σ^2 です。

レンジ セミバリオグラムがシルに到達する距離です。レンジよりも短い距離では、観測値間には空間的に相関があります。レンジ以上の距離では、空間的な相関がゼロになっています。球型モデルでは、 ρ がレンジです。指数モデルでは、 3ρ が実質的なレンジです。Gaussモデルでは、 $\rho\sqrt{3}$ が実質的なレンジです。「実質的なレンジ」とは、セミバリオグラムの値が、シルの95%までに達する距離です。

図7.10「指定が完了した「モデルのあてはめ」起動ウィンドウの「反復構造」タブ」（274ページ）の反復効果の共分散パラメータ推定値は、次のようなさまざまなセミバリオグラムの特徴を示しています。

空間的球型 レンジ ρ の推定値。

ナゲット σ_1^2 の尺度化した推定値。残差にナゲットを掛けると σ_1^2 となります。

残差 部分シル（ナゲット効果がないモデルの場合は、シル）

Kackar-Harville の修正

固定効果の共分散行列は、Kackar-Harville の修正を行って求められています。ただし、BLUP の共分散行列と、BLUP と固定効果の間の共分散に対しては、Kackar-Harville の修正は行われません。変量効果に数多くの水準がある場合、BLUP の修正は計算が複雑になり、多くのメモリを必要とするためです。SAS システムの PROC MIXED では、DDFM=KENWARDROGER が設定されている場合、固定効果と BLUP の両方に Kackar-Harville の修正が行われます。

共分散パラメータに関しての2次微分でゼロではない要素を含む共分散構造の場合、Kenward-Roger 調整には2次微分の項が含まれます。この2次微分の項を考慮すると、標準誤差が収縮してしまうことがあります。また、修正された共分散行列が不定値行列となり、パラメータ化に関して不変でなくなる可能性があります。Kenward-Roger の1次修正は、その計算から2次微分の項を除外します。すべての空間構造および AR(1) 構造に対する Kenward-Roger 調整は、一般的に、ゼロではない2次微分をもちます。

JMP では、Kenward-Roger の1次修正が採用されています。SAS の結果と比べると、以下のような違いがあります。

- 固定効果パラメータしかない線形結合の標準誤差は、PROC MIXED DDFM=KENWARDROGER(FIRSTORDER) に一致します (PROC MIXED と JMP で同じパラメータ化を行った場合)。
- BLUP パラメータしかない線形結合の標準誤差は、PROC MIXED DDFM=SATTERTHWAITE に一致します。
- 固定効果と BLUP の両方のパラメータを持つ線形結合の標準誤差は、データが不釣り合いであると、どの DDFM オプションでも PROC MIXED に一致しません。ただし、これらの標準誤差は、DDFM=SATTERTHWAITE オプションと DDFM=KENWARDROGER オプションから得られる誤差の中間になります。データが釣り合い型である場合は、どのような DDFM オプションであっても、Kackar-Harville 修正は影響しないため、JMP と SAS で得られる標準誤差は等しくなります。

自由度

固定効果パラメータの線形結合だけを含む検定の自由度は、Kenward-Roger の 1 次修正を使って計算されるため、JMP での検定結果は DDFM=KENWARDROGER(FIRSTORDER) オプションを使用した場合の PROC MIXED と一致します。線形結合に BLUP パラメータが含まれている場合は、JMP では Satterthwaite の近似を使って自由度を求めます。このため、結果は前述のようなパターンになります。

Kackar-Harville の修正と Kenward-Roger の自由度のアプローチの詳細については、Kenward and Roger (1997) を参照してください。Satterthwaite 法については、SAS の PROC MIXED に関するドキュメント (『SAS/STAT 12.3 User's Guide』第 59 章) で詳しく説明されています。

第8章

多変量の応答モデル 多変量分散分析モデル

「MANOVA」では、複数の応答（Y変数）に対して多変量モデルをあてはめます。Y変数に対する計画行列（応答に対する対比）を指定することにより、Y変数に関する関数を比較する多変量検定が行えます。

また、標準的なMANOVAモデル（多変量分散分析モデル）の他に、次のような分析方法も用意されています。

- 反復測定分析。各個体についての反復測定データにおいて、個体間および個体内の効果を分析します。「MANOVA」で行われる多変量アプローチは、時点間の相関構造が特定できない場合に特に有効です。
- 正準相関分析。Xの線形結合とYの線形結合のうち、最も相関が高くなるものを見つけます。
- 判別分析。グループ平均と各点との距離を計算する式を求め、属している可能性が最も高いと思われるグループに各点を分類します。より複雑な判別分析には「判別分析」プラットフォームが適しています。

多変量のあてはめは、まず、各効果のパラメータ推定値と最小2乗平均を求める予備分析から始まります。その後、応答Yに対する計画行列（応答Yの比較を指定するための変換の行列）を選択し、多変量検定を実行します。

目次

- 複数の応答をもつモデルの例 329
- MANOVA のレポート 331
- 「MANOVA のあてはめ」のオプション 332
- 応答の指定 332
 - 「応答の選択」のオプション 333
 - 「カスタム検定」オプション 333
- 多変量検定 337
 - 多変量検定の詳細 338
 - 適切な多変量検定とは 339
 - 一変量検定と球面性の検定 340
- 反復測定データに対する多変量モデル 341
- 応答側が複合しているモデルの例 343
- 線形判別分析 345

複数の応答をもつモデルの例

ここでは、「Golf Balls.jmp」サンプルデータ (McClave and Dietrich 1988) を使います。このデータは、3 つのブランドのゴルフボールを調べ、その飛距離と耐久性を比較したものです。無作為抽出した各ブランドのボール 10 個ずつを、ランダムな順序でロボットが打ちました。検定したい帰無仮説は、「ボールの飛距離と耐久性は、どのブランドでも同じ」というものです。

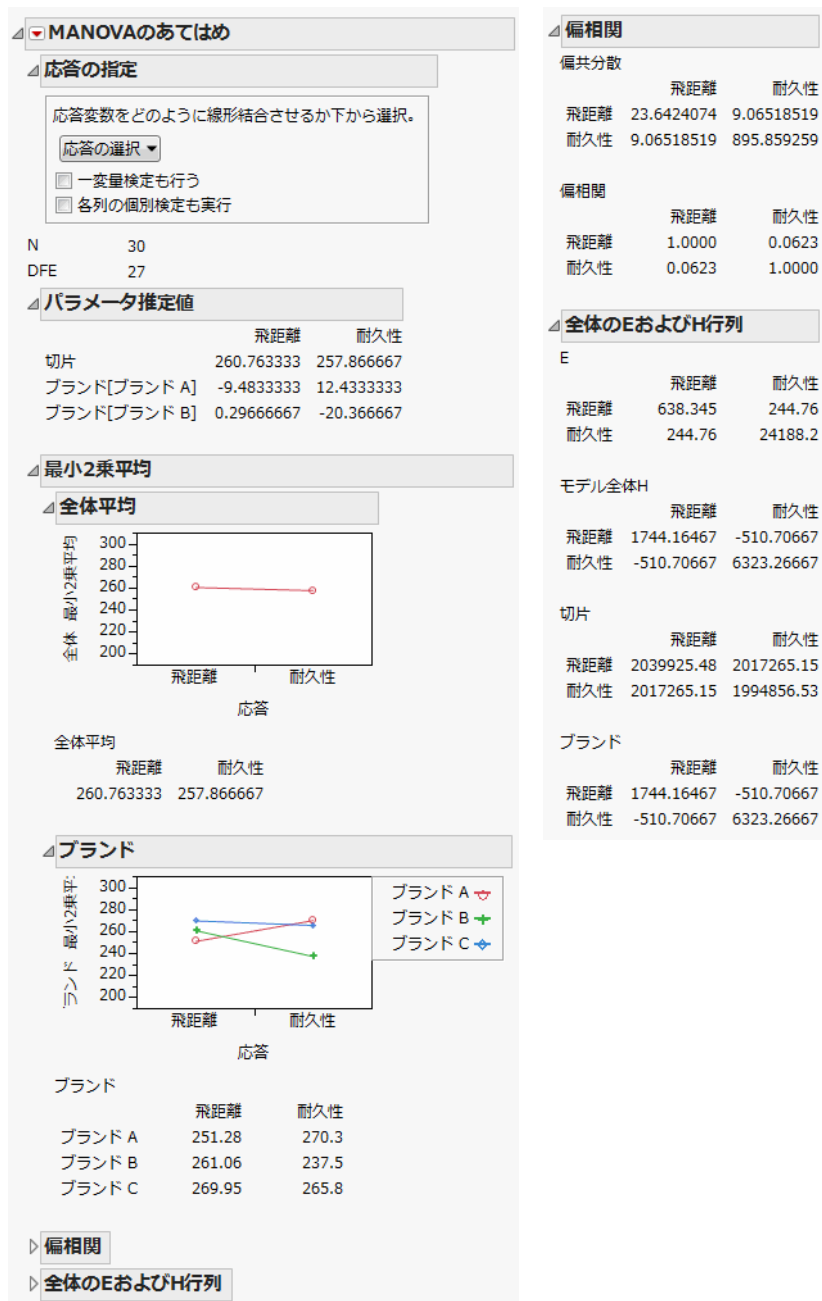
1. 「Golf Balls.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「飛距離」と「耐久性」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「ブランド」を選択し、[追加] をクリックします。
5. 「手法」として [MANOVA] を選択します。

図 8.1 MANOVA の設定



6. [実行] をクリックします。

図 8.2 MANOVA のレポートウィンドウ



この段階では、まだ応答の計画行列（応答に対する変換の行列）を指定していないので、検証したい仮説に対する統計結果が出力されていません。応答計画を指定すると、多変量アプローチに基づく推定値と検定の表が表示されます。応答計画の指定については、「[応答の指定](#)」（332ページ）を参照してください。

MANOVA のレポート

MANOVA のレポートウィンドウには、次の要素が含まれています。

表 8.1 MANOVA のレポートウィンドウの説明

「MANOVA のあてはめ」の赤い三角ボタンのメニュー	保存に関するオプションがあります。「 「MANOVA のあてはめ」のオプション 」(332 ページ) を参照してください。
応答の指定	各種検定のための計画行列を指定します。「 応答の指定 」(332 ページ) を参照してください。
パラメータ推定値	それぞれの応答変数に対するパラメータ推定値が表示されます(標準誤差や t 検定などの詳細は出力されません)。応答変数ごとに 1 つずつ列があります。
最小 2 乗平均	最小 2 乗平均とそのプロットが表示されます。最小 2 乗平均は、すべての応答変数に対して、名義変数の水準ごとに計算されます。
偏相関	残差間の共分散行列と相関行列が表示されます。この計算で使われる各応答変数の残差は、応答変数ごとに効果 X で通常の最小 2 乗推定を行ったときのものです。
「全体の E および H 行列」	E 行列と H 行列を表示します。 • E 行列の要素は、残差の平方和と交差積和です。 • H 行列の要素は、仮説検定の平方和と交差積和です。 H 行列には、モデル全体に対するものと、モデル内の各効果に対するものがあります。H 行列と E 行列の対角要素は、それぞれ、単一の応答変数に対する F 検定の分子平方和(仮説の平方和)と分母平方和(残差の平方和)に等しくなっています。この初期の E 行列および H 行列から、応答の計画行列に対する E 行列および H 行列が計算され、それをもとに多変量検定の検定統計量が計算されます。

「MANOVAのあてはめ」のオプション

表8.2では、「MANOVAのあてはめ」のタイトルバーにある赤い三角ボタンをクリックしたときに表示されるオプションについて説明します。

表 8.2 「MANOVAのあてはめ」のオプションの説明

判別結果の保存	判別分析を実行し、その結果をデータテーブルに保存します。詳細は、「 線形判別分析 」(345 ページ) を参照してください。
予測値の保存	予測値をデータテーブルに保存します。
残差の保存	残差をデータテーブルに保存します。
モデルダイアログ	現在の分析の起動ダイアログを呼び出します。
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。詳細については、『JMP の使用法』を参照してください。

応答の指定

「応答の指定」パネルでは、応答に対する計画行列（対比）を指定します。

図 8.3 「応答の指定」パネル

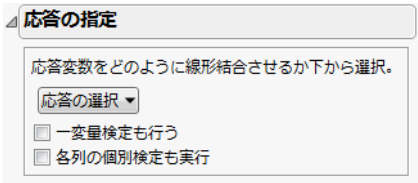


表 8.3 「応答の指定」パネルの説明

応答の選択	応答に対する計画行列である M 行列を選択します。「 [応答の選択]のオプション 」(333 ページ) を参照してください。
一変量検定も行う	多変量検定だけでなく、調整済み、および、未調整の一変量検定も実行します。特に、反復測定モデルのときにお使いください。
各列の個別検定も実行	多変量分散分析だけでなく、応答変数ごとに、一変量の分散分析も実行します。
以下のボタンは、「応答の選択」オプションを選択すると表示されます。	
実行	分析を実行し、多変量アプローチに基づく推定値と検定を表示します。「 多変量検定 」(337 ページ) を参照してください。

表 8.3 「応答の指定」パネルの説明（続き）

ヘルプ	「応答の指定」パネルのヘルプが表示されます。
直交化	行列を正規直交化します。[合計] を除く応答の種類では、正規直交化の前に、列の合計がゼロになるような対比にいったん変換されます。
最後の列を削除	変換行列の列が削除され、次元が減少します。

「応答の選択」のオプション

選択した応答変数の計画行列によって、**M** 行列が形成されます。この **M** 行列の各列が、多変量検定のための変換を行うベクトルになります。[応答の選択] ボタンには、**M** 行列のオプションがあります。

表 8.4 「応答の選択」のオプションの説明

反復測定	[合計] と [対比] の両方が実行されます。
合計	複数の応答を合計して 1 つの値にします。
単位行列	M 行列として単位行列が使われます。
対比	第 1 番目の応答とその他の応答が 1 対 1 で比較されます。
多項	M 行列として直交多項式の行列が使われます。
Helmert	各応答が、その下にリストされている応答の平均と比較されます。
プロファイル	各応答が、その次の応答と比較されます。
平均	各応答が、その他の応答の平均と比較されます。
複合	応答が 2 つの効果を複合したもので構成されている場合に、応答に対して複数の変換を作成します。
カスタム	M 行列を自由に設定できます。

多変量回帰で最も標準的な応答の計画行列は、[反復測定] と [単位行列] です。[対比]、[Helmert]、[プロファイル]、[平均] の各オプションによって行われる検定では、各ベクトルが同じ空間を張るので、ほとんど差がありません。ただし、「最小 2 乗平均」表と「パラメータ推定値」表に表示されている検定および詳細を見ると、それぞれの方法で異なる部分に焦点が置かれていることがわかります。

[反復測定] または [複合] を選択すると、応答側に対する効果（個体内効果＝時点の効果）の名前を指定するためのダイアログボックスが表示されます。それ以外に入力や設定するところはなく、実行すると、応答に対する個体間および個体内の変換が作成されます。[反復測定]、[複合] 以外の計画行列を選択した場合は、設定パネルが拡張するので、そこで詳しい指定を行います。

「カスタム検定」オプション

[カスタム検定] オプションでは、カスタム検定を設定します。

注：カスタム検定の作成方法については、「標準最小 2 乗のレポートとオプション」の章の「[カスタム検定](#)」(109 ページ) を参照してください。

各効果名を表示したタイトルバーのメニューには、次のようなコマンドが表示され、それを使って多変量のあてはめに関する追加情報を表示させることができます。

表 8.5 「カスタム検定」のオプションの説明

検定の詳細	多変量検定の統計量を計算するときに使われた $E^{-1}H$ 行列の固有値および固有ベクトルが表示されます。
重心プロット	重心（多変量の最小 2 乗平均）を、検定空間から形成された、最初の 2 つの正準変数に対してプロットしたものが表示されます。
正準スコアの保存	「 Canon[1] 」、「 Canon[2] 」... という名前の変数が、データテーブル内に列として保存されます。これらの列には計算式が保存されます。
対比	対比を指定するための、「対比」パネルが表示されます。そこで、各水準に対する係数を指定すると、対比が実行されます。 注：[対比] コマンドは、応答が 1 つのときの回帰分析における [最小 2 乗平均の対比] コマンドと同じです。[最小 2 乗平均の対比] コマンドについては、「標準最小 2 乗のレポートとオプション」の章の「最小 2 乗平均の対比」(90 ページ) を参照してください。

検定の詳細（正準相関分析の詳細）の例

1. 「Iris.jmp」サンプルデータを開きます。
このデータ (Mardia, Kent, and Bibby 1979) には、「種類」として「Virginica」、「Setosa」、「Versicolor」の 3 品種があります。各標本ごとに 4 つの項目（「がくの長さ」、「がくの幅」、「花弁の長さ」、「花弁の幅」）が測定されています。
 2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
 3. 「がくの長さ」、「がくの幅」、「花弁の長さ」、「花弁の幅」を選択し、[Y] をクリックします。
 4. 「種類」を選択し、[追加] をクリックします。
 5. 「手法」として [MANOVA] を選択します。
 6. [実行] をクリックします。
 7. [応答の選択] ボタンをクリックし、[単位行列] を選択します。
 8. [実行] をクリックします。
 9. 「種類」のタイトルバーにある赤い三角ボタンをクリックし、[検定の詳細] を選択します。
- 固有値、固有ベクトル、正準相関が表示されます。図 8.4 を参照してください。

図 8.4 検定の詳細

種類					
検定	値	近似のF検定	分子自由度	分母自由度	p値(Prob>F)
Wilksのλ	0.0234386	199.1453	8	288	<.0001*
Pillaiのトレース	1.1918988	53.4665	8	290	<.0001*
Hotelling-Lawley	32.47732	582.1970	8	203.4	<.0001*
Royの最大根	32.191929	1166.9574	4	145	<.0001*
固有値 正準相関					
32.1919292	0.98482089				
0.28539104	0.47119702				
1.235e-15	0				
-6.174e-16	0				
固有ベクトル					
がくの長さ	-0.0684059	0.00198791	-0.2350196	0.1176771	
がくの幅	-0.1265612	0.1785267	0.21657608	0.04510419	
花卉の長さ	0.18155288	-0.0768636	0.23964446	0.06563465	
花卉の幅	0.23180286	0.23417227	-0.2865277	-0.2438953	

表 8.6 検定の詳細の説明

固有値	多変量検定の統計量を計算するために使用された $E^{-1}H$ 行列の固有値がリストされます。
正準相関	正準相関がリストされます。これは、 M 行列によって変換された応答と検定されている効果との正準相関を、その他の効果に対して修正したものです。
固有ベクトル	$E^{-1}H$ 行列または $(E + H)^{-1}H$ 行列の固有ベクトルがリストされます。

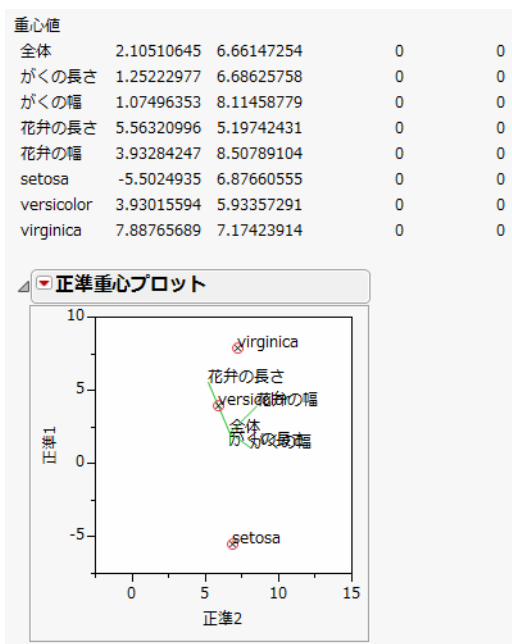
重心プロット

〔重心プロット〕コマンドを選択すると（このコマンドは、「種類」の赤い三角ボタンをクリックすると表示されます）、検定空間から形成された、最初の 2 つの正準変数に対して重心がプロットされます（図 8.5）。第 1 正準軸が縦軸になっているため、検定空間が 1 次元の場合は、重心が縦軸上に並ぶことになります。重心点の他に、95% 信頼領域に該当する円が表示されます（Mardia, Kent and Bibby 1979）。効果に対する検定を行ったときに重心プロットが作成された場合は、検定されている効果の円が赤色で、その他の円は青色で表示されます。パイプロット上に表示された放射線状の直線は、検定空間での元の応答変数の方向を示します。

〔重心値〕の開閉ボタンをクリックすると、レポートに情報が追加されます（図 8.5）。

この例では、第 1 軸の方が、第 2 軸に比べてずっと大きくグループの分離に影響しています。平均はうまく分離していて（判別されている）、特に、最初のグループ（「setosa」）は、他の 2 グループから遠く離れています。第 1 次元の正準変数は、「花卉の長さ」と「花卉の幅」の 2 変数によって主に構成されていることがわかります。応答変数間の関係は、パイプロット上の直線と固有ベクトルから検証できます。

図 8.5 重心プロットと重心値



正準スコアの保存（正準相関）

正準相関分析は、専用コマンドが用意されているわけではなく、多変量のあてはめプラットフォームで次のように複数のコマンドを使って実行します。

1. 「[検定の詳細（正準相関分析の詳細）の例](#)」（334 ページ）の手順 1～8 に従います。
2. 「全体モデル」のタイトルバーにある赤い三角ボタンをクリックし、**【検定の詳細】** を選択します。
3. 「全体モデル」のタイトルバーにある赤い三角ボタンをクリックし、**【正準スコアの保存】** を選択します。

すると、詳細レポート内の固有値の隣に「**正準相関**」がリストされます。変数列には「**Canon[1]**」、「**Canon[2]**」... と名前がつけられ、値と計算式の両方が保存されます。

X の正準変数を求めるには、X 変数と Y 変数を入れ替えて同じステップを実行します。「**Canon[n]**」という列がすでにある場合、新しい列には「**Canon[n]2**」のように数字を追加した一意の名前がつけられます。

別の例として、次の手順を行ってみましょう。

1. 「Exercise.jmp」サンプルデータを開きます。
2. **【分析】 > 【モデルのあてはめ】** を選択します。
3. 「懸垂」、「腹筋運動」、および「跳躍」を選択し、**【Y】** をクリックします。
4. 「体重」、「ウェスト」、および「脈拍」を選択し、**【追加】** をクリックします。
5. 「手法」として **【MANOVA】** を選択します。

6. [実行] をクリックします。
7. [応答の選択] ボタンをクリックし、[単位行列] を選択します。
8. [実行] をクリックします。
9. 「モデル全体」のタイトルバーにある赤い三角ボタンをクリックし、[検定の詳細] を選択します。
10. 「全体モデル」のタイトルバーにある赤い三角ボタンをクリックし、[正準スコアの保存] を選択します。

図 8.6 正準相関

モデル全体					
検定	値	近似のF検定	分子自由度	分母自由度	p値(Prob>F)
Wilksのλ	0.3503905	2.0482	9	34.223	0.0635
Pillaiのトレース	0.6784815	1.5587	9	48	0.1551
Hotelling-Lawley	1.7719415	2.6397	9	19.053	0.0357*
Royの最大根	1.7247387	9.1986	3	16	0.0009*
固有値 正準相関					
1.72473874	0.79560815				
0.0419084	0.20055604				
0.00529433	0.07257029				
固有ベクトル					
懸垂	0.02503681	-0.016636	0.05641878		
腹筋運動	0.00637953	0.0004622	-0.004547		
跳躍	-0.0052909	0.0048507	0.0018787		

正準変数は、固有ベクトルを係数とした Y 変数の線形結合によって求められます。たとえば、「Canon[1]」の計算式は、次のようになります。

$$0.02503681 * \text{懸垂} + 0.00637953 * \text{腹筋運動} + -0.0052909 * \text{跳躍}$$

この計算で求められた正準変数（正準スコア）は、平均0、標準偏差1に標準化されていません。正準スコアを標準化するには、計算式エディタにある標準化の機能を使用してください。

多変量検定

応答の選択の例

1. 「複数の応答をもつモデルの例」（329 ページ）の手順を完了します。
2. [応答の選択] ボタンをクリックし、[単位行列] を選択します。
3. [実行] をクリックします。

図 8.7 多変量検定のレポート

▼単位行列

▶M行列

▶M変換したパラメータ推定値

▼モデル全体

検定	値	近似のF検定	分子自由度	分母自由度	p値(Prob>F)
Wilksのλ	0.2117852	15.2485	4	52	<.0001*
Pillaiのトレース	0.936487	11.8876	4	54	<.0001*
Hotelling-Lawley	3.0216575	19.4162	4	30.19	<.0001*
Royの最大根	2.7688021	37.3788	2	27	<.0001*

▼切片

検定	値	正確なF検定	分子自由度	分母自由度	p値(Prob>F)
F検定	3226.6839	41946.890	2	26	<.0001*

▼ブランド

検定	値	近似のF検定	分子自由度	分母自由度	p値(Prob>F)
Wilksのλ	0.2117852	15.2485	4	52	<.0001*
Pillaiのトレース	0.936487	11.8876	4	54	<.0001*
Hotelling-Lawley	3.0216575	19.4162	4	30.19	<.0001*
Royの最大根	2.7688021	37.3788	2	27	<.0001*

「M 行列」レポートは、指定した応答計画を示します。「M 変換したパラメータ推定値」レポートは、パラメータ推定値の行列に転置した M 行列を掛け合わせたものです。

注：この章の冒頭では、E 行列と H 行列はそれぞれ誤差と仮説の平方和積和行列を指すと説明しました。M 行列を指定した後の E 行列と H 行列は、M 行列によって変換された行列、つまり M'EM と M'HM を指します。

多変量検定の詳細

多変量検定では、仮説と誤差の平方和に相当するものが、単一の値ではなく、平方和と交差積和を要素とする行列の形式で表されます。仮説平方和積和行列（H または **SSCP**）が、残差平方和積和行列（E）に比べてどの程度大きいかは、いろいろな方法で測定できます。JMP では、統計の本で広く紹介されている 4 つの多変量検定がレポートされます。これらの検定統計量を使って正確な検定を行う必要があるなら、文献を調べて棄却値が記載されている表を探さなければなりません。しかし、これらの 4 つの検定は、F 分布で近似することができます。また、応答変数が計画行列によって 1 つの変数にまとめられる場合や、1 応答あたりの効果の自由度が 1 である場合には、4 つの検定が等しくなり、正確な F 検定となります。その場合、JMP では、統計量の列に「正確な F 検定」というラベルがつき、それ以外の場合には「近似の F 検定」というラベルがつけます。

ゴルフボールの例には効果が 1 つしかないため、「モデル全体」と「ブランド」の検定結果は同じになり、それぞれの表に近似の F 検定を使った 4 つの多変量検定が表示されます。切片の自由度は、1 応答あたり 1 なので、切片に対する F 検定は「正確な F 検定」になります（応答が 2 つあるため、F 検定の自由度は 2 になっています）。

「モデル全体」、「切片」、「ブランド」という表名の隣にある赤い三角ボタンをクリックすると、さらに固有値、正準相関、重心のリスト、重心プロットなどの情報を生成するオプションが表示されます。また、**「正準スコアの保存」** コマンドを実行すると、正準相関のスコアが保存されます。

効果（この例では「ブランド」）の赤い三角ボタンメニューには、対比を指定するためのメニュー項目があります。

カスタム検定と対比の指定は、応答が1変数の回帰モデルと同じ手順で行います。詳細については、**「標準最小2乗のレポートとオプション」** の章（67 ページ）を参照してください。

表8.7に、多変量検定のレポートの内容を示します（球面性の検定については**「一変量検定と球面性の検定」**（340 ページ）を参照してください）。

表 8.7 多変量検定のレポートの説明

テスト	検定名をリストしたもの。応答側に対する変換行列が 1 列しかない場合（ M 行列が 1 列しかない場合）や、効果の自由度が 1 応答につき 1 である場合は、正確な <i>F</i> 検定が表示されます。それ以外の場合は、一般的によく使われている 4 つの多変量検定（Wilks の Λ 、Pillai のトレース、Hotelling-Lawley のトレース、Roy の最大根）が、近似の <i>F</i> 検定を使って行われます。
値	各多変量検定の検定統計量。
近似の <i>F</i> 検定（または正確な <i>F</i> 検定）	多変量検定の <i>F</i> 検定は、応答側に対する変換行列が 1 列しかない場合や、効果の自由度が 1 応答につき 1 である場合は、正確な <i>F</i> 検定となります。
分子の自由度	分子の自由度。
分母の自由度	分母の自由度。
p 値 (Prob>F)	<i>F</i> 分布から求められた p 値。

適切な多変量検定とは

4つの多変量検定の結果は、ほぼ同じ値になることが多いものの、状況によって差が出ることがあります。その場合、どの検定を判断基準にしたらいいのかが問題になりますが、残念ながら常に他よりも優れている検定というものはありません。一般に、検出力の大きさからすると次のような優先順位になります。

- 1. Pillai のトレース
- 2. Wilks の Λ
- 3. Hotelling-Lawley のトレース
- 4. Roy の最大根

ただし、帰無仮説からのずれが大きく、固有値が大きく異なる場合、この順位は逆になります（Seber 1984）。

一変量検定と球面性の検定

反復測定データの分析などでは、多変量検定を一変量型に置き換えても、正確な検定が実行できる場合があります（Huynh and Feldt 1970）。多変量なのに一変量検定が妥当であるのは、次の条件を満たす場合です。

- 変換のための $\mathbf{M}$ 行列が正規直交行列（「 $\mathbf{M}'\mathbf{M}$ =単位行列」となる行列）であること。
- $\mathbf{M}$ 行列における各変換の係数が合計してゼロになっていること。
- 球面性の条件が満たされていること。球面性の条件とは、 $\mathbf{M}$ 行列で変換した後の応答に相関がなく、かつ、応答の分散が等しいことを指します。つまり、 $\mathbf{M}'\Sigma\mathbf{M}$ (Σ は、 Y の分散共分散行列) が、単位行列に定数を掛けた行列になることが条件です。

上のような条件が成立している場合、 $\mathbf{E}$ 行列と $\mathbf{H}$ 行列の対角要素を合計したものが、一変量の F 検定における分子平方和および分母平方和として使われます。条件が成立していない場合は、エラーメッセージが表示されます。「Golf Balls.jmp」の分析では、単位行列を $\mathbf{M}$ 行列として指定しました。単位行列は、列合計をゼロにした後、直交正規化すると、フルランクではなくなります。そのため、一変量検定は行われません。

一変量検定と球面性検定の例

1. 「Dogs.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「Log(ヒスタミン0)」、「Log(ヒスタミン1)」、「Log(ヒスタミン3)」、「Log(ヒスタミン5)」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「薬剤」と「ヒスタミンの消耗」を選択し、[追加] をクリックします。
5. 「モデル効果の構成」パネルで、「薬剤」を選択します。「列の選択」パネルで、「ヒスタミンの消耗」を選択します。[交差] ボタンをクリックします。
6. 「手法」として [MANOVA] を選択します。
7. [実行] をクリックします。
8. [一変量検定も行う] チェックボックスをオンにします。
9. [応答の選択] メニューで [反復測定] を選択します。
「Y 名」には「時間」と入力し、[一変量検定も行う] を選択します。
10. [OK] をクリックします。

図8.8 球面性の検定

球面性の検定	
Mauchlyの規準	0.1752641
カイ2乗	16.930873
自由度	5
p値(Prob>Chisq)	0.0046328

球面性の検定では、Mauchly の規準を使って、球面性の仮定が検定されます。球面性の仮定が成立している場合、個体内効果に対する一変量 F 検定は、調整を加えなくても正確な値になります (Anderson 1958)。なお、球面性の検定と一変量検定では、列の合計が 0 になるように中心化し、かつ、正規直交化した $\mathbf{M}$ 行列が常に使用されます。球面性の検定は、次のように解釈します。

- 球面性の仮定が満たされていると判断できた場合は、未調整の一変量の F 検定を使用することができます。
- 球面性検定が有意である場合は、多変量検定または調整済み一変量検定を使用します。

一変量検定の F 統計量は、球面性が成り立っていなくても F 分布で近似できるように調整したものです。 F 分布で近似できるように、分子および分母の自由度をイプシロン (ϵ) によって調整しています。Box (1954)、Geisser and Greenhouse (1959)、Huynh-Feldt (1976) によって、 ϵ を使った自由度調整の方法が考案されています。Muller and Barton (1989) は、検出力を調べた結果、Greenhouse-Geisser による方法を推奨しています。

JMP では、 ϵ 調整を加えた検定が 2 つサポートされています。これらの結果は、「**G-G**」(Greenhouse-Geisser 調整) および「**H-F**」(Huynh-Feldt 調整) として表示され、「値」の列に、調整に使用した ϵ の値が表示されます。

反復測定データに対する多変量モデル

多変量モデルが使われる状況の 1 つに、**反復測定データ**の分析があります。反復測定データとは、時間が経過する中で各個体を反復的に測定し、収集したデータを指します。このようなデータは、経時データとも呼ばれます。JMP で多変量検定を行うには、1 時点の測定値が 1 変数 (1 列) となるように構成されたデータが必要です。時点間には相関があるため、相関が**球面性**と呼ばれるパターンを形成している場合を除き、データを 1 列に積み重ねて一変量モデルとして分析することはできません。この問題については、前節の「**一変量検定と球面性の検定**」(340 ページ) を参照してください。

反復測定では、分析を 2 つの層に分けます。

- 個体間効果は、すべての時点における測定値の合計を求め、その合計をモデル効果にあてはめることによって評価できます。これは、応答に対する変換 ($\mathbf{M}$ 行列) として「**合計**」を使うと求められます。
- 個体内効果は、応答に対する変換 ($\mathbf{M}$ 行列) に時点間の差を求める変換を使えば、評価できます。時点間の差を求める $\mathbf{M}$ 行列としては、「**対比**」をはじめとして、「**Helmert**」、「**プロファイル**」、「**平均**」、「**多項**」(直交多項式) があります。時点間の差を示すこれらの $\mathbf{M}$ 行列を指定した場合、ある種の新しい個体内効果が作成されると考えてください。モデルの効果は、モデルの効果と個体内効果との交互作用に対するものになります。たとえば、モデルの切片は、時点間に見られる全体の差を示すようになります。また、効果 $\mathbf{A}$ に対する検定結果は、「**A*時点**」という交互作用に対する検定、つまり、 $\mathbf{A}$ の水準ごとに時点間の平均差が異なることを確かめる検定になります。

表 8.8 (343 ページ) は、応答に対する変換とモデル効果によって構成された多変量検定を、一変量モデルだった場合と比較したものです。「**合計**」(個体間) と「**対比**」(個体内) の両方を使った検定に対応する分析を、応答の値を 1 列に積み重ねて一変量モデルをあてはめることでも行えます。

反復測定データの分析には、直接と間接の2つの実行方法があります。

- 直接実行する場合は、ポップアップメニューから「反復測定」を選択し、反復測定ごとの個体内効果に名前をつけます。すると「対比」および「合計」関数の両方が自動的にあてはめられます。この方法の長所は、効果に適切な個体内効果の名前がつけられる点です。
- 間接的な方法では、2つの応答関数を1つずつ指定します。まず「合計」を実行し、次に「対比」（または、時点間の差を表す他の関数）を実行します。間接的な方法を行った場合は、結果を解釈するときに、必ず、個体内効果とモデル効果を組み合わせて考える必要があります。

反復測定の例

例として、Cole and Grizzle (1966) による調査を取り上げてみましょう。調査結果は、サンプルデータのフォルダにある「Dogs.jmp」テーブルにまとめられています。16匹の犬を、それぞれ2水準の「薬剤」と「ヒスタミンの消耗」に従って4つのグループに分けてあります。従属変数はヒスタミンの血中濃度で、注入後0分、1分、3分、5分後に測定されました。このデータには平均が大きくなると分散も大きくなる傾向が見られるので、濃度の対数を使用します。

1. 「Dogs.jmp」サンプルデータを開きます。
2. 「分析」>「モデルのあてはめ」を選択します。
3. 「Log(ヒスタミン0)」、「Log(ヒスタミン1)」、「Log(ヒスタミン3)」、「Log(ヒスタミン5)」を選択し、「Y」をクリックします。
4. 「薬剤」と「ヒスタミンの消耗」を選択し、「マクロ」メニューから「完全実施要因」を選択します。
5. 「手法」として「MANOVA」を選択します。
6. 「実行」をクリックします。
7. 「応答の選択」メニューで「反復測定」を選択します。
「Y名」に「時間」と入力します。「一変量検定も行う」チェックボックスにチェックマークをつけると、応答を重ねて1つの列を作成したときの一変量検定が計算されます。
8. 「OK」をクリックします。

図8.9 「反復測定の指定」ウィンドウ

Y変数に沿った効果(時間効果)を表す名前を入力:

Y名

☐ 一変量検定も行う

この分析結果は、「対比」と「合計」を応答に指定した結果と同じ。「対比」効果(時間効果)の名前には、指定した文字列が使われる。

表 8.8 は、[合計] と [対比] を使った多変量検定と、対応する一変量検定を示します。この表における「一変量検定」は、「Log(ヒスタミン 0)」、「Log(ヒスタミン 1)」、「Log(ヒスタミン 3)」、「Log(ヒスタミン 5)」列のデータを積み重ねて 1 つの Y 列を作成し、さらに、**時間**を示す名義尺度の列を追加したデータに対する分析を指します。

表 8.8 多変量検定とそれに対応する一変量検定

M 行列が「合計」 個体間要因		M 行列が「対比」 個体内要因	
多変量検定	一変量検定	多変量検定	一変量検定
切片	切片	切片	時間
薬剤	薬剤	薬剤	時間 * 薬剤
ヒスタミンの消耗	ヒスタミンの消耗	ヒスタミンの消耗	時間 * ヒスタミンの消耗

まず、個体間の分析が先に実行されます。この分析結果は、ポップアップメニューで [合計] を選択した場合と同じです（ただし、タイトルは異なります）。

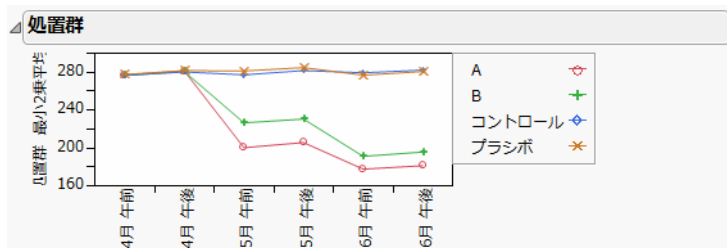
次に、個体内の分析が実行されます。この分析は、効果名のタイトルに個体内効果（「時間」）が表示されていることを除き、ポップアップメニューで [対比] を選択した場合と同じです。個体間の [合計] で「切片」に相当する箇所が、個体内の [対比] では「時間」と表示されています。これは、切片に対する検定に相当するものが、時間（個体内効果）の平均差に対する検定になるからです。

応答側が複合しているモデルの例

JMP では、測定値が層を成しているデータも分析することができます。例として「Cholesterol.jmp」テーブルを見てみましょう。5 人ずつの被験者が、「A」、「B」、「コントロール」、「プラシボ」という 4 つの「処置群」に属しています。3 か月の間、1 か月に 1 回、午前と午後の 2 回にわたってコレステロールを測定しました（データは架空のものです）。この例では、応答の列を月日／時刻順に並べてあります。

1. 「Cholesterol.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「4月 午前」、「4月 午後」、「5月 午前」、「5月 午後」、「6月 午前」、「6月 午後」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「処置群」を選択し、[追加] をクリックします。
5. 「手法」として [MANOVA] を選択します。
6. [実行] をクリックします。

図8.10 「処置群」のグラフ



「処置群」のグラフを見ると、4群の平均コレステロール値が、最初は近い値であることがわかります。「処置群」のA群とB群では、実験期間の最後の方でコレステロール値が下がっていますが、コントロール群とプラシボ群は変わっていません。

7. [応答の選択] メニューをクリックし、[複合] を選択します。

ウィンドウが開くので、応答の配列、および、各応答の水準数を指定します。「Cholesterol.jmp」の例では、3つの月の中に2つの時刻を並べるように、効果に指定します。なお、交互作用の検定を、オプションで選択できます。この例では選択してください。

8. ウィンドウにて、図8.11のような設定をします。

図8.11 複合のウィンドウ

9. [OK] をクリックします。

各効果の検定が表示されます。図8.12はレポートの一部です。次の点を念頭に置いてください。

- 「時間」と「処置群」の交互作用は、p値が0.6038なので有意ではありません。つまり、午前と午後の「処置群」に違いが見られないことになります。「時間」には水準が2つ（「午前」と「午後」）しかないため、正確なF検定が計算されています。
- 「月」と「処置群」の交互作用は、p値が0.0001未満なので有意です。つまり、処置群の間に見られる差が月によって変化することがわかります。図8.10の「処置群」のグラフを見ると、4月は処置群の間に差がありませんが、「A」、「B」、「コントロール」、「プラシボ」の差は5月、6月と徐々に大きくなっています。

- 「月」、「時間」、「処置群」の交互作用効果は統計的には有意ではありません。

図 8.12 コレステロール調査の結果

▼ 複合						
時間						
▶ M行列						
▶ M変換したパラメータ推定値						
▶ ▼ モデル全体						
▶ ▼ 切片						
▼ 処置群						
検定	値	正確なF検定	分子自由度	分母自由度	p値(Prob>F)	
F検定	0.1188721	0.6340	3	16	0.6038	

▼ 複合						
月						
▶ M行列						
▶ M変換したパラメータ推定値						
▶ ▼ モデル全体						
▶ ▼ 切片						
▼ 処置群						
検定	値	近似のF検定	分子自由度	分母自由度	p値(Prob>F)	
Wilksのλ	0.013025	38.8109	6	30	<.0001*	
Pillaiのトレース	1.3128917	10.1907	6	32	<.0001*	
Hotelling-Lawley	50.753209	123.4368	6	18.326	<.0001*	
Royの最大根	50.255302	268.0283	3	16	<.0001*	

▼ 複合						
時間*月						
▶ M行列						
▶ M変換したパラメータ推定値						
▶ ▼ モデル全体						
▶ ▼ 切片						
▼ 処置群						
検定	値	近似のF検定	分子自由度	分母自由度	p値(Prob>F)	
Wilksのλ	0.6623742	1.1435	6	30	0.3619	
Pillaiのトレース	0.3582613	1.1638	6	32	0.3498	
Hotelling-Lawley	0.4785668	1.1639	6	18.326	0.3671	
Royの最大根	0.4008469	2.1378	3	16	0.1355	

線形判別分析

判別分析は、複数の応答変数の値に基づいて、1つの分類変数の水準を予測する方法です。この予測方法では、応答変数の値がどの水準の平均に近いかが基準となります。なお、より複雑な判別分析には「判別分析」プラットフォームが適しています（『多変量分析』を参照）。

JMP の判別分析では、応答変数を Y 、分類に使う分類変数 (1 つ) を X に指定します。すると、各グループ内の共分散行列が等しいという仮定のもとで、平均と共分散行列の推定値が計算されます。判別分析の結果を表示させるには、「MANOVA」プラットフォーム名の隣にある赤い三角ボタンメニューから **判別結果の保存** を選択します。これにより、初期の **E** 行列および **H** 行列を使って、距離と確率が計算され、データテーブルに保存されます。

分類変数の水準数を k とすると、距離を含む列が k 列、確率を含む列が k 列、分類グループを含む列が 1 列、そして他の計算情報を含む列が 2 列、データテーブルに追加されます。

[判別結果の保存] オプションの例

Fisher が記録したあやめのデータ (Mardia, Kent, and Bibby (1979)) を見てみましょう。このデータには、3 品種 ($k=3$) の「種類」と、標本ごとに 4 つの測定値があります。

- 1. 「Iris.jmp」サンプルデータを開きます。
- 2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
- 3. 「花弁の長さ」、「花弁の幅」、「がくの長さ」、および「がくの幅」を選択し、[Y] をクリックします。
- 4. 「種類」を選択し、[追加] をクリックします。
- 5. 「手法」として [MANOVA] を選択します。
- 6. [実行] をクリックします。
- 7. 「MANOVA のあてはめ」のタイトルバーにある赤い三角ボタンをクリックし、[判別結果の保存] を選択します。

以下の列が「Iris.jmp」サンプルデータに追加されます。

SqDist[0]	Mahalanobis の距離を計算するために必要な 2 次式。
SqDist[setosa]	「setosa」の重心から各オブザベーションまでの Mahalanobis の距離。
SqDist[versicolor]	「versicolor」の重心から各オブザベーションまでの Mahalanobis の距離。
SqDist[virginica]	「virginica」の重心から各オブザベーションまでの Mahalanobis の距離。
Prob[0]	Mahalanobis の距離を指数変換し、符号を逆にして合計したもので、以下の確率の計算に使用される。
Prob[setosa]	「setosa」カテゴリに含まれる確率。
Prob[versicolor]	「versicolor」カテゴリに含まれる確率。
Prob[virginica]	「virginica」カテゴリに含まれる確率。
Pred 種類	属している確率が最も高いと判断された「種類」。

データテーブルに新規作成されたこれらの列は、別のプラットフォームで、判別分析の結果を要約するのに使えます。たとえば、次のような設定が行えます。

- 1. 更新された「Iris.jmp」サンプルデータ（新しい列が追加されたデータテーブル）から、[分析] > [二変量の関係] を選択します。
- 2. 「種類」を選択し、[Y, 応答] をクリックします。
- 3. 「Pred 種類」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。

分割表に、判別結果が表示されます。誤分類されている行が3つあるのが分かります。

図 8.13 予測値と実測値の分割表

分割表				
Pred 種類	種類			
	度数	setosa	versicolor	virginica
	全体%			
	列%			
	行%			
	setosa	50	0	0
		33.33	0.00	0.00
		100.00	0.00	0.00
		100.00	0.00	0.00
	versicolor	0	48	1
		0.00	32.00	0.67
		0.00	96.00	2.00
		0.00	97.96	2.04
	virginica	0	2	49
		0.00	1.33	32.67
		0.00	4.00	98.00
		0.00	3.92	96.08
		50	50	50
		33.33	33.33	33.33

第9章

対数線形分散モデル 応答の分散と平均をモデル化

「モデルのあてはめ」プラットフォームの「対数線形-分散」手法を用いると、回帰モデルによって、応答の平均と分散を同時にモデル化できます。応答の平均に線形モデルをあてはめると同時に、分散の対数に対しても別の線形モデルをあてはめます。

注：推定値というのは、よく設計された、よくあてはまるデータがたくさんあって初めて良い値になります。また、分散をあてはめるときは、平均をあてはめるときよりさらに多くのデータが必要です。

実験の目的が、応答をただ最大化（または最小化）するのではなく、目標値に合わせ、同時にばらつきを最小にすることである場合がよくあります。対数線形分散モデルを使えば、汎用的かつ効率的な方法で分散をモデル化することができます。なお、繰り返しのあるデータ、繰り返しのないデータの両方に、このモデルは適用できます。

目次

- 対数線形分散モデルの概要..... 351
 - ばらつきの効果..... 351
 - モデルの指定..... 351
 - ノート..... 352
- 対数線形分散の使用例..... 352
- 対数線形のレポート..... 354
- 対数線形プラットフォームのオプション..... 356
 - 列の保存..... 356
 - 行ごとの診断統計量..... 357
- 残差の検討..... 358
- あてはめたモデルのプロファイル..... 358

対数線形分散モデルの概要

対数線形分散モデル (Harvey 1976、Cook and Weisberg 1983、Aitken 1987、Carroll and Ruppert 1988) は、分散に対して線形モデルをあてはめます。応答の平均を説明変数によってモデル化すると同時に、分散の対数もモデル化します。

平均モデル: $E(y) = X\beta$

分散モデル: $\log(\text{Var}(y)) = Z\lambda$

または

$\text{Var}(y) = \exp(Z\lambda)$

ここで、 X は平均に対する説明変数、 Z は分散に対する説明変数です。 β は通常の線形モデルのパラメータで、 λ は分散モデルのパラメータです。

対数線形分散モデルは、REML を使って推定されます。

JMP では、このような分散（ばらつき）に対する効果を、「対数分散効果」と呼んでいます。このようなモデル化は、JMP では、「モデルのあてはめ」プラットフォームの「対数線形-分散」手法で行えます。

ばらつきの効果

ばらつきをモデル化する手法は、統計学の文献で広く扱われているテーマではありませんが、タグチメソッドとの関連で言及されることがあります。静特性の望目特性に対するタグチメソッドでは、ばらつきをモデル化するのに、まず、外側配置の設定ごとに、複数の実験を行い、データを取得します。そして、外側配置の設定ごとに、データから指標を計算します。計算された指標は、外側配置の各設定における、目標値からのばらつきを表します。しかし、この方法では、2つの計画の完全な直積である特殊な計画が必要になります。この章で紹介する方法は、より柔軟な、モデルに合わせたアプローチが特長です。ばらつきをモデル化するためにタグチ計画で推奨している性能統計量は、 $STD = -\log(s)$ です。JMP の方法では、 $\log(s^2)$ に対するモデルを、平均に対するモデルと組み合わせます。 $\log(s^2) = 2 \log(s)$ ですので、2つのモデルは基本的には等価です。

モデルの指定

対数分散効果を指定するには、「モデルのあてはめ」ダイアログボックスで効果を強調表示し、[属性] メニューから [対数分散効果] を選択します。効果名の後ろに「& 対数分散」が付きます。この属性を指定すると、あてはめの「手法」が自動的に [対数線形-分散] に変わります。応答の平均と分散の両方に対して使用したい効果は、1回は [対数分散効果] として、もう1回はそのまま、計2回指定する必要があります。

対数分散効果として指定した効果はモデルの Z 、その他の効果はモデルの X になります。

ノート

平均に対するモデルでは、1つのパラメータを推定するのに最低必要なオブザベーションは1つです（多い方がよい）。しかし、分散パラメータの推定で妥当な結果を得るためには、分散パラメータごとに、より多くの標準サイズが必要になります。分散の推定には、平均の推定より多くのデータが必要です。

対数線形分散モデルは、これまで統計学の文献で扱われることが少ない手法でしたが、ばらつきの効果をモデル化するのに非常に柔軟な方法であることから、より高く評価されるべきモデルだといえます。

対数線形分散の使用例

「InjectionMolding.jmp」サンプルデータは、7因子の 2^{7-3} 一部実施要因計画の実験データに中心点を4つ追加したものです（Myers and Montgomery 1995, p. 519、オリジナルはMontgomery 1991）。事前の調査から、応答の平均は最初の2つの因子、「モールド温度」と「スクリー速度」だけに左右され、分散は「保持時間」に左右されることがわかっています。

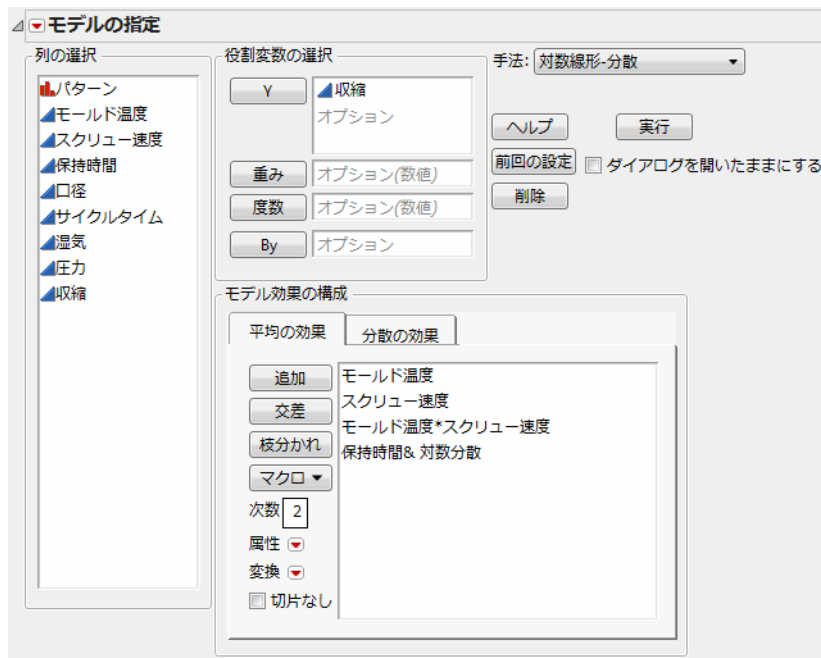
図9.1 「InjectionMolding」データ

InjectionMolding										
モデル										
	パターン	モールド温度	スクリー速度	保持時間	口径	サイクルタイム	湿気	圧力	収縮	
1	-----	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	6
2	++++++	1	-1	-1	-1	1	-1	1	1	10
3	---+++	-1	1	-1	-1	1	1	-1	-1	32
4	+++++-	1	1	-1	-1	-1	1	1	1	60
5	---++-	-1	-1	1	-1	1	1	1	1	4
6	++++++	1	-1	1	-1	-1	1	-1	-1	15
7	---+++	-1	1	1	-1	-1	-1	-1	1	26
8	++++--	1	1	1	-1	1	-1	-1	-1	60
9	---+++	-1	-1	-1	1	-1	1	1	1	8
10	+++++-	1	-1	-1	1	1	1	-1	-1	12
11	---++-	-1	1	-1	1	1	-1	-1	1	34
12	++++++	1	1	-1	1	-1	-1	-1	-1	60
13	---+++	-1	-1	1	1	1	1	-1	-1	16
14	+++++-	1	-1	1	1	-1	-1	-1	1	5
15	---++-	-1	1	1	1	-1	1	-1	-1	37
16	++++++	1	1	1	1	1	1	1	1	52
17	0000000	0	0	0	0	0	0	0	0	25
18	0000000	0	0	0	0	0	0	0	0	29
19	0000000	0	0	0	0	0	0	0	0	24
20	0000000	0	0	0	0	0	0	0	0	27

1. 「InjectionMolding.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。

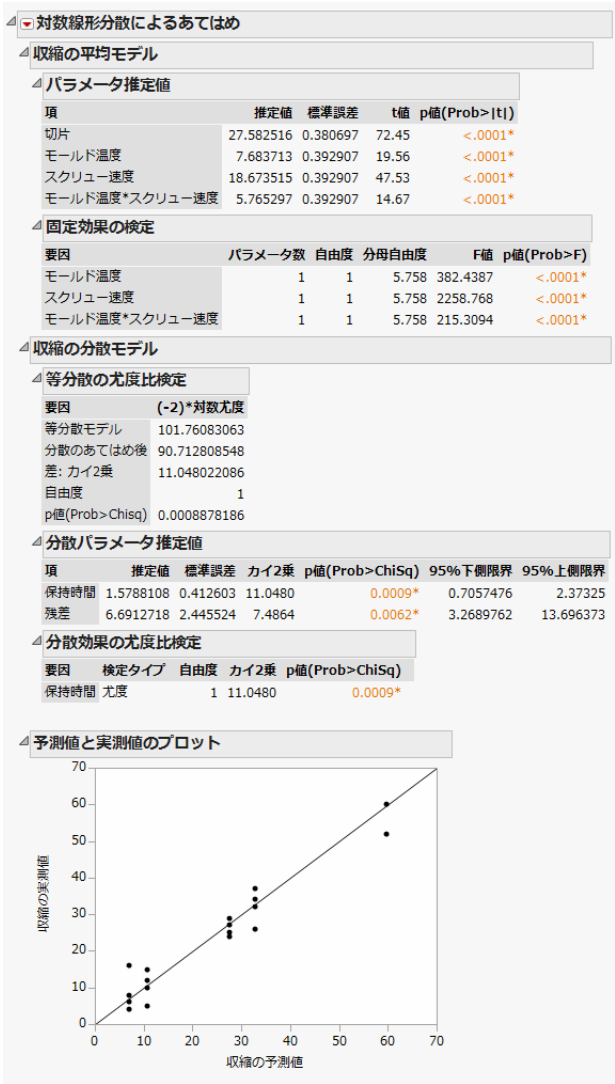
データテーブル内の変数にはあらかじめ選択された役割が割り当てられているため、起動ウィンドウ内の指定はすでに完了しています。

図 9.2 「モデルのあてはめ」 ダイアログボックス



3. [実行] をクリックします。

図 9.3 対数線形分散のレポートウィンドウ



「収縮の平均モデル」レポートには平均モデルのパラメータ、「収縮の分散モデル」レポートには分散モデルのパラメータがそれぞれ表示されます。

対数線形のレポート

最初のレポートは、応答の平均に対する結果です。標準最小2乗法のレポートに似ていますが、この手法では制限最尤法（REML）によって推定されています。

現在の分散モデルは、分散効果を含まないモデルに比べてよくあてはまっているでしょうか。このことは、尤度比検定で調べることができます。尤度比検定では、あてはめた分散モデルを、切片以外のパラメータがすべて 0 のモデル、つまり等分散のモデルと比較します。この例では、 p 値が高度に有意であることを示しています。つまり、「保持時間」の変化は、分散の変化に影響しています。

【分散効果の尤度比検定】は、各効果を除外したモデルを順番にあてはめて、尤度比検定を計算します。一般に、尤度比検定は、Wald 検定より信頼性が高いという特徴があります。

対数線形プラットフォームのオプション

「対数線形分散によるあてはめ」のタイトルバーにある赤い三角ボタンをクリックすると、次のようなオプションが表示されます。

表 9.1 対数線形プラットフォームのオプションの説明

列の保存	データテーブル内に 1 つまたは複数の新しい列が作成されます。 「列の保存」 (356 ページ) を参照してください。
行ごとの診断統計量	行ごとの診断統計量がプロットされます。 「行ごとの診断統計量」 (357 ページ) を参照してください。
プロファイル	「プロファイル」、「等高線プロファイル」、または「曲面プロファイル」が開きます。「標準最小 2 乗のレポートとオプション」の章の 「因子プロファイル」 (144 ページ) を参照してください。
モデルダイアログ	現在の分析の起動ダイアログを呼び出します。
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。詳細については、『JMP の使用法』を参照してください。

列の保存

表 9.2 【列の保存】のオプションの説明

予測式	「平均」という新しい列が作成されます。この列には、指定のモデルで計算した平均の予測値が保存されます。
分散計算式	「分散」という新しい列が作成されます。この列には、指定のモデルで計算した分散の予測値が保存されます。
標準偏差計算式	「標準偏差」という新しい列が作成されます。この列には、指定のモデルで計算した標準偏差の予測値が保存されます。
残差	「残差」という列が作成され、残差が保存されます。残差は応答の観測値から予測値を引いたものです。 「残差の検討」 (358 ページ) を参照してください。

表 9.2 [列の保存] のオプションの説明 (続き)

スチューデント化された残差	「スチューデント化残差」という列が作成され、残差を標準誤差で割ったものが保存されます。
予測値の標準誤差	「予測値の標準誤差」という新しい列が作成されます。この列には、予測値の標準誤差が保存されます。
個々の標準誤差	「個々の標準誤差」という新しい列が作成されます。この列には、個々の応答値に対する標準誤差が保存されます。
平均の信頼区間	「平均 列名の下側 95%」と「平均 列名の上側 95%」という 2 つの新しい列が作成されます。これらの列には、平均の予測値の信頼区間が保存されます。
個別の信頼区間	「個別 下側 95%」と「個別 上側 95%」という 2 つの新しい列が作成されます。個々の応答値に対する信頼限界が保存されます。

行ごとの診断統計量

表 9.3 [行ごとの診断統計量] のオプションの説明

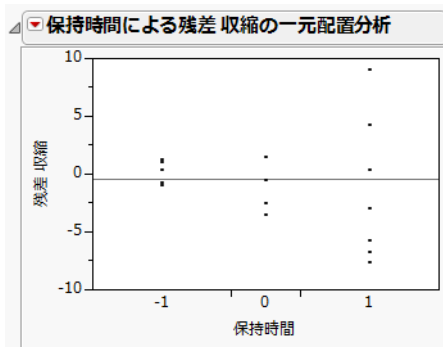
予測値と実測値のプロット	Y の予測値と実測値をプロットしたもので、モデル全体に対するてこ比プロットです。
予測値とスチューデント化残差のプロット	Y の予測値とスチューデント化した残差をプロットしたものです。
行番号とスチューデント化残差のプロット	行番号とスチューデント化した残差をプロットしたものです。

残差の検討

ある因子が分散（ばらつき）にどのように影響しているかを見るには、次の手順に従います。

1. 「InjectionMolding.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
データテーブル内の変数にはあらかじめ選択された役割が割り当てられているため、起動ウィンドウ内の指定はすでに完了しています。
3. [実行] をクリックします。
4. 「対数線形分散によるあてはめ」のタイトルバーにある赤い三角ボタンをクリックし、[列の保存] > [残差] を選択します。
5. 「InjectionMolding.jmp」サンプルデータで、「列」パネルの「保持時間」の横にある連続尺度アイコンを右クリックし、[名義尺度] を選択します。
6. [分析] > [二変量の関係] を選びます。
7. 「残差 収縮」を選択し、[Y, 目的変数] をクリックします。
8. 「保持時間」を選択し、[X, 説明変数] をクリックします。
9. [OK] をクリックします。

図9.6 残差とばらつき効果



このプロットを見ると、「保持時間」の増加に伴って分散が大きくなることがわかります。ここでは、「保持時間」を名義尺度として扱っています。

あてはめたモデルのプロファイル

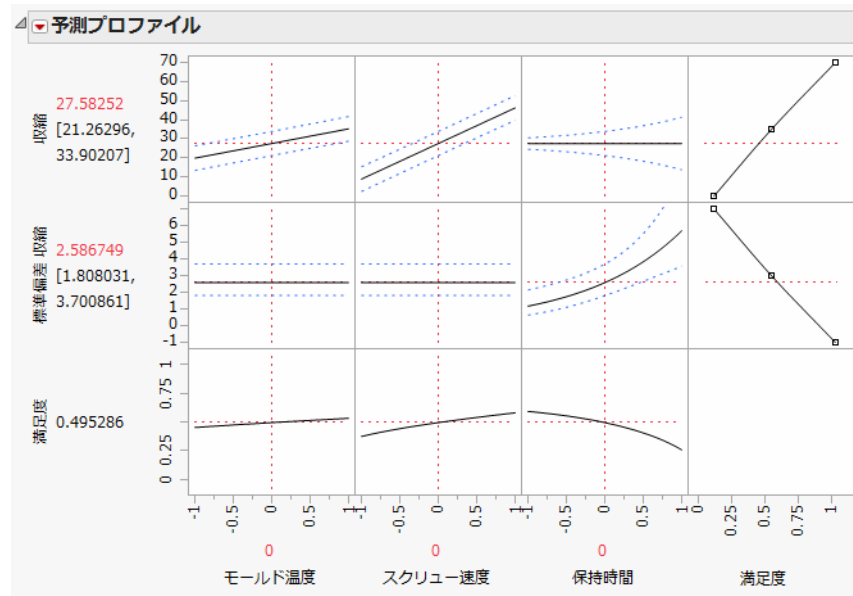
[プロファイル]、[等高線プロファイル]、[曲面プロファイル] を使用すると、あてはめたモデルについてより深く考察することができます。プロファイルオプションを選択するには、「対数線形分散によるあてはめ」の赤い三角ボタンをクリックし、[プロファイル] メニューでオプションを選択します。

あてはめたモデルのプロファイルの例

たとえば応答の平均を31程度に合わせながら、同時に、分散を最小化したいとします。モデルをあてはめ、レポートのメニューから「プロファイル」を選択します。また、平均に対する満足度関数を、31を目標値にするように変更します。図9.7は、平均を目標値に合わせ、分散を最小化するためのプロファイルです。

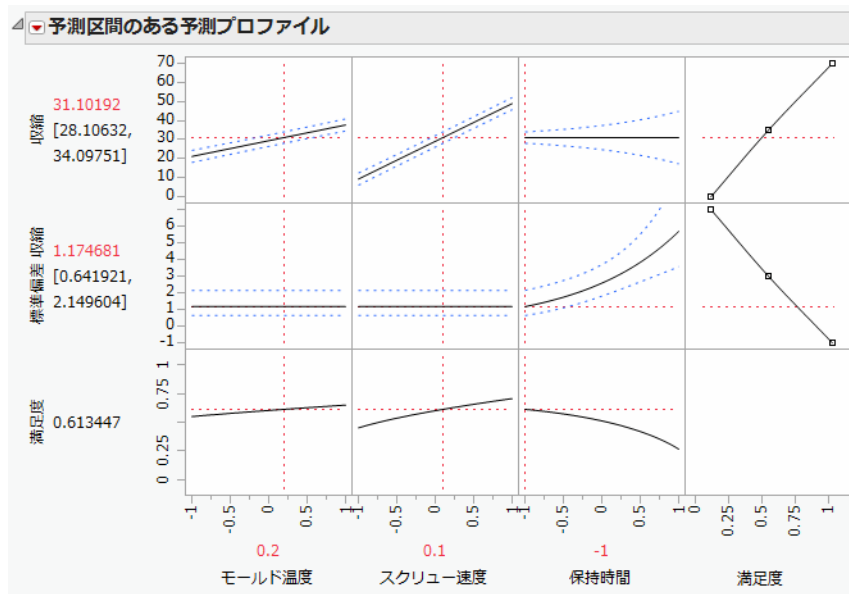
1. 「InjectionMolding.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
データテーブル内の変数にはあらかじめ選択された役割が割り当てられているため、起動ウィンドウ内の指定はすでに完了しています。
3. [実行] をクリックします。
4. 「対数線形分散によるあてはめ」のタイトルバーにある赤い三角ボタンをクリックし、[プロファイル] > [プロファイル] を選択します。
5. 「予測プロファイル」のタイトルバーにある赤い三角ボタンをクリックし、[予測区間] を選択します。

図9.7 予測区間



6. 次のように値を変更します。
 - 「モールド温度」を「0.2」に
 - 「スクリー速度」を「0.1」に
 - 「保持時間」を「-1」に

図9.8 目標値に合わせ、分散を最小化するためのプロファイル



平均と分散の関係を効果的に調べるには、対数分散モデルをあてはめた後、個々の値に対する予測信頼区間を見ます。通常の信頼区間（デフォルトでプロファイルに表示されている信頼区間）は、分散モデルや個々の値に対する信頼区間についての情報を含んでいません。予測区間は、平均モデルと分散モデルを考慮した区間を、1つのグラフ上に表示します。

x_n における応答 Y の予測区間を計算する式は次のようになります。

$$s^2|_{x_n} = s_Y^2|_{x_n} + s_{\hat{Y}}^2|_{x_n}$$

ここで、

$s^2|_{x_n}$ は、 x_n における個々の予測値がもつ分散

$s_Y^2|_{x_n}$ は、 x_n における応答値 Y がもつ分散

$s_{\hat{Y}}^2|_{x_n}$ は、 x_n における予測値 $\hat{Y}$ がもつ分散（平均の分散）

個々の予測値がもつ分散には、応答値 Y の分散も含まれており、 Y の分散がどのように変化するかも見ることができます。個々の予測値に対する信頼区間は、平均に対する信頼区間よりも幅が広いだけでなく、分散に対する効果によって形状が変化します。

第 10 章

名義／順序尺度の応答変数に対するロジスティック回帰 カテゴリカルな応答のモデルのあてはめ

応答変数が名義尺度の場合には、多水準のロジスティック関数に、線形モデルが最尤法によってあてはめられます。このモデルは一般化ロジットモデルともいいます。モデル全体に対しては、尤度比検定とあてはまりの悪さに対する検定（LOF 検定）が計算されます。各効果に対しては、尤度比検定と Wald 検定を計算できます。また、応答が2水準の場合には、オッズ比とその信頼区間を求めることもできます。

応答変数が順序尺度の場合には、累積確率のロジスティック関数（累積ロジット関数）に、線形モデルが最尤法によってあてはめられます。モデル全体とあてはまりの悪さ（LOF）に対する検定として、尤度比検定統計量が計算されます。

説明変数が連続尺度で1つの場合は、「二変量の関係」プラットフォームを使って、ロジスティック関数をプロットすることができます。『基本的な統計分析』を参照してください。

目次

ロジスティックモデルについて	363
ロジスティックのあてはめのレポート	364
ロジスティックプロット	365
反復計算の履歴	365
モデル全体の検定	365
あてはまりの悪さ (LOF) 検定	367
パラメータ推定値	368
尤度比検定	369
「ロジスティックのあてはめ」プラットフォームのオプション	370
プロットのオプション	370
尤度比検定	370
効果に対する Wald 検定	370
信頼区間	371
オッズ比 (名義尺度の応答)	371
逆推定	373
列の保存コマンド	376
ROC 曲線	377
リフトチャート	378
混同行列	379
プロファイル	379
検証	379
名義ロジスティックモデルの例	379
順序ロジスティックモデルの例	383
2 次式の順序ロジスティックモデルの例	389
複数列の度数の積み重ね	391

ロジスティックモデルについて

ロジスティック回帰では、名義尺度の応答変数 Y が、説明変数 X の線形モデルにあてはめられます。より厳密に言えば、応答変数の各水準が生じる確率が、ロジスティック関数を使ってモデル化されます。応答変数が 2 水準のときのロジスティックモデルは、次のように表されます。

$$P(Y = r_1) = (1 + e^{-Xb})^{-1} \quad \text{この式で、} r_1 \text{ は第 1 番目の応答水準}$$

または

$$\log\left(\frac{P(Y = r_1)}{P(Y = r_2)}\right) = Xb \quad \text{この式で、} r_1 \text{ は第 1 番目、} r_2 \text{ は第 2 番目の応答水準}$$

応答変数が r 水準の名義尺度である場合 ($r > 2$)、 $r - 1$ 個の式がモデル式になります。

$$\log\left(\frac{P(Y = j)}{P(Y = r)}\right) = Xb_j$$

これらのモデルは、最尤法によって推定されます。最尤法では、応答のデータ値が生じる確率を最大にするモデルパラメータ β_j を求めます。つまり、最尤法は、次式で表される「負の対数尤度」（対数尤度にマイナス 1 を掛けた値）を最小化する方法です。

$$\text{損失} = (-1) * \text{対数尤度} = \sum_{i=1}^n -\log(\text{Prob}(\text{第 } i \text{ 行の応答が } y_j \text{ である}))$$

例として、インゴットの製造に関する実験を取り上げてみましょう。これは、加熱時間とソーキング時間を変えてインゴットを製造し、それが圧延可能な状態に仕上がったかどうかを調べた実験です。Cox (1970) を参照してください。サンプルデータのフォルダにある「Ingots.jmp」データテーブルに、実験結果がまとめられています。「状態」というカテゴリカル変数は、1（適合）と 0（不適合）の値を取ります。

「モデルのあてはめ」プラットフォームでは、応答変数が 0 になる確率（**不適合となる確率**）をロジット変換し、それを「**加熱時間**」と「**ソーキング時間**」を説明変数としたモデルにあてはめます。

$$\text{不適合となる確率} = \frac{1}{1 + e^{-(\beta_0 + \beta_1 \text{heat} + \beta_2 \text{soak})}}$$

モデルのパラメータは、負の対数尤度を最小化するように推定されます（最尤法）。

このモデルを分析するには、[分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。「状態」変数が Y で、「加熱時間」と「ソーキング時間」がモデル効果です。「度数」列が度数変数です。[実行] をクリックすると反復計算が始まり、反復計算が収束したら、名義／順序ロジスティックの回帰レポートが表示されます。レポートのレイアウトと統計量の表については、以下の節で例を見ながら説明します。

ロジスティックのあてはめのレポート

最初に次のようなレポートが作成されます。

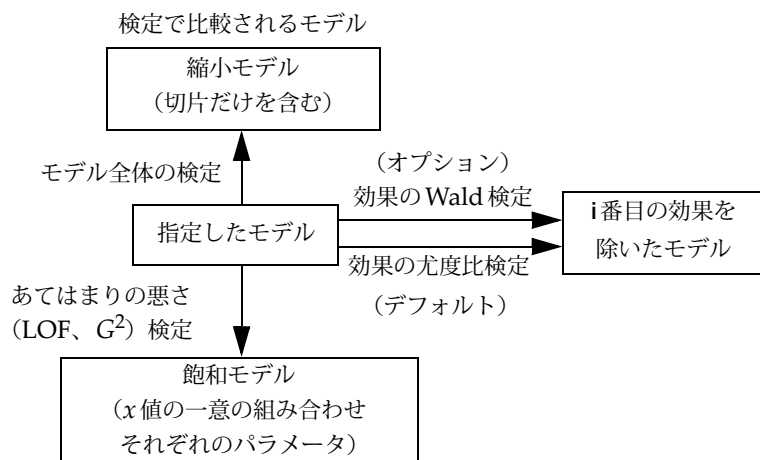
- 反復
- モデル全体の検定
- あてはまりの悪さ (LOF) (該当する場合のみ)
- パラメータ推定値
- 効果の尤度比検定

オプションとして Wald 検定も実行できます。

図 10.1 に示しているように、どの検定においても、分析者が指定したモデルの適合度を、部分的なモデルもしくは飽和モデルの適合度と比較します。より多くの効果を含むモデルのほうの適合度が統計的に良い場合に、検定が有意になります。

- モデル全体に対する検定は、指定されたモデルが、切片しかないモデルより有意に良いかどうかを調べる検定です。
- あてはまりの悪さ (LOF) に対する検定は、飽和モデルが、指定されたモデルより有意に良いかどうかを調べる検定です。
- 各効果に対する検定は、指定されたモデルが、その効果を除いたモデルより有意に良いかどうかを調べる検定です。

図 10.1 統計表の関係



ロジスティックプロット

モデルに効果が1つしかなく、連続変数である場合は、「二変量の関係」に似たロジスティック確率プロットが作成されます。解釈の方法については、『基本的な統計分析』を参照してください。

反復計算の履歴

「モデルのあてはめ」でロジスティック回帰を実行すると、最尤推定のための反復計算が開始されます。反復計算が完了したら、「反復の履歴」レポートを開いて各ステップを調べることができます。そこでは、計算過程が、1回のステップごとにレポートされています。

図10.2 反復計算の履歴



名義ロジスティックのあてはめ 状態			
勾配で収束しました。7回の反復			
度数: 度数			
反復回数			
反復	目的関数	相対的な勾配	勾配のノルム
0	268.24795888	18.501466591	3500.4990148
1	76.294807072	6.140708087	727.80273343
2	53.380329197	2.9100640839	197.03411238
3	48.346085528	1.0892544501	51.063941722
4	47.69191265	0.1931790967	8.9032263493
5	47.67282965	0.0067825247	0.3218631712
6	47.67280663	8.5834561e-6	0.0004112622
7	47.67280663	1.383811e-11	6.618796e-10

この反復計算の履歴は、「名義ロジスティック」レポートの場合のみ表示されます。

モデル全体の検定

「モデル全体の検定」表には、指定されたモデル全体の適合度を、切片パラメータしかないモデルと比較した検定が表示されます。この検定は、連続量の応答変数に対してレポートされる分散分析表に似ています。負の対数尤度は平方和に、カイ2乗検定はF検定に対応しています。

図 10.3 モデル全体の検定

名義ロジスティックのあてはめ 状態				
勾配で収束しました。7回の反復				
度数: 度数				
反復回数				
モデル全体の検定				
モデル	(-1)*対数尤度	自由度	カイ2乗	p値(Prob>ChiSq)
差	5.821410	2	11.64282	0.0030*
完全	47.672807			
縮小	53.494217			
R2乗(U)				
			0.1088	
AICc				
			101.408	
BIC				
			113.221	
オブザベーション(または重みの合計)				
			387	
指標	学習 定義			
エントロピーR2乗	0.1088	1-Loglike(model)/Loglike(0)		
一般化R2乗	0.1227	$(1-(L(0)/L(model))^{(2/n)})/(1-L(0)^{(2/n)})$		
平均 -Log p	0.1232	$\sum -\log(p[j])/n$		
RMSE	0.1697	$\sqrt{\sum (y[j]-p[j])^2/n}$		
平均 絶対偏差	0.0572	$\sum y[j]-p[j] /n$		
誤分類率	0.0310	$\sum (p[j] \neq pMax)/n$		
N	387	n		

「モデル全体の検定」表に表示される統計量は、次のとおりです。

モデル 「差」、「完全」、「縮小」という3種類が表示されます。「差」とは、完全モデルと縮小モデルとの差を表します。「完全」は切片とすべての効果を含んだモデル、「縮小」は切片しか含まないモデルを指します。

(-1)*対数尤度 それぞれのモデルから計算された負の対数尤度。

「差」には、「縮小」モデルと「完全」モデルとの差が表示されます。説明変数全体に対する検定統計量の計算に使われます。

「完全」には、指定したモデルの負の対数尤度が表示されます。

「縮小」には、切片パラメータだけを含んだモデルの負の対数尤度が表示されます。インゴットの実験では、53.49 という値になります。

自由度 指定したモデルと切片だけのモデルとの自由度の差。言い換えると、切片を除いたモデルの自由度です。インゴットの実験では、加熱時間とソーキング時間に対して、それぞれパラメータが1つずつあるので、自由度は2となっています。

カイ2乗 「すべての説明変数に対するパラメータがゼロである」という帰無仮説に対するカイ2乗近似の尤度比検定。「完全」と「縮小」の負の対数尤度における差を2倍した値です。

p 値 (Prob>ChiSq) 真のモデルが切片だけのモデルであるときに、偶然だけで、現在の値より大きなカイ 2 乗値を得る確率。

R2 乗 (U) 「差」における負の対数尤度が、「縮小」における負の対数尤度に占める割合。この値は不確定性係数 (*U*) と呼ばれることもあります。**R2 乗**は、0 (改善なし) ～1 (完全適合) の値を取ります。完全にモデルがあてはまっている場合は1になりますが、一般的に、ロジスティックモデルの **R2 乗**はあまり大きくありません。

AICc 修正済みの赤池の情報量規準。

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) (または**重みの合計**) オブザベーション数。

指標 モデルの予測精度を評価する適合度指標。

[**エントロピー R2 乗**] は、前述の R2 乗 (U) です。

[**一般化 R2 乗**] は、正規分布に従う応答に対する R2 乗を一般化した指標です。この指標は、尤度として正規分布の尤度を使えば、連続変数の応答に対する通常の R2 乗とほぼ等しくなります。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**] は、 $-\log(p)$ の平均です。p は、実際に観測されたイベントの予測確率です。

[**RMSE**] は誤差の標準偏差です。誤差は、応答と p (実際に観測されたイベントの予測確率) の差です。

[**平均 絶対偏差**] は、応答と p (実際に観測されたイベントの予測確率) の差の絶対値の平均です。

[**誤分類率**] は、予測確率の最も高いカテゴリが、実際に観測されたカテゴリに一致しない率です。

[**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。

インゴットのデータ例で、2つの説明変数を使ったモデルを見てみると、**負の対数尤度**は「縮小」モデルでは 53.49、「差」で 5.82 になっています。「差」と「縮小」モデルの比 (不確定性のうち、モデルに起因する部分) は 10.9% で、これは「**R2 乗 (U)**」としてレポートされます。

すべての説明変数に対する検定 (モデル全体の検定) では、あてはめたモデルと切片しかないモデルの対数尤度における差を 2 倍して、カイ 2 乗統計量が算出されます。インゴットの例では、カイ 2 乗値は $2 \times 5.82 = 11.64$ であり、有意確率は 0.003 で統計的に有意です。

あてはまりの悪さ (LOF) 検定

次に焦点となるのは、現在のモデルに使用している変数だけで十分にデータにあてはまっているかどうか、もっと複雑な項を追加する必要があるのではないか、という点です。これを調べるには、あてはまりの悪さ (LOF; Lack Of Fit) に関する検定を行います。LOF 検定は、適合度検定 (goodness-of-fit test) と呼ばれることもあります。LOF 検定では、データ内の説明変数値のすべての組み合わせに対してカテゴリが作成され、純粋誤差の負の対数尤度が計算されます (値は「あてはまりの悪さ (LOF)」表内の「**飽和モデル**」に出力されます)。そして、この対数尤度が「**あてはめたモデル**」より有意に大きいかが検定されます。

図 10.4 あてはまりの悪さ（LOF）検定

名義ロジスティックのあてはめ 状態			
勾配で収束しました。7回の反復			
度数: 度数			
反復回数			
モデル全体の検定			
あてはまりの悪さ(LOF)			
要因	自由度	(-1)*対数尤度	カイ2乗
あてはまりの悪さ(LOF)	16	6.876314	13.75263
飽和モデル	18	40.796493	p値(Prob>ChiSq)
あてはめたモデル	2	47.672807	0.6171

「飽和モデル」の自由度は $m-1$ (m は、X 変数の一意な値から構成されるグループの数) です。「あてはめたモデル」の自由度は切片を含まないパラメータの数です。「Ingots.jmp」データの例ではそれぞれ 18、2 となっています。「あてはまりの悪さ（LOF）」の自由度は、飽和モデルとあてはめたモデルとの差、つまり $18-2=16$ です。

「あてはまりの悪さ（LOF）」表にある負の対数尤度 $((-1) * \text{対数尤度})$ は、モデルのあてはまりが悪いことに起因する誤差、飽和モデルの誤差（純粋誤差）、およびあてはめたモデルの誤差を表します。また、LOF 検定のカイ2乗統計量も計算されています。

この例では、あてはまりの悪さ（LOF）のカイ2乗統計量が有意でない（ $p \text{ 値(Prob>ChiSq)=0.617}$ ）ことから、多項式や交差項を使うなどしてモデルを複雑にしても、得られるものは少ないと結論できます。

パラメータ推定値

「パラメータ推定値」レポートには、パラメータ推定値、標準誤差、仮説検定が表示されます。「推定値の共分散」レポートには、パラメータ推定値の分散と共分散が表示されます。

図 10.5 「パラメータ推定値」レポート

名義ロジスティックのあてはめ 状態

勾配で収束しました。7回の反復
度数: 度数

反復回数

モデル全体の検定

あてはまりの悪さ (LOF)

パラメータ推定値

項	推定値	標準誤差	カイ2乗	p値(Prob>ChiSq)
切片	5.55916646	1.1196947	24.65	<.0001*
加熱時間	-0.0820308	0.0237345	11.95	0.0005*
ソーキング時間	-0.0567713	0.3312131	0.03	0.8639

推定値は次の対数オッズに対するものです: 0/1

推定値の共分散

共分散

	切片	加熱時間	ソーキング時間
切片	1.2537	-0.022	-0.282
加熱時間	-0.022	0.0006	0.0026
ソーキング時間	-0.282	0.0026	0.1097

尤度比検定

[尤度比検定] コマンドを実行すると、図のような表が作成されます。「尤度比カイ2乗」検定は、完全モデルと、検定対象である仮説によって制約されたモデル（検定対象の効果が含まれていないモデル）の対数尤度における差を2倍したものです。これらの検定は、各効果ごとに反復計算を行うので、時間がかかることがあります。

予想される計算が10秒以内の場合は、この尤度比検定がデフォルトで実行されます。

図 10.6 効果の尤度比検定



名義ロジスティックのあてはめ 状態

勾配で収束しました。7回の反復

度数: 度数

- 反復回数
- モデル全体の検定
- あてはまりの悪さ(LOF)
- パラメータ推定値
- 効果の尤度比検定

要因	パラメータ数	自由度	尤度比カイ2乗	p値(Prob>ChiSq)
加熱時間	1	1	11.0498622	0.0009*
ソーキング時間	1	1	0.02894484	0.8649

「ロジスティックのあてはめ」プラットフォームのオプション

分析手法の名前の隣に赤い三角ボタンがあり、それをクリックするとオプションのメニューが開きます。以下で、各オプションについて説明します。

プロットのオプション

各オプションについては、『基本的な統計分析』を参照してください。

尤度比検定

[「尤度比検定」](#) (369 ページ) を参照してください。

効果に対する Wald 検定

尤度比検定の欠点は、モデルを推定するための反復計算を2回行う必要があり、時間がかかることです。特にデータが大きいと計算時間が長くなるため、「ロジスティックのあてはめ」プラットフォームにはオプションで、計算が簡単で、尤度比検定と同じ性質を持つ Wald のカイ 2 乗検定が用意されています。Wald のカイ 2 乗は、対数尤度 (尤度比検定) を 2 次近似したものです。計算には反復計算の内部処理で生じた値が使われるため、1 回だけの計算で算出することができます。Wald 検定は信頼性が多少低いと考えられていますが、計算時間が短くてすむため、要因のスクリーニングや変数選択においてよく使われています。Wald 検定は各パラメータ推定値と効果ごとに表示されます。あてはめの計算にかかる時間が 10 秒を超える場合は、この検定がデフォルトで実行されます。

図 10.7 効果の Wald 検定

効果に対するWald検定				
要因	パラメータ数	自由度	Waldカイ2乗	p値(Prob>ChiSq)
加熱時間	1	1	11.945226	0.0005*
ソーキング時間	1	1	0.02937939	0.8639

尤度比検定は、「[尤度比検定](#)」(369 ページ) に説明があるように、デフォルトで実行されるオプションです。このデフォルトのオプションを使用することを、強く推奨します。

信頼区間

プロファイル尤度に基づく方法でモデルパラメータの信頼区間を計算させることもできます。[信頼区間] コマンドを選択して開いたダイアログボックスに、有意水準 (α) を入力すると、信頼率 $1-\alpha$ の信頼区間が計算されます (デフォルトは $\alpha=0.05$ です)。モデルのあてはめに必要な反復計算が、各信頼限界につき 1 回ずつ実行されるので、時間がかかることがあります。また、効果によっては信頼限界が算出されないこともあります。

図 10.8 パラメータ推定値と信頼区間

パラメータ推定値						
項	推定値	標準誤差	カイ2乗	p値(Prob>ChiSq)	下側95%	上側95%
切片	5.55916646	1.1196947	24.65	<.0001*	3.45325628	7.90106513
加熱時間	-0.0820308	0.0237345	11.95	0.0005*	-0.1292562	-0.0348569
ソーキング時間	-0.0567713	0.3312131	0.03	0.8639	-0.6674294	0.66288565
推定値は次の対数オッズに対するものです: 0/1						

オッズ比 (名義尺度の応答)

[オッズ比] を選択すると、図 10.9 のように「単位オッズ比」または「範囲オッズ比」を示すレポートが表示されます。

図 10.9 オッズ比

▲ オッズ比				
状態: 0対1のオッズ比に対して				
▲ 単位オッズ比				
連続変数が1単位だけ変化した場合				
項	オッズ比	下側95%	上側95%	逆数
加熱時間	0.921244	0.878749	0.965744	1.0854892
ソーキング時間	0.94481	0.513026	1.940384	1.0584137
▲ 範囲オッズ比				
連続変数が範囲全体で変化した場合				
項	オッズ比	下側95%	上側95%	逆数
加熱時間	0.027069	0.003389	0.215736	36.942229
ソーキング時間	0.8434	0.135026	7.305715	1.185677

「ロジスティックモデルについて」で紹介したとおり、応答変数の水準数が2の場合のロジスティック関数は次の式で求められます。

$$\log\left(\frac{\text{Prob}(Y = r_1)}{\text{Prob}(Y = r_2)}\right) = Xb \quad \text{この式で、} r_1 \text{ は第1番目、} r_2 \text{ は第2番目の応答水準}$$

オッズ比は次のようになります。

$$\frac{\text{Prob}(Y = r_1)}{\text{Prob}(Y = r_2)} = \exp(X\beta) = \exp(\beta_0) \cdot \exp(\beta_1 X_1) \cdots \exp(\beta_i X_i)$$

ここで、 $\exp(\beta_i(X_i + 1)) = \exp(\beta_i X_i) \exp(\beta_i)$ が成り立ちます。つまり、 X_i が1単位だけ変化すると、オッズ比は $\exp(\beta_i)$ 倍になります。この値を単位オッズ比といいます。 X_i が範囲全体にわたって変化したとき、オッズ比は $\exp((X_{\text{high}} - X_{\text{low}})\beta_i)$ 倍になります。この値を範囲オッズ比といいます。2水準の応答では、逆の水準における対数オッズ比は符号を逆にするだけです(オッズ比は、逆数になります)。最初の水準ではなく2番目の水準に注目するならば、対数オッズ比の符号を逆にします。

名義尺度の効果が2水準の場合は、第1水準が1、第2水準が-1にコード化されるので、範囲オッズ比の逆数がもう一方の範囲オッズ比になります。

用量反応データの例

「Dose Response.jmp」サンプルデータには、1～12の用量に対する応答が記録されています。

1. 「Dose Response.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「反応」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「用量」を選択し、[追加] をクリックします。

5. [実行] をクリックします。
6. 「名義ロジスティックのあてはめ」のタイトルバーにある赤い三角ボタンをクリックし、[オッズ比] を選択します。

図10.10 オッズ比

▲ オッズ比				
反応: 0対1のオッズ比に対して オッズ比の検定と信頼区間は、尤度比に基づいて計算されています。				
▲ 単位オッズ比				
連続変数が1単位だけ変化した場合				
項	オッズ比	下側95%	上側95%	逆数
用量	1.606394	1.189286	2.535809	0.6225121
▲ 範囲オッズ比				
連続変数が範囲全体で変化した場合				
項	オッズ比	下側95%	上側95%	逆数
用量	183.8121	6.732092	27879.26	0.0054403

「用量」の単位オッズ比である1.606 ($\exp(0.474)$) という値は、 $Y=1$ に対する $Y=0$ のオッズが、用量が1単位増えるごとに1.606倍になることを示します。「用量」の範囲オッズ比である183.8 ($\exp((12-1)*0.474)$) からは、用量が1から12に増えると、オッズが183.8倍になることがわかります。

逆推定

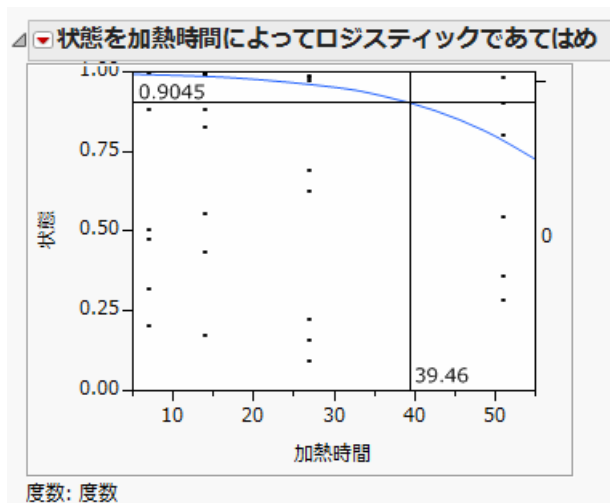
応答変数が2水準の場合、[逆推定] コマンドによって、指定した確率に対応する X 値が算出されます。

逆推定の例を見るには、次の手順を行います。

1. 「Ingots.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. 「状態」を選択し、[Y, 目的変数] をクリックします。
4. 「加熱時間」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。

その結果が図のプロットです。

図10.11 ロジスティック確率プロット

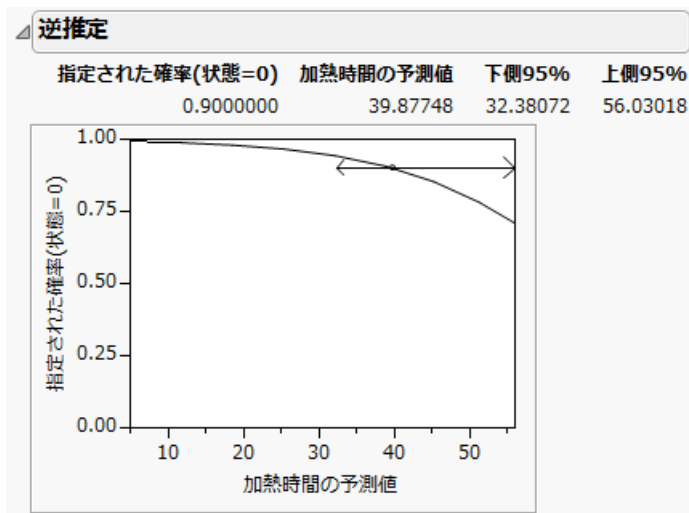


あてはめた曲線で確率が0.9になっている点を見ると、加熱時間の値はおよそ39.5です。これが逆推定です。より厳密な値を出すには、次の手順を行います。

7. 「状態を加熱時間によってロジスティックであてはめ」というタイトルにある赤い三角ボタンをクリックし、[逆推定] を選択します。
8. 「確率」に「0.9」と入力します。
9. [OK] をクリックします。

図10.12に示すように、「加熱時間」の予測値（逆推定値）は39.8775です。

図 10.12 「逆推定」プロット

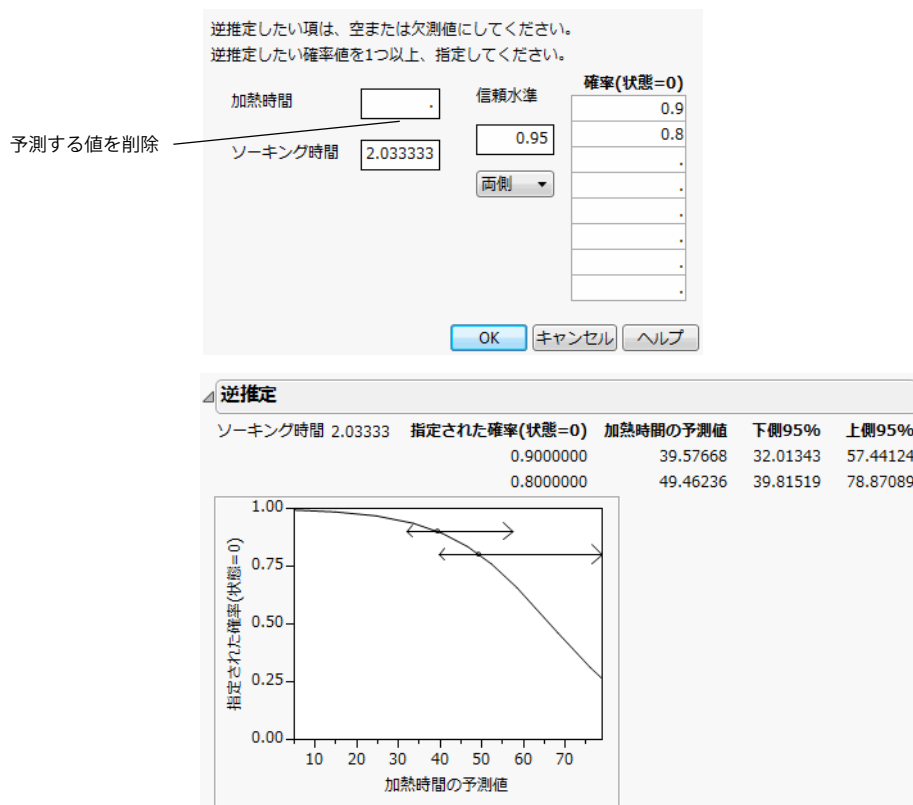


このデータには、「ソーキング時間」という説明変数もあります。説明変数が2つ以上ある場合には、次のように「モデルのあてはめ」プラットフォームを使う必要があります。

1. 「Ingots.jmp」サンプルデータを開いた後、[分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
2. 「状態」を選択し、[Y] をクリックします。
3. 「加熱時間」と「ソーキング時間」を選択し、[追加] をクリックします。
4. 「度数」を選択し、[度数] をクリックします。
5. [実行] をクリックします。
6. 「名義ロジスティックのあてはめ」のタイトルバーにある赤い三角ボタンをクリックし、[逆推定] を選択します。

[逆推定] コマンドを選択すると、図 10.13 にある「逆推定」ウィンドウが開きます。ここで、**X** および **確率** の列をクリックし、値を入力します。X のいずれか 1 つ（「加熱時間」または「ソーキング時間」）に数値を入力してください。もう 1 つの説明変数 (**X**) の値は、欠測値としてください。与えられた数値に説明変数を固定して、欠測値となっている説明変数の値が逆推定されます。

図 10.13 「逆推定」ウィンドウと「逆推定」表



逆推定に関する詳細は、付録「統計的詳細」(419ページ)を参照してください。

列の保存コマンド

[確率の計算式の保存] コマンドを実行すると、モデルから予測される確率を含んだ新しいデータテーブル列が作成されます。

応答変数が数値で、順序尺度である場合、**[分位点の保存]** コマンドと**[期待値の保存]** コマンドも使用できます。

[保存] コマンドでは、次のような新しい列が作成されます。

確率の計算式の保存 データテーブルに新しい列が作成され、応答変数の水準ごとに、説明変数とパラメータの線形結合式、各水準が生じる確率の予測式、そして、最も生じる確率が高い応答変数の値を計算する予測式が保存されます。

応答が名義尺度のモデルで、水準数を r としたとき、次の列が作成されます。

- 「線形[j]」という列。応答変数の水準 $j=1,2,\dots,r-1$ に対する説明変数の線形結合が保存されます。
- 「確率[j]」という列。最後の水準 r が生じる確率の予測式が保存されます。

- 「確率 [j]」という列 ($j < r$)。水準 j が生じる確率の予測式が保存されます。
- 「最尤 応答変数名」という列。計算された確率の予測値に従って、最も生じる確率が高い水準を保存した列です。

応答が順序尺度のモデルで、水準数を r としたとき、次の列が作成されます。

- 「線形」という列。切片項を除いた説明変数の線形結合を計算する式が保存されます。
- 「累積確率 [j]」という列。水準 $j = 0, \dots, r-1$ ごとに、応答変数の値が水準 j 以下である累積確率を計算する式が保存されます。値がすべての行で 1 になることはありません。
- 「確率 [j]」という列 ($1 < j < r$)。各水準ごとに、応答変数の値が水準 j になる確率を計算する式が保存されます。確率 [j] は累積確率 [j] と累積確率 [j - 1] の差です。確率 [1] は累積確率 [1] に等しく、確率 [r] は 1 - 累積確率 [r - 1] です。
- 「最尤 応答変数名」という列。計算された確率の予測値に従って、最も生じる確率が高い水準を保存した列です。

分位点の保存 データテーブルに「分類(5% 閾値)」、「分類(50% 閾値)」、「分類(95% 閾値)」という列が作成され、これら 3 つの確率に対する応答変数の分位点が保存されます。

期待値の保存 データテーブルに「分類(期待値)」という列が作成され、期待値（応答変数の値と予測確率の線形結合）が保存されます。

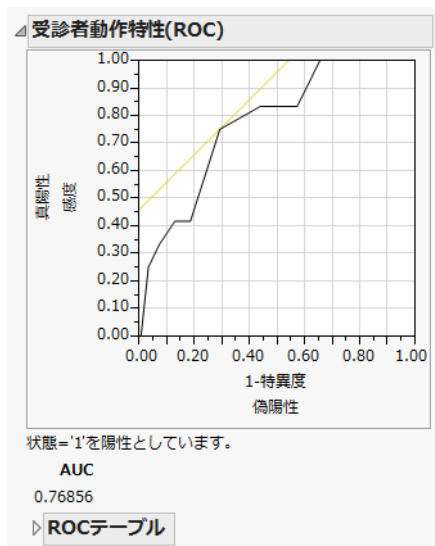
ROC 曲線

受診者動作特性（ROC）曲線は、あてはめたモデルが応答水準をどれだけ効率よく選別できるかを測定します。ROC 曲線は、検査や診断テストの閾値をきめるのにも役立ちます。ROC 曲線が対角線より上に離れているほど、適合度が良いことを表します。ROC 曲線の概要については、『基本的な統計分析』で説明されています。水準が 3 つ以上ある応答変数でロジスティック回帰のあてはめを行うと、一般化された ROC 曲線（「パーティション」プラットフォームのものと同じ）が作成されます。一般化された ROC 曲線では、応答の各水準に 1 本ずつ、他のすべての水準と比較したときの ROC 曲線が表示されます。これらの ROC 曲線については、『発展的なモデル』の「パーティション」の章に解説があります。

ROC 曲線の例

1. 「Ingots.jmp」サンプルデータを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「状態」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「加熱時間」と「ソーキング時間」を選択し、[追加] 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. [実行] をクリックします。
7. 「名義ロジスティックのあてはめ」のタイトルバーにある赤い三角ボタンをクリックし、[ROC 曲線] を選択します。
8. 陽性として 1 を選択し、[OK] をクリックします。

図 10.14 ROC 曲線

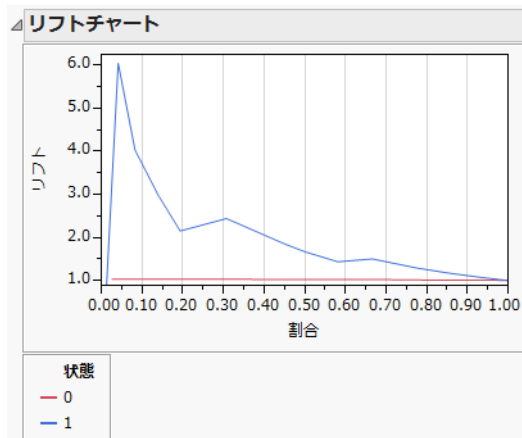


リフトチャート

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ぐらい高いかが、集団全体における割合に対する比として表示されます。リフトチャートについての詳細は、『発展的なモデル』の「パーティション」の章を参照してください。リフトチャートの詳細については、『発展的なモデル』を参照してください。

図 10.15 は、ROC 曲線（図 10.14）と同じモデルを使ったリフトチャートです。

図 10.15 リフトチャート



混同行列

混同行列は、応答水準の実測値と予測値の度数を 2 元表に示したものです。適合度が良いモデルは、応答水準の予測値が実測値に一致します。混同行列を見ると、モデルがどれぐらい的確に応答を分類しているかを知ることができます。

プロファイル

モデルの因子の値が変化するにつれて確率の予測値がどのように変わるかを示す予測プロファイルが作成されます。このコマンドは、名義尺度と順序尺度の応答に対して使用できます。プロファイル機能について詳しくは、『プロファイル機能』を参照してください。

検証



検証 (validation) とは、データの一部をモデルパラメータの推定に使用し、残りのデータでモデルの予測能力を評価する方法を指します。

- モデルパラメータの推定に使うデータを、**学習セット**といいます。
- モデルの予測能力を評価するのに用いるデータを、**検証セット**といいます。
- 予測能力の最終評価に使うデータを、**テストセット**といいます。検証列を指定した場合のみ、テストセットを使用できます。

学習セット、検証セット、テストセットは、1 つのデータテーブルを分割して作成します。データを各セットに分割するには、「モデルのあてはめ」起動ウィンドウで検証列を指定します。

検証列の値によってデータの分割形式と検証の方法が決まります。

- 検証列に異なる値が 2 つある場合は、データが学習セットと検証セットに分かれます。
- 検証列に異なる値が 3 つある場合は、データが学習セット、検証セット、テストセットに分かれます。
- 検証列に異なる値が 4 つ以上ある場合、または 1 つしかない場合は、検証は行われません。

検証列を使用した場合、セットごとに適合度統計量が計算されます。

名義ロジスティックモデルの例

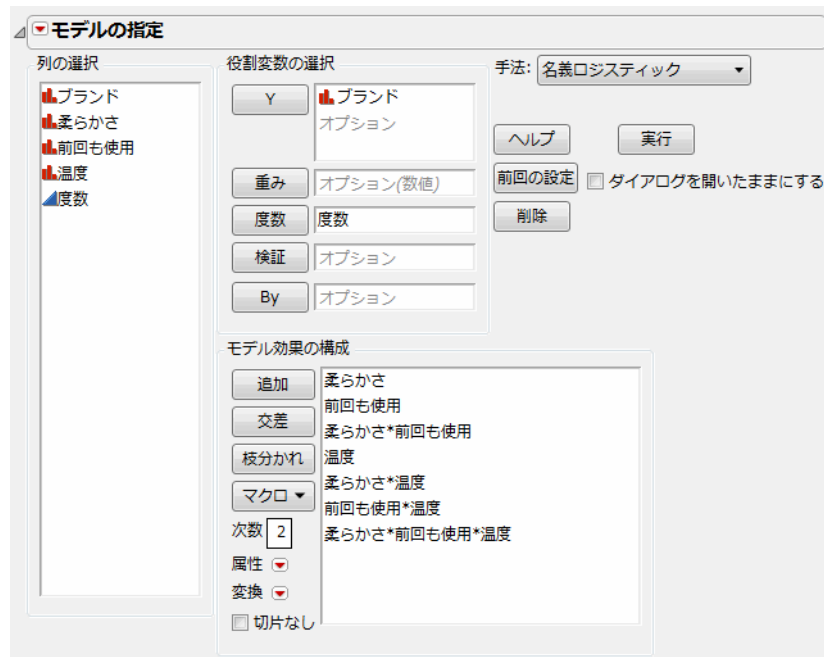
どのメーカーの洗剤がよく売れているかを調べるため、市場調査が行われました (Ries and Smith 1963)。その結果をまとめたものが、「Detergent.jmp」サンプルデータです。モデルは次の要素で定義されます。

- 応答変数の「ブランド」。値は「m」と「x」。
- 「柔らかさ」効果。値は「柔らかい」、「普通」、「硬い」。
- 「前回も使用」効果。値は「はい」と「いいえ」。

- 「温度」効果。値は「高」と「低」。
- 「度数」という列名の度数変数。カテゴリの組み合わせに対する度数を示します。

まず、図10.16にある「モデルのあてはめ」ダイアログボックスにて、3因子の完全実施要因を指定します。要因を指定するには、まず「列の選択」リストから3つの主効果を選択し、次に【マクロ】ポップアップメニューから【完全実施要因】を選択します。

図 10.16 名義尺度の応答変数を使った3因子の要因モデル



JMP
PRO

注: 図のダイアログにある「検証」ボタンは、JMP Pro でのみ表示されます。

図10.17で「モデル全体の検定」表を見ると、この3因子モデルが全体として有意なことがわかります (p 値 (Prob>ChiSq)=0.0006)。「効果の尤度比検定」表からは、「柔らかさ」を含む効果は、モデルの適合度に有意に寄与していないことがわかります。

図 10.18 名義尺度の応答変数を使った 2 因子の要因モデル

モデルの指定

列の選択
 ブランド
 柔らかさ
 前回も使用
 温度
 度数

役割変数の選択
 Y: ブランド
 オプション
 重み: オプション(数値)
 度数: 度数
 検証: オプション
 By: オプション

手法: 名義ロジスティック

ヘルプ 実行
 前回の設定 ☐ ダイアログを開いたままにする
 削除

モデル効果の構成
 追加: 前回も使用
 交差: 温度
 交互作用: 前回も使用*温度
 検定: 検分かれ
 マクロ: マクロ
 次数: 2
 属性: 属性
 変換: 変換
☐ 切片なし

「モデル全体の検定」表から、この 2 因子モデルの適合度が前の 3 因子モデルとほとんど変わらないことがわかります。図 10.19 にある 3 因子モデルの「モデル全体の検定」表と比べると、カイ 2 乗値は、3 因子モデルから 2 因子モデルになって少し減少しています (32.83 → 27.17)。これは、モデルのパラメータ数が減ったことで、データへのあてはめで使える自由度が少なくなったためです。このように、モデルの自由度を減らすと、データへの適合度は小さくなります。

尺度についての詳細は、『基本的な統計分析』を参照してください。あてはめの詳細は、付録「統計的詳細」(419 ページ) を参照してください。また、順序ロジスティックモデルについては、Walker and Duncan (1967)、Nelson (1976)、Harrell (1986)、McCullagh and Nelder (1983) で説明されています。

注：応答変数に多数の水準があるときは、順序ロジスティックモデルの方が、名義ロジスティックモデルよりも、処理時間が短く、使用メモリ量も少なくて済みます。

McCullagh and Nelder (1983) で、順序ロジスティックモデルの例として、Newell が行ったチーズに関する調査が紹介されています。この調査では、チーズの添加物 (A ~ D) が味に与える影響を調べるため、試食グループによる味の判断を 1 (非常にまずい) から 9 (とてもおいしい) までの順序尺度で記録しました。データは、サンプルデータのフォルダにある「Cheese.jmp」データテーブルにまとめられています。

1. 「Cheese.jmp」データテーブルを開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「評価」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「チーズ」を選択し、[追加] 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. [実行] をクリックします。
7. 「順序ロジスティックのあてはめ」タイトルバーにある赤い三角ボタンをクリックし、[Wald 検定] を選択します。

パラメータ推定値が最小のものが、最も評価の高いチーズ添加物を表します。なお、チーズ「D」のパラメータ推定値は、他のパラメータ推定値の合計を-1 倍した値です（図 10.1）。

表 10.1 「Chees.jmp」にあるチーズ添加物のパラメータ推定値と人気

チーズ	推定値	人気
A	-0.8622	第 2 位
B	2.4896	最下位
C	0.8477	第 3 位
D	-2.4750	第 1 位

このデータは「二変量の関係」プラットフォームでも分析できます。ただし、「二変量の関係」では順序尺度の応答が名義尺度として扱われ、分割表分析が行われます。図 10.21 を参照してください。この「二変量の関係」と同じ結果は、「評価」の尺度を順序から名義に変更すれば、「モデルのあてはめ」プラットフォームでも得ることができます。図 10.22 を参照してください。応答を名義尺度に変更して「モデルのあてはめ」を行うと、図 10.22 のような結果になります。二つのプラットフォームによって計算された、負の対数尤度（84.381）と尤度比カイ 2 乗値（168.76）は同じ値になっています。

図 10.21 「二変量の関係」プラットフォームで「Cheese.jmp」を分析した結果

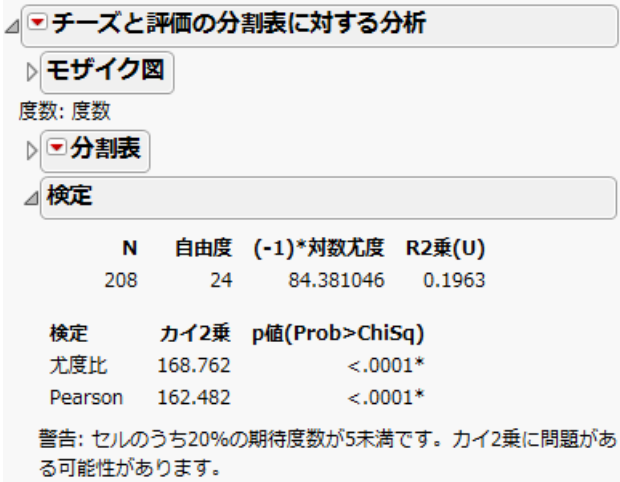
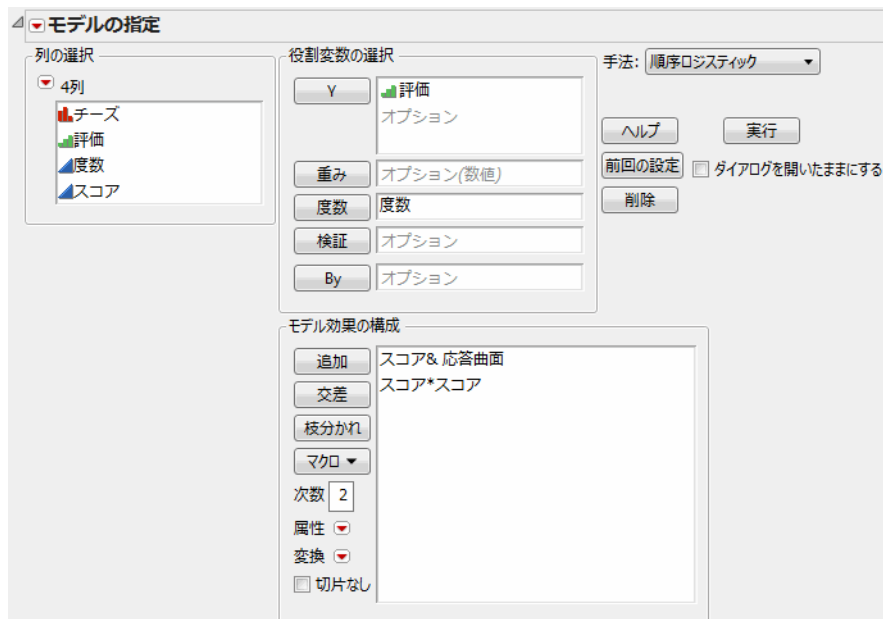


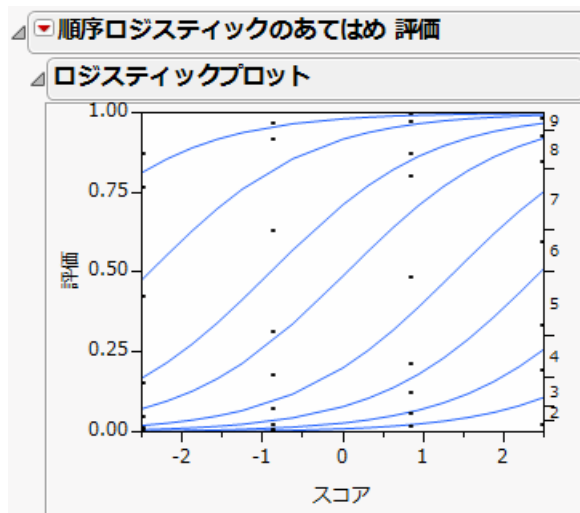
図 10.23 順序ロジスティック回帰の「モデルのあてはめ」ダイアログボックス

JMP
PRO

注: 図のダイアログにある「検証」ボタンは、JMP Pro でのみ表示されます。

「実行」をクリックすると、分析レポートと図 10.24 の累積確率プロットが表示されます。曲線間の垂直距離は、プロット右軸に表示されている各水準が生じる確率を表します。

図 10.24 順序ロジスティック回帰の累積確率プロット



2 次式の順序ロジスティックモデルの例

この例では、順序尺度の応答に対して、説明変数の 2 次式を用いて、応答値の確率を最適化します。ロジスティック回帰モデルでも、パラメータに対する線形結合式の部分は、連続尺度の応答に対する回帰モデルとまったく同じです。JMP では 5 次元までの交互作用や交差、累乗の効果を設定できますが、この例では、1 因子で 2 乗までの項を追加したモデルを使います。

電子レンジ用ポップコーンの製造会社が、ポップコーンにどれだけの塩を入れたら売上げが伸びるかを調べようとしています。それには、消費者の評価がポップコーンに入れる塩の量の関数であると仮定して、評価が最大となる塩の量を求める必要があります。実験では塩の量を小さじ 0、1、2、3 杯とし、試食を通じて味を 1（低い）～5（高い）という尺度で評価しました。望ましい応答の確率を最大にする量が、最適な食塩量となります。塩の各水準について 10 のオブザベーションを取り、結果を記録したのが表 10.2 です。

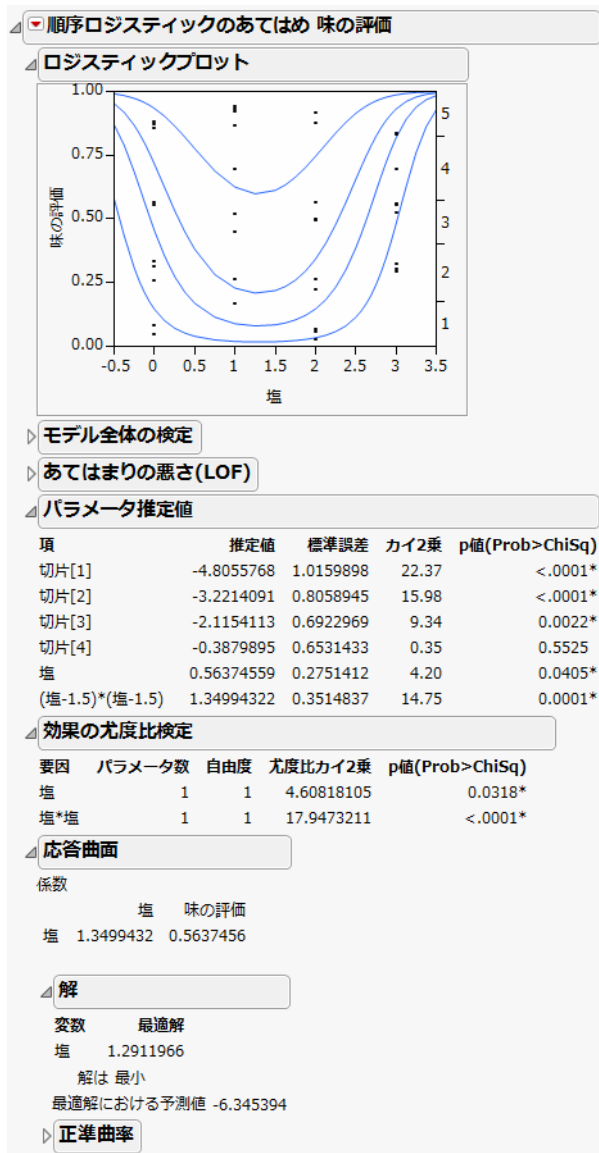
表 10.2 ポップコーンの塩

塩の量	味の評価									
ゼロ	1	3	4	4	4	4	1	4	3	4
小さじ 1	4	5	3	4	5	4	5	5	4	5
小さじ 2	4	3	5	1	4	4	5	4	3	4
小さじ 3	3	1	4	3	1	4	1	4	1	4

「Salt in Popcorn.jmp」サンプルデータに、この結果が含まれています。「モデルのあてはめ」を使って、順序尺度である味の評価を、塩の量の 2 次式にあてはめます。「味の評価」に [Y] の役割を割り当てます。「列の選択」ボックスで「塩」を選択し、[マクロ] > [応答曲面] をクリックします。

モデルを実行すると、レポートが作成され、2 次モデルが応答確率にどのようにあてはまったかが表示されます。作成された曲線は、曲線を重ねて折り曲げたような形になっており、どの曲線も同じ点で最適値を取ります。最適解は、 X の平均 $- 0.5 * b1/b2$ で求められます。 $b1$ は線形部分の係数、 $b2$ は 2 次部分の係数です。これは、 X が中心化されているときの式です。「パラメータ推定値」表から、 $1.5 - 0.5 * (0.5637/1.3499) = 1.29$ 、つまり小さじ 1.29 杯が最適な塩の量であると計算できます。

図 10.25 「Salt in Popcorn.jmp」を使った「順序ロジスティックのあてはめ」



曲線間の距離は、5つの応答水準それぞれの確率を示します。最も高い応答水準の確率は、一番上の曲線からプロットの上の辺までの距離に該当し、この距離が最大になるのは、食塩の量が小さじ約1.3杯のときです。4本の曲線すべてにおいて、この値（約1.3杯）のときに最小となっています。

「塩」および「塩*塩」のパラメータ推定値を係数として、最適値が求められます。この値は「最小値」として扱われていますが、これは確率曲線を見たときに最小なだけで、最も高い応答の確率を最大にするという意味では本当は最大値であると言えます。「応答曲面」レポート（図 10.25）の一部である「解」を見ると、「最適解」が 1.29 であることがわかります。

複数列の度数の積み重ね

JMP のロジスティック回帰プラットフォームでは、複数の列に度数が含まれているデータは扱えません。たとえば、「Ingots2.jmp」サンプルデータ（図 10.26）には、「加熱時間」と「ソーキング時間」の各組み合わせに対して、インゴットの適合品数と不適合品数が「数（適合）」と「数（不適合）」という 2 列に含まれています。ロジスティック回帰を行うためには、図 10.27 のような形式のデータが必要です。

このようなテーブルを新しく作成するには、[テーブル] メニューから [列の積み重ね] コマンドを選択します。「列の積み重ね」ダイアログボックスで、「数（適合）」と「数（不適合）」を積み重ねる列として指定し、[積み重ねる列] をクリックします。すると、図 10.27 のテーブルが作成されます。デフォルトでは、応答を含む列に「ラベル」、度数を含む列に「データ」という名前がつけます。

「Ingots.jmp」サンプルデータは、列を積み重ねた形式のデータです。このデータを使ったロジスティック回帰の例は、「[ロジスティックモデルについて](#)」（363 ページ）の節で取り上げられています。「Ingots.jmp」には、この例の「データ」列に相当する「度数」という列と、「状態」という応答変数があります。応答変数はインゴットが仕様に適合しているときに 1、不適合の場合に 0 の値を取っています。

図 10.26 元のデータテーブル

	加熱時間	ソーキング時間	数(不適合)	数(適合)	数(全体)	モデル変数 (P)	損失関数
1	7	1	10	0	10	0.5000	6.9315
2	7	1.7	17	0	17	0.5000	11.7835
3	7	2.2	7	0	7	0.5000	4.8520
4	7	2.8	12	0	12	0.5000	8.3178
5	7	4	9	0	9	0.5000	6.2383
6	14	1	31	0	31	0.5000	21.4876
7	14	1.7	43	0	43	0.5000	29.8053
8	14	2.2	31	2	33	0.5000	22.8739
9	14	2.8	31	0	31	0.5000	21.4876
10	14	4	19	0	19	0.5000	13.1698
11	27	1	55	1	56	0.5000	38.8162
12	27	1.7	40	4	44	0.5000	30.4985
13	27	2.2	21	0	21	0.5000	14.5561

図 10.27 積み重ね後のデータテーブル

	加熱時間	ソーキング時間	数(全体)	モデル変数(P)	損失関数	ラベル	データ
1	7	1	10	0.5000	6.9315	数(不適合)	10
2	7	1	10	0.5000	6.9315	数(適合)	0
3	7	1.7	17	0.5000	11.7835	数(不適合)	17
4	7	1.7	17	0.5000	11.7835	数(適合)	0
5	7	2.2	7	0.5000	4.8520	数(不適合)	7
6	7	2.2	7	0.5000	4.8520	数(適合)	0
7	7	2.8	12	0.5000	8.3178	数(不適合)	12
8	7	2.8	12	0.5000	8.3178	数(適合)	0
9	7	4	9	0.5000	6.2383	数(不適合)	9
10	7	4	9	0.5000	6.2383	数(適合)	0
11	14	1	31	0.5000	21.4876	数(不適合)	31
12	14	1	31	0.5000	21.4876	数(適合)	0
13	14	1.7	43	0.5000	29.8053	数(不適合)	43
14	14	1.7	43	0.5000	29.8053	数(適合)	0

第 11 章

一般化線形モデル さまざまな分布を応答とした回帰モデル

応答の分布などが最小2乗法の要件を満たしていないときは、一般化線形モデルが有効です。特に、データが度数の場合、その分布は Poisson 分布に従う性質がありますが、一般化線形モデルの枠組みで簡単にあてはめることができます。

Nelder and Wedderburn (1972) が提唱したこの手法では、変換した応答に対する反復重み付け最小2乗法によってモデルを推定することができます。

JMP の一般化線形モデルには、次のような機能もあります。

- ユーザが定義した対比に対して、尤度比統計量を計算する（パラメータの線形関数に対して、カイ2乗近似に基づく p 値を計算する）。
- ユーザが定義した対比と最小2乗平均に対して、推定値、標準誤差、信頼限界を計算する。
- モデルを検討するためのプロファイルをグラフ表示する。
- プロファイル尤度関数に基づいてモデルパラメータの信頼区間を計算する。
- Firth (1993) が提唱したバイアス調整最尤法による推定（オプション）。

目次

- 一般化線形モデルの概要..... 395
- 一般化線形モデルによるあてはめ..... 396
- 一般化線形モデルの例 397
- 例..... 399
 - Poisson 回帰 399
 - Poisson 回帰とオフセット 402
 - 正規分布の回帰モデル（対数リンク関数）..... 405
- プラットフォームオプション 408

一般化線形モデルの概要

従来の線形モデルは、統計的データ分析で頻繁に使用されていますが、どのタイプの問題にも適しているわけではありません。

- データが正規分布に従うと仮定できないケース。たとえば、正規分布は連続分布なので、度数や割合などには適していません。
- データの平均が特定の範囲内に制限されている場合には、従来の線形モデルは不適切かもしれません。なぜなら、従来の線形モデルにおける予測値は、どんな値も取り得るからです。たとえば、割合は必ず 0～1 の範囲に収まりますが、従来の線形モデルを使うと、この範囲に収まりません。
- すべてのオブザベーションでデータの分散が一定だと仮定するのが現実的でないケース。たとえば、データの平均が大きくなると分散も大きくなるというデータは珍しくありません。

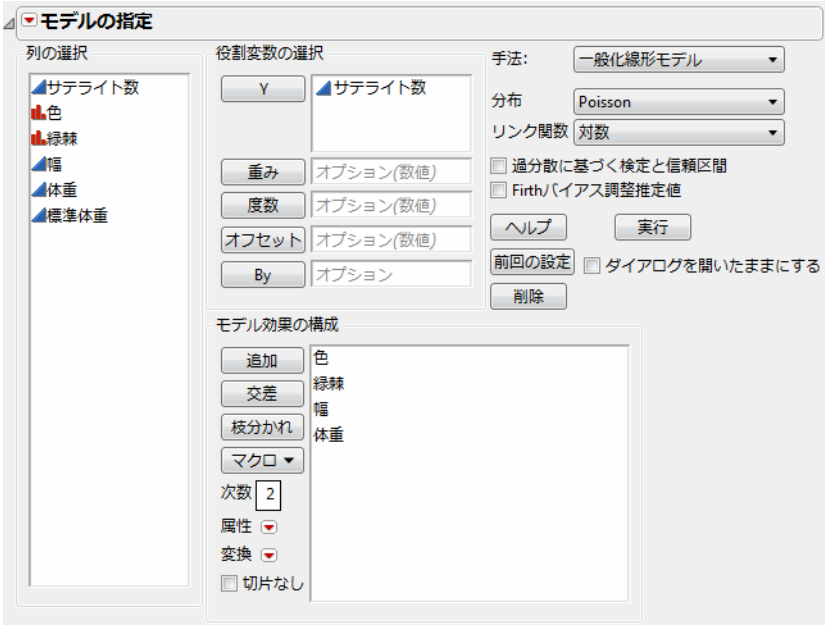
一般化線形モデルは、従来の線形モデルを拡張したもので、より広範なデータ分析で適用できます。指数型分布族に属する確率分布については、「[一般化線形モデルの例](#)」(397 ページ)を参照してください。

あてはめた一般化線形モデルは、従来の線形モデルと同様に、パラメータ推定値、その標準誤差、適合度といった統計量で要約できます。信頼区間と仮説検定に基づいてパラメータに関する統計的に推測できます。ただし、ほとんどの一般化線形モデルでは、正確な分布を使った理論が存在しないか、もしくは実用的でないため、通常、漸近的方法で推測を行うことになります。

一般化線形モデルによるあてはめ

一般化線形モデルは、「モデルのあてはめ」ダイアログボックスに表示される手法の1つです。[分析] > [モデルのあてはめ] をクリックしてダイアログボックスを開き、モデルの効果を指定してから（指定する前でもかまいません）ドロップダウンメニューで「一般化線形モデル」を選択します。

図 11.1 「一般化線形モデル」 起動ダイアログボックス



手法として一般化線形モデルを選ぶと、「モデルのあてはめ」ダイアログボックスに「分布」と「リンク関数」の選択肢が追加されます。[過分散に基づく検定と信頼区間] と [Firth バイアス調整推定値] のオプションも表示されます。さらに、「モデルのあてはめ」ウィンドウに [オフセット] ボタンが追加されます。

表 11.1 一般化線形モデルのモデルのあてはめオプションの説明

分布	モデルに適切な応答の確率分布を割り当てます。 「一般化線形モデルの例」 (397 ページ) を参照してください。
リンク関数	ここで指定した関数によって、線形モデルが応答変数に関連付けられます。 「一般化線形モデルの例」 (397 ページ) を参照してください。
過分散に基づく検定と信頼区間	過分散パラメータを含むモデルをあてはめます。

表 11.1 一般化線形モデルのモデルのあてはめオプションの説明（続き）

Firth バイアス調整推定値	このバイアス調整を伴う最尤推定法は、通常的最尤法に比べ、推定と検定が優れていることが示されています。また、このバイアス調整を伴う最尤推定法を用いることにより、ロジスティックモデルなどで生じる分離（separation）の問題を回避できます。ロジスティック回帰における分離問題については、Heinze and Schemper（2002）を参照してください。
オフセット	特に、Poisson 回帰で対数をリンク関数とした場合、オフセット値は集合のサイズを表します。

一般化線形モデルの例

一般化線形モデルを作成するには、応答変数と説明変数を指定し、リンク関数と応答の確率分布を選択します。説明変数には、連続変数、分類変数、交互作用のどれでも使用でき、自由に組み合わせることができます。

表 11.2 一般化線形モデルの例

モデル	応答変数	分布	正準リンク関数
従来の線形モデル	連続尺度	通常	恒等 $g(\mu) = \mu$
ロジスティック回帰	度数または 2 水準の確率変数	2 項	ロジット $g(\mu) = \log\left(\frac{\mu}{1-\mu}\right)$
対数線形モデルの Poisson 回帰	度数	Poisson	対数 $g(\mu) = \log(\mu)$
指数回帰	正の連続量	指数	$\frac{1}{\mu}$

JMP では、パラメータを最尤法により推定することで、一般化線形モデルをあてはめます。一般に、パラメータの最尤推定値には閉じた解がありません。JMP は、反復計算によって数値的にモデルのパラメータを推定します。また、散らばりのパラメータ ϕ の推定値は、Pearson の適合度統計量をその自由度で割って計算されます。パラメータ推定値の共分散、標準誤差、信頼限界は、最尤推定量の漸近正規性に基づいて計算されます。

JMP では、リンク関数と確率分布をいろいろな選択肢の中から選ぶことができます。次のようなリンク関数が用意されています。

恒等: $g(\mu) = \mu$

ロジット: $g(\mu) = \log\left(\frac{\mu}{1-\mu}\right)$

プロビット: $g(\mu) = \Phi^{-1}(\mu)$ この式で Φ は標準正規分布の累積分布関数

対数: $g(\mu) = \log(\mu)$

逆数: $g(\mu) = \frac{1}{\mu}$

べき乗: $g(\mu) = \begin{cases} \mu^\lambda & (\lambda \neq 0) \text{ の場合} \\ \log(\mu) & \lambda = 0 \text{ の場合} \end{cases}$

補対数 - 対数: $g(\mu) = \log(-\log(1 - \mu))$

べき乗関数を選択すると、数値の入力ボックスが表示されるので、任意の数値を入力します。

確率分布に対応した分散関数は次の通りです。

正規: $V(\mu) = 1$

二項（割合）: $V(\mu) = \mu(1 - \mu)$

Poisson: $V(\mu) = \mu$

指数: $V(\mu) = \mu^2$

二項分布を選択した場合は、次のいずれかの方法で応答変数を指定する必要があります。

- データが X 変数に従って要約されていない場合は、2 値データを含む列を 1 つ、応答として指定します。この応答の列は名義尺度でなければなりません。データが X 変数と応答に従って要約されていて、応答が 2 値の列である場合は、その応答の 1 列を指定し、「度数」に度数の列を指定します。応答列は名義尺度で、度数列は X 変数と応答に従って要約された度数を含んでいなければいけません。
- データが X 変数に従って要約されている場合は、まず成功回数を含む列、次に試行回数を含む列の順に、度数を含んだ連続尺度の列を 2 つ指定します。なお、成功回数でなく、失敗回数を指定するのでもかまいません。

モデルの選択とデビアンس

一般化線形モデルでも、説明変数の選択は重要です。該当する説明変数がどれだけモデルに貢献しているかは、通常、適合度統計量の変化量によって評価できます。良く使われる適合度統計量は、**デビアンス（逸脱度）**です。デビアンスは、「データが到達可能な最大対数尤度」と「回帰パラメータの最尤推定値における対数尤度」の差に 2 を掛けたものです。到達可能な最大対数尤度は、すべてのオブザベーションにパラメータがあるモデルで達成されます。次の表は、JMP に用意されている確率分布のデビアンスをまとめたものです。

表 11.3 デビアンス関数

分布	デビアンス
正規	$\sum_i w_i (y_i - \mu_i)^2$

表 11.3 デビアンズ関数（続き）

分布	デビアンズ
Poisson	$2 \sum_i w_i \left[y_i \log \left(\frac{y_i}{\mu_i} \right) - (y_i - \mu_i) \right]$
二項 ^a	$2 \sum_i w_i m_i \left[y_i \log \left(\frac{y_i}{\mu_i} \right) + (1 - y_i) \log \left(\frac{1 - y_i}{1 - \mu_i} \right) \right]$
指数	$2 \sum_i w_i \left[- \log \left(\frac{y_i}{\mu_i} \right) + \left(\frac{y_i - \mu_i}{\mu_i} \right) \right]$

a. 二項分布の場合、 $y_i = r_i / m_i$ (r_i は成功した度数、 m_i は試行回数)。

また、デビアンズと同じように適合度を示す Pearson のカイ 2 乗適合度統計量は、次のように定義されます。

$$X^2 = \sum_i \frac{w_i (y_i - \mu_i)^2}{V(\mu_i)}$$

上の式で、 y_i は*i*番目の応答、 μ_i は対応する平均の予測値、 $V(\mu_i)$ は分散関数、 w_i は*i*番目のオブザベーションの既知の重みです。重みが指定されていない場合は、すべてのオブザベーションで $w_i = 1$ となります。

変数選択の方法として、まず切片項しかないモデルをあてはめ、それから1つずつ説明変数を増やしていく方法があります。この作業において、デビアンズもしくは対数尤度を比較すれば、追加した各説明変数の有意性を測定することができます。JMPでは、各説明変数に対して漸近検定が計算されますので、追加した説明変数の統計的有意性もわかります。

なお、「一般化線形モデル」プラットフォームの逆推定の計算では、応答の分布として正規分布以外のものを指定した場合は、t分布ではなく、正規分布の分位点を用いています。

例

次に、JMPの「一般化線形モデル」プラットフォームの使用例を紹介します。

Poisson 回帰

この例では、カブトガニの巣穴に関するデータを使います。メスのカブトガニの巣穴には、オスのカブトガニが1匹ずつ棲んでいます。この調査では、近くにサテライト（衛星）と呼ばれる他のオスがいるかどうか調べ、データにまとめました。「CrabSatellites」サンプルデータには、サテライトの数を示す応答変数の他に、メスの色、脊柱の状態（緑棘）、体重、甲羅の幅といった変数があります。データを図 11.2 に示します。

図 11.2 カニのサテライトのデータ

CrabSatellites		サテライト数	色	緑棘	幅	体重	標準体重
ノート カブトガニのサテライトの							
モデル							
列(6/0)							
サテライト数							
色 *							
緑棘 *							
幅							
体重							
標準体重							
行							
すべての行	173						
選択されている行	0						
除外されている行	0						
表示しない行	0						
ラベルのついた行	0						

Poisson 対数線形モデルをあてはめるには、次の手順を行います。

- [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
- Y変数として「サテライト数」を指定します。
- 「色」、「緑棘」、「幅」、「体重」に[効果]の役割を割り当てます。
- あてはめ手法として[一般化線形モデル]を選択します。
- 分布として[Poisson]を選択します。

リンク関数は自動的に[対数]になります。

- [実行] をクリックします。

結果は図 11.3 のようになります。

図 11.3 カニのサテライトの分析結果



「モデル全体の検定」の結果は、モデル全体と、切片パラメータしか含まないモデルとを比較しています。「縮小」モデルとは、切片だけを含むモデルを指します。「完全」モデルは、すべての効果と切片を含むモデルです。「差分」は、完全モデルと縮小モデルの対数尤度の差です。「p 値(Prob>Chisq)」は、通常の分散分析表におけるモデル全体の F 検定に相当します。

その次に表示されている適合度統計量は、あてはまりの悪さ（LOF; Lack Of Fit）検定と同じく、モデルが妥当かどうかを表す検定量です。適合度統計量の**カイ2乗値**が小さい場合の改善方法には、モデルに高次の項を追加する、共変量を増やす、分布を変更する、または（Poisson 分布、二項分布の場合は特に）過分散パラメータを追加するといった方法があります。AICc は、修正済みの赤池の情報量規準で、次のように計算されます。

$$\text{AICc} = -2 \text{対数尤度} + 2k + \frac{2k(k+1)}{n-k-1}$$

k は、モデル内の推定パラメータの数、n は、データセット内のオブザベーション数を示します。この値をモデル間で比較すれば、データに最もよくあてはまるモデルを特定できます。値が最小となるモデルが最良のモデルとみなされます（Akaike 1974）。

「効果の検定」は、「効果のすべてのパラメータが0である」という帰無仮説に対する検定です。連続量の説明変数のように、効果にパラメータが1つしかないとき、効果の検定は「パラメータ推定値」表の検定と同じになります。

「パラメータ推定値」表には、モデルパラメータの推定値と、「パラメータが0である」という帰無仮説に対する検定がリストされます。連続尺度の各説明変数に対しては、パラメータが1つだけ推定されます。カテゴリカルな変数やその交互作用効果に対しては、自由度の数だけパラメータが推定されます。この表には、パラメータ推定値に対する信頼限界も表示されます。

Poisson 回帰とオフセット

「Ship Damage.jmp」サンプルデータは、McCullagh and Nelder (1983) のデータに変更を加えたもので、波が原因で貨物船の前部に生じた損傷をタイプ別に分類してあります。波が原因で貨物船の前部に生じた損傷をタイプ別に分類してあります。船体の建造を担当するエンジニアたちの目的は、3つの変数と損傷するリスクの関連を調べることでした。その3つの変数とは、貨物船の「タイプ」、「建造年度」、そして運行期間を表す「運行年度」です。

ここでは、**オフセット変数**として、運行月数を対数変換した変数である「**運行月数**」を使用します。オフセット変数は、モデルのなかで、パラメータの値を1.0に固定した説明変数として扱われます。

このようなオフセット変数は、一般に、Poisson 分布で対数をリンク関数とした場合、単位を揃えるために使用します。この例では、修理の回数は運行月数に比例すると予想されるので、運行月数を対数変換した変数を使います。仕組みを理解するために、まず一般化線形モデルに eta という線形成分があると仮定しましょう。リンク関数が対数の場合、オフセットも含めた、平均に対するモデル式は、次のような式になります。

$$\exp[\text{Log}(\text{運行月数}) + \text{eta}] = [(\text{運行月数}) * \exp(\text{eta})]$$

この例を実行するには、次のように割り当てを行います。

- 「手法」は [一般化線形モデル]
- 「分布」は [Poisson]。すると、リンク関数が自動的に [対数] になります。
- [Y] は「数」
- [オフセット] は「運行月数」

- モデル効果は「タイプ」、「建造年度」、「運行年度」
- 「過分散に基づく検定と信頼区間」はオン

これらの設定をした「モデルのあてはめ」ダイアログボックスは、図 11.4 のようになります。

図 11.4 「貨物船の損傷」の「モデルのあてはめ」ダイアログボックス

モデルの指定

列の選択
☒ タイプ
☒ 建造年度
☒ 運行年度
☒ 運行月数
☒ 数
☒ Op 75
☒ タイプ B
☒ タイプ C
☒ タイプ D
☒ タイプ E
☒ 年度 65
☒ 年度 70
☒ 年度 75
☒ Poisson損失関数
☒ モデル

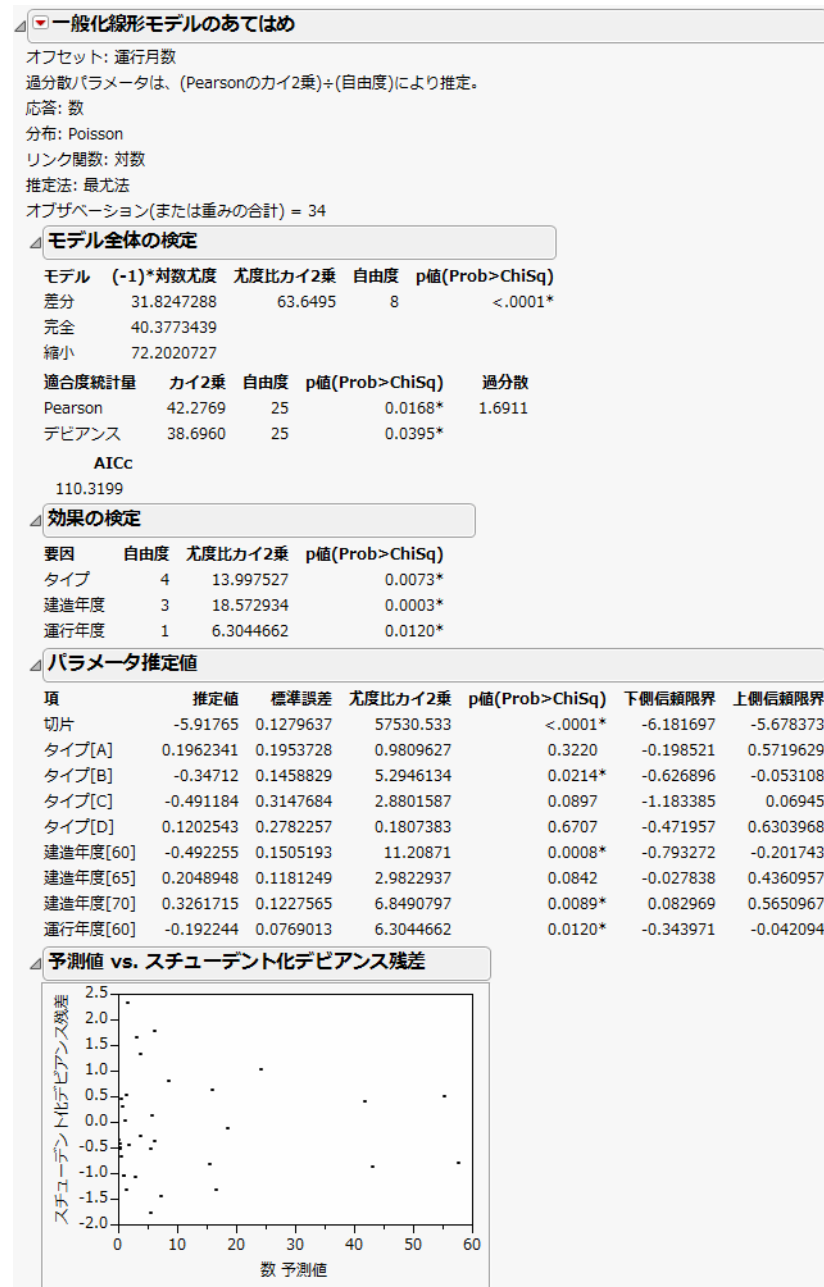
役割変数の選択
 Y: 数
 重み: オプション(数値)
 度数: オプション(数値)
 オフセット: 運行月数
 By: オプション

手法: 一般化線形モデル
 分布: Poisson
 リンク関数: 対数
☒ 過分散に基づく検定と信頼区間
☐ Firth/バイアス調整推定値
 ヘルプ 実行
 前回の設定 ☐ ダイアログを開いたままにする
 削除

モデル効果の構成
 追加: タイプ
 交差: 建造年度
 交互作用: 運行年度
 校分かれ
 マクロ: 2
 次数: 2
 属性: ☒
 変換: ☒
☐ 切片なし

[実行] をクリックすると、図 11.5 のようなレポートが作成されます。3つの効果（「タイプ」、「建造年度」、「運行年度」）がすべて有意であることがわかります。

図 11.5 「貨物船の損傷」レポート



「二変量の関係」を実行してみると、YとXの関係が非線形であり、分散がほぼ一定であることがわかります(図11.7)。そこで、正規分布と対数リンク関数を使ってモデルをあてはめることにします。式は、 $\log(\mu_i) = \mathbf{x}_i'\beta$ 、つまり、 $\mu_i = \exp(\mathbf{x}_i'\beta)$ です。「モデルのあてはめ」ダイアログボックスで図11.8のように指定します。

図 11.7 「Nor.jmp」 サンプルデータの二変量の関係

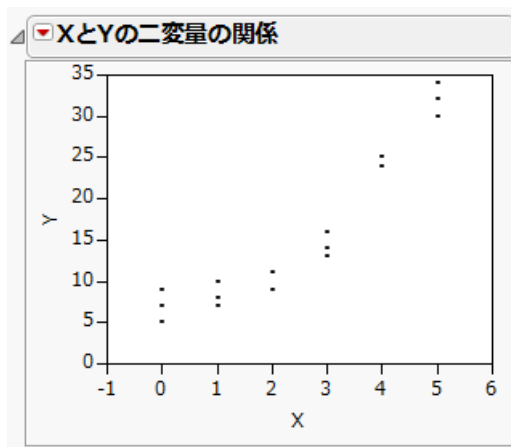


図 11.8 「Nor」の「モデルのあてはめ」ダイアログボックス

モデルの指定

列の選択: X, Y, 予測値Y

役割変数の選択: Y (Response Variable)

手法: 一般化線形モデル

分布: 正規

リンク関数: 対数

☒ 過分散に基づく検定と信頼区間

☐ Firth/バイアス調整推定値

ヘルプ 実行

前回の設定 ☐ ダイアログを開いたままにする

削除

モデル効果の構成

追加 X

交差

枝分かれ

マクロ

次数 2

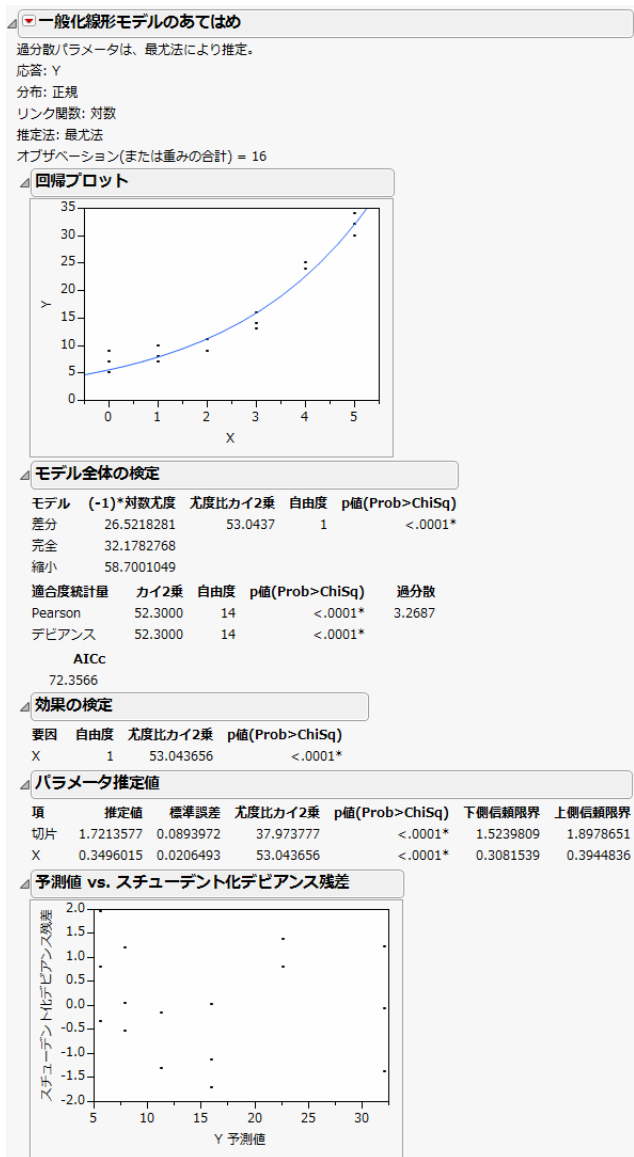
属性

変換

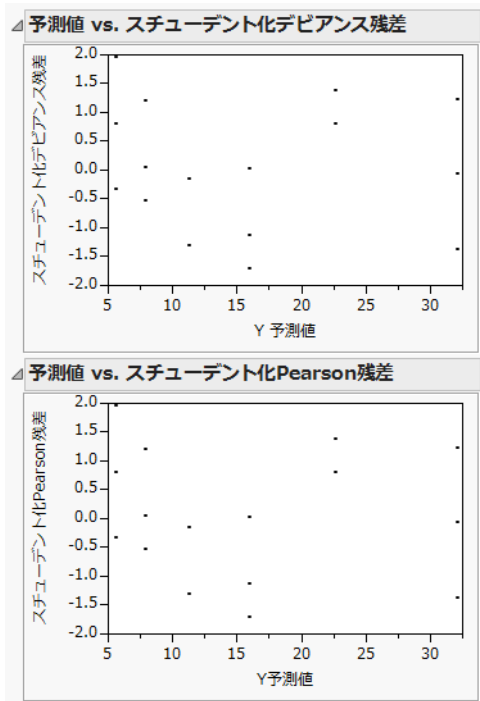
☐ 切片なし

「実行」をクリックすると、次のようなレポートが作成されます。

図 11.9 「Nor」のレポート



正規分布なので、「Pearson 残差」と「デビアン残差」が等しくなります。これを確かめるには、プラットフォームのドロップダウンメニューから「診断プロット」>「予測値 vs. スチューデント化 Pearson 残差」を選択します。



プラットフォームオプション

一般化線形モデルのレポートには、次のようなコマンドがあります。

【カスタム検定】では、ユーザ自身が定義した仮説を検定できます。カスタム検定の詳細については、「標準最小2乗のレポートとオプション」の章の「[カスタム検定](#)」（109ページ）を参照してください。

【対比】は、変数の水準間に見られる差を検証します。対比に共変量が含まれている場合は、対比を検定するときの共変量の値を指定できます。

「カニのサテライト」の例で、甲羅の色が濃いメスと薄いメスを比べたとき、サテライト数に違いがあるかどうかを調べるとしましょう。【対比】を選択すると、次のようなパネルが表示されます。

▲ 対比効果の選択

☒ 色

☐ 緑棘

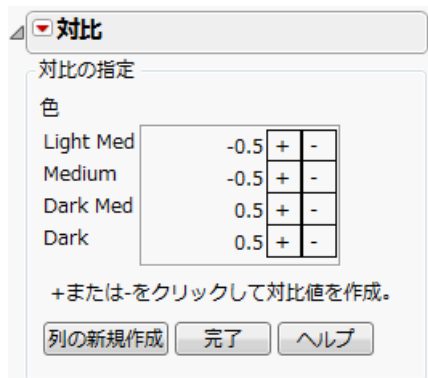
実行

比較の基準として「色」変数を選択します。【実行】をクリックすると、「対比の指定」パネルが表示されます。



Light Med	0	+	-
Medium	0	+	-
Dark Med	0	+	-
Dark	0	+	-

色の濃いカニと薄いカニを比較するため、「Dark」と「Dark Med」では [+] ボタン、「Medium」と「Light Med」では [-] ボタンをクリックします。



Light Med	-0.5	+	-
Medium	-0.5	+	-
Dark Med	0.5	+	-
Dark	0.5	+	-

[完了] をクリックすると、図のような「対比」レポートが表示されます。

対比	
検定の詳細	
水準	
色[Light Med]	-0.5
色[Medium]	-0.5
色[Dark Med]	0.5
色[Dark]	0.5
値	-0.389856982
標準誤差	0.1324623948
カイ2乗	8.6621445816
p値(Prob>ChiSq)	0.003248887
(-1)*対数尤度	.
(-1)*対数尤度	.
自由度	1
尤度比カイ2乗	8.6621445816
p値(Prob>ChiSq)	0.003248887
パラメータ関数	
負の対数尤度が欠測値になっているのは、最適化の計算が収束しなかったことを示します。このような場合に表示される結果は、尤度比検定ではなく、Wald検定統計量とp値です。	

「p 値(Prob>Chisq)」が0.05 より小さいことから、甲羅の色によってサテライトの数が違うと結論できます。

【逆推定】は、X 変数の値を予測するプロセスで、Y とその他の X の値を指定します。逆推定の対象は連続量の変数に限られます。逆推定については、「標準最小 2 乗のレポートとオプション」の章の「[逆推定](#)」(125 ページ)を参照してください。

【推定値の共分散】は、モデル効果すべての共分散行列を表示します。パラメータ推定量の共分散の推定値は、次の式で計算されます。

$$\Sigma = -H^{-1}$$

ここで **H** は、最終的に得られたパラメータ推定値に対するヘッセ行列（対数尤度関数をパラメータで 2 階偏微分した行列）です。なお、散らばりのパラメータ（過分散パラメータ）が推定された場合には、上記の式に掛け合わされます。Σ には、交絡したパラメータに該当する行と列は含まれません。

【推定値の相関】は、モデル効果すべての相関行列を表示します。この相関行列は、共分散行列を正規化したものです。つまり、Σ の要素を σ_{ij} とすると、それに対応する相関行列の要素は $\sigma_{ij}/\sigma_i\sigma_j$ と計算されます。この式において $\sigma_i = \sqrt{\sigma_{ii}}$ です。

【プロファイル】を選択すると、各 X 変数の予測トレースを検討するプロファイルが表示されます。プロファイルの詳細は、「標準最小 2 乗のレポートとオプション」の章の「[プロファイル](#)」(145 ページ)を参照してください。

[等高線プロファイル] を選択すると、対話的に利用できる等高線プロファイルが表示されます。詳細については、『プロファイル機能』を参照してください。

[曲面プロファイル] を選択すると、3次元の曲面プロファイルが表示されます。曲面プロットの詳細は、『プロファイル機能』を参照してください。

[診断プロット] のサブメニューは、残差、予測値、実測値を組み合わせたプロットを作成します。これらのプロットは、外れ値やモデルの妥当性を検討するためのものです。デビアンسについては、[「モデルの選択とデビアンス」](#) (398 ページ) に解説があります。プロットの種類は次のとおりです。

- 予測値 vs. スチューデント化デビアンス残差
- 予測値 vs. スチューデント化 Pearson 残差
- 予測値 vs. デビアンス残差
- 予測値 vs. Pearson 残差
- 予測値 vs. 実測値
- [回帰プロット] は、連続量の説明変数が1つで、カテゴリカルな説明変数が1つ以下である場合だけ使用できます。
- [線形予測子プロット] は、リンク関数の逆関数によって変換された応答をプロットしたものです。このプロットは、連続量の説明変数が1つで、カテゴリカルな説明変数が1つ以下である場合にだけ使用できます。

[列の保存] のサブメニューでは、残差などのいくつかの統計量が用意されています。そこで選択した統計量が、データテーブルに新しい列として保存されます。残差の数式は、表 11.4 に記載しています。

予測式	現在のモデルに基づく予測値の計算式が保存されます。
予測値	現在のモデルに基づく予測値が保存されます。
平均の信頼区間	予測値の 95% 信頼区間が保存されます。信頼区間は、パラメータ推定値の変動を考慮しています。
個別信頼限界の保存	個別の値に対する信頼区間が保存されます。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。
デビアンス残差	デビアンス残差が保存されます。
Pearson 残差	Pearson 残差が保存されます。
スチューデント化デビアンス残差	スチューデント化デビアンス残差が保存されます。
スチューデント化 Pearson 残差	スチューデント化 Pearson 残差が保存されます。

(JSL のみ) パラメトリック計算式	パラメータを含んだ計算式が保存されます。このコマンドは、次のように、スクリプトでのみ使用できます。 オブジェクト名 <<Parametric Formula(); 例については、[ヘルプ] メニューの [スクリプトの索引] を参照してください。

表11.4 残差計算式

残差の種類	計算式
デビアンس	$r_{Di} = \sqrt{d_i}(\text{sign}(y_i - \mu_i))$
スチューデント化デビアンス	$r_{Di} = \frac{\text{sign}(y_i - \mu_i) \sqrt{d_i}}{\sqrt{\phi(1 - h_i)}}$
Pearson	$r_{Pi} = \frac{(y_i - \mu_i)}{\sqrt{V(\mu_i)}}$
スチューデント化 Pearson	$r_{Pi} = \frac{y_i - \mu_i}{\sqrt{V(\mu_i)(1 - h_i)}}$

上の式で、 $(y_i - \mu_i)$ は生の残差です。 $\text{sign}(y_i - \mu_i)$ は、 $(y_i - \mu_i)$ が正の場合に 1、 $(y_i - \mu_i)$ が負の場合に -1 の値を取ります。 d_i は、デビアンス全体に対する i 番目の観測値の寄与です。 ϕ は過分散パラメータで、 $V(\mu_i)$ は分散関数です。 h_i は行列 $W_e^{(1/2)} X (X' W_e X)^{-1} X' W_e^{(1/2)}$ の第 i 対角要素です。ここで、 W_e は期待情報量行列の計算に使われる重みを表す行列です。残差と一般化線形モデルの詳細は、『SAS/STAT User's Guide』の「The GENMOD Procedure」を参照してください。

-
- Aitken, M. (1987) "Modelling Variance Heterogeneity in Normal Regression Using GLIM," *Applied Statistics* 36:3, 332–339.
- Akaike, H. (1974), "Factor Analysis and AIC," *Psychometrika*, 52, 317–332.
- Anderson, T. W. (1958) *An Introduction to Multivariate Statistical Analysis*. New York: John Wiley & Sons.
- Belsley, D.A., Kuh, E., and Welsch, R.E. (1980), *Regression Diagnostics*, New York: John Wiley and Sons.
- Box, G. E. P. (1954). "Some Theorems on Quadratic Forms Applied in the Study of Analysis of Variance Problems, II: Effects of Inequality of Variance and Correlation Between Errors in the Two-Way Classification". *Annals of Mathematical Statistics*, 1, 69–82.
- Box, G.E.P. and Cox, D.R. (1964), "An Analysis of Transformations," *JRSS B26*, 211–243.
- Box, G.E.P. and Meyer, R.D. (1986), "An analysis of Unreplicated Fractional Factorials," *Technometrics* 28, 11–18.
- Box, G.E.P. and Meyer, R. D. (1993), "Finding the Active Factors in Fractionated Screening Experiments.", *Journal of Quality Technology* Vol.25 #2: 94–105.
- Box, G.E.P., Hunter, W.G., and Hunter, J.S. (1978), *Statistics for Experimenters*, New York: John Wiley and Sons, Inc.
- Burnham and Anderson. (2004), *Model Selection And Multimodel Inference: A Practical Information Theoretic Approach*. Springer, New York.
- Burnham and Anderson (2004), *Multimodel Inference: Understanding AIC and BIC in Model Selection*, *Sociological Methods and Research*, 33: 261–304.
- Carroll, R.J. and Ruppert, D. (1988), *Transformation and Weighting in Regression*, New York: Chapman and Hall.
- Cobb, G.W. (1998), *Introduction to Design and Analysis of Experiments*, Springer-Verlag: New York.
- Cohen, J. (1977), *Statistical Power Analysis for the Behavioral Sciences*, Academic Press.
- Cole, J.W.L. and Grizzle, J.E. (1966), "Applications of Multivariate Analysis of Variance to Repeated Measures Experiments," *Biometrics*, 22, 810–828.
- Cook, R.D. and Weisberg, S. (1982), *Residuals and Influence in Regression*, New York: Chapman and Hall.
- Cook, R.D. and Weisberg, S. (1983), "Diagnostics for heteroscedasticity in regression" *Biometrika* 70, 1–10.

- Cornell, J.A. (1990), *Experiments with Mixtures*, Second Edition, New York: John Wiley and Sons.
- Cox, D.R. (1970), *The Analysis of Binary Data*, London: Methuen.
- Daniel, C. (1959), "Use of Half-normal Plots in Interpreting Factorial Two-level Experiments," *Technometrics*, 1, 311-314.
- Dunnnett, 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.
- Farebrother, R.W. (1981), "Mechanical Representations of the L1 and L2 Estimation Problems," *Statistical Data Analysis*, 2nd Edition, Amsterdam, North Holland: edited by Y. Dodge.
- Fieller, E.C. (1954), "Some Problems in Interval Estimation," *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 16, 175-185.
- Firth, D. (1993), "Bias Reduction of Maximum Likelihood Estimates," *Biometrika* 80:1, 27-38.
- Goodnight, J.H. (1978), "Tests of Hypotheses in Fixed Effects Linear Models," *SAS Technical Report R-101*, Cary: SAS Institute Inc, also in *Communications in Statistics* (1980), A9 167-180.
- Goodnight, J.H. and W.R. Harvey (1978), "Least Square Means in the Fixed Effect General Linear Model," *SAS Technical Report R-103*, Cary NC: SAS Institute Inc.
- Goos, P. and Jones, B. (2011), *Optimal Design of Experiments: A Case Study Approach*, John Wiley and Sons.
- Greenhouse, S. W. and Geisser, S. (1959). "On Methods in the Analysis of Profile Data." *Psychometrika*, 32, 95-112.
- Harrell, F. (1986), "The Logist Procedure," *SUGI Supplemental Library User's Guide*, Version 5 Edition, Cary, NC: SAS Institute Inc.
- Harvey, A.C. (1976), "Estimating Regression Models with Multiplicative Heteroscedasticity," *Econometrica* 44-3 461-465.
- 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.
- Heinze, G. and Schemper, M. (2002), "A Solution to the Problem of Separation in Logistic Regression," *Statistics in Medicine* 21:16, 2409-2419.
- Hocking, R.R. (1985), *The Analysis of Linear Models*, Monterey: Brooks-Cole.
- Hoenig, J. M. and Heisey, D.M. (2001), "The Abuse of Power: The Pervasive Fallacy of Power Calculations for Data Analysis," *American Statistician*, 55:1 pp. 19-24.
- Hoerl, A.E. (1962), "Application of Ridge Analysis to Regression Problems," *Chemical Engineering Progress*, 58, 54-59.
- Hoerl, A.E. and Kennard, R.W. (1970), "Ridge Regression: Applications to Nonorthogonal Problems," *Technometrics*, 12:1, 69-82.
- "Hot Dogs," (1986), *Consumer Reports* (June), 364-367.

- Hsu, J. C. (1996), *Multiple Comparisons: Theory and Methods*, CRC Press.
- Hsu, J. C. (1992), "The Factor Analytic Approach to Simultaneous Inference in the General Linear Model," *Journal of Computational and Graphical Statistics*, 1:2, 151-168.
- Huber, P.J. and Ronchetti, E.M. (2009), *Robust Statistics*, second edition, John Wiley and Sons.
- Huynh, H. and Feldt, L. S. (1970). "Conditions under which Mean Square Ratios in Repeated Measurements Designs have Exact F -Distributions." *Journal of the American Statistical Association*, 65, 1582-1589.
- Huynh, H. and Feldt, L. S. (1976). "Estimation of the Box Correction for Degrees of Freedom from Sample Data in the Randomized Block Split Plot Designs." *Journal of Educational Statistics*, 1, 69-82.
- John, P.W.M. (1971), *Statistical Design and Analysis of Experiments*, New York: Macmillan Publishing Company, Inc.
- Kackar, R.N. and Harville, D.A. (1984), Approximations for standard errors of estimators of fixed and random effects in mixed linear models, *Journal of the American Statistical Association*, 79, 853-862.
- Kenward, M.G. and Roger, J.H. (1997). Small sample inference for fixed effects from restricted maximum likelihood. *Biometrics*, 53, 983-997.
- Kramer, C.Y. (1956), "Extension of multiple range tests to group means with unequal numbers of replications," *Biometrics*, 12, 309-310.
- Lenth, R.V. (1989), "Quick and Easy Analysis of Unreplicated Fractional Factorials," *Technometrics*, 31, 469-473.
- Mallows, C.L. (1973), "Some Comments on C_p ," *Technometrics*, 15, 661-675.
- Mardia, K.V., Kent, J.T., and Bibby J.M. (1979). *Multivariate Analysis*, New York: Academic Press.
- McCullagh, P. and Nelder, J.A. (1983), *Generalized Linear Models*, London: Chapman and Hall Ltd.
- McCulloch, C.E., Searle, S.R., and Neuhaus, J.M. (2008), *Generalized, Linear, and Mixed Models*, New York: John Wiley and Sons.
- Miller, A.J. (1990), *Subset Selection in Regression*, New York: Chapman and Hall.
- Montgomery, D. C. (1991), "Using Fractional Factorial Designs for Robust Process Development," *Quality Engineering*, 3, 193-205.
- Muller, K.E. and Barton, C.N. (1989), "Approximate Power for Repeated-measures ANOVA Lacking Sphericity," *Journal of the American Statistical Association*, 84, 549-555.
- Myers, R. H. and Montgomery, D. C. (1995), *Response Surface Methodology*, New York: John Wiley and Sons.
- Nelder, J.A. and Wedderburn, R.W.M. (1983), "Generalized Linear Models," *Journal of the Royal Statistical Society, Series A*, 135, 370-384.
- Nelson, F. (1976), "On a General Computer Algorithm for the Analysis of Model with Limited Dependent Variables," *Annals of Economic and Social Measurement*, 5/4.
- SAS Institute Inc. (2013), *SAS/STAT® 12.3 User's Guide*, Cary, NC: SAS Institute Inc.

- 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*, SIAM.
- Patterson, H. D. and Thompson, R. (1974). Maximum likelihood estimation of components of variance. *Proc. Eighth International Biochem. Conf.*, 197–209.
- Poduri, S.R.S. Rao (1997), *Variance Components: Mixed Models, Methodologies and Applications (Monographs on Statistics and Applied Probability)*, New York, Chapman & Hall.
- Portnoy, Stephen (1971), “Formal Bayes Estimation with Application to a Random Effects Model”, *The Annals of Mathematical Statistics*, Vol. 42, No. 4, pp. 1379–1402.
- Rawlings, J.O. (1988), *Applied Regression Analysis: A Research Tool*, Pacific Grove CA: Wadsworth and Books/Cole.
- Rodriguez, R.N. (1990), “Selected SAS/QC Software Examples, Release 6.06,” SAS Institute Inc., Cary, NC.
- Ruppert, Wand, and Carroll (2003), *Semiparametric Regression*, Cambridge, United Kingdom: Cambridge University Press.
- Sall, J.P. (1990), “Leverage Plots for General Linear Hypotheses,” *American Statistician*, 44, (4), 308–315.
- SAS Institute Inc. (1987), *SAS/STAT Guide for Personal Computers*, Version 6 Edition, Cary NC: SAS Institute Inc.
- SAS Institute Inc. (2008), *SAS/STAT 9.2 User’s Guide*, Cary, NC. SAS Institute Inc. (2011), *SAS/STAT 9.2 User’s Guide*, Cary, NC.
- Satterthwaite, F.E., (1946), “An Approximate Distribution of Estimates of Variance Components,” *Biometrics Bulletin*, 2, 110–114.
- Scheffé, H. (1958) “Experiments with Mixtures”, *Journal of the Royal Statistical Society B* v20, 344–360.
- Schuurmann, D. J. (1987), “A Comparison of the Two One-sided Tests Procedure and the Power Approach for Assessing the Equivalence of Average Bioavailability,” *J. Pharmacokin. Biopharm.*, 15, 657–680.
- Searle, S. R, Casella, G. and McCulloch, C. E. (1992) *Variance Components*. New York: John Wiley and Sons.
- Seber, G.A.F. (1984), *Multivariate Observations*, New York: John Wiley and Sons, 413–416.
- Snedecor, G.W. and Cochran, W.G. (1967), *Statistical Methods*, Ames, Iowa: Iowa State University Press.
- Stone, C. and Koo, C.Y. (1986), “Additive Splines in Statistics,” *Proceedings of the Statistical Computing Section*, 45–48, Amer. Statist. Assoc., Washington, DC.
- Taguchi, G. (1976), “An Introduction to Quality Control,” Nagoya, Japan: Central Japan Quality Control Association.
- Tibshirani, R. (1996), “Regression Shrinkage and Selection via the Lasso,” *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 58:1, 267–288.

- Tukey, J. (1953), "A problem of multiple comparisons," Dittoed manuscript of 396 pages, Princeton University.
- Tukey, J. (1991), "The Philosophy of Multiple Comparisons," *Statistical Science*, 6, 100–116.
- Walker, S.H. and Duncan, D.B. (1967), "Estimation of the Probability of an Event as a Function of Several Independent Variables," *Biometrika* 54.
- Westfall, P. H., Tobias, R. D., Wolfinger, R. D. (2011), *Multiple Comparisons and Multiple Tests Using SAS®*, Second Edition, SAS Press.
- Wolfinger, R., Tobias, R., and Sall, J. (1994). Computing Gaussian likelihoods and their derivatives for general linear mixed models. *SIAM J. Sci. Comput.* 15, 6 (Nov. 1994), 1294-1310.
- Wright, S.P. and R.G. O'Brien (1988), "Power Analysis in an Enhanced GLM Procedure: What it Might Look Like," *SUGI 1988, Proceedings of the Thirteenth Annual Conference*, 1097–1102, Cary NC: SAS Institute Inc.
- Zou, H. and Hastie, T. (2005), "Regularization and Variable Selection via the Elastic Net," *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 67:2, 301-320.

付録 B

統計的詳細

基本的な回帰モデル

この付録では、いろいろな種類の応答に対するモデルについて説明します。また、モデルの因子に対するコード変換（コード化）およびパラメータ化の方法について説明します。ほかにも、いくつかの分析方法について、さらに詳しく解説します。

JMPシステムでは、連続、順序、名義の3種類の応答モデルに線形モデルがあてはめられます。因子の取り扱い方は、応答変数の尺度がどのようなものであっても同じですが、いくつかのグラフは連続尺度の応答変数だけにあって、順序尺度と名義尺度の応答変数にはありません。

効果をあてはめ、仮説検定を組み立てるためには、各因子をコード変換し、パラメータ化する必要がありますが、その方法はソフトウェアによって異なります。JMPでは、SASシステムのGLMプロシジャとは違うコード変換を採用していますが、ほとんどの場合、結果はどちらの方法でも同じになります。以下の節では、JMPでのコード変換を詳しく紹介し、業界標準として認められているSASのGLMプロシジャと異なる点を、特に丁寧に説明します。

目次

応答モデル	421
連続尺度の応答	421
名義尺度の応答	421
順序尺度の応答	423
因子モデル	424
連続尺度の因子	424
名義尺度の因子	425
順序尺度の因子	434
通常の仮定	440
想定されているモデル	440
相対的な有意度	440
多重性の問題	441
妥当性の評価	441
その他の手法	441
鍵となる統計的概念	442
不確定性という統合概念	442
2つの基本的なあてはめメカニズム	443
検出力の計算	445
LSN の計算	446
LSV の計算	446
検出力の計算	447
調整済み検出力の計算	448
逆推定の信頼限界	449

応答モデル

JMP では、連続、名義、順序の3種類の応答変数に線形モデルがあてはめられます。JMP に用意されているモデルと手法は、広く普及している実用的なものばかりで、統計ソフトの一般的なニーズを満たしています。他の統計ソフトと同じく、JMP を使うときも、モデルでどんな条件が仮定されるか、そして仮定が満たされていないときにどのような結果になるかを知っておくことが大切です。詳細については、この章の「[通常の仮定](#)」(440 ページ) の節を参照してください。

連続尺度の応答

応答（役割が Y）の列が連続尺度である場合、値は直接あてはめられます。各観測値に対して、モデルは次の式で表されます。

$$Y = (X \text{ とパラメータの関数}) + \text{誤差}$$

統計的検定は、モデル内の誤差項が正規分布に従うという仮定に基づいています。

応答が連続尺度のときの推定方法

応答が連続尺度の場合には、「モデルのあてはめ」では**最小2乗法**によって、モデルが推定されます。最小2乗法では、モデル内のパラメータを推定するときに、誤差の平方和が最小になるような推定値が計算されます。あてはめたモデルの誤差は**残差**と呼び、各実測値と、それをモデルで予測した値の差を指します。

誤差が正規分布に従う場合、最小2乗法は最尤法による推定と等しくなり、残差の尤度が最も高くなるようなモデルが推定されます。正規分布を仮定したときの対数尤度は、残差の平方和から計算されます。

連続尺度の応答の基本モデル

応答が連続尺度の場合、最も基本となるモデルは、1つの定数によって応答のすべての値を予測するモデルです。このモデルの予測値は、**平均**となります。ここでいう平均とは、応答の値の算術平均を指します。すべてのモデルは、この基本モデルと比較されます。

名義尺度の応答

名義尺度の応答は、ロジットモデルの拡張として分析されます。応答がバイナリ（2水準）の場合、応答のロジットモデルは次のようになります。

$$\log\left(\frac{P(y=1)}{P(y=2)}\right) = X\beta$$

これは、次のように書き換えられます。

$$P(y=1) = F(X\beta)$$

ここで、 $F(x)$ は次の標準ロジスティック分布の累積分布関数です。

$$F(x) = \frac{1}{1 + e^{-x}} = \frac{e^x}{1 + e^x}$$

応答の水準数を r とした場合、 r 個の応答水準のいずれかに応答がなる確率が使われます。確率の推定値はすべて正です。X がどのような値でも、応答水準すべてにわたって確率の推定値を合計すると 1 になります。確率の予測に使われる関数は、線形モデルとロジスティック関数を組み合わせたものです。これは、ロジット（確率の比の対数）を取ると線形モデルになることから、**ロジットモデル**ともいいます。JMP では、それぞれの水準が生じる確率と、 r 番目の確率（最後の水準が生じる確率）からロジットを計算し、 $r-1$ 個のロジットに対してモデルを別々にあてはめます。

$$\log\left(\frac{P(y=j)}{P(y=r)}\right) = X\beta_{(j)} \quad \text{この式で } j = 1, \dots, r-1$$

応答が名義尺度のときの推定方法

応答が名義尺度の場合には、**最尤法**と呼ばれる原理が使用されます。最尤法では、データ値によって与えられた応答すべての結合確率が、モデルで得られる最大値になるよう、パラメータが推定されます。扱いやすさを考えて、結合確率（尤度）そのものではなく、尤度の対数の符号を逆にし、合計したものがレポートされます。

不確定性（符号を逆にした対数尤度）は、得られたデータが生じる確率をモデルに基づき計算し、その対数を取って符号を逆にし、合計したものです。これは H と呼ばれるのが普通で、標本サイズを n とすると次のように表されます。

$$H = \sum_{i=1}^n -\log(P(y = y_i))$$

モデルのあてはめが完全なら、モデルに基づき計算される、データが生じる確率は 1 になるので、符号を逆にした対数の合計は 0 になります。

名義モデルをあてはめる際、特に応答の水準がたくさんあると、かなりの時間とメモリが必要になります。JMP では、進行状況を示す**反復の履歴**が作成されます。反復履歴を見ると、「(-1) * 対数尤度」の値が徐々に小さくなり、収束することがわかります。

名義尺度の応答の基本モデル

応答が名義尺度の場合、最も基本となるモデルは、「各応答水準が生じる確率が、データ全体において一定であるモデル」です。この基本モデルでは、Y が応答水準 j である確率が、標本のすべての度数 n で、各応答水準の度数 n_j を割ったものとして推定されます。

$$p_j = \frac{n_j}{n}$$

すべてのモデルは、この基本モデルと比較されます。名義尺度の応答に対する基本モデルは、連続尺度の応答に対するモデルにとっての標本平均と同じ役割を果たします。

R^2 統計量は、不確定性のうちモデルで説明されている部分を表し、次の式で計算されます。

$$1 - \frac{H(\text{完全モデル})}{H(\text{基本モデル})}$$

ただし、実際にカテゴリカルな応答のモデルで R^2 の値が 1 に近くなることはほとんどありません。

順序尺度の応答

応答 (Y) が順序尺度の場合も、名義尺度のときと同じく、 r 個の応答水準のいずれかに応答になる確率が使われます。

順序尺度のデータには、連続尺度のデータのように順序がありますが、分析において考慮されるのは順序だけで、並んでいる水準の間隔や距離は考慮されません。応答が数値であるときに、値と値の間隔を考慮しない場合には、応答の列に順序尺度を割り当てます。「低い」、「中間」、「高い」など何らかの自然な順序に水準がなっている分類変数も、順序尺度と考えられます。

順序尺度の応答は、複数の平行なロジスティック曲線を累積確率にあてはめることにより、モデル化されます。どのロジスティック曲線も、傾きのパラメータは等しいですが、切片のパラメータは異なります。

$$P(y \leq j) = F(\alpha_j + X\beta) \text{ この式で } j = 1, \dots, r-1$$

ここで、 r は応答の水準数、 $F(x)$ は次のような標準ロジスティック累積分布関数です。

$$F(x) = \frac{1}{1 + e^{-x}} = \frac{e^x}{1 + e^x}$$

これを別の式で表現するには、連続量の潜在変数である z を使います。 z の値によって、応答の値が次のように決まるとします。

$$y = \begin{cases} r & \alpha_{r-1} \leq z \\ j & \alpha_{j-1} \leq z < \alpha_j \\ 1 & z \leq \alpha_1 \end{cases}$$

z は、線形モデルと誤差の関数により決定される潜在変数で、次のように表されます。

$$z = X\beta + \varepsilon$$

ε は、ロジスティック分布に従います。

このモデルは、順序尺度がもつ特性が考慮されております。名義モデルよりパラメータがずっと少なくなります。また、最尤推定のための反復計算も速く済みます。

順序モデルを理解するためのもう 1 つの（数学的には等価な）方法は、名義尺度のモデルで、オッズ比の代わりに累積確率をモデル化したと考えることです。最後の水準以外のすべての水準に関数をあてはめるのではなく、関数を 1 つだけあてはめ、それをスライドさせて応答の各累積確率にあてはめます。

応答が順序尺度のときの推定方法

順序尺度の応答に対するモデルでは、名義尺度の応答と同じく、最尤法によるあてはめが行われます。最尤法では、データ値によって与えられた応答すべての結合確率が、モデルで得られる最大値になるよう、パラメータが推定されます。名義尺度の応答に対するあてはめに比べると、反復計算が速く、メモリの消費も少なくて済みます。

基本モデル

順序尺度の応答の基本モデルは、名義尺度と同じく、「各応答水準が生じる確率が、データ全体において一定であるモデル」です。

因子モデル

因子に注目してモデルを見た場合、 X 変数（因子）をどのようにモデル化して期待値または期待確率を予測するかが問題になります。

因子は、 X 値と推定されるパラメータの線形結合として予測式に含められます。連続尺度の応答に対するモデルの場合、 i を各観測値に対する通し番号、 j をパラメータに対する通し番号とすると、応答に対するモデルは、次のようになります。

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 x_{1i} + \dots + \beta_k x_{ki} + \varepsilon_i \text{ この式で、}$$

y_i は応答

x_{ij} はデータの関数

ε_i は実際には観測されないランダム誤差

β_j は推定される未知のパラメータ

線形モデルにおける X を因子から構成する方法は、因子の尺度によって違います。線形モデルの X は、交互作用や枝分かかれ効果のような複雑な効果でもかまいません。複雑な効果についての詳細は、後述します。

連続尺度の因子

連続尺度の因子は、計画行列に説明変数として直接挿入されます。ある列が他の列と線形従属性があるとき、その列のパラメータは**ゼロ**または**推定不可能**とされます。他の因子と交差している連続尺度の因子（交互作用や多項式の項）は、平均で中心化されます。ただし、因子の列の属性が「**配合**」または「**コード変換**」になっている場合や、モデルを指定するときに多項式を中心化するオプションをオフにした場合は、中心化されません。列の属性が「コード変換」の場合、因子はそこで指定されている方法でコード変換されてからあてはめられます。

名義尺度の因子

名義尺度の因子は、計画行列においてインジケータ列（指示変数の列）に変換されます。SAS システムの GLM プロシジャでは、すべての水準に、1つのインジケータ列が作成されます。一方、JMP では、最後の水準を除くすべての水準に、1つのインジケータ列が作成されます。JMP では、最後の水準は、すべてのインジケータ列が -1 になっています。たとえば、名義尺度の因子である A に 3つの水準があった場合、GLM と JMP では、それぞれ次のようにコード変換されます。

表 B.1 名義尺度の因子 A

A	GLM			JMP	
	A1	A2	A3	A13	A23
A1	1	0	0	1	0
A2	0	1	0	0	1
A3	0	0	1	-1	-1

GLM の線形モデルでは、計画行列の列の間に線形従属性があり、最小 2 乗法の解は一般逆行列を用います。この時、A3 に対するパラメータがゼロになるような解が選択されます。

JMP における線形モデルの計画行列は、欠測セルや偶然による共線性がない限り、フルランクになります。最後の水準における効果パラメータは、それ以外の水準におけるパラメータを合計してマイナスをつけると計算することができ、すべての水準にわたってパラメータを合計するとゼロになります。

パラメータの解釈

注：JMP において、名義水準に対するパラメータは、その水準における応答の予測値と、全水準における応答の予測値を平均したものとの差であると解釈できます。

JMP において、各水準に対する計画列は、その水準の 0 / 1 インジケータから最後の水準のインジケータを引いて作成されます。パラメータが上記のように解釈されるのは、このコード変換のためです。

表 B.2 パラメータの解釈

JMP パラメータレポート	解釈	計画列のコード変換
切片	全水準の平均	1'
A[1]	$\alpha_1 - 1/3(\alpha_1 + \alpha_2 + \alpha_3)$	(A==1) - (A==3)
A[2]	$\alpha_2 - 1/3(\alpha_1 + \alpha_2 + \alpha_3)$	(A==2) - (A==3)

交互作用と交差効果

GLMとJMPのどちらでも、交互作用の効果は、交差している因子の計画列に属する行すべてにわたって直積を取ったものです。たとえば、GLMコード

```
    ieller'  
    ;  
    CLASS A B;  
    MODEL A B A*B;
```

からは、次の計画行列が作成されます。

表B.3 計画行列

		A			B			AB								
A	B	1	4	3	1	4	3	11	12	13	21	22	23	31	32	33
A1	B1	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
A1	B2	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
A1	B3	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0
A2	B1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
A2	B2	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
A2	B3	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0
A3	B1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
A3	B2	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
A3	B3	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1

JMPの【モデルのあてはめ】コマンドで列Aと列Bの因子モデルを作成すると、次のような計画行列が作成されます。この行列のA13は、前出の行列のA1-A3に該当しますが、A13B13はこの行列内のA13にB13を掛けただけのものです。

表B.4 現在の行列

		A		B					
A	B	13	23	13	23	A13 B13	A13 B23	A23 B13	A23 B23
A1	B1	1	0	1	0	1	0	0	0
A1	B2	1	0	0	1	0	1	0	0
A1	B3	1	0	-1	-1	-1	-1	0	0
A2	B1	0	1	1	0	0	0	1	0
A2	B2	0	1	0	1	0	0	0	1

表 B.4 現在の行列（続き）

A2	B3	0	1	-1	-1	0	0	-1	-1
A3	B1	-1	-1	1	0	-1	0	-1	0
A3	B2	-1	-1	0	1	0	-1	0	-1
A3	B3	-1	-1	-1	-1	1	1	1	1

JMP ではこのようなコード変換が行われるため、交互作用がより少ない水準になっており、必要なメモリが少なく、計算時間も短くなります。

このモデルにおいて、セルの期待値をパラメータで表すと、次のようになります。

表 B.5 3×3 の交互作用モデル

	B1	B2	B3
A1	$\mu + \alpha_1 + \beta_1 + \alpha\beta_{11}$	$\mu + \alpha_1 + \beta_2 + \alpha\beta_{12}$	$\mu + \alpha_1 - \beta_1 - \beta_2 - \alpha\beta_{11} - \alpha\beta_{12}$
A2	$\mu + \alpha_2 + \beta_1 + \alpha\beta_{21}$	$\mu + \alpha_2 + \beta_2 + \alpha\beta_{22}$	$\mu + \alpha_2 - \beta_1 - \beta_2 - \alpha\beta_{21} - \alpha\beta_{22}$
A3	$\mu - \alpha_1 - \alpha_2 + \beta_1 - \alpha\beta_{11} - \alpha\beta_{21}$	$\mu - \alpha_1 - \alpha_2 + \beta_2 - \alpha\beta_{12} - \alpha\beta_{22}$	$\mu - \alpha_1 - \alpha_2 - \beta_1 - \beta_2 + \alpha\beta_{11} + \alpha\beta_{12} + \alpha\beta_{21} + \alpha\beta_{22}$

枝分かれ効果

GLM では、枝分かれ効果に対しても、交互作用効果と同じコード変換が使われています。枝分かれ効果の検定は、モデルに含めなかった効果を考慮して導出されます。GLM では、枝分かれ効果は、モデルに含まれていない効果を内在しています。

JMP では、枝分かれ効果が GLM とは異なる方法でコード変換されます。JMP では、括弧内の要素が、各グループのグループ化要素として使用されます。括弧内に指定された効果の水準ごとに、括弧外に指定された効果の水準の列が計画行列に作成されます。括弧外に指定された効果の全水準が、括弧内に指定された各水準においてすべて存在している必要はなく、いくつかの水準は抜けていてもかまいません。各水準ごとに考慮されて、計画行列の列は作成されます。

表 B.6 枝分かれ効果

		B(A)							
A	B	A13	A23	A1	A1	A2	A2	A3	A3
				B13	B23	B13	B23	B13	B23
A1	B1	1	0	1	0	0	0	0	0
A1	B2	1	0	0	1	0	0	0	0

表 B.6 (続き) 枝分かれ効果

A1	B3	1	0	-1	-1	0	0	0	0
A2	B1	0	1	0	0	1	0	0	0
A2	B2	0	1	0	0	0	1	0	0
A2	B3	0	1	0	0	-1	-1	0	0
A3	B1	-1	-1	0	0	0	0	1	0
A3	B2	-1	-1	0	0	0	0	0	1
A3	B3	-1	-1	0	0	0	0	-1	-1

名義尺度因子の最小2乗平均

最小2乗平均は、他のすべての因子を何らかの中立な値に固定した状態で、水準の特定の組み合わせに対して予測した値です。連続尺度の説明変数に対しては、標本平均が中立な値として使用されます。名義尺度の因子に対しては、全水準にわたる平均が中立な値として使用されますが、これはJMPのコード変換では常にゼロです。順序尺度の因子には、別の中立な値が使用されます（「[順序尺度の最小2乗平均](#)」(437ページ)）。最小2乗平均は推定できないことがあり、その場合は、推定不可能とマークされます。JMPとGLMの最小2乗平均は、重みがあるときを除き、常に一致します（Goodnight and Harvey 1978）。重みがあるときの中立値は、JMPでは加重平均、GLMでは非加重平均です。

有効仮説検定

一般にJMPの仮説検定は、SASのプロシジャ GLM（タイプIIIとIVの仮説）を始めとする、信頼性の高い多くのプログラムと一致します。この節と次の節で、一致しない点について説明します。

SASのGLMプロシジャでは、タイプIIIとIVの仮説検定を作成する際、推定可能な関数の一般式を検討し、分析対象である効果、およびそれらの効果に含まれる効果だけに関連する関数が見つけ出されます（Goodnight 1978）。

JMPの検定も同じですが、パラメータ化の方法が異なるため、ある効果を検定するとき、（とりあえずフルランクと仮定して）その効果のパラメータすべてをまとめて検定します。主効果の検定には、交互作用パラメータは含まれません。なぜなら、JMPのコード変換においては、交互作用パラメータは、その主効果と無関係になっているからです。

欠損セルなどの特異性があると、JMPとGLMの検定が違ってきます。これは、いくつかの観点から説明できます。

- JMPの検定は、少なくとも主効果について言えば、最小2乗平均が互いに異なることを検定するのと同じです。いくつかの最小2乗平均が推定できないときは、検定に含まれない比較が出てくるので、自由度が足りなくなります。交互作用の検定では、交互作用から計算される最小2乗平均の値が、該当する効果によって表される周辺パターンと異なるかどうかです。

- JMPでは、効果を検定するために、その効果を入れたモデルと、その効果を除いたモデルのSSEが比較されます（少なくとも、枝分かれ効果がない場合。枝分かれ効果があると、論理が多少複雑になります）。この方法で効果が検定できるように、パラメータ化が行われます。
- JMPでは、Hocking（1985, p.80～89, p.163～166）によって説明された**有効仮説検定**を行っています（ただし、セル平均のパラメータ化ではなく構造パラメータ化を採用）。有効仮説検定は、その効果に望ましい仮説から始まり、検定の「できるだけ多く」の部分を含めていきます。もちろん、効果に欠損セルがある場合は、仮説全体を推定することができないので、一部を除外しなければなりません。有効仮説検定では、仮説全体のうち、除外する部分ができるだけ少なく抑えられます。
- 欠損セルがあると、JMPとGLM（および他のプログラム）の仮説検定が異なることがあります、どちらにしても重要な検定ではありません。交互作用が有意であれば、それに含まれる主効果を検定する必要はなくなります。交互作用が有意でないなら、その交互作用はモデルから除外できます。検定の中には、一意でないものもあります。欠損セルのある計画で、水準のラベルを変更すると、GLMのタイプIV検定が変化することがあります。

このトピックについて、次の節でさらに詳しく解説します。

名義尺度の効果における特異性と欠損セル

計画列の間に線形従属性が見られるケースについて考えてみましょう。線形従属性は、JMPのコード変換では、推定に必要なセルに対するデータがないとき、または効果に何らかの交絡または共線性があるときにしか生じません。

線形従属性がある場合、最小2乗法によるパラメータの解は一意でなくなり、一部の仮説が検定不可能になります。JMPでは、パラメータの計画列がモデル内にある前の効果に線形に従属しているとわかったとき、パラメータ推定値はゼロに設定されます。この場合、レポートには、どのパラメータ推定値がゼロに設定されて、どのパラメータ推定値が推定可能かが表示されます。さらに、線形従属性について**特異性**レポートが作成されます。

特異性が見られる場合は、JMPとGLMの仮説検定が異なることがあります。JMPの検定では周辺性の基準が高く設定されているため、一般に、GLMよりも自由度が少なくなります。つまり、JMPの検定では、常にその効果の最小2乗平均ごとの比較が行われますが、GLMの場合は必ずしもそうではありません。

たとえば、交互作用がある2元モデルにおいて、1つの欠損セルがある場合を考えてみます。Aには3水準、Bには2水準があり、A3B2が欠損セルです。

表B.7 交互作用がある2元モデル

A B	A1	A2	B1	A1B1	A2B1
A1 B1	1	0	1	1	0
A2 B1	0	1	1	0	1
A3 B1	-1	-1	1	-1	-1
A1 B2	1	0	-1	-1	0
A2 B2	0	1	-1	0	-1

表 B.7 交互作用がある2元モデル（続き）

A B	A1	A2	B1	A1B1	A2B1	
A3 B2	-1	-1	-1	1	1	欠損

各セルの期待値は次のとおりです。

表 B.8 期待値

	B1	B2
A1	$\mu + \alpha_1 + \beta_1 + \alpha\beta_{11}$	$\mu + \alpha_1 - \beta_1 - \alpha\beta_{11}$
A2	$\mu + \alpha_2 + \beta_1 + \alpha\beta_{21}$	$\mu + \alpha_2 - \beta_1 - \alpha\beta_{21}$
A3	$\mu - \alpha_1 - \alpha_2 + \beta_1 - \alpha\beta_{11} - \alpha\beta_{21}$	$\mu - \alpha_1 - \alpha_2 - \beta_1 + \alpha\beta_{11} + \alpha\beta_{21}$

データのあるセルはすべて期待値が推定可能で、欠損セルの期待値は推定不可能であることは明白です。実際、この例において、欠損セルの期待値は、次のような計画列の線形結合になっています（この情報は、特異性レポートに表示されます）。

$$\mu - \alpha_1 - \alpha_2 - \beta_1 + \alpha\beta_{11} + \alpha\beta_{21}$$

B1 と B2 の最小2乗平均を比較する検定を作成するとしましょう。この例では、上記の表の行平均が最小2乗平均になります。

$$\begin{aligned}\text{LSM}(\text{B1}) &= (1/3)(\mu + \alpha_1 + \beta_1 + \alpha\beta_{11} + \\ &\quad \mu + \alpha_2 + \beta_1 + \alpha\beta_{21} + \\ &\quad \mu - \alpha_1 - \alpha_2 + \beta_1 - \alpha\beta_{11} - \alpha\beta_{21}) \\ &= \mu + \beta_1\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\text{LSM}(\text{B2}) &= (1/3)(\mu + \alpha_1 - \beta_1 - \alpha\beta_{11} + \\ &\quad \mu + \alpha_2 - \beta_1 - \alpha\beta_{21} + \\ &\quad \mu - \alpha_1 - \alpha_2 - \beta_1 + \alpha\beta_{11} + \alpha\beta_{21}) \\ &= \mu - \beta_1\end{aligned}$$

$$\text{LSM}(\text{B1}) - \text{LSM}(\text{B2}) = 2\beta_1$$

これを見ると、 β_1 パラメータに対する検定は、最小2乗平均が等しいことを検定するのと同じであることがわかります。ただし、 β_1 は推定できないため検定ができず、検定に対する自由度はありません。

今度は、A の水準ごとの最小2乗平均に対する検定を作成します。

$$\begin{aligned}\text{LSM}(\text{A1}) &= (1/2)(\mu + \alpha_1 + \beta_1 + \alpha\beta_{11} + \mu + \alpha_1 - \beta_1 - \alpha\beta_{11}) \\ &= \mu + \alpha_1\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\text{LSM}(A2) &= (1/2)(\mu + \alpha_2 + \beta_1 + \alpha\beta_{21} + \mu + \alpha_2 - \beta_1 - \alpha\beta_{21}) \\ &= \mu + \alpha_2\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\text{LSM}(A3) &= (1/2)(\mu - \alpha_1 - \alpha_2 + \beta_1 - \alpha\beta_{11} - \alpha\beta_{21} + \\ &\quad \mu - \alpha_1 - \alpha_2 - \beta_1 + \alpha\beta_{11} + \alpha\beta_{21}) \\ &= \mu - \alpha_1 - \alpha_2\end{aligned}$$

$$\text{LSM}(A1) - \text{LSM}(A3) = 2\alpha_1 + \alpha_2$$

$$\text{LSM}(A2) - \text{LSM}(A3) = 2\alpha_2 + \alpha_1$$

これらの2つは推定不可能であることがわかりますが、もう1つの、欠損セルがないAの2列を比較した値は推定可能です。

$$\text{LSM}(A1) - \text{LSM}(A2) = \alpha_1 - \alpha_2$$

効果にはパラメータが2つありますが、JMPでこの組み合わせを検定するときは、自由度が1つの検定が使用されます。

推定が可能かどうかは、特異性を示す線形結合との内積を取り、それがゼロであることを調べればわかります。

表B.9 確認

パラメータ	特異性を示す 線形結合	検定対象の 線形結合
m	1	0
a ₁	-1	1
a ₂	-1	-1
b ₁	-1	0
ab ₁₁	1	0
ab ₂₁	1	0

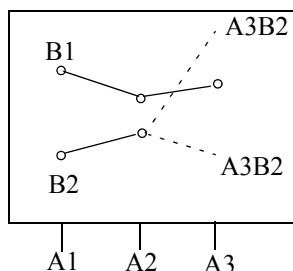
交互作用があるモデルにおいて、欠損セルが存在すると、主効果の自由度が少なくなります（名義尺度因子の場合）。言い換えると、最小2乗平均が推定できないと、主効果の検定における自由度が減少します。

それでは、GLMではどうでしょうか。欠損セルがない場合は、GLMとJMPの検定は同じです。欠損セルがない場合は、両方とも、最小2乗平均に対する有効仮説検定になっています。ただし、特異性があると、GLMでは、これらのセルがタイプIIIまたはIVのどちらかによって異なる方法で除外されます。タイプIVでは、見つけられる推定可能な線形結合が検索されます。これらの検定は必ずしも一意ではなく、水準の順序を変えると異なる結果が出る可能性があります。タイプIIIでは、一意の検定にするため、推定可能な関数が正規直交化されます。ただし、この検定は、セル平均の解釈にはあまり役立たないことがあります。

JMPの方法は、GLMより自由度が少なくなることが最初は欠点のように思われるかも知れませんが、次のような長所があります。

1. JMPの検定は、本質的に最小2乗平均と関連しています。
2. 再パラメータ化されたモデルでの差分平方和を使用するため、検定の計算が簡単です。
3. 検定は、Hockingの「有効仮説検定」と一致します。
4. 検定は**完全な周辺検定**なので、交互作用内において比較できる効果がすべて検討されます。

最後の点について、もう少し詳しく説明しましょう。前出のA3B2が欠損セルである例で、セル平均の期待値をプロットしたグラフを検討してみます。



グラフには、セル平均の期待値と欠損セルが表示されています。A1セルとA2セルの平均は、Bの水準ごとにプロットされています。JMPの方法では、A2B3セルが欠損しているときはB主効果が検定できません。欠損セルの平均は、交互作用項が許す範囲でどのような値でも取り得るからです。欠損セルの平均が、グラフに表示されている高い方の値であった場合には、Bの効果は有意になり、低い方の値であった場合には、有意でなくなります。つまり、有意か有意でないか判断できないのです。それが、最小2乗平均が推定できない場合に最小2乗平均から結論できることであり、効果の仮説からも同じこと（つまり、判断できないということ）が結論できなければなりません。

非欠測セルの周辺平均に基づき仮説を検定するには、GLMのタイプIVが適しています。JMPでは、このような検定を行うには、効果を分けてたくさん計算を行うか、対比を使って自分で検定を作成しなければなりません。

JMPとGLMにおける検定の例

GLMでは、JMPとは異なる方法で処理が行われ、欠損セルがある場合には違う仮説検定が作成されます。特に、JMPでは区別される枝分かれ効果と交差効果が、GLMでは区別されません。ある計画が、A、B(A)、C(AB)の3層に枝分かれしていて、それぞれに異なる数の水準があるとします。

表B.10（433ページ）は、主効果AをGLMのパラメータで検定したものです。第1の列セットはJMPの検定、第2の列セットはGLMのタイプIVで行われる検定です。第3の列セットはJMPの検定のものです。ただし、GLMの検定と比較できる形にするため、次の行列を掛け合わせてあります。

$$\begin{bmatrix} 2 & 1 \\ 1 & 2 \end{bmatrix}$$

最後の列セットは、GLMのタイプIII検定です。これらの検定の差は、検定が効果によってどのように分布するかにあります。JMPでは階層構造がトップダウン型で、GLMのタイプIV検定では、ボトムアップ型のように見えます。ほとんどの場合、実際の検定統計量にはあまり差がありません。

表B.10 GLMとJMPの仮説の比較

パラメータ	JMP 検定 A		GLM タイプ IV 検定 A		JMP 回転 検定		GLM タイプ III 検定 A	
u	0	0	0	0	0	0	0	0
a1	0.6667	-0.3333	1	0	1	0	1	0
a2	-0.3333	0.6667	0	1	0	1	0	1
a3	-0.3333	-0.3333	-1	-1	-1	-1	-1	-1
a1b1	0.1667	-0.0833	0.2222	0	0.25	0	0.2424	0
a1b2	0.1667	-0.0833	0.3333	0	0.25	0	0.2727	0
a1b3	0.1667	-0.0833	0.2222	0	0.25	0	0.2424	0
a1b4	0.1667	-0.0833	0.2222	0	0.25	0	0.2424	0
a2b1	-0.1667	0.3333	0	0.5	0	0.5	0	5
a2b2	-0.1667	0.3333	0	0.5	0	0.5	0	5
a3b1	-0.1111	-0.1111	-0.3333	-0.3333	-0.3333	-0.3333	-0.3333	-0.3333
a3b2	-0.1111	-0.1111	-0.3333	-0.3333	-0.3333	-0.3333	-0.3333	-0.3333
a3b3	-0.1111	-0.1111	-0.3333	-0.3333	-0.3333	-0.3333	-0.3333	-0.3333
a1b1c1	0.0833	-0.0417	0.1111	0	0.125	0	0.1212	0
a1b1c2	0.0833	-0.0417	0.1111	0	0.125	0	0.1212	0
a1b2c1	0.0556	-0.0278	0.1111	0	0.0833	0	0.0909	0
a1b2c2	0.0556	-0.0278	0.1111	0	0.0833	0	0.0909	0
a1b2c3	0.0556	-0.0278	0.1111	0	0.0833	0	0.0909	0
a1b3c1	0.0833	-0.0417	0.1111	0	0.125	0	0.1212	0
a1b3c2	0.0833	-0.0417	0.1111	0	0.125	0	0.1212	0
a1b4c1	0.0833	-0.0417	0.1111	0	0.125	0	0.1212	0

表 B.10 GLM と JMP の仮説の比較（続き）

a1b4c2	0.0833	-0.0417	0.1111	0	0.125	0	0.1212	0
a2b1c1	-0.0833	0.1667	0	0.25	0	0.25	0	0.25
a2b1c2	-0.0833	0.1667	0	0.25	0	0.25	0	0.25
a2b2c1	-0.0833	0.1667	0	0.25	0	0.25	0	0.25
a2b2c2	-0.0833	0.1667	0	0.25	0	0.25	0	0.25
a3b1c1	-0.0556	-0.0556	-0.1667	-0.1667	-0.1667	-0.1667	-0.1667	-0.1667
a3b1c2	-0.0556	-0.0556	-0.1667	-0.1667	-0.1667	-0.1667	-0.1667	-0.1667
a3b2c1	-0.0556	-0.0556	-0.1667	-0.1667	-0.1667	-0.1667	-0.1667	-0.1667
a3b2c2	-0.0556	-0.0556	-0.1667	-0.1667	-0.1667	-0.1667	-0.1667	-0.1667
a3b3c1	-0.0556	-0.0556	-0.1667	-0.1667	-0.1667	-0.1667	-0.1667	-0.1667
a3b3c2	-0.0556	-0.0556	-0.1667	-0.1667	-0.1667	-0.1667	-0.1667	-0.1667

順序尺度の因子

順序尺度の因子は、名義尺度の因子とは別の方法でコード変換されます。パラメータ推定値の解釈、検定、最小2乗平均も異なります。

順序尺度の因子では、最初の水準は対照水準（ベースライン水準）として扱われます。また、各パラメータの値は、水準を1つ上げた時の、応答に与える効果を表します。このようなコード変換は、最初の用量が0で、因子の水準が異なる用量を表している場合に適しています。

表 B.11 順序尺度の因子

項	コード変換した列		
A	a2	a3	
A1	0	0	コントロール水準、用量はゼロ
A2	1	0	少ない用量
A3	1	1	多い用量

JMPのパラメータ化では、Aに対する検定は次のようになります。

表B.12 Aに対する検定

パラメータ	GLM-IV 検定		JMP 検定	
m	0	0	0	0
a13	4	1	1	0
a23	1	4	0	1
a1:b14	0	0	0	0
a1:b24	0.11111	0	0	0
a1:b34	0	0	0	0
a2:b12	0	0	0	0
a3:b13	0	0	0	0
a3:b23	0	0	0	0
a1b1:c12	0	0	0	0
a1b2:c13	0	0	0	0
a1b2:c23	0	0	0	0
a1b3:c12	0	0	0	0
a1b4:c12	0	0	0	0
a2b1:c13	0	0	0	0
a2b2:c12	0	0	0	0
a3b1:c12	0	0	0	0
a3b2:c12	0	0	0	0
a3b3:c12	0	0	0	0

GLMの検定では、a1b24パラメータに係数が使われ、JMPから見ると少し奇妙な感じがします。

計画のパターンは、1で構成された下三角行列で、その他の要素はゼロとなります。

単純な主効果モデルでは、これは次のように書き表されます。

$$y = \mu + \alpha_2 X_{(a \leq 2)} + \alpha_3 X_{(a \leq 3)} + \varepsilon$$

μ は $A = 1$ における応答の期待値、 $\mu + \alpha_2$ は $A = 2$ における期待値、 $\mu + \alpha_2 + \alpha_3$ は $A = 3$ における期待値です。つまり、 α_2 は $A = 1$ から $A = 2$ へ移動したときの効果を推定したもので、 α_3 は $A = 2$ から $A = 3$ へ移動したときの効果を推定したものです。

ある順序尺度の主効果のパラメータがすべて同じ符号を持つ場合、応答の効果は順序尺度の全水準で単調に推移します。

順序尺度の交互作用

順序尺度の交互作用は、名義尺度の効果と同じく、因子列の横の直積として作成されます。順序尺度の因子が2つ（AとB）あり、それぞれに水準が3つある例について検討してみます。JMPでは、順序尺度のコード変換を行った後、次の表のような計画行列が作成されます。交互作用のパターンは、1から成る下三角行列をブロックにまとめた下三角行列です。

表 B.13 順序尺度の交互作用

A	B	A							
		A2				A3			
		B2	B3	B2	B3	B2	B3	B2	B3
A1	B1	0	0	0	0	0	0	0	0
A1	B2	0	0	1	0	0	0	0	0
A1	B3	0	0	1	1	0	0	0	0
A2	B1	1	0	0	0	0	0	0	0
A2	B2	1	0	1	0	1	0	0	0
A2	B3	1	0	1	1	1	1	0	0
A3	B1	1	1	0	0	0	0	0	0
A3	B2	1	1	1	0	1	0	1	0
A3	B3	1	1	1	1	1	1	1	1

注：効果が存在しないことを検定する場合、主効果だけの単純なモデルなら、名義尺度と順序尺度の因子にはあまり違いがありません。しかし、交互作用がある場合は大きな違いが生じます。ほとんどのモデルでは、順序尺度ではなく名義尺度の因子を使う方が適切です。

順序尺度の交差モデルに対する仮説検定

それぞれのパラメータの意味は、次の表を見るとわかります。この表は、セル平均の期待値をパラメータで表したもので、 μ は切片、 α_2 は水準 A2 のパラメータ、という具合に続いていきます。

表 B.14 セル平均の期待値

	B1	B2	B3
A1	μ	$\mu + \alpha\beta_2 + \alpha\beta_{12}$	$\mu + \beta_2 + \beta_3$
A2	$\mu + \alpha_2$	$\mu + \alpha_2 + \beta_2 + \alpha\beta_{22}$	$\mu + \alpha_2 + \beta_2 + \beta_3 + \alpha\beta_{22} + \alpha\beta_{23}$
A3	$\mu + \alpha_2 + \alpha_3$	$\mu + \alpha_2 + \alpha_3 + \beta_2 + \alpha\beta_{22} + \alpha\beta_{32} + \alpha\beta_{23} + \alpha\beta_{32} + \alpha\beta_{33}$	$\mu + \alpha_2 + \alpha_3 + \beta_2 + \beta_3 + \alpha\beta_{22} + \alpha\beta_{23} + \beta_{32} + \alpha\beta_{33}$

A に対する主効果検定では、B を最初の水準に固定したまま A が検定されます。同じように、B に対する主効果検定では、A を最初の水準に固定したまま、B の各水準の第 1 行が検定されます。これは、2 つの因子が、異なる処方での薬の用量を表す場合に適しています。分析の主な対象は、それぞれの処方の効き目で、両方の薬が投与される場合には**薬の相互作用**を見つけることが第 2 の目的となります。場合によっては、薬の量が多すぎると危険を招くことがあるためです。

各セルの期待値は、セルが位置している行と列も含め、そのセルより左側と上側にあるパラメータをすべて加算して求めます。最後のセルの期待値は、すべてのパラメータを合計したものです。

他の効果に含まれている効果に対する仮説検定は、順序尺度と名義尺度のコード変換で異なりますが、他の効果に含まれていない効果に対する検定は同じです。上記の交差計画の場合、交互作用に対する検定は、A と B を名義尺度と順序尺度のどちらであってはいかに関係なく、同じになります。

順序尺度の最小 2 乗平均

前述のとおり、最小 2 乗平均は、他のすべての因子を何らかの中立的な値に固定したときの、ある水準の組み合わせに対する予測値です。JMP では、順序尺度の因子に対しては、中立的な値として、第 1 水準（**対照水準**、**ベースライン水準**）を用います。

順序尺度の因子が関係する最小 2 乗平均をこのように定義するのは、「効果に対する仮説検定は、最小 2 乗平均が等しいことを検定するのと同じにすべきだ」という考えに基づくものです。

順序尺度の効果における特異性と欠損セル

順序尺度のコード変換では、順序尺度の効果の第 1 水準がベースラインとみなされるので、交互作用に欠損セルがあるときや、交互作用のデータがないときですら、主効果に対して良い検定ができます。

欠損セルのある例

もう一度、前出の例を検討します。各セルに 2 つのオブザベーションがありますが、A3B2 のセルにはデータがありません。因子が名義尺度と順序尺度でコード変換されたときの結果を比べてみましょう。モデル全体は、図 B.1 の表からわかるように、まったく同じです。

表B.15 オブザベーション(または重みの合計)

Y	A	B
12	1	1
14	1	1
15	1	4
16	1	4
17	4	1
17	4	1
18	4	4
19	4	4
20	3	1
24	3	1

図B.1 名義尺度と順序尺度の「あてはめの要約」データ比較

あてはめの要約(名義尺度)					あてはめの要約(順序尺度)				
R2乗				0.891732	R2乗				0.891732
自由度調整R2乗				0.805118	自由度調整R2乗				0.805118
誤差の標準偏差(RMSE)				1.48324	誤差の標準偏差(RMSE)				1.48324
Yの平均				17.2	Yの平均				17.2
オブザベーション(または重みの合計)				10	オブザベーション(または重みの合計)				10
分散分析(名義尺度)					分散分析(順序尺度)				
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
モデル	4	90.60000	22.6500	10.2955	モデル	4	90.60000	22.6500	10.2955
誤差	5	11.00000	2.2000	p値(Prob>F)	誤差	5	11.00000	2.2000	p値(Prob>F)
全体(修正済み)	9	101.60000		0.0125*	全体(修正済み)	9	101.60000		0.0125*

コード変換が異なるため、パラメータ推定値には大きな差があります。欠損セルは、名義尺度のいくつかのパラメータの推定可能性に影響を与えますが、順序尺度のパラメータはまったく影響されません。

図B.2 名義尺度と順序尺度のあてはめにおける「パラメータ推定値」の比較

パラメータ推定値 (名義尺度)					パラメータ推定値 (順序尺度)					
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	17.333333	0.60553	28.63	<.0001*	切片	13	1.048809	12.40	<.0001*	
A[1]	-4.333333	0.856349	-5.06	0.0039*	A[2-1]	4	1.48324	2.70	0.0429*	
A[2]	-0.333333	0.856349	-0.39	0.7131	A[3-2]	5	1.48324	3.37	0.0199*	
B[2-1]	バイアスあり	1.5	1.48324	1.01	0.3583	B[2-1]	2.5	1.48324	1.69	0.1527
A[1]*B[2-1]	バイアスあり	1	2.097618	0.48	0.6537	A[2-1]*B[2-1]	-1	2.097618	-0.48	0.6537
A[2]*B[2-1]	ゼロに固定	0	0	.	A[3-2]*B[2-1]	ゼロに固定	0	0	.	

「特異性の詳細」には線形従属性が表示されています（ここに表示されている値を検討することで、どこが欠損セルであるかを識別することができます）。

図 B.3 名義尺度と順序尺度のあてはめの「特異性の詳細」比較

▲ 特異性の詳細 (名義尺度)
$B[2-1] = A[1]*B[2-1] + A[2]*B[2-1]$
▲ 特異性の詳細 (順序尺度)
$A[3-2]*B[2-1] = 0$

名義尺度の場合、効果検定における B の自由度は少なくなり、その検定が行われません。順序尺度の場合、ベースラインである第 1 水準に欠損セルがないので、B の検定の自由度はそのままです。

図 B.4 名義尺度と順序尺度のあてはめの「効果の検定」比較

▲ 効果の検定 (名義尺度)						
要因	パラメータ数	自由度	平方和	F値	p値(Prob>F)	
A	2	2	81.333333	18.4848	0.0049*	
B	1	0	0.000000	.	.	足りない自由度
A*B	2	1	0.500000	0.2273	0.6537	足りない自由度
▲ 効果の検定 (順序尺度)						
要因	パラメータ数	自由度	平方和	F値	p値(Prob>F)	
A	2	2	81.333333	18.4848	0.0049*	
B	1	1	6.250000	2.8409	0.1527	
A*B	2	1	0.500000	0.2273	0.6537	足りない自由度

最小 2 乗平均も異なります。名義尺度の最小 2 乗平均は、すべてが推定可能とは限りませんが、順序尺度の最小 2 乗平均は推定可能です。セル平均を見ると、これらのことは確認できます。なお、A*B の最小 2 乗平均は、両者で一致します。図 B.5 は、名義尺度と順序尺度における最小 2 乗平均です。

図 B.5 名義尺度と順序尺度の「あてはめの最小2乗平均表」

効果の詳細 (名義尺度)

A

最小2乗平均表

水準	最小2乗平均	標準誤差	平均
1	13.000000	1.0488088	14.2500
2	17.000000	1.0488088	17.7500
3	22.000000	1.0488088	22.0000

B

最小2乗平均表

水準	最小2乗平均	標準誤差	平均
1	17.333333	0.60553007	17.3333
2	.	推定不可能	17.0000

A*B

最小2乗平均表

水準	最小2乗平均	標準誤差	
1,1	13.000000	1.0488088	
1,2	15.500000	1.0488088	
2,1	17.000000	1.0488088	
2,2	18.500000	1.0488088	
3,1	22.000000	1.0488088	
3,2	.	推定不可能	.

効果の詳細 (順序尺度)

A

最小2乗平均表

水準	最小2乗平均	標準誤差	平均
1	13.000000	1.0488088	14.2500
2	17.000000	1.0488088	17.7500
3	22.000000	1.0488088	22.0000

B

最小2乗平均表

水準	最小2乗平均	標準誤差	平均
1	13.000000	1.0488088	17.3333
2	15.500000	1.0488088	17.0000

A*B

最小2乗平均表

水準	最小2乗平均	標準誤差	
1,1	13.000000	1.0488088	
1,2	15.500000	1.0488088	
2,1	17.000000	1.0488088	
2,2	18.500000	1.0488088	
3,1	22.000000	1.0488088	
3,2	.	推定不可能	.

通常の仮定

信頼できる統計量を得るためには、使用する統計手法の真価と限界を正しく把握していることが大切です。統計手法はただのツールにすぎません。知識が不十分なために統計的仮定を満たしていないモデルを選択したり、データに問題があったりすると、どの手法を使っても正しい結果が出なくなってしまいます。

想定されているモデル

ほとんどの統計量は、正しいモデルが選択されているという仮定に基づいています。モデルから得た統計量を検討するときは、不適切なモデルを選んでいるかもしれないことを常に考慮する必要があります。

相対的な有意度

統計的検定の多くは、絶対的な意味でモデルを評価するわけではありません。有意度の検定統計量が表すのは、そのモデルが他の縮小モデル（平均など）よりはよくあてはまっている、ということに過ぎません。統計量を見るとそのモデルがデータによくあてはまっているようでも、それが実際のモデルについてすべてを説明しているわけではありません。

多重性の問題

多くの場合、統計分析はその結果を信じ込むのではなく、何らかの発見への糸口をもたらすことに価値があるでしょう。発見を確証的なものへと高めるには、更なる実験や試験が必要かもしれません。そうでなければ、自分に都合よく、データを解釈しているだけなのかもしれません。

たとえば、たくさんの実験や試験を行えば、そのうちの約5%は、たとえ効果がなくても統計的に有意となります。また、(正しいモデルをデータにあてはめて統計的検定するのではなく) 試行錯誤しながらモデル選択を行った場合、統計的な有意水準は正しいものではなくなります。データにおける誤差がモデル選択に影響を与え、選択したモデルを過大評価してしまうかもしれません。

妥当性の評価

モデルの妥当性を評価するためのいろいろな手法やパターンのうち、一部をここで紹介します。

- あてはまりの悪さ (LOF) 検定は、モデルの妥当性を因子の飽和モデルと比較して調べるものです。「モデルのあてはめ」プラットフォームでは、非飽和モデルに反復された X データがあるときに、自動的にあてはまりの悪さ (LOF) 検定が行われます。
- 連続尺度の応答の場合に、分布に関する仮定が満たされていることを確認するには、「モデルのあてはめ」プラットフォームで残差プロットとスチューデント化された残差のプロットを検討します。もう1つの方法は、まずプラットフォームのポップアップメニューから [保存] コマンドを選択し、残差をデータテーブルの列に保存します。次に、これらの列で [分析] > [一変量の分布] を実行し、正規分位点プロットを検討したり、ヒストグラムに正規分布の密度曲線を描いたりしてください。残差は完全には互いに独立していませんが、正規分布から大きく逸脱しているかどうかはだいたい識別できます。
- 連続尺度の応答に対する万能な診断ツールは、てこ比プロットです。てこ比プロットは、各点が各仮説検定に及ぼす影響力を表示したものです。データの中に誤って測定された値があると思われるとき、てこ比プロットを見れば、検定がその1つの点に大きく左右されてしまうかがわかります。
- 外れ値が存在するかどうかを調べるのは、大切です。一変量の外れ値は、「一変量の分布」プラットフォームで調べられます。二変量の外れ値は、「二変量の関係」の散布図と「多変量の相関」の散布図行列で調べられます。三変量の外れ値は [グラフ] > [三次元散布図] で作成した3次元プロットで見ることができます。より高次の外れ値は、主成分分析または三次元散布図で見ると、「多変量の相関」プラットフォームで Mahalanobis の距離やジャックナイフ法による距離をプロットすると見つかります。

その他の手法

統計に関する文献では、特殊なノンパラメトリック手法や頑健性のある手法が取り上げられていますが、JMP では現在、そのうちのわずかしかが採用していません。これらの手法には、分布に関して多くの仮定を必要としない (ノンパラメトリック) 上、外れ値に対して頑健だという長所があります。しかし、より一般的な手法へとは拡張しづらく、また、小標本の検定統計量の確率を計算するのに非常に時間がかかることがあります。

線形順位検定に興味があり、大標本の正規近似で十分な場合には、データを順位に変換して分析することにより、Wilcoxon 検定や Kruskal-Wallis 検定に相当する検定を行うことができます。

連続尺度の応答に対して、正規性の仮定が怪しい場合は、連続尺度から順序尺度に変更する方法もあります。結果をグラフに表すのが難しくなり、検出力も落ちてしまいますが、正規性のずれからは安全になります。

鍵となる統計的概念

次の2つの概念は、古典的な統計量に共通し、統計的なあてはめの原理を理解するのに重要です。

- 不確定性という統合概念
- 2つの基本的なあてはめメカニズム

これらの概念は、数学的な統計量を直感的に把握できるように説明してくれるので、統計を理解する上で大きな助けとなります。

自然科学にとっての統計は、ビジネスにおける会計のようなもので、観察された証拠を評価し、決算する技術なのです。統計的検定は、会計監査に例えることができますが、統計ツールでできることはそれだけではありません。統計ツールは発見の道具であり、データについて予期していなかったことを明らかにし、新しい視点に導いてくれます。この強力なツールを使いこなすためには、その仕組みをある程度理解しておく必要があります。

不確定性という統合概念

会計の場合、要約を得るためには金額を合計します。自然科学の観測値には不確定性やノイズがあるので、データを要約するためには統計的な測度が必要です。金額を加算できるのと同じように、正しい測度さえ選択すれば、不確定性も加算できます。

確率そのものは最適な測度とは言えません。なぜなら、結合確率を得るには、各オブザベーションが独立していると仮定した場合、確率を合計するのではなく、掛け合わせなければならないからです。そこで、確率ではなく、確率の対数を取ります。確率の対数なら、合計するだけで結合確率の対数が求められるからです。

ただし、0～1の数値の対数を取るわけですから、確率の対数は常に負の値になります。JMPでは、数値を正にするために、確率の対数の符号を逆にしています。確率が小さければ小さいほど、符号を逆にした対数は大きくなります。この測度が「不確定性」(uncertainty; 起こりにくさ)と呼ばれるもので、値は確率とは逆の意味を持ちます。

ビジネスでは、売上を最大にし、コストを最小限に抑えるのが目的ですが、自然科学では、不確定性を最小限に抑えるのが目的です。自然科学での不確定性は、ビジネスでのコストに例えることができます。どの統計手法でも、不確定性を最小化するようなモデルがあてはめられます。

不確定性を具体的に説明するのは難しくありません。コインを何回か投げるとしましょう。各結果は独立しています。コインを投げて表が出る確率は0.5です。2を底とする対数では、 $-\log(0.5)$ は1になります。コインを h 回続けて投げたときにすべて表が出る確率は、次のような単純な式で表されます。

$$p = \left(\frac{1}{2}\right)^h$$

h について解くと、次のようになります。

$$h = -\log_2 p$$

あるイベントの不確定性は、50%で生じるイベントの場合、「コインの表」が続けて出る回数に例えられます。

統計的な分析を行う際、根底には $-\log p$ 、つまり不確定性があります。統計の文献では、不確定性は、「負の対数尤度」(negative log likelihood; 符号を逆にした対数尤度)と呼ばれます。

2つの基本的なあてはめメカニズム

古典的なあてはめ手法のほとんどは、バネと圧力シリンダという驚くほど単純なメカニズムで説明できます。

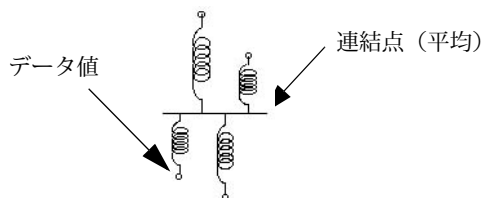
バネ

バネは、連続尺度の応答モデルをあてはめるメカニズムです (Farebrother 1987)。 n 個の点があり、その期待値 (平均) を求めるとしましょう。点をスケールの上に並べ、それぞれにバネをつけ、すべてのバネを1本の棒につないでみるとどうなるでしょうか (図B.6)。手を離すとバネの力で棒が上下に揺れ動きますが、しばらくすると平均の位置で停止します。この現象は物理学で説明できます。

棒の位置に平均がある正規分布に各点が従っているなら、各点のバネが持つ物理エネルギーは、各点の不確定性に比例します。すべてのバネのエネルギー (不確定性) を計算するには、各点と平均の距離の平方和を計算します。

観測データの不確定性を最小にするような推定値を選ぶには、バネが落ち着いた場所を平均の推定値とします。これは、バネを引き伸ばすために必要なエネルギーが最も少ない点なので、最小2乗法によるあてはめに相当します。

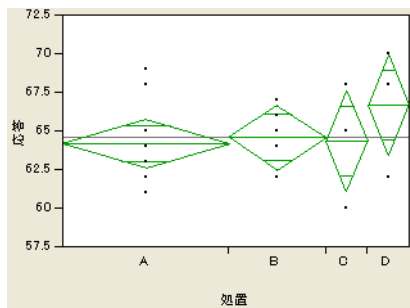
図B.6 データ点にバネをつける



これが、1つまたは複数の平均をあてはめる方法です。1本の直線、1つの曲面、または1つの超曲面をあてはめる方法でもあります。また、連続量のデータには、この方法でほとんどすべてのモデルをあてはめることができます。エネルギー (不確定性) は、バネを引き伸ばさなければならない距離の平方和として計算します。

統計学者が正規分布に信頼を置くのは、正規分布が最も信頼を必要としない分布だからです。正規分布は、ある意味では最もランダムで、得られる情報の最も少ない分布です。与えられた分散について、期待される不確定性が最も大きい分布です。不確定性が平方距離で測定される分布でもあります。独立した変数の和の極限分布は、多くの場合、正規分布です。また、正規分布からは、検定統計量をとても簡単に導出できます。

仮説によってあてはめが制約されている場合も、同じようにバネのエネルギーを測定することで仮説を検定します。たとえば、1つの実験で4種類の異なる処置から応答を得たとします。それぞれの平均が有意に異なるかどうかを検定します。まず、データが図のようにグループ単位でプロットされていて、処置ごとの平均にバネがついていてと想像してください。次に、各平均を共通の平均へ移動させるため、バネに力を加えてみてください。さあ、どうなるでしょうか。各平均が同じ位置に留まろうとするのを制約するエネルギーが、ここで必要とされる検定統計量に相当します。このエネルギーは、平均が等しいかどうかを調べる F 検定の主要な要素です。



圧力シリンダ

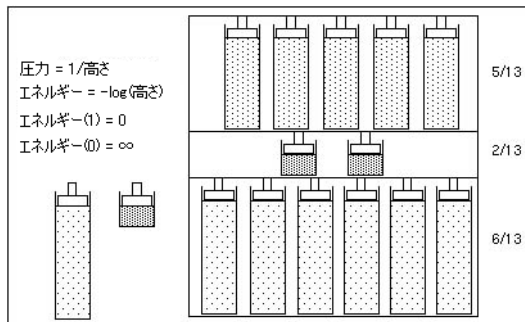
応答が連続尺度ではなく、カテゴリカルであるときはどうすればいいでしょうか。たとえば、標本が自動車を集めたもので、各自動車の生産国が応答だとします。この標本には、「米国」、「ヨーロッパ」、「日本」という3つの応答水準の確率があります。生産国ごとのこれらの確率を何らかの推定値に設定して、データの不確定性を評価することができます。不確定性を求めるには、データによって与えられた応答の確率から対数を取り、符号を逆にして合計します。これは次のような式になります。

$$H = \sum h_{y(i)} = -\sum \log p_{y(i)}$$

バネのメカニズムは、連続尺度のデータに平均をあてはめる方法を表します。カテゴリカルな応答では、応答の確率そのものの推定値が計算され、データ全体の不確定性が最小になるような推定値が選択されます。確率の推定値は0以上で、合計が1でなければなりません。応答の確率は、長さが1である定規を複数の部分に分けたものと考えることができます。応答の各オブザーベーションを1つのガス圧シリンダ（タイヤの空気入れ）として、応答の水準を表す領域に入れます。水準を表す領域の区分けは上下に動きますが、しばらくすると位置エネルギーが最小になる均衡点で落ち着きます。その結果得られる領域のサイズが、応答確率の推定値です。

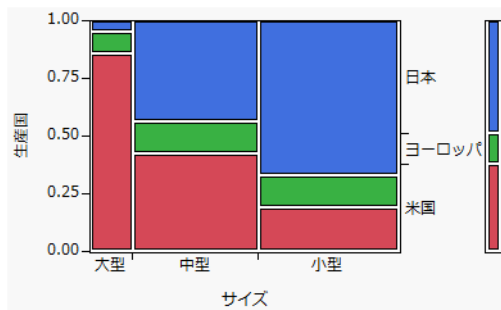
図B.7は、1つのカテゴリ（「**中型**」サイズの自動車）の状況がどうなるかを図示したものです（図B.8にある「Car Poll.jmp」ファイルのモザイク図で「**中型**」列を参照）。ここでは、13個の応答（車種）があります。最初的水準（「**米国**」）には応答が6つ、次の水準には2つ、最後的水準には5つあります。各応答の区分け領域の圧力が均衡し、全体のエネルギーが最小になったとき、応答の確率はそれぞれ $6/13$ 、 $2/13$ 、 $5/13$ になります。

図B.7 区分け領域に分かれた圧力シリンダの効果



連続尺度のデータのバネと同じく、因子がある場合には、グループごとにあてはめるために、標本をグループごとの領域に分割します。「応答の各水準の割合がどのグループでも等しい」という仮説を検定するためには、各領域が等しくなるためにどれほどの力を加えなければならないかを測定します。自動車の生産国の確率を表す圧力シリンダーが、自動車のサイズごとにグループ化されているとします。変数の確率が等しいかどうかを検定するため、各グループ内のそれぞれの区分け領域が水平方向で整列するように力を加えます。図B.8は、これらの区分けを示しています。

図B.8 カテゴリカルなデータのモザイク図



検出力の計算

以降の項では、最小有意数(LSN; Least Significant Number)、最小有意値(LSV; Least Significant Value)、検出力、および調整済み検出力について説明します。LSV以外は、2次元以上の対比に対する検定（「カスタム検定」と「最小2乗平均の対比」の下）にも計算できます。LSVは、1次元の対比にしか計算できません。なお、検定される仮説は、対比によって表されます。

LSNの計算

LSNは、 N に関して次の等式を解いて求めます。

$$\alpha = 1 - FDist\left[\frac{N\delta^2}{df_{Hyp}\sigma^2}, df_{Hyp}, N - df_{Hyp} - 1\right]$$

この式で、

$FDist$ はF分布の累積分布関数

df_{Hyp} は仮説の自由度

σ^2 は誤差分散

δ^2 は効果サイズを2乗したもの

なお、事後的な検出力分析では、仮説検定における δ^2 の推定値は、仮説の平方和を標本サイズ n で割ったものです。ある一つの効果の検定における δ^2 の推定値は、その効果の平方和を標本サイズで割ったものです。また、誤差分散 σ^2 の推定値は、事後的な検出力分析では、平均2乗誤差(MSE)です。これらの推定値は、0.05の α とともに、「検出力の詳細」ウィンドウにデフォルトで表示されます。

このようなLSNではなく、特定の検出力をもつために、どれぐらい標本サイズが必要であるかも求めることができます（「[検出力の計算](#)」(447ページ)を参照）。

LSVの計算

LSVは、1次元の線形対比に対してのみ、つまり、自由度が1である検定に対してのみ計算できます。

単一の線形対比の検定

自由度が1つの検定 $L\beta = 0$ を検討します。ここで、 L は、パラメータに対する制約を表す行ベクトルです。この仮説の t 検定の検定統計量は次のとおりです。

$$\frac{Lb}{s\sqrt{L(X'X)^{-1}L'}}$$

ここで、 s は誤差の標準偏差(RMSE)です。この検定統計量の絶対値が、 $1 - \alpha/2$ における t 分布の分位点 $t_{1-\alpha/2}$ を超える場合、有意水準 α において仮説は棄却されます（この時の、 t 分布の自由度は誤差の自由度と同じです）。

最小有意値は、検定統計量がちょうどその棄却値になるときの Lb の値で、次式によって求められます。

$$(Lb)^{LSV} = t_{1-\alpha/2}s\sqrt{L(X'X)^{-1}L'}$$

1 個のパラメータに対する検定の場合

検定される対比が、1 個のパラメータ β_i が 0 であることを帰無仮説とする場合には、式は次のように単純なものになります。

$$b_i^{\text{LSV}} = t_{1-\alpha/2} s \sqrt{(X'X)^{-1}_{ii}} = t_{1-\alpha/2} \text{StdError}(b_i)$$

平均の差の検定

2 群間の平均差に対する検定では、**最小有意差 (LSD; Least Significant Difference)** という指標が使われることがあります。一元配置分散分析においては、LSD の計算式は、次のように簡単に求めることができます。

$$\text{LSD} = t_{1-\alpha/2} s \sqrt{\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2}}$$

なお、JMP では、名義尺度効果のある水準におけるパラメータは、その水準の平均から、全水準の平均を引いたものになっています。このコード化においては、LSV は、LSD を半分したものになっています。

注：名義尺度の効果に対比を指定する場合、JMP で採用されている名義尺度のコード化を念頭に入れておいてください。JMP のコード化では、指定の水準におけるパラメータは、その水準の平均から、全水準の平均を引いた差になっています。

検出力の計算

有意水準 α 、標本サイズ N に基づいて、線形仮説の検定の検出力を計算するとしましょう。 δ の大きさの効果を求めたいとします。

検出力を求めるには、線形仮説の α 水準の F 検定の棄却値を見つけることから始めます。それには、次の等式を、 F_C について解きます。

$$\alpha = 1 - \text{FDist}[F_C, df_{\text{Hyp}}, N - df_{\text{Model}} - 1]$$

ここで、 df_{Hyp} は仮説の自由度、 df_{Model} はモデルの自由度、 N は想定している（または、実際のデータの）標本サイズです。

次に、指定の効果の大きさに関連する非心度パラメータを計算します。非心度パラメータは次の式で求められます。

$$\lambda = (N\delta^2)/\sigma^2$$

ここで、 σ^2 は、想定されている（または、予測している）誤差分散です。

効果の大きさが δ であるときの検定統計量は、非心度パラメータ λ をもつ非心 F 分布に従います。その分布関数は、以下の FDist のようなパラメータをもちます。検出力を求めるには、この非心 F 分布に従う検定統計量が、棄却値を上回る確率を計算します。

$$\text{Power} = 1 - \text{FDist}\left[F_C, df_{Hyp}, N - df_{Model} - 1, \frac{N\delta^2}{\sigma^2}\right]$$

検出力の事後計算（調整済み検出力）では、現在の標本サイズを n 個とすると、 $\lambda = (nd^2)/\sigma^2 \times \lambda = SS_{Hyp}/\sigma^2$ として非心度パラメータを推定します。ここで、 SS_{Hyp} は、仮説の平方和を表します。

調整済み検出力の計算

検出力の事後計算として、JMP では、調整済み検出力（Wright and O'Brien, 1988）を計算できます。調整済み検出力の計算では、非心度パラメータを推定するときに、その計算式のパラメータに単純に推定値を代入すると生じる正のバイアス（偏り）を調整します。

データから得られた δ および σ の推定値を、そのまま非心度パラメータ λ の式に代入した場合、次式のようになります。

$$\hat{\lambda} = SS_{Hyp}/MSE$$

この推定値にはバイアス（偏り）があります。Wright and O'Brien (1988) によると、非心度パラメータの不偏推定値は、次式のようになります。

$$[\hat{\lambda}(df_{Error} - 2)/df_{Error}] - df_{Hyp} = \frac{\hat{\lambda}(N - df_{Model} - 1 - 2)}{N - df_{Model} - 1} - df_{Hyp}$$

この式は、現在の標本サイズ n と異なる標本サイズ N を事後計算で想定した場合の、非心度パラメータの不偏推定値を求めます。ここで、 df_{Hyp} は仮説の自由度、 df_{Model} はモデル全体の自由度です。

ただ、この式を解くと、非心度パラメータの推定値が負になる場合があります。そのような場合、その負の非心度パラメータ推定値を 0 とします。このため、不偏推定値とはならず、バイアスが生じます。こうして計算された、非心度パラメータの調整済み推定値は、次式で表されます。

$$\hat{\lambda}_{adj} = \text{Max}\left[0, \frac{\hat{\lambda}(N - df_{Model} - 1 - 2)}{N - df_{Model} - 1} - df_{Hyp}\right]$$

調整済み検出力は、次式で計算されます。

$$\text{Power}_{adj} = 1 - \text{FDist}[F_C, df_{Hyp}, N - df_{Model} - 1, \hat{\lambda}_{adj}]$$

非心度パラメータの信頼限界は、Dwass (1955) によると次のとおりです。

$$\lambda \text{ に対する信頼区間下限} = \text{Max}\left[0, \left[(\sqrt{SS_{Hyp}/MSE}) - \sqrt{df_{Hyp} F_C}\right]^2\right]$$

$$\lambda \text{ に対する信頼区間上限} = \left[(\sqrt{SS_{Hyp}/MSE}) + \sqrt{df_{Hyp} F_C}\right]^2$$

調整済み検出力の信頼限界は、この λ の信頼限界を次式に代入して計算されます。

$$\text{Power} = 1 - \text{FDist}[F_C, df_{Hyp}, N - df_{Model} - 1, \lambda]$$

逆推定の信頼限界

応答変数の値から、説明変数の値を推定することを、「逆推定」と言います。特に生物検定（バイオアッセイ）の分野において、逆推定を行い、その信頼区間を求めるのは役立ちます。JMPでは、応答が連続尺度もしくは二値のモデルにおいて、逆推定を行うことができます。応答が連続尺度の場合には、応答の期待値ではなく、個々の値に対する信頼区間を求めることもできます。

Fiellerの定理（Fieller, 1954）が、逆推定の信頼限界の計算に使われています。以下で説明する方法によって、他の説明変数と応答の値が与えられているときの、ある説明変数の値とその信頼限界が推定されます。

- $\mathbf{b}$ をパラメータ β の推定値とします。また、 $\mathbf{b}$ の分布を $N(\beta, V)$ とします。
- $\mathbf{x}$ を分析対象である説明変数の値とし、 i 番目の値を推定の対象とします。
- $\mathbf{y}$ を応答値とします。

$\beta' \mathbf{x} = \mathbf{y}$ で、 $\mathbf{x}$ のその他の値すべてが与えられているときの、 $\mathbf{x}[i]$ の値に対する信頼限界を求めるのが目標です。

逆推定は、次の式で表されます。

$$\mathbf{x}[i] = \frac{\mathbf{y} - \beta'_{(i)} \mathbf{x}_{(i)}}{\beta[i]}$$

ここで、丸括弧に囲まれた i は、 i 番目の成分が省略されることを示します。信頼区間は、次の関係から求められます。

$$(\mathbf{y} - \mathbf{b}'\mathbf{x})^2 < t^2 \mathbf{x}'\mathbf{V}\mathbf{x}$$

ここで、 t は指定した信頼水準の t 値です。

次の等式

$$(\mathbf{y} - \mathbf{b}'\mathbf{x})^2 - t^2 \mathbf{x}'\mathbf{V}\mathbf{x} = 0$$

は $z = \mathbf{x}[i]$ を使って次のように表すことができます。

$$gz^2 + hz + f = 0$$

この式で、

$$g = \mathbf{b}[i]^2 - t^2 \mathbf{V}[i, i]$$

$$h = -2yb[i] + 2b[i]b'_{(i)}x_{(i)} - 2t^2V[i, (i)]'x_{(i)}$$

$$f = y^2 - 2yb'_{(i)}x_{(i)} + (b'_{(i)}x_{(i)})^2 - t^2x_{(i)}'V_{(i)}x_{(i)}$$

g、h、fの値に応じて、この不等式の解（すなわち、逆推定の信頼区間）は、次に示すような形式になります。

- 区間 (ϕ_1, ϕ_2) 、ここで $\phi_1 < \phi_2$
- 互いに素な区間 $(-\infty, \phi_1) \cup (\phi_2, \infty)$ 、ここで $\phi_1 < \phi_2$
- 実線全体、 $(-\infty, \infty)$
- $(-\infty, \phi)$ または (ϕ, ∞) のいずれか

Fiellerの信頼区間が実線全体の場合、Waldの区間が存在します。

注：「二変量の関係」のロジスティックプラットフォームと「モデルのあてはめ」の「名義ロジスティック」手法では、逆推定の信頼区間を計算する際に t 値が使用されます。一方、「モデルのあてはめ」の「一般化線形モデル」手法と SAS/STAT の PROC PROBIT では z 値が使用されるため、結果が異なります。

記号

ε 調整 341
& 対数分散 351

数字

(-1)* 対数尤度 366
1つ取って置きの交差検証法 (Leave-One-Out validation) 246
2次式の順序ロジスティック回帰 389
2乗変換 40

A

AIC 221
Alpha 97
ANOM 115–116
ANOM グラフ 116
AR(1)モデルの回帰モデルの例 298
Arrhenius 逆変換 40
Arrhenius 変換 40

B

Baseball.jmp 208
Bayes プロット 142–212
BLUP 165
Box Cox 変換 150

C

Cheese.jmp 384
Cholesterol.jmp 343
Cook の距離 159
Cox 配合 129
 C_p 221
 C_p 221
CrabSattelites.jmp 399

D

Delta 97
Detergent.jmp 379
DFE 220
Diabetes.jmp 240
Dogs.jmp 342
Dose Response.jmp 372
Drug.jmp 198
Durbin-Watson 比 153

E

EMS 法 109
Exercise.jmp 336
E 行列 331, 338, 346

F

Fishing.jmp 256
Fitness.jmp 215
Football.jmp 227
F 検定、複合 109–110
F 値 83, 85, 100
引用符付き 224

G

G-G 341
Golf Balls.jmp 329
Greenhouse-Geisser 調整 341

H

Helmert 333, 341
H-F 341
Hotelling-Lawley のトレース 339
Huynh-Feldt 調整 341
H 行列 331, 338, 346

I

Ingots2.jmp 391
Ingots.jmp 363, 373, 391
InjectionMolding.jmp 352
Iris.jmp 334

J

JMP スターター 24
JMP スターターウィンドウを閉じる 24
JMP チュートリアル 22
JMP の計算で使用される式 419

K

Kruskal-Wallis 441
K 分割交差検証法、一般化回帰 246

L

L1 ペナルティ 244
L2 ペナルティ 244
Lasso 245
Lenth の擬似的標準誤差 104
Lenth の方法 104
DF 法 82, 85, 99, 366
SS 法 224
Liver Cancer.jmp 252
LogisticPct 41
Logistic パーセント 41
Logist 関数 41
LogitPct 41
Logit パーセント 41
LSN (Least Significant Number) 131, 183, 445
LSV (Least Significant Value) 445
LSV (最小有意値) 131

M

MANOVA 204, 339
 手法 31
MANOVA 204
Marginal Model Inference 282
Mauchly の基準 341
MSE 220
M 行列 333, 338, 343

N

nDF 224

O

Odor Control Original.jmp 200

P

Pillai のトレース 339
PLS 回帰
 手法 31, 33
Poisson 243
PRESS 153
PSE 104
p 値 (Prob>ChiSq) 367
p 値 (Prob>F) 83, 85, 100, 339
 引用符付き 224
p 値 (Prob>|t|) 84

R

R 224
R2 乗 81, 221
R2 乗 (U) 367
Reactor.jmp 225
REML (推奨) 208
REML 法 109
RMSE 97
ROC 377
Roy の最大根 339

S

Salt in Popcorn.jmp 389
SAS ジョブの作成 44
SAS に送信 44
SAS の GLM プロシジャ 419, 421–434
Scheffe の 3 次多項式 38
Ship Damage.jmp 402
Sigma 97
Squish 関数 41
SSE 220

T

t値 84

V

VIF 84

W-Z

Wald 検定 369–370, 385

Wilcoxon の順位和 441

Wilks の Λ 339

ア

値 339

圧力シリンダあてはめメカニズム 444

あてはまりの悪さ

飽和モデル 98

あてはまりの悪さ (LOF) 検定 367, 385

あてはまりの悪さ (LOF) の誤差 197

あてはまりの悪さ (LOF) 表 98

あてはまりの悪さの平方和 99

あてはめのグループ 75

あてはめの原理 421–424

あてはめの要約レポート 81

あてはめメカニズム 442

アルゴリズム 419

イ

一元配置の分散分析

指定の例 49

位置の効果

モデルのあてはめのタブ 42

一変量検定も行う 332, 342

一変量の分布プラットフォーム 441

一般化回帰

検証法 246

最尤法 245

手法 31

推定法 244

弾性ネット 245

適応型 245

適応型 Lasso 245

分布 242

リッジ回帰 245

一般化線形モデル

手法 32

遺伝制約、ステップワイズ 218

因子モデル 424–440

引用 203

エ

枝分かれ

モデルのあてはめ 36

モデルの指定の例 37

枝分かれ効果 163, 205, 427, 432

枝分かれ変量効果モデル

1 水準の例 58

枝分かれモデル

2 水準、指定の例 60

オ

応答側が複合している例 343–345

応答曲面 201–202

モデルのあてはめマクロ 38

応答曲面計画 387

応答曲面効果 39

応答曲面モデル

指定の例 62

応答の指定ダイアログボックス 332

応答の平均 81

応答モデル 421–424

オッズ比 373

オッズ比の例 372

オブザベーション (または重みの合計) 82, 367

オフセット 402

オフセット変数 402

重み

分散分析レポート 82

モデルのあてはめ 35

重みの合計 82, 367

カ

カイ2乗 367

カイ2乗 366

回帰プロット 152

階層的効果 229

解表 201

下位プロットの効果 203

「解」レポート 240, 248

確率の計算式の保存 376

各列の個別検定も実行 332

数 98

カスタム 333

カスタム検定 109, 333, 408

仮説 444

仮説検定 428–434, 436

仮説のSSCP行列 338

仮定 440–442

完全 366

完全実施要因

モデルのあてはめマクロ 37

完全実施要因計画 380

ガンマ 243

キ

期待値の保存 376–377

逆推定 449

逆推定 125, 373

逆数変換 40

キューブプロット

レイアウトの変更 150

キューブプロット 149

球面性 340–341

行ごとの診断統計量 152

強調点 74

行番号とスチューデント化残差のプロット 357

共分散構造 160

共分散構造、残差の例 292

共分散構造、無構造の例 288

共分散分析

異なる傾き、指定の例 56

等しい傾き、指定の例 55

共分散分析の例 196

曲面プロファイル 356, 358, 411

距離を含む列 346

近似のF検定 339

ク

空間の例、混合モデル 306

組み合わせ 220, 228

クロス集計レポート 95

ケ

計画行列 436

計画コード 419

計算についての詳細 419

計算方法 419

経時データ (longitudinal data) 341

欠測値

標準最小2乗 75

モデルのあてはめ 44

欠測値、一般化回帰 242

欠測値 (モデルのあてはめ) 75

欠測値をカテゴリとして扱う、モデルのあてはめ 44

欠損セル 429–432, 437

名義尺度と順序尺度の因子 437–440

現在の値 145

現在の予測値 145

検出力 184

検出力の事後計算 130

検出力の事前計算 186

検出力の分析 130, 186, 445

検出力を求める 98

検証法、一般化回帰 246

検定 339

検定の詳細 334

コ

コーディングのテーブルを保存 159

効果 424–440

効果全体 220

効果てこ比

モデル全体のレポート 74

効果てこ比 74

効果てこ比のプロット 153

効果てこ比ペア 159

効果の大きさ

検出力 182

効果の検定

足りない自由度 85, 173
合計 333, 341, 343
合計M行列 343
交互作用 225, 426
交互作用プロット 146
交差 36
交差積の項 225
較正 125
項目 83
個々の標準誤差 357
誤差 83
誤差行列 338
誤差の標準偏差 159
誤差の標準偏差(RMSE) 81
個体間変動 205, 343
個体内変動 205, 341, 343
固定効果
 標準最小2乗のタブ 42
個別の信頼区間 158, 357
固有値 335
固有値ゼロ 78, 202
固有ベクトル 335
混合効果モデル、指定の例 60
混合効果モデルの例 58
混合モデル 204
 BLUP 165
 固定効果 270
 指定の例 61
 収束スコア検定 278
 周辺残差 283
 周辺予測値 283–284
 手法 31
 条件付き残差 285
 条件付き残差プロット 285
 条件付きプロファイル 285
 条件付き予測値 285–286
 条件付き予測値と実測値のプロット 285
 信頼限界の計算 279
 多重比較 296
 同等性の検定 297
 反復構造 273
 分割実験 300
 変量効果 271

モデルのあてはめのタブ 42
 例 264
混合モデル、DFDen 165
混合モデル、p値(Prob>|t|) 165
混合モデル、t値 165
混合モデル、標準誤差 165
混合モデル手法 160
混合モデルのレポート 160

サ

差 366
最小2乗平均 87, 428, 437
最小2乗平均 88
最小2乗平均のStudentのt検定 92
最小2乗平均のTukeyのHSD検定 92
最小2乗平均の信頼区間 88
最小2乗平均の対比
 例 91
最小2乗平均の対比 195
最小2乗平均プロット 88
最小2乗法
 概要 421
最小2乗法によるあてはめ
 行ごとの診断統計量 152
最小有意差 447
 およびLSV 447
最小有意数(LSN) 131, 183, 445
最小有意数を求める 98
最小有意値(LSV) 131, 445
最小有意値を求める 98
最小レポート 74
最大R2乗 100
最尤法 363, 422
最良線形不偏予測子 165
最良の変換を保存 151
差の順位レポート 95
参考文献 203
残差 203, 421
残差 158, 356
残差行列 338
残差と行のプロット 153
残差と予測値のプロット 153
参照 203

シ

指数変換 40

実行 220, 222

尺度効果

モデルのあてはめのタブ 42

重回帰分析の例 215

重心値 335

重心プロット 334–335

収束スコア検定 278

収束の設定 44

自由度 82

自由度調整 R2 乗 81, 221

周辺残差 283

周辺モデルのプロファイル 284

周辺予測値 283–284

重要な概念 442

縮小 366

主効果

モデルのあてはめのタブ 42

出典 203

手法 30, 215

順序尺度の因子 437

順序尺度の応答モデル 421, 423–424

順序尺度の交互作用 436

順序尺度の交差モデル 436

順序尺度の最小2乗平均 437

順序ロジスティック

手法 32

順序ロジスティック回帰 383

条件付き個別の信頼区間 168

条件付き残差 285

条件付き残差 168

条件付き残差プロット 285

条件付きプロファイル 285

条件付き平均の信頼区間 168

条件付きモデル診断プロット 284

条件付きモデルのプロファイル 285

条件付き予測式 168

条件付き予測値 285–286

条件付き予測値 168

条件付き予測値と実測値のプロット 285

詳細な比較レポート 95

除外された行 82

除外した効果 39

信頼区間 371

ス

水準 88

推定 88

推定 84, 224

推定値の共分散 410

推定値の相関 132, 410

推定値表 223

推定不可能 424

推定法、一般化回帰 244

スクリプトウィンドウに保存 43

スチューデント化された残差 158, 357

ステップ 220

ステップワイズ

遺伝 218

手法 31

ステップワイズ回帰 215, 229

カテゴリカルな項 227–229

例 215, 223, 226

ロジスティック 230

すべて削除 220

すべて追加 220

すべての組み合わせ 37

すべての交互作用を含む三元配置分散分析

指定の例 53

セ

正確なF検定 339

正規プロット 140

正規分布 443

制限 220, 228

制限法と無制限法によるパラメータ化 163

正準曲率表 77, 202

正準軸 335

正準スコアの保存 334

正準相関 336–337

正準相関 327, 335

正準変数 334

生存時間 (パラメトリック)

手法 32
モデルのあてはめのタブ 42
設定された次数まで 37
節点スプライン
 曲面の検定 210
節点スプライン効果
 指定の例 64
 説明 39
節点スプライン効果 209
ゼロ 424
ゼロ強調 Poisson 243
ゼロ強調の負の二項分布 243
ゼロに固定したパラメータ推定値 84, 172
線形従属 429–432
線形順位検定 441
線形モデル 27
全水準の推定値
 解釈 107
全水準の推定値 106
全体（修正済み）83
全体平均との比較 115
全体モデル表 338, 365

ソ

相関のある応答、混合モデル 313
相対的な有意度 440
属性 38
その他の手法 441

タ

対数線形分散 349, 351
 手法 32
 モデルのあてはめのタブ 42
対数線形分散モデル 349, 351–360
対数分散効果 39, 351
対数変換 40
対比 90
対比 333–334, 341, 343, 408
対比 M 行列 333, 343
「対比の指定」ウィンドウ 90
タイプ III と IV の仮説検定 428
タイプ I 平方和 108

タグチ計画 351
多項 333, 341
多項式回帰モデル
 一変量、モデルの指定の例 47
 二変量、モデルの指定の例 48
多項式の次数
 一変量、モデルの指定の例 47
 二変量、モデルの指定の例 48
 モデルのあてはめマクロ 38
多項式の中心化 43
多重線形回帰
 指定の例 48
多重比較
 ANOM 115
 調整 112, 114
 分位点 114
 平均分析法 115
多重比較、混合モデル 296
多層構造 204
妥当性 441
妥当性の評価 441
多変量検定のレポート 339
多変量の最小 2 乗平均 334
多変量分散分析 31
多変量平均 327
ダミー変数への変換 199, 425
足りない自由度 85, 173
単位オッズ比 371
単位行列 333
単純線形回帰
 指定の例 46
弾性ネット 245

チ

逐次検定 108
逐次（タイプ 1）検定 108
チュートリアル 22
チュートリアルの例
 一元配置の分散分析 193
 応答側が複合しているモデル 343–345
 応答曲面 200–202
 共分散分析 196
 重回帰分析 215

ステップワイズ回帰 215, 223, 226
等高線プロファイル 147
反復測定 341, 343–345
分割実験 204
変量効果 208–209
ロジスティック回帰 379–391

調整済み検出力 131

調整済み検出力と信頼区間 98, 184, 445

直交t値 142

直交正規行列 340

ツ

ツールヒント 23

追加 36

追加済み 224

追加変数プロット 177

通常の仮定 440–442

積み重ね 391

テ

データテーブルに保存 43

停止 220

適応型Lasso 245

適応型弾性ネット 245

適合度検定 (goodness-of-fit test) 367

適合度統計量レポート、混合モデルの 276

てこ比プロット 153, 198

 X軸のスケール 155

デビアンس 398

ト

統計手法の限界 440–442

統計の詳細 419

動径平滑化 38

等高線プロファイル 356, 358, 411

同等性検定 111, 120

同等性の検定 95

同等性の検定、混合モデル 297

特異性 429–432, 437

特異性の詳細 171

度数

 分散分析レポート 82

 モデルのあてはめ 35

度数データ 391

度数テーブル 391

度数の役割 363

度数表 391

ドラッグ 145

二

二元配置の分散分析

 交互作用あり、指定の例 51

 指定の例 50

二変量の関係プラットフォーム 361, 386

ハ

バイアスを持つパラメータ推定値 84, 172

配合計画の応答曲面 38

配合効果 39

混合モデル 160

ハット 159

バネあてはめメカニズム 443–444

ばらつき効果 349–360

パラメータ 224

パラメータ推定値

 ゼロに固定 84, 172

 バイアスあり 84, 172

パラメータ推定値

 信頼区間 84

パラメータ推定値テーブル 200

パラメータ推定値表 83, 402

パラメータ数 85

パラメータに対する検出力 130

パラメータの解釈 425

パレート図 143

範囲オッズ比 371

反復測定

 指定の例 61

反復測定 333

反復測定実験 327

 指定の例 61

 例 341, 343–345

反復測定の例 287

反復履歴レポート 365, 422

判別結果の保存 346

判別分析 345

判別分析 327

ヒ

非表示の列 355

標準化推定値 138

標準化ベータ 84

標準誤差 165

標準誤差 84, 88

純粋誤差の平方和 98

標準最小2乗

手法 31

モデルのあてはめのタブ 42

標準偏差計算式 356

開く

JMPスターターウィンドウ 24

比例ハザード

手法 32

フ

不確定性 442

複合 333

複合因子検定 109–110

複数の推論 441

符号を逆にした対数尤度 365, 443

不純物分布 142

負の二項分布 243

プロファイル 145, 333, 341, 356, 358, 379, 410

分位点の保存 376–377

分割実験

指定の例 61

例 204

分割実験、混合モデル 300

分散計算式 356

分散効果

モデルのあてはめのタブ 42

分散効果の尤度比検定 356

分散成分 163, 203

分散成分の範囲制限なし、混合モデル 279

分散成分モデル 160

分散パラメータ推定値 355

分散分析

一元配置、指定の例 49

二元配置、指定の例 50

分散分析表 365

分散分析表の例 193

分散分析レポート 82

分母の自由度 339

分類変数 346

ヘ

平均 88, 333, 341

平均値 421

平均の信頼区間 158, 357

平均分析法 115

平均平方 85

平均平方 83, 100

平均モデル 351–352

平方根変換 40

平方和 83, 85, 99

偏回帰残差てこ比プロット 177

変換

モデルのあてはめ 40

変数減少 219

変数増加 219

変数増減 219

変数を除去するときのp値 219

変数を追加するときのp値 219

変量効果

概要 203

属性 39

標準最小2乗のタブ 42

変量効果 109, 215

変量効果モデル 160

「計量値/計数値チャート」プラットフォームでの
あてはめ 161

変量効果モデルのレポート 160

ホ

保存 376, 441

保留検証法、一般化回帰 246

マ

マクロ 37

マクロ 380

満足度信頼曲線 145

ム

無制限法と制限法によるパラメータ化 163

メ

名義尺度 367

名義尺度の因子 425, 428–432

名義尺度の応答モデル 421–423

名義ロジスティック

手法 32

メカニズム

あてはめ 442

メニューのヒント 23

モ

文字の接続レポート 95

モデル 83

モデル 366

モデル効果 36–42

モデル効果の構成 36–42

モデルスクリプト 30

モデル全体のレポート 74

モデルダイアログ 30–35

モデルのあてはめ 25–64

By 34

Y 34

枝分かれ 36

重み 35

起動ウィンドウ 30–35

強調点 74

欠測値 44

交差 36

削除 35

次数 34

手法 30

切片なし 41

前回の設定 35

属性 38

ダイアログを開いたままにする 35

妥当性のチェック 45

タブ 41

追加 36

データテーブルスクリプト 30

度数 35

変換 40

マクロ 37

モデル効果 36–42

モデル効果の構成 36

「モデルの指定」のオプション 42

モデルの指定の例 46–64

例 28–30

列の選択 34

モデルのあてはめプラットフォーム 229, 389, 426

共分散分析 196

検出力の分析 130

ステップワイズ回帰

カテゴリカルな項 227–229

全水準の推定値 106

分散分析 193

例 147, 200–202, 208–209

ロジスティック回帰 361

モデルの作成 220, 229

モデルの実行 363, 388

モデルの指定

例 46–64

「モデルの指定」のオプション 42

ユ

有意確率

ステップワイズ回帰 215

有意水準の設定 43

有効仮説検定 429

尤度比検定 369–370, 385

尤度比検定 369

ヨ

要因 82, 85, 99

要因のスクリーニング 134

標準化推定値 138

要因のスクリーニング 74

予測式 [376](#), [424–436](#)

予測式 [158](#), [356](#)

予測式の表示 [101](#)

予測値 [158](#)

予測値 vs. Pearson 残差 [411](#)

予測値 vs. 実測値 [411](#)

予測値 vs. スチューデント化 Pearson 残差 [411](#)

予測値 vs. スチューデント化デビアンズ残差 [411](#)

予測値 vs. デビアンズ残差 [411](#)

予測値と実測値のプロット [152](#), [357](#)

予測値とスチューデント化残差のプロット [357](#)

予測値の標準誤差 [159](#), [357](#)

予測値の標準誤差の計算式 [159](#)

予測プロファイル [145](#)

リ

リッジ回帰 [245](#)

ル

ルール [220](#)

ルールなし [220](#)

累積ロジスティック確率プロット [373](#)

レ

列の保存 [411](#)

連続尺度の応答モデル [421](#)

ロ

ロジスティック [41](#)

ロジスティックステップワイズ回帰 [230](#)

ロジスティックプラットフォーム [361](#)

 応答関数 [361](#)

 例 [379–391](#)

ロック [224](#)

ワ

輪切り検定 (単純主効果検定) [96](#)

