



バージョン 13

基本的な回帰モデル

第 2 版

「真の発見の旅とは、新しい風景を探ることではなく、新たな視点を持つことである。」
マルセル・ブルースト

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

13.1

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. 2017.
『JMP® 13 基本的な回帰モデル 第2版』 Cary, NC: SAS Institute Inc.

JMP® 13 基本的な回帰モデル 第2版

Copyright © 2017, SAS Institute Inc., Cary, NC, USA

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。

米国 政府のライセンス権利、権利の制限: 本ソフトウェアとそのマニュアルは、私的な費用負担の下に開発された商業的コンピュータソフトウェアであり、米国政府に対して権利を制限した上で提供されます。米国政府による本ソフトウェアの使用、複製または開示は、該当する範囲で FAR 12.212, DFAR 227.7202-1(a)、DFAR 227.7202-3(a)、DFAR 227.7202-4 に従った本合意書のライセンス条件に従うものとし、米国連邦法の下で求められる範囲において、FAR 52.227-19 (2007年12月) で規定されている制限された最小限の権利に従うものとしめます。FAR 52.227-19 が適用される場合、この条項は、その (c) 項に基づく通告の役目を果たし、本ソフトウェアまたはマニュアルにその他の通告を添付する必要はありません。本ソフトウェアおよびマニュアルにおける政府の権利は、本合意書で規定されている権利に限られます。

SAS Institute Inc., SAS Campus Drive, Cary, North Carolina 27513-2414.

2017年2月

SAS® と、SAS Institute Inc. の他の製品名およびサービス名は、米国および他の国における SAS Institute Inc. の登録商標または商標です。® は、米国において登録されていることを示します。

他のブランド名および製品名は、それぞれの会社の商標です。

SAS ソフトウェアは、オープンソースのソフトウェアを含むがそれに限らない、特定のサードパーティ製ソフトウェアと共に提供される場合があります。かかるソフトウェアは、適用されるサードパーティソフトウェアライセンス契約に基づいてライセンスを得たものです。SAS ソフトウェアと共に配布されるサードパーティ製ソフトウェアに関する情報は、<http://support.sas.com/thirdpartylicenses> を参照してください。

テクノロジーライセンスに関する通知

- Scintilla - Copyright © 1998-2014 by Neil Hodgson <neilh@scintilla.org>.

All Rights Reserved.

何らかの目的でこのソフトウェアとそのマニュアルを手数料なしで使用、コピー、変更および配布することは、これをもって許可されます。ただし、すべてのコピーに上記の著作権に関する通知が記載されていること、および補助的なマニュアルに著作権に関する通知とこの許可に関する通知の両方が記載されていることを条件とします。

NEIL HODGSONは、商業性および適合性の黙示的な保証を含め、このソフトウェアに関するすべての保証を放棄します。NEIL HODGSONは、いかなる場合においても、それが契約、過失、もしくは他の不法行為のどれであれ、このソフトウェアの使用もしくは性能から生じた、もしくはそれに関連して生じた使用、データ、もしくは利益の損失の結果として生じる特別損害、間接損害、もしくは付随的損害を始めとするいかなる損害に対しても責任を負いません。

- Telerik RadControls: Copyright © 2002-2012, Telerik. 含まれている Telerik RadControls を JMP 以外で使用することは許可されていません。
- ZLIB 圧縮ライブラリ - Copyright © 1995-2005, Jean-Loup Gailly and Mark Adler.
- Natural Earth を使用して作成。無料のベクトルおよびラスター地図データ @ naturalearthdata.com.
- パッケージ - Copyright © 2009-2010, Stéphane Sudre (s.sudre.free.fr). All rights reserved.

ソースおよびバイナリの形で、そのまま、もしくは変更を加えて再配布および使用することは、次のような条件を満たす限り、許可されます。

再配布するソースコードには、上記の著作権に関する通知、この条件リスト、これに続く放棄声明が記載されていなければなりません。

バイナリ形式で再配布する場合は、共に提供されるマニュアルなどの資料に上記の著作権に関する通知、この条件リスト、これに続く放棄声明が記載されていなければなりません。

事前に書面による許可を得ることなく、このソフトウェアから派生した製品の推奨または宣伝のために WhiteBox の名前やその貢献者の名前を使用することはできません。

このソフトウェアは、著作権保有者および貢献者によって「現状のままで」提供され、商業性および特定の目的に対する適合性に関する黙示的な保証を含むがそれに限らない、いかなる明示的もしくは黙示的な保証も行われません。いかなる場合においても、著作権保有者または貢献者は、損害の原因が何であれ、そして法的責任の根拠が何であれ、つまり、契約、厳格責任、不法行為（過失その他を含む）のどれであれ、かかる損害の発生する可能性を事前に知らされていたとしても、このソフトウェアをどのように使用して生じた損害であれ、いかなる直接損害、間接損害、付随的損害、特別損害、懲罰的損害、もしくは結果損害（代替品または代替サービスの調達、使用機会、データもしくは利益の損失、業務の中断を含むがそれに限らない）に対しても責任を負いません。

- iODBCソフトウェア - Copyright © 1995-2006, OpenLink Software Inc and Ke Jin (www.iodbc.org). All rights reserved.

ソースおよびバイナリの形で、そのまま、もしくは変更を加えて再配布および使用することは、次のような条件を満たす限り、許可されます。

- 再配布するソースコードには、上記の著作権に関する通知、この条件リスト、これに続く放棄声明が記載されていなければなりません。
- バイナリ形式で再配布する場合は、共に提供されるマニュアルなどの資料に上記の著作権に関する通知、この条件リスト、これに続く放棄声明が記載されていなければなりません。
- 事前に書面による許可を得ることなく、このソフトウェアから派生した製品の推奨または宣伝のために OpenLink Software Inc. の名前やその貢献者の名前を使用することはできません。

このソフトウェアは、著作権保有者および貢献者によって「現状のままで」提供され、商業性および特定の目的に対する適合性に関する黙示的な保証を含むがそれに限らない、いかなる明示的もしくは黙示的な保証も行われません。いかなる場合においても、OPENLINKまたは貢献者は、損害の原因が何であれ、そして法的責任の根拠が何であれ、つまり、契約、厳格責任、不法行為（過失その他を含む）のどれであれ、かかる損害の発生する可能性を事前に知らされていたとしても、このソフトウェアをどのように使用して生じた損害であれ、いかなる直接損害、間接損害、付随的損害、特別損害、懲罰的損害、もしくは結果損害（代替品または代替サービスの調達、使用機会、データもしくは利益の損失、業務の中断を含むがそれに限らない）に対しても責任を負いません。

- bzip2、関連ライブラリの「libbzip2」、およびすべてのマニュアル: Copyright © 1996-2010, Julian R Seward. All rights reserved.

ソースおよびバイナリの形で、そのまま、もしくは変更を加えて再配布および使用することは、次のような条件を満たす限り、許可されます。

再配布するソースコードには、上記の著作権に関する通知、この条件リスト、これに続く放棄声明が記載されていなければなりません。

このソフトウェアの供給源は正しく表記しなければならず、使用者が元のソフトウェアを記述したと主張することはできません。ある製品の中でこのソフトウェアを使用する場合は、その製品のマニュアルに謝辞を記載してもらえるとありがたいですが、必須ではありません。

ソースに変更を加えたバージョンには、その旨を明記しなければならず、元のソフトウェアとは違うものであることを明確にしてください。

事前に書面による許可を得ることなく、このソフトウェアから派生した製品の推奨または宣伝のために作成者の名前を使用することはできません。

このソフトウェアは、作成者によって「現状のままで」提供され、商業性および特定の目的に対する適合性に関する黙示的な保証を含むがそれに限らない、いかなる明示的もしくは黙示的な保証も行われません。いかなる場合においても、作成者は、損害の原因が何であれ、そして法的責任の根拠が何であれ、つまり、契約、厳格責任、不法行為（過失その他を含む）のどれであれ、かかる損害の発生する可

能性を事前に知らされていたとしても、このソフトウェアをどのように使用して生じた損害であれ、いかなる直接損害、間接損害、付随的損害、特別損害、懲罰的損害、もしくは結果損害（代替品または代替サービスの調達、使用機会、データもしくは利益の損失、業務の中断を含むがそれに限らない）に対しても責任を負いません。

- Rソフトウェア: Copyright © 1999-2012, R Foundation for Statistical Computing.
- MATLABソフトウェア: Copyright © 1984-2012, The MathWorks, Inc. 米国特許法および国際特許法によって保護されています。www.mathworks.com/patentsを参照してください。MATLABおよびSimulinkは、The MathWorks, Inc.の登録商標です。他の商標は、www.mathworks.com/trademarksに一覧されています。他の製品名やブランド名は、それぞれの所有者の商標または登録商標である可能性があります。
- libopc: Copyright © 2011, Florian Reuter. All rights reserved.

ソースおよびバイナリの形で、そのまま、もしくは変更を加えて再配布および使用することは、次のような条件を満たす限り、許可されます。

- 再配布するソースコードには、上記の著作権に関する通知、この条件リスト、これに続く放棄声明が記載されていなければなりません。
- バイナリ形式で再配布する場合は、共に提供されるマニュアルなどの資料に上記の著作権に関する通知、この条件リスト、これに続く放棄声明が記載されていなければなりません。
- 事前に書面による許可を得ることなく、このソフトウェアから派生した製品の推奨または宣伝のためにFlorian Reuterの名前やその貢献者の名前を使用することはできません。

このソフトウェアは、著作権保有者および貢献者によって「現状のままで」提供され、商業性および特定の目的に対する適合性に関する黙示的な保証を含むがそれに限らない、いかなる明示的もしくは黙示的な保証も行われません。いかなる場合においても、著作権保有者または貢献者は、損害の原因が何であれ、そして法的責任の根拠が何であれ、つまり、契約、厳格責任、不法行為（過失その他を含む）のどれであれ、かかる損害の発生する可能性を事前に知らされていたとしても、このソフトウェアをどのように使用して生じた損害であれ、いかなる直接損害、間接損害、付随的損害、特別損害、懲罰的損害、もしくは結果損害（代替品または代替サービスの調達、使用機会、データもしくは利益の損失、業務の中断を含むがそれに限らない）に対しても責任を負いません。

- libxml2 - ソースコードに特に記載がある場合を除く（たとえば、使用しているライセンスは類似しているが、著作権の通知が異なるhash.c、list.cファイルやtrioファイル）、すべてのファイル:

Copyright © 1998 - 2003 Daniel Veillard. All Rights Reserved.

これをもって、このソフトウェアのコピーと関連する文書ファイル（「本ソフトウェア」）を入手した人すべてに対し、無料で本ソフトウェアを使用、コピー、変更、マージ、パブリッシュ、配布、サブライセンスする、もしくはコピーを販売する権利を含むがそれに限定せず、本ソフトウェアを制限なく取り扱う権利、および本ソフトウェアの供給相手に対してそうすることを許可する権利が付与されます。ただし、以下の条件を満たさなければなりません。

上記の著作権に関する通知とこの許可に関する通知が、本ソフトウェアのコピーのすべてまたは大部分に記載されていること。

このソフトウェアは、「現状のままで」提供され、商業性および特定の目的に対する適合性、および非侵害の保証を含むがそれに限らない、いかなる明示的もしくは黙示的な保証も行われません。DANIEL VEILLARDは、いかなる場合においても、それが契約、過失、もしくは他の不法行為のどれであれ、本ソフトウェアから、もしくは本ソフトウェアに関連して、または本ソフトウェアの使用もしくは他の取り扱いに関連して生じた申し立て、損害賠償もしくは他の義務に対し、責任を負いません。

この通知に含まれているものを除き、Daniel Veillardから事前により書面による許可を得ることなく、本ソフトウェアの広告、またはその他の手段による本ソフトウェアの販売、使用もしくは他の取り扱いの宣伝にDaniel Veillardの名前を使用することはできません。

- UNIX ファイルに使用された解凍アルゴリズムについて：

Copyright © 1985, 1986, 1992, 1993

カリフォルニア大学評議員。All rights reserved.

このソフトウェアは、評議員および貢献者によって「現状のままで」提供され、商業性および特定の目的に対する適合性に関する黙示的な保証を含むがそれに限らない、いかなる明示的もしくは黙示的な保証も行われません。いかなる場合においても、評議員または貢献者は、損害の原因が何であれ、そして法的責任の根拠が何であれ、つまり、契約、厳格責任、不法行為（過失その他を含む）のどれであれ、かかる損害の発生する可能性を事前に知らされていたとしても、このソフトウェアをどのように使用して生じた損害であれ、いかなる直接損害、間接損害、付随的損害、特別損害、懲罰的損害、もしくは結果損害（代替品または代替サービスの調達、使用機会、データもしくは利益の損失、業務の中断を含むがそれに限らない）に対しても責任を負いません。

1. 再配布するソースコードには、上記の著作権に関する通知、この条件リスト、これに続く放棄声明が記載されていなければなりません。

2. バイナリ形式で再配布する場合は、共に提供されるマニュアルなどの資料に上記の著作権に関する通知、この条件リスト、これに続く放棄声明が記載されていなければなりません。

3. 事前により書面による許可を得ることなく、このソフトウェアから派生した製品の推奨または宣伝のために大学の名前や貢献者の名前を使用することはできません。

- Snowball - Copyright © 2001, Dr Martin Porter, Copyright © 2002, Richard Boulton.

All rights reserved.

ソースおよびバイナリの形で、そのまま、もしくは変更を加えて再配布および使用することは、次のような条件を満たす限り、許可されます。

1. 再配布するソースコードには、上記の著作権に関する通知、この条件リスト、これに続く放棄声明が記載されていなければなりません。

2. バイナリ形式で再配布する場合は、共に提供されるマニュアルなどの資料に上記の著作権に関する通知、この条件リスト、これに続く放棄声明が記載されていなければなりません。

3. 事前に書面による許可を得ることなく、このソフトウェアから派生した製品の推奨または宣伝のために著作権保有者の名前や貢献者の名前を使用することはできません。

このソフトウェアは、著作権保有者および貢献者によって「現状のままで」提供され、商業性および特定の目的に対する適合性に関する黙示的な保証を含むがそれに限らない、いかなる明示的もしくは黙示的な保証も行われません。いかなる場合においても、著作権保有者または貢献者は、損害の原因が何であれ、そして法的責任の根拠が何であれ、つまり、契約、厳格責任、不法行為（過失その他を含む）のどれであれ、かかる損害の発生する可能性を事前に知らされていたとしても、このソフトウェアをどのように使用して生じた損害であれ、いかなる直接損害、間接損害、付随的損害、特別損害、懲罰的損害、もしくは結果損害（代替品または代替サービスの調達、使用機会、データもしくは利益の損失、業務の中断を含むがそれに限らない）に対しても責任を負いません。

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	19
表記規則	20
JMPのマニュアル	21
JMPドキュメンテーションライブラリ	21
JMPヘルプ	27
JMPを習得するためのその他のリソース	27
チュートリアル	27
サンプルデータテーブル	28
統計用語とJSL用語の習得	28
JMPを使用するためのヒント	28
ツールヒント	29
JMP User Community	29
JMPer Cable	29
JMP関連書籍	29
「JMPスターター」ウィンドウ	30
テクニカルサポート	30

2 モデルの指定

線形モデルの指定	31
「モデルのあてはめ」プラットフォームの概要	32
「モデルのあてはめ」で行う回帰分析の例	33
「モデルのあてはめ」プラットフォームの起動	35
「モデルのあてはめ」起動ウィンドウの要素	36
モデル効果の構成	38
あてはめの手法	44
「モデルの指定」のオプション	46
欠測値をカテゴリとして扱う	47
妥当性のチェック	48
代表的なモデルの指定方法	48
単回帰	48
1変数の多項式	50
2変数の多項式	51
重回帰	51
一元配置分散分析	52

二元配置分散分析	53
交互作用のある二元配置の分散分析	54
すべての交互作用を含む三元配置分散分析	55
共分散分析（傾きが等しい場合）	57
共分散分析（傾きが異なる場合）	58
2因子の枝分かれ変量効果モデル	60
3因子の完全枝分かれ変量効果モデル	62
単純な分割実験または反復測定モデル	63
2因子の応答曲面モデル	65
節点スプライン効果	66

3 標準最小2乗のレポートとオプション

標準最小2乗を用いた様々な分析例	69
標準最小2乗法の使用例	70
[標準最小2乗] 手法の起動	72
「モデルのあてはめ」起動ウィンドウ	73
[標準最小2乗] 手法のオプション	74
検証	76
欠測値	76
「最小2乗法によるあてはめ」レポート	77
応答が1つの場合と複数の場合	77
強調点に関連するレポートの構造	77
特別なレポート	77
「最小2乗法によるあてはめ」のオプション	80
「あてはめのグループ」のオプション	81
応答変数に対するオプション	82
回帰レポート	83
あてはめの要約	84
分散分析	85
パラメータ推定値	86
効果の検定	87
効果の詳細	88
あてはまりの悪さ (LOF)	101
推定値	103
予測式の表示	104
推定値の並べ替え	105
全水準の推定値	109
指示変数に対する推定値	110
逐次検定	111
カスタム検定	112
多重比較	115
複合因子検定	128
逆推定	129

Cox 配合	133
パラメータに対する検出力	135
推定値の相関	136
名義尺度効果のコード変換	138
要因のスクリーニング	139
尺度化した推定値	139
プロットのオプション	141
「正規プロット」レポート	145
「Bayes プロット」レポート	146
「パレート図」レポート	148
因子プロファイル	149
プロファイル	150
交互作用プロット	150
等高線プロファイル	152
配合プロファイル	153
キューブプロット	154
Box-Cox Y 変換	155
曲面プロファイル	157
行ごとの診断統計量	158
てこ比プロット	159
PRESS	162
列の保存	163
予測式	166
「効果の要約」レポート	166
混合効果モデルのレポートとオプション	170
混合モデルと変量効果モデル	170
REML 法（制限最尤法）	174
EMS 法のレポート	179
1 次従属性がある場合	181
特異性の詳細	181
「パラメータ推定値」レポート	182
「効果の検定」レポート	182
例	183
統計の詳細	185
強調点のルール	185
カスタム検定の例に関する詳細	185
推定値の相関	186
てこ比プロットの詳細	187
Kackar-Harville の修正	190
検出力の分析	190

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	201
一元配置分散分析の例	202
傾きが等しい共分散分析の例	205
傾きが異なる共分散分析の例	207
応答曲面モデルの例	209
完全な応答曲面モデルをあてはめる	209
モデルを縮小する	210
「応答曲面」レポートを検討する	212
予測プロファイルを使って臨界点を見つける	213
「等高線プロファイル」を使って曲面を確認する	214
分割実験の例	216
変量効果の各水準に対する予測量の例	220
節点スプラインの例	222
Bayes流因子スクリーニングの例	224

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	227
ステップワイズ回帰の概要	228
ステップワイズ回帰の使用例	228
ステップワイズのレポート	230
ステップワイズのプラットフォームオプション	230
「ステップワイズ回帰の設定」パネル	231
「現在の推定値」レポート	237
「ステップ履歴」レポート	238
交差、交互作用、多項式の項を含んだモデル	238
[組み合わせ] ルールの例	239
名義尺度または順序尺度の効果を含んだモデル	240
階層的な項の作成	241
名義尺度の項を含むモデルの例	241
階層的な項に対する[制限] ルールの例	246
2水準や順序尺度に対するロジスティック回帰のステップワイズ	248
ロジスティック回帰でのステップワイズの使用例	248
[すべてのモデル] オプション	250
[すべてのモデル] オプションの使用例	250
[モデル平均化] オプション	252
[モデル平均化] オプションの使用例	252
検証の使用	253
「検証」列の値が2つまたは3つの場合	253
K分割交差検証	256

6 一般化回帰モデル

変数選択法を使ってモデルを構築する	259
一般化回帰の概要	260
一般化回帰の例	261
「一般化回帰」手法の起動	263
分布	265
「一般化回帰」レポートウィンドウ	271
「モデルの設定」パネル	272
モデルのあてはめレポート	278
モデルの要約	279
推定値の詳細	281
パラメータ推定値の経路	281
標準化した説明変数に対する推定値	284
元の説明変数に対する推定値	286
非ゼロの推定値	286
効果の検定	287
モデルのあてはめのオプション	287
統計の詳細	293
推定法の統計の詳細	293
「詳細設定」の統計の詳細	295
分布の統計の詳細	296

7 一般化回帰の例

正則化手法を使ったモデルの構築	301
Poisson 一般化回帰の例	302
二項一般化回帰の例	304
ゼロ強調 Poisson 回帰の例	306

8 混合モデル

誤差の共分散構造もモデル化	309
混合モデル手法の概要	310
混合モデルを使った例	311
混合モデル手法の起動	316
「モデルのあてはめ」起動ウィンドウ	316
「混合モデルのあてはめ」レポート	322
適合度統計量	323
変量効果の共分散パラメータ推定値	325
固定効果のパラメータ推定値	326
反復構造の共分散パラメータ推定値	327
ランダム係数	328
変量効果の予測値	328
固定効果の検定	328
多重比較	329

周辺予測値プロット	329
予測値と実測値のプロット	329
残差プロット	329
プロファイル	330
条件付き予測値プロット	331
条件付き予測値と実測値のプロット	331
条件付き残差プロット	331
条件付きプロファイル	332
バリオグラム	332
列の保存	333
「混合モデル」手法の別例	334
反復測定の場合	334
分割実験モデルの場合	351
空間モデルの場合: 正方形分割された農場での試験	357
相関がある応答の場合	366
統計的詳細	373
収束スコア検定	373
ランダム係数モデル	375
反復測定	376
反復共分散構造	376
空間的構造	381
Kackar-Harvilleの修正	384

9 多変量分散分析

多変量の応答に対するモデル	387
複数の応答をもつモデルの場合	388
MANOVA のレポート	390
「MANOVA のあてはめ」のオプション	390
応答の指定	391
[応答の選択] のオプション	392
[カスタム検定] オプション	392
多変量検定	396
多変量検定の詳細	397
適切な多変量検定とは	398
一変量検定と球面性の検定	398
反復測定データに対する多変量モデル	400
応答側が複合しているモデルの場合	402
線形判別分析	404
統計的詳細	406
多変量検定	406
近似F検定	407
正準相関分析の詳細	408

10 対数線形分散モデル

応答の分散と平均をモデル化	411
対数線形分散モデルの概要	412
ばらつきの効果	412
モデルの指定	412
メモ	413
対数線形分散の使用例	413
対数線形のレポート	416
対数線形プラットフォームのオプション	417
列の保存	418
行ごとの診断統計量	418
残差の検討	419
あてはめたモデルのプロファイル	420
あてはめたモデルのプロファイルの例	420

11 ロジスティック回帰モデル

名義尺度や順序尺度の応答に対する回帰モデル	423
ロジスティック回帰の概要	424
名義ロジスティック回帰	424
順序ロジスティック回帰	424
ロジスティック回帰モデルのあてはめができるその他のJMPプラットフォーム	424
ロジスティック回帰の例	425
名義ロジスティック回帰の例	425
順序ロジスティック回帰の例	427
[名義ロジスティック] と [順序ロジスティック] 手法の起動	429
検証	430
ロジスティックのあてはめのレポート	430
モデル全体の検定	431
あてはめの詳細	432
あてはまりの悪さ (LOF) 検定	433
「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	433
名義尺度と順序尺度に共通のオプション	433
名義尺度のオプション	435
順序尺度のオプション	437
ロジスティック回帰の別例	437
逆推定の例	438
名義ロジスティックモデルの「効果の要約」を使用する例	439
2次式の順序ロジスティックモデルの例	441
複数列の度数を積み重ねる例	444
統計の詳細	445
ロジスティック回帰モデル	445
オッズ比	446

統計的検定の関係	447

12 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	449
一般化線形モデルの概要	450
一般化線形モデルの例	450
[一般化線形モデル] 手法の起動	452
「一般化線形モデルのあてはめ」レポート	454
モデル全体の検定	454
「一般化線形モデルのあてはめ」レポートのオプション	455
[一般化線形モデル] 手法の別例	457
[対比] を使用して変数の水準における差を比較する	458
Poisson 回帰とオフセット	459
正規分布の回帰モデルと対数リンク	460
統計的詳細	462
モデルの選択とデビアン	464

A 統計的詳細

基本的な回帰モデル	467
応答モデル	468
連続尺度の応答	468
名義尺度の応答	468
順序尺度の応答	470
因子モデル	471
連続尺度の因子	471
名義尺度の因子	472
順序尺度の因子	481
度数	487
通常の仮定	488
想定されているモデル	488
相対的な有意度	488
多重性の問題	488
妥当性の評価	488
その他の手法	489
鍵となる統計的概念	489
不確定性という統合概念	490
2つの基本的なあてはめメカニズム	490
尤度・AICc・BIC	493
検出力の計算	494
LSN の計算	494
LSV の計算	495
検出力の計算	496
調整済み検出力の計算	496

基本的な回帰モデル	17
逆推定の信頼限界	497
B 参考文献	
索引	
基本的な回帰モデル	507

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
 - テクニカルサポートのオプション

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、次のような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
- 次の項目の表記規則は下記のとおりです。
 - 重要な単語や句、JMPに固有の定義を持つ単語や句は太字または「」で囲んで表記
 - マニュアルのタイトルは『』で囲んで表記
 - 変数名は斜体で表記
 - スクリプトの出力は斜体で表記
- 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https://www.jmp.com/ja_jp/software/predictive-analytics-software.htmlをご覧ください。

メモ: 特別な情報および制限事項には、この文のように「メモ」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 では、PDF 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。

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 • 表の作成 • テキストエクスプローラ [分析] > [二変量の関係] で二変量、一元配置分散分析、分割表に対する分析を実行する方法の説明。ブートストラップを使用した標本分布の近似方法やシミュレーションの機能を使用したパラメトリックな標本再抽出の実行方法の説明も含まれています。

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 このマニュアルには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)] メニューと [分析] > [発展的なモデル] メニューの「発展的な実験計画モデル」に関するすべてのトピックについて。

マニュアル	目的	内容
『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 - 一般化回帰 - 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
『予測モデルおよび発展的なモデル』	さらなるモデリング手法について学ぶ	[分析] > [予測モデル] メニューで使用できる以下のプラットフォームの説明： - モデル化ユーティリティ - ニューラル - パーティション - ブートストラップ森 - ブースティングツリー - K近傍法 - 単純Bayes - モデルの比較 - 計算式デポ [分析] > [発展的なモデル] メニューで使用できる以下のプラットフォームの説明： - 曲線のあてはめ - 非線形回帰 - Gauss 過程 - 時系列分析 - 対応のあるペア [分析] > [スクリーニング] メニューで使用できる以下のプラットフォームの説明： - 応答のスクリーニング - 工程のスクリーニング - 説明変数のスクリーニング - アソシエーション分析 [分析] > [発展的なモデル] > [発展的な実験計画モデル] で使用できるプラットフォームについては、『実験計画(DOE)』に説明があります。

マニュアル	目的	内容
『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 • 主成分分析 • 判別分析 • PLS [分析] > [クラスター分析] メニューで利用できる以下のプラットフォームの説明： • 階層型クラスター分析 • K Means クラスター分析 • 正規混合 • 潜在クラス分析 • 変数のクラスタリング
『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 • 計量値/計数値ゲージチャート • 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 • 累積損傷 • 再生モデルによる分析 • 劣化分析と破壊劣化 • 信頼性予測 • 信頼性成長 • 信頼性ブロック図 • 修理可能システムのシミュレーション • 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 • 多重対応分析 • 多次元尺度構成 • 因子分析 • 選択モデル • MaxDiff • 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。

メモ: [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。

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」](#) (27 ページ) を参照)
- サンプルデータ ([「サンプルデータテーブル」](#) (28 ページ) を参照)
- 索引 ([「統計用語と JSL 用語の習得」](#) (28 ページ) を参照)
- 使い方ヒント ([「JMP を使用するためのヒント」](#) (28 ページ) を参照)
- Web リソース ([「JMP User Community」](#) (29 ページ) を参照)
- 専門誌『JMPer Cable』([「JMPer Cable」](#) (29 ページ) を参照)
- JMP に関する書籍 ([「JMP 関連書籍」](#) (29 ページ) を参照)
- JMP スターター ([「JMP スターター」 ウィンドウ](#) (30 ページ) を参照)
- 教育用リソース ([「サンプルデータテーブル」](#) (28 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、実験の計画、標本平均と定数の比較など、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。サンプルデータディレクトリを開くには、【ヘルプ】>【サンプルデータライブラリ】を選択します。

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、またはカテゴリごとにサンプルデータを表示するには、【ヘルプ】>【サンプルデータ】を選択します。

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\13\Samples\Data

Macintoshの場合: \Library\Application Support\JMP\13\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。シングルユーザーライセンス版のJMP（JMP シュリンクラップ）では、サンプルデータがJMPSWディレクトリにインストールされています。

サンプルデータの使用例を参照するには、【ヘルプ】>【サンプルデータ】を選択し、教育用セクションから検索してください。教育用リソースについては、<http://jmp.com/tools> にも情報があります。

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: Windows では、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] を選択し、[メニューのヒントを表示] の選択を解除します。このオプションは、Macintosh では使用できません。

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] を選択するか、<https://community.jmp.com/> をご覧ください。

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。

https://www.jmp.com/ja_jp/academic/books-for-jmp-users.html

「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。また、JMP Pro の機能やプラットフォームのリストも含まれています。

- 「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。

テクニカルサポート

JMP のテクニカルサポートは、JMP のエンジニアが担当し、その多くは、統計学などの技術的な分野の知識を有しています。

<http://www.jmp.com/japan/support> には、テクニカルサポートへの連絡方法などが記載されています。

第2章

モデルの指定 線形モデルの指定

「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。「マクロ」、「属性」、「変換」といった機能を利用することにより、複雑な効果をすばやく指定できます。「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 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

「モデルのあてはめ」プラットフォームでは、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。この章では、ほとんどの手法に共通する「モデルの指定」ウィンドウの要素だけを説明します。

「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の効果部分は、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「モデルの指定」ウィンドウの要素だけを説明します。なお、用意されているすべての手法について、「[「モデルのあてはめ」起動ウィンドウの要素](#)」（36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](#)」（48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
1変数の多項式	X、X*X、...、X ^k
2変数の多項式	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（傾きが等しい場合）	A、X
共分散分析（傾きが異なる場合）	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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Fitness.jmp」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変数を指定すると、「手法」はデフォルトで「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「効果でこ比」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

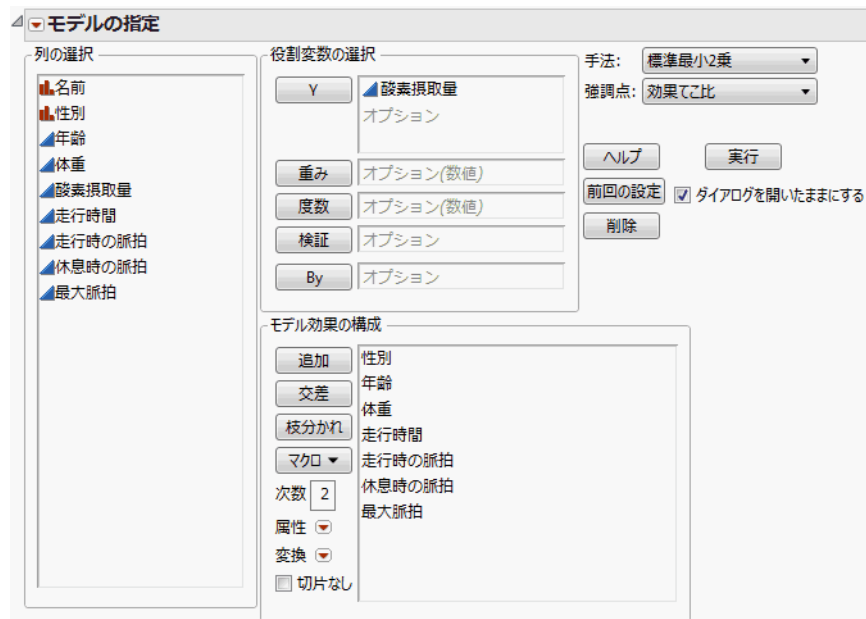
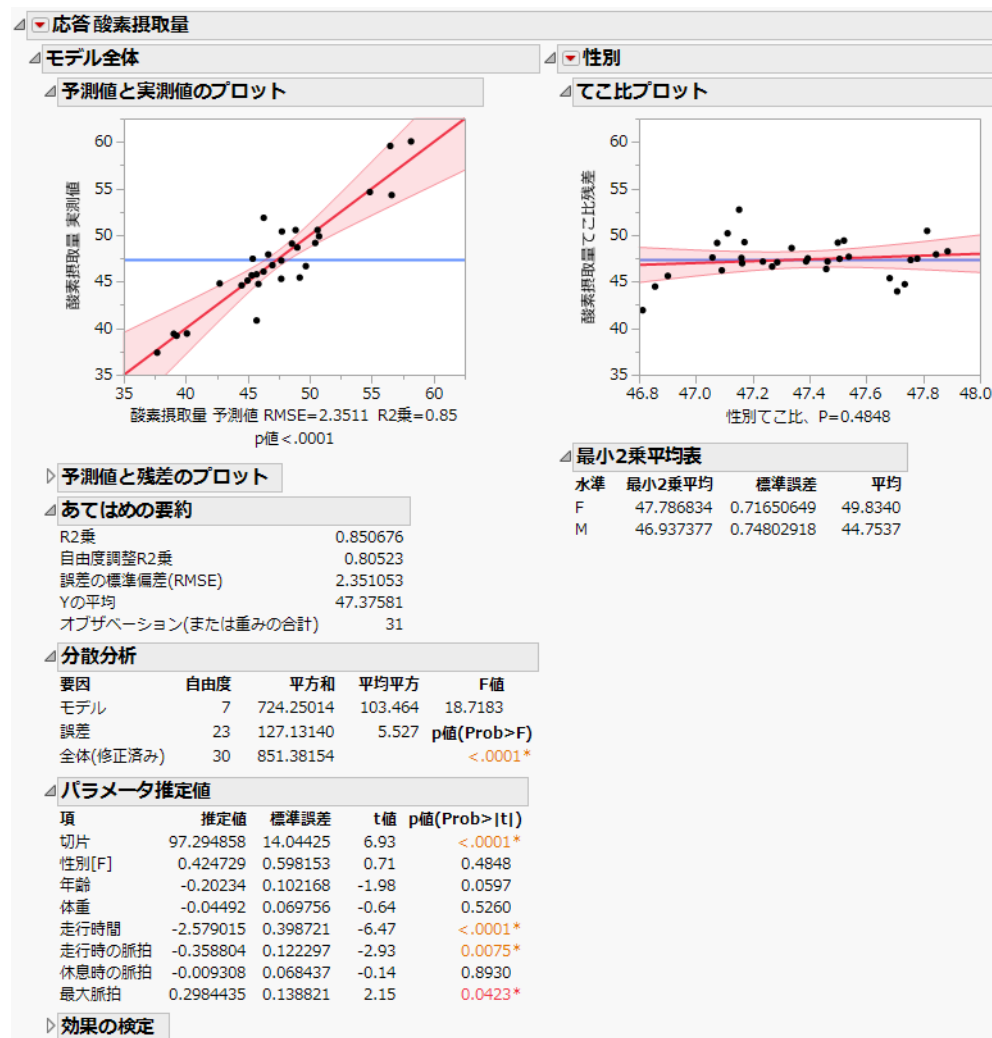


図2.2 「Fitness.jmp」の「最小2乗法によるあてはめ」レポートの一部



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」章の「[「最小2乗法によるあてはめ」レポート](#)」(77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が。変数選択の詳細については、「[ステップワイズ回帰モデル](#)」章(227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



メモ: 「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」起動ウィンドウには、主に次の領域があります。

- 「列の選択」には、現在のデータテーブルにある列が一覧表示されます。ただし、除外されている列は、この一覧には表示されません。
- 「役割変数の選択」には、JMP の標準的な起動ウィンドウのボタンがあります。これらのボタンの説明については、「[「モデルのあてはめ」起動ウィンドウの要素](#)」(36 ページ) を参照してください。
- 「モデル効果の構成」には、モデルに効果を入力するためのオプションがあります。「[モデル効果の構成](#)」(38 ページ) を参照してください。
- 「手法」には、分析者が選ぶことができるモデルの種類が表示されます。手法を選択したら、その手法に応じて異なるオプションが表示されます。「[あてはめの手法](#)」(44 ページ) 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

「モデルのあてはめ」起動ウィンドウでは、ほとんどの手法に共通して次のような要素が表示されます。

モデルの指定 「モデルの指定」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。

- 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](#)（46 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](#)」（37 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](#)」（37 ページ）を参照してください。

JMP PRO 検証 JMP Pro では、一部の手法で「検証」列を入力できます。詳細については、該当する手法の章を参照してください。「列の選択」リストで列を選択せず、[検証] ボタンをクリックすると、データテーブル内に検証列を作成することができます。「検証列の作成」機能の詳細については、『予測モデルおよび発展的なモデル』の「モデル化ユーティリティ」章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 [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。「[追加](#)」（38 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](#)」（38 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](#)」（39 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](#)」（39 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](#)」（39 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](#)」(40 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](#)」(41 ページ) を参照してください。

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。「[「モデルのあてはめ」起動ウィンドウの要素](#)」(36 ページ) を参照してください。選択した手法に応じて、異なるオプションが表示されます。

イベントを示す水準 Y が 2 水準で名義尺度である場合に、どちらの水準の確率をモデル化するかを指定できます。(一部の手法でのみ使用可能。)

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、「[度数](#)」(487 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、応答変数のデータを $w^{-1/2}$ で尺度化したものから損失関数に対する寄与は計算できます。

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](#)」（48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。

メモ: 「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](#)」（467ページ）を参照してください。

メモ: 「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」ボタンをクリックすると、枝分かれ効果が作成されます。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。枝分かれの項はカテゴリカルでなければなりません。

メモ: 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」リストには、一般的によく使われる効果が用意されています。この「マクロ」機能を用いることにより、「モデル効果の構成」リストに効果を入力する手間を省けます。

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、後述の「**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。

応答曲面 主効果、2次の交互作用、2乗項を作成します。このとき、主効果には「**応答曲面**」の属性が割り当てられます。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**」(40ページ)の「**応答曲面効果**」と、『実験計画(DOE)』の「**応答曲面計画**」章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。このとき、主効果には「**応答曲面**」と「**配合**」の属性が割り当てられます。[標準最小2乗]の手法では、「**配合**」の属性が割り当てられている場合、配合モデルがあてはめられます。また、「**配合**」属性とともに、「**応答曲面**」属性も割り当てられていると、配合効果の**応答曲面**モデルがあてはめられ、「**応答曲面**」レポートが作成されます。

「**属性**」(40ページ)の「**配合効果**」と、『実験計画(DOE)』の「**応答曲面計画**」章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、 $X_1 * X_1 * X_2$ 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、 $X_1 * X_2 * (X_1 - X_2)$ 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TYPE=RSMOOTHとKNOTMETHOD=DATAを指定した結果と同じになります。

属性

「**属性**」リストによって、「**モデル効果の構成**」リストで選択されている効果に属性を割り当てることができます。

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」章の「**変量効果とあてはめ手法の指定**」(173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。その効果は、モデルのあてはめから除外されます。ただし、あてはまりの悪さの検定においてデータをグループ化する際には、ここで除外した効果も使用されます。また、[標準最小2乗] 手法では、除外した効果に対しても、最小2乗平均の表が作成されます。

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](#)」(41 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 X に節点スプライン効果を割り当てたとしましょう。その場合、説明変数 X 1 つにつき k 個の節点が設定され、 $k-2$ 個の効果がモデルに追加されます。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。モデルの係数の推定方法は、各手法で異なります。

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。

メモ: 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。

メモ: 「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』の「データの入力と編集」章を参照してください。

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。

$$\text{Logit}(p) = \log\left(\frac{p}{1-p}\right)$$

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（ pct 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

以下の手法では、タブを使ってもモデル効果を指定できます。

メモ: 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。

標準最小2乗 この手法では、次のような効果を指定できます。

- [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 この手法では、次のような効果を指定できます。

- [固定効果] タブ: 固定効果を指定します。前述の「標準最小2乗」での説明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 この手法では、次のような効果を指定できます。

- [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） この手法では、次のような効果を指定できます。

- [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。

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、さまざまな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。

次のようなあてはめ手法が用意されています。

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。「[標準最小2乗のレポートとオプション](#)」章（69ページ）と「[標準最小2乗法の強調点オプション](#)」（75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（二値応答もしくは順序応答に対する）ロジスティックモデルに関して、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](#)」章（227ページ）を参照してください。

JMP PRO

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。「[一般化回帰モデル](#)」章（259ページ）と「[分布](#)」（265ページ）を参照してください。

JMP PRO

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

詳細については、「[混合モデル](#)」章（309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、「[多変量分散分析](#)」章（387ページ）を参照してください。

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](#)」章（411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、「[ロジスティック回帰モデル](#)」章（423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、「[ロジスティック回帰モデル](#)」章（423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』の「生存時間（パラメトリック）のあてはめ」章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。応答変数（生存時間）の確率分布として、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』の「生存時間（パラメトリック）のあてはめ」章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](#)」章（449ページ）を参照してください。

JMP PRO 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』の「PLS回帰モデル」章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。

メモ: 「モデルのあてはめ」の「応答のスクリーニング」手法は、連続尺度の応答にのみ使用できます。なお、1つ1つの因子に対する個別の検定をまとめて行うには、[分析] > [スクリーニング] > [応答のスクリーニング] のほうを用いてください。こちらのメニューで呼び出される「応答のスクリーニング」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。『予測モデルおよび発展的なモデル』の「応答のスクリーニング」章を参照してください。

「モデルの指定」のオプション

「モデルの指定」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。

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](#)」（47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（ α 水準）を設定します。デフォルトの有意水準は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」という名前がつきます。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。

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』の「データの読み込み」章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』の「データの読み込み」章を参照してください。

収束の設定 [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と、反復が収束せず、計算時間が長くなることがあります。そのようなときに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。

メモ: このオプションは、起動ウィンドウで反復計算が必要な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。

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おける欠測値に対しては、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。

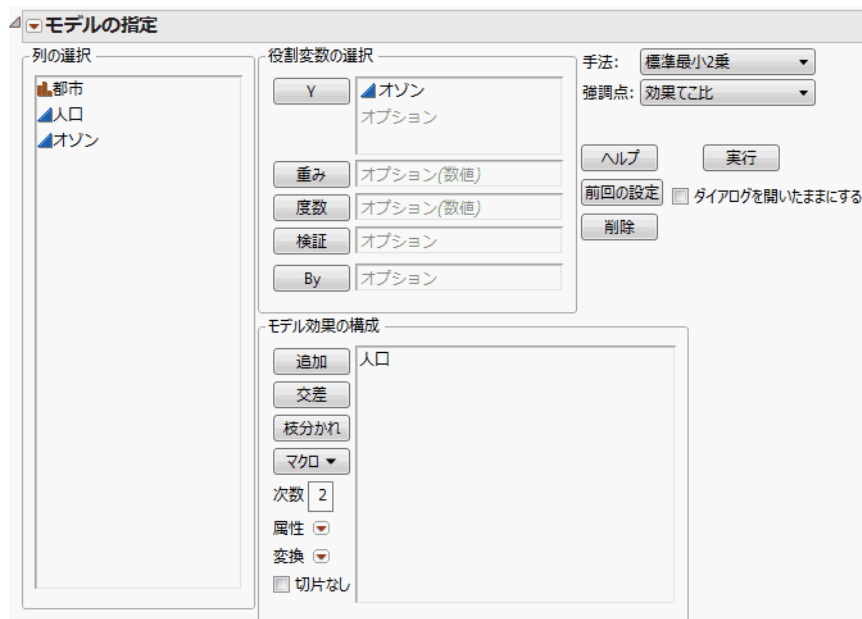
単回帰の例

「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。

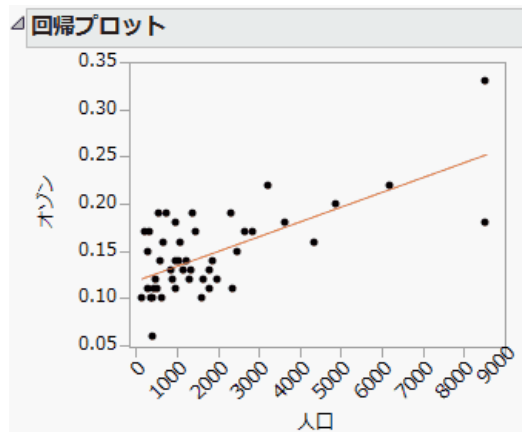
「モデルのあてはめ」ウィンドウは図2.4のようになります。

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



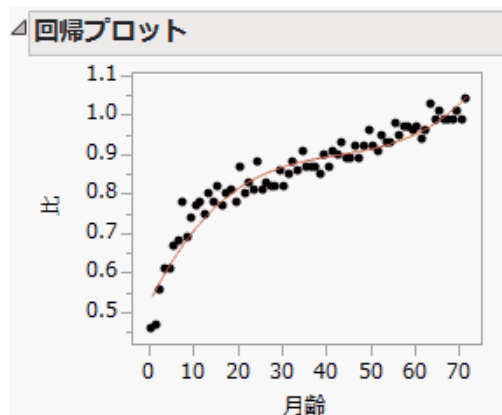
1 変数の多項式

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。

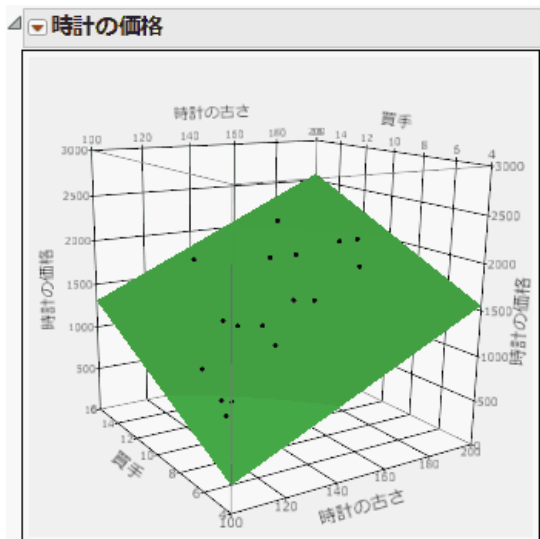
重回帰

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

複数の説明変数を使った例は、「[「モデルのあてはめ」で行う回帰分析の例](#)」(33ページ)にもあります。

一元配置分散分析

入力する効果: A

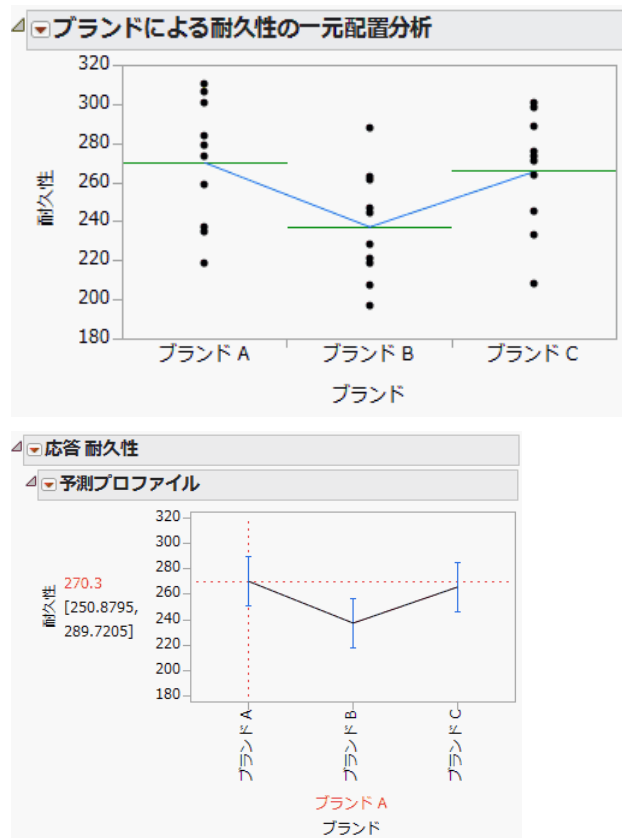
1. 「列の選択」リストで、1つの名義尺度または順序尺度の効果Aを選択します。
2. 「追加」ボタンをクリックします。

「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に、2つのプロットを示します。

図中の最初のグラフは、「二変量の関係」のもので、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、赤い縦の点線を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

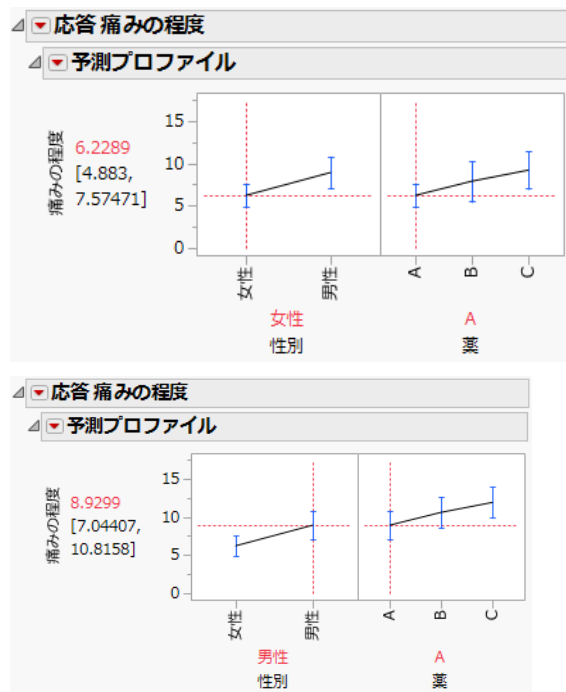
1. 「列の選択」リストで、2つの名義尺度または順序尺度の効果A、Bを選択します。
2. [追加] ボタンをクリックします。

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

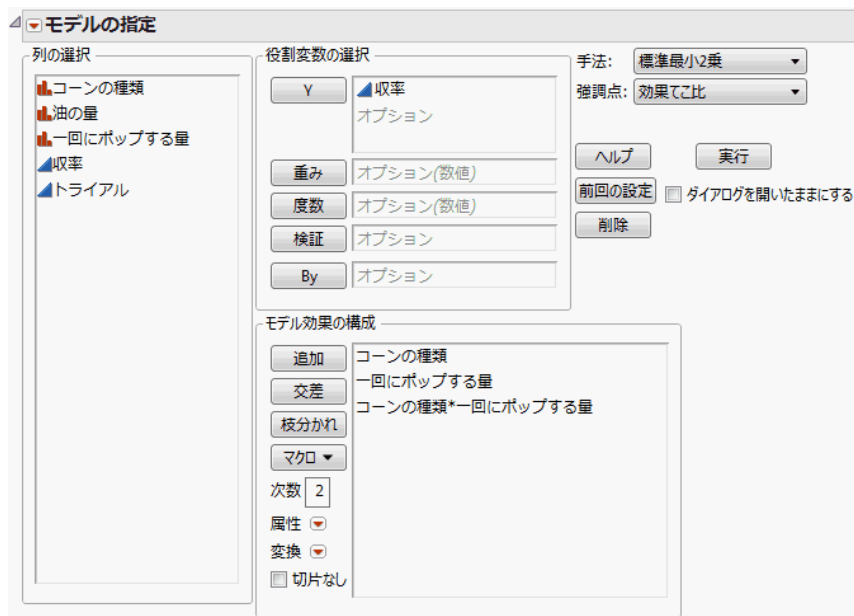
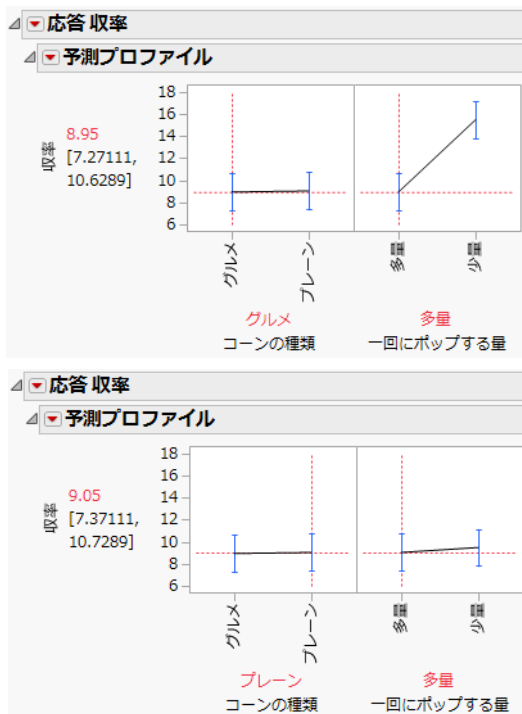


図2.11は、この例のプロファイルです。このプロファイルを作成するには、図2.10の「モデルのあてはめ」ウィンドウで[実行] ボタンをクリックします。そして、「最小2乗法によるあてはめ」レポートの赤い三角ボタンメニューから、[因子プロファイル] > [プロファイル] を選択します。

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

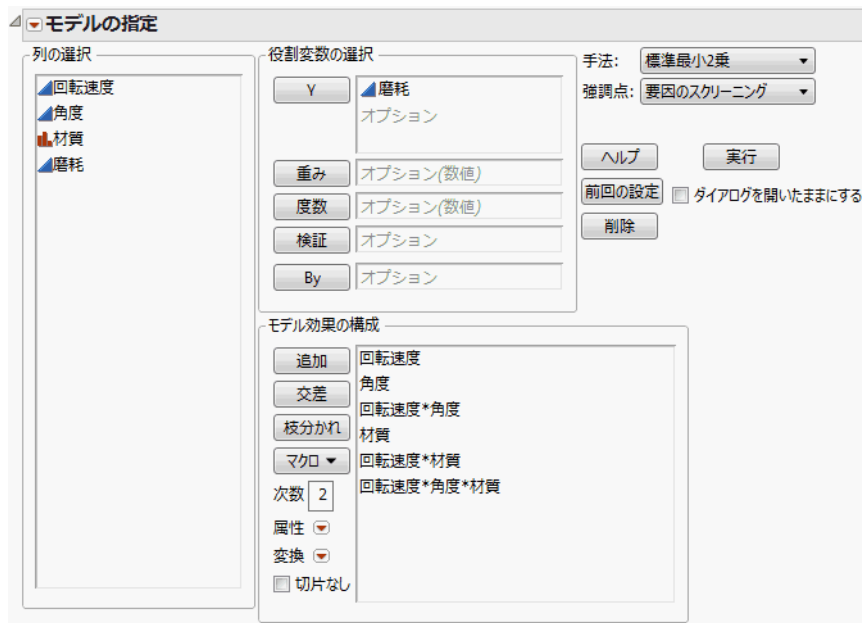
「Tool Wear.jmp」サンプルデータにおいて、「回転速度」、「角度」、「材質」、そして、その交互作用が、切削工具の「磨耗」に影響しているかを調べてみましょう。

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

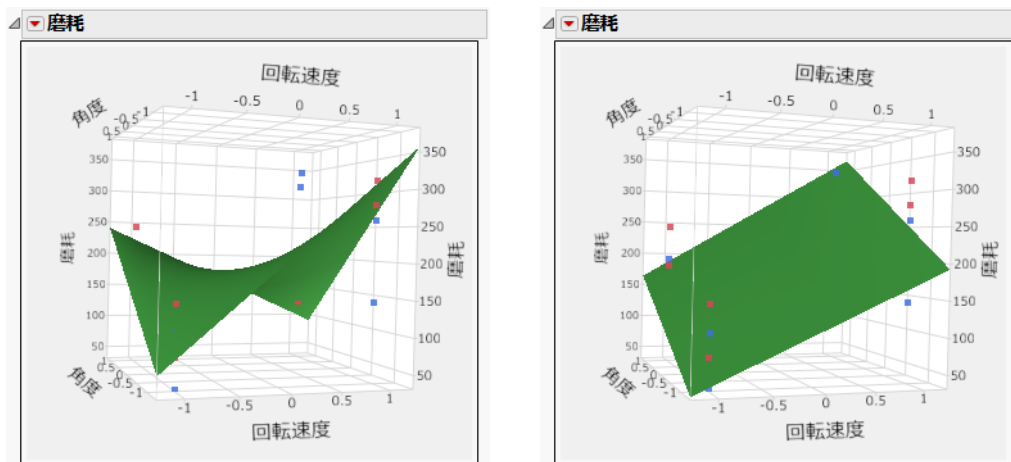


この例の「回転速度」と「角度」は、連続尺度に設定されています。図2.13は、それらに対する「曲面プロファイル」です。左側は「材質」が「A」のときの応答の予測値で、右側は「B」のときのものです。「材質」が「A」のものは赤色の点、「B」のものは青色の点で描かれています。「材質」によって応答曲面が変化しているのは、3次の交互作用をモデルに含めているからです。

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、Xが共変量となっている状況で、Aの効果を調べるときに使われる分析です。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

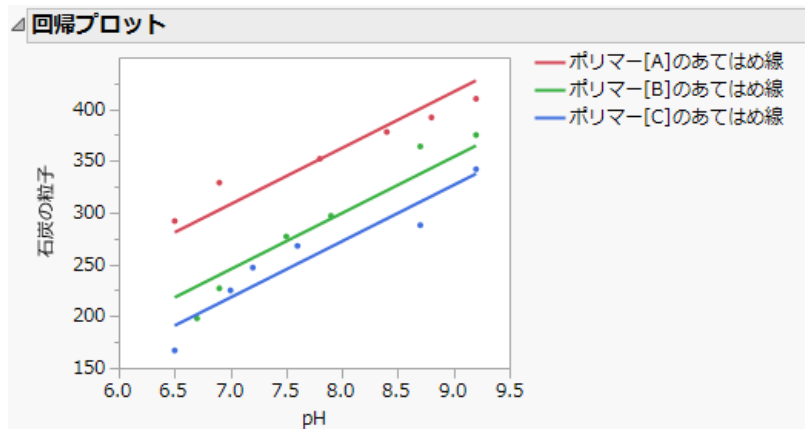
1. 「列の選択」リストで、1つの名義尺度または順序尺度の効果A、および1つの連続尺度の効果Xを選択します。
2. [追加] ボタンをクリックします。

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分析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」ボックスに追加し、[実行]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）」（58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。

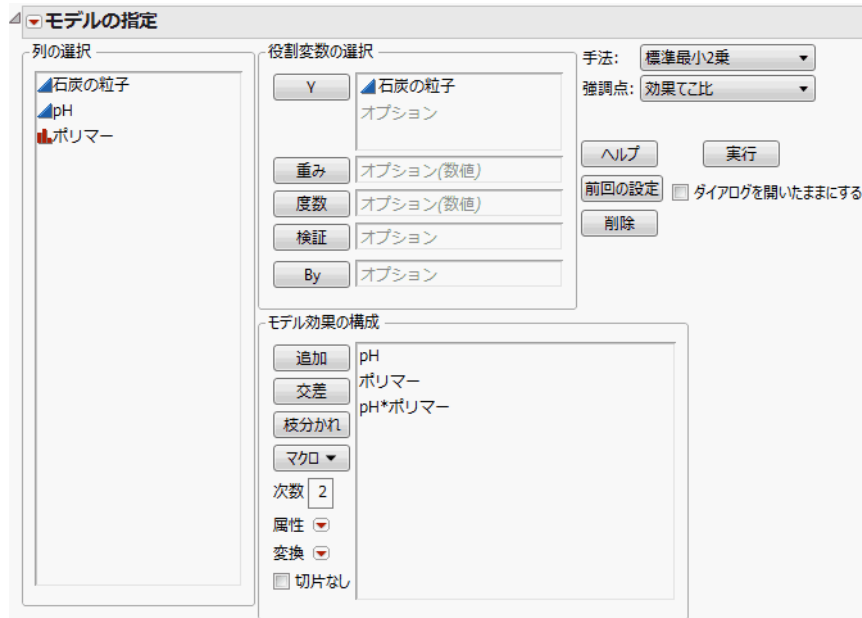
傾きが異なる共分散分析の例

「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。

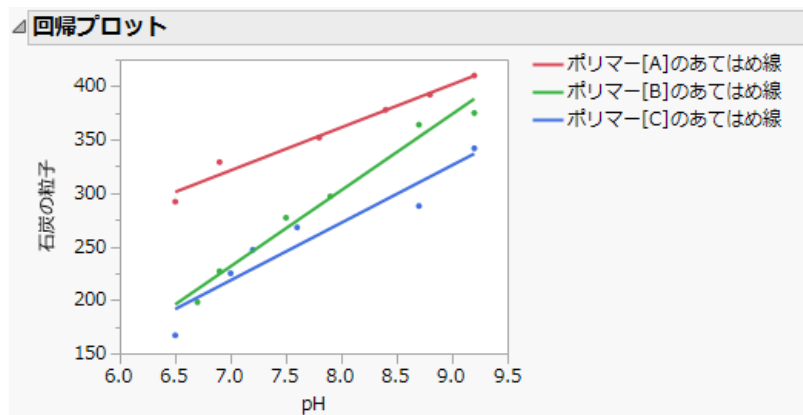
図2.15 傾きが異なる共分散分析の指定



[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。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. 「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、異なった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「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。

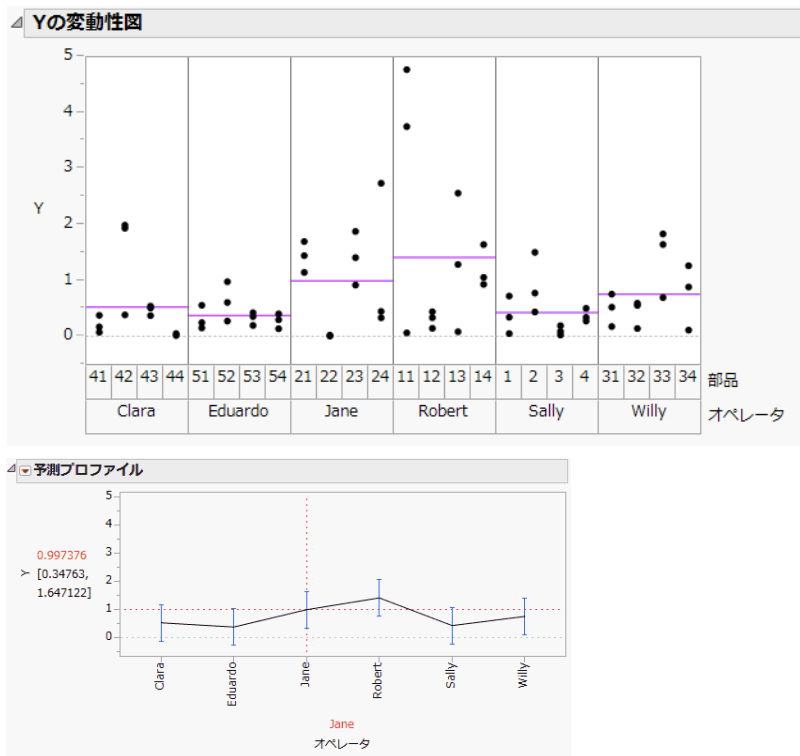
図2.18の変動性図を作成するには、「2 Factors Nested.jmp」サンプルデータ内の「変動性図 - 枝分かれ」データテーブルスクリプトを実行します。そして、レポートの赤い三角ボタンメニューで「範囲バーの表示」の選択を解除し、[グループ平均の表示]を選択します。

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」における予測値の様子がわかります。しかし、分析対象となっているのは、オペレータ間における差だけではありません。部品のばらつきも分析の対象であり、そのばらつきは「部品」の分散成分に対する推定値で表されます。

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とします。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。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を1次単位に割り付けられた因子、B[A]を1次単位を識別するID、Cを2次単位（たとえば時間）を識別するIDとします。

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。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. 「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」データテーブルを開きます。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。「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: $X \& RS$ 、 $Z \& RS$ 、 X^*X 、 X^*Z 、 Z^*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」サンプルデータを開きます。「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。

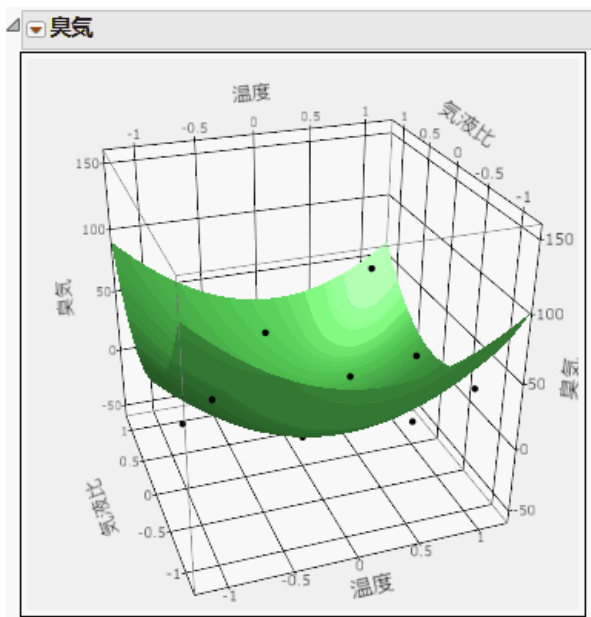
「モデルのあてはめ」ウィンドウは図2.20のようになります。

図2.20 2 因子の応答曲面モデルの指定

5. [実行] をクリックします。

図2.21は、「Odor Control Original.jmp」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



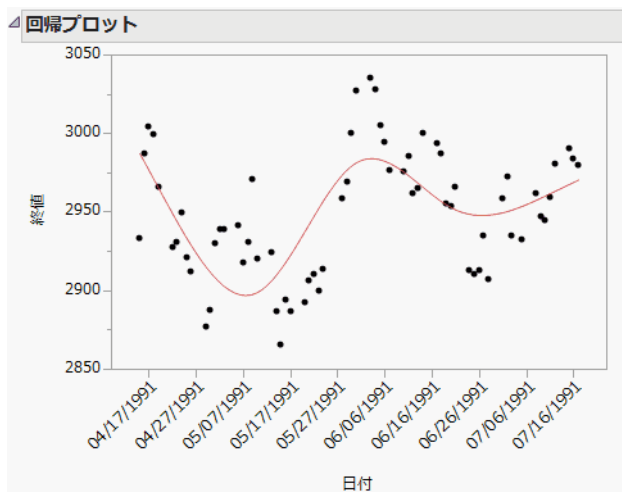
節点スプライン効果

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



第3章

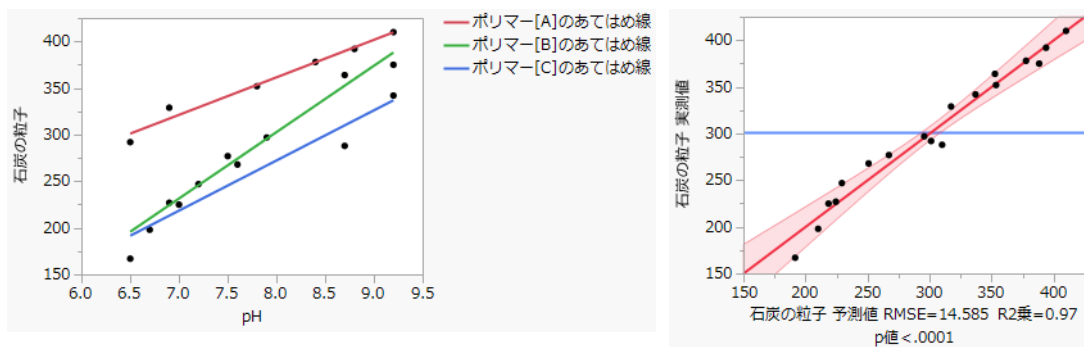
標準最小2乗のレポートとオプション

標準最小2乗を用いた様々な分析例

「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、様々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・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）。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。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



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ことが目的です。「 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、「[モデルの指定](#)」章（31ページ）を参照してください）。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Drug.jmp」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）。

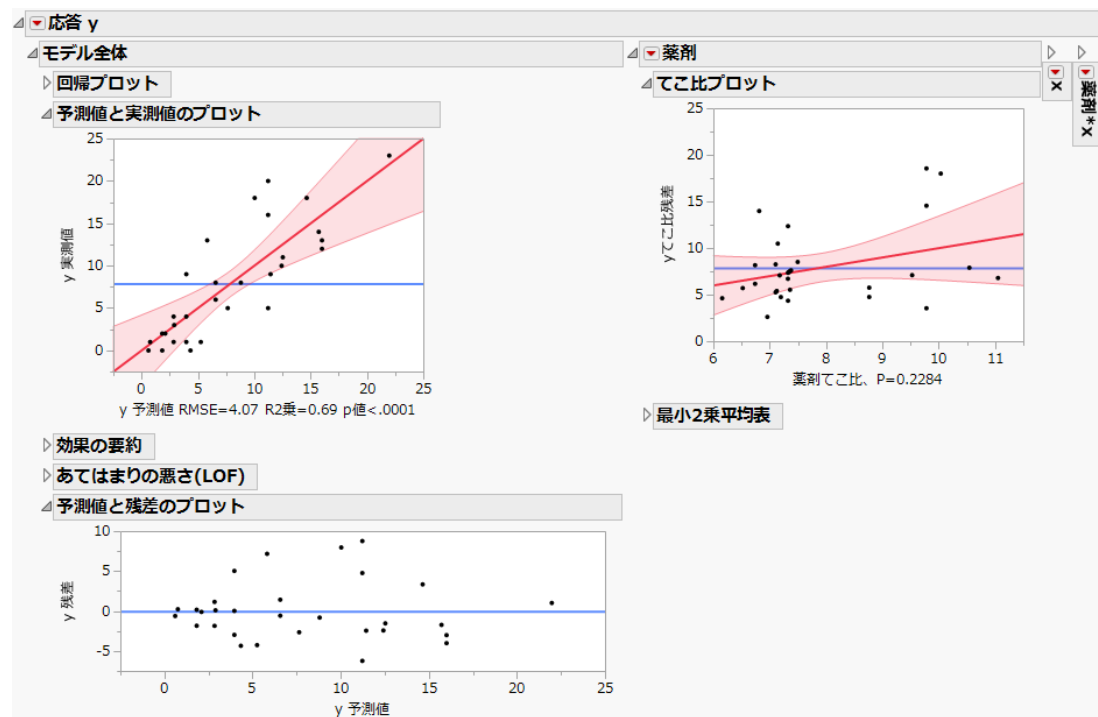
図3.2 入力が完了した「モデルのあてはめ」起動ウィンドウ



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。なお、紙面スペースの都合上、図では、いくつかのレポートを閉じています。「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。

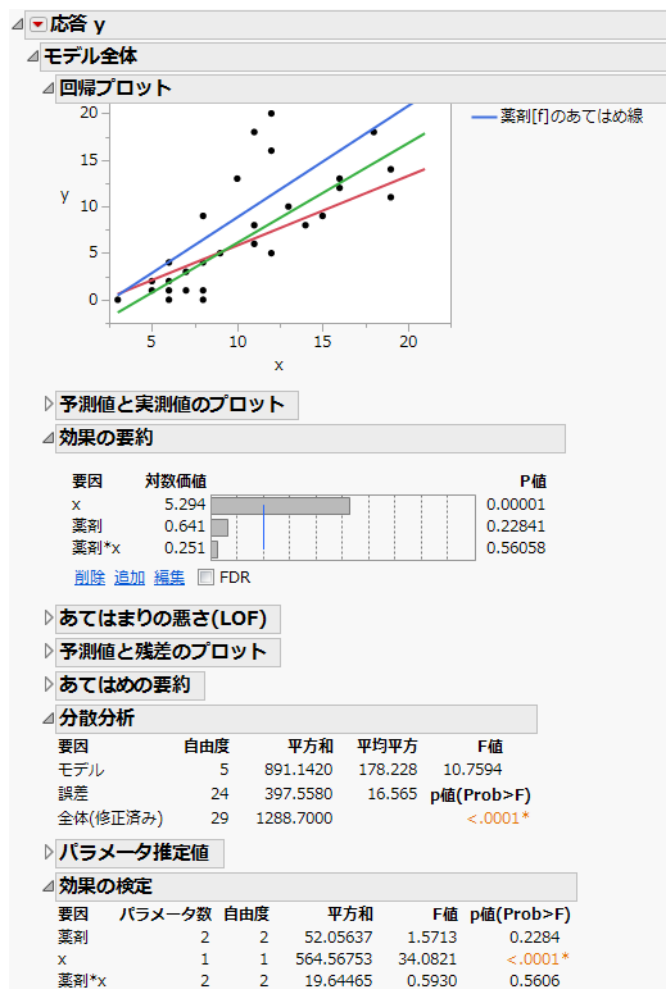
図3.3 「最小2乗法によるあてはめ」レポート



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、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。

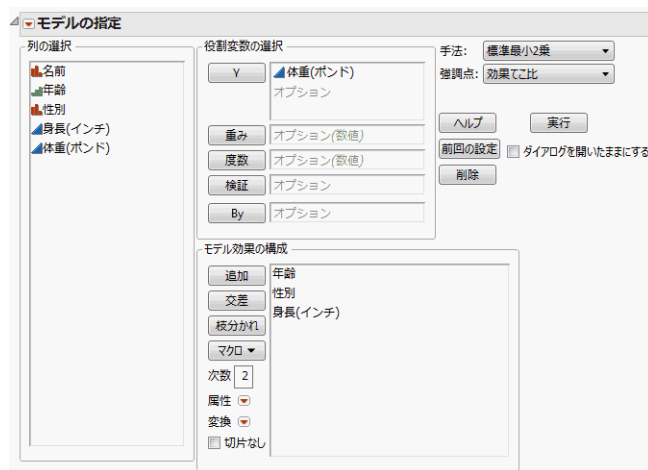
「モデルのあてはめ」起動ウィンドウ

「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。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。

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していくことができます。

「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」(75ページ)を参照してください。

変量効果

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。試験に参加した6名の担当者だけにおける違いではなく、担当者全体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は、次のとおりです。

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。「標準最小2乗法の強調点オプション」(75ページ)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」(176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」(179ページ)を参照してください。

分散成分の範囲制限なし (「方法」で[REML]を選択した場合のみ。) [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」(174ページ)を参照してください。

分散成分のみ推定 (「方法」で[REML]を選択した場合のみ。) 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」(174ページ)を参照してください。

個別にあてはめ（モデルに複数のY変数があり、変量効果がない場合のみ。）欠測値でないすべての行を使い、Y変数ごとに個別のモデルがあてはめられます。このオプションがオフで、欠測値がない場合、「最小2乗法によるあてはめ」レポートには、Y変数別のレポートが表示されます。ただし、レポートの一部は、すべてのY変数を組み合わせて表示します。「[欠測値](#)」（76ページ）を参照してください。

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。下の説明を参照してください。デフォルトの強調点は、データテーブルの行数や、「モデル効果の構成」リストで設定された効果の数、効果に適用された属性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](#)」（185ページ）を参照してください。

最初のレポートが表示されたら、赤い三角ボタンのメニューを使って他のレポートやプロットを追加することができます。

「強調点」には、次のようなオプションがあります。

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。これは、いずれかのモデル効果に[変量効果]の属性が適用された場合にデフォルトとして設定される「強調点」オプションです。

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。

「強調点」の各オプションに対してどのレポートやグラフを表示するかは、プラットフォームの環境設定で変更できます。[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]を選択し、次のように[設定]ボックスを使用します。

- レポートに表示したくないオプションがある場合は、そのオプション自体のボックスはオフにしたまま、オプションの隣にある[設定]ボックスをオンにします。
- レポートに表示したいオプションについては、[設定]ボックスをオンにし、オプション自体のボックスもオンにします。

検証

 「検証」列を入力すると、「モデルの評価」レポートが表示されます。「[「モデルの評価」レポート](#)」(79ページ)を参照してください。

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。

メモ: JMPでは、「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、「モデルの指定」章の「[欠測値をカテゴリとして扱う](#)」(47ページ)の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。

モデルが、固定効果しかなく、次の条件を満たしているとしましょう。

- Y応答変数が2つ以上指定されている。
- 一部のY応答変数に欠測値がある。
- 「モデルのあてはめ」起動ウィンドウの「個別にあてはめ」がオフになっている。

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」を選択した場合も、「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、「効果の要約」とプロファイルは、すべてのY変数を組み合わせて表示します。

「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.jmp」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」](#) (181 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.jmp」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

「係数」表

「応答曲面」レポートの冒頭にある「係数」表は、モデルパラメータの推定値を簡潔に表したものです。最初のほうの列は、2次項に対する係数です。最後の列は、線形項（1次項）に対する係数です。予測式を詳しく確認するには、レポートの赤い三角ボタンのメニューから「推定値」>「予測式の表示」を選択します。

「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

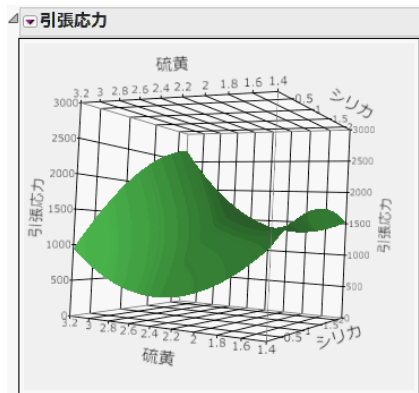
2次項に対するパラメータ推定値の行列から、固有値と固有ベクトルを計算すると、曲面の形状が分かります。固有値からは、曲面が最大値をもつか、それとも最小値をもつかが分かります。また、固有ベクトルからは、曲面（楕円）の主軸が分かります。

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。

メモ: 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。応答曲面計画の詳細については、『実験計画（DOE）』の「応答曲面計画」章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）](#)」（174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](#)」（179ページ）を参照してください。

「モデルの評価」レポート

JMP PRO 「モデルのあてはめ」起動ウィンドウで「検証」列を指定した場合は、「モデルの評価」レポートが表示されます。このレポートには、データの種類（学習・検証・テスト）ごとに次のような値が表示されます。

ソース セットの名前（学習・検証・テスト）。

R2乗 学習セットで推定されたモデルに基づき、各セットのデータから計算されたR2乗値。なお、学習セットのR2乗値は、通常のR2乗値です。

R2乗値は、学習、検証、テストの各セットに対し、次のように計算されます。

- 与えられたセットの各行について、残差が計算されます。残差は、実測値から、学習セットで推定されたモデルに基づく予測値を引いたものです。
- その残差から、各セットにおいて、残差平方和「 SSE_{source} 」が計算されます。「source」の部分は、「学習」・「検証」・「テスト」といったセット名です。
- 各セットにおいて、実測値とそれらの全平均との差の平方和が求められます。この値を「 SST_{source} 」とします。
- 各セットのR2乗値は、次の式で求められます。

$$RSquare_{Source} = 1 - \frac{SSE_{Source}}{SST_{Source}}$$

メモ: 検証セットとテストセットのR2乗値は、負の値になる場合があります。

RASE 平均平方誤差の平方根。RASEは、学習、検証、テストの各セットに対し、次のように計算されます。

- 検証セットの各行について、残差が計算されます。残差は、実測値から、学習セットで推定されたモデルに基づく予測値を引いたものです。
- その残差から、各セットにおいて、残差平方和「 SSE_{source} 」が計算されます。「source」の部分は、「学習」・「検証」・「テスト」といったセット名です。
- オブザベーションの数を n とします。
- RASEは次の式で求められます。

$$RASE_{Source} = \sqrt{\frac{SSE_{Source}}{n}}$$

メモ: 「ステップワイズ法」レポートでは、検証セットとテストセットのRASE値がそれぞれ「RMSE 検証」、「RMSE テスト」と呼ばれます。「ステップワイズ回帰モデル」章の「[RMSE 検証](#)」(255ページ)を参照してください。

度数 「要因」セットのオブザベーションの数。

「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](#)」(149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。

効果の要約 モデルに効果を追加または削除できる、対話式の「効果の要約」レポートが表示されます。「[効果の要約](#)」レポート」(166ページ)を参照してください。

以下のオプションについて詳しくは、『JMPの使用法』の「JMPのレポート」章を参照してください。

ローカルデータフィルタ 現在のレポートにおいてデータをフィルタリングするローカルデータフィルタを表示するか、非表示にします。

やり直し 分析を繰り返すオプションや、やり直すオプションを含みます。また、[自動再計算] オプションを選択すると、このオプションに対応しているプラットフォームにおいて、データテーブルに加えた変更が、該当するレポートに即座に反映されるようになります。

スクリプトの保存 レポートを再現するためのスクリプトを保存するオプションが、保存先ごとに用意されています。

By グループのスクリプトを保存 By 変数の全水準に対するレポートを再現するためのスクリプトを保存するオプションが、保存先ごとに用意されています。起動ウィンドウでBy 変数を指定した場合のみ使用可能です。

「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](#)」(150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。

以下のオプションについて詳しくは、『JMPの使用法』の「JMPのレポート」章を参照してください。

ローカルデータフィルタ 現在のレポートにおいてデータをフィルタリングするローカルデータフィルタを表示するか、非表示にします。

やり直し 分析を繰り返すオプションや、やり直すオプションを含みます。また、[自動再計算] オプションを選択すると、このオプションに対応しているプラットフォームにおいて、データテーブルに加えた変更が、該当するレポートに即座に反映されるようになります。

スクリプトの保存 レポートを再現するためのスクリプトを保存するオプションが、保存先ごとに用意されています。

By グループのスクリプトを保存 By 変数の全水準に対するレポートを再現するためのスクリプトを保存するオプションが、保存先ごとに用意されています。起動ウィンドウでBy 変数を指定した場合のみ使用可能です。

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。

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](#)」(83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](#)」(103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](#)」(139ページ)を参照してください。

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](#)」(149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](#)」(158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](#)」(163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。

効果の要約 モデルに効果を追加または削除できる、対話式の「効果の要約」レポートが表示されます。「[効果の要約](#)」[レポート](#)」(166ページ)を参照してください。

以下のオプションについて詳しくは、『JMPの使用法』の「JMPのレポート」章を参照してください。

ローカルデータフィルタ 現在のレポートにおいてデータをフィルタリングするローカルデータフィルタを表示するか、非表示にします。

やり直し 分析を繰り返すオプションや、やり直すオプションを含みます。また、[自動再計算] オプションを選択すると、このオプションに対応しているプラットフォームにおいて、データテーブルに加えた変更が、該当するレポートに即座に反映されるようになります。

スクリプトの保存 レポートを再現するためのスクリプトを保存するオプションが、保存先ごとに用意されています。

By グループのスクリプトを保存 By 変数の全水準に対するレポートを再現するためのスクリプトを保存するオプションが、保存先ごとに用意されています。起動ウィンドウでBy 変数を指定した場合のみ使用可能です。

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。

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](#)」(84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](#)」(85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 t 検定を表示します。「[パラメータ推定値](#)」(86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](#)」(87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](#)」(88ページ)を参照してください。

[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](#)」(159ページ)を参照してください。

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\(LOF\)](#)」(101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。詳細は、付録「統計的詳細」の「[尤度・AICc・BIC](#)」（493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。

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。

メモ: R2乗が小さい場合は、必要な説明変数がモデルに含まれていない可能性があります。ただし、応答変数そのもののばらうきが内在的に大きな場合には、考えられる説明変数を追加したとしても、R2乗は大きくならないときもあります。自分の研究分野の文献を読み、R2乗の大きさが通常、どれぐらいであるかを把握してください。

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。

$$1 - \frac{\text{誤差の平均平方}}{\text{全平方和} / \text{全平方和の自由度}}$$

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。

メモ: 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。

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。詳細は、付録「統計的詳細」の「[尤度・AICc・BIC](#)」(493ページ)を参照してください。

メモ: 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。

メモ: 「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](#)」(37ページ)および「[重み](#)」(37ページ)での説明のように調整されます。

「分散分析」レポートには、次のような列があります。

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; Degrees of Freedom)。

- 「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、モデルで使用されるパラメータの数 (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。

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。

メモ: 「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) 検定の p 値。「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。

メモ: 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](#)」(181 ページ)を参照してください。

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。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](#)」(138 ページ) および付録「統計的詳細」の「[因子モデル](#)」(471 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](#)」(181 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両側 95% 信頼区間の下限を示します。

メモ: [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% パラメータ推定値の両側 95% 信頼区間の上限を示します。

メモ: [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。

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。

メモ: 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（VIF; Variance Inflation Factor）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 x_i に対する VIF は、次式によって表されます。

$$VIF_i = \frac{1}{1 - R_i^2}$$

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。

メモ: 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。

メモ: 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。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。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。

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](#)」（181 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](#)」（471 ページ）を参照してください。

「効果の検定」レポートには、次のような列があります。

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。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](#)」(182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。

メモ: 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

効果名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含まれます。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。

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](#)」(89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](#)」(91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](#)」(92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t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](#)」(95ページ)を参照してください。

メモ: この検定のp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](#)」(95ページ)を参照してください。

メモ: この検定の有意水準やp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Dunnnett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Dunnnettの検定](#)」(98ページ)を参照してください。

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\(単純主効果検定\)](#)」(99ページ)を参照してください。

メモ: 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](#)」(100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、最初的水準が「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](#)」(475ページ)および「[順序尺度の最小2乗平均](#)」(484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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Big Class.jmp」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」レポートの下の方に「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)				

「最小2乗平均」レポートには、次のような列があります。

水準 カテゴリ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。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乗平均の両側95%信頼区間の下限。[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% 最小2乗平均の両側95%信頼区間の上限。[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。

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

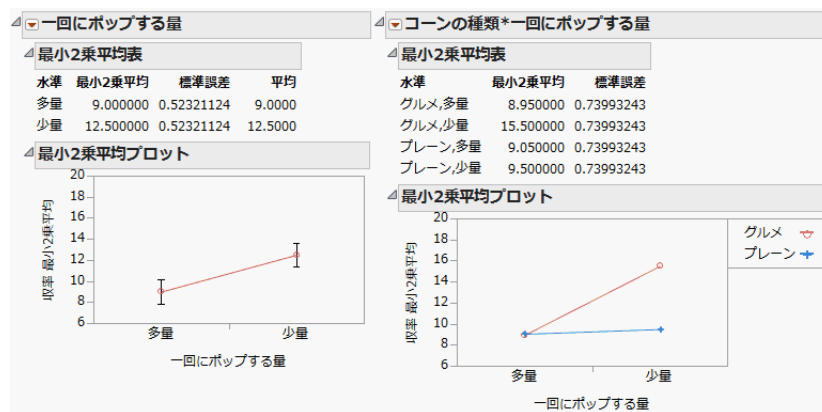
名義／順序尺度の主効果／交互作用に対して、[最小2乗平均プロット] オプションを選択すると、最小2乗平均がプロットされます。図3.11は、「Popcorn.jmp」サンプルデータから作成した最小2乗平均表と最小2乗平均プロットです。図の右側は、2因子の交互作用に対する結果となっています。

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

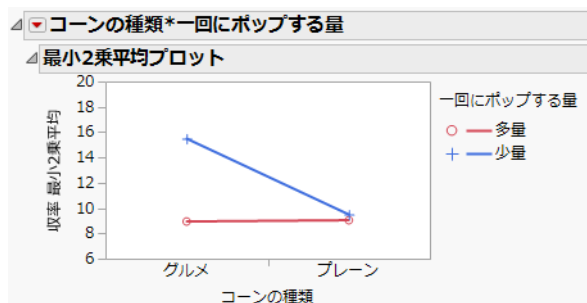
図3.11のレポートを作成するには、次の手順に従います。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Popcorn.jmp」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」でプロットされている因子を入れ替えるには、まず、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。

メモ: 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。

分子の自由度 分子の自由度。

分母の自由度 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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Big Class.jmp」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	0	+	-
12	0	+	-
13	0	+	-
14	0	+	-
15	0	+	-
16	0	+	-
17	0	+	-

身長(インチ) 62.55

+または-をクリックして対比値を作成。

列の新規作成 OK 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。

- ・ [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くなります。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)。

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」を選択すると表示されます)。このレポートは、デフォルトで [クロス集計レポート] と [文字の接続レポート] を表示します。

図3.15 「最小2乗平均の Tukey の HSD 検定」 報告

最小2乗平均差のTukeyのHSD検定							
α= 0.050 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							
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						

クロス集計報告

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、差の信頼限界を含むクロス集計報告が表示されます。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」起動ウィンドウで任意の有意水準を指定できます。平均のペアに統計的な差がある場合は、該当するセルが赤色で表示されます。

文字の接続報告

文字の接続報告は、デフォルトでクロス集計報告の下に表示されます。同じ文字で接続された水準、つまり同じ文字を含む水準には、統計的な差がありません。共通の文字で接続されていない水準には、統計的な差があります。

図3.15では、水準17、12、16、13、15が文字「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。

ヒント: 文字の接続レポートの内側を右クリックし、[列]を選択すると、接続文字（[文字]）、標準誤差（[標準誤差]）、信頼限界（[下側95%]、[上側95%]）を含む列を追加することができます。「文字」列は、接続文字を1列に連結したものです。有意水準と信頼水準は、「モデルのあてはめ」起動ウィンドウの「有意水準の設定」で指定した有意水準によって決まります。

Studentのt検定とTukeyのHSD検定のオプション

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4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。

文字の接続レポートをテーブルに保存 データテーブルを作成し、効果の水準、接続文字、最小2乗平均、標準誤差、信頼区間の列を保存します。このデータテーブルには、最小2乗平均に信頼区間を重ねたカラーの棒グラフを作成する「棒」というスクリプトも保存されます。水準は、最小2乗平均の降順に並べられます。

図3.16は、「Big Class.jmp」をデータとして用いた棒グラフの例です。この棒グラフを作成するには、まず、データテーブルに添付されている「モデルのあてはめ」スクリプトを実行し、「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]オプションを選択します。そして、「最小2乗平均差のTukeyのHSD検定」レポートで[文字の接続レポートをテーブルに保存]を選択します。最後に、作成されたデータテーブルで[棒]のスクリプトを実行します。

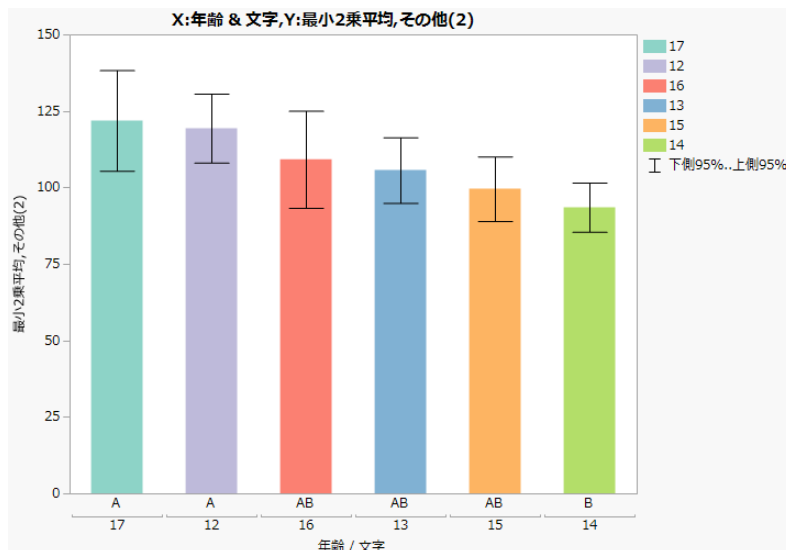
差の順位レポート 差、標準誤差、信頼区間、および p 値を差の降順に並べて表示します。また、差を棒グラフで示し、信頼区間を重ねて表示します。

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、平均の差は実質的に等しいとみなされます。

図3.16 「最小2乗平均差のTukeyのHSD検定」の文字の接続レポートから作成された棒グラフ



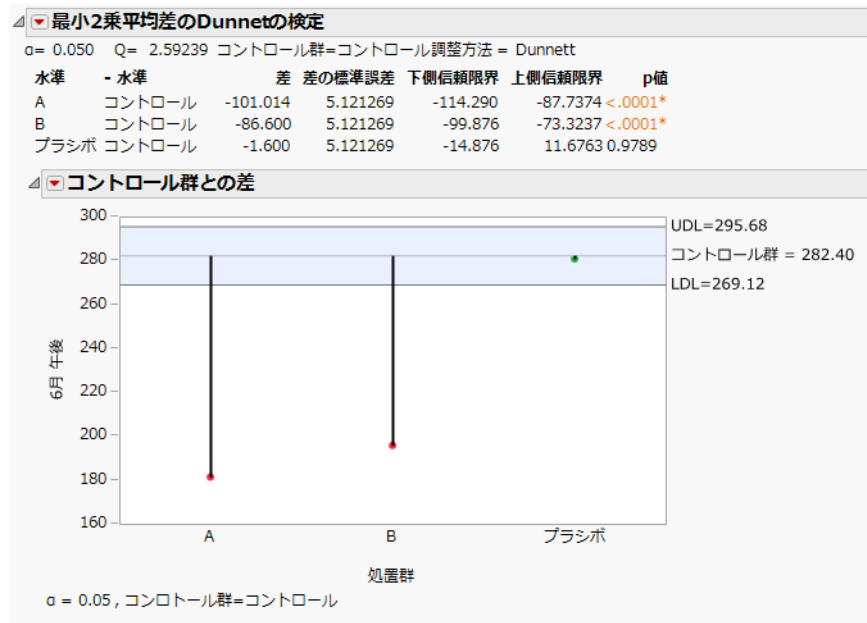
最小2乗平均のDunnettの検定

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3.17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3.17 「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 = 小」における輪切り検定は、「A = 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」](#) (92 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えます。

メモ: 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」などと呼ばれています。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](#)」(196ページ)を参照してください。

図3.18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3.18 「検出力の詳細」ウィンドウ

詳細は、「[検出力の分析](#)」(190ページ)を参照してください。

「検出力の詳細」ウィンドウには、次のような列とオプションが含まれます。

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](#)」(191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の平方根で割った値の平方根、つまり $\delta = \sqrt{SS/n}$ です。

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**」(496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**」(494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**」(495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**」(496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てい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、**あてはまりの悪さの平方和** (LOF 平方和) といいます。LOF平方和は、モデルが適切でないと、純粋誤差の平方和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、説明変数の関数が間違っていたり、交互作用効果が指定されていなかったりした場合です。

「あてはまりの悪さ (LOF)」レポートには、次のような列があります。

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たものです。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。

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。[「カスタム検定の例に関する詳細」](#) (185 ページ)、付録「統計的詳細」の[「名義尺度の因子」](#) (472 ページ)、および付録「統計的詳細」の[「順序尺度の因子」](#) (481 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。

「推定値」メニューには、次のようなオプションがあります。

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」](#) (104 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 値の小さい順に並べ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」](#) (105 ページ) を参照してください。

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」](#) (109 ページ) を参照してください。

指示変数に対する推定値 (モデルの効果の中に名義尺度の列がある場合のみ。)
「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」](#) (110 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」](#) (111 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」](#) (112 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。全体平均との比較や、コントロール群との比較が行えます。Tukey の HSD 検定や Student の t 検定といった、すべてのペアの比較も行えます。また、同等性の検定も行えます。[「多重比較」](#) (115 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」](#) (128 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](#)」(129 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](#)」(133 ページ) を参照してください。

配合効果のあるモデルにのみ表示されます。

パラメータに対する検出力 「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](#)」(135 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](#)」(136 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3.19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）。

ヒント: データテーブルに表示される予測値の桁数を指定するには、[ファイル] > [環境設定] > [テーブル] を選択し、「デフォルトのフィールド幅」の値を変更します。

図3.19 予測式

$$-2.695772906 + \text{Match}(\text{Drug}, \begin{pmatrix} \text{"a"} \Rightarrow -1.185036537 \\ \text{"d"} \Rightarrow -1.076065205 \\ \text{"f"} \Rightarrow 2.2611017426 \\ \text{else} \Rightarrow . \end{pmatrix}) + 0.9871838111 \cdot x$$

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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Drug.jmp」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3.19のようなレポートが表示されます。

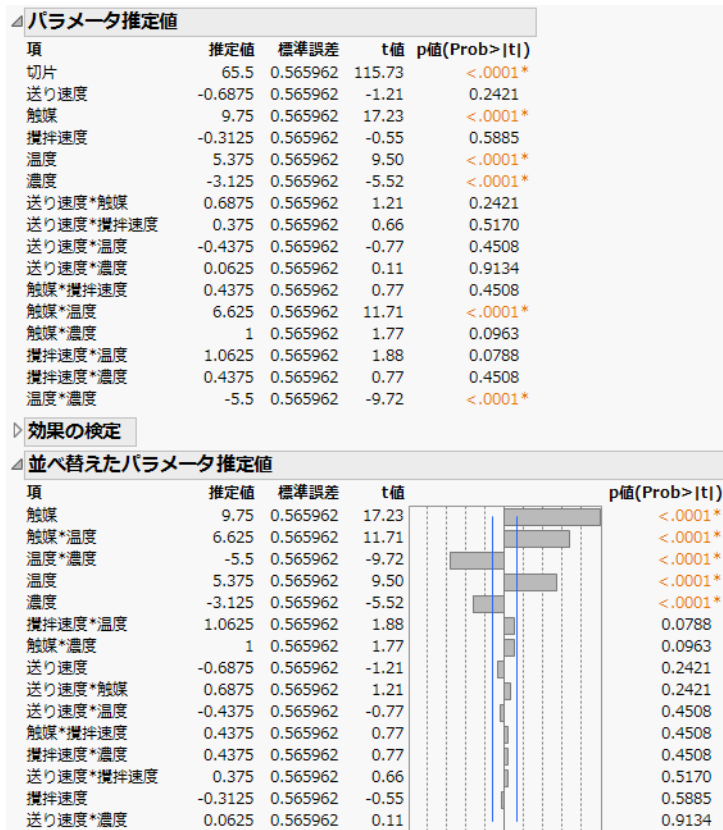
推定値の並べ替え

[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」レポートに似ており、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3.20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**」（107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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Reactor.jmp」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。
7. 赤い三角メニューから [推定値] > [推定値の並べ替え] を選択します。

図3.20 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3.20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3.20）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」（107 ページ）および「疑似 t 値」（107 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、次のような列があります。

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、次式によって、疑似 t 値は計算されます。

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

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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Reactor.jmp」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3.21)。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3.21 飽和モデルの「並べ替えたパラメータ推定値」レポート

項	推定値	相対標準誤差	擬似t値	擬似p値
触媒	9.75	0.176777	14.86	<.0001*
触媒*温度	6.625	0.176777	10.10	<.0001*
温度*濃度	-5.5	0.176777	-8.38	<.0001*
温度	5.375	0.176777	8.19	<.0001*
濃度	-3.125	0.176777	-4.76	0.0007*
送り速度*触媒*濃度	-1.25	0.176777	-1.90	0.0850
攪拌速度*温度	1.0625	0.176777	1.62	0.1355
触媒*濃度	1	0.176777	1.52	0.1576
送り速度*触媒*温度	-0.9375	0.176777	-1.43	0.1826
送り速度*触媒*攪拌速度	0.75	0.176777	1.14	0.2789
送り速度*触媒*攪拌速度*濃度	0.75	0.176777	1.14	0.2789
送り速度	-0.6875	0.176777	-1.05	0.3187
送り速度*触媒	0.6875	0.176777	1.05	0.3187
送り速度*触媒*温度	0.6875	0.176777	1.05	0.3187
触媒*攪拌速度*温度	0.5625	0.176777	0.86	0.4108
送り速度*攪拌速度*温度*濃度	0.5	0.176777	0.76	0.4632
触媒*攪拌速度	0.4375	0.176777	0.67	0.5196
送り速度*温度	-0.4375	0.176777	-0.67	0.5196
攪拌速度*濃度	0.4375	0.176777	0.67	0.5196
送り速度*攪拌速度	0.375	0.176777	0.57	0.5799
送り速度*攪拌速度*温度	-0.375	0.176777	-0.57	0.5799
攪拌速度	-0.3125	0.176777	-0.48	0.6438
送り速度*温度*濃度	0.3125	0.176777	0.48	0.6438
送り速度*触媒*温度*濃度	0.3125	0.176777	0.48	0.6438
触媒*攪拌速度*温度*濃度	-0.3125	0.176777	-0.48	0.6438
送り速度*触媒*攪拌速度*温度*濃度	-0.25	0.176777	-0.38	0.7110
触媒*温度*濃度	-0.125	0.176777	-0.19	0.8526
送り速度*濃度	0.0625	0.176777	0.10	0.9259
触媒*攪拌速度*濃度	0.0625	0.176777	0.10	0.9259
攪拌速度*温度*濃度	0.0625	0.176777	0.10	0.9259
送り速度*触媒*攪拌速度*温度	0	0.176777	0.00	1.0000

誤差の自由度がないため、通常の検定は計算できません。相対標準誤差は残差の標準誤差1に対応します。擬似t値およびp値は Lenthの標準誤差(PSE)=0.65625とDFE=10.333を使って計算されます。

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、「[カスタム検定の例に関する詳細](#)」(185ページ)を参照してください。また、詳細は、付録「統計的詳細」の「[名義尺度の因子](#)」(472ページ)および付録「統計的詳細」の「[順序尺度の因子](#)」(481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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Drug.jmp」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3.22)。「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」(110ページ)を参照してください。

図3.22 「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。そして、その名義尺度の因子を、 $n-1$ 個のダミーにコード化するとします ($n-1$ 個の各水準に対して、1 変数ずつ)。このとき、コード化の方法の1つとして、 $n-1$ 個のダミー変数それぞれに対応するパラメータ推定値が、その水準の応答平均と全水準の応答平均との差を表すようにする方法があります。JMPで名義尺度の因子に対して採用されているのは、このコード化であり、パラメータ推定値が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（「[カスタム検定の例に関する詳細](#)」(185 ページ) を参照)。JMPのコード化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3.22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

[指示変数に対する推定値] オプションを選択すると、指示変数に基づいて計算されたパラメータ推定値が表示されます。このパラメータ推定値は、名義尺度の説明変数に対して、SASシステムのGLMプロシジャで採用されているコード変換を採用して計算されたものです。なお、順序尺度の列に対しては、JMPの通常のコード変換によって計算されています。SASのGLMプロシジャとJMPの相違点に関しては、付録「統計的詳細」の「[因子モデル](#)」(471 ページ) を参照してください。

JMPで採用されている標準のコード変換では、名義尺度の説明変数における各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。JMPで採用されている標準のコード変換を確認するには、「標準最小2乗」レポートの赤い三角ボタンのメニューから「列の保存」>「コーディングのテーブルを保存」を選択してください。

一方、指示変数に基づくコード変換では、名義変数の説明変数における各パラメータ推定値は、その水準の応答平均と、最後の水準の応答平均との差を表します。最後の水準とは、データを並び替えたときに最後になっている水準です。その最後の水準に対する指示変数は、モデルに含まれません。

注意：「指示変数に対する推定値」レポートの標準誤差、t値などの値は、「パラメータ推定値」レポートとは異なります。これは、推定値の計算に異なるパラメータが使われているためです。

図3.23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**」（109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3.23 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*

「モデルのあてはめ」にて名義尺度に対して採用されている標準のコード変換は、「一般化回帰」プラットフォームを除く、すべてのプラットフォームでも使われています。

「指示変数に対する推定値」レポートの結果も、JMPとGLMプロシジャでは異なるコード変換を採用しているため、両者で異なる場合があります。多くのモデルにおいて、両者の結果は全く同じになります。しかし、切片がないモデル、欠測セルのあるモデル、順序尺度の効果を含んだモデル、配合モデルなどでは、両者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3.24のレポートは「Drug.jmp」サンプルデータのものです。

図3.24 「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平方和を求めることを考えてみましょう。そのためには、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（タイプI平方和）を示す図3.24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I)検定」レポートに表示される検定は、「**タイプIの検定**」などと呼ばれています。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3.25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。

注意: 変量効果があるモデルでも、REML法ではなくEMS法を用いた場合は、残差誤差を使用してこれらの検定は計算されます。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常に使われるからです。

メモ: 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](#)」（135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。

メモ: 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3.25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3.26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、4群に分けられた20名の患者に対する6時点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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Cholesterol.jmp」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3.25に示すとおりに入力します。

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するかは、付録「統計的詳細」の「[パラメータの解釈](#)」(472ページ)を参照してください。

9. [完了] をクリックします。

図3.25 「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3.26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3.26 「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			

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定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。

メモ：[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3.27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](#)」（89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3.27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3.27 「最小2乗平均の推定値」の起動ウィンドウ

ユーザ定義の推定値

図3.28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3.28 「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 - ANOM
☐ コントロール群との比較 - Dunnett
☐ 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。

メモ: 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。

全体平均との比較 - ANOM 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。この分析は、平均分析 (ANOM; analysis of mean) と呼ばれている多重比較法です。

コントロール群との比較 - Dunnettの検定 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。この分析は、Dunnettの検定と呼ばれている多重比較法です。

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。

いずれかの比較を選択すると、レポートが表示されます。レポートの上部には、分位点(棄却値)などの詳細が表示されています。また、多重性の調整を行った検定については、その調整方法名が表示されます。さらに、[ユーザ定義の推定値]を指定した場合、比較に際して水準が固定されている効果名と、その固定されている水準が表示されます。なお、特に比較の指定がない場合、連続尺度の効果は標本平均に固定されます。また、名義尺度および順序尺度の効果は、最初的水準に固定されます。

「比較の選択」リストから何も選択せずに[OK]をクリックした場合、「多重比較」レポートが開き、「最小2乗平均の推定値」または「ユーザ定義の推定値」表が表示されます。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。

「最小2乗平均の推定値」または「ユーザ定義の推定値」レポート

デフォルトでは、[多重比較]オプションは、起動ウィンドウで選択された推定値の種類に従って「最小2乗平均の推定値」または「ユーザ定義の推定値」レポートを表示します。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。比較対象の各グループ(各水準)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(該当する水準の最小2乗平均)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。

下側95% グループ平均の両側信頼区間の下限。「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% グループ平均の両側信頼区間の上限。

t 値 有意性検定の t 値。

p 値 (Prob>|t|) 有意性検定の p 値。

メモ: t 値と p 値を表示するには、表内を右クリックし、[列] を選択します。

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 3.29 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 棄却値や p 値を求めるために使用された計算手法。

- 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。Tukey 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」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、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）。

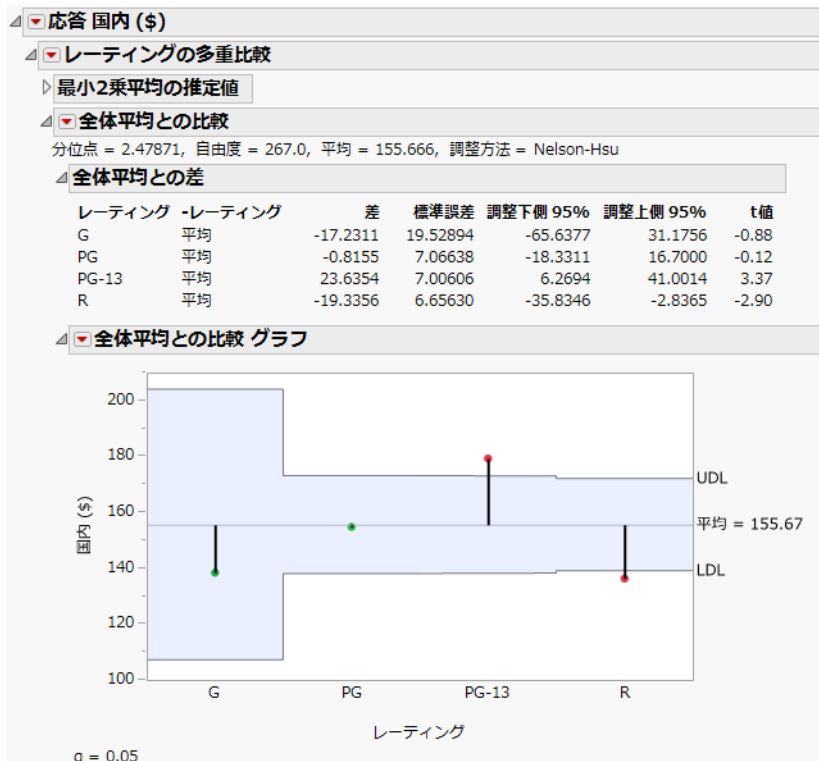
全体平均との比較の例

「Movies.jmp」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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Movies.jmp」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3.29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3.29 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 - Dunnettの検定] を選択すると、コントロール群を指定するためのウィンドウが開きます。[最小2乗平均の推定値] を選択した場合は、選択した効果のすべての水準がリストに表示されます。[ユーザー定義の推定値] を選択した場合は、指定した効果の水準の組み合わせがリストに表示されます。

コントロール群を選択し、[OK] をクリックすると、「最小2乗法によるあてはめ」レポートに「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、指定の設定における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する表と、決定限界に関する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 コントロール群の定義。効果を1つだけ選択した場合は、1つの水準として定義します。2つ以上の効果の組み合わせを指定した場合は、水準の組み合わせとして定義します。

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。

- 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。Tukey 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」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」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。ディフオグラム (diffogram) や、平均-平均散布図 (mean-mean scatterplot) などとも呼ばれています。図3.31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。これらの点にポイントを置くと、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、プーリングした分散の片側検定を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。

比較ごとに、次のような情報を含んだ「同等性検定」が作成されます。

- 差 - 平均の差の推定値
- 下限値 t 値、上限値 t 値 - 2回のプーリングされた分散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、実質的な同等性が有意な比較と、有意でない比較を色分けして示します（図3.32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す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.jsp」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 (Actiona) 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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Movies.jsp」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3.30のようになっているはずです。

図3.30 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

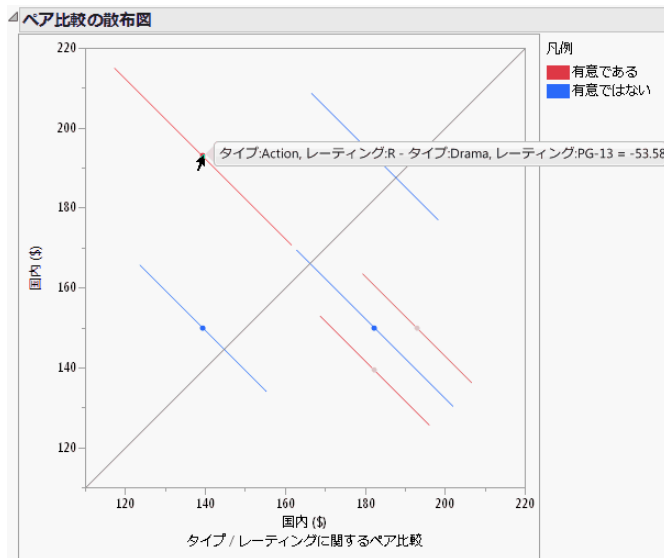
キャンセル

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3.31)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。

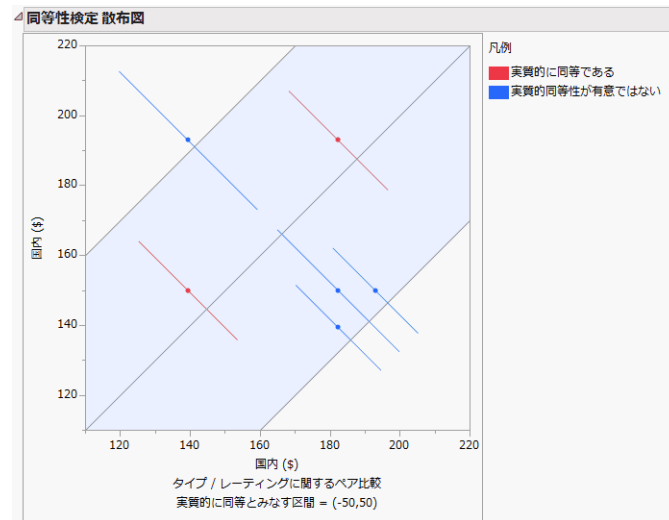
図3.31 ユーザ定義の推定値のペア比較の散布図



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、「国内(\$)」の平均差が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異なる映画カテゴリを調べます。「同等性検定 散布図」(図3.32) では、2つのペアにおいて同等性は統計的に有意です。

図3.32 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を同時検定されます。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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Big Class.jmp」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. 「回数」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] > [設定された回数まで] 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3.33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3.33 「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、**校正**（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3.37）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3.37）。レポートには、逆推定の点推定値だけでなく、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」](#)（129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3.37）。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、最初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」](#)（131ページ）を参照してください。

メモ: 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「統計的詳細」の[「逆推定の信頼限界」](#)（497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変数しかないため、「**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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Fitness.jmp」を開きます。
2. [分析] > [二変量の関係] を選びます。

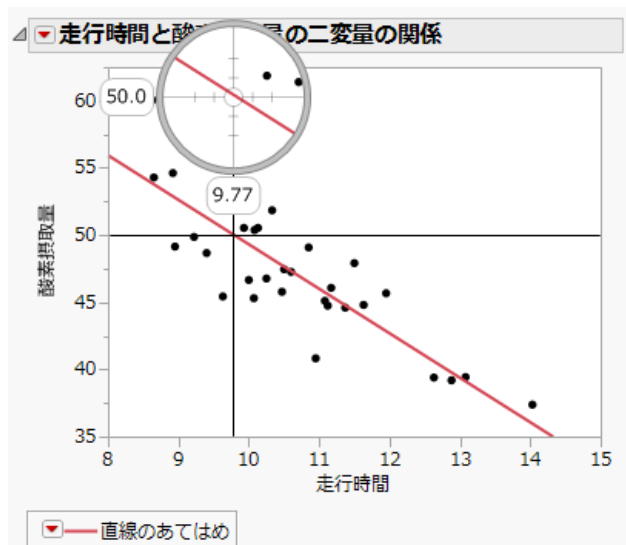
3. 「酸素摂取量」を選択し、[Y, 目的変数] をクリックします。
4. 「走行時間」を選択し、[X, 説明変数] をクリックします。
5. [OK] をクリックします。
6. 赤い三角ボタンのメニューから、[直線のあてはめ] を選びます。

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. 散布図上で、まず「酸素摂取量」が50になる個所をクリックし、そして、回帰直線と十字が交わるように左右にカーソルをドラッグします。

図3.34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9.77ぐらいのようです。

図3.34 「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3.35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3.35 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

0.95

両側 ▼

酸素摂取量

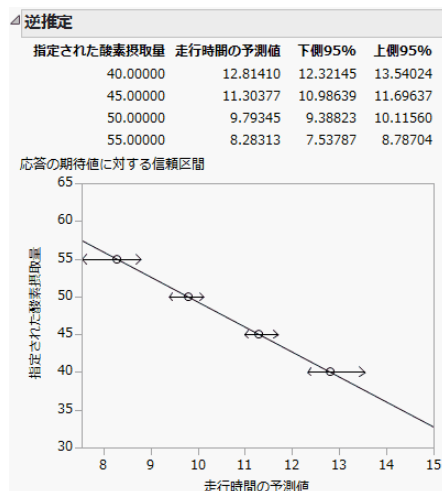
40
45
50
55
.
.
.
.

☐ 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3.36）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3.36 「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3.34において目算で求めた9.77という値に近いものです。「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3.37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3.37 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。

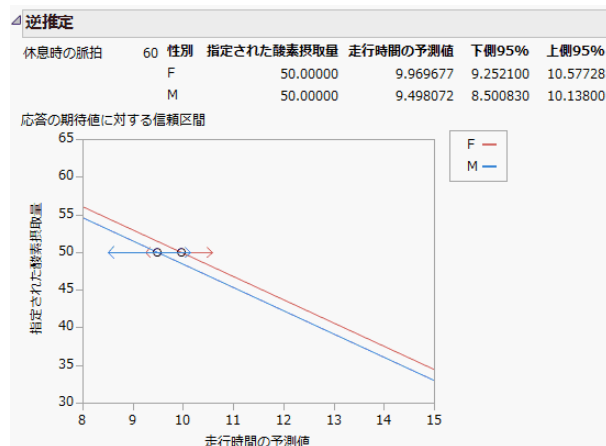
性別	信頼水準	酸素摂取量
F ☒ すべて	0.95	50
走行時間		.
休息時の脈拍	両側	.
		.
		.
		.
		.
		.

☐ 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3.38のようになります。酸素摂取量が50となるときの逆推定の結果が、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3.38 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。信頼区間が重なっているため、「酸素摂取量」の値が50になるときの「走行時間」の真値は男性と女性の両方で同じである可能性があります。

Cox 配合

メモ: 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。配合成分の効果もレポートに表示されます。Coxの配合成分の効果は、因子がCox効果の方向に沿って最小値から最大値へと変化するときの応答の予測値の差を指します。

Cox 配合の例

1. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Five Factor Mixture.jmp」を開きます。
2. [分析] > [モデルのあてあめ] 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3.39 「ベース配合成分」ウィンドウ

ベース配合成分

X1	0.3
X2	0.1
X3	0.2
X4	0.2
X5	0.2

OK キャンセル

8. 図3.39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。

図3.40 Cox 配合

Cox配合モデル						
Cox パラメータ推定値					Cox ベース配合	
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	5.664	2.2809	2.483	0.0156*	X1	0.3000000
X1	4.426	10.7124	0.413	0.6808	X2	0.1000000
X2	-14.818	16.0060	-0.926	0.3580	X3	0.2000000
X3	-4.916	12.0531	-0.408	0.6847	X4	0.2000000
X4	11.262	27.9515	0.403	0.6883	X5	0.2000000
X5	-5.577	27.8275	-0.200	0.8418		
X1^2	-20.798	16.4683	-1.263	0.2111		
X2^2	23.274	22.0764	1.054	0.2957		
X3^2	5.861	18.3079	0.320	0.7499		
X4^2	-102.160	126.7321	-0.806	0.4231		
X5^2	-134.970	125.4775	-1.076	0.2861		
X1*X2	-2.441	32.3519	-0.075	0.9401		
X1*X3	-11.891	28.6290	-0.415	0.6793		
X2*X3	-10.227	35.1129	-0.291	0.7718		
X1*X4	37.868	71.2631	0.531	0.5970		
X2*X4	-23.226	75.4195	-0.308	0.7591		
X3*X4	-18.103	72.2386	-0.251	0.8029		
X1*X5	37.636	70.9011	0.531	0.5973		
X2*X5	13.841	74.9294	0.185	0.8540		
X3*X5	29.332	71.7782	0.409	0.6841		
X4*X5	177.233	109.9242	1.612	0.1117		
成分効果						
成分	Cox 効果	成分の範囲				
X1	3.16167	0.5000000				
X2	-8.23220	0.5000000				
X3	-3.07258	0.5000000				
X4	2.11171	0.1500000				
X5	-1.04566	0.1500000				

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。右側にベース配合成分が表示されます。下に、配合成分の効果と範囲が表示されます。

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。

メモ: 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](#)」(196 ページ)を参照してください。

ある検定の検出力は、次の要因に左右されます。

- 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。

注意：「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)**」(193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)**」(193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、非中心度パラメータの値として、バイアスを調整したものを用います (Wright and O'Brien, 1988)（詳細は、「**調整済み検出力と信頼区間**」(194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**」(190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**」(194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、「[カスタム検定の例に関する詳細](#)」（185ページ）を参照してください）。

パラメータ推定値間の相関は、説明変数の値と切片だけに依存し、応答変数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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Socioeconomic.jmp」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3.41 「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3.41）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](#)」（472ページ）を参照してください。

ヒント：メインレポートの赤い三角ボタンから [列の保存] > [コーディングのテーブルを保存] を選択することにより、コーディングを表示できます。[「コーディングのテーブルを保存」](#)（165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3.1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3.1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3.1 「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。値の順序の詳細については、『JMPの使用法』の「列情報ウィンドウ」章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](#)」(481 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](#)」(139 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](#)」(145 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](#)」(146 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](#)」(148 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、単位を変えただけにもかかわらず、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。図3.42は、「Drug.jmp」のレポートを示しています。

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。

メモ: 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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Drug.jmp」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3.42）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3.42 「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。

メモ：「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、それに応じたり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（疑似標準誤差については、「[LenthのPSE](#)」（107ページ）に説明があります。）パラメータ推定値の分散が等しいかどうか、また、パラメータ推定値間に相関があるかどうかに応じて、表に表示される統計量は異なります。

パラメータ推定値が等分散で、無相関の場合は、次のような統計量が表に表示されます。

Lenthの標準誤差（PSE） Lenthの疑似標準誤差。

パラメータ推定値の分散が等しくない場合、または相関がある場合は、次のような統計量が表に表示されます。

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。

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。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、 p 値の代わりに表示されます。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」(107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。

擬似直交 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3.43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。 p 値が0.20以下である3つの推定値が強調表示されています。

図3.43 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団

項	推定値	擬似t値	擬似p値
切片	66.5000	88.6667	<.0001*
ハンドル[down]	0.5000	0.6667	0.5649
電動モーター[off]	-6.0000	-8.0000	0.0098*
座席位置[down]	1.7500	2.3333	0.1266
タイヤ[hard]	-1.2500	-1.6667	0.2195
ギヤ[low]	-11.2500	-15.0000	0.0023*
レインコート[off]	0.2500	0.3333	0.7665
朝食[no]	0.5000	0.6667	0.5649

直交t検定ではPSEを使用。

▶ 正規プロット

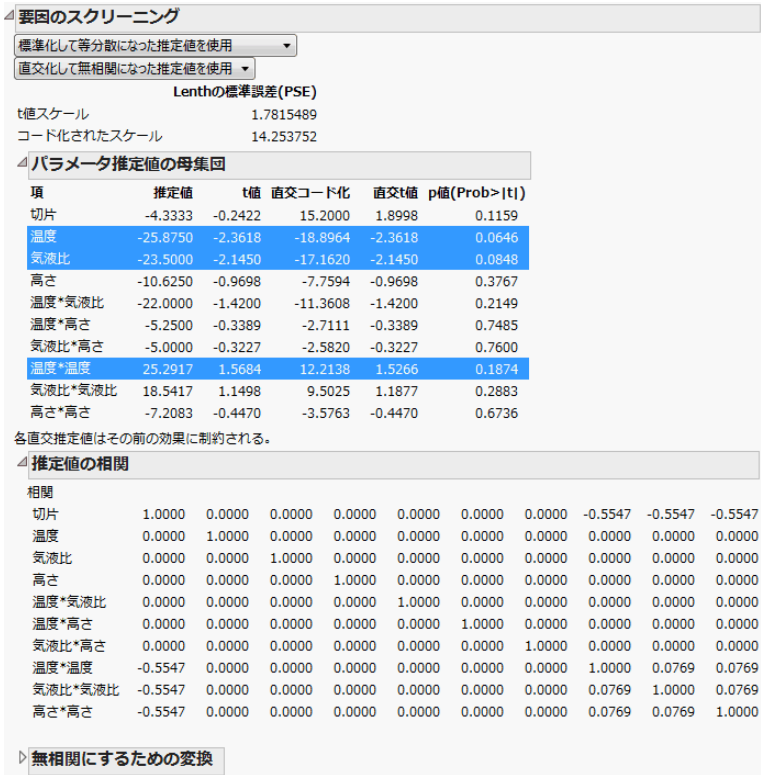
分散が等しくなく、相関がある推定値の「要因のスクリーニング」レポート

「Odor.jmp」サンプルデータを開き、添付されている「モデル」スクリプトを実行し、呼び出された起動ダイアログで**[実行]** ボタンをクリックしてください。その後、「応答 臭気」の赤い三角ボタンのメニューから**[要因のスクリーニング] > [正規プロット]**を選択すると、図3.44のレポートが作成されます（または、「応答 臭気」の赤い三角ボタンのメニューから**[Bayesプロット]**か**[パレート図]**を選択してください）。

レポートタイトルのすぐ下の注釈は、元の推定値は等分散ではなく相関もあるため、等分散で無相関にするには標準化と直交化が必要であることを示しています。なお、元の推定値における相関行列は、「推定値の相関」レポートに表示されます。

レポートには、「Lenthの標準誤差(PSE)」の「 t 値スケール」と「コード化されたスケール」が表示されます。しかし、この例では誤差の自由度があるため、「パラメータ推定値の母集団」レポートの検定では「Lenthの標準誤差(PSE)」は使用されていません。 p 値が0.20以下である3つの推定値が強調表示されています。「パラメータ推定値の母集団」レポートの最後には、直交化された推定値は、モデルに指定された効果の順番に依存するという注釈が出力されています。

図3.44 分散が等しくなく、相関がある推定値の「要因のスクリーニング」レポート



「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3.44）。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」（136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。

メモ: 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一性質をもちます。

図3.45は、「Bicycle.jsp」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」、「座標位置」が重要な因子であることがわかります。

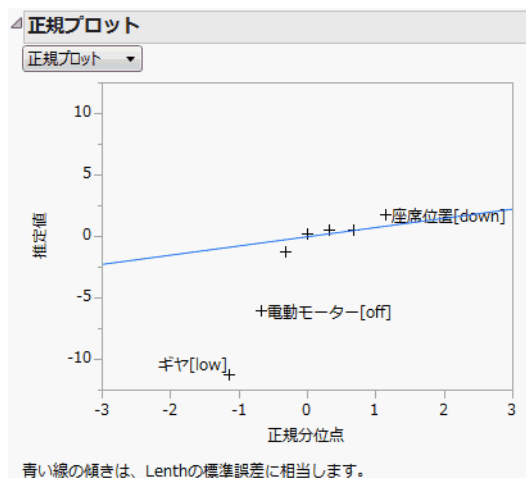
正規プロットの例

1. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Bicycle.jsp」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3.45 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。このフィ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。

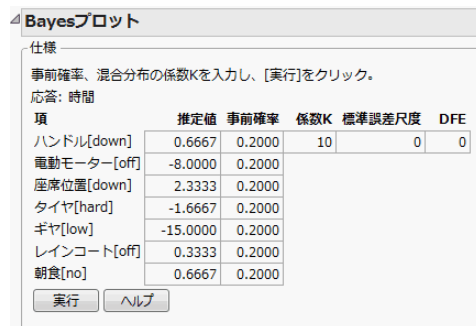
DFE 誤差の自由度。

図3.46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3.47）。

Bayesプロットの例

1. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Bicycle.jmp」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。

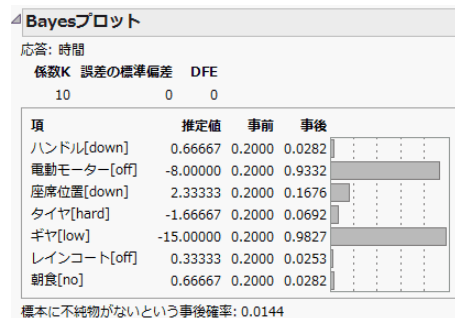
図3.46 Bayesプロットの設定



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			

7. [実行] をクリックすると、事後確率が計算されます。

図3.47 「Bayes プロット」 レポート



「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

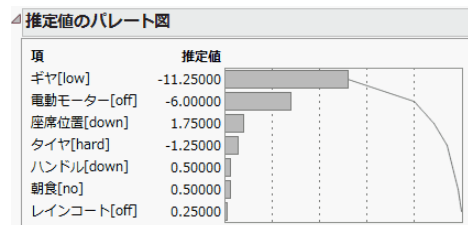
「パレート図」レポートには、推定値の絶対値のパレート図が表示されます。図3.48は、「Bicycle.jmp」サンプルデータのパレート図です。

- 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。

メモ: 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」](#) (141 ページ) を参照してください。

図3.48 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。その解釈と使い方については、『プロファイル機能』を参照してください。

モデルの応答変数として、特定の関数で変換したものが含まれており、その変換の逆関数が求められるようなときには、プロファイルと「交互作用プロット」は、変換前の尺度で描かれます。

「因子プロファイル」には、次のようなオプションが用意されています。

メモ: 説明変数におけるデータ列に、式やベクトルの形式のものが含まれている場合には、以下のオプションの多くは使用できません。

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](#)」(150ページ)と、『プロファイル機能』の「プロファイル」章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](#)」(150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](#)」(152ページ)と、『プロファイル機能』の「等高線プロファイル」章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](#)」(153ページ)と、『プロファイル機能』の「配合プロファイル」章を参照してください。

メモ: 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。

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](#)」(154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](#)」(155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](#)」(157ページ)と、『プロファイル機能』の「曲面プロット」章を参照してください。

プロフィール

メモ: 詳細については、『プロフィール機能』の「プロフィール」章を参照してください。

「プロフィール」(「予測プロフィール」)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3.49は、「Reactor.jmp」サンプルデータのプロフィールの一部です。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たときに、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3.49 予測プロフィール

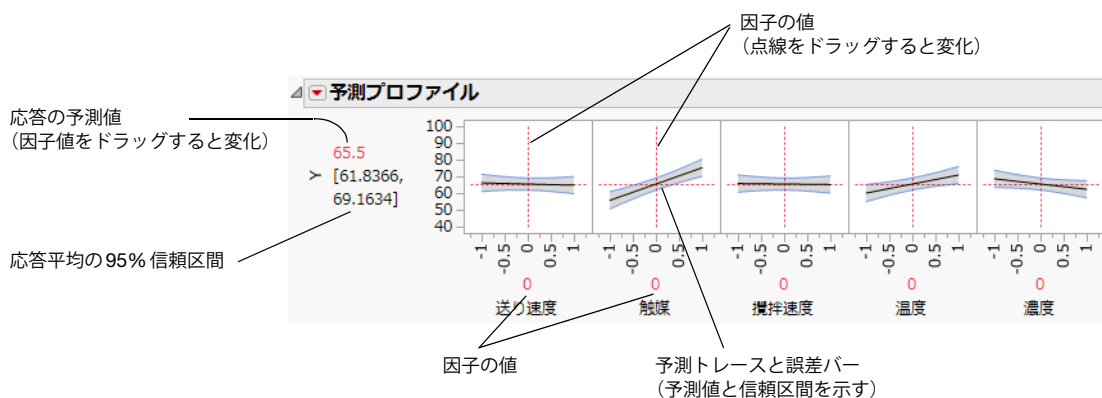


図3.49において、「送り速度」と「触媒」は連続尺度で、X軸は数値になっています。因子が名義尺度の場合は、X軸は水準になります。

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

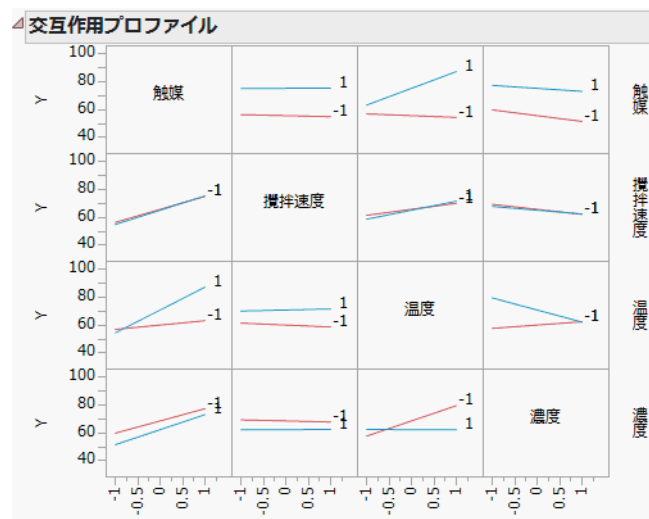
モデルに交互作用効果がある場合、[交互作用プロット] オプションを選択すると、交互作用プロットの行列が表示されます。各セルの横軸は、行列の列にある効果の値です。各セルに描かれている線分は、行にある効果の水準ごとに、列の効果をプロットしたものです。つまり、交互作用プロットは、行の効果と列の効果との交互作用を描いたグラフになっています。

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3.50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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Reactor.jmp」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3.50 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

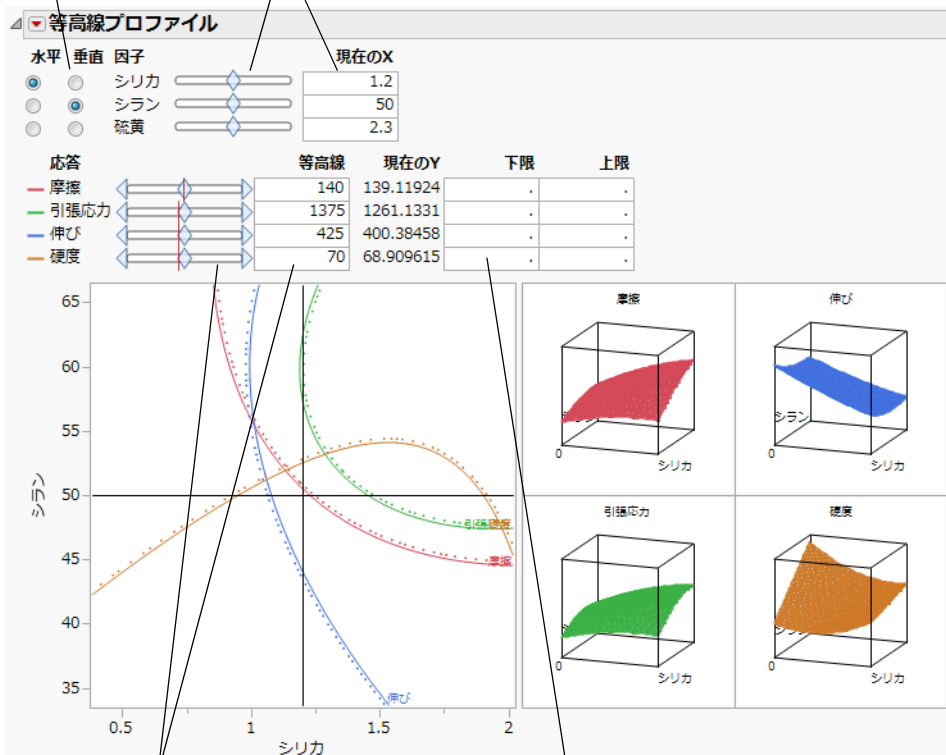
メモ: 詳細については、『プロファイル機能』の「等高線プロファイル」章を参照してください。

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3.51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3.51 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。

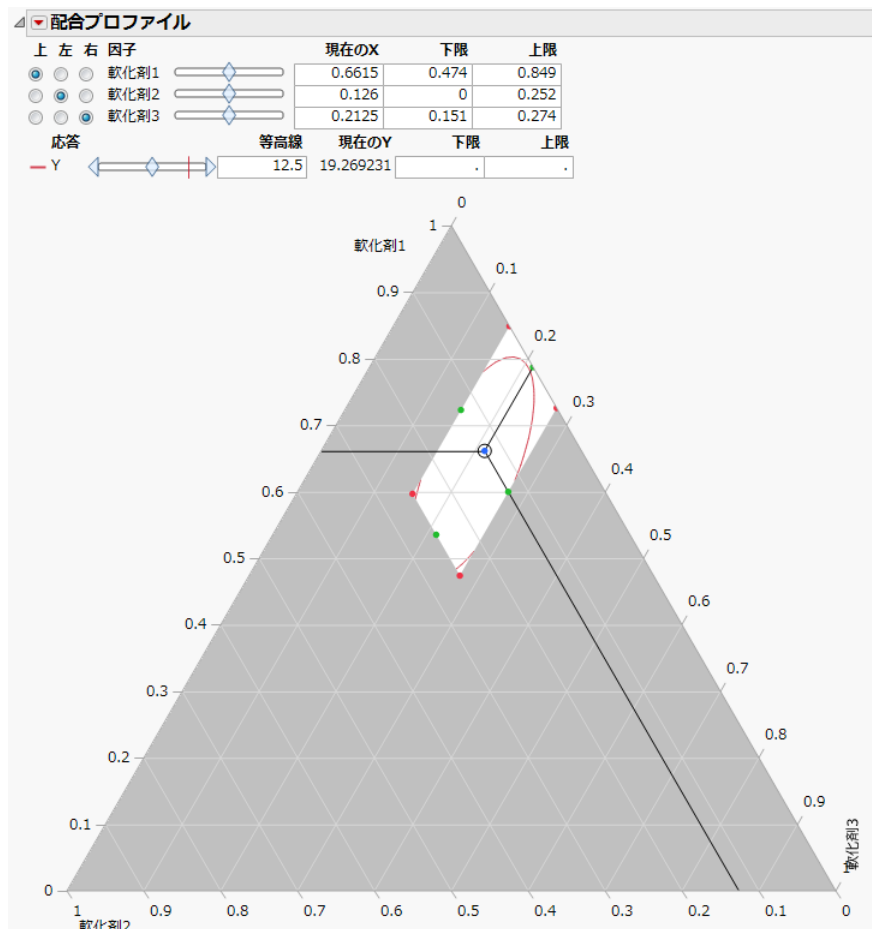
配合プロフィール

メモ: 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、『プロフィール機能』の「配合プロフィール」章を参照してください。

配合プロフィールは、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。配合プロフィールは、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3.52は、「Plasticizer.jmp」サンプルデータの「配合プロフィール」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 [因子プロフィール] > [配合プロフィール] 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3.52 配合プロファイル



キューブプロット

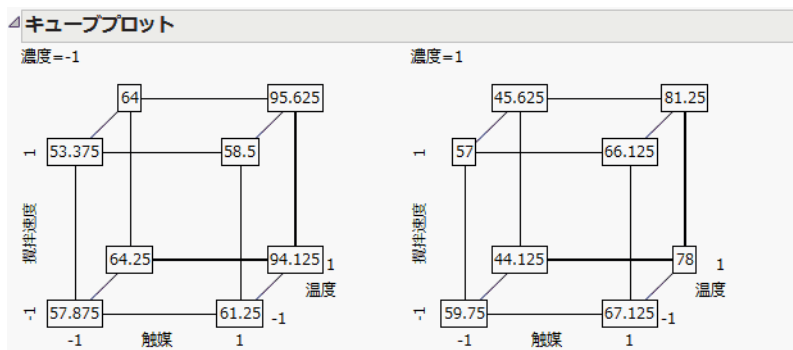
〔キューブプロット〕は、各因子の両端における予測値を、キューブの頂点に表示したグラフです（図3.53）。頂点は、データにおける因子の最小値と最大値によって定義されます。複数の応答がある場合、それら複数の予測値が各頂点で重ねて表示されます。

キューブプロットの例

1. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Reactor.jmp」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3.53 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3.53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（残差平方和）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 変換」レポートには、次のようなオプションがあります。

変換して再度あてはめ ラムダの値を指定するウィンドウが呼び出され、そこで指定されたラムダで変換した応答変数を使って最小2乗法によるあてはめが新たに行われます。

変換した結果に置換 ラムダの値を指定するウィンドウが呼び出され、そこで指定されたラムダで変換した応答変数を使った結果に既存の結果を置き換えます。応答が複数ある場合に「変換した結果に置換」を使用すると、変換した応答のレポートだけが置き換えられます。

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。

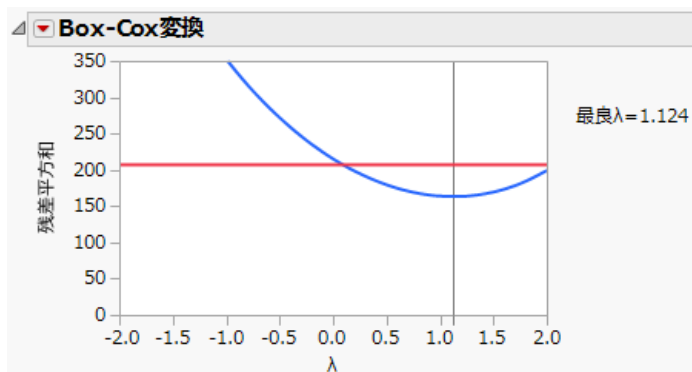
指定の変換を保存 ラムダの値を指定し、指定した変換の計算式を含む列をデータテーブル内に保存することができます。

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. 「ヘルプ」>「サンプルデータライブラリ」を選択し、「Reactor.jmp」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。

図3.54 Box-Cox Y変換



プロットを見ると、 λ の最良値はだいたい1.0～1.2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、1.124です。

7. (オプション) 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。

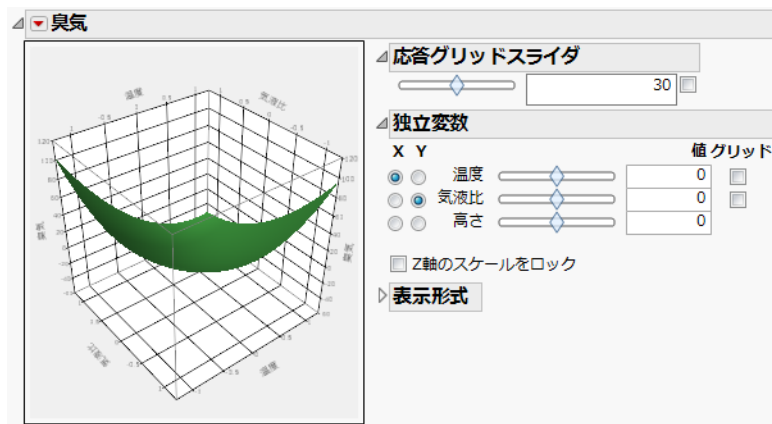
曲面プロファイル

メモ: 詳細については、『プロファイル機能』の「曲面プロット」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3.55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3.55 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。

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。

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」](#) (159ページ) を参照してください。

メモ: 「モデルのあてはめ」起動ウィンドウで「強調点」として[効果てこ比] または[要因のスクリーニング] を選択し、R2乗の値が0.999未満の場合は、デフォルトで「予測値と実測値のプロット」が表示されます。

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」](#) (159ページ) を参照してください。

メモ: 「モデルのあてはめ」起動ウィンドウで「強調点」として[効果てこ比] を選択し、R2乗の値が0.999未満の場合は、デフォルトで「効果てこ比プロット」が表示されます。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。通常、残差は、0を中心にしてランダムに散らばります。

メモ: 「モデルのあてはめ」起動ウィンドウで「強調点」として[効果てこ比] または[要因のスクリーニング] を選択し、R2乗の値が0.999未満の場合は、デフォルトで「予測値と残差のプロット」が表示されます。

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、行番号に対して残差がプロットされます。データにおける出現順によって、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。

スチューデント化残差プロット 「スチューデント化残差」プロットを表示します。プロット上の各点は、現在のオブザベーションを除外して求めた標準偏差の推定値を使って計算されます。この方法で計算された残差は、「外部スチューデント化残差 (externally Studentized residuals)」などと呼ばれています。

プロットに表示される信頼区間は、Bonferroni調整を加えた両側95%信頼区間であり、 $t_{Quantile}(0.025/n, n-p-1)$ で計算されています。ここで、 n はデータの行数（オブザベーションの数）、 p は説明変数の個数です。この信頼区間における信頼水準（95%）は、「モデルの指定」ウィンドウで「有意水準の設定」を選択した場合でも変更されません。

なお、「列の保存」>「スチューデント化残差」オプションのほうで保存される残差は、外部スチューデント化残差ではありません。

メモ: モデルに变量効果が含まれ、起動ウィンドウで「手法」を「REML」に設定した場合、「スチューデント化残差」プロットには信頼限界が含まれず、プロットされる点は、外部スチューデント化残差ではありません。

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](#)」(162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。

メモ: 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](#)」(161ページ)を参照してください。

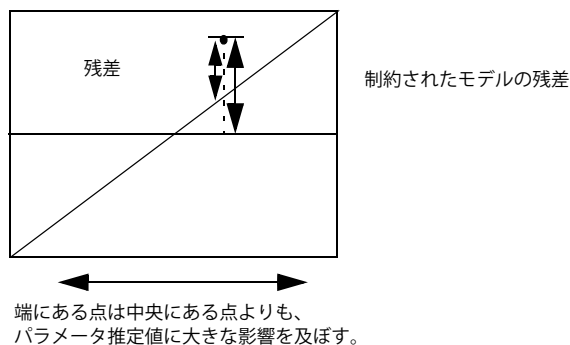
連続尺度の説明変数をX、応答変数をYとします。Xのてこ比プロットでは、まず、X以外のすべての説明変数で応答変数をYとして回帰分析を行い、残差を求めます。この残差を、ここでは「Y残差」といいます。次に、X以外のすべての説明変数で応答変数をXとして回帰分析を行い、残差を求めます。この残差を、ここでは「X残差」といいます。X残差には、Y残差を説明するだけの情報が、まだ十分に残っているかもしれません。

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3.58）。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3.56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。

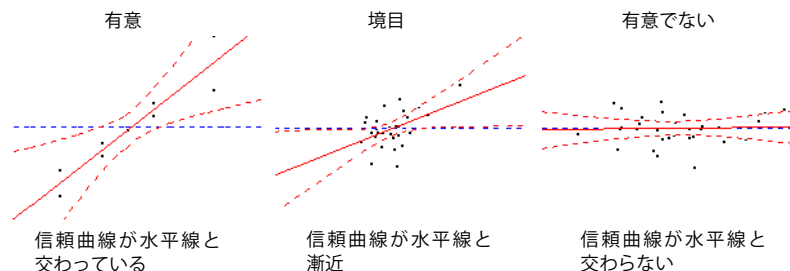
図3.56 てこ比プロットの仕組み



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3.57の例を参照してください。

図3.57 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3.58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](#)」（187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3.58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。ある効果が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

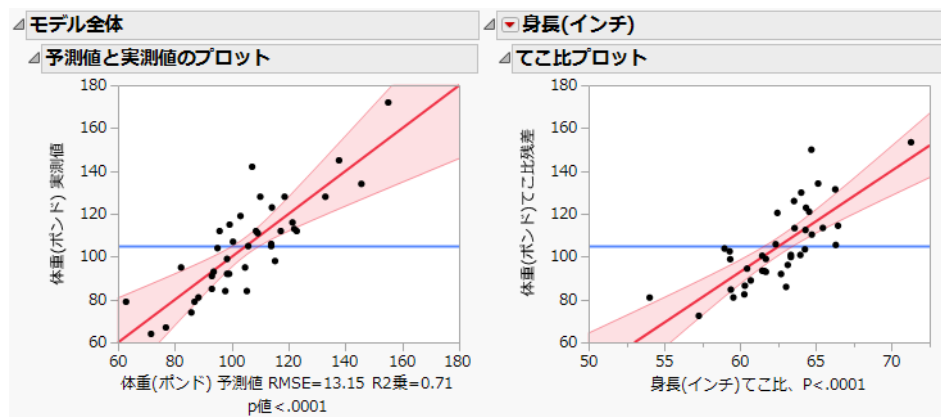
「効果てこ比のプロット」オプションは、モデルの各効果に対して、てこ比プロットを作成します。また、「予測値と実測値のプロット」もてこ比プロットの一種で、「モデル内の（切片を除く）すべてのパラメータが0である」という帰無仮説に対する検定をグラフにしたものです。この帰無仮説に対する検定は、「分散分析」レポートで計算されています（詳細は、「[てこ比プロットの詳細](#)」（187ページ）を参照してください）。

てこ比プロットの例

1. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Big Class.jmp」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3.58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3.58 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](#)」(178ページ) で説明しています。

次の点を念頭に置いてください。

- 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] > [予測モデル] > [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。

[列の保存] メニューには、次のようなオプションがあります。

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。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。

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](#)」(166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。

メモ: 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。

メモ: 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。

メモ: 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。

スチューデント化された残差 「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。

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 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。

メモ: 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。

メモ: 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。

メモ: 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 新しいデータテーブルを作成し、推定において使われた計画行列を保存します。最後のほうの列には応答変数の値が含まれます。複数の応答変数を指定した場合、最後のほうの列に、それらすべての応答変数が含まれます。

メモ: コーディングのデータテーブルに含まれる「元のデータ」というテーブル変数は、分析に使用されたデータテーブルの名前を示します。By 変数が指定されている場合、「元のデータ」テーブル変数に By 変数とその水準が表示されます。

JMP PRO 予測式を発行 予測式を作成し、「計算式デボ」プラットフォームに計算式列のスクリプトとして保存します。「計算式デボ」レポートが開かれていない状態の場合には、このオプションを選択すると、「計算式デボ」レポートが新たに作成されます。『予測モデルおよび発展的なモデル』の「計算式デボ」章を参照してください。

JMP PRO 標準誤差の計算式を発行 標準誤差の計算式を作成し、「計算式デボ」プラットフォームに計算式列のスクリプトとして保存します。「計算式デボ」レポートが開かれていない状態の場合には、このオプションを選択すると、「計算式デボ」レポートが新たに作成されます。『予測モデルおよび発展的なモデル』の「計算式デボ」章を参照してください。

JMP PRO 平均信頼限界の計算式を発行 応答平均に対する信頼限界の計算式を作成し、「計算式デボ」プラットフォームに計算式列のスクリプトとして保存します。「計算式デボ」レポートが開かれていない状態の場合には、このオプションを選択すると、「計算式デボ」レポートが新たに作成されます。『予測モデルおよび発展的なモデル』の「計算式デボ」章を参照してください。

JMP PRO 個別信頼限界の計算式を発行 個別の応答値に対する信頼限界の計算式を作成し、「計算式デボ」プラットフォームに計算式列のスクリプトとして保存します。「計算式デボ」レポートが開かれていない状態の場合には、このオプションを選択すると、「計算式デボ」レポートが新たに作成されます。『予測モデルおよび発展的なモデル』の「計算式デボ」章を参照してください。

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場合は、[列の保存] > [予測値] オプションを使ってください。計算式については、『JMPの使用法』の「計算式エディタ」章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。

メモ: [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）。

「効果の要約」レポート

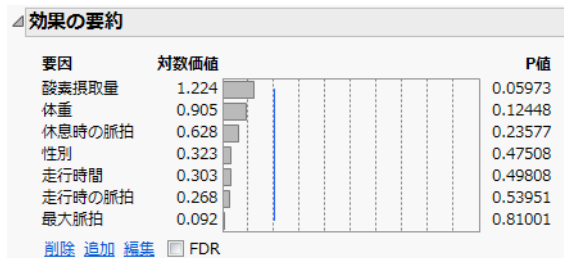
「効果の要約」オプションは、対話型のレポートを表示します。モデルの各効果の対数値（またはFDR対数値）のグラフが表示されます。また、このレポートでは、モデルに効果を追加したり削除したりできます。このとき、「モデルのあてはめ」レポートは、「効果の要約」レポートでの変更に合わせて自動的に更新されます。

「効果の要約」レポートは次の手法で使用できます。

- 標準最小2乗
- 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

図3.59は、「Fitness.jmp」データテーブルを分析したときの「効果の要約」レポートです。なお、[FDR]チェックボックスは、グラフに表示される統計量を変更します。

図3.59 「効果の要約」レポート



「効果の要約」表の列

「効果の要約」表には次の列があります。

要因 モデル内の効果。 p 値の小さい順に並べられます。

対数値 各効果の対数値で $-\log_{10}(p \text{ 値})$ という式で p 値を変換しています。 p 値そのものの値ではなく、対数値に変換すると、解釈がしやすくなります。対数値が2以上の効果は、有意水準1%で有意です ($-\log_{10}(0.01) = 2$)。

FDR 対数値 各効果のFDR (False Discovery Rate; 偽発見率) の対数値で、 $-\log_{10}(\text{FDR 調整 } p \text{ 値})$ という式で計算されています。FDR 対数値は、検定の有意性をグラフに表すのに適しています。ただし、FDR 対数値は、有意度の順序に強く依存します。また、正の相関がある検定に対して保守的です。さらに、実質的な有意水準において、実験全体での第1種の誤り (experiment-wise error, family-wise error) を制御しません。「対数値」を「FDR 対数値」に変更するには、[FDR] チェックボックスをオンにします。

棒グラフ 対数値 (または FDR 対数値) の棒グラフ。このグラフには整数値に縦の点線が、2の位置に青の参照線が引かれています。

P 値 各モデル効果の p 値。これは通常、モデルレポートの「効果の検定」表または「効果の尤度比検定」表に表示される有意性検定に対応する p 値です。

FDR p 値 Benjamini-Hochberg 法で計算された、各効果のFDR調整 p 値。FDR調整 p 値は、検定の多重性を考慮して、生の p 値を調整したものです。「P 値」列を「FDR p 値」に変更するには、[FDR] チェックボックスをオンにします。

FDRについては、Benjamini and Hochberg (1995) を参照してください。偽発見率の詳細については、『予測モデルおよび発展的なモデル』の「応答のスクリーニング」章、または Westfall et al. (2011) を参照してください。

効果の親子関係の列 より高次の効果で、より p 値が小さいものがある場合に、低次の効果に対して印を表示します。該当する低次の効果は「^」で示されます。「効果の親子関係」(169ページ) を参照してください。

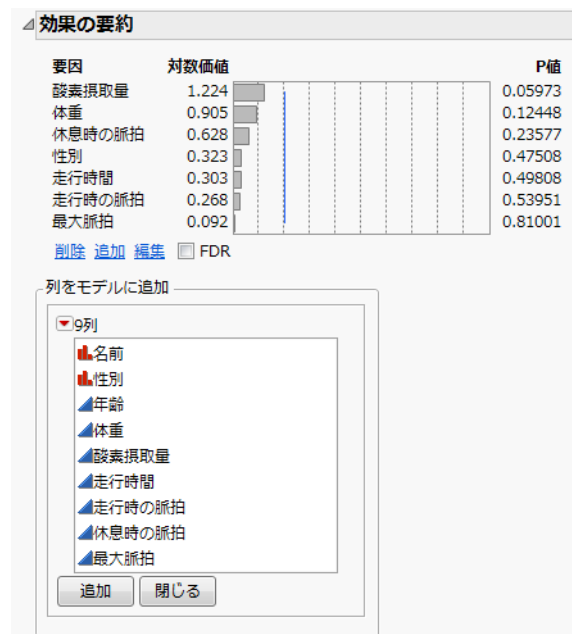
「効果の要約」表のオプション

要約表の下オプションを使って、効果を追加または削除できます。

削除 モデルから選択した効果を削除します。1つまたは複数の効果を削除するには、削除する効果に対応する列を選択し、**[削除]** ボタンをクリックします。

追加 データテーブル内のすべての列のリストを含むパネルが表示されます。モデルに追加する列を選択し、リストの下にある **[追加]** ボタンをクリックすると、その効果がモデルに追加されます。**[閉じる]** をクリックすると、パネルが閉じます。図3.60に、列の追加パネルを示します。

図3.60 「効果の要約」の列の追加パネル



編集 「モデルの編集」パネルが表示されます。このパネルには、「列の選択」リストと「効果」の指定パネルがあります。「効果」パネルは、「モデルのあてはめ」起動ウィンドウの「モデル効果の構成」パネルと似ています。「モデルの編集」パネルでは、個別、交差、枝分かれ、および変換の効果を追加できます。また、**[マクロ]** メニューを使って複数の効果を追加することもできます。**[追加]**、**[交差]**、**[枝分かれ]**、**[マクロ]**、および**[変換]**を使って効果を構成する方法の詳細については、「[モデル効果の構成](#)」(38ページ)を参照してください。

「効果」パネルの右側にあるオプションの機能は次のとおりです。

- **[適用]** は、変更を適用してモデルを更新します。
- **[閉じる]** は、変更を適用せずにパネルを閉じます。
- **[削除]** は、選択した効果を「効果」リストから削除します。

図3.61に、「モデルの変更」パネルを示します。

ヒント：[編集] ボタンを使えば、モデルの変更がかなり柔軟に行えます。編集機能は、[削除] ボタンと[追加] ボタンの両機能を備えているだけではなく、モデルの効果を自由に構成できます。

元に戻す モデル内の効果に対する変更を取り消すことができます。

図3.61 「効果の要約」の「モデルの変更」パネル



効果の親子関係

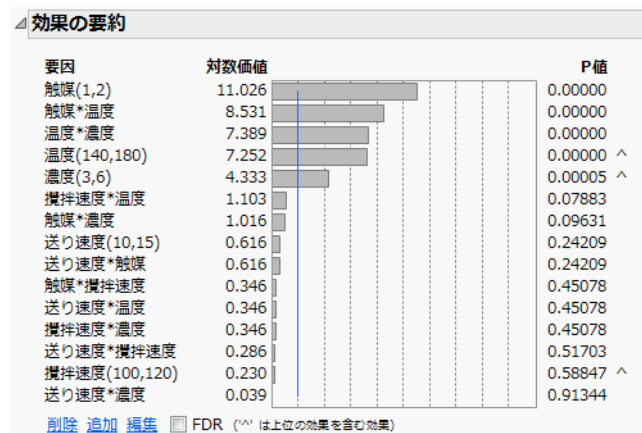
モデルに有意な高次の効果がある場合に、その効果に対する低次の効果を（たとえ有意でなくとも）モデルに含まれたままにしておきたいときがあるでしょう。**強い階層性**の原則は、「モデルに高次の効果を含める場合、それに関係する低次の効果をすべて含めるべきである」という原則です。一方、**弱い階層性**の原則は、「モデルに高次の効果を含める場合、それに関係する低次の効果のいずれかを含めるべきである」という原則です。

「効果の要約」表において、ある低次の効果がその効果を含む高次の効果よりも下に表示された場合は、右端の列に「^」というマークが表示されます。この「^」マークは、その効果よりも高次の効果のなかに、より有意なものが存在することを示しています。なお、高次の効果のなかに、低次の効果よりも有意なものがない場合には、その低次の効果の行には「^」マークはつきません。

「^」のついた効果がある場合に効果を削除する場合、次の2つのいずれかを選択してください。「^」のついた効果を含め、選択したすべての効果を削除する場合は、[すべての選択した効果を削除] を選択してください。選択した効果のうち高次の効果を持たないものだけを削除する場合は、[他に含まれていない効果のみ削除] を選択してください。

図3.62の「効果の要約」表の例では、3つの低次の効果が、それらを含む高次の効果の下に表示されています。たとえば、「攪拌速度*温度」の下に「攪拌速度(100,120)」が表示されています。

図3.62 「Reactor 32 Runs.jmp」の親子関係のある「効果の要約」表



応答変数が複数ある場合

応答変数が複数ある場合には、各応答変数に対して1つずつモデルがあてはめられますが、全体であてはめるとき、「効果の要約」表は1つしか表示されません。その表には、各効果のp値の中で最小のものが表示されます。効果を追加または削除すると、すべての応答変数のモデルに適用されます。

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。

メモ: 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**」（171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』の「計量値用ゲージチャート」章と「計数値用ゲージチャート」章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。（なお、「バッチ」は「炉」から枝分かれしている点に注意してください。ここでの例では、あるバッチはいずれかの炉の1つだけで処理されます。）

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ほうが自然でしょう。

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)

- $\mathbf{X}$ は、固定効果に対する計画行列 ($\mathbf{n} \times \mathbf{p}$ 行列)
- β は、計画行列 $\mathbf{X}$ に対する未知の固定効果パラメータ ($p \times 1$ ベクトル)
- $\mathbf{Z}$ は、変量効果に対する計画行列 ($\mathbf{n} \times \mathbf{s}$ 行列)
- γ は、計画行列 $\mathbf{Z}$ 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)
- $\mathbf{G}$ は、変量効果の分散を表す行列 ($\mathbf{s} \times \mathbf{s}$ 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。
- $\mathbf{I}_n$ は、 $\mathbf{n} \times \mathbf{n}$ の単位行列
- γ と ε は、独立に分布

$\mathbf{G}$ 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。

JMPの「標準最小2乗」手法でサポートされている変量効果の共分散構造は、**分散成分構造** (variance component structure) と呼ばれるものだけです (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、分散成分構造のみです。

 JMP Proの「混合モデル」手法では、誤差部分の共分散構造に対して、1次の自己相関 (**AR(1)**) 無構造 (unstructured)、空間構造といった構造が用意されています。詳細については、「混合モデル」章の「[\[反復構造\] タブ](#)」(320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](#)」（171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（「モデルの指定」章の「[「モデル効果の構成」のタブ](#)」（43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。

注意: 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](#)」（176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3.63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。

下側95% BLUPに対する両側95%信頼区間の下限。

[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に対する両側95%信頼区間の上限。

メモ: [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。

最良線形不偏予測量 (BLUP)

最良線形不偏予測量 (BLUP; Best Linear Unbiased Predictor) は、変数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。「変数効果の予測」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。

変数効果 モデルに指定された変数効果。

分散比 変数効果の分散成分の、誤差の分散成分に対する比。変数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 変数効果の分散成分 (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 分散成分に対する両側95% 信頼限界の下限 (詳細については、「[分散成分の信頼区間](#)」(177ページ) を参照)。

95% 上側 分散成分に対する両側95% 信頼限界の上限 (詳細については、「[分散成分の信頼区間](#)」(177ページ) を参照)。

Wald p 値 「共分散パラメータが0と等しい」という検定のp 値。この列は、「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] オプションを選択した場合のみ表示されます。

全体に対する百分率 分散成分の全体に占める、各変数効果の割合を百分率で表したもの。

分散成分の平方根 分散成分の平方根。変数効果の標準偏差の推定値です。

メモ: 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。

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。

メモ: レポートを右クリックし、[列] > [CV] を選択した場合のみ表示されます。

ノルム KHC Kackar-Harville の修正（詳細については、「[Kackar-Harville の修正](#)」(177 ページ) を参照)。

メモ: 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](#)」(190 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 Fisher 情報量行列の逆行列です。

反復

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。

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。

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](#)」（177ページ）と「[変量効果](#)」（73ページ）を参照）。

F値 計算された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。

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6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。

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。



条件付き計算式を発行 条件付き予測式を作成し、「計算式デポ」プラットフォームに計算式列のスク립トとして保存します。「計算式デポ」レポートが開かれていない状態の場合には、このオプションを選択すると、「計算式デポ」レポートが新たに作成されます。『予測モデルおよび発展的なモデル』の「計算式デポ」章を参照してください。

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。

メモ: 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。

EMS法のレポート

注意: 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3.64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3.64 「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 鋳造[温度]&変量効果	
切片	0	0	0
温度	0	16	4
鋳造[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。

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

ここで、 $\theta_{\text{温度}}^2$ は、「温度」のパラメータ推定値の平方和を「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。

メモ: レポートを右クリックし、[列] > [CV] を選択した場合のみ表示されます。

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。分子平均平方と分母平均平方の比。分母平均平方は、「F検定の分母」レポートで求められています。

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。

注意: 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法のときのプロフィール

EMS法を使用し、[因子プロフィール] > [プロフィール] 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」（178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。

メモ: プロフィールには、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

線形回帰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3.65）。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3.65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。

図3.65 一次従属性がある時の「特異性の詳細」と「パラメータ推定値」レポート

▲ 特異性の詳細

温度(140,180) = 送り速度*触媒

▲ パラメータ推定値

項	推定値	標準誤差	t値	p値(Prob> t)
切片	64.625	.	.	.
送り速度(10,15)	6.125	.	.	.
触媒(1,2)	10.125	.	.	.
攪拌速度(100,120)	-0.375	.	.	.
温度(140,180)	6.625	.	.	.
濃度(3,6)	-1.875	.	.	.
触媒*攪拌速度	-6.375	.	.	.
触媒*濃度	3.125	.	.	.
送り速度*触媒	ゼロに固定	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)
送り速度(10,15)	1	1	300.12500	.	.
触媒(1,2)	1	1	820.12500	.	.
攪拌速度(100,120)	1	1	1.12500	.	.
温度(140,180)	1	0	0.00000	.	足りない自由度
濃度(3,6)	1	1	28.12500	.	.
触媒*攪拌速度	1	1	325.12500	.	.
触媒*濃度	1	1	78.12500	.	.
送り速度*触媒	1	0	0.00000	.	足りない自由度

「パラメータ推定値」レポート

XXが特異な場合、先ほどの式で、逆行列ではなく、一般化逆行列（一般逆行列）を使って推定値を求めます。JMPで使われている一般化逆行列では、一次従属性があった場合、一部のパラメータだけ推定値を求めて、一部のパラメータ値は0にします。この方法では、推定値が求められるパラメータは、指定された効果の順番に依存します。後ろのほうで指定された効果のパラメータが推定されず、0にされます。「パラメータ推定値」レポートで、推定されたパラメータには推定値が表示され、推定されなかったパラメータは0とされます。

ただし、線形従属性に関係する項のパラメータは一意ではありません。関連した項は交絡するので、残差平方和を最小にするパラメータ推定値の組は無限にあります。このような場合、「パラメータ推定値」レポートのこれらの推定値の左側に「バイアスあり」と表示されます。一次従属性のためにパラメータ推定値が求められなかった項については、「パラメータ推定値」レポートの推定値0の左に「ゼロに固定」と表示されます。例として、図3.65を参照してください。

誤差に自由度があり、誤差分散が推定できるのであれば、上記の方法で求められたパラメータ推定値に対してt検定が実施されます。ただし、上記の方法で求められた推定値は、一意ではなく、またバイアスがあります。これらの検定の解釈には注意が必要です。

「効果の検定」レポート

モデル全体の自由度は、パラメータのなかで推定可能なものの個数です。一方、「効果の検定」レポートの検定では、該当する効果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との平方和を比較したものになっています。

- モデル全体の自由度が該当する効果を除いても変化しない場合、その効果の自由度は0になります。自由度が0の場合、平方和は計算されません。そのため、その効果は検定できません。

- 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3.65）。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必要があります。

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。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Singularity.jmp」を開きます。
2. 「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。
3. [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。
4. 「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。
5. [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3.66）。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。また、すべての行に「足りない自由度」と表示されています。この理由を考えてみましょう。効果の検定では、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によって、3つのすべての効果を含んだモデルの平方和は完全に説明されます。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3.66 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

応答 Y

特異性の詳細

X1 = - X2 + X3

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	2	97.800000	48.9000	97.8000
誤差	2	1.000000	0.5000	p値(Prob>F)
全体(修正済み)	4	98.800000		0.0101*

パラメータ推定値

項	推定値	標準誤差	t値	p値(Prob> t)
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
X2 バイアスあり	-4	0.353553	-11.31	0.0077*
X3 ゼロに固定	0	0	.	.

効果の検定

効果の詳細

応答 Y

特異性の詳細

X1 = X3 - X2

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	2	97.800000	48.9000	97.8000
誤差	2	1.000000	0.5000	p値(Prob>F)
全体(修正済み)	4	98.800000		0.0101*

パラメータ推定値

項	推定値	標準誤差	t値	p値(Prob> t)
切片	11.75	0.433013	27.14	0.0014*
X1 バイアスあり	2.75	0.661438	4.16	0.0533
X3 バイアスあり	-4	0.353553	-11.31	0.0077*
X2 ゼロに固定	0	0	.	.

効果の検定

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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Singularity.jmp」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3.67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、「[カスタム検定の例に関する詳細](#)」（185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3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3.67 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	3.166667	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)、効果に適用された属性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。
- 「変量効果」の属性が適用された効果がある場合、「強調点」は「最小レポート」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。

カスタム検定の例に関する詳細

「[カスタム検定](#)」の例 (114 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、「[カスタム検定の例に関する詳細](#)」（185ページ）および付録「統計的詳細」の「[パラメータの解釈](#)」（472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、下式の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。

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

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。

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

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つのモデルの残差平方和の差は、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。

$$\begin{aligned} r &= y - Xb \\ r_0 &= r + X(X'X)^{-1}L'\lambda \end{aligned}$$

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、制約がないモデルの残差を、 x 座標の値に足したものです。

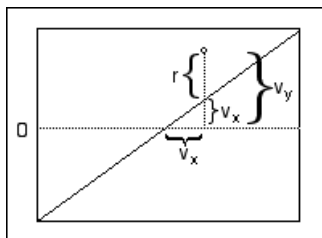
数式で書くと、以下ようになります。

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

これらの点がてこ比プロットを描くのに使われます。上記で説明した構成を図に描くと、図3.68のようになります。図で、応答平均は0、回帰直線の傾きは1です。

JMPのてこ比プロットには、応答の平均($\bar{y}$)を示す横の点線が描かれます。プロット上の点は、 $(v_x + \bar{y}, v_y)$ と表されます。

図3.68 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。

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

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

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3.57）。

- 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、 $\bar{h} = \bar{\mathbf{x}}(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-1}\bar{\mathbf{x}}'$ で、 $\bar{\mathbf{x}}$ 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

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 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）、検定統計量は、非心度パラメータが0である通常の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。

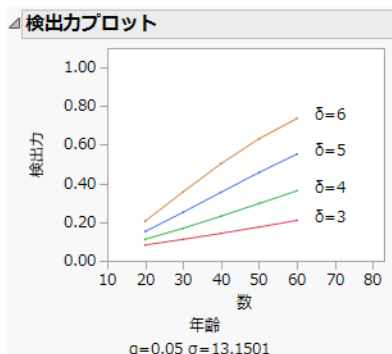
一部の書籍では（たとえば、Cohen, 1977）、JMPで使用されている生の効果の大きさではなく、標準化した効果の大きさ $\Delta = \delta/\sigma$ を使用しています。標準化した効果の大きさを表した場合、非心度パラメータは $\lambda = n\Delta^2$ になります。

「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」（496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3.69のグラフは、「検出力の事後計算の例」（194ページ）の「検出力」表をプロットした結果です。

図3.69 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。

メモ: 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いいので、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](#)」(496 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 3.70) 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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Big Class.jmp」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3.70 「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。

- 図3.70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。
- 図3.70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。
- 「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。
- [完了] をクリックします。
- 図3.71のような「検出力の詳細」レポートが表示されます。

図3.71 「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3.71の検出力の結果については、「[検出力](#)」(194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 \(LSN\)](#)」(193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(DOE)] > [標本サイズ/検出力] を選択し、[k 標本平均] を選択します。「標準偏差」のボックスに誤差の標準偏差（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などを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、もう一方の値が自動的に計算され、「標本サイズ」ウィンドウに表示されます。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 標本平均の詳細については、『実験計画 (DOE)』の「検出力と標本サイズ」章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あるとしします。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3.72）。

図3.72 「Bacteria.jmp」データテーブル

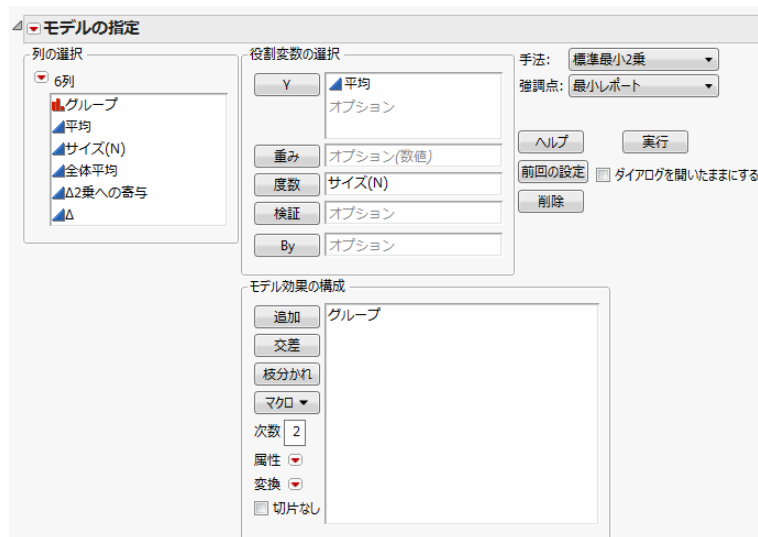
3/0判		グループ	平均	サイズ(N)
	1	Control	40	2
	2	Treatment A	40	1
	3	Treatment B	48	1

- 「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。

メモ: 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3.73)。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3.73 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3.74)。
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3列あります(「[バランスのとれていない一元配置](#)」(192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3.74)。
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3.74 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3.75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、 $\sigma = 5$ および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3.75 バクテリア調査の「検出力の詳細」レポート

検出力の詳細

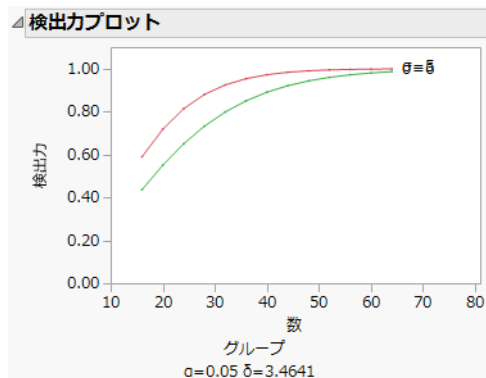
検定 グループ

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3.76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3.76 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。分析例として、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、そして、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。

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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Drug.jmp」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。

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 x_{1i} + \beta_2 x_{2i} + \varepsilon_i$$

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、2 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、これらの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「統計的詳細」(467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」

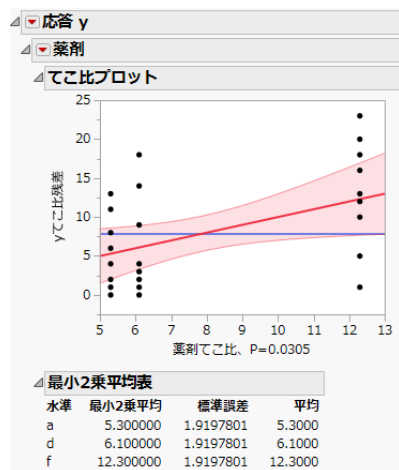


図4.2 「Drug.jmp」の「パラメータ推定値」と「効果の検定」

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、それ以外の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。

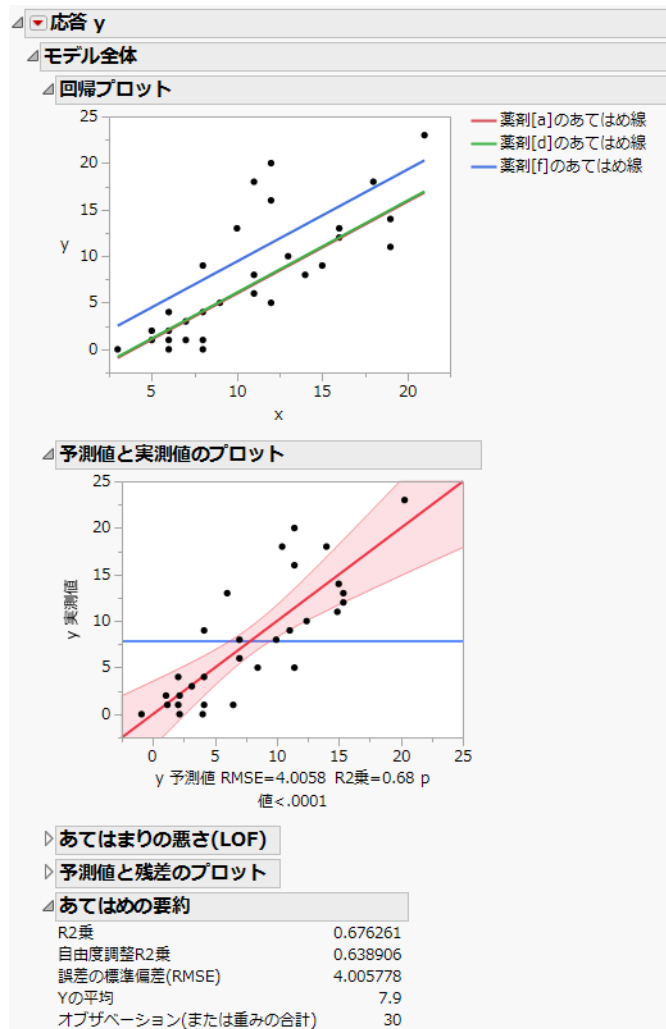
$$y_i = \beta_0 + \beta_1 x_{1i} + \beta_2 x_{2i} + \beta_3 x_{3i} + \varepsilon_i$$

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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Drug.jmp」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: $-2.696 - 1.185 \times \text{薬剤}[a] - 1.0761 \times \text{薬剤}[d] + 0.98718 \times x$

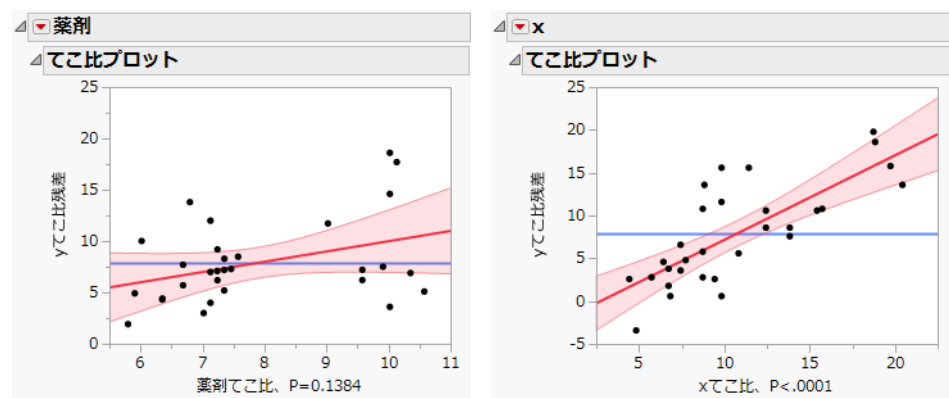
a: $-2.696 - 1.185 \times (1) - 1.0761 \times (0) + 0.98718 \times (10.7333) = 6.71$

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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Drug.jmp」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。
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}) が追加したものになります。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。

$$y_i = \beta_0 + \beta_1x_{1i} + \beta_2x_{2i} + \beta_3x_{3i} + \beta_4x_{4i} + \beta_5x_{5i} + \varepsilon_i$$

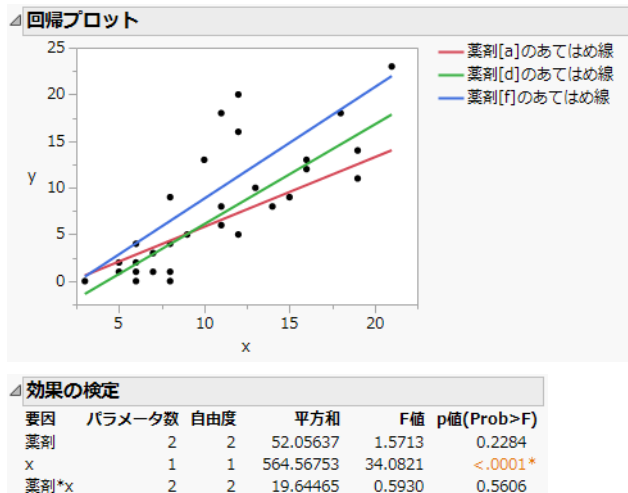
表4.1は、このモデルのコード変換を示しています。なお、交互作用項において、連続尺度の変数は、Xの平均10.7333を引くことにより、中心化されています。

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

この例では、応答曲面モデルをあてはめます。ここでの分析目的は、応答を最小化するような因子設定を探し出すことです。

完全な応答曲面モデルをあてはめる

1. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Design Experiment」フォルダにある「Custom RSM.jmp」を開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。

データテーブルに「モデル」スクリプトがあるため、「モデルの指定」ウィンドウは、スクリプトの指定どおりに入力された状態で開きます。次の点を念頭に置いてください。

- 「モデル効果の構成」リストを見ると、主効果の後ろに「& 応答曲面」という属性がついていて、[応答曲面]のマクロが適用されていることがわかります。
- 効果は、X1、X2、X3の3つの説明変数における完全な応答曲面の効果です。
- モデルの項に「& 応答曲面」がついているため、分析結果に「応答曲面」レポートが含まれます。

図4.7 応答曲面分析の「モデルのあてはめ」起動ウィンドウ

モデルの指定

列の選択
▼ 4列
X1
X2
X3
Y

役割変数の選択
Y
▲ Y
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 交差 検分かれ マクロ
X1& 応答曲面
X2& 応答曲面
X3& 応答曲面
X1*X1
X1*X2
X2*X2
X1*X3
X2*X3
X3*X3

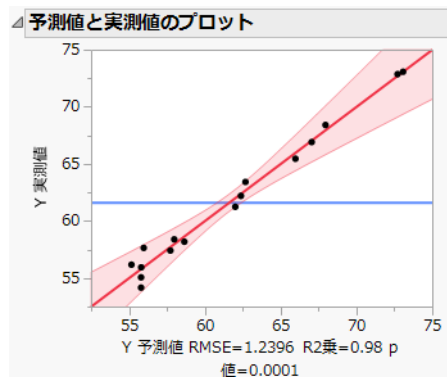
次数 2
属性 ▼
変換 ▼
☐ 切片なし

3. 「実行」をクリックします。

モデルを縮小する

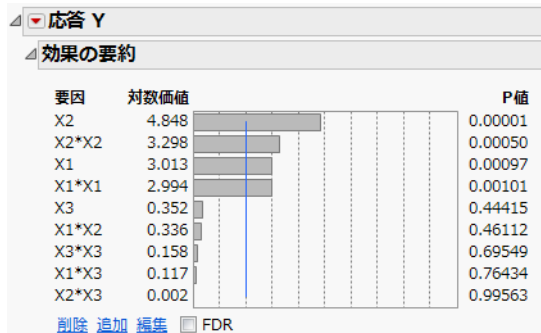
「予測値と実測値のプロット」を見ると、モデルが有意なことがわかります。あてはまりの悪さを示す証拠はありません。

図4.8 完全モデルの「予測値と実測値のプロット」



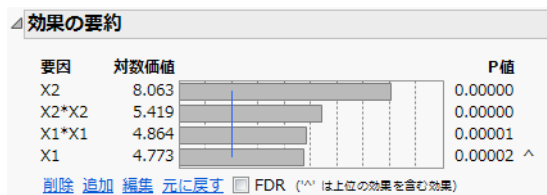
「効果の要約」レポートを見ると、多くの効果が有意でないことがわかります。特に「**X2*X3**」は、p 値が 0.99563 で有意度が最も低い効果となっています。次に「効果の要約」レポートを使い、モデルから効果を対話式に削除していきましょう。

図4.9 「効果の要約」レポート



1. 「効果の要約」レポートで「**X2*X3**」をクリックし、[削除] をクリックします。
モデルが更新されます。
「効果の要約」レポートの p 値の列を見ると、「**X1*X3**」が有意でないことがわかります。
2. 「**X1*X3**」をクリックし、[削除] をクリックします。
「**X3*X3**」の p 値を見ると、この効果が有意でないことがわかります。
3. 「**X3*X3**」をクリックし、[削除] をクリックします。
4. 「**X1*X2**」をクリックし、[削除] をクリックします。
「**X3**」が有効でないことがわかります。この効果は高次の効果に含まれていないので、削除しても親子関係（階層関係）の原則に違反しません。「標準最小2乗のレポートとオプション」章の「効果の親子関係」（169ページ）を参照してください。
5. 「**X3**」をクリックし、[削除] をクリックします。

図4.10 モデル縮小後の「効果の要約」レポート



残った効果は、すべて有意です。

「応答曲面」レポートを検討する

1. 「応答 Y」の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4.11 予測式

▲ 予測式

$$55.7 + 2.35 \cdot X1 + 5 \cdot X2 + X1 \cdot (X1 \cdot 4.44) + X2 \cdot (X2 \cdot 5.08)$$

ヒント: 「予測式」は、予測の計算に使用する式です。この計算式は、[列の保存] > [予測式] を選択して表示することもできます。

以下の手順では、予測式を表示してモデル係数を確認します。

2. まず「応答曲面」レポート、次に「正準曲率」レポートを開きます。

図4.12 「応答曲面」レポート

▲ ▼ 応答 Y

▲ 応答曲面

係数	X1	X2	Y
X1	4.4365909	0	2.349
X2	.	5.0765909	5.003

▲ 解

変数	最適解
X1	-0.26473
X2	-0.492752

解は 最小
最適解における予測値 54.177592

▲ 正準曲率

	固有値と固有ベクトル
固有値	5.0766 4.4366
X1	0.00000 1.00000
X2	1.00000 0.00000

最初の表には、2次の項に対するモデル係数が行列の形式で表されています。「X1*X1」の係数は4.4365909、「X2*X2」の係数は5.0765909、「X1*X2」の係数は0です。1次項に対する係数は、「Y」という列に表示されており、「X1」で2.349、「X2」で5.003です。

「解」レポートには、最適解が表示されています。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。この例の「解」レポートを見ると、応答曲面は最適解において最小値の54.18に達します。そのとき、X1 = -0.265、X2 = -0.493です。

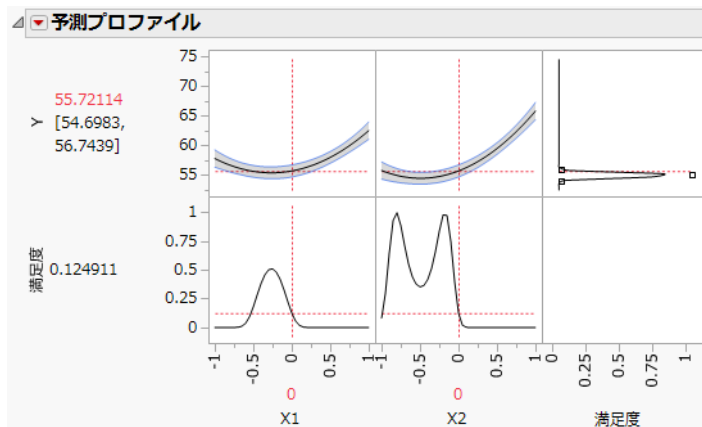
「正準曲率」レポートは、2次の項に対するモデル係数の行列を、固有値分解した結果です。固有値分解の結果から、曲面の形状と、主軸の方向を知ることができます。「標準最小2乗のレポートとオプション」章の「[「正準曲率」レポート](#)」(78ページ)を参照してください。

この例ではどちらの固有値も正なので、曲面は最小値をもちます。最大固有値（5.0766）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。方向は、対応する固有ベクトル成分によって定義されます。最初の方向は「X2」の方向です（第1固有ベクトルにおいて、X2の要素が1.00となっています）。2番目の方向は、「X1」の方向です（第2固有ベクトルにおいて、X2の要素が1.00となっています）。

予測プロファイルを使って臨界点を見つける

「予測プロファイル」レポートを見ると、「X1」と「X2」においては軌跡がすり鉢状になっているのがわかります。「応答変数の限界」列プロパティが「Y」に設定されているため、プロファイルには満足度関数も表示されます。

図4.13 目標値に合わせることを目的とした予測プロファイル



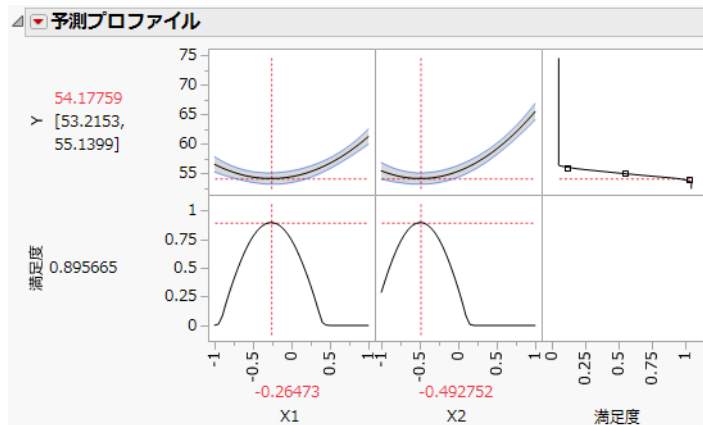
「応答変数の限界」列プロパティでは、目標が「目標値に合わせる」に設定されています。ただし、この例では、「Y」を目標値に合わせるのではなく、最小化することが目的です。設定を次のように変更します。

1. Ctrlキーを押しながら「予測プロファイルの右上のセルをクリックします。
2. 「応答の目標」ウィンドウで、オプションのリストから「最小化」を選択します。
3. [OK] をクリックします。

満足度関数に、「Y」を最小化するという目標が反映されます。

4. 「予測プロファイル」の赤い三角ボタンをクリックし、[最適化と満足度]>[満足度の最大化]を選択します。

図4.14 最小化を目的とした予測プロファイルと最大化された満足度



計画の範囲内で「Y」を最小化する設定が、プロファイルの下に表示されます。設定は、「解」レポートに表示されている最適解と一致します。

「等高線プロファイル」を使って曲面を確認する

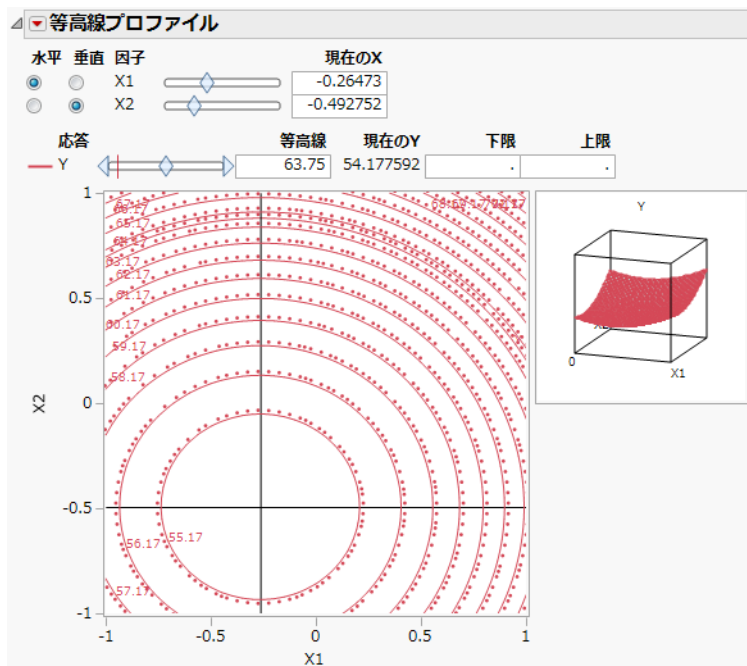
「等高線プロファイル」は、応答曲面の等高線を示します。最適解付近での応答の予測値を、別の形で表示したプロファイルです。

1. 「応答 Y」の赤い三角ボタンをクリックし、[因子プロファイル] > [等高線プロファイル] を選択します。
2. 「等高線プロファイル」の赤い三角ボタンをクリックし、[等高線グリッド] を選択します。
3. 「増分」として「1」を入力します。
4. [OK] をクリックします。

1単位間隔の等高線が描画されます。図4.15を参照してください。

5. 「予測プロファイル」の赤い三角ボタンをクリックし、[因子設定] > [すべてのプロファイルを連動] を選択します。

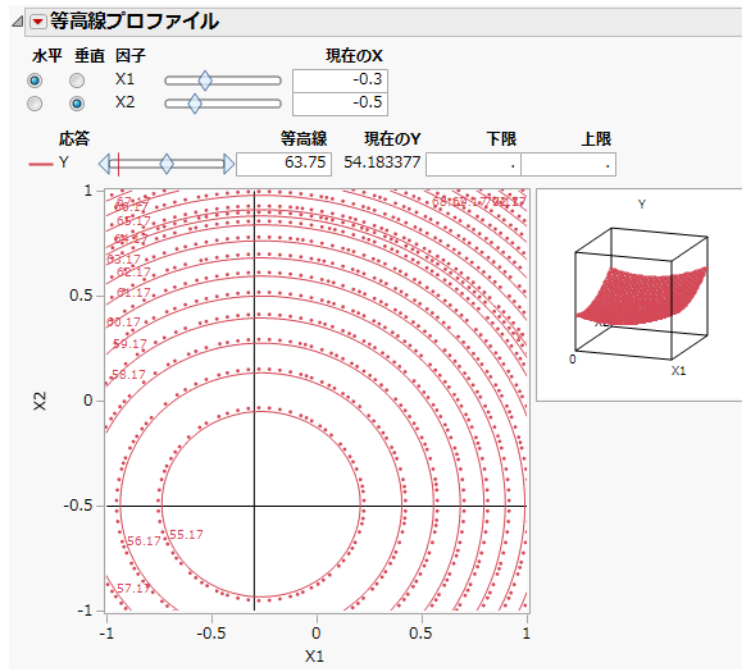
図4.15 「等高線プロファイル」で十字ツールを最適解に置いたところ



「等高線プロファイル」と「予測プロファイル」を連動させると、「等高線プロファイル」の「現在のX」の値が「予測プロファイル」の「X」の値と連動します。「予測プロファイル」の「X」の値は、「Y」が最小であるときに最適解となります。「等高線プロファイル」の十字ツールは、最適解を示しています。「現在のY」は54.177592で、「予測プロファイル」に従って予測された最小値と一致しています。

工程因子を、応答を最適化する値ちょうどには設定できないことがよくあります。「等高線プロファイル」を使えば、そのような場合でも実現できる工程因子の設定値が特定できます。次の手順では、工程の「X1」と「X2」の値を小数点以下1桁までの精度でしか設定できず、設定値は、小数点以下1桁の範囲で上下どちらにも変動し得ると想定しましょう。

6. 「等高線プロファイル」レポートの「現在のX」で、「X1」の行に「-0.3」、「X2」の行に「-0.5」を入力します。

図4.16 $X_1 = -0.3$ 、 $X_2 = -0.5$ の値を示した「等高線プロファイル」

十字ツールは、最も内側の等高線のさらに内側にあり、「現在のY」（「現在のX」におけるYの予測値）は54.183377と、予測された最小値である54.177592とはわずかに異なります。

7. 「等高線プロファイル」で十字ツールをクリックしてドラッグし、 $X_1 = -0.3$ 、 $X_2 = -0.5$ の点から0.1単位の半径内で「現在のX」の値を調べてみましょう。

Yの予測値は、いずれも54.4を下回ります。実際、最も内側の等高線内のどの点に移動しても、Yの予測値が55.17の等高線値を超えることはありません。

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まとめたものです。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。
- まず、2次単位（時点）ごとの測定値を複数の列で保持している形式でデータを準備する。そのデータに MANOVA モデルをあてはめ、単変量の統計量を計算する。

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、穴からどれく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。

メモ: 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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Animals.jmp」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4.17に指定の終わった起動ウィンドウを示します。

図4.17 「モデルのあてはめ」ダイアログボックス

11. [実行] をクリックします。

図4.18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4.18 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[COYOTE]	1.4583333	0.42287	4	3.45	0.0261 *		
季節[fall]	-0.625	0.431003	15	-1.45	0.1676		
季節[spring]	1.7083333	0.431003	15	3.96	0.0012 *		
季節[summer]	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	Wald p値	全体に対する百分率
被験者[種別]	0.4719626	0.7013889	0.7707006	-0.809157	2.2119344	0.3628	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							
▷ 反復履歴							
▲ 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							

変量効果の各水準に対する予測量の例

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; 最良線形不偏予測量）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、収縮 (shrinkage; 縮小) と言います。どれぐらい収縮するかは、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、ほとんど収縮しません。分散が小さいときは、大きく収縮します。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収縮します (変量効果の最小2乗平均は、全体平均まで収縮します)。分散が負になっているときは、収縮ではなく、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はあまり収縮しません。逆に、データ数が少ないと、大きく収縮します。データ数が無限大の場合は収縮せず、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収縮させれば、その推定値はより信用できるものになるでしょう。なお、出場回数が多くて打席数が多い選手であれば、BLUPはあまり収縮せず、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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Baseball.jmp」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収縮しています。

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	平均から収縮	

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。

JMPでの節点の配置方法は、統計の文献に従っています。なお、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。節点スプラインについては、Stone and Koo (1986) を参照してください。JMPでの節点の配置方法は、Stone and Koo (1985) に従っています。データ点が100個以下の場合、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、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5点、データ点が30以下の場合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められます。
- 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。

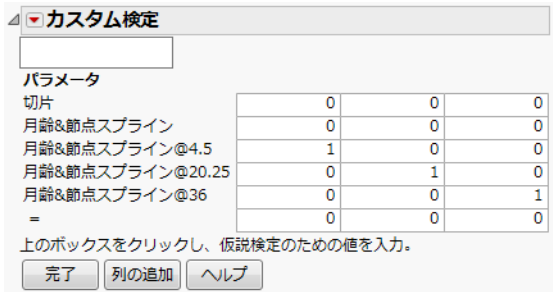
1. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Growth.jmp」を開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
「モデルのあてはめ」起動ウィンドウが開きます。

図4.19 「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4.20 曲線性に対するカスタム検定の値



13. [完了] をクリックします。

図4.21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4.21 曲線性のレポート



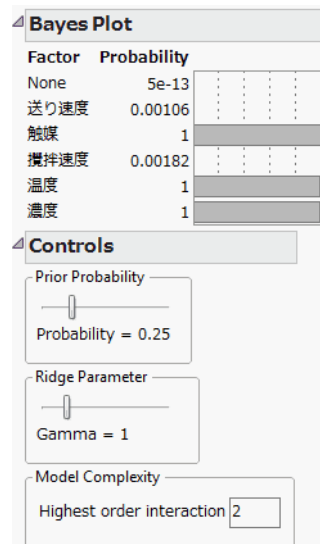
Bayes 流因子スクリーニングの例

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（ペイズ）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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Reactor.jmp」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4.22 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に向かって収縮します。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。次のような状況の場合に役立ちます。

- 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
- どの説明変数を使えば適合度の良いモデルを作成できるかを対話式に探索したいとき
- 不必要な説明変数を推定することで生じるばらつきを抑え、モデルの予測精度を上げたいとき

カテゴリカルな説明変数の場合は、次のことを行えます。

- 効果をモデルに含めるときのルールを選択する。
- 親子関係（階層関係）を効果に課す。

また、「ステップワイズ」プラットフォームでは、説明変数のすべての組み合わせをあてはめたり、モデルの平均化を行ったりすることもできます。

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。

このアプローチには、留意しなければならない副作用があります。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）**という言葉を経験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。

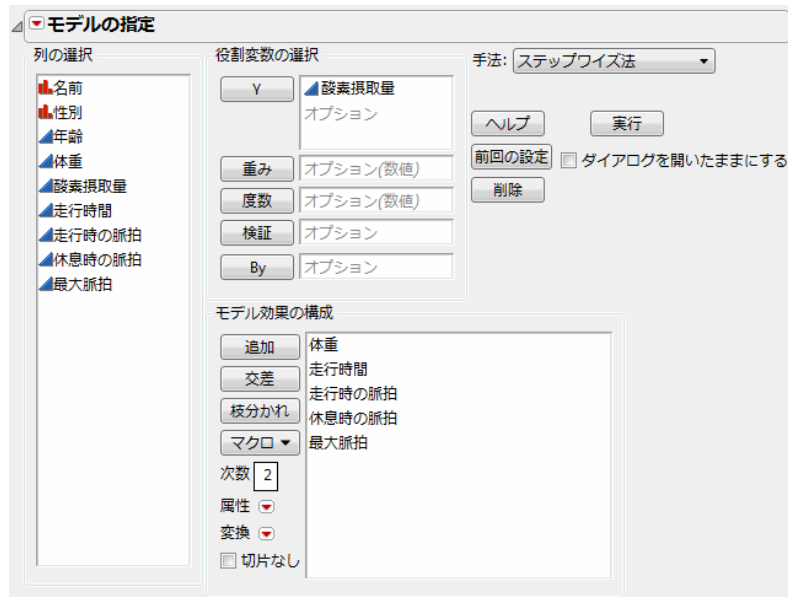
ステップワイズ回帰の使用例

「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。

メモ: 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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Fitness.jmp」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



JMP PRO [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、様々なモデルを確認す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。

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](#)」(230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」(231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」(237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」(238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。

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R2乗」に切り替わります（「[ステップワイズ回帰の設定](#)」パネル」(231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](#)」(253ページ)を参照してください。

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、項数ごとに最良のモデルが示されます。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ウィンドウが開きます。このウィンドウで、表示する最良モデルの最大数も入力します。なお、カテゴリカルな変数は、指示変数に変換されてモデルに含められます。「[名義尺度または順序尺度の効果を含んだモデル](#)」(240ページ)を参照してください。強い親子関係（強い階層関係）を満たしている効果のモデルだけをあてはめることもできます。「[すべてのモデル](#)」オプション」(250ページ)を参照してください。

このオプションは、連続尺度の応答にのみ使用できます。

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」(252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。「[規準履歴](#)」プロットには、陰影の付いたゾーンが2つあります。最小のAICc値を V^{best} とすると、緑色のゾーンは $[V^{\text{best}}, V^{\text{best}}+4]$ の範囲です。黄色のゾーンは $[V^{\text{best}}+4, V^{\text{best}}+10]$ の範囲です。

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。

JMP PRO モデル作成時に検証列も指定 「モデルの作成」を選択した際に、「モデルの指定」ウィンドウに「検証」列を追加します。「モデルの実行」を選択した際に、「検証」列を含めたモデルを実行します。

このオプションは、デフォルトでオンになっています。

メモ: このオプションは、「ステップワイズ」起動ウィンドウで「検証」列を入力した場合にのみ表示されます。

モデルダイアログ 現在のモデル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。除外されている行または欠測値の行がある場合は、[実行] ボタンの下にその旨を示すメモが表示されます。

図 5.3 「ステップワイズ回帰の設定」パネル

SSE	DFE	RMSE	R2乗	自由度調整R2乗	Cp	p	AICc	BIC
6940	31	14.962318	0.0000	0.0000	647.07317	1	267.3641	269.8818

停止ルール

[停止ルール] では、変数選択の方法を指定します。[閾値 p 値] 以外のすべての停止ルールでは、[変数増加] と [変数減少] の方向だけを使用できます。検証を使用する停止ルールは、[最大検証 R2 乗] と [最大 k 分割 R2 乗] だけです。「[検証の使用](#)」(253 ページ) を参照してください。

閾値 p 値 p 値に基づいて変数を追加／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。

- [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 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。詳細は、付録「統計的詳細」の「[尤度・AICc・BIC](#)」（493ページ）を参照してください。

最小BIC 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。詳細は、付録「統計的詳細」の「[尤度・AICc・BIC](#)」（493ページ）を参照してください。

JMP Pro 最大検証R2乗 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、その列に一意の値が2～3個ある場合にのみ指定できます。検証については、「[「検証」列の値が2つまたは3つの場合](#)」（253ページ）を参照してください。

最大K分割R2乗 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。ステップワイズの赤い三角ボタンメニューからこのオプションを選択すると、停止ルールとして「最大K分割R2乗」が選択できるようになります。JMP Proの場合は、指定した検証列に4つ以上の値があるときには、このオプションを選択できます。このオプションを選択すると、分割の数を指定するよう求められます。検証については、「[K分割交差検証](#)」（256ページ）を参照してください。

方向

変数を選択する際の方向を指定します。次のいずれかのオプションを選択してください。

変数増加 p 値が最も小さい項からモデルに追加していきます。停止ルールに「[閾値 \$p\$ 値](#)」を選択した場合は、「[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](#)」（235ページ）を参照してください。

変数減少 p 値が最も大きい項からモデルから削除していきます。停止ルールに「[閾値 \$p\$ 値](#)」を選択した場合は、「[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](#)」（236ページ）を参照してください。

メモ：「方向」で「変数減少」を選択した場合は、必ず「すべて追加」をクリックしてから「実行」または「ステップ」をクリックしてください。

変数増減 停止ルールに「[閾値 \$p\$ 値](#)」を選択した場合にのみ使用可能です。変数増減法とも呼ばれ、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。

「実行」、[停止]、[ステップ] ボタン

「実行」、[停止]、[ステップ] ボタンを使って、モデルに項を追加または削除する方法をコントロールできます。

メモ：どの停止ルールも p 値に基づき変数を追加や削除することによってあてはめられるモデルだけを考慮します。変数のすべての組み合わせを考慮するわけではありません。

実行 項の追加（変数増加）または削除（変数減少）の処理を自動的に行います。あてはめたモデルのうち、選択された停止ルールに基づいて最良とみなされたモデルはリストの最後に表示されます。[停止ルール]

が「閾値 p 値」である場合を除き、最良のモデルとして選ばれたモデルは、指定された基準から見て大域的に最良なモデルではなく、単に局所的に最良なモデルです。「モデルの作成」と「モデルの実行」をクリックすると選ばれた最良のモデルがあてはめられますが、あてはめられるモデルは各モデルの右側にあるラジオボックスを選択すると変更できます。

- 「閾値 p 値」の場合、最良のモデルは「変数を追加するときの p 値」と「変数を除去するときの p 値」の基準に基づきます。「閾値 p 値」(231ページ)を参照してください。
- 「最小AICc」と「最小BIC」では、最良のモデルが見つかるまであてはめが自動的に実行されます。ここでの最良のモデルは、AICcやBICが最小となるモデルです。モデルをあてはめていき、AICcやBICが現在の値よりも連続で10個大きいものが続けば処理を打ち切ります。最終的に選択された最良のモデルに対しては、「パラメータ」列に「最適」と、「アクション」列に「特定」と表示されます。
- 「最大検証R2乗」(JMP Proのみ)と「最大K分割R2乗」でも、最良のモデルが見つかるまであてはめが自動的に実行されます。ここでの最良のモデルは、検証R2乗やK分割R2乗が最大となるモデルです。モデルをあてはめていき、検証R2乗やK分割R2乗が現在の値よりも連続で10個小さいものが続けば処理を打ち切ります。最終的に選択された最良のモデルに対しては、「パラメータ」列に「最適」と、「アクション」列に「特定」と表示されます。

停止 「実行」ボタンによって開始された自動選択処理を停止します。

ステップ 「変数増加」または「変数減少」の方向に、項を1つずつ追加または削除します。「ステップ履歴」レポートにて、モデルの右横のボタンをクリックすると、現在、あてはめられているモデルが変更されます。この選択に応じて、「現在の推定値」レポート内のモデル項の選択内容が更新されます。このモデルが、「モデルの作成」または「モデルの実行」をクリックしたときに使用されます。

ルール

メモ: この節で説明するオプションは、階層的な関係にある項がモデルに含まれている場合にのみ表示されます。名義尺度または順序尺度の変数がある場合、関連する項が作成され、「現在の推定値」表に表示されます。

「ルール」では、モデルの項に階層的な関係があるときに適用したいルールを選択します。次のような場合に階層が生じます。

- 変数が別の変数の成分である場合は、階層が生じます。たとえば、モデルにA、B、A*Bという変数があるとき、AとBは、階層においてA*Bの上位の項となっています。
- 名義尺度または順序尺度の変数を含めた場合も、階層が生じます。ある項をモデルに含めるときに、先に含めないといけない項がある場合、後者の項を、階層における上位の項と呼びます。「階層的な項の作成」(241ページ)を参照してください。

次のいずれかのオプションを選択してください。

組み合わせ ある項を追加するかどうかを検討する際、その項に対する上位の項がある場合に、2つの検定の p 値が計算されます。1番目の p_1 は、該当する項と上位の項を一緒にまとめて検定した結果の p 値です。2番目の p_2 は、上位の項をモデルに追加した後に計算した、その項だけの p 値です。最終的な p 値は、 $\max(p_1, p_2)$ と定義されます。

ヒント: [組み合わせ] ルールは、特に強い効果を持つ上位の項がある場合に、有意でない交互作用効果が含まれてしまうのを防ぎます。この例では、主効果が強いために、主効果と交互作用と一緒に検定した p 値である p_1 は非常に小さくなる可能性があります。しかし、交互作用自体は有意でないので、2 番目の p 値は大きくなるでしょう。その結果、大きな値となっている p_2 のほうが、最終的な p 値として使用されます。

注意: 上位の項を持つ項における「自由度」は、大きい方の p 値の検定における自由度です。つまり、「現在の推定値」表にある「自由度」は、最終的に使われた検定の自由度です。 p_1 が使用された場合、「自由度」はその項と上位と項を組み合わせた全体の自由度です。一方、 p_2 が使用された場合、「自由度」は 1 になります。

[組み合わせ] オプションは、デフォルトで適用されるルールです。「[交差、交互作用、多項式の項を含んだモデル](#)」(238 ページ) を参照してください。

制限 上位の項が追加されないで下位の項も追加されないように、制限が課されます。「[名義尺度または順序尺度の効果を含んだモデル](#)」(240 ページ) および「[階層的な項に対する \[制限\] ルールの例](#)」(246 ページ) を参照してください。

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。「[ルール](#)」(245 ページ) を参照してください。

ボタン

「ステップワイズ回帰の設定」パネルには次のボタンがあります。

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。名義尺度または順序尺度の変数がある場合は、[モデルの実行] により、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。

統計量

「ステップワイズ回帰の設定」パネルの下には、次のような統計量が表示されます。

SSE 現在のモデルの誤差（残差）の平方和。

DFE 現在のモデルの誤差の自由度。

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）。

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、切片を含めて p 個のパラメータがあるモデルの誤差平方和です。 p は説明変数の個数に 1 を足したものです。Mallows (1973) は、 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 修正済みの赤池の情報量規準。詳細は、付録「統計的詳細」の「[尤度・AICc・BIC](#)」（493 ページ）を参照してください。

BIC ベイズ情報量規準。詳細は、付録「統計的詳細」の「[尤度・AICc・BIC](#)」（493 ページ）を参照してください。

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](#)」（228 ページ）の手順を完了します。

「**方向**」は、デフォルトの「**変数増加**」のままにしてください。

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

		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)"
1ステップ実行後の推定値	☒	☒	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
		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)"
全ステップ実行後の推定値	☒	☒	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

変数減少法は、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](#)」(228 ページ) の手順を完了します。
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。「ステップ履歴」表を見ると、第3ステップのBIC値は156.362です。「ステップ」をクリックしてモデルからもう一つパラメータを削除すると、BICの値は159.984に増加します。そのため、ステップ3のモデルを選択します。これは、「実行」ボタンをクリックしたときに作成されるモデルでもあります。

「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

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。ロックした項は、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 モデルに含まれている他の効果との重相関。

メモ: 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。

「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.jmp」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](#)」（228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

一部のモデル、特に実験計画の多くのモデルは、交互作用の項を含んでいます。連続尺度の因子の場合には、交互作用項は、それらの因子の積です。名義尺度や順序尺度の場合には、交互作用項は、カテゴリカルな水準を表すダミー変数の積です。

交互作用項がある場合、高次の効果を追加するには、その低次の要素が必ずモデルに含まれるように制約することがよくあります。この原則は、親子関係の原則（principle of effect heredity; 階層関係の原則）と呼ばれています。『実験計画（DOE）』の「実験計画を始めよう」章を参照してください。この原則に従えば、たとえば、2次の交互作用項がモデルに含まれている場合は、（階層における上位の効果である）主効果もモデルに必ず含めるべきです。

「組み合わせ」ルール为例

1. 「ヘルプ」 > 「サンプルデータライブラリ」を選択し、「Reactor.jmp」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 「組み合わせ」ルールを使用した最初の「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	1	15.125	0.066	0.79972	
☐	☐	送り速度*攪拌速度	0	3	22.75	0.031	0.9926	
☐	☐	送り速度*温度	0	1	6.125	0.027	0.87178	
☐	☐	送り速度*濃度	0	1	0.125	0.001	0.98161	
☐	☐	触媒*攪拌速度	0	1	6.125	0.027	0.87178	
☐	☐	触媒*温度	0	1	1404.5	7.612	0.00979	
☐	☐	触媒*濃度	0	1	32	0.139	0.71193	
☐	☐	攪拌速度*温度	0	1	36.125	0.157	0.69476	
☐	☐	攪拌速度*濃度	0	1	6.125	0.027	0.87178	
☐	☐	温度*濃度	0	1	968	4.863	0.03525	

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）。「ルール」（233ページ）で説明している「組み合わせ」、「制限」、および「効果全体」ルールでは、交互作用項をどのように含めるかを選択できます。

「組み合わせ」ルールは、2つの検定を用いて交互作用項を追加するかどうかを決定します。「組み合わせ」（233ページ）を参照してください。「自由度」の値を見れば、どちらの検定のp値が使用されたかが特定できます。たとえば、交互作用項の「送り速度*攪拌速度」は「自由度」が3です。「送り速度*攪拌速度」は、自由度が「3」となっています。これは、その下位の項である2つの主効果（「送り速度」と「攪拌速度」）と一緒に考慮され、追加が検討されているからです。一方で、「触媒*温度」は、自由度が「1」となっています。これは、「触媒*温度」のp値は、下位の項である2つの主効果（「触媒」と「温度」）がモデルに追加された後の検定で計算されたものであることを示します。「ステップ」を1回クリックすると、「触媒」がモデルに追加されます。

8. 「ステップ」をもう1回クリックすると、「触媒*温度」と「温度」が追加されます（「触媒」はすでに追加済み）。

図5.10 [組み合わせ] ルールを使用した最初の「現在の推定値」レポート (1ステップ)

現在の推定値			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	1	0.125	0.002	0.96335
☐	☐	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	1	32	0.562	0.45989
☐	☐	攪拌速度*温度	0	2	39.25	0.334	0.7194
☐	☐	攪拌速度*濃度	0	1	6.125	0.106	0.74747
☐	☐	温度*濃度	0	1	968	43.488	4.49e-7

つまり、モデルに交互作用項を追加するときには、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2回クリックすると、「触媒*温度」だけでなく、その下位の項である「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、この動作は逆になります。交互作用項を削除するのに、その下位の項である2つの主効果を削除する必要はありません。主効果である「触媒」と「温度」の自由度は、それぞれ2になっていることに注目してください。これは、「触媒」または「温度」を削除する場合には、「触媒*温度」も削除しなければならないからです。「方向」を[変数減少]に変更し、[ステップ] をクリックすると、「触媒*温度」が削除され、「触媒」と「温度」の自由度が1に変わります。

名義尺度または順序尺度の効果を含んだモデル

昔のソフトウェアでは、ステップワイズ回帰を行うのに、カテゴリカルな効果があるケースを想定していませんでした。次の点を念頭に置いてください。

- カテゴリカルな効果（名義尺度や順序尺度の効果）は、複数の指示変数によって表されます。
- カテゴリカルな効果が2水準の場合は、その効果は1つの指示変数によって表されます。
- カテゴリカルな効果が k 水準（3水準以上）の場合は、 $k-1$ 個の指示変数によって表されます。

JMPの多くのプラットフォームでは、名義尺度の効果は、すべての水準のパラメータ推定値を合計すると0になるようにコード変換されます。

一方、「ステップワイズ法」プラットフォームでは、カテゴリカルな効果（名義尺度や順序尺度の効果）は階層的な形式でコード変換されます。これは、他のプラットフォームでのコード変換とは異なります。「ステップワイズ法」で採用されている階層的なコード変換では、カテゴリカルな変数の水準は、応答変数における平均の差が最大になるようなグループに分岐されます。分岐の処理は、 k 個の水準のあるカテゴリカルな変数を $k-1$ 個の項で表すまで行われます。

メモ: このような階層的なコード変換では、最初に作成される項が、平均差が最も大きい分岐になっています。このようなコード変換の利点は、より効果があると思われる項がモデルに追加されやすい点です。

階層的な項の作成

階層的な項は、「パーティション」分析に類似したツリー構造によって作成されていきます。ただし、この時の分岐に使われる基準は群間平方和（SSB; sum of squares between groups）です。

k 水準のある名義尺度の因子の場合、群間平方和が最大となるような2つのグループに、これらの k 水準が分けられます。ここで、これら2つのグループを「A1」および「A2」と呼びます。また、「A1」の平均は、「A2」の平均よりも小さいとします。この場合、「A1」に対しては1、「A2」に対しては-1の値をもつダミー変数が作成されます。このように作成されたダミー変数が、名義尺度の因子に対する最初の階層的な項です。

次に、「A1」と「A2」の各グループ内で、群間平方和が最大となるような分岐が探索されます。群間平方和が最大となるのは「A1」のほうのグループ内にあるとします。そして、ここで分岐した2つのグループを「B1」および「B2」と呼びます。また、「B1」の平均は小さく、「B2」の平均よりも小さいとします。その場合、「B1」に対しては1、「B2」に対しては-1、「A2」に対しては0の値を持つダミー変数が作成されます。そして、B1、B2、およびA2の各グループ内で、さらに分岐が行われていきます。分岐は、群間平方和が最大となるように次々と行われます。分岐は、階層的な項が $k-1$ 個だけ作成されるまで続けられます。

順序尺度の因子に対しては、順番に隣接している水準だけが同じグループに属するように分岐されていきます。これにより、作成される項は水準の順序が考慮されたものとなります。

ルールと階層型項

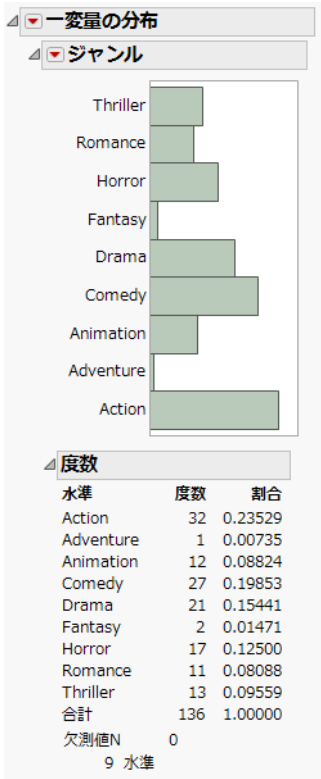
ルールが【組み合わせ】もしくは【制限】の場合には、ある項を追加するには、それより下位にあるすべての項が追加されていなければいけないという制約が課せられます。【効果全体】ルールを使用する場合は、カテゴリカル変数の項を1つ入力すると、それに関連するすべての項が入力されます。例として、[「例における階層型な項の作成」](#)（244ページ）を参照してください。

名義尺度の項を含むモデルの例

この例では、2011年にリリースされた映画に関するデータを使用します。関心の焦点は、総収入を示す「世界収入」の値です。考えられる説明変数は、「ロッテン・トマトのスコア」、「観客スコア」、および「ジャンル」です。2つのスコア変数は連続変数ですが、「ジャンル」は名義尺度の変数です。「ステップワイズ法」を使ってモデルの変数減少を行う前に、関心のある変数を探索したいと思います。

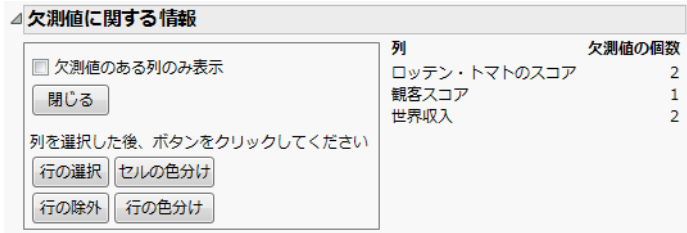
1. 【ヘルプ】>【サンプルデータライブラリ】を選択し、「Hollywood Movies.jmp」を開きます。
2. 【分析】>【一変量の分布】を選択します。
3. 「ジャンル」を選択して、【Y, 列】をクリックします。
4. 【OK】をクリックします。

図5.11 ジャンルの分布



- 「ジャンル」には9つの水準があるので、8つのモデル項によって表されます。データを詳しく見ると、欠測値があるため、ステップワイズ法では8個の水準だけが考慮されることがわかります。
5. データテーブルの「列」パネルで、関心のある列（「**ロッテン・トマトのスコア**」、「**観客スコア**」、「**ジャンル**」、「**世界収入**」）を選択します。
 6. [列] > [モデル化ユーティリティ] > [欠測値を調べる] を選択します。

図5.12 「欠測値に関する情報」レポート



欠測値の行が、「**ロッテン・トマトのスコア**」には2行、「**観客スコア**」には1行、「**世界収入**」には2行あります。

7. 「欠測値に関する情報」レポートで、「列」の下にリストされている3つの列を選択します。

8. [行の選択] をクリックします。

これで、データテーブルにおいて、それら3つの行が選択されます。それら3つの行は、データのいずれかに欠測値があるため、「ステップワイズ法」による分析では除外されます。ジャンルが「Adventure」であるのは第134番目の行だけですが、この行は「世界収入」が欠測値です。このため、「Adventure」カテゴリは完全に分析から除外されます。つまり、「ステップワイズ法」の分析対象となる「ジャンル」には、8カテゴリしかないことになります。欠測値の影響がわかったところで、「ステップワイズ法」による分析を実行しましょう。

9. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。

10. 「ロッテン・トマトのスコア」、「観客スコア」、および「ジャンル」を選択し、[追加] をクリックします。

「ロッテン・トマトのスコア」、「観客スコア」、「ジャンル」を説明変数として、「世界収入」に最小2乗モデルをあてはめると、残差の分散が高度に不均一になります。（これは、財務データに多く見られる現象です。）回帰モデルで仮定される等分散性を満たすには、対数変換を使用します。

11. 「列の選択」リストで「世界収入」を右クリックし、[変換] > [自然対数] を選択します。

「列の選択」リストの末尾に、変換後の変数である「自然対数[世界収入]」が追加されます。

12. 「自然対数[世界収入]」を選択し、[Y] をクリックします。

13. 「手法」リストから [ステップワイズ法] を選択します。

14. [実行] をクリックします。

図5.13 モデル項のリストが表示された「現在の推定値」表

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	4.05798507	1	0	0.000 1
☐	☐	ロッテン・トマトのスコア	0	1	8.732189	2.709 0.10219
☐	☐	観客スコア	0	1	7.509642	2.323 0.12989
☐	☐	ジャンル{Drama&Thriller&Horror&Fantasy&Romance&Comedy-Action&Animation}	0	1	53.40235	18.526 3.26e-5
☐	☐	ジャンル{Drama-Thriller&Horror&Fantasy&Romance&Comedy}	0	1	11.02293	3.438 0.06595
☐	☐	ジャンル{Thriller&Horror&Fantasy&Romance-Comedy}	0	1	4.435756	1.362 0.24528
☐	☐	ジャンル{Thriller&Horror-Fantasy&Romance}	0	1	0.318501	0.097 0.75611
☐	☐	ジャンル{Thriller-Horror}	0	1	0.000104	0.000 0.99553
☐	☐	ジャンル{Fantasy-Romance}	0	1	0.000376	0.000 0.99149
☐	☐	ジャンル{Action-Animation}	0	1	1.505589	0.459 0.49919

「現在の推定値」表では、「ジャンル」が7つの項によって表されています。これらのうちの2つを使ってモデルを作成し、これらの項がどのように定義されているかを見てみましょう。

15. 「ジャンル」の最初の2つの項の横にある「追加」チェックボックスをオンにします。

- ジャンル {Drama&Thriller&Horror&Fantasy&Romance&Comedy-Action&Animation}
- ジャンル {Drama-Thriller&Horror&Fantasy&Romance&Comedy}

16. [モデルの作成] をクリックします。

これで、「モデルの指定」ウィンドウの「モデル効果の構成」リストに、これらの2つの項が追加されたはずですが、また、これらの項を示す2つの列がデータテーブルに追加されていることも確認してください。これらの列については、次の節で説明します。

例における階層型な項の作成

欠名義尺度の変数「ジャンル」は、欠測値があったため、8水準であったことを思い出してください。「現在の推定値」表では、「ジャンル」が7つの項によって表されています。「ジャンル」は8水準があるので、7つの項になっています。以下では、「ジャンル」から作成された最初の2つの項だけを説明します。残りの項も同じ方法で定義されています。

最初の項

最初に表示されている項は、「ジャンル{Drama&Thriller&Horror&Fantasy&Romance&Comedy-Action&Animation}」です。この項は、ジャンル{A1 - A2}という形式で、A1とA2はマイナス記号で区切られています。これは、次の2つのグループに分けると、群間平方和が最大となることを示しています。

- Drama, Thriller, Horror, Fantasy, Romance, Comedy (A1とする)
- Action, Animation (A2とする)

項「ジャンル{Drama&Thriller&Horror&Fantasy&Romance&Comedy-Action&Animation}」をモデルに追加すると、モデルを作成した時に、この項を示す列がデータテーブルに追加されます。先ほどの例でも、この列はデータテーブルに追加されています。この列の値は、次のようになっています。

- 1: Drama, Thriller, Horror, Fantasy, Romance, Comedy
- -1: Action, Animation

第2項

2番目に表示されている項は、「ジャンル{Drama-Thriller&Horror&Fantasy&Romance&Comedy}」です。この項は、最初の項における1番目のグループ(A1)からの分岐になっています。この項では、次のように分岐しています。

- Drama
- Thriller, Horror, Fantasy, Romance, Comedy

「Drama」、「Thriller」、「Horror」、「Fantasy」、「Romance」、「Comedy」(A1)の水準と、「Action」、「Animation」(A2)の水準のすべての分岐の中で、アルゴリズムによりこの分岐の群間平方和が最大であると特定されます。

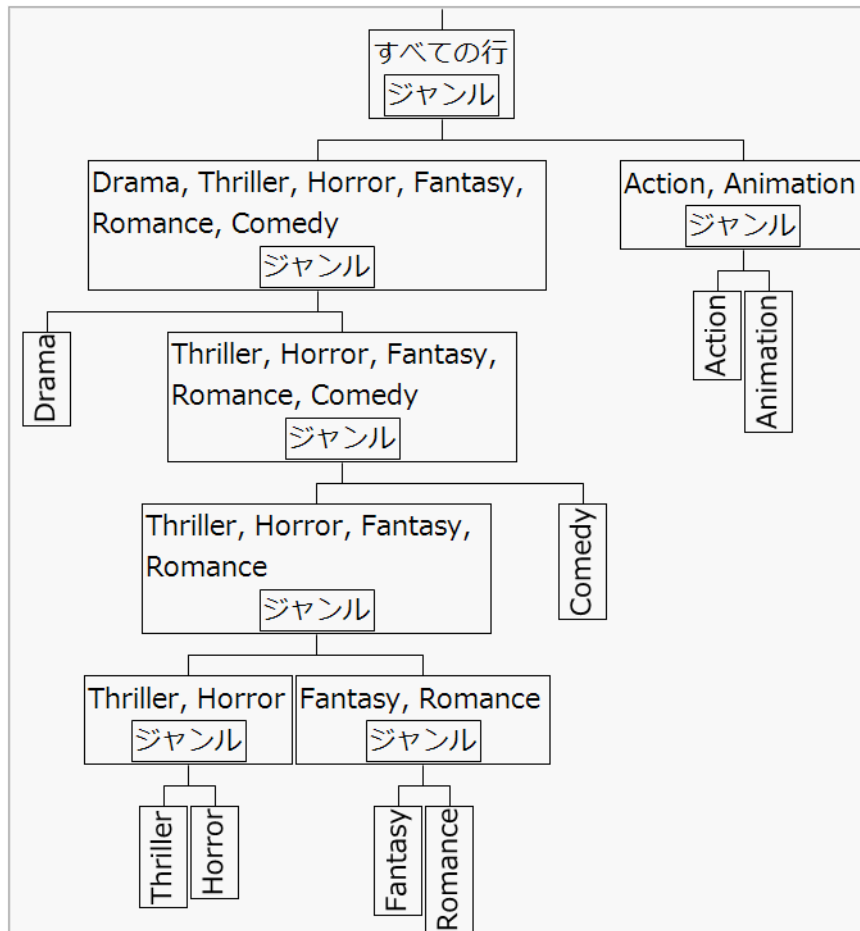
この項をモデルに追加すると、モデルを作成した時に、この項を示す列がデータテーブルに追加されます。先ほどの例でも、この列はデータテーブルに追加されています。この列の値は、次のようになっています。

- 1: Drama
- -1: Thriller, Horror, Fantasy, Romance, Comedy
- 0: Action and Animation

項の階層

これ以降の分岐も、群間平方和を基準として行われていきます。どのような分岐になっているのか、その階層構造を図5.14に示します。

図5.14 階層的なコード変換に使用される分岐を示すツリー



ルール

ルールが【組み合わせ】もしくは【制限】の場合には、ある項を追加するには、それより上位にあるすべての項が追加されていないといけないという制約が課せられます。たとえば、「ジャンル{Action-Animation}」を追加すると、自動的に「ジャンル{Drama&Thriller&Horror&Fantasy&Romance&Comedy-Action&Animation}」も追加されます。

また、ルールが【効果全体】の場合には、「ジャンル」のいずれかの項を追加した場合は、「ジャンル」のすべての項が追加されます。

階層的な項に対する [制限] ルールの例

モデルに名義尺度や順序尺度の項がある場合は、モデルを作成または実行したとき、階層的な項を表す列がデータテーブルに追加されます。また、選択されたモデルが、新しい「モデルのあてはめ」ウィンドウに表示されます。以下の例では、[ステップワイズ法] において階層的効果を含んだモデルが構築される様子を説明します。

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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Hot Dogs2.jmp」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。

図5.15 [閾値p値] と [制限] ルールが選択された「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

停止ルール: 閾値p値

変数を追加するときのp値 0.25

変数を除去するときのp値 0.1

方向: 変数増加

ルール: 制限

実行

停止

ステップ

すべて追加

モデルの作成

すべて削除

モデルの実行

SSE	DFE	RMSE	R2乗	自由度調整R2乗	Cp	p	AICc	BIC
0.1186093	53	0.0473066	-0.000	-0.0000	40.296085	1	-173.048	-169.306

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	0.1112963	1	0	0.000	1
☐	☐	タイプ{Poultry&Meat-Beef}	0	1	0.040492	26.954	3.51e-6
☐	☐	タイプ{Poultry-Meat}	0	0	0	.	.
☐	☐	サイズ{Hors d'oeuvre-Regular&Jumbo}	0	1	0.00299	1.345	0.25145
☐	☐	サイズ{Regular-Jumbo}	0	0	0	.	.

デフォルトの [組み合わせ] ルールから [制限] に変更すると、2つの項の「F値」と「p値(Prob>F)」の値が欠測値として表示されることに注意してください。これらの項は「タイプ{Poultry-Meat}」と「サイズ{Regular-Jumbo}」です。これらが欠測値になっているのは、これらの2つの項は、上位の項が追加されていないと追加されないからです。

9. [ステップ] をクリックします。

項「**タイプ{Poultry&Meat-Beef}**」がモデルに追加されます。この項の「**p 値 (Prob>F)**」は最小で、「変数を追加するときの **p 値**」の閾値である 0.25 より小さい値です。

図5.16 項が1つ追加された「ステップワイズ回帰の設定」パネル

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	0.11864706	1	0	0.000 1
☒	☒	タイプ{Poultry&Meat-Beef}	-0.0283529	1	0.040492	26.954 3.51e-6
☐	☐	タイプ{Poultry-Meat}	0	1	0.012426	9.648 0.00309
☐	☐	サイズ{Hors d'oeuvre-Regular&Jumbo}	0	1	0.001038	0.687 0.4112
☐	☐	サイズ{Regular-Jumbo}	0	0	0	. .

項「**タイプ{Poultry-Meat}**」の「**F 値**」と「**p 値 (Prob>F)**」が表示されます。上位の項がモデルに追加されたため、これで「**タイプ{Poultry-Meat}**」は追加可能となります。

10. [ステップ] をクリックします。

残りの項の中で「**タイプ{Poultry-Meat}**」の「**p 値 (Prob>F)**」が最小で、「変数を追加するときの **p 値**」の閾値より小さい値であるため、次にこの項がモデルに追加されます。

11. [ステップ] をクリックします。

項「**サイズ{Hors d'oeuvre-Regular&Jumbo}**」の「**p 値 (Prob>F)**」が 0.1577 であるため、これがモデルに追加されます。上位の項がモデルに追加されたため、これで項「**サイズ{Regular-Jumbo}**」は追加可能となり、この項の「**p 値 (Prob>F)**」が表示されます。

しかし、項「**サイズ{Regular-Jumbo}**」の「**p 値 (Prob>F)**」は 0.7566 で、「変数を追加するときの **p 値**」の閾値である 0.25 より大きい値です。そのため、[ステップ] をクリックしても、この項はモデルに追加されません。

図5.17 最終的なモデルの「現在の推定値」表

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

ヒント: ステップワイズの処理全体を自動的に実行する場合は、[実行] ボタンを使用します。この動作を確認するには、[すべて削除] をクリックしてから、[実行] をクリックします。

12. [モデルの作成] をクリックします。

[モデルの作成] をクリックすると、「モデルのあてはめ」起動ウィンドウが表示されます。ここには、ステップワイズで選択された3つのモデル効果だけが含まれています。なお、データテーブルには、階層的な効果を表す、モデルに含まれた3つの列が追加されています。

2水準や順序尺度に対するロジスティック回帰のステップワイズ

「モデルのあてはめ」の「ステップワイズ」手法は、応答変数が順序尺度や名義尺度の場合に、順序ロジスティック回帰でのステップワイズを実行します。ステップワイズ法では、応答変数が名義尺度であっても順序尺度として扱われます。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、順序尺度または名義尺度の応答を指定し、モデルに通常どおりに項を追加し、「手法」メニューから「ステップワイズ」を選択します。

ロジスティックモデルのステップワイズ法のレポートは、応答が連続尺度の場合に似ています。次の要素はロジスティック回帰での結果に特有のものです。

- ロジスティックモデルの場合、モデル全体の適合度は「 $(-1) \times \text{対数尤度}$ 」で表されます。この値は、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。
- 「現在の推定値」レポートには、カイ2乗統計量（Wald/スコアカイ2乗）とその p 値（有意確率）が表示されます。検定統計量の列には、現在のモデルに含まれていない項に対してはスコア統計量が表示され、一方、現在のモデルに含まれている項に対してはWald統計量が表示されます。ただし、回帰パラメータの推定値（「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。
- 「ステップ履歴」レポートには、尤度比カイ2乗が表示されます。この値は、現在あてはめられているモデルにおいて、「その説明変数に対する回帰パラメータがゼロに等しい」という帰無仮説を検定する尤度比検定の検定統計量です。求められている有意確率はこの尤度比検定の p 値です。

メモ: 応答変数が名義尺度の場合は、「モデルの作成」をクリックしたときの「モデルのあてはめ」では、手法として「名義ロジスティック」が選択されています。つまり、「モデルのあてはめ」起動ウィンドウで「実行」をクリックすると、順序ロジスティックではなく、名義ロジスティックがあてはめられます。

ロジスティック回帰でのステップワイズの使用例

- 「ヘルプ」>「サンプルデータライブラリ」を選択し、「Fitness.jmp」を開きます。
- 「分析」>「モデルのあてはめ」を選択します。
- 「性別」を選択し、「Y」をクリックします。
- 「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。
- 「手法」として「ステップワイズ法」を選択します。
- 「実行」をクリックします。
- 「実行」をクリックします。

図5.18 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					
ロック追加パラメータ		推定値	自由度	Wald/ 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

停止ルールに基づいて、「体重」と「走行時間」の2つの変数がモデルに追加されます。

8. [モデルの作成] をクリックします。

図5.19 縮小モデルの「モデルの指定」ウィンドウ

▼ モデルの指定

列の選択

▼ 9列

名前
性別
年齢
体重
酸素摂取量
走行時間
走行時の脈拍
休息時の脈拍
最大脈拍

役割変数の選択

Y

性別

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:

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

体重

交差

走行時間

校分かれ

マクロ ▼

次数

2

属性 ▼

変換 ▼

☐ 切片なし

モデル効果として2つの変数が追加された「モデルの指定」ウィンドウが表示されます。この時点で「手法」は「名義ロジスティック」となっています。応答が順序尺度であった場合は、「順序ロジスティック」になります。

[すべてのモデル] オプション

変数選択の候補となっている説明変数から構成されるすべてのモデルを調べる場合は、「すべてのモデル」オプションを使用します。このオプションは、「ステップワイズ」のタイトルバーにある赤い三角ボタンから選択できます。

次の点を念頭に置いてください。

- このオプションは、あてはめられるモデルの数が500万個以上になるような大きな問題には実用的ではありません。
- カテゴリカルな説明変数は、指示変数によって表されます。「[名義尺度または順序尺度の効果を含んだモデル](#)」(240ページ)を参照してください。

次のオプションは、表示されるモデルの数を制限します。

モデルの最大項数 モデルに含める項数の上限値を指定します。

表示する最良モデルの数 項数ごとに表示するモデルの数を指定します。ここで指定した個数だけ、R2乗が大きい順に適合度の高いモデルが表示されます。

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) このオプションをオンにすると、ある高次の効果を含める時に、その低次の効果も必ず含めます。つまり、あてはめられるモデルは、強い親子関係(strong effect heredity; 強い階層関係)を満たすようになります。このオプションは、説明変数に交互作用や多項式の項が含まれている場合に便利です。

[すべてのモデル] オプションの使用例

1. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Fitness.jmp」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5.20 「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5.21 「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。

メモ: 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、表を右クリックし、[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; 縮小）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。

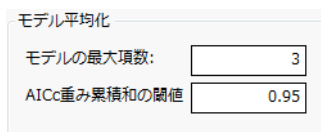
$$\text{AICcWeight} = \exp[-0.5(\text{AICc} - \text{AICcBest})]$$

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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Fitness.jmp」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5.22 「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 5.23 「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

JMP では、「ステップワイズ」のタイトルバーにある赤い三角ボタンから **【K分割交差検証】** オプションを選択することにより、交差検証を実行できます。

JMP Pro では、「モデルのあてはめ」ウィンドウで **【検証】** 列を指定できます。検証例は数値データタイプでなければならず、少なくとも2つの異なる値が含まれていなければなりません。

- 検証列の水準が2つの場合は、小さい方の値をもつ行が学習セット、大きい方の値をもつ行が検証セットとして使われます。
- 検証列の水準が3つの場合は、これらの値が小さい値から順番に学習セット・検証セット・テストセットとして使われます。
- 検証列の水準が4つ以上で応答が連続尺度の場合は、これらの値がk分割検証の分割を定義します。

「検証」列の値が2つまたは3つの場合

JMP Pro 検証列に含まれている値が2つまたは3つの場合には、モデルの推定は1つの学習セットに基づいて行われます。そして、モデルの適合度統計量は、検証セットやテストセットに対してもレポートされます。これらの統計量の定義については、**「検証セットやテストセットの適合度統計量」** (255 ページ) を参照してください。

応答が連続尺度の場合、「ステップワイズ回帰の設定」パネルには次の統計量が表示されます。

- R2 乗 検証 (「ステップ履歴」レポートにも表示されます)
- RMSE 検証
- R2 乗 テスト (テストセットがある場合)
- RMSE テスト (テストセットがある場合)

応答が二値の名義尺度または順序尺度の場合、「ステップワイズ回帰の設定」パネルには次の統計量が表示されます。

- R2乗 検証（「ステップ履歴」レポートにも表示されます）
- 平均対数誤差 検証
- R2乗 テスト（テストセットがある場合）
- 平均対数誤差 テスト（テストセットがある場合）

最大検証 R2乗

「モデルのあてはめ」ウィンドウで2つまたは3つの値を持つ検証列を指定した場合は、「停止ルール」のデフォルトが「最大検証 R2乗」になります。「最大検証 R2乗」のルールは、検証セットの R2乗統計量が最大になるモデルを見つけようとします。このルールは、「変数増加」または「変数減少」に適用できます。

メモ：「最大検証 R2乗」は、 p 値の追加（変数増加）または削除（変数減少）で定義されたモデルだけを検討し、考えられるすべてのモデルを検討するわけではありません。

「変数増加」または「変数減少」の方向に、1つずつ変数を追加または削除していくには、「ステップ」ボタンを使用します。「ステップ履歴」レポートで、「R2乗 検証」の右横のボタンをクリックすれば、いつでもモデルを選択できます。この選択に応じて、「現在の推定値」レポート内のモデル項の選択内容が更新されます。このモデルが、「モデルの作成」または「モデルの実行」をクリックしたときに使用されます。

変数増加

「変数増加」におけるステップワイズ法では、 p 値が最も小さい項をモデルに追加していきます。

「ステップ」ではなく「実行」をクリックした場合は、項の追加処理が自動的に行われます。あてはめたモデルのうち、最良とみなされたモデルはリストの最後に表示されます。このモデルは、検証データの R2乗を（大域的にではなく）単に局所的に最大化しているものです。具体的には、モデルをあてはめていき、「R2乗 検証」の値が現在の値よりも連続で10個小さいものが続けば処理を打ち切ります。最終的に選択された最良のモデルに対しては、「パラメータ」列に「最適」と、「アクション」列に「特定」と表示されます。最良のモデルは「R2乗 検証」の右のボタンで選択されていますが、この選択は変更することもできます。

変数減少

「変数減少」におけるステップワイズ法では、 p 値が最も大きい項をモデルから削除していきます。

方向を「変数減少」にする場合は、まず「すべて追加」をクリックしてすべての項をモデルに含める必要があります。「変数減少」の処理は「変数増加」の処理と同様に行われます。「ステップ」ではなく「実行」をクリックした場合は、項の削除処理が自動的に行われます。モデルをあてはめていき、「R2乗 検証」の値が現在の値よりも連続で10個小さいものが続けば処理を打ち切り、そのモデルを最良のものとしなします。

検証セットやテストセットの適合度統計量

この節では、「R2 乗 検証」と「RMSE 検証」の定義について説明します。テストセットの「R2 乗 テスト」と「RMSE テスト」も同様の方法で計算されます。

連続応答

R2 乗 検証 検証セットのR2乗値は次のように計算されます。

- 検証セットの各行について、残差が計算されます。残差は、実測値から、学習セットで推定されたモデルに基づく予測値を引いたものです。
- その残差から、残差平方和「 $SSE_{\text{検証}}$ 」が計算されます。
- 検証セットにおいて、実測値と全平均との差の平方和が求められます。この値を「 $SST_{\text{検証}}$ 」とします。
- 「R2 乗 検証」の計算式は、次式の通りです。

$$R2 \text{ 乗 検証} = 1 - \frac{SSE_{\text{検証}}}{SST_{\text{検証}}}$$

メモ: 「R2 乗 検証」は負の値になる場合もあります。

RMSE 検証 これは、検証セットにおける平均平方誤差の平方根で、次のように計算されます。

- 検証セットの各行について、残差が計算されます。残差は、実測値から、学習セットで推定されたモデルに基づく予測値を引いたものです。
- その残差から、残差平方和「 $SSE_{\text{検証}}$ 」が計算されます。
- ここでは検証セットの標本サイズを $n_{\text{検証}}$ と記します。
- 「RMSE 検証」の計算式は、次式の通りです。

$$RMSE \text{ 検証} = \sqrt{\frac{SSE_{\text{検証}}}{n_{\text{検証}}}}$$

メモ: 「最小2乗によるあてはめ交差検証」レポートにおける検証セットとテストセットのRASE (Root Average Squared Error) 列の値は、「ステップワイズ」レポートで算出された「RMSE 検証」と「RMSE テスト」の値です。[「RASE」](#) (80 ページ) を参照してください。

二値応答または順序応答

R2 乗 検証 検証セットのエントロピーR2乗指標(McFaddenの R^2 乗ともいう)は次のように計算されます。

- 学習セットに対してモデルがあてはめられます。
- すべての行に対して、予測確率が求められます。

- 学習セットで推定されたモデルに基づく予測確率を使って、検証セットからモデルの尤度が計算されます。この値を **尤度_完全検証** とします。
- 検証セットのデータを使って、縮小モデル（説明変数が1つもないモデル）の尤度が計算されます。この値を **尤度_縮小検証** とします。
- 「R2 乗 検証」の計算式は、次式の通りです。

$$\text{R2 乗 検証} = 1 - \frac{\log(\text{尤度\_完全検証})}{\log(\text{尤度\_縮小検証})}$$

メモ: 「R2 乗 検証」は負の値になる場合もあります。

平均対数誤差 検証 検証セットの平均対数誤差は次のように計算されます。

- 学習セットで推定されたモデルに基づいて、検証セットの各行について予測確率の対数が計算されます。
- これらの予測確率の対数を合計したものを検証セットの標本サイズで割り、その符号を逆にします。

ヒント: 「平均対数誤差 検証」の値は小さいほうが、良く適合していることを意味しています。

K分割交差検証

この検証方法は、元のデータを k 個にランダムに分割します。

k 個のデータはそれぞれ順番に検証セットとして使われ、残りのデータセットは学習セットとしてモデルをあてはめるのに使用されます。合計で、 k 個のモデルがあてはめられ、 k 個の検証が得られます。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役立ちます。

メモ: K 分割交差検証は連続応答にのみ使用できます。

JMP の場合は、「ステップワイズ」のタイトルバーにある赤い三角ボタンから **[K 分割交差検証]** を選択します。

JMP Pro の場合は、次の2通りの方法で K 分割交差検証を実行できます。

- 「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。
- 異なる値が4つ以上ある検証列を指定する。

R2 乗 K 分割統計量

K 分割交差検証を実行すると、「ステップワイズ回帰の設定」パネルのその他の統計量の右側に「R2 乗 K 分割」統計量が表示されます。この「R2 乗 K 分割」は、 K 個の「R2 乗 検証」を平均した値です。

最大K分割R2乗

K分割交差検証を使用する場合、「停止ルール」のデフォルトが「最大K分割R2乗」に切り替わります。このルールは、「R2乗 K分割」統計量を最大化しようと試みます。

メモ：「最大K分割R2乗」は、 p 値の追加（変数増加）または削除（変数減少）で定義されたモデルだけを検討し、考えられるすべてのモデルを検討するわけではありません。

「最大K分割R2乗」の停止ルールは、「最大検証R2乗」のときと同じように動作します。「[最大検証R2乗](#)」(254 ページ)を参照してください。そこに書かれている「R2乗 検証」を「R2乗 K分割」と読み換えてください。

第6章

JMP Pro 一般化回帰モデル

変数選択法を使ってモデルを構築する

「モデルのあてはめ」プラットフォームの「一般化回帰」手法は、JMP Proのみで使用できます。

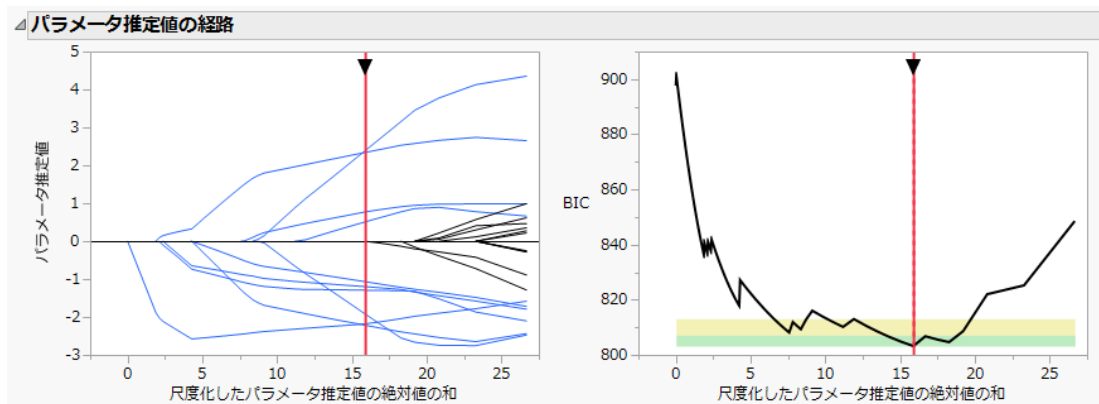
JMP Proの「モデルのあてはめ」プラットフォームで提供されている「一般化回帰」手法は、回帰分析の枠組みにおいて、パラメータ推定値を収縮 (shrink; 縮小) させたり、変数選択を行ったりします。この手法は、相関の高い説明変数が多数あるようなデータで役立ちます。用意されている方法のうち、Lassoと弾性ネットは、パラメータ推定値を収縮させるとの同時に、変数選択も行います。

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。最近のデータでは、標本サイズよりも変数の数の方が多いこともあります。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、従来の方法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（応答が連続尺度のとき）、二項分布やPoisson分布（応答が度数のとき）、ゼロ調 (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。また、これらのモデルを、最尤法に基づく従来のモデルと比較するのにも使えます。

図6.1 弾性ネットのパラメータ推定値の経路



JMP PRO 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; 縮小）することで、モデルの予測精度を高めようとしします。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、弾性ネットとLasso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、7種類の方法が用意されています。

- 最尤法
- 変数増加法
- Lasso
- 弾性ネット
- リッジ回帰
- ダブルLasso
- 2段階変数増加法

弾性ネットとLasso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。収縮の度合いは、**調整パラメータ**によって決まります。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、パラメータ推定値を収縮させるだけでなく、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。詳細は、[「推定法の統計的詳細」](#)（293ページ）を参照してください。

一般化回帰のモデル化手法の詳細

- 最尤法は古典的な手法の1つで、他の手法と比べるための出発点となるでしょう。
- 変数増加法はステップワイズ回帰の手法の1つです。変数増加法では、1つずつ項がモデルに追加されていきます。すべての項がモデルに含まれるか、自由度がなくなるまで、最も有意な項が追加されていきます。
- 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。
- 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。
- ダブル Lasso は、最初に Lasso モデルで変数選択を行った後、選択された変数だけで再度、Lasso モデルをあてはめます。最初のモデルで選択された変数だけが、次の Lasso モデルの説明変数として使用されます。
- 2段階変数増加法は、変数増加を2段階で行います。第1段階では主効果に対して変数選択が行われ、第2段階では、より高次の効果がモデルに追加されます。

「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。これらの適応型推定では、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。**効果のある変数**とは、モデルの項のうち、応答変数に対して実際に効果を持つものを指します。適応型の Lasso と弾性ネットは、モデルに預言的性質 (oracle property) を持たせるために提案されました。預言的性質とは、効果のある説明変数が漸近的にはきちんと選択されるという性質です。具体的には、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です。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です。「**適応型手法**」(294 ページ) を参照してください。

「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。あてはめられる分布には、正規分布、Cauchy 分布、指数分布、ガンマ分布、Weibull 分布、対数正規分布、ベータ分布、二項分布、ベータ二項分布、Poisson 分布、負の二項分布、ゼロ強調の二項分布、ゼロ強調のベータ二項分布、ゼロ強調の負の二項分布、ゼロ強調のベータ分布があります。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。分位点回帰モデルやCoxの比例ハザードモデルのあてはめもできます。一部の分布では、打ち切りデータにモデルをあてはめることも可能です。モデル選択のためのさまざまな基準が用意されており、検証列 (データを学習・検証・テストに分割する列) の指定がサポートされています。「**分布**」(265 ページ) を参照してください。

JMP PRO 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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Diabetes.jmp」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がモデルに追加されます。「2」は、[回数] ボックスのデフォルト値です。
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」レポートが開き、「モデルの設定」パネルと「標準最小2乗(検証法: 検証列)」レポートが表示されます。

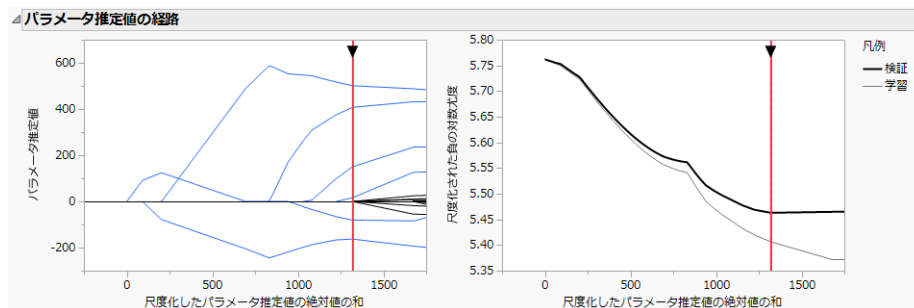
「モデルの設定」パネルで、次のことを確認してください。

- ー デフォルトの「推定法」が適応型 Lasso になっています。
- ー 「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. 「実行」をクリックします。

「適応型 Lasso (検証法: 検証列)」レポートが表示されます。「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」と「尺度化した負の対数尤度」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。プロットの一番右の推定値は、最尤法による推定値になります。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



9. 「適応型 Lasso (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。

「元の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」プロットで非ゼロの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。55個のパラメータ推定値のうち、ゼロでないものは6個だけです。なお、「元の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 「元の説明変数に対する推定値」レポート（一部）

元の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%
BMI	5.3159713	0.9114752	34.015397	<.0001*	3.5295128	7.1024299
血圧	0.6176812	0.2814564	4.8162217	0.0282*	0.0660368	1.1693256
総コレステロール	-0.129199	0.1139164	1.2863035	0.2567	-0.352471	0.0940734
LDL	0	0	0	1.0000	0	0
HDL	-0.729848	0.2887918	6.3869737	0.0115*	-1.29587	-0.163826
TCH	0	0	0	1.0000	0	0
LTG	54.514007	8.7540445	38.779188	<.0001*	37.356395	71.671619
グルコース	0	0	0	1.0000	0	0
(年齢-48.5181)*性別[1]	0	0	0	1.0000	0	0
(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
性別[1]*(HDL-49.7885)	0	0	0	1.0000	0	0
性別[1]*(TCH-4.07025)	0	0	0	1.0000	0	0

予測式を保存するには、「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。

JMP PRO 「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

この「モデルのあてはめ」ウィンドウにおいてすべての手法に共通の要素については、「[モデルの指定](#)」章（31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。それには、「モデルの指定」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。

切片項を除いたモデルを指定するには、「モデルのあてはめ」ウィンドウの「モデル効果の構成」パネルで「切片なし」を選択します。このオプションを選択する場合は、次の点に注意してください。

- 説明変数の標準化は行われません。
- レポートウィンドウにオッズ比、ハザード比、発生率比を表示することはできません。

注意：「切片なし」オプションを使用したときには、単純なLassoおよび弾性ネットは推奨されません。各効果の測定単位によって、結果が大きく変わるためです。「切片なし」オプションを使用したときには、適応型の推定を行うようにしてください。

打ち切り

応答変数の打ち切りは、次のいずれかの方法で指定します。

- 右側打ち切りの場合は、起動ウィンドウで右側打ち切りの有無を示すコードの列を「打ち切り」列に指定します。「打ち切りの値」リストに列の値が表示されているので、その中から打ち切りを示す値を選択します。
- 区間打ち切りと左側打ち切りの場合は、打ち切り区間を定義する2つの列を「Y」として指定します。
 - 2つのY変数が非欠測値だった場合には、区間打ち切りデータとみなされ、最初のY変数が区間の下限、2番目のY変数が区間の上限とみなされます。

- 最初のY変数が欠測値で、2番目のY変数が非欠測値だった場合には、左側打ち切りデータとみなされます。
- どちらの場合も、2番目のY変数は、打ち切りデータの上限とみなされます。

Y変数として2つの列を指定し、かつ、打ち切りデータに対応している確率分布を選択した場合、指定された2つの列が打ち切りデータであるかどうかを確認するメッセージが表示されます。[いいえ]を選択した場合、各列は、1つ1つの個別の応答変数として扱われます。

メモ: 応答として2つの列を指定した場合のデフォルトの扱い方は、「一般化回帰」プラットフォームの環境設定にある「2列ある応答列の処理」で指定できます。

打ち切りは、分布として正規、Weibull、対数正規、Coxの比例ハザードを指定した場合にサポートされます。

分布

「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。なお、「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、度数がゼロとなる確率を増やした分布のことを指します。用意されている応答の分布は、大まかに3つの分類(連続分布、離散分布、ゼロ強調分布)に分けられます。以下で、各オプションについて説明します。

メモ: 「モデルの指定」ウィンドウで複数のY変数を指定した場合、そのすべてで同じ分布を使用しなければなりません。1つの「一般化回帰」レポートで複数の応答変数に異なる分布をあてはめたい場合は、スクリプトを使用する必要があります。

連続尺度

正規 応答Yが、平均 μ 、標準偏差 σ の正規分布に従っていると仮定されます。正規分布は対称な分布です。さまざまな分布において、標本サイズが大きい場合、その標本平均は正規分布に従います(中心極限定理)。 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。

メモ: 正規分布を指定すると、最尤法ではなく標準最小2乗法が使用されます。

正規分布の尺度パラメータは σ です。罰則を課さない推定方法の場合、尺度パラメータ σ の推定値は、RMSE (Root Mean Squared Error; 平均2乗誤差の平方根)です。このRMSEは、 σ^2 に対する通常の不偏推定値の平方根です。打ち切りのあるデータを使わない限り、結果は標準最小2乗の場合と等しくなります。

メモ: [一般化線形]手法で行われる名義尺度の変数のパラメータ化は、[標準最小2乗]で行われるものと異なります。そのため、名義尺度または順序尺度の効果を含むモデルでは、パラメータ推定値が異なる値になります。

「分布の統計的詳細」(296ページ)を参照してください。

Cauchy 応答Yが、位置パラメータ μ と尺度パラメータ σ のCauchy分布に従っていると仮定されます。Cauchy分布には、平均と標準偏差がありません。中央値とモードは共に μ です。ほとんどのデータは本質的にCauchy分布に従いませんが、外れ値の割合が大きい（最大50%）データのロバストな回帰を実行するには便利です。 μ に対するリンク関数は、恒等関数です。「[分布の統計的詳細](#)」（296ページ）を参照してください。

指数 応答Yが、平均パラメータ μ の指数分布に従っていると仮定されます。指数分布は右に裾をひいた形状です。生存時間や連続するイベント間の時間をモデル化するのによく使用されます。 μ のリンク関数は、対数です。「[分布の統計的詳細](#)」（296ページ）を参照してください。

ガンマ 応答Yが、平均パラメータ μ と過分散パラメータ σ のガンマ分布に従っていると仮定されます。ガンマ分布には柔軟性があり、他のいくつかの分布と関係しています。たとえば、指数分布は、 $\sigma = \mu$ の場合のガンマ分布です。また、Weibull分布やカイ2乗分布は、ガンマ分布から導出することもできます。 μ に対するリンク関数は、対数です。「[分布の統計的詳細](#)」（296ページ）を参照してください。

Weibull 応答Yが、平均パラメータ μ 、尺度パラメータ σ のWeibull分布に従っていると仮定されます。Weibull分布は柔軟で、生存時間やイベントが発生するまでの時間をモデル化するのによく使用されます。 μ に対するリンク関数は、恒等関数です。「[分布の統計的詳細](#)」（296ページ）を参照してください。

対数正規 応答Yが、平均パラメータ μ 、尺度パラメータ σ の対数正規分布に従っていると仮定されます。対数正規分布は右に裾をひいた形状です。生存時間や連続するイベントが発生するまでの時間をモデル化するのによく使用されます。 μ に対するリンク関数は、恒等関数です。「[分布の統計的詳細](#)」（296ページ）を参照してください。

ベータ 応答Yが、平均パラメータ μ 、過分散パラメータ σ のベータ分布に従っていると仮定されます。ベータ分布の応答は、0より大きく1より小さい値で、割合や比率を表すのによく使用されます。 μ に対するリンク関数は、ロジット関数です。「[分布の統計的詳細](#)」（296ページ）を参照してください。

分位点回帰 分位点回帰は、指定された応答の条件付き分位点をモデル化します。分布の形状については仮定されません。[分位点回帰]を選択すると、[分布]メニューの下に「分位点」ボックスが表示されます。そこで分位点を指定します。

モデル指定のダイアログボックスで「分位点」に0.5（デフォルト）を指定した場合、分位点回帰は応答の条件付き中央値をモデル化します。分位点回帰は、応答の条件付き分位点が、回帰係数で表される変化率によって変化するときに使えます。分位点回帰は、誤差の分散が一定ではない分布をモデル化するとき、通常の最小2乗推定よりも優れています。

分位点回帰のあてはめでは、反復計算によって目的関数が最小化されます。分位点回帰の詳細については、Koenker and Hallock (2001)、Portnoy and Koenker (1997)、およびSánchez et al. (2013)を参照してください。

分位点回帰を選択した場合、「推定法」は「最尤法」に、「検証法」は「なし」に限定されます。

メモ: 分位点回帰のあてはめに時間がかかる場合は、進捗を示すバーが表示されます。進捗バーには、目的関数の相対的変化が表示されます。[現在の推定値を採用]をクリックすると、計算が停止され、その時点で最良のモデルを使ってパラメータ推定値のレポートが作成されます。

Coxの比例ハザード Coxの比例ハザードモデルは、生存時間データに対する回帰モデルです。ハザード関数が説明変数の乗法的な関数によって表されます。Coxの比例ハザードモデルでは、説明変数が生存時間に及ぼす影響を調べることができます。このモデルでは、ベースラインのハザード関数に説明変数を掛け合わせることで、ハザード関数を求めます。結果においては、説明変数ごとに、パラメータ推定値と標準誤差が計算されます。Cox比例ハザードモデルは、D. R. Cox（1972）によって提案されました。比例ハザードモデルの詳細については、Kalbfleisch and Prentice（2002）を参照してください。

「Cox比例ハザード」を選択した場合、使用できる「検証法」は「BIC」または「AICc」のみです。また、「推定法」として「リッジ」が選択できなくなります。

メモ: 応答に同じ値がある場合は、Efronの尤度が使用されます。Efron（1977）を参照してください。この方法は、「モデルのあてはめ」プラットフォームの「比例ハザード」手法や「比例ハザードのあてはめ」プラットフォームで使用される方法とは異なります。

JMP PRO 離散分布

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。応答Yは、 n 回の独立した試行を行ったときの成功数です。各試行内においては、成功確率 p は一定です。この分布では、標本サイズを含む列も指定してください。標本サイズを含む列を指定しなかった場合には、標本サイズは1とみなされます。 p に対するリンク関数は、ロジット関数です。2値の名義尺度の応答変数を選択した場合、使用できる分布は「二項」に限られます。「分布の統計的詳細」（296ページ）を参照してください。

「分布」で「二項」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ければいけません。

- 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。この列が名義尺度の場合は、水準の1つを「イベントを示す水準」に指定できます。
- 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。この列が名義尺度の場合は、水準の1つを「イベントを示す水準」に指定できます。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列とも連続尺度でなければいけません。

メモ: 「二項」分布を指定した場合、アウトラインのタイトルが「最尤法」ではなくて「ロジスティック回帰」となります。

ベータ二項 応答Yが、成功の確率 p 、試行回数 n 、過分散パラメータ δ のベータ二項分布に従っていると仮定します。ベータ二項分布は、二項分布で過分散が生じたときの分布です。

JMPの「Samples/Scripts」フォルダにある「demoBetaBinomial.jsl」を実行すると、標本サイズ n が20で成功確率が p である二項分布と、過分散パラメータが δ であるベータ二項分布とを比較できます。

ベータ二項分布では、各オブザベーションにおいて、標本サイズが2以上でなければいけません。そのため、標本サイズを含む列を必ず指定しなければなりません。標本サイズを含む列を指定するには、成功回数と試行回数が含まれた2つの連続尺度の列を、この順番でYに指定します。 p に対するリンク関数はロジット関数です。「分布の統計的詳細」(296ページ)を参照してください。

Poisson 応答Yが、平均 λ のPoisson分布に従っていると仮定します。Poisson分布は、一定期間内に生じているイベントの回数などの度数データに対して、よく使われます。パラメータ λ に対するリンク関数は対数です。なお、応答Yに整数以外の数値がある場合でも実行できます。「分布の統計的詳細」(296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。負の二項分布は通常、特定の失敗数に達するまでの成功数をモデル化するのに使われています。また、負の二項分布はガンマPoisson分布を別のパラメータ表現したものです。負の二項分布とガンマPoisson分布との関係の詳細については、『基本的な統計分析』の「一変量の分布」章を参照してください。

JMPの「Samples」フォルダ内の「Scripts」フォルダにある「demoGammaPoisson.jsl」を実行すると、平均 λ のPoisson分布と、平均 λ および過分散パラメータ σ のガンマPoisson分布とを比較できます。

μ に対するリンク関数は、対数です。なお、応答Yに整数以外の数値がある場合でも実行できます。「分布の統計的詳細」(296ページ)を参照してください。

JMP PRO ゼロ強調

ゼロ強調 二項 応答Yは、パラメータ p 、 n 、およびゼロ強調パラメータ π のゼロ強調二項分布に従っていると仮定されます。応答Yは、 n 回の独立した試行を行ったときの成功数です。各試行内においては、成功確率 p は一定です。この分布では、標本サイズを含む列も指定してください。標本サイズを含む列を指定しなかった場合には、標本サイズは1とみなされます。 p に対するリンク関数はロジット関数です。「分布の統計的詳細」(296ページ)を参照してください。

ゼロ強調 ベータ二項 応答Yが、成功の確率 p 、試行回数 n 、過分散パラメータ δ 、ゼロ強調パラメータ π の二項分布に従っていると仮定します。この分布は、二項分布が過分散したものです。ゼロ強調ベータ二項分布では、各オブザベーションにおいて、標本サイズが2以上でなければいけません。そのため、標本サイズを含む列を必ず指定しなければなりません。標本サイズを含む列を指定するには、成功回数と試行回数が含まれた2つの連続尺度の列を、この順番でYに指定します。 p に対するリンク関数はロジット関数です。「分布の統計的詳細」(296ページ)を参照してください。

ゼロ強調 Poisson 応答Yが、平均パラメータ λ 、ゼロ強調パラメータ π のゼロ強調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分布の部分における条件付き平均を表しています。 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。なお、応答Yにゼロが1つもない場合や、整数以外の数値がある場合でも実行できます。「分布の統計的詳細」(296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 に対するリンク関数は対数です。なお、応答Yにゼロが1つもない場合や、整数以外の数値がある場合でも実行できます。「分布の統計的詳細」(296ページ)を参照してください。

ゼロ強調 ガンマ 応答 Y が、平均パラメータ μ 、ゼロ強調パラメータ π のゼロ強調ガンマ分布に従っていると仮定されます。ある場合においては、データにおける非ゼロの部分がガンマ分布に従っていると仮定できることもあるでしょう。たとえば、保険の請求における請求額は近似的にガンマ分布に従っていることがあります。ただし、請求がまったくない契約もあるので、データには多くのゼロが存在します。ゼロ強調ガンマ分布では、そのようなデータをゼロと非ゼロの応答に分けて分析する必要がなく、一度にモデル化します。パラメータ μ は、ガンマ分布の部分に関するパラメータです。 μ に対するリンク関数は対数です。
「分布の統計的詳細」(296 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	数値	連続尺度	
Cauchy	数値	連続尺度	
指数	数値	連続尺度	正の数値
ガンマ	数値	連続尺度	正の数値
Weibull	数値	連続尺度	正の数値
対数正規	数値	連続尺度	正の数値
ベータ	数値	連続尺度	0～1
分位点回帰	数値	連続尺度	
二項 (要約していないもの)	すべて	すべて	二値
二項 (度数に要約)	すべて	すべて	二値
二項 (2列の度数に要約)	数値	連続尺度	0以上の数値
ベータ二項	数値	連続尺度	0以上の数値
Poisson	数値	すべて	0以上の数値
負の二項	数値	すべて	0以上の数値
ゼロ強調 二項	数値	すべて	0以上の数値
ゼロ強調 ベータ二項	数値	すべて	0以上の数値
ゼロ強調 Poisson	数値	すべて	0以上の数値
ゼロ強調 負の二項	数値	すべて	0以上の数値
ゼロ強調 ガンマ	数値	連続尺度	0以上の数値

分布の密度関数は、「[分布の統計的詳細](#)」(296 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	リンク関数
正規	μ, σ	恒等 (μ)
Cauchy	μ, σ	恒等 (μ)
指数	μ	$Log(\mu)$
ガンマ	μ, σ	$Log(\mu)$
Weibull	μ, σ	恒等 (μ)
対数正規	μ, σ	恒等 (μ)
ベータ	μ	$Logit(\mu)$
二項	n, p	$Logit(p)$
ベータ二項	n, p, δ	$Logit(p)$
Poisson	λ	$Log(\lambda)$
負の二項	μ, σ	$Log(\mu)$
ゼロ強調 二項	n, p, π (ゼロ強調)	$Logit(p)$
ゼロ強調 ベータ二項	n, p, δ, π (ゼロ強調)	$Logit(p)$
ゼロ強調 Poisson	λ, π (ゼロ強調)	$Log(\lambda)$
ゼロ強調 負の二項	μ, σ, π (ゼロ強調)	$Log(\mu)$
ゼロ強調 ガンマ	μ, σ, π (ゼロ強調)	$Log(\mu)$

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、「一般化回帰」レポートウィンドウが開きます。

JMP PRO 「一般化回帰」レポートウィンドウ

「モデルのあてはめ」起動ウィンドウで**「実行」**をクリックすると、「一般化回帰」レポートウィンドウが開き、次のようなレポート要素が表示されます。

- モデルをあてはめるための「モデルの設定」パネル。**「モデルの設定」パネル** (272 ページ) を参照してください。モデルをあてはめると、アウトラインが追加され、そのモデルの種類を示すタイトルが表示されます。**「モデルのあてはめレポート」** (278 ページ) および **「モデルのあてはめのオプション」** (287 ページ) を参照してください。
 - モデル項の間に 1 次従属性がある場合は、「モデルの設定」パネルにおいて、その関係を示した「特異性の詳細」レポートが表示されます。「標準最小 2 乗のレポートとオプション」章の **「1 次従属性がある場合」** (181 ページ) を参照してください。
- (モデル項の間に 1 次従属性がなく、説明変数の個数がオブザベーション数を超えていない場合のみ) 最尤法の結果を示す「最尤法」レポート。ただし、[正規] 分布を指定した場合は、「最尤法」ではなく「標準最小 2 乗」というタイトルになります。また、[二項] 分布を指定した場合は、「最尤法」ではなく「ロジスティック回帰」というタイトルになります。**「最尤法」** (272 ページ) を参照してください。

JMP PRO 「一般化回帰」レポートのオプション

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。

コーディングのテーブルを保存 新しいデータテーブルを作成し、そこにモデル推定に使われる計画行列の値を保存します。

メモ: コーディングのデータテーブルに含まれる「元のデータ」というテーブル変数は、分析に使用されたデータテーブルの名前を示します。By 変数が指定されている場合、「元のデータ」テーブル変数に By 変数とその水準也表示されます。

以下のオプションについて詳しくは、『JMP の使用法』の「JMP のレポート」章を参照してください。

ローカルデータフィルタ 現在のレポートにおいてデータをフィルタリングするローカルデータフィルタを表示するか、非表示にします。

やり直し 分析を繰り返すオプションや、やり直すオプションを含みます。また、[自動再計算] オプションを選択すると、このオプションに対応しているプラットフォームにおいて、データテーブルに加えた変更が、該当するレポートに即座に反映されるようになります。

スクリプトの保存 レポートを再現するためのスクリプトを保存するオプションが、保存先ごとに用意されています。

By グループのスクリプトを保存 By 変数の全水準に対するレポートを再現するためのスクリプトを保存するオプションが、保存先ごとに用意されています。起動ウィンドウで By 変数を指定した場合のみ使用可能です。

JMP PRO 「モデルの設定」パネル

「モデルの設定」パネルには、次のようなオプションがあります。

- 「[推定法](#)」のオプション (272 ページ)
- 「[詳細設定](#)」 (274 ページ)
- 「[検証法](#)」のオプション (276 ページ)
- 「[早期打ち切り](#)」 (278 ページ)
- 「[実行](#)」 (278 ページ)

JMP PRO 「推定法」のオプション

リッジ、Lasso、弾性ネット、ダブルLassoは、罰則（ペナルティ）を課した回帰手法です。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。「一般化回帰」が当てはめるLassoと弾性ネットは、デフォルトでは適応型です。

メモ: データに強い共線性が見られる場合、適応型推定ではあまり良い結果が出ません。なぜなら、適応型推定では最尤推定値が良い推定値であると仮定されるためです。このようなケースでは、[適応型] の選択を解除してください。

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（「分布」で「正規」または「二項」を選択した場合は使用できません。）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。なお、分位点回帰で利用できる推定法は最尤法のみです。説明変数の間に1次従属性がある場合と説明変数の個数がオブザベーション数を上回る場合を除き、「最尤法」レポートはデフォルトで表示されます。なお、「モデルのあてはめ」起動ウィンドウで「検証」列を指定した場合は、モデルの推定に使われるデータは学習セットだけです。

推定法として「最尤法」オプションを選択した場合、応答変数に対して指定された確率分布を仮定して、通常の最尤推定が行われます。最尤推定の結果は、罰則を課した場合の結果と比べるための出発点になるでしょう。

標準最小2乗（「分布」で「正規」を選択した場合のみ使用できます。）正規分布を指定すると、最尤法ではなく標準最小2乗法が使用されます。デフォルトでは、通常の標準最小2乗法の結果を含んだ「標準最小2乗」レポートが作成されます。

ロジスティック回帰（「分布」で「二項」を指定した場合のみ使用できます。）「二項」分布を指定した場合、ロジスティック回帰モデルが当てはめられます。デフォルトでは「ロジスティック回帰」レポートが作成されます。この「ロジスティック回帰」レポートの結果は、最尤法によって推定されています。

変数増加法 変数増加のステップワイズ回帰を使って効果を推定します。変数増加法で選択されていたモデルのなかから、指定の「検証法」に基づいて最良のモデルが選択されます。

リッジ リッジ回帰の枠組みで、パラメータを推定します。リッジ回帰は、罰則を課した回帰分析の一つで、 l_2 ペナルティを適用します。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。詳細は、「[リッジ回帰](#)」(293ページ)を参照してください。

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)。このオプションは、最尤推定値を使って l_1 ペナルティに重みを付けます。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。そのような状況のために最尤推定値が計算できない場合、一般化逆行列またはリッジ回帰の解が l_1 ペナルティの重みとして使用されます。「[適応型手法](#)」(294ページ)を参照してください。

Lassoと適応型Lassoは、説明変数が強く相関している場合、パラメータの少ないモデルを選びます。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。詳細は、「[Lasso回帰](#)」(294ページ)を参照してください。

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。このオプションは、最尤推定値を使って l_1 ペナルティに重みを付けます。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。そのような状況のために最尤推定値が計算できない場合、一般化逆行列またはリッジ回帰の解が l_1 ペナルティの重みとして使用されます。「弾性ネットのアルファ」の値は、「詳細設定」パネルで設定することができます。「[適応型手法](#)」(294ページ)を参照してください。

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。詳細は、「[弾性ネット](#)」(294ページ)を参照してください。

メモ: 弾性ネットのあてはめを選択し、「弾性ネットのアルファ」を欠測値にした場合は、Lasso、弾性ネット、リッジがこの順番に計算されます。あてはめに時間がかかる場合は、進捗を示すバーが表示されます。[現在の推定値を採用] をクリックすると、計算が停止され、その時点で最良のモデルを使ってパラメータ推定値のレポートが作成されます。処理の実行中は進捗バーに、Lasso、弾性ネット、リッジのいずれの計算が行われているかが表示されます。この情報に基づいて、いつ [現在の推定値を採用] をクリックするかを判断してください。

ダブルLasso パラメータ推定値を2段階で計算します。第1段階では、Lassoモデルをあてはめ、どの項を第2段階に使うかを決定します。第2段階では、第1段階の項を使ってLassoモデルをあてはめ、「パラメータ推定値の経路」とパラメータ推定値のレポートを作成します。第1段階でモデルに追加される変数がない場合、第2段階は実行されず、第1段階の結果がレポートに表示されます。

ダブルLassoは、オブザベーション数が説明変数の個数よりも少ない場合に特に有効です。変数選択と収縮の処理が2つの段階に分かれていることにより、モデルに含まれる項に対して過度の罰則が課される可能性が低くなります。ダブルLassoは、Hastie et al. (2009) で取り上げられている緩和Lasso (relaxed Lasso) に似ています。

適応型ダブルLasso パラメータ推定値を2段階で計算します。第1段階では、Lassoモデルをあてはめ、どの項を第2段階に使うかを決定します。第2段階では、第1段階の項を使って適応型Lassoモデルをあてはめます。第2段階では、第1段階でモデルに含まれた項のみが考慮されます。表示される結果は、第2段階のあてはめの結果です。第1段階でモデルに追加される変数がない場合、第2段階は実行されず、第1段階の結果がレポートに表示されます。[「適応型手法」](#) (294ページ) を参照してください。

2段階変数増加法 (モデルに2次以上の効果が含まれている場合のみ。) パラメータ推定値を2段階で計算します。第1段階では、主効果に対して変数増加のステップワイズ回帰モデルのあてはめを行い、モデルに残す主効果を決定します。第2段階では、第1段階で残った主効果だけで高次の効果を構成し、そのすべてに対して変数増加のステップワイズ回帰モデルをあてはめます。この手法では、効果に強い親子関係があると仮定されます。

第1段階でモデルから取り除かれた項は、「パラメータ推定値」レポートにゼロの項として表示されますが、第2段階におけるモデルのあてはめでは無視されます。第1段階で選択された項は、第2段階のモデルに強制的に含まれるわけではなく、選択肢として提示されるに過ぎません。

JMP PRO 詳細設定

[詳細設定] オプションによって、推定に関する計算を調整できます。設定の多くは、調整パラメータのグリッドに関するものです。

調整パラメータ

Lassoとリッジ回帰では、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。弾性ネットでは、パラメータ推定値の経路は、調整パラメータとアルファによって決まります。弾性ネットの尤度に対する罰則は、Lassoで使われる罰則項と、リッジ回帰で使われる罰則項の加重和になっています。弾性ネットのアルファは、これらの2つの罰則項に対する重みを決定します。[「推定法の統計的詳細」](#) (293ページ) および [「詳細設定」の統計的詳細](#) (295ページ) を参照してください。

調整パラメータがゼロの場合、罰則なしの推定が行われ、推定値は最尤推定値になります。調整パラメータが大きくなるにつれて、罰則も大きくなります。

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。現在の解は、「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ています。

メモ：「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、調整パラメータの値は大きくなります。絶対値が大きい推定値は最尤推定値に近く、絶対値が小さい推定値は大きな罰則が課されています。

次の点に留意してください。

- 調整パラメータの値が小さすぎると、データは通常オーバーフィットし、その結果、ばらつき（分散）の大きいモデルになる場合があります。
- 調整パラメータの値が大きすぎると、データは通常アンダーフィットします。

調整パラメータグリッド

指定されたグリッド上にある複数の調整パラメータの値に対して、推定値が求められていきます。

- Lasso、リッジ回帰、アルファを指定した弾性ネットでは、複数の調整パラメータ値のなかで最良のモデルのものが選択されます。

メモ：「弾性ネットのアルファ」はデフォルトで0.9に設定されています。

- アルファに数値を設定しない場合、細かく増加させていった複数のアルファ値に対して推定が行われます。このとき、調整パラメータの値は固定され、アルファの値が変更されていきます。そして、10回の連続する変更において、それまでで最良のモデルから改善されなかった時点で変更が停止されます。この計算が、調整パラメータ値のグリッド全体に対して繰り返されます。最終的に選択される調整パラメータとアルファは、グリッド上の各調整パラメータ値に対してそうやって推定されたモデルのなかで、最良のものです。

使われる調整パラメータ値の範囲は、ほとんどの場合、ゼロを下限とします。また、切片以外のパラメータ推定値がゼロになる調整パラメータの最小値を、調整パラメータ値の**上限**に設定します。調整パラメータ値の**下限**は、次の2つのケースでは0.01に設定されますが、それ以外ではゼロに設定されます。

- 計画行列が特異な場合は、最尤推定値を計算できません。調整パラメータ値の下限を0.01にすることで、最尤推定値に近い推定値を求めることができます。
- 二項分布を選択した場合は、下限を0.01に設定することで分離（separation）の問題を回避できます。

〔詳細設定〕 オプション

親子関係を効果に必ず適用する このオプションをオンにすると、「高次の効果を追加する場合、その効果に関連する低次の効果を先にモデルに追加しておく」という制約を課します。このオプションをオンにすると、ほとんどの場合、モデルに X がなければ、 X^2 も含まれません。しかし変数増加法を除く推定法では、1つのステップで X^2 がモデルに含まれ、 X が除外されることもあります。データテーブルに DOE スクリプトが含まれる場合は、このオプションが有効になりますが、デフォルトでは無効です。

弾性ネットのアルファ 弾性ネットの α パラメータを設定します。この α パラメータが、弾性ネットを推定する際の l_1 および l_2 ペナルティに対する比重を決定します。デフォルトの値は $\alpha = 0.9$ で、これは l_1 ペナルティに対する重みを0.9、 l_2 ペナルティに対する重みを0.1に設定します。このオプションは、「推定法」で「弾性ネット」を選択した場合にのみ使用できます。「[推定法の統計的詳細](#)」(293ページ)を参照してください。

グリッド点の個数 調整パラメータの下限と上限の間にあるグリッド点の数。各グリッド点において、そのグリッド点に対応した調整パラメータ値のモデルが推定されます。デフォルトの値は150です。

最小ペナルティ比 「調整パラメータの下限值÷調整パラメータの上限値」の最小値。これがゼロの場合は、調整パラメータ値がゼロのときの結果、つまり、最尤推定の結果が含まれます。最尤推定を含めたくない場合は、「最小ペナルティ比」に0以外の値を設定してください。ダブルLassoでは、このオプションで指定した値は、第1段階の推定でのみ使用されます。

グリッドスケール グリッドスケールの分布を選択します。線形・平方根・自然対数のいずれかを選択できます。[グリッド点の個数]で指定した個数のグリッド点が、ここで選択したスケールに従って、調整パラメータの下限值と上限値の間に配置されます。「[詳細設定の統計的詳細](#)」(295ページ)を参照してください。

第1段階の結果 ダブルLassoと2段階変数増加法の第1段階において、どのようにモデルを選択するかを指定します。デフォルトでは、指定された検証方法に基づいて最良と判断されたモデルが選択されます。最良のモデルよりも l_1 ノルムがやや大きい、または、やや小さいモデルを選択することもできます。ただし、選択されるモデルは、緑色や黄色のゾーンにあることが条件です。たとえば、「黄色ゾーンで最小」を選択すると、黄色ゾーンで最小の l_1 ノルムを持つモデルが解として表示されるようになります。「[同等なモデルのゾーン](#)」(283ページ)を参照してください。

最初に表示される結果 「パラメータ推定値の経路」レポートに最初に表示されるモデルをどのように選択するかを指定します。グラフにて、縦の実線で表されている個所が現在のモデルを示します。「[現在のモデルを示す縦線](#)」(281ページ)を参照してください。最良のモデルは、縦の点線として表示されます。デフォルトでは、指定された検証方法に基づいて最良と判断されたモデルが選択されます。

最良のモデルよりも l_1 ノルムがやや大きい、または、やや小さいモデルを選択することもできます。ただし、選択されるモデルは、緑色や黄色のゾーンにあることが条件です。たとえば、「黄色ゾーンで最小」を選択すると、黄色ゾーンで最小の l_1 ノルムを持つモデルが解として表示されるようになります。「[同等なモデルのゾーン](#)」(283ページ)を参照してください。

強制的に含める項 モデルに強制的に含めたい項があれば、ここで指定します。モデルに強制的に含められる項は、ペナルティに含まれません。

「 検証法」のオプション

モデルの適合度を検証する方法には、次のようなものがあります。

メモ: [分位点回帰] で使用できる検証法は、[なし] だけです。[最尤法] で使用できる検証法は、[なし] と [検証列] だけです。[Coxの比例ハザード] で使用できる検証法は、[BIC]、[AICc]、[なし] だけです。

K分割 調整パラメータの各値で、次のステップが実行されます。

- データが k 個に分割されます。
- そして、順番に、それらの分割された k 個のうちの1個が、検証セットとして使用されます。その際、 $(k - 1)$ 個の部分がモデルの推定に使われます。 $(k - 1)$ 個の部分から推定されたモデルに基づき、1個の部分から対数尤度を求めます。
- こうして、検証セットから、 k 個の対数尤度が求められます。そして、それらの平均が求められます。この平均が、検証のための対数尤度として使用されます。

調整パラメータの各値のうちで、この対数尤度が最大となっているものが、最終的なモデルを求めるのに使われます。まず、調整パラメータが最適値となっているときに求められた k 個のモデルそれぞれを、データセット全体にあてはめます。そして、その中から、対数尤度が最も大きいものが最終的なモデルに選ばれます。この最終的なモデルで使われた分割に基づいて、各セットは「学習セット」と「検証セット」に分類されます。これらの「学習セット」と「検証セット」は、診断プロットで使用されます。

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。検証セットの負の対数尤度が最も小さいものが最終的な解となります。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。診断プロットで使用する学習セットおよび (1行の) 検証セットは、K分割交差検証法の場合と同様に決定されます。

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。詳細は、付録「統計的詳細」の「[尤度・AICc・BIC](#)」(493ページ) を参照してください。

AICc 修正済みの赤池の情報量規準 (AICc) を最小にするパラメータ推定値を選択します。AICcはデフォルトの検証法です。詳細は、付録「統計的詳細」の「[尤度・AICc・BIC](#)」(493ページ) を参照してください。

メモ: AICcは、パラメータの数が標本サイズに近づくか、または標本サイズを超えた場合、定義されません。

ERIC 拡張正則化情報量規準 (ERIC; Extended Regularized Information Criterion) を最小にするパラメータ推定値を選択します。「[モデルの適合度に関する情報](#)」(279ページ) を参照してください。指数型分布族とLassoおよび適応型Lassoの推定法でのみ使用できます。

なし 検証を使用しません。[最尤法] および [分位点回帰] 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。検証セットの負の対数尤度が最も小さいものが最終的な解となります。このオプションは、[分位点回帰] または [Cox比例ハザード] を指定した場合には使用できません。

JMP PRO 早期打ち切り

「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。

- ・「変数増加法」を選択した場合、モデルへ変数を追加するステップが10回連続して、指定された検証法の適合度統計量がそれまでの最良値よりも改善しなければ、処理が停止されます。最終的に選ばれるモデルは、その10回のステップの前にあてはめられた最良のモデルです。
- ・「Lasso」・「弾性ネット」・「リッジ」では、調整パラメータの連続した10個の値において、指定された検証法の適合度統計量がそれまでの最良値よりも改善しなければ、処理が停止されます。最終的に選ばれるモデルは、その10回のステップの前にあてはめられた最良のモデルです。

メモ: 「AICc」および「BIC」の検証法では、モデルに少なくとも4つの説明変数が追加されるまで、早期打ち切りは行われません。

JMP PRO 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。

JMP PRO 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
- ・ 推定の詳細（「Lasso」・「弾性ネット」・「リッジ」の場合のみ表示されます）
- ・ パラメータ推定値の経路（「最尤法」と「分位点回帰」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

JMP PRO 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。

JMP PRO 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。2つの列を使って区間打ち切りを指定した場合は、両方の列名がリストされます。

分布 「モデルのあてはめ」ウィンドウで選択した分布。[分位点回帰] の場合、指定した分位点の確率も表示されます。

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 平均に対するモデル式で使われているリンク関数。リンク関数は、「モデルのあてはめ」ウィンドウで選択した分布に基づいて決められます。

位置 モデルのリンク関数 位置パラメータに対するモデル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 [Cauchy] を選択した場合に表示される。

尺度 モデルのリンク関数 尺度に対するモデル式で使われているリンク関数。リンク関数は、「モデルのあてはめ」ウィンドウで選択した分布に基づいて決められます。

確率 モデルのリンク関数 確率に対するモデル式で使われているリンク関数。リンク関数は、「モデルのあてはめ」ウィンドウで選択した分布に基づいて決められます。

ばらつき モデルのリンク関数 ばらつきのパラメータに対するモデル式で使われているリンク関数。リンク関数は、「モデルのあてはめ」ウィンドウで選択した分布に基づいて決められます。

ゼロ強調 モデルのリンク関数 ゼロ強調のパラメータに対するモデル式で使われているリンク関数。リンク関数は、「モデルのあてはめ」ウィンドウで選択した分布に基づいて決められます。

JMP PRO モデルの適合度に関する情報

「モデルの要約」レポートの2番目の部分には、モデルの適合度に関する統計量が表示されます。「検証法」として [保留] または [検証列] 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。「モデルの要約」レポートのこの部分は、[K分割] または [1つ取って置き法] を選択した場合には表示されません。

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。

メモ: (-1)*対数尤度、BIC、AICc、ERICは、値が小さい方がモデルが良いことを示します。詳細は、付録「統計的詳細」の「**尤度・AICc・BIC**」(493ページ)を参照してください。

(-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。

メモ: (-1)*対数尤度は、[分位点回帰] では計算されません。

目的関数 分位点回帰モデルの推定において最小化される関数の値。[分位点回帰] でのみ表示されます。

パラメータ数 指定のモデル内にあるゼロでないパラメータの数。

BIC ベイズ情報量規準: $BIC = -2 \times \text{対数尤度} + k \ln(n)$

AICc 修正済みの赤池の情報量規準: $AICc = -2 \times \text{対数尤度} + 2k + 2k(k+1)/(n-k-1)$

ERIC (指数型分布族とLassoおよび適応型Lassoの推定法でのみ。) 拡張正則化情報量規準:

ERIC = $-2 \times \text{対数尤度} + (k-2) \ln(n\phi/\lambda)$ 。この式で、 λ は調整パラメータの値、 ϕ は攪乱パラメータ。Hui et al. (2015)を参照してください。

一般化R2乗 (分位点回帰では計算されません。) 通常のR2乗を、回帰モデル全般で適用できるように拡張したもの。[一般化R2乗]は、あてはめたモデルの尤度 (L_M) を、切片だけのモデルの尤度 (L_0) とを比べています。そして、最大値が1になるように尺度化されています。二項分布以外の分布では、[一般化R2乗]は次のように定義されます。

$$\text{一般化R2乗} = 1 - (L_0/L_M)^{2/n}$$

二項分布を選択した場合、[一般化R2乗]は次のように定義されます。

$$\text{一般化R2乗} = \frac{1 - (L_0/L_M)^{2/n}}{1 - L_0^{2/n}}$$

[一般化R2乗]は、あてはまりが完全な場合には1になります。[一般化R2乗]は、切片だけのモデルと同等な場合には0になります。[一般化R2乗]を正規分布に対して計算した場合には、標準的な最小2乗法での通常のR2乗とほぼ等しくなります。[一般化R2乗]は、「Nagelkerkeの R^2 乗」や「Craig and Uhlerの R^2 乗」などとも呼ばれます。「Cox and Snellの疑似R2乗」を正規化したものです。Nagelkerke (1991)を参照してください。

メモ: [正規] 分布を指定した場合、[一般化R2乗]は[R2乗]に置き換えられます。

注意: 異なる確率分布に従うモデルで、[一般化 R2 乗] を比較すべきではありません。[一般化 R2 乗] は、あくまで、指定された確率分布について、切片だけのモデルと現在のモデルとを比較しているだけです。

R2 乗 ([正規] 分布を指定した場合のみ。) 応答の変動のうち、ランダム誤差ではなくモデルに起因すると考えられる割合の推定値。あてはめが完全なモデルは [R2 乗] の値が 1、切片だけのモデルと同等な場合は 0 になります。

推定値の詳細

「推定値の詳細」レポートには、[Lasso]・[弾性ネット]・[リッジ]・[ダブル Lasso] について、推定法の設定が表示されます。各設定の詳細については、「[詳細設定](#)」(274 ページ)を参照してください。

パラメータ推定値の経路

メモ: このレポートは、[最尤度] 以外のすべての「推定法」と、[分位点回帰] 以外のすべての分布で表示されます。

「パラメータ推定値の経路」レポートには、2つのプロットが含まれます。

- 「パラメータ推定値の経路」プロットは、パラメータの推定値を示します。
- 「検証」プロットは、選択した検証法に従って検証に用いた統計量を示します。

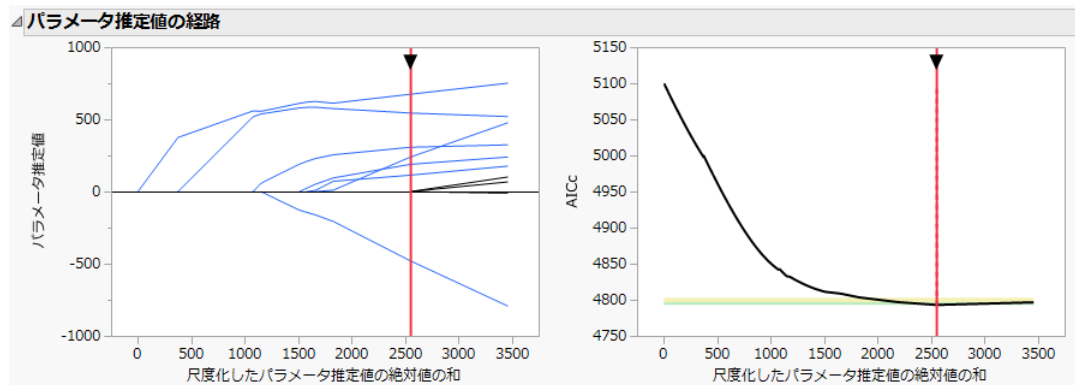
どちらのプロットも、横軸は、尺度化したパラメータ推定値の絶対値の和です。これは、パラメータ推定値の l_1 ノルムです (なお、切片、過分散パラメータ、およびゼロ強調パラメータは、この l_1 ノルムの計算からは除外されています。) 次の点に留意してください。

- l_1 ノルムが大きい推定値は、最尤推定値に近いことを示します。
- l_1 ノルムが小さい推定値は、大きな罰則が課されています。
- l_1 ノルムの値が小さいほど、調整パラメータの値は大きくなります。

現在のモデルを示す縦線

どちらのプロットでも、「元の説明変数に対する推定値」レポートに表示された解の l_1 ノルムの値に赤い縦の実線が引かれています。いずれかのプロットにおいても、赤い縦線の上部にある矢印をドラッグすると、ペナルティの値が変更され、別のペナルティに対応したモデルの結果に変更されます。「検証」プロットでは、任意の場所をクリックしてもモデルは変更されます。これらの操作を行うと、レポートのすべての結果が、現在選択されているモデルに合わせて更新されます。この時、縦の点線は、適合度が最も良いモデルに置かれたままです。一部の検証法では、「検証」プロットに同等なモデルを特定するゾーンが表示されます。「[同等なモデルのゾーン](#)」(283 ページ)を参照してください。

図 6.5 「Diabetes.jmp」で [Lasso] 推定法と [AICc] 検証法を選択したときの「パラメータ推定値の経路」



「パラメータ推定値の経路」プロットの詳細については、「[「パラメータ推定値の経路」プロット](#)」(282 ページ)を参照してください。「検証」プロットの詳細については、「[「検証」プロット](#)」(283 ページ)を参照してください。

JMP PRO 「パラメータ推定値の経路」プロット

「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」レポート内で該当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 キーを押しながら選択してください。

「パラメータ推定値の経路」プロットの縦軸には、パラメータ推定値がプロットされます。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](#)」(284 ページ)を参照）。

説明変数の個数が標本サイズより少ない場合、多くの場合においては、「パラメータ推定値の経路」プロットには、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）までの全範囲を描画します。しかし、全範囲をプロットしないときもあります。それは、最尤推定値から次のグリッド点における結果と、最尤推定値との結果が大きく違いすぎて、それまでの経路における推定値が分かりづらくなる場合です。そのようなときは、「パラメータ推定値の経路」プロットは調整され、最尤推定値の次のグリッド点における結果までしか表示しません。

JMP PRO 解の ID 番号

「パラメータ推定値の経路」プロットでクリックすると解が変更できますが、それらの解には内部で ID 番号が割り当てられます。調整パラメータを変更し、最初に表示されたのとは別の解を選択した後、[スクリプトの保存] オプションでスクリプトを保存すると、そのスクリプトには解の ID 番号も保存されています。この解の ID 番号は、`Set Solution ID( N )` コマンドというコマンドで保存されます。このように解の ID 番号が保存されるので、保存したスクリプトを実行すると、選択した解を再現できます。

JMP PRO 「検証」プロット

「検証」プロットは、調整パラメータのすべての値、あるいは「尺度化したパラメータ推定値の絶対値の和」のすべての値におけるモデルの適合度を表した統計量のプロットです。プロットされる統計量は、選択した「検証法」によって異なります。表6.3は、各検証法でプロットされる統計量のリストです。どの検証法でも、値は小さい方がモデルが良いことを示します。[K分割]と[1つ取って置き法]の検証法と、値が4つ以上ある検証列の場合、「尺度化した負の対数尤度」を、すべての分割で平均した値がプロットされます。

表6.3の【尺度化した負の対数尤度】とは、負の対数尤度を、オブザベーション数で割ったもののことです。

表6.3 推定法と、検証に用いる統計量、ゾーン

検証法	検証に用いる統計量	調整パラメータの領域
K分割	尺度化した負の対数尤度をk個の検証セットのそれぞれから計算し、それを平均したもの	2つ
保留	尺度化した負の対数尤度	なし
1つ取って置き法	尺度化した負の対数尤度を各データ行から計算し、それを平均したもの	2つ
BIC	学習セットのBIC	2つ
AICc	学習セットのAICc	2つ
ERIC	学習セットのERIC	2つ
「検証」列の値が2つまたは3つの場合	尺度化した負の対数尤度	なし
「検証」列の値(K)が4以上の場合	尺度化した負の対数尤度をk個の検証セットのそれぞれから計算し、それを平均したもの	2つ

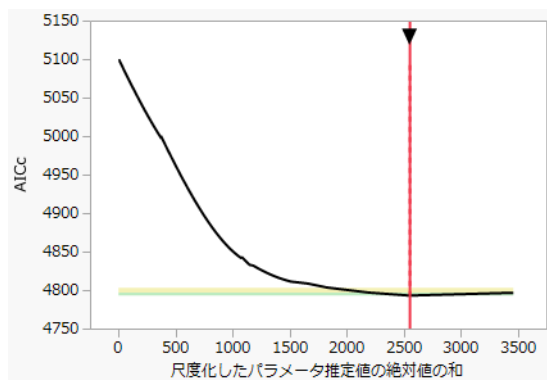
JMP PRO 同等なモデルのゾーン

最良のモデルを選んだ場合でも、その選択には不確定性があります。最良ではないモデルであっても、適合度がほぼ同等であれば、有益な情報が含まれているでしょう。[AICc]、[BIC]、[K分割]、[1つ取って置き法]の検証法と、値が4つ以上ある検証列の場合、「検証」プロットには、検討の余地があるモデルを特定するためのゾーンが表示されます。ゾーンの外にあるモデルは、推奨されないモデルです。Burnham and Anderson (2004)とBurnham et al. (2011)を参照してください。

ゾーンは、検証に用いた統計量の範囲を示します。ゾーンは、緑色や黄色に塗られています。検証に用いた統計量がゾーン内にあるとき、そのモデルはそのゾーン内に位置することを意味します。赤い縦の実線をドラッグすると、ゾーン内の解を調べることができます。[「現在のモデルを示す縦線」](#) (281ページ)を参照してください。

図6.6は、「Diabetes.jmp」の「検証」プロットで縦軸を拡張し、2つのゾーンを表示したところです。

図 6.6 「Diabetes.jmp」で [Lasso] 推定法と [AICc] 検証法を選択したときの「検証」プロット



検証法が [BIC]・[AICc]・[ERIC] であるときのゾーン

これらの検証法では、以下の2つのゾーンによってモデルが適切であろう領域が表されます。ここでは、最良のモデルにおける [BIC]・[AICc]・[ERIC] の値を V^{best} とします。

- 緑色のゾーンにあるモデルは、最良のモデルと同等であるという強い証拠があります。緑色のゾーンは、 $[V^{\text{best}}, V^{\text{best}+4}]$ の区間です。
- 黄色のゾーンにあるモデルは、最良のモデルと同等であるという弱い証拠があります。黄色のゾーンは、 $[V^{\text{best}+4}, V^{\text{best}+10}]$ の区間です。

[K分割] および [1つ取って置き法] と、値が4つ以上ある [検証列] のゾーン

これらの検証法では、以下の2つのゾーンによってモデルが適切であろう領域が表されています。これらの検証法では、各検証セットに対し、尺度化した負の対数尤度が計算されます。それらの標準誤差を L^{SE} とします。また、最良のモデルにおける尺度化した負の対数尤度を L^{best} とします。

- 緑色のゾーンにあるモデルは、最良のモデルと同等であるという強い証拠があります。緑色のゾーンは、 $[L^{\text{best}}, L^{\text{best}+L^{\text{SE}}}]$ の区間です。
- 黄色のゾーンにあるモデルは、最良のモデルと同等であるという弱い証拠があります。黄色のゾーンは、 $[L^{\text{best}+L^{\text{SE}}}, L^{\text{best}+2.5*L^{\text{SE}}}]$ です。

JMP PRO 標準化した説明変数に対する推定値

「標準化した説明変数に対する推定値」レポートには、モデルに含まれるすべてのパラメータの推定値やその他の結果が表示されます。その中には、説明変数の係数のほか、尺度パラメータや過分散パラメータ、ゼロ強調パラメータなどが含まれます。「分布」(265ページ)を参照してください。

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、複数の項を選択する場合は、Shift キーを押しながら選択してください。

[一般化回帰] 手法におけるすべての推定法では、すべての説明変数が、平均0、ノルム1になるように標準化されます。

- 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。

メモ: 起動ウィンドウで [切片なし] オプションを選択した場合、説明変数の標準化は行われません。

「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。「詳細設定」オプションの「強制的に含める項」での指定により、強制的にモデルに含まれた項の横には「強制的に含まれた」と記されます。

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 (α) 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 (α) 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。

特異性の詳細 (モデル項の間に 1 次従属性がある場合のみ。) f ある効果と別の効果とにある線形関係が示されます。

JMP PRO 元の説明変数に対する推定値

「元の説明変数に対する推定値」レポートには、モデルに含まれるすべてのパラメータの推定値やその他の結果が表示されます。その中には、説明変数の係数のほか、尺度パラメータや過分散パラメータ、ゼロ強調パラメータなどが含まれます。「分布」(265 ページ) を参照してください。

ヒント: 「元の説明変数に対する推定値」レポートで行を選択すると、「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のに便利です。なお、複数の項を選択する場合は、Shift キーを押しながら選択してください。

「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。「詳細設定」オプションの「強制的に含める項」での指定により、強制的にモデルに含まれた項の横には「強制的に含まれた」と記されます。

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 (α) 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 (α) 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。

特異性の詳細 (モデル項の間に 1 次従属性がある場合のみ。) ある効果と別の効果とにある線形関係が示されます。

JMP PRO 非ゼロの推定値

「非ゼロの推定値」レポートは、「元の説明変数に対する推定値」レポートの一部分だけを表示したものです。「非ゼロの推定値」レポートには、ゼロではないパラメータ推定値だけが表示されます。

JMP PRO 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。

[正規] 分布と罰則を課さない推定法を選択した場合、レポートの「Wald カイ2乗」と「p 値 (Prob>ChiSq)」に代わって以下の列が表示されます。

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。

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。

JMP PRO 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。

注意： データタイプが [式] である列や、尺度が [ベクトル] である列を起動ダイアログで指定した場合、ここで説明する多くのオプションは使用できません。

回帰レポート 現在のモデルに対する推定結果について、どの表やグラフを表示するかを指定します。デフォルトでは、以下のレポートのうち、「標準化した説明変数に対する推定値」レポートと「非ゼロの推定値」レポートを除くすべてが表示されます。

モデルの要約 モデルの指定や適合度統計量に関する情報を含んだ「モデルの要約」レポートを表示します。このオプションは、該当するモデルの場合に「推定値の詳細」レポートも表示します。[「モデルの要約」](#) (279 ページ) および [「推定値の詳細」](#) (281 ページ) を参照してください。

パラメータ推定値の経路（最尤法のモデルでは作成されません。）「パラメータ推定値の経路」プロットと「検証」プロットを表示します。「[パラメータ推定値の経路](#)」（281ページ）を参照してください。

標準化した説明変数に対する推定値 標準化したパラメータ推定値の表を表示します。「[標準化した説明変数に対する推定値](#)」（284ページ）を参照してください。

元の説明変数に対する推定値 元のデータにおけるパラメータ推定値の表を表示します。「[元の説明変数に対する推定値](#)」（286ページ）を参照してください。

非ゼロの推定値（最尤法とリッジ回帰では作成されません。）現在選択されているモデルのアクティブな（ゼロでない）パラメータ推定値の表で表示します。

効果の検定 各効果の検定を表示します。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。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。「[効果の検定](#)」（287ページ）を参照してください。

予測式の表示 モデルの予測式を含んだ「予測式」レポートを表示します。例については、「標準最小2乗のレポートとオプション」章の「[予測式の表示](#)」（104ページ）を参照してください。

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。このオプションは、「推定法」で「リッジ回帰」を選択した場合は使用できません。

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。このオプションは、「推定法」で「リッジ回帰」を選択した場合は使用できません。

非ゼロの効果を使って再起動（尺度が「ベクトル」である効果が含まれている場合には使えません。）「モデルのあてはめ」起動ウィンドウを開き、「モデル効果の構成」リストに、パラメータ推定値がゼロではない効果（アクティブな効果）のみを表示します。その他の設定は、元の分析と同じです。

アクティブでない経路を非表示 「パラメータ推定値の経路」プロット内のアクティブでない経路の透明度を調整し、現在アクティブでない経路をグレーで表示します。

オッズ比（「二項」分布を指定し、モデルに切片がある場合のみ。また、尺度が「ベクトル」である効果が含まれている場合には使えません。）カテゴリカルな説明変数に対してオッズ比、および、連続尺度の説明変数に対して単位オッズ比と範囲オッズ比を求めます。**オッズ比**とは、2つのオッズの比を指します。あるイベントが起こる確率を、そのイベントが起こらない確率で割ったものを**オッズ**といいます。応答変数におけるどちらの水準をイベントとみなすかは、「モデルのあてはめ」起動ウィンドウの「イベントを示す水準」で定義します。

カテゴリカルな説明変数の一つひとつに対し、「オッズ比」レポートが作成されます。オッズ比は、カテゴリカルなモデル項のあらゆる水準の組み合わせに対して計算されます。

連続尺度の説明変数がある場合は、2つのレポートが追加されます。

－「単位オッズ比」レポート。**単位オッズ比**は、連続尺度のモデル項における1単位の変更に対して計算されます。

– 「範囲オッズ比」レポート。**範囲オッズ比**は、連続尺度のモデル項の範囲全体に対して計算されます。

「オッズ比」レポートの信頼区間は、Wald 法によって計算されます。あるモデル項のオッズ比は、そのモデル項よりも高次の項がない場合にのみ、意味を持ちます。

発生率比（[Poisson] または [負の二項] 分布を指定し、モデルに切片がある場合のみ。）カテゴリカルな説明変数に対して発生率比、および、連続尺度の説明変数に対して単位発生率比と範囲発生率比を求めます。**発生率比**とは、2つの発生率の比を指します。**発生率**とは、ある特定の期間や領域において生じるイベントの回数を指します。

カテゴリカルな説明変数の一つひとつに対し、「発生率比」レポートが作成されます。発生率比は、カテゴリカルなモデル項のあらゆる水準の組み合わせに対して計算されます。

連続尺度の説明変数がある場合は、2つのレポートが追加されます。

– 「単位発生率比」レポート。**単位発生率比**は、連続尺度のモデル項における 1 単位の変更に対して計算されます。

– 「範囲発生率比」レポート。**範囲発生率比**は、連続尺度のモデル項の範囲全体に対して計算されます。

「発生率比」レポートの信頼区間は、Wald 法によって計算されます。あるモデル項の発生率比は、そのモデル項よりも高次の項がない場合にのみ、意味を持ちます。

ハザード比（[Cox 比例ハザード] 分布を指定し、モデルに切片がある場合のみ。）カテゴリカルな説明変数に対してハザード比、および、連続尺度の説明変数に対して単位ハザード比と範囲ハザード比を求めます。**ハザード比**は、2つのハザード（瞬間故障率）の比を指します。時点 t における**ハザード**は、その時点 t ままでに生存していた個体のなかで、時点 t において死亡するもの確率（条件付き確率）です。

カテゴリカルな説明変数の一つひとつに対し、「ハザード比」レポートが作成されます。ハザード比は、カテゴリカルなモデル項のあらゆる水準の組み合わせに対して計算されます。

連続尺度の説明変数がある場合は、2つのレポートが追加されます。

– 「単位ハザード比」レポート。**単位ハザード比**は、連続尺度のモデル項における 1 単位の変更に対して計算されます。

– 「範囲ハザード比」レポート。**範囲ハザード比**は、連続尺度のモデル項の範囲全体に対して計算されます。

「ハザード比」レポートの信頼区間は、Wald 法によって計算されます。あるモデル項のハザード比は、そのモデル項よりも高次の項がない場合にのみ、意味を持ちます。

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）。

逆推定（尺度が [ベクトル] である効果が含まれている場合には使えません。）指定された Y の値（および、その他の X の値）に対応する、 X の値を予測します。逆推定は、説明変数が連続尺度のものにしか行えま

せん。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」章の「[逆推定](#)」(129ページ)を参照してください。

多重比較 (尺度が「ベクトル」である効果が含まれている場合には使えません。)
「多重比較」起動ウィンドウを表示します。詳細は、「標準最小2乗のレポートとオプション」章の「[多重比較](#)」(115ページ)を参照してください。多重比較は、モデルの線形成分に対して行われます。また、カテゴリカルな説明変数がない場合には、このオプションは表示されません。

混同行列 (「二項」分布を指定した場合のみ。) 応答水準の実測値と予測値の度数を行列形式で表示します。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。検証を使用した場合、学習セット、検証セット、テストセットのそれぞれに対して混同行列が表示されます。

確率に対する閾値の設定 応答を分類する際の閾値となる確率を指定します。デフォルトでは、オブザベーションは予測確率が0.5を上回るときに「イベントを示す水準」に分類されます。「イベントを示す水準」に分類するための閾値を0.5以外の値にするには、閾値を変更します。変更後の閾値が分類に適用され、混同行列内の「発生率比」が更新されます。

応答変数の列に「利益行列」列プロパティが指定されている場合には、確率の閾値の初期値は、その利益行列によって決められます。

プロファイル (尺度が「ベクトル」の応答では使用できません。) あてはめたモデルを探索するための各種プロファイルを作成します。

メモ: 行数が500以下で説明変数の数が30以下である場合、いずれかの「パラメータ推定値の経路」プロットで現在のモデルを示す縦線をドラッグすると、マウスの移動に即座に連動して、プロファイルは更新されます。それ以外の場合は、マウスボタンを放した時点でプロファイルは更新されます。

プロファイル 予測プロファイルを表示します。パラメータ推定値がゼロの説明変数が、推定値がゼロでない交互作用のいずれにも関与していない場合、その説明変数はプロファイルに表示されません。予測プロファイルの詳細については、『プロファイル機能』の「プロファイル」章を参照してください。

分布プロファイル (「二項」または「分位点回帰」分布を指定した場合は使用できません。) 説明変数と応答変数の関数として累積確率を示すプロファイルを表示します。応答変数は一番右のセルに表示されます。

分位点プロファイル (「二項」または「分位点回帰」分布を指定した場合は使用できません。) 説明変数と累積確率の関数として分位点を示すプロファイルを表示します。分位点の累積確率は「確率」として一番右のセルに表示されます。

生存確率プロファイル (「正規」,[指数],[Weibull],[対数正規],[Cox 比例ハザード] 分布を指定した場合のみ。) 説明変数と応答変数の関数として生存率を示すプロファイルを表示します。応答変数は一番右のセルに表示されます。

ハザードプロファイル (「正規」,[指数],[Weibull],[対数正規],[Cox 比例ハザード] 分布を指定した場合のみ。) 説明変数と応答変数の関数としてハザード(瞬間故障率)を示すプロファイルを表示します。応答変数は一番右のセルに表示されます。

診断プロット 現在のモデルの適合度を評価するための各種プロットを表示します。「検証」列を指定した場合、または、「検証法」として [K分割]・[保留]・[1つ取って置き法] のいずれかを選択した場合は、以下のオプションによって学習セット・検証セット・テストセットを表示したり、それらのセットごとに個別のグラフを描いたりできます。「検証法」として [K分割]・[1つ取って置き法] を選択した場合、ここに描かれるプロットは、最小の予測誤差を持つ分割の学習セットと検証セットを用います。「[K分割](#)」(277ページ) を参照してください。

メモ: どの診断プロットも、いずれかの「パラメータ推定値の経路」プロットで縦線をドラッグすると、即座に更新されます。

各種のモデル診断 ([二項] または [Cox 比例ハザード] を指定した場合は使用できません。)[「予測値と残差のプロット」、「行番号と残差のプロット」、「残差のヒストグラム」、「より大きな応答を観測する確率」] の4つのグラフを表示します。

グラフは、すべてのデータを用いて作成されます。「検証」列を使用した場合、または、「検証法」として [K分割]・[保留]・[1つ取って置き法] のいずれかを選択した場合は、チェックボックスによって学習セット・検証セット・テストセットを選択できます。これらのセットに対応する行がデータテーブル内で選択され、対応する点や領域がグラフ内で強調表示されます。このオプションは、セット間でモデルの適合度に差がないかどうかを特定したいときに便利です。

「より大きな応答を観測する確率」のヒストグラムは、モデルの適合度の評価に役立ちます。分布によって異なる基準が適用されます。

- ゼロ強調分布と分位点回帰以外の分布の場合、「適正な」モデルはほぼ一様分布となります。
- ゼロ強調分布の場合、ヒストグラムのゼロの位置に点の塊が見られ、他の場所にほぼ一様な分布が見られます。
- 分位点回帰の場合、ヒストグラムの指定の分位点から左側にはほぼ一様な分布が見られ、右側にはわずかに高い値のほぼ一様な分布が見られます。

ベースラインの生存曲線とハザード曲線 ([Cox 比例ハザード] 分布を指定した場合のみ。) ベースライン生存関数とハザード関数を、応答変数に対してプロットしたグラフを表示します。このグラフの下には、このグラフで使われた数値の表が表示されます。

メモ: [Cox 比例ハザード] 分布を指定した場合、[ベースラインの生存曲線とハザード曲線] 以外の診断プロットは作成されません。

ROC 曲線 ([二項] 分布を指定した場合のみ。) 受診者動作特性 (ROC) 曲線を表示します。検証セットやテストセットを用いた場合には、それらのセットにおける ROC 曲線も表示されます。

ROC 曲線は、あてはめたモデルが応答水準をどれだけ適切に分類できるかを示します。ROC 曲線が対角線から離れているほど、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』の「ロジスティック分析」章を参照してください。

応答に3つ以上の水準がある場合、「ROC 曲線」プロットには、水準ごとの曲線が表示されます。水準ごとの曲線は、その水準に正しく分類されるかどうかを示す ROC 曲線です。ROC 曲線の詳細については、『予測モデルおよび発展的なモデル』の「パーティション」章を参照してください。

リフトチャート（〔二項〕分布を指定した場合のみ。）モデルのリフトチャートを表示します。検証セットやテストセットを用いた場合には、それらのセットにおけるリフトチャートも表示されます。

リフトチャートは、予測確率を降順に並べて見ていったときに、応答変数における特定の水準がどれくらい適切に予測されるかを示します。リフトチャートの横軸は、予測確率がある閾値以上となっているものの、データ全体に対する割合です。リフトチャートの縦軸は、予測確率がある閾値以上となっているもののなかでのイベント水準の割合を、データ全体でのイベント水準の割合で割ったものです。リフトチャートは、予測確率が特定の閾値を超えるものだけを選択した場合に、そこでどれくらい適切に予測が行えているかを示しています。

応答に3つ以上の水準がある場合、「リフトチャート」プロットには、水準ごとの曲線が表示されます。水準ごとの曲線は、その水準に正しく分類されるかどうかを示すリフトチャートです。リフトチャートの詳細については、『予測モデルおよび発展的なモデル』の「パーティション」章を参照してください。

予測値と実測値のプロット（〔二項〕または〔Cox 比例ハザード〕を指定した場合は使用できません。）Yの実測値を縦軸、予測値を横軸にプロットします。検証セットやテストセットを用いた場合には、それらのセットにおけるプロットも表示されます。

予測値と残差のプロット（〔二項〕または〔Cox 比例ハザード〕を指定した場合は使用できません。）残差を縦軸、Yの予測値を横軸にプロットします。検証セットやテストセットを用いた場合には、それらのセットにおけるプロットも表示されます。

説明変数と残差のプロット（〔二項〕または〔Cox 比例ハザード〕を指定した場合は使用できません。[ベクトル]の尺度を持つ応答には使用できません。）モデル内の説明変数ごとに、残差を縦軸、説明変数の値を横軸にプロットします。モデル内の1つの説明変数に対して1つのプロットが作成されます。検証セットやテストセットを用いた場合には、それらのセットにおけるプロットも表示されます。

列の保存（〔Cox 比例ハザード〕分布を指定した場合は使用できません。）次のような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含む列を保存します。ゼロの項は予測式に含まれません。平均の計算式については、「[分布の統計的詳細](#)」（296ページ）を参照してください。

平均の信頼区間 応答変数の平均に対する両側95%信頼区間を含む2つの列（下限と上限）を保存します。

メモ: 信頼水準（ α ）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。

予測値の標準誤差 予測値の標準誤差を含む列を保存します。

残差計算式の保存 Yから予測値を引いた残差の計算式を含む列を保存します。ゼロの項は残差計算式に含まれません。「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 分散の計算式を含む列を保存します。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に適用すれば、応答変数の分散になります。この式にそれぞれの推定値を代入し、応答変数の分散の推定値は算出されます。各分布における分散の式については、「[分布の統計的詳細](#)」（296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 （[K分割]・[保留]・[1つ取って置き法]を「検証法」に指定した場合、または[検証列]を用いた場合のみ。）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。

メモ: 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。

シミュレーション計算式の保存 あてはめたモデルのパラメータ推定値を使って値をシミュレーションする計算式を含む列を保存します。この列は、「シミュレーション」ユーティリティで切り替え先の列として使用できます。『基本的な統計分析』の「シミュレーション」章を参照してください。

予測式を発行 予測式を作成し、「計算式デポ」レポートにその計算式をスクリプトとして保存します。「計算式デポ」レポートが開かれていない状態の場合には、このオプションを選択すると、「計算式デポ」レポートが新たに作成されます。『予測モデルおよび発展的なモデル』の「計算式デポ」章を参照してください。

あてはめの削除 あてはめのレポートを削除します。

統計的詳細

推定法の統計的詳細

罰則（ペナルティ）を課した回帰手法では、回帰係数に罰則を課することによってバイアスが生じます。

リッジ回帰

リッジ回帰では、回帰係数に l_2 ペナルティが適用されます。リッジ回帰係数の推定値は、次のように求められます。

$$\hat{\beta}^{ridge} = \operatorname{argmin}_{\beta} \left\{ \sum_{i=1}^N (-1)^* \text{対数尤度}(\beta; y_i) + \frac{\lambda}{2} \sum_{j=1}^p \beta_j^2 \right\}$$

この式で、

$\sum_{j=1}^p \beta_j^2$ は l_2 ペナルティ。 λ は調整パラメータ、 N は行数、 p は変数の数です。

**JMP
PRO** Lasso 回帰

Lasso 回帰では、回帰係数に l_1 ペナルティが適用されます。Lasso 回帰係数の推定値は、次のように求められます。

$$\hat{\beta}^{lasso} = \operatorname{argmin}_{\beta} \left\{ \frac{1}{2} \sum_{i=1}^N (-1)^* \text{対数尤度}(\beta; y_i) + \lambda \sum_{j=1}^p |\beta_j| \right\}$$

この式で、

$\sum_{j=1}^p |\beta_j|$ は l_1 ペナルティ。 λ は調整パラメータ、 N は行数、 p は変数の数です。

**JMP
PRO** 弾性ネット

弾性ネットは、 l_1 と l_2 の両ペナルティを組み合わせで使用します。弾性ネット係数の推定値は、次のように求められます。

$$\hat{\beta}^{enet} = \operatorname{argmin}_{\beta} \left\{ \sum_{i=1}^N (-1)^* \text{対数尤度}(\beta; y_i) + \lambda \sum_{j=1}^p \left(\alpha |\beta_j| + \frac{(1-\alpha)}{2} \beta_j^2 \right) \right\}$$

この式では次のような表記が使用されています。

- $\sum_{j=1}^p |\beta_j|$ は l_1 ペナルティ
- $\sum_{j=1}^p \beta_j^2$ は l_2 ペナルティ
- λ は調整パラメータ
- α は l_1 ペナルティと l_2 ペナルティの配分を決定するパラメータ
- N は行数
- p は変数の数

**JMP
PRO** 適応型手法

適応型 Lasso の手法では、重み付きのペナルティを使って、安定した係数の推定値を計算します。重み付きの l_1 ペナルティの計算式は次のとおりです。

$$\sum_{j=1}^p \frac{|\beta_j|}{\hat{\beta}_j}$$

この式で、

$\tilde{\beta}_j$ は、最尤推定値が存在する場合は最尤推定値です。最尤推定値が存在せず、応答が正規分布に従う場合は、最小2乗法で推定が行われ、 $\tilde{\beta}_j$ は一般化逆行列を使って求めた解です。応答が正規分布に従わない場合、 $\tilde{\beta}_j$ はリッジ回帰の解です。

適応型 Lasso の場合、この重み付き l_1 ペナルティを使って、 $\hat{\beta}^{lasso}$ 係数が決定されます。

適応型弾性ネットの場合は、この重み付き l_1 ペナルティを使い、さらに l_2 ペナルティにも重みを付けます。適応型弾性ネットの重み付き l_2 ペナルティの計算式は次のとおりです。

$$\sum_{j=1}^p \left(\frac{\beta_j}{\tilde{\beta}_j} \right)^2$$

この式で、

$\tilde{\beta}_j$ は、最尤推定値が存在する場合は最尤推定値です。最尤推定値が存在せず、応答が正規分布に従う場合は、最小2乗法で推定が行われ、 $\tilde{\beta}_j$ は一般化逆行列を使って求めた解です。応答が正規分布に従わない場合、 $\tilde{\beta}_j$ はリッジ回帰の解です。

JMP PRO 「詳細設定」の統計的詳細

JMP PRO グリッド

リッジ回帰および Lasso では、グリッド上の各調整パラメータで罰則付き尤度が最小化されていきます。いくつかのグリッド点が、調整パラメータの下限值と上限値の間に配置されます。

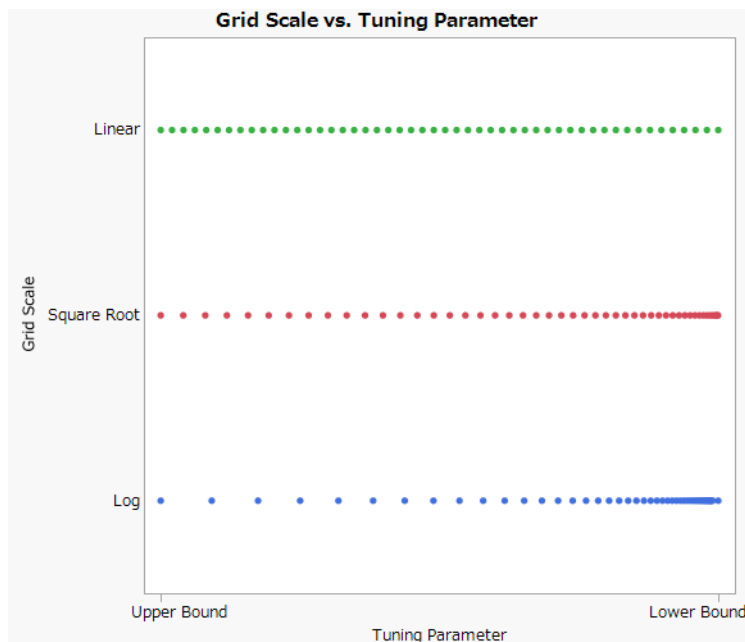
グリッド点の数は、「詳細設定」で指定することができます。

下限は、0.01 に設定される特別なケースを除き、ゼロです。「調整パラメータ」(274 ページ) を参照してください。調整パラメータの下限値がゼロの場合、罰則なしの推定が行われ、推定値は最尤推定値になります。上限は、切片以外の項がすべてゼロとなる値のうち、最小のものです。

下限値と上限値の間のグリッド上で、調整パラメータの最良値が反復的に検索されます。調整パラメータに対するグリッドとして、線形・対数・平方根の3つのスケールが用意されています。

最尤推定値 (罰則がないときの推定値) と、その前のステップでの推定値との差が非常に大きい場合があります。この差が大きいと、パラメータ推定値の経路がとても歪むことがあります。対数スケールでは、小さい調整パラメータ値に対する探索に重点を置き、線形スケールでは、最小値から最大値まで均等に検索します。平方根スケールの手法は、それら2つのスケールを折衷した手法です。図 6.7 に、各グリッドの様子を示します。

図 6.7 調整パラメータのグリッドスケールのオプション



JMP PRO 分布の統計的詳細

「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）。

JMP PRO 連続変数の分布

正規分布

$$f(y|\mu, \sigma) = \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} \exp\left[-\frac{1}{2\sigma^2}(y - \mu)^2\right], -\infty < y < \infty$$

$$E(Y) = \mu$$

$$Var(Y) = \sigma^2$$

Cauchy 分布

$$f(y|\mu, \sigma) = \left\{ \pi\sigma \left[1 + \left(\frac{y - \mu}{\sigma} \right)^2 \right] \right\}^{-1}, -\infty < y < \infty$$

$$E(Y) = \text{存在しません}$$

$$Var(Y) = \text{存在しません}$$

指数分布

$$f(y|\theta) = \frac{1}{\mu} \exp\left[-\frac{y}{\mu}\right], y > 0$$

$$E(Y) = \mu$$

$$Var(Y) = \mu^2$$

ガンマ分布

$$f(y|\mu, \sigma) = \frac{y^{(\mu/\sigma)-1} \exp[-y/\sigma]}{\Gamma[\mu/\sigma] \sigma^{\mu/\sigma}}, y > 0$$

$$E(Y) = \mu$$

$$Var(Y) = \mu\sigma$$

Weibull 分布

$$f(y|\mu, \sigma) = \frac{1}{y\sigma} \exp\left[\frac{\log(y) - \mu}{\sigma}\right] \exp\left\{-\exp\left[\frac{\log(y) - \mu}{\sigma}\right]\right\}, y > 0$$

$$E(Y) = \exp(\mu)\Gamma[1 + \sigma]$$

$$Var(Y) = \exp(2\mu)\{\Gamma[1 + 2\sigma] - (\Gamma[1 + \sigma])^2\}$$

対数正規分布

$$f(y|\mu, \sigma) = \frac{1}{y\sigma\sqrt{2\pi}} \exp\left\{-\frac{1}{2\sigma^2}[\log(y) - \mu]^2\right\}, y > 0$$

$$E(Y) = \exp\left(\mu + \frac{\sigma^2}{2}\right)$$

$$Var(Y) = [\exp(\sigma^2) - 1]\exp(2\mu + \sigma^2)$$

ベータ分布

$$f(y|\mu, \sigma) = \frac{\Gamma[1/\sigma]}{\Gamma[\mu/\sigma]\Gamma[(1-\mu)/\sigma]} y^{\mu/\sigma-1} (1-y)^{\frac{(1-\mu)}{\sigma}-1}, y \in (0, 1)$$

$$E(Y) = \mu$$

$$Var(Y) = \mu(1-\mu)\frac{\sigma}{\sigma+1}$$

 離散分布

二項分布

$$f(y|n, p) = \binom{n}{y} p^y (1-p)^{n-y}, y = 0, 1, 2, \dots, n$$

$$E(Y) = np$$

$$Var(Y) = np(1-p)$$

ベータ二項分布

$$f(y|n, p, \delta) = \binom{n}{y} \frac{\Gamma\left[\frac{1}{\delta}-1\right]\Gamma\left[y+p\left(\frac{1}{\delta}-1\right)\right]\Gamma\left[n-y+(1-p)\left(\frac{1}{\delta}-1\right)\right]}{\Gamma\left[p\left(\frac{1}{\delta}-1\right)\right]\Gamma\left[(1-p)\left(\frac{1}{\delta}-1\right)\right]\Gamma\left[n-1+\frac{1}{\delta}\right]}, y = 0, 1, 2, \dots, n$$

$$E(Y) = np$$

$$Var(Y) = np(1-p)[1+(n-1)\delta]$$

Poisson 分布

$$f(y|\lambda) = \frac{\lambda^y}{y!} \exp(-\lambda), y = 0, 1, 2, \dots$$

$$E(Y) = \lambda$$

$$Var(Y) = \lambda$$

負の二項分布

$$f(y|\mu, \sigma) = \frac{\Gamma[y + (1/\sigma)]}{\Gamma[y + 1]\Gamma[1/\sigma]} \left[\frac{(\mu\sigma)^y}{(1 + \mu\sigma)^{y + (1/\sigma)}} \right], y = 0, 1, 2, \dots$$

$$E(Y) = \mu$$

$$Var(Y) = \mu + \sigma\mu^2$$

ゼロ強調分布

ゼロ強調 二項分布

$$f(y|n, p, \pi) = \begin{cases} \pi + (1 - \pi)(1 - p)^n, & y = 0 \text{ の場合} \\ (1 - \pi) \binom{n}{y} p^y (1 - p)^{n-y}, & y = 1, 2, \dots, n \text{ の場合} \end{cases}$$

$$E(Y) = np(1 - \pi)$$

$$Var(Y) = (1 - \pi)np(1 - p) + n^2p^2(1 - \pi)^2$$

ゼロ強調 ベータ二項分布

$$f(y|n, p, \delta, \pi) = \begin{cases} \pi + (1 - \pi) \frac{\Gamma[\frac{1}{\delta} - 1] \Gamma[p(\frac{1}{\delta} - 1)] \Gamma[n + (1 - p)(\frac{1}{\delta} - 1)]}{\Gamma[p(\frac{1}{\delta} - 1)] \Gamma[(1 - p)(\frac{1}{\delta} - 1)] \Gamma[n - 1 + \frac{1}{\delta}]}, & y = 0 \text{ の場合} \\ (1 - \pi) \binom{n}{y} \frac{\Gamma[\frac{1}{\delta} - 1] \Gamma[y + p(\frac{1}{\delta} - 1)] \Gamma[n - y + (1 - p)(\frac{1}{\delta} - 1)]}{\Gamma[p(\frac{1}{\delta} - 1)] \Gamma[(1 - p)(\frac{1}{\delta} - 1)] \Gamma[n - 1 + \frac{1}{\delta}]}, & y = 1, 2, \dots, n \text{ の場合} \end{cases}$$

$$E(Y) = np(1 - \pi)$$

$$Var(Y) = (1 - \pi)np\{1 + (1 - p)[1 + (n - 1)\delta]\} - [np(1 - \pi)]^2$$

ゼロ強調 Poisson 分布

$$f(y|\lambda, \pi) = \begin{cases} \pi + (1 - \pi)\exp[-\lambda], & y = 0 \text{ の場合} \\ (1 - \pi)\frac{\lambda^y}{y!}\exp[-\lambda], & y = 1, 2, \dots \text{ の場合} \end{cases}$$

$$E(Y) = (1 - \pi)\lambda$$

$$\text{Var}(Y) = \lambda(1 - \pi)(1 + \lambda\pi)$$

ゼロ強調 負の二項分布

$$f(y|\mu, \sigma, \pi) = \begin{cases} \pi + (1 - \pi)(1 + \mu\sigma)^{-(1/\sigma)}, & y = 0 \text{ の場合} \\ (1 - \pi)\frac{\Gamma[y + (1/\sigma)]}{\Gamma[y + 1]\Gamma[1/\sigma]}\left[\frac{(\mu\sigma)^y}{(1 + \mu\sigma)^{y + (1/\sigma)}}\right], & y = 1, 2, \dots \text{ の場合} \end{cases}$$

$$E(Y) = (1 - \pi)\mu$$

$$\text{Var}(Y) = \mu(1 - \pi)[1 + \mu(\sigma + \pi)]$$

ゼロ強調 ガンマ分布

$$f(y|\mu, \sigma, \pi) = \begin{cases} \pi, & y = 0 \text{ の場合} \\ (1 - \pi)\frac{\exp(-y/\sigma)}{\Gamma[\mu/\sigma]\sigma^{\mu/\sigma}y^{1 - \mu/\sigma}}, & y > 0 \text{ の場合} \end{cases}$$

$$E(Y) = \mu(1 - \pi)$$

$$\text{Var}(Y) = \mu(1 - \pi)(\sigma + \mu) - (1 - \pi)^2\mu^2$$

第 7 章

一般化回帰の例 正則化手法を使ったモデルの構築

この章では、「一般化回帰」プラットフォームを使ってモデルをあてはめる例を紹介します。

Poisson 一般化回帰の例

「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。

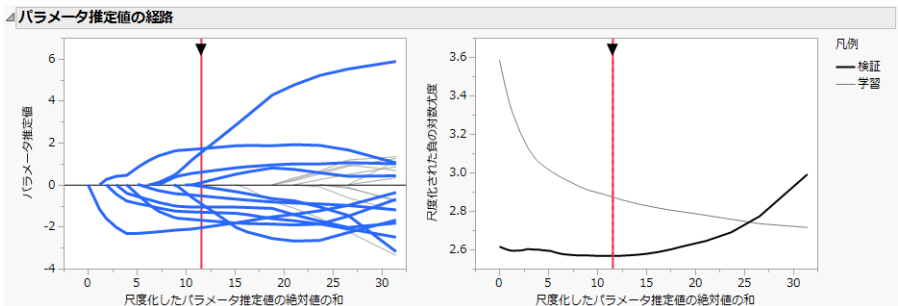
この例では、6つの説明変数を使って「結節数」の予測モデルを作成します。「結節数」はPoisson分布を使ってモデル化します。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Liver Cancer.jmp」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がモデルに追加されます（「2」は、[回数] ボックスのデフォルト値です）。
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」レポートが開き、「モデルの設定」パネルと「最尤法 (検証法: 検証列)」レポートが表示されます。デフォルトの「推定法」が適応型Lassoになっています。
9. [実行] をクリックします。
10. 「適応型Lasso (検証法: 検証列)」の赤い三角ボタンをクリックし、[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7.1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。一番右側是最尤推定値です。罰則が大きくなるにつれて、プロットの左側へと移動していき、最終的に、すべての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しています。

「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、検証データによって選択されたモデルを示しています。この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。また、右側のプロットを見ると、この選択されたモデルでは、検証データにおける負の対数尤度が最小化されているのが分かります。

図7.1 非ゼロの項が強調表示された、Lasso の経路



「元の説明変数に対する推定値」レポート (図7.2) 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。パラメータ推定値がゼロでない11個の項が強調表示されます。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。

11. 「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7.2 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

元の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	2.0047696	1.5185512	1.7428904	0.1868	-0.971536	4.9810752
BMI	-0.015997	0.065262	0.0600813	0.8064	-0.143908	0.1119145
年齢	-0.000464	0.0052398	0.0078327	0.9295	-0.010734	0.0098061
時間	0	0	0	1.0000	0	0
マーカー[0-1]	0.3875863	0.3326762	1.3573549	0.2440	-0.264447	1.0396196
肝炎[0-1]	0	0	0	1.0000	0	0
黄疸[0-1]	-0.220663	0.1641297	1.8075203	0.1788	-0.542351	0.1010257
(BMI-23.1737)*(年齢-56.3994)	0.0007526	0.001413	0.2836937	0.5943	-0.002017	0.0035219
(BMI-23.1737)*(時間-9.00945)	0	0	0	1.0000	0	0
(BMI-23.1737)*マーカー[0-1]	-0.06678	0.0509054	1.7209198	0.1896	-0.166552	0.0329931
(BMI-23.1737)*肝炎[0-1]	0.0287522	0.0822695	0.1221418	0.7267	-0.132493	0.1899974
(BMI-23.1737)*黄疸[0-1]	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[0-1]	-0.023309	0.0082967	7.8925907	0.0050*	-0.03957	-0.007047
(年齢-56.3994)*肝炎[0-1]	0	0	0	1.0000	0	0
(年齢-56.3994)*黄疸[0-1]	0	0	0	1.0000	0	0
(時間-9.00945)*マーカー[0-1]	-0.007693	0.0103841	0.5488607	0.4588	-0.028046	0.0126594
(時間-9.00945)*肝炎[0-1]	0	0	0	1.0000	0	0
(時間-9.00945)*黄疸[0-1]	0.0014078	0.0091371	0.0237388	0.8776	-0.016501	0.0193163
マーカー[0-1]*肝炎[0-1]	-0.4252	0.3939927	1.1646867	0.2805	-1.197411	0.347012
マーカー[0-1]*黄疸[0-1]	0	0	0	1.0000	0	0
肝炎[0-1]*黄疸[0-1]	0	0	0	1.0000	0	0

12. 「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をクリックし、[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、「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。

13. 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。

二項一般化回帰の例

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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Liver Cancer.jmp」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。

これにより、2次までのすべての項がモデルに追加されます(「2」は、[回数] ボックスのデフォルト値です)。

5. 「手法」のリストから [一般化回帰] を選択します。

「分布」リストに、自動的に [二項] 分布が表示されます。Y がバイナリ (2水準) で [名義] 尺度を持つ場合は、二項分布しか使用できません。

6. [実行] をクリックします。

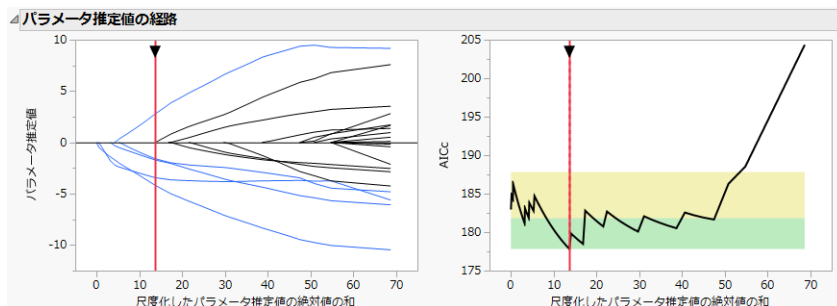
「一般化回帰」レポートが開き、「モデルの設定」パネルと「ロジスティック回帰」レポートが表示されます。デフォルトの「推定法」が適応型 Lasso になっています。

7. 「推定法」で [弾性ネット] を選択します。

8. [実行] をクリックします。

「適応型弾性ネット ([AICc] 検証法)」レポートが表示されます。「パラメータ推定値の経路」は図7.3のようになります。

図7.3 「パラメータ推定値の経路」プロット



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。右側の「検証」プロットを見ると、いくつかのモデルが最良のモデルと同程度の適合度であるようです。これらのモデルを見るには、黒い折れ線が緑色のゾーンにある範囲で、赤い縦線をドラッグします。

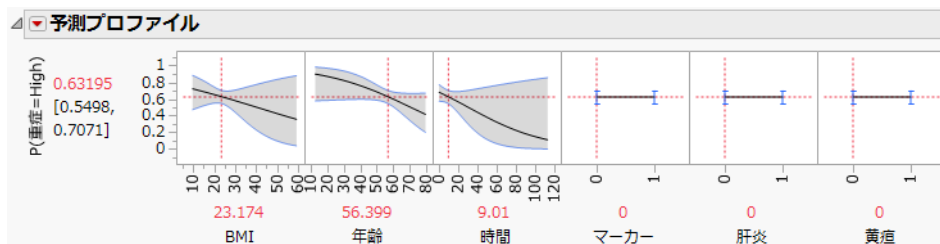
9. 「適応型弾性ネット（検証法：[AICc] 検証法）」の赤い三角ボタンをクリックし、[ゼロの項を選択] オプションを選択します。

パラメータ推定値がゼロである16個の項が、「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ないこともわかります。ただし、「時間*マーカー」の交互作用の p 値は0.0650と小さく、また、「時間」効果の p 値も0.1512という小さな値です。

10. 「適応型弾性ネット（検証法：[AICc] 検証法）」の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。

図7.4 時間値が小さいときの、P(重症=High)のプロファイル

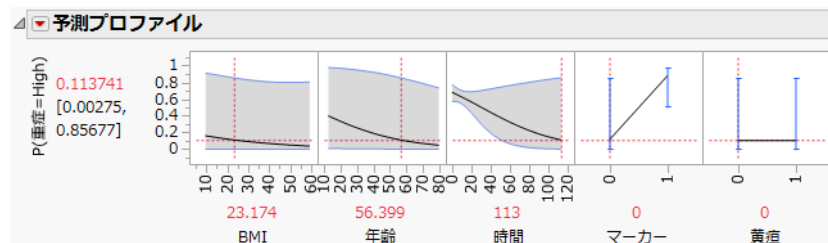


予測プロファイルで、「時間」と「時間*マーカー」の交互作用が「重症」にどのような影響を与えるかを調べます。

メモ：説明変数の「肝炎」は、アクティブな（ゼロでない）項のいずれにも含まれないため、プロファイルに表示されません。「マーカー」と「黄疸」は、主効果としてはアクティブでないものの、アクティブな交互作用項に含まれているため、プロファイルに表示されます。

11. 「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 7.4 および図 7.5）。「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7.5 時間値を大きくしたときの、P(重症=High)のプロファイル



ゼロ強調 Poisson 回帰の例

「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は、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が1匹も釣れなかったケースの2通りが考えられます。「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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Fishing.jmp」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。

「一般化回帰」レポートが開き、「モデルの設定」パネルと「最尤法 (検証法: 検証列)」レポートが表示されます。デフォルトの「推定法」が適応型Lassoになっています。

9. 「推定法」リストから【弾性ネット】を選択します。

10. 【実行】をクリックします。

「適応型弾性ネット (検証法: 検証列)」レポートが表示されます。「パラメータ推定値の経路」、「元の説明変数に対する推定値」レポート、「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7.6 「元の説明変数に対する推定値」レポート

元の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	1.597513	0.150286	112.99305	<.0001*	1.3029579	1.8920682
生き餌[0-1]	-0.47928	0.1567133	9.3533416	0.0022*	-0.786432	-0.172128
釣竿の本数	0.283271	0.0424036	44.627003	<.0001*	0.2001613	0.3663806
キャンプをした? [0-1]	-0.375637	0.206612	3.3054167	0.0691	-0.780589	0.0293148
人数	0	0	0	1.0000	0	0
子供	-0.171343	0.101218	2.8656247	0.0905	-0.369727	0.0270402
生き餌[0-1]*(釣竿の本数-0.856)	0	0	0	1.0000	0	0
生き餌[0-1]*キャンプをした? [0-1]	0	0	0	1.0000	0	0
生き餌[0-1]*(人数-2.516)	0	0	0	1.0000	0	0
生き餌[0-1]*(子供-0.936)	0.0474226	0.1887663	0.0631133	0.8016	-0.322553	0.4173978
(釣竿の本数-0.856)*キャンプをした? [0-1]	-0.425998	0.0927163	21.110676	<.0001*	-0.607718	-0.244277
(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)	-0.170522	0.0427822	15.886676	<.0001*	-0.254373	-0.08667
キャンプをした? [0-1]*(人数-2.516)	0	0	0	1.0000	0	0
キャンプをした? [0-1]*(子供-0.936)	0.0879893	0.2233398	0.1552129	0.6936	-0.349749	0.5257272
(人数-2.516)*(子供-0.936)	0.0129652	0.0413828	0.0981569	0.7541	-0.068143	0.0940739
ゼロ強調	0.7843643	0.0333376	553.56455	<.0001*	0.7190239	0.8497047

「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。

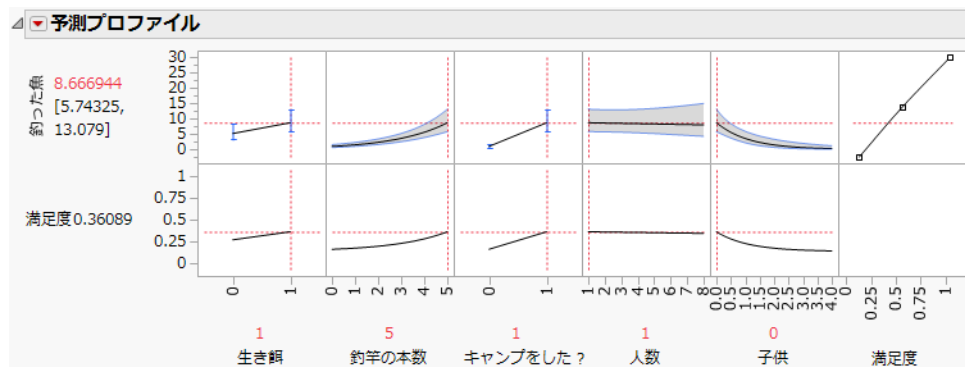
11. 「適応型弾性ネット (検証法: 検証列)」の赤い三角ボタンをクリックし、【プロファイル】>【プロファイル】を選択します。

12. 「予測プロファイル」の赤い三角ボタンをクリックし、【最適化と満足度】>【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。(満足度関数の詳細については、『プロファイル機能』の「プロファイル」章を参照してください)。

13. 「予測プロファイル」の赤い三角ボタンをクリックし、【最適化と満足度】>【満足度の最大化】を選択します。

図7.7 釣った魚の数を最大にしたときの予測プロファイル



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」方が、また持参した釣竿が多い方がより多くの魚を釣っています。

14. 「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をクリックし、[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列が追加されます。

15. 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0.7843639が使用されています。

第8章

JMP Pro 混合モデル

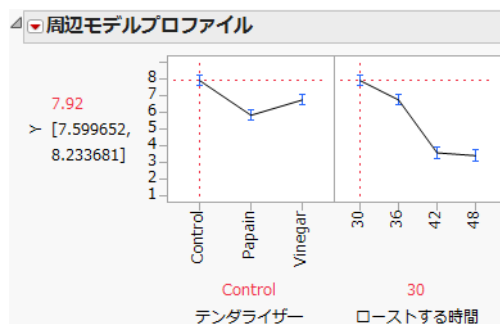
誤差の共分散構造もモデル化

「モデルのあてはめ」プラットフォームの「混合モデル」手法は、JMP Proのみで使用できます。

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。プロファイルについての詳細は、『プロファイル機能』を参照してください。

図8.1 分割実験モデルの周辺モデルプロファイル



JMP PRO 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」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 et al. 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](#)」(334 ページ) を参照してください。

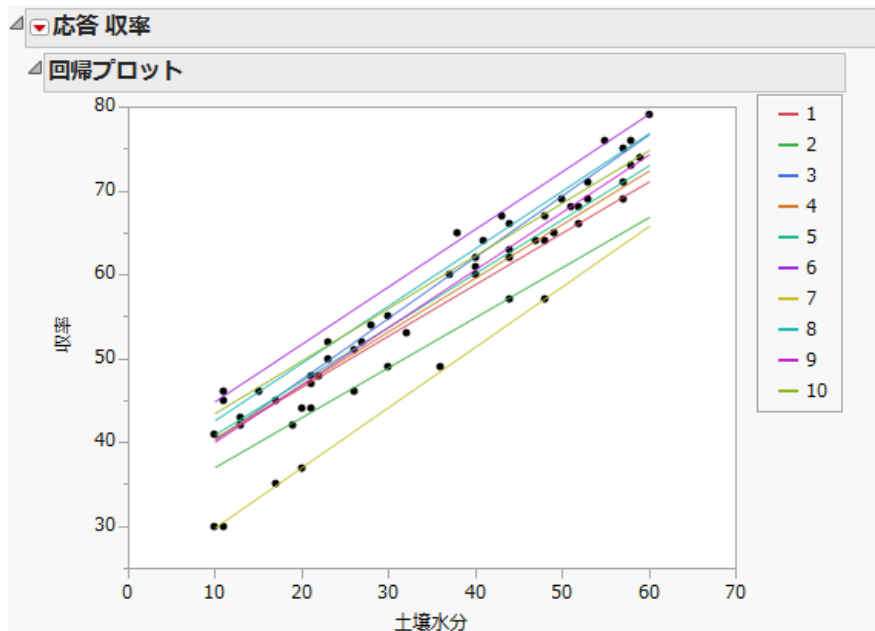
JMP PRO 混合モデルを使った例

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、地地下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、Littell et al. 2006、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8.2）。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8.2 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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Wheat.jmp」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8.3 指定が完了した「モデルのあてはめ」起動ウィンドウの「変数効果」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8.4 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

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。

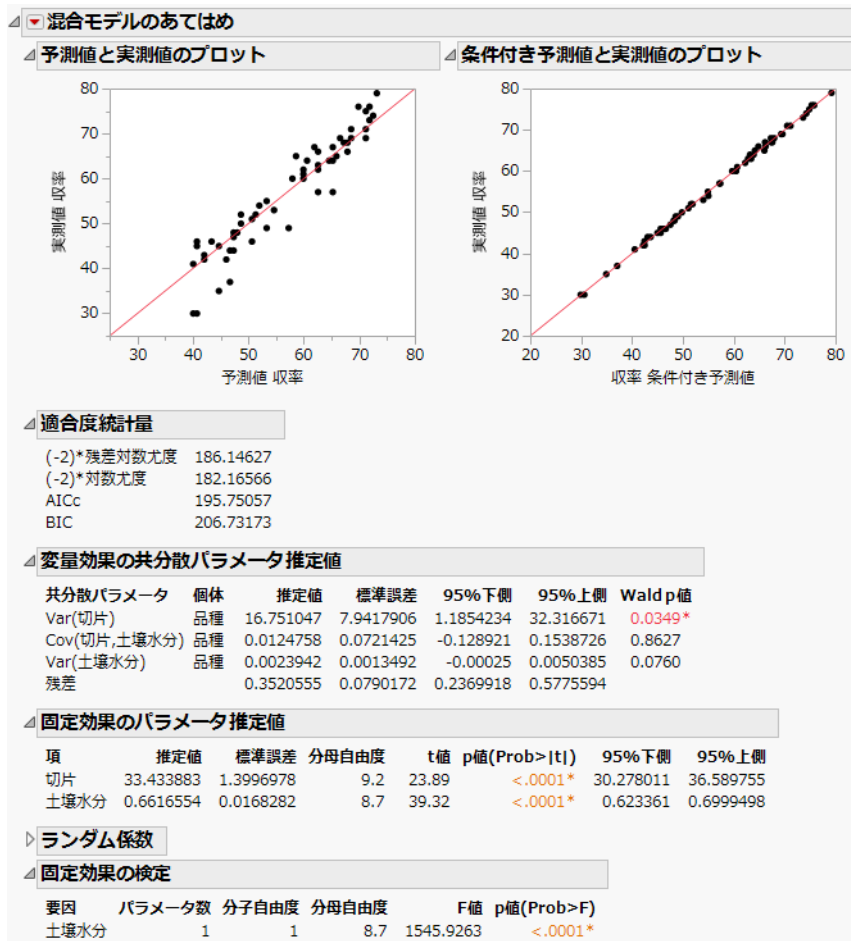
9. [実行] をクリックします。

図8.5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8.5 「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。

- 「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。

図8.6 「ランダム係数」レポート

ランダム係数		
品種		
土壌水分は、35.5833の平均で中心化されています。		
品種	切片	土壌水分
1	-0.793305	-0.049211
2	-4.657588	-0.066697
3	1.983891	0.0672228
4	-0.13329	-0.023306
5	0.4076671	-0.019904
6	5.48919	0.0238888
7	-8.722307	0.0564236
8	3.1994336	0.0224337
9	0.6549	0.0233568
10	2.5714084	-0.034207
共分散行列		
変量効果	切片	土壌水分
切片	16.75105	0.012476
土壌水分	0.012476	0.002394

「モデルの指定」ウィンドウの「多項式の中心化」オプションは、デフォルトで選択されています。そのため、「品種」レポートの冒頭に記されているように、「土壌水分」の効果は、平均である35.583で中心化されます。「固定効果のパラメータ推定値」と「ランダム係数」の各レポートにある**品種2**の推定値を使い、次のような回帰式が得られます。

$$\begin{aligned} \text{収率} &= 33.433 + 0.662 \times \text{土壌水分} - 4.658 - 0.067 \times (\text{土壌水分} - 35.583) \\ &= 31.159 + 0.595 \times \text{土壌水分} \end{aligned}$$

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。

JMP PRO 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。

JMP PRO 「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。

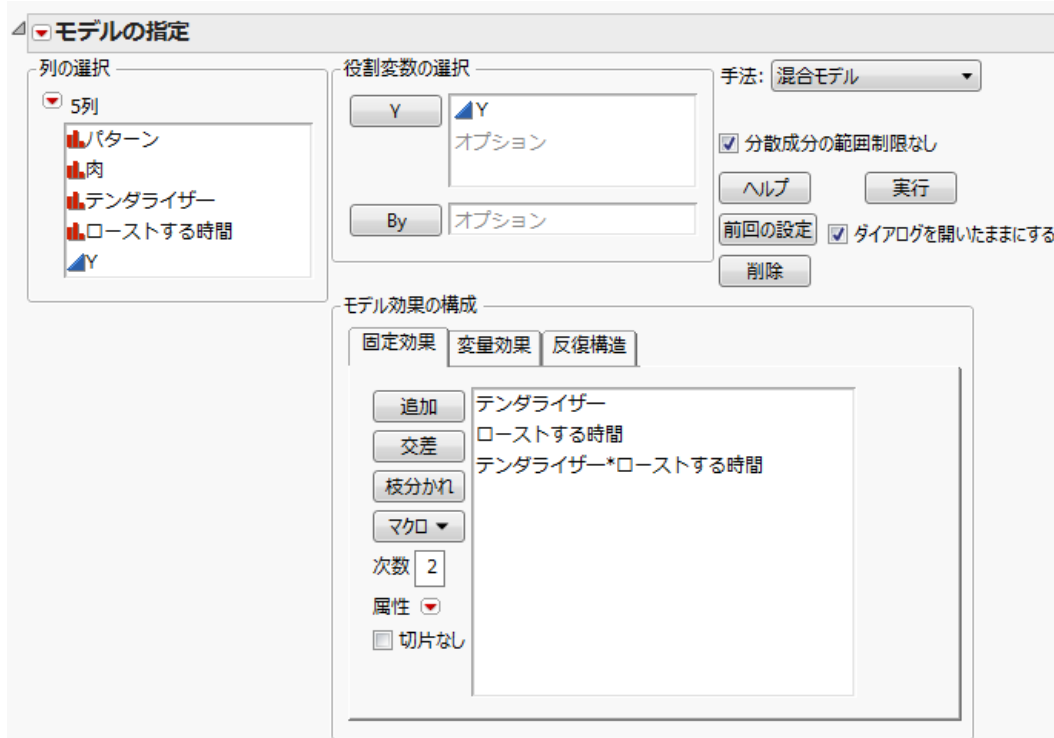
「混合モデル」を使ってモデルをあてはめる場合、「分散成分の範囲制限なし」というオプションが表示されます。このオプションがオンになっている場合、分散の推定値が負になることを許容します。このオプションは、デフォルトでオンになっています。固定効果に対する検定に主に興味がある場合は、このオプションをオンにしておいたほうが良いでしょう。分散推定値に非負の制約を課すと、固定効果の検定にバイアスが生じるためです。「分散成分の範囲制限なし」の詳細は、「標準最小2乗のレポートとオプション」章の「負の分散」(174 ページ) を参照してください。

JMP PRO 「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。これらのオプションの詳細については、「モデルの指定」章 (31 ページ) を参照してください。

図 8.7 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えます。たとえば、「空間モデルの例: 正方形分割された農場での試験」(357 ページ) を参照してください。

図 8.7 固定効果を追加した「モデルのあてはめ」起動ウィンドウ



JMP PRO [変量効果] タブ

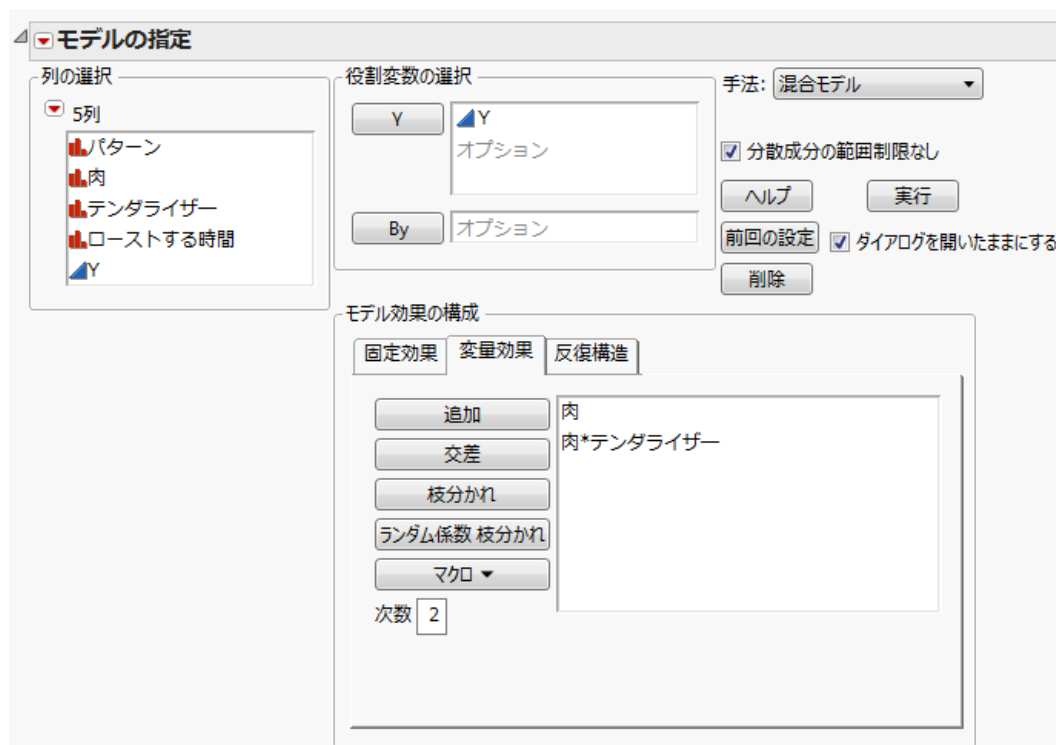
[変量効果] タブは、従来の分散成分モデルや、ランダム係数モデルを指定するときに用います。

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]・[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量効果を指定します。これらのオプションの詳細については、「[モデルの指定](#)」章（31ページ）を参照してください。

図8.8は、「Split Plot.jmp」サンプルデータテーブルの変量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](#)」（351ページ）で詳述しています。

図8.8 「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



ランダム係数

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. [変量効果] 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。

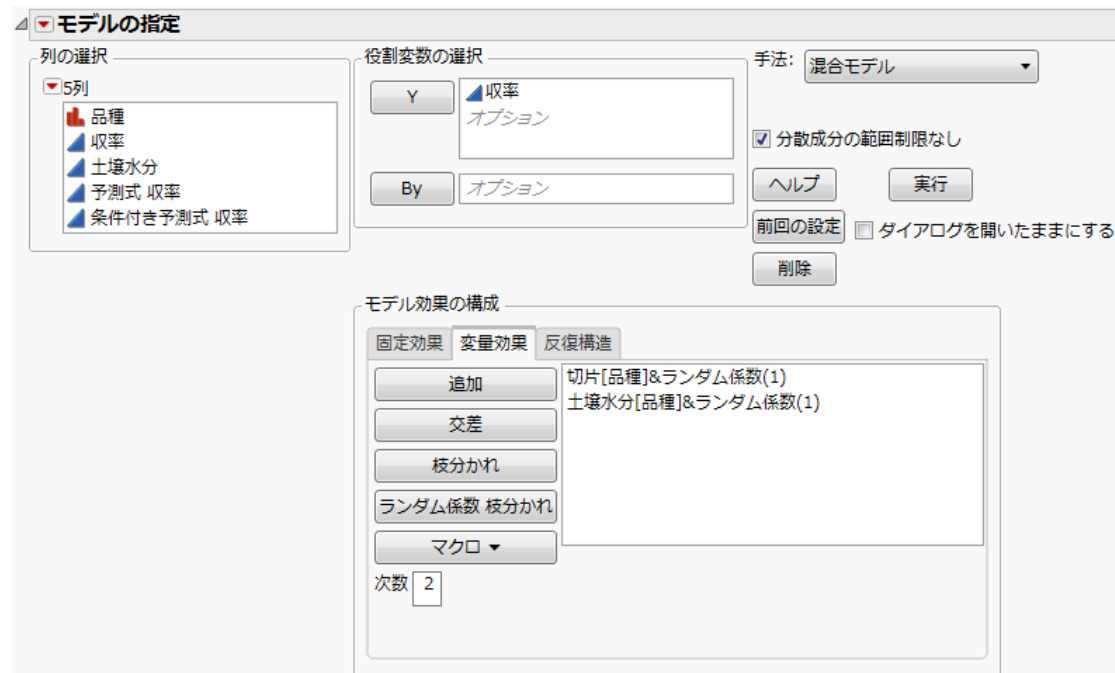
4. [ランダム係数 枝分かれ] ボタンをクリックします。

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。この最後の操作では、ランダムな切片も自動的に追加される点に注意してください。「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 8.9 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」（311 ページ）も参照）。

図8.9 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



JMP PRO 「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。

図8.10 「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

構造

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、「統計的詳細」の節の「[反復測定](#)」(376ページ)と「[先行依存共分散構造](#)」(380ページ)を参照してください。

表8.1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、各構造の共分散パラメータの数をリストします。観察時点数は J とします。

表8.1 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	パラメータ数
残差		0		0
異分散	カテゴリカル	1	オプション	J
無構造	カテゴリカル	1	必須	$J(J+1)/2$
AR(1)	連続尺度	1	オプション	2
複合対称	カテゴリカル	1	必須	2
先行依存 等分散	カテゴリカル		必須	J
Toeplitz	カテゴリカル	1	必須	J
複合対称 異分散	カテゴリカル	1	必須	$J+1$
先行依存	カテゴリカル		必須	$2J-1$
Toeplitz 異分散	カテゴリカル	1	必須	$2J-1$
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。「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。

種類

共分散構造として空間的な構造のいずれかを選択すると、「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] という4種類があります。図8.10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。

反復

反復測定構造を定義する列を入力します。反復列の尺度は、共分散構造によって異なります。詳細については、表8.1を参照してください。

個体

個体を定義する1つまたは複数の列を入力します。個体の列は、カテゴリカルでなければなりません。

JMP PRO 「混合モデルのあてはめ」レポート

「混合モデルのあてはめ」の赤い三角ボタンのメニューには、レポートをカスタマイズするオプションが用意されています。

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などがあります。「[モデルのレポート](#)」(323ページ)を参照してください。

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](#)」(329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。「標準最小2乗のレポートとオプション」章の「[逆推定](#)」(129ページ)を参照してください。

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](#)」(329ページ)を参照してください。

条件付き予測値プロット 条件付き予測値に基づいたグラフを描きます。条件付き予測値は、変数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](#)」(331ページ)を参照してください。

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](#)」(333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。「[「モデルのあてはめ」起動ウィンドウ](#)」(316ページ)を参照してください。

以下のオプションについて詳しくは、『JMPの使用法』の「JMPのレポート」章を参照してください。

ローカルデータフィルタ 現在のレポートにおいてデータをフィルタリングするローカルデータフィルタを表示するか、非表示にします。

やり直し 分析を繰り返すオプションや、やり直すオプションを含みます。また、[自動再計算] オプションを選択すると、このオプションに対応しているプラットフォームにおいて、データテーブルに加えた変更が、該当するレポートに即座に反映されるようになります。

スクリプトの保存 レポートを再現するためのスクリプトを保存するオプションが、保存先ごとに用意されています。

By グループのスクリプトを保存 By 変数の全水準に対するレポートを再現するためのスクリプトを保存するオプションが、保存先ごとに用意されています。起動ウィンドウでBy 変数を指定した場合のみ使用可能です。

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、そのうちのいくつかのレポートだけが表示されます。

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](#)」(323 ページ) を参照してください。

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](#)」(325 ページ) を参照してください。

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](#)」(326 ページ) を参照してください。

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](#)」(327 ページ) を参照してください。

指示変数に対する推定値 (固定効果の中に名義尺度の列がある場合のみ。)「指示変数に対する推定値」レポートを表示します。このパラメータ推定値は、名義尺度の説明変数に対して、SAS システムの GLM プロシジャで採用されているコード変換を採用して計算されたものです。なお、順序尺度の列に対しては、JMP の通常のコード変換によって計算されています。SAS の GLM プロシジャと JMP の相違点に関しては、付録「統計的詳細」の「[因子モデル](#)」(471 ページ) を参照してください。

注意: 「指示変数に対する推定値」レポートの標準誤差や t 値などの結果は、「パラメータ推定値」レポートのものとは異なります。これは、推定値の計算において、異なるコード変換が使われているためです。

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量効果を指定した場合にだけ表示されます。「[ランダム係数](#)」(328 ページ) を参照してください。

変量効果の予測値 変量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量効果を指定した場合にだけ表示されます。「[変量効果の予測値](#)」(328 ページ) を参照してください。

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](#)」(328 ページ) を参照してください。

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](#)」(357 ページ) を参照してください。

「[適合度統計量](#)」レポートの説明」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、 $\boldsymbol{\gamma}$ は変量効果のベクトル、 $\boldsymbol{\varepsilon}$ 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

$$\text{Var} \begin{bmatrix} \boldsymbol{\gamma} \\ \boldsymbol{\varepsilon} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{G} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{R} \end{bmatrix}$$

- これらの仮定に基づくと、 $\mathbf{y}$ の共分散行列は次式のようにになります。

$$\mathbf{V} = \mathbf{Z}\mathbf{G}\mathbf{Z}' + \mathbf{R}$$

「[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る。

$$-2 \text{残差対数尤度}(\mathbf{G}, \mathbf{R}) = \log|\mathbf{V}| + \log|\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X}| + \mathbf{r}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{r} + (n-p)\log(2\pi)$$

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。詳細は、付録「統計的詳細」の「[尤度・AICc・BIC](#)」(493ページ)を参照してください。

(-2)*対数尤度 対数尤度をマイナス2倍したもの。詳細は、付録「統計的詳細」の「[尤度・AICc・BIC](#)」(493ページ)を参照してください。

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 修正済みの赤池の情報量規準。詳細は、付録「統計的詳細」の「[尤度・AICc・BIC](#)」(493ページ)を参照してください。

BIC ベイズ情報量規準。詳細は、付録「統計的詳細」の「[尤度・AICc・BIC](#)」(493ページ)を参照してください。

JMP PRO 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が示されています（図8.11）。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](#)」（373 ページ）を参照してください。

図8.11 収束スコア検定

適合度統計量

(-2)*残差対数尤度	213.70579
(-2)*対数尤度	198.9947
AICc	223.48449
BIC	239.93814

警告:パラメータ推定の反復計算が収束しませんでした。

相対的な勾配基準: 0.048

収束スコア検定

カイ2乗	自由度	p値(Prob>ChiSq)
0.048	9	<.0001*

考えられる原因:

- 指定されたモデルが適切でない。固定効果、変量効果、反復構造のいずれかの指定が適切でない。
- 標本サイズが小さいのに、指定されたモデルが複雑すぎる。
- 計算に問題を生じさせる外れ値が、データにある。
- データが非常にアンバランスである。
- 入力変数の間に、1次従属関係、もしくは非線形な従属関係が存在している。
- 応答の分布が歪んでいたり、非常に離散的であったりして、正規分布にまったく近くない。

考えられる解決策:

- 収束スコア検定のp値が0.05より大きい場合は、慎重に注意しながらも、現在のモデルと結果を用いることも検討。
- モデルをより単純なものにする。
- 外れ値を除去したり、カテゴリカルな説明変数の稀な水準をなくしたりする。
- 正規分布に近づくように、応答を変換する。
- 最大反復回数を増やす。

JMP PRO 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。

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。

メモ: モデルに分散成分しか含まれない場合、この列は「分散成分」という名前になります。

個体 個体の名前。なお、全体の共分散行列は、個体ごとの共分散行列を対角にもつ、対角ブロック行列です。

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。

メモ: 指定された混合モデルが、標準の JMP でもあてはめることができる混合モデルと等価な場合、表に「合計」という共分散パラメータの行が追加されます。「合計」の推定値は、正の分散成分のみを合計した値です。

標準誤差 分散パラメータや共分散パラメータの推定値に対する標準誤差。

95% 下側 分散パラメータや共分散パラメータに対する両側 95% 信頼区間の下限。詳細は、「[分散成分の信頼区間](#)」(326 ページ) を参照してください。

95% 上側 分散パラメータや共分散パラメータに対する両側 95% 信頼区間の上限。詳細は、「[分散成分の信頼区間](#)」(326 ページ) を参照してください。

Wald p 値 「共分散パラメータが 0 と等しい」という検定の p 値。この列は、「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」オプションを選択した場合のみ表示されます。

分散成分の信頼区間

分散成分に対する信頼区間を計算するときに使われる方法は、「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

「固定効果のパラメータ推定値」レポートには、次のような列があります。

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

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、「[因子モデル](#)」(471 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。

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](#)」(384 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。等方性の球型モデルの場合、共分散パラメータ推定値は、レンジ、ナゲット、シルで解釈します。「[バリオグラム](#)」(382 ページ) を参照してください。

メモ: 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。

「反復効果の共分散パラメータ推定値」レポートには、次のような列があります。

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](#)」(326 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](#)」(326 ページ) を参照してください。

JMP PRO ランダム係数

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。

JMP PRO 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 Predictor) 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。

JMP PRO 固定効果の検定

このレポートには、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。

「固定効果の検定」レポートには、次のような列があります。

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](#)」(384 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。

JMP PRO 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」章の「[多重比較](#)」(115ページ)を参照してください。混合モデルの例は、「[6月におけるすべての処置の比較](#)」(346ページ)と「[分割実験モデルの例](#)」(351ページ)にあります。

[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・95%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。

JMP PRO 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。

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](#)」(329ページ)を参照してください。

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](#)」(329ページ)を参照してください。

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](#)」(330ページ)を参照してください。

JMP PRO 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、 $X\beta$ と表されます。

JMP PRO 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、 $E[\mathbf{Y}|\boldsymbol{\gamma}] = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\boldsymbol{\gamma}$ のように表します。ここで、 $\boldsymbol{\beta}$ は固定効果係数のベクトルで、 $\boldsymbol{\gamma}$ 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。

$$\mathbf{r} = \mathbf{Y} - \mathbf{X}\hat{\boldsymbol{\beta}}$$

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－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 1999）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。

JMP PRO プロファイル

「周辺モデルプロファイル」内のプロットは、周辺予測値に基づいて作成されます。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、 $E[\mathbf{Y}|\boldsymbol{\gamma}] = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\boldsymbol{\gamma}$ のように表します。ここで、 $\boldsymbol{\beta}$ は固定効果係数のベクトルで、 $\boldsymbol{\gamma}$ 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、 $\mathbf{X}\hat{\boldsymbol{\beta}}$ と表されます。

メモ:「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8.21を参照してください。曲面プロファイルの例は、図8.43を参照してください。詳細については、『プロファイル機能』の「曲面プロット」章を参照してください。

JMP PRO 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。

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](#)」(331 ページ) を参照してください。

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](#)」(331 ページ) を参照してください。

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、変量効果を含めています。「[条件付きプロファイル](#)」(332 ページ) を参照してください。

バリオグラム オブザベーション間の距離の増加にしたがって共分散がどのように変化するかを示すバリオグラムが作成されます。構造として「残差」を指定した場合は、時間的または空間的座標として使用する列を選択できます。「[バリオグラム](#)」(332 ページ) を参照してください。

JMP PRO 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、「固定効果と変量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。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。

JMP PRO 条件付き残差プロット

条件付き残差は、固定効果と変量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 は変量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 1999）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。

JMP PRO 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8.21を参照してください。曲面プロファイルの例は、図8.43を参照してください。プロファイルについてさらに詳しくは、『プロファイル機能』の「曲面プロット」章を参照してください。

JMP PRO バリオグラム

バリオグラムは、オブザベーション間の空間的または時間的な相関を距離で表したグラフで、準分散（semivariance）を距離（もしくは時間）の関数として表示します。準分散は、一定の距離（もしくは時間）だけ離れた位置にある応答値の差の分散を2分の1にしたものです。準分散が大きくなると、相関は小さくなります。つまり、特定の距離だけ離れた値の準分散が大きい場合、その距離における相関は小さくなります。

等方性の共分散構造（[AR(1)]・[空間的構造]・[空間的構造（ナゲットあり）]）を「モデルのあてはめ」ウィンドウで指定した場合、残差構造を指定した場合は、赤い三角ボタンのメニューから「バリオグラム」オプションを選択すると、バリオグラムの計算に使う連続尺度の列を選択することができます。データの空間的または時間的構造を表す列を、任意の数だけ含めることができます。

最初の「バリオグラム」レポートには、経験的準分散を距離に対してプロットしたグラフが表示されます。その他の背景や詳細については、「[先行依存共分散構造](#)」（380ページ）を参照してください。

等方性構造の準分散曲線

バリオグラムでは、等方性の共分散構造である [AR(1)]・[べき乗]・[指数]・[Gauss]・[球型] の曲線を描くことができます。等方性の空間的構造では、ナゲットありのモデルとナゲットなしのモデルの曲線を描けます。

バリオグラムの曲線は、対応するモデルの共分散パラメータ推定値から算出されます。ここで使用されている変換式については、Chiles and Delfiner (2012) および Cressie (1993) を参照してください。

経験的バリオグラムの点と、モデルに基づいて計算された曲線を比べて、選択した共分散構造がデータにあてはまっているかどうかを判断します。なお、起動ダイアログにて [残差] 構造を選択した場合も、経験的バリオグラムは描かれます。経験的バリオグラムにより、データに空間的構造が見られるかどうかを判断することができます。経験的バリオグラムの点が水平線上に並んでいるならば、それは相関が距離によって左右されないことを意味しているため、無相関構造 ([残差] 構造) が適切です。点にパターンが見られるようなら、いくつかの等方性構造のモデルをあてはめることにより、より適した反復構造を見つけられる可能性があります。

JMP PRO ナゲット

ナゲット (nugget; 塊) とは、距離がゼロの位置において、準分散がゼロではなく、ジャンプしている状態を指します。ナゲットがある場合、バリオグラムは、原点の部分においてゼロではない値となっています。距離がゼロの位置における準分散の値がナゲットです。

JMP PRO バリオグラムのオプション

AR(1) 共分散構造が AR(1) であるモデルのバリオグラムを描きます。

空間的構造 共分散構造が [指数]・[Gauss]・[べき乗]・[球型] であるモデルのバリオグラムを描きます。

空間的構造 (ナゲットあり) 共分散構造がナゲット付きの [指数]・[Gauss]・[べき乗]・[球型] であるモデルのバリオグラムを描きます。

JMP PRO 列の保存

[列の保存] メニューのオプションは、すべて、データテーブルに新しい列を追加します。

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](#)」(329 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](#)」(329 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」(332 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」(331 ページ) を参照してください。

JMP PRO 「混合モデル」手法の別例

この節では、「混合モデル」手法を用いた分析例をさらに紹介します。

JMP PRO 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（対照群）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20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。

JMP PRO 背景

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。

- 多変量分散分析（MANOVA）
- 分割実験データとみなして、一変量の分散分析（ANOVA）の枠組みで分析する方法。Huynh-Feldt (1976) の修正や、Greenhouse-Geisser (1959) の修正が適用されることもある。

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、異なった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により、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つの方法では、処置に対する検定において、検定結果が大きく異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。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。反復測定データを分析するときには、ほどよい共分散構造をモデルで用いる必要があります。

- 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。

JMP PRO 共分散構造

「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、Toeplitz分散構造と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。これらの構造は、多くの反復測定データの特徴をよく捉えていると同時に、推定するパラメータ数が少なく済みます。AR(1)は、共通の分散パラメータを仮定し、異分散Toeplitz共分散行列は、反復測定変数の単位ごとに異なる分散を推定します。「反復共分散構造の要件」（321ページ）を参照してください。

この例では、4つの共分散構造をあてはめます。観察時点数の J の値は、6です。

- 「共分散構造: 無構造」（336ページ）：「無構造」のモデルは、合計で $J(J+1)/2$ 個の共分散パラメータをすべてあてはめます。この例では、21個の共分散パラメータがあります。
- 「共分散構造: 残差」（339ページ）：「残差」モデルは、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ます。よって、全部でのパラメータ数は2個になります。
- 「共分散構造: Toeplitz」（340ページ）：異分散Toeplitz構造には、 $2J-1$ 個の共分散パラメータがあります。この例では、11個の共分散パラメータがあります。
- 「共分散構造: AR(1)」（342ページ）：このモデルには、2つの共分散パラメータがあります。1つのパラメータは分散です。もう1つのパラメータは、時間の経過に伴う共分散の変化を表します。

モデルの適合度は、AICcで評価します。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。最良の共分散構造を選択し、分析を続けます。

- 「AR(1)構造を使ったさらなる分析」（344ページ）
- 「共分散構造がAR(1)である回帰モデルの例」（350ページ）

ヒント：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。

JMP PRO データ構造

「Cholesterol.jmp」データテーブルは、反復測定データの記録によく使用される形式を取っています。「混合モデル」手法を使ってこのデータを分析するには、「Cholesterol Stacked.jmp」のようにコレステロールの測定値が1つずつ個別の行に入っていない必要があります。「Cholesterol.jmp」の形式から「Cholesterol Stacked.jmp」のようなデータを作成するため、[テーブル] > [列の積み重ね] を用いました。

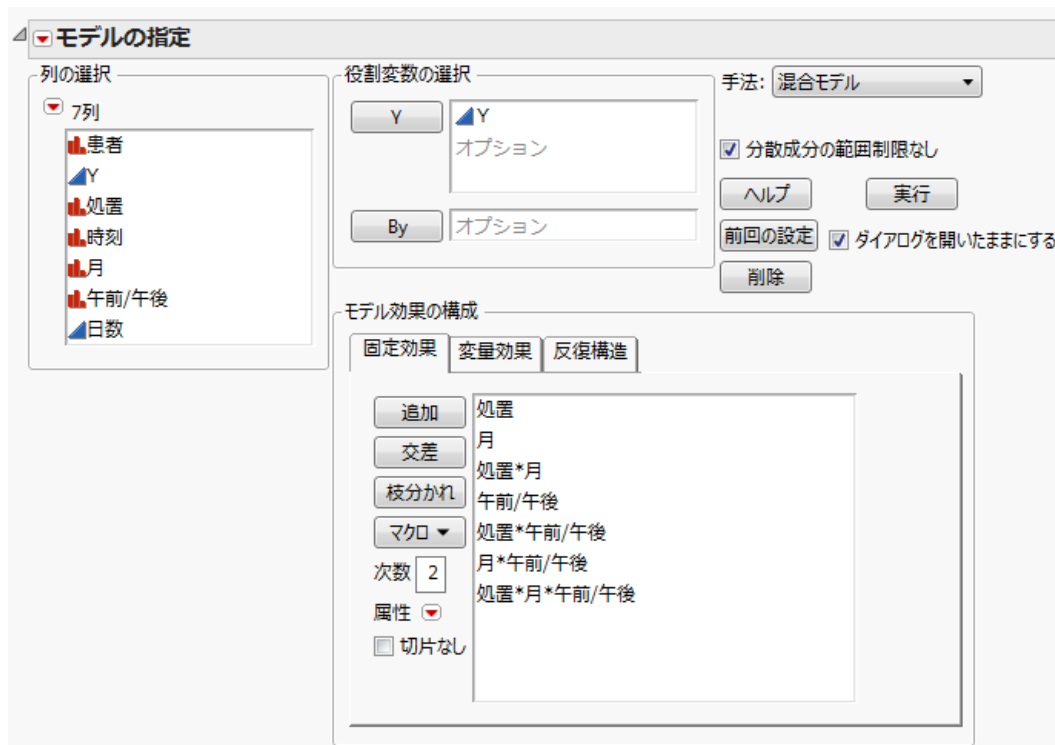
積み重ねたデータテーブルの「日数」列では、実験の開始日から測定日までの経過日数が、計算式によって算出されています。この列は連続尺度になっています。共分散構造としてAR(1)を使う場合、時点を表す列は連続尺度でなければなりません。

JMP PRO 共分散構造: 無構造

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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「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8.12 「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



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。

メモ：「無構造」の共分散モデルでは、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と、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の値を組み合わせることにより、一意なIDの列を作成しても構いません。

図8.13 「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
▼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

反復における共分散構造

構造 無構造

反復 時刻

個体 患者
オプション

11. **[実行]** をクリックします。

図8.14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8.14 「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

JMP PRO 共分散構造: 残差

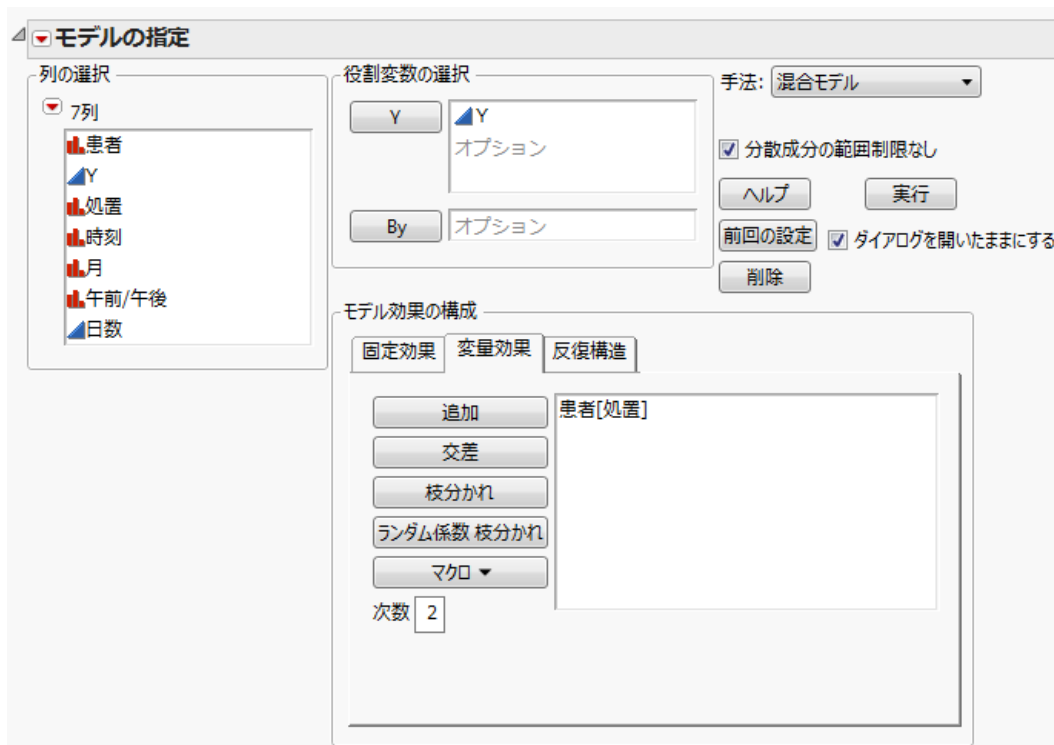
分割実験モデルをあてはめる際は、患者の列を変数効果に指定し、共分散構造に「残差」を指定します。

1. 「共分散構造: 無構造」(336 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. 「変数効果」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. 変数効果の領域で「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8.15 「モデルのあてはめ」起動ウィンドウの「変数効果」タブでの指定



7. 【実行】 をクリックします。

図8.16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。

図8.17 「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

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

反復における共分散構造

構造 Toeplitz 異分散

反復 時刻

個体 患者

オプション

7. **【実行】** をクリックします。

図8.18 「混合モデルのあてはめ」レポート - Toeplitz 異分散構造

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	659.09915			
(-2)*対数尤度	688.0296			
AICc	788.0296			
BIC	855.59181			
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
Toeplitz相関(1)	0.6230217	0.0856378	0.4551747	0.7908686
Toeplitz相関(2)	0.2555838	0.1463237	-0.031205	0.5423729
Toeplitz相関(3)	0.0962019	0.1887856	-0.273811	0.4662148
Toeplitz相関(4)	-0.111205	0.2248555	-0.551914	0.3295036
Toeplitz相関(5)	0.2427324	0.1955546	-0.140547	0.6260123
分散(April AM)	17.552947	6.9777936	3.8767226	31.229171
分散(April PM)	24.652697	8.3214652	8.3429246	40.962469
分散(May AM)	73.951076	25.930492	23.128246	124.77391
分散(May PM)	63.667559	21.766641	21.005726	106.32939
分散(June AM)	69.455999	22.577507	25.204897	113.7071
分散(June PM)	52.486239	19.170351	14.913041	90.059437
固定効果のパラメータ推定値				
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	14.1	230.25237 <.0001*
月	2	2	23.7	363.85894 <.0001*
処置*月	6	6	26.2	134.01821 <.0001*
午前/午後	1	1	5.2	106.7295 0.0001*
処置*午前/午後	3	3	5.2	0.1874705 0.9007
月*午前/午後	2	2	26.9	0.0367072 0.9640
処置*月*午前/午後	6	6	34.6	0.0347311 0.9998

メモ: JMPの「混合モデル」手法は相関、SASのPROC MIXEDは共分散をレポートします。

「適合度統計量」レポートを見ると、「Toeplitz 異分散構造」モデルのAICcは788.03です。この数値を、「残差」モデルの832.55と「無構造」モデルの703.84と比べてみましょう。

「Toeplitz 異分散」構造では、11個の共分散パラメータの推定値を計算しなければなりません。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。Toeplitz相関の推定値に続き、各時点の分散推定値が表示されます。この行列がどのようにパラメータ化されるかについては、「反復測定」(376ページ)を参照してください。

JMP PRO 共分散構造: AR(1)

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。

- 「共分散構造: 無構造」(336ページ)の手順1から手順6までを行います。
- 前の例から続けて分析を行う場合は、「反復」ボックスで「時刻」を選択し、「削除」をクリックします。

AR(1)では、「反復」する値が連続尺度の変数でなければなりません。

3. 「構造」リストから、[AR(1)] を選択します。
4. 「日数」を選択し、[反復] をクリックします。

図8.19 「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

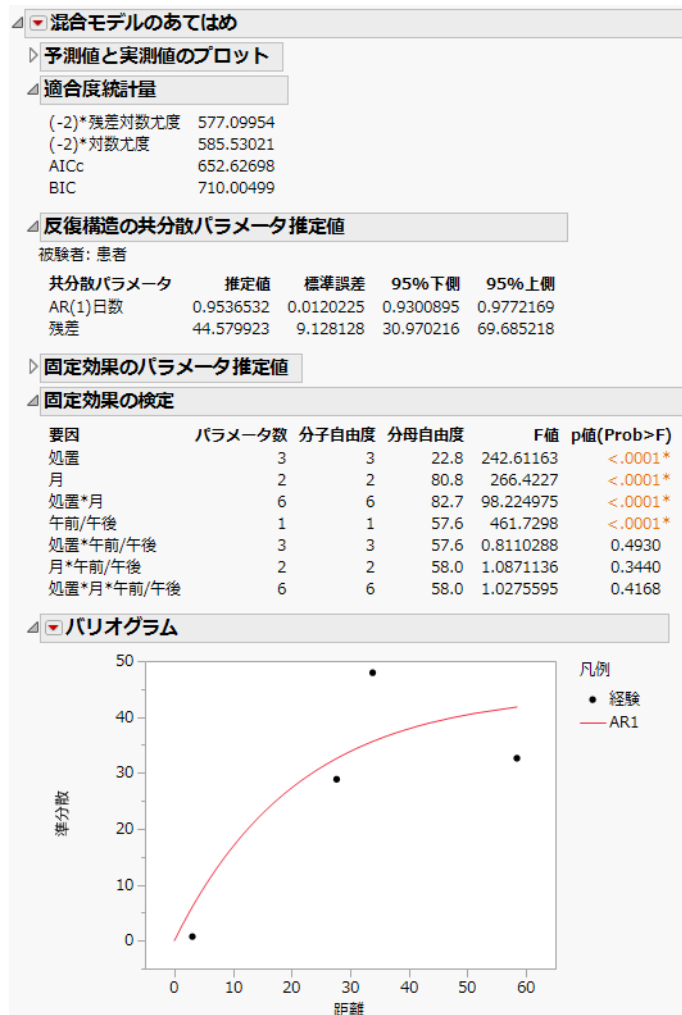
5. [実行] をクリックします。

図8.20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)」モデルのAICcは652.63です。この数値を、「残差」モデルの832.55と「無構造」モデルの703.84、「Toeplitz 異分散」モデルの788.03と比較しましょう。AICc 基準に基づくと、4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。

バリオグラムには、経験的準分散と AR(1) モデルの曲線が表示されます。「日数」に、ゼロでない値が5つしかないため、距離が4つしか測定できず、点も4つしか表示されません。AR(1) 構造は、適切だと考えられます。他の構造について調べるには、「バリオグラム」の赤い三角メニューからオプションを選択します。「バリオグラム」のオプションの詳細については、「バリオグラム」(332ページ)を参照してください。

図8.20 「混合モデルのあてはめ」レポート - AR(1)の共分散構造



JMP PRO AR(1) 構造を使ったさらなる分析

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。ここでは、これらの有意な効果について調べます。

1. 「混合モデル」の赤い三角ボタンをクリックし、[周辺予測値プロット] > [プロファイル] を選択します。
「周辺モデルプロファイル」レポート (図8.21) では、「処置」、「月」、「午前/午後」をさまざまに設定した場合のコレステロール (Y) への効果が確認できます。

- 「月」のプロットで、赤い縦の点線を「April」から「May」へ、次に「June」へとドラッグしてみましょう。
「AM」におけるYの平均予測値は、「April」の277.4から「June」の177.7へと下がります。
- 「処置」のプロットで、赤い縦の点線を「A」から「B」へとドラッグします。
「月」のプロットで点線を「April」から「June」へとドラッグすると、処置が「B」の場合の「AM」におけるYの平均予測値が「April」の276.8から「June」の191.2へと下がることがわかります。
- 「処置」のプロットで、縦の点線を「Control」（コントロール）へ、そして「Placebo」（プラセボ）へとドラッグします。
「処置」が「Control」や「Placebo」の場合には、時間が経っても、コレステロールは減少しません（図8.22）。次に、「午前/午後」の効果を調べます。
- 赤い縦線をドラッグすることで、「処置」と「月」をすべての水準の組み合わせに設定します。
12個の組み合わせすべてで、午前より午後の方が常にコレステロールが高く、主効果の存在が示唆されます。

5月においては、処置「A」の方が、処置「B」よりもコレステロールが低くなっているようです。もしこの差が統計的に有意であるなら、5月においては、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「6月におけるすべての処置の比較」（346ページ）では、6月における各処置の平均を比較しています。

図8.21 処置A群の周辺プロファイル

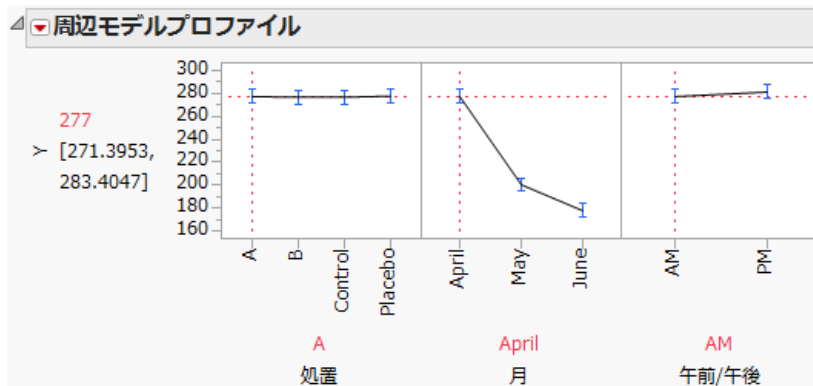
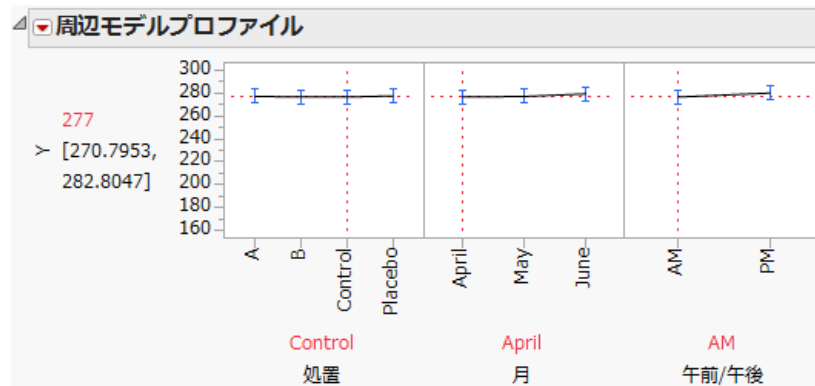


図8.22 コントロール群の周辺プロファイル



6月におけるすべての処置の比較

調査は、4～6月の3ヶ月にわたって行われました。ここでは、6月の午後の測定値に対し、処置が与える影響を調べます。

1. 「混合モデルのあてはめ」の赤い三角ボタンをクリックし、[多重比較]を選択します。
 2. 「推定値の種類」リストから[ユーザ定義の推定値]を選択します。
 3. 「処置の水準を選択」パネルで、4つの処置をすべて選択します。
 4. 「月の水準を選択」パネルで、「June」を選択します。
 5. 「午前/午後の水準を選択」パネルで、「PM」を選択します。
 6. [推定値の追加]をクリックします。
 7. 「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。
- 「多重比較」ウィンドウは図8.23のようになります。

図 8.23 「多重比較」ウィンドウで設定を終えたところ

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

処置の水準を選択

A
B
Control
Placebo

月の水準を選択

April
May
June

午前/午後的水準を選択

AM
PM

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

処置	月	午前/午後
A	June	PM
B	June	PM
Control	June	PM
Placebo	June	PM

比較の選択

☐ 全体平均との比較 - ANOM

☐ コントロール群との比較 - Dunnett

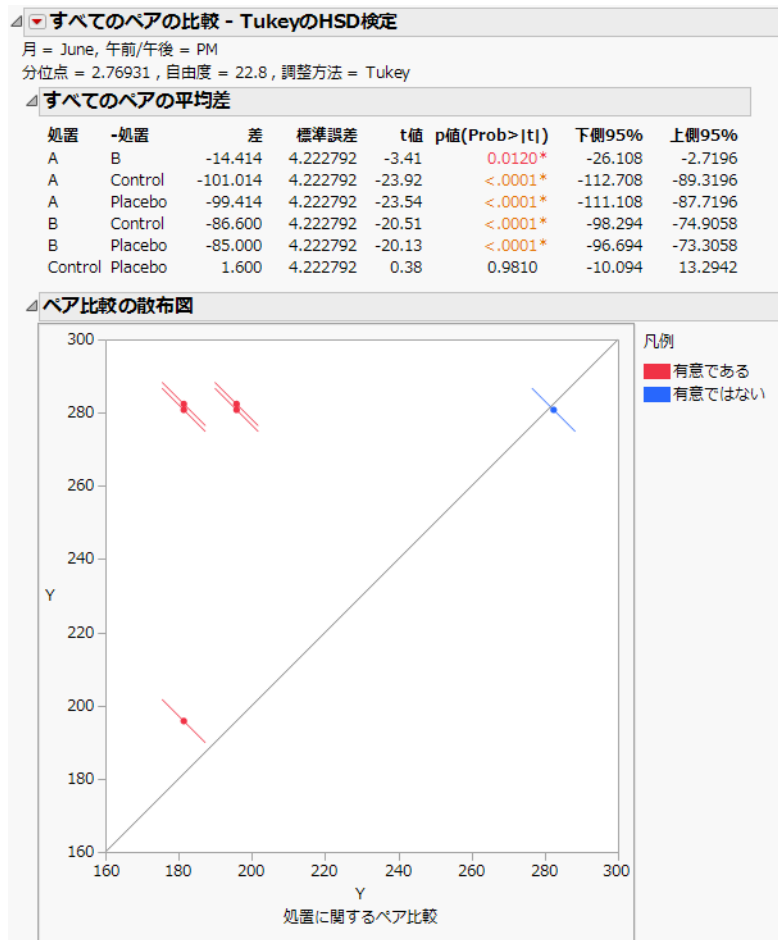
☒ すべてのペアの比較 - TukeyのHSD検定

☐ 各ペアの比較 - Studentのt検定

OK キャンセル ヘルプ

8. [OK] をクリックします。

図8.24 6月の午後のすべての処置に対する「すべてのペアの比較 - TukeyのHSD検定」レポート



「すべてのペアの比較 - TukeyのHSD検定」レポートには、「すべてのペアの平均差」レポートと「ペア比較の散布図」が表示されます。「June」の「PM」においては、「Control」と「Placebo」を除くすべての処置が有意に異なっています。

処置「A」と「B」の差について検討してみましょう。平均の差は-14.414、信頼区間は-26.108～-2.7196です。6月午後では、処置「A」のコレステロール値は、処置「B」よりも、2.7～26.1低くなっていると結論できます。また、処置「A」と「B」は、どちらも「Control」および「Placebo」に比べて効果が大きいことがわかります。

同等性の検定

さて、別の研究者は、平均における3ポイント以下の違いは実質的にはないも同然であると考えています。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。

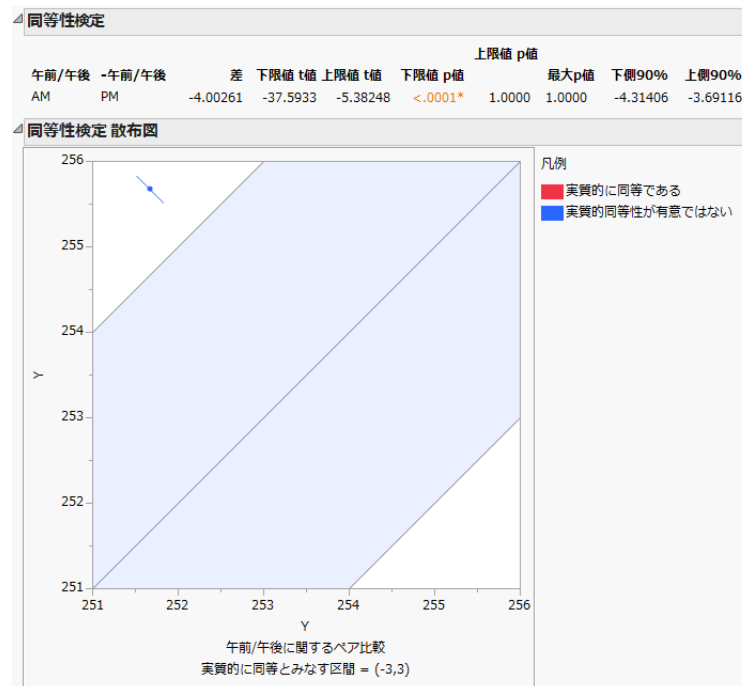
1. 「混合モデルのあてはめ」の赤い三角ボタンメニューから**【多重比較】**を選択します。
2. 「効果の選択」リストから、「午前/午後」を選択します。
3. 「比較の選択」リストで**【すべてのペアの比較 - TukeyのHSD検定】**もしくは**【各ペアの比較 - Studentのt検定】**を選択します。
4. **【OK】**をクリックします。

レポートを見ると、午前と午後の平均差は4.00261となっており、3.0を超えています。これは統計的には有意な差ですが、実質的な差とそうでない差の境目である3ポイントを、十分に上回っていると言えるのでしょうか。

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」から、-4.00261ポイントの差が、境目である3ポイントを十分に上回っていることがわかります。つまり、この差は、実質的に意味のある差と言えます。

図8.25 「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」



メモ: 同等性検定は、「真の差は、-3を下回るか、3を上回る」という帰無仮説を検定する2つの片側検定で構成されます。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-3と3の間にあり、グループには実質的に差がない」とみなされます。

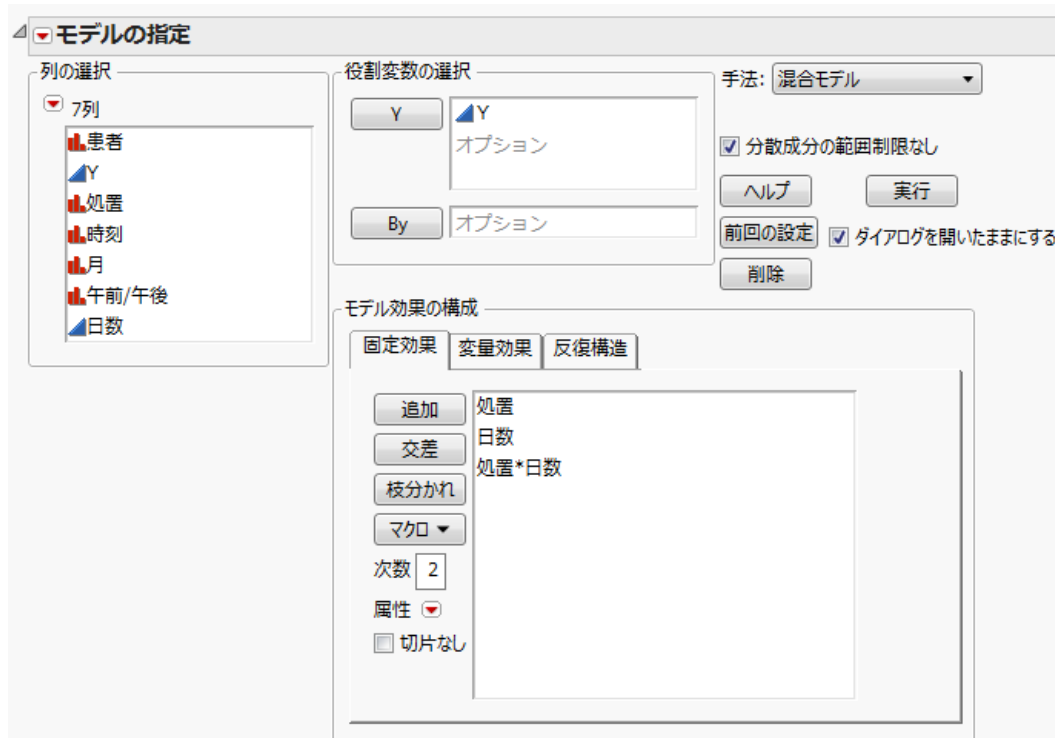
JMP PRO 共分散構造がAR(1)である回帰モデルの例

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、4つの共分散構造を比較しました（なお、共分散構造に「無構造」を指定する場合には、時点の列が名義尺度になっていなければいけません）。そして、共分散構造としてAR(1)構造が良いと判断して、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: Toeplitz」（340ページ）の手順1～手順6の手順を行い、「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8.26 「モデルのあてはめ」起動ウィンドウの「固定効果」タブ



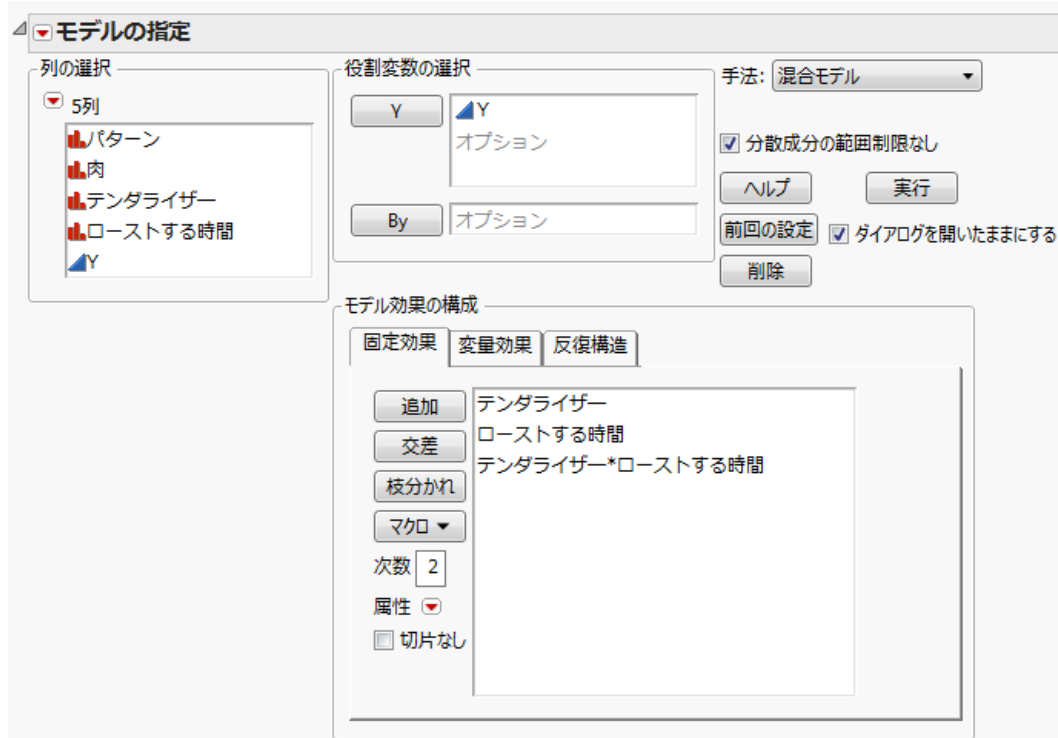
「Split Plot.jmp」サンプルデータは、テンダライザー（柔化剤）とロースト時間の効果について調査したデータです。ある精肉工場において、まず、6つの枝肉が無作為に抽出されました。続いて、各枝肉は、さらに3つの塊に分割されました。そして、分割された3つの塊に対して、3種類の柔化処理（テンダライジング処理）のいずれかが無作為に割り付けられました。その後、オープンで加熱した後、肉の中心部に近いから、4個所をくりぬいて測定します。

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。同様にして、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。

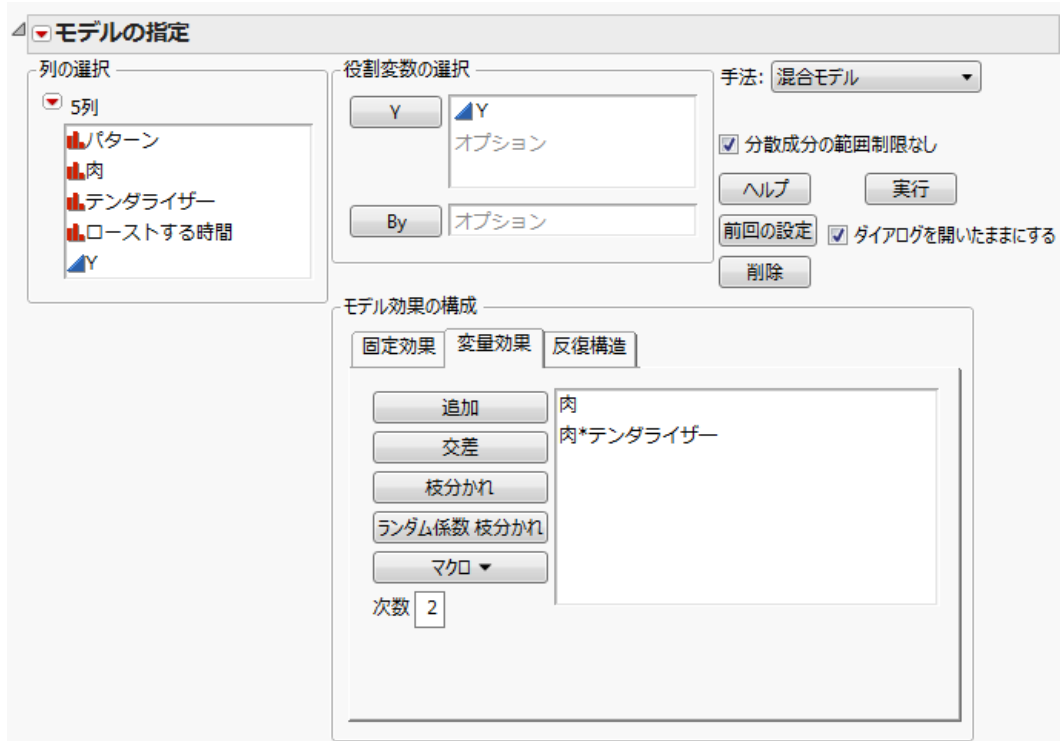
1. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Split Plot.jmp」を開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「Y」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「手法」リストから [混合モデル] を選択します。
5. 「テンダライザー」と「ローストする時間」を選択して、[マクロ] > [完全実施要因] を選択します。

図8.28 「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8.29 「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

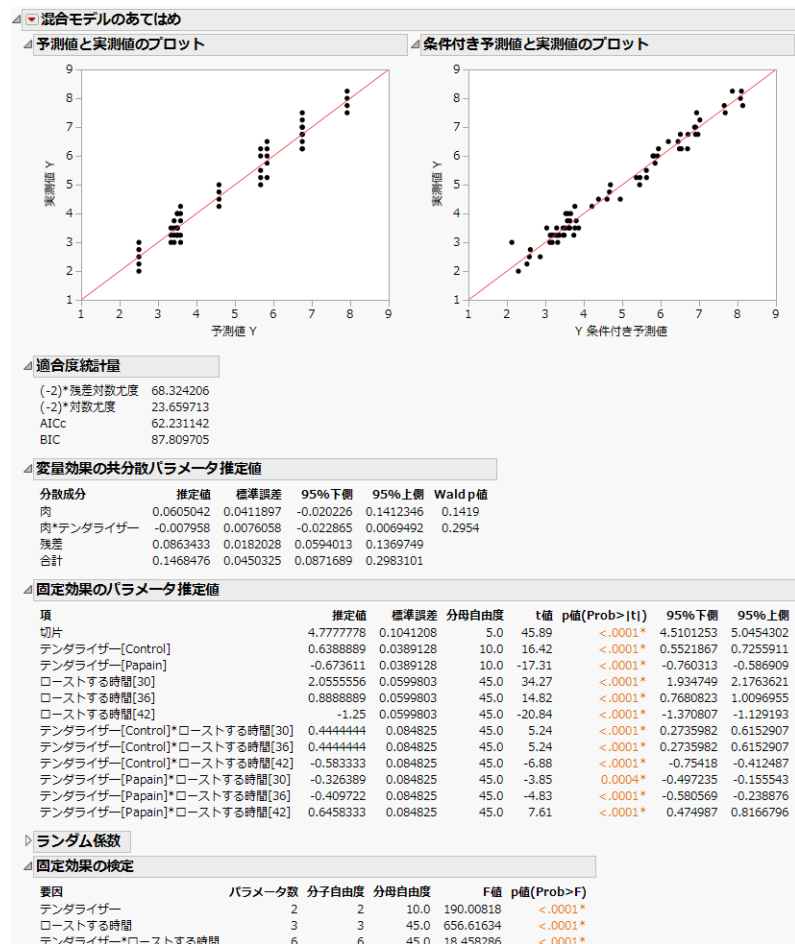


9. [実行] をクリックします。

図8.30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 8.30 「混合モデルのあてはめ」レポート



デ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8.32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ソと酢の差のほとんど、有意になっています。パパイソのほうが、酢よりも優れたテンダライザー（柔化剤）であると言えますようです。

図8.32 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	7.916667	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

JMP PRO 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。8×8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。（Littell et al., 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。「空間的相関構造」（382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。

JMP PRO 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。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。

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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Uniformity Trial.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」を選択して「反復」をクリックします。

図8.33 「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
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

個体 オプション

10. [実行] をクリックします。

図8.34 「混合モデルのあてはめ」レポート - Spatial 球型

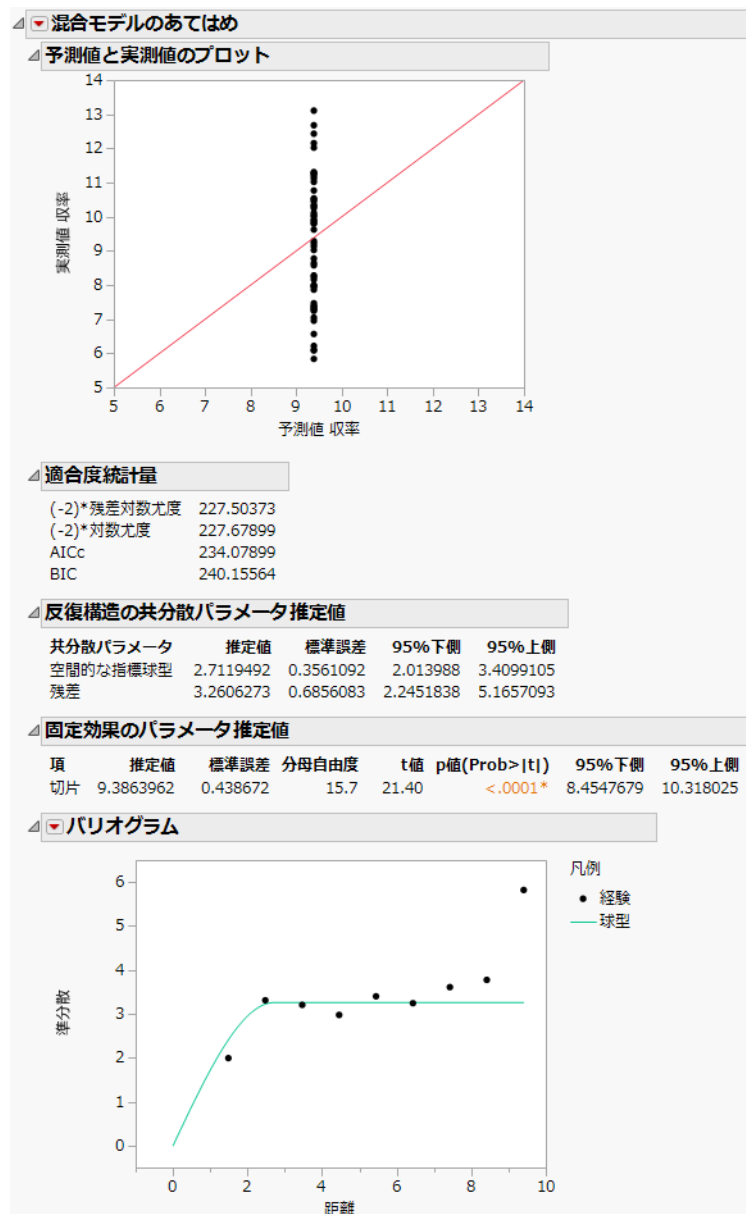


図8.34のような「混合モデルのあてはめ」レポートが表示されます。「予測値と実測値のプロット」を見ると、予測値は1つの値しか取っていません。これは、切片だけの空間モデルがあてはめられたからです。「適合度統計量」レポートを見ると、「(-2)*対数尤度」は227.68で、AICcは234.08になっています。

等方性の空間構造があてはめられたため、バリオグラムが表示されます。実験は 8×8 のグリッドに配置されるため、近い距離の方が遠い距離よりも点のペアが多くなります。配置については、図8.38を参照してください。「バリオグラム」を見ると、およそ8.4までの距離には空間的球型構造が最適であることがわかります。なお、最後の距離における経験的バリオグラムの計算では、最も遠い対角方向に位置している、2つのペアしか使われていません。

「反復構造の共分散パラメータ推定値」レポートには、レンジの推定値（空間的球型=2.71）とシルの推定値（残差=3.26）が表示されています。「[バリオグラム](#)」（382ページ）を参照してください。

JMP PRO 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。空間モデルでは、「(-1)*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。

JMP PRO 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。

JMP PRO 共分散構造の選択

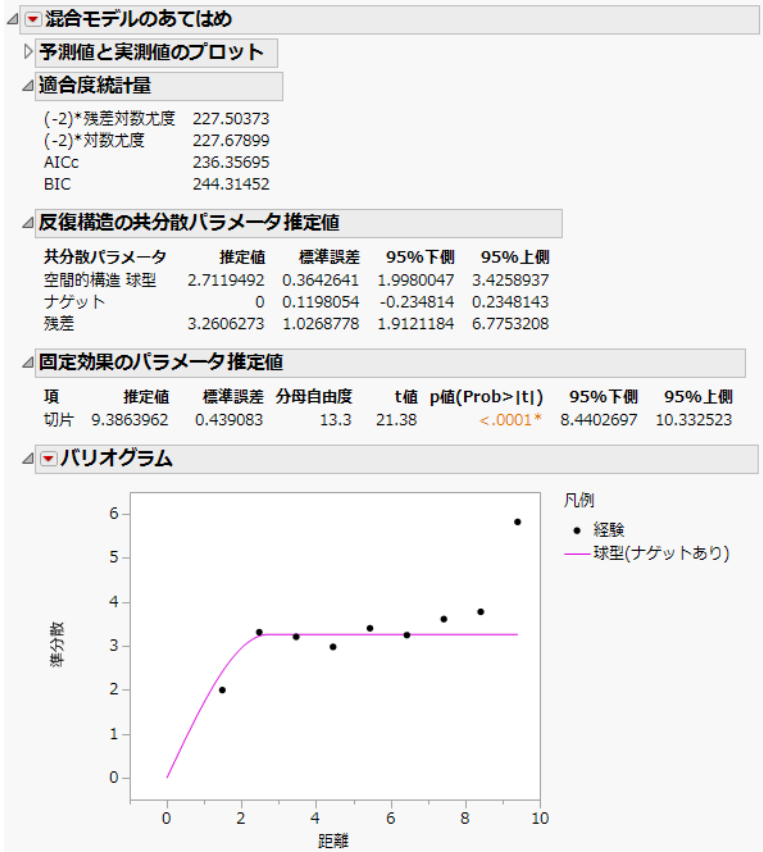
続いて、次のような空間的共分散構造のなかから、データに最も良くあてはまるものを選択しましょう。

- 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8.35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な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8.35 「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



- 2つのバリオグラムは、ほぼ同じです。これも、ナゲット効果が存在するという証拠がないことを示します。
- 「モデルのあてはめ」起動ウィンドウに戻ります。
 - 「反復構造」タブを選択します。
 - 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。
 - 「種類」リストから「球型」を選択します。
 - 「実行」をクリックします。

図8.37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、異方性の球型モデルは良くないようです（AICcは234.08に対して240.54）。「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8.37 「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

JMP[®] PRO 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。

- 「モデルのあてはめ」起動ウィンドウに戻ります。
- 「反復構造」タブを選択します。
- 「行」と「列」を選択して「反復」をクリックします。
- 「構造」リストから、「空間的構造」を選択します。
- 「種類」リストから「べき乗」を選択します。

- 6. **〔実行〕** をクリックします。
モデルの AICc と BIC の値を確認してください。
 - 7. 「モデルのあてはめ」起動ウィンドウに戻ります。
 - 8. 「種類」リストから **〔指数〕** を選択します。
 - 9. **〔実行〕** をクリックします。
モデルの AICc と BIC の値を確認してください。
 - 10. 「モデルのあてはめ」起動ウィンドウに戻ります。
 - 11. 「種類」リストから **〔Gauss〕** を選択します。
 - 12. **〔実行〕** をクリックします。
モデルの AICc と BIC の値を確認してください。
- そうして得られた AICc と BIC を表 8.2 に示します。

表 8.2 空間モデルのモデル比較規準

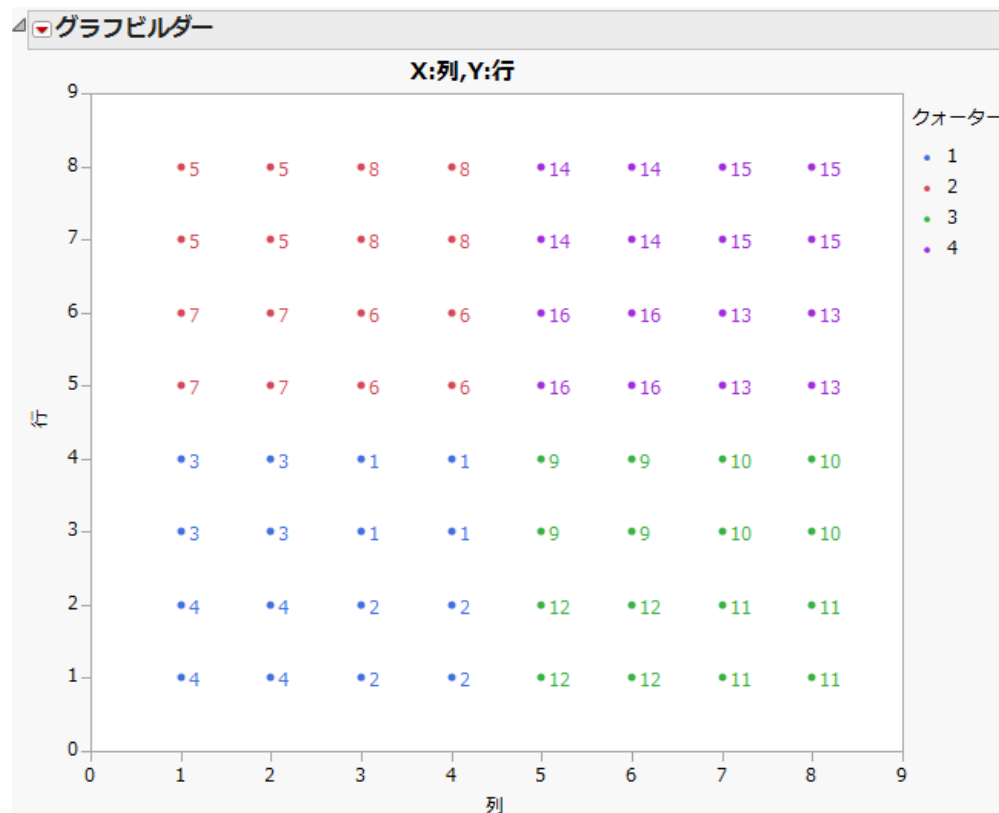
構造	種類	AICc	BIC
空間的構造	球型	234.08	240.16
残差		258.41	262.53
空間的構造（ナゲットあり）	球型	236.36	244.31
空間的異方性	球型	240.54	248.50
空間的構造	べき乗	240.24	246.32
空間的構造	指数	240.24	246.32
空間的構造	Gauss	238.37	244.44

最も良いモデル（AICc 値が最小）は、**〔球型〕** の共分散構造を持った空間的構造モデルです。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。

JMP PRO 空間モデルと乱塊法モデルとの比較

- 1. 「Uniformity Trial」データテーブルに戻ります。
- 2. 「Uniformity Trial」パネルで「グラフビルダー」スクリプトを実行します。

図8.38 試験場のブロック



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ているブロックは、色によって分けられているブロックをさらに細かくしており、全部で16個のブロックになっています。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。

完備型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。

不完備型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. **【変量効果】** タブをクリックします。
3. 「**クォーター**」を選択し、**【削除】** をクリックします。
4. 「**サブクォーター**」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。

次のリストは、空間モデルと乱塊法モデルの AICc と BIC を示します。AICc や BIC で見る限り、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。

- 球型モデル（「[共分散構造の決定](#)」（363 ページ））
 - AICc: 234.08
 - BIC: 240.16
- 完備型乱塊法（RCBD）モデル
 - AICc: 259.90
 - BIC: 265.97
- 不完備型乱塊法モデル
 - AICc: 248.77
 - BIC: 254.85

JMP PRO 相関がある応答の例

この例では、ウエハー生産において、2つのレイアウトが及ぼす影響について調べます。50個のウエハーを4つに分割し、各四分円で特性を測定しました。このような場合、1ウエハーでの反復測定データを、データテーブルの1行に記録するのが普通です。また、応答変数ごとに個別のモデルを使って分析することが多いです。しかし、1つのウエハーに対して測定値を反復測定しているので、それらの測定値には相関がある可能性が高いです。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。

反復測定データの「混合モデル」分析を行うには、応答値がそれぞれ個別の行に入っていない必要があります。すべての応答値が同じ行に入っている場合は、**【テーブル】 > 【列の積み重ね】** を使って「混合モデル」分析に適したデータテーブルを作成する必要があります。詳細は、『JMPの使用法』の「データの再構成」章を参照してください。

この例では、まず通常の形式のデータテーブルを使って一変量のモデルをあてはめます。その後、[混合モデル] 手法を使い、応答間に相関がある可能性を考慮しながら4つの応答にモデルをあてはめます。

一変量モデルのあてはめ

[標準最小2乗] を使い、4つの四分円のそれぞれに一変量のモデルをあてはめます。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Wafer Quadrants.jmp」を開きます。

このデータテーブルは、[混合モデル] 手法での分析に合わせて作成されているため、それぞれの「四分円」のそれぞれの「Y」に対し1つの行が割り当てられています。一変量分析を行うには、保存されているスクリプトを使ってテーブルを分割する必要があります。

2. 「Wafer Quadrants.jmp」データテーブルで、「四分円でYを分割」スクリプトの緑色の三角ボタンをクリックします。

新しいデータテーブルは、反復測定データの記録によく使われる形式です。「ウエハー ID」の値ごとに行が分かれ、そのウエハーの4つの測定値がすべて行に含まれています。

3. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。

データテーブルに「Model」スクリプトが保存されているので、「モデルの指定」ウィンドウに自動的に効果が設定されます。「High, High」から「Low, Low」までの列が[Y]に設定され、「レイアウト」が唯一のモデル効果として入力されています。

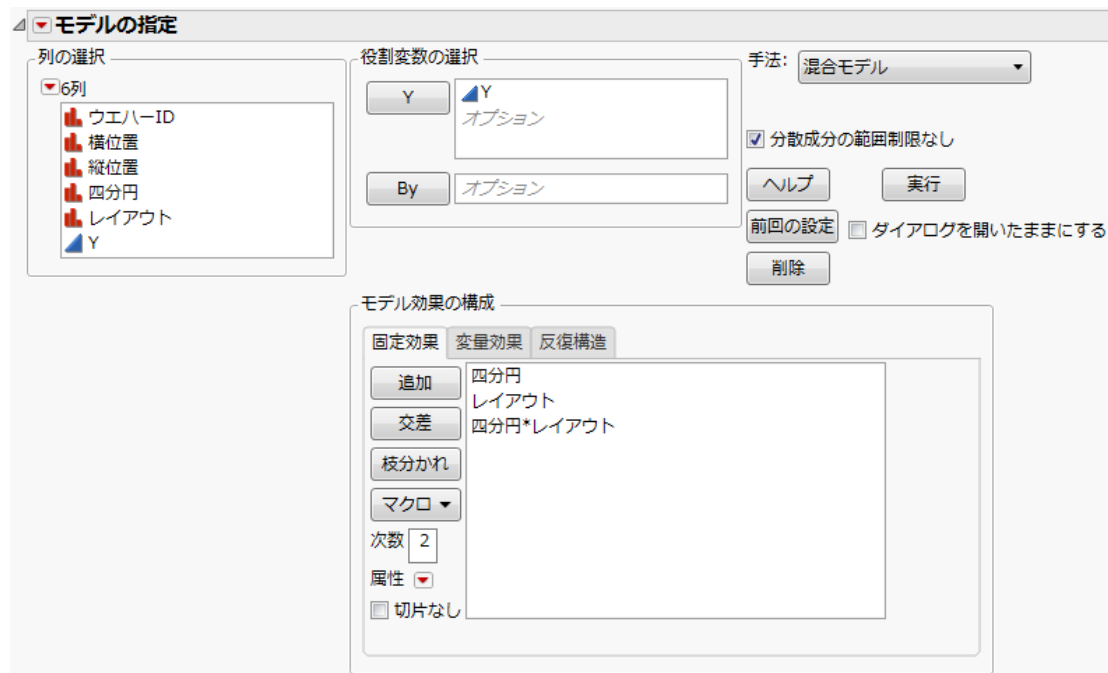
4. [実行] をクリックします。

JMP PRO 混合モデル分析の実行

「混合モデル」分析を使用すれば、より多くの情報を得ることができます。

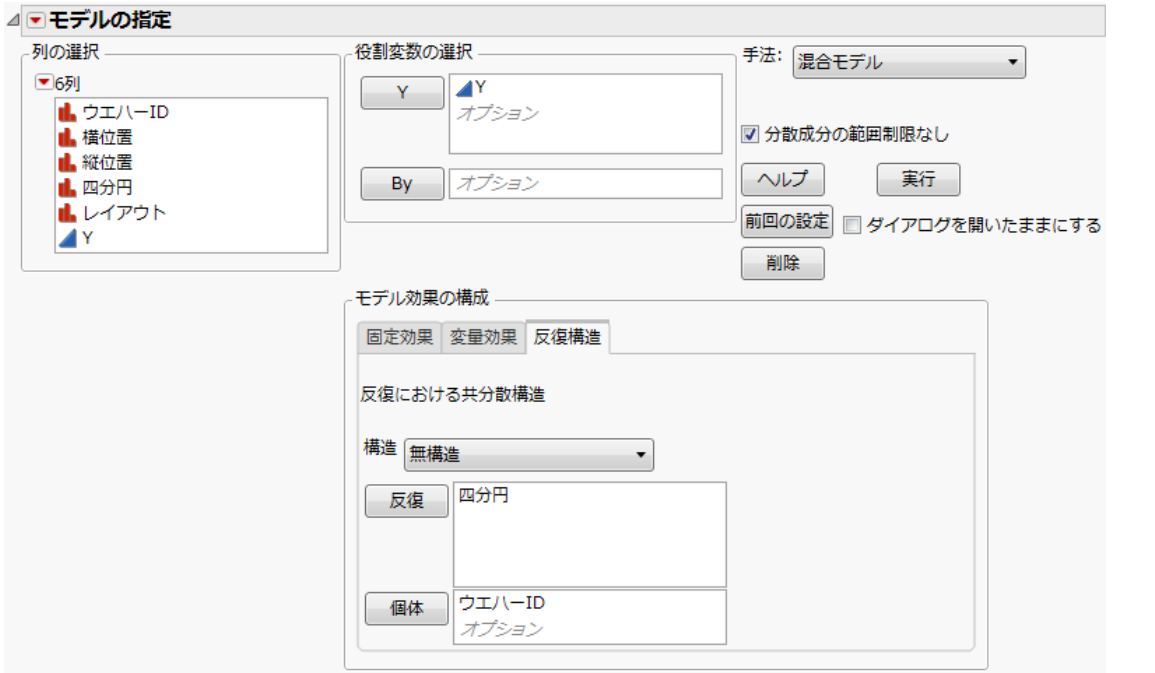
1. 「Wafer Quadrants.jmp」に戻りましょう。閉じてしまった場合は、[ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Wafer Quadrants.jmp」を開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「Y」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「手法」リストから [混合モデル] を選択します。
5. 「列の選択」リストで「四分円」と「レイアウト」を選択し、[マクロ] > [完全実施要因] を選択します。
このようにモデルを指定すると、「レイアウト」が反復測定データに及ぼす影響だけでなく、「レイアウト」と「四分円」の交互作用も調べることができます。

図8.40 「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. [反復構造] タブを選択します。
7. 「構造」リストから、[無構造] を選択します。
8. 「四分円」を選択し、[反復] をクリックします。
9. 「ウェハー ID」を選択し、[個体] をクリックします。

図8.41 「モデルのあてはめ」起動ウィンドウの「反復構造」タブ



10. [実行] をクリックします。

図8.42 「混合モデルのあてはめ」レポートと「固定効果のパラメータ推定値」レポート（閉じた状態）

反復構造の共分散パラメータ推定値				
反復構造: 四分円				
被験者: ウエハーID				
共分散パラメータ	推定値	標準誤差	95%下側	95%上側
Var(High, High)	19.835702	4.0489457	11.899914	27.77149
Cov(High, Low,High, High)	0.0111321	2.5624804	-5.011237	5.0335013
Var(High, Low)	15.889659	3.2434631	9.5325884	22.24673
Cov(Low, High,High, High)	15.893138	6.3915311	3.3659676	28.420309
Cov(Low, High,High, Low)	1.0055411	5.3413847	-9.463381	11.474463
Var(Low, High)	86.121899	17.579559	51.666597	120.5772
Cov(Low, Low,High, High)	14.723606	7.7996739	-0.563474	30.010686
Cov(Low, Low,High, Low)	8.0424897	6.8163252	-5.317262	21.402242
Cov(Low, Low,Low, High)	2.1512894	15.640276	-28.50309	32.805667
Var(Low, Low)	136.28412	27.81888	81.76012	190.80813

固定効果のパラメータ推定値				
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)
四分円	3	3	46.0	149.21352 <.0001*
レイアウト	1	1	48.0	51.757797 <.0001*
四分円*レイアウト	3	3	46.0	22.379307 <.0001*

「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。「Low, High」と「High, High」の共分散の信頼区間は、ゼロを含んでいません。これは、「これ

ら2つの四分円の測定値の間には、正の共分散がある」ことを示唆しています。このような情報は、「混合モデル」分析では得ることができますが、応答を個別にモデル化した場合には得られません。

「固定効果の検定」レポートを見ると、「レイアウト」と「四分円」の間に有意な交互作用があることがわかります。

JMP PRO プロファイルを使って「レイアウト」と「四分円」の交互作用を探索する

1. 「混合モデルのあてはめ」の赤い三角ボタンをクリックし、[周辺予測値プロット] > [プロファイル] を選択します。
2. 「プロファイル」プロットで各四分円での「Y」の予測値を比較するため、赤い縦の点線をまずレイアウト「A」の位置に置き、次にレイアウト「B」に移動させます。

図8.43 レイアウト「A」の四分円のプロファイル

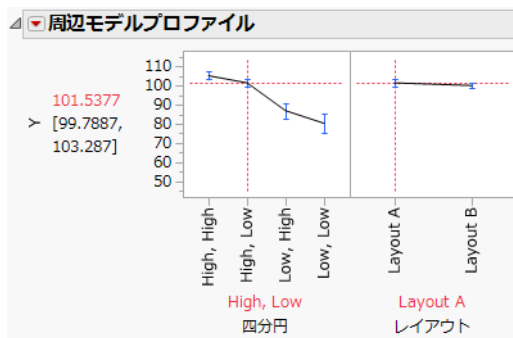
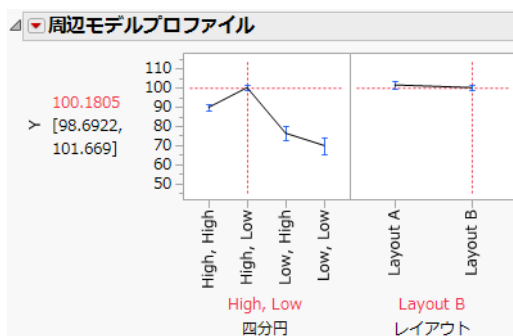


図8.44 レイアウト「B」の四分円のプロファイル



「レイアウト」の各設定値におけるプロファイルを比較すると、有意な交互作用に関する情報が得られます。「High, High」の四分円での差が交互作用に部分的に影響しているようです。

3. 「混合モデルのあてはめ」の赤い三角ボタンをクリックし、[多重比較] を選択します。
4. 「効果の選択」リストから、「四分円*レイアウト」を選択します。
5. [すべてのペアの比較 - TukeyのHSD検定] をオンにします。

6. [OK] をクリックします。

図8.45 すべてのペアの比較

すべてのペアの比較 - TukeyのHSD検定										
分位点 = 3.17441, 自由度 = 46.0, 調整方法 = Tukey-Kramer										
すべてのペアの平均差										
四分円	レイアウト	-四分円	-レイアウト	差	標準誤差	t値	p値(Prob> t)	下側95%	上側95%	
High, High	Layout A	High, High	Layout B	15.5444	1.276145	12.18	<.0001*	11.4934	19.5954	
High, High	Layout A	High, Low	Layout A	3.7712	1.303897	2.89	0.0978	-0.3679	7.9103	
High, High	Layout A	High, Low	Layout B	5.1284	1.221670	4.20	0.0028*	1.2504	9.0065	
High, High	Layout A	Low, High	Layout A	18.3621	1.879353	9.77	<.0001*	12.3963	24.3279	
High, High	Layout A	Low, High	Layout B	29.0509	1.978453	14.68	<.0001*	22.7705	35.3314	
High, High	Layout A	Low, Low	Layout A	24.9685	2.456019	10.17	<.0001*	17.1721	32.7649	
High, High	Layout A	Low, Low	Layout B	35.4883	2.375712	14.94	<.0001*	27.9468	43.0298	
High, High	Layout B	High, Low	Layout A	-11.7731	1.200267	-9.81	<.0001*	-15.5833	-7.9630	
High, High	Layout B	High, Low	Layout B	-10.4159	1.109568	-9.39	<.0001*	-13.9382	-6.8937	
High, High	Layout B	Low, High	Layout A	2.8177	2.187472	1.29	0.8986	-4.1262	9.7616	
High, High	Layout B	Low, High	Layout B	13.5066	1.599260	8.45	<.0001*	8.4299	18.5833	
High, High	Layout B	Low, Low	Layout A	9.4241	2.678378	3.52	0.0204*	0.9219	17.9264	
High, High	Layout B	Low, Low	Layout B	19.9439	2.089981	9.54	<.0001*	13.3095	26.5784	
High, Low	Layout A	High, Low	Layout B	1.3572	1.142178	1.19	0.9313	-2.2685	4.9829	
High, Low	Layout A	Low, High	Layout A	14.5909	2.182184	6.69	<.0001*	7.6637	21.5180	
High, Low	Layout A	Low, High	Layout B	25.2797	1.930381	13.10	<.0001*	19.1519	31.4075	
High, Low	Layout A	Low, Low	Layout A	21.1973	2.545667	8.33	<.0001*	13.1163	29.2783	
High, Low	Layout A	Low, Low	Layout B	31.7171	2.335830	13.58	<.0001*	24.3022	39.1319	
High, Low	Layout B	Low, High	Layout A	13.2337	2.156145	6.14	<.0001*	6.3892	20.0781	
High, Low	Layout B	Low, High	Layout B	23.9225	1.856958	12.88	<.0001*	18.0278	29.8172	
High, Low	Layout B	Low, Low	Layout A	19.8401	2.652855	7.48	<.0001*	11.4188	28.2613	
High, Low	Layout B	Low, Low	Layout B	30.3599	2.166268	14.01	<.0001*	23.4832	37.2365	
Low, High	Layout A	Low, High	Layout B	10.6888	2.659091	4.02	0.0049*	2.2478	19.1299	
Low, High	Layout A	Low, Low	Layout A	6.6064	3.222713	2.05	0.4613	-3.6238	16.8366	
Low, High	Layout A	Low, Low	Layout B	17.1262	2.966563	5.77	<.0001*	7.7091	26.5433	
Low, High	Layout B	Low, Low	Layout A	-4.0824	3.075620	-1.33	0.8836	-13.8457	5.6808	
Low, High	Layout B	Low, Low	Layout B	6.4373	2.742409	2.35	0.2914	-2.2682	15.1429	
Low, Low	Layout A	Low, Low	Layout B	10.5198	3.345022	3.14	0.0538	-0.0987	21.1382	

作成されたレポートからは、「レイアウト」と「四分円」の組み合わせに見られる有意な差をすべて特定することができます。差が有意でない比較の p 値は、「 p 値 (Prob>|t|)」の列で黒字で表示されます。

多くの比較で統計的に有意な差が検出されていますが、7つの比較には有意な差が見られません。「High, Low」の四分円における「レイアウト」の比較に有意な差がないことは、一変量分析から予想されたとおりです。しかし、「Low, Low」の四分円における「レイアウト」の比較も、0.05の有意水準において有意な差がありませんが、一変量分析では0.0028の有意水準において有意な差がありました。

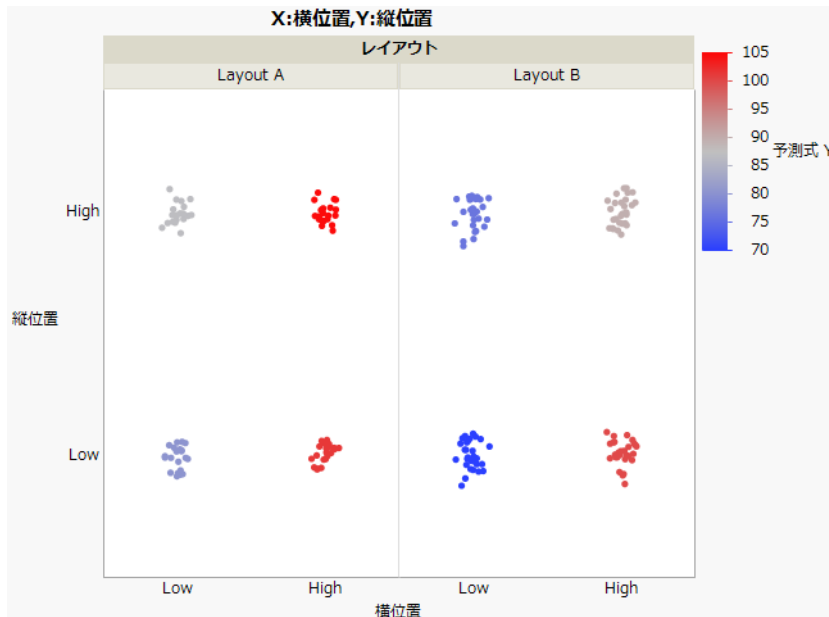
JMP PRO 「レイアウト」と「四分円」のYのプロット

グラフビルダーを使って交互作用の性質を調べてみましょう。

1. 「混合モデルのあてはめ」の赤い三角ボタンをクリックし、[列の保存] > [予測式] を選択します。
予測式は、データテーブルの「予測式 Y」という列に保存されます。
2. [グラフ] > [グラフビルダー] を選択します。
3. 「横位置」を [X] ゾーンにドラッグします。
4. 「縦位置」を [Y] ゾーンにドラッグします。

5. 「予測式 Y」を[色]ゾーンにドラッグします。
6. 「レイアウト」を[段組]ゾーンにドラッグします。
7. [終了]をクリックして設定パネルを閉じます。

図8.46 グラフビルダーで作成したプロット



メモ: グラフビルダーでは、点をランダムにずらす処理が行われるため、実際のプロットは図8.46と完全には一致しません。

プロットは、「レイアウト」と「四分円」の8つの組み合わせの差を色の濃度で表現しています。「High, Low」の四分円の予測値は、右下にあります。色のグラデーションに違いがないことから、これらの予測値の差が相対的に小さいことがわかります。その他の差は、はっきりと見て取れます。

JMP PRO 統計的詳細

JMP PRO 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。

JMP
PRO 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 $\boldsymbol{\theta}$ とすると、 $H_0: \boldsymbol{\theta} = \boldsymbol{\theta}_0$ に対するスコア検定の検定統計量は次のとおりです。

$$S(\boldsymbol{\theta}_0) = \mathbf{U}'(\boldsymbol{\theta}_0) \mathbf{I}^{-1}(\boldsymbol{\theta}_0) \mathbf{U}(\boldsymbol{\theta}_0)$$

この式で、

$$\mathbf{U}(\boldsymbol{\theta}) = \frac{\partial l(\boldsymbol{\theta}|\mathbf{x})}{\partial \boldsymbol{\theta}}$$

および

$$\mathbf{I}(\boldsymbol{\theta}) = -\frac{\partial^2 l(\boldsymbol{\theta}|\mathbf{x})}{\partial \boldsymbol{\theta}(\partial \boldsymbol{\theta}')}$$

また、 $\mathbf{U}'$ は、行列 $\mathbf{U}$ の転置を表わします。

この検定統計量は、自由度 k のカイ2乗分布に漸的に従います。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。

JMP
PRO 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、 $\mathbf{g}(\boldsymbol{\theta}) = \mathbf{U}(\boldsymbol{\theta})$ は対数尤度関数の勾配、 $\mathbf{H}(\boldsymbol{\theta}) = -\mathbf{I}(\boldsymbol{\theta})$ 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。

JMP[®] PRO 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。

JMP PRO 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、 $y_{ijk} | s_{ik}$ 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。

Σ_{ik} に使用できる共分散構造の詳細については、「[反復共分散構造](#)」(376ページ)と「[空間的構造](#)」(381ページ)を参照してください。

JMP PRO 反復共分散構造

この節では、次の共分散構造がどのようなパラメータで表現されているかを紹介します。

- 「[異分散共分散構造](#)」(377ページ)
- 「[無構造の共分散構造](#)」(377ページ)
- 「[複合対称共分散構造](#)」(378ページ)
- 「[AR\(1\)共分散構造](#)」(379ページ)
- 「[Toeplitz共分散構造](#)」(379ページ)
- 「[先行依存共分散構造](#)」(380ページ)

JMP PRO 異分散共分散構造

$$\Sigma = \begin{bmatrix} \sigma_1^2 & 0 & 0 & \dots & 0 \\ & \sigma_2^2 & 0 & \dots & 0 \\ & & \sigma_3^2 & \dots & 0 \\ & & & \ddots & \vdots \\ & & & & \sigma_m^2 \end{bmatrix}$$

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。

$$\sigma_j^2 = \text{Var}(y_{ijk} | s_{ik})$$

この共分散構造では、分散が反復列の水準によって異なっています。また、反復列の異なる水準における誤差間の共分散はゼロになっています。

JMP PRO 無構造の共分散構造

$$\Sigma = \begin{bmatrix} \sigma_1^2 & \sigma_{12} & \sigma_{13} & \dots & \sigma_{1[m-1]} & \sigma_{1m} \\ & \sigma_2^2 & \sigma_{23} & \dots & \sigma_{2[m-1]} & \sigma_{2m} \\ & & \sigma_3^2 & \dots & \sigma_{3[m-1]} & \sigma_{3m} \\ & & & \ddots & \vdots & \vdots \\ & & & & \sigma_{m-1}^2 & \sigma_{[m-1]m} \\ & & & & & \sigma_m^2 \end{bmatrix}$$

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。

$$\sigma_{jj'} = \text{Cov}(y_{ijk}, y_{ij'k} | s_{ik})$$

この共分散構造では、分散が反復列の水準によって異なっています。また、反復列の異なる水準における誤差間の共分散は、互いに異なる値になっています。

JMP
PRO 複合対称共分散構造

誤差構造が複合対称（compound symmetry）である反復測定モデルは、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行列において相関構造を表しますが、分割実験モデルでは、それと等価な構造をG行列で表します。詳細については、Searle et al.（1992）を参照してください。

混合モデルにおける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。個体もつつ分散は、G行列で表されます。分割実験モデルでは、G行列およびR行列が、以下のように仮定されます（なお、変量効果と残差誤差との間も、独立と仮定されます）。

- 変量効果は、独立で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、R行列に複合対称構造を仮定した反復測定モデルと同じです。分割実験モデルの共分散構造は、上記したように複合対称となっています。よって、この分割実験モデルは、誤差の共分散行列として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。複合対称構造は、[反復構造] タブで [複合対称] を指定すると設定されます。複合対称構造では、どの時点間でも相関が同じです。そのため、複合対称の相関行列は、次のようになります。

$$\mathbf{C} = \begin{bmatrix} 1 & \rho & \dots & \rho \\ & 1 & \dots & \rho \\ & & \ddots & \vdots \\ & & & 1 \end{bmatrix}$$

[複合対称] では、任意の時点における誤差の分散（ σ_e^2 ）は等しいと仮定されます。[複合対称] では、共分散構造は $\Sigma = \sigma_e^2 \mathbf{C}$ と設定されます。この式で

$$\sigma_e^2 = \sigma_s^2 + \sigma^2$$

および

$$\rho = \frac{\sigma_s^2}{\sigma_s^2 + \sigma^2}$$

ここで、 ρ は級内相関係数、 σ_e^2 は誤差分散です。「混合モデル」手法では、単なる「複合対称」以外に、「複合対称 異分散」という構造も提供しています。「複合対称 異分散」では、時点によって誤差の分散が異なると仮定されています。

$$\Sigma = \begin{bmatrix} \sigma_1^2 & \rho\sigma_1\sigma_2 & \rho\sigma_1\sigma_3 & \dots & \rho\sigma_1\sigma_{m-1} & \rho\sigma_1\sigma_m \\ & \sigma_2^2 & \rho\sigma_2\sigma_3 & \dots & \rho\sigma_2\sigma_{m-1} & \rho\sigma_2\sigma_m \\ & & \sigma_3^2 & \dots & \rho\sigma_3\sigma_{m-1} & \rho\sigma_3\sigma_m \\ & & & \ddots & \vdots & \vdots \\ & & & & \sigma_{m-1}^2 & \rho\sigma_{m-1}\sigma_m \\ & & & & & \sigma_m^2 \end{bmatrix}$$

JMP[®] PRO AR(1) 共分散構造

$$\Sigma = \begin{bmatrix} \sigma^2 & \rho^{|t_1-t_2|}\sigma^2 & \rho^{|t_1-t_3|}\sigma^2 & \dots & \rho^{|t_1-t_{m-1}|}\sigma^2 & \rho^{|t_1-t_m|}\sigma^2 \\ & \sigma^2 & \rho^{|t_2-t_3|}\sigma^2 & \dots & \rho^{|t_2-t_{m-1}|}\sigma^2 & \rho^{|t_2-t_m|}\sigma^2 \\ & & \sigma^2 & \dots & \rho^{|t_3-t_{m-1}|}\sigma^2 & \rho^{|t_3-t_m|}\sigma^2 \\ & & & \ddots & \vdots & \vdots \\ & & & & \sigma^2 & \rho^{|t_{m-1}-t_m|}\sigma^2 \\ & & & & & \sigma^2 \end{bmatrix}$$

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。

JMP[®] PRO Toeplitz 共分散構造

Toeplitz 構造では、一定数の時間単位によって分割されたオブザベーションは、同じ相関を持ちます。AR(1) 相関構造とは対照的に、一定の時間差における Toeplitz 相関は不定です。 d 単位離れた時点における誤差間の相関を ρ_d とすると、Toeplitz 構造の相関行列は次のようになります。

$$C = \begin{bmatrix} 1 & \rho_1 & \rho_2 & \cdots & \rho_{m-1} & \rho_m \\ & 1 & \rho_1 & \cdots & \rho_{m-2} & \rho_{m-1} \\ & & 1 & \cdots & \rho_{m-3} & \rho_{m-2} \\ & & & \ddots & \vdots & \vdots \\ & & & & 1 & \rho_1 \\ & & & & & 1 \end{bmatrix}$$

JMP では、2つのオプションがこの相関行列を使用します。

- Toeplitz 構造は、任意の時点における誤差に対し、共通の分散 (σ^2) を仮定します。共分散構造は、 $\Sigma = \sigma^2 C$ です。
- これに対して、[Toeplitz 異分散] 構造は、以下のように、時点によって分散が異なる構造になっています。

$$\Sigma = \begin{bmatrix} \sigma_1^2 & \rho_1 \sigma_1 \sigma_2 & \rho_2 \sigma_1 \sigma_3 & \cdots & \rho_{m-1} \sigma_1 \sigma_{m-1} & \rho_m \sigma_1 \sigma_m \\ & \sigma_2^2 & \rho_1 \sigma_2 \sigma_3 & \cdots & \rho_{m-2} \sigma_2 \sigma_{m-1} & \rho_{m-1} \sigma_2 \sigma_m \\ & & \sigma_3^2 & \cdots & \rho_{m-3} \sigma_3 \sigma_{m-1} & \rho_{m-2} \sigma_3 \sigma_m \\ & & & \ddots & \vdots & \vdots \\ & & & & \sigma_{m-1}^2 & \rho_1 \sigma_{m-1} \sigma_m \\ & & & & & \sigma_m^2 \end{bmatrix}$$

JMP^{PRO} 先行依存共分散構造

先行依存 (antependence) 構造は、柔軟性が高く、時間と共に変化する相関を表します。先行依存構造では、2つの隣接する時点 ($j-1$ および j) における相関が、個別に $\rho_{j[j-1]}$ と表されます。

隣接しない時点 (j および j') での相関は、その間にある隣接する時点間の相関をすべて掛け合わせたものです。次のように計算されます。

$$\text{Corr}(y_{ijk}, y_{ij'k} | s_{ik}) = \prod_{k=j}^{j'-1} \rho_{k[k-1]}$$

たとえば、 $j=2$ と $j'=6$ の時点における相関は、 $\rho_{21}\rho_{32}\rho_{43}\rho_{54}$ となります。

相関行列は次のようになります。

$$C = \begin{bmatrix} 1 & \rho_{10} & \rho_{10}\rho_{21} & \cdots & \rho_{10}\cdots\rho_{[m-1][m-2]} & \rho_{10}\cdots\rho_{m[m-1]} \\ & 1 & \rho_{21} & \cdots & \rho_{21}\cdots\rho_{[m-1][m-2]} & \rho_{21}\cdots\rho_{m[m-1]} \\ & & 1 & \cdots & \rho_{32}\cdots\rho_{[m-1][m-2]} & \rho_{32}\cdots\rho_{m[m-1]} \\ & & & \ddots & \vdots & \vdots \\ & & & & 1 & \rho_{m[m-1]} \\ & & & & & 1 \end{bmatrix}$$

JMP では、2つのオプションがこの相関行列を使用します。

- ・ [先行依存 等分散] 構造は、上記したような相関を仮定し、かつ、すべての時点では誤差の分散が等しいと仮定します。[先行依存 等分散] 構造では、すべての時点における分散は σ^2 、共分散行列は $\Sigma = \sigma^2 C$ です。
- ・ [先行依存] 構造は、各時点において誤差の分散が異なっています。つまり、時間 j における誤差の分散を、 σ_j^2 とします。[先行依存] 構造の共分散行列は次のようになります。

$$\Sigma = \begin{bmatrix} \sigma_1^2 & \rho_{10}\sigma_1\sigma_2 & \rho_{10}\rho_{21}\sigma_1\sigma_3 & \cdots & \rho_{10}\cdots\rho_{[m-1][m-2]}\sigma_1\sigma_{m-1} & \rho_{10}\cdots\rho_{m[m-1]}\sigma_1\sigma_m \\ & \sigma_2^2 & \rho_{21}\sigma_2\sigma_3 & \cdots & \rho_{21}\cdots\rho_{[m-1][m-2]}\sigma_2\sigma_{m-1} & \rho_{21}\cdots\rho_{m[m-1]}\sigma_2\sigma_m \\ & & \sigma_3^2 & \cdots & \rho_{32}\cdots\rho_{[m-1][m-2]}\sigma_3\sigma_{m-1} & \rho_{32}\cdots\rho_{m[m-1]}\sigma_3\sigma_m \\ & & & \ddots & \vdots & \vdots \\ & & & & \sigma_{m-1}^2 & \rho_{m[m-1]}\sigma_{m-1}\sigma_m \\ & & & & & \sigma_m^2 \end{bmatrix}$$

JMP[®] PRO 空間的構造

$y_i = \mu + e_i$ 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（もしくは時間モデル）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。空間モデルでは、ある時点の誤差分散 $\text{Var}(e_i) = \sigma_i^2$ 、および、異なる2地点の誤差間の共分散 $\text{Cov}(e_i, e_j) = \sigma_{ij}$ を、特定の関数で表します。

$\mathbf{s}_i$ が、 y_i が測定された地点の座標（もしくは測定された時点）を表すとします。空間モデルでは、通常、「2つの地点の誤差間の共分散は、場所 $\mathbf{s}_i$ と $\mathbf{s}_j$ 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、誤差間の共分散が、特定の関数 $\text{Cov}(e_i, e_j) = \sigma^2[f(d_{ij})]$ によって仮定されます。ここで、関数 $f(d_{ij})$ は、 y_i と y_j における誤差間の相関です。

地点の座標が2次元以上で表されているときで、 $f(d_{ij})$ 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 (isotropic)」と呼びます。一方、依存している場合は「異方性 (anisotropic)」と呼びます。

JMP PRO 空間的相関構造

JMPに用意されている空間的モデルの相関構造を以下に紹介します。これらの構造をパラメータ化する ρ は、他に制約がない限り正の値を取ります。

- 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

$$f(d_{ij}) = \rho^{d_{ij}}$$

なお、異方性モデルの場合には、各方向に対して ρ_k というパラメータが設定されます。

JMP PRO バリオグラム

空間過程が2次定常性の場合、「空間的相関構造」(382ページ)で述べられている相関構造により、**バリオグラム**が定義されます。バリオグラムは空間統計学において、空間データの特徴を表すグラフとして使われています。バリオグラムは、空間におけるばらつきを、地点間の距離 d_{ij} の関数である準分散 (semivariance) で表します。

地点 $\mathbf{s}$ における応答変数の値を $Z(\mathbf{s})$ とします。 $\mathbf{s}_i$ と $\mathbf{s}_j$ における観測値間の**準分散**は、次式で求められます。

$$\gamma(\mathbf{s}_i, \mathbf{s}_j) = (\text{Var}(Z(\mathbf{s}_i) - Z(\mathbf{s}_j)))/2$$

応答の平均が一定である場合は、式を次のように簡略化できます。

$$\gamma(\mathbf{s}_i, \mathbf{s}_j) = E[(Z(\mathbf{s}_i) - Z(\mathbf{s}_j))^2]/2$$

構造が等方性である場合は、準分散は、点の間の距離 h だけに依存するため、次のようにも表されます。

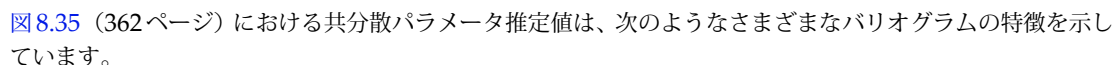
$$\gamma(h) = E[(Z(\mathbf{s}_i) - Z(\mathbf{s}_i + h))^2]/2$$

バリオグラムには、次のような要素があります。

ナゲット バリオグラムの切片で、 $h=0$ における準分散を表します。

シル 距離を増加させていき、平坦になったときの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 $\sigma^2 + c_1$ で、 c_1 がナゲットを表します。このとき、 σ^2 は**部分シル (partial sill)**と呼ばれています。

レンジ 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、観測値間には相関があります。レンジ以上の距離では、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。ここで「実質的なレンジ」とは、バリオグラムの値が、シルの95%までに達する距離です。

 (362 ページ) における共分散パラメータ推定値は、次のようなさまざまなバリオグラムの特徴を示しています。

空間的構造 球型 レンジ ρ の推定値。

ナゲット c_1 の尺度化した推定値。残差にこの「ナゲット」を掛けると c_1 になります。

残差 部分シル (ナゲット効果がないモデルの場合は、シル)

バリオグラムの推定値

経験的準分散に、非線形最小2乗法で、特定の等方性空間構造（「[空間的相関構造](#)」(382 ページ)）に対応した関数をあてはめても、バリオグラムの推定値を求めることができます。

経験的準分散

経験的準分散 (empirical semivariance) は、すべてのペアの距離に対して計算されます。このとき、計算された距離は、10 区間に等しく分割されます。分割したときに 10 区間に満たない場合には、できるだけ多くの区間が作成されます。

経験的準分散を計算するにあたり、点のすべてのペアは、グループに分けられます。 h 番目のグループは、遠いほうから h 番目の区間に属するペアで構成されます。

次のような表記法を使用しています。

n 点のペアの合計数

C_h h 番目の区間に含まれるペアで構成されたグループ

$Z(\mathbf{x})$ $\mathbf{x}$ における応答変数の値。ここで、 $\mathbf{x}$ は、空間的座標のベクトル

$\gamma(h)$ 区間 C_h における準分散

準分散関数の γ は、次のように定義されます。

$$\gamma(h) = \begin{cases} \frac{1}{2n} \left\{ \sum_{(x,y) \in C_h} [Z(\mathbf{x}) - Z(\mathbf{y})]^2 \right\} & h > 0 \text{ の場合} \\ \hat{c}_1 & h = 0 \text{ の場合} \end{cases}$$

ここで、 $\hat{c}_1$ はナゲット効果の推定値です。

JMP^{PRO} 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。

なお、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に対しては、従来の Kenward-Roger 調整の計算では2次微分の項が含まれます。この2次微分の項を計算に含めると、標準誤差が収縮してしまうことがあります。さらに、推定値の共分散行列が正定値行列でなくなる場合もあり、また、異なったパラメータ化に関して不変ではありません。JMP で採用されている Kenward-Roger 調整の1次修正では、調整の計算から2次微分の項を除外しています。一般的に、すべての空間構造および AR(1) 構造では、Kenward-Roger 調整において、2次微分でゼロではない要素を含みます。

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。

JMP^{PRO} 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9章

多変量分散分析 多変量の応答に対するモデル

「モデルのあてはめ」プラットフォームの[MANOVA]手法では、複数の応答変数（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（Y変数に対する対比）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（multivariate analysis of variance; 多変量分散分析）だけでなく、次のような分析も行えます。

- 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。ただし、より複雑な判別分析を行うには、「判別分析」プラットフォームのほうを用いてください。

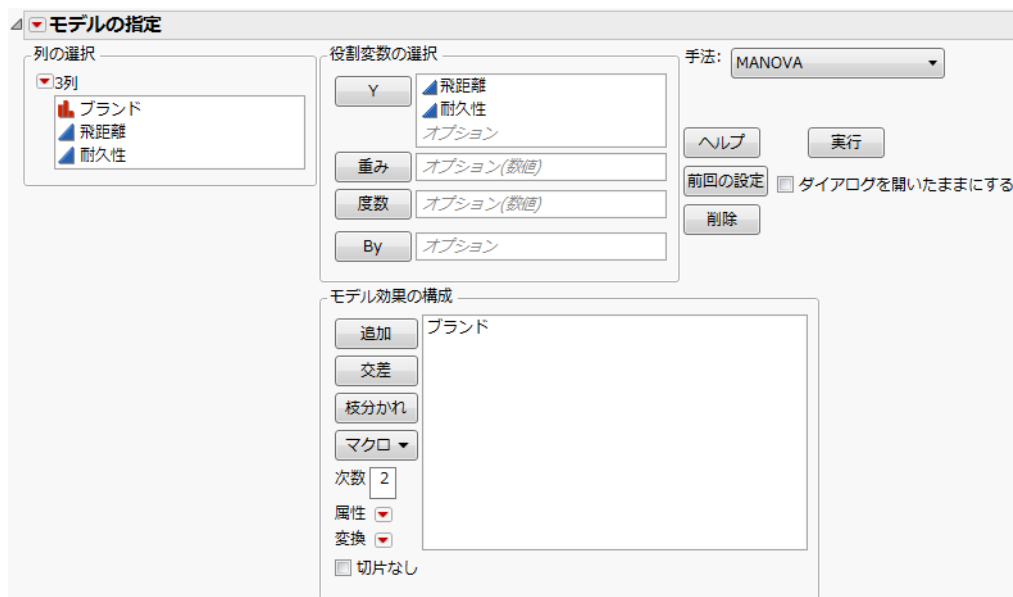
多変量のあてはめは、まず、各効果のパラメータ推定値と最小2乗平均を求める予備分析から始まります。その後、応答Yに対する計画行列（応答Yの比較を指定するための変換の行列）を選択し、多変量検定を実行します。

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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Golf Balls.jmp」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9.1 MANOVAの設定



6. [実行] をクリックします。

図9.2 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。応答の計画行列を指定すると、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。応答の計画行列の指定方法については、「[応答の指定](#)」(391 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。

「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](#)」(390 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](#)」(391 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

「MANOVAのあてはめ」には次のようなオプションが用意されています。

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](#)」(404 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。

以下のオプションについて詳しくは、『JMPの使用法』の「JMPのレポート」章を参照してください。

ローカルデータフィルタ 現在のレポートにおいてデータをフィルタリングするローカルデータフィルタを表示するか、非表示にします。

やり直し 分析を繰り返すオプションや、やり直すオプションを含みます。また、[自動再計算] オプションを選択すると、このオプションに対応しているプラットフォームにおいて、データテーブルに加えた変更が、該当するレポートに即座に反映されるようになります。

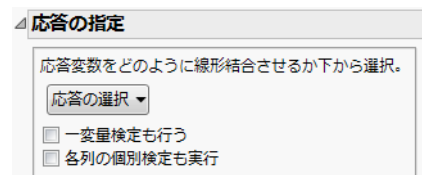
スクリプトの保存 レポートを再現するためのスクリプトを保存するオプションが、保存先ごとに用意されています。

By グループのスクリプトを保存 By 変数の全水準に対するレポートを再現するためのスクリプトを保存するオプションが、保存先ごとに用意されています。起動ウィンドウで By 変数を指定した場合のみ使用可能です。

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9.3 「応答の指定」パネル



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](#)」(392 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](#)」(396 ページ)を参照してください。

ヘルプ 「応答の指定」パネルのヘルプを表示します。

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。

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。

メモ: 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」章の「[カスタム検定](#)」(112 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。

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。「[検定の詳細](#)」(393 ページ)を参照してください。

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。「[重心プロット](#)」（394ページ）を参照してください。

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。例として、「[正準スコアの保存](#)」（395ページ）を参照してください。詳細については、「[正準相関分析の詳細](#)」（408ページ）を参照してください。

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。

メモ: [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」章の「[最小2乗平均の対比](#)」（92ページ）を参照してください。

検定の詳細

「検定の詳細」レポートは、モデル全体または指定の効果に対する検定の正準相関分析の詳細を表示します。

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。

検定の詳細の例

1. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Iris.jmp」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9.4を参照してください。

図9.4 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	
花弁の長さ	0.18155288	-0.0768636	0.23964446	0.06563465	
花弁の幅	0.23180286	0.23417227	-0.2865277	-0.2438953	

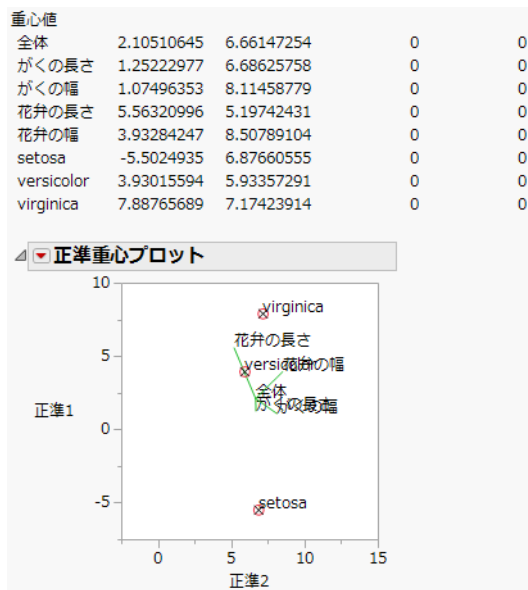
重心プロット

【重心プロット】 コマンドを選択すると（このコマンドは、前述の例では「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9.5）。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。[「重心プロットの詳細」](#)（408ページ）を参照してください。

【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9.5）。

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（つまり、各グループはうまく判別されていて）、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、「花弁の長さ」と「花弁の幅」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9.5 重心プロットと重心値



正準スコアの保存

データテーブルに「**Canon[i]**」という名前の列が作成され、Y変数の*i*番目の正準スコアが保存されます。正準スコアは、多変量検定の統計量を計算するときに使用した $E^{-1}H$ 行列から算出されます。正準スコアは、非ゼロの固有値に対応する固有ベクトルに対して保存されます。

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. 「**検定の詳細の例**」(393 ページ) の手順1～手順8に従ってください。
2. 「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。
3. 「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、**[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. **[ヘルプ]** > **[サンプルデータライブラリ]** を選択し、「Exercise.jmp」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. 「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、[正準スコアの保存] を選択します。

図9.6 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」（388ページ）の手順1から手順6までを行います。
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9.7 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」レポートには、指定した応答計画が表示されます。「M変換したパラメータ推定値」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。

メモ: 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」というラベルがつきます。

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](#)」章（69ページ）を参照してください。

多変量検定の計算式については、「[多変量検定](#)」（406ページ）を参照してください。

「多変量検定の詳細」には、次のような列があります。

検定 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F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F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F検定（または正確なF検定） 多変量検定のF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F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) F分布から求められたp値。

メモ:「球面性の検定」表の詳細については、「[一変量検定と球面性の検定](#)」（398ページ）を参照してください。

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場合があります。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**M**行列が正規直交行列（「**M**^t**M**=単位行列」となる行列）であること。

- **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、**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** 変数の分散共分散行列) 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、**E** 行列と **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 **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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Dogs.jmp」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9.8 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 **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。

- 真の共分散構造が球型である場合は、未調整の一変量 *F* 検定を使用できます。
- 球面性検定が有意である場合は、真の共分散構造は球型ではないと考えられます。そのため、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](#)」(398 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 (**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 (**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 **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 **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、そのモデルの効果と個体内効果との交互作用として解釈してください。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 **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、**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9.1](#) (402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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Dogs.jmp」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9.9 「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。

OK キャンセル ヘルプ

表9.1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 9.1 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）。

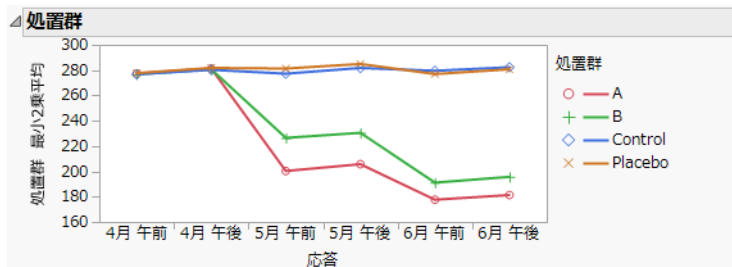
次に、個体内の分析が実行されます。この分析は、効果名のタイトルに個体内効果（「時間」）が表示されていることを除き、ポップアップメニューで [対比] を選択した場合と同じです。個体間の [合計] で「切片」に相当する箇所が、個体内の [対比] では「時間」と表示されています。これは、切片に対する検定に相当するものが、時間（個体内効果）の平均差に対する検定になるからです。

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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Cholesterol.jmp」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9.10 「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9.11のような設定をします。

図9.11 複合のウィンドウ

複数の応答変数を横断している2つの因子を設定します。
2つの因子名を入力し、応答間を横断している水準数を指定します。

Time: 2 水準

Month: 4月 午前, 4月 午後, 5月 午前, 5月 午後, 6月 午前, 6月 午後

☒ 交互作用効果も作成
☐ 一変量検定も行う

OK キャンセル

9. [OK] をクリックします。

各効果の検定が表示されます。図9.12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」のレポートを見ると、「時間」と「処置群」の交互作用の p 値は 0.6038 であり、交互作用が有意でないことを示しています。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」のレポートを見ると、「月」と「処置群」の交互作用の p 値は 0.0001 より小さく、交互作用が有意であることを示しています。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9.10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。

- 「時間 * 月」のレポートにおける「処置群」の *p* 値を見ると、有意ではありません。これは、「時間」、「月」、「処置群」の3次の交互作用が統計的に有意でないことを示します。

図9.12 コレステロール調査の結果

▼ 複合					
Time					
▶ 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					
Month					
▶ 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					
Time*Month					
▶ 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』の「線形判別分析」章を参照）。

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. **【ヘルプ】** > **【サンプルデータライブラリ】** を選択し、「Iris.jmp」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9.13 予測値と実測値の分割表

分割表					
Pred 種類	種類				
	度数	setosa	versicol or	virginica	合計
	全体%				
	列%				
	行%				
	setosa	50	0	0	50
	33.33	0.00	0.00	33.33	
	100.00	0.00	0.00		
	100.00	0.00	0.00		
	versicolor	0	48	1	49
0.00	32.00	0.67	32.67		
0.00	96.00	2.00			
0.00	97.96	2.04			
virginica	0	2	49	51	
0.00	1.33	32.67	34.00		
0.00	4.00	98.00			
0.00	3.92	96.08			
合計	50	50	50	150	
33.33	33.33	33.33			

統計的詳細

この節では、多変量検定の統計量の計算式や、近似の F 検定、正準スコアについて解説します。

多変量検定

以下のセクションにおいて、 $\mathbf{E}$ は残差交差積行列、 $\mathbf{H}$ はモデル交差積行列です。 $\mathbf{E}$ の対角要素は、各変数の残差平方和です。 $\mathbf{H}$ の対角要素は、各変数のモデルの平方和です。判別分析に関する文献では、 $\mathbf{E}$ は、「within」の頭文字を取って $\mathbf{W}$ と呼ばれることもあります。

多変量検定の結果表に表示される統計量は、 $\mathbf{E}^{-1}\mathbf{H}$ の固有値 λ の関数です。次のリストは、各検定統計量の計算方法をまとめたものです。

メモ: 応答に対する計画行列を指定すると、 $\mathbf{E}$ 行列と $\mathbf{H}$ 行列の前から $\mathbf{M}'$ が、後ろから $\mathbf{M}$ が掛けられます。

- Wilks の λ

$$\Lambda = \frac{\det(\mathbf{E})}{\det(\mathbf{H} + \mathbf{E})} = \prod_{i=1}^n \left(\frac{1}{1 + \lambda_i} \right)$$

- Pillai のトレース

$$V = \text{トレース}[\mathbf{H}(\mathbf{H} + \mathbf{E})^{-1}] = \sum_{i=1}^n \frac{\lambda_i}{1 + \lambda_i}$$

- Hotelling-Lawley のトレース

$$U = \text{トレース}(\mathbf{E}^{-1}\mathbf{H}) = \sum_{i=1}^n \lambda_i$$

- Roy の最大根

$$\Theta = \lambda_1, \mathbf{E}^{-1}\mathbf{H} \text{ の最大固有値}$$

$\mathbf{E}$ と $\mathbf{H}$ は次のように定義されます。

$$\mathbf{E} = \mathbf{Y}'\mathbf{Y} - \mathbf{b}'(\mathbf{X}'\mathbf{X})\mathbf{b}$$

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

ここで、 $\mathbf{b}$ はモデル係数の推定されたベクトル、 $\mathbf{A}^{-1}$ は、行列 $\mathbf{A}$ の一般化逆行列です。

モデル全体の $\mathbf{L}$ 行列は、(切片に対する) ゼロの列に、モデルパラメータと同数の行と列を持つ単位行列を連結したものです。各効果の $\mathbf{L}$ 行列は、モデル全体の $\mathbf{L}$ 行列から、該当する行を抜き出したものです。

近似 F 検定

次表に示す F 値と自由度を計算において、 p を $\mathbf{H} + \mathbf{E}$ のランクとします。また、 q を $\mathbf{L}(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-1}\mathbf{L}'$ のランクとします。ここで、 $\mathbf{L}$ 行列は、 $\mathbf{X}'\mathbf{X}$ の要素のうち、どこを検定するかを特定するための行列です。 v を誤差の自由度とし、 s を p と q のうちの小さい方とします。さらに、 $m = 0.5(|p - q| - 1)$ と $n = 0.5(v - p - 1)$ とします。

表9.2（408ページ）で示されるF値は、近似的にF分布に従います。

表9.2 近似F統計量

検定	近似F	分子自由度	分母自由度
Wilksのラムダ	$F = \left(\frac{1 - \Lambda^{1/t}}{\Lambda^{1/t}} \right) \left(\frac{rt - 2u}{pq} \right)$	pq	$rt - 2u$
Pillaiのトレース	$F = \left(\frac{V}{s - V} \right) \left(\frac{2n + s + 1}{2m + s + 1} \right)$	$s(2m + s + 1)$	$s(2n + s + 1)$
Hotelling-Lawleyのトレース	$F = \frac{2(sn + 1)U}{s^2(2m + s + 1)}$	$s(2m + s + 1)$	$2(sn + 1)$
Royの最大根	$F = \frac{\Theta(v - \text{最大}(p, q) + q)}{\text{最大}(p, q)}$	最大(p, q)	$v - \text{最大}(p, q) + q$

正準相関分析の詳細

正準相関は、次のように計算されます。

$$\rho_i = \sqrt{\frac{\lambda_i}{1 + \lambda_i}}$$

Yの正準スコアは、次のように計算されます。

$$\tilde{\mathbf{Y}} = \mathbf{Y}\mathbf{M}\mathbf{V}$$

ここで、 $\mathbf{Y}$ は応答変数の行列、 $\mathbf{M}$ は応答の計画行列、 $\mathbf{V}$ は与えられた検定に対する $\mathbf{E}^{-1}\mathbf{H}$ の固有ベクトルの行列です。Yの正準スコアは、ゼロより大きい固有値に対応する固有ベクトルに対して保存されます。

重心プロットの詳細

標本全体における重心は、次のように計算されます。

$$\text{重心} = \bar{\mathbf{y}}\mathbf{M}\mathbf{V}$$

この式で、 $\mathbf{V}$ は $\mathbf{E}^{-1}\mathbf{H}$ の固有ベクトルの行列です。

効果の重心値は、次のように計算されます。

$$\mathbf{m} = (c'_1 \bar{x}_j, c'_2 \bar{x}_j, \dots, c'_g \bar{x}_j) \text{ この式で、 } c_i = \left(\mathbf{v}'_i \left(\frac{\mathbf{E}}{N-r} \right) \mathbf{v}_i \right)^{-1/2} \mathbf{v}_i$$

$\mathbf{v}$ は、 $\mathbf{E}^{-1}\mathbf{H}$ の固有ベクトル行列 $\mathbf{V}$ の列で、 $\bar{x}_j$ は j 番目の効果の多変量の最小2乗平均、 g はゼロより大きい $\mathbf{E}^{-1}\mathbf{H}$ の固有値の数、 r は $\mathbf{X}$ 行列のランクです。

効果の重心半径は、次のように計算されます。

$$d = \sqrt{\frac{\chi^2_{g(0.95)}}{\mathbf{L}(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-1}\mathbf{L}'}}$$

この式で、 g はゼロより大きい $\mathbf{E}^{-1}\mathbf{H}$ の固有値の数、分母 $\mathbf{L}$ は、多変量の最小2乗平均の計算に使用したものです。

第 10 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。

メモ: 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。

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」がつきます。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。

メモ

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（ただし、多い方がよいです）。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、より多くの標本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「スクリュウ速度」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10.1 「InjectionMolding」データ

InjectionMolding		パターン	モールド 温度	スクリュウ 速度	保持時間	口径	サイクル タイム	湿気	圧力	収縮
モデル		1	-----	-1	-1	-1	-1	-1	-1	6
		2	+-----	1	-1	-1	1	-1	1	10
		3	-+-----	-1	1	-1	1	1	-1	32
		4	++-----	1	1	-1	-1	1	1	60
		5	---+-----	-1	-1	1	-1	1	1	4
		6	++++-----	1	-1	1	-1	1	-1	15
		7	-++-----	-1	1	1	-1	-1	1	26
		8	+++-----	1	1	1	-1	-1	-1	60
		9	----+-----	-1	-1	-1	1	-1	1	8
		10	+++++-----	1	-1	-1	1	1	-1	12
		11	-+++-+-----	-1	1	-1	1	1	-1	34
		12	++++-+-----	1	1	-1	1	-1	-1	60
		13	-----+	-1	-1	1	1	-1	-1	16
		14	+++++-----	1	-1	1	-1	-1	1	5
		15	-----+	-1	1	1	-1	1	-1	37
		16	+++++-----	1	1	1	1	1	1	52
すべての行	20	17	0000000	0	0	0	0	0	0	25
選択されている行	0	18	0000000	0	0	0	0	0	0	29
除外されている行	0	19	0000000	0	0	0	0	0	0	24
表示しない行	0	20	0000000	0	0	0	0	0	0	27
ラベルのついた行	0									

1. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「InjectionMolding.jmp」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10.2 「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
▼ 9列
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
温度
圧力
収縮

役割変数の選択
Y: 収縮
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

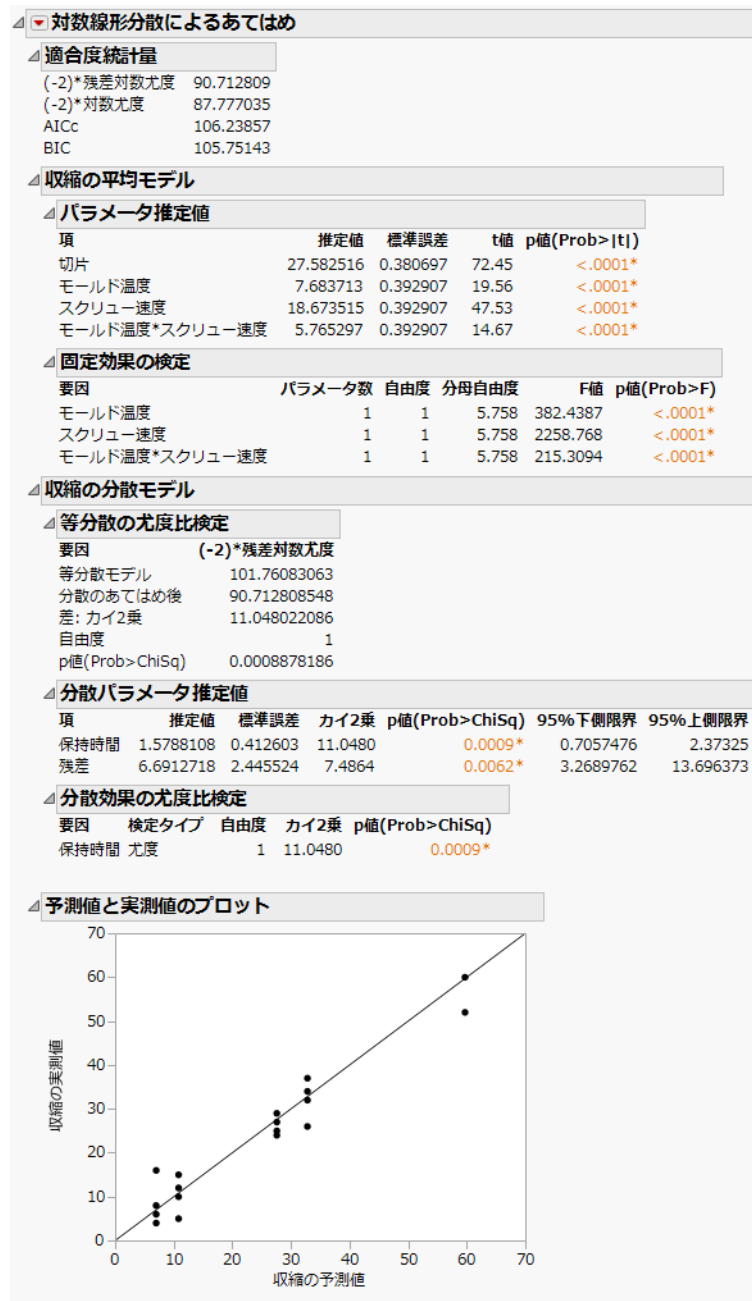
手法: 対数線形-分散
ヘルプ 実行
前回の設定 ☐ ダイアログを開いたままにする
削除

モデル効果の構成
平均の効果 分散の効果
追加 交差 板分かれ マクロ
次数: 2
属性: ▼
変換: ▼
☐ 切片なし

分散の効果
モールド温度
スクリー速度
モールド温度*スクリー速度
保持時間& 対数分散

3. [実行] をクリックします。

図10.3 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。

- 非表示になっている「**exp(2|推定値|)**」という列は、説明変数の値を -1 ~ 1 としたときの最大分散と最小分散の比を示します。

レポートには、各推定値の標準誤差、カイ2乗、 p 値、プロファイル尤度信頼限界も表示されます。残差パラメータは、分散モデルにおけるすべての説明変数の係数が0のときの分散推定値です。

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。

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](#)」(418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](#)」(418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」章の「[因子プロファイル](#)」(149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。

以下のオプションについて詳しくは、『JMPの使用法』の「JMPのレポート」章を参照してください。

ローカルデータフィルタ 現在のレポートにおいてデータをフィルタリングするローカルデータフィルタを表示するか、非表示にします。

やり直し 分析を繰り返すオプションや、やり直すオプションを含みます。また、[自動再計算] オプションを選択すると、このオプションに対応しているプラットフォームにおいて、データテーブルに加えた変更が、該当するレポートに即座に反映されるようになります。

スクリプトの保存 レポートを再現するためのスクリプトを保存するオプションが、保存先ごとに用意されています。

By グループのスクリプトを保存 By 変数の全水準に対するレポートを再現するためのスクリプトを保存するオプションが、保存先ごとに用意されています。起動ウィンドウでBy 変数を指定した場合のみ使用可能です。

列の保存

[列の保存] メニューには、次のようなオプションがあります。

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」](#) (419 ページ) を参照してください。

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、平均の予測値に対する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、平均の予測値に対する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

[行ごとの診断統計量] には、次のようなオプションがあります。

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。

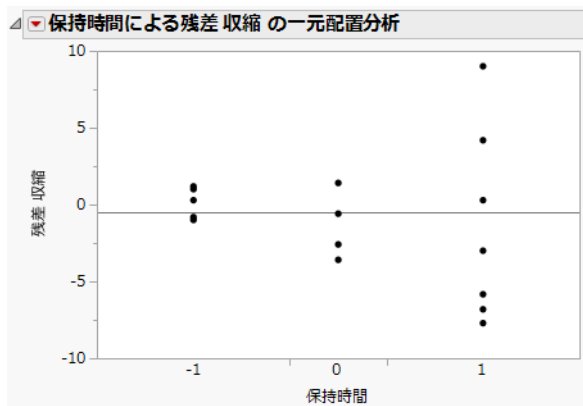
行番号とスチューデント化残差のプロット 行番号とスチューデント化した残差をプロットしたものです。

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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「InjectionMolding.jmp」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10.6 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

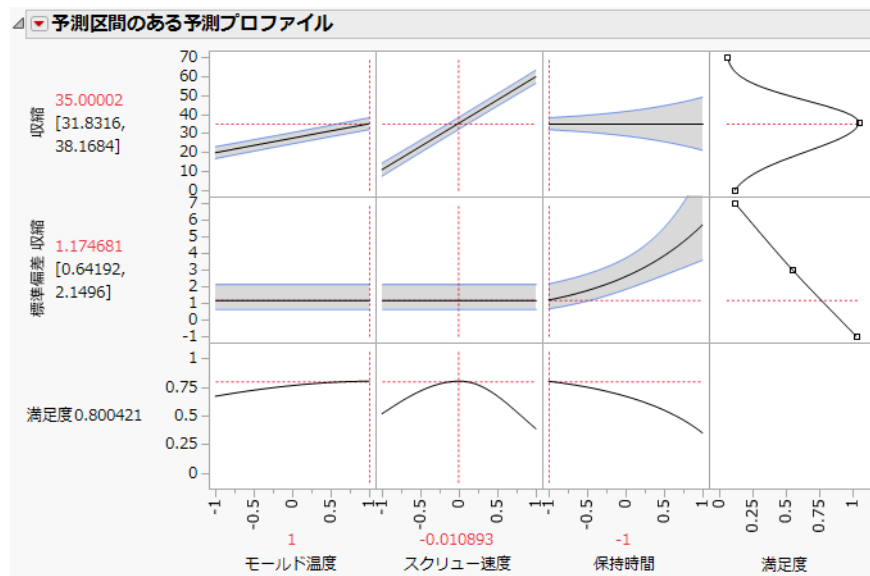
「プロファイル」、「等高線プロファイル」、「曲面プロファイル」を使用すると、あてはめたモデルについてより深く考察することができます。プロファイルオプションを選択するには、「対数線形分散によるあてはめ」の赤い三角ボタンをクリックし、「プロファイル」メニューでオプションを選択します。

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35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10.7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. 「ヘルプ」>「サンプルデータライブラリ」を選択し、「InjectionMolding.jmp」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」の赤い三角ボタンのメニューから、「最適化と満足度」>「満足度の設定」を選択します。
6. 「応答目標」ウィンドウが開いたら、「最大化」を「目標値に合わせる」に変更します。
7. 「OK」をクリックします。
8. 2つ目の「応答目標」ウィンドウで「OK」をクリックします。
9. 「予測プロファイル」の赤い三角ボタンのメニューから、「最適化と満足度」>「満足度の最大化」を選択します。
10. 「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10.7 目標値に合わせ、分散を最小化するためのプロファイルと予測区間



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11章

ロジスティック回帰モデル 名義尺度や順序尺度の応答に対する回帰モデル

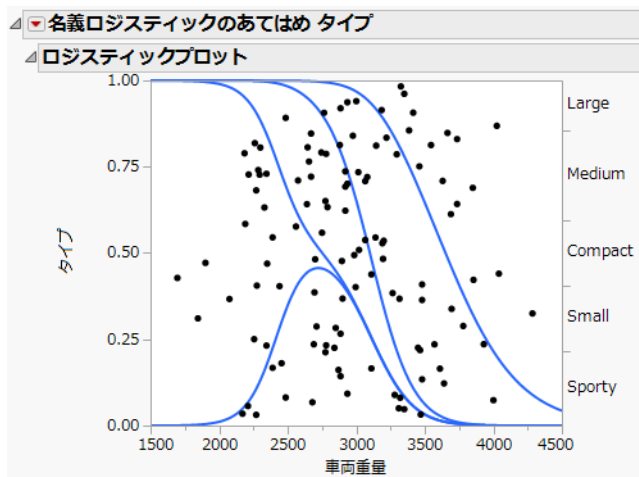
応答変数が離散値を取る場合は、「モデルのあてはめ」プラットフォームを使ってロジスティック回帰モデルをあてはめることができます。「モデルのあてはめ」プラットフォームでは、ロジスティック回帰モデルのあてはめに2種類の手法が用意されています。どちらの手法を使用するかは、応答列の尺度（名義または順序）によって決まります。

名義尺度の応答変数の場合は、[名義ロジスティック] 手法を使って多水準のロジスティック関数に線形モデルをあてはめます。

順序尺度の応答変数の場合は、[順序ロジスティック] 手法を使って累積確率のロジスティック関数（累積ロジット関数）に線形モデルをあてはめます。

どちらの手法も、モデルの尤度比検定、混同行列、ROC 曲線、リフトチャートを作成します。応答が2水準の場合に [名義ロジスティック] 手法を使うと、オッズ比とその信頼区間も求められます。

図11.1 名義ロジスティック回帰モデルのロジスティックプロット



ロジスティック回帰の概要

ロジスティック回帰は、カテゴリカルな応答変数（Y）の水準の確率を1つまたは複数の効果（X）の関数としてモデル化します。「モデルのあてはめ」プラットフォームでは、ロジスティック回帰モデルのあてはめに2種類の手法が用意されています。どちらの手法を使用するかは、応答列の尺度（名義または順序）によって決まります。

ロジスティック回帰モデルのあてはめの詳細については、Walker and Duncan（1967）、Nelson（1976）、Harrell（1986）、McCullagh and Nelder（1989）を参照してください。

ロジスティック回帰モデルのパラメータ化については、「[ロジスティック回帰モデル](#)」（445ページ）を参照してください。

名義ロジスティック回帰

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。そのため、応答の水準のうち1つを除くすべてが、指定のX効果の値におけるその応答水準の確率を表したロジスティック曲線によってモデル化されます。最後の応答水準の確率は、1からその他の予測確率の和を引いた値です。その結果、X効果のすべての値において、応答水準の予測確率の和は1になります。

応答変数が2水準の場合は、「モデルのあてはめ」ウィンドウの「イベントを示す水準」で、どちらの水準の確率をモデル化するかを指定できます。デフォルトでは、応答変数の最初の水準の確率がモデル化されます。

名義尺度の応答変数に対するモデルのあてはめの詳細は、「統計的詳細」章の「[名義尺度の応答](#)」（468ページ）を参照してください。

順序ロジスティック回帰

応答変数が順序尺度の場合、最尤法によって、応答の累積確率に対してロジスティック関数があてはめられます。そのため、応答変数の値が各水準以下となる累積確率が曲線でモデル化されます。曲線は、どの水準でも同じ形状で、水平方向の位置が異なるだけです。

ヒント: 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。

順序尺度の応答変数に対するモデルのあてはめの詳細は、「統計的詳細」章の「[順序尺度の応答](#)」（470ページ）を参照してください。

ロジスティック回帰モデルのあてはめができるその他のJMPプラットフォーム

JMPでは、他にもロジスティック回帰モデルをあてはめられるプラットフォームがたくさんあります。

- 連続尺度の主効果が1つあるロジスティック回帰モデルの場合、「二変量の関係」プラットフォームを使って各効果の累積確率プロットを作成できます。『基本的な統計分析』の「ロジスティック分析」章を参照してください。
- ロジスティック回帰モデルでの変数選択には、「モデルのあてはめ」プラットフォームの「ステップワイズ法」を使用します。詳細については、「[ステップワイズ回帰モデル](#)」章(227ページ)を参照してください。
- 打ち切りのあるロジスティック回帰には、「モデルのあてはめ」プラットフォームの「生存時間(パラメトリック)のあてはめ」を使用します。『信頼性/生存時間分析』の「生存時間(パラメトリック)のあてはめ」章を参照してください。
-  ロジスティック回帰モデルでの変数選択、打ち切りのあるロジスティック回帰、罰則を課したロジスティック回帰には、「モデルのあてはめ」プラットフォームの「一般化回帰」を使用します。「[一般化回帰モデル](#)」章(259ページ)を参照してください。

ロジスティック回帰の例

この節では、「モデルのあてはめ」プラットフォームの2つのロジスティック回帰手法(名義、順序)のそれぞれを使った例を紹介します。

- 「[名義ロジスティック回帰の例](#)」(425ページ)
- 「[順序ロジスティック回帰の例](#)」(427ページ)

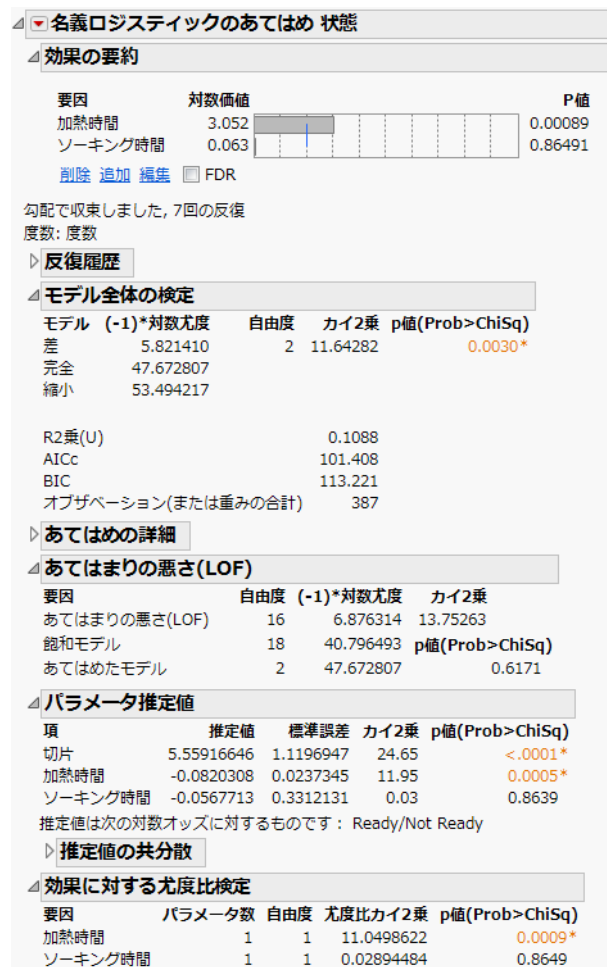
名義ロジスティック回帰の例

インゴットの製造に関する実験として、加熱時間とソーキング時間を変え、仕様に適合した、圧延可能な状態に仕上がったかどうかを調べてみました。Cox and Snell (1989)を参照してください。データは、サンプルデータのフォルダにある「Ingots.jmp」データテーブルにまとめられています。この例では、「モデルのあてはめ」プラットフォームを使い、「状態」の確率に「加熱時間」と「ソーキング時間」を説明変数としたロジスティック回帰モデルをあてはめます。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Ingots.jmp」を開きます。
カテゴリカル変数である「状態」は、「Ready」(適合)と「Not Ready」(不適合)の値を取ります。
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。
選択した列が名義尺度であるため、自動的に「名義ロジスティック」が手法として指定されます。
「状態」は、2水準の名義尺度の列であるため、「イベントを示す水準」オプションが表示されます。このオプションで、どの応答水準の確率をモデル化するかが指定できます。このモデルでは、「イベントを示す水準」を「Ready」とし、「Ready」の値の確率をモデル化します。
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。

反復計算が収束したら、名義ロジスティックの回帰レポートが表示されます。

図11.2 「名義ロジスティックのあてはめ」レポート



「モデル全体の検定」レポートを見ると、カイ2乗統計量(11.64)の p 値が0.0030と小さく、モデル全体が有意であることがわかります。しかし、「ソーキング時間」は、パラメータ推定値の p 値が0.8639であることから、重要でないと考えられます。

そのため、圧延可能な状態である確率の値を指定した場合の、特定のソーキング時間に対応する加熱時間を、逆推定で調べるのが得策かも知れません。そのような例については、「逆推定の例」(438ページ)を参照してください。

順序ロジスティック回帰の例

チーズの添加物（A～D）と味の関係について実験調査を行いました。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。McCullagh and Nelder（1989）を参照してください。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. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Cheese.jmp」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。

選択した列が順序尺度であるため、自動的に「順序ロジスティック」が手法として指定されます。

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。

図11.3 「順序ロジスティックのあてはめ」レポート

順序ロジスティックのあてはめ 評価				
度数: 度数				
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	74.22695	3	148.4539	<.0001*
完全	355.67395			
縮小	429.90090			
R2乗(U)			0.1727	
AICc			734.695	
BIC			770.061	
オブザベーション(または重みの合計)			208	
あてはめの詳細				
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)	21	10.15410	20.30819	
飽和モデル	24	345.51986	p値(Prob>ChiSq)	
あてはめたモデル	3	355.67395	0.5018	
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[1]	-4.6051335	0.4267239	116.46	<.0001*
切片[2]	-3.5499488	0.3073868	133.37	<.0001*
切片[3]	-2.4503882	0.2398702	104.36	<.0001*
切片[4]	-1.381774	0.2001699	47.65	<.0001*
切片[5]	-0.0455233	0.1803299	0.06	0.8007
切片[6]	0.90648953	0.1886609	23.09	<.0001*
切片[7]	2.408151	0.2380517	102.34	<.0001*
切片[8]	3.96800057	0.3466551	131.02	<.0001*
チーズ[A]	-0.8622328	0.2289236	14.19	0.0002*
チーズ[B]	2.48960592	0.2703151	84.82	<.0001*
チーズ[C]	0.8476542	0.2280359	13.82	0.0002*
効果に対する尤度比検定				
要因	パラメータ数	自由度	尤度比カイ2乗	p値(Prob>ChiSq)
チーズ	3	3	148.453899	<.0001*

この例のモデルでは、「(-1)*対数尤度」が切片だけのモデルの429.9から完全モデルの355.67まで減少しています。モデル全体の尤度比カイ2乗は148.45、自由度は3であり、添加物による評価の違いが高度に有意であることがわかります。

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。「チーズ[D]」は、計画行列内の独自の列を持たないため、「パラメータ推定値」レポートに含まれません。ただし、「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（表11.1）。

表11.1 「Cheese.jmp」にあるチーズ添加物の人気

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

名義ロジスティックモデルとの比較

「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。

順序ロジスティックモデルを使った場合、応答水準の最初の8つそれぞれに切片がありますが、「チーズ」の4つの水準に対してはパラメータが3つしかありません。その結果、順序ロジスティックモデルの自由度は3となります。この順序ロジスティックモデルは、「あてはまりの悪さ (LOF)」検定の「あてはめたモデル」に該当します。

データテーブルの「度数」の行のうち、値がゼロでないものは28あり、「チーズ」の水準に関して反復された点は $28 - 4 = 24$ 個です。そのため、「あてはまりの悪さ (LOF)」検定の「飽和モデル」の自由度は24となります。

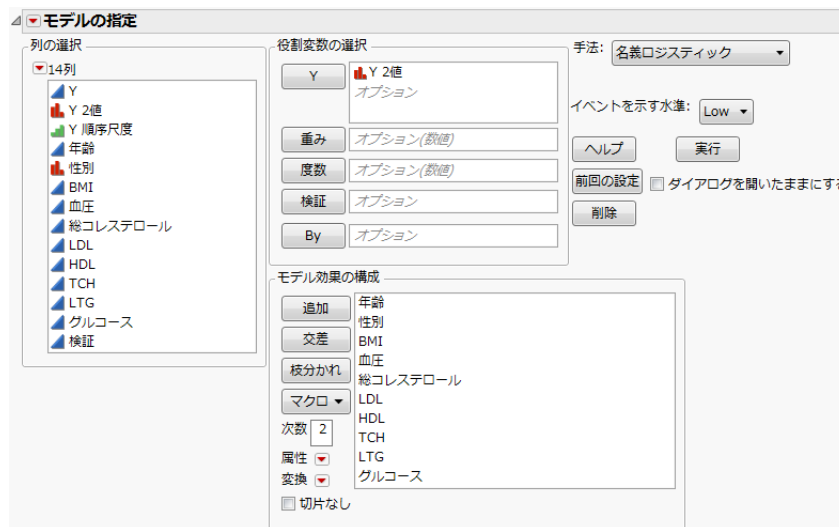
名義ロジスティックモデルを使った場合、応答水準の最初の8水準それぞれについて、切片、および、「チーズ」の4水準に関する3つのパラメータがあります。その結果、名義ロジスティックモデルの自由度は $8 \times 3 = 24$ となります。この名義ロジスティックモデルは、「あてはまりの悪さ (LOF)」検定の「飽和モデル」に該当します。

ここでの「あてはまりの悪さ (LOF)」検定は、順序ロジスティックモデルを、名義ロジスティックモデルと比較して検定していることとなります。「あてはまりの悪さ (LOF)」が統計的に有意でないことから、順序モデルでも構わないだろうと判断できます。

[名義ロジスティック] と [順序ロジスティック] 手法の起動

[名義ロジスティック] と [順序ロジスティック] の各手法を起動するには、[分析] > [モデルのあてはめ] を選択し、[Y] として1つまたは複数の連続尺度でない列を指定します。[Y] に複数の列を指定した場合、各列にモデルがあてはめられます。

図11.4 「モデルのあてはめ」起動ウィンドウで [名義ロジスティック] を選択したところ



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、「[モデルの指定](#)」章 (31 ページ) を参照してください。[名義ロジスティック] と [順序ロジスティック] の各手法に固有の情報をここで紹介します。

「ロジスティック」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。それには、「モデルの指定」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。

切片項を除いたモデルを指定するには、「モデルのあてはめ」ウィンドウの「モデル効果の構成」パネルで「切片なし」を選択します。

ロジスティック回帰モデルで調査対象とするイベントは、「モデルのあてはめ」ウィンドウの「イベントを示す水準」オプションで定義します。このオプションは、[名義ロジスティック] 手法で2値の応答列を指定した場合のみ使用できます。

メモ: 「モデルのあてはめ」プラットフォームの「ロジスティック」手法では、すべての応答が1つの列に含まれるようにデータを積み重ねる必要があります。しかし、実際には応答データが複数の列に記録されている場合もあるでしょう。複数列の応答を1列に変換する例については、「[複数列の度数を積み重ねる例](#)」(444 ページ) を参照してください。

JMP PRO 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。

- 学習セットは、モデルパラメータの推定に使用します。
- 検証セットは、モデルの予測能力の評価・検証に使用します。
- 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、元のデータを分割して得られるものです。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割されます。
- 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・テストセットに分割されます。
- 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、「あてはめの詳細」レポートに表示されます。また、ROC 曲線、リフトチャート、混同行列もセットごとに作成されます。

ロジスティックのあてはめのレポート

[名義ロジスティック] または [順序ロジスティック] の手法でモデルをあてはめると、「名義ロジスティックのあてはめ」レポートまたは「順序ロジスティックのあてはめ」レポートが作成されます。これらのレポートは、デフォルトでは次のようなレポートで構成されます。

効果の要約 対話式のレポートで、モデルの効果を追加したり、削除したりできます。「標準最小2乗のレポートとオプション」章の「**効果の要約** レポート」(166ページ)を参照してください。

ロジスティックプロット (モデルに1つの連続尺度の効果しかない場合。)ロジスティックモデルのあてはめをグラフで表したロジスティック確率プロット。Xの値ごとに、Y方向の確率が応答の各カテゴリに分割されます。確率は、曲線と曲線の間の垂直距離として測定でき、Yのすべてのカテゴリの確率は合計で1になります。

反復 ([名義ロジスティック] 手法の場合のみ。)
「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。

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。「モデル全体の検定」レポートの詳細については、「**モデル全体の検定**」(431ページ)を参照してください。

あてはめの詳細 モデルの適合度を示す各種指標が表示されます。「[あてはめの詳細](#)」(432ページ)を参照してください。

あてはまりの悪さ (LOF) (X効果に関して反復した点があり、モデルが飽和モデルでない場合のみ。) モデルに他の項を追加する必要があるかどうかを示す検定(あてはまりの悪さの検定)が表示されます。「[あてはまりの悪さ \(LOF\) 検定](#)」(433ページ)を参照してください。

パラメータ推定値 パラメータ推定値、標準誤差、関連する仮説検定を表示します。「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。

メモ:「推定値の共分散」レポートは、応答変数が名義尺度の場合のみ表示され、順序尺度の場合は表示されません。

効果の尤度比検定 「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の対数尤度における差を2倍したものです。制約されたモデルとは、検定対象の効果を含まないモデルを指します。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。

メモ: 計算時間が20秒以下と見込まれる場合は、デフォルトで尤度比検定が行われます。尤度比検定に時間がかかる場合は、Wald 検定が行われます。

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。

「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 モデルの種類を表示します。

差 完全モデルと縮小モデルの差。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 切片とすべての効果を含んだモデル。

縮小 切片しか含まないモデル。

(-1)* 対数尤度 各モデルの負の対数尤度。

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。

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統計量。この検定統計量は、「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」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）。R2乗は、0（改善なし）～1（完全適合）の値を取ります。「R2乗(U)」の値が1の場合、イベントが生じる予測確率は1に等しくなり、予測確率に不確定性はありません。ロジスティックモデルの場合、予測確率が確定的であることはほとんどないため、「R2乗(U)」の値は小さいのが普通です。

この値は不確定性係数（*U*）やMcFaddenの疑似R2乗と呼ばれることもあります。

AICc 修正済みの赤池の情報量規準。詳細は、付録「統計的詳細」の「**尤度・AICc・BIC**」（493ページ）を参照してください。

BIC ベイズ情報量規準。詳細は、付録「統計的詳細」の「**尤度・AICc・BIC**」（493ページ）を参照してください。

オブザベーション(または重みの合計) 標本内のオブザベーションの合計数。「モデルのあてはめ」ウィンドウで「度数」または「重み」の列を指定した場合、この値はその列の値の合計となります。

あてはめの詳細

「あてはめの詳細」レポートには、次のような統計量が表示されます。

エントロピー R2乗 「R2乗(U)」と同じ。「**モデル全体の検定**」（431ページ）を参照してください。

一般化R2乗 この指標は、一般的な回帰モデルに適用できるものです。一般化R2乗は、尤度Lから算出され、最大が1となるように尺度化されています。一般化R2乗は、通常のR2乗（正規分布に従う連続尺度の応答変数に対する標準最小2乗法のR2乗）を一般化したものです。この一般化R2乗は、「Nagelkerkeの R^2 」、または「Craig and Uhlerの R^2 」とも呼ばれており、Cox and Snellの疑似 R^2 を最大が1になるように尺度化したものです。詳細は、Nagelkerke（1991）を参照してください。

平均 -Log p $-\log(p)$ の平均。 p は、実際に観測されたイベントの予測確率です。

RMSE 誤差の標準偏差。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 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。

誤分類率 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。

「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。

すべての効果に対する検定（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。

あてはまりの悪さ（LOF）検定

あてはまりの悪さ（LOF; Lack of Fit）検定は、現在のモデルに十分な情報が含まれているか、あるいはより複雑な項が必要かを示します。この検定は、適合度検定（goodness-of-fit test）と呼ばれることもあります。あてはまりの悪さ（LOF）検定では、データ内の効果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。純粋誤差における負の対数尤度（「(-1) * 対数尤度」）は、「あてはまりの悪さ（LOF）」表の「飽和モデル」の行に表示されます。「あてはまりの悪さ（LOF）」レポートには、「飽和モデル」の負の対数尤度が「あてはめたモデル」のそれより有意に良いかどうかを示す検定も表示されます。

「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。

「あてはまりの悪さ（LOF）」表にある負の対数尤度（「(-1) * 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。

「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

「ロジスティックのあてはめ」の赤い三角ボタンのメニューに含まれるオプションは、次のような種類に分けられます。

- 「[名義尺度と順序尺度に共通のオプション](#)」（433 ページ）
- 「[名義尺度のオプション](#)」（435 ページ）
- 「[順序尺度のオプション](#)」（437 ページ）

名義尺度と順序尺度に共通のオプション

以下のオプションは、「名義ロジスティックのあてはめ」と「順序ロジスティックのあてはめ」の両方のメニューに含まれます。

ロジスティックプロット（モデルに1つの連続尺度の効果しかない場合。）「ロジスティックプロット」レポートを表示します。「[ロジスティックのあてはめのレポート](#)」（430 ページ）を参照してください。

尤度比検定 「効果の尤度比検定」レポートを表示します。「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の対数尤度における差を2倍したものです。制約されたモデルとは、検定対象の効果を含まないモデルを指します。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。特にデータが大きいと計算時間が長くなります。

メモ: 計算時間が20秒未満と予想される場合は、デフォルトで尤度比検定が行われます。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。

Wald 検定 「効果のWald 検定」レポートを表示します。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。尤度比検定の計算にかかる時間が20秒を超えると予想されるときは、デフォルトでWald 検定が行われます。

信頼区間 プロファイル尤度に基づく方法で計算したモデルパラメータの信頼区間を表示します。信頼水準は、「モデルのあてはめ」ウィンドウにある「モデルの指定」の赤い三角ボタンのメニューから「有意水準の設定」を選択することで変更できます。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。

ROC 曲線 モデルのROC 曲線を表示します。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決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』の「ロジスティック分析」章を参照してください。

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。『予測モデルおよび発展的なモデル』の「パーティション」章を参照してください。

検証列を指定した場合、検証セットやテストセットに対してもROC 曲線が描かれます。

リフトチャート モデルのリフトチャートを表示します。リフトチャートは、ROC 曲線と同じ情報を使って計算されますが、順序付けした情報の上位の部分に特に重点を置きます。Y 軸には、予測確率が上位のグループにおいて、該当する応答水準をもつ割合がどれくらい高いかが、集団全体における割合に対する比として表示されます。検証列を指定した場合、検証セットやテストセットに対してもリフトチャートが描かれます。リフトチャートについての詳細は、『予測モデルおよび発展的なモデル』の「パーティション」章を参照してください。

混同行列 応答水準の実測値と予測値の度数を2元表に示した混同行列を表示します。予測値を求めた応答水準は、応答の確率が最も高い水準です。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。検証列を指定した場合、検証セットやテストセットに対しても混同行列が表示されます。

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を表示します。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。プロファイル機能の詳細については、『プロファイル機能』の「プロファイル」章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。

効果の要約 「効果の要約」レポートを表示します。このレポートでは、モデルの効果を対話式に更新することができます。「[ロジスティックのあてはめのレポート](#)」（430 ページ）を参照してください。

以下のオプションについて詳しくは、『JMPの使用法』の「JMPのレポート」章を参照してください。

ローカルデータフィルタ 現在のレポートにおいてデータをフィルタリングするローカルデータフィルタを表示するか、非表示にします。

やり直し 分析を繰り返すオプションや、やり直すオプションを含みます。また、[自動再計算] オプションを選択すると、このオプションに対応しているプラットフォームにおいて、データテーブルに加えた変更が、該当するレポートに即座に反映されるようになります。

スクリプトの保存 レポートを再現するためのスクリプトを保存するオプションが、保存先ごとに用意されています。

By グループのスクリプトを保存 By 変数の全水準に対するレポートを再現するためのスクリプトを保存するオプションが、保存先ごとに用意されています。起動ウィンドウで By 変数を指定した場合のみ使用可能です。

名義尺度のオプション

以下のオプションは、「名義ロジスティックのあてはめ」の赤い三角メニューに含まれます。

プロットのオプション (モデルに1つの連続尺度の効果しかない場合。)[プロットのオプション] には、次のようなオプションが含まれます。

点の表示 「ロジスティックプロット」上に点を表示します。

応答率折れ線の表示 効果の変数(X変数)における各値での応答率を、あてはめられたロジスティック曲線と比較します。このオプションは、各X値に複数の点がある場合のみ有効です。そのような場合には、各X値での応答率の妥当な推定値が求められ、それをあてはめられたロジスティック曲線と比較することができます。度数が少なくて応答率が0か1になってしまうグループが多数生じるのを防ぐため、点が3つ以上あるX値のグループに対してだけ、応答率は表示されます。

線の色 プロットの曲線の色を指定します。

オッズ比 「単位オッズ比」と「範囲オッズ比」を含む「オッズ比」レポートを表示します(図11.5)。

図11.5 オッズ比

オッズ比				
状態: Ready対Not Ready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	0.87937	0.965111	1.0854892
ソーキング時間	0.94481	0.493646	1.808313	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	0.003496	0.209605	36.942229
ソーキング時間	0.8434	0.120295	5.913179	1.185677
オッズ比の検定と信頼区間は、Wald法に基づいて計算されています。				

逆推定（応答が2水準の場合のみ。）特定の確率に対応する X 値を求めます。逆推定については、付録「統計的詳細」（467 ページ）を参照してください。

確率の計算式の保存 データテーブル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 [r]」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。

JMP PRO

確率の計算式を発行 予測式を作成し、「計算式デボ」プラットフォームに計算式列のスクリプトとして保存します。「計算式デボ」レポートが開かれていない状態の場合には、このオプションを選択すると、「計算式デボ」レポートが新たに作成されます。『予測モデルおよび発展的なモデル』の「計算式デボ」章を参照してください。

指示変数に対する推定値（モデルの効果の中に名義尺度の列がある場合のみ。）[指示変数に対する推定値] オプションを選択すると、指示変数に基づいて計算されたパラメータ推定値が表示されます。このパラメータ推定値は、名義尺度の説明変数に対して、SAS システムの GLM プロシジャで採用されているコード変換を採用して計算されたものです。なお、順序尺度の列に対しては、JMP の通常のコード変換によって計算されています。SAS の GLM プロシジャと JMP の相違点に関しては、付録「統計的詳細」の「因子モデル」（471 ページ）を参照してください。

注意:「指示変数に対する推定値」レポートの標準誤差やカイ2乗値などの値は、「パラメータ推定値」レポートのものとは異なります。これは、推定値の計算において、異なるコード変換が使われているためです。

順序尺度のオプション

以下のオプションは、「順序ロジスティックのあてはめ」の赤い三角メニューに含まれます。

保存 次のようなオプションがあります。

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 $j = 1, 2, \dots, r-1$ 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 $1 - \text{累積確率}[r-1]$ 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。



確率の計算式を発行 予測式を作成し、「計算式デボ」プラットフォームに計算式列のスクリプトとして保存します。「計算式デボ」レポートが開かれていない状態の場合には、このオプションを選択すると、「計算式デボ」レポートが新たに作成されます。『予測モデルおよび発展的なモデル』の「計算式デボ」章を参照してください。

分位点の保存 (応答変数が数値で、順序尺度である場合のみ。) 現在のデータテーブルに「分類 (5% 閾値)」、「分類 (50% 閾値)」、「分類 (95% 閾値)」という列を作成し、これら3つの確率に対する応答変数の分位点を保存します。

期待値の保存 (応答変数が数値で、順序尺度である場合のみ。) 現在のデータテーブルに「分類 (期待値)」という列を作成し、期待値 (応答変数の値と予測確率の線形結合) を保存します。

ロジスティック回帰の別例

この節では、「モデルのあてはめ」プラットフォームの2つのロジスティック回帰手法を使ったその他の例を紹介します。

- 「逆推定の例」(438ページ)
- 「名義ロジスティックモデルの「効果の要約」を使用する例」(439ページ)

- 「2次式の順序ロジスティックモデルの例」(441 ページ)
- 「複数列の度数を積み重ねる例」(444 ページ)

逆推定の例

逆推定は、特定の応答確率における1つの独立変数の値を予測します。独立変数が2つ以上ある場合は、予測したい変数を除くすべての変数の値を指定する必要があります。

インゴットの製造に関する実験として、加熱時間とソーキング時間を変え、仕様に適合した、圧延可能な状態に仕上がったかどうかを調べてみました。Cox and Snell (1989) を参照してください。JMP では、データがサンプルデータのフォルダにある「Ingots.jmp」データテーブルにまとめられています。

ここでは、ソーキング時間が2.0のときに、仕様に適合する確率が0.8および0.9になる加熱時間を予測します。

1. 分析を実行するには、「[名義ロジスティック回帰の例](#)」(425 ページ) の手順に従ってください。
2. 「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。
3. 「**加熱時間**」の値を消去します。
「**加熱時間**」の予測値を求めたいので、「**加熱時間**」の値は空白にしておきます。
4. 「**ソーキング時間**」の値として「2」を入力します。
「**ソーキング時間**」が2のときの加熱時間を予測したいからです。
5. 「**確率**」の下で、最初の2つの行にそれぞれ「0.9」、「0.8」を入力します。

図11.6 「逆推定」の指定ウィンドウ

逆推定したい項は、空または欠測値にしてください。
逆推定したい確率値を1つ以上、指定してください。

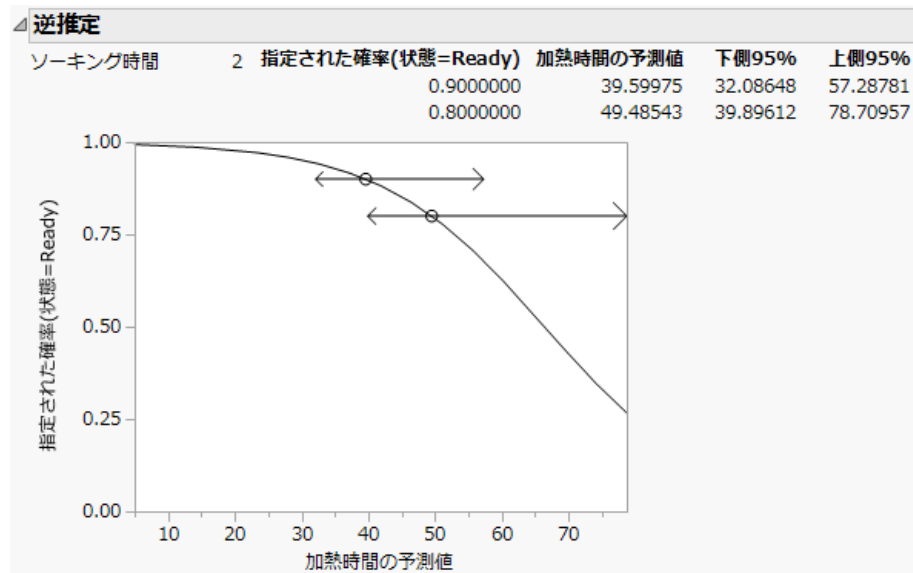
加熱時間	.	信頼水準	0.95	確率(状態=Ready)
ソーキング時間	2			0.9
				0.8
				.
				.
				.
				.
				.

両側 ▼

OK キャンセル ヘルプ

6. **[OK]** をクリックします。

図11.7 「逆推定」レポート



「ソーキング時間」が2のとき、インゴットの状態が90%の確率で「Ready」となる「加熱時間」は39.60です。このとき、95%信頼区間は32.09から57.29までの間です。「ソーキング時間」が2のとき、インゴットの状態が80%の確率で「Ready」となる「加熱時間」は49.49です。このとき、95%信頼区間は39.90から78.71までの間です。

名義ロジスティックモデルの「効果の要約」を使用する例

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)を参照してください。調査の結果は、「Detergent.jmp」データテーブルにまとめられています。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、次のようにして3因子の完全実施要因モデルを指定します。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Detergent.jmp」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「ブランド」を選択し、[Y] をクリックします。

名義尺度の応答変数を指定したため、「手法」が自動的に「名義ロジスティック」になります。

- 「ブランド」は、2水準の名義尺度の列であるため、「イベントを示す水準」オプションが表示されます。このオプションで、どの応答水準の確率をモデル化するかが指定できます。
- 「度数」を選択し、[度数] をクリックします。
 - 「柔らかさ」から「温度」までを選択し、[マクロ] > [完全実施要因] をクリックします。
 - [実行] をクリックします。

図11.8 3 因子の要因モデルの「名義ロジスティックのあてはめ」



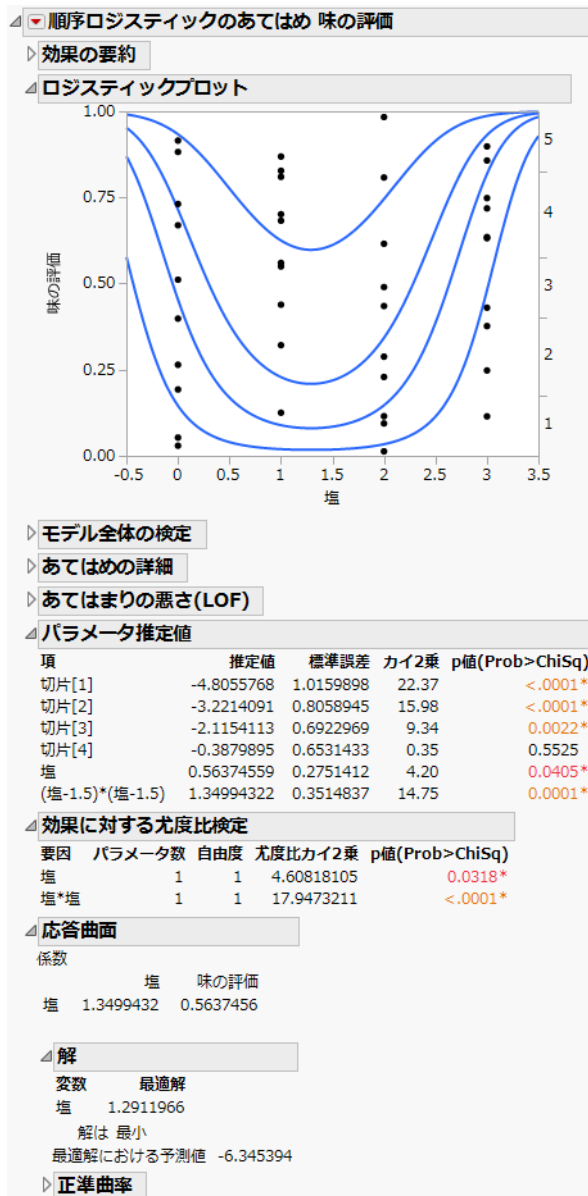
- 「モデル全体の検定」レポートを見ると、3 因子の完全実施要因モデルが全体として有意であることがわかります（「p 値(Prob>ChiSq)」が0.0006）。
- 「効果の尤度比検定」レポートからは、「柔らかさ」を含む効果は、モデルの適合度に有意に寄与していないことがわかります。そのため、「柔らかさ」はモデルから削除してもかまわないと考えられます。効果の削除は、「効果の要約」レポートで次のように実行します。
- 「効果の要約」レポートの「要因」列で、「柔らかさ*前回も使用」から「柔らかさ」までを選択し、[削除] をクリックします。
- レポートが更新され、2 因子の要因モデルになります（図11.9）。「モデル全体の検定」レポートは、2 因子のモデルも全体として有意であることを示しています。

表11.2 ポップコーンの塩

塩の量	味の評価
ゼロ	1、3、2、4、2、2、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、2、5、4、3、2
小さじ3	3、1、2、3、1、2、1、2、1、2

1. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Salt in Popcorn.jmp」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「味の評価」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「塩」を選択し、[マクロ] > [応答曲面] をクリックします。
5. [実行] をクリックします。
6. 「応答曲面」の開閉アイコンをクリックし、レポートを開きます。

図11.10 「Salt in Popcorn.jmp」を使った「順序ロジスティックのあてはめ」



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、U字型の曲線を積み重ねたような形になっており、どの曲線も同じ点で最小値を取ります。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、最適な塩の量は $1.5 - 0.5 * (0.5637/1.3499) = 1.29$ 杯であると計算できます。

特定の塩の量における曲線間の垂直距離は、それぞれ、その塩の量に対する5つの応答水準の確率を示します。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。最適解は、ロジスティックプロット上では最小値として表示されますが、最も高い応答の確率を最大化するという意味では最大値であると言えます。「応答曲面」レポート（図11.10）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。

複数列の度数を積み重ねる例

データテーブルの複数列の列に保存されている度数データは、ロジスティック回帰で扱えるデータに変換しなければなりません。たとえば、「Ingots2.jmp」サンプルデータ（図11.11）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。

図11.11 「Ingots2.jmp」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
14	27	2.8	21	1	22	0.5000	15.2492
15	27	4	15	1	16	0.5000	11.0904

ロジスティック回帰モデルをあてはめる前に、次の手順に従って「数（適合）」と「数（不適合）」を1つの列に積み重ねます。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Ingots2.jmp」を開きます。
2. [テーブル] > [列の積み重ね] を選択します。
3. 「列の選択」リストで「数（適合）」と「数（不適合）」を選択し、[積み重ねる列] をクリックします。
4. [OK] をクリックします。

すると、図11.12のテーブルが作成されます。「ラベル」は応答（Y）の列、「データ」は度数の列です。

この積み重ね後のデータテーブルは、「[名義ロジスティック回帰の例](#)」(425ページ)で使用している「Ingots.jmp」データテーブルと同じです。

図11.12 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
15	14	2.2	33	0.5000	22.8739	数(不適合)	31
16	14	2.2	33	0.5000	22.8739	数(適合)	2
17	14	2.8	31	0.5000	21.4876	数(不適合)	31
18	14	2.8	31	0.5000	21.4876	数(適合)	0

統計的詳細

この節では、「モデルのあてはめ」プラットフォームにある2つのロジスティック回帰手法の統計的詳細を紹介します。

ロジスティック回帰モデル

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。

$$P(Y = r_1) = (1 + e^{-Xb})^{-1} \quad \text{この式で、} r_1 \text{ は応答の第1水準}$$

または

$$\log\left(\frac{P(Y = r_1)}{P(Y = r_2)}\right) = Xb \quad \text{この式で、} r_1 \text{ は応答の第1水準、} r_2 \text{ は第2水準}$$

メモ: Y が2水準で名義尺度である場合は、「モデルのあてはめ」ウィンドウの「イベントを示す水準」でどちらの水準の確率をモデル化するかを指定できます。 r_1 の方が、「イベントを示す水準」に相当します。

名義尺度の応答の水準数を r とし、 $r > 2$ の場合、モデルは次の式で表される $r - 1$ 個の線形モデルパラメータで定義されます。

$$\log\left(\frac{P(Y=j)}{P(Y=r)}\right) = Xb_j$$

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。この推定方法は、負の対数尤度 (**(-1)*対数尤度**) を最小化するのと等価です。

$$\text{損失} = (-1) * \text{対数尤度} = \sum_{i=1}^n -\log(\text{Prob}(\text{第 } i \text{ 行の応答が } y_j \text{ である}))$$

オッズ比

2水準の応答のロジスティック回帰モデルは、次のように定義されます。

$$\log\left(\frac{\text{Prob}(Y=r_1)}{\text{Prob}(Y=r_2)}\right) = Xb \quad \text{この式で、} r_1 \text{ は第1番目、} r_2 \text{ は第2番目の応答水準}$$

そのため、オッズ比は次のように求められます。

$$\frac{\text{Prob}(Y=r_1)}{\text{Prob}(Y=r_2)} = \exp(X\beta) = \exp(\beta_0) \cdot \exp(\beta_1 X_1) \cdots \exp(\beta_i X_i)$$

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。

[オッズ比] オプションを選択したときに、パラメータ推定値の信頼区間が計算されなかった場合、Wald法によるオッズ比の信頼区間が計算されます。

[オッズ比] オプションを選択したときにプロファイル尤度に基づく方法でオッズ比の信頼区間が計算されるのは、次の条件がすべて満たされている場合です。

- [尤度比検定] オプションが選択されている
- 各応答あたりのパラメータ数が8未満である

- 行の数が1000未満である

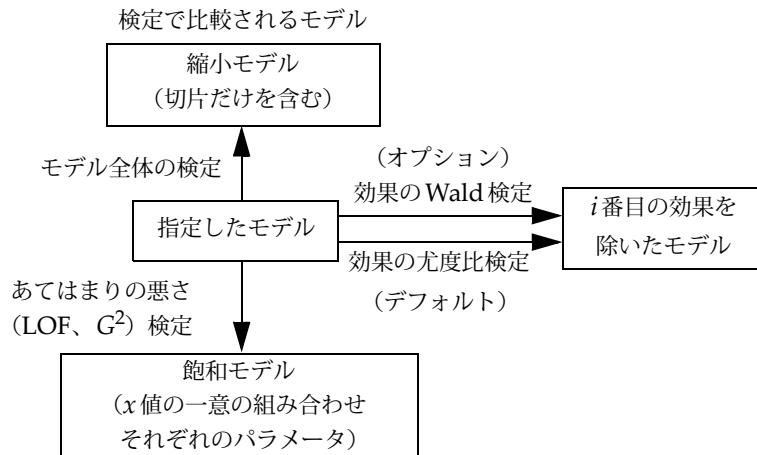
「オッズ比」レポートの末尾に、オッズ比の信頼区間がどの方法で算出されたかが表示されます。

統計的検定の関係

「ロジスティック回帰」レポートの統計検定は、いずれも、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（図11.13）。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11.13 統計的検定の関係



第 12 章

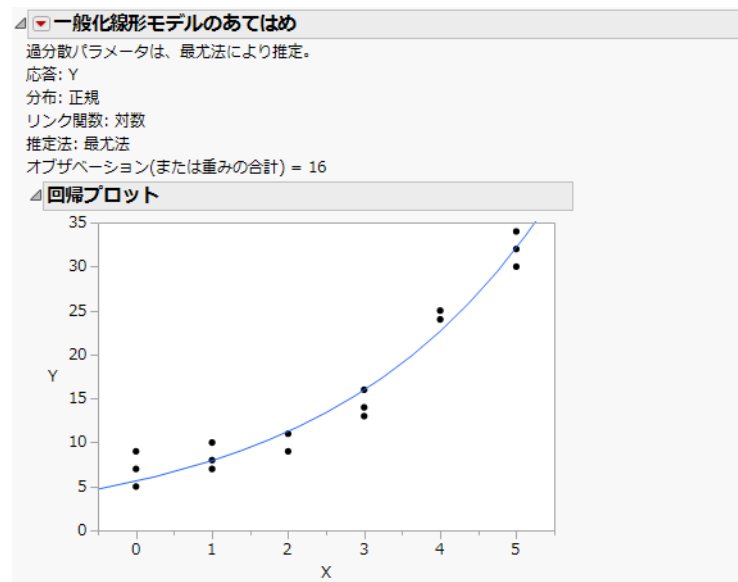
一般化線形モデル

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。たとえば、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あてはめることができます。

「モデルのあてはめ」プラットフォームの「一般化線形モデル」手法では、二項、正規、Poisson、指数の各分布に従う応答に一般化線形モデルをあてはめることができます。作成されるレポートは、従来の線形モデルのものと同様です。このプラットフォームでは、Firthバイアス調整法による推定も行えます。Firthバイアス調整法は、ロジスティック回帰などにおける分離（separation）の問題を回避します。

図12.1 一般化線形モデルのあてはめの例



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。従来の線形モデルの仮定が満たされない状況があるためです。従来の線形モデルは、応答が連続量であり、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します。このような仮定は、場合によっては妥当ではありません。たとえば、度数にモデルをあてはめる場合や、応答が大きくなるにつれてオブザベーションの分散も大きくなる場合などです。従来の線形モデルの仮定が満たされないもう一つの例は、0～1の間で動く割合など、応答の平均が特定の範囲に収まる場合です。

このような状況に該当する、広範囲のデータ分析問題に対しては、一般化線形モデルが適しています。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す。一般化線形モデルは、線形成分、リンク関数、分散関数で構成されます。リンク関数 ($g(\mu_i) = x_i'\beta$) は、単調に推移する微分可能関数で、 Y_i の期待値が線形の説明変数にどのように関連しているかを示します。一般化線形回帰の一例は、 $\log(\mu_i)$ がリンク関数である Poisson 回帰です。「モデルのあてはめ」プラットフォームの「一般化線形モデル」手法で使用できる一般化線形回帰モデルのリストは、「統計的詳細」(462ページ)にあります。

あてはめた一般化線形モデルは、従来の線形モデルと同じような統計量によって要約・評価できます。「モデルのあてはめ」プラットフォームでは、一般化線形モデルに対して、パラメータ推定値・標準誤差・適合度統計量・信頼区間・仮説検定を計算します。多く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、もしくは実用的ではありません。そこで、漸近的方法によって推測が行われます。そのような場合は、漸近的方法で推測が行われます。

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。**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。デビアンスは、適合度の統計量としてよく使われます。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。

JMP Pro 一般化線形モデルに変数選択と罰則を課す手法を適用するには、JMP Pro の「モデルのあてはめ」プラットフォームにある「一般化回帰」手法を使用します。「一般化回帰モデル」章 (259ページ) を参照してください。

一般化線形モデルの例

この例では、Poisson 回帰を使ってカブトガニの巣穴に関する度数データをモデル化します。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。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.jmp」データテーブルには、オスの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。サテライトの数とメスの状態を示す変数の関係を調べてみましょう。

Poisson 回帰モデルをあてはめるには、次の手順に従います。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「CrabSatellites.jmp」を開きます。

「効果の検定」レポートからは、カテゴリカル変数の「色」が有意であることがわかります。「色」には、「LightMed」、「Medium」、「Dark Med」、「Dark」の4水準があり、最初の3水準におけるパラメータ推定値が表示されています。「パラメータ推定値」表を見ると、「色」における有意差は「Light Med」の差だけです。ただし、「Dark Med」も有意水準5%で有意に近いです。

[一般化線形モデル] 手法の起動

[一般化線形モデル] 手法を起動するには、[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 [一般化線形モデル] を選択します。

図12.3 [一般化線形モデル] 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、「[モデルの指定](#)」章（31 ページ）を参照してください。ここでは、[一般化線形モデル] 手法に固有の情報を紹介します。

「一般化線形モデル」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。それには、「モデルの指定」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。

ヒント：「切片なし」オプションは、「モデルのあてはめ」プラットフォームの [一般化線形モデル] 手法では使用できません。

「手法」として[一般化線形モデル]を選択すると、起動ウィンドウに追加のオプションが表示されます。[一般化線形モデル]手法では、次のような追加のオプションを使用できます。

分布 応答変数の確率分布を指定します。

リンク関数 線形モデルを応答変数に関連付けるリンク関数を指定します。

過分散に基づく検定と信頼区間 モデルに過分散パラメータを含めるよう指定します。過分散 (over-dispersion) とは、応答変数の分散が、確率分布から理論的に導出される分散よりも大きい状況を指します。過分散は、Poisson 分布と二項分布において生じる可能性があります。McCullagh and Nelder (1989) は、実際の場面において過分散が生じるのは珍しいことではないと記しています。

メモ: このオプションでは、「モデル全体の検定」レポートの「適合度統計量」の表に「過分散」という列が追加されます。

Firth バイアス調整推定値 モデルの推定において Firth バイアス調整法を用います。Firth バイアス調整法は、最尤推定を修正した方法であり、バイアス調整を行わない最尤推定よりも推定と検定において優れます。また、Firth バイアス調整法を用いることにより、ロジスティック回帰などで生じる分離 (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の問題については、Heinze and Schemper (2002) を参照してください。

オフセット (「役割変数の選択」パネルのボタン。) オフセット変数を指定します。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。

二項分布の応答の指定

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。

「一般化線形モデルのあてはめ」レポート

デフォルトの「一般化線形モデルのあてはめ」レポートには、モデルの指定に関する詳細のほかに、次のようなレポートが表示されます。

回帰プロット （連続量の説明変数が1つあり、カテゴリカルな説明変数が1つ以下である場合のみ。）応答を縦軸、連続量の説明変数を横軸にプロットします。点に重ねて回帰直線が表示されます。モデルにカテゴリカルな説明変数がある場合は、その水準ごとに個別の回帰直線が作成され、プロットの横に凡例が表示されます。

モデル全体の検定 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を表示します。このレポートには、適合度の統計量と修正済み赤池情報量規準（AICc）が含まれます。「[モデル全体の検定](#)」（454ページ）を参照してください。

効果の要約 対話式のレポートで、モデルの効果を追加したり、削除したりできます。「標準最小2乗のレポートとオプション」章の「[効果の要約](#) レポート」（166ページ）を参照してください。

効果の検定 「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 パラメータ推定値、標準誤差、関連する仮説検定、信頼区間を表示します。連続尺度の各変数に対しては、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。

予測値 vs. スチューデント化デビアンس残差 スチューデント化デビアンس残差を縦軸、応答の予測値を横軸にプロットします。

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。適合度の統計量2つと、モデルの妥当性を表す AICc の値も含まれます。

「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 モデルの種類を表示します。

差 完全モデルと縮小モデルの差。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 切片とすべての効果を含んだモデル。

縮小 切片しか含まないモデル。

(-1)*対数尤度 各モデルの負の対数尤度。

尤度比カイ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統計量。この検定統計量は、「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。

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。

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。

適合度統計量 「Pearson」と「デビアンس」の2つの適合度統計量を表示します。

カイ2乗 適合度統計量のカイ2乗検定。

自由度 適合度統計量の自由度。

p 値 (Prob>ChiSq) 適合度統計量の p 値。

過分散 (起動ウィンドウで「過分散に基づく検定と信頼区間」を選択した場合のみ。) 過分散パラメータの推定値。「統計的詳細」(462 ページ) を参照してください。

AICc 修正済みの赤池の情報量規準。詳細は、付録「統計的詳細」の「尤度・AICc・BIC」(493 ページ) を参照してください。

「一般化線形モデルのあてはめ」レポートのオプション

「一般化線形モデルのあてはめ」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。

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」章の「カスタム検定」(112 ページ) を参照してください。

対比 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。[対比] オプションの例は、「[対比] を使用して変数の水準における差を比較する」(458 ページ) で紹介されています。

逆推定 (連続量の X 変数の場合のみ。) 指定された Y の値 (および、その他の X の値) に対応する、 X の値を予測します。逆推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」章の「逆推定」(129 ページ) を参照してください。

推定値の共分散 モデル内のすべての効果の共分散行列を表示します。パラメータ推定量の共分散行列 (の推定値) は、次のように定義されます。

$$\Sigma = -\mathbf{H}^{-1}$$

ここで $\mathbf{H}$ 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 モデル内のすべての効果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。 Σ の σ_{ij} 成分のそれぞれに対し、相関行列の $\sigma_{ij}/\sigma_i\sigma_j$ 成分が対応します。この式で、 $\sigma_i = \sqrt{\sigma_{ii}}$ です。

プロファイル サブメニューから、次のようなプロファイルを選択できます。

プロファイル 各X変数の予測トレースを検討する予測プロファイルを表示します。予測プロファイルの詳細については、「標準最小2乗のレポートとオプション」章の「[プロファイル](#)」(150ページ)を参照してください。

等高線プロファイル インタラクティブな等高線プロファイルを表示します。等高線プロファイルの詳細については、『プロファイル機能』の「等高線プロファイル」章を参照してください。

曲面プロファイル 3次元の曲面プロファイルを表示します。曲面プロファイルの詳細については、『プロファイル機能』の「曲面プロット」章を参照してください。

診断プロット サブメニューから、残差、予測値、実測値を組み合わせたプロットを選択できます。これらのプロットを作成すると、外れ値を探したり、モデルの妥当性を判断したりできます。デビアンスの詳細については、「[モデルの選択とデビアン](#)」(464ページ)を参照してください。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 スチューデント化デビアン残差を縦軸、応答の予測値を横軸にプロットします。

予測値 vs. スチューデント化 Pearson 残差 スチューデント化 Pearson 残差を縦軸、応答の予測値を横軸にプロットします。

予測値 vs. デビアン デビアン残差を縦軸、応答の予測値を横軸にプロットします。

予測値 vs. Pearson 残差 Pearson 残差を縦軸、応答の予測値を横軸にプロットします。

回帰プロット (連続量の説明変数が1つあり、カテゴリカルな説明変数が1つ以下である場合のみ。) 応答を縦軸、連続量の説明変数を横軸にプロットします。点に重ねて回帰直線が表示されます。モデルにカテゴリカルな説明変数がある場合は、その水準ごとに個別の回帰直線が作成され、プロットの横に凡例が表示されます。

線形予測子プロット (連続量の説明変数が1つあり、カテゴリカルな説明変数が1つ以下である場合のみ。) リンク関数の逆関数によって変換された応答を縦軸、連続量の説明変数を横軸にプロットします。点に重ねて変換された回帰直線が表示されます。モデルにカテゴリカルな説明変数がある場合は、その水準ごとに個別の変換された回帰直線が作成され、プロットの横に凡例が表示されます。

列の保存 サブメニューから統計量を選択すると、その統計量が、データテーブルに新しい列として保存されます。残差計算式の詳細については、「[残差計算式](#)」(465ページ)を参照してください。

予測式 現在のデータテーブルに、モデルに基づく予測値を求める計算式の列を作成します。

予測値 現在のデータテーブルに、モデルに基づく予測値の列を作成します。

平均の信頼区間 現在のデータテーブルに、モデルの予測値に対する95%信頼区間の列を作成します。この信頼区間は、パラメータ推定値のばらつきを考慮しています。

メモ: 信頼水準 (α) 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。

個別信頼限界の保存 現在のデータテーブルに、個別の応答値に対する95%信頼区間の列を作成します。この信頼区間は、誤差のばらつきとパラメータ推定値のばらつきの両方を考慮しています。

メモ: 信頼水準 (α) 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。

デビアンズ残差 現在のデータテーブルに、デビアンズ残差の列を作成します。

Pearson 残差 現在のデータテーブルに、Pearson 残差の列を作成します。

スチューデント化デビアンズ残差 現在のデータテーブルに、スチューデント化デビアンズ残差の列を作成します。

スチューデント化 Pearson 残差 現在のデータテーブルに、スチューデント化 Pearson 残差の列を作成します。

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。

効果の要約 「効果の要約」レポートを表示します。このレポートでは、モデルの効果を対話式に更新することができます。「標準最小2乗のレポートとオプション」章の「[「効果の要約」レポート](#)」(166ページ)を参照してください。

以下のオプションについて詳しくは、『JMPの使用法』の「JMPのレポート」章を参照してください。

やり直し 分析を繰り返すオプションや、やり直すオプションを含みます。また、[自動再計算] オプションを選択すると、このオプションに対応しているプラットフォームにおいて、データテーブルに加えた変更が、該当するレポートに即座に反映されるようになります。

スクリプトの保存 レポートを再現するためのスクリプトを保存するオプションが、保存先ごとに用意されています。

By グループのスクリプトを保存 By 変数の全水準に対するレポートを再現するためのスクリプトを保存するオプションが、保存先ごとに用意されています。起動ウィンドウで By 変数を指定した場合のみ使用可能です。

[一般化線形モデル] 手法の別例

この節では、「モデルのあてはめ」プラットフォームの「一般化線形モデル」手法を使ったその他の例を紹介します。

- 「[\[対比\]](#) を使用して変数の水準における差を比較する」(458ページ)
- 「[Poisson 回帰とオフセット](#)」(459ページ)
- 「[正規分布の回帰モデルと対数リンク](#)」(460ページ)

[対比] を使用して変数の水準における差を比較する

ここでは、「一般化線形モデルの例」(450 ページ)にあるカブトガニのサテライトの例を引き続き見てみましょう。「緑棘」の状態が良いメスと、「緑棘」に破損が生じているメスを比べ、サテライトの数に違いがあるかどうかを調べてみます。

1. 「一般化線形モデルの例」(450 ページ)の手順1～手順7を行ってください。
2. 「一般化線形モデルのあてはめ」の赤い三角ボタンをクリックし、[対比] を選択します。レポートウィンドウの最後に [対比効果の選択] オプションが表示されます。
3. [緑棘] を選択し、[実行] をクリックします。
4. 「緑棘」の状態が良いメスと「緑棘」に破損が生じているメスを比べるには、「Both Good」の+ ボタンと「One Worn/Broken」および「Both Worn/Broken」の- ボタンをクリックします。

これで、「緑棘」の状態が良いメスと「緑棘」に破損が生じているメスを比較する対比が指定されました。

図12.4 「対比の指定」 ウィンドウ



5. [完了] をクリックします。

図12.5 「対比」 レポート



「p 値(Prob>Chisq)」の0.8242は、0.05を大きく上回るため、「緑棘」の状態によってサテライトの数に違いが出るとは結論できません。

Poisson 回帰とオフセット

「Ship Damage.jmp」サンプルデータは、McCullagh and Nelder (1989) のデータに変更を加えたものです。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。

オフセットの使い方を確認するため、ここでは一般化線形モデルの線形成分を η としましょう。リンク関数が対数の場合、運行年数の対数をオフセット変数として含めた、平均に対するモデル式は、次のようになります。

$$\exp[\text{Log}(\text{運行月数}) + \eta] = [(\text{運行月数}) * \exp(\eta)]$$

この例を実行するには、次の手順に従ってください。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Ship Damage.jmp」を開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「手法」リストから [一般化線形モデル] を選択します。
4. 「分布」リストから [Poisson] を選択します。
「リンク関数」リストでは、自動的に [対数] が選択されます。
5. 「数」を選択し、[Y] をクリックします。
6. 「運行月数」を選択し、[オフセット] をクリックします。
7. 「タイプ」、「建造年度」、「運行年度」を選択し、[追加] をクリックします。
8. [過分散に基づく検定と信頼区間] をオンにします。
9. [実行] をクリックします。

図12.6のレポートを見ると、3つの効果（「タイプ」、「建造年度」、「運行年度」）はすべて有意です。

図12.6 オフセットを使ったPoisson回帰モデルのレポート（一部）

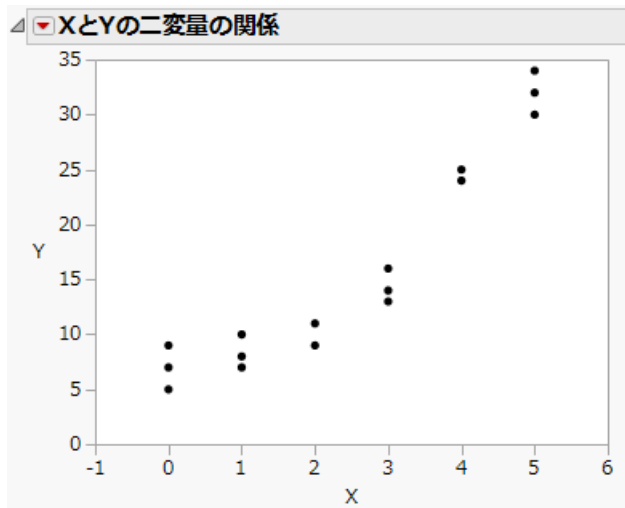


正規分布の回帰モデルと対数リンク

この例では、「Nor.jmp」データテーブルを使い、「X」を説明変数、「Y」を応答変数に指定します。まず、「X」と「Y」の関係を調べ、「モデルのあてはめ」プラットフォームの「一般化線形モデル」手法でどのリンク関数を使うのが適切かを特定します。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータライブラリ] を選択し、「Nor.jmp」を開きます。
2. [分析] > [二変量の関係] を選びます。
3. 「Y」を選択し、[Y, 目的変数] をクリックします。
4. 「X」を選択し、[X, 説明変数] をクリックしてから [OK] をクリックします。

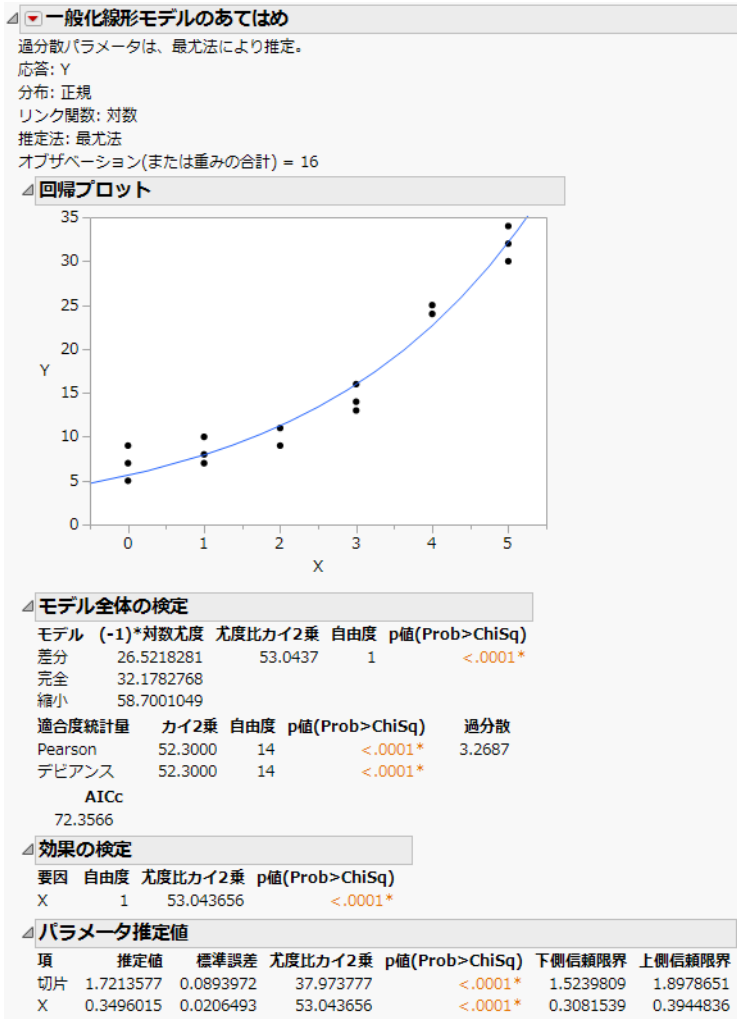
図12.7 「Nor jmp」 サンプルデータの二変量の関係



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。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、 $\log(\mu_i) = \mathbf{x}_i' \boldsymbol{\beta}$ 、つまり、 $\mu_i = \exp(\mathbf{x}_i' \boldsymbol{\beta})$ です。

5. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
6. 「手法」リストで [一般化線形モデル] を選択します。
7. 「分布」リストで [正規] を選択します。
8. 「リンク関数」リストで [対数] を選択します。
9. 「Y」を選択し、[Y] をクリックします。
10. 「X」を選択し、[追加] をクリックします。
11. [実行] をクリックします。

図12.8 「Nor」のレポート



統計的詳細

一般化線形モデルを作成するためには、まずデータの応答変数と説明変数を選択します。次に、適切なリンク関数と応答の分布を選択する必要があります。説明変数としては、連続変数・分類変数・交互作用のいずれも使用でき、自由に組み合わせることができます。表12.1は、一般化線形モデルの例をまとめたものです。

表12.1 一般化線形モデルの例

モデル	応答変数	分布	デフォルトのリンク関数
従来の線形モデル	連続尺度	正規	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	二項	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	$\frac{1}{\mu}$

「モデルのあてはめ」プラットフォームは、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。そのため、Nelder and Wedderburn (1972) が考案した手法を使い、反復計算によって数値的にモデルのパラメータが推定されます。また、過分散パラメータ 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。

「モデルのあてはめ」プラットフォームの「一般化線形モデル」手法では、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。表12.2は、用意されているリンク関数の種類をまとめたものです。

表12.2 用意されているリンク関数

リンク関数名	リンク関数の式
単位行列	$g(\mu) = \mu$
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	$g(\mu) = \begin{cases} \mu^\lambda & \text{if } (\lambda \neq 0) \\ \log(\mu) & \text{if } \lambda = 0 \end{cases}$
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。

表12.3は、応答変数に対して使用できる分布とそれに関連する分散関数をまとめたものです。

表12.3 応答分布の分散関数

分布	分散関数
正規	$V(\mu) = 1$
二項	$V(\mu) = \mu(1 - \mu)$
Poisson	$V(\mu) = \mu$
指数	$V(\mu) = \mu^2$

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。**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。デビアンスは、適合度の統計量としてよく使われます。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。表12.4は、応答変数に対して使用できる分布のデビアンスの計算式をまとめたものです。

表12.4 応答分布のデビアンスの計算式

分布	デビアンスの計算式
正規	$\sum_i w_i (y_i - \mu_i)^2$
二項	$2 \sum_i w_i m_i \left[y_i \log \left(\frac{y_i}{\mu_i} \right) + (1 - y_i) \log \left(\frac{1 - y_i}{1 - \mu_i} \right) \right]$
Poisson	$2 \sum_i w_i \left[y_i \log \left(\frac{y_i}{\mu_i} \right) - (y_i - \mu_i) \right]$
指数	$2 \sum_i w_i \left[-\log \left(\frac{y_i}{\mu_i} \right) + \left(\frac{y_i - \mu_i}{\mu_i} \right) \right]$

また、デビアンス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。

$$\chi^2 = \sum_i \frac{w_i (y_i - \mu_i)^2}{V(\mu_i)}$$

この式で、

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

メモ: 重みが既知でない場合は、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、一連のモデルを順にあてはめていく方法があります。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きます。この作業において、デビアン스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。各説明変数に対して漸近検定が計算されるため、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。

残差計算式

デビアンス

$$r_{Di} = \sqrt{d_i}(\text{sign}(y_i - \mu_i))$$

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

$$r_{Pi} = \frac{y_i - \mu_i}{\sqrt{V(\mu_i)(1 - h_i)}}$$

この式で、

$(y_i - \mu_i)$ は生の残差

$\text{sign}(y_i - \mu_i)$ は、 $(y_i - \mu_i)$ が正の場合は1、 $(y_i - \mu_i)$ が負の場合は-1

d_i は、デビアンズ全体に対する i 番目の観測値の寄与

ϕ は過分散パラメータ

$V(\mu_i)$ は分散関数

h_i は、行列 $W_e^{(1/2)}X(X'W_eX)^{-1}X'W_e^{(1/2)}$ 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。

付録 A

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変数に対するモデルについて説明します。また、モデルの因子（説明変数）に対するコード変換（コード化、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の「モデルのあてはめ」では、連続尺度・順序尺度・名義尺度の3種類の応答に対して、それぞれ異なったモデルをあてはめます。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。

モデルをあてはめたり、各効果の仮説を検定したりするには、各因子をコード変換する必要がありますが、コード変換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。

応答モデル

JMPの「モデルのあてはめ」では、連続尺度・名義尺度・順序尺度の3種類の応答に対して、それぞれ異なった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](#)」(488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**」と呼ばれています。残差は、各実測値と、それをモデルで予測した値の差です。

最小2乗法は、誤差に正規分布を仮定した最尤法と等価です。最小2乗推定値は、残差の尤度が最も高くなるような推定値と同じになります。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できます。

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

名義尺度の応答に対するモデルは、2水準の応答に対するロジットモデルを一般化したものになっています。2水準の応答に対する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。確率の予測に用いられる関数は、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この基本モデルは、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が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。

$$P(y \leq j) = F(\alpha_j + X\beta) \quad \text{この式で } j = 1, \dots, r-1$$

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すみます。

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まれます。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。

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 x_{1i} + \dots + \beta_k x_{ki} + \varepsilon_i \quad \text{この式で、}$$

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A.1 名義尺度の因子A

	GLM			JMP	
A	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。JMPのパラメータ表現では、最後の水準に対するパラメータは、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ます。よって、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

メモ：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A.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

```
PROC GLM;  
  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A.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は前出の行列でのA1-A3に該当し、また、A13B13はこの行列でのA13にB13を掛けたものです。

表A.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A.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。

A1

$$B1: \mu + \alpha_1 + \beta_1 + \alpha\beta_{11}$$

$$B2: \mu + \alpha_1 + \beta_2 + \alpha\beta_{12}$$

$$B3: \mu + \alpha_1 - \beta_1 - \beta_2 - \alpha\beta_{11} - \alpha\beta_{12}$$

A2

$$B1: \mu + \alpha_2 + \beta_1 + \alpha\beta_{21}$$

$$B2: \mu + \alpha_2 + \beta_2 + \alpha\beta_{22}$$

$$B3: \mu + \alpha_2 - \beta_1 - \beta_2 - \alpha\beta_{21} - \alpha\beta_{22}$$

A3

$$B1: \mu - \alpha_1 - \alpha_2 + \beta_1 - \alpha\beta_{11} - \alpha\beta_{21}$$

$$B2: \mu - \alpha_1 - \alpha_2 + \beta_2 - \alpha\beta_{12} - \alpha\beta_{22}$$

$$B3: \mu - \alpha_1 - \alpha_2 - \beta_1 - \beta_2 + \alpha\beta_{11} + \alpha\beta_{12} + \alpha\beta_{21} + \alpha\beta_{22}$$

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、括弧内に指定された効果が、各グループをグループ分けするために使用されます。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A.5 枝分かれ効果

				B(A)					
				A1	A1	A2	A2	A3	A3
A	B	A13	A23	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
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](#)」（484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が、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A.6 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
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A.7 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。

$$\begin{aligned} \text{LSM}(B1) &= (1/3)(\mu + \alpha_1 + \beta_1 + \alpha\beta_{11} + \\ &\quad \mu + \alpha_2 + \beta_1 + \alpha\beta_{21} + \\ &\quad \mu - \alpha_1 - \alpha_2 + \beta_1 - \alpha\beta_{11} - \alpha\beta_{21}) \\ &= \mu + \beta_1 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \text{LSM}(B2) &= (1/3)(\mu + \alpha_1 - \beta_1 - \alpha\beta_{11} + \\ &\quad \mu + \alpha_2 - \beta_1 - \alpha\beta_{21} + \\ &\quad \mu - \alpha_1 - \alpha_2 - \beta_1 + \alpha\beta_{11} + \alpha\beta_{21}) \\ &= \mu - \beta_1 \end{aligned}$$

$$\text{LSM}(B1) - \text{LSM}(B2) = 2\beta_1$$

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。

$$\begin{aligned}\text{LSM}(A1) &= (1/2)(\mu + \alpha_1 + \beta_1 + \alpha\beta_{11} + \mu + \alpha_1 - \beta_1 - \alpha\beta_{11}) \\ &= \mu + \alpha_1\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\text{LSM}(A2) &= (1/2)(\mu + \alpha_2 + \beta_1 + \alpha\beta_{21} + \mu + \alpha_2 - \beta_1 - \alpha\beta_{21}) \\ &= \mu + \alpha_2\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}\text{LSM}(A3) &= (1/2)(\mu - \alpha_1 - \alpha_2 + \beta_1 - \alpha\beta_{11} - \alpha\beta_{21} + \\ &\quad \mu - \alpha_1 - \alpha_2 - \beta_1 + \alpha\beta_{11} + \alpha\beta_{21}) \\ &= \mu - \alpha_1 - \alpha_2\end{aligned}$$

$$\text{LSM}(A1) - \text{LSM}(A3) = 2\alpha_1 + \alpha_2$$

$$\text{LSM}(A2) - \text{LSM}(A3) = 2\alpha_2 + \alpha_1$$

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A.8 確認

	特異性を示す	仮説検定の
パラメータ	線形結合	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

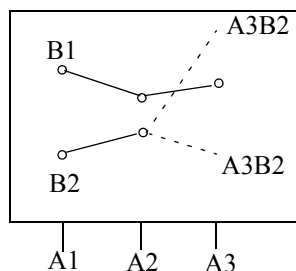
交互作用があるモデルにおいて、欠損セルが存在すると、主効果の自由度が少なくなります（名義尺度因子の場合）。言い換えると、最小2乗平均が推定できないと、主効果の検定における自由度が減少します。

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主効果B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、グラフで示す高い方の値であった場合には、主効果Bは有意になるかもしれませんが、低い方の値であった場合には、有意でなくなるかもしれません。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でタイプIV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A.9（480 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A.9 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

表A.9 GLMとJMPの仮説の比較（続き）

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
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、最初の水準はコントロール水準（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 A.10 順序尺度の因子

項	コード変換した列		
	A	コード変換した列	
		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 A.11 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A.12 順序尺度の交互作用

A	B	A2	A3	B2	B3	A			
						A2		A3	
						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

メモ: 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A.13 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の主効果に対する検定では、Bが最初の水準であるときのAの違い（上表における第1列目）が検定されます。同じように、Bの主効果に対する検定では、Aが最初の水準であるときのBの違い（上表における第1行目）が検定されます。順序尺度に対するこのようなコード変換は、2つの因子が、異なる2剤の薬の用量であるときに適しています。そのような場合、分析の主目的は、それぞれの薬の効き目があるかどうかで、副次的な目的は、両方の薬が投与された場合に薬の相互作用があるかどうかでしょう。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てはめたかに関係なく、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。図A.1に示すように、あてはめたモデルは同じになります。

表A.14 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A.1 正規分布のあてはめにおける、名義尺度（左）と順序尺度（右）の「パラメータ推定値」

▲あてはめの要約					▲あてはめの要約				
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					▲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	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A.2 正規分布のあてはめにおける、名義尺度（右）と順序尺度（左）の「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)	
切片	17.333333	0.60553	28.63	<.0001*	
A[1]	-4.333333	0.856349	-5.06	0.0039*	
A[2]	-0.333333	0.856349	-0.39	0.7131	
B[2-1]	バイアスあり	1.5	1.48324	1.01	0.3583
A[1]*B[2-1]	バイアスあり	1	2.097618	0.48	0.6537
A[2]*B[2-1]	ゼロに固定	0	0	.	.

▲パラメータ推定値

項	推定値	標準誤差	t値	p値(Prob> t)	
切片	13	1.048809	12.40	<.0001*	
A[2-1]	4	1.48324	2.70	0.0429*	
A[3-2]	5	1.48324	3.37	0.0199*	
B[2-1]	2.5	1.48324	1.69	0.1527	
A[2-1]*B[2-1]	-1	2.097618	-0.48	0.6537	
A[3-2]*B[2-1]	ゼロに固定	0	0	.	.

「特異性の詳細」には1次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A.3 正規分布のあてはめにおける、名義尺度（右）と順序尺度（左）の「特異性の詳細」

▲特異性の詳細	▲特異性の詳細
B[2-1] = A[1]*B[2-1] + A[2]*B[2-1]	A[3-2]*B[2-1] = 0

名義尺度の場合、Bの主効果に対する検定の自由度は少なくなり、その検定は行われません。一方、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の主効果の自由度はそのままです。

図A.4 正規分布のあてはめにおける、名義尺度（右）と順序尺度（左）の「固定効果の検定」

▲効果の検定						▲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)	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*	A	2	2	81.333333	18.4848	0.0049*
B	1	0	0.000000	.	足りない自由度	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	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、両方で一致します。図A.5は、名義尺度と順序尺度における最小2乗平均です。

図A.5 正規分布のあてはめにおける、名義尺度（右）と順序尺度（左）の「最小2乗平均」表

効果の詳細				効果の詳細			
A				A			
最小2乗平均表				最小2乗平均表			
水準	最小2乗平均	標準誤差	平均	水準	最小2乗平均	標準誤差	平均
1	13.000000	1.0488088	14.2500	1	13.000000	1.0488088	14.2500
2	17.000000	1.0488088	17.7500	2	17.000000	1.0488088	17.7500
3	22.000000	1.0488088	22.0000	3	22.000000	1.0488088	22.0000
B				B			
最小2乗平均表				最小2乗平均表			
水準	最小2乗平均	標準誤差	平均	水準	最小2乗平均	標準誤差	平均
1	17.333333	0.60553007	17.3333	1	13.000000	1.0488088	17.3333
2	推定不可能	.	17.0000	2	15.500000	1.0488088	17.0000
A*B				A*B			
最小2乗平均表				最小2乗平均表			
水準	最小2乗平均	標準誤差		水準	最小2乗平均	標準誤差	
1,1	13.000000	1.0488088		1,1	13.000000	1.0488088	
1,2	15.500000	1.0488088		1,2	15.500000	1.0488088	
2,1	17.000000	1.0488088		2,1	17.000000	1.0488088	
2,2	18.500000	1.0488088		2,2	18.500000	1.0488088	
3,1	22.000000	1.0488088		3,1	22.000000	1.0488088	
3,2	推定不可能	.		3,2	推定不可能	.	

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、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。

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を得られません。

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（つまり、ノンパラメトリックである）というのに加えて、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、正規分布に従っていないことに対しては安全になります。

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、各オプ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。

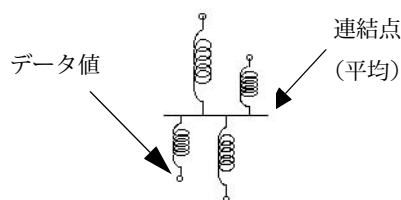
バネ

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 A.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。

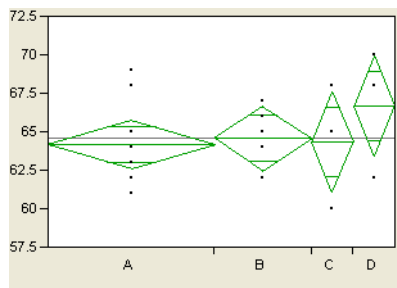
図A.6 データ点にバネをつける



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る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

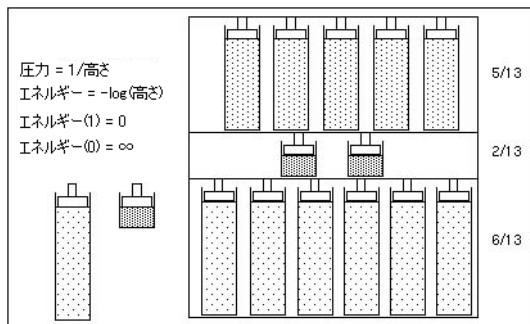
応答が連続尺度ではなく、カテゴリカルであるときはどうすればいいでしょうか。たとえば、標本が自動車を集めたもので、各自動車の生産国が応答だとします。この標本には、「米国」、「ヨーロッパ」、「日本」という3つの応答水準の確率があります。生産国ごとのこれらの確率を何らかの推定値に設定して、データの不確定性を評価することができます。不確定性を求めるには、データによって与えられた応答の確率から対数を取り、符号を逆にして合計します。これは次のような式になります。

$$H = \sum h_{y(i)} = -\sum \log p_{y(i)}$$

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てことができます。応答の各オブザベーションを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。

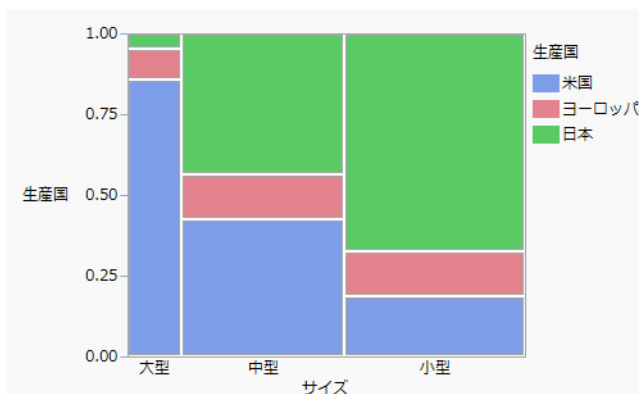
図A.7は、1つのカテゴリ（「中型」サイズの自動車）の状況がどうなるかを図示したものです（図A.8にある「Car Poll.jsp」ファイルのモザイク図で「中型」列を参照）。ここでは、13個の応答（車種）があります。最初的水準（「米国」）には応答が6つ、次水準には2つ、最後的水準には5つあります。各応答の区分け領域の圧力が均衡し、全体のエネルギーが最小になったとき、応答の確率はそれぞれ6/13、2/13、5/13になります。

図A.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A.8は、これらの区分けを示しています。

図A.8 カテゴリカルなデータのモザイク図



尤度・AICc・BIC

JMPにおいては、統計モデルを推定するのに、**最尤法**が多く使われています。最尤法は、尤度が最大になるようなモデルパラメータ（一般的に β と記されます）を求める推定方法です。「尤度」（ここでは $L(\beta)$ と記します）とは、観測されたデータで評価された確率密度関数の積（離散分布の場合は確率質量関数の積）です。最尤法は、観測されたデータを所与として、 $L(\beta)$ を最大化するパラメータ β を求めます。

尤度 $L(\beta)$ そのものを最大化するよりも、尤度の自然対数に-1を掛けたもの（つまり、 $-\text{Log } L(\beta)$ ）を最小化の方が簡単です。 $L(\beta)$ を最大化する問題は、この負の対数尤度（ $(-1) \times \text{対数尤度} = -\text{Log } L(\beta)$ ）を最小化する問題と等価です。そのため、負の対数尤度（または対数尤度に-2を掛けたもの）が小さいほど、モデルの適合度が良いことを示します。

異なるプラットフォームでモデルを推定した場合も、負の対数尤度に基づいて、それらの異なるモデルを比較したり、仮説検定を計算したりできます。モデルを比較する仮説検定は、尤度比によって行えます。多くのプラットフォームでは「 $(-2) \times \text{対数尤度}$ 」がレポートされていますが、この統計量を用いる理由の1つは、完全モデルと縮小モデルにおける「 $(-2) \times \text{対数尤度}$ 」の差が漸近的にカイ2乗分布に従うからです。なお、この尤度比検定における自由度は、完全モデルと縮小モデルのパラメータ数の差です（Wilks, 1938）。

修正済み赤池情報量規準（AICc）およびベイズ情報量規準（BIC）は、情報量に基づいて、モデルの良さを評価します。両者とも対数尤度を-2倍したものを計算に用いています。

AICcは次のように定義されます。

$$\text{AICc} = -2 \text{対数尤度} + 2k + 2k(k+1)/(n-k-1)$$

ここで、 k はモデルで推定されるパラメータの個数、 n はモデルに使用されたオブザベーションの数です。AICcは、同じデータセットにさまざまなモデルをあてはめたとき、それらから最良のモデルを選択するのに使われています。いくつかのモデルを比較したときに、AICcが小さい方が良いモデルとみなされます（Akaike 1974）。

BICは次のように定義されます。

$$\text{BIC} = -2 \text{対数尤度} + k \ln(n)$$

ここで、 k はモデルで推定されるパラメータの個数、 n はモデルに使用されたオブザベーションの数です。いくつかのモデルを比較したときに、BICが小さい方が良いモデルとみなされます。

一般に、BICの方がAICcよりも、パラメータに対する罰則（ペナルティ）が大きくなっています。そのため、BICの方がAICcよりも、パラメータの少ないモデル（パラメータが節約されたモデル）を選択します。AICcとBICの詳細な比較については、Burnham and Anderson（2004）を参照してください。

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 は効果の大きさ（effect size; 効果量）を2乗したもの

なお、事後的な検出力分析を行うとき、 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。ある一つの効果を検定する場合には、 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、平均2乗誤差(MSE; Mean Square Error)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。

標本サイズがどれくらい必要であるかを事後的に求める場合には、LSNではなく、特定の検出力をもつためにどれくらい標本サイズが必要であるかを求めてください（「[検出力の計算](#)」（496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; Root Mean Square Error, 平均2乗誤差の平方根）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。

$$b_i^{LSV} = t_{1-\alpha/2} s \sqrt{(X'X)^{-1}_{ii}} = t_{1-\alpha/2} StdError(b_i)$$

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。

$$LSD = t_{1-\alpha/2} s \sqrt{\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2}}$$

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を半分したのになっています。

メモ: 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。検出したい効果の大きさ（effect size; 効果量）は、 δ であるとしています。

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。

$$\alpha = 1 - FDist[F_C, df_{Hyp}, N - df_{Model} - 1]$$

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。

$$\text{Power} = 1 - FDist\left[F_C, df_{Hyp}, N - df_{Model} - 1, \frac{N\delta^2}{\sigma^2}\right]$$

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 とすると、非心度パラメータ $\lambda = (n\delta^2)/\sigma^2$ を、 $\lambda = SS_{Hyp}/\hat{\sigma}^2$ によって推定します。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。

$$\lambda \text{ に対する信頼区間下限} = \text{Max}\left[0, [(\sqrt{SS_{Hyp}/MSE}) - \sqrt{df_{Hyp}F_C}]^2\right]$$

$$\lambda \text{ に対する信頼区間上限} = [(\sqrt{SS_{Hyp}/MSE}) - \sqrt{df_{Hyp}F_C}]^2$$

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。

$\beta'x = y$ 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。

$$\mathbf{x}[i] = \frac{y - \beta'_{(i)}\mathbf{x}_{(i)}}{\beta[i]}$$

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。

$$(y - \mathbf{b}'\mathbf{x})^2 < t^2 \mathbf{x}'\mathbf{V}\mathbf{x}$$

ここで、 t は指定した信頼水準の t 値です。

次の等式

$$(y - \mathbf{b}'\mathbf{x})^2 - t^2 \mathbf{x}'\mathbf{V}\mathbf{x} = 0$$

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、

$$g = \mathbf{b}[i]^2 - t^2 \mathbf{V}[i, i]$$

$$h = -2y\mathbf{b}[i] + 2\mathbf{b}[i]\mathbf{b}'_{(i)}\mathbf{x}_{(i)} - 2t^2 \mathbf{V}[i, (i)]'\mathbf{x}_{(i)}$$

$$f = y^2 - 2y\mathbf{b}'_{(i)}\mathbf{x}_{(i)} + (\mathbf{b}'_{(i)}\mathbf{x}_{(i)})^2 - t^2 \mathbf{x}_{(i)}'\mathbf{V}_{(i)}\mathbf{x}_{(i)}$$

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

上記した Fieller の方法による逆推定の信頼区間が実線全体に渡る場合、代わりに Wald 法により信頼区間が求められます。

メモ:「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。

-
- 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.
- Benjamini, Yoav and Hochberg, Yosef (1995). "Controlling the False Discovery Rate: A Practical and Powerful Approach to Multiple Testing," *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 57, 289–300.
- 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*, 25, 484–498.
- 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, K.P. and Anderson, D.R. (2002), *Model Selection And Multimodel Inference: A Practical Information Theoretic Approach*. Springer, New York.
- Burnham, K.P. and Anderson, D.R. (2004), "Multimodel Inference: Understanding AIC and BIC in Model Selection," *Sociological Methods and Research*, 33: 261–304.
- Burnham, K.P., Andersen, D.R., and Huyvaert, K.P. (2011), "AIC Model Selection and Multimodel Inference in Behavioral Ecology: Some Background, Observations, and Comparisons," *Behavioral Ecology and Sociobiology*, 65: 23–35.
- Carroll, R.J. and Ruppert, D. (1988), *Transformation and Weighting in Regression*, New York: Chapman and Hall.
- Chiles, J.-P. and Delfiner, P. (2012), *Geostatistics: Modeling Spatial Uncertainty*, Second Edition, Wiley: New Jersey.
- 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.
- Conover, W.J. (1999), *Practical Nonparametric Statistics*, 3rd Edition, New York: John Wiley and Sons, Inc.
- 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. (1972), "Regression Models and Life Tables," *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 20, 187–220, with discussion.
- Cox, D.R. and Snell, E.J., (1989), *Analysis of Binary Data*, Second Edition, New York: Chapman and Hall.
- Cressie, N.A.C. (1993), *Statistics for Spatial Data*, Revised Edition, John Wiley & Sons.
- Daniel, C. (1959), "Use of Half-normal Plots in Interpreting Factorial Two-level Experiments," *Technometrics*, 1, 311–314.
- Dunnett, C.W. (1955), "A multiple comparison procedure for comparing several treatments with a control" *Journal of the American Statistical Association*, 50, 1096–1121.
- Dwass, M. (1955), "A Note on Simultaneous Confidence Intervals," *Annals of Mathematical Statistics* 26: 146–147.
- Efron, B. (1977), "The Efficiency of Cox's Likelihood Function for Censored Data," *Journal of the American Statistical Association*, 72, 557–565.
- 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.
- Hui, F., Warton, D. and Foster, S. (2015), "Tuning Parameter Selection for the Adaptive Lasso Using ERIC," *Journal of the American Statistical Association*, 110:509, 262-269.
- 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.
- Kalbfleisch, J.D. and Prentice, R.L. (2002), 2nd Edition, *The Statistical Analysis of Failure Time Data*, second edition, New York: John Wiley and Sons.
- Koenker, R. and Hallock, K.F. (2001), "Quantile Regression," *Journal of Economic Perspectives*, Vol. 15, No. 4, pp. 143-156.

- 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.
- Littell, R.C., Milliken, G.A., Stroup, W.W., Wolfinger, R.D., and Schabenberger, O. (2006), *SAS for Mixed Models*, 2nd edition, SAS Institute Inc., Cary, NC.
- Mallows, C.L. (1973), "Some Comments on Cp," *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. (1989), *Generalized Linear Models*, 2nd Edition, 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.
- Nagelkerke, N.J.D. (1991), "A Note on a General Definition of the Coefficient of Determination," *Biometrika*, 78:3 691–692.
- Nelder, J.A. and Wedderburn, R.W.M. (1972), "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.
- 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.
- Portnoy, Stephen, and Koenker, Roger (1997), "The Gaussian Hare and the Laplacian Tortoise: Computability of Squared-Error versus Absolute-Error Estimators," *Statistical Science*, Vol. 12, No. 4, pp. 279–300.
- 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.
- Sánchez, L.B., Lachos, V.H., and Labra, V.F. (2013), "Likelihood Based Inference for Quantile Regression Using the Asymmetric Laplace Distribution," *Journal of Statistical Computation and Simulation*, Vol. 81, pp. 1565-1578.
- 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.
- SAS Institute Inc. (2011), *SAS/STAT® 9.2 User's Guide*, Cary, NC: SAS Institute Inc.
- SAS Institute Inc. (2013), *SAS/STAT® 12.3 User's Guide*, Cary, NC: SAS Institute Inc.
- 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.
- Schuirman, 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.
- Singer, J.D. (1998), "Using SAS PROC MIXED to Fit Multilevel Models, Hierarchical Models, and Individual Growth Models," *Journal of Educational and Behavioral Statistics*, 24:4, 323-355.
- Snedecor, G.W. and Cochran, W.G. (1967), *Statistical Methods*, Ames, Iowa: Iowa State University Press.
- Stone, C. and Koo, C.Y. (1985), "Additive Splines in Statistics," *Proceedings of the Statistical Computing Section*, 45-48, Amer. Statist. Assoc., Washington, DC.
- Sullivan, L.M., Dukes, K.A., Losina, E., (1999), "An Introduction to Hierarchical Linear Modelling," *Statistics in Medicine*, 18:7, 855-888.
- 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.
- Wilks, S.S. (1938), "The Large-Sample Distribution of the Likelihood Ratio for Testing Composite Hypotheses," *Annals of Mathematical Statistics*, 9, 60-62.
- 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.

索引

基本的な回帰モデル

記号

ε 調整 400

& 対数分散 412

数字

1つ取って置きの交差検証法 (Leave-One-Out validation) 277

2次式の順序ロジスティック回帰 441

2乗変換 42

A

AIC 235

Alpha 100

ANOM 119–120

ANOM グラフ 120

AR(1)モデルの回帰モデルの例 350

Arrhenius 逆変換 42

Arrhenius 変換 42

B

Bayes プロット 146–225

BLUP 175

Box Cox 変換 155

C

Cauchy 266

Cook の距離 164

Cox 配合 133

Cp 235

D

Delta 100

DFE 235

Durbin-Watson 比 159

E

EMS法 113

E行列 390, 397, 405–406

F

F検定、複合 112–113

F値 85, 88, 102

F値、引用符付き 238

G

G-G 400

Greenhouse-Geisser 調整 400

H

Helmert 392, 400

H-F 400

Hotelling-Lawley のトレース 398

Huynh-Feldt 調整 400

H行列 390, 397, 405–406

K

Kruskal-Wallis 489

K分割交差検証法、一般化回帰 277

L

l1ペナルティ 272

l2ペナルティ 272

Lasso 273

Lenth の擬似的標準誤差 107

Lenth の方法 107

LogisticPct 42

Logistic パーセント 42

Logist関数 42

LogitPct 42

Logitパーセント 42

LSN (Least Significant Number) 136, 193, 494

LSV (Least Significant Value) 494

LSV (最小有意値) 136

L行列 406

M

MANOVA 217, 398

MANOVA、手法 44

Marginal Model Inference 329

Mauchlyの基準 399

MSE 235

M行列 392, 397, 402, 406

N

nDF 238

P

Pillaiのトレース 398

PLS回帰手法 45

Poisson回帰 450

Poisson分布、一般化回帰 268, 302

PRESS 159

PSE 107

p値 (Prob>F) 86, 88, 102, 398

p値 (Prob>F)、引用符付き 238

p値 (Prob>|t|) 86

R

R 238

R2乗

検証セットとテストセットの 80

R2乗 84, 235

RASE 80

REML (推奨) 221

REML法 113

RMSE 100

DF 85, 88, 101

ROC曲線

ロジスティック回帰 434

Royの最大根 398

S

SASジョブの作成 46

SASに送信 47

SASのGLMプロシジャ 467–481

Scheffeの3次多項式 40

Sigma 100

Squish関数 42

SS 238

SSE 235

T

t値 86

V

VIF 87

W-Z

Weibull分布、一般化回帰 266

Wilcoxonの順位和 489

Wilksの Λ 398

ア

値 398

圧力シリンダあてはめメカニズム 492

あてはまりの悪さ、飽和モデル 101

あてはまりの悪さ (LOF) 検定 428

あてはまりの悪さ (LOF) の誤差 206

あてはまりの悪さ (LOF) 表 101

あてはまりの悪さの平方和 101

あてはめのグループ 76

あてはめの原理 468–471

あてはめの要約レポート 84

あてはめメカニズム 489

イ

一元配置の分散分析

指定の例 52

一変量検定も行う 391, 401

一変量の分布プラットフォーム 488

一般化回帰

検証法 276

最尤法 272
手法 44
推定法 272
弾性ネット 273
適応型 273
適応型 Lasso 273
分布 265
リッジ回帰 273
一般化線形モデル
手法 45
遺伝制約、ステップワイズ 230
因子モデル 471–487
引用 216

エ

枝分かれ
モデルのあてはめ 39
モデルの指定の例 39
枝分かれ効果 173, 218, 474, 480
枝分かれ変量効果モデル
1 水準の例 60
枝分かれモデル、2 水準の指定の例 62

オ

応答側が複合している例 402–404
応答曲面効果 40
応答曲面のモデルのあてはめマクロ 40
応答曲面モデル、指定の例 65
応答の指定ダイアログボックス 391
応答の平均 84
応答モデル 468–471
オブザベーション (または重みの合計) 84
オフセット 459
オフセット変数 459
重み
分散分析レポート 85
モデルのあてはめ 37
重みの合計 84

カ

回帰プロット 158–159
回帰プロット 456

階層的効果 246
解表 212
下位プロットの効果 217
「解」レポート 262, 281
各列の個別検定も実行 391
数 100
カスタム、多変量の応答オプション 392
カスタム検定 112, 392
仮説 491
仮説検定 475–481, 484
仮説の SSCP 行列 397
仮定 488–489
完全実施要因、モデルのあてはめマクロ 39
ガンマ 266

キ

逆推定 497
ロジスティック回帰 436
逆推定 129
逆数変換 42
キューブプロット 154
キューブプロット、レイアウトの変更 155
球面性 399–400
行ごとの診断統計量 158
強調点 75
行番号とスチューデント化残差のプロット 418
共分散構造 170
共分散構造、混合モデル 320
共分散分析
異なる傾き、指定の例 58
等しい傾き、指定の例 57
例 205
曲面プロファイル 417, 420
距離を含む列 405
近似 F 検定 407
近似の F 検定 398

ク

空間の例、混合モデル 357
組み合わせ 233, 241, 245
クロス集計レポート 97

ケ

計画行列 483

計画コード 467

経時データ (longitudinal data) 400

欠測値

一般化回帰 264

一般化線形モデル 452

標準最小2乗 76

モデルのあてはめ 47, 76

ロジスティック回帰 429

欠測値をカテゴリとして扱う、モデルのあてはめ 47

欠損セル 476–479, 484

名義尺度と 順序尺度の因子 485–487

現在の値 150

現在の予測値 150

検出力 194

検出力の事後計算 135

検出力の事前計算 196

検出力の分析 135, 196, 494

検出力を求める 101

検証 R2 乗 80

検証法、一般化回帰 276

検定 398

検定の詳細 392–393

コ

コーディングのテーブル、一般化回帰 271

コーディングのテーブルを保存 165

コード変換列プロパティ 140

効果 471–487

効果全体 234

効果てこ比 75

効果てこ比のプロット 158

効果てこ比ペア 164

効果のある変数、一般化回帰 261

効果の大きさ、検出力 192

効果の検定、足りない自由度 88, 183

効果の要約レポート 166–170

合計 391–392, 400, 402

合計 M 行列 402

交互作用 473

交互作用プロット 150

交差 38

交差検証 76

較正 129

項目 86

個々の標準誤差 418

誤差 85

誤差行列 397

誤差の標準偏差 164

誤差の標準偏差 (RMSE) 84

個体間変動 218, 402

個体内変動 218, 399, 402

個別の信頼区間 164, 418

固有値 393

固有値ゼロ 79

固有値分解 408

固有ベクトル 393

混合効果モデル

指定の例 62

例 60

混合モデル 170

BLUP 175

DFDen 175

p 値 (Prob>|t|) 175

t 値 175

固定効果 317

指定の例 63

収束スコア検定 325

周辺残差 330

周辺予測値 329–330

手法 170

条件付き残差 331

条件付き残差プロット 331

条件付きプロファイル 332

条件付き予測値 331–332

条件付き予測値と実測値のプロット 331

信頼限界の計算 326

定義 217

同等性の検定 349

反復構造 320

標準誤差 175

分割実験 351

変量効果 318

モデルのあてはめのタブ 43

例 311

混同行列 290

サ

最小2乗平均 89, 475, 484

最小2乗平均 90

最小2乗平均のTukeyのHSD検定 95

最小2乗平均の信頼区間 90

最小2乗平均の対比 204

最小2乗平均の対比の例 93

最小2乗平均プロット 91

最小2乗法、概要 468

最小2乗法によるあてはめ、行ごとの診断統計量 158

最小有意差 495

およびLSV 495

最小有意数 (LSN) 136, 193, 494

最小有意数を求める 101

最小有意値 (LSV) 136, 494

最小有意値を求める 101

最小レポート 75

最大R2乗 102

最尤法 446, 469

最良線形不偏予測子 175

最良の変換を保存 156

差の順位レポート 97

参考文献 216

残差 216, 468

残差 164, 418

残差行列 397

残差と行のプロット 158

残差と予測値のプロット 158

参照 216

シ

指数 266

指数変換 42

実行 234–235

重回帰分析、例 228

重心 409

重心値 394

重心プロット 393–394

収束スコア検定 325

収束の設定 47

自由度 85

自由度調整R2乗 84, 235

周辺残差 330

周辺モデルのプロファイル 330

周辺予測値 329–330

重要な概念 489

出典 216

手法 44, 228

順序尺度の因子 484

順序尺度の応答モデル 468, 470–471

順序尺度の交互作用 483

順序尺度の交差モデル 484

順序尺度の最小2乗平均 484

順序ロジスティック回帰 424

順序ロジスティック手法 45

純粋誤差の平方和 101

条件付き個別の信頼区間 178

条件付き残差 331

条件付き残差 178

条件付き残差プロット 331

条件付きプロファイル 332

条件付き平均の信頼区間 178

条件付きモデル診断プロット 331

条件付きモデルのプロファイル 332

条件付き予測式 178

条件付き予測値 331–332

条件付き予測値 178

条件付き予測値と実測値のプロット 331

詳細な比較レポート 97

除外された行 84

除外した効果 41

ス

水準 90

推定 90

推定 86, 237

推定値の共分散 289

推定値の共分散 455

推定値の相関 289

推定値の相関 136

推定値表 237

推定不可能 471

推定法、一般化回帰 272
スクリプトウィンドウに保存 46
スチューデント化された残差 164, 418
ステップ 234
ステップワイズ回帰 228, 246
 親子関係 230
 カテゴリカルな項 240
 例 228, 236–237, 239–240
 ロジスティック 248
ステップワイズ手法 44
すべて削除 234
すべて追加 234
すべての組み合わせ 39
すべての交互作用を含む三元配置分散分析モデル、指定の例 55

セ

正確なF検定 398
正規 265
正規プロット 145
正規分布 491
制限 234, 241, 245
制限法と無制限法によるパラメータ化 173
正準曲率表 78, 212
正準軸 394
正準スコアの保存 393
正準相関 395–396
正準相関 387, 393, 408
正準変数 393
生存時間 (パラメトリック)
 手法 45
 モデルのあてはめのタブ 43
設定された次数まで 39
節点スプライン、曲面の検定 223
節点スプライン効果
 指定の例 66
 説明 41
節点スプライン効果 222
ゼロ 471
ゼロ強調 Poisson 268, 306
ゼロ強調 ガンマ 269
ゼロ強調 二項 268
ゼロ強調 負の二項分布 268

ゼロ強調 ベータ二項 268
ゼロに固定したパラメータ推定値 86, 182
線形従属 476–479
線形順位検定 489
線形モデル 32
線形予測子プロット 456
全水準の推定値、解釈 110
全体 (修正済み) 85
全体平均との比較 119
全体モデル表 397

ソ

相関のある応答、混合モデル 366
早期打ち切り 278
相対的な有意度 488
属性 40
その他の手法 489

タ

対数正規分布、一般化回帰 266
対数線形分散 411–412
 手法 44
 モデルのあてはめのタブ 43
対数線形分散モデル 411–421
対数分散効果 40, 412
対数変換 41
対比 92
対比 392–393, 400, 402
対比M行列 392, 402, 406
「対比の指定」ウィンドウ 92
タイプIIIとIVの仮説検定 475
タイプI平方和 112
タグチ計画 412
多項 392, 400
多項式回帰モデル
 一変量、モデルの指定の例 50
 二変量、モデルの指定の例 51
多項式の次数
 一変量、モデルの指定の例 50
 二変量、モデルの指定の例 51
 モデルのあてはめマクロ 40
多項式の中心化 46

多重線形回帰、指定の例 51

多重比較

ANOM 119

混合モデル 346

調整 118

分位点 118

平均分析法 119

多重比較の調整 115

多層構造 217

妥当性 488

妥当性の評価 488

多変量検定のレポート 398

多変量の最小2乗平均 393

多変量分散分析 44

多変量平均 387

ダミー変数への変換 208, 472

足りない自由度 88, 183

単位行列 392

単純線形回帰、指定の例 48

弾性ネット 273

チ

逐次検定 111

逐次（タイプ1）検定 112

チュートリアル の例

一元配置の分散分析 202

応答側が複合しているモデル 402–404

応答曲面 209

共分散分析 205

重回帰分析 228

ステップワイズ回帰 228, 236–237, 239–240

等高線プロファイル 152

反復測定 400, 402–404

分割実験 217

変量効果 221–222

ロジスティック回帰 437–445

調整済み検出力 136

調整済み検出力と信頼区間 101, 194, 494

調整パラメータ、一般化回帰 260, 274

直交t値 146

直交正規行列 398

ツ

追加 38

追加済み 237

追加変数プロット 187

通常の仮定 488–489

テ

データテーブルに保存 46

停止 234

適応型 Lasso 273

適応型弾性ネット 273

適合度検定、ロジスティック回帰 433

適合度統計量レポート、混合モデルの 323

てこ比プロット 159, 207

 X軸のスケール 161

デビアンس 450, 464

ト

統計手法の限界 488–489

動径平滑化 40

等高線プロファイル 417, 420

同等性検定 115, 124

 混合モデル 349

同等性の検定 97

特異性 476–479, 484

特異性の詳細 181

度数

 分散分析レポート 85

 モデルのあてはめ 37

度数データ 444

度数テーブル 444

度数表 444

ドラッグ 150

ニ

二元配置の分散分析

 交互作用あり、指定の例 54

 指定の例 53

二項 267

二項分布、一般化回帰 304

ハ

バイアスを持つパラメータ推定値 86, 182

配合計画の応答曲面 40

配合効果 41

ハット 164

バネあてはめメカニズム 490–491

ばらつき効果 411–421

パラメータ 237

パラメータ推定値

ゼロに固定 86, 182

バイアスあり 86, 182

パラメータ推定値、信頼区間 86

パラメータ推定値表 86

パラメータ数 87

パラメータに対する検出力 135

パラメータの解釈 472

バリオグラム 382

パレート図 148

反復測定 392

反復測定実験 387

指定の例 63

例 334, 400, 402–404

反復履歴レポート 469

判別結果の保存 405

判別分析 404

判別分析 387

ヒ

非表示の列 416

標準化推定値 142

標準化ベータ 86

標準誤差 86, 90

標準最小2乗

手法 44

モデルのあてはめのタブ 43

標準最小2乗における検証 76

標準最小2乗の固定効果タブ 43

標準最小2乗の変量効果タブ 43

標準偏差計算式 418

比例ハザード手法 45

フ

不確定性 489

複合 392

複合因子検定 112–113

複数の推論 488

符号を逆にした対数尤度 490

不純物分布 146

負の二項 268

プロファイル 150, 392, 400, 417, 420

分位点回帰 266

分割実験

混合モデルの例 351

指定の例 63

例 217

分散計算式 418

分散効果の尤度比検定 417

分散成分 173, 216

分散成分の範囲制限なし、混合モデル 326

分散成分モデル 170

分散パラメータ推定値 416

分散分析

一元配置、指定の例 52

二元配置、指定の例 53

分散分析表の例 202

分散分析レポート 85

分母の自由度 398

分類変数 405

ヘ

ベースラインの生存曲線とハザード曲線 291

ベータ 266

ベータ二項 267

平均 91, 392, 400

平均値 468

平均の信頼区間 164, 418

平均分析法 119

平均平方 88

平均平方 85, 102

平均平方誤差の平方根 80

平均モデル 412–413

平方根変換 42

平方和 85, 88, 102

偏回帰残差てこ比プロット 187

変数減少 232

変数増加 232

変数増加法 273

変数増減 232

変数を除去するときのp値 231

変数を追加するときのp値 231

変量効果

概要 216

「計量値/計数値チャート」プラットフォームでの
あてはめ 171

変量効果 113, 228

変量効果の属性 40

変量効果モデル 170

ホ

保存 488

保留検証法、一般化回帰 277

マ

マクロ 39

ム

無制限法と 制限法によるパラメータ化 173

メ

名義尺度の因子 472, 475–479

名義尺度の応答モデル 468–470

名義ロジスティック回帰 424

名義ロジスティック手法 44

メカニズム

あてはめ 489

モ

文字の接続レポート 97

モデル効果 38–43

モデル効果の構成 38–43

モデルスクリプト 35

モデル全体の平方和 85

モデルダイアログ 35–38

モデルのあてはめ 31–66

By 36

Y 36

枝分かれ 39

重み 37

起動ウィンドウ 35–38

強調点 75

欠測値 47

検証 36

交差 38

削除 37

次数 36

手法 44

切片なし 43

前回の設定 37

属性 40

ダイアログを開いたままにする 37

妥当性のチェック 48

タブ 43

追加 38

データテーブルスクリプト 35

度数 37

変換 41

マクロ 39

モデル効果 38–43

モデル効果の構成 38

「モデルの指定」のオプション 46

モデルの指定の例 48–66

例 33–34

列の選択 36

モデルのあてはめの位置の効果タブ 43

モデルのあてはめの尺度効果タブ 43

モデルのあてはめの主効果タブ 43

モデルのあてはめの分散効果タブ 43

モデルのあてはめプラットフォーム 473

共分散分析 205

検出力の分析 135

ステップワイズ回帰、カテゴリカルな項 240

分散分析 202

例 152, 209, 221–222

ロジスティック回帰 423–447

モデルの作成 234, 247

モデルの指定、例 48–66

「モデルの指定」のオプション 46

ユ

有意確率、ステップワイズ回帰 228

有意水準の設定 46

有効仮説検定 476

ヨ

要因 85, 87, 101

要因のスクリーニング 139

標準化推定値 142

要因のスクリーニング 75

予測式 471–483

予測式 163, 418

予測式の表示 104

予測値 163

予測値 vs. Pearson 残差 456

予測値 vs. スチューデント化 Pearson 残差 456

予測値 vs. スチューデント化デビアンズ残差 456

予測値 vs. デビアンズ残差 456

予測値と実測値のプロット 158, 418

予測値とスチューデント化残差のプロット 418

予測値の標準誤差 164, 418

予測値の標準誤差の計算式 164

予測プロファイル 150

リ

リッジ回帰 273

ル

ルール 233

ルールなし 234

累積ロジスティック確率プロット 430

レ

列の保存 456

連続尺度の応答モデル 468

ロ

ロジスティック 42

ロジスティック回帰

あてはまりの悪さ (LOF) 表 433

オッズ比 435

逆推定 436

反復の履歴レポート 430

分散分析表 430

モデル全体の検定表 431

ロジスティックステップワイズ回帰 248

ロジスティックプラットフォーム 423–447

応答関数 424

例 437–445

ロック 237

ワ

輪切り検定 (単純主効果検定) 99