



バージョン 17

実験計画 (DOE)

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

The correct bibliographic citation for this manual is as follows: JMP Statistical Discovery LLC 2022. *JMP® 17 Design of Experiments Guide*. Cary, NC: JMP Statistical Discovery LLC

JMP® 17 Design of Experiments Guide

Copyright © 2022, JMP Statistical Discovery LLC, Cary, NC, USA

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

JMP Statistical Discovery LLC, SAS Campus Drive, Cary, North Carolina 27513-2414.

October 2022

JMP® and all other JMP Statistical Discovery LLC product or service names are registered trademarks or trademarks of JMP Statistical Discovery LLC in the USA and other countries.

® indicates USA registration.

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

JMP software may be provided with certain third-party software, including but not limited to open-source software, which is licensed under its applicable third-party software license agreement. For license information about third-party software distributed with JMP software, refer to <http://support.sas.com/thirdpartylicenses>.

JMP を最大限に活用する

JMP の初心者でも経験豊かなユーザでも、JMP についての新しい情報をいろいろなリソースから得られます。

JMP.com のサイトでは以下のリソースをご利用いただけます。

- JMP を使い始めるためのライブおよび収録済みの Webcast セミナー
- 新機能や高度なテクニックを紹介している動画デモや Webcast セミナー
- JMP トレーニングの申し込みに関する詳細
- 各地で開催されるセミナーのスケジュール
- お客様の JMP 利用事例
- JMP User Community、アドインやスクリプトの例を始めとするユーザ向けリソース、フォーラム、ブログ、イベント情報など

jmp.com/getstarted

目次

実験計画(DOE)

1	JMPの概要	21
	マニュアルとその他のリソース	
	JMPのマニュアルの表記規則	23
	JMP ヘルプ	24
	JMP ドキュメンテーションライブラリ	24
	JMPを習得するためのその他のリソース	30
	JMPの検索	31
	JMPのチュートリアル	31
	サンプルデータテーブル	31
	統計用語とJSL用語の習得	32
	JMPを使用するためのヒント	32
	JMPのツールヒント	32
	JMP User Community	33
	オンラインのStatistical Thinkingコース（無料）	33
	JMP New User Welcome Kit	33
	Statistics Knowledge Portal	33
	JMPトレーニング	33
	JMP関連書籍	34
	「JMPスターター」ウィンドウ	34
	JMPテクニカルサポート	34
2	実験計画について	35
	「実験計画(DOE)」プラットフォームの概要	
3	実験計画を始めよう	39
	簡単な例による基本の説明	
	実験計画の概要と手順	41
	計画実験の例	42
	実験方法と研究目標の設定	42
	計画の作成	44
	実験の実行	50
	データの分析	50
	実験計画の手順: 問題の把握、モデルの指定、計画の作成	56

応答と因子の定義	57
モデルの指定	58
計画の作成	58
計画の評価	59
計画のデータテーブルの作成	60
実験計画の原則と指針	60
効果の階層性	61
効果の親子関係	61
効果の希薄性	61
中心点・反復実験・検定	61
4 カスタム計画	65
ニーズに合った計画の作成	
カスタム計画の概要	67
カスタム計画の作成例	68
カスタム計画の分析例	78
カスタム計画の作成	83
応答	84
因子	86
因子の制約を定義	92
交絡項	97
計画の生成	98
実験計画エクスプローラ	100
計画	101
計画の評価	102
出力オプション	103
「カスタム計画」のオプション	105
応答のシミュレート	108
X行列の保存	110
開始点の数	112
計画の検索時間	113
「カスタム計画」の統計的詳細	114
特殊なランダム化を行う実験計画	114
変更が困難な共変量	123
一次単位と二次単位の数	123
最適化基準	124
D-効率	128
座標交換アルゴリズム	128

5 カスタム計画の例	131
自分の目的に合った実験の実施	
スクリーニング計画の例	133
主効果のみを推定する計画	133
すべての2因子間交互作用を推定する計画	136
主効果と2因子間交互作用の交絡を回避する計画	139
過飽和スクリーニング計画	142
固定効果のブロック因子がある計画	149
応答曲面計画の例	154
応答曲面計画	154
ブロック因子がある応答曲面計画	160
D-最適計画とI-最適計画の比較	163
制約とカテゴリカルな因子を含む応答曲面計画	167
配合実験計画の例	173
非配合因子を含む配合計画	173
配合物の配合計画	177
共変量を含む実験	181
共変量を固定した計画	182
変更が困難な共変量を持つ計画	185
時間に伴う線形傾向の影響を考慮した計画	188
ランダム化に特殊な制約がある実験	191
分割実験	191
2方分割実験	195
ロバストな工程と製品設計を実現するための実験	202
6 拡張計画	205
既存の計画に実験を追加する	
「拡張計画」プラットフォームの使用例	207
「拡張計画」プラットフォームの起動	213
「拡張計画」ウィンドウ	214
因子	214
因子の制約を定義	215
用意されている拡張の種類	218
「拡張計画」プラットフォームのオプション	219
実験を拡張するさまざまな例	222
計画の反復	223
中心点の追加	225
折り重ね計画の作成	225
軸点の追加	226
Space Fillingによる拡張	227

「拡張計画」プラットフォームの統計的詳細	229
7 ナビ付き DOE	231
全ステップにナビが付いた実験計画ツール	
「ナビ付き DOE」プラットフォームの概要	233
「ナビ付き DOE」の例	233
「ナビ付き DOE」プラットフォームでの計画	239
定義	240
モデル	242
計画	242
データ入力	243
分析	244
予測	245
レポート	245
「ナビ付き DOE」プラットフォームの統計的詳細	245
「ナビ付き DOE」の計画選択ルール	246
「ナビ付き DOE」の「分析」タブの統計的詳細	246
8 決定的スクリーニング計画	249
決定的スクリーニング計画の概要	251
決定的スクリーニング計画の例	253
決定的スクリーニング計画を作成する	256
応答	257
因子	259
計画のオプション	261
計画	263
計画の評価	263
出力オプション	264
決定的スクリーニング計画のオプション	266
応答のシミュレート	268
決定的スクリーニング計画の別例	270
決定的スクリーニング計画を一部実施要因計画と比較する例	270
ブロック因子を含む決定的スクリーニング計画の例	272
決定的スクリーニング計画を Plackett-Burman 計画と比較する例	276
決定的スクリーニング計画の統計的詳細	279
決定的スクリーニング計画の構造	280
実験データの分析	282

9 「決定的スクリーニングのあてはめ」 プラットフォーム	283
決定的スクリーニング実験データの分析	
「決定的スクリーニングのあてはめ」 プラットフォームの概要	285
決定的スクリーニング計画における変数選択	285
決定的スクリーニング計画の効果的モデル選択	285
「決定的スクリーニングのあてはめ」 プラットフォームの例	286
「決定的スクリーニングのあてはめ」 プラットフォームの起動	290
「決定的スクリーニングのあてはめ」 レポート	290
ステージ1 - 主効果の推定値	291
ステージ2 - 偶数次効果の推定値	292
組み合わせたモデルのパラメータ推定値	293
主効果残差プロット	294
予測プロファイル	294
「決定的スクリーニングのあてはめ」 プラットフォームのオプション	294
「決定的スクリーニングのあてはめ」 プラットフォームの統計的詳細	295
10 スクリーニング計画	299
スクリーニング計画の概要	301
スクリーニング計画の基本原則	301
スクリーニング計画の結果の分析	301
スクリーニング計画の例	302
スクリーニング計画の作成	309
応答	310
因子	312
スクリーニング計画の種類を選択	314
一部実施要因計画の一覧から選択	315
計画の種類	315
スクリーニング計画のレゾリューション	318
計画の表示と変更	319
主効果スクリーニング計画	321
計画の生成	322
計画	323
計画の評価	323
出力オプション	324
テーブルの作成	325
スクリーニング計画のオプション	326
スクリーニング計画の別例	328
一部実施要因計画の生成ルールを変更する例	328
Plackett-Burman 計画の例	334

主効果スクリーニング計画の例（標準的な計画が存在しない場合）	339
11 「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォーム	343
スクリーニング実験データの分析	
「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームの概要	345
「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームの例	345
「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームの起動	348
「2水準スクリーニングのあてはめ」レポート	349
対比	350
半正規プロット	350
モデルの作成または実行	350
「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームの別例	351
Plackett-Burman 計画の分析例	351
効果の親子関係の例	352
過飽和実験計画の分析例	354
「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームの統計的詳細	356
効果の追加順序の統計的詳細	356
直交回転としての2水準スクリーニングのあてはめの統計的詳細	356
Lenthの擬似的標準誤差（PSE）の統計的詳細	357
Lenthのt値の統計的詳細	357
12 応答曲面計画	361
応答曲面計画の概要	363
応答曲面計画の例	365
応答曲面計画の作成	372
応答	373
因子	375
計画を選択する	376
出力オプション	378
テーブルの作成	379
応答曲面計画のオプション	380
13 完全実施要因計画	383
完全実施要因計画の概要	385
完全実施要因計画の例	385
完全実施要因計画の分析例	387
完全実施要因計画の作成	391
応答	391
因子	394

出力オプション	395
テーブルの作成	397
完全実施要因計画のオプション	398
14 配合計画	401
配合物のための計画	
配合計画の概要	403
配合計画の作成	403
応答	404
因子	406
三角図の概要	407
配合計画の種類	408
最適な配合計画の例	408
単体重心計画の例	410
単体格子計画の例	412
端点計画の例	413
ABCD 計画の例	416
Space Filling 計画の例	417
配合計画のあてはめ	419
モデル全体に対する検定と分散分析レポート	420
応答曲面レポートについて	420
「配合計画」プラットフォームの別例	420
「配合計画」の統計的詳細	426
端点計画法の統計的詳細	426
Space Filling 計画における FFF 最適化基準の統計的詳細	426
15 タグチ計画	429
誤差因子のある計画	
タグチ計画の概要	431
タグチ計画の例	431
タグチ計画の作成	436
応答	436
因子	436
内側配置計画と外側配置計画を選択	437
コード化された計画の表示	437
計画のデータテーブルの作成	438
タグチ計画のオプション	439
16 計画の評価	441
計画の性質を検討する	
「計画の評価」プラットフォームの概要	443

「計画の評価」プラットフォームの例	444
一部の実験結果を除外したときの影響を評価する例	444
特定のモデルにおける検出力を評価する例	451
「計画の評価」起動ウィンドウ	453
「計画の評価」ウィンドウ	453
因子	455
モデル	455
交絡項	456
計画	456
計画の評価	457
検出力分析	457
予測分散プロファイル	463
計画領域率プロット	464
予測分散曲面	465
推定効率	467
交絡行列	469
相関のカラースマップ	470
計画の診断統計量	471
「計画の評価」のオプション	473
17 計画の比較	475
計画の比較および評価	
「計画の比較」プラットフォームの概要	477
計画の比較の例	477
同じ実験回数の計画を使った例	477
異なる実験回数の計画を使った例	482
一次単位の数異なる分割実験の例	486
「計画の比較」プラットフォームの起動	489
「計画の比較」プラットフォームでモデルと交絡項を指定する	491
基準の計画	492
因子	492
モデル	492
交絡項	492
「計画の比較」プラットフォームの「計画の評価」	493
検出力分析	493
予測分散プロファイル	497
計画領域率プロット	498
相対推定効率	499
交絡行列の要約	501
相関係数の絶対値	503

計画の診断統計量	505
計画の比較のオプション	506
18 検出力と標本サイズ	507
「標本サイズと検出力」プラットフォームの起動	509
[1 標本平均]	509
[1 標本平均] の入力フィールド	509
[2 標本平均]	510
[2 標本平均] の入力フィールド	510
[k 標本平均]	511
[k 標本平均] の入力フィールド	511
[1 標本標準偏差]	512
[1 標本標準偏差] の入力フィールド	512
[1 標本割合]	513
[1 標本割合] の入力フィールド	513
[2 標本割合]	514
[2 標本割合] の入力フィールド	515
[ユニットあたり度数]	516
[シグマクオリティの水準]	516
[シグマクオリティの水準] の入力フィールド	516
[信頼性試験計画]	517
[信頼性試験計画] の入力フィールド	517
「信頼性実証」	519
「信頼性実証」 の入力フィールド	519
19 選択モデル計画	521
最適な製品プロファイルを選ぶための計画を作成する	
選択モデル計画の概要	523
選択モデル計画の用語	523
Bayes 流の D-最適化基準	523
選択モデル計画の例	524
選択モデル計画の分析例	527
パイロット調査のための選択モデル計画の作成	527
パイロット調査の分析	529
事前情報を使った最終選択実験の計画	531
選択モデル計画を実行し、結果を分析する	532
選択モデル計画の作成	536
属性	536
モデル	537

計画の生成	539
計画	539
テーブルの作成	541
「選択モデル計画」のオプション	541
「選択モデル計画」の統計的詳細	542
Bayes 流の D-最適計画	543
効用中立な計画と局所的な D-最適計画	543
20 MaxDiff 計画	545
最良と最悪とを選択させる調査の計画	
「MaxDiff 計画」プラットフォームの概要	547
MaxDiff 計画の例	547
「MaxDiff 計画」起動ウィンドウ	551
MaxDiff 計画の作成	551
計画のオプション	551
計画	552
ペアの生起行列	552
テーブルの作成	552
MaxDiff 調査のオプション	552
21 被覆配列	555
構成要素の交互作用に起因する故障の検出	
被覆配列の概要	557
因子水準に対する制約がない被覆配列の例	559
因子水準に対する制約がある被覆配列の例	563
被覆配列計画の作成	569
因子	570
因子の制約を定義	571
計画	574
指標	576
出力オプション	577
「被覆配列」データテーブル	577
「被覆配列」のオプション	579
「被覆配列」の技術的詳細	580
最適化アルゴリズム	580
指標の計算式	580
22 Space Filling 計画	583
Space Filling 計画の概要	585
Space Filling 計画の例	585

Space Filling 計画の作成	587
応答	588
因子	590
因子の制約を定義	592
Space Filling 計画手法	595
計画	596
計画の診断統計量	596
計画のデータテーブル	597
Space Filling 計画のオプション	597
Space Filling 計画の別例	599
ラテン超方格計画の作成例	600
一様計画の作成例	601
球の詰め込み計画、ラテン超方格計画、一様計画の比較例	603
最小ポテンシャル計画の例	604
制約を指定した高速柔軟充填計画の例	606
地図上の Space Filling 計画の作成例	608
球の詰め込み計画の例	613
Space Filling 計画の統計的詳細	617
最小ポテンシャル	618
最大エントロピー	618
Gauss 過程 IMSE	618
高速柔軟充填計画の詳細	619
23 加速寿命試験計画	621
加速寿命試験の実験計画	
加速寿命試験計画の概要	623
加速寿命試験計画の例	623
加速寿命試験計画の作成	625
加速寿命試験の加速因子を指定する	626
事前確率の指定	627
加速寿命試験計画の設定の確認・変更	628
加速寿命試験計画の作成と評価	629
計画のデータテーブルの作成	631
加速寿命試験計画のオプション	632
加速寿命試験計画の別例	633
加速寿命試験計画の事前確率を推定する例	633
加速寿命試験を拡張する例	641
「加速寿命試験計画」プラットフォームの統計的詳細	645
加速寿命試験計画の故障分布	645
R 精度係数 (95% 信頼区間)	646

加速寿命試験の最適化基準	647
24 非線形計画	649
非線形計画の概要	651
非線形計画の例	652
事前データなしで非線形計画を作成する例	652
非線形計画を拡張する例	656
二項分布に従う応答変数の非線形計画を作成する例	660
非線形計画の作成	663
因子	664
パラメータ	664
計画の生成	665
計画	665
テーブルを作成または拡張する	665
非線形計画のオプション	665
「非線形計画」の統計的詳細	666
非線形モデルの統計的詳細	666
最適化基準の動径-球求積法の統計的詳細	667
最適計画を見つけるアルゴリズムの統計的詳細	667
25 釣合い型不完備ブロック計画	669
すべての処置をブロック内で等しい回数実行する	
釣合い型不完備ブロック計画の例	671
釣合い型不完備ブロック計画の作成	673
処置およびブロックの指定と計画の作成	673
計画の検証とテーブルの作成	674
「釣合い型不完備ブロック計画」のオプション	675
「釣合い型不完備ブロック計画」の統計的詳細	676
26 測定システム分析計画	677
測定システム分析実験の計画を作成する	
測定システム分析計画の概要	679
測定システム分析計画の例	679
測定システム分析計画の作成	683
応答	684
因子	686
測定システム分析計画の構造	687
測定システム分析計画の診断統計量	688
測定システム分析計画のデータテーブル	689
測定システム分析計画のオプション	689

「測定システム分析計画」プラットフォームの統計的詳細	691
27 群直交過飽和計画	693
群直交過飽和計画の作成	
群直交過飽和計画の概要	695
群直交過飽和計画の例	695
群直交過飽和計画の作成	697
因子の指定、構造、計画の作成	697
計画の検証とテーブルの作成	698
群直交過飽和計画のオプション	699
群直交過飽和計画の統計的詳細	700
28 「群直交過飽和のあてはめ」プラットフォーム	701
群直交過飽和計画データの分析	
「群直交過飽和のあてはめ」プラットフォームの概要	703
「群直交過飽和のあてはめ」プラットフォームの例	703
「群直交過飽和のあてはめ」プラットフォームの起動	706
「群直交過飽和のあてはめ」レポート	707
「群直交過飽和のあてはめ」プラットフォームのオプション	708
「群直交過飽和のあてはめ」プラットフォームの統計的詳細	708
29 標本サイズエクスペローラ	709
標本サイズ/検出力の計算	
「標本サイズエクスペローラ」プラットフォームの概要	711
標本サイズエクスペローラの例	711
標本サイズエクスペローラの起動	712
仮説検定のための「検出力エクスペローラ」	713
一標本平均の検出力	714
一標本割合の検出力	716
一標本分散の検出力	719
一標本平均の同等性の検出力	721
一標本 Poisson 平均の検出力	724
独立二標本平均の検出力	726
独立二標本割合の検出力	730
独立二標本分散の検出力	732
独立二標本平均の同等性の検出力	735
独立二標本 Poisson 平均の検出力	738
分散分析の検出力	740
信頼区間エクスペローラ	743
一標本平均の信頼区間	744
一標本割合の信頼区間	747

一標本分散の信頼区間	749
一標本 Poisson 平均の信頼区間	751
「一標本 Poisson 平均の信頼区間エクスプローラ」の統計的詳細	752
独立二標本平均の信頼区間	753
独立二標本割合の信頼区間	755
独立二標本分散の信頼区間	758
独立二標本 Poisson 平均の信頼区間	759
信頼性エクスプローラ	761
パラメトリックな信頼性実証	762
ノンパラメトリックな信頼性実証	764
信頼性寿命試験	765
品質エクスプローラ	767
シグマクオリティの水準	768
標本サイズエクスプローラの「設定の保存」	769

A 列プロパティ 771

実験計画で割り当てられる列プロパティの解説

実験計画で使う列プロパティの追加と表示	773
「応答変数の限界」列プロパティ	774
「応答変数の限界」列プロパティの例	776
実験計画の応答変数の限界を編集する例	779
検出限界	782
単位	782
関数的応答	782
「因子の役割」列プロパティ	782
「因子の役割」列プロパティの例	783
「コード変換」列プロパティ	785
最小値と最大値のコード変換	785
「コード変換」列プロパティと「多項式の中心化」オプション	786
実験計画における因子のコード変換の例	786
コード変換の割り当て例	790
配合	793
「配合」列プロパティの例	795
「因子の変更」列プロパティ	798
「因子の変更」列プロパティの例	800
値の表示順序	801
「値の表示順序」列プロパティの例	803
値の表示順序を割り当てる例	804
値ラベル	805
「値ラベル」列プロパティの例	805

「ブロックあたり実験回数」列プロパティ	807
「ブロックあたり実験回数」列プロパティの例	807
「制約状態」列プロパティ	808
「制約状態」列プロパティの例	809
B 技術的な詳細	811
交絡行列	813
変更が「困難」または「非常に困難」な因子を含む計画の交絡行列	813
推定が「可能な場合のみ」の効果を含む計画の交絡行列	813
検出力の計算	814
1つのパラメータに対する検出力	814
カテゴリカルな効果に対する検出力	815
相対的な予測分散	816
C 参考文献	819
D テクノロジーに関する通知	825

第 1 章

JMP の概要 マニュアルとその他のリソース

ここでは、表記法、各 JMP マニュアルやヘルプシステムの内容、その他のサポートの利用方法など、JMP マニュアルに関する詳細を説明しています。

目次

JMPのマニュアルの表記規則	23
JMPヘルプ	24
JMPドキュメンテーションライブラリ	24
JMPを習得するためのその他のリソース	30
JMPの検索	31
JMPのチュートリアル	31
サンプルデータテーブル	31
統計用語とJSL用語の習得	32
JMPを使用するためのヒント	32
JMPのツールヒント	32
JMP User Community	33
オンラインのStatistical Thinkingコース（無料）	33
JMP New User Welcome Kit	33
Statistics Knowledge Portal	33
JMPトレーニング	33
JMP関連書籍	34
「JMPスターター」ウィンドウ	34
JMPテクニカルサポート	34

JMPのマニュアルの表記規則

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（オンラインでは等幅斜体フォント）で表記し、先に示すコードより字下げされています。
- 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「」で囲んで太字で表記
- 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 jmp.com/software/pro/ 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 ヘルプ

[ヘルプ] メニューの [JMPヘルプ] では、JMPの機能、統計手法、JMPスクリプト言語 (*.JSL) についての情報を検索できます。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の場合は、[ヘルプ] > [JMPヘルプ] を選択してJMPヘルプを表示します。
- Windowsでは、F1キーを押すとデフォルトのブラウザにヘルプが表示されます。
- データテーブルやレポートウィンドウにおける特定の部分に関するヘルプも表示できます。[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。

メモ: JMPヘルプを使用するにはインターネット接続が必要です。インターネット接続がない環境でも、[ヘルプ] > [JMPドキュメンテーションライブラリ] を選択すればPDF形式のマニュアルを開くことができます。詳細については、「[JMPドキュメンテーションライブラリ](#)」を参照してください。

JMP ドキュメンテーションライブラリ

ヘルプのすべての内容は、『JMPドキュメンテーションライブラリ』という1つのPDFファイルにまとめられています。[ヘルプ] > [JMPドキュメンテーションライブラリ] を選択すると、そのPDFファイルが開きます。JMPライブラリに含まれるマニュアルごとのPDFファイルを入手したい場合は、Documentation PDF Filesアドインをダウンロードすることもできます。アドインは、<https://community.jmp.com> でダウンロードしてください。

以下の表は、JMPドキュメンテーションライブラリに含まれている各マニュアルの目的および内容を要約したものです。

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、データを作成、分析し始めるための情報、および結果を共有する方法
『JMPの使用方法』	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] で二変量分析、一元配置分散分析、分割表分析を実行する方法の説明。ブートストラップによる標本分布の近似方法や、乱数シミュレーションによるパラメトリックな標本再抽出の実行方法も説明されています。
『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 - 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 - 散布図行列 - 三角図 - ツリーマップ - チャート - 重ね合わせプロット このマニュアルには背景地図や独自の地図の作成方法も記載されています。

マニュアル	目的	内容
『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] メニューで用意されているすべてのプロファイルについて。誤差因子の分析が、ランダムなインプット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)] メニューで用意されているすべての機能について。
『基本的な回帰モデル』	「モデルのあてはめ」プラットフォームとその多くの手法について学ぶ	[分析] メニューの「モデルのあてはめ」プラットフォームで利用できる、以下の手法の説明： - 標準最小2乗 - ステップワイズ法 - 一般化回帰 - 混合モデル - 一般化線形混合モデル - 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： - 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 - サポートベクトルマシン - モデルの比較 - モデルのスクリーニング - 検証列の作成 - 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 - 関数データエクスプローラ - 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： - 外れ値を調べる - 欠測値を調べる - パターンを調べる - 応答のスクリーニング - 説明変数のスクリーニング - アソシエーション分析 - 工程履歴エクスプローラ

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回帰 • 多重対応分析 • 構造方程式モデル • 因子分析 • 多次元尺度構成 • 多変量埋め込み • 項目分析 [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 • 変数のクラスターリング

マニュアル	目的	内容
『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 (EMP、タイプ1 ゲージ) • 計量値/計数値ゲージチャート • 工程のスクリーニング • 工程能力 • モデルに基づく多変量管理図 • 旧機能の管理図 • パレート図 • 特性要因図 • 仕様限界の管理 • OC 曲線
『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 • 反復測定劣化 • 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

マニュアル	目的	内容
『消費者調査』	消費者選好を調査し、その洞察を使用してより良い製品やサービスを作成するための方法を学ぶ	[分析] > [消費者調査] メニューで使用できる以下のプラットフォームの説明： • カテゴリカル • 選択モデル • MaxDiff • アップリフト • 多重因子分析
『遺伝学』	JMPで遺伝子データを分析する方法や、遺伝子データを使って品種改良プログラムをシミュレートし、最適な交配を予測する方法を学ぶ	[分析] > [遺伝学] メニューからアクセスできるプラットフォームの説明： • マーカーの統計量 • マーカーのシミュレーション
『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。

JMPを習得するためのその他のリソース

JMP ヘルプに加え、次のリソースも JMP を学習するのに役立ちます。

- [「JMPの検索」](#)
- [「JMPのチュートリアル」](#)
- [「サンプルデータテーブル」](#)
- [「統計用語とJSL用語の習得」](#)
- [「JMPを使用するためのヒント」](#)
- [「JMPのツールヒント」](#)
- [「JMP User Community」](#)
- [「オンラインの Statistical Thinking コース（無料）」](#)

- [「JMP New User Welcome Kit」](#)
- [「Statistics Knowledge Portal」](#)
- [「JMPトレーニング」](#)
- [「JMP関連書籍」](#)
- [「「JMPスターター」ウィンドウ」](#)

JMPの検索

ある統計手法をどこから実行すればよいかわからない場合は、JMP全体で検索しましょう。検索を起動したウィンドウ（データテーブル、レポートなど）に合わせて、結果が表示されます。

1. **[ヘルプ]** > **[JMPの検索]** をクリックします。または、**Ctrl** キーを押しながら **カンマ** キーを押します。
2. 検索したいテキストを入力します。
3. 探していた統計手法が含まれている結果をクリックします。
右側にその手法の説明と場所が表示されます。
4. 該当するボタンをクリックして分析を起動するか、ヘルプを開きます。

JMPのチュートリアル

[ヘルプ] > **[チュートリアル]** を選択すると、JMPのチュートリアルが表示されます。**[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。サンプルデータのディレクトリを開くには、**[ヘルプ]** > **[サンプルデータフォルダ]** 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]** > **[サンプルの索引]** 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\17\Samples\Data

macOS の場合: \Library\Application Support\JMP\17\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。

[ヘルプ] > [サンプルの索引] を選択して呼び出されるウィンドウの「教育用」セクションには、教育用のサンプルが用意されています。jmp.com/toolsには教育用のアドインなどが用意されています。

統計用語と JSL 用語の習得

統計用語に関するヘルプを表示するには、[ヘルプ] > [統計の索引] を選択します。JSL スクリプトに関するヘルプやスクリプトの例を表示するには、[ヘルプ] > [スクリプトの索引] を選択します。

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 JMP スクリプト言語 (JSL) の関数、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。サンプルスクリプトを編集して実行したり、コマンドに関するヘルプを表示したり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、「環境設定」ウィンドウでも表示するかどうかを設定できます。

JMP のツールヒント

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（またはホバーラベル）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 の「環境設定」ウィンドウ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、macOS 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をさらに学習したり、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のWeb] > [JMP User Community] を選択するか、<https://community.jmp.com> をご覧ください。

オンラインのStatistical Thinking コース（無料）

この無料のオンラインコースでは、「探索的データ分析」、「品質手法」、「相関と回帰」といったトピックについて、実用的な統計技術を学習できます。各コースは、短い動画、デモ、練習問題などで構成されています。jmp.com/statisticalthinking をご覧ください。

JMP New User Welcome Kit

JMP New User Welcome Kitは、JMPの基本的な使用方法をすばやく習得するのに役立ちます。30の短いデモ動画と実習をこなし、ソフトウェアの使い方を身につけ、全世界のJMPユーザが集まった最大規模のオンラインコミュニティに参加できます。jmp.com/welcome をご覧ください。

Statistics Knowledge Portal

Statistics Knowledge Portalは、わかりやすい例とグラフを使って統計を簡潔に説明し、統計の基礎知識を提供しています。jmp.com/skp をご覧ください。

JMP トレーニング

SASでは、経験豊かなJMPのエキスパートを講師とした各種トレーニングを提供しています。パブリックコース、ライブWebセミナー、オンサイトコースをご利用いただけます。また柔軟に学べるeラーニングも用意しています。jmp.com/training をご覧ください。

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。jmp.com/books をご覧ください。

「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」ウィンドウから始めるとよいでしょう。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] メニューで用意されている多くの項目があります。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] (macOS では [ウィンドウ]) > [JMP スターター] を選びます。
- 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] を選びます。macOS 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。

JMP 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。

jmp.com/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

実験計画について

「実験計画(DOE)」プラットフォームの概要

「実験計画(DOE)」メニューにある各プラットフォームは、実験の計画・評価・分析に関するものです。ほとんどのプラットフォームは、実験を計画するためのものです。いくつかのプラットフォームは、実験計画を評価したり、実験計画のデータを分析したりします。「ナビ付きDOE」では、実験の計画から分析に渡るまでの一連の作業をナビに従って進めることができます。この節では、[実験計画(DOE)]の各プラットフォームを簡単に紹介します。

実験計画を作成するプラットフォーム

ナビ付きDOE 「ナビ付きDOE」では、計画の定義、データの入力、実験の分析という一連の流れを1つのプラットフォームだけで行えます。「ナビに従い設定」モードでは、指示に従って実験の計画と分析を進めていくことができます。一方、「自分で細かく設定」モードでは、分析者自身が細かく設定を指定することができます。

カスタム計画 さまざまな種類の計画を作成します。カスタム計画は、古典的な実験計画よりも、実験コストを抑えることができ、かつ、柔軟性が高いです。「カスタム計画」プラットフォームの「実験計画エクスペローラ」では、現在の計画に対して、別のいくつかの計画を比較することができます。

カスタム計画では、さまざまな種類の因子、因子に対する制約、および、許可しない組み合わせを指定できます。また、どの効果を必ず推定するか、どの効果を可能ならば推定するかを指定できます。そして、状況や予算に応じて、実験回数を自由に指定できます。その他にも、「変更が困難な因子」や「変更が非常に困難な因子」を指定することにより、分割法などの計画も作成できます。

「カスタム計画」プラットフォームでは、次のような特殊な種類の計画を作成できます。

- スクリーニング計画
- 応答曲面計画
- 配合計画
- 乱塊法
- 分割法
- 2段分割法
- 2方分割法

スクリーニング計画・応答曲面計画・配合計画は、他のプラットフォームでも作成できますが、「カスタム計画」プラットフォームには、他のプラットフォームにない柔軟性があります。分割実験を作成できるのは、「カスタム計画」プラットフォームのみです。

決定的スクリーニング計画 決定的スクリーニング計画 (Definitive Screening Design; DSD) を作成します。決定的スクリーニング計画は、連続尺度および2水準の因子に対するスクリーニング計画です。曲面性が存在すると疑われる場合(2乗の効果があるだろう場合)や、因子間に交互作用があるだろう場合、決定的スクリーニング計画が役立ちます。決定的スクリーニング計画は、2次までの効果において完全交絡がなく、強い曲面性をもつ効果を検出できます。

決定的スクリーニング計画は、4つ以上の因子をもつ実験に適しています。また、決定的スクリーニング計画は、ブロックをもつ実験も作成できます。この時、ブロックの数には任意の数を指定できます。

スクリーニング計画 連続尺度の因子、および、任意の水準数をもつ離散数値とカテゴリカル因子に対して、スクリーニング計画を作成します。標準的・古典的な従来のスクリーニング計画が存在する場合、次の2つのオプションがあります。

- 標準的・古典的なスクリーニング計画の一覧から、希望の計画を選択します。このオプションでは、2水準の連続尺度の因子、2水準または3水準のカテゴリカル因子、2水準または3水準の離散数値の因子をもつ計画を作成できます。
- 主効果に対する直交計画や殆直交計画を生成します。殆直交計画を作成する機能では、2水準である連続尺度の因子、および、任意の水準数をもつカテゴリカル因子と離散数値の因子を扱えます。主効果に対する直交計画や殆直交計画は、交互作用が無視できるほど小さい状況において、主効果を効率よく推定するためのスクリーニング計画となっています。

スクリーニング計画を行いたいのに、標準的・古典的な従来のスクリーニング計画には、自分の状況に適したものがない場合があります。そのような場合でも、殆直交計画は作成できます。

応答曲面計画 連続変数の2次式を推定する計画を作成します。応答曲面計画では、2乗の効果を推定するために、各因子は3水準とされます。このプラットフォームでは、最大8因子の応答曲面計画を作成できます。

中心複合計画やBox-Behnken計画を、リストから選択できます。場合によっては、直交しているブロック因子の中心複合計画も選択できます。中心複合計画には、さまざまな調整を行えます。

完全実施要因計画 任意の水準数を持つ、連続変数やカテゴリカル因子で完全実施要因計画を作成します。因子数も任意です。完全実施要因計画は、各因子における水準のすべての組み合わせになっています。完全実施要因計画は大規模になる傾向があります。実験回数は、各因子の水準数を掛け合わせたものです。

配合計画 配合物の成分を因子とした計画を作成します。配合実験では、1つの成分の割合を変更すると、全体の合計を維持するために残りの成分の割合も変更しなければなりません。JMPでは、従来型のアプローチを含め、最適計画・単体重心計画・単体格子計画・端点計画・ABCD計画・Space Filling計画(空間充填計画)が作成できます。最適計画・端点計画・Space Filling計画では、線形不等式の制約を因子に課すことにより、計画の領域を制限できます。

タグチ配列 SN比分析に使用する計画を作成します。この計画は、内側配置と外側配置との直積から構成される配列です。制御因子の設定が内側配列、誤差因子の設定が外側配列を形成します。SN比分析では、平均とSN比を応答として分析が行われます。

なお、この「タグチ配列」ではなく、カスタム計画によって、制御因子、誤差因子、制御因子と誤差因子の交互作用を含む計画を作成することも考えられます。そのような計画は、組み合わせ配列(combined arrays)と呼ばれており、一般的に、タグチ配列よりも実験回数が少なくすみ、効率が良いです。

選択モデル計画 異なる属性をもつ製品の候補を比較するための計画を作成します。選択モデル計画では、製品の属性を因子とします。異なる属性をもつ製品を、1回につき2個～4個用意して回答者に提示します。実験では、それらのなかから回答者に好きな製品を選んでもらいます。製品の属性について事前情報がある場合は、それを計画に反映させることができます。

MaxDiff 計画 MaxDiff 調査のための選択肢集合を含む計画を作成します。MaxDiff 調査では、回答者は、小規模の選択肢集合の中から、最も好ましいものと最も好ましくないものだけを回答します。最良のものと最悪のものを選んでもらうので、最良のものだけを選ぶ実験（通常の選択実験）よりも、順位付けに関するより有用な情報を得ることができます。

JMP PRO 被覆配列 ソフトウェアやネットワークなどのシステムを検証するための組み合わせを作成します。強度 t の被覆配列では、 t 個の因子における水準のすべての組み合わせが、少なくとも1回は実験に出現します。被覆配列では、任意の水準数を持つ任意の個数のカテゴリカルな因子を指定できます。また、許可しない組み合わせも指定できます。

Space Filling 計画 Space Filling 計画（空間充填計画）は、調査対象であるシステムが決定論的である（または、ほぼ決定論的な）場合に用います。Space Filling 計画は、一般的には、決定論的で、かつ、とても複雑なコンピュータシミュレーションの結果から、単純な近似モデルを作成するときに使用されています。

決定論的なシステムには、ばらつきがありません。そのような場合における分析の目標は、近似的なモデルと真のモデルとの差（バイアス）を最小にすることです。Space Filling 計画は、計画点をお互いからできるだけ遠ざけたり、計画領域全体に均等に分散させたりすることで、この目標を達成できるようにします。

JMP では、7種類のSpace Filling 計画が用意されています。このうち、高速柔軟充填計画（fast flexible filling design）では、任意の水準数を持つカテゴリカルな因子や、線形制約も指定できます。

加速寿命試験計画 加速寿命試験（故障時間を早めるために過酷な条件下に製品をさらす試験）を作成・拡張できます。試験結果をもとに、通常の運用条件下での製品の信頼性を予測できます。

寿命の分布として、対数正規分布またはWeibull分布のいずれかを仮定できます。1～2つの加速因子を指定できます。加速因子が2つの場合は、交互作用を含めることもできます。加速寿命モデルのパラメータに対し、事前分布を指定することができます。D-最適計画と2種類のI-最適計画が作成できます。

非線形計画 パラメータに関して非線形なモデルをあてはめるための計画を作成・拡張します。既存のデータがあるならば、そこから計算された推定値から、計画を作成すると良いでしょう。既存のデータがない場合には、何らかの事前の知識をもとに計画を作成します。

釣合い型不完備ブロック計画 a 個の処置を b 個のブロックにおいて実験する計画を作成します。その際、1つのブロック内で扱う処置の数を k 個 ($k < a$) に制約します。

測定システム分析計画 測定システム分析（MSA; Measurement Systems Analysis）の実験を行うための完全実施要因計画を作成します。

群直交過飽和計画 スクリーニング計画の1種である群直交過飽和計画(group orthogonal supersaturated design)を作成します。一連の実験におけるごく初期の段階において、実験で調べるべき因子の個数が実施する実験の回数より多い場合は、群直交過飽和計画が役立つでしょう。群直交過飽和計画は、2水準の過飽和計画であり、モデル選択に適した特徴を持つ特殊な計画です。

実験計画の作業を助けるプラットフォーム

拡張計画 実験を追加した後の計画が最適になるように、既存の計画に実験を追加します。逐次的に実験を追加していくときに、「拡張計画」が役立ちます。最適計画となるように実験を追加する以外にも、計画を反復したり、中心点を追加したり、計画を折り重ねたり、軸点を追加したり、Space Filling（空間充填）の枠組みで点を追加したり、などの方法で、実験を追加できます。元の実験と追加した実験をブロックに分けることもできます。元のモデルに存在していない交互作用や2乗項などを新たにモデルに加えて、それらの効果を加えたモデルでの最適性を基準に実験を追加することもできます。

決定的スクリーニングのあてはめ 決定的スクリーニング計画に特化した統計手法により、決定的スクリーニング計画のデータを分析します。この手法は、「決定的スクリーニング計画の効果的モデル選択」(Effective Model Selection for DSDs)と呼ばれています。この手法は、決定的スクリーニング計画がもつ特殊な構造をうまく利用して、分析を行います。

群直交過飽和のあてはめ 群直交過飽和計画を分析します。この分析では、群直交過飽和計画の群の直交性を利用します。

計画の評価 既存の実験計画を診断します。「計画の評価」プラットフォームは、さまざまな方法で計画の長所と短所を評価します。JMPで作成した計画に限らず、どんなデータテーブルでも評価できます。

次のような診断統計量が求められます。

- 検出力分析
- 予測分散プロット
- パラメータの推定効率
- 交絡行列 (alias matrix; モデル効果のバイアス構造を示す行列)
- 効果間の絶対相関を示すカラーマップ
- 計画の効率を示す指標

計画の比較 最大4つの計画を基準の計画と比較します。計画の性能を調べ、評価し、比較することができます。複数の計画を比較したときの相対的な効率性に関する診断統計量と、1つ1つの計画の絶対的な効率性を示す診断統計量が計算されます。

標本サイズエクスプローラ 標本サイズと検出力を計算する標本サイズエクスプローラを開きます。標本サイズエクスプローラでは、指定された設定に対して、実験や調査に必要な標本サイズ（実験回数、観測数、標本の大きさ）を求めます。仮説検定・区間推定・信頼性実証・ σ クオリティの水準について、標本サイズを求められます。

第3章

実験計画を始めよう 簡単な例による基本の説明

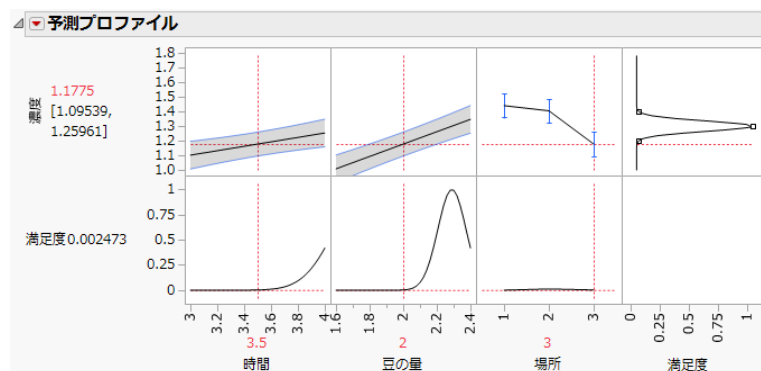
因子と応答の関係をモデル化・探索するために統制された環境での実験を構成する作業を、「実験計画（DOE; Design Of Experiments）」と呼びます。「ナビ付きDOE」では、実験の計画から分析までの一連の作業を、ナビに従って進めることができます。JMPに用意されている各種ツールによって、実験者の状況に応じた、効率的な実験計画を作成できます。具体的には、次のような計画を作成できます。

- 「カスタム計画」プラットフォームでは、実験者の状況に合わせて計画をカスタマイズできます。いろいろな種類の因子や、変更が困難な因子（分割実験の場合）を任意の数だけ指定できます。また、実験回数も、実験者が決めることができます。
- 「決定的スクリーニング計画」プラットフォームは、新しく提案された決定的スクリーニング計画を作成するためのプラットフォームで、他の主効果や2次交互作用と主効果が交絡しないスクリーニング計画を作成します。決定的スクリーニング計画で得られた実験結果からは、2乗項も推定できます。
- 「スクリーニング計画」・「応答曲面計画」・「完全実施要因計画」・「配合計画」・「タグチ配列」の各プラットフォームでは、従来の古典的な実験計画を作成します。
- 「被覆配列」・「選択モデル計画」・「Space Filling 計画」・「加速寿命試験計画」・「非線形計画」・「釣合い型不完備ブロック計画」・「測定システム分析計画」の各プラットフォームでは、それぞれに特化した計画を作成します。

「計画の評価」・「計画の比較」・「拡張計画」の各プラットフォームでは、既存の計画を評価したり、拡張したりできます。「標本サイズエクスプローラ」プラットフォームでは、さまざまな種類の実験や調査における標本サイズと検出力を計算することができます。

この章では、JMPにおける実験計画の基本を、例を用いて説明します。実験計画の枠組みや原則、および、基本的な手順について説明します。

図3.1 プロファイルの例



目次

実験計画の概要と手順 41

計画実験の例..... 42

 実験方法と研究目標の設定 42

 計画の作成..... 44

 実験の実行..... 50

 データの分析 50

実験計画の手順: 問題の把握、モデルの指定、計画の作成 56

 応答と因子の定義..... 57

 モデルの指定 58

 計画の作成..... 58

 計画の評価..... 59

 計画のデータテーブルの作成..... 60

実験計画の原則と指針 60

 効果の階層性 61

 効果の親子関係 61

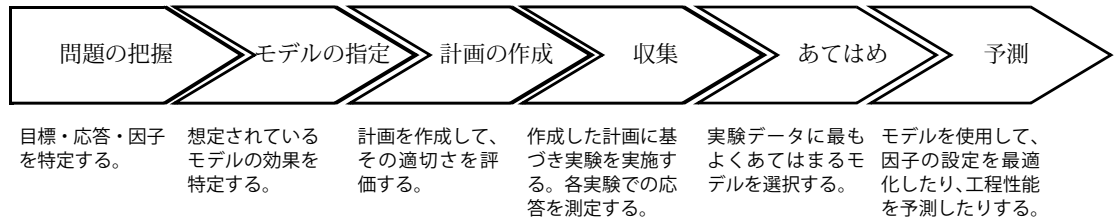
 効果の希薄性 61

 中心点・反復実験・検定 61

実験計画の概要と手順

実験の計画・実験・分析は、次図のような流れにまとめることができます。どのステップにおいても事前の知識が重要な意味を持ちます。「ナビ付きDOE」を使うと、ナビに従って、この流れに沿って作業を進めることができます。

図3.2 実験計画のフレームワーク



最初の3ステップは「実験計画(DOE)」プラットフォームで行います。そして、作成された計画に基づき、実験室や現場にて実験を行います。3つのステップの詳細は、「[実験計画の手順: 問題の把握、モデルの指定、計画の作成](#)」を参照してください。

問題の把握 実験の目標を決定します。応答と因子を特定します。

実験を行う目的には、重要な因子を特定すること、最適な因子設定を特定すること、予測モデルを作成すること、などがあるでしょう。

モデルの指定 問題とする物理現象を適切に表すであろうモデルを仮定します。

ここで**仮定する**モデルは、推定したい効果をすべて含んでいるのが望ましく、分析を行うときの出発点となります。一部のプラットフォームでは、仮定するモデルを計画の段階で明示的に指定できます。その他のプラットフォームでは、ユーザが行う選択に基づいて、特定のモデルが暗黙的に仮定されます。たとえば、「スクリーニング計画」プラットフォームでは、レゾリューションを選択します。選択されたレゾリューションによって、モデルに含まれる効果の交絡が決まります。効果が交絡していると、それらの効果が影響しているのかどうかを調べることができなくなります。

計画の作成 仮定したモデルに従って計画を作成します。計画の長所と短所を把握するために、また、指定したモデルと目標に関する必要な情報が得られるかどうかを判断するために、計画を評価します。

「実験計画(DOE)」プラットフォームの「計画の評価」や「計画の診断統計量」セクションによって、計画の特徴を把握できます。

その次のステップでは、制御された状況下で実験を行い、データを収集します。

収集 各実験を実施し、応答の値を記録します。

実験の実施後、データテーブルに保存されたスクリプトを使い、「モデルのあてはめ」や「スクリーニング計画」などのプラットフォームでモデルをあてはめることができます。これらのモデルに基づいて、重要な効果を探し出したり、最適な因子設定を見つけたりします。

あてはめ 仮定したモデルを実験データにあてはめます。

JMPのモデル化プラットフォームを使って、モデルをあてはめ、改良します。モデルに曖昧な点がある場合は、計画を拡張し、追加の実験を実施します。

予測 改良したモデルを使って、実験の目標を追求します。

重要な効果を特定したり、応答を最適化する因子の水準を見つけたり、予測モデルを作成したりします。

工程や現象に関する知識を得るには、一般的に、実験を段階的に実施します。まず、スクリーニング計画によって、重要と考えられる因子を絞り込みます。次に、交互作用と2次効果を調べる計画を作成し、絞り込んだ因子を検討します。影響を及ぼすかどうか曖昧な因子がある場合は、それを解決するために追加で実験を行います。この節で紹介したステップは一巡だけになっていますが、これらのステップを何回も繰り返して実験することが必要になる場合もあります。

「[計画実験の例](#)」の例は、実験計画の手順を具体的に説明しています。また、データテーブルのスクリプトによって実験データを分析する方法も示しています。また、本書『実験計画(DOE)』で紹介している多数の例においても、実験を計画する手順と、その実験で得られたデータの分析方法を解説しています。

計画実験の例

この例では、「実験計画(DOE)」を使ってドリップコーヒーの濃度を調べます。「ナビ付きDOE」プラットフォームを使用した簡易な例は、「[ナビ付きDOEの例](#)」で紹介されています。

- 「[実験方法と研究目標の設定](#)」
- 「[計画の作成](#)」
- 「[実験の実行](#)」
- 「[データの分析](#)」

実験方法と研究目標の設定

実験計画における最初のステップは、実験と目標の定義です。ある中規模のコーヒー豆焙煎所が、別々の方法でドリップした12杯のコーヒーについて、濃度の違いを評価しようとしています。この実験の目標は、コーヒーの濃度に影響している因子を探し出し、それらの因子の最適な設定を探し出すことです。

応答

応答は、コーヒーの「濃度」です。この濃度は、屈折計を用いて測定された総溶解固形分(TDS; Total Dissolved Solids)です。コーヒーは、カップ用フィルターでドリップし、ドリップから5分後に測定を行います。

既存の研究から、濃度が1.3のコーヒーが最適であることがわかっていますが、1.2～1.4なら許容範囲です。

因子

既存の研究において、「挽き」・「温度」・「時間」・「豆の量」という4つの因子が特定されています。コーヒーは、3カ所の作業場所でドリップします。場所のばらつきを考慮に入れるため、「場所」をブロック因子として調査に加えました。以下は、因子についての説明です。

- ・「挽き」は挽きの粗さで、水準は「Medium」（中）と「Coarse」（粗い）の2つです。
- ・「温度」はコーヒー粉に注ぐ直前のお湯の温度（華氏）で、華氏195度と205度に設定します。
- ・「時間」はドリップの時間（分）で、設定値は3分または4分です。
- ・「豆の量」は円錐型のフィルターに入れるコーヒー粉の量で、水1オンスあたりの量（グラム）です。設定値は1.6と2.4です。
- ・「場所」は、コーヒーをドリップする場所で、1, 2, 3とラベリングされています。

表3.1は、因子とその設定をまとめたものです。これらの因子と水準は、「Design Experiment」フォルダ内の「Coffee Factors.jmp」サンプルデータに保存されています。

表3.1 コーヒーの実験の因子と設定の範囲

因子	役割	設定の範囲
挽き	カテゴリカル	Medium（中）・Coarse（粗い）
温度	連続変数	195 - 205
時間	連続変数	3 - 4
豆の量	連続変数	1.6 - 2.4
場所	ブロック	1, 2, 3

次のことを注意してください。

- ・「挽き」は、2水準のカテゴリカル因子です。
- ・「温度」・「時間」・「豆の量」は、連続尺度の因子です。
- ・「場所」は、3水準のブロック因子です。

実験を1回行うごとに、すべての因子の設定はリセットされます。この実験には、変更が困難な因子はありません。

実験で使用する器具を図3.3に示します。これは、ある場所での実験器具です。他の2つの場所でも同様の器具を使います。

図3.3 コーヒーの実験器具



実験の回数

使用可能なリソースと時間を考慮し、全部で12回の実験を行うことにしました。ドリップする場所は3カ所なので、各場所で4回ずつ実験を行うことになります。

計画の作成

実験計画における次のステップは、計画の作成です。「[実験計画の手順: 問題の把握、モデルの指定、計画の作成](#)」で概説する手順に従い、計画を作成します。

- 「[応答と因子の定義](#)」
- 「[モデルの指定](#)」
- 「[計画の作成](#)」
- 「[計画の評価](#)」
- 「[データテーブルを作成する](#)」

応答と因子の定義

最初に表示されるセクションで、応答と因子に関する情報を入力します。

応答

1. 「[実験計画\(DOE\)](#)」 > 「[カスタム計画](#)」を選択します。

- 「応答名」の下の「Y」をダブルクリックし、「濃度」と入力します。
「目標」はデフォルトで「最大化」になっています。この例での目標は、濃度が目標の1.3（1.2～1.4の範囲内）になることです。
- デフォルトの目標値である「最大化」をクリックし、「目標値に合わせる」に変更します。

図3.4 「目標値に合わせる」を選択

応答名	目標	下側限界	上側限界	重要度
濃度	目標値に合わせる	1.2	1.4	.

- 「下側限界」の欄をクリックして「1.2.」と入力します。
- 「上側限界」の欄をクリックして「1.4.」と入力します。
- 「重要度」の欄は空白にします。

応答が1つだけなので、デフォルトで、その応答に重要度1が割り当てられます。

入力後の「応答」セクションは図3.4のようになります。

因子

因子は、手動で入力するか、または因子と設定が含まれている既存のテーブルからロードします。新しい実験を計画する際は、最初に因子を手動で入力しなければなりません。[因子の保存] オプションを使って因子をデータテーブルに保存すると、そのデータテーブルからの因子のロードが可能になります。

この例では、どちらの方法でもかまいません。「手動での因子の追加」または「[因子のロード] を使った因子の入力」を参照してください。

手動での因子の追加

- [因子の追加] > [カテゴリカル] > [2水準] を選択します。
- デフォルト名の「X1」を「挽き」に変更します。
「役割」は「カテゴリカル」に設定されています。「変更」の属性はデフォルトで「容易」になっています。この「容易」は、実験を1回行うごとに、「挽き」の設定をリセットすることを示しています。
- 「L1」と「L2」のデフォルトの値をクリックし、それぞれ「Coarse」と「Medium」に変更します。
- 「N個の因子を追加」の右側のボックスに「3」と入力します。[因子の追加] > [連続変数] を選択します。
- デフォルトの因子名と値を次のように変更します。
 - 温度 (195 と 205)
 - 時間 (3 と 4)
 - 豆の量 (1.6 と 2.4)

6. [因子の追加] > [ブロック] > [ブロックあたり4実験] を選択します。

この例では、予算の都合上、実験回数が12に決まっていた。これら12回の実験を3つの場所にバランス良く分散させます。

7. デフォルト名の「X5」を「場所」に変更します。

「役割」が[ブロック]に設定され、「値」の設定値が1つだけであることに注目してください。これは、ユーザが希望の実験回数を指定するまで、JMPがブロックの数を判断できないためです。「実験の生成」セクションで「実験の回数」を指定すると、「場所」の水準数が更新されます。

図3.5 入力後の「因子」

因子					
因子の追加 ▼ 削除 N個の因子を追加 1					
名前	役割	変更	値		単位
▼ Grind	カテゴリカル	容易	Coarse	Medium	
▲ Temperature	連続変数	容易	195	205	
▲ Time	連続変数	容易	3	4	
▲ Charge	連続変数	容易	1.6	2.4	
▲ Station	ブロック	容易	1		

8. [続行] をクリックします。

「カスタム計画」ウィンドウに次のセクションが追加されます。

- 因子の制約を定義（この例では使用しません）
- モデル
- 交絡項
- 計画の生成

[因子のロード] を使った因子の入力

因子の情報を含んだテーブルを使って因子を入力するには、次の手順に従います。

1. 次に示す手順にて因子のデータテーブルを開いた後、「カスタム計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[因子のロード] を選択します。
2. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Coffee Factors.jmp」を開きます。

因子をロードすると、「カスタム計画」ウィンドウが更新され、セクションが追加されます。

- 因子の制約を定義（この例では使用しません）
- モデル
- 交絡項
- 計画の生成

因子の制約を定義

「因子の制約を定義」セクションは、因子を手動で入力して「続行」をクリックした後、またはデータテーブルから因子をロードした後に表示されます。因子に制約がある場合は、「応答」と「因子」における手順の途中で追加します。この計画では因子設定に制約がないため、このセクションでは何もしません。

モデルの指定

モデル

図3.6に「モデル」セクションを示します。「モデル」セクションでは、推定したいモデル効果を指定します。「モデルの指定」を参照してください。デフォルトで表示されるリストには、すべての主効果が「必須」と表示されます。これは、この計画ですべての主効果が推定できることを示します。この時点で興味があるのは因子の主効果なので、「モデル」セクションに効果は追加しません。

図3.6 主効果のみのモデル

名前	推定
切片	必須
挽き	必須
温度	必須
時間	必須
豆の量	必須
場所	必須

同じ結果を得るための手順（オプション）

「カスタム計画」のアルゴリズムでは、無作為に選んだ初期計画から計画を探索していくので、実際の計画は図3.8とは異なってきます。同じ実験数を持つ計画を作成したい場合は、あらかじめ乱数シード値と開始点の数を設定しておきます。

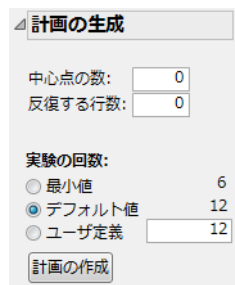
1. 「カスタム計画」の赤い三角ボタンをクリックし、「乱数シード値の設定」を選択します。
2. 「569534903」と入力します。
3. 「OK」をクリックします。
4. 「カスタム計画」の赤い三角ボタンをクリックし、「開始点の数」を選択します。
5. 「100」と入力します。
6. 「OK」をクリックします。

メモ: 上記の乱数シード値と開始点の数を設定すると、以下の例と同じ計画が得られます。特に、計画における実験の順序が異なります。なお、同じ結果でなくても良い場合は、上記の手順を行う必要はありません。

計画の作成

「計画の生成」セクションで、計画の構造やサイズに関する追加的な情報を指定できます。実験回数のデフォルト値は12です。この例では、予算の都合上、実験回数が12に決まっていた（「[実験の回数](#)」）。

図3.7 計画の生成



1. 「計画の作成」をクリックします。

「カスタム計画」ウィンドウに、「計画」および「計画の評価」セクションが追加されます。「出力オプション」パネルも表示されます。

「計画」セクションに計画が表示されます（[図3.8](#)）。乱数シード値と開始点の数を「[同じ結果を得るための手順（オプション）](#)」のように設定しなかった場合、生成される計画は[図3.8](#)とは異なる可能性があります。これは、計画の生成に使われたアルゴリズムが、無作為に選んだ初期計画から最適な計画を探索するためです。

図3.8 コーヒーの実験の計画



実験	挽き	温度	時間	豆の量	場所
1	Coarse	195	3	1.6	1
2	Medium	195	4	2.4	2
3	Medium	195	4	1.6	3
4	Medium	205	4	2.4	1
5	Coarse	205	3	2.4	2
6	Medium	205	3	2.4	3
7	Medium	205	3	1.6	1
8	Coarse	205	4	1.6	2
9	Coarse	205	4	1.6	3
10	Coarse	195	4	2.4	1
11	Medium	195	3	1.6	2
12	Coarse	195	3	2.4	3

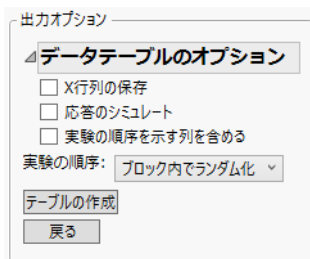
計画の評価

「計画の評価」セクションには、計画を評価するさまざまな方法が用意されています。ここでは具体的な説明は割愛します。「[計画の評価](#)」を参照してください。

データテーブルを作成する

「出力オプション」パネルにおいて、データテーブル内における実験の順序を指定できます。この例においては、デフォルトで選択されている「ブロック内でランダム化」が適切でしょう。このオプションは、実験を各「場所」内においてランダムな順序に並べます。

図3.9 出力オプション



1. 「テーブルの作成」をクリックします。

図3.10のようなデータテーブルが開きます。乱数シード値と開始点の数を「同じ結果を得るための手順（オプション）」のように設定しなかった場合は、多少異なる計画のデータテーブルが生成される可能性があります。いずれの計画のデータテーブルも、最適計画であることには変わりありません。

図3.10 カスタム計画のデータテーブル

▼ カスタム計画			挽き	温度	時間	豆の量	場所	濃度
計画	カスタム計画							
基準	D-最適計画							
▶ モデル		1	Coarse	195	4	2.4	1	•
▶ 計画の評価		2	Medium	205	3	1.6	1	•
▶ 一般化回帰		3	Medium	205	4	2.4	1	•
▶ DOEダイアログ		4	Coarse	195	3	1.6	1	•
		5	Medium	195	4	2.4	2	•
▼ 列(6/0)		6	Medium	195	3	1.6	2	•
🔍		7	Coarse	205	4	1.6	2	•
🔴 挽き *		8	Coarse	205	3	2.4	2	•
🔵 温度 *		9	Medium	195	4	1.6	3	•
🔵 時間 *		10	Medium	205	3	2.4	3	•
🔵 豆の量 *		11	Coarse	205	4	1.6	3	•
🔴 場所 *		12	Coarse	195	3	2.4	3	•
🔵 濃度 *								

「列」パネルで、因子と応答の右側にアスタリスク (*) がついています。これは、データテーブルの列に列プロパティが保存されていることを示します。これらの列プロパティは、データの分析に使用されます。「因子」および「因子の列プロパティ」を参照してください。

実験の実行

実験計画をここまで進めたら、次のステップは実験の実行です。各々の「場所」で実験を4回、計画のデータテーブルで表示されている順に行います。実験器具と材料は、1回の実験ごとにリセットします。たとえば、連続した2回の実験で195度のお湯を使用する場合、湯沸しの容器を一度冷やしてから、新たに12オンスの水を195度に沸かします。そして、1回の実験ごとに、「濃度」の測定値を記録します。

計画された実験に対する「濃度」の測定結果は、「Design Experiment」フォルダ内の「Coffee Data.jmp」サンプルデータにあります（図3.11）。

図3.11 「濃度」の測定結果を含むコーヒーの実験計画

	挽き	温度	時間	豆の量	場所	濃度
1	Medium	205	4	2.4	1	1.78
2	Coarse	195	3	1.6	1	1.25
3	Medium	205	3	1.6	1	1.10
4	Coarse	195	4	2.4	1	1.63
5	Coarse	205	4	1.6	2	1.26
6	Medium	195	4	2.4	2	1.63
7	Medium	195	3	1.6	2	1.22
8	Coarse	205	3	2.4	2	1.51
9	Coarse	205	4	1.6	3	1.07
10	Coarse	195	3	2.4	3	1.26
11	Medium	195	4	1.6	3	1.13
12	Medium	205	3	2.4	3	1.25

データの分析

実験計画の最後は、データの分析です。「カスタム計画」プラットフォームによって作成されたデータテーブルには、「モデル」スクリプトが保存されます。このスクリプトを使うと、データ分析を簡単に行えます（図3.10）。実験を行い、データを入力した後、このスクリプトを実行します。すると、「モデルのあてはめ」ウィンドウが開き、「カスタム計画」ウィンドウの「モデル」セクションで指定した効果が表示されます。

モデルのあてはめ

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダ内の「Coffee Data.jmp」を開きます。
テーブルパネルに、「カスタム計画」で作成された「モデル」スクリプトがあります。
2. 「モデル」スクリプトの横にある緑の三角ボタンをクリックします。
「モデルの指定」ウィンドウに、「モデル」セクションで指定した効果が表示されます。

図3.12 「モデルの指定」ウィンドウ

モデルの指定

列の選択
▼ 6列
挽き
温度
時間
豆の量
場所
濃度

役割変数の選択
Y 濃度
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

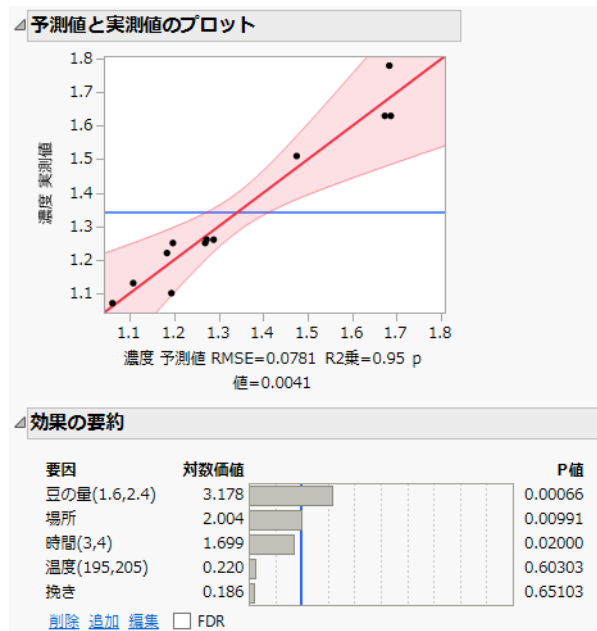
モデル効果の構成
追加 挽き
交差 温度
校分かれ 時間
マクロ ▼ 豆の量
場所
次数 2
属性 ▼
変換 ▼
☐ 切片なし

3. [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。
4. [実行] をクリックします。

モデルの分析

「効果の要約」と「予測値と実測値のプロット」には、モデルの概要が表示されます。

図3.13 完全モデルの「効果の要約」と「予測値と実測値のプロット」



次のことを注意してください。

- 「予測値と実測値のプロット」には、あてはまりの悪さを示す証拠が見当たりません。
- 「予測値と実測値のプロット」は、モデルが有意であることを示しています。プロットの下にある **P = 0.0041** は、モデル全体に関する検定の有意確率です。
- 「効果の要約」レポートからは、「豆の量」・「場所」・「時間」が0.05の有意水準において有意であることがわかります。
- 「効果の要約」レポートからは、「温度」と「挽き」が有意でないこともわかります。

効果のさらなる削除

「温度」と「挽き」は統計的に有意でないので、ここでは、これらの因子は応答に影響していないと判断し、ランダムな誤差とみなして分析してみましょう。有意な効果のモデルパラメータについて、より精度の高い推定値を得るために、有意でない効果を除外して、再びモデルをあてはめてみましょう。

- 「モデルの指定」ウィンドウの「モデル効果の構成」リストで、「温度」と「挽き」を選択します。
- 「削除」をクリックします。
- モデルの「強調点」が「要因のスクリーニング」に設定されていることを確認します。

「要因のスクリーニング」では、実験計画の分析に役立つレポート（予測プロファイルなど）が作成されます。

- 「実行」をクリックします。

図3.14 縮小モデルの結果（一部）

パラメータ推定値					
項	推定値	標準誤差	t値	p値(Prob> t)	
切片	1.3408333	0.020047	66.88	<.0001*	
時間(3,4)	0.0758333	0.020047	3.78	0.0069*	
豆の量(1.6,2.4)	0.1691667	0.020047	8.44	<.0001*	
場所[1]	0.0991667	0.028351	3.50	0.0100*	
場所[2]	0.0641667	0.028351	2.26	0.0580	

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)
時間(3,4)	1	1	0.06900833	14.3093	0.0069*
豆の量(1.6,2.4)	1	1	0.34340833	71.2078	<.0001*
場所	2	2	0.16251667	16.8494	0.0021*

効果の詳細					

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					
項	尺度化した推定値	標準誤差	t値	p値(Prob> t)	
切片	1.3408333	0.020047	66.88	<.0001*	
時間(3,4)	0.0758333	0.020047	3.78	0.0069*	
豆の量(1.6,2.4)	0.1691667	0.020047	8.44	<.0001*	
場所[1]	0.0991667	0.028351	3.50	0.0100*	
場所[2]	0.0641667	0.028351	2.26	0.0580	
場所[3]	-0.163333	0.028351	-5.76	0.0007*	

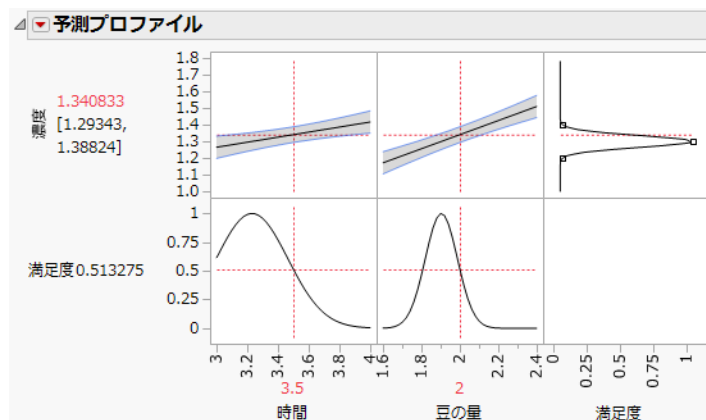
次のことを注意してください。

- 「効果の検定」レポートは、3つの主効果すべてが有意であることを示しています。
- 「尺度化した推定値」レポートは、場所[1]と場所[3]における「濃度」の平均が、全体的な平均とかなり異なることを示しています。
- 「パラメータ推定値」レポートに表示される「推定値」は、「尺度化した推定値」レポートに表示される「尺度化した推定値」と同一です。これは、効果がコード化されているからです。「[「コード変換」列プロパティ](#)」を参照してください。
- 場所[3]の推定値は、「尺度化した推定値」レポートにのみ表示されます。「尺度化した推定値」レポートには名義尺度のすべての水準の推定値が表示されます。
- 「尺度化した推定値」レポートだけでなく、この例での「パラメータ推定値」レポートの「推定値」も、コード化された効果に対する推定値になっています。

モデルの探索

レポートの末尾に「予測プロファイル」が表示されます。

図3.15 予測プロファイル



この計画を作成するとき、応答の目標を「目標値に合わせる」、範囲を1.2～1.4に設定しました。JMPは、これらの設定に応じた満足度関数を自動的に作成します。詳細については、「因子」を参照してください。

図3.15において、次のことを確認してください。

- 上段における最初の2つのプロットは、残りの因子は固定しながら、該当する1つの因子を変化させたときに、「濃度」がどのように変化するかを表しています。たとえば、「時間」におけるプロットは、「豆の量」が2であるときに、「濃度」の予測値が「時間」に対してどのように変化するかを示しています。
- 上段のプロットの左側に表示されている数値は、指定されている因子設定に対する、「濃度」の予測値（赤字）と、その期待値に対する信頼区間です。
- 上段の右端のプロットは、「濃度」の満足度関数です。この例の満足度関数は、目標値である1.3において、満足度が最も高くなっています。満足度は、その目標値から離れるほど低くなり、限界値の1.2と1.4でほぼ0になります。
- 下段のプロットは、残りの因子を固定しながら、該当する1つの因子を変化させたときに、満足度がどのように変化するかを表しています。
- 下段のプロットの左側に表示されている数値は、指定されている因子設定に対する満足度です。

「時間」と「豆の量」の列で赤い縦の点線をドラッグし、さまざまな因子設定を試してみましょう。モデル内に交互作用はないので、このプロファイルから「豆の量」が増えるほど「濃度」が増すことがわかります。また、「時間」よりも「豆の量」から「濃度」は大きな影響を受けるようです。

「場所」はブロック因子なので、「予測プロファイル」には表示されません。ただし、「濃度」の予測値が「場所」によってどのように変化するかを確認したい場合もあるでしょう。「予測プロファイル」に「場所」を含めるには、次の手順に従います。

1. 「予測プロファイル」の赤い三角ボタンをクリックし、「因子グリッドのリセット」を選択します。

「時間」・「豆の量」・「場所」に対する「因子設定」ウィンドウが表示されます。「場所」の下の「表示」ボックスが選択されていないことに注目してください。これは、「場所」が表示されていないことを示します。

2. 「場所」の下の「表示」ボックスを選択します。

3. 「場所」 の下の [因子設定のロック] ボックスを選択解除します。

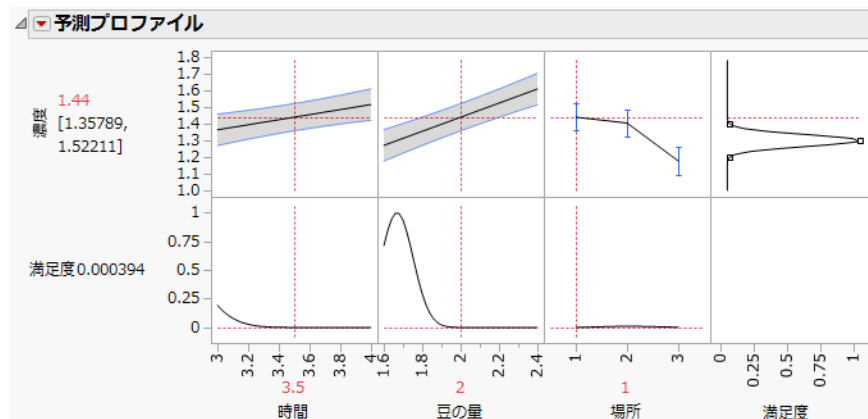
図3.16 「因子設定」 ウィンドウ

因子	時間	豆の量	場所
現在の値:	3.5	2	
最小値の設定:	3	1.6	
最大値の設定:	4	2.4	
プロット点の数	41	41	
表示	☒	☒	☒
因子設定のロック:	☐	☐	☐

OK キャンセル

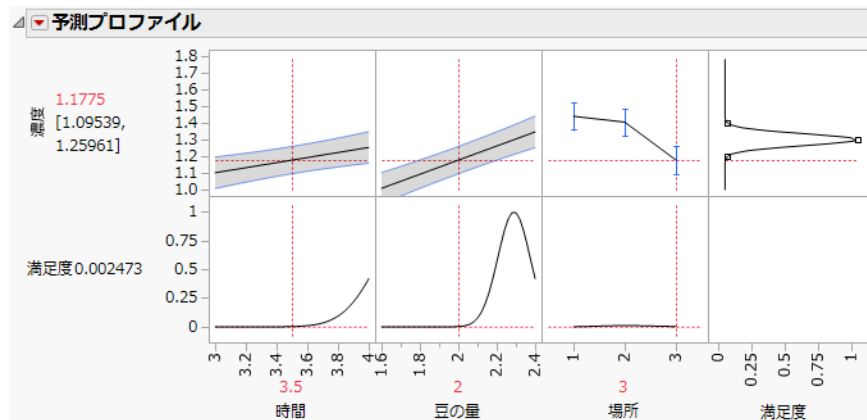
4. [OK] をクリックします。
「予測プロファイル」に「場所」が表示されます。
5. 「場所」 のどちらかのプロットをクリックします。すると、赤い縦の点線が描かれます。
6. 赤い縦の点線を場所1に移動します。

図3.17 場所1に対する「予測プロファイル」



7. 赤い縦の点線を場所3に移動します。

図3.18 場所3に対する「予測プロファイル」



場所1では、計画領域の中心における「濃度」の予測値は1.44となっています。一方、場所3では、「濃度」の予測値は1.18となっています。これらの予測値には差があるので、「場所」によるばらつきを考慮する必要があることを示唆しています。「場所」によるばらつきを小さくできれば、「濃度」を安定させることができます。つまり、「場所」によるばらつきを小さくできれば、3カ所のどの場所でも最適になるような、「時間」と「豆の量」を設定することができます。

本節で説明したコーヒーの実験計画は、次節で説明する手順に従っています。次節では、実験計画の手順について詳しく説明します。

実験計画の手順: 問題の把握、モデルの指定、計画の作成

「実験計画(DOE)」のプラットフォームは、一連のステップを順に進めれば実験計画が作成できるように構成されています。各ステップを完了し、[続行] をクリックすると、次のステップに進みます。この節で説明する内容は、「実験計画(DOE)」プラットフォームのうち9つに共通するものです。その9つとは、次のプラットフォームです。

- カスタム計画
- 決定的スクリーニング計画
- スクリーニング計画
- 応答曲面計画
- 完全実施要因計画
- 配合計画
- JMP[®] PRO 被覆配列
- Space Filling 計画
- タグチ配列

用途が特殊な「選択モデル計画」・「加速寿命試験計画」・「非線形計画」の3つは、これら9つのプラットフォームとは大きく異なるため、この節では扱っていません。

ここでは、実験計画の手順について説明します。また、「実験計画(DOE)」プラットフォームでの操作手順についても説明します。

応答と因子の定義

実験計画における「問題の把握」ステップでは、次の作業を行います。

- 興味のある応答と因子を特定する。
- 実験の目的を決める。応答を最大化したいのか？目標値に合わせたいのか？その場合、その目標値はいくつなのか？または、単に、応答に影響を与えている因子を探し出したいのか？
- 実験において因子が取りうる範囲を特定する。

ほとんどの「実験計画(DOE)」プラットフォームでは、開いたときに、応答と因子を指定するセクションが表示されます。「応答」は全プラットフォームに共通するセクションです。このセクションでは、応答の目標・下側限界・上側限界・重要度などの情報を入力します。

「因子」セクションはプラットフォームによって異なります。これは、扱う因子や計画の種類がプラットフォームごとに異なるためです。一部のプラットフォームでは、応答と因子を入力した後[続行]をクリックすると、「因子の制約を定義」セクションが開きます。このセクションでは、計画で使用できる因子の値を制約します。

図3.19は、「カスタム計画」プラットフォームの「応答」と「因子」のセクションで、「Design Experiment」フォルダ内の「Box Corrosion Split-Plot.jmp」サンプルデータの計画を作成しているところです。[続行]をクリックすると、「因子の制約を定義」セクションも表示されます。「因子の制約を定義」セクションでは、因子設定に対する制約を指定できます。

図3.19 「Box Corrosion Split-Plot.jmp」の「応答」および「因子」アウトライン

▲ カスタム計画

▲ 応答

応答名	目標	下側限界	上側限界	重要度	検出下限	検出上限	単位
腐食耐性	最大化	.	.	.	.	.	

▲ 因子

名前	役割	変更	値	単位
炉内温度	カテゴリーカル	困難	360 370 380	
コーティング	カテゴリーカル	容易	C1 C2 C3 C4	

モデルの指定

実験計画は、特定のモデルをあてはめるために生成されます。「応答」と「因子」のセクションへの入力が入力が完了したら、[続行] をクリックします。次のステップでは、推定したいモデルを明示的または暗黙的に指定します。

「カスタム計画」プラットフォームでは、あてはめるモデルを明示的に指定できます。作成される計画は、明示的に指定されたモデルに対して最適な計画となります。他の計画プラットフォームでは、モデルを明示的に指定することはできません。たとえば、「スクリーニング計画」プラットフォームでは、完全実施要因計画・一部実施要因計画・Plackett-Burman 計画などの古典的な計画からいずれかを選択します。これらの古典的な計画では、その構造によって効果の交絡関係が決められ、そして、あてはめるモデルが暗黙的に定義されます。

「カスタム計画」では、「応答」と「因子」に入力して [続行] をクリックすると、「モデル」セクションが表示されます。一例として、図 3.20 に、「Box Corrosion Split-Plot.jmp」サンプルデータを使ったときの「モデル」アウトラインを示します。この例での指定では、「炉内温度」と「コーティング」の主効果と、その交互作用を含むモデルが指定されています。これらの効果を確実に推定できる計画が生成されます。

他のほとんどのプラットフォームでは、[続行] をクリックすると、複数の計画が選択肢として表示されます。「完全実施要因計画」の場合、[続行] をクリックすると、すぐに「出力オプション」が表示されます。これは、「因子」セクションへの入力が入力が完了した時点で計画が決定されるからです。

図 3.20 「Box Corrosion Split-Plot.jmp」の「モデル」セクション

モデル	
主効果	交互作用 ▼
RSM	交差
べき乗 ▼	項目の削除
名前	推定
切片	必須
炉内温度	必須
コーティング	必須
炉内温度*コーティング	必須

計画の作成

実験計画の応答・因子・制約・モデルを定義すると、計画を作成する準備が整います。「実験計画 (DOE)」のほとんどのプラットフォームでは、実験回数を変更できます。「カスタム計画」では、実験回数が指定でき、必要に応じて中心点の数や反復実験数も指定できます。他の多くのプラットフォームでも、中心点の数、反復実験数、計画全体の反復回数などを柔軟に指定できます。

実験回数に関するオプションを指定したら、[計画の作成] をクリックします。すると、「実験計画 (DOE)」ウィンドウが更新され、「計画」セクションに計画が表示されます。

図 3.21 は、「Box Corrosion Split-Plot.jmp」の例で実験回数を 24 回に設定した場合の「計画」セクションです。「炉内温度」の「変更」が [困難] に指定されているため、ランダムブロックである「一次単位」の因子に「炉内温度」が割り付けられています。

図3.21 「Box Corrosion Split-Plot.jmp」の「計画」セクション

計画			
実験	一次単位	炉内温度	コーティング
1	1	370	C2
2	1	370	C3
3	1	370	C1
4	1	370	C4
5	2	370	C3
6	2	370	C4
7	2	370	C2
8	2	370	C1
9	3	360	C3
10	3	360	C2
11	3	360	C4
12	3	360	C1
13	4	380	C4
14	4	380	C3
15	4	380	C2
16	4	380	C1
17	5	380	C4
18	5	380	C2
19	5	380	C1
20	5	380	C3
21	6	360	C3
22	6	360	C1
23	6	360	C4
24	6	360	C2

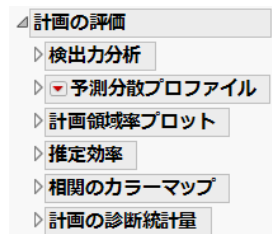
メモ: カスタム計画の場合、計画の作成後は「モデル」と「交絡項」のセクションが無効になります。「モデル」や「交絡項」に変更を加えたいときは、[戻る] ボタンをクリックしてください。

計画の評価

計画を作成したら、評価ツールを使って、計画が実験の目標を満たすかどうかを査定します。ほとんどのプラットフォームで、[計画の作成] をクリックすると、「計画の評価」セクションが表示されます。ここでは、効果を検出する検出力、予測誤差、推定効率、交絡関係、効果間の相関などから、作成した計画の効率性を評価できます。図3.22に、「カスタム計画」の「計画の評価」セクションを示します。「計画の評価」については、「計画の評価」で説明しています。

一部のプラットフォームでは、別の診断統計量が使われています。たとえば、「Space Filling 計画」の「計画の診断統計量」セクションには、Space Filling 計画に固有の診断統計量が表示されます。また、「被覆配列」の「指標」セクションには、被覆配列に固有の診断統計量が表示されます。

図3.22 「カスタム計画」の「計画の評価」

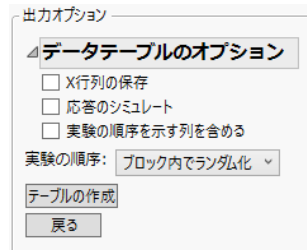


計画のデータテーブルの作成

実験の計画で行う最後のステップは、実験計画のデータテーブルを作成することです。ほとんどのプラットフォームに、「出力オプション」パネルがあります。「出力オプション」パネルでは、プラットフォームと計画に応じて追加の指定ができます。たとえば、実験回数、中心点の数、反復回数、実験の順序などが指定できます。

図3.23の「出力オプション」パネルは、「Design Experiment」フォルダにある「Wine Data.jmp」サンプルデータの実験のもので、このパネルでは、計画のデータテーブルにおける「実験の順序」を、さまざまなオプションから選択できます。また、「戻る」をクリックして、計画を作成し直すこともできます。

図3.23 「Wine.jmp」の「出力オプション」パネル



実験計画の原則と指針

実験計画(DOE; Design Of Experiments)と、実験から得られたデータの分析においては、いくつかの原則が仮定されています。モデルを選択するときには、「効果の階層性」・「効果の親子関係」・「効果の希薄性」といった原則が仮定されることがあります。これらの原則は、最適なモデルを探すときに、考慮すべきモデルを減らすのに役立ちます。詳細は、Hamada and Wu (1992)、Wu and Hamada (2009)、および Goos and Jones (2011) を参照してください。

- 「効果の階層性」
- 「効果の親子関係」
- 「効果の希薄性」
- 「中心点・反復実験・検定」

効果の階層性

効果の階層性 (effect hierarchy) の原則は、「応答変数の変動の多くは、主効果（1次効果）だけによって説明できる傾向にある」という原則です。この原則では、2次効果、つまり、交互作用項や2乗項は、主効果よりも影響が弱いと仮定します。より高次の項に関しても、高次になるほど効果が弱くなると仮定します。

モデルをあてはめる段階においても、主効果は2次効果よりも、2次効果は3次効果よりも重要であると仮定することが多いです。つまり、より低次の効果ほど重要であると仮定することが多いです。

効果の親子関係

効果の親子関係 (effect heredity) の原則は、「高次の効果をモデルに含める際には、それらの低次の効果もモデルに含める」という原則です。この原則は、「主効果の影響が小さい場合、それらの交互作用の影響も小さい傾向にある」という経験則に基づいています。

強い親子関係の場合、モデル効果のすべての低次の効果をモデルに含める必要があります。モデル内に3次の交互作用 (ABC) があるとして、その場合、3次の交互作用を構成する主効果と2次の交互作用 (A, B, C, AB, AC, BC) もすべてモデルに含まれていなければなりません。

弱い親子関係の場合、モデル効果のいくつかの低次の効果だけをモデルに含める必要があります。モデル内に3次の交互作用がある場合、それを構成する因子のうち1つと、その因子に関係する2次交互作用を1つ、モデルに含めなければなりません。モデル内に3次の交互作用 (ABC) があるとして、この場合、モデルにBとBCも含まれていれば、弱い親子関係を満たします。

効果の親子関係が満たされていれば、連続尺度の説明変数における位置と尺度に関して、モデルは不変になります。

効果の希薄性

効果の希薄性 (effect sparsity) の原則は、「応答変数の変動のほとんどは、少数の因子だけで説明できる」という原則です。多数の効果を調べるスクリーニング計画は、効果の希薄性が成立していないといけません。経験則上、スクリーニング計画の実験回数は、有意と考えられる効果の個数の少なくとも2倍は必要です。

中心点・反復実験・検定

「実験計画(DOE)」における一部のプラットフォームでは、連続尺度の因子に対して中心点を追加したり、特定の実験を反復したり、または、計画全体を反復したりできます。ここでは、そのような実験を追加する機能を説明します。

中心点の追加

連続尺度の因子に対して中心点を追加すると、非線形効果に起因するあてはまりの悪さ (LOF; Lack of Fit) を検定できるようになります。モデルの指定が不十分なために誤差分散の推定値が実際より大きくなっているかどうか、あてはまりの悪さの検定により吟味できます。中心点を追加することは、多くの情報をもたらします。

中心点のみで実験を反復することも、中心点以外の実験を反復することもできます。JMPでは、反復されている実験に基づき、モデルに依存しない誤差の推定値 (純粋誤差の推定値) を算出します。この純粋誤差の推定値により、あてはまりの悪さを検定できるようになります。

なお、中心点を追加することで、各効果の推定値がより精度が高くなるわけではありません。中心点を追加することにより、曲線性を検出できるようになります。ただし、中心点を追加しただけでは、どの非線形効果が影響を与えているかは特定できません。

曲線性を検出するには、連続尺度の因子における水準を、少なくとも3水準にしなければいけません。決定的スクリーニング計画は因子が3水準となっており、応答に対して強い非線形効果を持つ因子を検出・特定できるようになっています。「[決定的スクリーニング計画](#)」を参照してください。

反復実験の追加

実験の予算が許すなら、いずれかの実験を反復したり、または計画が最適になるように計画領域内において新しい実験を追加したりできます。反復実験を追加すると、一部の推定値の精度が上がり、あてはまりの悪さ検定の検出力が向上します。ただし、全体の実験回数を一定とした場合、同じ実験を反復しただけの計画は、最適な計画に比べて、モデル効果に対する推定効率が低いです。また、最適な計画に比べて、多くの項を推定できません。

あてはまりの悪さに対する検定

実験計画では、通常、実験の目的に合わせて、出来る限り少ない実験回数で済むように計画が作成されます。実験回数が少なすぎると、非常に大きな効果だけしか検出できません。 t 検定統計量は、応答平均の変化量をその標準誤差で割った比ですが、誤差の自由度が1しかなければ、その棄却値は12を超えます。そのため、飽和モデルに近い計画の場合には、非常に大きな効果しか検出されません。

あてはまりの悪さ (LOF; Lack Of Fit) の検定についても同様のことが言えます。この検定のあてはまりの悪さを検出する検出力は、分子と分母の自由度の値に依存します。それぞれの自由度が1の場合、0.05の有意水準において有意となるには F 値が150を超える必要があります。それぞれの自由度が2の場合は、 F 値が19を超える必要があります。後者のケースで検定が有意となるには、あてはまりの悪さの平均平方が、純粋誤差の平均平方の19倍以上でなければなりません。また、あてはまりの悪さの検定は、外れ値の影響も受けやすいです。

あてはまりの悪さの検定の詳細については、『[基本的な回帰モデル](#)』を参照してください。

実験回数の決定

工業分野では、1回の実験に相当なコストがかかることが多いため、実験回数は最小限に抑えたいでしょう。モデルに含まれるすべての効果を推定するには、少なくとも、それらの効果の項と同じ数だけの実験回数が必要です。効果が影響しているかどうかを判断するには、さらに、誤差分散が精度よく推定されている必要があります。誤差分散の良い推定値を得るには、モデル効果の推定に必要な最小限の実験回数に、少なくとも4を足した実験回数を行ってください。

第4章

カスタム計画 ニーズに合った計画の作成

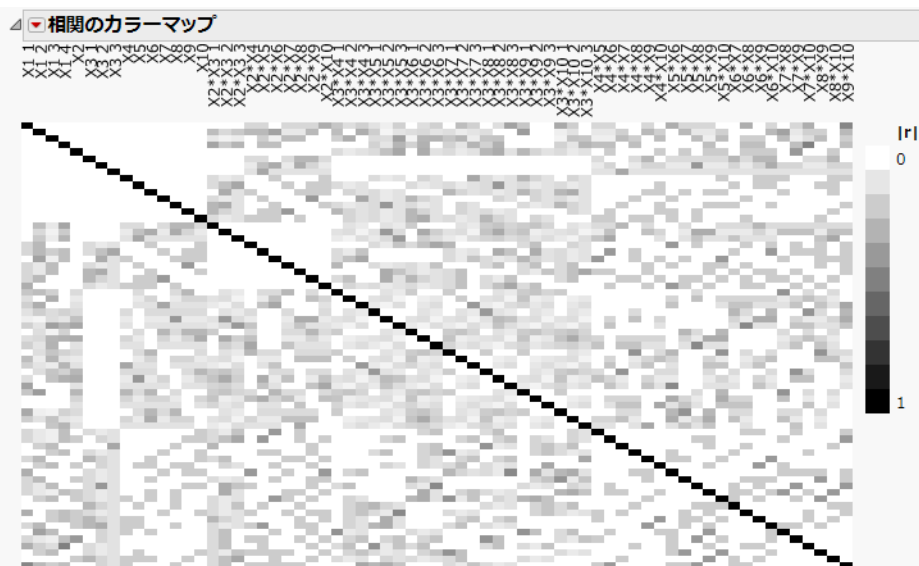
「カスタム計画」プラットフォームによって、自分の状況に応じた最適の計画を作成できます。一般的に、カスタム計画は、他の手法を使った計画よりもコストがかかりません。「カスタム計画」では、次のような指定が行えます。

- さまざまな種類の因子を指定する。
- 因子に対する制約を指定する。
- 各効果に対して、必ず推定するか、可能な場合にのみできるだけ推定するのが望ましいかを指定する。
- 予算に合わせた実験回数を指定する。

「カスタム計画」プラットフォームでは、スクリーニング計画・応答曲面計画・配合計画・乱塊法・分割計画・2段分割計画・2方分割計画といった特殊な計画を含め、さまざまな種類の計画を作成できます。

この章では、「カスタム計画」プラットフォームについて説明した後、使い方についての具体的な例を紹介しています。[「カスタム計画の例」](#)も参照してください。

図4.1 相関の絶対値を示すカラーマップ



目次

カスタム計画の概要	67
カスタム計画の作成例	68
カスタム計画の分析例	78
カスタム計画の作成	83
応答	84
因子	86
因子の制約を定義	92
交絡項	97
計画の生成	98
実験計画エクスプローラ	100
計画	101
計画の評価	102
出力オプション	103
「カスタム計画」のオプション	105
応答のシミュレート	108
X行列の保存	110
開始点の数	112
計画の検索時間	113
「カスタム計画」の統計的詳細	114
特殊なランダム化を行う実験計画	114
変更が困難な共変量	123
一次単位と二次単位の数	123
最適化基準	124
D-効率	128
座標交換アルゴリズム	128

カスタム計画の概要

「カスタム計画」プラットフォームによって、自分の状況に応じた最適の計画を作成できます。

以下のようなさまざまな種類の因子を含めることができます。

- 連続変数
- 離散数値（水準数は任意）
- カテゴリカル変数（水準数は任意）
- ブロック（ブロックあたりの実験回数を指定）
- 共変量
- 配合
- 定数
- 調整不可能

因子の領域を指定

実験で用いる因子の領域を制限するために、線形制約や許可しない組み合わせを指定できます。カテゴリカル・連続変数・離散数値の因子に対して制約を課することができます。[「因子の制約を定義」](#)を参照してください。

変更が困難な因子の指定

連続変数・離散数値・カテゴリカル・配合の因子に対して、変更が困難かどうかを、「容易」・「困難」・「非常に困難」という3段階で指定できます。「困難」を指定した場合は分割法における一次単位として、「非常に困難」と「困難」を指定した場合は一次単位と二次単位として設定されます。変更が困難な共変量も指定できます。

興味がある効果の指定

「カスタム計画」では、**仮定するモデル**を明示的に実験者が指定します。仮定したモデルに基づき、計画が作成されます。この仮定するモデルには、推定したい効果をすべて含めるのが理想です。なお、モデルには、主効果・交互作用効果・応答曲面効果・（最大5次までの）多項式効果を自由に含めることができます。また、各効果に対して、必ず推定するか、可能な場合のみ推定するかを設定できます。可能な場合のみに推定する効果がある場合には、「カスタム計画」は、Bayes流の最適計画を作成します。[「モデル」](#)を参照してください。

実験回数の指定

「カスタム計画」プラットフォームでは、実験回数を指定できますので、実験者の予算に合った計画を立てることができます。「カスタム計画」プラットフォームでは、必要な効果を推定するのに必要な最小の実験回数と、デフォルトの実験回数が表示されます。これらの値は、実験回数を決めるための指針となります。[「計画の生成」](#)を参照してください。

適切な種類の計画を作成

「カスタム計画」プラットフォームでは、さまざまな種類の計画を作成することができます。それには、従来の古典的な計画や、乱塊法なども含まれています。各種計画の例は、「[カスタム計画の例](#)」を参照してください。

最適計画の作成

「カスタム計画」プラットフォームでは、分析者によって指定された設定に基づいて、最適な計画が作成されます。アルゴリズムは次のような最適化基準をサポートしています。

- D-最適化基準
- I-最適化基準
- Bayes 流の D-最適化基準および I-最適化基準（[可能な場合のみ] が指定された場合）
- A-最適化基準
- 交絡最適化基準

[「最適化基準」](#) を参照してください。

これらの最適計画は、座標交換法（Meyer and Nachtsheim, 1995）と呼ばれるアルゴリズムによって作成されます。[「座標交換アルゴリズム」](#) を参照してください。

カスタム計画の作成例

「カスタム計画」プラットフォームを使って、2水準の因子8つと4水準の因子1つについて調べる実験計画を作成します。実験の目的は、どのような因子がワインの味に影響しているかを特定することです。ブドウの処理に関して実験を計画します。ブドウの処理後、サンプルを12ヵ月間寝かし、ろ過してからボトルに詰めます。

対象となる応答は、ワインの品質で、0を最低、20を最高とする20段階で評価します。ブドウ園のワインの大部分は、5軒の大規模な販売会社に卸されます。各販売会社から専門のワインテイスターを1人ずつ招いて、ワインの評価をしてもらうことにしました。この実験の目的は、評価が最高になるときの因子を特定することです。1人のテイスターが評価できるサンプルの数は、検討の結果、8つに決まりました。つまり、この実験には40個の試飲サンプル（つまり、40回の実験回数）が必要です。

その因子自体は分析対象として興味がないが、応答には影響を与えている因子があるときに、その因子はブロック因子として扱われます。この実験では、1人の専門家による評価は同じような特徴を持ち、他の専門家による評価とは異なると予測されます。一方で、分析者が興味をもっているのは、特定の1人の専門家からではなく、5人全員の専門家から高評価を受けるワインはどのようなものかということです。

この例では、専門家の効果を「判定者」というブロック因子とします。専門家ごとに8つのワインを試飲するので、1ブロックあたり8回の実験を含みます。なお、ここでの分析では、5人の専門家だけに限った推論を行います。5人以外も含む専門家全体の母集団についての推論は行いません。

実験調査に備え、工程に関する因子を9つ特定しました。ブドウの品種、ブドウを栽培する畑、および工程に関連するその他の7つの因子です。これらの因子は、どのように組み合わせても実験が可能です。また、因子を自由に変更できます。実験に関して、これらの因子は変更が「容易」です。因子の変更の指定については、「[変更困難度とランダムブロック](#)」を参照してください。

因子とその水準を[表4.1](#)に示します。因子はすべてカテゴリカルです。「Sample Data」フォルダ内の「Design Experiment」フォルダにある「Wine Factors.jmp」にも、因子と水準が含まれています。

因子の可能な組み合わせをすべて実験するには、 $4 \times 2^8 = 1024$ 回もの実験が必要となります。しかしこの例では、それに匹敵する計画がたった40回の実験で作成できます。

表4.1 ワインの試飲実験の工程に関する因子と水準

因子	水準
品種	Bernard, Dijon
畑	1, 2, 3, 4
除梗	No, Yes
酵母	Cultured, Wild
温度	High, Low
搾汁	Hard, Soft
樽齢	New, 2 Years
樽の乾燥	Air, Kiln
ろ過	No, Yes

実験の目的・因子・応答が定義できたので、ここからカスタム計画を作成していきます。

応答の追加

この例では、応答に関して名前・目標・下側限界・上側限界を設定します。必要に応じて重要度も指定できます。ワインに対する評価を含む応答変数の名前を、「評価」とします。

1. 「実験計画(DOE)」>「カスタム計画」を選択します。
2. 「応答名」の下で「Y」をダブルクリックして、「評価」と入力します。
「目標」はデフォルトで「最大化」になっています。ここでは、ワインに対する評価を最大化したいので、このままにします。
3. 「下側限界」の欄をクリックして「0」とタイプします。
最も望ましくない評価は0です。
4. 「上側限界」の欄をクリックして「20」と入力します。
最も望ましい評価は20です。

5. 「重要度」の欄は空白にしておきます。

応答が1つだけなので、デフォルトで、その応答に重要度1が割り当てられます。

図4.2に、完成した「応答」セクションを示します。

因子の追加

このカスタム計画の例では、因子を手動で入力します。

ヒント: 入力した因子は、[因子の保存] オプションを使ってデータテーブルに保存できます。そのデータテーブルから因子をロードすれば、「因子」に自動的に入力されます。

1. まず、ブロック因子である「判定者」を追加します。[因子の追加] > [ブロック] > [ブロックあたり8実験] を選択します。
2. デフォルト名の「X1」を「判定者」に変更します。
「役割」が「ブロック」に設定されており、「値」の設定値が1つだけであることに注目してください。これは、ユーザが希望の実験回数を指定するまで、JMPがブロックの数を判断できないためです。「実験の生成」セクションで「実験の回数」を指定すると、「判定者」の水準数が更新されます。
3. [因子の追加] > [カテゴリカル] > [2水準] を選択します。
4. デフォルト名の「X2」を「品種」に変更します。
デフォルトで「役割」が「カテゴリカル」に設定され、「変更」が「容易」に設定されていることに注目してください。
5. 「L1」と「L2」をクリックし、それぞれ「Bernard」と「Dijon」に変更します。
6. [因子の追加] > [カテゴリカル] > [4水準] を選択します。
7. デフォルト名の「X3」を「畑」に変更します。
8. 「L1」・「L2」・「L3」・「L4」をクリックし、それぞれ「1」・「2」・「3」・「4」に変更します。
9. [因子の追加] > [カテゴリカル] > [2水準] を選択します。
10. デフォルト名の「X4」を「除梗」に変更します。
11. 「L1」と「L2」をクリックし、それぞれ「No」と「Yes」に変更します。
12. 「N個の因子を追加」の右側のボックスに「6」と入力し、[因子の追加] > [カテゴリカル] > [2水準] を選択します。これで、2水準のカテゴリカル因子が6個、計画に追加されます。
13. 因子のデフォルトの名前と値を変更します。
 - 酵母 (Cultured と Wild)
 - 温度 (High と Low)
 - 搾汁 (Hard と Soft)
 - 樽齢 (New と 2 Years)
 - 樽の乾燥 (Air と Kiln)
 - ろ過 (No と Yes)

メモ: 「単位」列には、因子または応答の単位を入力します。単位は列プロパティとして保存されます。

図4.2 設定後の「応答」と「因子」

▲ 応答

応答の追加 ▼

削除

応答数...

応答名	目標	下側限界	上側限界	重要度	検出下限
評価	最大化	0	20	.	.

▲ 因子

因子の追加 ▼

削除

N個の因子を追加

1

名前	役割	変更	値	単位
判定者	ブロック	容易	1	2
▼ 品種	カテゴリカル	容易	Bernard	Dijon
▼ 畑	カテゴリカル	容易	1	2
▼ 除梗	カテゴリカル	容易	No	Yes
▼ 酵母	カテゴリカル	容易	Cultured	Wild
▼ 温度	カテゴリカル	容易	High	Low
▼ 搾汁	カテゴリカル	容易	Hard	Soft
▼ 樽齡	カテゴリカル	容易	New	2 Years
▼ 樽の乾燥	カテゴリカル	容易	Air	Kiln
▼ る過	カテゴリカル	容易	No	Yes

14. [続行] をクリックします。

「カスタム計画」ウィンドウに次のセクションが追加されます。

- 因子の制約を定義（この例では使用しません）
- モデル
- 交絡項
- 計画の生成

モデルの定義

「モデル」セクションに、すべての主効果が「必須」と表示されます。これは、作成された計画において、すべての主効果を推定可能とすることを意味しています。なお、この例では、主効果のみのモデルを仮定します。主効果以外も推定したい場合は、「モデル」セクションにそれらを追加します。モデルの詳細については、「モデル」を参照してください。

図4.3 「モデル」 セクション

▲モデル

主効果

交互作用▼

RSM

交差

べき乗▼

項目の削除

名前	推定
切片	必須
品種	必須
畑	必須
除梗	必須
酵母	必須
温度	必須
搾汁	必須
樽齢	必須
樽の乾燥	必須
ろ過	必須
判定者	必須

交絡項の定義

「交絡項」セクションで指定した効果は、後で表示される「交絡行列」を構成します。「交絡項」セクションを開き、すべての2因子間交互作用が指定されていることを確認してください。交絡行列の詳細については、[「交絡項」](#)を参照してください。

図4.4 「交絡項」 セクション（一部）

▲交絡項

主効果

交互作用▼

RSM

交差

べき乗▼

項目の削除

名前

品種*畑

品種*除梗

品種*酵母

品種*温度

品種*搾汁

品種*樽齢

品種*樽の乾燥

品種*ろ過

計画を再現するための乱数シード値の設定

「カスタム計画」のアルゴリズムは、無作為に選んだ計画を開始点とします。この例のように、あるいは授業などで計画を再現するためには、開始点となる計画を定義する乱数シード値を設定しておきます。

1. 「カスタム計画」の赤い三角ボタンをクリックし、**[乱数シード値の設定]**を選択します。
2. 「100526291」（乱数シード）と入力します。
3. **[OK]** をクリックします。
4. 「カスタム計画」の赤い三角ボタンをクリックし、**[開始点の数]**を選択します。
5. 「2」と入力します。
6. **[OK]** をクリックします。

メモ: 上記の乱数シード値と開始点の数を設定すると、以下の例と同じ結果が得られます。同じ結果でなくても良い場合は、これらの手順は不要です。

計画の作成

「計画の生成」セクションで、カスタム計画の構造やサイズに関する追加的な情報を指定できます。この例ではデフォルトの実験回数が16回になっています。しかし実際には、判定者は5人で、各人が8つのワイン標本を試飲します。つまり、40回の実験が必要です。計画の実験回数を変更します。

1. 「**実験の回数**」の「**ユーザ定義**」テキストボックスに「**40**」と入力します。

実験の反復は行わないので、[反復する行数] は「0」にします。

2. [計画の作成] をクリックします。

「カスタム計画」ウィンドウに、「計画」および「計画の評価」セクションが追加されます。「出力オプション」パネルも表示されます。

計画の確認

「計画」セクションに、作成したカスタム計画の実験が表示されます。後で、「出力オプション」の下で順序をランダム化できます。この段階では、生成された計画が適切かどうかを確認しましょう。たとえば、5人の判定者全員が8つのワインを評価すること、実験で扱う因子がすべて表示されていること、実験を行うことができない組み合わせが設定の中にあることを確認してください。

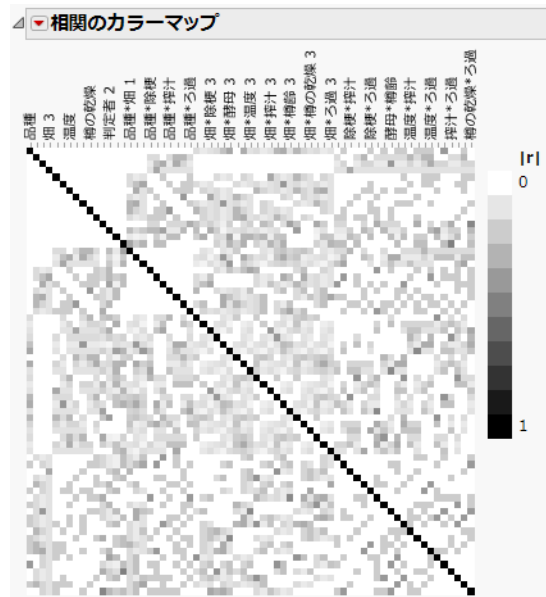
図4.5 ワインの実験の計画

計画										
実験	判定者	品種	畑	除梗	酵母	温度	搾汁	樽齢	樽の乾燥	ろ過
1	1	Dijon	3	No	Wild	High	Soft	New	Kiln	Yes
2	2	Bernard	4	Yes	Cultured	Low	Hard	New	Kiln	No
3	3	Bernard	2	Yes	Wild	High	Hard	New	Air	No
4	4	Bernard	1	Yes	Wild	Low	Hard	2 Years	Air	Yes
5	5	Dijon	1	Yes	Wild	Low	Soft	New	Kiln	No
6	1	Dijon	2	Yes	Cultured	Low	Soft	2 Years	Air	Yes
7	2	Dijon	1	No	Cultured	High	Hard	New	Air	No
8	3	Dijon	4	No	Cultured	High	Soft	New	Air	Yes
9	4	Dijon	4	Yes	Wild	High	Hard	New	Kiln	Yes
10	5	Bernard	2	No	Wild	Low	Hard	New	Air	Yes
11	1	Bernard	3	Yes	Wild	High	Hard	New	Air	No
12	2	Dijon	1	Yes	Wild	High	Soft	2 Years	Air	Yes
13	3	Bernard	4	Yes	Wild	Low	Soft	2 Years	Kiln	No
14	4	Bernard	3	No	Cultured	Low	Soft	New	Air	No
15	5	Dijon	2	No	Cultured	High	Soft	2 Years	Kiln	No
16	1	Dijon	1	Yes	Cultured	Low	Hard	2 Years	Kiln	Yes
17	2	Bernard	2	No	Cultured	Low	Hard	2 Years	Air	No
18	3	Dijon	2	Yes	Cultured	High	Hard	New	Kiln	No
19	4	Bernard	1	No	Cultured	Low	Hard	New	Kiln	Yes
20	5	Bernard	3	Yes	Cultured	High	Hard	2 Years	Air	Yes
21	1	Bernard	4	No	Wild	High	Hard	2 Years	Kiln	No
22	2	Bernard	4	Yes	Cultured	High	Soft	2 Years	Kiln	Yes
23	3	Dijon	1	No	Wild	Low	Hard	2 Years	Kiln	No
24	4	Dijon	2	Yes	Wild	High	Soft	2 Years	Air	No
25	5	Bernard	1	No	Cultured	High	Soft	New	Kiln	No
26	1	Bernard	2	No	Wild	Low	Soft	New	Kiln	Yes
27	2	Dijon	3	No	Wild	High	Hard	New	Kiln	Yes
28	3	Bernard	1	No	Wild	High	Soft	2 Years	Air	Yes
29	4	Bernard	3	Yes	Cultured	High	Soft	2 Years	Kiln	No
30	5	Dijon	3	Yes	Wild	Low	Hard	2 Years	Kiln	No
31	1	Dijon	4	No	Cultured	Low	Hard	2 Years	Air	No
32	2	Bernard	2	Yes	Wild	Low	Soft	New	Kiln	Yes
33	3	Bernard	3	No	Cultured	Low	Soft	2 Years	Kiln	Yes
34	4	Dijon	2	No	Cultured	High	Hard	2 Years	Kiln	Yes
35	5	Dijon	4	Yes	Cultured	Low	Soft	New	Air	Yes
36	1	Bernard	1	Yes	Cultured	High	Soft	New	Air	No
37	2	Dijon	3	No	Wild	Low	Soft	2 Years	Air	No
38	3	Dijon	3	Yes	Cultured	Low	Hard	New	Air	Yes
39	4	Dijon	4	No	Wild	Low	Soft	New	Air	No
40	5	Bernard	4	No	Wild	High	Hard	2 Years	Air	Yes

計画の評価

「計画の評価」セクションには、カスタム計画を評価するさまざまな方法が用意されています。この例では、「計画の評価」セクションを開き、「相関のカラーマップ」・「交絡行列」・「計画の診断統計量」を調べます。「計画の評価」セクションの詳細については、「[計画の評価](#)」を参照してください。

図4.6 相関のカラーマップ



「相関のカラーマップ」は、「モデル」や「交絡項」セクションに指定された効果間における相関係数の絶対値を示したものです。主効果は、マップの左上の15個の項です。主効果とその他の主効果との相関は、白色で表示されているため、0であることがわかります。つまり、すべての主効果は直交しており、独立して推定できることを意味しています。

図4.6において黒色で表示されているのは対角要素のみです。これは、相関の絶対値が1で、各項がそれ自身と完全に相関していることを表しています。2因子間交互作用と主効果との相関は黒色になっていないことから、2因子間交互作用と主効果において完全な交絡関係になっているものはありません。主効果と2因子間交互作用との相関の絶対値は非常に低くなっています。つまり、2因子間交互作用の効果があり、それによって主効果の推定値にバイアス（偏り）が生じるとしても、そのバイアスはほんのわずかに過ぎません。

ヒント: カラーマップのセルの上にマウスポインタを置くと、効果間における相関係数の絶対値が表示されます。凡例の下を右クリックすると、相関係数をデータテーブルに保存するためのメニューが呼び出されます。

図4.7 交絡行列（一部）

交絡行列									
効果	品種*煙 1	品種*煙 2	品種*煙 3	品種*除梗	品種*酵母	品種*温度	品種*搾汁	品種*樽齢	
切片	0	0	0	0	0	0	0	0	
品種	0	0	0	0	0	0	0	0	
煙 1	0	0	0	0.141	0.141	0	-0.14	0.283	
煙 2	0	0	0	0.082	-0.24	-0.33	0.082	0.327	
煙 3	0	0	0	-0.12	0.346	0.115	-0.12	-0.12	
除梗	0.141	0.082	-0.12	0	0	-0.2	0	0	
酵母	0.141	-0.24	0.346	0	0	0	-0.2	0	
温度	0	-0.33	0.115	-0.2	0	0	0	-0.2	
搾汁	-0.14	0.082	-0.12	0	-0.2	0	0	0	
樽齢	0.283	0.327	-0.12	0	0	-0.2	0	0	
樽の乾燥	0.283	0.163	0.115	0	-0.2	0.2	0.4	0	
ろ過	-0.14	-0.08	0.115	-0.2	0.2	0.2	0	0.2	
判定者 1	0	0	0	-0.16	-0.16	0	-0.16	0.158	
判定者 2	-0.26	0.149	-0.21	-0.27	0.274	-0.37	-0.09	-0.09	
判定者 3	0.091	-0.05	0.075	0	-0.19	-0.06	-0.26	-0.26	
判定者 4	0.354	-0.2	0.289	0	0.25	-0.25	0	0	

「交絡行列」の左側には、カスタム計画のモデルの効果名が一覧表示されています。交絡行列（alias matrix）は、「行列の上側に示されている効果が、行列の左側に示されている効果の推定値に与えるバイアス（偏り）の大きさ」を示しています。たとえば、モデル項「樽の乾燥」について検討してみましょう。「品種*搾汁」の効果がある場合、「樽の乾燥」の推定値は、バイアスをもちます。バイアスがある推定値と真のパラメータ値との差は、「品種*搾汁」の効果の0.4倍に相当します。そのため、「樽の乾燥」が有意であったとしても、その有意性は、実際には「品種*搾汁」によるものかもしれません。

図4.8 計画の診断

計画の診断統計量	
D-最適計画	
D効率	100
G効率	100
A効率	100
平均予測分散	0.4
計画作成時間(秒)	0.05

「計画の診断統計量」セクションには、カスタム計画の効率に関する情報が表示されます。ここで表示されている効率は、作成された計画を理論上の最適計画と比較したものです。ただし、理論上の最適計画は、実際には存在しないかもしれません。ここで表示されている効率は、作成された計画の効率の、理論上の最適計画の効率に対する比率を百分率で表したものです。効率の指標については、「推定効率」を参照してください。

この例におけるD効率・G効率・A効率はすべて100%です。これは、作成された計画の効果は互いに直交しており、これら3つの基準において理論上の最適計画になっていることを意味しています。

「計画の診断統計量」セクションの最初の行は、この計画が、D効率の基準を最適化するように作成されたことを示しています。「[「カスタム計画」のオプション](#)」の「最適化基準」を参照してください。この例では、作成された計画のD効率は100%です。

計画テーブルのオプションの指定

カスタム計画の作成の最終ステップでは、計画のデータテーブルに対するオプションを指定し、データテーブルを作成します。「出力オプション」パネルにおいて、データテーブル内における実験の順序を指定できます。この例では、デフォルトで選択されている「ブロック内でランダム化」が適切です。データテーブルを作成するには、「テーブルの作成」をクリックしてください。

図4.9のような「カスタム計画」のデータテーブルが作成されます。

メモ: アルゴリズムは無作為に選んだ初期計画から反復計算を開始するため、図とは同じ結果にはなりません。図4.9にあるのとまったく同じテーブルを作成するには、「計画を再現するための乱数シード値の設定」の説明に従って乱数シード値と開始点の数を設定します。

図4.9 カスタム計画のデータテーブル

▼カスタム計画													
計画	カスタム計画												
基準	D-最適計画												
▼モデル		1	1	Dijon	4	No	Cultured	Low	Hard	2 Years	Air	No	●
▶計画の評価		2	1	Bernard	1	Yes	Cultured	High	Soft	New	Air	No	●
▶一般化回帰		3	1	Bernard	3	Yes	Wild	High	Hard	New	Air	No	●
▶DOEダイアログ		4	1	Dijon	1	Yes	Cultured	Low	Hard	2 Years	Kiln	Yes	●
		5	1	Dijon	2	Yes	Cultured	Low	Soft	2 Years	Air	Yes	●
▼列(11/0)		6	1	Dijon	3	No	Wild	High	Soft	New	Kiln	Yes	●
q		7	1	Bernard	2	No	Wild	Low	Soft	New	Kiln	Yes	●
判定者 *		8	1	Bernard	4	No	Wild	High	Hard	2 Years	Kiln	No	●
品種 *		9	2	Bernard	4	Yes	Cultured	Low	Hard	New	Kiln	No	●
畑 *		10	2	Bernard	2	Yes	Wild	Low	Soft	New	Kiln	Yes	●
除梗 *		11	2	Bernard	2	No	Cultured	Low	Hard	2 Years	Air	No	●
酵母 *		12	2	Bernard	4	Yes	Cultured	High	Soft	2 Years	Kiln	Yes	●
温度 *		13	2	Dijon	3	No	Wild	Low	Soft	2 Years	Air	No	●
搾汁 *		14	2	Dijon	3	No	Wild	High	Hard	New	Kiln	Yes	●
樽齢 *		15	2	Dijon	1	Yes	Wild	High	Soft	2 Years	Air	Yes	●
樽の乾燥 *		16	2	Dijon	1	No	Cultured	High	Hard	New	Air	No	●
ろ過 *		17	3	Bernard	4	Yes	Wild	Low	Soft	2 Years	Kiln	No	●
評価 *		18	3	Dijon	3	Yes	Cultured	Low	Hard	New	Air	Yes	●
▼行		19	3	Bernard	2	Yes	Wild	High	Hard	New	Air	No	●
すべての行	40	20	3	Bernard	3	No	Cultured	Low	Soft	2 Years	Kiln	Yes	●
選択されている行	0	21	3	Bernard	1	No	Wild	High	Soft	2 Years	Air	Yes	●
除外されている行	0	22	3	Dijon	1	No	Wild	Low	Hard	2 Years	Kiln	No	●
表示しない行	0	23	3	Dijon	2	Yes	Cultured	High	Hard	New	Kiln	No	●
ラベルのついた行	0	24	3	Dijon	4	No	Cultured	High	Soft	New	Air	Yes	●
		25	4	Dijon	4	No	Wild	Low	Soft	New	Air	No	●

次のことを注意してください。

- 計画の作成時に、「モデル」スクリプト・「計画の評価」スクリプト・「DOE ダイアログ」スクリプトが作成され、テーブルパネルに保存されています。「モデル」スクリプトを実行すると、「モデルのあてはめ」ウィンドウが開き、「カスタム計画」ダイアログウィンドウの「モデル」アウトラインで「必須」に指定した効果が表示されます。「DOE ダイアログ」スクリプトは、データテーブルの作成に使用したカスタム計画のウィンドウを呼び出します。

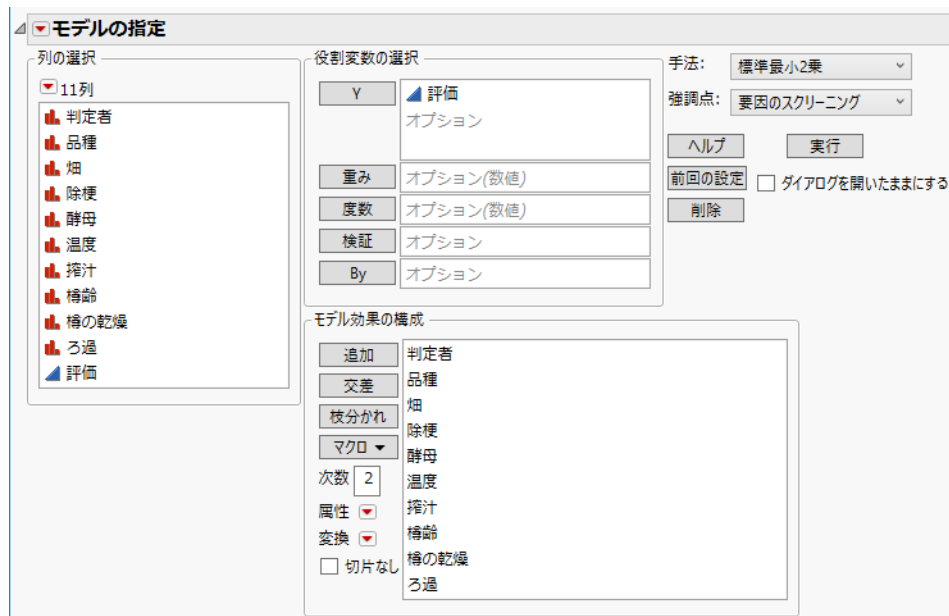
- 「列」パネルで、因子と応答の右側にアスタリスク(*)がついています。これは、データテーブルの列に列プロパティが保存されていることを示します。これらの列プロパティは、データの分析に使用されます。列プロパティの詳細については、「因子」および「因子の列プロパティ」を参照してください。

カスタム計画の分析例

カスタム実験計画の結果を、回帰モデルを使って評価します。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Wine Data.jmp」を開きます。
2. 「テーブル」パネルで、「モデル」スクリプトの横にある緑の三角ボタンをクリックします。

図4.10 ワインの実験における「モデルの指定」ウィンドウ



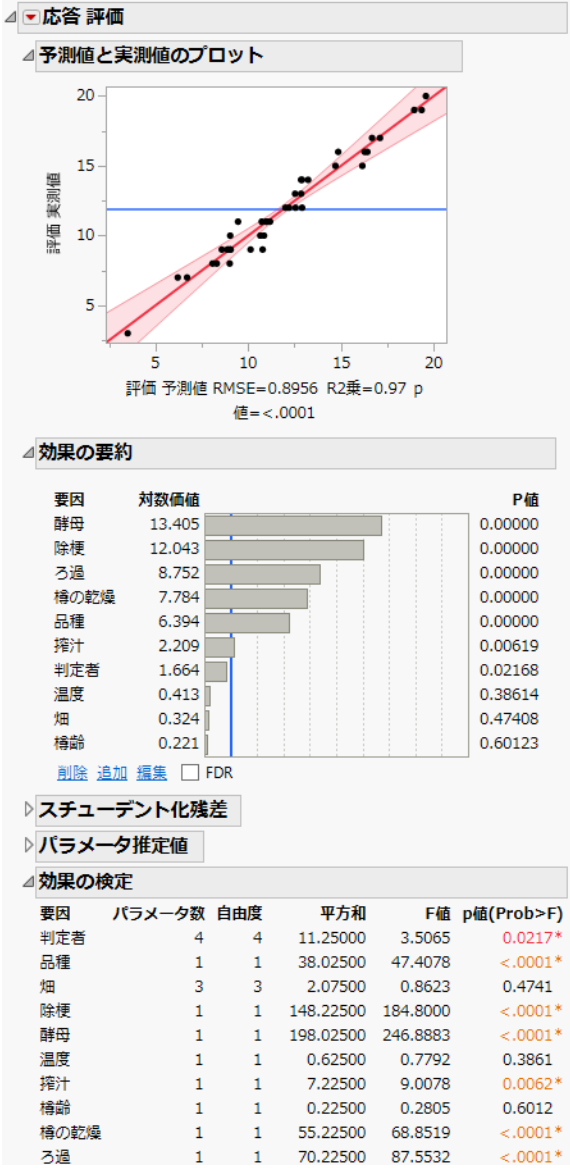
ブロック因子の「判定者」が、固定効果として追加されていることに注目してください。5人の判定者は母集団から無作為に（ランダムに）抽出されたのではなく、特定の人を意図的に選んだので、これは適切な設定です。大きな母集団から無作為に判定者を抽出した場合、ブロック因子は変量効果になります。

3. [実行] をクリックします。

完全モデルの結果に対する解釈

このカスタム計画の例におけるモデルの出力を以下に示します。

図4.11 モデルのあてはめの結果（一部）



次のことを注意してください。

- 「予測値と実測値のプロット」には、あてはまりの悪さを示す証拠が見当たりません。
- 「予測値と実測値のプロット」とその下の p 値から、モデルが有意であることがわかります。
- 「効果の検定」レポートから、モデル項のうち7つが、0.05の有意水準において有意であることがわかります。「煙」・「温度」・「樽齢」は有意ではありません。
- 「効果の要約」レポートには、効果が有意な順に表示されています。対数価値の値が大きいほど、 p 値がより小さく、より有意になっています。

効果のさらなる削除

ここでは、カスタム計画の結果のモデルから重要でないと判断した効果を削除し、説明変数をより減らしたモデルにしてみましょう。

1. 「効果の要約」レポートで、Ctrlキーを押しながら「温度」・「煙」・「樽齢」を選択します。
2. [削除] をクリックします。

選択した効果がレポートから削除されます。

プロファイルによるモデルの結果の解釈

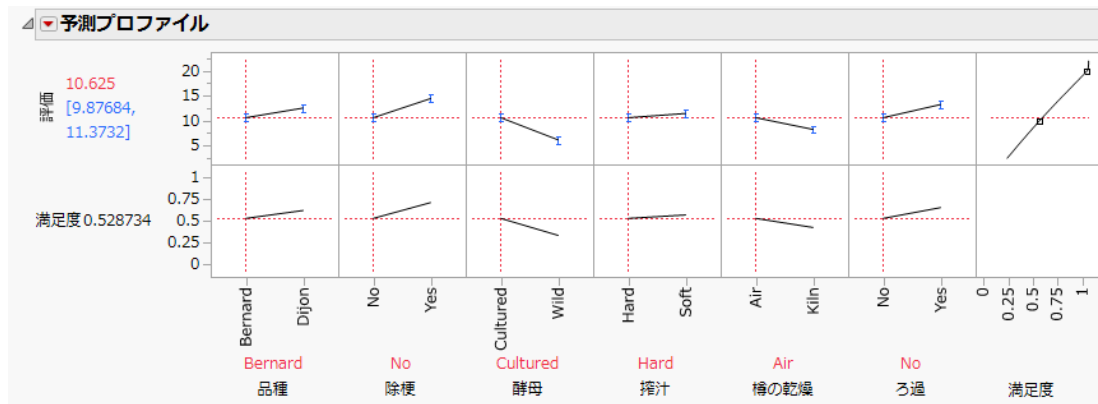
説明変数を減らしたモデルの「予測値と実測値のプロット」を見ても、あてはまりの悪さに関する問題は見当たりません。また、「効果の要約」と「効果の検定」の各レポートから、残りの7つの項が0.05の水準において有意であることがわかります。予測プロファイルを使って、モデルをさらに検討してみましょう。

図4.12は、「予測プロファイル」です。応答の目標は[最大化]に設定されていて、下側限界は0、上側限界は20です。限界の値は、計画の作成時に設定されたもので、「カスタム計画」テーブルの「評価」列には「応答変数の限界」列プロパティが保存されています。「予測プロファイル」は、「応答変数の限界」の情報を使って満足度関数を作成します。満足度関数は、図4.12の上段の右端に表示されています。下の段には、満足度のトレースが表示されます。

上段の最初の6つのプロットは、予測モデルのトレースを描いています。各プロットに描かれている線は、赤い縦線の位置に他のすべての因子を固定した場合に、該当する因子に対して「評価」の予測値が変化する様子を表しています。デフォルトでは、カテゴリカル因子の水準は最小値に設定されています。因子の設定を変化させることで、ワインの「評価」の予測値がどのように変化するかを確認できます。予測値の信頼区間は、「評価」の平均予測値に対するものです。

「判定者」因子がプロファイルに表示されていないことに注目してください。これは、「判定者」がブロック変数だからです。変動を説明するために「判定者」をモデルに含めていますが、「判定者」は因子設定の最適化において重要ではありません。この例での「評価」の予測値は、評価の予測値を判定者全員において平均したのになっています。

図4.12 縮小モデルのプロファイル

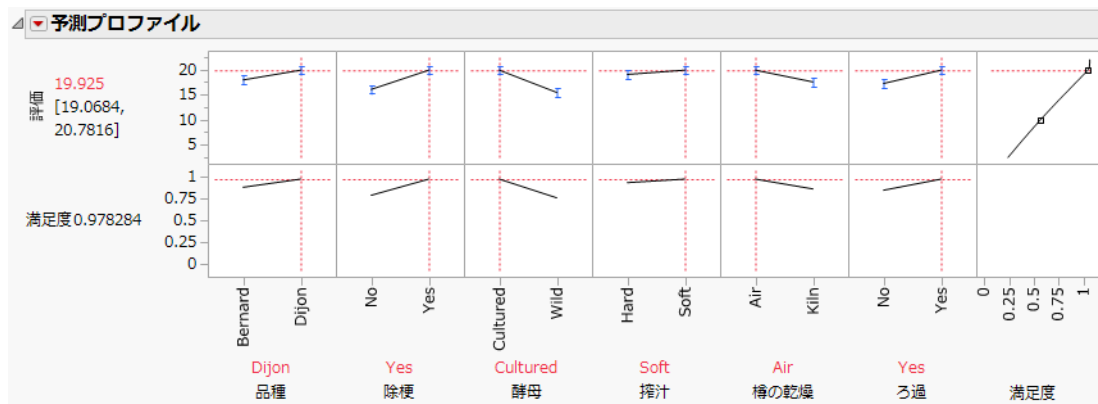


因子設定の最適化

カスタム計画の結果から、予測プロファイルを使用して最適な設定を見つけることができます。判定者の「評価」を最大化する設定を見つけましょう。

1. 「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。
「予測プロファイル」内の赤い縦の点線が、各因子の最適な設定に移動します。最適な設定では、評価の予測値が19.925となります。一般的には、応答を最適化する因子設定は複数存在する場合があります。

図4.13 因子設定を最適化した予測プロファイル



2. すべての実験における評価の予測値を確認するには、予測式を保存します。「応答 評価」の赤い三角ボタンをクリックし、開いたメニューから [列の保存] > [予測式] を選択します。

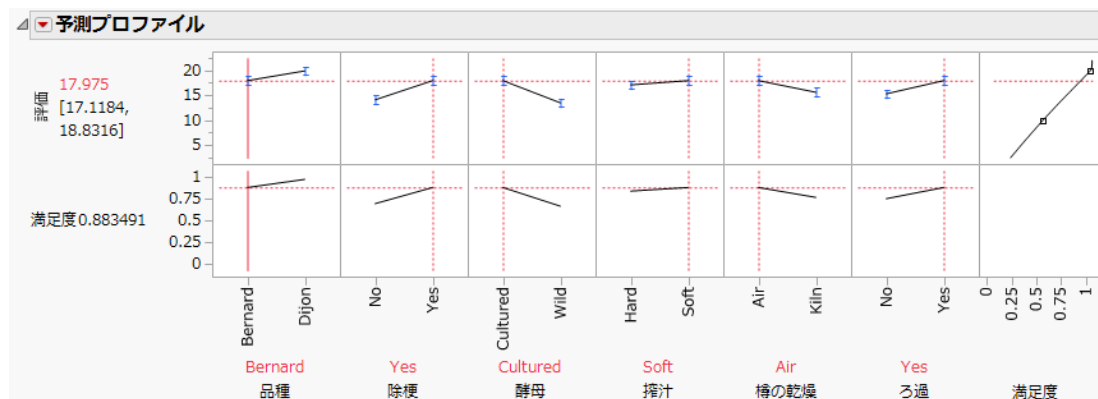
データテーブルに、「予測式 評価」という列が追加されます。行33の実験では、「判定者」5が評価20を与えています。この実験の「判定者」5の評価の予測値は19.550です。なお、行33の実験は、最適な因子設定での実験になっています。最適な因子設定での「予測プロファイル」の予測値19.925は、この因子設定における判定者5人全員の予測値を平均したものです。

因子水準のロック

プロファイルでは、因子をロックして特定の状況下での最適設定を探索することができます。応答を最大化してみると、Dijon 種を使った方が評価が高くなることがわかりました(図4.13)。しかし、Bernard 種を栽培している畑に Dijon 種の苗を新たに植えるのは、コスト面から見て現実的ではありません。そのため、Bernard 種における最適な設定と、そのときの評価の予測値を調べる必要があります。

1. 「予測プロファイル」の「品種」プロットで、赤い縦の点線を「Bernard」にドラッグします。
2. Ctrl キーを押しながら、いずれかの「品種」プロットをクリックします。
「因子設定」ウィンドウが開きます。
3. [因子設定のロック] を選択して [OK] をクリックします。
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 Bernard 種の最適設定を示した予測プロファイル



モデルに交互作用項を含めていないので、最適な設定は変化しません。品種は Bernard に固定した場合、最適な設定における評価の予測値は 17.975 になります。

プロファイルに判定者を追加

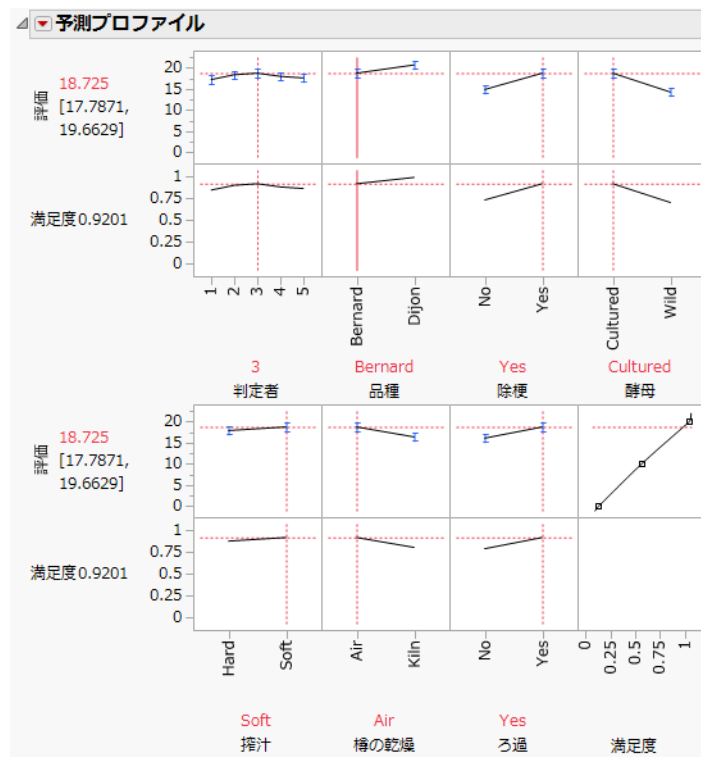
「判定者」の水準のプロファイルのトレースを見るには、次の手順に従います。

1. 「予測プロファイル」の赤い三角ボタンをクリックし、[因子グリッドのリセット] を選択します。
「因子設定」ウィンドウが開き、「判定者」を含むすべての因子の列が表示されます。「判定者」の下にある「表示」ボックスにチェックマークがついていません。そのため、「判定者」は「予測プロファイル」に表示されません。
2. 「判定者」の下にある「表示」ボックスを選択します。
3. 「判定者」の下にある「因子設定のロック」ボックスの選択を解除します。
4. [OK] をクリックします。

プロファイルが更新され、「判定者」のプロットが表示されます。

5. 「判定者」の上にあるいずれかのプロットをクリックします。

図4.15 縮小モデルのプロファイルに「判定者」を表示したところ



赤い縦の点線が表示されます。各判定者のトレースを見るにはこの線をドラッグします。「品種」が「Bernard」にロックされたままになっていることに注意してください。「品種」のロックを解除するには、Ctrlキーを押しながら、いずれかの「品種」プロットをクリックします。「因子設定」ウィンドウが開いたら、[因子設定のロック]の選択を解除してください。

カスタム計画の作成

カスタム計画を作成するには、[実験計画(DOE)] > [カスタム計画]を選択します。

「カスタム計画」は、計画の手順を踏むごとに内容が更新されます。

- 「応答」
- 「因子」
- 「因子の制約を定義」
- 「交絡項」

- 「計画の生成」
- 「実験計画エクスプローラ」
- 「計画」
- 「計画の評価」
- 「出力オプション」

応答

「応答」アウトラインでは、1つまたは複数の応答を指定します。

ヒント: 応答の設定を保存したい場合には、「応答」アウトラインへの入力完了後に、赤い三角ボタンのメニューから「**応答の保存**」を選択してください。これにより、応答の名前・目標・限界・重要度の値がデータテーブルに保存され、「実験計画(DOE)」のプラットフォームにおいて後で再利用できるようになります。

図4.16 「応答」アウトライン

▲ 応答							
応答の追加 ▼ 削除 応答数...							
応答名	目標	下側限界	上側限界	重要度	検出下限	検出上限	単位
Y	最大化	.	.	.	.	.	

応答の追加 応答を1つ追加し、目標の種類を「最大化」（望大特性）、「目標値に合わせる」（望目特性）、「最小化」（望小特性）、「なし」、または「関数的応答」に設定します。「目標値に合わせる」を選択した場合は、目標の限界値を入力します。「最大化」または「最小化」を選択した場合、限界の入力は必須ではありませんが、満足度関数を使用する場合は、入力しておくことがあります。

JMP PRO 関数的応答（JMP Proでのみ使えます。）計画にYという関数的応答の列を追加します。計画のデータテーブルの作成時には、この列に「FDE」列プロパティが追加されます（この「FDE」は、「Functional Data Explorer」（関数データエクスプローラ）の略です）。「関数的応答」の列は「関数データエクスプローラ」プラットフォームで使えます。「関数データエクスプローラ」プラットフォームにおいて、「関数的応答」の列を出力変数（Y変数）に、実験計画の因子を追加因子（Z変数）に指定することができます。関数的応答には、最初、1実験あたり5つの、均等間隔で並ぶ測定値が割り当てられます。値を変更するには、水準のテキストボックスをクリックします。水準数を変更するには、「1実験あたりの測定値数」の値をクリックします。1実験あたりの測定値数が10を超える場合、ダイアログが開き、開始値と水準間の増分を指定することができます。

削除 選択されている応答を削除します。

応答数 応答数を入力すると、その個数だけ応答変数が追加されます。デフォルトのY以外の応答を入力した場合、追加された応答の「目標」は、最後に入力した応答と同じものになります。そうでない場合、デフォルトの「目標」は「目標値に合わせる」です。目標を変更するには、テーブル内で目標の種類をクリックします。

「応答」アウトラインには、次のような列があります。

応答名 応答の名前。追加した応答には、デフォルトで「Y」、「Y2」...という名前がつきます。名前を変更するには、ダブルクリックして任意の名前を入力します。

目標・下側限界・上側限界 応答変数を、どうしたいかを指定します。最大化(望大特性)、最小化(望小特性)、特定の目標値に一致させる(望目特性)、目標がない、のいずれかを選択してください。指定された内容に従って、生成された計画のデータテーブルにおける各応答列に、「応答変数の限界」列プロパティが割り当てられます。この情報を使い、各応答の満足度関数が定義されます。「プロファイル」と「等高線プロファイル」は、これらの満足度関数を使って最適な因子設定を見つけます。詳細については、『プロファイル機能』の「プロファイル」章および「[「応答変数の限界」列プロパティ](#)」を参照してください。

- 「最大化」は、大きな値ほど良いこと(望大特性)を意味します。なんらかの下側限界や上側限界がある場合は、それらも指定してください。
- 「最小化」は、小さな値ほど良いこと(望小特性)を意味します。なんらかの下側限界や上側限界がある場合は、それらも指定してください。
- 「目標値に合わせる」の場合、指定された目標値が最良であること(望目特性)を意味します。デフォルトの目標値は、下側限界と上側限界の中間値に設定されます。
- 「なし」は、最適化の目標がないことを意味します。この場合、満足度関数は作成されません。

メモ: 「目標値に合わせる」を選んだときで、目標値が下側限界と上側限界の中間値ではない場合は、計画のデータテーブルを作成した後に変更してください。それには、データテーブルの応答列において **[列] > [列情報]** を選択し、列情報ウィンドウを開き、希望の目標値を入力します。

重要度 応答が複数ある場合は、指定した重要度の値を使って全体の満足度関数が計算されます。重要度は、応答の重みとして扱われます。応答が1つしかない場合、重要度はデフォルトで1に設定されるため、重要度を指定する必要はありません。

JMP PRO 検出限界 上側および下側の検出限界は、応答変数において測定が可能な範囲を示します。この「検出限界」は列プロパティとして保存されます。「一変量の分布」または「一般化回帰」プラットフォームで応答変数の打ち切りを指定するには、この「検出限界」列プロパティを使用します。『基本的な回帰モデル』の「一般化回帰」章を参照してください。

単位 因子の実験単位。欄をクリックして適切な単位を入力します。

「応答」アウトラインの編集

「応答」アウトラインでは、次のような作業ができます。

- 応答をダブルクリックして応答名を変更する。

- 目標をクリックして変更する。
- 限界または重要度の値をクリックして変更する。
- 複数の応答に対して、重要度の値を入力する。

「応答変数の限界」列プロパティ

応答の入力時に指定した「目標」・「下側限界」・「上側限界」・「重要度」は、最適な因子設定を見つける際に使用されます。これらの情報は、生成された計画のデータテーブルにおいて、各応答列の「応答変数の限界」列プロパティに保存されます。JMPは、この情報を使って満足度関数を定義します。満足度関数は、予測プロファイルで最適な因子設定を見つけるために使用されます。「応答変数の限界」列プロパティの詳細とその使用例については、「[「応答変数の限界」列プロパティ](#)」を参照してください。

下側限界と上側限界が指定されていない場合、観測された応答データの範囲に基づいて自動的に満足度関数が定義されます。下側限界と上側限界が指定されている場合には、それらの限界によって満足度関数が定義されます。満足度関数の作成については、『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。

因子

「因子」セクションでは、カスタム計画で調べたい因子を追加します。

ヒント: 「因子」セクションが完成したら、赤い三角ボタンのメニューから「[因子の保存](#)」を選択することを検討してください。これにより、因子の名前・役割・変更・値がデータテーブルに保存され、後で再利用できるようになります。

図4.17 「因子」セクション

因子

因子の追加 ▼ 削除 N個の因子を追加 1

名前	役割	変更	値	単位

共変量の候補

共変量の列を選択 現在のデータテーブルから、共変量の候補となる集合を読み込む。

因子の指定

因子を追加するには[因子の追加]ボタンをクリックし、変更する場合は、因子名または因子水準をダブルクリック。

続行

因子の追加 因子の種類を選択します。「[因子の種類](#)」を参照してください。

削除 選択されている因子が削除されます。

メモ: [続行] または [戻る] ボタンをクリックした後、すべての因子を削除しようとする、連続変数の因子が1つ残ります。この因子は、新しい因子を追加した後に削除できます。

N個の因子を追加 複数の因子を追加します。追加する因子の数を入力してから、**[因子の追加]** をクリックして因子の種類を選択します。「**N個の因子を追加**」を繰り返すことで、異なる種類の因子を複数追加することができます。

「因子」セクション

「因子」セクションには、次のような列があります。

名前 因子の名前。追加した因子には、デフォルトで「**X1**」、「**X2**」... という名前がつきます。これらの因子の名前を変更するには、ダブルクリックして任意の名前を入力します。

役割 因子の役割を指定します。役割は、「因子の役割」列プロパティとしてデータテーブルに保存されます。この列プロパティがあることで、因子の種類は適切にモデル化されます。

変更 因子水準の変更の難度を、[容易]・[困難]・[非常に困難]の中から選択します。デフォルト値の[容易]を変更するには、[容易]となっている部分をクリックします。因子の変更を[困難]または[非常に困難]に指定すると、ランダム化において、それらの設定に対応した制約が課せられます。因子リストに[困難]な因子がない場合、因子を[非常に困難]に指定することはできません。変更の難易度を指定すると、データテーブルに「因子の変更」列プロパティが保存されます。[「変更困難度とランダムブロック」](#)を参照してください。

値 実験における因子の設定。値を挿入するには、デフォルトの値をクリックし、任意の値を入力します。

単位 因子の測定単位を指定します。単位を設定するには、「単位」の欄をクリックして該当する単位を入力します。

検出限界 応答の測定可能範囲を示す検出限界値を定義し、列プロパティに保存します。「一変量の分布」または「一般化回帰」プラットフォームで応答変数の打ち切りを考慮した分析を行うには、この「検出限界」列プロパティを使用します。

「因子」の編集

「因子」セクションでは、次のように操作します。

- 因子名を編集するには、因子名をダブルクリックします。
- カテゴリカル因子の場合、因子名の左隣に下向きの矢印があります。この矢印をクリックすると水準が追加されます。
- 因子の水準を削除するには、値をクリックし、キーボードの **Delete** キーを押し、最後にテキストボックスの外をクリックします。
- 「**変更**」の項目を変更するには、「**変更**」列の値をクリックして適切な値を選択します。
- 値を編集するには、「**値**」列の値をクリックします。

因子の種類

因子の種類を選択するには、「カスタム計画」の「**因子の追加**」をクリックします。

メモ: 生成された計画のデータテーブルにおいて、各因子の列に「因子の役割」列プロパティが設定されます。「因子の役割」列プロパティがあることで、因子が適切にモデル化されます。

連続変数 数値データを値として取る因子。連続変数とは、指定された下限から上側までの間において、任意の数値に設定できる因子のことです。

離散数値 数値データを値として取る因子。離散数値の因子は、不連続の数値のみを取ります。これらの値は数値として意味があります。

離散数値の因子が k 水準の場合 ($k > 2$)、デフォルトで因子の値は $1, 2, \dots, k$ の整数となります。 $k = 2$ 水準の場合、離散数値の因子の値はデフォルトで -1 および 1 に設定されます。デフォルトの値を、実験で使用する因子設定の値に置き換えてください。

メモ: 離散数値の因子は、すべての水準が計画に出現するとは限りません。どの水準が出現するかは、「モデル」セクションで指定されたモデルによって決まります。全水準が計画に出現する必要がある場合は、「スクリーニング計画」プラットフォームの使用を検討してください。

離散数値の因子に k 水準を設定した場合、デフォルトで、 $k-1$ 次のべき乗項がモデルに含まれます。ただし、 k が6以上の場合には、5次のべき乗までしか含まれません。これらのべき乗項には、2次以上の項の「推定」には「可能な場合のみ」が指定されます。「可能な場合のみ」を指定することにより、少ない実験回数でも3水準以上の水準を取り扱うことができます。なお、モデルが1次式の場合は、離散数値の因子は、端の値だけを用います。仮定したモデルで離散数値の因子がどのように扱われるかは、「**モデル**」に詳しい説明があります。

一方で、離散数値の因子は、「モデルのあてはめ」では連続尺度の説明変数として扱われます。また、計画のデータテーブルに保存される「モデル」スクリプトには、3次以上のべき乗項は含まれていません。

カテゴリカル 数値または文字の値を取ります。作成されるデータテーブルにおいて、データはカテゴリカルなものとして扱われます。また、水準の値は、入力したときの左から右の順序で並べられます。この順序は、作成された計画のデータテーブルの各列における「値の表示順序」列プロパティに保存されます。

ブロック 数値または文字の値を取ります。ブロック因子は、カテゴリカル因子の特殊形態で、主効果としてのみモデルに含めることができます。ブロック因子を定義した場合は、ブロックごとの実験回数を指定します。作成されるデータテーブルに「ブロックあたり実験回数」列プロパティが保存されます。デフォルトの実験回数は、少なくとも2つのブロックがあると想定しています。ブロックごとの実験回数の整数倍でない実験回数を指定した場合、JMPは可能な限りバランス（釣合い）の取れた計画にしようとします。その過程では、ブロックごとの実験回数が2以上になるようにします。

共変量 データタイプが数値もしくは文字であるいずれの列も共変量に設定できます。配合の共変量を含めるには、「配合」列プロパティを使用します。「共変量」とは、各実験ユニットにおいて、実験前にわかっている測定値を指します。共変量が配合変数である場合は、それが計画に含まれるすべての配合変数を表していなければなりません。

指定された共変量は、計画が最適になるように、最適化基準の計算に使われます。「[変更困難度とランダムブロック](#)」および「[変更が困難な共変量](#)」を参照してください。

共変量を指定するには、まず、共変量の値を含んだデータテーブルを予め用意しておいてください。そして、共変量を含んだそのデータテーブルを開いて、アクティブにしてください。[因子の追加]を使用するか、「共変量の候補」セクションにある[共変量の列を選択]をクリックして、共変量を追加します。そうすると、現在のデータテーブルから列を選択するウィンドウが開きます。その列選択のウィンドウで、共変量の列を選択してください。共変量の因子を追加すると、「共変量の候補」セクションの下に候補の行が読み込まれ、表示されます。読み込まれた行の中から、計画に含める行を選択できます。選択した共変量の行を計画に含めるには、「計画の生成」のオプションである[選択されている共変量の行をすべて計画に含める]を使用します。

計画の実験回数が共変量のデータテーブルの行数より少ない場合、計画のデータテーブルに「共変量 行番号」という列が作成されます。この列の値は、それぞれの実験が共変量のデータテーブルのどの行に対応するかを示します。

場合によっては、多数の設定候補の中から、一部の計画点を選択したいことがあります。たとえば、大量のユニットバッチに対して、測定値の列（因子）が複数あるとします。そして、各ユニットの測定値を、1つの候補の実験として扱うとしましょう。これらの候補の実験の中から、応答を測定するのに最適な実験のいくつかを選択したいとします。このような場合は、候補の実験をすべて含むデータテーブルをアクティブにしてから、[因子の追加] > [共変量]を選択し、測定値の列をすべて選択します。そして、[実験の回数]を指定します。すると、データテーブルの中から最適な計画の組み合わせが自動的に抜き出されます。

メモ: 共変量がある場合、「計画の生成」セクションに2つのオプションが表示されます。1つ目は、共変量のデータテーブルで選択した行が計画に含まれるよう指定するオプションです。2つ目は、計画内で共変量の行を反復することを許可するオプションです。

配合 配合物の構成比を表す、連続尺度の因子です。配合因子の値は、合計が定数にならなければなりません。デフォルトでは、配合因子の値を合計すると1になります。配合因子の合計を1以外の正の値に設定するには、赤い三角ボタンのメニューから[詳細オプション] > [配合成分の合計]を選択します。作成される計画のデータテーブルにおいて、配合因子の列には「配合」列プロパティが保存されます。

定数 数値または文字の値を取ります。定数因子の値は、実験の際、固定されたままです。定数因子は、「モデル」セクションに含まれません。また、データテーブル内の「モデル」スクリプトにも含まれません。

調整不可能 数値または文字の値を取ります。調整不可能な因子は、実験において値を制御することができないが、モデルには含めたい因子を指します。そして、1回の実験のそれぞれにおいて因子の値を記録できることを想定しています。

調整不可能な因子を指定すると、連続尺度の列が空の状態、作成されるデータテーブルに追加されます。必要であれば、「列情報」ウィンドウでデータの種類または尺度を変更します。実験をした後に、該当の列に値を入力してください。調整不可能な因子は、「モデル」セクションに含まれません。また、データテーブル内の「モデル」スクリプトにも含まれません。

変更困難度とランダムブロック

因子を実験のたびに変更することの相対的な難度を指定しておく、特に工業分野での実験に役立ちます。多くの状況で、変更の困難な因子を固定したまま複数の実験を実施できると便利です。「変更」の設定を「困難」にすると、分割実験が作成され、「非常に困難」にすると2段分割実験が作成されます。

連続変数・離散数値・カテゴリカル・配合の因子において、「変更」を「困難」や「非常に困難」に設定できます。因子を「非常に困難」に設定するには、別の因子が「困難」に設定されている必要があります。

共変量においては、「変更」を「困難」に設定できます。ある共変量を「困難」に設定すると、他のすべての共変量も「困難」に設定され、残りの因子は「容易」に設定されます。共変量を含んだ場合のアルゴリズムは、行交換と座標交換の組み合わせを必要とします。そのため、比較的小さい計画でも、計画を生成するのに時間がかかることがあります。

因子の変更が「困難」または「非常に困難」な計画の場合、「カスタム計画」は、指定された最適化基準で最適な計画を見つけようとします。「最適化基準」を参照してください。分割実験計画を作成する手法の詳細については、Jones and Goos (2007) を参照してください。変更が困難な共変量を持つ計画については、Jones and Goos (2015) を参照してください。

図4.18は、「Design Experiment」フォルダ内にある「Cheese Factors.jmp」サンプルデータの因子を使った2段分割実験の例です。

図4.18 2段分割法の「因子」と「計画の生成」

カスタム計画

応答

因子

因子の追加 ▼ 削除 N個の因子を追加 1

名前	役割	変更	値	単位
肝臓1	連続変数	非常に困難	-1	1
肝臓2	カテゴリカル	非常に困難	L1	L2
凝乳1	連続変数	困難	-1	1
凝乳2	連続変数	困難	-1	1
凝乳3	カテゴリカル	困難	L1	L2
凝乳4	連続変数	困難	-1	1
凝乳5	カテゴリカル	困難	L1	L2
チーズ1	連続変数	容易	-1	1

共変量の候補

共変量の列を選択 現在のデータテーブルから、共変量の候補となる集合を読み込む。

因子の制約を定義

モデル

交絡項

計画の生成

☐ 変更が「困難」な因子を、「非常に困難」な因子と独立して設定

一次単位の数 5

二次単位の数 10

実験の回数:

☐ 最小値 14

☐ デフォルト値 30

☒ ユーザ定義 22

計画の作成

1つまたは複数の因子の「変更」を「困難」に設定し、どの因子も「非常に困難」に設定しなかった場合、「一次単位」というカテゴリカルな因子が追加されます。このような場合、分割実験(1段分割実験)が作成されます。

- 「一次単位」因子の各水準は、ブロックになっています。そして、各ブロック内において、変更が困難な因子の水準がいずれか1つに固定されています。
- 計画のデータテーブルにおける「モデル」スクリプトでは、「一次単位」因子に「変量効果」の属性が設定されています。
- 「一次単位」因子には、「因子の役割」列プロパティとして「ランダムブロック」が設定されます（「ランダムブロック」とは、ブロック因子が、固定効果ではなく、変量効果であることを意味しています）。

「困難」と「非常に困難」の両方を指定した場合、「二次単位」および「一次単位」というカテゴリカルな因子が計画に追加されます。このような場合、2段分割実験が作成されます。

- 「二次単位」因子の各水準は、ブロックになっています。そして、各ブロック内において、変更が非常に困難な因子の水準がいずれか1つに固定されています。
- 「一次単位」因子の各水準も、ブロックになっています。そして、各ブロック内において、変更が困難な因子の水準がいずれか1つに固定されています。
- 計画のデータテーブルにおける「モデル」スクリプトでは、「一次単位」因子と「二次単位」因子に「変量効果」の属性が設定されています。
- デフォルトでは、「困難」な因子の水準が、「非常に困難」な因子の水準からの入れ子になっています。
- 計画のデータテーブルでは、「一次単位」因子と「二次単位」因子の両方に「ランダムブロック」の役割が設定されます（「ランダムブロック」とは、ブロック因子が、固定効果ではなく、変量効果であることを意味しています）。

2方分割実験を作成するには、「計画の生成」の下の「変更が「困難」な因子を、「非常に困難」な因子と独立して設定」を選択します。このオプションは、「困難」な因子の水準と「非常に困難」な因子の水準を交差します。「2方分割法」を参照してください。

「一次単位の数」と「二次単位の数」のテキストボックスを使用して、一次単位の数と二次単位の数进行指定します。これらのボックスには、推奨されるデフォルト値が挿入されています。デフォルト値の計算については、「一次単位と二次単位の数」を参照してください。

乱塊法・1段分割法・2段分割法・2方分割法の詳細と例については、「特殊なランダム化を行う実験計画」を参照してください。変更が困難な共変量を持つ計画については、「変更が困難な共変量」を参照してください。

因子の列プロパティ

データテーブルには、各因子のさまざまな列プロパティが保存されます。これらの列プロパティの詳細と例については、「[列プロパティ](#)」を参照してください。

因子の役割 データテーブルにおけるすべての因子の列に、「因子の役割」列プロパティが割り当てられます。この「因子の役割」列プロパティの値は、実験を計画するときに指定した役割によって決まります。たとえば、ランダムブロックの因子（変量効果のブロック因子）には「ランダムブロック」という値が割り当てられます。「因子の役割」列プロパティは、データをモデル化するときに、どのように因子を用いるかを示しています。また、「因子の役割」列プロパティの値は、「拡張計画」プラットフォームでも使われません。詳細については、「[「因子の役割」列プロパティ](#)」を参照してください。

因子の変更 データテーブルにおけるすべての因子の列には、「因子の変更」列プロパティも割り当てられます。「変更」に対して設定した値が、「因子の役割」列プロパティの値になります。「因子の変更」列プロパティは、データをモデル化するときに、どのように因子を用いるかを示しています。また、「因子の変更」の値は、「拡張計画」プラットフォームと「計画の評価」プラットフォームでも使われます。「[「因子の変更」列プロパティ](#)」を参照してください。

コード変換 因子の「役割」が「連続変数」・「離散数値」・「調整不可能」、または連続尺度の「共変量」である場合は、「コード変換」列プロパティが保存されます。このプロパティは、最小値が-1、最大値が+1になるように因子の値を変換します。「[「コード変換」列プロパティ](#)」を参照してください。

値の表示順序 因子の役割がカテゴリカルまたはブロックの場合は、「値の表示順序」列プロパティが保存されます。この列プロパティによって、因子水準の表示順序が決まります。「[値の表示順序](#)」を参照してください。

配合 因子の役割が「配合」の場合は、「配合」列プロパティが保存されます。このプロパティは、配合成分に対する限界値と、それらの合計値を指定します。配合因子に対し、コード変換を選択することもできます。「[「配合」](#)」を参照してください。

ブロックあたり実験回数 ブロック因子において、ブロックごとの標本サイズを示します。「因子」セクションで「ブロック」因子を指定すると、「ブロックあたり実験回数」列プロパティが保存されます。「[「ブロックあたり実験回数」列プロパティ](#)」を参照してください。

単位 因子の実験ユニット。「単位」の欄をクリックして任意の値を入力します。

因子の制約を定義

「因子の制約を定義」によって、計画の領域を制限することができます。制約をロードした場合、またはスク립トの一部に制約を含めた場合を除き、デフォルトでは、制約を「[しない](#)」オプションが選択されています。次のいずれかのオプションによって、何らかの制約を指定することができます。

線形制約の指定 このオプションでは、因子の線形結合に対し、線形不等式の制約を指定できます。線形制約は、役割が「連続変数」または「配合」である因子にのみ指定できます。「[線形制約の指定](#)」を参照してください。

メモ: 線形制約を含むスクリプトを計画に保存すると、その線形制約は「以下」を意味する不等式 ($\leq$) で表されます。

フィルタで許可しない組み合わせを指定 このオプションでは、各因子における値を限定することで、制約を定義します。AND と OR の両方の制約が定義できます。「[フィルタで許可しない組み合わせを指定](#)」を参照してください。

スクリプトで許可しない組み合わせを指定 このオプションでは、スクリプトエディタのテキストボックスに、許可しない組み合わせやその他の制約を JSL のブール式として入力してください。「[スクリプトで許可しない組み合わせを指定](#)」を参照してください。

メモ: 因子の制約が定義された計画を分析する場合は、プロファイルにおいて制約が考慮されます。

線形制約の指定

連続変数の因子に対して、空間全体に独立して点を分布させるのではなく、線形不等式の制約を課したいことがあるでしょう。そのような場合、線形不等式によって、因子の領域を制限することができます。指定した線形不等式は、計画で許可されている領域を表します。例として、「[配合物の配合計画](#)」を参照してください。

1つまたは複数の線形不等式の制約を入力するには、**[追加]** ボタンをクリックします。

追加 すべての連続変数を含んでいる線形不等式が1つ追加されます。不等式の係数を入力し、不等号の向きを選択してください。また、不等式の右側のボックスに右辺値を入力してください。さらに制約を加えるには、**[追加]** を再びクリックします。

メモ: [球の半径] によって計画領域を球形に制限した場合、**[追加]** オプションは使用できなくなります。

最後の制約を削除 最後に追加した制約が削除されます。

制約をチェック 制約の一貫性が検証されます。このオプションは、冗長な制約を削除し、実現可能性を確認します。問題がある場合は、警告が表示されます。線形不等式が因子の上限もしくは下限を表している場合には、「因子」アウトラインにおける因子の範囲が更新された旨を示す警告が表示されます。

フィルタで許可しない組み合わせを指定

このオプションは、データフィルタを使って許可しない組み合わせを指定します。詳細については、『JMPの使用法』を参照してください。

「フィルタ因子の追加」リストで因子を選択し、**[追加]** をクリックします。次に、スライダを使う（連続変数の場合）か、水準を選択して（カテゴリカルの場合）、許可しない組み合わせを指定します。例として、「[制約とカテゴリカルな因子を含む応答曲面計画](#)」を参照してください。

「フィルタ因子の追加」にある赤い三角ボタンのメニューは、各種プラットフォームの起動ウィンドウにある「列の選択」パネルのメニューと同じです。『JMPの使用法』を参照してください。

[追加] をクリックすると、「許可しない組み合わせ」パネルに、選択した因子とコントロールボタンが表示されます。因子は、尺度に応じて次のように表示されます。

連続変数・離散数値・配合因子 許可しない範囲を示すスライダが表示されます。スライダの両端をドラッグするか、スライダの下にあるテキストをクリックして上限や下限の数値を設定することで、許可しない範囲を指定します。スライダにおいて、青色に強調表示されている部分が、許可しない範囲を示しています。

カテゴリカルな因子 因子がカテゴリカルである場合、因子の各水準がボックス形式で表示されます。ただし、水準数が多い場合は、リスト形式で表示されます。ここで許可しない水準を選択してください。複数の水準を選択するには、Ctrl キーを押しながらクリックします。強調表示されている項目が、許可しない水準となります。なお、「許可しない組み合わせ」パネルにカテゴリカルな因子を追加したときに因子名の後に括弧付きで表示されている数値は、その因子の水準数です。

「許可しない組み合わせ」のオプション

「許可しない組み合わせ」パネルには、次のようなボタンがあります。

クリア 水準に対する許可しない組み合わせに関して、指定されている設定すべてをクリアします。ただし、因子の選択はクリアされません。

やり直し 因子の選択をすべて取り消し、画面を因子のリストに戻します。

AND 「フィルタ因子の追加」リストを開きます。そこで選択された因子がANDグループになります。ANDグループで指定されている水準すべてをもつ組み合わせが、許可されない組み合わせになります。

ANDグループに因子を後から追加するには、グループのアウトラインをクリックし、枠が強調されるのを確認します。そして、[AND] ボタンをクリックし、因子を追加します。

1つの因子を削除するには、赤い三角ボタンのメニューにある**[削除]**を選択します。

OR 「フィルタ因子の追加」リストを開きます。そこで選択された因子が、ORを挟んで別のANDグループを形成します。ORを挟んだANDグループの場合、いずれかのANDグループで指定された組み合わせが許可しない組み合わせになります。

因子の赤い三角ボタンのメニュー

1つの因子を複数のORグループに含めることができます。特定のORグループにおける、ある1因子に対する設定を、以下では**因子制約**と呼びます。

削除 選択されている因子制約を「許可しない組み合わせ」パネルから削除します。

選択をクリア 因子制約の選択をすべてクリアします。

選択の逆転 因子制約において、選択されている値の選択を解除し、選択されていない値を選択します。

表示オプション カテゴリカルな因子にのみ使用できます。表示形式を変更します。オプションで、ブロック形式・リスト形式・単一カテゴリ形式・チェックボックス形式のいずれかで、各水準を表示できます。

検索 カテゴリカルな因子にのみ使用できます。因子名の下にテキストボックスを表示し、そこに入力した文字列を因子水準の中から検索します。**Enter** キーを押すか、テキストボックスの外をクリックすると、検索が開始されます。**[検索]** を選択すると、黒い三角ボタンのメニューに、**[指定の単語を含む]**・**[すべての単語が一致する]**・**[指定の句で始まる]**・**[指定の句で終る]** といった検索オプションが表示されます。

スクリプトで許可しない組み合わせを指定

このオプションでは、JSL スクリプトを使って許可しない因子水準の組み合わせを指定します。このオプションは、因子が連続尺度の場合や、連続尺度とカテゴリカルな因子が混ざっている場合に役立ちます。

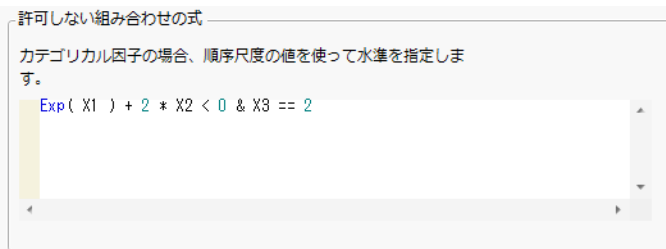
開いたスクリプトウィンドウに、許可しない組み合わせの式を入力してください。その式は、ブール式でなければなりません。真であるブール式で指定された組み合わせが許可されないものとなります。

カテゴリカル因子のための式を作成するときは、水準名、または水準の順序を示す数値を使用してください。たとえば、因子の水準が「高」・「中」・「低」であり、「因子」アウトラインでこの順序で指定した場合には、各水準は 1, 2, 3 という数値が関連付けられます。別の例として、「X1」と「X2」という 2 つの連続尺度の因子があり、「X3」というカテゴリカル因子があるとしします。また、カテゴリカル因子の水準は、順番に「L1」・「L2」・「L3」であるとしします。このとき、次式が成り立つものを、許可しない組み合わせに設定するとしします。

$$e^{X_1} + 2X_2 < 0 \quad \text{および} \quad X_3 = L_2$$

この場合、スクリプトウィンドウに、**(Exp(X1) + 2*X2 < 0) & (X3 == 2)** という式を入力します。

図4.19 スクリプトエディタに式を入力したところ



(図では、構文解析によって不要な括弧が削除されています。) この例のように、ブール式の一部に関数を使うこともできます。カテゴリカル因子の水準に対しては通し番号ではなく、**(Exp(X1) + 2*X2 < 0) & (X3 == "L2")** のように文字列を指定しても構いません。

モデル

「カスタム計画」の「モデル」セクションでは、(推定したいすべての効果を含む) 仮定するモデルを指定します。各効果に、「推定」の種類を指定します。この「推定」には、効果を推定することが必須なのか、可能な場合にのみ推定すればよいかを指定します。

「モデル」セクションには、最初、すべての因子の主効果が表示されます。3 つ以上の水準を持つ離散数値の因子を入力した場合は、最初のモデルに多項式項も含まれます。その場合、2 次以上のべき乗項の「推定」は、**[可能な場合のみ]** に設定されます。それらを必ず推定したいときには、「推定」を**[必須]** に変更してください。

メモ: 離散数値のべき乗項に対する推定を常に [必須] にするには、[ファイル] > [環境設定] > [プラットフォーム]>[実験計画(DOE)]を選択します。そして、[離散数値のべき乗を必須に指定]にチェックを入れます。

図 4.20 「モデル」 セクション

名前	推定
切片	必須
X1	必須
X2	必須

計画のデータテーブルを作成すると、そのデータテーブルには「モデル」というスクリプトも保存されます。離散数値因子を除き、この「モデル」スクリプトには、「モデル」セクションで指定された効果が含まれます。離散数値因子の場合、「モデル」スクリプトには、主効果と2乗項だけが含まれます。

「モデル」セクションには、以下のボタンとフィールドがあります。

主効果 すべての因子における主効果をモデルに追加します。ただし、離散数値の因子に関しては、べき乗項も追加します。

交互作用 交互作用効果を追加します。「因子」セクションで因子を選択していない場合は、[2次]・[3次]・[4次]・[5次]を選択すると、その次数までの交互作用すべてが追加されます。特定の因子についてある次数までの交互作用を追加するには、「因子」セクションで因子名を選択し、交互作用を選択し、指定したい次数を選択します。なお、非配合因子と配合因子の間の交互作用、ブロック因子や定数因子との間の交互作用は追加されません。

RSM 連続尺度の因子に対し、応答曲面モデルの項（2次までの交互作用と2乗項）を追加します。応答曲面モデル（RSM; Response Surface Model）の項にはカテゴリーカル因子は含まれません。また、非配合因子の主効果のうち、すべての配合因子と交互作用があるものは、モデルから削除されます。

交差 特定の交互作用項を追加します。「因子」セクションで因子名、「モデル」セクションで効果名を選択します。[交差]をクリックすると、「モデル」セクションにそれらの交差項が追加されます。

べき乗 べき乗の項を追加します。「因子」セクションで因子を選択していない場合は、連続尺度の因子すべてに対してべき乗項が追加されます。「因子」セクションで因子を選択してある場合は、選択されている因子に対してのみ、べき乗項が追加されます。[2次]・[3次]・[4次]・[5次]の中から追加する項の次数を選択してください。

Schefféの3次多項式（配合因子の場合に使用できます。）すべての配合因子に対して Schefféの3次多項式を追加します。これらの項は、3次多項式の配合モデルを作成する際に使用します。

項目の削除 選択されている効果を削除します。

名前 効果の名前。

推定 その効果を推定する必要性を指定します。

- 「推定」を[必須]に設定した場合、その効果を必ず推定可能にするような計画をアルゴリズムは探します。
- 「推定」を[可能な場合のみ]に設定した場合、指定された実験回数においてそれらの項がなるべく推定できるような計画を探します。

離散数値因子のべき乗項を除き、すべての効果はデフォルトでは[必須]に設定されます。効果の「推定」の種類を変更するには、値をクリックしてください。

Bayes 流 D-最適化基準における「可能な場合のみ」の効果の推定

Bayes 流の D-最適計画法では、[必須]の項を精度良く推定し、さらに[可能な場合のみ]の項を包括的に検出（し、一部を推定可能に）するような計画が作成されます。詳細については、「[応答曲面計画の例](#)」および「[Bayes 流の D-最適化基準](#)」を参照してください。主効果のモデル項のいずれかが「可能な場合のみ」に設定されている場合は、計画の診断統計量の計算に Bayes 情報量行列が使用されます。

交絡項

カスタム計画の「交絡項」(alias term) セクションには、仮定したモデルには含めなかったものの、モデル項の推定値にバイアス（偏り）を与える可能性がある効果を指定してください。仮定したモデルには含めなかった効果が、実際には応答に影響している状況もありえます。計画を生成すると、「計画の評価」の下に「交絡行列」セクションが表示されます。交絡行列 (alias matrix) は、「交絡項」セクションで指定した効果が、パラメータ推定値のバイアス（偏り）に与える大きさを示したものです。「[交絡行列](#)」を参照してください。

デフォルトでは、「交絡項」セクションには「モデル」セクションに含まれていない2次交互作用効果がすべて含まれます（ブロック因子に関連する項を除く）。「交絡項」には、ボタンによって効果を追加できます。ボタンを使って「交絡項」に効果を追加する方法については、「[モデル](#)」を参照してください。

メモ: 交互作用項については、選択した次数のものだけが追加されます。「モデル」セクションでは、選択した次数とそれ以下の次数の交互作用がすべてモデルに追加される点が異なります。

たとえば、3つの連続尺度の因子を持つ計画を作成するとします。そして、「モデル」セクションには、3つの主効果だけを指定するとします。予算の都合で、実施できる実験は6回に限られているとします。以上の状況において、2次交互作用と3次交互作用が存在していた場合に、それらが主効果の推定値にどれぐらいバイアスを与えるかを調べてみましょう。

「交絡項」テーブルには、デフォルトですべての2次交互作用が含まれます。[交互作用] > [3次] を選択すると、3次の交互作用を追加できます。

図4.21 交絡項

交絡項

主効果

交互作用

RSM

交差

べき乗

項目の削除

名前
X1*X2
X1*X3
X2*X3
X1*X2*X3

「計画の生成」セクションで[実験の回数]を6に設定し、[計画の作成]をクリックすると、「計画の評価」セクションが表示されます。「計画の評価」セクションと「交絡行列」セクションを開きます。

図4.22 交絡行列

効果	X1*X2	X1*X3	X2*X3	X1*X2*X3
切片	0	0	0	1
X1	0	0	1	0
X2	0	1	0	0
X3	1	0	0	0

「交絡行列」では、各効果がいずれかの交互作用と部分的に交絡していることがわかります。「交絡行列」および「交絡行列」を参照してください。

計画の生成

「計画の生成」セクションでは、カスタム計画のブロック・中心点・反復・実験回数を指定します。通常、設定するオプションは、次の2つに分かれています。

- 計画の構造に関するオプション
- 実験の回数に関するオプション

図4.23 計画の生成

計画の生成

☐ ブロックごとに実験を実施: ブロックサイズ

2

中心点の数:

0

反復する行数:

0

実験の回数:

☐ 最小値

3

☐ デフォルト値

8

☒ ユーザ定義

8

計画の作成

計画の構造に関するオプション

ブロックごとに実験を実施: ブロックサイズ 「因子」アウトラインでブロック因子を指定した場合は、このオプションは使用できません。) ランダムブロックを含む乱塊法(ブロック因子を変量効果とした乱解法)の計画を作成したい場合は、ここに各ブロックにおける実験の回数(ブロックサイズ)を入力します。指定されたブロックサイズで、「**ランダムブロック**」という名前のブロック因子が作成されます。ブロックサイズと全体の実験回数に合わせて、ブロックの水準が決められます。実験回数が指定したブロックサイズの整数倍である場合、各ブロックのサイズは指定した値と同じになります。

一次単位の数 変更が[困難]または[非常に困難]な因子を指定した場合に表示されます。[非常に困難]と[困難]な因子が指定されている場合は、「**一次単位**」因子は、2段分割実験における[非常に困難]な因子に対応しています。[困難]な因子しかない場合には、「**一次単位**」因子は、1段分割実験における[困難]な因子に対応しています。JMPは、モデル内の係数に関する情報を最大にする一次単位の数を表示します。任意の数を入力することもできます。「**一次単位と二次単位の数**」を参照してください。

二次単位の数 [非常に困難]な因子を指定した場合に表示されます。「**二次単位**」因子は、2段分割実験の[困難]な因子に対応します。JMPは、モデル係数に関する情報量を最大にする一次単位と二次単位の数を表示します。任意の数を入力することもできます。「**一次単位と二次単位の数**」を参照してください。

変更が「困難」な因子を、[非常に困難]な因子と独立して設定 (2段分割法ではなく)2方分割法を作成したい場合は、このオプションを選択してください。このオプションを選択した場合、[困難]な因子の水準が、[非常に困難]な因子の水準とは独立にランダム化されます。つまり、このオプションを選択した場合、[困難]な因子は[非常に困難]な因子からの枝分かれには**なりません**。

中心点の数 計画に、[連続変数]または[配合]の因子が含まれている場合にのみ表示されます。中心点として追加する実験数を指定してください。中心点とは、連続変数において低水準と高水準の中間点を設定した実験のことです。「**中心点・反復実験・検定**」を参照してください。

連続変数と他の種類の因子が計画に混在している場合、追加される中心点は、連続変数以外の因子に関してバランスが取れないことがあります。「カスタム計画」は、計画のD-効率・I-効率・A-効率・交絡効率を最大にする中心点を選択します。

反復する行数 計画に追加する反復実験の最小数を指定します。この指定は、計画全体を何回反復させるかではなく、何個の実験点を反復させるか(つまり、計画行列における何行を反復させるか)を決めるものです。計画の反復実験の数は、ここで指定した数より多くなります。「**中心点・反復実験・検定**」を参照してください。

実験の回数に関するオプション

最小値 モデルを推定するために最低限必要な実験回数。「**最小値**」を選択した場合、生成される計画は飽和計画となります。飽和計画においては、誤差の自由度がありません。

メモ:「最小値」の実験回数を選択した場合、計画は飽和計画となり、誤差の大きさを見積もることができず、パラメータ推定値を検定できません。実験を行う費用が非常に少ない場合にだけ、この「最小値」での実験回数が適切でしょう。

デフォルト 推奨される実験回数。この実験回数は、ヒューリスティックなアルゴリズムによって求められており、最小回数に4回以上の実験を追加したもので、バランスの取れた計画（釣合い型計画）に近づくものが求められています。

ユーザ定義 任意の実験回数を指定できます。「**実験の回数**」ボックスに値を入力してください。このオプションでは、実験者自身が実験にかかるコストと得られる情報量を考え、任意の実験回数を指定できます。

実験の回数 このオプションは、変更が「容易」に設定された共変量因子を指定した場合にのみ表示されます。表示される実験回数は、共変量の値が含まれているデータテーブル内の行数ですが、それより少ない実験回数を指定することもできます。その場合（データテーブルの行数よりも少ない実験回数を指定した場合）、指定された基準を最適化する共変量の値がデータテーブルから抽出されます。

計画の作成

「計画の生成」セクションでの指定が完了したら、「**計画の作成**」をクリックします。そうすると、「計画」セクションに生成された計画が表示され、「計画の評価」セクションに評価の情報が表示されます。なお、「計画の作成」ボタンをクリックすると、「モデル」と「交絡項」は変更できなくなります。「モデル」や「交絡項」に変更を加えたいときは、「戻る」ボタンをクリックしてください。「計画の作成」ボタンをクリックすると、「出力オプション」パネルも開き、計画のデータテーブルを作成できるようにもなります。

メモ: 最適化基準が最適になる計画は、場合によっては複数存在します。このような場合、「戻る」ボタンと「計画の作成」ボタンを繰り返しクリックすると、異なる計画が作成されます。

実験計画エクスプローラ

「実験計画エクスプローラ」セクションでは、計画に対する設定が計画にどのように影響するかを簡単に確認したり、一部のいくつかの計画を詳しく比較したりできます。「実験計画エクスプローラ」ボタンをクリックすると、新しいウィンドウが開き、「カスタム計画」ウィンドウで指定した因子・モデル・交絡項が表示されます。計画を1つずつ作成するオプションと、設定のあらゆる組み合わせから複数の計画を作成するオプションがあります。1つまたは複数の計画を作成した後、計画の診断統計量が表に一覧表示されます。オプションを使って、個々の計画を評価したり、複数の計画を比較したりできます。

実験計画エクスプローラのオプション

計画を1つだけ調べたい場合には、「1つだけの計画」セクションを使用します。複数の一連の計画を比較したい場合には、「すべての組み合わせ」セクションを使用します。

1つだけの計画 1つの計画に対して、計画のオプションを設定します。「計画の作成」をクリックして「結果」に計画を追加します。最適化基準、実験回数、中心点の数、反復の回数、ランダム開始点の数（計画生成アルゴリズムでランダムに初期値を設定する処理の回数）が指定できます。

すべての組み合わせ 一連の複数の計画に対して、計画のオプションを設定します。[すべての計画の作成] をクリックして計画を「結果」に追加します。1つまたは複数の最適化基準、実験回数、中心点の数、反復の回数、ランダム開始点の数（計画生成アルゴリズムでランダムに初期値を設定する処理の回数）が指定できます。実験回数、中心点の数、反復の回数を範囲として指定する場合は、[ロック] チェックボックスをオフにします。

実験計画エクスプローラの「結果」

「結果」セクションでは、計画を比較することができます。計画が生成されるたびに、表に行が追加されます。ラジオボタンを選択した計画が、比較の基準となる計画に設定されます。表の下にあるボタンでは、[選択した計画の評価]・[選択した計画の比較]・[選択した計画のテーブルの作成]などができます。表の行をクリックして計画を1つ選択するか、CtrlキーまたはShiftキーを使って複数の計画を選択します。

メモ: 選択した計画の行は表で強調表示されます。ラジオボタンによって、比較の基準とする計画を1つ指定できます。

実験計画エクスプローラには、以下のオプションがあります。

選択した計画の評価 （表で計画が選択されている場合のみ使用できます。）選択されている計画をすべて個別に評価します。を参照してください。

選択した計画の比較 （表で複数の計画が選択されている場合のみ使用できます。）最大5個の計画を、基準の計画と比較します。を参照してください。6個以上の計画を選択した場合、最初の5個だけが比較の対象となります。

選択した計画のテーブルの作成 （テーブルで計画が選択されている場合のみ使用できます。）選択されている計画1つにつき1つのデータテーブルが作成されます。

計画の削除 選択されている計画をすべて表から削除します。

拡張テーブルの作成 すべての計画の結果を新しいデータテーブルに表示します。データテーブルには、「Launch」（起動）という列が最後に含まれます。この列に含まれるリンクをクリックすると、該当する計画が開きます。

計画

「計画」セクションには、カスタム計画の実験が表示されます。計画は、指定した条件に基づく最適な計画です。実験の順序は、ランダム化されていない場合があります。ユーザは、計画のデータテーブルを作成する前に、「出力オプション」パネルで「実験の順序」のオプションを選択できます。

計画の評価

「計画の評価」に含まれている各種セクションを見たり、それらにある赤い三角ボタンのメニューを選択したりすることで、生成されたカスタム計画の性質を知ることができます。

Bayes 情報量を使用 計画に「可能な場合のみ」推定するモデル効果が含まれていて、その中に推定不可能なものがある場合は、このオプションを選択すると、診断統計量の計算に Bayes 情報量行列が使用されます。Bayes 情報量行列に基づく診断統計量の計算については、「[Bayes 流の D-最適化基準](#)」を参照してください。

メモ: すべてのモデル効果が推定可能な場合は、Bayes 情報量行列を使わずに「計画の診断統計量」が求められます。推定不可能な項がある場合は、**[Bayes 情報量を使用]** オプションを選択しない限り、「**必須**」のモデル項のみが表示されます。

検出力分析 指定された大きさをもつ効果を検出できるかどうかを調べます。

予測分散プロファイル 計画の領域内における予測分散を描いたグラフです。

計画領域率プロット モデルの予測分散が特定の値よりも小さくなっている領域は、全体に対してどれぐらいの割合であるかを描いたグラフです。

予測分散曲面 任意の2つの連続変数に対して、予測分散を曲面で表したグラフです。

推定効率 パラメータごとに、信頼区間幅を、理想的な（直交）計画で与えられる信頼区間幅と比較したときの増加率を示します。また、パラメータの相対標準誤差も計算されます。

交絡行列 モデルパラメータが、「実際には影響があるのに現在のモデルには含まれていない効果」によってどれだけのバイアス（偏り）を受けているかを示す係数。「交絡項」アウトラインにおいて、応答に対して影響があるかもしれない効果を指定してください。「[交絡行列](#)」を参照してください。

相関のカラーマップ 効果間における相関係数の絶対値を、色でプロットしたグラフです。

メモ: デフォルトの色はグレースケールです。色のスケールを変更するには、**[相関のカラーマップ]** の赤い三角ボタンをクリックし、**[青->赤]** を選択します。色のスケールをカスタマイズするには、プロットの中を右クリックし、**[カラーテーマ]** を選択します。

計画の診断統計量 計画の作成に使われた最適化基準が表示されます。また、計画の効率についての指標も表示されます。「[「カスタム計画」のオプション](#)」および「[最適化基準](#)」の「最適化基準」を参照してください。

メモ: 変更が**[困難]**な因子、**[非常に困難]**な因子、または「推定」が**[可能な場合のみ]**に設定されている因子がモデルに含まれている場合、D 効率・G 効率・A 効率の統計量は、「計画の診断統計量」セクションに表示されません。

「計画の評価」セクションの詳細については、「[計画の評価](#)」を参照してください。

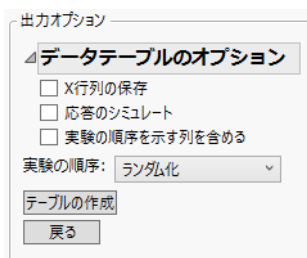
出力オプション

「出力オプション」パネルでは、カスタム計画のX行列の保存、応答のシミュレート、計画のデータテーブルのカスタマイズが行えます。「カスタム計画」では、次のような指定が行えます。

- カスタム計画のデータテーブルにおける実験の順序を指定する
- 計画のデータテーブルを作成する
- 「カスタム計画」ウィンドウの1つ前の状態に戻る

ほとんどの場合、「出力オプション」パネルは、[図4.24](#)のように表示されます。

図4.24 「出力オプション」パネル



「出力オプション」パネルには次のオプションがあります。

- 「データテーブルのオプション」
- 「実験の順序」
- 「テーブルの作成」
- 「戻る」

データテーブルのオプション

「データテーブルのオプション」には、[X行列の保存] オプション（[「X行列の保存」](#)）・[応答のシミュレート] オプション（[「応答のシミュレート」](#)）・[実験の順序を示す列を含める] オプションが含まれます。

実験の順序を示す列を含める 計画のデータテーブルに、「計画」セクションにおける計画の実験順序を示す列を追加します。

ヒント: 計画のデータテーブルの並びでは実験順序をランダム化せずに保存して、ランダム化した実験順序を示す列を保存したい場合には、「実験の順序を示す列を含める」を使用します。これにより、「計画」セクションのランダム化した実験順序の列が作成されます。

実験の順序

「実験の順序」オプションでは、出力するデータテーブル内における実験の順番を指定します。選択肢は次のとおりです。

変更なし データテーブルの行が、「計画」パネル内と同じ順序で並べられます。

左から右へ並べ替え データテーブルの行が、左から右への列の値によって並べ替えられます。

ランダム化 データテーブルの行が、ランダムな順序で並べ替えられます。

右から左へ並べ替え データテーブルの行が、右から左への列の値によって並べ替えられます。

ブロック内でランダム化 データテーブルの行が、設定したブロックの中でランダムに並べ替えられます。

テーブルの作成

カスタム計画のデータテーブルを作成するには、[テーブルの作成] をクリックします。作成された「カスタム計画」データテーブルのテーブルパネル（左上）には、指定した計画に対応しているスクリプトが含まれます。「モデル」スクリプト・「計画の評価」スクリプト・「DOE ダイアログ」スクリプトは常に保存されます。スクリプトを実行するには、スクリプト名の横にある緑の三角ボタンをクリックしてください。計画に共変量が含まれる場合は、共変量の行すべてが計画に使用される場合を除き、計画のデータテーブルに共変量の行の通し番号を示す列が含まれます。

図4.25 スクリプトを含む「カスタム計画」のデータテーブル

	X1	X2	X3	X4	X5	X6	X7	X8	Y
1	1	-1	-1	-1	1	1	-1	-1	•
2	-1	1	1	-1	-1	1	1	-1	•
3	-1	-1	1	-1	-1	-1	-1	1	•
4	1	1	1	-1	-1	-1	-1	1	•
5	1	-1	1	1	1	1	1	1	•
6	-1	1	-1	1	-1	1	-1	1	•
7	-1	1	-1	-1	1	-1	1	1	•
8	1	-1	-1	1	-1	-1	1	-1	•
9	-1	1	1	1	1	-1	-1	-1	•

作成されるスクリプトには次のようなものがあります。

モデル [分析] > [モデルのあてはめ] プラットフォームを実行します。スクリプトによって実行されるモデルは、「モデル」セクションでの指定と、計画の種類によって決められます。

計画の評価 [実験計画(DOE)] > [計画の診断] > [計画の評価] プラットフォームを実行します。スクリプトによって実行されるモデルは、「モデル」セクションでの指定と、計画の種類によって決められます。

制約 「因子の制約を定義」セクションの[制約の追加] オプションによって指定された線形制約式を含みます。

許可しない組み合わせ 「因子の制約を定義」セクションの[フィルタで許可しない組み合わせを指定] または[スクリプトで許可しない組み合わせを指定] オプションによって指定された制約を含みます。

DOE ダイアログ 現在の計画を再現する「カスタム計画」ウィンドウを呼び出します。このスクリプトには、計画の生成に使われた乱数シード値も含まれます。

戻る

[戻る] ボタンを使用すると、[計画の作成] ボタンを押す前の状態に戻ります。以前のセクションに変更を加え、計画を作成し直すことができます。

メモ: [戻る] ボタンをクリックした後、すべての因子を削除しようとする、連続変数の因子が1つ残りま
す。この因子は、新しい因子を追加した後に削除できます。

「カスタム計画」のオプション

「カスタム計画」の赤い三角ボタンのメニューには、計画を設定・生成するためのオプションが含まれています。

応答の保存 「応答」パネルの情報を、新しいデータテーブルに保存します。これで保存した情報は、ほとんどの「実験計画(DOE)」ウィンドウで簡単に読み込むことができます。応答の情報を後で再利用したい場合に便利です。

応答のロード データテーブルから応答をロードします。[応答の保存] オプションを使って応答のデータテーブルを生成します。

因子の保存 「因子」パネルの情報を、新しいデータテーブルに保存します。各因子の列には、その因子の水準が表示されます。その他の情報は、列プロパティとして保存されます。これで保存した情報は、ほとんどの「実験計画(DOE)」ウィンドウで簡単に読み込むことができます。因子の情報を後で再利用したい場合に便利です。

メモ: 空のデータテーブルにデータを直接入力して因子のデータテーブルを作成することもできますが、その場合も、すべての列に適切な役割を割り当てる必要があります。役割を割り当てるには、データグリッド内で列名を右クリックし、[列プロパティ] > [因子の役割] を選択します。そして、「因子の役割」セクションで、適切な役割を選択してください。

因子のロード データテーブルから因子をロードします。[因子の保存] オプションを使って因子のデータテーブルを生成します。計画の種類に合わない因子をロードしようすると、警告が表示されます。

制約の保存 (一部の計画では使用できません。)
「因子の制約を定義」または「線形制約」で定義した因子の制約を、データテーブルの列として保存します。これで保存した情報は、ほとんどの「実験計画(DOE)」ウィンドウで簡単に読み込むことができます。制約の情報を後で再利用したい場合に便利です。

制約のデータテーブルにおける冒頭の数行には、各因子に対する係数が含まれます。最後の行は、不等式の右辺値を含みます。各制約の列には、「以下」と「以上」のどちらの制約であるかを示す「制約状態」という列プロパティが含まれます。「**制約状態**」列プロパティを参照してください。

制約のロード (一部の計画では使用できません。) データテーブルから因子の制約をロードします。[制約の保存] オプションを使って制約のテーブルを生成します。

乱数シード値の設定 このオプションに指定した整数が、乱数を用いる処理の乱数シード値として使われます。次のような処理で、乱数は使われます。

- 計画作成の検索アルゴリズムにおける初期化
- データテーブル作成時における実験順序のランダム化
- 最適計画を探索するときの初期計画(開始点)の選択

計画を再現するには、その計画の生成に使われた乱数シード値を入力し、[計画の作成] をクリックします。

計画の作成に使われた乱数シード値は、計画のデータテーブルに保存される「DOE ダイアログ」スクリプトにも含まれます。

応答のシミュレート 計画のデータテーブルに、乱数で生成された応答値を含む列、および、応答値を乱数で生成するための計算式を含む列が追加されます。このオプションは、[テーブルの作成] をクリックする前に選択してください。

[テーブルの作成] をクリックすると、次の処理が実行されます。

- 乱数シミュレーションで生成されたデータ値が、応答変数の列に代入されます。
- 応答値を乱数シミュレーションで生成するための計算式を含む列が、新しい列として追加されます。このデータ値やこの計算式は、計画のウィンドウで指定したモデルに基づいています。
- 「モデル」ウィンドウが表示されます。このウィンドウで、モデルの効果の係数を設定するとともに、[正規]・[二項]・[Poisson] のいずれかの分布を指定できます。

メモ: 計画の種類によっては、使用できない確率分布もあります。

- 「シミュレーション」という名前のスクリプトが、計画のデータテーブルに保存されます。このスクリプトを実行すると、「モデル」ウィンドウが再び開き、シミュレーション値を再度計算したり、応答変数の確率分布を変更したりできます。

「モデル」ウィンドウでは、乱数シミュレーションで用いる応答変数の確率分布を選択してください。このウィンドウで [適用] ボタンをクリックすると、「<Y>のシミュレーション」という名前の列が更新されます。ここで、「<Y>」は応答列の名前です。[適用] を再びクリックすると、この「<Y>のシミュレーション」の値が更新されます。

詳細については、「[応答のシミュレート](#)」を参照してください。

メモ:  [応答のシミュレート] オプションを使うと、JMP Proのシミュレーションの機能を使って、乱数シミュレーションを実行できます。実験計画に関する乱数シミュレーションの詳細は、『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。

X行列の保存 「モーメント行列」および「モデル行列」というスクリプトを、計画のデータテーブルに保存します。スクリプトには、モーメント行列とモデル行列が含まれます。「[X行列の保存](#)」を参照してください。

注意: 名義尺度の因子を含む計画の場合、[X行列の保存] オプションによって保存された「モデル行列」は、「モデルのあてはめ」で使用される計画行列とは**異なります**。「モデルのあてはめ」で使用される計画行列を得るには、「モデル」スクリプトを実行した後、「モデルのあてはめ」レポートで、[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。

最適化基準 計画の最適化基準を指定します。デフォルトの基準である**【推奨する最適化法】**は、主効果と交互作用の2水準の計画にはA-最適化基準、[RSM] ボタンを使って生成した完全2次式モデルにはI-最適化基準、それ以外の計画にはD-最適化基準を指定します。D-最適計画・I-最適計画・A-最適計画・交絡最適計画の詳細については、**「最適化基準」**を参照してください。

メモ: 常に使用する最適化基準が決まっている場合は、環境設定で固定しておくことができます。それには、[ファイル] > [環境設定] > [プラットフォーム] > **【実験計画(DOE)】**を選択します。[最適化基準]を選択し、該当するオプションを選択します。

開始点の数 計画の作成において使用するランダムな開始点の数（初期計画の数）を指定します。**「開始点の数」**を参照してください。

計画の検索時間 計画の検索にかかる時間の上限を秒数として指定します。デフォルトの秒数は、計画の複雑さに応じて求められます。**「計画の検索時間」**および**「開始点の数」**を参照してください。

アルゴリズムの反復に時間がかかる場合は、「計画を計算中」というウィンドウが開き、進行状況が表示されます。このウィンドウで**【キャンセル】**をクリックすると、計算が停止し、その時点で見つかった最良の計画が提示されます。変更が**【困難】**または**【非常に困難】**に設定されている効果、また推定が**【可能な場合のみ】**に設定されている効果を含まないD-最適計画の場合は、進行状況ウィンドウにD-効率も表示されます。

メモ: [計画の検索時間] は、環境設定として設定することもできます。それには、[ファイル] > **【環境設定】** > [プラットフォーム] > **【実験計画(DOE)】**を選択します。そして、[計画の検索時間] チェックボックスをオンにし、最大秒数を入力します。なお、ある状況においては、指定の秒数を超える場合には自動的に検索時間が延長されます。

球の半径 連続尺度の因子を超球面上に限定します。超球面の半径を指定し、**【OK】**をクリックします。原点から指定した半径だけ離れた位置に計画点が置かれます。このオプションは、[テーブルの作成] をクリックする前に選択してください。

メモ: [球の半径] は、[線形制約を指定] オプションと組み合わせることはできません。また、変更が**【困難】**な因子が含まれている場合（つまり、分割実験の場合）、このオプションは使えません。

【詳細オプション】 > 【配合成分の合計】 配合成分の合計には、任意の正の値を設定します。このオプションを使用すると、実験を通して配合成分の合計が指定した値になります。

【詳細オプション】>【分割実験の分散比】 残差誤差の分散に対して、一次単位の分散および二次単位の分散が何倍になっているかを指定します。このオプションを使うには、分割実験（1段分割実験）の場合は変更が「困難」な因子、2段分割実験の場合は変更が「非常に困難」な因子を定義しておく必要があります。その後、分割実験（1段分割実験）を指定した場合には一次単位に関する比を、2段分割実験を指定した場合には一次単位および二次単位に関する比を入力します。

【詳細オプション】>【事前パラメータ分散】（このオプションは、「モデル」セクションが使用できる場合にのみ使用できます。）「推定」列が「可能な場合のみ」に設定されている因子がある場合は、このオプションにより、割り当てる重みを変更できます。【計画の作成】をクリックすると、そこで指定された重みが計算に使われます。各項について正の数を入力してください。ここでの値は、事前分散の逆数の平方根を表します。重みが大きいほど、パラメータの事前分布での分散が小さくなり、「パラメータが0である」という事前情報が多くなります。

「可能な場合のみ」の因子がある場合には、Bayes 流の D-最適化基準と I-最適化基準によって計画が作成されます。アルゴリズムが使用する重みのデフォルト値は、[必須] の項に対しては0、[可能な場合のみ] の項を含む交互作用に対しては4、そのほかの「可能な場合のみ」の項に対しては1です。「[交絡行列](#)」および「[最適化基準](#)」を参照してください。

【詳細オプション】>【A-最適でのパラメータの重み】（A-最適計画に使用）モデルパラメータの重みを指定します。たとえば、主効果に2次効果より大きな重みを適用することができます。パラメータの重みについては、Morgan and Stallings (2017) を参照してください。

【詳細オプション】>【D効率の重み】 交絡最適化計画における、D-効率の相対的な重要度を指定します。このオプションは、推定値の分散の減少と、交絡構造のどちらをどれぐらい重視するかを決めます。0～1の値を指定してください。値が大きいほど、D-効率が重視されます。デフォルト値は0.5です。このオプションは、「最適化基準」に「交絡最適計画の作成」を選択している場合にのみ有効です。

D-最適化基準の定義については、「[最適化基準](#)」を参照してください。交絡最適化について詳しくは、「[交絡最適化基準](#)」を参照してください。

スクリプトをスクリプトウィンドウに保存 現在の「カスタム計画」で定義している計画を作成するスクリプトを、スクリプトウィンドウに保存します。

応答のシミュレート

データを収集する前や授業などでカスタム計画を探索するときは、シミュレートした応答を使用すると便利です。【応答のシミュレート】オプションを選択すると、【テーブルの作成】をクリックして計画のデータテーブルを作成したときに、各応答変数について次の処理が行われます。

- 計画のデータテーブルにおける応答変数の列に、乱数が代入されます。
- また、応答の乱数を生成する計算式が、計画のデータテーブルに新しい列として追加されます。このデータ値やこの計算式は、計画のウィンドウで指定したモデルに基づいています。

「モデル」ウィンドウが開き、モデルのパラメータ値と、応答の確率分布を指定できます。このウィンドウで【適用】をクリックすると、シミュレーションモデルの計算式の列が更新されます。

シミュレーションの設定ウィンドウ

図4.26は、連続尺度の因子が1つ（**X1**）、3水準のカテゴリカルな因子が1つ（**X2**）の計画の「モデル」ウィンドウです。**X2**は、モデルにおいて2つの項で表されていることに注意してください。

図4.26 「応答をシミュレート」の設定ウィンドウ

効果	Y
切片	1
X1	1
X2 1	1
X2 2	-1

係数のリセット

分布

☒ 正規 誤差 σ: 1

☐ 二項

☐ Poisson

適用

デフォルトのウィンドウでは、係数は1または-1に設定されています。また、誤差は標準偏差が1である正規分布に設定されています。「実験計画 (DOE)」ウィンドウの「計画の評価」の下にある「検出力分析」セクションの「係数の予想値」を設定した場合は、その値が「応答のシミュレート」セクションのデフォルト値になります。同様に、「RMSEの予想値」に指定した値が、誤差の標準偏差のデフォルト値になります。ただし、生成された計画からはデータテーブルの「モデル」スクリプトで指定されているモデルが推定できないような場合には、切片と係数のデフォルト値は0に設定されます。

応答のシミュレート

乱数データを生成するモデルを、次の手順で指定できます。

1. 応答値を生成するモデルの線形部分における係数を、「効果」の各項に入力します。これらの値に基づいて、線形関数 $L(\mathbf{x}, \boldsymbol{\beta}) = \mathbf{x}'\boldsymbol{\beta}$ が定まります。図4.26の「応答のシミュレート」セクションを確認してください。
 - $\mathbf{x}$ は、「効果」にリストされている項（効果）から成るベクトルです。
 - $\boldsymbol{\beta}$ は、「Y」に指定されたモデル係数から成るベクトルです。
2. 「分布」で、応答変数の確率分布を選択します。
3. [適用] をクリックします。計画のデータテーブルにおいて、「<Y>のシミュレーション」という列の計算式が更新され、指定したモデルに基づいて乱数が生成されます。ここで、「<Y>」は応答変数の列名です。

一変量の分布

「応答をシミュレート」ウィンドウで、いずれかの分布を選択します。

正規 正規分布に従う乱数を生成します。「誤差 σ 」に、誤差の標準偏差を入力してください。「因子」セクションで「変更」を「困難」に指定した因子がある場合は、一次単位における誤差の標準偏差を「一次単位 σ 」に入力してください。同様に、「困難」と「非常に困難」を指定した因子がある場合は、一次単位の誤差および二次単位の誤差の両方に関して、その標準偏差を入力してください。「適用」をクリックすると、「<Y>のシミュレーション」という列の計算式が更新され、乱数が生成されます。この計算式は、指定されているモデルに基づいて乱数を生成するものです。

二項 二項分布に従う乱数を生成します。「N」に試行回数を入力してください。試行回数がN、成功確率が $1/(1 + \exp(-L(\mathbf{x}, \beta)))$ の二項分布に従う乱数が生成されます。「適用」をクリックすると、「<Y>のシミュレーション」という列の計算式が更新され、乱数が生成されます。また、「試行回数」という列が作成され、そこには「N」に指定した値が代入されます。

Poisson 平均パラメータが $\exp(L(\mathbf{x}, \beta))$ であるPoisson分布の乱数を生成します。「適用」をクリックすると、「<Y>のシミュレーション」という列の計算式が更新され、乱数が生成されます。

メモ: 「テーブルの作成」をクリックしたときに、常に応答をシミュレートするようにデフォルト設定を変更できます。そのためには、[ファイル] > [環境設定] > [プラットフォーム] > [実験計画(DOE)] を選択します。そして、[応答のシミュレート] を選択します。

X行列の保存

[X行列の保存] オプションは、モーメント行列とモデル行列を含むスクリプトをカスタム計画のデータテーブルに保存します。これらの行列は、「計画の評価」セクションの「計画の診断統計量」に表示される「平均予測分散」の計算に使用されます。Goos and Jones (2011) を参照してください。分割計画を作成した場合には、「V逆行列」(V Inverse) というスクリプトも保存されます。「V逆行列」(V Inverse) スクリプトには、応答の共分散行列の逆行列が含まれます。

注意: 名義尺度の因子を含む計画の場合、[X行列の保存] オプションによって保存された「モデル行列」は、「モデルのあてはめ」で使用される計画行列とは異なります。「モデルのあてはめ」で使用される計画行列を得るには、「モデル」スクリプトを実行した後、「モデルのあてはめ」レポートで、[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。

メモ: 行列のスクリプトが常に保存されるよう、環境設定で設定しておくことができます。それには、[ファイル] > [環境設定] > [プラットフォーム] > [実験計画(DOE)] を選択します。そして、[X行列の保存] にチェックマークをつけます。

モデル行列

モデル行列は、計画された実験を行列形式に記述したものです。モデル行列には、実験ごとに1つの行、「モデル」セクションで指定されたモデルの項ごとに1つの列が含まれます。各実験に対し、モデル行列の該当する行が、モデルの効果をコード変換した値を含みます。

- 連続尺度の項は、-1～+1の範囲の値にコード変換されます。
- 名義尺度の項は、「モデルのあてはめ」で使用されるコード変換ベクトルに、Gram-Schmidtの直交化を適用したものです。

Gram-Schmidtの直交化の詳細については、Horn and Johnson (2012) を参照してください。

メモ: 検出力分析で使われているコード変換は、「モデルのあてはめ」のコード変換と同じものです。「モデルのあてはめ」における、名義尺度の項のコード変換についての詳細は、『基本的な回帰モデル』を参照してください。

モーメント行列

モーメント行列は、モデル項に依存しますが、計画には依存しません。モーメント行列は次のように定義されます。

$$\mathbf{M} = \int_R f(\mathbf{x})f(\mathbf{x})' d\mathbf{x}$$

ここで、 $f(\mathbf{x})$ は因子 $\mathbf{x}$ のベクトルの組み合わせに対応するモデル効果で、 R は計画領域です。モーメント行列と計画行列については、Goos and Jones (2011) および Myers et al. (2009) を参照してください。なお、「モーメント行列」は、Myers et al. (2009) では、「領域モーメント行列」(matrix of region moments) と呼ばれています。

スクリプト

前節の情報を含んだスクリプトを作成するには、「カスタム計画」の赤い三角ボタンのメニューから **[X行列の保存]** を選択しておきます。そうすると、計画のデータテーブルを作成したとき、「カスタム計画」データテーブルに「モーメント行列」と「モデル行列」のスクリプトがテーブルスクリプトとして保存されます。なお、分割計画の場合は、このときに「V逆行列」スクリプトも保存されます。

- 「モーメント行列」・「モデル行列」・「V逆行列」のいずれかのスクリプトを右クリックし、**[編集]** を選択すると、該当する行列に関するスクリプトが表示されます。この行列を何らかに再利用したい場合には、このスクリプトをコピーして用いてください。
- 「モーメント行列」スクリプトを実行すると、モーメント行列(Moments)内の行数がログに表示されます。
- 「モデル行列」スクリプトを実行すると、モデル行列(X)内の行数がログに表示されます。
- 「V逆行列」スクリプトを実行すると、共分散行列の逆行列(V Inverse)内の行数がログに表示されます。

例

ここでは、モデル行列のスキプトの使用法を紹介しています。

ヒント: ログを表示するには、[表示] > [ログ] (macOSでは [ウィンドウ] > [ログ]) を選択します。

1. [実験計画(DOE)] > [カスタム計画] を選択します。
2. 連続尺度の因子を3個追加し、[続行] ボタンをクリックします。
3. [交互作用] > [2次] を選択します。
4. 「カスタム計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[X行列の保存] を選択します。
5. 「実験の回数」を「ユーザ定義」で「12」にして、[計画の作成]、次に [テーブルの作成] をクリックします。
6. テーブルパネルで「モーメント行列」スキプトを右クリックし、[編集] をクリックします。
スキプトウィンドウにスキプトが表示されます。このスキプトは、「Moments」という名前の変数にモーメント行列を割り当てています。
7. ログが表示されていないときは、[表示] > [ログ] (macOSでは [ウィンドウ] > [ログ]) を選択します。
8. 「テーブル」パネルで、「モーメント行列」スキプトの横にある緑の三角ボタンをクリックします。
ログに、行数がN Row(Moments)=7と表示されます。
9. テーブルパネルで「モデル行列」スキプトを右クリックし、[編集] をクリックします。
スキプトウィンドウにスキプトが表示されます。スキプトは、「X」という名前のモデル行列を表示します。
10. [実行] をクリックします。
ログに、行数がN Row(X)=12と表示されます。
11. 「モデル行列」をデータテーブルとして表示するには、まず、次のようなコードを「モデル行列」のスキプトに追加で入力してください。

```
dt = New Table( "モデル行列" );  
dt <- Set Matrix( X );
```
12. [実行] をクリックします。

開始点の数

カスタム計画は座標交換アルゴリズムを使って生成されます。「開始点の数」は、座標交換アルゴリズムでの探索において、新しく計画を作成し直す回数です。「[座標交換アルゴリズム](#)」を参照してください。「**開始点の数**」オプションには、任意の正の整数を指定できます。一般的には、ランダムな開始点を増やすと、より最適な計画を探し出せる可能性が高まります。

「開始点の数」の値を指定してから [OK] をクリックした場合を除き、開始点の数は、「計画の検索時間」に左右されます。計画の作成に使われた開始点の数を調べるには、まず [計画の作成] をクリックします。次に、「開始点の数」を選択します。テキストボックスに表示される値は、指定の計画の作成に使われた開始点の数です。

特殊なケースでは、大域的に最適な計画を理論的に求めることができます。座標交換アルゴリズムが大域的に最適な計画が見つかったことを検知すると、検索を中止してその計画を戻します。

ヒント: 作成した計画を再現するためには、作成時と同じ「開始点の数」と「乱数シード値」を使用する必要があります。作成時の値を取得するには、[計画の作成] をクリックした後、赤い三角ボタンのメニューからそれらのオプションを選択します。

本書のカスタム計画の例では、ほとんどの場合、同一の計画が再現できるように、各計画を作成するときに用いた乱数シード値と開始点の数を明示しています。

計画の検索時間

「カスタム計画」プラットフォームの座標交換アルゴリズムは、無作為に選んだ初期計画を開始点として、反復計算によって最適に近い計画を見つけるよう設計されています。「[座標交換アルゴリズム](#)」を参照してください。[計画の検索時間] は、最適な計画の検索にかかる時間です。

[計画の検索時間] オプションには任意の時間を指定できます。一般的には、検索時間を長くすると、より最適な計画を探し出せる可能性が高まります。

アルゴリズムを再実行した場合、同じ計画が作成できない可能性があるので注意してください。同じ乱数シード値を使っても、計算速度などの要因が変動するため、最終的な計画の作成に使われる開始点の数（初期計画の数）が異なります。

メモ: 初期計画の数は、[開始点の数] オプションで指定できます。[開始点の数] オプションの値は、[計画の作成] をクリックして計画を作成すると更新されます。

特殊なケースでは、大域的に D-最適である計画を理論的に求めることができます。次のようなケースが含まれます。

- 2水準の一部実施要因計画や特殊な直交配列。これらの計画は、主効果と2因子交互作用を含むすべてのモデルにおいて D-最適計画になっています。
- ラテン方格法。ラテン方格の実験計画は、特定の標本サイズおよび因子の水準数を仮定した主効果モデルにおいて D-最適計画になっています。
- Plackett-Burman 計画。Plackett-Burman 計画は、主効果モデルにおいて D-最適計画になっています。

座標交換アルゴリズムが大域的に最適な計画が見つかったことを検知すると、検索を中止してその計画を戻します。

「カスタム計画」の統計的詳細

以下の節では、カスタム計画の生成について詳しく解説します。

- [「特殊なランダム化を行う実験計画」](#)
- [「変更が困難な共変量」](#)
- [「一次単位と二次単位の数」](#)
- [「最適化基準」](#)
- [「D-効率」](#)
- [「座標交換アルゴリズム」](#)

特殊なランダム化を行う実験計画

完全にランダム化する（完全無作為化する）実験が、現実的ではない場合があります。その場合、実験を計画する際、ランダム化において制約となるようなロジスティクス上の条件や物理的条件を考慮する必要があります。この節では、やや特殊な無作為割り付け（ランダム化）を伴う実験計画を説明します。そのような実験計画には、乱塊法や分割法があります。

乱塊法の実験計画

乱塊法では、ブロックごとに実験をグループ分けします。その際、ブロックは、母集団から無作為抽出したものとみなされます。また、異なるブロック間では状態が違っていても構いませんが、同じブロック内ではなるべく状態が同じになるようにします。そのような場合、ブロックによるばらつきをモデルで考慮すれば、興味がある因子の効果をより良く検出できます。

乱塊法のシナリオ

Goos (2002) は、パン生地を捏ねる工程に関する実験を取り上げています。実験の目的は、送り速度・水分量・スクリュウ回転速度という3因子が生地にどのように影響しているかを調べることです。1日に実施できる実験は4回だけで、実験には数日を要します。どの日に実施される実験も、日ごとのランダムな環境による影響を受けます。日々の変動によって3因子の影響があいまいになってしまうのを避けるため、実験を4つずつのブロックに分けます。

ブロック因子「日」は、1日に行われる実験で構成されます。このブロック因子の水準は、「環境条件の異なる日々」という母集団から無作為抽出した標本と考えられます。そのため、ブロック因子「日」は、変量効果となります。

乱塊法のシナリオ

乱塊法の実験計画を作成するには、「カスタム実験」プラットフォームで応答と因子を入力し、モデルを定義します。そして、「計画の生成」セクションで「**ブロックごとに実験を実施**」オプションを選択し、1ブロックの実験回数を入力します。「[計画の構造に関するオプション](#)」を参照してください。

メモ: ブロック因子を変量効果ではなく固定効果として定義したい場合は、「因子」セクションでブロック因子を入力してください。一方ブロック因子を変量効果として定義したい場合には（ランダムブロックとして定義したい場合には）、「因子」セクションにブロック因子を入力しないでください。代わりに、「計画の生成」アウトラインで「**ブロックごとに実験を実施**」オプションを選択してください。

分割法の実験計画

分割法は、特定の実験グループに対して因子水準を一定にしたい場合に利用されている実験計画です。工業分野では、通常、実験ごとに設定を変更することが困難な因子や、設定の変更にコストがかかる因子に関して、因子水準を固定して実験を実施することがあります。特定の実験グループに対して水準を固定する因子を、JMPでは、「**変更が困難な因子**」(hard-to-change factor)と呼んでいます。

「変更が困難な因子」がある状況では、因子の各水準を1つ1つの実験ユニットごとに無作為に割り付けるとはコストがかさみます。代わりに、因子の各水準を実験ユニットのグループに無作為に割り付けたほうがコストを削減できます。分割法でのこのような割り付けにより、実験計画やその統計分析におけるランダム化に関して、特別な制約が課せられます。

分割法のシナリオ

Box et al. (2005) は、棒鋼の腐食耐性を調査するための実験を取り上げています。棒鋼は、まず溶鉱炉で硬化します。その後、腐食耐性を強める目的で、コーティングを施します。次の2つの因子について調べます。

- 「**炉内温度**」(摂氏)。水準は360, 370, 380
- 「**コーティング**」。水準は4つのコーティングの種類を表すC1, C2, C3, C4

「**炉内温度**」は、溶鉱炉の中の温度をリセットするのに時間がかかるため、変更が困難な因子です。そのため、各温度設定で4本の棒鋼を処理します。その後、4本の棒鋼に4つのコーティングが無作為に割り当てられます。

実験ユニットは棒鋼です。「**炉内温度**」は、その各水準が一次単位に対応している、変更が困難な因子です。そして、各一次単位内の実験ユニットにおいて、「**コーティング**」が無作為に割り付けられます。

図 4.27 分割法の「因子」・「計画」セクション

因子

因子の追加 ▼

削除

N個の因子を追加

1

名前	役割	変更	値	単位
炉内温度	カテゴリカル	困難	360 370 380	
コーティング	カテゴリカル	容易	C1 C2 C3 C4	

共変量の候補

共変量の列を選択 現在のデータテーブルから、共変量の候補となる集合を読み込む。

因子の制約を定義

モデル

交絡項

計画

実験	一次単位	炉内温度	コーティング
1	1	370	C1
2	1	370	C3
3	1	370	C2
4	2	370	C4
5	2	370	C2
6	2	370	C1
7	3	380	C3
8	3	380	C1
9	3	380	C4
10	4	360	C4
11	4	360	C2
12	4	360	C3
13	5	380	C1
14	5	380	C4
15	5	380	C2

腐食耐性の実験の「因子」セクションでは、「炉内温度」の「変更」が「困難」、「コーティング」の「変更」が「容易」に設定されています。実験回数が15回のこの計画では、一次単位が5つあり、各一次単位内においては「温度」の設定が一定に保たれています。

分割法の操作手順

一般的には、1つの工程段階において設定の変更が困難な因子が複数ある場合もあります。例えば、この例では、温度だけでなく溶鉱炉の場所も考慮する場合、「溶鉱炉の場所」も変更が困難でしょう。「因子」セクションにおいて、そのような因子の「変更」列を「困難」に設定してください。

変更が「容易」な因子と「困難」な因子しかないカスタム計画の場合、「困難」な因子の実験は、「一次単位」という新しい因子を使ってグループ化されます。「一次単位」の値は、「困難」な因子に対し、同じ設定の実験ブロックを指定します。計画のデータテーブルに保存される「モデル」スクリプトでは、「一次単位」を変量効果として扱います。「変更」および「計画の構造に関するオプション」を参照してください。

分割実験の計画例や分析方法については、「分割実験」で紹介されています。

2段分割法の実験計画

変更が困難な因子が2段階ある場合、2段分割法が使用されます。これは、工業分野において、ある工程から次の工程へと材料のバッチや実験ユニットが引き渡される場合に広く使われています。因子は、第1段階の工程が材料のバッチに適用されます。そして、バッチが分割され、第2段階の工程が適用されます。変更が**非常に困難**な因子が、第1段階の因子とみなされます。また、変更が**困難**な因子が、第2段階の因子とみなされます。なお、第2段階の後、実験ユニットにさらに追加の処理を割り付けることもできます。変更が**容易**な因子が、これらの因子とみなされます。

2段分割実験は、バッチを変量効果のブロック（ランダムブロック）として扱います。バッチは2段階に分割されるので、第2段階の因子は第1段階の因子の入れ子になります（つまり、第2段階の因子は、第1段階の因子から枝分かれしている構造になっています）。

2段分割法のシナリオ

Schoen（1999）は、チーズの品質に関する2段分割実験の例を取り上げています。因子と水準は、「Design Experiment」フォルダ内の「Cheese Factors.jmp」サンプルデータの中に含まれています。この実験は、3つの工程段階で構成されます。

- 牛乳が農家から配達され、大型貯蔵タンクに保存されます。
- タンク内の牛乳は、凝乳処理を行うため、複数の小型タンクに供給されます。
- 各小型タンクの凝乳がチーズ工場に運ばれ、各種チーズ製品が製造されます。

この実験では、次の3つを調べます。

- 大型貯蔵タンクに保存されている牛乳に関連する2つの因子
- 凝乳処理用の小型タンクに関連する5つの因子
- 凝乳から製造されたチーズに関連する3つの因子

凝乳処理用の小型タンクに関連する因子の水準（二次単位）は、大型貯蔵タンクの牛乳に関連する因子の水準（一次単位）からの枝分かれになっています。

「因子」セクションにおいてでは、「変更」を**非常に困難**・**困難**・**容易**に設定できます。

- 貯蔵タンクに関連する2つの因子の変更は**非常に困難**
- 凝乳処理用の小型タンクに関連する5つの因子の変更は**困難**
- チーズに無作為に割り当てることのできる3つの因子の変更は**容易**

図 4.28 2 段分割法の「因子」・「計画の生成」セクション

カスタム計画

応答

因子

因子の追加 ▼ 削除 N個の因子を追加

名前	役割	変更	値	単位
▲ 貯蔵1	連続変数	非常に困難	-1	1
▼ 貯蔵2	カテゴリーカル	非常に困難	L1	L2
▲ 凝乳1	連続変数	困難	-1	1
▲ 凝乳2	連続変数	困難	-1	1
▼ 凝乳3	カテゴリーカル	困難	L1	L2
▲ 凝乳4	連続変数	困難	-1	1
▼ 凝乳5	カテゴリーカル	困難	L1	L2
▲ チーズ1	連続変数	容易	-1	1

共変量の候補

共変量の列を選択 現在のデータテーブルから、共変量の候補となる集合を読み込む。

因子の制約を定義

モデル

交絡項

計画の生成

☐ 変更が「困難」な因子を、「非常に困難」な因子と独立して設定

一次単位の数 5

二次単位の数 10

実験の回数:

☐ 最小値 14

☐ デフォルト値 30

☒ ユーザ定義 22

計画の作成

一次単位のデフォルトの数は5で、二次単位のデフォルトの数は10です。実験回数は「ユーザ定義」にして、22回にしています。この設定では、二次単位が10しかない場合、二次誤差を推定できるだけの一次単位ありません。そこで二次単位の数を11に変更してください。[計画の作成]をクリックすると実験回数22の計画が作成されます。

図4.29 チーズのシナリオの2段分割計画

計画												
実験	一次単位	二次単位	貯蔵1	貯蔵2	凝乳1	凝乳2	凝乳3	凝乳4	凝乳5	チーズ1	チーズ2	チーズ3
1	1	1	1	L1	1	1	L1	1	L4	1	1	L3
2	1	1	1	L1	1	1	L1	1	L4	-1	-1	L2
3	1	2	1	L1	-1	1	L2	-1	L3	-1	1	L3
4	1	2	1	L1	-1	1	L2	-1	L3	1	-1	L2
5	1	3	1	L1	1	-1	L2	1	L1	1	1	L3
6	2	4	1	L1	1	-1	L1	1	L3	-1	1	L2
7	2	4	1	L1	1	-1	L1	1	L3	1	-1	L3
8	2	4	1	L1	1	-1	L1	1	L3	1	1	L1
9	2	5	1	L1	1	1	L2	1	L2	-1	1	L1
10	2	5	1	L1	1	1	L2	1	L2	1	-1	L2
11	3	6	1	L2	-1	-1	L2	1	L4	1	1	L2
12	3	6	1	L2	-1	-1	L2	1	L4	-1	-1	L1
13	3	7	1	L2	1	1	L1	-1	L1	1	-1	L1
14	3	7	1	L2	1	1	L1	-1	L1	-1	1	L3
15	4	8	-1	L1	-1	1	L1	1	L1	-1	-1	L2
16	4	8	-1	L1	-1	1	L1	1	L1	1	1	L1
17	4	9	-1	L1	1	-1	L2	-1	L4	-1	-1	L1
18	4	9	-1	L1	1	-1	L2	-1	L4	1	1	L2
19	5	10	-1	L2	1	1	L2	1	L3	-1	1	L2
20	5	10	-1	L2	1	1	L2	1	L3	1	-1	L3
21	5	11	-1	L2	-1	-1	L1	-1	L2	-1	-1	L3
22	5	11	-1	L2	-1	-1	L1	-1	L2	1	1	L1

5つの一次単位が、貯蔵タンクの因子である「貯蔵1」と「貯蔵2」に対応しています。この貯蔵に関する因子の設定は、各一次単位内で一定です。なお、ある一次単位とそれに続く一次単位で設定が同じであっても、一次単位間で因子を一度リセットする必要があります。たとえば、「貯蔵1」と「貯蔵2」の水準は、実験10と実験11の間、実験14と実験15の間、実験18と実験19の間などでリセットしなければなりません。一次単位のばらつきを捉えるためには、設定が同じであっても、一次単位間で因子をリセットする必要があります。

11個の二次単位は、凝乳に対する因子に対応します。各二次単位内で、この凝乳に対する因子の設定は一定です。二次単位の水準は、一次単位の各水準内だけで重複しています。これは、二次単位が一次単位からの枝分かれになっていることを示しています。

チーズ工場での水準は、個々の実験ユニットにランダムに割り付けられます。

2段分割法の操作手順

2段分割法を計画するには、「因子」セクションで、「変更」が「非常に困難」と「困難」な因子を指定します。このとき、計画には、「変更」が「容易」な因子も含めることができます。2段分割法では、次のような2つの因子が作成されています。

- 「一次単位」には、「非常に困難」な因子の水準が割り付けられます。
- 「二次単位」には、「困難」な因子の水準が割り付けられます。
- 「困難」な因子が、「非常に困難」な因子からの枝分かれになるように、「二次単位」は設定されています。
- 二次単位内の各実験ユニットには、「変更」が「容易」な因子の水準が割り付けられます。
- 「一次単位」と「二次単位」は、計画のデータテーブルに保存される「モデル」スクリプトにおいて変量効果として扱われます。

「因子」セクション および 「計画の構造に関するオプション」の「変更」に関する説明を参照してください。

2方分割法

2方分割法は、2つの層で構成されています。2方分割法は、工業分野において、ある工程から次の工程へと実験ユニットが引き渡される場合に広く使われています。2方分割法では、第1段階の工程の後、現在のバッチを新たなバッチに分け直します。そして、第2段階の処理を、その新しいバッチに無作為に適用します。つまり、2方分割法では、第2段階で、新しいバッチに対し、第1段階の工程とは独立して処理を割り付けます。なお、第2段階の後、実験ユニットにさらに追加の処理を割り付けることもできます。

2方分割法では、2段分割法と異なり、第2段階の因子は第1段階の因子からの**枝分かれにはなっていません**。第1段階の後、バッチは改めて分割されて新しいバッチを形成します。そのため、第1段階と第2段階の因子は独立して割り付けられます。

2方分割法においては因子を変更する難しさはどちらの段階でも同程度かもしれませんが、因子を区別するために、JMPでは第1段階の因子を「**非常に困難**」、第2段階の因子を「**困難**」と呼んでいます。また、第2段階の後で実験ユニットに追加する因子を、(変更が)「**容易**」と呼んでいます。

2方分割実験のシナリオ

Vivacqua and Bisgaard (2004) は、乾電池の開回路電圧の改善のための実験を取り上げています。次の2つの工程について調べます。

- 第1段階: 連続組み立て工程
- 第2段階: 5日間の硫化工程

技術者たちは、次の6つの2水準の因子を調査したいと考えています。

- 組み立て工程に関連する4つの因子、「X1」・「X2」・「X3」・「X4」
- 硫化工程に関連する2つの因子、「X5」・「X6」

2水準のすべての因子を含む完全実施要因計画の場合、 $2^6 = 64$ 回の実験が必要で、 $64 \times 5 = 320$ 日もかかってしまいます。さらに、個々の乾電池の組み立ての条件を変更することは現実的ではありません。ただし、2000個のような大きなバッチであれば、組み立て条件の変更は可能です。

第1段階と第2段階の因子はどちらも変更が困難です。そのため、2つの分割実験が存在すると考えることができます。たとえば、第1段階の処理を終えた2000個のバッチを、500個ずつのサブバッチに分割するとします。そして、それら4組のサブバッチを、第2段階の因子の4つの設定のいずれかに無作為に割り付けるとします。このとき、第2段階の硫化条件に関する設定は、第1段階の工程とは独立に割り付けられます。つまり、第1段階と第2段階の因子は**交差**しています。

第1段階と第2段階の因子を区別するために、第1段階の因子の「変更」を「**非常に困難**」とし、第2段階の因子の「変更」を「**困難**」とします (図4.30)。また、「計画の生成」の下にある「**変更が「困難」な因子を、「非常に困難」な因子と独立して設定**」オプションに注目してください。このオプションを選択しなかった場合、2段階の枝分かれ構造で構成される2段分割計画として扱われます。2方分割実験計画を作成する場合は、このオプションを選択してください。

図 4.30 2 方分割計画の「因子」・「計画の生成」セクション

カスタム計画

応答

因子

因子の追加 ▼ 削除 N個の因子を追加

名前	役割	変更	値	単位
X1	連続変数	非常に困難	-1	1
X2	連続変数	非常に困難	-1	1
X3	連続変数	非常に困難	-1	1
X4	連続変数	非常に困難	-1	1
X5	連続変数	困難	-1	1

共変量の候補

☐ 共変量の列を選択 現在のデータテーブルから、共変量の候補となる集合を読み込む。

因子の制約を定義

モデル

交絡項

計画の生成

☒ 変更が「困難」な因子を、「非常に困難」な因子と独立して設定
一次単位の数
二次単位の数

実験の回数:

☐ 最小値 15
☐ デフォルト値 42
☒ ユーザ定義

計画の作成

一次単位のデフォルトの数は7で、二次単位のデフォルトの数は14です。実験の回数を28回として、**[計画の作成]**をクリックしましょう。

図4.31 乾電池の2方分割実験

計画									
実験	一次単位	二次単位	X1	X2	X3	X4	X5	X6	
1	1	1	1	1	1	-1	1	-1	
2	1	2	1	1	1	-1	-1	1	
3	1	3	1	1	1	-1	-1	-1	
4	1	4	1	1	1	-1	1	1	
5	2	5	-1	-1	-1	-1	-1	1	
6	2	6	-1	-1	-1	-1	1	-1	
7	2	7	-1	-1	-1	-1	-1	-1	
8	2	8	-1	-1	-1	-1	1	1	
9	3	9	1	1	-1	-1	-1	1	
10	3	10	1	1	-1	-1	1	-1	
11	3	11	1	1	-1	-1	-1	-1	
12	3	12	1	1	-1	-1	1	1	
13	4	13	1	-1	-1	1	-1	-1	
14	4	14	1	-1	-1	1	1	1	
15	4	1	1	-1	-1	1	1	-1	
16	4	2	1	-1	-1	1	-1	1	
17	5	3	-1	1	-1	1	-1	-1	
18	5	4	-1	1	-1	1	1	1	
19	5	5	-1	1	-1	1	-1	1	
20	5	6	-1	1	-1	1	1	-1	
21	6	7	1	-1	1	1	-1	-1	
22	6	8	1	-1	1	1	1	1	
23	6	9	1	-1	1	1	-1	1	
24	6	10	1	-1	1	1	1	-1	
25	7	11	-1	-1	1	-1	-1	-1	
26	7	12	-1	-1	1	-1	1	1	
27	7	13	-1	-1	1	-1	-1	-1	
28	7	14	-1	-1	1	-1	1	1	

7つの一次単位は、第1段階の因子「X1」・「X2」・「X3」・「X4」に対応します。これらの因子の設定は、各一次単位内で一定です。14個の二次単位は、第2段階の因子「X5」と「X6」に対応します。たとえば、(異なる一次単位からの) 実験1と実験15のサブバッチは、同じ二次単位で処理されます(「X5」が1に、「X6」が-1)。

2方分割法の操作手順

2方分割法を計画するには、「変更」が「困難」と「非常に困難」に設定された因子が必要です。[「2方分割法の操作手順」](#)と同じように、2方分割法でも、「一次単位」と「二次単位」という因子が作成されます。しかし、2方分割法では、「二次単位」は独立に設定されます(つまり、「困難」な因子の水準は、「非常に困難」な因子の水準からの枝分かれになっているわけではありません)。なお、「一次単位」と「二次単位」は、計画のデータテーブルに保存される「モデル」スクリプトでは変量効果として扱われます。

2方分割法では、「二次単位」が「一次単位」からの枝分かれになっていない点に注意してください。2方分割法を作成するには、「計画の生成」セクションで、「変更が「困難」な因子を、「非常に困難」な因子と独立して設定」チェックボックスをオンにします(図4.30)。「変更」および「計画の構造に関するオプション」を参照してください。

分割実験の計画例や分析方法については、[「2方分割実験」](#)で紹介されています。

変更が困難な共変量

「カスタム計画」プラットフォームの「因子」アウトラインでは、共変量を変更が「困難」な因子に指定できます。たとえば、材料のバッチに関する測定値があり、それらの情報も計画や分析に用いたいとします。あるいは、人に関する測定値があり、それらの人の集団から、試験に参加する人を選ぶとします。これらの測定値は、実験や試験に先立って測定されているため、共変量とみなされます。

実験計画において、バッチや人は一次単位に該当します。実際の場面では、それらの一次単位（バッチや人）の一部だけで実験したい場合もあるでしょう。一次単位の共変量に関するデータが事前に入手できる場合、それらの共変量の情報に基づいて一次単位を最適な方法で抜き出すことができます。

また、「モデル」セクションの項で構成されるモデルには、共変量と実験の因子とで構成された交互作用やべき乗も含めることができます。

メモ: ある共変量の因子を「困難」に設定した場合、残りの共変量もすべて「困難」に設定されます。その他の因子は、必ず「容易」に設定してください。このアルゴリズムは、行交換と座標交換の組み合わせを必要とするため、比較的小さい計画でも、生成に時間がかかることがあります。

変更が困難な共変量を持つ実験のシナリオ

Goos and Jones (2011, Chapter 9) および Jones and Goos (2015) は、ポリプロピレン製の樹脂版に関する実験を取り上げています。ポリプロピレン製の樹脂版が、大規模なバッチごとに、さまざまな製法で製造されます。製造された一部の樹脂版はすぐに使用されますが、残りは実験を行うために保管されています。保管されている樹脂版がどのような組成であるかは分かっています。

ある顧客から、特殊な成形の依頼が来しました。そして、顧客が要望する成形をプラズマ処理で行うのに、どのプラズマ処理がよいかを定めるため実験することになりました。異なる製法で製造された樹脂版のバッチごとの組成は、変更が困難です。実験では、いくつかのプラズマ処理を樹脂版のサブバッチごとに適用することになりました。

「カスタム計画」は、このような状況において、どのバッチを用いるか、各バッチでどれだけの枚数の樹脂版を用いるか、各樹脂版にどのプラズマ処理を適用するか、について最適な計画を作成できます。この最適計画においては、どのバッチを用いるかや、各バッチから何枚、樹脂版を抜き出して用いるかは、バッチごとの共変量に依存します。

変更が困難な共変量の例は、「[カスタム計画の例](#)」で述べられています。

一次単位と二次単位の数

JMP における分割実験の計画では、「一次単位の数」と「二次単位の数」にデフォルトの値が表示されます。このデフォルトの値は、「モデル」セクションで指定した効果を推定することができ、かつ、なるべくバランス（釣合い）の取れた計画になるように、ヒューリスティックなアルゴリズムによって求められます。

「一次単位の数」または「二次単位の数」を欠測値とした場合は、計画のD効率を最大化する値が採用されます。このアルゴリズムは、「分割実験の分散比」オプションで指定された値を使用します。「[\[詳細オプション\] > \[分割実験の分散比\]](#)」を参照してください。このときのD効率は、 $\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X}$ の行列式から計算されます（ここで $\mathbf{V}^{-1}$ は応答の共分散行列の逆行列です）。Goos（2002）を参照してください。

「一次単位の数」と「二次単位の数」に値を入力すると、「カスタム計画」プラットフォームにより、そこから計算される基準が最適になるような計画が探索されます。分割実験の最適計画についての詳細については、Jones and Goos（2007）を参照してください。変更が困難な共変量を持つ計画については、Jones and Goos（2015）を参照してください。

最適化基準

カスタム計画を作成するルーチンは、最適化基準によって異なります。ここでは、カスタム計画を作成するための最適化基準のオプションについて説明します。

- [「推奨する最適化法」](#)
- [「D-最適化基準」](#)
- [「Bayes流のD-最適化基準」](#)
- [「I-最適化基準」](#)
- [「Bayes流のI-最適化基準」](#)
- [「A-最適化基準」](#)
- [「交絡最適化基準」](#)

推奨する最適化法

JMPの「カスタム計画」では、主効果と交互作用だけの2水準計画にはA-最適化基準、[RSM] ボタンを使って生成した完全2次式モデルにはI-最適化基準、その他の計画にはD-最適化基準が、推奨する最適化基準に選ばれます。

D-最適化基準

D-最適化基準は、モデル係数に対する推定値の共分散行列の行列式を最小化します。つまり、D-最適計画は効果の推定値の推定精度に重点を置いています。次のような場合に適しています。

- スクリーニング計画
- 効果の推定もしくは有意性の検定に重点を置いた実験
- 重要な因子の特定を目的とする計画

D-最適化基準は、仮定したモデルに依存します。しかし、実際のモデルがどうなっているかは事前にはわからないため、D-最適計画のこの性質は弱点です。D-最適計画では、モデル係数の推定精度を最適化します。なお、極端なケースでは、D-最適計画の実験回数がパラメータと同数になり、あてはまりの悪さを確認するための自由度がない飽和モデルになってしまいます。

具体的には、D-最適計画は、行列式 D を最大化します。ここで、 D は次のように定義されます。

$$D = \det[\mathbf{X}'\mathbf{X}]$$

上の式で、 $\mathbf{X}$ は「[応答のシミュレート](#)」で定義されているようなモデル行列です。

D-最適分割計画は次の D を最大化します。

$$D = \det[\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X}]$$

上の式で、 $\mathbf{V}^{-1}$ は応答の共分散行列で、ブロック対角行列になっています (Goos 2002)。

D-最適計画は、係数の標準誤差を最小化することに焦点を合わせているため、モデル自体が適切かどうかは検証されない傾向があります。たとえば、1 次式モデルに対する D-最適計画には中心点は含まれません。仮定するモデルには含めないものの、実際には効果があるかも知れない項がある場合は、「可能な場合のみ」の項を指定して Bayes の D-最適計画を用いる方が得策です。

Bayes 流の D-最適化基準

Bayes 流の D-最適化基準は、D-最適化基準を調整したもので、影響している可能性のある交互作用や非線形効果がある場合に役立ちます。DuMouchel and Jones(1994) および Jones et al(2008) を参照してください。

Bayes 流の D-最適計画でも、「必ず推定したいパラメータ」を精度良く推定します。この「必ず推定したいパラメータ」に指定するには、「モデル」セクションにおいて「推定」を「必須」に設定します。Bayes 流の D-最適計画は、指定された実験サイズにおいて、それらの「必ず推定したいパラメータ」を精度良く推定すると同時に、その他の効果（特に、べき乗や交互作用などの高次の効果）もなるべく推定したい場合に用いてください。この「なるべく推定したい効果」に指定するには、「モデル」セクションにおいて「推定」を「可能な場合のみ」に設定します。Bayes 流の D-最適計画は、限られた実験回数において、「必須」の効果しか含まないモデルの不適切さを検出することができます。

Bayes 流の D-最適計画は、実験回数が、「必須」の項数より多く、かつ「必須」と「可能な場合のみ」の合計数より少ない場合に最も役立ちます。そのような場合には、すべての推定したいパラメータの個数より実験回数が少なくなっています。しかし、Bayes 流の事前情報を加味して、すべての「必須」項を精度良く推定し、さらに「可能な場合のみ」の項の一部を検出・推定できるような計画が作成されます。

モデルパラメータに意味のある事前分布を適用するため、最適化基準の計算において、応答と因子が一定の性質を持つように尺度化されています (DuMouchel and Jones, 1994, Section 2.2)。

次の記号を用います。

- $\mathbf{X}$ は、「[応答のシミュレート](#)」で定義されたモデル行列です。
- $\mathbf{K}$ は、次のような値を持つ対角行列です。
 - 推定が「必須」の項について、 $k = 0$
 - 推定が「可能な場合のみ」の効果で、かつ、主効果、べき乗の項、3 水準以上のカテゴリカル因子が関係する交互作用について、 $k = 1$
 - その他の「可能な場合のみ」の項について、 $k = 4$

[可能な場合のみ]のパラメータベクトルに対する事前分布は、平均が $\mathbf{0}$ で、共分散行列が対角行列であり、かつ、その対角要素が $1/k^2$ である多変量正規分布です。ここで、 k^2 は、対応するパラメータの事前分散の逆数になっています。

k のデフォルト値は、経験則によって決められています。[可能な場合のみ]の主効果、べき乗、自由度が1より大きい交互作用の事前分散は1です。その他の[可能な場合のみ]項の事前分散は1/16です。なお、DuMouchel and Jones (1994)における記法では、 $k = 1/\tau$ が使われています。

[可能な場合のみ]の項の重みを制御するには、赤い三角ボタンのメニューから[詳細オプション] > [事前パラメータ分散]を選択します。「[詳細オプション] > [事前パラメータ分散]」を参照してください。

パラメータの事後分布の共分散行列は、 $(\mathbf{X}'\mathbf{X} + \mathbf{K}^2)^{-1}$ です。Bayes流のD-最適計画は、次式で計算される、事後分布の共分散行列に対する逆行列の行列式を最大化することによって得られます。

$$\det(\mathbf{X}'\mathbf{X} + \mathbf{K}^2)$$

I-最適化基準

I-最適計画は、予測値の分散をデータ領域全体において平均した値を最小化します。実験の目的が係数（モデルパラメータ）を推定することではなく、以下のようなものであるような場合には、D-最適化基準よりI-最適化基準の方が適切です。

- 応答を予測する
- 応答が最適となる因子設定を特定する
- 応答が許容範囲内に収まるような計画領域を特定する

以上のようなケースでは、パラメータの推定精度より、応答の予測精度の方が重要です。

計画領域内の点 $\mathbf{x}_0$ における、未知の誤差分散に対する予測分散は、次のように計算します。

$$\text{var}(\hat{\mathbf{Y}}|\mathbf{x}_0) = f(\mathbf{x}_0)'(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-1}f(\mathbf{x}_0)$$

上の式で、 $\mathbf{X}$ は「応答のシミュレート」で定義されているようなモデル行列です。

I-最適計画は、計画領域全体の予測分散の積分 I を最小化します。 I は、次のように求められます。

$$I = \int_R f(\mathbf{x})'(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-1}f(\mathbf{x})d\mathbf{x} = \text{trace}[(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-1}\mathbf{M}]$$

上の式で、 $\mathbf{M}$ はモーメント行列です。

$$\mathbf{M} = \int_R f(\mathbf{x})f(\mathbf{x})'d\mathbf{x}$$

「応答のシミュレート」を参照してください。

モーメント行列は、計画に依存せず、事前に計算できます。行ベクトル $f(\mathbf{x})'$ は、1 と、仮定したモデルに該当する効果から成ります。たとえば、2つの連続尺度の因子の2次モデル $f(\mathbf{x})'$ は、次のように定義されます。

$$f(\mathbf{x})' = (1, x_1, x_2, x_1x_2, x_1^2, x_2^2)$$

A-最適化基準

特定のモデル効果を強調したいときは、A-最適化基準を使用します。A-最適化基準を使うと、モデルのパラメータに重みを割り当てることができます。A-最適化基準は、それらの重みに基づいて計画を選択します。結果として生成される計画では、重みの大きい項の推定値の方が重みの小さい項の推定値より分散が小さくなるような因子の組み合わせが強調されます。たとえば、推定において、ある交互作用のグループが他の交互作用より重要だとします。重要な交互作用の重みを大きくすると、その推定値の分散が、他の交互作用に比べて小さくなります。

A-最適化基準は、モデル係数に対する推定値の共分散行列のトレースを最小化します。トレースとは、行列における対角要素の和です。A-最適計画は、回帰係数の分散の和を最小にする計画です。

Bayes 流の I-最適化基準

Bayes の I-最適計画は、[必須] の項と [可能な場合のみ] の項の計画領域全体における予測分散の平均を最小化します。

次の記号を用います。

- **X** は、「[応答のシミュレート](#)」で定義されたモデル行列です。
- **K** は、次のような値を持つ対角行列です。
 - 推定が「必須」の項について、 $k = 0$
 - 推定が「可能な場合のみ」の効果で、かつ、主効果、べき乗の項、3 水準以上のカテゴリカル因子が関係する交互作用について、 $k = 1$
 - その他の「可能な場合のみ」の項について、 $k = 4$

[可能な場合のみ] のパラメータベクトルに対する事前分布は、平均が **0** で、共分散行列が対角行列であり、かつ、その対角要素が $1/k^2$ である多変量正規分布です。(k の値についての詳細は、「[Bayes 流の D-最適化基準](#)」を参照してください。)

$\mathbf{x}_0$ における予測値の事後分散は、次の式で計算されます。

$$\text{var}(\hat{\mathbf{Y}}|\mathbf{x}_0) = f(\mathbf{x}_0)'(\mathbf{X}'\mathbf{X} + \mathbf{K}^2)^{-1}f(\mathbf{x}_0)$$

Bayes 流の I-最適計画は、次式で表される、計画領域全体での予測分散の積分を最小化します。

$$I_B = \text{trace}[(\mathbf{X}'\mathbf{X} + \mathbf{K}^2)^{-1}\mathbf{M}]$$

上の式で、**M** はモーメント行列です。「[応答のシミュレート](#)」を参照してください。

交絡最適化基準

交絡最適化 (alias optimality) は、仮定したモデルの効果と、モデルには含めていないものの影響している可能性のある効果との間にある交絡 (別名関係; aliasing) を最小化します。後者の効果 (モデルには含まれていないが影響している可能性のある効果) は、**交絡項**と呼ばれています。交絡最適計画の詳細は、Jones and Nachtsheim (2011b) を参照してください。

ここで、仮定したモデルの項に対応するモデル行列を $\mathbf{X}_1$ とします (「[応答のシミュレート](#)」を参照)。交絡最適計画は、交絡項に対応するモデルも考慮します。交絡項のモデル行列を $\mathbf{X}_2$ とします。

交絡行列 (alias matrix) は、次のような行列 $\mathbf{A}$ で定義されます。

$$\mathbf{A} = (\mathbf{X}_1' \mathbf{X}_1)^{-1} \mathbf{X}_1' \mathbf{X}_2$$

交絡行列の各要素は、モデル項の推定値におけるバイアス (偏り) にどの程度影響するかを示します。交絡行列の導出については、「[交絡行列](#)」を参照してください。

行列 $\mathbf{A}$ の要素の平方和は、バイアスに与える影響の全体的な大きさを表します。この平方和は、次のようなトレース (対角和) で表されます。

$$\text{trace}(\mathbf{A}' \mathbf{A})$$

このトレースだけを最小化すると、一般に、D-最適計画よりD-効率が低くなってしまいます。そこで、交絡最適計画では、D-効率がある一定以上の値になるもののなかで、 $\mathbf{A}' \mathbf{A}$ のトレースを最小化します。D-最適化基準の定義については、「[最適化基準](#)」を参照してください。交絡最適化におけるD-効率の下限値は、「[詳細オプション](#)」で指定されるD-効率の重みによって決まります。「[\[詳細オプション\] > \[D効率の重み\]](#)」を参照してください。

D-効率

D-効率の計算において、 $\mathbf{X}$ を、 p 個のパラメータを持つモデルのモデル行列とします。モデル行列の定義については、「[応答のシミュレート](#)」を参照してください。 $\mathbf{X}_D$ を、仮定したモデルにおける大域的にD-最適な計画のモデル行列とします。 $\mathbf{X}$ で構成される計画のD-効率は、次のように計算されます。

$$\text{D-効率} = \left[\frac{\det(\mathbf{X}' \mathbf{X})}{\det(\mathbf{X}_D' \mathbf{X}_D)} \right]^{1/p}$$

座標交換アルゴリズム

「カスタム計画」プラットフォームは、いくつかの基準のうちの1つを最適化していくことにより計画を作成します。「カスタム計画」は、基準の最適化に[座標交換アルゴリズム](#) (Meyer and Nachtsheim, 1995) を用いています。このアルゴリズムは、まず、指定された計画領域内で、各因子および各実験の値を無作為に選択し、初期計画 (開始点) を作成します。

たとえば、連続尺度の因子だけの、制約のない、主効果のみの実験計画を立てるとします。座標交換アルゴリズムの反復計算は、初期計画を出発点として、次のようにモデル行列の各値を交換していくことで進められていきます。

- 各因子において、現在の値を、その因子の極値である2つの値のいずれかに置き換えるかどうかを決めます。
- それら2つの候補値に対し、最適化基準を計算します。
- どちらかの候補値によって最適化基準がよくなるならば、現在の値をその候補値に置き換えます。

反復の全体において、置き換えが行われなくなるまでこの反復計算が続行されます。

多項式の項、名義尺度の因子、および因子の制約がある場合は、それらを考慮してアルゴリズムに適切な調整が加えられます。

座標交換アルゴリズムによって作成される計画は、大域的ではなく、**局所的**に最適です。大域的に最適な計画を見つける可能性を高くするには、かなりの数の初期計画から、座標交換アルゴリズムを実行する必要があります。Goos and Jones (2011, p. 36) は、作成する計画が非常に小さい場合を除き、少なくとも1000セットのランダムな初期計画から開始するように推奨しています。初期計画の数は、[開始点の数] オプションで変更できます。「[開始点の数](#)」を参照してください。「カスタム計画」は、作成されたすべての計画の中から、最適化基準が最大となっている計画を選択します。

第5章

カスタム計画の例 自分の目的に合った実験の実施

「カスタム計画」プラットフォームでは、広範な実験計画を作成できます。さまざまな種類の計画を作成でき、また、独自のニーズや予算に応じて調整することができます。

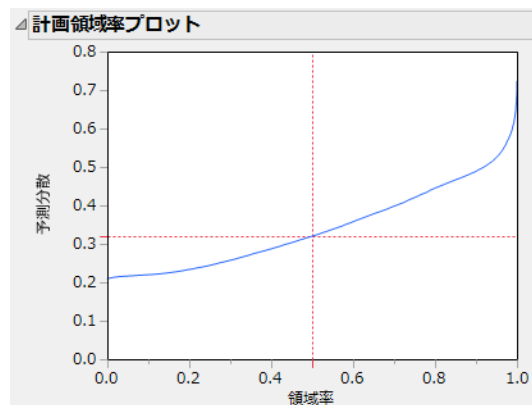
「カスタム計画」は、「スクリーニング計画」・「応答曲面計画」・「完全実施要因計画」・「配合計画」の各プラットフォームよりも豊富なオプションが用意されており、計画を細かく設定できます。「カスタム計画」は、自分の目的に合った独自の計画を作成できます。いくつかの既存の古典的な計画から、自分の目的に合ったものを探す必要はありません。

「カスタム計画」では、自分自身の目的に合わせて柔軟に計画を作成できます。次のような計画を作成できます。

- スクリーニング計画。過飽和のスクリーニング計画も作成できる
- 応答曲面計画。カテゴリカルな因子を含む応答曲面計画も作成できる
- 配合計画。工程に関する因子も含まれた配合計画も作成できる
- 共変量を含む計画、または時間に伴う線形傾向の影響を考慮した計画
- 乱塊法。ブロック因子を固定効果とした乱塊法、および変量効果とした乱塊法のいずれも作成できる
- 分割法（1段分割法）・2段分割法・2方分割法

この章では、「カスタム計画」プラットフォームによってこれらの計画作成する例を紹介しています。さらに、ほとんどの例において、実験結果に対する統計分析も紹介します。「カスタム計画」プラットフォームの使用方法については、「[カスタム計画](#)」を参照してください。

図5.1 計画領域率プロット



目次

スクリーニング計画の例.....	133
主効果のみを推定する計画	133
すべての2因子間交互作用を推定する計画	136
主効果と2因子間交互作用の交絡を回避する計画.....	139
過飽和スクリーニング計画	142
固定効果のブロック因子がある計画	149
応答曲面計画の例	154
応答曲面計画	154
ブロック因子がある応答曲面計画	160
D-最適計画とI-最適計画の比較	163
制約とカテゴリカルな因子を含む応答曲面計画	167
配合実験計画の例	173
非配合因子を含む配合計画	173
配合物の配合計画.....	177
共変量を含む実験	181
共変量を固定した計画	182
変更が困難な共変量を持つ計画	185
時間に伴う線形傾向の影響を考慮した計画.....	188
ランダム化に特殊な制約がある実験	191
分割実験.....	191
2方分割実験.....	195
ロバストな工程と製品設計を実現するための実験	202

スクリーニング計画の例

「カスタム計画」プラットフォームで作成するスクリーニング計画のほとんどは、「スクリーニング計画」プラットフォームで作成される古典的な計画と同じです。ただし、「カスタム計画」では、古典的な計画が使用できないようなケースでも、計画を作成できます。

工程の調査における最初の作業は、応答に影響を与えていると思われる因子をリストアップすることです。この段階の目的は、**有効な因子**（active factors）、つまり、応答に実際に影響を与えている因子を見つけ出すことです。有効な因子を見つけ出すのには、**スクリーニング計画**が役立ちます。スクリーニング計画で有効な因子を特定した後は、応答曲面計画などのより精緻な計画で実験を行い、交互作用や曲線性を調べることになります。

「カスタム計画」プラットフォームでは、D-最適化基準とBayes流のD-最適化基準のいずれかでスクリーニング計画を作成できます。D-最適化基準は、モデル係数に対する推定値の共分散行列の行列式を最小化します。つまり、D-最適計画は効果の推定値の推定精度に重点を置いています。[「最適化基準」](#)を参照してください。

以下は、「カスタム計画」プラットフォームを使ってスクリーニング計画を作成する例です。

- [「主効果のみを推定する計画」](#)
- [「すべての2因子間交互作用を推定する計画」](#)
- [「主効果と2因子間交互作用の交絡を回避する計画」](#)
- [「過飽和スクリーニング計画」](#)
- [「固定効果のブロック因子がある計画」](#)

主効果のみを推定する計画

「カスタム計画」プラットフォームを使って6因子の主効果の計画を作成します。すべての主効果が直交しているスクリーニング計画を作成します。ただし、主効果は2因子間交互作用と部分的に交絡しています。

メモ: 主効果のみのスクリーニング計画の詳細については、[「スクリーニング計画」](#)を参照してください。

1. **「実験計画(DOE)」** > **「カスタム計画」** を選択します。
2. 「因子」セクションで、**「N個の因子を追加」**の横のボックスに「6」と入力します。
3. **「因子の追加」** > **「連続変数」** を選択します。
4. **「続行」** をクリックします。

「モデル」セクションが表示されます。「推定」が**「必須」**に設定された主効果のみが含まれています。これは、生成される計画で、すべての主効果が推定可能であることを意味します。

図5.2 「カスタム計画」ウィンドウの「モデル」セクション

カスタム計画

応答

因子

因子の追加 ▼ 削除 N個の因子を追加 1

名前	役割	変更	値	単位
X1	連続変数	容易	-1	1
X2	連続変数	容易	-1	1
X3	連続変数	容易	-1	1
X4	連続変数	容易	-1	1
X5	連続変数	容易	-1	1

共変量の候補

共変量の列を選択 現在のデータテーブルから、共変量の候補となる集合を読み込む。

因子の制約を定義

モデル

主効果 交互作用 ▼ RSM 交差 べき乗 ▼ 項目の削除

名前	推定
切片	必須
X1	必須
X2	必須
X3	必須
X4	必須
X5	必須
X6	必須

交絡項

計画の生成

☐ ブロックごとに実験を実施: ブロックサイズ 2

中心点の数: 0

反復する行数: 0

実験の回数:

☐ 最小値 7

☐ デフォルト値 12

☒ ユーザ定義 12

計画の作成

実験の回数には、デフォルトの12を使用します。

メモ: 乱数シード値(手順5)と開始点の数(手順6)を設定すると、以下の数値例と同じ実験設定が得られます。同じ結果でなくても良い場合は、これらの手順は不要です。

- (オプション)「カスタム計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[乱数シード値の設定]を選択します。次に、「12345」と入力して [OK] をクリックします。
- (オプション)「カスタム計画」の赤い三角ボタンのメニューから [開始点の数] を選択し、「1」と入力して [OK] をクリックします。

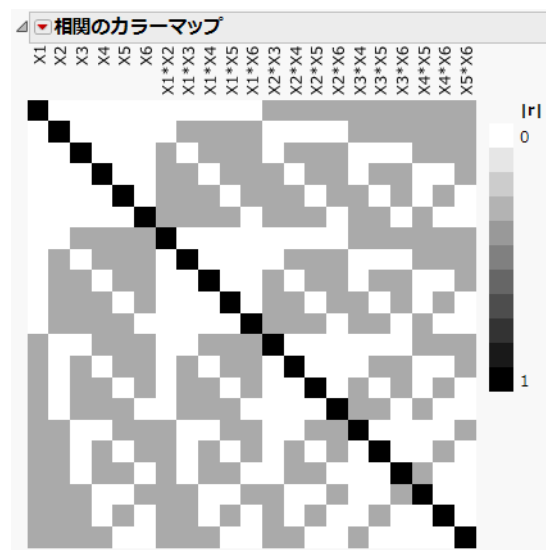
7. 「計画の作成」をクリックします。

図5.3 主効果のみの計画

計画						
実験	X1	X2	X3	X4	X5	X6
1	-1	-1	-1	-1	-1	-1
2	1	-1	1	-1	-1	-1
3	1	1	-1	1	-1	-1
4	-1	1	1	-1	1	-1
5	1	-1	1	1	-1	1
6	1	1	-1	1	1	-1
7	1	1	1	-1	1	1
8	-1	1	1	1	-1	1
9	-1	-1	1	1	1	-1
10	-1	-1	-1	1	1	1
11	1	-1	-1	-1	1	1
12	-1	1	-1	-1	-1	1

8. 「計画の評価」>「相関のカラーマップ」セクションを開きます。

図5.4 相関のカラーマップ



次の点に注意してください。

- 主効果はマップの左上の6個の項です。
- 6つの主効果間における相関は、白色で表示されているため、0であることがわかります。つまり、すべての主効果は直交しており、独立して推定値を求めることができます。
- 一部の2因子間交互作用が、明るいグレーの正方形で表示されていますが、これは対応する効果に相関があることを示しています。つまり、これらの効果は独立して推定値を求めることはできません。正方形の上にカーソルを置くと、相関係数の絶対値が表示されます。

- 互いに完全に交絡している効果はありません。絶対値が1であることを示す黒色の正方形は、対角要素にしか見られません。

9. 「計画の評価」>「交絡行列」セクションを開きます。

図5.5 交絡行列

効果	X1*X2	X1*X3	X1*X4	X1*X5	X1*X6	X2*X3	X2*X4	X2*X5	X2*X6	X3*X4	X3*X5	X3*X6	X4*X5	X4*X6	X5*X6
切片	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
X1	0	0	0	0	0	0	-0.33	0.333	0.333	-0.33	-0.33	-0.33	0.333	-0.33	0.333
X2	0	-0.33	0.333	0.333	-0.33	0	0	0	0	-0.33	0.333	0.333	-0.33	-0.33	-0.33
X3	-0.33	0	-0.33	-0.33	0.333	0	-0.33	0.333	0.333	0	0	0	-0.33	0.333	-0.33
X4	0.333	-0.33	0	-0.33	-0.33	-0.33	0	-0.33	-0.33	0	-0.33	0.333	0	0	-0.33
X5	0.333	-0.33	-0.33	0	0.333	0.333	-0.33	0	-0.33	-0.33	0	-0.33	0	-0.33	0
X6	-0.33	0.333	-0.33	0.333	0	0.333	-0.33	-0.33	0	0.333	-0.33	0	-0.33	0	0

交絡行列 (alias matrix) は、効果があるかもしれない2因子間交互作用が、主効果の推定値にどれほど影響を及ぼすかを示します。交絡行列の各列は、各交互作用に対応しています。たとえば、行「X1」では、「X2*X3」の列の値が「-0.33」、「X2*X4」の列の値が「0.333」になっています。これは、X1の主効果の推定値が受けるバイアス（偏り）が「(X2*X3に対する係数の-0.33倍) + (X2*X4に対する係数の0.333倍) + ... (以下、同じように) ...」であることを意味しています。この結果から、作成された実験計画においてX1の主効果の推定値が解釈できるようになるには、X1の効果に比べて交互作用が無視できるほど小さいと仮定できなければならないことが分かります。

ヒント: 交絡行列は、一部実施要因計画の交絡パターン (confounding pattern) を一般化したものです。

すべての2因子間交互作用を推定する計画

「カスタム計画」プラットフォームを使って、2因子間の交互作用をすべて推定できるレゾリューションVのスクリーニング計画を作成します。レゾリューションVのスクリーニング計画では、2因子間交互作用は互いに直交していますが、2因子間交互作用と3因子間交互作用との間のいくつかは完全に交絡しています。

1. 「実験計画(DOE)」>「カスタム計画」を選択します。
2. 「N個の因子を追加」の右側のボックスに「5」と入力します。
3. 「因子の追加」>「連続変数」を選択します。
4. 「続行」をクリックします。
5. 「モデル」で「交互作用」>「2次」を選択します。

図5.6 モデルと交互作用

モデル	
主効果	交互作用 ▼
RSM	交差
べき乗 ▼	項目の削除
名前	推定
切片	必須
X1	必須
X2	必須
X3	必須
X4	必須
X5	必須
X1*X2	必須
X1*X3	必須
X1*X4	必須
X1*X5	必須
X2*X3	必須
X2*X4	必須
X2*X5	必須
X3*X4	必須
X3*X5	必須
X4*X5	必須

6. 「実験の回数」で「最小値」をクリックし、実験数を16とします。

メモ: 乱数シード値(手順7)と開始点の数(手順8)を設定すると、以下の数値例と同じ結果が得られます。同じ結果でなくても良い場合は、これらの手順は不要です。

7. (オプション)「カスタム計画」の赤い三角ボタンをクリックし、「乱数シード値の設定」を選択します。次に、「12345」と入力して「OK」をクリックします。
8. (オプション)「カスタム計画」の赤い三角ボタンのメニューから「開始点の数」を選択し、「1」と入力して「OK」をクリックします。
9. 「計画の作成」をクリックします。

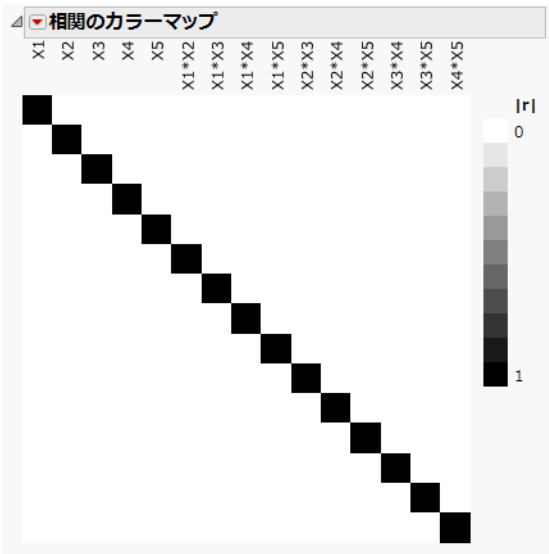
図5.7は、この計画の実験を示しています。主効果と2因子間交互作用は、「モデル」セクションで「推定」が「必須」(デフォルト)に設定されていたので、すべて推定可能になっています。

図5.7 すべての2因子間交互作用を推定する計画

計画					
実験	X1	X2	X3	X4	X5
1	-1	1	1	1	1
2	1	1	-1	1	1
3	1	-1	-1	1	-1
4	-1	-1	1	1	-1
5	1	1	1	1	-1
6	1	-1	1	-1	-1
7	-1	-1	-1	1	1
8	-1	1	-1	-1	1
9	-1	-1	1	-1	1
10	1	-1	1	1	1
11	1	1	1	-1	1
12	-1	1	1	-1	-1
13	-1	-1	-1	-1	-1
14	1	1	-1	-1	-1
15	1	-1	-1	-1	1
16	-1	1	-1	1	-1

10. 「計画の評価」 > 「相関のカラーマップ」 セクションを開きます。

図5.8 相関のカラーマップ



相関のカラーマップからは、5つの主効果と10の2因子間交互作用がすべて互いに直交していることがわかります。

主効果と2因子間交互作用の交絡を回避する計画

「カスタム計画」プラットフォームを使い、6つの連続尺度の因子に関して主効果を推定する計画を作成します。ただし、ここでは、主効果と、応答に対して効果があるかもしれない2因子間交互作用との交絡を最小にするような計画を作成します。

予算の関係で、実施できる実験は16回です。因子が6つの場合、2因子間交互作用は15通りあり、定数、6つの主効果、15個の2因子間交互作用をあてはめるための最小実験回数は22となります。

この例では、主効果だけしか推定できない実験回数8回の計画（「[主効果のみを推定する計画](#)」を参照）と、すべての2因子間交互作用を推定できる実験回数22回の計画との間で、妥協案を見つけます。最適化基準に交絡最適化基準を使って、この目的を達成します。

1. **「実験計画(DOE)」 > 「カスタム計画」** を選択します。
2. **「N個の因子を追加」** の右側のボックスに「6」と入力します。
3. **「因子の追加」 > 「連続変数」** を選択します。
4. **「続行」** をクリックします。

デフォルトではモデルに主効果の項が含まれます。主効果の項の「推定」列は、デフォルトで[必須]になっています。「交絡項」セクションにすべての2因子間交互作用が追加されていることに注目してください。デフォルトでは、モデルに含まれていない2因子間交互作用はすべて「交絡項」リストに追加されます。

5. **「カスタム計画」** の赤い三角ボタンをクリックし、**「最適化基準」 > 「交絡最適計画の作成」** を選択します。
[交絡最適計画の作成] を選択すると、ある程度のD効率をもちながらも、交絡がなるべく小さい計画が生成されます。[「交絡最適化基準」](#) を参照してください。
6. **「ユーザ定義」** をクリックして、実験の回数を「16」に変更します。

図5.9 因子、モデル、交絡項、実験の回数

カスタム計画

応答

因子

因子の追加 ▼ 削除 N個の因子を追加 1

名前	役割	変更	値	単位
X1	連続変数	容易	-1	1
X2	連続変数	容易	-1	1
X3	連続変数	容易	-1	1
X4	連続変数	容易	-1	1
X5	連続変数	容易	-1	1

共変量の候補

共変量の列を選択 現在のデータテーブルから、共変量の候補となる集合を読み込む。

因子の制約を定義

モデル

主効果 交互作用 ▼ RSM 交差 べき乗 ▼ 項目の削除

名前	推定
切片	必須
X1	必須
X2	必須
X3	必須
X4	必須
X5	必須
X6	必須

交絡項

主効果 交互作用 ▼ RSM 交差 べき乗 ▼ 項目の削除

名前
X1*X2
X1*X3
X1*X4
X1*X5
X1*X6
X2*X3
X2*X4
X2*X5

計画の生成

☐ ブロックごとに実験を実施: ブロックサイズ 2

中心点の数: 0

反復する行数: 0

実験の回数:

☐ 最小値 7

☐ デフォルト値 12

☒ ユーザ定義 16

計画の作成

メモ: 乱数シード値 (手順7) と開始点の数 (手順8) を設定すると、以下の数値例と同じ結果が得られます。同じ結果でなくても良い場合は、これらの手順は不要です。

7. (オプション)「カスタム計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[乱数シード値の設定] を選択します。次に、「12345」と入力して [OK] をクリックします。
8. (オプション)「カスタム計画」の赤い三角ボタンのメニューから [開始点の数] を選択し、「10」と入力して [OK] をクリックします。
9. [計画の作成] をクリックします。
10. 「計画の評価」 > 「交絡行列」 セクションを開きます。

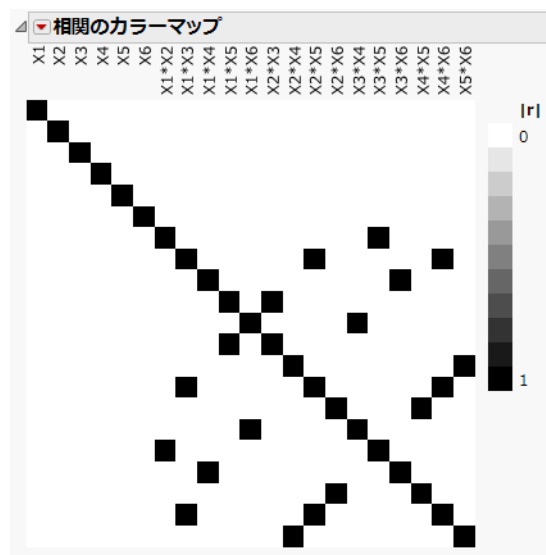
図5.10 交絡行列

効果	X1*X2	X1*X3	X1*X4	X1*X5	X1*X6	X2*X3	X2*X4	X2*X5	X2*X6	X3*X4	X3*X5	X3*X6	X4*X5	X4*X6	X5*X6
切片	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
X1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
X2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
X3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
X4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
X5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
X6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

すべての行に0しか含まれていないので、切片と主効果の推定値は2因子間交互作用によってバイアスを受けないことがわかります。

11. 「計画の評価」 > 「相関のカラーマップ」 セクションを開きます。

図5.11 相関のカラーマップ



関連のカラーマップからは、主効果を、2因子間交互作用とは独立して推定できることがわかります。ただし、2因子間交互作用の一部が、他の2因子間交互作用と完全に交絡しています。カーソルを非対角部分にある黒い正方形の上に置くと、どの2因子間交互作用が交絡しているかを確認できます。

この例の計画は、レゾリューションIVの直交スクリーニング計画であることがわかります。主効果は、互いに交絡せず、2因子間交互作用とも交絡していません。ただし、どの2因子間交互作用も、他のいずれかの2因子間交互作用と完全に交絡しています。

過飽和スクリーニング計画

「カスタム計画」プラットフォームを使って、12因子、8実験の過飽和計画を作成します。応答に影響している因子を探し出すには、最初にブレインストーミングなどで意見を出し合いながら数十の因子を候補として挙げるのが一般的でしょう。過飽和計画（supersaturated design）という実験計画を使えば、データに基づき、それらの多数の候補の因子から重要な因子を絞り込むことができます。

飽和計画（saturated design）とは、実験回数と、モデルに含まれた項の個数が等しい計画を指します。過飽和計画は、名前からわかるとおり、モデル項の個数が実験回数より多い計画を指します（Lin, 1993）。過飽和計画を使えば、何十個もの因子をその半分以下の実験回数で検討することができます。調べたい因子の数は多いのに、1つの実験に膨大な費用がかかってしまう状況で、因子のスクリーニングを行いたい場合に過飽和計画は役立ちます。

または、従来の過飽和計画よりも効果的に有効な効果を特定したい場合は、群直交過飽和計画を用いることを検討してください。「[群直交過飽和計画](#)」を参照してください。

過飽和計画の制約

過飽和計画には欠点があります。

- **有効な因子**（active factor; 実際に応答に対して影響をもつ因子）の個数が実験回数の半分以上である場合、それらの因子の影響を検出できなくなる可能性が高くなります。一般に、実験回数は、有効な因子の個数の4倍以上である必要があります。つまり、有効な因子が5つあると考えられるときは、少なくとも20回の実験が必要です。
- 過飽和計画のデータを自動的に処理する統計分析は、まだ考案されていません。JMPでは、変数増加法によるステップワイズ回帰を使えば、ある程度、穏当な統計分析ができます。また、「スクリーニング」プラットフォーム（[実験計画(DOE)] > [古典的な計画] > [2水準スクリーニング] > [2水準スクリーニングのあてはめ]）を使えば、より合理的な枠組みで簡単に分析できます。

過飽和計画の作成

例として、12因子、8実験の過飽和計画を作成してみましょう。過飽和計画を作成するには、すべてのモデル項（切片を除く）の「推定」を「可能な場合のみ」に設定します。

メモ: ここで取り上げている例は、過飽和計画を説明するためだけのものです。どのような過飽和計画でも、実験回数は14回以上にすべきです。また、この例では有効な因子が4つ以上ある場合には、8回だけの実験で実験結果を解釈することは非常に難しいです。[「過飽和計画の制約」](#)を参照してください。

1. **「実験計画(DOE)」 > 「カスタム計画」** を選択します。
2. **「N個の因子を追加」** の右側のボックスに「12」と入力します。
3. **「因子の追加」 > 「連続変数」** を選択します。
4. **「続行」** をクリックします。
5. **「モデル」** セクションで、切片以外のすべての効果を選択します。
6. いずれかの効果の横の **「必須」** をクリックして、**「可能な場合のみ」** に変更します。
いくつかのモデル効果を **「可能な場合のみ」** に設定すると、Bayes 流の D- 最適化基準が使われるようになります。

図5.12 因子、モデル、実験の回数

▲ 因子

因子の追加 ▼ 削除 N個の因子を追加 1

名前	役割	変更	値	単位
X1	連続変数	容易	-1	1
X2	連続変数	容易	-1	1
X3	連続変数	容易	-1	1
X4	連続変数	容易	-1	1
X5	連続変数	容易	-1	1
X6	連続変数	容易	-1	1
X7	連続変数	容易	-1	1
X8	連続変数	容易	-1	1
X9	連続変数	容易	-1	1
X10	連続変数	容易	-1	1

▶ 共変量の候補

▶ 因子の制約を定義

▲ モデル

主効果 交互作用 ▼ RSM 交差 べき乗 ▼ 項目の削除

名前	推定
切片	必須
X1	可能な場合のみ
X2	可能な場合のみ
X3	可能な場合のみ
X4	可能な場合のみ
X5	可能な場合のみ
X6	可能な場合のみ
X7	可能な場合のみ
X8	可能な場合のみ
X9	可能な場合のみ
X10	可能な場合のみ

▶ 交絡項

▲ 計画の生成

☐ ブロックごとに実験を実施: ブロックサイズ 2

中心点の数: 0

反復する行数: 0

実験の回数:

☐ 最小値 1

☐ デフォルト値 8

☒ ユーザ定義 8

計画の作成

7. 「交絡項」セクションで、すべての項を選択して「項目の削除」をクリックします。

これにより、「相関のカラーマップ」には主効果だけが表示されます。「相関のカラーマップ」は、計画が作成された後に作成されます。

8. 「カスタム計画」の赤い三角ボタンをクリックし、メニューから「応答のシミュレート」を選択します。

これにより、計画のデータテーブルにおける応答列に乱数が生成されます。このシミュレーションされた応答を使って、分析方法を確認します。

「実験の回数」はデフォルトの8のままにします。

メモ: 乱数シード値(手順9)と開始点の数(手順10)を設定すると、以下の例と同じ計画が得られます。ただし、「Yのシミュレーション」は図5.13とは異なる可能性があります。

9. (オプション)「カスタム計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[乱数シード値の設定]を選択します。次に、「12345」と入力して[OK]をクリックします。
10. (オプション)「カスタム計画」の赤い三角ボタンのメニューから[開始点の数]を選択し、「5」と入力して[OK]をクリックします。
11. [計画の作成]をクリックします。
12. [テーブルの作成]をクリックします。

「カスタム計画」ウィンドウを閉じないでください。この例の後半で使用します。

図5.13 計画のデータテーブルに表示されたシミュレーション結果

	X1	X2	X3	X4	X5	X6	X7	X8	X9	X10	X11	X12	Y	Yのシミュレーション
1	1	-1	1	-1	-1	1	-1	-1	-1	1	1	-1	1.0254449856	1.02544499
2	1	-1	-1	1	-1	-1	-1	1	1	1	-1	-1	-0.379735885	-0.3797359
3	-1	1	-1	-1	1	-1	-1	-1	1	1	1	1	0.9400841447	0.94008414
4	1	1	1	-1	1	-1	-1	1	-1	-1	-1	-1	-0.838928467	-0.8389285
5	-1	-1	-1	1	1	1	-1	1	-1	-1	1	1	-1.213695159	-1.213692
6	-1	-1	1	1	1	-1	1	-1	-1	1	-1	-1	0.0143435941	0.01434359
7	1	-1	-1	-1	1	1	1	-1	1	-1	-1	-1	-2.100004766	-2.1000048
8	1	1	-1	1	-1	-1	1	-1	-1	-1	1	1	0.3350112573	0.33501126

応答列の「Y」と「Yのシミュレーション」は、最初は同じシミュレーション値になっています。この例の応答値は、 $N(0, s)$ に従う乱数です。ここで、 s は、デフォルトでは1になっています。「検出力分析」アウトラインにおける「RMSEの予想値」で指定されている値がデフォルトでは使われず、「Yのシミュレーション」の値は、「応答をシミュレート」ウィンドウのパラメータ値によって定義されたモデルを使い、ランダムに生成されます。「Y」列には、実験を実行した後に、その実験で得た値を入力してください。

図5.14 「応答をシミュレート」ウィンドウ

効果	Y
切片	0
X1	0
X2	0
X3	0
X4	0
X5	0
X6	0
X7	0
X8	0
X9	0
X10	0
X11	0
X12	0

係数のリセット

分布

☒ 正規 誤差 σ : 1

☐ 二項

☐ Poisson

適用

「応答をシミュレート」ウィンドウには、すべての項の係数が0（デフォルトの値）、選択された分布が「正規」、「誤差 σ 」が1と表示されています。「Y」列と「Yのシミュレーション」の値は、現在、ランダムな誤差だけを反映しています。

13. 「応答をシミュレート」ウィンドウの係数の値を、[図5.15](#)のように変更します。

図5.15 「応答をシミュレート」のパラメータ値

効果	Y
切片	100
X1	10
X2	0
X3	0
X4	0
X5	0
X6	0
X7	0
X8	0
X9	0
X10	0
X11	10
X12	0

係数のリセット

分布

☒ 正規 誤差 σ : 1

☐ 二項

☐ Poisson

適用

14. [適用] をクリックします。

すると、「Yのシミュレーション」列の応答値が変化します。

今回のシミュレーションでは、「X1」と「X11」を、誤差の標準偏差よりもかなり大きな効果を持つ因子として指定しました。次節では、統計分析によって、これら2つの因子を有意な因子として識別できるかどうかを確認していきます。

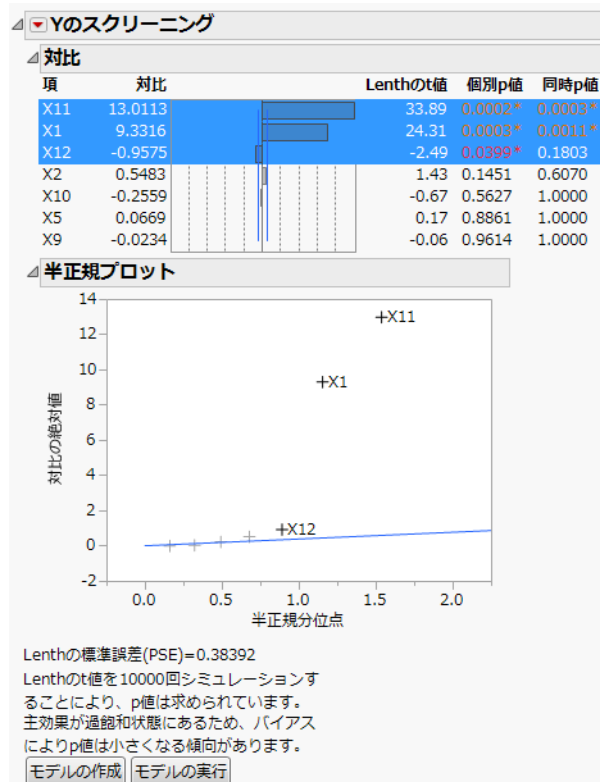
「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームを使って超飽和実験計画を分析する

「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームには、重要な因子を特定するための分析手法が用意されています。

メモ: データテーブルの「Yのシミュレーション」の値は、この例のものとは多少異なる可能性があります。レポートに表示される値は、ここで紹介する結果とは一致しません。

1. [実験計画 (DOE)] > [古典的な計画] > [2 水準スクリーニング] > [2 水準スクリーニングのあてはめ] を選択します。
2. 「Yのシミュレーション」を選択し、[Y] をクリックします。
3. 「X1」から「X12」を選択し、[X]、次に [OK] をクリックします。

図5.16 過飽和実験計画の「スクリーニング」レポート



因子「X1」と「X11」の「対比」と「Lenthのt値」の値は大きく、「同時p値」の値は小さくなっています。「半正規プロット」内では、「X1」も「X11」も直線からかなり離れています。これらの「対比」レポートと「半正規プロット」レポートから、「X1」と「X11」が重要な効果であることがわかります。「X12」の「個別のp値」は0.05以下ですが、その効果は「X1」や「X11」に比べてずっと小さいことがわかります。

この計画は過飽和なので、この計画におけるp値は、すべての効果が推定可能となっている計画におけるp値よりも、小さくなっているかもしれません。なぜなら、過飽和計画では、ある効果の推定値は、応答に影響している他の効果によってバイアスをもつようになっているからです。図5.16を見ると、この点について警告するメモが表示されています。

問題としている効果が、他の効果と高い相関関係にあるかどうかを確認すると良いでしょう。相関が高い場合、一方の効果が他方の効果をもつ有意性を隠してしまう場合があります。図5.18のカラーマップには、効果間における相関係数の絶対値が表示されます。

4. [モデルの作成] をクリックします。

作成されたモデルには、効果「X1」・「X11」・「X12」だけが含まれます。

5. 「モデルの指定」ウィンドウで[実行] をクリックします。

図5.17 モデル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	100.12645	0.319502	313.38	<.0001*
X11	11.347787	0.360447	31.48	<.0001*
X1	9.8209584	0.319502	30.74	<.0001*
X12	-1.1329	0.360447	-3.14	0.0347*

「X11」と「X1」のパラメータ推定値は、モデルをシミュレートするのに使用した値に近いものとなっています。「X1」と「X11」に「10」と指定した図5.15を参照してください。因子「X12」の有意性は偽陽性の例です。

6. 「カスタム計画」ウィンドウで、「計画の評価」>「関連のカラーマップ」セクションを開きます。

図5.18 関連のカラーマップ



セルの上にポインタを置くと、相関係数の絶対値が表示されます。主効果は、他の主効果と関連しています。

固定効果のブロック因子がある計画

「カスタム計画」プラットフォームを使って、3つのブロックで3因子の実験を行う計画を作成します。固定効果のブロック因子も含めるスクリーニング計画において、従来のスクリーニング計画では、ブロックのサイズを2のべき乗にする必要がありました。「カスタム計画」プラットフォームでスクリーニング計画を作成する場合、ブロックサイズを任意のものにできます。

1日に実施できる試行は3回だけで、日によってかなりの変動が予想されるとします。そのため、数日間にわたる実験を、日ごとのブロックに分ける必要があります。また、この調査では、すべての2因子間交互作用を推定したいと考えています。この例では、1ブロックあたり3回の実験を行う計画を作成します。

1. 「実験計画(DOE)」>「カスタム計画」を選択します。

2. 「因子」セクションで、「**N個の因子を追加**」の横のボックスに「3」と入力します。
3. [因子の追加] > [連続変数] を選択します。
4. [因子の追加] > [ブロック] > [ブロックあたり3実験] を選択します。

ブロック因子「**X4**」の「**値**」の下には、水準が1つしかありません。これは、この時点ではまだ全体の実験回数が不明なためです。

図5.19 「因子」に表示されたX4の1つのブロック

因子

因子の追加 ▼

削除

N個の因子を追加

名前	役割	変更	値	単位
▲ X1	連続変数	容易	-1	1
▲ X2	連続変数	容易	-1	1
▲ X3	連続変数	容易	-1	1
▲ X4	ブロック	容易	1	

共変量の候補

共変量の列を選択

現在のデータテーブルから、共変量の候補となる集合を読み込む。

因子の指定

因子を追加するには[因子の追加]ボタンをクリックし、変更する場合は、因子名または因子水準をダブルクリック。

続行

5. [続行] をクリックします。

図 5.20 「因子」に表示された X4 の 3 つのブロック

カスタム計画

応答

因子

因子の追加

削除

N個の因子を追加

1

名前	役割	変更	値	単位
X1	連続変数	容易	-1	1
X2	連続変数	容易	-1	1
X3	連続変数	容易	-1	1
X4	ブロック	容易	1	2
				3

共変量の候補

共変量の列を選択

現在のデータテーブルから、共変量の候補となる集合を読み込む。

因子の制約を定義

モデル

交絡項

計画の生成

中心点の数:

0

反復する行数:

0

実験の回数:

最小値

5

デフォルト値

9

ユーザ定義

9

計画の作成

「デフォルト」の全体の実験回数をブロックあたりの実験回数で割った適切なブロック数が、「因子」セクションに表示されます。この例では、デフォルトの標本サイズは9であるため、ブロックが3つ必要です。そのため、「因子」セクションの「X4」の値が3つになりました。これは、ブロックが3つあることを示します。

メモ: 別の実験回数を指定した場合、「因子」セクションには、そのブロック因子に適した数が表示されます。

- 「因子」セクションで、3つの連続尺度の因子「X1」・「X2」・「X3」を選択します。
- 「モデル」セクションで「交互作用」>「2次」を選択します。

図 5.21 「因子」に表示された X4 の 6 つのブロック

▲ 因子

因子の追加 ▼ 削除 N個の因子を追加 1

名前	役割	変更	値	単位
X1	連続変数	容易	-1	1
X2	連続変数	容易	-1	1
X3	連続変数	容易	-1	1
X4	ブロック	容易	1 2 3 4 5 6	

▲ 共変量の候補

共変量の列を選択 現在のデータテーブルから、共変量の候補となる集合を読み込む。

▶ 因子の制約を定義

▲ モデル

主効果 交互作用 ▼ RSM 交差 べき乗 ▼ 項目の削除

名前	推定
切片	必須
X1	必須
X2	必須
X3	必須
X4	必須
X1*X2	必須
X1*X3	必須
X2*X3	必須

▶ 交絡項

▲ 計画の生成

中心点の数: 0

反復する行数: 0

実験の回数:

☐ 最小値 12

☒ デフォルト値 18

☐ ユーザ定義 18

計画の作成

「実験の回数」パネルの「デフォルト値」が18になっています。「因子」セクションの「X4」には6つの値が表示されています。これは、ブロックが6つあることを示します。

メモ: 乱数シード値（手順8）と開始点の数（手順9）を設定すると、以下の数値例と同じ実験設定が得られます。同じ結果でなくても良い場合は、これらの手順は不要です。

- （オプション）「カスタム計画」の赤い三角ボタンをクリックし、「乱数シード値の設定」を選択します。次に、「12345」と入力して「OK」をクリックします。
- （オプション）「カスタム計画」の赤い三角ボタンのメニューから「開始点の数」を選択し、「5」と入力して「OK」をクリックします。
- 「計画の作成」をクリックします。

図5.22 固定ブロック計画

計画				
実験	X1	X2	X3	X4
1	1	-1	-1	1
2	-1	-1	-1	2
3	1	1	-1	3
4	-1	-1	-1	4
5	1	1	1	5
6	-1	-1	1	6
7	-1	1	-1	1
8	1	1	-1	2
9	-1	1	1	3
10	1	-1	1	4
11	-1	-1	1	5
12	-1	1	-1	6
13	-1	-1	1	1
14	-1	1	1	2
15	1	-1	1	3
16	-1	1	1	4
17	1	-1	-1	5
18	1	1	1	6

「計画」アウトラインのブロック因子「**X4**」に注目してください。6つのブロック因子が表示されています。実験を実施する際、1日に3つずつ試行を行います。たとえば、**X4** = 1の試行を1日目に、**X4** = 2の試行を2日目に実施する、という具合です。そのため、計画のデータテーブルでは、ブロック内で実験をランダム化するとよいでしょう。「出力オプション」パネルの「実験の順序」で、[ブロック内でランダム化] がデフォルトで選択されていることを確認してください。

11. [テーブルの作成] をクリックします。

図5.23 固定ブロック計画の計画テーブル

	X1	X2	X3	X4	Y
1	1	-1	-1	1	•
2	-1	1	-1	1	•
3	-1	-1	1	1	•
4	-1	1	1	2	•
5	1	1	-1	2	•
6	-1	-1	-1	2	•
7	1	-1	1	3	•
8	-1	1	1	3	•
9	1	1	-1	3	•
10	-1	1	1	4	•
11	1	-1	1	4	•
12	-1	-1	-1	4	•
13	1	-1	-1	5	•
14	-1	-1	1	5	•
15	1	1	1	5	•
16	-1	-1	1	6	•
17	-1	1	-1	6	•
18	1	1	1	6	•

計画のデータテーブルにおいて各行は各日の実験ごとにグループ化されています。この計画では、ブロック効果、すべての主効果、および2因子間交互作用を推定することができます。

応答曲面計画の例

この例では、「カスタム計画」プラットフォームを使って応答曲面計画を作成します。応答曲面計画 (Response Surface Design; RSM) は、一般に、すでに有効であると特定された少数 (2~8 個) の連続尺度の因子で構成される計画です。応答曲面計画は、因子から応答を予測するモデルを作成するために行われます。多くの場合、作成された予測モデルは、工程における最適な因子設定を見つけ出すのに使われます。このような目的のために使われる応答曲面モデルは、通常、2次式です。

スクリーニング計画は、どの因子が効果をもっているかを特定することに重点を置きます。そのため、モデル係数の推定量における分散がどれくらい大きいかによって計画の良さが判断され、この分散が小さいほど良い計画とされます。この視点で計画の良さを判断しているのが D-最適です。

しかし、応答曲面計画では、モデル係数の推定量の分散よりも、因子領域全体における、予測値の分散のほうが、重要な意味を持ちます。この視点で計画の良さを判断しているのが I-最適です。D-最適計画に比べ、I-最適計画では計画空間の端に置かれる実験が少ない傾向があります。D-最適計画と I-最適計画の詳細については、「最適化基準」を参照してください。

「カスタム計画」における「最適化基準」のデフォルトは、「推奨する最適化法」です。このオプションが選択されている場合で、「モデル」セクションで「RSM」(Response Surface Model) ボタンを使って2次の効果を追加したときには、I-最適化基準が使用されます。それ以外のときには、「推奨する最適化法」が選択されている場合、D-最適化基準が使用されます (ただし、主効果と2因子間交互作用だけのモデルでは、A-最適化基準が使われます)。「最適化基準」を参照してください。

以下は、「カスタム計画」プラットフォームを使って応答曲面計画を作成する例です。

- 「応答曲面計画」
- 「ブロック因子がある応答曲面計画」
- 「D-最適計画とI-最適計画の比較」
- 「制約とカテゴリカルな因子を含む応答曲面計画」

応答曲面計画

この応答曲面計画の例は、以下の節で構成されています。

- 「応答曲面計画の作成」
- 「実験結果の分析」

応答曲面計画の作成

ある3つの連続尺度の因子が効果をもつと特定されたとして、それら3因子から構成される応答曲面計画を作成してみましょう。あなたは、応答（「Y」）が仕様限界内に収まる工程の設定を見つけたいと考えています。「Y」の下側仕様限界と上側仕様限界は、それぞれ54と56で、目標値は55です。

1. **「実験計画(DOE)」 > 「カスタム計画」** を選択します。
2. 「応答」セクションで **「最大値」** をクリックし、**「目標値に合わせる」** を選択します。
3. 「下側限界」に「54」、「上側限界」に「56」と入力します。
4. 「重要度」は空白にします。

応答は1つだけなので、「重要度」の値はデフォルトで1に設定されます。

5. 「N個の因子を追加」の右側のボックスに「3」と入力します。
6. **「因子の追加」 > 「連続変数」** を選択します。

これにより、連続変数の因子が3つ追加されます（「X1」・「X2」・「X3」）。

7. **「続行」** をクリックします。
8. 「モデル」セクションで、**「RSM」** ボタンをクリックします。

これにより、2乗項と交互作用項がモデルに追加されます。また、「推奨する最適化法」として、「I-最適化基準」が使われるようになります。これは、「計画の作成」をクリックした後に「計画の診断統計量」セクションで確認できます。

「実験の回数」の「デフォルト値」を「16」のままにします。

メモ: 乱数シード値（[手順9](#)）と開始点の数（[手順10](#)）を設定すると、以下の数値例と同じ実験設定が得られます。同じ結果でなくても良い場合は、これらの手順は不要です。

9. (オプション)「カスタム計画」の赤い三角ボタンをクリックし、**「乱数シード値の設定」** を選択します。次に、「929281409」と入力して **「OK」** をクリックします。
10. (オプション)「カスタム計画」の赤い三角ボタンのメニューから **「開始点の数」** を選択し、「40」と入力して **「OK」** をクリックします。
11. **「計画の作成」** をクリックします。

「計画」セクションに計画が表示されます。

図5.24 応答曲面計画

計画			
実験	X1	X2	X3
1	0	-1	0
2	1	-1	1
3	0	0	0
4	-1	1	1
5	-1	0	0
6	1	1	1
7	-1	1	-1
8	-1	-1	-1
9	0	0	1
10	1	0	0
11	0	1	0
12	0	0	0
13	1	1	-1
14	0	0	-1
15	-1	-1	1
16	1	-1	-1

2乗効果を推定するために、応答曲面計画の各因子は3水準になっています。なお、図5.24の計画は、2つの中心点をもち、平面領域に軸点が配置されている中心複合計画になっています。

12. 「計画の評価」 > 「計画の診断統計量」 セクションを開きます。

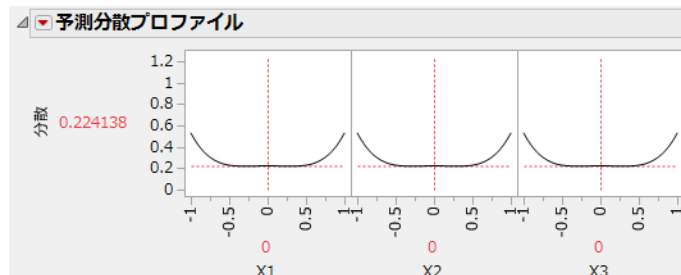
図5.25 計画の診断

計画の診断統計量	
I-最適計画	
D効率	42.99905
G効率	78.54821
A効率	30.68134
平均予測分散	0.340517
計画作成時間(秒)	0.016667

「計画の診断統計量」セクションの1行目より、使用された最適化基準を知ることができます。この計画では、I-最適化基準が使われたので、「I-最適計画」と表示されています。

13. 「計画の評価」 > 「予測分散プロファイル」 セクションを開きます。

図5.26 予測分散プロファイル

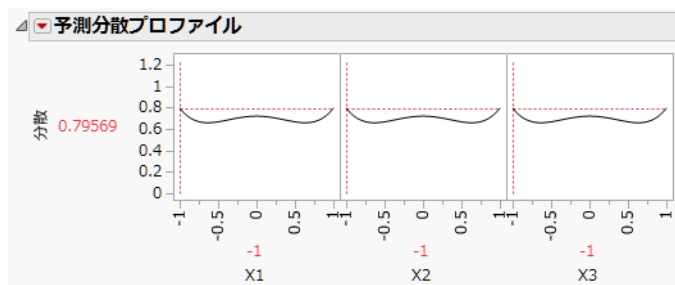


縦軸は、「応答の期待値に対する予測値」が持つ分散の相対的な大きさ（相対的な予測分散）を示しています。この**相対的な予測分散**は、予測分散を誤差分散で割ったものです。相対的な予測分散が1の場合、絶対的な予測分散はその回帰モデルの誤差分散と同じ値になります。

予測分散プロファイルは、計画領域全体の相対的な予測分散の値を示します。縦線を動かすことで、予測分散の変化を調べることができます。予測分散は、計画領域の中央で最も小さくなっています。-0.5～0.5の間の因子設定では、0.2よりほんの少しだけ大きい値で一定しています。設定が計画領域の上下限に近づくにつれて、予測分散は大きくなっています。

14. 「予測分散プロファイル」の赤い三角ボタンをクリックし、[予測分散の最大化]を選択します。

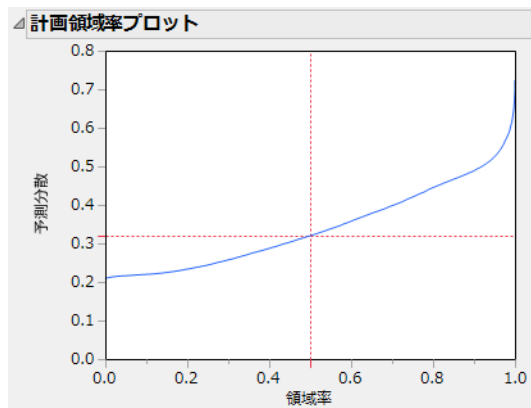
図5.27 予測分散を最大化したときの予測分散プロファイル



プロファイルから、相対的な予測分散の最大値が0.79569であることがわかります。

15. 「計画の評価」>「計画領域率プロット」セクションを開きます。

図5.28 計画領域率プロット



プロット内の青い線は、相対的な予測分散を計画領域率の関数で示したものです。赤い点線の十字は、計画領域の50%において、予測分散が約0.32より小さいことを示しています。ツールから十字ツールを選んで、ほかの個所での数値も確認してみましょう。たとえば、グラフを見ると「領域率」が95%において、「予測分散」が0.52になっています。これは、計画領域の95%の予測分散が0.52を下回っていることを意味します。

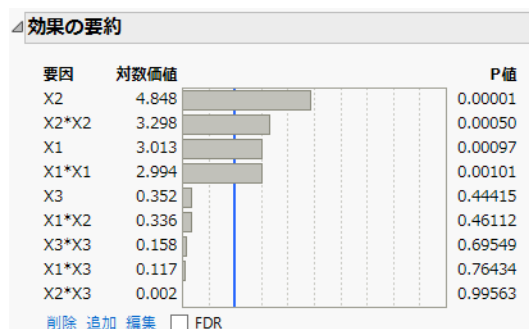
実験結果の分析

「Custom RSM.jmp」サンプルデータに、この実験の結果が含まれています。「モデル」スクリプトを実行すると、「モデルのあてはめ」ウィンドウが開き、「実験計画(DOE)」ウィンドウの「モデル」セクションで設定したすべての効果が表示されます。このスクリプトは、「カスタム計画」プラットフォームによってデータテーブルに保存されたものです。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Custom RSM.jmp」を開きます。
2. 「テーブル」パネルで、「モデル」スクリプトの横にある緑の三角ボタンをクリックします。
3. [実行] をクリックします。

「効果の要約」レポートに、モデル内の効果の「対数値」と「p 値」が表示されます。プロット内の青色の縦の線は、2 の位置に設定されています。2 より大きい対数値は、0.01 の有意水準において有意です。

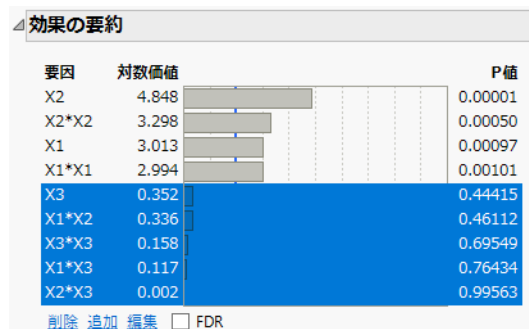
図 5.29 「効果の要約」レポート



「効果の要約」レポートからは、「X1」・「X2」、「X1*X1」・「X2*X2」が、0.01 の有意水準において有意であることがわかります。その他の効果は、どれも 0.01 の有意水準において有意ではありません。有意ではない効果を削除して、モデルをより小さなものへと変更してみましょう。

4. 「効果の要約」レポートで、「X3」・「X1*X2」・「X3*X3」・「X1*X3」・「X2*X3」を選択します。

図 5.30 有意でない効果を選択した「効果の要約」レポート



5. [削除] をクリックします。

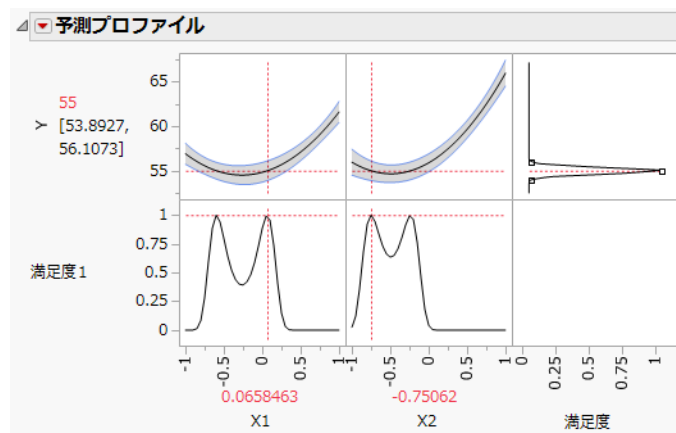
これにより、「最小2乗法によるあてはめ」レポートは、有意な効果である「X1」・「X2」・「X1*X1」・「X2*X2」だけを含んだモデルのものに変更されます。

「予測プロファイル」(「最小2乗法によるあてはめ」ウィンドウの最下部)を使って、「X1」および「X2」の変動によって予測応答(「Y」)がどのように変化するかを確認しましょう。「X1」および「X2」の範囲全体において、「Y」は2次曲線になっている点に注目してください。

「カスタム計画」ウィンドウの「応答」セクションで、「Y」に対して、応答変数の限界を入力したことを思い出してください。その結果、計画のデータテーブルにおける列「Y」には、「応答変数の限界」列プロパティが保存されています。「Y」の満足度関数(上段の右側にあるプロット)は、「応答変数の限界」列プロパティに含まれている情報に基づいて設定されています。JMPは、この満足度関数から、「X1」と「X2」の設定に対する満足度を計算します。その満足度のトレースは、プロットの下段に表示されています。

6. 「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5.31 満足度を最大化した予測プロファイル

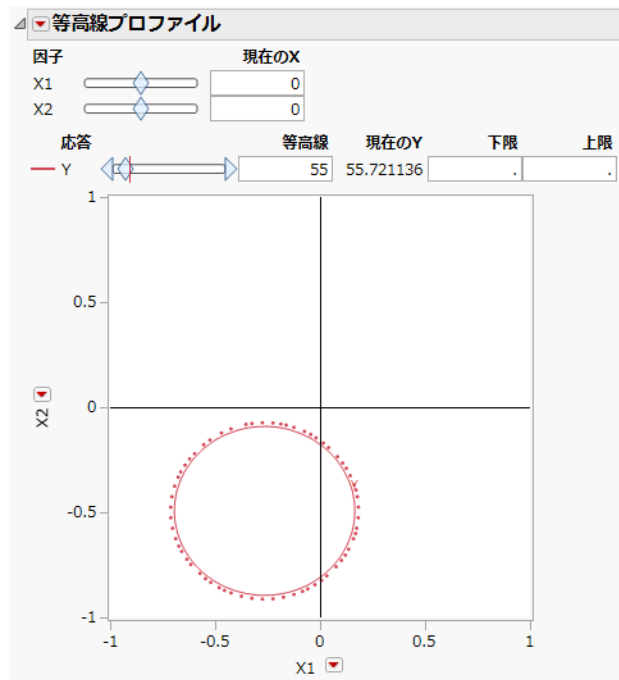


応答の予測値は、X1とX2の上に赤で示されている工程設定で、目標値の55を達成します。図5.31は、-0.65に近いX1の値も、X2 = -0.75062のときに目標値55を達成することを示しています。実際に表示される「予測プロファイル」は、目標値の55になっていても、ここで示している設定とは異なっている場合があります。これは、X1とX2の多くの設定において、応答の予測値が55になるからです。

7. 「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。

8. 「等高線プロファイル」レポートで、「等高線」の値に「55」を入力します。

図5.32 等高線プロファイル



赤い等高線に対応する **X1** と **X2** の設定で、応答の予測値が55となります。これらの工程設定の中から、コストや効率を考慮して、都合が良い設定を選ぶと良いでしょう。

ブロック因子がある応答曲面計画

「カスタム計画」プラットフォームを使って、連続変数の因子が2つ、ブロック因子が1つ、ブロックあたりの実験数が4の応答曲面計画を作成します。工程を最適化する場合、連続尺度の因子とともにカテゴリカルな因子を実験に含めたい場合があります。バッチや日などの質的因子をブロック因子として含める、また、機械や供給機構などの質的因子を含める、等の状況があるでしょう。

メモ：「応答曲面計画」プラットフォームでは、古典的な応答曲面計画しか作成できず、連続尺度の因子しか扱えません。「カスタム計画」プラットフォームを使うと、カテゴリカルな因子を含む応答曲面計画を作成できます。

1. [実験計画(DOE)] > [カスタム計画] を選択します。
2. 「N個の因子を追加」の右側のボックスに「2」と入力します。
3. [因子の追加] > [連続変数] を選択します。

4. 「因子の追加」>「ブロック」>「ブロックあたり4実験」を選択します。

「値」の下に水準が1つしか表示されていません。これは、実験回数が決まるまで、JMPがブロックの数を判断できないためです。

図5.33 「因子」に2つの連続尺度の因子と1つのブロック因子を追加

因子				
因子の追加 ▼ 削除 N個の因子を追加 1				
名前	役割	変更	値	
X1	連続変数	容易	-1	1
X2	連続変数	容易	-1	1
X3	ブロック	容易	1	

5. 「続行」をクリックします。

デフォルトの実験回数は12です。これにより、「因子」セクションのブロック因子**X3**の水準が3つになります。**X3**のブロックあたりの実験数を4としたため、実験数の合計が12回なら、ブロック数は3になります。

6. 「RSM」をクリックします。

交互作用項または2乗項にはブロック因子を設定できないという警告ダイアログが表示されます。JMPは、適切な2乗項と2因子間交互作用項だけをリストに追加します。

7. 「OK」をクリックして、メッセージを閉じます。

X1と**X2**の2次までの項がモデルに追加されます。「RSM」ボタンをクリックしたので、推奨される最適化法がD-最適化基準からI-最適化基準に変わります。これは、後で「計画の診断統計量」セクションで確認できます。

図5.34 モデルと応答曲面効果

モデル	
主効果	交互作用 ▼ RSM 交差 べき乗 ▼ 項目の削除
名前	推定
切片	必須
X1	必須
X2	必須
X3	必須
X1*X1	必須
X1*X2	必須
X2*X2	必須

メモ: 乱数シード値(手順8)と開始点の数(手順9)を設定すると、以下の数値例と同じ結果が得られます。同じ結果でなくても良い場合は、これらの手順は不要です。

8. (オプション)「カスタム計画」の赤い三角ボタンをクリックし、「乱数シード値の設定」を選択します。次に、「12345」と入力して「OK」をクリックします。

9. (オプション)「カスタム計画」の赤い三角ボタンのメニューから「開始点の数」を選択し、「5」と入力して「OK」をクリックします。
10. 「計画の作成」をクリックします。
11. 「計画の評価」>「計画の診断統計量」セクションを開きます。

図5.35 計画の診断

計画の診断統計量	
I-最適計画	
D効率	50.85382
G効率	56.88003
A効率	37.51264
平均予測分散	0.49973
計画作成時間(秒)	0

「計画の診断統計量」セクションの1行目より、使用された最適化基準を知ることができます。この計画では、I-最適化基準が使われたので、「I-最適計画」と表示されています。

12. 「テーブルの作成」をクリックします。

図5.36 ブロック因子を含む計画テーブル

カスタム計画			X1	X2	X3	Y
計画	カスタム計画					
基準	I-最適計画					
モデル		1	0	-1	1	•
計画の評価		2	1	1	1	•
一般化回帰		3	-1	0	1	•
DOEダイアログ		4	0	0	1	•
		5	0	0	2	•
列(4/0)		6	1	0	2	•
		7	-1	1	2	•
X1 *		8	0	-1	2	•
X2 *		9	0	0	3	•
X3 *		10	1	-1	3	•
Y *		11	-1	-1	3	•
		12	0	1	3	•

デフォルトの「実験の順序」は「ブロック内でランダム化」だったので、ブロック因子(X3)によって並べ替えられています。

13. 計画のデータテーブルにおけるテーブルパネルで、「モデル」スクリプトの横にある緑の三角ボタンをクリックします。

図 5.37 「モデルのあてはめ」 ウィンドウ

次の点に注意してください。

- ブロック因子（**X3**）は主効果としてモデルに含まれています。
- **X3**に関する交互作用はモデルに含まれていません。
- その他の5つの効果は、**X1** と **X2** の2次式である応答曲面モデルを構成しています。

D- 最適計画と I- 最適計画の比較

「カスタム計画」および「計画の比較」プラットフォームを使い、2因子の応答曲面計画を題材にして、I-最適とD-最適の違いについて検討します。

I- 最適計画

1. [実験計画 (DOE)] > [カスタム計画] を選択します。
2. 「N個の因子を追加」の右側のボックスに「2」と入力します。
3. [因子の追加] > [連続変数] を選択します。
4. [続行] をクリックします。

5. [RSM] をクリックします。

X1 と **X2** の2次までの項がモデルに追加されます。[RSM] ボタンをクリックしたので、推奨される最適化法がD-最適化基準からI-最適化基準に変わります。これは、後で「計画の診断統計量」セクションで確認できます。

メモ: 次の2つの手順にて乱数シード値を設定すると、以下の数値例と同じ結果が得られます。同じ結果でなくとも良い場合は、これらの手順は不要です。

6. (オプション)「カスタム計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[乱数シード値の設定] を選択します。次に、「123」と入力して [OK] をクリックします。
7. (オプション)「カスタム計画」の赤い三角ボタンのメニューから [開始点の数] を選択し、「5」と入力して [OK] をクリックします。
8. [計画の作成] をクリックします。

図5.38 I-最適計画

計画		
実験	X1	X2
1	0	0
2	-1	1
3	0	0
4	-1	0
5	0	0
6	0	0
7	0	1
8	0	-1
9	-1	-1
10	1	1
11	1	-1
12	1	0

このI-最適計画では、実験1, 3, 5, 6が中心点です ($X1 = 0$ かつ $X2 = 0$)。I-最適計画は、D-最適計画よりも、より多くの点を計画領域の中心に配置する(その結果、端の方の点は少なくなる)傾向にあります。

9. [テーブルの作成] をクリックし、「IOptDesign」として保存します。

このデータテーブルには、I-最適計画が含まれます。テーブルを開いたままにしておいてください。次の節では、D-最適計画を生成し、比較します。

D-最適計画

I-最適計画とD-最適計画の「予測分散プロファイル」と「計画領域率プロット」を比較するため、次の手順に従ってください。

1. I-最適計画を含む「カスタム計画」ウィンドウで、[戻る] をクリックします。

メモ: 次の2つの手順に従って乱数シード値と開始点の数を設定すると、例と同じ結果が得られます。同じ結果でなくとも良い場合は、これらの手順は不要です。

2. (オプション)「カスタム計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[乱数シード値の設定]を選択します。次に、「123」と入力して [OK] をクリックします。
3. (オプション)「カスタム計画」の赤い三角ボタンのメニューから [開始点の数] を選択し、「5」と入力して [OK] をクリックします。
4. [カスタム計画] の赤い三角ボタンをクリックし、[最適化基準] > [D-最適計画の作成] を選択します。
5. [計画の作成] をクリックします。

図5.39 D-最適計画

計画		
実験	X1	X2
1	-1	0
2	-1	1
3	-1	-1
4	-1	1
5	1	-1
6	0	0
7	0	1
8	0	-1
9	-1	-1
10	1	1
11	1	-1
12	1	0

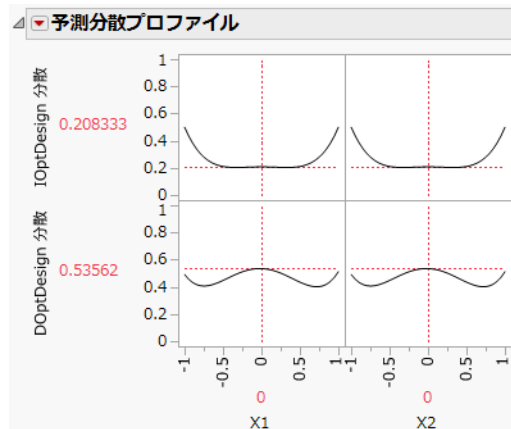
このD-最適計画では、実験6だけが中心点にあります。D-最適計画は、I-最適計画に比べ、多くの実験を計画領域の端の方に配置する傾向があります。I-最適計画には中心実験が4つあったことを思い出してください。

6. [テーブルの作成] をクリックし、「DOptDesign」として保存します。

計画の比較

1. 「IOptDesign」テーブルをクリックしてアクティブにします。
2. [実験計画(DOE)] > [計画の診断] > [計画の比較] を選択します。
3. 「IOptDesign」と比較するテーブルとして「DOptDesign」を選択し、[OK] をクリックします。
4. スクロールして予測分散プロファイルに移動します。

図5.40 予測分散プロファイルの比較

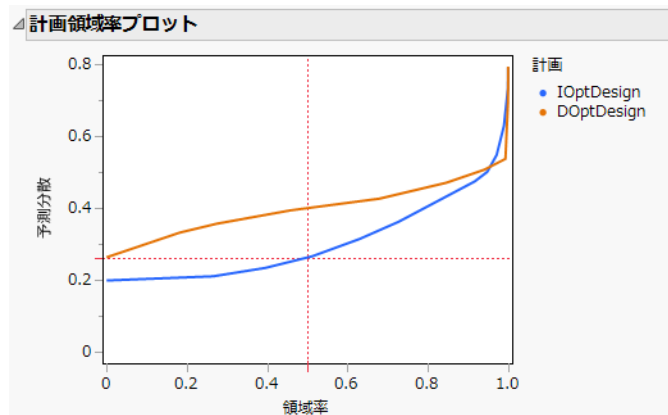


計画領域の中心における相対的な予測分散は、I-最適計画での0.208333に対し、D-最適計画では0.53562となっています。つまり、D-最適計画における予測値の相対的な標準誤差は0.732で、I-最適計画のものは0.456です。計画領域の中心において、他がすべて同じでも、D-最適計画に基づく予測応答の信頼区間は、I-最適計画に基づく信頼区間より約60%広くなります。

「計画」セクションを見ると、 $X1 = -1, 0, 1$ と $X2 = -1, 0, 1$ との組み合わせとして、全部で9つの計画点があります。D-最適化基準は、これらの9つの各計画点での相対的な予測分散を小さくしようとします。 $X1$ と $X2$ の縦線を-1と1まで動かし、計画領域の端での分散を調べてみましょう。計画領域の端での分散は、D-最適計画のほうが、I-最適計画よりも小さくなるのが普通です。

5. スクロールして計画領域率プロットに移動します。

図5.41 計画領域率プロット



各プロットの赤い十字は、計画領域の50%に対する最大予測分散を示しています。計画領域の50%において、I-最適計画の最大予測分散は約0.27、D-最適計画の最大予測分散は約0.4です。

I-最適計画の曲線は、計画領域の90%以上において、D-最適計画の曲線より下にあります。これは、I-最適計画が、すべての計画領域における予測分散を最小化しようとするためです。一方でD-最適計画は、モデル項を良く推定することに重点を置きます。

制約とカテゴリカルな因子を含む応答曲面計画

「カスタム計画」プラットフォームを使って、因子の制約がある3因子の計画を作成します。目標は、応答の最適化です。以下の3つの因子を計画に含めます。

- **時間**: 興味がある範囲は500～560秒です。
- **温度**: 興味がある範囲は350～750度（ケルビン）です。
- **触媒**: A, B, Cの3種類の触媒を試験する必要があります。

「触媒」の2水準について、次の制約を含める必要があります。

- 触媒がBのときは、温度は400度を超えるものとする。
- 触媒がCのときは、温度は650度未満であるものとする。

応答と因子の定義

1. 「実験計画(DOE)」>「カスタム計画」を選択します。
2. 「応答」セクションで「Y」をダブルクリックし、「収率」に変更します。
目標は「収率」を最大化することなので、「目標」の設定は「最大化」のままにします。
3. 「因子」セクションで、「N個の因子を追加」の横のボックスに「2」と入力します。
4. 「因子の追加」>「連続変数」を選択します。
5. 「因子の追加」>「カテゴリカル」>「3水準」を選択します。
6. 因子の名前を、「時間」・「温度」・「触媒」に変更します。
7. 「時間」の「値」を「500」と「560」に変更します。
8. 「温度」の「値」を「350」と「750」に変更します。
9. 「触媒」の「値」を「A」・「B」・「C」に変更します。

図5.42 因子設定

因子

因子の追加

削除

N個の因子を追加

1

名前	役割	変更	値	単位
▲時間	連続変数	容易	500	560
▲温度	連続変数	容易	350	750
▼触媒	カテゴリカル	容易	A	B C

10. 「続行」をクリックします。

制約の定義

1. 「因子の制約を定義」セクションで、[フィルタで許可しない組み合わせを指定] を選択します。
2. 「フィルタ因子の追加」のリストから、「温度」と「触媒」を選択します。
3. [+] ボタンをクリックします。
4. 「温度」のスライダーの下に表示されている「750」をクリックし、「400」に変更します。Enter キーを押します（または、どこか別の場所をクリックします）。
これにより、「温度」が400度以下の値になるような因子の設定は許可されなくなります。
5. 「触媒」の下「B」のブロックをクリックします。
「温度」の制約と合わせて、「触媒」がBで「温度」が400度以下になるような因子の設定が許可されなくなります。
6. [OR] をクリックします。
2つ目の制約を定義できます。
7. 「フィルタ因子の追加」のリストから、「温度」と「触媒」を選択します。（直前の選択が維持されている場合もあります。）
8. [+] ボタンをクリックします。
9. 「OR」の下に表示されているパネルで、「温度」の下に表示されている「350」をクリックし、「650」に変更します。Enter キーを押します（または、どこか別の場所をクリックします）。
これにより、「温度」が650度以上の値になるような因子の設定は許可されなくなります。
10. 「触媒」の下「C」のブロックをクリックします。
「温度」の制約と合わせて、「触媒」がCで「温度」が650度以上になるような因子の設定が許可されなくなります。

図 5.43 制約の定義

▲ 因子の制約を定義

☐ しない
☐ 線形制約を指定
☒ フィルタで許可しない組み合わせを指定
☐ スクリプトで許可しない組み合わせを指定

許可しない組み合わせ

クリア

選択をリセット

温度

350 400

触媒 (3)

A B C

OR

温度

650 750

触媒 (3)

A B C

AND OR

メモ: 「触媒」の後に表示される「(3)」は、触媒の水準数を表しています。

応答曲面の項の追加と計画の作成

1. 「モデル」セクションで [RSM] を選択します。

JMP の警告画面が開き、連続尺度の因子から構成される 2 次項のみをモデルに追加するというメッセージが表示されます。

2. [OK] をクリックして、警告を閉じます。

JMP は、適切な応答曲面の項だけをモデルに追加します。

メモ: 乱数シード値 (手順 3) と開始点の数 (手順 4) を設定すると、以下の数値例と同じ結果が得られます。同じ結果でなくても良い場合は、これらの手順は不要です。

3. (オプション) 「カスタム計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[乱数シード値の設定] を選択します。次に、「654321」と入力して [OK] をクリックします。
4. (オプション) 「カスタム計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[開始点の数] を選択して「1000」に設定します。[OK] をクリックします。
5. [計画の作成] をクリックします。

図 5.44 制約を満たす計画

計画			
実験	時間	温度	触媒
1	500	750	B
2	500	410	B
3	560	750	A
4	521	750	A
5	542	350	A
6	500	648.7299	C
7	500	350	A
8	533	630	C
9	506	350	C
10	560	530	A
11	560	410	B
12	530	570	B
13	530	550	A
14	530	570	B
15	557	645.1294	C
16	500	570	A
17	560	750	B
18	560	350	C

「モデル」セクションでRSM（応答曲面の項）を追加したので、これはI-最適計画となります。この計画は、以下の制約を満たします。

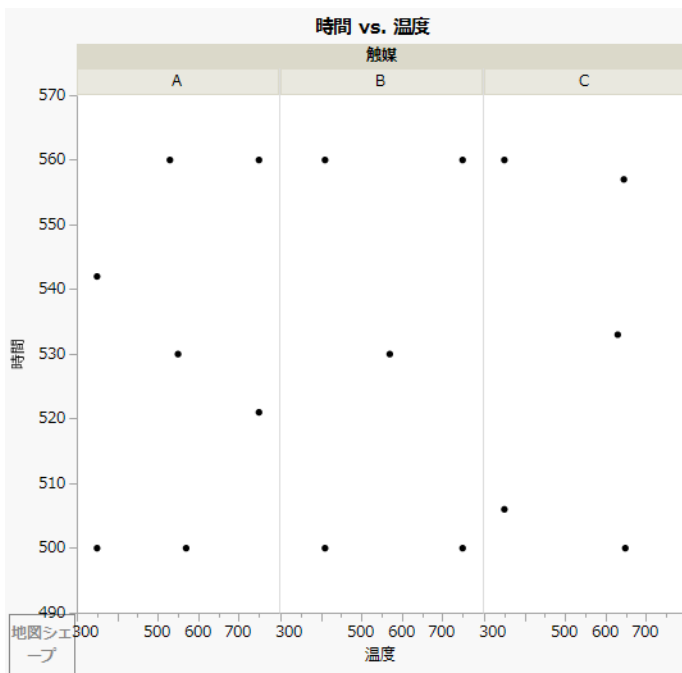
- － 触媒がBのときは、温度は400度を超えるものとする。
- － 触媒がCのときは、温度は650度未満であるものとする。

計画の表示

はじめに、この計画の範囲として、「時間」は500～560秒の間、「温度」は350～750度の間と設定しました。このような制約をもつ計画の計画点をグラフで確認してみましょう。

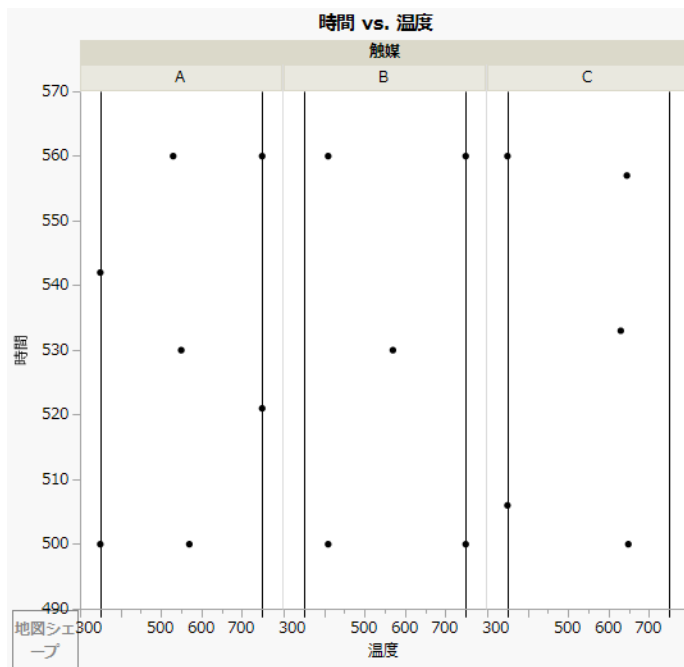
1. [テーブルの作成] をクリックします。
2. [グラフ] > [グラフビルダー] を選択します。
3. 「時間」と「温度」を選択し、グラフの中央にドラッグします。
4. 平滑線のアイコンの選択を解除します。このアイコンは、グラフの上に並んでいるアイコンのうち左から2番目にあります。
5. 「触媒」を選択し、グラフ上側の「グループX」ゾーンにドラッグします。

図 5.45 3水準の触媒の計画点



6. 「温度」の軸をダブルクリックします。
7. 「参照線」枠内で2つの参照線を追加します。
 - 「値」に「350」と入力します。
 - 「追加」をクリックします。
 - 「値」に「750」と入力します。
 - 「追加」をクリックします。
8. 「OK」をクリックします。

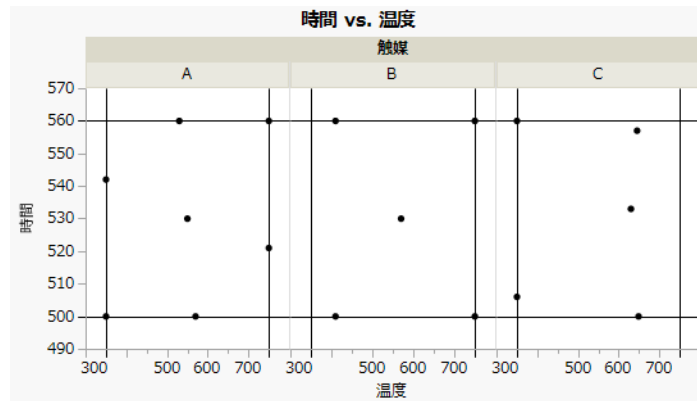
図5.46 3水準の触媒の温度の範囲



9. 「時間」の軸をダブルクリックします。
10. 「参照線」枠内で2つの参照線を追加します。
 - 「値」に「500」と入力します。
 - [追加] をクリックします。
 - 「値」に「560」と入力します。
 - [追加] をクリックします。
11. [OK] をクリックします。
12. [終了] をクリックします。

メモ: 図5.47のプロットは、縦方向のサイズを変更したものです。

図 5.47 3水準の触媒の計画の範囲



触媒 A においては、6つの点が、計画の範囲の境界線上に位置しています。触媒 B においては、設定した制約によって、すべての点の温度が400度以上になっています。触媒 C においては、設定した制約によって、すべての点の温度が650度以下になっています。

配合実験計画の例

「カスタム計画」プラットフォームも、「配合計画」プラットフォームも、すべての因子が配合成分である計画を作成できます。しかし、場合によっては、配合因子ではない工程変数（**工程因子**）も含めたいこともあるでしょう。「カスタム計画」プラットフォームは、配合因子のみの計画のほかに、そのような工程因子と配合因子の両方を含む計画も作成できます。また、「カスタム計画」プラットフォームでは、配合成分の和を任意の正の値に設定できます。配合の詳細については、「[因子の種類](#)」を参照してください。

以下は、「カスタム計画」プラットフォームを使って配合実験計画を作成する例です。

- 「[非配合因子を含む配合計画](#)」
- 「[配合物の配合計画](#)」

非配合因子を含む配合計画

「カスタム計画」プラットフォームを使って、配合因子と工程因子の両方を含む実験計画を作成します。この計画は、カテゴリカル因子の水準についてバランス（釣合い）の取れた18回の実験を実施し、2次式の応答曲面モデルをあてはめます。

この計画には、応答が1つ、配合因子が3つ、配合因子ではない因子が1つあります。

- 応答は「**減衰率**」です。これは、実験で作られたアクリロニトリル粉末に対して、特定の波長をもつ電磁波の減衰率を測定したものです。

- 3つの配合成分は次のとおりです。
 - 「硫酸銅(CuSO4)」。範囲は0.2～0.8
 - 「チオ硫酸ナトリウム(Na2S2O3)」。範囲は0.2～0.8
 - 「グリオキサル」。範囲は0～0.6
- その他に関係している因子は「波長」。これは、測定に用いる電磁波の波長を表す環境因子で、水準は「L1」・「L2」・「L3」。

「波長」は連続変数ですが、ここで関心があるのは、3つの特定の波長だけです。したがって、「波長」を3水準のカテゴリカル因子として扱います。

この例は、2つの節に分かれています。

- 「計画の作成」
- 「計画の評価」

計画の作成

- 「実験計画(DOE)」>「カスタム計画」を選択します。
- 「応答名」の欄の「Y」をダブルクリックし、「減衰率」とタイプします。
- 「目標」の欄の「最大化」をダブルクリックし、「なし」に変更します。

目標を「なし」に設定するのは、同論文において減衰率の目標について特に言及されていないからです。

[ヘルプ]>[サンプルデータフォルダ]を選択し、「Design Experiment」フォルダにある「Donev Mixture Factors.jsp」を開きます。
- 「カスタム計画」の赤い三角ボタンをクリックし、「因子のロード」を選択します。

3つの配合成分とカテゴリカルな環境因子がロードされます。3つの配合因子に対する上下限もロードされます。

図5.48 応答と因子

▲ 応答

応答の追加 ▼ 削除 応答数...

応答名	目標	下側限界	上側限界	重要度	検出下限	検出上限
減衰率	なし	非該当	非該当	非該当	非該当	非該当

▲ 因子

因子の追加 ▼ 削除 N個の因子を追加 1

名前	役割	変更	値	単位
▲ 硫酸銅(CuSO4)	配合	容易	0.2	0.8
▲ チオ硫酸ナトリウム(Na2S2O3)	配合	容易	0.2	0.8
▲ グリオキサル	配合	容易	0	0.6
▼ 波長	カテゴリカル	容易	L1 L2 L3	

5. 「モデル」セクションで[交互作用] > [2次]を選択します。

非配合因子の主効果のうち、すべての配合因子と交互作用があるものは削除されるという警告が表示されます。つまり、「波長」の主効果は削除されますが、配合因子と「波長」の2次交互作用はすべて追加されます。

6. [OK] をクリックして、メッセージを閉じます。

ここで指定された「モデル」セクションのモデルは、波長の効果も加味した配合成分の応答曲面モデルになっています。Scheffé (1958) を参照してください。

図5.49 「モデル」と「計画の生成」

モデル

主効果
交互作用
交差
べき乗
Scheffeの3次多項式
項目の削除

名前	推定
硫酸銅(CuSO4)	必須
チオ硫酸ナトリウム(Na2S2O3)	必須
グリオキサル	必須
硫酸銅(CuSO4)*チオ硫酸ナトリウム(Na2S2O3)	必須
硫酸銅(CuSO4)*グリオキサル	必須
硫酸銅(CuSO4)*波長	必須
チオ硫酸ナトリウム(Na2S2O3)*グリオキサル	必須
チオ硫酸ナトリウム(Na2S2O3)*波長	必須
グリオキサル*波長	必須

交絡項

計画の生成

☐ ブロックごとに実験を実施: ブロックサイズ

2

中心点の数:

0

反復する行数:

0

実験の回数:

☐ 最小値

12

☒ デフォルト値

18

☐ ユーザ定義

18

計画の作成

7. 「実験の回数」の[デフォルト値]を「18」のままにします。

18回にすると、「波長」因子の各水準に関して6回ずつ実験が割り振られます。

メモ: 乱数シード値(手順8)と開始点の数(手順9)を設定すると、以下の数値例と同じ結果が得られます。同じ結果でなくても良い場合は、これらの手順は不要です。

8. (オプション)「カスタム計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[乱数シード値の設定]を選択します。次に、「12345」と入力して[OK]をクリックします。
9. (オプション)「カスタム計画」の赤い三角ボタンのメニューから[開始点の数]を選択し、「5」と入力して[OK]をクリックします。
10. [計画の作成]をクリックします。

図5.50 実験回数 18 の計画

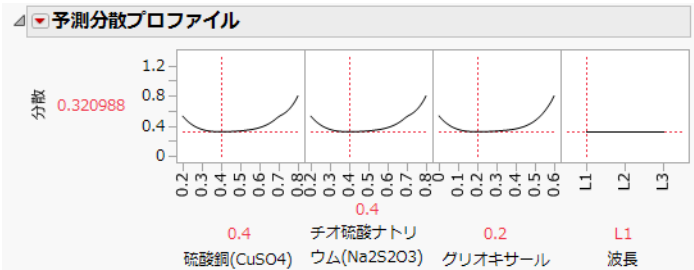
計画				
実験	硫酸銅(CuSO4)	チオ硫酸ナトリウム(Na2S2O3)	グリオキサル	波長
1	0.8	0.2	0	L2
2	0.5	0.2	0.3	L1
3	0.8	0.2	0	L3
4	0.2	0.8	0	L3
5	0.2	0.8	0	L1
6	0.2	0.2	0.6	L1
7	0.2	0.2	0.6	L3
8	0.2	0.5	0.3	L1
9	0.2	0.2	0.6	L2
10	0.5	0.2	0.3	L2
11	0.5	0.5	0	L3
12	0.8	0.2	0	L1
13	0.2	0.8	0	L2
14	0.5	0.2	0.3	L3
15	0.2	0.5	0.3	L2
16	0.5	0.5	0	L1
17	0.2	0.5	0.3	L3
18	0.5	0.5	0	L2

「波長」の各水準に対し、実験が6回ずつあることを確認してください。

計画の評価

- 1. 「計画の評価」 > 「予測分散プロファイル」セクションを開きます。

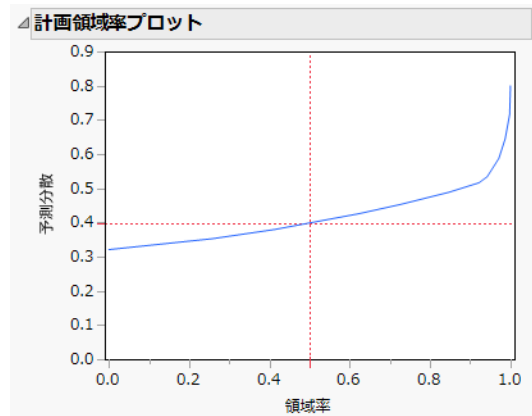
図5.51 実験数を 18 とした計画の予測分散プロット



「波長」の縦線を動かして、配合因子の予測分散プロファイルが「波長」の水準によって変化しないことを確認してください。次に、いずれかの配合因子の縦線を動かしてみましょう。配合成分の合計が1になるように、他の2つの配合因子の縦線の位置が変化します。配合因子の中央の設定の近くで、相対的な予測分散が最も小さくなっています。

- 2. 「予測分散プロファイル」の赤い三角ボタンをクリックし、[予測分散の最大化]を選択します。
計画領域全体における予測分散の最大値は、誤差分散の0.8倍であることに注目してください。
- 3. 「計画領域率プロット」セクションを開きます。

図 5.52 実験数を 18 とした計画の計画領域率プロット



計画領域全体において、相対的な予測分散は0.8以下、最小値は0.32です。図 5.51 に示すように、配合因子の中央の設定近くにおいて、この最小値になっています。

4. 「計画の診断統計量」セクションを開きます。

図 5.53 実験数を 18 とした計画の「計画の診断統計量」セクション

計画の診断統計量	
D-最適計画	
D効率	3.627407
G効率	83.33333
A効率	0.328715
平均予測分散	0.412864
計画作成時間(秒)	0.083333

この計画は、D- 効率は非常に低い（3.6%）ものの、D-最適化基準を基準に最適化されています。配合計画は、配合の制約のせいで直交からはほど遠く、一般に D- 効率が低くなります。予測値の平均（相対）分散は 0.412864 です。この値は、図 5.52 の「計画領域率プロット」の結果からも大まかに類推できます。

配合物の配合計画

「カスタム計画」プラットフォームを使って配合物の配合計画を作成します。

ケーキに使う材料について調べてみましょう。ケーキに使う粉類は、小麦粉・砂糖・ココアです。また、液体は、牛乳・溶かしバター・卵です。液体と粉類は、最初は別々に混ぜ合わせ、後で一緒にするため、2つの配合物と考えることができます。表 5.1 に、実験に用いる因子と、それらの因子の範囲を示します。

表5.1 粉類と液体の材料と実験の範囲

配合	材料	下限と上限
粉類	ココア	0.1 - 0.2
	砂糖	0 - 0.15
	小麦粉	0.2 - 0.3
液体	バター	0.1 - 0.2
	牛乳	0.25 - 0.35
	卵	0.05 - 0.20

粉類（ココア・砂糖・小麦粉の混合物）が全体の45%、液体（バター・牛乳・卵の混合物）が55%を占めることがわかっています。

メモ: 粉類および液体の制約があるため、配合モデルに6つの因子すべてを含めると、モデルに特異性が生じます。

この実験の目的は、「味」の評価を最大にすることです。「味」は、10を最もおいしいとして、1～10の10段階で評価されます。

主効果モデルをあてはめるために、実験回数10回の計画を作成します。粉類全体と液体全体の割合が固定されているので、特異性を回避するために、「モデル」セクションで5つの因子のみを含めます。どの因子を含めるかは自由です。

この例は、2つの節に分かれています。

- 「計画の作成」
- 「実験結果の分析」

計画の作成

1. 「実験計画(DOE)」 > 「カスタム計画」を選択します。
2. 「応答名」の欄の「Y」をダブルクリックして、「味」と入力します。
「目標」はデフォルト値の「最大化」となっています。ここでは、「味」の評価を最大化したいので、このままにします。
3. 「下側限界」の欄をクリックして「0」とタイプします。
最も望ましくない評価は0です。
4. 「上側限界」の欄をクリックして「10」と入力します。
最も望ましい評価は10です。

5. 「重要度」の欄は空白にしておきます。
 応答が1つだけなので、デフォルトで、その応答に重要度1が割り当てられます。
6. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Cake Factors.jmp」を開きます。
7. 「カスタム計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[因子のロード] を選択します。

図5.54 設定後の「応答」および「因子」

▲ 応答

応答の追加 ▼ 削除 応答数...

応答名	目標	下側限界	上側限界	重要度	検出下限
味	最大化	0	10	.	.

▲ 因子

因子の追加 ▼ 削除 N個の因子を追加 1

名前	役割	変更	値	単位
▲ ココア	配合	容易	0.1	0.2
▲ 砂糖	配合	容易	0	0.15
▲ 小麦粉	配合	容易	0.2	0.3
▲ バター	配合	容易	0.1	0.2
▲ 牛乳	配合	容易	0.25	0.35

因子がすべて配合因子であることに注目してください。実験の設定範囲を定義する値は、因子によって異なります。

8. 「因子の制約を定義」セクションで、[線形制約を指定] を選択します。
9. 「線形制約」パネルで、[追加] を2回クリックします。
10. 図5.55 のとおりに制約を入力します。

図5.55 因子の制約を定義

▲ 因子の制約を定義

☐ しない
☒ 線形制約を指定
☐ フィルタで許可しない組み合わせを指定
☐ スクリプトで許可しない組み合わせを指定

線形制約

追加

1	ココア +	1	砂糖 +	1	小麦粉 +	0	バター +	0	牛乳 +	0	卵	≤	0.45
-1	ココア +	-1	砂糖 +	-1	小麦粉 +	0	バター +	0	牛乳 +	0	卵	≤	-0.45

最後の制約を削除

制約をチェック

ここで、2つ目の制約は、「ココア」、「砂糖」、「小麦粉」の因子の合計が0.45以上であると指定しているのと同義です。このように2つの制約を指定すると、「ココア」、「砂糖」、「小麦粉」の因子が全体のちょうど45%を構成し、液体の因子が残りの55%を構成するようになります。

11. 「モデル」セクションで、「卵」を選択し、[項目の削除] をクリックします。

先ほど指定した等号制約があるため、6つの効果を含むモデルの計画行列は特異になってしまいます。

12. [ユーザ定義] の横のボックスに「10」と入力します。

今回の実験では、10個のケーキを焼きます。

メモ: 乱数シード値(手順13)と開始点の数(手順14)を設定すると、以下の数値例と同じ実験設定が得られます。同じ結果でなくても良い場合は、これらの手順は不要です。

13. (オプション)「カスタム計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[乱数シード値の設定] を選択します。次に、「12345」と入力して [OK] をクリックします。

14. (オプション)「カスタム計画」の赤い三角ボタンのメニューから [開始点の数] を選択し、「40」と入力して [OK] をクリックします。

15. [計画の作成] をクリックします。

因子に対するいくつかの制約は等号制約と等価で、モデル効果を慎重に選ばなければ、計画が特異になる可能性があるという警告が表示されます。粉類全体の割合は意図的に45%に制約しているなので、今回はこの警告を気にしなくて構いません。

16. [OK] をクリックして、警告を閉じます。

17. [テーブルの作成] をクリックします。

図5.56 配合物の配合計画

	ココア	砂糖	小麦粉	バター	牛乳	卵	味
1	0.1	0.15	0.2	0.2	0.3	0.05	•
2	0.1	0.15	0.2	0.1	0.35	0.1	•
3	0.1	0.15	0.2	0.1	0.25	0.2	•
4	0.1	0.05	0.3	0.2	0.25	0.1	•
5	0.15	0	0.3	0.1	0.35	0.1	•
6	0.1	0.05	0.3	0.15	0.35	0.05	•
7	0.2	0.05	0.2	0.1	0.25	0.2	•
8	0.2	0	0.25	0.2	0.25	0.1	•
9	0.1	0.05	0.3	0.1	0.25	0.2	•
10	0.2	0.05	0.2	0.15	0.35	0.05	•

粉類（「ココア」、「砂糖」、「小麦粉」）の割合を合計すると45%になり、液体（「バター」、「牛乳」、「卵」）の割合を合計すると55%になります。また、これらの割合は、「因子」セクションで指定された上側限界と下側限界の範囲内にあります。

実験結果の分析

「Cake Data.jmp」サンプルデータに、この実験の結果が含まれています。計画のデータテーブルには、「モデル」スクリプトが含まれています。このスクリプトを実行すると、「モデルのあてはめ」ウィンドウが開き、「実験計画(DOE)」の「モデル」セクションで指定した5つの主効果が表示されます。計画の「モデル」セクションには、「卵」の主効果が含まれていない点に注目してください。卵の水準は、他の5つの因子の設定と、粉類の制約に基づいて決まります。このスクリプトは、データテーブルの作成時に保存されたものです。

1. 「Design Experiment」フォルダにある「Cake Data.jmp」サンプルデータを開きます。
2. 計画のデータテーブルにおけるテーブルパネルで、「モデル」スクリプトの横にある緑の三角ボタンをクリックします。

「卵」の主効果は含まれていません。モデルの特異性を回避するため、「カスタム計画」ウィンドウの「モデル」セクションで「卵」は除外されています。5つの効果は、「応答曲面」と「配合」の効果として指定されています。

3. 「実行」をクリックします。

与えられた制約に対する実現可能な解がないため、プロファイルは表示されないという警告が表示されます。

4. 「OK」をクリックして、警告を閉じます。

「パラメータ推定値」レポートから、「砂糖」と「小麦粉」が0.05の水準において有意であることがわかります。

図5.57 「パラメータ推定値」レポート

パラメータ推定値				
項	推定値	標準誤差	t値	p値(Prob> t)
(ココア-0.1)/0.35	5.1056115	2.360215	2.16	0.0829
砂糖/0.35	16.873989	1.675197	10.07	0.0002*
(小麦粉-0.2)/0.35	15.750757	2.207353	7.14	0.0008*
(バター-0.1)/0.35	5.3740398	2.654689	2.02	0.0988
(牛乳-0.25)/0.35	1.5973046	2.435648	0.66	0.5409

共変量を含む実験

共変量とは、「実験において、制御することはできないが、測定できる因子」を指します。実験の対象である実験ユニットの測定値がある場合は、共変量を因子として計画に含めると便利です。

「カスタム計画」プラットフォームでは、共変量から幾つかの値を最適な方法で選択することもできます。共変量の値は、共変量の情報が入った既存のデータテーブルから選択されます。このとき、実験回数には、既存のデータテーブルにおける実験ユニット数より小さい数を指定してください。「カスタム計画」プラットフォームでは、変更が困難な共変量も指定できます。作成した計画の実験回数が、共変量のデータテーブルの行数より少ない場合は、計画のデータテーブルに「共変量 行番号」という列が作成されます。この列の値は、それぞれの実験が共変量のデータテーブルのどの行に対応するかを示します。

メモ: 共変量のデータテーブルでは、共変量が欠測値でない行の数が、「実験の回数」以上でなければなりません。

以下は、「カスタム計画」プラットフォームを使って共変量を持つ計画を作成する例です。

- 「共変量を固定した計画」
- 「変更が困難な共変量を持つ計画」
- 「時間に伴う線形傾向の影響を考慮した計画」

共変量を固定した計画

「カスタム計画」プラットフォームを使って、実験回数が12回、制御可能な因子が3つ、共変量が3つの計画を作成します。

計画の作成

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Thermoplastic.jmp」を開きます。
2. [実験計画(DOE)] > [カスタム計画] を選択します。
3. 「応答名」の欄の「Y」をダブルクリックして、「収縮」と入力します。
4. 「目標」の欄の「最大化」をクリックして、「最小化」に変更します。
5. [因子の追加] をクリックし、[共変量] を選択します。
6. リストから「比重」・「抗張力」・「供給業者」を選択し、[OK] をクリックします。
これらは、共変量であるため制御できません。
7. 「N個の因子を追加」の右側のボックスに「3」と入力します。
8. [因子の追加] > [連続変数] を選択します。
9. 連続変数の因子の名前を、それぞれ「温度」、「速度」、「時間」に変更します。
これらの因子は制御可能です。

図 5.58 応答と因子

▲ 応答

応答の追加 ▼

削除

応答数...

応答名	目標	下側限界	上側限界	重要度
収縮	最小化	.	.	.

▲ 因子

因子の追加 ▼

削除

N個の因子を追加

1

名前	役割	変更	値	単位
▲ 比重	共変量	容易	1.004	1.144
▲ 抗張力	共変量	容易	6.42	8.07
▼ 供給業者	共変量	容易	A B C	
▲ 温度	連続変数	容易	-1	1
▲ 速度	連続変数	容易	-1	1

10. [続行] をクリックします。

「実験の回数」には、共変量の値の行数が入力されています。共変量が測定済みであるバッチは25個あります。

11. 「実験の回数」の横に「12」と入力します。

メモ: 乱数シード値(手順12)と開始点の数(手順13)を設定すると、以下の数値例と同じ結果が得られます。同じ結果でなくても良い場合は、これらの手順は不要です。

12. (オプション)「カスタム計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[乱数シード値の設定]を選択します。次に、「84951」と入力して[OK]をクリックします。

13. (オプション)「カスタム計画」の赤い三角ボタンのメニューから[開始点の数]を選択し、「40」と入力して[OK]をクリックします。

14. [計画の作成] をクリックします。

図 5.59 実験数が12の最適計画

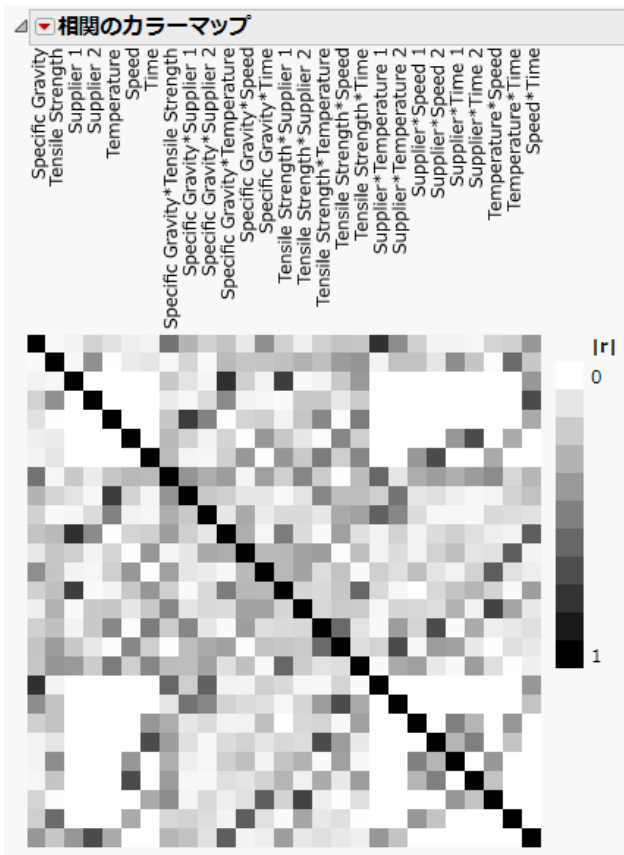
実験	比重	抗張力	供給業者	温度	速度	時間
1	1.113	6.89	C	1	-1	1
2	1.015	7.46	A	1	1	1
3	1.03	7.54	B	1	1	-1
4	1.094	6.48	A	-1	1	-1
5	1.144	6.82	B	-1	1	1
6	1.139	6.94	C	1	1	-1
7	1.004	7.12	C	-1	1	1
8	1.129	6.97	A	-1	-1	1
9	1.004	6.52	C	-1	-1	-1
10	1.107	8.07	B	-1	-1	-1
11	1.067	6.7	B	1	-1	1
12	1.047	6.42	A	1	-1	-1

作成された計画は、指定された共変量の値を使ったD-最適計画になっています。共変量と制御可能な3つの因子に関して最適な設定が選ばれています。

計画の評価

1. 「計画の評価」 > 「相関のカラーマップ」 セクションを開きます。

図5.60 相関のカラーマップ



主効果に相当する7つの項が、カラーマップの左上に表示されます。7つの項が直交に近いことに注目してください。相関の絶対値が最も大きいのは、「抗張力」と「供給業者2」の相関です。ただし、この相関の絶対値、約0.43は、与えられているデータの共変量の値から求めたものです。(図5.60は、JMPのデフォルトの色を使用しています。)

変更が困難な共変量を持つ計画

「カスタム計画」プラットフォームを使って4因子の計画を作成します。

- ソールの厚さ（「厚さ」）
- ゲルクッションの量（「ゲル」）
- アウトソールの材料（「アウトソール」）
- ミッドソールの材料（「ミッドソール」）

一般化できる結論を得るには、多数のランナーたちを対象にシューズのテストを実施する必要があります。実験の予算を考慮し、各ランナーに複数の実験の組み合わせをテストしてもらわなければなりません。

あなたの会社は、調査に協力してくれた100人のランナーのデータを集めました。測定した補助変数（共変量）は、1日の平均走行距離（「距離(マイル)」）、体重（「体重」）、足が地面に着く点（「着地点」）です。

計画を作成します。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Runners Covariates.jmp」を開きます。
2. [実験計画(DOE)] > [カスタム計画] を選択します。
3. 「応答名」の欄の「Y」をダブルクリックして、「ウェア」と入力します。
4. 「目標」の欄の[最大化]をクリックして、[最小化]に変更します。
5. [因子の追加] をクリックし、[共変量] を選択します。
6. リストから、「距離(マイル)」・「体重」・「着地点」を選択し、[OK] をクリックします。
ランナーに関するこれらの共変量は、変更が困難です。
7. 「距離(マイル)」・「体重」・「着地点」のいずれかの「変更」の欄をクリックし、[困難]に変更します。
3つの共変量すべてが[困難]に変わります。

残りの因子を手動で追加するには、手順8～手順16の手順に従います。または、保存されたデータテーブルから因子をロードする場合は、「カスタム計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[因子のロード] を選択します。そして、「Design Experiment」フォルダにある「Runners Factors.jmp」サンプルデータを開きます。[因子のロード] を選択する場合は、手順8～手順16の手順を省略してください。

8. 「N個の因子を追加」の右側のボックスに「2」と入力します。
9. [因子の追加] > [連続変数] を選択します。
10. 2つの因子の名前を「厚さ」と「ゲル」に変更します。
11. 「厚さ」の[値]を「5」と「20」に変更します。
12. 「ゲル」の[値]を「1」と「10」に変更します。
13. 「N個の因子を追加」の右側のボックスに「2」と入力します。
14. [因子の追加] > [カテゴリカル] > [3水準] を選択します。

15. 2つの因子の名前を「アウトソール」と「ミッドソール」に変更します。

因子の「値」はデフォルトのままにします。

図 5.61 応答と因子

▲ 応答

応答の追加 ▼ 削除 応答数...

応答名	目標	下側限界	上側限界	重要度	検出下限
ウェア	最小化	.	.	.	.

▲ 因子

因子の追加 ▼ 削除 N個の因子を追加 1

名前	役割	変更	値	単位
▲ 距離(マイル)	共変量	困難	6	14.8
▲ 体重	共変量	困難	138	152
▼ 着地点	共変量	困難	Forefoot Heel Midfoot	
▲ 厚さ	連続変数	容易	5	20
▲ ゲル	連続変数	容易	1	10
▼ アウトソール	カテゴリカル	容易	L1 L2 L3	
▼ ミッドソール	カテゴリカル	容易	L1 L2 L3	

16. [続行] をクリックします。

17. [交互作用] > [2次] を選択します。

指定したモデルは、実験の因子の交互作用による共変量も含め、2因子間交互作用をすべてあてはめます。

18. 「一次単位の数」(ランナーの人数)を「32」に設定します。

19. 「実験の回数」の欄で [ユーザ定義] の横に「64」とタイプします。

メモ: 乱数シード値 (手順20) と開始点の数 (手順21) を設定すると、以下の数値例と同じ結果が得られます。同じ結果でなくても良い場合は、これらの手順は不要です。

20. (オプション)「カスタム計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[乱数シード値の設定] を選択します。次に、「12345」と入力して [OK] をクリックします。

21. (オプション)「カスタム計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[開始点の数] を選択し、「1」と入力します。[OK] をクリックします。

22. [計画の作成] をクリックします。

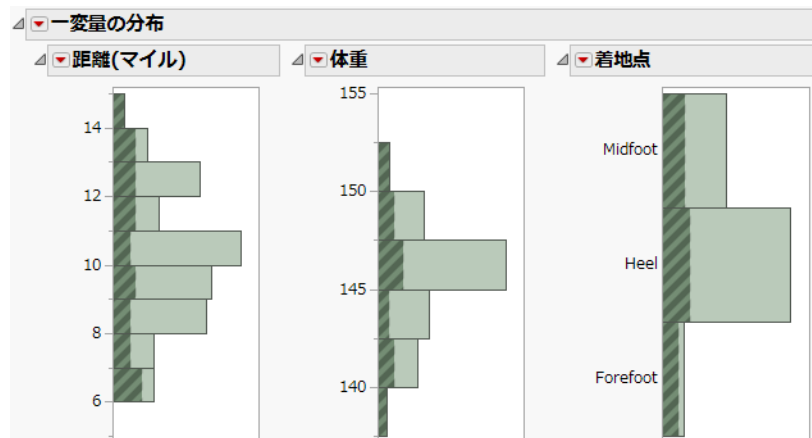
図 5.62 変更が困難な共変量の最初の 20 回の実験

計画									
実験	一次単位	距離(マイル)	体重	着地点	厚さ	ゲル	アウトソール	ミッドソール	
1	1	7.6	144	Midfoot	5	1	L1	L3	
2	1	7.6	144	Midfoot	20	10	L3	L2	
3	2	7.6	145	Midfoot	20	1	L3	L1	
4	2	7.6	145	Midfoot	5	10	L2	L2	
5	3	12.4	140	Midfoot	5	10	L1	L2	
6	3	12.4	140	Midfoot	20	1	L2	L3	
7	4	11.2	148	Heel	5	1	L3	L2	
8	4	11.2	148	Heel	20	1	L2	L3	
9	5	11.2	138	Heel	5	1	L3	L1	
10	5	11.2	138	Heel	20	10	L1	L1	
11	6	6	150	Heel	20	1	L1	L3	
12	6	6	150	Heel	5	10	L3	L1	
13	7	6.4	146	Heel	20	10	L3	L3	
14	7	6.4	146	Heel	5	10	L1	L2	
15	8	14	139	Midfoot	20	1	L3	L2	
16	8	14	139	Midfoot	5	1	L1	L1	
17	9	13.2	140	Midfoot	20	10	L1	L3	
18	9	13.2	140	Midfoot	5	10	L3	L3	
19	10	10.8	143	Forefoot	20	1	L2	L2	
20	10	10.8	143	Forefoot	5	10	L1	L3	

100 人のランナーから、共変量の値に基づいて 32 人が選ばれます。選択したランナーに対応する行が、「Runners Covariates.jmp」サンプルデータ内で選択されます。実験の因子「厚さ」・「ゲル」・「インソール」・「アウトソール」の設定は、「モデル」セクションで指定されたモデルに合わせて決定されます。

23. 「Runners Covariates.jmp」サンプルデータをアクティブにして、[分析] > [一変量の分布] を選択します。
24. 3 つの列すべてを選択し、[Y, 列] に指定します。
25. [ヒストグラムのみ] にチェックマークをつけます。
26. [OK] をクリックします。

図 5.63 ランナー 100 人のヒストグラムで、選択されたランナーのデータが強調表示されているところ



ヒストグラムは、共変量において実験がバランス（釣り合い）が取れるようにランナーが選択されていることを示しています。各共変量において、選択されたランナーの分布は、ランナー全体の分布に似ています。

時間に伴う線形傾向の影響を考慮した計画

「カスタム計画」プラットフォームを使って、線形傾向を考慮した、7因子の実験計画を作成します。一連の実験を行った場合、時間経過に伴った何らかの傾向が応答に表れることが多くあります。実験の順序を無作為に決めたなら、この傾向がパラメータ推定値にバイアス（偏り）を与えることはさほどありませんが、この傾向を無視してモデルを作成するとパラメータ推定値のばらつきは増加します。線形傾向を共変量としてモデルに含めることによって、パラメータ推定値のばらつきを減らすことができます。

- 1. [ファイル] > [新規作成] > [データテーブル] を選びます。
- 2. 「列1」を右クリックし、[列情報] を選択します。
- 3. 列名を「実験の順序」に変更します。
- 4. 「データの初期化」オプションから [シーケンスデータ] を選択します。
- 5. 「終了値」に「16」とタイプします。
- 6. [OK] をクリックします。

データテーブルに、1～16の連続した整数が入力されます。

- 7. [実験計画(DOE)] > [カスタム計画] を選択します。
- 8. [因子の追加] をクリックし、[共変量] を選択します。
- 9. [実験の順序] を選択し、[OK] をクリックします。
- 10. 「N個の因子を追加」の右側のボックスに「7」と入力します。
- 11. [因子の追加] > [連続変数] を選択します。

図5.64 応答と因子

▲ 応答

応答の追加 ▼

削除

応答数...

応答名	目標	下側限界	上側限界	重要度	検出下限	検出上限	単位
Y	最大化	.	.	.	.	.	

▲ 因子

因子の追加 ▼

削除

N個の因子を追加

1

名前	役割	変更	値	単位
▲ 実験の順序	共変量	容易	1	16
▲ X2	連続変数	容易	-1	1
▲ X3	連続変数	容易	-1	1
▲ X4	連続変数	容易	-1	1
▲ X5	連続変数	容易	-1	1
▲ X6	連続変数	容易	-1	1
▲ X7	連続変数	容易	-1	1
▲ X8	連続変数	容易	-1	1

- 12. [続行] をクリックします。

13. 「交絡項」セクションを開きます。
14. リスト内のすべての効果を選択し、[項目の削除] をクリックします。
これで、主効果以外の交互作用効果が相関のカラーマップから削除されます。

メモ: 乱数シード値(手順15)と開始点の数(手順16)を設定すると、以下の数値例と同じ結果が得られます。同じ結果でなくても良い場合は、これらの手順は不要です。

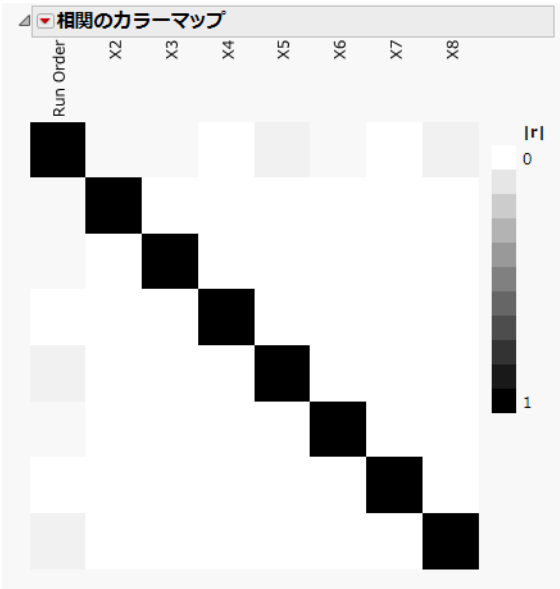
15. (オプション)「カスタム計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[乱数シード値の設定] を選択します。次に、「1234」と入力して[OK] をクリックします。
16. (オプション)「カスタム計画」の赤い三角ボタンのメニューから[開始点の数] を選択し、「100」と入力して[OK] をクリックします。
17. [計画の作成] をクリックします。

図5.65 計画の

計画									
実験	実験の順序	X2	X3	X4	X5	X6	X7	X8	
1	7	-1	-1	1	1	-1	1	1	
2	1	-1	1	-1	-1	1	1	-1	
3	4	1	1	1	-1	-1	-1	1	
4	12	1	1	-1	1	-1	1	-1	
5	15	-1	1	-1	-1	-1	-1	1	
6	8	1	-1	1	-1	1	1	1	
7	11	-1	1	1	-1	-1	1	-1	
8	3	1	-1	1	-1	-1	-1	-1	
9	5	-1	-1	-1	1	-1	1	1	
10	13	-1	-1	1	1	1	-1	-1	
11	16	1	1	1	1	1	1	1	
12	14	-1	-1	-1	-1	1	-1	1	
13	10	1	-1	-1	1	-1	-1	-1	
14	9	1	-1	-1	-1	1	1	-1	
15	2	1	1	-1	1	1	-1	1	
16	6	-1	1	1	1	1	-1	-1	

18. 「計画の評価」>「相関のカラーマップ」セクションを開きます。

図 5.66 実験の順序との相関の絶対値を示したカラーマップ



カラーマップから次のことがわかります。

- － 「X2」から「X8」までの7つの因子は互いに直交しています。
- － 線形の時間傾向を示す変数である「実験の順序」と、「X2」から「X8」までの因子との相関は、かなり低いです。

19. 「計画の評価」> 「推定効率」セクションを開きます。

図 5.67 推定効率

推定効率		
項	信頼区間幅の増加率	推定値の相対標準誤差
切片	0	0.25
実験の順序	0.65	0.412
X2	0.006	0.252
X3	4e-4	0.25
X4	0	0.25
X5	0.003	0.251
X6	4e-4	0.25
X7	4e-4	0.25
X8	0.003	0.251

「実験の順序」と「X2」から「X8」までの因子との相関の絶対値が低いため、理想的な直交計画と比較して、信頼区間の幅があまり増加しません。「X2」から「X8」までの信頼区間幅の増加率は、すべて約0.1%より小さくなっています。

この例では、「実験の順序」因子は、他の因子とほぼ直交しています。計画によっては、これらの因子間は直交しておらず、相関が高い場合もあるでしょう。そのような状況でも、実験の順序を因子としてモデルに加えれば、その因子の線形傾向の効果を確かめることができます。また、実験の順序をモデルに加えることにより、他の因子の推定精度が上がることも期待されます。

ランダム化に特殊な制約がある実験

「カスタム計画」プラットフォームでは、1段分割実験・2段分割実験・2方分割実験も、D-最適やI-最適に基づいて作成できます。作成方法の詳細については、Goos (2002) を参照してください。

以下は、「カスタム計画」プラットフォームを使って、特殊なランダム化を行う実験計画を作成する例です。

- 「分割実験」
- 「2方分割実験」

分割実験

「カスタム計画」プラットフォームを使って5因子の分割実験を作成します。分割実験は、もともと農業分野で考案されたものですが、今では製造やエンジニアリング分野でも広く普及しています。分割実験では、設定の変更が困難な因子の水準は、一次単位 (whole plot) ごとに無作為に割り付けます。各一次単位をさらに細かい二次単位 (subplot) に分割して、変更が容易な因子の水準をそれらの二次単位に対して無作為に割り付けます。

ここでは、Kowalski, Cornell, and Vining (2002) による例をもとに、自動車のシートカバー用ビニールの厚さに影響する5つの因子について調べます。実験で使用する応答と因子は、次のとおりです。

- 応答は、製造されるビニールの「厚さ」です。これを最大化するのが目的です。厚さの値の下側限界は10です。
- 一次単位の因子は、押出速度（「押出速度」）と乾燥温度（「温度」）です。これらは工程変数で、設定の変更が困難です。
- 二次単位の因子は3つの軟化剤の配合割合（「m1」・「m2」・「m3」）で、これらは合計すると1になります。これらの因子は配合成分です。

現在の予算では、一次単位に対しては、7通りの因子設定の実験を行えます。また、各一次単位について、二次単位に対する実験を4回実施できます。つまり、全体では、28回の実験を行うだけの予算があります。

計画の作成

1. 「実験計画(DOE)」 > 「カスタム計画」を選択します。
2. 「応答名」の下に「Y」をダブルクリックし、「厚さ」と入力します。
目標はデフォルトの「最大化」をそのまま使います。
3. 下側限界の値を「10」とします。

因子を手動で追加するには、**手順4**から**手順11**の手順に従います。または、保存されたデータテーブルから因子をロードする場合は、「カスタム計画」の赤い三角ボタンをクリックし、**[因子のロード]**を選択します。そして、「Design Experiment」フォルダの「**Vinyl Factors.jmp**」サンプルデータを開きます。**[因子のロード]**を選択する場合は、**手順4～手順11**の手順を省略してください。

4. 「**N個の因子を追加**」の右側のボックスに「2」と入力します。
5. **[因子の追加]** > **[連続変数]** を選択します。
6. それぞれに「**押出速度**」、「**温度**」という名前をつけます。
値は、デフォルトの「-1」と「1」をそのまま使用します。
7. **[容易]** をクリックし、「**押出速度**」と「**温度**」の「変更」を**[困難]**に変更します。
これで、「**押出速度**」と「**温度**」が一次単位に定義されます。
8. 「**N個の因子を追加**」の右側のボックスに「3」と入力します。
9. **[因子の追加]** > **[配合]** を選択します。
10. 配合因子にそれぞれ「**m1**」・「**m2**」・「**m3**」という名前をつけます。
値は、デフォルトの「0」と「1」をそのまま使用します。

図 5.68 応答と因子

▲ 応答

応答の追加 ▼ 削除 応答数...

応答名	目標	下側限界	上側限界	重要度	検出下限
厚さ	最大化	10	.	.	.

▲ 因子

因子の追加 ▼ 削除 N個の因子を追加 1

名前	役割	変更	値	単位
▲ 押出速度	連続変数	困難	-1	1
▲ 温度	連続変数	困難	-1	1
▲ m1	配合	容易	0	1
▲ m2	配合	容易	0	1
▲ m3	配合	容易	0	1

11. **[続行]** をクリックします。
12. **[交互作用]** > **[2次]** を選択します。
13. **[OK]** をクリックして、メッセージを閉じます。
「一次単位の数」のデフォルト値が3であることを確認してください。
14. 「**一次単位の数**」の横のボックスに「7」と入力します。
15. **[ユーザ定義]** の横のボックスに「28」と入力します。

メモ: 乱数シード値(手順16)と開始点の数(手順17)を設定すると、以下の数値例と同じ結果が得られます。同じ結果でなくても良い場合は、これらの手順は不要です。

16. (オプション)「カスタム計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[乱数シード値の設定]を選択します。次に、「12345」と入力して[OK]をクリックします。
17. (オプション)「カスタム計画」の赤い三角ボタンのメニューから[開始点の数]を選択し、「5」と入力して[OK]をクリックします。
18. [計画の作成]をクリックします。

図5.69 計画の

計画							
実験	一次単位	押出速度	温度	m1	m2	m3	
1	1	-1	-1	0	0	1	
2	1	-1	-1	0.6	0	0.4	
3	1	-1	-1	0	1	3.55e-15	
4	1	-1	-1	0.5	0.5	0	
5	2	-1	1	0.4	0	0.6	
6	2	-1	1	0	1	0	
7	2	-1	1	1	0	0	
8	2	-1	1	0	0.5	0.5	
9	3	1	1	0	1	0	
10	3	1	1	0	0	1	
11	3	1	1	0.5	0	0.5	
12	3	1	1	1	0	0	
13	4	-1	1	0	0	1	
14	4	-1	1	0.5	0.5	0	
15	4	-1	1	1	0	0	
16	4	-1	1	0	1	0	
17	5	1	-1	0	0	1	
18	5	1	-1	0	1	0	
19	5	1	-1	0.5	0	0.5	
20	5	1	-1	1	0	0	
21	6	-1	-1	0	0.5	0.5	
22	6	-1	-1	1	0	0	
23	6	-1	-1	0	0	1	
24	6	-1	-1	0	1	0	
25	7	1	1	0	0	1	
26	7	1	1	1	0	0	
27	7	1	1	0	0.560358	0.439642	
28	7	1	1	0.5	0.5	0	

一次単位の因子「押出速度」と「温度」は、因子「一次単位」の水準に合わせて7回リセットされます。「一次単位」の各水準に対して、配合成分の「m1」・「m2」・「m3」が無作為に割り当てられます。

結果の分析

「Vinyl Data.jmp」サンプルデータには、旧バージョンのJMPで作成した計画を使った実験の結果が含まれています。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Vinyl Data.jmp」を開きます。

このサンプルデータには、28回の実験と応答値が含まれています。「カスタム計画」プラットフォームを使って作成したテーブル内の計画の設定は、「Vinyl Data.jmp」とは異なる場合があります。

2. 「テーブル」パネルで、「モデル」スクリプトの横にある緑の三角ボタンをクリックします。

図5.70 「モデルのあてはめ」ウィンドウ



「モデルのあてはめ」ウィンドウで、次のことを確認してください。

- 因子「一次単位」には、変数効果（「& 変数効果」）の属性が指定されています。変数効果に指定することにより、「一次単位」の各水準がもつ効果は確率変数の実現値である」と仮定されます。つまり、「一次単位」は、誤差のように扱われます。
- 分析手法は [REML(推奨)] です。モデルに変数効果があるため、この手法が用いられます。REMLモデルの詳細については、『基本的な回帰モデル』を参照してください。

ヒント: JMP Pro では、「モデルのあてはめ」ウィンドウで、「手法」を [混合モデル] に変更できます。

3. [実行] をクリックします。

図5.71 分割実験の分析結果

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)	
m1	9.4464782	0.989604	7.99	9.55	<.0001*	
m2	5.378571	1.120267	10.35	4.80	0.0007*	
m3	5.5546291	1.030955	8.786	5.39	0.0005*	
押出速度*温度	-1.866921	0.740748	2.858	-2.52	0.0903	
押出速度*m1	-0.647611	0.958111	7.261	-0.68	0.5200	
押出速度*m2	0.2944425	0.997579	8.162	0.30	0.7752	
押出速度*m3	2.6611621	0.979087	7.733	2.72	0.0272*	
温度*m1	-1.8151	0.961061	7.328	-1.89	0.0990	
温度*m2	1.2044413	0.993319	8.065	1.21	0.2596	
温度*m3	-1.498647	0.97904	7.731	-1.53	0.1657	
m1*m2	-6.458845	5.83806	13.36	-1.11	0.2881	
m1*m3	8.5532871	5.607183	13.15	1.53	0.1508	
m2*m3	10.575333	5.226599	13.04	2.02	0.0640	

変量効果の予測						
REML法による分散成分推定値						
変量効果	分散比	分散成分	標準誤差	95%下側	95%上側	全体に対する百分率
一次単位	0.6350069	2.476748	2.9711536	-3.346606	8.3001021	38.838
残差		3.9003483	1.5898101	2.0073487	10.607283	61.162
合計		6.3770963	3.1515558	2.9308168	22.945461	100.000

-2対数尤度= 82.032495402
 注:「合計」は、分散成分のうち、正のものを足した和です。
 負の推定値も含めた合計= 6.3770963

「パラメータ推定値」レポートからは、3つの配合成分と「押出速度*m3」の交互作用が、0.05の有意水準において有意であることがわかります。

「REML法による分散成分推定値」レポートからは、「一次単位」に関連する分散成分が2.476748であることがわかります。これは、分散全体の38.838%です。つまり、一次単位の誤差項は、残差誤差（プロット内の誤差項）よりも小さいことを示しています。

2方分割実験

「カスタム計画」プラットフォームを使って、7因子の2方分割計画を作成します。2方分割法は、2つの層で構成されています。2方分割法は、工業分野において、ある工程から次の工程へと実験ユニットが引き渡される場合に広く使われています。2方分割法では、各層ごとに、処理を無作為に割り付けます。

2方分割法では、第1段階の工程の後、現在のバッチを新たなバッチに分け直します。そして、第2段階の処理を、その新しいバッチに無作為に適用します。つまり、2方分割法では、第2段階で、新しいバッチに対し、第1段階の工程とは独立して処理を割り付けます。なお、第2段階の後、実験ユニットにさらに追加の処理を割り付けることもできます。

2方分割法では、2段階法と異なり、第2段階の因子は第1段階の因子からの枝分かれにはなっていません。第1段階の後、バッチは改めて分割されて新しいバッチを形成します。そのため、第1段階と第2段階の因子は独立して割り付けられます。

2方分割法においては因子を変更する難しさはどちらの段階でも同程度かもしれませんが、因子を区別するために、JMPでは第1段階の因子を「非常に困難」、第2段階の因子を「困難」と呼んでいます。また、第2段階の後で実験ユニットに追加する因子を、(変更が)「容易」と呼んでいます。

2方分割実験のシナリオ

この例は、乾電池の開回路電圧（「OCV」）の改善のための実験に基づいています（Vivacqua and Bisgaard, 2004）。乾電池の放電を防ぐために、「OCV」を最小化する必要があります。

乾電池は次の2つの工程を経て製造されます。

- 第1段階: 2000個のバッチごとに処理される連続組み立て工程。
- 第2段階: 4000個の乾電池を処理できる室内での5日間の硫化工程。

ここでは、次の6つの2水準の因子について調査します。

- 組み立て工程に関連する4つの因子（「A1」・「A2」・「A3」・「A4」）。この第1段階の因子においては、16組の組み合わせを実験します。
- 硫化工程に関連する2つの因子（「C5」・「C6」）。硫化工程の実験期間は30日間であり、1回の硫化工程には5日間を要します。そのため、第2段階の因子においては、6組の組み合わせを実験できます。各6組内において、硫化に関する因子設定を反復します。

第1段階と第2段階の因子はどちらも変更が困難なので、2つの分割実験が必要と言えます。しかし、ここでは1つの分割実験で終わらせるために、まず、第1段階の実験における2000個のバッチを、500個ずつのサブバッチに分割します。そして、各サブバッチから無作為に8個の実験ユニットを選び、それら8個を同時に硫化室で処理します。

この実験では48個の実験ユニットを用います。また、第1段階の因子と、第2段階の因子の交互作用もモデルに含めます。

計画の作成

2方分割実験計画を作成するには：

1. [実験計画(DOE)] > [カスタム計画] を選択します。
2. 「応答名」の欄の「Y」をダブルクリックし、「OCV」と入力します。
3. 「目標」の欄の[最大化]をクリックして[最小化]を選択します。
4. 因子を手動で追加するには、手順5から手順10の手順に従います。または、保存されたテーブルから因子をロードする場合は、次の手順に従います。
 - a. 「カスタム計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[因子のロード]を選択します。
 - b. 「Design Experiment」フォルダの「Battery Factors.jmp」サンプルデータを開きます。
 - c. 手順11に進みます。
5. 「N個の因子を追加」の右側のボックスに「6」と入力します。
6. [因子の追加] > [連続変数] を選択します。
7. 因子の名前を「A1」・「A2」・「A3」・「A4」・「C1」・「C2」に変更します。
値は、デフォルトの「-1」と「1」をそのまま使用します。

8. 「A1」・「A2」・「A3」・「A4」の「変更」の欄の「容易」をクリックし、「非常に困難」に変更します。
- 第1段階と第2段階の因子を区別するために、第1段階の因子の「変更」を「非常に困難」とし、第2段階の因子の「変更」を「困難」とします。
9. 「C1」と「C2」の「変更」の欄の「容易」をクリックし、「困難」に変更します。

図5.72 応答と因子

応答

応答名	目標	下側限界	上側限界	重要度	検出下限
OCV	最小化	.	.	.	.

因子

名前	役割	変更	値	単位
A1	連続変数	非常に困難	-1	1
A2	連続変数	非常に困難	-1	1
A3	連続変数	非常に困難	-1	1
A4	連続変数	非常に困難	-1	1
C1	連続変数	困難	-1	1
C2	連続変数	困難	-1	1

10. **「続行」** をクリックします。
 11. 「モデル」セクションで、**「交互作用」** > **「2次」** を選択します。
 12. 「計画の生成」セクションで、**「変更が「困難」な因子を、「非常に困難」な因子と独立して設定」** オプションを選択します。
- [図5.73](#)を参照してください。このオプションにチェックを入れることで、2方分割実験計画が作成されます。このオプションを選択しなかった場合、2段階の枝分かれ構造になっている2段階分割計画が作成されます。
13. 「一次単位の数」の横のボックスに「16」と入力します。
- これが、第1段階の因子に対する実験回数となります。
14. 「二次単位の数」の横のボックスに「6」と入力します。
- これが、第2段階の因子に対する実験回数となります。
15. 「実験の回数」の「**ユーザ定義**」テキストボックスに「48」と入力します。
- これが、合計の実験ユニット数となります。

図5.73 計画の生成

計画の生成

☒ 変更が「困難」な因子を、「非常に困難」な因子と独立して設定

一次単位の数16

二次単位の数6

実験の回数:

☐ 最小値22

☐ デフォルト値30

☒ ユーザ定義48

計画の作成

メモ: 乱数シード値(手順16)と開始点の数(手順17)を設定すると、以下の数値例と同じ結果が得られます。同じ結果でなくても良い場合は、これらの手順は不要です。

16. (オプション)「カスタム計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[乱数シード値の設定]を選択します。次に、「12345」と入力して [OK] をクリックします。
17. (オプション)「カスタム計画」の赤い三角ボタンのメニューから [開始点の数] を選択し、「10」と入力して [OK] をクリックします。
18. [計画の作成] をクリックします。
19. [テーブルの作成] をクリックします。

図5.74 計画のデータテーブル (一部)

	一次単位	二次単位	A1	A2	A3	A4	C1	C2	OCV
1	1	1	-1	1	-1	-1	-1	1	•
2	1	2	-1	1	-1	-1	-1	-1	•
3	1	3	-1	1	-1	-1	1	-1	•
4	2	4	-1	-1	1	-1	-1	-1	•
5	2	5	-1	-1	1	-1	1	1	•
6	2	6	-1	-1	1	-1	-1	1	•
7	3	1	-1	1	1	1	-1	1	•
8	3	2	-1	1	1	1	-1	-1	•
9	3	3	-1	1	1	1	1	-1	•
10	4	4	-1	1	-1	1	-1	-1	•
11	4	5	-1	1	-1	1	1	1	•
12	4	6	-1	1	-1	1	-1	1	•
13	5	1	1	-1	1	-1	-1	1	•
14	5	2	1	-1	1	-1	-1	-1	•
15	5	3	1	-1	1	-1	1	-1	•
16	6	4	1	1	1	1	-1	-1	•

計画のデータテーブルには、「一次単位」の16個の水準が表示されます。「一次単位」の各水準において、組み立てに関する4つの因子の設定は一定です。「一次単位」の各水準から、電池500個ずつの3つのバッチ（「二次単位」）が無作為に選ばれ、硫化に関する因子の設定に割り当てられます。硫化に関する2条件（**C1** = -1、**C2** = -1 および **C1** = -1、**C2** = 1）は反復されます。これを確認するには、「**C1**」と「**C2**」を選択し、列見出しを右クリックして「並べ替え」>「昇順」を選択します。

結果の分析

「Battery Data.jmp」データテーブルに、先ほど作成したものと似た計画の実験計画が含まれています。

1. 「ヘルプ」>「サンプルデータフォルダ」を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Battery Data.jmp」を開きます。
2. 「テーブル」パネルで、「モデル」スクリプトの横にある緑の三角ボタンをクリックします。
「モデルのあてはめ」ウィンドウで、次のことを確認してください。
 - 因子「一次単位」には、変量効果（「&変量効果」）の属性が指定されています。変量効果に指定することにより、「一次単位」の各水準がもつ効果は確率変数の実現値である」と仮定されます。つまり、「一次単位」は、誤差のように扱われます。
 - 因子「二次単位」にも、変量効果（「&変量効果」）の属性が指定されています。
 - 分析手法は「REML(推奨)」です。モデルに変量効果があるため、この手法が用いられます。REMLモデルの詳細については、『基本的な回帰モデル』を参照してください。

ヒント: JMP Pro では、「モデルのあてはめ」ウィンドウで、「手法」を「混合モデル」に変更できます。

3. 「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。
4. 「実行」をクリックします。

図 5.75 完全モデルのレポート

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	38.183196	1.673404	2.075	22.82	0.0016*
A1	-4.657571	1.093074	2.916	-4.26	0.0251*
A2	0.147742	1.093074	2.916	0.14	0.9013
A3	0.9486795	1.093074	2.916	0.87	0.4510
A4	4.0716925	1.190175	3.214	3.42	0.0376*
C1	-1.827487	1.606207	0.868	-1.14	0.4804
C2	-15.73288	1.35446	0.719	-11.62	0.1065
A1*A2	0.1289012	1.080526	2.784	0.12	0.9131
A1*A3	-1.114015	1.080526	2.784	-1.03	0.3837
A1*A4	-1.92398	1.176342	3.04	-1.64	0.1993
A1*C1	-3.271232	0.480531	20.65	-6.81	<.0001*
A1*C2	3.737258	0.478635	20.09	7.81	<.0001*
A2*A3	0.3768179	1.080526	2.784	0.35	0.7520
A2*A4	1.4693535	1.176342	3.04	1.25	0.2992
A2*C1	1.9072313	0.480531	20.65	3.97	0.0007*
A2*C2	-0.161179	0.478635	20.09	-0.34	0.7398
A3*A4	0.0764369	1.176342	3.04	0.06	0.9522
A3*C1	0.1761619	0.480531	20.65	0.37	0.7176
A3*C2	-0.445242	0.478635	20.09	-0.93	0.3633
A4*C1	0.5306856	0.511896	20.84	1.04	0.3118
A4*C2	1.3506119	0.502894	20.12	2.69	0.0142*
C1*C2	-0.425326	1.606207	0.868	-0.26	0.8401

変量効果の予測						
REML法による分散成分推定値						
変量効果	分散比	分散成分	標準誤差	95%下側	95%上側	全体に対する百分率
一次単位	1.6095523	15.451509	15.876576	-15.66601	46.569027	45.968
二次単位	0.8919389	8.562507	16.314188	-23.41271	40.537728	25.473
残差		9.5998804	3.0299487	5.6239301	19.985723	28.559
合計		33.613897	16.824615	15.325965	123.59174	100.000
-2対数尤度= 227.810084						
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= 33.613897						

「パラメータ推定値」レポートから、4つの2因子間交互作用「A1*C1」・「A1*C2」・「A2*C1」・「A4*C2」と2つの主効果「A1」と「A4」が有意水準0.05において有意であることがわかります。

5. 「Battery Data.jmp」の「テーブル」パネルで、「縮小モデル 1」スクリプトの横にある緑の三角ボタンをクリックします。

「モデルのあてはめ」ウィンドウが開きます。ここでは、有意でない交互作用が削除されています。残った効果は、すべての主効果と、4つの2因子間交互作用「A1*C1」・「A1*C2」・「A2*C1」・「A4*C2」です。ここでは、有意でない交互作用は削除していますが、主効果はすべて含めています。

6. 「実行」をクリックします。

図5.76 事前に縮小されたモデルのレポート

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	38.249531	1.373127	7.723	27.86	<.0001*
A1	-4.723906	1.175023	8.5	-4.02	0.0034*
A2	0.0497917	1.165418	8.228	0.04	0.9669
A3	0.7560417	1.165418	8.228	0.65	0.5342
A4	4.2328205	1.207654	9.16	3.50	0.0065*
C1	-2.195626	0.866042	1.083	-2.54	0.2234
C2	-15.79922	0.840903	1.008	-18.79	0.0331*
A1*C1	-3.283225	0.452505	25.17	-7.26	<.0001*
A1*C2	3.8035937	0.4498	24.42	8.46	<.0001*
A2*C1	1.8797279	0.452505	25.17	4.15	0.0003*
A4*C2	1.3877006	0.482556	24.95	2.88	0.0081*

主効果 **C2** が有意水準5%で統計的に有意になっています (Prob>|t| = 0.0331)。

7. 「モデルのあてはめ」ウィンドウで「**A3**」を削除します。

主効果「**A3**」は、有意である2因子間交互作用には含まれておらず、また、その主効果も有意ではありません。

8. [実行] をクリックします。

図5.77 縮小モデルのレポート

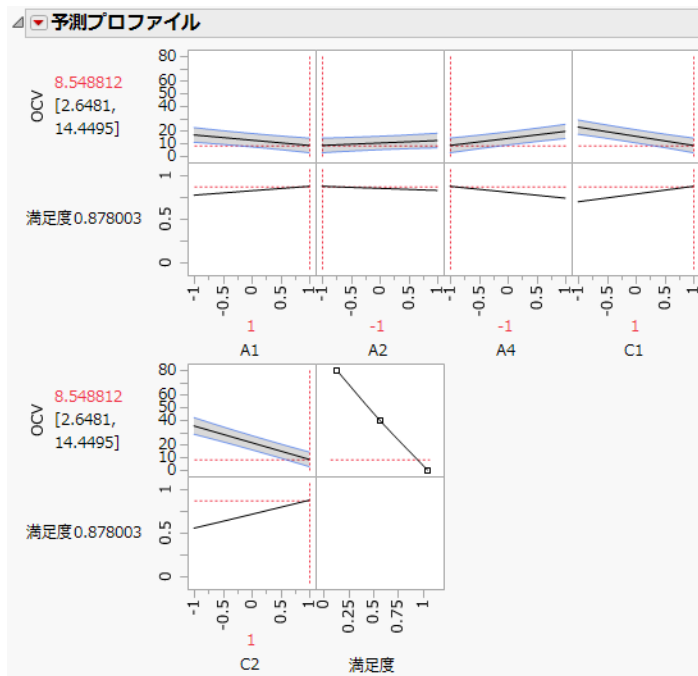
パラメータ推定値					
項	推定値	標準誤差	分母自由度	t値	p値(Prob> t)
切片	38.249531	1.362184	6.639	28.08	<.0001*
A1	-4.723906	1.137313	9.131	-4.15	0.0024*
A2	0.0497917	1.127389	8.818	0.04	0.9658
A4	4.2131272	1.173862	9.921	3.59	0.0050*
C1	-2.166553	0.899138	1.037	-2.41	0.2432
C2	-15.79922	0.874257	0.963	-18.07	0.0389*
A1*C1	-3.282201	0.452234	25.24	-7.26	<.0001*
A1*C2	3.8035938	0.449735	24.43	8.46	<.0001*
A2*C1	1.8843473	0.452234	25.24	4.17	0.0003*
A4*C2	1.3851686	0.4823	24.91	2.87	0.0082*

変量効果の予測						
REML法による分散成分推定値						
変量効果	分散比	分散成分	標準誤差	95%下側	95%上側	全体に対する百分率
一次単位	2.0231563	17.459497	9.7154555	-1.582446	36.50144	60.025
二次単位	0.3473621	2.9976761	5.8732929	-8.513766	14.509119	10.306
残差		8.6298312	2.4692519	5.2816799	16.588508	29.669
合計		29.087005	9.1941655	17.028461	60.633509	100.000
-2対数尤度 = 254.17861349						
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 = 29.087005						

「REML法による分散成分推定値」レポートから、「一次単位」に関連する分散成分は、「二次単位」の分散成分の5倍の大きさであることがわかります。これは、組み立て工程のばらつきが硫化工程のそれより大きいことを示します。また、「一次単位」のばらつきは、残差誤差のそれよりも大きくなっています。ばらつきを減らしたい場合は、まず組み立て工程（「一次単位」）に、そして乾電池ごとの違い（「残差」）に注意を払うべきです。

9. 「応答 OCV」の赤い三角ボタンをクリックし、[因子プロファイル] > [プロファイル] を選択します。
10. 「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5.78 OCVを最小化する設定の予測プロファイル



プロファイルには、重要と識別された5つの因子と「OCV」を最小化する設定が表示されます。

ロバストな工程と製品設計を実現するための実験

「カスタム計画」プラットフォームを使って、応答においてロバストな設定を見つけるための7水準の計画を作成します。工程や製品は、多くの場合、誤差因子に影響されます。「誤差因子」とは、実際に製品が使用される状況では、制御が難しい、あるいは制御にコストがかかる因子を指します。工程や製品を設計するときは、制御因子（制御可能な因子）の設定のなかで、誤差因子の影響をなるべく受けない設定を見つけることが大切です。これまで、誤差因子がある実験にはタグチ計画が使用されてきました。なお、タグチ計画などでも、実験においては、誤差因子を制御する必要があります。

タグチ計画に代えて使用できる計画には、組み合わせ配列や混合レゾリューション計画（Borror and Montgomery, 2000）が挙げられます。混合レゾリューション計画では、制御因子と誤差因子の両方を含む計画が作成できます。このような計画の目標は、制御因子におけるロバストな設定を見つけることです。その際、特定の効果が推定できることが重要です。具体的には、制御因子の主効果、誤差因子の主効果、制御因子と制御因子の交互作用、制御因子と誤差因子の交互作用、制御因子の2乗項が推定できるような計画を立てることが重要です。

「カスタム計画」を使って、ロバストな設定を見つけ出す計画を作成しましょう。

この例では、3つの誤差因子がある状況で、4つの制御因子の最適な設定を見つけます

1. [実験計画(DOE)] > [カスタム計画] を選択します。
2. 「因子」セクションで、「N個の因子を追加」の横のボックスに「4」と入力します。
3. [因子の追加] > [連続変数] を選択します。
4. 「因子」セクションで、「N個の因子を追加」の横のボックスに「3」と入力します。
5. [因子の追加] > [連続変数] を選択します。
6. 「X5」をダブルクリックし、「Z1」に変更して誤差因子に指定します。同様に、「X6」と「X7」を「Z2」、「Z3」に変更します。

図5.79 制御因子が4つ、誤差因子が3つある計画の「因子」

因子					
因子の追加 ▼	削除	N個の因子を追加		1	
名前	役割	変更	値		単位
▲ X1	連続変数	容易	-1	1	
▲ X2	連続変数	容易	-1	1	
▲ X3	連続変数	容易	-1	1	
▲ X4	連続変数	容易	-1	1	
▲ Z1	連続変数	容易	-1	1	

7. [続行] をクリックします。
- 次に、誤差因子の影響をなるべく受けない制御因子の最適な設定を見つけるためのモデルを指定します。
8. モデルには、デフォルトですべての主効果が含まれています。
 9. 2因子間交互作用項を追加するため、[交互作用] > [2次] をクリックします。
これで、制御因子と制御因子の交互作用、誤差因子と制御因子の交互作用、誤差因子と誤差因子の交互作用が追加されます。ただ、誤差因子と誤差因子の交互作用を推定する必要はありません。
 10. そこで、リストの一番下までスクロールし、「Z1*Z2」・「Z1*Z3」・「Z2*Z3」を強調表示し、[項目の削除] をクリックします。これで、誤差因子と誤差因子の交互作用が削除されます。
 11. 「因子」セクションで「X1」・「X2」・「X3」・「X4」を選択します。
 12. 「モデル」セクションで [べき乗] > [2次] をクリックし、制御変数の2乗項を追加します。

図5.80 誤差因子のある計画の「モデル」

モデル	
主効果	交互作用 ▼ RSM 交差 べき乗 ▼ 項目の削除
名前	推定
切片	必須
X1	必須
X2	必須
X3	必須
X4	必須
Z1	必須
Z2	必須
Z3	必須
X1*X2	必須
X1*X3	必須
X1*X4	必須
X1*Z1	必須
X1*Z2	必須
X1*Z3	必須
X2*X3	必須
X2*X4	必須
X2*Z1	必須
X2*Z2	必須
X2*Z3	必須
X3*X4	必須
X3*Z1	必須
X3*Z2	必須
X3*Z3	必須
X4*Z1	必須
X4*Z2	必須
X4*Z3	必須
X1*X1	必須
X2*X2	必須
X3*X3	必須
X4*X4	必須

13. 中心点を2つ追加するため、「中心点の数:」テキストボックスに「2」を入力します。

14. [計画の作成] をクリックします。

以上の指定によって、3つの誤差因子がある状況で制御因子の最適設定を探しだすための、実験回数36の計画が作成されます。実験した後の分析での目標は、どの効果が重要であるかを判断した後、制御因子の設定のなかで誤差因子の影響をなるべく受けけないものを見つけ出すことです。

第6章

拡張計画

既存の計画に実験を追加する

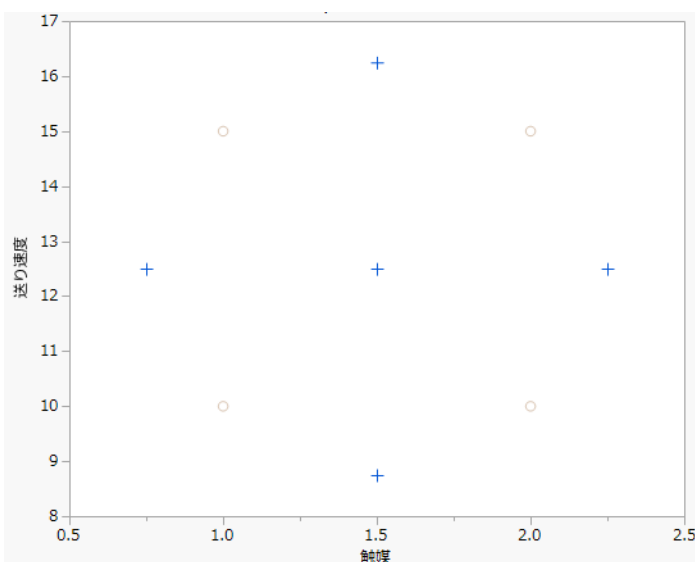
「拡張計画」プラットフォームを使うと、既存の実験計画に実験を追加することができます。1つの計画を実施した結果、あいまいな点が残った場合は、追加の実験を行うと問題が解決することがあります。このように、実験は逐次的なプロセスとなることが珍しくありません。

「拡張計画」プラットフォームは、既存の計画が含まれているデータテーブルに対して、計画全体が最適になるように実験を追加します。次のような方法で、実験を追加できます。

- 計画を特定の回数だけ反復する
- 複数の中心点を追加する
- 折り重ね計画（foldover design）を作成する
- 中心点とともに軸点（星型頂点）を追加し、スクリーニング計画を応答曲面計画に変換する
- 計画空間を充填するような点を追加する
- 特定のモデルにあてはめられるようにする

拡張計画の詳細については、Goos and Jones (2011) を参照してください。

図6.1 元の実験 (+) と拡張実験 (o)



目次

「拡張計画」プラットフォームの使用例	207
「拡張計画」プラットフォームの起動	213
「拡張計画」ウィンドウ	214
因子	214
因子の制約を定義	215
用意されている拡張の種類	218
「拡張計画」プラットフォームのオプション	219
実験を拡張するさまざまな例	222
計画の反復	223
中心点の追加	225
折り重ね計画の作成	225
軸点の追加	226
Space Filling による拡張	227
「拡張計画」プラットフォームの統計的詳細	229

「拡張計画」プラットフォームの使用例

計画に実験を追加するには、「拡張計画」プラットフォームを使用します。この例では、スクリーニング計画であいまいな結果が出た場合に、「拡張計画」プラットフォームを使って解決する方法を示します。ある化学技術者が化学工程の反応率に因子が及ぼす効果を調べようとしています。元の計画は、主効果だけを調べるのに適した8回の実験でした。この実験計画を拡張して、全部で16回の実験を行い、2因子間交互作用をすべて推定できるようにしてみましょう。

1. [ヘルプ]>[サンプルデータフォルダ]を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Reactor 8 Runs.jmp」を開きます。
2. [実験計画(DOE)]>[拡張計画]を選択します。
3. 「反応率(%)」を選択し、[Y, 応答変数]をクリックします。
4. 「送り速度」・「触媒」・「攪拌速度」・「温度」、「濃度」を選択して、[X, 説明変数]をクリックします。
5. [OK]をクリックします。

図6.2 化学反応の因子の例

The screenshot shows the '拡張計画' (Design Experiment) platform interface. It displays a table of factors and their levels. The factors are: 送り速度 (Feed Rate), 触媒 (Catalyst), 攪拌速度 (Stirring Rate), 温度 (Temperature), and 濃度 (Concentration). Each factor is listed with its role (連続変数 - Continuous Variable), changeability (容易 - Easy), and values (10, 15, 1, 2, 100, 120, 140, 180, 3, 6). The interface also includes a checkbox for '追加する実験を別のブロックに入れる' (Add the experiment to a separate block) and a section for '因子の制約を定義' (Define factor constraints) with buttons for '拡張選択' (Design Selection), '反復' (Repeat), '中心点の追加' (Add center point), '折り重ね' (Fold), '触点の追加' (Add contact point), 'Space Filling', and '拡張計画' (Design Experiment).

名前	役割	変更	値	単位
送り速度	連続変数	容易	10	15
触媒	連続変数	容易	1	2
攪拌速度	連続変数	容易	100	120
温度	連続変数	容易	140	180
濃度	連続変数	容易	3	6

メモ: 追加する実験を別のブロックとみなしたブロック因子を追加するには、[追加する実験を別のブロックに入れる]を選択します。この例では16回の実験ですべての2因子間交互作用を推定しますが、ブロック因子を仮定した場合、16回の実験ではすべての2因子間交互作用は推定できません。

6. [拡張計画]をクリックします。

図6.3のモデルは、データテーブルの「モデル」スクリプトを使って定義されたものです。8回の実験では、最大7つの効果を推定することができます。このスクリプトのモデルには、5つの主効果すべてと、2つの交互作用の項が含まれます。この例でのモデルのそれらの項は、すべて必須の効果と定義されています。効果の推定可能性については、「モデル」を参照してください。

11. 「計画」の開閉アイコンをクリックして、計画の内容を確認します。

図6.4 実験回数 16 回の拡張計画

計画					
実験	送り速度	触媒	攪拌速度	温度	濃度
1	15	2	100	140	3
2	10	2	120	140	6
3	15	1	120	140	3
4	10	2	100	180	3
5	10	1	120	180	3
6	10	1	100	140	6
7	15	2	120	180	6
8	15	1	100	180	6
9	15	1	120	180	6
10	10	2	100	140	6
11	10	1	100	180	6
12	15	2	120	140	6
13	15	2	120	180	3
14	10	2	120	180	3
15	10	1	100	140	3
16	10	1	120	140	3

12. 「テーブルの作成」をクリックすると計画のデータテーブルが生成され、元の実験における結果と、追加された実験の計画が表示されます。

拡張計画の分析

拡張計画にステップワイズ回帰モデルをあてはめます。

1. 「ヘルプ」>「サンプルデータフォルダ」を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Reactor Augment Data」を開きます。

目的は、「反応率(%)」を最大化することです。このデータテーブルでは、列の「応答変数の限界」プロパティが「最大化」に設定されています。下限と上限は、それぞれ 90、100 に設定されています。

図6.5 「反応率(%)」列の「応答変数の限界」列プロパティ

テーブル'Reactor Augment Data'の'反応率(%)'

列名

☐ ロック

データタイプ

尺度

表示形式 総桁数

☐ 桁区切り(,)を使用

列プロパティ

応答変数の限界

応答変数の限界とは、応答の許容範囲の限界を示す。予測プロファイルと等高線プロファイルがこれらの値を使用。下のボックスをクリックして値を入力。

目標

重要度

	値	満足度
最小値	90	.
中間値	.	.
最大値	100	.

☐ グラフ上に参照線を表示

削除

OK
キャンセル
適用
ヘルプ

- データテーブルのテーブルパネルで、「モデル」スクリプトの横にある緑の三角ボタンをクリックします。
「モデルのあてはめ」ウィンドウが、すべての主効果と2因子間交互作用が効果として入力された状態で表示されます。
- あてはめの「手法」を「標準最小2乗」から「ステップワイズ法」に変更し、「実行」をクリックします。
- 「ステップワイズ回帰の設定」パネルで、「停止ルール」のメニューから「閾値p値」を、「方向」のメニューから「変数増減」を、それぞれ選択します。「変数を追加するときのp値」に「0.05」を、「変数を除去するときのp値」に「0.05」を入力します。
- もしステップワイズ法においてすべての主効果をふくめた状態から変数選択をしたい場合には、「現在の推定値」パネルで、すべての主効果（「送り速度」から「濃度」まで）の「追加」チェックボックスを選択します。ここでは、何も効果を含めない状態から変数選択を開始します。

図 6.6 すべての主効果を含めた場合の設定

▲ 反応率(%)のステップワイズ

▲ 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 0.05

変数を除去するときのp値 0.05

方向: 変数増減

ルール: 組み合わせ

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
563.79127	10	7.5086035	0.8562	0.7843	.	6	130.3996	121.8077

▲ 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	66.8806818	1	0	0.000	1
☐	☒	送り速度(10,15)	-3.6351675	1	184.1212	3.266	0.10087
☐	☒	触媒(1,2)	11.2894737	1	1986.947	35.243	0.00014
☐	☒	攪拌速度(100,120)	2.81937799	1	110.7546	1.964	0.1913
☐	☒	温度(140,180)	5.28947368	1	436.1781	7.737	0.0194
☐	☒	濃度(3,6)	-5.7556818	1	507.0005	8.993	0.01337
☐	☐	触媒*攪拌速度	0	1	32.87158	0.557	0.47443
☐	☐	触媒*濃度	0	1	1.012038	0.016	0.90156
☐	☐	送り速度*触媒	0	1	5.288383	0.085	0.77696
☐	☐	送り速度*攪拌速度	0	1	265.9167	8.034	0.01958
☐	☐	送り速度*温度	0	1	170.3623	3.897	0.07981
☐	☐	送り速度*濃度	0	1	0.877151	0.014	0.90833
☐	☐	触媒*温度	0	1	391.7848	20.500	0.00143
☐	☐	攪拌速度*温度	0	1	47.28838	0.824	0.38767
☐	☐	攪拌速度*濃度	0	1	5.636252	0.091	0.76991
☐	☐	温度*濃度	0	1	45.43037	0.789	0.39758

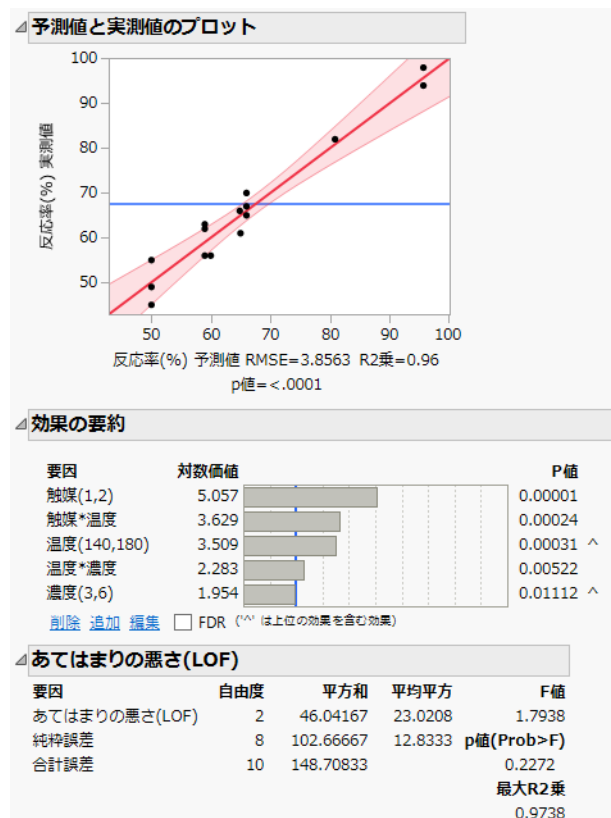
6. [実行] をクリックします。

ステップワイズ回帰が主効果から始まり、 p 値を基準とした検索が行われ、その結果、3つの主効果と2つの交互作用の項が得られます。「ステップワイズ回帰の設定」パネルで、[モデルの作成] をクリックします。

「モデルのあてはめ」プラットフォームが起動し、ステップワイズ法で作成したモデルをあてはめることができます。

7. [実行] をクリックします。

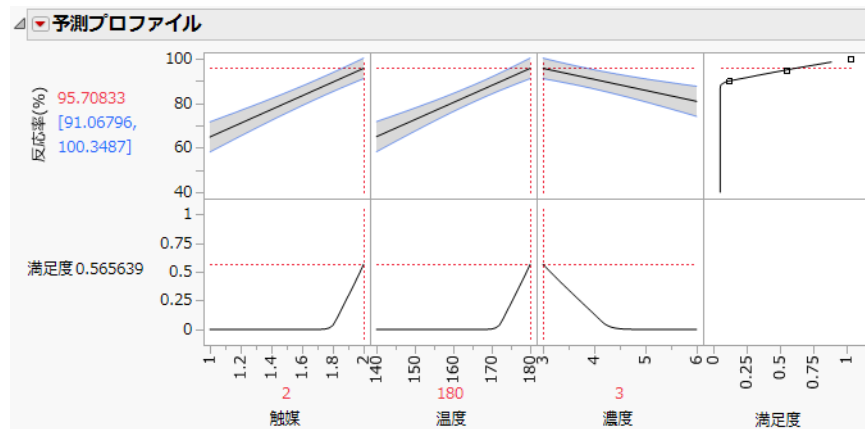
図 6.7 予測モデルの分散分析の数値と「あてはまりの悪さ」



「予測値と実測値のプロット」から、モデルが全体として有意であることがわかります（p 値<0.0001）。
「予測値と実測値のプロット」と、「あてはまりの悪さ(LOF)」のどちらからも、モデルの間違いを示す証拠が見当たりません。「効果の要約」レポートによると、「触媒」が最も有意な効果であることがわかります。

8. 「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6.8 最大の反応率(%)



予測プロファイルを見ると、「触媒」と「温度」が高く、「濃度」が低く設定されたときに、「反応率(%)」が最大になることがわかります。この最適な設定では、「反応率(%)」の推定値が95.7へと上昇します。満足度プロファイルは、応答の予測値が応答変数の限界の外側にある領域では傾斜のない状態になっています。

「拡張計画」プラットフォームの起動

拡張したい計画を含むデータテーブルを開いた状態で【実験計画(DOE)】>【拡張計画】を選択し、「拡張計画」プラットフォームを起動します。

図6.9 「拡張計画」起動ウィンドウ

Y, 目的変数 数値の応答列を指定します。応答の入力は必須です。

X, 説明変数 因子列を指定します。因子の種類や尺度はどんなものであってもかまいません。

「拡張計画」ウィンドウ

開いたときの「拡張計画」ウィンドウでは、因子水準の変更、計画空間の制限、拡張オプションの選択ができます。

図6.10 「Reactor 8 Runs.jsp」に対する「拡張計画」ウィンドウの初期画面

▼ 拡張計画

▲ 因子

名前	役割	変更	値	単位
▲ 送り速度	連続変数	容易	10	15
▲ 触媒	連続変数	容易	1	2
▲ 攪拌速度	連続変数	容易	100	120
▲ 温度	連続変数	容易	140	180
▲ 濃度	連続変数	容易	3	6

☐ 追加する実験を別のブロックに入れる

▷ 因子の制約を定義

拡張選択

回復

中心点の追加

折り重ね

軸点の追加

Space Filling

拡張計画

因子

「拡張計画」を起動すると、指定した因子が「因子」に自動的に書き込まれます。ここでは、因子の水準を変更できます。

名前 「拡張計画」起動ウィンドウで **[X, 説明変数]** ボタンを使って指定した因子がすべて表示されます。ただし、列プロパティで「ランダムブロック」の役割が指定されている因子は表示されません。

役割 列プロパティで指定した因子の役割が表示されます。因子の役割がなく、定数である場合は、「**定数**」と表示されます。それ以外の場合は、因子の尺度が表示されます。

変更 データテーブルの「因子の変更」列プロパティの指定に従って、因子の水準を変更する難しさが、**[容易]**・**[困難]**・**[非常に困難]** のいずれかで示されます。「因子の変更」列プロパティがない因子は、**[容易]** に設定されます。

メモ: 「因子の変更」列プロパティが **[困難]** または **[非常に困難]** に設定されている場合は、それに対応する一次単位因子も、「拡張計画」起動ウィンドウで **[X, 説明変数]** ボタンを使って含める必要があります。

値 連続尺度の因子の場合は、最小値と最大値が表示されます。カテゴリカル因子の場合は、水準が表示されます。

ヒント:「カテゴリカル」または「定数」の役割を持つ因子の場合、「名前」列に下向きの矢印アイコンが表示されます。この矢印をクリックして、水準を追加することができます。定数である因子の尺度がカテゴリカルである場合は、複数の水準を追加できます。定数である因子の尺度が連続尺度である場合は、水準は追加できません。

追加する実験を別のブロックに入れる ブロック因子を計画に追加し、元の実験と追加の実験をそれぞれ別のブロックに入れます。

因子の制約を定義

[Space Filling]（空間充填）または[拡張]オプションで計画を拡張する場合、追加した実験の計画領域に制約を課することができます。

「因子の制約を定義」によって、計画の領域を制限することができます。制約をロードした場合、またはスクリプトの一部に制約を含めた場合を除き、デフォルトでは、制約を[しない]オプションが選択されています。次のいずれかのオプションによって、何らかの制約を指定することができます。

線形制約の指定 このオプションでは、因子の線形結合に対し、線形不等式の制約を指定できます。線形制約は、役割が[連続変数]または[配合]である因子にのみ指定できます。[「線形制約の指定」](#)を参照してください。

メモ: 線形制約を含むスクリプトを計画に保存すると、その線形制約は「以下」を意味する不等式 ($\leq$) で表されます。

フィルタで許可しない組み合わせを指定 このオプションでは、各因子における値を限定することで、制約を定義します。ANDとORの両方の制約が定義できます。[「フィルタで許可しない組み合わせを指定」](#)を参照してください。

スクリプトで許可しない組み合わせを指定 このオプションでは、スクリプトエディタのテキストボックスに、許可しない組み合わせやその他の制約をJSLのブール式として入力してください。[「スクリプトで許可しない組み合わせを指定」](#)を参照してください。

メモ: 因子の制約が定義された計画を分析する場合は、プロファイルにおいて制約が考慮されます。

線形制約の指定

連続変数の因子に対して、空間全体に独立して点を分布させるのではなく、線形不等式の制約を課したいことがあるでしょう。そのような場合、線形不等式によって、因子の領域を制限することができます。指定した線形不等式は、計画で許可されている領域を表します。例として、[「配合物の配合計画」](#)を参照してください。

1つまたは複数の線形不等式の制約を入力するには、**[追加]** ボタンをクリックします。

追加 すべての連続変数を含んでいる線形不等式が1つ追加されます。不等式の係数を入力し、不等号の向きを選択してください。また、不等式の右側のボックスに右辺値を入力してください。さらに制約を加えるには、**[追加]** を再びクリックします。

メモ: [球の半径] によって計画領域を球形に制限した場合、**[追加]** オプションは使用できなくなります。

最後の制約を削除 最後に追加した制約が削除されます。

制約をチェック 制約の一貫性が検証されます。このオプションは、冗長な制約を削除し、実現可能性を確認します。問題がある場合は、警告が表示されます。線形不等式が因子の上限もしくは下限を表している場合には、「因子」アウトラインにおける因子の範囲が更新された旨を示す警告が表示されます。

フィルタで許可しない組み合わせを指定

このオプションは、データフィルタを使って許可しない組み合わせを指定します。詳細については、『JMPの使用法』を参照してください。

「フィルタ因子の追加」リストで因子を選択し、**[追加]** をクリックします。次に、スライダを使う（連続変数の場合）か、水準を選択して（カテゴリカルの場合）、許可しない組み合わせを指定します。例として、**「制約とカテゴリカルな因子を含む応答曲面計画」**を参照してください。

「フィルタ因子の追加」にある赤い三角ボタンのメニューは、各種プラットフォームの起動ウィンドウにある「列の選択」パネルのメニューと同じです。『JMPの使用法』を参照してください。

[追加] をクリックすると、「許可しない組み合わせ」パネルに、選択した因子とコントロールボタンが表示されます。因子は、尺度に応じて次のように表示されます。

連続変数・離散数値・配合因子 許可しない範囲を示すスライダが表示されます。スライダの両端をドラッグするか、スライダの下にあるテキストをクリックして上限や下限の数値を設定することで、許可しない範囲を指定します。スライダにおいて、青色に強調表示されている部分が、許可しない範囲を示しています。

カテゴリカルな因子 因子がカテゴリカルである場合、因子の各水準がボックス形式で表示されます。ただし、水準数が多い場合は、リスト形式で表示されます。ここで許可しない水準を選択してください。複数の水準を選択するには、Ctrlキーを押しながらクリックします。強調表示されている項目が、許可しない水準となります。なお、「許可しない組み合わせ」パネルにカテゴリカルな因子を追加したときに因子名の後に括弧付きで表示されている数値は、その因子の水準数です。

「許可しない組み合わせ」のオプション

「許可しない組み合わせ」パネルには、次のようなボタンがあります。

クリア 水準に対する許可しない組み合わせに関して、指定されている設定すべてをクリアします。ただし、因子の選択はクリアされません。

やり直し 因子の選択をすべて取り消し、画面を因子のリストに戻します。

AND 「フィルタ因子の追加」リストを開きます。そこで選択された因子がANDグループになります。ANDグループで指定されている水準すべてをもつ組み合わせが、許可されない組み合わせになります。

ANDグループに因子を後から追加するには、グループのアウトラインをクリックし、枠が強調されるのを確認します。そして、[AND] ボタンをクリックし、因子を追加します。

1つの因子を削除するには、赤い三角ボタンのメニューにある[削除]を選択します。

OR 「フィルタ因子の追加」リストを開きます。そこで選択された因子が、ORを挟んで別のANDグループを形成します。ORを挟んだANDグループの場合、いずれかのANDグループで指定された組み合わせが許可されない組み合わせになります。

因子の赤い三角ボタンのメニュー

1つの因子を複数のORグループに含めることができます。特定のORグループにおける、ある1因子に対する設定を、以下では**因子制約**と呼びます。

削除 選択されている因子制約を「許可しない組み合わせ」パネルから削除します。

選択をクリア 因子制約の選択をすべてクリアします。

選択の逆転 因子制約において、選択されている値の選択を解除し、選択されていない値を選択します。

表示オプション カテゴリカルな因子にのみ使用できます。表示形式を変更します。オプションで、ブロック形式・リスト形式・単一カテゴリ形式・チェックボックス形式のいずれかで、各水準を表示できます。

検索 カテゴリカルな因子にのみ使用できます。因子名の下にテキストボックスを表示し、そこに入力した文字列を因子水準の中から検索します。Enterキーを押すか、テキストボックスの外をクリックすると、検索が開始されます。[検索]を選択すると、黒い三角ボタンのメニューに、[指定の単語を含む]・[すべての単語が一致する]・[指定の句で始まる]・[指定の句で終る]といった検索オプションが表示されます。

スクリプトで許可しない組み合わせを指定

このオプションでは、JSLスクリプトを使って許可しない因子水準の組み合わせを指定します。このオプションは、因子が連続尺度の場合や、連続尺度とカテゴリカルな因子が混ざっている場合に役立ちます。

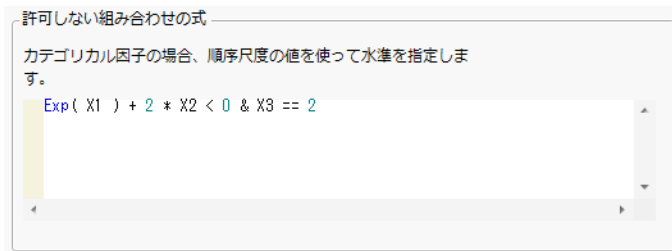
開いたスクリプトウィンドウに、許可しない組み合わせの式を入力してください。その式は、ブール式でなければなりません。真であるブール式で指定された組み合わせが許可されないものとなります。

カテゴリカル因子のための式を作成するときは、水準名、または水準の順序を示す数値を使用してください。たとえば、因子の水準が「高」・「中」・「低」であり、「因子」アウトラインでこの順序で指定した場合には、各水準は1, 2, 3という数値が関連付けられます。別の例として、「X1」と「X2」という2つの連続尺度の因子があり、「X3」というカテゴリカル因子があるとします。また、カテゴリカル因子の水準は、順番に「L1」・「L2」・「L3」とであるとします。このとき、次式が成り立つものを、許可しない組み合わせに設定するとします。

$$e^{X_1} + 2X_2 < 0 \quad \text{および} \quad X_3 = L2$$

この場合、スクリプトウィンドウに、(Exp(X1) + 2*X2 < 0) & (X3 == 2) という式を入力します。

図 6.11 スクリプトエディタに式を入力したところ



(図では、構文解析によって不要な括弧が削除されています。) この例のように、ブール式の一部に関数を使うこともできます。カテゴリカル因子の水準に対しては通し番号ではなく、(Exp(X1) + 2*X2 < 0) & (X3 == "L2") のように文字列を指定しても構いません。

用意されている拡張の種類

「拡張計画」プラットフォームには、次のような拡張の種類が用意されています。

反復 計画を特定の回数だけ反復します。[「計画の反復」](#)を参照してください。

中心点の追加 中心点を追加します。中心点として追加する実験数を指定してください。中心点とは、連続変数において低水準と高水準の中間点を設定した実験のことです。[「中心点・反復実験・検定」](#)を参照してください。

連続変数と他の種類の因子が計画に混在している場合、追加される中心点は、連続変数以外の因子に関してバランスが取れないことがあります。この場合、「拡張計画」プラットフォームは、拡張された計画での、D-効率・I-効率・A-効率・交絡効率のいずれかの基準が最大になるように中心点を配置します。

[「中心点の追加」](#)を参照してください。

折り重ね 折り重ね計画 (foldover design) を作成します。[「折り重ね計画の作成」](#)を参照してください。

軸点の追加 (カテゴリカルな因子を持つ計画では使用できません。) 計画に軸点と中心点を追加します。このオプションを使用すると、スクリーニング計画から中心複合計画を生成することができます。[「軸点の追加」](#)を参照してください。

Space Filling 連続変数から成る計画に、空間充填 (space filling) により実験を追加します。高速柔軟充填法 (fast flexible filling methodology) を使って実験は追加されます。[「Space Filling による拡張」](#)を参照してください。[Space Filling] においては、[追加する実験を別のブロックに入れる] オプションを使用できません。

拡張計画 モデルを使って計画に実験を追加します。計画を拡張するときに使われるモデルは、元のモデルよりも項が多くなるのが普通です。[「「拡張計画」プラットフォームの使用例」](#)を参照してください。

「拡張計画」プラットフォームのオプション

「拡張計画」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ています。

応答の保存 「応答」パネルの情報を、新しいデータテーブルに保存します。これで保存した情報は、ほとんどの「実験計画(DOE)」ウィンドウで簡単に読み込むことができます。応答の情報を後で再利用したい場合に便利です。

応答のロード データテーブルから応答をロードします。[応答の保存] オプションを使って応答のデータテーブルを生成します。

因子の保存 「因子」パネルの情報を、新しいデータテーブルに保存します。各因子の列には、その因子の水準が表示されます。その他の情報は、列プロパティとして保存されます。これで保存した情報は、ほとんどの「実験計画(DOE)」ウィンドウで簡単に読み込むことができます。因子の情報を後で再利用したい場合に便利です。

メモ: 空のデータテーブルにデータを直接入力して因子のデータテーブルを作成することもできますが、その場合も、すべての列に適切な役割を割り当てる必要があります。役割を割り当てるには、データグリッド内で列名を右クリックし、[列プロパティ] > [因子の役割] を選択します。そして、「因子の役割」セクションで、適切な役割を選択してください。

因子のロード データテーブルから因子をロードします。[因子の保存] オプションを使って因子のデータテーブルを生成します。計画の種類に合わない因子をロードしようとすると、警告が表示されます。

制約の保存 (一部の計画では使用できません。) 「因子の制約を定義」または「線形制約」で定義した因子の制約を、データテーブルの列として保存します。これで保存した情報は、ほとんどの「実験計画(DOE)」ウィンドウで簡単に読み込むことができます。制約の情報を後で再利用したい場合に便利です。

制約のデータテーブルにおける冒頭の数行には、各因子に対する係数が含まれます。最後の行は、不等式の右辺値を含みます。各制約の列には、「以下」と「以上」のどちらの制約であるかを示す「制約状態」という列プロパティが含まれます。「[制約状態] 列プロパティ」を参照してください。

制約のロード (一部の計画では使用できません。) データテーブルから因子の制約をロードします。[制約の保存] オプションを使って制約のテーブルを生成します。

乱数シード値の設定 このオプションに指定した整数が、乱数を用いる処理の乱数シード値として使われます。次のような処理で、乱数は使われます。

- 計画作成の検索アルゴリズムにおける初期化
- データテーブル作成時における実験順序のランダム化
- 最適計画を探索するときの初期計画(開始点)の選択

計画を再現するには、その計画の生成に使われた乱数シード値を入力し、[計画の作成] をクリックします。

計画の作成に使われた乱数シード値は、計画のデータテーブルに保存される「DOE ダイアログ」スクリプトにも含まれます。

応答のシミュレート 計画のデータテーブルに、乱数で生成された応答値を含む列、および、応答値を乱数で生成するための計算式を含む列が追加されます。このオプションは、[テーブルの作成] をクリックする前に選択してください。

[テーブルの作成] をクリックすると、次の処理が実行されます。

- 乱数シミュレーションで生成されたデータ値が、応答変数の列に代入されます。
- 応答値を乱数シミュレーションで生成するための計算式を含む列が、新しい列として追加されます。このデータ値やこの計算式は、計画のウィンドウで指定したモデルに基づいています。
- 「モデル」ウィンドウが表示されます。このウィンドウで、モデルの効果の係数を設定するとともに、[正規]・[二項]・[Poisson] のいずれかの分布を指定できます。

メモ: 計画の種類によっては、使用できない確率分布もあります。

- 「シミュレーション」という名前のスクリプトが、計画のデータテーブルに保存されます。このスクリプトを実行すると、「モデル」ウィンドウが再び開き、シミュレーション値を再度計算したり、応答変数の確率分布を変更したりできます。

「モデル」ウィンドウでは、乱数シミュレーションで用いる応答変数の確率分布を選択してください。このウィンドウで [適用] ボタンをクリックすると、「<Y>のシミュレーション」という名前の列が更新されます。ここで、「<Y>」は応答列の名前です。[適用] を再びクリックすると、この「<Y>のシミュレーション」の値が更新されます。

詳細については、「[応答のシミュレート](#)」を参照してください。

メモ:  「応答のシミュレート」オプションを使うと、JMP Proのシミュレーションの機能を使って、乱数シミュレーションを実行できます。実験計画に関する乱数シミュレーションの詳細は、『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。

X行列の保存 「モーメント行列」および「モデル行列」というスクリプトを、計画のデータテーブルに保存します。スクリプトには、モーメント行列とモデル行列が含まれます。「[X行列の保存](#)」を参照してください。

注意: 名義尺度の因子を含む計画の場合、[X行列の保存] オプションによって保存された「モデル行列」スクリプト内の計画行列は、「モデルのあてはめ」で使用する計画行列とは**異なります**。「モデルのあてはめ」で使用する計画行列を得るには、「モデル」スクリプトを実行した後、「モデルのあてはめ」レポートで、[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。

最適化基準 計画の最適化基準を変更します。デフォルトの[推奨する最適化法] は、「モデル」の [RSM] ボタンを使って2次項を追加した場合には、I-最適化基準です。また、主効果と2因子間交互作用だけのモデルの場合には、A-最適化基準です。それ以外の場合はD-最適化基準です。D-最適計画・I-最適計画・交絡最適計画の詳細については、「[最適化基準](#)」を参照してください。

メモ: 常に使用する最適化基準が決まっている場合は、環境設定で固定しておくことができます。それには、[ファイル] > [環境設定] > [プラットフォーム] > [実験計画(DOE)] を選択します。そして、[最適化基準] を選択し、該当するオプションを選択します。

開始点の数 計画の作成に使用するランダムな開始点の数を指定します。「[開始点の数](#)」を参照してください。

計画の検索時間 計画の検索にかかる時間の上限を秒数として指定します。デフォルトの秒数は、計画の複雑さに応じて求められます。「[計画の検索時間](#)」および「[開始点の数](#)」を参照してください。

アルゴリズムの反復に時間がかかる場合は、「計画を計算中」というウィンドウが開き、進行状況が表示されます。このウィンドウで [キャンセル] をクリックすると、計算が停止し、その時点で見つかった最良の計画が提示されます。変更が [困難] または [非常に困難] に設定されている効果、また推定が [可能な場合のみ] に設定されている効果を含まない D-最適計画の場合は、進行状況ウィンドウに D 効率も表示されます。

メモ: [計画の検索時間] は、環境設定として設定することもできます。それには、[ファイル] > [環境設定] > [プラットフォーム] > [実験計画(DOE)] を選択します。そして、[計画の検索時間] チェックボックスをオンにし、最大秒数を入力します。なお、ある状況においては、指定の秒数を超える場合には自動的に検索時間が延長されます。

球の半径 連続尺度の因子を超球面上に限定します。超球面の半径を指定し、[OK] をクリックします。原点から指定した半径だけ離れた位置に計画点が置かれます。このオプションは、[テーブルの作成] をクリックする前に選択してください。

メモ: [球の半径] は、[線形制約を指定] オプションと組み合わせることはできません。また、変更が [困難] な因子が含まれている場合（つまり、分割実験の場合）、このオプションは使えません。

詳細オプション

配合成分の合計 配合成分の合計には、任意の正の値を設定します。このオプションを使用すると、実験を通して配合成分の合計が指定した値になります。

分割実験の分散比 残差誤差の分散に対して、一次単位の分散および二次単位の分散が何倍になっているかを指定します。このオプションを使うには、分割実験（1段分割実験）の場合は変更が「困難」な因子、2段分割実験の場合は変更が「非常に困難」な因子を定義しておく必要があります。その後、分割実験（1段分割実験）を指定した場合には一次単位に関する比を、2段分割実験を指定した場合には一次単位および二次単位に関する比を入力します。

事前パラメータ分散（このオプションは、「モデル」セクションが使用できる場合にのみ使用できます。）「推定」列が「可能な場合のみ」に設定されている因子がある場合は、このオプションにより、割り当てる重みを変更できます。[計画の作成] をクリックすると、そこで指定された重みが計算に使われます。各項について正の数を入力してください。ここでの値は、事前分散の逆数の平方根を表します。重みが大きいほど、パラメータの事前分布での分散が小さくなり、「パラメータが0である」という事前情報が多くなります。

[可能な場合のみ] の因子がある場合には、Bayes 流の D-最適化基準と I-最適化基準によって計画が作成されます。アルゴリズムが使用する重みのデフォルト値は、[必須] の項に対しては 0、[可能な場合のみ] の項を含む交互作用に対しては 4、そのほかの [可能な場合のみ] の項に対しては 1 です。[「交絡行列」](#) および [「最適化基準」](#) を参照してください。

A-最適でのパラメータの重み（A-最適計画に使用）モデルパラメータの重みを指定します。たとえば、主効果に 2 次効果より大きな重みを適用することができます。パラメータの重みについては、Morgan and Stallings (2017) を参照してください。

D 効率の重み 交絡最適化計画における、D 効率の相対的な重要度を指定します。このオプションは、推定値の分散の減少と、交絡構造のどちらをどれくらい重視するかを決めます。0 ~ 1 の値を指定してください。値が大きいほど、D 効率が重視されます。デフォルト値は 0.5 です。このオプションは、「最適化基準」に [交絡最適計画の作成] を選択している場合にのみ有効です。

D-最適化基準の定義については、[「最適化基準」](#) を参照してください。交絡最適化について詳しくは、[「交絡最適化基準」](#) を参照してください。

スクリプトをスクリプトウィンドウに保存 現在の「カスタム計画」で定義している計画を作成するスクリプトを、スクリプトウィンドウに保存します。

実験を拡張するさまざまな例

この節では、拡張計画の例を紹介します。

- [「計画の反復」](#)
- [「中心点の追加」](#)
- [「折り重ね計画の作成」](#)
- [「軸点の追加」](#)
- [「Space Filling による拡張」](#)

計画の反復

実験を反復すると、誤差分散が一定であるという仮説を直接チェックできるようになります。また、工程や測定におけるばらつきが大きな場合に、実験を反復することにより、回帰係数の標準誤差を減少させることができます。

この例では、実験回数が8回の計画を反復します。

1. [ヘルプ]>[サンプルデータフォルダ]を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Reactor 8 Runs.jmp」を開きます。
2. [実験計画 (DOE)] > [拡張計画] を選択します。
3. 「反応率(%)」を選択し、[Y, 応答変数] をクリックします。
4. 「送り速度」・「触媒」・「攪拌速度」・「温度」・「濃度」を選択して、[X, 説明変数] をクリックします。
5. [OK] をクリックします。

図6.12 拡張の種類を選択

拡張計画

因子

名前	役割	変更	値
送り速度	連続変数	容易	10 15
触媒	連続変数	容易	1 2
攪拌速度	連続変数	容易	100 120
温度	連続変数	容易	140 180
濃度	連続変数	容易	3 6

☒ 追加する実験を別のブロックに入れる

因子の制約を定義

拡張選択

反復 中心点の追加 折り重ね 軸点の追加 Space Filling 拡張計画

6. [追加する実験を別のブロックに入れる] を選択し、計画にブロック変数を追加します。
7. [反復] をクリックして、「2」と入力し、[OK] をクリックします。

メモ: [反復] をクリックすると、各実験の実行回数を尋ねるダイアログボックスが表示されます。「2」を入力すると、計画に各実験が2回ずつ含まれます。つまり、元の計画を1回反復することになります。

図 6.13 反復で拡張した、化学反応データの計画

要因計画						
実験	送り速度	触媒	攪拌速度	温度	濃度	ブロック
1	15	2	100	140	3	1
2	10	2	120	140	6	1
3	15	1	120	140	3	1
4	10	2	100	180	3	1
5	10	1	120	180	3	1
6	10	1	100	140	6	1
7	15	2	120	180	6	1
8	15	1	100	180	6	1
9	15	2	100	140	3	2
10	10	2	120	140	6	2
11	15	1	120	140	3	2
12	10	2	100	180	3	2
13	10	1	120	180	3	2
14	10	1	100	140	6	2
15	15	2	120	180	6	2
16	15	1	100	180	6	2

元の 8 回の実験はブロック 1 に、反復実験はブロック 2 に入ります。

メモ: 「拡張計画」プラットフォームから、拡張した計画全体を評価することができます。計画の評価について詳しくは、「[計画の評価](#)」を参照してください。

8. 「[テーブルの作成](#)」をクリックします。

図 6.14 反復した計画

	送り速度	触媒	攪拌速度	温度	濃度	ブロック	反応率(%)
1	15	2	100	140	3	1	61
2	10	2	120	140	6	1	67
3	15	1	120	140	3	1	56
4	10	2	100	180	3	1	94
5	10	1	120	180	3	1	66
6	10	1	100	140	6	1	56
7	15	2	120	180	6	1	82
8	15	1	100	180	6	1	45
9	15	2	100	140	3	2	•
10	10	2	120	140	6	2	•
11	15	1	120	140	3	2	•
12	10	2	100	180	3	2	•
13	10	1	120	180	3	2	•
14	10	1	100	140	6	2	•
15	15	2	120	180	6	2	•
16	15	1	100	180	6	2	•

作成されたテーブルでは、元の計画と結果が、ブロック 1 として表示されます。拡張実験は、ブロック 2 として表示されます。拡張実験を行った後、その実験結果を「反応率(%)」の列に入力してください。

中心点の追加

計画に中心点を追加すると、曲面性をチェックし、因子領域の中心における予測誤差を減らすことができます。また、中心点を追加することにより、純粋誤差が計算でき、あてはまりの悪さ（LOF: Lack Of Fit）の検定が行えるようになります。

この例では、実験回数8回の計画に2つの中心点を追加します。

1. [ヘルプ]>[サンプルデータフォルダ]を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Reactor 8 Runs.jmp」を開きます。
2. [実験計画(DOE)]>[拡張計画]を選択します。
3. 「反応率(%)」を選択し、[Y, 応答変数]をクリックします。
4. 「送り速度」・「触媒」・「攪拌速度」・「温度」・「濃度」を選択して、[X, 説明変数]をクリックします。
5. [OK]をクリックします。
6. [追加する実験を別のブロックに入れる]を選択し、計画にブロック変数を追加します。
7. [中心点の追加]をクリックして、「2」と入力し、[OK]をクリックします。
8. [テーブルの作成]をクリックします。

図6.15 2つの中心点を追加した計画

	送り速度	触媒	攪拌速度	温度	濃度	ブロック	反応率(%)
1	15	2	100	140	3	1	61
2	10	2	120	140	6	1	67
3	15	1	120	140	3	1	56
4	10	2	100	180	3	1	94
5	10	1	120	180	3	1	66
6	10	1	100	140	6	1	56
7	15	2	120	180	6	1	82
8	15	1	100	180	6	1	45
9	12.5	1.5	110	160	4.5	2	•
10	12.5	1.5	110	160	4.5	2	•

中心点の実験を行ってデータを収集した後、モデルの曲線性に対する検定を行うことができます。

折り重ね計画の作成

折り重ね（fold over）を行うと、2因子間交互作用と主効果の交絡をなくせます。折り重ね計画は、完全に、またはほぼ飽和した一部実施要因計画やPlackett-Burman計画に対して追加実験をするときに特に役立ちます。

この例では、実験回数8回の計画をもとに、折り重ね計画を作成します。

1. [ヘルプ]>[サンプルデータフォルダ]を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Reactor 8 Runs.jmp」を開きます。
2. [実験計画(DOE)]>[拡張計画]を選択します。

3. 「反応率(%)」を選択し、[Y, 応答変数] をクリックします。
4. 「送り速度」、「触媒」・「攪拌速度」・「温度」・「濃度」を選択して、[X, 説明変数] をクリックします。
5. [OK] をクリックします。
6. [追加する実験を別のブロックに入れる] を選択し、計画にブロック変数を追加します。
7. [折り重ね] をクリックして、[OK] をクリックします。

表示されるダイアログボックスで折り重ねる因子を選択しなかった場合は、すべての因子を含めて折り重ねが行われます。一部の因子だけで折り重ねを行った場合、その他の因子は元の実験の反復となります。

図6.16 すべての因子で折り重ねた計画

要因計画						
実験	送り速度	触媒	攪拌速度	温度	濃度	ブロック
1	15	2	100	140	3	1
2	10	2	120	140	6	1
3	15	1	120	140	3	1
4	10	2	100	180	3	1
5	10	1	120	180	3	1
6	10	1	100	140	6	1
7	15	2	120	180	6	1
8	15	1	100	180	6	1
9	10	1	120	180	6	2
10	15	1	100	180	3	2
11	10	2	100	180	6	2
12	15	1	120	140	6	2
13	15	2	100	140	6	2
14	15	2	120	180	3	2
15	10	1	100	140	3	2
16	10	2	120	140	3	2

8. [テーブルの作成] をクリックします。

ブロック2の各実験は、ブロック1の実験の因子を低水準から高水準へ、または高水準から低水準へ変更したものです。

軸点の追加

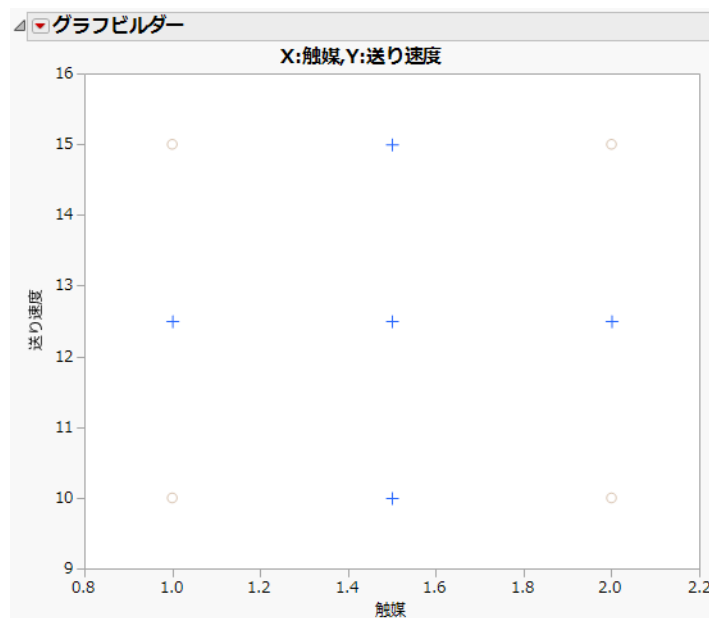
計画に軸点と中心点を追加すると、スクリーニング計画から応答曲面計画を作成できます。その結果、応答曲面モデルをデータにあてはめて、応答に対する因子の設定を最適化することができます。

この例では、実験回数8回のスクリーニング計画に、軸点と中心点を追加します。

1. [ヘルプ]>[サンプルデータフォルダ]を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Reactor 8 Runs.jmp」を開きます。
2. [実験計画(DOE)]>[拡張計画]を選択します。
3. 「反応率(%)」を選択し、[Y, 応答変数] をクリックします。
4. 「送り速度」・「触媒」・「攪拌速度」・「温度」・「濃度」を選択して、[X, 説明変数] をクリックします。
5. [OK] をクリックします。

6. [追加する実験を別のブロックに入れる] を選択し、計画にブロック変数を追加します。
7. [軸点の追加] をクリックし、軸点の値に「1」を、中心点の数に「2」を入力し、[OK] をクリックします。
8. [テーブルの作成] をクリックします。
9. 「拡張計画」データテーブルで、[行] > [列の値による色/マーカー分け] を選択します。
10. 「ブロック」を選択して、「マーカー」のメニューから [標準] を選択し、[OK] をクリックします。
11. [グラフ] > [グラフビルダー] を選択します。
12. 「送り速度」を「Y」にドラッグし、「触媒」を「X」にドラッグします。次に、平滑線のアイコンをクリックして平滑線を削除します。

図6.17 拡張計画の2因子をグラフ表示



グラフ上の「+」の点は、追加された軸点と中心点に対応しています。軸点は、計画空間の表面に位置しています。軸点の値を増減させると、軸点の位置が計画空間の外側か内側に移動します。

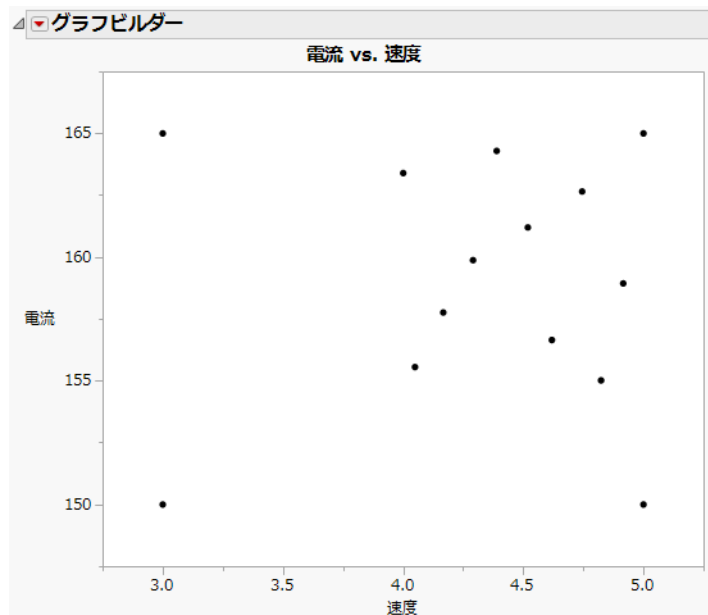
Space Filling による拡張

Space Filling(空間充填)による拡張では、連続変数の因子から成る計画に点を追加できます。[Space Filling]では、計画領域に制約を課すこともできます。線形制約、または許可しない組み合わせのいずれかを指定できます。使用されるアルゴリズムについて詳しくは、「[「拡張計画」プラットフォームの統計的詳細](#)」を参照してください。

この例では、2つの因子の制約を追加して計画を拡張し、この制約下で応答の「深さ」が最大となる領域を計画空間内で調べます。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「DOE Example 1.jmp」を開きます。
2. [実験計画(DOE)] > [拡張計画] を選択します。
3. 「深さ」を選択し、[Y, 応答変数] をクリックします。
4. 「速度」と「電流」を選択して [X, 説明変数] をクリックし、[OK] をクリックします。
5. 「因子の制約を定義」セクションを開きます。
6. [線形制約を指定] を選択し、[追加] をクリックします。
7. 「速度」に「1」と入力し、不等式のメニューから $\geq$ を選択して、下限に「4」と入力します。
8. [追加] をクリックします。
9. 「電流」に「1」と入力し、不等式のメニューから $\geq$ を選択して、下限に「155」と入力します。
10. [Space Filling] をクリックします。
11. 「10」と入力し、[OK] をクリックします。
12. [テーブルの作成] をクリックします。
13. 「拡張計画」データテーブルで、[グラフ] > [グラフビルダー] を選択します。
14. 「速度」をXのドロップゾーンに、「電流」をYのドロップゾーンにドラッグします。
15. [平滑線] アイコンをクリックして、平滑線を削除します。

図6.18 Space Filling による拡張実験



実験は、計画空間の右上のほうに追加されています。これらの追加された実験は、指定した制約を満たしている領域内にあります。

「拡張計画」プラットフォームの統計的詳細

この節では、拡張計画における Space Filling（空間充填）のアルゴリズムについて詳しく説明します。

拡張計画における Space Filling のアルゴリズムでは、まず、計画領域内に多数の乱数の点を生成します。次に、この多数の点を、高速 Ward 法によるクラスター分析によって、追加する実験回数を個数としたクラスターにまとめます。

最後に、計画全体（既存の実験と追加の実験とを合わせたもの）における MaxPro（maximum projection; **最大投影**）が最適になるような計画点を求めます。因子数を p 、既存の実験と追加の実験を合わせた実験回数を n とした場合、MaxPro 基準によるアルゴリズムでは、次の基準を最小にする点を、各クラスターから 1 つ取り出します。

$$C_{MaxPro} = \sum_i^{n-1} \sum_{j=i+1}^n \left[1 / \prod_{k=1}^p (x_{ik} - x_{jk})^2 \right]$$

MaxPro 基準では、すべての因子を考慮して、点間の距離の積を最大にしようとします。この基準を最適化すると、因子の射影に関して、空間充填の良い性質をもつようになります。Joseph et al. (2015) を参照してください。

第7章

ナビ付き DOE

全ステップにナビが付いた実験計画ツール

「ナビ付き DOE」プラットフォームでは、実験計画から分析までの各ステップをナビに従って設定することができます。実験計画・データ入力・分析といった一連の流れを、「ナビ付き DOE」だけで行うことができます。「ナビに従い設定」モードを使うと、指示に従って計画と分析を進めていくことができます。また、「自分で細かく設定」モードを使うと、自分なりのやり方で進めることができます。手順を進めながら進行状況を保存すれば、戻って分析したり、他の JMP ユーザーと共有したりできます。分析が終わったら、その分析のレポートを作成することもできます。

図 7.1 「ナビ付き DOE」における応答値のプロット



目次

「ナビ付き DOE」プラットフォームの概要 233

「ナビ付き DOE」の例 233

「ナビ付き DOE」プラットフォームでの計画 239

 定義 240

 モデル 242

 計画 242

 データ入力 243

 分析 244

 予測 245

 レポート 245

「ナビ付き DOE」プラットフォームの統計的詳細 245

 「ナビ付き DOE」の計画選択ルール 246

 「ナビ付き DOE」の [分析] タブの統計的詳細 246

「ナビ付き DOE」プラットフォームの概要

「ナビ付き DOE」プラットフォームでは、実験の計画から分析までの全ステップを実行できます。計画から分析までの全ステップがタブに分かれており、順に進めることができます。計画・データ入力・分析・レポートなどが1つのプラットフォーム（オブジェクト）にまとめられています。このオブジェクトは、*.jmpdoe ファイルとして保存することができ、途中までの作業を保存できます。

「ナビ付き DOE」では、実験から分析までの全ステップが、次に示すタブに表示されます。

- 定義: 実験の応答と因子を指定します。
- モデル: 実験で推定する効果と実験回数を指定します。
- 計画: 計画を確認します。
- データ入力: 手動で入力するか、別のデータテーブルからコピーして貼り付けるか、データテーブルからロードするか、シミュレーションで生成するかのいずれかで、各実験の観測値を入力します。
- 分析: 指定したモデルをあてはめます。そして、応答に影響している効果を選択します。最後に、選択されたモデルが、回帰分析の仮定を満たしているか診断します。
- 予測: 応答のプロファイルを作成し、因子の設定を最適化します。
- レポート: 要約レポートを表示します。このレポートは、書き出して保存・共有できます。

上記のようなステップを順番に進めていきます。つまり、計画を定義し、データを入力し、分析を行うというステップを順に進めていきます。どのステップでも、最初はデフォルトの開始値と選択肢が設定されています。デフォルトの設定の内容は、前のステップでの設定によります。ステップ間で矛盾が生じた場合は、設定の修正を求めるプロンプトが表示されます。各ステップは、前にも後ろにも簡単に移動できます。

「ナビ付き DOE」には、「ナビに従い設定」と「自分で細かく設定」の2つのモードがあります。「ナビに従い設定」モードでは、計画の定義、データの入力、分析の各ステップをナビに従って進めます。「ナビに従い設定」モードでは、各ステップで何を選択すべきかを示すヒントが示されています。「自分で細かく設定」モードでは、「カスタム計画」と「決定的スクリーニング計画」を使って「定義」・「モデル」・「計画」のステップを実行し、また、「最小2乗法によるあてはめ」または「一般化回帰」(JMP Pro)を使って「分析」と「予測」のステップを実行します。JMP Proの「自分で細かく設定」モードでは、変更が困難な因子を持つ計画などの複雑なモデルも指定できます。

「ナビ付き DOE」の例

「ナビ付き DOE」を使って、コーヒーの濃さを最適化する実験計画を作成し、分析します。同じ事例で、「カスタム計画」プラットフォームを使った詳細な例が「[実験計画を始めよう](#)」の「[計画実験の例](#)」に紹介されています。

ある中規模のコーヒー豆焙煎所が、別々の方法でドリップした12杯のコーヒーについて、濃度の違いを評価しようとしています。目標は、4つの因子がコーヒーの濃度に与える影響を調べ、因子の最適な設定を特定することです。

1. [実験計画 (DOE)] > [ナビ付き DOE] を選択します。

定義

[定義] タブでは、計画に因子と応答を追加します。

因子の追加

既存の研究において、「挽き」・「温度」・「時間」・「豆の量」という 4 つの因子がコーヒーの濃さに影響するであろうことが分かっています。表 7.1 は、因子とその設定をまとめたものです。

表 7.1 コーヒーの実験の因子と設定の範囲

因子	役割	設定の範囲
挽き	カテゴリカル	Medium (中) ・ Coarse (粗い)
温度	連続変数	195 - 205
時間	連続変数	3 - 4
豆の量	連続変数	1.6 - 2.4

次のことを注意してください。

- [挽き] は、2 水準のカテゴリカルな因子です。
- 「温度」・「時間」・「豆の量」 は、数値を取る連続変数です。

これら 4 つの因子を役割ごとに追加していきます。

1. 「連続変数: 最低値から最高値までの間の任意の数値をとることができる変数」のラジオボタンをクリックします。
2. [因子数] を「3」に設定します。
3. [因子の追加] を選択します。
4. 「カテゴリカル: グループや種類を表す値を取るものの。」のラジオボタンをクリックします。
5. 「いくつの水準を設定しますか？」を「2」に設定します。
6. [因子数] を「1」に設定します。
7. [因子の追加] を選択します。
因子に対するより細かい設定は、画面の下側に表示されている「因子に関する設定」の表で行います。
表 7.1 を参考にして入力を行います。
8. 「X1」をダブルクリックして「温度」と入力します。「値」に「195」と「205」を入力し、「単位」に「F」と入力します。
9. 「X2」をダブルクリックして「時間」と入力します。「値」に「3」と「4」を入力し、「単位」に「min」(分) と入力します。

10. 「X3」をダブルクリックして「豆の量」と入力します。「値」に「1.6」と「2.4」を入力し、「単位」に「g」と入力します。
11. 「X4」をダブルクリックして「挽き」と入力し、「値」に「Medium」(中)と「Coarse」(粗い)を入力します。

図7.2 入力後の因子設定の表（「ナビ付き DOE」の「定義」タブ）

● ナビに従い設定 ○ 自分で細かく設定

定義 モデル 計画 データ入力 分析 予測 レポート

▶ 応答

▲ 因子

設定

役割

因子

- ☒ 連続変数: 最低値から最高値までの間で、任意の数値をとることができる変数。
▶ ヒントの表示
- ☐ 離散数値: 水準が数値であるが、ユーザーが指定した値しかとらないもの。
いくつの水準を設定しますか?
▶ ヒントの表示
- ☐ カテゴリカル: グループや種類を表す値を取るもの。
いくつの水準を設定しますか?
▶ ヒントの表示

▼ 因子に関する設定

因子の追加 因子数 選択項目の削除

名前	役割	変更	値	単位
▲ 温度	連続変数	容易	195	205
▲ 時間	連続変数	容易	3	4
▲ 豆の量	連続変数	容易	1.6	2.4
▼ 挽き	カテゴリカル	容易	Medium	Coarse

応答の追加

応答は、コーヒーの「濃度」です。この濃度は、屈折計を用いて測定された総溶解固形分（TDS; Total Dissolved Solids）です。コーヒーは、カップ用フィルターでドリップし、ドリップから5分後に測定を行います。既存の研究から、濃度が1.3のコーヒーが最適であることがわかっていますが、1.2～1.4なら許容範囲です。

1. 「定義」タブの冒頭にある「応答」セクションで、グレーの開閉アイコンをクリックしてセクションを開きます。
2. 「応答名」の下「Y」をダブルクリックし、「濃度」と入力します。
3. デフォルトの目標値である「最大化」をクリックし、「目標値に合わせる」に変更します。「下側限界」を1.2に設定し、「上側限界」を1.4に設定します。

モデル

[モデル] タブに移動するには、[定義] タブの下方にあるナビのコントロールをクリックして先に進むか、[モデル] タブをクリックします。

「モデルの種類」は「主効果だけ」、実験回数は「12」をそのまま使います。[計画] タブに進みます。

計画

[計画] タブには、計画が表示されます。この時点で実験を実行し、データを集めます。

データ入力

実験が終わり、データが集まったら、[データ入力] タブに移動します。実験結果を以下のように入力します。

図 7.3 濃度の結果

☒ ナビに従い設定 ☐ 自分で細かく設定

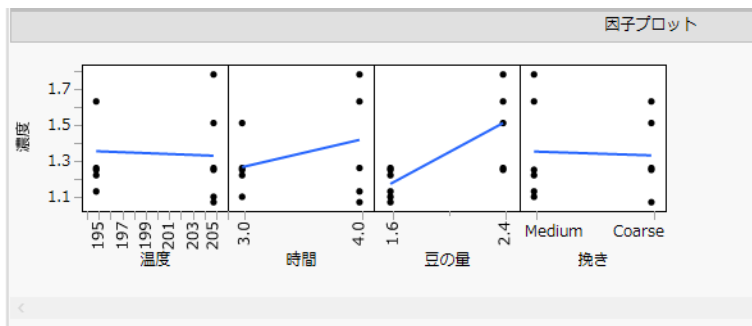
定義モデル計画データ入力分析予測

1/0列		濃度		応答	
12/0行					
	1	1.22			
	2	1.25			
	3	1.26			
	4	1.63			
	5	1.51			
	6	1.07			
	7	1.78			
	8	1.63			
	9	1.26			
	10	1.25			
	11	1.1			
	12	1.13			

データを入力するたびに、応答と因子の関係を示す因子プロットが更新されます。因子プロットには、データ点と、各因子水準における応答の平均を結んだ直線が表示されます。因子プロットを見ると、応答に最大の影響を与える因子はどれかが大まかに把握できます。この例の場合、「濃度」に最も大きな影響を与える因子は「豆の量」です。

メモ：「ナビ付き DOE」は、計画ごとに実験の順序をランダム化します。図 7.3 の順番で応答のデータを入力すると、結果は、図 7.4・図 7.5・図 7.7 に表示されているものとは異なります。

図7.4 因子プロット



分析

[分析] タブに移動します。「応答 濃度」レポートのプロットは、モデルの各項の推定値と95%信頼区間を示します。ここで探しているのは、信頼区間に0が含まれない項、つまりコーヒーの濃度に有意に作用する項です。

モデルの項をすべて維持する（[全効果のモデル]）か、最良のモデルを選択する（[最良のモデル]）か、手動で項を選択することができます。

1. [最良のモデル] をクリックします。

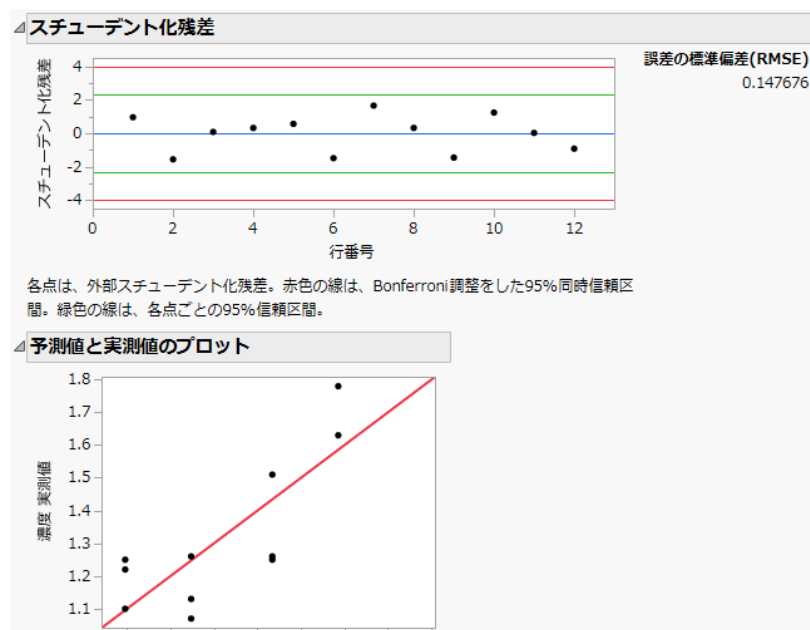
最良のモデルには、「時間」と「豆の量」の2つの項が含まれます。信頼区間が緑色で表示されている場合は、その項がモデルに含まれていることを示します。「豆の量」の信頼区間は、実線で表示されており、この項の係数が閾値0.05において統計的にゼロとは異なることを示しています。「時間」は、係数が統計的に有意ではありませんが、モデルに含まれています。モデルの選択は、ベイズ情報量規準（BIC）に基づきます。BICが最小になるのは、「豆の量」と「時間」の両方がモデルに含まれているときです。

図7.5 「分析」タブ



次に、「スチューデント化残差」プロットでモデルの適合度を評価します。すべての残差が緑色の信頼区間の内側にあります。また、残差には特にパターンが見られません。あてはめたモデルは妥当だと結論できます。さらに「予測値と実測値のプロット」で、モデルの適合度を確認します。データ点が赤色の $Y = X$ の直線に沿っていることから、モデルの適合度は良いと判断できます。

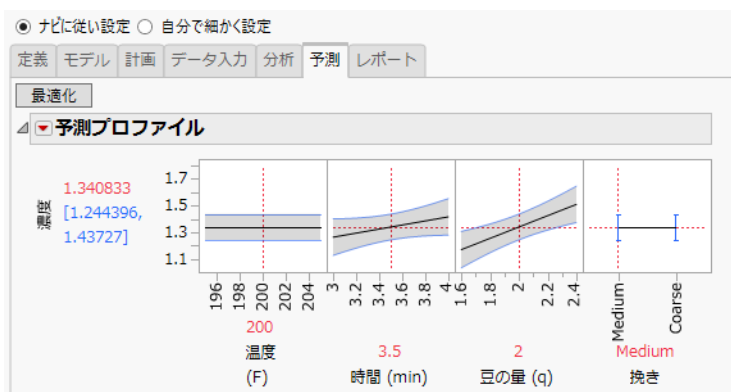
図7.6 「残差プロット」と「予測値と実測値のプロット」



予測

[予測] タブに移動し、[最適化] をクリックします。「濃度」が最適な1.3という値になる設定として、「時間」が3.65分、「豆の量」が1.85 gという組み合わせが挙げられますが、「濃度」が1.3になる因子設定は他にもあります。ここで紹介しているのは別の最適設定が見つかる場合もあります。

図7.7 [予測] タブの予測プロファイル



レポート

[レポート] タブに移動します。レポートには、実験の計画と分析が表示されます。[レポートの書き出し] ボタンを使うと、分析結果を保存して他の人に見せることができます。

「ナビ付き DOE」プラットフォームでの計画

「ナビ付き DOE」において、実験の計画、実験結果の入力、実験データの分析を行うには、まず [実験計画 (DOE)] > [ナビ付き DOE] を選択して「ナビ付き DOE」のウィンドウを呼び出します。「ナビ付き DOE」プラットフォームでは、計画から分析までの一連のステップがタブに分けて表示されます。

- 「定義」
- 「モデル」
- 「計画」
- 「データ入力」
- 「分析」
- 「予測」
- 「レポート」

定義

「ナビ付き DOE」の「定義」タブでは、入力変数（因子）と出力変数（応答）を定義します。

応答

最初、「応答」セクションは閉じた状態になっています。グレーの開閉アイコンをクリックするとセクションが開きます。「応答」セクションでは、実験の測定値（応答）を指定します。

選択

「目標」セクションでは、応答の目標を選ぶことができます。「限界」セクションでは、「応答」の限界に関する説明が書かれています。

応答に関する設定

計画に応答を追加するたびに、下側にある「応答」の表が更新されます。デフォルトでは、表「Y」という名前で、「目標」が「最大化」に設定された応答が設定されています。計画には少なくとも 1 つの応答が必要です。

応答の追加 「応答の追加」ボタンをクリックすると、「**応答数**」で指定した数の応答が、「目標」セクションで指定した目標で入力されます。「目標」の種類は、「[最大化]・[目標値に合わせる]」、「[最小化]・[なし]」です。「目標値に合わせる」を選択した場合は、目標の限界値も入力してください。「最大化」または「最小化」を選択した場合、目標の限界値を入力することは必須ではありませんが、結果の分析時に因子の設定を最適化する場合、入力しておく役に立つことがあります。

選択項目の削除 選択されている応答を削除します。

応答名 応答の名前。追加した応答には、デフォルトの名前が付きます。名前を変更するには、ダブルクリックして新しい名前を入力します。

目標 応答変数を、どうしたいかを指定する。最大化 (望大特性)、最小化 (望小特性)、特定の目標値に一致させる (望目特性)、目標がない、のいずれかを選択する。

下側限界・上側限界 (オプション) 応答の仕様限界。

重要度 応答が複数ある場合は、指定した重要度の値を使って全体の満足度関数が計算されます。重要度は、応答の重みとして扱われます。応答が 1 つしかない場合、重要度はデフォルトで 1 に設定されるため、重要度を指定する必要はありません。「重要度」の値の入力は任意です。

JMP PRO 検出限界 上側および下側の検出限界は、応答変数において測定が可能な範囲を示します。

単位 応答の測定単位。欄をクリックして適切な単位を入力してください。

因子

因子とは、入力変数（実験において制御する変数）を指します。「ナビ付き DOE」では、連続量・カテゴリカル・離散数値の因子を扱えます

選択

まず、「選択」セクションの説明に基づいて、計画に追加する因子の種類を選択してください。[ヒントの表示] をクリックすると、その種類に関する説明が表示されます。次に、追加したい該当の因子の個数を指定し、[因子の追加] をクリックします。計画に追加したい因子の種類ごとに、この操作を繰り返してください。

因子に関する設定

「因子に関する設定」の表は、計画に因子を追加するたびに更新されていきます。計画には少なくとも2つの因子が必要です。

因子の追加 指定した個数の因子が「因子に関する設定」の表に追加され、指定の役割が割り当てられます。

因子数 追加したい因子の個数を指定します。

選択項目の削除 選択されている因子が削除されます。

名前 因子の名前。追加した因子には、デフォルトの名前が付きます。名前を変更するには、ダブルクリックして任意の名前を入力します。

役割 因子の役割を指定します。因子の役割には、連続変数・離散数値・カテゴリカルがあります。役割を割り当ておくことで、データの収集後、因子が適切にモデル化されます。因子に「設定」セクションで選択した役割が割り当てられます。

変更 因子水準を変更する難しさを、[容易]・[困難]・[非常に困難]の中から選択します。「ナビに従い設定」モードでは、すべての因子が[容易]に設定されます。「自分で細かく設定」モードでは、[困難]または[非常に困難]を選択して分割実験を作成することができます。

値 実験における因子の設定。値を変更するには、デフォルトの値をクリックし、任意の値を入力します。

単位 因子の測定単位。欄をクリックして適切な単位を入力してください。

「因子」テーブルのオプション

「ナビ付き DOE」の因子テーブルにある赤い三角ボタンをクリックすると、次のオプションが表示されます。

応答の保存 「応答」パネルの情報を、新しいデータテーブルに保存します。これで保存した情報は、ほとんどの「実験計画(DOE)」ウィンドウで簡単に読み込むことができます。応答の情報を後で再利用したい場合に便利です。

応答のロード データテーブルから応答の情報を読み込みます。応答の情報を含むこのデータテーブルは、[応答の保存] オプションによって作成することができます。

因子の保存 「因子」パネルの情報を、新しいデータテーブルに保存します。各因子の列には、その因子の水準が表示されます。その他の情報は、列プロパティとして保存されます。これで保存した情報は、ほとんどの「実験計画(DOE)」ウィンドウで簡単に読み込むことができます。

メモ: 空のデータテーブルにデータを直接入力して因子のデータテーブルを作成することもできますが、その場合も、すべての列に適切な役割を割り当てる必要があります。役割を割り当てるには、データグリッド内で列名を右クリックし、**[列プロパティ]** > **[因子の役割]** を選択します。そして、「因子の役割」セクションで、適切な役割を選択してください。

因子のロード データテーブルから因子を読み込みます。因子の情報を含むこのデータテーブルは、**[因子の保存]** オプションによって作成することができます。計画の種類に合わない因子を読み込もうとすると、警告が表示されます。

メモ: 「自分で細かく設定」モードでは、JMPの標準的な実験計画プラットフォームと同じように応答と因子を設定することができます。例については、「**応答**」を「**因子**」を参照してください。

モデル

「ナビ付き DOE」の「モデル」タブでモデルを指定します。事前の知識に基づいて重要度が高い因子や交互作用を予想し、モデルを選択します。モデルは、次の4種類の中から選びます。

主効果 このモデルとして、複数の因子の1次式を仮定します。最も単純なモデルです。

主効果だけ (2因子間交互作用と独立) モデル自体としては、複数の因子の1次式を仮定します。つまり、主効果だけのモデルを仮定します。しかし、その際、主効果の推定値が交互作用効果によってバイアス（偏り）をなるべく受けないような計画を作成します。

主効果とすべての2因子間交互作用 モデルとして、主効果と2因子間交互作用をすべて含んだモデルを仮定します。

応答曲面計画 モデルとして、複数の因子の2次式を仮定します。つまり、応答に対して2乗の曲面的な効果を持つモデルを仮定します。このモデルには、主効果・2因子間交互作用・2乗項が含まれます。応答曲面計画は、工程の設定を最適化するのに適しています。

メモ: 「自分で細かく設定」モードでは、「カスタム計画」プラットフォームと同じようにモデルを細かく設定することができます。例については、「**モデル**」を参照してください。

デフォルトの「**実験回数**」は、経済性と推定精度の間でバランスを取った回数です。実験回数が多いとコストがかかりますが、実験回数が少ないと推定精度が悪くなります。「**実験回数**」は、必要に応じて変更できます。入力した実験回数が必要最小限の回数を下回る場合、回数が自動的に修正されます。

計画

「ナビ付き DOE」の「計画」タブで、作成された計画を確認してください。そして、「データ入力」タブに移動して、実験結果のデータを入力するか、データを乱数でシミュレートしてください。

メモ: [データの書き出し] ボタンを使うと、計画を独立した JMP データテーブルに書き出すことができます。そのデータテーブルには、「モデル」と「計画の評価」のスクリプトが含まれます。

データ入力

「ナビ付きDOE」の [データ入力] タブでは、応答データの入力・ロード（読み込み）・シミュレーションができます。[定義] タブにて定義した応答に対して、実験で得られた応答値を直接入力することができます。

ヒント:

- 入力したデータは、ファイルに保存できます（[ファイル] > [保存]）。
- 「ナビ付きDOE」の表でできることは限られています。データテーブルに書き出すと、さまざまな操作や処理が可能になります。
- さらに別の応答を追加するには、[定義] タブを使用します。

応答

[データ入力] タブの「応答」表には、実験結果のデータを入力できます。

データの書き出し 計画と応答を独立した JMP データテーブルに書き出します。

応答のロード JMP データテーブルから応答を読み込みます。

計画の作成

[データ入力] タブの「計画」表には、計画が表示されます。

シミュレーションパネルの表示／非表示 シミュレーションパネルの表示／非表示を切り替えます。このパネルは、応答値を乱数でシミュレーションするのに使います。

シミュレーションパネル

シミュレーションパネルでは、応答値を乱数でシミュレートします。この機能は、授業やトレーニングにおいて疑似データを用いたい場合や、予想されるデータに対して現在の計画が適切かどうかを調べる場合に便利です。モデル効果を指定するには、各モデル項の「係数」に値を入力します。そして、そのモデルに沿った乱数を生成するには、[応答をシミュレート] をクリックします。[ゼロの係数] ボタンを使うと、係数の値がゼロにリセットされます。[ランダムな係数] ボタンを使うと、係数がゼロ以外のランダムな値に設定されます。そして、そのモデルに沿った乱数を生成するには、[応答をシミュレート] をクリックします。

メモ: 「正規 誤差 σ 」は、誤差の標準偏差 (RMSE) の予想値です。

因子プロット

「ナビ付き DOE」の因子プロットは、各因子に対して応答をプロットしたものです。データを入力する前は、プロットに各因子の水準が表示されます。Y 軸には値はありません。データ入力後のプロットには、X の各水準における応答の平均をつないだ線が表示されます。

分析

「ナビ付き DOE」の「分析」タブで実験計画の結果を分析します。セクションは応答ごとに分かれています。グレーの開閉アイコンを使って応答のセクションを開閉します。「分析」タブの最初のセクションでは、データを書き出したり、全効果のモデルまたは最良のモデルを選択したり、各モデル項の効果の推定値を確認したりできます。

データの書き出し 計画と応答を独立した JMP データテーブルに書き出します。

全効果のモデル (デフォルト設定) 分析に全効果のモデルを使用します。全効果のモデルでは、モデルにすべての因子(項)が含まれます。

最良のモデル 分析に最良のモデルを使用します。最良のモデルを選択する方法は、JMP と JMP Pro で異なります。

効果プロット

効果プロットは、モデルに含まれる各項に対する推定値と 95% 信頼区間が描かれています。信頼区間が緑色で描かれている項はモデルに含まれており、赤色で描かれている項は含まれていません。信頼区間が実線で描かれている項は統計的に有意で、点線の項は有意ではありません。

パラメータ推定値の表には、推定値と 95% 信頼区間が表示されます。この表には他にも、 p 値などの列がありますが、最初は表示されません。表を右クリックして「列」を選択すると、表示できる列のメニューが開きます。

メモ: モデルに含まれていない項の信頼区間は、0 で中心化され、幅は現在のモデルの RMSE から計算されています。重要な項を削除すると、すべての項において信頼区間が広がる傾向があります。

スチューデント化残差

「ナビ付き DOE」の「スチューデント化残差」プロットでは、モデルの適合度を評価することができます。点が中央線の周りにランダムに散らばり、赤い線の内側に収まっている場合は、モデルの適合度が良いことを示します。「[スチューデント化残差プロット](#)」を参照してください。

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、モデルが予測した値と観測された値をプロットしたものです。赤い線は $Y = X$ を表します。データ点が赤い線に近ければ近いほど、モデルはデータに適合しています。

メモ: 「自分で細かく設定」モードでは、JMPとJMP Proのプラットフォームを使った分析が可能です。[ナビ付き分析の更新] ボタンを使うと、モデルを「ナビに従い設定」モードに移すことができます。

予測

「ナビ付きDOE」の[予測] タブの予測プロファイルでは、予測値を求め、最適な因子設定を見つけることができます。赤い線をドラッグするか、赤い数値のテキストをクリックすると、因子の設定を変更できます。Y軸上の赤い値は予測値で、その95%信頼区間は青色で表示されています。モデルに含まれていない因子も、予測プロファイルには含まれています。モデルに含まれていない因子においては、予測プロファイルは平坦になっています。

最適化 応答の設定に基づいて、因子の最適な設定を特定します。

予測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。

メモ: 「自分で細かく設定」モードでは、赤い三角ボタンのメニューを使って因子の最適化を行います。

レポート

「ナビ付きDOE」の[レポート] タブは、計画と結果の分析をまとめたものです。レポートでは、表やプロットの軸をカスタマイズできます。表を右クリックし、[テーブルスタイル] を選択してスタイルのオプションを表示するか、[列] を選択して表示する列を指定します。グラフの軸を右クリックすると、カスタマイズのオプションが表示されます。

レポートの書き出し レポートをPDF ファイルまたはRTF ファイルに書き出します。

「ナビ付き DOE」プラットフォームの統計的詳細

この節では、「ナビ付きDOE」プラットフォームの統計的詳細について説明します。

- [「「ナビ付き DOE」の計画選択ルール」](#)
- [「「ナビ付き DOE」の \[分析\] タブの統計的詳細」](#)

「ナビ付き DOE」の計画選択ルール

「ナビ付き DOE」は、「カスタム計画」または「決定的スクリーニング計画」プラットフォームを使って計画を生成します。下の表は、大まかなルールをまとめたものです。決定的スクリーニング計画が使用される場合は、追加のルールが使われます。

表 7.2 「ナビ付き DOE」での計画

モデル	実験計画のプラットフォーム
主効果	カスタム計画 (D-最適)
主効果だけ (2 因子間交互作用と独立)	決定的スクリーニング計画またはカスタム計画 (交絡最適計画)
主効果とすべての 2 因子間交互作用	カスタム計画 (D-最適)
応答曲面計画	カスタム計画 (I-最適)

「ナビ付き DOE」は、以下の条件がすべて満たされた場合に決定的スクリーニング計画を生成します。

- 因子が 5 つ以上ある
- すべての因子が連続変数であるか、カテゴリカルである
- すべてのカテゴリカル因子が 2 水準である
- カテゴリカル変数の因子数が 3 つ以下である
- 連続変数の因子数がカテゴリカル変数の因子数以上である

「ナビ付き DOE」の [分析] タブの統計の詳細

「ナビ付き DOE」は、JMP にあるモデル推定のプラットフォームによって実験データを分析します。使用されるモデルは、計画の種類とモードによって異なります。

「ナビに従い設定」モードの場合、以下のルールに従って最良のモデルがあてはめられます。

- [ステップワイズ法] とベイズ情報量規準 (BIC) を使って項を選択し、パラメータ推定値や信頼区間の計算には「モデルのあてはめ」プラットフォームの [標準最小 2 乗法] 手法を使用します。これは、[ステップワイズ法] によって項を選択してから [モデルの実行] ボタンをクリックするのと同じです。
- モデルから項を削除した場合、[最小 2 乗法によるあてはめ] でパラメータ推定値が再計算されます。

[自分で細かく設定] モードでは、以下のルールに従ってモデルがあてはめられます。

- 変更が [困難] または [非常に困難] な因子がない場合、JMP では、「一般化回帰」プラットフォームにおける [AICc] 検証法での変数増加法が使用されます。
- 変更が [困難] または [非常に困難] な因子がない場合、JMP Pro では、「一般化回帰」プラットフォームにおける [AICc] 検証法での総あたり法が使用されます。

- 変更が「困難」または「非常に困難」な因子がある場合、JMPでは、「最小2乗法によるあてはめ」とREML法を使ってモデルがあてはめられます。
- 変更が「困難」または「非常に困難」な因子がある場合、JMP Proでは、「混合モデルのあてはめ」を使ってモデルがあてはめられます。

第8章

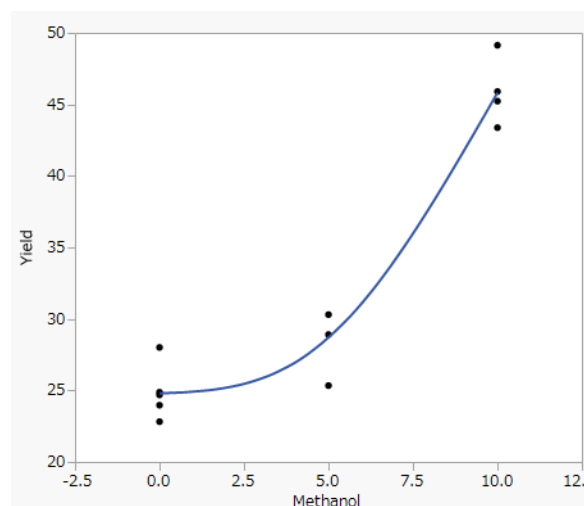
決定的スクリーニング計画

決定的スクリーニング計画（Definitive Screening Design; DSD）は、スクリーニング計画の一種です。決定的スクリーニング計画は、一連の実験における早い段階で行うスクリーニング計画であり、4因子以上の実験に適しています。決定的スクリーニング計画は、連続尺度の因子に対する計画ですが、2水準のカテゴリカル因子が含まれていても扱えます。決定的スクリーニング計画が最も適している状況は、因子の多くが連続尺度である場合です。決定的スクリーニング計画では、連続尺度の因子は3水準になっているので、それらの連続尺度の因子の2乗項も調べることができます。

決定的スクリーニング計画が標準のスクリーニング計画よりも優れているのは、次のような点です。

- 連続尺度の因子を3水準に設定して実験し、非線形効果をもつ因子を特定します。標準のスクリーニング計画では、連続尺度の因子は2水準です。標準のスクリーニング計画でも中心点を追加できますが、それらの追加された中心点は、いずれかの因子に曲線性があることしか確認できません。中心点を追加した標準のスクリーニング計画では、2乗効果をもつ因子がどれであるかを特定することはできません。
- 決定的スクリーニング計画では、すべての2次までの効果間において完全交絡がありません。また、連続尺度の主効果は、互いに直交しており、かつ、2因子間交互作用や2乗効果とも直交しています。さらに、2因子間交互作用同士は完全交絡していません。一方、実験回数が同程度である標準的なスクリーニング計画の多くでは、完全交絡があります。
- 標準的なスクリーニング計画だけでは曖昧さが残るために追加実験が必要な場合があります。決定的スクリーニング計画では追加実験を省くことができ、費用を節約できます。

図8.1 曲線性を示す応答と因子のプロット



目次

決定的スクリーニング計画の概要.....	251
決定的スクリーニング計画の例	253
決定的スクリーニング計画を作成する	256
応答	257
因子	259
計画のオプション	261
計画	263
計画の評価	263
出力オプション	264
決定的スクリーニング計画のオプション	266
応答のシミュレート	268
決定的スクリーニング計画の別例.....	270
決定的スクリーニング計画を一部実施要因計画と比較する例.....	270
ブロック因子を含む決定的スクリーニング計画の例.....	272
決定的スクリーニング計画を Plackett-Burman 計画と比較する例.....	276
決定的スクリーニング計画の統計的詳細	279
決定的スクリーニング計画の構造	280
実験データの分析.....	282

決定的スクリーニング計画の概要

決定的スクリーニング計画は、少ない実験回数で構成され、連続尺度の因子に対して3水準を設定する計画です。そして、すべての主効果と一部の交互作用および2乗項を推定できます。応答に大きく影響すると考えられる因子を特定するには、スクリーニング計画がよく使われています。スクリーニング計画を使えば、小規模な実験で多数の因子を調べることができます。

標準的なスクリーニング計画の多くは、主効果の推定に重点を置きます。決定的スクリーニング計画 (Definitive Screening Design; DSD) には、標準的なスクリーニング計画と比べて利点があります。決定的スクリーニング計画では、効果の交絡が少なく、また非線形効果を特定できます。決定的スクリーニング計画の利点と構成については、Jones and Nachtsheim (2011a) を参照してください。

連続尺度の因子だけを含む計画について、決定的スクリーニング計画と標準的なスクリーニング計画の違いを以下に示します。

メモ: なお、標準的なスクリーニング計画でも、中心点を追加すれば、2乗効果を推定できます。

- 主効果が2因子間交互作用と直交している
 - 決定的スクリーニング計画: 常に成立している
 - 標準的なスクリーニング計画: レゾリューションIV以上の場合のみ
- 2因子間交互作用が互いに完全交絡していない
 - 決定的スクリーニング計画: 常に成立している
 - 標準的なスクリーニング計画: レゾリューションV以上の場合のみ
- 主効果と2乗効果だけを含むモデルで、すべての2乗効果が推定可能である
 - 決定的スクリーニング計画: 常に成立している
 - 標準的なスクリーニング計画: 成立していない

これらの性質については、節の後半で詳しく説明します。

標準的なスクリーニング計画

一部実施要因計画やPlackett-Burman計画などの標準的なスクリーニング計画は、比較的少ないリソースで数多くの因子を調べようとします。ただし、標準的なスクリーニング計画には望ましくない特徴もあります。

- 主効果と2因子間交互作用が（完全に、または、部分的に）交絡する場合があります。たとえば、Plackett-Burman計画では、主効果は、一部の2因子間交互作用とのあいだに相関があります。1つまたは複数の2因子間交互作用の効果が大きかったら、曖昧さを解決するために追加の実験が必要になります。
- 2因子間交互作用が互いに（完全に）交絡する場合もあります。そのため、もし、いくつかの2因子間交互作用の効果が大きかったら、曖昧さを解決するために追加の実験が必要になります。

- 連続尺度の因子は、通常、2水準（低水準と高水準）のみに設定されます。しかし、エンジニアや科学者は、3水準（低水準・中水準・高水準）の設定を好む傾向があります。一般の物理現象は非線形な関係が一般的であり、非線形性を検出するのに2水準では不十分なためです。従来のスクリーニング計画に中心点を追加した計画は、いずれかの因子に非線形性があることは検出することができますが、非線形効果があるのはどの因子であるかを特定することはできません。

決定的スクリーニング計画

決定的スクリーニング計画では、次のことができます。

- モデルの曖昧さを回避し、重要な因子をすばやく効率的に特定します。
- 2次までの項が交絡するのを回避しながら、非線形効果をもつ因子を特定します。そのため、従来のスクリーニング計画に中心点を追加したときのように非線形性が存在するか否かのみを**検出**できるだけでなく、2乗の効果をもつ因子を**特定**することができます。

決定的スクリーニング計画には、次の利点があります。

- 決定的スクリーニング計画は、少ない実験回数ですみます。因子が6個以上ある場合、最小実験回数は因子数の倍を少し超えた数で済みます。実験回数の詳細については、「[カンファレンス行列と実験回数](#)」を参照してください。
- 主効果が2因子間交互作用と直交しているそのため、2因子間交互作用がたとえ存在していたとしても、そして、それらをモデルに含めても含めなくても、1次の主効果における推定値はそれらの影響を受けません。一方、レゾリューションIIIのスクリーニング計画では、一部の主効果は交互作用と完全に交絡します。また、Plackett-Burman計画は、部分的に交絡しており、重要な2因子間交互作用がある場合、それらの2因子間交互作用項をモデルに含めないと主効果の推定値にバイアス（偏り）が生じます。
- 一部の2因子間交互作用どうしは部分的に交絡していますが（つまり、一部の2因子間交互作用の間には相関は存在しますが）、完全に交絡する2因子間交互作用はありません。一方、レゾリューションIVのスクリーニング計画では、一部の2因子間交互作用は完全に交絡します。
- 主効果と2乗効果だけを含むモデルにおいて、すべての2乗効果が推定可能です。そのため、非線形性をもつ因子を特定できます。一方、中心点を追加した従来のスクリーニング計画では、主効果と2乗効果だけを含むモデルにおいて、すべての2乗効果を推定することは**できません**。
- すべての2乗の効果は、すべての1次の主効果と直交します。また、いずれの2乗の効果も、2因子間交互作用とは完全には交絡しません。ただし、相関が見られる場合があります。
- 6～30個の因子がある場合、そこから抜き出した任意の3個以下の因子で構成された完全2次式モデルのパラメータを精度よく推定できます。
- 18個以上の因子がある場合、そこから抜き出した任意の4個の因子で構成された完全2次式モデルをあてはめることができます。25個以上の因子がある場合、そこから抜き出した任意の5個の因子で構成された完全2次式モデルをあてはめることができます。

「決定的スクリーニング計画」プラットフォーム

「決定的スクリーニング計画」プラットフォームでは、連続尺度や2水準名義尺度の因子から構成された決定的スクリーニング計画を作成できます。また、ブロック因子を含む計画も作成できます。決定的スクリーニング計画の枠組みでは、応答に影響している効果（有効な効果; active effect）が多数ある場合、それらの効果に対する検出力を上げるために、（中心点以外の）実験を追加することもできます。

効果間における相関係数の絶対値を見るには、「スクリーニング計画」ウィンドウの「計画の評価」セクションにある「相関のカラーマップ」を使用します。「相関のカラーマップ」を比較することで、決定的スクリーニング計画の交絡構造と他の計画の交絡構造を比較することができます。「[相関のカラーマップ](#)」を参照してください。

決定的スクリーニング計画がもつ構造の詳細については、「[決定的スクリーニング計画の構造](#)」を参照してください。ブロック因子を含む決定的スクリーニング計画については、「[決定的スクリーニング計画のブロック](#)」を参照してください。決定的スクリーニング計画を使って取得したデータの分析方法については、「[実験データの分析](#)」を参照してください。

「決定的スクリーニングのあてはめ」プラットフォーム

決定的スクリーニング計画（Definitive Screening Design; DSD）で実験を行った後は、「決定的スクリーニングのあてはめ」プラットフォームで実験結果を分析してください。決定的スクリーニング計画で得られたデータに標準的なモデル選択法を適用すると、応答に影響している効果を見落とす恐れがあります。「決定的スクリーニングのあてはめ」プラットフォームでは、「[決定的スクリーニング計画の効果的モデル選択](#)」（Effective Model Selection for DSDs）によって、有効な（アクティブな）主効果と2次効果を特定します。この分析手法は、決定的スクリーニング計画に特有の構造を活かして分析を行います。「[決定的スクリーニングのあてはめ](#)」プラットフォーム」を参照してください。

JMPで決定的スクリーニング計画を作成すると、計画のデータテーブルに「決定的スクリーニングのあてはめ」というスクリプトが生成されます。このスクリプトは、前述の「決定的スクリーニング計画の効果的モデル選択」に基づき、自動的に分析を実行します。

決定的スクリーニング計画の例

この例では、決定的スクリーニング計画を使って、6個の因子の中から抽出工程の収率に影響を与える因子を特定します。「Extraction Factors.jmp」データテーブルに保存されている因子と設定を使用します。決定的スクリーニング計画を作成して、調べてみましょう。

1. **「実験計画(DOE)」 > 「決定的スクリーニング」 > 「決定的スクリーニング計画」** を選択します。
2. 「応答名」の欄の「**Y**」をダブルクリックし、「**収率**」と入力します。
3. **「ヘルプ」 > 「サンプルデータフォルダ」** を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Extraction Factors.jmp」を開きます。
4. 「決定的スクリーニング計画」の赤い三角ボタンをクリックし、**「因子のロード」** を選択します。
「因子」セクションに、因子名と範囲が入力されます。

図 8.2 抽出計画の応答と因子

▲ 応答

応答の追加 ▼

削除

応答数...

応答名	目標	下側限界	上側限界	重要度	検出下限	検出上限	単位
収率	最大化	.	.	.	.	.	

▲ 因子

連続変数

カテゴリカル

削除

N個の因子を追加

1

名前	役割	値	単位
▲メタノール	連続変数	0	10
▲エタノール	連続変数	0	10
▲プロパノール	連続変数	0	10
▲ブタノール	連続変数	0	10
▲pH	連続変数	6	9

因子の指定

それぞれのボタンをクリックして連続量因子またはカテゴリカル因子を追加。変更するには、因子名または因子水準をダブルクリック。

続行

5. [続行] をクリックします。
- 「計画のオプション」セクションが開きます。ここで、ブロック構造を指定できます。この例では、ブロック因子が不要なので、デフォルトの [ブロック因子なし] をそのまま使います。
- 実験を追加するオプションを選択して、2 次効果の検出力を大幅に向上させることもできます。「追加の実験回数」には、最低でも 4 回を指定することを強くお勧めします（デフォルトで 4 回に設定されています）。
6. [計画の作成] をクリックします。
- 「決定的スクリーニング計画」ウィンドウが更新されて、「計画」セクションと「計画の評価」セクションが表示されます。

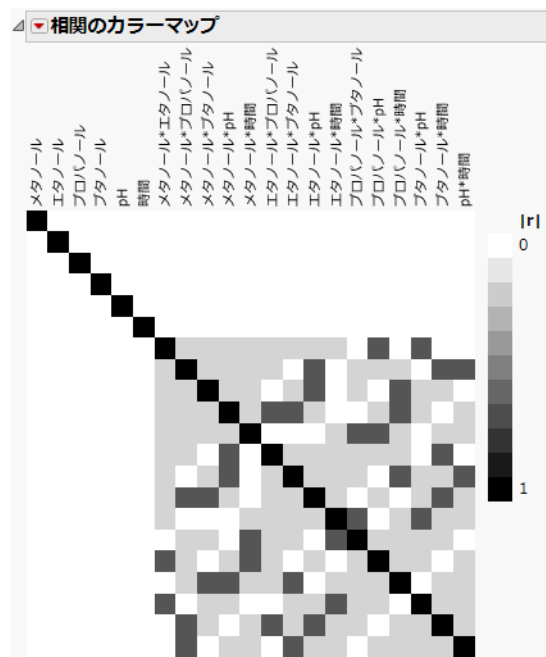
図8.3 計画の

実験	メタノール	エタノール	プロパノール	ブタノール	pH	時間
1	5	10	10	10	9	2
2	5	0	0	0	6	1
3	10	5	10	10	6	2
4	0	5	0	0	9	1
5	10	0	5	10	9	1
6	0	10	5	0	6	2
7	10	0	0	5	9	2
8	0	10	10	5	6	1
9	10	10	0	0	7.5	2
10	0	0	10	10	7.5	1
11	10	0	10	0	6	1.5
12	0	10	0	10	9	1.5
13	10	10	0	10	6	1
14	0	0	10	0	9	2
15	10	10	10	0	9	1
16	0	0	0	10	6	2
17	5	5	5	5	7.5	1.5

7. 「計画の評価」>「相関のカラーマップ」セクションを開きます。

この「相関のカラーマップ」では、主効果および2因子間交互作用における相関係数の絶対値が、色の濃さで表されています。

図8.4 抽出計画の相関のカラーマップ



次のことを注意してください。

- 白色のセルは、相関係数がゼロであることを表しています。主効果間の相関、および、主効果と2因子間交互作用との相関係数はゼロです。
- 薄いグレーのセルは、相関係数の絶対値が小さいことを表しています。2因子間交互作用の間の相関は弱いです。
- 黒色のセルは、相関の絶対値が1であることを表しています。黒色のセルはすべて、対角線上(効果のそれ自身との相関)だけにあります。

「出力オプション」パネルで、「実験の順序」に[ランダム化]が選択されています。

8. [テーブルの作成] をクリックすると、[図8.5](#)のような計画のデータテーブルが表示されます。

メモ: 実験の順序はランダムに決められるので、実際に作成されるデータテーブルにおける順序は[図8.5](#)と異なったものになります。

図8.5 抽出工程の決定的スクリーニング計画

	メタノール	エタノール	プロパノール	ブタノール	pH	時間	収率
1	5	0	0	0	6	1	•
2	0	0	10	0	9	2	•
3	5	10	10	10	9	2	•
4	0	5	0	0	9	1	•
5	10	0	10	0	6	1.5	•
6	10	10	10	0	9	1	•
7	10	5	10	10	6	2	•
8	0	10	0	10	9	1.5	•
9	0	10	5	0	6	2	•
10	5	5	5	5	7.5	1.5	•
11	10	10	0	10	6	1	•
12	10	10	0	0	7.5	2	•
13	10	0	5	10	9	1	•
14	0	10	10	5	6	1	•
15	10	0	0	5	9	2	•
16	0	0	0	10	6	2	•
17	0	0	10	10	7.5	1	•

決定的スクリーニング計画を作成する

決定的スクリーニング計画を作成するには、[実験計画(DOE)] > [決定的スクリーニング] > [決定的スクリーニング計画] を選択します。

「決定的スクリーニング計画」は、計画の手順を踏むごとに内容が更新されていきます。

- 「応答」
- 「因子」

- 「計画のオプション」
- 「計画」
- 「計画の評価」
- 「出力オプション」

応答

「応答」アウトラインでは、1つまたは複数の応答を指定します。

ヒント: 応答の設定を保存したい場合には、「応答」アウトラインへの入力完了後に、赤い三角ボタンのメニューから「**応答の保存**」を選択してください。これにより、応答の名前・目標・限界・重要度の値がデータテーブルに保存され、「実験計画 (DOE)」のプラットフォームにおいて後で再利用できるようになります。

図8.6 「応答」アウトライン

応答名	目標	下側限界	上側限界	重要度	検出下限	検出上限	単位
Y	最大化	.	.	.	.	.	

応答の追加 応答を1つ追加し、目標の種類を「最大化」(望大特性)、「目標値に合わせる」(望目特性)、「最小化」(望小特性)、「なし」、または「関数的応答」に設定します。「目標値に合わせる」を選択した場合は、目標の限界値を入力します。「最大化」または「最小化」を選択した場合、限界の入力は必須ではありませんが、満足度関数を使用する場合は、入力しておくことが役立ちます。

JMP PRO 関数的応答 (JMP Proでのみ使えます。) 計画にYという関数的応答の列を追加します。計画のデータテーブルの作成時には、この列に「FDE」列プロパティが追加されます(この「FDE」は、「Functional Data Explorer」(関数データエクスプローラ)の略です)。「関数的応答」の列は「関数データエクスプローラ」プラットフォームで使えます。「関数データエクスプローラ」プラットフォームにおいて、「関数的応答」の列を出力変数(Y変数)に、実験計画の因子を追加因子(Z変数)に指定することができます。関数的応答には、最初、1実験あたり5つの、均等間隔で並ぶ測定値が割り当てられます。値を変更するには、水準のテキストボックスをクリックします。水準数を変更するには、「1実験あたりの測定値数」の値をクリックします。1実験あたりの測定値数が10を超える場合、ダイアログが開き、開始値と水準間の増分を指定することができます。

削除 選択されている応答を削除します。

応答数 応答数を入力すると、その個数だけ応答変数が追加されます。デフォルトのY以外の応答を入力した場合、追加された応答の「目標」は、最後に入力した応答と同じものになります。そうでない場合、デフォルトの「目標」は「目標値に合わせる」です。目標を変更するには、テーブル内で目標の種類をクリックします。

「応答」アウトラインには、次のような列があります。

応答名 応答の名前。追加した応答には、デフォルトで「Y」、「Y2」... という名前がつきます。名前を変更するには、ダブルクリックして任意の名前を入力します。

目標・下側限界・上側限界 応答変数を、どうしたいかを指定します。最大化(望大特性)、最小化(望小特性)、特定の目標値に一致させる(望目特性)、目標がない、のいずれかを選択してください。指定された内容に従って、生成された計画のデータテーブルにおける各応答列に、「応答変数の限界」列プロパティが割り当てられます。この情報を使い、各応答の満足度関数が定義されます。「プロファイル」と「等高線プロファイル」は、これらの満足度関数を使って最適な因子設定を見つけます。詳細については、『プロファイル機能』の「プロファイル」章および「[「応答変数の限界」列プロパティ](#)」を参照してください。

- 「最大化」は、大きな値ほど良いこと(望大特性)を意味します。なんらかの下側限界や上側限界がある場合は、それらも指定してください。
- 「最小化」は、小さな値ほど良いこと(望小特性)を意味します。なんらかの下側限界や上側限界がある場合は、それらも指定してください。
- 「目標値に合わせる」の場合、指定された目標値が最良であること(望目特性)を意味します。デフォルトの目標値は、下側限界と上側限界の中間値に設定されます。
- 「なし」は、最適化の目標がないことを意味します。この場合、満足度関数は作成されません。

メモ: 「目標値に合わせる」を選んだときで、目標値が下側限界と上側限界の中間値ではない場合は、計画のデータテーブルを作成した後に変更してください。それには、データテーブルの応答列において **[列 > 列情報]** を選択し、列情報ウィンドウを開き、希望の目標値を入力します。

重要度 応答が複数ある場合は、指定した重要度の値を使って全体の満足度関数が計算されます。重要度は、応答の重みとして扱われます。応答が1つしかない場合、重要度はデフォルトで1に設定されるため、重要度を指定する必要はありません。

JMP PRO 検出限界 上側および下側の検出限界は、応答変数において測定が可能な範囲を示します。この「検出限界」は列プロパティとして保存されます。「一変量の分布」または「一般化回帰」プラットフォームで応答変数の打ち切りを指定するには、この「検出限界」列プロパティを使用します。『基本的な回帰モデル』の「一般化回帰」章を参照してください。

単位 因子の実験単位。欄をクリックして適切な単位を入力します。

「応答」アウトラインの編集

「応答」アウトラインでは、次のような作業ができます。

- 応答をダブルクリックして応答名を変更する。

- 目標をクリックして変更する。
- 限界または重要度の値をクリックして変更する。
- 複数の応答に対して、重要度の値を入力する。

「応答変数の限界」列プロパティ

応答の入力時に指定した「目標」・「下側限界」・「上側限界」・「重要度」は、最適な因子設定を見つける際に使用されます。これらの情報は、生成された計画のデータテーブルにおいて、各応答列の「応答変数の限界」列プロパティに保存されます。JMPは、この情報を使って満足度関数を定義します。満足度関数は、予測プロファイルで最適な因子設定を見つけるために使用されます。「応答変数の限界」列プロパティの詳細とその使用例については、「[「応答変数の限界」列プロパティ](#)」を参照してください。

下側限界と上側限界が指定されていない場合、観測された応答データの範囲に基づいて自動的に満足度関数が定義されます。下側限界と上側限界が指定されている場合には、それらの限界によって満足度関数が定義されます。満足度関数の作成については、『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。

因子

「因子」セクションで決定的スクリーニング計画の因子を追加します。

図8.7 因子

因子

連続変数 カテゴリカル 削除 **N個の因子を追加**

名前	役割	値	単位

因子の指定

それぞれのボタンをクリックして連続量因子またはカテゴリカル因子を追加。変更するには、因子名または因子水準をダブルクリック。

続行

「因子」セクションには、以下のようなボタンがあります。

連続尺度 「N個の因子を追加」で指定した数だけ、連続尺度の因子が追加されます。

カテゴリカル 「N個の因子を追加」で指定した数だけ、カテゴリカルな因子が追加されます。

削除 選択されている因子が削除されます。

N個の因子を追加 指定の種類の因子が追加されます。因子の数を入力し、[連続変数] または [カテゴリカル] をクリックします。「N個の因子を追加」を繰り返すことで、異なる種類の因子を複数追加することができます。

ヒント: 因子の設定を保存したい場合には、「因子」パネルへの入力that完了した後に、赤い三角ボタンのメニューから「因子の保存」を選択してください。これにより、因子の名前と値がデータテーブルに保存され、後で再利用できるようになります。「[決定的スクリーニング計画のオプション](#)」を参照してください。

「因子」セクションには、以下のような列があります。

名前 因子の名前。追加した因子には、デフォルトで「X1」、「X2」... という名前がつきます。名前を変更するには、ダブルクリックして任意の名前を入力します。

役割 因子の役割を指定します。役割は、「因子の役割」列プロパティとしてデータテーブルに保存されます。この列プロパティがあることで、因子の種類は適切にモデル化されます。

値 実験における因子の設定。値を変更するには、デフォルトの値をクリックし、任意の値を入力します。

「因子」の編集

「因子」セクションでは、次のように操作します。

- 因子名を編集するには、因子名をダブルクリックします。
- 値を編集するには、「値」列の値をクリックします。

因子の種類

連続変数 数値データを値として取る因子。連続変数とは、指定した下側限界から上側限界までの任意の数値に設定できる因子のことです。

カテゴリカル 2水準で、数値または文字の値を取ります。カテゴリカルな因子の値は、入力したときの左から右の順序で並べられます。この順序は、作成された計画のデータテーブルの各列における「値の表示順序」列プロパティに保存されます。

因子の列プロパティ

データテーブルには、各因子のさまざまな列プロパティが保存されます。

因子の役割 データテーブルにおけるすべての因子の列に、「因子の役割」列プロパティが割り当てられます。この「因子の役割」列プロパティの値は、実験を計画するときに指定した役割によって決まります。また、「計画のオプション」でブロック因子を含めることを指定した場合には、そのブロック因子の「因子の役割」列プロパティに「ブロック」が割り当てられます。「因子の役割」列プロパティは、データをモデル化するときに、どのように因子を用いるかを示しています。また、「因子の役割」列プロパティの値は、「拡張計画」プラットフォームでも使われます。

因子の変更 決定的スクリーニング計画で作成されたデータテーブルにおいては、因子の列における「因子の変更」列プロパティは、「容易」に設定されます。決定的スクリーニング計画では、1回の実験ごとに因子水準の変更を変更するものと仮定します。「因子の変更」の値は、「拡張計画」プラットフォームと「計画の評価」プラットフォームでも使われます。

コード変換 因子の役割が連続変数である場合は、「コード変換」列プロパティが保存されます。このプロパティは、最小値が-1、最大値が+1になるように因子の値を変換します。「最小2乗法によるあてはめ」レポートの推定値と検定は、変換後の値に基づいて計算されます。

値の表示順序 因子の役割がカテゴリカルまたはブロックの場合は、「値の表示順序」列プロパティが保存されます。この列プロパティによって、因子水準の表示順序が決まります。

ブロックあたり実験回数 ブロックあたりの実験回数を示します。「計画のオプション」セクションでブロック因子に関するいずれかのオプションを選択した場合、「計画の作成」をクリックすると、「ブロック」というデフォルト名の因子が「因子」リストに追加されます。その因子に対して、「ブロックあたり実験回数」列プロパティが保存されます。

計画のオプション

決定的スクリーニング計画の「計画のオプション」セクションでは、ブロックの構造、ブロックの個数、追加の実験回数を指定することができます。決定的スクリーニング計画では、ブロック因子は主効果と直交しています。なお、ブロックサイズは必ずしも等しくはなりません。

次のオプションがあります。

ブロック因子なし 計画にブロック因子を含めません。これがデフォルトの設定です。

ブロック因子を追加(2乗項を推定するための中心点も追加) ブロックを追加します。その際、「ブロックの数」テキストボックスで指定された個数のブロックを追加します。このオプションを選択すると、主効果と直交しているブロック因子を含み、かつ、すべての主効果と2乗効果から成るモデルが推定可能である計画が作成されます。「[ブロック因子を追加\(2乗項を推定するための中心点も追加\)](#)」を参照してください。

ブロック因子を追加(中心点は追加しない) ブロックを追加します。その際、「ブロックの数」テキストボックスで指定された個数のブロックを追加します。個数のこのオプションを選択した場合、計画の構造から必要とされる最低限の中心点しか追加されません。主効果と直交しているブロック因子を含み、かつ、すべての主効果と2乗効果から成るモデルが推定できない場合がある計画が作成されます。「[ブロック因子を追加\(中心点は追加しない\)](#)」を参照してください。

メモ: 「[ブロック因子を追加\(中心点は追加しない\)](#)」は、すべてではなく、いくつかの2乗効果しか重要ではないと想定できる場合にのみ使用してください。

ブロックの数 追加するブロックの個数を指定します。追加できるブロックの個数は、2つ以上、因子数以下です。

追加の実験回数 元の決定的スクリーニング計画に対して、中心点以外の実験を追加します。このオプションにより実験を追加した計画のデータには、モデル選択の方法として[効果的モデル選択](#) (effective model selection) を適用することができます。「[追加の実験](#)」および「[決定的スクリーニング計画の効果的モデル選択](#)」を参照してください。

ヒント: 応答に影響している効果(有効な効果; active effect)が多数ある場合は、この方法で実験を追加することにより、それらの有効な効果に対する検出力が向上します。追加の実験回数としては4回を推奨しています。4回の実験を追加すると、2次効果の検出力が大幅に向上します。

計画の作成 「計画」セクションに生成された計画が表示され、「計画の評価」セクションに評価の情報が表示されます。「出力オプション」パネルも開き、計画のデータテーブルを作成できるようになります。

決定的スクリーニング計画のブロック

ここでは、ブロックに関する次の2つのオプションについて説明します。

- 「[ブロック因子を追加\(2乗項を推定するための中心点も追加\)](#)」
- 「[ブロック因子を追加\(中心点は追加しない\)](#)」

ブロック因子を追加(2乗項を推定するための中心点も追加)

メモ: 2乗項を推定するブロック計画の作成方法と性質については、Jones and Nachtsheim (2016) を参照してください。この論文では、ブロック因子を変量効果として扱うことについても言及しています。

[[ブロック因子を追加\(2乗項を推定するための中心点も追加\)](#)] オプションで作成される計画は、次のような性質を持ちます。

- ブロック因子が主効果と直交している。
- すべての主効果と2乗効果から成るモデルが推定可能である。

計画に連続変数の因子だけが含まれている場合、以上の性質を持つ k 因子のブロック計画は、次のように作成されます。

- k 因子の決定的スクリーニング計画から、中心点を削除します。
- カンファレンス行列において符号がちょうど逆になっているペアを、同じブロックに割り当てます。
- 各ブロックに中心点を1つずつ追加します。

なお、一部の因子がカテゴリカルである場合で、[[ブロック因子を追加\(2乗項を推定するための中心点も追加\)](#)] オプションを選択したときには、(すべてのブロックにではなくて)いくつかのブロックだけに中心点をペアで追加します。この方法で作成された計画でも、その構造により、ブロック因子と主効果が直交しており、かつ、すべての主効果と2乗効果が推定可能となっています。

ブロック内に符号が逆になっているペアが含まれることが唯一の条件なので、ブロック数は、因子数 k が偶数の場合は $2 \sim k$ 、 k が奇数の場合は $2 \sim k+1$ となります。「[カンファレンス行列と実験回数](#)」を参照してください。JMPはなるべくサイズの等しいブロックを作成しようとします。

ブロック因子を追加(中心点は追加しない)

「ブロック因子を追加(中心点は追加しない)」オプションは、因子がすべて連続尺度なら中心点が1つの計画を作成し、カテゴリカルな因子があるなら中心点が2つの計画を作成します。作成される計画は、次のような性質を持ちます。

- ブロック因子が主効果と直交している。
- いくつかのブロック効果が、2乗効果の線形結合と完全交絡する場合がある。つまり、すべての主効果と2乗効果から成るモデルは、**推定不可能**になる場合がある。

そのため、一部の2乗効果を無視できると想定できる場合のみ、このオプションを使用してください。

追加の中心点がない k 因子のブロック計画は、次のように作成されます。

- カンファレンス行列において符号がちょうど逆になっているペアを、同じブロックに割り当てます。
- すべての因子が連続尺度の場合、1つの中心点をいずれか1つのブロックに割り当てます。
- ブロックなしの決定的スクリーニング計画では、カテゴリカルな因子がある場合、カンファレンス行列とその符号を変えたものから構成される計画に、2つの中心点を追加します。[「カンファレンス行列と実験回数」](#)を参照してください。この計画をもとに、中心点をさらに追加することなしにブロック因子を含む計画を作成する場合、これら既存の2つの中心点がいずれか1つのブロックに含められます。

ブロック内に符号が逆になっているペアが含まれることが唯一の条件なので、ブロック数は、因子数 k が偶数の場合は $2 \sim k$ 、 k が奇数の場合は $2 \sim k+1$ となります。[「カンファレンス行列と実験回数」](#)を参照してください。JMPはなるべくサイズの等しいブロックを作成しようとします。

計画

「計画」セクションには、決定的スクリーニング計画の実験が表示されます。実験は標準の順序で並べられます。計画テーブルの実験順序を変更するには、テーブルを作成する前に、「出力オプション」パネルの「実験の順序」オプションを選択します。

メモ: 4つ以下の因子で決定的スクリーニング計画を作成する場合は、5因子計画がベースになります。[「因子数が4つ以下の場合の決定的スクリーニング計画」](#)を参照してください。

計画の評価

「計画の評価」セクションでは、作成された計画の属性を評価する方法が多数提供されます。「計画の評価」セクションを開くと、次のようなオプションが表示されます。

検出力分析 指定された大きさをもつ効果を検出できるかどうかを調べます。

予測分散プロファイル 計画の領域内における予測分散を描いたグラフです。

計画領域率プロット モデルの予測分散が特定の値よりも小さくなっている領域は、全体に対してどれぐらいの割合であるかを描いたグラフです。

予測分散曲面 任意の2つの連続変数に対して、予測分散を曲面で表したグラフです。

推定効率 パラメータごとに、現在の計画で与えられる信頼区間の幅を、理想的な直交計画で与えられる信頼区間の幅と比較したときの増加率を示します。また、パラメータの相対標準誤差も計算されます。

交絡行列 モデルパラメータが、実際には影響があるのにモデルに含まれていない効果によってどれだけのバイアス（偏り）を受けているかを示す指標。

関連のカラーマップ 効果間における相関係数の絶対値を、色でプロットしたグラフです。

計画の診断統計量 計画の作成に使われた最適化基準が表示されます。また、計画の効率についての指標も表示されます。

メモ:

- 計画の診断統計量に使用するモデルには、すべての主効果と、推定可能であれば2因子の交互作用が含まれます。そうでない場合は、主効果のみが含まれます。
- 「計画の評価」セクションは、Cotter計画では表示されません。

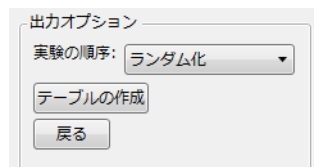
「計画の評価」セクションの詳細については、「[計画の評価](#)」を参照してください。

出力オプション

「決定的スクリーニング計画」プラットフォームの「出力オプション」パネルでは、次のことができます。

- 計画のデータテーブル内における実験の順序を指定する
- 計画のデータテーブルを作成する
- 「決定的スクリーニング計画」ウィンドウの1つ前の状態に戻る

図8.8 「出力オプション」パネル



「出力オプション」パネルには次のオプションがあります。

実験の順序

「実験の順序」オプションでは、出力するデータテーブル内における実験の順番を指定します。選択肢は次のとおりです。

変更なし データテーブルの行が、「計画」パネル内と同じ順序で並べられます。

左から右へ並べ替え データテーブルの行が、左から右への列の値によって並べ替えられます。

ランダム化 データテーブルの行が、ランダムな順序で並べ替えられます。

右から左へ並べ替え データテーブルの行が、右から左への列の値によって並べ替えられます。

ブロック内でランダム化 データテーブルの行が、設定したブロックの中でランダムに並べ替えられます。

テーブルの作成

決定的スクリーニング計画のデータテーブルを作成するには、[テーブルの作成] をクリックします。

「決定的スクリーニング計画」テーブルのテーブルパネル(左上)には、次のようなスクリプトがあります。スクリプトを実行するには、スクリプト名の横にある緑の三角ボタンをクリックしてください。

決定的スクリーニングのあてはめ [実験計画(DOE)] > [決定的スクリーニング] > [決定的スクリーニングのあてはめ] プラットフォームを実行します。「[「決定的スクリーニングのあてはめ」プラットフォーム](#)」を参照してください。

計画の評価 [実験計画(DOE)] > [計画の診断] > [計画の評価] プラットフォームを実行します。「[計画の評価](#)」を参照してください。

DOEダイアログ 現在のデータテーブルを作成するのに使った「決定的スクリーニング計画」ウィンドウを再現します。

図8.9 「決定的スクリーニング計画」テーブルに表示されたスクリプト

▼ 決定的スクリーニング計画									
計画 決定的スクリーニング計画									
▶ 決定的スクリーニングのあてはめ									
▶ 計画の評価									
▶ DOEダイアログ									
▼ 列(8/0)									
a									
■ ブロック*									
■ X1 *									
■ X2 *									
■ X3 *									
■ X4 *									
■ X5 *									
■ X6 *									
■ Y *									
▼ 行									
すべての行 18									
選択されている行 0									
除外されている行 0									
表示しない行 0									
ラベルのついた行 0									
		ブロック	X1	X2	X3	X4	X5	X6	Y
		1 1	-1	-1	1	1 L1	L1		
		2 1	-1	1	0	-1 L1	L2		
		3 1	1	-1	0	1 L2	L1		
		4 1	-1	-1	1	-1 L2	L2		
		5 1	1	1	-1	1 L1	L1		
		6 1	0	0	0	0 L2	L2		
		7 1	0	1	1	1 L2	L2		
		8 1	1	1	-1	-1 L2	L2		
		9 1	0	-1	-1	-1 L1	L1		
		10 1	0	0	0	0 L1	L1		
		11 2	1	1	1	-1 L2	L1		
		12 2	-1	0	-1	-1 L2	L1		
		13 2	-1	1	1	0 L1	L1		
		14 2	1	-1	1	-1 L1	L2		
		15 2	1	0	1	1 L1	L2		
		16 2	-1	-1	-1	1 L1	L2		
		17 2	1	-1	-1	0 L2	L2		
		18 2	-1	1	-1	1 L2	L1		

戻る

[戻る] ボタンを使用すると、[計画の作成] ボタンを押す前の状態に戻ります。以前のセクションに変更を加え、計画を作成し直すことができます。

決定的スクリーニング計画のオプション

「決定的スクリーニング計画」プラットフォームの赤い三角ボタンのメニューには、以下のオプションが含まれます。

応答の保存 「応答」パネルの情報を、新しいデータテーブルに保存します。これで保存した情報は、ほとんどの「実験計画(DOE)」ウィンドウで簡単に読み込むことができます。応答の情報を後で再利用したい場合に便利です。

応答のロード データテーブルから応答をロードします。[応答の保存] オプションを使って応答のデータテーブルを生成します。

因子の保存 「因子」パネルの情報を、新しいデータテーブルに保存します。各因子の列には、その因子の水準が表示されます。その他の情報は、列プロパティとして保存されます。これで保存した情報は、ほとんどの「実験計画(DOE)」ウィンドウで簡単に読み込むことができます。因子の情報を後で再利用したい場合に便利です。

メモ: 空のデータテーブルにデータを直接入力して因子のデータテーブルを作成することもできますが、その場合も、すべての列に適切な役割を割り当てる必要があります。役割を割り当てるには、データグリッド内で列名を右クリックし、[列プロパティ] > [因子の役割] を選択します。そして、「因子の役割」セクションで、適切な役割を選択してください。

因子のロード データテーブルから因子をロードします。[因子の保存] オプションを使って因子のデータテーブルを生成します。計画の種類に合わない因子をロードしようとすると、警告が表示されます。

制約の保存 (一部の計画では使用できません。)
「因子の制約を定義」または「線形制約」で定義した因子の制約を、データテーブルの列として保存します。これで保存した情報は、ほとんどの「実験計画(DOE)」ウィンドウで簡単に読み込むことができます。制約の情報を後で再利用したい場合に便利です。

制約のデータテーブルにおける冒頭の数行には、各因子に対する係数が含まれます。最後の行は、不等式の右辺値を含みます。各制約の列には、「以下」と「以上」のどちらの制約であるかを示す「制約状態」という列プロパティが含まれます。「[「制約状態」列プロパティ](#)」を参照してください。

制約のロード (一部の計画では使用できません。)
データテーブルから因子の制約をロードします。[制約の保存] オプションを使って制約のテーブルを生成します。

乱数シード値の設定 このオプションに指定した整数が、乱数を用いる処理の乱数シード値として使われます。次のような処理で、乱数は使われます。

- 計画作成の検索アルゴリズムにおける初期化
- データテーブル作成時における実験順序のランダム化
- 最適計画を探索するときの初期計画(開始点)の選択

計画を再現するには、その計画の生成に使われた乱数シード値を入力し、[計画の作成] をクリックします。

計画の作成に使われた乱数シード値は、計画のデータテーブルに保存される「DOE ダイアログ」スクリプトにも含まれます。

応答のシミュレート 計画のデータテーブルに、乱数で生成された応答値を含む列、および、応答値を乱数で生成するための計算式を含む列が追加されます。このオプションは、[テーブルの作成] をクリックする前に選択してください。

[テーブルの作成] をクリックすると、次の処理が実行されます。

- 乱数シミュレーションで生成されたデータ値が、応答変数の列に代入されます。
- 応答値を乱数シミュレーションで生成するための計算式を含む列が、新しい列として追加されます。このデータ値やこの計算式は、計画のウィンドウで指定したモデルに基づいています。
- 「モデル」ウィンドウが表示されます。このウィンドウで、モデルの効果の係数を設定するとともに、[正規]・[二項]・[Poisson] のいずれかの分布を指定できます。

メモ: 計画の種類によっては、使用できない確率分布もあります。

- 「シミュレーション」という名前のスクリプトが、計画のデータテーブルに保存されます。このスクリプトを実行すると、「モデル」ウィンドウが再び開き、シミュレーション値を再度計算したり、応答変数の確率分布を変更したりできます。

「モデル」ウィンドウでは、乱数シミュレーションで用いる応答変数の確率分布を選択してください。このウィンドウで [適用] ボタンをクリックすると、「<Y>のシミュレーション」という名前の列が更新されます。ここで、「<Y>」は応答列の名前です。[適用] を再びクリックすると、この「<Y>のシミュレーション」の値が更新されます。

詳細については、「[応答のシミュレート](#)」を参照してください。

メモ:  [応答のシミュレート] オプションを使うと、JMP Proのシミュレーションの機能を使って、乱数シミュレーションを実行できます。実験計画に関する乱数シミュレーションの詳細は、『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。

X行列の保存 「モーメント行列」および「モデル行列」というスクリプトを、計画のデータテーブルに保存します。スクリプトには、モーメント行列とモデル行列が含まれます。[「X行列の保存」](#)を参照してください。

注意: 名義尺度の因子を含む計画の場合、[X行列の保存] オプションによって保存された「モデル行列」は、「モデルのあてはめ」で使用する計画行列とは**異なります**。「モデルのあてはめ」で使用する計画行列を得るには、「決定的スクリーニングのあてはめ」から **[モデルの実行]** を選択した後、「モデルのあてはめ」レポートで、[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。

スクリプトをスクリプトウィンドウに保存 現在の「決定的スクリーニング計画」で定義している計画を作成するスクリプトを、スクリプトウィンドウに保存します。

応答のシミュレート

「応答のシミュレート」オプションを選択すると、「テーブルの作成」をクリックして決定的スクリーニング計画のデータテーブルを作成したときに、各応答変数について次のものが計画テーブルに追加されます。

- 応答変数の列に乱数が代入されます。
- 応答変数に対して乱数を生成する計算式が、新しい列として追加されます。この計算式は、計画のウィンドウで指定したモデルに基づいています。

「モデル」ウィンドウが開き、モデルのパラメータ値と、応答の確率分布を指定できます。このウィンドウで「適用」をクリックすると、シミュレーションモデルの計算式の列が更新されます。

シミュレーションの設定ウィンドウ

図8.10は、2つの連続尺度の因子（**X1** および **X2**）と、2水準のカテゴリカル因子（**X3**）を含む計画の「モデル」ウィンドウです。

図8.10 「応答をシミュレート」の設定ウィンドウ

因子

X1
X2
X3
オプション

交互作用 ▼ RSM

べき乗 ▼

応答をシミュレート

効果	Y
切片	1
X1	1
X2	1
X3 1	1

係数のリセット

項目の削除

分布

☒ 正規 誤差 σ: 1

☐ 二項

☐ Poisson

適用

このウィンドウには、以下の3つのセクションがあります。

- 因子
- 応答をシミュレート
- 分布

「応答をシミュレート」セクションでは、主効果モデルの項の係数が、すべてデフォルトで1となっています。「分布」セクションでは、デフォルトで「正規」が選択され、誤差の標準偏差が1となっています。「実験計画(DOE)」ウィンドウの「計画の評価」の下にある「検出力分析」セクションの「係数の予想値」を設定した場合は、その値が「応答のシミュレート」セクションの初期値になります。同様に、「RMSEの予想値」に指定した値が、誤差の標準偏差の初期値になります。

因子

「因子」セクションによって指定されたモデルに基づき、シミュレーションの乱数は生成されます。次のような効果を指定できます。

交互作用 リストにおいて因子を選択します。次に、「交互作用」メニューから次数を選択します。すると、「応答をシミュレート」セクションの「効果」リストに、リストで選択された因子の交互作用が追加されます。

RSM 「応答をシミュレート」セクションの「効果」リストに、設定できるすべての応答曲面の項が追加されます。

べき乗 リストにおいて因子を選択します。次に、「べき乗」メニューから次数を選択します。すると、「応答をシミュレート」セクションの「効果」リストに、リストで選択された因子のべき乗が追加されます。

応答のシミュレート

乱数データを生成するモデルを、次の手順で指定できます。

1. 応答値を生成するモデルの線形部分における係数を、「効果」の各項に入力します。これらの値に基づいて、線形関数 $L(\mathbf{x}, \beta) = \mathbf{x}'\beta$ が定まります。[図8.10](#)の「応答のシミュレート」セクションを確認してください。
 - $\mathbf{x}$ は、「効果」にリストされている項（効果）から成るベクトルです。
 - β は、「Y」に指定されたモデル係数から成るベクトルです。
2. 「分布」で、応答変数の確率分布を選択します。
3. 「適用」をクリックします。計画のデータテーブルにおいて、「<Y>のシミュレーション」という列の計算式が更新され、指定したモデルに基づいて乱数が生成されます。ここで、「<Y>」は応答変数の列名です。

係数のリセット すべての係数を0に設定します。

項目の削除 「効果」リストから、項を削除します。削除したい効果を選択して、「項目の削除」をクリックしてください。ただし、主効果を削除することはできません。

分布

「応答をシミュレート」ウィンドウで、いずれかの分布を選択します。

正規 正規分布に従う乱数を生成します。「誤差 σ 」に、誤差の標準偏差を入力してください。「因子」セクションで「変更」を「困難」に指定した因子がある場合は、一次単位における誤差の標準偏差を「一次単位 σ 」に入力してください。同様に、「困難」と「非常に困難」を指定した因子がある場合は、一次単位の誤差および二次単位の誤差の両方に関して、その標準偏差を入力してください。「適用」をクリックすると、「<Y>のシミュレーション」という列の計算式が更新され、乱数が生成されます。この計算式は、指定されているモデルに基づいて乱数を生成するものです。

二項 二項分布に従う乱数を生成します。「N」に試行回数を入力してください。試行回数がN、成功確率が $1/(1 + \exp(-L(\mathbf{x}, \beta)))$ の二項分布に従う乱数が生成されます。「適用」をクリックすると、「<Y>のシミュレーション」という列の計算式が更新され、乱数が生成されます。また、「試行回数」という列が作成され、そこには「N」に指定した値が代入されます。

Poisson 平均パラメータが $\exp(L(\mathbf{x}, \beta))$ である Poisson 分布の乱数を生成します。「適用」をクリックすると、「<Y>のシミュレーション」という列の計算式が更新され、乱数が生成されます。

メモ: 「テーブルの作成」をクリックしたときに、常に応答をシミュレートするようにデフォルト設定を変更できます。そのためには、「ファイル」>「環境設定」>「プラットフォーム」>「実験計画(DOE)」を選択します。そして、「応答のシミュレート」を選択します。

決定的スクリーニング計画の別例

この節では、「決定的スクリーニング計画」プラットフォームのさまざまな使用例を紹介します。

- 「決定的スクリーニング計画を一部実施要因計画と比較する例」
- 「ブロック因子を含む決定的スクリーニング計画の例」
- 「決定的スクリーニング計画を Plackett-Burman 計画と比較する例」

決定的スクリーニング計画を一部実施要因計画と比較する例

この例では、決定的スクリーニング計画を一部実施要因計画と比較します。決定的スクリーニング計画（「決定的スクリーニング計画の例」）を、従来のスクリーニング計画と比べてみましょう。この例では、2つの計画を交絡の観点から比較します。

1. 「実験計画(DOE)」>「古典的な計画」>「2水準スクリーニング」>「スクリーニング計画」を選択します。
2. 「応答名」の欄の「Y」をダブルクリックし、「収率」と入力します。
3. 「ヘルプ」>「サンプルデータフォルダ」を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Extraction Factors.jmp」を開きます。
4. 赤い三角ボタンをクリックし、「因子のロード」を選択します。
「因子」セクションに、因子名と範囲が入力されます。
5. 「続行」をクリックします。

6. 「一部実施要因計画の一覧から選択」を選択します。
 7. 「続行」をクリックします。
- 「計画のリスト」に、計画候補が表示されます。

図8.11 6つの連続変数に対するスクリーニング計画の一覧

計画のリスト			
リスト内の行をクリックして計画を選択してください。			
実験の 数	ブロック サイズ	計画の種類	レゾリューション - 推定できるもの
8	4	一部実施要因計画	3 - 主効果のみ
8		一部実施要因計画	3 - 主効果のみ
12		Plackett-Burman計画	3 - 主効果のみ
16	8	一部実施要因計画	4 - 一部の2因子交互作用
16		一部実施要因計画	4 - 一部の2因子交互作用
16		一部実施要因計画	4 - 一部の2因子交互作用
16		一部実施要因計画	4 - 一部の2因子交互作用
32	16	一部実施要因計画	5+ - すべての2因子交互作用
32		一部実施要因計画	5+ - すべての2因子交互作用
32		一部実施要因計画	4 - 一部の2因子交互作用
32		一部実施要因計画	4 - 一部の2因子交互作用
64	32	完全実施要因計画	>6 - 最大
64		完全実施要因計画	5+ - すべての2因子交互作用

8. 図8.11のように、実験回数16、ブロック因子なしの一部実施要因計画を選択します。
9. 「続行」をクリックします。
10. 「計画の表示と変更」>「効果の交絡関係」セクションを開きます。

図8.12 一部実施要因計画の「効果の交絡関係」

効果の交絡関係	
効果	交絡関係
メタノール*エタノール	= pH*時間
メタノール*プロパノール	= ブタノール*時間
メタノール*ブタノール	= プロパノール*時間
メタノール*pH	= エタノール*時間
メタノール*時間	= エタノール*pH = プロパノール*ブタノール
エタノール*プロパノール	= ブタノール*pH
エタノール*ブタノール	= プロパノール*pH

実験数16の一部実施要因計画の「効果の交絡関係」セクションは、すべての2因子間交互作用が、少なくとも1つの別の2因子間交互作用と交絡していることを示しています。この一部実施要因計画では、「メタノール*pH」が、「エタノール*時間」と完全交絡しています。このため、ある2因子間交互作用の影響を確認するには、実験を追加する必要があります。なお、「エタノール*時間」の交互作用は、因子を別の順序で指定すると、今回の例とは別の2因子間交互作用と交絡するようになります。

「**決定的スクリーニング計画の例**」では、実験数 17 の決定的スクリーニング計画を作成しました。この決定的スクリーニング計画の「**相関のカラーマップ**」(図 8.4)を見ると、2 因子間交互作用が他の 2 因子間交互作用と完全には交絡していません。一方、一部実施要因計画では、2 因子間交互作用の完全交絡が 7 つあります。いくつかの 2 因子間交互作用の効果が存在すると考えられる場面では、決定的スクリーニング計画を使用したほうがよいでしょう。

「**計画の比較**」プラットフォーム（[実験計画(DOE)] > [計画の診断] > [計画の比較]）を使って、2 つの計画をもっと詳しく比較することもできます。「**計画の比較**」を参照してください。

ブロック因子を含む決定的スクリーニング計画の例

この例では、ブロック変数を含む決定的スクリーニング計画を使用します。原材料に制約があり、先ほどの抽出実験を、2 つのロットの材料を用いて行う必要があるとします。ブロック変数は、ロットのばらつき考慮することができます。

計画の作成

抽出因子とその設定は、「**Extraction Factors.jmp**」サンプルデータにまとめられています。ブロック因子を含む決定的スクリーニング計画は、次のように作成します。

1. [実験計画(DOE)] > [決定的スクリーニング] > [決定的スクリーニング計画] を選択します。
2. 「応答名」の欄の「**Y**」をダブルクリックし、「**収率**」と入力します。
3. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「**Design Experiment**」フォルダの「**Extraction Factors.jmp**」を開きます。
4. 「決定的スクリーニング計画」の赤い三角ボタンをクリックし、「**因子のロード**」を選択します。
「因子」セクションに、因子名と範囲が入力されます。
5. [続行] をクリックします。
「計画のオプション」セクションが開きます。ここで、ブロック構造を指定できます。
6. [ブロック因子を追加(2乗項を推定するための中心点も追加)] を選択します。

「**ブロックの数**」は「**2**」のままにします。

ここで作成している計画は、後の例で用いる「**Extraction2 Data.jmp**」サンプルデータのものです。このサンプルデータは「**追加の実験回数**」をゼロにして作成しています。通常は、元の決定的スクリーニング計画に実験を 4 回だけ追加したものをを用いることを強く推奨しますが、この例では実験を追加していないものをを用います。

7. 「**追加の実験回数**」で「**0**」を選択します。
8. [計画の作成] をクリックします。

「決定的スクリーニング計画」ウィンドウが更新されて、「**計画**」セクションと「**計画の評価**」が表示されます。

「因子」と「計画」に「**ブロック**」が追加されていることを確認してください。

9. 「因子」で「ブロック」をダブルクリックし、「ロット」とタイプします。

「出力オプション」パネルで、「実験の順序」に「ブロック内でランダム化」が選択されていることを確認してください。

10. 「テーブルの作成」をクリックします。

メモ: 実際に作成されるデータテーブルにおける実験の順序は、図8.13と異なったものになります。

図8.13 ブロック因子を含めた決定的スクリーニング計画

	ロット	メタノール	エタノール	プロパノール	ブタノール	pH	時間	収率
1	1	5	5	5	5	7.5	1.5	•
2	1	5	10	10	10	9	2	•
3	1	5	0	0	0	6	1	•
4	1	10	0	5	0	9	2	•
5	1	0	0	0	10	7.5	2	•
6	1	0	10	5	10	6	1	•
7	1	10	10	10	0	7.5	1	•
8	2	10	5	0	10	9	1	•
9	2	0	10	0	0	9	1.5	•
10	2	0	0	10	5	9	1	•
11	2	10	0	10	10	6	1.5	•
12	2	0	5	10	0	6	2	•
13	2	10	10	0	5	6	2	•
14	2	5	5	5	5	7.5	1.5	•

実験1がロット1の中心点、実験14がロット2の中心点になっています。

実験データの分析

ここまでの操作により、実験を実施し、計画のデータテーブル（図8.13）の「収率」列にデータを記録する準備ができました。「Extraction2 Data.jmp」サンプルデータに、この実験の結果が含まれています。なお、「Extraction2 Data.jmp」サンプルデータの実験の順序は、図8.13とは異なります。

JMPの「ステップワイズ」プラットフォームの「すべてのモデル」オプションを使えば、すべての2次効果を探索することができます。また、変数増加法によるステップワイズ回帰を使用するという方法もあります。ただし、これらの標準的な手法では、応答に影響している効果（有効な効果; active effect）を見落とすことがあります。そのような理由から、「決定的スクリーニングのあてはめ」プラットフォームを使用することになります。

1. 「ヘルプ」>「サンプルデータフォルダ」を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Extraction2 Data.jmp」を開きます。
2. 計画のデータテーブルの「テーブル」パネルで、「決定的スクリーニングのあてはめ」スクリプトの横にある緑の三角ボタンをクリックします。

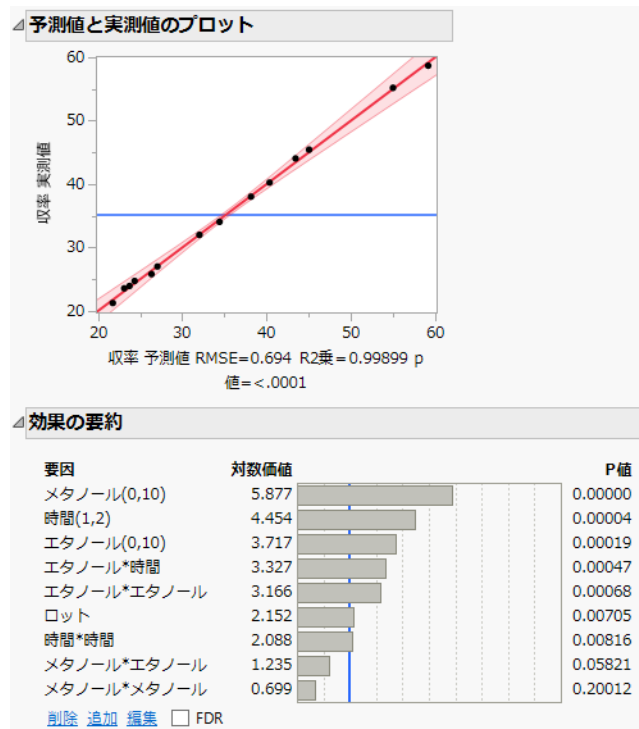
図8.14 「決定的スクリーニングのあてはめ」レポート

▼ 決定的スクリーニングのあてはめ 収率				
▲ ステージ1 - 主効果の推定値				
項	推定値	標準誤差	t値	p値(Prob> t)
メタノール	10.11	0.2516	40.188	<.0001*
エタノール	2.89	0.2516	11.488	0.0014*
時間	4.4436	0.2516	17.664	0.0004*
統計量	値			
RMSE	0.7955			
自由度	3			
☒ 2乗項を強い親子関係に従わせる				
☒ 交互作用を強い親子関係に従わせる				
▲ ステージ2 - 偶数次効果の推定値				
項	推定値	標準誤差	t値	p値(Prob> t)
切片	29.537	0.1114	265.03	0.0024*
ロット[1]	2.4953	0.1178	21.179	0.0300*
メタノール*エタノール	0.7474	0.0682	10.952	0.0580
エタノール*時間	5.9347	0.1362	43.587	0.0146*
メタノール*メタノール	-1.685	0.264	-6.383	0.0989
エタノール*エタノール	6.3325	0.1599	39.6	0.0161*
時間*時間	3.4031	0.1674	20.324	0.0313*
統計量	値			
RMSE	0.1666			
自由度	1			
▲ 組み合わせたモデルのパラメータ推定値				
項	推定値	標準誤差	t値	p値(Prob> t)
切片	29.537	0.4642	63.636	<.0001*
ロット[1]	2.4953	0.4907	5.0852	0.0071*
メタノール	10.11	0.2194	46.07	<.0001*
エタノール	2.89	0.2194	13.169	0.0002*
時間	4.4436	0.2194	20.249	<.0001*
メタノール*エタノール	0.7474	0.2842	2.6297	0.0582
エタノール*時間	5.9347	0.5671	10.465	0.0005*
メタノール*メタノール	-1.685	1.0994	-1.533	0.2001
エタノール*エタノール	6.3325	0.666	9.5082	0.0007*
時間*時間	3.4031	0.6974	4.8799	0.0082*
統計量	値			
RMSE	0.694			
自由度	4			
モデルの作成 モデルの実行				

「組み合わせたモデルのパラメータ推定値」レポートに、応答に影響している可能性が高い効果が表示されます。

- 「組み合わせたモデルのパラメータ推定値」レポートの下にある[モデルの実行] ボタンをクリックします。
すると、応答に影響している可能性が高い効果が含まれたモデルが最小2乗法によってあてはめられます。

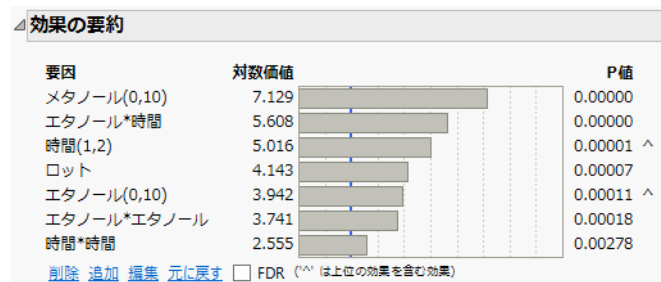
図8.15 「最小2乗法によるあてはめ」レポート



「予測値と実測値のプロット」には、あてはまりの悪さを示す証拠が見当たりません。「効果の要約」レポートからは、「メタノール*エタノール」と「メタノール*メタノール」が有意でないこともわかります。これらの効果はモデルから取り除くことにします。

- 「効果の要約」レポートで「メタノール*エタノール」と「メタノール*メタノール」を選択し、[削除]をクリックします。

図8.16 最終的な重要効果の組み合わせ



その他の効果はすべて有意です。結論として、「これらの効果が応答に影響している効果であろう」と言うことができます。

決定的スクリーニング計画を Plackett-Burman 計画と比較する例

この例では、「計画の評価」プラットフォームを使って、決定的スクリーニング計画と Plackett-Burman 計画を比較する方法を紹介します。Plackett-Burman 計画も、因子のスクリーニングに使われる計画で、一部実施要因計画の代わりに使われる場合があります。Plackett-Burman 計画では、主効果と交互作用との間に複雑な部分交絡が存在しています。

「計画の比較」プラットフォームのさまざまな使用例については、「[同じ実験回数の計画を使った例](#)」を参照してください。

決定的スクリーニング計画

- 1. [実験計画(DOE)] > [決定的スクリーニング] > [決定的スクリーニング計画] を選択します。
 - 2. 「N個の因子を追加」に「4」と入力し、[連続変数] をクリックします。
 - 3. 「N個の因子を追加」に「2」と入力し、[カテゴリカル] をクリックします。
- 「スクリーニング計画」ウィンドウは、[図8.17](#)のようになります。

図8.17 4つの連続尺度の因子と2つのカテゴリカル因子を含む決定的スクリーニング計画

決定的スクリーニング計画

応答

応答の追加 削除 応答数...

応答名	目標	下側限界	上側限界	重要度	検出下限	検出上限	単位
Y	最大化	.	.	.	.	.	

因子

連続変数 カテゴリカル 削除 N個の因子を追加 1

名前	役割	値	単位
X1	連続変数	-1	1
X2	連続変数	-1	1
X3	連続変数	-1	1
X4	連続変数	-1	1
X5	カテゴリカル	L1	L2

因子の指定

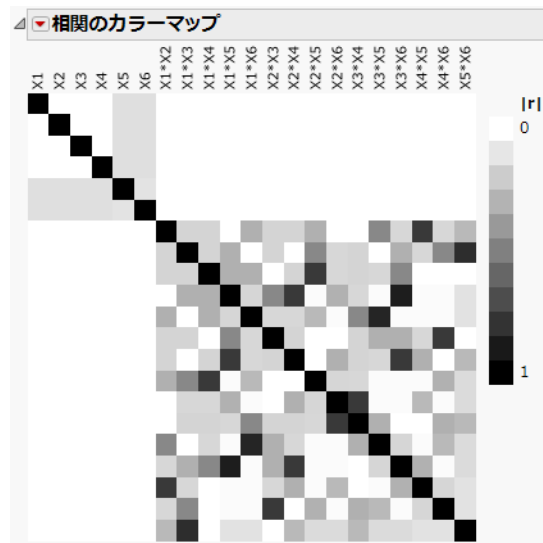
それぞれのボタンをクリックして連続量因子またはカテゴリカル因子を追加。変更するには、因子名または因子水準をダブルクリック。

続行

- 4. [続行] をクリックします。
- この例は、ブロック因子を必要としません。「計画のオプション」セクションで、[ブロック因子なし] オプションを選択します。
- 実験のサイズをほぼ同じにしたうえで比較したいので、元の決定的スクリーニング計画に実験を追加しないことにします。

5. 「追加の実験回数」で「0」を選択します。
6. 「計画の作成」をクリックします。
生成された計画の実験数は14です。
7. 「計画の評価」>「関連のカラーマップ」セクションを開きます。

図8.18 決定的スクリーニング計画のカラーマップ



カテゴリカルな主効果の間には、僅かな相関があります。また、それらと連続尺度の主効果との間にも、僅かな相関があります。しかし、これくらい僅かな相関であれば、推定精度はそれほど悪化しません。

8. 以下でPlackett-Burman計画のカラーマップと比較できるよう、「決定的スクリーニング計画」ウィンドウを開いたままにしてください。

Plackett-Burman 計画

次に、同じ因子構造を使用してPlackett-Burman計画を作成します。

1. 「実験計画 (DOE)」>「古典的な計画」>「2水準スクリーニング」>「スクリーニング計画」を選択します。
2. 「N個の因子を追加」に「4」と入力し、「連続変数」をクリックします。
3. 「N個の因子を追加」に「2」と入力し、「カテゴリカル」>「2水準」をクリックします。
4. 「続行」をクリックします。
5. 「一部実施要因計画の一覧から選択」を選択し、「続行」をクリックします。
「計画のリスト」に、計画候補が表示されます。

図8.19 Plackett-Burman計画

スクリーニング計画

応答

応答の追加 ▼ 削除 応答数...

応答名	目標	下側限界	上側限界	重要度	検出下限	検出上限	単位
Y	最大化	.	.	.	.	.	

因子

連続変数 離散数値 ▼ カテゴリカル ▼ 削除 N個の因子を追加 1

名前	役割	値	単位
▲ X1	連続変数	-1	1
▲ X2	連続変数	-1	1
▲ X3	連続変数	-1	1
▲ X4	連続変数	-1	1
▲ X5	カテゴリカル	L1	L2

計画のリスト

リスト内の行をクリックして計画を選択してください。

実験の 数	ブロック サイズ	計画の種類	レゾリューション - 推定できるもの
8		一部実施要因計画	3 - 主効果のみ
8	4	一部実施要因計画	3 - 主効果のみ
12		Plackett-Burman計画	3 - 主効果のみ
16		一部実施要因計画	4 - 一部の2因子交互作用
16	8	一部実施要因計画	4 - 一部の2因子交互作用
16	4	一部実施要因計画	4 - 一部の2因子交互作用
16	2	一部実施要因計画	4 - 一部の2因子交互作用
32		一部実施要因計画	5+ - すべての2因子交互作用
32	16	一部実施要因計画	5+ - すべての2因子交互作用
32	8	一部実施要因計画	4 - 一部の2因子交互作用
32	4	一部実施要因計画	4 - 一部の2因子交互作用
32	2	一部実施要因計画	4 - 一部の2因子交互作用
64		完全実施要因計画	> 6 - 最大
64	32	完全実施要因計画	5+ - すべての2因子交互作用

6. 実験回数12のPlackett-Burman計画を選択します (図8.19)。
7. [続行] をクリックします。
8. 「計画の評価」 > 「相関のカラーマップ」 セクションを開きます。

実験回数12のPlackett-Burman計画のカラーマップと、実験回数14の決定的スクリーニング計画のカラーマップを比較します。

図 8.20 Plackett-Burman 計画の相関（左）と決定的スクリーニング計画の相関（右）

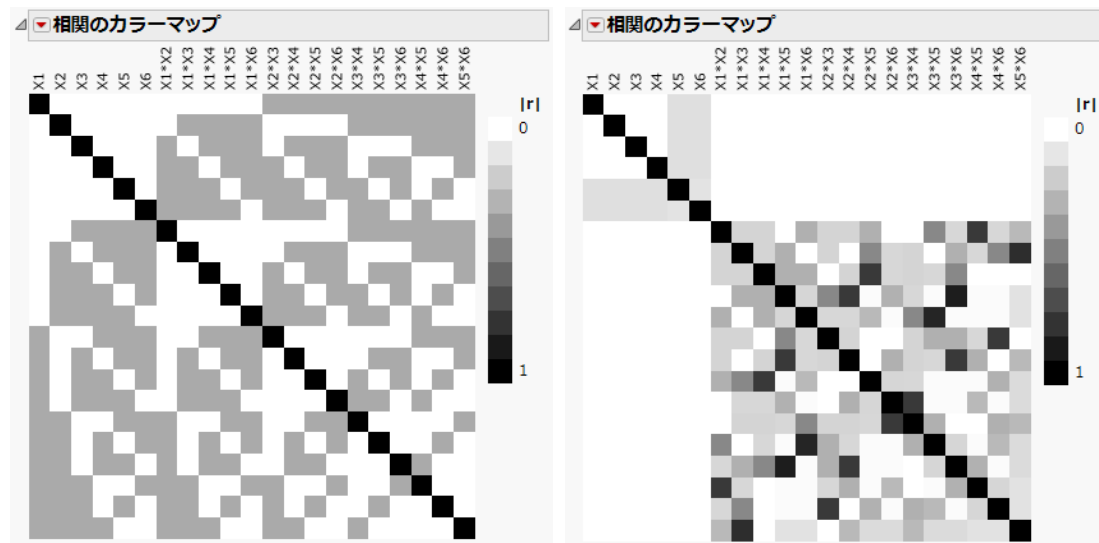


図 8.20 は、両方のカラーマップを表示していますが、Plackett-Burman 計画のカラーマップは、主効果と 2 因子間交互作用を含む部分だけを示しています。(Plackett-Burman 計画のカラーマップに 3 因子間交互作用を含めないようにするには、計画テーブルを作成してから、[計画の評価] プラットフォームを使用してカラーマップを作成してください。)

左側の Plackett-Burman 計画のカラーマップでは、ほとんどの 2 因子間交互作用と主効果に相関があることがわかります。つまり、2 因子間交互作用により、1 次主効果の推定値にバイアス（偏り）が生じます。そのため、2 因子間交互作用が実際に存在している場合には、影響をもつ主効果を特定できなかったり、影響をもたない主効果を「影響がある」と間違って結論してしまったりする可能性があります。

このカラーマップを右側の決定的スクリーニング計画のものと比較してみましょう。2 回の実験を追加しただけで、決定的スクリーニング計画では、1 次の主効果のあいだに僅かながら相関がありますが、1 次主効果と 2 因子間交互作用とは直交しています。

決定的スクリーニング計画の統計的詳細

この節では、決定的スクリーニング計画の構造と分析について詳しく解説します。

- 「決定的スクリーニング計画の構造」
- 「実験データの分析」

決定的スクリーニング計画の構造

図8.21は、連続尺度の8つの因子に対する決定的スクリーニング計画です。なお、偽因子（fake factor）を用いて、4回の実験を追加しています。次の点に注意してください。

- 決定的スクリーニング計画では 2 行が一組となっており、一方の行が別の行の折り重ね（foldover）になっています。つまり、偶数行が、その1つ前の行における符号を逆にしたものになっています。決定的スクリーニング計画のこのような構造によって、2因子間交相互作用と主効果とはすべて直交ようになります。
- 3 つの実験において、各因子には中間値が使われます。このため、すべての因子に関して、2 乗効果が推定可能になります。
- 17～20行目の実験は、偽因子（fake factors）を用いて、元の決定的スクリーニング計画に追加したものです。
- また、最後の行に中心点を追加すると、切片、すべての主効果、および、すべての2乗効果を含んだモデルが推定可能となります。

このような構造が、連続尺度の因子に対する決定的スクリーニング計画の標準的な構造です。

図8.21 8つの連続変数の決定的スクリーニング計画

計画								
実験	X1	X2	X3	X4	X5	X6	X7	X8
1	0	1	1	1	1	1	1	1
2	0	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1
3	1	0	-1	-1	-1	-1	1	1
4	-1	0	1	1	1	1	-1	-1
5	1	-1	0	-1	1	1	-1	-1
6	-1	1	0	1	-1	-1	1	1
7	1	-1	-1	0	1	1	1	1
8	-1	1	1	0	-1	-1	-1	-1
9	1	-1	1	1	0	-1	-1	1
10	-1	1	-1	-1	0	1	1	-1
11	1	-1	1	1	-1	0	1	-1
12	-1	1	-1	-1	1	0	-1	1
13	1	1	-1	1	-1	1	0	-1
14	-1	-1	1	-1	1	-1	0	1
15	1	1	-1	1	1	-1	-1	0
16	-1	-1	1	-1	-1	1	1	0
17	1	1	1	-1	-1	1	-1	1
18	-1	-1	-1	1	1	-1	1	-1
19	1	1	1	-1	1	-1	1	-1
20	-1	-1	-1	1	-1	1	-1	1
21	0	0	0	0	0	0	0	0

カンファレンス行列と実験回数

JMPの決定的スクリーニング計画は、カンファレンス行列 (Xiao et al., 2012) を使用して作成されます。カンファレンス行列は、 $m \times m$ の行列 $\mathbf{C}$ です (m は偶数)。行列 $\mathbf{C}$ は、対角要素が0、非対角要素が1または-1で構成されている行列のうち、次のような関係を満たしている行列です。

$$\mathbf{C}'\mathbf{C} = (m-1)\mathbf{I}_{m \times m}.$$

メモ: 特定の偶数 m については、カンファレンス行列が存在するかどうかかわかっていません。

ここでは、因子の数 k が5以上であるとします。 $k \leq 4$ の場合については、「[因子数が4つ以下の場合の決定的スクリーニング計画](#)」を参照してください。

k 個の因子がすべて連続尺度である場合について考えます。以下の説明では、カンファレンス行列が存在するものとして話を進めます。

- k が偶数の場合、 $k \times k$ のカンファレンス行列に基づいて計画を作成します。元のカンファレンス行列に、その符号を逆にした行列 $-\mathbf{C}$ を追加します。さらに、計画に中心点を追加することにより、切片・主効果・2乗効果を含んだモデルが推定可能となります。 k が偶数の場合、このように計画を作成すると、決定的スクリーニング計画の最小の実験回数は $2k+1$ となります。
- k が奇数の場合、 $(k+1) \times (k+1)$ のカンファレンス行列を使用し、最後の列を削除します。そして、中心点を追加します。 k が奇数の場合、このように計画を作成すると、スクリーニング計画の最小の実験回数は $2k+3$ となります。

因子の一部が2水準のカテゴリカルな因子である場合も、同様の方法で計画を作成します。以下の説明でも、カンファレンス行列が存在するものとして話を進めます。2水準のカテゴリカルな因子を含む決定的スクリーニング計画については、Jones and Nachtsheim (2013) を参照してください。

- 中心点での実験を、1つではなく2つ追加します。この中心点での2つの実験は、すべての連続尺度の因子を中間値に設定したものです。
- k 個の因子があり、 k が偶数の場合、全体の実験回数は $2k+2$ となります。
- k が奇数の場合、全体の実験回数は $2k+4$ となります。

カンファレンス行列が存在しない m の場合は、次に大きい偶数のカンファレンス行列に基づいて決定的スクリーニング計画が作成されます。その結果、全体の実験回数は、連続尺度の場合で $2k+3$ を超えることも、カテゴリカルの場合で $2k+4$ を超えることもあります。

追加の実験

決定的スクリーニング計画に実験を追加するには、**偽因子** (fake factor) と呼ばれる架空の因子を用います。計画に f 個の疑似因子を追加すると、 2^f 回の実験が追加されます。

実験で実際に調べる因子の個数を、 k としましょう。計画には4回または8回の実験を追加できます。実験を追加するには、まず、 $k+f$ 個の因子について、「[カンファレンス行列と実験回数](#)」で説明した方法で計画を作成します。そして、最後の f 列を削除します。実験を4回追加するだけでも、モデル選択において非常に効果的です。

上記の方法で実験を追加したときの統計分析については、「[決定的スクリーニング計画の効果的モデル選択](#)」を参照してください。

因子数が4つ以下の場合の決定的スクリーニング計画

4因子以下の決定的スクリーニング計画は、5因子の決定的スクリーニング計画に基づいて作成されます。4以下のカンファレンス行列から計画を作成すると、計画が好ましくない性質をもつからです。特に、2次効果の区別が難しくなります。

4因子以下の場合、まず、5因子の決定的スクリーニング計画が作成され、その後、不要な列が削除されます。そのため、4因子以下のブロックなしの計画では、全体の実験回数が、すべての因子が連続尺度なら13、一部の因子がカテゴリカルなら14となります。

実験データの分析

決定的スクリーニング計画の場合、いくつかの2因子間交互作用の効果があることを想定して、モデルをあてはめることが多いでしょう。モデルに2乗項を含めたい場合もあります。完全な2次式モデルをあてはめたい場合や、特定の2次項だけを含むモデルをあてはめたい場合などもあるかもしれません。そのような場合には、「決定的スクリーニングのあてはめ」プラットフォームを使った[決定的スクリーニング計画の効果的モデル選択](#)が役立つでしょう。「[「決定的スクリーニングのあてはめ」プラットフォーム](#)」を参照してください。

第9章

「決定的スクリーニングのあてはめ」プラットフォーム 決定的スクリーニング実験データの分析

決定的スクリーニング計画（Definitive Screening Design; 以下、"DSD"とも略す）のデータを分析するには、「決定的スクリーニングのあてはめ」プラットフォームを使用します。このプラットフォームでは、「決定的スクリーニング計画の効果的モデル選択」（Effective Model Selection for DSDs）と呼ばれる分析方法が使われています。この分析方法は、決定的スクリーニング計画の特性を利用しています。

決定的スクリーニング計画で得られたデータに通常のモデル選択法を適用すると、応答に影響している効果を見落とす恐れがあります。「決定的スクリーニング計画の効果的モデル選択」では、応答に影響している主効果や2次効果を特定するために、決定的スクリーニング計画の特性を利用しています。

図9.1 「決定的スクリーニングのあてはめ」の結果



目次

「決定的スクリーニングのあてはめ」プラットフォームの概要	285
決定的スクリーニング計画における変数選択	285
決定的スクリーニング計画の効果的モデル選択	285
「決定的スクリーニングのあてはめ」プラットフォームの例	286
「決定的スクリーニングのあてはめ」プラットフォームの起動	290
「決定的スクリーニングのあてはめ」レポート	290
ステージ1 - 主効果の推定値	291
ステージ2 - 偶数次効果の推定値	292
組み合わせたモデルのパラメータ推定値	293
主効果残差プロット	294
予測プロファイル	294
「決定的スクリーニングのあてはめ」プラットフォームのオプション	294
「決定的スクリーニングのあてはめ」プラットフォームの統計的詳細	295

「決定的スクリーニングのあてはめ」プラットフォームの概要

「決定的スクリーニングのあてはめ」プラットフォームでは、決定的スクリーニング計画 (Definitive Screening Design; 以下、“DSD”とも略す) がもつ特性を利用して、決定的スクリーニング計画によって得られたデータを分析します。この分析方法を、「決定的スクリーニング計画の効果的モデル選択」(Effective Model Selection for DSDs)と呼んでいます。JMPで決定的スクリーニング計画を作成すると、計画のデータテーブルに「決定的スクリーニングのあてはめ」というスクリプトが生成されます。このスクリプトは、効果的モデル選択によって、自動的に統計分析を行います。

決定的スクリーニング計画における変数選択

決定的スクリーニング計画は3水準計画であり、主効果および2次効果を特定するのに役立つ実験計画です。応答に影響している効果 (有効な効果; active effect) の個数が実験回数の半分以上であり、かつ、効果の大きさが誤差標準偏差の2倍を超えているような状況であれば、決定的スクリーニング計画は、その最小の実験回数だけで、それらの有効な効果を正確かつ高い確率で特定できます。

さらに、決定的スクリーニング計画は、その最小の計画に、適切に構成された実験を4つ以上追加すると、効果を特定できる確率が大幅に向上します。これらの追加された実験を、**追加実験** (extra runs) と呼びます。この追加実験は、**偽因子** (fake factor) と呼ばれる架空の因子によって追加されます。追加実験については、「[決定的スクリーニング計画の構造](#)」を参照してください。

偽因子を用いて実験を追加すると、2次効果に対する検出力が大幅に増加します。そのため、Jones and Nachtsheim (2016) は、最低4回の追加実験を含めることを強く推奨しています。

決定的スクリーニング計画の効果的モデル選択

決定的スクリーニング計画のデータに通常のモデル選択手法を適用すると、重要な効果を見落とす恐れがあります。Errore et al. (2017) を参照してください。また、通常のモデル選択手法は、決定的スクリーニング計画がもつ特有の性質を利用していません。「決定的スクリーニングのあてはめ」プラットフォームは、決定的スクリーニング計画の特性を利用した「決定的スクリーニング計画の効果的モデル選択」(Effective Model Selection for DSDs) という分析方法を採用しています。

Jones and Nachtsheim (2016) は、乱数シミュレーションによって、効果的モデル選択と通常のモデル選択を比較しており、次のような結果が報告されています。決定的スクリーニング計画に含まれる因子と偽因子が、全部で c であるとし、応答に影響している主効果 (有効な主効果; active effect) が4個以上ある場合は、ほとんどの状況で、 $c/2$ 個までの有効な2次効果を確実に特定できます。また、有効な主効果が3個以下の場合は、効果間の強い親子関係 (strong effect heredity) を前提とすると、すべての有効な2次効果を確実に特定できます。ここで、「**確実に特定する**」とは、誤差の標準偏差よりも3倍以上の大きさをもつ効果において、その検出力が0.80を超えている、という意味です。

「決定的スクリーニングのあてはめ」プラットフォームのデフォルトの設定は、効果間の強い親子関係(strong effect heredity)を前提としています。「効果間の強い親子関係」とは、主効果AとBの両方がモデルに含まれる場合にのみ、 $A \times B$ の交互作用を含めるかどうかを考慮する、という原則です。強い親子関係を仮定した場合、ある効果がモデルに含まれる場合には、その効果のすべての低次の効果もモデルに含まれている必要があります。「決定的スクリーニング計画の効果的モデル選択」では、効果間の強い親子関係を前提として、どの2次効果が影響しているかを特定します。確実に特定できる重要な2次効果の個数は、前述のとおりです。

決定的スクリーニング計画では、すべての2次効果は主効果とは直交しています。「決定的スクリーニング計画の効果的モデル選択」では、決定的スクリーニング計画におけるこの直交性を利用します。応答が分布する空間は、主効果に対応する空間と、それに直交する補空間に分けることができます。Miller and Sitter (2005)は、主効果に対応する線形空間を**奇空間**(odd space)と呼んでいます。なぜなら、この空間には、主効果・3因子効果・5因子効果など、次数が奇数である効果に関する情報がすべて含まれるからです。また、奇空間に対する直交補空間を**偶空間**(even space)と呼んでいます。この空間には、切片・2因子効果・4因子効果など、次数が偶数である効果に関する情報がすべて含まれます。

「決定的スクリーニングのあてはめ」プラットフォームは、このような考えに基づいています。主効果に対応する空間は奇空間です。奇空間に対する直交補空間、つまり偶空間には、2次効果と(存在する場合には)ブロック変数が含まれます。アルゴリズムについて詳しくは、「[決定的スクリーニング計画の効果的モデル選択](#)」およびJones and Nachtsheim (2016)を参照してください。

「決定的スクリーニングのあてはめ」プラットフォームの例

「決定的スクリーニングのあてはめ」プラットフォームを使って実験回数が18回である計画を評価します。計画は6因子を含む2ブロックの決定的スクリーニング計画で、追加の実験回数は4です。

メモ: 連続尺度の因子とカテゴリカル因子を含む計画の例を見るには、サンプルデータファイル「Peanut Data.jsp」を開き、「決定的スクリーニングのあてはめ」テーブルスクリプトを実行します。

モデルのあてはめ

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Extraction 3 Data.jsp」を開きます。
2. [実験計画(DOE)] > [決定的スクリーニング] > [決定的スクリーニングのあてはめ] を選択します。
3. 「歩留まり」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「ロット」から「時間」までを選択し、[X] をクリックします。
5. [OK] をクリックします。

2ステージに分けた分析が実行されます。アルゴリズムについて詳しくは、「[「決定的スクリーニングのあてはめ」プラットフォームの統計的詳細](#)」を参照してください。

ステージ1: 主効果の推定値

ステージ1では、応答に影響している可能性の高い主効果が特定されます。

図9.2 主効果に対するステージ1のレポート

▲ステージ1 - 主効果の推定値				
項	推定値	標準誤差	t値	p値(Prob> t)
メタノール	9.7133	0.3674	26.438	<.0001*
エタノール	2.3166	0.3674	6.3055	0.0015*
時間	4.0798	0.3674	11.104	0.0001*
統計量	値			
RMSE	1.3747			
自由度	5			
☒ 2乗項を強い親子関係に従わせる				
☒ 交互作用を強い親子関係に従わせる				

メモ: 偽因子は、計画や分析において因子として表示されません。

2つの偽因子で追加された4回の実験の情報を用いて、自由度2の誤差平方和が求められます。偽因子は、計画を作成するとき暗黙的に使われるだけであり、その構造上、応答には影響していません。そのため、偽因子を利用して求められた誤差分散推定値は不偏推定値となります。各主効果について、主効果の応答 Y_{ME} に対する検定を、この誤差分散推定値から求めます。この例では、「メタノール」・「エタノール」・「時間」の3つの因子の p 値が閾値より小さく、有意と判断されました。閾値の詳細については、「[ステージ1の手法](#)」を参照してください。

「プロパノール」・「ブタノール」・「pH」という、有意ではない3つの因子の変動は、偽因子の平方和に足されます。その結果、RMSEの自由度は、[図9.2](#)に示すように、5になっています。

ステージ2: 偶数次効果の推定値

ステージ2では、特定の基準が満たされるまで、2次効果（偶数次効果）が追加されていき、応答に影響している可能性が高い2次効果を見つけます。このステージ2では、2次効果である2因子間交互作用と2乗項が追加されていきます。

図9.3 ステージ2の偶数次効果のレポート

▲ステージ2 - 偶数次効果の推定値				
項	推定値	標準誤差	t値	p値(Prob> t)
切片	34.568	1.3459	25.683	0.0015*
ロット[1]	17.197	0.7757	22.171	0.0020*
メタノール*エタノール	-0.367	0.7127	-0.515	0.6581
メタノール*時間	0.5266	0.7127	0.7389	0.5369
エタノール*時間	9.8258	0.8534	11.514	0.0075*
メタノール*メタノール	7.637	1.4914	5.1208	0.0361*
エタノール*エタノール	-1.449	1.477	-0.981	0.4299
時間*時間	-3.297	1.477	-2.232	0.1552
統計量	値			
RMSE	2.0626			
自由度	2			

ステージ1では有意な主効果が3つ見つかったので、次は、それらの3因子から構成される2次効果を、特定の基準が満たされるまで追加していきます。今回の例では、ステージ2のレポートにはすべての2次効果が追加されています。これは、ステージ2で2次効果を追加していく全過程において、ステージ2のRMSEがステージ1のRMSEより常に大きいままだったからです。「[ステージ2の手法](#)」を参照してください。

ステージ2で求められたRMSEは自由度が2になっていますが、このRMSEは最終的なモデル（6つの2次効果すべて）から得た誤差標準偏差の推定値です。

組み合わせたモデルの結果

モデルに含められた効果は、「組み合わせたモデルのパラメータ推定値」レポートに表示されます。

図9.4 「組み合わせたモデルのパラメータ推定値」レポート

組み合わせたモデルのパラメータ推定値				
項	推定値	標準誤差	t値	p値(Prob> t)
切片	34.568	1.0452	33.074	<.0001*
ロット[1]	17.197	0.6023	28.552	<.0001*
メタノール	9.7133	0.4281	22.691	<.0001*
エタノール	2.3166	0.4281	5.4118	0.0010*
時間	4.0798	0.4281	9.5307	<.0001*
メタノール*エタノール	-0.367	0.5534	-0.663	0.5287
メタノール*時間	0.5266	0.5534	0.9516	0.3730
エタノール*時間	9.8258	0.6627	14.828	<.0001*
メタノール*メタノール	7.637	1.1581	6.5945	0.0003*
エタノール*エタノール	-1.449	1.1469	-1.264	0.2468
時間*時間	-3.297	1.1469	-2.875	0.0238*
統計量	値			
RMSE	1.6017			
自由度	7			

このレポートの下部のRMSEと自由度は、通常の標準最小2乗法によって得られる結果です。このレポートに表示されている効果を、最終的なモデルにおける効果の候補として使用するとよいでしょう。

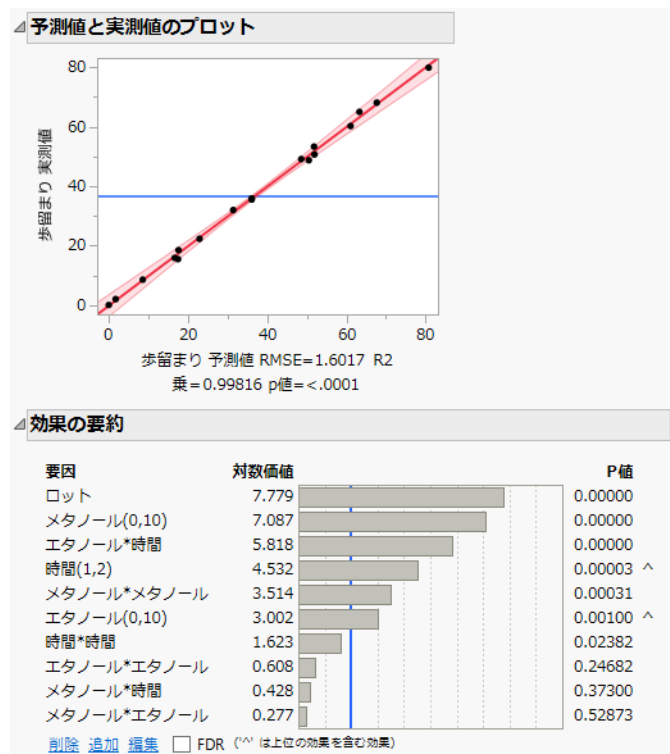
効果のさらなる削除

[モデルの作成] ボタンをクリックすると、「モデルのあてはめ」の起動ウィンドウが開き、その起動ウィンドウで選択された効果が指定されます。一方、[モデルの実行] ボタンをクリックすると、最小2乗法によってすぐにモデルがあてはめられます。

1. [モデルの実行] をクリックします。

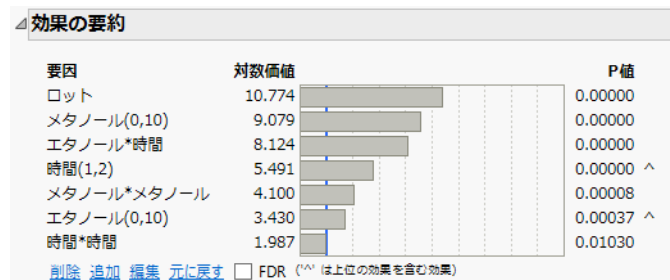
「予測値と実測値のプロット」には、あてはまりの悪さを示す証拠が見当たりません。「効果の要約」レポートを見ると、モデルからさらに効果を削除できる可能性が示唆されています。

図9.5 「予測値と実測値のプロット」と「効果の要約」レポート



- 「効果の要約」レポートから「メタノール*エタノール」を選択し、[削除] をクリックします。
「メタノール*時間」の p 値は、0.33750 です。次はこれを削除します。
- 「効果の要約」レポートから「メタノール*時間」を選択し、[削除] をクリックします。
「エタノール*エタノール」の p 値は、0.15885 です。次はこれを削除します。
- 「効果の要約」レポートから「エタノール*エタノール」を選択し、[削除] をクリックします。

図9.6 最終モデルに含まれる効果の「効果の要約」レポート



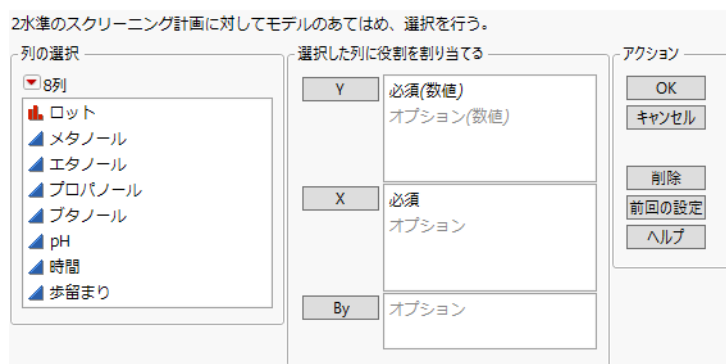
その他の効果は有意です。結論として、「これらの効果が応答に影響している効果であろう」と言うことができます。

「決定的スクリーニングのあてはめ」プラットフォームの起動

「決定的スクリーニングのあてはめ」プラットフォームを起動するには、[実験計画(DOE)] > [決定的スクリーニング] > [決定的スクリーニングのあてはめ] を選択します。

メモ: JMP で計画を作成した場合は、計画のデータテーブルに「決定的スクリーニングのあてはめ」というスクリプトが含まれています。このスクリプトを実行すると、分析をすぐに実行できます。

図9.7 「決定的スクリーニングのあてはめ」の起動ウィンドウ



Y 1つまたは複数の応答変数。数値型変数である必要があります。

X 連続尺度の因子か、2水準のカテゴリカル因子。このプラットフォームは、決定的スクリーニング計画の特性である折り重ね（foldover）を利用して分析を行います。そのため、これらの因子で、折り重ねになっている必要があります。

By この列の水準に従ってデータがグループ化され、それぞれ個別に分析されます。指定した列の水準ごとに、対応する行が分析されます。分析結果は、個別のレポートにまとめられます。複数の By 変数を割り当てた場合、それらの By 変数の水準の組み合わせごとに個別に分析が行われます。

「列の選択」の赤い三角ボタンのメニューのオプションについては、『JMPの使用法』を参照してください。

「決定的スクリーニングのあてはめ」レポート

「決定的スクリーニングのあてはめ」レポートには、以下のセクションがあります。

- 「[ステージ1 - 主効果の推定値](#)」

- 「ステージ2 - 偶数次効果の推定値」
- 「組み合わせたモデルのパラメータ推定値」
- 「主効果残差プロット」
- 「予測プロファイル」

ステージ1 - 主効果の推定値

決定的スクリーニング計画のあてはめは、2つのステージに分けて進められます。ステージ1では、主効果をあてはめます。「主効果の推定値」レポートには、応答に影響していると判定された主効果（有効であると判定された主効果）が表示されます。この判定の根拠は、 p 値が閾値より小さいかどうかです。

- 偽因子が使われていたり、中心点が反復されている場合には、モデルに依存しないで誤差分散を推定できます。そのような場合には、この誤差分散推定値に基づいて、主効果が検定されます。
- 偽因子が使われておらず、かつ、中心点も反復されていない場合は、有効ではない主効果から計算された誤差分散推定値に基づき、主効果の部分集合を順番に検定します。この方法を実行するためには、有効ではない効果が少なくとも1つ必要になります。

どちらの場合でも、有効ではない主効果の変動は、主効果の検定に用いた誤差分散に追加されます。

図9.8 ステージ1のレポート

▲ステージ1 - 主効果の推定値				
項	推定値	標準誤差	t値	p値(Prob> t)
メタノール	9.7133	0.3674	26.438	<.0001*
エタノール	2.3166	0.3674	6.3055	0.0015*
時間	4.0798	0.3674	11.104	0.0001*
統計量	値			
RMSE	1.3747			
自由度	5			
☒ 2乗項を強い親子関係に従わせる				
☒ 交互作用を強い親子関係に従わせる				

項 応答に影響していると判定された主効果（有効であると判定された主効果）。検定において p 値が閾値を下回った効果です。検定については、「[ステージ1の手法](#)」を参照してください。

推定値 主効果に対する係数（パラメータ推定値）。

標準誤差 推定値の標準誤差。ステージ1のRMSEを使用して計算されます。

t値 推定値を標準誤差で割った値。

p値(Prob>|t|) 誤差の自由度（DF）と t 値を使って計算される p 値。

RMSE ステージ1の分析で得られた、平均平方誤差の平方根（Root of Mean Square Error）。

- 偽因子が使われていたり、中心点が反復されたりしている場合には、それらの偽因子や中心点から計算される変動に、有効ではない主効果の変動を足したもののから、このRMSEは計算されます。

- 偽因子が使われておらず、かつ、中心点も反復されていない場合には、有効ではない主効果の変動から、このRMSEは計算されます。

自由度 RMSEを計算するのに使われた誤差の自由度。

- 偽因子が使われていたり、中心点が反復されたりしている場合には、偽因子の個数、中心点の反復数、有効ではない主効果の個数を足し合わせたものが、この自由度です。
- 偽因子が使われておらず、かつ、中心点も反復されていない場合には、有効ではない主効果の個数が、この自由度です。

2乗項を強い親子関係に従わせる ステージ2における2乗効果に親子関係を適用するかどうかを指定します。

交互作用を強い親子関係に従わせる ステージ2における交互作用に親子関係を適用するかどうかを指定します。

メモ:「効果に対する強い親子関係」(strong effect heredity)とは、主効果AとBの両方がモデルに含まれる場合にのみ、A×Bの交互作用を含めるかどうかを考慮する、という原則です。強い親子関係を仮定した場合、ある効果がモデルに含まれる場合には、その効果のすべての低次の効果もモデルに含まれている必要があります。

ステージ2 - 偶数次効果の推定値

決定的スクリーニング計画のあてはめのステージ2では、2次効果をあてはめます。「偶数次効果の推定値」レポートには、応答に影響していると判定された2次効果(有効であると判定された2次効果)が表示されます。有効な2次効果を選択するにあたって、特定の基準を満たすまで、変数の選択処理が繰り返されます。この方法(変数増加法)については、「[ステージ2の手法](#)」を参照してください。なお、ブロック効果が計画に含まれている場合は、そのブロック効果は有意であるかどうかに関わらず表示されます。

図9.9 ステージ2のレポート

▲ステージ2 - 偶数次効果の推定値				
項	推定値	標準誤差	t値	p値(Prob> t)
切片	34.568	1.3459	25.683	0.0015*
ロット[1]	17.197	0.7757	22.171	0.0020*
メタノール*エタノール	-0.367	0.7127	-0.515	0.6581
メタノール*時間	0.5266	0.7127	0.7389	0.5369
エタノール*時間	9.8258	0.8534	11.514	0.0075*
メタノール*メタノール	7.637	1.4914	5.1208	0.0361*
エタノール*エタノール	-1.449	1.477	-0.981	0.4299
時間*時間	-3.297	1.477	-2.232	0.1552
統計量	値			
RMSE	2.0626			
自由度	2			

項 ブロック因子と、応答に影響していると判定された2次効果(有効であると判定された2次効果)。

推定値 2次効果に対する係数(パラメータ推定値)。これらの推定値は、 Y_{2nd} から計算されます。「[応答の分解](#)」を参照してください。

主効果残差プロット

「主効果残差プロット」は、該当している因子以外の因子を主効果としたモデルの残差をY軸に、該当の因子の水準をX軸にプロットしたグラフです。水準間においてプロットされている残差が異なる場合、その因子は、重要な主効果であると考えられます。

メモ: なお、ブロック因子に対してはプロットされません。

予測プロファイル

予測プロファイルは、組み合わせたモデルの予測値をプロットしたものです。予測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。

「決定的スクリーニングのあてはめ」プラットフォームのオプション

「決定的スクリーニング計画」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ています。

ステージ1のp値を設定 ステージ1に使用する p 値を設定します。[「ステージ1の手法」](#)を参照してください。

ステージ2の比を設定 ステージ1のMSEに対するステージ2のMSEの比を指定します。[「ステージ2の手法」](#)を参照してください。

以下のオプションの詳細については、『JMPの使用法』を参照してください。

やり直し 分析を繰り返したり、やり直したりするオプションを含みます。また、[自動再計算] オプションに対応しているプラットフォームにおいては、[自動再計算] オプションを選択すると、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。

プラットフォーム環境設定 現在のプラットフォームの環境設定を表示したり、現在のJMPレポートの設定に合わせて環境設定を変更したりできます。

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。

「決定的スクリーニングのあてはめ」プラットフォームの統計的詳細

この節では、「決定的スクリーニングのあてはめ」プラットフォームで使用されている効果的モデル選択 (effective model selection) の概要を説明します。Jones and Nachtsheim (2016) を参照してください。

応答の分解

効果的モデル選択では、応答 Y を Y_{ME} と Y_{2nd} に分けます。ここで、 $Y = Y_{ME} + Y_{2nd}$ という関係があります。

- Y_{ME} は、主効果および偽因子に基づき Y の回帰を行って得た予測値です。

Y_{ME} は、主効果と偽因子に対して Y を回帰することにより得た予測値です。なお、決定的スクリーニング計画は折り重ね構造になっているので、この主効果部分にブロック因子は含められません。ブロック因子は Y_{2nd} に含められます。

- Y_{2nd} は、 $Y_{2nd} = Y - Y_{ME}$ で計算します。

メモ: 決定的スクリーニング計画では、 Y_{ME} と Y_{2nd} の列は互いに直交しています。

分析は2ステージに分けて進められます。

- ステージ1: 応答 Y_{ME} を使って、主効果を特定する。このステージでは、応答に影響している主効果（有効な主効果）を特定します。
- ステージ2: 応答 Y_{2nd} を使って、2次効果を特定する。このステージでは、ステージ1で有効であると特定された主効果を含む2次効果をすべて検討して、その中から有効と思われる2次効果を特定します。

メモ: ブロック因子がある場合は、有意であるかどうかに関わらず、ステージ2の効果のリストに加えられます。

ステージ1の手法

ステージ1の処理は、計画を作成するのに偽因子が使われたかどうか、または、中心点が反復されているかどうかによって異なります。

ケース1: 偽因子が使われたり、中心点が反復されたりしている場合

1. 偽因子や反復されている中心点を用いて、モデルに依存しない誤差分散の推定値が算出されます。3 以上の奇数次数の効果は存在しないという前提において、この誤差分散推定値はバイアス（偏り）のない不偏推定値です。
2. この誤差分散推定値に基づき、 Y_{ME} を用い、主効果を検定します。主効果の p 値閾値より小さくなる場合、その主効果は応答に影響している（有効である）と見なされます。閾値は次のとおりです。
 - 誤差の自由度が1の場合、閾値は0.20です。
 - 誤差の自由度が2の場合、 p 値に対する閾値は0.10です。

- 誤差の自由度が3以上の場合、 p 値に対する閾値は0.05です。
- ユーザが指定した場合には、その指定した p 値が閾値になります。

メモ: デフォルトとは異なる p 値の閾値を指定するには、「決定的スクリーニングのあてはめ」の赤い三角ボタンのメニューから「**ステージ1の p 値を設定**」を選択します。

3. この閾値を下回る p 値を持つ主効果がない場合は、有効な主効果がなく、有効な2次効果もないと結論付けられます。そして、この時点で、処理を終了します。
4. 有効な主効果が見つかった場合は、有効でない主効果のばらつきを、(1) で求めた誤差分散にプール（合算）します。

メモ: 計画の中にカテゴリカル因子がある場合、有効な主効果が選択されるたびに主効果係数の推定値が計算しなおされます。

ケース2: 偽因子が使われておらず、かつ、中心点も反復されていない場合

このケースでは、モデルに依存しない誤差分散の推定値は存在しません。有効でない主効果をもとに計算された誤差分散の推定値に対して、主効果を順番に検定していきます。主効果が m 個あるとしましょう。

1. Y_{ME} を応答として使用し、効果の推定値の絶対値を大きい順に並べます。
2. $1 \leq i < m$ とし、 i 番目に大きい効果の絶対値を検証するには、その効果、およびそれより大きい絶対値を持つ効果すべてを考慮に入れたモデルから計算した残差平方和を使用します。
3. 最小の p 値を持つモデルに含まれている効果が有効であると見なされます。
4. こうして有効な主効果を特定した後、有効でない主効果の変動を、誤差分散の推定値の計算に用います。この時も、 Y_{ME} を応答として使用します。

メモ: この「決定的スクリーニングのあてはめ」のケース2の処理が成立するには、有効な主効果と有効でない主効果が少なくとも1つずつ必要になります。有効な主効果がなかったり、すべての主効果が有効であったりした場合は、上述の説明とは異なった方法で主効果の組み合わせが特定されます。

ステージ2の手法

ステージ2で考慮される因子は、強い親子関係のオプションに左右されます。強い親子関係が選択されている場合、ステージ1で有効だと判断された主効果を含む2次効果のみが検討されます。ステージ2での手法は、ステージ1で有効だと判断された主効果の数によって決まります。

ケース1: 有効な主効果が7個以下

ステージ2では、特定の基準が満たされるまで2次効果を追加していきます。この処理では、ステージ1のMSEに対するステージ2のMSEの比が指定の閾値を上回っていれば、モデルに2次効果を加えていく処理が続けます。比が閾値以下になった時点で、モデルに2次効果を追加していく処理を終了します。デフォルトの閾値は1です。閾値が低ければ低いほど、有効だと判断される項の数が多くなります。

メモ: MSE 比の閾値を1以外に設定するには、「決定的スクリーニングのあてはめ」の赤い三角ボタンのメニューから「**ステージ2の比を設定**」を選択します。

ステージ2:

- 誤差の自由度が1の場合、 p 値に対する閾値は0.20です。
 - 誤差の自由度が2の場合、 p 値に対する閾値は0.10です。
 - 誤差の自由度が3以上の場合、 p 値に対する閾値は0.05です。
 - ユーザが指定した場合には、その指定した p 値が閾値になります。
1. まず、ステージ1の誤差推定値をもとに、 Y_{2nd} の変動を検定し、2次効果に起因する変動があるかどうかを調べます。
 - この検証の p 値が閾値より大きい場合には、応答に影響している2次効果（有効な2次効果）はないものとして、この時点で処理を終了します。
 2. この検証の p 値が閾値以下である場合は、サイズ k ($k = 1, 2, 3, \dots$) のモデルを、 $k = 1$ から順にあてはめていきます。
 3. 各 k について、サイズ k の組み合わせにおいて、MSEが最小となる組み合わせを取り出します。そして、そのMSEを、ステージ1のMSEと比べます。
 4. サイズ k の組み合わせにおいて、ステージ1のMSEに対するステージ2のMSEの比が、比に対して指定した閾値より小さくなっている場合は、処理を終了します。
 5. 処理を終了した k よりも1つ前の組み合わせが、有効な2次効果と見なされます。

ケース2: 有効な主効果が8個以上

ステージ1で8個以上の主効果が有効だと判断された場合、ステージ2では、変数増加法を使って2次項が選択されます。

第10章

スクリーニング計画

工業分野でも最も普及している実験計画の一つとして、スクリーニング計画が挙げられます。スクリーニング計画は、通常、一連の実験における初期段階で使用され、多数の因子の中から応答に対する影響が大きい因子を探し出します。そして探し出された因子をもとに、応答曲面計画などのより感度の高い計画でさらに検討を進めていきます。一般に、スクリーニング計画には、他の計画と比較して実験回数が少ないという利点があり、工程を効率的に改善できます。

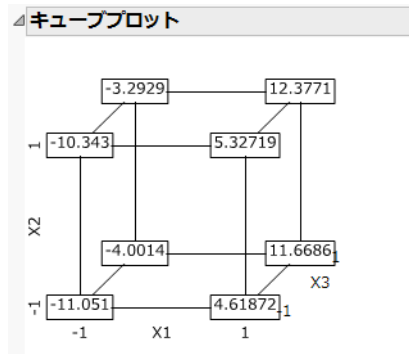
実験の状況に合う標準的なスクリーニング計画が存在する場合は、それらの計画から選択できます。場合によっては、ブロック因子のあるスクリーニング計画を用いることもあるでしょう。因子には、2水準の連続変数、3水準のカテゴリカル変数、または不連続の数値のみを取る連続変数（**離散数値**の因子）を使用できます。

一方、標準的なスクリーニング計画を使用できない場合もあります。そのような場合、スクリーニング計画プラットフォームでは、**主効果スクリーニング計画（main effects screening design）**が作成されます。主効果スクリーニング計画は、直交計画か殆直交計画のどちらかです。交互作用が無視できるほど小さい状況において、主効果を効率よく推定することを目的としています。

JMPでは、スクリーニング計画に代わる、次の2つの便利な実験計画も用意しています。

- 決定的スクリーニング計画は、2因子間交互作用が存在していると考えられる状況や、連続尺度の因子がもつ効果が曲線的であると考えられる状況において、特に有用です。「[決定的スクリーニング計画](#)」を参照してください。
- カスタム計画は、非常に柔軟性が高く、他の方法で作成した計画に比べ、コストを低く抑えられるのが特徴です。「[カスタム計画](#)」を参照してください。

図10.1 一部実施要因計画の結果



目次

スクリーニング計画の概要.....	301
スクリーニング計画の基本原則.....	301
スクリーニング計画の結果の分析.....	301
スクリーニング計画の例.....	302
スクリーニング計画の作成.....	309
応答.....	310
因子.....	312
スクリーニング計画の種類を選択.....	314
一部実施要因計画の一覧から選択.....	315
計画の種類.....	315
スクリーニング計画のレゾリューション.....	318
計画の表示と変更.....	319
主効果スクリーニング計画.....	321
計画の生成.....	322
計画.....	323
計画の評価.....	323
出力オプション.....	324
テーブルの作成.....	325
スクリーニング計画のオプション.....	326
スクリーニング計画の別例.....	328
一部実施要因計画の生成ルールを変更する例.....	328
Plackett-Burman計画の例.....	334
主効果スクリーニング計画の例（標準的な計画が存在しない場合）.....	339

スクリーニング計画の概要

スクリーニング計画は、応答に影響する因子を特定することを目的とした計画です。複雑で高度なモデルを作成することではなく、因子を特定することが目的なので、連続尺度の因子は、通常、2水準のみに設定されます。ただし、離散数値やカテゴリーカルな因子が含まれるような状況では、従来のスクリーニング計画が適さない場合があります。「スクリーニング計画」プラットフォームでは、2水準の連続変数、カテゴリーカル変数、離散数値という3種類の因子をすべて扱うことが可能です。

「スクリーニング計画」プラットフォームでは、以下の2種類のスクリーニング計画を作成できます。

- 古典的な計画: 指定した因子の条件に該当する古典的なスクリーニング計画がある場合は、一部実施要因計画、Plackett-Burman 計画、Cotter 計画、および混合水準計画から選択できます。
- 主効果スクリーニング計画: 標準的な計画を使用できるかどうかにかかわらず、主効果スクリーニング計画を作成できます。これらの計画は、直交計画または殆直交計画のいずれかで、交互作用が無視できるほど小さい状況において、主効果を効率よく推定することを目的としています。[「主効果スクリーニング計画」](#)を参照してください。

スクリーニング計画の基本原則

主効果に対するスクリーニング計画は、「効果の階層性」という経験的原則に基づいています。この原則は、「高次の効果よりも、低次の効果の方が影響や重要度が大きい」というものです。スクリーニング計画は、この原則に基づき、重要な主効果を特定することを主眼とします。高次の交互作用を調べたい場合は、「3因子間交互作用は、2因子間交互作用に比べて影響が無視できるほど小さい」という仮定に基づき、2因子間交互作用も調べます。[「効果の階層性」](#)および Wu and Hamada (2009) を参照してください。

効果の希薄性 (effect sparsity) という原則が成り立っていなければ、スクリーニング計画は有効な計画ではなくなります。この原則は、「応答変数の変動のほとんどは、少数の因子だけで説明できる」というものです。[「効果の希薄性」](#)を参照してください。

効果の希薄性の重要性を理解するために、7個の2水準因子がある例を考えてみましょう。この場合、完全実施要因計画とスクリーニング計画は、それぞれ次のようになります。

- 完全実施要因計画には因子水準のすべての組み合わせが含まれます。実験回数は各因子の水準数の積に等しくなります。この例では、 $2^7 = 128$ 回となります。
- それとは対照的に、スクリーニング計画では、完全実施要因計画の一部だけを実施することで実験数を減らします。7因子の場合、主効果だけのスクリーニング計画の実験回数は、たった8回です。

スクリーニング計画の結果の分析

スクリーニング計画は、多くの場合、多数の因子や交互作用を評価することを目的として使用されます。スクリーニング計画の実験結果は、誤差に自由度があり、誤差の推定値を求めることができる場合には、通常の回帰手法 ([\[分析\]](#) > [\[モデルのあてはめ\]](#)) によって分析できます。

一方、誤差の自由度がない場合もあります。そのような場合に対して、効果の希薄性を前提として、2水準計画の実験結果を分析するプラットフォームが提供されています（[実験計画(DOE)] > [古典的な計画] > [2水準スクリーニング] > [2水準スクリーニングのあてはめ]）。このプラットフォームでは、複数の応答と因子を扱えます。そして、有意である効果を自動的に探し出し、グラフや統計量で示します。「スクリーニング計画」を参照してください。スクリーニング計画を作成する具体例については、「一部実施要因計画の生成ルールを変更する例」および「Plackett-Burman 計画の例」も参照してください。

スクリーニング計画の例

「スクリーニング計画」プラットフォームを使って一部実施要因計画と主効果スクリーニング計画を作成し、工程に関する7つの因子を調べます。調査の対象は、電子ビームを利用した溶接機を使って2つのパーツを溶接するプロセスです。このプロセスでは、溶接用の固定具に2つのパーツを取り付け、それらのパーツを軽く接触させています。溶接機に電圧をかけると、電子ビームが発生し、2つのパーツが加熱されて溶着します。溶接面の理想的な深さは、0.17 インチ（4.3mm）です。調査の目標は、これを実現するのに最適な溶接機の設定を決定することです。

調査では7つの因子を扱います。

- 溶接機を操作する技師（「オペレータ」）。通常、2人の技師が機械を操作します。
- ビームの下でパーツを回転させる速度（「速度」。単位は rpm）
- ビームの強度に影響を及ぼす電流（「電流」。単位は amps）
- 溶接方法（「モード」）
- パーツの厚さ（「厚さ」。単位は mm）
- 継手がレ形開先か K 形開先か（「形状」）
- 溶接する材質の種類（「材質」）

これらの因子のうち、「速度」・「電流」・「厚さ」の3つは連続変数です。「オペレータ」・「モード」・「形状」・「材質」の4つはカテゴリカルな因子です。カテゴリカルな因子にはそれぞれ2つの水準があります。

1回のプロセスが終了するたびに、技師がパーツを2つに切断して溶接面を調べ、深さを測定します。溶接面の「深さ」とは、溶接によって発生した溶け込みの深さをインチで測定したものです。これがこの実験での応答です。

実験の目的は、次のとおりです。

- どの因子が溶接の深さに影響を及ぼすのかを判断する。
- それらの効果を定量化する。
- 溶接の深さが 0.17 ± 0.05 インチになると予測される因子設定を見つける。

予算では最大12回の実験を実行することが可能です。これらの状況に合わせて、2つの計画を作成し、比較してみましょう。1つ目は従来の一部実施要因計画で、この計画には8回の実験が含まれます。2つ目は主効果スクリーニング計画で、この計画には12回の実験が含まれます。

応答の指定

1. [実験計画(DOE)] > [古典的な計画] > [2水準スクリーニング] > [スクリーニング計画] を選択します。
2. 「応答」パネルで、「応答名」の欄の「Y」をダブルクリックし、「深さ」と入力します。
「目標」はデフォルトで「最大化」になっています。この例での目標は、深さが目標の0.17インチ(0.12 ~ 0.22インチの範囲内)になることです。
3. デフォルトの目標値である「最大化」をクリックし、「目標値に合わせる」に変更します。
4. 「下側限界」の欄をクリックして「0.12」と入力します。
5. 「上側限界」の欄をクリックして「0.22」と入力します。
6. 「重要度」の欄は空白にします。

応答が1つだけなので、デフォルトで、その応答に重要度1が割り当てられます。

入力後の「応答」セクションは図10.2のようになります。次に、因子を指定します。

因子の指定

「N個の因子を追加」に「3」と入力し、「連続変数」をクリックします。

7. 「X1」をダブルクリックして、「速度」と入力します。
8. Tab キーを押して他の値や因子に移動し、次のように変更します。
 - a. 「速度」の値を「3」と「5」に変更します。
 - b. 「X2」を「電流」に変更し、その値を「150」と「165」に変更します。
 - c. 「X3」を「厚さ」に変更し、その値を「20」と「30」に変更します。
9. 「N個の因子を追加」に「4」と入力し、「カテゴリカル」> [2水準] を選択します。
10. 「X4」をダブルクリックして、「オペレータ」と入力します。
11. Tab キーを押して他の値や因子に移動し、次のように変更します。
 - a. 「オペレータ」の値を「John」と「Mary」に変更します。
 - b. 「X5」を「モード」に変更し、その値を「Conductance」と「Keyhole」に変更します。
 - c. 「X6」を「形状」に変更し、その値を「Double」と「Single」に変更します。
 - d. 「X7」を「材質」に変更し、その値を「Aluminum」と「Magnesium」に変更します。

図10.2 溶接の実験の「応答」と「因子」

スクリーニング計画

応答

応答の追加 ▼ 削除 応答数...

応答名	目標	下側限界	上側限界	重要度	検出下限
深さ	目標値に合わせる	0.12	0.22	.	.

因子

連続変数 離散数値 ▼ カテゴリカル ▼ 削除 N個の因子を追加 1

名前	役割	値	単位
速度	連続変数	3	5
電流	連続変数	150	165
厚さ	連続変数	20	30
オペレータ	カテゴリカル	John	Mary
モード	カテゴリカル	Conductance	Keyhole
形状	カテゴリカル	Double	Single

因子の指定

それぞれのボタンをクリックして連続量因子またはカテゴリカル因子を追加するには、因子名または因子水準をダブルクリック。

続行

メモ: 因子を自動入力するには、[ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Weld Factors.jmp」を開きます。「スクリーニング計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[因子のロード] を選択します。

計画を選択する

1. [続行] をクリックします。

直前の手順で指定した因子と水準の組み合わせでは、標準的な一部実施要因計画を使用することが可能なので、「スクリーニング計画の種類を選択」パネルが表示されます。ここで、標準的な計画の一覧から選択するか、主効果スクリーニング計画を作成するかのどちらかを選択できます。

メモ: 次の手順にて乱数シード値を設定すると、以下の数値例と同じ結果が得られます。同じ結果でなくとも良い場合は、この手順は不要です。

2. (オプション)「スクリーニング計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[乱数シード値の設定] を選択します。次に、「12345」と入力して [OK] をクリックします。
3. デフォルトの [一部実施要因計画の一覧から選択] をそのまま使い、[続行] をクリックしてください。
4. 「一部実施要因計画」のうち、最初のものを選びます。

図 10.3 連続量の因子3つとカテゴリカルな因子4つの計画のリスト

▲ 計画のリスト

リスト内の行をクリックして計画を選択してください。

実験のロック		レゾリューション
数	サイズ	計画の種類
8		一部実施要因計画
12		Plackett-Burman計画
16		一部実施要因計画
16 8		一部実施要因計画
16 4		一部実施要因計画
16 2		一部実施要因計画
32		一部実施要因計画
32 16		一部実施要因計画
32 8		一部実施要因計画
32 4		一部実施要因計画
32 2		一部実施要因計画
64		一部実施要因計画
64 32		一部実施要因計画
64 16		一部実施要因計画

これは、8回の実験を含むレゾリューションIIIの一部実施要因計画です。レゾリューションについては、「スクリーニング計画のレゾリューション」を参照してください。

5. [続行] をクリックします。
- 「出力オプション」セクションで、「実験の順序」に[ランダム化]が選択されています。このオプションを選択すると、データテーブルにおいて実験の順序がランダムに並び替えられます。実験を実行するときは、このランダムに並び替えられた順序に従う必要があります。

図10.4 設定後の「スクリーニング計画」ウィンドウ

スクリーニング計画

応答

応答の追加 削除 応答数...

応答名	目標	下側限界	上側限界	重要度	検出下限
深さ	目標値に合わせる	0.12	0.22	.	.

因子

連続変数 離散数値 カテゴリカル 削除 N個の因子を追加 1

名前	役割	値	単位
速度	連続変数	3	5
電流	連続変数	150	165
厚さ	連続変数	20	30
オペレータ	カテゴリカル	John	Mary
モード	カテゴリカル	Conductance	Keyhole
形状	カテゴリカル	Double	Single

計画の表示と変更

生成ルールを変更

効果の交絡関係

コード化された計画

計画の評価

出力オプション

実験の順序: ランダム化

次を追加してJMPテーブルを作成する

中心点の数: 0

反復の回数: 0

テーブルの作成

戻る

6. 「計画の表示と変更」の下にある「効果の交絡関係」セクションを開きます。

図10.5 実験数8回の一部実施要因計画の「効果の交絡関係」

効果の交絡関係	
効果	交絡関係
速度	= 電流*材質 = 厚さ*形状 = オペレータ*モード
電流	= 速度*材質 = 厚さ*モード = オペレータ*形状
厚さ	= 速度*形状 = 電流*モード = オペレータ*材質
オペレータ	= 速度*モード = 電流*形状 = 厚さ*材質
モード	= 速度*オペレータ = 電流*厚さ = 形状*材質
形状	= 速度*厚さ = 電流*オペレータ = モード*材質
材質	= 速度*電流 = 厚さ*オペレータ = モード*形状

前の手順で、レゾリューションⅢの計画を選択しました(図10.3)。レゾリューションⅢの計画では、一部の主効果は2因子間交互作用と交絡します。「効果の交絡関係」セクションによると、この例のレゾリューションⅢの計画では、主効果はすべて完全に3つの2因子間交互作用と交絡しています。重要な2因子間交互作用が存在すると予想している場合、これは良い計画とは言えません。交絡については、「[2水準の一部実施要因計画](#)」を参照してください。

7. [テーブルの作成] をクリックします。

図10.6 計画データテーブル

	パターン	速度	電流	厚さ	オペレータ	モード	形状	材質	深さ
1	++++++	5	165	30	Mary	Keyhole	Single	Magnesium	•
2	--++--	3	165	20	Mary	Conductance	Single	Aluminum	•
3	+--+--	5	150	30	John	Conductance	Single	Aluminum	•
4	-----	3	150	20	John	Keyhole	Single	Magnesium	•
5	--++--	3	165	30	John	Keyhole	Double	Aluminum	•
6	++-----	5	165	20	John	Conductance	Double	Magnesium	•
7	---++--	5	150	20	Mary	Keyhole	Double	Aluminum	•
8	--++--	3	150	30	Mary	Conductance	Double	Magnesium	•

次の点に注意してください。

- 先ほど入力した応答名、因子名、および水準が表示されます。
- 「パターン」の列には、各因子の高水準と低水準の割り当て状況が、実験ごとに示されます。
- この一部実施要因計画は、レゾリューションⅢの計画です。7つの因子の主効果を、8回の実験で調べることができます。

主効果スクリーニング計画の作成

計画の作成に戻って、今度は主効果スクリーニング計画を作成してみましょう。標準的な計画が存在しない場合でも、主効果のスクリーニングに利用できる直交計画（または殆直交計画）を作成できます。

1. 「スクリーニング計画」ウィンドウを開きます。いったん閉じてしまった場合は、計画のデータテーブルの「**DOE ダイアログ**」スクリプトを実行します。
2. [戻る] をクリックします。
3. [続行] をクリックします。

メモ: 次の2つの手順に従って乱数シード値と開始点の数を設定すると、例と同じ結果が得られます。同じ結果でなくても良い場合は、これらの手順は不要です。

4. (オプション)「スクリーニング計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[乱数シード値の設定] を選択します。次に、「12345」と入力して [OK] をクリックします。
5. (オプション)「スクリーニング計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[開始点の数] を選択し、「50」と入力して [OK] をクリックします。

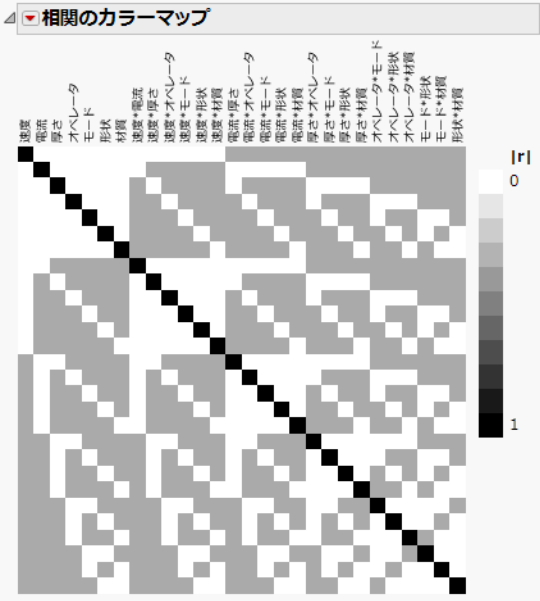
- 6. 「スクリーニング計画の種類を選択」パネルで、[主効果スクリーニング計画の作成] オプションを選択します。
- 7. [続行] をクリックします。
「実験の回数」のところで、[デフォルト値] が選択され、実験回数が12回に設定されています。この設定をそのまま使用します。
- 8. [計画の作成] をクリックします。

図10.7 主効果スクリーニング計画

計画							
実験	速度	電流	厚さ	オペレータ	モード	形状	材質
1	3	165	20	John	Conductance	Single	Aluminum
2	5	150	30	Mary	Conductance	Double	Aluminum
3	3	150	30	John	Keyhole	Double	Aluminum
4	5	165	20	Mary	Keyhole	Double	Magnesium
5	3	165	20	Mary	Conductance	Double	Aluminum
6	5	150	20	John	Conductance	Double	Magnesium
7	3	150	30	Mary	Conductance	Single	Magnesium
8	5	150	20	John	Keyhole	Single	Aluminum
9	3	165	30	John	Keyhole	Double	Magnesium
10	5	165	30	John	Conductance	Single	Magnesium
11	3	150	20	Mary	Keyhole	Single	Magnesium
12	5	165	30	Mary	Keyhole	Single	Aluminum

- 9. 「計画の評価」セクションを開き、次に「相関のカラーマップ」セクションを開きます。

図10.8 実験回数が12回の主効果スクリーニング計画の「相関のカラーマップ」



「相関のカラーマップ」には、主効果間の相関がないことが示されています。これは、カラーマップの左上の、非対角の白いセルに対応します。各主効果は、いくつかの2因子間相互作用と部分的に交絡しています。これは、グレーのセルに対応します。カーソルをグレーのセルの上に置くと、相関係数の絶対値が「0.333」と表示されます。

この例における実験回数12回の主効果スクリーニング計画はPlackett-Burman計画になっています。Plackett-Burman計画は「計画のリスト」から選択することも可能でした。ほとんどの状況では、主効果スクリーニング計画における部分的な交絡のほうが、一部実施要因計画で見られる完全交絡よりも好ましいと言えるでしょう。

この章の最後の例では、[主効果スクリーニング計画の作成]において標準的な計画が存在しない例を紹介しています。その場合、主効果スクリーニング計画を作成しています。

スクリーニング計画の作成

スクリーニング計画を作成するには、[実験計画(DOE)] > [古典的な計画] > [2水準スクリーニング] > [スクリーニング計画] を選択します。

メモ: [2水準スクリーニング] オプションでは、2水準でない因子も指定できます。

「スクリーニング計画」は、計画の手順を踏むごとに内容が更新されます。

- [「応答」](#)
- [「因子」](#)
- [「スクリーニング計画の種類を選択」](#)
- [「一部実施要因計画の一覧から選択」](#)
- [「計画の種類」](#)
- [「スクリーニング計画のレゾリューション」](#)
- [「計画の表示と変更」](#)
- [「主効果スクリーニング計画」](#)
- [「計画の生成」](#)
- [「計画」](#)
- [「計画の評価」](#)
- [「出力オプション」](#)
- [「テーブルの作成」](#)

応答

「応答」アウトラインでは、1つまたは複数の応答を指定します。

ヒント: 応答の設定を保存したい場合には、「応答」アウトラインへの入力完了後に、赤い三角ボタンのメニューから「**応答の保存**」を選択してください。これにより、応答の名前・目標・限界・重要度の値がデータテーブルに保存され、「実験計画(DOE)」のプラットフォームにおいて後で再利用できるようになります。

図10.9 「応答」アウトライン

▲ 応答

応答の追加 ▼ 削除 応答数...

応答名	目標	下側限界	上側限界	重要度	検出下限	検出上限	単位
Y	最大化	.	.	.	.	.	

応答の追加 応答を1つ追加し、目標の種類を「最大化」（望大特性）、「目標値に合わせる」（望目特性）、「最小化」（望小特性）、「なし」、または「関数的応答」に設定します。「目標値に合わせる」を選択した場合は、目標の限界値を入力します。「最大化」または「最小化」を選択した場合、限界の入力は必須ではありませんが、満足度関数を使用する場合は、入力しておくに役立ちます。

JMP PRO 関数的応答 (JMP Proでのみ使えます。) 計画にYという関数的応答の列を追加します。計画のデータテーブルの作成時には、この列に「FDE」列プロパティが追加されます（この「FDE」は、「Functional Data Explorer」（関数データエクスプローラ）の略です）。「関数的応答」の列は「関数データエクスプローラ」プラットフォームで使えます。「関数データエクスプローラ」プラットフォームにおいて、「関数的応答」の列を出力変数（Y変数）に、実験計画の因子を追加因子（Z変数）に指定することができます。関数的応答には、最初、1実験あたり5つの、均等間隔で並ぶ測定値が割り当てられます。値を変更するには、水準のテキストボックスをクリックします。水準数を変更するには、「1実験あたりの測定値数」の値をクリックします。1実験あたりの測定値数が10を超える場合、ダイアログが開き、開始値と水準間の増分を指定することができます。

削除 選択されている応答を削除します。

応答数 応答数を入力すると、その個数だけ応答変数が追加されます。デフォルトのY以外の応答を入力した場合、追加された応答の「目標」は、最後に入力した応答と同じものになります。そうでない場合、デフォルトの「目標」は「目標値に合わせる」です。目標を変更するには、テーブル内で目標の種類をクリックします。

「応答」アウトラインには、次のような列があります。

応答名 応答の名前。追加した応答には、デフォルトで「Y」、「Y2」... という名前がつきます。名前を変更するには、ダブルクリックして任意の名前を入力します。

目標・下側限界・上側限界 応答変数を、どうしたいかを指定します。最大化(望大特性)、最小化(望小特性)、特定の目標値に一致させる(望目特性)、目標がない、のいずれかを選択してください。指定された内容に従って、生成された計画のデータテーブルにおける各応答列に、「応答変数の限界」列プロパティが割り当てられます。この情報を使い、各応答の満足度関数が定義されます。「プロファイル」と「等高線プロファイル」は、これらの満足度関数を使って最適な因子設定を見つけます。詳細については、『プロファイル機能』の「プロファイル」章および「[「応答変数の限界」列プロパティ](#)」を参照してください。

- [最大化] は、大きな値ほど良いこと(望大特性)を意味します。なんらかの下側限界や上側限界がある場合は、それらも指定してください。
- [最小化] は、小さな値ほど良いこと(望小特性)を意味します。なんらかの下側限界や上側限界がある場合は、それらも指定してください。
- [目標値に合わせる] の場合、指定された目標値が最良であること(望目特性)を意味します。デフォルトの目標値は、下側限界と上側限界の中間値に設定されます。
- [なし] は、最適化の目標がないことを意味します。この場合、満足度関数は作成されません。

メモ: [目標値に合わせる] を選んだときで、目標値が下側限界と上側限界の中間値ではない場合は、計画のデータテーブルを作成した後に変更してください。それには、データテーブルの応答列において **[列] > [列情報]** を選択し、列情報ウィンドウを開き、希望の目標値を入力します。

重要度 応答が複数ある場合は、指定した重要度の値を使って全体の満足度関数が計算されます。重要度は、応答の重みとして扱われます。応答が1つしかない場合、重要度はデフォルトで1に設定されるため、重要度を指定する必要はありません。

JMP PRO 検出限界 上側および下側の検出限界は、応答変数において測定が可能な範囲を示します。この「検出限界」は列プロパティとして保存されます。「一変量の分布」または「一般化回帰」プラットフォームで応答変数の打ち切りを指定するには、この「検出限界」列プロパティを使用します。『基本的な回帰モデル』の「一般化回帰」章を参照してください。

単位 因子の実験単位。欄をクリックして適切な単位を入力します。

「応答」アウトラインの編集

「応答」アウトラインでは、次のような作業ができます。

- 応答をダブルクリックして応答名を変更する。
- 目標をクリックして変更する。
- 限界または重要度の値をクリックして変更する。
- 複数の応答に対して、重要度の値を入力する。

「応答変数の限界」列プロパティ

応答の入力時に指定した「目標」・「下側限界」・「上側限界」・「重要度」は、最適な因子設定を見つける際に使用されます。これらの情報は、生成された計画のデータテーブルにおいて、各応答列の「応答変数の限界」列プロパティに保存されます。JMPは、この情報を使って満足度関数を定義します。満足度関数は、予測プロファイルで最適な因子設定を見つけるために使用されます。「応答変数の限界」列プロパティの詳細とその使用例については、「[「応答変数の限界」列プロパティ](#)」を参照してください。

下側限界と上側限界が指定されていない場合、観測された応答データの範囲に基づいて自動的に満足度関数が定義されます。下側限界と上側限界が指定されている場合には、それらの限界によって満足度関数が定義されます。満足度関数の作成については、『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。

因子

「因子」セクションでスクリーニング計画に因子を追加します。

ヒント：「因子」セクションが完成したら、赤い三角ボタンのメニューから **「因子の保存」** を選択することを確認してください。これにより、因子の名前・役割・変更・値がデータテーブルに保存され、「実験計画(DOE)」のプラットフォームにおいて後で再利用できるようになります。

図10.10 因子

▲ 因子

連続変数

離散数値 ▼

カテゴリカル ▼

削除

N個の因子を追加

1

名前	役割	値	単位
▲ X1	連続変数	-1	1

因子の指定

それぞれのボタンをクリックして連続量因子またはカテゴリカル因子を追加。変更するには、因子名または因子水準をダブルクリック。

続行

連続尺度 連続変数の因子を追加します。作成されるデータテーブルにおいて、データは数値として扱われます。連続変数とは、指定された下限から上側までの間において、任意の数値に設定できる因子のことです。

離散数値 離散数値の因子を追加します。離散数値の因子は、不連続の数値のみを取ります。これらの値は数値として意味があります。作成されるデータテーブルにおいて、データは数値として扱われます。

スクリーニング計画を作成するときにはカテゴリカルな因子のように扱われ、離散数値の全水準が計画に含まれ、各水準のバランス（釣合い）が取られます。一方で、離散数値の因子は、「モデルのあてはめ」では連続尺度の説明変数として扱われます。

離散数値の因子が k 水準の場合（ $k > 2$ ）、デフォルトで因子の値は $1, 2, \dots, k$ の整数となります。 $k = 2$ 水準の場合、離散数値の因子の値はデフォルトで-1および1に設定されます。デフォルトの値を、実験で使用する設定に置き換えてください。

カテゴリカル カテゴリカルな因子を追加します。クリックすると、水準数を選択または入力できます。作成されるデータテーブルにおいて、データは文字として扱われます。また、水準の値の順序は、入力したときの左から右の順序で並べられます。この順序は、作成された計画のデータテーブルの各列における「値の表示順序」列プロパティに保存されます。

カテゴリカルな因子のデフォルト値は、 $L1, L2, \dots, Lk$ です（ k は、指定した水準数です）。このデフォルト値を、実験の内容に応じて適切な水準名に変更します。

削除 選択されている因子が削除されます。

N個の因子を追加 複数の因子を追加します。追加する因子の数を入力してから、**[因子の追加]** をクリックして因子の種類を選択します。「**N個の因子を追加**」を繰り返すことで、異なる種類の因子を複数追加することができます。

因子

「因子」セクションは以下の列で構成されます。

名前 因子の名前。追加した因子には、デフォルトで「**X1**」・「**X2**」... という名前がつきます。名前を変更するには、ダブルクリックして任意の名前を入力します。

役割 因子の役割。役割は、「因子の役割」列プロパティとしてデータテーブルに保存されます。この列プロパティがあることで、因子の種類は適切にモデル化されます。因子の役割によって、データテーブルに保存される他のプロパティが決まります。詳細については、「[因子の列プロパティ](#)」を参照してください。

値 実験における因子の設定。

「因子」の編集

「因子」セクションでは、次のような操作が可能です。

- 因子名を編集するには、因子名をダブルクリックします。
- 値を編集するには、「値」列の値をクリックします。

因子の列プロパティ

「スクリーニング計画」ウィンドウで「テーブルの作成」を選択して作成した計画のデータテーブルには、各因子のさまざまな列プロパティが保存されます。これらのプロパティは、「因子の保存」オプションを選択したときに作成されるデータテーブルにも、自動的に保存されます。これらの列プロパティの詳細と例については、「[列プロパティ](#)」を参照してください。

コード変換 因子の役割が連続変数または離散数値である場合は、「コード変換」列プロパティが保存されます。このプロパティは、最小値が-1、最大値が+1になるように因子の値を変換します。「[コード変換](#)」列プロパティ」を参照してください。

値の表示順序 因子の役割がカテゴリカルであるか、ブロック変数が作成されている場合は、「値の表示順序」列プロパティが保存されます。この列プロパティによって、因子水準の表示順序が決まります。詳細については、「[値の表示順序](#)」を参照してください。

因子の役割 データテーブルにおけるすべての因子の列に、「因子の役割」列プロパティが割り当てられます。この「因子の役割」列プロパティの値は、実験を計画するときに指定した役割によって決まります。計画にブロック因子が含まれる場合は、そのブロック因子の役割には「ブロック」が割り当てられます。「因子の役割」列プロパティは、データをモデル化するときに、どのように因子を用いるかを示しています。また、「因子の役割」列プロパティの値は、「拡張計画」プラットフォームでも使われます。詳細については、「[因子の役割](#)」列プロパティ」を参照してください。

因子の変更 スクリーニング計画で作成されたデータテーブルにおいては、すべての因子の列における「因子の変更」列プロパティは「容易」に設定されます。「因子の変更」列プロパティは、データをモデル化するときに、どのように因子を用いるかを示しています。また、「因子の変更」の値は、「拡張計画」プラットフォームと「計画の評価」プラットフォームでも使われます。詳細については、「[因子の変更](#)」列プロパティ」を参照してください。

ブロックあたり実験回数 ブロック因子において、ブロックごとの標本サイズを示します。「因子」セクションで「ブロック」因子を指定すると、「ブロックあたり実験回数」列プロパティが保存されます。「[ブロックあたり実験回数](#)」列プロパティ」を参照してください。

スクリーニング計画の種類を選択

「スクリーニング計画」プラットフォームの「スクリーニング計画の種類を選択」セクションでは、標準的な計画を選択するか、主効果計画を作成することができます。

- 指定した因子と水準に対し、標準的な計画がある場合、「スクリーニング計画の種類を選択」パネルに2つのオプションが表示されます。「[スクリーニング計画の種類を選択](#)」のオプション」を参照してください。
- 指定した因子と水準に対し、標準的な計画がない場合、「スクリーニング計画の種類を選択」パネルは表示されません。主効果スクリーニング計画を作成するための「計画の作成」セクションが開きます。「[計画の生成](#)」を参照してください。

「スクリーニング計画の種類を選択」のオプション

一部実施要因計画の一覧から選択 一覧から計画を選択することができます。これがデフォルトのオプションです。詳細については、「[一部実施要因計画の一覧から選択](#)」を参照してください。

主効果スクリーニング計画の作成 「計画の作成」セクションが開きます。そこで主効果スクリーニング計画の実験回数を指定します。主効果スクリーニング計画の詳細については、「[主効果スクリーニング計画](#)」を参照してください。

一部実施要因計画の一覧から選択

このオプションを選択した場合には、一覧表示された標準的なスクリーニング計画のなかからいずれかの計画を選択することもできます。ブロックごとのサイズ（実験回数）が等しく、2のべき乗になっているブロック因子を含む計画も用意されています。一覧表示されたもののなかから、作成したいスクリーニング計画を選択し、**[続行]** をクリックしてください。

図10.11 「一部実施要因計画」を選択

計画のリスト			
リスト内の行をクリックして計画を選択してください。			
実験の数	ブロックサイズ	計画の種類	レゾリューション - 推定できるもの
4		一部実施要因計画	3 - 主効果のみ
8		完全実施要因計画	>6 - 最大
8	4	完全実施要因計画	5+ - すべての2因子交互作用
8	2	完全実施要因計画	4 - 一部の2因子交互作用
オプションの項目			

「計画のリスト」には、次のような列があります。

実験の数 計画に含まれる実験の回数。全体の標本サイズ。

ブロックサイズ 1つのブロックに含まれる実験の回数。ブロックの個数は、「実験の数」を「ブロックサイズ」で割ったものとなります。

計画の種類 計画の種類の説明。「[計画の種類](#)」を参照してください。

解像度 計画のレゾリューションと、どのような交絡が生じるかを説明しています。「[スクリーニング計画のレゾリューション](#)」を参照してください。

計画の種類

「スクリーニング計画」プラットフォームの「計画のリスト」に表示される計画の種類には、次のものがあります。

- ・ [「2水準の完全実施要因計画」](#)
- ・ [「2水準の一部実施要因計画」](#)

- 「Plackett-Burman 計画」
- 「混合水準計画」
- 「Cotter 計画」

2 水準の完全実施要因計画

完全実施要因計画には因子水準のすべての組み合わせが含まれます。標本サイズはすべての因子の水準数の積に等しくなります。因子の個数を k としたとき、2 水準の完全実施要因計画の実験回数は 2^k になります。

完全実施要因計画では、すべての効果は互いに直交しています。そのため、各因子間の相関はすべてゼロです。そのため、モデルから 1 つの因子を取り除いたとしても、パラメータ推定値は元のパラメータ推定値と同じままです。ただし、誤差分散の推定値と自由度が変化するため、統計的検定の p 値はわずかに変化します。

完全実施要因計画では、交互作用項の次数を因子と同数にまで増やすことができます。ただし、実際の統計分析においては、因子と応答の真の関係を表す関数を 1 次式または 2 次式で近似するのが一般的です。この観点からすると、完全実施要因計画は実験回数を効率良く使用しているとは言えません。

2 水準の一部実施要因計画

2 水準の一部実施要因計画においても、その実験回数は 2 のべき乗です。2 水準の一部実施要因計画の実験回数は、因子の数を k としたとき、 2^{k-p} です ($p < k$)。 2^{k-p} の一部実施要因計画は、因子の数が k の完全実施要因計画に対し、実験回数の比率が 2^{-p} となります。一部実施要因計画も完全実施要因計画と同様に直交計画です。

因子が k 個の完全実施要因計画は、 k 次までの交互作用効果をすべて推定できます。しかし、実験には通常高い費用がかかるため、規模の小さな計画のほうが理想的です。一部実施要因計画では、高次の効果の一部は他の効果と完全交絡し、効果を互いに区別することができません。完全交絡している効果の線形結合は推定可能ですが、変動がどの効果によるものかを特定することはできません。

一部実施要因計画は、どの交互作用効果を他の交互作用効果と完全交絡させるかをあらかじめ決めてから設計します。通常、3 つ以上の因子の交互作用は対象としません。3 次以上の交互作用の効果は、無視できると見なされます。

Plackett-Burman 計画

Plackett-Burman 計画も、一部実施要因計画と同じように、因子のスクリーニングを目的とした実験計画です。この計画は、実験回数が 2 のべき乗ではなく 4 の倍数数となるのが特徴です。一部実施要因計画の実験回数は 16 から 32 に飛んでしまいましたが、Plackett-Burman 計画なら実験回数を 20, 24, 28 に設定することができます。

Plackett-Burman 計画では、主効果は直交し、2 因子間交互作用も主効果と部分交絡するだけです。これとは対照的に、レゾリューションが 3 の一部実施要因計画では、主効果と完全交絡する 2 因子間交互作用が存在します。Plackett-Burman 計画は、多数の因子がある場合に、交互作用は無視できるという条件のもとで、大きな主効果を見つけるのに役立ちます。

混合水準計画

3水準以上のカテゴリカル因子または離散数値因子を伴う計画では、多くの場合、標準的な計画が存在しません。そのような場合、「スクリーニング計画」プラットフォームでは、**主効果スクリーニング計画 (main effects screening design)** が作成されます。この主効果スクリーニング計画は、主効果に対する直交計画または殆ど直交計画となります。

標準的な混合水準計画が存在する場合は、それらの計画が「計画のリスト」に表示されます。「計画のリスト」には、3水準の因子のみの要因計画（最大13因子）に対しては、一部実施要因計画が表示されます。2水準と3水準の因子が混在する場合は、完全実施要因計画と、[表10.1](#)のような直交配列計画が表示されます。

標準的な混合水準計画は次の表に記載されている因子の個数に対応しています。もし、この表に記載されている因子の個数よりも実験で用いる因子の個数が少ない場合には、列（因子）の一部分だけを使って計画を作成してください。

表10.1 混合水準計画の表

計画	因子数	
	2水準	3水準
L18 John および L18 Taguchi	1	7
L18 Chakravarty	3	6
L18 Hunter	8	4
L36 Taguchi	11	12

Cotter 計画

メモ: Cotter 計画は、デフォルトでは「計画のリスト」に含まれていません。Cotter 計画を含めるには、「スクリーニング計画」の赤い三角ボタンをクリックし、**[Cotter 計画を抑制]** の選択を解除します。Cotter 計画がデフォルトで表示されるようにするには、**[ファイル] > [環境設定] > [プラットフォーム] > [実験計画 (DOE)]** を選択し、**[Cotter 計画を抑制]** の選択を解除します。

Cotter 計画は、多数の因子があり、その一部に交互作用があるかもしれず、さらに、実験回数が非常に少なく制限されているような場合に便利です。Cotter 計画は、効果の希薄性 (effect sparsity) の原則に基づいています。この計画では、複数の効果の和に効果が見られるなら、そこに有効な効果が含まれているだろうと仮定します。この計画の欠点は、符号が異なる効果を足し合わせた場合、その合計が0またはほぼ0になることがあり、影響力のある効果を見落としてしまう可能性があるという点です。そのような偽陰性を示す危険性があるため、多くの統計学者はこの実験の使用を薦めていません。

因子が k 個ある場合、Cotter 計画の実験数は $2k + 2$ 回となります。この計画の構造は、「一度に1つの因子を変更する」手法（一時一事法、OFAT 法; once-factor-at-a-time method）に似ています。

Cotter 計画の作成方法は次のとおりです。

- すべての因子を高水準に設定した実験を定義する。
- 次に、順番に1つの因子だけを低水準に設定する実験を、 k 回行う。
- 次の実験では、すべての因子を低水準に設定する。
- 次に、順番に1つの因子だけを高水準に設定する実験を、 k 回行う。
- 実験の順序をランダムにする。

Cotter 計画を作成すると、計画データテーブルには説明変数として使われる一連の列も追加されます。これらの列名は、「<因子名> 奇数」および「<因子名> 偶数」となります。これらの列には、その因子を含む奇数次数の交互作用の合計と、偶数次数の交互作用の合計がそれぞれ挿入されます。

たとえば3つの因子 A, B, C があるとしましょう。この場合、説明変数の列の値は表10.2のように計算されます。

表10.2 Cotter 計画のデータテーブル

奇数または偶数の次数ごとに合計した効果（説明変数の列）	
A 奇数 = $A + ABC$	A 偶数 = $AB + AC$
B 奇数 = $B + ABC$	B 偶数 = $AB + BC$
C 奇数 = $C + ABC$	C 偶数 = $BC + AC$

これらの奇数の列や偶数の列は、ある種の直交変換になっています。このため、これらの奇数の列や偶数の列に対するパラメータ推定値を検定することは、それらの元の列の線形結合を検定することと同じです。

スクリーニング計画のレゾリューション

計画のレゾリューション（解像度）は、計画における完全交絡の度合いを示します。スクリーニング計画は、実験回数と計画のレゾリューションの間にトレードオフの関係があります。

実験は、レゾリューションに応じて以下のグループに分類できます。

- レゾリューション3は、いくつかの主効果が2因子間交互作用と完全交絡していることを意味します。主効果の推定を意味あるものとするには、それらの交互作用を無視できると仮定できる状況が必要です。
- レゾリューション4は、すべての主効果が他の主効果や2因子間交互作用と交絡していないことを意味します。しかし、いくつかの2因子間交互作用は、他の2因子間交互作用と完全交絡しています。
- レゾリューション5は、主効果どうし、2因子間交互作用どうし、主効果と2因子間交互作用のどれにも交絡関係がないことを表します。しかし、いくつかの2因子間交互作用は他の3因子間交互作用と完全交絡しています。
- レゾリューション5+は、レゾリューションが5より大きく、かつ完全実施要因計画ではない計画です。
- レゾリューション6は、次数に関わらず、効果の交絡関係が一切ありません。これは、完全実施要因計画です。

最小逸脱 (minimum aberration) の基準を満たした計画では、与えられたレゾリューションにおいて存在する完全交絡の個数が最小になっています。「最小逸脱の基準」とは、同じレゾリューションである複数の計画から、その最も低次元の完全交絡関係を表す関係式の個数が最小である計画を選択するという基準です。ここで、関係式に含まれるものを**ワード (word; 語)** と呼びます。ワードについては、「[生成ルールを変更](#)」を参照してください。最小逸脱の基準を満たした計画に関する議論については、Fries and Hunter (1984) を参照してください。

計画の表示と変更

「スクリーニング計画」プラットフォームで、計画に含まれる因子が、ブロック因子を除いてはすべて連続変数または2水準のカテゴリカル因子であるような一部実施要因計画を選択すると、「計画の表示と変更」セクションが開きます。このセクションのオプションを使って計画に変更を加えます。計画の生成ルールを変更するには、「[一部実施要因計画の生成ルールを変更する例](#)」を参照してください。

メモ: Plackett-Burman 計画と Cotter 計画では、交互作用は主効果の関係式からは導出されないため、「生成ルールを変更」セクションと「効果の交絡関係」セクションは表示されません。

生成ルールを変更 計画の関係式を定義します。この関係式によって、一部実施要因計画において、完全実施要因計画のどの一部が使用されるかが決まります。「[生成ルールを変更](#)」を参照してください。

効果の交絡関係 一部実施要因計画における完全交絡のパターンを表示します。パネルの下部にある赤い三角ボタンをクリックすると、表示する次数を指定できます。指定した次数に従って、交互作用とその交絡関係がデータテーブルに表示されます。

コード化された計画 各実験において因子がどの水準を取っているかをパターンで表します。

メモ: Plackett-Burman 計画と Cotter 計画では、これらのルールで計画が生成されるわけではないので、「生成ルールを変更」セクションと「効果の交絡関係」セクションは表示されません。

生成ルールを変更

生成ルールとは、特定の一部実施要因計画を生成する関係式のルールです。「スクリーニング計画」プラットフォームのデフォルトでは、最小逸脱計画が作成されます。最小逸脱計画とは、低次の効果における完全交絡関係の個数が最小であるような計画です。実験の状況によっては、標準的な一部実施要因計画を用いるのではなく、生成ルールを変更し、完全交絡に関して別の関係をもつ計画にしたい場合もあるでしょう。「計画の表示と変更」セクションにおいて、生成ルールを変更できます。完全交絡の関係式や生成ルールの詳細については、Montgomery (2009) を参照してください。

ヒント: 特定の効果の推定を目的として計画を作成する場合は、「カスタム計画」プラットフォームの使用を検討してください。カスタム計画については、「[カスタム計画](#)」を参照してください。

計画における完全交絡の関係式は、生成ルールに含まれるワード（word; 語）によって決まります。ワードは因子の積として表記されます。因子の積は、計画行列中の列の要素ごとの積として解釈できます。いずれの関係式も、因子の積が常に1となるワードから導出できます。なお、因子の積がいずれも1となるワードを、恒等（identity）と呼びます。

図10.12は、 2^{5-2} の一部実施要因計画（5つの因子と8回の実験）のデフォルトの生成ルールです。

図10.12 標準的な 2^{5-2} 計画の生成ルール

「生成ルールを変更」パネルにおいて、各列の一番上に表示されている因子と、その下のチェックボックスがオンになっている因子が、1つのワードを形成します。たとえば、1列目は、温度 = 送り速度 * 触媒 * 攪拌速度が、この関係式のワードであることを示しています。

- [+/-] のチェックボックスがオンになっている場合は、この生成ルールの関係式で使われる符号は正であり、関係するワードを掛け合わせると+1になります（つまり、関係するワードは恒等となっています）。
- [+/-] のチェックボックスがオフになっている場合は、この生成ルールの関係式で使われる符号は負であり、関係するワードを掛け合わせると-1になります。

「 2^{5-2} 計画の関係式の取得」を参照してください。

完全実施要因計画は複数の一部実施要因計画で構成されていると見ることができますが、完全実施要因計画のなかの**主部分**（principal fraction）は、恒等のワードで構成される計画になっています。JMPでは、これをデフォルトの一部実施要因計画としています。生成ルールの [+/-] ボックスは、すべてデフォルトでオンになっています。これにより、関係式のワードは、恒等になっています。

ここで指定された生成ルールは、生成される計画における完全交絡の関係を決めます。場合によっては、標準的ではない一部実施要因計画を使用したい場合があります。そのような場合、生成ルールを変更することにより、完全交絡の関係式を変更してください。

- 生成ルールを変更するには、因子の各チェックボックスを選択してください。
- 選択してから **[適用]** をクリックすると、「効果の交絡関係」と「コード化された計画」が更新されます。

例として、「[生成ルールを変更し、一部実施要因計画を変更する](#)」を参照してください。

2⁵⁻²計画の関係式の取得

[図10.12](#)には、2列のチェックボックスが表示されています。

- 1列目は、**温度 = 送り速度 * 触媒 * 攪拌速度**というワードです。
- 2列目は、**濃度 = 触媒 * 攪拌速度**というワードです。

値が+1となる列を、**I**で表すとしましょう。各因子の水準は-1か+1のいずれかなので、1列目のワードは、**温度 * 送り速度 * 触媒 * 攪拌速度 = I**と置き換えることができます。2列目のワードは、**濃度 * 触媒 * 攪拌速度 = I**と置き換えることができます。これらをまとめると、2⁵⁻²計画の関係式は次のように表せます。

$$I = \text{温度} * \text{送り速度} * \text{触媒} * \text{攪拌速度} = \text{濃度} * \text{触媒} * \text{攪拌速度}$$

2⁵⁻²計画の効果の交絡関係の取得

「効果の交絡関係」セクションに表示される交絡関係は、関係式と、因子の水準が+1または-1であるという事実によって決まります。前節で、生成ルールの1つ目は**温度 = 送り速度 * 触媒 * 攪拌速度**、2つ目は**濃度 = 触媒 * 攪拌速度**であることを確認しました。

「効果の交絡関係」セクションに表示されている1つ目の交絡関係を求めるには、まず、この2つの生成ルールを次のようにまとめます。

$$\text{温度} = \text{送り速度} * \text{触媒} * \text{攪拌速度} = \text{送り速度} * \text{濃度}$$

- 2つ目の等式は、2つ目の生成ルールである**触媒 * 攪拌速度 = 濃度**で1つ目の等式の右辺での対応部分を置換することによって得られます。

次に、1つ目の式と3つ目の式にそれぞれ**濃度**を掛け合わせると、次の式が得られます。

$$\text{温度} * \text{濃度} = \text{送り速度} * \text{濃度} * \text{濃度}$$

計画行列の**濃度**の列の値は-1または+1ですから、**濃度 * 濃度**の列の値は+1となります。これにより、「効果の交絡関係」セクションに表示されている1つ目の交絡関係が得られます。

$$\text{温度} * \text{濃度} = \text{送り速度} * I = \text{送り速度}$$

他の交絡関係も、同じようにして求めることができます。

主効果スクリーニング計画

JMPで作成される主効果スクリーニング計画は、釣合い（バランス）が良くなるように、つまり直交計画に近づくように、カイ2乗効率を基準として作成されます。「[カイ2乗効率](#)」を参照してください。この殆ど直交計画は、モデルが主効果だけの場合に好ましい統計的性質を持ちます。

カテゴリカルや離散数値の因子がある場合や、実験回数が標準的ではない場合には、主効果が直交しているスクリーニング計画を作成できないことがあります。しかし、そのような場合でも、主効果スクリーニング計画(main effects screening design)は作成できます。Lekivetz et al. (2015) を参照してください。

ここで使われているアルゴリズムは、作成された計画がなるべく強度2の直交配列になるように試みます。強度2の直交配列は、交互作用を無視できるという仮定の下で、すべての主効果を推定でき、かつ、主効果は直交しています。強度2の直交配列は、主効果だけのスクリーニング計画に最適です。強度2の直交配列には、レゾリューションIIIの一部実施要因計画や、Plackett-Burman計画などがあります。

アルゴリズムは、因子の水準のすべてのペアを検討します。そして、それらのペアが可能な限り同じ回数だけ出現するように、均等に配置しようとしています。ある列数までは均等な配列が生成されたなら、その配列に対して新しい列をランダムに追加します。新しい列を追加したときのペアが均等かどうかを、カイ2乗効率により判断します。アルゴリズムは、カイ2乗効率が最小となるように、新しい列における水準を入れ替えます。

カイ2乗効率

実験回数が n で、 p 個の因子を持つ計画があったとします。なお、各因子は、計画行列の各列に対応しています。

- 因子 k と l における水準をそれぞれ $a = 0, 1, \dots, s_k - 1$ および $b = 0, 1, \dots, s_l - 1$ とします。
- 列 k と列 l のペアにおいて、水準の組み合わせ (a, b) が出現する回数を $n_{kl}(a, b)$ とします。

列 k と列 l のペアにおける直交性からのズレが、次式によって計算されます。

$$\chi_{kl}^2 = \sum_{a=0}^{s_k-1} \sum_{b=0}^{s_l-1} \frac{[n_{kl}(a, b) - n/(s_k s_l)]^2}{n/(s_k s_l)}$$

計画全体における直交性からのズレの平均が、次式によって計算されます。

$$\chi^2 = \sum_{1 \leq k < l \leq p} \chi_{kl}^2 / [p(p-1)/2]$$

また、 χ^2 の最大値(χ_{max}^2)が計算されます。計画のカイ2乗効率は、次のように定義されます。

$$\text{カイ2乗効率} = 100(1 - \chi^2 / \chi_{max}^2)$$

カイ2乗効率は、バランスの取れた計画（釣合い型計画）であるとき、つまり χ^2 が0であるときに100%となります。

計画の生成

主効果スクリーニング計画を作成する場合は、「計画の作成」セクションで実験回数を指定します。計画を生成するには、**[計画の作成]**をクリックします。

最小値 モデルを推定するために最低限必要な実験回数。「最小値」を選択した場合、生成される計画は飽和計画となります。飽和計画においては、誤差の自由度がありません。

メモ:「最小値」の実験回数を選択した場合（飽和計画の場合）、誤差の大きさを見積もることができず、パラメータ推定値を検定できません。実験を行う費用が非常に少ない場合にだけ、この「最小値」での実験回数が適切でしょう。

デフォルト 推奨される実験回数。この実験回数は、ヒューリスティックなアルゴリズムによって求められており、最小回数に4回以上の実験を追加したもので、バランスの取れた計画（釣合い型計画）に近づくものが求められています。

ユーザ定義 任意の実験回数を指定できます。「**実験の回数**」ボックスに値を入力してください。このオプションでは、実験者自身が実験にかかるコストと得られる情報量を考え、任意の実験回数を指定できます。

計画

主効果スクリーニング計画の「計画」セクションには、実験が表示されます。計画のデータテーブルにおける実験順序をデフォルトのものから変更したい場合には、データテーブルを作成する前に、「出力オプション」セクションの「実験の順序」オプションのいずれかを選択してください。

計画の評価

「計画の評価」セクションでは、作成された計画の属性を評価する方法が多数提供されます。「計画の評価」セクションを開くと、次のようなオプションが表示されます。

検出力分析 指定された大きさをもつ効果を検出できるかどうかを調べます。

予測分散プロファイル 計画の領域内における予測分散を描いたグラフです。

計画領域率プロット モデルの予測分散が特定の値よりも小さくなっている領域は、全体に対してどれぐらいの割合であるかを描いたグラフです。

予測分散曲面 任意の2つの連続変数に対して、予測分散を曲面で表したグラフです。

推定効率 パラメータごとに、現在の計画で与えられる信頼区間の幅を、理想的な直交計画で与えられる信頼区間の幅と比較したときの増加率を示します。また、パラメータの相対標準誤差も計算されます。

交絡行列 モデルパラメータが、実際には影響があるのにモデルに含まれていない効果によってどれだけのバイアス（偏り）を受けているかを示す指標。

相関のカラーマップ 効果間における相関係数の絶対値を、色でプロットしたグラフです。

計画の診断統計量 計画の作成に使われた最適化基準が表示されます。また、計画の効率についての指標も表示されます。

メモ:

- 計画の診断統計量に使用するモデルには、すべての主効果と、推定可能であれば2因子の交互作用が含まれます。そうでない場合は、主効果のみが含まれます。

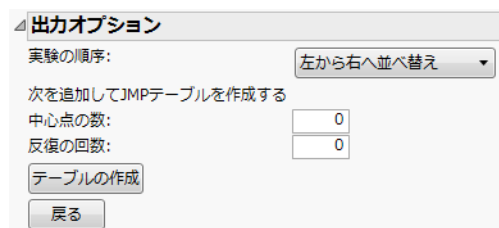
- 「計画の評価」セクションは、Cotter 計画では表示されません。

「計画の評価」セクションの詳細については、「[計画の評価](#)」を参照してください。

出力オプション

「スクリーニング計画」プラットフォームの「出力オプション」セクションで、出力するデータテーブルの詳細を指定できます。詳細を指定した後、**[テーブルの作成]** をクリックすると計画のデータテーブルが作成されます。[図10.13](#)は、「計画のリスト」から標準的な計画を選択したときに表示される「出力オプション」セクションです。主効果のみに対するスクリーニング計画では、「実験の順序」だけが表示されます。

図10.13 出力オプションの選択



▲出力オプション

実験の順序: 左から右へ並べ替え ▼

次を追加してJMPテーブルを作成する

中心点の数:

反復回数:

テーブルの作成

戻る

実験の順序

「実験の順序」オプションでは、出力するデータテーブル内における実験の順番を指定します。

変更なし データテーブルの行が、「コード化された計画」または「計画」セクションと同じ順序で並べられます。

左から右へ並べ替え データテーブルの行が、左から右への列の値によって並べ替えられます。

ランダム化 データテーブルの行が、ランダムな順序で並べ替えられます。

右から左へ並べ替え データテーブルの行が、右から左への列の値によって並べ替えられます。

ブロック内でランダム化 データテーブルの行が、設定したブロックの中でランダムに並べ替えられます。
(**[主効果スクリーニング計画の作成]** を選択した場合は、使用できません。)

中心点と反復

中心点の数 計画に中心点として追加する実験の数を指定します。中心点とは、すべての連続変数の因子を因子範囲の中心値に据えて行う実験を指します。このオプションは、**[主効果スクリーニング計画の作成]** を選択した場合は使用できません。

連続尺度とカテゴリカル両方の因子がある場合も、中心点を追加できます。その場合、「出力オプション」パネルで中心点を指定すると、次のようにして中心点が追加されます。

1. カテゴリカル因子における水準の組み合わせが、「因子」セクションで指定された値の順序に基づいて、順番に作成されます。

2. そして、そのように順序付けられた各組み合わせに 1 つずつ、指定された中心点の個数になるまで、連続変数の中心点が作成されます。

反復の回数 「計画のリスト」から選んだ計画の場合、中心点も含めた計画全体を反復する回数を指定します。1 回の反復によって実験数が 2 倍になります。このオプションは、[主効果スクリーニング計画の作成] を選択した場合は使用できません。

メモ: 中心点または反復を指定し、[テーブルの作成] をクリックする操作を繰り返し行った場合、これらのアクションは、その時点での最新のデータテーブルに次々に適用されていきます。

テーブルの作成

「スクリーニング計画」プラットフォームの「テーブルの作成」は、実験をまとめたデータテーブルを作成します。データテーブルの行には、ユーザが指定した水準の値が実験ごとに並んでいます。

図 10.14 計画データテーブル

一部実施要因計画	パターン	送り速度	触媒	攪拌速度	温度	濃度	反応率(%)
計画 一部実施要因計画	1 --++--	10	2	120	140	6	•
スクリーニング	2 +-+--	15	1	120	140	3	•
モデル	3 -+-+--	10	2	100	180	3	•
計画の評価	4 +++--	15	2	120	180	6	•
DOEダイアログ	5 --++--	10	1	120	180	3	•
列(7/0)	6 +-+--	15	1	100	180	6	•
パターン	7 ----+	10	1	100	140	6	•
送り速度 *	8 ++---	15	2	100	140	3	•
触媒 *							
攪拌速度 *							
温度 *							
濃度 *							
反応率(%) *							

データテーブルの名前は、生成された計画の種類を表しています。

このデータテーブルには、次のようなスクリプトが含まれます。

スクリーニング [実験計画(DOE)] > [古典的な計画] > [2水準スクリーニング] > [2水準スクリーニングのあてはめ] を実行します。このスクリプトは、全因子が2水準であるときのみ、表示されます。

モデル [分析] > [モデルのあてはめ] プラットフォームを実行します。

計画の評価 [実験計画(DOE)] > [計画の診断] > [計画の評価] プラットフォームを実行します。

DOEダイアログ 現在の計画を再現する「スクリーニング計画」ウィンドウを呼び出します。このスクリプトには、計画の生成に使われた乱数シード値も含まれます。

データを分析するには、「スクリーニング」または「モデル」スクリプトを実行してください。

「計画のリスト」から計画を選択した場合は、計画のデータテーブルに「パターン」列が含まれます。「パターン」列には、各行の実験の要約が示されます。低い値は「-」、高い値は「+」、中心点は「0」で表されます。この「パターン」列は何かしらのプロットを描く時にラベル変数として利用できます。

スクリーニング計画のオプション

「スクリーニング計画」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ています。

応答の保存 「応答」パネルの情報を、新しいデータテーブルに保存します。これで保存した情報は、ほとんどの「実験計画(DOE)」ウィンドウで簡単に読み込むことができます。応答の情報を後で再利用したい場合に便利です。

応答のロード データテーブルから応答をロードします。[応答の保存] オプションを使って応答のデータテーブルを生成します。

因子の保存 「因子」パネルの情報を、新しいデータテーブルに保存します。各因子の列には、その因子の水準が表示されます。その他の情報は、列プロパティとして保存されます。これで保存した情報は、ほとんどの「実験計画(DOE)」ウィンドウで簡単に読み込むことができます。因子の情報を後で再利用したい場合に便利です。

メモ: 空のデータテーブルにデータを直接入力して因子のデータテーブルを作成することもできますが、その場合も、すべての列に適切な役割を割り当てる必要があります。役割を割り当てるには、データグリッド内で列名を右クリックし、[列プロパティ] > [因子の役割] を選択します。そして、「因子の役割」セクションで、適切な役割を選択してください。

因子のロード データテーブルから因子をロードします。[因子の保存] オプションを使って因子のデータテーブルを生成します。計画の種類に合わない因子をロードしようとすると、警告が表示されます。

制約の保存 (一部の計画では使用できません。)
「因子の制約を定義」または「線形制約」で定義した因子の制約を、データテーブルの列として保存します。これで保存した情報は、ほとんどの「実験計画(DOE)」ウィンドウで簡単に読み込むことができます。制約の情報を後で再利用したい場合に便利です。

制約のデータテーブルにおける冒頭の数行には、各因子に対する係数が含まれます。最後の行は、不等式の右辺値を含みます。各制約の列には、「以下」と「以上」のどちらの制約であるかを示す「制約状態」という列プロパティが含まれます。「**制約状態**」列プロパティを参照してください。

制約のロード (一部の計画では使用できません。)
データテーブルから因子の制約をロードします。[制約の保存] オプションを使って制約のテーブルを生成します。

乱数シード値の設定 このオプションに指定した整数が、乱数を用いる処理の乱数シード値として使われます。次のような処理で、乱数は使われます。

- 計画作成の検索アルゴリズムにおける初期化
- データテーブル作成時における実験順序のランダム化

- 最適計画を探索するときの初期計画（開始点）の選択

計画を再現するには、その計画の生成に使われた乱数シード値を入力し、[計画の作成] をクリックします。

計画の作成に使われた乱数シード値は、計画のデータテーブルに保存される「DOE ダイアログ」スクリプトにも含まれます。

応答のシミュレート 計画のデータテーブルに、乱数で生成された応答値を含む列、および、応答値を乱数で生成するための計算式を含む列が追加されます。このオプションは、[テーブルの作成] をクリックする前に選択してください。

[テーブルの作成] をクリックすると、次の処理が実行されます。

- 乱数シミュレーションで生成されたデータ値が、応答変数の列に代入されます。
- 応答値を乱数シミュレーションで生成するための計算式を含む列が、新しい列として追加されます。このデータ値やこの計算式は、計画のウィンドウで指定したモデルに基づいています。
- 「モデル」ウィンドウが表示されます。このウィンドウで、モデルの効果の係数を設定するとともに、[正規]・[二項]・[Poisson] のいずれかの分布を指定できます。

メモ: 計画の種類によっては、使用できない確率分布もあります。

- 「シミュレーション」という名前のスクリプトが、計画のデータテーブルに保存されます。このスクリプトを実行すると、「モデル」ウィンドウが再び開き、シミュレーション値を再度計算したり、応答変数の確率分布を変更したりできます。

「モデル」ウィンドウでは、乱数シミュレーションで用いる応答変数の確率分布を選択してください。このウィンドウで [適用] ボタンをクリックすると、「<Y>のシミュレーション」という名前の列が更新されます。ここで、「<Y>」は応答列の名前です。[適用] を再びクリックすると、この「<Y>のシミュレーション」の値が更新されます。

詳細については、「[応答のシミュレート](#)」を参照してください。

メモ:  [応答のシミュレート] オプションを使うと、JMP Pro のシミュレーションの機能を使って、乱数シミュレーションを実行できます。実験計画に関する乱数シミュレーションの詳細は、『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。

X 行列の保存 「モーメント行列」および「モデル行列」というスクリプトを、計画のデータテーブルに保存します。スクリプトには、モーメント行列とモデル行列が含まれます。「[X 行列の保存](#)」を参照してください。

注意: 名義尺度の因子を含む計画の場合、[X 行列の保存] オプションによって保存された「モデル行列」は、「モデルのあてはめ」で使用する計画行列とは**異なります**。「モデルのあてはめ」で使用する計画行列を得るには、「モデル」スクリプトを実行した後、「モデルのあてはめ」レポートで、[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。

Cotter 計画を抑制 「計画のリスト」から Cotter 計画を除外します。このオプションはデフォルトではオンになっています。「計画のリスト」に Cotter 計画を表示するには、この選択を解除してください。

メモ: Cotter 計画がデフォルトで表示されるよう、環境設定で設定しておくことができます。それには、[ファイル] > [環境設定] > [プラットフォーム] > [実験計画(DOE)] を選択し、[Cotter 計画を抑制] の選択を解除します。

開始点の数 (主効果スクリーニング計画でのみ使用可能) 最終的な計画の最適化を試みるため、計画全体を最初から生成し直す最大回数を指定できます。

計画の検索時間 (主効果スクリーニング計画でのみ使用可能) 計画の検索にかかる最長の時間を秒数で指定します。デフォルトの検索時間は15秒です。

アルゴリズムの反復に時間がかかる場合は、「計画を計算中」というウィンドウが開き、進行状況が表示されます。進行状況を示すバーに**カイ2乗効率**が表示されます。「**カイ2乗効率**」を参照してください。このウィンドウで[キャンセル]をクリックすると、計算が停止し、その時点で見つかった最良の計画が提示されます。

メモ: [計画の検索時間] は、環境設定として設定することもできます。それには、[ファイル] > [環境設定] > [プラットフォーム] > [実験計画(DOE)] を選択します。そして、[計画の検索時間] チェックボックスをオンにし、最大秒数を入力します。直交配列が見つかった時点で、検索は終了します。なお、ある状況においては、指定の秒数を超える場合には自動的に検索時間が延長されます。

列あたりの開始点の数 (主効果スクリーニング計画でのみ使用可能) 列の最適化を試行する最大回数を指定します。この回数を過ぎると、次の列の生成に移ります。デフォルトの数は50です。「**主効果スクリーニング計画**」を参照してください。

スクリプトをスクリプトウィンドウに保存 「スクリーニング計画」ウィンドウで定義した計画のスクリプトを作成し、スクリプトウィンドウに保存します。

スクリーニング計画の別例

この節では、スクリーニング計画の例を紹介します。

- 「**一部実施要因計画の生成ルールを変更する例**」
- 「**Plackett-Burman 計画の例**」
- 「**主効果スクリーニング計画の例 (標準的な計画が存在しない場合)**」

一部実施要因計画の生成ルールを変更する例

「スクリーニング計画」プラットフォームを使って5因子の実験を計画します。因子は次の5つです。

- 送り速度 (反応室に1分あたりに送られる原材料の量をリットルで表したもの)
- 触媒 (単位はパーセント)

- 攪拌速度（反応室内のプロペラの1分あたり回転数）
- 温度（℃）
- 反応物質の濃度

生産上の制約により、実験回数は12回以下に抑える必要があります。そのため、実験回数が8回の一部実施要因計画と、12回のPlackett-Burman計画を検討することにしました。また、以下のように考えています。

- **温度*濃度**の交互作用は重要であると思われるので、この交互作用が主効果と交絡しない計画を作成したい。
- **触媒*温度**の交互作用は重要でない可能性が高い。
- **攪拌速度*濃度**の交互作用は重要でない可能性が高い。

これらの情報に基づき、計画を作成してみましょう。

標準的な一部実施要因計画の作成

標準的な一部実施要因計画を作成するには、次の手順に従います。

- 「[応答の指定](#)」
- 「[因子の指定](#)」または「[手動での因子の指定](#)」
- 「[計画を選択する](#)」

応答の指定

1. [実験計画(DOE)] > [古典的な計画] > [2水準スクリーニング] > [スクリーニング計画] を選択します。
2. 「応答名」の欄の「Y」をダブルクリックして、「**反応率(%)**」と入力します。
「目標」はデフォルトで[最大化]になっています。「目標」は、反応率の最大化ですが、反応率の許容最小値（「**下側限界**」）を90、最大値（「**上側限界**」）を100にします。
3. 「下側限界」の欄をクリックして「90」と入力します。
4. 「上側限界」の欄をクリックして「100」と入力します。
5. 「重要度」の欄は空白にしておきます。

応答が1つだけなので、デフォルトで、その応答に重要度1が割り当てられます。

[図 10.15](#)に、完成した「応答」セクションを示します。次に、因子を指定します。

因子の指定

因子は、手動で入力するか、または自動的に入力します。

- 自動的に入力する場合は、次のように「Reactor Factors.jmp」データテーブルを使用します。
 1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Reactor Factors.jmp」を開きます。
 2. 「スクリーニング計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[**因子のロード**] を選択します。[「計画を選択する」](#)に進みます。

- 因子を手動で入力するには、次の手順に従います。

手動での因子の指定

- 「N 個の因子数を追加」ボックスに「5」と入力し、[連続変数] ボタンをクリックして、連続量の因子を5つ追加します。
- デフォルトの因子名(「X1」～「X5」)をそれぞれ「送り速度」・「触媒」・「攪拌速度」・「温度」・「濃度」に変更します。
- 各因子の最小値と最大値を入力します。
 - 送り速度: 10, 15
 - 触媒: 1, 2
 - 攪拌速度: 100, 120
 - 温度: 140, 180
 - 濃度: 3, 6

図10.15 応答と因子

スクリーニング計画

応答

応答の追加

削除

応答数...

応答名	目標	下側限界	上側限界	重要度	検出下限
反応率 (%)	最大化	90	100	1	.

因子

連続変数

離散数値

カテゴリカル

削除

N個の因子を追加

1

名前	役割	値	単位
▲送り速度	連続変数	10	15
▲触媒	連続変数	1	2
▲攪拌速度	連続変数	100	120
▲温度	連続変数	140	180
▲濃度	連続変数	3	6

因子の指定

それぞれのボタンをクリックして連続量因子またはカテゴリカル因子を追加。変更するには、因子名または因子水準をダブルクリック。

続行

計画を選択する

- [続行] をクリックします。
- 「スクリーニング計画の種類を選択」パネルで、デフォルトの「一部実施要因計画の一覧から選択」を選択したままにして、[続行] をクリックします。

指定した因子と水準の計画が、「計画のリスト」に表示されます (図10.16)。

図10.16 5因子の一部実施要因計画

スクリーニング計画

応答

因子

計画のリスト

リスト内の行をクリックして計画を選択してください。

実験の数	ブロックサイズ	計画の種類	レゾリューション - 推定できるもの
8		一部実施要因計画	3 - 主効果のみ
8	4	一部実施要因計画	3 - 主効果のみ
12		Plackett-Burman計画	3 - 主効果のみ
16		一部実施要因計画	5 - すべての2因子交互作用
16	8	一部実施要因計画	4 - 一部の2因子交互作用
16	4	一部実施要因計画	4 - 一部の2因子交互作用
16	2	一部実施要因計画	4 - 一部の2因子交互作用
32		完全実施要因計画	>6 - 最大
32	16	完全実施要因計画	5+ - すべての2因子交互作用
32	8	完全実施要因計画	5+ - すべての2因子交互作用
32	4	完全実施要因計画	4 - 一部の2因子交互作用
32	2	完全実施要因計画	4 - 一部の2因子交互作用

オプションの項目

続行

戻る

- 作成しようと考えていた計画がリストの一番上に表示され、デフォルトで選択されています(図10.16)。この計画を選択したままにして、[続行]をクリックします。

この例では、実験回数は8回以下に制限されています。また、ブロック因子はありません。そのため、ブロックがない8回の一部実施要因計画が最適です。この計画は、 2^{5-2} の一部実施要因計画です。5因子の完全実施要因計画と比べると、実験回数は4分の1です。

生成ルールを変更し、一部実施要因計画を変更する

この例では、「温度*濃度」の交互作用が、主効果と交絡しないような計画を立てたいと考えています。「計画の表示と変更」セクションを使って、選択した計画の交絡関係を確認し、必要に応じて変更してみましょう。

- 「効果の交絡関係」セクションを開きます。

図10.17 効果の交絡関係

効果の交絡関係

効果	交絡関係
送り速度	= 温度*濃度
触媒	= 攪拌速度*濃度
攪拌速度	= 触媒*濃度
温度	= 送り速度*濃度
濃度	= 送り速度*温度 = 触媒*攪拌速度
送り速度*触媒	= 攪拌速度*温度
送り速度*攪拌速度	= 触媒*温度

「温度*濃度」の交互作用は重要である可能性が高いですが、この交互作用は主効果の「送り速度」と完全交絡しています。生成ルールを変更して、「送り速度」が、別の重要でなさそうな効果と交絡するようにするとともに、「温度*濃度」の交互作用が主効果と交絡しないようにします。

2. 「生成ルールを変更」セクションを開きます。

デフォルトの生成ルールでは、完全実施要因計画における標準的な（主要な; principal）4分の1の部分から構成された一部実施要因計画が作成されます。ここで、「触媒*温度」および「攪拌速度*濃度」の交互作用は重要でないだろうと、最初の段階で想定したことを思い出しましょう。そこで、これらの2つの交互作用が「送り速度」と交絡するように、生成ルールを変更します。生成ルールを変更すると、別の4分の1の一部実施要因計画が生成されます。

3. 次の手順を行います。

- 「温度」列の「攪拌総度」の選択を解除します。
- 「濃度」列の「触媒」の選択を解除します。
- 「濃度」列の「送り速度」を選択します。

図10.18 新しい生成ルール

因子	温度
送り速度	☒
触媒	☐
攪拌速度	☐
+/-	☒

適用

4. [適用] をクリックします。

図10.19 生成ルール変更後の「効果の交絡関係」

効果	交絡関係
送り速度	= 触媒*温度 = 攪拌速度*濃度
触媒	= 送り速度*温度
攪拌速度	= 送り速度*濃度
温度	= 送り速度*触媒
濃度	= 送り速度*攪拌速度
触媒*攪拌速度	= 温度*濃度
触媒*濃度	= 攪拌速度*温度

新しく定義した計画では、「送り速度」は「触媒*温度」および「攪拌速度*濃度」と交絡しています。また、「温度*濃度」の交互作用は、「触媒*攪拌速度」という2次交互作用と交絡するようになりました。

5. 「出力オプション」セクションで、「実験の順序」をデフォルトの「ランダム化」のままにし、「テーブルの作成」をクリックします。

図 10.20 実験8回の一部実施要因計画のデータテーブル

▼ 一部実施要因計画									
計画 一部実施要因計画									
▶ スクリーニング		1	---++	10	1	100	180	6	●
▶ モデル		2	-+---	10	2	120	140	3	●
▶ 計画の評価		3	+---+	15	1	120	140	6	●
▶ DOEダイアログ		4	--++-	10	1	120	180	3	●
▼ 列(7/0)		5	++-+-	15	2	100	180	3	●
Q		6	+++++	15	2	120	180	6	●
▶ パターン		7	-+---	10	2	100	140	6	●
▶ 送り速度 *		8	+-----	15	1	100	140	3	●
▶ 触媒 *									
▶ 攪拌速度 *									
▶ 温度 *									
▶ 濃度 *									
▶ 反応率(%) *									

計画のデータテーブルに、作成された計画の内容が表示されます。このデータテーブルには、「スクリーニング計画」ウィンドウで定義した「反応率(%)」という応答列が含まれています。この列に、実験の結果を記録できます。

「スクリーニング」・「モデル」・「DOE ダイアログ」というスクリプトも含まれています。スクリプトの詳細については、「[テーブルの作成](#)」を参照してください。

結果の分析

次に、実験を実施して、データを記録し、結果を分析してみましょう。

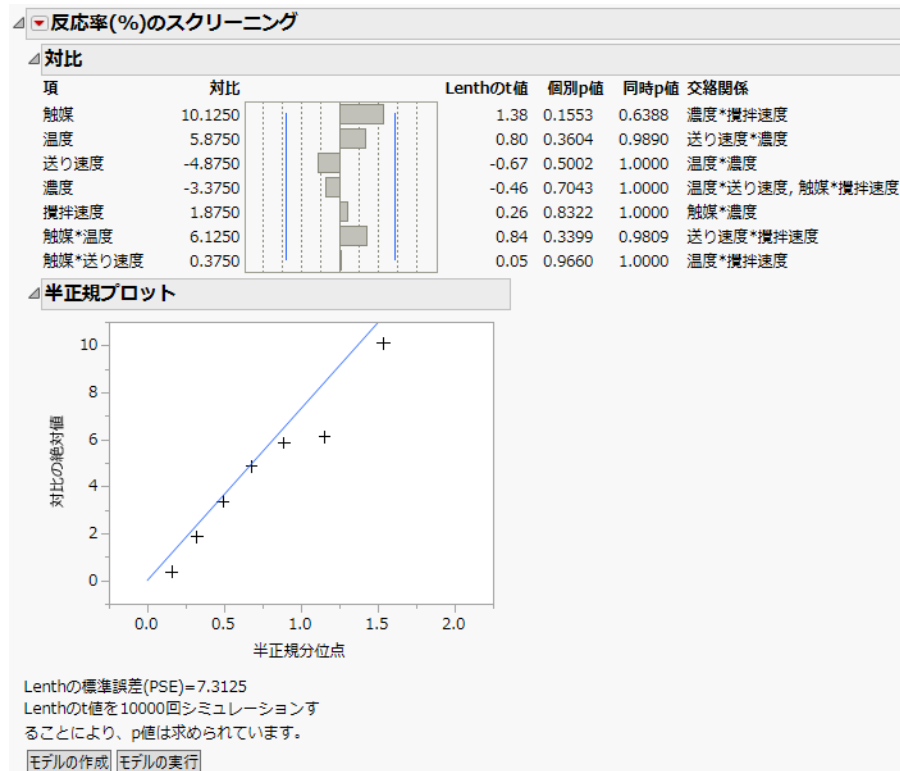
1. [ヘルプ]>[サンプルデータフォルダ]を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Reactor 8 Runs.jmp」を開きます。

8回の実験では、7つの効果を推定することができます。これらの7つの効果のうち、実際に重要な効果はごく一部だろうと予想しています。7つの効果（5つの主効果および2つの交互作用）を推定したいと考えているので、誤差の自由度はありません。このため、結果の分析には「スクリーニング」プラットフォームを使用します。

2. データテーブルの「スクリーニング」スクリプトを実行します。

「スクリーニング」スクリプトを実行すると、指定された応答と因子を含む「スクリーニング」プラットフォームが起動します（[実験計画(DOE)]>[古典的な計画]>[2水準スクリーニング]>[2水準スクリーニングのあてはめ]を実行するのと同じです）。

図10.21 スクリーニング計画のレポートの例



メモ: p 値はシミュレーションに基づく手法で取得しているため、実際に表示される値は、図に示されている値とは若干異なります。

このレポートには、Lenthの t 値に基づいて、個別 p 値と同時 p 値の両方が表示されます。個別 p 値を含め、有意な効果はありません。「半正規プロット」では、これらの効果がランダム誤差にすぎないということが示唆されています。

スクリーニングレポートの詳細については、「[「2水準スクリーニングのあてはめ」レポート](#)」を参照してください。

Plackett-Burman計画の例

「スクリーニング計画」プラットフォームを使って、5因子で実験回数が12回のPlackett-Burman計画を作成します。「スクリーニング計画」ウィンドウでの入力を容易にするため、「応答をロード」と「因子をロード」のコマンドを使用します。

Plackett-Burman 計画の作成

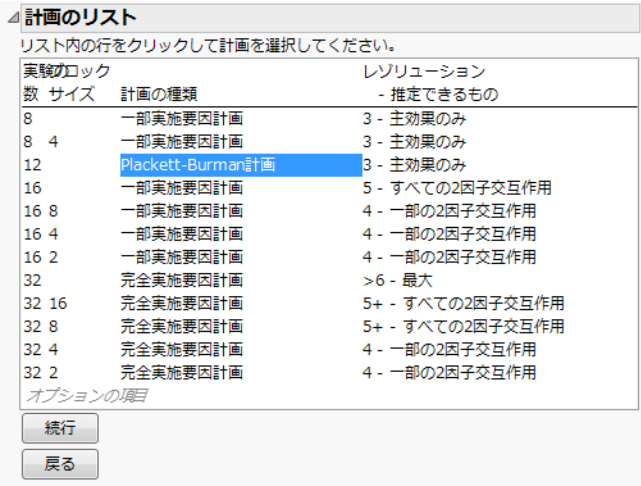
1. [実験計画(DOE)] > [古典的な計画] > [2水準スクリーニング] > [スクリーニング計画] を選択します。
2. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Reactor Response.jmp」を開きます。
3. 「スクリーニング計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[応答のロード] を選択します。
4. [ヘルプ]>[サンプルデータフォルダ]を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Reactor Factors.jmp」を開きます。
5. 「スクリーニング計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[因子のロード] を選択します。
[応答のロード] と [因子のロード] コマンドを使用すると、「応答」セクションと「因子」セクションに、応答名、因子名、目標、応答の下側限界と上側限界、因子の値が自動的に入力されます。入力後の「応答」セクションと「因子」セクションについては、[図 10.15](#)を参照してください。
6. [続行] をクリックします。

メモ: 次の手順にて乱数シード値を設定すると、この例と同じ実験順序が得られます。同じでなくても良い場合は、この手順は不要です。

7. (オプション)「スクリーニング計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[乱数シード値の設定] を選択します。次に、「34567」と入力して [OK] をクリックします。
8. 「スクリーニング計画の種類を選択」パネルで、デフォルトの [一部実施要因計画の一覧から選択] を選択したままにして、[続行] をクリックします。
9. [Plackett-Burman 計画] を選択します。

実験回数が2のべき乗でないPlackett-Burman計画は、交絡関係が複雑になる傾向があります。特に、主効果がいくつかの2因子間交互作用と部分的に交絡する可能性があります。「計画の評価」を参照してください。実験回数が12回のPlackett-Burman計画は、レゾリューションIIIに分類されています。

図 10.22 Plackett-Burman 計画が表示された「計画のリスト」



- 10. [続行] をクリックします。
- 11. [テーブルの作成] をクリックします。

図 10.23 Plackett-Burman 計画のデータテーブル

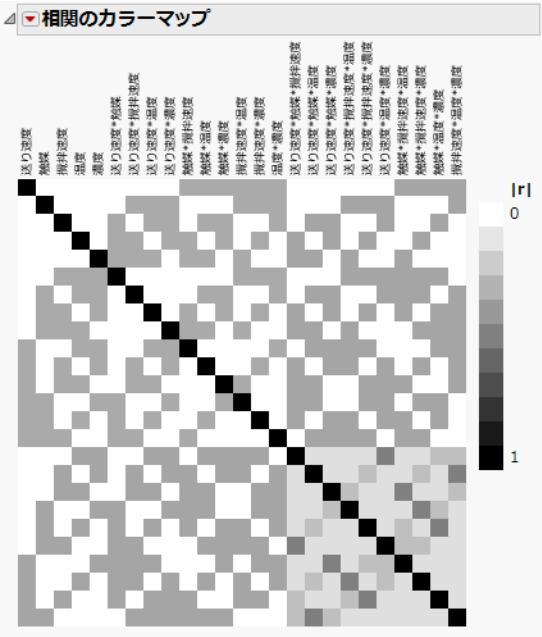
	パターン	送り速度	触媒	攪拌速度	温度	濃度	Percent Reacted
1	+++++	15	2	120	180	6	•
2	+-----	15	1	100	140	6	•
3	+-+++	15	1	120	180	6	•
4	-++++	10	2	120	180	3	•
5	++---	15	2	100	140	3	•
6	----+	10	1	100	180	3	•
7	-+++-	10	2	100	180	6	•
8	+++--	15	2	120	140	3	•
9	--++-	10	1	120	140	6	•
10	---+-	10	1	120	140	3	•
11	-+++-	10	2	100	140	6	•
12	+++--	15	1	100	180	3	•

「Percent Reacted」という列が、計画のデータテーブルに作成されます。このテーブルに表示されている順序で実験を実行し、「Percent Reacted」列に結果を記録します。

計画の評価

- 1. 「スクリーニング計画」ウィンドウに戻ります。いったん閉じてしまった場合は、計画のデータテーブルの「DOE ダイアログ」スクリプトを実行します。
- 2. 「計画の評価」>「関連のカラーマップ」セクションを開きます。

図10.24 相関の絶対値を示すカラーマップ



対角要素のセルにおける相関は1です。白いセルは、相関が0の効果を示します。グレーと黒のセルは、絶対値が0より大きい相関を持つ効果です。カーソルをセルの上に置くと、効果の組み合わせとその相関の絶対値が確認できます。たとえば、「送り速度」は、いくつかの2因子間交互作用および3因子間交互作用と部分交絡していることがわかります。

メモ: スクリーン計画のカラーマップには、8因子以下の計画の3因子間交互作用が含まれます。「計画の評価」スクリプトのカラーマップには、2因子間交互作用までしか含まれません。

3. 「交絡行列」を開きます。

図10.25 交絡行列 (2因子間交互作用の部分)

効果	送り速度*触媒	送り速度*攪拌速度	送り速度*温度	送り速度*濃度	触媒*攪拌速度	触媒*温度	触媒*濃度	攪拌速度*温度	攪拌速度*濃度	温度*濃度
切片	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
送り速度	0	0	0	0	0.333	-0.33	-0.33	0.333	0.333	0.333
触媒	0	0.333	-0.33	-0.33	0	0	0	0.333	-0.33	0.333
攪拌速度	0.333	0	0.333	0.333	0	0.333	-0.33	0	0	0.333
温度	-0.33	0.333	0	0.333	0.333	0	0.333	0	0.333	0
濃度	-0.33	0.333	0.333	0	-0.33	0.333	0	0.333	0	0

この計画は主効果について直交しているので、交絡行列の各要素は効果間の相関になっています。「[交絡行列](#)」を参照してください。たとえば、「送り速度」は、6つの2因子間交互作用および4つの3因子間交互作用と部分交絡しています。それらの部分交絡している個所は、「送り速度」の行における要素が0.333または-0.33となっている個所です。

結果の分析

「Plackett-Burman jmp」 というデータテーブルに、この実験の結果が記録されています。ここで、最初の段階で「温度*濃度」の交互作用が重要であると予想していたことを思い出してください。これが唯一の重要な交互作用であるという仮定に基づいて、進めていきます。

- 1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Plackett-Burman jmp」を開きます。
- 2. 「モデル」スクリプトの左のアイコンをクリックして、スクリプトを実行します。
- 3. 「列の選択」リストから「温度」を選択し、「モデル効果の構成」リストから「濃度」を選択します。
- 4. [交差] ボタンをクリックします。
- 5. [実行] をクリックします。

図10.26 全効果を含めたモデルのパラメータ推定値

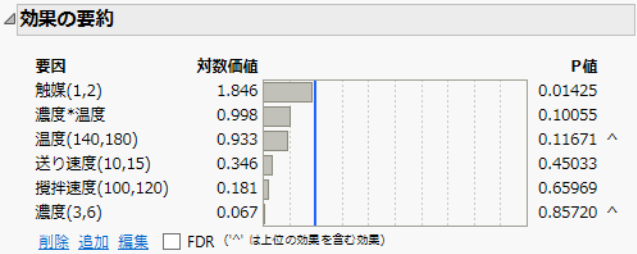
パラメータ推定値				
項	推定値	標準誤差	t値	p値(Prob> t)
切片	66.166667	2.639444	25.07	<.0001*
送り速度(10,15)	-2.333333	2.850926	-0.82	0.4503
触媒(1,2)	10.5	2.850926	3.68	0.0142*
攪拌速度(100,120)	1.333333	2.850926	0.47	0.6597
温度(140,180)	5	2.639444	1.89	0.1167
濃度(3,6)	-0.5	2.639444	-0.19	0.8572
濃度*温度	-6.5	3.232646	-2.01	0.1006

「予測値と実測値のプロット」を見ると、モデルのあてはまりの悪さを示す証拠が見当たりません。「パラメータ推定値」レポートからは、「触媒」が0.05の有意水準において有意であり、「濃度*温度」の交互作用が0.10の有意水準においてほぼ有意であることがわかります。

効果のさらなる削除

応答に最も大きな影響を及ぼしている効果を特定したいとしましょう。そのような効果をはっきりと見極めるには、「効果の要約」セクションを使って、有意ではない効果を除外します。

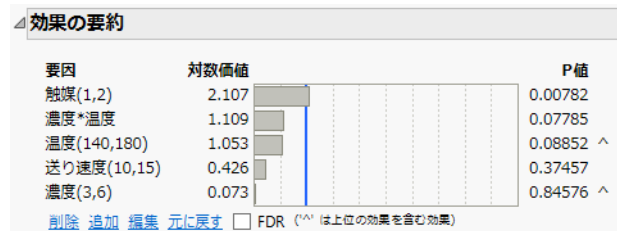
図10.27 全効果を含めたモデルの「効果の要約」



「濃度」は最も有意性が低くなっていますが、 P 値の右側に「^」マークがついていることからわかるように、高次の交互作用（「濃度 * 温度」）に含まれています。「効果の親子関係」の原則に従うと、「濃度 * 温度」の交互作用をモデルに残すのであれば、「濃度」を除外するべきではありません。「効果の親子関係」を参照してください。次に有意性が低い効果は「攪拌速度」です。

1. 「効果の要約」セクションで「攪拌速度」を選択して、[削除] をクリックします。
次に削除できる有意性が低い効果は「送り速度」です。
2. 「効果の要約」セクションで「送り速度」を選択して、[削除] をクリックします。

図10.28 縮小モデルの「効果の要約」



「P 値」の列を見ると、「触媒」の主効果と「濃度 * 温度」の交互作用は、両方とも 0.05 の有意水準において有意であることを示しています。このモデルは、これ以上縮小するべきではありません。他の交互作用が存在しないか、または無視できるレベルであれば、「触媒」および「濃度 * 温度」の交互作用が、重要な効果であると結論付けることができます。

主効果スクリーニング計画の例（標準的な計画が存在しない場合）

標準的な計画が存在しない場合でも、主効果のスクリーニングに利用できる直交計画（または殆直交計画）を作成できます。このスクリーニング計画は、交互作用の効果は無視できるほど小さいという条件のもとで、すべての主効果を推定できる計画です。

この例のような状況では、標準的な計画はありません。4 水準と 6 水準のカテゴリカル因子が 1 個ずつ、そして、連続尺度の因子が 11 個である、全部で 13 因子の計画を作成するとします。

1. [実験計画(DOE)] > [古典的な計画] > [2水準スクリーニング] > [スクリーニング計画] を選択します。
「応答」パネルに「Y」というデフォルトの応答が 1 つ表示されます。このデフォルトの応答をそのまま使用します。
2. 「因子」パネルで [カテゴリカル] をクリックし、[4 水準] を選択します。
水準 L1 ~ L4 を持つ変数 X1 が追加されます。
3. [カテゴリカル] をクリックし、[6 水準] を選択します。
水準 L1 ~ L6 を持つ変数 X2 が追加されます。
4. 「N 個の因子を追加」の右側のボックスに「11」と入力します。

5. 「連続変数」をクリックします。

X3～X13の計11個の因子が追加されます。これらの因子は2水準（-1と1）になっています。

6. 「続行」をクリックします。

「計画の生成」パネルが表示されます。

この条件では、標準的な計画を使用できないので、計画を一覧から選択するオプションは表示されません。

デフォルトの実験回数である24回をそのまま使用します。

図10.29 「スクリーニング計画」ウィンドウの「計画の生成」パネル（13因子の計画）

スクリーニング計画

応答

応答名	目標	下側限界	上側限界	重要度
Y	最大化	.	.	.

オプションの項目

因子

連続変数 離散数値 カテゴリーカル 削除 N個の因子を追加 1

名前	役割	値					
X1	カテゴリーカル	L1	L2	L3	L4		
X2	カテゴリーカル	L1	L2	L3	L4	L5	L6
X3	連続変数	-1		1			

計画の生成

実験の回数:

☐ 最小値 20

☒ デフォルト値 24

☐ ユーザ定義 24

計画の作成

戻る

7. 「計画の作成」をクリックします。

「計画」セクションと「計画の評価」セクションが表示されます。

8. 「計画」セクションを開き、生成された計画を確認します。

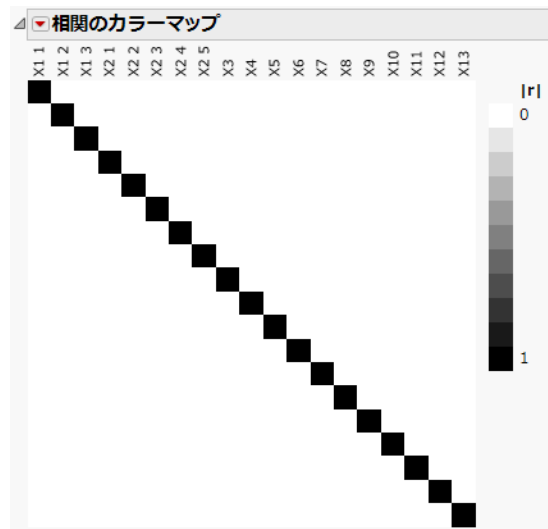
メモ: この計画を生成するアルゴリズムは、ランダムな開始点を使用しています。後に同じ計画を再現したい場合には、レポートタイトルの赤い三角ボタンのメニューから「スクリプトをスクリプトウィンドウに保存」を選択し、スクリプトを乱数シード値とともに保存してください。

次に、関連のカラーマップを参照して、この計画が直交計画であるかどうかを調べます。

9. 「計画の評価」>「関連のカラーマップ」セクションを開きます。

カラーマップ（図10.30）の対角要素には黒いセルが表示され（JMPのデフォルトの色を使用している場合）、相関が1であることが示されています。対角要素のセルは、同じ項同士の相関を表しているため、1となります。非対角要素はすべて白なので、異なる項の間の相関がゼロであることがわかります。マウスのカーソルをセルの上に置くと、該当する2つの項と相関の絶対値が表示されます。

図 10.30 相関のカラーマップ



10. [テーブルの作成] をクリックして、計画のデータテーブルを作成します。

実験がランダムな順序で並べられたデータテーブルが表示されます。このランダムな順序に従って実験を行い、結果を「Y」列に入力します。データテーブルの「モデル」スクリプトを実行すると、結果を分析できます。

第11章

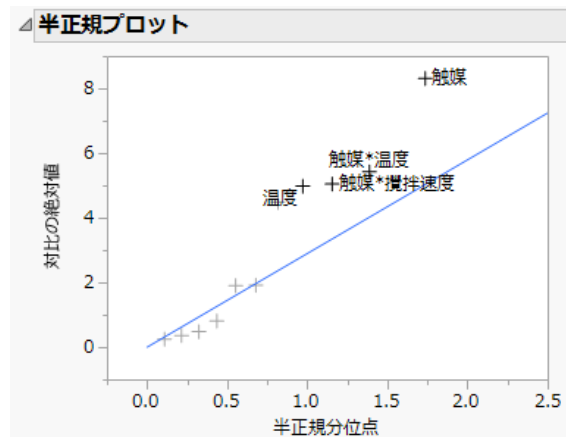
「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォーム スクリーニング実験データの分析

「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームは、スクリーニング計画で得られた実験データを分析するためのプラットフォームです。このプラットフォームは、応答に大きな影響を及ぼしている効果を特定するのに役立ちます。

「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームは、効果の希薄性 (effect sparsity) の原則に基づいています (Box and Meyer 1986)。「効果の希薄性の原則」とは、調べている効果のうち、比較的少数のものだけが応答に影響しているという前提です。もしも、ほとんどの効果が影響がなく、その真の影響が無視できるほど小さいなら、それらの推定値はランダムな誤差として分布します。

仮定するモデルに交互作用項がある場合、スクリーニング計画には誤差の自由度がないのが普通です。そのため、各効果の影響を判断するのに、従来の統計的検定が使えません。特にこのような状況において、「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームが役立ちます。

図11.1 「2水準スクリーニングのあてはめ」レポートの半正規プロット



目次

「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームの概要..... 345

「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームの例 345

「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームの起動..... 348

「2水準スクリーニングのあてはめ」レポート 349

 対比 350

 半正規プロット 350

 モデルの作成または実行 350

「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームの別例..... 351

 Plackett-Burman計画の分析例 351

 効果の親子関係の例..... 352

 過飽和実験計画の分析例 354

「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームの統計的詳細 356

 効果の追加順序の統計的詳細..... 356

 直交回転としての2水準スクリーニングのあてはめの統計的詳細 356

 Lenthの擬似的標準誤差（PSE）の統計的詳細 357

 Lenthのt値の統計的詳細 357

「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームの概要

スクリーニング計画の分析に適用される**効果の希薄性** (effect sparsity) の原則は、「応答変数の変動のほとんどは、少数の因子だけで説明できる」という原則です。この原則に基づいて、推定値が小さい効果を使ってモデルの誤差の大きさを推定します。そこから、推定値の大きい効果の応答の影響を判定することが可能になります。

スクリーニング実験により得られたデータは、「モデルのあてはめ」([分析] > [モデルのあてはめ]) や、「2水準スクリーニングのあてはめ」([実験計画(DOE)] > [古典的な計画] > [2水準スクリーニング] > [2水準スクリーニングのあてはめ]) で分析できます。次のガイドラインに従って、いずれのプラットフォームを用いるかを決めてください。

- 因子がすべて2水準で直交していれば、「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームで計算される統計量はすべて妥当です。
- 主効果の個数が実験回数よりも非常に多い過飽和実験計画の場合でも、「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームは、影響を持つ因子の選択を行えます。しかし、「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームは、誤差の大きさや効果の大きさを推定することには向いていません。また、モンテカルロシミュレーションによって計算される p 値は、過飽和実験計画に適していない仮定に基づいています。
- カテゴリカルまたは離散数値の因子に3水準以上のものがある場合は、「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームは適していません。「2水準スクリーニングのあてはめ」は、モデル項をすべて連続変数として扱うからです。3水準以上の因子がもつ効果は、連続変数の主効果とべき乗効果に変換されます。3水準以上の効果がある場合には、「モデルのあてはめ」プラットフォームの使用をお勧めします。
- データが直交でない場合、「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームで計算される推定値は、標準的な回帰分析とは異なる値になります。効果が直交していないデータに対して、「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームは、大きな効果を特定することはできますが、各効果を適切に検定することはできません。なぜなら、「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームが採用している計算では、効果が直交していない場合、各効果をモデルに追加する際に強制的に直交化するからです。そのため、前に追加された効果を、標準的な回帰分析の場合と比べ、有意でないように見せかけてしまいます。[「効果の追加順序の統計的詳細」](#)を参照してください。
- 「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームは配合計画には適しません。代わりに[「配合計画のあてはめ」](#)を参照してください。

「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームの例

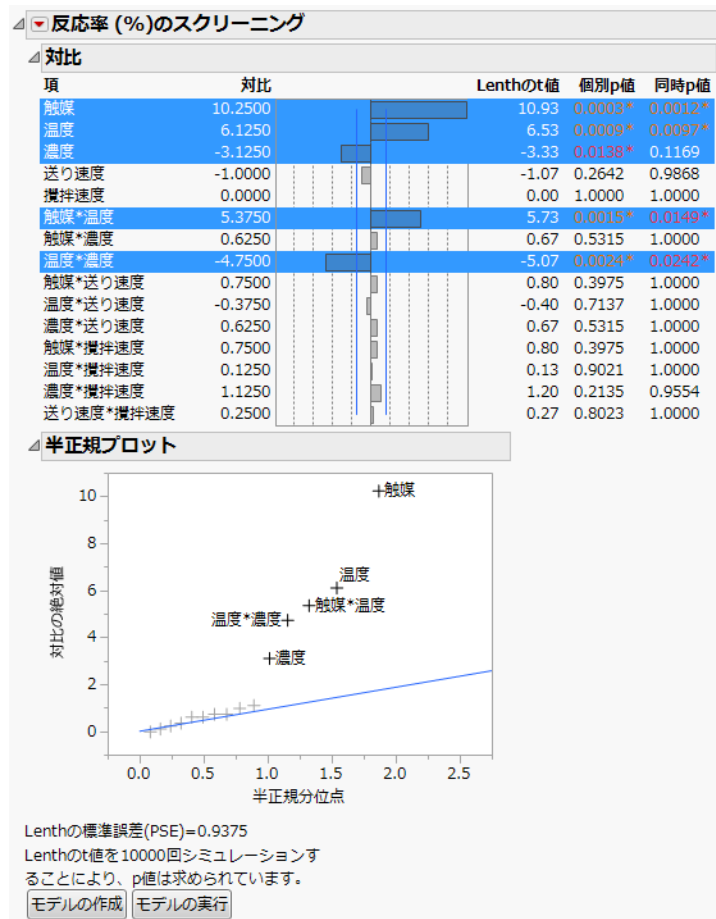
「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームを使って、実験回数が16回の計画に対し、15個のパラメータを持つモデルを作成します。主効果と2因子間交互作用を含んだモデルをあてはめ、有意な効果を特定してみましょう。「2水準スクリーニングのあてはめ」と「モデルのあてはめ」の両プラットフォームを使って分析を行います。

2水準スクリーニングのあてはめ

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Reactor Half Fraction.jmp」を開きます。
2. [実験計画 (DOE)] > [古典的な計画] > [2 水準スクリーニング] > [2 水準スクリーニングのあてはめ] を選択します。
3. 「反応率 (%)」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「送り速度」から「濃度」までを選択して [X] をクリックし、[OK] をクリックします。

メモ: 「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームによって自動的に交互作用項を含むモデルが作成されます。一方、「モデルのあてはめ」プラットフォームでは、モデルに含める交互作用を自分で明示的に指定する必要があります。

図11.2 「Reactor Half Fraction.jmp」の「2水準スクリーニングのあてはめ」レポート



「スクリーニング」レポートには次のような機能があります。

- 個別 p 値が0.10未満の効果が選択されています。
- Lenthの擬似標準誤差 (PSE; Pseudo-Standard Error) を使って t 値が計算されています。Lenthの擬似標準誤差の値は半正規プロットの下に表示されます。
- 個別 p 値と同時 p 値の両方が計算されています。0.05を下回る値にはアスタリスクがついています。
- 半正規プロットを見ると、効果をすばやく調べることができます。上側の表にて選択されている効果は、このプロットでもラベルつきで表示されます。

この例では、「触媒」・「温度」・「濃度」と、2因子間交互作用のうち2つが選択されています。同じモデルを「モデルのあてはめ」プラットフォームであてはめることもできます。

モデルのあてはめ

1. 「Reactor Half Fraction.jmp」データテーブルから [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
2. 「反応率(%)」を選択し、[Y] をクリックします。
3. 「送り測度」から「濃度」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。
4. [実行] をクリックします。
5. 「パラメータ推定値」セクションを開きます。

図11.3 飽和計画である「Reactor Half Fraction.jmp」のパラメータ推定値

応答 反応率 (%)				
効果の要約				
パラメータ推定値				
項	推定値	標準誤差	t値	p値(Prob> t)
切片	65.25	.	.	.
送り速度(10,15)	-1	.	.	.
触媒(1,2)	10.25	.	.	.
攪拌速度(100,120)	0	.	.	.
温度(140,180)	6.125	.	.	.
濃度(3,6)	-3.125	.	.	.
送り速度*触媒	0.75	.	.	.
送り速度*攪拌速度	0.25	.	.	.
送り速度*温度	-0.375	.	.	.
送り速度*濃度	0.625	.	.	.
触媒*攪拌速度	0.75	.	.	.
触媒*温度	5.375	.	.	.
触媒*濃度	0.625	.	.	.
攪拌速度*温度	0.125	.	.	.
攪拌速度*濃度	1.125	.	.	.
温度*濃度	-4.75	.	.	.

標本サイズが16、モデル項の数も16であるため、誤差の大きさ（誤差分散）を推定することはできません。誤差分散の推定値がなければ、標準的な検定を行うことができません。パラメータ推定値は計算されますが、誤差分散は推定できないので、パラメータ推定値の標準誤差・ t 値・ p 値は算出されません。「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームを使えば、このような飽和計画のデータからも最大限の情報を引き出し、因子をスクリーニングすることができます。

「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームの起動

「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームを起動させるには、[実験計画(DOE)] > [古典的な計画] > [2水準スクリーニング] > [2水準スクリーニングのあてはめ] を選択します。

図11.4 「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームの起動ウィンドウ

Y 分析の対象となる列。データタイプは「数値」でなければなりません。

X 連続尺度の因子か、2水準の因子。これらの因子は、互いに直交していることが望ましいです。

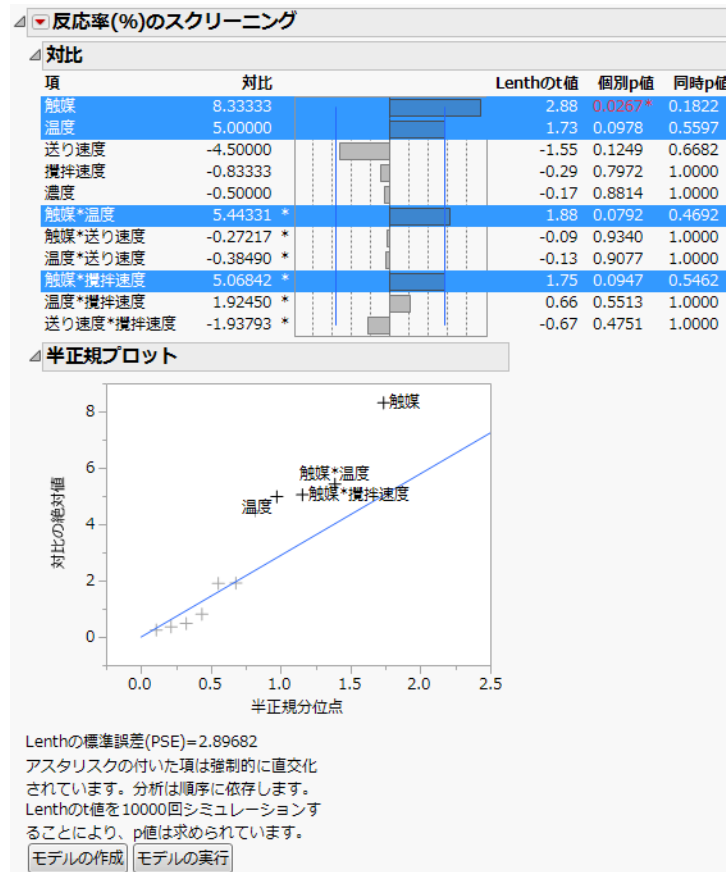
By この列の水準に従ってデータがグループ化され、それぞれ個別に分析されます。指定した列の水準ごとに、対応する行が分析されます。分析結果は、個別のレポートにまとめられます。複数の By 変数を割り当てた場合、それらの By 変数の水準の組み合わせごとに個別に分析が行われます。

メモ: 「スクリーニング計画」プラットフォームで一部実施要因計画の一覧から計画を作成した場合は、計画テーブルに「スクリーニング」というスクリプトが含まれます。このスクリプトを実行すると、分析をすぐに実行できます。

「2水準スクリーニングのあてはめ」レポート

「スクリーニング」レポートには、計画の対比（モデル項の候補）の要約テーブルと半正規プロットが表示されます。レポートから、選択したモデルを起動または実行できます。

図11.5 「スクリーニング」レポート



- 「対比」
- 「半正規プロット」
- 「モデルの作成または実行」

対比

「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームの「対比」セクションには、考えられるモデル効果すべてと、対比の値、Lenthの t 値、個別 p 値、同時 p 値、交絡関係が表示されます。効果は、階層的順序の原則に従って分析に含まれます。「[効果の追加順序の統計的詳細](#)」を参照してください。デフォルトでは、個別 p 値が0.10未満の効果が選択されています。

項 因子の名前。

対比 因子の推定値。直交計画の場合、この数値は、回帰パラメータの推定値と一致します。直交でない計画の場合は異なります。対比にアスタリスクがついているときは、直交性がないことを示します。

棒グラフ Lenthの t 値と、0.10の有意水準を示す青い縦線を表示します。

Lenthの t 値 Contrast/PSEによって計算されたLenthの t 値。この式の分母の「PSE」は、Lenthの疑似標準誤差(Pseudo Standard Error)です。「[Lenthの擬似的標準誤差\(PSE\)の統計的詳細](#)」を参照してください。

個別 p 値 線形モデルにおける通常の p 値に相当するものです。 p 値が小さい場合に、効果が有意であると判断できます。「[Lenthの擬似的標準誤差\(PSE\)の統計的詳細](#)」を参照してください。

メモ: 分析を再実行したとき、 p 値がまったく同じ値にはなりません。これは p 値の計算にモンテカルロ法が使われているからです。同じ分析を繰り返しても近い値が出るだけで、まったく同じ値にはなりません。

同時 p 値 多重比較の調整を行った p 値。

交絡関係 後の効果が前の効果と完全に交絡しているときに表示されます。

半正規プロット

「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームの半正規プロットは、対比の絶対値と半正規分布の分位点の絶対値を比較したものです。青い線は、基点を通り、Lenthの方法で推定した σ を傾きとします。小さい効果は、平均がゼロで標準偏差が σ の正規分布に従う誤差項であるとみなされます。これらの項は、青い線の上にあります。有意な効果は、対比の絶対値が大きく、青い線の線上から離れてプロットされます。

このグラフは対話的で、グラフ上で効果を選択できます。複数の効果を選択するには、該当する効果を囲むように矩形をドラッグします。Ctrlキーを押したままレポート内の効果名をクリックする方法もあります。

モデルの作成または実行

「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームの【**モデルの作成**】ボタンをクリックすると、「モデルのあてはめ」ウィンドウが開き、選択されている効果が自動的に入力されます。

【**モデルの実行**】ボタンをクリックすると、選択されている効果からなるモデルがあてはめられます。

メモ: 選択したモデルが効果の親子関係に従っていない場合は、警告が表示されます。警告が表示された場合には、[キャンセル] をクリックするか、[モデルの作成] ボタンで「モデルのあてはめ」ウィンドウを開き、モデルに含めるべき項を追加してください。または、[続行] をクリックして効果の親子関係に従わないモデルをそのままあてはめてください。「効果の親子関係」を参照してください。

「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームの別例

この節では、「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームの例を紹介します。

- 「Plackett-Burman計画の分析例」
- 「効果の親子関係の例」
- 「過飽和実験計画の分析例」

Plackett-Burman計画の分析例

「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームを使って、7因子のPlackett-Burman計画を分析します。

Plackett-Burman計画は、一部実施要因計画の代わりとなる計画です。2水準の一部実施要因計画では、その性質上、実験回数を2のべき乗にしなければなりません。しかし、Plackett-Burman計画には、実験回数が12, 24, 28のものがああります。

実験回数12のPlackett-Burman計画を使って調べています。応答は、 $100 \times \log(\text{寿命})$ の値です。(サンプルデータには、誤差に使用されている4つの項も含まれますが、この分析では使用しません。)

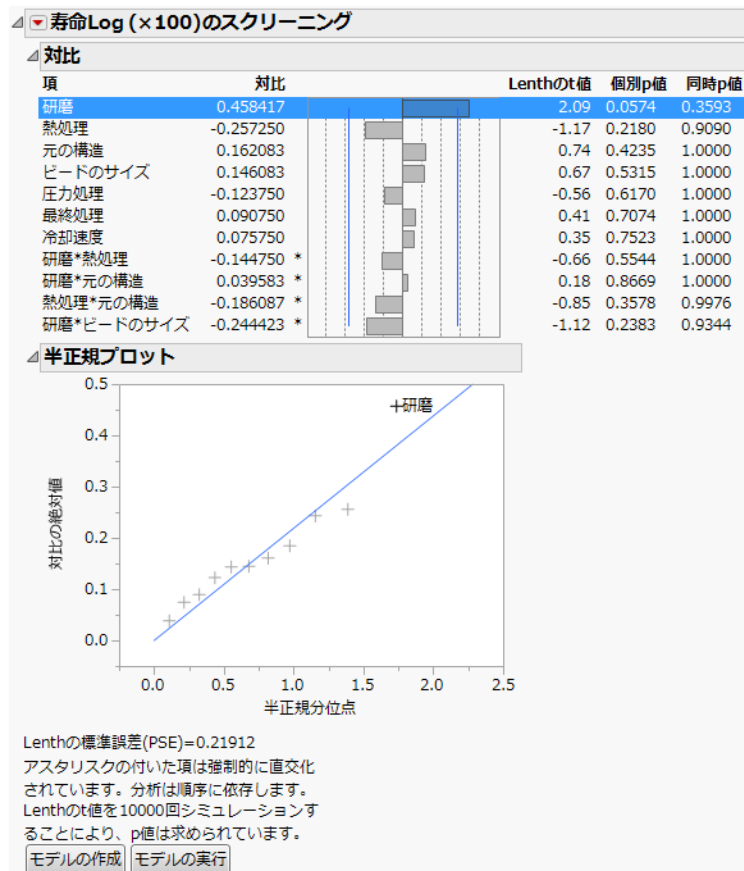
1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Weld-Repaired Castings.jmp」を開きます。
2. [実験計画(DOE)] > [古典的な計画] > [2水準スクリーニング] > [2水準スクリーニングのあてはめ] を選択します。

起動ウィンドウは、列プロパティに従って自動的に入力された状態で開きます。「寿命Log(×100)」が応答[Y]に設定されています。

「元の構造」・「ビードのサイズ」・「圧力処理」・「熱処理」・「冷却速度」・「研磨」・「最終処理」の7つの因子が[X]として指定されています。

3. [X]のウィンドウを下へスクロールします。「ε1」・「ε2」・「ε3」・「ε4」を選択し、[削除]をクリックします。
4. [OK]をクリックします。

図11.6 「Weld-Repaired Castings.jmp」の「スクリーニング」レポート



有意と特定された効果は、「研磨」のみです。アスタリスクがついた項、つまり前の効果に対して直交していない項が4つありますが、対比の値は、直交化を行ってから計算されています。そのため、ここでの推定値は、対応する回帰分析で得られる推定値とは一致しません。[モデルの実行] ボタンをクリックすると、1因子のモデルがあてはめられます。

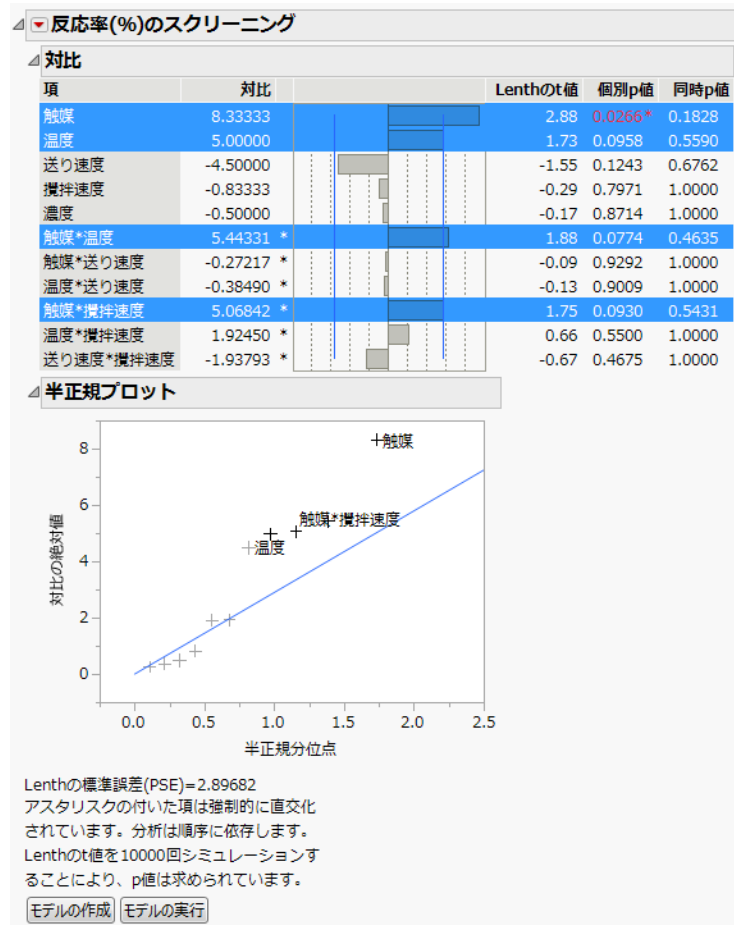
効果の親子関係の例

「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームを使って、効果の親子関係に従わないモデルを作成します。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Plackett-Burman.jmp」を開きます。
2. [実験計画(DOE)] > [古典的な計画] > [2 水準スクリーニング] > [2 水準スクリーニングのあてはめ] を選択します。
3. 「反応率(%)」を選択し、[Y] をクリックします。

4. 「送り速度」から「濃度」までを選択し、[X] をクリックします。
5. [OK] をクリックします。

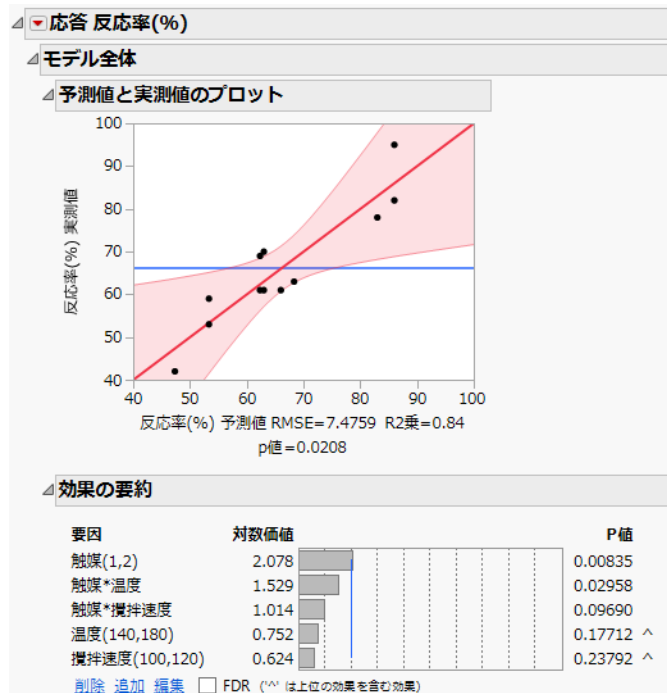
図11.7 モデルの対比



「触媒*攪拌速度」の交互作用は強調表示されていますが、「攪拌速度」の主効果は強調表示されていません。効果の親子関係の原則に従う場合には、以下の手順に従って「攪拌速度」の主効果をモデルに追加してください。「効果の親子関係」を参照してください。

6. [モデルの作成] をクリックします。
7. 「攪拌速度」を選択し、「モデル効果の構成」パネルで [追加] をクリックします。
8. [実行] をクリックします。

図11.8 「モデルのあてはめ」レポート (一部)



「p値」の列を見ると、「攪拌速度」と「温度」の値の右側に「^」の記号が表示されています。これらの効果は、それら自体は有意でないものの、それらよりもより有意な高次の効果が存在することを示しています。

過飽和実験計画の分析例

「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームを使って過飽和実験計画を分析します。過飽和実験計画は、因子数の方が実験回数より多い計画です。過飽和実験計画は、効果の希薄性（effect sparsity）を仮定しなければ成立しません。効果の希薄性が仮定できるのであれば、「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームが分析に最適です。どの効果が影響しているのかを調べるのが目的です。

この例では、18個の因子で実験回数が12回であるデータを、乱数で生成したデータを使用します。データのYの値は、次の式で生成されています。

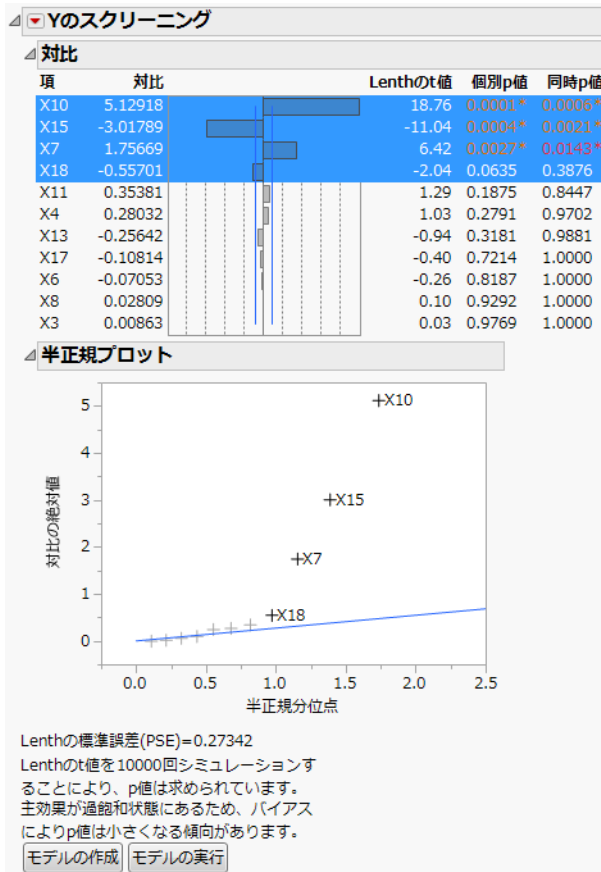
$$Y = 2(X7) + 5(X10) - 3(X15) + \varepsilon$$

上の式で $\varepsilon \sim N(0,1)$ です。つまり、Yは3つの因子から影響を受けています。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Supersaturated.jmp」を開きます。
2. [実験計画(DOE)] > [古典的な計画] > [2水準スクリーニング] > [2水準スクリーニングのあてはめ] を選択します。
3. 「Y」を選択し、[Y] をクリックします。

4. 「X1」から「X18」まで選択し、[X] をクリックします。
5. [OK] をクリックします。

図11.9 「Supersaturated JMP」の「スクリーニング」レポート



先ほどの影響をもつ4つの因子が強調表示されています。「X10」・「X15」・「X7」は、有意水準5%において有意となっています。「半正規プロット」では、「X18」が青い線の近くにあり、また、 p 値は0.1に近いことがわかります。個別 p 値が0.1以下のものがデフォルトで選択されますが、この0.1という閾値は因子を選択する上で緩い基準であるため、影響力があると考えられる因子が漏れることはないでしょう。

対比「X10」・「X15」・「X7」の5.1, -3, 1.8という値は、本当の値(5, -3, 2)に近い値といえます。

「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームにおいて過飽和計画に対して計算される p 値は、統計的に見て完全に妥当ではありません。なぜなら、過飽和計画は直交でないのに、直交計画を仮定したシミュレーションに基づいて p 値が計算されているからです。それでも、さらなる分析の対象とする効果を特定するうえでは役立つでしょう。

「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームの統計的詳細

この節では、「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームの統計的詳細を説明します。

- 「効果の追加順序の統計的詳細」
- 「直交回転としての2水準スクリーニングのあてはめの統計的詳細」
- 「Lenthの擬似的標準誤差（PSE）の統計的詳細」
- 「Lenthのt値の統計的詳細」

効果の追加順序の統計的詳細

「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームの処理は、慎重に定義した順序で行われます。

1. まず、主効果がその対比の絶対値の大きさに応じてモデルに加えられます。どの効果も、モデル内にすでにある効果に対して直交化されます。この手法により、効果の順序が変数増加法によるステップワイズ回帰と同じになります。主効果で順序付けしておく、後で交絡項を選択するときにも役立ちます。
2. 主効果の後、2次、3次・・・の順に交互作用が追加されます。2次交互作用は、2つの効果が先にモデルに追加されたものから追加していきます。たとえばBとCの主効果がどちらもDの主効果よりも大きければ、追加順序はAB、AC、BC、AD、BD、CDのような感じになります。
3. すでにモデルに含まれている1つの項に完全に交絡している項は、交絡関係の列に表示されます。すでに含まれている複数の項の線形結合である効果は、表示されません。部分交絡している効果、つまり直交性がない効果には、アスタリスクがつきます。
4. この手順を続け、モデルに n 個の効果を加えます。ここで、 n はデータテーブルの行数です。 n 個の効果をもつモデルは、完全に飽和します。因子だけで完全飽和にすることができない場合は、ランダムに直交化された擬似的な効果が追加され、モデルを飽和させます。この作成された擬似的な効果には「**ゼロ n** 」という名前（ n は数字）がつきます。このような擬似的な効果が追加される状況としては、まったく同じ因子設定が反復している行がデータにある場合などがあります。

直交回転としての2水準スクリーニングのあてはめの統計的詳細

数学的に見ると、「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームは、応答ベクトルの n 個の値を回転によって n 個の新しい値に変換しています。回転後の値は、主効果や交互作用などのモデル空間に写像されます。

$$\text{対比} = \mathbf{T}' \times \text{応答}$$

上の式で、 $\mathbf{T}$ は正規直交行列で、切片から始まり、因子の主効果、2因子間交互作用、3因子間交互作用・・・と続き、交換後の値が n 個になるまで続きます。 $\mathbf{T}$ の最初の列は切片です。その他の列は切片に直交することから、切片を除く列はすべて、和がゼロになっています。和がゼロになっていることから、これらの列は対比（contrast）になっています。 $\mathbf{T}$ は正規直交行列なので、上式を変形すると、 $\mathbf{T}$ は線形モデルにおける $\mathbf{X}$ に似た役割をもつようになります。計算するのに逆行列の計算は必要ありません。なぜなら、 $\mathbf{T}'$ は $\mathbf{T}^{-1}$ や $(\mathbf{T}'\mathbf{T})\mathbf{T}'$ と等価だからです。 $\mathbf{T}$ を $\mathbf{X}$ とみなすと、各対比に対する推定値は線形モデルのパラメータ推定値になっています。

応答に影響を与えるモデル効果が切片以外に存在しない場合、対比に対する推定値は、独立な確率変数を、別の独立な確率変数に直交回転させたものに過ぎません。確率変数を直交回転した確率変数は、元の確率変数と分散が同じです。影響をもつ効果がいくつかある場合でも、影響をもたない効果は誤差のように振る舞います。効果の影響が十分に大きく、実験が適していれば、影響がもつ効果をそれらの誤差から区別することができます。

Lenthの擬似的標準誤差（PSE）の統計的詳細

LenthのPSEは、「2水準スクリーニングのあてはめ」レポートの下部に表示されます。Lenthの方法(1989)は、**Lenthの擬似的標準誤差（PSE; Pseudo Standard Error）**とも呼ばれ、応答に対して影響をもたない効果を使って残差の標準誤差を推定します。LenthのPSEでは、対比が互いに独立しており、分散が同じであるという前提において、実験の標準誤差を推定することができます。

この方法では、 n 行に対して $n-1$ 個の対比が作成されます。これらの対比を、 $\hat{C}_i$ で表すとします。ここで、 $i = 1, \dots, n-1$ です。

LenthのPSEを求めるには、まず、次の計算を行います。

$$v = 1.5[\text{median}_{i=1, \dots, n-1} |\hat{C}_i|]$$

LenthのPSEは、重要でなさそうな効果に基づき、次の式で求められます。

$$PSE = 1.5 \left[\text{median}_{|\hat{C}_i| < 2.5v} |\hat{C}_i| \right]$$

Lenthのt値の統計的詳細

「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームでは、対比ごとにLenthの t 値が計算されます。それぞれの対比の t 値は、対比をPSEで割った値です。帰無仮説のもとでのこれらの t 値の確率分布を求めることは困難なので、乱数シミュレーションによって求めています。以下で説明する方法は、Ye and Hamada (2000)の議論に基づいています。

以下の式によって求められる、 i 番目の対比に対する t 値を、 t_i と記します。

$$t_i = \hat{C}_i / (PSE)$$

スクリーニング計画で最も重要なのは、**個別の過誤率（individual error rate）**です。「個別の過誤率」とは、ある1つの効果において、その効果が影響をもたないのに、誤って影響をもつと判定してしまう確率です。この個別 p 値は、 i 番目の効果1つに関して、帰無仮説のもとで $|t_i|$ 以上となる確率です。

「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームでは、比較的多くの効果を一度に検定するため、**実験全体の過誤率（experimentwise error rate）**も重要です。「実験全体の過誤率」とは、複数の効果が実際には影響がないのに、そのうちの少なくとも1つの効果を影響があると誤って判定してしまう確率です。そのような多重性を考慮した同時 p 値は、 i 番目の効果に対して、帰無仮説のもとで $\max |t_i|$ 以上となる確率です。

「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームは、モンテカルロ乱数シミュレーションによって、これらの検定統計量の分布を生成し、 p 値を求めています。そのシミュレーションでは、まず、平均が0、標準偏差がPSEに等しい $n - 1$ 個の正規乱数を生成します。この正規乱数は、応答に影響している効果がまったくないという帰無仮説のもとでの、実験で得られる対比の値を表しています。このような $n - 1$ 個のランダムな対比の値の組が、全部で10,000セット生成されます。

個別 p 値

i 番目における対比の個別 p 値を考えてみましょう。10,000 * ($n - 1$) 個の乱数から、Lenthの t 値が生成されます。個別 p 値は、それらの t 値の絶対値のうち、データから得られた対比以上となっているものの割合です。つまり、個別 p 値は、シミュレーションで得た 10,000 * ($n - 1$) 個の t 値の絶対値を降順に並べた中で、観測した Lenthの t 値の絶対値が位置する位置です。この個別 p 値は、帰無仮説のもとでの分布において、観測された Lenthの t 値の絶対値より右側に位置する領域を近似したものです。

同時 p 値

「実験全体の過誤」とは、応答に影響していない効果が複数ある場合に、そのうちの少なくとも1つを、 t 値に基づいて帰無仮説を棄却してしまうことを指します。この過誤率に対応した p 値を求めるには、 t 値の絶対値の最大値 ($\max |t_i|$) の分布をまず求めなければいけません。

この分布を求めるのに、10,000回の各シミュレーションで、 t 値の絶対値の最大値を求めます。こうして求められた10,000個の最大値が、帰無仮説のもとでの検定統計量の分布を形成します。同時 p 値は、シミュレーションで得た10,000個の t 値の絶対値の最大値を降順に並べた中で、観測した Lenthの t 値の絶対値が位置する位置です。この同時 p 値は、帰無仮説のもとでの分布において、観測された Lenthの t 値の絶対値の最大値より右側に位置する領域を近似したものです。

モンテカルロ乱数シミュレーションのオプション

シミュレーションのデフォルトにおける回数を10,000回から変更するには、LenthSimNという名前のグローバルなJSL変数に値を割り当てる必要があります。 p 値の計算に使用したシミュレーションの回数は、レポートウィンドウに表示されます。

以下の例では、シミュレーションの回数を50,000に設定します。

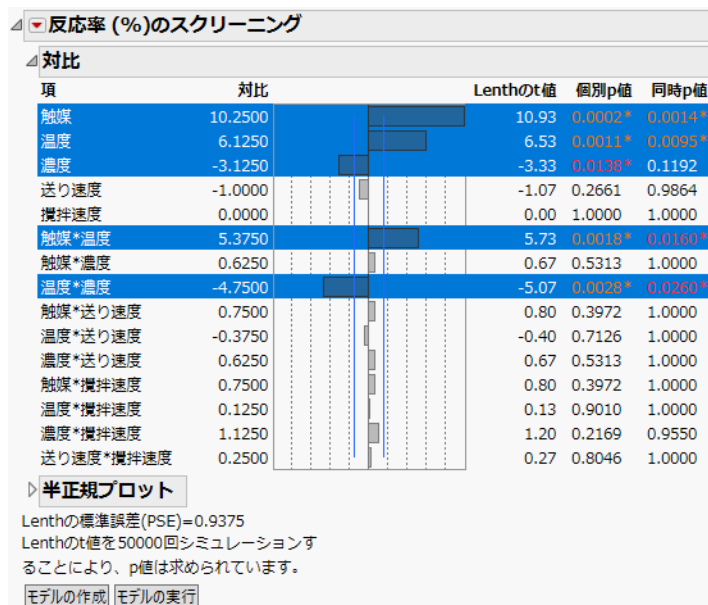
1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Reactor Half Fraction.jmp」を開きます。
2. [実験計画(DOE)] > [古典的な計画] > [2 水準スクリーニング] > [2 水準スクリーニングのあてはめ] を選択します。
3. 「反応率(%)」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「送り速度」から「濃度」までを選択して [X] をクリックし、[OK] をクリックします。
5. 「反応率(%)のスクリーニング」の赤い三角ボタンをクリックして、[スクリプトの保存] > [スクリプトウィンドウへ] を選択します。

6. スクリプトの1行目に「LenthSimN=50000;」を挿入します。

```
LenthSimN=50000;
Fit Two Level Screening(
  Y( :Percent Reacted),
  X( :Feed Rate, :Catalyst, :Stir Rate, :Temperature, :Concentration )
);
```

7. スクリプトウィンドウ内で右クリックし、[スクリプトの実行] を選択します。

図11.10 シミュレーション回数50,000で求められた p 値



シミュレーションの回数はレポートウィンドウに表示されます。

メモ: LenthSimN=0と指定すると、通常の t 分布が使用されます。このとき、同時 p 値は結果に表示されません（この計算方法は推奨しません）。

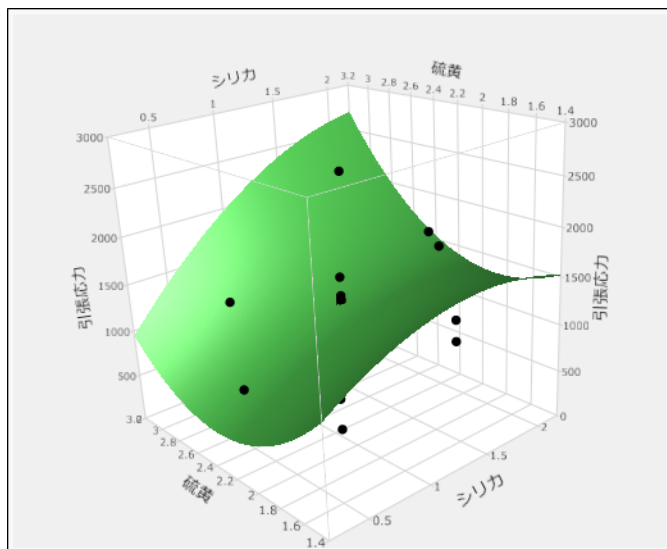
第12章

応答曲面計画

応答曲面計画は2次関数の曲面をモデル化するのに使われている計画です。応答曲面モデルをあてはめると、応答が最大もしくは最小となる因子設定を特定することができます。2次関数の曲面をあてはめるためには各因子に3つの異なる値が必要です。そのため、標準的な2水準計画は2次関数の曲面をあてはめるのに適切ではありません。

それに対して、応答曲面計画で得られたデータを使えば、応答に対して2次式をあてはめることができます。2次式における2次項は、応答関数の曲がり具合を表しています。計画領域内において応答が最大や最小になる場合、その極値が生じる因子設定を特定できます。

図12.1 応答曲面計画のモデル



目次

応答曲面計画の概要 363

応答曲面計画の例 365

応答曲面計画の作成 372

 応答 373

 因子 375

 計画を選択する 376

 出力オプション 378

 テーブルの作成 379

応答曲面計画のオプション 380

応答曲面計画の概要

「応答曲面計画」プラットフォームでは、ブロック因子を含む計画を含め、古典的な中心複合計画およびBox-Behnken計画を作成できます。中心複合計画では、軸点の配置などを設定できます。応答曲面計画では、連続尺度の因子のみ、最大8つの因子を扱うことができます。

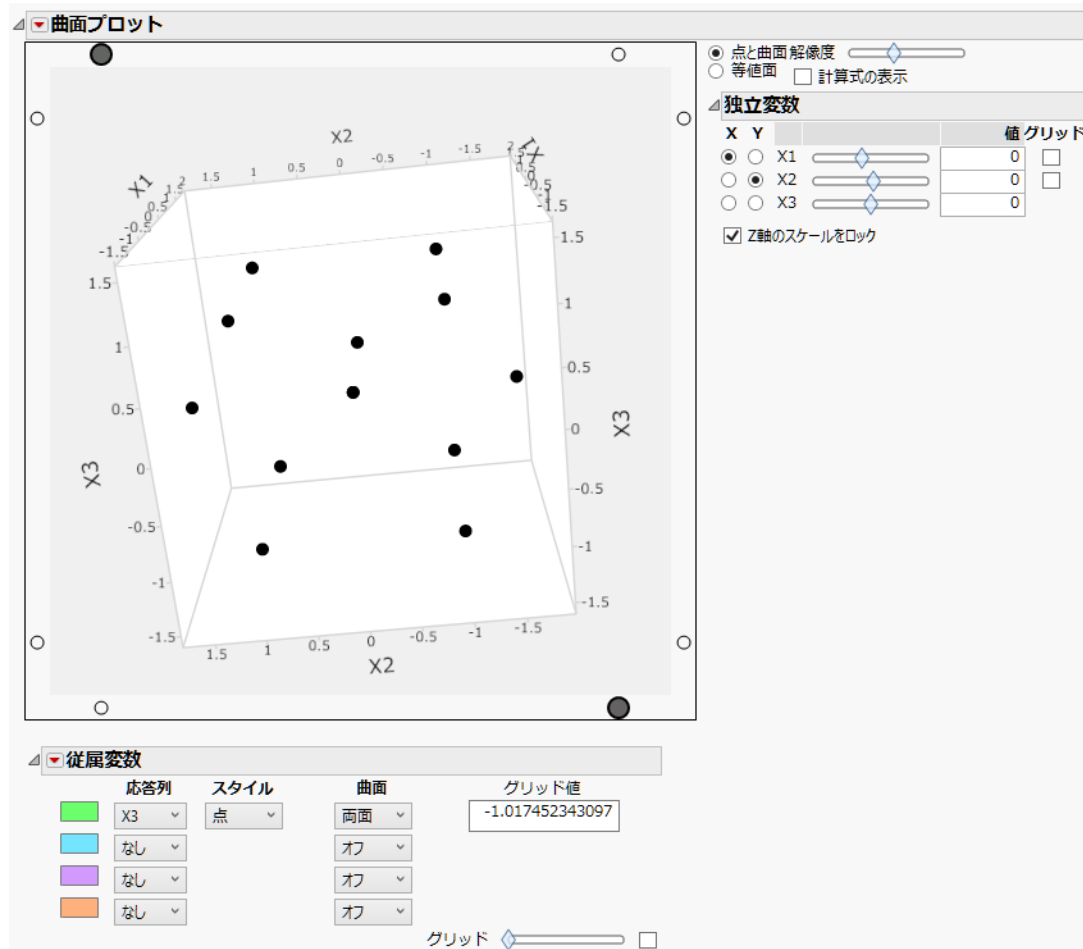
ヒント: なお、[実験計画(DOE)] > [カスタム計画] を使えば、特定の実験状況に合わせた最適な応答曲面計画を作成できます。「カスタム計画」では、古典的な応答曲面計画よりも柔軟性が高い応答曲面計画を作成できます。特に、「カスタム計画」プラットフォームを使えば、カテゴリカルな因子や8個以上の連続変数を含む応答曲面計画を作成できます。また、実験回数や、計画領域に対する制約を指定することもできます。例については、「[応答曲面計画の例](#)」を参照してください。

中心複合計画（[図12.2](#)）は、2水準の一部実施要因計画に次の2点を追加したものです。

- **中心点**（重心）：すべての因子が中間値に設定されている点。
- **軸点**：1つの因子だけが高い値または低い値（**軸の値**）で、残りの因子がすべて中間値になっている点。

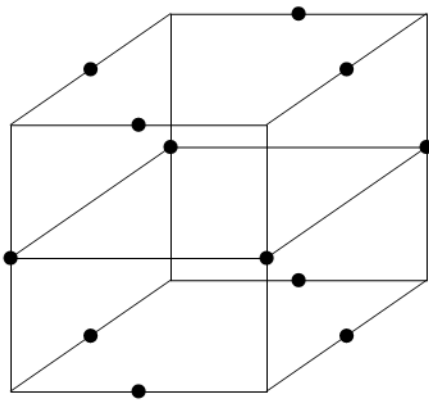
軸点に関して、中心複合計画では、因子ごとに最大5つの異なる設定ができます。なお、軸点を指定された因子の範囲外に置くこともできます。

図12.2 3因子の中心複合計画



Box-Behnken 計画 (図12.3) の因子は、水準が3つしかなく、因子の領域を表す立方体の頂点には計画点が配置されません。エンジニアリング上の理由で立方体の頂点で実験を行えないときは、この特徴が役に立ちます。しかし、立方体の頂点に計画点がないということは、中心複合計画に比べてそれらの頂点付近での予測分散が大きくなる (予測が不正確になる) ことを意味します。

図12.3 3因子のBox-Behnken計画



JMPでは、次の2つの方法で応答曲面計画を作成できます。

- 本章で説明している「応答曲面計画」プラットフォームを使用する(最大8つの連続尺度の因子を扱えます)
- 「カスタム計画」プラットフォームを使用する(そこで「モデル」セクションの[RSM] ボタンをクリックする)

両方とも、作成される計画のデータテーブルには、モデルのあてはめを実行できる「モデル」スクリプトが含まれます。「モデル」スクリプトでは、各主効果に「応答曲面効果」属性が適用されるため、「モデルのあてはめ」ウィンドウで主効果の後ろには「& 応答曲面」が付きまます。この属性がついていると、「最小2乗法によるあてはめ」レポートに「応答曲面」レポートが含まれます。このレポートの詳細は、『基本的な回帰モデル』を参照してください。

メモ: なお、「標準最小2乗」レポートの「応答曲面」セクションは、応答曲面計画であっても、20個以上の連続尺度の因子を含む場合は表示されません。

応答曲面計画の例

「応答曲面計画」プラットフォームを使って、3因子のBox-Behnken計画を作成します。目標値を達成できる設定を見つけるために、因子のより広い範囲で実験を行いたいとします。

Box-Behnken計画の作成

1. [実験計画(DOE)] > [古典的な計画] > [応答曲面計画] を選択します。
2. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Bounce Response.jmp」を開きます。

- 「応答曲面計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[応答のロード] を選択します。
- [ヘルプ]>[サンプルデータフォルダ]を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Bounce Factors.jmp」を開きます。
- 「応答曲面計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[因子のロード] を選択します。

図12.4 タイヤトレッドの計画の「応答」および「因子」セクション

▼ 応答曲面計画

▲ 応答

応答の追加 ▼ 削除 応答数...

応答名	目標	下側限界	上側限界	重要度	検出下限
反発係数	目標値に合わせる	350	550	1	.

▲ 因子

名前	役割	値	単位
▲シリカ	連続変数	0.7	1.7
▲硫黄	連続変数	1.8	2.8
▲シラン	連続変数	40	60

3 因子

計画の選択

実験回数	ブロックサイ	中心点	計画の種類
15		3	Box-Behnken計画
16		2	中心複合計画(CCD)
20		6	CCD一様精度
20	6	6	CCD直交ブロック
23		9	CCD直交

続行 戻る

「応答」セクションで、「Stretch」（反発係数）の「目標」が「目標値に合わせる」に設定されていることを確認してください。

「計画の選択」パネルには、使用可能な計画が表示されています。

メモ: 乱数シード値(手順6)を設定すると、以下の数値例と同じ結果が得られます。同じでなくても良い場合は、この手順は不要です。

- (オプション)「応答曲面計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[乱数シード値の設定] を選択します。「12345」と入力して [OK] をクリックします。
- Box-Behnken計画を選択したままの状態 で [続行] をクリックします。

8. 「テーブルの作成」をクリックします。

ここまでの操作により、実験を実施し、その実験結果をデータテーブルに入力する準備が整いました。

実験データの分析

1. 「ヘルプ」>「サンプルデータフォルダ」を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Bounce Data.jmp」を開きます。
「Bounce Data.jmp」ファイルには実験結果が含まれます。
2. 「モデル」スクリプトを実行します。
「モデル効果の構成」リストの主効果の後ろには「& 応答曲面」がついています。この接尾辞は、主効果が応答曲面効果であることを示します。これにより、「標準最小2乗」レポートの下に「応答曲面」レポートが生成されます。
3. 「実行」をクリックします。

図12.5 「あてはまりの悪さ」および「効果の検定」レポート

▼ 応答 反発係数

▶ 効果の要約

▼ あてはまりの悪さ(LOF)

要因	自由度	平方和	平均平方	F値
あてはまりの悪さ(LOF)	3	11.750000	3.91667	0.9792
純粋誤差	2	8.000000	4.00000	p値(Prob>F)
合計誤差	5	19.750000		0.5411
				最大R2乗
				0.9999

▶ パラメータ推定値

▼ 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)
シリカ(0.7,1.7)	1	1	12880.125	3260.791	<.0001*
硫黄(1.8,2.8)	1	1	5778.125	1462.816	<.0001*
シラン(40,60)	1	1	968.000	245.0633	<.0001*
シリカ*硫黄	1	1	52441.000	13276.20	<.0001*
シリカ*シラン	1	1	0.250	0.0633	0.8114
硫黄*シラン	1	1	8556.250	2166.139	<.0001*
シリカ*シリカ	1	1	2592.923	656.4362	<.0001*
硫黄*硫黄	1	1	4653.231	1178.033	<.0001*
シラン*シラン	1	1	0.231	0.0584	0.8186

▶ ▼ Box-Cox変換

あてはまりの悪さを示唆する証拠は見当たりません。なお、「効果の検定」レポートを見ると、高次の項(シリカ*シランおよびシラン*シラン)を除くすべての項の p 値が0.0001以下であることがわかります。

図12.5の表の解釈については、『基本的な回帰モデル』を参照してください。

4. 「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。
5. 「正準曲率」の横にある開閉アイコンをクリックします。

図12.6「応答曲面」レポート

▲ 応答曲面				
係数				
	シリカ(0.7,1.7)	硫黄(1.8,2.8)	シラン(40,60)	反発係数
シリカ(0.7,1.7)	26.5	114.5	-0.25	-40.125
硫黄(1.8,2.8)	.	-35.5	46.25	-26.875
シラン(40,60)	.	.	0.25	11
▲ 解				
変数 最適解				
シリカ(0.7,1.7)	1.7912411			
硫黄(1.8,2.8)	2.1986422			
シラン(40,60)	23.424426			
解は 鞍点				
最適解はデータ範囲外				
最適解における予測値 360.38388				
▲ 正準曲率				
固有値と固有ベクトル				
固有値	62.9095	3.2989	-74.9584	
シリカ(0.7,1.7)	0.82779	-0.29879	-0.47486	
硫黄(1.8,2.8)	0.52687	0.12315	0.84097	
シラン(40,60)	0.19280	0.94634	-0.25937	

レポートの冒頭にある「係数」表には、パラメータ推定値が簡潔に行列形式で表示されています。最初の3つの列には2次項の係数が表示され、最後の列は、線形項（1次項）に対する係数です。予測式を数式で見たい場合には、「応答 反発係数」の赤い三角ボタンをクリックし、[推定値] > [予測値の表示] を選択します。

「解」レポートには、臨界点（最大値・最小値・鞍点のいずれか）の座標が表示されます。今回の例では、臨界点は（最大値や最小値ではなく）鞍点であり、その鞍点の座標は計画領域の範囲外にあります。

「正準曲率」レポートには、効果の固有値と固有ベクトルが表示されます。このレポートから曲面の曲率の性質と方向について把握できます。第1次元目の固有値（62.9095）は大きな正の値になっています。このことは、第1主成分の方向では下に凸になっていることを示しています。また、第1次元目の固有ベクトルを見ると、特に曲がり具合が大きいのは「シリカ」の方向であることが分かります。第3次元目の固有値（-74.9584）は大きな負の値になっています。このことは、第3主成分の方向では上に凸になっていることを示しています。また、第3次元目の固有ベクトルを見ると、特に曲がり具合が大きいのは「硫黄」の方向であることが分かります。

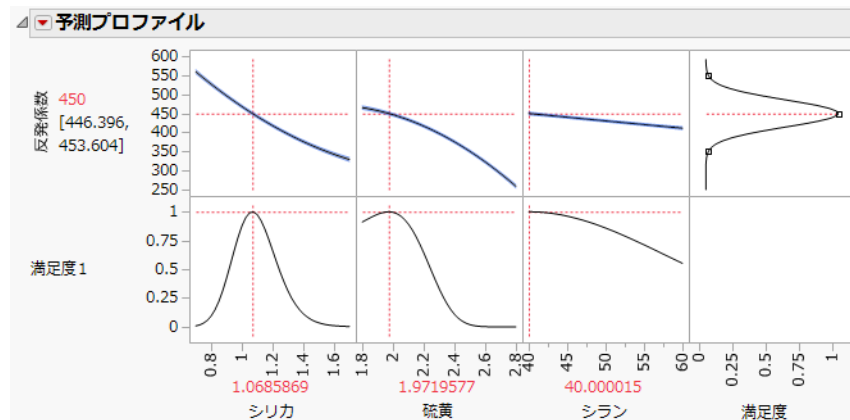
図12.6の応答曲面分析の詳細は、『基本的な回帰モデル』を参照してください。

次に、予測プロファイルと等高線プロファイルを使用して最適な設定を見つけます。

最適な設定を探索する

1. 「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12.7 満足度を最大化した「Bounce Data.jmp」の予測プロファイル



メモ: 実際の最適な設定は、例とは異なる可能性があります。なぜなら、今回の例において、「反発係数」の予測値が450となる因子設定はいくつもあるからです。

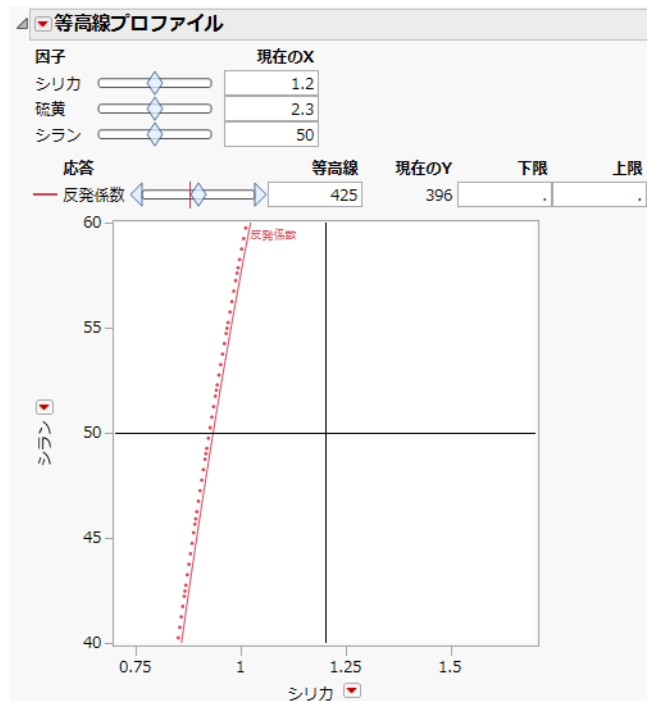
応答を指定すると、満足度関数は、その目標値が450（上限は550、下限は350）に設定されます。このように満足度関数が設定されるのは、計画のデータテーブルを作成したときに、実験計画のプラットフォームで指定した設定が引き継がれるからです。これらの設定は「反発係数」の「応答変数の限界」列プロパティに保存されます。満足度関数の設定は、それらの保存された「応答変数の限界」列プロパティから引き継がれます。（図12.7の右上のセル）「「応答変数の限界」列プロパティ」を参照してください。

満足度関数を最大にするときに、JMPは、「反発係数」が450になると予測される因子水準の設定の組み合わせを（通常は数多くの候補の中から）1つ特定します。図12.7から、最適化される因子設定の1つは、シリカ = 1.069、硫黄 = 1.972、シラン = 40.000であるわかります。次に、「等高線プロファイル」を使用して、満足関数を最大にする他の点を特定しましょう。

予測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。

2. 「応答 反発係数」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。ここでは「硫黄」の値を「2.0」に固定したうえで、目標値になるような因子設定を探すとします。また、「反発係数」の予測値が450 ± 5に収まるようになるような「シラン」および「シリカ」の因子設定を特定することにします。
3. 縦軸上で、「硫黄」の赤い三角ボタンをクリックし、「シラン」を選択します。

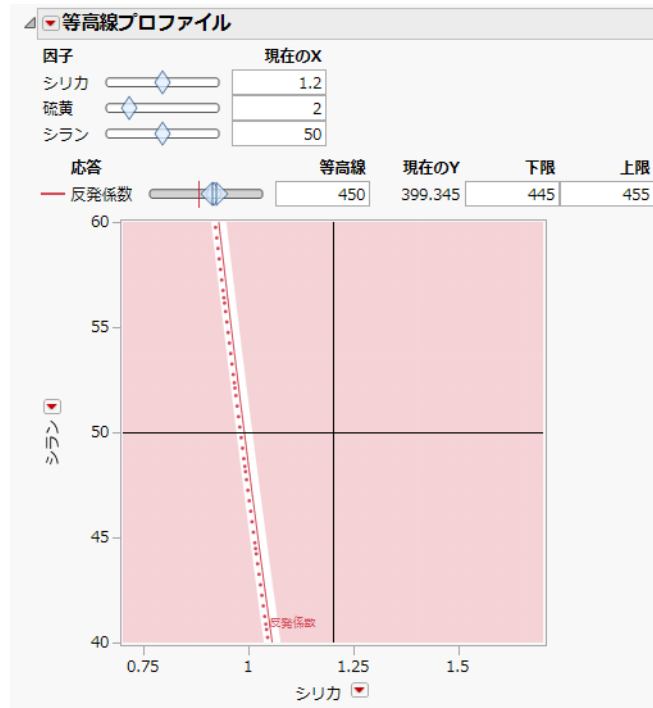
図12.8 「Bounce Data.jmp」の等高線プロファイル



この「シラン」および「シリカ」に対する等高線は、「硫黄」が2.3に固定されたときの、「反発係数」が425となる設定を示しています。

4. 「硫黄」の「現在のX」の値を「2」に設定します。
5. 「反発係数」の「等高線」の値を「450」に設定します。
6. 「反発係数」の「下限」を「445」、「上限」を「455」に設定します。Enterキーを押します。

図12.9 「シリカ」と「シラン」の最適な設定を示す等高線プロファイル

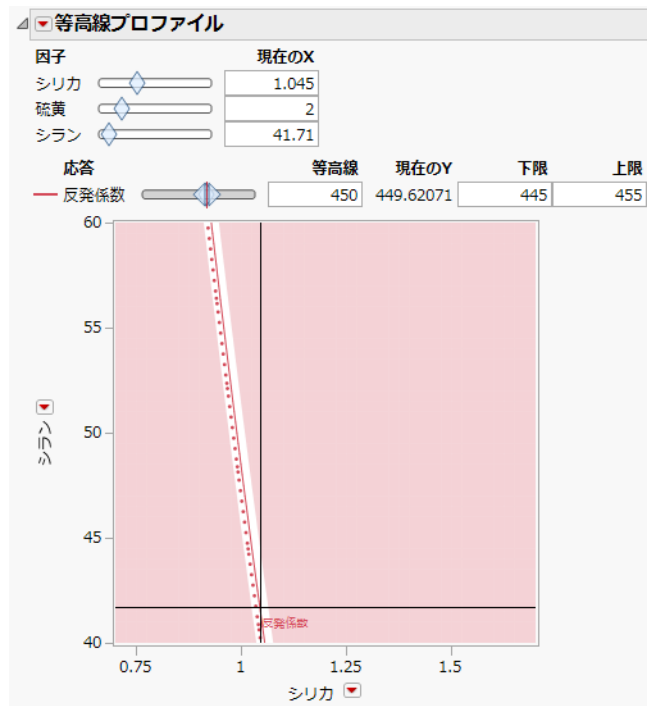


「シリカ」と「シラン」に対する陰影のない帯状の領域が、「硫黄」を2.0としたときに「反発係数」の予測値が445～455となる領域です。また、赤い実線で示された曲線は「反発係数」の予測値が450となる設定です。

7. プロットに表示される十字線を陰影のない帯にドラックし、最適な「シリカ」および「シラン」の設定のうち、実際の工程で使えそうなものを見ていきましょう。

たとえば、実際の工程において、「シラン」が多いときより少ないときの方がより頑健であるとしています。そのような場合は、図12.10のような設定がいいでしょう。

図12.10 「シリカ」と「シラン」の特定の設定を示す等高線プロファイル



十字線を見ると、「硫黄」= 2.0 のとき、「シリカ」= 1.045 および「シラン」= 41.71 という因子設定であることがわかります。これらの設定は「現在のX」の下に表示されます。この設定のとき、「反発係数」の予測値は449.62071であり、これは「現在のY」の下に表示されます。

等高線プロファイルの詳細は、『プロフィール機能』を参照してください。

応答曲面計画の作成

応答曲面計画を作成するには、[実験計画(DOE)] > [古典的な計画] > [応答曲面計画] を選択します。

「応答曲面計画」は、計画の手順を踏むごとに内容が更新されます。

- 「応答」
- 「因子」
- 「計画を選択する」
- 「出力オプション」
- 「テーブルの作成」

応答

「応答」アウトラインでは、1つまたは複数の応答を指定します。

ヒント: 応答の設定を保存したい場合には、「応答」アウトラインへの入力完了後に、赤い三角ボタンのメニューから「**応答の保存**」を選択してください。これにより、応答の名前・目標・限界・重要度の値がデータテーブルに保存され、「実験計画(DOE)」のプラットフォームにおいて後で再利用できるようになります。

図12.11 「応答」アウトライン

応答名	目標	下側限界	上側限界	重要度	検出下限	検出上限	単位
Y	最大化	.	.	.	.	.	

応答の追加 応答を1つ追加し、目標の種類を「最大化」(望大特性)、[目標値に合わせる](望目特性)、[最小化](望小特性)、[なし]、または「関数的応答」に設定します。[目標値に合わせる]を選択した場合は、目標の限界値を入力します。[最大化]または「最小化」を選択した場合、限界の入力は必須ではありませんが、満足度関数を使用する場合は、入力しておく役に立つことがあります。

JMP PRO 関数的応答 (JMP Proでのみ使えます。) 計画にYという関数的応答の列を追加します。計画のデータテーブルの作成時には、この列に「FDE」列プロパティが追加されます(この「FDE」は、「Functional Data Explorer」(関数データエクスプローラ)の略です)。「関数的応答」の列は「関数データエクスプローラ」プラットフォームで使えます。「関数データエクスプローラ」プラットフォームにおいて、「関数的応答」の列を出力変数(Y変数)に、実験計画の因子を追加因子(Z変数)に指定することができます。関数的応答には、最初、1実験あたり5つの、均等間隔で並ぶ測定値が割り当てられます。値を変更するには、水準のテキストボックスをクリックします。水準数を変更するには、「1実験あたりの測定値数」の値をクリックします。1実験あたりの測定値数が10を超える場合、ダイアログが開き、開始値と水準間の増分を指定することができます。

削除 選択されている応答を削除します。

応答数 応答数を入力すると、その個数だけ応答変数が追加されます。デフォルトのY以外の応答を入力した場合、追加された応答の「目標」は、最後に入力した応答と同じものになります。そうでない場合、デフォルトの「目標」は「目標値に合わせる」です。目標を変更するには、テーブル内で目標の種類をクリックします。

「応答」アウトラインには、次のような列があります。

応答名 応答の名前。追加した応答には、デフォルトで「Y」、「Y2」...という名前がつきます。名前を変更するには、ダブルクリックして任意の名前を入力します。

目標・下側限界・上側限界 応答変数を、どうしたいかを指定します。最大化(望大特性)、最小化(望小特性)、特定の目標値に一致させる(望目特性)、目標がない、のいずれかを選択してください。指定された内容に従って、生成された計画のデータテーブルにおける各応答列に、「応答変数の限界」列プロパティが割り当てられます。この情報を使い、各応答の満足度関数が定義されます。「プロファイル」と「等高線プロファイル」は、これらの満足度関数を使って最適な因子設定を見つけます。詳細については、『プロファイル機能』の「プロファイル」章および「[「応答変数の限界」列プロパティ](#)」を参照してください。

- 「最大化」は、大きな値ほど良いこと(望大特性)を意味します。なんらかの下側限界や上側限界がある場合は、それらも指定してください。
- 「最小化」は、小さな値ほど良いこと(望小特性)を意味します。なんらかの下側限界や上側限界がある場合は、それらも指定してください。
- 「目標値に合わせる」の場合、指定された目標値が最良であること(望目特性)を意味します。デフォルトの目標値は、下側限界と上側限界の中間値に設定されます。
- 「なし」は、最適化の目標がないことを意味します。この場合、満足度関数は作成されません。

メモ: 「目標値に合わせる」を選んだときで、目標値が下側限界と上側限界の中間値ではない場合は、計画のデータテーブルを作成した後に変更してください。それには、データテーブルの応答列において **[列 > 列情報]** を選択し、列情報ウィンドウを開き、希望の目標値を入力します。

重要度 応答が複数ある場合は、指定した重要度の値を使って全体の満足度関数が計算されます。重要度は、応答の重みとして扱われます。応答が1つしかない場合、重要度はデフォルトで1に設定されるため、重要度を指定する必要はありません。

JMP PRO 検出限界 上側および下側の検出限界は、応答変数において測定が可能な範囲を示します。この「検出限界」は列プロパティとして保存されます。「一変量の分布」または「一般化回帰」プラットフォームで応答変数の打ち切りを指定するには、この「検出限界」列プロパティを使用します。『基本的な回帰モデル』の「一般化回帰」章を参照してください。

単位 因子の実験単位。欄をクリックして適切な単位を入力します。

「応答」アウトラインの編集

「応答」アウトラインでは、次のような作業ができます。

- 応答をダブルクリックして応答名を変更する。
- 目標をクリックして変更する。
- 限界または重要度の値をクリックして変更する。
- 複数の応答に対して、重要度の値を入力する。

「応答変数の限界」列プロパティ

応答の入力時に指定した「目標」・「下側限界」・「上側限界」・「重要度」は、最適な因子設定を見つける際に使用されます。これらの情報は、生成された計画のデータテーブルにおいて、各応答列の「応答変数の限界」列プロパティに保存されます。JMPは、この情報を使って満足度関数を定義します。満足度関数は、予測プロファイルで最適な因子設定を見つけるために使用されます。「応答変数の限界」列プロパティの詳細とその使用例については、「[「応答変数の限界」列プロパティ](#)」を参照してください。

下側限界と上側限界が指定されていない場合、観測された応答データの範囲に基づいて自動的に満足度関数が定義されます。下側限界と上側限界が指定されている場合には、それらの限界によって満足度関数が定義されます。満足度関数の作成については、『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。

因子

応答曲面計画では、連続変数の因子しか使用できません。

ヒント: カテゴリカルな因子を含む応答曲面計画を作成するには、[実験計画(DOE)] > [カスタム計画] を用いてください。

応答曲面計画の「因子」パネルにはデフォルトで連続変数の因子が2つ表示されます。

図12.12 因子

因子

追加 連続変数

選択項目の削除

名前	役割	値	単位
X1	連続変数	-1	1
X2	連続変数	-1	1

因子の指定

因子数を指定。変更するには、因子名または因子設定をダブルクリック。

続行

「因子」セクションには以下のボタンがあります。

追加 指定した数だけ、連続尺度の因子が追加されます。

選択項目の削除 選択されている因子が削除されます。

ヒント: 因子の設定を保存したい場合には、「因子」パネルへの入力が完了した後に、赤い三角ボタンのメニューから「因子の保存」を選択してください。これにより、因子の名前と値がデータテーブルに保存され、後で再利用できるようになります。[「応答曲面計画のオプション」](#)を参照してください。

「因子」セクションは以下の列で構成されます。

名前 因子の名前。追加した因子には、デフォルトで「X1」、「X2」... という名前がつきます。名前を変更するには、ダブルクリックして任意の名前を入力します。

役割 因子の役割を「連続変数」に指定します。役割は、「因子の役割」列プロパティとしてデータテーブルに保存されます。この列プロパティがあることで、因子の種類は適切にモデル化されます。

値 実験における因子の設定。値を挿入するには、デフォルトの値をクリックし、任意の値を入力します。

単位 因子の測定単位。欄をクリックして適切な単位を入力してください。

因子の列プロパティ

データテーブルには、各因子のさまざまな列プロパティが保存されます。

因子の役割 データテーブルにおけるすべての因子の列に、「因子の役割」列プロパティが割り当てられます。この「因子の役割」列プロパティの値は、実験を計画するときに指定した役割によって決まります。計画にブロック因子が含まれる場合は、そのブロック因子の役割には「ブロック」が割り当てられます。「因子の役割」列プロパティは、データをモデル化するときに、どのように因子を用いるかを示しています。また、「因子の役割」列プロパティの値は、「拡張計画」プラットフォームでも使われます。

因子の変更 データテーブルにおけるすべての因子の列には、「容易」に設定された「因子の変更」列プロパティも割り当てられます。「応答曲面計画」プラットフォームでは、1回の実験ごとに、因子の水準を変更できると想定されます。「因子の変更」の値は、「拡張計画」プラットフォームと「計画の評価」プラットフォームでも使われます。

コード変換 因子の役割が連続変数である場合は、「コード変換」列プロパティが保存されます。このプロパティは、最小値が-1、最大値が+1になるように因子の値を変換します。「最小2乗法によるあてはめ」レポートの推定値と検定は、変換後の値に基づいて計算されます。

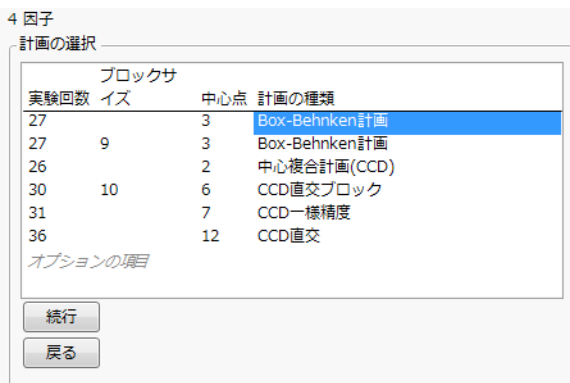
ブロックあたり実験回数 ブロックあたりの実験回数を示します。ブロック因子を含む計画を選択し、「テーブルの作成」をクリックすると、「ブロック」というデフォルト名の因子が「因子」リストに追加されます。その因子に対して、「ブロックあたり実験回数」列プロパティが保存されます。

計画を選択する

「応答曲面計画」プラットフォームの「計画の選択」セクションにおいて、計画を選択してください。「応答曲面計画」プラットフォームで用意されている計画は、次の2種類です。

- 「Box-Behnken計画」
- 「中心複合計画」

図12.13 4因子の「計画の選択」パネル



Box-Behnken計画

Box-Behnken計画の因子は、水準が3つしかなく、また、因子の領域を表す立方体の頂点には計画点が配置されません。エンジニアリング上の理由で頂点の設定を避ける必要があるときは、この特徴が役に立ちます。しかし、この計画では、中心複合計画と比較して、頂点の近くで予測分散が大きくなります。

中心複合計画

中心複合計画（CCD; Central Composite Design）には、中心点と軸点があります。**軸点**は、1つの因子だけが低い値または高い値（**軸**の値）で、残りの因子がすべて中間値になっている点です。

中心複合計画の軸点は、指定した因子範囲で定義された超立方体の面外に置かれることもあります。その場合、各因子は5水準となり、そのうち2水準は「因子」セクションで設定した値の範囲外に置かれます。JMPでは、軸点をそのように超立方体の面外に配置することも、超立方体の面上に配置することもできます。

以下の種類の中心複合計画を作成できます。

中心複合計画 通常の中心複合計画です。指定された因子数だけの計画が作成されます。

CCD一様精度 中心付近での予測分散がなるべく均一になるように中心点の個数が決定されます。

CCD直交 2次項と他の項との間の相関が最小になるように中心点の数と軸点の値が決定されます。

CCD直交ブロック 2次項およびブロック効果と、他の項との間の相関が最小になる計画です。

軸の値

いずれかの中心複合計画を選んで【**続行**】ボタンをクリックすると、軸のスケールに関する情報が表示されます。軸点の値を指定する際、表示されている値が、指定された因子の範囲の半分を掛け合わせるのに使用されます。「軸の値」に「1.0」を指定した場合、作成される計画の軸点は、因子で定義される超立方体の面上に配置されます。次のオプションで軸の値を設定できます。

図12.14 「軸の値」パネル

中心複合計画(CCD)

計画の表示と変更

軸の値: 1.000

☐ 回転可能 1.682

☐ 直交 1.287

☐ 平面上 1.000

☒ ユーザ定義 1.000

☐ 範囲を-1から1まで

回転可能 中心点からの距離（尺度化された距離）が等しければ予測値の分散も等しくなっている計画が作成されます。軸点の値は、因子範囲から外れるものになります。軸点は実験数の4乗根に設定されます。

直交 効果間に相関がないため、推定値の標準誤差は最小となり、信頼区間は最短となります。軸点の値は、因子範囲から外れるものになります。軸点は以下の式で求められます。

$$4\sqrt{\frac{n_f}{4}(\sqrt{n_f + n_s + n_c} - \sqrt{n_f})^2}$$

ここで、

n = 実験数

n_s = 軸点の数

n_c = 中心点の数

平面上 軸点を、指定した因子範囲の両端に配置します。因子の水準は3つになります。これは実用的な選択ですが、生成される計画は直交ではなく、回転可能でもありません。

ユーザ定義 「軸の値」テキストボックスに入力した値によって指定された距離に、軸点を配置します。これにより、因子水準に対する実質的な制約に基づいて軸点の値を選択することが可能になります。生成される計画は、直交でも回転可能でもない場合がほとんどです。

範囲を-1から1まで 軸点が因子範囲の両端に位置するように、計画のスケールを変更します。そのスケールに合わせて計画点が縮められます。

出力オプション

「応答曲面計画」プラットフォームの「出力オプション」セクションでは、計画データテーブルの詳細を指定できます。

実験の順序

「実験の順序」オプションでは、出力するデータテーブル内における実験の順番を指定します。選択肢は次のとおりです。

変更なし データテーブルの行が、「計画と予測応答」セクション内と同じ順序で並べられます。

左から右へ並べ替え データテーブルの行が、左から右への列の値によって並べ替えられます。

ランダム化 データテーブルの行が、ランダムな順序で並べ替えられます。

右から左へ並べ替え データテーブルの行が、右から左への列の値によって並べ替えられます。

ブロック内でランダム化 データテーブルの行が、設定したブロックの中でランダムに並べ替えられます。

中心点と反復

中心点の数 計画に配置される中心点の個数。中心点とは、すべての連続変数の因子を因子範囲の中間値に据えて行う実験を指します。デフォルト値は、選択した計画における中心点の個数が表示されます。

反復の回数 中心点も含めた計画全体を反復する回数を指定します。1回の反復によって実験数が2倍になります。

テーブルの作成

「応答曲面計画」プラットフォームの「**テーブルの作成**」オプションは、実験をまとめた計画テーブルを作成します。

図 12.15 Bounce Dataの因子と応答を使った直交中心複合計画

中心複合計画(CCD)		パターン	シリカ	硫黄	シラン	反発係数
計画	中心複合計画(CCD)	1 000	1.2	2.3	50	•
モデル		2 +++	1.7	2.8	60	•
計画の評価		3 00A	1.2	2.3	66.680317692	•
DOEダイアログ		4 --+	0.7	1.8	60	•
列(5/0)		5 A00	2.0340158846	2.3	50	•
シリカ *		6 -+-	0.7	2.8	40	•
硫黄 *		7 000	1.2	2.3	50	•
シラン *		8 000	1.2	2.3	50	•
反発係数 *		9 00a	1.2	2.3	33.319682308	•
		10 a00	0.3659841154	2.3	50	•
		11 000	1.2	2.3	50	•
		12 000	1.2	2.3	50	•

「テーブル」パネルの左上の「**計画**」ノートには、生成された計画の種類が表示されます（図では「中心複合計画」になっています）。複数の計画を比較するときには、この情報が役に立ちます。

パターン列

「パターン」列には、各行の因子の値が記号で表示されます。

ヒント:「パターン」は特にプロットのラベル変数として活用できます。

表 12.1 「パターン」列の説明

-	低水準
+	高水準
0	中間値（中心値）
a	軸点の下限
A	軸点の上限

計画のデータテーブルに付随するスクリプト

計画のデータテーブルには、次のようなスクリプトが含まれます。

モデル **[分析]** > **[モデルのあてはめ]** プラットフォームを実行します。

計画の評価 **[実験計画(DOE)]** > **[計画の診断]** > **[計画の評価]** プラットフォームを実行します。

DOE ダイアログ 計画のデータテーブルを作成するのに使った「応答曲面計画」ウィンドウを再現します。このスクリプトには、計画の生成に使われた乱数シード値も含まれます。

応答曲面計画のオプション

「応答曲面計画」の三角ボタンのメニューには、以下のオプションが含まれます。

応答の保存 「応答」パネルの情報を、新しいデータテーブルに保存します。これで保存した情報は、ほとんどの「実験計画(DOE)」ウィンドウで簡単に読み込むことができます。応答の情報を後で再利用したい場合に便利です。

応答のロード データテーブルから応答をロードします。[応答の保存] オプションを使って応答のデータテーブルを生成します。

因子の保存 「因子」パネルの情報を、新しいデータテーブルに保存します。各因子の列には、その因子の水準が表示されます。その他の情報は、列プロパティとして保存されます。これで保存した情報は、ほとんどの「実験計画(DOE)」ウィンドウで簡単に読み込むことができます。因子の情報を後で再利用したい場合に便利です。

メモ: 空のデータテーブルにデータを直接入力して因子のデータテーブルを作成することもできますが、その場合も、すべての列に適切な役割を割り当てる必要があります。役割を割り当てるには、データグリッド内で列名を右クリックし、**[列プロパティ]** > **[因子の役割]** を選択します。そして、「因子の役割」セクションで、適切な役割を選択してください。

因子のロード データテーブルから因子をロードします。[因子の保存] オプションを使って因子のデータテーブルを生成します。計画の種類に合わない因子をロードしようとすると、警告が表示されます。

制約の保存 (一部の計画では使用できません。)
「因子の制約を定義」または「線形制約」で定義した因子の制約を、データテーブルの列として保存します。これで保存した情報は、ほとんどの「実験計画(DOE)」ウィンドウで簡単に読み込むことができます。制約の情報を後で再利用したい場合に便利です。

制約のデータテーブルにおける冒頭の数行には、各因子に対する係数が含まれます。最後の行は、不等式の右辺値を含みます。各制約の列には、「以下」と「以上」のどちらの制約であるかを示す「制約状態」という列プロパティが含まれます。「**制約状態**」列プロパティを参照してください。

制約のロード (一部の計画では使用できません。)
データテーブルから因子の制約をロードします。[制約の保存] オプションを使って制約のテーブルを生成します。

乱数シード値の設定 このオプションに指定した整数が、乱数を用いる処理の乱数シード値として使われます。次のような処理で、乱数は使われます。

- 計画作成の検索アルゴリズムにおける初期化
- データテーブル作成時における実験順序のランダム化
- 最適計画を探索するときの初期計画(開始点)の選択

計画を再現するには、その計画の生成に使われた乱数シード値を入力し、[計画の作成] をクリックします。

計画の作成に使われた乱数シード値は、計画のデータテーブルに保存される「DOE ダイアログ」スクリプトにも含まれます。

応答のシミュレート 計画のデータテーブルに、乱数で生成された応答値を含む列、および、応答値を乱数で生成するための計算式を含む列が追加されます。このオプションは、[テーブルの作成] をクリックする前に選択してください。

[テーブルの作成] をクリックすると、次の処理が実行されます。

- 乱数シミュレーションで生成されたデータ値が、応答変数の列に代入されます。
- 応答値を乱数シミュレーションで生成するための計算式を含む列が、新しい列として追加されます。このデータ値やこの計算式は、計画のウィンドウで指定したモデルに基づいています。
- 「モデル」ウィンドウが表示されます。このウィンドウで、モデルの効果の係数を設定するとともに、[正規]・[二項]・[Poisson] のいずれかの分布を指定できます。

メモ: 計画の種類によっては、使用できない確率分布もあります。

- 「シミュレーション」という名前のスクリプトが、計画のデータテーブルに保存されます。このスクリプトを実行すると、「モデル」ウィンドウが再び開き、シミュレーション値を再度計算したり、応答変数の確率分布を変更したりできます。

「モデル」ウィンドウでは、乱数シミュレーションで用いる応答変数の確率分布を選択してください。このウィンドウで [適用] ボタンをクリックすると、「<Y>のシミュレーション」という名前の列が更新さ

れます。ここで、「<Y>」は応答列の名前です。[適用] を再びクリックすると、この「<Y>のシミュレーション」の値が更新されます。

詳細については、「[応答のシミュレート](#)」を参照してください。

メモ:  「応答のシミュレート」オプションを使うと、JMP Proのシミュレーションの機能を使って、乱数シミュレーションを実行できます。実験計画に関する乱数シミュレーションの詳細は、『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。

X行列の保存 「モーメント行列」および「モデル行列」というスクリプトを、計画のデータテーブルに保存します。スクリプトには、モーメント行列とモデル行列が含まれます。「[X行列の保存](#)」を参照してください。

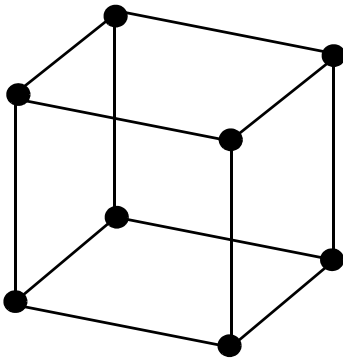
スクリプトをスクリプトウィンドウに保存 「応答曲面計画」プラットフォームで指定した計画のスクリプトを作成し、スクリプトウィンドウに保存します。

第 13 章

完全実施要因計画

完全実施要因計画（full factorial design）とは、因子のすべての値の組み合わせを実験する計画です。この計画は、すべての交互作用を推定できるという特徴があります。ただし、スクリーニング計画に比べて規模が大きいことと、高次の交互作用は重要でないことが多いことを考慮すると、必ずしも効率が良い計画とは言えません。因子数や水準数が少なく、かつ、すべての交互作用に関する情報を得たいような場合に使用するのが一般的です。たとえば、測定システム分析（MSA; Measurement Systems Analysis）では、完全実施要因計画で得られたデータをもとに基準を生成することがよくあります。

図13.1 2水準の3因子に対する完全実施要因計画



目次

完全実施要因計画の概要..... 385

完全実施要因計画の例 385

完全実施要因計画の分析例..... 387

完全実施要因計画の作成..... 391

 応答 391

 因子 394

 出力オプション 395

 テーブルの作成 397

完全実施要因計画のオプション 398

完全実施要因計画の概要

完全実施要因計画 (full factorial design) では、因子水準のあらゆる組み合わせで実験を行います。標本サイズはすべての因子の水準数の積に等しくなります。たとえば、2水準の因子、3水準の因子、4水準の因子がそれぞれ1つずつ存在する完全実施要因計画では、 $2 \times 3 \times 4 = 24$ 回の実験を行います。

「完全実施要因計画」プラットフォームでは、連続変数と、任意の水準数のカテゴリカル変数を扱うことができます。また、完全無作為化によって実験を行えることを前提としています。

完全実施要因計画は、すべての計画の中で最も保守的な計画です。ただし、因子の数が多くなるにつれて標本サイズが指数的に増加し、実験コストが高くなります。一方、カスタム計画・決定的スクリーニング計画・スクリーニング計画は、完全実施要因計画ほど保守的ではありませんが、効率とコスト効果の面で優れています。

完全実施要因計画の例

5因子の完全実施要因計画を作成します。2水準の因子が5つあるので、完全実施要因計画には、 $2^5 = 32$ 回の実験が含まれます。同じ条件での規模の小さいスクリーニング計画の例については、「[スクリーニング計画の別例](#)」を参照してください。

この例では、応答と因子を既存のデータテーブルからロードします。計画を最初に設定するときには、ここでの説明のようにデータテーブルからロードするのではなく、応答と因子の情報を入力する必要があります。「[応答](#)」および「[因子](#)」を参照してください。

計画の作成

1. 「[実験計画\(DOE\)](#)」 > 「[古典的な計画](#)」 > 「[完全実施要因計画](#)」を選択します。
2. 「[ヘルプ](#)」 > 「[サンプルデータフォルダ](#)」を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Reactor Response.jmp」を開きます。
3. 「完全実施要因計画」の赤い三角ボタンをクリックし、「[応答のロード](#)」を選択します。
4. 「[ヘルプ](#)」 > 「[サンプルデータフォルダ](#)」を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Reactor Factors.jmp」を開きます。
5. 「完全実施要因計画」の赤い三角ボタンをクリックし、「[因子のロード](#)」を選択します。
6. 「[続行](#)」をクリックします。

図 13.2 完全実施要因計画の「応答」パネルと「因子」パネル

完全実施要因計画

応答

応答の追加

削除

応答数...

応答名	目標	下側限界	上側限界	重要度
Percent Reacted	最大化	90	100	1

因子

連続変数

カテゴリカル

削除

N個の因子を追加

1

名前	役割	値	
▲送り速度	連続変数	10	15
▲触媒	連続変数	1	2
▲攪拌速度	連続変数	100	120
▲温度	連続変数	140	180
▲濃度	連続変数	3	6

2x2x2x2x2 要因計画

出力オプション

実験の順序: ランダム化

実験の回数: 32

中心点の数: 0

反復の回数: 0

テーブルの作成

戻る

メモ: 手順7で乱数シード値を設定すると、計画テーブルの実験はこの例と同じ順序で表示されます。同じでなくても良い場合は、この手順は不要です。

7. (オプション)「完全実施要因計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[乱数シード値の設定] を選択します。「12345」と入力して [OK] をクリックします。

「出力オプション」の「実験の順序」は [ランダム化] に設定されています。計画テーブルの実験の順序は、乱数シード値に基づいて、ランダムに決まります。

「実験の回数」は「32」に設定されています。これは、因子の水準の組み合わせの総数です。

8. [テーブルの作成] をクリックします。

計画のデータテーブルにおける最初の列には、各実験における因子の水準の組み合わせが、+記号（高い値）と-記号（低い値）で示されます。テーブルには、実験を行った後に応答値を入力するための「Percent Reacted」という空白の列も用意されています。

図13.3 反応実験の完全実施要因計画

	パターン	送り速度	触媒	攪拌速度	温度	濃度	Percent Reacted
1	+++--	15	2	100	180	3	•
2	+++++	15	2	120	180	6	•
3	--++--	10	2	120	140	3	•
4	-+---+	10	2	100	140	6	•
5	-+++++	10	2	120	180	6	•
6	--+---	10	2	100	140	3	•
7	++---+	15	2	100	140	6	•
8	--++--	10	1	120	140	6	•
9	-----	10	1	100	140	3	•
10	++-++	15	2	100	180	6	•
11	+---+-	15	1	120	180	3	•
12	-+---+	10	2	120	180	3	•
13	+---+-	15	1	100	180	3	•
14	--++--	10	1	120	180	3	•
15	-+---+	10	2	120	140	6	•
16	++-++	15	2	120	140	6	•
17	+---+-	15	1	100	180	6	•
18	+++++	15	2	120	180	3	•
19	-----	10	1	100	180	3	•
20	+---+-	15	1	100	140	6	•
21	-+---+	10	2	100	180	6	•
22	-----	10	1	100	180	6	•
23	++---+	15	2	100	140	3	•
24	+---+-	15	1	120	140	6	•
25	--++++	10	1	120	180	6	•
26	++---+	15	2	120	140	3	•
27	+---+-	15	1	120	140	3	•
28	--+---	10	1	120	140	3	•
29	-----	10	1	100	140	6	•
30	-+---+	10	2	100	180	3	•
31	+-----	15	1	100	140	3	•
32	+++++	15	1	120	180	6	•

完全実施要因計画の分析例

完全実施要因計画の結果を2つの手法で分析します。この例では、「2水準スクリーニングのあてはめ」と「ステップワイズ法」の分析手法と予測プロファイルの使い方を見てみましょう。

「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームを使った分析

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Reactor 32 Runs.jmp」を開きます。

2. 「スクリーニング」スクリプトを実行します。

「対比」レポートと「半正規プロット」が表示されます。「対比」レポートには、5次の交互作用までを含む、全部で31個の効果の推定値が表示されます。

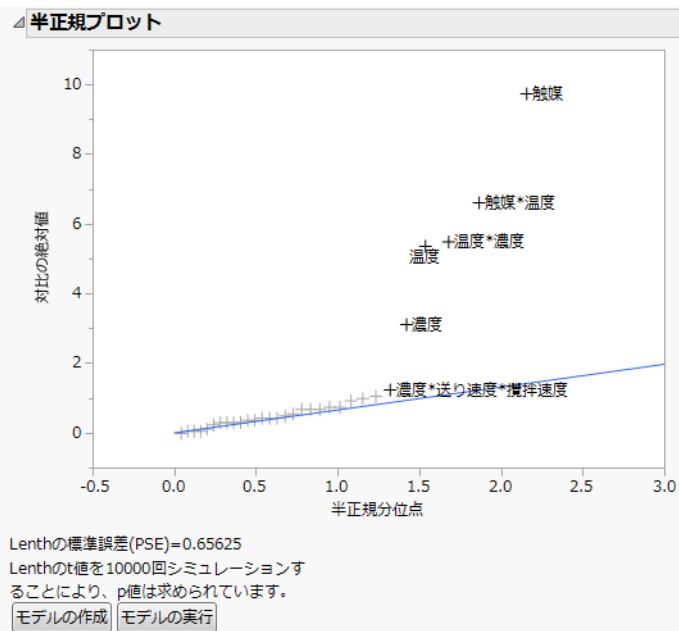
図13.4 「Reactor 32 Runs.jsp」の「対比」レポート

対比				
項	対比		Lenthのt値	個別p値 同時p値
触媒	9.75000		14.86	<.0001* <.0001*
温度	5.37500		8.19	<.0001* 0.0005*
濃度	-3.12500		-4.76	0.0011* 0.0152*
送り速度	-0.68750		-1.05	0.2883 0.9998
攪拌速度	-0.31250		-0.48	0.6494 1.0000
触媒*温度	6.62500		10.10	<.0001* 0.0002*
触媒*濃度	1.00000		1.52	0.1335 0.9553
温度*濃度	-5.50000		-8.38	<.0001* 0.0004*
触媒*送り速度	0.68750		1.05	0.2883 0.9998
温度*送り速度	-0.43750		-0.67	0.4941 1.0000
濃度*送り速度	0.06250		0.10	0.9266 1.0000
触媒*攪拌速度	0.43750		0.67	0.5212 1.0000
温度*攪拌速度	1.06250		1.62	0.1139 0.9205
濃度*攪拌速度	0.43750		0.67	0.4941 1.0000
送り速度*攪拌速度	0.37500		0.57	0.5859 1.0000
触媒*温度*濃度	-0.12500		-0.19	0.8557 1.0000
触媒*温度*送り速度	0.68750		1.05	0.2883 0.9998
触媒*温度*送り速度	-0.93750		-1.43	0.1587 0.9784
温度*濃度*送り速度	0.31250		0.48	0.6494 1.0000
触媒*温度*攪拌速度	0.56250		0.86	0.3772 1.0000
触媒*濃度*攪拌速度	0.06250		0.10	0.9266 1.0000
温度*濃度*攪拌速度	0.06250		0.10	0.9266 1.0000
触媒*送り速度*攪拌速度	0.75000		1.14	0.2478 0.9989
温度*送り速度*攪拌速度	-0.37500		-0.57	0.5859 1.0000
濃度*送り速度*攪拌速度	-1.25000		-1.90	0.0705 0.7592
触媒*温度*濃度*送り速度	0.31250		0.48	0.6494 1.0000
触媒*温度*濃度*攪拌速度	-0.31250		-0.48	0.6494 1.0000
触媒*温度*送り速度*攪拌速度	0.00000		0.00	1.0000 1.0000
触媒*濃度*送り速度*攪拌速度	0.75000		1.14	0.2478 0.9989
温度*濃度*送り速度*攪拌速度	0.50000		0.76	0.4328 1.0000
触媒*温度*濃度*送り速度*攪拌速度	-0.25000		-0.38	0.7150 1.0000

メモ: 「対比」レポートではモンテカルロシミュレーションを使用して p 値を求めるため、図13.4と同じ結果になるとは限りません。「Lenthの擬似的標準誤差(PSE)の統計的詳細」を参照してください。

「対比」セクションで強調表示されている6つの効果が、「半正規プロット」にラベルつきで表示されます。

図13.5 「Reactor 32 Runs.jmp」の半正規プロット



「半正規プロット」を見ると、ラベル付きの効果のうち少なくとも5つは、ランダムな変動だけによるものよりは効果が大きいことが、強く示唆されています。つまり、これらの効果は重要であると言えます。このプロットでは、「濃度*送り速度*攪拌速度」の3次交互作用が重要であるかどうかは、はっきりとはわかりません。

図13.4の「対比」セクションによると、「濃度*送り速度*攪拌速度」の3次交互作用の個別 p 値と同時 p 値は、それぞれ0.0705と0.7592となっています。「半正規プロット」で目立たないのに加え、 p 値も大きいので、この効果はモデルに含めないことにします。

3. 「半正規プロット」上でドラッグして四角い枠を描き、「濃度*送り速度*攪拌速度」を除くラベル付きの効果すべてを選択します。
4. [モデルの作成] をクリックすると、5つの効果を含むモデルのあてはめウィンドウが開きます。
5. [実行] をクリックします。

「予測値と実測値のプロット」では、あてはまりの悪さを示す証拠は見られず、「効果の要約」セクションでは、5つの効果がすべて有意になっています。

ステップワイズ法による分析

1. 「Reactor 32 Runs.jmp」データテーブルに戻るか、または[ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Reactor 32 Runs.jmp」を再び開きます。
2. 「モデル」スクリプトを実行します。

「モデル効果の構成」には、2次以下の交互作用のみが表示されています。次数が高いものも含め、すべての交互作用を考慮できるようにしましょう。

3. 「列の選択」リストで、「送り速度」から「濃度」までを選択します。

4. [マクロ] > [完全実施要因] をクリックします。

「モデル効果の構成」にすべての効果が追加されます。

5. 「手法」を[ステップワイズ法]に変更します。

6. [実行] をクリックします。

7. 「停止ルール」を[最小AICc]に変更します。

実験計画には、BICよりもAICcのほうが適しています。これは、BICには、有効でない効果もモデルに含まれる傾向があり、AICcよりも多くの説明変数がモデルに含まれるためです。

8. [実行] をクリックします。

ステップワイズ法によって、6つの効果が重要である可能性があると選ばれます。

9. [モデルの実行] をクリックします。

その6つの効果を使って、モデルのあてはめが行われます。「効果の要約」セクションを見ると、「触媒*濃度」は、 p 値が0.0896であることから、0.05の有意水準において有意でないことがわかります。

10. 「効果の要約」セクションから「触媒*濃度」を選択し、[削除] をクリックします。

残る5つの効果はすべて高度に有意です。この5つの効果は、「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームを使った分析で「スクリーニング」プラットフォームを使って特定した効果と同じです。

予測プロファイルを使って最適設定を表示

モデルに残った有意な効果が5つ残っていますが、それらは3つの因子から構成されています。次に、これらの因子の最適設定を調べてみましょう。

1. 「Reactor 32 Runs.jmp」データテーブルで、「縮小モデル」スクリプトを実行します。

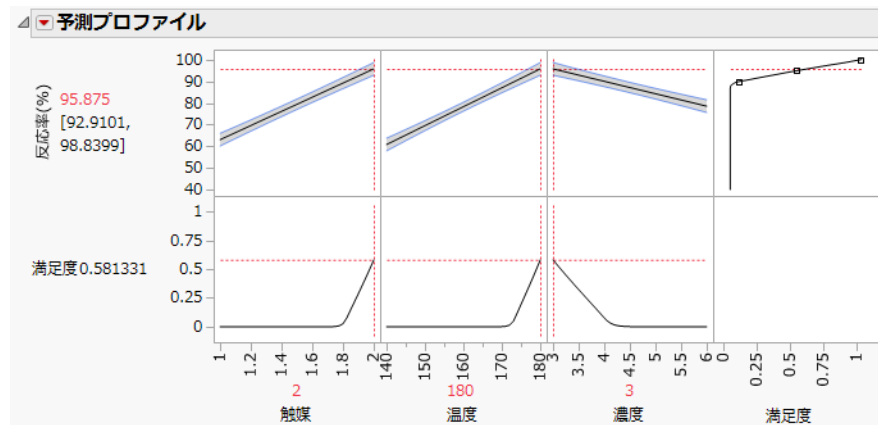
「モデルのあてはめ」ウィンドウが開き、「2水準スクリーニングのあてはめ」プラットフォームを使った分析と「ステップワイズ法による分析」で特定した5つの効果を含むモデルが表示されます。

2. [実行] をクリックします。

「予測プロファイル」レポートを見ると、満足度が表示されています。これは、「完全実施要因計画」ウィンドウで応答を定義したときに、「目標」を[最大化]に設定したからです。プロファイルの上の段の一番右側の枠に表示されている満足度関数を見ると、100が最も満足度が高く、90以下が最も低くなっています。

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

図13.6 満足度を最適化する設定と予測プロファイル



この設定における「反応率(%)」の予測平均値は95.875で、信頼区間は92.91から98.84となっています。ここで特定された3つの因子の設定値は、どれも実験に使用した範囲のうち、最高または最低の値となっていることに注目してください。今後の実験では、この設定値を超える値を使用して、工程の振る舞いを調べる必要があるでしょう。

完全実施要因計画の作成

完全実施要因計画を作成するには、[実験計画(DOE)] > [古典的な計画] > [完全実施要因計画] を選択します。

「完全実施要因計画」は、計画の手順を踏むごとに内容が更新されます。

- 「応答」
- 「因子」
- 「出力オプション」
- 「テーブルの作成」

応答

「応答」アウトラインでは、1つまたは複数の応答を指定します。

ヒント: 応答の設定を保存したい場合には、「応答」アウトラインへの入力完了後に、赤い三角ボタンのメニューから「**応答の保存**」を選択してください。これにより、応答の名前・目標・限界・重要度の値がデータテーブルに保存され、「実験計画(DOE)」のプラットフォームにおいて後で再利用できるようになります。

図13.7 「応答」 アウトライン

▲ 応答							
応答の追加 ▼ 削除 応答数...							
応答名	目標	下側限界	上側限界	重要度	検出下限	検出上限	単位
Y	最大化	.	.	.	.	.	

応答の追加 応答を1つ追加し、目標の種類を「最大化」（望大特性）、「目標値に合わせる」（望目特性）、「最小化」（望小特性）、「なし」、または「関数的応答」に設定します。「目標値に合わせる」を選択した場合は、目標の限界値を入力します。「最大化」または「最小化」を選択した場合、限界の入力は必須ではありませんが、満足度関数を使用する場合は、入力しておくに役立ちます。

JMP PRO 関数的応答（JMP Proでのみ使えます。）計画にYという関数的応答の列を追加します。計画のデータテーブルの作成時には、この列に「FDE」列プロパティが追加されます（この「FDE」は、「Functional Data Explorer」（関数データエクスプローラ）の略です）。「関数的応答」の列は「関数データエクスプローラ」プラットフォームで使えます。「関数データエクスプローラ」プラットフォームにおいて、「関数的応答」の列を出力変数（Y変数）に、実験計画の因子を追加因子（Z変数）に指定することができます。関数的応答には、最初、1実験あたり5つの、均等間隔で並ぶ測定値が割り当てられます。値を変更するには、水準のテキストボックスをクリックします。水準数を変更するには、「1実験あたりの測定値数」の値をクリックします。1実験あたりの測定値数が10を超える場合、ダイアログが開き、開始値と水準間の増分を指定することができます。

削除 選択されている応答を削除します。

応答数 応答数を入力すると、その個数だけ応答変数が追加されます。デフォルトのY以外の応答を入力した場合、追加された応答の「目標」は、最後に入力した応答と同じものになります。そうでない場合、デフォルトの「目標」は「目標値に合わせる」です。目標を変更するには、テーブル内で目標の種類をクリックします。

「応答」アウトラインには、次のような列があります。

応答名 応答の名前。追加した応答には、デフォルトで「Y」、「Y2」...という名前がつきます。名前を変更するには、ダブルクリックして任意の名前を入力します。

目標・下側限界・上側限界 応答変数を、どうしたいかを指定します。最大化（望大特性）、最小化（望小特性）、特定の目標値に一致させる（望目特性）、目標がない、のいずれかを選択してください。指定された内容に従って、生成された計画のデータテーブルにおける各応答列に、「応答変数の限界」列プロパティが割り当てられます。この情報を使い、各応答の満足度関数が定義されます。「プロファイル」と「等高線プロファイル」は、これらの満足度関数を使って最適な因子設定を見つけます。詳細については、『プロファイル機能』の「プロファイル」章および「[「応答変数の限界」列プロパティ](#)」を参照してください。

- － 「最大化」は、大きな値ほど良いこと（望大特性）を意味します。なんらかの下側限界や上側限界がある場合は、それらも指定してください。

- 「最小化」は、小さな値ほど良いこと（望小特性）を意味します。なんらかの下側限界や上側限界がある場合は、それらも指定してください。
- 「目標値に合わせる」の場合、指定された目標値が最良であること（望目特性）を意味します。デフォルトの目標値は、下側限界と上側限界の中間値に設定されます。
- 「なし」は、最適化の目標がないことを意味します。この場合、満足度関数は作成されません。

メモ: 「目標値に合わせる」を選んだときで、目標値が下側限界と上側限界の中間値ではない場合は、計画のデータテーブルを作成した後に変更してください。それには、データテーブルの応答列において **[列 > [列情報]]** を選択し、列情報ウィンドウを開き、希望の目標値を入力します。

重要度 応答が複数ある場合は、指定した重要度の値を使って全体の満足度関数が計算されます。重要度は、応答の重みとして扱われます。応答が1つしかない場合、重要度はデフォルトで1に設定されるため、重要度を指定する必要はありません。

JMP PRO 検出限界 上側および下側の検出限界は、応答変数において測定が可能な範囲を示します。この「検出限界」は列プロパティとして保存されます。「一変量の分布」または「一般化回帰」プラットフォームで応答変数の打ち切りを指定するには、この「検出限界」列プロパティを使用します。『基本的な回帰モデル』の「一般化回帰」章を参照してください。

単位 因子の実験単位。欄をクリックして適切な単位を入力します。

「応答」アウトラインの編集

「応答」アウトラインでは、次のような作業ができます。

- 応答をダブルクリックして応答名を変更する。
- 目標をクリックして変更する。
- 限界または重要度の値をクリックして変更する。
- 複数の応答に対して、重要度の値を入力する。

「応答変数の限界」列プロパティ

応答の入力時に指定した「目標」・「下側限界」・「上側限界」・「重要度」は、最適な因子設定を見つける際に使用されます。これらの情報は、生成された計画のデータテーブルにおいて、各応答列の「応答変数の限界」列プロパティに保存されます。JMPは、この情報を使って満足度関数を定義します。満足度関数は、予測プロファイルで最適な因子設定を見つけるために使用されます。「応答変数の限界」列プロパティの詳細とその使用例については、「[「応答変数の限界」列プロパティ](#)」を参照してください。

下側限界と上側限界が指定されていない場合、観測された応答データの範囲に基づいて自動的に満足度関数が定義されます。下側限界と上側限界が指定されている場合には、それらの限界によって満足度関数が定義されます。満足度関数の作成については、『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。

因子

完全実施要因計画では、連続尺度の因子およびカテゴリカルな因子を使用できます。

ヒント:「因子」セクションが完成したら、赤い三角ボタンのメニューから「**因子の保存**」を選択することを確認してください。これにより、因子の名前・役割・変更・値がデータテーブルに保存され、「実験計画(DOE)」のプラットフォームにおいて後で再利用できるようになります。

図13.8 因子

因子

連続変数 カテゴリカル 削除 N個の因子を追加 1

名前	役割	値

因子の指定

それぞれのボタンをクリックして連続量因子またはカテゴリカル因子を追加。変更するには、因子名または因子水準をダブルクリック。

続行

連続尺度 連続変数の因子を追加します。作成されるデータテーブルにおいて、データは数値として扱われます。連続変数とは、指定された下限から上側までの間において、任意の数値に設定できる因子のことです。

カテゴリカル カテゴリカルな因子を追加します。クリックすると、水準数を選択または入力できます。作成されるデータテーブルにおいて、データは文字として扱われます。また、水準の値の順序は、入力したときの左から右の順序で並べられます。この順序は、作成された計画のデータテーブルの各列における「値の表示順序」列プロパティに保存されます。

カテゴリカルな因子のデフォルト値は、L1, L2, ..., Lk です (k は、指定した水準数です)。このデフォルト値を、実験の内容に応じて適切な水準名に変更します。

削除 選択されている因子が削除されます。

N個の因子を追加 複数の因子を追加します。追加する因子の数を入力してから、「**因子の追加**」をクリックして因子の種類を選択します。「**N個の因子を追加**」を繰り返すことで、異なる種類の因子を複数追加することができます。

因子

「因子」セクションは以下の列で構成されます。

名前 因子の名前。追加した因子には、デフォルトで「**X1**」、「**X2**」... という名前がつきます。名前を変更するには、ダブルクリックして任意の名前を入力します。

役割 因子の役割。役割は、「因子の役割」列プロパティとしてデータテーブルに保存されます。この列プロパティがあることで、因子の種類は適切にモデル化されます。因子の役割によって、データテーブルに保存される他のプロパティが決まります。「[因子の列プロパティ](#)」を参照してください。

値 実験における因子の設定。

「因子」の編集

「因子」セクションでは、次のような操作が可能です。

- 因子名を編集するには、因子名をダブルクリックします。
- 値を編集するには、「値」列の値をクリックします。

因子の列プロパティ

「スクリーニング計画」ウィンドウで「テーブルの作成」を選択して計画のデータテーブルを作成すると、各因子のさまざまな列プロパティが計画のデータテーブルに保存されます。これらのプロパティは、「因子の保存」オプションを選択したときに作成されるデータテーブルにも、自動的に保存されます。これらの列プロパティの詳細と例については、「[列プロパティ](#)」を参照してください。

コード変換 因子の役割が連続変数である場合は、「コード変換」列プロパティが保存されます。このプロパティは、最小値が-1、最大値が+1になるように因子の値を変換します。「[コード変換](#)」列プロパティ」を参照してください。

値の表示順序 因子の役割がカテゴリカルであるか、ブロック変数が作成されている場合は、「値の表示順序」列プロパティが保存されます。この列プロパティによって、因子水準の表示順序が決まります。詳細については、「[値の表示順序](#)」を参照してください。

因子の役割 データテーブルにおけるすべての因子の列に、「因子の役割」列プロパティが割り当てられます。この「因子の役割」列プロパティの値は、実験を計画するときに指定した役割によって決まります。「因子の役割」列プロパティは、データをモデル化するとき、どのように因子を用いるかを示しています。また、「因子の役割」列プロパティの値は、「拡張計画」プラットフォームでも使われます。詳細については、「[因子の役割](#)」列プロパティ」を参照してください。

因子の変更 スクリーニング計画で作成されたデータテーブルにおいては、すべての因子の列における「因子の変更」列プロパティは「容易」に設定されます。「因子の変更」列プロパティは、データをモデル化するとき、どのように因子を用いるかを示しています。また、「因子の変更」の値は、「拡張計画」プラットフォームと「計画の評価」プラットフォームでも使われます。「[因子の変更](#)」列プロパティ」を参照してください。

出力オプション

「完全実施要因計画」プラットフォームの「出力オプション」セクションでは、計画と計画テーブルの出力方法を指定できます。完全実施要因計画の構造が、セクションの上部に表示されます。

図13.9 「出力オプション」パネル

実験の順序

「実験の順序」オプションでは、出力するデータテーブル内における実験の順番を指定します。

変更なし データテーブルの行が、左から右への列の値によって並べ替えられます。

左から右へ並べ替え データテーブルの行が、左から右への列の値によって並べ替えられます。

ランダム化 データテーブルの行が、ランダムな順序で並べ替えられます。

右から左へ並べ替え データテーブルの行が、右から左への列の値によって並べ替えられます。

中心点と反復

実験の回数 中心点と反復を追加する前の実験回数が表示されます。

中心点の数 計画に中心点として追加する実験の数を指定します。中心点とは、すべての連続変数の因子を因子範囲の中間値に据えて行う実験を指します。

連続尺度とカテゴリカル両方の因子がある場合も、中心点を追加できます。その場合、「出力オプション」パネルで中心点を指定すると、次のようにして中心点が追加されます。

1. カテゴリカル因子における水準の組み合わせが、「因子」セクションで指定された値の順序に基づいて、順番に作成されます。
2. そして、そのように順序付けられた各組み合わせに 1 つずつ、指定された中心点の個数になるまで、連続変数の中心点が作成されます。

反復の回数 中心点も含めた計画全体を反復する回数を指定します。1回の反復によって実験数が2倍になります。

テーブルの作成

「完全実施要因計画」プラットフォームの「出力オプション」セクションにある「**テーブルの作成**」ボタンをクリックすると、実験をまとめたデータテーブルが作成されます。図13.10は、5つの中心点を含む3因子の完全実施要因計画の例です。3つの因子は、X1（2水準の連続変数）、X2（3水準の連続変数）、およびX3（2水準のカテゴリカル変数）です。因子の水準は、デフォルト値を使用しています。この図では、7, 8, 12, 14, 17行目が、中心点に該当します。「**パターン列**」を参照してください。

図13.10 計画データテーブル

2x3x2 要因計画		パターン	X1	X2	X3	Y
計画 2x3x2 要因計画 モデル 計画の評価 DOEダイアログ 列(5/0) パターン X1 * X2 * X3 * Y * 行 すべての行 17 選択されている行 0 除外されている行 0 表示しない行 0 ラベルのついた行 0	1	-22	-1	2	L2	•
	2	-11	-1	1	L1	•
	3	-32	-1	3	L2	•
	4	+11	1	1	L1	•
	5	+32	1	3	L2	•
	6	+22	1	2	L2	•
	7	001	0	2	L1	•
	8	002	0	2	L2	•
	9	-31	-1	3	L1	•
	10	+31	1	3	L1	•
	11	-21	-1	2	L1	•
	12	001	0	2	L1	•
	13	+12	1	1	L2	•
	14	002	0	2	L2	•
	15	-12	-1	1	L2	•
	16	+21	1	2	L1	•
	17	001	0	2	L1	•

左上に表示されているテーブル名は、生成された計画の種類を表しています。

計画のデータテーブルに付随するスクリプト

計画のデータテーブルには、次のようなスクリプトが含まれます。

モデル [分析] > [モデルのあてはめ] プラットフォームを実行します。

計画の評価 [実験計画(DOE)] > [計画の診断] > [計画の評価] プラットフォームを実行します。

DOE ダイアログ 現在のデータテーブルを作成するのに使った「完全実施要因計画」ウィンドウを再現します。このスクリプトには、計画の生成に使われた乱数シード値も含まれます。

データを分析するには、「スクリーニング」または「モデル」スクリプトを実行してください。

パターン列

「パターン」列には、各行の実験の要約が示されます。「パターン」はプロットのラベル変数として活用できます。

- 2水準の連続因子の場合は、低い値が「-」、高い値が「+」、中心点が「0」で表されます。
- 3水準以上の連続因子の場合は、次のように表されます。
 - 中心点以外は水準値に対応する整数で表される。
 - 中心点は「0」で表される
- カテゴリカル因子の場合は、水準値に対応する整数で表されます。

完全実施要因計画のオプション

「完全実施要因計画」プラットフォーム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。

応答の保存 「応答」パネルの情報を、新しいデータテーブルに保存します。これで保存した情報は、ほとんどの「実験計画(DOE)」ウィンドウで簡単に読み込むことができます。応答の情報を後で再利用したい場合に便利です。

応答のロード データテーブルから応答をロードします。[応答の保存] オプションを使って応答のデータテーブルを生成します。

因子の保存 「因子」パネルの情報を、新しいデータテーブルに保存します。各因子の列には、その因子の水準が表示されます。その他の情報は、列プロパティとして保存されます。これで保存した情報は、ほとんどの「実験計画(DOE)」ウィンドウで簡単に読み込むことができます。因子の情報を後で再利用したい場合に便利です。

メモ: 空のデータテーブルにデータを直接入力して因子のデータテーブルを作成することもできますが、その場合も、すべての列に適切な役割を割り当てる必要があります。役割を割り当てるには、データグリッド内で列名を右クリックし、[列プロパティ] > [因子の役割] を選択します。そして、「因子の役割」セクションで、適切な役割を選択してください。

因子のロード データテーブルから因子をロードします。[因子の保存] オプションを使って因子のデータテーブルを生成します。計画の種類に合わない因子をロードしようとすると、警告が表示されます。

制約の保存 (一部の計画では使用できません。)
「因子の制約を定義」または「線形制約」で定義した因子の制約を、データテーブルの列として保存します。これで保存した情報は、ほとんどの「実験計画(DOE)」ウィンドウで簡単に読み込むことができます。制約の情報を後で再利用したい場合に便利です。

制約のデータテーブルにおける冒頭の数行には、各因子に対する係数が含まれます。最後の行は、不等式の右辺値を含みます。各制約の列には、「以下」と「以上」のどちらの制約であるかを示す「制約状態」という列プロパティが含まれます。「**制約状態**」列プロパティを参照してください。

制約のロード (一部の計画では使用できません。)
データテーブルから因子の制約をロードします。[制約の保存] オプションを使って制約のテーブルを生成します。

乱数シード値の設定 このオプションに指定した整数が、乱数を用いる処理の乱数シード値として使われます。次のような処理で、乱数は使われます。

- 計画作成の検索アルゴリズムにおける初期化
- データテーブル作成時における実験順序のランダム化
- 最適計画を探索するときの初期計画（開始点）の選択

計画を再現するには、その計画の生成に使われた乱数シード値を入力し、[計画の作成]をクリックします。

計画の作成に使われた乱数シード値は、計画のデータテーブルに保存される「DOE ダイアログ」スクリプトにも含まれます。

応答のシミュレート 計画のデータテーブルに、乱数で生成された応答値を含む列、および、応答値を乱数で生成するための計算式を含む列が追加されます。このオプションは、[テーブルの作成]をクリックする前に選択してください。

[テーブルの作成]をクリックすると、次の処理が実行されます。

- 乱数シミュレーションで生成されたデータ値が、応答変数の列に代入されます。
- 応答値を乱数シミュレーションで生成するための計算式を含む列が、新しい列として追加されます。このデータ値やこの計算式は、計画のウィンドウで指定したモデルに基づいています。
- 「モデル」ウィンドウが表示されます。このウィンドウで、モデルの効果の係数を設定するとともに、[正規]・[二項]・[Poisson]のいずれかの分布を指定できます。

メモ: 計画の種類によっては、使用できない確率分布もあります。

- 「シミュレーション」という名前のスクリプトが、計画のデータテーブルに保存されます。このスクリプトを実行すると、「モデル」ウィンドウが再び開き、シミュレーション値を再度計算したり、応答変数の確率分布を変更したりできます。

「モデル」ウィンドウでは、乱数シミュレーションで用いる応答変数の確率分布を選択してください。このウィンドウで [適用] ボタンをクリックすると、「<Y>のシミュレーション」という名前の列が更新されます。ここで、「<Y>」は応答列の名前です。[適用] を再びクリックすると、この「<Y>のシミュレーション」の値が更新されます。

詳細については、「[応答のシミュレート](#)」を参照してください。

メモ:  [応答のシミュレート] オプションを使うと、JMP Pro のシミュレーションの機能を使って、乱数シミュレーションを実行できます。実験計画に関する乱数シミュレーションの詳細は、『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。

詳細オプション このプラットフォームでは [詳細オプション] は使用できません。

スクリプトをスクリプトウィンドウに保存 「完全実施要因計画」プラットフォームで指定した計画のスクリプトを作成し、スクリプトウィンドウに保存します。

第14章

配合計画

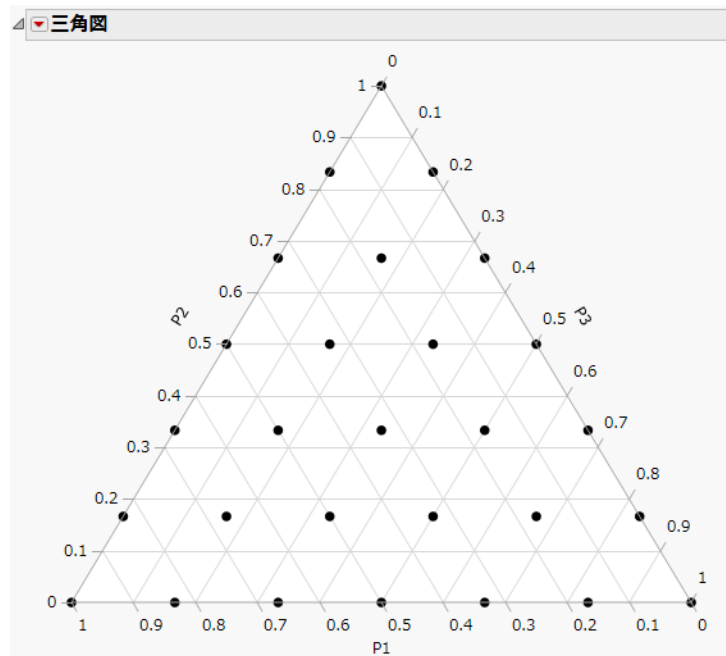
配合物のための計画

「配合計画」プラットフォームでは、配合物の成分を因子とする実験計画を作成できます。「配合計画」プラットフォームでは、単体計画・端点計画・格子計画など、いくつかの古典的な配合計画から選択できます。端点計画の手法では、複数の線形不等式による制約を指定し、配合比の範囲を狭めることができます。

配合実験では、配合成分の割合を因子の値とするので、値は0～1の範囲しか取りません。配合実験の因子は3つ以上であり、すべての因子の割合を合計すると1（100%）になります。配合実験は、因子を他の因子から独立した形で変化させることができない点で、他の実験とは異なります。1つの因子の割合を変化させると、その差を埋めるために他の因子の割合も変化させる必要があります。この単純な事実が、配合実験のあらゆる要素（因子空間、計画の特性、結果の解釈）に大きな影響を及ぼしています。

配合成分の割合の合計が1であるため、配合計画の実行可能な領域は単体（simplex）の形状になります。たとえば、3因子の計画は2次元上の三角形で、4因子の計画は3次元上の四面体で視覚化することができます。

図14.1 三角図



目次

配合計画の概要.....	403
配合計画の作成.....	403
応答	404
因子	406
三角図の概要.....	407
配合計画の種類の例	408
最適な配合計画の例.....	408
単体重心計画の例.....	410
単体格子計画の例.....	412
端点計画の例	413
ABCD 計画の例.....	416
Space Filling 計画の例	417
配合計画のあてはめ	419
モデル全体に対する検定と分散分析レポート	420
応答曲面レポートについて	420
「配合計画」プラットフォームの別例.....	420
「配合計画」の統計的詳細.....	426
端点計画法の統計的詳細	426
Space Filling 計画における FFF 最適化基準の統計的詳細	426

配合計画の概要

「配合計画」プラットフォームでは、次のような種類の計画を作成できます。

最適計画 「カスタム計画」プラットフォームを使用して、最適な配合計画を生成します。「[最適な配合計画の例](#)」を参照してください。

単体重心計画 （因子に制約がないか、または下限値が設定されている場合のみ使用できます。）純粹配合と指定した次数までの配合とを組み合わせた計画を生成します。「純粹配合」とは、1成分だけ割合が100%になっていて、その他のすべての成分の比率が0%になっている配合です。「[単体重心計画の例](#)」を参照してください。

単体格子計画 （因子に制約がないか、または下限値が設定されている場合のみ使用できます。）計画点を三角形のグリッド上に均等に配置した計画を生成します。グリッドの水準数を指定できます。「[単体格子計画の例](#)」を参照してください。

端点計画 （1つ以上の因子に線形制約や上限と下限がある場合に使われる計画です。）制約のある因子空間の端点、および端点の組み合わせに基づいた計画を生成します。「[端点計画の例](#)」を参照してください。

ABCD計画 Snee（1975）によって提唱された配合実験用のスクリーニング計画を生成します。「[ABCD計画の例](#)」を参照してください。

Space Filling 線形制約を加えたSpace Filling計画（空間充填計画）を生成します。「[Space Filling計画の例](#)」を参照してください。

メモ：最適計画・端点計画・Space Filling計画には、線形制約や成分の制約を追加できます。

配合計画の作成

完全実施要因計画を作成するには、[実験計画(DOE)] > [古典的な計画] > [配合計画] を選択します。

「配合計画」は、計画の手順を踏むごとに内容が更新されます。

- 「応答」
- 「因子」

応答

「応答」アウトラインでは、1つまたは複数の応答を指定します。

ヒント: 応答の設定を保存したい場合には、「応答」アウトラインへの入力 that 完了した後に、赤い三角ボタンのメニューから「**応答の保存**」を選択してください。これにより、応答の名前・目標・限界・重要度の値がデータテーブルに保存され、「実験計画 (DOE)」のプラットフォームにおいて後で再利用できるようになります。

図 14.2 「応答」アウトライン

応答							
応答の追加 ▼ 削除 応答数...							
応答名	目標	下側限界	上側限界	重要度	検出下限	検出上限	単位
Y	最大化	.	.	.	.	.	

応答の追加 応答を 1 つ追加し、目標の種類を「最大化」（望大特性）、「目標値に合わせる」（望目特性）、「最小化」（望小特性）、「なし」、または「関数的応答」に設定します。「目標値に合わせる」を選択した場合は、目標の限界値を入力します。「最大化」または「最小化」を選択した場合、限界の入力は必須ではありませんが、満足度関数を使用する場合は、入力しておくに役に立つことがあります。

JMP PRO 関数的応答 (JMP Pro でのみ使えます。) 計画に Y という関数的応答の列を追加します。計画のデータテーブルの作成時には、この列に「FDE」列プロパティが追加されます（この「FDE」は、「Functional Data Explorer」（関数データエクスプローラ）の略です）。「関数的応答」の列は「関数データエクスプローラ」プラットフォームで使えます。「関数データエクスプローラ」プラットフォームにおいて、「関数的応答」の列を出力変数（Y 変数）に、実験計画の因子を追加因子（Z 変数）に指定することができます。関数的応答には、最初、1 実験あたり 5 つの、均等間隔で並ぶ測定値が割り当てられます。値を変更するには、水準のテキストボックスをクリックします。水準数を変更するには、「1 実験あたりの測定値数」の値をクリックします。1 実験あたりの測定値数が 10 を超える場合、ダイアログが開き、開始値と水準間の増分を指定することができます。

削除 選択されている応答を削除します。

応答数 応答数を入力すると、その個数だけ応答変数が追加されます。デフォルトの Y 以外の応答を入力した場合、追加された応答の「目標」は、最後に入力した応答と同じものになります。そうでない場合、デフォルトの「目標」は「目標値に合わせる」です。目標を変更するには、テーブル内で目標の種類をクリックします。

「応答」アウトラインには、次のような列があります。

応答名 応答の名前。追加した応答には、デフォルトで「Y」、「Y2」... という名前がつきます。名前を変更するには、ダブルクリックして任意の名前を入力します。

目標・下側限界・上側限界 応答変数を、どうしたいかを指定します。最大化(望大特性)、最小化(望小特性)、特定の目標値に一致させる(望目特性)、目標がない、のいずれかを選択してください。指定された内容に従って、生成された計画のデータテーブルにおける各応答列に、「応答変数の限界」列プロパティが割り当てられます。この情報を使い、各応答の満足度関数が定義されます。「プロファイル」と「等高線プロファイル」は、これらの満足度関数を使って最適な因子設定を見つけます。詳細については、『プロファイル機能』の「プロファイル」章および「[「応答変数の限界」列プロパティ](#)」を参照してください。

- [最大化] は、大きな値ほど良いこと(望大特性)を意味します。なんらかの下側限界や上側限界がある場合は、それらも指定してください。
- [最小化] は、小さな値ほど良いこと(望小特性)を意味します。なんらかの下側限界や上側限界がある場合は、それらも指定してください。
- [目標値に合わせる] の場合、指定された目標値が最良であること(望目特性)を意味します。デフォルトの目標値は、下側限界と上側限界の中間値に設定されます。
- [なし] は、最適化の目標がないことを意味します。この場合、満足度関数は作成されません。

メモ: [目標値に合わせる] を選んだときで、目標値が下側限界と上側限界の中間値ではない場合は、計画のデータテーブルを作成した後に変更してください。それには、データテーブルの応答列において **[列] > [列情報]** を選択し、列情報ウィンドウを開き、希望の目標値を入力します。

重要度 応答が複数ある場合は、指定した重要度の値を使って全体の満足度関数が計算されます。重要度は、応答の重みとして扱われます。応答が1つしかない場合、重要度はデフォルトで1に設定されるため、重要度を指定する必要はありません。

JMP PRO 検出限界 上側および下側の検出限界は、応答変数において測定が可能な範囲を示します。この「検出限界」は列プロパティとして保存されます。「一変量の分布」または「一般化回帰」プラットフォームで応答変数の打ち切りを指定するには、この「検出限界」列プロパティを使用します。『基本的な回帰モデル』の「一般化回帰」章を参照してください。

単位 因子の実験単位。欄をクリックして適切な単位を入力します。

「応答」アウトラインの編集

「応答」アウトラインでは、次のような作業ができます。

- 応答をダブルクリックして応答名を変更する。
- 目標をクリックして変更する。
- 限界または重要度の値をクリックして変更する。
- 複数の応答に対して、重要度の値を入力する。

「応答変数の限界」列プロパティ

応答の入力時に指定した「目標」・「下側限界」・「上側限界」・「重要度」は、最適な因子設定を見つける際に使用されます。これらの情報は、生成された計画のデータテーブルにおいて、各応答列の「応答変数の限界」列プロパティに保存されます。JMPは、この情報を使って満足度関数を定義します。満足度関数は、予測プロファイルで最適な因子設定を見つけるために使用されます。「応答変数の限界」列プロパティの詳細とその使用例については、「[「応答変数の限界」列プロパティ](#)」を参照してください。

下側限界と上側限界が指定されていない場合、観測された応答データの範囲に基づいて自動的に満足度関数が定義されます。下側限界と上側限界が指定されている場合には、それらの限界によって満足度関数が定義されます。満足度関数の作成については、『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。

因子

「因子」セクションで配合因子を追加します。

ヒント：「因子」セクションが完成したら、赤い三角ボタンのメニューから **「因子の保存」** を選択することを確認してください。これにより、因子の名前・役割・変更・値がデータテーブルに保存され、後で再利用できるようになります。

図14.3 因子

因子

追加

1

配合

選択項目の削除

名前	役割	値	単位
X1	配合	0	1
X2	配合	0	1
X3	配合	0	1

因子の指定

因子数を指定。変更するには、因子名または因子設定をダブルクリック。

続行

追加 追加する因子の個数を入力し、[追加] をクリックします。

選択項目の削除 選択されている因子が削除されます。

「因子」リスト

「因子」リストは次の列で構成されます。

名前 因子の名前。追加した因子には、デフォルトで「X1」、「X2」... という名前がつきます。名前を変更するには、ダブルクリックして任意の名前を入力します。

役割 因子の役割を指定します。役割は、「因子の役割」列プロパティとしてデータテーブルに保存されます。この列プロパティがあることで、因子の種類は適切にモデル化されます。

値 実験における因子の設定。値を挿入するには、デフォルトの値をクリックし、任意の値を入力します。

「因子」リストの編集

「因子」リストで、次の作業を行います。

- 因子名を編集するには、因子名をダブルクリックします。
- 値を編集するには、「値」列の値をクリックします。

線形制約

1つまたは複数の線形不等式の制約を入力するには、[線形制約] ボタンをクリックします。すべての連続変数を含んでいる線形不等式のテンプレートが表示されます。不等式の係数を入力し、不等号の向きを選択してください。また、不等式の右側のボックスに右边値を入力してください。さらに制約を加えるには、[線形制約] を再びクリックします。

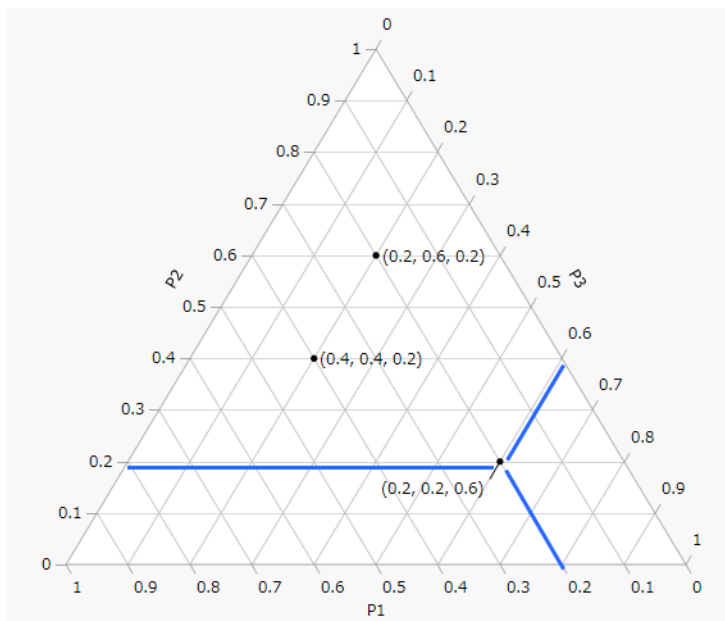
メモ: 線形制約を含むスクリプトを計画に保存すると、その線形制約は「以下」を意味する不等式 ($\leq$) で表されます。

三角図の概要

三角図は、合計値が定数になる3つの配合成分を、2次元で表現したものです。正三角形であり、3つの辺が各成分に対応しています。制約がない場合は、三角形の3つの各頂点は、1つの成分の値が1（100%）で、他の成分が0（0%）という状態を表しています。配合成分に制約がある場合は、三角図の中で、取り得る値の領域が表示されます。それ以外の領域は、除外されていることを示すために陰影が付けられています。

図14.4には、成分P1、成分P2、成分P3が描かれています。この3つの配合成分には制約がなく、いずれも0（0%）～1（100%）の割合を占めることができます。3つの点が、その座標（P1, P2, P3）とともにプロットされます。（0.2, 0.2, 0.6）の点からは青い線が表示されています。この青い線を進ると、各配合成分の軸における座標が分かります。

図14.4 三角図の例



配合計画の種類の例

この節では、「配合計画」プラットフォームで利用できる配合計画について解説し、例を紹介します。

- 「最適な配合計画の例」
- 「単体重心計画の例」
- 「単体格子計画の例」
- 「端点計画の例」
- 「ABCD 計画の例」
- 「Space Filling 計画の例」

最適な配合計画の例

「配合計画」プラットフォームを使って3つの因子の配合の最適計画を作成してみましょう。最適計画は、「配合計画」プラットフォームまたは「カスタム計画」プラットフォームで作成できます。

1. [実験計画(DOE)] > [古典的な計画] > [配合計画] を選択します。
2. この例では3つの因子を使用します。「因子」セクションを変更する必要はありません。
3. [続行] をクリックします。

4. 「配合計画の種類を選択」パネルで**【最適計画】**をクリックします。
5. (オプション) この例の結果と一致させる場合は、[配合計画]の赤い三角ボタンをクリックして[乱数シード値の設定]を選択し、「1409」と入力します。
6. (オプション) この例の結果と一致させる場合は、[配合計画]の赤い三角ボタンをクリックして[開始点の数]を選択し、「2」と入力します。
7. 「因子の制約を定義」パネルで、**【線形制約を指定】**を選択し、**【追加】**をクリックします。
8. X1とX2の両ボックスに「1」と入力し、制約のボックスに「0.8」と入力します。
この設定により、「X1+X2」の値が配合の80%以下に制約されます。
9. 「モデル」パネルで**【交互作用】** > **【2次】**を選択します。
これにより、交互作用効果がモデルに追加されます。
10. 「計画の生成」パネルで、**【中心点の数】**に「2」を入力します。
11. **【計画の作成】**をクリックします。

図14.5 実験回数12の最適計画

計画			
実験	X1	X2	X3
1	0.8	0	0.2
2	0	0	1
3	0	0.8	0.2
4	0	0	1
5	0	0.4	0.6
6	0.4	0	0.6
7	0	0.8	0.2
8	0.4	0	0.6
9	0.4	0.4	0.2
10	0.8	0	0.2
11	0.264183	0.269687	0.46613
12	0.264183	0.269687	0.46613

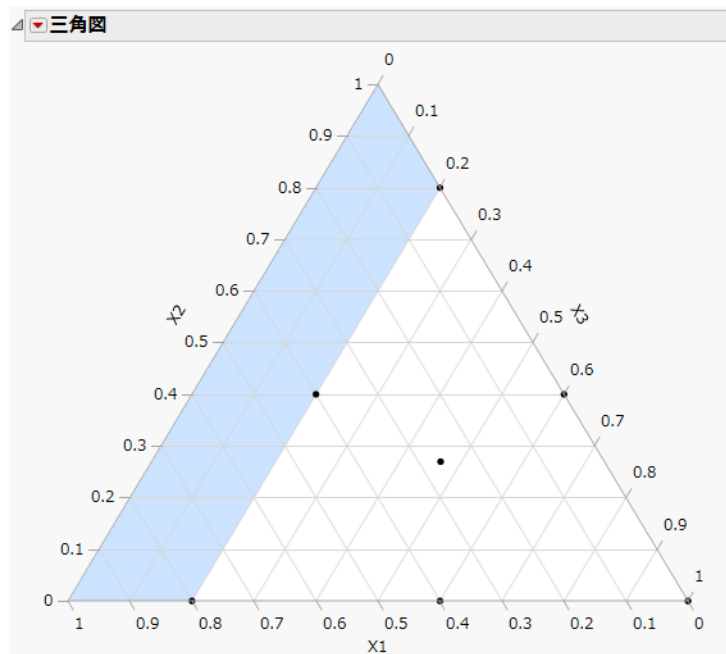
12. **【テーブルの作成】**をクリックします。

メモ: 実際の計画では、配合の値を適切な精度に丸めるとよいでしょう。

計画の視覚化

1. 計画のデータテーブルで、**【グラフ】** > **【三角図】**を選択します。
2. 「X1」・「X2」・「X3」を選択し、**【X、プロット】**をクリックし、**【OK】**をクリックします。

図14.6 最適計画の三角図



三角図には、計画を構成する7つの配合が表示されます。制約にあてはまらない領域には影がつきます。三角図の詳細については、「[三角図の概要](#)」を参照してください。

単体重心計画の例

「配合計画」プラットフォームを使って、次数が k 、因子数が n の単体重心計画を作成します。この計画は、次のような特徴を持つ実験で構成されます。

- 1成分だけの割合が100%になっている実験（純粋配合）
- 2成分の割合が等しい実験
- 以下、同様に最大 k 個までの成分の割合が等しい実験

k が因子の個数に等しい場合、すべての成分量が等しくなっている中心点が計画に含まれます。

メモ: 1つ以上の因子に下限がある場合、この計画を使用できます。

計画の作成

単体重心計画の例を作成するには、次の手順に従います。

1. 「実験計画(DOE)」>「古典的な計画」>「配合計画」を選択します。
2. この例では3つの因子を使用します。「因子」セクションを変更する必要はありません。

3. [続行] をクリックします。
4. [単体重心計画] をクリックして、計画を生成します。

メモ: ここではデフォルト設定の $k=3$ を使用しましたが、テキストボックスで、 k の値を変更することもできます。

図14.7 次数が3の、3因子から成る単体重心計画

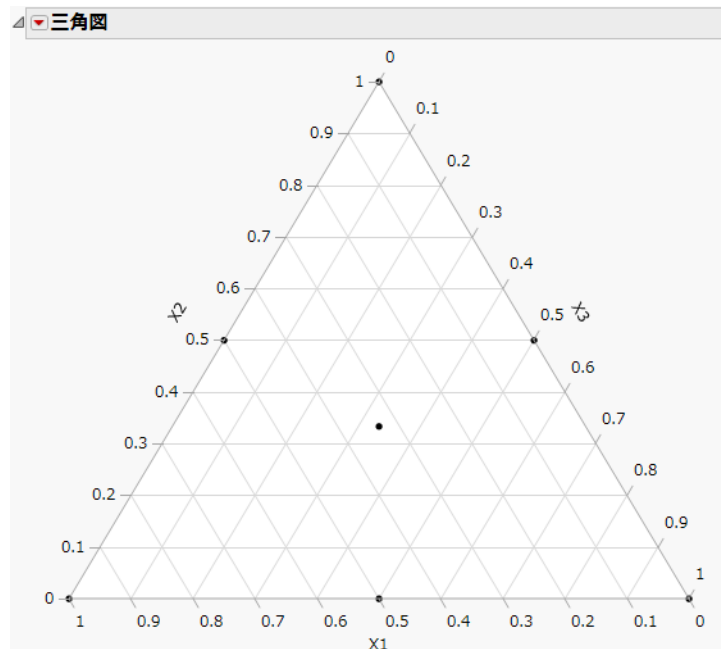
計画			
実験	X1	X2	X3
1	1.00000	0.00000	0.00000
2	0.00000	1.00000	0.00000
3	0.00000	0.00000	1.00000
4	0.50000	0.50000	0.00000
5	0.50000	0.00000	0.50000
6	0.00000	0.50000	0.50000
7	0.33333	0.33333	0.33333

5. [テーブルの作成] をクリックします。

計画の視覚化

6. 計画のデータテーブルで、[グラフ] > [三角図] を選択します。
7. 「X1」・「X2」・「X3」を選択し、[X、プロット] をクリックし、[OK] をクリックします。

図14.8 単体重心計画の三角図



三角図の詳細については、「[三角図の概要](#)」を参照してください。

単体格子計画の例

「配合計画」プラットフォームを使って単体格子計画を作成します。単体格子計画は、実験点を三角形のグリッド上に均等に配置した計画です。順に i/m の値を因子に割り当てる方法です。 m を水準数、 i を $0 \sim m$ の数値とし、すべての因子の合計を 1 とします。たとえば、水準数 m を 3 に指定した計画では、因子の水準が 0, 0.333, 0.667, 1 に設定されます。

メモ: 1 つ以上の因子に下限がある場合、この計画を使用できます。

- 1. [実験計画 (DOE)] > [古典的な計画] > [配合計画] を選択します。
- 2. この例では 3 つの因子を使用します。「因子」セクションを変更する必要はありません。
- 3. [続行] をクリックします。
- 4. [単体格子計画] をクリックし、計画を生成します。

メモ: ここではデフォルト設定の $k = 5$ を使用しましたが、テキストボックスで、水準数を変更することもできます。

図 14.9 5 次の 3 因子単体格子計画

計画			
実験	X1	X2	X3
1	0.00000	0.00000	1.00000
2	0.00000	0.20000	0.80000
3	0.00000	0.40000	0.60000
4	0.00000	0.60000	0.40000
5	0.00000	0.80000	0.20000
6	0.00000	1.00000	0.00000
7	0.20000	0.00000	0.80000
8	0.20000	0.20000	0.60000
9	0.20000	0.40000	0.40000
10	0.20000	0.60000	0.20000
11	0.20000	0.80000	0.00000
12	0.40000	0.00000	0.60000
13	0.40000	0.20000	0.40000
14	0.40000	0.40000	0.20000
15	0.40000	0.60000	0.00000
16	0.60000	0.00000	0.40000
17	0.60000	0.20000	0.20000
18	0.60000	0.40000	0.00000
19	0.80000	0.00000	0.20000
20	0.80000	0.20000	0.00000
21	1.00000	0.00000	0.00000

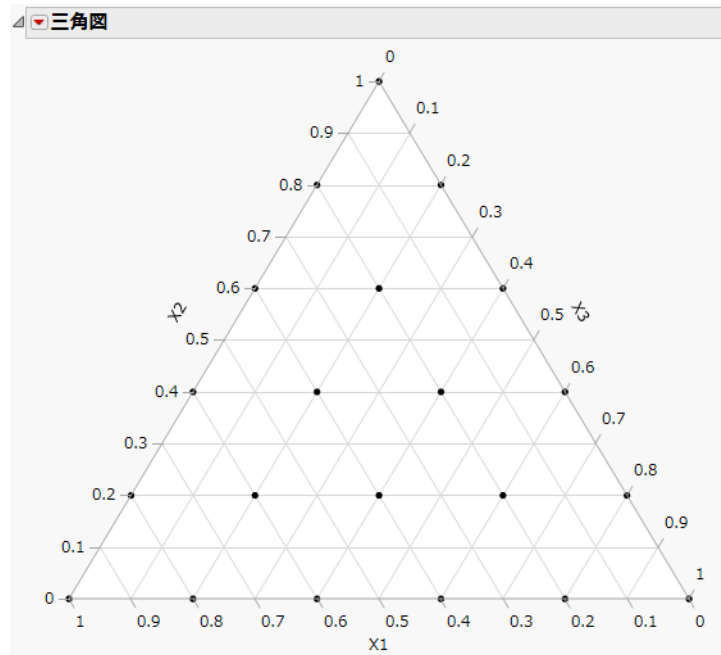
- 5. [テーブルの作成] をクリックします。

計画の視覚化

- 6. 計画のデータテーブルで、[グラフ] > [三角図] を選択します。

7. 「X1」・「X2」・「X3」を選択し、[X、プロット] をクリックし、[OK] をクリックします。

図14.10 単体格子計画の三角図



三角図の詳細については、「[三角図の概要](#)」を参照してください。

水準数が増加するにつれて、計画点も増加し、その結果、計画点の間の距離が縮みます。単体重心計画とは異なり、単体格子計画では必ずしも重心が含まれるとは限りません。

端点計画の例

「配合計画」プラットフォームを使って端点計画を作成します。端点計画においては、「因子」パネルにおける制約または線形制約によって、1つ以上の因子に対して制約が課せられている必要があります。この計画は、制約における端点（頂点）と、指定された次数までのそれらの端点の平均での配合で構成されます。2つの隣接する端点が直線で結ばれているとき、その重心点は2次の重心となります。複数の端点が平面を共有しているとき、その重心点は3次の重心となります。

範囲を制約した端点計画の例

1. [実験計画(DOE)] > [古典的な計画] > [配合計画] を選択します。
2. 「因子」アウトラインで、追加する因子の数として「2」と入力し、[追加] をクリックします。
3. [図14.11](#)のように5因子の範囲を設定し、[続行] をクリックします。

図14.11 5 因子の範囲

名前	役割	値	
▲X1	配合	0.05	0.25
▲X2	配合	0.1	0.3
▲X3	配合	0.1	0.3
▲X4	配合	0.1	0.4
▲X5	配合	0.05	0.25

4. 「次数」テキストボックスに「4」と入力し、[端点計画] をクリックします。

図14.12 端点計画の「計画の表示と変更」パネル

計画の表示と変更

出力オプション

実験の順序: ランダム化 ▼

D-最適サブセット

希望の標本サイズを選択: 116

テーブルの作成 サブセットの検索 戻る

この4次の5因子端点計画の実験回数は、デフォルトで116回となっています。これは、因子の範囲に制約がある状態での端点と、4次までのそれらの端点を5因子で平均した点とを合わせた個数です。JMPでは、このデフォルトの計画を候補の実験点として使用して、より小さいD-最適化計画を生成できます。

5. (オプション) この例の結果と一致させる場合は、[配合計画] の赤い三角ボタンをクリックして[乱数シード値の設定] を選択し、「1409」と入力します。
6. 「希望の標本サイズを選択」テキストボックスに「10」と入力し、[サブセットの検索] をクリックして計画を生成します。

メモ: [サブセットの検索] は、(座標交換ではなく) 行交換によって最適な行のサブセットを探します。

図14.13 実験回数10のD-最適化端点計画

実験	X1	X2	X3	X4	X5
1	0.05000	0.30000	0.20000	0.40000	0.05000
2	0.05000	0.10000	0.30000	0.40000	0.15000
3	0.25000	0.30000	0.10000	0.10000	0.25000
4	0.05000	0.30000	0.30000	0.10000	0.25000
5	0.25000	0.10000	0.30000	0.10000	0.25000
6	0.25000	0.30000	0.30000	0.10000	0.05000
7	0.25000	0.10000	0.30000	0.30000	0.05000
8	0.05000	0.20000	0.10000	0.40000	0.25000
9	0.25000	0.30000	0.10000	0.30000	0.05000
10	0.25000	0.10000	0.10000	0.30000	0.25000

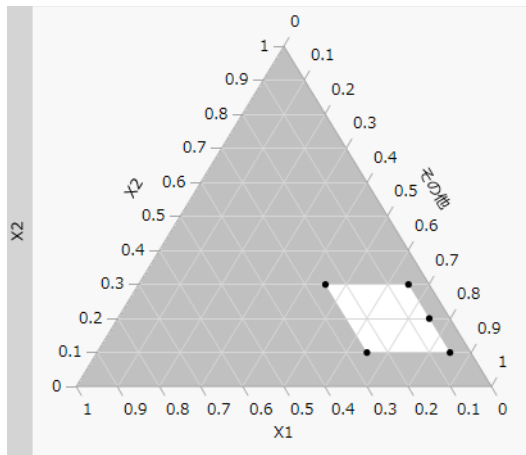
7. [テーブルの作成] をクリックします。

計画の視覚化

8. 計画のデータテーブルで、[グラフ] > [三角図] を選択します。

9. 「X1」・「X2」・「X3」・「X4」・「X5」を選択し、[X、プロット] をクリックし、[OK] をクリックします。

図14.14 5因子計画の三角図（一部）



配合成分が3つ以上あると、複数の三角図が表示されます。各図には、2成分を示す2つの軸と、その他の成分の合計を表すもう1つの軸があります。制約のある領域は陰影で表されます。陰影のない部分は、実行可能な領域を表します。三角図の詳細については、「[三角図の概要](#)」を参照してください。

線形制約を追加した端点計画の例

Snee (1979) と Piepel (1988) による典型的な例を見てみましょう。因子は「X1」・「X2」・「X3」の3つです。因子に対する5つの境界と、3つの線形制約を指定します。

この例の端点計画を作成するには、次の手順に従います。

1. [実験計画(DOE)] > [古典的な計画] > [配合計画] を選択します。
2. 図14.15のとおり、「X1」・「X2」・「X3」に値を入力し、[続行] をクリックします。

図14.15 SneeとPiepelの例の因子の値と線形制約

因子					
名前	役割	値			
▲X1	配合	0.1	0.5		
▲X2	配合	0.1	0.7		
▲X3	配合	0	0.7		

-0.85	X1 +	-0.9	X2 +	-1	X3	≤	-0.9
0.85	X1 +	0.9	X2 +	1	X3	≤	0.95
-0.7	X1 +	0	X2 +	-1	X3	≤	-0.4

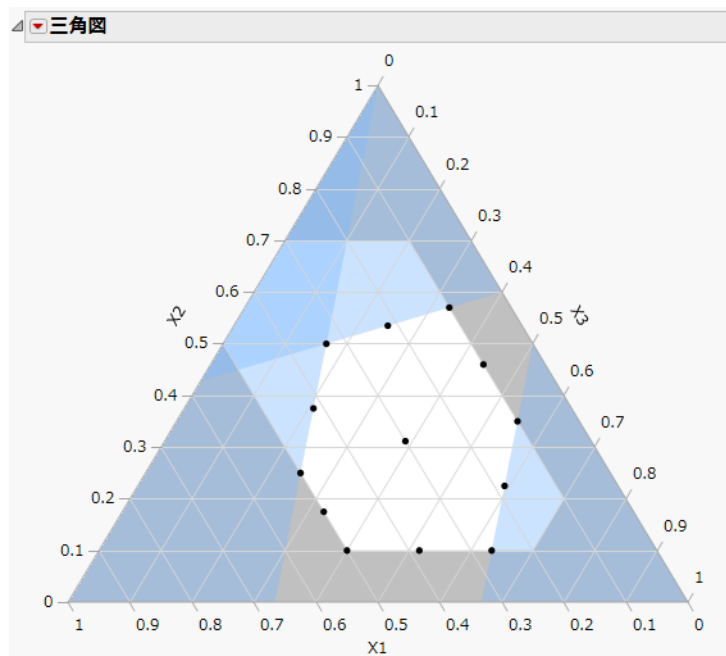
3. [線形制約] を3回クリックします。図14.15のとおり制約を入力します。

4. [端点計画] ボタンをクリックします。
5. [テーブルの作成] をクリックします。

計画の視覚化

6. 計画のデータテーブルで、[グラフ] > [三角図] を選択します。
7. 「X1」・「X2」・「X3」を選択し、[X、プロット] をクリックし、[OK] をクリックします。

図14.16 制約を追加した Piepel の例の三角図



三角図には、因子に対する制約と線形制約によって定義された実行可能な領域が表示されます。計画は、6つの端点（頂点）、それらの端点の midpoint、全体の重心から構成されています。三角図の詳細については、「[三角図の概要](#)」を参照してください。

ABCD計画の例

「配合計画」プラットフォームを使ってスクリーニング計画の一種である ABCD 計画を作成します。Snee (1975) を参照してください。

1. [実験計画(DOE)] > [古典的な計画] > [配合計画] を選択します。
2. 「因子」アウトラインで、追加する因子の数として「3」と入力し、[追加] をクリックします。
3. [続行] をクリックします。
4. [ABCD計画] をクリックします。

図14.17 6因子ABCD計画の実験28回のうち、14回までのデータ

計画						
実験	X1	X2	X3	X4	X5	X6
1	1.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
2	0.00000	1.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
3	0.00000	0.00000	1.00000	0.00000	0.00000	0.00000
4	0.00000	0.00000	0.00000	1.00000	0.00000	0.00000
5	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	1.00000	0.00000
6	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	1.00000
7	0.50000	0.50000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
8	0.50000	0.00000	0.50000	0.00000	0.00000	0.00000
9	0.50000	0.00000	0.00000	0.50000	0.00000	0.00000
10	0.50000	0.00000	0.00000	0.00000	0.50000	0.00000
11	0.50000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.50000
12	0.00000	0.50000	0.50000	0.00000	0.00000	0.00000
13	0.00000	0.50000	0.00000	0.50000	0.00000	0.00000
14	0.00000	0.50000	0.00000	0.00000	0.50000	0.00000

5. [テーブルの作成] をクリックします。

Space Filling 計画の例

「配合計画」プラットフォームを使ってSpace Filling 計画（空間充填計画）を作成します。Space Filling 計画は、計画点を計画領域全体に散らばせる計画で、線形制約を追加することができます。この計画は、[実験計画(DOE)] > [特殊な目的] > [Space Filling 計画] にある「高速柔軟充填」計画と同様の手法を使って作成されます（「制約を指定した高速柔軟充填計画の例」）。

「配合計画」の赤い三角ボタンのメニューに、特に「Space Filling 計画」に関連するオプションが2つあります。

FFF最適化基準 高速柔軟充填（FFF; Fast Flexible Filling）計画の場合、基準として [MaxPro]（デフォルト）と [重心法] のいずれかを選択できます。「[Space Filling 計画における FFF 最適化基準の統計的詳細](#)」を参照してください。

詳細オプション > 平均クラスターサイズの設定 高速柔軟充填計画で、各クラスターまたは各計画点の定義に使うランダムな点の平均数を指定できます。「[平均クラスターサイズの設定](#)」を参照してください。

Space Filling 計画の例

Space Filling 計画の例を作成するには、次の手順に従います。

1. [実験計画(DOE)] > [古典的な計画] > [配合計画] を選択します。
2. (オプション) この例の結果を一致させる場合は、[配合計画] の赤い三角ボタンをクリックし、[乱数シード値の設定] を選択し、「1409」と入力します。
3. この例では3つの因子を使用します。「因子」セクションを変更する必要はありません。
4. [続行] をクリックします。
5. [線形制約] をクリックします。

6. **X1** のボックスに「0.7」、**X3** のボックスに「1」と入力し、不等号の向きを $\geq$ に変更し、制約のボックスに「0.4」と入力します。

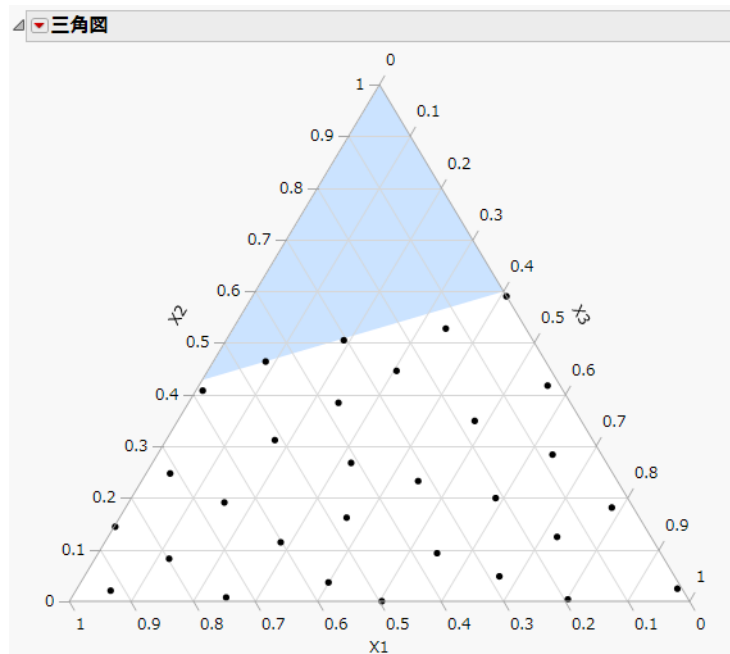
この設定により、 $0.7X1 + X3$ が40%以上となる配合に制約されます。

7. 「実験回数」ボックスに「30」と入力します。
8. [Space Filling] をクリックします。
9. [テーブルの作成] をクリックします。

計画の視覚化

10. 計画のデータテーブルで、[グラフ] > [三角図] を選択します。
11. 「X1」・「X2」・「X3」を選択し、[X、プロット] をクリックし、[OK] をクリックします。

図14.18 線形制約を1つ指定した Space Filling 計画



この計画は、重心FFF最適化基準を使って作成されます。各実験点は、制約条件を満たす領域内に収まっており、かつ、その領域全体に均等に散らばっています。三角図の詳細については、「[三角図の概要](#)」を参照してください。

平均クラスターサイズの設定

[平均クラスターサイズの設定] オプションは、「配合計画」の赤い三角ボタンのメニューにある[詳細オプション]の下にあります。このオプションを使うと、1クラスターあたり（すなわち、1つの実験点あたり）における、一様乱数の平均個数を指定できます。

デフォルトでは、実験回数が200以下の場合、全部で10,000個の一樣乱数が、クラスターアルゴリズムで使用されます。実験回数が200を超えた場合、デフォルトでは、1つの実験点あたりにつき50個の一樣乱数が使用されます。因子数が多い計画においては、この値を増やす必要があるかもしれません。

メモ: 因子数や実験回数によって、1つの実験点あたりの一樣乱数の平均個数を増やしたい場合があります。その場合は、[詳細オプション] > [平均クラスターサイズの設定] を選択してください。

線形制約

計画領域は、「線形制約」で[線形制約]オプションを選択して限定できます。

線形制約を指定した場合、クラスターアルゴリズムの基礎となる乱数の点が、制約の範囲内の計画領域にランダムに散りばめられます。そして、これらの一樣乱数の点がクラスタリングされます。

配合計画のあてはめ

配合計画にモデルをあてはめるときは、因子の和が定数になる点に注意しなければなりません。従来の線形モデルでは完全に推定可能になりません。

そこで適切なのが、Schefféの多項式という応答曲面モデル(Scheffé 1958)です。Cox 配合やSchefféの3次多項式のマクロの詳細については、『基本的な回帰モデル』を参照してください。Schefféの多項式モデルには次のような特徴があります。

- 切片を含まない
- 線形の主効果項をすべて含む
- 2乗項(X_1^2 など)をすべて除外する
- 交差項(X_1X_2 など)をすべて含める

このモデルはパラメータの解釈が簡単です(Cornell 1990)。線形項の係数は、その1成分の成分割合が100%である点での応答の予測値に相当します。交差積の項の係数は、因子空間の各辺で横断した際の曲面を表します。

3次多項式の配合モデルを作成するときは、Schefféの3次多項式モデルを使用できます。Schefféの3次多項式モデルには、 $X_1X_2(X_1+X_2)$ という形の項が含まれます。

- Schefféの多項式モデルをあてはめるには、「モデルのあてはめ」プラットフォームで[配合応答曲面] マクロを使用します。
- Schefféの3次多項式モデルをあてはめるには、「モデルのあてはめ」プラットフォームで[Schefféの3次多項式] マクロを使用します。
- 自分自身で配合モデルを指定する場合には、「モデルのあてはめ」プラットフォームの起動ダイアログで[切片なし] や、効果属性として[配合効果] のオプションを選択する必要があります。

ヒント: 「カスタム計画」プラットフォームの「モデル」には、Schefféの3次多項式モデル項を追加するオプションがあります。このオプションを選択して生成された計画のデータテーブルに付随する「モデル」スクリプトは、Schefféの3次多項式をあてはめます。

モデル全体に対する検定と分散分析レポート

モデル全体の分散分析(ANOVA)表では、切片を除くすべてのパラメータが0かどうかという従来の検定が行われます。配合モデルには切片がありませんが、配合因子の線形結合は定数になりますので、切片がモデルに含まれていなくても切片と同じ効果が存在すると考えられます。JMPは、この「隠れた切片」を探します。隠れた切片が見つかった場合、切片が0のモデルではなく切片があるモデルとしてモデル全体に対する検定が行われます。この検定は、線形(1次)パラメータを除くすべてのパラメータが0であるかどうかを検定し、さらに、線形パラメータが互いに等しいかどうかを検定することに相当します。

隠れた切片がある場合、切片のないモデルではなく、切片のあるモデルを仮定して R^2 も計算されます。

応答曲面レポートについて

応答曲面効果を意味する「& 応答曲面」というマークのついた効果がある場合、応答曲面のレポートも作成されます。これらのレポートは本来、配合モデルではなく完全な応答曲面モデルを意図して設計されたものです。しかし、JMPは配合モデルに対しても応答曲面効果に対するレポートを作成します。切片がないモデルを扱うときに、もし応答曲面の効果が設定されており、隠れた切片があり、かつ2乗の効果が設定されていなかった場合、JMPは最後の応答曲面効果をなくした式を内部的に計算して最適解を求め、レポートを作成します。この処理は、足すと定数となる効果の組み合わせ(最適化を考慮するとき、最後の効果を除外しないといけない効果の組み合わせ)すべてに対して行われます。

「配合計画」プラットフォームの別例

「配合計画」プラットフォームを使って、3種類の化学物質の配合計画を作成します。自動車のシートカバーに使われるビニールは、79.5%が3種類の軟化剤(軟化剤1・軟化剤2・軟化剤3)でできています(Cornell 1990)。この79.5%の中で、各軟化剤にはそれぞれ $0.409 \leq x_1 \leq 0.849$, $0 \leq x_2 \leq 0.252$, $0.151 \leq x_3 \leq 0.274$ という制約があります。Cornell (1990)では、実験回数14回の実験計画で収集した応答に対して2次配合モデルをあてはめています。その計画は3次の端点計画で、4つの端点(頂点)と全体の重心で実験を反復しています。

計画の作成

Cornellの配合計画を作成するには、次の手順に従います。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Plastifactors.jmp」を開きます。
2. [実験計画(DOE)] > [古典的な計画] > [配合計画] を選択します。

3. 「配合計画」の赤い三角ボタンをクリックし、メニューから「因子のロード」を選択します。

図14.19 軟化剤の実験に使用する因子と制約

因子

追加 1 配合

選択項目の削除

名前	役割	値		単位
▲軟化剤1	配合	0.409	0.849	
▲軟化剤2	配合	0	0.252	
▲軟化剤3	配合	0.151	0.274	

4. 「続行」をクリックします。
5. 「次数」テキストボックスに「3」と入力します。
6. 「端点計画」をクリックします。
7. 「テーブルの作成」をクリックします。すると、実験数9のJMPテーブルが作成されます。

図14.20 端点計画

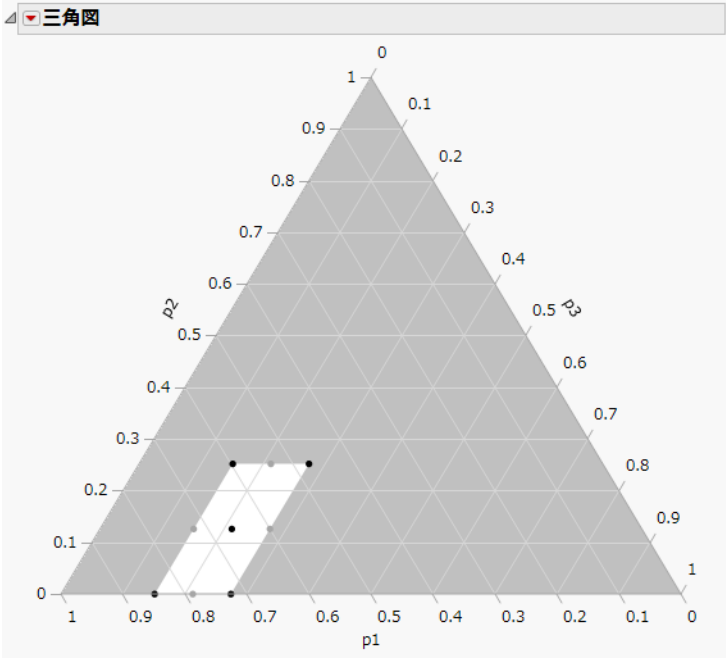
	軟化剤1	軟化剤2	軟化剤3	Y
1	0.597	0.252	0.151	•
2	0.726	0	0.274	•
3	0.6615	0.126	0.2125	•
4	0.6	0.126	0.274	•
5	0.7875	0	0.2125	•
6	0.849	0	0.151	•
7	0.5355	0.252	0.2125	•
8	0.474	0.252	0.274	•
9	0.723	0.126	0.151	•

メモ: 計画の生成には乱数シード値が使用されるため、作成されたテーブルはこの例のものとは異なる場合があります。

次に、頂点と全体の重心をコピーして5回の実験を追加し、実験回数14回の計画を生成します。

8. 頂点と重心を特定するには、三角図を使用します。計画のデータテーブルで、[グラフ] > [三角図] を選択します。
9. 「軟化剤1」・「軟化剤2」・「軟化剤3」を選択し、[X、プロット] をクリックし、[OK] をクリックします。

図14.21 計画の三角図



10. 頂点と重心の点をクリックして選択します。

図14.22 頂点と重心の特定

	軟化剤1	軟化剤2	軟化剤3	Y
1	0.597	0.252	0.151	•
2	0.726	0	0.274	•
3	0.6615	0.126	0.2125	•
4	0.6	0.126	0.274	•
5	0.7875	0	0.2125	•
6	0.849	0	0.151	•
7	0.5355	0.252	0.2125	•
8	0.474	0.252	0.274	•
9	0.723	0.126	0.151	•

11. 選択されている行をクリップボードにコピーするため、[編集] > [コピー] を選択します。

12. コピーした行をテーブルに追加するには、10 行の最初のセル内を右クリックし、[編集] > [貼り付け] を選択します。

メモ: 「カスタム計画」プラットフォームで、2 次モデル、2 つの中心点、反復数 4 回の計画、実験回数 14 回を指定すれば、同じような計画を作成できます。

予測プロファイル

レポートには予測プロファイルが含まれています。

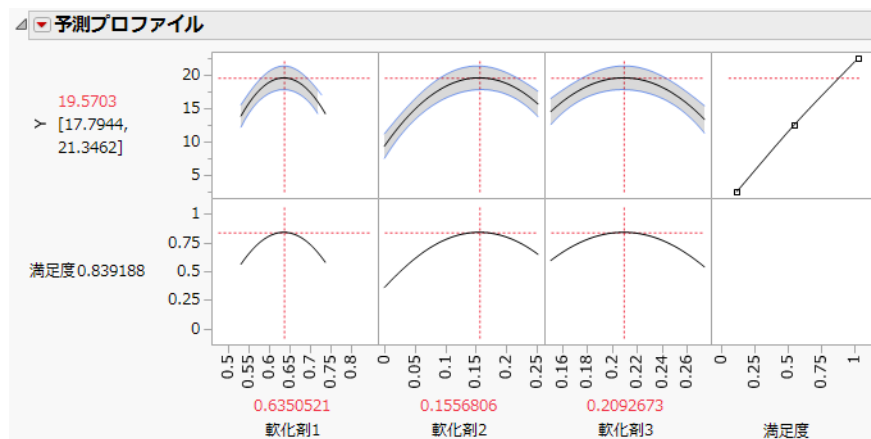
1. 予測プロファイルでは、予測トレースにおける曲線の形状によって、交互作用効果の状態がわかります。予測プロファイルにおいて1成分の値を変更する（赤い線をドラッグする）と、他の2成分の値は、配合制約（成分の比率の合計は100%である）を保ちながら、一定の比となるように変更されます。

メモ: 予測プロファイルのX軸は、因子（軟化剤1・軟化剤2・軟化剤3）の定義された下限から上限までを範囲としています。成分の効果を調べる際、2つ目の成分が限界値に到達した場合は、範囲内に収まっている3つ目の因子の値だけが変化し、配合制約を保ちます。

2. 予測プロファイルの曲線を、制約内だけで描くには、[限界でのプロファイルの処理] > [限界で停止] を選択します。
3. 配合成分の最適化を行うには、まず「予測プロファイル」の赤い三角ボタンをクリックして、[最適化と満足度] > [満足度関数] を選択します。
4. そして、Y が最大値となるような最適な因子設定を求めるには、「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。

満足度を最大化した後の予測プロファイルを見ると、「軟化剤1」が0.6350、「軟化剤2」が0.1557、「軟化剤3」が0.2093で、それに対する応答の予測値は19.5703になっています。

図14.24 配合計画の予測プロファイルで満足度を最大化したところ



配合プロファイル

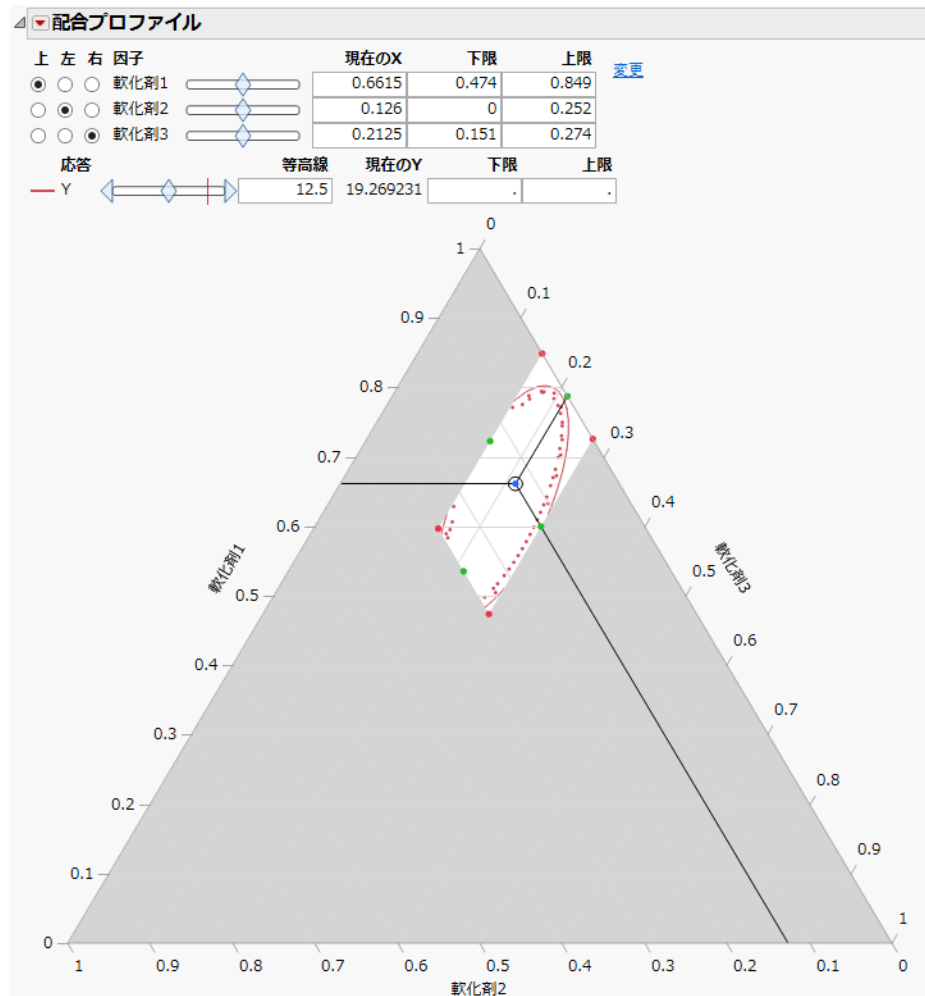
「モデルのあてはめ」レポートには、配合実験の応答曲面を描いた「配合プロファイル」という機能もあり、これによっても配合実験の応答曲面を最適化できます。配合プロファイルは、等高線プロファイルとよく似ていますが、次のような特徴があります。

- 直交座標のプロットではなく三角図を使用しているので、3つの配合成分を同時に確認することができます。

- 因子が4つ以上ある場合は、プロットに表示する因子をラジオボタンで指定します。
- 因子に制約がある場合は、「下限」列と「上限」列に限界の値を入力することができます。すると、プロファイル内の、条件に合わない領域に影がつきます。

軟化剤データの配合プロファイルを表示するには、「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] > [配合プロファイル] を選択します。

図14.25 軟化剤データの配合プロファイル



「配合計画」の統計的詳細

この節では、配合計画の統計手法について詳しく解説します。

- 「端点計画法の統計的詳細」
- 「Space Filling 計画における FFF 最適化基準の統計的詳細」

端点計画法の統計的詳細

端点計画に線形制約がある場合、JMP では、R.E.Wheeler によって考案された CONSIM アルゴリズムを使って計算が行われます。CONSIM アルゴリズムは、Snee (1979) によって提唱されたもので、Piepel (1988) は CONVRT と呼んでいます。Cornell (1990, Appendix 10a) も論じているこの計算方法は、複数の制約を組み合わせ、端点がそれに反しているかどうかを調べます。制約に反している端点は採用されず、新しい端点が計算されます。重心点を計算する CONAEV という方法は、Piepel (1988) が発案したものです。

範囲制約だけを指定し、線形制約を指定しない場合、端点計画は、Snee and Marquardt (1974) および Snee (1975) が開発した XVERT 手法を使って作成されます。端点を見つけた後、単体重心法によって指定の次数までの端点の組み合わせが生成されます。

XVERT 手法は、まず、範囲が狭いほうから $nf-1$ 個までの因子の下限と上限を使い、実験数 2^{nf-1} の完全実施計画を作成します。次に、因子の合計が1であるという制限に基づいて残りの1因子の値を計算します。因子範囲の外にある点が維持されます。値が範囲外であれば、その値を範囲の中に納まるように増加または減少させ、他の各因子を同じ大きさだけ減少または増加させます。この手法は、当初の制約を満たしている点をすべて維持します。

このアルゴリズムによって、因子の制約によって定義された単体の中で、実行可能な領域を構成する各端点を形成します。Snee (1975) は、実行可能な領域の頂点と面の重心も含めることが役立つことを示しました。 n 次元の実行可能な領域の面は、 $nf-n$ 個の境界によって定義され、面の重心はその面を構成する端点の平均値として定義されます。このアルゴリズムは考えられるすべての境界条件を生成し、そこで生成された端点全体の平均を生成することになります。

Space Filling 計画における FFF 最適化基準の統計的詳細

高速柔軟充填 (FFF; Fast Flexible Filling) 計画のアルゴリズムは、まず指定の計画領域内に多数のランダムな点を生成します。そして、これらの点に対して、線形制約や、許可しない因子の組み合わせといった制約を課します。次に、この多数の点を、高速 Ward 法によるクラスター分析によって、指定された実験回数を個数としたクラスターにまとめます。

最後に、デフォルトの [MaxPro] (最大射影法; *maximum projection*) またはオプションの [重心法] を最適化基準として、最終的な計画点を求めます。これらのオプションは、レポートの赤い三角ボタンのメニューにある [FFF 最適化基準] サブメニューに含まれています。

MaxPro 因子数を p 、指定の実験回数を n とした場合、[MaxPro] は、次の基準を最小にする点を各クラスターから1つ取り出します。

$$C_{MaxPro} = \sum_i^{n-1} \sum_{j=i+1}^n \left[1 / \prod_{k=1}^p (x_{ik} - x_{jk})^2 \right]$$

MaxPro 基準では、すべての因子を考慮して、点間の距離の積を最大にしようとしています。この基準を最適化すると、因子の射影に関して、空間充填の良い性質をもつようになります。Joseph et al. (2015) を参照してください。[MaxPro] オプションはデフォルトで選択されています。

重心 この手法は、各クラスターの重心に計画点を置きます。計画空間内における任意の点から、最近隣の実験点までの平均距離が他の計画より小さくなる特性を持ちます。

メモ: 常に使用する最適化基準が決まっている場合は、環境設定で固定しておくことができます。それには、[ファイル] > [環境設定] > [プラットフォーム] > [実験計画(DOE)] を選択します。そして、[FFF最適化基準] を選択し、該当するオプションを選択します。

第15章

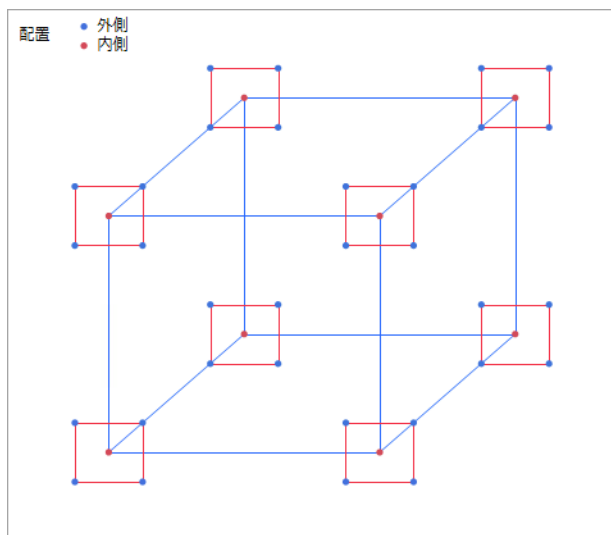
タグチ計画

誤差因子のある計画

タグチ計画は、ノイズ（誤差）がある因子を含む計画を、交差配列によって作成します。タグチ計画は、制御因子によって構成される内側配置と、誤差因子によって構成される外側配置で構成されます。この2つの配置の交差積が全体の計画を作ります。

なお、誤差因子（製造過程や工程においては制御が困難である因子、または制御に費用がかかる因子）は、実験の際には制御しなければなりません。タグチ計画に代えて使用できる計画には、組み合わせ配列や混合レゾリューション計画（Borror and Montgomery, 2000）が挙げられます。「カスタム計画」プラットフォームを使って誤差因子を含む計画を作成する例は、「[ロバストな工程と製品設計を実現するための実験](#)」にあります。

図15.1 制御因子3つ、誤差因子2つのタグチ計画



目次

タグチ計画の概要 431

タグチ計画の例 431

タグチ計画の作成 436

 応答 436

 因子 436

 内側配置計画と外側配置計画を選択 437

 コード化された計画の表示 437

 計画のデータテーブルの作成 438

タグチ計画のオプション 439

タグチ計画の概要

タグチ計画では、因子を制御因子と誤差因子という2種類に分けて考えます。

- 制御因子に対しては**内側配置**計画が作成されます。
- 誤差因子に対しては**外側配置**計画が作成されます。

全体の実験は、外側配置の実験と内側配置の実験のすべての組み合わせです。実験においては、誤差因子も制御する必要があります。内側配置の設定ごとに、誤差因子のすべての設定における平均と標準偏差を求め、またSN比（signal-to-noise ratio）を求めます。[表15.1](#)は、SN比の一覧です。

表15.1 推奨されるSN比

目標	SN比の式
目標値に合わせる場合（望目特性の場合）	$\frac{S}{N} = 10\log\left(\frac{\bar{Y}^2}{s^2}\right)$
大きい方がよい場合（望大特性の場合）	$\frac{S}{N} = -10\log\left(\frac{1}{n}\sum_i \frac{1}{Y_i^2}\right)$
小さい方がよい場合（望小特性の場合）	$\frac{S}{N} = -10\log\left(\frac{1}{n}\sum_i Y_i^2\right)$

タグチ計画の例

ここでは、タグチ計画を使って、3つの誤差因子がある状態で4つの制御因子を評価する例を紹介します。この例は、Byrne and Taguchi（[1986](#)）が論述した実験です。この実験の目的は、ナイロンチューブの粘着力（引っ張り強度）を最大化するような制御因子の最適な設定を見つけることです。

計画には4つの制御因子があります。

結合部長さ チューブとコネクタの締めしろ（結合部分の長さ）。3水準の制御因子。

高さ コネクタのブラケットの高さ。3水準の制御因子。

奥行き チューブをコネクタに差し込む奥行き。3水準の制御因子。

粘着率 粘着率。3水準の制御因子。

誤差因子は、次の3つです。

時間 固定するまでの待ち時間。2水準の誤差因子。

温度 温度。2水準の誤差因子。

湿度 相対湿度。2水準の誤差因子。

計画の作成

1. [実験計画(DOE)] > [古典的な計画] > [タグチ配列] を選択します。
2. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダにある「Byrne Taguchi Factors.jmp」を開きます。
3. 「タグチ配列」ウィンドウで、「タグチ計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[因子のロード] を選択します。
すると、「因子」パネルに3水準の制御因子4つと誤差因子3つが表示されます。

メモ: 応答に対して選択した「目標」により、計画データテーブルに追加されるSN比の式が決まります。

4. 内側配置に [L9-Taguchi] が選択されていることを確認します。
5. 外側配置計画に [L8] を選択します。

図15.2 設定後の「タグチ計画」ウィンドウ

タグチ計画

応答

応答名	目標	下側限界	上側限界	重要度
Y	大きい方がよい	.	.	.

因子

名前	役割	値			単位
結合部長さ	制御	1	2	3	
高さ	制御	1	2	3	
奥行き	制御	1	2	3	
粘着率	制御	1	2	3	
時間	誤差	L1	L2		

7 因子

内側配置計画と外側配置計画を選択

内側配置		外側配置
実験の		計画名
9	L9 - Taguchi	L4
27	L27 - Taguchi	L8
81	完全実施要因計画	

続行
戻る

6. [続行] をクリックします。
7. [テーブルの作成] をクリックすると、図15.3のような計画テーブルが表示されます。

内側配置は、3水準の制御因子4つに対し、実験回数が9です。制御因子の設定は、テーブルの最初の4列に表示されています。

外側配置計画は、2水準の誤差因子3つの完全実施要因計画です。その外側配置計画は、データテーブルの8列を占めています。列名は、外側配置の実験パターンを示します。たとえば、「---」という列は、すべての誤差因子が低水準に設定されたときの結果を入力する列です。誤差因子の8つの組み合わせのそれぞれで9回の実験が行われるため、合計72の実験が行われます。

図15.3 データを入力する前のタグチ計画

	結合部長さ	高さ	奥行き	粘着率	パターン	---	---+	+-	++	+++	+++	+++	+++	平均	SN比
1	1	1	1	1	----	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
2	1	2	2	2	-000	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
3	1	3	3	3	-+++	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
4	2	1	2	3	0-0+	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
5	2	2	3	1	00+-	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
6	2	3	1	2	0+-0	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
7	3	1	3	2	++0	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
8	3	2	1	3	+0-+	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
9	3	3	2	1	++0-	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*

計画テーブルには、72回の実験の結果を入力できます。

8. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダにある「Byrne Taguchi Data.jmp」を開きます。

図15.4 タグチ計画による実験データのテーブル (Byrne Taguchi Data.jmp)

	結合部長さ	高さ	奥行き	粘着率	パターン	Y---	Y--+	Y+-	Y++	Y++	Y++	Y++	Y++	平均 Y	SN比 Y
1	1	1	1	1	----	15.6	9.5	16.9	19.9	19.6	19.6	20	19.1	17.525	24.02534
2	1	2	2	2	-000	15	16.2	19.4	19.6	19.7	19.8	24.2	21.9	19.475	25.52164
3	1	3	3	3	-+++	16.3	16.7	19.1	15.6	22.6	18.2	23.3	20.4	19.025	25.33476
4	2	1	2	3	0-0+	18.3	17.4	18.9	18.6	21	18.9	23.2	24.7	20.125	25.90425
5	2	2	3	1	00+-	19.7	18.6	19.4	25.1	25.6	21.4	27.5	25.3	22.825	26.90753
6	2	3	1	2	0+-0	16.2	16.3	20	19.8	14.7	19.6	22.5	24.7	19.225	25.32574
7	3	1	3	2	++0	16.4	19.1	18.4	23.6	16.8	18.6	24.3	21.6	19.85	25.71081
8	3	2	1	3	+0-+	14.2	15.6	15.1	16.8	17.8	19.6	23.2	24.4	18.33...	24.83231
9	3	3	2	1	++0-	16.1	19.9	19.3	17.3	23.1	22.7	22.6	28.6	21.2	26.15198

「SN比 Y」列は、応答が大きい法が良い場合（望大特性の場合）のSN比です。この望大特性のSN比は、応答値の逆数から平均平方を求め、その常用対数に -10を掛けたものです。

$$-10\log_{10} \left[\text{平均} \left[\frac{1}{(Y_{--})^2}, \frac{1}{(Y_{--})^2}, \frac{1}{(Y_{--})^2}, \frac{1}{(Y_{--})^2}, \frac{1}{(Y_{--})^2}, \right. \right. \\ \left. \left. \frac{1}{(Y_{+-})^2}, \frac{1}{(Y_{+-})^2}, \frac{1}{(Y_{++})^2} \right] \right]$$

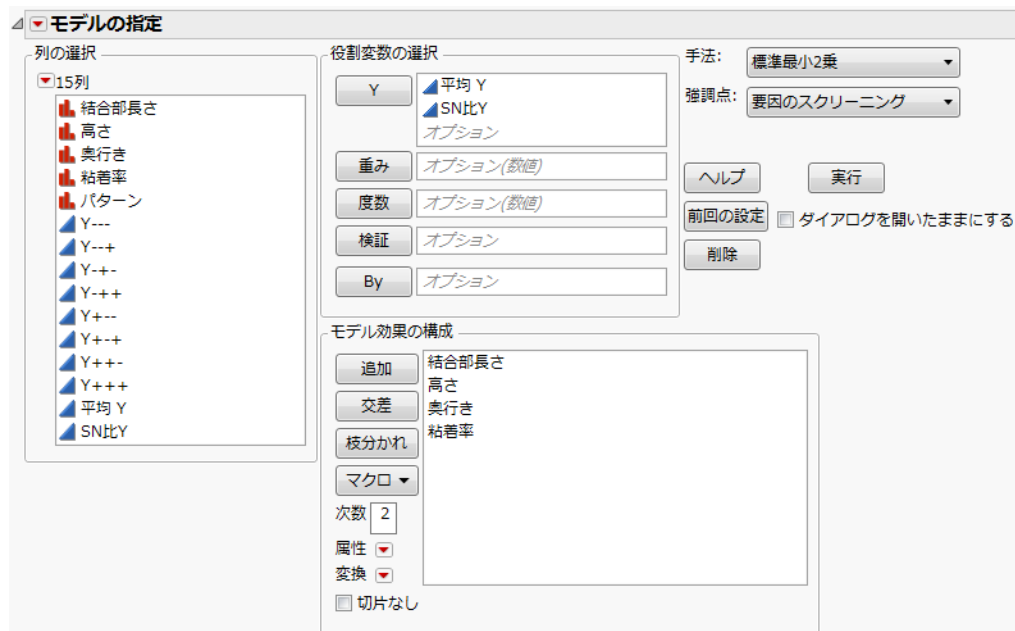
個々の Y の応答値がどれも大きいとき、この望大特性のSN比は大きくなります。つまり、この望大特性のSN比から、誤差因子のすべての設定において応答値が安定して大きくなるような制御因子の設定を見つけることができます。

データの分析

次に、データの分析を行います。分析の目標は、平均とSN比の両方を最大化する因子設定を見つけることです。

1. 「Byrne Taguchi Data.jmp」 データテーブルで、「モデル」 スクリプトの緑の三角ボタンをクリックして、スクリプトを実行します。

図15.5 「Byrne Taguchi Data.jmp」 の「モデルのあてはめ」 起動ウィンドウ

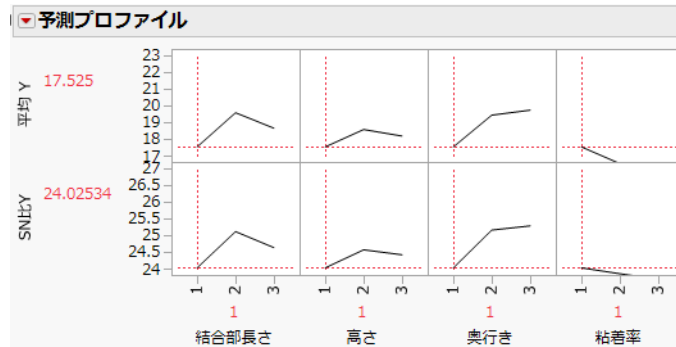


スクリプトが「モデルのあてはめ」ウィンドウを開きます。設定されたモデルには、主効果として4つの制御因子が含まれており、また応答変数として平均(「平均 Y」)とSN比(「SN比 Y」)が指定されています。

2. 「実行」をクリックします。

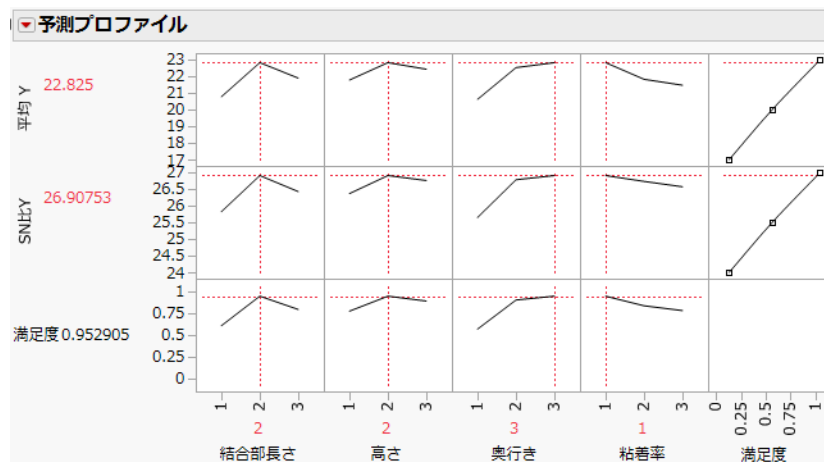
レポートの下部にある「予測プロファイル」では、この実験でSN比が最も高くなる設定をすばやく見つけることができます。

図15.6 予測プロファイル



- 「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。
満足度関数のトレースを描いた行と、満足度関数を設定する列が、プロファイルに追加されます(図15.7)。この例では、デフォルトで満足度関数は「望大特性」となっています。このデフォルトの設定をそのまま使います。予測プロファイルの満足度関数の詳細については、『プロファイル機能』を参照してください。
- 「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15.7 「Byrne-Taguchi データ」の最適因子設定



この例での最適な設定は、「結合部長さ」と「高さ」が2、「奥行き」が3、「粘着率」が1です。このように設定すると、平均の予測値は22.8、SN比は26.9になります。

タグチ計画の作成

タグチ計画を作成するには、[実験計画(DOE)] > [古典的な計画] > [タグチ配列] を選択します。「タグチ計画」は、計画の手順を踏むごとに内容が更新されます。

- ・ 「応答」
- ・ 「因子」
- ・ 「内側配置計画と外側配置計画を選択」
- ・ 「コード化された計画の表示」
- ・ 「計画のデータテーブルの作成」

応答

「応答」セクションでは、タグチ計画の応答を指定します。

図15.8 応答

応答				
応答名	目標	下側限界	上側限界	重要度
Y	大きい方がよい	.	.	.

「応答」セクションには、以下の列があります。

応答名 応答の名前（デフォルトは「Y」）。名前を変更するには、ダブルクリックして新しい名前を入力します。

目標・下側限界・上側限界 「目標」によって、SN比（表15.1）の望ましい形が決まります。[大きい方がよい]（望大特性）・[目標値に合わせる]（望目特性）・[小さい方がよい]（望小特性）・[なし] のいずれかを選択します。計画を作成すると、選択した目標に従って、SN比の計算式がデータテーブルに保存されます。目標を変更するには、ダブルクリックして新しい目標を入力します。応答に限界がある場合は、上限と下限を指定します。

重要度 応答が複数ある場合は、指定した重要度の値を使って全体の満足度関数が計算されます。重要度は、応答の重みとして扱われます。タグチ配列では応答が1つしかないため、「重要度」の値はデフォルトで1に設定されます。「重要度」の値を設定する必要はありません。

因子

「因子」セクションでは、タグチ計画の因子を指定します。

制御 2水準または3水準の制御因子を複数指定します。制御因子とは、システムを制御する入力のこと、製造過程や工程において制御が可能な因子のことです。

誤差 誤差因子を1つまたは複数指定します。誤差因子は、製造過程や工程において制御が困難な変数や制御に費用がかかる変数を表します。しかし、実験においては制御が可能でなければなりません。[誤差]をクリックして誤差因子を追加します。

削除 選択されている因子が削除されます。

名前 因子の名前。追加した因子には、デフォルトで「**X1**」、「**X2**」... という名前がつきます。名前を変更するには、ダブルクリックして新しい名前を入力します。

役割 因子の役割（制御または誤差）を示します。これは、因子の追加時に設定されます。

値 実験における因子の設定。値を挿入するには、デフォルトの値をクリックし、任意の値を入力します。

図15.9 因子

因子			
制御 ▼ 誤差 削除			
名前	役割	値	
 X1	制御	1	2
 X2	制御	1	2

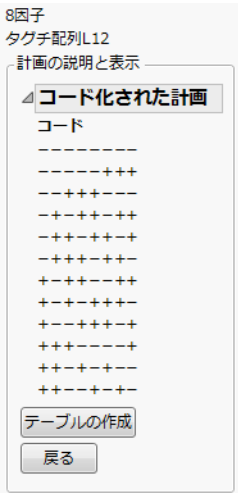
内側配置計画と外側配置計画を選択

「因子の指定」パネルで[続行]をクリックすると、「内側配置計画と外側配置計画を選択」のオプションが表示されます。指定した制御因子に合わせ、内側配置計画の選択肢として1つまたは複数の直交計画が表示されます。計画として一覧に表示されるL型直交計画は、計画に含まれる因子の数や種類に左右されます。

コード化された計画の表示

内側配置計画と外側配置計画の種類としてタグチ計画を選択した後、内側配置に2水準の因子がある場合は「コード化された計画」が表示されます。

図15.10 8因子のL12計画



「コード化された計画」は、各実験において因子がどの水準を取っているかをパターンで表します。

計画のデータテーブルの作成

[テーブルの作成] をクリックすると、図15.11のようなタグチ計画のデータテーブルが表示されます。データテーブルでは、各行が内側配置の1回の実験を表しています。変数「パターン」の値で、プラス (+) 記号は高水準、マイナス (-) 記号は低水準を示します。データテーブルには、各因子の列や「パターン」列があります。「パターン」列の右側にある列に、実験結果を入力します。なお、「タグチ計画」の赤い三角ボタンのメニューから [応答のシミュレート] を選択した場合、これらの列に乱数が代入されます。

図15.11 8因子のL12計画のタグチ計画

	X1	X2	X3	X4	X5	X6	X7	X8	パターン	run 1	run 2	平均	SN比
1	1	1	1	1	1	1	1	1	-----	•	•	•	•
2	1	1	1	1	1	2	2	2	-----++	•	•	•	•
3	1	1	2	2	2	1	1	1	-----++	•	•	•	•
4	1	2	1	2	2	1	2	2	-----++	•	•	•	•
5	1	2	2	1	2	2	1	2	-----++	•	•	•	•
6	1	2	2	2	1	2	2	1	-----++	•	•	•	•
7	2	1	2	2	1	1	2	2	-----++	•	•	•	•
8	2	1	2	1	2	2	2	1	-----++	•	•	•	•
9	2	1	1	2	2	2	1	2	-----++	•	•	•	•
10	2	2	2	1	1	1	1	2	-----++	•	•	•	•
11	2	2	1	2	1	2	1	1	-----++	•	•	•	•
12	2	2	1	1	2	1	2	1	-----++	•	•	•	•

タグチ計画のオプション

「タグチ計画」の赤い三角ボタンのメニューには、計画を設定・生成するためのオプションが含まれています。

応答の保存 「応答」パネルの情報を、新しいデータテーブルに保存します。これで保存した情報は、ほとんどの「実験計画(DOE)」ウィンドウで簡単に読み込むことができます。応答の情報を後で再利用したい場合に便利です。

応答のロード データテーブルから応答をロードします。[応答の保存] オプションを使って応答のデータテーブルを生成します。

因子の保存 「因子」パネルの情報を、新しいデータテーブルに保存します。各因子の列には、その因子の水準が表示されます。その他の情報は、列プロパティとして保存されます。これで保存した情報は、ほとんどの「実験計画(DOE)」ウィンドウで簡単に読み込むことができます。因子の情報を後で再利用したい場合に便利です。

メモ: 空のデータテーブルにデータを直接入力して因子のデータテーブルを作成することもできますが、その場合も、すべての列に適切な役割を割り当てる必要があります。役割を割り当てるには、データグリッド内で列名を右クリックし、[列プロパティ] > [因子の役割] を選択します。そして、「因子の役割」セクションで、適切な役割を選択してください。

因子のロード データテーブルから因子をロードします。[因子の保存] オプションを使って因子のデータテーブルを生成します。計画の種類に合わない因子をロードしようとすると、警告が表示されます。

制約の保存 (一部の計画では使用できません。)
「因子の制約を定義」または「線形制約」で定義した因子の制約を、データテーブルの列として保存します。これで保存した情報は、ほとんどの「実験計画(DOE)」ウィンドウで簡単に読み込むことができます。制約の情報を後で再利用したい場合に便利です。

制約のデータテーブルにおける冒頭の数行には、各因子に対する係数が含まれます。最後の行は、不等式の右辺値を含みます。各制約の列には、「以下」と「以上」のどちらの制約であるかを示す「制約状態」という列プロパティが含まれます。「**制約状態**」列プロパティを参照してください。

制約のロード (一部の計画では使用できません。)
データテーブルから因子の制約をロードします。[制約の保存] オプションを使って制約のテーブルを生成します。

乱数シード値の設定 このオプションに指定した整数が、乱数を用いる処理の乱数シード値として使われます。次のような処理で、乱数は使われます。

- 計画作成の検索アルゴリズムにおける初期化
- データテーブル作成時における実験順序のランダム化
- 最適計画を探索するときの初期計画(開始点)の選択

計画を再現するには、その計画の生成に使われた乱数シード値を入力し、[計画の作成] をクリックします。

計画の作成に使われた乱数シード値は、計画のデータテーブルに保存される「DOE ダイアログ」スクリプトにも含まれます。

応答のシミュレート 計画のデータテーブルに、乱数で生成された応答値を含む列、および、応答値を乱数で生成するための計算式を含む列が追加されます。このオプションは、[テーブルの作成] をクリックする前に選択してください。

[テーブルの作成] をクリックすると、次の処理が実行されます。

- 乱数シミュレーションで生成されたデータ値が、応答変数の列に代入されます。
- 応答値を乱数シミュレーションで生成するための計算式を含む列が、新しい列として追加されます。このデータ値やこの計算式は、計画のウィンドウで指定したモデルに基づいています。
- 「モデル」ウィンドウが表示されます。このウィンドウで、モデルの効果の係数を設定するとともに、[正規]・[二項]・[Poisson] のいずれかの分布を指定できます。

メモ: 計画の種類によっては、使用できない確率分布もあります。

- 「シミュレーション」という名前のスクリプトが、計画のデータテーブルに保存されます。このスクリプトを実行すると、「モデル」ウィンドウが再び開き、シミュレーション値を再度計算したり、応答変数の確率分布を変更したりできます。

「モデル」ウィンドウでは、乱数シミュレーションで用いる応答変数の確率分布を選択してください。このウィンドウで [適用] ボタンをクリックすると、「<Y>のシミュレーション」という名前の列が更新されます。ここで、「<Y>」は応答列の名前です。[適用] を再びクリックすると、この「<Y>のシミュレーション」の値が更新されます。

詳細については、「[応答のシミュレート](#)」を参照してください。

メモ:  「応答のシミュレート」オプションを使うと、JMP Proのシミュレーションの機能を使って、乱数シミュレーションを実行できます。実験計画に関する乱数シミュレーションの詳細は、『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。

第 16 章

計画の評価

計画の性質を検討する

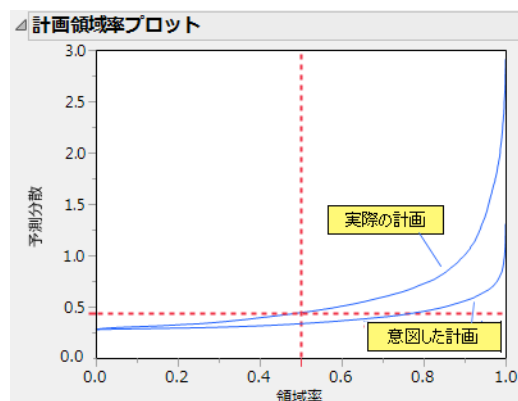
「計画の評価」プラットフォームでは、次のようなことができます。

- 既存の実験計画の長所と短所を確認する
- 現在の計画によって、応答に影響を与えている効果をきちんと検出できるかどうかを調べる
- 予測分散や推定精度を求める
- 交絡関係について調べる
- 効率の指標を求める

「計画の評価」プラットフォームが生成する結果は、いくつかの「実験計画(DOE)」プラットフォームで「計画の評価」セクションに表示されるものと同じです。「計画の評価」プラットフォームと「計画の評価」セクションに表示される診断統計量には、次のようなものがあります。

- 検出力分析
- 予測分散プロファイルと曲面プロット
- 計画領域率プロット（モデルの予測分散が特定の値よりも小さくなっている領域は、全体に対してどれぐらの割合であるかを示すグラフ）
- パラメータ推定値の推定効率を示す指標
- 交絡行列（alias matrix; モデル効果のバイアス構造を示す行列）
- 効果間の絶対相関を示すカラーマップ
- 計画の効率を示す指標

図16.1 2つの計画領域率プロットの比較



目次

「計画の評価」プラットフォームの概要	443
「計画の評価」プラットフォームの例	444
一部の実験結果を除外したときの影響を評価する例	444
特定のモデルにおける検出力を評価する例	451
「計画の評価」起動ウィンドウ	453
「計画の評価」ウィンドウ	453
因子	455
モデル	455
交絡項	456
計画	456
計画の評価	457
検出力分析	457
予測分散プロファイル	463
計画領域率プロット	464
予測分散曲面	465
推定効率	467
交絡行列	469
相関のカラーマップ	470
計画の診断統計量	471
「計画の評価」のオプション	473

「計画の評価」プラットフォームの概要

「計画の評価」プラットフォームは、計画の性質を評価します。評価対象となる計画は、JMPで作成したものでなくても構いません。実験を行う前に、いくつかの候補から適した計画を選ぶのに、このプラットフォームが役立ちます。すでに実施した計画において何らかの設定の不備や実験の未実施があった場合、それらがどのように影響しているかも評価できます。仮定しているモデルを変更して、その変更がパラメータ推定値にどう影響するかも確認できます。また、「交絡項」セクションで項を指定し、交絡行列 (alias matrix) を求めることもできます。

「計画の評価」プラットフォームでは、まず、起動ウィンドウで計画の情報を入力します。次に、仮定するモデルを指定します。このとき、モデルには含めないものの潜在的には興味がある効果も指定できます。これらの指定に基づいて、「計画の評価」プラットフォームはさまざまな方法で計画を評価します。

検出力分析 指定された大きさをもつ効果を検出できるかどうかを調べます。

予測分散プロファイル 計画の領域内における予測分散を描いたグラフです。

計画領域率プロット モデルの予測分散が特定の値よりも小さくなっている領域は、全体に対してどれぐらいの割合であるかを描いたグラフです。

予測分散曲面 任意の2つの連続変数に対して、予測分散を曲面で表したグラフです。

推定効率 パラメータごとに、現在の計画で与えられる信頼区間の幅を、理想的な直交計画で与えられる信頼区間の幅と比較したときの増加率を示します。また、パラメータの相対標準誤差も計算されます。

交絡行列 モデルパラメータが、実際には影響があるのにモデルに含まれていない効果によってどれだけのバイアス（偏り）を受けているかを示す指標。

関連のカラーマップ 効果間における相関係数の絶対値を、色でプロットしたグラフです。

メモ: デフォルトの色はグレースケールです。色のスケールを変更するには、[関連のカラーマップ] の赤い三角ボタンをクリックし、[「青->赤」のカラーテーマを使用] を選択します。色のスケールをカスタマイズするには、プロットの中を右クリックし、[カラーテーマ] を選択します。

計画の診断統計量 計画の効率を示す指標です。

メモ: いくつかの「実験計画(DOE)」プラットフォームでは、計画を作成すると「計画の評価」セクションが表示されます。このセクションに表示される結果は、「計画の評価」プラットフォームで求められるものと同じです。「計画の評価」セクションを表示するプラットフォームは、「カスタム計画」・「決定的スクリーニング計画」・「スクリーニング計画」・「応答曲面計画」、そして種類を[最適計画]に設定したときの「配合計画」です。

「計画の評価」プラットフォームの例

この節では、「計画の評価」プラットフォームの使用例を紹介します。

- 「一部の実験結果を除外したときの影響を評価する例」
- 「特定のモデルにおける検出力を評価する例」

一部の実験結果を除外したときの影響を評価する例

「計画の評価」プラットフォームを使って、一部の実験結果を除外したときの影響を評価します。意図していた実験回数15の計画と、実際に行った実験回数13の計画の両方に対し、診断統計量を求めます。

テニスボールの反発係数に関する実験が行われ、3つの因子（シリカ・硫黄・シラン）の効果が調べられました。実験の目的は、「反発係数」を予測するモデルを作成することです。「応答曲面計画」プラットフォームを使い、実験回数15のBox-Behnken計画を選択しました。研究者は、実験終了後、「シリカ」= 0.7と「シラン」= 50を用いた2つの実験において、これらが正しく処理されていなかったことに気が付きました。これらの実験をデータの分析に含めることはできません。

意図した計画と実際の計画の作成

以下の手順で、意図していた実験回数15の計画を生成します。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Bounce Data.jmp」を開きます。
2. [実験計画(DOE)] > [計画の診断] > [計画の評価] を選択します。
3. 「シリカ」・「硫黄」・「シラン」を選択し、[X, 説明変数] をクリックします。
必要に応じて「反発係数」を [Y, 応答変数] として追加します。ただし、応答を指定してもしなくても、計画の評価結果は同じです。
4. [OK] をクリックします。

意図した計画用の「計画の評価」ウィンドウを開いたままにします。

ヒント: 意図した計画用の「計画の評価」ウィンドウを画面の左側に置きます。次の手順が終わったら、実際の計画用のウィンドウを右側に置きます。

以下の手順で、実験回数15のうち、「シリカ」の値が0.7、「シラン」の値が50である2つの実験を除外します。データテーブルでは、行3と行7に当たります。

1. 「Bounce Data.jmp」で、行3と行7を選択し、強調表示部分を右クリックして [非表示かつ除外] を選択します。
2. [実験計画(DOE)] > [計画の診断] > [計画の評価] を選択します。
3. [前回の設定] をクリックします。

4. **[OK]** をクリックします。

この「計画の評価」ウィンドウは開いたままにして、次節で述べる手順を行ってください。

ヒント: 実際の計画に対する「計画の評価」ウィンドウを、意図した計画に対する「計画の評価」ウィンドウの右側に並べると、2つの計画が比べやすくなります。

意図した計画と実際の計画の比較

2つの計画を次のような方法で比較します。

- 「検出力分析」
- 「予測分散プロファイル」
- 「計画領域率プロット」
- 「推定効率」
- 「相関のカラーマップ」
- 「計画の診断統計量」

検出力分析

各ウィンドウで、次の手順を行います。

1. 「検出力分析」セクションを開きます。

「係数の予想値」が、すべてデフォルトの値である1になっています。「係数が1である」ことは、「その因子の最小値と最大値において、応答の平均値が2単位異なる」ことに相当します。ただし、そのように主効果を解釈できるには、交互作用項や2乗項が応答に影響していないことを前提とします。

また、デフォルトでは、誤差の標準偏差（「RMSEの予想値」）は1と仮定されています。ここでは、過去に行った調査から、RMSEはおおよそ2であることがわかっているものとします。

2. 「RMSEの予想値」に「2」と入力します。

テキストボックスの外側をクリックすると、検出力の値が更新されます。

ここでは、交互作用項や2乗項は応答に影響していないものとして、「因子を最小から最大に変更したときに応答平均が6単位だけ変化する差」差を検出できるかどうかを調べます。すべての因子に関してこの設定を適用するには、赤い三角ボタンのメニューを使用します。

3. [検出力分析] の赤い三角ボタンをクリックし、[検出力計算のデルタを設定] を選択します。
4. デルタの値として「6」を入力します。
5. **[OK]** をクリックします。

図 16.2 に両計画のセクションを示します。「計画と予測応答」セクションは閉じた状態にあります。

図16.2 意図した計画（左）と実際の計画（右）の「検出力分析」セクション

検出力分析			検出力分析		
有意水準	0.05		有意水準	0.05	
RMSEの予想値	2		RMSEの予想値	2	
項	係数の予想値	検出力	項	係数の予想値	検出力
切片	3	0.553	切片	3	0.432
シリカ	3	0.919	シリカ	3	0.533
硫黄	3	0.919	硫黄	3	0.533
シラン	3	0.919	シラン	3	0.798
シリカ*硫黄	3	0.672	シリカ*硫黄	3	0.231
シリカ*シラン	3	0.672	シリカ*シラン	3	0.533
硫黄*シラン	3	0.672	硫黄*シラン	3	0.533
シリカ*シリカ	3	0.639	シリカ*シリカ	3	0.379
硫黄*硫黄	3	0.639	硫黄*硫黄	3	0.379
シラン*シラン	3	0.639	シラン*シラン	3	0.379
係数の予想値に基づき変更			係数の予想値に基づき変更		
計画と予測応答			計画と予測応答		

実際の計画における検出力は、意図した計画のものより一様に小さくなっています。「シリカ」と「硫黄」の主効果に関しては、意図した計画における検出力は、実際の計画のおよそ2倍です。ちなみに、「シリカ」と「硫黄」の交互作用を見ると、検定の検出力は、実際の計画で0.231、意図した計画では0.672になっています。このように、実際の計画は意図した計画に比べて検出力が大幅に低下しています。

予測分散プロファイル

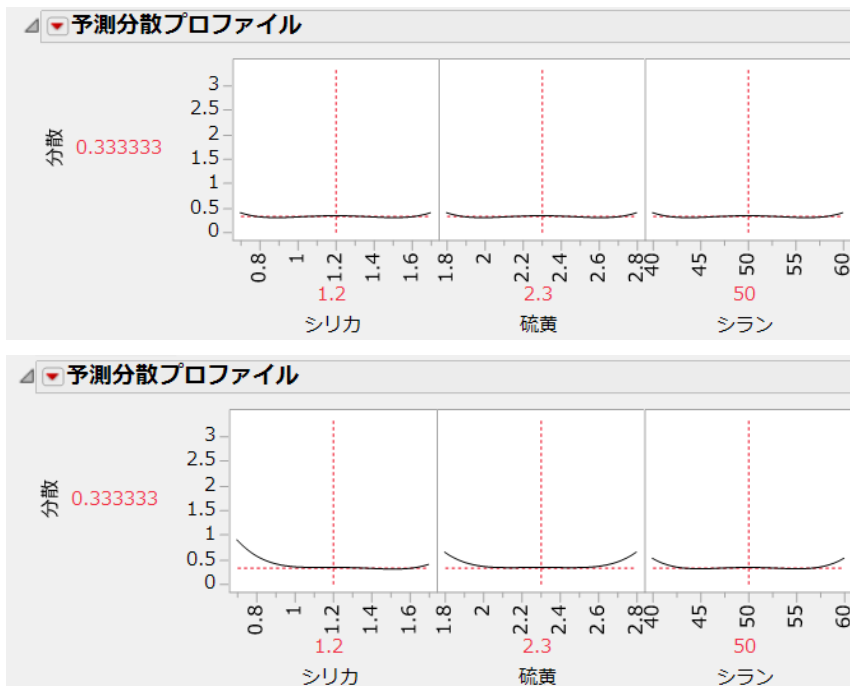
1. 各ウィンドウで、「予測分散プロファイル」セクションを開きます。
2. 実際の計画のウィンドウで、縦軸を右クリックし、メニューから【編集】>【軸の設定をコピー】を選択します。

この操作により軸の設定を含んだスクリプトがクリップボードに保持されます。次に、コピーした軸の設定を、意図した計画の「予測分散プロファイル」プロットに貼り付けます。

3. 意図した計画の「計画の評価」ウィンドウの「予測分散プロファイル」セクションに移ります。縦軸を右クリックし、メニューから【編集】>【軸の設定を貼り付け】を選択します。

プロットは図16.5のようになります。上が意図した計画、下が実際の計画です。

図16.3 意図した計画（上）と実際の計画（下）の予測分散プロファイル



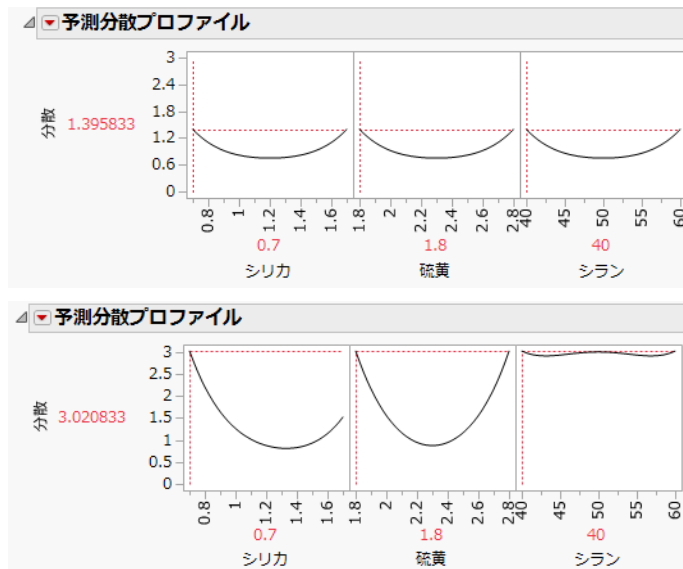
「予測分散プロファイル」プロットは、相対的な予測分散をプロットしたものです。計画領域のさまざまな位置における相対的な予測分散を調べることができます。

計画領域の中央を見ると、相対的な予測分散はどちらのプロットでも同じです。しかし、計画領域の端の方を見ると、分散は意図した計画より実際の計画の方が大きいようです。このことを確認するために、3本の縦線をすべて因子設定の端へ動かします。

4. 両方のウィンドウで「予測分散プロファイル」の赤い三角ボタンをクリックし、[予測分散の最大化]を選択します。

意図した計画と実際の計画で、相対的な予測分散を最大にしたときのプロファイルを図16.4に示します。

図16.4 意図した計画（上）と実際の計画（下）の予測分散を最大にしたプロファイル



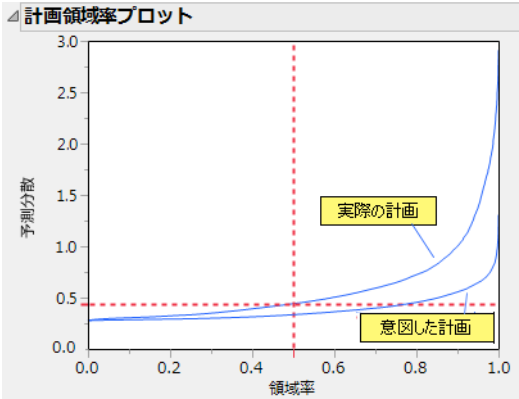
どちらの計画も、「シリカ」= 0.7、「硫黄」= 1.8、「シラン」= 40の計画点で予測分散が最大になっています。意図した計画では、予測分散の最大値は1.396でした。しかし実験の少ない実際の計画では、予測分散の最大値は3.021にもなります。予測分散が最大になる点は、他にもあることに注意してください。実際の計画の方が最大予測分散が大きいのは、計画領域の一部における予測の精度が、意図した通りに計画を実施した場合より低いことを意味します。

計画領域率プロット

1. 各ウィンドウで、「計画領域率プロット」セクションを開きます。
2. 意図した計画のウィンドウで、プロット内を右クリックし、[編集] > [フレーム内容のコピー] を選択します。
3. 実際の計画のウィンドウの「計画領域率プロット」セクションに移ります。
4. プロット内を右クリックし、[編集] > [フレーム内容の貼り付け] を選択します。

図16.5では、プロットに注釈を付与しています。計画領域率プロットは、計画領域全体のうちで、相対的な予測分散が特定の値を下回る領域の割合を示しています。

図16.5 計画領域率プロット



実際の計画の相対的な予測分散は、計画領域全体で、意図した計画のそれより大きいことがわかります。その差は、領域が広がるにつれて大きくなっています。

推定効率

各ウィンドウで、「推定効率」セクションを開きます。

図16.6 意図した計画（左）と実際の計画（右）の「推定効率」セクション

推定効率			推定効率		
項	信頼区間幅の増加率	推定値の相対標準誤差	項	信頼区間幅の増加率	推定値の相対標準誤差
切片	1.236	0.577	切片	1.082	0.577
シリカ	0.369	0.354	シリカ	0.803	0.5
シラン	0.369	0.354	硫黄	0.803	0.5
硫黄	0.369	0.354	シラン	0.275	0.354
シリカ*シラン	0.936	0.5	シリカ*硫黄	2.122	0.866
シリカ*硫黄	0.936	0.5	シリカ*シラン	0.803	0.5
硫黄*シラン	0.936	0.5	硫黄*シラン	0.803	0.5
シリカ*シリカ	1.016	0.52	シリカ*シリカ	1.268	0.629
シラン*シラン	1.016	0.52	硫黄*硫黄	1.268	0.629
硫黄*硫黄	1.016	0.52	シラン*シラン	1.268	0.629

実際の計画（右）におけるパラメータの相対標準誤差は、意図した計画（左）のものの以上になっています。切片以外のパラメータのうち3つを除くすべてにおいて、実際の計画における相対標準誤差は意図した計画のものよりも大きくなっています。

「信頼区間幅の増加率」は、現在の計画から計算される信頼区間の幅を、実験回数と同じ理想的な計画から計算される信頼区間の幅と比較します。信頼区間の幅は、実験回数に左右されます（その結果、「信頼区間幅の増加率」も実験回数に左右されます）。「信頼区間幅の増加率」を参照してください。今回の例における実際の計画では、意図した計画の値よりも、実験回数が減っているにもかかわらず、「シラン」・「シリカ*シラン」・「硫黄*シラン」での増加率が小さくなっています。これは、実際の計画において除外された2つの実験が、「シラン」の中心点で行われているためです。それら2つの実験を除外することで、パラメータの信頼区間幅が中心点のない理想的な直交計画のものに近づき、増加率が小さくなっているのです。

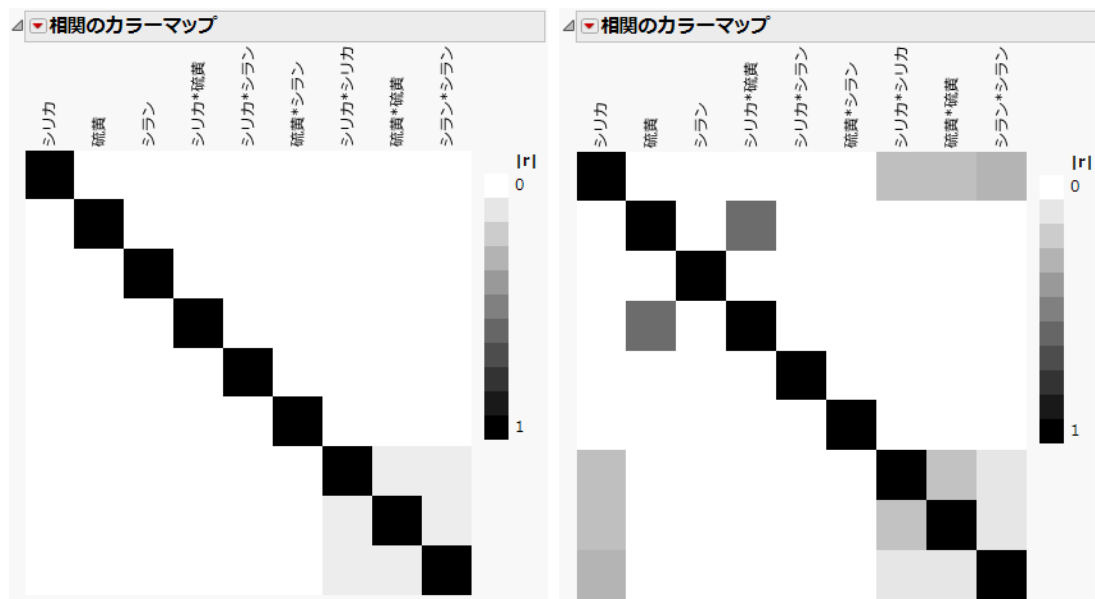
相関のカラーマップ

各レポートで、次の手順を行います。

1. 「相関のカラーマップ」セクションを開きます。

2つのカラーマップに、「モデル」セクションの効果が表示されます。どちらのプロットも、効果間における相関係数の絶対値を、その大きさに応じて、白～黒のスケールで示しています (JMPのデフォルトの色を使用している場合)。効果の間に相関がまったく無いか、ごく小さな相関しかない状況が理想です。

図16.7 意図した計画 (左) と実際の計画 (右) の相関のカラーマップ



相関係数の絶対値は、0 (白) から 1 (黒) の値を取ります。セルの上にポインタを置くと、相関係数の絶対値を確認できます。相関係数の絶対値は、実際の計画におけるカラーマップを見ると、意図した計画のそれより大きくなっています。たとえば、「硫黄」と「シリカ*硫黄」間の相関は、意図した計画では0.0001より小さいですが、実際の計画では0.5774になっています。

計画の診断統計量

各レポートで、「計画の診断統計量」セクションを開きます。

図16.8 意図した計画（左）と実際の計画（右）の計画の診断統計量

計画の診断統計量		計画の診断統計量	
D効率	36.6429	D効率	32.04245
G効率	47.76119	G効率	25.46419
A効率	29.3578	A効率	22.65219
平均予測分散	0.384722	平均予測分散	0.570833
計画作成時間(秒)	0	計画作成時間(秒)	0

意図した計画（左）は、実際の計画（右）に比べ、効率が良く、平均予測分散が小さいことがわかります。これらの結果から、2つの実験を除外することは、悪い影響を与えることが分かります。

計画の効率は、実験回数とモデル行列の両方によって決まります。ある計画のD-効率・G-効率・A-効率は、同じ実験回数での理想的な計画と比較して求められます。実験回数が多い計画のほうが、少ない計画に比べて常にこれらの指標が大きくなるわけではありません。ただし、平均予測分散は、因子数が同じ場合には、実験回数が多いほうが小さくなる傾向にあります。効率の定義については、「[計画の診断統計量](#)」を参照してください。

特定のモデルにおける検出力を評価する例

「計画の評価」プラットフォームを使って、2乗項が強く影響している場合にそれらを検出できるかどうかを調べましょう。

本節の例では、抽出工程の歩留りに対する効果を調べた、6因子の決定的スクリーニング計画を用います。ここで用いるデータは、「Design Experiment」フォルダの「Extraction Data.jmp」データテーブルに保存されています。決定的スクリーニング計画では、各因子は3水準になっています。「[決定的スクリーニング計画](#)」を参照してください。

ここでの目的は、2乗項が強い効果をもっている場合に、その効果を検出できるかどうかを求めることです。ここでは、誤差分散の3倍以上の大きさを持つ効果を、「強い効果」とみなします。

実験では6因子が使われますが、「効果の希薄性」(effect sparsity) が成り立っているとすると、そのうちごく一部のみしか効果がないと考えられます。その場合、より少ない因子のモデルで検出力を調べたほうが良いでしょう。ここでは、過去の調査から、「プロパノール」・「ブタノール」・「pH」の3因子が、無視できるほど小さい主効果しかないこと、他の因子との交互作用がないこと、2乗効果を持たないことを示唆する強い証拠を得ているとします。そして、「メタノール」・「エタノール」・「時間」のみの主効果・交互作用・2乗効果をモデルに含めるのが適切と考えます。3因子だけの応答曲面モデルに基づいて検出力を求めることにしましょう。

「計画の評価」プラットフォームを使って、「メタノール」・「エタノール」・「時間」の2乗項が強く影響している場合、それらを検出できるかどうかを調べましょう。

1. [ヘルプ]>[サンプルデータフォルダ]を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Extraction Data.jmp」を開きます。
2. [実験計画(DOE)]>[計画の診断]>[計画の評価]を選択します。

3. 「メタノール」・「エタノール」・「時間」を選択し、[X, 説明変数] をクリックします。

必要に応じて「収率」を[Y, 応答変数]として追加します。ただし、応答を指定してもしなくても、計画の評価結果は同じです。

4. [OK] をクリックします。

5. 「モデル」セクション [RSM] をクリックします。

3因子に関して、それらの交互作用と2乗項が追加されます。

6. 「検出力分析」セクションを開きます。

「RMSEの予想値」はデフォルトで1に設定されています。過去の調査から「RMSEの予想値」が手元にあったとしても、この例ではそれを指定する必要はありません。なぜなら、ここでは「検出力を求めたい効果の大きさは、誤差分散の3倍である」と想定するからです。

7. 「係数の予想値」で「メタノール*メタノール」・「エタノール*エタノール」・「時間*時間」の隣に「3」と入力します。

8. [係数の予想値に基づき変更] をクリックします。

図16.9 係数に変更を加えた後の「検出力分析」セクション

項	係数の予想値	検出力
切片	1	0.111
メタノール	1	0.573
エタノール	1	0.573
時間	1	0.573
メタノール*メタノール	3	0.737
メタノール*エタノール	1	0.331
エタノール*エタノール	3	0.737
メタノール*時間	1	0.331
エタノール*時間	1	0.331
時間*時間	3	0.737

有意水準: 0.05
RMSEの予想値: 1

係数の予想値に基づき変更

誤差分散の3倍の大きさを持つ2乗効果を検出する検出力は、0.737です。これは、モデルが3因子の応答曲面であることを前提としています。また、検定の有意水準は0.05と仮定しています。

「計画の評価」 起動ウィンドウ

「計画の評価」プラットフォームを起動するには、目的のデータテーブルを開き、[実験計画 (DOE)] > [計画の診断] > [計画の評価] を選択します。

図16.10 「計画の評価」 起動ウィンドウ

任意のJMPテーブルに対し、実験計画の診断統計量を求める。

起動ウィンドウには、次のようなボタンがあります。

Y, 応答変数 応答列を指定します。応答の入力は必須ではありません。計画の評価は、応答値を使用せずに行われます。応答は数値でなければなりません。

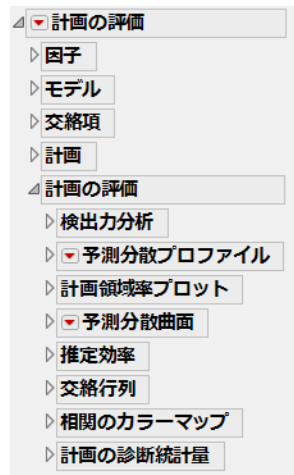
X, 説明変数 因子列を指定します。因子の種類や尺度はどんなものであってもかまいません。

「計画の評価」 ウィンドウ

「計画の評価」ウィンドウは、モデルの定義と計画の評価の2つで構成されます。図16.11は、すべてのセクションを閉じた状態のウィンドウです。

- 「因子」・「モデル」・「交絡項」・「計画」は、モデルと計画を定義します。
- 「計画の評価」セクションには、計画の性質に関する結果が表示されます。

図16.11 「計画の評価」ウィンドウと各種セクション



「因子」・「モデル」・「交絡項」・「計画」セクションには、それぞれ因子、仮定したモデル、交絡している可能性のある効果、実際の計画について、分析者が指定した情報が含まれています。これらのセクションの内容は、計画のデータテーブルと、起動ウィンドウで行った選択に基づいています。ただし、「モデル」と「交絡項」セクションの効果は変更できます。指定を行うと、「計画の評価」の各セクションが更新されます。セクションを開くと、レポートやコントロールウィンドウが表示され、計画に関する情報を確認できます。

- 「因子」
- 「モデル」
- 「交絡項」
- 「計画」
- 「計画の評価」
- 「検出力分析」
- 「予測分散プロファイル」
- 「計画領域率プロット」
- 「予測分散曲面」
- 「推定効率」
- 「交絡行列」
- 「相関のカラーマップ」
- 「計画の診断統計量」

因子

「計画の評価」レポートの「因子」セクションには、起動ウィンドウで入力した因子が一覧されています。ここで因子を選択し、「モデル」セクションで効果を構成することができます。

図16.12 因子

因子	
名前	役割
シリカ	連続変数
硫黄	連続変数
シラン	連続変数

モデル

「計画の評価」レポートの「モデル」セクションの内容は、データテーブルに「モデル」スクリプトまたは「モデルのあてはめ」スクリプトが含まれているかどうかで異なります。

- スクリプトがある場合、「モデル」セクションにはスクリプトで指定されている推定可能な効果が含まれます。効果は、スクリプトで指定されている順序どおりにモデルに追加されます。モデルのスクリプトに推定可能な数を超える効果が含まれている場合、推定不可能な効果は評価対象のモデルに含まれません。
- スクリプトがない場合、「モデル」セクションには主効果のみが含まれます。

図16.13は、「Design Experiment」フォルダの「Bounce Data.jmp」データテーブルの「モデル」セクションです。データテーブルの「モデル」スクリプトには、「シリカ」・「シラン」・「硫黄」の3因子の応答曲面効果が含まれています。そのため、「モデル」セクションには、それら3因子の主効果・2次交互作用・2乗効果が指定されます。

図16.13 「Bounce Data.jmp」の「モデル」セクション

モデル	
主効果	交互作用 ▼ RSM 交差 べき乗 ▼ 項目の削除
切片	
シリカ	
シラン	
硫黄	
シリカ*シラン	
シリカ*硫黄	
硫黄*シラン	
シリカ*シリカ	
シラン*シラン	
硫黄*硫黄	

「モデル」セクションでは、次のボタンを使って効果を追加することができます。

主効果 モデルにある全因子の主効果を追加します。

交互作用 交互作用効果を追加します。「因子」セクションで因子を選択していない場合は、[2次]・[3次]・[4次]・[5次]を選択すると、その次数までの交互作用すべてが追加されます。特定の因子についてある次数までの交互作用を追加するには、「因子」セクションで因子名を選択し、交互作用を選択し、指定したい次数を選択します。なお、非配合因子と配合因子の間の交互作用、ブロック因子や定数因子との間の交互作用は追加されません。

RSM 連続尺度の因子に対し、応答曲面モデルの項（2次までの交互作用と2乗項）を追加します。応答曲面モデル（RSM; Response Surface Model）の項にはカテゴリカル因子は含まれません。また、非配合因子の主効果のうち、すべての配合因子と交互作用があるものは、モデルから削除されます。

交差 特定の交互作用項を追加します。「因子」セクションで因子名、「モデル」セクションで効果名を選択します。[交差]をクリックすると、「モデル」セクションにそれらの交差項が追加されます。

べき乗 べき乗の項を追加します。「因子」セクションで因子を選択していない場合は、連続尺度の因子すべてに対してべき乗項が追加されます。「因子」セクションで因子を選択してある場合は、選択されている因子に対してのみ、べき乗項が追加されます。[2次]・[3次]・[4次]・[5次]の中から追加する項の次数を選択してください。

Scheffeの3次多項式 すべての配合因子に対してSchefféの3次多項式を追加します。これらの項は、3次多項式の配合モデルを作成する際に使用します。

項目の削除 選択されている効果を削除します。

交絡項

デフォルトでは、「計画の評価」レポートの「交絡項」セクションには「モデル」セクションに含まれていない2次交互作用効果がすべて含まれます（ブロック因子に関連する項を除く）。項は、ボタンを使って追加または削除できます。ボタンを使って「交絡項」に効果を追加する方法については、[「モデル」](#)を参照してください。

仮定したモデルには含めなかった効果が、実際には応答に影響している状況もありえます。「交絡項」セクションには、仮定したモデルには含まれていないものの、モデル項の推定値にバイアス（偏り）を与えている可能性がある効果を指定します。交絡行列（alias matrix）は、「交絡項」セクションで指定した効果が、パラメータ推定値のバイアス（偏り）に与える大きさを示したものです。[「交絡行列」](#)を参照してください。

「計画の評価」プラットフォームでは、「交絡行列」に含まれる効果に変更を加えると、それに応じてただちに「交絡行列」セクションが更新されます。一方、「カスタム計画」プラットフォームでは、「交絡項」セクションで効果に変更を加えた後、[計画の作成]をクリックする必要があります。なお、これら以外の「実験計画(DOE)」プラットフォームには、「交絡項」セクションがありません。しかし、計画を作成した後、「計画の評価」プラットフォームを使えば交絡行列を求めることができます。

計画

「計画の評価」レポートの「計画」セクションには、起動ウィンドウで指定した因子の実験が表示されます。計画の性質は、「計画の評価」セクションで検討できます。

計画の評価

「計画の評価」プラットフォームの「計画の評価」セクションの結果は、評価対象となっている計画と、「モデル」および「交絡項」で行った指定に基づいています。「実験計画(DOE)」プラットフォームのなかでは、「カスタム計画」・「決定的スクリーニング計画」・「応答曲面計画」、そして種類を「最適計画」に設定したときの「配合計画」において、「計画の評価」セクションが用意されています。これらのプラットフォームは、作成された計画を評価します。

検出力分析

「計画の評価」レポートの「検出力分析」セクションは、モデルのパラメータに対する検定の検出力を計算します。検出力とは、特定の大きさをもつ効果を検出できる確率のことです。「検出力分析」は、現在の計画によって重要な効果を検出できるかどうかを評価するのに役立ちます。検出力が高ければ高いほど、(係数とRMSEに関する仮定が正しいと想定したときの)効果を検出できる確率が大きくなります。検出力は、実験回数・有意水準・誤差分散などによって決まります。検出力分析は、追加の実験が必要かどうかを判断するのに役立ちます。

次節以降では、次のようなトピックを扱います。

- [「検出力分析の概要」](#)
- [「「検出力分析」の詳細」](#)
- [「個々のパラメータに対する検定」](#)
- [「3水準以上のカテゴリカルな効果に対する検定」](#)
- [「計画と予測応答」](#)
- [「コーヒー実験の検出力分析」](#)

検出力分析の概要

検出力は、「モデル」セクションに一覧されている効果に対して計算されます。検出力が計算される効果には、連続変数・離散数値・カテゴリカル・ブロック・配合因子・共変量が含まれます。また、検出力は、個々のモデルパラメータに対してと、効果全体に対して計算されます。検出力の計算方法については、[「検出力の計算」](#)を参照してください。

検出力とは、真のモデルパラメータが特定の値をもっている場合に、「効果がない」という帰無仮説を棄却できる確率を指します。多くの場合、分析者が興味をもっているのは、モデルパラメータそのものではなく、応答平均における差でしょう。「検出力分析」セクションでは、「係数の予想値」で指定した値に対し、「応答の予想値」が算出されます。これにより、応答平均の差に対応した係数値を知ることができます。

[図16.14](#)は、「Design Experiment」フォルダにある「Coffee Data.jmp」データテーブルの計画の「検出力分析」セクションです。「モデル」スクリプトで指定されているモデルは、主効果のみを含むモデルです。

図16.14 「Coffee Data.jmp」の検出力分析

▼ 検出力分析

有意水準 0.05

RMSEの予想値 1

項	係数の予想値	検出力
切片	1	0.789
挽き	-1	0.789
温度	1	0.789
時間	1	0.789
豆の量	1	0.789
場所 1	1	0.507
場所 2	1	0.507

係数の予想値に基づき変更

効果 検出力

場所 0.888

▼ 計画と予測応答

応答の予想値	挽き	温度	時間	豆の量	場所
6	Medium	205	4	2.4	1
-2	Coarse	195	3	1.6	1
2	Medium	205	3	1.6	1
2	Coarse	195	4	2.4	1
2	Coarse	205	4	1.6	2
4	Medium	195	4	2.4	2
0	Medium	195	3	1.6	2
2	Coarse	205	3	2.4	2
-1	Coarse	205	4	1.6	3
-3	Coarse	195	3	2.4	3
-1	Medium	195	4	1.6	3
1	Medium	205	3	2.4	3

応答の予想値に基づき変更

「検出力分析」セクションでは、次のことが可能です。

- 検出したい差を反映する「係数の予想値」を指定できます。それらの値は、セクションの上部にある「係数の予想値」に入力してください。
- 検出したい差を反映する「応答の予想値」を指定できます。「応答の予想値」を指定すると、そこで指定された値をもとに「係数の予想値」が設定されます。「応答の予想値」は、「計画と予測応答」パネルで指定してください。

「検出力分析」の赤い三角ボタンのメニューでは、次のようなことができます。

- 検出力を指定できます。その値をもとに「係数の予想値」が設定されます。指定した検出力を満たす係数が存在しない場合、係数はゼロに設定されます。
- デルタの値を指定できます。その値の半分が「係数の予想値」となります。「係数の予想値」に基づいて検出力が更新されます。

「検出力分析」の詳細

検出力を求めるには、「有意水準」と「RMSEの予想値」も指定してください。これらの値も考慮して、モデルパラメータの検定に対する検出力が計算されます。

有意水準 「効果なし」という帰無仮説が真のときに、その帰無仮説を誤って棄却する確率。検出力の計算結果は、値を入力するとすぐに更新されます。

RMSEの予想値 誤差の標準偏差（誤差分散の平方根）。検出力の計算結果は、値を入力するとすぐに更新されます。

「検出力分析」レポートを最初に開くと、その冒頭部分には「係数の予想値」のデフォルトの値が表示されています（[図16.14](#)）。これらのデフォルトの値は、デルタに基づいて求めた値です。「[詳細オプション](#)」>「[検出力計算のデルタを設定](#)」を参照してください。

メモ: 推定するパラメータ数が実験回数を上回る過飽和計画の場合、係数の予想値は0に設定されます。

[図16.15](#)は、「係数の予想値」を指定した後の「検出力分析」レポートの先頭の部分です。これらの値は、検出したい係数の大きさを表します。

図16.15 「Coffee Data.jmp」の「係数の予想値」における入力例

項	係数の予想値	検出力
切片	1.4	1
挽き	0.05	0.291
温度	0.05	0.291
時間	0.05	0.291
豆の量	0.05	0.291
場所 1	0.1	0.507
場所 2	0.1	0.507

係数の予想値に基づき変更

効果 検出力

場所 0.888

個々のパラメータに対する検定

「項」の列には、モデル項が一覧表示されています。「係数の予想値」には、それらの項に対するパラメータ値が含まれています。「検出力」の列に含まれている値は、「係数の予想値」を真の係数の値としたときの、「係数が0である」という帰無仮説に対する検定の検出力です。

項 検定される係数に対応しているモデル項の名前。

メモ: 「検出力分析」レポートのモデル項の表示順序は、標準最小2乗法で取得した「パラメータ推定値」レポートでの順序と異なる場合があります。表示順が異なるのは、自由度が2以上の交互作用項がモデルに含まれる場合だけです。

係数の予想値 モデル項に対応している係数の値。この値は、検出力の計算に使われます。また、「計画と予測応答」セクションの「応答の予想値」列の計算にも使われます。「係数の予想値」列に新しい値を入力し、**[係数の予想値に基づき変更]** ボタンをクリックすると、「検出力」と「応答の予想値」の列が更新されます。

メモ:「係数の予想値」のデフォルト値は、連続尺度の効果に対しては、1です。カテゴリカルな効果に対しては、1と-1が交互に現れます。赤い三角ボタンのメニューから**[詳細オプション]** > **[検出力計算のデルタを設定]**を選択すると、デルタの値を変更できます。デルタの値を変更すると、「係数の予想値」の値が、それらの絶対値がデルタの半分になるように更新されます。詳細については、**[詳細オプション]** > **[検出力計算のデルタを設定]**を参照してください。

検出力 指定した「係数の予想値」が真の係数の値である場合に「効果なし」という帰無仮説を棄却できる確率。連続変数の主効果に対しては、低水準と高水準における応答平均の差は、係数に2を掛けた値です。カテゴリカル因子の係数の場合、因子の全水準における（モデルに基づく）応答平均の変化は、係数の予想値の絶対値に2を掛けた値になります。

検出力の計算には、「有意水準」と「RMSEの予想値」も考慮されます。検出力の計算については、**[1つのパラメータに対する検出力]**を参照してください。

係数の予想値に基づき変更 「係数の予想値」列に新しい値を入力し、**[係数の予想値に基づき変更]** ボタンをクリックすると、「検出力」と「応答の予想値」の列が更新されます。

3水準以上のカテゴリカルな効果に対する検定

3水準以上のカテゴリカルな効果がモデルに含まれている場合は、**[係数の予想値に基づき変更]** ボタンの下に次の列が表示されます。

効果 カテゴリカルな効果の名前。

検出力 「効果がない」という帰無仮説に対する検定の検出力。なお、この帰無仮説は、「因子のすべての水準において、応答平均は等しい」、つまり、「効果に関係するすべてのモデルパラメータはゼロである」というものです。検出したい応答平均の差は、「係数の予想値」列によって決められます。「係数の予想値」によって定義された応答平均の差をもとに、検出力が計算されます。「係数の予想値」によって定義された応答平均の差をもとに、検出力が計算されます。

検出力の計算には、「有意水準」と「RMSEの予想値」も考慮されます。検出力の計算については、**[カテゴリカルな効果に対する検出力]**を参照してください。

計画と予測応答

「計画と予測応答」セクションでは、最初に「応答の予想値」列、続いて計画が表示されます。「応答の予想値」列の値は、計画の各設定に対する応答の平均値を表しています。この「応答の予想値」は、「係数の予想値」を使って計算されます。

図16.16の「計画と予測応答」セクションは、図16.15で指定した「係数の予想値」に対応しています。

図 16.16 「Coffee Data.jmp」の「応答の予想値」

計画と予測応答					
応答の予想値	挽き	温度	時間	豆の量	場所
1.6	Medium	205	4	2.4	1
1.4	Coarse	195	3	1.6	1
1.4	Medium	205	3	1.6	1
1.6	Coarse	195	4	2.4	1
1.6	Coarse	205	4	1.6	2
1.5	Medium	195	4	2.4	2
1.3	Medium	195	3	1.6	2
1.6	Coarse	205	3	2.4	2
1.3	Coarse	205	4	1.6	3
1.2	Coarse	195	3	2.4	3
1.1	Medium	195	4	1.6	3
1.2	Medium	205	3	2.4	3

応答の予想値に基づき変更

「応答の予想値」列では、因子設定ごとに値を指定できます。これらの値から、検出したい応答平均の違いを表すことができます。

「応答の予想値に基づき変更」をクリックすると、「係数の予想値」列と「検出力」列が更新されます。

応答の予想値 「係数の予想値」をモデルの係数として使い、計算した応答値。「応答の予想値」のデフォルト値は、「係数の予想値」のデフォルト値に基づいて計算されています。「応答の予想値」列で新しい値を設定し、「応答の予想値に基づき変更」をクリックすると、「係数の予想値」と「検出力」の列が更新されます。

計画の作成 「応答の予想値」の右に続く列は、計画に含まれる実験の因子設定を示しています。

応答の予想値に基づき変更 「応答の予想値」列で新しい値を設定し、「応答の予想値に基づき変更」をクリックすると、「係数の予想値」と「検出力」の列が更新されます。

コーヒー実験の検出力分析

「Coffee Data.jmp」データテーブルの計画を見てみましょう。ここでは、「濃度」に対する各効果の影響を検出できるかどうかを調べたいとします。「挽き」は2水準のカテゴリカル因子で、「温度」・「時間」・「豆の量」は連続因子、「場所」は3水準のカテゴリカルなブロック因子です。

この例では、「場所」の役割がブロック因子であることは無視します。そして、「場所」が「濃度」に及ぼす効果に興味があるとします。「場所」は、3水準のカテゴリカル因子であるため、「パラメータ」リストでは2つの項（「場所 1」と「場所 2」）で表されます。

ここで知りたいのは、「濃度」の平均における次のような変化を検出できる確率です。

- 「挽き」を「Coarse」（粗い）から「Medium」（中）に変更したときに、平均が0.10だけ変化すること。
- 「温度」、「時間」、「豆の量」を低水準から高水準に変更したときの、平均が0.10だけ変化すること。
- 場所1および場所2が、両方とも、全体平均よりも0.10だけ上回ること。これは、場所3が全体平均よりも0.20下回ることを意味します。

ここでは、有意水準を「0.05」に設定します。また、「濃度」の標準偏差は以前の調査から0.1と分かっているので、それを「RMSEの予想値」として入力します。

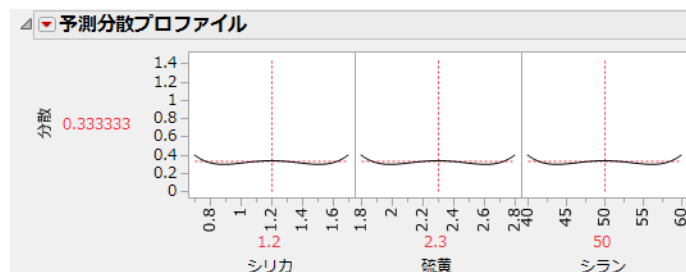
この検定の検出力は、「係数の予想値に基づき変更」ボタンのすぐ下に表示されます。「係数の予想値」には、「場所 1」と「場所 2」に対してどちらも0.10を指定しました。この指定によって、これら2つの場所における「濃度」の平均は全体平均を0.10上回ると仮定しています。「場所 1」と「場所 2」に対するこの指定は、「場所 3」における「濃度」の平均が、全体平均よりも0.20だけ下回ることを意味しています。図16.17を見ると、検定の検出力が0.888であることがわかります。

予測分散プロファイル

「計画の評価」レポートの予測分散プロファイルでは、計画領域のうち、予測値のばらつきが大きくなるのはどこか、小さくなるのはどこかを確認できます。予測分散は小さい方が望ましいです。予測分散が最大となる因子設定を見つけるには、「予測分散の最大化」オプションを使用してください。「予測分散の最大化」を参照してください。

予測分散プロファイルは、相対的な予測分散をプロットしたものです。他の因子の値を固定したときの、各因子における予測値の相対的な分散が描かれています。図16.18は、「Design Experiment」フォルダにある「Bounce Data.jmp」データテーブルの予測分散プロファイルです。

図16.18 予測分散プロファイル



相対的な予測分散

(相対的ではなく) 実際の予測分散は、相対的な予測分散に誤差分散を掛け合わせて算出されます。実験を行うまでは、誤差分散がわからないので、予測分散も不明です。しかし、実際の予測分散を誤差分散で割った比は、誤差分散には依存しません。この比は、**相対的な予測分散**と呼ばれ、計画と因子設定にのみ依存します。そのため、データを取得する前に計算することができます。「相対的な予測分散」を参照してください。

実験を行い、最小2乗法でモデルをあてはめれば、あてはめたモデルの平均2乗誤差 (MSE; Mean Square Error) によって誤差分散が推定されます。実際のデータから計算される予測分散は、相対的な予測分散に誤差分散を掛けたものです。

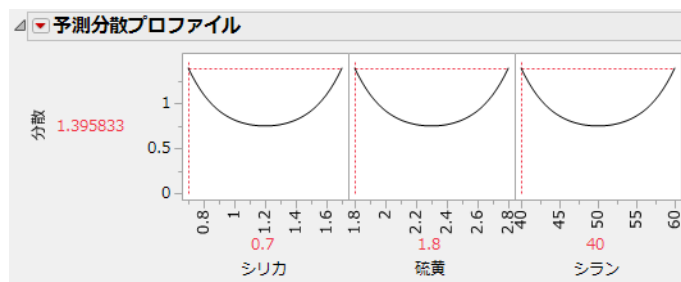
予測分散は、計画領域全体で小さいのが理想です。予測分散は、一般に標本サイズが大きくなるにつれて小さくなります。2つの計画を比較する場合は、予測分散プロファイルを並べて検討します。予測分散が平均的に小さい方が優れた計画といえます。

予測分散の最大化

相対的な予測分散の最大値によって、計画を評価したり、比較したりできます。「予測分散プロファイル」の横にある赤い三角ボタンをクリックし、[予測分散の最大化]を選択してください。そうすると、JMPで使われる満足度関数によって、相対的な予測分散が最大化されます。このときに「予測分散プロファイル」に表示される最大分散値は、相対的な予測分散が最悪になる（つまり、計画領域のなかで予測分散が最も大きくなる）ときのものです。予測分散が最大となる因子設定は、複数、存在する場合があります。

図16.19は、[予測分散の最大化]を選択したときの予測分散プロファイルです。このプロットでは「Design Experiment」フォルダの「Bounce Data.jmp」データテーブルを使っています。相対的な予測分散の最大値は、「シリカ」= 0.7、「硫黄」= 1.8、「シラン」= 40のときに1.3958となります。ただし、他の因子設定においても、この最大値になる可能性がある点には注意してください。たとえば、「シリカ」= 1.7、「硫黄」= 2.8、「シラン」= 60の計画点も、予測分散が1.3958です。曲面プロファイルを使って予測分散を評価する方法については、「予測分散曲面」を参照してください。

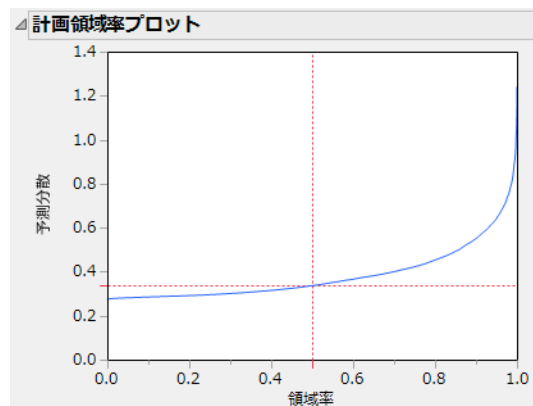
図16.19 最大の分散を示す予測分散プロファイル



計画領域率プロット

「計画の評価」レポートの計画領域率プロット (Fraction of Design Space Plot) は、計画領域のうち、相対的な予測分散が特定の値を下回る領域の割合を示します。計画領域の大部分で予測分散の値が小さいことが望ましいです。図16.20は、「Design Experiment」フォルダにある「Bounce Data.jmp」データテーブルの計画領域率プロットです。

図16.20 計画領域率プロット



プロットのX軸は、計画領域の割合（0～100%）を表します。Y軸は、相対的な予測分散の値を表します。青色の曲線上にある点 (x, y) では、分散が y 以下となる計画領域の割合が x 座標になっています。赤色の点線が交わる点は、計画領域率が50%のときの相対的な予測分散を示します。

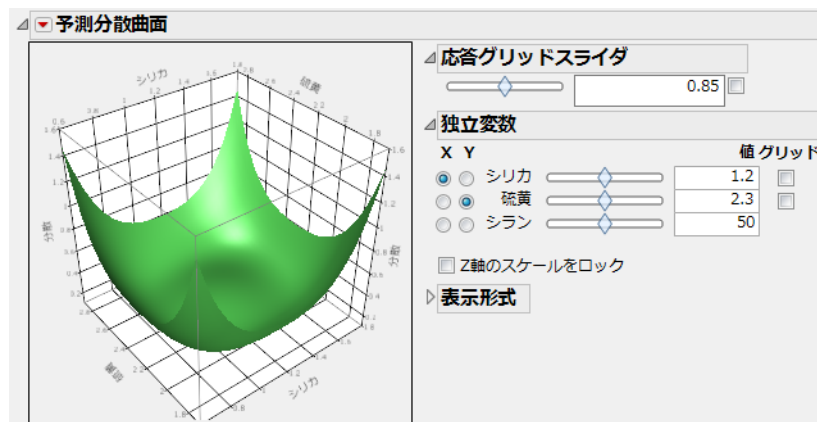
図16.20から、最小の相対的予測分散が0.3よりわずかに低い値で、最大が1.4を下回る値であることがわかります。（実際の最大値は、図16.19にある1.395833です。）赤色の点線が、計画空間の約50%で、相対的な予測分散が0.34より小さいことを示しています。十字ツールを使うと、任意の計画領域率に対応する相対的な予測分散を知ることができます。図16.20の例で十字ツールを使えば、90%の領域において相対的な予測分散が約0.55より低い値であることがわかります。

メモ：「計画領域率プロット」の作成には、計画領域のモンテカルロ標本が使用されます。そのため、同じ計画のプロットでも若干異なることがあります。

予測分散曲面

「計画の評価」レポートの「予測分散曲面」は、任意の2因子の関数として、相対的な予測分散の曲面をプロットしたものです。図16.21は、「Design Experiment」フォルダにある「Bounce Data.jmp」データテーブルの「予測分散曲面」セクションです。設定パネルの表示と非表示を切り替えるには、赤い三角ボタンをクリックし、[設定パネル]を選択します。「設定パネル」を参照してください。

図16.21 予測分散曲面



因子が2つ以上ある場合、「予測分散曲面」セクションに、任意の2つの変数の相対的な予測分散をプロットしたものが表示されます。「予測分散曲面」セクションは、相対的な予測分散の計算式をプロットします。プロットを回転させ、向きを変えるには、プロット上をクリックしてドラッグします。

設定パネル

「設定パネル」には、プロットを調整するためのオプションが含まれています。

応答グリッドスライダ [グリッド] チェックボックスをチェックすると、特定の分散に対応したグリッドがプロットに描かれます。分散の値はテキストボックスに表示されています。スライダによって、グリッドの位置を変更できます。また、テキストボックスに分散の値を直接入力することで変更することもできます。テキストボックスに値を入力した後、テキストボックスの外をクリックすると、プロットが更新されます。

独立変数 このパネルでは、プロットに描く2つの因子を選択したり、それら以外の因子の値を指定したりします。X軸とY軸に描く因子を選択するには、該当する列をクリックします。それら以外の各因子の値は、スライダやテキストボックスによって指定します。軸として使われていない因子を指定の値に固定したときの曲面が、3次元の断面としてプロットに表示されます。スライダを動かすと、断面がさまざまに変化します。

[グリッド] チェックボックスは、それぞれの因子のグリッドを表示します。グリッドの位置は、スライダによって変更できます。

[Z軸のスケールをロック] は、Z軸を現在の値で固定します。これは、軸として使われていない因子のスライダを動かすときに便利です。

表示形式 【解像度】 スライダは、計算式の評価に使う点の数を制御します。解像度が粗いと、関数の急激な変化などが確認しにくい場合があります。一方で、解像度を高くすると、計算式の評価と曲面の描画に時間がかかります。

【平行投影】 チェックボックスをオンにすると、2次元に投影するのに平行投影が使われます。

【等高線】 メニューは、等高線の位置を制御します。等高線は、応答変数が特定の値をもつものをつないだ線です。表示形式の選択肢には、[オフ] (デフォルト)・[下]・[上]・[曲面上] があります。

推定効率

「計画の評価」レポートには、モデル内の各パラメータの「信頼区間幅の増加率」と「推定値の相対標準誤差」が表示されます。どちらの値も、小さい方が良いです。図16.22は、「Design Experiment」フォルダにある「Bounce Data.jmp」データテーブルの「推定効率」セクションです。

図16.22 推定効率

推定効率		
項	信頼区間幅の増加率	推定値の相対標準誤差
切片	1.236	0.577
シリカ	0.369	0.354
シラン	0.369	0.354
硫黄	0.369	0.354
シリカ*シラン	0.936	0.5
シリカ*硫黄	0.936	0.5
硫黄*シラン	0.936	0.5
シリカ*シリカ	1.016	0.52
シラン*シラン	1.016	0.52
硫黄*硫黄	1.016	0.52

信頼区間幅の増加率

「信頼区間幅の増加率」は、現在の計画で与えられるパラメータの信頼区間幅を、理想的な計画の信頼区間幅と比較します。

- まず理想的なパラメータの信頼区間幅を、実際の信頼区間幅から引きます。
- そして、その差を理想的な信頼区間幅で割ります。

D-最適計画で、かつ直交計画である場合、増加率はゼロになります。信頼区間幅の増加率が小さい計画のほうが良い計画です。

理想的な計画

通常の最小2乗法による推定値の共分散行列は、 $\sigma^2(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-1}$ です。 $(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-1}$ の対角要素は、パラメータ推定値の相対分散 (パラメータ推定値の分散を σ^2 で割ったもの) です。2水準の計画で、効果をコード変換している場合(「コード変換」列プロパティを参照)、パラメータ推定値の相対分散の最小値は、どのパラメータについても $1/n$ (n は実験回数) となります。これは、D-最適計画ですべての効果が直交している場合に対応します。

パラメータ推定値のベクトルを、 $\hat{\beta}$ で表すとしましょう。このとき、**理想的な計画**（存在するとは限りません）の共分散行列は、以下のように表されます。

$$\text{Var}(\hat{\beta}) = (\sigma^2/n)\mathbf{I}_n$$

この式で、 $\mathbf{I}_n$ は $n \times n$ の単位行列、 σ は応答の標準偏差です。

D-最適計画において直交計画が存在する場合は、その直交計画が理想的な計画です。ただし、上の定義は、理想的な計画の概念を、直交している D-最適計画が存在しない状況にも拡張したものとなっています。

この定義は、3水準以上のカテゴリカル因子の計画でも使われています。ただし、3水準以上のカテゴリカルな因子の場合には、直交化を施したコード変換を用いています。直交化を施したコード変換を行ったものを用いた場合、3水準以上のカテゴリカルな因子がある場合でも、計画が直交計画ならば理想的な共分散行列を持ちます。「カスタム計画」における直交化コード変換を確認するには、「カスタム計画」ウィンドウで「X 行列の保存」を選択してから、計画のデータテーブルを作成し、そのデータテーブルに保存された「モデル行列」スクリプトを参照してください。

信頼区間幅の増加率

理想的な計画においては、パラメータ推定値の標準誤差は以下のようになります。

$$SE_{Ideal}(\hat{\beta}) = (\sigma/\sqrt{n})\mathbf{I}_n$$

信頼区間幅は、標準誤差によって決まります。信頼区間幅の増加率は、作成した計画と理想的な計画のそれぞれの標準誤差の差分を、理想的な計画の標準誤差で割ったものとなります。

i 番目のパラメータ推定値の信頼区間幅の増加率は、次のように定義されます。

$$FI = \frac{\sigma\sqrt{(\mathbf{X}'\mathbf{X}_{ii})^{-1}} - (\sigma/(\sqrt{n}))}{(\sigma/\sqrt{n})} = \sqrt{n(\mathbf{X}'\mathbf{X}_{ii})^{-1}} - 1$$

ここで、

σ^2 は、誤差の分散です（通常、その値は未知です）。

$\mathbf{X}$ は、作成した計画のモデル行列です。このモデル行列の定義については、「[交絡行列](#)」を参照してください。

$(\mathbf{X}'\mathbf{X})_{ii}^{-1}$ は、 $(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-1}$ の i 番目の対角要素、

n は、実験回数です。

推定値の相対標準誤差

「推定値の相対標準誤差」は、誤差の標準偏差を1としたときの、パラメータ推定値の標準偏差です。この値は、誤差の標準偏差を1としたときの、パラメータ推定量のばらつき（標準誤差の大きさ）を表しています。 i 番目のパラメータの推定値に対し、「推定値の相対標準誤差」は次のように定義されます。

$$SE = \sqrt{(\mathbf{X}'\mathbf{X})_{ii}^{-1}}$$

ここで、

$\mathbf{X}$ は、「[交絡行列](#)」で定義されたモデル行列です。

$(\mathbf{X}'\mathbf{X})_{ii}^{-1}$ は、 $(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-1}$ の i 番目の対角要素です。

交絡行列

「計画の評価」レポートの「交絡行列」(alias matrix) は、モデルに含まれていない項のうち、実際には影響がある項が、モデル項の推定にどのように影響しているかを示します。「交絡項」セクションには、あてはめるモデルには含めないものの、モデル項の推定値にバイアス（偏り）を与えている可能性がある効果を指定してください。「交絡行列」には、「交絡項」アウトラインの効果ごとに、モデルパラメータに対するバイアスの大きさが表示されます。[「交絡項」](#)を参照してください。

「交絡行列」の行の要素は、「モデル」セクションに一覧されているモデル効果に対応します。列の項は、「交絡項」セクションに一覧されている効果に対応します。ある行、ある列の要素は、そのモデル項に対応するパラメータ推定値に交絡項が及ぼす影響の程度を示します。

次に示す2つの条件のいずれかが満たされていれば、パラメータ推定値におけるバイアスは小さくなります。1つ目の条件は、交絡行列における要素の絶対値が小さいことです。第2の条件は、交絡項がもつ効果が小さいことです。いずれかの条件が満たされていれば、バイアスは小さくなります。交絡項が大きな効果を持つと予想される場合は、その項をモデルに含めるか、交絡最適計画を作成することを検討してください。

交絡行列の計算方法については、「[交絡行列](#)」を参照してください。また、Lekivetz, R. (2014) も参照してください。

次のことを注意してください。

- 計画が直交計画である場合、交絡行列の各要素は、「[相関のカラースケール](#)」における相関の絶対値に等しくなります。
- 計画の複雑さによっては、交絡行列の要素が1より大きい値または-1より小さい値になる可能性があります。

交絡行列の例

「Design Experiment」フォルダにある「Coffee Data.jmp」サンプルデータテーブルを開きます。この計画は、主効果モデルを仮定しています。データテーブルに含まれている「モデル」スクリプトを実行すると、それが確認できます。「計画の評価」ウィンドウの「モデル」セクションには、切片と5つの主効果のみが表示されます。「交絡項」セクションには、2次の交互作用が指定されています。

図16.23 「Coffee Data.jmp」の「交絡行列」

交絡行列						
効果	挽き*温度	挽き*時間	挽き*豆の量	温度*時間	温度*豆の量	時間*豆の量
切片	0	0	0	0	0	0
挽き	0	0	0	0.333	-0.33	-0.33
温度	0	0.333	-0.33	0	0	-0.33
時間	0.333	0	-0.33	0	-0.33	0
豆の量	-0.33	-0.33	0	-0.33	0	0
場所 1	-0.41	0	0	0	0	0.816
場所 2	0.707	0	0	0	0	0

「交絡行列」の表側は、モデル項を示しています。それらのモデル項は、交絡行列の各行に対応しています。「交絡行列」の表頭は、「交絡項」に指定された2次の交互作用で構成されています。それらは交絡行列の各列に対応しています。たとえば、「温度」のモデル項について考えてみましょう。「挽き*時間」の交互作用が存在していた場合、「温度」の係数の推定値には、「挽き*時間」の真の効果の0.333倍のバイアスがかかります。同様に、他の交互作用も存在している場合には、「交絡行列」の値に応じて、「温度」の推定値に対してバイアスが加算されていきます。

相関のカラーマップ

「計画の評価」レポートの「相関のカラーマップ」は、「モデル」や「交絡項」に指定された効果間における相関係数の絶対値を示したものです。カラーマップの上部には、効果名が表示されています。「モデル」にある各効果、および「交絡項」にある各効果に対し、セルが1つずつ作成されています。値は、小さいほうが望ましいです。

デフォルトでは、相関係数の絶対値の大きさが、白からグレー、そして、黒へと移るカラーテーマで表現されています。一般に、カラーマップの対角線以外のセルが白になっているのが良い計画です。その場合、効果間には、直交性があること、もしくは、わずかな相関しかないことを示しています。効果間の相関係数が大きい場合、推定値の標準誤差が大きくなります。

2つの効果に見られる相関係数の絶対値を確認するには、対応するセルの上にカーソルを置きます。色のスケールを変更するには、[相関のカラーマップ]の赤い三角ボタンをクリックし、[青->赤]のカラーテーマを使用を選択します。色のスケールをカスタマイズするには、プロットの中を右クリックし、[カラーテーマ]を選択します。相関係数の表を保存するには、プロットの右側で凡例の下を右クリックし、[相関のデータテーブル]を選択します。

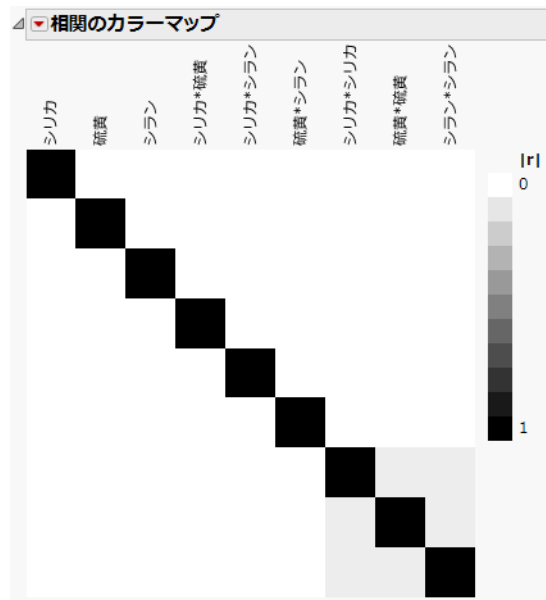
カラーマップの例

図16.24は、「Design Experiment」フォルダにある「Bounce Data.jmp」データテーブルの「相関のカラーマップ」です。黒は、相関係数の絶対値が1であることを示しています。対角要素は、各項の自分自身との相関係数を表しており、それらの相関係数は1なので、黒になっています。

その他のセルは、白またはグレーになっています。グレーになっているセルは、2乗項の間の相関係数です。数値を確認するには、グレーのセルの上にカーソルを置きます。2乗項の間における相関係数の絶対値は、0.0714と小さいことがわかります。

効果間の相関が小さいという点では、この計画は良好です。効果間に強い相関がある場合は、どの効果が応答に影響しているのかが特定しにくくなります。

図16.24 相関のカラーマップ



ヒント: 相関係数の表を保存するには、プロットの右側で凡例の下を右クリックし、[相関のデータテーブル]を選択します。

計画の診断統計量

「計画の評価」レポートの「計画の診断統計量」セクションには、 D 効率・ G 効率・ A 効率、および平均予測分散が表示されます。これらの診断統計量は、変更が[困難]または[非常に困難]に設定されている因子、あるいは推定が[可能な場合のみ]に設定されている効果を含む計画については表示されません。

「計画の評価」プラットフォーム以外の「実験計画(DOE)」プラットフォームにおける「計画の診断統計量」アウトラインの「計画作成時間」は、計画の作成にかかった時間を示しています。一方、「計画の評価」プラットフォームにおける「計画の診断統計量」アウトラインの「計画作成時間」は、数値的な結果の計算にかかった時間を示しています。

図16.25は、「Design Experiment」フォルダにある「Bounce Data.jmp」データテーブルの「計画の診断統計量」セクションです。

図16.25 計画の診断統計量

計画の診断統計量	
D効率	36.6429
G効率	47.76119
A効率	29.3578
平均予測分散	0.384722
計画作成時間(秒)	0

注意: 効率の指標は、それだけで解釈するのではなく、計画の比較に使用してください。2つの計画を比較したとき、効率の値が高い方が良い計画と言えます。どの基準も最大値を100としています。計画の効率は100を下回る場合がほとんどです。

記号

効率の指標を求める計算式の説明において、次の記号を用います。

- $\mathbf{X}$ は、モデル行列
- n は、計画の実験回数（標本サイズ）
- p は、切片を含めたモデル項の数
- $Var(\hat{y}|\mathbf{x})$ は、点 $\mathbf{x}$ における相対的な予測分散。「[相対的な予測分散](#)」を参照してください。
- $Var(\hat{y}|\mathbf{x})_{max}$ は、計画領域全体における相対的な予測分散の最大値

D 効率

D-最適化基準。理想的な直交計画と比較したときの相対的なD-最適化基準です。D-最適計画は、切片を除く推定値に対する同時信頼領域の体積を最小にする計画です。

$$D\text{-効率} = 100 \left(\frac{1}{n} |\mathbf{X}'\mathbf{X}|^{1/p} \right)$$

G 効率

G-最適化基準。理想的な直交計画と比較したときの相対的なG-最適化基準です。G-最適計画は、計画領域全体における予測分散の最大値を最小にする計画です。

$$G\text{-効率} = 100p / (n Var(\hat{y}|\mathbf{x})_{max})$$

Dを計画領域としたとき、上式の分母は下式により計算されます。

$$Var(\hat{y}|\mathbf{x})_{max} = \underset{\mathbf{x} \text{ in } D}{\text{maximum}} [\mathbf{x}'(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-1}\mathbf{x}]$$

メモ: 「G 効率」は、計画領域のモンテカルロ標本を使って計算されます。そのため、同じ計画でも計算値が若干異なることがあります。

A 効率

A-最適化基準。理想的な直交計画と比較したときの相対的な A-最適化基準です。A-最適計画は、回帰係数の分散の和を最小にする計画です。

$$A\text{-efficiency} = 100p / (n \text{Trace}(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-1})$$

平均予測分散

ある計画領域の 1 点 $\mathbf{x}$ における、相対的な予測分散は次のように定義されます。

$$\text{Var}(\hat{y}|\mathbf{x}) = \mathbf{x}'(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-1}\mathbf{x}$$

相対的な予測分散は、予測分散を誤差分散で割った値です。計算について詳しくは、Goos and Jones (2011) の節 4.3.5 を参照してください。

メモ: 計画領域が、線形制約または許可しない組み合わせによって制約されている場合、平均予測分散は、計画領域率プロットにある予測分散の値から計算されます。

計画作成時間

計画作成時間は、「計画の評価」プラットフォームの各種結果の計算にかかった時間です。

「計画の評価」のオプション

「計画の評価」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ています。

詳細オプション > 分割実験の分散比 残差誤差の分散に対して、一次単位の分散および二次単位の分散が何倍になっているかを指定します。このオプションを使うには、分割実験（1 段分割実験）の場合は変更が「困難」な因子、2 段分割実験の場合は変更が「非常に困難」な因子を定義しておく必要があります。その後、分割実験（1 段分割実験）を指定した場合には一次単位に関する比を、2 段分割実験を指定した場合には一次誤差および二次単位に関する比を入力します。

詳細オプション > 検出力計算のデルタを設定 検出したい差の値を指定します。指定された値は、「検出力分析」レポートの「係数の予想値」を設定するのに使われます。連続尺度の効果においては、「係数の予想値」はデルタの 2 分の 1 に設定されます。カテゴリカルな効果の場合、デルタの 2 分の 1 と、それに負の符号をつけた値が交互に使用されます。検出力分析の詳細については、「[検出力分析](#)」を参照してください。

デフォルトのデルタ値は2です。そのため、「係数の予想値」には、連続尺度の効果なら1、カテゴリカルな効果なら1と-1が交互に割り当てられます。デルタが2のときに「係数の予想値」として入力されるデフォルト値には、次のような性質があります。

- 連続尺度や離散数値の主効果に対する検出力は、「因子を最小から最大に変更したときに、応答平均がデルタだけ変化する」場合に、それを検出できる確率と解釈できます。
- カテゴリカルな主効果に対する検出力は、「平均の差がデルタである」場合にそのデルタだけの差を検出できる確率と解釈できます。
- 3水準数以上のカテゴリカルな主効果全体に対する検出力は、自由度が2以上のF検定に対する検出力となります。この検定の帰無仮説は、「すべての水準の応答平均は等しい」です。検出力は、各応答平均が「係数の予想値」により導かれるものであったときの検出力と解釈できます。「係数の予想値」を指定することにより、ある水準と別の水準との差（「デルタ」）を定義できます。ただし、因子全体の検出力は、2つの水準だけではなく、それらとは別の水準の「係数の予想値」によっても異なってきます。

スクリプトをスクリプトウィンドウに保存 「計画の評価」ウィンドウを再現するスクリプトが作成され、開いているスクリプトウィンドウの中に表示されます。

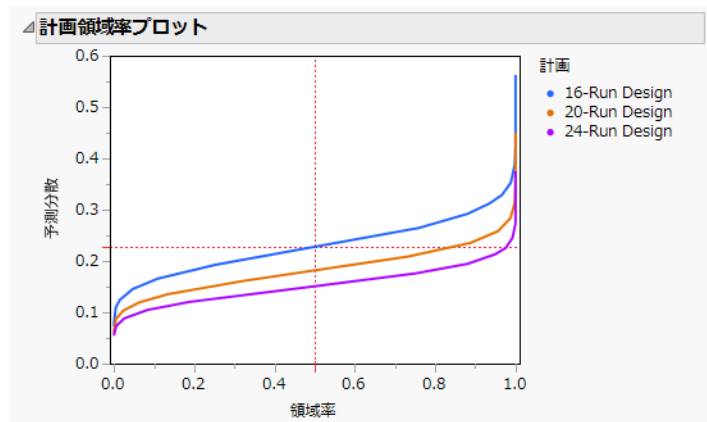
第17章

計画の比較

計画の比較および評価

「計画の比較」プラットフォームは、最大4つの計画を基準の計画と比較します。計画の性能を調べたり、評価や比較をするときに使用してください。複数の計画を比較したときの相対的な効率性に関する診断統計量と、1つ1つの計画の絶対的な効率性を示す診断統計量が計算されます。なお、特定の目的に合わせて計画を比較できるよう、モデル項と交絡項の両方を自由に変更できます。

図17.1 異なる実験回数である3つの計画の比較



目次

「計画の比較」プラットフォームの概要	477
計画の比較の例	477
同じ実験回数の計画を使った例	477
異なる実験回数の計画を使った例	482
一次単位の数異なる分割実験の例	486
「計画の比較」プラットフォームの起動	489
「計画の比較」プラットフォームでモデルと交絡項を指定する	491
基準の計画	492
因子	492
モデル	492
交絡項	492
「計画の比較」プラットフォームの「計画の評価」	493
検出力分析	493
予測分散プロファイル	497
計画領域率プロット	498
相対推定効率	499
交絡行列の要約	501
相関係数の絶対値	503
計画の診断統計量	505
計画の比較のオプション	506

「計画の比較」プラットフォームの概要

「計画の比較」プラットフォームは、「計画の評価」プラットフォームを拡張したものであり、簡単に最大4つの計画を基準の計画と比較できます。「計画の評価」プラットフォームは、基準となる計画について、比較対象となる1つまたは2つの計画に対する相対的効率を求めます。なお、「モデル」セクションでモデル項を、「交絡項」セクションで交絡項(alias term)を指定できます。

「計画の評価」レポートには、次のような診断結果とプロットが表示されます。

- 検出力分析
- 予測分散
- 計画領域率
- 相対推定効率
- 交絡行列の要約
- 効果（交絡項を含む）間における相関
- 計画全体の相対効率

計画の比較の例

この節では、次のようないくつかの計画を比較する例を示します。

- [「同じ実験回数の計画を使った例」](#)
- [「異なる実験回数の計画を使った例」](#)
- [「一次単位の数異なる分割実験の例」](#)

同じ実験回数の計画を使った例

「計画の比較」プラットフォームを使って、6因子を13回実験する2つの計画を比較します。1つは、実験回数12回の実験に中心点を1つ追加したPlackett-Burman計画で、もう1つは決定的スクリーニング計画です。

主効果のみの比較

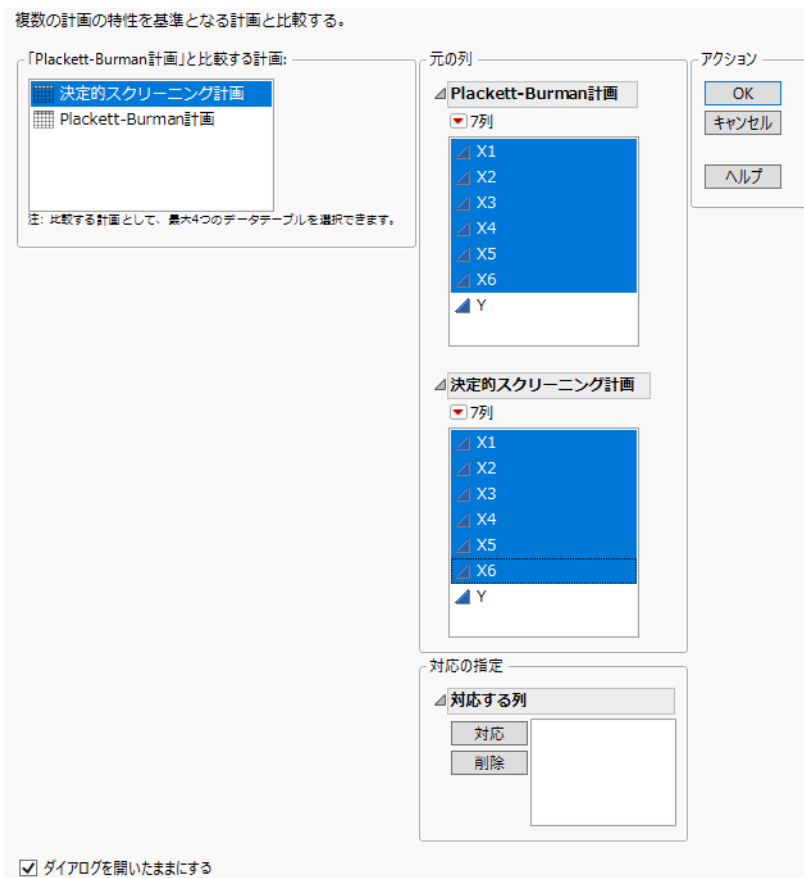
まず、推定対象のモデルに主効果だけが含まれているという仮定の下で、2つの計画を比較します。

1. [ヘルプ] > [サンプルの索引] を選択し、[サンプルスクリプトフォルダを開く] をクリックし、「Compare Same Run Size.jsl」を開きます。
2. スクリプトウィンドウ内で右クリックし、[スクリプトの実行] を選択します。

決定的スクリーニング計画とPlackett-Burman計画という、実験回数13の計画テーブルが2つ作成されます。これら2つの計画を比較しましょう。「Plackett-Burman計画」を基準の計画として、「決定的スクリーニング計画」と比較します。「Plackett-Burman計画」テーブルをアクティブにしてください。

3. 「Plackett-Burman計画」データテーブルで、[実験計画(DOE)] > [計画の診断] > [計画の比較] を選択します。
4. 「「Plackett-Burman計画」と比較する計画」のリストから、[決定的スクリーニング計画] を選択します。
5. 「Plackett-Burman計画」パネルと「決定的スクリーニング計画」パネルで「X1」から「X6」までを選択します。
6. [対応する列] を開き、[対応] をクリックします。

図17.2 対応する列を指定した起動ウィンドウ

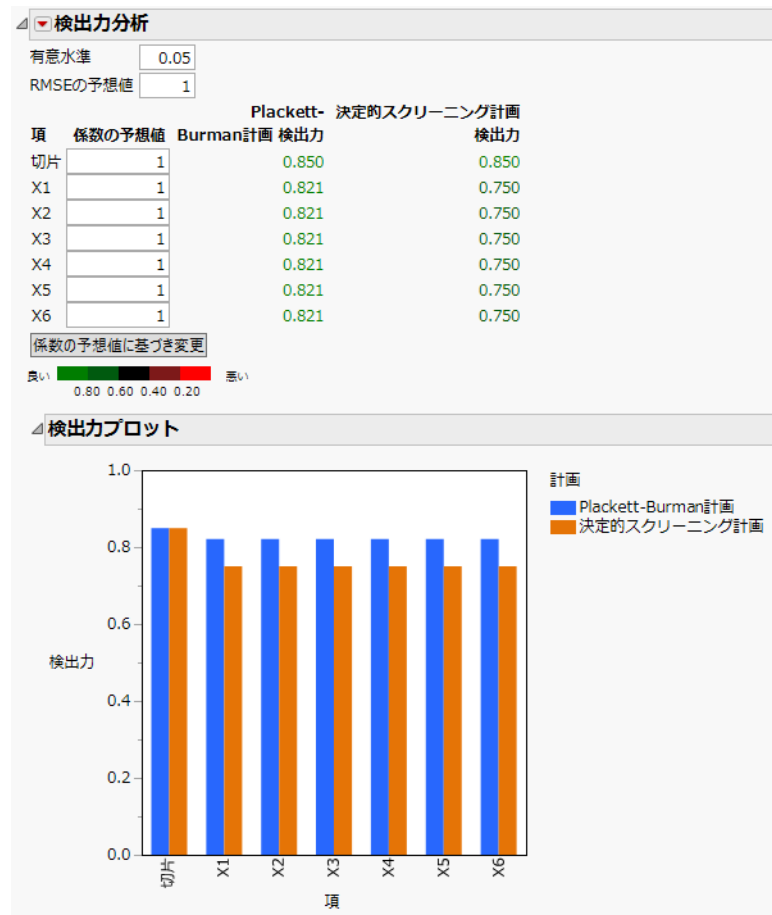


これで、2つの計画の因子間の対応関係を指定できました。

7. [OK] をクリックします。

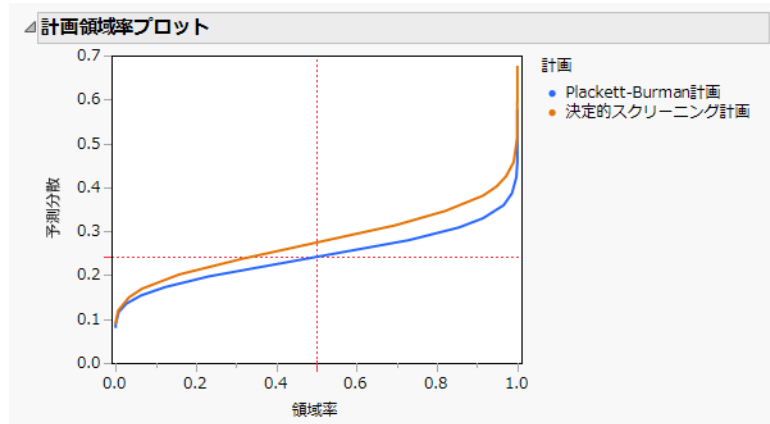
この例での基準の計画は、Plackett-Burman計画です。「計画の評価」セクションでは、この基準となっている Plackett-Burman 計画が決定的スクリーニング計画と比較されています。2つの計画の検出力・予測分散・推定効率・交絡・効率性が比較されています。

図17.3 Plackett-Burman計画と決定的スクリーニング計画における検出力分析の比較



主効果だけを確認する実験では、検出力・予測分散・推定効率において、Plackett-Burman計画の方が決定的スクリーニング計画より優れています。図17.3は、有意水準、RMSEの予想値、および係数の予想値をデフォルト値で設定したときの「検出力分析」レポートです。主効果だけの実験においては、Plackett-Burman計画は、決定的スクリーニング計画より検出力が高いことがわかります。

図17.4 Plackett-Burman計画と決定的スクリーニング計画における計画領域率プロットの比較



計画領域率プロットでは、Plackett-Burman計画は、計画領域全体において決定的スクリーニング計画より予測分散が小さいことがわかります。

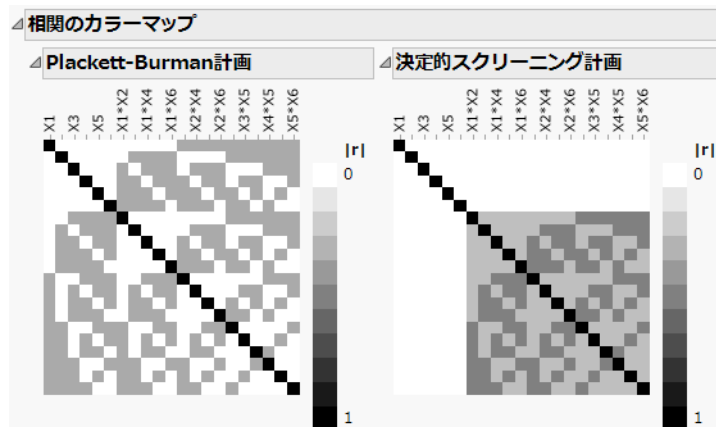
つまり、主効果だけが応答に影響していると想定できる場合には、Plackett-Burman計画の方が望ましいです。

2 因子間交互作用の比較

次に、主効果のほかにもいくつかの2因子間交互作用が応答に影響していると想定します。次の分析を見ると、2因子間交互作用が存在している場合には、決定的スクリーニング計画の方がPlackett-Burman計画より望ましいことがわかります。

1. 「相関係数の絶対値」レポートで、「相関のカラーマップ」レポートとその下のカラーマップレポートを開きます。

図17.5 Plackett-Burman計画と決定的スクリーニング計画におけるカラーマップの比較

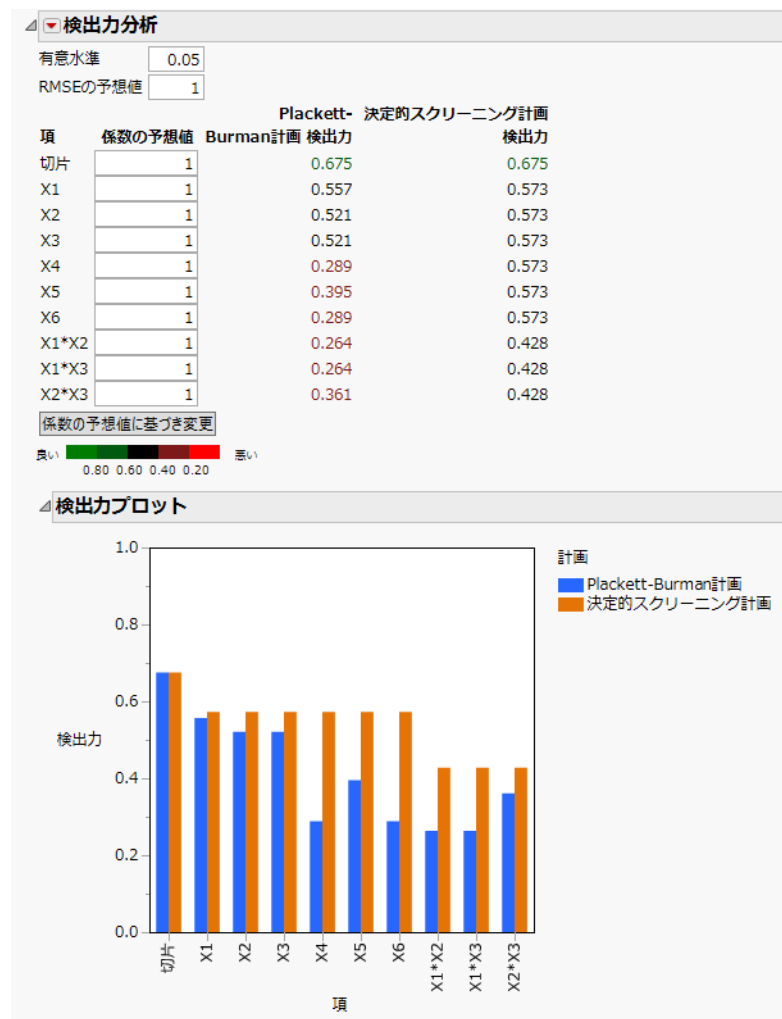


「関連のカラーマップ」プロットを見ると、Plackett-Burman計画で、2因子間交互作用と主効果が部分交絡していることがわかります。一方、決定的スクリーニング計画では、主効果と2因子間交互作用は直交しています。

いくつかの2因子間交互作用が応答に影響している状況で計画を比較するために、「モデル」に2因子間交互作用を追加しましょう。

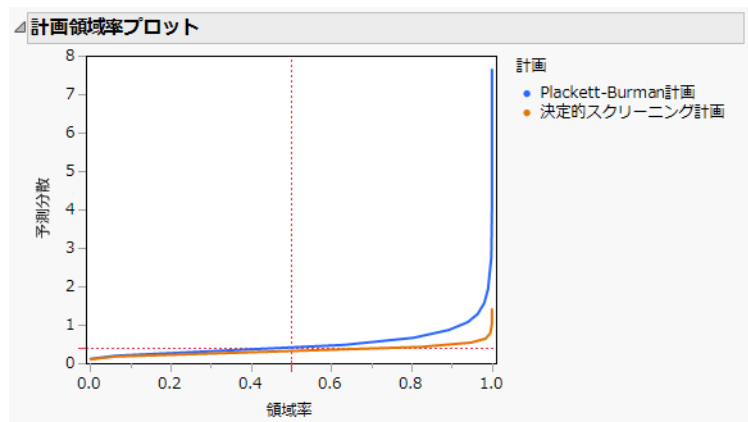
2. 「因子」セクションで、「X1」から「X3」までを選択します。
3. 「モデル」で「交互作用」>「2次」を選択します。

図17.6 交互作用がある場合のPlackett-Burman計画と決定的スクリーニング計画における検出力分析の比較



「項」リストに、2因子間交互作用が表示されます。いくつかの2因子間交互作用が応答に影響している場合、Plackett-Burman計画よりも決定的スクリーニング計画の方がそれらに対する検出力が高いことがわかります。

図17.7 交互作用がある場合のPlackett-Burman計画と決定的スクリーニング計画における予測分散の比較



この例のようにいくつかの交互作用項を含むモデルの場合には、Plackett-Burman計画より決定的スクリーニング計画の方が予測分散でも優れています。他のレポートでも、交互作用がある場合には、決定的スクリーニング計画の方が望ましいことを確認できます。

異なる実験回数の計画を使った例

「計画の比較」プラットフォームを使って、実験回数が16回・20回・24回の計画3つを比較します。この例では、モデルとして主効果だけのモデルを仮定します。追加費用が発生しても実験回数を増やす方が潜在的にメリットがあるかどうかを判断します。

1. [ヘルプ] > [サンプルの索引] を選択し、[サンプルスクリプトフォルダを開く] をクリックし、[Compare Three Run Sizes.jsl] を開きます。
2. スクリプトウィンドウ内で右クリックし、[スクリプトの実行] を選択します。

スクリプトを実行すると、3つのデータテーブルが、「カスタム計画」において「モデル」に主効果だけを指定することで作成されます。

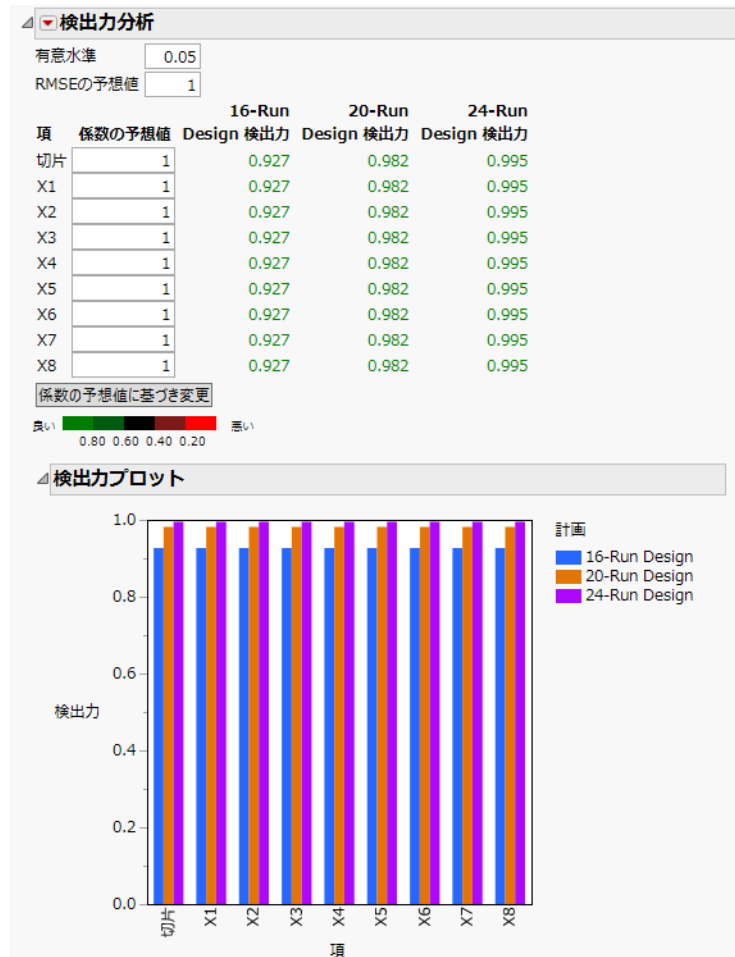
- 実験回数16の計画
- 実験回数20の計画
- 実験回数24の計画

これら3つの計画を比較しましょう。「16-Run Design」テーブルをアクティブな状態にしてください。

3. 「16-Run Design」データテーブルで、[実験計画(DOE)] > [計画の診断] > [計画の比較] を選択します。

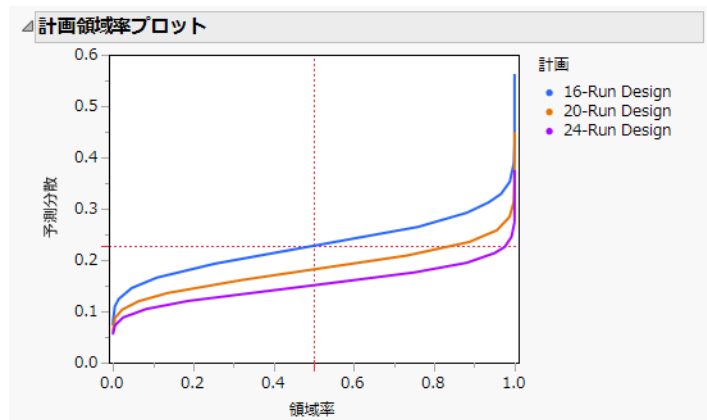
4. 「「16-Run Design」と比較する計画」リストから、「20-Run Design」と「24-Run Design」を選択します。
各計画のパネルが起動ウィンドウに追加されます。3つのデータテーブルに表示される順序をもとに、自動的に列の対応が認識されます。
5. [OK] をクリックします。

図17.8「検出力分析」の比較



モデルの係数がRMSEと同じ大きさである場合には、3つの計画すべてにおいて主効果に対する検出力は高いです。

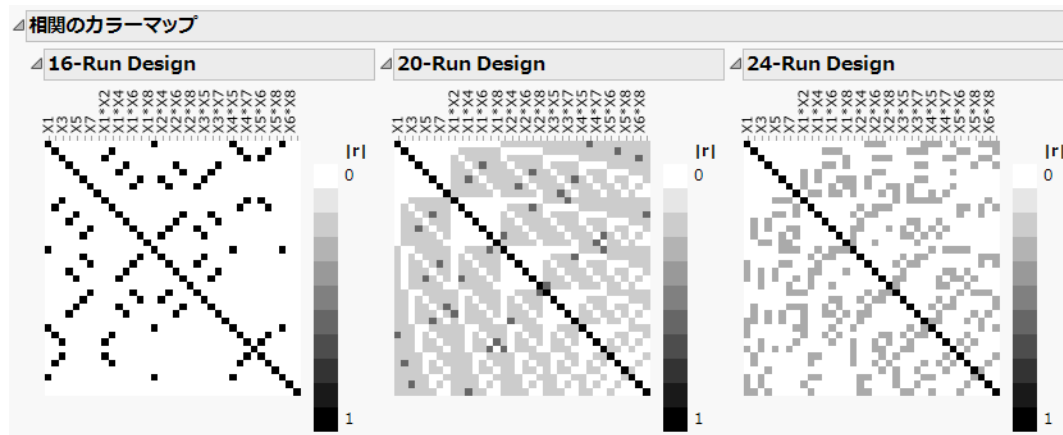
図17.9 「計画領域率」の比較



予想通り、実験回数24の計画の方が、他の2つの計画に比べて、計画領域全体における予測分散が小さくなっています。また、実験回数20の計画が実験回数16の計画より予測分散が小さいです。

6. 「相関係数の絶対値」レポートで、「相関のカラーマップ」レポートを開き、さらにその下の3つのレポートを開きます。

図17.10 「相関のカラーマップ」の比較



実験回数16の計画における「相関のカラーマップ」では、いくつかの主効果といくつかの2因子間交互作用との間に、および、2因子間交互作用間に完全交絡があることが示されています。

実験回数20の計画における「相関のカラーマップ」では、いくつかの主効果といくつかの2因子間交互作用との間に、および、いくつかの2因子間交互作用間に大きな相関があることが示されています。

実験回数24の計画における「相関のカラーマップ」では、いくつかの主効果といくつかの2因子間交互作用との間に、および、いくつかの2因子間交互作用間に中程度の相関があることが示されています。

図17.11 「相関係数の絶対値」の比較

相関係数の絶対値			
モデル項 × モデル項	相関の平均	完全交絡の個数	ペアの個数
16-Run Design	0.000	0	28
20-Run Design	0.000	0	28
24-Run Design	0.000	0	28
モデル項 × 交絡項	相関の平均	完全交絡の個数	ペアの個数
16-Run Design	0.094	21	224
20-Run Design	0.166	0	224
24-Run Design	0.098	0	224
交絡項 × 交絡項	相関の平均	完全交絡の個数	ペアの個数
16-Run Design	0.056	21	378
20-Run Design	0.121	0	378
24-Run Design	0.085	0	378

良い 0.10 0.30 0.50 0.70 悪い

「相関係数の絶対値」表には、「相関のカラーマップ」に示されている情報の要約が表示されます。3つの計画のすべてにおいて、モデルは主効果だけのモデルであり、「交絡項」には2因子間交互作用が含まれます。

実験回数16の計画では、「モデル項 × 交絡項」を見ると、主効果と2因子間交互作用との間に完全交絡が21あることが示されています。「交絡項 × 交絡項」を見ると、2因子間交互作用の完全交絡が21あることがわかります。

図17.12 「計画の診断統計量」の比較

計画の診断統計量		
	20-Run Designに対する 16-Run Designの効率	24-Run Designに対する 16-Run Designの効率
D効率	0.800	0.667
G効率	0.800	0.667
A効率	0.800	0.667
I効率	0.800	0.667
追加実験のサイズ	-4	-8

良い 1.50 1.25 0.80 0.67 悪い

「計画の診断統計量」レポートでは、いくつかの推定効率の指標に関して、実験回数16の計画を、実験回数20の計画および実験回数24の計画と比較します。1を超える相対効率値は、その項目に関して基準の計画の方が好ましいことを意味します。1未満の相対効率値は、その指標に関して、基準の計画より比較対象の計画の方が好ましいことを意味します。すべての指標において、他の計画に比べて、実験回数16の計画の効率が低いことから、実験回数の多い計画の方が好ましいことがわかります。

一次単位の数異なる分割実験の例

「計画の比較」プラットフォームを使って、一次単位の数異なる2つの分割実験を比較します。この実験で用いる因子は次の3つです。

- 変更の困難な連続因子
- 変更の容易な連続因子
- 変更の容易な3水準カテゴリカル因子

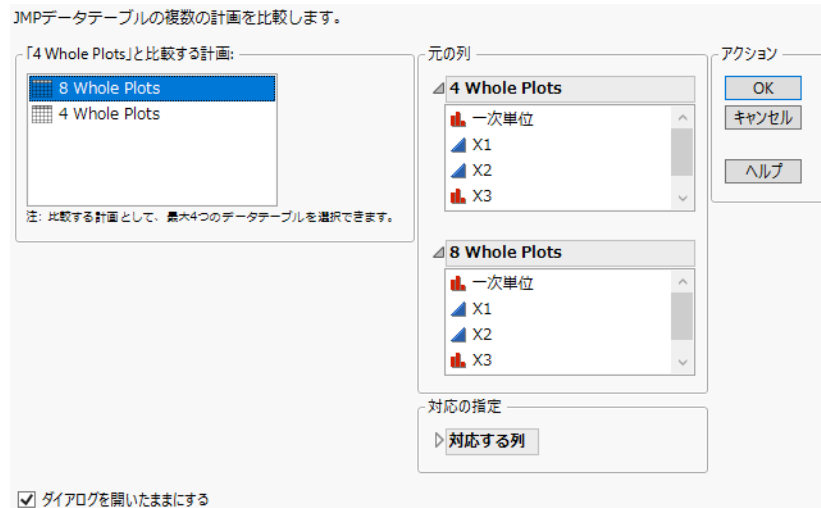
この例では、2因子間交互作用すべてを含んだモデルを想定します。実験回数を20として、一次単位3つの計画と8つの計画を比較します。

「計画の比較」の起動

1. [ヘルプ] > [サンプルの索引] を選択し、[サンプルスクリプトフォルダを開く] をクリックし、
「Compare Split Plots.jsl」をクリックします。
2. スクリプトウィンドウ内で右クリックし、[スクリプトの実行] を選択します。
「カスタム計画」を使って、2つのデータテーブルが作成されます。
 - 4 Whole Plots
 - 8 Whole Plotsこれら2つの計画を比較しましょう。「4 Whole Plots」テーブルをアクティブな状態にしてください。
3. 「4 Whole Plots」データテーブルで、[実験計画(DOE)] > [計画の診断] > [計画の比較] を選択します。
4. 「「4 Whole Plots」と比較する計画」リストから、「8 Whole Plots」を選択します。

起動ウィンドウにこの計画のパネルが追加されます。2つのデータテーブルに表示される順序で、自動的に列の対応が認識されます。

図 17.13 設定後の起動ウィンドウ



5. [OK] をクリックします。
6. 「基準の計画: 「4 Whole Plots」 (20 実験)」セクションの「対応の指定」を開きます。

図 17.14 分割実験の対応の指定

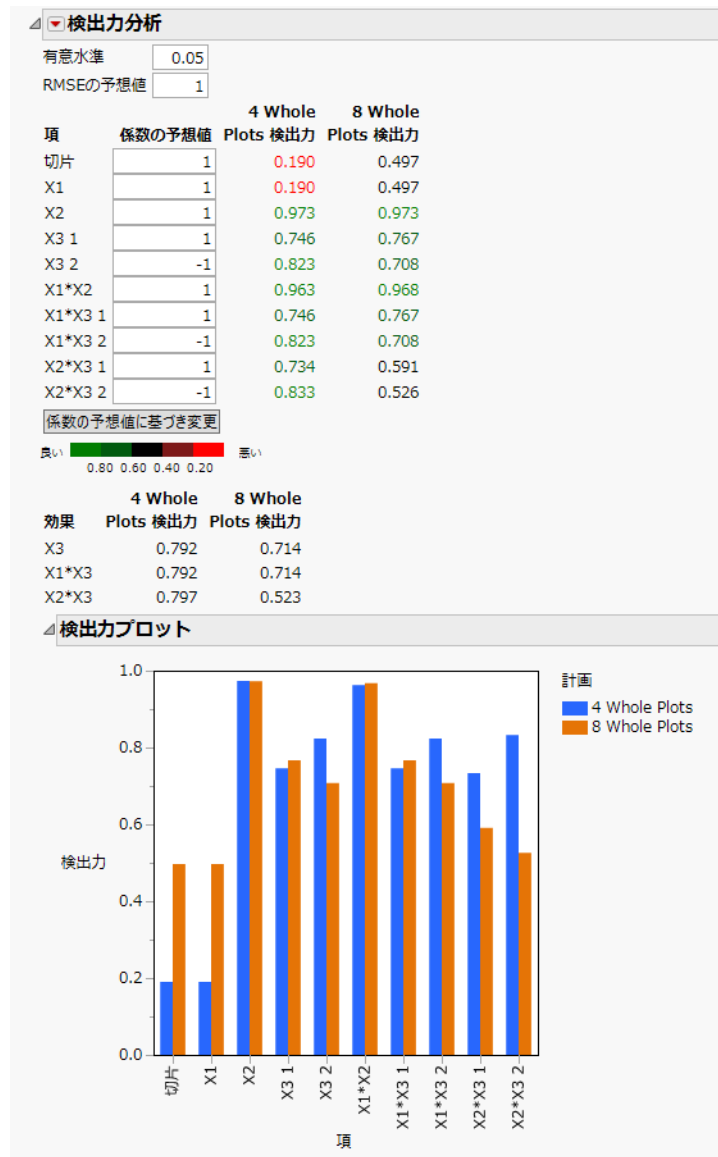


この実験は分割実験であり、「一次単位」を示す列がある点に注意してください。「計画の比較」では、分割実験の構造を考慮するため、この「一次単位」の列が指定されている必要があります。

レポートの検討

「計画の評価」レポートには、2つの計画を比較できる様々な診断統計量が表示されます。

図17.15 「検出力分析」の比較



「検出力分析」レポートを見ると、一次単位に割り付ける因子X1の検出力は、一次単位4つの計画のほうが一次単位8つの計画より低いです(0.190と0.497)。しかし、二次単位に割り付ける因子、特にX2*X3の検出力は、一次単位4つの計画のほうが一次単位8つの計画より高いです(0.797と0.523)。X2*X3の検出力は、カラーバーと凡例の下に表示されています。

図 17.16 「相対推定効率」の比較



「相対推定効率」レポートを見ると、**X1**の相対推定効率は0.778であることがわかります。これは、**X1**の標準誤差が、一次単位4つの計画のほうが一次単位8つの計画より顕著に大きいことを示します。

「推定値の相対標準誤差」レポートを開きます。一次単位4つの計画での**X1**の標準誤差は0.553であり、一次単位8つの計画では0.430であることがわかります。

「相対推定効率」レポートで、**X2*X3 2**の相対推定効率は1.449です。これは、**X2*X3 2**に関連するパラメータの標準誤差は、一次単位8つの計画のほうが一次単位4つの計画より顕著に大きいことを意味します。

「検出力分析」レポートと「相対推定効率」レポートを見ると、これらの計画は、一次単位効果**X1**に対する検出力において大きく異なっています。一次単位8つの計画のほうが、一次単位効果に対する検出力が高いです。一方、一次単位4つの計画のほうが、二次単位効果に対する検出力がやや高いです。

「計画の比較」プラットフォームの起動

「計画の比較」を起動するには、[実験計画(DOE)] > [計画の診断] > [計画の比較] を選択します。現在、開いているすべてのデータテーブルを表示しているリストが左側にあるウィンドウが開きます。アクティブなデータテーブルとその列は、「元の列」パネルに表示されます。最初の「元の列」パネルにある計画が**基準の計画**となります。つまり、この計画に対して他の計画を比較します。この基準の計画と比較する対象の計画を追加すると、それらの列が基準の計画のパネルの下に表示されます。

図17.17は、「異なる実験回数の計画を使った例」での3つの計画を表示した起動ウィンドウです。

図17.17 「計画の比較」起動ウィンドウ



計画のデータテーブルを選択

左のリストから最大4つのテーブルを選択します。

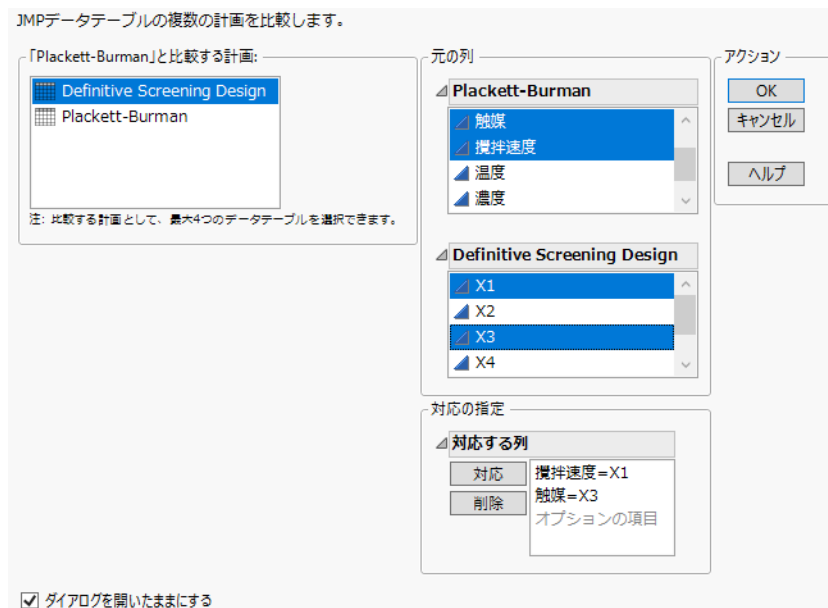
- 複数の計画を基準の計画と比較する場合は、左のリストから、該当するデータテーブルを同時に選択する必要があります。
- 「元の列」リストの計画を変更するには、左側のリストから目的のテーブルを選びます。そうすると、基準の計画の下に表示されている計画が変更されます。

メモ: 基準となる計画のデータテーブルを、その基準のデータテーブル自身と比較することもできます。これは、既存の割り付け表の各列に因子を割り付ける場合に役立ちます。

対応する列

「対応する列」パネルでは、データテーブルのどの列をどの列と対応させるかを指定します。列を対応させるには、「元の列」リストにある各データテーブルから対応させる列を選択し、「対応」をクリックします。

図 17.18 対応させる列の選択



- 各リストから1列ずつ対応させるには、各リストから1列ずつ選択し、[対応] をクリックします。
- 各リストで正しい対応順序で表示されている複数の列を対応させるには、各リストでそれら複数の列を選択します。そして、[対応] ボタンをクリックします。この操作により、リスト内の表示順序で列の対応が設定されます (図 17.18)。この例で、「送り速度」は「X1」に、「触媒」は「X3」に対応します。
- 各リストに同数の列があり、リストでの順序と同じ順序で列を対応させる場合は、[対応] をクリックする必要はありません。[OK] をクリックし、起動ウィンドウを実行すると、列が表示順序に従って自動的に対応が設定されます。レポートの先頭にある「対応の指定」で、列の対応が正しく設定されたかどうかを確認できます。

「計画の比較」プラットフォームでモデルと交絡項を指定する

「計画の比較」レポートには、「基準の計画」セクションと「計画の評価」セクションがあります。「計画の評価」レポートでは、基準の計画における列名が使用されます。

「基準の計画」セクションの「モデル」と「交絡項」で指定を変更すると、すぐにそれらの変更が「計画の評価」レポートに反映されます。

この節では、「基準の計画」・「因子」・「モデル」・「交絡項」の各セクションについて説明します。「計画の評価」セクションについては、「[「計画の比較」プラットフォームの「計画の評価」](#)」を参照してください。

基準の計画

「計画の比較」は、基準の計画を使用します。「基準の計画」セクションに基準となる計画の名前が表示されます。「対応の指定」セクションには、起動ウィンドウで指定した比較の内容が一覧されます。

因子

「計画の比較」の「因子」セクションで、「モデル」リストと「交絡項」リストに効果を追加します。

「因子」セクションには、因子が、基準の計画での列名とコード化された値とともに表示されます。一次単位と二次単位は因子ではないため、「因子」セクションにそれらの列は表示されません。ただし、それらの一次単位と二次単位は比較や評価では考慮されます。

モデル

「計画の比較」の「モデル」セクションでは、モデル項を追加したり、削除したりして計画を比較します。「モデル」セクションには、最初、基準となる計画のデータテーブルの「モデル」スクリプトに指定されているモデルが設定されます。ただし、すべての計画において推定可能な効果だけが含まれます。基準となる計画のデータテーブルに「モデル」スクリプトがない場合、比較されるすべての計画において推定可能な主効果だけを含むモデルが最初のモデルとして設定されます。効果の追加と削除については、[「モデル」](#)を参照してください。

メモ: 比較する計画の中に、推定されるパラメータ数が実験回数を越える過飽和実験計画が含まれる場合には、「モデル」には推定可能な効果だけが設定されます。

交絡項

「計画の比較」の「交絡項」セクションでは、効果を追加したり、削除したりして計画を比較し、応答に影響している効果を見つけます。「交絡項」には、最初、「モデル」に含まれていないすべての2因子間交互作用が含まれます。「交絡項」で設定した効果は、「交絡行列の要約」と「相関係数の絶対値」の計算に使われます。[「交絡行列の要約」](#)および[「相関係数の絶対値」](#)を参照してください。

効果の追加と削除については、[「交絡項」](#)を参照してください。

「計画の比較」プラットフォームの「計画の評価」

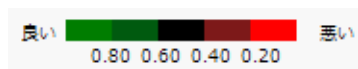
この節では、「計画の比較」プラットフォームにある「計画の評価」セクションについて説明します。

- 「検出力分析」
- 「予測分散プロファイル」
- 「計画領域率プロット」
- 「相対推定効率」
- 「交絡行列の要約」
- 「相関係数の絶対値」
- 「計画の診断統計量」

カラーバー

「計画の評価」における複数の結果において、数値が色付けされます。色付けの設定は、凡例のカラーバーで示されています。診断統計量の値に応じて色が付けられているので、どの数値が好ましいかが視覚的に分かります。カラーバーの閾値は編集できるので、自分自身の閾値を設定できます。

図17.19 カラーバー



カラーバーを変更するには、セクションの赤い三角ボタンのメニューから次の2つのオプションを選択するか、または、カラーバーを右クリックします。

凡例の閾値を表示 カラーバーの下にある閾値の表示／非表示を切り替えます。

凡例の閾値を編集 各色に対応した閾値を指定します。

検出力分析

「計画の比較」レポートの「検出力分析」セクションには、「モデル」セクションにある効果の検定に対する検出力が表示されます。検出力とは、特定の大きさをもつ効果を検出できる確率のことです。「検出力分析」は、現在の計画によって重要な効果を検出できるかどうかを評価および比較するのに役立ちます。

個々のモデルパラメータと効果全体に対する検定の検出力が計算されます。なお、このレポートには、「検出力プロット」と「標本サイズと検出力」プロットも表示されます。

検出力は、実験回数・有意水準・誤差分散などによって決まります。検出力の計算方法については、「[検出力の計算](#)」を参照してください。

図 17.20 3つの計画の「検出力分析」

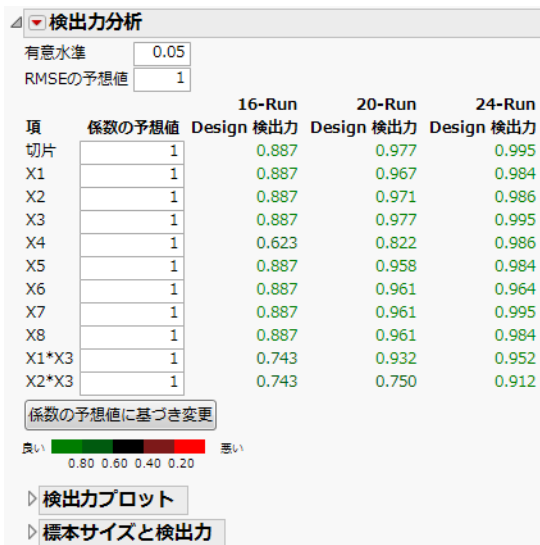


図 17.20 は、「異なる実験回数の計画を使った例」で作成された3つの計画の「検出力分析」セクションです。この例では、「モデル」に2つの2因子間交相互作用も追加しています。

「検出力分析」レポート

検出力の計算には「有意水準」や「RMSEの予想値」の設定も使われます。それらの数値を変更すると、それらの変更した情報が検出力の計算に反映されます。また、「係数の予想値」に検出したい差に対応した係数を指定してください。「係数の予想値」に新しく指定した数値に基づいてすべての結果を更新するには、「係数の予想値に基づき変更」をクリックしてください。

有意水準 「効果なし」という帰無仮説が真のときに、その帰無仮説を誤って棄却する確率。検出力の計算結果は、値を入力するとすぐに更新されます。

RMSEの予想値 誤差の標準偏差（誤差分散の平方根）。「RMSEの予想値」を入力すると、すぐに検出力の計算結果が更新されます。

検出力の数値は、「係数の予想値に基づき変更」の下に表示されるカラーグラデーションで色付けされます。「検出力分析」の赤い三角ボタンのメニューで、色の設定を変更できます。「[カラーバー](#)」を参照してください。

検出力プロットの詳細については、「[検出力プロット](#)」を参照してください。

メモ: 比較する計画の中に、推定されるパラメータ数が実験回数を越える過飽和実験計画が含まれる場合には、「検出力分析」セクションには推定可能な効果だけが設定されます。

個々のパラメータに対する検定

「項」の列には、モデル項が一覧表示されています。「係数の予測値」には、それらの項に対するパラメータ値が含まれています。「検出力」の列に含まれている値は、「係数の予想値」が真の係数の値であるときの、「係数が0である」という帰無仮説に対する検定の検出力です。

項 検定される係数に対応しているモデル項の名前。

係数の予想値 モデル項に対応している係数の値。この値は、検出力の計算に使われます。「係数の予想値」列に新しい値を入力し、**[係数の予想値に基づき変更]** ボタンをクリックすると、「検出力」の計算結果が更新されます。

メモ:「係数の予想値」のデフォルト値は、連続尺度の効果に対しては、1です。カテゴリカルな効果に対しては、1と-1が交互に現れます。

検出力 指定した「係数の予想値」が真の係数の値である場合に、「効果はない」という帰無仮説を棄却できる確率。

- 連続変数の主効果に対しては、低値と高値における応答平均の差は、係数に2を掛けた値です。
- カテゴリカル因子の係数の場合、因子の全水準における（モデルに基づく）応答平均の変化は、係数の予想値の絶対値に2を掛けた値になります。カテゴリカル因子の検出力については、**[3水準以上のカテゴリカルな効果に対する検定]**を参照してください。

検出力の計算には、「有意水準」と「RMSEの予想値」も考慮されます。検出力の計算については、**[1つのパラメータに対する検出力]**を参照してください。

係数の予想値に基づき変更 「係数の予想値」列に新しい値を入力し、**[係数の予想値に基づき変更]** ボタンをクリックすると、「検出力」の列が更新されます。

3水準以上のカテゴリカルな効果に対する検定

3水準以上のカテゴリカルな効果がモデルに含まれている場合は、**[係数の予想値に基づき変更]** ボタンの下に次の列が表示されます。

効果 カテゴリカルな効果の名前。

検出力 「効果がない」という帰無仮説に対する検定の検出力。なお、この帰無仮説は、「因子のすべての水準において、応答平均は等しい」、つまり、「効果に関係するすべてのモデルパラメータはゼロである」というものです。検出したい応答平均の差は、「係数の予想値」列によって決められます。「係数の予想値」によって定義された応答平均の差をもとに、検出力が計算されます。

検出力の計算には、「有意水準」と「RMSEの予想値」も考慮されます。検出力の計算については、**[カテゴリカルな効果に対する検出力]**を参照してください。

検出力プロット

「検出力プロット」には、「検出力分析」から得た検出力の値がグラフで描かれます。このグラフは、各効果の検出力を横並びの棒グラフで描いたものです。

図17.21 3つの計画の検出力プロット

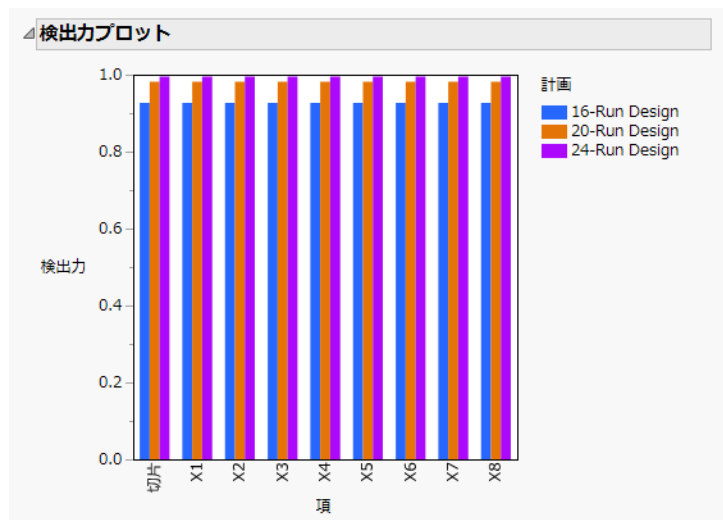
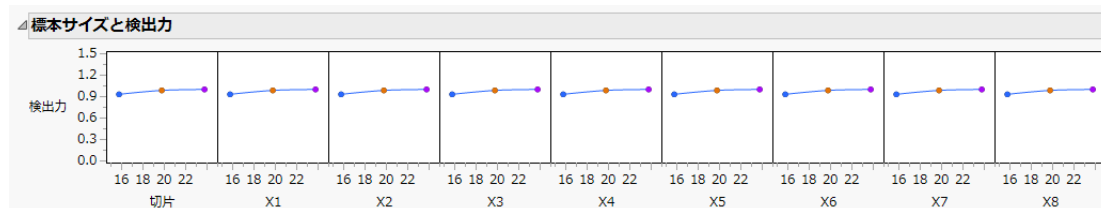


図17.21の「検出力プロット」は、「異なる実験回数の計画を使った例」で作成された3つの計画の主効果に関するものです。

「標本サイズと検出力」プロット

「標本サイズと検出力」プロットは、比較する計画の実験回数が異なる場合のみ表示されます。モデルの各効果において、標本サイズが検出力に及ぼす影響がわかります。「検出力プロット」のグラフと同様の情報ですが、異なる形式で情報を描きます。「標本サイズと検出力」プロットでは、整数の標本サイズに対して、検出力が折れ線で描かれています。

図17.22 3つの計画の「標本サイズと検出力」プロット



予測分散プロファイル

「計画の比較」レポートの「予測分散プロファイル」セクションには、各計画の相対的な予測分散のプロファイルが表示されます。各プロットは、他の因子の値を固定したときの、各因子における予測値の相対的な分散を表示します。

「予測分散プロファイル」の横にある赤い三角ボタンをクリックし、**[予測分散の最大化]**を選択すると、基準の計画の計画領域において予測分散が最大値となる因子設定を求めることができます。**「予測分散の最大化」**を参照してください。

図17.23 3つの計画の予測分散プロファイル

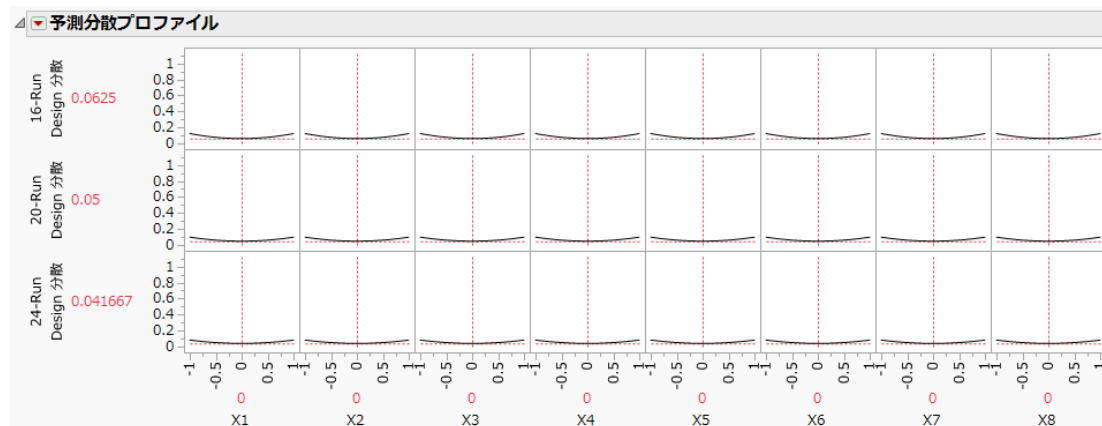


図17.23は、「異なる実験回数の計画を使った例」で作成された3つの計画の予測分散プロファイルです。**X1*X3**および**X2*X3**の2つの2次交互作用が「モデル」に追加されています。プロットの連続尺度の各因子の初期値は、計画の設定の中間点です。左側の分散の値を見ると、実験回数が増加するにつれて、中間点での予測分散は小さくなるのがわかります。

相対的な予測分散

(相対的ではなく) 実際の予測分散は、相対的な予測分散に誤差分散を掛け合わせて算出されます。実験を行うまでは、誤差分散がわからないので、予測分散も不明です。しかし、実際の予測分散を誤差分散で割った比は、誤差分散には依存しません。この比は、**相対的な予測分散**と呼ばれ、計画と因子設定にのみ依存します。そのため、データを取得する前に計算することができます。**「相対的な予測分散」**を参照してください。

実験を行い、最小2乗法でモデルをあてはめれば、あてはめたモデルの平均2乗誤差(MSE; Mean Square Error)によって誤差分散が推定されます。実際のデータから計算される予測分散は、相対的な予測分散に誤差分散を掛けたものです。

予測分散は、計画領域全体で小さいのが理想です。予測分散は、一般に標本サイズが大きくなるにつれて小さくなります。計画を比較する場合は、予測分散が平均的に小さい方が優れた計画といえます。

予測分散の最大化

相対的な予測分散の最大値によっても、計画を評価したり、比較したりできます。「予測分散プロファイル」の横にある赤い三角ボタンをクリックし、[予測分散の最大化]を選択してください。そうすると、JMPで使用される満足度関数によって、相対的な予測分散が最大化されます。このときに「予測分散プロファイル」に表示される分散値は、相対的な予測分散が最悪になる（つまり、計画領域のなかで予測分散が最も大きくなる）ときのものです。

図17.24 3つの計画における最大の分散を示す予測分散プロファイル

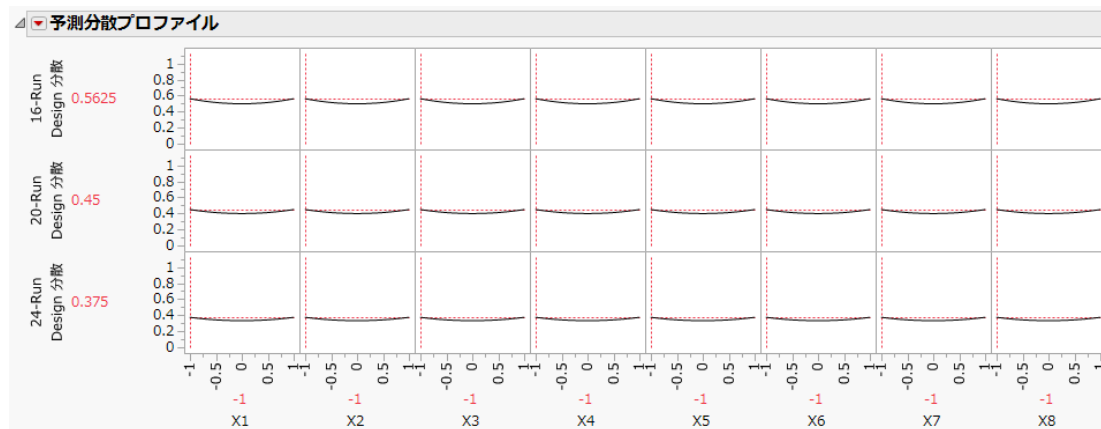


図17.24は、「異なる実験回数の計画を使った例」で作成された3つの計画について[予測分散の最大化]を選択した後の予測分散プロファイルです。予想のとおり、相対的な予測分散の最大値は、実験回数が増加するにつれて小さくなっています。また、因子のどの値で予測分散が最大となっているのかも見て取れます。ただし、予測分散が最大となる因子設定は、複数、存在する場合があります。

計画領域率プロット

「計画の比較」レポートの計画領域率プロット（Fraction of Design Space Plot）は、計画領域のうち、相対的な予測分散が特定の値を下回る領域の割合を示します。

図17.25 3つの計画の計画領域率プロット

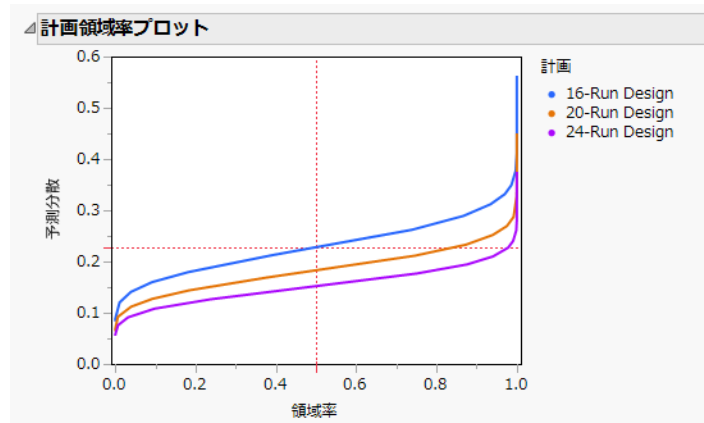


図17.25は、「異なる実験回数の計画を使った例」で作成された3つの計画領域率プロットです。次のことを注意してください。

- プロットのX軸は、計画領域の割合（0～100%）を表します。
- Y軸は、相対的な予測分散の値を表します。
- 曲線上にある点 (x, y) では、分散が y 以下となる計画領域の割合が x 座標になっています。
- 赤色の点線が交わる点は、基準の計画の計画領域率が50%のときの相対的な予測分散を示します。

図17.25から、実験回数が24である計画の相対的な予測分散は、他の2つの計画より一様に小さいことがわかります。また、実験回数が20である計画の予測分散は、実験回数が16である計画の予測分散より一様に小さいです。赤色の点線によって、実験回数が20である計画の相対的な予測分散は、計画領域の50%において0.23より小さいことがわかります。

十字ツールを使うと、任意の計画領域率に対応する相対的な予測分散を知ることができます。たとえば、十字ツールを使えば、実験回数24の計画で、90%の領域において相対的な予測分散が約0.20より低い値であることがわかります。

メモ：「計画領域率プロット」の作成には、計画領域のモンテカルロ標本が使用されるため、同じ計画のプロットでも若干異なることがあります。

相対推定効率

「計画の比較」レポートの「相対推定効率」セクションは、パラメータ推定値の標準誤差によって計画を比較します。パラメータ推定値の信頼区間がどれぐらいの幅になるかは、パラメータ推定値の標準誤差によって決まります。このセクションには、相対推定効率と相対標準誤差が表示されます。

相対推定効率は、表の下にあるカラーバーで示されている色で色付けされています。「相対推定効率」の赤い三角ボタンのメニューで、色の設定を変更できます。「[カラーバー](#)」を参照してください。

図17.26 相対推定効率で分割実験を比較



図17.26は、「一次単位の数異なる分割実験の例」で比較している分割実験の「相対推定効率」セクションです。

相対推定効率

特定の項における、比較対象の計画に対する、基準の計画の「相対推定効率」は、比較対象の計画におけるその項の標準誤差を、基準の計画におけるその項の標準誤差で割ったものです。この「相対推定効率」が1未満である場合は、比較対象の計画に比べ、基準の計画が効率的ではないことを示します。1より大きい場合には、基準の計画が比較対象の計画より効率的であることを示します。

推定値の相対標準誤差

「推定値の相対標準誤差」レポートは、誤差の標準偏差を1としたときの、パラメータ推定値の標準誤差を示しています。この値は、誤差の標準偏差を1としたときの、パラメータ推定量のばらつき（標準誤差の大きさ）を表しています。*i* 番目のパラメータの推定値に対し、「推定値の相対標準誤差」は次のように定義されます。

$$SE = \sqrt{(\mathbf{X}'\mathbf{X})_{ii}^{-1}}$$

ここで

Xは、「**交絡行列**」で定義されたモデル行列です。

$(\mathbf{X}'\mathbf{X})_{ii}^{-1}$ は、 $(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-1}$ の *i* 番目の対角要素です。

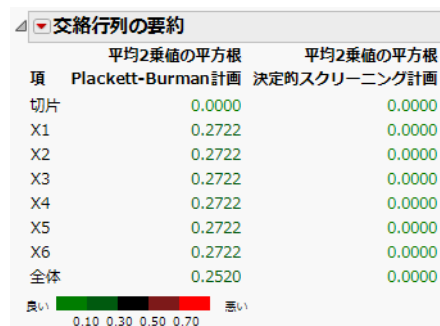
交絡行列の要約

「計画の比較」レポートの「交絡行列の要約」表には、仮定したモデルの項が一覧されます。これらの項は、「モデル」に一覧されているモデル効果に対応しています。モデル項ごとに（つまり交絡行列の行ごとに）、交絡行列における要素の平均2乗値の平方根が計算されます。この値は、計画の「平均2乗値の平方根」列に表示されます。例として、「[「交絡行列の要約」の数値例](#)」を参照してください。

「交絡行列」(alias matrix)は、実際には応答に対して影響があるのにモデルには含まれていない項が、モデル項の推定にどのように影響しているかを示します。「交絡項」セクションには、あてはめるモデルには含まないものの、モデル項の推定値にバイアス（偏り）を与えている可能性がある効果を指定してください。「交絡行列」には、「交絡項」アウトラインの効果ごとに、モデルパラメータに対するバイアスの大きさが表示されます。「[交絡項](#)」および「[交絡行列](#)」を参照してください。

メモ: 「交絡行列の要約」レポートは、「交絡項」リストに効果が指定されている場合にのみ表示されます。

図17.27 2つの計画の交絡行列の要約



項	平均2乗値の平方根 Plackett-Burman計画	平均2乗値の平方根 決定的スクリーニング計画
切片	0.0000	0.0000
X1	0.2722	0.0000
X2	0.2722	0.0000
X3	0.2722	0.0000
X4	0.2722	0.0000
X5	0.2722	0.0000
X6	0.2722	0.0000
全体	0.2520	0.0000

良い 0.10 0.30 0.50 0.70 悪い

図17.27は、「[同じ実験回数の計画を使った例](#)」で作成された、「モデル」セクションに主効果だけを含む、「Plackett-Burman計画」と「決定的スクリーニング計画」の「交絡行列の要約」レポートです。「交絡項」リストには、すべての2因子間交互作用が指定されています。結果を見ると、「決定的スクリーニング計画」では、主効果は2因子間交互作用と直交していることが分かります。

「平均2乗値の平方根」は、「交絡行列の要約」表の下にあるカラーバーで示されている色で色付けされています。「交絡行列の要約」の赤い三角ボタンのメニューで、色の設定を変更できます。「[カラーバー](#)」を参照してください。

交絡行列

「交絡行列」の行の要素は、「モデル」セクションに一覧されているモデル効果に対応します。列の項は、「交絡項」セクションに一覧されている効果に対応します。ある行、ある列の要素は、そのモデル項に対応するパラメータ推定値に交絡項が及ぼす影響の程度を示します。

次に示す2つの条件のいずれかが満たされていれば、パラメータ推定値におけるバイアスは小さくなります。1つ目の条件は、交絡行列における要素の絶対値が小さいことです。第2の条件は、交絡項がもつ効果が小さいことです。いずれかの条件が満たされていれば、バイアスは小さくなります。交絡項が大きな効果を持つと予想される場合は、その項をモデルに含めるか、交絡最適計画を作成することを検討してください。交絡最適計画は、交絡行列の2乗和も考慮して計画を作成します。

「交絡行列」の詳細については、「[交絡行列](#)」を参照してください。また、Lekivetz, R. (2014) も参照してください。

「交絡行列の要約」の数値例

この例では、「交絡行列の要約」セクションの数値例を紹介します。ここでは、あてはめるモデルには主効果のみを含めるものとして、2つの計画を比較します。

1. [ヘルプ] > [サンプルの索引] を選択し、[サンプルスクリプトフォルダを開く] をクリックし、「Compare Same Run Size.jsl」を開きます。
2. スクリプトウィンドウ内で右クリックし、[スクリプトの実行] を選択します。

実験回数13のデザインが2つ作成されます。

– 決定的スクリーニング計画

– Plackett-Burman 計画

ここでは、Plackett-Burman 計画だけを取り上げます。「Plackett-Burman 計画」テーブルのウィンドウをアクティブな状態にしてください。

3. Plackett-Burman 計画のデータテーブルで、[実験計画(DOE)] > [計画の診断] > [計画の評価] を選択します。
4. 「X1」から「X6」まで選択し、[X, 説明変数] をクリックします。
5. [OK] をクリックします。
6. 「交絡項」セクションを開き、「交絡項」リストにすべての2因子間交互作用があることを確認します。
7. 「交絡行列」セクションを開きます。

この「交絡行列」表では、「効果」列のモデル項に対するパラメータ推定値に各交絡項が及ぼす影響の程度がわかります。

「交絡行列の要約」の値は、これらの平均2乗値の平方根になっています。たとえば、[図 17.27](#) における「X1」の平均2乗値を求めるには、「交絡行列」の「X1」行の要素を2乗し、それらの値を平均し、そして平方根を計算します。これにより、平均2乗値の平方根として0.2722が求められます。

相関係数の絶対値

「計画の比較」レポートの「相関係数の絶対値」セクションは、モデル項や交絡項の相関を要約したものです。

図17.28 3つの計画の「相関係数の絶対値」レポート

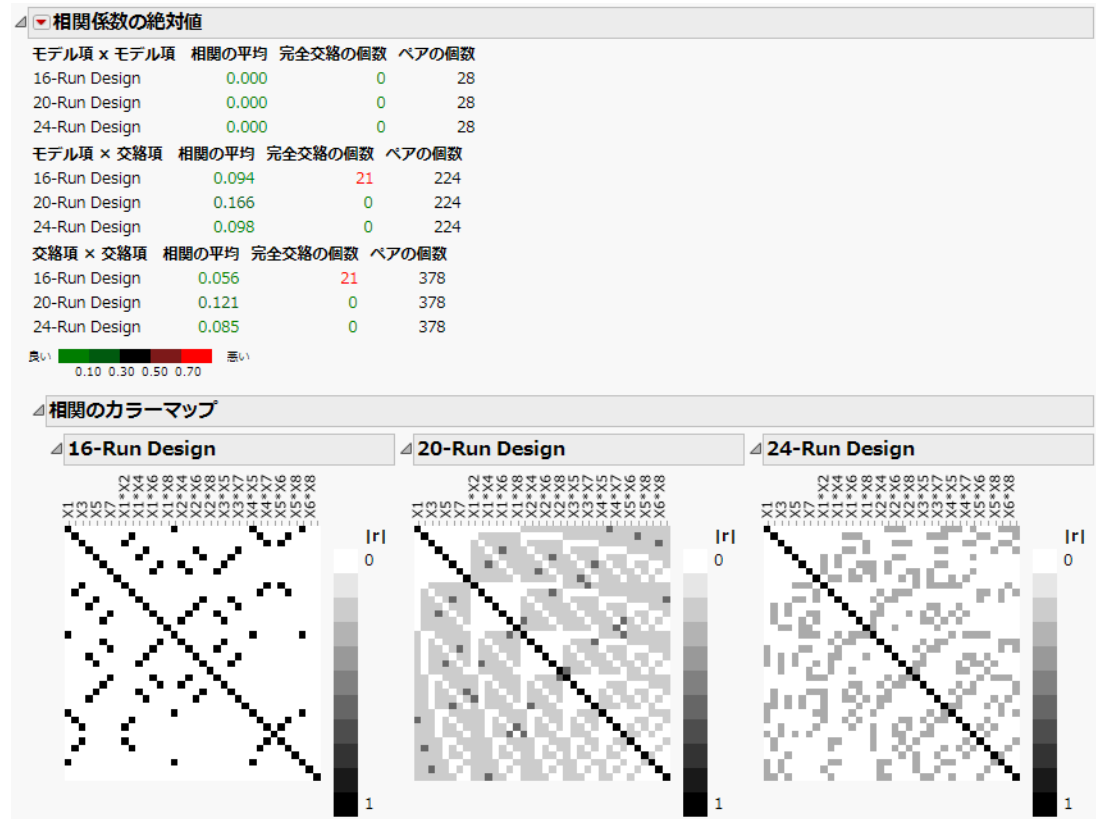


図17.28は、「異なる実験回数の計画を使った例」で作成された、「モデル」セクションに主効果だけを含む3つの計画の「相関係数の絶対値」レポートです。

「相関係数の絶対値」表

「相関係数の絶対値」レポートには、次に示す3種類の表があります。

- 「モデル項 × モデル項」は、「モデル」リストに指定されている項の間の相関係数に関する情報です。
- 「モデル項 × 交絡項」は、「モデル」リストに指定された項と、「交絡項」リストに指定された項との相関係数に関する情報です。
- 「交絡項 × 交絡項」は、「交絡項」リストに指定されている項の間の相関係数に関する情報です。

メモ: 交絡項がない場合は、「モデル項 × モデル項」セクションのみ表示されます。

このレポートの各セクションには、次のものが表示されます。

相関の平均 当該セクションに含まれるすべての効果のペアから算出される相関係数の絶対値の平均。

完全交絡の個数 ペアのうち、完全交絡となっているものの個数。

ペアの個数 当該セクションに含まれるすべての項の組み合わせ数。

「相関係数の絶対値」は、表の下にあるカラーバーで示されている色で色付けされています。「相関係数の絶対値」の赤い三角ボタンのメニューで、色の設定を変更できます。「[カラーバー](#)」を参照してください。

相関のカラーマップ

「相関のカラーマップ」セクションには、計画ごとにカラーマップが描かれます。カラーマップの上部には、効果名が表示されています。「モデル」や「交絡項」で指定された各効果に対応した各項につき、セルが1つずつ作成されています。各セルは、2つの項の間の相関係数の絶対値によって色付けされます。

デフォルトでは、相関係数の絶対値の大きさが、白からグレー、そして、黒へと移るカラーテーマで表現されています。一般に、カラーマップの対角線以外のセルが白になっているのが良い計画です。その場合、効果間には、直交性があること、もしくは、わずかな相関しかないことを示しています。効果間の相関係数が大きい場合、推定値の標準誤差が大きくなります。

2つの効果に見られる相関係数の絶対値を確認するには、対応するセルの上にカーソルを置きます。色のスケールをカスタマイズするには、プロットの中を右クリックし、[カラーテーマ]を選択します。相関係数の表を保存するには、プロットの右側で凡例の下を右クリックし、[相関のデータテーブル]を選択します。

「相関係数の絶対値」と「相関のカラーマップ」の例

図17.28は、「[異なる実験回数の計画を使った例](#)」で作成された、「Plackett-Burman計画」と「決定的スクリーニング計画」の「相関係数の絶対値」レポートです。「モデル」セクションには主効果のみが含まれ、「交絡項」セクションにはすべての2因子間交互作用が含まれています。これらすべての主効果と2因子間交互作用がカラーマップに表示されます。

実験回数16の計画における「相関のカラーマップ」で、対角要素ではない黒色のセルは、対応する項の相関係数の絶対値が1で、完全に交絡していることを表します。モデル項（主効果）が交絡項（2因子間交互作用）と完全交絡している組み合わせが21、交絡項が互いに完全交絡している組み合わせが21あります。これらは、このレポートの「完全交絡の個数」の下に表示されます。

実験回数20の計画と実験回数24の計画におけるカラーマップには、非対角要素で黒色となっているセルはありません。これは、これらの計画では、主効果や2因子間交互作用効果において完全交絡がないことを意味します。ただし、実験回数20の計画も、実験回数24の計画も、「モデル項 × 交絡項」の相関係数の平均は、実験回数16の計画より高くなっています。実験回数16の計画には完全交絡がありますが、それにも関わらず、相関係数の平均値は、実験回数20の計画や実験回数24の計画より低いのです。

計画の診断統計量

「計画の比較」レポートの「計画の診断統計量」セクションには、比較対象の計画に対する基準の計画の D -効率・ G -効率・ A -効率・ I -効率が表示されます。「追加実験のサイズ」も表示されます。2つの計画を比較したとき、相対効率の指標が高い方が良い計画といえます。

図17.29 3つの計画の診断統計量



図17.29は、「異なる実験回数の計画を使った例」で作成された、「モデル」セクションに主効果だけを含む3つの計画の「計画の診断統計量」レポートです。

「計画の診断統計量」は、表の下にあるカラーバーで示されている色で色付けされています。「計画の診断統計量」の赤い三角ボタンのメニューで、色の設定を変更できます。「[カラーバー](#)」を参照してください。

「効率」と「追加実験のサイズ」

「計画の診断統計量」レポートには、 D -効率・ G -効率・ A -効率・ I -効率に関して、相対効率が求められています。相対効率は、各計画の効率を計算し、それらの比を求めたものです。相対効率については、「[相対効率の指標](#)」を参照してください。

「追加実験のサイズ」は、基準の計画における実験回数から、比較対象の計画における実験回数を引いたものです。基準の計画における実験回数が、比較対象の計画における実験回数より多い場合、「追加実験のサイズ」は正の値になります。

相対効率の指標

記号

- $\mathbf{X}$ は、モデル行列
- p は、切片を含めたモデル項の数
- $Var(\hat{y}|\mathbf{x})$ は、点 $\mathbf{x}$ における相対的な予測分散。「[相対的な予測分散](#)」を参照してください。

相対効率

比較対象の計画 (Comp) に対する基準の計画 (Ref) の相対効率は、次の式によって計算されます。

D 効率 Eff_{Ref} / Eff_{Comp} この式で、各計画の Eff は、次の式で計算されます。

$$Eff = |\mathbf{X}'\mathbf{X}|^{1/p}$$

G 効率 Eff_{Comp} / Eff_{Ref} この式で、各計画の Eff は、次の式で計算されます。

$$Eff = Var(\hat{y}|\mathbf{x})_{max} = \underset{\mathbf{x} \text{ in } D}{\text{maximum}}[\mathbf{x}'(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-1}\mathbf{x}]$$

ここで、D は計画領域を指します。

メモ: 「G 効率」は、計画領域のモンテカルロ標本を使って計算されます。 $Var(\hat{y}|\mathbf{x})_{max}$ (予測分散の最大値) は、モンテカルロ標本における最大値から求められています。そのため、同じ計画でも結果が若干異なることがあります。

A 効率 Eff_{Comp} / Eff_{Ref} この式で、各計画の Eff は、次の式で計算されます。

$$Eff = \text{Trace}[(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-1}]$$

I 効率 Eff_{Comp} / Eff_{Ref} この式で、各計画の Eff は、次の式で計算されます。

$$Eff = \frac{\int \mathbf{x}'(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-1}\mathbf{x} d\mathbf{x}}{\int d\mathbf{x}}$$

計算について詳しくは、Goos and Jones (2011) の節 4.3.5 を参照してください。

計画の比較のオプション

「計画の比較」の赤い三角ボタンのメニューには、次の1つのオプションが含まれます。

詳細オプション > 分割実験の分散比 残差誤差の分散に対して、一次単位の分散および二次単位の分散が何倍になっているかを指定します。このオプションを使うには、分割実験 (1 段分割実験) の場合は変更が「困難」な因子、2 段分割実験の場合は変更が「非常に困難」な因子を定義しておく必要があります。その後、分割実験 (1 段分割実験) を指定した場合には一次単位に関する比を、2 段分割実験を指定した場合には一次誤差および二次単位に関する比を入力します。

第 18 章

検出力と標本サイズ

「標本サイズと検出力」プラットフォームで利用できる機能のほとんどは、新しいプラットフォームである「標本サイズエクスプローラ」に移行されています。「標本サイズと検出力」プラットフォームは、JMP の今後のリリースでは廃止される可能性があります。現在、標本サイズと検出力の計算は、「標本サイズエクスプローラ」で行うことができます。標本サイズを計算するには、[実験計画 (DOE)] > [標本サイズエクスプローラ] を選択します。

標本サイズと検出力の計算については、「[標本サイズエクスプローラ](#)」を参照してください。

表 18.1

旧機能での名称	標本サイズエクスプローラ
1 標本平均	「一標本平均の検出力」
2 標本平均	「独立二標本平均の検出力」
k 標本平均	「分散分析の検出力」
1 標本標準偏差	「一標本分散の検出力」
1 標本割合	「一標本割合の検出力」
2 標本割合	「独立二標本割合の検出力」
ユニットあたり度数	「一標本 Poisson 平均の検出力」
	「独立二標本 Poisson 平均の検出力」
	「一標本 Poisson 平均の信頼区間」
	「独立二標本 Poisson 平均の信頼区間」
信頼性実証	「パラメトリックな信頼性実証」
	「ノンパラメトリックな信頼性実証」
	「信頼性寿命試験」
シグマクオリティの水準	「シグマクオリティの水準」

目次

「標本サイズと検出力」プラットフォームの起動	509
[1 標本平均]	509
[1 標本平均] の入力フィールド	509
[2 標本平均]	510
[2 標本平均] の入力フィールド	510
[k 標本平均]	511
[k 標本平均] の入力フィールド	511
[1 標本標準偏差]	512
[1 標本標準偏差] の入力フィールド	512
[1 標本割合]	513
[1 標本割合] の入力フィールド	513
[2 標本割合]	514
[2 標本割合] の入力フィールド	515
[ユニットあたり度数]	516
[シグマクオリティの水準]	516
[シグマクオリティの水準] の入力フィールド	516
[信頼性試験計画]	517
[信頼性試験計画] の入力フィールド	517
「信頼性実証」	519
「信頼性実証」 の入力フィールド	519

「標本サイズと検出力」プラットフォームの起動

「標本サイズと検出力」プラットフォームは、いくつかの状況に対して、実験や調査における標本サイズや検出力を計算します。この機能は旧機能であり、現在、「標本サイズエクスプローラ」という新機能が用意されています。「標本サイズと検出力」プラットフォームを起動するには、**[実験計画 (DOE)]** > **[計画の診断]** > **[標本サイズ/検出力]** を選択します。

ヒント: 標本サイズや検出力を計算する場合は、「標本サイズと検出力」プラットフォームよりも新しい機能である「標本サイズエクスプローラ」プラットフォームを使うようにしてください。「標本サイズエクスプローラ」を起動するには、**[実験計画 (DOE)]** > **[標本サイズエクスプローラ]** を選択します。

[1 標本平均]

[1 標本平均] は、1つの平均の仮説検定を行うための標本サイズを計算する旧機能です。JMPにおける計算についての詳細は、Barker (2011, Section 2.1) を参照してください。

ヒント: 1 標本平均に対する標本サイズを計算するには、**[実験計画 (DOE)]** > **[標本サイズエクスプローラ]** > **[検出力]** > **[一標本平均の検出力]** を使うようにしてください。**[一標本平均の検出力]** を参照してください。

[1 標本平均] の入力フィールド

旧機能で1つの平均の仮説検定を行うための標本サイズを計算するには、以下の数値を指定します。

アルファ 第1種の誤りの確率（帰無仮説が正しい場合に、その帰無仮説を誤って棄却する確率）です。この値は、一般には、「有意水準」や「 α 水準」などと呼ばれています。デフォルトの有意水準は0.05です。

ヒント: 片側検定における検出力の近似値を求めるには、 $\alpha = \alpha * 2$ を使用します。例えば、 $\alpha = 0.05$ の片側検定における近似的な検出力を求めるには、両側検定で $\alpha = 0.10$ とします。そうすると、算出される検出力は、 $\alpha = 0.05$ の片側検定の検出力の近似値になっています。

標準偏差 検出力の計算で仮定される、誤差の母標準偏差です。この誤差の母標準偏差に指定する値としては、前回あてはめたモデルから計算された誤差平均平方の平方根 (RMSE; Root Mean Square Error) を用いることが考えられます。

ヒント: なお、標準偏差を単位とした差を検出するために必要な標本サイズを求めるには、この「標準偏差」を1に設定してください。

追加パラメータ数 仮説検定のパラメータ μ 以外パラメータの個数。このオプションは、複数の因子がある計画に対して使用できます。単純な計画の場合は0のままにしておいてください。

複数の因子があり、効果が直交している計画に対する検出力を求めたい場合は、追加されるモデルパラメータの個数をここで指定します。たとえば、2水準3因子の計画に2因子間交互作用が3つとも存在する場合、このモデルには全部で7つのパラメータがありますので、切片に対する検定の検出力を求めたい場合、「追加パラメータ数」は6になります（主効果が3つ、交互作用のパラメータが3つ）。

以下の3つの値のうち2つを指定すると、3つ目の値が計算されます。以下の3つの値のうち1つだけを指定すると、残り2つの値の関係がグラフにプロットされます。

検出する差 対立仮説での値と仮説平均（帰無仮説での値）との差。統計的検定によって検出したい差。

標本サイズ 実験での標本サイズ（実験回数、実験ユニット数、試料の個数、観測値の個数）を指します。

検出力 帰無仮説が正しくないときに、その帰無仮説を正しく棄却できる確率です。その他の設定が同じである場合、標本サイズが大きくなると、検出力は増加します。

ボタン

続行 3つの値のうち2つを指定すると、3つ目の値が計算されます。以下の3つの値のうち1つだけを指定すると、残り2つの値の関係がグラフにプロットされます。

戻る 前の「標本サイズと検出力」起動ウィンドウに戻ります。

アニメーションスクリプト 「検出力」と「検出する差」の関係を示す対話的なプロットが作成されます。

[2 標本平均]

[2 標本平均] は、2つの平均の仮説検定を行うための標本サイズを計算する旧機能です。JMPにおける計算についての詳細は、Barker (2011, Section 2.2) を参照してください。

ヒント: 2 標本平均に対する標本サイズを計算するには、[実験計画 (DOE)] > [標本サイズエクスプローラ] > [検出力] > [独立二標本平均の検出力] を使うようにしてください。「独立二標本平均の検出力」を参照してください。

[2 標本平均] の入力フィールド

旧機能で2つの平均の仮説検定を行うための標本サイズを計算するには、以下の数値を指定します。

アルファ 第1種の誤りの確率（帰無仮説が正しい場合に、その帰無仮説を誤って棄却する確率）です。この値は、一般には、「有意水準」や「 α 水準」などと呼ばれています。デフォルトの有意水準は0.05です。

標準偏差 検出力の計算で仮定される、誤差の母標準偏差です。なお、2つのグループにおける誤差の母標準偏差は等しいと仮定されます。

追加パラメータ数 仮説検定の μ_1 および μ_2 以外のパラメータの個数。このオプションは、複数の因子がある計画に対して使用できます。単純な計画の場合は0のままにしておいてください。

複数の因子がある釣合い型計画（バランスが取れた計画）に対する検出力を求めたい場合は、追加されるモデルパラメータの個数をここで指定します。たとえば、2水準3因子の計画に2因子間交互作用が3つとも存在する場合、「追加パラメータ数」は5になります（別の主効果のパラメータが2つ、交互作用のパラメータが3つ）。

以下の3つの値のうち2つを指定すると、3つ目の値が計算されます。以下の3つの値のうち1つだけを指定すると、残り2つの値の関係がグラフにプロットされます。

検出する差 対立仮説における母平均の差。統計的検定によって検出したい平均差。

標本サイズ 実験での標本サイズ（実験回数、実験ユニット数、試料の個数、観測値の個数）を指します。各グループの大きさは、この標本サイズの半分になります。

検出力 帰無仮説が正しくないときに、その帰無仮説を正しく棄却できる確率です。その他の設定が同じである場合、標本サイズが大きくなると、検出力は増加します。

ボタン

続行 3つの値のうち2つを指定すると、3つ目の値が計算されます。以下の3つの値のうち1つだけを指定すると、残り2つの値の関係がグラフにプロットされます。

戻る 前の「標本サイズと検出力」起動ウィンドウに戻ります。

[k 標本平均]

[k 標本平均] は、2～10個の平均に対する仮説検定の標本サイズを求める旧機能です。JMPにおける計算についての詳細は、Barker (2011, Section 2.3) を参照してください。

ヒント: k 標本平均に対する標本サイズを計算するには、[実験計画 (DOE)] > [標本サイズエクスプローラ] > [検出力] > [分散分析の検出力] を使うようにしてください。「分散分析の検出力」を参照してください。

[k 標本平均] の入力フィールド

旧機能で **k** 個の平均の仮説検定を行うための標本サイズを計算するには、以下の数値を指定します。

アルファ 第1種の誤りの確率（帰無仮説が正しい場合に、その帰無仮説を誤って棄却する確率）です。この値は、一般には、「有意水準」や「 α 水準」などと呼ばれています。デフォルトの有意水準は0.05です。

標準偏差 検出力の計算で仮定される、誤差の母標準偏差です。なお、すべてのグループにおける誤差の母標準偏差は等しいと仮定されます。

追加パラメータ数 仮説検定のパラメータ μ 以外のパラメータの個数。このオプションは、複数の因子がある計画に対して使用できます。単純な計画の場合は0のままにしておいてください。

予期される平均 予想される母平均の値です。2つ以上の母平均の値を入力してください。

以下の2つの設定のうちいずれか1つの設定を指定すると、空白にしたものの値が計算されます。以下の2つとも空白にすると、2つの設定の関係がグラフにプロットされます。

標本サイズ 実験での標本サイズ（実験回数、実験ユニット数、試料の個数、観測値の個数）を指します。各グループの標本サイズは、 n/k （ n は全体での標本サイズ）となります。

検出力 帰無仮説が正しくないときに、その帰無仮説を正しく棄却できる確率です。その他の設定が同じである場合、標本サイズが大きくなると、検出力は増加します。

ボタン

続行 以下の2つの設定のうちいずれか1つの設定を指定すると、空白にしたものの値が計算されます。以下の2つとも空白にすると、2つの設定の関係がグラフにプロットされます。

戻る 前の「標本サイズと検出力」起動ウィンドウに戻ります。

[1 標本標準偏差]

[1 標本標準偏差] は、1つの標準偏差に対して仮説検定を行うのに必要な標本サイズを計算する旧機能です。JMPにおける計算についての詳細は、Barker (2011, Section 2.4) を参照してください。

ヒント: 1 標本標準偏差に対する標本サイズを計算するには、[実験計画(DOE)] > [標本サイズエクスプローラ] > [検出力] > [一標本分散の検出力] を使うようにしてください。「一標本分散の検出力」を参照してください。

[1 標本標準偏差] の入力フィールド

旧機能で1つの標準偏差の仮説検定を行うための標本サイズを計算するには、以下の数値を指定します。

アルファ 第1種の誤りの確率（帰無仮説が正しい場合に、その帰無仮説を誤って棄却する確率）です。この値は、一般には、「有意水準」や「 α 水準」などと呼ばれています。デフォルトの α 水準は0.05です。

帰無仮説の標準偏差 帰無仮説の値（ベースラインの標準偏差）を指します。「母標準偏差がこの値と等しい」ことを帰無仮説とした検定を扱います。

対立仮説の方向 検出したい変化の方向を「大きい」または「小さい」として指定します。

メモ: [対立仮説の方向] メニューから [小さい] を選択した場合は、「検出する差」には負の値を入力してください。

以下の値のうち、2つを指定して3つ目の値を求めます。

検出する差 統計的検定によって検出したい差。これは、仮説値（帰無仮説での値）と対立仮説での値との差です。

標本サイズ 実験での標本サイズ（実験回数、実験ユニット数、試料の個数、観測値の個数）を指します。

検出力 帰無仮説が正しくないときに、その帰無仮説を正しく棄却できる確率です。その他の設定が同じである場合、標本サイズが大きくなると、検出力は増加します。

ボタン

続行 空白の値が計算されます。

戻る 前の「標本サイズと検出力」起動ウィンドウに戻ります。

[1 標本割合]

[1 標本割合] は、1つの割合に対して仮説検定を行うのに必要な標本サイズを計算する旧機能です。JMPにおける計算についての詳細は、Barker (2011, Section 3.3) を参照してください。

ヒント: 1 標本割合に対する標本サイズを計算するには、[実験計画 (DOE)] > [標本サイズエクスプローラ] > [検出力] > [一標本割合の検出力] を使うようにしてください。[「一標本割合の検出力」](#) を参照してください。

[1 標本割合] の入力フィールド

旧機能で 1 標本割合の仮説検定を行うための標本サイズを計算するには、以下の数値と精度の種類を指定します。

アルファ 第1種の誤りの確率（帰無仮説が正しい場合に、その帰無仮説を誤って棄却する確率）です。この値は、一般には、「有意水準」や「 α 水準」などと呼ばれています。デフォルトの α 水準は 0.05 です。

割合 対立仮説での母割合です。既知の母割合、もしくは想定される母割合を指定します。デフォルトの値は 0.1 です。

ヒント: 他の設定がすべて同じである場合、対立仮説での母割合が 0.5 のときに標本サイズが最大になります。

方法 割合の検定として用いる統計的検定の種類を選択します。近似 Agresti-Coull 検定または正確二項検定のいずれかを選択できます。正確二項検定は、近似 Agresti-Coull 検定よりも保守的な結果が出る傾向にあります。[近似 Agresti-Coull 検定の正確検出力計算] では、近似的な検定である調整済み Wald 検定に対する検出力を正確に求めます。

調整済み Wald 検定については、Agresti and Coull (1998) を参照してください。

正確二項検定の詳細については、Clopper and Pearson (1934) または Agresti and Coull (1998, Section 1) を参照してください。

片側または両側 検定が片側または両側のどちらであるかを指定します。

以下の3つの値のうち2つを指定すると、3つ目の値が計算されます。以下の3つの値のうち1つだけを指定すると、残り2つの値の関係がグラフにプロットされます。

メモ: なお、プロットでは、正確な確率ではなく正規近似が使用されます。

割合の仮説値 帰無仮説における母割合の仮説値 (p_0) です。デフォルトの値は 0.2 です。

標本サイズ 実験での標本サイズ (実験回数、実験ユニット数、試料の個数、観測値の個数) を指します。

検出力 帰無仮説が正しくないときに、その帰無仮説を正しく棄却できる確率です。その他の設定が同じである場合、標本サイズが大きくなると、検出力は増加します。

ボタン

続行 3つの値のうち2つを指定すると、3つ目の値が計算されます。以下の3つの値のうち1つだけを指定すると、残り2つの値の関係がグラフにプロットされます。

戻る 前の「標本サイズと検出力」起動ウィンドウに戻ります。

[2 標本割合]

[2 標本割合] は、2つの割合に対して仮説検定を行うのに必要な標本サイズを計算する旧機能です。JMP における計算についての詳細は、Barker (2011, Section 3.3) を参照してください。

ヒント: 2 標本割合に対する標本サイズを計算するには、[実験計画 (DOE)] > [標本サイズエクスプローラ] > [検出力] > [独立二標本割合の検出力] を使うようにしてください。「独立二標本割合の検出力」を参照してください。

[2 標本割合] の入力フィールド

旧機能で2 標本割合の仮説検定を行うための標本サイズを計算するには、以下の数値と精度の種類を指定します。

アルファ 第1種の誤りの確率（帰無仮説が正しい場合に、その帰無仮説を誤って棄却する確率）です。この値は、一般には、「有意水準」や「 α 水準」などと呼ばれています。デフォルトの α 水準は0.05です。

割合1 対立仮説における母集団1の母割合です。既知の母割合、もしくは想定される母割合を指定します。デフォルト値は0.5です。

割合2 対立仮説における母集団2の母割合です。既知の母割合、もしくは想定される母割合を指定します。デフォルト値は0.1です。

片側または両側 検定が片側または両側のどちらであるかを指定します。

以下の設定のうち、2つを指定して3つ目の設定を求めます（標本サイズは、まとめて1つの設定とみなします）。そのため、必ず両方の標本サイズを入力するか、または両方を空白にしてください。

差の仮説値 帰無仮説における母割合の差。デフォルトの値は0.2です。

標本サイズ1 割合1を推定するための実験における標本サイズ（実験回数、実験ユニット数、試料の個数、観測値の個数）を指します。

標本サイズ2 割合2を推定するための実験における標本サイズ（実験回数、実験ユニット数、試料の個数、観測値の個数）を指します。

メモ: 標本サイズを求める場合は、2群の標本サイズが等しいときのものが計算されます。一方、標本サイズの値を入力する場合は、それら2つの値が等しくなくてかまいません。

検出力 帰無仮説が正しくないときに、その帰無仮説を正しく棄却できる確率です。検出力は、高いほうが望ましいです。その他の設定が同じである場合、標本サイズが大きくなると、検出力は増加します。

ボタン

続行 空白の値が計算されます。

戻る 前の「標本サイズと検出力」起動ウィンドウに戻ります。

[ユニットあたり度数]

[ユニットあたり度数] を使うと、ユニットあたりの不適合数に関する片側検定に必要な標本サイズが計算できます。[ユニットあたり度数] の入力フィールド

ユニットあたりの度数を検定するための検出力を求めるには、以下の数値を指定します。

アルファ 第1種の誤りの確率（帰無仮説が正しい場合に、その帰無仮説を誤って棄却する確率）です。この値は、一般には、「有意水準」や「 α 水準」などと呼ばれています。デフォルトの α 水準は0.05です。

ユニットあたりベースライン度数 1ユニットあたりの不適合数の目標値です。デフォルト値は0.1です。

以下の値のうち、2つを指定して3つ目の値を求めます。

検出する差 統計的検定によって検出したい差。1ユニットあたりの不適合数を単位にして指定してください。

標本サイズ ユニットの数。

検出力 帰無仮説が正しくないときに、その帰無仮説を正しく棄却できる確率です。その他の設定が同じである場合、標本サイズが大きくなると、検出力は増加します。

ボタン

続行 空白の値が計算されます。

戻る 前の「標本サイズと検出力」起動ウィンドウに戻ります。

[シグマクオリティの水準]

[シグマクオリティの水準] では、不適合数、機会数、シグマクオリティの水準の関係を調べることができます。シグマクオリティの水準は、与えられた不適合品率をシックスシグマで表した統計量です。

[シグマクオリティの水準] の入力フィールド

シグマクオリティの水準に対して標本サイズを計算する場合は、以下の数値のうち2つを指定して、残りの1つを求めます。

不適合数 不適合の数。

機会数 不適合が起こり得る機会の数。

シグマクオリティの水準 標準偏差を単位として、不適合品率を表したもの。

ボタン

続行 空白の値が計算されます。

戻る 前の「標本サイズと検出力」起動ウィンドウに戻ります。

[信頼性試験計画]

[信頼性試験計画] を使うと、信頼性試験の標本サイズ・試験期間・精度を特定することができます。信頼性試験の目的は、製品の故障時間や故障確率の推定です。[信頼性試験計画] は、推定値の精度を信頼区間の幅の期待値で定義します。信頼性試験においては、試験結果をもとに、故障確率や故障時間の推定値が仮定された確率分布から求められます。なお、確率分布を推定するには、最低限数の故障が観測されなければいけません。

[信頼性試験計画] の入力フィールド

信頼性試験計画に対して標本サイズを計算するには、以下の数値と精度の種類を指定します。

アルファ 精度に対する信頼区間における信頼水準。

分布 故障時間に対して想定する確率分布。使用できる確率分布は、Weibull 分布・対数正規分布・Frechet 分布・対数ロジスティック分布・最小極値分布・正規分布・最大極値分布・ロジスティック分布です。これらの分布に関する詳細は、信頼性/生存時間分析を参照してください。

位置 故障時間の確率分布における位置パラメータ。

メモ: ただし、「分布」が「Weibull」の場合は、位置パラメータではなくて、「Weibull α 」を指定する必要があります。

スケール 故障時間の確率分布における尺度パラメータ。

メモ: ただし、「分布」が「Weibull」の場合は、尺度パラメータではなくて、「Weibull β 」を指定する必要があります。

精度の指標 精度の指標として何を使うかを指定します。推定の対象（故障時間または故障確率）の期待される信頼区間に基づいて、精度の指標は定義されます。この精度の指標には、次のような選択肢があります。

区間比 精度を、上限を下限で割ったものの平方根として定義します。上限は下限以上であるため、この比は必ず1より大きくなります。区間比が小さいほど、その推定値の精度は高くなります。

両側区間の絶対幅 精度を信頼区間の幅、つまり上限と下限の差として定義します。

下側片側区間の絶対幅 精度を区間の下側の幅、つまり推定値とその信頼区間の下限の差として定義します。

両側区間の相対幅 精度を、信頼区間の上限と下限の差を、推定値で割ったものとして定義します。これは、信頼区間の相対的な幅です。

下側片側区間の相対幅 精度を、推定値と信頼区間の下限との差を推定値で割ったものとして定義します。これは、下側信頼区間の相対的な幅です。

目標 試験の目的を選択します。以下の目標から1つを選択し、該当する値を入力します。

- 故障確率に対する時間を推定: 故障確率 $p =$
- 時間に対する故障確率を推定: 時間 $t =$

メモ: プロットは、故障時間に関する確率分布の累積分布関数です。実験の目的によって、故障時間または故障確率の推定値がラベルとして表示されます。

以下の値のうち、2つを指定して3つ目の値を求めます。

標本サイズ 信頼性試験で使用するユニットの個数。

打ち切り時間 信頼性試験を行う試験期間。

精度 精度の水準。この精度が何であるかは、「精度の指標」での選択内容に応じて定義されます。

ボタン

続行 空白の値が計算されます。

戻る 前の「標本サイズと検出力」起動ウィンドウに戻ります。

[信頼性試験計画] のその他の結果

標本サイズ・打ち切り時間・精度の他にも次のような値が計算されます。

故障数の期待値 指定した信頼性試験で期待される故障数。

故障が3個未満である確率 指定した信頼試験の結果、故障数が3個未満になる確率。分布の位置パラメータと尺度パラメータを確実に推定するためには、故障数が3個以上である必要があるため、この確率は重要です。故障数が1個または2個の場合、推定値は不安定になります。この確率が大きい場合、分布のパラメータを確実に推定するには故障数が十分でない可能性があります。標本サイズを大きくするか、打ち切り時間を延長すると、故障が3個未満になる確率は小さくなります。

大標本近似の共分散行列 故障分布の位置パラメータと尺度パラメータの分散共分散行列の推定値が表示されます。

「信頼性実証」

信頼性実証は、パラメトリックもしくはノンパラメトリックな方法に基づき、指定の試験期間において指定の数のユニットを試験する旧機能です。JMPにおける計算についての詳細は、Barker (2011, Section 5) を参照してください。

ヒント: 信頼性実証のための標本サイズを計算するには、[実験計画(DOE)] > [標本サイズエクスプローラ] > [信頼性] を使うようにしてください。「[パラメトリックな信頼性実証](#)」および「[ノンパラメトリックな信頼性実証](#)」を参照してください。

「信頼性実証」の入力フィールド

旧機能で信頼性実証のための標本サイズを計算するには、以下の数値と精度の種類を指定します。

アルファ 第1種の誤りの確率（帰無仮説が正しい場合に、その帰無仮説を誤って棄却する確率）です。この値は、一般には、「有意水準」や「 α 水準」などと呼ばれています。デフォルトの α 水準は、0.05です。

分布 故障時間に対して想定する確率分布。使用できる確率分布は、Weibull 分布・対数正規分布・Frechet 分布・対数ロジスティック分布・最小極値分布・正規分布・最大極値分布・ロジスティック分布です。これらの分布に関する詳細は、信頼性/生存時間分析を参照してください。

スケール 故障時間に関する確率分布の尺度パラメータ。

メモ: 「分布」で「Weibull」を選択した場合、尺度パラメータではなくて、「Weibull β 」を指定するようになります。

許容される故障数の上限 信頼性実証試験で合格とみなす最大故障数。

信頼性の標準 故障に対する標準（スタンダード）の定義。標準は、時間の長さと、製品がその時間まで生存する確率によって定義されます。

時間 製品が故障せずに生存しなければならない最短の時間。

生存確率 製品が、信頼性の標準として定義されている時間まで、故障せずに生存している確率。

次の2つの値のいずれかを入力し、もう一方を求めます。

実証試験の時間 信頼性実証試験を実施する期間。

試験ユニットの数 信頼性実証試験に必要なユニットの数。

ボタン

続行 空白の値が計算されます。

戻る 前の「標本サイズと検出力」起動ウィンドウに戻ります。

第 19 章

選択モデル計画

最適な製品プロファイルを選ぶための計画を作成する

選択実験（**離散選択実験**とも呼ばれる）とは、複数の選択肢の中からいずれかを選択してもらう実験です。選択実験では、いくつかの製品候補（製品プロファイル）を回答者に提示します。それぞれの製品候補は異なる属性で構成されています。回答者は、提示された複数の製品候補の中から、気に入ったものを1つ選択します。たとえば、コンピューターメーカーが新製品のノートパソコンをどういった構成にするかを決めるときであれば、CPU 速度・ハードディスク容量・ディスプレイの大きさ・バッテリー駆動時間・価格といった属性のどれを消費者が重視しているかに興味があるでしょう。選択実験では、消費者がどの属性を相対的に重視しているかを捉え、属性間のトレードオフをふまえて、最適な属性の組み合わせを求めることができます。

選択実験の結果は、離散選択モデル（選択型データに対するコンジョイント分析）で分析します。『消費者調査』を参照してください。

図 19.1 8通りの選択肢集合から成る調査

	選択肢集合	選択肢ID	ディスク容量	速度	バッテリー駆動時間	価格
1	1	1	40 GB	2.0 GHz	6 Hrs	\$1000
2	1	2	80 GB	1.5 GHz	4 Hrs	\$1500
3	2	1	80 GB	1.5 GHz	4 Hrs	\$1200
4	2	2	40 GB	1.5 GHz	6 Hrs	\$1500
5	3	1	40 GB	1.5 GHz	4 Hrs	\$1200
6	3	2	80 GB	2.0 GHz	6 Hrs	\$1500
7	4	1	40 GB	2.0 GHz	4 Hrs	\$1000
8	4	2	80 GB	1.5 GHz	6 Hrs	\$1500
9	5	1	80 GB	2.0 GHz	6 Hrs	\$1200
10	5	2	40 GB	1.5 GHz	6 Hrs	\$1000
11	6	1	40 GB	1.5 GHz	4 Hrs	\$1500
12	6	2	80 GB	1.5 GHz	6 Hrs	\$1000
13	7	1	80 GB	1.5 GHz	4 Hrs	\$1000
14	7	2	40 GB	2.0 GHz	6 Hrs	\$1200
15	8	1	80 GB	1.5 GHz	6 Hrs	\$1200
16	8	2	80 GB	2.0 GHz	4 Hrs	\$1500

目次

選択モデル計画の概要	523
選択モデル計画の用語	523
Bayes 流の D-最適化基準	523
選択モデル計画の例	524
選択モデル計画の分析例	527
パイロット調査のための選択モデル計画の作成	527
パイロット調査の分析	529
事前情報を使った最終選択実験の計画	531
選択モデル計画を実行し、結果を分析する	532
選択モデル計画の作成	536
属性	536
モデル	537
計画の生成	539
計画	539
テーブルの作成	541
「選択モデル計画」のオプション	541
「選択モデル計画」の統計的詳細	542
Bayes 流の D-最適計画	543
効用中立な計画と局所的な D-最適計画	543

選択モデル計画の概要

離散選択実験は、製品の設計工程で役立ちます。たとえば、特定の市場に向けて、どの製品機能を優先するかを判断して、購買意欲をそそりそうな製品にすることができます。「選択モデル計画」プラットフォームでは、製品の属性を因子として実験を作成します。どのような属性と設定を調査するかが非常に重要です。消費者の意思決定に影響を与えそうな属性は、すべて含めるようにしてください。選択実験の計画に関するガイドラインなど、詳細についてはSall (2008) を参照してください。

選択モデル計画の用語

選択モデル計画では、以下の用語を使用します。

- **属性**は、製品を特徴付ける1つの要素です。
- **プロファイル**は、複数の属性が組み合わせられたものです。
- **選択肢集合**は、複数のプロファイルが組み合わせられたものです。
- **調査**は、数種類の選択肢集合から構成されます。
- **部分プロファイル (partial profile)** は、それぞれの選択肢集合において一定数の属性のみを変化させたプロファイルです。部分プロファイルでは、その他の属性の値は固定します。

離散選択実験では、数通りの選択肢集合を予め用意しておいて、そのうちのいずれかを回答者に提示します。1つ1つの選択肢集合は、回答者が判断しやすいよう、通常、少数のプロファイルで構成します。回答者は、1つの選択肢集合ごとに、好きなプロファイルを1つだけ選択します。たとえば、ノートパソコンの場合は、処理速度・ハードディスク容量・ディスプレイの大きさ・バッテリー駆動時間・価格などの属性があります。これらの属性を組み合わせたものが、プロファイル（製品プロファイル）になります。各選択肢集合に2つのプロファイルしかない場合には、回答者は、それら2つのうちのいずれか好きなほうを選択することになります。

属性が多数ある場合は、選択肢集合ごとに**部分プロファイル**による調査を作成することもできます。この場合、それぞれの選択肢集合において一定数の属性のみを変化させ、他の属性の値は固定したままにします。そうすることで、選択肢集合のなかでどの製品がよいか、回答者が判断しやすくなります。

Bayes 流の D- 最適化基準

「選択モデル計画」プラットフォームは、Bayes 流の方法に基づいています。分析者によって指定されたパラメータ値の事前分布に基づき、計画を最適化します。離散選択モデルは、パラメータに関して非線形です。そのため、選択モデル計画の効率は、パラメータの値に依存します（そして、このパラメータの値は、通常、未知です）。そのとき、Bayes 流の D- 最適化基準が使われますが、これは、情報量行列の行列式の対数の、事前分布に関する期待値です。「選択モデル計画」プラットフォームでは、指定された事前分布からこの期待値を計算し、それを最大化するような計画を探し出します。「[Bayes 流の D- 最適計画](#)」および Kessels et al. (2011) も参照してください。

また、以下のような計画を生成することもできます。

- 効用中立な計画。この計画は、選択肢集合に含まれるどのプロファイルも同じ確率で選択されるという仮定から求められます。事前平均が0に設定されます。
- 局所的な D- 最適計画。この計画では、事前分布情報として、平均は考慮しますが、共分散行列は考慮しません。

効用中立な計画と、局所的な D- 最適計画については、「[効用中立な計画と局所的な D- 最適計画](#)」を参照してください。

選択モデル計画の例

この例では、選択モデル計画を使って消費者の選好を分析します。

実験について

この例では、あるカフェが、顧客の大部分に満足してもらえる理想的なコーヒーを淹れたいと考えています。このカフェの経営者に、顧客の嗜好に影響する因子を特定するように依頼されたとしましょう。具体的には、以下の因子（属性）のどの値の組み合わせが、理想的なコーヒーを生み出すのかを調べる必要があります。

- 挽きの粗さ（Medium（中）または Coarse（粗い））
- 温度（195°・200°・205°）
- 時間（3分・3.5分・4分）
- 豆の量（湯1オンスあたり 1.6 グラム・2 グラム・2.4 グラム）

因子の水準を変えて組み合わせたものが、**プロファイル**になります。ここで、回答者ひとりずつにあらゆる組み合わせを味見してもらい、好みを聞き取るという方法は、現実的ではありません。一方、少数のプロファイルから構成される**選択肢集合**を用意して、その中から好きなプロファイルを選んでもらうという方法であれば、回答者は回答するのが簡単です。

この例では、選択肢集合を何通りか用意し、それぞれから好きな味を選んでもらうような実験を計画します。計画の内容は次のとおりです。

- 回答者: 10 人
- 選択肢集合: 12 通り
- 選択肢集合に含まれるプロファイル: 2 つ
- 各回答者に、12 通りの選択肢集合すべてを含む調査を 1 種類実施する

この実験を行うと、回答者ごとに 12 件の回答を得られます。これらの好みを分析して、どのようにコーヒーを淹れればできるだけ多くの人々においしいと思ってもらえるかを特定します。

計画の作成

因子は、手動で入力するか、または因子と設定が含まれている既存のデータテーブルからロードします。この例では、手順を簡略化するため、既存のデータテーブルを使用します。新しい実験を計画する場合は、最初に因子を手動で入力してください。因子を手動で入力する方法については、「[属性](#)」を参照してください。

1. [実験計画 (DOE)] > [消費者調査] > [選択モデル計画] を選択します。
2. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダ内の「Coffee Choice Factors.jsp」を開きます。
3. 「選択モデル計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[因子のロード] を選択します。

図19.2 「選択モデル計画」で属性を定義

選択モデル計画

属性

因子の追加

削除

N個の因子を追加

1

名前	役割	属性水準		
挽き	カテゴリカル	Medium Coarse		
温度	カテゴリカル	195	200	205
時間	カテゴリカル	3	3.5	4
豆の量	カテゴリカル	1.6	2	2.4

属性の指定

ボタンをクリックしてカテゴリカルな属性を追加。属性を編集するには、その名前または水準をダブルクリック。

続行

4. [続行] をクリックします。
5. (オプション)「モデルの設定」セクションを開きます。
主効果だけが表示されています。この例では、4つの因子の主効果を含むモデルにのみ興味があります。もしも、その他の効果も推定する計画を作成したい場合は、このセクションで適宜追加してください。
6. 「計画の生成」パネルで、以下の操作を行います。
 - 「1 選択肢集合内で変更できる属性の個数」は、「4」のままにします。
 - 「1 選択肢集合あたりのプロファイルの個数」は、「2」のままにします。
 - 「1 アンケートあたりの選択肢集合の個数」に、「12」と入力します。
この例では、各回答者は12通りの選択肢集合を評価します。
 - 「アンケートの種類数」は、「1」のままにします。
 - 「1 アンケートに対する被験者数」に、「10」と入力します。
この例では、10人の回答者に対して調査を行います。

図19.3 設定後の「計画の生成」パネル

▲ 計画の生成

4 1 選択肢集合内で変更できる属性の個数

2 1 選択肢集合あたりのプロファイルの個数

12 1 アンケートあたりの選択肢集合の個数

1 アンケートの種類数

10 1 アンケートに対する被験者数

計画の作成

戻る

メモ: 乱数シード値(手順7)を設定すると、以下の数値例と同じ結果が得られます。同じでなくても良い場合は、この手順は不要です。

7. (オプション)「選択モデル計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[乱数シード値の設定]を選択します。「12345」と入力して[OK]をクリックします。

8. [計画の作成]をクリックします。

選択肢集合は12個あり、それぞれが2つのコーヒープロファイルで構成されています。

9. [プロファイルと応答を別々のテーブルに作成]を選択します。

こうすると、「選択モデル プロファイル」という名前のデータテーブルに、選択肢集合の情報が表示されます。また、「選択モデル 応答」という名前のもう1つのデータテーブルが作成され、応答の入力に利用できます。

10. [テーブルの作成]をクリックします。

「選択モデル プロファイル」テーブルに、2つのプロファイルから成る選択肢集合が12通り表示されます。調査が終わったら、「選択モデル 応答」データテーブルに、回答者によって選択されたプロファイルを、**プロファイルID**によって「**応答**」の列に記録していきます。その時、選択されたプロファイルが「選択肢1」の場合は「1」、「選択肢2」の場合は「2」を入力します。また、回答者がいずれも選択しなかった場合は、応答を欠測値にします。

「選択モデル プロファイル」データテーブルには「**選択モデル**」というスクリプトが作成され、実験結果の分析に使用できます。このスクリプトを実行すると、「選択モデル」起動ウィンドウが開き、必要な項目が自動的に指定されます。選択モデルについては、『消費者調査』を参照してください。

「選択モデル プロファイル」テーブルの「**DOE ダイアログ**」スクリプトは、データテーブルを作成した計画のウィンドウを呼び出します。

選択モデル計画の分析例

この例では、消費者の要望に応じて製品を最適化できるように、選択モデル計画を分析します。たとえば、新型ノートパソコンを企画しているコンピューターメーカーが、企画段階において、消費者の好みを調べたいと考えているとしましょう。そのために、2つのプロファイルの組み合わせから成る計画を作成し、10人の回答者を対象に調査することにしました。この選択モデル計画の目的は、潜在的なノートパソコンの購買者が、以下の4つの属性の組み合わせについてどう感じるかを調べることです。

- ハードディスクの容量（40GB／80GB）
- CPUの処理速度（1.5GHz／2.0GHz）
- バッテリー駆動時間（4時間／6時間）
- 価格（1000ドル／1200ドル／1500ドル）

10人を対象とした計画を作成する前に、まず、1人だけを対象に小規模のパイロット調査を行います。その後、この調査結果を分析して、パラメータ推定値を事前情報として使用し、10人を対象とする最終調査を計画します。

パイロット調査のための選択モデル計画の作成

この節では、1人の回答者を対象とした選択モデル計画を作成します。

因子と水準の定義

この例では、既存のデータテーブルから因子をロードします。新しい実験を独自に計画するときは、手動で因子を入力してください。

1. [実験計画(DOE)] > [消費者調査] > [選択モデル計画] を選択します。
2. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Laptop Factors.jmp」を開きます。
3. 「選択モデル計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[因子のロード] を選択します。

図 19.4 「選択モデル計画」で属性を定義

選択モデル計画

属性

因子の追加

削除

N 個の因子を追加

1

名前	役割	属性水準		
▼ ディスク容量	カテゴリーカル	40 GB	80 GB	
▼ 速度	カテゴリーカル	1.5 GHz	2.0 GHz	
▼ バッテリー駆動時間	カテゴリーカル	4 Hrs	6 Hrs	
▼ 価格	カテゴリーカル	\$1500	\$1200	\$1000

属性の指定

ボタンをクリックしてカテゴリーカルな属性を追加。属性を編集するには、その名前または水準をダブルクリック。

続行

計画の作成

1. [続行] をクリックします。

2. このパイロット調査は、1 人の回答者を対象に行います。「モデルの設定」・「事前分布の設定」・「計画の生成」の各パネルは、すべてデフォルト値のままで適切です。

3. (オプション)「選択モデル計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[乱数シード値の設定] を選択します。「12345」と入力して [OK] をクリックします。

4. [計画の作成] をクリックします。

メモ: 乱数シード値 (手順3) を設定すると、以下の数値例と同じ結果が得られます。同じでなくても良い場合は、この手順は不要です。

図 19.5 パイロット計画

選択モデル計画

属性

モデル

計画

選択肢集合	ディスク容量	速度	バッテリー駆動時間	価格
1	40 GB	2.0 GHz	6 Hrs	\$1000
1	80 GB	1.5 GHz	4 Hrs	\$1500
2	80 GB	1.5 GHz	4 Hrs	\$1200
2	40 GB	1.5 GHz	6 Hrs	\$1500
3	40 GB	1.5 GHz	4 Hrs	\$1200
3	80 GB	2.0 GHz	6 Hrs	\$1500
4	40 GB	2.0 GHz	4 Hrs	\$1000
4	80 GB	1.5 GHz	6 Hrs	\$1500
5	80 GB	2.0 GHz	6 Hrs	\$1200
5	40 GB	1.5 GHz	6 Hrs	\$1000
6	40 GB	1.5 GHz	4 Hrs	\$1500
6	80 GB	1.5 GHz	6 Hrs	\$1000
7	80 GB	1.5 GHz	4 Hrs	\$1000
7	40 GB	2.0 GHz	6 Hrs	\$1200
8	80 GB	1.5 GHz	6 Hrs	\$1200
8	80 GB	2.0 GHz	4 Hrs	\$1500

☐ プロファイルと応答を別々のテーブルに作成
☒ プロファイルと応答を1つのテーブルに作成

テーブルの作成

戻る

この調査には、選択肢集合が8つあり、それぞれが2つのプロファイルで構成されています。

5. [プロファイルと応答を1つのテーブルに作成] が選択されていることを確認します。

このオプションを選択すると、選択肢集合と調査結果が1つのデータテーブルにまとめられます。

6. [テーブルの作成] をクリックします。

この調査は、事前情報なしで計画されたものです。そのため、これらの選択肢集合から有用な情報を引き出せるとは限りません。1人の回答者を対象としたパイロット調査を行い、その結果を分析して得られた事前情報を使用して、最終調査を計画しましょう。

パイロット調査の分析

選択モデル計画のパイロット調査が完成したら、それを1人の回答者を対象に実施します。それぞれの選択肢集合からプロファイルを1つずつ選択してもらいます。回答者が選択したプロファイルに「1」、選択しなかったプロファイルに「0」を入力します。結果の分析には、「選択モデル」プラットフォームを使用します。

メモ: 「選択モデル」プラットフォームの詳細については、『消費者調査』を参照してください。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Laptop Design.jmp」を開きます。
2. 「選択モデル」スクリプトを実行します。

図19.6 「選択モデル」 起動ウィンドウ

データ形式 1つのデータテーブル, 積み重ね

データテーブルの選択 Laptop Design

列の選択

- 6列
- 選択肢集合
- 応答 指示変数
- ディスク容量
- 速度
- バッテリー駆動時間
- 価格

役割変数の選択

応答の指示変数 応答 指示変数

被験者ID 必須

選択肢集合ID 必須

グループ 選択肢集合

オプション

By オプション

モデルの実行

ヘルプ

削除

☒ Firth/バイアス調整推定値

☐ 階層型Bayes

Bayes計算の反復回数 5000

プロフィール効果の作成

追加 ディスク容量

交差 速度

枝分かれ バッテリー駆動時間

マクロ 価格

次数 2

変換

被験者効果の作成(オプション)

追加

交差

枝分かれ

マクロ

次数 2

変換

☐ 回答者が「なし」や「選択せず」を選ぶ

1人の回答者を対象とした1種類の調査なので、「選択肢集合」が唯一のグループ変数となっています。

3. [モデルの実行] をクリックします。

図19.7 パイロット調査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
ディスク容量[40 GB]	-0.007125177	0.4991763970
速度[1.5 GHz]	0.214880936	0.5265848733
バッテリー駆動時間[4 Hrs]	0.052925888	0.4895109018
価格[\$1500]	-0.978517706	0.7062009731
価格[\$1200]	0.076206148	0.7442825255
AICc	43.487115	
BIC	13.884322	
(-2)*対数尤度	3.4871145	
(-2)*Firth対数尤度	-2.203446	
勾配で収束しました		
Firth/バイアス調整推定値		

10人の回答者を対象とした最終的な選択モデル計画を作成するために、パラメータ推定値の事前平均と事前分散が必要です。図19.7の「推定値」および「標準誤差」の列に、パラメータの平均値および標準誤差の推定値がそれぞれ示されています。この標準誤差を、標準偏差の事前推定値として使用します。次に、各属性の分散の推定値を計算するために、JMPのテーブルを作成し、標準誤差の2乗を計算しましょう。

4. 「パラメータ推定値」レポートで右クリックし、[データテーブルに出力] を選択します。

- 新しく作成されたデータテーブルで「標準誤差」列の見出しを右クリックして、[計算式列の新規作成] > [変換] > [平方] を選択します。

データテーブルに、「標準誤差 ^2」という列が追加されます。この値を事前分散の推定値として、選択モデルのパラメータに対して使用できます。

図19.8 分散の推定値が右端の列に追加された「無題」データテーブル

	項	推定値	標準誤差	標準誤差^2
1	ディスク容量[40 GB]	-0.007125177	0.4991763970	0.2491770753
2	速度[1.5 GHz]	0.214880936	0.5265848733	0.2772916288
3	バッテリー駆動時間[4 Hrs]	0.052925888	0.4895109018	0.2396209229
4	価格[\$1500]	-0.978517706	0.7062009731	0.4987198144
5	価格[\$1200]	0.076206148	0.7442825255	0.5539564778

メモ: この時点では、「無題」データテーブルをまだ閉じないでください。

事前情報を使った最終選択実験の計画

この節では、パイロット調査で得た事前情報を使用して、最終計画を作成します。この最終計画は、10人の回答者を対象に実施します。

- [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Laptop Factors.jmp」を開きます。
- [実験計画(DOE)] > [消費者調査] > [選択モデル計画] を選択します。
- 「選択モデル計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[因子のロード] を選択します。
- [続行] をクリックします。
- 「選択モデル計画」ウィンドウの「事前平均」に、「無題」テーブルの「推定値」列の値を入力します(図19.9)。
「無題」テーブルの列全体をコピーしてから、「事前平均」セクションの「事前平均」のすぐ下にある「ディスク容量」のテキストボックスをクリックし、右クリックして [貼り付け] を選択することもできます。
- 「選択モデル計画」ウィンドウの「事前分散行列」セクションの対角線上のテキストボックスに、「無題」のテーブルの「標準誤差 ^2」列の値を入力します(図19.9)。入力は1つずつ行ってください。ここでは小数点3桁に四捨五入した数値を入力することになります。

図 19.9 パイロット調査で得た事前平均と事前分散

▲事前分布の設定

☐ 事前分布の指定をすべて無視。効用中立な計画を生成。

▲事前平均

効果	事前平均
ディスク容量	-0.01
速度	0.215
バッテリー駆動時間	0.053
価格 1	-0.98
価格 2	0.076

☐ 事前分散の指定を無視。事前平均に局所的である計画を生成。

▲事前分散行列

効果	ディスク容量	速度	バッテリー駆動時間	価格 1	価格 2
ディスク容量	0.249	0.000	0.000	0.000	0.000
速度		0.277	0.000	0.000	0.000
バッテリー駆動時間			0.240	0.000	0.000
価格 1				0.499	0.000
価格 2					0.554

7. 「計画の生成」パネルで、「アンケートの種類数」を2、「1 アンケートに対する被験者数」を5とします。
こうすると、全部で10人の回答者を対象とした2種類の調査が作成されます。
8. [計画の作成] をクリックします。
9. [テーブルの作成] をクリックします。
作成された計画テーブルには、160行あります。10人の回答者それぞれに対して、16行ずつという構成です。1人につき選択肢集合が8通りあり、それぞれの選択肢集合に2つのプロファイルが含まれます。調査は2種類あり、それぞれを5人に割り当てます。つまり、2つのプロファイル × 8通りの選択肢集合 × 2種類の調査 × 5人の回答者 = 160行となります。
10人の回答者を対象とした最終計画が出来上がりました。

選択モデル計画を実行し、結果を分析する

この節では、最終計画から得た結果を分析します。価格などの商品属性を変更すると、消費者にとってのノートパソコンの望ましさはどのように変化するでしょうか。製品に対する望ましさを、製品の効用値 (utility value) といいます。

有意な属性を特定する

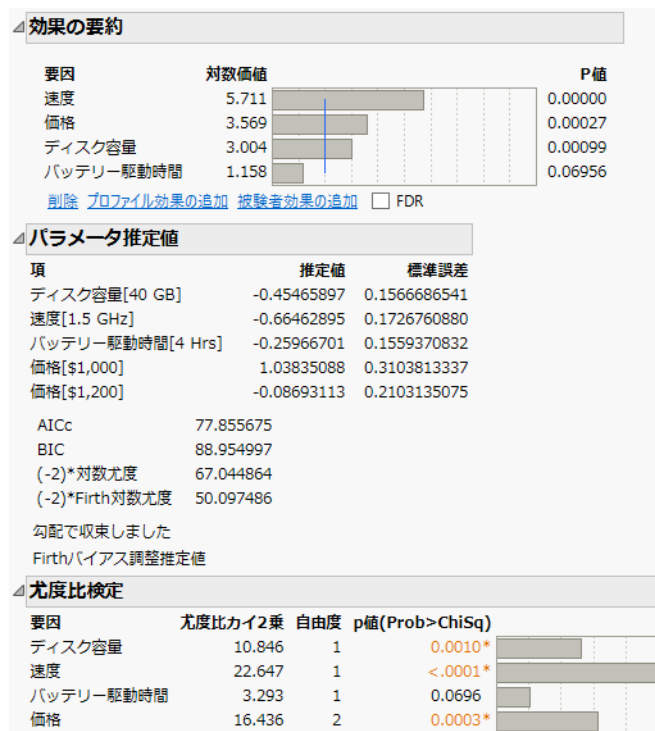
1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Laptop Results.jmp」を開きます。
2. 「選択モデル」スクリプトを実行します。

図19.10 「選択モデル」 起動ウィンドウ

複数の回答者を対象とした数種類の調査なので、「回答者」、「調査」、「選択肢集合」という3つのグループ変数があります。

3. 「モデルの実行」をクリックします。

図19.11 ノートパソコンに関する最終計画の分析



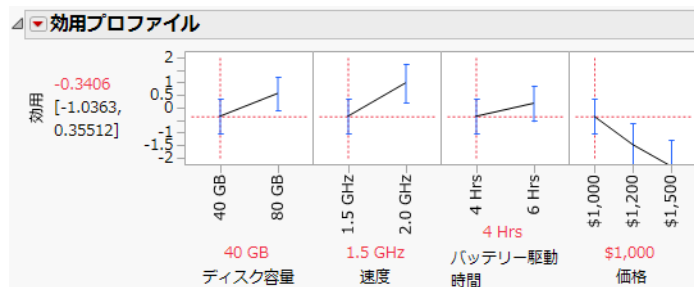
「効果の要約」と「尤度比検定」を見ると、「ディスク容量」・「速度」・「価格」が有意水準0.05で有意となっています。「バッテリー駆動時間」は、やや有意ではありません。

効用の分析

次に、プロファイルを使って効用値を確認し、製品の属性を変更したときの効用値の変化を見てみましょう。

1. 「選択モデル」の赤い三角ボタンをクリックし、[効用プロファイル] を選択します。

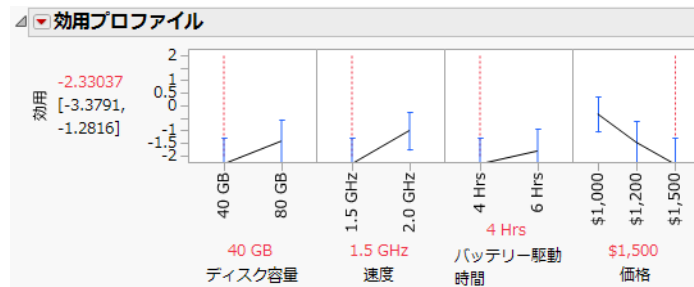
図19.12 価格 = \$1000における効用プロファイル



各属性の値を最も低いものに設定したとき、「効用」は-0.3406になります。ここで、効用1単位あたりの価格を求めることにします。

2. 「価格」のスライダを「\$1,500」に動かします。

図19.13 価格 = \$1500における効用プロファイル



「価格」を\$1,000から\$1,500に変化させると、「効用」は-0.3406から-2.3303に変化します。つまり、ノートパソコンの価格を500ドル引き上げることで、効用（望ましさ）はおおよそ2単位低くなります。したがって、効用1単位あたりの価格は、おおよそ250ドルであると推定できます。

効用1単位あたりの価格が算出できたところで、今度は、各属性がどれだけの金額に値するかを調べてみます。たとえば、最も有意な属性である「速度」を取り上げます（図19.11）。

3. 効用プロファイルで、「価格」を1000ドルに戻してから、「速度」を2.0 GHzまで上げます。

図19.14 速度を上げた後の効用値

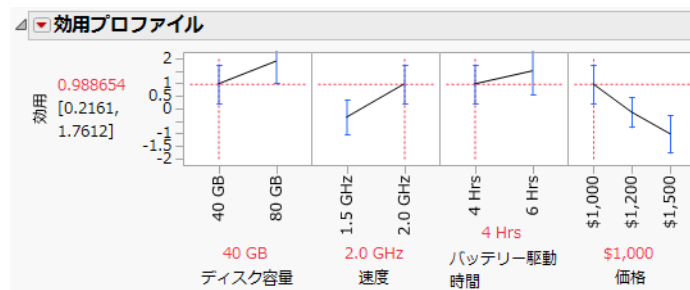


図19.12を見ると、「効用」の値がの-0.3406から0.9886へ、つまり1.3292単位変化することがわかります。効用1単位あたりの価格は250ドルでしたから、ノートパソコンのCPU速度を1.5GHzから2.0GHzに変えれば、価格を332.30ドル(= 250ドル × 1.3292)だけ高くすることができると推定できます。このような選択モデル分析は、さまざまな機種種のノートパソコンに価格をつける際に役立ちます。CPU以外の属性についても、同じような計算が可能です。

選択モデル計画の作成

選択モデル計画を作成するには、[実験計画 (DOE)] > [消費者調査] > [選択モデル計画] を選択します。
「選択モデル計画」は、計画の手順を踏むごとに内容が更新されます。

- 「属性」
- 「モデル」
- 「計画の生成」
- 「計画」
- 「テーブルの作成」

属性

選択モデル計画では、カテゴリカルな属性を使用します。

ヒント：「属性」セクションが完成したら、赤い三角ボタンのメニューから [因子の保存] を選択することを確認してください。これにより、属性の名前・役割・水準がデータテーブルに保存され、後で再利用できるようになります。

図19.15 属性

属性

因子の追加

削除

N個の因子を追加

1

名前	役割	属性水準
▼ X1	カテゴリカル	L1L2
▼ X2	カテゴリカル	L1L2L3

属性の指定

ボタンをクリックしてカテゴリカルな属性を追加。属性を編集するには、その名前または水準をダブルクリック。

続行

「属性」セクションには、以下のボタンがあります。

因子の追加 水準数を選択し、属性を追加します。

削除 選択されている属性が削除されます。

N個の因子を追加 複数の属性を一度に追加します。ここで追加したい属性の個数を入力してから [因子の追加] をクリックし、水準数を選択してください。なお、水準数の異なる属性を追加したい場合は、水準数ごとに [N個の因子を追加] を指定してください。

「属性」セクションには、以下の列があります。

名前 属性の名前。デフォルトでは、「X1」、「X2」、...となっています。名前を変更するには、ダブルクリックして任意の名前を入力します。

役割 「選択モデル計画」においては属性の役割は「カテゴリカル」だけです。

属性水準 属性がもつ水準の名前。これらの属性水準名を変更するには、デフォルトの水準名をクリックし、任意の水準名を入力します。

属性の編集

- 属性の名前を編集するには、属性名をダブルクリックします。
- 属性水準を編集するには、水準名をクリックします。

属性の列プロパティ

「選択モデル」プラットフォームでデータテーブルを作成すると、「値の表示順序」列プロパティが各属性に保存されます。このプロパティは、「属性」セクションで指定した水準の順序に基づいて、レポートに水準を表示するために使用されます。[「値の表示順序」](#)を参照してください。

モデル

「選択モデル計画」の「モデル」セクションでは、仮定するモデルや属性水準に関する事前情報を指定します。仮定するモデルには、推定したいすべての効果を含めてください。[「モデルの設定」](#)を参照してください。属性の水準に関する事前情報を指定することで、適切な計画が作成できます。[「事前分布の設定」](#)を参照してください。

モデルの設定

「モデルの設定」セクションに、仮定されるモデルを指定します。主効果は、すべてデフォルトで含まれます。[\[交互作用\]](#) ボタンをクリックすると、2因子間交互作用がすべて追加されます。

図19.16 モデルの設定

名前
X1
X2

計画のデータテーブルを作成すると、そのデータテーブルに「選択モデル」スクリプトが保存されます。この「選択モデル」スクリプトを実行すると、「モデルの設定」セクションで指定したモデルを使って「選択モデル」プラットフォームが起動します。

「モデルの設定」セクションには、次のようなボタンがあります。

主効果 モデルにある全属性の主効果を追加します。

交互作用 すべての2因子間交互作用を追加します。含めたくない交互作用がある場合は、その交互作用を選択して、[項目の削除] をクリックしてください。

項目の削除 選択されている効果を削除します。

事前分布の設定

モデルのパラメータに対する事前分布（多変量正規分布）を指定します。「事前平均」セクションに事前平均を、「事前分散行列」セクションに共分散行列を入力します。

図19.17 事前分布の設定

▲事前分布の設定

☐ 事前分布の指定をすべて無視。効用中立な計画を生成。

▲事前平均

効果	事前平均
X1	0.000
X2 1	0.000
X2 2	0.000

☐ 事前分散の指定を無視。事前平均に局所的である計画を生成。

▲事前分散行列

効果	X1	X2 1	X2 2
X1	1.000	0.000	0.000
X2 1		1.000	0.000
X2 2			1.000

事前分布の設定を反映させないようにするには、以下のいずれかのオプションを使用します。

事前分布の指定をすべて無視。効用中立な計画を生成。 事前平均を0に設定して、局所的なD-最適計画を生成します。この計画は、**効用中立な計画**と呼ばれます。Huber and Zwerina (1996)を参照してください。

事前分散の指定を無視。事前平均に局所的である計画を生成。 局所的なD-最適計画を生成します。この局所的な計画では、共分散行列を無視して、事前平均のみを考慮します。Huber and Zwerina (1996)を参照してください。

計画の生成

選択モデル計画の構造を定義します。

図19.18 計画の生成

計画の生成	
4	1選択肢集合内で変更できる属性の個数
2	1選択肢集合あたりのプロフィールの個数
12	1アンケートあたりの選択肢集合の個数
1	アンケートの種類数
10	1アンケートに対する被験者数
計画の作成	
戻る	

メモ: 図19.18 は、コーヒーマシンの例の計画です。「[選択モデル計画の例](#)」を参照してください。

以下の項目に数値を入力します。

1 選択肢集合内で変更できる属性の個数 属性の総数以下の数を指定します。普通は、属性の総数と同じにします。属性が多数あり、回答者が簡単に選択できるようにしたい場合は、属性の総数より小さい数を指定してください。

1 選択肢集合あたりのプロフィールの個数 回答者が一度に比較するプロフィールの数を指定します。

1 アンケートあたりの選択肢集合の個数 1人の回答者が答える全回答数を入力します。

アンケートの種類数 選択肢集合の組み合わせをひとまとめとして、その種類の数を入力します。複数の回答者に異なる調査を割り当てる際に役立ちます。

1 アンケートに対する被験者数 回答者の総数を、アンケートの種類数で割った数を入力します。

計画の作成

「計画の生成」セクションでの指定が完了したら、「**計画の作成**」をクリックして計画を生成します。「計画」セクションに計画が表示されます。

計画

「計画」セクションには、指定した条件に基づく、最適な選択モデル計画の実験が表示されます。目的に合っているかどうか、内容を確認してください。

図 19.19 計画

計画				
選択肢集合	挽き	温度	時間	豆の量
1 Coarse	195	3	2	
1 Medium	200	4	1.6	
2 Medium	205	3	2	
2 Coarse	200	3.5	2.4	
3 Coarse	195	3	1.6	
3 Medium	200	3.5	2.4	
4 Coarse	200	3	2.4	
4 Medium	205	3.5	2	
5 Coarse	195	3.5	1.6	
5 Coarse	200	3	2	
6 Medium	195	3.5	2	
6 Medium	205	4	2.4	
7 Coarse	195	3.5	2.4	
7 Medium	200	3	1.6	
8 Medium	195	4	2	
8 Coarse	205	3	1.6	
9 Coarse	200	3.5	1.6	
9 Medium	195	3	2.4	
10 Medium	200	3	1.6	
10 Coarse	205	4	2	
11 Coarse	200	3.5	2	
11 Medium	195	4	1.6	
12 Coarse	200	4	2	
12 Medium	205	3.5	2.4	

☐ プロファイルと応答を別々のテーブルに作成
☒ プロファイルと応答を1つのテーブルに作成

メモ:

- 図 19.19 は、コーヒーの例の計画です。「選択モデル計画の例」を参照してください。
- 最適な計画を求めるアルゴリズムは、無作為に選択した初期計画に基づいています。そのため、生成される計画はいつも異なります。[戻る] ボタンと [計画の作成] ボタンを繰り返しクリックすると、異なる計画が作成されます。

出力オプション

選択モデル計画のデータテーブルの形式を、次の 2 つの形式のいずれかに選択します。

プロファイルと応答を別々のテーブルに作成 以下の 2 つのデータテーブルが作成されます。

- 「選択モデル プロファイル」データテーブル。各行にプロファイルが表示され、「アンケート」および「選択肢集合」列で区別されます。選択肢集合に含まれるプロファイルは、「選択肢 ID」で区別されます。このデータテーブルは、調査票を作成するときに便利です。
- 「選択モデル 応答」データテーブル。「応答」という名前の空の列があります。ここに、回答を入力します。各行は、1 つの選択肢集合に対応しています。行の並び順は、「被験者」・「アンケート」・「選択肢集合」の各列に基づいて決まります。これらの列に続き、選択肢 ID の列があり、最後に「応答」列があります。「応答」列に、回答者が選んだ選択肢 ID を入力してください。

プロフィールと応答を1つのテーブルに作成 「選択モデル プロファイル」という1つのデータテーブルが作成されます。このデータテーブルには、「**応答の指示変数**」という名前の空の列があるので、ここに回答を入力します。各行は、1つのプロフィールに対応しています。行の並び順は、「**被験者**」・「**アンケート**」・「**選択肢集合**」の各列に基づいて決まります。「回答の指示変数」に、回答者が該当のプロフィールを選択した場合には1（または0以外の数字）を、選択しなかった場合には0を入力してください。

メモ: 「**応答の指示変数**」列には、必ず数字を入力してください。

テーブルの作成

[**テーブルの作成**] をクリックすると、「**出力オプション**」で選択した形式の選択モデル計画のデータテーブルが作成されます。「選択モデル プロファイル」データテーブルのテーブルパネルには、「**選択モデル**」というスクリプトがあります。このスクリプトを実行して、[**モデルの実行**] をクリックすると、実験結果を分析することができます。

「選択モデル」レポートの詳細は、『消費者調査』を参照してください。

「選択モデル計画」のオプション

「選択モデル計画」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ています。

因子の保存 「因子」パネルの情報を、新しいデータテーブルに保存します。各因子の列には、その因子の水準が表示されます。その他の情報は、列プロパティとして保存されます。これで保存した情報は、ほとんどの「実験計画(DOE)」ウィンドウで簡単に読み込むことができます。

メモ: 空のデータテーブルにデータを直接入力して因子のデータテーブルを作成することもできますが、その場合も、すべての列に適切な役割を割り当てる必要があります。役割を割り当てるには、データグリッド内で列名を右クリックし、[**列プロパティ**] > [**因子の役割**] を選択します。そして、「因子の役割」セクションで、適切な役割を選択してください。

因子のロード 「因子の保存」で保存された因子をロードします。

乱数シード値の設定 このオプションに指定した整数が、乱数を用いる処理の乱数シード値として使われます。次のような処理で、乱数は使われます。

- 計画作成の検索アルゴリズムにおける初期化
- データテーブル作成時における実験順序のランダム化
- 最適計画を探索するときの初期計画の選択

計画を再現するには、その計画の生成に使われた乱数シード値を入力し、[**計画の作成**] をクリックします。

メモ: 計画の作成に使われた乱数シード値は、計画のデータテーブルに保存される「DOE ダイアログ」スクリプトにも含まれます。

応答のシミュレート 選択モデル計画のデータテーブルに、選択確率の計算式を含む列と、選択の乱数を生成する計算式を含む列が追加されます。このオプションは、[テーブルの作成] をクリックする前に選択してください。

このオプションが選択されていた場合、[テーブルの作成] をクリックすると、次の処理が実行されます。

- 選択のデータ値を乱数シミュレーションで生成するための計算式を含む列が、新しい列として追加されます。このデータ値やこの計算式は、計画のウィンドウで指定したモデルに基づいています。
- 「モデル」ウィンドウが表示されます。このウィンドウで、モデルの効果における限界効用を設定します。
- 「**選択のシミュレーション**」という名前のスクリプトが、選択モデル計画のデータテーブルに保存されます。このスクリプトを実行すると、「モデル」ウィンドウが再び開き、シミュレーション値を再度計算したり、限界効用を変更したりできます。

[適用] をクリックすると、「選択のシミュレーション」列の計算式が更新され、新しい乱数が生成されます。[適用] をさらにもう一度クリックすると、再びこの列の計算式と乱数が更新されます。

「[応答のシミュレート](#)」を参照してください。

メモ:  [応答のシミュレート] オプションを使うと、JMP Pro のシミュレーションの機能を使って、乱数シミュレーションを実行できます。実験計画を用いたシミュレーションの詳細は、『[基本的な統計分析](#)』を参照してください。

開始点の数 計画の作成に使用するランダムな開始点の数（ランダムな初期計画を生成する回数）を指定します。「[Bayes 流の D-最適計画](#)」を参照してください。

詳細オプション 選択モデル計画では使用できません。

スクリプトをスクリプトウィンドウに保存 「選択モデル計画」ウィンドウで定義した計画のスクリプトを作成し、スクリプトウィンドウに保存します。

「選択モデル計画」の統計的詳細

この節では、選択モデル計画の作成に使われる最適化手法について詳しく説明します。

- 「[Bayes 流の D-最適計画](#)」
- 「[効用中立な計画と局所的な D-最適計画](#)」

Bayes 流の D- 最適計画

Bayes 流の D-最適化基準は、情報量行列の行列式の対数の、事前分布に関する期待値です。ここで、この情報量行列は、多項ロジットモデルにおいて最尤法で求めたパラメータ推定値に関する行列です。「選択モデル計画」プラットフォームでは、指定された事前分布から生成されたパラメータベクトルの標本に基づいて、この期待値を求め、それを最大化します。Kessels et al. (2011) を参照してください。

部分プロファイルを含む計画では、以下の2段階のアルゴリズムを使用します。

1. 選択肢集合の中で固定させる属性を、ある種の属性釣り合い法 (an attribute balance approach) で決めます。
2. 変化させる属性の水準を、Bayes 流の D-最適化によって決定します。

ここで「属性釣り合い法」とは、各属性が固定される回数が、計画全体を通して互いに等しくなるようにするアルゴリズムです。2つ以上の属性を固定する場合は、その属性ペアの出現回数が等しくなるようにします。

変化させる属性の水準は、Bayes 流の D-最適化基準を最適化することによって求めます。まず、開始点となる初期計画を無作為に決めます。次に、座標交換アルゴリズムを使って、変化させる属性の水準を生成し、Bayes 流の D-最適化基準が最適化されるまで、評価を繰り返します。この計算の過程で、事前分布（多変量正規分布）に関する積分を行う必要がありますが、その求積法については Gotwalt et al. (2009) を参照してください。

メモ: Bayes 流の D-最適化基準を使用すると、水準を変化すべき属性においても、選択肢集合の中で同じ水準になることがあります。このような状況が発生するのは、属性の水準を変化させると、選択肢集合に含まれるプロファイルの確率がすべて非常に高いかまたは低くなるという、意味のない選択肢集合になってしまうような場合です。

効用中立な計画と局所的な D- 最適計画

「選択モデル計画」プラットフォームでは、事前平均を 0 に設定して、効用中立な計画を生成することができます。この計画では、選択肢集合に含まれるどのプロファイルも選択される確率が同じと仮定します。Huber and Zwerina (1996) を参照してください。

また、局所的な D-最適計画を生成することもできます。この計画では、事前分布情報として、平均は考慮しますが、共分散行列は考慮しません。Huber and Zwerina (1996) を参照してください。

第 20 章

MaxDiff 計画

最良と最悪とを選択させる調査の計画

MaxDiff（**maximum difference scaling**）調査は、消費者にどの製品を選択するかを尋ねることにより、製品の各属性がもつ相対的な重要度を求める調査のひとつです。MaxDiff 調査では、小規模な選択肢集合の中から、最も好きなものと最も嫌いなものを回答者に回答してもらいます。最良のものと最悪のものを選んでもらうので、最良のものだけを選ぶ実験よりも、順位付けに関するより有用な情報を得ることができます。

「MaxDiff 計画」プラットフォームでは、1 因子だけの選択肢集合から構成される MaxDiff 計画を作成できます。なお、「MaxDiff 計画」で立案した計画に基づき収集したデータを分析するには、「MaxDiff」プラットフォームを使用してください。

図 20.1 MaxDiff 計画テーブル

	被験者	選択肢集合	キャンディ	選択
1	1	1	Reese's Cups	•
2	1	1	Hershey Bar	•
3	1	1	Snickers	•
4	1	1	Butterfinger	•
5	1	2	Butterfinger	•
6	1	2	Heath Bars	•
7	1	2	Plain M&Ms	•
8	1	2	Snickers	•
9	1	3	Plain M&Ms	•
10	1	3	Snickers	•
11	1	3	Peanut M&Ms	•
12	1	3	Hershey Bar	•
13	1	4	Snickers	•
14	1	4	Peanut M&Ms	•
15	1	4	Reese's Cups	•
16	1	4	Heath Bars	•

目次

「MaxDiff計画」プラットフォームの概要..... 547

MaxDiff計画の例..... 547

「MaxDiff計画」起動ウィンドウ..... 551

MaxDiff計画の作成..... 551

 計画のオプション..... 551

 計画..... 552

 ペアの生起行列..... 552

 テーブルの作成..... 552

MaxDiff調査のオプション..... 552

「MaxDiff計画」プラットフォームの概要

「MaxDiff計画」プラットフォームでは、回答者に提示する、1つの選択肢集合に含まれるプロファイルの個数と、選択肢集合の個数を指定します。MaxDiff調査では、回答者に、「**選択肢集合**」と呼ばれるプロファイル（製品や商品）の集合のなかから、**最も好きなものと最も嫌いなもの**を選択してもらいます。

「MaxDiff計画」プラットフォームでは、1種類のアンケートを作成します。回答者が複数いる場合には、すべての回答者に対して同じアンケートを提示することも、回答者ごとに異なるアンケートを提示することもあるでしょう。

MaxDiff計画は、可能な限り、釣合い型不完備ブロック計画（Balanced Incomplete Block Design; BIBD）になるように作成されます。つまり、プロファイルの各ペアが各選択肢集合で同様の頻度で発生するように、MaxDiff計画は作成されます。選択肢集合の個数、および、1つの選択肢集合におけるプロファイルの個数が、釣合い型不完備ブロック計画が構成できるようになっている場合には、釣合い型不完備ブロック計画が作成されます。

各プロファイルは、この釣合い型不完備ブロック計画における因子の水準とみなすことができます。一方、選択肢集合はこの釣合い型不完備ブロック計画におけるブロックとみなすことができます。MaxDiff調査では（釣合い型不完備ブロック計画では）、ブロックの大きさ（1選択肢集合におけるプロファイルの個数）は、因子の水準数より小さくなっています。

MaxDiff計画の例

MaxDiff計画を使い、消費者の選好について調べます。

あなたは会社の事務用品購入担当で、祝日のパーティで使うキャンディを購入する必要があるとします。まず、社員の好きなキャンディの種類を把握したいとします。7種類のキャンディについて、無作為に選んだ5名の社員の好みを調査します。過去の経験から、7種類ものキャンディから選択することは難しいことがわかっています。そのため、1つの選択肢集合では4種類のキャンディだけを提示することにします。調査をしやすくするために、最良のものと最悪なものだけを選択するMaxDiff調査を行うことにします。各判定者には、7つの選択肢集合を提示し、その各選択肢集合のなかから、最も好きなキャンディと最も嫌いなキャンディを選んでもらいます。（選択肢集合を7つ用意し、また、1つの選択肢集合に4種類のキャンディを提示する場合、釣合い型不完備ブロック計画を作成できます。Cochran and Cox（1957）を参照してください。）なお、回答者の全員に同じアンケートを実施することにします。

計画の作成

「MaxDiff計画」プラットフォームを実行するには、まず、選択肢集合に含まれるプロファイル（製品や商品）が含まれているデータテーブルを用意します。この例のデータは、サンプルデータとしてすでに作成されています。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Candy Profiles.jmp」を開きます。

このデータテーブルには、調査対象となる7種類のキャンディがリストされています。

- 2. [実験計画(DOE)] > [消費者調査] > [MaxDiff計画] を選択します。
- 3. 「列の選択」リストから、[キャンディ] を選択し、[X、説明変数] をクリックします。
- 4. [OK] をクリックします。
- 5. 「計画のオプション」で次の作業を行います。
 - 「1 選択肢集合あたりのプロファイルの個数」を「4」に設定します。
 - 「選択肢集合の個数」を「7」に設定します。

メモ: 乱数シード値(手順6)を設定すると、以下の数値例と同じ結果が得られます。同じでなくても良い場合は、この手順は不要です。

- 6. (オプション)「MaxDiff 調査」の赤い三角ボタンをクリックし、[乱数シード値の設定] を選択します。「12345」と入力して [OK] をクリックします。
- 7. [計画の作成] をクリックします。

「計画」には、それぞれ4種類のキャンディで構成された選択肢集合が7個表示されます。「ペアの生起行列」は、キャンディの種類の各ペアが同時に発生する選択肢集合の数を行列にしたものです。行列の対角線上には、キャンディの各種類が発生する選択肢集合の数が表示されます。この例では、各キャンディが4つの選択肢集合に発生し、他の種類のキャンディとは2つの選択肢集合に同時に発生します。
- 8. [テーブルの作成] をクリックします。

図 20.2 キャンディの好み調査の計画のテーブル (一部)

	被験者	選択肢集合	キャンディ	選択
1	1	1	Reese's Cups	•
2	1	1	Hershey Bar	•
3	1	1	Snickers	•
4	1	1	Butterfinger	•
5	1	2	Butterfinger	•
6	1	2	Heath Bars	•
7	1	2	Plain M&Ms	•
8	1	2	Snickers	•
9	1	3	Plain M&Ms	•
10	1	3	Snickers	•
11	1	3	Peanut M&Ms	•
12	1	3	Hershey Bar	•
13	1	4	Snickers	•
14	1	4	Peanut M&Ms	•
15	1	4	Reese's Cups	•
16	1	4	Heath Bars	•

作成された計画のデータテーブルには、回答者の好みを記録するための「選択」列があります。選択肢集合ごとに、最も好きなキャンディに「1」、最も嫌いなキャンディに「-1」、それら以外の2つのキャンディには「0」と記録してください。

調査の結果の分析

調査結果を MaxDiff 計画テーブルに記録し、分析します。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Candy Survey.jmp」を開きます。
テーブルには、「調査参加者」列に一覧されている参加者ごとの調査の結果が表示されています。
2. [分析] > [消費者調査] > [MaxDiff] を選択します。
3. [データテーブルの選択] をクリックし、[Candy Survey] を選択し、[OK] をクリックします。
4. 列に役割を割り当てます。
 - 「選択」を選択し、[応答の指示変数] をクリックします。
 - 「調査参加者」を選択し、[被験者 ID] をクリックします。
 - [選択肢集合] を選択し、[選択肢集合 ID] をクリックします。
 - [キャンディ] を選択し、[プロフィール効果の作成] パネルの [追加] をクリックします。

図 20.3 設定後の「MaxDiff 分析」起動ウィンドウ

データ形式 1つのデータテーブル, 積み重ね

データテーブルの選択 Candy Survey

列の選択

4列

- 調査参加者
- 選択肢集合
- キャンディ
- 選択

役割変数の選択

応答の指示変数 選択

被験者ID 調査参加者

選択肢集合ID 選択肢集合

グループ オプション

By オプション

モデルの実行

ヘルプ

削除

☒ Firth バイアス調整推定値

☐ 階層型 Bayes

Bayes 計算の反復回数 5000

プロフィール効果の作成

追加 キャンディ

交差

校分かれ

マクロ

回数 2

変換

被験者効果の作成(オプション)

追加

交差

校分かれ

マクロ

回数 2

変換

最良 1

最悪 -1

「最良」の選択として「1」を、「最悪」の選択として「-1」を指定したため、起動ウィンドウの左側にある「最良」と「最悪」の応答の指示変数はそのままにします。

5. [モデルの実行] をクリックします。

図 20.4 MaxDiff のレポート



このレポートは、「キャンディ」の違いによる効果が有意であることを示しています。高い効用値を持つ上位3位のキャンディは、Plain M&Ms, Reese's Cups, Peanut M&Msです。

6. 「MaxDiffモデル」の赤い三角ボタンをクリックし、[全水準の比較レポート]を選択します。

図 20.5 キャンディの種類の「全水準の比較」レポート

全水準の比較レポート							
差 (行 - 列)	Butterfinger	Heath Bars	Hershey Bar	Peanut M&Ms	Plain M&Ms	Reese's Cups	Snickers
差の標準誤差							
Wald p値							
Butterfinger	0	-1.3079	-1.0915	-1.7212	-1.964	-1.7378	0.39343
	0	0.52954	0.52038	0.54692	0.56495	0.54938	0.5059
		0.01964	0.04478	0.0038	0.00162	0.00364	0.44306
Heath Bars	1.30792	0	0.21642	-0.4133	-0.656	-0.4299	1.70135
	0.52954	0	0.47619	0.48741	0.49094	0.46959	0.54758
	0.01964		0.65286	0.40343	0.19185	0.36752	0.0042
Hershey Bar	1.0915	-0.2164	0	-0.6297	-0.8725	-0.6463	1.48493
	0.52038	0.47619	0	0.47406	0.49984	0.49096	0.53808
	0.04478	0.65286		0.19443	0.09149	0.19835	0.00992
Peanut M&Ms	1.72121	0.41329	0.62971	0	-0.2427	-0.0166	2.11463
	0.54692	0.48741	0.47406	0	0.49706	0.49054	0.56901
	0.0038	0.40343	0.19443		0.62896	0.97325	0.00086
Plain M&Ms	1.96396	0.65604	0.87246	0.24275	0	0.22616	2.35738
	0.56495	0.49094	0.49984	0.49706	0	0.49327	0.58562
	0.00162	0.19185	0.09149	0.62896		0.65002	0.00037
Reese's Cups	1.7378	0.42988	0.6463	0.01659	-0.2262	0	2.13123
	0.54938	0.46959	0.49096	0.49054	0.49327	0	0.5714
	0.00364	0.36752	0.19835	0.97325	0.65002		0.00083
Snickers	-0.3934	-1.7013	-1.4849	-2.1146	-2.3574	-2.1312	0
	0.5059	0.54758	0.53808	0.56901	0.58562	0.5714	0
	0.44306	0.0042	0.00992	0.00086	0.00037	0.00083	

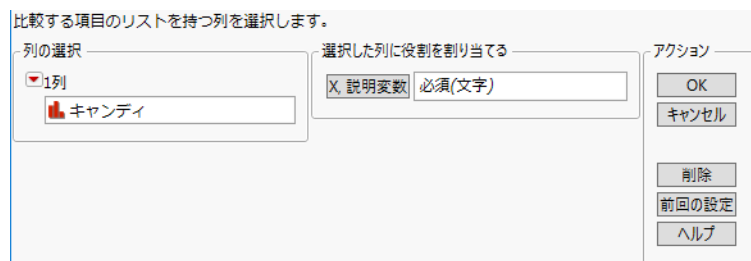
比較レポートを見ると、効用値の差が大きいキャンディの組み合わせがわかります。各セルの3つ目の項目は、行の項目の効用値から列の項目の効用値を差し引いた差に対するp値です。p値の色の濃度は、効用値の差の大きさを示します。青または赤の陰影は、効用値の差（行の効用値から列の効用値を差し引いた値）が、負であるか正であるかを表します。これらのp値は多重調整されておらず、多重比較の過誤率は制御されていません。これらのp値は、参考にするぐらいで用いてください。「全水準の比較レポート」の詳細については、『消費者調査』を参照してください。

「MaxDiff計画」起動ウィンドウ

「MaxDiff計画」プラットフォームを使用するには、プロファイルの情報が含まれたデータテーブルを予め用意しておく必要があります。JMPで初期データテーブルをアクティブにして、**「実験計画(DOE)」** > **「消費者調査」** > **「MaxDiff計画」** を選択します。

このデータテーブルには、回答者に選んでもらうプロファイル（製品や商品）が、文字データとして含まれている列がなければいけません。アクティブなデータテーブルがない場合は、データテーブルを選択するためのウィンドウが開きます。

図 20.6 「Candy Profiles.jmp」を使用した「MaxDiff計画」起動ウィンドウ



X, 説明変数 回答者に選んでもらう項目が含まれた文字データの列。

MaxDiff計画の作成

MaxDiff計画を作成するには、**「実験計画(DOE)」** > **「消費者調査」** > **「MaxDiff計画」** を選択します。

「MaxDiff計画」ウィンドウは、計画の手順を踏むごとに内容が更新されます。

- 「計画のオプション」
- 「計画」
- 「ペアの生起行列」
- 「テーブルの作成」

計画のオプション

MaxDiff計画では、次のオプションを指定します。

1 選択肢集合あたりのプロファイルの個数 1つの選択肢集合に含まれる製品（商品）の数。

選択肢集合の個数 回答者に選んでもらうために提示する選択肢集合の総数。

計画

「MaxDiff調査」の「計画」セクションには、選択肢集合が整数で表示されます。また、各選択肢集合を構成するプロファイル（製品や商品）が表示されます。

ペアの生起行列

「ペアの生起行列」は、因子水準の各ペアが同時に発生する選択肢集合の個数を要素とした行列です。この行列の対角線上は、各因子水準が発生する選択肢集合の個数になっています。

テーブルの作成

「テーブルの作成」ボタンをクリックすると、MaxDiff計画のデータテーブルが作成されます。データテーブルは4つの列で構成されます。

被験者 データテーブルが作成された時には、すべて「1」と入力されています。この値は、回答者を識別するための適切な番号に変更してください。

ヒント: 回答者を識別する値を簡単に入力するには、『JMPの使用法』を参照してください。IDを氏名などに変更するには、[列] > [再コード化] を使用してください。

選択肢集合 選択肢集合ごとに指定された値。

因子 指定した因子の水準。これは、選択肢集合における製品（商品）です。

選択 調査結果を入力するための列。この列には、最良、最悪、およびそれ以外のものを示す数値を入力してください。通常は、「1」（最良）・「-1」（最悪）・「0」（それ以外）を入力してください。調査結果は、「MaxDiff計画」プラットフォーム（[分析] > [消費者調査] > [MaxDiff計画]）で分析できます。

MaxDiff調査のオプション

「MaxDiff調査」の赤い三角ボタンのメニューには、以下のオプションがあります。

乱数シード値の設定 このオプションに指定した整数が、乱数を用いる処理の乱数シード値として使われます。次のいずれかまたは複数の操作を行います。

- 計画作成の検索アルゴリズムにおける初期化
- データテーブル作成時における実験順序のランダム化
- 最適計画を探索するときの初期計画の選択

計画を再現するには、その計画の生成に使われた乱数シード値を入力し、[計画の作成] をクリックします。

メモ: 計画の作成に使われた乱数シード値は、計画のデータテーブルに保存される「DOE ダイアログ」スクリプトにも含まれます。

応答のシミュレート 回答を乱数によって生成するには、このオプションを選択します。このオプションを選択すると、[テーブルの作成] をクリックしたときに、計画のデータテーブルとともに「選択データをシミュレート」ウィンドウが開きます。また、計画のデータテーブルには、「確率」列と「選択のシミュレーション」列が追加されます。「選択のシミュレーション」列には、回答の乱数データが含まれ、「確率」列にはそれらが生じる確率が含まれます。両者とも計算式として定義されています。

注意: 応答のシミュレーションに使用されるモデルを変更するには、「選択データをシミュレート」ウィンドウの「限界効用」列に、最後の因子水準以外のすべての因子水準の値を入力します。全水準における限界効用の和は0になるため、「限界効用」列の最後の水準は編集できません。最後の水準以外の因子水準を指定すると、それに従って最後の因子水準が調整されます。

開始点の数 計画の作成に使用するランダムな開始点の数（ランダムな初期計画を生成する回数）。デフォルトでは10に設定されています。

詳細オプション このオプションは、「MaxDiff計画」にはありません。

スクリプトをスクリプトウィンドウに保存 定義した計画のスクリプトを作成し、スクリプトウィンドウに保存します。

第21章

JMP PRO 被覆配列

構成要素の交互作用に起因する故障の検出

被覆配列 (covering array) は、構成要素やサブシステム間の交互作用によって故障が生じる決定論的なシステムを実験するのに適しています。被覆配列は、システムの故障につながる交互作用を見つけ出すのに役立ちます。被覆配列が役立つ応用分野は、ソフトウェア設計・回路設計・ネットワーク設計などです。

決定論的なシステムを調べるには、要素の交互作用をすべて含めることが重要です。「被覆配列」プラットフォームは、非常に効率の良い被覆配列を作成します。また、試験にとって現実的でない要素の組み合わせを除外することもできます。

図21.1 強度3の被覆配列

計画						
実験	X1	X2	X3	X4	X5	
1	L1	L1	L1	L1	L1	
2	L1	L1	L1	L2	L2	
3	L2	L2	L2	L2	L2	
4	L2	L1	L2	L2	L1	
5	L2	L2	L2	L1	L2	
6	L2	L2	L1	L1	L1	
7	L2	L1	L1	L1	L2	
8	L1	L2	L2	L1	L1	
9	L1	L2	L1	L2	L2	
10	L1	L2	L2	L2	L1	
11	L1	L1	L2	L1	L2	
12	L2	L2	L1	L2	L1	

目次

被覆配列の概要..... 557

因子水準に対する制約がない被覆配列の例 559

因子水準に対する制約がある被覆配列の例 563

被覆配列計画の作成 569

 因子 570

 因子の制約を定義..... 571

 計画 574

 指標 576

 出力オプション 577

 「被覆配列」 データテーブル 577

「被覆配列」 のオプション..... 579

「被覆配列」 の技術的詳細..... 580

 最適化アルゴリズム..... 580

 指標の計算式 580

JMP PRO 被覆配列の概要

被覆配列 (covering array) は、構成要素やサブシステム間の交互作用によって故障が生じる決定論的なシステムを実験するのに適しています。被覆配列は、ソフトウェア設計・回路設計・ネットワーク設計など、次のような状況で役立ちます。

- 試験費用が高い。
- 試験の主な目的が、故障の原因である交互作用を見つけることである。
- 試験の結果は決定論的に決まっており、合格か不合格のどちらかである。
- 試験を反復しても同一の結果が出るだけなので、反復には意味がない。
- 計画の効率は、冗長な実施を含めずに可能な条件のうちいくつをカバーできるかによって決まる。

システム試験はコストが非常にかかるため、試験回数をどれだけ減らせるかが重要です。高次のすべての交互作用を試験するのは、ほぼ不可能であり、不要なことが少なくありません。経験的に言えることは、ほとんどの故障は、少数の構成要素の交互作用に起因します。故障を引き起こすと考えられる構成要素の最大の組み合わせのサイズ (交互作用の次数) を**強度 (strength)** と言います。高い強度の交互作用までも検出したい場合には、試験の回数を増やさなければいけません。

「被覆配列」プラットフォームでは、計画における強度を指定することができます。また、必要な場合には、許可されない因子水準の組み合わせを指定することもできます。「被覆配列」プラットフォームは、分析者の状況に合わせて非常に効率の高い計画を構築します。作成された計画の性質は、被覆度 (coverage) という指標で評価できます。また、データテーブルに保存された計画のスクリプトを使えば、結果を分析することができます。

被覆配列は、因子水準の特定の組み合わせが実行できない場合にもよく使われます。「被覆配列」プラットフォームは、因子水準の組み合わせに制約が課されている場合でも非常に効率的な被覆配列を見つけることができます。

被覆配列の構造や計算アルゴリズムの背景については、Colbourn (2004) , Colbourn et al. (2011) , Hartman and Raskin (2004) , Martirosyan (2003) を参照してください。因子水準に制約がある場合の被覆配列については、Cohen et al. (2007) および Morgan (2009) を参照してください。

JMP PRO 被覆配列と強度

強度 t の被覆配列とは、 t 個の因子から構成されるすべての組み合わせを含む計画を指します。ある k 個の因子から構成される特定の組み合わせで「不合格」 (failure; 故障・失敗) が生じるとします。その組み合わせでの「不合格」を確認した場合、「その交互作用による不合格を検出した」と言います。強度 t の計画を使うと、 t 個までの因子の交互作用による不合格を検出できます。

文献では、被覆配列を、**因子被覆計画** (factor covering design) と呼ぶこともあります。背景および詳細については、Yilmaz et al. (2014) , Cohen et al. (2003) , Dalal and MalloWS (1998) を参照してください。

被覆配列の性質を理解するために、2水準のカテゴリカル因子が7つある状況を考えてみましょう。その状況で、任意の2因子における水準のペアが、すべて登場するような計画を考えてみましょう。

8実験で、レゾリューションIIIの主効果のみの計画は、その条件を満たしています。

図21.2 強度2、レゾリューションIIIの計画

計画								
実験	X1	X2	X3	X4	X5	X6	X7	
1	L2	L2	L2	L2	L2	L2	L2	
2	L1	L2	L1	L2	L1	L2	L1	
3	L2	L1	L1	L2	L2	L1	L1	
4	L1	L1	L2	L2	L1	L1	L2	
5	L2	L2	L2	L1	L1	L1	L1	
6	L1	L2	L1	L1	L2	L1	L2	
7	L2	L1	L1	L1	L1	L2	L2	
8	L1	L1	L2	L1	L2	L2	L1	

この要因計画は、任意の2因子における水準のペアをすべて含むため、強度2の被覆配列です。たとえば、**X1**と**X2**に関して、次のような水準のペアが2回ずつ出現します。

- L2とL1
- L2とL2
- L1とL1
- L1とL2

しかし、強度2の被覆配列は6実験しか必要としません。

図21.3 強度2の被覆配列

計画								
実験	X1	X2	X3	X4	X5	X6	X7	
1	1	1	1	1	1	1	1	
2	2	2	2	2	2	2	1	
3	2	2	2	1	1	1	2	
4	2	1	1	2	2	1	2	
5	1	2	1	2	1	2	2	
6	1	1	2	1	2	2	1	

6回の実験で、任意の2因子における水準のペアがすべて出現します。被覆配列計画は、レゾリューションIIIの計画よりも少ない実験回数で、強度2の計画を作成しています。その意味で、被覆配列計画は、レゾリューションIIIの計画よりも効率が良いです。

被覆配列の効率は、求めている被覆度を何回の実験で達成できるかで測ります。実験回数が少なければ少ないほど、計画の効率が低いと言えます。

JMP PRO 因子水準に対する制約がない被覆配列の例

この例では、被覆配列計画を使ってソフトウェアとOSの互換性を試験します。因子をどのように組み合わせると、試験が失敗（failure）するかを調べます。分析対象となる因子は、次の4つです。

- Webブラウザ（Safari, IE, Firefox, Chrome, その他）
- オペレーティングシステム（WindowsまたはmacOS）
- RAM（4MB, 8MB, 16MB）
- 接続速度（0-1Mbps, 1-5Mbps, 5Mbps以上）

応答は、因子設定のそれぞれの組み合わせでシステムが正しく機能するかどうか（合格するか、失敗するか）です。

すべての組み合わせを試験した場合、全体の試験数は90（ $= 5 \times 2 \times 3 \times 3$ ）になります。試験数を現実的な範囲に収めるために、強度を3に設定することにしました。強度3では、3つの因子におけるすべての組み合わせが試験されます。

計画の作成

強度3の被覆配列は、次の手順で作成します。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Software Factors.jmp」を開きます。
「Software Factors.jmp」データテーブルには、因子とその設定が保存されています。
2. [実験計画(DOE)] > [特殊な目的] > [被覆配列] を選択します。
3. 「強度: t =」の横にあるメニューから [3] を選択します。
4. 「被覆配列」の赤い三角ボタンをクリックし、[因子のロード] を選択します。
「因子」セクションに4つの因子とその水準が入力されます。

図21.4 「Software Factors」の「因子」

因子
因子の追加 ▼ 削除 N個の因子を追加 1 強度: t = 3 ▼

名前	役割	値
▼ Webブラウザ	カテゴリカル	Safari IE Firefox Chrome Other
▼ OS	カテゴリカル	Macintosh Windows
▼ RAM	カテゴリカル	4 MB 8 MB 16 MB
▼ 接続速度	カテゴリカル	> 5 Mbps 0-1 Mbps 1-5 Mbps

因子の指定
因子を追加するには[因子の追加]ボタンをクリックし、変更する場合は、因子名または因子水準をダブルクリック。
続行

5. **「続行」** をクリックします。
- 「因子の制約を定義」セクションが表示され、計画の設定に制約を課すことができます。この例の計画には制約がないため、デフォルトで選択されている**「しない」**をそのまま使います。
6. **「計画の作成」** をクリックします。
- 「計画」セクションが開き、全体で 45 回の試験が表示されます。

図 21.5 「Software Factors」の「計画」と「指標」

計画				
実験	Webブラウザ	OS	RAM	接続速度
1	Safari	Macintosh	4 MB	>5 Mbps
2	Safari	Windows	4 MB	0-1 Mbps
3	Safari	Macintosh	4 MB	1-5 Mbps
4	Safari	Windows	8 MB	>5 Mbps
5	Safari	Macintosh	8 MB	0-1 Mbps
6	Safari	Macintosh	8 MB	1-5 Mbps
7	Safari	Macintosh	16 MB	>5 Mbps
8	Safari	Macintosh	16 MB	0-1 Mbps
9	Safari	Windows	16 MB	1-5 Mbps
10	IE	Windows	4 MB	>5 Mbps
11	IE	Macintosh	4 MB	0-1 Mbps

最適化

最大反復回数: 250

指標		
実験の回数: 45		
t	被覆度	多様度
3	100.00	68.33
4	50.00	100.00

「指標」セクションでは、 $t=3$ の行に注目します。被覆度（coverage）が100%であることから、計画は、3 因子の交互作用を 100% カバーしています。強度3の計画が作成したかったのですから、これは満足のいく結果です。 $t=3$ の多様度（diversity）の値を見ると、3 因子の交互作用の68.33%が異なるものであることがわかります。3 因子の組み合わせには、多少の繰り返しがあります。

$t=4$ の被覆度は50%で、これは計画が4 因子の交互作用の半分をカバーしていることを意味します。4 因子の設定には、異なる可能な組み合わせが90あります。現在の試験は45回ですが、これはすべての組み合わせの半分です。4 因子の多様度が100%になっているのは、4 因子の交互作用にはまったく繰り返しがないことを意味しています。

7. **「テーブルの作成」** をクリックします。

図21.6 「Software Factors」の「計画」データテーブル（一部）

被覆配列		応答	Webブラウザ	OS	RAM	接続速度	
計画	被覆配列 (強度 3)						
▶ DOEダイアログ		1	• Safari	Macintosh	4 MB	>5 Mbps	
▶ 分析		2	• Safari	Windows	4 MB	0-1 Mbps	
		3	• Safari	Macintosh	4 MB	1-5 Mbps	
		4	• Safari	Windows	8 MB	>5 Mbps	
▼ 列(5/0)		5	• Safari	Macintosh	8 MB	0-1 Mbps	
a		6	• Safari	Macintosh	8 MB	1-5 Mbps	
▲ 応答		7	• Safari	Macintosh	16 MB	>5 Mbps	
■ Webブラウザ *		8	• Safari	Macintosh	16 MB	0-1 Mbps	
■ OS *		9	• Safari	Windows	16 MB	1-5 Mbps	
■ RAM *		10	• IE	Windows	4 MB	>5 Mbps	
■ 接続速度 *		11	• IE	Macintosh	4 MB	0-1 Mbps	
		12	• IE	Macintosh	4 MB	1-5 Mbps	
▼ 行		13	• IE	Macintosh	8 MB	>5 Mbps	
すべての行		45	14	• IE	Macintosh	8 MB	0-1 Mbps
選択されている行		0	15	• IE	Windows	8 MB	1-5 Mbps
除外されている行		0	16	• IE	Macintosh	16 MB	>5 Mbps
表示しない行		0	17	• IE	Windows	16 MB	0-1 Mbps
ラベルのついた行		0	18	• IE	Macintosh	16 MB	1-5 Mbps

計画がデータテーブルの形で表示されます。左上の「被覆配列」パネルで次の点に注目してください。

- 「計画」メモに被覆配列の強度が3であることが書かれています。
- 「DOE ダイアログ」スクリプトは、被覆配列のウィンドウの設定を再現します。
- 「分析」スクリプトは、被覆配列計画で得られたデータを分析します。

実験データの分析

計画のデータテーブルを作成したら、ソフトウェア試験を実施し、それらの結果を「応答」列に記録してください（図21.6）。「Software Data.jmp」データテーブルに、試験の結果が含まれています。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Software Data.jmp」を開きます。
2. 「テーブル」パネルで、「分析」スクリプトの横にある緑の三角ボタンをクリックします。

図 21.7 ソフトウェアの実験データを分析する

Summary		
Success Runs	38	
Failure Runs	3	
Missing	4	
Failure Analysis Details		
3 Factor Interactions		
Factors	Failure Levels	Failure Count
Webブラウザ, OS, RAM	Firefox, Macintosh, 8 MB	2
Webブラウザ, RAM, 接続速度	Firefox, 4 MB, 0~1 Mbps	1
	Firefox, 8 MB, 1~5 Mbps	1
	Firefox, 8 MB, >5 Mbps	1

「要約」セクションを見ると、失敗した試験が3つ、結果が得られなかった試験（結果が欠測値となっている試験）が4つあります。

「失敗分析の詳細」セクションは、関連する3次交互作用別に分けた失敗の内訳を示します。このセクションに一覧されている因子水準の組み合わせは、その組み合わせを含むすべての試験が失敗に終わったものだけです。3因子の水準から構成されるある組み合わせを含む試験のうち、いずれかの試験が成功した場合、その組み合わせがシステムの故障の原因であるとは考えられません。

「Web ブラウザ」がFirefox、「OS」がmacOS、「RAM」が8 MB のときに、失敗が2 回生じています。この組み合わせは、「接続速度」の設定とは無関係に、結果が失敗になっています。

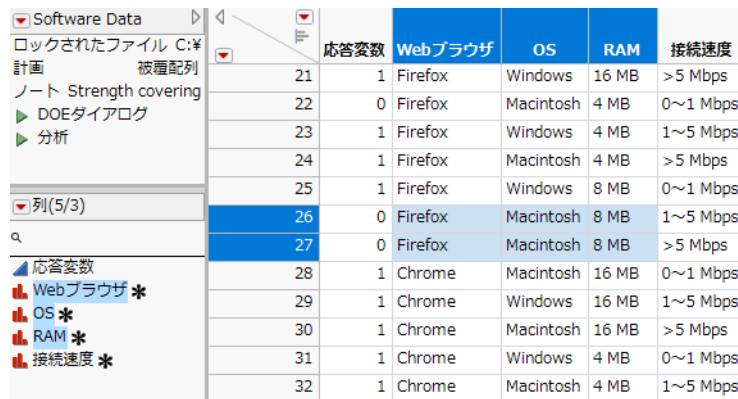
3. 「3 Factor Interactions（3 因子間の交互作用）」レポートの最初の行を選択します。

図 21.8 「分析」レポートで交互作用を選択する

Failure Analysis Details		
3 Factor Interactions		
Factors	Failure Levels	Failure Count
Webブラウザ, OS, RAM	Firefox, Macintosh, 8 MB	2
Webブラウザ, RAM, 接続速度	Firefox, 4 MB, 0~1 Mbps	1
	Firefox, 8 MB, 1~5 Mbps	1
	Firefox, 8 MB, >5 Mbps	1

すると、データテーブル内で該当する行と列が選択されます。

図 21.9 データテーブル内の該当する行と列



	応答変数	Webブラウザ	OS	RAM	接続速度
21	1	Firefox	Windows	16 MB	>5 Mbps
22	0	Firefox	Macintosh	4 MB	0~1 Mbps
23	1	Firefox	Windows	4 MB	1~5 Mbps
24	1	Firefox	Macintosh	4 MB	>5 Mbps
25	1	Firefox	Windows	8 MB	0~1 Mbps
26	0	Firefox	Macintosh	8 MB	1~5 Mbps
27	0	Firefox	Macintosh	8 MB	>5 Mbps
28	1	Chrome	Macintosh	16 MB	0~1 Mbps
29	1	Chrome	Windows	16 MB	1~5 Mbps
30	1	Chrome	Macintosh	16 MB	>5 Mbps
31	1	Chrome	Windows	4 MB	0~1 Mbps
32	1	Chrome	Macintosh	4 MB	1~5 Mbps

3つの失敗が、「Web ブラウザ」・「RAM」・「接続速度」の組み合わせに関連しています。これらの失敗のうち2つ（「Firefox」・「8 MB」・「1~5 Mbps」の組み合わせと、「Firefox」・「8 MB」・「>5 Mbps」の組み合わせ）は、「Web ブラウザ」・「OS」・「RAM」の交互作用で生じる2つの失敗と同じものです。この例のように、レポート内で行のいずれかを選択すると、データテーブル内で該当する行と列が選択されます。

JMP PRO 因子水準に対する制約がある被覆配列の例

この例では、被覆配列を使って電話システムをテストします。次の例は、Dalal and Mallows (1998) で解説されている例を元としています。発呼側電話が受呼側電話に電話をかけます。通話は、インターフェース A または B を通じて行われます。分析対象となる因子は5つあります。

- 市場: USA (アメリカ)・UK (イギリス)・Canada (カナダ)・France (フランス)・Mexico (メキシコ)
- 発呼側電話: ISDN、Bus (企業用)・Coin (公衆電話)・Res (家庭用)
- 発呼側インターフェース: A または B
- 受呼側電話: ISDN、Bus (企業用)・Coin (公衆電話)・Res (家庭用)
- 受呼側インターフェース: A または B

これらの因子をどのように組み合わせると失敗が生じるかを調べます。ただし、次のような組み合わせは現実にはあり得ません。

- どちらかの電話が ISDN 回線の場合、インターフェース A は使えません。
- 発呼側電話が企業用回線または家庭用回線の場合、インターフェース B は使えません。

計画の作成

因子とその設定が、「Phone Factors.jmp」データテーブルにまとめられています。次の手順で、強度2の被覆配列を作成します。

因子のロード

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Phone Factors.jmp」を開きます。
「Phone Factors.jmp」データテーブルには、因子とその設定が保存されています。
2. [実験計画(DOE)] > [特殊な目的] > [被覆配列] を選択します。
「強度: t =」の隣にあるメニューは、デフォルトで [2] に設定されているので、そのまま使います。
3. 「被覆配列」の赤い三角ボタンをクリックし、[因子のロード] を選択します。
「因子」セクションに5つの因子とその水準が入力されます。

図21.10 「Phone Factors」の「因子」

名前	役割	値
▼ 市場	カテゴリーカル	USA UK Canada France Mexico
▼ 発呼側電話	カテゴリーカル	ISDN Bus Coin Res
▼ 発呼側インターフェース	カテゴリーカル	A B
▼ 受呼側電話	カテゴリーカル	ISDN Bus Coin Res
▼ 受呼側インターフェース	カテゴリーカル	A B

因子の指定

因子を追加するには[因子の追加]ボタンをクリックし、変更する場合は、因子名または因子水準をダブルクリック。

続行

4. [続行] をクリックします。
「因子の制約を定義」セクションが開きます。

因子の制約を定義

許可しない組み合わせを次のいずれかの方法で指定します。

- フィルタで許可しない組み合わせを指定
- スクリプトで許可しない組み合わせを指定

フィルタを使うと、許可しない組み合わせを直感的な方法で指定することができます。スクリプトを使うと、許可しない組み合わせをすばやく簡単に指定できますが、スクリプトを書くか、保存しておく必要があります。この例でフィルタではなくてスクリプトで制約を指定したい場合には、「[スクリプトで許可しない組み合わせを指定](#)」に移動してください。

次のような制約があることを思い出してください。

- どちらかの電話がISDN回線の場合、インターフェースAは使えません。
- 発呼側電話が企業用または家庭用の場合、インターフェースBは使えません。

フィルタで許可しない組み合わせを指定

このオプションでは、フィルタによって許可しない組み合わせを指定します。なお、ここで述べる方法ではなく、「[スクリプトで許可しない組み合わせを指定](#)」で説明されている方法でも、許可しない組み合わせを指定できます。

1. 「フィルタで許可しない組み合わせを指定」を選択します。
2. 「フィルタリングする因子の追加」リストから「発呼側電話」と「発呼側インターフェース」を選択し、[+] ボタンをクリックします。
3. Ctrl キーを押しながら、「発呼側電話」で「ISDN」を、「発呼側インターフェース」で「A」をクリックします。

図21.11 「許可しない組み合わせ」パネルで1つ目の制約を指定したところ



クリックしたブロックが強調表示されます。これで、発呼側電話がISDN回線の場合にインターフェースAが使えない、という制約が追加されました。

4. [OR] をクリックします。
5. 「フィルタリングする因子の追加」リストから「受呼側電話」と「受呼側インターフェース」を選択し、[+] ボタンをクリックします。
6. Ctrl キーを押しながら、「受呼側電話」で「ISDN」を、「受呼側インターフェース」で「A」をクリックします。
これで、受呼側電話がISDN回線の場合にインターフェースAが使えない、という制約が追加されました。
7. [OR] をクリックします。
8. 「フィルタリングする因子の追加」リストから「発呼側電話」と「発呼側インターフェース」を選択し、[+] ボタンをクリックします。
9. Ctrl キーを押しながら、「発呼側電話」で「Bus」（企業用）と「Res」（家庭用）を、「発呼側インターフェース」で「B」をクリックします。

これで、発呼側電話が企業用または家庭用の場合にインターフェースBが使えない、という制約が追加されました。

図21.12 「許可しない組み合わせ」の入力が完了したところ

許可しない組み合わせ

クリア ヘルプ

▼ 発呼側電話 (4) ×

ISDN	2
Bus	1
Coin	1
Res	1

▼ 発呼側イ…エース (2) ×

A	B

OR

▼ 受呼側電話 (4) ×

ISDN	2
Bus	1
Coin	1
Res	1

▼ 受呼側イ…エース (2) ×

A	B

OR

▼ 発呼側電話 (4) ×

ISDN	2
Bus	1
Coin	1
Res	1

▼ 発呼側イ…エース (2) ×

A	B

AND OR

スクリプトで許可しない組み合わせを指定

許可しない組み合わせは、スクリプトによって指定することもできます。因子をロードした後（「[因子のロード](#)」）、次のような手順を行います。

1. [続行] をクリックします。
2. [スクリプトで許可しない組み合わせを指定] を選択します。
3. 次のスクリプトをコピーし、「許可しない組み合わせの式」ボックスに貼り付けます。

```
(発呼側電話 == "ISDN" & 発呼側インターフェース == "A") |
(受呼側電話 == "ISDN" & 受呼側インターフェース == "A") |
(発呼側電話 == "Bus" & 発呼側インターフェース == "B") |
(発呼側電話 == "Res" & 発呼側インターフェース == "B")
```


図 21.15 被覆配列計画のテーブル

	応答	市場	発呼側電話	発呼側インター フェース	受呼側電話	受呼側インタ ーフェース
1	• Mexico	Res	A		Res	A
2	• Mexico	Bus	A		Bus	A
3	• France	Coin	B		Bus	B
4	• UK	Res	A		Coin	A
5	• UK	ISDN	B		Bus	B
6	• France	ISDN	B		Res	A
7	• Canada	Bus	A		Res	A
8	• Mexico	ISDN	B		ISDN	B
9	• Canada	ISDN	B		Coin	B
10	• UK	Bus	A		ISDN	B
11	• Canada	Res	A		Bus	B
12	• USA	ISDN	B		ISDN	B
13	• UK	Coin	B		Res	B
14	• Mexico	Coin	B		Coin	B
15	• USA	Bus	A		Bus	A
16	• USA	Coin	A		Coin	A
17	• USA	Res	A		Res	A
18	• France	Res	A		ISDN	B
19	• France	Bus	A		Coin	B
20	• Canada	Coin	B		ISDN	B

実験データの分析

被覆配列計画を実行した後、結果を計画テーブルに記録します。「分析」テーブルスクリプトを実行して結果を要約します。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Phone Data.jmp」を開きます。
2. 「テーブル」パネルで、「分析」スクリプトの横にある緑の三角ボタンをクリックします。

図 21.16 電話の実験データを分析する

Summary		
Success Runs	17	
Failure Runs	3	
Missing	0	
Failure Analysis Details		
2 Factor Interactions		
Factors	Failure Levels	Failure Count
発呼側インターフェース, 受呼側電話	A, Coin	3
受呼側電話, 発呼側インターフェース	Coin, A	2
市場, 発呼側電話	USA, Coin	1
市場, 発呼側電話	UK, Res	1
市場, 発呼側電話	France, Bus	1
市場, 受呼側電話	USA, Coin	1
市場, 受呼側電話	UK, Coin	1
市場, 受呼側電話	France, Coin	1
市場, 受呼側インターフェース	UK, A	1
発呼側電話, 発呼側インターフェース	Coin, A	1
発呼側電話, 受呼側電話	Bus, Coin	1
発呼側電話, 受呼側電話	Res, Coin	1
発呼側電話, 受呼側インターフェース	Coin, A	1

「要約 (Summary)」セクションを見ると、失敗した試験が3つあります。

「失敗分析の詳細 (Failure Analysis Details)」セクションには、「2 因子間の交互作用 (2 Factor Interactions)」レポートが表示されています。2 因子間の交互作用となっているのは、失敗を検出する交互作用の強度として2次を指定したからです。

「2 因子間の交互作用 (2 Factor Interactions)」レポートには、3つの失敗の原因であり得る組み合わせが表示されています。「発呼側インターフェース」の「A」と「受呼側電話」の「公衆 (Coin)」の組み合わせが、3つの失敗すべての原因である可能性があります。あるいは、他の組み合わせのいくつかによって、各失敗が生じているのかもしれません。

3. 「2 因子間の交互作用 (2 Factor Interactions)」レポートの最初の行を選択します。

データテーブルで、4, 16, 19行目が選択されます。これらの組み合わせでは、「市場」・「発呼側電話」・「受呼側インターフェース」の設定とは無関係に失敗が生じます。ただし、試験では試されなかった組み合わせが原因となって失敗が生じる可能性もあります。

JMP^{PRO} 被覆配列計画の作成

被覆配列を作成するには、[実験計画 (DOE)] > [特殊な目的] > [被覆配列] を選択します。

「被覆配列」は、計画手順を進めていくのと並行して更新されます。

- 「因子」
- 「因子の制約を定義」

- 「計画」
- 「指標」
- 「出力オプション」
- 「被覆配列」データテーブル

JMP[®] PRO 因子

「因子」セクションで被覆配列因子を追加します。

図21.17 因子

被覆配列

因子

因子の追加 削除 N個の因子を追加 1 強度: t = 2

名前	役割	値

因子の指定

因子を追加するには[因子の追加]ボタンをクリックし、変更する場合は、因子名または因子水準をダブルクリック。

続行

因子の追加 「N個の因子を追加」に入力された数の因子を追加します。「被覆配列」プラットフォームで指定できる因子は、すべてカテゴリカルです。水準数を選択または入力します。

削除 選択されている因子が削除されます。

N個の因子を追加 指定の水準数の因子を複数追加します。追加したい因子の数を入力してから[因子の追加]をクリックし、水準数を選択または入力します。水準数の異なる因子を追加したい場合は、[N個の因子を追加]を繰り返します。

強度: t = 配列の強度を示す数値を選択します。

ヒント: 因子の設定を保存したい場合には、「因子」パネルへの入力が完了した後に、赤い三角ボタンのメニューから[因子の保存]を選択してください。これにより、因子の名前と値がデータテーブルに保存され、後で再利用できるようになります。「被覆配列」のオプションを参照してください。

JMP PRO 因子テーブル

「因子」セクションにあるテーブルは、次の列で構成されます。

名前 因子の名前。追加した因子には、デフォルトで **X1**、**X2...** という名前がつきます。名前を変更するには、ダブルクリックして任意の名前を入力します。

役割 因子の役割を指定します。「被覆配列」プラットフォームの因子は、すべて役割が「カテゴリカル」になります。役割は、「因子の役割」列プロパティとしてデータテーブルに保存されます。この列プロパティがあることで、因子は適切にモデル化されます。

値 因子の設定。値を挿入するには、デフォルトの値をクリックし、任意の値を入力します。作成されたデータテーブルの各列において、ここで入力したときの左から右への並びで値の順序が設定されます。

JMP PRO 因子テーブルの編集

因子テーブルは、次のように操作します。

- 因子名を編集するには、因子名をダブルクリックします。
- カテゴリカル因子の場合、因子名の左隣に下向きの矢印があります。この矢印をクリックすると水準が追加されます。
- 因子の水準を削除するには、値をクリックし、キーボードの **Delete** キーを押し、最後にテキストボックスの外をクリックします。
- 値を編集するには、「**値**」列の値をクリックします。

JMP PRO 因子の列プロパティ

計画のデータテーブルでは、各因子に対して「値ラベル」列プロパティが保存されます。「値ラベル」列プロパティは、列の値を指定のラベルに置き換えて表示します。指定された値ラベルは、データテーブルに表示され、また、プロットやレポートでも使用されます。「[値ラベル](#)」を参照してください。

JMP PRO 因子の制約を定義

被覆配列の「因子の制約を定義」セクションでは、因子の水準に対して、許可しない組み合わせを指定できます。

なし 因子水準の組み合わせを制約しません。

フィルタで許可しない組み合わせを指定 このオプションでは、各因子における値を限定することで、制約を定義します。AND と OR の両方の制約が定義できます。「[フィルタで許可しない組み合わせを指定](#)」を参照してください。

スクリプトで許可しない組み合わせを指定 このオプションでは、スクリプトエディタのテキストボックスに、許可しない組み合わせやその他の制約をJSLのブール式として入力してください。[「スクリプトで許可しない組み合わせを指定」](#)を参照してください。

フィルタで許可しない組み合わせを指定

このオプションは、データフィルタを使って許可しない組み合わせを指定します。データフィルタの詳細については、『JMPの使用法』を参照してください。

許可しない組み合わせを追加するには

1. 「フィルタ因子の追加」リストで因子を選択し、[+] をクリックします。
2. 水準を選択することで、許可しない組み合わせを指定します。

メモ: 「フィルタリングする因子の追加」にある赤い三角ボタンのメニューは、各種プラットフォームの起動ウィンドウにある「列の選択」パネルのメニューと同じです。『JMPの使用法』を参照してください。

[+] をクリックすると、パネルの内容が更新されます。「許可しない組み合わせ」パネルに、選択した因子と、コントロールボタンが表示されます。

「被覆配列」プラットフォームでは、カテゴリカルな因子しか使用できません。カテゴリカルな因子の各水準がボックス形式で表示されます。ただし、水準数が多い場合は、リスト形式で表示されます。ここで許可しない水準を選択してください。複数の水準を選択するには、Ctrl キーを押しながらクリックします。強調表示されている項目が、許可しない水準となります。なお、「許可しない組み合わせ」パネルにカテゴリカルな因子を追加したときに因子名の後に括弧付きで表示されている数値は、その因子の水準数です。

「許可しない組み合わせ」のオプション

クリア 水準に対する許可しない組み合わせに関して、指定されている設定すべてをクリアします。ただし、因子の選択はクリアされません。

AND 「フィルタ因子の追加」リストを開きます。そこで選択された因子がAND グループになります。AND グループで指定されている水準すべてをもつ組み合わせが、許可されない組み合わせになります。

AND グループに因子を後から追加するには、グループのセクションをクリックし、枠が強調されるのを確認します。そして、[AND] ボタンをクリックし、因子を追加します。

1つの因子を削除するには、赤い三角ボタンのメニューにある[削除]を選択します。

OR 「フィルタ因子の追加」リストを開きます。そこで選択された因子が、OR を挟んで別のAND グループを形成します。OR を挟んだAND グループの場合、いずれかのAND グループで指定された組み合わせが許可しない組み合わせになります。

因子の赤い三角ボタンのメニュー

1つの因子を複数のORグループに含めることができます。特定のORグループにおける、ある1因子に対する設定を、以下では**因子制約**と呼びます。

削除 選択されている因子制約を「許可しない組み合わせ」パネルから削除します。

選択をクリア 因子制約の選択をすべてクリアします。

選択の逆転 因子制約において、選択されている値の選択を解除し、選択されていない値を選択します。

表示オプション 表示形式を変更します。

ブロック表示 各水準をブロック形式で表示します。

リスト表示 各水準をリスト形式で表示します。

単一カテゴリ表示 各水準を表示します。

チェックボックス表示 各値の横にチェックボックスを表示します。

ラジオボタン表示 各値の横にラジオボタンを表示します。この場合、1つの値しか選択できません。

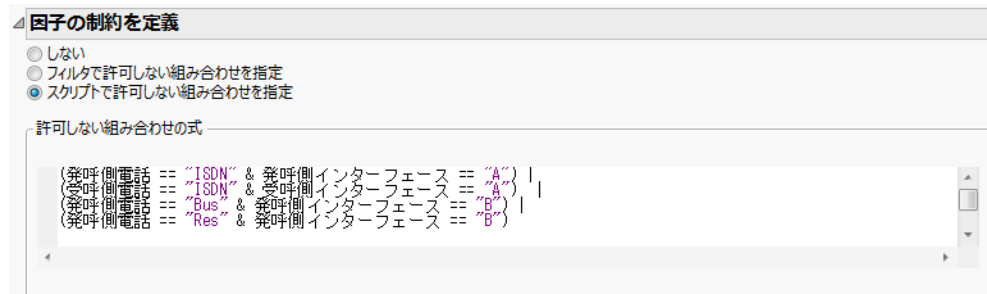
検索 (カテゴリカルな因子にのみ使用できます。) 因子名の下にテキストボックスを表示し、そこに入力した文字列を因子水準の中から検索します。Enterキーを押すか、テキストボックスの外をクリックすると、検索が開始されます。**[検索]**を選択すると、検索パネルの黒い三角ボタンのメニューに検索オプションが表示されます。オプションには、[指定の単語を含む]・[指定の句を含む]・[指定の句で始まる]・[指定の句で終わる]・[結果を逆にする]があります。

スクリプトで許可しない組み合わせを指定

開いたスクリプトウィンドウに、許可しない組み合わせの式を入力してください。その式は、ブール式でなければなりません。真であるブール式で指定された組み合わせが許可されないものとなります。

式を作成する際、水準名は引用符で囲んで指定してください。水準番号(1, 2, 3, ...)を使用しないでください。たとえば図21.18は、電話インターフェースの例(「**スクリプトで許可しない組み合わせを指定**」)で入力したスクリプトです。

図 21.18 水準名を引用符で囲んだスクリプトウィンドウ



JMP PRO 計画

「被覆配列」ウィンドウで「計画の作成」をクリックすると、「計画」セクションと「指標」セクションが開きます。計算に時間がかかる計画の場合、進行状況を示すバーが表示されます。

「計画」セクションには、作成した被覆配列計画が表示されます。1列目は実験の通し番号になっています。スクロールバーを使わないとすべての実験が確認できない場合があります。2列目以降は、各実験での因子設定です。

最適化

「最適化」を選択すると、「被覆配列」プラットフォームで作成された計画や、赤い三角ボタンのメニューにある「計画のロード」でロードした計画のサイズが小さくなります。「被覆配列」プラットフォームで既に大域的に最適となっている計画には、このオプションを適用できません。特に、因子が2水準で、制約がない強度2の計画は、常に大域的に最適な計画となっています。また、因子数が $t+1$ 個で、制約がない強度 t の計画は、任意の t に対して、常に大域的に最適な計画となっています。

アルゴリズムについて詳しくは、「[最適化アルゴリズム](#)」を参照してください。

メモ: 最適化は時間のかかる処理ですが、繰り返し行くとより良い計画を得ることができます。

「最大反復回数」オプションには、計画を最適化するための反復計算の最大反復回数を指定できます。

JMP PRO 充足不能な制約

一連の制約のせいで、必要な因子水準をすべて含んだ被覆配列が作成できない場合、そのような制約を、**充足不可能な (unsatisfiable) 制約**と言います。

充足不可能な制約の例

3水準の因子3つを含む強度2の計画を作ってみましょう。

1. 「実験計画(DOE)」>「特殊な目的」>「被覆配列」を選択します。

2. 「**N個の因子を追加**」のボックスに「3」と入力します。
3. 「**因子の追加**」メニューから「**3水準**」を選択します。
4. 「**続行**」をクリックします。
5. 「**フィルタで許可しない組み合わせを指定**」を選択します。
6. 「**フィルタリングする因子の追加**」リストから、3つの因子すべてを選択し、[+] ボタンをクリックします。
7. Ctrlキーを押しながら、次の水準を選択します。
 - X1 では L1
 - X2 では L1, L2, L3
 - X3 では L3

図21.19 「因子の制約を定義」パネルに入力したところ

因子の制約を定義

☐ しない
☒ フィルタで許可しない組み合わせを指定
☐ スクリプトで許可しない組み合わせを指定

許可しない組み合わせ

クリア ヘルプ

X1 (3) ×
L1 L2 L3

X2 (3) ×
L1 L2 L3

X3 (3) ×
L1 L2 L3

AND OR

メモ: 次の2つの手順にて乱数シード値を設定すると、以下の数値例と同じ結果が得られます。同じ結果でなくても良い場合は、これらの手順は不要です。

8. 「被覆配列」の赤い三角ボタンをクリックし、「**乱数シード値の設定**」を選択します。
9. 「12345」と入力し、「**OK**」をクリックします。
10. 「**計画の作成**」をクリックします。

図21.20 「計画」と「指標」

計画			
許可されない因子水準の組み合わせがあるため、1個の実験で設定が欠けています。			
実験	X1	X2	X3
1	L1	L1	L1
2	L3	L2	L1
3	L2	L2	L3
4	L1	L2	L2
5	L2	L1	L2
6	L3	L3	L2
7	L2	L3	L1
8	L3	L1	L3
9	L1	.	L3
10	L1	L3	L1
最適化 最大反復回数: 250			
指標			
実験の回数: 10			
t	被覆度	多様度	
2	96.30	92.96	
3	37.50	100.00	

「計画」セクションの冒頭にある注意は、制約のせいで設定が欠けている実験が1つあることを示しています。実験9がそれです。被覆配列の強度を2にするためには、**X1**がL1、**X3**がL3の組み合わせが必要です。しかし、この組み合わせは、**X2**のすべての設定で許可されません。

JMP PRO 指標

「被覆配列」の「指標」セクションの情報は、計画が強度（strength）の条件をどの程度満たしているかを示します。制約のない計画の指標については、Dalal and Mallows（1998）が背景を解説しています。

t 因子の個数。

被覆度 t 因子の水準で構成される組み合わせに関して、計画に出現する異なる組み合わせの数を、すべての可能な組み合わせの数で割ったパーセント値。 t における被覆度が100%ということは、 t 因子の可能な組み合わせのすべてが計画に含まれていることを意味します。 t 因子の各設定は、それぞれ複数回出現することもあります。

制約がある計画や充足不可能な計画の場合、それらの制約を加味して、被覆度が計算されます。「[指標の計算式](#)」を参照してください。

多様度 t 因子の水準で構成される組み合わせに関して、計画に出現する異なる組み合わせの数を、全体の実験回数で割ったパーセント値。 t の多様度は、計画がどれだけ繰り返しを回避しているかを示す指標です。 t における多様度が100%ということは、 t 因子の水準で構成される組み合わせのいずれにおいても繰り返し

しがないことを意味します。 t の多様度が50%ということは、 t 因子の水準で構成される組み合わせが、平均して2回ずつ出現していることを意味します。

制約がある計画や充足不可能な計画場合、それらの制約を加味して、多様度が計算されます。「[指標の計算式](#)」を参照してください。

JMP PRO 出力オプション

「被覆配列計画」の「出力オプション」セクションでは、計画テーブルを作成するか、計画を作成するセクションに戻ることができます。

テーブルの作成 「被覆配列」データテーブルを作成します。

戻る 「因子」セクションに戻ります。設定に変更を加え、計画を作成し直すことができます。

メモ: 「因子の制約を定義」で「許可しない組み合わせ」を定義した場合、制約がスクリプトとして保存されます。「[続行](#)」をクリックすると、「許可しない組み合わせの式」のボックスにスクリプトが表示されます。

JMP PRO 「被覆配列」データテーブル

「被覆配列」データテーブルの1列目は、応答（試験の結果）を入力する列です。その他の列には、因子設定が含まれています。

左上の「被覆配列」パネルには、計画の種類（被覆配列）と強度がノートとして記されています。このパネルには、次のようなスクリプトも含まれます。

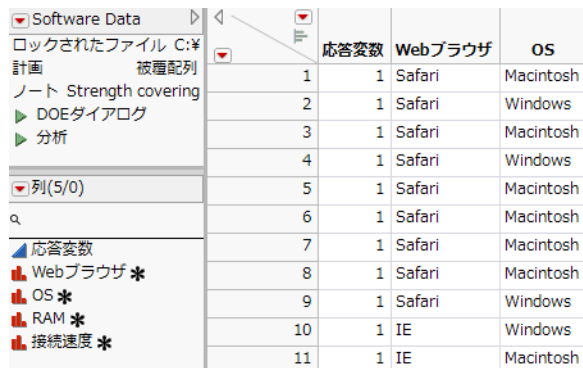
DOE ダイアログ 計画のデータテーブルを作成するのに使った「被覆配列」ウィンドウを再現します。

許可しない組み合わせ 「因子の制約を定義」セクションに入力された因子水準の制約を表示します。

分析 被覆配列に従って行われた試験のデータを分析します。スクリプトの詳細については、「[分析](#) [スクリプト](#)」を参照してください。背景は、Zhang and Zhang (2011) で解説されています。

ヒント: スクリプトを実行するには、スクリプト名の横にある緑の三角ボタンをクリックしてください。

図 21.21 「Software Data.jmp」の「被覆配列」テーブルに含まれたスクリプト



応答変数	Webブラウザ	OS
1	1 Safari	Macintosh
2	1 Safari	Windows
3	1 Safari	Macintosh
4	1 Safari	Windows
5	1 Safari	Macintosh
6	1 Safari	Macintosh
7	1 Safari	Macintosh
8	1 Safari	Macintosh
9	1 Safari	Windows
10	1 IE	Windows
11	1 IE	Macintosh

JMP PRO 「分析」スクリプト

「分析」スクリプトを実行するには、「応答」列に次のような値を入力してください。

- 応答の値として、「失敗」に対して0、「成功」に対して1を入力してください。
- 試験を行わなかった場合などは、欠測値を入力してください。
- 「応答」列は、連続尺度にしてください。
- なお、「応答」列は、場所を移動したり、名前を変更したりしても構いません。

「分析」スクリプトは、2つのセクションから成るレポートを作成します。

- 「要約」セクションには、成功した実験数、失敗した実験数、応答が欠測している実験数が表示されます。
- 「失敗分析の詳細 (Failure Analysis Details)」アウトラインには、「<k> 因子間の交互作用 (<k> Factor Interactions)」レポートが表示されます。 k の値は、交互作用の最小次数です。(検出 (detect) の定義については、「被覆配列と強度」を参照してください。) 次のような3つの列が表示されます。
 - 「因子 (Factors)」列には、失敗が生じた k 個の因子の組み合わせすべてが表示されます。
 - 「水準 (Failure Levels)」列には、失敗が生じた k 個の因子の値が表示されます。
 - 「失敗数 (Failure Count)」列は、「水準」列にある k 個の因子の組み合わせで失敗が何回生じたかを示します。

メモ: 失敗が生じた実験は、「水準 (Failure Levels)」列に一覧されている k 個の因子の各組み合わせにおいて、複数回カウントされます。

「<k> 因子間の交互作用 (<k> Factor Interactions)」レポートの行は、データテーブルと動的にリンクされています。レポート内で行を選択すると、該当する行がデータテーブル内で選択されます。

JMP PRO 「被覆配列」のオプション

「被覆配列」プラットフォーム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。

因子の保存 各列に因子、各行に因子水準を保存したデータテーブルを作成します。各因子の列には、「因子の役割」・「値の表示順序」・「因子の変更」の列プロパティが含まれています。これで保存した情報は、ほとんどの「実験計画(DOE)」ウィンドウで簡単に読み込むことができます。

メモ: 空白のデータテーブルに手入力することで「被覆配列」の因子に関するデータテーブルを作成することもできますが、その場合は、必ず各列に列プロパティとして「カテゴリカル」の「因子の役割」を割り当ててください。それには、データグリッドで列名を右クリックし、[列プロパティ] > [因子の役割]を選択します。そして、「因子の役割」セクションで[カテゴリカル]を選択します。

因子のロード [因子の保存] を使って保存した因子を「因子」セクションに読み込みます。

計画のロード 開いているデータテーブルから計画を読み込みます。開いているデータテーブルがない場合は、ユーザに対し、データテーブルを開くよう促すメッセージを表示します。[計画のロード]を選択すると、計画の因子として設定する列を選択するためのメニューが表示されます。列は、すべてカテゴリカルな因子として読み込まれます。列とその値が「因子」セクションに一覧表示されます。「計画」セクションには、データテーブルの各行に対応する実験と、各実験における因子の値が表示されます。

[計画のロード] オプションを使うと、既存の計画に対して、指標を計算したり、「分析」スクリプトを変更または作成したりすることができます。

- 「指標」セクションには、指定された計画の t 被覆度と t 多様度が表示されます。
- なお、[戻る] をクリックすると、因子水準の制約を課し、新しい計画を作成することができます。
- また、[テーブルの作成] をクリックすると、計画のデータテーブルが作成されます。このデータテーブルには、応答の値を入力でき、また、指定された計画に対応した「分析」スクリプトが含まれます。

乱数シード値の設定 このオプションに指定した値が、乱数を用いる処理の乱数シード値として使われます。「被覆配列」の場合、乱数シード値によって初期計画と反復計算が決まります。乱数シード値を指定すると、ほとんどの場合において、計画を再現させることができますが、実験の順序は再現できません。

メモ: なお、計画の作成時間を制限するため、反復回数だけではなく、計算時間に対しても上限が設定されています。そのため、大規模で強度の高い計画の場合、コンピュータによっては、反復回数の制限に達する前に、制限時間に達する場合があります。そのような場合には、乱数シード値を指定しても、以前の結果を再現できません。

計画を再現するには、その計画に使われた乱数シード値を入力した上で[計画の作成]をクリックしてください。

メモ: 計画の作成に使われた乱数シード値は、計画のデータテーブルに保存される「DOE ダイアログ」スクリプトにも含まれます。

詳細オプション 「被覆配列」では使用できません。

スクリプトをスクリプトウィンドウに保存 「被覆配列」ウィンドウで指定した計画からスクリプトを作成し、スクリプトウィンドウに表示します。

JMP PRO 「被覆配列」の技術的詳細

この節では、被覆配列計画の統計手法について詳しく解説します。

- 「最適化アルゴリズム」
- 「指標の計算式」

JMP PRO 最適化アルゴリズム

「被覆配列」の「最適化」ボタンで実行されるアルゴリズムは、「構築後ランダム化最適化処理 (post-construction randomized optimizers)」（Nayeri et al.; 2013）とも呼ばれている系統のアルゴリズムに似ています。しかし、JMPでは、制約のある計画にも対応しています。JMPでは、制約のある場合や充足不可能な制約が課されている場合でも、最適化できます。

JMPのアルゴリズムは、最適化する計画は指定された強度の被覆配列になりうると仮定します。 K 個の因子を使った強度 t の計画では、 $K C_t$ 個の組み合わせにおいて因子射影を反復的に検討し、除外できる実験や結合できる実験を特定していきます。そのため、 K や t が大きくなると、アルゴリズムの計算時間が急激に長くなります。JMPでは、性能を改善するために、処理がマルチスレッド化されており、コンピュータのCPUコアをなるべく多く使用します。

JMP PRO 指標の計算式

被覆配列計画に対して計算される指標は、被覆度と多様度の2つです。被覆度と多様度の計算式は、組み合わせの制約の有無によって異なります。計算式では、次のような記号を使います。

${}_u C_v$ は、 u 個のものから v 個を選ぶときの組み合わせの数

t は、計画の強度

K は、因子の個数

$M = {}_K C_t$

$i = 1, 2, \dots, M$ は、 K 個から t 個を取り出す組み合わせ（射影）に対して振られる通し番号

v_{ik} は、 k 番目の因子の水準数

n_i は、 i 番目の射影（ t 個の因子への射影における i 番目のもの）における、因子設定の一意な組み合わせの個数

p_i は、 i 番目の射影における v_{ik} の積

r は、計画全体における実験回数

JMP PRO 制約のない計画

被覆度と多様度は、次のような計算式で求められます。

$$\text{被覆度} = \frac{1}{M} \sum_{i=1}^M n_i/p_i$$

$$\text{多様度} = \frac{1}{M} \sum_{i=1}^M n_i/r$$

JMP PRO 制約のある計画

JMPの「被覆配列」プラットフォームでは、 t 個の因子における水準の組み合わせに関して、いくつかの特定の組を許可しないようにすることもできます。そのとき、いくつかの組み合わせにおいて、因子の水準が欠測値になることもあります。なぜなら、特定の t 個の因子に関して、制約を満たす組み合わせをまったく構成できない場合もあるからです。制約のある被覆配列では、被覆度と多様度は、可能な組み合わせから定義されます。制約のある計画の指標を計算するために、先ほどの計算式に対して、次のような要素も考慮されます。

a_i は、 t 因子の水準から構成された i 番目の射影での因子設定の組み合わせのうち、制約により禁止されているものの個数

m は、制約を満たす因子設定の組み合わせが1つも存在しない射影の数

q_i は、 i 番目の射影において、いずれかの因子が欠測値となる個数

$$r_i = r - q_i$$

$$M' = M - m$$

被覆度と多様度は、次のような計算式で求められます。

$$\text{被覆度} = \frac{1}{M'} \sum_{i=1}^{M'} n_i/(p_i - a_i)$$

$$\text{多様度} = \frac{1}{M'} \sum_{i=1}^{M'} n_i/r_i$$

t 因子の水準から作られる組み合わせに無効なものがなく ($M' = M$)、また、欠測値がない (すべての i に対して $r_i = r$) 場合、制約のある計画の被覆度と多様度の定義は、制約のない計画のそれと同じになります。Morgan (2014) を参照してください。

第22章

Space Filling計画

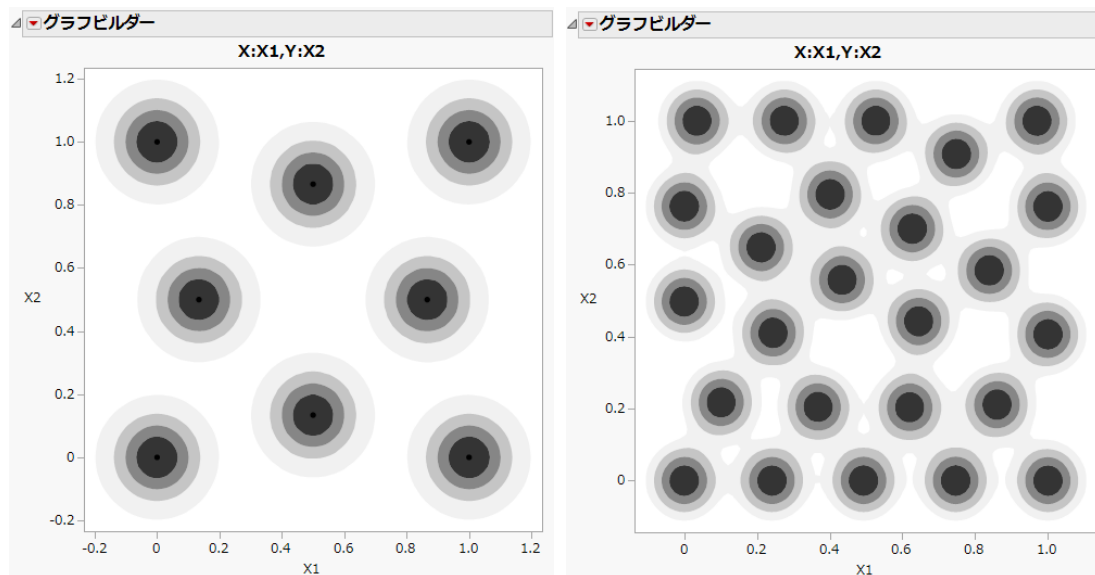
誤差によるばらつきが無視できるような場合には、Space Filling計画（空間充填計画）が役立ちます。Space Filling計画の種類としては、球の詰め込み、ラテン超方格法、一様、最小ポテンシャル、最大エントロピー、Gauss過程、高速柔軟充填があります。

コンピュータのシミュレーションモデルの感度を調べたい場合などがその一例です。また、機械論的モデルや決定論的モデルも、誤差によるばらつきがないので、Space Filling計画が役に立つでしょう。モデルに誤差によるばらつきがない場合、反復・ランダム化・ブロック化が不要になります。

「Space Filling計画」プラットフォームには、連続尺度の因子のみを含む計画が数種類用意されています。カテゴリカル因子・離散数値因子・配合因子を含む計画には、そのような因子に特化したSpace Filling計画も用意されています。連続変数だけを扱うSpace Filling計画の場合、主に、次の2つのアプローチがあります。

- 任意の2つの計画点の距離を最大化する。
- 点を一様な間隔で配置する。

図22.1 Space Filling計画



目次

Space Filling 計画の概要	585
Space Filling 計画の例	585
Space Filling 計画の作成	587
応答	588
因子	590
因子の制約を定義	592
Space Filling 計画手法	595
計画	596
計画の診断統計量	596
計画のデータテーブル	597
Space Filling 計画のオプション	597
Space Filling 計画の別例	599
ラテン超方格計画の作成例	600
一様計画の作成例	601
球の詰め込み計画、ラテン超方格計画、一様計画の比較例	603
最小ポテンシャル計画の例	604
制約を指定した高速柔軟充填計画の例	606
地図上の Space Filling 計画の作成例	608
球の詰め込み計画の例	613
Space Filling 計画の統計的詳細	617
最小ポテンシャル	618
最大エントロピー	618
Gauss 過程 IMSE	618
高速柔軟充填計画の詳細	619

Space Filling 計画の概要

Space Filling 計画（空間充填計画）は、決定論的な（またはそれに近い）データに対してモデルを作成する場合に役立ちます。Space Filling 計画の種類としては、球の詰め込み、ラテン超方格法、一様、最小ポテンシャル、最大エントロピー、Gauss 過程、高速柔軟充填があります。

決定論的データの一例は、コンピュータによるシミュレーションです。コンピュータ実験では、多変数間に存在するさまざまな相互関係を示す複雑なモデルに基づき、データをシミュレートします。このようなコンピュータ実験を計画する場合、特定の因子範囲でシステムの振る舞いを予測できる比較的単純な実験モデルを作成することが目標となります。

データにノイズ（ランダムな誤差）が存在する場合なら、予測値の分散を最小化することが実験の目標になります。決定論的システムの実験では、ノイズによるデータのばらつきはありませんが、**バイアス（偏り）**は生じます。バイアスとは、近似モデルと真の数学的関数との差を指します。Space Filling 計画の目標は、バイアスを小さくすることです。

そのようなバイアスを小さくする1つの実験計画は、計画点をできる限り拡散させ、実験の領域を超えない範囲で2点間の距離を最大にするような計画です。もう1つの実験計画は、対象とする領域全体に点を一様に配置する計画です。

Space Filling 計画の例

「Space Filling 計画」プラットフォームを使って2因子の球の詰め込み計画を作成します。

1. **「実験計画(DOE)」 > 「特殊な目的」 > 「Space Filling 計画」** を選択します。
2. 「N 個の因子を追加」の右側のボックスに「2」と入力します。
3. **「連続変数」** をクリックします。
4. 因子の値を0と1に変更します。

図 22.2 因子が 2 つあるときの「Space Filling 計画」ウィンドウ

Space Filling 計画

応答

応答の追加 削除 応答数...

応答名	目標	下側限界	上側限界	重要度	検出下限	検出上限	単位
Y	最大化	.	.	.	.	.	

因子

連続変数 離散数値 カテゴリカル 配合 削除 N個の因子を追加 1

名前	役割	値	単位
X1	連続変数	0	1
X2	連続変数	0	1

因子の指定

因子数を指定。変更するには、因子名または因子設定をダブルクリック。

続行

5. [続行] をクリックします。

6. 「Space Filling 計画手法」セクションで、「実験の回数:」に「8」と入力します。

7. [球の詰め込み] をクリックします。

図 22.3 球の詰め込み計画の診断統計量

計画の診断統計量

実験	尺度化X1	尺度化X2	最短距離	最も近い点
1	0.50000	0.86602	0.518	3
2	0.86603	0.50000	0.518	6
3	0.13397	0.50000	0.518	1
4	0.50000	0.13398	0.518	7
5	0.00000	1.00000	0.518	1
6	1.00000	1.00000	0.518	2
7	1.00000	0.00000	0.518	4
8	0.00000	0.00000	0.518	3

ディスケレンパンシ= 0.046969

MaxPro

計画全体

計画テーブル

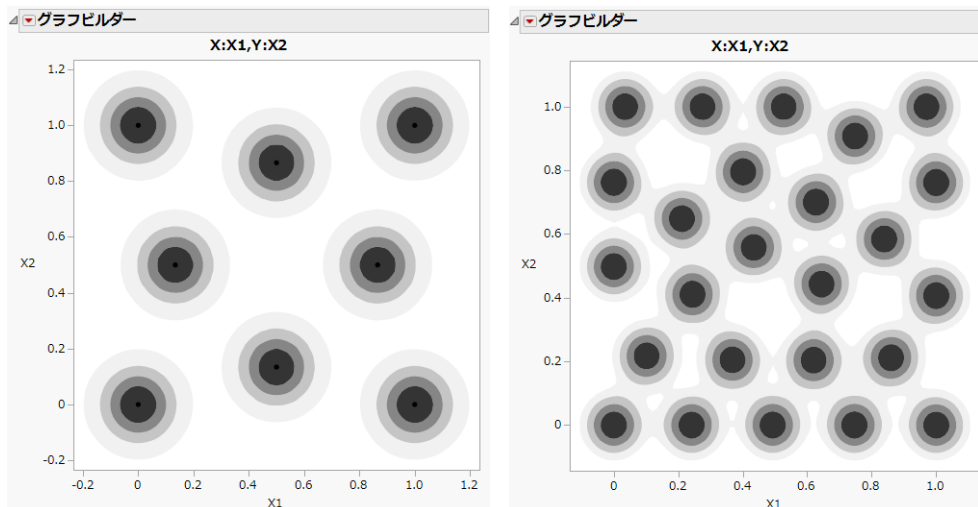
テーブルの作成 戻る

「計画の診断統計量」を見ると、「最短距離」は 0.518 です。なお、球の詰め込み法を選択した場合は、MaxPro 統計量は計算されません。これは、球の詰め込み法では、ある 1 次元の変数において異なる 2 点 が同じ値を持ちうるからです。

メモ: 計画生成アルゴリズムでランダムな初期値が使用されるため、結果は上記の数値とは一致しません。

8. [テーブルの作成] をクリックします。
9. 球の詰め込み計画をグラフにするには、グラフビルダーで球の詰め込み計画のテーブルを使い、プロットを作成します。[グラフ] > [グラフビルダー] を選択します。
10. 「X1」を [X]、「X2」を [Y] に指定します。
11. [平滑線] アイコンをクリックして、グラフから青色の平滑線を削除します。
12. プロットを右クリックして [グラフ] > [サイズ/スケール] > [アイソメトリックにする] を選択します。これで、フレームのサイズが調整され、正方形になります。
13. 等高線アイコンをクリックし、プロットに等高線を追加します。「滑らかさ」スライダを使って等高線の滑らかさを調整します。等高線があることで、計画点の散らばりを視覚的に把握できます。
14. 「Space Filling計画」レポートの「Space Filling計画手法」セクションで [戻る] をクリックします。
15. 標本サイズを8から25に変更し、手順5～手順13を繰り返します。

図22.4 実験数が8(左)と25(右)の球の詰め込み



実際の球の配置は、これらの図のものとは異なってきます。計画生成アルゴリズムでランダムな初期値が使用されるため、結果は分析の度に異なります。

Space Filling計画の作成

Space Filling計画を作成するには、[実験計画(DOE)] > [特殊な目的] > [Space Filling計画] を選択します。

「Space Filling計画」は、計画の手順を踏むごとに内容が更新されます。

- 「応答」
- 「因子」
- 「因子の制約を定義」
- 「Space Filling 計画手法」
- 「計画」
- 「計画の診断統計量」
- 「計画のデータテーブル」

応答

「応答」アウトラインでは、1つまたは複数の応答を指定します。

ヒント: 応答の設定を保存したい場合には、「応答」アウトラインへの入力完了後に、赤い三角ボタンのメニューから「**応答の保存**」を選択してください。これにより、応答の名前・目標・限界・重要度の値がデータテーブルに保存され、「実験計画 (DOE)」のプラットフォームにおいて後で再利用できるようになります。

図 22.5 「応答」アウトライン

▲ 応答

応答の追加 ▼

削除

応答数...

応答名	目標	下側限界	上側限界	重要度	検出下限	検出上限	単位
Y	最大化	.	.	.	.	.	

応答の追加 応答を1つ追加し、目標の種類を「最大化」（望大特性）、「目標値に合わせる」（望目特性）、「最小化」（望小特性）、「なし」、または「関数的応答」に設定します。「目標値に合わせる」を選択した場合は、目標の限界値を入力します。「最大化」または「最小化」を選択した場合、限界の入力は必須ではありませんが、満足度関数を使用する場合は、入力しておくに役立ちます。

JMP PRO **関数的応答**（JMP Pro でのみ使えます。）計画に Y という関数的応答の列を追加します。計画のデータテーブルの作成時には、この列に「FDE」列プロパティが追加されます（この「FDE」は、「Functional Data Explorer」（関数データエクスプローラ）の略です）。「関数的応答」の列は「関数データエクスプローラ」プラットフォームで使えます。「関数データエクスプローラ」プラットフォームにおいて、「関数的応答」の列を出力変数（Y 変数）に、実験計画の因子を追加因子（Z 変数）に指定することができます。関数的応答には、最初、1 実験あたり 5 つの、均等間隔で並ぶ測定値が割り当てられます。値を変更するには、水準のテキストボックスをクリックします。水準数を変更するには、「1 実験あたりの測定値数」の値をクリックします。1 実験あたりの測定値数が 10 を超える場合、ダイアログが開き、開始値と水準間の増分を指定することができます。

削除 選択されている応答を削除します。

応答数 応答数を入力すると、その個数だけ応答変数が追加されます。デフォルトのY以外の応答を入力した場合、追加された応答の「目標」は、最後に入力した応答と同じものになります。そうでない場合、デフォルトの「目標」は「目標値に合わせる」です。目標を変更するには、テーブル内で目標の種類をクリックします。

「応答」アウトラインには、次のような列があります。

応答名 応答の名前。追加した応答には、デフォルトで「Y」、「Y2」... という名前がつきます。名前を変更するには、ダブルクリックして任意の名前を入力します。

目標・下側限界・上側限界 応答変数を、どうしたいかを指定します。最大化(望大特性)、最小化(望小特性)、特定の目標値に一致させる(望目特性)、目標がない、のいずれかを選択してください。指定された内容に従って、生成された計画のデータテーブルにおける各応答列に、「応答変数の限界」列プロパティが割り当てられます。この情報を使い、各応答の満足度関数が定義されます。「プロファイル」と「等高線プロファイル」は、これらの満足度関数を使って最適な因子設定を見つけます。詳細については、『プロファイル機能』の「プロファイル」章および「[「応答変数の限界」列プロパティ](#)」を参照してください。

- 「最大化」は、大きな値ほど良いこと(望大特性)を意味します。なんらかの下側限界や上側限界がある場合は、それらも指定してください。
- 「最小化」は、小さな値ほど良いこと(望小特性)を意味します。なんらかの下側限界や上側限界がある場合は、それらも指定してください。
- 「目標値に合わせる」の場合、指定された目標値が最良であること(望目特性)を意味します。デフォルトの目標値は、下側限界と上側限界の中間値に設定されます。
- 「なし」は、最適化の目標がないことを意味します。この場合、満足度関数は作成されません。

メモ: 「目標値に合わせる」を選んだときで、目標値が下側限界と上側限界の中間値ではない場合は、計画のデータテーブルを作成した後に変更してください。それには、データテーブルの応答列において **[列] > [列情報]** を選択し、列情報ウィンドウを開き、希望の目標値を入力します。

重要度 応答が複数ある場合は、指定した重要度の値を使って全体の満足度関数が計算されます。重要度は、応答の重みとして扱われます。応答が1つしかない場合、重要度はデフォルトで1に設定されるため、重要度を指定する必要はありません。

JMP PRO 検出限界 上側および下側の検出限界は、応答変数において測定が可能な範囲を示します。この「検出限界」は列プロパティとして保存されます。「一変量の分布」または「一般化回帰」プラットフォームで応答変数の打ち切りを指定するには、この「検出限界」列プロパティを使用します。『基本的な回帰モデル』の「一般化回帰」章を参照してください。

単位 因子の実験単位。欄をクリックして適切な単位を入力します。

「応答」アウトラインの編集

「応答」アウトラインでは、次のような作業ができます。

- 応答をダブルクリックして応答名を変更する。

- 目標をクリックして変更する。
- 限界または重要度の値をクリックして変更する。
- 複数の応答に対して、重要度の値を入力する。

「応答変数の限界」列プロパティ

応答の入力時に指定した「目標」・「下側限界」・「上側限界」・「重要度」は、最適な因子設定を見つける際に使用されます。これらの情報は、生成された計画のデータテーブルにおいて、各応答列の「応答変数の限界」列プロパティに保存されます。JMPは、この情報を使って満足度関数を定義します。満足度関数は、予測プロファイルで最適な因子設定を見つけるために使用されます。「応答変数の限界」列プロパティの詳細とその使用例については、「[「応答変数の限界」列プロパティ](#)」を参照してください。

下側限界と上側限界が指定されていない場合、観測された応答データの範囲に基づいて自動的に満足度関数が定義されます。下側限界と上側限界が指定されている場合には、それらの限界によって満足度関数が定義されます。満足度関数の作成については、『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。

因子

「因子」セクションでSpace-Filling 計画に因子を追加します。

図 22.6 因子

名前	役割	値	単位
X1	連続変数	-1	1
X2	連続変数	-1	1

因子の指定
因子数を指定。変更するには、因子名または因子設定をダブルクリック。
続行

「因子」セクションには以下のオプションがあります。

連続尺度 「N個の因子を追加」で指定した数だけ、連続尺度の因子が追加されます。連続変数とは、指定された下限から上限までの間において、任意の数値に設定できる因子のことです。

離散数値 「N個の因子を追加」で指定した数だけ、離散数値の因子が追加されます。離散数値の因子は、不連続の数値のみを取ります。これらの値は数値として意味があります。

カテゴリカル 「N個の因子を追加」で指定した数だけ、カテゴリカルな因子が追加されます。カテゴリカルな因子のデータタイプは、数値または文字です。カテゴリカルな因子の値は、入力したときの左から右の順序で並べられます。この順序は、作成されたデータテーブルの各列における「値の表示順序」列プロパティに保存されます。

配合 「**N個の因子を追加**」で指定した数だけ、配合因子が追加されます。配合因子とは、配合物の構成比を表す、連続尺度の因子です。配合因子の値は、合計が定数にならなければなりません。デフォルトでは、配合因子の値を合計すると1になります。

削除 選択されている因子が削除されます。

N個の因子を追加 指定の種類の因子が追加されます。因子の数を入力し、[連続変数] または [カテゴリカル] をクリックします。「**N個の因子を追加**」を繰り返すことで、異なる種類の因子を複数追加することができます。

ヒント:「因子」セクションでの入力が完了したら、赤い三角ボタンのメニューにある[**因子の保存**]を使って因子の名前と値をデータテーブルに保存し、後で読み込んで使用することができます。[「Space Filling 計画のオプション」](#)を参照してください。

「因子」セクション

「因子」セクションは以下の列で構成されます。

名前 因子の名前。追加した因子には、デフォルトで「**X1**」、「**X2**」... という名前がつきます。名前を変更するには、ダブルクリックして任意の名前を入力します。

役割 因子の役割を指定します。役割は、「因子の役割」列プロパティとしてデータテーブルに保存されます。この列プロパティがあることで、因子の種類は適切にモデル化されます。

値 実験における因子の設定。値を挿入するには、デフォルトの値をクリックし、任意の値を入力します。

単位 因子の実験単位。欄をクリックして適切な単位を入力します。

「因子」の編集

「因子」セクションでは、次のような操作が可能です。

- 因子名を編集するには、因子名をダブルクリックします。
- カテゴリカル因子の場合、因子名の左隣に下向きの矢印があります。この矢印をクリックすると水準が追加されます。
- 因子の水準を削除するには、値をクリックし、キーボードの **Delete** キーを押し、最後にテキストボックスの外をクリックします。
- 値を編集するには、「**値**」列の値をクリックします。

因子の列プロパティ

計画テーブルには、各因子のさまざまな列プロパティが保存されます。

因子の役割 データテーブルにおけるすべての因子の列に、「因子の役割」列プロパティが割り当てられます。この「因子の役割」列プロパティの値は、実験を計画するときに指定した役割によって決まります。「因子の役割」列プロパティは、データをモデル化するときに、どのように因子を用いるかを示しています。また、「因子の役割」列プロパティの値は、「拡張計画」プラットフォームでも使われます。

因子の変更 データテーブルにおけるすべての因子の列には、「容易」に設定された「因子の変更」列プロパティも割り当てられます。Space Filling 計画では、1 回の実験ごとに因子水準の変更が可能であると想定されています。「因子の変更」の値は、「拡張計画」プラットフォームや「計画の評価」プラットフォームでも使われます。

コード変換 因子の役割が連続変数である場合は、「コード変換」列プロパティが保存されます。このプロパティは、最小値が -1、最大値が +1 になるように因子の値を変換します。「最小2乗法によるあてはめ」レポートの推定値と検定は、変換後の値に基づいて計算されます。

値の表示順序 因子の役割がカテゴリカルまたはブロックの場合は、「値の表示順序」列プロパティが保存されます。この列プロパティによって、因子水準の表示順序が決まります。

単位 指定の単位を含む「単位」列プロパティが因子に割り当てられます。

因子の制約を定義

Space Filling 計画においては、高速柔軟充填法でのみ、因子の制約を指定することができます。

「因子の制約を定義」によって、計画の領域を制限することができます。制約をロードした場合、またはスクリプトの一部に制約を含めた場合を除き、デフォルトでは、制約を **[しない]** オプションが選択されています。次のいずれかのオプションによって、何らかの制約を指定することができます。

線形制約の指定 このオプションでは、因子の線形結合に対し、線形不等式の制約を指定できます。線形制約は、役割が **[連続変数]** または **[配合]** である因子にのみ指定できます。[「線形制約の指定」](#) を参照してください。

メモ: 線形制約を含むスクリプトを計画に保存すると、その線形制約は **「以下」** を意味する不等式 ($\leq$) で表されます。

フィルタで許可しない組み合わせを指定 このオプションでは、各因子における値を限定することで、制約を定義します。AND と OR の両方の制約が定義できます。[「フィルタで許可しない組み合わせを指定」](#) を参照してください。

スクリプトで許可しない組み合わせを指定 このオプションでは、スクリプトエディタのテキストボックスに、許可しない組み合わせやその他の制約を JSL のブール式として入力してください。[「スクリプトで許可しない組み合わせを指定」](#) を参照してください。

メモ: 因子の制約が定義された計画を分析する場合は、プロファイルにおいて制約が考慮されます。

線形制約の指定

連続変数の因子に対して、空間全体に独立して点を分布させるのではなく、線形不等式の制約を課したいことがあるでしょう。そのような場合、線形不等式によって、因子の領域を制限することができます。指定した線形不等式は、計画で許可されている領域を表します。例として、「[配合物の配合計画](#)」を参照してください。

1つまたは複数の線形不等式の制約を入力するには、**[追加]** ボタンをクリックします。

追加 すべての連続変数を含んでいる線形不等式が1つ追加されます。不等式の係数を入力し、不等号の向きを選択してください。また、不等式の右側のボックスに右辺値を入力してください。さらに制約を加えるには、**[追加]** を再びクリックします。

メモ: [球の半径] によって計画領域を球形に制限した場合、**[追加]** オプションは使用できなくなります。

最後の制約を削除 最後に追加した制約が削除されます。

制約をチェック 制約の一貫性が検証されます。このオプションは、冗長な制約を削除し、実現可能性を確認します。問題がある場合は、警告が表示されます。線形不等式が因子の上限もしくは下限を表している場合には、「因子」アウトラインにおける因子の範囲が更新された旨を示す警告が表示されます。

フィルタで許可しない組み合わせを指定

このオプションは、データフィルタを使って許可しない組み合わせを指定します。詳細については、『JMPの使用法』を参照してください。

「フィルタ因子の追加」リストで因子を選択し、**[追加]** をクリックします。次に、スライダを使う（連続変数の場合）か、水準を選択して（カテゴリカルの場合）、許可しない組み合わせを指定します。例として、「[制約とカテゴリカルな因子を含む応答曲面計画](#)」を参照してください。

「フィルタ因子の追加」にある赤い三角ボタンのメニューは、各種プラットフォームの起動ウィンドウにある「列の選択」パネルのメニューと同じです。『JMPの使用法』を参照してください。

[追加] をクリックすると、「許可しない組み合わせ」パネルに、選択した因子とコントロールボタンが表示されます。因子は、尺度に応じて次のように表示されます。

連続変数・離散数値・配合因子 許可しない範囲を示すスライダが表示されます。スライダの両端をドラッグするか、スライダの下にあるテキストをクリックして上限や下限の数値を設定することで、許可しない範囲を指定します。スライダにおいて、青色に強調表示されている部分が、許可しない範囲を示しています。

カテゴリカルな因子 因子がカテゴリカルである場合、因子の各水準がボックス形式で表示されます。ただし、水準数が多い場合は、リスト形式で表示されます。ここで許可しない水準を選択してください。複数の水準を選択するには、Ctrl キーを押しながらクリックします。強調表示されている項目が、許可しない水準となります。なお、「許可しない組み合わせ」パネルにカテゴリカルな因子を追加したときに因子名の後に括弧付きで表示されている数値は、その因子の水準数です。

「許可しない組み合わせ」のオプション

「許可しない組み合わせ」パネルには、次のようなボタンがあります。

クリア 水準に対する許可しない組み合わせに関して、指定されている設定すべてをクリアします。ただし、因子の選択はクリアされません。

やり直し 因子の選択をすべて取り消し、画面を因子のリストに戻します。

AND 「フィルタ因子の追加」リストを開きます。そこで選択された因子がANDグループになります。ANDグループで指定されている水準すべてをもつ組み合わせが、許可されない組み合わせになります。

ANDグループに因子を後から追加するには、グループのアウトラインをクリックし、枠が強調されるのを確認します。そして、[AND] ボタンをクリックし、因子を追加します。

1つの因子を削除するには、赤い三角ボタンのメニューにある**削除**を選択します。

OR 「フィルタ因子の追加」リストを開きます。そこで選択された因子が、ORを挟んで別のANDグループを形成します。ORを挟んだANDグループの場合、いずれかのANDグループで指定された組み合わせが許可しない組み合わせになります。

因子の赤い三角ボタンのメニュー

1つの因子を複数のORグループに含めることができます。特定のORグループにおける、ある1因子に対する設定を、以下では**因子制約**と呼びます。

削除 選択されている因子制約を「許可しない組み合わせ」パネルから削除します。

選択をクリア 因子制約の選択をすべてクリアします。

選択の逆転 因子制約において、選択されている値の選択を解除し、選択されていない値を選択します。

表示オプション カテゴリカルな因子にのみ使用できます。表示形式を変更します。オプションで、ブロック形式・リスト形式・単一カテゴリ形式・チェックボックス形式のいずれかで、各水準を表示できます。

検索 カテゴリカルな因子にのみ使用できます。因子名の下にテキストボックスを表示し、そこに入力した文字列を因子水準の中から検索します。**Enter**キーを押すか、テキストボックスの外をクリックすると、検索が開始されます。[検索]を選択すると、黒い三角ボタンのメニューに、[指定の単語を含む]・[すべての単語が一致する]・[指定の句で始まる]・[指定の句で終る]といった検索オプションが表示されます。

スクリプトで許可しない組み合わせを指定

このオプションでは、JSLスクリプトを使って許可しない因子水準の組み合わせを指定します。このオプションは、因子が連続尺度の場合や、連続尺度とカテゴリカルな因子が混ざっている場合に役立ちます。

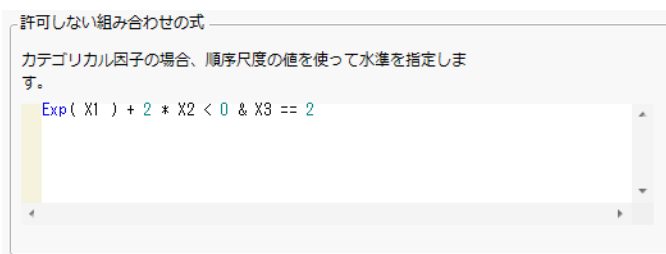
開いたスクリプトウィンドウに、許可しない組み合わせの式を入力してください。その式は、ブール式でなければなりません。真であるブール式で指定された組み合わせが許可されないものとなります。

カテゴリカル因子のための式を作成するときは、水準名、または水準の順序を示す数値を使用してください。たとえば、因子の水準が「高」・「中」・「低」であり、「因子」アウトラインでこの順序で指定した場合には、各水準は 1, 2, 3 という数値が関連付けられます。別の例として、「X1」と「X2」という 2 つの連続尺度の因子があり、「X3」というカテゴリカル因子があるとします。また、カテゴリカル因子の水準は、順番に「L1」・「L2」・「L3」とであるとします。このとき、次式が成り立つものを、許可しない組み合わせに設定するとします。

$$e^{X_1} + 2X_2 < 0 \quad \text{および} \quad X_3 = L2$$

この場合、スクリプトウィンドウに、`(Exp(X1) + 2*X2 < 0) & (X3 == 2)` という式を入力します。

図 22.7 スクリプトエディタに式を入力したところ



(図では、構文解析によって不要な括弧が削除されています。) この例のように、ブール式の一部に関数を使うこともできます。カテゴリカル因子の水準に対しては通し番号ではなく、`(Exp(X1) + 2*X2 < 0) & (X3 == "L2")` のように文字列を指定しても構いません。

メモ: 指定した実験回数や制約によっては、制約のない計画領域に生成した一様乱数が、制約された領域内の点を十分に生成できない場合があります。このような場合、JMP は「制約条件を満たす点を、指定された標本サイズ以上、見つけることができませんでした。」という警告を出力します。開始時における一様乱数の個数を増やすには、[詳細オプション] > [平均クラスターサイズの設定] を選択して、1 つのクラスターあたりの一様乱数の平均個数を増やしてください。「高速柔軟充填計画の平均クラスターサイズの設定」を参照してください。

Space Filling 計画手法

Space Filling 計画を作成する手法には、次のようなものがあります。

球の詰め込み 2 つの計画点の間の最短距離が最大になるような計画を作成します。その結果、点は、計画領域内でできる限り広く拡散します。「[Space Filling 計画の別例](#)」および「[試錘孔データで球の詰め込み計画を作成する](#)」を参照してください。

ラテン超方格法 各因子の水準を均一にするという制約のなかで、計画点の間の最短距離が最大化になるように配置します。各因子の水準数と実験の数が同じです。この手法では、一様分布を模倣した計画が作成されます。ラテン超方格法は、球の詰め込みと一様計画の中間にあたります。「[ラテン超方格計画の作成例](#)」を参照してください。

一様 計画点の分布と理論上の一様分布とのディスクレパンシが最小になるような計画を作成します。「[一様計画の作成例](#)」を参照してください。

メモ: この手法による計画は、未知の関数の積分を簡単かつ精確に推定する上で役立ちます。その積分値に対する推定値は、実験で観測された応答の平均として計算できます。

最小ポテンシャル 球面内に点を拡散した計画を作成します。最小ポテンシャル計画は、球対称で、ほぼ直交で、間隔が一律です。「[最小ポテンシャル計画の例](#)」を参照してください。

最大エントロピー 計画における Shannon の情報量が最大になるような計画を作成します。「[制約を指定した高速柔軟充填計画の例](#)」を参照してください。

Gauss 過程 IMSE 最適計画 Gauss 過程モデルの平均 2 乗誤差を実験領域で積分した値が最小になるような計画を作成します。JMP の Gauss 過程 IMSE 最適計画では、クリギングモデルに似た相関構造をもつモデルを仮定します。Jones and Johnson (2009) を参照してください。

メモ: 実験数が 500 以下の場合は、Gauss 過程モデルがデータテーブルに保存されます。実験数が 500 を超えている場合は、ニューラルネットワークモデルがデータテーブルに保存されます。

高速柔軟充填計画 高速柔軟充填アルゴリズムを使って計画を作成します。このアルゴリズムは、まず指定の計画領域内に多数のランダムな点を生成します。そして、これらの点に対して、線形制約や、許可しない因子の組み合わせといった制約を課します。次に、この多数の点を、高速 Ward 法によるクラスター分析によって、指定された実験回数を個数としたクラスターにまとめます。最後に、デフォルトの [MaxPro] (最大射影法; *maximum projection*) またはオプションの [重心] を最適化基準として、最終的な計画点を求めます。「[制約を指定した高速柔軟充填計画の例](#)」および「[制約を指定した高速柔軟充填計画の例](#)」を参照してください。

メモ: カテゴリカル因子がある場合や、因子の制約がある場合には、高速柔軟充填計画しか使えません。

計画

「計画」セクションには、Space-Filling 計画の実験が表示されます。

計画の診断統計量

Space Filling 計画を作成すると、「計画の診断統計量」セクションに 0～1 に尺度化された因子に対する診断統計量が表示されます。最短距離は、各点とそれに最も近い点との距離です。この値は、0～1 に尺度化された因子から計算されています。「最も近い点」列に最も近い点の行番号が表示されます。テーブルの下にあるディスクレパンシの値は、実験点と一様分布との差を積分したものです。

[MaxPro] (maximum projection; 最大投影) の基準は、計画全体とカテゴリカル変数の各水準に対して求められます。この MaxPro 基準は、値が小さいほどよいです。MaxPro 基準の詳細については、「[FFF 最適化基準](#)」を参照してください。

メモ: いずれかの次元で2つの点が同じ値を持ち得る場合 ($x_{ik} = x_{jk}$)、MaxPro 基準は定義されません。その場合、「計画の診断統計量」に MaxPro が欠測値として表示されます。

計画のデータテーブル

「計画テーブル」パネルには、次の2つのボタンがあります。

テーブルの作成 Space Filling 計画のデータテーブルを作成します。

戻る 「計画の作成」をクリックする前の状態に戻ります。前のセクションに変更を加え、計画を作成し直すことができます。

Space Filling 計画のオプション

「Space Filling 計画」プラットフォーム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。

応答の保存 「応答」パネルの情報を、新しいデータテーブルに保存します。これで保存した情報は、ほとんどの「実験計画(DOE)」ウィンドウで簡単に読み込むことができます。応答の情報を後で再利用したい場合に便利です。

応答のロード データテーブルから応答をロードします。[応答の保存] オプションを使って応答のデータテーブルを生成します。

因子の保存 「因子」パネルの情報を、新しいデータテーブルに保存します。各因子の列には、その因子の水準が表示されます。その他の情報は、列プロパティとして保存されます。これで保存した情報は、ほとんどの「実験計画(DOE)」ウィンドウで簡単に読み込むことができます。因子の情報を後で再利用したい場合に便利です。

メモ: 空のデータテーブルにデータを直接入力して因子のデータテーブルを作成することもできますが、その場合も、すべての列に適切な役割を割り当てる必要があります。役割を割り当てるには、データグリッド内で列名を右クリックし、**[列プロパティ] > [因子の役割]** を選択します。そして、「因子の役割」セクションで、適切な役割を選択してください。

因子のロード データテーブルから因子をロードします。[因子の保存] オプションを使って因子のデータテーブルを生成します。計画の種類に合わない因子をロードしようとすると、警告が表示されます。

制約の保存 (一部の計画では使用できません。)
「因子の制約を定義」または「線形制約」で定義した因子の制約を、データテーブルの列として保存します。これで保存した情報は、ほとんどの「実験計画(DOE)」ウィンドウで簡単に読み込むことができます。制約の情報を後で再利用したい場合に便利です。

制約のデータテーブルにおける冒頭の数行には、各因子に対する係数が含まれます。最後の行は、不等式の右辺値を含みます。各制約の列には、「以下」と「以上」のどちらの制約であるかを示す「制約状態」という列プロパティが含まれます。「**[制約状態] 列プロパティ**」を参照してください。

制約のロード (一部の計画では使用できません。) データテーブルから因子の制約をロードします。[制約の保存] オプションを使って制約のテーブルを生成します。

乱数シード値の設定 このオプションに指定した整数が、乱数を用いる処理の乱数シード値として使われます。次のような処理で、乱数は使われます。

- 計画作成の検索アルゴリズムにおける初期化
- データテーブル作成時における実験順序のランダム化
- 最適計画を探索するときの初期計画(開始点)の選択

計画を再現するには、その計画の生成に使われた乱数シード値を入力し、[計画の作成] をクリックします。

計画の作成に使われた乱数シード値は、計画のデータテーブルに保存される「DOE ダイアログ」スクリプトにも含まれます。

応答のシミュレート 計画のデータテーブルに、乱数で生成された応答値を含む列、および、応答値を乱数で生成するための計算式を含む列が追加されます。このオプションは、[テーブルの作成] をクリックする前に選択してください。

[テーブルの作成] をクリックすると、次の処理が実行されます。

- 乱数シミュレーションで生成されたデータ値が、応答変数の列に代入されます。
- 応答値を乱数シミュレーションで生成するための計算式を含む列が、新しい列として追加されます。このデータ値やこの計算式は、計画のウィンドウで指定したモデルに基づいています。
- 「モデル」ウィンドウが表示されます。このウィンドウで、モデルの効果の係数を設定するとともに、[正規]・[二項]・[Poisson] のいずれかの分布を指定できます。

メモ: 計画の種類によっては、使用できない確率分布もあります。

- 「シミュレーション」という名前のスクリプトが、計画のデータテーブルに保存されます。このスクリプトを実行すると、「モデル」ウィンドウが再び開き、シミュレーション値を再度計算したり、応答変数の確率分布を変更したりできます。

「モデル」ウィンドウでは、乱数シミュレーションで用いる応答変数の確率分布を選択してください。このウィンドウで [適用] ボタンをクリックすると、「<Y>のシミュレーション」という名前の列が更新されます。ここで、「<Y>」は応答列の名前です。[適用] を再びクリックすると、この「<Y>のシミュレーション」の値が更新されます。

詳細については、「[応答のシミュレート](#)」を参照してください。

メモ:  [応答のシミュレート] オプションを使うと、JMP Pro のシミュレーションの機能を使って、乱数シミュレーションを実行できます。実験計画に関する乱数シミュレーションの詳細は、『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。

FFF最適化基準 高速柔軟充填の最適化基準を指定します。

MaxPro 点間の距離の積を最大にする MaxPro 基準を指定します。この基準を選択すると、因子の射影に関して、空間充填の良い性質を持つようになります。Joseph et al. (2015) を参照してください。
[MaxPro] オプションはデフォルトで選択されています。

重心法 重心法を指定します。この手法は、各クラスターの重心に計画点を置きます。計画空間内における任意の点から、最近隣の実験点までの平均距離が他の計画より小さくなる特性を持ちます。

ヒント: 常に使用する最適化基準が決まっている場合は、環境設定で固定しておくことができます。それには、[ファイル] > [環境設定] > [プラットフォーム] > [実験計画(DOE)] を選択します。そして、[FFF最適化基準] を選択し、該当するオプションを選択します。

開始点の数 アルゴリズムは、選択した種類の計画に対し、ここで指定した回数だけ、新しい計画の作成を開始します。そして、その計画の種類で使われている基準に従って最適と判断された計画が戻されます。このオプションは、全種類の計画に対して、デフォルトでは1に設定されています。このオプションの設定は、高速柔軟充填計画には適用されません。

詳細オプション

平均クラスターサイズの設定 高速柔軟充填計画で、1クラスターあたり（すなわち、1つの計画点あたり）のランダムな点の個数を指定します。

MaxPro カテゴリの重み 高速柔軟充填計画で、MaxPro の計算においてカテゴリカル因子に使用する重みを指定します。カテゴリカル変数で同一水準にある点に重みが掛けられます。これにより、カテゴリカル因子の各水準における空間充填の性質が変化します。

スクリプトをスクリプトウィンドウに保存 「Space Filling 計画」プラットフォームで指定した計画からスクリプトを作成し、スクリプトウィンドウに保存します。

Space Filling 計画の別例

この節では、「Space Filling 計画」プラットフォームのさまざまな使用例を紹介します。

- 「ラテン超方格計画の作成例」
- 「一様計画の作成例」
- 「球の詰め込み計画、ラテン超方格計画、一様計画の比較例」
- 「最小ポテンシャル計画の例」
- 「制約を指定した高速柔軟充填計画の例」
- 「地図上の Space Filling 計画の作成例」
- 「球の詰め込み計画の例」

ラテン超方格計画の作成例

「Space Filling 計画」プラットフォームを使って、4 因子のラテン超方格計画を作成します。この結果を見ると、ラテン超方格法では、どの列（因子）にも各水準が 1 度ずつ割り当てられること、そして、どの列も水準の順序が異なることを確認できます。

- 1. [実験計画 (DOE)] > [特殊な目的] > [Space Filling 計画] を選択します。
- 2. 連続尺度の因子を 4 つ追加し、値を 1 と 8 に変更します。

図 22.8 因子が 4 つあるときの「Space Filling 計画」ウィンドウ

▲ 応答

応答の追加 ▼

削除

応答数...

応答名	目標	下側限界	上側限界	重要度	検出下限	検出上限	単位
Y	最大化	.	.	.	.	.	

▲ 因子

連続変数

離散数値 ▼

カテゴリカル ▼

配合

削除

N 個の因子を追加

1

名前	役割	値	単位
▲ X1	連続変数	1	8
▲ X2	連続変数	1	8
▲ X3	連続変数	1	8
▲ X4	連続変数	1	8

因子の指定

因子数を指定。変更するには、因子名または因子設定をダブルクリック。

続行

- 3. [続行] をクリックします。
- 4. 「Space Filling 計画手法」セクションで、「実験の回数:」に「8」と入力します。
- 5. [ラテン超方格法] をクリックします。

図 22.9 ラテン超方格法による4因子8水準、実験数8の計画

4 因子
Space Filling ラテン超方格法

計画						
実験	X1	X2	X3	X4		
1	4	7	1	4		
2	2	6	5	7		
3	1	4	6	1		
4	7	5	3	8		
5	5	2	8	6		
6	6	8	7	3		
7	8	3	4	2		
8	3	1	2	5		

計画の診断統計量						
実験	尺度化X1	尺度化X2	尺度化X3	尺度化X4	最短距離	最も近い点
1	0.42857	0.85714	0.00000	0.42857	0.782	2
2	0.14286	0.71429	0.57143	0.85714	0.782	1
3	0.00000	0.42857	0.71429	0.00000	0.926	2
4	0.85714	0.57143	0.28571	1.00000	0.795	2
5	0.57143	0.14286	1.00000	0.71429	0.845	2
6	0.71429	1.00000	0.85714	0.28571	0.892	7
7	1.00000	0.28571	0.42857	0.14286	0.892	6
8	0.28571	0.00000	0.14286	0.57143	0.892	1

ディスケレパンシ= 0.039317
MaxPro
計画全体 11.40992

同じ因子数で比較したとき、ラテン超方格法では、2点間の最短距離が球の詰め込みの場合より短くなります。これは、ラテン超方格法には各因子の水準を均一に配置するという制約があるためです。球の詰め込みでは、何の制約もなく最短距離が最大化されます。

一様計画の作成例

「Space Filling 計画」プラットフォームを使って2因子の一様計画を作成します。

1. [実験計画(DOE)] > [特殊な目的] > [Space Filling 計画] を選択します。
2. 「N 個の因子を追加」の右側のボックスに「2」と入力します。
3. [連続変数] をクリックします。
4. 連続因子の値を0と1に変更します。
5. [続行] をクリックします。
6. 「Space Filling 計画手法」セクションで、「実験の回数:」に「8」と入力します。
7. [一様] ボタンをクリックします。

図 22.10 実験数 8 の一様計画の因子設定と診断統計量

2 因子

Space Filling 一様計画

計画				
実験	X1	X2		
1	0.93092	0.69041		
2	0.69276	0.18514		
3	0.06860	0.32218		
4	0.18696	0.81304		
5	0.56496	0.93540		
6	0.81410	0.43443		
7	0.32218	0.06860		
8	0.43643	0.56357		

計画の診断統計量				
実験	尺度化X1	尺度化X2	最短距離	最も近い点
1	0.93092	0.69041	0.281	6
2	0.69276	0.18514	0.277	6
3	0.06860	0.32218	0.359	7
4	0.18696	0.81304	0.353	8
5	0.56496	0.93540	0.393	8
6	0.81410	0.43443	0.277	2
7	0.32218	0.06860	0.359	3
8	0.43643	0.56357	0.353	4

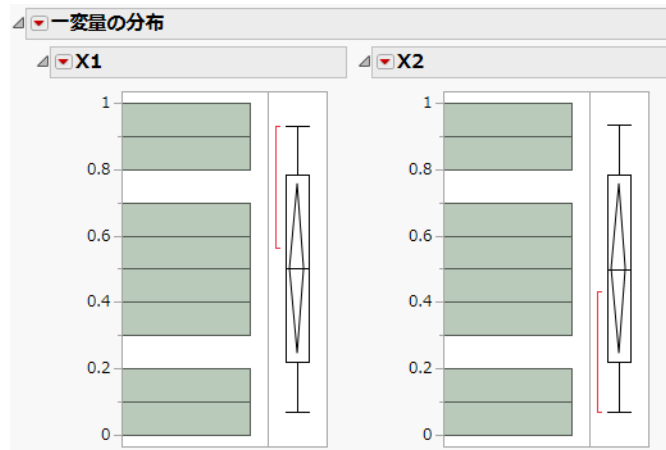
ディスクリパンシ= 0.004663

MaxPro

計画全体 15.40271

- 一様計画では、点の拡散ではなく、各因子の点が均一に散らばることが重視されます。そのため、点と点の間の最小距離は大きく異なります。因子内での点の散らばりは、分布を使って視覚化できます。
- 8. [テーブルの作成] をクリックします。
 - 9. データテーブルで、[分析] > [一変量の分布] を選択します。
 - 10. 「X1」と「X2」を選択し、[Y, 列] をクリックします。
 - 11. [OK] をクリックします。
- 一様計画では、各因子における水準の間隔は均一ではありません。しかし、各因子に対して一変量の分析を実行すると（[分析] > [一変量の分布]）、ほぼ均一なことをヒストグラムで確認できます。

図 22.11 各因子のヒストグラム



球の詰め込み計画、ラテン超方格計画、一様計画の比較例

3つの手法を比較するため、例で見たとおり、[球の詰め込み]・[ラテン超方格法]・[一様] ボタンを使って計画を作成してみます。計画を作成すると、「計画の診断統計量」パネルに0～1に尺度化された因子に対する診断統計量が表示されます。最短距離は、各点とそれに最も近い点との距離です。この値は、0～1に尺度化された因子から計算されています。ディスクレパンシの値は、実験点と一様分布との差を積分したものです。

図22.12は、3つの手法で作成した実験数8の計画とその診断統計量です。ディスクレパンシが最も小さい（良い）のは一様計画で、最も大きい（悪い）のは球の詰め込みによる計画です。ラテン超方格法のディスクレパンシの値は、その間にありますが、最適値に近くなっています。ラテン超方格計画のMaxPro基準の値は、一様計画より小さくなります。

2点間の最短距離を見ると、球の詰め込みによる計画が最大（最良）であることがわかります。一様計画には、その半分ほどしか距離が離れていない点もあります。一様計画と比べると、ラテン超方格法における最短距離は、球の詰め込みに近くなっています。

点の拡散と一様性の両方において、ラテン超方格法による計画は、適切な妥協案であると言えるでしょう。

図 22.12 3 手法による実験数 8 の計画と診断統計量

Space Filling 球の詰め込み

▷ 計画

▾ 計画の診断統計量

実験	尺度化X1	尺度化X2	最短距離	最も近い点
1	0.50000	0.86602	0.518	3
2	0.86603	0.50000	0.518	6
3	0.13397	0.50000	0.518	1
4	0.50000	0.13398	0.518	7
5	0.00000	1.00000	0.518	1
6	1.00000	1.00000	0.518	2
7	1.00000	0.00000	0.518	4
8	0.00000	0.00000	0.518	3

ディスクレパンシ= 0.046969

MaxPro

計画全体 .

Space Filling ラテン超方格法

▷ 計画

▾ 計画の診断統計量

実験	尺度化X1	尺度化X2	最短距離	最も近い点
1	0.28571	0.00000	0.404	3
2	0.00000	0.85714	0.452	4
3	0.57143	0.28571	0.404	1
4	0.42857	0.71429	0.404	5
5	0.14286	0.42857	0.404	4
6	1.00000	0.14286	0.452	7
7	0.85714	0.57143	0.404	3
8	0.71429	1.00000	0.404	4

ディスクレパンシ= 0.009279

MaxPro

計画全体 11.32801

Space Filling 一様計画

▷ 計画

▾ 計画の診断統計量

実験	尺度化X1	尺度化X2	最短距離	最も近い点
1	0.93092	0.69041	0.281	6
2	0.69276	0.18514	0.277	6
3	0.06860	0.32218	0.359	7
4	0.18696	0.81304	0.353	8
5	0.56496	0.93540	0.393	8
6	0.81410	0.43443	0.277	2
7	0.32218	0.06860	0.359	3
8	0.43643	0.56357	0.353	4

ディスクレパンシ= 0.004663

MaxPro

計画全体 15.40271

最小ポテンシャル計画の例

「Space Filling 計画」プラットフォームを使って最小ポテンシャル計画を作成します。

- 1. [実験計画 (DOE)] > [特殊な目的] > [Space Filling 計画] を選択します。
- 2. 連続尺度の因子を3つ追加し、因子水準の値を0と1に設定します。
- 3. [続行] をクリックします。
- 4. 「Space Filling 計画手法」セクションで、「実験の回数:」に「12」と入力します。
- 5. [最小ポテンシャル] ボタンをクリックします。

図22.13 最小ポテンシャル計画の診断統計量

計画の診断統計量					
実験	尺度化X1	尺度化X2	尺度化X3	最短距離	最も近い点
1	0.49845	0.50584	0.50273	0.488	12
2	0.39334	0.06387	0.70753	0.498	1
3	0.20787	0.68269	0.14320	0.485	9
4	0.61776	0.92918	0.27211	0.49	12
5	0.84983	0.15239	0.47495	0.499	1
6	0.33657	0.14577	0.19726	0.499	1
7	0.73480	0.45365	0.06714	0.498	1
8	0.26209	0.52317	0.93916	0.49	12
9	0.00665	0.45300	0.52058	0.485	3
10	0.75354	0.46263	0.92467	0.485	11
11	0.95475	0.69233	0.54729	0.485	10
12	0.38435	0.93546	0.70339	0.488	1
デイスクレパンシ= 0.016537					
MaxPro					
計画全体 250.3008					
計画テーブル					
テーブルの作成 戻る					

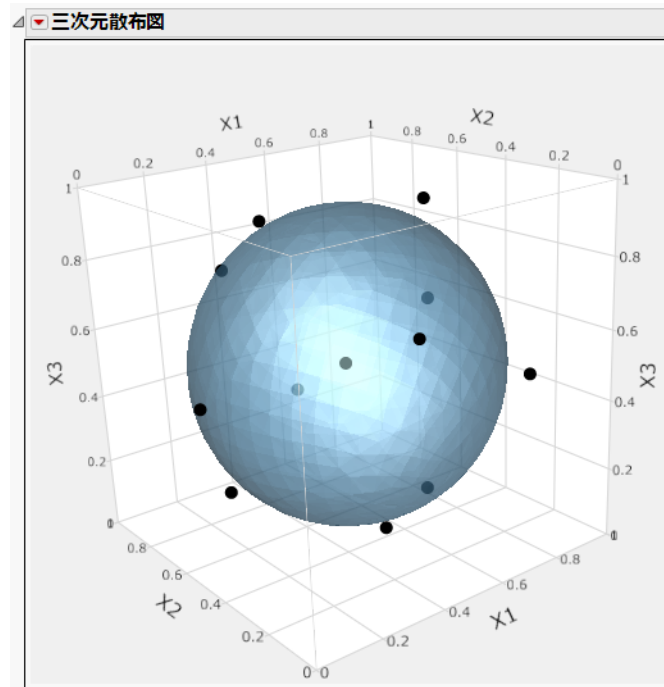
6. [テーブルの作成] をクリックします。

最小ポテンシャル計画の視覚化

最小ポテンシャル計画の球対称性を確認するため、三次元散布図のプラットフォームを使用します。

1. 計画のデータテーブルを作成した後、[グラフ] > [三次元散布図] を選択します。
2. 「X1」・「X2」・「X3」を選択し、[Y, 列] をクリックします。
3. [OK] をクリックすると、計画点の三次元散布図が表示されます。
4. 「三次元散布図」の赤い三角ボタンをクリックし、[確率楕円体] を選択します。
5. プロットを右クリックし、[設定] を選択します。
6. 「マーカサイズ」スライダを使ってマーカサイズを大きくします。

図 22.14 最小ポテンシャル計画の点と球体



こうすると、点が球体内に均一に散らばっていることがよくわかります。

制約を指定した高速柔軟充填計画の例

この例では、制約を指定した高速柔軟充填計画を作成し、表示します。

計画の作成

1. [実験計画 (DOE)] > [特殊な目的] > [Space Filling 計画] を選択します。
2. 「N 個の因子を追加」の右側のボックスに「2」と入力します。
3. [連続変数] ボタンをクリックします。
4. 因子の範囲を、0 から 1 までに変更し、[続行] をクリックします。
5. 「因子の制約を定義」セクションで、[線形制約を指定] を選択します。

「Space Filling 計画手法」の中で、選択できるものが [高速柔軟充填法] だけになります。

6. [追加] をクリックします。
7. 次の係数と右辺値を入力します。

「X1」に 1

「X2」に 1

右辺値に0.8

図 22.15 線形制約

因子の制約を定義

☐ しない
☒ 線形制約を指定する
☐ フィルタで許可しない組み合わせを指定
☐ スクリプトで許可しない組み合わせを指定

線形制約

追加

1 X1 + 1 X2 ≤ 0.8

8. 「実験の回数」の横に「200」と入力します。

9. [高速柔軟充填] をクリックします。

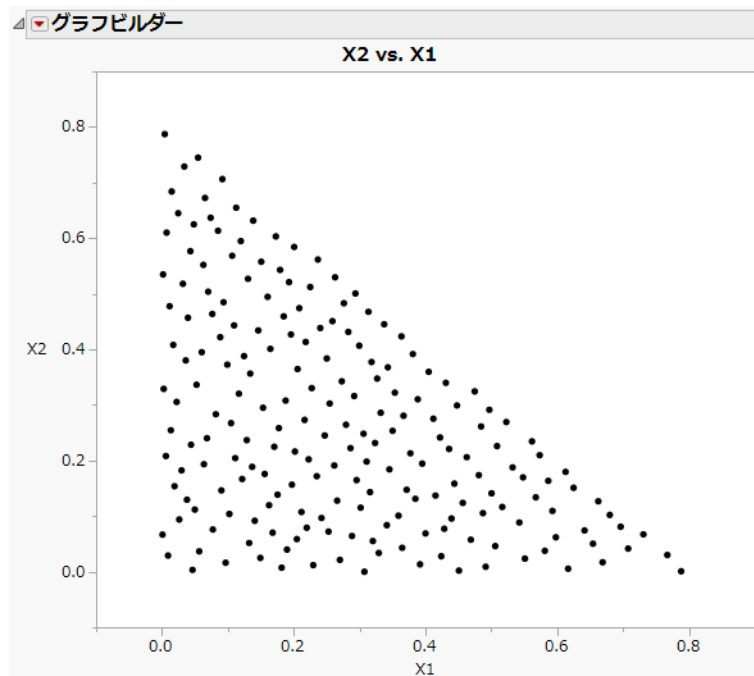
制約を満たした計画が作成されます。「計画」セクションを開き、計画の内容を確認します。

10. [テーブルの作成] を選択してデータテーブルを作成します。

プロットの作成

1. 作成したデータテーブルを開いた状態で、[グラフ] > [グラフビルダー] を選択します。
2. 「X1」を「X」というラベルの付いたドロップゾーンにドラッグします。
3. 「X2」を「Y」というラベルの付いたドロップゾーンにドラッグします。
4. 平滑線のアイコンをクリックして平滑線を削除します。
5. [終了] をクリックします。

図 22.16 線形制約を 1 つ指定した高速柔軟充填計画



点が、 $X1 + X2 \leq 0.8$ という線形制約を満たす範囲に配置されている様子がわかります。

地図上の Space Filling 計画の作成例

高速柔軟充填計画 (FFF; Fast Flexible Filling) では、地図などの複雑な領域に合わせて実施する実験が計画できます。たとえば、米国のある州全体で、2 種類のサンプル（空気と土のサンプル）を収集したい場合に、収集する地点を決めるのに高速柔軟充填計画が向いています。

ジョージア州で調査を行うとしましょう。ある州の全体から、40 地点を選び、空気と土のそれぞれで 20 サンプルずつを集めるとします。地図上の高速柔軟充填計画を作成するには、境界線の緯度と経度を保存したファイルが必要です。「[グラフへの背景地図の追加](#)」を参照してください。

次の例では、ジョージア州の地図情報（境界線の緯度と経度が含まれたデータ）から、ジョージア州内での高速柔軟充填計画を作成します。計画には、40 サンプルのそれぞれについて、位置と抽出方法が含まれます。

ジョージア州の境界線データを開く

1. 「Maps」ディレクトリを開きます。

Windows: C:\Program Files\SAS\JMP\<バージョン番号>\Maps

Apple macOS: /Library/Application Support/JMP/<バージョン番号>/Maps

2. 「US-State-XY JMP」と「US-State-Name JMP」を開きます。
「US-State-Name JMP」では、「Shape ID」が「11」の州がジョージア州です。この例では、ジョージア州について調べます。
3. 「US-State-XY JMP」で、[行] > [行の選択] > [Where条件で選択] を選択します。
4. 「Shape ID」を選択し、テキストボックスに「11」と入力して [OK] をクリックします。
「Shape ID」が11である行、つまりジョージア州の行がすべて選択されます。
5. [テーブル] > [サブセット] を選択し、[OK] をクリックすると、ジョージア州の経度・緯度データ（選択された行）をまとめた「US-State-XY JMP」のサブセットが作成されます。
6. 「US-State-XY JMP」と「US-State-Name JMP」を閉じます。

値の範囲の取得

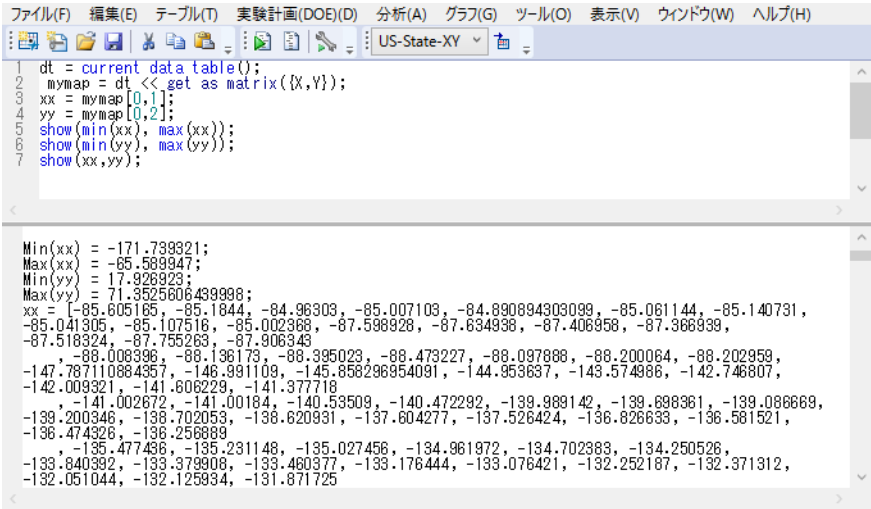
Space Filling計画の空間を定義するためには、ジョージア州の経度と緯度の範囲を知る必要があります。それらの範囲に基づき、因子を作成します。

1. [ファイル] > [新規作成] > [スクリプト] を選択します。スクリプトウィンドウで右クリックし、[ウィンドウ内にログを表示] を選択します。
2. 次のスクリプトをコピーし、スクリプトウィンドウに貼り付けます。

```
dt = current data table();  
mymap = dt << get as matrix({X,Y});  
xx = mymap[0,1];  
yy = mymap[0,2];  
show(min(xx), max(xx));  
show(min(yy), max(yy));  
show(xx,yy);
```

3. 「US-State-XY JMPのサブセット」をアクティブにした状態で、スクリプトを実行します。
ジョージア州の緯度と経度の値の範囲、そして **xx** と **yy** の行列がログに表示されます。

図22.17 範囲を調べるスクリプトとログに表示された結果



因子の追加

- 1. [実験計画(DOE)] > [特殊な目的] > [Space Filling計画] を選択します。
- 2. 計画に連続変数の因子を 2 つ追加します。「N 個の因子を追加」に「2」と入力し、[連続変数] をクリックします。
- 3. 因子の名前を「経度」と「緯度」に変更し、「因子」セクションで最小値と最大値を入力します。
 - 経度については、「-85.6」と「-80.7」を入力します。これは、*x* のログに表示された経度の最小値と最大値です。
 - 緯度については、「30.4」と「35.0」を入力します。これは、*y* のログに表示された緯度の最小値と最大値です。
- 4. カテゴリカルな因子を 1 つ追加します。[カテゴリカル] > [2水準] をクリックします。因子の名前を「方法」に変更します。

図22.18 因子

因子				
名前	役割	値		単位
▲経度	連続変数	-85.6	-80.7	
▲緯度	連続変数	30.3	35	
▼方法	カテゴリカル	L1	L2	

- 5. [続行] をクリックします。

シェープの定義

Space Filling 計画の空間を決めるために、多角形を使って州の形状を定義する必要があります。

1. 「スクリプトで許可しない組み合わせを指定」を選択し、「許可しない組み合わせの式」テキストボックスを開きます。

緯度と経度の範囲では、四角い形しか定義できませんが、ジョージア州の形状は多角形で、四角ではありません。点はジョージア州の多角形からはみ出ないようにする必要があります。
2. スクリプトウィンドウに移動し、スクリプトログにある **xx** と **yy** の行列をコピーします。コピーした行列を「許可しない組み合わせの式」のテキストボックスに貼り付けます。
3. 末尾に次の行を追加します。

!In Polygon(経度, 緯度, xx, yy);

これにより、**xx** と **yy** の座標で定義される多角形に収まらない点が除外されます。

図22.19 許可しない組み合わせの式

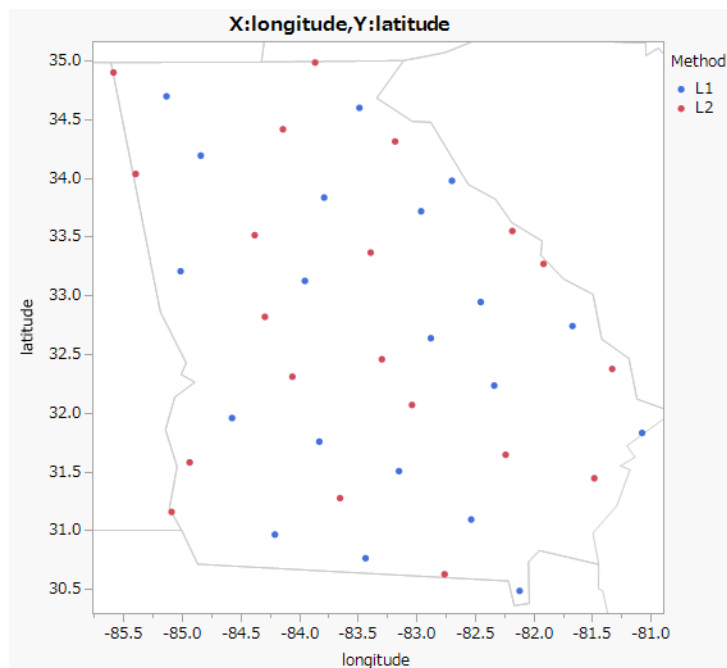


計画の作成

1. 「実験の回数」を「40」に変更し、「高速柔軟充填」をクリックします。
2. 「テーブルの作成」をクリックします。
3. 計画のデータテーブルで「グラフ」>「グラフビルダー」を選択します。
4. 次のように、列をゾーンにドラッグします。
 - 「経度」を「X」ゾーンに
 - 「緯度」を「Y」ゾーンに
 - 「方法」を「色」ゾーンに

5. グラフの上にある「平滑線」のアイコンをクリックして、平滑線を削除します。
6. 州のシェープを追加するため、グラフを右クリックし、「グラフ」>「背景地図」を選択します。
7. 「境界線」として「米国の州」を選択し、「OK」をクリックします。

図22.20 ジョージア州の高速柔軟充填計画の例



メモ: 高速柔軟充填アルゴリズムでは、開始点がランダムに選択されるため、地図上の点の位置はここに表示されたものとは異なります。

地図は、標本の採集をすべき40の場所を示しています。点の色が標本採集の方法（L1またはL2）を表しています。

「グラフ」>「背景地図」を選択して開いたウィンドウには、次のようなオプションがあります。

- 調査地点が州ではなくてどの郡に属するかを知りたい場合は、「境界線」の中の「米国の郡」を選択してください。
- より狭い地域を見たい場合は、「イメージ」の中の「Street Map Service」も使用できます。

球の詰め込み計画の例

球の詰め込み計画を使って、定義されているモデルについて調べます。Worley (1987) は、2つの帯水層まで地面から掘った試錘孔を水が流れる様子をモデルにしました。応答変数 y は、試錘孔を流れる水流の速度 (単位は $\text{m}^3/\text{年}$) を表し、次の式で計算されます。

$$y = \frac{2\pi T_u (H_u - H_l)}{\ln(r/r_w) \left[1 + \frac{2LT_u}{\ln(r/r_w)r_w^2 K_w} + \frac{T_u}{T_l} \right]}$$

このモデルには8つの因子があります。

r_w = 試錘孔の半径 (0.05 ~ 0.15m)

r = 影響の半径 (100 ~ 50,000m)

T_u = 上部帯水層の透過率 ($63,070 \sim 115,600 \text{m}^2/\text{年}$)

H_u = 上部帯水層の水圧 (potentiometric head) (990 ~ 1100m)

T_l = 下部帯水層の透過率 ($63.1 \sim 116 \text{m}^2/\text{年}$)

H_l = 下部帯水層の水圧 (700 ~ 820m)

L = 試錘孔の長さ (1120 ~ 1680m)

K_w = 試錘孔の透水係数 ($9855 \sim 12,045 \text{m}/\text{年}$)

球の詰め込み計画を使って、応答 y の計算に使われる一定の条件を求めます。次に、計画で使用した入力範囲に対し、真のモデルの予測モデルを作成します。この予測モデルを評価することは、8つの因子が応答に及ぼす影響を理解するために役立ちます。

試錘孔データで球の詰め込み計画を作成する

この球の詰め込み計画を作成するには、データテーブルに保存されている因子の設定を使用できます。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Borehole Factors」を開きます。
2. [実験計画(DOE)] > [特殊な目的] > [Space Filling 計画] を選択します。
3. 「Space Filling 計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[因子のロード] を選択します。

図 22.21 試錘孔の例で使用する因子値をロードした「因子」パネル

因子

連続変数

カテゴリカル

削除

N 個の因子を追加

1

名前	役割	値	
log10 Rw	連続変数	-1.3	-0.82
log10 R	連続変数	2	4.7
Tu	連続変数	63070	115600
Tl	連続変数	63.1	116
Hu	連続変数	990	1110
Hi	連続変数	700	820
L	連続変数	1120	1680
Kw	連続変数	9855	12045

メモ: r と r_w の対数を因子として使用しています。

4. 「実験の回数:」に「32」と入力します。
5. [球の詰め込み] をクリックして、計画を作成します。
6. [テーブルの作成] をクリックして、実験の因子設定を記録したテーブルを作成します。

メモ: 作成された計画テーブルには、「モデル」スクリプトがあります。このスクリプトの緑の三角ボタンをクリックすると、応答 y に対する Gauss 過程モデルが実行されます。

7. (オプション) この例の完成したデータテーブルを見るには、[ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Borehole Sphere Packing.jmp」を開きます。
- この計画は乱数シード値から生成されているため、実際に操作した際、この例とは異なる値になります。

決定論的データの分析ガイドライン

決定論的データの重要な特徴は、ランダムな要素がないことです。決定論的な関係においては、入力値が同じだと、出力も常に同じになります。そのため、あてはめた統計モデルの p 値は、通常のような意味を持ちません。 F 値が大きいこと (p 値が小さいこと) は、その効果の影響を示唆する指標になるかもしれませんが、しかし、モデルに基づく予測や効果について、妥当な信頼区間を求めることはできません。

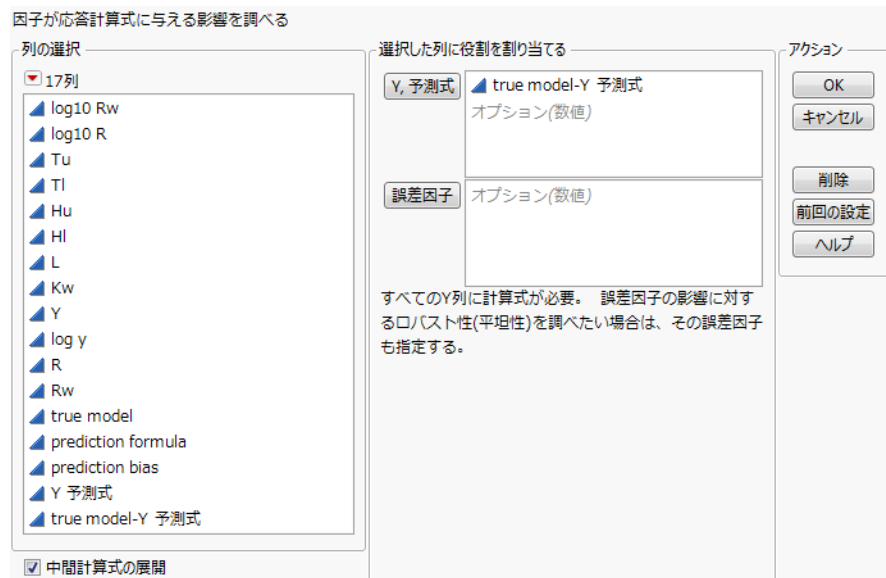
なぜなら、決定論的なデータにあてはめたモデルの残差は、ノイズ (ランダムな誤差) ではないからです。決定論的なデータにおける残差は、あてはめたモデルのバイアス (偏り) を示しています。ここでのバイアスは、真の値と予測値との差のことです。残差に明確なパターンが見られる場合は、バイアスを減らすために、モデルに新たな項を追加することを検討する必要があります。

試錘孔データに対する「球の詰め込み」計画の分析

実用上の多くの場面では、真のモデルを解析的な数式で表すことはできません。したがって、前節で説明した予測バイアスは観測したデータ点でしかわかりません。しかし、先ほどの試錘孔の例では真のモデルの関数がわかっています。「Borehole Sphere Packing.jmp」データテーブルの「true model」列には、既知の関数の計算式が含まれています。この計算式を使って、因子の入力範囲に対する予測バイアスのプロファイルを作成できます。

1. 「ヘルプ」>「サンプルデータフォルダ」を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Borehole Sphere Packing」を開きます。
2. 「Gauss 過程モデルのあてはめ」スクリプトの横にある緑の三角ボタンをクリックします。
「Gauss 過程モデル」レポートにおいて、因子と結果Yとの関係を調べます。
3. 「Gauss 過程モデルY」の赤い三角ボタンをクリックし、[予測式の保存] を選択します。
4. 「Borehole Sphere Packing.jmp」データテーブルに戻ります。
5. 「true model」と「Y 予測式」の列の見出しを選択します。
6. 右クリックして、[計算式列の新規作成]>[組み合わせ]>[差]を選択します。
バイアスを含む新しい列が作成されます。
7. 「Borehole Sphere Packing.jmp」データテーブルで、[グラフ]>[プロファイル]を選択します。
8. 「true model-Y 予測式」を選択し、[Y, 予測式]をクリックします。
9. [中間計算式の展開]を選択します。
このオプションを選択すると、バイアスが8つの因子の関数として表示されます。

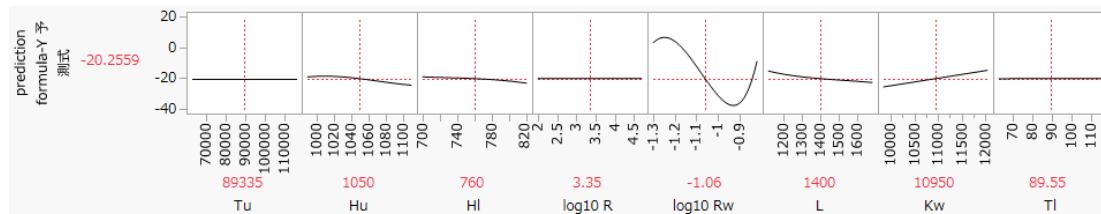
図 22.22 「Borehole Sphere Packing.jmp」データの「プロファイル」起動ウィンドウ



10. [OK] をクリックします。

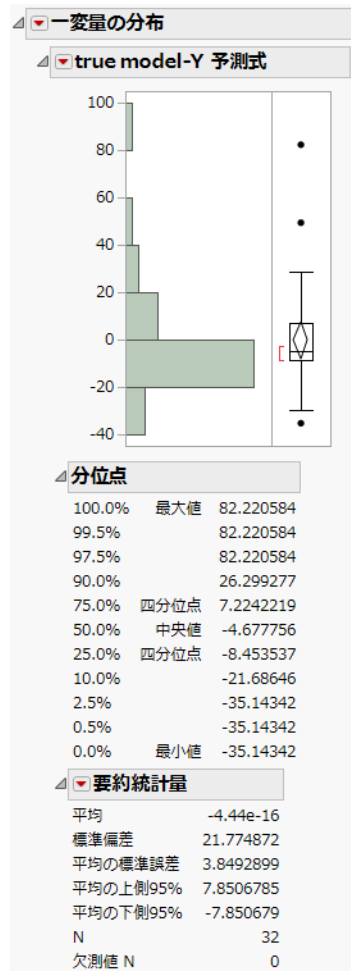
プロファイルは、デフォルトでは、計画領域の中心点に対して描かれます。予測モデルにバイアスがない場合は、プロファイルのトレースはすべての因子の全領域で一定になります。この例では、**logRw**, **Kw**, **L** の各変数がバイアスに対して影響を及ぼしていることがわかります。

図 22.23 試錘孔の Gauss 過程モデルのバイアスのプロファイル (Y 軸を -40 から 20 に設定)



このプロファイルを使って、領域全体の予測バイアスの範囲を調べることができます。最小バイアスと最大バイアスの点を見つけるには、「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] > [満足度関数]** を選択してください。『プロファイル機能』を参照してください。計画点に対する予測バイアスを評価するには、**[分析] > [一変量の分布]** を選択して、一変量の分析を表示してください。

図 22.24 予測バイアスの一変量の分布



この例では真のモデルが既知である点に留意してください。応用の場面では、どのような因子設定においても、真のモデルは未知であるのが普通です。なお、実験データの各データ点における予測バイアスは、計画領域全体でのバイアスを過小評価する傾向があります。

Space Filling 計画の統計的詳細

以下の節では、Space Filling 計画（空間充填計画）について詳しく解説します。

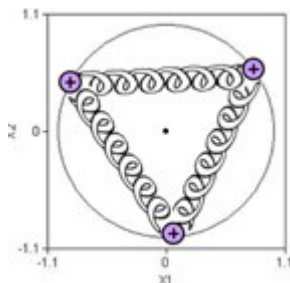
- 「最小ポテンシャル」
- 「最大エントロピー」

- 「Gauss 過程 IMSE」
- 「高速柔軟充填計画の詳細」

最小ポテンシャル

最小ポテンシャル計画は、球の中で点を拡散させます。この計画の仕組みを理解するために、図 22.25 のように、各点を互いにバネでつながった電子とみなしてください。クーロン力が点を引き離そうとしますが、バネの力が互いをつなぎ止めています。最小ポテンシャル法は、システムのポテンシャルエネルギーが最小になるように計画点を配置します。

図 22.25 最小ポテンシャル計画



最大エントロピー

最大エントロピー計画は、該当の計画における Shannon の情報量 (Shewry and Wynn (1987)) を最大化します。その際、データは平均値 $\mathbf{m}$ 、分散行列 $\mathbf{s}^2 \mathbf{R}$ の正規分布に従うと仮定されます。ここで、

$$R_{ij} = \exp\left(-\sum_k \theta_k (x_{ik} - x_{jk})^2\right)$$

は、2つの計画点、 x_i および x_j における応答値の相関を示します。最大エントロピー計画を求める計算では、計画から計算される相関行列の行列式である $|\mathbf{R}|$ を最大化します。 x_i と x_j が遠く離れている場合、 $\mathbf{R}_{ij}$ は 0 に近くなります。 x_i と x_j が互いに近い場合、 $\mathbf{R}_{ij}$ は 1 に近くなります。

Gauss 過程 IMSE

Gauss 過程 IMSE 最適計画は、特定の相関構造をもつ Gauss 過程モデルを仮定します。その相関構造は、共分散パラメータベクトルによって定義されます。JMP の Gauss 過程 IMSE 最適計画での相関構造では、1 因子ごとに θ の値があります。この θ は、0 のとき相関が 1 となり、あてはめた曲面がその因子の方向について平面となります。 θ が増加するに従って、相関は減少し、曲面がその因子の方向で大きく変化するようになります。

「共分散パラメータベクトル」セクションで、「 θ 」の下に、事前にわかっている曲面情報に基づいて、 θ の値を入力してください。

高速柔軟充填計画の詳細

FFF最適化基準

「Space Filling計画」の赤い三角ボタンのメニューを開くと、「FFF最適化基準」のサブメニューで最適化基準が選択できます。

連続尺度の因子でMaxPro 連続尺度の因子の数を p 、指定の実験回数を n とした場合、「MaxPro」は、次の基準を最小にする点を各クラスターから1つ取り出します。

$$C_{MaxPro} = \sum_i^{n-1} \sum_{j=i+1}^n \left[\frac{1}{\prod_{k=1}^p (x_{ik} - x_{jk})^2} \right]$$

MaxPro基準では、すべての因子を考慮して、点間の距離の積を最大にしようとします。この基準を最適化すると、因子の射影に関して、空間充填の良い性質をもつようになります。Joseph et al. (2015) を参照してください。「MaxPro」オプションはデフォルトで選択されています。

連続尺度でない因子を使った計画のMaxPro 連続尺度でない因子を使った計画の場合、「MaxPro」は、Joseph et al. (2020) の手法に従います。連続尺度の因子の数を p_1 、連続尺度でない因子の数を p_2 、離散数値の因子 k の水準数を m 、指定の実験回数を n とした場合、「MaxPro」は、次の基準を最小にする点を各クラスターから1つ取り出します。

$$C_{MaxPro} = \sum_i^{n-1} \sum_{j=i+1}^n \left[\frac{1}{\prod_{k=1}^{p_1} (x_{ik} - x_{jk})^2 \prod_{k=1}^{p_2} \left\{ |\mu_{ik} - \mu_{jk}| + \frac{1}{m_k} \right\}^2} \right]$$

重心法 この手法は、各クラスターの重心に計画点を置きます。計画空間内における任意の点から、最近隣の実験点までの平均距離が他の計画より小さくなる特性を持ちます。

メモ: 常に使用する最適化基準が決まっている場合は、環境設定で固定しておくことができます。それには、「[ファイル] > [環境設定] > [プラットフォーム] > [実験計画(DOE)]」を選択します。そして、「FFF最適化基準」を選択し、該当するオプションを選択します。

カテゴリカルな因子

カテゴリカルな因子の場合は、以下のアルゴリズムに従います。

- このアルゴリズムの目的は、カテゴリカルな因子の水準から構成される各組み合わせに対して、計画点が均等に割り当てられることです。水準の組み合わせが m 種類あり、各組み合わせに k 個の計画点を均等に割り当てるとします。
- 連続変数に関して、その計画空間の領域内に、大量の点を乱数で生成します。そして、それらの点を、まず、 k 個のクラスターに分けます（ここでは、このクラスターを「第1クラスター」と呼びます）。
- k 個の第1クラスターのそれぞれを、さらに m 個のクラスターに分割します（ここでは、これらのさらに分割されたクラスターを「第2クラスター」と呼びます）。
- それぞれの第1クラスター内で、 m 個の第2クラスターから、[FFF 最適化基準] で選択された基準を使って計画点を選び出します。
- そして、 k 個ある第1クラスターそれぞれにおいて、 m 個ある組み合わせのうちの1つずつを、 m 個の第2クラスターの計画点のいずれかにランダムに割り当てます。これにより、全部で km 個の計画点となります。
- k 個の第1クラスターのそれぞれにおいて、MaxPro 基準に従って、 m 個ある組み合わせの1つずつに、1つの計画点を選択されます。その際、カテゴリカル因子の同一水準にある点に MaxPro カテゴリの重みが掛けられます。（MaxPro カテゴリの重みについては、「[Space Filling 計画のオプション](#)」を参照してください。）この手順が、 k 個の第1クラスターのすべてで10回、または、特定の計画点を変更しても改善が見られなくなるまで、続行されます。

高速柔軟充填計画の平均クラスターサイズの設定

[平均クラスターサイズの設定] オプションを使うと、1クラスターあたり（すなわち、1つの実験点あたり）における、一様乱数の平均個数を指定できます。このオプションは、「Space Filling 計画」の赤い三角ボタンのメニューにある「詳細オプション」の下にあります。

デフォルトでは、実験回数が200以下の場合、全部で10,000個の一様乱数が、クラスターアルゴリズムで使用されます。実験回数が200を超えた場合、デフォルトでは、1つの実験点あたりにつき50個の一様乱数が使用されます。因子数が多い場合や、許可しない組み合わせによりクラスターアルゴリズムで使用する点の分布が制約を受けてしまう場合に、この値を増やすと特に便利です。

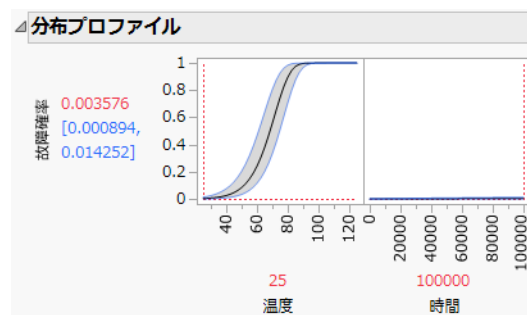
メモ: 因子数や実験回数によって、1つの実験点あたりの一様乱数の平均個数を増やしたい場合があります。その場合は、「詳細オプション」>「平均クラスターサイズの設定」を選択してください。

第 23 章

加速寿命試験計画 加速寿命試験の実験計画

「加速寿命試験計画」プラットフォームを使用すると、加速寿命試験（ALT; accelerated life testing）の実験計画を作成できます。製品の信頼性が非常に高いと、通常の使用条件では、故障がなかなか発生せず、故障が起こるまでにとてつもない時間がかかります。そこで、通常の使用条件より過酷な条件で製品を試験することが行われます。過酷な条件で製品を試験すると、製品が速く劣化し、より短時間で故障しやすくなります。そのような過酷な条件での故障データを得た後は、通常の使用条件での製品の故障確率を予測します。「加速寿命試験計画」プラットフォームは、新たな試験を計画したり、既存の試験に対する追加試験を計画したりできます。

図 23.1 加速寿命試験の故障確率を示すプロファイル



目次

加速寿命試験計画の概要..... 623

加速寿命試験計画の例 623

加速寿命試験計画の作成..... 625

 加速寿命試験の加速因子を指定する 626

 事前確率の指定 627

 加速寿命試験計画の設定の確認・変更 628

 加速寿命試験計画の作成と評価..... 629

 計画のデータテーブルの作成..... 631

加速寿命試験計画のオプション 632

加速寿命試験計画の別例..... 633

 加速寿命試験計画の事前確率を推定する例..... 633

 加速寿命試験を拡張する例 641

「加速寿命試験計画」プラットフォームの統計的詳細 645

 加速寿命試験計画の故障分布..... 645

 R精度係数 (95% 信頼区間) 646

 加速寿命試験の最適化基準 647

加速寿命試験計画の概要

通常の使用条件では製品がまず故障しない場合には、加速寿命試験が行われています。加速寿命試験では、通常よりも過酷な条件で製品を試験します。そうすることで、故障するまでの時間を短くします。そのような過酷な条件での故障データに基づいて、通常の使用条件での製品の故障確率を予測します。

このような通常よりも過酷な条件での寿命試験は、**加速寿命試験**（ALT; accelerated life testing）と呼ばれています。また、故障を加速させるような水準に設定した因子を**加速因子**と呼びます。通常、加速寿命試験のモデルは非線形モデルです。非線形モデルの詳細については、「[非線形モデルの統計的詳細](#)」を参照してください。

「加速寿命試験計画」プラットフォームは、1つまたは2つの加速因子に関する試験を計画できます。その際、D-最適基準・分位点推定最適基準・故障確率推定最適基準に基づいて最適な計画を作成できます。

加速寿命試験計画を作成するには、加速寿命モデルのパラメータ値を指定する必要があります。それまでの知識に基づいてパラメータ値を指定してください。パラメータ値の確かな情報が手元にない場合は、パラメータ値に対する不確定性を表すために事前分布（多変量正規分布の事前分布）も指定できます。

また、「加速寿命試験計画」プラットフォームでは、既存の試験に対して追加の試験を計画することもできます。そこでは、推定値の分散を小さくするように、追加の試験を計画することができます。

加速寿命試験計画の例

「加速寿命試験計画」プラットフォームを使って1因子の加速寿命試験計画を作成します。

1. **「実験計画(DOE)」 > 「特殊な目的」 > 「加速寿命試験計画」**を選択します。

デフォルトで**「1因子」**が選択されています。

2. **「因子名」**の下**「X1」**をクリックし、「**温度**」と入力します。

「水準数」はデフォルトのまま**「3」**に設定します。

3. **「因子の変換」**は、デフォルトで**「Arrhenius 摂氏」**に設定されます。

4. **「最低使用条件」**と**「最高使用条件」**の両方に**「10」**と入力します。

最低使用条件と最高使用条件の両方を**「10」**と設定した場合、**「10」**が通常の使用条件となります。

5. **「最低試験条件」**に**「40」**、**「最高試験条件」**に**「80」**と入力します。

6. **「続行」**をクリックします。

事前の知識に基づいて確率分布（対数正規分布もしくはWeibull分布のいずれか）、推定パラメータ、加速パラメータの初期値を指定します。

7. **Weibull**分布を選択します。

8. **「分位点を指定」**を選択し、与えられた時間および加速因子の値における故障確率を入力します。この情報に基づいて切片が計算されます。

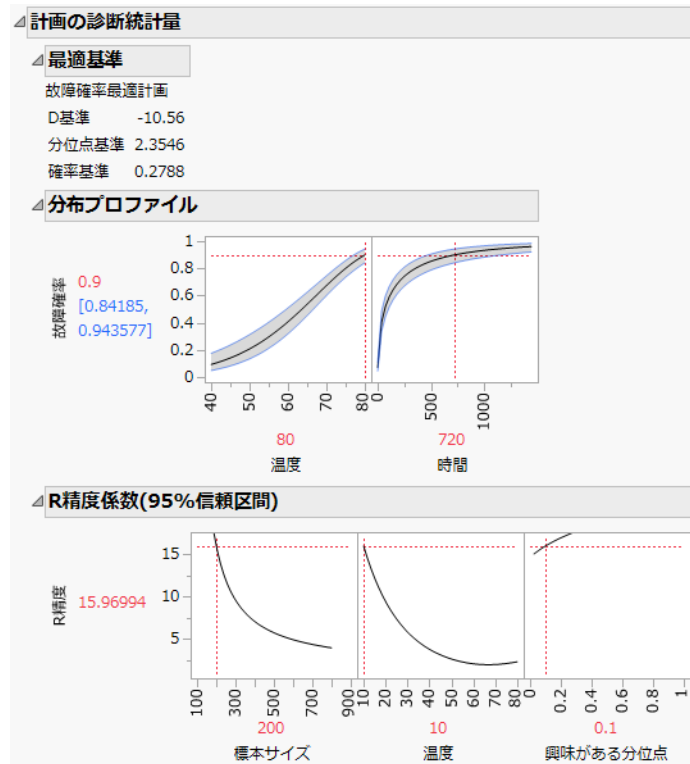
9. 活性化エネルギーと $1/\beta$ のデフォルト値をそのまま使用します。
- 以前の実験の結果から考えると、最高試験条件下では、720 時間以内に 90% のユニットが故障すると見込まれます。
10. 「期待故障確率」に「0.9」と入力します。
11. 「時間」に「720」（1ヶ月）と入力します。
12. 「温度の値」に「80」と入力します。
13. [続行] をクリックします。
14. 「加速寿命試験計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[ALT 最適化基準] > [故障確率最適計画の作成] を選択します。
15. 「興味がある時間範囲」を 9,000～17,000（1年～2年）に設定します。
16. 「観察の方法」を「連続して観測」のままにします。
17. 「試験で用いるユニットの総数」に「200」と入力します。
18. 「試験期間」に「720」（30日）と入力します。
19. [計画の作成] をクリックします。
- 「最適計画」では、低温に 31 ユニット、中温に 68 ユニット、高温に 101 ユニットが割り振られています。

図 23.2 最適計画

最適計画				
温度	ユニット数	期待故障数	全打ち切りの確率	故障確率
40	31	2.9	0.0	0.09
60	68	27.8	0.0	0.41
80	101	90.9	0.0	0.9

寿命試験を実施する前に、計画の診断統計量を使って計画を評価します。

図 23.3 計画の診断統計量



分布プロファイルは、期待される故障確率を示します。計画の設定通り、プロファイルの温度は80度、時間は720になっています。計画を変更すると故障確率がどのように変化するかを調べてみましょう。推定値を挟んで表示されている範囲の幅を見ると、試験計画に関して予測される不確実性の大きさがわかります。

「R精度係数」のプロファイルでは、さまざまな標本サイズ・加速因子・分位点に対する推定精度を知ることができます。このプロファイルからは、特定の標本サイズで加速寿命試験を行った場合の推定精度がわかります。試験ユニットの数を200から400に増やせるなら、推定精度が良くなります（R精度係数が小さくなります）。

加速寿命試験計画の作成

加速寿命試験計画（ALT計画）を作成するには、[実験計画(DOE)] > [特殊な目的] > [加速寿命試験計画]を選択します。

「加速寿命試験計画」は、計画の指定を進めるにつれて更新されていきます。

- 「加速寿命試験の加速因子を指定する」
- 「事前確率の指定」

- 「加速寿命試験計画の設定の確認・変更」
- 「加速寿命試験計画の作成と評価」
- 「計画のデータテーブルの作成」

加速寿命試験の加速因子を指定する

加速寿命試験計画の最初のステップでは、加速因子と計画の種類を定義します。

図 23.4 最初に表示される「加速寿命試験計画」ウィンドウ

加速寿命試験計画

因子

加速因子の個数

☒ 1 因子

☐ 2 因子

因子名	水準数	因子の変換	最低使用条件	最高使用条件	最低試験条件	最高試験条件
X1	3	Arrhenius 摂氏	20	30	90	110

続行

加速因子の個数

1 因子 1 因子の計画を作成する場合に選択します。

2 因子 2 因子の計画を作成する場合に選択します。

交互作用項を含める (2 因子のモデルでのみ使用できます。)交互作用項を含める場合に選択します。

因子名 加速因子の名前を入力します。

水準数 加速因子ごとに、試験に含める水準数を入力します。

因子の変換 加速因子ごとに変換で用いる関数を選択します。この変換で用いる関数には、寿命分布が加速因子によって変化するというモデルにおける、寿命分布と加速因子との関係を指定します。変換方法には、[Arrhenius 摂氏]・[逆数]・[対数]・[平方根]・[線形] があります。

最低使用条件 各加速因子に対して、通常の使用条件での下限値を設定します。

最高使用条件 各加速因子に対して、通常の使用条件での上限値を設定します。

メモ: 「最低使用条件」と「最高使用条件」には、同じ値を設定することができます。使用条件が1つしかない場合は、その使用条件を「最低使用条件」と「最高使用条件」の両方に指定してください。

最低試験条件 各加速因子に対して、試験条件の下限値を入力します。

最高試験条件 各加速因子に対して、試験条件の上限値を入力します。

メモ: 最低試験条件と最高試験条件は、計画における加速因子の下限と上限となります。初期の設定では、最低試験条件から最高試験条件までを範囲として等間隔に並ぶような水準が設定されます。これらの初期設定の水準は、計画を作成する前に変更できます。

事前確率の指定

加速寿命試験の因子の分布と、モデルパラメータの事前推定値を指定します。

図 23.5 事前分布の設定

事前分布の設定

分布の選択

☐ 対数正規

☒ Weibull

事前平均

☒ 切片を指定

☐ 分位点を指定

	効果	事前平均
	切片	-40.000
活性化エネルギー(X1)		1.50000
1/β		2.00000

☐ 事前分布のばらつきを指定

続行

分布の選択 寿命の分布として、対数正規分布または Weibull 分布を選びます。「[「加速寿命試験計画」プラットフォームの統計的詳細](#)」を参照してください。

事前平均 加速寿命モデルにおけるパラメータの事前分布の平均を入力します。ここで設定される値は、Bayes 流モデルにおける事前分布のハイパーパラメータ値です。「事前平均」の値には、事前の知識に基づいて、現段階で想定される最も適切な値、もしくは以前の実験から得られた推定値を指定します。

切片を指定 切片を含むモデルのパラメータ値を入力します。

分位点を指定 与えられた時間および加速因子の値における故障確率を入力します。この情報に基づいて切片が計算されます。

事前分布のばらつきを指定 このオプションを選択すると、加速寿命モデルにおけるパラメータの事前分布の標準誤差と相関を入力することができます。これらの標準誤差は、パラメータの不確定性を反映しています。

メモ: 事前分布のばらつきを指定しない場合、事前平均の値を真のパラメータ値とみなして計画が作成されます。この計画は、指定した事前平均パラメータが真の値に一致している場合には、最適計画になります。しかし、この計画は、指定したパラメータ推定値が真の値から離れていることに関して、頑健（ロバスト）ではありません。事前推定値が不明な場合は、「事前分布のばらつきを指定」を使ってパラメータ値の不確定性を反映させてください。

加速寿命試験計画の設定の確認・変更

加速寿命試験（ALT）計画の設定が終わったら、計画の確認プロセスに進みます。

図 23.6 候補の実験数と設定

候補の実験数

X1	最小ユニット数	最大ユニット数
90	0	150
100	0	150
110	0	150

診断の設定

興味がある確率

計画の設定

観察の方法

☒ 連続して観測
 ☐ 区間ごとに観測

試験で用いるユニットの総数

試験期間

候補の実験数 「候補の実験数」アウトラインには、加速因子の水準ごとに、最小および最大のユニット数を入力します。既存の試験に追加試験を行う場合には、すでに実験済みのユニットの個数を、「最小ユニット数」列に水準ごとに入力します。

診断の設定 設定の選択肢は、計画の最適化基準によって異なります。計画の最適化基準は、[加速寿命試験計画] の赤い三角ボタンのメニューで指定できます。D-最適計画の場合、診断の設定は行いません。

興味がある時間範囲 （故障確率最適計画の場合のみ。）累積故障確率を求めたい時間を区間で入力します。左のボックスには下限値、右のボックスには上限値を入力します。ある1時点での累積故障確率を求める場合には、両方のボックスに同じ値を入力してください。

興味がある確率 （分位点最適計画の場合のみ。）故障時間を求めたい累積故障確率を入力します。たとえば、10%のユニットが故障するまでの時間を推定したい場合は、「0.10」と入力します。

計画の設定 試験期間、観測時点、試験に用いるユニット数を示す値を入力します。

観察の方法 「連続して観測」または「区間ごとに観測」を選択します。

連続して観測 正確な故障時間を観測する場合に選択します。なお、試験期間を越える故障時間は右側打ち切りとみなされます。

区間ごとに観測 どの時点で故障が生じているかを観測するのに、幅をもった区間ごとに観測する場合は、このオプションを選択します。この場合、故障時間は区間打ち切りとみなされます。このオプションを選択した場合は、観測回数、初回の観測時点、観測時点の間隔も指定してください。観測区間が一定ではない場合には、後で「計画の設定」で観測時点を変更してください。

試験で用いるユニットの総数 実験において用いるユニット数。

- 新たな試験を計画する場合には、試験に用いるユニット数を入力してください。
- 既存の試験に追加試験を行う場合には、前回の実験で試験したユニット数に、今回のユニット数を加算したユニット数を入力してください。

試験期間 （「連続して観測」を選択した場合のみ。）ユニットを試験する期間の長さを入力します。この試験では、各ユニットについて、故障時間、および、右側打ち切りであるか否かをデータとして記録して下さい。

観測時点 （「区間ごとに観測」を選択した場合のみ。）観測を実施する時点を入力します。「区間ごとに観測」の試験データを分析するときには、これらの観測時点が区間打ち切りデータの**下限と上限**として扱われます。そして、各区間で故障したユニット数を記録してください。

加速寿命試験計画の作成と評価

加速寿命試験計画（ALT計画）の設定が終了したら、**「計画の作成」**をクリックして最適計画を作成します。比較のために、釣合い型計画も作成されます。「計画」レポートと、作成された加速寿命試験計画の評価に役立つ「計画の診断統計量」レポートが表示されます。

メモ：デフォルトの最適計画は、分位点最適計画です。最適化基準を変更するには、**「加速寿命試験計画」**の赤い三角ボタンをクリックし、**「ALT最適化基準」**を選択します。

計画の審査

「計画」レポートには、最適計画だけでなく釣合い型計画もあります。最適計画は、故障確率の推定値が最良になるようにユニットを割り振った計画です。2つの計画の分散推定値を比較することで、釣合い型計画より実施方法が複雑な最適計画に、採用する価値があるかどうかを判断します。

図 23.7 加速寿命試験の「計画」セクション

計画				
釣合い型計画				
X1	ユニット数	期待故障数	全打ち切りの確率	故障確率
90	50	22.5	0.0	0.45
100	50	34.0	0.0	0.68
110	50	43.8	0.0	0.88
釣合い型計画でのパラメータ分散				
効果	切片	X1	1/β	
切片	96.9041	-3.133	-0.4733	
X1		0.10133	0.01542	
1/β			0.03054	
最適計画				
X1	ユニット数	期待故障数	全打ち切りの確率	故障確率
90	61	27.5	0.0	0.45
100	0	0.0	0.0	0.68
110	89	78.0	0.0	0.88
最適計画でのパラメータ分散				
効果	切片	X1	1/β	
切片	73.7305	-2.3992	-0.4417	
X1		0.07811	0.01441	
1/β			0.02811	

計画 釣合い型計画の表と最適計画の表があります。1 因子の場合には最初の 1 列に、2 因子の場合には最初の 2 列に、因子水準が表示されます。

ユニット数 加速因子の水準の組み合わせごとに、試験に用いるユニット数。

期待故障数 指定した計画の設定における故障数の期待値。故障数の期待値は、指定された事前モデルに基づいて計算されます。

全打ち切りの確率 指定した加速因子の水準の組み合わせで試験されたユニットの故障数が 0 となる確率。この確率も、指定された事前モデルに基づいて計算されます。

故障確率 計画の設定で期待される故障確率。故障確率は、期待故障数を試験に用いるユニット数で割った値です。

メモ: 期待故障値と打ち切り確率は、指定した事前モデルが妥当なものかを判断する材料になります。

釣合い型計画でのパラメータ分散 釣合い型計画におけるパラメータ推定値の分散共分散行列に比例した行列。

モデル式をパラメータ θ について一次偏微分した行列を $\mathbf{X}$ とし、誤差分散を σ^2 とします。通常の条件で、 θ の最小 2 乗推定量は、漸近的には不偏であり、次の漸近的な分散共分散行列を持ちます。

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

「釣合い型計画でのパラメータ分散」は $(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-1}$ です。微分値は数値計算によって求められます。なお、この計算は、「事前平均」セクションで指定された値を真のパラメータ値とみなして行われます。

「[非線形モデルの統計的詳細](#)」を参照してください。

最適計画でのパラメータ分散 最適計画における、パラメータ推定値の分散共分散行列に比例した行列。なお、この計算は、「事前平均」セクションで指定された値を真のパラメータ値とみなして行われます。

メモ:「最適計画でのパラメータ分散」行列を、「釣合い型計画でのパラメータ分散」行列と比較すれば、最適計画で推定値の分散がどの程度小さくするかが判断できます。

計画の診断統計量の審査

「計画の診断統計量」レポートは、最適化基準・プロファイル・シミュレータで構成されています。

最適化基準 3つの最適化基準の値が表示されます。

D基準 D-最適化基準。「[D-最適計画の作成](#)」を参照してください。

分位点基準 分位点に関するI-最適化基準。「[分位点最適計画の作成](#)」を参照してください。

確率基準 故障確率に関するI-最適化基準。「[故障確率最適計画の作成](#)」を参照してください。

分布プロファイル 最適計画に基づいて、指定された加速因子と時間に対する故障確率が求められます。これらの故障確率は、事前平均で指定された値を真のパラメータ値として計算しています。

R精度係数(95%信頼区間) 標本サイズ、因子の水準、興味がある分位点のR精度に及ぼす影響を調べるプロファイル。「R精度係数(95%信頼区間)」は、興味がある分位点の95%信頼区間の幅に関する指標です。

シミュレータ シミュレータを使うと、データの収集前に加速モデルを検討することができます。

シミュレーション回数 実行するシミュレーションの回数。

シミュレーション 興味がある確率 分位点について、興味がある故障確率。

シミュレーション設定:X = 加速因子における使用条件の値。

シミュレーション実行 要約統計量の表とモデルのあてはめをシミュレートしたプロットが作成されます。

戻る 計画の設定に戻って変更を加えることができます。

計画のデータテーブルの作成

加速寿命試験計画(ALT計画)の設定が完了したら、試験計画とデータテーブルを作成します。

試験案の作成 計画の設定を各列に含んだデータテーブルを作成します。このデータテーブルには、計画の設定と、その設定でのユニット数が表示されます。

テーブルの作成 故障時間を記録するのに利用できるデータテーブルを作成します。

- [連続して観測] の場合、データテーブルの1行は1つのユニットを示し、1行ごとにそのユニットの因子設定が含まれます。ユニットが試験期間内で故障を観察できた場合には、故障時間を「故障時間」列に記録し、「打ち切り」列に「0」を入力します。ユニットが試験期間内に故障しなかった場合は、試験期間を「故障時間」列に記録し、「打ち切り」列に「1」を入力します。
- [区間ごとに観測] の場合、データテーブルの各行は、因子設定と時間区間とを組み合わせたものになっています。時間区間には、「計画の設定」の「観測時点」に基づいて、「区間の下限」と「区間の上限」列で構成されます。各因子設定と時間区間ごとに、「故障数」列に故障したユニット数を記録してください。

加速寿命試験計画のオプション

「加速寿命試験計画」の赤い三角ボタンのメニューには、次のオプションが表示されます。

応答のシミュレート [テーブルの作成] をクリックしたときに、乱数シミュレーションによって生成された故障時間がデータテーブルに追加されます。「事前平均」で指定されたパラメータ値の確率分布から乱数を生成して、故障時間が作成されます。シミュレートした故障時間が指定した試験期間を越えた場合には、その値は試験期間の長さで打ち切られます。

ALT 最適化基準

D-最適計画の作成 モンテカルロ球体数が0より大きい場合は、Bayes 流のD-最適計画を作成します。最適化基準は、指定された事前分布から計算される、情報量行列の行列式の対数の、期待値です。モンテカルロ球体数が0の場合は、局所D-最適計画を作成します。D-最適計画では、パラメータの推定精度に重点を置きます。

分位点最適計画の作成 デフォルトの最適化基準。指定の使用条件かつ指定の累積確率における分位点推定値の分散を最小化するような計画を作成します。

故障確率最適計画の作成 指定の使用条件かつ指定の時間範囲内での故障確率推定値の分散を最小化するような計画を作成します。

詳細オプション

モンテカルロ球体数 数値積分に使用される半径の個数を設定できます。JMPは、特定の最適化基準を最適化する非線形計画を見つけるために、Fisher 情報量行列の行列式の対数をパラメータの事前分布に関して積分し、その値を最小化します。このような積分は、数値計算によって求められます。数値積分がどのように行われるかについては、「[非線形計画のオプション](#)」を参照してください。

ヒント: [モンテカルロ球体数] は、デフォルトで「4」に設定されます。[モンテカルロ球体数] が多いほど、数値的な精度が高まりますが、計算時間は長くなります。

スクリプトをスクリプトウィンドウに保存 「加速寿命試験計画」ウィンドウで指定した計画からスクリプトを作成し、スクリプトウィンドウに表示します。

加速寿命試験計画の別例

- 「[加速寿命試験計画の事前確率を推定する例](#)」
- 「[加速寿命試験を拡張する例](#)」

加速寿命試験計画の事前確率を推定する例

この例では、ある機械部品の加速寿命試験計画として、故障確率最適計画を作成します。加速因子はトルクで、通常の使用応力は35Nm（ニュートンメートル）です。この試験の加速因子は、この1因子だけです。通常の使用応力においてユニットの10%が故障する寿命を推定したいとしましょう。そこで、故障確率を最適化する加速寿命試験計画を作成することにします。

この加速寿命試験を計画するにあたり、次のような条件や仮定を置きます。

- 合計100個のユニットを試験に使用できる。
- 寿命の確率分布にはWeibull分布を仮定する。
- 寿命と応力の関係は対数変換によって定義されると仮定する。
- トルクを50Nm, 75Nm, 100Nmの3つの応力レベルで試験する。
- これらの試験水準での故障時間の事前推定値が求められている。「[事前推定値の取得](#)」を参照してください。
- 試験は5,000サイクル実施する。
- 連続的に故障を監視する。つまり、正確な故障時間を得る。

事前推定値の取得

加速寿命試験計画を作成するには、パラメータ値の事前分布を指定する必要があります。次のような方法で、想定する事前分布を設定できるでしょう。

1. 故障メカニズムの知識に基づき、各応力水準に対する故障時間の仮想データを作成します。生じる可能性の高いと考えられる、小規模なデータを作成してください。
2. 「寿命の二変量」プラットフォームによって、加速寿命モデルをあてはめ、モデルパラメータの推定値を求めます。
3. 「加速寿命試験計画」プラットフォームにおいて、この推定値を事前推定値に指定します。

ここでは、釣合い型計画での故障サイクル数の仮想値を含むデータテーブルを使い、上記の方法を実行します。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Torque Prior.jmp」を開きます。
2. [分析] > [信頼性/生存時間分析] > [寿命の二変量] を選択します。
3. [サイクル] を [Y, イベントまでの時間] に指定します。
4. [トルク] を [X] に指定します。
5. 「関係」リストから [対数] を選択します。
6. 「使用条件」として「35」を入力します。35Nmは通常の使用条件です。
7. 「分布」リストから、[Weibull] を選択します。

図23.8「寿命の二変量」起動ウィンドウ

単一の説明変数に基づく寿命分布のモデル化。

列の選択

▼ 2列

▲ トルク

▲ サイクル

打ち切りの値:

関係

対数 ▼

☒ 包含モデルの検定

使用条件

分布

Weibull ▼

信頼区間の方法

Wald ▼

選択した列に役割を割り当てる

Y, イベントまでの時間	▲ サイクル オプション(数値)
X	▲ トルク オプション
打ち切り	オプション
度数	オプション(数値)
By	オプション

アクション

OK

キャンセル

削除

前回の設定

ヘルプ

8. [OK] をクリックします。
9. 「Weibull結果」までスクロールダウンし、「相関行列」を開きます。

図 23.10 入力を完了した加速寿命試験計画のウィンドウ

加速寿命試験計画

因子

加速因子の個数

☒ 1因子

☐ 2因子

因子名	水準数	因子の変換	最低使用条件	最高使用条件	最低試験条件	最高試験条件
トルク	3	対数	35	35	50	100

続行

6. [続行] をクリックします。

事前分布の設定の入力

1. 「加速寿命試験計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[ALT 最適化基準] > [故障確率最適計画の作成] を選択します。

2. 「分布の選択」で [Weibull] が選択されていることを確認します。

1. 「事前平均」の下で [切片を指定] を選択し、「寿命の二変量」プラットフォームで仮想データを使って求めた加速寿命モデルの事前パラメータ推定値を入力します。

– 「切片」に「15.88」と入力します。

– 「べき乗 (トルク)」として「-1.87」を入力します。

– 「 $1/\beta$ 」(Weibull モデルの尺度パラメータ)として「0.05」を入力します。

2. [事前分布のばらつきを指定] を選択します。

3. 事前加速モデルの標準誤差と相関の推定値を入力します。「事前分布のばらつき」の入力を終わると、[図 23.11](#) のようになります。

図 23.11 入力後の「事前分布の設定」

加速寿命試験計画

因子

事前分布の設定

分布の選択

☐ 対数正規

☒ Weibull

事前平均

☒ 切片を指定

☐ 分位点を指定

効果	事前平均
切片	15.8800
べき乗(トルク)	-1.8700
1/β	0.05000

☒ 事前分布のばらつきを指定

事前分布のばらつき

効果	事前標準誤差	事前相関	
切片	0.214	トルク	1/β
べき乗(トルク)	0.05	-0.9975	-0.0635
1/β	0.01		0.04130

4. [続行] をクリックします。

「トルク水準値」が50, 75, 100に設定されています。

メモ: これは、低い方の試験条件から高い方の試験条件までを範囲として等間隔に並ぶように自動計算された値です。水準は変更できます。

試験は5,000サイクル実施する予定です。しかし、10,000サイクルでの予測値を取得したいと考えています。

- 「診断の設定」で、「興味がある時間範囲」の両方のボックスに「10000」と入力します。
- 「計画の設定」では、「観察の方法」が「連続して観測」になっていることを確認します。
- 「試験で用いるユニットの総数」に「100」と入力します。
- 「試験期間」に「5000」と入力します。

図 23.12 入力後の「診断の設定」と「計画の設定」

加速寿命試験計画

因子

事前分布の設定

候補の実験数

トルク	最小ユニット数	最大ユニット数
50	0	150
75	0	150
100	0	150

診断の設定

興味がある時間範囲

計画の設定

観察の方法

☒ 連続して観測
☐ 区間ごとに観測

試験で用いるユニットの総数

試験期間

計画の作成

計画の作成

次に、計画を生成します。

1. 「計画の作成」をクリックします。

図 23.13 ALT 計画

計画

釣合い型計画

トルク	ユニット数	期待故障数	全打ち切りの確率	故障確率
50	33	10.6	0.0	0.32
75	34	34.0	0.0	1
100	33	33.0	0.0	1

釣合い型計画でのパラメータ分散

効果	切片	トルク	1/β
切片	0.00952	-0.0022	8.52e-5
トルク		0.0005	-2e-5
1/β			1.58e-5

最適計画

トルク	ユニット数	期待故障数	全打ち切りの確率	故障確率
50	81	26.1	0.0	0.32
75	0	0.0	0.0	1
100	19	19.0	0.0	1

最適計画でのパラメータ分散

効果	切片	トルク	1/β
切片	0.00872	-0.002	0.00021
トルク		0.00048	-4.8e-5
1/β			2.62e-5

「計画」レポートが作成され、釣合い型計画と最適計画のパラメータの分散行列が表示されます。2つの計画のパラメータ分散推定値を比較すると、最も大きな差は、 $1/\beta$ の推定値にあることがわかります。重要な違いは、最適計画ではトルクの設定が2つしか必要でないという点です。

最適計画は、実験の回数、試験で用いるユニット数、および、その他の事前指定情報に基づいて算出されます。最適計画では、トルクの各水準において、試験で用いるユニット数は次のようになります。

- 50Nmで82ユニット
- 75Nmで0ユニット
- 100Nmで18ユニット

計画の診断統計量

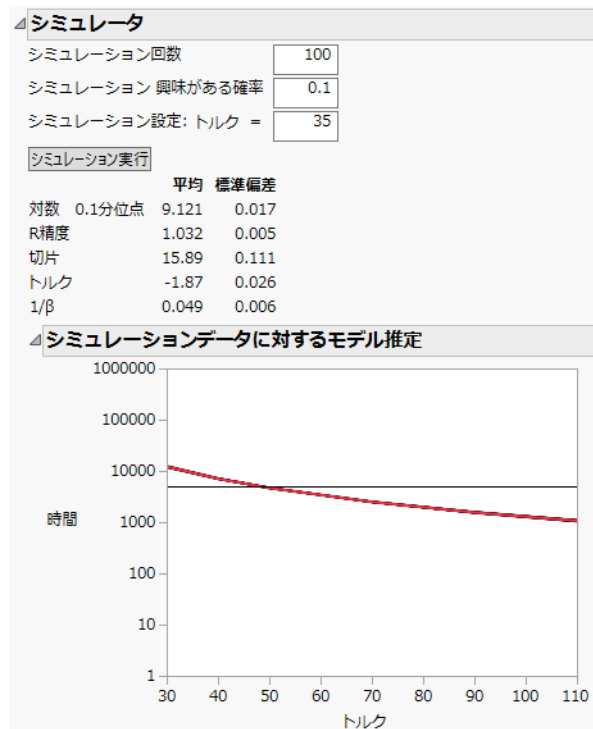
「計画の診断統計量」レポートには、最適計画の最適基準、分布プロファイル、R精度係数のプロファイルが表示されます。R精度係数のプロファイルを見ると、3つの入力値の間にほとんどばらつきがありません。これは、100ユニットで最適計画で得る結果は、推定精度が良いだろうことを示唆しています。

シミュレーション実行

作成した加速寿命試験計画を、シミュレータで評価してみましょう。シミュレータを使って試験計画の作成に使用した仮定に基づき、計画の結果をシミュレートします。これにより、試験計画を実施する前に、計画が十分であるかどうかを評価することができます。

1. 「シミュレーション回数」として「100」を入力します。
2. 「シミュレーション 興味がある確率」として「0.1」を入力します。
3. 「シミュレーション設定: トルク =」として「35」を入力します。
4. [シミュレーション実行] をクリックして実験の100回のシミュレーションを実行します。これにより、試験しようとしているユニット数（ここでは100）が十分かどうかを、計画で用いた事前の仮定に基づいて判断することができます。

図 23.14 シミュレーションの結果



シミュレーションであてはめられたモデルを見ると、100回のシミュレーションがすべて平均を示す赤い曲線の近くに位置しています。Y軸には対数スケールを使用しています。

5. 虫めがねツールを使って通常の使用条件が35のあたりでモデルを確認してみます。場合によっては、Y軸のスケールを対数から線形に変更すると見やすくなります。Y軸をダブルクリックし、「種類」メニューから[線形]を選択して[OK]をクリックします。

通常の使用条件における推定値にはばらつきがあります。シミュレーションの結果によって、作成した加速寿命試験案が適切かどうかを判断できます。推定値のばらつきが大きすぎる場合は、試験に用いるユニットの数を増やすか、試験条件を調整してください。

計画の保存

試験案を作成し、データテーブルに保存します。

1. [試験案の作成] をクリックすると、計画の要約がデータテーブルに保存されます。このデータテーブルは、計画を要約したものです。
2. [テーブルの作成] をクリックすると、計画がデータテーブルに保存されます。このテーブルには、1つのユニットごとに1行、計100行が含まれます。

加速寿命試験を拡張する例

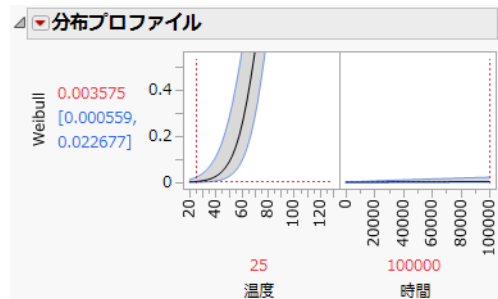
「加速寿命試験計画」プラットフォームを使い、既存の試験データに基づいて新たな試験を追加する方法を紹介します。この例では、150個のコンデンサを3つの温度条件下（摂氏85度・105度・125度）で1,500時間試験しました。試験結果から得られたモデルに基づき、通常の使用温度条件下（摂氏25度）で100,000時間試験した場合の累積故障確率を推定します。

メモ：データテーブルの行数は88です。度数列は、150回の測定を対象としています。

現在の予測値の検討

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Reliability」フォルダ内の「Capacitor ALT.jmp」を開きます。
2. 緑の三角ボタンをクリックし、「寿命の二変量」テーブルスクリプトを実行します。
3. 「比較」セクションの「分布」タブにある「分布プロファイル」において、因子設定を変更します。
 - 「温度」の上の「105」をクリックし、「25」に変更します。
 - 「時間」の上の「750.5」をクリックし、「100,000」に変更します。

図23.15 コンデンサモデルの「分布プロファイル」



現在のデータに基づく、コンデンサを25度で100,000時間使用した場合の累積故障確率の点推定値は0.003575、95%信頼区間は0.00056から0.02268となりました。ここで、累積故障確率をより精確に推定したいとしましょう。推定の精度を示す信頼区間の幅をより狭くするには、追加の試験を行うのがいいでしょう。

計画の拡張

累積故障確率のより精確な推定値を求めるために、追加試験を行うことにします。元の試験では、温度は85度・105度・125度に設定されていました。追加試験では、90度・110度・125度で試験することにします。これらの温度のうち、2つは新しい試験条件です。最適な追加試験を求めるには、次の手順を行います。

1. [実験計画(DOE)] > [特殊な目的] > [加速寿命試験計画] を選択します。
2. [1 因子] を選択します。
3. 「因子名」に「温度」と入力します。

4. 「水準数」に「5」と入力します。

追加試験では3水準の温度（90, 110, 125）のみを用いますが、元の試験で使用した水準も指定し、合計5水準にしなければなりません。「因子の変換」は、デフォルトで「Arrhenius 摂氏」に設定されます。

5. 「最低使用条件」と「最高使用条件」の両方に「25」と入力します。

6. 「最高試験条件」に「85」、「最低試験条件」に「125」と入力します。

7. 「続行」をクリックします。

8. 「分布の選択」で「Weibull」が選択されていることを確認します。

9. 「事前平均」で「切片を指定」を選択します。「寿命の二変量」の「推定値」セクションの加速モデルパラメータ（「Weibull 結果」レポートの「統計量」タブにある）を入力します。

図23.16 「Weibull 結果」のパラメータ推定値およびあてはめたモデル

推定値				
パラメータ	推定値	標準誤差	下側95%	上側95%
β_0	-35.19979	4.6912686	-44.39451	-26.00508
β_1	1.38896	0.1566362	1.08196	1.69597
σ	1.30471	0.1119128	1.08536	1.52405

$$\mu = -35.19979 + \frac{(1.388964 \cdot 11604.518122)}{(\text{温度} + 273.15)}$$

- 「切片」に「-35.200」と入力します。

- 「活性化エネルギー（温度）」に「1.389」と入力します。

これは活性化エネルギーに関する推定値で、ケルビンで測定された温度に Boltzmann 定数を掛けたものの逆数に対する回帰係数になっています。

- 「 $1/\beta$ 」に「1.305」と入力します。

Weibull 分布の加速寿命モデルにおいて、JMP では、位置パラメータ μ および尺度パラメータ σ によって分布が表現されています。通常の α および β のパラメータ化に対しては、尺度パラメータは $\sigma = 1/\beta$ になっています。「Weibull 分布」を参照してください。

「加速寿命試験計画」ウィンドウで、「事前分布のばらつきを指定」を選択すると、事前平均に対する不確定性を指定できます。この例では、事前分布のばらつきは指定しません。この例では、「事前平均」セクションで指定した値が真のパラメータ値であるという仮定のもとで作成することにします。

10. 「続行」をクリックします。

11. 「候補の実験数」で、「温度 水準値」に「85」・「90」・「105」・「110」・「125」と入力します。

3水準（85, 105, 125）は、元の試験で使用された値です。追加試験では、新しい2水準（90, 110）と、元の試験の1水準（125）で試験を行います。

メモ: このように、元の試験と追加試験のすべての水準を指定する必要があります。

12. 「候補の実験数」で、各温度（85, 105, 125）の「最小ユニット数」として「50」を入力します。これは、すでに実施した実験の数を示します。
13. 「計画の設定」で、「試験期間」に「1500」と入力します。
試験は、元の試験と同じく、1500時間以上実施されます。
14. 「試験で用いるユニット数」に「250」と入力します。
15. 前回の実験では150個のユニットを試験しましたが、追加実験でさらに100個試験するため、合計で250個になります。
16. 「加速寿命試験計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[ALT 最適化基準] > [故障確率最適計画の作成]を選択します。

この基準の詳細については、「故障確率最適計画の作成」を参照してください。

図 23.17 設定後の計画の詳細

加速寿命試験計画

因子

因子名	水準数	因子の変換	最低使用条件	最高使用条件	最低試験条件	最高試験条件
温度	5	Arrhenius 摂氏 ▾	25	25	85	125

事前分布の設定

分布の選択

☐ 対数正規
☒ Weibull

事前平均

☒ 切片を指定
☐ 分位点を指定

効果	事前平均
切片	-35.200
活性化エネルギー(温度)	1.38900
1/ β	1.30500

☐ 事前分布のばらつきを指定

候補の実験数

温度	最小ユニット数	最大ユニット数
85	50	250
90	0	250
105	50	250
110	0	250
125	50	250

診断の設定

興味がある時間範囲

計画の設定

観察の方法

☒ 連続して観測
☐ 区間ごとに観測

試験で用いるユニットの総数

試験期間

計画の作成

17. [計画の作成] をクリックします。

最適な試験計画が、他の結果とともに表示されます。

図 23.18 最適計画

計画				
温度	ユニット数	期待故障数	全打ち切りの確率	故障確率
85	50	6.9	0.0	0.14
90	58	12.3	0.0	0.21
105	50	30.0	0.0	0.6
110	0	0.0	0.0	0.75
125	92	91.2	0.0	0.99

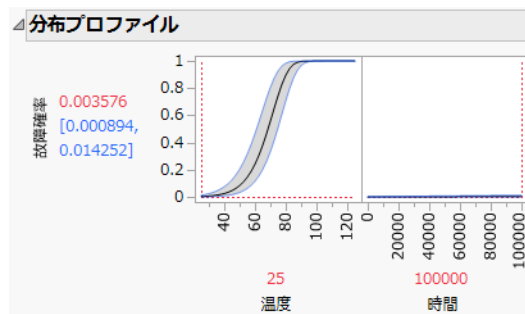
最適計画は、実験数の水準、試験で用いる最小のユニット数、試験で用いる総ユニット数（「候補の実験数」にある情報）、および、その他の指定情報に基づいて算出されます。最適計画では、温度の各水準において、試験で用いるユニット数は次のようになります。

- 前回の実験ですでに、85度で50個を試験しているため、この温度での追加実験は不要です。
- 90度で58ユニット。
- 105度で50ユニット。前回の実験ですでに、105度で50個を試験しているため、この温度での追加実験は不要です。
- 110度で0ユニット。この水準は不要です。
- 125度で92ユニット。前回の実験ですでに、125度で50個を試験しているため、この温度での追加実験は不要です。

追加試験と元の試験の比較

1. 「分布プロファイル」で、通常の使用条件として「温度」に「25」、「時間」に「100,000」と入力します。累積故障確率は0.00357となっており、そして、その95%信頼区間は0.000894から0.014525です。この信頼区間は、前回の試験で得られた信頼区間（0.00056から0.02268; 図 23.19を参照のこと）より狭くなっています。

図 23.19 温度 = 25、時間 = 100,000 の分布プロファイル



「加速寿命試験計画」プラットフォームの統計的詳細

この節では、加速寿命試験計画の故障分布・R 精度係数・最適化基準について詳しく解説します。

加速寿命試験計画の故障分布

「加速寿命試験計画」プラットフォームでは、故障時間の確率分布として、対数正規分布か Weibull 分布を選択できます。

この節では、対数正規分布と Weibull 分布の確率密度関数と累積分布関数を説明します。Weibull 分布の詳細については、『信頼性/生存時間分析』を参照してください。

対数正規分布

ばらつきが指数的に生じるデータに対しては、対数正規分布がよく使用されます。対数正規分布は、同一で独立した、小さな正の値をとる確率変数を多数、掛け合わせることで導出されます。対数正規分布の変数を対数変換したものは、正規分布に従います。確率分布関数の曲線は、右に大きく歪んでいます。

対数正規分布は、位置パラメータ μ と形状パラメータ σ によってパラメータ化されます。対数正規分布の確率密度関数と累積分布関数は次の通りです。対数の底は e とします。

$$f(x; \mu, \sigma) = \frac{1}{x\sigma} \phi_{\text{nor}}\left[\frac{\log(x) - \mu}{\sigma}\right], \quad x > 0$$

$$F(x; \mu, \sigma) = \Phi_{\text{nor}}\left[\frac{\log(x) - \mu}{\sigma}\right],$$

なお、

$$\phi_{\text{nor}}(z) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \exp\left(-\frac{z^2}{2}\right)$$

および

$$\Phi_{\text{nor}}(z) = \int_{-\infty}^z \phi_{\text{nor}}(w) dw$$

は、それぞれ、標準正規分布 ($N(0,1)$) の確率密度関数と累積分布関数です。

Weibull 分布

Weibull 分布は、ハザードが時間とともに上昇または低下する故障時間データに適しています。形状パラメータの値に基づいて、さまざまな種類のデータを非常に柔軟にモデル化できるため、信頼性分析で広く使われています。

Weibullの確率密度関数と累積分布関数は、次式のとおりです。

$$f(x;\alpha,\beta) = \frac{\beta}{\alpha} x^{(\beta-1)} \exp\left[-\left(\frac{x}{\alpha}\right)^\beta\right]; \quad x > 0, \alpha > 0, \beta > 0$$

$$F(x;\alpha,\beta) = 1 - \exp\left[-\left(\frac{x}{\alpha}\right)^\beta\right]$$

α は尺度パラメータ、 β は形状パラメータです。Weibull分布は、 $\beta = 1$ のときは指数分布になります。

Weibull分布の別のパラメータ表現

「加速寿命試験計画」や「寿命の二変量」などでは、 σ を尺度パラメータ、 μ を位置パラメータとして、Weibull分布の確率密度関数や累積分布関数が表現されています。これらのパラメータは、次のように、 α と β に関係しています。

$$\alpha = \exp(\mu)$$

および

$$\beta = \frac{1}{\sigma}$$

Weibull分布に従う確率変数を対数変換すると最小極値分布に従うことに基づき、Weibull分布の確率密度関数と累積分布関数は、次のようにこれらのパラメータで表されます。なお、 $\mu = \log(\alpha)$ と $\sigma = 1/\beta$ という関係になっています。

$$f(x;\mu,\sigma) = \frac{1}{x\sigma} \phi_{\text{sev}}\left[\frac{\log(x) - \mu}{\sigma}\right], \quad x > 0, \sigma > 0$$

$$F(x;\mu,\sigma) = \Phi_{\text{sev}}\left[\frac{\log(x) - \mu}{\sigma}\right]$$

これらの式で、

$$\phi_{\text{sev}}(z) = \exp[z - \exp(z)]$$

および

$$\Phi_{\text{sev}}(z) = 1 - \exp[-\exp(z)]$$

は、それぞれ、標準最小極値分布($\mu = 0, \sigma = 1$)の確率密度関数と累積分布関数です。

R精度係数(95%信頼区間)

加速寿命試験のR精度係数は、故障時間に関する確率分布の第 p 分位点(ここでは、その分位点を t_p と記します)に対する推定値の精度を表します。 $\log(t_p)$ の推定値に対する近似95%信頼区間が、次のように表されるとします。

$$\log(\hat{t}_p) \pm z_{0.975} \sqrt{\widehat{Var}[\log(\hat{t}_p)]} = \log(\hat{t}_p) \pm \log(\hat{R})$$

また、これから t_p の近似95%信頼区間が次のように表されるとします。

$$[\hat{t}_p/\hat{R}, \hat{t}_p\hat{R}]$$

ここで、

$$\hat{R} = \exp\left[z_{0.975} \sqrt{\widehat{Var}[\log(\hat{t}_p)]}\right]$$

これらの近似信頼区間の式における R は、 $\log(t_p)$ に対する推定値の漸近分散から求まります。

$$R = \exp z_{0.975} \sqrt{AVar[\log(\hat{t}_p)]}$$

加速寿命試験の最適化基準

加速寿命試験を2つの加速因子 (x_1, x_2) で実施するとします。それら2つの加速因子は、それぞれ J_1 個および J_2 個の水準を持つとします。この場合、試験計画の目的は、因子水準の各組み合わせに割り当てる標本サイズを決定することです。

最適化基準の計算は、2つの水準の組み合わせごとにおける情報量行列から求めた全体の Fisher 情報量行列

$$I(\theta) = \sum_{i,j} n_{ij} I_{ij}(\theta)$$

および事前分布のばらつき S に基づきます。

D-最適化基準

D-最適計画 D_d は、 n_{ij} のすべての値において次の式を最小化します。

$$\log \left| \int_{\theta} [S^{-1} + I(\theta)]^{-1} \pi(\theta) d\theta \right|$$

ここで、 $|\cdot|$ は行列式演算、 $\pi(\theta)$ はパラメータの事前分布です。この事前分布は、通常は多変量正規分布です。数値計算を安定させるため、行列式の対数を使用されます。

分位点最適化基準

分位点最適計画 D_q は、次の式を最小化します。

$$\int_{\theta} [c^T I(\theta) c] \pi(\theta) d\theta$$

ここで、ベクトル c は、使用条件を指示するものです。

使用条件が1つしかない場合は、

$$\mathbf{c}' = \{1, 0, 0, 0, z_p\}$$

です。ここで、 z_p は、故障分布の第 p 分位点です。

使用条件が範囲で指定されている場合は、まず、

$$\varepsilon_i = \frac{G(x_{1iU_h}) - G(x_{1iU_l})}{g(x_{iU_h}) - g(x_{iU_l})}$$

とします。 $G(\cdot)$ は $g(\cdot)$ の不定積分、 x_{iU_h} は第 i 因子の最高使用水準、 x_{iU_l} は同因子の最低使用水準です。そして、

$$\mathbf{c}' = \{1, \varepsilon_1, \varepsilon_2, \varepsilon_1, \varepsilon_2, z_p\}$$

とします。ここで、 z_p は、故障分布の第 p 分位点です。

故障確率最適化水準

故障確率最適計画 $\mathbf{D}_f$ は、次の基準を最小化します。

$$\int_{\theta} \left\{ \frac{\frac{1}{\sigma^2} \left[\frac{\phi(z_u(\theta))}{\Phi(z_u(\theta))} \right]^2 c'_{fp} I(\theta) c_{fp}}{-\log(\Phi(z_u(\theta)))} \right\} (\pi(\theta) d\theta)$$

ここで、 $z_{U_l}(\boldsymbol{\theta})$ は、「分位点最適化基準」で定義されている使用条件における標準化した対数時間です。 $\mathbf{c}_{fp}$ は、「分位点最適化基準」で定義される $\mathbf{c}$ に似ていますが、最後の入力 $z_{U_l}(\boldsymbol{\theta})$ である点のみ異なります。分子の式は、故障確率を対数変換した量である $\log \Phi(z_{U_l}(\boldsymbol{\theta}))$ の漸近分散です。ここで対数変換を用いているのは、数値計算を安定化させるためです。その後、 $\log \Phi(z_{U_l}(\boldsymbol{\theta}))$ によって漸近分散が標準化します。標準化することで、異なる故障確率での分散が比較でき、値が小さい方がいいことを示すようになります。なお、使用条件が範囲で指定されている場合、計算しやすくするため、その積分は、漸近分散に対してではなく、 $\log \Phi(\cdot)$ の中で取ります。それでも、その計算は適切な基準です。なぜなら、(合計する確率変数の相関が非負であるならば) 分散の和は、和の分散以下となるからです。また、対数関数と累積確率の両方とも単調関数です。つまり、この方法では、故障確率の漸近分散に対する、上記の意味での理論的な上限を、最小化します。

第24章

非線形計画

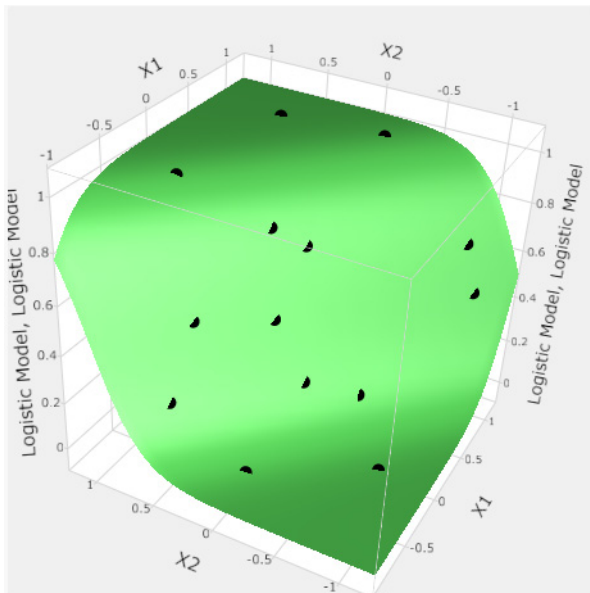
非線形計画は、未知のパラメータにおいてモデル式が非線形である場合に使用します。非線形計画では、非線形モデルをあてはめるうえで重要な領域に計画点が配置されます。非線形モデルに対しても、線形モデルに最適である直交計画を流用することも考えられます。しかし、通常、そのような直交計画は、非線形モデルでのパラメータ推定値がもつ不確定性を最小化する（つまり、推定精度を最大化する）ようにはなっていません。

非線形計画の効率は、未知のパラメータの値に依存します。そのため、最良の計画を見つけるためには、パラメータを事前に知っておく必要があるという問題が生じます。JMPでは、Bayes流の方法を使用して、指定された範囲全体におけるパラメータ値の平均効率を最大化する非線形計画を作成します。これらの範囲を適切に指定するためには、分析対象のシステムについて多少なりとも洞察を得ておく必要があります。

線形モデルと比較した場合、非線形モデルには次のような長所があります。

- モデルを慎重に選択すれば、説明変数のより広い範囲において、より優れた予測ができます。
- たとえば、応答曲面をモデル化する際に、多項式では表すことができない、漸近的に振舞う関係などを表すことができます。

図24.1 非線形モデルの計画点



目次

非線形計画の概要	651
非線形計画の例	652
事前データなしで非線形計画を作成する例	652
非線形計画を拡張する例	656
二項分布に従う応答変数の非線形計画を作成する例	660
非線形計画の作成	663
因子	664
パラメータ	664
計画の生成	665
計画	665
テーブルを作成または拡張する	665
非線形計画のオプション	665
「非線形計画」の統計的詳細	666
非線形モデルの統計的詳細	666
最適化基準の動径-球求積法の統計的詳細	667
最適計画を見つけるアルゴリズムの統計的詳細	667

非線形計画の概要

「非線形計画」プラットフォームを使用すれば、パラメータに関して非線形であるモデルをあてはめる計画を作成できます。非線形なモデルに対して、最適計画を作成したり、実験を最適に追加したりできます。工程の振る舞いが非線形な関係であり、その関係を記述するモデル式が分かっているならば、単純な多項式モデルを使うよりも、非線形モデルを用いた方が、モデルパラメータをより精確に推定し、精度の良い予測を行うことができます。非線形モデルの背景については、「[非線形モデルの統計的詳細](#)」を参照してください。

非線形モデルにおける計画の効率性、推定しようとする未知のパラメータ値に依存します。それに対処するため、JMPではBayes流の方法を使用し、パラメータが取りうる値において効率的な計画を作成します。未知のパラメータが取りうる範囲に関して、事前分布を指定できます。事前分布として、一様分布・正規分布・対数正規分布・指数分布を選択できます。

「非線形計画」プラットフォームでは、パラメータ値がどれぐらいなのかを示す事前分布に基づき、Bayes流の方法に従って計画を最適化します。Bayes流のD-最適化基準は、パラメータの事前分布に基づいて計算された、情報量行列の行列式の対数の、期待値です。情報量行列は、各計画点での予測分散に依存します。予測分散が小さい計画点からは、情報量はほとんど影響を受けません。そのため、最適計画では、予測分散が大きい個所に計画点を配置する傾向があります。詳細については、[Gotwalt et al. \(2009\)](#) を参照してください。

最適計画の基本的なアイデアは、予測分散が最も大きくなっている位置に計画点を配置することです。これは直観に反しているようですが、もし、他の場所に点を配置すると、予測分散が大きくなっている位置での予測分散はさらに大きいものになってしまうでしょう。線形モデルにおいては、予測分散が大きくなる計画点は実験領域の端点（頂点）に位置する傾向があります。しかし、パラメータに関して非線形なモデルでは、必ずしもそうではありません。

メモ: 非線形計画は、無作為に選んだ計画を開始点として探索されます。そのため、同じ設定を使用しても、通常は異なった非線形計画が作成されます。

「非線形計画」プラットフォームを使用するには、モデルを計算式として含んだデータテーブルが事前に必要です。そのデータテーブルは、次の条件をすべて満たしている必要があります。

- 応答の列がある。
- 各因子に1ずつ列がある。
- 因子と応答の関係を表す計算式を含んだ列がある。また、この計算式には、未知のパラメータが含まれている必要があります。

メモ: これは、「非線形回帰」プラットフォームで使用するデータテーブルと同じ形式です。

次の2つのいずれかの形式で、このデータテーブルを用意してください。

- 1行もなく、列のみを含むデータテーブル。「[事前データなしで非線形計画を作成する例](#)」を参照してください。
- 説明変数の値をもつ行を含んだデータテーブル。この場合、それらの説明変数の値が非線形計画に含まれます。「[非線形計画を拡張する例](#)」を参照してください。

非線形計画の例

この節では、非線形計画を使った例を紹介します。

- 「事前データなしで非線形計画を作成する例」
- 「非線形計画を拡張する例」
- 「二項分布に従う応答変数の非線形計画を作成する例」

事前データなしで非線形計画を作成する例

「非線形計画」プラットフォームを使って計画を作成し、化学反応における中間生成物の相対収率をモデル化します。

計画の作成

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Reaction Kinetics Start.jmp」を開きます。

次の点に注意してください。

- データがまだ収集されていないため、このデータテーブルには行がありません。
- 予測値の列である「反応温度」と「反応時間」には、「コード変換」・「因子の役割」・「因子の変更」プロパティがあります。これらのプロパティを確認するには、「列」パネルの ***** をクリックします。計画が作成される際、プロパティによって、これらの説明変数が扱われる方法が決まります。列プロパティを保存する方法については、「列プロパティ」を参照してください。
- 「収率」列は、実験を行った後に応答値を入力するための列です。
- 「収率モデル」列は、モデルの計算式が含まれています。この計算式は、説明変数と応答変数（「収率」）との関係を示しています。「列」パネルの **+** をクリックすると、計算式が表示されます。パラメータ t1 と t3 に関して計算式は非線形です。

2. [実験計画(DOE)] > [特殊な目的] > [非線形計画] を選択します。

3. 「収率」を選択し、[Y, 応答変数] をクリックします。

4. 「収率モデル」を選択して [X, 予測式列] をクリックします。

5. [OK] をクリックします。

この例では、「コード変換」列プロパティで、「反応温度 (Reaction Temperature)」の値が510～540、「反応時間 (Reaction Time)」が0.1～0.3と指定されました。「因子」セクションで直接、妥当な値の範囲を指定することもできます。

6. パラメータ「t1」の値を25と50、「t3」の値を30と35に変更します。

指定したこれらの新しい値は、パラメータ値の、現在の実験状況において想定される分布範囲を意味しています。デフォルト値は、計算式内で指定されたパラメータの初期値に基づいて設定されます。計算式の作成については、『JMPの使用法』を参照してください。

「分布」欄に表示される t1 と t3 の事前分布は、デフォルトで「正規分布」に設定されています。

- 「計画の生成」パネルで実験の回数を「12」に指定します。

図 24.2 設定後の Reaction Kinetics 実験のセクション

非線形計画

因子

名前	役割	値	
Reaction Temperature	連続変数	510	540
Reaction Time	連続変数	0.1	0.3

オプションの項目

パラメータ

名前	分布	値	
t1	正規分布	25	50
t3	正規分布	30	35

オプションの項目

計画の生成

実験の回数:

12

計画の作成

- 「計画の作成」をクリックします。
- 「テーブルの作成」をクリックします。

図 24.3 計画テーブル

Nonlinear Design					
計画	非線形計画	反応温度	反応時間	収率	収率モデル
モデル		1	540	0.3	• 58.093235
		2	540	0.11	• 57.3016426
		3	540	0.3	• 58.093235
		4	530	0.2	• 54.9142081
		5	510	0.1	• 11.2590804
		6	540	0.3	• 58.093235
		7	540	0.3	• 58.093235
		8	510	0.1	• 11.2590804
		9	517	0.1	• 17.8546023
		10	530	0.21	• 55.9838913
		11	540	0.11	• 57.3016426
		12	540	0.3	• 58.093235

図 24.3 のような計画が作成されます。実験の順序、「反応温度」と「反応時間」の値、および「収率モデル」の計算値に関して、実際の結果はここで示しているものとは異なったものになります。「収率モデル」には計算式が含まれているため、その計算値がこの列に表示されます。また、データテーブルには、「モデル」スクリプトが含まれていて、これを使って、観測値に非線形モデルをあてはめることができます。

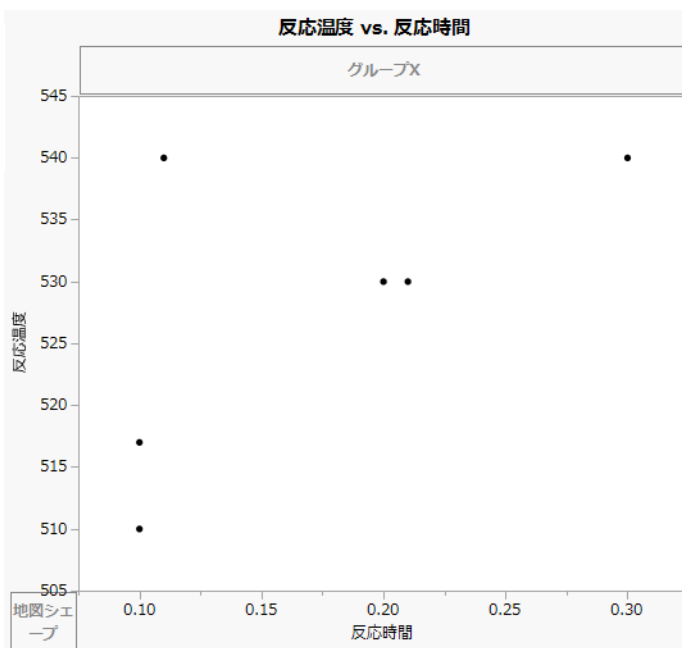
これで計画のデータテーブルが完成したので、実験を実施し、応答を「収率」列に記録していきます。この計画で観測された結果は、「Design Experiment」フォルダ内の「Reaction Kinetics.jmp」データテーブルに含まれています。

計画の検討

結果を分析する前に、計画の設定を示すプロットを作成します。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Reaction Kinetics.jmp」を開きます。
1. [グラフ] > [グラフビルダー] を選択します。
2. 「反応温度」を「Y」ゾーンにドラッグ&ドロップします。
3. 「反応時間」を「X」ゾーンにドラッグ&ドロップします。
4. グラフ上の2つ目のアイコンをクリックし、「平滑線」の選択を解除します。

図24.4 計画の設定

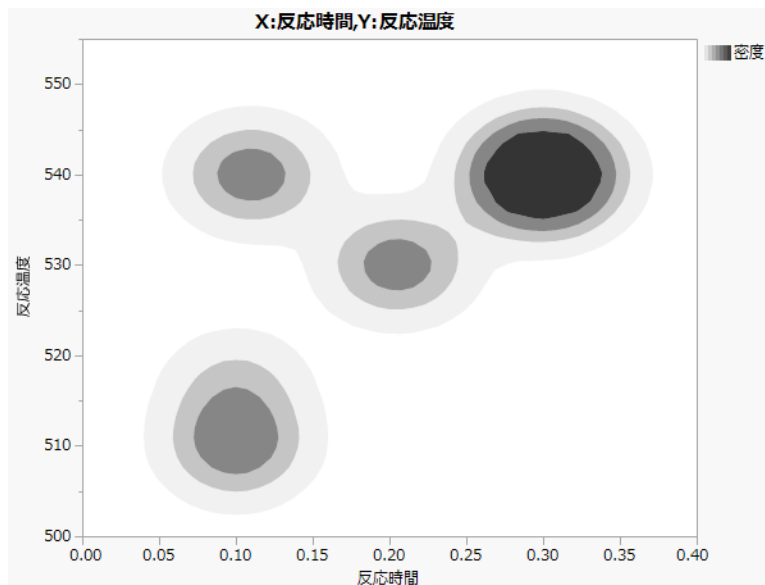


3つの角に点が散らばっていることに注目してください。温度が低く時間が長い状況を示す位置（グラフの右下）には点がありません。直交計画とは異なり、非線形計画では、計画領域の角に計画点が置かれるとは限りません。この例では、温度が低く、時間が長い領域での実験は効率的ではありません。

計画点の散らばりを視覚的に表示するには、「等高線」ツールを使用します。

5.  をクリックし、「等高線」ツールをオンにします。
6. [完了] をクリックします。

図 24.5 密度等高線で描いた計画の設定



データがある3つの角のうち、温度が高く、時間が短い状況を示す領域には、他の2つの領域と比較して点が少なめです。計画のデータテーブルを見ると、その領域には2点だけしかいないことがわかります。モデルとパラメータの指定により、最適計画では、温度が高く時間が長い状況を示す領域により多くの点が置かれます。

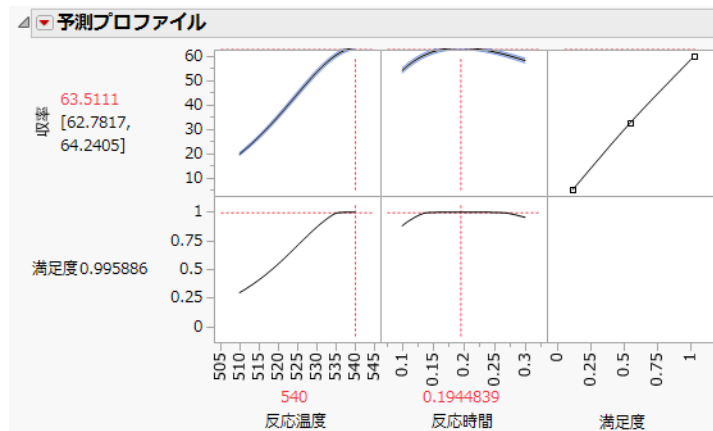
結果の分析

計画を視覚的に検討し終えたので、次に結果を分析しましょう。

メモ: 手順1から手順4までは、「モデル」スクリプトを使用しても実行できます。

1. [分析] > [発展的なモデル] > [非線形回帰] を選択します。
2. 「収率」を選択し、[Y, 応答変数] をクリックします。
3. 「収率モデル」を選択して [X, 予測式列] をクリックします。
この列に含まれている計算式が、「カスタム計算式パネルをあてはめるオプション」に表示されます。
4. [OK] をクリックします。
5. 「設定パネル」の [実行] をクリックします。
「停止限界」のいずれか1つの基準に到達するまで、解を求める反復計算が行われます。反復計算が終了すると、「解」レポートと「推定値の相関」レポートが表示されます。
6. 「非線形回帰のあてはめ」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。
7. 収率を最大にするため、「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 24.6 収率が最大になる時間と温度の設定



収率の推定値は、反応温度が540ケルビン温度、反応時間が0.1945分のときに、約63.5%と最大になります。

非線形計画を拡張する例

ここでは、実験データが事前にある場合に、その事前情報を用いて非線形計画を作成する例を示します。この例では、用いている有機基質の吸収速度を、その有機基質の濃度の関数としてモデル化します。すでに実験を実行したものの、より正確なパラメータ推定値を求めるために、その実験結果も活用しながら、追加実験を行うものとします。

事前パラメータ推定値の取得

まずは、既存の実験データから、パラメータ推定値を求めます。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Nonlinear Examples」フォルダの「Chemical Kinetics.jmp」を開きます。
2. 「列」パネルの「モデル(x)」の横の「+」記号をクリックします。計算式エディタが開きます。
3. 計算式エディタの中央下にある「パラメータ」セクションに、モデルパラメータの現在の値が表示されます。これらの値 ($b_1 = 1$, $b_2 = 1$) は初期予想値です。この初期予想値が、データテーブルの「モデル(x)」の値の計算に使用されています。最初の実験データをもとに、これらの初期予想値をより正確なパラメータ推定値に置き換えます。
4. [キャンセル] をクリックし、計算式エディタウィンドウを閉じます。
5. [分析] > [発展的なモデル] > [非線形回帰] を選択します。
6. 「速度(y)」を選択し、[Y, 応答変数] をクリックします。
7. 「モデル(x)」を選択して [X, 予測式列] をクリックします。

「モデル(x)」列に含まれている計算式が、「カスタム計算式パネルをあてはめるオプション」に表示されます。

図 24.7 「非線形回帰」 起動ウィンドウ

最小2乗法またはカスタム損失関数を使って非線形モデルをあてはめる。

列の選択

▼ 3列

- ▲ 速度(y)
- ▲ 濃度
- ▲ モデル(x)

モデルライブラリ

選択した列に役割を割り当てる

Y, 応答変数	▲ 速度(y)
X, 予測式列	▲ モデル(x)
グループ化	オプション
重み	オプション(数値)
度数	オプション(数値)
損失	オプション(数値)
By	オプション

「X, 予測式」の列は、パラメータを含む計算式であるか、JMPが提供するモデルの説明変数である必要があります。

カスタム計算式をあてはめるオプション

予測式	Parameter({{b1=1,b2=1},b1 / (b2 + : Concentration) })
リセット	
損失	
リセット	

☐ 数値微分のみ
☐ 中間計算式の展開

アクション

OK

キャンセル

削除

前回の設定

ヘルプ

8. [OK] をクリックします。

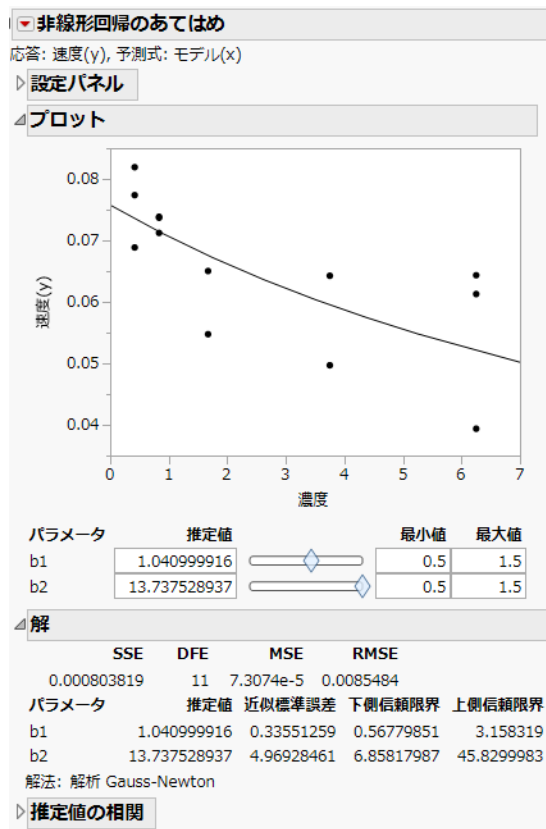
9. 「設定パネル」の[実行]をクリックします。

「停止限界」のいずれか1つの基準に到達するまで、解を求める反復計算が行われます。反復計算が終了すると、「解」レポートと「推定値の相関」レポートが表示されます。また、「設定パネル」に、「解」レポートに信頼限界を追加できるオプションが表示されます。

10. 「設定パネル」の[信頼限界]をクリックします。

「解」レポートに、b1 と b2 に対する推定値の信頼区間が表示されます。

図24.8 非線形回帰のあてはめ結果



「b1」と「b2」の下側信頼限界値と上側信頼限界値は、これらのパラメータの信頼区間を表しています。次に、これらの信頼区間を使用して、追加実験に対する非線形計画における事前分布の範囲を定義します。

メモ: 「非線形回帰のあてはめ」レポートは、次のステップで結果を参照するので、閉じないでください。

計画の拡張

では、非線形パラメータをより精確に推定する計画を作成しましょう。

1. 「Chemical Kinetics.jsp」データテーブルをアクティブにして、[実験計画(DOE)] > [特殊な目的] > [非線形計画] を選択します。
2. 「速度(y)」を選択し、[Y, 応答変数] をクリックします。
3. 「モデル(x)」を選択して [X, 予測式列] をクリックします。
4. [OK] をクリックします。

図 24.9 非線形計画の「因子」・「パラメータ」セクション

▼ 非線形計画

▲ 因子

名前	役割	値	
Concentration オプションの項目	連続変数	0.417	6.25

▲ パラメータ

名前	分布	値	
b1	正規分布	0.5	1.5
b2	正規分布	0.5	1.5

▲ 計画の生成

実験回数の指定(当初から存在していた13個の実験も含めて):

計画の作成

「Chemical Kinetics.jmp」データでは、「濃度」(Concentration)の値が0.417から6.25までの範囲内にあります。それら2つの値は、「因子」セクションにそれぞれ最小値と最大値として表示されています。これらの値を変更し、因子の範囲を広げたいとします。

- 「0.417」をクリックし、「0.1」と入力します。「6.25」をクリックし、「7」と入力します。
- パラメータの事前「分布」は「正規分布」のままにしておきます。

パラメータの「値」の範囲は、パラメータ値に関する情報の不確かさを反映します。パラメータ値の事前分布における95%が収まるように、範囲を指定してください。ここでは、図 24.8の「非線形回帰のあてはめ」レポートの信頼限界をもとに、この範囲を設定することになります。「パラメータ」セクションのパラメータの「値」を、小数点以下3桁に丸めた信頼限界の値を入力することになります。

- 「非線形計画」ウィンドウで、「b1」と「b2」の「パラメータ」に次の値を入力します。
 - b1: 0.568 と 3.158
 - b2: 6.858 と 45.830

図24.10 更新された「因子」と「パラメータ」の値

▲ 因子			
名前	役割	値	
濃度	連続変数	0.417	6.25
オプションの項目			

▲ パラメータ			
名前	分布	値	
b1	正規分布	0.568	3.158
b2	正規分布	6.858	45.83
オプションの項目			

▲ 計画の生成	
実験回数の指定(当初から存在していた13個の実験も含めて):	17
[計画の作成]	

8. 「計画の生成」パネルの**実験の回数**に「40」と入力します。

9. [計画の作成] をクリックします。

「計画」セクションが開き、元の13回の実験の「濃度」と「速度(y)」の値と、追加の27回の実験の新しい「濃度」の値が表示されます。

10. [テーブルの作成] をクリックします。

作成されたデータテーブルには、元の実験回数13の計画と結果、および新しい27回の実験が含まれています。なお、[テーブルの作成]ではなく[テーブルの拡張]をクリックすると、新しいデータテーブルを作成する代わりに、元のデータテーブルに新しい実験が追加されます。

新しい実験では、「濃度」において、より幅広い設定が含まれています。これは、事前分布の定義に使用された「b1」と「b2」を反映した結果です。新しく追加された実験を行えば、「b1」と「b2」のより正確なパラメータ推定値を得ることができます。

二項分布に従う応答変数の非線形計画を作成する例

「非線形計画」プラットフォームを使って、二項分布に従う応答に対し、1因子の非線形計画を作成します。非線形計画、特に応答変数が二項分布に従う場合の非線形計画の詳細については、Gotwalt et al. (2009)を参照してください。

応答変数における二項分布の成功確率が、1つの因子 x の関数として表されるものとします。この例では、次のように、リンク関数がロジット関数である一般化線形モデルを仮定します。

$$Y(x) = \frac{1}{1 + e^{-(\beta_0 + \beta_1 x)}}$$

なお、二項分布に従う応答変数 Y の分散は、成功確率によって異なる点にも注意してください。

このようなロジスティックモデルは、未知のパラメータ (β_0, β_1) に関して非線形です。「非線形計画」プラットフォームを使って、実験計画を作成していきます。目標は、二項分布に従う応答変数 Y に対する x の効果をモデル化するときの最適な計画を立てることです。

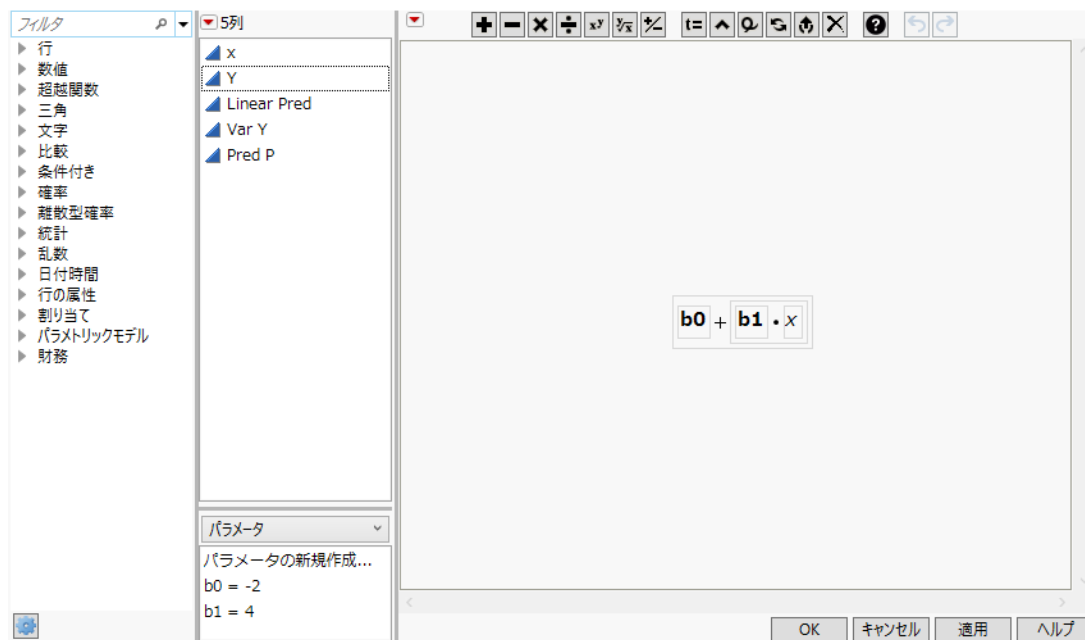
そのような非線形計画を作成するには、説明変数の列、あてはめる非線形モデル（ロジスティック関数）の計算式を含む列、重みの計算式を含む列があるデータテーブルを用意する必要があります。

計画を作成するためのデータテーブル

「Design Experiment」フォルダの「One Factor Logistic Design.jmp」データテーブルには、次の列が含まれています。

- 説明変数 x の列。なお、この列は「コード変換」列プロパティによって、下限値が0、上限値が1に設定されています。
- 応答変数 Y の列。これは、実験によって収集される応答 (0/1) を記録するための列です。
- リンク関数の線形部分の計算式を含む「線形式」の列。計算式を表示するには、「列」パネルで「線形式」の右側にあるプラス (+) 記号をクリックします。この計算式には、パラメータ b_0 および b_1 があり、それらに対して初期値が設定されています。パラメータに対するこれらの初期値は、計算式を定義する際に決める必要があります。これらの初期値は、計算式エディタウィンドウの中央下に表示されます。

図 24.11 線形予測子の計算式とパラメータの初期値



- 「Var Y」列には、想定されるロジスティックモデルに基づいた、応答の分散が、計算式として含まれています。これは、ロジスティックモデルにおける二項分布の分散は $p(1-p)$ です。この p は、ロジスティック関数により決められます。この分散の列は、重みの列として使用されます。

- 「Pred P」列には、ロジスティック関数が含まれています。

計画の作成

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「One Factor Logistic Design.jmp」を開きます。
2. [実験計画(DOE)] > [特殊な目的] > [非線形計画] を選択します。
3. 「Y」を選択し、[Y, 目的変数] をクリックします。
4. 「Linear Pred」を選択し、[X, 予測式列] をクリックします。
5. 「Var Y」を選択し、[重み] をクリックします。
6. [OK] をクリックします。

図 24.12 「非線形計画」 ウィンドウ

非線形計画

因子

名前	役割	値
x	連続変数	0 1

パラメータ

名前	分布	値
b0	正規分布	-1 -3
b1	正規分布	2 6

計画の生成

実験の回数: 10

計画の作成

「因子」セクションに、下限値と上限値を0と1に指定した因子xが表示されます。「パラメータ」セクションには、2つのモデルパラメータがあり、分布はどちらも正規分布に設定されています。「値」におけるこれらのデフォルト値は、パラメータの初期値から計算されたものです。このセクションで、想定する分布やパラメータの範囲を変更することもできます。ここでは、表示された設定をそのまま使用します。デフォルトの実験回数は10です。

7. 「非線形計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[詳細オプション] > [モンテカルロ球体数] を選択します。局所的な最適計画を生成するため、球体数を0に設定します。[OK] をクリックします。
8. [計画の作成] をクリックします。
9. [テーブルの拡張] をクリックします。

「One Factor Logistic Design.jmp」に実験回数10の計画が追加されます（図24.13）。最適化の結果は乱数に依存するため、実際に作成される計画は以下の結果とは異なります。

図 24.13 「One Factor Logistic Design.jmp」の拡張計画

		x	Y	線形式	Yの分散
1	0.8858443111		•	1.5433772444	0.1450530666
2	0.8858443111		•	1.5433772444	0.1450530666
3	0.1141553265		•	-1.543378694	0.1450529304
4	0.1141553265		•	-1.543378694	0.1450529304
5	0.1141553265		•	-1.543378694	0.1450529304
6	0.8858443111		•	1.5433772444	0.1450530666
7	0.1141553265		•	-1.543378694	0.1450529304
8	0.8858443111		•	1.5433772444	0.1450530666
9	0.1141553265		•	-1.543378694	0.1450529304
10	0.8858443111		•	1.5433772444	0.1450530666

データテーブルに保存されたモデルは、計画の作成に使用した、「Linear Pred」（線形式）で定義される非線形モデルであり、ロジスティック回帰モデルそのものではありません。データを収集したら、リンク関数がロジット関数である一般化線形モデル、つまり、ロジスティック回帰モデルをあてはめてください。

非線形計画の作成

非線形計画を作成するには、応答の列、各因子の列、因子と応答の関係を示す計算式の列が含まれたデータテーブルを用意する必要があります。また、この計算式には、未知のパラメータが含まれている必要があります。

計算式に関する詳細は、『JMPの使用法』を参照してください。

因子と応答変数の列には、欠測値でない値が入力されていてもかまいません。その場合、作成される計画は、データテーブルに示された既存の計画に新たな実験を追加したものになります。その場合、因子に対して、欠測値でない値がすべての行で入力されていてかまいません。

上記のようなデータテーブルをアクティブにして、[実験計画 (DOE)] > [特殊な目的] > [非線形計画] を選択します。

図 24.14 「非線形回帰」起動ウィンドウ

パラメータに関して非線形なモデルの最適計画を作成する。

列の選択

▼ 5列

X1

X2

Y

ロジスティックモデル

分散

選択した列に役割を割り当てる

Y, 応答変数

Y

X, 予測式列

ロジスティックモデル

重み

オプション(数値)

X, 予測式列は計算式を含んでいなければならない。

アクション

OK

キャンセル

削除

前回の設定

ヘルプ

Y, 目的変数 実験結果である応答値を含める数値列。

X, 予測式列 非線形モデルの計算式を含む数値列。その計算式にはパラメータが含まれている必要があります。

重み (オプション) 各行に対する重みを含む数値列。

「非線形計画」は、計画の手順を踏むごとに内容が更新されます。

- 「因子」
- 「パラメータ」
- 「計画の生成」
- 「計画」
- 「テーブルを作成または拡張する」

因子

「非線形計画」ウィンドウでは、起動ウィンドウで指定したモデル計算式に使用されている列が、「因子」セクションの「名前」列に自動的に挿入されます。各因子の役割は、[連続尺度]に設定されます。

各因子の「値」の初期値は、「-1」と「1」に設定されます。または、「コード変換」の列プロパティを使用して値を指定した場合は、その値が使用されます。これらの値は、「因子」セクションで変更できます。

パラメータ

「非線形計画」ウィンドウでは、モデル式に使われたパラメータ名が「パラメータ」セクションの「名前」列に自動的に挿入されます。

各パラメータの「値」の初期値は、パラメータに定義された初期値を基準に対称となるような区間に設定されます。初期値を中心とし、かつ、区間の幅が初期値の絶対値となるように設定されます。これらの値は、モデルパラメータの事前分布を定義するのに使用されます。

メモ: 事前分布を選択し、下限と上限を設定することにより、モデルパラメータの不確定さを表してください。

「分布」の下に、4種類の事前分布が用意されています。各パラメータに対して下限と上限を指定することにより、事前分布が定義されます。小さいほうの値が 下限、大きいほうの値が 上限 に設定されます。下限と上限から、次のように分布が決まります。

- 一様分布の場合: 下限と上限のあいだで一様に分布します。
- 正規分布・対数正規分布・指数分布の場合: 下限を2.5%点、上限を97.5%点とした分布です。

計画の生成

「非線形計画」ウィンドウでは、デフォルトの実験回数が次のように設定されます。

- データテーブルを拡張しない場合（つまり、追加実験を決めるのではない場合）、実験回数は、パラメータ数の4倍に2を足した回数です。
- データテーブルを拡張する場合（つまり、既存の計画に対して実験を追加する場合）、実験回数は、データテーブルの実験回数にパラメータ数の2倍を足した回数です。

メモ: 計画を拡張する場合、JMPが提案する実験回数やユーザが指定する実験回数は、既存の実験における実験回数も含みます。それらの実験回数も含めて、希望の実験回数を指定してください。

計画

「非線形計画」ウィンドウの「計画」セクションには、実験が表示されます。「計画」セクションでは、因子水準の設定を確認できます。

テーブルを作成または拡張する

「非線形計画」ウィンドウの【**テーブルの作成**】ボタンを使うと、新しい計画テーブルが作成されます。元のデータテーブルに既存の実験が含まれている場合には、新しいデータテーブルにも既存の実験が含まれます。【**テーブルの拡張**】ボタンをクリックすると、既存のデータテーブルに新しい実験が追加されます。

非線形計画のオプション

「非線形計画」の赤い三角ボタンのメニューには、以下のオプションが表示されます。

応答の保存 「応答」パネルの情報を、新しいデータテーブルに保存します。これで保存した情報は、ほとんどの「実験計画(DOE)」ウィンドウで簡単に読み込むことができます。応答の情報を後で再利用したい場合に便利です。

応答のロード 使用できません。

因子の保存 「因子」パネルの情報を、新しいデータテーブルに保存します。各因子の列には、その因子の水準が表示されます。その他の情報は、列プロパティとして保存されます。これで保存した情報は、ほとんどの「実験計画(DOE)」ウィンドウで簡単に読み込むことができます。

因子のロード 使用できません。

制約の保存 使用できません。

制約のロード 使用できません。

応答のシミュレート 計画のデータテーブルにおける応答に乱数を生成します。このオプションは、[テーブルの作成] をクリックする前に選択してください。すると、計画のデータテーブルにおける応答列にシミュレートされた値が代入されます。

メモ: 環境設定で、応答を常にシミュレートするように設定しておくには、[ファイル] > [環境設定] > [プラットフォーム] > [実験計画(DOE)] を選択し、[応答のシミュレート] を選択します。

開始点の数 数値求積法によって非線形計画を作成する処理全体を何回、繰り返すかを指定します。最終的には、作成された非線形計画のうち、最適化基準が最大となっている計画が選択されます。

[詳細オプション] > [モンテカルロ標本数] 最適化基準の計算に使用される、1半径ごとに生成される多面体の個数を指定します。デフォルトの数は1つです。「[最適化基準の動径-球求積法の統計的詳細](#)」を参照してください。

[詳細オプション] > [モンテカルロ球体数] 最適化基準の計算に使用される、0以外の半径の個数を指定します。デフォルトの数は2つです。「[最適化基準の動径-球求積法の統計的詳細](#)」を参照してください。

メモ: 「モンテカルロ球体数」(半径の個数) を0に設定した場合、中心点だけが計算に使用されます。この場合、特定のパラメータ値に対してだけ最適な計画が作成されます。場合によっては、それで十分なケースもあります。

「非線形計画」の統計的詳細

この節では、「非線形計画」の統計的詳細について説明します。

- 「[非線形モデルの統計的詳細](#)」
- 「[最適化基準の動径-球求積法の統計的詳細](#)」
- 「[最適計画を見つけるアルゴリズムの統計的詳細](#)」

非線形モデルの統計的詳細

この節では、「非線形計画」プラットフォームで使用するモデルについて説明します。 n 個の応答を含むベクトルを $\mathbf{Y} = (Y_1, Y_2, \dots, Y_n)'$ と表します。「非線形計画」プラットフォームで指定できる非線形モデルは、以下の性質をもつものです。

- Y_i は互いに独立しており、指数分布族に属する同一の確率分布に従います。
- 説明変数のベクトル $\mathbf{x}_i$ に対する、 Y_i の予測値は、パラメータ θ に関して非線形な関数で表されるとします。この非線形関数を次のように表します。

$$E(Y_i(\mathbf{x})) = f(\theta, \mathbf{x}_i)$$

- Y_i の式は次のとおりです。

$$Y_i = f(\theta, \mathbf{x}_i) + \varepsilon_i$$

- 誤差のベクトル $\varepsilon = (\varepsilon_1, \varepsilon_2, \dots, \varepsilon_n)'$ は、平均が $\mathbf{0}$ で、共分散行列 $\sigma^2 \mathbf{I}$ をもちます。ここで、 $\mathbf{I}$ は $n \times n$ の単位行列です。

関数 f をパラメータ θ について一次偏微分した行列を $\mathbf{X}$ とします。通常の緩やかな条件において、 θ に対する最小2乗推定量は、漸近的に不偏であり、また、漸近的に次のような分散共分散行列をもちます。

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

これらの結果の証明については、Wu (1981) および Jennrich (1969) を参照してください。

最適化基準の動径 - 球求積法の統計的詳細

非線形計画の最適化基準は、指定された事前分布から計算される、情報量行列の行列式の対数の、期待値です。したがって、最適な非線形計画を見つけるには、Fisher 情報量行列の行列式の対数をパラメータの事前分布に関して積分し、その積分で求められた期待値を最大化する必要があります。この積分は、数値計算で求めなければなりません。「非線形計画」プラットフォームで使われているアルゴリズムについては、Gotwalt et al (2009) を参照してください。

動径 - 球求積法では、事前分布が正規分布の場合、元の積分を動径方向と角度方向に変数変換した後、数値積分します。動径方向の積分は1次元で、角度方向の積分はモデルのパラメータ数よりも1少ない次元です。動径方向の積分は、半径=0での評価も行うRadau-Gauss-Laguerre 求積法で計算されます。そして、特定の頂点をもつ多面体を、ランダムに回転させ、その回転させた多面体ごとに評価を行います。

事前分布が正規分布でない場合、パラメータが正規分布に従うように変換した後に、前述の動径 - 球求積法を適用します。

メモ: なお、設定した事前分布によっては、計算に失敗することがあります。その場合、パラメータ空間のある領域において Fisher の情報量行列が特異であるというメッセージがウインドウに表示されます。そのような場合は、事前分布またはパラメータの範囲の変更を検討してください。

最適計画を見つけるアルゴリズムの統計的詳細

最適な非線形計画を見つけるために使用される手法は、座標交換アルゴリズム (Meyer and Nachtsheim, 1995) に似ています。最適な非線形計画の作成方法について詳しくは、Gotwalt et al. (2009) を参照してください。アルゴリズムの概略は、次のとおりです。

- 非特異な計画が見つかるまで、開始点をランダムに生成します。
- 反復計算が行われます。1回の反復につき、すべての実験が確かめられていきます。
- 各実験において、1つの因子を最適化していきます。

- 目的関数は Bayes 流の D-最適化基準です。この基準は、事前分布に対して計算される、情報量行列の行列式の対数の、期待値です。
- 目的関数の変化量が小さくなった時点で、反復を終了します。

第 25 章

釣り合い型不完備ブロック計画 すべての処置をブロック内で等しい回数実行する

釣り合い型不完備ブロック計画 (BIBD; Balanced Incomplete Block Design) は、すべてのブロックにすべての処置 (因子の組み合わせ) を含めることができない場合に使われる計画です。BIBD では、 a 個の処置を b 個のブロックで調べるのに、1つのブロックで実行できる処置が k ($k < a$) 個に限られているときに使われる計画です。BIBD は、一度に試験できる処置の数が制限されている状況などで使われています。BIBD においては、処置のペアが、ブロック内で同じ回数だけ登場します。これが、「釣り合い型 (balanced)」と呼ばれる理由です。どのブロックにもすべての処置が含まれるわけではないので、計画は「不完備 (incomplete)」と呼ばれます。

BIBD は、「釣り合い型不完備ブロック計画」プラットフォームによって作成できます。なお、「釣り合い型不完備ブロック計画」プラットフォームでは、各処置がすべてのブロックに含まれる完備ブロック計画も作成できます。

図 25.1 ブロック数 4、ブロックサイズ 3 で 4 つの処置を調べる BIBD

計画				
ブロック				
1	L2	L3	L4	
2	L3	L4	L1	
3	L4	L1	L2	
4	L1	L2	L3	

目次

釣合い型不完備ブロック計画の例..... 671

釣合い型不完備ブロック計画の作成..... 673

 処置およびブロックの指定と計画の作成..... 673

 計画の検証とテーブルの作成..... 674

「釣合い型不完備ブロック計画」のオプション..... 675

「釣合い型不完備ブロック計画」の統計的詳細..... 676

釣合い型不完備ブロック計画の例

この例では、1 日ごとをブロックとして、新製品を開発するために工場で 3 つの製法を試験します。1 日に試験できる製法は 2 つに限られます。また、実験に使える期間が 5 日間しかないため、ブロック数が 5 以下である計画を作成する必要があります。

1. [実験計画 (DOE)] > [特殊な目的] > [釣合い型不完備ブロック計画] を選択します。
2. 「処置の水準数」を「3」に設定します。

ヒント: 「処置の水準数」は、1 つの因子の水準数、または因子が複数ある場合はそれらの因子の水準の組み合わせ数を指します。

3. 「ブロックサイズ」として「2」を選択します。
4. 「可能なブロック数」において「3」を選択します。

ここでは 3 または 6 を選択できます。この例では、1 つのブロックが 1 日を意味するため、5 日以下で実験を終わらせたい場合には、ブロック数を 5 以下にする必要があります。以上の操作により、サイズが 2 のブロックが 3 個で、実験回数は 6 となります。

メモ: 「処置名」・「ブロック名」・「処置の各水準」は変更できます。それらの変更は、計画のデータテーブルに反映されます。

5. [計画の作成] をクリックします。

図 25.2 ブロック数 3、ブロックサイズ 2 で 3 つの処置を調べる BIBD

釣合い型不完備ブロック計画

計画のオプション

処置

処置名: 処置

処置の水準数: 3

処置の各水準:

L1

L2

L3

ブロック

ブロック名: ブロック

ブロックサイズ: 2

可能なブロック数

3

6

☐ 実験全体の反復も一覧に含める

計画の作成

ブロック計画

実験	ブロック	処置
1	1	L2
2	1	L3
3	2	L3
4	2	L1
5	3	L1
6	3	L2

テーブルの作成 ☐ 順序の列も作成する

計画

生成行列

- 「ブロック計画」セクションに、3つのブロックでそれぞれ2つの処置を実施する、実験回数6の計画が表示されます。計画に関するその他の詳細を見るには、「計画」と「生起行列」を開きます。[「計画の検証とテーブルの作成」](#)を参照してください。
- この例において計画を設定する際、ブロック数を3と6のいずれから選ぶ必要があり、工場における時間の制約に従って3を選択しました。ここで、実験を6日間実施できた場合を考えてみましょう。計画を6ブロックとして作成することができます。
- 6. 「可能なブロック数」メニューで「6」を選択します。
 - 7. 「計画の作成」をクリックして計画を更新します。
 - 8. 「生起行列」セクションを開きます。

図25.3 ブロック数6、ブロックサイズ2で3つの処置を調べる BIBDの詳細

▲ 生起行列			
ブロック	処置		
	L1	L2	L3
1	1	0	1
2	1	0	1
3	0	1	1
4	0	1	1
5	1	1	0
6	1	1	0

▲ 処置のペアごとの度数			
処置	L1	L2	L3
L1	4	2	2
L2		4	2
L3			4

▲ 位置の度数		
処置	位置	
	1	2
L1	4	0
L2	2	2
L3	0	4

計画のブロック数が6に変わりました。生起行列を見ると、各ブロックに含まれる処置を確認できます。「処置のペアごとの度数」より、(行列の対角要素を見ると) 各処置が4回ずつ発生していること、(行列の非対角要素を見ると) 処置の各ペアが2回ずつ発生していることが分かります。この例のブロックには、(ブロックサイズが2なので) それぞれ2つの位置があります。「位置の度数」を見ると、処置L1が常に位置1で発生し、L2は両方の位置、L3は位置2で発生しています。

釣合い型不完備ブロック計画の作成

釣合い型不完備ブロック計画を作成するには、[実験計画(DOE)] > [特殊な目的] > [釣合い型不完備ブロック計画] を選択します。

図 25.4 「釣合い型不完備ブロック計画」 ウィンドウ

「列の選択」の赤い三角ボタンのメニューのオプションについては、『JMPの使用法』を参照してください。

「釣合い型不完備ブロック計画」ウィンドウは、計画の手順を踏むごとに内容が更新されます。

- 「[処置およびブロックの指定と計画の作成](#)」
- 「[計画の検証とテーブルの作成](#)」

処置およびブロックの指定と計画の作成

「釣合い型不完備ブロック計画」には、次の計画オプションがあります。

処置名 処置因子の名前。

処置の水準数 処置の数。

ヒント: 複数の因子における水準を組み合わせたものを、処置とみなすこともできます。

処置の各水準 各処置に対するラベル。デフォルトのラベルは、L1～La (a は処置の総数) です。

ブロック名 ブロック因子の名前。

ブロックサイズ 1つのブロックで実行できる処置の数。

メモ: 釣合い型不完備ブロック計画にて設定できるブロックサイズは、処置の数によって決まります。指定された処置の数に対して、ドロップダウンボックスで選択できないブロックサイズでは釣合い型不完備ブロック計画を作成できません。

可能なブロック数 計画の「可能なブロック数」は、処置の数とブロックサイズに基づいて計算されます。

実験全体の反復も一覧に含める デフォルトで表示されている可能なブロック数の（ユーザが指定した）倍数に等しいブロック数の計画も一覧に表示します。追加された（複製された）ブロックは、元の計画を循環させて反復したものです。

反復数を指定 （「実験全体の反復も一覧に含める」を選択した場合のみ指定できます。）デフォルトで表示されている可能なブロック数に掛ける数を指定します。

計画の作成 計画を作成します。

計画の検証とテーブルの作成

釣合い型不完備ブロック計画を作成したら、以下のセクションで計画を評価し、保存します。

ブロック計画 釣合い型不完備ブロック計画を従来のレイアウトで表示します。

テーブルの作成 釣合い型不完備ブロック計画のデータテーブルを作成します。

順序の列も作成する 計画のデータテーブルに、各ブロック内での実験の順序を含む列を作成します。

計画 釣合い型不完備ブロック計画を、各行が1つのブロックになっているレイアウトで表示します。

生起行列 各ブロックにおいて、どの処置が生じているかを表示します。行列の各行は、計画のブロックに該当しています。そして、処置がブロック内に存在する場合は1、存在しない場合は0とされています。

処置のペアごとの度数 各処置が同じブロック内で他の処置と同時に生じる度数を非対角要素にもつ行列です。この行列の対角要素は、各処置が生じる総度数になっています。

位置の度数 ブロックのどの位置で各処置が生じているかの度数を示しています。

「釣合い型不完備ブロック計画」のオプション

「釣合い型不完備ブロック計画」プラットフォームの赤い三角ボタンをクリックすると、以下のオプションが表示されます。

応答のシミュレート 計画のデータテーブルに、乱数で生成された応答値を含む列、および、応答値を乱数で生成するための計算式を含む列が追加されます。このオプションは、[テーブルの作成] をクリックする前に選択してください。

[テーブルの作成] をクリックすると、次の処理が実行されます。

- 乱数シミュレーションで生成されたデータ値が、応答変数の列に代入されます。
- 応答値を乱数シミュレーションで生成するための計算式を含む列が、新しい列として追加されます。このデータ値やこの計算式は、計画のウィンドウで指定したモデルに基づいています。
- 「モデル」ウィンドウが表示されます。このウィンドウで、モデルの効果の係数を設定するとともに、[正規]・[二項]・[Poisson] のいずれかの分布を指定できます。

メモ: 計画の種類によっては、使用できない確率分布もあります。

- 「シミュレーション」という名前のスクリプトが、計画のデータテーブルに保存されます。このスクリプトを実行すると、「モデル」ウィンドウが再び開き、シミュレーション値を再度計算したり、応答変数の確率分布を変更したりできます。

「モデル」ウィンドウでは、乱数シミュレーションで用いる応答変数の確率分布を選択してください。このウィンドウで [適用] ボタンをクリックすると、「<Y>のシミュレーション」という名前の列が更新されます。ここで、「<Y>」は応答列の名前です。[適用] を再びクリックすると、この「<Y>のシミュレーション」の値が更新されます。

詳細については、「[応答のシミュレート](#)」を参照してください。

メモ:  「応答のシミュレート」オプションを使うと、JMP Proのシミュレーションの機能を使って、乱数シミュレーションを実行できます。実験計画に関する乱数シミュレーションの詳細は、『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。

スクリプトをスクリプトウィンドウに保存 「釣合い型不完備ブロック計画」ウィンドウで定義した計画のスクリプトを作成し、スクリプトウィンドウに保存します。

「釣合い型不完備ブロック計画」の統計的詳細

釣合い型不完備ブロック計画 (BIBD; Balanced Incomplete Block Design) においては、全体の標本サイズは、次式で求められます。

$$N = ar = bk$$

ここで、

a は、処置の水準数

r は、計画全体において各処置が生じる度数

b は、ブロック数

k は、1ブロックあたりの実験回数

処置の各ペアが発生するブロック数（会合数）は、次のように求められます。

$$\lambda = \frac{r(k-1)}{a-1}$$

ここで、 λ は整数でなければなりません。

これらは、釣合い型不完備ブロック計画を作成するための必要条件ですが、十分条件ではありません。「釣合い型不完備ブロック計画」プラットフォームは、釣合い型不完備ブロック計画になる条件を満たすようなブロック数を表示します。

「実験全体の反復も一覧に含める」を選択した場合、元の釣合い型不完備ブロック計画が指定の数だけ反復されます。追加された（複製された）ブロックは、元の計画を循環させて反復したものです。反復されたブロックにおける処置の位置は、元の計画とは異なります。

釣合い型不完備ブロック計画の詳細については、SAS Institute (2013) を参照してください。

第 26 章

測定システム分析計画 測定システム分析実験の計画を作成する

測定システム分析実験は、多くの場合、完全実施要因計画に基づいて行われます。測定システム分析は、「Gage R&R 分析」（ゲージ R&R 分析）と呼ばれることもあります。「測定システム分析計画」プラットフォームは、測定システム分析（MSA; Measuremnt Systems Analysis）の実験を行うための完全実施要因計画を作成します。交差モデルや枝分かれモデルについては、診断統計量が計算されます。測定システム分析については、『品質と工程』を参照してください。

図 26.1 測定システム分析計画の因子設定

因子

因子の追加 N個の因子を追加 1 削除

☐ 因子水準の表示

名前	MSA 役割	水準の数	ランダム化
 Operator	オペレータ	4	はい
 Part	部品	5	はい
 Gauge	ゲージ	2	はい

目次

測定システム分析計画の概要 679

測定システム分析計画の例 679

測定システム分析計画の作成 683

 応答 684

 因子 686

 測定システム分析計画の構造 687

 測定システム分析計画の診断統計量 688

 測定システム分析計画のデータテーブル 689

測定システム分析計画のオプション 689

「測定システム分析計画」プラットフォームの統計的詳細 691

測定システム分析計画の概要

測定システム分析計画は、完全実施要因計画であり、また、分析対象の要因をすべて変量効果と仮定します。測定システム分析 (Measurement System Analysis) は、「MSA」と略されることもあります。測定システム分析の目的は、各要因によって生じる応答のばらつきを推定することです。「測定システム分析計画」プラットフォームは、測定システム分析の実験を行うための完全実施要因計画を作成します。また、いくつかの診断統計量も計算します。モデルとして、交差モデルや枝分かれモデルを指定できます。

測定システム分析計画の例

ここでは、測定システム分析計画を作成して、使用している測定システムに測定装置 (instrument) や測定者 (operator) に起因するばらつきがどれほど生じているかを調べます。実験室が3つあり、それぞれに重量計があります。各実験室で、2人の測定者が調査に参加します。測定対象として標準的な部品を5種類用意しました。それぞれの測定者に両方の重量計を使って各部品を6回ずつ測定してもらいます。

1. 「実験計画(DOE)」 > 「特殊な目的」 > 「測定システム分析計画」 を選択します。
2. 「N個の因子を追加」に「3」と入力し、「因子の追加」をクリックします。
3. 「X1」という名前を「Part」(部品)に変更し、「MSA 役割」の「なし」をクリックして「部品」に変更し、「水準の数」列に「5」と入力します。
4. 「X2」という名前を「Operator」(測定者)に変更し、「MSA 役割」の「なし」をクリックして「オペレータ」に変更し、「水準の数」列に「2」と入力します。
5. 「X3」という名前を「Lab」(実験室)に変更し、「MSA 役割」の「なし」をクリックして「ゲージ」に変更し、「水準の数」列に「3」と入力します。
6. 「反復の回数」ボックスに「5」と入力します。

反復の回数を5とした場合、1組の組み合わせに対して6回の測定が行われることになります(つまり、全部での測定数は180回となります)。

7. 「実験の反復方法」は「完全無作為化」のままにします。

図 26.2 因子設定

因子

因子の追加 N個の因子を追加 1 削除

☐ 因子水準の表示

名前	MSA 役割	水準の数	ランダム化
Part	部品	5	はい
Operator	オペレータ	2	はい
Lab	ゲージ	3	はい

反復の回数 5 実験の反復方法

☒ 完全無作為化
☐ バッチの反復
☐ 簡便な反復

8. 「因子水準の表示」(「因子」セクションにあるチェックボックス) をオンにします。
9. 因子の値を図 26.3 のように編集します。

図 26.3 因子の値

因子

因子の追加 N個の因子を追加 1 削除

☒ 因子水準の表示

名前	役割	値
▼ Part	カテゴリカル	1 2 3 4 5
▼ Operator	カテゴリカル	1 2
▼ Lab	カテゴリカル	LabA LabB LabC

メモ: 乱数シード値 (手順 10) を設定すると、この例の計画と診断統計量が再現されます。

10. (オプション) 「測定システム分析」の赤い三角ボタンのメニューから [乱数シード値の設定] を選択し、「123」とタイプします。

測定システム分析計画の構造

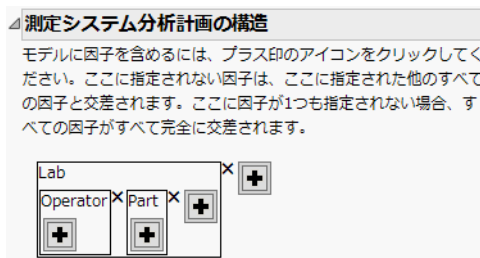
完全交差モデルを作成するには、[計画の作成] をクリックします。計画の構造を指定しなかった場合、完全交差モデルが採用されます。この例では、測定者は 1 つの実験室で作業を行い、部品は各実験室に固有であるため、測定者と部品が実験室の中で枝分かれする計画を指定します。枝分かれ計画、または枝分かれした交差計画を指定するには、プラス印のボタンを使って項をモデルに加えます。

11. プラス印のボタンをクリックして [Lab] (実験室) を選択します。
12. 「Lab」のボックスにあるプラス印のボタンをクリックし、[Operator] (測定者) を選択します。

13. 「Lab」のボックスで「Operator」の右側にあるプラス印のボタンをクリックし、[Part]（部品）を選択します。

これにより、実験室から部品と測定者が枝分かれし、それら部品と測定者は交差するモデルが作成されます。

図 26.4 測定システム分析計画の構造



14. [計画の作成] をクリックします。

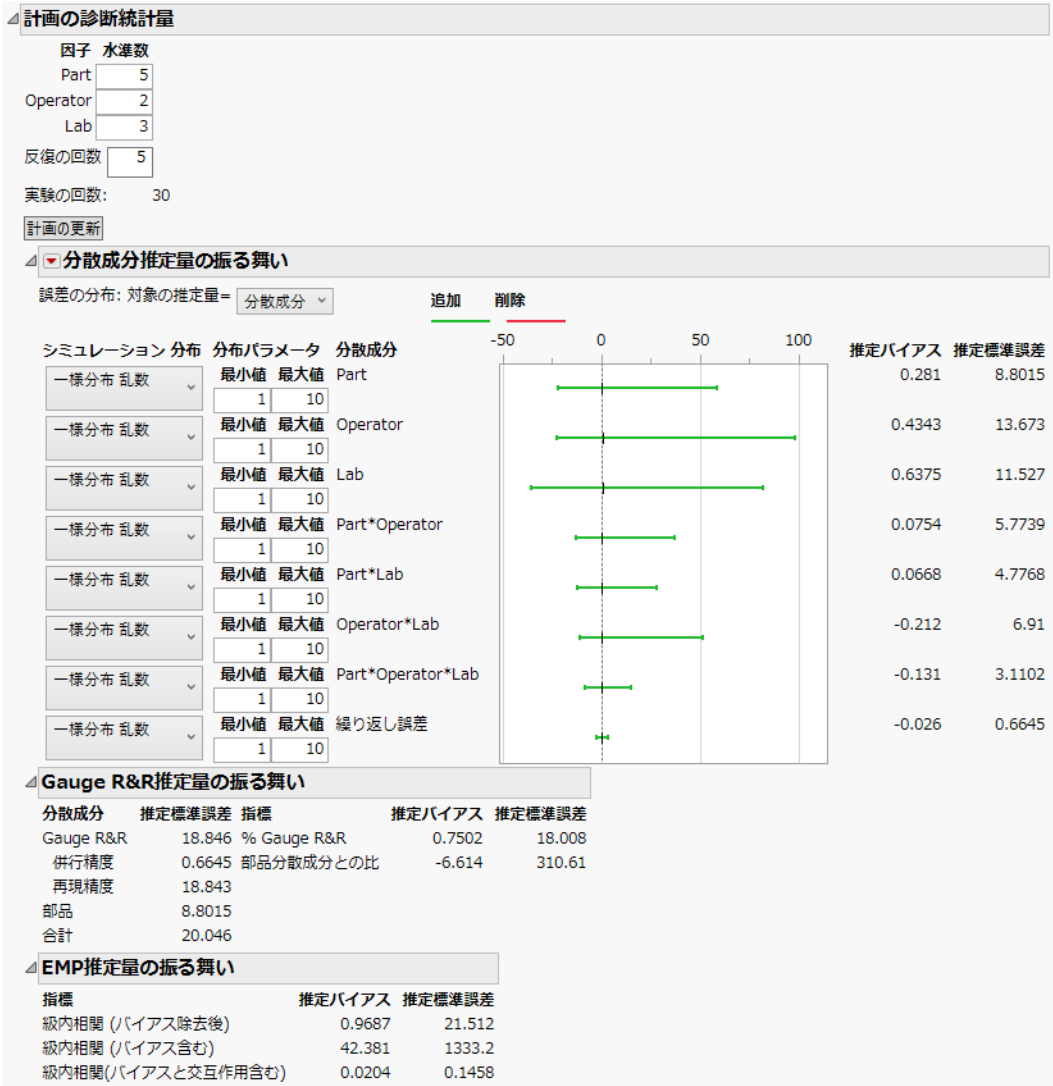
メモ：[テーブルの作成] をクリックすると、データを収集するためのデータテーブルが生成されます。計画のデータテーブルに含まれる分析用スクリプトについては、[「測定システム分析計画のデータテーブル」](#)を参照してください。

15. 下方向にスクロールして「計画の診断統計量」セクションを表示し、グレーの開閉アイコンをクリックします。

「計画の診断統計量」レポートには、1,000回のシミュレーションに基づいたGauge R&R推定量とEMP推定量が表示されます。これらの推定値を使って、測定システム分析計画が評価されます。

16. 「分散成分推定量の振る舞い」のグレーの開閉アイコンをクリックしてレポートを開きます。

図 26.5 測定システム分析計画の診断統計量



17. 診断統計量は、乱数シミュレーションに基づいています。各因子の平均2乗を乱数によって生成し、そこから診断統計量を求めています。そのため、実行する度に、診断統計量の結果は少し異なってきます。各因子のシミュレーションの設定に変更を加え、計画の診断統計量にどのように影響するかを調べることができます。

メモ: 診断統計量は、完全無作為化計画 (completely randomized design) に基づいて計算されます。しかし、現実において測定システム分析を実施する際には、完全にランダムな順番ではなく、何かしらの順番に従って反復を行わなければならない場合もあるでしょう。

- 「応答」
- 「因子」
- 「測定システム分析計画の構造」
- 「測定システム分析計画の診断統計量」
- 「測定システム分析計画のデータテーブル」

応答

「応答」アウトラインでは、1つまたは複数の応答を指定します。

ヒント: 応答の設定を保存したい場合には、「応答」アウトラインへの入力 that 完了した後に、赤い三角ボタンのメニューから「**応答の保存**」を選択してください。これにより、応答の名前・目標・限界・重要度の値がデータテーブルに保存され、「実験計画 (DOE)」のプラットフォームにおいて後で再利用できるようになります。

図 26.7 「応答」アウトライン

▲ 応答

応答の追加 ▼ 削除 応答数...

応答名	目標	下側限界	上側限界	重要度	検出下限	検出上限	単位
Y	最大化	.	.	.	.	.	

応答の追加 応答を1つ追加し、目標の種類を「最大化」（望大特性）、[目標値に合わせる]（望目特性）、[最小化]（望小特性）、[なし]、または「関数的応答」に設定します。[目標値に合わせる]を選択した場合は、目標の限界値を入力します。[最大化] または [最小化] を選択した場合、限界の入力は必須ではありませんが、満足度関数を使用する場合は、入力しておくに役に立つことがあります。

JMP PRO 関数的応答 (JMP Pro でのみ使えます。) 計画に Y という関数的応答の列を追加します。計画のデータテーブルの作成時には、この列に「FDE」列プロパティが追加されます（この「FDE」は、「Functional Data Explorer」（関数データエクスプローラ）の略です）。「関数的応答」の列は「関数データエクスプローラ」プラットフォームで使えます。「関数データエクスプローラ」プラットフォームにおいて、「関数的応答」の列を出力変数（Y 変数）に、実験計画の因子を追加因子（Z 変数）に指定することができます。関数的応答には、最初、1 実験あたり 5 つの、均等間隔で並ぶ測定値が割り当てられます。値を変更するには、水準のテキストボックスをクリックします。水準数を変更するには、「1 実験あたりの測定値数」の値をクリックします。1 実験あたりの測定値数が 10 を超える場合、ダイアログが開き、開始値と水準間の増分を指定することができます。

削除 選択されている応答を削除します。

応答数 応答数を入力すると、その個数だけ応答変数が追加されます。デフォルトの Y 以外の応答を入力した場合、追加された応答の「目標」は、最後に入力した応答と同じものになります。そうでない場合、デフォルトの「目標」は「目標値に合わせる」です。目標を変更するには、テーブル内で目標の種類をクリックします。

「応答」アウトラインには、次のような列があります。

応答名 応答の名前。追加した応答には、デフォルトで「Y」、「Y2」... という名前がつきます。名前を変更するには、ダブルクリックして任意の名前を入力します。

目標・下側限界・上側限界 応答変数を、どうしたいかを指定します。最大化(望大特性)、最小化(望小特性)、特定の目標値に一致させる(望目特性)、目標がない、のいずれかを選択してください。指定された内容に従って、生成された計画のデータテーブルにおける各応答列に、「応答変数の限界」列プロパティが割り当てられます。この情報を使い、各応答の満足度関数が定義されます。「プロファイル」と「等高線プロファイル」は、これらの満足度関数を使って最適な因子設定を見つけます。詳細については、『プロファイル機能』の「プロファイル」章および「[「応答変数の限界」列プロパティ](#)」を参照してください。

- [最大化] は、大きな値ほど良いこと(望大特性)を意味します。なんらかの下側限界や上側限界がある場合は、それらも指定してください。
- [最小化] は、小さな値ほど良いこと(望小特性)を意味します。なんらかの下側限界や上側限界がある場合は、それらも指定してください。
- [目標値に合わせる] の場合、指定された目標値が最良であること(望目特性)を意味します。デフォルトの目標値は、下側限界と上側限界の中間値に設定されます。
- [なし] は、最適化の目標がないことを意味します。この場合、満足度関数は作成されません。

メモ: [目標値に合わせる] を選んだときで、目標値が下側限界と上側限界の中間値ではない場合は、計画のデータテーブルを作成した後に変更してください。それには、データテーブルの応答列において **[列 > 列情報]** を選択し、列情報ウィンドウを開き、希望の目標値を入力します。

重要度 応答が複数ある場合は、指定した重要度の値を使って全体の満足度関数が計算されます。重要度は、応答の重みとして扱われます。応答が1つしかない場合、重要度はデフォルトで1に設定されるため、重要度を指定する必要はありません。

JMP PRO 検出限界 上側および下側の検出限界は、応答変数において測定が可能な範囲を示します。この「検出限界」は列プロパティとして保存されます。「一変量の分布」または「一般化回帰」プラットフォームで応答変数の打ち切りを指定するには、この「検出限界」列プロパティを使用します。『基本的な回帰モデル』の「一般化回帰」章を参照してください。

単位 因子の実験単位。欄をクリックして適切な単位を入力します。

「応答」アウトラインの編集

「応答」アウトラインでは、次のような作業ができます。

- 応答をダブルクリックして応答名を変更する。
- 目標をクリックして変更する。
- 限界または重要度の値をクリックして変更する。
- 複数の応答に対して、重要度の値を入力する。

「応答変数の限界」列プロパティ

応答の入力時に指定した「目標」・「下側限界」・「上側限界」・「重要度」は、最適な因子設定を見つける際に使用されます。これらの情報は、生成された計画のデータテーブルにおいて、各応答列の「応答変数の限界」列プロパティに保存されます。JMPは、この情報を使って満足度関数を定義します。満足度関数は、予測プロファイルで最適な因子設定を見つけるために使用されます。「応答変数の限界」列プロパティの詳細とその使用例については、「[「応答変数の限界」列プロパティ](#)」を参照してください。

下側限界と上側限界が指定されていない場合、観測された応答データの範囲に基づいて自動的に満足度関数が定義されます。下側限界と上側限界が指定されている場合には、それらの限界によって満足度関数が定義されます。満足度関数の作成については、『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。

メモ: 検出限界は、測定システム分析計画では使用できません。ただし、JSLを使って追加することができます。

因子

「測定システム分析計画」の「因子」セクションでは、計画に因子を追加します。

メモ: 「測定システム分析計画」プラットフォームでは、[部品] の役割を持つ因子が1つが必要です。

因子の追加 クリックして1つ以上の因子を追加します。

削除 選択されている因子が削除されます。

N個の因子を追加 複数の因子を追加します。追加する因子の個数を入力し、[因子の追加] をクリックします。

因子水準の表示 因子の水準を表示する場合に選択します。次のオプションがあります。

名前 因子名と、水準を追加するメニュー。

役割 「カテゴリカル」に固定されています。測定システム分析で扱う因子は、カテゴリカルなものなので、「カテゴリカル」に固定されています。

値 因子の水準。クリックして編集することができます。

名前 因子の名前。クリックして編集することができます。

MSA 役割 測定システム分析における因子の役割。クリックして、[オペレータ]・[部品]・[ゲージ]・[なし] のいずれかを選択します。[部品] の役割を持つ因子が1つが必要です。

水準の数 因子の水準数。

ランダム化 計画のデータテーブルにおいて因子をランダム化するかどうか。

反復の回数 計画に含める反復の回数 (0～10)。この「反復の回数」には、最初の測定に追加して行う測定の回数を指定してください。デフォルトの値は2です。これは、1つの組み合わせごとに合計3回の測定が行われることを意味します。各組み合わせでの測定を1回にする場合は、反復の回数を0に設定します。

実験の反復方法 実験を反復する順序を指定します。

完全無作為化 (すべての因子の「ランダム化」が「はい」に設定されている場合に使用できます。) 計画の実験の順序がランダムになります。

バッチの反復 因子の組み合わせがバッチ単位で実行されます。反復の各セットが、新しいバッチを構成します。バッチ内での実験の順序はランダムです。

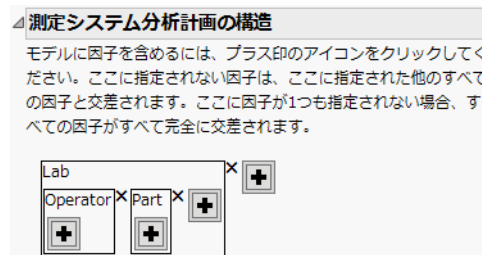
簡便な反復 反復が順番通りに実行されます。

メモ: 最終的な計画テーブルに「反復」列が含まれます。[完全無作為化] オプションの場合、「反復」列は表示されません。

測定システム分析計画の構造

「測定システム分析計画の構造」セクションでは、計画の構造を定義します。プラス印のボタンをクリックして、因子をモデルに含めます。枝分かれ項を指定するには、まず上位の因子を含めます。次に、その因子の下にあるプラス印ボタンをクリックして枝分かれ因子を含めます。因子を交差させるには、因子の右側にあるボタンをクリックします。構造を指定しなかった因子は、他のすべての因子と交差するものとみなされます。

図 26.8 測定システム分析計画の構造の例



ヒント: 完全交差モデルを作成するには、「計画の作成」をクリックします。構造を定義しなかった場合、完全交差モデルが作成されます。

複雑な枝分かれ構造の場合、階層的順序の原則に従って因子が含まれます。1つの因子の中で枝分かれしている因子は、2つの因子の中で枝分かれしている因子より先にモデルに含まれます。

測定システム分析計画の診断統計量

「計画の診断統計量」レポートにある診断統計量は、乱数シミュレーションに基づいています。各因子の平均2乗を乱数によって生成し、そこから診断統計量を求めています。そのため、実行する度に、診断統計量の結果は少し異なってきます。因子ごとに、シミュレーションに使用する確率分布とその確率分布のパラメータ値を指定できます。設定に変更を加えるたびに、計画の診断統計量が更新されます。そのため、作成した計画が、想定異なるモデルにおいて、測定システムをどれだけ効果的に評価できるかを調べることができます。計画の水準数を変更して別の計画を試すこともできます。

分散成分推定量の振る舞い

「分散成分推定量の振る舞い」レポートでは、モデルの因子ごとに、シミュレーションに使用する確率分布とその確率分布のパラメータ値を指定することができます。指定した確率分布を使って多数のシミュレーションが行われ、指定した計画とシミュレーションの仮定に基づいて、調査で収集される測定値が生成されます。興味のある推定値として、分散成分が分散の割合かのいずれかを選択できます。

「分散成分推定量の振る舞い」レポートには、次の要素が含まれています。

シミュレーション 分布 各モデル項のシミュレーションに使用する確率分布。[固定]・[一様分布 乱数]・[正規分布 乱数]・[ガンマ分布 乱数]の中から選びます。

分布パラメータ 指定した分布のパラメータ。

分散成分 モデル項の名前。

推定値プロット 推定値とシミュレートした残差の範囲をプロットしたもの。区間が緑色で表示されている場合は、その項がモデルに含まれていることを示します。区間が赤で表示されている場合、その項はモデルに含まれていません。

ヒント: 区間をクリックすることで、その項をモデルから除外したり、モデルに含めたりできます。

推定バイアス シミュレーションにおいて観測された平均バイアス。どのシミュレーションにも真の分散成分と分散成分の推定値があります。各シミュレーションのバイアスとは、残差を指します。

推定標準誤差 シミュレーションにおいて観測された残差の標準誤差の平均。

「分散成分推定量の振る舞い」の赤い三角ボタンのメニューには、以下のオプションが表示されます。

データテーブルを作成 シミュレーションをまとめたデータテーブルが開きます。このデータテーブルには、各回でシミュレートされた真の値と推定値が含まれます。

Gauge R&R 推定量の振る舞い

シミュレーションに基づく Gauge R&R のレポート。このレポートを使って、特定の計画における精度と標本抽出の不確かさを推定します。

EMP 推定量の振る舞い

シミュレーションに基づく EMP レポート。「EMP 等級分け」の詳細については、『品質と工程』を参照してください。

測定システム分析計画のデータテーブル

以下のボタンを使って、測定システム分析計画の作成を完了するか、計画を確認します。

テーブルの作成 測定システム分析計画のデータテーブルを作成します。データテーブルには、計画のほか、実験の順序と反復の列、さらに以下の分析のスクリプトが含まれます。

EMP 測定システム分析 「測定システム分析」プラットフォームを開きます。Y の値を入力またはシミュレートする必要があります。「[測定システム分析](#)」を参照してください。

変動性図 「計量値用ゲージ」プラットフォームを開きます。Y の値を入力またはシミュレートする必要があります。「[計量値用ゲージチャート](#)」を参照してください。

計画の構造 計画の構造を表示したスクリプトウィンドウが開きます。

DOE ダイアログ 「測定システム分析計画」プラットフォームを開き、現在のデータテーブルの生成に使われた設定を表示します。

オペレータごとのデータテーブル （「MSA 役割」を [オペレータ] に設定した因子がある場合のみ使用できます。）オペレータごとにデータテーブルを作成します。このデータテーブルは、データの収集に使用できます。

シミュレーション （[応答をシミュレート] を選択した場合のみ使用できます。）「応答をシミュレート」ウィンドウが開きます。「[応答のシミュレート](#)」を参照してください。

戻る 戻って、計画の設定に調整を加えることができます。

測定システム分析計画のオプション

「測定システム分析計画」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ています。

応答の保存 「応答」パネルの情報を、新しいデータテーブルに保存します。これで保存した情報は、ほとんどの「実験計画(DOE)」ウィンドウで簡単に読み込むことができます。応答の情報を後で再利用したい場合に便利です。

応答のロード データテーブルから応答をロードします。[応答の保存] オプションを使って応答のデータテーブルを生成します。

因子の保存 「因子」パネルの情報を、新しいデータテーブルに保存します。各因子の列には、その因子の水準が表示されます。その他の情報は、列プロパティとして保存されます。これで保存した情報は、ほとんどの「実験計画(DOE)」ウィンドウで簡単に読み込むことができます。因子の情報を後で再利用したい場合に便利です。

メモ: 空のデータテーブルにデータを直接入力して因子のデータテーブルを作成することもできますが、その場合も、すべての列に適切な役割を割り当てる必要があります。役割を割り当てるには、データグリッド内で列名を右クリックし、**[列プロパティ]** > **[因子の役割]** を選択します。そして、「因子の役割」セクションで、適切な役割を選択してください。

因子のロード データテーブルから因子をロードします。**[因子の保存]** オプションを使って因子のデータテーブルを生成します。計画の種類に合わない因子をロードしようとすると、警告が表示されます。

制約の保存 (一部の計画では使用できません。)**「因子の制約を定義」**または**「線形制約」**で定義した因子の制約を、データテーブルの列として保存します。これで保存した情報は、ほとんどの「実験計画(DOE)」ウィンドウで簡単に読み込むことができます。制約の情報を後で再利用したい場合に便利です。

制約のデータテーブルにおける冒頭の数行には、各因子に対する係数が含まれます。最後の行は、不等式の右辺値を含みます。各制約の列には、「以下」と「以上」のどちらの制約であるかを示す**「制約状態」**という列プロパティが含まれます。**「[制約状態] 列プロパティ」**を参照してください。

制約のロード (一部の計画では使用できません。) データテーブルから因子の制約をロードします。**[制約の保存]** オプションを使って制約のテーブルを生成します。

乱数シード値の設定 このオプションに指定した整数が、乱数を用いる処理の乱数シード値として使われます。次のような処理で、乱数は使われます。

- 計画作成の検索アルゴリズムにおける初期化
- データテーブル作成時における実験順序のランダム化
- 最適計画を探索するときの初期計画(開始点)の選択

計画を再現するには、その計画の生成に使われた乱数シード値を入力し、**[計画の作成]** をクリックします。

計画の作成に使われた乱数シード値は、計画のデータテーブルに保存される「DOE ダイアログ」スクリプトにも含まれます。

応答のシミュレート 計画のデータテーブルに、乱数で生成された応答値を含む列、および、応答値を乱数で生成するための計算式を含む列が追加されます。このオプションは、**[テーブルの作成]** をクリックする前に選択してください。

[テーブルの作成] をクリックすると、次の処理が実行されます。

- 乱数シミュレーションで生成されたデータ値が、応答変数の列に代入されます。
- 応答値を乱数シミュレーションで生成するための計算式を含む列が、新しい列として追加されます。このデータ値やこの計算式は、計画のウィンドウで指定したモデルに基づいています。

- 「モデル」ウィンドウが表示されます。このウィンドウで、モデルの効果の係数を設定するとともに、[正規]・[二項]・[Poisson] のいずれかの分布を指定できます。

メモ: 計画の種類によっては、使用できない確率分布もあります。

- 「シミュレーション」という名前のスクリプトが、計画のデータテーブルに保存されます。このスクリプトを実行すると、「モデル」ウィンドウが再び開き、シミュレーション値を再度計算したり、応答変数の確率分布を変更したりできます。

「モデル」ウィンドウでは、乱数シミュレーションで用いる応答変数の確率分布を選択してください。このウィンドウで [適用] ボタンをクリックすると、「<Y>のシミュレーション」という名前の列が更新されます。ここで、「<Y>」は応答列の名前です。[適用] を再びクリックすると、この「<Y>のシミュレーション」の値が更新されます。

詳細については、「[応答のシミュレート](#)」を参照してください。

メモ:  [応答のシミュレート] オプションを使うと、JMP Proのシミュレーションの機能を使って、乱数シミュレーションを実行できます。実験計画に関する乱数シミュレーションの詳細は、『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。

スクリプトをスクリプトウィンドウに保存 現在の「カスタム計画」で定義している計画を作成するスクリプトを、スクリプトウィンドウに保存します。

「測定システム分析計画」プラットフォームの統計的詳細

シミュレーションの各回は、まず、分散成分の真値を乱数で生成します。そして、そのシミュレートされた真値をもとに、平均平方の乱数が生成されます。「分散」および「分散の割合」の信頼区間は、そのように生成された平均平方の乱数シミュレーションにより算出されています。それらの平均平方は、期待平均平方で尺度化されたカイ2乗分布に従う乱数によって生成されます。モーメント推定によって分散が推定されるものとして、シミュレーションの各回で分散推定値が算出されます。それらの分散推定値から「分散の割合」の信頼区間が求められます。

たとえば、あるモデルにおける「部品」の分散を考えてみましょう。シミュレーションは、次のような手順で計算されます。

1. 「部品」の平均平方、「部品」が関係している2因子間交互作用の平均平方、および「部品」が関係している3因子間以上の交互作用の平均平方をシミュレートします。

2. 次のような包除原理を使って分散推定値を求めます。

「部品」の分散推定値 = 「部品」の平均平方 – 2因子間交互作用の平均平方 + 3因子間交互作用の平均平方 – ... +/- 最高次の交互作用の平均平方

3. 「部品」の「分散の割合」は、上式で求められた「部品」の分散推定値を合計分散で割って算出されます。

メモ: 平均平方は、期待平均平方で尺度化されたカイ2乗分布から生成されます。具体的には、平均平方 = カイ2乗分布 × 期待平均平方 ÷ 自由度です。こうして「分散」および「分散の割合」の分布が、シミュレートされます。乱数に基づいているため、推定バイアスと標準誤差は、母分散が更新されるたびに、またはプラットフォームが実行されるたびに異なる値になります。

第 27 章

群直交過飽和計画 群直交過飽和計画の作成

群直交過飽和計画は、スクリーニング計画の特殊なケースです。一連の実験における初期の段階で、実験で調べるべき因子の個数が実験回数より多い場合は、群直交過飽和計画が役立つでしょう。「過飽和計画」とは、実験回数（標本サイズ）がモデルパラメータの個数より少ない計画を指します。過飽和計画では、すべての主効果を同時に推定することができないため、有意な効果を検出するのが難しいです。群直交過飽和計画は、モデル選択に適した特殊な特徴を持つ、2 水準過飽和計画です。

目次

群直交過飽和計画の概要..... 695

群直交過飽和計画の例 695

群直交過飽和計画の作成..... 697

 因子の指定、構造、計画の作成..... 697

 計画の検証とテーブルの作成..... 698

群直交過飽和計画のオプション 699

群直交過飽和計画の統計的詳細 700

群直交過飽和計画の概要

群直交過飽和計画 (group orthogonal supersaturated design; GOSSD) は、モデル選択に適した特殊な特徴を備えています。群直交過飽和計画では、実験に用いる因子はいくつかの群に分けられます。そして、ある群に属する因子は、同じ群の他の因子とは相関しているものの、他の群の因子とは直交するという特徴を持ちます。第1群は、3因子以上の「疑似」因子 (“fake” factor) から成ります。これらの疑似因子は、実験で用いる因子には割り当てられず、統計分析を行うときのみ使用されます。疑似因子を用いることにより、2次以上の効果は無視できると仮定できる場合には、分散の不偏推定量を求めることができるようになります。

群直交過飽和計画を作成する際、次の点に注意してください。

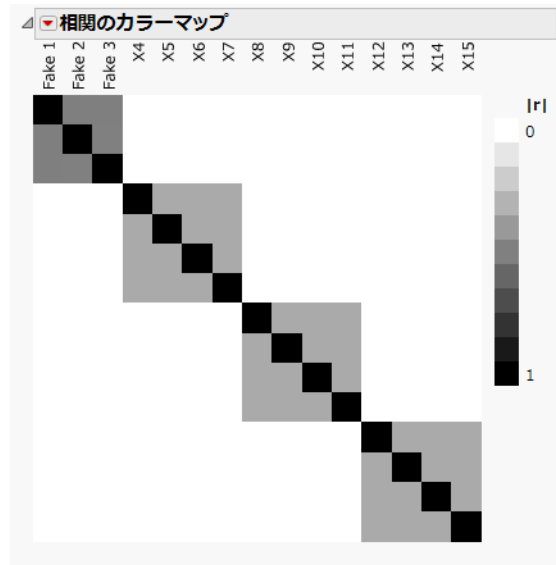
- 群の個数は多いほうが良い。
- 重要と考えられる複数の因子は、同じ群に入れない。
- 係数の値が正になるように因子の水準を設定する。

群直交過飽和計画の例

群直交過飽和計画を使って、12回の実験で12個の因子を実験する計画を作成します。そして、切片や疑似因子を含めて、少なくとも16個の因子を計画に含めることにします。16因子のうち、1つは切片のために必要です。また、16因子のうち、3因子以上は疑似因子に設定することが望ましいです。

1. [実験計画(DOE)] > [特殊な目的] > [群直交過飽和] > [群直交過飽和計画] を選択します。
2. [実験回数] を選択します。
3. 「実験回数」に「12」を入力し、テキストボックスの外をクリックします。
4. 「構造」ウィンドウで、2つ目のオプション（群の個数4、サイズ4、パラメータ数16）を選択します。
5. 因子名の「X1」をクリックし、「Fake 1」に変更します。
6. 「X2」と「X3」も同様に「Fake 2」と「Fake 3」に変更します。
7. [計画の作成] をクリックします。

図 27.1 群直交過飽和計画の「相関のカラーマップ」



「相関のカラーマップ」にて、群直交過飽和計画の特徴を確認できます。同じ群に属している因子は、互いに相関しています。異なる群に属している因子は、相関せず、直交しています。

群直交過飽和計画の作成

群直交過飽和計画を作成するには、[実験計画(DOE)] > [特殊な目的] > [群直交過飽和] > [群直交過飽和計画] を選択し、「群直交過飽和計画」プラットフォームを開きます。

図 27.2 「群直交過飽和計画」ウィンドウ

群直交過飽和計画

☒ 実験回数
2(できれば4)の乗数でなければなりません。

☐ 因子数
「因子数」には切片の分の1を追加した整数を指定してください。

構造

群の個数	群のサイズ	パラメータ数
2	4	8

注: 上のオプションのいずれかを選択してください。

因子

因子名	役割	下側	上側
切片	連続尺度	1	1
X1	連続尺度	-1	1
X2	連続尺度	-1	1
X3	連続尺度	-1	1
X4	連続尺度	-1	1
X5	連続尺度	-1	1
X6	連続尺度	-1	1

群の構造

計画の作成

「列の選択」の赤い三角ボタンのメニューのオプションについては、『JMPの使用法』を参照してください。

「群直交過飽和計画」は、計画の手順を踏むごとに内容が更新されます。

- ・ 「因子の指定、構造、計画の作成」
- ・ 「計画の検証とテーブルの作成」

因子の指定、構造、計画の作成

以下のオプションを使って群直交過飽和計画を定義し、作成します。

ヒント: 群直交過飽和計画の構造を定義するには、実験回数または因子数のいずれかを指定します。

実験回数 計画の実験回数を指定します。回数は、2（できれば4）の倍数でなければなりません。

因子数 因子の個数を指定します。この因子数には、切片を示す因子1個と、疑似因子（3～5個）の個数も含めてください。因子数は、8の乗数でなければなりません。

構造 使用できる構造のリストが表示されます。リストに含まれる列の種類は、実験回数と因子数のどちらを指定したかによって異なります。

群の個数 計画に含まれる群の個数。最小値は2です。

群のサイズ 各群に含まれる因子の個数。

実験回数 (因子数を指定した場合に表示されます。) 計画に含まれる実験の回数。

パラメータ数 (実験回数を指定した場合に表示されます。) 計画に含まれるパラメータの個数。このパラメータの個数には、実験に使われる因子のパラメータだけではなく、1つの切片パラメータと、疑似因子のパラメータも含まれます。

因子

因子名 切片を表す因子名は固定されていますが、残りの因子の名前は変更できます。

役割 [連続尺度] または [カテゴリーカル] を指定します。

下側 各因子の下限を設定します。

上側 各因子の上限を設定します。

群の構造 各群にどの因子が属するかを示します。

交換 群の間で因子を交換します。

計画の作成 計画を作成します。

計画の検証とテーブルの作成

以下のオプションを使って、群直交過飽和計画を確認し、評価します。

計画の作成 このアウトラインには、作成された計画行列が表示されています。

テーブルの作成 群直交過飽和計画のデータテーブルを作成します。この計画のデータテーブルには、次のようなスクリプトが含まれます。

モデル (応答列が入力されている場合のみ、実行できます。) [実験計画(DOE)] > [特殊な目的] > [群直交過飽和] > [群直交過飽和のあてはめ] プラットフォームを実行します。

DOE ダイアログ 現在の計画を再現する「群直交過飽和計画」ウィンドウを呼び出します。

群直交過飽和計画の構造 計画の構造(実験回数・パラメータ数・群の個数・群のサイズ)を表示します。

多変量 計画因子に対し、[分析] > [多変量の相関] プラットフォームを実行します。

モデル行列 計画行列を含みます。

シミュレーション（応答をシミュレートした場合に使用できます。）「応答をシミュレート」ウィンドウを起動します。

計画の評価

相関行列 効果間の相関を示す行列が表示されています。

相関のカラーマップ 効果間における相関係数の絶対値を、色でプロットしたグラフです。赤い三角ボタンのメニューには、相関をデータテーブルに保存するオプションが含まれています。

群直交過飽和計画のオプション

「群直交過飽和計画」プラットフォーム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ています。

応答のシミュレート 計画のデータテーブルに、乱数で生成された応答値を含む列、および、応答値を乱数で生成するための計算式を含む列が追加されます。このオプションは、[テーブルの作成] をクリックする前に選択してください。

[テーブルの作成] をクリックすると、次の処理が実行されます。

- 乱数シミュレーションで生成されたデータ値が、応答変数の列に代入されます。
- 応答値を乱数シミュレーションで生成するための計算式を含む列が、新しい列として追加されます。このデータ値やこの計算式は、計画のウィンドウで指定したモデルに基づいています。
- 「モデル」ウィンドウが表示されます。このウィンドウで、モデルの効果の係数を設定するとともに、[正規]・[二項]・[Poisson] のいずれかの分布を指定できます。

メモ: 計画の種類によっては、使用できない確率分布もあります。

- 「シミュレーション」という名前のスクリプトが、計画のデータテーブルに保存されます。このスクリプトを実行すると、「モデル」ウィンドウが再び開き、シミュレーション値を再度計算したり、応答変数の確率分布を変更したりできます。

「モデル」ウィンドウでは、乱数シミュレーションで用いる応答変数の確率分布を選択してください。このウィンドウで [適用] ボタンをクリックすると、「<Y>のシミュレーション」という名前の列が更新されます。ここで、「<Y>」は応答列の名前です。[適用] を再びクリックすると、この「<Y>のシミュレーション」の値が更新されます。

詳細については、「[応答のシミュレート](#)」を参照してください。

メモ:  「応答のシミュレート」オプションを使うと、JMP Pro のシミュレーションの機能を使って、乱数シミュレーションを実行できます。実験計画に関する乱数シミュレーションの詳細は、『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。

スクリプトをスクリプトウィンドウに保存 「群直交過飽和計画」ウィンドウで定義した計画のスクリプトを作成し、スクリプトウィンドウに保存します。

群直交過飽和計画の統計的詳細

計画の構造に関する統計的詳細は、Jones et.al. ([2019](#)) を参照してください。

第28章

「群直交過飽和のあてはめ」プラットフォーム 群直交過飽和計画データの分析

「群直交過飽和のあてはめ」プラットフォームは、群直交過飽和計画で得られたデータを分析するためのプラットフォームです。その分析手法は、群直交過飽和計画における群の直交性を利用します。

図 28.1 群直交過飽和のあてはめの結果

群直交過飽和のあてはめ 応答

群1

群2

項	推定値	標準誤差	t値	p値(Prob> t)
X7	3.1345	0.1542	20.331	0.0003*

群3

項	推定値	標準誤差	t値	p値(Prob> t)
X10	3.1411	0.1542	20.374	0.0003*

群4

項	推定値	標準誤差	t値	p値(Prob> t)
X13	3.3291	0.1635	20.359	0.0003*
X14	0.4143	0.1635	2.5336	0.0852

組み合わせたモデルのパラメータ推定値

項	推定値	標準誤差	t値	p値(Prob> t)
X7	3.1345	0.2566	12.215	<.0001*
X10	3.1411	0.2566	12.241	<.0001*
X13	3.3291	0.2722	12.231	<.0001*
X14	0.4143	0.2722	1.5222	0.1718

統計量 値

RMSE	0.8889
自由度	7

モデルの作成

モデルの実行

目次

「群直交過飽和のあてはめ」プラットフォームの概要 703

「群直交過飽和のあてはめ」プラットフォームの例 703

「群直交過飽和のあてはめ」プラットフォームの起動 706

「群直交過飽和のあてはめ」レポート 707

「群直交過飽和のあてはめ」プラットフォームのオプション 708

「群直交過飽和のあてはめ」プラットフォームの統計的詳細 708

「群直交過飽和のあてはめ」プラットフォームの概要

群直交過飽和計画 (group orthogonal supersaturated design; GOSSD) は、重要な効果を選択するのに適した特徴をもっています。群直交過飽和計画では、実験に用いる因子はいくつかの群に分けられます。そして、「ある群に属する因子は、同じ群に属する因子とは互いに相関しているものの、他の群に属する因子とは直交する」という特徴を持ちます。この特徴を活かして、次のような分析を行います。

- 第1群に割り当てられた疑似因子(ダミー因子)をもとに、分散の推定値を求めます。なお、このとき、「2次以上の効果は無視できる」と仮定できなければいけません。
- ある群と別の群が直交していることを活かして、2段階でのモデル選択を行います。

「群直交過飽和のあてはめ」プラットフォームで採用されている2段階のモデル選択では、第1段階において、すべての因子に対して回帰プロットを描くことができます。また、重要な効果が選択された後、その選択されたモデルを「モデルのあてはめ」プラットフォームで検討することもできます。

「群直交過飽和のあてはめ」プラットフォームの例

「群直交過飽和のあてはめ」プラットフォームを使って群直交過飽和計画を評価してみましょう。12回の実験で12個の因子を実験する計画を作成し、乱数でシミュレートした応答を使ってモデルをあてはめます。群直交過飽和計画を作成するにあたり、少なくとも16個の因子を含めなければいけません。そのとき、ここでは、切片のために1個、疑似因子のために少なくとも3個の因子を割り当てることにします。そして、残りの12個を実験に用いる因子に割り当てることにします。

ヒント: 疑似因子は3因子でなくても構いません。4因子以上にしても構いません。

計画の作成

1. [実験計画(DOE)] > [特殊な目的] > [群直交過飽和] > [群直交過飽和計画] を選択します。
2. [実験回数] を選択します。
3. 「実験回数」に「12」を入力し、テキストボックスの外をクリックします。
4. 「構造」セクションで、2つ目のオプション(群の個数4、サイズ4、パラメータ数16)を選択します。
5. 因子名の「X1」をクリックし、「Fake 1」に変更します。
6. 「X2」と「X3」も同様に「Fake 2」と「Fake 3」に変更します。
7. 「群直交過飽和計画」の赤い三角ボタンをクリックし、[応答のシミュレート] を選択します。
8. [計画の作成] をクリックします。
9. [テーブルの作成] をクリックします。

図28.2 「応答をシミュレート」ウィンドウ

▲ 応答をシミュレート

▶ グループ化 1

▲ グループ化 2

効果	応答
X4 1	0
X5 1	0
X6 1	0
X7 1	3.09

▲ グループ化 3

効果	応答
X8 1	0
X9 1	0
X10 1	3.18
X11 1	0

▲ グループ化 4

効果	応答
X12 1	0
X13 1	3.22
X14 1	0
X15 1	0

係数のリセット

▲ 分布

☒ 正規 誤差 σ :

☐ 二項

☐ Poisson

適用

「応答をシミュレート」ウィンドウに、計画のデータテーブルを生成するのに使用された設定が表示されます。「グループ化 1」のセクションボックスは閉じています。「グループ化 1」には、疑似因子が含まれた群です。疑似因子は、モデルに影響を及ぼさないものと仮定されるため、いずれの因子も係数が「0」に設定されています。乱数によって設定やデータが生成されているため、実際の結果は、[図28.2](#)とは異なります。この乱数シミュレーションでは、「1群あたり1つの効果が有効である」という設定になっています。

ヒント: 「応答をシミュレート」ウィンドウに新しい値を入力すれば、別の乱数シミュレーションを行うことができます。

シミュレートした応答の分析

1. [実験計画(DOE)] > [特殊な目的] > [群直交過飽和] > [群直交過飽和のあてはめ] を選択します。
2. 「応答」を選択し、[Y] をクリックします。
3. 「Fake 1」から「X15」までを選択し、[X] をクリックします。
4. [OK] をクリックします。

ヒント: 「群直交過飽和」プラットフォームで生成される計画のテーブルには、「モデル」というスクリプトが含まれます。このスクリプトを実行すると、分析を直接実行できます。

図 28.3 群直交過飽和のあてはめの結果

群直交過飽和のあてはめ 応答

群1

群2

項	推定値	標準誤差	t値	p値(Prob> t)
X7	3.1345	0.1542	20.331	0.0003*

群3

項	推定値	標準誤差	t値	p値(Prob> t)
X10	3.1411	0.1542	20.374	0.0003*

群4

項	推定値	標準誤差	t値	p値(Prob> t)
X13	3.3291	0.1635	20.359	0.0003*
X14	0.4143	0.1635	2.5336	0.0852

組み合わせモデルのパラメータ推定値

項	推定値	標準誤差	t値	p値(Prob> t)
X7	3.1345	0.2566	12.215	<.0001*
X10	3.1411	0.2566	12.241	<.0001*
X13	3.3291	0.2722	12.231	<.0001*
X14	0.4143	0.2722	1.5222	0.1718

統計量 値

RMSE 0.8889

自由度 7

モデルの作成 モデルの実行

この例では、「X7」・「X10」・「X13」が効果を持つ因子として設定されています。「群直交過飽和のあてはめ」によって、この3つの因子が有意であると判断されました。加えて、「X14」も有意と特定されています。実際に実験・分析する場合は、効果の大きさや有意性を吟味し、より詳しく調べる必要があるかどうかを判断する必要があります。

メモ: シミュレーションの設定や結果は、乱数によって生成されています。実際の結果は、この例の図28.3とは異なります。場合によっては、ある群に他にも有効な効果がある可能性を示す警告が表示されます。過飽和計画においては、実験結果から結論がはっきりと決まらない場合があります。

5. 「モデルの実行」をクリックし、特定されたモデルを実行します。

「群直交過飽和のあてはめ」プラットフォームの起動

「群直交過飽和のあてはめ」プラットフォームを起動するには、[実験計画(DOE)] > [特殊な目的] > [群直交過飽和] > [群直交過飽和のあてはめ] を選択します。

メモ: JMPの「群直交過飽和計画」プラットフォームを使って作成した計画の場合は、計画のデータテーブルに「モデル」というスクリプトが含まれています。このスクリプトを実行すると、分析をすぐに実行できます。

図28.4 「群直交過飽和のあてはめ」起動ウィンドウ

グループごとにまとめられた効果を調べ、効果をもつ因子を特定する。

Y 1つまたは複数の応答変数。数値型変数である必要があります。

X 因子。2水準の連続尺度かカテゴリカルである必要があります。このプラットフォームは、群直交過飽和計画の特殊な特徴を利用して分析を行うため、分析対象のデータが群直交過飽和計画のデータになっていなければいけません。

「列の選択」の赤い三角ボタンのメニューのオプションについては、『JMPの使用法』を参照してください。

項 応答に影響していると判定された主効果。つまり、有効（アクティブ）であると判定された主効果。

推定値 主効果に対する係数（パラメータ推定値）。

標準誤差 データセット全体を使用し、指定のモデルと切片をあてはめて求めた推定値の標準誤差。

t値 推定値を標準誤差で割った値。

p値(Prob>|t|) 誤差の自由度（DF）とt値を使って計算されるp値。

RMSE 平均平方誤差の平方根（RMSE; Root Mean Squared Error、誤差の標準偏差）。

自由度 RMSEを計算するのに使われた誤差の自由度。

「群直交過飽和のあてはめ」プラットフォームのオプション

「群直交過飽和のあてはめ」プラットフォームの赤い三角ボタンのメニューには、プラットフォームのオプションが表示されます。

以下のオプションの詳細については、『JMPの使用法』を参照してください。

やり直し 分析を繰り返したり、やり直したりするオプションを含みます。また、[自動再計算] オプションに対応しているプラットフォームにおいては、[自動再計算] オプションを選択すると、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。

プラットフォーム環境設定 現在のプラットフォームの環境設定を表示したり、現在のJMPレポートの設定に合わせて環境設定を変更したりできます。

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。

「群直交過飽和のあてはめ」プラットフォームの統計的詳細

群直交過飽和計画の分析は、2段階になっています。1段階目では、どの群に有効な効果があるかを調べます。

- まず、疑似因子から σ の推定値を求めます。疑似因子はその後の分析には使いません。
- 複数の因子で構成された各群の有意性を求めます。

2段階目では、有効（アクティブ）な群の中で、個々の因子の有意性を求めます。その際、特定の基準が満たされるまで2次効果が追加されていきます。この方法については、Jones and Nachtsheim (2016) を参照してください。統計的詳細については、Jones et al. (2019) を参照してください。

第29章

標本サイズエクスプローラ 標本サイズ/検出力の計算

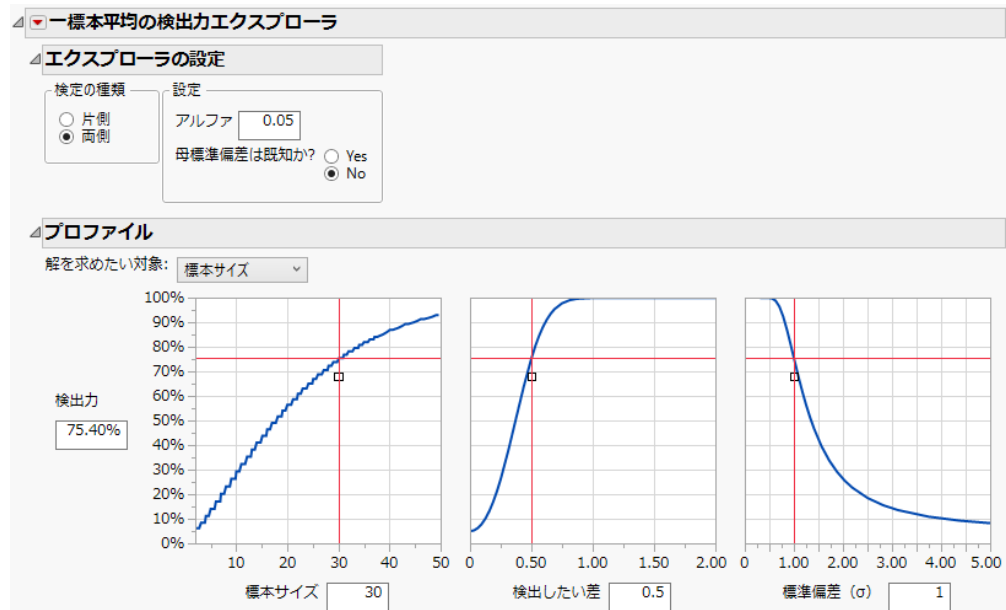
「標本サイズエクスプローラ」は、実験や調査において必要な標本サイズ（標本の大きさ、サンプルサイズ）を求めます。

- 何個の製品を検査すべきか？
- 現在の標本サイズによって、2つの処置の平均の差をきちんと検出できるか？
- 信頼区間をある幅にするには、標本サイズをどれぐらいにすればいいか？
- 故障時間を推定するのに何個のユニットを試験する必要があるか？

「標本サイズエクスプローラ」は対話型になっています。パラメータや設定をいろいろ試して、計画がどうなるかを探索できます。「標本サイズエクスプローラ」は、次の用途別に分類されています。

- 仮説検定
- 信頼区間
- 信頼性実証と信頼性寿命試験
- シグマクオリティ水準

図 29.1 一標本平均の標本サイズエクスプローラ



目次

「標本サイズエクスプローラ」プラットフォームの概要	711
標本サイズエクスプローラの例	711
標本サイズエクスプローラの起動	712
仮説検定のための「検出力エクスプローラ」	713
一標本平均の検出力	714
一標本割合の検出力	716
一標本分散の検出力	719
一標本平均の同等性の検出力	721
一標本 Poisson 平均の検出力	724
独立二標本平均の検出力	726
独立二標本割合の検出力	730
独立二標本分散の検出力	732
独立二標本平均の同等性の検出力	735
独立二標本 Poisson 平均の検出力	738
分散分析の検出力	740
信頼区間エクスプローラ	743
一標本平均の信頼区間	744
一標本割合の信頼区間	747
一標本分散の信頼区間	749
一標本 Poisson 平均の信頼区間	751
「一標本 Poisson 平均の信頼区間エクスプローラ」の統計的詳細	752
独立二標本平均の信頼区間	753
独立二標本割合の信頼区間	755
独立二標本分散の信頼区間	758
独立二標本 Poisson 平均の信頼区間	759
信頼性エクスプローラ	761
パラメトリックな信頼性実証	762
ノンパラメトリックな信頼性実証	764
信頼性寿命試験	765
品質エクスプローラ	767
シグマクオリティの水準	768
標本サイズエクスプローラの「設定の保存」	769

「標本サイズエクスプローラ」プラットフォームの概要

標本サイズエクスプローラでは、標本サイズと検出力が計算できます。「標本サイズエクスプローラ」では、指定された設定に対して、実験や調査に必要な標本サイズ（実験回数、観測数、標本の大きさ）を求めます。仮説検定・区間推定・信頼性実証・シグマクオリティ水準について、標本サイズを求められます。

検出力と標本サイズについては、Barker (2011) を参照してください。

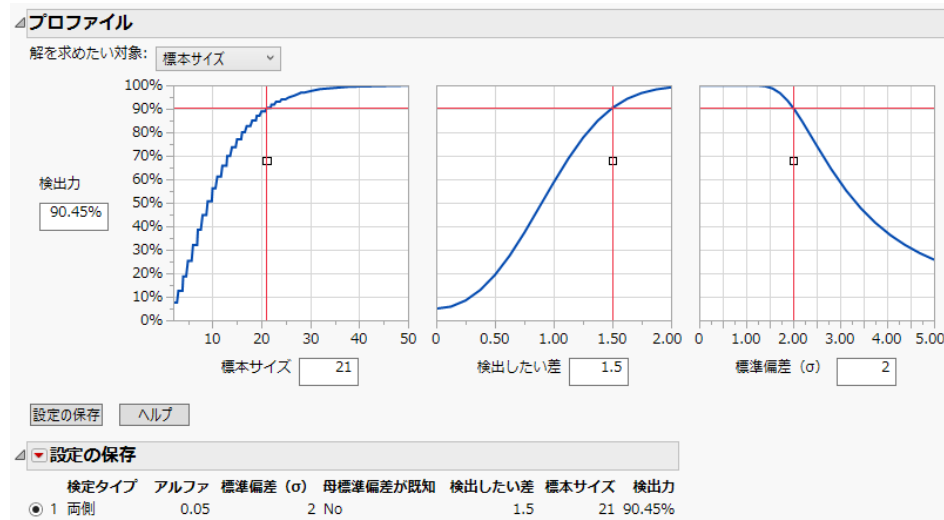
標本サイズエクスプローラの例

この例では、新しい素材について調べる際に何個のユニットを試験すれば良いかを「標本サイズエクスプローラ」で特定します。会社で新たに開発した生地が、既存の生地と比べて燃焼性の面で優れていることを実証したいとしましょう。前回の試験では、この生地の燃焼時間の標準偏差は2秒という結果でした。

[1 標本平均] を使い、実験に用いる生地の標本サイズを算出しましょう。ここでは、有意水準 (α) = 0.05 において検出力 90% で 1.5 秒の差を検出する実験を計画することにします。

1. [実験計画(DOE)] > [標本サイズエクスプローラ] > [検出力] > [一標本平均の検出力] を選択します。
2. 「検定の種類」は「両側」のままにします。
3. 「アルファ」(α ; 有意水準) はデフォルトの「0.05」のままにしておきます。
4. 「標準偏差」として「2」を入力します。
5. 「検出したい差」として「1.5」を入力します。
6. 「検出力」として「0.9」を入力します。
必要な標本サイズは21です。
7. [設定の保存] をクリックして設定を保存します。
8. プロファイルを見ることで、他の標本サイズや検出力について知ることができます。

図 29.2 一標本平均の検出力エクスプローラ



0.05の有意水準において、燃焼時間の1.5秒の差を90.4%の確率で検出するのに必要な生地標本サイズは、21です。

標本サイズエクスプローラの起動

「標本サイズエクスプローラ」を起動するには、[実験計画(DOE)] > [標本サイズエクスプローラ]を選択します。仮説検定・区間推定・信頼性実証・品質について標本サイズを求めるツールが表示されます。

仮説検定に関する標本サイズや検出力を求めたい場合には、[実験計画(DOE)] > [標本サイズエクスプローラ] > [検出力]を選択します。

- 「一標本平均の検出力」
- 「一標本割合の検出力」
- 「一標本分散の検出力」
- 「一標本平均の同等性の検出力」
- 「一標本Poisson平均の検出力」
- 「独立二標本平均の検出力」
- 「独立二標本平均の検出力」
- 「独立二標本分散の検出力」
- 「独立二標本平均の同等性の検出力」
- 「独立二標本Poisson平均の検出力」
- 「分散分析の検出力」

信頼区間に関する標本サイズを求めたい場合には、[実験計画(DOE)] > [標本サイズエクスプローラ] > [信頼区間] を選択します。

- 「一標本平均の信頼区間」
- 「一標本割合の信頼区間」
- 「一標本分散の信頼区間」
- 「一標本 Poisson 平均の信頼区間」
- 「一標本 Poisson 平均の信頼区間エクスプローラ」の統計的詳細
- 「独立二標本割合の信頼区間」
- 「独立二標本分散の信頼区間」
- 「独立二標本 Poisson 平均の信頼区間」

信頼性試験に関する標本サイズを求めたい場合には、[実験計画(DOE)] > [標本サイズエクスプローラ] > [信頼性] を選択します。

- 「パラメトリックな信頼性実証」
- 「ノンパラメトリックな信頼性実証」
- 「信頼性寿命試験」

品質に関する標本サイズを求めたい場合には、[実験計画(DOE)] > [標本サイズエクスプローラ] > [品質] を選択します。

- 「シグマクオリティの水準」

仮説検定のための「検出力エクスプローラ」

「検出力エクスプローラ」は、仮説検定における標本サイズや検出力を計算します。仮説検定において、1つのパラメータ（1標本の場合）や2つのパラメータの差（2標本の場合）が、指定の大きさ以上になるのを検出する検出力に、標本サイズがどのような影響を及ぼすかを調べることができます。1標本の場合、仮説は、1つのパラメータ（母平均・母割合・母分散）に関するものです。2標本の場合、仮説は、2群の比較に関するものです。群が3つ以上ある場合は、分散分析における検出力を求めます（「分散分析の検出力」を参照）。

仮説検定に関する標本サイズや検出力を求めたい場合には、[実験計画(DOE)] > [標本サイズエクスプローラ] > [検出力] を選択します。

- 「一標本平均の検出力」
- 「一標本割合の検出力」
- 「一標本分散の検出力」
- 「一標本平均の同等性の検出力」
- 「一標本 Poisson 平均の検出力」

- 「独立二標本平均の検出力」
- 「独立二標本割合の検出力」
- 「独立二標本分散の検出力」
- 「独立二標本平均の同等性の検出力」
- 「独立二標本 Poisson 平均の検出力」
- 「分散分析の検出力」

一標本平均の検出力

「一標本平均の検出力エクスプローラ」では、1つの平均に対する仮説検定での標本サイズや検出力を計算できます。[実験計画(DOE)] > [標本サイズエクスプローラ] > [検出力] > [一標本平均の検出力]を選択します。ばらつき・標本サイズ・検出力・有意水準・検出したい差におけるトレードオフの関係を調べることができます。ここでの仮説検定は、次のような帰無仮説に対するものです。

$$H_0: \mu = \mu_0$$

両側検定における対立仮説は、次のとおりです。

$$H_a: \mu \neq \mu_0$$

片側検定における対立仮説は次のとおりです。

$$H_a: \mu < \mu_0 \text{ もしくは } H_a: \mu > \mu_0$$

ここで、 μ は母平均、 μ_0 は仮説値（帰無仮説における母平均）です。検定で「検出したい差」を、ここでは δ と記します。これは、「真の母平均」が μ_0 からどれだけ離れているかを示します。有意水準と検出力が一定ならば、より狭い範囲での同等性を主張したいほど、より大きい標本サイズが必要になります。検出力分析は、母集団での観測値が平均 μ 、標準偏差 σ の正規分布に従うことを前提として算出されます。

一標本平均の検出力エクスプローラ

ラジオボタン・テキストボックス・メニューによって、実験や調査の仮定（仮説検定に用いる前提）を設定します。それらの設定を変更すると、プロファイルが更新されます。プロファイル上で十字をドラッグすることでも、設定を変更できます。

検定の種類 仮説検定が片側なのか両側なのかを指定します。

設定

アルファ 第1種の誤りの確率（帰無仮説が正しい場合に、その帰無仮説を誤って棄却する確率）です。この値は、一般には、「有意水準」や「 α 水準」などと呼ばれています。デフォルトの有意水準は 0.05 です。

母標準偏差 検定において、母標準偏差を既知とした検定を用いるか、母標準偏差を未知とした検定を用いるかを指定します。

Yes このオプションを選択すると、母標準偏差を既知とした検定の標本サイズや検出力が計算されます。この場合、計算には z 分布が使用されます。

No このオプションを選択すると、母標準偏差を未知とした検定の標本サイズや検出力が計算されます。この場合、計算には t 分布が使用されます。

「一標本平均の検出力エクスプローラ」のプロファイル

プロファイルは、標本サイズが検出力の計算にどのような影響を与えるかを示します。

解を求めたい対象: ここでは何を求めたいかを指定します。標本サイズ、検出したい差、母標準偏差のいずれかを選択してください。

検出力 帰無仮説が正しくないときに、その帰無仮説を正しく棄却できる確率。その他の設定が同じである場合、標本サイズが大きくなるほど、検出力は増加します。

標本サイズ 実験に必要な全体の標本サイズ (実験回数・実験ユニット数・試料の個数・観測数など)。

検出したい差 対立仮説での値と仮説平均 (帰無仮説での値) との差。仮説検定によって検出したい差。

標準偏差 (σ) 母標準偏差を指定します。

ヒント: なお、母標準偏差を単位とした差 (つまり、検出したい差が母標準偏差の何倍であるか) を「検出したい差」に指定したい場合は、この「標準偏差」を 1 に設定してください。

「一標本平均の検出力エクスプローラ」のオプション

「エクスプローラ」の赤い三角ボタンのメニューとレポートのボタンを使って、以下のオプションが使用できます。

シミュレーションデータ データテーブルが開き、エクスプローラでの設定に基づいてシミュレートしたデータが表示されます。応答列の計算式は、乱数を生成するための計算式となっており、指定された設定に対応したものになっています。

収集用データテーブルの作成 データの収集に使える新しいデータテーブルが作成されます。データテーブルには、データを分析するためのスクリプトも含まれています。

設定の保存 現在の設定が「設定の保存」の表に保存されます。複数の異なる計画を保存して、比較することができます。「[標本サイズエクスプローラの「設定の保存」](#)」を参照してください。

ヘルプ JMP ヘルプを開きます。

「一標本平均の検出力エクспローラ」の統計的詳細

一標本平均の検出力は、 σ が未知で標本データから推定される場合は、 t 検定に基づいて計算されます。 σ が既知の場合は、 z 検定に基づいて計算されます。 σ が未知の場合、各対立仮説に対して、次の式に基づき検出力が計算されます。

上片側対立仮説の場合：

$$\Pr(\text{Reject } H_0 \mid \mu = \mu_0 + \delta) = 1 - T\left(t_{1-\alpha, n-1}; n-1, \frac{\delta}{\sigma/(\sqrt{n})}\right)$$

下片側対立仮説の場合：

$$\Pr(\text{Reject } H_0 \mid \mu = \mu_0 - \delta) = T\left(-t_{1-\alpha, n-1}; n-1, \frac{\delta}{\sigma/(\sqrt{n})}\right)$$

両側対立仮説の場合：

$$\Pr(\text{Reject } H_0 \mid \mu = \mu_0 \pm \delta) = 1 - T\left(t_{1-\alpha/2, n-1}; n-1, \frac{\delta}{\sigma/(\sqrt{n})}\right) + T\left(-t_{1-\alpha/2, n-1}; n-1, \frac{\delta}{\sigma/(\sqrt{n})}\right)$$

ここで

α は、有意水準。

n は、標本サイズ。

σ は、母標準偏差。

δ は、対立仮説での差（検出したい差）。

$t_{1-\alpha, \nu}$ は、自由度 ν の t 分布の $(1 - \alpha)$ 分位点、

$T(t; \nu, \lambda)$ は、自由度 ν で非心パラメータ λ を持つ非心 t 分布の累積分布関数。

なお、 σ が既知の場合は、上記の検出力の計算式で z 分布が使用されます。上記の式で表される検出力を求めるときには、F分布の累積分布関数が使われます。一方、検出力から δ および n を求めるときには数値的な探索アルゴリズムが使われます。

一標本割合の検出力

「一標本割合の検出力エクспローラ」では、1つの割合に対する仮説検定での標本サイズや検出力を計算できます。「一標本割合の検出力エクспローラ」を起動するには、[実験計画(DOE)] > [標本サイズエクспローラ] > [検出力] > [一標本割合の検出力] を選択します。ばらつき・標本サイズ・検出力・有意水準・検出したい差におけるトレードオフの関係を調べることができます。ここでの仮説検定は、次のような帰無仮説に対するものです。

$$H_0: p = p_0$$

両側検定における対立仮説は、次のとおりです。

$$H_a: p \neq p_0$$

片側検定における対立仮説は次のとおりです。

$$H_a: p < p_0 \text{ もしくは } H_a: p > p_0$$

ここで、 p は母割合、 p_0 は母割合の仮説値（帰無仮説での値）です。

「一標本割合の検出力エクスプローラ」の設定

ラジオボタン・テキストボックス・メニューによって、実験や調査の仮定（仮説検定に用いる前提）を設定します。それらの設定を変更すると、プロファイルが更新されます。プロファイル上で十字をドラッグすることでも、設定を変更できます。

検定の種類 仮説検定が片側なのか両側なのかを指定します。

設定

アルファ 第1種の誤りの確率（帰無仮説が正しい場合に、その帰無仮説を誤って棄却する確率）です。この値は、一般には、「有意水準」や「 α 水準」などと呼ばれています。デフォルトの有意水準は0.05です。

計算方法

二項分布 二項分布（Clopper-Pearson 法）によって p 値を求める検定について、二項分布に基づき検出力を求めます。

正規近似 正規近似によって p 値を求める検定について、正規近似に基づき検出力を求めます。

ヒント: 2項分布は離散分布であるため、名目的な有意水準と、実質的な有意水準（実際の有意水準）は一致しません。特に、標本サイズが小さい場合や、割合が0や1に近い場合には、実際の有意水準が、5%などの名目的な有意水準と、大きくかけ離れることがあります。実質的な有意水準が確実に名目的な有意水準以上になるようにするには、[二項分布] を使用してください。

「一標本割合の検出力エクスプローラ」のプロファイル

プロファイルは、標本サイズが検出力の計算にどのような影響を与えるかを示します。

解を求めたい対象: ここでは何を求めたいかを指定します。標本サイズ、帰無仮説の母割合、真の母割合（対立仮説の母割合）のいずれかを選択してください。

検出力 帰無仮説が正しくないときに、その帰無仮説を正しく棄却できる確率。その他の設定が同じである場合、標本サイズが大きくなるほど、検出力は増加します。

標本サイズ 実験に必要な全体の標本サイズ（実験回数・実験ユニット数・試料の個数・観測数など）。

帰無仮説の母割合 (p) 調査や実験で仮定する、帰無仮説における母割合の値。

真の母割合 (p) 検出力の計算で基準とする、対立仮説における母割合の値。

「一標本割合の検出力エクспローラ」のオプション

「エクспローラ」の赤い三角ボタンのメニューとレポートのボタンを使って、以下のオプションが使用できます。

シミュレーションデータ データテーブルが開き、エクспローラでの設定に基づいてシミュレートしたデータが表示されます。応答列の計算式は、乱数を生成するための計算式となっており、指定された設定に対応したものになっています。

収集用データテーブルの作成 データの収集に使える新しいデータテーブルが作成されます。データテーブルには、データを分析するためのスクリプトも含まれています。

設定の保存 現在の設定が「設定の保存」の表に保存されます。複数の異なる計画を保存して、比較することができます。「[標本サイズエクспローラの「設定の保存」](#)」を参照してください。

ヘルプ JMPヘルプを開きます。

「一標本割合の検出力エクспローラ」の統計的詳細

二項分布に基づく計算では、各対立仮説に対して、次のような式で検出力は計算されます。

上片側対立仮説の場合：

$$\Pr(\text{Reject } H_0 | p = p_a > p_0) = \sum_{x = x_{1-\alpha, n, p_0} + 1}^n \binom{n}{x} p_a^x (1 - p_a)^{n-x}$$

下片側対立仮説の場合：

$$\Pr(\text{Reject } H_0 | p = p_a < p_0) = \sum_{x = 0}^{x = x_{\alpha, n, p_0} - 1} \binom{n}{x} p_a^x (1 - p_a)^{n-x}$$

両側対立仮説の場合：

$$\Pr(\text{Reject } H_0 | p = p_a) = \sum_{x = x_{1-\alpha/2, n, p_0} + 1}^n \binom{n}{x} p_a^x (1 - p_a)^{n-x} + \sum_{x = 0}^{x = x_{\alpha/2, n, p_0} - 1} \binom{n}{x} p_a^x (1 - p_a)^{n-x}$$

上の式で、 $x_{q,n,p}$ は、試行回数 n 、試行確率 p の二項分布で、下側累積確率が q 以上となる分位点。

正規分布に基づく計算では、各対立仮説に対して、次のような式で検出力は計算されます。

上片側対立仮説の場合：

$$\Pr(\text{Reject } H_0 | p = p_a > p_0) = 1 - \Phi \left(z_{1-\alpha} \sqrt{\frac{p_0(1-p_0)}{p_a(1-p_a)}} - \frac{(p_a - p_0)}{\sqrt{\frac{p_a(1-p_a)}{n}}} \right)$$

下片側対立仮説の場合：

$$\Pr(\text{Reject } H_0 | p = p_a < p_0) = \Phi \left(-z_{1-\alpha} \sqrt{\frac{p_0(1-p_0)}{p_a(1-p_a)}} - \frac{(p_a - p_0)}{\sqrt{\frac{p_a(1-p_a)}{n}}} \right)$$

両側対立仮説の場合：

$$\Pr(\text{Reject } H_0 | p = p_a) = 1 - \Phi \left(z_{1-\alpha/2} \sqrt{\frac{p_0(1-p_0)}{p_a(1-p_a)}} - \frac{(p_a - p_0)}{\sqrt{\frac{p_a(1-p_a)}{n}}} \right) + \Phi \left(-z_{1-\alpha/2} \sqrt{\frac{p_0(1-p_0)}{p_a(1-p_a)}} - \frac{(p_a - p_0)}{\sqrt{\frac{p_a(1-p_a)}{n}}} \right)$$

一標本分散の検出力

「一標本分散の検出力エクスプローラ」では、1つの分散に対する仮説検定での標本サイズや検出力を計算できます。「一標本分散の検出力エクスプローラ」を起動するには、[実験計画(DOE)] > [標本サイズエクスプローラ] > [検出力] > [一標本分散の検出力] を選択します。標本サイズ・検出力・有意水準・検出したい分散比（帰無仮説の分散に対する対立仮説の分散の比）におけるトレードオフの関係を調べることができます。ここでの仮説検定は、次のような帰無仮説に対するものです。

$$H_0: \sigma = \sigma_0$$

両側検定における対立仮説は、次のとおりです。

$$H_a: \sigma \neq \sigma_0$$

片側検定における対立仮説は次のとおりです。

$$H_a: \sigma < \sigma_0 \text{ もしくは } H_a: \sigma > \sigma_0$$

上の式で、 σ は母分散です。 σ_0 は、帰無仮説における母分散（母分散の基準値）です。この仮説検定では、 σ_0 からの違いを検出します。その違いは、 σ_0/σ_a という比（帰無仮説での母分散と対立仮説での母分散の比）で表します。有意水準と検出力が一定ならば、母分散比が1に近いほど、その違いを検出するには、より大きい標本サイズが必要になります。検出力分析は、母集団での観測値が平均 μ 、標準偏差 σ の正規分布に従うことを前提として算出されます。

「一標本分散の検出力エクスプローラ」の設定

ラジオボタン・テキストボックス・メニューによって、実験や調査の仮定（仮説検定に用いる前提）を設定します。それらの設定を変更すると、プロファイルが更新されます。プロファイル上で十字をドラッグすることでも、設定を変更できます。

検定の種類 仮説検定が片側なのか両側なのかを指定します。

設定

アルファ 第1種の誤りの確率（帰無仮説が正しい場合に、その帰無仮説を誤って棄却する確率）です。この値は、一般には、「有意水準」や「 α 水準」などと呼ばれています。デフォルトの有意水準は0.05です。

「一標本分散の検出力エクスプローラ」のプロファイル

プロファイルは、標本サイズが検出力の計算にどのような影響を与えるかを示します。

解を求めたい対象：ここでは何を求めたいかを指定します。標本サイズまたは分散比のいずれかを選択してください。

検出力 帰無仮説が正しくないときに、その帰無仮説を正しく棄却できる確率。その他の設定が同じである場合、標本サイズが大きくなるほど、検出力は増加します。

標本サイズ 実験に必要な全体の標本サイズ（実験回数・実験ユニット数・試料の個数・観測数など）。

分散比 帰無仮説における母分散（基準となる母分散）に対する対立仮説における母分散（真の母分散）の比を指定します。

「一標本分散の検出力エクスプローラ」のオプション

「エクスプローラ」の赤い三角ボタンのメニューとレポートのボタンを使って、以下のオプションが使用できます。

シミュレーションデータ データテーブルが開き、エクスプローラでの設定に基づいてシミュレートしたデータが表示されます。応答列の計算式は、乱数を生成するための計算式となっており、指定された設定に対応したものになっています。

収集用データテーブルの作成 データの収集に使える新しいデータテーブルが作成されます。データテーブルには、データを分析するためのスクリプトも含まれています。

設定の保存 現在の設定が「設定の保存」の表に保存されます。複数の異なる計画を保存して、比較することができます。[「標本サイズエクスプローラ」の「設定の保存」](#)を参照してください。

ヘルプ JMPヘルプを開きます。

「一標本分散の検出力エクスプローラ」の統計的詳細

一標本分散に対する検定の検出力は、 χ^2 検定に基づいて計算されます。各対立仮説に対して、次の式で検出力は計算されます。

上片側対立仮説の場合 ($\sigma > \sigma_0$) :

$$\Pr(\text{Reject } H_0 \mid \sigma = \sigma_0/\rho, \rho < 1) = 1 - \chi^2(\rho x_{1-\alpha, n-1}; n-1)$$

下片側対立仮説の場合 ($\sigma < \sigma_0$) :

$$\Pr(\text{reject } H_0 \mid \sigma = \sigma_0/\rho, \rho > 1) = \chi^2(\rho x_{\alpha, n-1}; n-1)$$

両側対立仮説の場合 ($\sigma \neq \sigma_0$) :

$$\Pr(\text{Reject } H_0 \mid \sigma = \sigma_0/\rho, \rho \neq 1) = 1 - \chi^2(\rho x_{1-\alpha/2, n-1}; n-1) + \chi^2(\rho x_{\alpha/2, n-1}; n-1)$$

ここで

α は、有意水準。

n は、標本サイズ。

$$\rho = \sigma_a / \sigma_0$$

$x_{1-\alpha, n}$ は、自由度 ν の χ^2 分布の $(1 - \alpha)$ 分位点。

$\chi^2(x, \nu)$ は、自由度 ν の χ^2 分布の累積分布関数。

一標本平均の同等性の検出力

「一標本平均の同等性の検出力エクスプローラ」では、1つの平均に対する同等性仮説検定での標本サイズや検出力を計算できます。「一標本平均の同等性の検出力エクスプローラ」を起動するには、[実験計画(DOE)] > [標本サイズエクスプローラ] > [検出力] > [一標本平均の同等性の検出力] を選択します。ばらつき・標本サイズ・検出力・有意水準・同等性のマージンにおけるトレードオフの関係を調べることができます。ここで仮説検定は、次のような帰無仮説に対するものです。

$$H_0: \mu - \mu_0 \geq \delta_M \text{ もしくは } H_0: \mu - \mu_0 \leq \delta_m$$

対立仮説:

$$H_a: \delta_m < \mu - \mu_0 < \delta_M$$

上の式で、 μ は母平均、 μ_0 は基準値、 (δ_m, δ_M) は同等性のマージンです。有意水準と検出力が一定ならば、より狭いマージンでの同等性を主張したい場合には、より大きい標本サイズが必要になります。検出力分析は、母集団での観測値が平均 μ 、標準偏差 σ の正規分布に従うことを前提として算出されます。

「一標本同等性の検出力エクспローラ」の設定

ラジオボタン・テキストボックス・メニューによって、実験や調査の仮定（仮説検定に用いる前提）を設定します。それらの設定を変更すると、プロフィールが更新されます。プロフィール上で十字をドラッグすることでも、設定を変更できます。

検定の種類 検定を指定するためのオプション。

同等性 一標本平均に対する同等性検定の標本サイズや検出力を計算します。

優越性 一標本平均に対する優越性検定の標本サイズや検出力を計算します。

非劣性 一標本平均に対する非劣性検定の標本サイズや検出力を計算します。

上側マージン 同等性とみなす範囲における上限値を指定します。この上限値を上回る平均は、平均の基準値と実質的に異なるとみなします。

下側マージン 同等性とみなす範囲における下限値を指定します。この下限値を下回る平均は、平均の基準値と実質的に異なるとみなします。

上下対称なマージンを使用 上下対称なマージンを使用する場合に選択します。

メモ: 通常、同等性の範囲は対称です。

設定

アルファ 第1種の誤りの確率（帰無仮説が正しい場合に、その帰無仮説を誤って棄却する確率）です。この値は、一般には、「有意水準」や「 α 水準」などと呼ばれています。デフォルトの有意水準は0.05です。

母標準偏差 検定において、母標準偏差を既知とした検定を用いるか、母標準偏差を未知とした検定を用いるかを指定します。

Yes このオプションを選択すると、母標準偏差を既知とした検定の標本サイズや検出力が計算されます。この場合、計算には z 分布が使用されます。

No このオプションを選択すると、母標準偏差を未知とした検定の標本サイズや検出力が計算されます。この場合、計算には t 分布が使用されます。

「一標本同等性の検出力エクспローラ」のプロフィール

プロフィールは、標本サイズが検出力の計算にどのような影響を与えるかを示します。

解を求めたい対象: ここでは何を求めたいかを指定します。標本サイズ、検出したい差、母標準偏差のいずれかを選択してください。

検出力 帰無仮説が正しくないときに、その帰無仮説を正しく棄却できる確率。その他の設定が同じである場合、標本サイズが大きくなるほど、検出力は増加します。

標本サイズ 実験に必要な標本サイズ（実験回数・実験ユニット数・試料の個数・観測数など）。

検出したい差 真の平均と仮説平均（平均の基準値）の差がどれくらいであれば2つの平均を実質的に同等・優越・非劣性とみなすかを指定します。

標準偏差（ σ ） 母標準偏差。

「一標本同等性の検出力エクスプローラ」のオプション

「エクスプローラ」の赤い三角ボタンのメニューとレポートのボタンを使って、以下のオプションが使用できます。

シミュレーションデータ データテーブルが開き、エクスプローラでの設定に基づいてシミュレートしたデータが表示されます。応答列の計算式は、乱数を生成するための計算式となっており、指定された設定に対応したものになっています。

収集用データテーブルの作成 データの収集に使える新しいデータテーブルが作成されます。データテーブルには、データを分析するためのスクリプトも含まれています。

設定の保存 現在の設定が「設定の保存」の表に保存されます。複数の異なる計画を保存して、比較することができます。[「標本サイズエクスプローラ」の「設定の保存」](#)を参照してください。

ヘルプ JMPヘルプを開きます。

「一標本同等性の検出力エクスプローラ」の統計的詳細

1 標本平均に対する同等性検定の検出力計算については、Chow et al. (2008) を参照してください。

σ が既知の場合、検出力 ($1-\beta$) は次のように求められます。

$$1 - \beta = T\left(-t_{1-\alpha, n-1}; n-1, \frac{|\delta - \delta_M|}{\sigma/(\sqrt{n})}\right) - T\left(t_{1-\alpha, n-1}; n-1, \frac{|\delta - \delta_m|}{\sigma/(\sqrt{n})}\right)$$

ここで

α は、有意水準。

n は、標本サイズ。

σ は、母標準偏差。

δ は、対立仮説での差（検出したい差）。

(δ_m, δ_M) は、同等性のマージン（実質的に同等とみなす区間）。

$t_{1-\alpha, n}$ は、自由度 ν の t 分布の $(1 - \alpha)$ 分位点、

$T(t; \nu, \lambda)$ は、自由度 ν で非心パラメータ λ を持つ非心 t 分布の累積分布関数。

σ が既知の場合、検出力 ($1-\beta$) は次のように求められます。

$$1 - \beta = \Phi\left(\frac{|\delta - \delta_M|}{\sigma/\sqrt{n}} - z_{1-\alpha}\right) + \Phi\left(\frac{|\delta - \delta_m|}{\sigma/\sqrt{n}} - z_{1-\alpha}\right) - 1$$

一標本 Poisson 平均の検出力

「一標本 Poisson 平均の検出力エクスプローラ」では、ユニットあたりの不適合数に関する検定の標本サイズや検出力が計算できます。[実験計画(DOE)] > [標本サイズエクスプローラ] > [検出力] > [一標本 Poisson 平均の検出力] を選択します。標本サイズ、検出力、検出したい比の間にあるトレードオフの関係を調べます。ここでの仮説検定は、次のような帰無仮説に対するものです。

$$H_0: \lambda = \lambda_0$$

両側検定における対立仮説は、次のとおりです。

$$H_a: \lambda \neq \lambda_0$$

片側検定における対立仮説は次のとおりです。

$$H_a: \lambda < \lambda_0 \quad \text{もしくは} \quad H_a: \lambda > \lambda_0$$

この式で、 λ はユニットあたり度数です。

「一標本 Poisson 平均の検出力エクスプローラ」の設定

ラジオボタン・テキストボックス・メニューによって、実験や調査の仮定（仮説検定に用いる前提）を設定します。それらの設定を変更すると、プロファイルが更新されます。プロファイル上で十字をドラッグすることでも、設定を変更できます。

検定の種類 仮説検定が片側なのか両側なのかを指定します。

設定

アルファ 第1種の誤りの確率（帰無仮説が正しい場合に、その帰無仮説を誤って棄却する確率）です。この値は、一般には、「有意水準」や「 α 水準」などと呼ばれています。デフォルトの有意水準は0.05です。

「一標本 Poisson 平均の検出力エクスプローラ」のプロファイル

プロファイルは、標本サイズが検出力の計算にどのような影響を与えるかを示します。

解を求めたい対象: ここでは何を求めたいかを指定します。標本サイズ、検出したい比、帰無仮説のユニットあたり度数のいずれかを選択してください。

検出力 帰無仮説が正しくないときに、その帰無仮説を正しく棄却できる確率。その他の設定が同じである場合、標本サイズが大きくなるほど、検出力は増加します。

標本サイズ 実験に必要な標本サイズ（実験回数・実験ユニット数・試料の個数・観測数など）。

検出したい比 検出したいユニットあたり度数を比で指定します。比は、「対立仮説での真値」「帰無仮説での仮説値」で指定してください

帰無仮説のユニットあたり度数 帰無仮説のユニットあたり度数を指定します。

「一標本 Poisson 平均の検出力エクスプローラ」のオプション

「エクスプローラ」の赤い三角ボタンのメニューとレポートのボタンを使って、以下のオプションが使用できます。

シミュレーションデータ データテーブルが開き、エクスプローラでの設定に基づいてシミュレートしたデータが表示されます。応答列の計算式は、乱数を生成するための計算式となっており、指定された設定に対応したものになっています。

収集用データテーブルの作成 データの収集に使える新しいデータテーブルが作成されます。データテーブルには、データを分析するためのスクリプトも含まれています。

設定の保存 現在の設定が「設定の保存」の表に保存されます。複数の異なる計画を保存して、比較することができます。[「標本サイズエクスプローラ」の「設定の保存」](#)を参照してください。

ヘルプ JMP ヘルプを開きます。

「一標本 Poisson 平均の検出力エクスプローラ」の統計的詳細

ユニットあたり度数の検出力は、Poisson の λ に対する正確検定に基づいて求められます。各対立仮説に対して、次の式で検出力は計算されます。

上片側対立仮説の場合 ($\lambda > \lambda_0$) :

$$\Pr(\text{Reject } H_0 \mid \lambda = \lambda_0 \rho) = 1 - \text{Pois}(x_{1-\alpha}, n\lambda_0, n\rho\lambda_0)$$

下片側対立仮説の場合 ($\lambda < \lambda_0$) :

$$\Pr(\text{Reject } H_0 \mid \lambda = \lambda_0 \rho) = \text{Pois}(x_{\alpha}, n\lambda_0 - 1, n\rho\lambda_0)$$

両側対立仮説の場合 ($\lambda \neq \lambda_0$) :

$$\Pr(\text{Reject } H_0 \mid \lambda = \lambda_0 \rho) = 1 - \text{Pois}(x_{1-\alpha/2}, n\lambda_0, n\rho\lambda_0) + \text{Pois}(x_{\alpha/2}, n\lambda_0 - 1, n\rho\lambda_0)$$

ここで

α は、有意水準。

n は、標本サイズ。

λ_0 は、帰無仮説におけるユニットあたり度数の不適合率です。

$$\rho = \lambda / \lambda_0$$

$\text{Pois}(., \lambda)$ は、パラメータ λ を持つ Poisson 分布の分布関数です。

独立二標本平均の検出力

「独立二標本平均の検出力エクスプローラ」では、独立な2つの標本の平均に対する仮説検定での標本サイズや検出力を計算できます。「独立二標本平均の検出力エクスプローラ」を起動するには、**[実験計画(DOE)]** > **[標本サイズエクスプローラ]** > **[検出力]** > **[独立二標本平均の検出力]** を選択します。ばらつき・標本サイズ・検出力・有意水準・検出したい差におけるトレードオフの関係を調べることができます。ここでの仮説検定は、次のような帰無仮説に対するものです。

$$H_0: \mu_1 - \mu_2 = 0$$

両側検定における対立仮説は次のとおりです。

$$H_a: \mu_1 - \mu_2 \neq 0$$

片側検定における対立仮説は次のとおりです。

$$H_a: \mu_1 - \mu_2 < 0 \quad \text{もしくは} \quad H_a: \mu_1 - \mu_2 > 0$$

ここで、 μ_1 および μ_2 は、2つの母集団の母平均です。ここでの計算は、母集団分布が正規分布であることを前提としています。そして、 δ の差を検出するのに必要な標本サイズを求めます。

「独立二標本平均の検出力エクスプローラ」の設定

ラジオボタン・テキストボックス・メニューによって、実験や調査の仮定（仮説検定に用いる前提）を設定します。それらの設定を変更すると、プロファイルが更新されます。プロファイル上で十字をドラッグすることでも、設定を変更できます。

検定の種類 仮説検定が片側なのか両側なのかを指定します。

設定

アルファ 第1種の誤りの確率（帰無仮説が正しい場合に、その帰無仮説を誤って棄却する確率）です。この値は、一般には、「有意水準」や「 α 水準」などと呼ばれています。デフォルトの有意水準は0.05です。

母標準偏差 検定において、母標準偏差を既知とした検定を用いるか、母標準偏差を未知とした検定を用いるかを指定します。

Yes このオプションを選択すると、母標準偏差を既知とした検定の標本サイズや検出力が計算されます。この場合、計算には z 分布が使われます。

No このオプションを選択すると、母標準偏差を未知とした検定の標本サイズや検出力が計算されます。この場合、計算には t 分布が使われます。

「独立二標本平均の検出力エクスプローラ」のプロファイル

プロファイルは、標本サイズが検出力の計算にどのような影響を与えるかを示します。

全体の標本サイズ 実験に必要な全体の標本サイズ（実験回数・実験ユニット数・試料の個数・観測数など）。全体の標本サイズを固定するには、[ロック]を選択します。

解を求めたい対象：ここでは何を求めたいかを指定します。標本サイズ、検出したい差、母標準偏差のいずれかを選択してください。

検出力 帰無仮説が正しくないときに、その帰無仮説を正しく棄却できる確率。その他の設定が同じである場合、標本サイズが大きくなるほど、検出力は増加します。

群1の標本サイズ 実験や調査において群1に必要な標本サイズ（実験回数・実験ユニット数・試料の個数・観測数など）。

群2の標本サイズ 実験において群2に必要な標本サイズ（実験回数・実験ユニット数・試料の個数・観測数など）。

検出したい差 対立仮説における母平均の差。統計的検定によって検出したい平均差。

群1の標準偏差 (σ_1) 1番目のグループの母標準偏差（群1に対して想定される母標準偏差）。この母標準偏差に指定する値としては、これまでに行った、大規模な類似の実験や調査から計算されたRMSE（平均2乗誤差の平方根）を用いることが考えられます。

群2の標準偏差 (σ_2) 2番目のグループの母標準偏差（群2に対して想定される母標準偏差）この母標準偏差に指定する値としては、これまでに行った、大規模な類似の実験や調査から計算されたRMSE（平均2乗誤差の平方根）を用いることが考えられます。

メモ：全体の標本サイズがロックされていない限り、一方の群の標本サイズを変更すると全体の標本サイズも変化します。全体の標本サイズがロックされている場合、一方の群の標本サイズを変更すると他方の群の標本サイズも変化します。群の標本サイズを指定するには、テキストボックスを使います。

「独立二標本平均の検出力エクスプローラ」のオプション

「エクスプローラ」の赤い三角ボタンのメニューとレポートのボタンを使って、以下のオプションが使用できます。

シミュレーションデータ データテーブルが開き、エクスプローラでの設定に基づいてシミュレートしたデータが表示されます。応答列の計算式は、乱数を生成するための計算式となっており、指定された設定に対応したものになっています。

収集用データテーブルの作成 データの収集に使える新しいデータテーブルが作成されます。データテーブルには、データを分析するためのスクリプトも含まれています。

設定の保存 現在の設定が「設定の保存」の表に保存されます。複数の異なる計画を保存して、比較することができます。「[標本サイズエクスプローラの「設定の保存」](#)」を参照してください。

ヘルプ JMPヘルプを開きます。

「独立二標本平均の検出力エクспローラ」の統計的詳細

2群の平均差に対する検定の検出力は、通常の t 検定か、 σ_1 および σ_2 が既知の場合は z 検定に基づいて計算されます。

分散が未知の場合

群の分散が未知で、 $\sigma_1=\sigma_2=\sigma$ と仮定する場合は、各対立仮説に対して次のように検出力が求められます。上片側対立仮説の場合 ($\mu_1 > \mu_2$) :

$$\Pr(\text{reject } H_0 \mid \mu_1 = \mu_2 + \delta) = 1 - T \left(t_{1-\alpha, df; df}, \frac{\delta}{\sigma \sqrt{\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2}}} \right)$$

下片側対立仮説の場合 ($\mu_1 < \mu_2$) :

$$\Pr(\text{reject } H_0 \mid \mu_1 = \mu_2 - \delta) = T \left(-t_{1-\alpha, df; df}, \frac{\delta}{\sigma \sqrt{\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2}}} \right)$$

両側対立仮説の場合 ($\mu_1 \neq \mu_2$) :

$$\Pr(\text{reject } H_0 \mid \mu_1 = \mu_2 \pm \delta) = 1 - T \left(t_{1-\frac{\alpha}{2}, df; df}, \frac{\delta}{\sigma \sqrt{\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2}}} \right) + T \left(-t_{1-\frac{\alpha}{2}, df; df}, \frac{\delta}{\sigma \sqrt{\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2}}} \right)$$

ここで

α は、有意水準。

n_1 および n_2 は、各群の標本サイズ。

σ は、両群で共通の母標準偏差。

δ は、対立仮説での差 (検出したい母平均の差)。

$t_{1-\alpha, \nu}$ は、自由度 ν の t 分布の $(1 - \alpha)$ 分位点、

$T(t; \nu, \lambda)$ は、自由度 ν で非心パラメータ λ を持つ非心 t 分布の累積分布関数。

以上は分散が等しい場合ですが、分散が異なる場合は違う計算式が使われます。特に自由度において、分散が等しい場合は自由度は $n_1 + n_2 - 2$ ですが、分散が異なる場合は以下の Satterthwaite 近似による自由度が使われます。

$$df = \frac{\left(\frac{s_1^2}{n_1} + \frac{s_2^2}{n_2} \right)^2}{\frac{1}{n_1 - 1} \left(\frac{s_1^2}{n_1} \right)^2 + \frac{1}{n_2 - 1} \left(\frac{s_2^2}{n_2} \right)^2}$$

分散が既知の場合

σ_1 および σ_2 が既知の場合は、 z 分布を使って検出力が計算されます。各対立仮説に対して、検出力は次のように求められます。上片側対立仮説の場合 ($\mu_1 > \mu_2$) :

$$\Pr(\text{reject } H_0 \mid \mu_1 = \mu_2 + \delta) = 1 - \Phi \left(z_{1-\alpha} - \frac{\delta}{\sqrt{\frac{\sigma_1^2}{n_1} + \frac{\sigma_2^2}{n_2}}} \right)$$

下片側対立仮説の場合 ($\mu_1 < \mu_2$) :

$$\Pr(\text{reject } H_0 \mid \mu_1 = \mu_2 - \delta) = \Phi \left(-z_{1-\alpha} - \frac{\delta}{\sqrt{\frac{\sigma_1^2}{n_1} + \frac{\sigma_2^2}{n_2}}} \right)$$

両側対立仮説の場合 ($\mu_1 \neq \mu_2$) :

$$\Pr(\text{reject } H_0 \mid \mu_1 = \mu_2 \pm \delta) = 1 - \Phi \left(z_{1-\frac{\alpha}{2}} - \frac{\delta}{\sqrt{\frac{\sigma_1^2}{n_1} + \frac{\sigma_2^2}{n_2}}} \right) + \Phi \left(-z_{1-\frac{\alpha}{2}} - \frac{\delta}{\sqrt{\frac{\sigma_1^2}{n_1} + \frac{\sigma_2^2}{n_2}}} \right)$$

ここで

α は、有意水準。

n_1 および n_2 は、各群の標本サイズ。

σ_1 および σ_2 は、各群の既知である母標準偏差。

δ は、対立仮説での差（検出したい母平均の差）。

$z_{1-\alpha}$ は、 z 分布の $(1 - \alpha)$ 分位点。

$\Phi(x)$ は、正規分布の累積分布関数。

独立二標本割合の検出力

「独立二標本割合の検出力エクスプローラ」では、独立な2つの標本の割合に対する仮説検定での標本サイズや検出力を計算できます。「独立二標本割合の検出力エクスプローラ」を起動するには、[実験計画(DOE)] > [標本サイズエクスプローラ] > [検出力] > [独立二標本割合の検出力] を選択します。標本サイズ・検出力・有意水準・検出したい差におけるトレードオフの関係を調べることができます。ここでの仮説検定は、次のような帰無仮説に対するものです。

$$H_0: p_1 - p_2 = D_0$$

両側検定における対立仮説は、次のとおりです。

$$H_a: p_1 - p_2 \neq D_0$$

片側検定における対立仮説は次のとおりです。

$$H_a: (p_1 - p_2) < D_0 \quad \text{もしくは} \quad H_a: (p_1 - p_2) > D_0$$

ここで、 p_1 と p_2 は、2つの母集団における母割合。 D_0 は、母割合の差に対する仮説値（帰無仮説での値）であり、すべて0に設定されています。

「独立二標本割合の検出力エクスプローラ」の設定

ラジオボタン・テキストボックス・メニューによって、実験や調査の仮定（仮説検定に用いる前提）を設定します。それらの設定を変更すると、プロファイルが更新されます。プロファイル上で十字をドラッグすることでも、設定を変更できます。

検定の種類 仮説検定が片側なのか両側なのかを指定します。

設定

アルファ 第1種の誤りの確率（帰無仮説が正しい場合に、その帰無仮説を誤って棄却する確率）です。この値は、一般には、「有意水準」や「 α 水準」などと呼ばれています。デフォルトの有意水準は0.05です。

「独立二標本割合の検出力エクスプローラ」のプロファイル

プロファイルは、標本サイズが検出力の計算にどのような影響を与えるかを示します。

全体の標本サイズ 実験に必要な全体の標本サイズ（実験回数・実験ユニット数・試料の個数・観測数など）。全体の標本サイズを固定するには、[ロック] を選択します。

解を求めたい対象：ここでは何を求めたいかを指定します。標本サイズまたは各群での割合のいずれかを選択してください。

検出力 帰無仮説が正しくないときに、その帰無仮説を正しく棄却できる確率。その他の設定が同じである場合、標本サイズが大きくなるほど、検出力は増加します。

群1の標本サイズ 実験や調査において群1に必要な標本サイズ（実験回数・実験ユニット数・試料の個数・観測数など）。

群2の標本サイズ 実験において群2に必要な標本サイズ（実験回数・実験ユニット数・試料の個数・観測数など）。

群1の割合 対立仮説での群1の割合（群1における真の母割合）。

群2の割合 対立仮説での群2の割合（群2における真の母割合）。

メモ：全体の標本サイズがロックされていない限り、一方の群の標本サイズを変更すると全体の標本サイズも変化します。全体の標本サイズがロックされている場合、一方の群の標本サイズを変更すると他方の群の標本サイズも変化します。群の標本サイズを指定するには、テキストボックスを使います。

「独立二標本割合の検出力エクスプローラ」のオプション

「エクスプローラ」の赤い三角ボタンのメニューとレポートのボタンを使って、以下のオプションが使用できます。

シミュレーションデータ データテーブルが開き、エクスプローラでの設定に基づいてシミュレートしたデータが表示されます。応答列の計算式は、乱数を生成するための計算式となっており、指定された設定に対応したものになっています。

収集用データテーブルの作成 データの収集に使える新しいデータテーブルが作成されます。データテーブルには、データを分析するためのスクリプトも含まれています。

設定の保存 現在の設定が「設定の保存」の表に保存されます。複数の異なる計画を保存して、比較することができます。[「標本サイズエクスプローラの「設定の保存」](#)を参照してください。

ヘルプ JMP ヘルプを開きます。

「独立二標本割合の検出力エクスプローラ」の統計的詳細

二標本の割合差に対する検定の検出力は、正規近似に基づいて計算されます。各対立仮説に対して、次のような式で検出力は計算されます。上片側対立仮説の場合（ $p_1 > p_2$ ）：

$$\Pr(\text{reject } H_0 \mid p_1 = p_2 + \delta) = 1 - \Phi \left(z_{1-\alpha} - \frac{\delta}{\sqrt{\frac{p_1(1-p_1)}{n_1} + \frac{p_2(1-p_2)}{n_2}}} \right)$$

下片側対立仮説の場合 ($p_1 < p_2$) :

$$\Pr(\text{reject } H_0 \mid p_1 = p_2 - \delta) = \Phi \left(-z_{1-\alpha} - \frac{\delta}{\sqrt{\frac{p_1(1-p_1)}{n_1} + \frac{p_2(1-p_2)}{n_2}}} \right)$$

両側対立仮説の場合 ($p_1 \neq p_2$) :

$$\begin{aligned} & \Pr(\text{reject } H_0 \mid p_1 = p_2 \pm \delta) \\ &= \left(1 - \Phi \left(z_{1-\frac{\alpha}{2}} - \frac{\delta}{\sqrt{\frac{p_1(1-p_1)}{n_1} + \frac{p_2(1-p_2)}{n_2}}} \right) \right) + \Phi \left(-z_{1-\frac{\alpha}{2}} - \frac{\delta}{\sqrt{\frac{p_1(1-p_1)}{n_1} + \frac{p_2(1-p_2)}{n_2}}} \right) \end{aligned}$$

ここで

α は、有意水準。

n_1 および n_2 は、各群の標本サイズ。

p_1 および p_2 は、各群の母割合です。

δ は、対立仮説での母割合の差（検出したい母割合の差、真の母割合の差）。

$z_{1-\alpha}$ は、分布の $(1 - \alpha)$ 分位点。

$\Phi(x)$ は、正規分布の累積分布関数。

独立二標本分散の検出力

「独立二標本分散の検出力エクспローラ」では、独立な2つの標本の分散に対する仮説検定での標本サイズや検出力を計算できます。「独立二標本分散の検出力エクспローラ」を起動するには、**[実験計画(DOE)]** > **[標本サイズエクспローラ]** > **[検出力]** > **[独立二標本分散の検出力]** を選択します。標本サイズ・検出力・有意水準・検出したい比におけるトレードオフの関係を調べることができます。ここでの仮説検定は、次のような帰無仮説に対するものです。

$$H_0: \sigma_1 = \sigma_2$$

両側検定における対立仮説は、次のとおりです。

$$H_a: \sigma_1 \neq \sigma_2$$

片側検定における対立仮説は次のとおりです。

$$H_a: \sigma_1 < \sigma_2 \quad \text{もしくは} \quad H_a: \sigma_1 > \sigma_2$$

上の式で、 σ_1 は群1の母分散、 σ_2 群2の母分散です群2の母分散 σ_2 が群1の分散から離れている場合に、その違いを検出することが、この仮説検定の目的です。母分散のその違いを、 $\sigma_2 \div \sigma_1$ という比（2群の母分散比）によって表します。有意水準と検出力が一定ならば、母分散比が1に近いほど、その違いを検出するには、より大きい標本サイズが必要になります。母集団が正規分布に従っていることが計算の前提です。

「独立二標本分散の検出力エクスプローラ」の設定

ラジオボタン・テキストボックス・メニューによって、実験や調査の仮定（仮説検定に用いる前提）を設定します。それらの設定を変更すると、プロファイルが更新されます。プロファイル上で十字をドラッグすることでも、設定を変更できます。

検定の種類 仮説検定が片側なのか両側なのかを指定します。

設定

アルファ 第1種の誤りの確率（帰無仮説が正しい場合に、その帰無仮説を誤って棄却する確率）です。この値は、一般には、「有意水準」や「 α 水準」などと呼ばれています。デフォルトの有意水準は0.05です。

「独立二標本分散の検出力エクスプローラ」のプロファイル

プロファイルは、標本サイズが検出力の計算にどのような影響を与えるかを示します。

全体の標本サイズ 実験に必要な全体の標本サイズ（実験回数・実験ユニット数・試料の個数・観測数など）。全体の標本サイズを固定するには、[ロック]を選択します。

解を求めたい対象：ここでは何を求めたいかを指定します。標本サイズまたは分散比のいずれかを選択してください。

群1の標本サイズ 実験や調査において群1に必要な標本サイズ（実験回数・実験ユニット数・試料の個数・観測数など）。

群2の標本サイズ 実験において群2に必要な標本サイズ（実験回数・実験ユニット数・試料の個数・観測数など）。

分散比 対立仮説における母分散の比、つまり、真の母分散の比を、「群2の母分散」÷「群1の母分散」で指定します。

メモ: 全体の標本サイズがロックされていない限り、一方の群の標本サイズを変更すると全体の標本サイズも変化します。全体の標本サイズがロックされている場合、一方の群の標本サイズを変更すると他方の群の標本サイズも変化します。群の標本サイズを指定するには、テキストボックスを使います。

「独立二標本分散の検出力エクспローラ」のオプション

「エクспローラ」の赤い三角ボタンのメニューとレポートのボタンを使って、以下のオプションが使用できます。

シミュレーションデータ データテーブルが開き、エクспローラでの設定に基づいてシミュレートしたデータが表示されます。応答列の計算式は、乱数を生成するための計算式となっており、指定された設定に対応したものになっています。

収集用データテーブルの作成 データの収集に使える新しいデータテーブルが作成されます。データテーブルには、データを分析するためのスクリプトも含まれています。

設定の保存 現在の設定が「設定の保存」の表に保存されます。複数の異なる計画を保存して、比較することができます。「[標本サイズエクспローラの「設定の保存」](#)」を参照してください。

ヘルプ JMP ヘルプを開きます。

「独立二標本分散の検出力エクспローラ」の統計的詳細

二標本の分散比に対する検定の検出力は、通常のF検定に基づいて計算されます。各対立仮説に対して、次のような式で検出力は計算されます。上片側対立仮説の場合 ($\sigma_1 > \sigma_2$) :

$$\Pr(\text{reject } H_0 \mid \sigma_1 = \sigma_2 / \rho, \rho < 1) = 1 - F\left(\frac{1}{\rho} f_{1-\alpha, n_1-1, n_2-1}; n_1-1, n_2-1\right)$$

下片側対立仮説の場合 ($\sigma_1 < \sigma_2$) :

$$\Pr(\text{reject } H_0 \mid \sigma_1 = \sigma_2 / \rho, \rho > 1) = F\left(\frac{1}{\rho} f_{\alpha, n_1-1, n_2-1}; n_1-1, n_2-1\right)$$

両側対立仮説の場合 ($\sigma_1 \neq \sigma_2$) :

$$\Pr(\text{reject } H_0 \mid \sigma_1 = \sigma_2 / \rho, \rho \neq 1) = 1 - F\left(\frac{1}{\rho} f_{1-\frac{\alpha}{2}, n_1-1, n_2-1}; n_1-1, n_2-1\right) + F\left(\frac{1}{\rho} f_{\frac{\alpha}{2}, n_1-1, n_2-1}; n_1-1, n_2-1\right)$$

ここで

α は、有意水準。

n_1 および n_2 は、各群の標本サイズ。

$\rho = \sigma_2 / \sigma_1$

$f_{1-\alpha, v_1, v_2}$ は、自由度 v_1 および v_2 の F 分布の $(1 - \alpha)$ 分位点。

$F(x, v)$ は、自由度 v の F 分布の累積分布関数。

独立二標本平均の同等性の検出力

「独立二標本同等性の検出力エクスプローラ」では、独立な2つの標本の平均の同等性に対する仮説検定での標本サイズや検出力を計算できます。「独立二標本同等性の検出力エクスプローラ」を起動するには、[実験計画(DOE)] > [標本サイズエクスプローラ] > [検出力] > [独立二標本平均の同等性の検出力] を選択します。ばらつき・標本サイズ・検出力・有意水準・同等性のマージンにおけるトレードオフの関係を調べることができます。ここでの仮説検定は、次のような帰無仮説に対するものです。

$$H_0: \mu_1 - \mu_2 \geq \delta_M \quad \text{もしくは} \quad H_0: \mu_1 - \mu_2 \leq \delta_m$$

対立仮説：

$$H_a: \delta_m < \mu_1 - \mu_2 < \delta_M$$

上の式で、 μ_1 および μ_2 は、各群における真の母平均です。 (δ_m, δ_M) は、同等性の範囲です。有意水準と検出力が一定ならば、より狭いマージンでの同等性を主張したいほど、より大きい標本サイズが必要になります。母集団が正規分布に従っていることが計算の前提です。

「独立二標本同等性の検出力エクスプローラ」の設定

ラジオボタン・テキストボックス・メニューによって、実験や調査の仮定（仮説検定に用いる前提）を設定します。それらの設定を変更すると、プロファイルが更新されます。プロファイル上で十字をドラッグすることでも、設定を変更できます。

検定の種類 検定を指定するためのオプション。

同等性 二標本平均に対する同等性検定の標本サイズや検出力を計算します。

優越性 二標本平均に対する同等性検定の標本サイズや検出力を計算します。

非劣性 二標本平均に対する同等性検定の標本サイズや検出力を計算します。

上側マージン 同等性とみなす範囲における上限値を指定します。この上限値を上回る平均差は、実質的に差があるとみなします。

下側マージン 同等性とみなす範囲における下限値を指定します。この下限値を下回る平均差は、実質的に差があるとみなします。

上下対称なマージンを使用 上下対称なマージンを使用する場合に選択します。両方のマージンに負の値が入力されている場合、上側マージンが、下側マージンの符号をプラスに変えた値に変更されます。両方のマージンに正の値が入力されている場合、下側マージンが、上側マージンの符号をマイナスに変えた値に変更されます。両方のマージンがゼロのいずれかの側にある場合、大きい方のマージンの絶対値が上側マージンとなり、その符号をマイナスに変えた値が下側マージンとなります。

メモ: 通常、同等性の範囲は対称ですが、必ずしも対称である必要はありません。

設定

アルファ 第1種の誤りの確率（帰無仮説が正しい場合に、その帰無仮説を誤って棄却する確率）です。この値は、一般には、「有意水準」や「 α 水準」などと呼ばれています。デフォルトの有意水準は0.05です。

母標準偏差 検定において、母標準偏差を既知とした検定を用いるか、母標準偏差を未知とした検定を用いるかを指定します。

Yes このオプションを選択すると、母標準偏差を既知とした検定の標本サイズや検出力が計算されます。この場合、計算には z 分布が使われます。

許可しない このオプションを選択すると、母標準偏差を既知とした検定の標本サイズや検出力が計算されます。この場合、計算には t 分布が使われます。

「独立二標本同等性の検出力エクспローラ」のプロファイル

プロファイルは、標本サイズが検出力の計算にどのような影響を与えるかを示します。

全体の標本サイズ 実験に必要な全体の標本サイズ（実験回数・実験ユニット数・試料の個数・観測数など）。全体の標本サイズを固定するには、[ロック]を選択します。

解を求めたい対象: ここでは何を求めたいかを指定します。標本サイズ、検出したい差、母標準偏差のいずれかを選択してください。

検出力 帰無仮説が正しくないときに、その帰無仮説を正しく棄却できる確率。その他の設定が同じである場合、標本サイズが大きくなるほど、検出力は増加します。

群1の標本サイズ 実験や調査において群1に必要な標本サイズ（実験回数・実験ユニット数・試料の個数・観測数など）。

群2の標本サイズ 実験において群2に必要な標本サイズ（実験回数・実験ユニット数・試料の個数・観測数など）。

検出したい差 対立仮説における母平均の差。統計的検定によって検出したい平均差。

群1の標準偏差 (σ_1) 1番目のグループの母標準偏差（群1に対して想定される母標準偏差）。この母標準偏差に指定する値としては、これまでに行った、大規模な類似の実験や調査から計算されたRMSE（平均2乗誤差の平方根）を用いることが考えられます。

群2の標準偏差 (σ_2) 2番目のグループの母標準偏差（群2に対して想定される母標準偏差）。この母標準偏差に指定する値としては、これまでに行った、大規模な類似の実験や調査から計算されたRMSE（平均2乗誤差の平方根）を用いることが考えられます。

メモ: 全体の標本サイズがロックされていない限り、一方の群の標本サイズを変更すると全体の標本サイズも変化します。全体の標本サイズがロックされている場合、一方の群の標本サイズを変更すると他方の群の標本サイズも変化します。群の標本サイズを指定するには、テキストボックスを使います。

「独立二標本同等性の検出力エクスプローラ」のオプション

「エクスプローラ」の赤い三角ボタンのメニューとレポートのボタンを使って、以下のオプションが使用できます。

シミュレーションデータ データテーブルが開き、エクスプローラでの設定に基づいてシミュレートしたデータが表示されます。応答列の計算式は、乱数を生成するための計算式となっており、指定された設定に対応したものになっています。

収集用データテーブルの作成 データの収集に使える新しいデータテーブルが作成されます。データテーブルには、データを分析するためのスクリプトも含まれています。

設定の保存 現在の設定が「設定の保存」の表に保存されます。複数の異なる計画を保存して、比較することができます。「[標本サイズエクスプローラの「設定の保存」](#)」を参照してください。

ヘルプ JMP ヘルプを開きます。

「独立二標本同等性の検出力エクスプローラ」の統計的詳細

2 標本平均に対する同等性検定の検出力の計算については、Chow et al. (2008) を参照してください。

σ_1 および σ_2 が未知の場合、検出力 $(1-\beta)$ は次のように計算されます。

$$1 - \beta = T \left(-t_{1-\alpha, df}, \frac{\delta - \delta_M}{\sqrt{\frac{\sigma_1^2}{n_1} + \frac{\sigma_2^2}{n_2}}} \right) - T \left(t_{1-\alpha, df}, \frac{\delta - \delta_m}{\sqrt{\frac{\sigma_1^2}{n_1} + \frac{\sigma_2^2}{n_2}}} \right)$$

ここで

$$df = \frac{\left(\frac{s_1^2}{n_1} + \frac{s_2^2}{n_2} \right)^2}{\frac{1}{n_1 - 1} \left(\frac{s_1^2}{n_1} \right)^2 + \frac{1}{n_2 - 1} \left(\frac{s_2^2}{n_2} \right)^2}$$

α は、有意水準。

n_1 および n_2 は、各群の標本サイズ。

σ_1 および σ_2 は、帰無仮説における各群の母標準偏差。

δ は、対立仮説での差（検出したい母平均の差）。

(δ_m, δ_M) は、同等性の範囲。

$t_{1-\alpha, \nu}$ は、自由度 ν の t 分布の $(1 - \alpha)$ 分位点、

$T(t; \nu, \lambda)$ は、自由度 ν で非心パラメータ λ を持つ非心 t 分布の累積分布関数。

σ が既知の場合、検出力 $(1 - \beta)$ は次のように求められます。

$$1 - \beta = \Phi \left(\frac{\delta - \delta_M}{\sqrt{\frac{\sigma_1^2}{n_1} + \frac{\sigma_2^2}{n_2}}} - z_{1-\alpha} \right) + \Phi \left(\frac{\delta - \delta_m}{\sqrt{\frac{\sigma_1^2}{n_1} + \frac{\sigma_2^2}{n_2}}} - z_{1-\alpha} \right) - 1$$

独立二標本 Poisson 平均の検出力

「独立二標本 Poisson 平均の検出力エクスプローラ」では、独立な2つの標本の Poisson 平均に対する仮説検定での標本サイズや検出力を計算できます。[実験計画(DOE)] > [標本サイズエクスプローラ] > [検出力] > [独立二標本 Poisson 平均の検出力] を選択します。ばらつき・標本サイズ・検出力・有意水準・検出したい比におけるトレードオフの関係を調べることができます。ここでの仮説検定は、次のような帰無仮説に対するものです。

$$H_0: \lambda_1 = \lambda_2$$

両側検定における対立仮説は、次のとおりです。

$$H_a: \lambda_1 \neq \lambda_2$$

片側検定における対立仮説は次のとおりです。

$$H_a: \lambda_1 < \lambda_2 \text{ もしくは } H_a: \lambda_1 > \lambda_2$$

この式で、 λ_1 および λ_2 は、各群のユニットあたり度数です。

「独立二標本 Poisson 平均の検出力エクスプローラ」の設定

ラジオボタン・テキストボックス・メニューによって、実験や調査の仮定（仮説検定に用いる前提）を設定します。それらの設定を変更すると、プロファイルが更新されます。プロファイル上で十字をドラッグすることでも、設定を変更できます。

検定の種類 仮説検定が片側なのか両側なのかを指定します。

設定

アルファ 第1種の誤りの確率（帰無仮説が正しい場合に、その帰無仮説を誤って棄却する確率）です。この値は、一般には、「有意水準」や「 α 水準」などと呼ばれています。デフォルトの有意水準は0.05です。

帰無仮説での群間比 帰無仮説における、「群1のユニットあたり度数」に対する「群2のユニットあたり度数」の比。

「独立二標本 Poisson 平均の検出力エクスプローラ」のプロファイル

プロファイルは、標本サイズが検出力の計算にどのような影響を与えるかを示します。

全体の標本サイズ 実験に必要な全体の標本サイズ（実験回数・実験ユニット数・試料の個数・観測数など）。全体の標本サイズを固定するには、[ロック]を選択します。

解を求めたい対象： ここでは何を求めたいかを指定します。標本サイズ、検出したい比、群1のユニットあたり度数のいずれかを選択してください。

検出力 帰無仮説が正しくないときに、その帰無仮説を正しく棄却できる確率。その他の設定が同じである場合、標本サイズが大きくなるほど、検出力は増加します。

群1の標本サイズ 実験において群1に必要なユニットの数を指定します。

群2の標本サイズ 実験において群2に必要なユニットの数を指定します。

対立仮説における群間比 対立仮説における、「群1のユニットあたり度数」に対する「群2のユニットあたり度数」の比を指定します。

群1のユニットあたり度数 群1のユニットあたり度数を指定します。群2のユニットあたり度数は、群1のユニットあたり度数と検出したい比から計算されます。

「独立二標本 Poisson 平均の検出力エクスプローラ」のオプション

「エクスプローラ」の赤い三角ボタンのメニューとレポートのボタンを使って、以下のオプションが使用できます。

シミュレーションデータ データテーブルが開き、エクスプローラでの設定に基づいてシミュレートしたデータが表示されます。応答列の計算式は、乱数を生成するための計算式となっており、指定された設定に対応したものになっています。

収集用データテーブルの作成 データの収集に使える新しいデータテーブルが作成されます。データテーブルには、データを分析するためのスクリプトも含まれています。

設定の保存 現在の設定が「設定の保存」の表に保存されます。複数の異なる計画を保存して、比較することができます。「[標本サイズエクスプローラの「設定の保存」](#)」を参照してください。

ヘルプ JMP ヘルプを開きます。

「独立二標本 Poisson 平均の検出力エクスプローラ」の統計的詳細

独立二標本 Poisson 平均の検出力エクスプローラは、Poisson 比の漸近的な正規分布に基づいて計算を行います。

下片側対立仮説の場合:

$$\Pr(\text{reject } H_0 \mid \rho_A < \rho_0) = \Phi\left(\log(\rho_0) - z_{1-\alpha} \sqrt{\frac{1}{n_1 \lambda_1} + \frac{1}{n_2 \lambda_1 \rho_A}}, \log(\rho_A) \sqrt{\frac{1}{n_1 \lambda_1} + \frac{1}{n_2 \lambda_1 \rho_A}}\right)$$

上片側対立仮説の場合:

$$\Pr(\text{reject } H_0 \mid \rho_A > \rho_0) = 1 - \Phi\left(\log(\rho_0) + z_{1-\alpha} \sqrt{\frac{1}{n_1 \lambda_1} + \frac{1}{n_2 \lambda_1 \rho_A}}, \log(\rho_A) \sqrt{\frac{1}{n_1 \lambda_1} + \frac{1}{n_2 \lambda_1 \rho_A}}\right)$$

両側対立仮説の場合:

$$\Pr(\text{reject } H_0 \mid \rho_A \neq \rho_0) = 1 - \Phi\left(\log(\rho_0) + z_{1-\alpha/2} \sqrt{\frac{1}{n_1 \lambda_1} + \frac{1}{n_2 \lambda_1 \rho_A}}, \log(\rho_A) \sqrt{\frac{1}{n_1 \lambda_1} + \frac{1}{n_2 \lambda_1 \rho_A}}\right) + \Phi\left(\log(\rho_0) - z_{1-\alpha/2} \sqrt{\frac{1}{n_1 \lambda_1} + \frac{1}{n_2 \lambda_1 \rho_A}}, \log(\rho_A) \sqrt{\frac{1}{n_1 \lambda_1} + \frac{1}{n_2 \lambda_1 \rho_A}}\right)$$

ここで

α は、有意水準。

n_1 および n_2 は、各群の標本サイズ。

ρ_0 は、帰無仮説における、2群の「ユニットあたり度数」の比。

ρ_A は、対立仮説における、2群の「ユニットあたり度数」の比。

λ_1 は、帰無仮説における群1の比。

$z_{1-\alpha}$ は、正規分布の $(1 - \alpha)$ 分位点。

$\Phi(x)$ は、正規分布の累積分布関数。

分散分析の検出力

「分散分析の検出力エクспローラ」では、分散分析での標本サイズや検出力を計算できます。「分散分析の検出力エクспローラ」を起動するには、[実験計画(DOE)] > [標本サイズエクспローラ] > [検出力] > [分散分析の検出力] を選択します。ばらつき・標本サイズ・検出力・有意水準・検出したい差におけるトレードオフの関係を調べることができます。ここでの仮説検定は、次のような帰無仮説に対するものです。

$$H_0: \mu_1 = \mu_2 = \dots = \mu_k$$

両側検定における対立仮説は次のとおりです。

H_a : いずれかの群の母平均が他と異なる

ここで

$$X_{ij} \sim N(\mu_j, \sigma^2) \text{ for } i = 1, \dots, n, j = 1, \dots, k$$

「分散分析の検出力エクスプローラ」のオプション

ラジオボタン・テキストボックス・メニューによって、実験や調査の仮定（仮説検定に用いる前提）を設定します。それらの設定を変更すると、プロファイルが更新されます。プロファイル上で十字をドラッグすることでも、設定を変更できます。

母平均の配置 対立仮説における母平均（真の母平均）をどのように設定するかのオプションです。検出したい母平均の配置をオプションから選択します。

グループ平均 各群の母平均を1つ1つ指定します。

群間変動 母平均の群間変動を指定します。

最大差 最大母平均と最小母平均の差（つまり、母平均の差のうち最大のもの）を指定します。

最悪のケース 最大母平均と最小母平均の差を指定します。それら以外のすべての群の母平均は、最小母平均と最大母平均の中間値であると仮定します。

1つを除くすべて 最大母平均と最小母平均の差を指定します。それら以外のすべての群の母平均は、最小母平均と等しいと仮定します。

設定

アルファ 第1種の誤りの確率（帰無仮説が正しい場合に、その帰無仮説を誤って棄却する確率）です。この値は、一般には、「有意水準」や「 α 水準」などと呼ばれています。デフォルトの有意水準は、0.05です。

群数 実験や調査に含める群数（グループの個数）を指定します。

「分散分析の検出力エクスプローラ」のプロファイル

プロファイルは、標本サイズが検出力の計算にどのような影響を与えるかを示します。

解を求めたい対象: ここでは何を求めたいかを指定します。標本サイズ、群内変動（誤差分散）、または平均の最大差のいずれかを選択してください。

検出力 帰無仮説が正しくないときに、その帰無仮説を正しく棄却できる確率。その他の設定が同じである場合、標本サイズが大きくなるほど、検出力は増加します。

標本サイズ（1群あたり） 実験や調査において各群に必要な標本サイズ（実験回数・実験ユニット数・観測数など）。

メモ: グループの標本サイズが等しい場合のみに対応しています。

群内変動（ σ^2 ） 群内の母分散を指定します。すべての群で、母標準偏差は等しいと仮定して計算は行われます。

群平均（「母平均の配置」を「群平均」に設定した場合のみ使用できます。）帰無仮説の群平均を指定します。「設定」で指定した群ごとにプロファイルとテキストボックスが表示されます。

群間変動（「母平均の配置」を「群間分散」に設定した場合のみ使用できます。）全体平均からの各群の平均のばらつき。群母平均と全体母平均の差の2乗を $1/(K-1)$ で尺度化した値です。ここで、 K は群数です。

平均の最大差（「母平均の配置」を「最大差」に設定した場合のみ使用できます。）（「1つを除くすべて」または「最悪のケース」での）母平均の最大差を指定します。

「分散分析の検出力エクスプローラ」のオプション

「エクスプローラ」の赤い三角ボタンのメニューとレポートのボタンを使って、以下のオプションが使用できます。

シミュレーションデータ データテーブルが開き、エクスプローラでの設定に基づいてシミュレートしたデータが表示されます。応答列の計算式は、乱数を生成するための計算式となっており、指定された設定に対応したものになっています。

収集用データテーブルの作成 データの収集に使える新しいデータテーブルが作成されます。データテーブルには、データを分析するためのスクリプトも含まれています。

設定の保存 現在の設定が「設定の保存」の表に保存されます。複数の異なる計画を保存して、比較することができます。「[標本サイズエクスプローラの「設定の保存」](#)」を参照してください。

ヘルプ JMP ヘルプを開きます。

「分散分析の検出力エクスプローラ」の統計的詳細

ここでの検出力計算は、各群の母分散がすべて等しいと仮定しています。分散分析の検出力は、通常の F 検定に基づいて計算されます。検出力（ $1-\beta$ ）は、母平均の配置に基づいて計算されます。

群ごとに母平均を指定した場合：

$$1 - \beta = F \left(f_{1-\alpha, K-1, N-K, K-1, N-K}, \frac{\frac{n}{K} \sum_{k=1}^K \left(\mu_k - \frac{1}{K} \sum_{k=1}^K \mu_k \right)^2}{\sigma^2} \right)$$

群間変動を指定した場合：

$$1 - \beta = F\left(f_{1-\alpha, K-1, N-K}, K-1, N-K, \frac{n(K-1)\sigma_{BG}^2}{\sigma^2}\right)$$

〔最悪のケース〕で最大差を指定した場合：

$$1 - \beta = F\left(f_{1-\alpha, K-1, N-K}, K-1, N-K, \frac{n\delta_{WC}^2}{2\sigma^2}\right)$$

〔1つを除くすべて〕で最大差を指定した場合：

$$1 - \beta = F\left(f_{1-\alpha, K-1, N-K}, K-1, N-K, \frac{n(K-1)\delta_{ABO}^2}{K\sigma^2}\right)$$

ここで、

$F(q, df_1, df_2, \lambda)$ は、非心パラメータ λ を持つ非心 F 分布。

K は、群数。

n は、各群の標本サイズ（全群で等しいと仮定）。

$N = nK$

μ_k は、対立仮説における各群 k の母平均。

σ_{BG}^2 は、群平均と全体平均の差の2乗を $1/(K-1)$ で尺度化した値。

δ_{WC} は、最大母平均（群の母平均で最大のもの）と最小母平均（群の母平均で最小のもの）の差。

δ_{ABO} も、最大母平均（群の母平均で最大のもの）と最小母平均（群の母平均で最小のもの）の差。

σ^2 は、群内分散（誤差分散）。この群内分散は、全群で等しいと仮定。

信頼区間エクスプローラ

「信頼区間エクスプローラ」では、指定した幅の信頼区間を得るために、大体、どれだけの標本サイズ（標本の大きさ、サンプルサイズ）が必要かを知ることができます。「信頼区間エクスプローラ」によって、標本サイズによって、信頼区間の幅がどのように変化するかを見ることができます。一標本平均に対する信頼区間・予測区間・許容区間のための標本サイズを調べることができます。また、二標本平均や、一標本・二標本割合、一標本・二標本分散の信頼区間のための標本サイズを調べることができます。

「信頼区間エクスプローラ」を起動するには、**〔実験計画(DOE)] > [標本サイズエクスプローラ] > [信頼区間]** を選択します。

- 「一標本平均の信頼区間」

- 「一標本割合の信頼区間」
- 「一標本分散の信頼区間」
- 「一標本 Poisson 平均の信頼区間」
- 「一標本 Poisson 平均の信頼区間エクスプローラ」の統計的詳細」
- 「独立二標本平均の信頼区間」
- 「独立二標本割合の信頼区間」
- 「独立二標本分散の信頼区間」
- 「独立二標本 Poisson 平均の信頼区間」

一標本平均の信頼区間

「一標本平均の信頼区間」では、1 標本平均の信頼区間、予測区間、許容区間を求めるための標本サイズを特定します。「一標本平均の信頼区間エクスプローラ」を起動するには、[実験計画(DOE)] > [標本サイズエクスプローラ] > [信頼区間] > [一標本平均の信頼区間] を選択します。ばらつき・標本サイズ・有意水準・信頼区間の幅におけるトレードオフの関係を調べることができます。

「一標本平均の信頼区間エクスプローラ」の設定

ラジオボタン・テキストボックス・メニューによって、実験や調査の仮定（仮説検定に用いる前提）を設定します。それらの設定を変更すると、プロファイルが更新されます。プロファイル上で十字をドラッグすることでも、設定を変更できます。

区間の種類

片側 片側区間（上片側または下片側）を指定します。

両側 両側区間を指定します。

区間の目的

信頼区間 母平均に対する信頼区間。母平均が含まれる区間

予測区間 1 個の観測値に対する予測区間。将来の 1 個の観測値が含まれる区間。

許容区間 観測値に対する許容区間。母集団全体のうち、特定の割合の観測値が含まれる区間。

設定

アルファ 有意水準を指定します。信頼水準は、この有意水準を 1 から引いた値 ($1-\alpha$) です。デフォルトは、95% 信頼区間（有意水準は 0.05）です。

割合 （「区間の目的」で [許容区間] を選択した場合のみ、表示されます。）母集団全体のうち、許容区間に含まれる観測値の割合を指定します。

母標準偏差 区間推定において、母標準偏差を既知とした区間推定を用いるか、母標準偏差を未知とした区間推定を用いるかを指定します。

Yes このオプションを選択すると、母標準偏差を既知とした信頼区間の標本サイズが計算されます。この場合、計算には z 分布が使用されます。

No このオプションを選択すると、母標準偏差を未知とした信頼区間の標本サイズが計算されます。この場合、計算には t 分布が使用されます。

「一標本平均の信頼区間エクスプローラ」のプロファイル

プロファイルは、標本サイズが信頼区間の計算にどのような影響を与えるかを示します。

解を求めたい対象: ここでは何を求めたいかを指定します。標本サイズまたは母標準偏差のいずれかを選択してください。

点推定値までの距離 両側信頼区間の場合、信頼区間の幅（両側信頼区間の上限－下限）の半分です。この長さは、「誤差範囲」（margin of error）と呼ばれることもあります。その他の設定が同じである場合、標本サイズが大きくなるほど、信頼区間の幅は狭くなります。

標本サイズ 信頼区間をある程度の幅にするのに必要な標本サイズ（実験回数・実験ユニット数・試料の個数・観測数）。

標準偏差 (σ) 母標準偏差を指定します。

「一標本平均の信頼区間エクスプローラ」のオプション

「エクスプローラ」の赤い三角ボタンのメニューとレポートのボタンを使って、以下のオプションが使用できます。

シミュレーションデータ データテーブルが開き、エクスプローラでの設定に基づいてシミュレートしたデータが表示されます。応答列の計算式は、乱数を生成するための計算式となっており、指定された設定に対応したものになっています。

収集用データテーブルの作成 データの収集に使える新しいデータテーブルが作成されます。データテーブルには、データを分析するためのスクリプトも含まれています。

設定の保存 現在の設定が「設定の保存」の表に保存されます。複数の異なる計画を保存して、比較することができます。[「標本サイズエクスプローラ」の「設定の保存」](#)を参照してください。

ヘルプ JMP ヘルプを開きます。

「一標本平均の信頼区間エクспローラ」の統計的詳細

どの種類の区間も、 σ が既知の場合は標準正規分布、未知の場合は t 分布または近似を使って計算されます。

信頼区間

両側信頼区間の「点推定値までの距離」は、次のように計算されます。

$$\text{点推定値までの距離} = \begin{cases} z_{1-\alpha/2} \frac{\sigma}{\sqrt{n}} & \sigma \text{が既知の場合} \\ t_{1-\alpha/2, n-1} \frac{s}{\sqrt{n}} & \sigma \text{が未知の場合} \end{cases}$$

片側許容区間の「点推定値までの距離」は、次のように計算されます。

$$\text{点推定値までの距離} = \begin{cases} \pm z_{1-\alpha} \frac{\sigma}{\sqrt{n}} & \sigma \text{が既知の場合} \\ t_{1-\alpha, n-1} \frac{s}{\sqrt{n}} & \sigma \text{が未知の場合} \end{cases}$$

予測区間

両側予測区間の「点推定値までの距離」は、次のように計算されます。

$$\text{点推定値までの距離} = \begin{cases} z_{1-\alpha/2} \sigma \sqrt{\left(1 + \frac{1}{n}\right)} & \sigma \text{が既知の場合} \\ t_{1-\alpha/2, n-1} s \sqrt{\left(1 + \frac{1}{n}\right)} & \sigma \text{が未知の場合} \end{cases}$$

片側許容区間の「点推定値までの距離」は、次のように計算されます。

$$\text{点推定値までの距離} = \begin{cases} \pm z_{1-\alpha} \sigma \sqrt{\left(1 + \frac{1}{n}\right)} & \sigma \text{が既知の場合} \\ \pm t_{1-\alpha, n-1} s \sqrt{\left(1 + \frac{1}{n}\right)} & \sigma \text{が未知の場合} \end{cases}$$

許容区間

割合 q だけの観測値を含む許容区間の場合、「点推定値までの距離」は、Krishnamoorthy and Mathew (2009) で説明されている近似法を使って計算されます。

両側許容区間の「点推定値までの距離」は、次のように計算されます。

$$\text{点推定値までの距離} = \begin{cases} \sigma \sqrt{\frac{N \chi_{q, 1, \frac{1}{n}}^2}{\chi_{\alpha, N}^2}} & \sigma \text{ が既知の場合} \\ s \sqrt{\frac{(n-1) \chi_{q, 1, \frac{1}{n}}^2}{\chi_{\alpha, n-1}^2}} & \sigma \text{ が未知の場合} \end{cases}$$

片側許容区間の「点推定値までの距離」は、次のように計算されます。

$$\text{点推定値までの距離} = \begin{cases} \pm \frac{t_{1-\alpha, N, z_q \sqrt{n}}}{\sqrt{n}} & \sigma \text{ が既知の場合} \\ \pm \frac{t_{1-\alpha, n-1, z_q \sqrt{n}}}{\sqrt{n}} & \sigma \text{ が未知の場合} \end{cases}$$

上の式で、 N は漸近的な近似を表せるだけの大きさを持った整数。JMP では、 N は 2000 に設定されます。

一標本割合の信頼区間

「一標本割合の信頼区間エクスプローラ」では、一標本割合に対する信頼区間をある程度の幅にするのに必要な標本サイズを計算できます。「一標本割合の信頼区間エクスプローラ」を起動するには、[実験計画(DOE)] > [標本サイズエクスプローラ] > [信頼区間] > [一標本割合の信頼区間] を選択します。割合・標本サイズ・有意水準・信頼区間の幅におけるトレードオフの関係を調べることができます。スコア信頼区間の近似である Agresti-Coull 法の信頼区間をもとに計算は行われます。

「一標本割合の信頼区間エクスプローラ」の設定

ラジオボタン・テキストボックス・メニューによって、実験や調査の仮定（仮説検定に用いる前提）を設定します。それらの設定を変更すると、プロファイルが更新されます。プロファイル上で十字をドラッグすることでも、設定を変更できます。

区間の種類

片側 片側信頼区間（上片側または下片側）を指定します。

両側 両側信頼区間を指定します。

設定

アルファ 信頼水準（ $1-\alpha$ ）を指定します。デフォルトは、95%信頼区間（有意水準は 0.05）です。

「一標本割合の信頼区間エクспローラ」のプロファイル

プロファイルは、標本サイズが信頼区間の計算にどのような影響を与えるかを示します。

解を求めたい対象： ここでは何を求めたいかを指定します。標本サイズまたは母割合のいずれかを選択してください。

点推定値までの距離 両側信頼区間の場合、信頼区間の幅（信頼区間の上限－下限）の半分です。この長さ
は、「誤差範囲」（margin of error）と呼ばれることもあります。その他の設定が同じである場合、標本
サイズが大きくなるほど、信頼区間の幅は狭くなります。

標本サイズ 信頼区間をある程度の幅にするのに必要な標本サイズ（実験回数・実験ユニット数・試料の個
数・観測数）。

割合 真の母割合（対立仮説での母割合）。

「一標本割合の信頼区間エクспローラ」のオプション

「エクспローラ」の赤い三角ボタンのメニューとレポートのボタンを使って、以下のオプションが使用でき
ます。

シミュレーションデータ データテーブルが開き、エクспローラでの設定に基づいてシミュレートしたデー
タが表示されます。応答列の計算式は、乱数を生成するための計算式となっており、指定された設定に対
応したものになっています。

収集用データテーブルの作成 データの収集に使える新しいデータテーブルが作成されます。データテーブル
には、データを分析するためのスクリプトも含まれています。

設定の保存 現在の設定が「設定の保存」の表に保存されます。複数の異なる計画を保存して、比較すること
ができます。「[標本サイズエクспローラの「設定の保存」](#)」を参照してください。

ヘルプ JMP ヘルプを開きます。

「一標本割合の信頼区間エクспローラ」の統計的詳細

「一標本割合の信頼区間エクспローラ」では、割合に対する信頼区間は、Agresti-Coull 法（Agresti and
Coull, 1998）による近似を用いて計算するものとしています。この手法は、Wald 法を修正したものであり、
スコア信頼区間を近似した方法です。

両側信頼区間の「点推定値までの距離」は、次のように計算されます。

$$\text{点推定値までの距離} = z_{1-\alpha/2} \sqrt{\frac{\tilde{p}(1-\tilde{p})}{\tilde{n}}}$$

片側許容区間の「点推定値までの距離」は、次のように計算されます。

$$\text{点推定値までの距離} = \pm z_{1-\alpha} \sqrt{\frac{\tilde{p}(1-\tilde{p})}{\tilde{n}}}$$

ここで

$$\tilde{n} = n + z_q^2$$

および

$$\tilde{p} = \frac{np + z_q^2/2}{\tilde{n}}$$

両側信頼区間の場合は、 $q = 1 - \alpha/2$ 、片側信頼区間の場合は、 $q = 1 - \alpha$ です。

一標本分散の信頼区間

「一標本分散の信頼区間エクスプローラ」では、一標本分散に対する信頼区間をある程度の幅にするのに必要な標本サイズを計算できます。「一標本分散の信頼区間エクスプローラ」を計算するには、**[実験計画 (DOE)]** > **[標本サイズエクスプローラ]** > **[信頼区間]** > **[一標本分散の信頼区間]** を選択します。標本サイズ・有意水準・信頼区間の幅におけるトレードオフの関係を調べることができます。

「一標本分散の信頼区間エクスプローラ」の設定

ラジオボタン・テキストボックス・メニューによって、実験や調査の仮定（仮説検定に用いる前提）を設定します。それらの設定を変更すると、プロファイルが更新されます。プロファイル上で十字をドラッグすることでも、設定を変更できます。

区間の種類

下側の片側区間 下片側区間の下限値を指定します。

上側の片側区間 上片側区間の上限値を指定します。

両側区間 両側区間を指定します。

設定

アルファ 信頼水準 ($1-\alpha$) を指定します。デフォルトは、95% 信頼区間（有意水準は 0.05）です。

「一標本分散の信頼区間エクスプローラ」のプロファイル

プロファイルは、標本サイズが信頼区間の計算にどのような影響を与えるかを示します。

解を求めたい対象：ここでは何を求めたいかを指定します。標本サイズしか選択できません。

限界値（「信頼区間の種類」を「下側の片側区間」または「上側の片側区間」に設定した場合のみ使用できます。）分散に対する下片側信頼区間の下限値、または、上片側信頼区間の上限値を指定します。

信頼区間の幅（「信頼区間の種類」を「両側区間」に設定した場合のみ使用できます。）両側信頼区間の場合、信頼区間の幅全体（上限－下限）を表します。他の設定が同じである場合、標本サイズが増えると、区間の幅は狭くなります。

標本サイズ 信頼区間をある程度の幅にするのに必要な標本サイズ（実験回数・実験ユニット数・試料の個数・観測数）。

「一標本分散の信頼区間エクスプローラ」のオプション

「エクスプローラ」の赤い三角ボタンのメニューとレポートのボタンを使って、以下のオプションが使用できます。

シミュレーションデータ データテーブルが開き、エクスプローラでの設定に基づいてシミュレートしたデータが表示されます。応答列の計算式は、乱数を生成するための計算式となっており、指定された設定に対応したものになっています。

収集用データテーブルの作成 データの収集に使える新しいデータテーブルが作成されます。データテーブルには、データを分析するためのスクリプトも含まれています。

設定の保存 現在の設定が「設定の保存」の表に保存されます。複数の異なる計画を保存して、比較することができます。「[標本サイズエクスプローラの「設定の保存」](#)」を参照してください。

ヘルプ JMPヘルプを開きます。

「一標本分散の信頼区間エクスプローラ」の統計的詳細

母分散に対する信頼区間は、 χ^2 分布に基づいて計算されます。両側信頼区間は、推定値を中心に対称ではありません。

両側信頼区間の幅は、次の式で求められます。

$$\text{両側信頼区間の幅} = (n-1) \left(\frac{1}{\chi_{\alpha/2, n-1}^2} - \frac{1}{\chi_{1-\alpha/2, n-1}^2} \right)$$

下片側信頼区間の下限値は、次の式で求められます。

$$\text{下限} = \frac{n-1}{2} \chi_{1-\alpha, n-1}^2$$

上片側信頼区間の上限値は、次の式で求められます。

$$\text{上限} = \frac{n-1}{2} \chi_{\alpha, n-1}^2$$

一標本 Poisson 平均の信頼区間

「一標本 Poisson 平均の信頼区間」では、信頼区間をある程度の幅にするのに必要な標本サイズを計算できます。**[実験計画(DOE)]** > **[標本サイズエクスプローラ]** > **[信頼区間]** > **[一標本 Poisson 平均の信頼区間]** を選択します。標本サイズ・有意水準・信頼区間の幅におけるトレードオフの関係を調べることができます。

「一標本 Poisson 平均の信頼区間エクスプローラ」の設定

ラジオボタン・テキストボックス・メニューによって、実験や調査の仮定（仮説検定に用いる前提）を設定します。それらの設定を変更すると、プロファイルが更新されます。プロファイル上で十字をドラッグすることでも、設定を変更できます。

区間の種類

下限 下片側区間の下限値を指定します。

上限 上片側区間の上限値を指定します。

両側区間 両側区間を指定します。

設定

アルファ 信頼水準 $(1-\alpha)$ を指定します。デフォルトは、95% 信頼区間（有意水準は 0.05）です。

ユニットあたり度数 帰無仮説のユニットあたり度数を指定します。

「一標本 Poisson 平均の信頼区間エクスプローラ」のプロファイル

プロファイルは、標本サイズが信頼区間の計算にどのような影響を与えるかを示します。

解を求めたい対象： ここでは何を求めたいかを指定します。標本サイズしか選択できません。

限界値 （「信頼区間の種類」を [下限] または [上限] に設定した場合のみ使用できます。）Poisson 平均に対する下片側信頼区間の下限値、または、上片側信頼区間の上限値を指定します。

信頼区間の幅 「信頼区間の種類」を「両側区間」に設定した場合のみ使用できます。）両側信頼区間の場合、信頼区間の幅全体（上限－下限）を表します。他の設定が同じである場合、標本サイズが増えると、区間の幅は狭くなります。

標本サイズ 信頼区間をある程度の幅にするのに必要な標本サイズ（実験回数・実験ユニット数・試料の個数・観測数）。

「一標本 Poisson 平均の信頼区間エクスプローラ」のオプション

「エクスプローラ」の赤い三角ボタンのメニューとレポートのボタンを使って、以下のオプションが使用できます。

シミュレーションデータ データテーブルが開き、エクスプローラでの設定に基づいてシミュレートしたデータが表示されます。応答列の計算式は、乱数を生成するための計算式となっており、指定された設定に対応したものになっています。

収集用データテーブルの作成 データの収集に使える新しいデータテーブルが作成されます。データテーブルには、データを分析するためのスクリプトも含まれています。

設定の保存 現在の設定が「設定の保存」の表に保存されます。複数の異なる計画を保存して、比較することができます。「[標本サイズエクスプローラの「設定の保存」](#)」を参照してください。

ヘルプ JMP ヘルプを開きます。

「一標本 Poisson 平均の信頼区間エクスプローラ」の統計的詳細

一標本 Poisson 平均に対する信頼区間は、 X^2 分布を使った正確検定に基づいて計算されます。両側信頼区間は、推定値を中心に対称ではありません。

両側信頼区間の幅は、次の式で求められます。

$$\text{両側信頼区間の幅} = \frac{\chi_{1-\alpha/2, 2(n\lambda+1)}^2}{2n} - \frac{\chi_{\alpha/2, 2(n\lambda+1)}^2}{2n}$$

下片側信頼区間の下限値は、次の式で求められます。

$$\text{下限} = \frac{\chi_{\alpha, 2(n\lambda+1)}^2}{2n}$$

上片側信頼区間の上限値は、次の式で求められます。

$$\text{上限} = \frac{\chi_{1-\alpha, 2(n\lambda+1)}^2}{2n}$$

独立二標本平均の信頼区間

「独立二標本平均の信頼区間」では、信頼区間をある程度の幅にするのに必要な標本サイズを計算できます。「独立二標本平均の信頼区間エクスプローラ」を起動するには、[実験計画 (DOE)] > [標本サイズエクスプローラ] > [信頼区間] > [独立二標本平均の信頼区間] を選択します。標本サイズ・有意水準・信頼区間の幅におけるトレードオフの関係を調べることができます。

独立二標本平均の信頼区間エクスプローラの設定

ラジオボタン・テキストボックス・メニューによって、実験や調査の仮定（仮説検定に用いる前提）を設定します。それらの設定を変更すると、プロファイルが更新されます。プロファイル上で十字をドラッグすることでも、設定を変更できます。

区間の種類

片側 片側の信頼区間（上側または下側）を指定します。

両側 両側の信頼区間を指定します。

設定

アルファ 信頼水準（ $1-\alpha$ ）を指定します。デフォルトは、95% 信頼区間（有意水準は 0.05）です。

母標準偏差 区間推定において、母標準偏差を既知とした区間推定を用いるか、母標準偏差を未知とした区間推定を用いるかを指定します。

Yes このオプションを選択すると、母標準偏差を既知とした区間推定の標本サイズが計算されます。この場合、計算には z 分布が使われます。

No このオプションを選択すると、母標準偏差を未知とした検定の標本サイズや検出力が計算されます。この場合、計算には t 分布が使われます。

「独立二標本平均の信頼区間エクスプローラ」のプロファイル

プロファイルは、標本サイズが信頼区間の計算にどのような影響を与えるかを示します。

全体の標本サイズ 実験に必要な全体の標本サイズ（実験回数・実験ユニット数・試料の個数・観測数など）。「点推定値までの距離」の曲線は、全体の標本サイズに基づきます。全体の標本サイズを固定するには、[ロック] を選択します。

解を求めたい対象： ここでは何を求めたいかを指定します。標本サイズまたは母標準偏差のいずれかを選択してください。

点推定値までの距離 両側信頼区間の場合、信頼区間の幅（信頼区間の上限－下限）の半分です。この長さは、「誤差範囲」（margin of error）と呼ばれることもあります。その他の設定が同じである場合、標本サイズが大きくなるほど、信頼区間の幅は狭くなります。

群1の標本サイズ 実験や調査において群1に必要な標本サイズ（実験回数・実験ユニット数・試料の個数・観測数など）。群1の標本サイズをロックするには、[ロック]を選択します。

群2の標本サイズ 実験において群2に必要な標本サイズ（実験回数・実験ユニット数・試料の個数・観測数など）。群2の標本サイズをロックするには、[ロック]を選択します。

群1の標準偏差 (σ_1) 群1の母標準偏差（群1に対して想定される母標準偏偏差）。

群2の標準偏差 (σ_2) 群2の母標準偏差（群2に対して想定される母標準偏偏差）

メモ: 全体の標本サイズがロックされていない限り、一方の群の標本サイズを変更すると全体の標本サイズも変化します。全体の標本サイズがロックされている場合、一方の群の標本サイズを変更すると他方の群の標本サイズも変化します。

「独立二標本平均の信頼区間エクスプローラ」のオプション

「エクスプローラ」の赤い三角ボタンのメニューとレポートのボタンを使って、以下のオプションが使用できます。

シミュレーションデータ データテーブルが開き、エクスプローラでの設定に基づいてシミュレートしたデータが表示されます。応答列の計算式は、乱数を生成するための計算式となっており、指定された設定に対応したものになっています。

収集用データテーブルの作成 データの収集に使える新しいデータテーブルが作成されます。データテーブルには、データを分析するためのスクリプトも含まれています。

設定の保存 現在の設定が「設定の保存」の表に保存されます。複数の異なる計画を保存して、比較することができます。「[標本サイズエクスプローラの「設定の保存」](#)」を参照してください。

ヘルプ JMPヘルプを開きます。

「独立二標本平均の信頼区間エクスプローラ」の統計的詳細

母平均の差に対する信頼区間は、 σ_1 および σ_2 が既知か未知かによって、それぞれ標準正規分布と t 分布に基づいて計算されます。

両側信頼区間における信頼区間の幅は、次の式で求められます。

$$\text{点推定値までの距離} = \begin{cases} z_{1-\alpha/2} \sqrt{\frac{\sigma_1^2}{n_1} + \frac{\sigma_2^2}{n_2}} & \sigma_1 \text{ および } \sigma_2 \text{ が既知の場合} \\ t_{1-\alpha/2, n-1} \sqrt{\frac{s_1^2}{n_1} + \frac{s_2^2}{n_2}} & \sigma_1 \text{ および } \sigma_2 \text{ が未知の場合} \end{cases}$$

片側信頼区間では、 σ_1 および σ_2 が未知の場合、「点推定値までの距離」は次の式で求められます。

$$\text{点推定値までの距離} = \pm t_{1-\alpha, df} \sqrt{\frac{s_1^2}{n_1} + \frac{s_2^2}{n_2}}$$

ここで

$$df = \begin{cases} n_1 + n_2 - 2 & \sigma_1 = \sigma_2 \text{ の場合} \\ \frac{\left(\frac{s_1^2}{n_1} + \frac{s_2^2}{n_2} \right)^2}{\frac{1}{n_1 - 1} \left(\frac{s_1^2}{n_1} \right)^2 + \frac{1}{n_2 - 1} \left(\frac{s_2^2}{n_2} \right)^2} & \sigma_1 \neq \sigma_2 \text{ の場合} \end{cases}$$

片側信頼区間で σ が既知の場合、点推定値までの距離は次の式で求められます。

$$\text{点推定値までの距離} = \pm z_{1-\alpha} \sqrt{\frac{\sigma_1^2}{n_1} + \frac{\sigma_2^2}{n_2}}$$

独立二標本割合の信頼区間

「独立二標本割合の信頼区間エクスプローラ」では、二標本割合の差・対数相対リスク・対数オッズに対する信頼区間をある程度の幅にするのに必要な標本サイズを計算できます。「独立二標本割合の信頼区間エクスプローラ」を起動するには、[実験計画 (DOE)] > [標本サイズエクスプローラ] > [信頼区間] > [独立二標本割合の信頼区間] を選択します。標本サイズ・有意水準・信頼区間の幅におけるトレードオフの関係を調べることができます。

「独立二標本割合の信頼区間エクスプローラ」の設定

ラジオボタン・テキストボックス・メニューによって、実験や調査の仮定（仮説検定に用いる前提）を設定します。それらの設定を変更すると、プロファイルが更新されます。プロファイル上で十字をドラッグすることでも、設定を変更できます。

区間の種類

片側 片側（上片側または下片側）の信頼区間を指定します。

両側 両側の信頼区間を指定します。

設定 アルファ 信頼水準 ($1-\alpha$) を指定します。デフォルトは、95% 信頼区間（有意水準は0.05）です。

割合の差 二標本割合の差 ($p_1 - p_2$) に対する信頼区間を指定します。

対数相対リスク 相対リスク (p_1/p_2) の対数に対する信頼区間を指定します。

対数オッズ比 オッズ比 ($p/(1-p)$ の比) の対数に対する信頼区間を指定します。

「独立二標本割合の信頼区間エクспローラ」のプロファイル

プロファイルは、標本サイズが信頼区間の計算にどのような影響を与えるかを示します。

全体の標本サイズ 実験に必要な全体の標本サイズ（実験回数・実験ユニット数・試料の個数・観測数など）。
「点推定値までの距離」の曲線は、全体の標本サイズに基づきます。全体の標本サイズを固定するには、
[ロック] を選択します。

解を求めたい対象: ここでは何を求めたいかを指定します。標本サイズまたは母割合のいずれかを選択してください。

点推定値までの距離 両側区間の幅の半分、または片側区間の幅を指定します。その他の設定が同じである場合、標本サイズが大きくなるほど、信頼区間の幅は狭くなります。

群1の標本サイズ 実験や調査において群1に必要な標本サイズ（実験回数・実験ユニット数・試料の個数・観測数など）。

群2の標本サイズ 実験において群2に必要な標本サイズ（実験回数・実験ユニット数・試料の個数・観測数など）。

群1の割合 群1の真の母割合（群1に対して想定される母割合）。

群2の割合 群2の真の母割合（群2に対して想定される母割合）。

メモ: 全体の標本サイズがロックされていない限り、一方の群の標本サイズを変更すると全体の標本サイズも変化します。全体の標本サイズがロックされている場合、一方の群の標本サイズを変更すると他方の群の標本サイズも変化します。

「独立二標本割合の信頼区間エクспローラ」のオプション

「エクспローラ」の赤い三角ボタンのメニューとレポートのボタンを使って、以下のオプションが使用できます。

シミュレーションデータ データテーブルが開き、エクспローラでの設定に基づいてシミュレートしたデータが表示されます。応答列の計算式は、乱数を生成するための計算式となっており、指定された設定に対応したものになっています。

収集用データテーブルの作成 データの収集に使える新しいデータテーブルが作成されます。データテーブルには、データを分析するためのスクリプトも含まれています。

設定の保存 現在の設定が「設定の保存」の表に保存されます。複数の異なる計画を保存して、比較することができます。[「標本サイズエクスポーラの「設定の保存」](#)を参照してください。

ヘルプ JMPヘルプを開きます。

「独立二標本割合の信頼区間エクスポーラ」の統計の詳細

どの種類の区間も、正規近似を使って計算されます。

割合の差

割合の差に対する両側信頼区間の場合、「点推定値までの距離」は次の式で求められます。

$$\text{点推定値までの距離} = z_{1-\alpha/2} \sqrt{\frac{p_1(1-p_1)}{n_1} + \frac{p_2(1-p_2)}{n_2}}$$

「点推定値までの距離」は次の式で求められます。

$$\text{点推定値までの距離} = \pm z_{1-\alpha} \sqrt{\frac{p_1(1-p_1)}{n_1} + \frac{p_2(1-p_2)}{n_2}}$$

対数相対リスク

対数相対リスクに対する両側信頼区間の場合、「点推定値までの距離」は次の式で求められます。

$$\text{点推定値までの距離} = z_{1-\alpha/2} \sqrt{\frac{(1-p_1)}{n_1 p_1} + \frac{(1-p_2)}{n_2 p_2}}$$

「点推定値までの距離」は次の式で求められます。

$$\text{点推定値までの距離} = \pm z_{1-\alpha} \sqrt{\frac{(1-p_1)}{n_1 p_1} + \frac{(1-p_2)}{n_2 p_2}}$$

対数オッズ比

対数オッズ比に対する両側信頼区間の場合、「点推定値までの距離」は次の式で求められます。

$$\text{点推定値までの距離} = z_{1-\alpha/2} \sqrt{\frac{1}{n_1 p_1} + \frac{1}{n_1(1-p_1)} + \frac{1}{n_2 p_2} + \frac{1}{n_2(1-p_2)}}$$

「点推定値までの距離」は次の式で求められます。

$$\text{点推定値までの距離} = \pm z_{1-\alpha} \sqrt{\frac{1}{n_1 p_1} + \frac{1}{n_1(1-p_1)} + \frac{1}{n_2 p_2} + \frac{1}{n_2(1-p_2)}}$$

独立二標本分散の信頼区間

「独立二標本分散の信頼区間」では、信頼区間をある程度の幅にするのに必要な標本サイズを計算できます。「独立二標本分散の信頼区間エクスプローラ」を起動するには、[実験計画(DOE)] > [標本サイズエクスプローラ] > [信頼区間] > [独立二標本分散の信頼区間] を選択します。標本サイズ・有意水準・信頼区間の幅におけるトレードオフの関係を調べることができます。

「独立二標本分散の信頼区間エクスプローラ」の設定

ラジオボタン・テキストボックス・メニューによって、実験や調査の仮定（仮説検定に用いる前提）を設定します。それらの設定を変更すると、プロファイルが更新されます。プロファイル上で十字をドラッグすることでも、設定を変更できます。

区間の種類

下側の片側区間 下片側区間の下限値を指定します。

上側の片側区間 上片側区間の上限値を指定します。

両側区間 両側区間を指定します。

設定

アルファ 信頼水準 ($1-\alpha$) を指定します。デフォルトは、95%信頼区間（有意水準は0.05）です。

「独立二標本分散の信頼区間エクスプローラ」のプロファイル

プロファイルは、標本サイズが信頼区間の計算にどのような影響を与えるかを示します。

全体の標本サイズ 実験に必要な全体の標本サイズ（実験回数・実験ユニット数・試料の個数・観測数など）。「点推定値までの距離」の曲線は、全体の標本サイズに基づきます。全体の標本サイズを固定するには、[ロック] を選択します。

解を求めたい対象： ここでは何を求めたいかを指定します。標本サイズしか選択できません。

限界値 （「信頼区間の種類」を「下側の片側区間」または「上側の片側区間」に設定した場合のみ使用できます。）分散に対する下片側信頼区間の下限値、または、上片側信頼区間の上限値を指定します。

信頼区間の幅 （「信頼区間の種類」を「両側区間」に設定した場合のみ使用できます。）両側信頼区間の場合、信頼区間の幅全体（上限ー下限）を表します。他の設定が同じである場合、標本サイズが増えると、区間の幅は狭くなります。

群1の標本サイズ 実験や調査において群1に必要な標本サイズ（実験回数・実験ユニット数・試料の個数・観測数など）。

群2の標本サイズ 実験において群2に必要な標本サイズ（実験回数・実験ユニット数・試料の個数・観測数など）。

メモ: 全体の標本サイズがロックされていない限り、一方の群の標本サイズを変更すると全体の標本サイズも変化します。全体の標本サイズがロックされている場合、一方の群の標本サイズを変更すると他方の群の標本サイズも変化します。

「独立二標本分散の信頼区間エクスプローラ」のオプション

「エクスプローラ」の赤い三角ボタンのメニューとレポートのボタンを使って、以下のオプションが使用できます。

シミュレーションデータ データテーブルが開き、エクスプローラでの設定に基づいてシミュレートしたデータが表示されます。応答列の計算式は、乱数を生成するための計算式となっており、指定された設定に対応したものになっています。

収集用データテーブルの作成 データの収集に使える新しいデータテーブルが作成されます。データテーブルには、データを分析するためのスクリプトも含まれています。

設定の保存 現在の設定が「設定の保存」の表に保存されます。複数の異なる計画を保存して、比較することができます。「[標本サイズエクスプローラの「設定の保存」](#)」を参照してください。

ヘルプ JMP ヘルプを開きます。

「独立二標本分散の信頼区間エクスプローラ」の統計的詳細

二標本の分散の比に対する信頼区間は、 F 分布に基づいて計算されます。両側信頼区間における信頼区間の幅は、次の式で求められます。

$$\text{点推定値までの距離} = F_{1-\alpha/2, n_1-1, n_2-1} - F_{\alpha/2, n_1-1, n_2-1}$$

下片側信頼区間における下限は次の式で求められます。

$$\text{下限} = F_{\alpha, n_1-1, n_2-1}$$

上片側信頼区間における上限は次の式で求められます。

$$\text{上限} = F_{1-\alpha, n_1-1, n_2-1}$$

独立二標本 Poisson 平均の信頼区間

「独立二標本 Poisson 平均の信頼区間」では、信頼区間をある程度の幅にするのに必要な標本サイズを計算できます。[実験計画 (DOE)] > [標本サイズエクスプローラ] > [信頼区間] > [独立二標本 Poisson 平均の信頼区間] を選択します。標本サイズ・有意水準・信頼区間の幅におけるトレードオフの関係を調べることができます。

「独立二標本 Poisson 平均の信頼区間エクスプローラ」の設定

ラジオボタン・テキストボックス・メニューによって、実験や調査の仮定（仮説検定に用いる前提）を設定します。それらの設定を変更すると、プロファイルが更新されます。プロファイル上で十字をドラッグすることでも、設定を変更できます。

区間の種類

片側 片側（上片側もしくは下片側）の信頼区間を指定します。

両側 両側の信頼区間を指定します。

設定

アルファ 信頼水準（ $1-\alpha$ ）を指定します。デフォルトは、95%信頼区間（有意水準は0.05）です。

「独立二標本 Poisson 平均の信頼区間エクスプローラ」のプロファイル

プロファイルは、標本サイズが信頼区間の計算にどのような影響を与えるかを示します。

全体の標本サイズ 実験に必要な全体の標本サイズ（実験回数・実験ユニット数・試料の個数・観測数など）。
「点推定値までの距離」の曲線は、全体の標本サイズに基づきます。全体の標本サイズを固定するには、**[ロック]** を選択します。

解を求めたい対象： ここでは何を求めたいかを指定します。標本サイズまたは母割合のいずれかを選択してください。

全体の標本サイズ 実験に必要な全体の標本サイズ（実験回数・実験ユニット数・試料の個数・観測数など）。

群1の標本サイズ 実験や調査において群1に必要な標本サイズ（実験回数・実験ユニット数・試料の個数・観測数など）。

群2の標本サイズ 実験において群2に必要な標本サイズ（実験回数・実験ユニット数・試料の個数・観測数など）。

群1のユニットあたり度数 群1におけるユニットあたり度数を指定します。

群2のユニットあたり度数 群2におけるユニットあたり度数を指定します。

メモ： 全体の標本サイズがロックされていない限り、一方の群の標本サイズを変更すると全体の標本サイズも変化します。全体の標本サイズがロックされている場合、一方の群の標本サイズを変更すると他方の群の標本サイズも変化します。

「独立二標本 Poisson 平均の信頼区間エクスプローラ」のオプション

シミュレーションデータ データテーブルが開き、エクスプローラでの設定に基づいてシミュレートしたデータが表示されます。シミュレートした応答の列の計算式を見ると、使用された設定が確認できます。

収集用データテーブルの作成 データの収集に使える新しいデータテーブルが作成されます。データテーブルには、データの分析を実行するスクリプトが含まれています。

設定の保存 現在の設定が「設定の保存」の表に保存されます。複数の異なる計画を保存して、比較することができます。[「標本サイズエクスプローラの「設定の保存」](#)を参照してください。

ヘルプ JMP ヘルプを開きます。

「独立二標本 Poisson 平均の信頼区間エクスプローラ」の統計的詳細

どの種類の区間も、漸近的な正規分布を使って計算されます。

両側信頼区間における信頼区間の幅は、次の式で求められます。

$$\text{点推定値までの距離} = z_{1-\alpha/2} \sqrt{\frac{\lambda_1}{n_1} + \frac{\lambda_2}{n_2}}$$

「点推定値までの距離」は次の式で求められます。

$$\text{点推定値までの距離} = \pm z_{1-\alpha} \sqrt{\frac{\lambda_1}{n_1} + \frac{\lambda_2}{n_2}}$$

「エクスプローラ」の赤い三角ボタンのメニューとレポートのボタンを使って、以下のオプションが使用できます。

シミュレーションデータ データテーブルが開き、エクスプローラでの設定に基づいてシミュレートしたデータが表示されます。応答列の計算式は、乱数を生成するための計算式となっており、指定された設定に対応したものになっています。

収集用データテーブルの作成 データの収集に使える新しいデータテーブルが作成されます。データテーブルには、データを分析するためのスクリプトも含まれています。

設定の保存 現在の設定が「設定の保存」の表に保存されます。複数の異なる計画を保存して、比較することができます。[「標本サイズエクスプローラの「設定の保存」](#)を参照してください。

ヘルプ JMP ヘルプを開きます。

信頼性エクスプローラ

信頼性エクスプローラでは、信頼性実証試験または信頼性寿命試験に必要な標本サイズを特定することができます。

信頼性エクスプローラのいずれかを起動するには、**[実験計画 (DOE)]** > **[標本サイズエクスプローラ]** > **[信頼性]** を選択します。

- 「パラメトリックな信頼性実証」
- 「ノンパラメトリックな信頼性実証」
- 「信頼性寿命試験」

パラメトリックな信頼性実証

「パラメトリック信頼性実証試験エクспローラ」は、パラメトリックな方法に基づき、信頼性実証試験で試験するユニットの個数を計算します。「パラメトリックな信頼性実証試験エクспローラ」を起動するには、[実験計画 (DOE)] > [標本サイズエクспローラ] > [信頼性] > [パラメトリックな信頼性実証] を選択します。時間・有意水準・故障個数、試験するユニットの個数におけるトレードオフ関係を調べます。

「パラメトリックな信頼性実証試験エクспローラ」の設定

ラジオボタン・テキストボックス・メニューによって、実験や調査の仮定（仮説検定に用いる前提）を設定します。それらの設定を変更すると、プロファイルが更新されます。プロファイル上で十字をドラッグすることでも、設定を変更できます。

設定

アルファ 有意水準 ($1-\alpha$) を指定します。デフォルトの値は 0.05 です。

分布 故障時間に対して想定する確率分布。選択肢は、Weibull 分布と対数正規分布です。これらの確率分布に関する詳細は、信頼性/生存時間分析を参照してください。

標準時間 この時点までの故障が少なければ信頼性があるとみなす時間。信頼性がある製品を、この標準時点における生存確率（信頼性）が特定の基準よりも大きい製品と定義します。

「パラメトリックな信頼性実証試験エクспローラ」のプロファイル

プロファイルは、標本サイズが信頼性実証試験にどのような影響を与えるかを示します。

解を求めたい対象： ここでは何を求めたいかを指定します。標本サイズ、故障個数の上限、信頼性、形状パラメータのいずれかを選択してください。

試験時間 実証試験をどれぐらいの期間で行うかを指定します。

標本サイズ 信頼性実証試験に用いるユニットの個数。

故障個数の上限 信頼性実証試験で合格とみなす最大故障個数。試験の結果がこの個数以下であれば、合格とみなします。故障個数の上限は標本サイズよりも小さくなければいけません。

標準信頼性 信頼性のある製品の標準時間における生存確率。つまり、標準時間（その時点までの故障が少なかったら信頼性があるとみなす時間）まで、信頼性のある製品が故障せずに生存している確率。

形状パラメータ 故障時間に関する確率分布の尺度パラメータ。

「パラメトリックな信頼性実証試験エクスプローラ」のオプション

「エクスプローラ」の赤い三角ボタンのメニューとレポートのボタンを使って、以下のオプションが使用できます。

シミュレーションデータ データテーブルが開き、エクスプローラでの設定に基づいてシミュレートしたデータが表示されます。応答列の計算式は、乱数を生成するための計算式となっており、指定された設定に対応したものになっています。

収集用データテーブルの作成 データの収集に使える新しいデータテーブルが作成されます。データテーブルには、データを分析するためのスクリプトも含まれています。

設定の保存 現在の設定が「設定の保存」の表に保存されます。複数の異なる計画を保存して、比較することができます。「[標本サイズエクスプローラの「設定の保存」](#)」を参照してください。

ヘルプ JMP ヘルプを開きます。

「パラメトリック信頼性実証試験エクスプローラ」の統計的詳細

パラメトリックな信頼性実証実験では、製品が標準時間 T_d を信頼性 R_d で達成することを実証するために必要な試験時間を、想定した寿命分布を使って求めた成功確率を持つ二項分布を用いて計算します。F 分布を用いて、累積確率である α から二項分布の確率パラメータを逆算しています。

Weibull 分布の場合、試験時間は次の式で求められます。

$$\text{試験時間} = T_d \left(\frac{-\log(P)}{\log(R_d)} \right)^{1/\beta}$$

対数正規分布の場合、試験時間は次の式で求められます。

$$\text{試験時間} = \exp \left(\frac{z_{1-e^{-\log P}} - z_{1-R_d}}{\sigma} \right)$$

ここで、

$$\log P = -\log \left(\frac{Sf}{Sf+1} \right)$$

$$Sf = \frac{n-c}{c+1} f_{\alpha, 2(n-c), 2(c+1)}$$

c は、試験で許容される故障個数の上限です。

ノンパラメトリックな信頼性実証

「ノンパラメトリックな信頼性実証試験エクспローラ」では、故障時間の確率分布がまったく予想できない状況に対して、ノンパラメトリックな方法で、信頼性実証試験で試験するユニットの個数を計算します。「ノンパラメトリックな信頼性実証試験エクспローラ」を起動するには、[実験計画 (DOE)] > [標本サイズエクспローラ] > [信頼性] > [ノンパラメトリックな信頼性実証] を選択します。信頼性・有意水準・故障個数、試験するユニットの個数におけるトレードオフ関係を調べます。

ノンパラメトリック信頼性実証試験エクспローラの設定

ラジオボタン・テキストボックス・メニューによって、実験や調査の仮定（仮説検定に用いる前提）を設定します。それらの設定を変更すると、プロファイルが更新されます。プロファイル上で十字をドラッグすることでも、設定を変更できます。

設定

アルファ 有意水準 ($1-\alpha$) を指定します。デフォルトの値は 0.05 です。

「ノンパラメトリック信頼性実証試験エクспローラ」のプロファイル

プロファイルは、標本サイズがノンパラメトリック信頼性実証試験にどのような影響を与えるかを示します。

解を求めたい対象: ここでは何を求めたいかを指定します。標本サイズまたは故障個数の上限のいずれかを選択してください。

標準信頼性 信頼性のある製品の試験期間における生存確率。つまり、試験期間まで、信頼性のある製品が故障せずに生存している確率。

標本サイズ 信頼性実証試験に用いるユニットの個数。

故障個数の上限 信頼性実証試験で合格とみなす最大故障個数。試験の結果がこの個数以下であれば、合格とみなします。

「ノンパラメトリック信頼性実証試験エクспローラ」のオプション

「エクспローラ」の赤い三角ボタンのメニューとレポートのボタンを使って、以下のオプションが使用できます。

シミュレーションデータ データテーブルが開き、エクспローラでの設定に基づいてシミュレートしたデータが表示されます。応答列の計算式は、乱数を生成するための計算式となっており、指定された設定に対応したものになっています。

収集用データテーブルの作成 データの収集に使える新しいデータテーブルが作成されます。データテーブルには、データを分析するためのスクリプトも含まれています。

設定の保存 現在の設定が「設定の保存」の表に保存されます。複数の異なる計画を保存して、比較することができます。「[標本サイズエクスプローラの「設定の保存」](#)」を参照してください。

ヘルプ JMP ヘルプを開きます。

「ノンパラメトリック信頼性実証試験エクスプローラ」の統計的詳細

ノンパラメトリックな信頼性実証試験の場合、信頼性は、二項分布に基づいて計算されます。二項分布の累積分布関数で累積確率が α となる時の試行確率は、 F 分布の α 分位点から計算できます (Jowett, 1963 を参照)。

その関係を使って、信頼性は次の式で求められます。

$$R = \frac{Sf}{Sf + 1}$$

ここで、

$$Sf = \frac{n - c}{c + 1} f_{\alpha, 2(n - c), 2(c + 1)}$$

c は、試験で許容される故障個数の上限です。

信頼性寿命試験

信頼性寿命試験の信頼区間エクスプローラでは、信頼性寿命試験に必要な標本サイズ、試験時間、精度を求めることができます。「パラメトリックな信頼性実証試験エクスプローラ」を起動するには、[実験計画 (DOE)] > [標本サイズエクスプローラ] > [信頼性] > [信頼性実証試験] を選択します。

信頼性試験の目的は、製品の故障時間や故障確率の推定です。信頼性実証試験エクスプローラは、予測信頼区間を使って推定値の精度を定義します。信頼性試験においては、試験結果をもとに、故障確率や故障時間の推定値が仮定された確率分布から求められます。

「パラメトリック信頼性寿命試験の信頼区間エクスプローラ」の設定

ラジオボタン・テキストボックス・メニューによって、実験や調査の仮定（仮説検定に用いる前提）を設定します。それらの設定を変更すると、プロファイルが更新されます。プロファイル上で十字をドラッグすることでも、設定を変更できます。

区間の種類

下側の片側区間 下片側区間を指定します。

上側の片側区間 上片側区間を指定します。

両側区間 両側区間を指定します。

設定

アルファ 信頼水準 ($1 - \alpha$) を指定します。デフォルトは、95% 信頼区間（有意水準は 0.05）です。

一変量の分布 故障時間に対して想定する確率分布。使用できる分布の種類は、Weibull分布・対数正規分布・Frechet分布・対数ロジスティック分布です。これらの確率分布に関する詳細は、信頼性/生存時間分析を参照してください。

打ち切り時間 信頼性試験を行う試験期間。この時間が過ぎても生存しているユニットは打ち切られません。

分位点 (「興味ある寿命特性」を「分位点」に設定した場合のみ使用できます。) 推定する分位点を整数として入力します。

故障時間 (「興味ある寿命特性」を「故障確率」に設定した場合のみ使用できます。) どの時点での故障確率を計算するかを指定します。

興味のある寿命特性

分位点 寿命分布の分位点を推定します。

故障確率 ある時点より前に故障する確率を推定します。

区間に関する指標

区間比 信頼区間の下限に対する上限の比。

相対幅 推定値の絶対値に対する信頼区間の幅。

「パラメトリック信頼性寿命試験の信頼区間エクスプローラ」のプロファイル

プロファイルは、標本サイズが信頼区間の計算にどのような影響を与えるかを示します。

解を求めたい対象: ここでは何を求めたいかを指定します。標本サイズ、位置パラメータ、尺度パラメータのいずれかを選択してください。

区間比 (「区間に関する指標」を「区間比」に設定した場合のみ使用できます。) 精度を区間の両側の端点の比として定義します。

相対幅 精度を信頼区間の幅、つまり上限と下限の差として定義します。

標本サイズ 信頼性試験で使用するユニットの個数。

位置パラメータ 故障時間の確率分布における位置パラメータ。

メモ: ただし、「分布」が「Weibull」の場合は、位置パラメータではなくて、「Weibull α 」を指定する必要があります。

尺度パラメータ 故障時間の確率分布における尺度パラメータ。

メモ: ただし、「分布」が「Weibull」の場合は、尺度パラメータではなくて、「Weibull β 」を指定する必要があります。

「パラメトリック信頼性寿命試験の信頼区間エクスプローラ」のオプション

「エクスプローラ」の赤い三角ボタンのメニューとレポートのボタンを使って、以下のオプションが使用できます。

シミュレーションデータ データテーブルが開き、エクスプローラでの設定に基づいてシミュレートしたデータが表示されます。応答列の計算式は、乱数を生成するための計算式となっており、指定された設定に対応したものになっています。

収集用データテーブルの作成 データの収集に使える新しいデータテーブルが作成されます。データテーブルには、データを分析するためのスクリプトも含まれています。

設定の保存 現在の設定が「設定の保存」の表に保存されます。複数の異なる計画を保存して、比較することができます。「[標本サイズエクスプローラの「設定の保存」](#)」を参照してください。

ヘルプ JMP ヘルプを開きます。

「パラメトリック信頼性寿命試験の信頼区間エクスプローラ」の統計的詳細

次式によって定義される分位点の推定値を求めるために信頼性試験計画は行われます。

$$q(p) = \exp[\sigma \Phi^{-1}(p) + \mu]$$

もしくは、次式によって定義される故障確率の推定値を求めるために信頼性試験計画は行われます。

$$p(t) = \Phi\left[\frac{\log(t) - \mu}{\sigma}\right]$$

この際、故障時間に対して特定の確率分布が仮定されます。また、これらの推定値に対する信頼区間を求めるときには有意水準が設定されます。この信頼区間がある程度、狭くなるように標本サイズを決めることが重要です。 $\Phi()$ は、位置パラメータが μ 、尺度パラメータが σ である標準故障分布の累積分布関数。Wald 流の信頼区間と、その信頼区間から計算される精度の指標は、 t (時間) と n (標本サイズ) の関数になっています。結果は、数値的なアルゴリズムを使って求められます。

JMP における計算についての詳細は、Barker ([2011](#), Section 6) を参照してください。

品質エクスプローラ

品質エクスプローラでは、品質を調べるために必要な標本サイズを特定することができます。[実験計画 (DOE)] > [標本サイズエクスプローラ] > [品質] を選択します。

- 「シグマクオリティの水準」

シグマクオリティの水準

「シグマクオリティ水準のエクスプローラ」では、不適合数、機会数、シグマクオリティの水準の関係を調べることができます。シグマクオリティの水準は、与えられた不適合率をシックスシグマで表した統計量です。たとえば、機会数が100万回であるときに不適合が3.4回しか起こらなければ、シックスシグマに相当します。[実験計画(DOE)] > [標本サイズエクスプローラ] > [品質] > [シグマクオリティの水準] を選択します。

「シグマクオリティ水準のエクスプローラ」のプロファイル

プロファイルは、標本サイズがシグマクオリティの水準の計算にどのような影響を与えるかを示します。

解を求めたい対象: ここでは何を求めたいかを指定します。機会数または不適合数のいずれかを選択してください。

シグマクオリティの水準 不適合率を、標準偏差を単位として表したものです。

機会数 不適合が起こり得る機会の数。

不適合数 不適合の数。

シグマクオリティ水準のエクスプローラのオプション

「エクスプローラ」の赤い三角ボタンのメニューとレポートのボタンを使って、以下のオプションが使用できます。

シミュレーションデータ データテーブルが開き、エクスプローラでの設定に基づいてシミュレートしたデータが表示されます。応答列の計算式は、乱数を生成するための計算式となっており、指定された設定に対応したものになっています。

収集用データテーブルの作成 データの収集に使える新しいデータテーブルが作成されます。データテーブルには、データを分析するためのスクリプトも含まれています。

設定の保存 現在の設定が「設定の保存」の表に保存されます。複数の異なる計画を保存して、比較することができます。「[標本サイズエクスプローラの「設定の保存」](#)」を参照してください。

ヘルプ JMPヘルプを開きます。

「シグマクオリティ水準のエクスプローラ」の統計的詳細

[シグマクオリティの水準] は、機会数を n 、不適合数を d としたときのシグマクオリティの水準 σ_q の定義に基づいて計算されます。

$$\sigma_q = Z_{1-\frac{d}{n}} + 1.5$$

この定義から、 d と n を次のように求めることができます。

$$d = n[1 - \Phi(\sigma_q - 1.5)]$$

$$n = d[1 - \Phi(\sigma_q - 1.5)]^{-1}$$

ここで、 $\Phi()$ は標準正規分布の累積分布関数、 $Z_{1-d/n}$ は、標準正規分布の $(1 - d/n)$ 番目の分位点です。

標本サイズエクスプローラの「設定の保存」

「設定の保存」レポートでは、保存した設定が表形式で表示され、異なる実験のシナリオを比較できます。**「設定の保存」** ボタンをクリックするたびに、表に新しい行が追加されます。ラジオボタンを使って表の行を選択すると、その設定がエクスプローラに適用されます。表を右クリックして **「列」** を選択すると、表に表示するパラメータを変更できます。

「設定の保存」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。

選択されている行のクリア 「設定の保存」の表から選択されている行を削除します。

すべてをクリア 「設定の保存」の表のすべての行を消去します。

テーブルの作成 「設定の保存」表のすべての列（表示されていないものも含む）をもつ新しいデータテーブルを作成します。

付録 A

列プロパティ

実験計画で割り当てられる列プロパティの解説

「実験計画 (DOE)」のプラットフォームで作成された計画のデータテーブルの各列には、列プロパティが保存されます。この付録では、それらの列プロパティについて説明します。列プロパティが「実験計画 (DOE)」のプラットフォームによってどのように割り当てられ、使用されるかについて例を挙げて解説します。「実験計画 (DOE)」のプラットフォーム以外で作成される列プロパティについては、『JMPの使用法』を参照してください。

この付録で扱う列プロパティのいくつかは、統計分析を行うのに役立ちます。列プロパティは、自分で設定することもできます。「実験計画 (DOE)」プラットフォームでデータテーブルを作成しなくても、分析者自身で列プロパティを設定することもできます。この付録では、分析者自身が手動で列プロパティを追加する例も紹介します。

図A.1 列プロパティがあることを示すアスタリスクと列情報ウィンドウ

The screenshot displays the JMP interface. On the left, a project tree shows 'Coffee Data' with sub-items like '計画', '基準', 'モデル', 'DOEダイアログ', and '縮小モデル'. The main area shows a data table with columns: '挽き', '温度', '時間', '豆の量'. The '挽き' column has 12 rows of data. To the right, a '列プロパティ' (Column Properties) dialog box is open, showing '応答変数の限界' (Response Variable Limits) and 'ノート' (Notes) options. The '応答変数の限界' section includes a '目標' (Target) field and a '重要度' (Importance) field. Below these are fields for '最小値' (Minimum), '中間値' (Median), and '最大値' (Maximum). The '最大値' field is set to 1.4. A checkbox for 'グラフ上に参照線を表示' (Show reference line on graph) is also present.

行	挽き	温度	時間	豆の量
1	Medium	205	4	2.4
2	Coarse	195	3	1.6
3	Medium	205	3	1.6
4	Coarse	195	4	2.4
5	Coarse	205	4	1.6
6	Medium	195	4	2.4
7	Medium	195	3	1.6
8	Coarse	205	3	2.4
9	Coarse	205	4	1.6
10	Coarse	195	3	2.4
11	Medium	195	4	1.6
12	Medium	205	3	2.4

目次

実験計画で使う列プロパティの追加と表示	773
「応答変数の限界」列プロパティ	774
「応答変数の限界」列プロパティの例	776
実験計画の応答変数の限界を編集する例	779
検出限界	782
単位	782
関数的応答	782
「因子の役割」列プロパティ	782
「因子の役割」列プロパティの例	783
「コード変換」列プロパティ	785
最小値と最大値のコード変換	785
「コード変換」列プロパティと [多項式の中心化] オプション	786
実験計画における因子のコード変換の例	786
コード変換の割り当て例	790
配合	793
「配合」列プロパティの例	795
「因子の変更」列プロパティ	798
「因子の変更」列プロパティの例	800
値の表示順序	801
「値の表示順序」列プロパティの例	803
値の表示順序を割り当てる例	804
値ラベル	805
「値ラベル」列プロパティの例	805
「ブロックあたり実験回数」列プロパティ	807
「ブロックあたり実験回数」列プロパティの例	807
「制約状態」列プロパティ	808
「制約状態」列プロパティの例	809

実験計画で使う列プロパティの追加と表示

「実験計画(DOE)」のプラットフォームは、作成した計画のデータテーブルの各列に自動的に列プロパティを保存します。実験計画に関連する列プロパティのいくつかは、統計分析を行うのに役立ちます。「実験計画(DOE)」プラットフォームでデータテーブルを作成しなくても、分析者自身でそれらの列プロパティを設定することもできます。

列プロパティの追加

列に列プロパティを手動で追加するには、次の手順に従ってください。

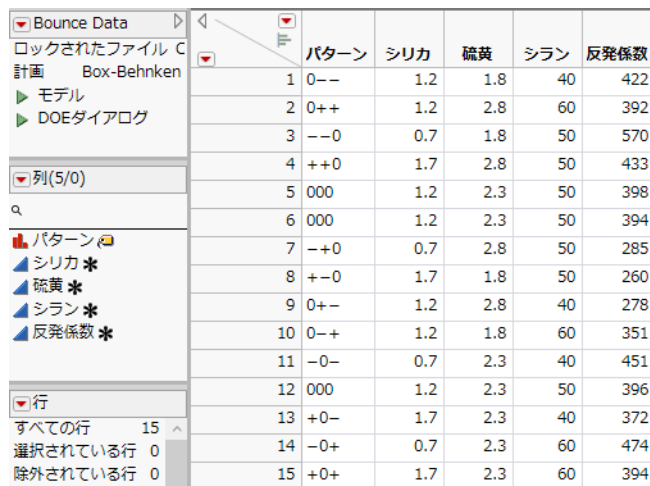
1. 列プロパティを割り当てる列を選択します。
2. 次のいずれかを行います。
 - 列見出しを右クリックし、[列プロパティ] を選択し、プロパティの種類を選択します。
 - 列見出しを右クリックし、[列情報] を選択し、[列プロパティ] メニューからプロパティの種類を選択します。
 - [列] > [列情報] を選択し、[列プロパティ] メニューからプロパティの種類を選択します。
3. 列プロパティのパネルが開いたら、値を入力したり、適切なオプションを選択したりします。
4. [適用] をクリックして列プロパティを適用します。または、[OK] をクリックすると、列プロパティが適用され、ウィンドウが閉じます。

ヒント: ある列プロパティを、他の複数の列に適用したい場合もあるでしょう。その場合は、[列属性の一括設定] コマンドを使うと、該当のプロパティを他の列に一度に適用できます。『JMPの使用法』を参照してください。

列プロパティの表示

列に割り当てられた列プロパティを表示するには、「列」パネルで、列のプロパティがあることを示すアスタリスク * をクリックします。列プロパティをクリックすると、その列プロパティが表示され、また編集できるようになります。図A.2は、「Design Experiment」フォルダにある「Bounce Data.jmp」データテーブルです。データテーブルの「列」パネルを見ると、4つの列にアスタリスクがついていること、つまり列プロパティがあることがわかります。

図A.2 「反発係数」のアスタリスクと2つの列プロパティ



	パターン	シリカ	硫黄	シラン	反発係数
1	0--	1.2	1.8	40	422
2	0++	1.2	2.8	60	392
3	--0	0.7	1.8	50	570
4	++0	1.7	2.8	50	433
5	000	1.2	2.3	50	398
6	000	1.2	2.3	50	394
7	--+0	0.7	2.8	50	285
8	+--0	1.7	1.8	50	260
9	0+-	1.2	2.8	40	278
10	0-+	1.2	1.8	60	351
11	-0-	0.7	2.3	40	451
12	000	1.2	2.3	50	396
13	+0-	1.7	2.3	40	372
14	-0+	0.7	2.3	60	474
15	+0+	1.7	2.3	60	394

列情報ウィンドウの [列プロパティ] リストで列プロパティを確認することもできます。列プロパティを確認したい列を選択し、次のいずれかを行います。

- 列見出しを右クリックし、[列情報] を選択します。開いたウィンドウの [列プロパティ] リストから列プロパティを選択します。
- [列] > [列情報] を選択し、[列プロパティ] リストからプロパティを選択します。

「応答変数の限界」列プロパティ

「応答変数の限界」列プロパティを使うと、実験計画の応答に対して限界を定義できます。具体的には次の値を指定します。

- 応答変数に対する満足度関数の範囲
- 目標の種類
- 応答変数の重要度
- 満足度関数の値

「応答変数の限界」列プロパティにより、応答の満足度関数が定義されます。「プロファイル」と「等高線プロファイル」は、最適な因子設定を見つけるために満足度関数を使用します。『プロファイル機能』を参照してください。

図A.3は、「Design Experiment」フォルダにある「Bounce Data.jmp」データテーブルの「反発係数」の列情報ウィンドウを開き、「応答変数の限界」パネルを表示したところです。

図A.3 「応答変数の限界」 パネルの例

応答変数の限界

応答変数の限界とは、応答の許容範囲の限界を示す。予測プロファイルと等高線プロファイルがこれらの値を使用。下のボックスをクリックして値を入力。

目標

目標値に合わせる ▼

重要度

	値	満足度
最小値	350	.
中間値	450	.
最大値	550	.

☐ グラフ上に参照線を表示

「応答変数の限界」パネルは、次のような領域に分かれています。

目標 メニューから応答に対する目標を選択します。目標の種類には、[最大化]・[目標値に合わせる]・[最小化]・[なし] があります。選択した目標に合わせて、自動的に応答の満足度関数が定義されます。なお、満足度関数の範囲（最小値・中間値・最大値）を指定すると、満足度関数は、それらの値を使って定義されます。限界値を指定しなかった場合、満足度関数は、応答の分布から導き出された保守的な範囲に基づいて設定されます。目標を[なし]とした場合、応答の値に関わらず、満足度は一定であるとみなされます。「[応答](#)」も参照してください。

重要度 応答が複数ある場合には、各応答に対して相対的な重要度を指定すると、それらの重要度が全体の満足度関数の計算に適用されます。この重要度には、任意の正の数値を指定できます。重要度の値を指定しなかった場合、すべての応答の重要度が等しいとみなされます。応答が1つしかない場合、指定された数値に関わらず、重要度は1になります。

値 応答の最小値・中間値・最大値を指定します。これらの値を使って応答の満足度関数が設定されます。これらの値を指定しなかった場合、満足度関数は、データから導かれた保守的な範囲に基づいて設定されます。[目標値に合わせる]に設定し、目標値（中間値）を指定しなかった場合、目標値は、最小値と最大値の真ん中の値に定義されます。

満足度 最小値・中間値・最大値における満足度を指定します。満足度の値は、0～1の間で指定してください。値を指定しなかった場合、選択した目標に従って自動的に値が割り当てられます。

グラフ上に参照線を表示 「予測値と実測値のプロット」と「予測プロファイル」に最小値・中間値・最大値を示す水平の参照線を表示します。このオプションは、これらの値を指定した場合のみ適用されます。

「応答変数の限界」列プロパティの例

実験計画を分析する際、応答変数の限界を使って最適な因子設定を見つけることができます。ここでは、コーヒーの「濃度」が1.3のときに満足度が最も高くなるとし、そのようなコーヒー（満足度が最も高くなるコーヒー）を淹れるには、因子をどの値に設定すればよいかを調べるとしましょう。「濃度」が1.2以下、1.4以上になると満足度が許容できない範囲になるとします。そして、満足度は1.2～1.4の間では、1.3から離れるにつれて低くなるとします。実験計画と分析の詳しい内容については、「計画実験の例」を参照してください。

- 1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダ内の「Coffee Data.jmp」を開きます。
- 2. 「テーブル」パネルで、「DOE ダイアログ」スクリプトの横にある緑の三角ボタンをクリックします。
「DOE ダイアログ」のスクリプトを実行すると、「Coffee Data.jmp」にまとめられた実験計画を作成する「カスタム計画」ダイアログが再現されます。
- 3. 「応答」セクションを開きます。

図A.4 「カスタム計画」ウィンドウの「応答」

応答				
応答の追加 ▼ 削除 応答数...				
応答名	目標	下側限界	上側限界	重要度
Strength <i>オプションの項目</i>	目標値に合わせる	1.2	1.4	.

- この実験を計画したとき、応答の目標を「目標値に合わせる」に設定し、下側限界に1.2、上側限界に1.4という値を指定しました。応答が1つだけなので、「重要度」の値はデフォルトで1に設定されます。この設定にて計画のデータテーブルを作成したので、「濃度」(Strength) に自動的に「応答変数の限界」列プロパティが割り当てられました。
- 4. 「カスタム計画」ウィンドウを閉じます。
 - 5. 「Coffee Data.jmp」データテーブルで「濃度」列を選択し、[列] > [列情報] を選択します。
 - 6. 「列プロパティ」リストから「応答変数の限界」を選択します。

図A.5 「濃度」の「応答変数の限界」列プロパティ

列プロパティ ▾

応答変数の限界

ノート
オプションの項目

削除

応答変数の限界

応答変数の限界とは、応答の許容範囲の限界を示す。予測プロファイルと等高線プロファイルがこれらの値を使用。下のボックスをクリックして値を入力。

目標

目標値に合わせる ▾

重要度 .

	値	満足度
最小値	1.2	.
中間値	.	.
最大値	1.4	.

☐ グラフ上に参照線を表示

次の点に注意してください。

- 「目標」は【目標値に合わせる】に設定されています。
- 「重要度」はありません。重要度の値を指定しなかった場合、すべての応答の重要度が等しいとみなされます。つまり、「濃度」の重要度は1に設定されます。
- 「最小値」は1.2です。
- 「最大値」は1.4です。
- 「中間値」は設定されていません。
「中間値」が設定されていないため、目標値（中間値）は、「最小値」と「最大値」の中間にあたる1.3に設定されます。
- 「満足度」の値は指定されていません。

7. 【グラフ上に参照線を表示】オプションを選択します。

このオプションは、「予測値と実測値のプロット」と「予測プロファイル」に最小値・中間値・最大値を示す水平の参照線を表示します。

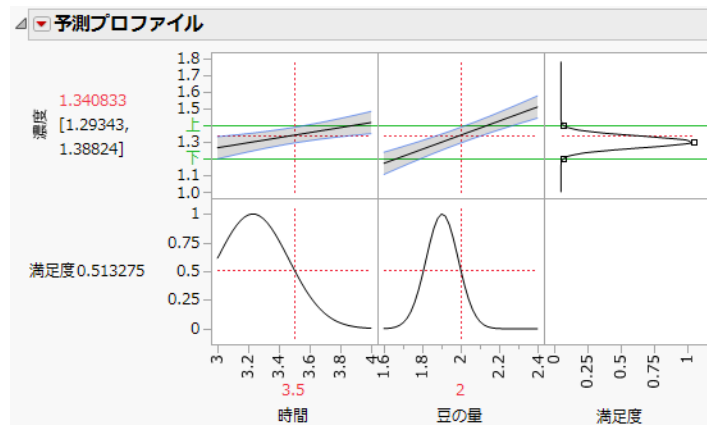
8. 【OK】をクリックします。

9. 「Coffee Data.jmp」データテーブルで、「縮小モデル」スクリプトの横にある緑の三角ボタンをクリックします。

10. 【実行】をクリックします。

レポートの末尾に「予測プロファイル」が表示されます。

図A.6 「濃度」の満足度関数を示すプロファイル



一番右上のセルに、「濃度」に対する満足度関数を示すプロットが表示されます。このプロットが表示されるのは、「濃度」に「応答変数の限界」列プロパティが含まれているためです。「予測プロファイル」には、「濃度」の最小値と最大値を示す参照線も表示されています。

11. Ctrl キーを押しながら「濃度」の満足度のプロットをクリックします。

図A.7 「濃度」の「応答目標」ウィンドウ

強さ	値	満足度
高:	1.4	0.0183
中:	1.3	1
低:	1.2	0.0183
重要度:	1	

次の点に注意してください。

- 「中」は、「応答変数の限界」列プロパティで指定した最小値と最大値の真ん中の値に自動的に設定されます。
- 「目標」が「目標値に合わせる」に設定されているため、「中」の値の満足度は1となります。
- 「高」と「低」の満足度は、0.0183という非常に小さい値に設定されます。
- 図A.6の満足度のプロットでは、図A.7に表示されている満足度の値が使用されています。「濃度」が最大値より大きい、あるいは最小値より小さい場合、満足度はほぼ0です。そして、「濃度」が目標の1.3に近づくにつれて満足度は徐々に1に近づきます。モデルには応答が1つしかないため、応答の「重要度」は1に設定されます。

12. [キャンセル] をクリックしてウィンドウを閉じます。

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。
「濃度」の満足度関数が最大になるように、「時間」と「豆の量」の値が更新されます。ただし、満足度関数を最大にする設定は、他にも多数あります。満足度関数を最大化するその他の設定を調べる方法については、『プロファイル機能』を参照してください。

実験計画の応答変数の限界を編集する例

この例では、応答変数の限界を編集する方法を説明します。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Vinyl Data.jmp」を開きます。
2. 「厚さ」列を選択してから、[列] > [列情報] を選択します。
「列プロパティ」リストに、「厚さ」に割り当てられている唯一の列プロパティとして「応答変数の限界」列プロパティが表示されます。リストの右側に「応答変数の限界」パネルが表示されます。
3. [最大化] をクリックし、[目標値に合わせる] を選択します。
4. 「重要度」の値として「1」を入力します。
5. 「値」の列では、「最小値」に「6」、「中間値」に「8.5」、「最大値」に「10」を入力します。
これは、非対称な限界の例です。「厚さ」の値の許容範囲は6から10ですが、目標値は8ではなく8.5です。
6. [グラフ上に参照線を表示] を選択します。
このオプションは、「予測値と実測値のプロット」と「予測プロファイル」に最小値・中間値・最大値を示す水平の参照線を表示します。

図 A.8 「応答変数の限界」パネルに入力したところ

テーブル 'Vinyl Data' の '厚さ'

列名

☐ ロック

データタイプ

尺度

表示形式 総桁数

☐ 桁区切り(,)を使用

列プロパティ

応答変数の限界

オプションの項目

削除

OK
キャンセル
適用
ヘルプ

応答変数の限界

応答変数の限界とは、応答の許容範囲の限界を示す。予測プロファイルと等高線プロファイルがこれらの値を使用。下のボックスをクリックして値を入力。

目標

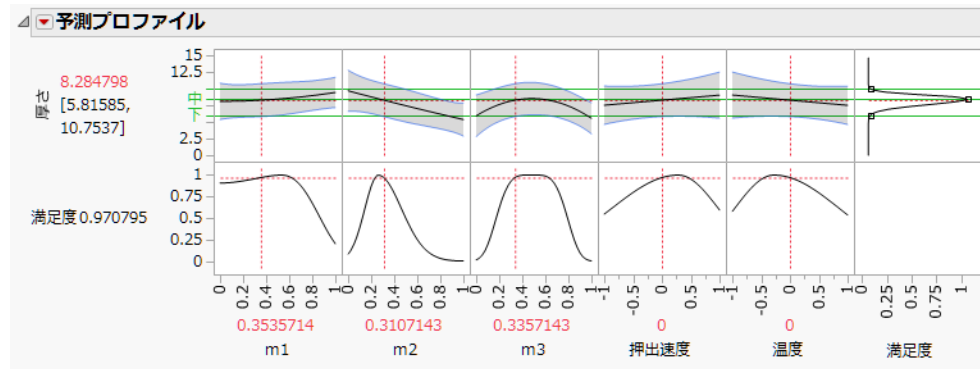
重要度

	値	満足度
最小値	6	.
中間値	8.5	.
最大値	10	.

☒ グラフ上に参照線を表示

7. [OK] をクリックします。
8. 「Vinyl Data.jmp」データテーブルで、「モデル」スクリプトの横にある緑の三角ボタンをクリックします。
「m1」・「m2」・「m3」は、配合因子です。また、計画には「一次単位」という変量効果が含まれています。
そのため、「方法」がデフォルトで [REML(推奨)] になっています。
9. [実行] をクリックします。
10. 「応答 厚さ」の赤い三角ボタンをクリックし、[行ごとの診断統計量] > [予測値と実測値のプロット] を選択します。
「予測値と実測値のプロット」に最小値・中間値・最大値を示す参照線が表示されます。
11. 「応答 厚さ」の赤い三角ボタンをクリックし、[因子プロファイル] > [プロファイル] を選択します。

図A.9 予測プロファイルが示す非対称な満足度関数



右端の「満足度」の上に、「厚さ」の満足度関数が表示されています。満足度は、「中間値」である8.5のときに1となります。「厚さ」が6より小さいか10より大きいと、満足度はほぼ0になります。

12. Ctrlキーを押しながら「厚さ」の満足度のプロットをクリックします。

図A.10 「厚さ」の「応答目標」ウィンドウ

目標値に合わせる ▼

厚さ	値	満足度
高:	10	0.0183
中:	8.5	1
低:	6	0.0183
重要性:	1	

OK キャンセル ヘルプ

このウィンドウには、「高」・「中」・「低」の値が表示されます。また、「目標に合わせる」の目標に基づいて、それらの値に対して割り当てられた満足度の値も表示されます。図A.9に表示されている満足度関数の曲線は、最大値・中間値・最小値が図A.10の設定と一致しています。また、設定された目標値に応じた満足度の値が割り当てられています。

13. [キャンセル] をクリックします。

14. 「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。

因子の設定が、「厚さ」の満足度関数を最大化するような値に更新されます。満足度関数を最大化するような設定は、他にも多数あることに注意してください。最適な設定における応答の予測値は8.5です。設定した目標値は8.5、範囲は6から10まででした。

15. 変更を保存せずに「Vinyl Data.jsp」データテーブルを閉じます。

検出限界

「検出限界」列プロパティは、測定値が得られなくなる限界値を定義します。この「検出限界」列プロパティは、「一変量の分布」プラットフォームおよび「一般化回帰」プラットフォームにおける分析で利用されます。これらのプラットフォームでは、「検出限界」列プロパティが指定された応答変数は、打ち切りデータとして分析できます。

単位

「単位」列プロパティには、応答や因子の測定単位の名称を指定することができます。指定された単位は、グラフのラベルに括弧つきで表示されます。

関数的応答

「FDE X」列プロパティは、それが指定された列を関数的応答（functional response）とみなします。この関数的応答は、実験計画で応答を定義する時に設定できます。「FDE X」列プロパティは、列プロパティのメニューには表示されません。この列プロパティは、「実験計画 (DOE)」プラットフォームによって設定できます。「関数データエクスプローラ」プラットフォームにおいて、「FDE X」列プロパティが使われます。「関数データエクスプローラ」プラットフォームにおいて、「FDE X」列プロパティを持つ複数の列を Y 列に指定し、実験計画での因子を Z 列に指定してください。

「因子の役割」列プロパティ

実験計画や一般的なモデルにおける因子には、いくつかの種類があります。JMP では、「因子の役割」列プロパティが因子の種類を規定します。「因子の役割」には、次のような種類があります。

- 連続変数
- 離散数値
- カテゴリカル
- ブロック
- 共変量
- 配合
- 定数
- 調整不可能
- ランダムブロック

- 制御
- 誤差

「実験計画(DOE)」の多くのプラットフォームでは、分析者が特定の役割をもった因子を指定します。ただし、分析者が明示的に指定していない因子が作成される場合もあります。たとえば、変更が「困難」な因子や「非常に困難」な因子を指定すると、一次単位や二次単位の因子も作成されます。「実験計画(DOE)」のプラットフォームでは、計画のデータテーブルを作成すると、「因子の役割」列プロパティが因子の列に自動的に割り当てられます。

- 「ランダムブロック」・「制御」・「誤差」以外の因子の役割については、「[因子の種類](#)」を参照してください。
- 「ランダムブロック」の因子については、「[変更困難度とランダムブロック](#)」を参照してください。
- 「制御」因子と「誤差」因子については、「[因子](#)」を参照してください。

「因子の役割」列プロパティの例

この例では、「因子の役割」列プロパティの使い方を説明します。実験回数が15回の実験計画を作成し、実施しました。しかし、結果が報告された時点で、実験が3日間にわたって実施されていたことが判明しました。最初の5回の実験は1日目、次の5回は2日目、残りの5回は3日目に行われました。

気温や湿度の変化が応答に影響する可能性があるため、「日」をランダムブロックの因子として含めることにします。計画のデータテーブルに「日」という列を追加するだけであれば簡単です。しかし、今回は「計画の評価」プラットフォームを使い、ランダムブロックの因子を加えた計画と、加えなかった計画（当初の計画）を比較したいと思います。また、追加実験が必要になったときのために、「拡張計画」プラットフォームが使える状態にしておきたいとも考えています。「計画の評価」や「拡張計画」プラットフォームを使用するには、新しく追加する「日」の列に「因子の役割」列プロパティを割り当てる必要があります。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Odor Control Original jmp」を開きます。
2. 1列目の「実験」を選択します。
3. [列] > [列の新規作成] を選択します。
4. 「列名」に「日」と入力します。
5. 「データの初期化」リストから[シーケンスデータ]を選択します。
6. 次の値を入力します。
 - 「開始値」に「1」
 - 「終了値」に「3」
 - 「ステップ」に「1」
 - 「各値を繰り返す回数」に「5」
7. 「追加する列の数」の横に「1」と入力します。

図 A.11 設定後の「列の新規作成」ウィンドウ

「Odor Control Original」に列を追加

列名

☐ ロック

データタイプ

尺度

表示形式 総桁数

☐ 桁区切り(.)を使用

データの初期化

開始値

終了値

ステップ

各値を繰り返す回数

追加する列の数

8. [OK] をクリックします。

「日」列が2番目の列としてデータテーブルに追加されます。

9. 「日」列を選択します。

10. [列] > [列情報] を選択します。

11. 「列プロパティ」リストから [因子の役割] を選択します。

12. 「因子の役割」パネルで、[連続変数] をクリックし、[ランダムブロック] を選択します。

13. [OK] をクリックします。

「列」パネルで、「日」の隣にアスタリスクが表示されます。

14. 「日」のアスタリスクをクリックすると、「因子の役割」列プロパティが割り当てられていることを確認できます。

15. 変更を保存せずに「Odor Control Original.jmp」データテーブルを閉じます。

「コード変換」列プロパティ

「コード変換」列プロパティは、データタイプが数値である列にのみ適用できます。この列プロパティは、列のデータに1次式による変換を適用します。「コード変換」列プロパティのパネルでは、「最小値」と「最大値」を指定できます。値は、実験計画の作成時に設定する因子水準に対応します。「モデルのあてはめ」プラットフォームでこの列をモデル効果として含めた場合、最小値と最大値が自動的に-1と+1に変換されます。

「コード変換」列プロパティは、次のような場合に便利です。

- コード変換した説明変数を使うと、パラメータの推定値がより解釈しやすく、比較しやすくなります。
- コード変換した説明変数を使うと、交互作用や高次の項があるモデルで多重共線性を減らすことができます。

「実験計画(DOE)」における「加速寿命試験計画」以外のプラットフォームで計画を作成した場合、データタイプが数値であり、かつ、配合因子ではない因子には、自動的に「コード変換」列プロパティが割り当てられます。図A.12は、「Design Experiment」フォルダにある「Reactor 20 Custom.jmp」データテーブルを開き、「送り速度」列の「コード変換」列プロパティのパネルを表示したところです。

図A.12 「送り速度」に対する「コード変換」列プロパティのパネル

テーブル'Reactor 20 Custom'の'送り速度'

列名

☐ ロック

データタイプ 数値

尺度 連続尺度

表示形式 最適 総桁数

☐ 桁区切り(.)を使用

列プロパティ

- コード変換
- 因子の役割
- 因子の変更
- オプションの項目

削除

コード変換

コード変換によって、モデルのあてはめの際、最小値~最大値の範囲が-1~1の範囲に変換される。このプロパティによって、検定値およびパラメータ推定値がより有意義になる。

最小値

最大値

OK

キャンセル

適用

ヘルプ

最小値と最大値のコード変換

「実験計画(DOE)」のプラットフォームで計画を作成した時に「コード変換」列プロパティが適用される際、「最小値」には因子の最小設定値、「最大値」には因子の最大設定値が設定されます。

「コード変換」列プロパティを持たない列に「コード変換」列プロパティを新たに適用すると、データの最小値が「最小値」に、データの最大値が「最大値」になります。これらの値は、必要に応じて変更することができます。

注意:「コード変換」列プロパティを列に割り当てた後に、列のデータ値を変更した場合、列プロパティは自動的に更新されません。「コード変換」列プロパティが設定されている列でデータ値を変更した場合は、「最小値」と「最大値」が適切かどうかを確認してください。

「コード変換」列プロパティは、列の値を中心化するため、「最小値」と「最大値」の中間の値を引き、範囲の半分で割ります。 H が「最大値」、 L が「最小値」だとしましょう。この場合、列の X の値は、それぞれ次のように変換されます。

$$\frac{X - (H + L)/2}{(H - L)/2}$$

このような変換により、変換後の値は、中間値が0、範囲が-1～+1になります。

「コード変換」列プロパティと「多項式の中心化」オプション

「多項式の中心化」オプションは、「モデルのあてはめ」起動ウィンドウで「モデルの指定」の赤い三角ボタンをクリックすると表示されます。「多項式の中心化」は、高次の項に含まれる連続変数の列を、平均を引くことで中心化します。『基本的な回帰モデル』を参照してください。

列に「コード変換」列プロパティが割り当てられている列に対しては、「多項式の中心化」オプションは影響しません。「コード変換」列プロパティが割り当てられている列は、「多項式の中心化」オプションが指定されていなくても、その列が関係している高次の項でも「コード変換」プロパティの指定どおりに中心化・尺度化されます。一方、「コード変換」列プロパティがない列に関しては、「多項式の中心化」オプションによって計算が変わります。「多項式の中心化」オプションが選択された場合、「コード変換」列プロパティがない列は、その列が含まれる高次の項において平均で中心化されます。

実験計画における因子のコード変換の例

この例では、実験計画で使用されるコード変換について見てみます。

1. 「ヘルプ」>「サンプルデータフォルダ」を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Reactor 20 Custom.jmp」を開きます。
2. 「テーブル」パネルで、「DOE ダイアログ」スクリプトの横にある緑の三角ボタンをクリックします。
3. 「応答」セクションを開きます。

図A.13 「Reactor 20 Custom.jmp」で使用した計画の「因子」

因子				
因子の追加 ▼	削除	N個の因子を追加	1	
名前	役割	変更	値	
Feed Rate	連続変数	容易	10	15
Catalyst	連続変数	容易	1	2
Stir Rate	連続変数	容易	100	120
Temperature	連続変数	容易	140	180
Concentration	連続変数	容易	3	6

「温度」(Temperature) の設定範囲は、140～180です。計画の作成時、「温度」には「コード変換」列プロパティが割り当てられました。その「コード変換」列プロパティでは、「最小値」は140、「最大値」は180に設定されています。

4. 「カスタム計画」ウィンドウを閉じます。
5. 「Reactor 20 Custom.jmp」データテーブルで、列パネルの「温度」に表示されているアスタリスクをクリックし、[コード変換]を選択します。

列情報ウィンドウが開き、「コード変換」列プロパティのパネルが表示されます。計画のデータテーブルが作成された時に列プロパティが追加され、最小値・最大値が設定されたことを確認できます。この手順を繰り返せば、5つの因子すべてに「コード変換」列プロパティが追加されていることが確認できます。

図A.14 「温度」の「コード変換」パネル

テーブル「Reactor 20 Custom」の「温度」

列名: 温度

☐ ロック

データタイプ: 数値

尺度: 連続尺度

表示形式: 最速 総桁数: 12

☐ 桁区切り(.)を使用

列プロパティ: コード変換

コード変換

コード変換によって、モデルのあてはめの際、最小値～最大値の範囲が-1～1の範囲に変換される。このプロパティによって、検定値およびパラメータ推定値がより有意義になる。

最小値: 140

最大値: 180

削除

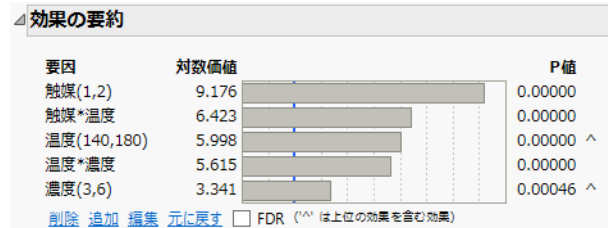
OK
キャンセル
適用
ヘルプ

6. [キャンセル] をクリックして列情報ウィンドウを閉じます。
7. 「Reactor 20 Custom.jmp」データテーブルで、「縮小モデル」スクリプトの横にある緑の三角ボタンをクリックします。

このスクリプトがあてはめるモデルには、完全モデルの分析に基づいて有意であると判断された5つの効果だけが含まれます。

8. [実行] をクリックします。

図A.15 縮小モデルの「効果の要約」レポート



「要因」リストを見ると、主効果の「触媒」・「温度」・「濃度」の右側に「コード変換」列プロパティで使用されている最小値と最大値が括弧で囲んで表示されています。「コード変換」プロパティで指定されているこの最小値と最大値は、交互作用効果でも適用されていますが、括弧で囲んだ表示は省略されています。

ヒント: 「温度」と「濃度」のp値の右に「^」という記号が付いています。この記号は、該当の効果を含む交互作用のなかに、その効果よりもp値が小さいものがあることを示しています。モデルに交互作用が含まれている場合、親子関係の原則 (principle of effect heredity) に従うならば、その交互作用に含まれている効果をすべてモデルに含める必要があります。「効果の親子関係」を参照してください。

9. 「応答 反応率 (%)」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。
「予測式」セクションで、コード変換が予測式に及ぼした影響を確認してみましょう。

図A.16 縮小モデルの予測式

▲ 予測式

$$\begin{aligned}
 &65.46506734 \\
 &+ 9.9423400673 \cdot \left(\frac{(\text{Catalyst} - 1.5)}{0.5} \right) \\
 &+ 5.5576599327 \cdot \left(\frac{(\text{Temperature} - 160)}{20} \right) \\
 &+ -3.076599327 \cdot \left(\frac{(\text{Concentration} - 4.5)}{1.5} \right) \\
 &+ \left(\frac{(\text{Catalyst} - 1.5)}{0.5} \right) \cdot \left(\left(\frac{(\text{Temperature} - 160)}{20} \right) \cdot 6.0349326599 \right) \\
 &+ \left(\frac{(\text{Temperature} - 160)}{20} \right) \cdot \left(\left(\frac{(\text{Concentration} - 4.5)}{1.5} \right) \cdot -5.150673401 \right)
 \end{aligned}$$

因子はそれぞれ、「コード変換」列プロパティで指定されたとおりに変換されます。たとえば「温度」(Temperature) の場合は次のとおりです。

- 「コード変換」列プロパティの最小値は 140 に設定されています。そのため、「温度」の 140 という値は -1 に変換されます。
- また、「コード変換」プロパティの最大値は 180 に設定されています。そのため、「温度」の 180 という値は +1 に変換されます。
- さらに、「最小値」と「最大値」の中間値は 160 です。そのため、「温度」の 160 という値は 0 に変換されます。

変換によって、効果の比較がしやすくなります。「触媒」(Catalyst) に対する係数の推定値は 9.942 で、「濃度」(Concentration) に対する係数の推定値は -3.077 です。つまり、「触媒」が「反応率」に及ぼすと予測される影響の大きさが、「濃度」が「反応率」に及ぼす影響の 3 倍以上であるということです。また、これらの係数は、「反応率」の予測値が、「触媒」の増加と共に増加し、「濃度」の増加と共に減少することを示唆しています。

このように、変換によって係数の解釈がしやすくなります。

- すべての因子が中間値にある場合、変換後の値は 0 になります。そのときの「反応率」の予測値は、切片、すなわち 65.465 です。
- 「触媒」と「濃度」が中間値にある場合、「温度」を 20 度だけ高くすると、「反応率」は 5.558 % だけ増加します。

- 「濃度」が中間値にある、つまり変換後の値が0であるとしましょう。
 - 「触媒」も中間値である場合、「温度」を20度だけ高くすると、「反応率」は5.558 % 増加します。
 - 「触媒」が最大値である場合、「温度」を20度だけ高くすると、「反応率」は $5.558 + 6.035 = 11.593\%$ 増加します。

この交互作用項の係数6.035は、「反応率」の予測モデルにおいて、「触媒」が0.5単位変化したときに温度の傾きがどれだけ増加するかを示しています。

コード変換の割り当て例

この例では、因子をコード変換せずにあてはめたモデルと、因子をコード変換してあてはめたモデルを見てみます。最初に、コード変換していない因子を使ってモデルをあてはめます。その後、因子に「コード変換」プロパティを割り当て、もう一度モデルをあてはめて解釈しやすいパラメータ推定値を求めます。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Tiretread.jmp」を開きます。
2. [分析] > [モデルのあてはめ] を選択します。
3. 「摩擦」を選択し、[Y] をクリックします。
4. 「シリカ」・「シラン」・「硫黄」を選択し、[マクロ] > [応答曲面] をクリックします。
5. [ダイアログを開いたままにする] をチェックします。
6. [実行] をクリックします。
7. 「応答 摩擦」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A.17 因子をコード変換せずにあてはめたモデルの予測式

▲ 予測式

$$\begin{aligned}
 & -40.0394111 \\
 & + 32.987289493 \cdot \text{SILICA} \\
 & + 1.7880765099 \cdot \text{SILANE} \\
 & + 21.813076926 \cdot \text{SULFUR} \\
 & + (\text{SILICA} - 1.2) \cdot ((\text{SILICA} - 1.2) \cdot -16.03840362) \\
 & + (\text{SILANE} - 50) \cdot ((\text{SILICA} - 1.2) \cdot 1.025) \\
 & + (\text{SILANE} - 50) \cdot ((\text{SILANE} - 50) \cdot -0.034471056) \\
 & + (\text{SULFUR} - 2.3) \cdot ((\text{SILICA} - 1.2) \cdot 28.5) \\
 & + (\text{SULFUR} - 2.3) \cdot ((\text{SILANE} - 50) \cdot 1.575) \\
 & + (\text{SULFUR} - 2.3) \cdot ((\text{SULFUR} - 2.3) \cdot -6.288485272)
 \end{aligned}$$

これらの係数に基づいて効果の大きさを比べることはできません。係数の大きさが、因子設定の範囲全体で見たときの、「摩擦」への影響の大きさを表していないからです。また、係数の解釈も簡単ではありません。たとえば、「シリカ」が中間値にあるときの影響を解釈しようとしても、係数が参考になりません。3つの因子に「コード変換」列プロパティを適用し、それによって係数が意味のわかるものになることを確認してみましょう。

8. 「Tiretread.jmp」データテーブルの「列」パネルで「シリカ」・「シラン」・「硫黄」を選択します。「列」の赤い三角ボタンをクリックし、[列属性の一括設定]を選択します。
9. 「プロパティの一括設定」パネルで[列プロパティ] > [コード変換]を選択します。
10. [OK] をクリックします。
「列」パネルの「シリカ」・「シラン」・「硫黄」の隣にアスタリスクが表示され、列プロパティが割り当てられたことがわかります。
11. 「モデルのあてはめ」ウィンドウで[実行]をクリックします。
12. 「応答 摩擦」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 A.18 因子をコード変換してからあてはめたモデルの予測式

▲ 予測式

139.11923872

$$+ 26.934121871 \cdot \left(\frac{(\text{SILICA} - 1.2)}{0.8165} \right)$$

$$+ 29.199289407 \cdot \left(\frac{(\text{SILANE} - 50)}{16.33} \right)$$

$$+ 17.81037731 \cdot \left(\frac{(\text{SULFUR} - 2.3)}{0.8165} \right)$$

$$+ \left(\frac{(\text{SILICA} - 1.2)}{0.8165} \right) \cdot \left(\left(\frac{(\text{SILICA} - 1.2)}{0.8165} \right) \cdot -10.69235863 \right)$$

$$+ \left(\frac{(\text{SILANE} - 50)}{16.33} \right) \cdot \left(\left(\frac{(\text{SILICA} - 1.2)}{0.8165} \right) \cdot 13.666781125 \right)$$

$$+ \left(\frac{(\text{SILANE} - 50)}{16.33} \right) \cdot \left(\left(\frac{(\text{SILANE} - 50)}{16.33} \right) \cdot -9.192358626 \right)$$

$$+ \left(\frac{(\text{SULFUR} - 2.3)}{0.8165} \right) \cdot \left(\left(\frac{(\text{SILICA} - 1.2)}{0.8165} \right) \cdot 19.000159125 \right)$$

$$+ \left(\frac{(\text{SULFUR} - 2.3)}{0.8165} \right) \cdot \left(\left(\frac{(\text{SILANE} - 50)}{16.33} \right) \cdot 21.000175875 \right)$$

$$+ \left(\frac{(\text{SULFUR} - 2.3)}{0.8165} \right) \cdot \left(\left(\frac{(\text{SULFUR} - 2.3)}{0.8165} \right) \cdot -4.192358626 \right)$$

因子をコード変換すると、係数に基づいて効果の大きさが比較できるようになります。因子設定の範囲全体で見たときに、「シラン」(SILANE)が「摩擦」に及ぼす効果が最も大きいことがわかります。「シリカ」(SILICA)や「シラン*硫黄」(SILANE*SULFUR)の効果も大きいです。

コード変換した因子の係数は、解釈しやすいのも特徴です。たとえば、すべての因子がそれぞれの範囲の中間値にある場合、「摩擦」の予測値は切片の139.12になります。

13. 変更を保存せずに「Tiretread.jmp」データテーブルを閉じます。

下側限界 擬似成分のコード変換に使用される下限値を指定します。「実験計画 (DOE)」のプラットフォームにて計画を作成した場合には、「下側限界」には因子の最小設定値が設定されます。データテーブルにて「配合」列プロパティを持たない列に「配合」列プロパティを新たに適用した場合には、「下側限界」にはデータの最小値が設定されます。この値は、必要に応じて変更できます。

上側限界 擬似成分のコード変換に使用される上限値を指定します。「実験計画(DOE)」プラットフォームにて計画を作成した場合には、「上側限界」には因子の最大設定値が設定されます。データテーブルにて「配合」列プロパティを持たない列に「配合」列プロパティを新たに適用した場合には、この「上側限界」にはデータの最大値が設定されます。この値は、必要に応じて変更できます。

項の合計 配合成分の和を指定します。「配合」列プロパティを持たない列に「配合」列プロパティを新たに適用すると、「項の合計」はデフォルトでは1に設定されます。

最小擬似成分のコード変換 「下側限界」が0になるようにデータ値を変換します。

最大擬似成分のコード変換 「上側限界」が0になるようにデータ値を変換します。

擬似成分のコード変換

「擬似成分」とは、元の成分を1次式で変換したものを指します。Sを、配合成分の和とします。 i 個の列である $X_1, X_2, \dots, X_q$ に「配合」列プロパティが割り当てられているとしましょう。これらの列と、これらの列から成る効果を「モデルのあてはめ」ウィンドウで効果として追加する場合を考えてみます。

次のように定義します。

$$L = \sum_{i=1}^q L_i \quad \text{ここで、} L_i \text{ は、} X_i \text{ の下側限界}$$

$$U = \sum_{i=1}^q U_i \quad \text{ここで、} U_i \text{ は、} X_i \text{ の上側限界}$$

x_i を、 X_i から計算される擬似成分とします。最小擬似成分 x_i^L は、次のように定義されます。

$$x_i^L = (X_i - L_i) / (S - L)$$

最大擬似成分 x_i^U は、次のように定義されます。

$$x_i^U = (U_i - X_i) / (U - S)$$

「最小擬似成分のコード変換」と「最大擬似成分のコード変換」の両方を選択した場合、「モデルのあてはめ」プラットフォームは、 $(S - L) < (U - S)$ なら最小擬似成分のコード変換、そうでない場合は最大擬似成分のコード変換を行います。

「モデルのあてはめ」では、擬似成分を使って配合因子を変換してからパラメータ推定値が計算されます。これにより、パラメータ推定値が解釈しやすくなります。レポートのうち、パラメータ推定値は、コード変換した配合因子に対するパラメータ推定値になっています。その他のレポート（プロファイルなど）では、コード変換していない値が使用されます。

「配合」列プロパティの例

「配合」列プロパティを使って配合計画を評価します。Donev (1992) の例を元にしたデータを使用します。この計画には、配合因子が3つと、配合因子ではない因子が1つあります。

- 応答は、アクリロニトリル粉末（アクリル樹脂の原料）の電磁波の「減衰率」
- 配合成分は、「硫酸銅(CuSO4)」・「チオ硫酸ナトリウム(Na2S2O3)」・「グリオキサール」の3つ
- その他の因子は、分類される光の「波長」を表す環境因子

「波長」は連続尺度の変数ですが、研究者は特定の3つの波長における予測値だけを調べたかったため、3水準のカテゴリカル因子として扱っています。

「カスタム計画」を使って計画を作成する方法については、「[配合実験計画の例](#)」を参照してください。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Donev Mixture Data.jmp」を開きます。
2. 「列」パネルで「硫酸銅(CuSO4)」のアスタリスクをクリックし、[配合] を選択します。

図A.20 「硫酸銅(CuSO4)」に対する「配合」列プロパティのパネル

テーブル'Donev Mixture Data'の硫酸銅(CuSO4)

列名

☐ ロック

データタイプ

尺度

表示形式 絶対数

☐ 桁区切り(,)を使用

列プロパティ

- 配合
- 因子の役割
- 因子の変更
- オプションの項目

削除

配合

使用する列の合計が定数になる場合、
配合を指定します。

下側限界	0.2
上側限界	0.8
項の合計	1

☒ 最小擬似成分のコード変換
☐ 最大擬似成分のコード変換
(両方にチェックが入っている場合は、適切な方を選択します)

OK
キャンセル
適用
ヘルプ

次の点に注意してください。

- 「下側限界」の0.2は、「硫酸銅(CuSO4)」の最小設定値です。
- 「上側限界」の0.8は、「硫酸銅(CuSO4)」の最大設定値です。
- 「項の合計」は1に設定されています。これは、3つの配合因子の合計です。

- 「最小擬似成分のコード変換」オプションが選択されています。「擬似成分のコード変換」を参照してください。
3. 「キャンセル」をクリックします。
 4. 「列」パネルで「グリオキサール」のアスタリスクをクリックし、「配合」を選択します。

この因子について、次の点を確認してください。

 - 「下側限界」の0は、「グリオキサール」の最小設定値です。
 - 「上側限界」の0.6は、「グリオキサール」の最大設定値です。
 5. 「キャンセル」をクリックします。
 6. 「Donev Mixture Data.jmp」データテーブルで、「モデル」スクリプトの横にある緑の三角ボタンをクリックします。

このモデルには、配合因子の主効果と、4つの因子すべての2次交互作用が含まれています。
 7. 「実行」をクリックします。

「パラメータ推定値」レポートでは、各配合因子は、擬似成分のコード変換の式で表示されています。交互作用の中の配合因子も、コード変換されていますが、コード変換の式ではなく、列名のみ表示されます。パラメータ推定値自体は、擬似成分を使って計算されています。図A.21の「パラメータ推定値」レポートの最初の3つの項は、コード変換された配合因子です。

図A.21 「パラメータ推定値」レポート

▲パラメータ推定値					
項	推定値	標準誤差	t値	p値(Prob> t)	
(硫酸銅(CuSO4)-0.2)/0.6	6.1910821	0.918805	6.74	0.0005*	
(チオ硫酸ナトリウム(Na2S2O3)-0.2)/0.6	4.0089179	0.918805	4.36	0.0048*	
グリオキサール/0.6	8.1666667	0.921638	8.86	0.0001*	
硫酸銅(CuSO4)*チオ硫酸ナトリウム(Na2S2O3)	11.293949	4.728922	2.39	0.0542	
硫酸銅(CuSO4)*グリオキサール	4.3511692	4.512775	0.96	0.3722	
硫酸銅(CuSO4)*波長[L1]	-3.847343	1.113399	-3.46	0.0135*	
硫酸銅(CuSO4)*波長[L2]	1.8781509	1.079113	1.74	0.1324	
チオ硫酸ナトリウム(Na2S2O3)*グリオキサール	-18.4845	4.512775	-4.10	0.0064*	
チオ硫酸ナトリウム(Na2S2O3)*波長[L1]	-0.275689	1.064004	-0.26	0.8042	
チオ硫酸ナトリウム(Na2S2O3)*波長[L2]	0.4452853	1.103681	0.40	0.7006	
グリオキサール*波長[L1]	0.198283	1.090627	0.18	0.8617	
グリオキサール*波長[L2]	0.1905384	1.090647	0.17	0.8671	

8. 「応答 減衰率」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。

「予測式」レポートには、あてはめられたモデルが表示されます。配合因子は、最小擬似成分のコード変換が施されていることに注意してください。

図A.22「減衰率」モデルの予測式

予測式

$$\begin{aligned}
 & 6.1910820765 \cdot \left(\frac{(\text{CuSO4} - 0.2)}{0.6} \right) \\
 & + 4.0089179235 \cdot \left(\frac{(\text{Na2S2O3} - 0.2)}{0.6} \right) \\
 & + 8.1666666667 \cdot \left(\frac{\text{Glyoxal}}{0.6} \right) \\
 & + \left(\frac{(\text{CuSO4} - 0.2)}{0.6} \right) \cdot \left(\left(\frac{(\text{Na2S2O3} - 0.2)}{0.6} \right) \cdot 11.293949004 \right) \\
 & + \left(\frac{(\text{CuSO4} - 0.2)}{0.6} \right) \cdot \left(\left(\frac{\text{Glyoxal}}{0.6} \right) \cdot 4.3511691804 \right) \\
 & + \left(\frac{(\text{CuSO4} - 0.2)}{0.6} \right) \cdot \text{Match}(\text{Wavelength}) \cdot \begin{pmatrix} \text{"L1"} \Rightarrow -3.847342876 \\ \text{"L2"} \Rightarrow 1.8781509412 \\ \text{"L3"} \Rightarrow 1.9691919345 \\ \text{else} \Rightarrow . \end{pmatrix} \\
 & + \left(\frac{(\text{Na2S2O3} - 0.2)}{0.6} \right) \cdot \left(\left(\frac{\text{Glyoxal}}{0.6} \right) \cdot -18.48450251 \right) \\
 & + \left(\frac{(\text{Na2S2O3} - 0.2)}{0.6} \right) \cdot \text{Match}(\text{Wavelength}) \cdot \begin{pmatrix} \text{"L1"} \Rightarrow -0.275688526 \\ \text{"L2"} \Rightarrow 0.44528528 \\ \text{"L3"} \Rightarrow -0.169596754 \\ \text{else} \Rightarrow . \end{pmatrix} \\
 & + \left(\frac{\text{Glyoxal}}{0.6} \right) \cdot \text{Match}(\text{Wavelength}) \cdot \begin{pmatrix} \text{"L1"} \Rightarrow 0.1982830114 \\ \text{"L2"} \Rightarrow 0.1905384076 \\ \text{"L3"} \Rightarrow -0.388821419 \\ \text{else} \Rightarrow . \end{pmatrix}
 \end{aligned}$$

「波長」(Wavelength) が L2 であり、かつ、「チオ硫酸ナトリウム (Na₂S₂O₃)」と「グリオキサル」(Glyoxal) がそれぞれ低い方の値 (0.2 と 0)、「硫酸銅 (CuSO₄)」は高い方の値 (0.8) に設定されているときの予測値に興味があるとしましょう。この場合、「減衰率」の予測値は、「硫酸銅 (CuSO₄)」のパラメータ推定値 (6.191) に「硫酸銅 (CuSO₄) * 波長 [L2]」のパラメータ推定値 (1.878) を足したものになります。そのような予測値になることは、「予測プロファイル」で確認できます。

9. 「応答 減衰率」の赤い三角ボタンをクリックし、[列の保存] > [コーディングのテーブルを保存] を選択します。

図 A.23 「コーディングのテーブル」の冒頭の 3 列に保存されたコード変換後の配合因子

	(CuSO ₄ -0.2)/0.6	(Na ₂ S ₂ O ₃ -0.2)/0.6	Glyoxal/0.6
1	1	0	0
2	0.4	0.6	0
3	0	1	0
4	0.5	0	0.5
5	0	0.5	0.5
6	0	0	1
7	1	0	0
8	0.6	0.4	0
9	0	1	0
10	0.5	0	0.5
11	0	0.5	0.5
12	0	0	1
13	1	0	0
14	0.4	0.6	0
15	0	1	0
16	0.5	0	0.5
17	0	0.5	0.5
18	0	0	1

このデータテーブルの計画行列では、「最小擬似成分のコード変換」により配合因子が変換されています。この例では範囲が 0～1 になっていますが、変換後の値が取りうる範囲は、場合によって異なります。

「因子の変更」列プロパティ

「因子の変更」は、実験において因子設定を変更することの難しさを示す列プロパティです。「因子の変更」として指定できるものは、[容易]・[困難]・[非常に困難] のいずれかひとつです。例として、図 A.24 では、「Design Experiment」フォルダにある「Battery Data.jmp」データテーブルの因子「A1」の「因子の変更」列プロパティのパネルを示しています。

図A.24 「因子の変更」列プロパティのパネル

- 変更が「困難」と「非常に困難」な因子がある場合、その計画には、一次単位と二次単位が含まれていなければなりません。
 - 変更が「非常に困難」な因子は、一次単位に割り付けられる因子です。
 - 変更が「困難」な因子は、二次単位に割り付けられる因子です。
- 変更が「困難」な因子のみを含み、「非常に困難」な因子がない計画では、一次単位だけがあります。変更が「困難」な因子が、一次単位に割り付けられる因子になります。「[変更困難度とランダムブロック](#)」を参照してください。

「拡張計画」と「計画の評価」

「計画の評価」と「拡張計画」のプラットフォームは、「因子の変更」列プロパティが「困難」または「非常に困難」な因子となっている因子を認識します。このとき、これらのプラットフォームの起動ウィンドウにおいて、一次単位や二次単位の因子を効果(X)として含めてください。これは、一次単位や二次単位の因子によっても、計画の構造が規定されているからです。

カスタム計画

「カスタム計画」プラットフォームでは、変更の「容易」な因子のみを使った計画も作成できます。また、分割法(1段分割法)・2段分割法・2方分割法の計画も作成できます。これらの分割法の計画を作成する場合は、変更が「困難」な因子や「非常に困難」な因子を指定する必要があります。「因子」セクションで、因子の変更を「容易」・「困難」・「非常に困難」のいずれかに指定してください。計画のデータテーブルを作成すると、「因子」セクションにリストされたすべての因子に対して、自動的に「因子の変更」列プロパティが割り当てられます。

「カスタム計画」は、変更が「困難」または「非常に困難」な因子をもつ計画（つまり、各種の分割計画）が作成できる唯一のプラットフォームです。「実験計画(DOE)」の他のプラットフォームでも「因子の変更」列プロパティが割り当てられますが、いつでもその値は「容易」に設定されます。

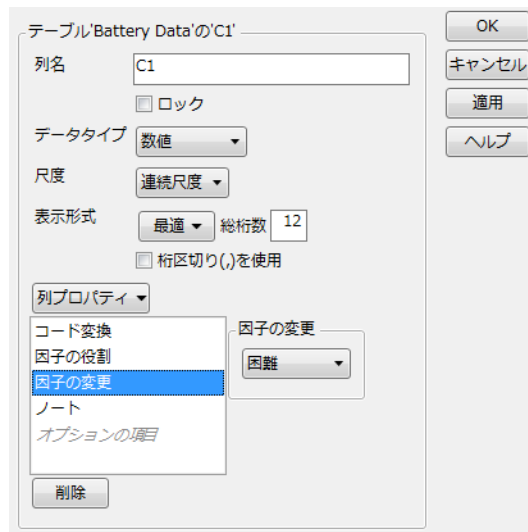
「カスタム計画」ウィンドウで、データテーブルから「因子のロード」で因子設定を読み込む場合、そのデータテーブルの各列に予め「因子の変更」列プロパティを割り当てておくこともできます。そのようなデータテーブルから因子をロードすると、列プロパティとして設定されている「因子の変更」の値が「因子」セクションに表示されます。

「因子の変更」列プロパティの例

この例では、変更が「困難」および「非常に困難」な因子をもつ2方分割計画を紹介します。詳細については、「[2方分割実験](#)」を参照してください。

1. 「ヘルプ」>「サンプルデータフォルダ」を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Battery Data.jmp」を開きます。
2. 「列」パネルで因子「C1」のアスタリスクをクリックします。
3. 「因子の変更」を選択します。

図A.25 「C1」の「因子の変更」パネル



「C1」の「因子の変更」の値は「困難」です。なお、[図A.24](#)で示しているように、「A1」の「因子の変更」の値は「非常に困難」です。

4. 「OK」をクリックします。
5. データテーブルで、「DOE ダイアログ」スクリプトの横にある緑の三角ボタンをクリックします。
6. 「因子」セクションを開きます。

図A.26 乾電池の実験の「因子」

因子				
因子の追加 ▼		削除	N個の因子を追加 1	
名前	役割	変更	値	
▲A1	連続変数	非常に困難	-1	1
▲A2	連続変数	非常に困難	-1	1
▲A3	連続変数	非常に困難	-1	1
▲A4	連続変数	非常に困難	-1	1
▲C1	連続変数	困難	-1	1
▲C2	連続変数	困難	-1	1

因子の「A1」・「A2」・「A3」・「A4」は、変更が「非常に困難」で、「C1」と「C2」は「困難」に設定されています。「カスタム計画」プラットフォームで計画のデータテーブルを作成すると、該当する列の「因子の変更」列プロパティにこれらの設定が自動的に保存されます。

「計画」セクションを見ると、一次単位と二次単位の因子もあることがわかります。

図A.27 「計画」の一部

計画									
実験	一次単位	二次単位	A1	A2	A3	A4	C1	C2	
1	1	1	-1	-1	1	-1	-1	-1	
2	1	2	-1	-1	1	-1	1	-1	
3	1	3	-1	-1	1	-1	-1	1	
4	2	4	-1	1	1	1	1	1	
5	2	5	-1	1	1	1	-1	1	
6	2	6	-1	1	1	1	1	-1	
7	3	7	1	1	1	-1	-1	1	
8	3	8	1	1	1	-1	1	1	
9	3	9	1	1	1	-1	-1	-1	
10	4	10	1	-1	1	1	1	1	
11	4	11	1	-1	1	1	1	-1	
12	4	12	1	-1	1	1	-1	-1	

変更が「困難」または「非常に困難」の設定を反映した2つの因子（「一次単位」と「二次単位」）が自動的に追加されています。「一次単位」に対しては、「非常に困難」な因子の水準が割り付けられています。一方、「二次単位」に対しては、「困難」な因子の水準が割り付けられています。なお、「計画の評価」および「拡張計画」プラットフォームで「因子の変更」列プロパティを持つ列を指定するときには、これらの一次単位や二次単位の因子も効果（X）として含めてください。

値の表示順序

「値の表示順序」列プロパティは、データテーブルにおける列の各値に順序を割り当てます。指定された順序は、グラフや分析で使用されます。レポートにおいて、表示したい順序を変更したい場合に、この列プロパティを用いてください。

メモ：曜日など、自然な順序を持つ値の場合は、その順序がレポートなどでの表示に自動的に反映される場合があります。『JMPの使用法』を参照してください。

図A.28は、「Car Physical Data.jmp」データテーブルにある「タイプ」列の「値の表示順序」パネルです。「タイプ」の値に関連するレポートでは、水準が「Sporty」・「Small」・「Compact」・「Medium」・「Large」の順に表示されます。「値の表示順序」リストの右側にあるボタンを使って、値の順序を任意に変更することができます。

図A.28 「タイプ」の「値の表示順序」列プロパティ

テーブル「Car Physical Data」の「タイプ」

列名

☐ ロック

データタイプ

尺度

列プロパティ

値の表示順序

データ項目の順序を指定するか、順序を決めるためのルールを選択してください。

☒ カスタム順序

カスタム順序

Sporty

Small

Compact

Medium

Large

カスタム順序 (5)

逆転

ソート順序

ソート順序 (0)

ソート順序のルール

☐ データの出現順

☒ 一般的な順序

☒ 数値の順序

総を入力

☒ ローカル定義の文字列比較を使用

OK

キャンセル

適用

ヘルプ

「実験計画(DOE)」のほとんどのプラットフォームでは、一次単位因子・二次単位因子・ブロック因子なども含むカテゴリカル因子に「値の表示順序」列プロパティが割り当てられます。このプロパティは、「因子」に表示されていたときの水準値の順序になっています。作成される因子の水準が連続する整数であれば、「値の表示順序」プロパティはその整数の順序となります。「値の表示順序」の設定は、必要に応じて変更できます。

「被覆配列」および「タグチ配列」の各プラットフォームでは、「値の表示順序」プロパティが割り当てられません。「被覆配列」プラットフォームは、「値ラベル」列プロパティを割り当てます。「[値ラベル](#)」を参照してください。

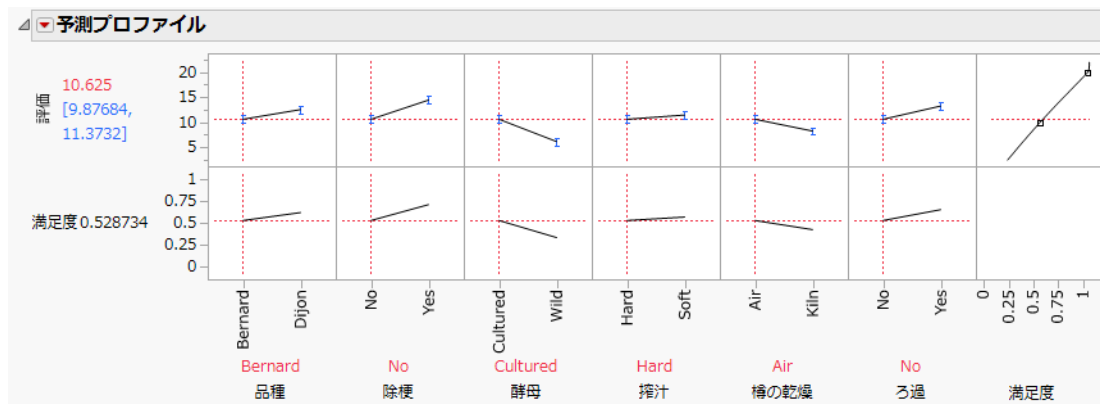
「値の表示順序」列プロパティの例

ある因子の値を、予測プロファイルに別の順序で表示したいとしましょう。「カスタム計画」で作成したワインの試飲の例を検討します。5人の専門家がワインを評価するため、「判定者」は固定効果のブロック因子となります。9つの因子が調査対象です。応答は評価です。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Wine Data.jmp」を開きます。
2. 「テーブル」パネルで、「縮小モデル」スクリプトの横にある緑の三角ボタンをクリックします。
3. [実行] をクリックします。

レポートの末尾に「予測プロファイル」が表示されます。

図A.29 元の値の表示順序を使ったプロファイル



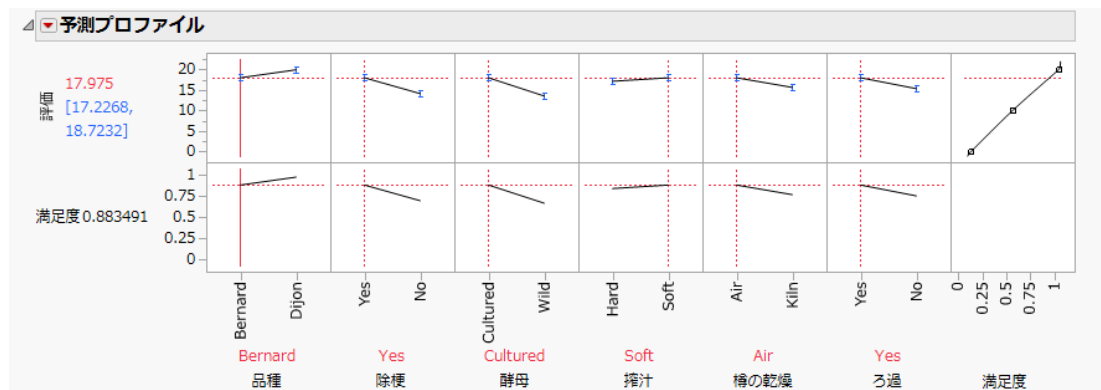
「除梗」と「ろ過」の値が、「No」・「Yes」の順に表示されています。そこで、順序を逆にして、「Yes」の水準が先に表示されるようにします。

ヒント: この例でプロファイルを1行だけに表示するには、「予測プロファイル」の赤い三角ボタンをクリックし、[表示方法] > [複数行に配置] を選択します。ここでは、「7」を入力して [OK] をクリックします。

4. 「応答 評価」レポートを閉じます。
5. データテーブルの「列」パネルで「除梗」のアスタリスクをクリックし、[値の表示順序] を選択します。
6. [逆転] をクリックします。
7. [OK] をクリックします。
8. 「列」パネルで「ろ過」のアスタリスクをクリックし、[値の表示順序] を選択します。
9. [逆転] をクリックします。
10. [OK] をクリックします。
11. 「テーブル」パネルで、「縮小モデル」スクリプトの横にある緑の三角ボタンをクリックします。

12. [実行] をクリックします。

図A.30 新しい値の表示順序を使ったプロファイル



「除梗」と「ろ過」の水準が、「Yes」、「No」の順に表示されるようになりました。

13. 変更を保存せずに「Wine Data.jmp」データテーブルを閉じます。

値の表示順序を割り当てる例

この例では、レポートに表示される応答水準の順序を制御するために、値の表示順序を割り当てます。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Candy Bars.jmp」を開きます。
2. 「ブランド名」列を選択します。
3. [列] > [列情報] を選択します。
4. [列プロパティ] をクリックし、[値の表示順序] を選択します。
5. 「値の表示順序」リストで「Hershey」を選択します。
6. 上向き矢印を5回クリックします。

「Hershey」が「値の表示順序」リストの一番上に表示されます。

7. 「値の表示順序」リストで「M&M/Mars」を選択します。

8. 上向き矢印を7回クリックします。

「M&M/Mars」が「値の表示順序」リストの2番目に表示されます。

9. [OK] をクリックします。

「列」パネルの「ブランド名」の横に、「値の表示順序」列プロパティが割り当てられたことを示すアスタリスクが表示されます。これで、「ブランド名」が関係するレポートでは、「Hershey」と「M&M/Mars」が先頭に表示されるようになります。

10. [分析] > [一変量の分布] を選択します。

11. 「カロリー」を選択し、[Y, 列] をクリックします。

12. 「ブランド名」を選択し、[By] をクリックします。
13. [OK] をクリックします。
14. Ctrl キーを押しながら「カロリー」の赤い三角ボタンをクリックし、[表示オプション] > [横に並べる] を選択します。
18のブランドの中で、「Hershey」と「M&M/Mars」の「一変量の分布」レポートが最初に表示されています。
15. 変更を保存せずに「Candy Bars.jsp」データテーブルを閉じます。

値ラベル

「値ラベル」列プロパティは、列の値を指定のラベルに置き換えて表示します。「値ラベル」列プロパティに指定されたラベルは、データテーブル・プロット・レポートなどで表示されます。データテーブルでは、セルの内側をダブルクリックすると、元の値が確認できます。「値ラベル」列プロパティの割り当てと使用については、『JMPの使用法』を参照してください。

「実験計画 (DOE)」のプラットフォームのなかで、「被覆配列」プラットフォームだけは「値ラベル」列プロパティを自動的に割り当てます。「被覆配列」プラットフォームでは、すべての因子は名義尺度です。そこで実際のデータ値は、1から、「被覆配列」の「因子」セクションで指定した水準数までの整数になっています。そして、「因子」セクションで指定した「値」が、ラベルとして実際の整数値にそれぞれ割り当てられます。

「値ラベル」列プロパティの例

この例では、実験計画の列の水準にラベルをつけるために、値ラベルを設定します。

1. [実験計画 (DOE)] > [特殊な目的] > [被覆配列] を選択します。
2. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Software Factors.jsp」を開きます。
3. 「被覆配列」の赤い三角ボタンをクリックし、[因子のロード] を選択します。
「因子」セクションに因子とその水準が表示されます。

図A.31 「Software Factors」の「因子」

因子

因子の追加 ▼

削除

N個の因子を追加

1

強度: t =

2 ▼

名前	役割	値				
▼ Webブラウザ	カテゴリーカル	Safari	IE	Firefox	Chrome	Other
▼ OS	カテゴリーカル	Macintosh			Windows	
▼ RAM	カテゴリーカル	16 MB		4 MB		8 MB
▼ 接続速度	カテゴリーカル	0-1 Mbps		1-5 Mbps		> 5 Mbps

4つの因子の役割が「カテゴリカル」となっています。

4. 「**続行**」をクリックします。

「因子の制約を定義」セクションが開きます。設定のすべての組み合わせが可能であるため、制約は「**しない**」のままにします。

5. 「**計画の作成**」をクリックします。

6. 「**テーブルの作成**」をクリックします。

7. 「**列**」パネルで、「**Web ブラウザ**」の横のアスタリスクをクリックし、「**値ラベル**」を選択します。

図 A.32 「Web ブラウザ」の列情報ウィンドウ

テーブル「被重配列」の「Webブラウザ」

列名: Webブラウザ

☐ ロック

データタイプ: 数値

尺度: 名義尺度

表示形式: 最適 総桁数: 12

☐ 桁区切り(.)を使用

列プロパティ

値ラベル

オプションの項目

値ラベル

列に値ラベルがあり、[値ラベルの使用]にチェックが入っている場合、その列では値の代わりにラベルが表示されます。

1 = Safari
2 = IE
3 = Firefox
4 = Chrome
5 = Other

オプションの項目

☐ 範囲を指定

値:

ラベル:

☒ 値ラベルの使用

追加
変更
削除

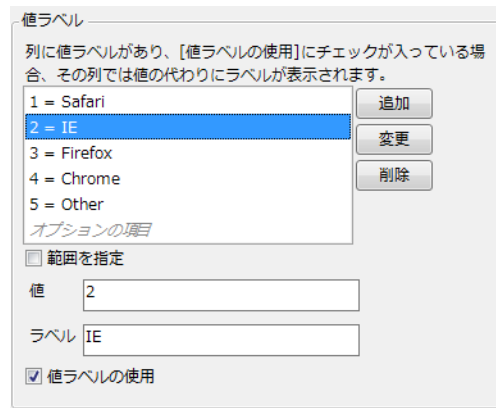
OK
キャンセル
適用
ヘルプ

「**Web ブラウザ**」のデータタイプが「数値」、尺度が「名義尺度」になっていることに注意してください。「**Web ブラウザ**」の実際の値は、1～5の整数です。これらの整数に、計画の作成時に入力した値がラベルとして定義されています。

「2」の値ラベルを「IE」から「Internet Explorer」に変更します。

8. 「**値ラベル**」リストから「**2 = IE**」を選択します。

図A.33 「値ラベル」 パネルでの選択



9. 「ラベル」に「Internet Explorer」と入力します。
10. [変更] をクリックします。
データテーブルに変更が反映されます。

メモ: ラベルではなくデータ値そのものを表示するには、[値ラベルの使用] の選択を解除します。

「ブロックあたり実験回数」列プロパティ

「実験計画 (DOE)」のプラットフォームを使ってブロック因子を含む計画を作成すると、ブロック因子の列の「因子の役割」プロパティに「ブロック」という値が割り当てられます。さらに、ブロック因子には、「ブロックあたり実験回数」列プロパティが割り当てられます。「ブロックあたり実験回数」列プロパティは、1つのブロックで許容される実験の最大回数を示します。このプロパティは、「計画の評価」と「拡張計画」の各プラットフォームにおいて因子のブロック構造を指定するために使用されます。「[ブロック](#)」を参照してください。

メモ: 「ブロックあたり実験回数」列プロパティは、計画の作成時に割り当てられます。ユーザがこの列プロパティを割り当てることはできません。

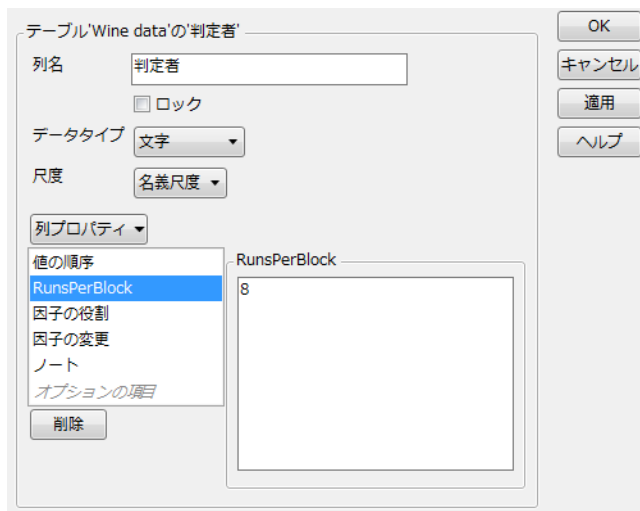
「ブロックあたり実験回数」列プロパティの例

この例では、「ブロックあたり実験回数」列プロパティを確認する方法を紹介します。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Wine Data.jmp」を開きます。
2. 「列」パネルで「判定者」のアスタリスクをクリックし、[因子の役割] を選択します。
「因子の役割」が「ブロック」になっています。

3. [キャンセル] をクリックします。
4. 「列」パネルで「判定者」のアスタリスクをクリックし、[RunsPerBlock]（ブロックあたりの実験回数）を選択します。

図 A.34 「判定者」に対する「ブロックあたりの実験回数」列プロパティのパネル



「ブロックあたりの実験回数」は8です。「DOE ダイアログ」スクリプトが再現する計画は、40の実験で構成されます。判定者は5人であるため、判定者ごとに $40/5 = 8$ 回の実験から成る計画が作成されます。

「制約状態」列プロパティ

「カスタム計画」と「配合計画」の各プラットフォームでは、計画のために指定した制約をデータテーブルに保存することができます。[制約の保存] を使用すると、各線形制約の係数がデータテーブルの列に表示されます。不等式の右辺値は、そのデータテーブルの最後の行に保存されます。

これらの制約の列には、「制約状態」列プロパティが割り当てられます。このプロパティは、制約を定義する不等式の向きを示します。「実験計画 (DOE)」のプラットフォームで [制約のロード] を選択すると、「制約状態」列プロパティに従って不等式の向きが決められます。

メモ：「制約状態」列プロパティは、計画の作成時に割り当てられます。ユーザがこの列プロパティを割り当てることはできません。

「制約状態」列プロパティの例

この例では、「制約状態」列プロパティを見てみます。Snee (1979) および Piepel (1988) が紹介した実験に基づき、各因子に対する制約に3つの線形制約を追加したものです。この例では、次の手順に従います。

1. 3つの線形制約のうち1つに変更を加える
2. 制約をデータテーブルに保存する
3. 「制約状態」列プロパティで指定された制約の不等式の向きを確認する

この例の続きについては、「[線形制約を追加した端点計画の例](#)」を参照してください。

1. [ヘルプ] > [サンプルデータフォルダ] を選択し、「Design Experiment」フォルダの「Piepel.jmp」を開きます。
2. 「テーブル」パネルで、「DOE ダイアログ」スクリプトの横にある緑の三角ボタンをクリックします。
「因子」セクションの下に、3つの線形制約が表示されています。制約を解釈しやすい形にするため、1つ目の制約を「以上」の不等式に書き換えます。

図A.35 「因子」の下線形制約

因子					
名前	役割	値			
▲ X1	配合	0.1		0.5	
▲ X2	配合	0.1		0.7	
▲ X3	配合	0		0.7	

-85	X1 +	-90	X2 +	-100	X3	≤	-90
85	X1 +	90	X2 +	100	X3	≤	95
-0.7	X1 +	0	X2 +	-1	X3	≤	-0.4

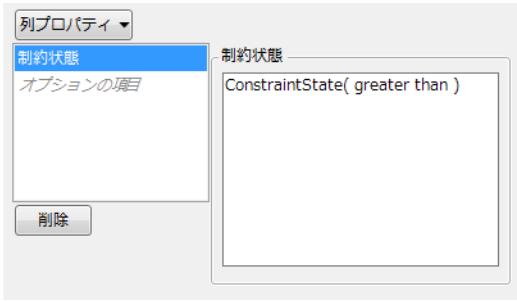
3. 1つ目の制約で、次の作業を行います。
 - 「X1」の隣に「85」と入力します。
 - 「X2」の隣に「90」と入力します。
 - 「X3」の隣に「100」と入力します。
 - 不等式のメニューから「≥」を選択します。
 - 不等式記号の右側に「90」と入力します。
4. 「配合計画」の赤い三角ボタンをクリックし、メニューから「制約の保存」を選択します。
制約の情報を含んだデータテーブルが新規に作成されます。

図 A.36 制約のデータテーブル

▼ 無題				
		制約 1	制約 2	制約 3
	1	85	85	-0.7
	2	90	90	0
	3	100	100	-1
▼ 列(3/0)	4	90	95	-0.4
🔍				
▲ 制約 1 *				
▲ 制約 2 *				
▲ 制約 3 *				

- 各列の行 1 ～ 3 に、因子「X1」・「X2」・「X3」の係数が含まれています。4 行目の値は、不等式の右辺値です。
- 5. 「制約 1」のアスタリスクをクリックします。
 - 6. 「制約状態」 をクリックします。

図 A.37 「制約状態」列プロパティのパネル



- 「X1」の「制約状態」パネルを見ると、不等式の向きが「greater than」、つまり「 $\geq$ 」であることがわかります。
- 7. 「キャンセル」 をクリックします。

付録 B

技術的な詳細

この付録では、実験計画の交絡行列（alias matrix）、検出力の計算、および相対的な予測分散について説明します。

- 「交絡行列」
- 「検出力の計算」
- 「相対的な予測分散」

目次

交絡行列 813

 変更が「困難」または「非常に困難」な因子を含む計画の交絡行列 813

 推定が「可能な場合のみ」の効果を含む計画の交絡行列 813

検出力の計算..... 814

 1つのパラメータに対する検出力..... 814

 カテゴリカルな効果に対する検出力 815

相対的な予測分散..... 816

交絡行列

実験計画の交絡行列 (alias matrix) は、「交絡項」セクションで指定した効果が、パラメータ推定値のバイアス（偏り）に与える大きさを示したものです。この交絡行列は、交絡最適化計画の計算でも使用されています。「[交絡最適化基準](#)」を参照してください。

交絡行列は、計画行列（デザイン行列）を用いて求められます。「[モデル行列](#)」を参照してください。

$\mathbf{X}_1$ を「モデル」セクションの項に対応する計画行列とします。 $\mathbf{X}_2$ を「交絡項」セクションの項に対応する計画行列とします。

次のようなモデルを仮定するとします。

$$\mathbf{Y} = \mathbf{X}_1\beta_1 + \varepsilon$$

一方、真のモデルでは交絡項が効果をもっていて、次のように表されるとしましょう。

$$\mathbf{Y} = \mathbf{X}_1\beta_1 + \mathbf{X}_2\beta_2 + \varepsilon$$

仮定したモデルに基づく最小2乗法による β_1 の推定値は、次のとおりです。

$$\hat{\beta}_1 = (\mathbf{X}_1'\mathbf{X}_1)^{-1}\mathbf{X}_1'\mathbf{Y}$$

回帰分析における通常の前提が成立している場合、 $\hat{\beta}_1$ の期待値は、次のようになります。

$$E[\hat{\beta}_1] = \beta_1 + \mathbf{A}\beta_2$$

この式で、 $\mathbf{A} = (\mathbf{X}_1'\mathbf{X}_1)^{-1}\mathbf{X}_1'\mathbf{X}_2$ です。

この行列 $\mathbf{A}$ を交絡行列 (alias matrix) といいます。

変更が「困難」または「非常に困難」な因子を含む計画の交絡行列

計画に変更が「困難」な、または、「非常に困難」な因子がある場合、交絡行列は次式により計算されます。

$$\mathbf{A} = (\mathbf{X}_1'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X}_1)^{-1}\mathbf{X}_1'(\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X}_2)$$

ここで、 $\mathbf{V}$ は応答変数の分散共分散行列で、ブロック対角行列になっています。

推定が「可能な場合のみ」の効果を含む計画の交絡行列

推定が「可能な場合のみ」に設定されている効果を含む計画（Bayes 流の D-最適計画や Bayes 流の I-最適計画）の場合、交絡行列は次のようになります。

$$\mathbf{A} = (\mathbf{X}_1'\mathbf{X}_1 + \mathbf{K}^2)^{-1}\mathbf{X}_1'\mathbf{X}_2$$

ここで、 $\mathbf{K}$ は次のような値を持つ対角行列です。

- 推定が「必須」の項について、 $k=0$
- 推定が「可能な場合のみ」の主効果、べき乗の項、3水準以上のカテゴリカル因子が関係する交互作用について、 $k=1$
- その他の「可能な場合のみ」の項について、 $k=4$

Bayes流の最適計画の場合、交絡行列は、 $\mathbf{K}^{-1}$ の事前分散を持つリッジ回帰に該当する効果の交絡を示します。Bayes流の最適計画について詳しくは、「[Bayes流のD-最適化基準](#)」および「[Bayes流のI-最適化基準](#)」を参照してください。

「カスタム計画」プラットフォームでは、「可能な場合のみ」の項に適用される重みを変更できます。それには、「カスタム計画」レポートの赤い三角メニューから「[詳細オプション](#)」>「[事前パラメータ分散](#)」を選択します。呼び出されたウィンドウで、すべてのモデル項に対し、 $\mathbf{K}$ 行列における対角要素の値を自由に指定できます。「計画の作成」をクリックすると、そこで指定された重みが計算に使われます。

検出力の計算

実験計画の「検出力分析」レポートには、個々のパラメータに対する検出力が表示されます。また、3水準以上のカテゴリカルな因子が計画に含まれている場合は、それらの効果全体に対する検出力も表示されます。この節では、これら2つの場合における検出力について説明します。

- 「[1つのパラメータに対する検出力](#)」
- 「[カテゴリカルな効果に対する検出力](#)」

1つのパラメータに対する検出力

この節では、1つの計画パラメータに対する検定の検出力について説明します。次のような表記を使用します。

X 計画行列（デザイン行列）。名義尺度効果のコード変換については、『[基本的な回帰モデル](#)』を参照してください。また、「[モデル行列](#)」も参照してください。

メモ: 計画行列を表示するには、「[モデルのあてはめ](#)」を実行します。その後、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](#)」を選択します。

β_i 調べたい項に対応するパラメータ。

$\hat{\beta}_i$ 最小2乗法で求めた β_i の推定値。

β_i^A 「係数の予想値」の値。2水準の名義変数である場合、それら2水準の応答平均の差は $2\beta_i^A$ となります。

$\hat{\beta}_i$ の分散は、 $\sigma^2(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-1}$ の*i*番目の対角要素で与えられます。ここで、 σ^2 は誤差分散です。 $(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-1}$ の*i*番目の対角要素を $(\mathbf{X}'\mathbf{X})_{ii}^{-1}$ とします。

誤差分散の σ^2 は、平均2乗誤差(MSE; Mean Squared Error)によって推定され、その自由度は $n-p-1$ です。ここで、 n は標本サイズ、 p は切片を除くモデル項の数です。 $n-p-1=0$ の場合、誤差の自由度は1に設定されます。自由度を0に設定することにより、飽和計画でもパラメータに対する検出力を算出します。

$H_0: \beta_i = 0$ の検定に対する検定統計量であるt値は、次のようになります。

$$\frac{\hat{\beta}_i}{\sqrt{MSE(\mathbf{X}'\mathbf{X})_{ii}^{-1}}}$$

これは次のようなF値による検定と等価です。

$$F_0 = \frac{\hat{\beta}_i^2}{MSE(\mathbf{X}'\mathbf{X})_{ii}^{-1}}$$

帰無仮説の下では、検定統計量 F_0 は、分子自由度が1で、分母自由度が $n-p-1$ のF分布に従います。

もし β_i の真値が β_i^A である場合、 F_0 は次のような非心パラメータを持つ非心F分布に従います。

$$\lambda = \frac{(\beta_i^A)^2}{\sigma^2(\mathbf{X}'\mathbf{X})_{ii}^{-1}}$$

検定の検出力を求めるには、まず、有意水準が α である棄却値 F_c を求めます。

$$\alpha = 1 - FDist(F_c, 1, n-p-1)$$

そして、次式で検出力を計算します。

$$Power = 1 - FDist(F_c, 1, n-p-1, \lambda)$$

カテゴリカルな効果に対する検出力

この節では、カテゴリカルな効果全体の検定に対する検出力の計算方法を解説します。次のような表記を使用します。

X 計画行列(デザイン行列)。「[交絡行列](#)」を参照してください。

β パラメータのベクトル。

$\hat{\beta}$ 最小2乗法で求めた β の推定値。

β^A 係数の予想値のベクトル。

L カテゴリカルな効果の検定を定義する行列。行列 **L** は、カテゴリカルな効果に対応する β を特定し、それらが0であるという帰無仮説を構成します。カテゴリカルな効果に対する検定の帰無仮説は、次のように表されます。

$$H_0: L\beta = 0$$

r **L** のランク。つまり、 r は、カテゴリカルな効果の水準数から1を引いた値です。

メモ: 計画行列を表示するには、[モデルのあてはめ] を実行します。その後、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] を選択します。

$\hat{\beta}$ の共分散行列は、 $\sigma^2(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-1}$ で与えられます。ここで、 σ^2 は誤差分散です。

誤差分散の σ^2 は、平均2乗誤差 (MSE; Mean Squared Error) によって推定され、その自由度は $n - p - 1$ です。ここで、 n は標本サイズ、 p は切片を除くモデル項の数です。 $n - p - 1 = 0$ の場合、誤差の自由度は1に設定されます。自由度を0に設定することにより、飽和計画でもパラメータに対する検出力を算出します。

$H_0: L\beta = 0$ の検定に対する検定統計量であるF値は、次のようになります。

$$F_0 = \left((\mathbf{L}\hat{\beta})' [\mathbf{L}(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-1}\mathbf{L}']^{-1} (\mathbf{L}\hat{\beta}) \right) / (rMSE)$$

帰無仮説の下では、検定統計量 F_0 は、分子自由度が r で、分母自由度が $n - p - 1$ の F 分布に従います。

もし β の真値が β^A である場合、 F_0 は次のような非心パラメータを持つ非心 F 分布に従います。

$$\lambda = \left((\mathbf{L}\beta^A)' [\mathbf{L}(\mathbf{X}'\mathbf{X})^{-1}\mathbf{L}']^{-1} (\mathbf{L}\beta^A) \right) / \sigma^2$$

検定の検出力を求めるには、まず、有意水準が α である棄却値 F_c を求めます。

$$\alpha = 1 - FDist(F_c, r, n - p - 1)$$

そして、次式で検出力を計算します。

$$Power = 1 - FDist(F_c, r, n - p - 1, \lambda)$$

相対的な予測分散

実験計画の相対的な予測分散は、以下の式で計算されます。次の記号を用います。

X 計画行列 (デザイン行列)。「モデル行列」を参照してください。「カスタム計画」プラットフォームで作成されたデータテーブルには、モデル行列を表示するスクリプトがあります。計画行列は、モデル行列に似ています。「X行列の保存」を参照してください。

σ^2 誤差分散。

$\hat{\beta}$ 最小2乗法で求めたパラメータ推定値のベクトル。

$\mathbf{x}_i'$ $\mathbf{X}$ の*i*番目の行。

この表記を使うと、 $\mathbf{X}$ の第*i*行に対する応答の予測値は、次式によって求められます。

$$\hat{Y} = \mathbf{x}_i' \hat{\beta}$$

$\mathbf{x}_i$ における相対的な予測分散は、次式によって求められます。

$$\frac{\mathbf{x}_i' \text{var}(\hat{Y}) \mathbf{x}_i}{\sigma^2} = \frac{\mathbf{x}_i' \text{var}(\mathbf{x}_i' \hat{\beta}) \mathbf{x}_i}{\sigma^2} = \mathbf{x}_i' (\mathbf{X}' \mathbf{X})^{-1} \mathbf{x}_i$$

『実験計画(DOE)』では、以下の文献を参考にしています。

- Agresti, A., and Coull, B. A. (1998). "Approximate Is Better than 'Exact' for Interval Estimation of Binomial Proportions." *American Statistician* 52:119–126.
- Agresti, A., and Caffo, B. N. (2000). "Simple and Effective Confidence Intervals for Proportions and Differences of Proportions Result from Adding Two Successes and Two Failures." *American Statistician* 54:280–288.
- Atkinson, A. C., and Donev, A. N. (1992). *Optimum Experimental Designs*. New York: Oxford University Press.
- Barker, C. (2011). "Power and Sample Size Calculations in JMP." Technical Report, Cary NC: SAS Institute Inc. Accessed May 6, 2018.
<https://www.jmp.com/content/dam/jmp/documents/en/technical-reports/powerAndSampleSize.pdf>.
- Borror, C. M., and Montgomery, D. C. (2000). "Mixed Resolution Designs as Alternatives to Taguchi Inner-Outer Array Designs for Robust Design Problems." *Quality and Reliability Engineering International* 16:117–128.
- Box, G. E. P. (1988). "Signal-to-Noise Ratio, Performance Criteria, and Transformations." *Technometrics* 30:1–40.
- Box, G. E. P., and Behnken, D. W. (1960). "Some New Three-Level Designs for the Study of Quantitative Variables." *Technometrics* 2:455–475.
- Box, G. E. P., and Draper, N. R. (1987). *Empirical Model-Building and Response Surfaces*. New York: John Wiley & Sons.
- Box, G. E. P., Hunter, W. G., and Hunter, J. S. (1978). *Statistics for Experimenters*. New York: John Wiley & Sons.
- Box, G. E. P., Hunter, W. G., and Hunter, J. S. (2005). *Statistics for Experimenters: Design, Innovation, and Discovery*. 2nd ed. New York: John Wiley & Sons.
- Box, G. E. P., and Meyer, R. D. (1986). "An Analysis of Unreplicated Fractional Factorials." *Technometrics* 28:11–18.
- Box, G. E. P., and Wilson, K. B. (1951). "On the Experimental Attainment of Optimum Conditions." *Journal of the Royal Statistical Society, Series B* 13:1–45.
- Byrne, D. M., and Taguchi, G. (1986). "The Taguchi Approach to Parameter Designs." *Quality Congress Transactions* 177:168–177.
- Chow, S. -C., Shao, J., and Wang, H. (2008). *Sample Size Calculations in Clinical Research*. 2nd ed. Boca Raton, FL: Chapman & Hall/CRC.

- Clopper, C. J., and Pearson, E. S. (1934). "The Use of Confidence or Fiducial Limits Illustrated in the Case of the Binomial." *Biometrika* 26:404–413.
- Cochran, W. G., and Cox, G. M. (1957). *Experimental Designs*. 2nd ed. New York: John Wiley & Sons.
- Cohen, M. B., Gibbons, P. B., Mugridge, W. B., and Colbourn, C. J. (2003). "Constructing Test Suites for Interaction Testing." In *Proceedings 25th International Conference on Software Engineering*, 38–48.
- Cohen, M. B., Dwyer, M. B., and Shi, J. (2007). "Interaction Testing of Highly-Configurable Systems in the Presence of Constraints." In *Proceedings of the 2007 International Symposium on Software Testing and Analysis*, 129–139.
- Colbourn, C. (2004). "Combinatorial Aspects of Covering Arrays." *Le Matematiche* 58:121–167.
- Colbourn, C., and Dinitz, J., eds. (2010). *Handbook of Combinatorial Designs*. 2nd ed. Boca Raton, FL: CRC Press.
- Cornell, J. A. (1990). *Experiments with Mixtures*. 2nd ed. New York: John Wiley & Sons.
- Dalal, S. R., and Mallows, C. L. (1998). "Factor-Covering Designs for Testing Software." *Technometrics* 40:234–243.
- DuMouchel, W., and Jones, B. (1994). "A Simple Bayesian Modification of D-Optimal Designs to Reduce Dependence on an Assumed Model." *Technometrics* 36:37–47.
- Errore, A., Jones, B., Li, W., and Nachtsheim, C. (2017). "Using Definitive Screening Designs to Identify Active First- and Second-Order Factor Effects." *Journal of Quality Technology* 49:244–264.
- Fries, A., and Hunter, W. G. (1980). "Minimum Aberration 2^{k-p} Designs." *Technometrics* 22:601–608.
- Gotwalt, C. M., Jones, B. A., and Steinberg, D. M., (2009). "Fast Computation of Designs Robust to Parameter Uncertainty for Nonlinear Settings." *Technometrics* 51:88–95.
- Goos, P. (2002). *The Optimal Design of Blocked and Split Plot Experiments*. New York: Springer.
- Goos, P., and Jones, B. (2011). *Optimal Design of Experiments: A Case Study Approach*. New York: John Wiley & Sons.
- Hamada, M., and Wu, C. F. J., (1992). "Analysis of Designed Experiments with Complex Aliasing." *Technometrics* 24:130–137.
- Hartman, A., and Raskin, L. (2004). "Problems and Algorithms for Covering Arrays." *Discrete Mathematics* 284:149–156.
- Horn, R., and Johnson, C. (2012). *Matrix Analysis*. 2nd ed. Cambridge: Cambridge University Press.
- Huber, J., and Zwerina, K. (1996). "The Importance of Utility Balance in Efficient Choice Designs." *Journal of Marketing Research* 33:307–317.
- Jennrich, R. I. (1969). "Asymptotic Properties of Non-Linear Least Squares Estimators." *Annals of Mathematical Statistics* 40:633–643.
- Johnson, M. E., and Nachtsheim, C. J. (1983). "Some Guidelines for Constructing Exact D-Optimal Designs on Convex Design Spaces." *Technometrics* 25:271–277.

- Jones, B. (1991). "An Interactive Graph For Exploring Multidimensional Response Surfaces." In *Proceedings of the Annual Joint Statistical Meetings of the American Statistical Association*. Alexandria, VA: American Statistical Association.
- Jones, B., and Goos, P. (2007). "A Candidate-set-free Algorithm for Generating D-optimal Designs." *Applied Statistics* 56:1–18. Accessed January 23, 2017. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3001117/>.
- Jones, B., and Goos, P. (2015). "Optimal Design of Blocked Experiments in the Presence of Supplementary Information about the Blocks." *Technometrics* 47:01–317.
- Jones, B., and Johnson, R. T. (2009). "Design and Analysis for the Gaussian Process Model." *Quality and Reliability Engineering International* 25:515–524. Accessed January 23, 2017. https://www.stat.osu.edu/~comp_exp/jour.club/Jones_Johnson_QREI09.pdf.
- Jones, B., Lekivetz, R., Majumdar, D., Nachtsheim, C. J., and Stallings, J. W. (2019). "Construction, Properties, and Analysis of Group-Orthogonal Supersaturated Designs." *Technometrics* 62: 403 - 414. Accessed December 15, 2020. <https://doi.org/10.1080/00401706.2019.1654926>
- Jones, B., Lin, D. K. J., and Nachtsheim, C. J. (2008). "Bayesian D-Optimal Supersaturated Designs." *Journal of Statistical Planning and Inference* 138:86–92.
- Jones, B., and Nachtsheim, C. J. (2011a). "A Class of Three-Level Designs for Definitive Screening in the Presence of Second-Order Effects." *Journal of Quality Technology* 43:1–15. Accessed January 23, 2017. https://www.jmp.com/en_us/whitepapers/jmp/class-three-level-definitive-screening.html.
- Jones, B., and Nachtsheim, C. J. (2011b). "Efficient Designs with Minimal Aliasing." *Technometrics* 53:62–71.
- Jones, B., and Nachtsheim, C. J. (2013). "Definitive Screening Designs with Added Two-Level Categorical Factors." *Journal of Quality Technology* 45:121–129.
- Jones, B., and Nachtsheim, C. J. (2016a). "Blocking Schemes for Definitive Screening Designs." *Technometrics* 58:74–83.
- Jones, B., and Nachtsheim, C. J. (2016b). "Effective Model Selection for Definitive Screening Designs." *Technometrics*. Accessed September 28, 2017. <https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/00401706.2016.1234979>.
- Joseph, V. R., Gul, E., and Ba, S. (2015). "Maximum Projection Designs for Computer Experiments." *Biometrika* 102:371–380.
- Joseph, V. R., Gul, E., and Ba, S. (2020). "Designing computer experiments with multiple types of factors: The MaxPro approach.", *Journal of Quality Technology*, 52:4, 343–354. Accessed June 30, 2022. <https://doi.org/10.1080/00224065.2019.1611351>
- Jowett, G. (1963). "The Relationship Between the Binomial and F Distributions." *Journal of the Royal Statistical Society* 13:55–57.
- Kessels, R., Jones, B., Goos, P. (2011). "Bayesian Optimal Designs for Discrete Choice Experiments with Partial Profiles." *Journal of Choice Modelling* 4:52–74.
- Kowalski, S. M., Cornell, J. A., and Vining, G. G. (2002). "Split Plot Designs and Estimation Methods for Mixture Experiments with Process Variables." *Technometrics* 44:72–79.

- Krishnamoorthy, K., and Mathew, T. (2009). *Statistical Tolerance Regions: Theory, Applications, and Computations*. New Your: John Wiley & Sons.
- Lenth, R. V. (1989). "Quick and Easy Analysis of Unreplicated Fractional Factorials." *Technometrics* 31:469–473.
- Lekivetz, R. (2014). "What is an Alias Matrix?" Accessed January 23, 2017.
<https://blogs.sas.com/content/jmp/2014/06/05/what-is-an-alias-matrix/>.
- Lekivetz, R., Sitter, R., Bingham, D., Hamada, M. S., Moore, L. M., and Wendelberger, J. R. (2015). "On Algorithms for Obtaining Orthogonal and Near-Orthogonal Arrays for Main-Effects Screening." *Journal of Quality Technology* 47:2–13.
- Lin, D. K. J. (1993). "A New Class of Supersaturated Design." *Technometrics* 35:28–31.
- Martirosyan, S. (2003). "Perfect Hash Families, Identifiable Parent Property Codes and Covering Arrays." Ph.D. diss., Universitat Duisburg-Essen.
- Meyer, R. K., and Nachtsheim, C. J. (1995). The Coordinate Exchange Algorithm for Constructing Exact Optimal Designs." *Technometrics* 37:60–69.
- Meyer, R. D., Steinberg, D. M., and Box, G. (1996). Follow-up Designs to Resolve Confounding in Multifactor Experiments. *Technometrics* 38:307.
- Miller, A., and Sitter, R. R. (2005). "Using Folded-Over Nonorthogonal Designs." *Technometrics* 47:502–513.
- Montgomery, D. C. (2013). *Design and Analysis of Experiments*. 8th ed. New York: John Wiley & Sons.
- Morgan, J. (2009). "Constrained Covering Arrays: Resolving Invalid Level Combination Constraints." Technical Report, Cary NC: SAS Institute Inc., also in *Supplemental Proceedings of the 20th International Symposium on Software Reliability Engineering*. Accessed May 6, 2018.
<https://www.jmp.com/content/dam/jmp/documents/en/technical-reports/ConstrainedCovArray09.pdf>.
- Morgan, J. (2014). "Computing Coverage and Diversity Metrics for Constrained Covering Arrays," Technical Report, Cary NC: SAS Institute Inc. Accessed May 6, 2018.
<https://www.jmp.com/content/dam/jmp/documents/en/technical-reports/CoverageDiversity2014.pdf>.
- Morgan, J. P., and Stallings, J. (2017). "Optimal experimental design that targets meaningful information." *WIREs Comput Stat* 2017, 9:e1393. doi: 10.1002/wics.1393.
- Myers, R. H., Montgomery, D. C., and Anderson-Cook, C. M. (2009). *Response Surface Methodology, Process and Product Optimization Using Designed Experiments*. 3rd ed. New York: John Wiley & Sons.
- Mylona, K., Goos, P., and Jones, B. (2014). "Optimal Design of Blocked and Split-plot Experiments for Fixed Effects and Variance Component Estimation." *Technometrics* 56:132–144.
- Nayeri, P., Colbourn, C., and Konjevod, G. (2013). "Randomized Postoptimization of Covering Arrays." *European Journal of Combinatorics* 34:91–103.
- Piepel, G. F. (1988). "Programs for Generating Extreme Vertices and Centroids of Linearly Constrained Experimental Regions." *Journal of Quality Technology* 20:125–139.

- Sall, J. (2008). "Choice Experimental Designs Are Different." Accessed January 22, 2016.
<https://blogs.sas.com/content/jmp/2008/12/16/choice-experimental-designs-are-different/>.
- SAS Institute Inc. (2013). "The %MktBIBD Macro." Accessed September 27, 2017.
<https://support.sas.com/rnd/app/macros/mktbibd/mktbibd.htm>.
- Schoen, E. D. (1999). "Designing Fractional Two-level Experiments with Nested Error Structures." *Journal of Applied Statistics* 26: 495–508.
- Shewry, M. C., and Wynn, H. P. (1987). "Maximum Entropy Sampling." *Journal of Applied Statistics* 14:165–170.
- Snee, R. D., and Marquardt, D. W. (1974). "Extreme Vertices Designs for Linear Mixture Models." *Technometrics* 16:391–408.
- Snee, R. D. (1975). "Experimental Designs for Quadratic Models in Constrained Mixture Spaces." *Technometrics* 17:149–159.
- Snee, R. D. (1979). "Experimental Designs for Mixture Systems with Multicomponent Constraints." *Communications in Statistics -Theory and Methods* 8:303–326.
- Snee, R. D. (1985). "Computer Aided Design of Experiments - Some Practical Experiences." *Journal of Quality Technology* 17:222–236.
- Vivacqua, C. A., and Bisgaard, S. (2004). "Strip-Block Experiments for Process Improvement and Robustness." *Quality Engineering* 16:495–500.
- Worley, B. A. (1987). *Deterministic Uncertainty Analysis*. Technical Report ORN-0628, Oak Ridge National Laboratory.
- Wu, C. F. J. (1981). "Asymptotic Theory of Nonlinear Least Squares Estimation." *Annals of Mathematical Statistics* 9:501–513.
- Wu, C. F. J., and Hamada, M. S. (2009). *Experiments: Planning, Analysis, and Optimization*. 2nd ed. New York: John Wiley & Sons.
- Xiao, L., Lin, D. K. J., and Bai, F. (2012). "Constructing Definitive Screening Designs Using Conference Matrices." *Journal of Quality Technology* 44:2–8.
- Ye, K. Q., and Hamada, M. (2000). "Critical Values of the Lenth Method for Unreplicated Factorial Designs." *Journal of Quality Technology* 32:57–66.
- Yilmaz, C., Fouche, S., Cohen, M. B., Porter, A., Demiroz, G., and Koc, U. (2014). "Moving Forward with Combinatorial Interaction Testing." *Computer* 47:37–45.
- Zahrn, A., Anderson-Cook, C. M., and Myers, R. H. (2003). "Fraction of Design Space to Assess the Prediction Capability of Response Surface Designs." *Journal of Quality Technology* 35:377–386.
- Zhang, Z., and Zhang, J. (2011). "Characterizing Failure-Causing Parameter Interactions by Adaptive Testing." In *Proceedings of the 2011 International Symposium on Software Testing and Analysis*, 331–341.

テクノロジーに関する通知

- Scintilla is Copyright © 1998–2017 by Neil Hodgson <neilh@scintilla.org>.

All Rights Reserved.

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

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

- Progress® Telerik® UI for WPF: Copyright © 2008-2019 Progress Software Corporation. All rights reserved. Usage of the included Progress® Telerik® UI for WPF outside of JMP is not permitted.
- ZLIB Compression Library is Copyright © 1995-2005, Jean-Loup Gailly and Mark Adler.
- Made with Natural Earth. Free vector and raster map data @ naturalearthdata.com.
- Packages is Copyright © 2009–2010, Stéphane Sudre (s.sudre.free.fr). All rights reserved.

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

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

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

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

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

(INCLUDING, BUT NOT LIMITED TO, PROCUREMENT OF SUBSTITUTE GOODS OR SERVICES; LOSS OF USE, DATA, OR PROFITS; OR BUSINESS INTERRUPTION) HOWEVER CAUSED AND ON ANY THEORY OF LIABILITY, WHETHER IN CONTRACT, STRICT LIABILITY, OR TORT (INCLUDING NEGLIGENCE OR OTHERWISE) ARISING IN ANY WAY OUT OF THE USE OF THIS SOFTWARE, EVEN IF ADVISED OF THE POSSIBILITY OF SUCH DAMAGE.

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

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

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

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

- This program, “bzip2”, the associated library “libbzip2”, and all documentation, are Copyright © 1996–2019 Julian R Seward. All rights reserved.

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

1. Redistributions of source code must retain the above copyright notice, this list of conditions and the following disclaimer.
2. The origin of this software must not be misrepresented; you must not claim that you wrote the original software. If you use this software in a product, an acknowledgment in the product documentation would be appreciated but is not required.
3. Altered source versions must be plainly marked as such, and must not be misrepresented as being the original software.

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

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

Julian Seward, jseward@acm.org

bzip2/libbzip2 version 1.0.8 of 13 July 2019

- R software is Copyright © 1999–2012, R Foundation for Statistical Computing.
- MATLAB software is Copyright © 1984-2012, The MathWorks, Inc. Protected by U.S. and international patents. See www.mathworks.com/patents. MATLAB and Simulink are registered trademarks of The MathWorks, Inc. See www.mathworks.com/trademarks for a list of additional trademarks. Other product or brand names may be trademarks or registered trademarks of their respective holders.
- libopc is Copyright © 2011, Florian Reuter. All rights reserved.

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

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

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

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

- libxml2 - Except where otherwise noted in the source code (e.g. the files hash.c, list.c and the trio files, which are covered by a similar license but with different Copyright notices) all the files are:

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

Permission is hereby granted, free of charge, to any person obtaining a copy of this software and associated documentation files (the “Software”), to deal in the Software without restriction, including without limitation the rights to use, copy, modify, merge, publish, distribute, sublicense, and/or sell copies of the Software, and to permit persons to whom the Software is furnished to do so, subject to the following conditions:

The above copyright notice and this permission notice shall be included in all copies or substantial portions of the Software.

THE SOFTWARE IS PROVIDED “AS IS”, WITHOUT WARRANTY OF ANY KIND, EXPRESS OR IMPLIED, INCLUDING BUT NOT LIMITED TO THE WARRANTIES OF MERCHANTABILITY, FITNESS FOR A PARTICULAR PURPOSE AND NONINFRINGEMENT. IN NO EVENT SHALL DANIEL VEILLARD BE LIABLE FOR ANY CLAIM, DAMAGES OR OTHER LIABILITY, WHETHER IN AN ACTION OF CONTRACT, TORT OR OTHERWISE, ARISING FROM, OUT OF OR IN CONNECTION WITH THE SOFTWARE OR THE USE OR OTHER DEALINGS IN THE SOFTWARE.

Except as contained in this notice, the name of Daniel Veillard shall not be used in advertising or otherwise to promote the sale, use or other dealings in this Software without prior written authorization from him.

- Regarding the decompression algorithm used for UNIX files:

Copyright © 1985, 1986, 1992, 1993

The Regents of the University of California. All rights reserved.

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

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

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

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

- Snowball is Copyright © 2001, Dr Martin Porter, Copyright © 2002, Richard Boulton. All rights reserved.

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

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

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

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

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

- Pako is Copyright © 2014–2017 by Vitaly Puzrin and Andrei Tuputcyn.

Permission is hereby granted, free of charge, to any person obtaining a copy of this software and associated documentation files (the “Software”), to deal in the Software without restriction, including without limitation the rights to use, copy, modify, merge, publish, distribute, sublicense, and/or sell copies of the Software, and to permit persons to whom the Software is furnished to do so, subject to the following conditions:

The above copyright notice and this permission notice shall be included in all copies or substantial portions of the Software.

THE SOFTWARE IS PROVIDED “AS IS”, WITHOUT WARRANTY OF ANY KIND, EXPRESS OR IMPLIED, INCLUDING BUT NOT LIMITED TO THE WARRANTIES OF MERCHANTABILITY, FITNESS FOR A PARTICULAR PURPOSE AND NONINFRINGEMENT. IN NO EVENT SHALL THE AUTHORS OR COPYRIGHT HOLDERS BE LIABLE FOR ANY CLAIM, DAMAGES OR OTHER LIABILITY, WHETHER IN AN ACTION OF CONTRACT, TORT OR OTHERWISE, ARISING FROM, OUT OF OR IN CONNECTION WITH THE SOFTWARE OR THE USE OR OTHER DEALINGS IN THE SOFTWARE.

- HDF5 (Hierarchical Data Format 5) Software Library and Utilities are Copyright 2006–2015 by The HDF Group. NCSA HDF5 (Hierarchical Data Format 5) Software Library and Utilities Copyright 1998-2006 by the Board of Trustees of the University of Illinois. All rights reserved. DISCLAIMER: THIS SOFTWARE IS PROVIDED BY THE HDF GROUP AND THE CONTRIBUTORS “AS IS” WITH NO WARRANTY OF ANY KIND, EITHER EXPRESSED OR IMPLIED. In no event shall The HDF Group or the Contributors be liable for any damages suffered by the users arising out of the use of this software, even if advised of the possibility of such damage.
- agl-aglfn technology is Copyright © 2002, 2010, 2015 by Adobe Systems Incorporated. All Rights Reserved.

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

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

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

- dmlc/xgboost is Copyright © 2019 SAS Institute.

Licensed under the Apache License, Version 2.0 (the “License”); you may not use this file except in compliance with the License. You may obtain a copy of the License at

<http://www.apache.org/licenses/LICENSE-2.0>

Unless required by applicable law or agreed to in writing, software distributed under the License is distributed on an “AS IS” BASIS, WITHOUT WARRANTIES OR CONDITIONS OF ANY KIND, either express or implied. See the License for the specific language governing permissions and limitations under the License.

- libzip is Copyright © 1999–2019 Dieter Baron and Thomas Klausner.

This file is part of libzip, a library to manipulate ZIP archives. The authors can be contacted at <libzip@nih.at>.

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

1. Redistributions of source code must retain the above copyright notice, this list of conditions and the following disclaimer.
2. Redistributions in binary form must reproduce the above copyright notice, this list of conditions and the following disclaimer in the documentation and/or other materials provided with the distribution.
3. The names of the authors may not be used to endorse or promote products derived from this software without specific prior written permission.

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

- OpenNLP 1.5.3, the pre-trained model (version 1.5 of en-parser-chunking.bin), and dmlc/xgboost Version .90 are licensed under the Apache License 2.0 are Copyright © January 2004 by Apache.org.

You may reproduce and distribute copies of the Work or Derivative Works thereof in any medium, with or without modifications, and in Source or Object form, provided that You meet the following conditions:

- You must give any other recipients of the Work or Derivative Works a copy of this License; and
 - You must cause any modified files to carry prominent notices stating that You changed the files; and
 - You must retain, in the Source form of any Derivative Works that You distribute, all copyright, patent, trademark, and attribution notices from the Source form of the Work, excluding those notices that do not pertain to any part of the Derivative Works; and
 - If the Work includes a “NOTICE” text file as part of its distribution, then any Derivative Works that You distribute must include a readable copy of the attribution notices contained within such NOTICE file, excluding those notices that do not pertain to any part of the Derivative Works, in at least one of the following places: within a NOTICE text file distributed as part of the Derivative Works; within the Source form or documentation, if provided along with the Derivative Works; or, within a display generated by the Derivative Works, if and wherever such third-party notices normally appear. The contents of the NOTICE file are for informational purposes only and do not modify the License. You may add Your own attribution notices within Derivative Works that You distribute, alongside or as an addendum to the NOTICE text from the Work, provided that such additional attribution notices cannot be construed as modifying the License.
 - You may add Your own copyright statement to Your modifications and may provide additional or different license terms and conditions for use, reproduction, or distribution of Your modifications, or for any such Derivative Works as a whole, provided Your use, reproduction, and distribution of the Work otherwise complies with the conditions stated in this License.
- LLVM is Copyright © 2003–2019 by the University of Illinois at Urbana-Champaign. Licensed under the Apache License, Version 2.0 (the “License”); you may not use this file except in compliance with the License. You may obtain a copy of the License at:
<http://www.apache.org/licenses/LICENSE-2.0>
Unless required by applicable law or agreed to in writing, software distributed under the License is distributed on an “AS IS” BASIS, WITHOUT WARRANTIES OR CONDITIONS OF ANY KIND, either express or implied. See the License for the specific language governing permissions and limitations under the License.
 - clang is Copyright © 2007–2019 by the University of Illinois at Urbana-Champaign. Licensed under the Apache License, Version 2.0 (the “License”); you may not use this file except in compliance with the License. You may obtain a copy of the License at:
<http://www.apache.org/licenses/LICENSE-2.0>
Unless required by applicable law or agreed to in writing, software distributed under the License is distributed on an “AS IS”, WITHOUT WARRANTIES OR CONDITIONS OF

ANY KIND, either express or implied. See the License for the specific language governing permissions and limitations under the License.

- lld is Copyright © 2011–2019 by the University of Illinois at Urbana-Champaign.

Licensed under the Apache License, Version 2.0 (the “License”); you may not use this file except in compliance with the License. You may obtain a copy of the License at:

<http://www.apache.org/licenses/LICENSE-2.0>

Unless required by applicable law or agreed to in writing, software distributed under the License is distributed on an “AS IS”, WITHOUT WARRANTIES OR CONDITIONS OF ANY KIND, either express or implied. See the License for the specific language governing permissions and limitations under the License.

- libcurl is Copyright © 1996–2021, Daniel Stenberg, daniel@haxx.se, and many contributors, see the THANKS file. All rights reserved.

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

THE SOFTWARE IS PROVIDED “AS IS”, WITHOUT WARRANTY OF ANY KIND, EXPRESS OR IMPLIED, INCLUDING BUT NOT LIMITED TO THE WARRANTIES OF MERCHANTABILITY, FITNESS FOR A PARTICULAR PURPOSE AND NONINFRINGEMENT OF THIRD PARTY RIGHTS. IN NO EVENT SHALL THE AUTHORS OR COPYRIGHT HOLDERS BE LIABLE FOR ANY CLAIM, DAMAGES OR OTHER LIABILITY, WHETHER IN AN ACTION OF CONTRACT, TORT OR OTHERWISE, ARISING FROM, OUT OF OR IN CONNECTION WITH THE SOFTWARE OR THE USE OR OTHER DEALINGS IN THE SOFTWARE.

Except as contained in this notice, the name of a copyright holder shall not be used in advertising or otherwise to promote the sale, use or other dealings in this Software without prior written authorization of the copyright holder.

- On the Windows operating system, JMP utilizes the OpenBLAS library. OpenBLAS is licensed under the 3-clause BSD license. Full license text follows: Copyright © 2011-2015, The OpenBLAS Project

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

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

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