MinitabエッセンシャルズⅡ - 目次

第 1 章：分散分析

- 検出力分析を使って、分散分析の検出力を調べる。
- 分散検定を使って、グループの分散を調べる。
- 一般線形モデルを使って、異なる水準で集められた標本平均を比較する。
- 2 因子以上の分散分析を実行する。
- 交互作用プロットと多重比較の解釈を行う。

第 2 章：相関と回帰

- 相関係数を使って、2 つ以上の変数間の線形関係の度合いを測る。
- 連続量の応答変数と予測変数の関係をモデル化する。

第 3 章：重相関と重回帰

- 1つ以上の予測変数で回帰分析を行う。
- 重回帰分析における多重共線性の原因と影響を理解する。

分散分析

1

分散分析

目的

- 検出力分析を使って、分散分析の検出力を調べる。
- 分散検定を使って、グループの分散を調べる。
- 一般線形モデルを使って、異なる水準で集められた標本平均を比較する。
- 2 因子以上の分散分析を実行する。
- 交互作用プロットと多重比較の解釈を行う。

この章の内容

一元配置分散分析と等分散の検定

例 2：車のシートの縫製

問題

車のシートの縫製に使う繊維の強度を測定する3 人の検査者について、測定試験を実施します。測定の平均と分散の両方を比べることで、検査者間の測定誤差の偏りを検定します。

データ収集

Kevin、Michelle、Rob が、ランダムに与えられた25 のシート繊維を測定します。測定対象の繊維は75あり、それらは全て同じ製造バッチから取得することにします。

ツール

- **[個別値プロット]**
- **[確率プロット]**
- **[等分散性検定]**
- **[一般線形モデルを適合]**
- **[比較]**

データセット

CarSeat.MTW

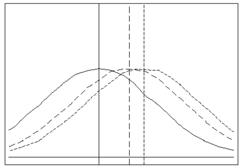
変数	説明
検査者	測定を行った品質担当者の名前
強度	強度繊維の切断強度（kg）

一元配置分散分析

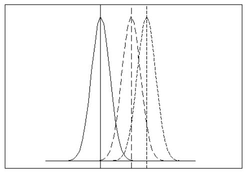
一元配置分散分析とは

一元配置分散分析（ANOVA）は、独立したサンプルのt 検定を一般化した手順です。しかし、t 検定とは違って、一元配置分散分析では3つ以上のグループ（サンプル）の平均を一度に分析することができます。

分散分析の背景となる基本ロジックは、グループ内の変動はランダムな誤差のみによるものであるということです。



もしグループ間のばらつきがグループ内のものと同程度であれば、そのグループの平均の差は、単に偶然に生じた誤差だと考える。



もしグループ間のばらつきがグループ内のばらつきに比べて大きければ、そのグループ間の差は、グループの平均が異なるからだと考える。

どのようなときに一元配置分散分析を使うのか

もし2 つ以上の固定水準を持つ1 因子に対して、連続量の応答データがあれば、一元配置分散分析（一要因分散分析とも呼ばれる）を使うことができます。

分散分析の結果を受け入れる前に、データの誤差が次を満たしていることを確認してください。

- 独立している（ランダムである）。
- 正規分布から著しく逸脱していない。
- 因子のすべての水準において分散が一定である。

なぜ一元配置分散分析を使うのか

一元配置分散分析は、次のような疑問に答えます。

- 製品特性の平均は、供給業者の間で違わないか？
- 取り扱っているグループ間に差はないか？

例えば、

- 4 つの業者から供給されたプラスチックサンプルの平均強度に違いはないか？
- 燃料の添加剤A、添加剤B、あるいは添加剤なしで、燃焼効率に差はないか？

一元配置分散分析： 検査者間の違い

[一般線形モデルを適合]を使って、3 人の検査者間の平均強度測定値の比較をします。仮説は、次のようになります。

H_0: すべての検査者の平均は等しい（偏りなし）。

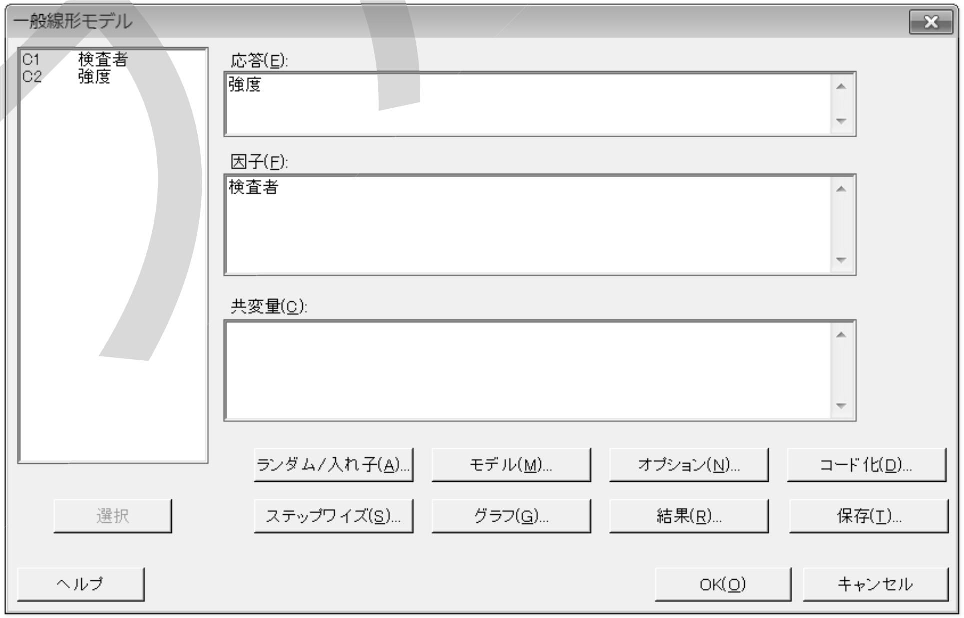
H_1: すべての検査者の平均が等しいとはいえない（偏りあり）。

代替案

下記の方法で、同じ分析を行うことができます。**[統計]** > **[分散分析]** > **[一元配置]**、もしくは、**[統計]** > **[分散分析]** > **[バランス型分散分析]**。

一般線形モデル

1. **[統計]** > **[分散分析]** > **[一般線形モデル]** > **[一般線形モデルを適合]**を選択します。
2. ダイアログボックスを次のように設定します。



3. **[OK]**をクリックします。

結果の解釈

分散分析

分散分析表の最初の行の数値は、因子である検査者に関する統計量が示されています。次の行は、ランダム誤差（誤差）に関する統計量です。

自由度

自由度は、各要因の平方和の計算に使用される値の数です。

平方和

平方和は、各変動源の変動量がデータに寄与する大きさを表します。データの合計変動量（調整平方和の合計, 68.516）は、検査者者の調整平方和（6.621）と誤差の調整平方和（61.895）の足し算となります。

平均平方

各要因の調整平均平方は、調整平方和を自由度で割ったものです。

- 因子（検査者）の調整平均平方は、グループ間のばらつきの推定値
- 誤差の調整平均平方は、グループ内のばらつきの推定値

方法

因子のコード化　(-1, 0, +1)

因子情報

因子	タイプ	水準	値
検査者	固定	3	Kevin, Michelle, Rob

分散分析

要因	自由度	調整平方和	調整平均平方	F値	p値
検査者	2	6.621	3.3104	3.85	0.026
誤差	72	61.895	0.8597		
合計	74	68.516			

モデル要約

S	R二乗	R二乗 (調整済み)	R二乗 (予測)
0.927178	9.66%	7.15%	1.98%

結果の解釈

F 統計量

F値は、因子によるばらつきと誤差によるばらつきの比です。

$$F = \frac{調整平均平方(検査者)}{調整平均平方(誤差)}$$

- もし因子の各水準の平均間の差が、誤差のばらつきと同程度であれば、F値は1に近くなります。
- もし因子の各水準の平均間の差が、誤差のばらつきより大きければ、F値は1より大きくなります。

F値は3.85です。これは、検査者間の平均に差がある証拠となります。しかし、結果の解釈はp値を用いるべきです。

方法

因子のコード化 (-1, 0, +1)

因子情報

因子	タイプ	水準	値
検査者	固定	3	Kevin, Michelle, Rob

分散分析

要因	自由度	調整平方和	調整平均平方	F値	p値
検査者	2	6.621	3.3104	3.85	0.026
誤差	72	61.895	0.8597		
合計	74	68.516			

モデル要約

S	R二乗	R二乗 (調整済み)	R二乗 (予測)
0.927178	9.66%	7.15%	1.98%

結果の解釈

p値

p値は、因子が何の効果も持っていないとしたときに、F値がそれ以上に大きくなる確率です。F値が大きいと、因子の各水準の平均間には、自然に（偶然に）生じる以上の差が存在します。

次の仮説を検定するのにp値を使います。

H_0: 因子の各水準の平均はすべて同じである。

H_1: 少なくとも2 つの水準の平均に差がある。

p値が0.026 なので、$\alpha = 0.05$ 水準で、少なくとも2 人の検査者の強度の測定値の平均に違いがあります。

方法

因子のコード化　(-1, 0, +1)

因子情報

因子	タイプ	水準	値
検査者	固定	3	Kevin, Michelle, Rob

分散分析

要因	自由度	調整平方和	調整平均平方	F値	p値
検査者	2	6.621	3.3104	3.85	0.026
誤差	72	61.895	0.8597		
合計	74	68.516			

モデル要約

S	R二乗	R二乗 (調整済み)	R二乗 (予測)
0.927178	9.66%	7.15%	1.98%

結果の解釈

R^2 (R二乗)

R^2は、モデルにより説明される応答の変動の割合です。この場合、検査者は強度の変動の9.66%を説明しています。

受け入れることのできるR^2の値は、分析内容によって変わります。例えば、化学反応を研究している技術者は、R^2に90%以上を求めるかもしれません。一方、ばらつきが大きい人間の行動を研究している社会学者は、はるかに低いR^2の値で満足するかもしれません。

調整済み R^2 （R 二乗（調整済））

調整済みR^2 は、、モデルに含まれる項の数で調整されていて、項の数の異なるモデルを比較する際に重要です。

異常な観測値

Minitab では、残差が0 から2 標準偏差以上離れている観測値は異常値としています。これらの点については、さらに調査する必要があります。

注　正規分布を仮定しても、約5% の観測値が2標準偏差の外に表示されます。サンプルサイズ75 で、約4 個の異常値が表示されることになります。

次の作業

残差プロットを表示します。

モデル要約

S	R二乗	R二乗 (調整済み)	R二乗 (予測)
0.927178	9.66%	7.15%	1.98%

係数

項	係数	係数の標準誤差	t値	p値	VIF
定数	10.132	0.107	94.63	0.000	
検査者					
Kevin	-0.403	0.151	-2.66	0.010	1.33
Michelle	0.098	0.151	0.65	0.518	1.33

回帰式

強度　=　10.132 - 0.403 検査者_Kevin + 0.098 検査者_Michelle + 0.305 検査者_Rob

異常な観測値の適合値と診断

観測値	強度	適合値	残差	標準化残差	
6	12.640	10.230	2.410	2.65	R
60	12.540	10.436	2.104	2.32	R
64	12.520	10.436	2.084	2.29	R
75	8.530	10.436	-1.906	-2.10	R

R 大きな残差

残差プロットの作成

結果が正しいことを確認するために、誤差に関するすべての仮定が満たされているか調べます。

1 ページの4 つのパネルに、4 種類の残差プロットを表示するために一覧表示を選択します。

残差

次から選択します。

- 通常—通常データと同じ単位で表示された観測値と予測値の差
- 標準化—通常の残差を標準偏差のスケールに変換した残差
- 削除—i番目の観測値の残差を計算する際、まず、そのi番目の観測値をデータから抜いて平均を計算し、実際のi番目の観測値との差を計算する。これをサンプルの分だけ行い、最後に、それらの差を標準偏差で割って計算される残差。

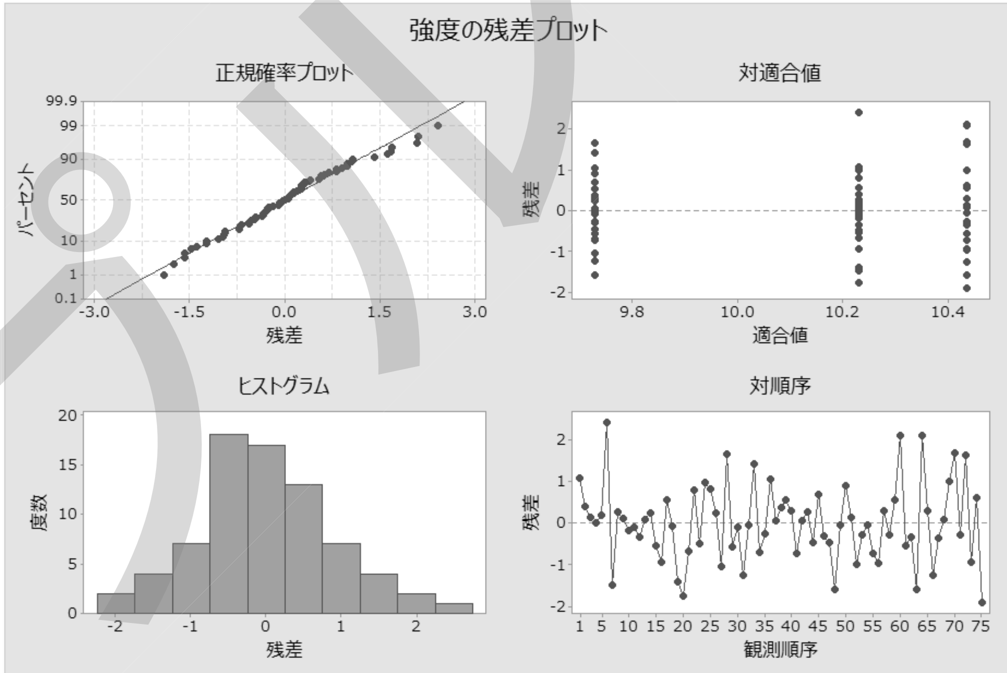
一般線形モデル

1. **[統計]** > **[分散分析]** > **[一般線形モデル]** > **[一般線形モデルを適合]**を選択、もしくは、**[Ctrl+E]**を押します。
2. **[グラフ]**をクリックします。
3. **[残差プロット]**で、**[一覧表示]**を選択します。
4. 各ダイアログボックスで**[OK]**をクリックします。

結果の解釈

一覧表示残差プロット

- **[正規確率プロット]** – 残差は、正規確率プロット上で概ね直線に従っているので、正規母集団からのものと考えられます。
- **[ヒストグラム]** – 残差の正規性についての判定には、正規確率プロットを使います。しかし、サンプルサイズが十分に大きいときは、ヒストグラムでも、正規確率プロットと同じ判定を行うことができます。
- **[対適合値]** – 残差は、ゼロの周辺でランダムに散布しており、すべての適合値についてほぼ一定の散らばりを見せています。残差の分散が一定という仮定については問題ないでしょう。
- **[対順序]** – 対順序の残差プロットには、特定のパターンは見られません。つまり、残差は時間に依存していないと考えられます。



次の作業

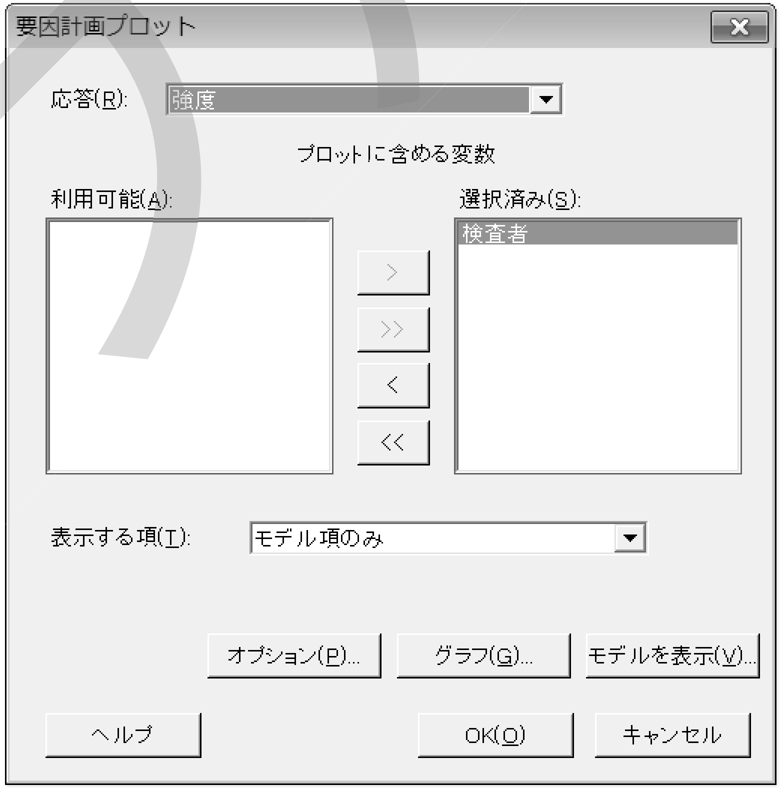
主効果プロットを作成します。

主効果プロットの作成

分散分析によって、グループ平均間に有意な差が検出された場合には、主効果プロットを使って各グループの平均を表示します。

要因計画プロット

1. **[統計]** > **[分散分析]** > **[一般線形モデル]** > **[要因計画プロット]** を選択します。
2. ダイアログボックスを以下のように設定します。



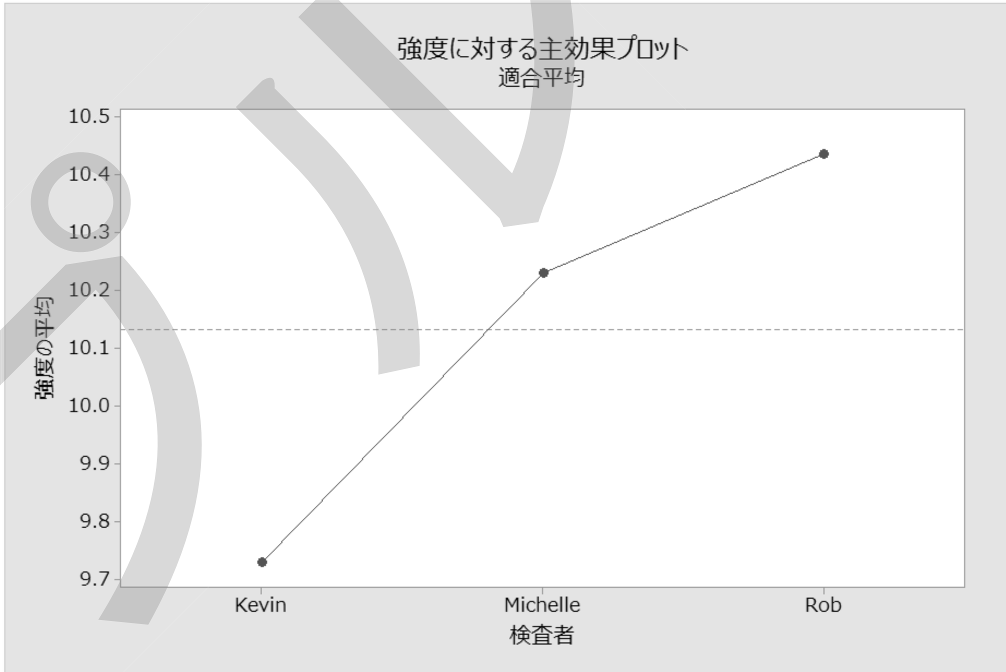
3. **[OK]**をクリックします。

結果の解釈

主効果プロット

Kevinの測定値の平均が、MichelleとRobに比べてはるかに低いことから、検査者間には測定の違いがあると考えられます。また、各検査者の測定値と真の測定値の間の差（偏り）も考慮する必要があるでしょう。この分析では、真の測定値がわかっていないので、後者のような差は調べることはできません。

主効果プロットは、各グループ内にどのくらいのばらつきがあるかは表示しないので、このグラフから平均の間に統計的に有意な差があるかどうかを判断することはできません。分散分析で、有意な差が示されなかったときは、主効果プロットの解釈に気を付けてください。



ペアワイズ比較（多重比較）

ペアワイズ比較を使って、重要な因子の水準間の差の検定を行います。分散分析の結果は、少なくとも2つの水準が互いに異なることしか示しません。ペアワイズ比較を使って、すべての因子の水準を比較して、どの水準が他と有意に異なるか判断します。

今回の例では、先の分散分析の結果から、タイヤの間に有意な差があると結論できます。しかし、主効果プロットの結果からは、個々の平均が互いに異なっているかどうかは分かりません。

ペアワイズ比較を使って、個々の担当者の平均値が互いに異なっているかどうかを確かめます。

一般線形モデル

1. **[統計]** > **[分散分析]** > **[一般線形モデル]** > **[比較]**を選択します。
2. **[比較の項を選択]**で、**[検査者]**を選択し**[C = この項目の比較水準]**をクリックします。
3. **[グラフ]**をクリックします。
4. **[平均の差に対する区間プロット]**にチェックを付けます。
5. **[OK]**をクリックします

結果の解釈

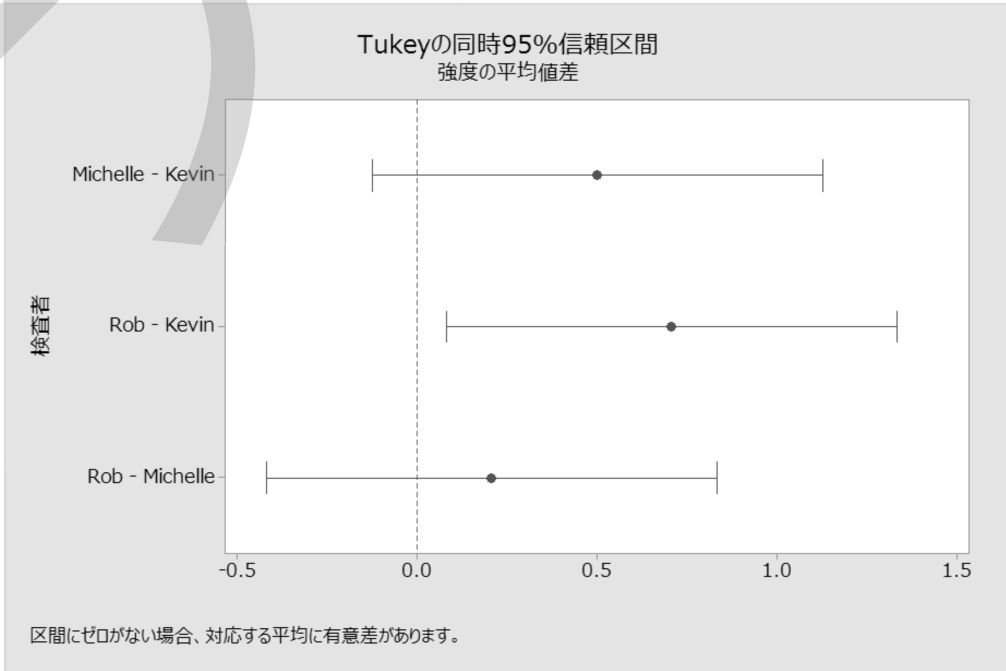
グループ化情報の表では、因子の各水準の平均が高い方から順に並びます。この要約形式の表は、多重比較検定に基づき、平均のグループが有意に異なるかどうかを示しています。RobとKevinのように文字を共有していないグループには、有意な差があります。一方で、MichelleとKevinのように文字を共有しているグループには、有意な差はありません。

グラフは、検査者のペアごとの平均強度の差の信頼区間を表示します。もし、この区間がゼロを含んでいない場合、対応する平均には有意な差があります。グループ化情報を含めて考えると、有意な差がある検査者のペアは、RobとKevinだけであることが分かります。

Tukey法と95%信頼水準を使用したグループ化情報

検査者	N	平均	グループ化	
Rob	25	10.4364	A	
Michelle	25	10.2300	A	B
Kevin	25	9.7288		B

文字を共有しない平均は、有意差があります。



考察

まとめと結論

- 分析では、車のシート縫製用の繊維強度測定において、測定のばらつきが検査者によって異なっていることは示されていません。
- 分析では、測定の平均値において、少なくとも2 人の検査者（Rob とKevin ）の間で異なるという証拠が示されています。
- この分析からは、どの検査者が正しい測定を行っているのかはわかりません。検査者間で測定に違いがあることのみがわかります。

追加の考察

- この例では、ランダム化が大変重要です。ランダム化なしでは、1人の検査者が、他の検査者に比べて強い（もしくは、弱い）繊維だけを測定対象とする可能性があります。この場合、部品間のばらつきを、誤って検査者間のばらつきと判断してしまうことになります。
- この分析は、破壊試験によるゲージ再現性の分析になります。**[統計]** > **[品質ツール]** > **[ゲージの分析]**の分析では、繰り返し性の成分も要求されますが、この分析ではそれは興味の対象ではありません。従って、そのための測定は行っていません。
- 3人の検査者を分散分析で比較することは、一度に2人の検査者を2サンプルt検定で比較するより適切です。検定を繰り返すと、第1種の過誤（誤ってH_0を棄却すること）を犯す危険性を増加させてしまいます。
- 測定システムの調査には、多くの統計手法が用意されています。ゲージR&Rが、測定システムの統計的な調査において常に適切で、効率的であるとは限りません。