



5 2 因子実験

5.3 2 因子実験（質的因子×量的因子）

テキスト

芳賀敏郎（2014）医薬品開発のための統計解析

第2部 実験計画法 改訂版、サイエンティスト社、p.294



第2部 実験計画法

- 1 因子実験 質的因子
 - 1.1 繰り返し数が等しい場合、1.2 繰り返し数が異なる場合
 - 1.3 多重比較、1.4 ばらつきを特性値とする実験
 - 1.5 ノンパラメトリック検定
- 量的因子
 - 2.1 直線関係の場合、2.2 非直線関係の場合
 - 2.3 ダミー変数による質的因子の効果の推定
- 乱塊法 3.1 質的因子の乱塊法、3.2 量的因子の乱塊法、3.3 欠測値のある場合
- 共分散分析 4.1 共分散分析の目的、4.2 解析手順、4.3 医薬品開発における共分散分析の例
- 2 因子実験 5.1 2 因子実験の基礎、5.2 質的因子×質的因子、5.3 質的因子×量的因子**
 - 5.4 質的因子×量的因子（変形）、5.5 量的因子×量的因子
- 多因子実験 6.1 多因子実験の基礎、6.2 スクリーニング計画、6.3 応答曲面計画
- 変量モデルほか . . . 7.1 1 因子実験、7.2 枝分れ実験、7.3 乱塊法の拡張、7.4 経時データ、7.5 交差試験

5.1 2 因子実験の基礎

p.183

- (1) 質的因子の水準ごとの解析
- (2) 傾きを共通とするモデルのあてはめ
- (3) あてはまりの良さの確認
- (4) 平方和の分解と分散分析表
- (5) 傾きの違うモデルのあてはめ
- (6) JMP による解析 (主効果のみ)
- (7) JMP による解析 (交互作用を含む)
- (8) Excel による解析 (交互作用を含む)

使用するファイル

Excel ファイル: 「DE改5-2 因子.xlsx」

JMP ファイル: 「5-2因子1.jmp」

JMP 10.0.2 の出力を表示

テキストの
該当ページ

★プレゼンテーションの
スピーカーノートを、
PDF の注釈に変換してあります



(1) 質的因子の水準ごとの解析

質的因子×量的因子の事例
質的因子ごとに分けて、単回帰分析
(量的因子の1因子実験として)

●Excelファイルの読み込みと表示

Excel ファイル「DE改5-2因子.xls」、名前ボックスから「表示5.3.1」 (Fig53_01) を選択

●実験の目的

薬剤の投与量と薬効との関係を
雄と雌のマウスを使って解析

●実験方法

材料：雌のマウス16匹、雄のマウス16匹、計32匹

方法：薬剤の投与量を0、1、2、3の4水準として

雌雄のマウスそれぞれ4匹ずつにランダムに投与

効果を評価するための観測値を得た

●実験データ

質的因子×量的因子の2因子実験データ

前節では薬剤
 A_0, A_1, A_2, A_3

表示 5.3.1 (表示5.2.1 の形に改変)
データ

	0	1	2	3
B1	11.0	11.3	11.8	11.5
(雄)	10.7	11.3	12.2	12.0
	11.4	10.9	12.1	12.4
	10.9	11.2	10.8	11.0
B2	10.2	10.9	10.5	10.9
(雌)	10.8	11.3	10.8	10.5
	10.5	10.3	10.8	11.3
	10.2	10.4	11.1	11.6

同じ水準組合せで
実験した4匹の観測値

●解析用データ

解析するためにデータを縦に展開
 ダミー変数「雌」を設定
 (雄=0、雌=1)

- 質的変数
- ダミー変数
- 投与量
- 観測値

表示 5.3.1 解析用データ表 (一部、横に分割)

雌雄	雌	x	y	雌雄	雌	x	y
雄	0	0	11.0	雌	1	0	10.2
雄	0	0	10.7	雌	1	0	10.8
雄	0	0	11.4	雌	1	0	10.5
雄	0	0	10.9	雌	1	0	10.2
雄	0	1	11.3	雌	1	1	10.9
雄	0	1	11.3	雌	1	1	11.3
雄	0	1	10.9	雌	1	1	10.3
雄	0	1	11.2	雌	1	1	10.4
雄	0	2	11.8	雌	1	2	10.5
雄	0	2	12.2	雌	1	2	10.8
雄	0	2	12.1	雌	1	2	10.8
雄	0	2	10.8	雌	1	2	11.1
雄	0	3	11.5	雌	1	3	10.9
雄	0	3	12.0	雌	1	3	10.5
雄	0	3	12.4	雌	1	3	11.3
雄	0	3	11.0	雌	1	3	11.6

x_{ij}

y_{ijk}

$i = 0,1,2,3$ 投与量の水準
 $j = 1,2$ 雌雄
 $k = 1,2,3,4$ 繰り返し番号

表示 5.3.1 (表示5.2.1 の形に改変)
 データ

	0	1	2	3
B1 (雄)	11.0 10.7 11.4 10.9	11.3 11.3 10.9 11.2	11.8 12.2 12.1 10.8	11.5 12.0 12.4 11.0
B2 (雌)	10.2 10.8 10.5 10.2	10.9 11.3 10.3 10.4	10.5 10.8 10.8 11.1	10.9 10.5 11.3 11.6

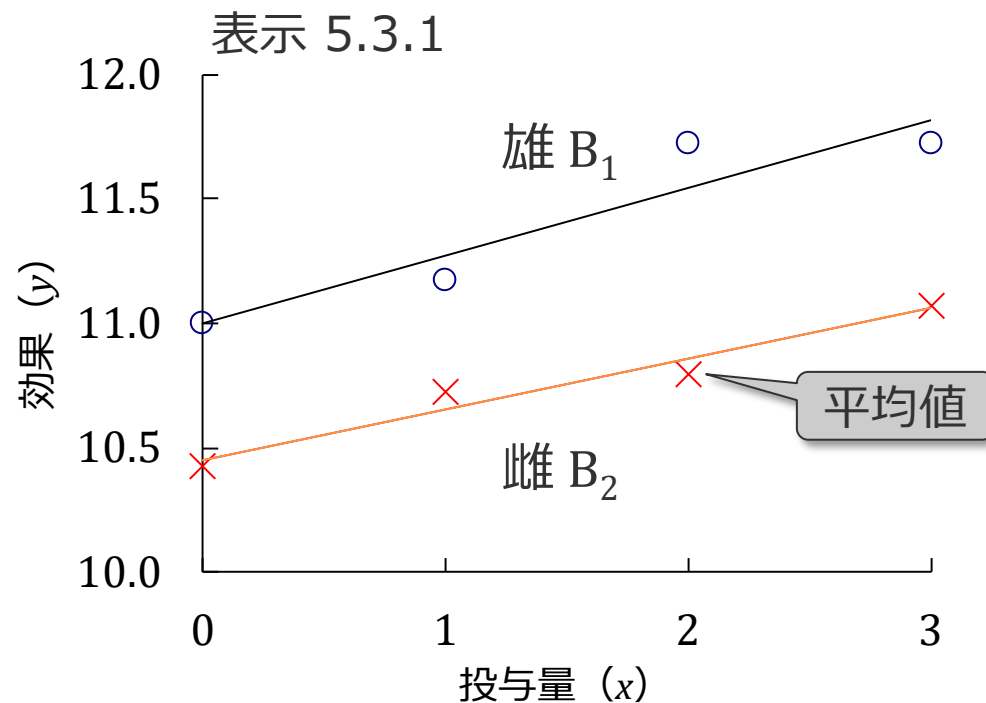
質的因子の水準ごとの解析

●Excel による層別散布図と回帰直線

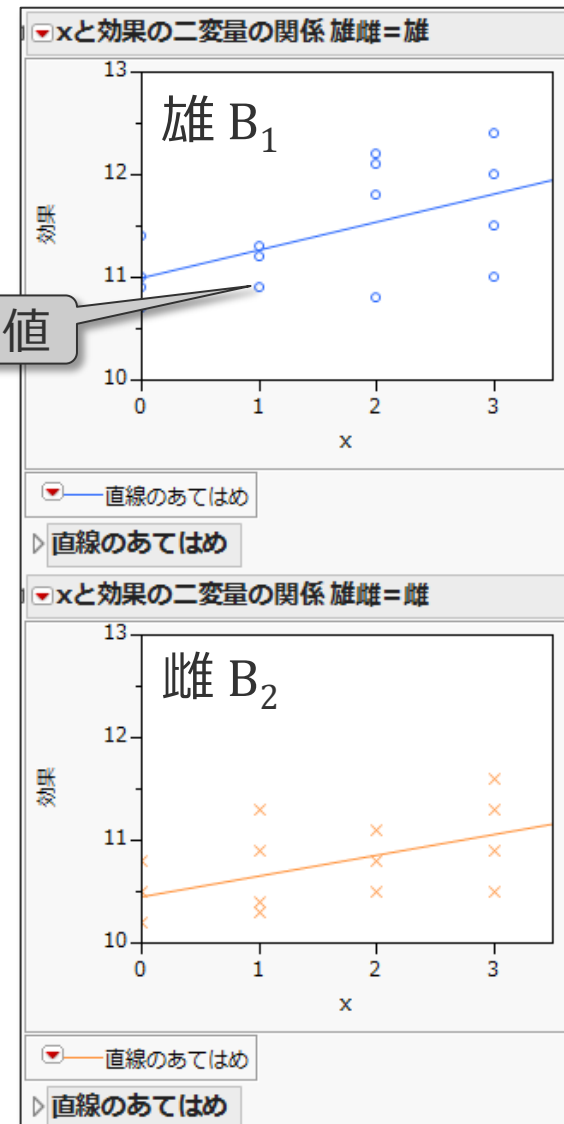
層別散布図 (雄 B1, 雌 B2) (第1部 [§4.3](#) 参照)

直線のあてはめ

効果の数值は雄が雌よりも高い傾向、傾きは雌雄でほぼ同じ



観測値



●LINEST 関数による雌雄別々の回帰分析

雌雄別々に 表示 5.3.1

LINEST 関数で回帰分析
(1 因子実験とみなす)

空いているセルの所で
5 行 2 列を範囲指定

=LINEST(y の範囲,
x の範囲, , TRUE)

Shift、Ctrl、Enter の 3 つの
キーを同時に押して実行

([§2.3](#)、第 1 部 [§4.3](#))

[ブログ](#) 「Excelのスピル」参照

雌雄	雌	x	y
雄	0	0	11.0
雄	0	0	10.7
雄	0	0	11.4
雄	0	0	10.9
雄	0	1	11.3
雄	0	1	11.3
雄	0	1	10.9
雄	0	1	11.2
雄	0	2	11.8
雄	0	2	12.2
雄	0	2	12.1
雄	0	2	10.8
雄	0	3	11.5
雄	0	3	12.0
雄	0	3	12.4
雄	0	3	11.0

雌雄	雌	x	y
雌	1	0	10.2
雌	1	0	10.8
雌	1	0	10.5
雌	1	0	10.2
雌	1	1	10.9
雌	1	1	11.3
雌	1	1	10.3
雌	1	1	10.4
雌	1	2	10.5
雌	1	2	10.8
雌	1	2	10.8
雌	1	2	11.1
雌	1	3	10.9
雌	1	3	10.5
雌	1	3	11.3
雌	1	3	11.6



表示 5.3.1 (表示5.2.1 の形に改変)

データ

	0	1	2	3
B1	11.0	11.3	11.8	11.5
(雄)	10.7	11.3	12.2	12.0
	11.4	10.9	12.1	12.4
	10.9	11.2	10.8	11.0
B2	10.2	10.9	10.5	10.9
(雌)	10.8	11.3	10.8	10.5
	10.5	10.3	10.8	11.3
	10.2	10.4	11.1	11.6

●LINEST 関数による雌雄別々の回帰分析

表示 5.3.1

	B ₁ : 雄		
	x	const	
回帰係数	0.273	10.998	切片
その標準誤差	0.102	0.191	その標準誤差
寄与率	0.338	0.455	標準偏差
F 比	7.159	14	残差自由度
回帰平方和	1.485	2.904	残差平方和
t 値	2.676		
p 値	0.018		

	B ₂ : 雌		
	x	const	
回帰係数	0.203	10.453	切片
その標準誤差	0.080	0.150	その標準誤差
寄与率	0.313	0.358	標準偏差
F 比	6.381	14	残差自由度
回帰平方和	0.820	1.799	残差平方和
t 値	2.526		
p 値	0.024		

雌雄別々に解析して、傾きの異なる 2 本の回帰直線をあてはめた

雌雄の回帰平方和の和 : $1.485 + 0.820 = 2.305$

雌雄の残差平方和の和 : $2.904 + 1.799 = 4.703$

5 行 2 列に出力
出力の周囲のコメントは
過去に用いた部分から
コピー (§2.2、第 1 部 §4.3)

●LINEST 関数による雌雄別々の回帰分析

計算方法を確認

表示 5.3.1

B ₁ : 雄				B ₂ : 雌			
	x	const	切片		x	const	切片
回帰係数	0.273	10.998	切片	回帰係数	0.203	10.453	切片
その標準誤差	0.102	0.191	その標準誤差	その標準誤差	0.080	0.150	その標準誤差
寄与率	0.338	0.455	標準偏差	寄与率	0.313	0.358	標準偏差
F 比	7.159	14	残差自由度	F 比	6.381	14	残差自由度
回帰平方和	1.485	2.904	残差平方和	回帰平方和	0.820	1.799	残差平方和
t 値	2.676			t 値	2.526		
p 値	0.018			p 値	0.024		

雌雄別々に解析して、傾きの異なる 2 本の回帰直線をあてはめた

$$\hat{y} = \begin{pmatrix} b_{01} \\ b_{02} \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} b_{11} \\ b_{12} \end{pmatrix} x = \begin{pmatrix} 10.998 \\ 10.453 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 0.273 \\ 0.203 \end{pmatrix} x, \quad \begin{matrix} (B_1: \text{雄}) \\ (B_2: \text{雌}) \end{matrix} \quad (5.3.1)$$

切片：投与量 $x=0$ での効果 y

傾き：投与量 1 単位あたりの y の増加量 = 効果の強さ

質的因子の水準ごとの解析 (補足)

●雄 ($j=1$) の平方和の算出

量的因子 x_{i1} を質的因子と見なした場合

観測値 $y_{ijk} = y_{i1k}$ 平均値 $\bar{y}_{i1\cdot}$

$$\begin{aligned}
 S_A &= \sum_{i=0}^3 \sum_{k=1}^4 (\bar{y}_{i1\cdot} - \bar{y}_{\cdot 1\cdot})^2 \\
 &= 4 \times \sum_{i=0}^3 (\bar{y}_{i1\cdot} - \bar{y}_{\cdot 1\cdot})^2 \\
 &= 4 \times 0.422 \\
 &= 1.687
 \end{aligned}$$

(§1.1 の復習)

$\bar{y}_{i1\cdot}$: k について平均、 $\bar{y}_{01\cdot} = 11.000$

$\bar{y}_{\cdot 1\cdot}$: i と k について平均した雄の値、11.406

表示 2.1.3 平方和の分解 (改変)

4 個の観測値の平均
 $\bar{y}_{01\cdot} = 11.000$

x_{i1}	$\bar{y}_{i1\cdot}$	$\bar{y}_{i1\cdot} - \bar{y}_{\cdot 1\cdot}$	\hat{y}_{i1}	$\hat{y}_{i1} - \bar{y}_{\cdot 1\cdot}$	$\bar{y}_{i1\cdot} - \hat{y}_{i1}$
0	11.000	-0.406	10.998	-0.409	0.002
1	11.175	-0.231	11.270	-0.136	-0.095
2	11.725	0.319	11.543	0.136	0.183
3	11.725	0.319	11.815	0.409	-0.090
平均	11.406	0.000	11.406	0.000	0.000
2 乗和		0.422		0.371	0.050
4 × 2 乗和		1.687		1.485	0.202
		S_A		S_R	S_{LOF}

$i = 0, 1, 2, 3$

$\bar{y}_{\cdot 1\cdot}$ 雄での総平均

残差 $y_{i1k} - \hat{y}_{i1}$

x	1	2	3	4
0	0.002	-0.298	0.403	-0.098
1	0.030	0.030	-0.370	-0.070
2	0.258	0.657	0.557	-0.743
3	-0.315	0.185	0.585	-0.815
			2 乗和	2.90425

質的因子の水準ごとの解析 (補足)

●雄 ($j=1$) の平方和の算出

量的因子 x_{i1} を質的因子と見なした場合

観測値 $y_{ijk} = y_{i1k}$ 平均値 $\bar{y}_{i1\cdot}$

$$\begin{aligned}
 S_A &= \sum_{i=0}^3 \sum_{k=1}^4 (\bar{y}_{i1\cdot} - \bar{y}_{\cdot 1\cdot})^2 \\
 &= 4 \times \sum_{i=0}^3 (\bar{y}_{i1\cdot} - \bar{y}_{\cdot 1\cdot})^2 \\
 &= 4 \times 0.422 \\
 &= 1.687
 \end{aligned}$$

(§1.1 の復習)

$\bar{y}_{i1\cdot}$: k について平均、 $\bar{y}_{01\cdot} = 11.000$

$\bar{y}_{\cdot 1\cdot}$: i と k について平均した雄の値、11.406

表示 2.1.3 平方和の分解 (改変)

4 個の観測値の平均
 $\bar{y}_{01\cdot} = 11.000$

x_{i1}	$\bar{y}_{i1\cdot}$	$\bar{y}_{i1\cdot} - \bar{y}_{\cdot 1\cdot}$	\hat{y}_{i1}	$\hat{y}_{i1} - \bar{y}_{\cdot 1\cdot}$	$\bar{y}_{i1\cdot} - \hat{y}_{i1}$
0	11.000	-0.406	10.998	-0.409	0.002
1	11.175	-0.231	11.270	-0.136	-0.095
2	11.725	0.319	11.543	0.136	0.183
3	11.725	0.319	11.815	0.409	-0.090
平均	11.406	0.000	11.406	0.000	0.000
2 乗和		0.422		0.371	0.050
4 × 2 乗和		1.687		1.485	0.202
		S_A		S_R	S_{LOF}

$i = 0, 1, 2, 3$

$\bar{y}_{\cdot 1\cdot}$ 雄での総平均

残差 $y_{i1k} - \hat{y}_{i1}$				
x	1	2	3	4
0	0.002	-0.298	0.403	-0.098
1	0.030	0.030	-0.370	-0.070
2	0.258	0.657	0.557	-0.743
3	-0.315	0.185	0.585	-0.815
			2 乗和	2.90425

質的因子の水準ごとの解析 (補足)

●雄 ($j=1$) の平方和の算出

量的因子 (x_{i1}) として解析した場合

観測値 $y_{ijk} = y_{i1k}$ 平均値 \bar{y}_{i1} 予測値 \hat{y}_{i1}

$$\hat{y}_{i1} = b_{01} + b_{11}x_{i1} = 10.998 + 0.273x_{i1}$$

$$\hat{y}_{01} = 10.998 + 0.273 \times 0 = 10.998$$

$$\hat{y}_{01} - \bar{y}_{\cdot 1} = 10.998 - 11.406 = -0.409$$

$$S_R = \sum_{i=0}^3 \sum_{k=1}^4 (\hat{y}_{i1} - \bar{y}_{\cdot 1})^2$$

$$= 4 \times \sum_{i=0}^3 (\hat{y}_{i1} - \bar{y}_{\cdot 1})^2 = 1.485$$

$$S_e = \sum_{i=0}^3 \sum_{k=1}^4 (y_{i1k} - \hat{y}_{i1})^2 = 2.904$$

(§2.1 参照)

$$\hat{y}_{i1} = 10.998 + 0.273x_{i1}$$

表示 2.1.3 平方和の分解 (改変)

x_{i1}	\bar{y}_{i1}	$\bar{y}_{i1} - \bar{y}_{\cdot 1}$	\hat{y}_{i1}	$\hat{y}_{i1} - \bar{y}_{\cdot 1}$	$\bar{y}_{i1} - \hat{y}_{i1}$
0	11.000	-0.406	10.998	-0.409	0.002
1	11.175	-0.231	11.270	-0.136	-0.095
2	11.725	0.319	11.543	0.136	0.183
3	11.725	0.319	11.815	0.409	-0.090
平均	11.406	0.000	11.406	0.000	0.000
2 乗和		0.422		0.371	0.050
4×2 乗和		1.687		1.485	0.202
		S_A		S_R	S_{LOF}

$\bar{y}_{\cdot 1}$ 雄での総平均

残差 $y_{i1k} - \hat{y}_{i1}$

x	1	2	3	4
0	0.002	-0.298	0.403	-0.098
1	0.030	0.030	-0.370	-0.070
2	0.258	0.657	0.557	-0.743
3	-0.315	0.185	0.585	-0.815
			2 乗和	2.90425

S_e

質的因子の水準ごとの解析 (補足)

●雄 ($j=1$) の回帰係数と切片の算出

量的因子 (x_{i1}) として解析した場合

観測値 $y_{ijk} = y_{i1k}$ 平均値 \bar{y}_{i1} 予測値 \hat{y}_{i1} 説明変数 x_{i1}

$$\hat{y}_{i1} = b_{01} + b_{11}x_{i1} = 10.998 + 0.273x_{i1}$$

$$b_{11} = \frac{S_{xy}}{S_{xx}}$$

積和
平方和

$$= \frac{\sum_{i=0}^3 \sum_{k=1}^4 (x_{i1} - \bar{x}_{.1})(y_{i1k} - \bar{y}_{.1})}{\sum_{i=0}^3 \sum_{k=1}^4 (x_{i1} - \bar{x}_{.1})^2}$$

$$= 5.45/20.0$$

$$= 0.273$$

$$b_{01} = \bar{y}_{.1} - b_{11} \times \bar{x}_{.1}$$

$$= 11.406 - 0.273 \times 1.5 = 10.997 \quad (\text{第1部}\a href="#">\S 4.3 参照)$$

平方和と積和 (第1部 [\S 4.2](#) 参照)

雌雄	x_{i1}	y_{i1k}	$(x_{i1} - \bar{x}_{.1})^2$	$(x_{i1} - \bar{x}_{.1})(y_{i1k} - \bar{y}_{.1})$
雄	0	11.0	2.25	0.61
雄	0	10.7	2.25	1.06
雄	0	11.4	2.25	0.01
雄	0	10.9	2.25	0.76
雄	1	11.3	0.25	0.05
雄	1	11.3	0.25	0.05
雄	1	10.9	0.25	0.25
雄	1	11.2	0.25	0.10
雄	2	11.8	0.25	0.20
雄	2	12.2	0.25	0.40
雄	2	12.1	0.25	0.35
雄	2	10.8	0.25	-0.30
雄	3	11.5	2.25	0.14
雄	3	12.0	2.25	0.89
雄	3	12.4	2.25	1.49
雄	3	11.0	2.25	-0.61
合計	1.5	11.406	20.00	5.45
	$\bar{x}_{.1}$	$\bar{y}_{.1}$	S_{xx}	S_{xy}

●LINEST 関数による雌雄別々の回帰分析

Excel の LINEST 関数で回帰分析		B ₁ : 雄		B ₂ : 雌	
		x	const	x	const
表示 5.3.1	回帰係数	0.273	10.998	0.203	10.453
	その標準誤差	0.102	0.191	0.080	0.150
	寄与率	0.338	0.455	0.313	0.358
	F 比	7.159	14	6.381	14
	回帰平方和	1.485	2.904	0.820	1.799
	t 値	2.676		2.526	
	p 値	0.018		0.024	

雌雄別々に解析して、傾きの異なる 2 本の回帰直線をあてはめた

$$\hat{y} = \begin{pmatrix} b_{01} \\ b_{02} \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} b_{11} \\ b_{12} \end{pmatrix} x = \begin{pmatrix} 10.998 \\ 10.453 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 0.273 \\ 0.203 \end{pmatrix} x, \quad \begin{pmatrix} B_1: \text{雄} \\ B_2: \text{雌} \end{pmatrix} \quad (5.3.1)$$

雌雄で傾きが近い→傾きを共通とするモデルのあてはめ

雌雄で薬効が違うのか



(2) 傾きを共通とするモデルのあてはめ

質的因子×量的因子の解析

Excel の LINEST 関数を利用

(傾きを共通とする = 交互作用を考慮しない)

傾きを共通とするモデルのあてはめ

p.184

●傾きを共通とするモデル

平行な直線のあてはめ

共分散分析 (§4)

会社A₁、A₂、A₃ による直線の上下の差を表わすため、
A₁ 社を基準として、A₂ 社、A₃ 社の違いを表すダミー変数を
導入 (ダミー変数名「A₂」「A₃」)

目的は会社の差、会社は制御因子、年齢は補助因子
(1 因子実験)

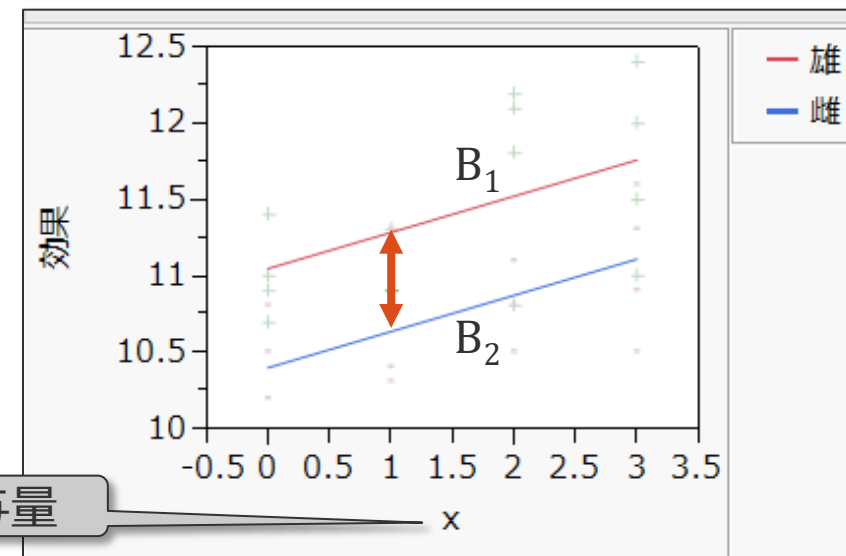
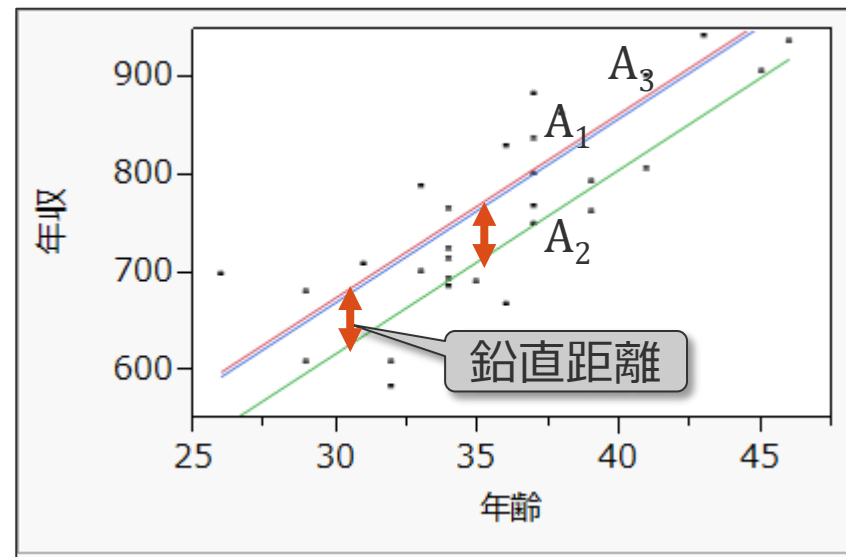
2 因子実験 (本節)

雄を基準として

雌がどれだけ違うか「差」を表わすダミー変数「雌」を導入

目的は雌雄の差、投与量の効果

雌雄と投与量が制御因子 (2 因子実験)



●傾きを共通とするモデル

式 (5.3.1) の変形

$$\hat{y} = \begin{pmatrix} b_{01} \\ b_{02} \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} b_{11} \\ b_{12} \end{pmatrix} x \quad (5.3.1)$$

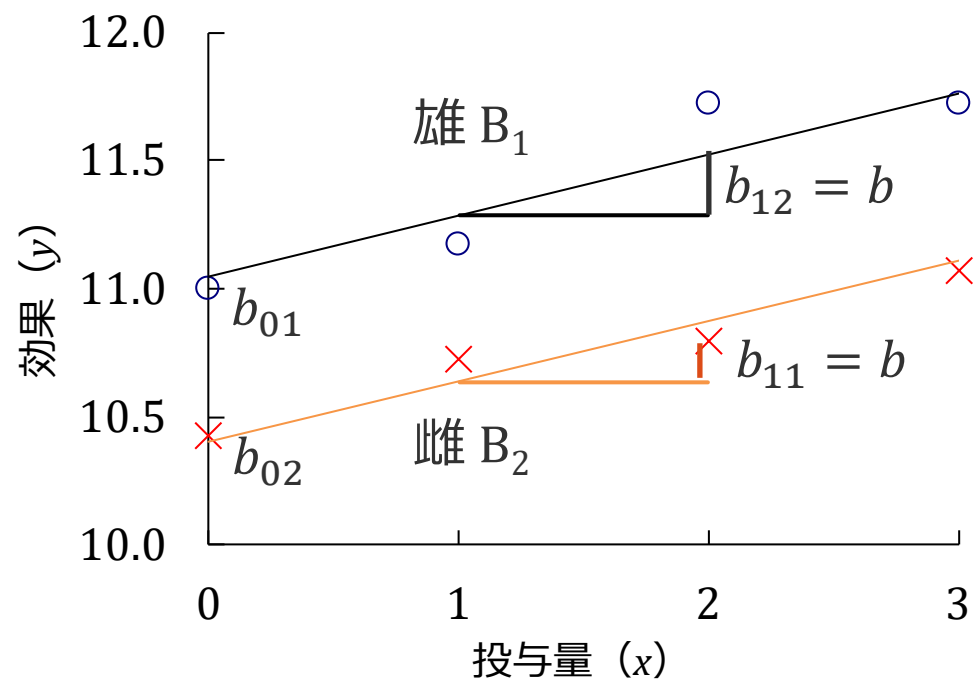
$$= b_{01} + \begin{pmatrix} 0 \\ b_{02} - b_{01} \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} b_{11} \\ b_{12} \end{pmatrix} x$$

$$= b_{01} + (b_{02} - b_{01}) \begin{pmatrix} 0 \\ 1 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} b_{11} \\ b_{12} \end{pmatrix} x$$

b_{01} を基準とした
(0, 1) タイプの
ダミー変数 1

傾きを共通とするモデル

$$\hat{y} = b_{01} + (b_{02} - b_{01}) \begin{pmatrix} 0 \\ 1 \end{pmatrix} + bx, \quad \begin{pmatrix} B_1: \text{雄} \\ B_2: \text{雌} \end{pmatrix} \quad (5.3.2)$$



傾きを共通とするモデルのあてはめ

●LINEST 関数による解析

表示 5.3.2 傾きを共通とする回帰直線

	x	雌	const	
回帰係数	0.238	-0.650	11.050	切片
その標準誤差	0.064	0.143	0.140	その標準誤差
寄与率	0.543	0.405	#N/A	標準偏差
F 比	17.196	29	#N/A	残差自由度
回帰平方和	5.636	4.753	#N/A	残差平方和
t 値	3.710	-4.541		
p 値	0.001	0.000		

ダミー変数

表示5.3.1

雌	x	y
0	0	11.0
0	0	10.7
0	0	11.4
0	0	10.9
0	1	11.3
0	1	11.3
0	1	10.9
0	1	11.2
0	2	11.8
0	2	12.2
0	2	12.1
0	2	10.8
0	3	11.5
0	3	12.0
0	3	12.4
0	3	11.0
1	0	10.2
1	0	10.8

5行3列に出力

$$\hat{y} = b_{01} + (b_{02} - b_{01}) \begin{pmatrix} 0 \\ 1 \end{pmatrix} + bx$$

$$= 11.050 - 0.650 \begin{pmatrix} 0 \\ 1 \end{pmatrix} + 0.238x$$

$$= \begin{pmatrix} 11.050 \\ 10.400 \end{pmatrix} + 0.238x, \quad \begin{pmatrix} B_1: 雄 \\ B_2: 雌 \end{pmatrix} \quad (5.3.2)$$

雌雄別々に求めた傾きの平均
 $b_{11} = 0.273, b_{12} = 0.203$
 $(0.273 + 0.203)/2 = 0.238$
 (雄雌の n が同数のときに限る)

x の範囲

y の範囲

傾きを共通とするモデルのあてはめ

●LINEST 関数による解析

「x」「雌」を同時に解析

「x」「雌」を別々に解析

表示 5.3.2 傾きを共通とする回帰直線

	x	雌	const
回帰係数	0.238	-0.650	11.050
その標準誤差	0.064	0.143	0.140
寄与率	0.543	0.405	#N/A
F 比	17.196	29	#N/A
回帰平方和	5.636	4.753	#N/A
t 値	3.710	-4.541	
p 値	0.001	0.000	

	x	const
回帰係数	0.238	10.725
その標準誤差	0.082	0.154
寄与率	0.217	0.521
F 比	8.323	30
回帰平方和	2.256	8.133

	雌	const
回帰係数	-0.650	11.406
その標準誤差	0.171	0.121
寄与率	0.325	0.483
F 比	14.468	30
回帰平方和	3.380	7.009

ダミー変数

表示5.3.1

雌	x	y
0	0	11.0
0	0	10.7
0	0	11.4
0	0	10.9
0	1	11.3
0	1	11.3
0	1	10.9
0	1	11.2
0	2	11.8
0	2	12.2
0	2	12.1
0	2	10.8
0	3	11.5
0	3	12.0
0	3	12.4
0	3	11.0
1	0	10.2
1	0	10.8

x と雌雄を別々に解析した結果と同時に解析した結果で、回帰係数は一致（共分散分析では不一致）

傾きを共通とするモデルのあてはめ

●共分散分析との比較

共分散分析では、「会社」によって「x」はまちまちなので、「会社」と「x」の同時の解析と別々の解析とで、パラメータは異なる
(表示4.2.5)

この2因子実験では、因子の水準が同数ずつ組合わされているのでパラメータが一致
(表示5.3.1)

表示 4.2.5 (p.140)

会社	A2	A3	x	y
A1	0	0	34	684
A1	0	0	33	788
A1	0	0	34	764
A1	0	0	37	836
A1	0	0	29	606
A1	0	0	26	696
A1	0	0	37	766
A1	0	0	38	862
A1	0	0	32	606
A1	0	0	31	708
A2	1	0	34	692
A2	1	0	34	712
A2	1	0	37	700
A2	1	0	43	843
A2	1	0	37	748
A2	1	0	32	580
A2	1	0	46	837
A2	1	0	36	667

「会社」「x」(年齢)を同時に解析

	x	A3	A2	const
回帰係数	16.20	6.01	-75.59	195.28
その標準誤差	2.27	24.04	24.48	76.75
寄与率	0.71	49.99	#N/A	#N/A
F比	21.54	26	#N/A	#N/A
回帰平方和	161466	64976	#N/A	#N/A

「会社」を解析

	A3	A2	const
回帰係数	69.20	-4.30	731.60
その標準誤差	37.75	37.75	26.70
寄与率	0.15	84.42	#N/A
F比	2.39	27	#N/A
回帰平方和	34031	192410	#N/A

「x」(年齢)を解析

	x	const
回帰係数	14.26	241.65
その標準誤差	2.49	89.85
寄与率	0.54	60.97
F比	32.92	28
回帰平方和	122364	104077

表示5.3.1

雌	x	y
0	0	11.0
0	0	10.7
0	0	11.4
0	0	10.9
0	1	11.3
0	1	11.3
0	1	10.9
0	1	11.2
0	2	11.8
0	2	12.2
0	2	12.1
0	2	10.8
0	3	11.5
0	3	12.0
0	3	12.4
0	3	11.0
1	0	10.2
1	0	10.8

●直交

2つの因子が同数ずつバランス良く組合わされていると、それぞれの因子から得られた係数（パラメータ）の推定値と因子を組合せて得られた係数の推定値は等しくなる

このような場合、**2つの因子が「直交」している**という

量的因子の1 因子実験の場合（[§2.2 \(4\)](#) p.93）

2次式の当てはめで、 x^2 と x は直交しない

$(x - \bar{x})^2$ と x は直交する（ $(x - \bar{x})^2$ と x の相関係数が0）・・・「中心化」

(1) $\hat{y} = -1.90 + 1.70x$

(2) $\hat{y} = 2.60 - 2.16x + 0.64x^2$

(3) $\hat{y} = -23.19 + 1.70x + 0.64(x - 3)^2$ ……「中心化」

説明変数が直交していると、その係数は独立して求められる ⇒ 係数の解釈も容易

ただし、常に係数が一致するということではない（[§2.2 \(4\)](#) p.93）

	0	1	2	3
B1	11.0	11.3	11.8	11.5
(雄)	10.7	11.3	12.2	12.0
	11.4	10.9	12.1	12.4
	10.9	11.2	10.8	11.0
B2	10.2	10.9	10.5	10.9
(雌)	10.8	11.3	10.8	10.5
	10.5	10.3	10.8	11.3
	10.2	10.4	11.1	11.6

傾きを共通とするモデルのあてはめ (補足)

●平方和の算出 (雌雄の平方和)

表示 2.1.3

観測値 y_{ijk} を水準の組合せで平均を求める

雌雄別の平均 $\bar{y}_{.j}$ と総平均 $\bar{y}_{..}$ の差は雌雄の効果

$$B_1 = (11.000 + \dots + 11.725)/4 - 11.081$$

$$= 11.406 - 11.081 = 0.325$$

$$B_2 = -0.325$$

雌	x_{ij}	\bar{y}_{ij}	$\bar{y}_{.j}$	$\bar{y}_{.j} - \bar{y}_{..}$	\bar{y}'_{ij}	\hat{y}'_{ij}	$\hat{y}'_{ij} - \bar{y}_{..}$	$\bar{y}'_{ij} - \hat{y}'_{ij}$
0	0	11.000			10.675	10.725	-0.356	-0.050
0	1	11.175	11.406	0.325	10.850	10.963	-0.119	-0.113
0	2	11.725						0.200
0	3	11.725						-0.038
1	0	10.425						0.025
1	1	10.725	10.756	-0.325	11.050	10.963	-0.119	0.088
1	2	10.800						-0.075
1	3	11.075						-0.037
平均		11.081	11.000	0.000	11.081	11.081	0.000	0.000
2乗和		$\bar{y}_{..}$	0.211	$\bar{y}_{..}$			0.282	0.072
		16×2乗和	3.380		8×2乗和	2.256		0.288
						S_R		S_{LOF}

水準組合せごとの
平均値 \bar{y}_{31} .

総平均 雌雄の主効果

表示 5.3.1 観測値 y_{ijk} (改変)

観測値 y_{ijk}
 $i = 0, 1, 2, 3$
 $j = 1, 2$
 $k = 1, 2, 3, 4$

雌雄	x_{ij}	k				
		1	2	3	4	
雄	0	11.0	10.7	11.4	10.9	y_{01k}
雄	1	11.3	11.3	10.9	11.2	y_{11k}
雄	2	11.8	12.2	12.1	10.8	y_{21k}
雄	3	11.5	12.0	12.4	11.0	y_{31k}
雌	0	10.2	10.8	10.5	10.2	y_{02k}
雌	1	10.9	11.3	10.3	10.4	y_{12k}
雌	2	10.5	10.8	10.8	11.1	y_{22k}
雌	3	10.9	10.5	11.3	11.6	y_{32k}

観測値
 $y_{311}, y_{312}, y_{313}, y_{314}$

x	残差 $y_{ijk} - \hat{y}'_{ij} - B_j$			
	1	2	3	4
0	-0.050	-0.350	0.350	-0.150
1	0.012	0.012	-0.388	-0.088
2	0.275	0.675	0.575	-0.725
3	-0.263	0.237	0.637	-0.763
0	-0.200	0.400	0.100	-0.200
1	0.263	0.663	-0.337	-0.237
2	-0.375	-0.075	-0.075	0.225
3	-0.212	-0.612	0.188	0.488
			2乗和	4.7525

傾きを共通とするモデルのあてはめ (補足)

●平方和の算出 (雌雄の平方和)

表示 2.1.3

観測値 y_{ijk} を水準の組合せで平均を求める

雌雄別の平均 $\bar{y}_{.j}$ と総平均 $\bar{y}_{..}$ の差は雌雄の効果

$$B_1 = (11.000 + \dots + 11.725)/4 - 11.081$$

$$= 11.406 - 11.081 = 0.325$$

$$B_2 = -0.325$$

雌雄の効果の2乗和

$$0.325^2 + (-0.325)^2 = 0.211$$

雌雄の平方和 S_B

(雌雄の効果 B_j は観測値 16 個から算出)

$$S_B = 0.211 * 16 = 3.380$$

雌	x_{ij}	$\bar{y}_{ij.}$	$\bar{y}_{.j}$	$\bar{y}_{.j} - \bar{y}_{..}$	$\bar{y}'_{ij.}$	\hat{y}'_{ij}	$\hat{y}'_{ij} - \bar{y}_{..}$	$\bar{y}'_{ij.} - \hat{y}'_{ij}$
0	0	11.000	11.406	0.325	10.675	10.725	-0.356	-0.050
0	1	11.175			10.850	10.963	-0.119	-0.113
0	2	11.725			0.119	0.200		
0	3	11.725			0.356	-0.038		
1	0	10.425	10.756	-0.325	11.050	10.963	-0.119	0.088
1	1	10.725			11.125	11.200	0.119	-0.075
1	2	10.800			0.356	-0.037		
1	3	11.075			0.000	0.000		
平均		11.081		0.000	11.081	11.081	0.000	0.000
2乗和		$\bar{y}_{..}$		0.211	$\bar{y}_{..}$		0.282	0.072
			16×2乗和	3.380		8×2乗和	2.256	0.288
				S_B			S_R	S_{LOF}

水準組合せごとの平均値

総平均

観測値 16 個分

x	残差 $y_{ijk} - \hat{y}'_{ij} - B_j$			
	1	2	3	4
0	-0.050	-0.350	0.350	-0.150
1	0.012	0.012	-0.388	-0.088
2	0.275	0.675	0.575	-0.725
3	-0.263	0.237	0.637	-0.763
0	-0.200	0.400	0.100	-0.200
1	0.263	0.663	-0.337	-0.237
2	-0.375	-0.075	-0.075	0.225
3	-0.212	-0.612	0.188	0.488
			2乗和	4.7525

傾きを共通とするモデルのあてはめ (補足)

●平方和の算出 (回帰平方和)

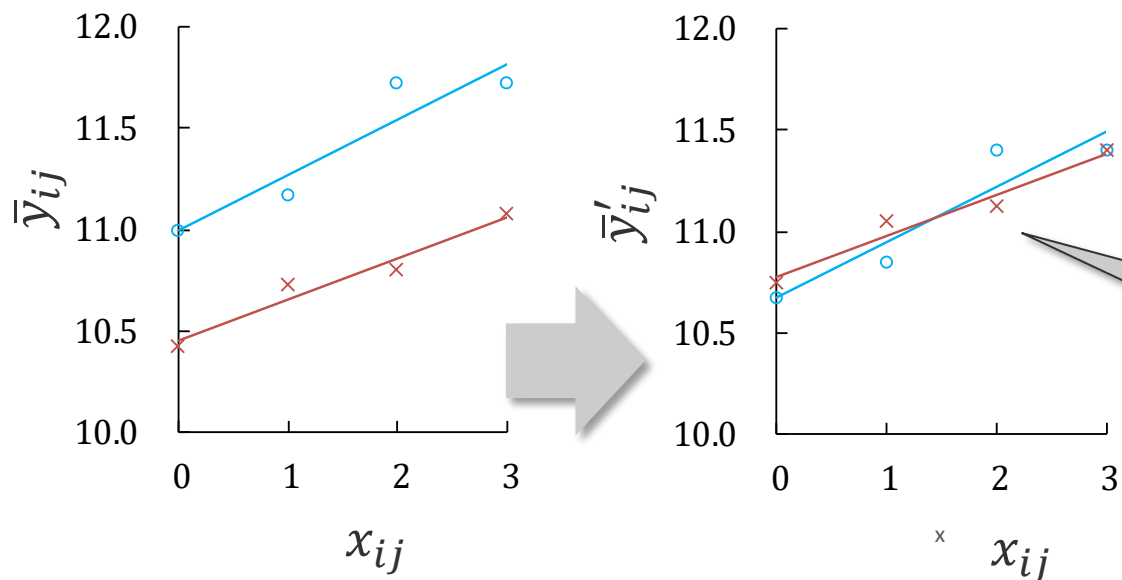
表示 2.1.3

観測値の平均 \bar{y}_{ij} から雌雄の効果 B_j を引く

$$\bar{y}'_{01} = \bar{y}_{01} - B_1 = 11.000 - 0.325 = 10.675$$

$$\bar{y}'_{02} = \bar{y}_{02} - B_2 = 10.425 - (-0.325) = 10.750$$

\bar{y}'_{i1} と x_{ij} から傾きを共通とする回帰直線を得る



雌	x_{ij}	\bar{y}_{ij}	$\bar{y}_{.j}$	$\bar{y}_{.j} - \bar{y}_{..}$	\bar{y}'_{ij}	\hat{y}'_{ij}	$\hat{y}'_{ij} - \bar{y}_{..}$	$\bar{y}'_{ij} - \hat{y}'_{ij}$
0	0	11.000			10.675	10.725	-0.356	-0.050
0	1	11.175	11.406	0.325	10.850	10.963	-0.119	-0.113
0	2	11.725			11.400	11.200	0.119	0.200
0	3	11.725		B_1	11.400	11.438	0.356	-0.038
1	0	10.425			10.750	10.725	-0.356	0.025
1	1	10.725	10.756	-0.325	11.050	10.963	-0.119	0.088
1	2	10.800			11.125	11.200	0.119	-0.075
1	3	11.075		B_2	11.400	11.438	0.356	-0.037
平均		11.081		0.000	11.081	11.081	0.000	0.000
2乗和		$\bar{y}_{..}$		0.211	$\bar{y}_{..}$		0.282	0.072
				3.380		8×2乗和	2.256	0.288
				S_B			S_B	S_{LOF}

雌雄の効果を除く

回帰直線のズレを交互作用ではなく、誤差と見なす

残差 $y_{ijk} - \hat{y}'_{ij} - B_j$				
x	1	2	3	4
0	-0.050	-0.350	0.350	-0.150
1	0.012	0.012	-0.388	-0.088
2	0.275	0.675	0.575	-0.725
3	-0.263	0.237	0.637	-0.763
0	-0.200	0.400	0.100	-0.200
1	0.263	0.663	-0.337	-0.237
2	-0.375	-0.075	-0.075	0.225
3	-0.212	-0.612	0.188	0.488
			2乗和	4.7525

傾きを共通とするモデルのあてはめ (補足)

●平方和の算出 (回帰平方和)

表示 2.1.3

観測値の平均 y_{ij} から雌雄の効果 B_j を引く

$$\bar{y}'_{01} = \bar{y}_{01} - B_1 = 11.000 - 0.325 = 10.675$$

$$\bar{y}'_{02} = \bar{y}_{02} - B_2 = 10.425 - (-0.325) = 10.750$$

\bar{y}'_{ij} と x_{ij} + ダミー変数「雌」を回帰分析

$$\hat{y}'_{ij} = 10.725 + 0.238x_{ij}$$

$$\hat{y}'_{01} = 10.725 + 0.238 \times 0 = 10.725$$

回帰平方和：予測値 \hat{y}'_{ij} と総平均の差の2乗和 $\times 8$

	x	雌	const	
回帰係数	0.238	2E-15	10.725	切片
その標準誤差	0.038	0.085	0.083	その標準誤差
寄与率	0.887	0.12	#N/A	標準偏差
F 比	19.62	5	#N/A	残差自由度
回帰平方和	0.564	0.072	#N/A	残差平方和

雌雄の効果なし

表示 5.3.2 の x のみの回帰と同じ回帰式

雌	x_{ij}	\bar{y}_{ij}	$\bar{y}_{.j}$	$\bar{y}_{.j} - \bar{y}_{..}$	\bar{y}'_{ij}	\hat{y}'_{ij}	$\hat{y}'_{ij} - \bar{y}_{..}$	$\bar{y}'_{ij} - \hat{y}'_{ij}$
0	0	11.000			10.675	10.725	-0.356	-0.050
0	1	11.175	11.406	0.325	10.850	10.963	-0.119	-0.113
0	2	11.725			11.400	11.200	0.119	0.200
0	3	11.725		B_1	11.400	11.438	0.356	-0.038
1	0	10.425			10.750	10.725	-0.356	0.025
1	1	10.725	10.756	-0.325	11.050	10.963	-0.119	0.088
1	2	10.800			11.125	11.200	0.119	-0.075
1	3	11.075		B_2	11.400	11.438	0.356	-0.037
平均		11.081		0.000	11.081	11.081	0.000	0.000
2乗和		$\bar{y}_{..}$		0.211	$\bar{y}_{..}$		0.282	0.072
				3.380		8 \times 2乗和	2.256	0.288
				S_B			S_R	S_{LOF}

雌雄の効果を引く

回帰平方和

残差 $y_{ijk} - \hat{y}'_{ij} - B_j$

x	1	2	3	4
0	-0.050	-0.350	0.350	-0.150
1	0.012	0.012	-0.388	-0.088
2	0.275	0.675	0.575	-0.725
3	-0.263	0.237	0.637	-0.763
0	-0.200	0.400	0.100	-0.200
1	0.263	0.663	-0.337	-0.237
2	-0.375	-0.075	-0.075	0.225
3	-0.212	-0.612	0.188	0.488
			2乗和	4.7525

傾きを共通とするモデルのあてはめ (補足)

●平方和の算出 (LOF、残差の平方和)

観測値の平均 y_{ij} から雌雄の効果 B_j を引く

$$\bar{y}'_{01} = \bar{y}_{01} - B_1 = 11.000 - 0.325 = 10.675$$

$$\bar{y}'_{02} = \bar{y}_{02} - B_2 = 10.425 - (-0.325) = 10.750$$

y'_{ij} と x_{ij} + ダミー変数「雌」を回帰分析

$$\hat{y}'_{ij} = 10.725 + 0.238x_{ij}$$

$$\hat{y}'_{01} = 10.725 + 0.238 \times 0 = 10.725$$

回帰平方和：予測値 \hat{y}'_{ij} と総平均の差の2乗和 $\times 8$

LOF の平方和：平均値と予測値の差 $(\bar{y}'_{ij} - \hat{y}'_{ij})$ の2乗和 $\times 8$

残差平方和：残差 $(y_{ijk} - \hat{y}'_{ij} - b_j)$ の2乗和 ([§2.1](#) 参照)

雌	x_{ij}	\bar{y}_{ij}	$\bar{y}_{\cdot j}$	$\bar{y}_{\cdot j} - \bar{y}_{\dots}$	\bar{y}'_{ij}	\hat{y}'_{ij}	$\hat{y}'_{ij} - \bar{y}_{\dots}$	$\bar{y}'_{ij} - \hat{y}'_{ij}$
0	0	11.000			10.675	10.725	-0.356	-0.050
0	1	11.175	11.406	0.325	10.850	10.963	-0.119	-0.113
0	2	11.725		B_1	11.400	11.200	0.119	0.200
0	3	11.725			11.400	11.438	0.356	-0.038
1	0	10.425			10.750	10.725	-0.356	0.025
1	1	10.725	10.756	-0.325	11.050	10.963	-0.119	0.088
1	2	10.800		B_2	11.125	11.200	0.119	-0.075
1	3	11.075			11.400	11.438	0.356	-0.037
平均		11.081		0.000	11.081	11.081	0.000	0.000
2乗和		\bar{y}_{\dots}		0.211	\bar{y}_{\dots}		0.282	0.072
		16 \times 2乗和		3.380		8 \times 2乗和	2.256	0.288
				S_B			S_R	S_{LOF}

x	残差 $y_{ijk} - \hat{y}'_{ij} - B_j$			
	1	2	3	4
0	-0.050	-0.350	0.350	-0.150
1	0.012	0.012	-0.388	-0.088
2	0.275	0.675	0.575	-0.725
3	-0.263	0.237	0.637	-0.763
0	-0.200	0.400	0.100	-0.200
1	0.263	0.663	-0.337	-0.237
2	-0.375	-0.075	-0.075	0.225
3	-0.212	-0.612	0.188	0.488
			2乗和	4.7525

傾きを共通とするモデルのあてはめ (補足)

●平方和の算出 (分散分析表)

表示 2.1.3

雌雄で傾きを共通とするモデルのあてはめ
(平行な回帰直線)

雌	x_{ij}	\bar{y}_{ij}	$\bar{y}_{\cdot j}$	$\bar{y}_{\cdot j} - \bar{y}_{\dots}$	\bar{y}'_{ij}	\hat{y}'_{ij}	$\hat{y}'_{ij} - \bar{y}_{\dots}$	$\bar{y}'_{ij} - \hat{y}'_{ij}$
0	0	11.000			10.675	10.725	-0.356	-0.050
0	1	11.175	11.406	0.325	10.850	10.963	-0.119	-0.113
0	2	11.725		B_1	11.400	11.200	0.119	0.200
0	3	11.725			11.400	11.438	0.356	-0.038
1	0	10.425			10.750	10.725	-0.356	0.025
1	1	10.725	10.756	-0.325	11.050	10.963	-0.119	0.088
1	2	10.800		B_2	11.125	11.200	0.119	-0.075
1	3	11.075			11.400	11.438	0.356	-0.037
平均		11.081		0.000	11.081	11.081	0.000	0.000
2乗和		\bar{y}_{\dots}		0.211	\bar{y}_{\dots}		0.282	0.072
			16×2乗和	3.380		8×2乗和	2.256	0.288
			S_B			S_R	S_{LOF}	

傾きを共通とするモデルの分散分析表
(平行な回帰直線)

要因	平方和	自由度	平均平方	F比	p値
モデル	5.636	2	2.818	17.196	0.0000
雌雄(B)	3.380	1	3.380	20.625	0.0001
投与量(x)	2.256	1	2.256	13.768	0.0009
誤差	4.753	29	0.164	1	
LOF	0.288	5	0.058	0.3091	0.9026
繰り返し誤差	4.465	24	0.186	1	
全体	10.389	31			

x	残差 $y_{ijk} - \hat{y}'_{ij} - B_j$			
	1	2	3	4
0	-0.050	-0.350	0.350	-0.150
1	0.012	0.012	-0.388	-0.088
2	0.275	0.675	0.575	-0.725
3	-0.263	0.237	0.637	-0.763
0	-0.200	0.400	0.100	-0.200
1	0.263	0.663	-0.337	-0.237
2	-0.375	-0.075	-0.075	0.225
3	-0.212	-0.612	0.188	0.488
			2乗和	4.7525

傾きを共通とするモデルのあてはめ (補足)

●平方和の算出 (分散分析表)

雌雄で傾きを共通とするモデルのあてはめ
(平行な回帰直線)

表示 5.3.2 傾きを共通とする回帰直線

傾きを共通とするモデルの分散分析表
(平行な回帰直線)

要因	平方和	自由度	平均平方	F 比	p 値
モデル	5.636	2	2.818	17.196	0.0000
雌雄(B)	3.380	1	3.380	20.625	0.0001
投与量(x)	2.256	1	2.256	13.768	0.0009
誤差	4.753	29	0.164	1	
LOF	0.288	5	0.058	0.3091	0.9026
繰り返し誤差	4.465	24	0.186	1	
全体	10.389	31			

	x	雌	const	
回帰係数	0.238	-0.650	11.050	切片
その標準誤差	0.064	0.143	0.140	その標準誤差
寄与率	0.543	0.405	#N/A	標準偏差
F 比	17.196	29	#N/A	残差自由度
回帰平方和	5.636	4.753	#N/A	残差平方和
t 値	3.710	-4.541		
p 値	0.001	0.000		

	x	const	雌	const
回帰係数	0.238	10.725	-0.650	11.406
その標準誤差	0.082	0.154	0.171	0.121
寄与率	0.217	0.521	0.325	0.483
F 比	8.323	30	14.468	30
回帰平方和	2.256	8.133	3.380	7.009



(3) あてはまりの良さの確認

あてはまりの良さを定量的に評価

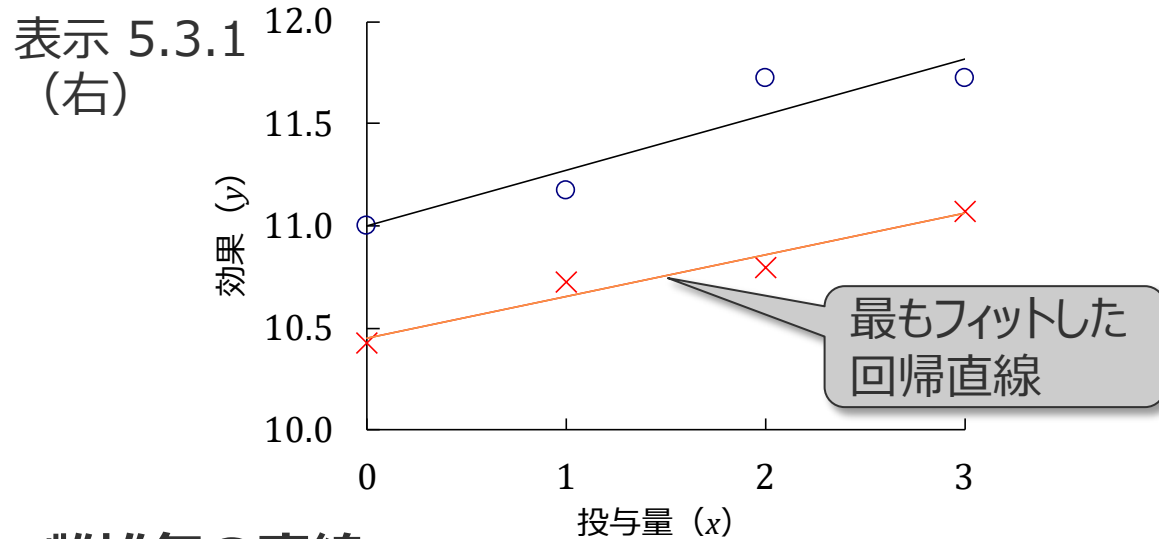
傾きの違う2本の回帰直線（雌雄別々に直線をあてはめ）

傾きを共通とする2本の回帰直線（平行な直線のあてはめ）

●グラフによる確認

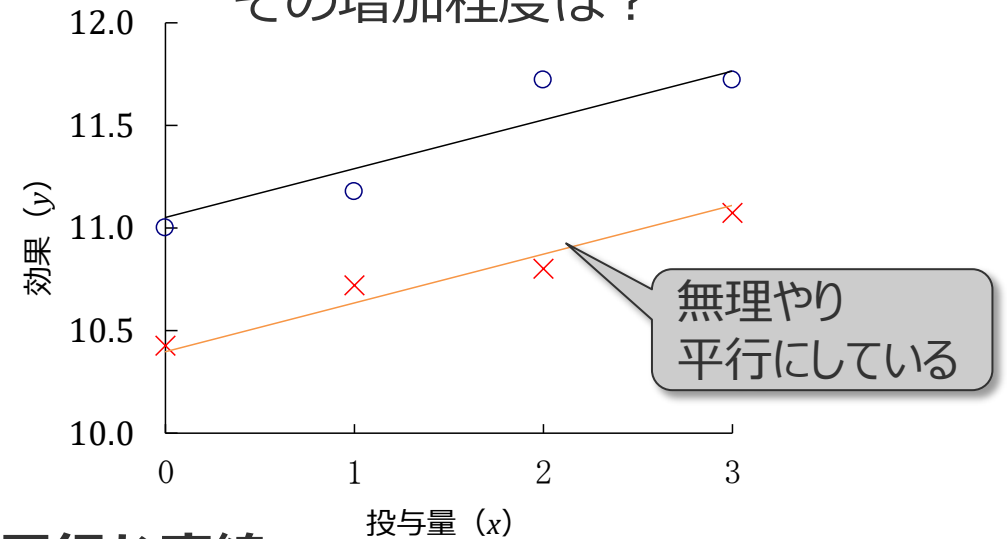
雌雄別の回帰直線：傾きの違う回帰式、式(5.3.1) 最もフィットした回帰式

平行な回帰直線：傾きを共通とする回帰式、式(5.3.3) . . . 無理に平行にしているので、観測値と回帰直線の乖離が増加
その増加程度は？



雌雄毎の直線

$$\hat{y} = \begin{pmatrix} 10.998 \\ 10.453 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 0.273 \\ 0.203 \end{pmatrix} x, \quad \begin{pmatrix} B_1: \text{雄} \\ B_2: \text{雌} \end{pmatrix} \quad (5.3.1)$$



平行な直線

$$\hat{y} = \begin{pmatrix} 11.050 \\ 10.400 \end{pmatrix} + 0.238x, \quad \begin{pmatrix} B_1: \text{雄} \\ B_2: \text{雌} \end{pmatrix} \quad (5.3.3)$$

●残差

表示5.3.3 回帰式のあてはまりの良さの確認

観測値の
平均値

予測値 - 実測値

			観測値の 平均値	雌雄毎の直線	残差	平行な直線	残差	差
雌雄	雌	投与量	実測値	予測値		予測値		
雄	0	0	11.000	10.998	0.002	11.050	-0.050	
雄	0	1	11.175	11.270	-0.095	11.288	-0.113	
雄	0	2	11.725	11.543	0.183	11.525	0.200	
雄	0	3	11.725	11.815	-0.090	11.763	-0.038	
雌	1	0	10.425	10.453	-0.027	10.400	0.025	
雌	1	1	10.725	10.655	0.070	10.638	0.087	
雌	1	2	10.800	10.858	-0.057	10.875	-0.075	
雌	1	3	11.075	11.060	0.015	11.113	-0.037	
			2乗和		0.060		0.072	0.012
			4×2乗和		0.239		0.288	0.049

ダミー変数

雌雄毎の直線

$$\hat{y} = \begin{pmatrix} 10.998 \\ 10.453 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 0.273 \\ 0.203 \end{pmatrix} x, \quad \begin{pmatrix} B_1: \text{雄} \\ B_2: \text{雌} \end{pmatrix} \quad (5.3.1)$$

平行な直線

$$\hat{y} = \begin{pmatrix} 11.050 \\ 10.400 \end{pmatrix} + 0.238x, \quad \begin{pmatrix} B_1: \text{雄} \\ B_2: \text{雌} \end{pmatrix} \quad (5.3.3)$$

●残差

予測値（雌雄毎の直線上）

$$\hat{y}_{11} = 10.998 + 0.273 \times 1 = 11.270$$

予測値（平行な直線上）

$$\hat{y}_{22} = 10.400 + 0.238 \times 2 = 10.875$$

表示5.3.3 回帰式のあてはまりの良さの確認

			平均値	雌雄毎の直線		平行な直線		
雌雄	雌	投与量	実測値	予測値	残差	予測値	残差	差
雄	0	0	11.000	10.998	0.002	11.050	-0.050	
雄	0	1	11.175	11.270	-0.095	11.288	-0.113	
雄	0	2	11.725	11.543	0.183	11.525	0.200	
雄	0	3	11.725	11.815	-0.090	11.763	-0.038	
雌	1	0	10.425	10.453	-0.027	10.400	0.025	
雌	1	1	10.725	10.655	0.070	10.638	0.087	
雌	1	2	10.800	10.858	-0.057	10.875	-0.075	
雌	1	3	11.075	11.060	0.015	11.113	-0.037	
2乗和						0.060	0.072	0.012
4×2乗和						0.239	0.288	0.049

雌雄毎の直線

$$\hat{y} = \begin{pmatrix} 10.998 \\ 10.453 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 0.273 \\ 0.203 \end{pmatrix} x, \quad \begin{pmatrix} B_1: \text{雄} \\ B_2: \text{雌} \end{pmatrix} \quad (5.3.1)$$

平行な直線

$$\hat{y} = \begin{pmatrix} 11.050 \\ 10.400 \end{pmatrix} + 0.238x, \quad \begin{pmatrix} B_1: \text{雄} \\ B_2: \text{雌} \end{pmatrix} \quad (5.3.3)$$

●残差

表示5.3.3

表示5.3.3 回帰式のあてはまりの良さの確認

残差は ±0.2 以内

特に大きく外れた値はない

$$0.183/11.08 = 0.017$$

$$0.200/11.08 = 0.018$$

残差の2乗和の差

$$0.072 - 0.060 = 0.012$$

この差が大きければ

雌雄毎の直線をあてはめるのが

好ましいと判断される

平均 11.08

			平均値	雌雄毎の直線		平行な直線		
雌雄	雌	投与量	実測値	予測値	残差	予測値	残差	差
雄	0	0	11.000	10.998	0.002	11.050	-0.050	
雄	0	1	11.175	11.270	-0.095	11.288	-0.113	
雄	0	2	11.725	11.543	0.183	11.525	0.200	
雄	0	3	11.725	11.815	-0.090	11.763	-0.038	
雌	1	0	10.425	10.453	-0.027	10.400	0.025	
雌	1	1	10.725	10.655	0.070	10.638	0.087	
雌	1	2	10.800	10.858	-0.057	10.875	-0.075	
雌	1	3	11.075	11.060	0.015	11.113	-0.037	
			2乗和		0.060		0.072	0.012
			4×2乗和		0.239		0.288	0.049

雌雄毎の直線

$$\hat{y} = \begin{pmatrix} 10.998 \\ 10.453 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 0.273 \\ 0.203 \end{pmatrix} x, \quad \begin{pmatrix} B_1: \text{雄} \\ B_2: \text{雌} \end{pmatrix} \quad (5.3.1)$$

平行な直線

$$\hat{y} = \begin{pmatrix} 11.050 \\ 10.400 \end{pmatrix} + 0.238x, \quad \begin{pmatrix} B_1: \text{雄} \\ B_2: \text{雌} \end{pmatrix} \quad (5.3.3)$$

あてはまりの良さの確認

●残差の平方和

表示5.3.3

この残差を求めた実測値は
 4つの観測値の平均
 残差の平方和は2乗和の4倍になる
 この残差平方和の意味
 回帰直線上の予測値と
 実測値の平均との乖離の程度
 すなわち LOF (§2.1 参照)
 2つの LOF の差は交互作用
 この意味と統計的な評価は後で説明

表示5.3.3 回帰式のあてはまりの良さの確認

観測値
4つ分

			平均値	雌雄毎の直線		平行な直線			
雌雄	雌	投与量	実測値	予測値	残差	予測値	残差	差	
雄	0	0	11.000	10.998	0.002	11.050	-0.050		
雄	0	1	11.175	11.270	-0.095	11.288	-0.113		
雄	0	2	11.725	11.543	0.183	11.525	0.200		
雄	0	3	11.725	11.815	-0.090	11.763	-0.038		
雌	1	0	10.425	10.453	-0.027	10.400	0.025		
雌	1	1	10.725	10.655	0.070	10.638	0.087		
雌	1	2	10.800	10.858	-0.057	10.875	-0.075		
雌	1	3	11.075	11.060	0.015	11.113	-0.037		
			2乗和		LOF	0.060	LOF	0.072	0.012
			4×2乗和			0.239		0.288	0.049

雌雄毎の直線

$$\hat{y} = \begin{pmatrix} 10.998 \\ 10.453 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 0.273 \\ 0.203 \end{pmatrix} x, \quad \begin{pmatrix} B_1: \text{雄} \\ B_2: \text{雌} \end{pmatrix} \quad (5.3.1)$$

平行な直線

$$\hat{y} = \begin{pmatrix} 11.050 \\ 10.400 \end{pmatrix} + 0.238x, \quad \begin{pmatrix} B_1: \text{雄} \\ B_2: \text{雌} \end{pmatrix} \quad (5.3.3)$$

LOF の差 = 交互作用



(4) 平方和の分解と分散分析表

2 因子実験の分散分析表

§ 5.2 (質的因子×質的因子)、§5.3 (質的因子×量的因子) のまとめ

平方和の分解 (イメージ)

●平方和の分解のイメージ

薬剤 : A0,A1,A2,A3
i=0, 1, 2, 3

雌雄 j=1, 2

繰返し k=1, 2, 3, 4

表示5.2.1

データ

	A0	A1	A2	A3
B1	11.0	11.3	11.8	11.5
(雄)	10.7	11.3	12.2	12.0
	11.4	10.9	12.1	12.4
	10.9	11.2	10.8	11.0
B2	10.2	10.9	10.5	10.9
(雌)	10.8	11.3	10.8	10.5
	10.5	10.3	10.8	11.3
	10.2	10.4	11.1	11.6

観測値
 $y_{ijk} = y_{311}$

$e_{ijk} = y_{ijk} - \bar{y}_{ij\cdot}$

残差

	A0	A1	A2	A3
B1	0.00	0.13	0.07	-0.23
	-0.30	0.13	0.47	0.28
	0.40	-0.28	0.37	0.68
	-0.10	0.02	-0.93	-0.73
B2	-0.23	0.18	-0.30	-0.18
	0.38	0.58	0.00	-0.58
	0.07	-0.42	0.00	0.23
	-0.23	-0.32	0.30	0.52

表示 5.3.4 の補足 (スライド 52 まで)
2 因子実験 (質的因子×質的因子)
データの分解と平方和の分解 (§5.2 参照)

観測値 y_{ijk}

総平均 \bar{y}_{\dots}

水準の平均値 $\bar{y}_{ij\cdot}$ $\bar{y}_{i\cdot\cdot}$ $\bar{y}_{\cdot j\cdot}$

主効果 a_i b_j

交互作用 ab_{ij}

残差 e_{ijk}

平均値 $\bar{y}_{ij\cdot}$

平均値 $\bar{y}_{i\cdot\cdot}$

$\bar{y}_{ij\cdot} - \bar{y}_{i\cdot\cdot} - \bar{y}_{\cdot j\cdot} + \bar{y}_{\dots} = ab_{ij}$

回帰係数
ではない

$\bar{y}_{i\cdot\cdot} - \bar{y}_{\dots} = a_i$

平均

	A0	A1	A2	A3	平均
B1	11.00	11.18	11.73	11.73	11.41
B2	10.43	10.73	10.80	11.08	10.76
平均	10.71	10.95	11.26	11.40	11.08

平均値 $\bar{y}_{\cdot j\cdot}$

総平均 \bar{y}_{\dots}

主効果と交互作用

	A0	A1	A2	A3	主効果
B1	-0.04	-0.10	0.14	0.00	0.33
B2	0.04	0.10	-0.14	0.00	-0.33
主効果	-0.37	-0.13	0.18	0.32	11.08

$\bar{y}_{\cdot j\cdot} - \bar{y}_{\dots} = b_j$

総平均 \bar{y}_{\dots}

平方和の分解 (イメージ)

●平方和の分解のイメージ

薬剤 : A0,A1,A2,A3
i=0, 1, 2, 3

雌雄 j=1, 2

繰返し k=1, 2, 3, 4

表示5.2.1

データ	A0	A1	A2	A3
B1 (雄)	11.0	11.3	11.8	11.5
	10.7	11.3	12.2	12.0
	11.4	10.9	12.1	12.4
	10.9	11.2	10.8	11.0
B2 (雌)	10.2	10.9	10.5	10.9
	10.8	11.3	10.8	10.5
	10.5	10.3	10.8	11.3
	10.2	10.4	11.1	11.6

観測値
 $y_{ijk} = y_{311}$

$e_{ijk} = y_{ijk} - \bar{y}_{ij}$

残差	A0	A1	A2	A3
B1	0.00	0.13	0.07	-0.23
	-0.30	0.13	0.47	0.28
	0.40	-0.28	0.37	0.68
	-0.10	0.02	-0.93	-0.73
B2	-0.23	0.18	-0.30	-0.18
	0.38	0.58	0.00	-0.58
	0.07	-0.42	0.00	0.23
	-0.23	-0.32	0.30	0.52

水準組合せの予測値 \hat{y}_{ij} .
(主効果のみ、交互作用を考慮しない場合)

$\hat{y}_{ij} = a_i + b_j + \bar{y}_{...}$

$\hat{y}_{01} = a_0 + b_1 + \bar{y}_{...}$

$= -0.37 + 0.33 + 11.08$

$= 11.04$

平均値 \bar{y}_{ij} .

平均	A0	A1	A2	A3	平均
B1	11.00	11.18	11.73	11.73	11.41
B2	10.43	10.73	10.80	11.08	10.76
平均	10.71	10.95	11.26	11.40	11.08

平均値 $\bar{y}_{.j}$.

平均値 $\bar{y}_{i..}$.

総平均 $\bar{y}_{...}$.

$\bar{y}_{ij} - \bar{y}_{i..} - \bar{y}_{.j} + \bar{y}_{...} = ab_{ij}$

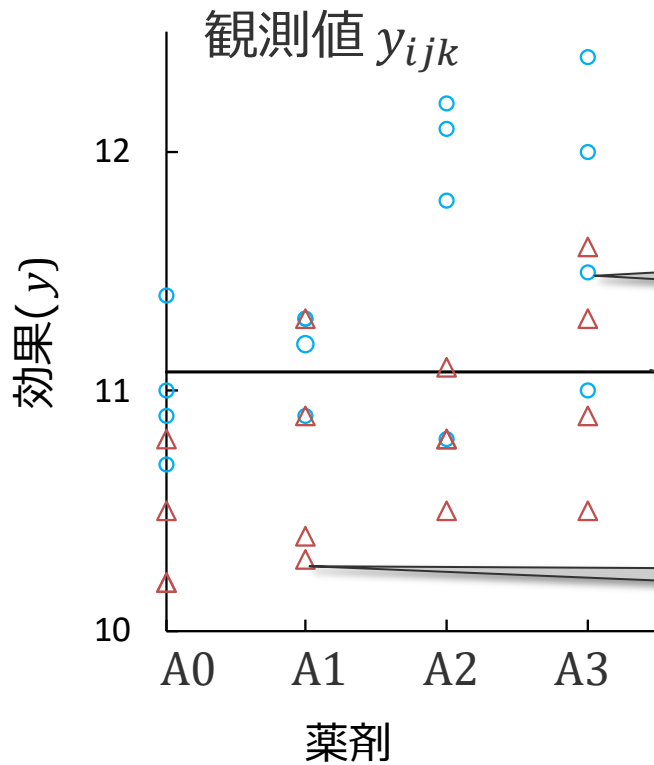
主効果と交互作用	A0	A1	A2	A3	主効果
B1	-0.04	-0.10	0.14	0.00	0.33
B2	0.04	0.10	-0.14	0.00	-0.33
主効果	-0.37	-0.13	0.18	0.32	11.08

$\bar{y}_{i..} - \bar{y}_{...} = a_i$

$\bar{y}_{.j} - \bar{y}_{...} = b_j$

総平均 $\bar{y}_{...}$.

平方和の分解 (イメージ)



薬剤: A0, A1, A2, A3
 $i = 0, 1, 2, 3$

雌雄 $j = 1, 2$

繰返し $k = 1, 2, 3, 4$

観測値、雄 y_{311}

総平均 $\bar{y}...$

観測値、雌 y_{123}

表示5.2.1

データ	A0	A1	A2	A3	残差	A0	A1	A2	A3
B1 (雄)	11.0	11.3	11.8	11.5	B1	0.00	0.13	0.07	-0.23
	10.7	11.3	12.2	12.0		-0.30	0.13	0.47	0.28
	11.4	10.9	12.1	12.4		0.40	-0.28	0.37	0.68
	10.9	11.2	10.8	11.0		-0.10	0.02	-0.93	-0.73
B2 (雌)	10.2	10.9	10.5	10.9	B2	-0.23	0.18	-0.30	-0.18
	10.8	11.3	10.8	10.5		0.38	0.58	0.00	-0.58
	10.5	10.3	10.8	11.3		0.07	-0.42	0.00	0.23
	10.2	10.4	11.1	11.6		-0.23	-0.32	0.30	0.52

観測値
 $y_{ijk} = y_{311}$

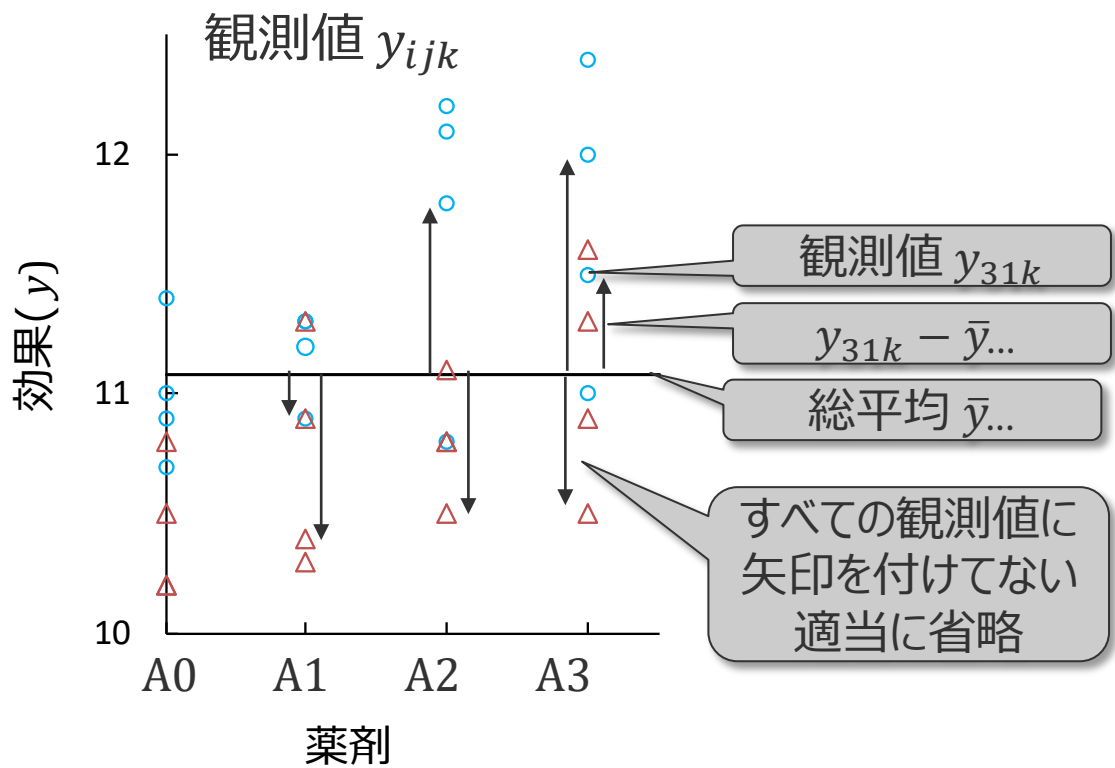
観測値 y_{123}

平均	A0	A1	A2	A3	平均
B1	11.00	11.18	11.73	11.73	11.41
B2	10.43	10.73	10.80	11.08	10.76
平均	10.71	10.95	11.26	11.40	11.08

総平均 $\bar{y}...$

主効果と交互作用	A0	A1	A2	A3	主効果
B1	-0.04	-0.10	0.14	0.00	0.33
B2	0.04	0.10	-0.14	0.00	-0.33
主効果	-0.37	-0.13	0.18	0.32	11.08

総平方和



総平方和：観測値 y_{ijk} と総平均 y_{\dots} の差の2乗和

総平方和
= 2因子で説明できる平方和 + 説明できない平方和
(誤差の平方和)

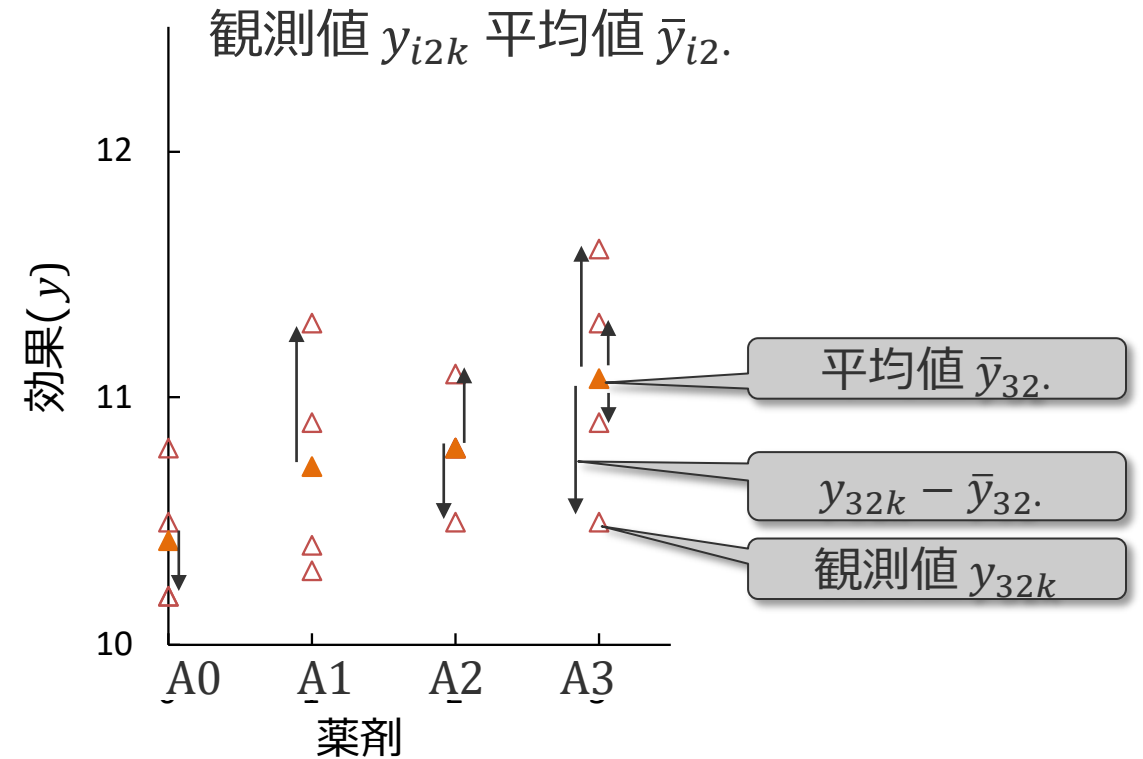
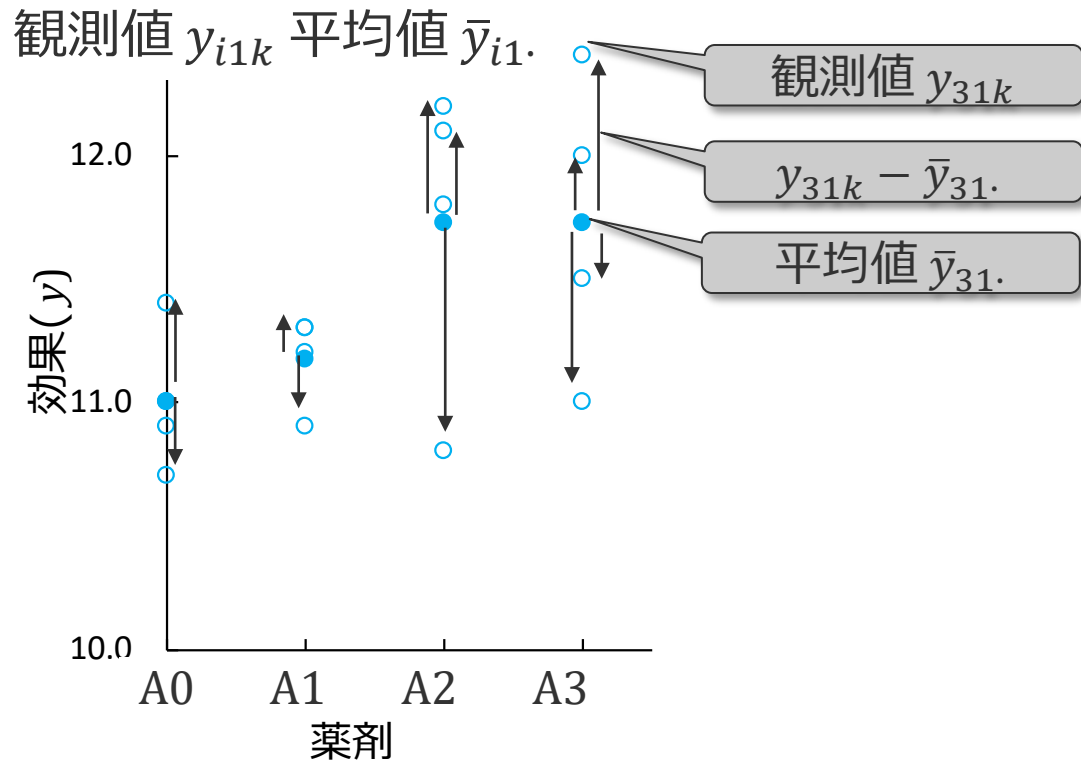
これら2つの平方和を比較して
2因子が有意か、有意ではないを統計的に判断

すべての観測値 y_{ijk} について、データの分解と平方和の分解を行う ([§5.2](#)、p.208 演習 5.2.1 参照)

$$S_T = \sum_{i=0}^3 \sum_{j=1}^2 \sum_{k=1}^4 (y_{ijk} - \bar{y}_{\dots})^2$$

Σ が三重
すべての組合せについて計算し、その総和を求める

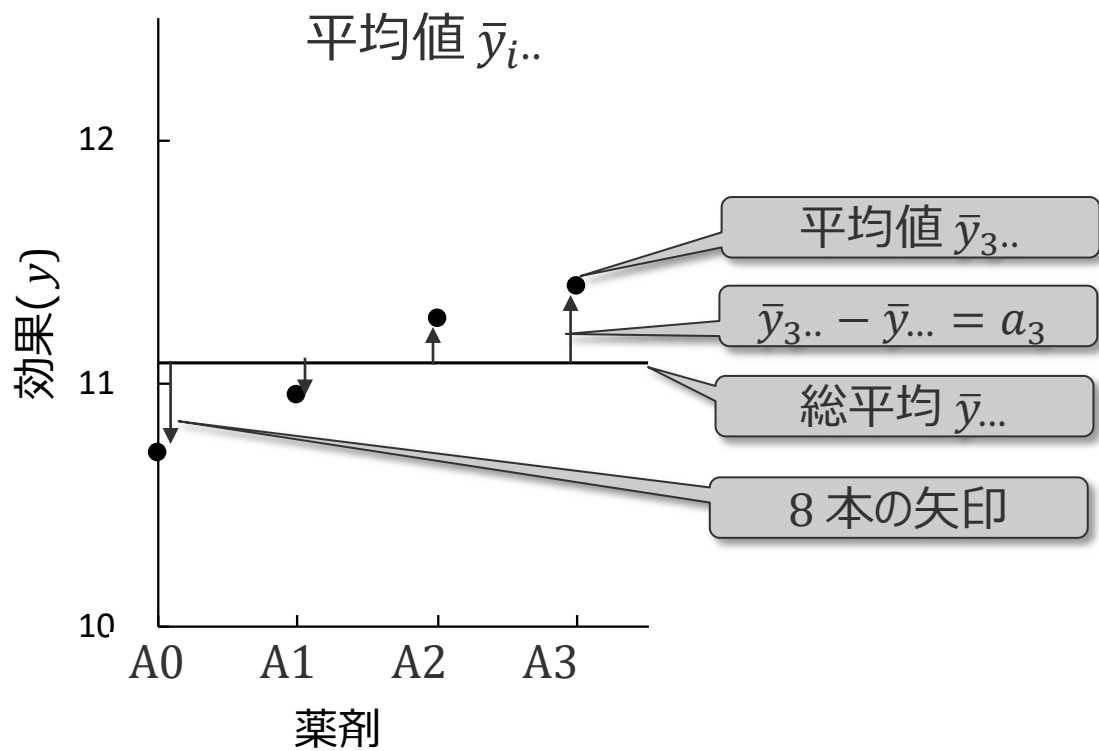
繰り返し誤差



同じ水準組合せで繰り返し実験して得られる観測値は、
同じ値が期待されるが、様々な誤差要因でバラツキが生じる

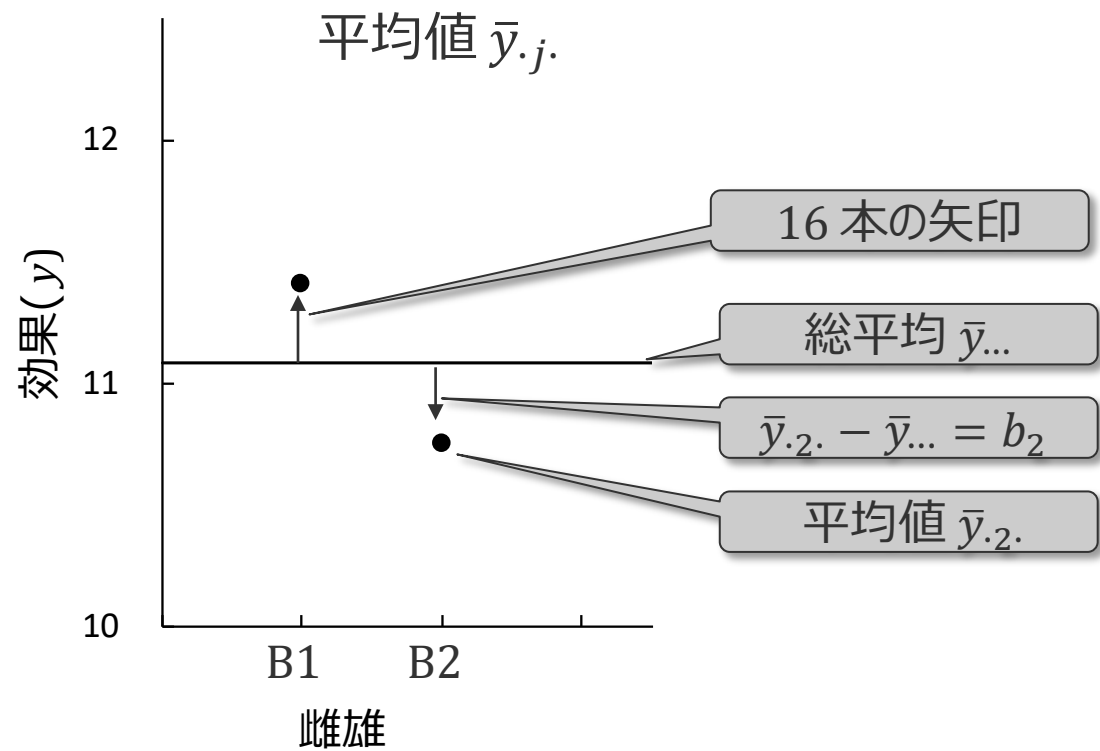
$$S_e = \sum_{i=0}^3 \sum_{j=1}^2 \sum_{k=1}^4 (y_{ijk} - \bar{y}_{ij\cdot})^2$$

水準間 (薬剤) の平方和



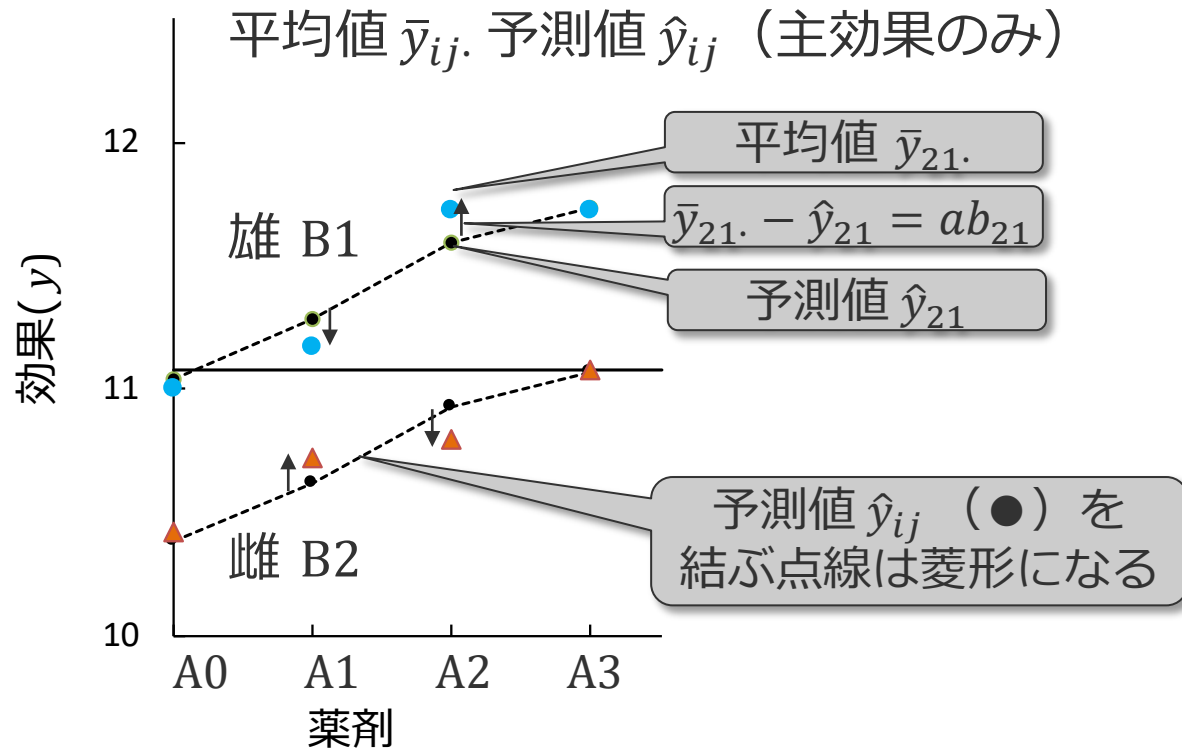
$$S_A = \sum_{i=0}^3 \sum_{j=1}^2 \sum_{k=1}^4 (\bar{y}_{i..} - \bar{y}_{...})^2 = 2 \times 4 \times \sum_{i=0}^3 a_i^2$$

水準間 (雌雄) の平方和



$$S_B = \sum_{i=0}^3 \sum_{j=1}^2 \sum_{k=1}^4 (\bar{y}_{.j} - \bar{y}_{...})^2 = 4 \times 4 \times \sum_{j=1}^2 b_j^2$$

質的因子×質的因子の交互作用の平方和



薬剤 A₂ の雄 B₁ の交互作用 ab_{21}

$$\begin{aligned}
 ab_{21} &= \bar{y}_{21} - \hat{y}_{21} \\
 &= \bar{y}_{21} - (a_2 + b_1 + \bar{y}...) \\
 &= \bar{y}_{21} - ((\bar{y}_{2..} - \bar{y}...) + (\bar{y}_{.1} - \bar{y}...) + \bar{y}...) \\
 &= \bar{y}_{21} - \bar{y}_{2..} - \bar{y}_{.1} + \bar{y}...
 \end{aligned}$$

(§5.2 p.176 参照)

$$\hat{y}_{ij} = a_i + b_j + \bar{y}...$$

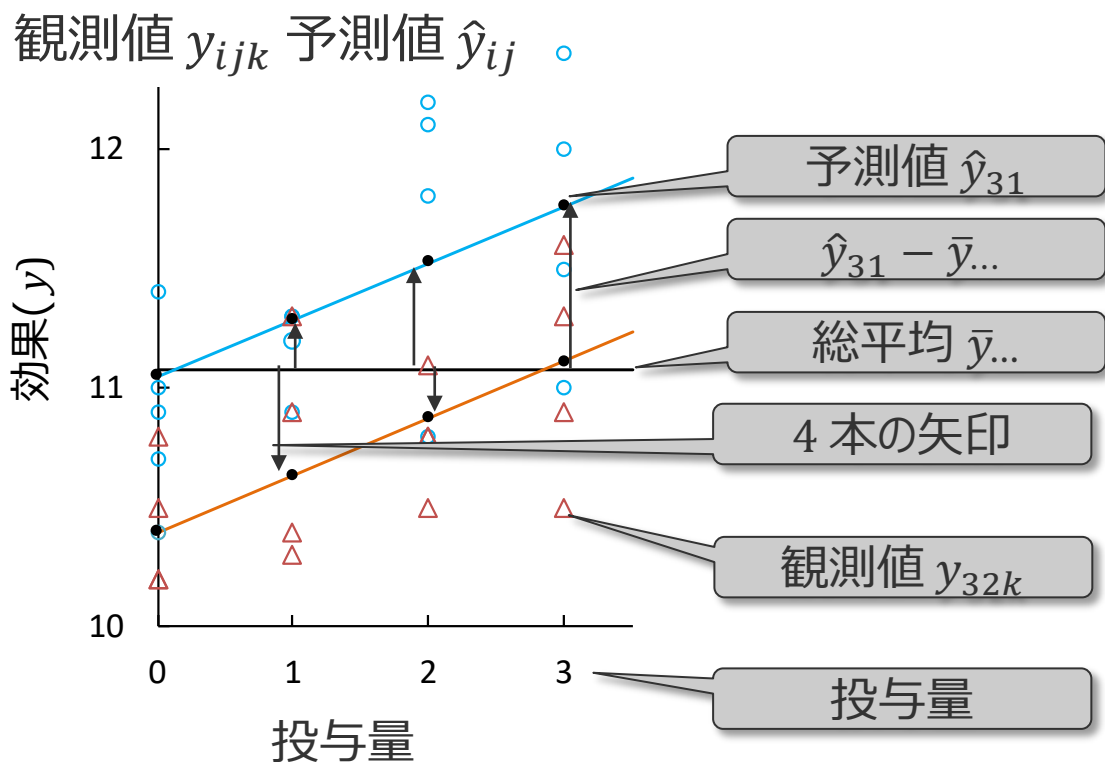
主効果のみの予測値

$$S_{A \times B} = \sum_{i=0}^3 \sum_{j=1}^2 \sum_{k=1}^4 (\bar{y}_{ij} - \bar{y}_{i..} - \bar{y}_{.j} + \bar{y}...) ^2$$

$$= 4 \times \sum_{i=0}^3 \sum_{j=1}^2 (ab)_{ij}^2$$

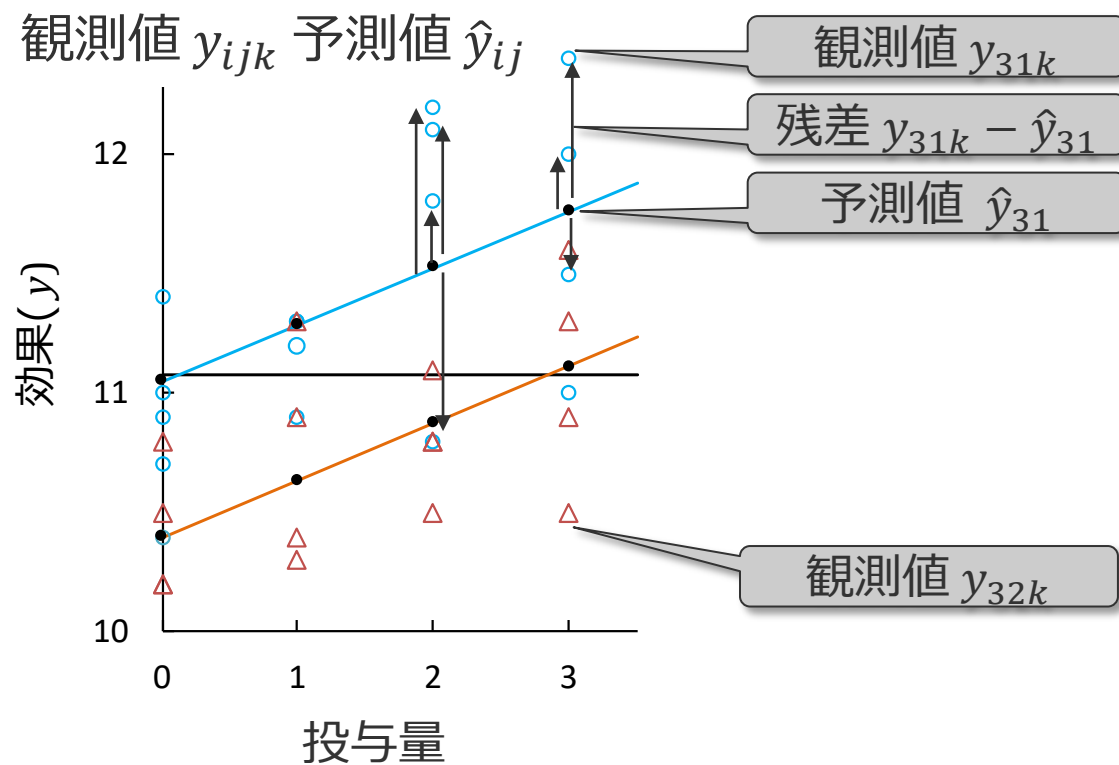
観測値の平均と予測値 \hat{y}_{ij} (主効果のみ) のズレ (菱形からのズレ) が交互作用

回帰平方和 (傾きが共通、平行)



$$S_R = \sum_{i=0}^3 \sum_{j=1}^2 \sum_{k=1}^4 (\hat{y}_{ij} - \bar{y}...)^2 = 4 \times \sum_{i=0}^3 \sum_{j=1}^2 (\hat{y}_{ij} - \bar{y}...)^2$$

残差平方和 (傾きが共通、平行)

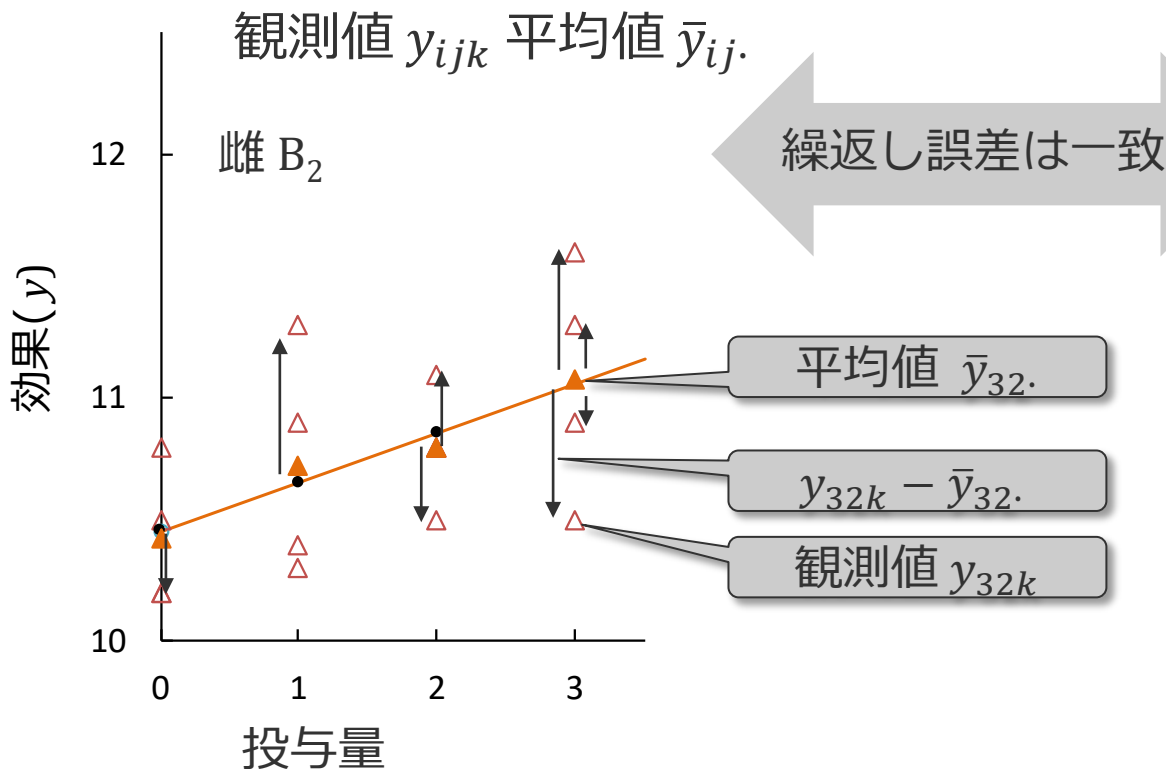


繰返し誤差 S_e とは違う

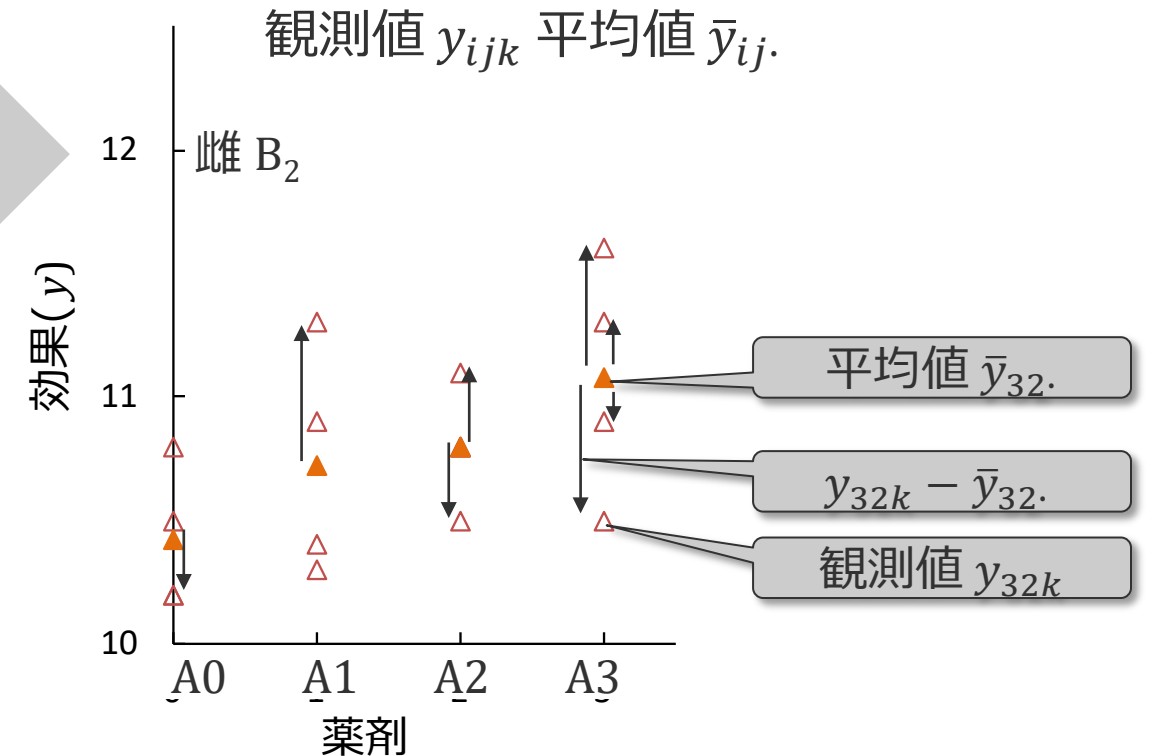
$$S_e^{*1} = \sum_{i=0}^3 \sum_{j=1}^2 \sum_{k=1}^4 (y_{ijk} - \hat{y}_{ij})^2$$

平方和の分解 (イメージ)

繰り返し誤差 (量的因子×質的因子)



繰り返し誤差 (質的因子×質的因子)

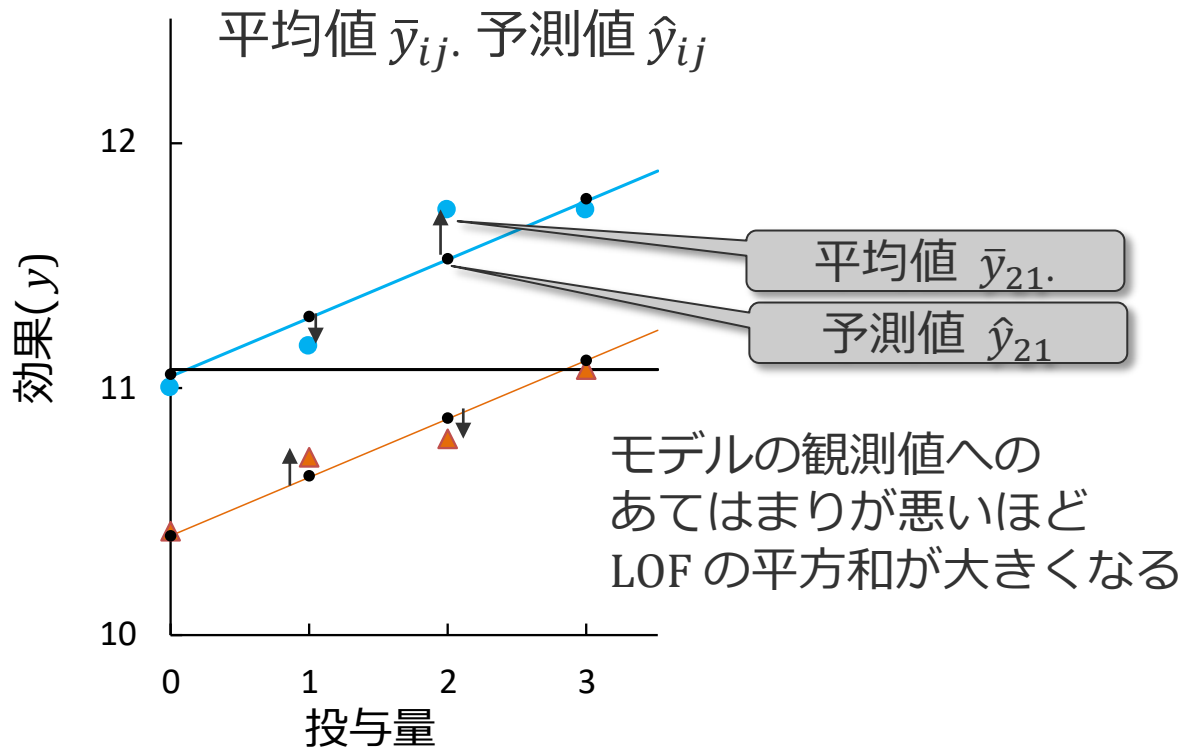


$$S_e = \sum_{i=0}^3 \sum_{j=1}^2 \sum_{k=1}^4 (y_{ijk} - \bar{y}_{ij.})^2$$

雌雄合わせた
繰り返し誤差の
平方和

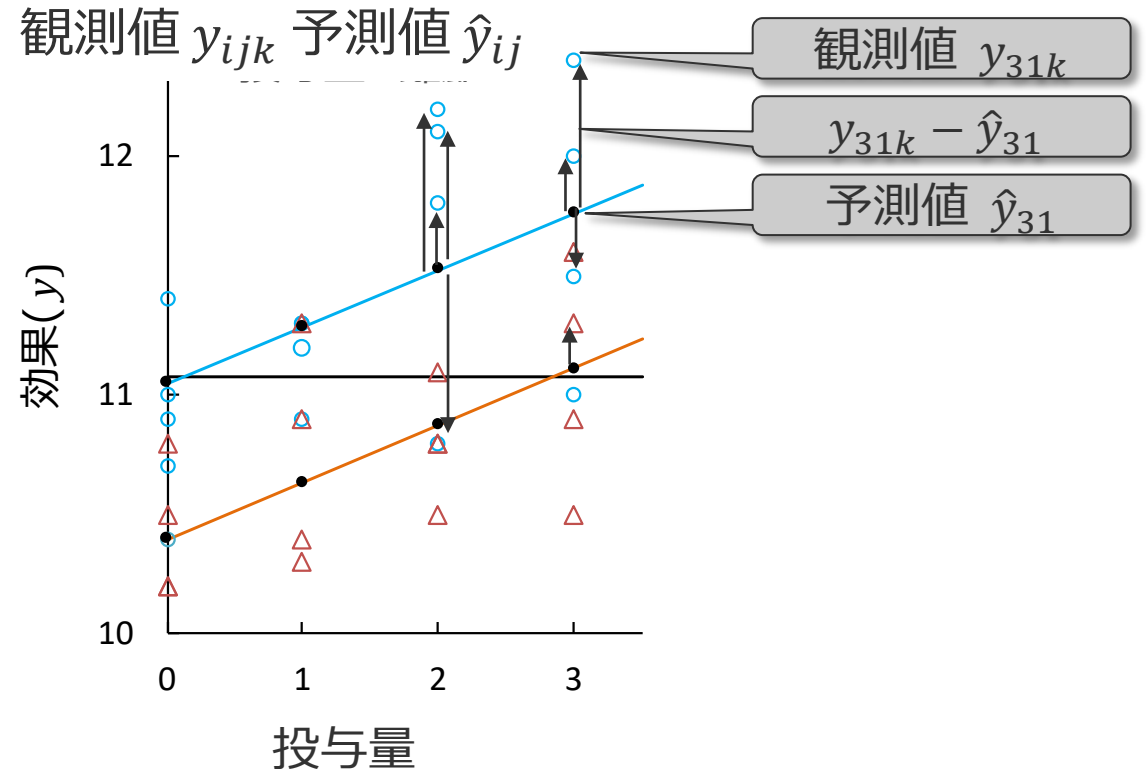
$$S_e = \sum_{i=0}^3 \sum_{j=1}^2 \sum_{k=1}^4 (y_{ijk} - \bar{y}_{ij.})^2$$

LOFの平方和 (傾きが共通、平行)



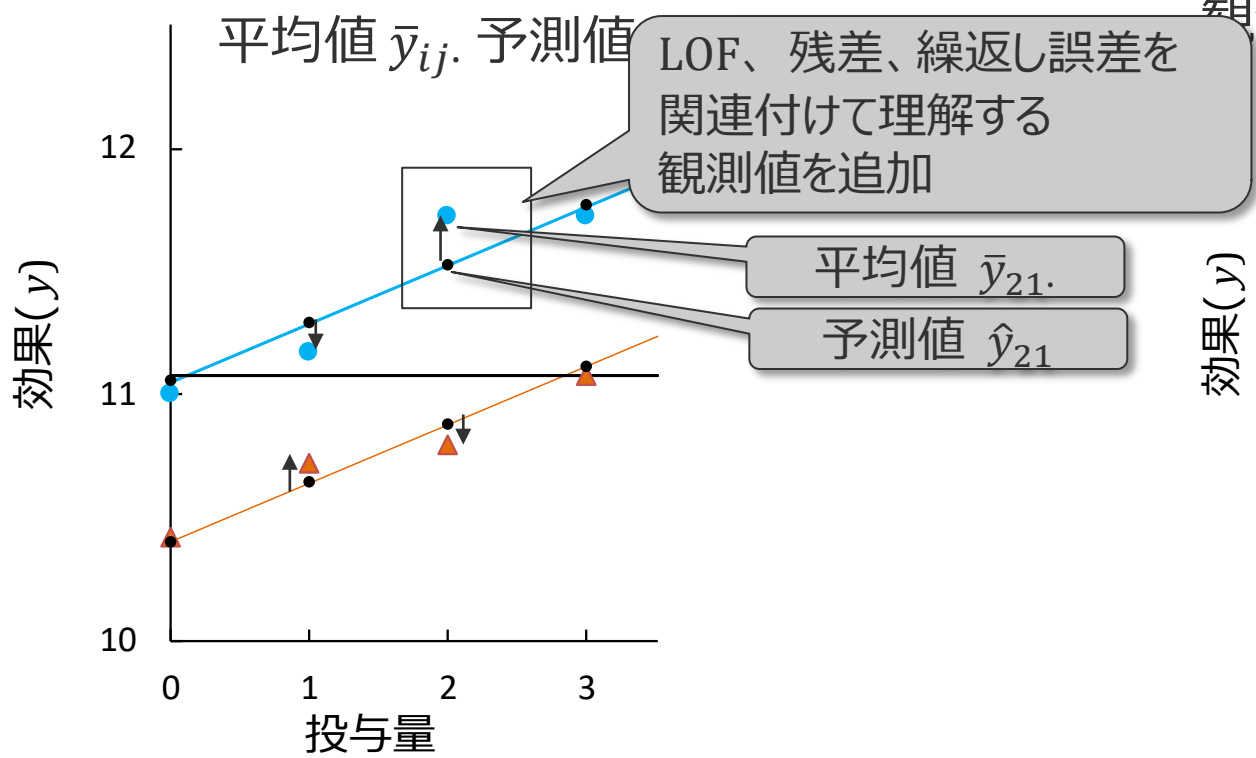
$$S_{LOF}^{*1} = \sum_{i=0}^3 \sum_{j=1}^2 \sum_{k=1}^4 (\bar{y}_{ij\cdot} - \hat{y}_{ij})^2 = 4 \times \sum_{i=0}^3 \sum_{j=1}^2 (\bar{y}_{ij\cdot} - \hat{y}_{ij})^2$$

残差平方和 (傾きが共通、平行)

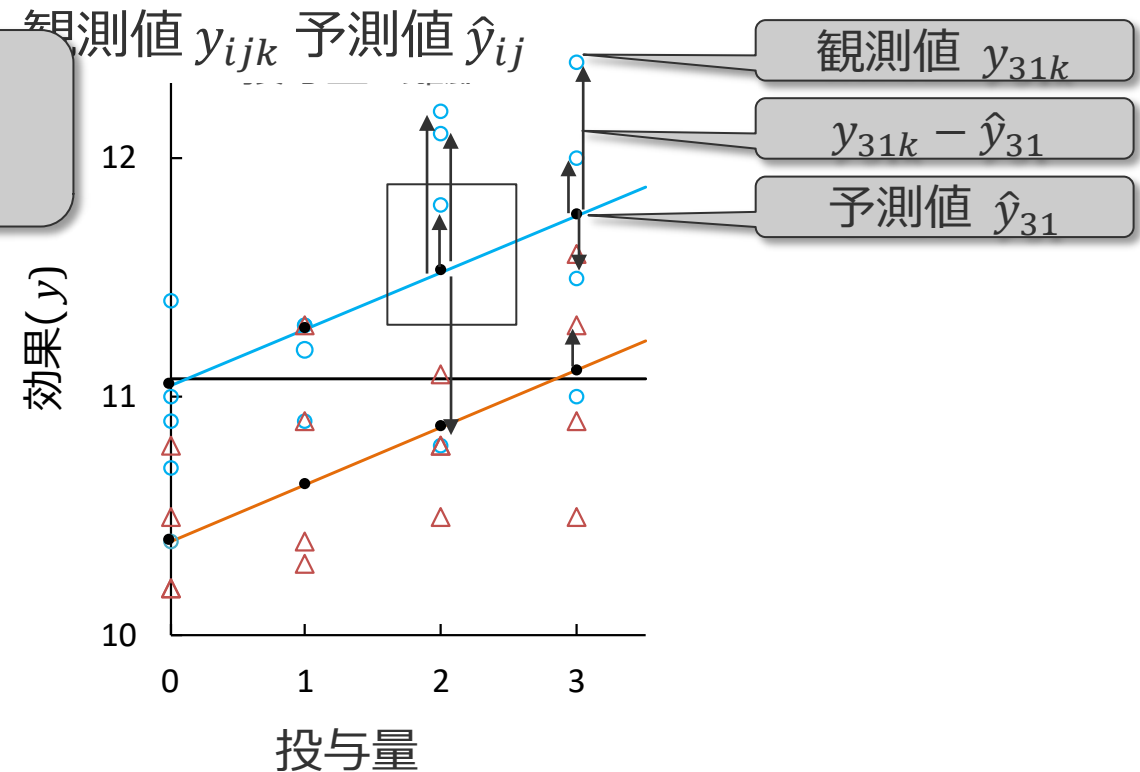


$$S_e^{*1} = \sum_{i=0}^3 \sum_{j=1}^2 \sum_{k=1}^4 (y_{ijk} - \hat{y}_{ij})^2$$

LOFの平方和 (傾きが共通、平行)



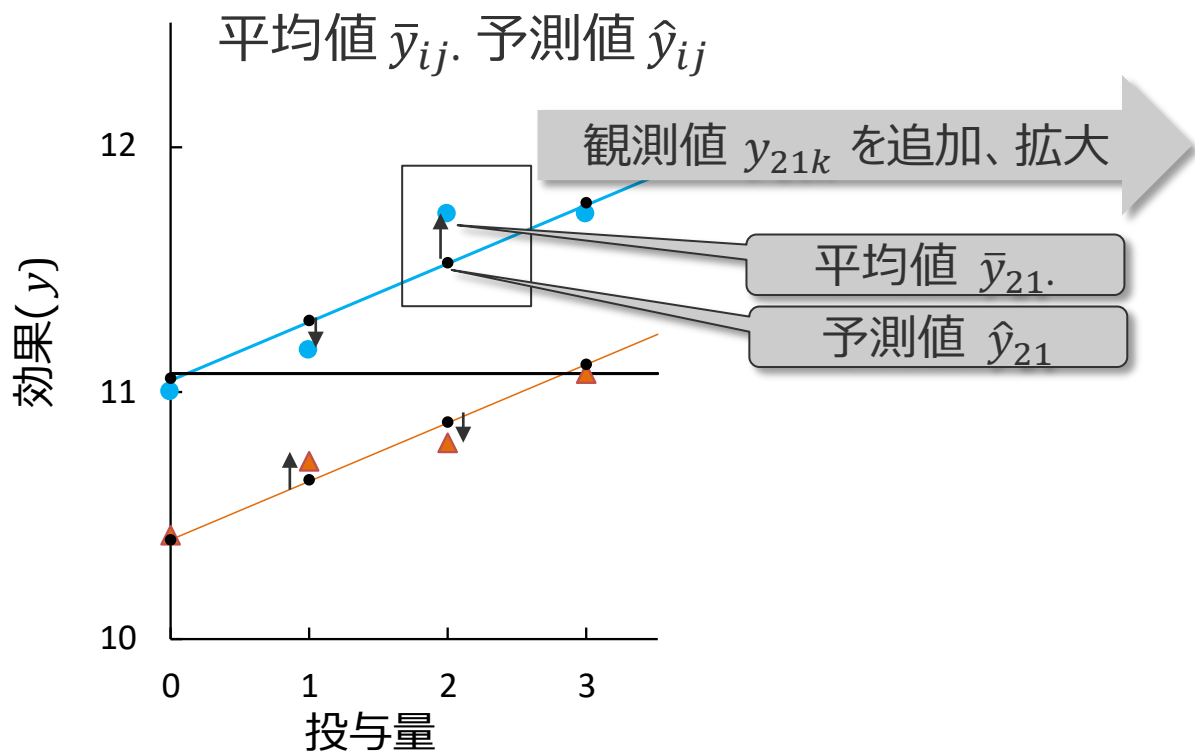
残差平方和 (傾きが共通、平行)



$$S_{LOF}^{*1} = \sum_{i=0}^3 \sum_{j=1}^2 \sum_{k=1}^4 (\bar{y}_{ij\cdot} - \hat{y}_{ij})^2 = 4 \times \sum_{i=0}^3 \sum_{j=1}^2 (\bar{y}_{ij\cdot} - \hat{y}_{ij})^2$$

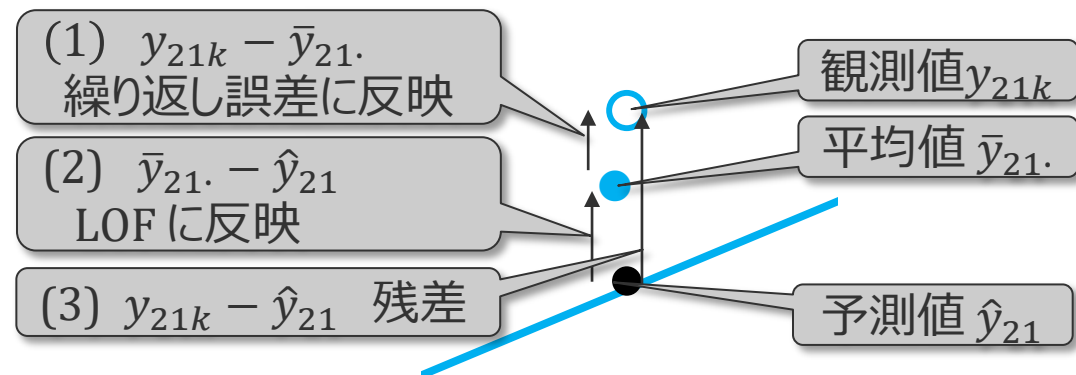
$$S_e^{*1} = \sum_{i=0}^3 \sum_{j=1}^2 \sum_{k=1}^4 (y_{ijk} - \hat{y}_{ij})^2$$

LOFの平方和 (傾きが共通、平行)



$$S_{LOF}^{*1} = \sum_{i=0}^3 \sum_{j=1}^2 \sum_{k=1}^4 (\bar{y}_{ij.} - \hat{y}_{ij})^2 = 4 \times \sum_{i=0}^3 \sum_{j=1}^2 (\bar{y}_{ij.} - \hat{y}_{ij})^2$$

LOF、残差、繰返し誤差との関係



$$(y_{ijk} - \hat{y}_{ij}) = (y_{ijk} - \bar{y}_{ij.}) + (\bar{y}_{ij.} - \hat{y}_{ij})$$

$$S_e^{*1} = S_{LOF}^{*1} + S_e$$

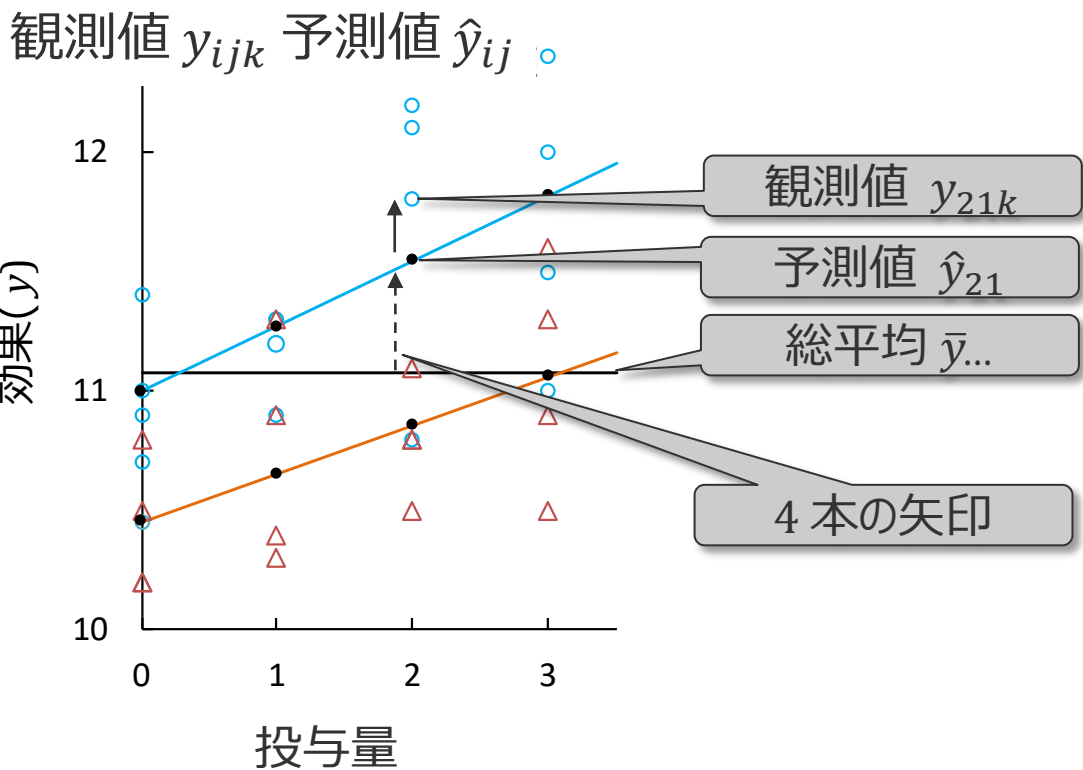
繰返し誤差の平方和

$$S_e = \sum_{i=0}^3 \sum_{j=1}^2 \sum_{k=1}^4 (y_{ijk} - \bar{y}_{ij.})^2$$

残差平方和

$$S_e^{*1} = \sum_{i=0}^3 \sum_{j=1}^2 \sum_{k=1}^4 (y_{ijk} - \hat{y}_{ij})^2$$

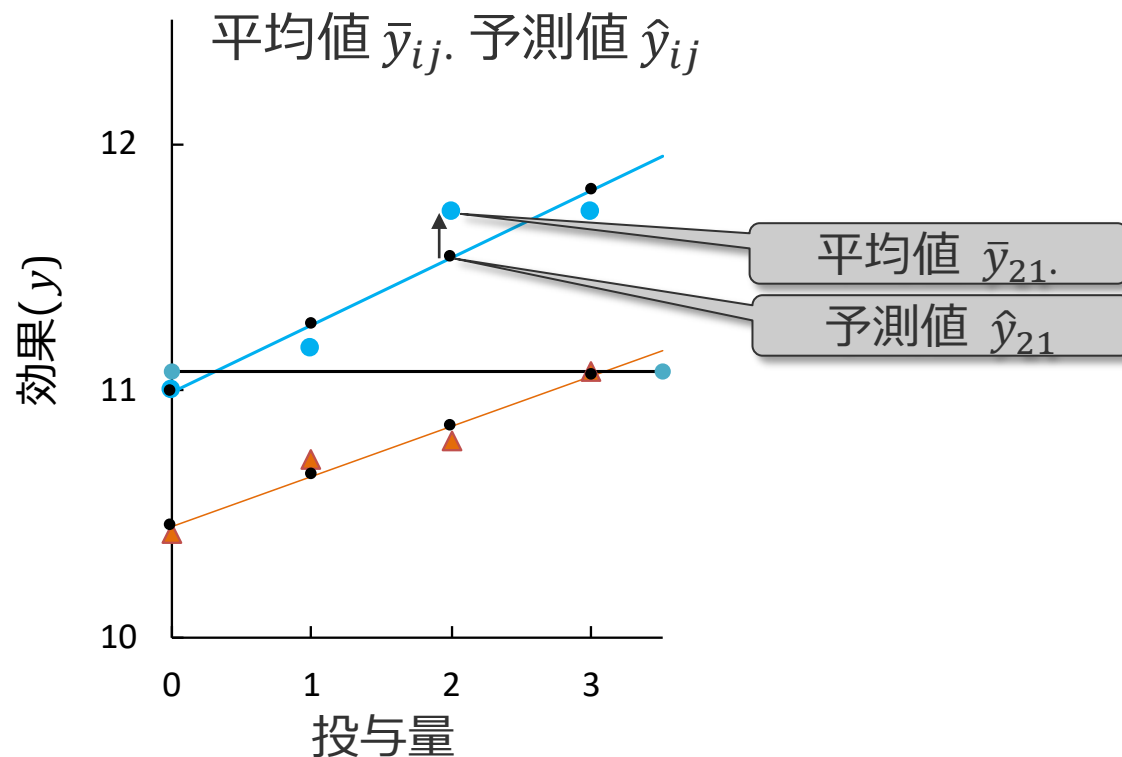
回帰と残差の平方和 (傾きが違う)



$$S_R = \sum_{i=0}^3 \sum_{j=1}^2 \sum_{k=1}^4 (\hat{y}_{ij} - \bar{y}...)^2$$

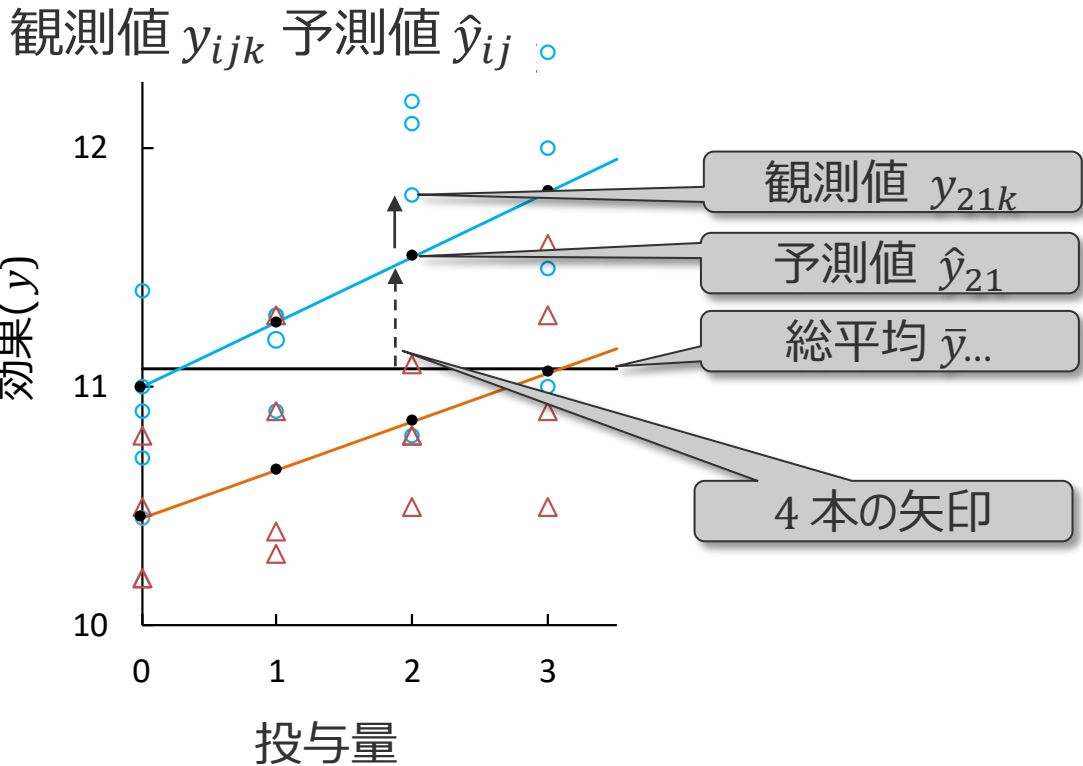
$$S_e^{*2} = \sum_{i=0}^3 \sum_{j=1}^2 \sum_{k=1}^4 (y_{ijk} - \hat{y}_{ij})^2$$

LOFの平方和 (傾きが違う)



$$S_{LOF}^{*2} = \sum_{i=0}^3 \sum_{j=1}^2 \sum_{k=1}^4 (\bar{y}_{ij} - \hat{y}_{ij})^2$$

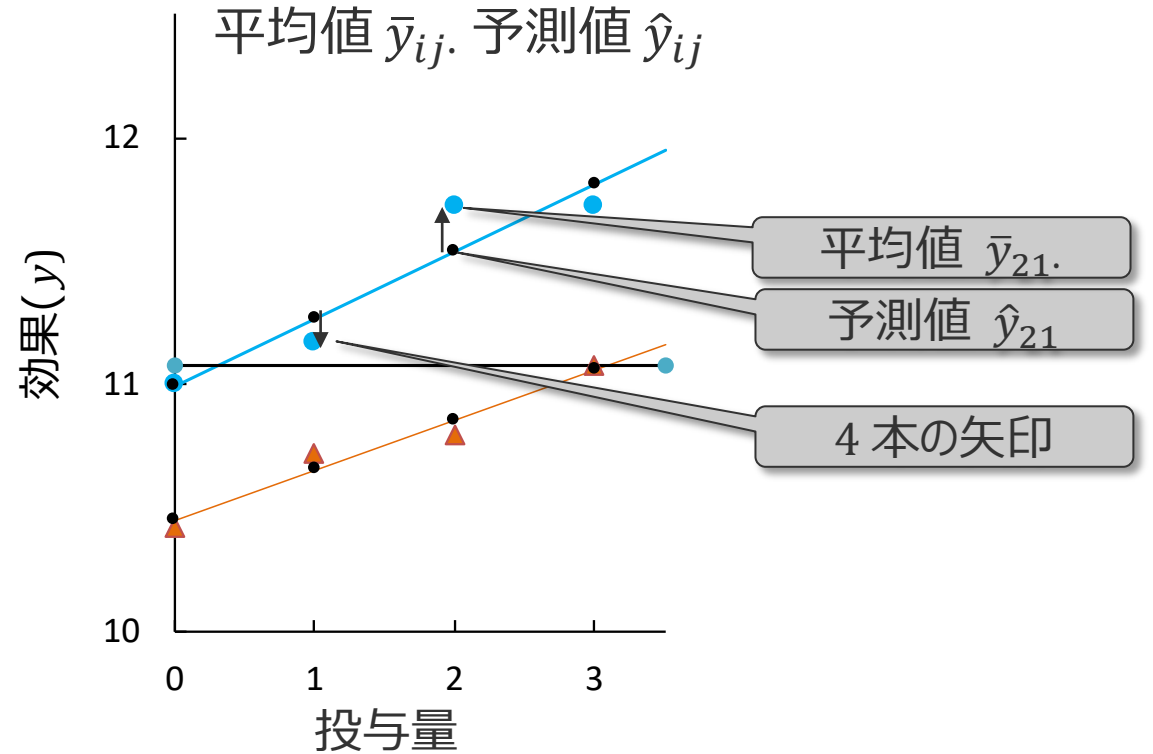
回帰と残差の平方和 (傾きが違う)



$$S_R = \sum_{i=0}^3 \sum_{j=1}^2 \sum_{k=1}^4 (\hat{y}_{ij} - \bar{y}..)^2$$

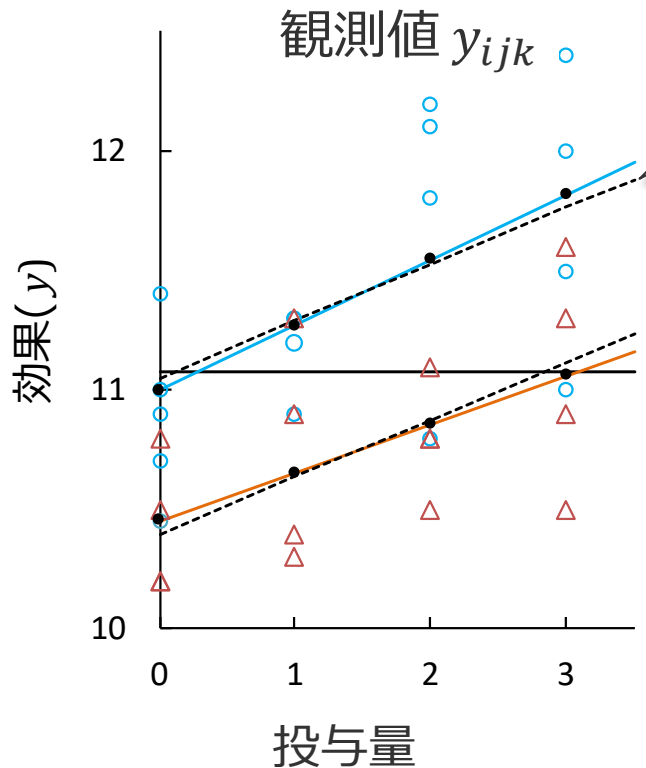
$$S_e^{*2} = \sum_{i=0}^3 \sum_{j=1}^2 \sum_{k=1}^4 (y_{ijk} - \hat{y}_{ij})^2$$

LOFの平方和 (傾きが違う)



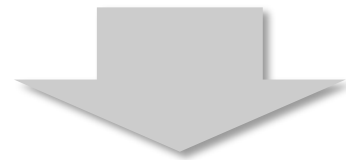
$$S_{LOF}^{*2} = \sum_{i=0}^3 \sum_{j=1}^2 \sum_{k=1}^4 (\bar{y}_{ij} - \hat{y}_{ij})^2$$

交互作用（傾きが違う）



傾きを共通とする平行な回帰直線（黒い点線）
どの投与量においても、雌雄の差は同じ
雌雄ともに、傾きが同じ → 投与量の効果は同じ
（傾き：単位当たりの投与量の増加に伴う効果の増加）

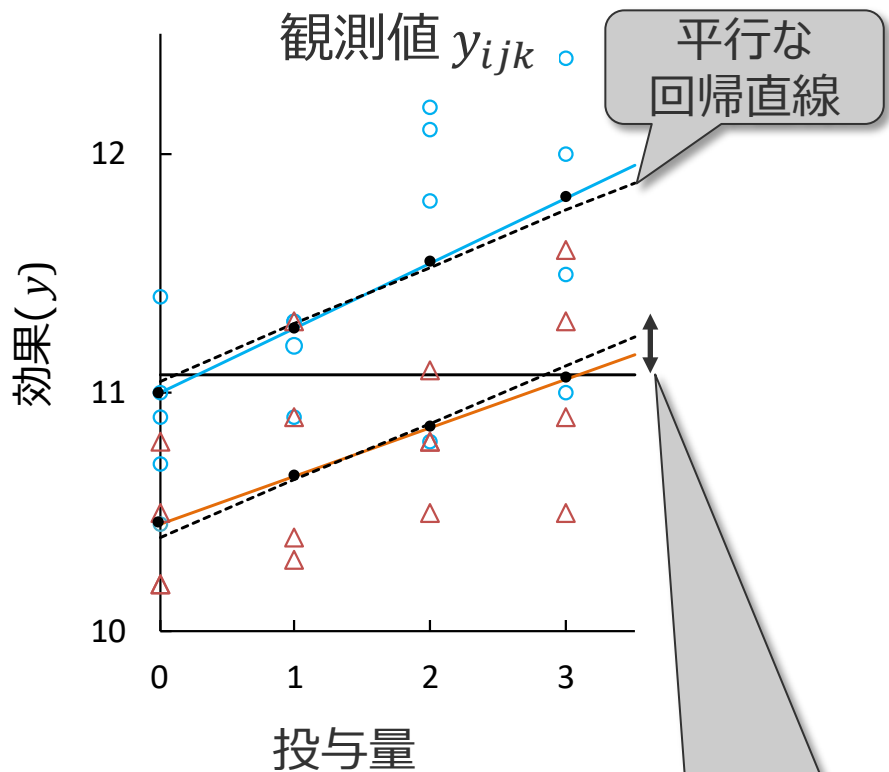
傾きの違う回帰直線（オレンジとブルーの実線）
投与量の違いで、雌雄の差は異なる
雌雄によって、投与量の効果の差は異なる
→ 交互作用（[§5.1](#) 参照）



傾きを共通とする回帰直線のモデル・・・交互作用を考慮しない
傾きの違う回帰直線のモデル・・・交互作用を考慮
交互作用の大きさは両者の回帰直線とのズレの大きさ

平方和の分解 (イメージ)

交互作用 (傾きが違う)



表示5.3.3 回帰式のあてはまりの良さの確認

			平均値	雌雄毎の直線		平行な直線		
雌雄	雌	投与量	実測値	予測値	残差	予測値	残差	差
雄	0	0	11.000	10.998	0.002	11.050	-0.050	
雄	0	1	11.175	11.270	-0.095	11.288	-0.113	
雄	0	2	11.725	11.543	0.183	11.525	0.200	
雄	0	3	11.725	11.815	-0.090	11.763	-0.038	
雌	1	0	10.425	10.453	-0.027	10.400	0.025	
雌	1	1	10.725	10.655	0.070	10.638	0.087	
雌	1	2	10.800	10.858	-0.057	10.875	-0.075	
雌	1	3	11.075	11.060	0.015	11.113	-0.037	
2乗和						0.060	0.072	0.012
4×2乗和						0.239	0.288	0.049

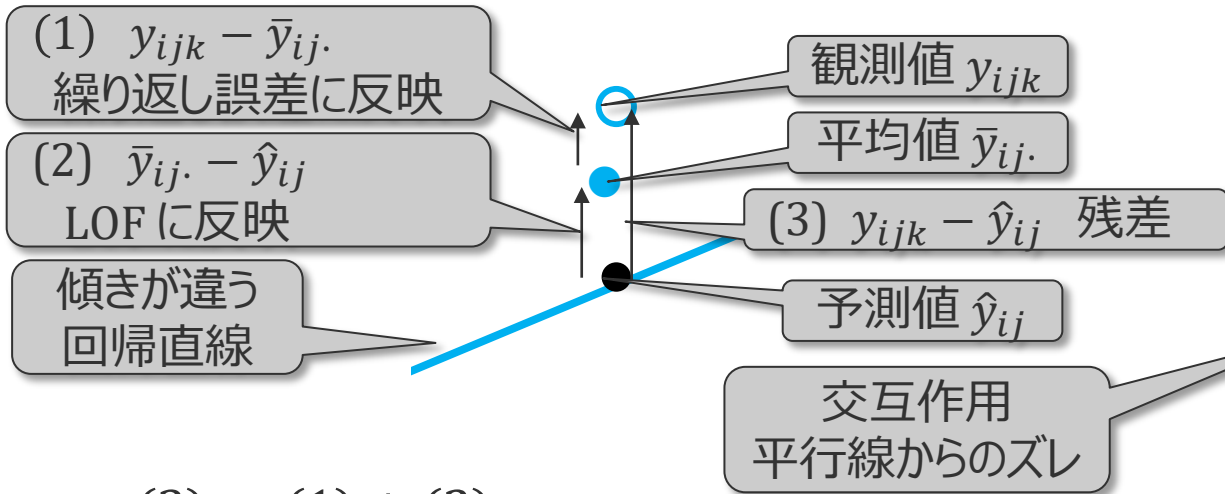
交互作用の大きさ:
平行な直線とのズレの大きさ

残差の平方和
= LOF

残差の平方和
= LOF

LOFの差
= 交互作用

(傾きが違う回帰直線)



$$(3) = (1) + (2)$$

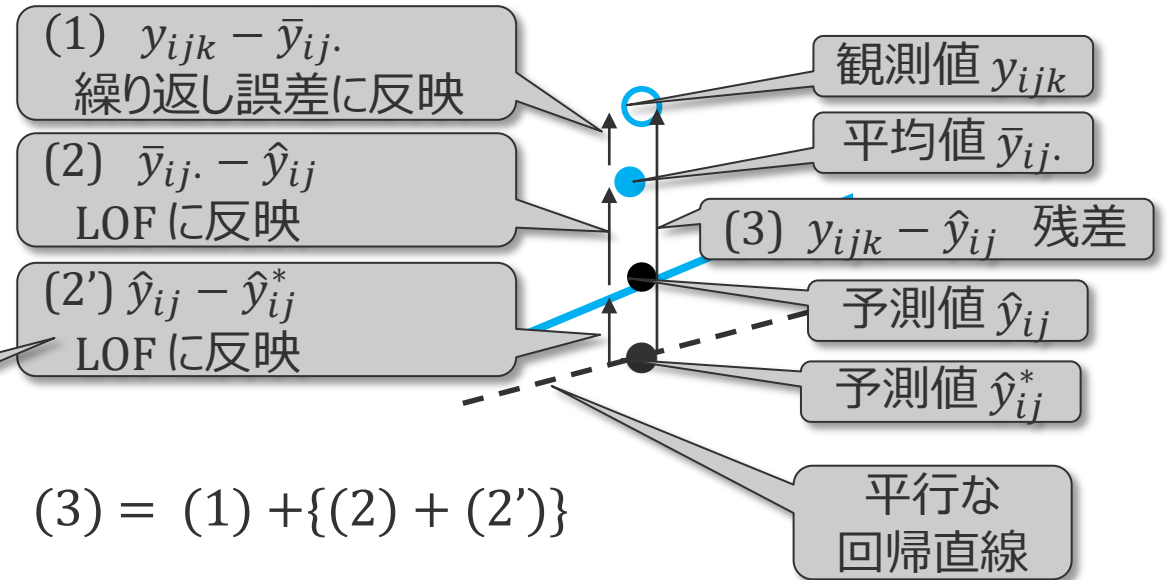
傾きが違う場合

LOFの平方和は(2)の2乗和

平行な回帰直線からのズレ = 交互作用(2')

(2')は2本の直線が平行ではないことによる差、この2乗和が交互作用の平方和(ズレ)

(傾きを共通とする回帰直線：点線)



$$(3) = (1) + \{(2) + (2')\}$$

傾きが共通(平行)の場合

LOFの平方和は(2)+(2')の2乗和

交互作用の部分(2')がLOFに加わる

● 1 因子実験での平方和の分解 (復習)

質的因子：水準間平方和 (S_A) + 繰り返し誤差 (S_e) (§1.1)

量的因子：回帰平方和 (S_R) + 誤差 (S_e^*) (§2.1)

↑ LOF の平方和 (S_{LOF}) + 繰り返し誤差 (S_e)
(あてはまりの悪さ)

1 因子実験 (質的因子)

水準	1	2	3	4	5
A1	10.8	9.9	9.7	10.4	10.7
A2	10.7	10.6	11.0	10.8	10.9
A3	11.4	10.7	10.9	11.3	11.7
A4	11.9	11.2	11.0	11.1	11.3

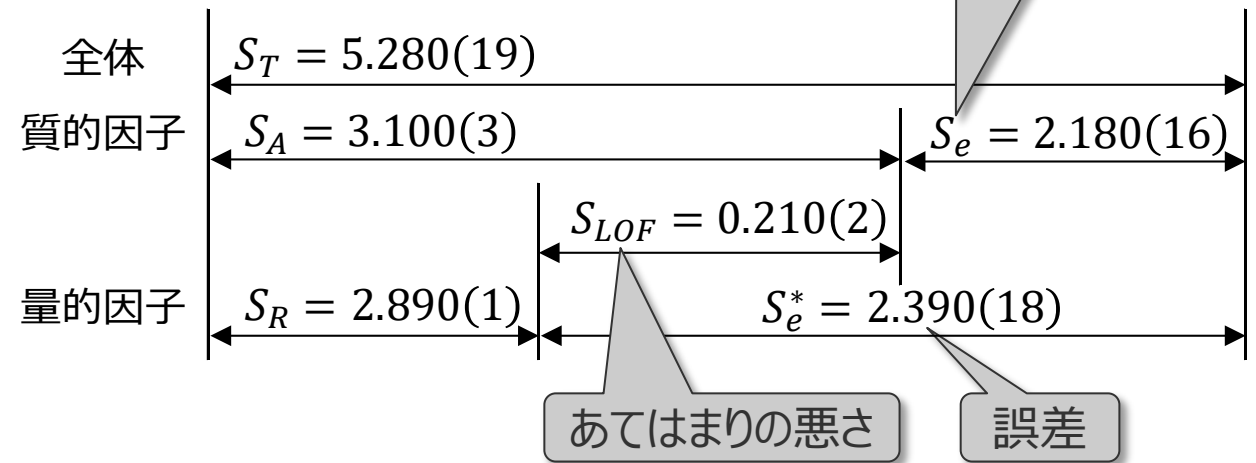
1 因子実験 (量的因子)

水準	1	2	3	4	5
0	10.8	9.9	9.7	10.4	10.7
10	10.7	10.6	11.0	10.8	10.9
20	11.4	10.7	10.9	11.3	11.7
30	11.9	11.2	11.0	11.1	11.3

純粹誤差
(JMP)

繰り返し誤差
(純粹誤差)

表示 2.1.3 平方和の分解 (改変)



2 因子実験でも考え方は同じ

● 2 因子実験での平方和の分解

表示5.2.1
(一部)

	A0	A1	A2	A3
B1 (雄)	11.0	11.3	11.8	11.5
	10.7	11.3	12.2	12.0
	11.4	10.9	12.1	12.4
	10.9	11.2	10.8	11.0
B2 (雌)	10.2	10.9	10.5	10.9
	10.8	11.3	10.8	10.5
	10.5	10.3	10.8	11.3
	10.2	10.4	11.1	11.6

表示5.3.1
(改変)

	0	1	2	3
B1 (雄)	11.0	11.3	11.8	11.5
	10.7	11.3	12.2	12.0
	11.4	10.9	12.1	12.4
	10.9	11.2	10.8	11.0
B2 (雌)	10.2	10.9	10.5	10.9
	10.8	11.3	10.8	10.5
	10.5	10.3	10.8	11.3
	10.2	10.4	11.1	11.6

(1) 全体の平方和 (総平方和)

(2) **質的因子×質的因子**

雌雄、薬剤、交互作用、繰り返し誤差の平方和

質的因子×量的因子

<傾きの違う 2 本の直線のあてはめ>

(3) 回帰 (投与量)、誤差の平方和

(4) 誤差→あてはまりの悪さ (LOF) +繰り返し誤差

(5) 2 本の直線が平行ではないことによる平方和
交互作用

<傾きを共通とする 2 本の直線 (平行) のあてはめ>

(6) 雌雄、回帰 (投与量)、誤差の平方和

(7) 誤差→あてはまりの悪さ (LOF) +繰り返し誤差

● 2 因子実験での平方和の分解

表示5.2.1

	A0	A1	A2	A3
B1 (雄)	11.0	11.3	11.8	11.5
	10.7	11.3	12.2	12.0
	11.4	10.9	12.1	12.4
	10.9	11.2	10.8	11.0
B2 (雌)	10.2	10.9	10.5	10.9
	10.8	11.3	10.8	10.5
	10.5	10.3	10.8	11.3
	10.2	10.4	11.1	11.6

表示5.3.1

	0	1	2	3
B1 (雄)	11.0	11.3	11.8	11.5
	10.7	11.3	12.2	12.0
	11.4	10.9	12.1	12.4
	10.9	11.2	10.8	11.0
B2 (雌)	10.2	10.9	10.5	10.9
	10.8	11.3	10.8	10.5
	10.5	10.3	10.8	11.3
	10.2	10.4	11.1	11.6

(1) 全体の平方和 (総平方和)

(2) **質的因子×質的因子**

雌雄、薬剤、交互作用、繰り返し誤差の平方和

質的因子×量的因子

<傾きの違う 2 本の直線のあてはめ>

(3) 回帰 (投与量)、誤差の平方和

(4) 誤差→あてはまりの悪さ (LOF) +繰り返し誤差

(5) 2本の直線が平行ではないことによる平方和
交互作用

<傾きを共通とする 2 本の直線 (平行) のあてはめ>

(6) 雌雄、回帰 (投与量)、誤差の平方和

(7) 誤差→あてはまりの悪さ (LOF) +繰り返し誤差

● 2 因子実験での平方和の分解

表示5.2.1

	A0	A1	A2	A3
B1 (雄)	11.0	11.3	11.8	11.5
	10.7	11.3	12.2	12.0
	11.4	10.9	12.1	12.4
	10.9	11.2	10.8	11.0
B2 (雌)	10.2	10.9	10.5	10.9
	10.8	11.3	10.8	10.5
	10.5	10.3	10.8	11.3
	10.2	10.4	11.1	11.6

表示5.3.1

	0	1	2	3
B1 (雄)	11.0	11.3	11.8	11.5
	10.7	11.3	12.2	12.0
	11.4	10.9	12.1	12.4
	10.9	11.2	10.8	11.0
B2 (雌)	10.2	10.9	10.5	10.9
	10.8	11.3	10.8	10.5
	10.5	10.3	10.8	11.3
	10.2	10.4	11.1	11.6

(1) 全体の平方和 (総平方和)

(2) **質的因子×質的因子**

雌雄、薬剤、交互作用、繰返し誤差の平方和

質的因子×量的因子

<傾きの違う2本の直線のあてはめ>

(3) 回帰 (投与量)、誤差の平方和

(4) 誤差→あてはまりの悪さ (LOF) +繰返し誤差

(5) 2本の直線が平行ではないことによる平方和
交互作用

<傾きを共通とする2本の直線 (平行) のあてはめ>

(6) 雌雄、回帰 (投与量)、誤差の平方和

(7) 誤差→あてはまりの悪さ (LOF) +繰返し誤差

● 2 因子実験での平方和の分解

表示5.2.1

	A0	A1	A2	A3
B1	11.0	11.3	11.8	11.5
(雄)	10.7	11.3	12.2	12.0
	11.4	10.9	12.1	12.4
	10.9	11.2	10.8	11.0
B2	10.2	10.9	10.5	10.9
(雌)	10.8	11.3	10.8	10.5
	10.5	10.3	10.8	11.3
	10.2	10.4	11.1	11.6

表示5.3.1

	0	1	2	3
B1	11.0	11.3	11.8	11.5
(雄)	10.7	11.3	12.2	12.0
	11.4	10.9	12.1	12.4
	10.9	11.2	10.8	11.0
B2	10.2	10.9	10.5	10.9
(雌)	10.8	11.3	10.8	10.5
	10.5	10.3	10.8	11.3
	10.2	10.4	11.1	11.6

(1) 全体の平方和 (総平方和)

(2) **質的因子×質的因子**

雌雄、薬剤、交互作用、繰り返し誤差の平方和

質的因子×量的因子

<傾きの違う 2 本の直線のあてはめ>

(3) 回帰 (投与量)、誤差の平方和

(4) 誤差→あてはまりの悪さ (LOF) +繰り返し誤差

(5) 2本の直線が平行ではないことによる平方和
交互作用

<傾きを共通とする 2 本の直線 (平行) のあてはめ>

(6) 雌雄、回帰 (投与量)、誤差の平方和

(7) 誤差→あてはまりの悪さ (LOF) +繰り返し誤差

● 2 因子実験での平方和の分解

表示5.2.1

	A0	A1	A2	A3
B1	11.0	11.3	11.8	11.5
(雄)	10.7	11.3	12.2	12.0
	11.4	10.9	12.1	12.4
	10.9	11.2	10.8	11.0
B2	10.2	10.9	10.5	10.9
(雌)	10.8	11.3	10.8	10.5
	10.5	10.3	10.8	11.3
	10.2	10.4	11.1	11.6

表示5.3.1

	0	1	2	3
B1	11.0	11.3	11.8	11.5
(雄)	10.7	11.3	12.2	12.0
	11.4	10.9	12.1	12.4
	10.9	11.2	10.8	11.0
B2	10.2	10.9	10.5	10.9
(雌)	10.8	11.3	10.8	10.5
	10.5	10.3	10.8	11.3
	10.2	10.4	11.1	11.6

(1) 全体の平方和 (総平方和)

(2) **質的因子×質的因子**

雌雄、薬剤、交互作用、繰り返し誤差の平方和

質的因子×量的因子

<傾きの違う 2 本の直線のあてはめ>

(3) 回帰 (投与量)、誤差の平方和

(4) 誤差→あてはまりの悪さ (LOF) +繰り返し誤差

(5) 2本の直線が平行ではないことによる平方和
交互作用

<傾きを共通とする 2 本の直線 (平行) のあてはめ>

(6) 雌雄、回帰 (投与量)、誤差の平方和

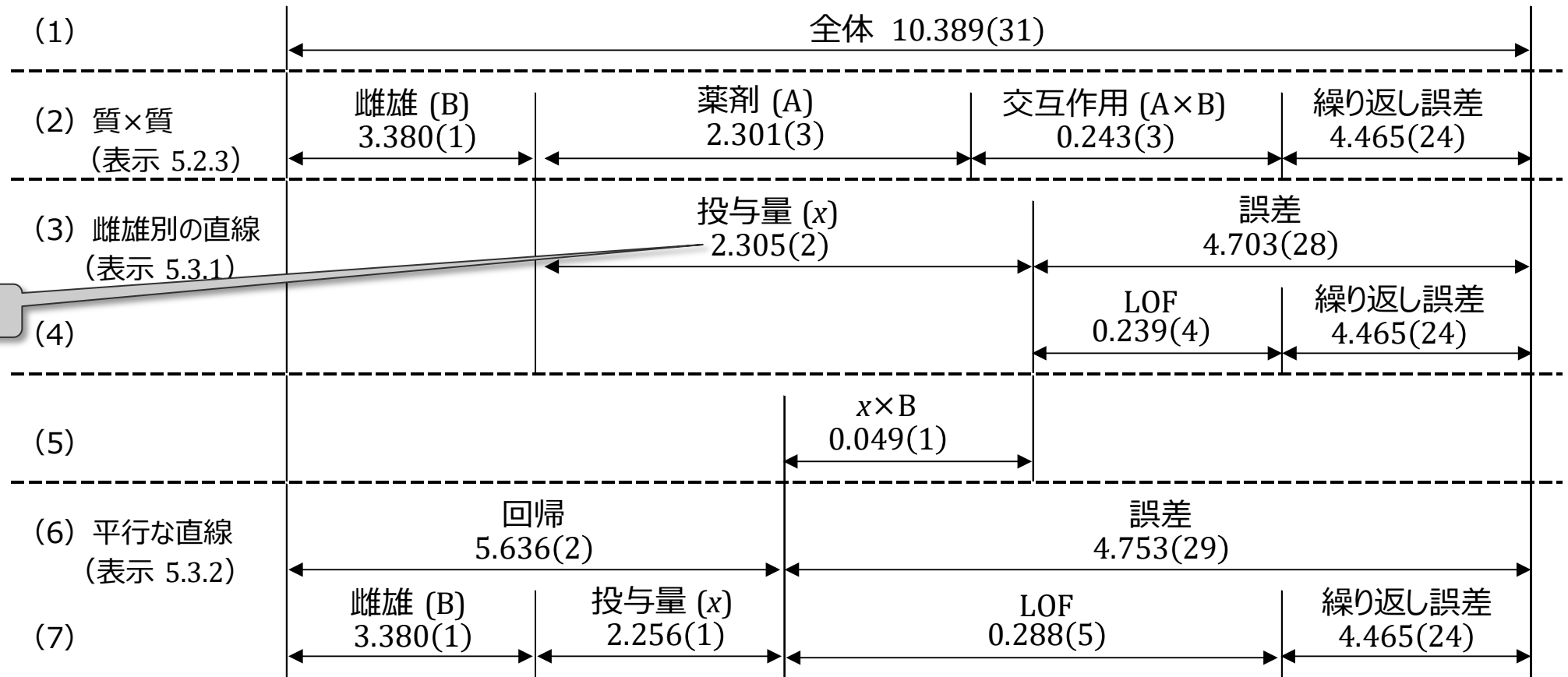
(7) 誤差→あてはまりの悪さ (LOF) +繰り返し誤差

● 2 因子実験での平方和の分解

平方和の関係を示すグラフ（相互の位置関係を図示、両矢印の長さは平方和を反映しない）

表示5.3.4
平方和の分解

平方和（自由度）

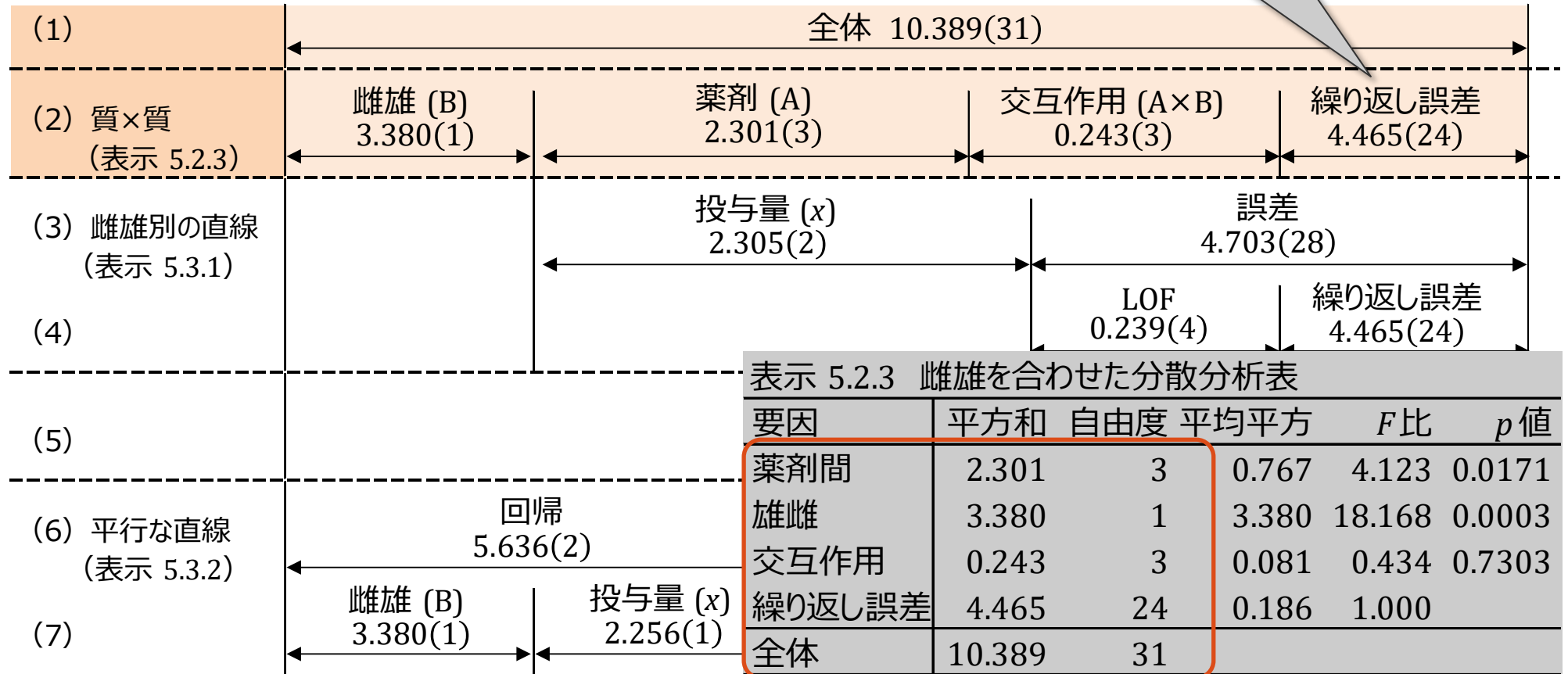


● 2 因子実験での平方和の分解

(1) 総平方和、 (2) 質的因子×質的因子 (§5.2 表示 5.2.3 p.176)

純粹誤差 (JMP)

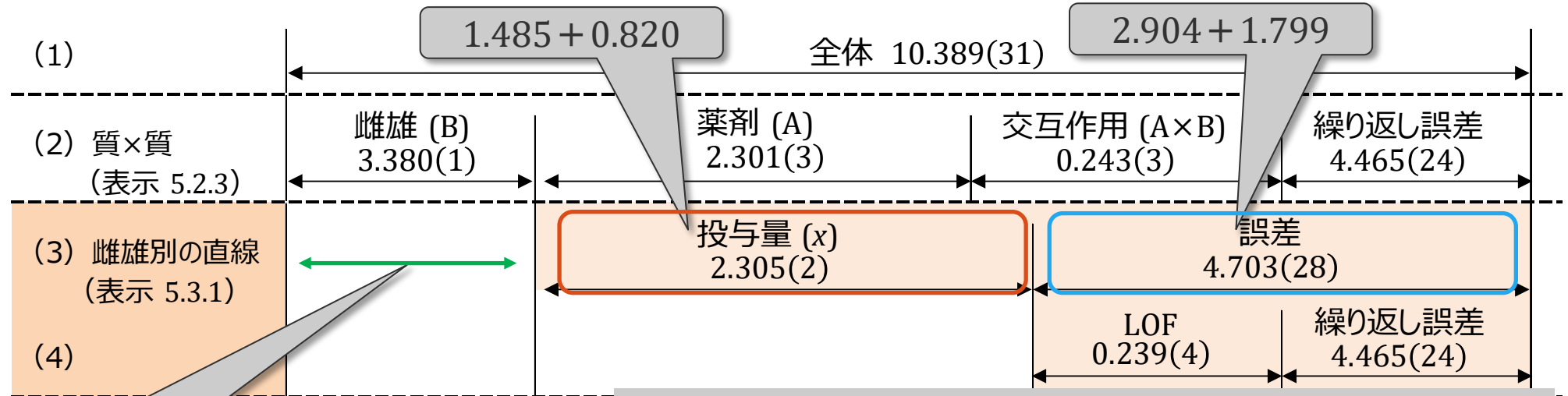
表示5.3.4
平方和の分解



● 2 因子実験での平方和の分解

(3) 雌雄を別々に解析して、傾きの異なる 2 本の直線をあてはめ (表示 5.3.1)

表示5.3.4
平方和の分解



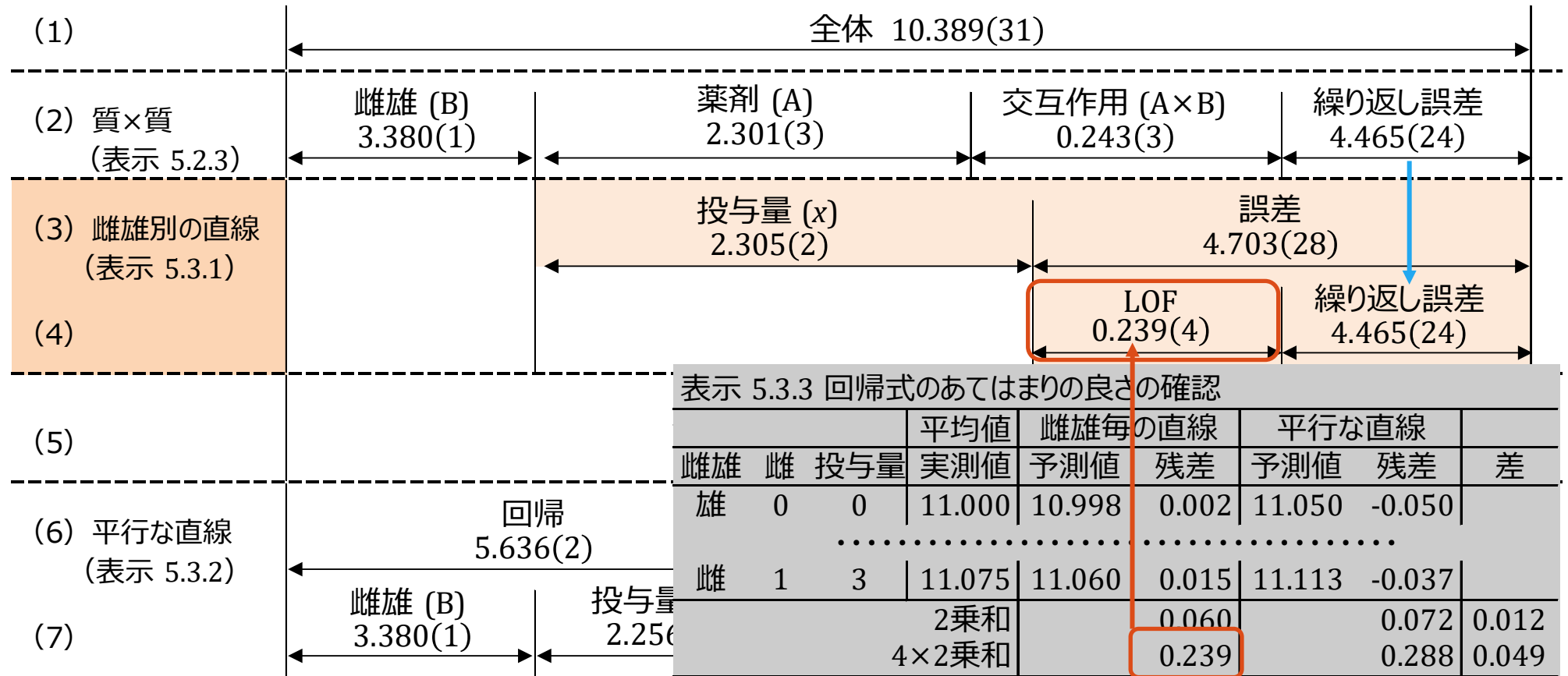
表示 5.3.1 雌雄ごとの直線のあてはめ

	雄 (B1)		雌 (B2)		
	x	const	x	const	
回帰係数	0.273	10.998	0.203	10.453	切片
その標準誤差	0.102	0.191	0.080	0.150	その標準誤差
寄与率	0.338	0.455	0.313	0.358	標準偏差
F 比	7.159	14	6.381	14	残差自由度
回帰平方和	1.485	2.904	0.820	1.799	残差平方和

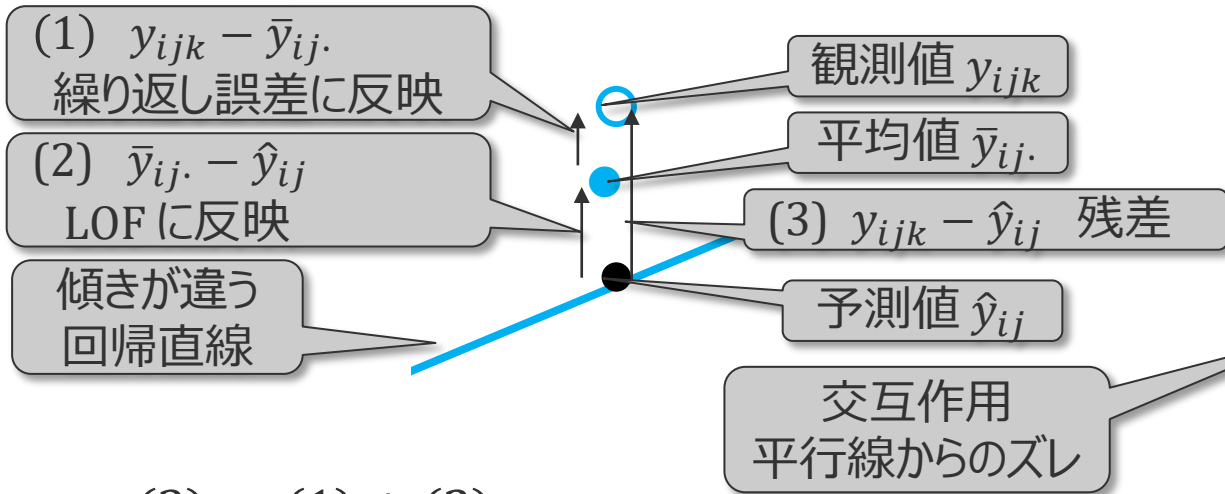
● 2 因子実験での平方和の分解

(4) 誤差の分解 → あてはまりの悪さ (LOF) と繰り返し誤差 (§2.1)

表示5.3.4
平方和の分解



(傾きが違う回帰直線)



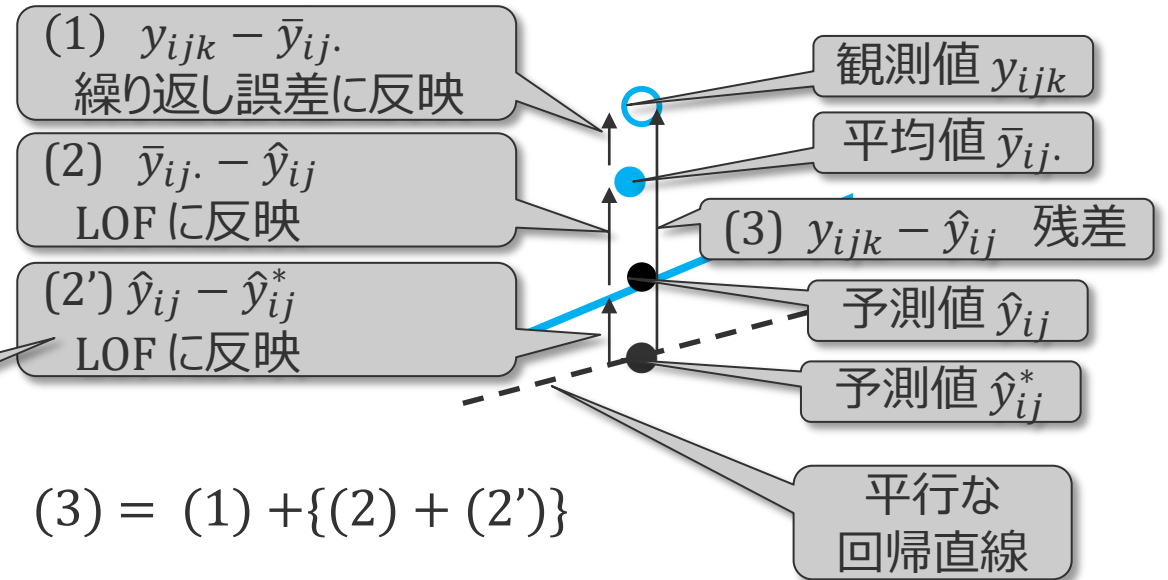
$$(3) = (1) + (2)$$

傾きが違う場合

LOFの平方和は(2)の2乗和
平行な回帰直線からのズレ = 交互作用(2')

(2')は2本の直線が平行ではないことによる差、この2乗和が交互作用の平方和(ズレ)

(傾きを共通とする回帰直線：点線)



$$(3) = (1) + \{(2) + (2')\}$$

傾きが共通(平行)の場合

LOFの平方和は(2)+(2')の2乗和
交互作用の部分(2')がLOFに加わる



(5) 傾きの違うモデルのあてはめ

引き続き、表示5.3.4の説明

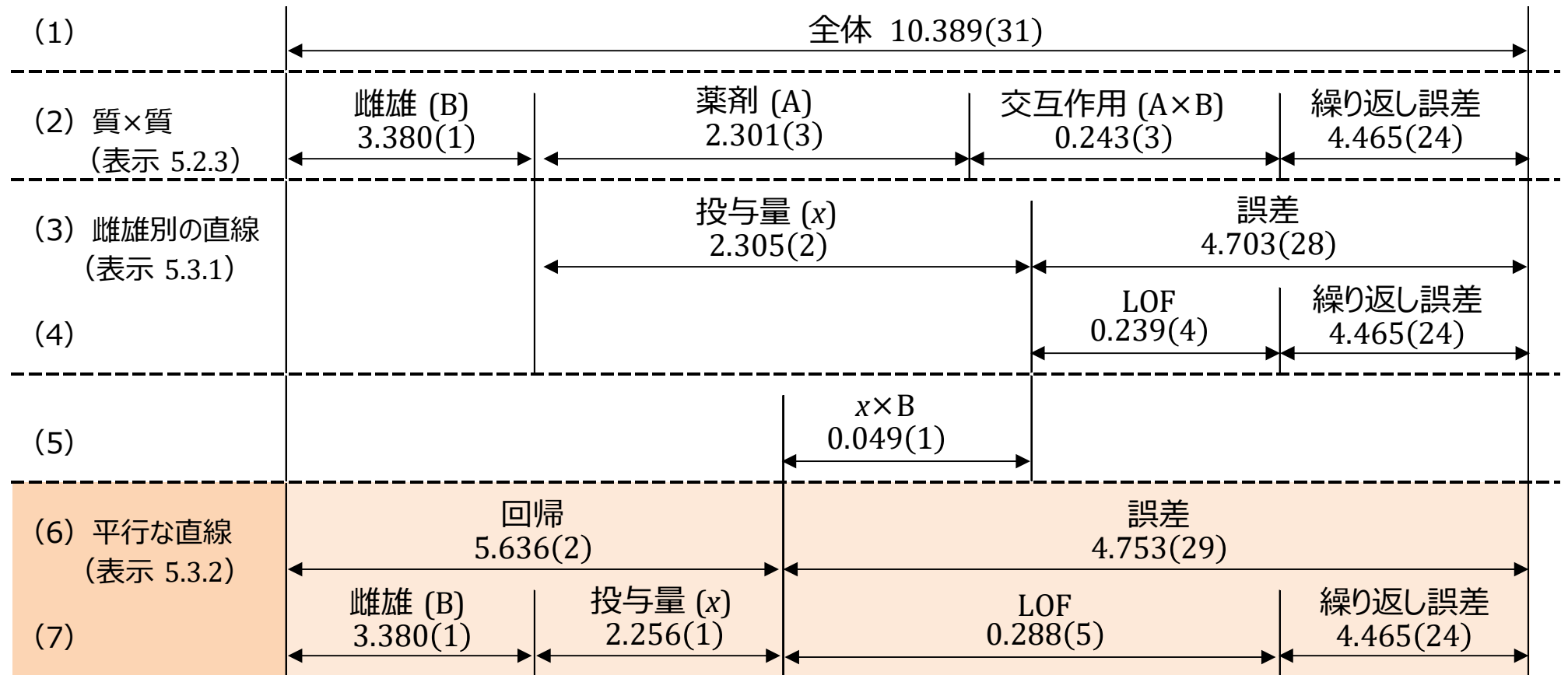
傾きの違うモデル = 交互作用を考慮する

傾きを共通とするモデル = 交互作用を考慮しない

● 2 因子実験での平方和の分解

(6) 傾きを共通とする 2 本の直線のあてはめ (平行な直線のあてはめ)

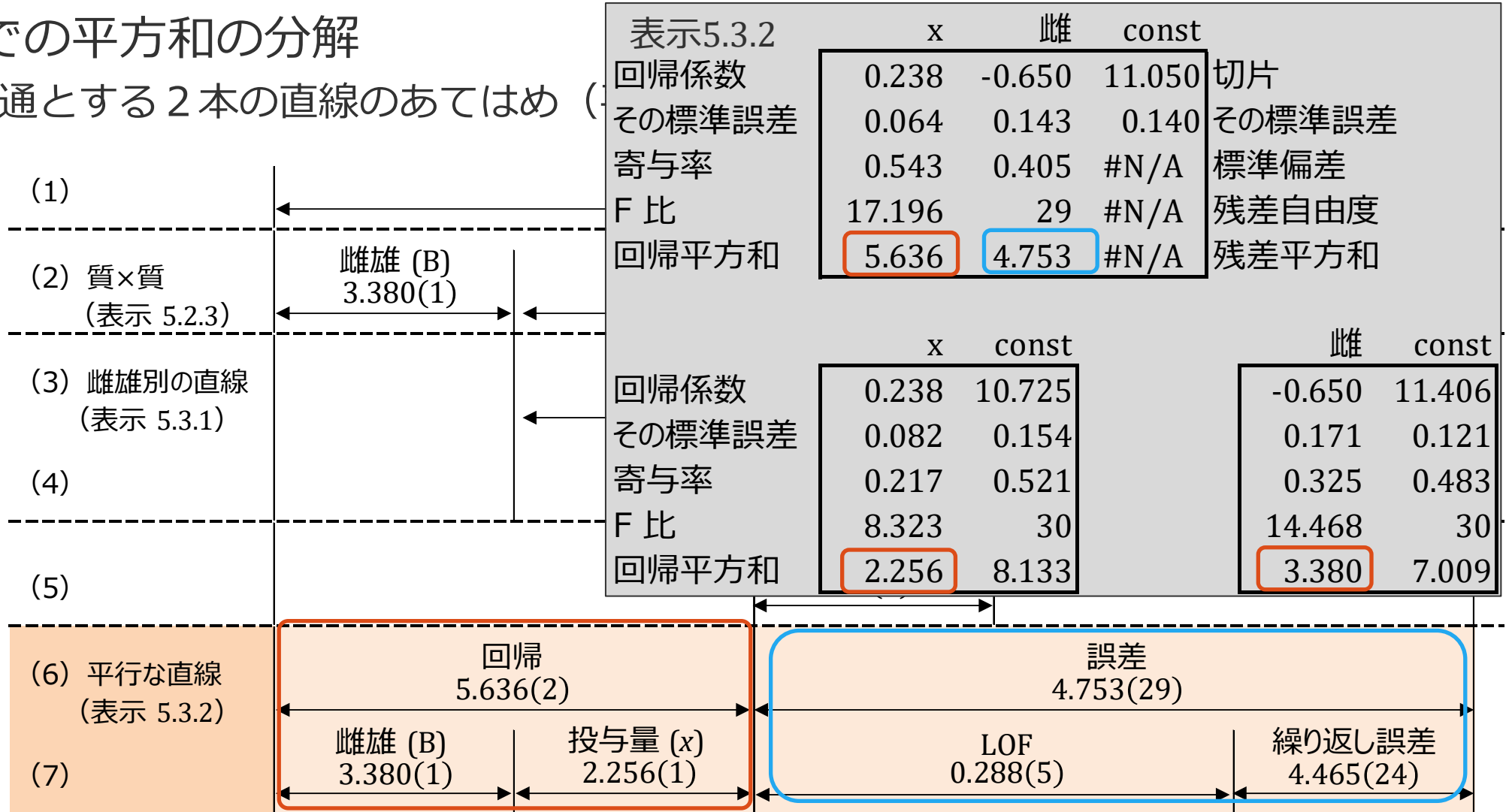
表示5.3.4
平方和の分解



● 2 因子実験での平方和の分解

(6) 傾きを共通とする 2 本の直線のあてはめ

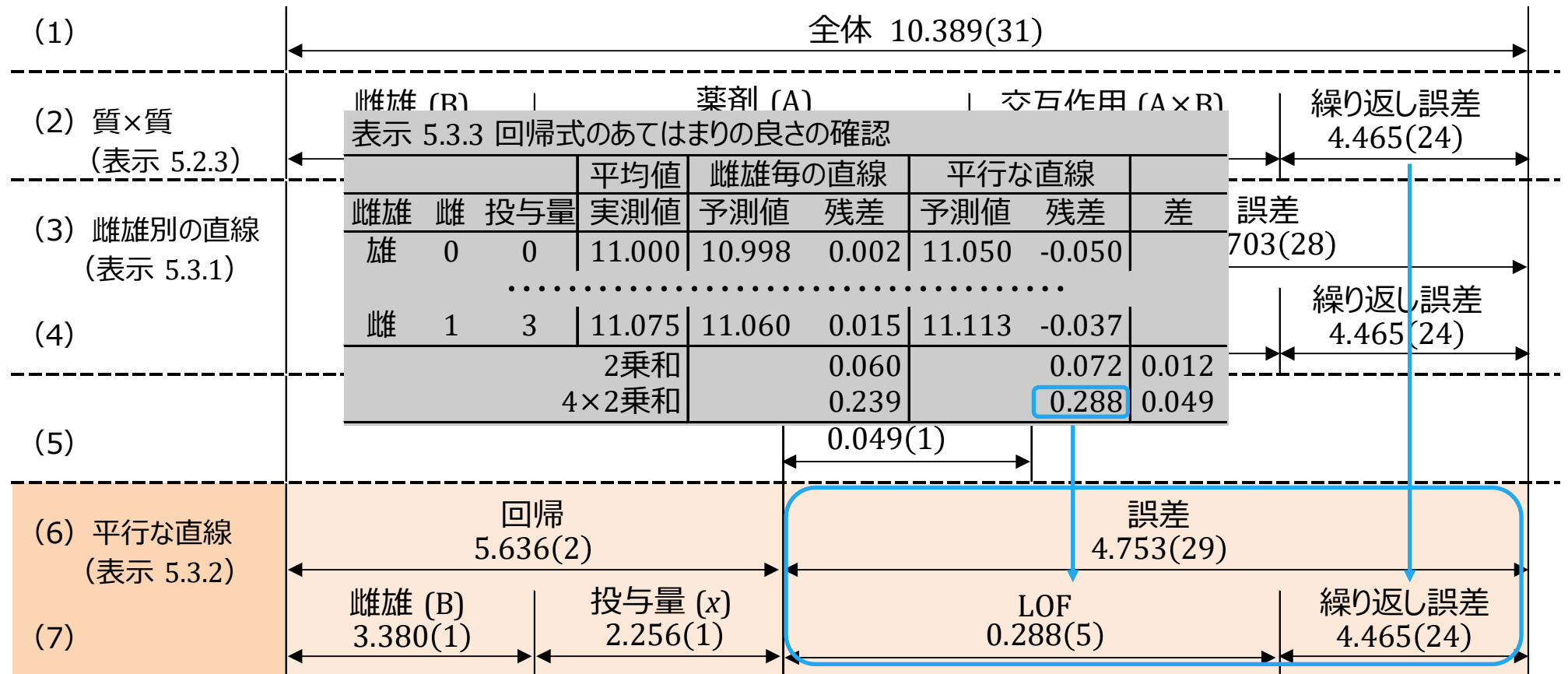
表示5.3.4
平方和の分解



● 2 因子実験での平方和の分解

(6) 傾きを共通とする 2 本の直線のあてはめ (平行な直線のあてはめ)

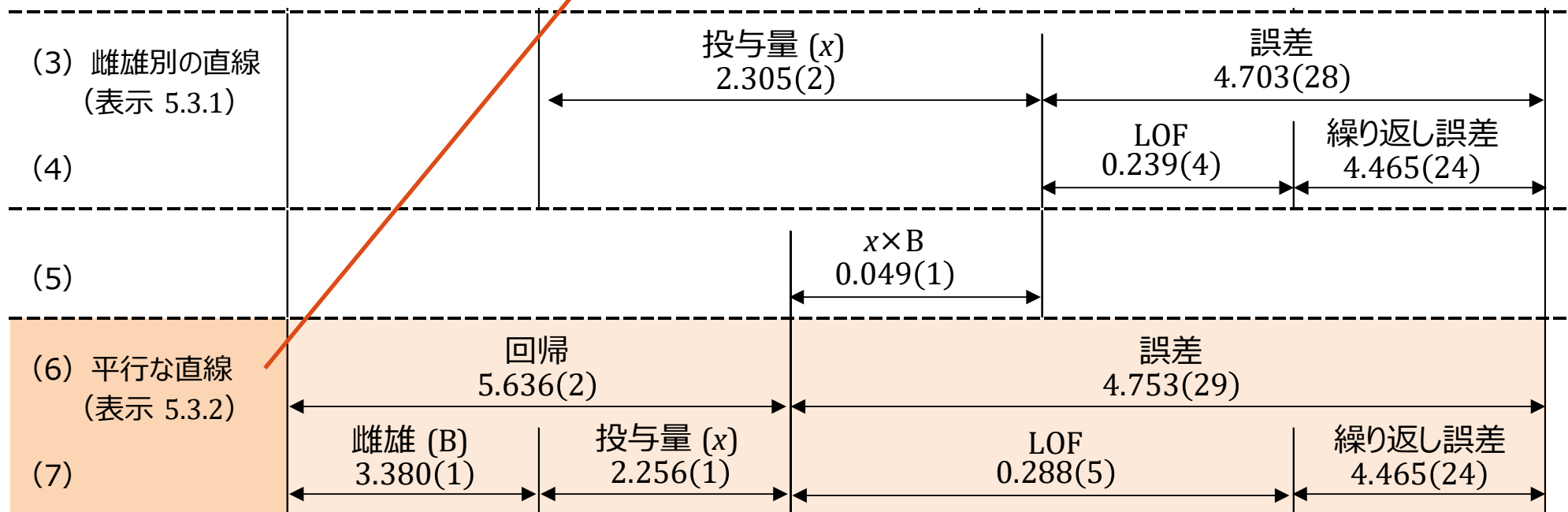
表示5.3.4
平方和の分解



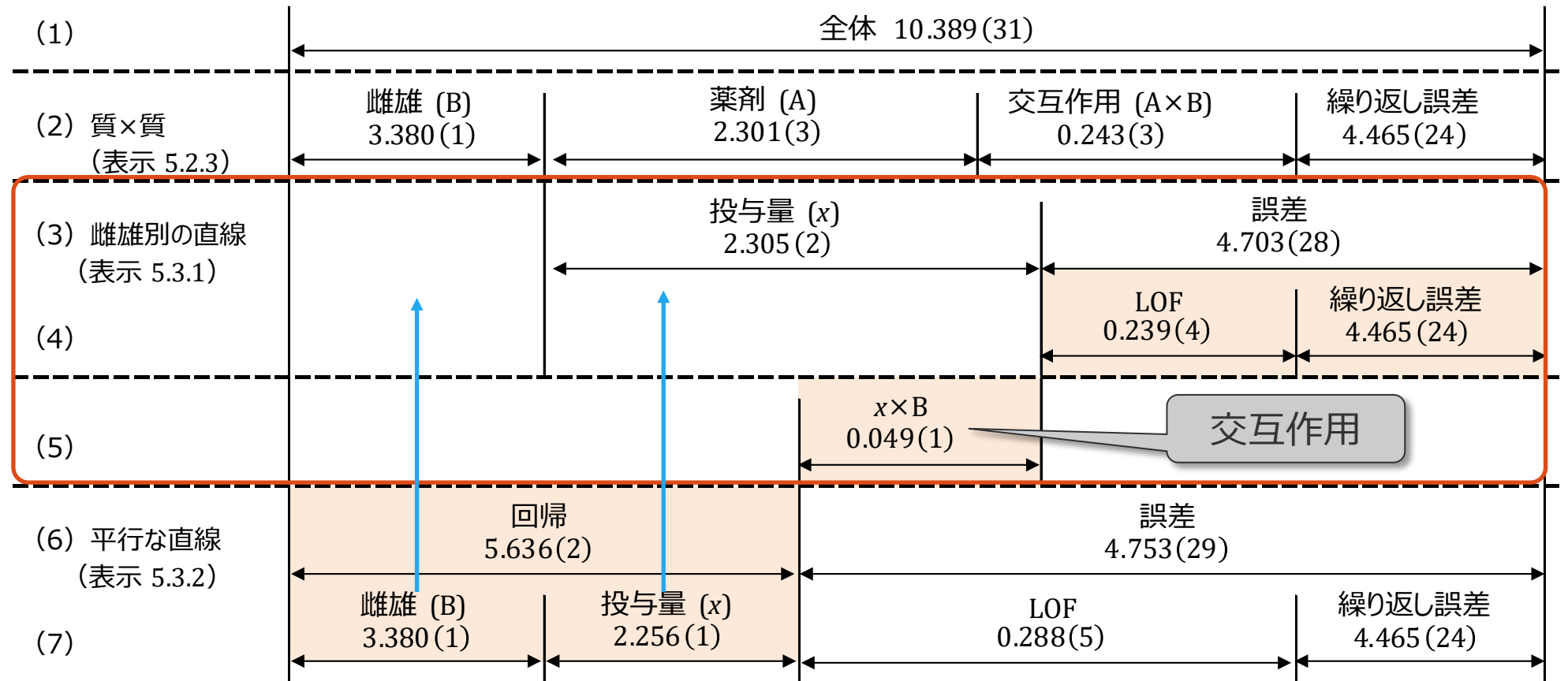
●傾きを共通とするモデルの分散分析表

(6) (7) 傾きを共通とするモデルの分散分析表
LINEST 関数の結果 (表示5.3.2)

要因	平方和	自由度	平均平方	F比	p 値
雄雌	3.380	1	3.380	18.168	0.0003
投与量	2.256	1	2.256	12.128	0.0019
LOF	0.288	5	0.057	0.309	0.9026
誤差	4.465	24	0.186	1.000	
全体	10.389	31			



●傾きの違うモデルの分散分析表

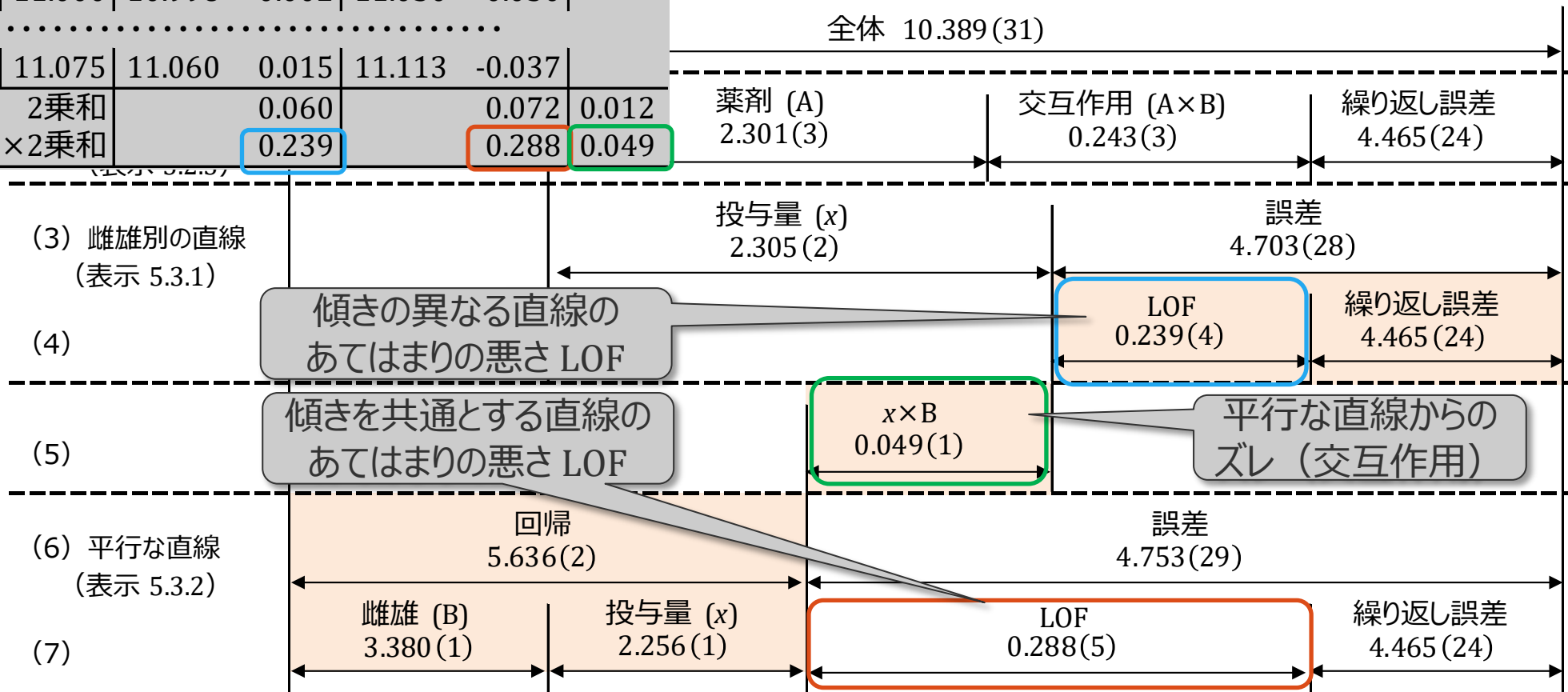


分散分析表

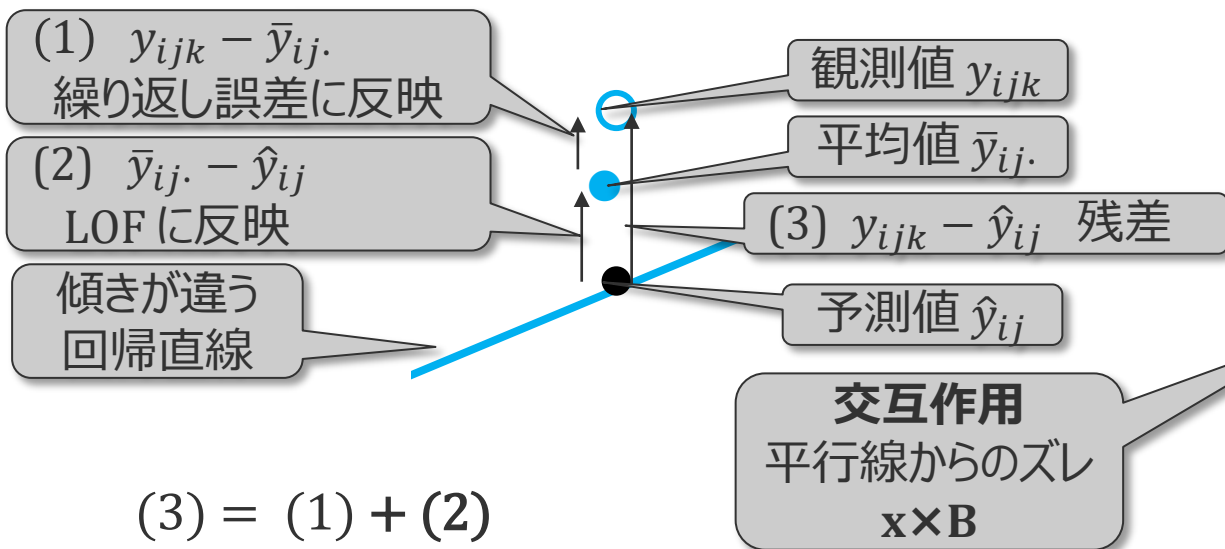
表示 5.3.3 回帰式のあてはまりの良さの確認

		平均値	雌雄毎の直線		平行な直線		
雌雄	雌 投与量	実測値	予測値	残差	予測値	残差	差
雄	0	11.000	10.998	0.002	11.050	-0.050	
.....							
雌	1	11.075	11.060	0.015	11.113	-0.037	
		2乗和		0.060		0.072	0.012
		4×2乗和		0.239		0.288	0.049

予測値と平均値の差



(傾きが違う回帰直線)



$$(3) = (1) + (2)$$

LOF

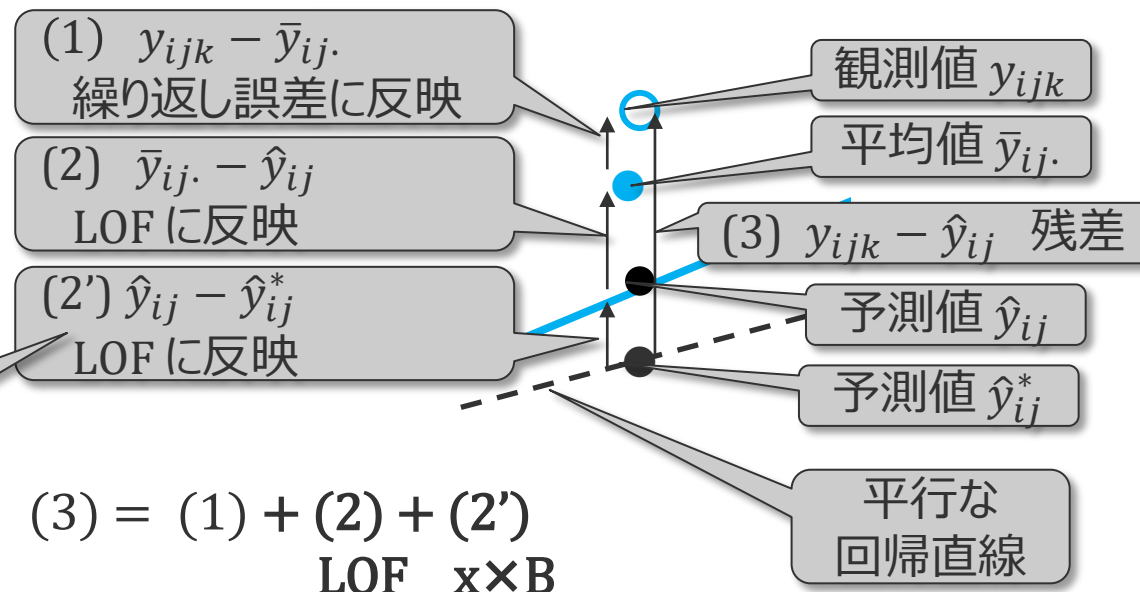
傾きが違う場合

LOFの平方和は(2)の2乗和

平行な回帰直線からのズレ = 交互作用(2')

(2')は2本の直線が平行ではないことによる差、(ズレ)

(傾きを共通とする回帰直線)



$$(3) = (1) + (2) + (2')$$

LOF $x \times B$

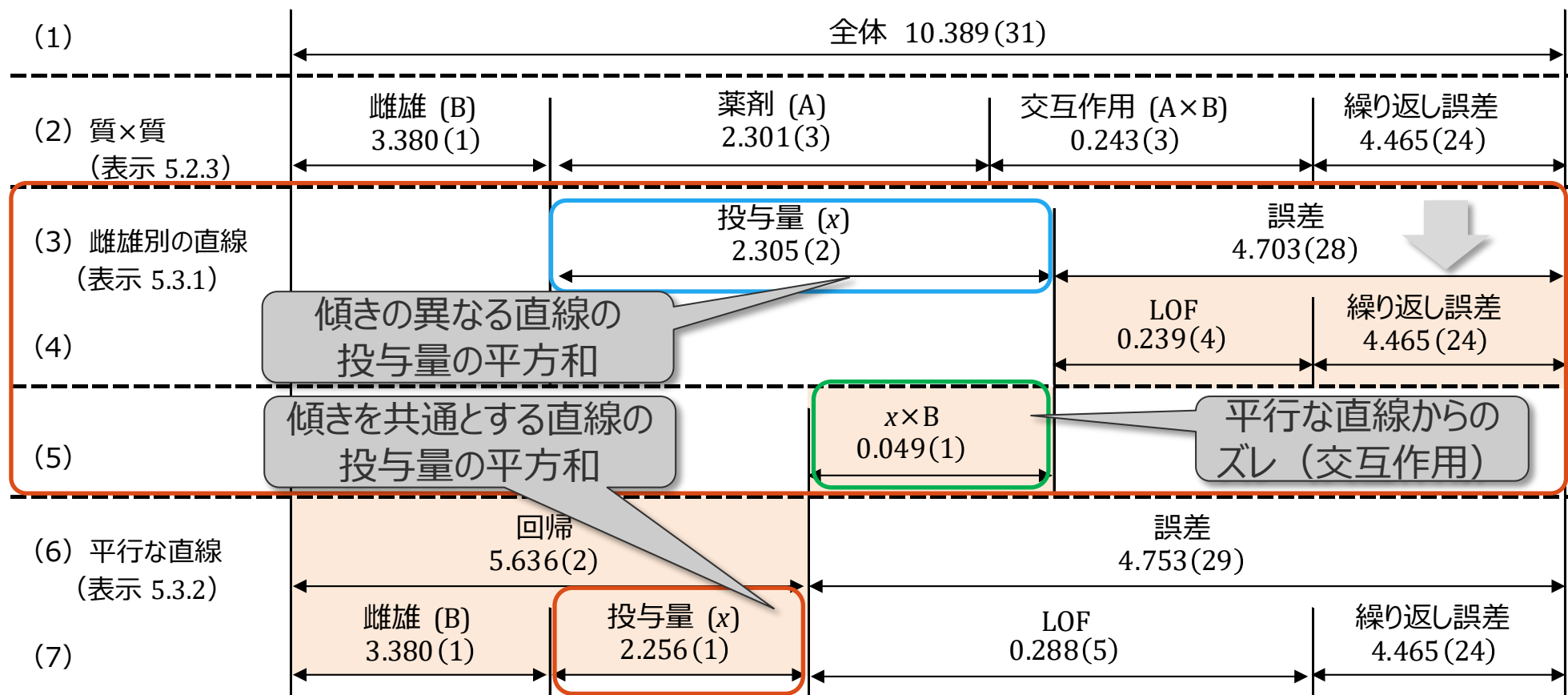
傾きが共通(平行)の場合

LOFの平方和は(2)+(2')の2乗和

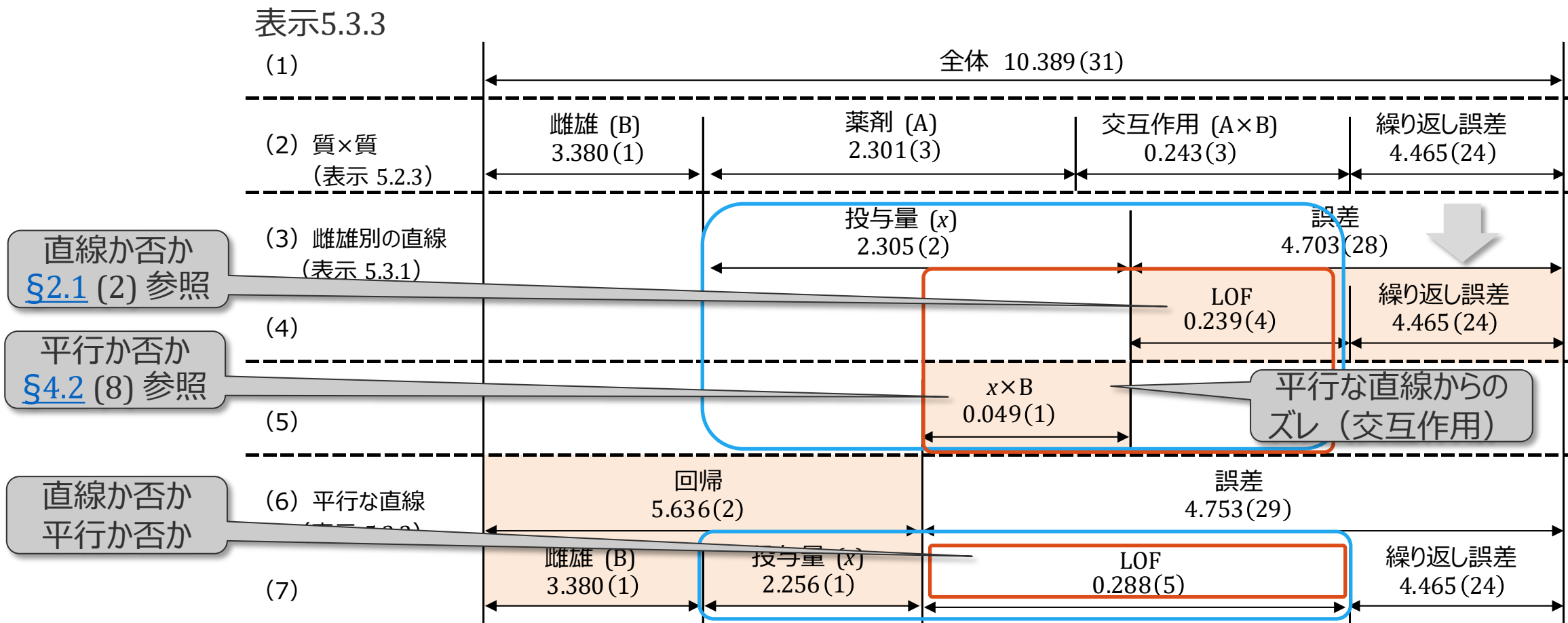
交互作用の分(2')がLOFに加わる

この2乗和が交互作用の平方和(2つのLOFの平方和の差)

●傾きの違うモデルの分散分析表



●傾きの違うモデルの分散分析表

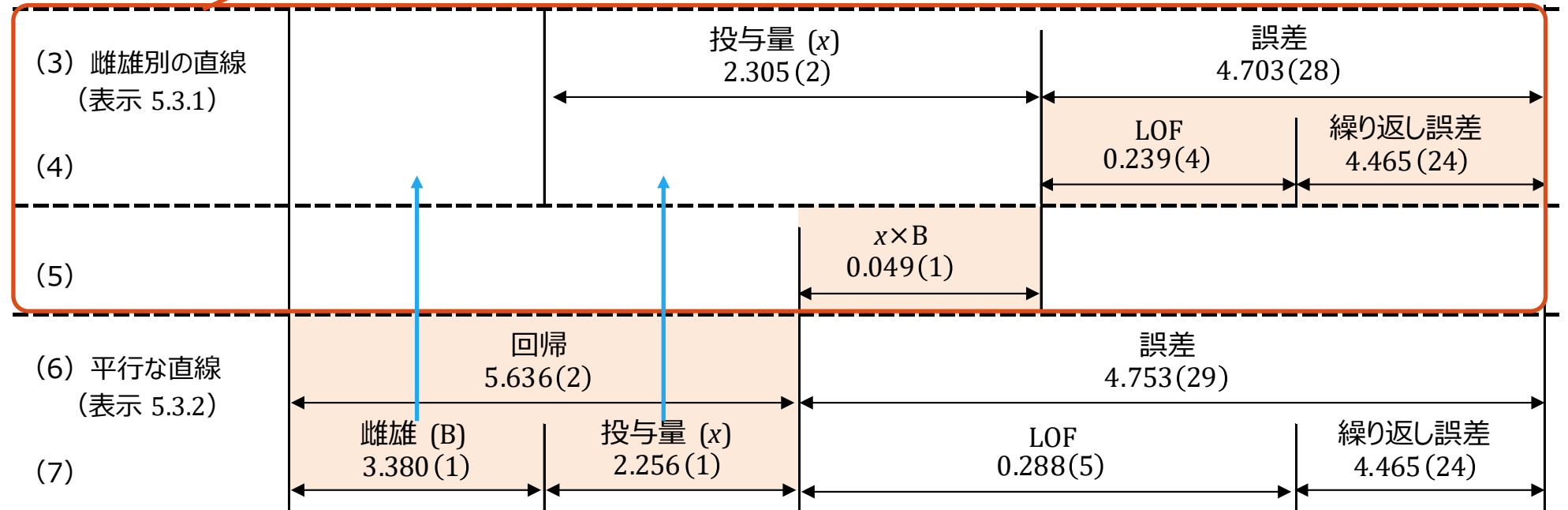


●傾きの違うモデルの分散分析表

表示5.3.5

要因	平方和	自由度	平均平方	F 比	p 値
雄雌	3.380	1	3.380	18.168	0.0003
投与量	2.256	1	2.256	12.128	0.0019
交互作用	0.049	1	0.049	0.263	0.6125
LOF	0.239	4	0.060	0.320	0.8614
誤差	4.465	24	0.186	1.000	
全体	10.389	31			

F 比の分母



分散分析表

●傾きの違うモデルの分散分析表

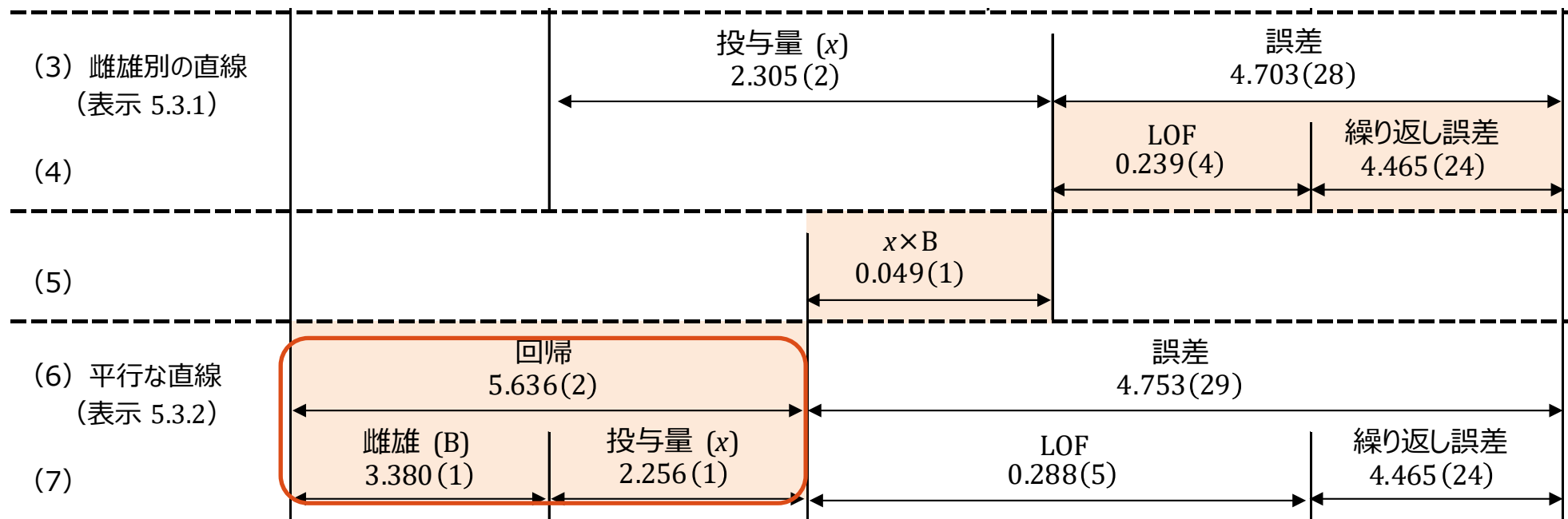
雌雄の p 値は 0.0003

投与量の p 値は 0.0019

共に効果は有意

表示5.3.5

要因	平方和	自由度	平均平方	F 比	p 値
雄雌	3.380	1	3.380	18.168	0.0003
投与量	2.256	1	2.256	12.128	0.0019
交互作用	0.049	1	0.049	0.263	0.6125
LOF	0.239	4	0.060	0.320	0.8614
誤差	4.465	24	0.186	1.000	
全体	10.389	31			



●傾きの違うモデルの分散分析表

表示5.3.5

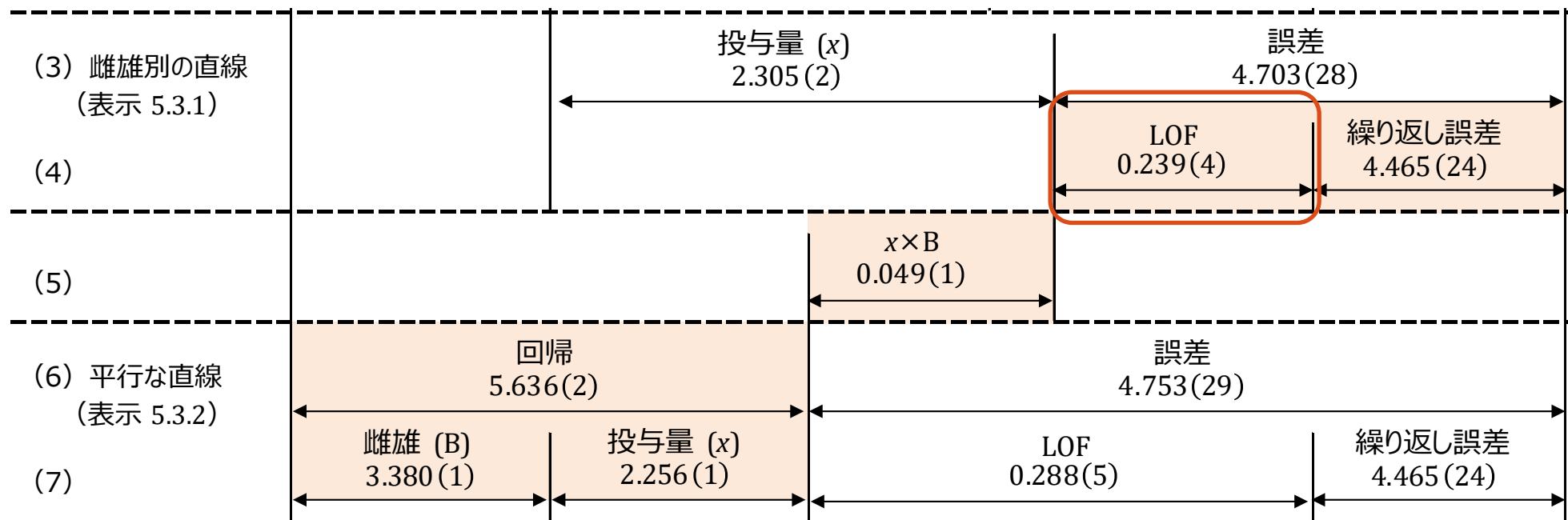
要因	平方和	自由度	平均平方	F 比	p 値
雄雌	3.380	1	3.380	18.168	0.0003
投与量	2.256	1	2.256	12.128	0.0019
交互作用	0.049	1	0.049	0.263	0.6125
LOF	0.239	4	0.060	0.320	0.8614
誤差	4.465	24	0.186	1.000	
全体	10.389	31			

LOF の p 値は0.861 と大きい ($\alpha=0.20$, §2.1 (2))

傾きの違う回帰直線のモデルの

あてはまりは良い

直線をあてはめることに問題はない



●傾きの違うモデルの分散分析表

表示5.3.5

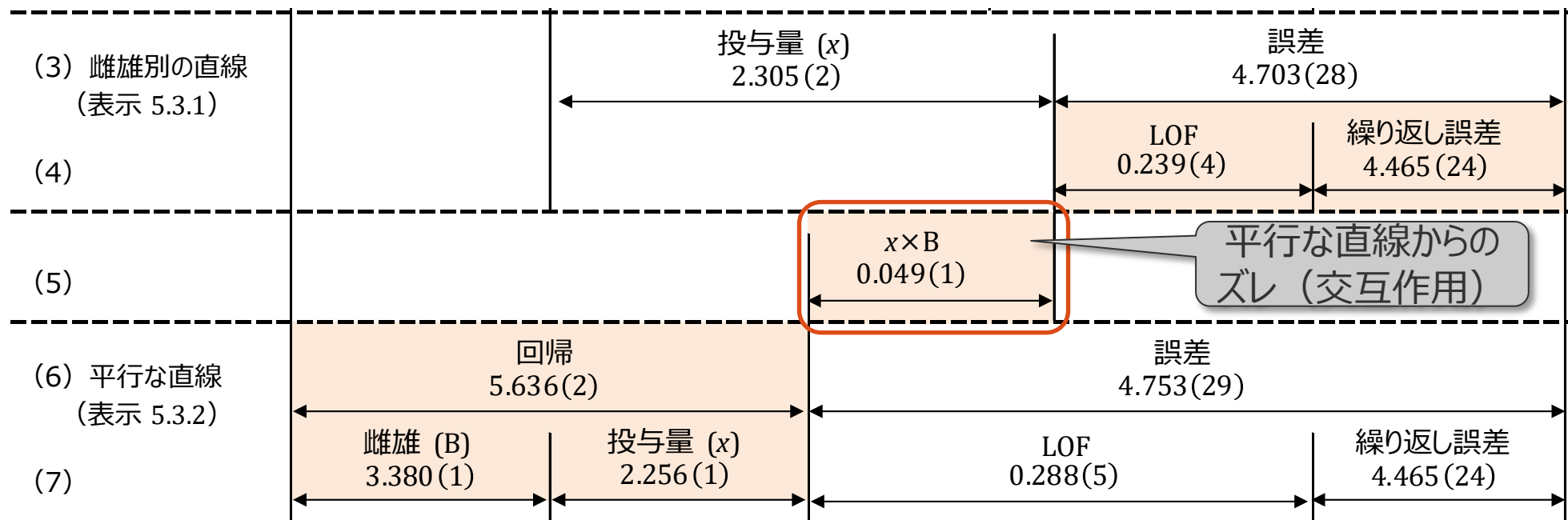
交互作用の p 値は0.6125、有意ではない

($\alpha=0.20$, §2.1 (2))

雌雄の傾きの中に有意差がない

平行とみなせる

要因	平方和	自由度	平均平方	F 比	p 値
雄雌	3.380	1	3.380	18.168	0.0003
投与量	2.256	1	2.256	12.128	0.0019
交互作用	0.049	1	0.049	0.263	0.6125
LOF	0.239	4	0.060	0.320	0.8614
誤差	4.465	24	0.186	1.000	
全体	10.389	31			



●傾きの違うモデルの分散分析表

表示5.3.5

有意でない項目を誤差にプーリング

誤差の平方和が大きくなる影響よりも

誤差の自由度が大きくなる影響が大きいので、

p 値が小さくなる可能性がある

要因	平方和	自由度	平均平方	F 比	p 値
雄雌	3.380	1	3.380	18.168	0.0003
投与量	2.256	1	2.256	12.128	0.0019
交互作用	0.049	1	0.049	0.263	0.6125
LOF	0.239	4	0.060	0.320	0.8614
誤差	4.465	24	0.186	1.000	
全体	10.389	31			



この方法を乱用すると、多重性が問題となり、全体としての危険率を大きくする懸念がある

誤差の自由度が小さいときなどに限定、

便宜的な手段（探索的な解析）

誤差にプーリングした解析としない解析を

2つ実施して、都合のいい方を採用すると、

多重性が問題

→ 恣意的に都合のいいものをとるのはダメ

交互作用と LOF をプーリング

要因	平方和	自由度	平均平方	F 比	p 値
雄雌	3.380	1	3.380	20.625	0.0001
投与量	2.256	1	2.256	13.768	0.0011
誤差	4.753	29	0.164	1.000	
全体	10.389	31			



(6) JMP による解析（主効果のみ）

傾きを共通とする直線のモデルのあてはめ
(交互作用を考慮しない、平行な回帰直線)

JMP による解析（主効果のみ）

●JMPファイルの読み込みと表示

JMP ファイル「5-2因子1.jmp」を読み込み

●データ

表示 5.3.1 のデータ

因子

「x」（投与量）：連続尺度

「雌雄」：名義尺度

観測値

「効果」：連続尺度

表示 5.3.1

雌雄	雌	x	y
雄	0	0	11.0
雄	0	0	10.7
雄	0	0	11.4
雄	0	0	10.9
雄	0	1	11.3
雄	0	1	11.3
雄	0	1	10.9
雄	0	1	11.2
雄	0	2	11.8
雄	0	2	12.2
雄	0	2	12.1

雄と雌を
マーカーと色で識別

前節で使用

本節で使用
投与量

	雄雌	薬剤	効果	x
+	1 雄	A0	11	0
+	2 雄	A1	11.3	1
+	3 雄	A2	11.8	2
+	4 雄	A3	11.5	3
+	5 雄	A0	10.7	0
+	6 雄	A1	11.3	1
+	7 雄	A2	12.2	2
+	8 雄	A3	12	3
+	9 雄	A0	11.4	0
+	10 雄	A1	10.9	1

JMPによる解析（主効果のみ）

●解析

[分析] > [モデルのあてはめ]

[役割変数の選択、Y] : 「効果」

[モデル効果の構成] : 「x」 「雌雄」 ~~「雌雄*x」~~

[強調点] : [最小レポート]

主効果のみの解析なので、
交互作用（交差）を加えない

▼ モデルの指定

列の選択

- 雌雄
- 薬剤
- 効果
- x

役割変数の選択

Y: 効果

重み: オプション(数値)

度数: オプション(数値)

By: オプション

手法: 標準最小2乗

強調点: 最小レポート

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: 雌雄

交差: x

主効果のみの解析なので、
交互作用（交差）を加えない

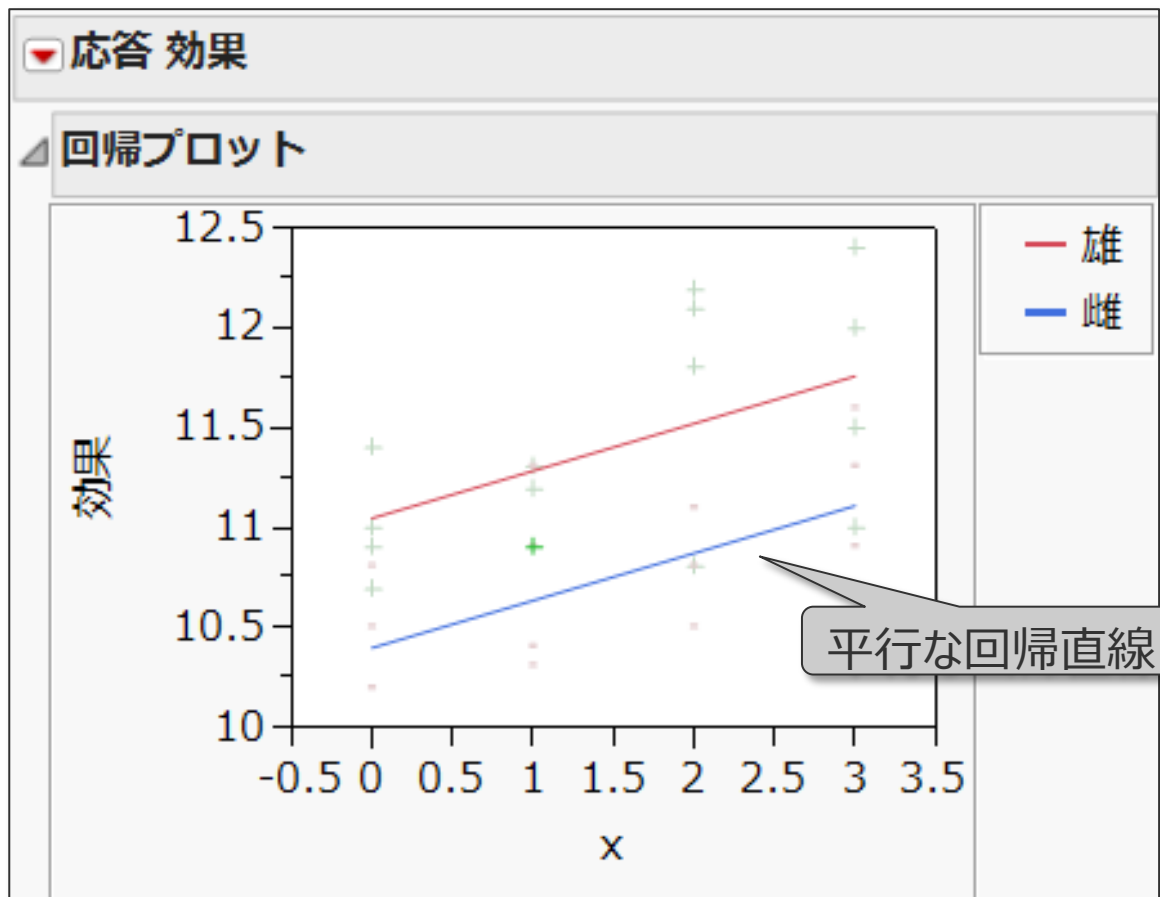
前節で使用

本節で使用
投与量

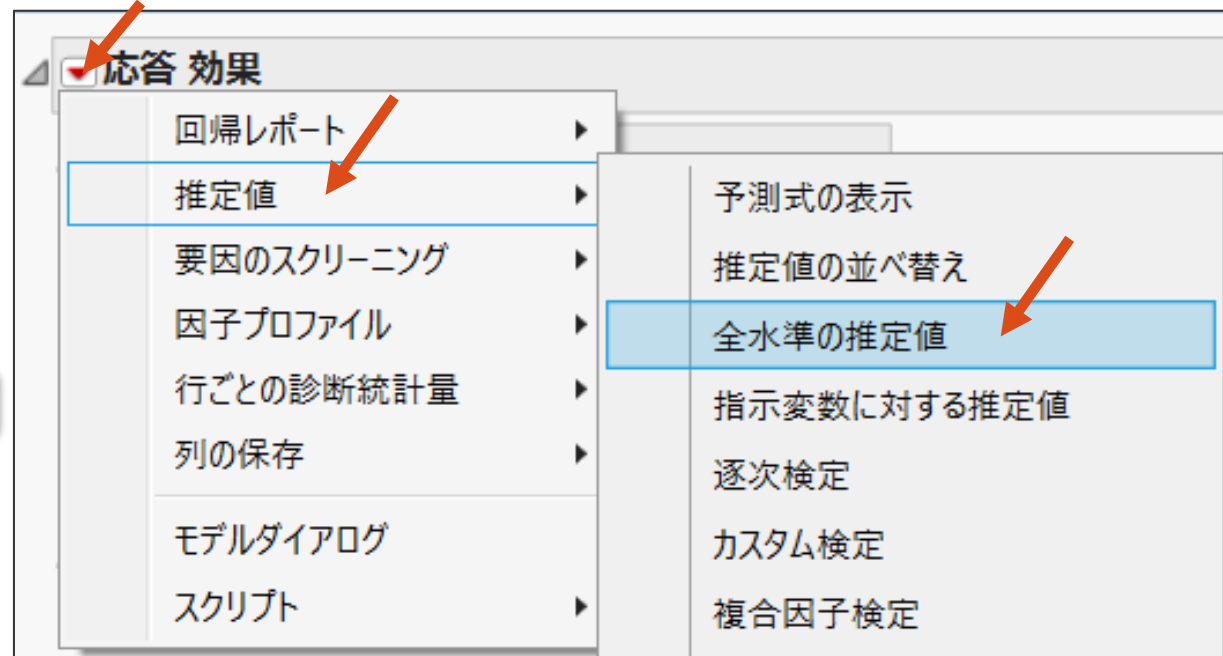
	雄雌	薬剤	効果	x
+	1 雄	A0	11	0
+	2 雄	A1	11.3	1
+	3 雄	A2	11.8	2
+	4 雄	A3	11.5	3
+	5 雄	A0	10.7	0
+	6 雄	A1	11.3	1
+	7 雄	A2	12.2	2
+	8 雄	A3	12	3
+	9 雄	A0	11.4	0
+	10 雄	A1	10.9	1

JMPによる解析（主効果のみ）

●グラフ化と [全水準の推定値] の表示



▼応答 > [推定値] > [全水準の推定値]



JMP による解析 (主効果のみ)

●分散分析表

表示 5.3.2 傾きを共通とする回帰直線

	x	雌	const	
回帰係数	0.238	-0.650	11.050	切片
その標準誤差	0.064	0.143	0.140	その標準誤差
寄与率	0.543	0.405	#N/A	標準偏差
F 比	17.196	29	#N/A	残差自由度
回帰平方和	5.636	4.753	#N/A	残差平方和

	x	const	雌	const
回帰係数	0.238	10.725	-0.650	11.406
その標準誤差	0.082	0.154	0.171	0.121
寄与率	0.217	0.521	0.325	0.483
F 比	8.323	30	14.47	30
回帰平方和	2.256	8.133	3.380	7.009

表示 5.3.6 JMP による解析 (主効果のみ)

分散分析				
要因	自由度	平方和	平均平方	F 値
モデル	2	5.636250	2.81813	17.1963
誤差	29	4.752500	0.16388	p値(Prob>F)
全体(修正済み)	31	10.388750		<.0001*

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)	5	0.2875000	0.057500	0.3091
純粋誤差	24	4.4650000	0.186042	p値(Prob>F)
合計誤差	29	4.7525000		0.9026

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)
雄雌	1	1	3.3800000	20.6249	<.0001*
x	1	1	2.2562500	13.7678	0.0009*

JMP による解析 (主効果のみ)

●分散分析表

表示 5.3.2 傾きを共通とする回帰直線

	x	雌	const	
回帰係数	0.238	-0.650	11.050	切片
その標準誤差	0.064	0.143	0.140	その標準誤差
寄与率	0.543	0.405	#N/A	標準偏差
F 比	17.196	29	#N/A	残差自由度
回帰平方和	5.636	4.753	#N/A	残差平方和

	x	const	雌	const
回帰係数	0.238	10.725	-0.650	11.406

	回帰	誤差	自由度	平方和	平均平方	F 値	Prob>F
(6) 平行な直線 (表示 5.3.2)	5.636(2)		4.753(29)				
(7)	雌雄 (B)	投与量 (x)	LOF	繰返し誤差			
	3.380(1)	2.256(1)	0.288(5)	4.465(24)	249	<.0001*	
					678	0.0009*	

表示 5.3.6 JMP による解析 (主効果のみ)

分散分析				
要因	自由度	平方和	平均平方	F 値
モデル	2	5.636250	2.81813	17.1963
誤差	29	4.752500	0.16388	p 値(Prob>F)
全体(修正済み)	31	10.388750		<.0001*

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)	5	0.2875000	0.057500	0.3091
純粋誤差	24	4.4650000	0.186042	p 値(Prob>F)
合計誤差	29	4.7525000		0.9026

平行な直線のモデルのあてはまりは良い

●パラメータの推定値

式 (5.3.4) : JMP の出力

式 (5.3.2) : LINEST 関数の出力

式 (5.3.3) : 整理した式

中心化は行われない

$$\hat{y} = 10.725 + \begin{pmatrix} 0.325 \\ -0.325 \end{pmatrix} + 0.238x \quad (5.3.4)$$

$$= 11.050 + \begin{pmatrix} 0 \\ -0.650 \end{pmatrix} + 0.238x \quad (5.3.2)$$

$$= \begin{pmatrix} 11.050 \\ 10.400 \end{pmatrix} + 0.238x, \quad \begin{pmatrix} B_1: \text{雄} \\ B_2: \text{雌} \end{pmatrix} \quad (5.3.3)$$

表示 5.3.6 JMP による解析（主効果のみ）

全水準の推定値				
名義尺度の要因においては、全水準に対して推定値が求められている				
項	推定値	標準誤差	t値	p値(Prob> t)
切片	10.725	0.119747	89.56	<.0001*
雄雌[雄]	0.325	0.071563	4.54	<.0001*
雄雌[雌]	-0.325	0.071563	-4.54	<.0001*
x	0.2375	0.064008	3.71	0.0009*

制約条件 ([§2.3](#) 参照)

式 (5.3.4) : JMP の出力

$$\sum \alpha_i = 0$$

式 (5.3.2) : LINEST関数の出力

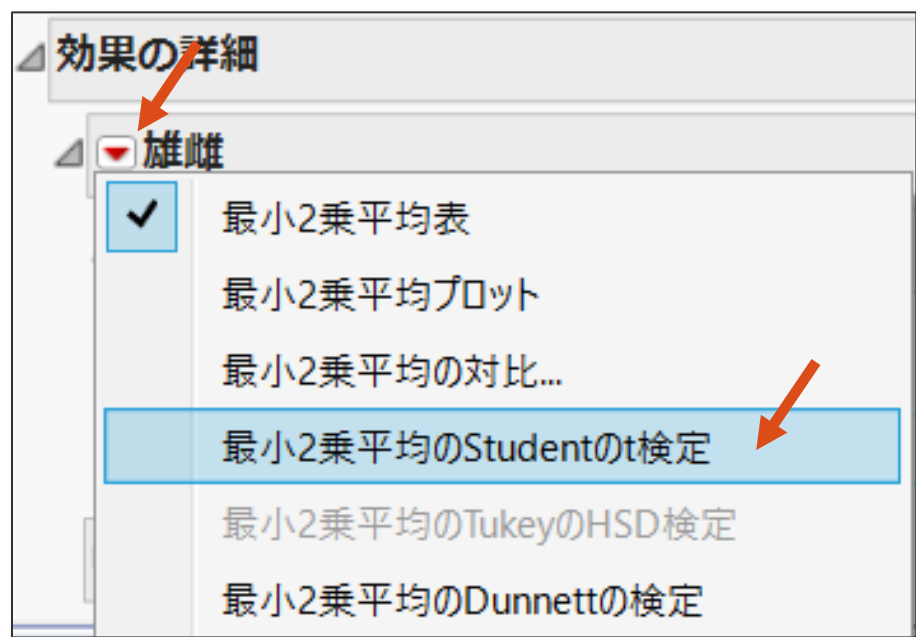
$$\alpha_1 = 0$$

JMPによる解析（主効果のみ）

●質的因子の主効果に関する水準間の比較（最小2乗平均）

本事例はバランスが取れているデータなので、「最小2乗平均」と「平均」は一致

表示 5.3.6 [全水準の推定値] の下の部分



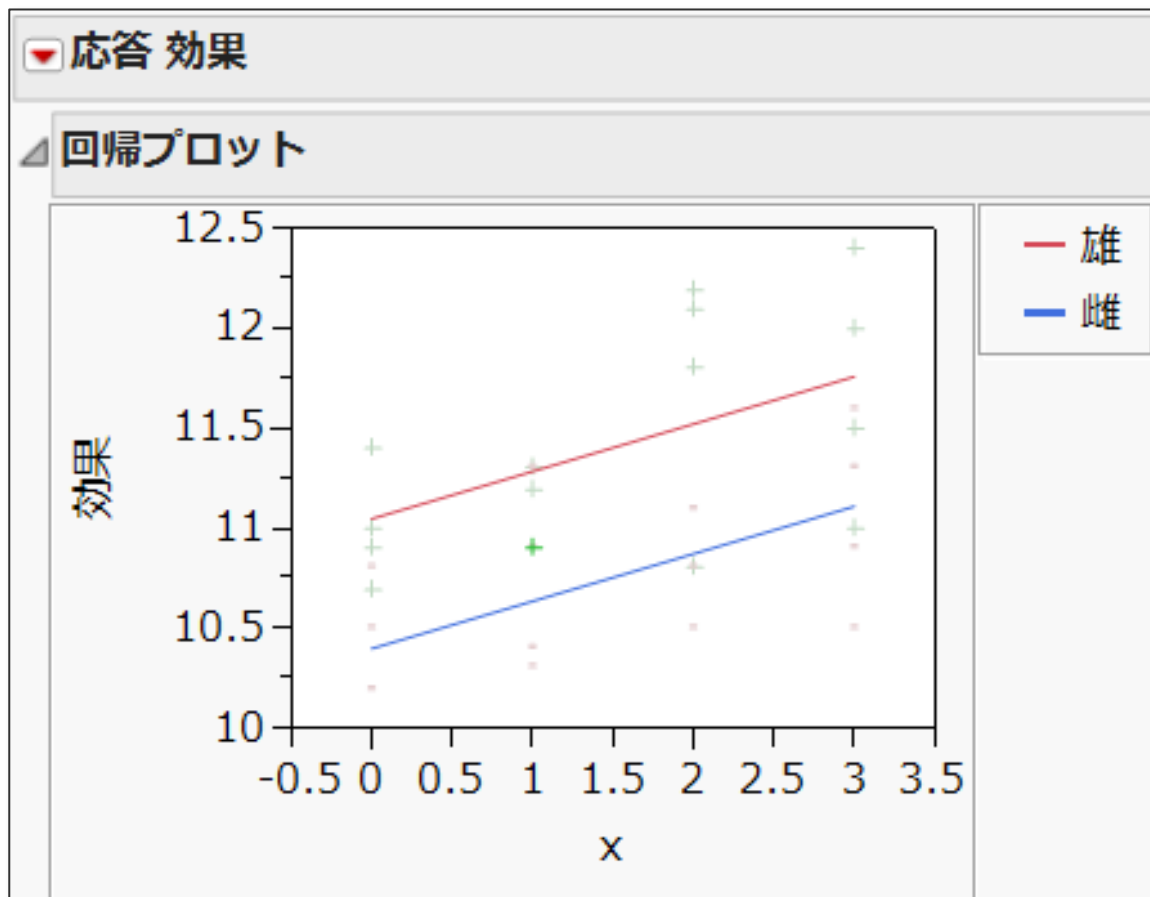
項	推定値	標準誤差	t値	p値(Prob> t)
切片	10.725	0.119747	89.56	<.0001*
雄雌[雄]	0.325	0.071563	4.54	<.0001*
雄雌[雌]	-0.325	0.071563	-4.54	<.0001*
x	0.2375	0.064008	3.71	0.0009*

水準	最小2乗平均	標準誤差	平均
雄	11.406250	0.10120502	11.4063
雌	10.756250	0.10120502	10.7563

JMPによる解析（主効果のみ）

●質的因子の主効果に関する水準間の比較

[効果の詳細] > [最小2乗平均のStudentのt検定]



最小2乗平均差のStudentのt検定
 $\alpha = 0.050$ $t = 2.04523$

最小2乗平均[j]

平均[i]-平均[j]	雄	雌
差の標準誤差		
差の下側信頼限界		
差の上側信頼限界		
雄	0	0.65
	0	0.14313
	0	0.35728
	0	0.94272
雌	-0.65	0
	0.14313	0
	-0.9427	0
	-0.3573	0

水準 ~文字A列 ~文字B列

水準	~文字A列	~文字B列	最小2乗平均
雄	A		11.406250
雌		B	10.756250

同じ文字でつながっていない水準は有意に異なります。

JMP による解析（主効果のみ）

● 質的因子の主効果に関する水準間の比較

最小2乗平均（調整平均、調整済み平均）で水準間の比較を行う

→ [ブログ](#) 参照、高橋ら(1989) 参照

バランスが取れているデータでは、

「最小2乗平均」と「平均」は一致

効果の詳細			
雄雌			
最小2乗平均表			
水準	最小2乗平均	標準誤差	平均
雄	11.406250	0.10120502	11.4063
雌	10.756250	0.10120502	10.7563

表示 5.3.1 (改変)

$$\begin{aligned}
 & x \text{ の平均} \\
 & \frac{0 + 0 + \dots + 3 + 3}{32} \\
 & = 1.5
 \end{aligned}$$

雌雄	x	y	雌雄	x	y
0	11.0		0	10.2	
0	10.7		0	10.8	
0	11.4		0	10.5	
0	10.9		0	10.2	
1	11.3		1	10.9	
1	11.3		1	11.3	
1	10.9		1	10.3	
1	11.2		1	10.4	
2	11.8		2	10.5	
2	12.2		2	10.8	
2	12.1		2	10.8	
2	10.8		2	11.1	
3	11.5		3	10.9	
3	12.0		3	10.5	
3	12.4		3	11.3	
3	11.0		3	11.6	
平均	11.406		平均	10.756	

JMPによる解析（主効果のみ）

●質的因子の主効果に関する水準間の比較（最小2乗平均）

最小2乗平均は、
xの総平均の位置における効果の推定値

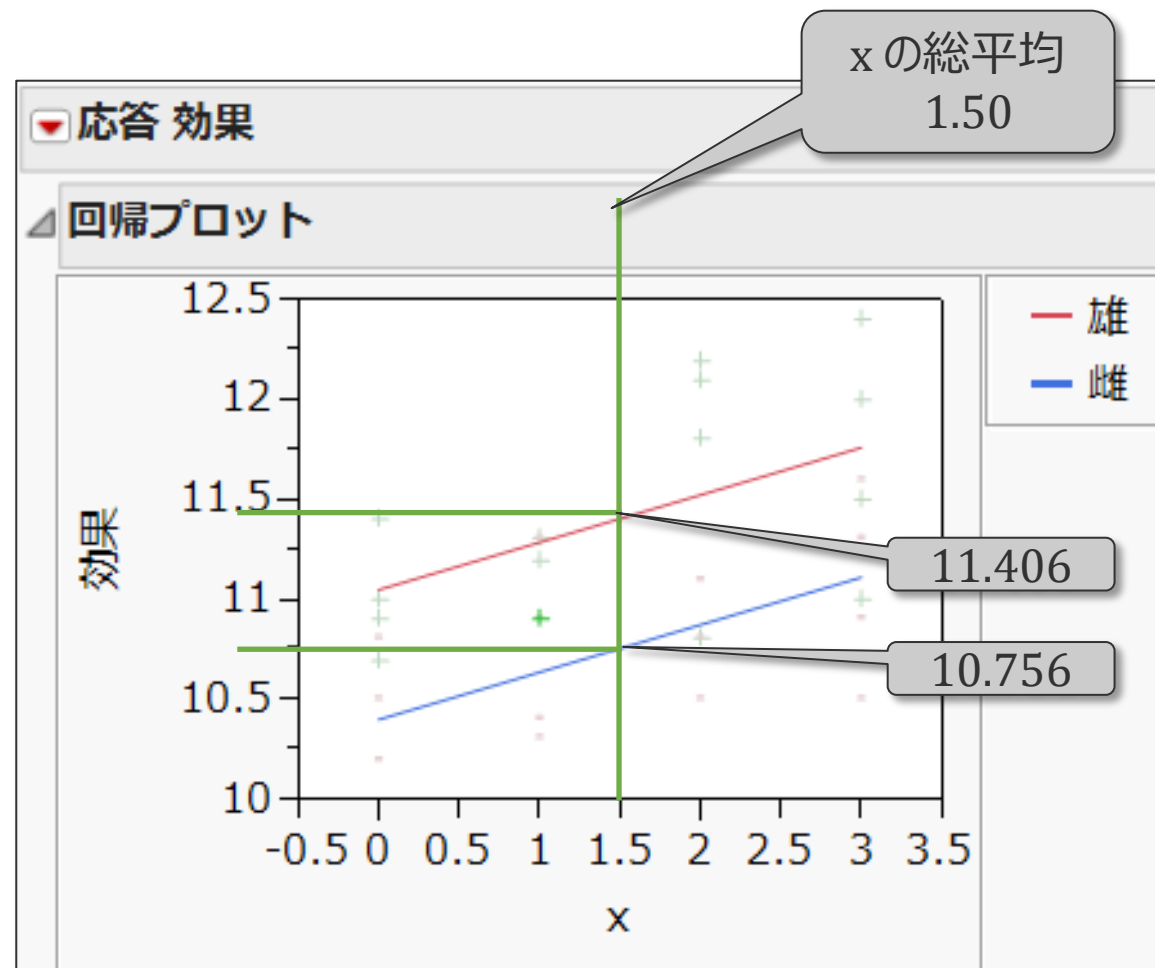
$$\hat{y} = 10.725 + \begin{pmatrix} 0.325 \\ -0.325 \end{pmatrix} + 0.238 \times 1.50 \quad \begin{matrix} (B_1: \text{雄}) \\ (B_2: \text{雌}) \\ (5.3.4) \end{matrix}$$

効果の詳細

雄雌

最小2乗平均表

水準	最小2乗平均	標準誤差	平均
雄	11.406250	0.10120502	11.4063
雌	10.756250	0.10120502	10.7563



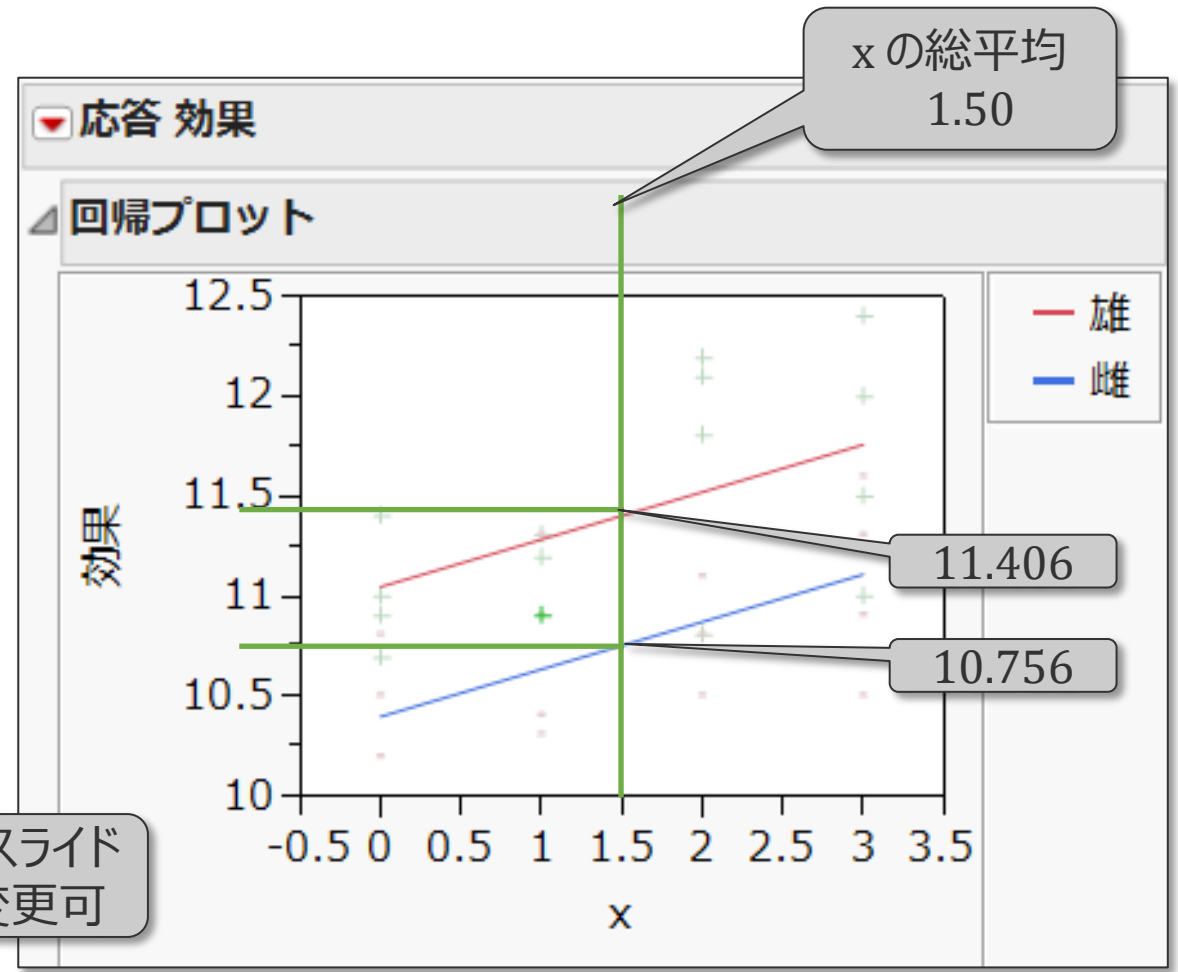
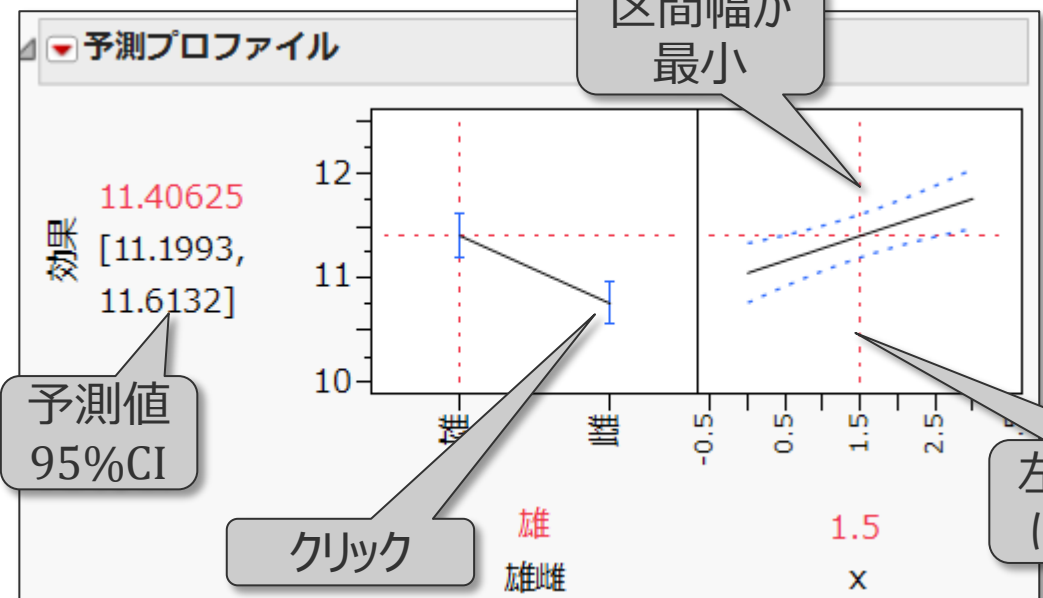
JMPによる解析（主効果のみ）

- 質的因子の主効果に関する水準間の比較（最小2乗平均）

応答効果
回帰レポート
推定値
要因のスクリーニング
因子プロフィール
行ごとの診断統計量

雄

プロフィール



左右のスライドにより変更可



(7) JMP による解析（交互作用を含む）

傾きが違う直線のおてはめ

JMPによる解析（主効果のみ）

●解析

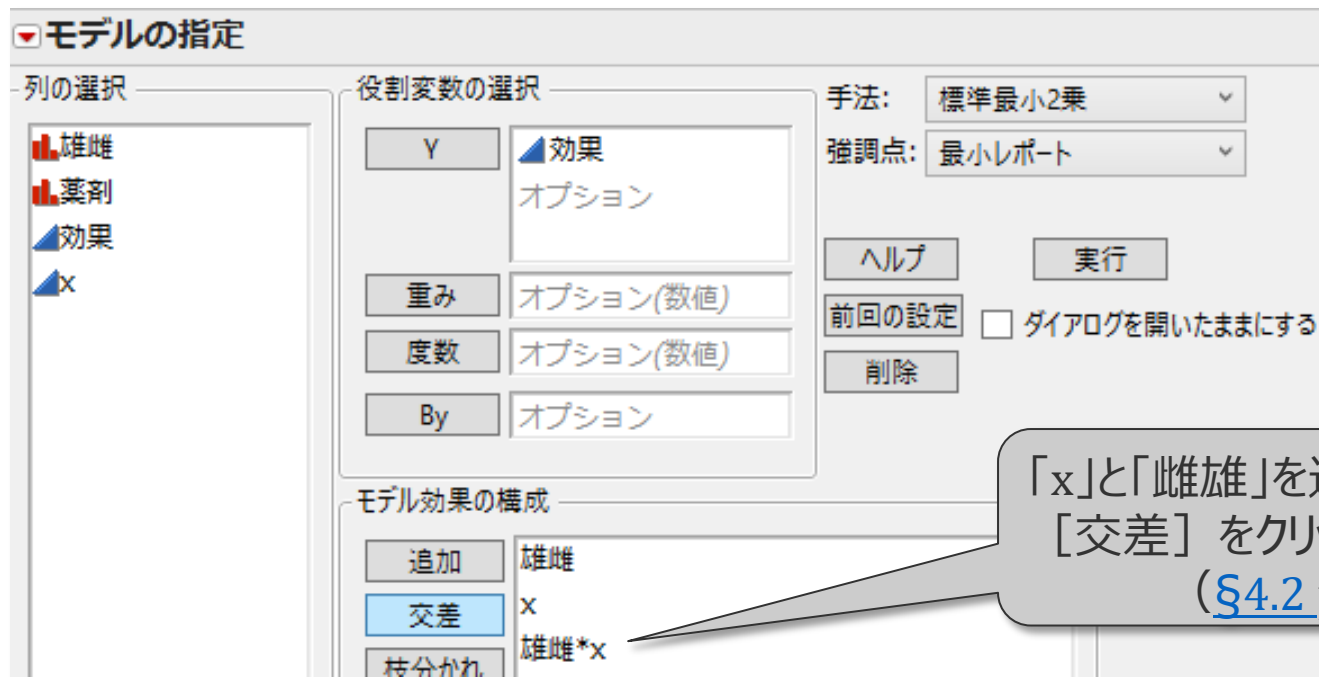
[分析] > [モデルのあてはめ]

交互作用（交差）を加える

[役割変数の選択、Y] : 「効果」

[モデル効果の構成] : 「x」「雌雄」（「**雌雄*x**」）

[強調点] : [最小レポート]



		雌雄	薬剤	効果	x
+	1	雄	A0	11	0
+	2	雄	A1	11.3	1
+	3	雄	A2	11.8	2
+	4	雄	A3	11.5	3
+	5	雄	A0	10.7	0
+	6	雄	A1	11.3	1
+	7	雄	A2	12.2	2
+	8	雄	A3	12	3
+	9	雄	A0	11.4	0
+	10	雄	A1	10.9	1

JMPによる解析（交互作用を含む）

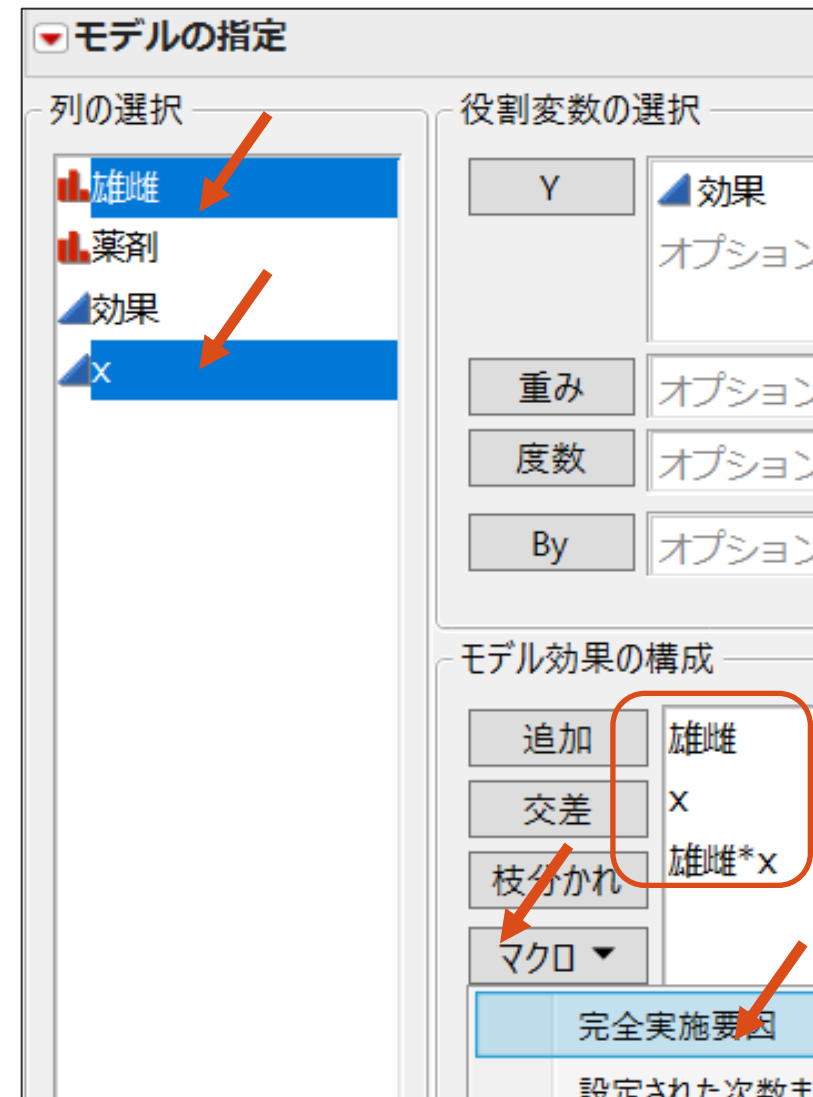
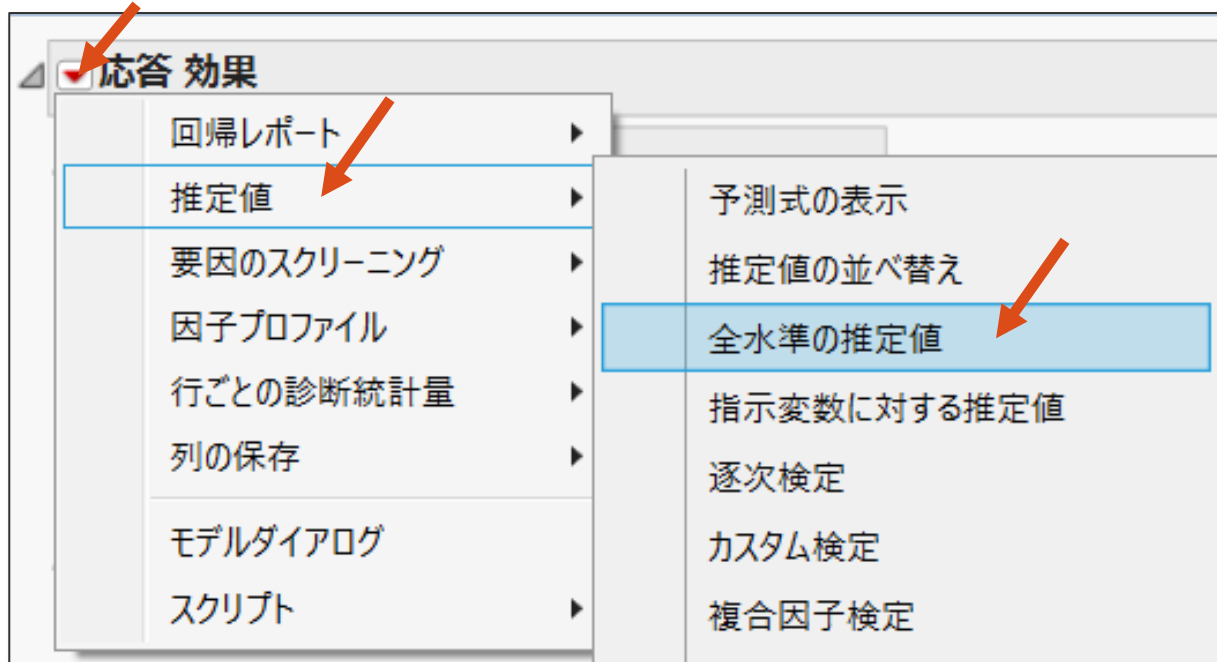
●入力方法の簡略

「雌雄」と「x」を選択

[マクロ] > [完全実施要因] をクリック

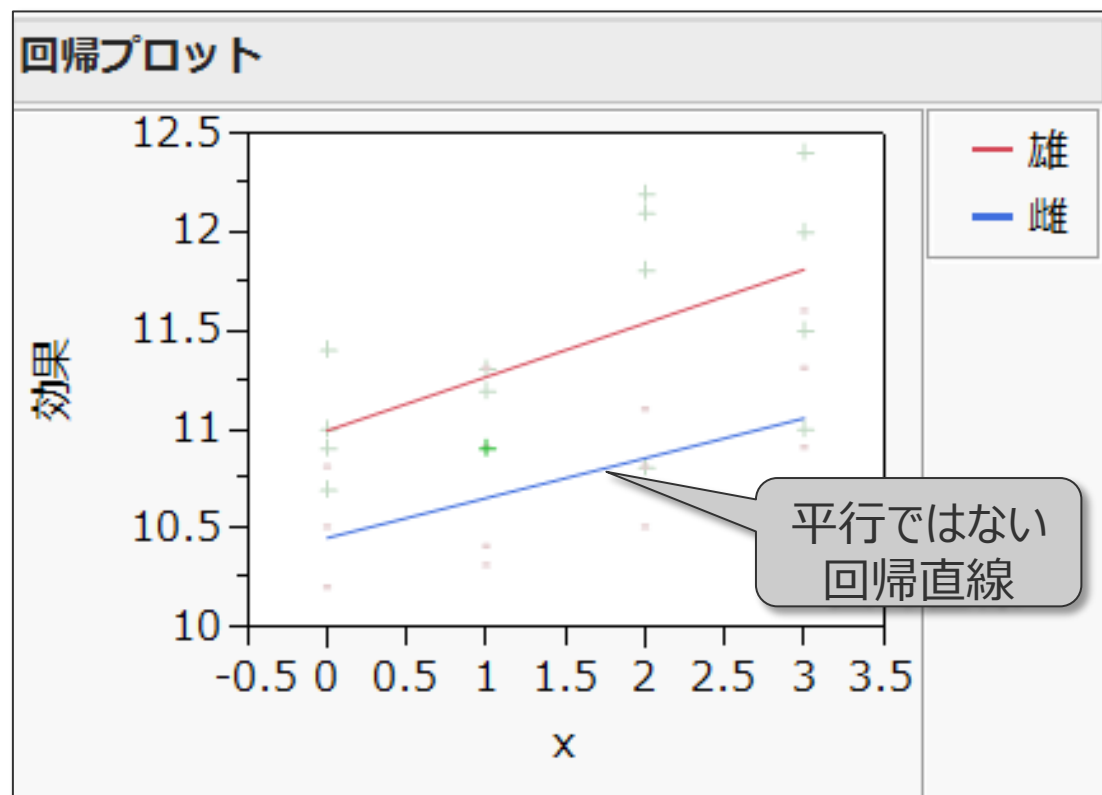
●全水準の推定値

▼応答 > [推定値] > [全水準の推定値]



●分散分析表

表示 5.3.7 JMP による解析（交互作用を含む）



分散分析				
要因	自由度	平方和	平均平方	F値
モデル	3	5.685250	1.89508	11.2815
誤差	28	4.703500	0.16798	p値(Prob>F)
全体(修正済み)	31	10.388750		<.0001*

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)	4	0.2385000	0.059625	0.3205
純粋誤差	24	4.4650000	0.186042	p値(Prob>F)
合計誤差	28	4.7035000		0.8614

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)
雄雌	1	1	3.3800000	20.1212	0.0001*
X	1	1	2.2562500	13.4315	0.0010*
雄雌*X	1	1	0.0490000	0.2917	0.5934

JMP による解析 (交互作用を含む)

不一致 不一致

●分散分析表

表示5.3.5

要因	平方和	自由度	平均平方	F比	p 値
雄雌	3.380	1	3.380	18.168	0.0003
投与量	2.256	1	2.256	12.128	0.0019
交互作用	0.049	1	0.049	0.263	0.6125
LOF	0.239	4	0.060	0.320	0.8614
誤差	4.465	24	0.186	1.000	
全体	10.389	31			

F比の分母

JMP と Excel の結果を比較すると
自由度, 平方和は一致、F比, p値は異なる

Excel : 純粋誤差 0.186 が F比の分母

JMP : 純粋誤差+LOF の合計誤差 が F比の分母

$$4.70/28 = 0.168$$

LOF が有意ではないことを前提に

LOF を誤差にプール、検出力は高まる

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)	4	0.2385000	0.059625	0.3205
純粋誤差	24	4.4650000	0.186042	p値(Prob>F)
合計誤差	28	4.7035000		0.8614

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)
雄雌	1	1	3.3800000	20.1212	0.0001*
x	1	1	2.2562500	13.4315	0.0010*
雄雌*x	1	1	0.0490000	0.2917	0.5934

JMP による解析（交互作用を含む）

●パラメータの推定値

中心化のため

式 (5.3.4) は式 (5.3.5) に
最後の項が増えるだけで、
他はまったく同じ

表示 5.3.7 JMP による解析（交互作用を含む）

全水準の推定値				
名義尺度の要因においては、全水準に対して推定値が求められている				
項	推定値	標準誤差	t値	p値(Prob> t)
切片	10.725	0.121237	88.46	<.0001*
雄雌[雄]	0.325	0.072453	4.49	0.0001*
雄雌[雌]	-0.325	0.072453	-4.49	0.0001*
x	0.2375	0.064804	3.66	0.0010*
雄雌[雄]*(x-1.5)	0.035	0.064804	0.54	0.5934
雄雌[雌]*(x-1.5)	-0.035	0.064804	-0.54	0.5934

$$\hat{y} = 10.725 + \begin{pmatrix} 0.325 \\ -0.325 \end{pmatrix} + 0.238x \quad (5.3.4)$$

$$\hat{y} = 10.725 + \begin{pmatrix} 0.325 \\ -0.325 \end{pmatrix} + 0.238x + \begin{pmatrix} 0.035 \\ -0.035 \end{pmatrix} (x - 1.5) \quad (5.3.5)$$

$$\hat{y} = 10.725 + \begin{pmatrix} 0.273 \\ -0.273 \end{pmatrix} + 0.238x + \begin{pmatrix} 0.035 \\ -0.035 \end{pmatrix} x$$

中心化

交互作用の項

中心化
1.5 は投与量の平均

中心化しない場合

JMP による解析（交互作用を含む）

●効果の検定

「雌雄」と「x」の平方和は、主効果のみの場合と交互作用を含む場合とで変化しない（中心化しているため）

表示 5.3.6 JMP による解析（主効果のみ、中心化）

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)	
x	1	1	2.2562500	13.7678	0.0009*	
雄雌	1	1	3.3800000	20.6249	<.0001*	

表示 5.3.7 JMP による解析（交互作用を含む、中心化）

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)	
x	1	1	2.2562500	13.4315	0.0010*	
雄雌	1	1	3.3800000	20.1212	0.0001*	
雄雌*x	1	1	0.0490000	0.2917	0.5934	

表示 5.3.6（改変、中心化なし）

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)	
x	1	1	2.2562500	13.7678	0.0009*	
雄雌	1	1	3.3800000	20.6249	<.0001*	

表示 5.3.7（改変、中心化なし）

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)	
x	1	1	2.2562500	13.4315	0.0010*	
雄雌	1	1	0.8486429	5.0520	0.0327*	
雄雌*x	1	1	0.0490000	0.2917	0.5934	

JMP による解析（交互作用を含む）

●あてはまりの悪さ（LOF）

$$\begin{array}{rcccl} \text{[主効果のみ]の LOF の平方和} & = & \text{[交互作用を含む]の LOF の平方和} & + & \text{「雌雄 * x」の平方和} \\ 0.2875 & = & 0.2385 & + & 0.0490 \end{array}$$

表示 5.3.6 JMP による解析（主効果のみ）

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)	5	0.2875000	0.057500	0.3091
純粋誤差	24	4.4650000	0.186042	p値(Prob>F)
合計誤差	29	4.7525000		0.9026

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)
雌雄	1	1	3.3800000	20.6249	<.0001*
x	1	1	2.2562500	13.7678	0.0009*

表示 5.3.7 JMP による解析（交互作用を含む）

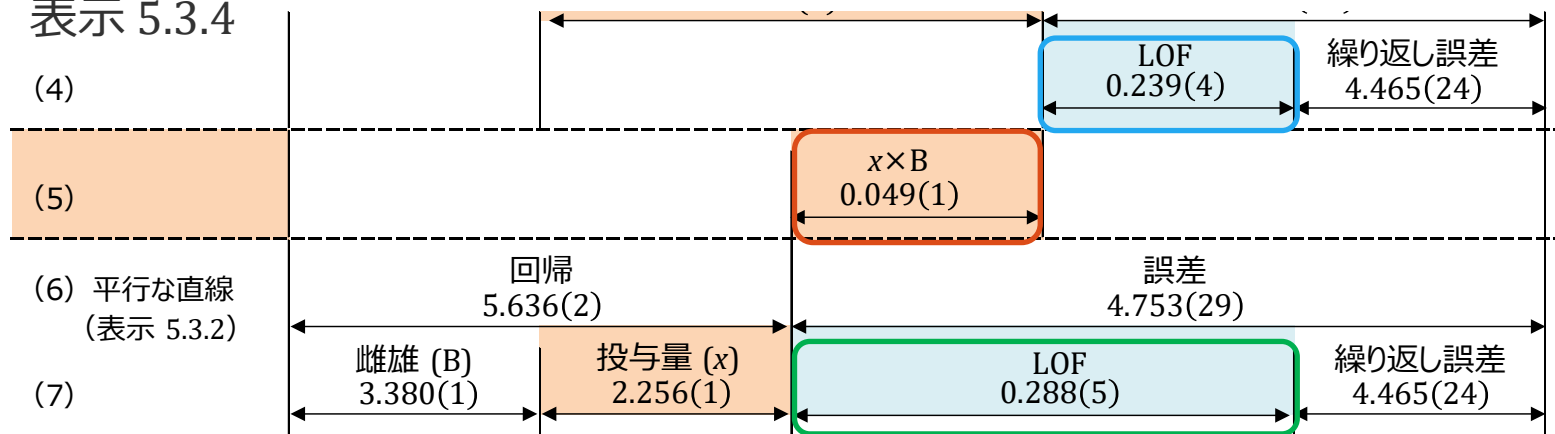
あてはまりの悪さ(LOF)				
要因	自由度	平方和	平均平方	F値
あてはまりの悪さ(LOF)	4	0.2385000	0.059625	0.3205
純粋誤差	24	4.4650000	0.186042	p値(Prob>F)
合計誤差	28	4.7035000		0.8614

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)
雌雄	1	1	3.3800000	20.1212	0.0001*
x	1	1	2.2562500	13.4315	0.0010*
雌雄*x	1	1	0.0490000	0.2917	0.5934

JMP による解析 (交互作用を含む)

●あてはまりの悪さ (LOF)

表示 5.3.4



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)	5	0.2875000	0.057500	0.3091
純粋誤差	24	4.4650000	0.186042	p値(Prob>F)
合計誤差	29	4.7525000		0.9026

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)	4	0.2385000	0.059625	0.3205
純粋誤差	24	4.4650000	0.186042	p値(Prob>F)
合計誤差	28	4.7035000		0.8614

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)
雄雌	1	1	3.3800000	20.6249	<.0001*
x	1	1	2.2562500	13.7678	0.0009*

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)
雄雌	1	1	3.3800000	20.1212	0.0001*
x	1	1	2.2562500	13.4315	0.0010*
雄雌*x	1	1	0.0490000	0.2917	0.5934

JMP による解析（交互作用を含む）

●あてはまりの悪さ（LOF）

[主効果のみ]の LOF の平方和 = [交互作用を含む]の LOF の平方和 + 「雌雄 * x」の平方和
この場合、[主効果のみ]の LOF が有意ではなかった
もし [主効果のみ]の LOF が有意の場合、交互作用の存在する可能性が考えられる

有意だった場合

表示 5.3.6 JMP による解析（主効果のみ）

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)	5	0.2875000	0.057500	0.3091
純粋誤差	24	4.4650000	0.186042	p値(Prob>F)
合計誤差	29	4.7525000		0.9026

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)
雄雌	1	1	3.3800000	20.6249	<.0001*
x	1	1	2.2562500	13.7678	0.0009*

⇒ [交互作用を含む] のLOFの p 値を注意して見る
表示 5.3.7 JMP による解析（交互作用を含む）

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)	4	0.2385000	0.059625	0.3205
純粋誤差	24	4.4650000	0.186042	p値(Prob>F)
合計誤差	28	4.7035000		0.8614

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)
雄雌	1	1	3.3800000	20.1212	0.0001*
x	1	1	2.2562500	13.4315	0.0010*
雄雌*x	1	1	0.0490000	0.2917	0.5934



(8) Excel による解析 (交互作用を含む)

LINEST 関数を使って
傾きの異なる直線をあてはめ
(2種類のダミー変数を使用)

●ダミー変数 1 の生成

交互作用を含む → 傾きの異なる 2 本の直線のあてはめ
ダミー変数 1 ([§2.3](#)) で解析するために式(5.3.1)を変形

$$\hat{y} = \begin{pmatrix} b_{01} \\ b_{02} \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} b_{11} \\ b_{12} \end{pmatrix} x \quad (5.3.1)$$

$$= b_{01} + \begin{pmatrix} 0 \\ b_{02} - b_{01} \end{pmatrix} + b_{11}x + \begin{pmatrix} 0 \\ b_{12} - b_{11} \end{pmatrix} x, \quad \begin{pmatrix} B_1: \text{雄} \\ B_2: \text{雌} \end{pmatrix}$$

以下のように表して代入 (添え字の d は difference の頭文字、ダミー変数の係数の意味もある)

$$b_{0d} = b_{02} - b_{01} \quad \text{切片の差}$$

$$b_{1d} = b_{12} - b_{11} \quad \text{傾きの差}$$

以下の式でダミー変数 1 を生成

$$\hat{y} = b_{01} + b_{0d} \begin{pmatrix} 0 \\ 1 \end{pmatrix} + b_{11}x + b_{1d} \begin{pmatrix} 0 \\ x \end{pmatrix}, \quad \begin{pmatrix} B_1: \text{雄} \\ B_2: \text{雌} \end{pmatrix} \quad (5.3.6)$$

傾きが共通のモデル (p.184)

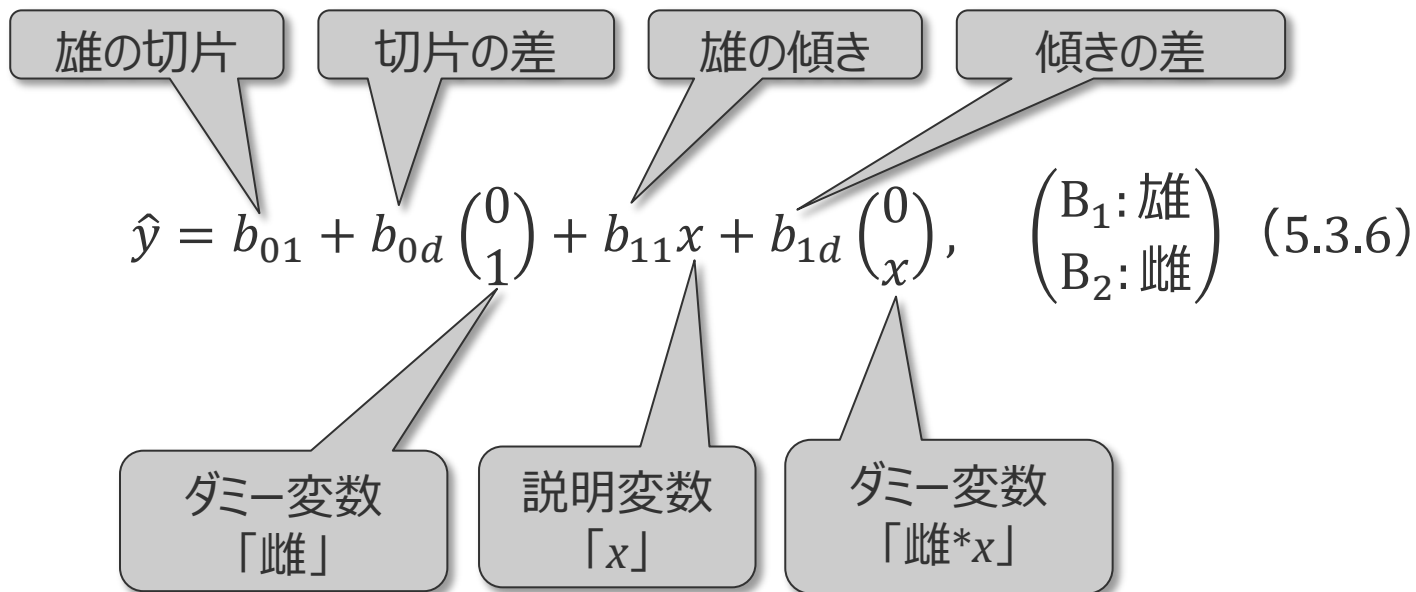
$$\hat{y} = \begin{pmatrix} b_{01} \\ b_{02} \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} b_{11} \\ b_{12} \end{pmatrix} x \quad (5.3.1)$$

$$= b_{01} + \begin{pmatrix} 0 \\ b_{02} - b_{01} \end{pmatrix} + bx \quad (5.3.2)$$

●LINEST 関数とダミー変数 1 による解析

演習5.3.1

- ダミー変数 1 の生成と LINEST 関数による解析
- ダミー変数 2 の生成と LINEST 関数による解析



ダミー変数 1

雌	x	雌*x	y
0	0	0	11.0
0	0	0	10.7
0	0	0	11.4
0	0	0	10.9
0	1	0	11.3
0	1	0	11.3
0	1	0	10.9
0	1	0	11.2
0	2	0	11.8
0	2	0	12.2
0	2	0	12.1
0	2	0	10.8
0	3	0	11.5
0	3	0	12.0
0	3	0	12.4
0	3	0	11.0

雌	x	雌*x	y
1	0	0	10.2
1	0	0	10.8
1	0	0	10.5
1	0	0	10.2
1	1	1	10.9
1	1	1	11.3
1	1	1	10.3
1	1	1	10.4
1	2	2	10.5
1	2	2	10.8
1	2	2	10.8
1	2	2	11.1
1	3	3	10.9
1	3	3	10.5
1	3	3	11.3
1	3	3	11.6

●LINEST 関数とダミー変数 1 による解析

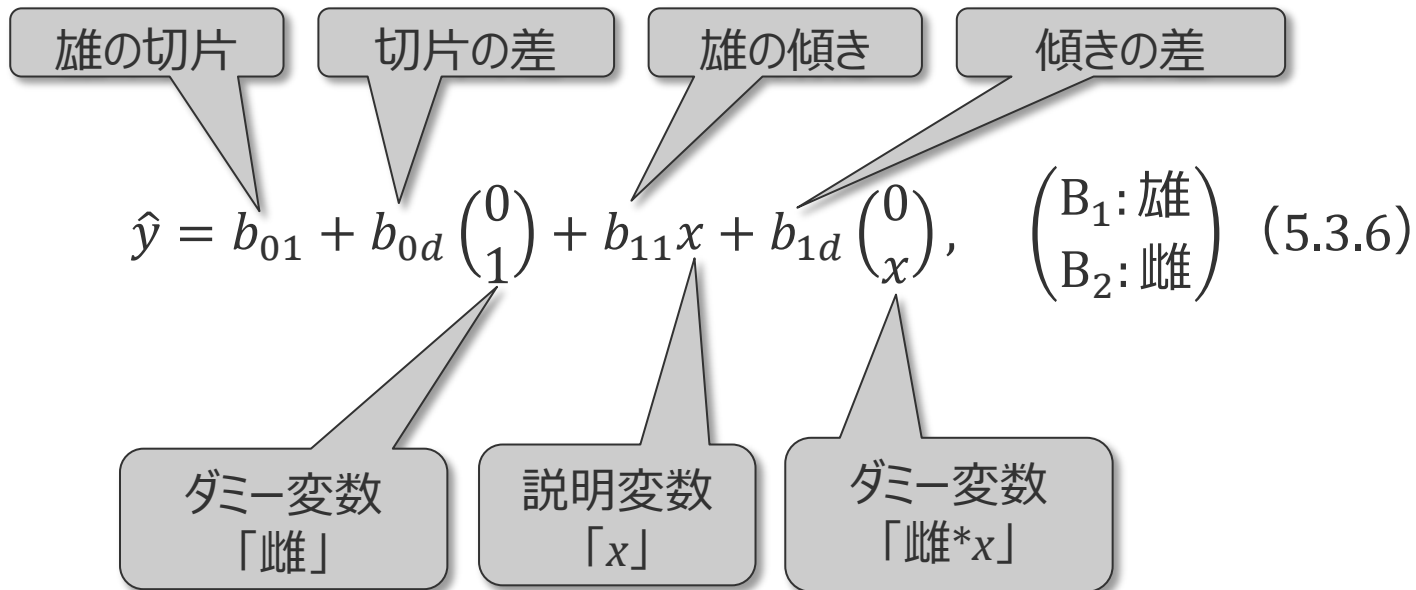
ダミー変数 1 と LINEST 関数による解析

5 行 4 列を範囲指定

y の範囲: 「y」

x の範囲: 「雌」、「x」、「雌*x」

([§2.3](#)、第 1 部 [§4.3](#))



ダミー変数 1

雌	x	雌*x	y
0	0	0	11.0
0	0	0	10.7
0	0	0	11.4
0	0	0	10.9
0	1	0	11.3
0	1	0	11.3
0	1	0	10.9
0	1	0	11.2
0	2	0	11.8
0	2	0	12.2
0	2	0	12.1
0	2	0	10.8
0	3	0	11.5
0	3	0	12.0
0	3	0	12.4
0	3	0	11.0

雌	x	雌*x	y
1	0	0	10.2
1	0	0	10.8
1	0	0	10.5
1	0	0	10.2
1	1	1	10.9
1	1	1	11.3
1	1	1	10.3
1	1	1	10.4
1	2	2	10.5
1	2	2	10.8
1	2	2	10.8
1	2	2	11.1
1	3	3	10.9
1	3	3	10.5
1	3	3	11.3
1	3	3	11.6

●LINEST 関数とダミー変数 1 による解析

モデルの平方和

LINEST 関数の結果と一致

残差の平方和と自由度

LINEST 関数の結果と一致

表示 5.3.6 JMP による解析（交互作用を含む）

分散分析				
要因	自由度	平方和	平均平方	F値
モデル	3	5.685250	1.89508	11.2815
誤差	28	4.703500	0.16798	p値(Prob>F)
全体(修正済み)	31	10.388750		<.0001*

	雌*x	x	雌	const	
回帰係数	-0.070	0.273	-0.545	10.998	切片
その標準誤差	0.130	0.092	0.242	0.171	その標準誤差
寄与率	0.547	0.410	#N/A	#N/A	標準偏差
F比	11.281	28	#N/A	#N/A	残差自由度
回帰平方和	5.685	4.704	#N/A	#N/A	残差平方和

●LINEST 関数とダミー変数 1 による解析

JMP はダミー変数 2 (-1, 1 のタイプ) を使用しているため、パラメータ推定値は一致しない

$$\hat{y} = 10.725 + \begin{pmatrix} 0.325 \\ -0.325 \end{pmatrix} + 0.238x + \begin{pmatrix} 0.035 \\ -0.035 \end{pmatrix} (x - 1.5) \quad (5.3.5)$$

$$= \begin{pmatrix} 10.998 \\ 10.453 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 0.273x \\ 0.203x \end{pmatrix} \quad (5.3.1)$$

$$\hat{y} = b_{01} + b_{0d} \begin{pmatrix} 0 \\ 1 \end{pmatrix} + b_{11}x + b_{1d} \begin{pmatrix} 0 \\ x \end{pmatrix}$$

$$= 10.998 - 0.545 \begin{pmatrix} 0 \\ 1 \end{pmatrix} + 0.273x - 0.070 \begin{pmatrix} 0 \\ x \end{pmatrix}$$

$$= \begin{pmatrix} 10.998 \\ 10.453 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 0.273x \\ 0.203x \end{pmatrix} \quad (5.3.1)$$

表示 5.3.7 JMP による解析 (交互作用を含む)

全水準の推定値				
名義尺度の要因においては、全水準に対して推定値が求められている				
項	推定値	標準誤差	t値	p値(Prob> t)
切片	10.725	0.121237	88.46	<.0001*
雄雌[雄]	0.325	0.072453	4.49	0.0001*
雄雌[雌]	-0.325	0.072453	-4.49	0.0001*
x	0.2375	0.064804	3.66	0.0010*
雄雌[雄]*(x-1.5)	0.035	0.064804	0.54	0.5934
雄雌[雌]*(x-1.5)	-0.035	0.064804	-0.54	0.5934

	雌*x	x	雌	const	
回帰係数	-0.070	0.273	-0.545	10.998	切片
その標準誤差	0.130	0.092	0.242	0.171	その標準誤差
寄与率	0.547	0.410	#N/A	#N/A	標準偏差
F比	11.281	28	#N/A	#N/A	残差自由度
回帰平方和	5.685	4.704	#N/A	#N/A	残差平方和

●LINEST 関数とダミー変数 1 による解析

$$\hat{y} = \begin{pmatrix} b_{01} \\ b_{02} \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} b_{11} \\ b_{12} \end{pmatrix} x, \quad \begin{matrix} (B_1: \text{雄}) \\ (B_2: \text{雌}) \end{matrix} \quad (5.3.1)$$

$$= b_{01} + \begin{pmatrix} 0 \\ b_{02} - b_{01} \end{pmatrix} + b_{11}x + \begin{pmatrix} 0 \\ b_{12} - b_{11} \end{pmatrix} x$$

$$= b_{01} + b_{0d} \begin{pmatrix} 0 \\ 1 \end{pmatrix} + b_{11}x + b_{1d} \begin{pmatrix} 0 \\ x \end{pmatrix} \quad (5.3.6)$$

代入、 b_{01}, b_{11} を基準

$$b_{0d} = b_{02} - b_{01}$$

$$b_{1d} = b_{12} - b_{11}$$

$$\hat{y} = \begin{pmatrix} b_{01} \\ b_{02} \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} b_{11} \\ b_{12} \end{pmatrix} x, \quad \begin{matrix} (B_1: \text{雄}) \\ (B_2: \text{雌}) \end{matrix} \quad (5.3.1)$$

$$= \begin{pmatrix} b_{01} \\ b_{01} + b_{0d} \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} b_{11} \\ b_{11} + b_{1d} \end{pmatrix} x$$

$$= b_{01} + b_{0d} \begin{pmatrix} 0 \\ 1 \end{pmatrix} + b_{11}x + b_{1d} \begin{pmatrix} 0 \\ x \end{pmatrix} \quad (5.3.6)$$

代入、 b_{01}, b_{11} を基準

$$b_{02} = b_{01} + b_{0d}$$

$$b_{12} = b_{11} + b_{1d}$$

●LINEST 関数とダミー変数 2 による解析

$$\hat{y} = \begin{pmatrix} b_{01} \\ b_{02} \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} b_{11} \\ b_{12} \end{pmatrix} x, \quad \begin{pmatrix} B_1: \text{雄} \\ B_2: \text{雌} \end{pmatrix} \quad (5.3.1)$$

ダミー変数 1 (0, 1)

$$\begin{aligned} \hat{y} &= \begin{pmatrix} b_{01} \\ b_{01} + b_{0d} \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} b_{11} \\ b_{11} + b_{1d} \end{pmatrix} x \\ &= b_{01} + b_{0d} \begin{pmatrix} 0 \\ 1 \end{pmatrix} + b_{11}x + b_{1d} \begin{pmatrix} 0 \\ x \end{pmatrix}, \quad \begin{pmatrix} B_1: \text{雄} \\ B_2: \text{雌} \end{pmatrix} \end{aligned} \quad (5.3.6)$$

式(5.3.1)に代入、 b_{01}, b_{11} を基準
 $b_{02} = b_{01} + b_{0d}$
 $b_{12} = b_{11} + b_{1d}$

ダミー変数 2 (1, -1)

$$\begin{aligned} \hat{y} &= \begin{pmatrix} b_0 + b_{0d} \\ b_0 - b_{0d} \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} b_1 + b_{1d} \\ b_1 - b_{1d} \end{pmatrix} x \\ &= b_0 + b_{0d} \begin{pmatrix} 1 \\ -1 \end{pmatrix} + b_1x + b_{1d} \begin{pmatrix} x \\ -x \end{pmatrix}, \quad \begin{pmatrix} B_1: \text{雄} \\ B_2: \text{雌} \end{pmatrix} \end{aligned}$$

式(5.3.1)に代入、効果の和が 0
 $b_{01} = b_0 + b_{0d}$
 $b_{02} = b_0 - b_{0d}$
 $b_{11} = b_1 + b_{1d}$
 $b_{12} = b_1 - b_{1d}$

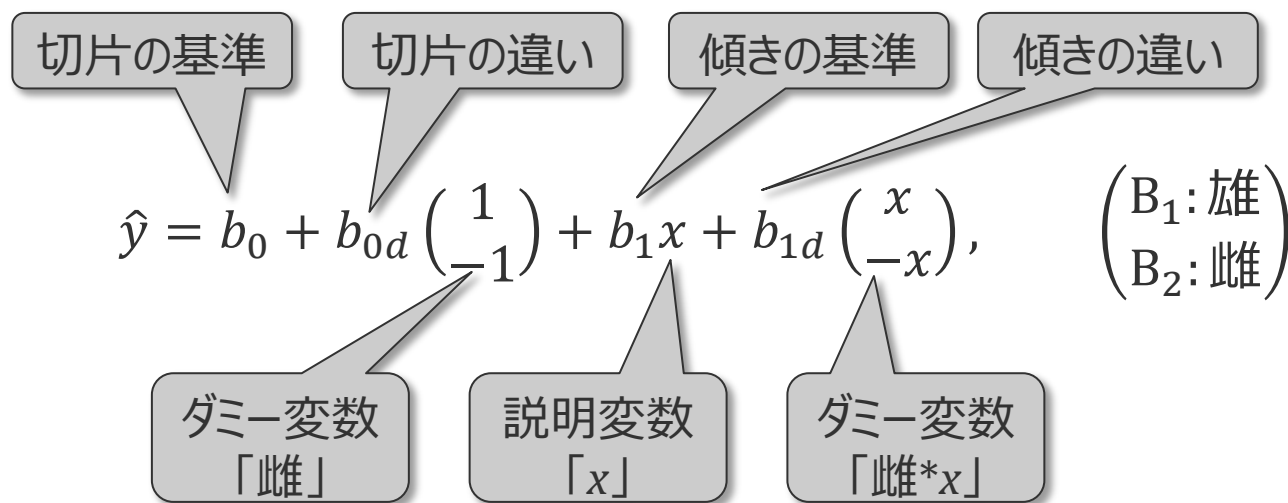
●LINEST 関数とダミー変数 2 による解析

ダミー変数 2 と LINEST 関数による解析

5 行 4 列を範囲指定

y の範囲：「y」

x の範囲：「雄」、「x」、「雄*x」



ダミー変数 2

雄	x	雄*x	y
1	0	0	11.0
1	0	0	10.7
1	0	0	11.4
1	0	0	10.9
1	1	1	11.3
1	1	1	11.3
1	1	1	10.9
1	1	1	11.2
1	2	2	11.8
1	2	2	12.2
1	2	2	12.1
1	2	2	10.8
1	3	3	11.5
1	3	3	12.0
1	3	3	12.4
1	3	3	11.0

雄	x	雄*x	y
-1	0	0	10.2
-1	0	0	10.8
-1	0	0	10.5
-1	0	0	10.2
-1	1	-1	10.9
-1	1	-1	11.3
-1	1	-1	10.3
-1	1	-1	10.4
-1	2	-2	10.5
-1	2	-2	10.8
-1	2	-2	10.8
-1	2	-2	11.1
-1	3	-3	10.9
-1	3	-3	10.5
-1	3	-3	11.3
-1	3	-3	11.6

●LINEST 関数とダミー変数 2 による解析 表示 5.3.7 JMP による解析 (改変、中心化をしていない)

$$\begin{aligned} \hat{y} &= b_0 + b_{0d} \begin{pmatrix} 1 \\ -1 \end{pmatrix} + b_1x + b_{1d} \begin{pmatrix} x \\ -x \end{pmatrix} \\ &= 10.725 + 0.273 \begin{pmatrix} 1 \\ -1 \end{pmatrix} + 0.238x + 0.035 \begin{pmatrix} x \\ -x \end{pmatrix} \\ &= \begin{pmatrix} 10.998 \\ 10.453 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 0.273x \\ 0.203x \end{pmatrix} \quad (5.3.1) \end{aligned}$$

中心化をしていない

全水準の推定値

名義尺度の要因においては、全水準に対して推定値が求められている

項	推定値	標準誤差	t値	p値(Prob> t)
切片	10.725	0.121237	88.46	<.0001*
雄雌[雄]	0.2725	0.121237	2.25	0.0327*
雄雌[雌]	-0.2725	0.121237	-2.25	0.0327*
x	0.2375	0.064804	3.66	0.0010*
雄雌[雄]*x	0.035	0.064804	0.54	0.5934
雄雌[雌]*x	-0.035	0.064804	-0.54	0.5934

パラメータの推定値は、
JMP 出力と LINEST 関数の出力が一致
推定式は、整理すると式(5.3.1)に一致

表示 5.7.6 LINEST 関数を用いた解析の結果 (改変)

	雄*x	x	雄	const	
回帰係数	0.035	0.238	0.273	10.725	切片
その標準誤差	0.065	0.065	0.121	0.121	その標準誤差
寄与率	0.547	0.410	#N/A	#N/A	標準偏差
F比	11.281	28	#N/A	#N/A	残差自由度
回帰平方和	5.685	4.704	#N/A	#N/A	残差平方和

- 質的因子×量的因子の2因子実験（「雌雄」×「投与量（ x ）」）
共分散分析との違いを比較しながら学習することで理解が深まる
- 共分散分析との比較
2因子実験では、 x が制御された変数で、バランスが取れていた
共分散分析では、 x が制御されていない変数で、アンバランスなデータ
- 傾きが等しいかどうかの検討
傾きが等しい=交互作用がない
- JMPの結果とLINEST関数の結果との比較
次節でも取り上げられる



- 作成 片瀬雅彦
- 監修 松本一彦、長谷文雄
- 作成時期 2019年11月1日
- 改訂 2020年8月18日、2022年2月21日
2023年12月29日