

R と RStudio の使い方

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

5 2因子実験

5.3 2因子実験 (質的因子×量的因子)

テキストと利用上の注意

●テキスト

芳賀敏郎（2011）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

（サイトへアップすることに対して、サイエンティスト社の了解を得ています）

●Rによる解析事例を紹介

R スクリプトの出力結果を紹介します（tidyverse 系には次期バージョンで対応します）

R スクリプト（文字コードUTF-8に設定）を、このサイトから[ダウンロード](#)できます

R スクリプトを [Compile Report] することにより、Word または HTML で見ることができます

R と RStudio の設定と基本的な使い方は「[R と RStudio の使い方](#)」を参照してください

R の出力結果の見方は、テキストとそれを解説した [PDF ファイル](#) を参照してください

グラフ表示は、解析手段として、必要最小限の表現に止めています

●自己責任で利用

上記のことを理解した上で、自己責任により利用してください

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 応答局面計画
- 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

質的因子（雌雄）の水準ごとの回帰分析

p.183

● 表示5.3.1 解析用データと雌雄ごとの直線のあてはめ

スクリプトファイル：Green2-5-3.R

利用した関数

subset、lm、plot、abline、
summary

方法

subset 関数により、
雄雌別にデータフレームを分割
それぞれのデータフレームを
lm 関数で回帰分析

データフレーム
df

sex	y	x
B1	11.0	0
B1	11.3	1
...

```
df1 <- subset(df, sex == "B1", select = c(y, x))  
df2 <- subset(df, sex == "B2", select = c(y, x))
```

```
lm_out1 <- lm(y ~ x, data = df1)  
lm_out2 <- lm(y ~ x, data = df2)
```

データフレームの
一部を抽出

```
g <- ifelse(df$sex == "B1", 1, 2)  
plot(x = df$x, y = df$y, type = "p",  
      col = g, pch = g,  
      xlim = c(0, 4), ylim = c(10, 12),  
      ylab = "y", xlab = "x")  
abline(lm_out1, col = 1)  
abline(lm_out2, col = 2)
```

回帰直線を追加

質的因子（雌雄）の水準ごとの回帰分析

- 表示5.3.1 解析用データと雌雄ごとの直線のあてはめ

スクリプトファイル：Green2-5-3.R

利用した関数

subset、lm、plot、abline、

summary

方法

subset 関数により、

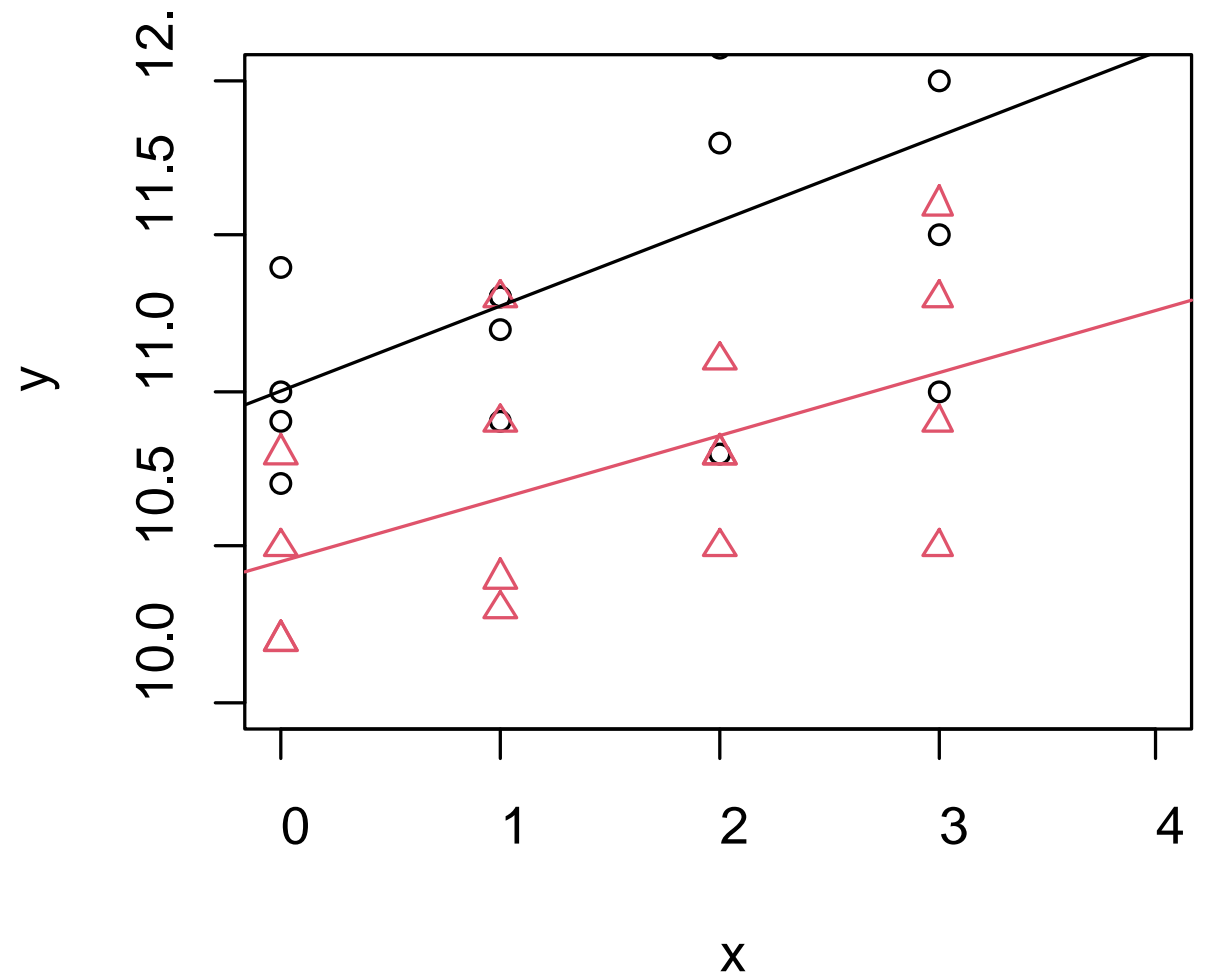
雄雌別にデータフレームを分割

それぞれのデータフレームを

lm 関数で回帰分析

データフレーム
df

sex	y	x
B1	11.0	0
B1	11.3	1
...





主効果のみの解析

p.188

- 表示5.3.6 JMP による解析（主効果のみ）

スクリプトファイル：Green2-5-3.R

利用した関数：lm、summary、anova、car::Anova

方法：lm 関数で、sex（雌雄）、x（投与量）をモデルの構成要素として回帰分析

```
lm_out3 <- lm(y ~ sex + x, data = df,
              contrasts = list(sex = "contr.sum"))
summary(lm_out3)

## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) 10.72500    0.11975   89.564 < 2e-16 ***
## sex1         0.32500    0.07156    4.541 9.05e-05 ***
## x            0.23750    0.06401    3.710 0.000873 ***
```



主効果のみの解析

- 表示5.3.6 JMP による解析（主効果のみ）

スクリプトファイル：Green2-5-3.R

利用した関数：lm、summary、anova、car::Anova

方法：lm 関数で、sex（雌雄）、x（投与量）をモデルの構成要素として回帰分析

```
Anova(lm_out3, type = 3)
## Anova Table (Type III tests)
##
## Response: y
##
```

	Sum Sq	Df	F value	Pr(>F)	
## (Intercept)	1314.58	1	8021.626	< 2.2e-16	***
## sex	3.38	1	20.625	9.054e-05	***
## x	2.26	1	13.768	0.0008727	***
## Residuals	4.75	29			



主効果のみの解析：LOF

●表示5.3.6 JMP による解析（主効果のみ）

スクリプトファイル：Green2-5-3.R 利用した関数：lm、summary、anova、car::Anova

方法：量的因子 x を factor 関数で質的因子に変換して回帰分析を行う

両者の残差平方和から LOF（あてはまりの悪さ）を算出

```
lm_out3 <- lm(y ~ sex + x, data = df,
              contrasts = list(sex = "contr.sum"))
lm_out_pe3 <- lm(y ~ sex * factor(x), data = df)
anova(lm_out3, lm_out_pe3)

## Analysis of Variance Table
##
## Model 1: y ~ sex + x
## Model 2: y ~ sex * factor(x)
##   Res.Df    RSS Df Sum of Sq      F Pr(>F)
## 1      29 4.7525
## 2      24 4.4650  5    0.2875 0.3091 0.9026
```

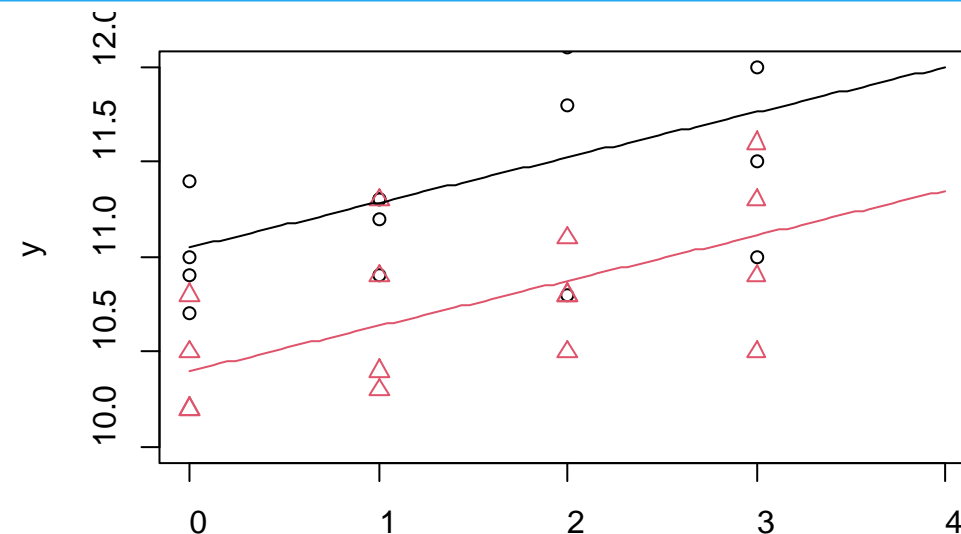
質的変数に変換

交互作用を含む

主効果のみの解析：グラフ

p.188

- 表示5.3.6 JMP による解析（主効果のみ）
 - スクリプトファイル：Green2-5-3.R
 - 利用した関数：subset、lm、plot、abline、
 - 方法：coef 関数でパラメータを取り出す
sex のB1とB2ごとに回帰式を関数化
curve 関数で回帰直線を表示



```
lm_out3 <- lm(y ~ sex + x, data = df, contrasts = list(sex = "contr.sum"))
b <- coef(lm_out3)
fn1 <- function(x) {b[1] + b[2] + b[3] * x} # B1の回帰式
fn2 <- function(x) {b[1] + (-b[2]) + b[3] * x} # B2の回帰式

plot(x = df$x, y = df$y, type = "p", col = g, pch = g,
      xlim = c(0, 4), ylim = c(10, 12), ylab = "y", xlab = "x")
curve(fn1, xlim = c(0, 4), ylim = c(10, 12), col = 1, add = TRUE)
curve(fn2, xlim = c(0, 4), ylim = c(10, 12), col = 2, add = TRUE)
```

テキスト p.189
式(5.3.4) 参照



- 表示5.3.7 JMP による解析 (交互作用を含む)

スクリプトファイル: Green2-5-3.R

利用した関数: lm、summary、anova、car::Anova

方法: lm 関数で、sex (雌雄)、x (投与量)、その交互作用をモデルの構成要素とする
主効果の効果を比較しやすいように中心化する

```
center <- mean(df$x)      # 中心化
lm_out4 <- lm(y ~ sex * I(x - center), data = df,
              contrasts = list(sex = "contr.sum"))
summary(lm_out4)

## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)    11.08125    0.07245 152.944 < 2e-16 ***
## sex1           0.32500    0.07245   4.486 0.000113 ***
## I(x - center)  0.23750    0.06480   3.665 0.001024 **
## sex1:I(x - center) 0.03500    0.06480   0.540 0.593405
```



交互作用を含む解析：LOF

- 表示5.3.7 JMP による解析（交互作用を含む）

スクリプトファイル：Green2-5-3.R 利用した関数：lm、summary、anova、car::Anova

方法：量的因子 x を factor 関数で質的因子に変換して回帰分析を行う

両者の残差平方和から LOF（あてはまりの悪さ）を算出

```
lm_out5 <- lm(y ~ sex * x, data = df)
lm_out_pe5 <- lm(y ~ sex * factor(x), data = df)
anova(lm_out5, lm_out_pe5)

## Analysis of Variance Table
##
## Model 1: y ~ sex * x
## Model 2: y ~ sex * factor(x)
##   Res.Df    RSS Df Sum of Sq      F Pr(>F)
## 1      28 4.7035
## 2      24 4.4650  4    0.2385 0.3205 0.8614
```



- 作成 片瀬雅彦
- 作成時期 2021年7月16日