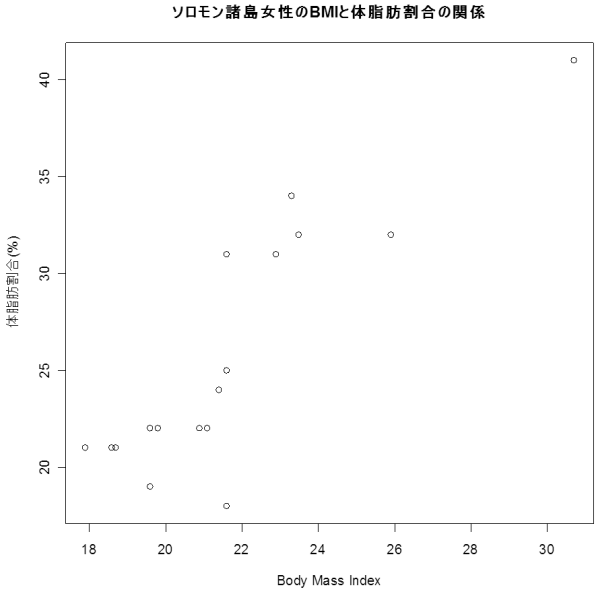
医学情報処理演習第９回「計数データと比率の解析」[*1]

2006 年 12 月 4 日 中澤　港 (nminato@med.gunma-u.ac.jp)

前回の課題の回答例

(1) BMI と FAT の相関の分析[*2]

```
dat <- read.delim("http://phi.med.gunma-u.ac.jp/medstat/p08.txt")
attach(dat)
plot(BMI,FAT,xlab="Body Mass Index",ylab="体脂肪割合 (%)",
 main="ソロモン諸島女性の BMI と体脂肪割合の関係")
cor.test(BMI,FAT); cor.test(BMI,FAT,method="spearman"); cor.test(BMI,FAT,method="kendall")
```



散布図をみると，BMI が大きい人は FAT も大きく，BMI が小さい人は FAT も小さい傾向があるようにみえるので，正の相関がありそうである。相関係数は，Pearson が 0.87 [0.66,0.95]，Spearman が 0.82，Kendall が 0.72 となり，それぞれゼロと差が無いという帰無仮説の検定で得られる有意確率も 10^{-6} から 10^{-5} のオーダーなので，有意水準 5%で帰無仮説は棄却される。相関係数の値そのものから考えて，強い正の相関があるといえる。

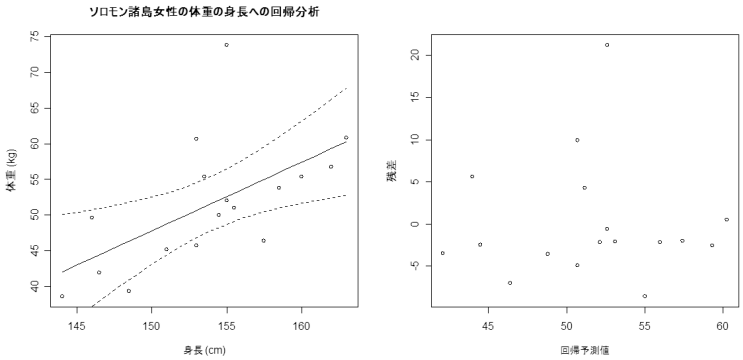
---

(2) 身長を独立変数，体重を従属変数とした回帰分析

```
layout(t(1:2))
plot(WT ~ HT,xlab="身長 (cm)",ylab="体重 (kg)",main="ソロモン諸島女性の体重の身長への回帰分析")
res <- lm(WT ~ HT)
LHT <- seq(min(HT),max(HT),length=20)
matlines(LHT,predict(res,list(HT=LHT),interval="confidence"),lty=c(1,2,2),col=0)
plot(residuals(res) ~ fitted.values(res),xlab="回帰予測値",ylab="残差")
summary(res)
predict(res,list(HT=155),interval="confidence")
detach(dat)
```

[*1] 本資料は http://phi.med.gunma-u.ac.jp/medstat/it09-2006.pdf としてダウンロード可能である。

[*2] シャピロ＝ウィルクの検定の結果からすると，実は BMI と FAT は有意水準 5%で正規分布とは言えないが，先週の説明では正規分布の確認はしなくていいと言ってしまったので，変換しないで分析することにする。



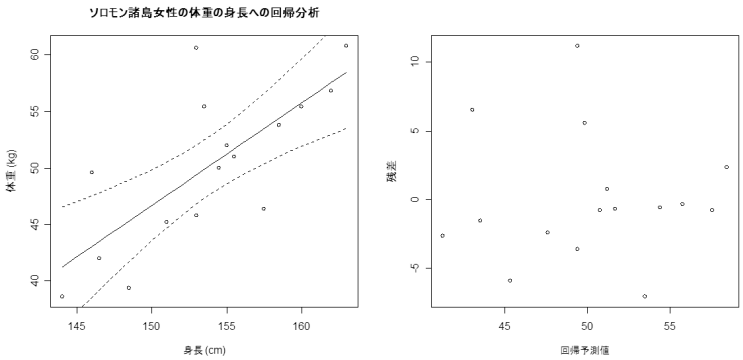
体重と身長の間にも直線的な関係がありそうにみえる。回帰分析の結果,

$$\text{体重} = 0.957 \times \text{身長} - 95.7$$

という回帰式が得られる。回帰係数がゼロと差が無いという帰無仮説の検定は有意確率が 0.0116 となるので棄却される。自由度調整済み相関係数の二乗は 0.312 となり，体重のばらつきの約 30%が身長のばらつきによって説明されるといえる。この程度の説明力の回帰式では予測に使うには不十分だが，強引に身長が 155 cm のときの体重の予測値を計算すると，52.6 [48.7, 56.5] kg となる。

ただし，ここで残差プロットをよくみると，１人だけ大きな外れ値になっている人が見つかる。身長のわりに体重が極端に大きいこの人は，実は体脂肪割合も 41%あり，尿検査の結果，糖尿病であった。そのため，他の健康な人と同じ母集団からのサンプルと考えるべきではない可能性がある。そこで，この人を除外して回帰分析をやり直してみる[*3]。

```
dat2 <- subset(dat,WT<70,drop=T)
attach(dat2)
res2 <- lm(WT ~ HT)
layout(t(1:2))
plot(WT ~ HT,xlab="身長 (cm)",ylab="体重 (kg)",
 main="ソロモン諸島女性の体重の身長への回帰分析")
LHT <- seq(min(HT),max(HT),length=20)
matlines(LHT,predict(res2,list(HT=LHT),interval="confidence"),lty=c(1,2,2),col=0)
plot(residuals(res2) ~ fitted.values(res2),xlab="回帰予測値",ylab="残差")
summary(res2)
predict(res2,list(HT=155),interval="confidence")
detach(dat2)
```



今度の回帰式は

$$\text{体重} = 0.906 \times \text{身長} - 89.2$$

[*3] ただし，このように他の情報により根拠づけられればよいが，たんに数値的に外れ値というだけでデータから除外してしまうのは危険である。

となる。回帰係数がゼロと差が無いという帰無仮説の検定の結果，帰無仮説は有意水準 5%で棄却される（t 値=4.142, p 値=0.001）。自由度調整済み相関係数の二乗は 0.519 となり，今度は体重のばらつきの約半分が身長のばらつきによって説明されることがわかる。これでもまだ予測に使うには不十分だが，1 回目の回帰分析よりも，かなり当てはまりは改善している。残差プロットも最初のものより均等にばらついているようにみえる。身長 155 cm のときの体重の推定値は，51.2 [48.6, 53.8] kg となる。推定値の 95%信頼区間の下限はあまり変わらないが，最初より低めである。

母比率を推定する方法

前々回までは量的な変数が正規分布に従うとして，1 つの変数の標本平均と既知の母平均との差の検定，2 つの変数の平均値の差の検定，多群の平均値の差の検定，と説明を進めてきた。前回は 2 つの量的な変数の関係を分析した。今回と次回は，同じような分析を，カテゴリ変数，つまり割合に対して行う方法を説明する。

今回は，名義尺度や順序尺度をもつカテゴリ変数を分析する方法を扱う。カテゴリ変数 1 つがもっている情報は，データ数と，個々のカテゴリが占める割合（標本比率）である。したがって，このデータから求める統計的な指標は，母比率，即ち個々のカテゴリが母集団で占めるであろう割合である。ランダムサンプルであれば，標本比率と一致することが期待される。

例えば，手元の容器の中に，数百個の白い碁石があるとする。この概数を手っ取り早く当てるために，数十個の黒い碁石を混ぜる。よくかき混ぜてから 20 個程度の石を取り出してみて（標本），その中で黒い石が占めていた割合（標本比率）を求め，それが母比率と等しいと仮定して加えた黒い碁石の数を割って総数を求め，黒い碁石の数を引けば，元々の白い碁石の数が得られる。生態学で，野原のバッタの数を調べたいときに全数を調べるわけにはいかないので，捕まえてペンキでマークして放して暫く経ってからまた捕まえてマークされているバッタの割合を求めて，マークした数をそれで割って総数を推定する，というリンカーン法（Capture-Mark-Recapture; 略して CMR ともいう）のやり方と同じである。

例題

最初に混入した黒い石の数が 40 個，かき混ぜてから 20 個の石を取り出してみたら黒石 2 個，白石 18 個だった場合，元の白石の数はいくつと推定されるか？

元の白石の数を x とすると，**母比率と標本比率が一致するなら，**

$$40/(40+x) = 2/(2+18)$$

となるので，これを x について解けば，x=360 が得られる。したがって 360 個と推定される。この程度は R を使うまでもないが，`40/(2/(2+18))-40` と電卓のように打てば，360 が得られる。

推定値の確からしさ

ここで，このようにして求めた推定値がどれほど確からしいか？　を考えよう。例えば，黒石の割合（母比率）が p である容器から 20 個の石を取り出したときに，黒石がちょうど 2 個である確率を考えると，これは 2 項分布に従う[*4]。

つまり，復元抽出で考えれば，確率 p の現象が 20 回中 2 回起こり，残りの 18 回は確率 (1-p) の現象が起こったわけだから，その確率をすべて掛け合わせ，20 回中どの 2 回で起こるのかという組み合わせの数だけパタンがありうるので ${}_{20}\mathrm{C}_2$ 回だけそれを足し合わせた確率になる。

R では，この確率は，母比率 p を与えると，`choose(20,2)*p^2*(1-p)^18` あるいは `dbinom(2,20,p)` で得られる。

逆に考えれば，この「母比率 p の現象が 20 回中ちょうど 2 回得られる」確率を最大にするような p が真の母比率として最も尤もらしいと考えられる。0.01 刻みでこの確率を最大にする p を探索するには下枠内のようにする。0.1 が得られる。

[*4] 第 5 回に扱った。個々の抽出を考えると復元抽出でないと 2 項分布に従わないが，すべての場合の確率の合計を考えれば非復元抽出でもそうなる。

it09-1.R

```
x<-seq(0,1,by=0.01)
y<-dbinom(2,20,x)
plot(x,y,type="l")
# 曲線を描くだけなら，上 3 行の代わりに curve(dbinom(2,20,x),0,1) で OK
x[which.max(y)]
```

40 個入れて全体の 0.1 を占めるのだから，40/0.1=400 が全体の数で，400-40=360 が元の白石の数だと推定できる。ただし，図を見ればわかるように，$p = 0.09$ だろうが $p = 0.11$ だろうが，黒石がちょうど 2 個である確率には大した差はない。だから，360 個という点推定値は，404 個（$p = 0.09$ の場合）とか 324 個（$p = 0.11$ の場合）に比べて，それほど信頼性は高くない。

母比率の信頼区間

ある程度の信頼性が見込める範囲を示すためには，平均値の場合と同様，信頼区間を用いることができる。母比率が $p = 0.1$ のときに，20 個のサンプル中の黒石出現回数がちょうど 2 である確率は，`dbinom(2,20,0.1)` より，約 28.5%に過ぎない（もちろんこれは，母比率が $p = 0.7$ のときに 20 個のサンプル中の黒石出現回数がちょうど 2 である確率である約 3.6×10^{-8} よりもずっと大きい)。ここはやはり，95%くらいの確からしさをもって，母比率はここからここまでの範囲に入るという形で説明したいと考え，95%信頼区間を計算するのがよいだろう。

平均値の場合は正規分布や t 分布を使ったが，比率の場合は 2 項分布を用いればよい。つまり，サンプルサイズ `N` のうち，ある事象が観察された個体数が `X` だったとすると，母比率 `p` の点推定量は `p <- X/N` で与えられるので，平均値の場合から類推して，95%信頼区間の下限は `qbinom(0.025,N,p)/N` で，上限は `qbinom(0.975,N,p)/N` と考えるのがもっともシンプルである。しかし，2 項分布は左右対称ではなく，分位点関数が整数値しかとれないので，`N` がある程度大きくて，それほど稀でない事象ならばこれでもいいけれども，あらゆる可能性のうち少なくとも 95%を含む最短の区間を 95%信頼区間として求めたいとすると，別の考え方をしなくてはならないだろう。

R では，Clopper CJ, Pearson ES: The use of confidence or fiducial limits illustrated in the case of the binomial. *Biometrika*, 26: 404-413, 1934. に記載されているアルゴリズムでこの信頼区間を計算する関数が実装済みである。このアルゴリズム[*5]を使っても最短であることは保証されないが，少なくとも 95%を含むことは保証するとされている。`binom.test(X,N,p)` とすれば `N` 個体中 `X` 個体に観察される事象の母比率が `p` と差がないという帰無仮説の検定結果が表示される（`p==X/N` ならば `p-value=1` となる）とともに，Clopper and Pearson の方法による 95%信頼区間が計算される。

正規近似

観察数 N, 母比率 p の 2 項分布 $B(N, p)$ は, N が大きいときは平均 Np, 分散 $Np(1-p)$ の正規分布 $N(Np, Np(1-p))$ で近似できる。例えば下枠内を打てば $N = 100, p = 0.2$ の場合についてグラフで確認できる。

```
ii <- barplot(dbinom(0:40,100,0.2))
lines(ii,dnorm(0:40,20,4),col="red")
```

正規分布は左右対称なので，95%のサンプルは，平均 $\pm$ 標準偏差$\times$ 1.96（正確には `qnorm(0.975)` であり 1.9599... となる）に含まれると考えてよく，下式が成立する。

$$\mathrm{Prob}[-1.96 \leq (X - Np)/\sqrt{Np(1-p)} \leq 1.96] = 0.95$$

これから $p^* = X/N$ を使って式変形すると，

$$\mathrm{Prob}[p^* - 1.96\sqrt{p^*(1-p^*)/N} \leq p \leq p^* + 1.96\sqrt{p^*(1-p^*)/N}] = 0.95$$

[*5] R で，括弧もつけずに `binom.test` とすると，どういう計算をしているのかが確認できる。

となるので，母比率 p は 95%の確率で下限 $p^* - 1.96\sqrt{p^*(1-p^*)/N}$，上限 $p^* + 1.96\sqrt{p^*(1-p^*)/N}$ の範囲にあるといえる。即ちこれが，母比率 p の 95%信頼区間となる。

例題

25 匹のマウスに毒物 A を一定量経口投与したところ，十分な観察期間内に 5 匹が死亡した。この毒物のその用量によるマウスの致命率の点推定量と 95%信頼区間を求めよ。

点推定量は，5/25 より 20%であることは自明である。シンプルな考え方で 95%信頼区間を求めると，下限が `qbinom(0.025,25,5/25)/25` から 0.04，上限が `qbinom(0.975,25,5/25)/25` から 0.36 となる。`binom.test(5,25,0.2)` によれば [0.068,0.407] となって，シンプルな考え方よりも上側にずれる。正規近似によれば，`0.2-qnorm(0.975)*sqrt(0.2*0.8/25)` が約 0.043，`0.2+qnorm(0.975)*sqrt(0.2*0.8/25)` が約 0.357 となるので，[0.043,0.357] が 95%信頼区間となり，ちょっと幅が狭くなってしまう。基本的には `binom.test()` の結果を使っておけば問題ない。

カテゴリ２つの場合の母比率の検定

あらかじめ母比率について何らかの期待があるときには（50%であるとか），標本から推定された比率がそれと違っていないかどうかを調べたい，ということが起こる。カテゴリが２つしかない場合は，上で説明した 2 項分布による推定の裏返しでよい。つまり，「サンプル `N` 個体中 `X` 個体に観察された事象の母比率が `p` と差がない」という帰無仮説を検定するには，`binom.test(X,N,p)` とすればよい。丁寧に考える方法を下の例題で示すが，実際には `binom.test()` を使えば十分である。

例題

ある病院で生まれた子ども 900 人中，男児は 480 人であった。このデータから，（１）男女の生まれる比率は半々であるという仮説，（２）出生性比が 1.06 である（＝男児 1.06 に対して女児 1 という割合で生まれる）という仮説，は支持されるか？（出典：鈴木義一郎「情報量基準による統計解析入門」，講談社サイエンティフィク，1995 年）

（１）母比率が 0.5 であるとして，得られているデータよりも外れたデータが偶然得られる確率（両側に外れることを考えなくてはいけないので，480 人以上になる確率と 420 人以下になる確率の合計）がきわめて小さければ，「男女の生まれる比率は半々である」という仮説はありそうもないと考えてよいことになる。母比率 0.5 で起こる現象が，900 人中ちょうど 480 人に起こる確率は `dbinom(480,900,0.5)` で与えられ，480 人以上になる確率は，`dbinom(480,900,0.5)` + `dbinom(481,900,0.5)` + ... + `dbinom(900,900,0.5)` となるが，これは分布関数を使えば，`1-pbinom(479,900,0.5)` で計算できる。420 人以下になる確率も同様に分布関数を使って書けば，`pbinom(420,900,0.5)` である。従って，求める確率はこれらの和，即ち，

```
(1-pbinom(479,900,0.5))+pbinom(420,900,0.5)
```

である。計算してみると 0.04916... となるので，有意水準 5%で仮説は棄却されることがわかる[*6]。

（２）同じように考えれば，`1-pbinom(479,900,1.06/(1.06+1))+pbinom(446,900,1.06/(1.06+1))` でよいはずであり（446 は帰無仮説の下での母比率の値である `900*1.06/(1+1.06)` が約 463 なので，480 と反対側に同じだけ外れた人数を考えた値である），約 0.271 となる[*7]ので，有意水準 5%で帰無仮説は棄却されない。つまり仮説は支持されるといえる。

カテゴリが複数ある場合の母比率の検定

しかし，注目しているカテゴリ変数のカテゴリは２つとは限らず，３つ以上あるかもしれない。そのうち１つの事象に着目して，それが起こるか起こらないかだけを分析することもあるが，それぞれのカテゴリの出現頻度のデータをす

[*6] `binom.test(480,900,0.5)` の結果得られる `p-value` と一致する。
[*7] `binom.test(480,900,1.06/(1.06+1))` の結果と一致する。

べて分析することを考えてみる。こういう場合の基本的な考え方としては，標本データの度数分布が，母集団について期待される分布と差がないという帰無仮説の下で観察データよりも外れたデータが偶然得られる確率を調べて，それが統計的に意味があると考えられるほど小さい場合に帰無仮説を棄却することになる。

具体的には，カテゴリ数が全部で n 個あって，i 番目のカテゴリの観測度数が O_i，期待度数が E_i であるとき，$\chi^2 = \sum (O_i - E_i)^2/E_i$ が[*8]，自由度 $n-1$ のカイ二乗分布に従うことを利用して検定する（但し，期待度数を計算するために不明な母数をデータから推定したときは，その数も自由度から引く。E_i が 1 未満のときはカテゴリ分けをやり直す。また，度数は整数値だけれどもカイ二乗分布は連続分布なので，χ^2 を計算する際に連続性の補正と呼ばれる操作をすることがある）。このような χ^2 が大きな値になることは，観測された度数分布が期待される分布と一致している可能性が極めて低いことを意味する。一般に，χ^2 が自由度 $n-1$ のカイ二乗分布の 95%点よりも大きいときは，統計的に有意であるとみなして，帰無仮説を棄却する。この検定方法を**カイ二乗適合度検定**と呼ぶ。

R で自由度 1 のカイ二乗分布の確率密度関数を図示するには，`curve(dchisq(x,1),0,5)` とすればよい。χ^2 値が 1 より大きくなる確率は `1-pchisq(1,1)` より得られ，約 0.317 である。 参考までに，自由度 n のカイ二乗分布の確率密度関数（R では `dchisq(x,n)` で得られる）は，$x > 0$ について， $f_n(x) = 1/(2^{(n/2)}\Gamma(n/2))x^{(n/2-1)}\exp(-x/2)$ であり，平均 n，分散 $2n$ である。なお，**自由度 (degree of freedom; d.f.)** とは，既に説明したとおり，標本の数（この場合はカテゴリ数）から，前もって推定する母数の数を引いた値である。この例なら $\sum E_i$ だけを $\sum O_i$ として推定すれば，E_1 から E_{n-1} まで定めて E_n が決まることになるので，自由度は $n-1$ となる。

このやり方は，カテゴリが 2 つのときのデータについても適用できる。上の例題に適用してみると，（1）の場合，χ^2 は，`X <- (480-450)^2/450+(420-450)^2/450` として計算される。この値が自由度 1 のカイ二乗分布に従うので，R で `1-pchisq(X,1)` とすれば，男女の生まれる比率が半々である場合に 900 人中男児 480 人よりも半々から外れた観察値が得られる確率，つまり有意確率が計算できる。実行してみると，0.0455... となる。したがって，有意水準 5%で「男女の生まれる母比率は半々である」という帰無仮説は棄却される。（2）の場合，

```
EM <- 900*1.06/2.06
EF <- 900*1/2.06
X <- (480-EM)^2/EM+(420-EF)^2/EF
1- pchisq(X,1)
```

より，有意確率は約 0.26 となるので，帰無仮説の下で偶然，男児が 900 人中 480 人以上になる確率は約 26%あると解釈され，この帰無仮説は棄却されない。

ちなみに，出生 900 中男児が 480 人観察されたとき，母集団における出生性比の 95%信頼区間を考えてみると，R Console に下枠内のように入力すれば，[1.0005,1.3059] となることがわかる[*9]。

```
res <- binom.test(480,900,480/900)
res$conf.int/(1-res$conf.int)
```

少し複雑な例

例題

1 日の交通事故件数を 155 日間について調べたところ，0 件の日が 79 日，1 件の日が 61 日，2 件の日が 13 日，3 件の日が 1 日，4 件以上の日が 1 日だったとする。このとき，1 日あたりの交通事故件数はポアソン分布に従うと言えるか？（出典：豊川裕之，柳井晴夫（編著）「医学・保健学の例題による統計学」，現代数学社，1982）[a]

[a] 一般に，稀な事象についてベルヌーイ試行を行うときの事象生起数がポアソン分布に従うことが知られている。交通事故は稀な事象であり，ある日に交通事故が起こる件数と翌日に交通事故が起こる件数は独立と考えられるので，交通事故件数はポアソン分布に従うための条件を満たしている。

[*8] χ は「カイ」と発音する。英語では chi-square と書かれるので，英文を読むときに間違って「チ」と読んでしまうと大変恥ずかしい。

[*9] この一連の操作は `http://phi.med.gunma-u.ac.jp/medstat/it09-2.R` よりダウンロード可能。

R では，ポアソン分布の確率関数（離散分布の場合は，確率密度関数と言わずに確率関数というのが普通）は，dpois(**件数，期待値**) で与えられる。この例題ではポアソン分布の期待値（これは母数である）がわからないので，データから推定すれば，

$$\frac{(0\times 79+1\times 61+2\times 13+3\times 1+4\times 1)}{155}$$

で得られる。この値を Ehh として計算し，観測度数の分布をプロットするためには，下枠内を打てばよい（なお，it09-3.R には，その後の計算も含まれている）。

it09-3.R

```
cc <- 0:4
hh <- c(79,61,13,1,1)
names(hh) <- cc
print(Ehh <- sum(cc*hh)/sum(hh))
barplot(hh)
```

従って，1 日の事故件数が期待値 Ehh のポアソン分布に従うとしたときの，事故件数 0〜4 の期待日数 epp は，epp <- dpois(cc,Ehh)*sum(hh) で得られる。

こうなれば，X <- sum((hh-epp)^2/epp) としてカイ二乗値を求め，これが自由度 3（件数の種類が 5 種類あって，ポアソン分布の期待値が母数として推定されたので，$5-1-1=3$ となる）のカイ二乗分布に従うとして 1-pchisq(X,3) が 0.05 より小さいかどうかで適合を判定すれば良さそうなものだが，そうはいかない。

epp[5]（この場合，epp[cc==4] と同じものを指すことになるので，以後，この記法を用いる）が 1 より小さいので，カテゴリを併合しなくてはならないのである[*10]。そこで，epp[5] を epp[4] と併合する。

即ち，

```
ep <- epp[cc<4]
ep[4] <- ep[4]+epp[5]
```

として期待度数の分布 ep を得，

```
h <- hh[cc<4]
h[4] <- h[4]+hh[5]
```

として観測度数の分布 h を得る。

後は，XX <- sum((h-ep)^2/ep) としてカイ二乗値を求め，1-pchisq(XX,2) を計算すると（カテゴリが 1 つ減ったので自由度も 1 減って 2 となる），約 0.187 となることがわかる。即ち，1 日の交通事故件数がポアソン分布に従っているという仮定の下でこのデータよりも偏ったデータが得られる確率は約 19%あり，「一日の事故件数がポアソン分布に従っている」という帰無仮説は棄却されない。

R にもカイ二乗適合度検定をやってくれる関数は用意されていて，もし自由度の調整がなければ，

```
chisq.test(as.table(h),p=ep/sum(ep),correct=F)
```

とすればカイ二乗値とその有意確率が計算できるのだが，カイ二乗分布は自由度 2 の場合と自由度 3 の場合では大きく違うので，この場合のように自由度を減らさなくてはいけないときには使えない。なお，2 つの分布が一致しているという帰無仮説を検定する方法としては，コルモゴロフ＝スミルノフ検定という方法もあり，これなら，ks.test(h,ep) で検定できる。なお，このデータについては，ここで示したどのやり方で分析しても，帰無仮説が有意水準 5%で棄却されない（つまり，「1 日の事故件数はポアソン分布に従っている」といえる）という結論は変わらない。

[*10] もっとも，併合した分布は元の分布と等価ではないので，併合の際にも本当は慎重な検討が必要である。

サイコロの正しさの検定

この特別な場合として，どのカテゴリも出現頻度が等しいという帰無仮説を検定することが考えられる。たとえば，サイコロを 900 回振って出た目の回数が下表のようであったとき，このサイコロの各目の出やすさに差はないと考えていいかという問題である。

目	1	2	3	4	5	6
回数	137	163	137	138	168	157

上と同じように考えれば，

it09-4.R

```
h <- c(137,163,137,138,168,157)
X <- sum((h-150)^2/150)
1-pchisq(X,4)
```

により，どの目の出やすさにも差がないという帰無仮説（つまり，900 回振ったときの各目の期待頻度は 150 回ずつということ）を検定すると，有意確率は 0.145... となるので，有意水準 5%で帰無仮説は棄却されず，このサイコロの各目の出やすさには差がないといえる。

群間の比率の差

この話をもっと一般化して，１つのカテゴリ変数のカテゴリ間の頻度の差ではなく，独立した事象の観察頻度に差があるかどうかを考えてみる。もっとも単純な場合として，患者群 n_1 名と対照群 n_2 名の間で，ある特性をもつ者の人数がそれぞれ r_1 名と r_2 名だったとして，その特性の母比率に差がないという帰無仮説を考える。これは，**独立２群間の比率の差の検定**と呼ばれる。カイ二乗適合度検定でもいい（ただし特性をもたない者についても期待度数と観測度数の差を考えなくてはいけない）のだが，以下では，二乗しないで正規近似によって検定してみる。

２群の母比率 p_1, p_2 が，各々の標本比率 $\hat{p_1} = r_1/n_1, \hat{p_2} = r_2/n_2$ として推定されるとき，それらの差を考える。差 $(\hat{p_1} - \hat{p_2})$ の平均値と分散は，$E(\hat{p_1} - \hat{p_2}) = p_1 - p_2, V(\hat{p_1} - \hat{p_2}) = p_1(1-p_1)/n_1 + p_2(1-p_2)/n_2$ となる。２つの母比率に差が無いならば，$p_1 = p_2 = p$ とおけるはずなので，$V(\hat{p_1} - \hat{p_2}) = p(1-p)(1/n_1 + 1/n_2)$ となる。この p の推定値として，$\hat{p} = (r_1 + r_2)/(n_1 + n_2)$ を使い，$\hat{q} = 1 - \hat{p}$ とおけば，$n_1 p_1$ と $n_2 p_2$ がともに 5 より大きければ，標準化して正規近似を使い，

$$Z = \frac{\hat{p_1} - \hat{p_2} - E(\hat{p_1} - \hat{p_2})}{\sqrt{V(\hat{p_1} - \hat{p_2})}} = \frac{\hat{p_1} - \hat{p_2}}{\sqrt{\hat{p}\hat{q}(1/n_1 + 1/n_2)}} \sim N(0,1)$$

によって[*11]検定できる。

数値計算をしてみるため，仮に，患者群 100 名と対照群 100 名で，喫煙者がそれぞれ 40 名，20 名だったとする。喫煙率に 2 群間で差がないという帰無仮説を検定するには（なお，`it09-5.R` には続く２つの枠内も含んでいる），

it09-5.R

```
p <- (40+20)/(100+100)
q <- 1-p
Z <- (abs(40/100-20/100)-(1/100+1/100)/2)/sqrt(p*q*(1/100+1/100))
2*(1-pnorm(Z))
```

[*11] この Z は離散値しかとれないため，連続分布である正規分布による近似の精度を上げるために，連続性の補正と呼ばれる操作を加え，かつ $p_1 > p_2$ の場合（つまり $Z > 0$ の場合）と $p_1 < p_2$ の場合 (つまり $Z < 0$ の場合）と両方考える必要があり，正規分布の対称性から絶対値をとって $Z > 0$ の場合だけ考え，有意確率を 2 倍する。即ち，

$$Z = \frac{|\hat{p_1} - \hat{p_2}| - (1/n_1 + 1/n_2)/2}{\sqrt{\hat{p}\hat{q}(1/n_1 + 1/n_2)}}$$

として，この Z の値が標準正規分布の 97.5%点（R ならば `qnorm(0.975,0,1)`）より大きければ有意水準 5%で帰無仮説を棄却する。

より，有意確率が約 0.0034 となるので，有意水準 5%で帰無仮説は棄却される。つまり，喫煙率に 2 群間で統計的に有意な差があるといえる。

差の 95%信頼区間を求めるには，サンプルサイズが大きければ正規分布を仮定できるので，原則どおりに差から分散の平方根の 1.96 倍を引いた値を下限，足した値を上限とすればよい。この例では，

```
dif <- 40/100-20/100
vardif <- 40/100*(1-40/100)/100+20/100*(1-20/100)/100
difL <- dif - qnorm(0.975)*sqrt(vardif)
difU <- dif + qnorm(0.975)*sqrt(vardif)
cat("喫煙率の差の点推定値=",dif,"  95%信頼区間= [",difL,",",difU,"]\n")
```

より，[0.076,0.324] となる。しかし，通常は連続性の補正を行うので，下限からはさらに $(1/n_1 + 1/n_2)/2 = (1/100 + 1/100)/2 = 0.01$ を引き，上限には同じ値を加えて，95%信頼区間は [0.066,0.334] となる。

R には，こうした比率の差を検定するための関数 prop.test() が用意されており，以下のように簡単に実行することができる。

```
smoker <- c(40,20)
pop <- c(100,100)
prop.test(smoker,pop)
```

母比率の推定と，その差があるかどうかの検定[*12]，差の 95%信頼区間を一気に出力してくれる。上で一段階ずつ計算した結果と一致することを確かめてみよう。

prop.test() 関数は，３群以上の間でも，「どの群でも事象の生起確率に差がない」という帰無仮説を検定するのに使える。その帰無仮説が棄却されるときに，どの群間で差があるのかをみるには，検定の多重性が生じるので，平均値の差の場合と同様，第一種の過誤を調整する必要があり，ボンフェローニの方法やホルムの方法を用いることができる。R の関数は pairwise.prop.test() である。**当然気づくと思うが，平均値の比較の場合に一元配置分散分析をしたときと同じように，多群間の比較というフレームにしないで，群分け変数が事象生起確率に有意な効果を持つか，言い換えると，「これら２つの変数が独立」という帰無仮説を検定する戦略もありうる。次回説明する。**

なお，３群以上の間で事象の生起確率に一定の傾向がみられるかどうかを調べたい場合には，コクラン＝アーミテージの検定という手法があり，R では，例えば

```
disease <- c(7,19,24)
total <- c(120,143,160)
prop.test(disease,total)
pairwise.prop.test(disease,total)
score <- c(1,2,3)
prop.trend.test(disease,total,score)
# prop.trend.test(事象生起数，観察総数，傾向を示すためのスコア)
```

によって実行できる。この例では，通常の prop.test() では３群間に事象生起確率に差がないという帰無仮説が有意水準 5%で棄却されないが，コクラン＝アーミテージの検定では有意水準 5%で一定の傾向があるといえる。情報が増えることによって，より検出力が高い検定をすることができる。なお，傾向を示すためのスコアは各群に外的基準に基づいて割り振る。とくに外的基準がない場合は，1 から連続した整数値を割り振ることもある。?prop.trend.test とすれば詳細な説明が表示される[*13]。

[*12] 連続性の補正済み，事象が生起しない場合についても考慮してカイ二乗適合度検定をしているのだが，この操作は次回説明する２つの変数の独立性のカイ二乗検定と数学的に等価である。

[*13] 当然思いつくように，スコアを独立変数，事象生起確率を従属変数とした線形回帰を行って，回帰係数が有意ならば，回帰式から予測される各スコアごとの事象生起確率が，実際に観測された事象生起確率に適合しているかどうか，カイ二乗適合度検定を行うことも論理的には不可能ではない。けれども，傾向があることを言いたい場合，回帰式が適合しているという仮説が棄却されないよりも，「傾向がない」が棄却される方が強い論証になるし，おそらく実質的な意味がないので，通常，そういう分析は行われない。

例題

ある IT 系の企業の健診時に得たアンケート結果の集計によれば，部別の喫煙頻度は，総務部が 214 人中 42 人，営業部が 658 人中 242 人，開発部が 327 人中 122 人だった。この企業の喫煙割合は部によって差があるといえるか？

下枠内のように入力すれば，部によって差がないという帰無仮説の検定の結果，得られる有意確率は約 7.5×10^{-6} なので有意水準 5%で帰無仮説は棄却され，**部によって統計的に有意な差がある**といえる。さらに，ホルムの方法で第一種の過誤を調整した多重比較の結果から，総務部と営業部，総務部と開発部の喫煙割合はそれぞれ有意水準 5%で有意な差があるが，営業部と開発部の喫煙割合には差があるとはいえない。なお，下枠内の図示では割合と実数のグラフを並べて示してあるが，ここで検討している割合の差の比較をする目的であれば割合のグラフだけ表示すれば十分である（割合のグラフに人数を数値として書き込むこともある）。

it09-6.R

```
smoker <- c(42,242,122)
names(smoker) <- c("総務","営業","開発")
pop <- c(214,658,327)
crosstab <- rbind(smoker,pop-smoker)
rownames(crosstab) <- c("喫煙者","非喫煙者")
print(crosstab)
par(mfrow=c(1,2))
barplot(crosstab,legend=T,main="部門別喫煙者数")
barplot(crosstab/rbind(pop,pop),legend=T,main="部門別喫煙割合")
par(mfrow=c(1,1))
prop.test(smoker,pop)
# 実は次回やる chisq.test(crosstab) と同じこと
pairwise.prop.test(smoker,pop)
```

課題

パプアニューギニアのある地方の，内陸，川沿い，海沿いの３つの村で，住民の悉皆調査によってマラリア原虫が血液中に検出される割合を調べた結果，内陸では 180 人中 6 人，川沿いでは 220 人中 10 人，海岸では 80 人中 18 人が原虫陽性だったとする。マラリア原虫陽性割合を村ごとに図示し，それらの割合の間に差があるか検討せよ。

付加的な情報としては，マラリア原虫を媒介するハマダラカの相対的な密度が，内陸を１とすると川沿いでは２，海沿いでは４程度になるということがわかっている。余裕がある人は，ハマダラカの密度が高くなるほどマラリア原虫陽性割合が上昇する傾向があるかどうか検討せよ。

図をパワーポイントやワードなどに貼り付け，統計処理とその結果も貼り付け，学籍番号を打ち込んだものを印刷し，氏名を自筆して提出せよ。課題提出をもって出席確認とする。