

第 2 部 解析編：R による分析

第2部では、1部で解説した感性・官能評価のデータ解析を、無料の解析ソフトであるRを利用して行った解析例を紹介する。

なお、第2部で取り上げる手法と、データの検定手法については、表4.0に示すとおりである。

< Rについて >

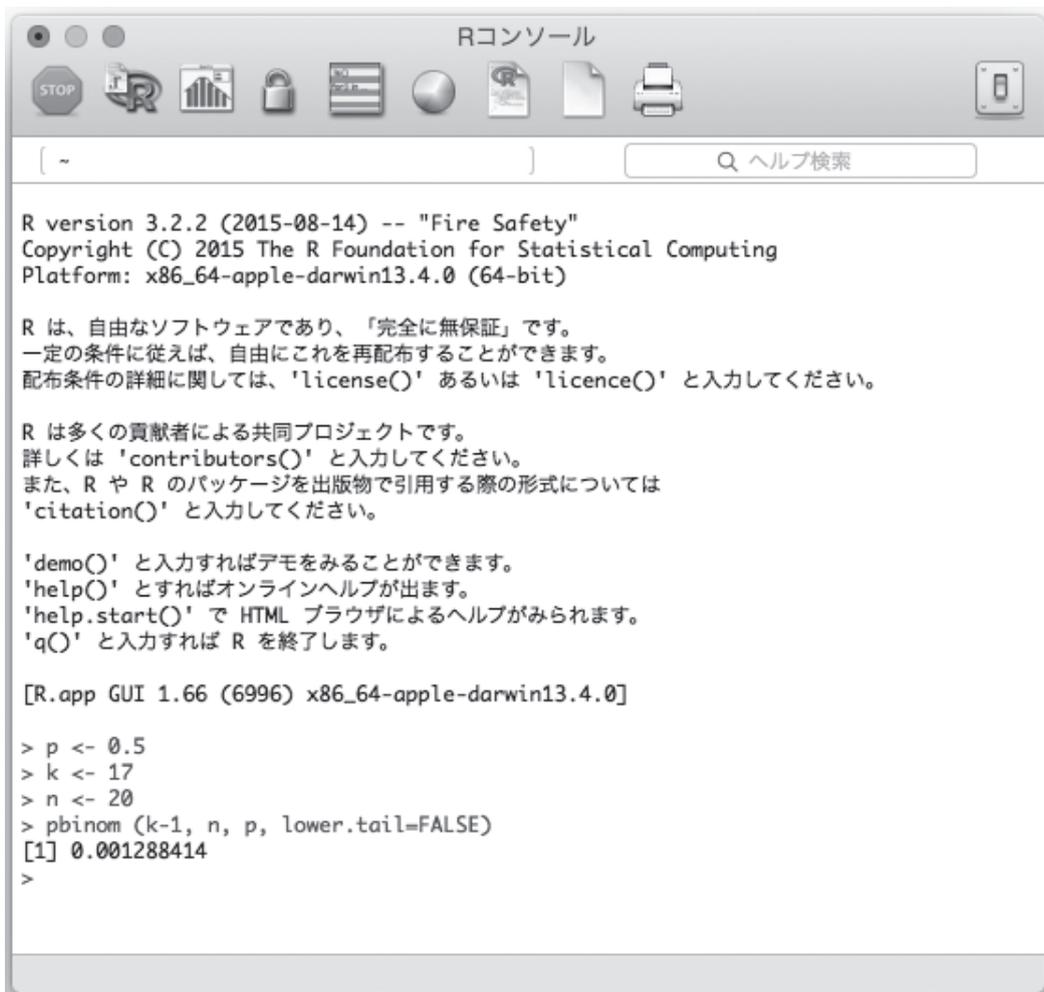
Rとはフリーの統計解析ソフトウェアである。Windows、Mac OS X等の環境で使用することができ、有料の解析ソフトウェアに匹敵する解析処理が可能となっている。

Rに関する情報及び、ソフトウェアは以下のサイトから取得できる。

<https://www.r-project.org/>

< Rによる検定 >

- 1) > はRのコンソールへの入力を示している。
- 2) # 以降の文字列はコメントである。入力する必要ない。



```
R version 3.2.2 (2015-08-14) -- "Fire Safety"
Copyright (C) 2015 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-apple-darwin13.4.0 (64-bit)

R は、自由なソフトウェアであり、「完全に無保証」です。
一定の条件に従えば、自由にこれを再配布することができます。
配布条件の詳細に関しては、'license()' あるいは 'licence()' と入力してください。

R は多くの貢献者による共同プロジェクトです。
詳しくは 'contributors()' と入力してください。
また、R や R のパッケージを出版物で引用する際の形式については
'citation()' と入力してください。

'demo()' と入力すればデモをみることができます。
'help()' とすればオンラインヘルプが出ます。
'help.start()' で HTML ブラウザによるヘルプがみられます。
'q()' と入力すれば R を終了します。

[R.app GUI 1.66 (6996) x86_64-apple-darwin13.4.0]

> p <- 0.5
> k <- 17
> n <- 20
> pbinom(k-1, n, p, lower.tail=FALSE)
[1] 0.001288414
>
```

図 4.0 R のコンソール画面 (MacOS)

4. 識別試験法

4-1. 2点試験法

<事例>

試料Aと試料Bの2種類の苦み成分量の異なるポテトチップを用意する。なお、ここでは、試料Bの方が苦み強いものとする。20人のパネルがそれぞれ1回ずつ両者を比較し、どちらが試料Bか(どちらが苦いか)を答える。試料Bの方が試料Aよりも苦いと答えたパネルは、20名中17名であった時、これらのパネルは、試料Aと試料Bの苦みを識別できたといえるか。

<Rによる検定>

```
> # 2点識別法:試料Bの方が試料Aよりも苦味が強いと答えたパネルの人数は20名中 (n=20)、17名 (k=17) であつた。
> # BはAよりも苦いといえるか。
> p <- 0.5 # 帰無仮説 H0=0.5
> k <- 17
> n <- 20
> pbinom (k-1, n, p, lower.tail=FALSE) # 二項検定 (片側検定) で k 以上になる確率を求める
[1] 0.001288414
> # p=0.001288414 より、1%水準で有意 (1%の危険率で試料Bは試料Aよりも苦いといえる)
```

4-2. 2点嗜好法

<事例>

90人の消費者パネルに軽自動車AとBの後部座席の乗り心地の評価をしてもらったところ、そのうち60人のパネルが、Aの方が乗り心地が良いと答えた。Aの方が後部座席の乗り心地が良いと考えて良いであろうか。

<Rによる検定>

```
> # 2点嗜好法:試料AとBで、90名中 (n=90) 60名 (k=60) がAの方がBよりも好ましいと答えた。
> # 試料AとBの間に好みの差があるといえるか。
> p <- 0.5 # 帰無仮説 p=0.5
> k <- 60
> n <- 90
> pbinom (k-1, n, p, lower.tail=FALSE) * 2 # 二項検定 (両側検定) で k 以上になる確率を求める
[1] 0.002060266
> # p=0.002060266 より、1%水準で有意 (1%の危険率で両者に好みの差があるといえる)
```

4-3. 3点試験法

<事例>

印刷方式を変えたパンフレットに、違いがあるかどうかを調べるために、従来方式で印刷したもの (A) と、新しい方式で印刷したもの (B) を、A を 2 回、B を 1 回、ランダムな順に見せて、異なるパンフレット (奇数試料) を指摘させるテストを 15 人のパネリストに行ったところ、12 人が正解した。A と B のパンフレットの刷り上がりに違いがあるといえるか。

< R による検定 >

```
> # 3点試験法：従来方式で印刷したもの（試料 A）と新しい方式で印刷したもの（試料 B）を、
> # A を 2 回、B を 1 回、ランダムな順に見せて、どれが B かを 15 人のパネル (n=15) に当てさせたところ、
> # 12 人が (k=12) 正解した。試料 A と B に違いがあるといえるか。
>
> p <- 1/3 # 帰無仮説 p=1/3
> k <- 12
> n <- 15
> pbinom (k-1, n, p, lower.tail=FALSE) # 二項検定（片側検定）で k 以上になる確率を求める
[1] 0.0002851088
> # p=0.0002851088 より、0.1%水準で有意（0.1%の危険率で両試料の刷り上がりに違いがあるといえる）
```

4-4. 1対2点試験法

<事例>

新しく開発したスキนครリーム (B) は従来品 (A) の香りにわずかな変更を加えたものである。この新製品は、従来品と違いが感じられるかどうかを調べた。20 人のパネリストを用いて、それぞれのパネリストに、まず従来品 (A) を対照試料として提示し、次に、従来品 (A) と新製品 (B) を提示し、どちらが新製品か識別させた。その結果、20 名中、16 名 (k=16) が正解した。

新製品 (B) と従来品 (A) には、違いがあるといえるか。

< R による検定 >

```
> # 1対2点試験法
> # 新しく開発したスキนครリーム (B) は、従来品 (A) の香りにわずかな変更を加えたものである。
> # 20 人のパネル (n=20) を対象に、まず従来品 (A) を参照試料として提示し、次に従来品 (A) と新製品 (B)
> # を提示し、どちらが新製品 (B) か識別させたところ、16 人 (k=16) が正解した。
> # 試料 A と B に違いがあるといえるか。
> p <- 1/2 # 帰無仮説 p=1/2
> n <- 20
> k <- 16
> pbinom (k-1, n, p, lower.tail=FALSE) # 二項検定（片側検定）で k 以上になる確率を求める
[1] 0.005908966>
> # p<0.01 より、危険率 1%水準で、新製品 (B) と従来品 (A) には、違いがあるといえる。
```

4-5. 配偶法

1) 配偶法 1 < t 個同士のマッチングで繰り返しのない場合 >

<事例>

パネリストの色相の識別能力を判定するために、色相がわずかに異なる A,B,C,D,E,F の 6 種類の色票を 2 組作る。

一人のパネリストに、同種の試料が 2 組用意してあることを知らせ、各組から 1 個ずつ取り出して同種の試料の組み合わせを作らせる。

その結果は、以下の表に示すとおりである (○は正解、×は誤答)。

このパネリストは、試料の区別ができたといえるか。

表 4.1 配偶法 1 のサンプルデータ

第 1 組	A	B	C	D	E	F
第 2 組	A	B	D	C	E	F
正誤	○	○	×	×	○	○

帰無仮説は、t 個の試料が区別できないである。

t 個の試料が区別できなくて、その結果ランダムに対をつくるとすると、t 対のうち s 対が正しく組み合わせられる確率は、

$$P(s) = \frac{1}{s!} \left\{ \frac{1}{0!} - \frac{1}{1!} + \frac{1}{2!} - \frac{1}{3!} + \dots + (-1)^{t-s} \frac{1}{(t-s)!} \right\} \quad (4.1)$$

で与えられる。

この式を用いて、s 対だけでなく、s 対以上が正しく組み合わせられる確率をすべて加算する。その確率が、 α (例えば、5%) 以下であれば、有意水準 α で帰無仮説は棄却され、t 個の試料の区別ができることになる。この式は、t が 4 以上になると急速に収束するので、試料の数が 4 以上 ($t \geq 4$) の場合、その確率は t とはほとんど無関係に決まってしまう。

< R による分析 >

```
> # 配偶法 1 < t 個同士のマッチングで繰り返しのない場
> datax <- read.csv("MatchingData1.csv", header=TRUE)
> datax
  Group1 Group2
1      A      A
2      B      B
3      C      D
4      D      C
5      E      E
6      F      F
> t <- nrow(datax) # 行の数 (試料の数) を求めて t に入
```

```
.....
れる
> t
[1] 6
> datay <- as.matrix(datax) #datax を行列形式にして
datay とする
> datay
      Group1 Group2
[1,] "A"   "A"
[2,] "B"   "B"
[3,] "C"   "D"
[4,] "D"   "C"
[5,] "E"   "E"
.....
```

```

[6.] "F" "F"
> # 以下のループで正答数を数え上げて、s とする
> s=0
> for (i in 1:t) if(datay[i,1]==datay[i,2]) s=s+1
> s
[1] 4
>
> s2 <- matrix(0, nrow=t, ncol=1) # t 行 1 列の行列の各要素に 0 を入れ、s2 とする。s2 の各要素に s(i) の値を入れる。
s ≤ s(i) ≤ t
> for (i in s:t) s2[i]=s+(i-4)
> s2
[1,]
[1,] 0
[2,] 0
[3,] 0
[4,] 4
[5,] 5
[6,] 6
> m <- matrix(0, nrow=t, ncol=1) # t 行 1 列の行列の各要素に 0 を入れ、m とする。m の各要素には、s の大きさに対応した t-s の値が入る。
> for (i in s:t) m[i]=t-s2[i]
> m
[1,]
[1,] 0
[2,] 0
[3,] 0
[4,] 2
[5,] 1
[6,] 0

> p <- matrix(0, nrow=6, ncol=1) #6 行 1 列の行列を作り各要素に 0 を入れ、p とする。この行列には、最終的にそれぞれの m に対応した確率が入る。
> p
[1,]
[1,] 0
[2,] 0
[3,] 0
[4,] 0
[5,] 0
[6,] 0

> # 以下の一連のルーチンで、t 対のうち、s 対が正しく組み合わせられる確率 p を求める
> for (j in s:t) for (i in 0:m[j]) p[j]=p[j]+(-1)^i/factorial(i)
> p
[1,]
[1,] 0.0
[2,] 0.0
[3,] 0.0
[4,] 0.5
[5,] 0.0
[6,] 1.0

> for (j in s:t) p[j]=p[j]/factorial(j)
> p
[1,] 0.000000000
[2,] 0.000000000
[3,] 0.000000000
[4,] 0.020833333
[5,] 0.000000000
[6,] 0.001388889
> psum=sum(p) #s>4 となる確率 p を最終的に求める
> psum
[1] 0.022222222
> # 最終的に求めた確率 psum=0.02222222<0.05 より、5%の危険率で、正しく組み合わせられたといえる。

=====
データファイル：MatchingData1.csv
Group1,Group2
A,A
B,B
C,D
D,C
E,E
F,F

```

2) 配偶法 $2 < t$ 個同士のマッチングで繰返しのある場合

<事例>

3 人のパネリストに繰り返して実施した場合。(一人のパネリストが3回繰り返す場合も可)

表 4.2 実験者用記録用紙 兼 出力表 (例)

第 1 組	A	B	C	D	E	F	
第 2 組 (パネリスト 1)	A	E	B	D	C	F	s=3
第 2 組 (パネリスト 2)	B	A	C	D	E	F	s=4
第 2 組 (パネリスト 3)	A	B	C	D	F	E	s=4

< R による分析 >

```

> # 配偶法 2 < t 個同士のマッチングで繰返しのある場
> # 合
> datax <- read.csv("MatchingData2.csv", header=TRUE)
> datax
  Group1 Group2.1 Group2.2 Group2.3
1     A     A     B     A
2     B     E     A     B
3     C     B     C     C
4     D     D     D     D
5     E     C     E     F
6     F     F     F     E
> datay <- as.matrix(datax)
> datay
  Group1 Group2.1 Group2.2 Group2.3
[1,] "A"  "A"  "B"  "A"
[2,] "B"  "E"  "A"  "B"
[3,] "C"  "B"  "C"  "C"
[4,] "D"  "D"  "D"  "D"
[5,] "E"  "C"  "E"  "F"
[6,] "F"  "F"  "F"  "E"
> nc=ncol(datay)
> nc
[1] 4
> nr=nrow(datay)
> nr
[1] 6
> s <- numeric(nc-1)
> for(j in 1:nc-1) s[j]=0
> s
[1] 0 0 0
> for (j in 2:nc) for (i in 1:nr) if (datay[i,1] == datay[i,j])
  s[j-1]=s[j-1]+1
> s
[1] 3 4 4
> ms <- mean(s)
> ms
[1] 3.666667
> sbar <- c(4.0, 3.0, 2.33, 2.25, 1.80, 1.83, 1.86, 1.75,
1.67, 1.60, 1.64, 1.58, 1.54, 1.50, 1.53, 1.45, 1.36,
1.33)
> n=nc-1
> n
[1] 3
> if (ms >= sbar[n]) Result<-"significant (p<0.05)" else
Result <-"insignificant"
> ms
[1] 3.666667
> sbar[n]
[1] 2.33
> Result
[1] "significant (p<0.05)" # 得られた ms(3.67) は、検定
表の値 (2.33) よりも大きかったので、5%水準で有意。
=====
データファイル： MatchingData2.csv
Group1,Group2-1,Group2-2,Group2-3
A,A,B,A
B,E,A,B
C,B,C,C
D,D,D,D
E,C,E,F
F,F,F,E

```

3) 配偶法 3 < t 個と (t + 1) または (t + 2) 個のマッチングの場合 >

<事例>

1組は t 個、もう 1 組は (t + 1) または (t + 2) 個を用意する。パネリストには、同種の試料が用意してあることを知らせ、各組から 1 個ずつ取り出して同種の試料の組み合わせを作らせる。

なお、t 個と u 個 (u > t) のマッチングを行ったときの P(s) は、以下の式で求められる。

$$P(s) = \frac{t!}{s!u!} \left\{ \frac{(u-s)!}{0!(t-s)!} - \frac{(u-s-1)!}{1!(t-s-1)!} + \dots + (-1)^{t-s} \frac{(u-t)!}{(t-s)!0!} \right\} \quad (4.2)$$

表 4.3 配偶法 1 のサンプルデータ

第 1 組	A	B	C	D	E	
第 2 組	A	B	D	F	E	C
正誤	○	○	×	×	○	

ここでは、下記の検定表を用いて検定する。

表 4.4 配偶法のための検定表

(t 個と (t+1) または (t+2) 個の試料をマッチさせた時：有意水準 $\alpha = 5\%$)

正しい組み合わせの数 s が表の値以上であれば有意

t	t+1	t+2
3	3	3
4	3	3
5	3	3
6 以上	4	3

< R による分析 >

```

> datax <- read.csv("MatchingData3.csv", header=TRUE)
> datax
  Group1 Group2
1     A     A
2     B     B
3     C     D
4     D     F
5     E     E
6          C
> datay <- as.matrix(datax)
> datay
      [1] "A"  "A"
      [2] "B"  "B"
      [3] "C"  "D"
      [4] "D"  "F"
      [5] "E"  "E"
      [6] ""   "C"
      > nc <- ncol(datay)
      > nc
      [1] 2
      > nr <- nrow(datay)
      > nr
      [1] 6

```

```

> n <- numeric (nr)
> for (j in 1:nc) for (i in 1:nr) if(is.na(datay[i,j])) n[j]=n[j]+1
> n
[1] 5 6
> dn <- abs(n[1]-n[2])
> dn
[1] 1
> t <- c(3,4,5,6)
> t1 <- c(3,3,3,4)
> t2 <- c(3,3,3,3)
> m <- nr-dn
> m
[1] 5
> s=0
> for (i in 1:m) if(datay[i,1] == datay[i,2]) s=s+1
> s
[1] 3
> if (s >= 3) Result <- "significant(p<0.05)"
> if (dn ==1) if (m >=6) if (s < 4) Result <-
"insignificant(p>0.05)"
> Result
[1] "significant"
>

```

=====

データファイル：MatchingData3.csv

Group1,Group2

A,A

B,B

C,D

D,F

E,E

F,C

5. 順位法

5-1. スピアマンの順位相関係数

<事例>二人のパネリストに6種類の電気カミソリの使用感の良さについて、順位付けをしてもらい、二人のパネリストの評価の関連性の度合いを、順位相関を求めることで調べた。データは、下の表の通り。二人のパネリスト間に有意な相関はあるか。

表 5.1 スピアマンの順位相関係数のサンプルデータ

パネリスト	試料 A	試料 B	試料 C	試料 D	試料 E	試料 F
1	1	2	4	3	6	5
2	2	3	4	1	5	6

< R による検定 >

```
> a <- read.csv(" スピアマン順位相関データ .csv",  
header=TRUE)
```

```
> a
```

```
 X の順位 Y の順位
```

```
1    1    2
```

```
2    2    3
```

```
3    4    4
```

```
4    3    1
```

```
5    6    5
```

```
6    5    6
```

```
> plot(X の順位 ~Y の順位 , data=a, type="n")
```

```
> text(a[,1], a[,2])
```

```
> cor.test(a$X の順位 , a$Y の順位 , method="s")
```

Spearman's rank correlation rho

data: a\$X の順位 and a\$Y の順位

S = 8, p-value = 0.1028

alternative hypothesis: true rho is not equal to 0

sample estimates:

rho

0.7714286

```
> # p>0.05 より、有意な相関は見られなかった
```

```
=====  
データファイル：スピアマン順位相関データ .csv  
X の順位 ,Y の順位  
1,2  
2,3  
4,4  
3,1  
6,5  
5,6
```

5-2. ケンドールの順位相関係数

<事例>

二人のパネリスト (X と Y) に A から G の 7 種類のソファの座り心地の良さについて、順位付けをしてもらった。データは、下の表の通り。二人のパネリスト間に有意な相関はあるか。

表 5.2 ケンドールの順位相関係数のサンプルデータ

パネリスト	試料 A	試料 B	試料 C	試料 D	試料 E	試料 F	試料 G
X	1	2	3	4	5	6	7
Y	3	2	5	4	6	1	7

< R による検定 >

```
> a <- read.csv("ケンドール順位相関データ.csv",
header=T)
```

```
> a
```

```
Xの順位 Yの順位
```

```
1 1 3
```

```
2 2 2
```

```
3 3 5
```

```
4 4 4
```

```
5 5 6
```

```
6 6 1
```

```
7 7 7
```

```
> plot(Xの順位 ~ Yの順位, data=a, type="n")
```

```
> text(a[,1],a[,2])
```

```
> cor.test(a$Xの順位, a$Yの順位, method="k")
```

Kendall's rank correlation tau

```
data: a$Xの順位 and a$Yの順位
```

```
T = 14, p-value = 0.3813
```

```
alternative hypothesis: true tau is not equal to 0
```

```
sample estimates:
```

```
tau
```

```
0.3333333
```

```
># p>0.05 より、有意な相関はない。
```

```
=====
```

```
データファイル：ケンドール順位相関データ.csv
```

```
Xの順位, Yの順位
```

```
1,3
```

```
2,2
```

```
3,5
```

```
4,4
```

```
5,6
```

```
6,1
```

```
7,7
```

5-3. ページの検定

表 5.3 各サンプルの順位データ

<事例>

p 個の試料の順位を n 人のパネルが評価したとき、あらかじめ想定した順位通りであったかどうかを検定する。

パネリスト	試料A	試料B	試料C	試料D
1	1	2	3	4
2	2	1	4	3
3	1	3	2	4
4	2	1	3	4
5	2	1	3	4
6	3	1	2	4
7	3	1	4	2

< R による分析 >

```
> datax <- read.csv("PageTestData.csv", header=TRUE) #
データファイルを読み込んで datax に入れる
> datax #datax の内容の出力
  A B C D
1 1 2 3 4
2 2 1 4 3
3 1 3 2 4
4 2 1 3 4
5 2 1 3 4
6 3 1 2 4
7 3 1 4 2
> SA <- sum(datax$A) #datax の中の A に関して総和を求
める
> SA #A の総和の出力
[1] 14
> SB <- sum(datax$B) #datax の中の B に関して総和を求
める
> SB #B の総和の出力
[1] 10
> SC <- sum(datax$C) #datax の中の C に関して総和を求
める
> SC #C の総和の出力
[1] 21
> SD <- sum(datax$D) #datax の中の D に関して総和を求
める
> SD #D の総和の出力
[1] 25
> p <- ncol(datax) #datax の行の数を求め、p に入れる
> p
[1] 4
> j <- nrow(datax) #datax の列の数を求め、j に入れる
.....
> j
[1] 7
> # 以上より、datax の行の数 (p) は 4、列の数 (j) は 7
であることが確認された
> L <- SB + SA*2 + SC*3 + SD*4 # 検定のための L を求
める
> L
[1] 201
> Z=(12*L - 3*j*p*(p+1)^2)/(p*(p+1)*sqrt(j*(p-1))) # 上
記の L を用いて正規関数の Z 値を求める
> Z
[1] 3.404199
> 1-pnorm(Z) # Z=3.404199 以上になる確率を求める
[1] 0.0003317918
> # 得られた確率は、0.0003317918 であることから、
1%の危険率で、「Γ 1= Γ 2= Γ 3=...= Γ p」とする帰
無仮説は棄却され、「Γ 1< Γ 2< Γ 3<...< Γ p」とする
対立仮説が採択された。
=====
データファイル：PageTestData.csv
A,B,C,D
1,2,3,4
2,1,4,3
1,3,2,4
2,1,3,4
2,1,3,4
3,1,2,4
3,1,4,2
```

5-4. ケンドールの順位の一貫性係数

<事例>

A社製の3種類の車に対する乗り心地について10名の評価者に順位を付けてもらったら、下記の表のようなデータが得られた。三つの試料の評価に一貫性があるといえるか。

表 5.4 ケンドールの順位の一貫性係数

評価者	試料 A	試料 B	試料 C
1	1	3	2
2	2	3	1
3	1	2	3
4	1	3	2
5	2	1	3
6	1	3	2
7	2	3	1
8	3	2	1
9	1	3	2
10	1	2	3
順位和	15	25	20

試料の数 $n=3$ 、評価者の数 $k=10$

< R による検定 > ¹⁾

```
> source("http://aoki2.si.gunma-u.ac.jp/R/src/kendall_
w.R", encoding="euc-jp")
>
> a <- read.csv("ケンドール一貫性係数データ.csv",
header=TRUE)
> # データファイルは、行：試料、列：パネル とする。
> kendall.w(a)

ケンドールの一貫性係数

data: a
Kendall W = 0.25, chi sq. = 5.00, df = 2, p-value =
0.08208

> a # データファイルの内容の書き出し

S1 S2 S3 S4 S5 S6 S7 S8 S9 S10
1 1 2 1 1 2 1 2 3 1 1
2 3 3 2 3 1 3 3 2 3 2
3 2 1 3 2 3 2 1 1 2 3
=====
データファイル：ケンドール一貫性係数データ.csv
S1,S2,S3,S4,S5,S6,S7,S8,S9,S10
1,2,1,1,2,1,2,3,1,1
3,3,2,3,1,3,3,2,3,2
2,1,3,2,3,2,1,1,2,3
```

5-5. フリードマンの順位検定

1) 完備型実験計画

<事例>

12名の評価者に車体の色の好みについて順位法で尋ねたところ、下表のような回答を得た。この結果から、車体の色の好みに差があるかどうか検定した。

表 5.5 完備型実験計画のサンプルデータ

評価者	赤	白	黄	青
1	1	3	4	2
2	1	2	4	3
3	3	1	4	2
4	1	2	4	3
5	2	1	4	3
6	2	1	4	3
7	2	3	1	4
8	1	4	2	3
9	2	3	1	4
10	3	2	4	1
11	2	3	4	1
12	1	2	3	4

< R による検定 >

```
> datax <- read.csv("FriedmanData.csv", header=TRUE)
> # データファイルを読み込んで datax に入れる
>
> datax
  Red White Yellow Blue
1  1  3  4  2
2  1  2  4  3
3  3  1  4  2
4  1  2  4  3
5  2  1  4  3
6  2  1  4  3
7  2  3  1  4
8  1  4  2  3
9  2  3  1  4
10 3  2  4  1
11 2  3  4  1
12 1  2  3  4
.....
> #datax を行列形式にする
> datay <- as.matrix(datax)
> datay
      Red White Yellow Blue
[1,]  1  3  4  2
[2,]  1  2  4  3
[3,]  3  1  4  2
[4,]  1  2  4  3
[5,]  2  1  4  3
[6,]  2  1  4  3
[7,]  2  3  1  4
[8,]  1  4  2  3
.....
```

```

[9,] 2 3 1 4
[10,] 3 2 4 1
[11,] 2 3 4 1
[12,] 1 2 3 4
>> # 列の数を求めて p とする
> p <- ncol(datay)
> p
[1] 4
> # 行の数を求めて j とする
> j <- nrow(datay)
> j
[1] 12
> # 列和を求めて Ri とする
> Ri <- apply(datay,2,sum)
> Ri
  Red White Yellow Blue
  21  27  39  33
> # 列和 Ri の二乗を求めて Ri2 とする
> Ri2 <- Ri^2
> Ri2
  Red White Yellow Blue
  441  729 1521 1089
> # 列和の 2 乗値の和を求めて sumRi2 とする
> sumRi2 <- sum(Ri2)
> sumRi2
[1] 3780
> # Ftest 値 (χ2 乗値) を求める
> Ftest <- 12*sumRi2/(j*p*(p+1))-3*j*(p+1)
> Ftest
[1] 9
> # Ftest 値の危険率を求める
> 1-pchisq(Ftest, p-1)
> [1] 0.02929089
> # 下位検定 (ライアンの法による)
> # 危険率 5% に対応する z 値 za を求める
> a <- 0.05
> aa <- (2*a)/(p*(p-1))
> aa
[1] 0.008333333
> # 名義的有意水準 α' を求めて aa に入れる
> za <- qnorm(1-(aa/2))
> za
[1] 2.638257
> # aa に対応する z 値 (両側検定) を求めて za とする
> # 危険率 5% に対応する LSD を求め、LSDa とする
> LSDa <- za*sqrt(j*p*(p+1)/6)
> LSDa
[1] 16.6858
> # 危険率 1% に対応する名義的有意水準を求め、bb に
  入れる
> b <- 0.01
> bb <- (2*b)/(p*(p-1))
> bb
[1] 0.001666667
> # bb に対応する z 値を求め、zb とする
> zb <- qnorm(1-(bb/2))
> zb
[1] 3.14398
> # 有意水準 1% に対応する LSD を求め、LSDb とする
> LSDb <- zb*sqrt((j*p*(p+1))/6)
> LSDb
[1] 19.88428
> # Rj と Rk の差を求める
> # 4 × 4 の行列 x をつくり、各セルに 0 を入れる
> x <- matrix(0, nrow=p, ncol=p)
> x
      [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,]  0  0  0  0
[2,]  0  0  0  0
[3,]  0  0  0  0
[4,]  0  0  0  0
> # 各列間の列和の差の絶対値 ( | Rj - Rk | ) を求める
> for (k in 1:p) for (i in 1:p) x[i,k]=abs(Ri[i]-Ri[k])
> x
      [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,]  0  6 18 12
[2,]  6  0 12  6
[3,] 18 12  0  6
[4,] 12  6  6  0
> # 検定結果を示すための行列 y をつくり、各セルに ""
  を入れる
> y <- matrix("", nrow=p, ncol=p)
> y
      [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,] "" "" "" ""
[2,] "" "" "" ""
[3,] "" "" "" ""
[4,] "" "" "" ""

```

> # LSDa と (| Rj - Rk|) を比較し、5 %水準で有意となつたペアに * をつける

```
> for (k in 1:p) for (i in 1:p) if (x[i,k] >= LSDa && x[i,k] < LSDb) y[i,k]="*"
```

> y

```
  [,1] [,2] [,3] [,4]
```

```
[1,] "" "" "*" ""
```

```
[2,] "" "" "" ""
```

```
[3,] "*" "" "" ""
```

```
[4,] "" "" "" ""
```

>

> # LSDb と (| Rj - Rk|) を比較し、1 %水準で有意となつたペアに ** をつける。結果を y に加える

```
> for (k in 1:p) for (i in 1:p) if(x[i,k] >= LSDb) y[i,k]="**"
```

> y

```
  [,1] [,2] [,3] [,4]
```

```
[1,] "" "" "*" ""
```

```
[2,] "" "" "" ""
```

```
[3,] "*" "" "" ""
```

```
[4,] "" "" "" ""
```

>

> # 以上より、試料 1 (赤) と試料 3 (黄) の間に 5 %水準で有意差があった

=====

データファイル：FriedmanData.csv

Red,White,Yellow,Blue

1,3,4,2

1,2,4,3

3,1,4,2

1,2,4,3

2,1,4,3

2,1,4,3

2,3,1,4

1,4,2,3

2,3,1,4

3,2,4,1

2,3,4,1

1,2,3,4

2) つりあい不完備型実験計画

表 5.6 つり合い不完備型ブロック計画サンプルデータ

評価者	試料 A	試料 B	試料 C	試料 D	試料 E
評価者 1	1	2	3		
評価者 2	1	3		2	
評価者 3	3	2			1
評価者 4	1		2	3	
評価者 5	3		2		1
評価者 6	1			3	2
評価者 7		1	2	3	
評価者 8		3	2		1
評価者 9		3		2	1
評価者 10			2	3	1
順位和 Ri	10	14	13	16	7

フリードマン検定の棄却限界値 (F_{test} 値) を求める。

$$F_{test} = \frac{12(R_1^2 + R_2^2 + R_3^2 + \dots + R_p^2)}{rgp(k+1)} - \frac{3m^2(k+1)}{g} \quad (5.1)$$

Ri : 試料 i の順位和。

j : 評価者数

k : 各評価者が評価する試料の数

p : 試料数

n : 各試料が評価される回数

r : 繰り返し数

g : 1 対の試料と一緒に評価される回数

< R による分析 >

```
> datax <- read.csv("FriedmanData2.csv", header=TRUE)
> # データファイルを読み込んで datax とする.
> # このデータファイルでは、欠損値を 0 とした
> datax
  A B C D E
1 1 2 3 0 0
2 1 3 0 2 0
3 3 2 0 0 1
```

```
.....
4 1 0 2 3 0
5 3 0 2 0 1
6 1 0 0 3 2
7 0 1 2 3 0
8 0 3 2 0 1
9 0 3 0 2 1
10 0 0 2 3 1
> datax <- as.matrix(datax) #datax を行列形式にして
```

```

datay とする
> datay
  A B C D E
[1,] 1 2 3 0 0
[2,] 1 3 0 2 0
[3,] 3 2 0 0 1
[4,] 1 0 2 3 0
[5,] 3 0 2 0 1
[6,] 1 0 0 3 2
[7,] 0 1 2 3 0
[8,] 0 3 2 0 1
[9,] 0 3 0 2 1
[10,] 0 0 2 3 1
>
> p <- ncol(datay) # 列の数を求めて p に入れる
> p
[1] 5
>
> j <- nrow(datay) # 行の数を求めて j に入れる
> j
[1] 10
> r <- 1
> #r は繰り返し数 r=1 とする
>
> #k を求める
> k=0
> for (i in 1:p) if(datay[1,i]!=0) k=k+1
> k
[1] 3
>
> # n を求める
> n=0
> for (i in 1:j) if(datay[i,1] !=0) n=n+1
> n
[1] 6
>
> # g を求める
> g=0
> for (i in 1:j) if (datay[i,1] !=0 && datay[i,2] != 0) g=g+1
> g
[1] 3
>
> Ri <- apply(datay,2,sum) # 列和 Ri を求める
> Ri

```

```

  A B C D E
10 14 13 16 7
>
> Ri2 <- Ri^2 #Ri の二乗値を求める
> Ri2
  A B C D E
100 196 169 256 49
>
> sumRi2 <- sum(Ri2) #Ri の二乗値の合計を求める
> sumRi2
[1] 770
>
> Ftest <- 12*sumRi2/(r*g*p*(k+1))-(3*r*n^2*(k+1))/g
#Ftest 値 (χ 二乗値) を求める
> Ftest
[1] 10
>
> 1-pchisq(Ftest, p-1) # 自由度 p - 1, χ 二乗値 Ftest
の時の危険率を求める
[1] 0.04042768
>
> # 下位検定
> # 危険率 5% の時の LSD と危険率 1% の時の LSD を求
め、試料同士の順位和 Ri の差が LSD よりも大きければ、
それぞれの水準で有意となり、5% 有意のペアには*を、
1% 有意のペアには**をつける
>
> a <- 0.05
> aa <- (2*a)/(p*(p-1))
> aa
[1] 0.005
>
> z <- qnorm(1-(aa/2))
> z
[1] 2.807034
>
> LSD <- z*sqrt((r*(k+1)*(n*k-n+g))/6)
> LSD
[1] 8.87662
>
> b <- 0.01
> bb <- (2*b)/(p*(p-1))

```

```

> bb
[1] 0.001
> zb <- qnorm(1-(bb/2))
> zb
[1] 3.290527
> LSDb <- zb*sqrt(r*(k+1)*(n*k-n+g)/6)
> LSDb
[1] 17.09808
> x <- matrix(0, nrow=p, ncol=p)
> x
      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,]  0  0  0  0  0
[2,]  0  0  0  0  0
[3,]  0  0  0  0  0
[4,]  0  0  0  0  0
[5,]  0  0  0  0  0
> for (k in 1:p) for (i in 1:p) x[i,k]=abs(Ri[i]-Ri[k])
> x
      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,]  0  4  3  6  3
[2,]  4  0  1  2  7
[3,]  3  1  0  3  6
[4,]  6  2  3  0  9
[5,]  3  7  6  9  0
> y <- matrix("", nrow=p, ncol=p)
> y
      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,] "" "" "" "" ""
[2,] "" "" "" "" ""
[3,] "" "" "" "" ""
[4,] "" "" "" "" ""
[5,] "" "" "" "" ""
> for (k in 1:p) for (i in 1:p) if (x[i,k] >= LSD && x[i,k] <
LSDb) y[i,k]="*"
> y
      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,] "" "" "" "" ""
[2,] "" "" "" "" ""
[3,] "" "" "" "" ""
[4,] "" "" "" "" "*"
[5,] "" "" "" "*" ""
> for (k in 1:p) for(i in 1:p) if (x[i,k]>=LSDb) y[i,k]="**"
> y
      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]

```

```

[1,] "" "" "" "" ""
[2,] "" "" "" "" ""
[3,] "" "" "" "" ""
[4,] "" "" "" "" "*"
[5,] "" "" "" "*" ""
>
># 試料 4 (D) と 5 (E) の間に 5 %水準で有意差があった
=====
データファイル：FriedmanData2.csv
A,B,C,D,E
1,2,3,0,0
1,3,0,2,0
3,2,0,0,1
1,0,2,3,0
3,0,2,0,1
1,0,0,3,2
0,1,2,3,0
0,3,2,0,1
0,3,0,2,1
0,0,2,3,1

```

5-6. サイン検定

<事例>

デザインは同じであるが、表面に光沢のある黒の皮のバッグと光沢のない黒の皮のバッグのどちらが上品な感じがするかを、30人のパネルに聞いたところ、20人が光沢のない方が上品な感じがすると答えた。両者の間には、有意な差があるといえるか。

< Rによる検定 >

```
> # サイン検定 (二項検定による)
> # 表面に光沢のある黒の革のバッグと光沢のない黒の革のバッグでは
> # どちらが上品な感じがするかを 30 人 (n=30) のパネルにきいたところ、
> # 20 人 (k=20) が光沢のない方が上品な感じがすると答えた。
> # 両者の間には、有意な差があるといえるか。
>
> # p=1/2 # 帰無仮説：両者に差がない
> # n=30, k=20 の二項検定 (両側検定) を行う
>
> p <- 1/2
> k <- 20
> n <- 30
>
> pbinom (k-1, n, p, lower.tail=FALSE)*2
[1] 0.09873715
> #n=30, k=20 の二項検定 (両側検定) を行った
> # 得られた p は、0.09873715 (>0.05) なので、有意ではなかった (両者の間には有意な差はなかった)
```

5-7. ウィルコクソン順位和検定

<事例>

2種類のエンジン A と B の加速時の騒音の大きさの比較を行った。あるパネリストが騒音が小さいものから順位をつけたところ、以下の表のような結果になった。

エンジン A と B の騒音に違いがあるといえるであろうか。

表 5.7 ウィルコクソン順位和検定のサンプルデータ

順位	1	2	3	4	5	6	7	8	9
試料	A	A	B	B	A	B	A	B	B

< Rによる分析 >

```
> # 帰無仮説 H0: A と B に差はない
> install.packages("exactRankTests")
> install(exactRankTests)
> datax <- read.csv("WilcoxData.csv", header=TRUE)
> datax
  順位 試料
1    1    A
2    2    A
3    5    B
4    7    B
5    3    A
6    4    B
7    6    B
  8 8 2
  9 9 2
> rlt1 <- wilcox.exact( 順位 ~ 試料, data=datax)
> rlt1
Exact Wilcoxon rank sum test
data: 順位 by 試料
W = 5, p-value = 0.2857
alternative hypothesis: true mu is not equal to 0
> #p>0.05 なので帰無仮説は棄却できない。つまり、A と B に差はない。
```

```

=====
データファイル：WilcoxData.csv
順位, 試料
1,1
2,1
5,1

```

```

: 7,1
: 3,2
: 4,2
: 6,2
: 8,2
: 9,2
:

```

5-8. クラスカル-ウォリスのH検定

<事例>

A社、B社、C社製のビジネススーツの着心地の良さを比較するために、一人のパネリストにA社のスーツを5着、B社のスーツを6着、C社のスーツを5着着てもらい、着心地の良い物から順位をつけさせた。AとBとCの間に順位の差はあるか。

Aの順位：1, 3, 4, 7, 8

Bの順位：2, 5, 9, 10, 11, 15

Cの順位：6, 12, 13, 14, 16

<Rによる分析>

># 帰無仮説 H_0 : A と B と C の順位に差はない。

> A=c(1,3,4,7,8)

> B=c(2,5,9,10,11,15)

> C=c(6,12,13,14,16)

>

> kruskal.test (list(A,B,C))

Kruskal-Wallis rank sum test

data: list(A, B, C)

Kruskal-Wallis chi-squared = 6.3824, df = 2, p-value = 0.04112

># $p < 0.05$ なので、5%水準で帰無仮説は棄却される。つまり、AとBとCに順位の差はある。

6. 一対比較法

6-1. 一意性の係数

<事例>

例えば、あるパネリストが、A～Fの6つの飲料のパッケージのデザインに対して、一対比較法で、どちらが好きかを答えたところ、以下の図に示したような結果を得た。ただし、図中の矢印、A→Bは、AよりもBの方が好きなることを示すものとする。この時、6つのデザイン間に好みの順位が存在するかどうか。

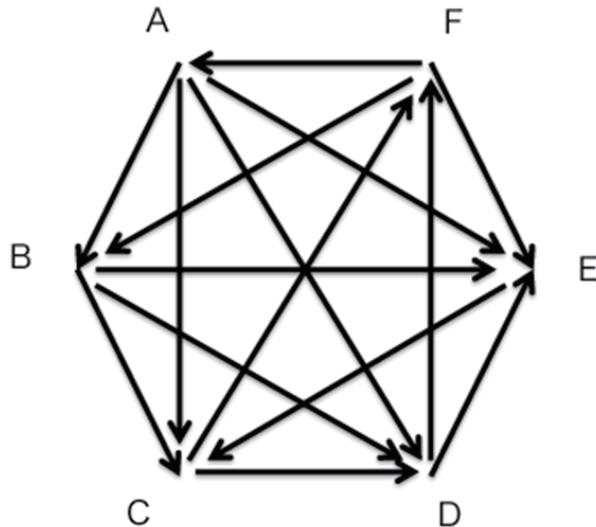


図 6.1 あるパネリストの評価結果

手順1：上の図で示された結果を、以下の表にまとめ直す

表 6.1 評価結果

	j					
i	A	B	C	D	E	F
A	0	1	1	1	1	0
B	0	0	1	1	1	0
C	0	0	0	1	0	1
D	0	0	0	0	1	1
E	0	0	1	0	0	0
F	1	1	0	0	1	0

この表には、試料 j よりも試料 i が好まれたら 1，好まれなかったら 0 が記入してある。

例えば、1 列目 (j=1) の「A」が 2 行目 (i=2) の「B」よりも好まれなかったので、「0」が記入されている。なお、同じ試料同士の判断は行わないが、この表では、便宜上、対角線要素に 0 を記入する

以下の式により、一巡三角形の数 d を求める。 k は試料の数、 a_i は列和である。

$$d = \frac{1}{6}k(k-1)(k-2) - \frac{1}{2} \sum_{i=1}^k a_i(a_i - 1) \quad (6.1)$$

d が求まったら、一意性の係数 を求める。

$$k \text{ が偶数のとき、} \zeta = 1 - \frac{24d}{k^3 - 4k} \quad (6.2)$$

$$k \text{ が奇数のとき、} \zeta = 1 - \frac{24d}{k^3 - k} \quad (6.3)$$

本事例では、 $k=6$ で、偶数なので、(6.2) 式が適用される

以下の式により、 χ^2 検定を行う

$$\chi_0^2 = \frac{8}{k-4} \left\{ \frac{k(k-1)(k-2)}{24} - d + \frac{1}{2} \right\} + d.f. \quad (6.4)$$

$$d.f.(\text{自由度}) = \frac{k(k-1)(k-2)}{(k-4)^2} \quad (6.5)$$

< R による分析 >

```
> datax <- read.csv("ConsistencyData.csv", header=TRUE)
# データファイルを読み込んで datax に入れる
> datax #datax の内容を書き出す
  A B C D E F
1 0 1 1 1 1 0
2 0 0 1 1 1 0
3 0 0 0 1 0 1
4 0 0 0 0 1 1
5 0 0 1 0 0 0
6 1 1 0 0 1 0
> nr <- nrow(datax) #datax の行の数を求めて nr に入れる
> nr #nr の内容を書き出す
[1] 6
> datay <- as.matrix(datax) #datax を行列形式に変換して、datay に入れる
> datay #datay の内容を書き出す
  A B C D E F
[1,] 0 1 1 1 1 0
[2,] 0 0 1 1 1 0
[3,] 0 0 0 1 0 1
[4,] 0 0 0 0 1 1
[5,] 0 0 1 0 0 0
[6,] 1 1 0 0 1 0
> a=apply(datay,2,sum) #datay の列和を求めて a に入れる
> a #a の内容を書き出す
  A B C D E F
1 2 3 3 4 2
> a[1] # ベクトル a の a[1] を確認のために書き出す
A
1
> a[2] # ベクトル a の a[2] を確認のために書き出す
B
2
> k <- nr #nr を k に入れる
> d1 <- k*(k-1)*(k-2)/6 #d を求めるための準備 1
> d1 #d1 の内容の確認
[1] 20
>
```

```

> #d を求めるための準備 2
> d2 <- 0
> for (i in 1:k) d2 = d2+a[i]*(a[i]-1)
> d2
A
28
> d2 <- d2/2
> d2
A
14
> d <- d1 - d2 # 得られた d1 と d2 を用いて d を計算する
> d #d の確認
A
6
>
> if (k%%2 == 0) {g=1-24*d/(k^3-4*k)} else {g=1-24*d/
(k^3-k)} #k が偶数だったら、g=1-24*d/(k^3-4*k) を行
い、それ以外だったら（奇数だったら）g=1-24*d/(k^3-k)
を行って、計算結果を g に入れる
> g #g の内容を書き出す
A
0.25
>
> #  $\chi^2$  乗検定を行う
> df <- k*(k-1)*(k-2)/(k-4)^2 # 自由度 df を求める
> df
[1] 30
> kai <- (8/(k-4))*(k*(k-1)*(k-2)/24 - d +0.5) + df #  $\chi^2$ 
乗値を求める
> kai
A
28
>
> 1-pchisq(kai,df) # 求めた  $\chi^2$  乗値 (kai) と自由度 (df)
から、有意水準 p を求める
A
0.5704367
> #  $\chi^2$  乗検定の結果、p=0.5704367>0.05 だったこと
から、5% 水準で有意とはいえ、6 つのデザイン間に
好みの順位が存在するとはいえない

```

```

=====
データファイル：ConsistencyData.csv
A,B,C,D,E,F
0,1,1,1,1,0
0,0,1,1,1,0
0,0,0,1,0,1
0,0,0,0,1,1
0,0,1,0,0,0
1,1,0,0,1,0

```

6-2. 一致性の係数

<事例>

5種類の洗濯機の嗜好順序を決めるために、5人のパネリストに2個ずつを対にして提示して、どちらを好むか回答させた。

その結果は、以下の表の通りである。この表には、品物jよりもiを好んだ人数が記入してある。例えば、表からは、A1とA2を比べて、A1を好む人が3人で、A2を好む人が2人だったことが読み取れる。

表 6.2 製品jよりも製品iの方が好きだと回答した人数

	J	A1	A2	A3	A4	A5	計
I							
A1			3	2	2	4	11
A2	2			2	1	5	10
A3	3	3			2	4	12
A4	3	4	3			5	15
A5	1	0	1	0			2

下記の式により、 Σ を求める。

なお、 $n=5, k=5$

$$\begin{aligned} \Sigma &= \frac{nk(n-1)(k-1)}{4} + \sum_{j>i} x_{ij}^2 - n \sum_{j>i} x_{ij} \\ &= \frac{5 \times 5 \times 4 \times 4}{4} + (1^2 + 2^2 \times 4 + 3^2 + 4^2 \times 2 + 5^2 \times 2) - 5(1 + 2 \times 4 + 3 + 4 \times 2 + 5 \times 2) \\ &= 58 \end{aligned} \tag{6.6}$$

$\chi_0^2 \geq \chi^2(df, \alpha)$ ならば、有意水準 α で、 n 人の判断が一致しているといえる。

$$\chi_0^2 = \frac{4}{n-2} \left(\Sigma - \frac{n(n-1)(n-3)k(k-1)}{8(n-2)} \right) \tag{6.7}$$

$$df = \frac{n(n-1)k(k-1)}{2(n-2)^2} \tag{6.8}$$

< R による分析 >

```
> datax <- read.csv("ConcordanceData.csv",
header=TRUE)
> datax
  A1 A2 A3 A4 A5
1 NA 3 2 2 4
2 2 NA 2 1 5
...
3 3 3 NA 2 4
4 3 4 3 NA 5
5 1 0 1 0 NA
> x <- as.matrix(datax)
> x
      A1 A2 A3 A4 A5
...
3 3 3 NA 2 4
4 3 4 3 NA 5
5 1 0 1 0 NA
```

```

[1,] NA 3 2 2 4
[2,] 2 NA 2 1 5
[3,] 3 3 NA 2 4
[4,] 3 4 3 NA 5
[5,] 1 0 1 0 NA

> nr <- nrow(datax)
> k <- nr # 行数 nr を試料の数 k とする
> k
[1] 5
> n <- x[1,2]+x[2,1]
> # 1行2列目のデータと2行1列目のデータの和を取り、
パネルの数 n とする

> n
A2
5
> x[lower.tri(x)] <- 0 # 下三角行列に 0 を入れる
> x
  A1 A2 A3 A4 A5
[1,] NA 3 2 2 4
[2,] 0 NA 2 1 5
[3,] 0 0 NA 2 4
[4,] 0 0 0 NA 5
[5,] 0 0 0 0 NA
> diag(x) <- 0 # 対角線要素に 0 を入れる
> x
  A1 A2 A3 A4 A5
[1,] 0 3 2 2 4
[2,] 0 0 2 1 5
[3,] 0 0 0 2 4
[4,] 0 0 0 0 5
[5,] 0 0 0 0 0
> x2 <- sum(x^2) # 上の表の各要素の二乗和を求めて
X2 に入れる
> x2
[1] 108
>
> sigma <- n*k*(n-1)*(k-1)/4 +x2 -n*sum(x) # パラメー
タ  $\Sigma$  を求める
> sigma
A2
58
>

```

```

> kai2 <- (4/(n-2))*(sigma-n*(n-1)*(n-3)*k*(k-1)/(8*(n-
2))) # カイ二乗値を求める
> kai2
A2
32.88889
> df <- n*(n-1)*k*(k-1)/(2*(n-2)^2) # 自由度 df を求める
> df
A2
22.22222
>
> # u を求める
> u <- 2 * sigma / ((factorial(n)/
(factorial(2)*factorial(n-2))
*(factorial(k)/(factorial(2)*factorial(k-2)))))-1
> u
A2
0.16
>
> 1-pchisq(kai2, df) #  $\chi^2$  乗値 (kai2) と df から、上側
確率を求める
A2
0.06748229
> # カイ二乗検定の結果、p=0.06748229>0.05 だったこ
とから、n 人の判断が一致しているとはいえない
>
=====
データファイル：ConcordanceData.csv
A1,A2,A3,A4,A5
3,2,2,4
2,,2,1,5
3,3,,2,4
3,4,3,,5
1,0,1,0,

```

6-3. ブラッドレイの対比較法

表 6.3 は、A1 から A4 の 4 つの試料を対にして、どちらが好きかを答えさせた時の結果である。

表 6.3 判定結果一覧表

(i と j の組み合わせで、より好きだと回答した方に○がついている)

組み合わせ	A1 A2	A1 A3	A1 A4	A2 A3	A2 A4	A3 A4
1	○ ×	× ○	× ○	× ○	× ○	○ ×
2	○ ×	× ○	× ○	○ ×	× ○	× ○
3	× ○	× ○	× ○	○ ×	○ ×	× ○
4	× ○	○ ×	× ○	× ○	× ○	× ○
5	× ○	○ ×	× ○	× ○	× ○	○ ×
○の数	2 3	2 3	0 5	2 3	1 4	2 3

表 6.4 判定結果 (入力データ)

表 6.3 をまとめなおすと表 6.4 のようになり、これを入力データとする。

	A ₁	A ₂	A ₃	A ₄
A ₁		2	2	0
A ₂	3		2	1
A ₃	3	3		2
A ₄	5	4	3	

< R による分析 >

※以下は関数である。以下の内容を bradley.R として保存する。

```
bradley <- function (csvfile,n, k) {
  #loadcsv
  dat<-read.csv(csvfile,header=TRUE)
  #sample
  samplename <- c("A1","A2","A3","A4","A5","A6","A7","
A9","A10","A11","A12","A13","A14","A15","A16","A17","A
18","A19","A20")
  rowname <- numeric(k)
  cat(" 入力データ ")
  cat("\n")
  print(dat)
  cat("\n")
  #fi
  fi <- rowSums(dat)
  #fn:fi/n
  fn <- numeric(k)
  for(i in 1:k) {
    fn[i] <- fi[i]/n
  }
}
```

```
# π n
pain <- numeric(k)
for(i in 1:k) {
  pain[i] <- fn[i]/(k*(k-1)/2)
}
#combination
combi<-combn(1:k, 2)
pai1d <- numeric(ncol(combi))
for(i in 1:ncol(combi)){
  pai1d[i] <- 1/(pain[combi[1,i]]+pain[combi[2,i]])
}
#paiid:paii'(n)
paiid <- numeric(k)
for(m in 1:30) {
  sum1 <- 0
  for(i in 1:k) {
    sum2 <- 0
    for(j in 1:ncol(combi)){
      if((combi[1,j]==i) || (combi[2,j]==i)){
        sum2 <- sum2+pai1d[j]
      }
    }
  }
}
```

```

    }
    paiid[i] <- fn[i]/sum2
    sum1 <- sum1+paiid[i]
  }
  #paii(n)
  sum2 <- 0
  for(i in 1:k) {
    sum2 <- sum2+paiid[i]
  }
  for(i in 1:k) {
    pain[i] <- paiid[i]/sum2
  }
  for(i in 1:ncol(combi)){
    pai1d[i] <- 1/(pain[combi[1,i]]+pain[combi[2,i]])
  }
}
sum1 <- 0
for(i in 1:ncol(combi)){
  sum1 <- sum1+log(pain[combi[1,i]]+pain[combi[2
,i]])
}
sum2 <- 0
for(i in 1:k){
  sum2 <- sum2+fi[i]*log(pain[i])
}
cat(" 判定比の推定量 \n")
for(i in 1:k){
  cat("pi")
  cat(i)
  cat("=")
  cat(paiid[i])
  cat("\n")
}
b1 <- 2*(5*sum1-sum2)
chi2 <- n*k*(k-1)*log(2)-b1
cat("\n")
cat("  χ 2 乗値 \n")
cat( chi2 )
#chisquare<-read.csv("chisquare.csv",header=FALSE)
cat("\n")
cat("\n")
cat(" 結果 \n")
p <- 1-pchisq(chi2, k-1)
cat(" 危険率:")

```

```

cat(p)
cat("\n")

if(p < 0.05) {
  cat(" 有意差あり (p<0.05)\n")
}
else {
  cat(" 有意差なし (p>=0.05)\n")
}
}

```

この関数は以下のように実行する。

サンプルデータ bradley.csv の場合は、n (繰り返し数)
=5、k (試料数) =4 となる。

```

>source("bradley.R")
>bradley("bradley.csv",5,4)

```

入力データ

```

A1 A2 A3 A4
1 0 2 2 0
2 3 0 2 1
3 3 3 0 2
4 5 4 3 0

```

判定比の推定量

```

pi1=0.08511032
pi2=0.1364177
pi3=0.213686
pi4=0.5647862

```

χ 2 乗値

```
7.581074
```

結果

```

危険率 :0.0555115
有意差なし (p>=0.05)

```

=====

データファイル : bradley.csv

```

A1,A2,A3,A4
0,2,2,0
3,0,2,1
3,3,0,2
5,4,3,0

```

6-4. シェフェの一对比較法

1) シェフェの方法(原法)

評点をつける一对比較法。評定者は、試料に対する嗜好を評価する検査で、一对の試料を提示された時に、どちらの試料の方が好ましいかを答えるのと同時に、それがどれくらい好ましいかを評定する。

t個の試料の中から任意の一組について、総勢N人の評定者に1回ずつ評点をつける一对比較法で評価してもらう。各組の評定者の数は、 $n=N/\{t(t-1)\}$ 人となる。各評定者は、1回ずつしか評定しないので、多くの評定者を必要とする。比較的規模の大きい評価研究に向いている。

表 6.5 評点の度数表 (t=4, N=144, n=12)

(評点の度数)	-2	-1	0	1	2	計 xij	xij ² 乗
A1,A2 (A1 が先, A2 が後)	2	3	4	3		-4	16
A2,A1 (A2 が先, A1 が後)			2	7	3	13	169
A1,A3 (A1 が先, A3 が後)	5	7				-17	289
A3,A1 (A3 が先, A1 が後)			2	8	2	12	144
A1,A4 (A1 が先, A4 が後)	8	3	1			-19	361
A4,A1 (A4 が先, A1 が後)				2	10	22	484
A2,A3 (A2 が先, A3 が後)	1	5	5	1		-6	36
A3,A2 (A3 が先, A2 が後)			2	6	4	14	196
A2,A4 (A2 が先, A3 が後)	2	7	3			-11	121
A4,A2 (A4 が先, A2 が後)				4	8	20	400
A3,A4 (A3 が先, A4 が後)	9	3				-21	441
A4,A3 (A4 が先, A3 が後)			2	6	4	14	196
計	27	28	21	37	31	x _{...} = 17	xij ² = 2853①

< Rによる分析 >

※以下は関数である。以下の内容を scheffe.R として保存する。

```
scheffe <- function(csvfile,t,N) {
  dat <- read.csv(csvfile,header=FALSE)
  n <- N/(t*(t-1))
  cat(" 入力データ ")
  cat("\n")
  print(dat)
  cat("\n")
  combs <- nrow(dat)-1
```

```
#sample
samplename <- c("A1","A2","A3","A4","A5","A6","A7",
"A9","A10","A11","A12","A13","A14","A15","A16","A17",
"A18","A19","A20")
xijd <- numeric(combs)
xijd2 <- numeric(combs)
for(i in 1:combs) {
  sum1 <- 0
  for(j in 1:(ncol(dat)-1)){
    sum1 <- sum1+dat[1,j+1]*dat[i+1,j+1]
  }
}
```

```

xijd[i] <- sum1
xijd2[i] <- sum1*sum1
}
sxijd2 <- 0
for(i in 1:combs) {
  sxijd2 <- sxijd2+xijd2[i]
}
#print( xijd2 )
#print( sxijd2 )
matmeanpre <- matrix(0,t+1,t+5)
colname <- numeric(t+5)
for(i in 1:t) {
  colname[i] = samplename[i]
}
colname[t+1] <- "Xi.."
colname[t+2] <- "X.i."
colname[t+3] <- "Xi.-X.i."
colname[t+4] <- "preference(mean)"
colname[t+5] <- "(Xi.-X.i.)^2"
rowname <- numeric(t+1)
for(i in 1:t) {
  rowname[i] = samplename[i]
}
rowname[t+1] <- "sum"
colnames(matmeanpre)<- colname
rownames(matmeanpre)<- rowname
matw1 <- numeric(t*t)
c <- 1
for(i in 1:(t-1)) {
  for(j in i:(t-1)){
    matw1[t*(i-1)+j+1] <- xijd[2*c-1]
    c <- c+1
  }
}
c <- 1
for(i in 1:(t-1)) {
  for(j in i:(t-1)){
    matw1[t*(j)+i] <- xijd[2*c]
    c <- c+1
  }
}
sumh <- numeric(t)
for(i in 1:t) {

```

```

sum1 <- 0
for(j in 1:t){
  sum1 <- sum1+matw1[t*(i-1)+j]
}
sumh[i] <- sum1
}
sumv <- numeric(t)
for(i in 1:t) {
  sum1 <- 0
  for(j in 1:t){
    sum1 <- sum1+matw1[t*(j-1)+i]
  }
  sumv[i] <- sum1
}
#print( sumh )
#print( sumv )
#Xi.,X.i.
for(i in 1:t){
  matw2 <- numeric(t+5)
  for(j in 1:t){
    matw2[j] <- matw1[t*(i-1)+j]
  }
  matw2[t+1] <- round(sumh[i],digits = 2)
  matw2[t+2] <- round(sumv[i],digits = 2)
  matw2[t+3] <- round(sumh[i]-sumv[i],digits = 2)
  matw2[t+4] <- round((sumh[i]-sumv[i])/
(2*n*t),digits = 3)
  matw2[t+5] <- round(matw2[t+3]*matw2[t+3],digi
ts = 2)
  matmeanpre[i,] <- matw2
}
matw2 <- numeric(t+5)
sumxidd <- 0
sumxiddid <- 0
sumxiddidid <- 0
sumxiddidid2 <- 0
sumpre <- 0
#meanpre
meanpre <- numeric(t)
for(i in 1:t) {
  matw2[i] <- sumv[i]
  sumxidd <- sumxidd+matmeanpre[i,5]
  sumxiddid <- sumxiddid+matmeanpre[i,6]
  sumxiddidid <- sumxiddidid+matmeanpre[i,7]

```

```

sumpre <- sumpre+matmeanpre[i,8]
sumxiddid2 <- sumxiddid2+matmeanpre[i,9]
meanpre[i] <- matmeanpre[i,8]
}
matw2[5] = sumxidd
matw2[6] = sumxidd
matw2[7] = sumxiddid
matw2[8] = sumpre
matw2[9] = sumxiddid2
matmeanpre[5,] <- matw2
meanpretab <- matrix(0,t,1)
matw3 <- numeric(1)
for(i in 1:t) {
  matw3[1] <- meanpre[i]
  meanpretab[i,] <- matw3
}
matw3 <- numeric(t)
for(i in 1:t) {
  matw3[i] <- samplename[i]
}
colname <- c( " 平均嗜好度 " )
colnames(meanpretab) <- colname
rownames(meanpretab) <- matw3
print( meanpretab )
sa <- matw2[9]/(2*t*n)
matxijd <- matrix(0,t,t)
#<Xij.>
for(i in 1:t){
  matw2 <- numeric(t)
  for(j in 1:t){
    matw2[j] <- matw1[t*(i-1)+j]
  }
  matxijd[i,] <- matw2
}
#<(Xij.-Xji.)^2>
matxijdjid <- matrix(0,t,t)
matxijdjid2 <- matrix(0,t,t)
for(i in 1:(t-1)) {
  matw2 <- numeric(t)
  for(j in (i+1):4) {
    matw2[j] <- matxijd[i,j]-matxijd[j,i]
  }
  matxijdjid[i,] <- matw2
  matxijdjid2[i,] <- matw2*matw2
}

```

```

}
sumXijdXjid2 <- 0
for(i in 1:t) {
  for(j in 1:t) {
    sumXijdXjid2 <- sumXijdXjid2+matxijdjid2[i,j]
  }
}
#cat("\n")
sg <- sumXijdXjid2/(2*n)-sa
#print( sg )
matxijdjid2n <- matrix(0,t,t)
for(i in 1:t) {
  for(j in 1:t) {
    matxijdjid2n[i,j] <- matxijdjid[i,j]/(2*n)
  }
}
mata1aj <- matrix(0,t,t)
matw2 <- numeric(t)
for(i in 1:t){
  matw2[i] <- meanpre[i]
}
for(i in 1:t){
  for(j in 1:t){
    if( matxijdjid2n[i,j] != 0 ) {
      mata1aj[i,j] <- matw2[i]-matw2[j]
    }
  }
}
#print( mata1aj )
matxijdjid2naiaj1 <- matrix(0,t,t)
for(i in 1:t){
  matw2 <- numeric(t)
  for(j in 1:t){
    matw2[j] <- matxijdjid2n[i,j]-mata1aj[i,j]
  }
  matxijdjid2naiaj1[i,] <- matw2
}
#print( matxijdjid2naiaj1 )
matxijdjid2naiaj2 <- matrix(0,t,t)
for(i in 1:t){
  matw2 <- numeric(t)
  for(j in 1:t){
    matw2[j] <- -(matxijdjid2n[i,j]-mata1aj[i,j])
  }
}

```

```

    matxijdjid2naiaj2[,i] <- matw2
}
matxijdjid2naiaj <- matrix(0,t+1,t+1)
for(i in 1:t){
    matw2 <- numeric(t+1)
    sum1 <- 0
    for(j in 1:t){
        matw2[j] <- round(matxijdjid2naiaj1[i,j]+
matxijdjid2naiaj2[i,j],digits = 3)
        sum1 <- sum1+matw2[j]
    }
    matw2[t+1] = round(sum1,digits = 3)
    matxijdjid2naiaj[i,] <- matw2
}
matw2 <- numeric(t+1)
for(i in 1:t+1){
    sum1 <- 0
    for(j in 1:t){
        sum1 <- sum1+matxijdjid2naiaj[j,i]
    }
    matw2[i] <- round(sum1,digits = 3)
}
matxijdjid2naiaj[t+1,] <- matw2
colname <- numeric(t+1)
for(i in 1:t) {
    colname[i] = samplename[i]
}
colname[t+1] <- "sum"
rowname <- numeric(t+1)
for(i in 1:t) {
    rowname[i] = samplename[i]
}
rowname[t+1] <- "sum"
colnames(matxijdjid2naiaj)<- colname
rownames(matxijdjid2naiaj)<- rowname
cat("\n")
cat(" 組み合わせ効果の推定値 \n")
print( matxijdjid2naiaj )
matxijdpjid <- matrix(0,t,t)
matxijdpjid2 <- matrix(0,t,t)
for(i in 1:(t-1)) {
    matw2 <- numeric(t)
    for(j in (i+1):4) {
        matw2[j] <- matxijd[i,j]+matxijd[j,i]

```

```

    }
    matxijdpjid[i,] <- matw2
    matxijdpjid2[i,] <- matw2*matw2
}
sum1 <- 0
for(i in 1:t){
    for(j in 1:t) {
        sum1 <- sum1+matxijdpjid2[i,j]
    }
}
#print( matxijd )
#print( matxijdpjid2 )
#cat("\n")
ss <- sum1/(2*n)
#print( ss )
matxijdpjid2n <- matrix(0,t,t)
for(i in 1:t) {
    matw2 <- numeric(t)
    for(j in 1:t) {
        matw2[j] = round(matxijdpjid[i,j]/(2*n),digits =
3)
    }
    matxijdpjid2n[i,] <- matw2
}
colname <- numeric(t)
for(i in 1:t) {
    colname[i] = samplename[i]
}
rowname <- numeric(t)
for(i in 1:t) {
    rowname[i] = samplename[i]
}
colnames(matxijdpjid2n)<- colname
rownames(matxijdpjid2n)<- rowname
cat("\n")
#print( matxijdpjid2n )
nn <- numeric(ncol(dat)-1)
for(i in 1:(ncol(dat)-1)) {
    sum1 <- 0
    for(j in 1:combs){
        sum1 <- sum1+dat[j+1,i+1]
    }
    nn[i] <- sum1
}

```

```

#cat("\n")
#print( nn )
st <- 0
st <- st+4*nn[1]
st <- st+4*nn[length(nn)]
st <- st+nn[1+1]
st <- st+nn[length(nn)-1]
#print( st )
#cat("\n")
se <- st-sxijd2/n
#print( se )
matpca <- matrix(0,5,4)
colname <- c( "平方和 ", " 自由度 ", " 不偏分散 ", "F 值 "
)
rowname <- c( " 主効果 ", " 組み合わせ効果 ", " 順序効
果 ", " 誤差 ", " 全体 )
colnames(matpca)<- colname
rownames(matpca)<- rowname
sevar <- se/(t*(t-1)*(n-1))
#print( sevar )
matw2 <- numeric(4)
matw2[1] <- round(sa,digits = 3)
matw2[2] <- t-1
matw2[3] <- round(sa/(t-1),digits = 3)
matw2[4] <- round(sa/(t-1)/sevar,digits = 3)
matpca[1,] <- matw2
matw2[1] <- round(sg,digits = 3)
matw2[2] <- (t-1)*(t-2)/2
matw2[3] <- round(sg/((t-1)*(t-2)/2),digits = 3)
matw2[4] <- round(sg/((t-1)*(t-2)/2)/sevar,digits = 3)
matpca[2,] <- matw2
matw2[1] <- round(ss,digits = 3)
matw2[2] <- t*(t-1)/2
matw2[3] <- round(ss/(t*(t-1)/2),digits = 3)
matw2[4] <- round(ss/(t*(t-1)/2)/sevar,digits = 3)
matpca[3,] <- matw2
matw2[1] <- round(se,digits = 3)
matw2[2] <- t*(t-1)*(n-1)
matw2[3] <- round(se/(t*(t-1)*(n-1)),digits = 3)
matw2[4] <- NA
matpca[4,] <- matw2
matw2[1] <- round(st,digits = 3)
matw2[2] <- t*(t-1)*n
matw2[3] <- NA
matw2[4] <- NA
matpca[5,] <- matw2
print( matpca )
seflex <- t*(t-1)*(n-1)
sevar <- se/(t*(t-1)*(n-1))
matw1 <- numeric(combs/2)
matw2 <- numeric(combs/2)
count <- 1
for(i in 1:(t-1)) {
  for(j in (i+1):t) {
    matw1[count] <- meanpre[i]-meanpre[j]
    matw2[count] <- paste(samplename[i],
samplename[j], sep = "-")
    count <- count+1
  }
}
dfe001 <- studentQ001( seflex,t )
dfe005 <- studentQ005( seflex,t )
cat("\n")
y001 <- dfe001*sqrt(sevar/(2*n*t))
y005 <- dfe005*sqrt(sevar/(2*n*t))
cat(" 下位検定 \n")
cat("Y001:")
cat( round(y001,digits = 3) );
cat("\n")
cat("Y005:")
cat( round(y005,digits = 3) );
cat("\n")
matmeanpresub <- matrix(0,(combs/2),3)
cat("\n")
colname <- c( "preference(sub)", "p<0.01", "p<0.05" )
rownames(matmeanpresub)<- matw2
colnames(matmeanpresub)<- colname
for(i in 1:(combs/2)) {
  matmeanpresub[i,1] <- matw1[i]
  if( abs(matw1[i]) > y001 ) {
    matmeanpresub[i,2] <- 1
  }
  else {
    matmeanpresub[i,2] <- 0
  }
  if( abs(matw1[i]) > y005 ) {
    matmeanpresub[i,3] <- 1
  }
}

```

```

else {
  matmeanpresub[i,3] <- 0
}
}
for(i in 1:(combs/2)) {
}
print( matmeanpresub )
cat( "p<0.01,p<0.05 value is 1,significant\n\n" )
}

```

この関数は以下のように実行する。

サンプルデータ scheffe.csv の場合は、t (試料の数) =4、
N (全評価者の人数) =144 となる。

入力データ

```

V1 V2 V3 V4 V5 V6
1 -2 -1 0 1 2
2 A1A2 2 3 4 3 0
3 A2A1 0 0 2 7 3
4 A1A3 5 7 0 0 0
5 A3A1 0 0 3 8 2
6 A1A4 8 3 2 0 0
7 A4A1 0 0 0 2 10
8 A2A3 1 5 5 1 0
9 A3A2 0 0 2 6 4
10 A2A4 2 7 3 0 0
11 A4A2 0 0 0 4 8
12 A3A4 9 3 0 0 0
13 A4A3 0 0 2 6 4

```

平均嗜好度

```

A1 -0.906
A2 -0.354
A3 0.146
A4 1.115

```

組み合わせ効果の推定値

```

A1 A2 A3 A4 計
A1 0.000 -0.156 -0.156 0.313 0.001
A2 0.156 0.000 -0.333 0.177 0.000
A3 0.156 0.333 0.000 -0.489 0.000
A4 -0.313 -0.177 0.489 0.000 -0.001
計 0.000 0.000 0.000 0.001 0.000

```

```

平方和 自由度 不偏分散 F 値
主効果 212.188 3 70.729 157.574
組み合わせ効果 12.688 3 4.229 9.422
順序効果 12.875 6 2.146 4.781
誤差 59.250 132 0.449 NA
全体 297.000 144 NA NA

```

嗜好度の差

```

A1-A2 -0.552
A1-A3 -1.052
A1-A4 -2.021
A2-A3 -0.500
A2-A4 -1.469
A3-A4 -0.969

```

下位検定

Y001:0.308

Y005:0.252

> # 以下に分散分析の結果求めた各要因の F 値の危険率
を求める

> # 主効果の危険率 p1

> p1 <- df(157.574, 3, 132)

> p1

[1] 6.331628e-44

> # 組み合わせ効果の危険率 p2

> p2 <- df(9.422, 3, 132)

> p2

[1] 1.312395e-05

> # 順序効果の危険率 p3

> p3 <- df(4.781, 6, 132)

> p3

[1] 0.0004130319

>

> # 分散分析の結果、主効果、組み合わせ効果、順序効果とも 1 %水準で有意であった

> #A1 から A4 のいずれの組み合わせも、嗜好度の差は、危険率 1 %水準のヤードスティックの値 (Y001:0.308) より大きかったことから、下位検定の結果、すべての試料間の評定値に 1 %水準で有意差があった。

=====

データファイル：scheffe.csv

V1,V2,V3,V4,V5,V6

,-2,-1,0,1,2

A1A2,2,3,4,3,0

A2A1,0,0,2,7,3

A1A3,5,7,0,0,0

A3A1,0,0,3,8,2

A1A4,8,3,2,0,0

A4A1,0,0,0,2 10

A2A3,1,5,5,1,0

A3A2,0,0,2,6,4

A2A4,2,7,3,0,0

A4A2,0,0,0,4,8

A3A4,9,3,0,0,0

A4A3,0,0,2,6,4

2) 浦の変法 (変形 1)

原法と評価の方法は同じだが、同一の評定者が全対を比較する点が異なる。この方法は、小規模に実験をしたい時に便利な方法である。この方法では、比較順序を考慮する。つまり、一対の試料を提示する際に、時間的な順序や空間的な位置の効果が、データに影響すると思われる時は、この方法を用いる。

表 6.6 各評価者の評価結果

		A1	A2	A3	A4
評価者 1	A1	0	0	-1	-1
	A2	3	0	0	0
	A3	2	2	0	-1
	A4	3	3	1	0
評価者 2	A1	0	-1	-1	-2
	A2	2	0	0	-1
	A3	3	1	0	-1
	A4	3	2	2	0
評価者 3	A1	0	-2	-3	-3
	A2	3	0	-2	-2
	A3	2	2	0	-2
	A4	2	3	2	0

< R による分析 >

※以下は関数である。以下の内容を ura.R として保存する。

```

ura <- function (csvfile,t,n) {
  #read
  dat<-read.csv(csvfile,header=FALSE)
  #samplemax=20
  samplename <- c( "A1","A2","A3","A4","A5","A6","A7","
A9","A10","A11","A12","A13","A14","A15","A16","A17","A
18","A19","A20" )
  panelname <- c( "P1","P2","P3","P4","P5","P6","P7","P9
","P10","P11","P12","P13","P14","P15","P16","P17","P18
","P19","P20" )
  resultsmatrix <- matrix(0,t*n,t)
  for(i in 1:(n*t)) {
    matw1 <- numeric(t)
    for(j in 1:t) {
      matw1[j] <- dat[i,j]
    }
    resultsmatrix[i,] <- matw1
  }
  colname <- numeric(t)
  for(i in 1:t) {
    colname[i] <- samplename[i]
  }
  rowname <- numeric(t*n)
  for(i in 1:n) {
    for(j in 1:t) {
      rowname[(i-1)*t+j] <- samplename[j]
    }
  }
  colnames(resultsmatrix)<- colname
  rownames(resultsmatrix)<- rowname
  cat(" 入力データ ")
  cat("\n")
  print( resultsmatrix )
}

```

```

cat("\n")
summatrix <- matrix(0,t+3,t+1)
for(i in 1:t) {
  matw1 <- numeric(t+1)
  for(j in 1:t) {
    sum1 <- 0
    for(k in 1:n) {
      sum1 <- sum1 + resultsmatrix[t*(k-1)+i,j]
    }
    matw1[j] <- sum1
  }
  sum1 <- 0
  for(j in 1:t) {
    sum1 <- sum1 + matw1[j]
  }
  matw1[t+1] <- sum1
  summatrix[i,] <- matw1
}
matw1 <- numeric(t+1)
for(i in 1:t) {
  sum1 <- 0
  for(j in 1:t) {
    sum1 <- sum1 + summatrix[j,i]
  }
  matw1[i] <- sum1
}
sum1 <- 0
for(i in 1:t) {
  sum1 <- sum1 + matw1[i]
}
matw1[t+1] <- sum1
summatrix[t+1,] <- matw1
matw1 <- numeric(t+1)
for(i in 1:t) {
  matw1[i] <- summatrix[i,5]
}
summatrix[t+2,] <- matw1
matw1 <- numeric(t+1)
for(i in 1:t) {
  matw1[i] <- summatrix[5,i] - summatrix[6,i]
}
summatrix[t+3,] <- matw1
colname <- numeric(t+1)
for(i in 1:t) {

```

```

  colname[i] <- samplename[i]
}
colname[t+1] <- "X.j."
colnames(summatrix) <- colname
rowname <- numeric(t+3)
for(i in 1:t) {
  rowname[i] <- samplename[i]
}
rowname[t+1] <- "Xi.."
rowname[t+2] <- "X.j."
rowname[t+3] <- "Xi..X.j."
rownames(summatrix) <- rowname
cat(" 集計 ")
cat("\n")
print( summatrix )
cat("\n")
alpha <- numeric(t)
for(i in 1:t) {
  alpha[i] <- summatrix[t+3,i]/(2*t*n)
}
cat(" 平均嗜好度  $\alpha$  i の推定値 \n")
for(i in 1:t) {
  cat("a")
  cat(i)
  cat("=")
  cat(round(alpha[i],digits = 3))
  cat("\n")
}
cat("\n")
cat(" 嗜好度の個人差  $\alpha$  it の推定値 \n")
xijmatrix <- matrix(0,3*n,t)
for(i in 1:n) {
  matw1 <- numeric(t)
  matw2 <- numeric(t)
  matw3 <- numeric(t)
  for(j in 1:t) {
    sumv <- 0
    sumh <- 0
    for(m in 1:t) {
      sumv <- sumv + dat[t*(i-1)+m,j]
      sumh <- sumh + dat[t*(i-1)+j,m]
    }
    matw1[j] <- sumv
    matw2[j] <- sumh

```

```

    matw3[j] <- sumv-sumh
  }
  xijmatrix[3*(i-1)+1,] <- matw1
  xijmatrix[3*(i-1)+2,] <- matw2
  xijmatrix[3*(i-1)+3,] <- matw3
}
sumxij <- numeric(n)
for(i in 1:n) {
  sum1 <- 0
  for(j in 1:t) {
    sum1 <- sum1 + xijmatrix[3*(i-1)+1,j]
  }
  sumxij[i] <- sum1
}
#print( xijmatrix )

aijmatrix <- matrix(0,t,n)
for(i in 1:t) {
  matw1 <- numeric(n)
  for(j in 1:n) {
    matw1[j] <- round(1/(2*t)*xijmatrix[3*(j-1)+3,i]-
alpha[i],digits = 3)
  }
  aijmatrix[i,] <- matw1
}
colname <- numeric(n)
for(i in 1:n) {
  colname[i] <- panelname[i]
}
rowname <- numeric(t)
for(i in 1:t) {
  rowname[i] <- samplename[i]
}
colnames(aijmatrix)<- colname
rownames(aijmatrix)<- rowname
print( aijmatrix )
cat("\n")
cat(" 組み合わせ効果  $\gamma_{ij}$  の推定値 \n")
gijmatrix <- matrix(0,t,t)
for(i in 1:t) {
  matw1 <- numeric(t)
  for(j in 1:t) {
    matw1[j] <- round((summatrix[i,j]-
summatrix[j,i])/(2*n)-(alpha[j]-alpha[i]),digits = 3)

```

```

  }
  gijmatrix[i,] <- matw1
}
colname <- numeric(t)
for(i in 1:t) {
  colname[i] <- samplename[i]
}
rowname <- numeric(t)
for(i in 1:t) {
  rowname[i] <- samplename[i]
}
colnames(gijmatrix)<- colname
rownames(gijmatrix)<- rowname
print( gijmatrix )
#print( sumxij )
cat("\n")
cat(" 順序効果の個人差  $\delta_i$  の推定値 \n")
deltaw <- 1/(t*(t-1)*n)*summatrix[t+1,t+1]
delta <- numeric(n)
for(i in 1:n) {
  delta[i] <- 1/(t*(t-1))*sumxij[i] - deltaw
  cat("delta")
  cat(i)
  cat("=")
  cat(round(delta[i],digits = 3))
  cat("\n")
}
cat("\n")
#main effect
sum1 <- 0
for(i in 1:t) {
  sum1 <- sum1 + summatrix[t+3,i]*summatrix[t+3,i]
}
sa <- 1/(2*t*n)*sum1
#print( sa )
sum1 <- 0
for(i in 1:n) {
  for(j in 1:t) {
    sum1 <- sum1 + xijmatrix[3*(i-
1)+3,j]*xijmatrix[3*(i-1)+3,j]
  }
}
sb <- sum1/(2*t)-sa
#print( sb )

```

```

sum1 <- 0
for(i in 1:(t-1)) {
  for(j in (i+1):t) {
    sum1 <- sum1 + (summatrix[j,i]-
summatrix[i,j])*(summatrix[j,i]-summatrix[i,j])
  }
}
sg <- sum1/(2*n)-sa
#cat("\n")
sd <- summatrix[t+1,t+1]*summatrix[t+1,t+1]/
(n*t*(t-1))
#print( sd )
sum1 <- 0
for(i in 1:n) {
  sum1 <- sum1+ sumxij[i]*sumxij[i]
}
sdb <- sum1/(t*(t-1))-sd
#print( sdb )
sum1 <- 0
for(l in 1:n) {
  for(i in 1:t) {
    for(j in 1:t) {
      sum1 <- sum1 + dat[t*(l-1)+i,j]*dat[t*(l-1)+i,j]
    }
  }
}
st <- sum1
#print( sum1 )
se = st-(sa+sb+sg+sd+sdb)
#print( se )
sef <- (t*t*n-t*t/2-2*t*n+3*t/2-1)
sevar = se/sef
variance <- matrix(0,7,4)
matw1 <- numeric(4)
matw1[1] <- round(sa,digits = 3)
matw1[2] <- t-1
matw1[3] <- round(sa/(t-1),digits = 3)
matw1[4] <- round(sa/(t-1)/sevar,digits = 3)
variance[1,] <- matw1
matw1 <- numeric(4)
matw1[1] <- round(sb,digits = 3)
matw1[2] <- (t-1)*(n-1)
matw1[3] <- round(sb/((t-1)*(n-1)),digits = 3)
matw1[4] <- round(sb/((t-1)*(n-1))/sevar,digits = 3)

```

```

variance[2,] <- matw1
matw1[1] <- round(sg,digits = 3)
matw1[2] <- (t-1)*(t-2)/2
matw1[3] <- round(sg/((t-1)*(t-2)/2),digits = 3)
matw1[4] <- round(sg/((t-1)*(t-2)/2)/sevar,digits = 3)
variance[3,] <- matw1
matw1[1] <- round(sd,digits = 3)
matw1[2] <- 1
matw1[3] <- round(sd,digits = 3)
matw1[4] <- round(sd/sevar,digits = 3)
variance[4,] <- matw1
matw1[1] <- round(sdb,digits = 3)
matw1[2] <- n-1
matw1[3] <- round(sdb/(n-1),digits = 3)
matw1[4] <- round(sdb/(n-1)/sevar,digits = 3)
variance[5,] <- matw1
matw1[1] <- round(se,digits = 3)
matw1[2] <- sef
matw1[3] <- round(sevar,digits = 3)
matw1[4] <- NA
variance[6,] <- matw1
matw1[1] <- st
matw1[2] <- t*(t-1)*n
matw1[3] <- NA
matw1[4] <- NA
variance[7,] <- matw1
colname <- c(" 平方和 ", " 自由度 ", " 不偏分散 ", "F 値 "
)
rowname <- c(" 主効果 ", " 主効果×個人 ", " 組み合わせ効果 ", " 順序効果 ", " 順序効果×個人 ", " 誤差 ", " 全体 ")
colnames(variance)<- colname
rownames(variance)<- rowname
print( variance )
seflex <- sef
dfe001 <- studentQ001( seflex,t )
dfe005 <- studentQ005( seflex,t )
cat("\n")
y001 <- dfe001*sqrt(sevar/(2*n*t))
y005 <- dfe005*sqrt(sevar/(2*n*t))
cat(" 下位検定 \n")
cat("Y001:")
cat( round(y001,digits = 3) );
cat("\n")
cat("Y005:")

```

```

cat( round(y005,digits = 3) );
cat("\n")
combi <- combn(1:t, 2)
combs <- ncol(combi)
#print( combs )
#print( combi )
#meanpre
matw1 <- numeric(combs/2)
matw2 <- numeric(combs/2)
count <- 1
for(i in 1:(t-1)) {
  for(j in (i+1):t) {
    matw1[count] <- round(alpha[i]-alpha[j],digits =
3)
    matw2[count] <- paste(samplename[i],
samplename[j], sep = "-")
    count <- count+1
  }
}
matmeanpresub <- matrix(0,(combs),3)
cat("\n")
colname <- c( "嗜好度の差","p<0.01","p<0.05" )
rownames(matmeanpresub)<- matw2
colnames(matmeanpresub)<- colname
for(i in 1:(combs) ) {
  matmeanpresub[i,1] <- matw1[i]
  if( abs(matw1[i]) > y001 ) {
    matmeanpresub[i,2] <- 1
    matmeanpresub[i,3] <- 1
  }
  else {
    matmeanpresub[i,2] <- 0
  }
  if( abs(matw1[i]) > y005 ) {
    matmeanpresub[i,3] <- 1
  }
  else {
    matmeanpresub[i,3] <- 0
  }
}
for(i in 1:(combs) ) {
}
print( matmeanpresub )
cat( "p<0.01,p<0.05 の値が 1 の場合は有意差あり \

```

```

n\n" )
}

```

この関数は以下のように実行する。

```

> source("ura.R")
> # データファイルを読み込んで浦の方法を実施する。
4 は試料の数 (t). 3 はパネルの人数 (N)

```

```

> ura("ura.csv",4,3)

```

入力データ

A1 A2 A3 A4

A1 0 0 -1 -1

A2 3 0 0 0

A3 2 2 0 -1

A4 3 3 1 0

A1 0 -1 -1 -2

A2 2 0 0 -1

A3 3 1 0 -1

A4 3 2 2 0

A1 0 -2 -3 -3

A2 3 0 -2 -2

A3 2 2 0 -2

A4 2 3 2 0

集計

A1 A2 A3 A4 X.j.

A1 0 -3 -5 -6 -14

A2 8 0 -2 -3 3

A3 7 5 0 -4 8

A4 8 8 5 0 21

Xi.. 23 10 -2 -13 18

X.j. -14 3 8 21 0

Xi..-X.j. 37 7 -10 -34 0

平均嗜好度 α_i の推定値

$\alpha_1=1.542$

$\alpha_2=0.292$

$\alpha_3=-0.417$

$\alpha_4=-1.417$

嗜好度の個人差 α_{it} の推定値

評価者 1 評価者 2 評価者 3

A1 -0.292 -0.042 0.333

A2 -0.042 -0.167 0.208

A3 0.042 0.167 -0.208

A4 0.292 0.042 -0.333

組み合わせ効果 γ_{ij} の推定値

	A1	A2	A3	A4
A1	0.000	-0.583	-0.042	0.625
A2	0.583	0.000	-0.458	-0.125
A3	0.042	0.458	0.000	-0.500
A4	-0.625	0.125	0.500	0.000

[1] 11 7 0

順序効果の個人差 δ_1 の推定値

$\delta_1=0.417$
 $\delta_2=0.083$
 $\delta_3=0.5$

平方和 自由度 不偏分散 F 値

	平方和	自由度	不偏分散	F 値
主効果	111.417	3	37.139	88.292
主効果×個人	4.333	6	0.722	1.717
組み合わせ効果	7.250	3	2.417	5.745
順序効果	9.000	1	9.000	21.396
順序効果×個人	5.167	2	2.583	6.142
誤差	8.833	21	0.421	NA
全体	146.000	36	NA	NA

下位検定

Y001:0.665
Y005:0.524

嗜好度の差 $p<0.01$ $p<0.05$

A1-A2	1.250	1	1
A1-A3	1.958	1	1
A1-A4	2.958	1	1
A2-A3	0.708	1	1
A2-A4	1.708	1	1
A3-A4	1.000	1	1

$p<0.01, p<0.05$ の値が 1 の場合は有意差あり

> # 以下に分散分析の結果求めた各要因の F 値の危険率を求める

> # 主効果の危険率 p1
> p1 <- df(88.292, 3, 21)
> p1
[1] 4.978368e-13
> # 主効果×個人の危険率 p2

```
> p2 <- df(1.717, 6, 21)
> p2
[1] 0.2370505
> # 組み合わせ効果の危険率 p3
> p3 <- df(5.745, 3, 21)
> p3
[1] 0.003875882
> # 順序効果の危険率 p4
> p4 <- df(21.396, 1, 21)
> p4
[1] 3.753307e-05
> # 順序効果×個人の危険率 p5
> p5 <- df(6.142, 2, 21)
> p5
[1] 0.00500972
>
> # 分散分析の結果、主効果、組み合わせ効果、順序効果、
順序効果×個人が 1%水準で有意であった
> #A1 から A4 のいずれの組み合わせも、嗜好度の差は、
危険率 1%水準のヤードスティックの値 (Y001:0.665)
より大きかったことから、下位検定の結果、すべての試
料間の評定値に 1%水準で有意差があった。
```

=====

データファイル : ura.csv

```
0,0,-1,-1
3,0,0,0
2,2,0,-1
3,3,1,0
0,-1,-1,-2
2,0,0,-1
3,1,0,-1
3,2,2,0
0,-2,-3,-3
3,0,-2,-2
2,2,0,-2
2,3,2,0
```

3) 芳賀の変法 (変形2)

t個の試料の中から任意の一組について、総勢N人の評定者に1回ずつ評点をつける一対比較法で評価してもらおう。各組の評定者の数は、 $n=N/\{t(t-1)\}$ 人となる。この点は、シェフェの原法と同じである。ただし、ただし、後か先かなどの順序効果や、一対を同時に提示した場合の空間位置効果はないものとするので、総判断数は、原法の半分で済む。

浦の変法のように一人の評価者がすべての組み合わせを評価するのではなく、シェフェの原法と同様、一人の評価者は、一組の試料しか評価しない。

表 6.7 評点の度数表

試料 i	試料 j	-2	-1	0	1	2
1	2	1	4	13	8	4
1	3	2	3	6	10	9
1	4	0	1	8	8	13
2	3	3	5	9	10	3
2	4	4	6	7	12	1
3	4	1	2	13	13	1

< R による分析 >

※以下は関数である。以下の内容を haga.R として保存する。

```
haga <- function (csvfile,t,N) {
  #input
  dat<-read.csv(csvfile,header=FALSE)
  #sample
  samplename <- c("A1","A2","A3","A4","A5","A6","A7","
A9","A10","A11","A12","A13","A14","A15","A16","A17","A
18","A19","A20")
  n <- 2*N/(t*(t-1))
  cat(" 入力データ ")
  cat("\n")
  print(dat)
  cat("\n")
  combs <- nrow(dat)-1
  poins <- ncol(dat)-1
  matij <- matrix(0,combs+2,poins+2)
  for(i in 1:combs) {
    matw1 <- numeric(poins+2)
    sum1 <- 0
    for(j in 1:poins) {
      matw1[j] <- dat[i+1,j+1]
      sum1 <- sum1 + dat[i+1,j+1]*dat[1,j+1]
    }
    matw1[poins+1] <- sum1
    matw1[poins+2] <- sum1*sum1
    matij[i,] <- matw1
  }
  matw1 <- numeric(poins+2)
  matw2 <- numeric(poins+2)
  for(i in 1:poins) {
    sum1 <- 0
    sum2 <- 0
    for(j in 1:combs) {
      sum1 <- sum1 + dat[j+1,i+1]
      sum2 <- sum2 + dat[j+1,i+1]*dat[1,i+1]
    }
    matw1[i] <- sum1
    matw2[i] <- sum2
  }
  matw1[poins+1] <- NA
  matw1[poins+2] <- NA
  matij[combs+1,] <- matw1
  sum1 <- 0
  sum2 <- 0
  for(i in 1:combs) {
    sum1 <- sum1+matij[i,poins+1]
    sum2 <- sum2+matij[i,poins+2]
  }
  matw2[poins+1] <- sum1
  matw2[poins+2] <- sum2
  xij2 <- sum2
  matij[combs+2,] <- matw2
  colname <- numeric(poins+2)
  for(i in 1:poins) {
    colname[i] <- dat[1,i]
  }
  colname[poins+1] <- " 評点の計 Xij."
  colname[poins+2] <- "Xij.^2"
  colnames(matij)<- colname
  combi <- combn(1:t, 2)
  rowname <- numeric(combs+2)
  for(i in 1:combs) {
    rowname[i] <- paste(samplename[combi[1,i]],
samplename[combi[2,i]], sep = "")
  }
  rowname[combs+1] <- " 計 "
  rowname[combs+2] <- " 評点の計 "
  rownames(matij)<- rowname
  cat(" 評点の度数表 ")
  cat("\n")
  print( matij )
  cat("\n")
  matxijdw1 <- matrix(0,t,t)
  matxijdw2 <- matrix(0,t,t)
  count <- 1
  for(i in 1:(t-1)) {
    matw1 <- numeric(t)
    matw2 <- numeric(t)
    for(j in (i+1):t) {
      matw1[j] <- matij[count,poins+1]
      matw2[j] <- -matij[count,poins+1]
      count <- count + 1
    }
    matxijdw1[i,] <- matw1
```

```

    matxijdw2[i,] <- matw2
}
matxijdw3 <- t(matxijdw2)
matxijdw <- matxijdw1+matxijdw3
#print( matxijdw )
matxijd <- matrix(0,t+1,t+2)
colname <- numeric(t+2)
rowname <- numeric(t+1)
for( i in 1:t ) {
    colname[i] <- samplename[i]
}
for( i in 1:t ) {
    rowname[i] <- samplename[i]
}
colname[t+1] <- "Xi."
colname[t+2] <- "Xi.^2"
rowname[t+1] <- "計"
colnames(matxijd)<- colname
rownames(matxijd)<- rowname
for( i in 1:t ) {
    matw1 <- numeric(t+2)
    sum1 <- 0
    for( j in 1:t ) {
        matw1[j] <- matxijdw[i,j]
        sum1 <- sum1+matxijdw[i,j]
    }
    matw1[j+1] <- sum1
    matw1[j+2] <- sum1*sum1
    matxijd[i,] <- matw1
}
matw1 <- numeric(t+2)
sum1 <- 0
sum2 <- 0
for( i in 1:t ) {
    sum1 <- sum1+matxijd[i,t+1]
    sum2 <- sum2+matxijd[i,t+2]
}
for( i in 1:t ) {
    matw1[i] <- NA
}
matw1[t+1] <- sum1
matw1[t+2] <- sum2
matxijd[t+1,] <- matw1
cat(" 各組み合わせの評点 ")

```

```

cat("\n")
print( matxijd )
alpha <- numeric(t)
for( i in 1:t ) {
    alpha[i] <- matxijd[i,t+1]/(t*n)
}
cat("\n")
cat(" 平均嗜好度  $\alpha$  i の推定値 \n")
for( i in 1:t ) {
    cat("a")
    cat(i)
    cat("=")
    cat(round(alpha[i],digits = 3))
    cat("\n")
}
cat("\n")
cat(" 組み合わせ効果  $y_{ij}$  の推定値 \n")
gijmatrix <- matrix(0,t,t)
for( i in 1:t ) {
    for( j in 1:t ) {
        gijmatrix [i,j] <- round(matxijd[i,j]/n-(alpha[i]-
alpha[j]),digits = 3)
    }
}
colname <- numeric(t)
for( i in 1:t ) {
    colname[i] <- samplename[i]
}
rowname <- numeric(t)
for( i in 1:t ) {
    rowname[i] <- samplename[i]
}
colnames(gijmatrix)<- colname
rownames(gijmatrix)<- rowname
print( gijmatrix )
cat("\n")
sa <- matxijd[t+1,t+2]/(t*n)
#print( sa )
sg <- xij2/n-sa
#print( sg )
st <- 4*matij[combs+1,1]+matij[combs+1,2]+matij[co
mbs+1,4]+4*matij[combs+1,5]
#print( st )
se <- st-xij2/n

```

```

#print( se )
cat( " 分散分析表 \n" )
variance <- matrix(0,4,4)
colname <- c( " 平方和 ", " 自由度 ", " 不偏分散 ", " F 値 "
)
rowname <- c( " 主効果 ", " 組み合わせ効果 ", " 誤差 ", "
全体 " )
colnames(variance)<- colname
rownames(variance)<- rowname
sevar <- se/(t*(t-1)*(n-1)/2)
matw1 <- numeric(4)
matw1[1] <- sa
matw1[2] <- t-1
matw1[3] <- round(sa/(t-1),digits = 3)
matw1[4] <- round((sa/(t-1))/sevar,digits = 3)
variance[1,] <- matw1
matw1 <- numeric(4)
matw1[1] <- sg
matw1[2] <- (t-1)*(t-2)/2
matw1[3] <- round(sg/((t-1)*(t-2)/2),digits = 3)
matw1[4] <- round(sg/((t-1)*(t-2)/2)/sevar,digits = 3)
variance[2,] <- matw1
matw1 <- numeric(4)
matw1[1] <- se
matw1[2] <- t*(t-1)*(n-1)/2
matw1[3] <- se/(t*(t-1)*(n-1)/2)
matw1[4] <- NA
variance[3,] <- matw1
matw1 <- numeric(4)
matw1[1] <- st
matw1[2] <- t*(t-1)*n
matw1[3] <- NA
matw1[4] <- NA
variance[4,] <- matw1
print( variance )
seflex <- t*(t-1)*(n-1)/2
dfe001 <- studentQ001( seflex,t )
dfe005 <- studentQ005( seflex,t )
cat("\n")
#print( dfe001 )
#print( dfe005 )
sef = se/((t-1)*(t-2)*(n-1)/2)
y001 <- dfe001*sqrt(sef/(n*t))
y005 <- dfe005*sqrt(sef/(n*t))

```

```

cat(" 下位検定 \n")
cat("Y001:")
cat( round(y001,digits = 3) );
cat("\n")
cat("Y005:")
cat( round(y005,digits = 3) );
cat("\n")
combi <- combn(1:t, 2)
combs <- ncol(combi)
matw1 <- numeric(combs)
matw2 <- numeric(combs)
count <- 1
for(i in 1:(t-1)) {
  for(j in (i+1):t) {
    matw1[count] <- round(alpha[i]-alpha[j],digits =
3)
    matw2[count] <- paste(samplename[i],
samplename[j], sep = "-")
    count <- count+1
  }
}
matmeanpresub <- matrix(0,(combs),3)
cat("\n")
colname <- c( " 嗜好度の差 ", "p<0.01", "p<0.05" )
rownames(matmeanpresub)<- matw2
colnames(matmeanpresub)<- colname
for(i in 1:(combs)) {
  matmeanpresub[i,1] <- matw1[i]
  if( abs(matw1[i]) > y001 ) {
    matmeanpresub[i,2] <- 1
  }
  else {
    matmeanpresub[i,2] <- 0
  }
  if( abs(matw1[i]) > y005 ) {
    matmeanpresub[i,3] <- 1
  }
  else {
    matmeanpresub[i,3] <- 0
  }
}
print( matmeanpresub )
cat( " p<0.01,p<0.05 の値が 1 の場合は有意差あり \n
n" )

```

}

この関数は以下のように実行する。

```
> source("haga.R")
> haga("haga.csv",4,180)
入力データ
  V1 V2 V3 V4 V5 V6
1  -2 -1 0 1 2
2 A1A2 1 4 13 8 4
3 A1A3 2 3 6 10 9
4 A1A4 0 1 8 8 13
5 A2A3 3 5 9 10 3
6 A2A4 4 6 7 12 1
7 A3A4 1 2 13 13 1
```

評点の度数表

	1	-2	-1	0	1	評点の計	X_{ij}	X_{ij}^2
A1A2	1	4	13	8	4	10	100	
A1A3	2	3	6	10	9	21	441	
A1A4	0	1	8	8	13	33	1089	
A2A3	3	5	9	10	3	5	25	
A2A4	4	6	7	12	1	0	0	
A3A4	1	2	13	13	1	11	121	
計	11	21	56	61	31	NA	NA	
評点の計	-22	-21	0	61	62	80	1776	

各組み合わせの評点

	A1	A2	A3	A4	X_i	X_i^2
A1	0	10	21	33	64	4096
A2	-10	0	5	0	-5	25
A3	-21	-5	0	11	-15	225
A4	-33	0	-11	0	-44	1936
計	NA	NA	NA	NA	0	6282

平均嗜好度 α_i の推定値

- $\alpha_1=0.533$
- $\alpha_2=-0.042$
- $\alpha_3=-0.125$
- $\alpha_4=-0.367$

組み合わせ効果 γ_{ij} の推定値

	A1	A2	A3	A4
A1	0.000	-0.242	0.042	0.200
A2	0.242	0.000	0.083	-0.325

```
A3 -0.042 -0.083 0.000 0.125
A4 -0.200 0.325 -0.125 0.000
```

[1] "分散分析表"

	平方和	自由度	不偏分散	F 値
主効果	52.35	3	17.450000	15.914
組み合わせ効果	6.85	3	2.283000	2.082
誤差	190.80	174	1.096552	NA
全体	250.00	360	NA	NA

[1] 174

[1] 4.5

[1] 3.68

下位検定

Y001:0.608

Y005:0.497

嗜好度の差 $p<0.01$ $p<0.05$

A1-A2	0.575	0	1
A1-A3	0.658	1	1
A1-A4	0.900	1	1
A2-A3	0.083	0	0
A2-A4	0.325	0	0
A3-A4	0.242	0	0

$p<0.01, p<0.05$ の値が 1 の場合は有意差あり

=====

データファイル : haga.csv

,-2,-1,0,1,2

A1A2,1,4,13,8,4

A1A3,2,3,6,10,9

A1A4,0,1,8,8,13

A2A3,3,5,9,10,3

A2A4,4,6,7,12,1

A3A4,1,2,13,13,1

4) 中屋の変法 (変形3)

この方法は、浦の変法と同様に、一人の評価者がすべての組み合わせを評価するが、一对の試料を提示する際に、時間的な順序や空間的な位置の効果が、データには影響しないという前提で、比較順序を考慮しないので、試行数は、浦の変法の半分になる。

表 6.8 各評価者の評価データ

<評価者1>

		< i >			
		A1	A2	A3	A4
< j >	A1		-3	-2	-3
	A2	3		-2	-3
	A3	2	2		-1
	A4	3	3	1	

<評価者2>

		< i >			
		A1	A2	A3	A4
< j >	A1		-2	-3	-3
	A2	2		-1	-2
	A3	3	1		-2
	A4	3	2	2	

<評価者3>

		< i >			
		A1	A2	A3	A4
< j >	A1		-3	-2	-2
	A2	3		-2	-3
	A3	2	2		-2
	A4	2	3	2	

< R による分析 >

※以下は関数である。以下の内容を nakaya.R として保存する。

```
Nakaya <- function (csvfile,t,n) {
  #load
  dat<-read.csv(csvfile,header=FALSE)
  samplename <- c("A1","A2","A3","A4","A5","A6","A7","
A9","A10","A11","A12","A13","A14","A15","A16","A17","A
18","A19","A20")
  panelname <- c("P1","P2","P3","P4","P5","P6","P7","P9
","P10","P11","P12","P13","P14","P15","P16","P17","P18
","P19","P20")

  colname <- numeric(t)
  for(i in 1:t) {
    colname[i] <- samplename[i]
  }
  rowname <- numeric(t)
  for(i in 1:t) {
    rowname[i] <- samplename[i]
  }
  cat(" 入力データ ")
  cat("\n")
  for(k in 1:n) {
    cat(panelname[k])
    cat("\n")
    tmpmat <- matrix(0,t,t)
    for(i in 1:t) {
      for(j in 1:t) {
        tmpmat[i,j] <- dat[t*(k-1)+i,j]
      }
    }
    colnames(tmpmat)<- colname
    rownames(tmpmat)<- rowname
    print(tmpmat)
  }

  resultsmatrix <- matrix(0,(t+2)*n,t)
  for(i in 1:n) {
    for(j in 1:t) {
      matw1 <- numeric(t)
      for(k in 1:t) {
        matw1[k] <- dat[t*(i-1)+j,k]
      }
      resultsmatrix[(t+2)*(i-1)+j,] <- matw1
    }
  }

  for(i in 1:n) {
    for(j in 1:t) {
      sum1 <- 0
      for(k in 1:t) {
        sum1 <- sum1+dat[t*(i-1)+k,j]
      }
      resultsmatrix[(t+2)*(i-1)+t+1,j] <- sum1
      resultsmatrix[(t+2)*(i-1)+t+2,j] <- sum1*sum1
    }
  }
  sumxi <- numeric(n)
  for(i in 1:n) {
    sum1 <- 0
    for(j in 1:t) {
      sum1 <- sum1+resultsmatrix[(t+2)*(i-1)+t+2,j]
    }
    sumxi[i] <- sum1
  }
  #print(resultsmatrix)
  #print(sumxi)
  resmatall <- matrix(0,t+2,t+1)

  for(j in 1:t) {
    for(k in 1:t) {
      sum1 <- 0
      for(i in 1:n) {
        sum1 <- sum1+dat[t*(i-1)+j,k]
      }
      resmatall[j,k] <- sum1
    }
    resmatall[j,t+1] <- NA
  }
  matw1 <- numeric(t+1)
  matw2 <- numeric(t+1)
  for(i in 1:t) {
    sum1 <- 0
    for(j in 1:t) {
      sum1 <- sum1 + resmatall[j,i]
    }
  }
}
```

```

    }
    matw1[i] <- sum1
    matw2[i] <- sum1*sum1
  }
sum1 <- 0
sum2 <- 0
for(i in 1:t) {
  sum1 <- sum1+matw1[i]
  sum2 <- sum2+matw2[i]
}
matw1[t+1] <- sum1
matw2[t+1] <- sum2
resmatall[t+1,] <- matw1
resmatall[t+2,] <- matw2
colname <- numeric(t+1)
for(i in 1:t) {
  colname[i] <- samplename[i]
}
colname[t+1] <- "計"
colnames(resmatall)<- colname
rowname <- numeric(t+2)
for(i in 1:t) {
  rowname[i] <- samplename[i]
}
rowname[t+1] <- "Xi.3"
rowname[t+2] <- "Xi.3^2"
rownames(resmatall)<- rowname

cat( "\n" )
cat(" 評価者全員の評定結果 ")
cat("\n")
print( resmatall )

alpha <- numeric(t)

for(i in 1:t) {
  alpha[i] <- resmatall[t+1,i]/(t*n)
}

cat("\n")
cat(" 平均嗜好度  $\alpha$  i の推定値 \n")
for(i in 1:t) {
  cat("a")
  cat(i)

```

```

  cat("=")
  cat(round(alpha[i],digits = 3))
  cat("\n")
}
cat("\n")
cat(" 平均嗜好度の個人差の推定値 \n")
meanpremat <- matrix(0,t,n)
colname <- numeric(n)
for(i in 1:n) {
  colname[i] <- panelname[i]
}
colnames(meanpremat)<- colname
rowname <- numeric(t)
for(i in 1:t) {
  sum1 <- paste("  $\alpha$  ",i, sep = "")
  rowname[i] <- paste(sum1,"1", sep = "")
}
rownames(meanpremat)<- rowname
for(i in 1:n) {
  for(j in 1:t) {
    meanpremat[j,i] <- round(resultsmatrix[(t+2)*(i-
1)+t+1,j]/t-alpha[j],digits = 3)
  }
}
print( meanpremat )
cat("\n")

xijdnmat <- matrix(0,t,t)
for(i in 1:t) {
  for(j in 1:t) {
    xijdnmat[i,j] <- resmatall[i,j]/n
  }
}
#print( xijdnmat )

aiajmat <- matrix(0,t,t)
for(i in 1:t) {
  for(j in 1:t) {
    aiajmat[i,j] <- alpha[j]-alpha[i]
  }
}
#print( aiajmat )

combimat <- matrix(0,t,t)

```

```

for(i in 1:t) {
  for(j in 1:t) {
    combimat[i,j] <- round(xijdmat[i,j]-
aiajmat[i,j],digits = 3)
  }
}

```

```
cat(" 組み合わせ効果 \n")
```

```
cat(" \n")
```

```
colname <- numeric(t)
```

```
for(i in 1:t) {
```

```
  colname[i] <- samplename[i]
```

```
}
```

```
rowname <- numeric(t)
```

```
for(i in 1:t) {
```

```
  rowname[i] <- samplename[i]
```

```
}
```

```
colnames(combimat)<- colname
```

```
rownames(combimat)<- rowname
```

```
print( combimat )
```

```
sa <- resmatall[t+2,t+1]/(t*n)
```

```
#print( sa )
```

```
sum1 <- 0
```

```
for(i in 1:n) {
```

```
  sum1 <- sum1+ sumxi[i]
```

```
}
```

```
sab <- sum1/t-sa
```

```
#print( sab )
```

```
sum1 <- 0
```

```
for(i in 1:(t-1)) {
```

```
  for(j in (i+1):t) {
```

```
    sum1 <- sum1+
```

```
resmatall[i,j]*resmatall[i,j]
```

```
  }
```

```
}
```

```
sg <- sum1/n-sa
```

```
#print( sg )
```

```
sum1 <- 0
```

```
for(k in 1:n) {
```

```
  for(i in 1:(t-1)) {
```

```
    for(j in (i+1):t) {
```

```
      sum1 <- sum1 + resultsmatrix[(t+2)*(k-
1)+i,j]*resultsmatrix[(t+2)*(k-1)+i,j]
```

```
    }
```

```
  }
```

```
st <- sum1
```

```
se <- st-(sa+sab+sg)
```

```
#print( se )
```

```
sevar = se/((t-1)*(t-2)*(n-1)/2)
```

```
#print( sevar )
```

```
variance <- matrix(0,5,5)
```

```
colname <- c("平方和","自由度","不偏分散","F値","p
値 <")
```

```
rowname <- c("主効果","主効果×個人","組み合わせ
効果","誤差","全体")
```

```
colnames(variance)<- colname
```

```
rownames(variance)<- rowname
```

```
matw1 <- numeric(4)
```

```
matw1[1] <- round(sa,digits = 3)
```

```
matw1[2] <- t-1
```

```
matw1[3] <- round(sa/(t-1),digits = 3)
```

```
matw1[4] <- round(sa/(t-1)/sevar,digits = 3)
```

```
matw1[5] <- 0.01
```

```
variance[1,] <- matw1
```

```
matw1 <- numeric(4)
```

```
matw1[1] <- round(sab,digits = 3)
```

```
matw1[2] <- (t-1)*(n-1)
```

```
matw1[3] <- round(sab/((t-1)*(n-1)),digits = 3)
```

```
matw1[4] <- round(sab/((t-1)*(n-1))/sevar,digits = 3)
```

```
matw1[5] <- NA
```

```
variance[2,] <- matw1
```

```
matw1 <- numeric(4)
```

```
matw1[1] <- round(sg,digits = 3)
```

```
matw1[2] <- (t-1)*(t-2)/2
```

```
matw1[3] <- round(sg/((t-1)*(t-2)/2),digits = 3)
```

```
matw1[4] <- round(sg/((t-1)*(t-2)/2)/sevar,digits = 3)
```

```
matw1[5] <- 0.05
```

```
variance[3,] <- matw1
```

```
matw1 <- numeric(4)
```

```
matw1[1] <- round(se,digits = 3)
```

```
matw1[2] <- (t-1)*(t-2)*(n-1)/2
```

```
matw1[3] <- round(se/((t-1)*(t-2)*(n-1)/2),digits = 3)
```

```

matw1[4] <- NA
matw1[5] <- NA
variance[4,] <- matw1
matw1[1] <- round(st,digits = 3)
matw1[2] <- n*t*(t-1)/2
matw1[3] <- NA
matw1[4] <- NA
matw1[5] <- NA
variance[5,] <- matw1
print( variance )

seflex <- (t-1)*(t-2)*(n-1)/2;
dfe001 <- studentQ001( seflex,t )
dfe005 <- studentQ005( seflex,t )

sef = se/((t-1)*(t-2)*(n-1)/2)
y001 <- dfe001*sqrt(sef/(n*t))
y005 <- dfe005*sqrt(sef/(n*t))
cat("\n")
cat(" 下位検定 \n")
cat("Y001:")
cat( round(y001,digits = 3) );
cat("\n")
cat("Y005:")
cat( round(y005,digits = 3) );
cat("\n")

combi <- combn(1:t, 2)
combs <- ncol(combi)
matw1 <- numeric(combs)
matw2 <- numeric(combs)
count <- 1
for(i in 1:(t-1)) {
  for(j in (i+1):t) {
    matw1[count] <- round(alpha[i]-alpha[j],digits =
3)
    matw2[count] <- paste(samplename[i],
samplename[j], sep = "-")
    count <- count+1
  }
}

matmeanpresub <- matrix(0,(combs),3)
cat("\n")

```

```

colname <- c( "嗜好度の差","p<0.01","p<0.05" )
rownames(matmeanpresub)<- matw2
colnames(matmeanpresub)<- colname
for(i in 1:(combs)) {
  matmeanpresub[i,1] <- matw1[i]
  if( abs(matw1[i]) > y001 ) {
    matmeanpresub[i,2] <- 1
  }
  else {
    matmeanpresub[i,2] <- 0
  }
  if( abs(matw1[i]) > y005 ) {
    matmeanpresub[i,3] <- 1
  }
  else {
    matmeanpresub[i,3] <- 0
  }
}
print( matmeanpresub )
cat( "p<0.01,p<0.05 の値が 1 の場合は有意差あり \
n\n" )
}

```

この関数は以下のように実行する。

```

> source("nakaya.R")
> nakaya("nakaya.csv",4,3)
入力データ
評価者 1
  A1 A2 A3 A4
A1 0 -3 -2 -3
A2 3 0 -2 -3
A3 2 2 0 -1
A4 3 3 1 0
評価者 2
  A1 A2 A3 A4
A1 0 -2 -3 -3
A2 2 0 -1 -2
A3 3 1 0 -2
A4 3 2 2 0
評価者 3
  A1 A2 A3 A4
A1 0 -3 -2 -2
A2 3 0 -2 -3
A3 2 2 0 -2

```

A4 2 3 2 0

評価者全員の評定結果

	A1	A2	A3	A4	計
A1	0	-8	-7	-8	NA
A2	8	0	-5	-8	NA
A3	7	5	0	-5	NA
A4	8	8	5	0	NA
Xi.3	23	5	-7	-21	0
Xi.3^2	529	25	49	441	1044

平均嗜好度 α_i の推定値

$\alpha_1=1.917$
 $\alpha_2=0.417$
 $\alpha_3=-0.583$
 $\alpha_4=-1.75$

平均嗜好度の個人差の推定値

	評価者 1	評価者 2	評価者 3
α_{11}	0.083	0.083	-0.167
α_{21}	0.083	-0.167	0.083
α_{31}	-0.167	0.083	0.083
α_{41}	0.000	0.000	0.000

組み合わせ効果

	A1	A2	A3	A4
A1	0.000	-1.167	0.167	1.0
A2	1.167	0.000	-0.667	-0.5
A3	-0.167	0.667	0.000	-0.5
A4	-1.000	0.500	0.500	0.0

平方和 自由度 不偏分散 F 値 p 値 <

主効果	87.0	3	29.000	49.714	0.01
主効果×個人	0.5	6	0.083	0.143	NA
組み合わせ効果	10.0	3	3.333	5.714	0.05
誤差	3.5	6	0.583	NA	NA
全体	101.0	18	NA	NA	NA

下位検定

Y001:1.55

Y005:1.08

嗜好度の差 p<0.01 p<0.05

A1-A2	1.500	0	1
A1-A3	2.500	1	1

A1-A4 3.667 1 1

A2-A3 1.000 0 0

A2-A4 2.167 1 1

A3-A4 1.167 0 1

p<0.01,p<0.05 の値が 1 の場合は有意差あり

=====

データファイル (nakaya.csv)

0,-3,-2,-3

3,0,-2,-3

2,2,0,-1

3,3,1,0

0,-2,-3,-3

2,0,-1,-2

3,1,0,-2

3,2,2,0

0,-3,-2,-2

3,0,-2,-3

2,2,0,-2

2,3,2,0

6-5. サーストンの一対比較法

<事例>

大根を切った時の5種類の包丁の切れ味について、サーストンの一対比較法により調べた。300人の消費者を30人ずつの10組に分け、どちらの包丁の方が切れ味が良いかを評価してもらった。

結果は、以下のようになった。なお、表の値は、包丁*i*が包丁*j*よりも切れ味がよいと判断された数を示している。

表 6.9 *i*>*j* の度数

		i				
		1	2	3	4	5
j	1		12	12	10	6
	2	18		10	6	5
	3	18	20		10	6
	4	20	24	20		12
	5	24	25	24	18	
計		80	81	66	44	29

< R による分析 >

※以下は関数である。以下の内容を thurstone .R として保存する。

```
thurstone <- function (csvfile,t,N) {
  #load
  dat<-read.csv(csvfile,header=FALSE)

  #sample
  samplename <- c("A1","A2","A3","A4","A5","A6","A7","
A9","A10","A11","A12","A13","A14","A15","A16","A17","A
18","A19","A20")

  cat(" 入力データ ")
  cat("\n")
  colname <- numeric(t)
  for(i in 1:t) {
    colname[i] <- samplename[i]
  }
  rowname <- numeric(t)
  for(i in 1:t) {
    rowname[i] <- samplename[i]
  }
}
```

```
colnames(dat)<- colname
rownames(dat)<- rowname
print( dat )
cat("\n")

ratiomat <- matrix(0,t,t)
for( i in 1:t) {
  matw1 <- numeric(t)
  for(j in 1:t) {
    matw1[j] <- dat[i,j]/N
  }
  ratiomat[i,] <- matw1
}
colnames(ratiomat)<- colname
rownames(ratiomat)<- rowname
#print( ratiomat )
#cat("\n")

normmat <- matrix(0,t+2,t)
colnames(normmat)<- colname
rowname <- numeric(t+2)
for( i in 1:t) {
```

```

    rowname[i] <- samplename[i]
  }
  rowname[t+1] <- "計"
  rowname[t+2] <- "平均"
  rownames(normmat)<- rowname
  for(i in 1:t) {
    matw1 <- numeric(t)
    for(j in 1:t) {
      if( ratiomat[i,j] != 0 ) {
        matw1[j] <- round(qnorm( ratiomat[i,j] ),digits
= 3)
      }
    }
    normmat[i,] <- matw1
  }
  matw1 <- numeric(t)
  matw2 <- numeric(t)
  for(i in 1:t) {
    sum1 <- 0
    for(j in 1:t) {
      sum1 <- sum1+normmat[j,i]
    }
    matw1[i] <- round(sum1,digits = 3)
    matw2[i] <- round(sum1/t,digits = 3)
  }
  normmat[t+1,] <- matw1
  normmat[t+2,] <- matw2

  cat("Zij=Xij=Ri-Rj")
  cat("\n")
  print( normmat )
  cat("\n")

  #Ri-Rj
  combi <- combn(1:t, 2)
  combs <- ncol(combi)

  meanmat <- matrix(0,t,t)
  matw1 <- numeric(t)
  for(i in 1:t) {
    matw1[i] <- NA
  }
  meanmat[t,] <- matw1

```

```

  #print( combi )
  count <- 1
  for( i in 1:(t-1) ) {
    matw1 <- numeric(t)
    for(j in (i+1):t) {
      matw1[j] <- matw2[combi[1,count]]-
matw2[combi[2,count]]
      count <- count + 1
    }
    for(j in 1:t) {
      if( matw1[j] == 0 ) {
        matw1[j] <- NA
      }
    }
    meanmat[i,] <- matw1
  }
  meanmat <- t(meanmat)

  colnames(meanmat)<- colname
  rowname <- numeric(t)
  for( i in 1:t ) {
    rowname[i] <- samplename[i]
  }
  rownames(meanmat)<- rowname

  cat(" 期待値 (Ri-Rj)")
  cat("\n")
  print( meanmat )
  cat("\n")

  ratiomat <- matrix(0,t,t)
  for( i in 1:t ) {
    matw1 <- numeric(t)
    for(j in 1:t) {
      matw1[j] = round(pnorm( meanmat[i,j] ),digits =
3)
    }
    ratiomat[i,] <- matw1
  }

  colnames(ratiomat)<- colname
  rownames(ratiomat)<- rowname
  cat(" 比率の期待値 ")

```

```

cat("\n")
print( ratiomat )
cat("\n")

rthetamat <- matrix(0,t,t)
for(i in 1:t) {
  matw1 <- numeric(t)
  for(j in 1:t) {
    matw1[j] <- NA
  }
  rthetamat[i,] <- matw1
}
for(i in 2:t) {
  matw1 <- numeric(t)
  for(j in 1:t) {
    matw1[j] <- NA
  }
  for(j in 1:i-1) {
    matw1[j] <- round(asin(sqrt(pnorm(normmat[i,
j]))/pi*180,digits = 3)
    #print( normmat[i,j] )
    #matw1[j] <- normmat[i,j]
  }
  rthetamat[i,] <- matw1
}
colnames(rthetamat)<- colname
rownames(rthetamat)<- rowname
cat(" θ の実測値 θ ij")
cat("\n")
print( rthetamat )
cat("\n")

#
mthetamat <- matrix(0,t,t)
for(i in 1:t) {
  matw1 <- numeric(t)
  for(j in 1:t) {
    matw1[j] = round(asin(sqrt(ratiomat[i,j]))/
pi*180,digits = 3)
  }
  mthetamat[i,] <- matw1
}
colnames(mthetamat)<- colname

```

```

rownames(mthetamat)<- rowname
cat(" θ の期待値 ")
cat("\n")
print( mthetamat )
cat("\n")

#
tsubmat <- matrix(0,t,t)
for(i in 1:t) {
  matw1 <- numeric(t)
  for(j in 1:t) {
    matw1[j] = mthetamat[i,j]-rthetamat[i,j]
  }
  tsubmat[i,] <- matw1
}
colnames(tsubmat)<- colname
rownames(tsubmat)<- rowname
cat(" 差の平方和 ")
cat("\n")
print( tsubmat )
cat("\n")

sum1 <- 0
for(i in 2:t) {
  for(j in 1:(i-1)) {
    sum1 <- sum1+tsubmat[i,j]*tsubmat[i,j]
  }
}
cat(" 差の平方和の計 :")
cat( round(sum1,digits = 3) )
cat("\n")

#chi2
c2 <- N*sum1/821
df <- (t-1)*(t-2)/2
p <- 1-pchisq( c2,df )
cat("\n")
cat(" 危険率 p:")
cat( round(p,digits = 3) )
cat("\n")
cat("\n")
if( p > 0.05 ) {
  cat(" 実測値と期待値の間には統計的に有意な差は
ない、\n" )
}

```

```

}
else {
  cat(" 実測値と期待値の間には統計的に有意な差が
ある\n")
}
}

```

この関数は以下のように実行する。

```

> source("thurstone .R")
> thurstone ("thurstone.csv", 5,30)
入力データ
  A1 A2 A3 A4 A5
A1 0 12 12 10 6
A2 18 0 10 6 5
A3 18 20 0 10 6
A4 20 24 20 0 12
A5 24 25 24 18 0

Zij=Xij= Ri-Rj
  A1  A2  A3  A4  A5
A1 0.000 -0.253 -0.253 -0.431 -0.842
A2 0.253 0.000 -0.431 -0.842 -0.967
A3 0.253 0.431 0.000 -0.431 -0.842
A4 0.431 0.842 0.431 0.000 -0.253
A5 0.842 0.967 0.842 0.253 0.000
計 1.779 1.987 0.589 -1.451 -2.904
平均 0.356 0.397 0.118 -0.290 -0.581

```

```

期待値 (Ri-Rj)
  A1  A2  A3  A4 A5
A1  NA  NA  NA  NA NA
A2 -0.041  NA  NA  NA NA
A3 0.238 0.279  NA  NA NA
A4 0.646 0.687 0.408  NA NA
A5 0.937 0.978 0.699 0.291 NA

```

```

比率の期待値
  A1  A2  A3  A4 A5
A1  NA  NA  NA  NA NA
A2 0.484  NA  NA  NA NA
A3 0.594 0.610  NA  NA NA
A4 0.741 0.754 0.658  NA NA
A5 0.826 0.836 0.758 0.614 NA

```

```

θの実測値 θ ij
  A1  A2  A3  A4 A5
A1  NA  NA  NA  NA NA
A2 50.761  NA  NA  NA NA
A3 50.761 54.742  NA  NA NA
A4 54.742 63.443 54.742  NA NA
A5 63.443 65.897 63.443 50.761 NA

```

```

θの期待値
  A1  A2  A3  A4 A5
A1  NA  NA  NA  NA NA
A2 44.083  NA  NA  NA NA
A3 50.418 51.355  NA  NA NA
A4 59.408 60.265 54.211  NA NA
A5 65.346 66.111 60.532 51.59 NA

```

```

差の平方和
  A1  A2  A3  A4 A5
A1  NA  NA  NA  NA NA
A2 -6.678  NA  NA  NA NA
A3 -0.343 -3.387  NA  NA NA
A4 4.666 -3.178 -0.531  NA NA
A5 1.903 0.214 -2.911 0.829 NA

```

差の平方和の計 :101.167

危険率 p:0.718
実測値と期待値の間には統計的に有意な差はない

```

=====
データファイル：thurstone.csv
0,12,12,10,6
18,0,10,6,5
18,20,0,10,6
20,24,20,0,12
24,25,24,18,0

```

7. 格付け法

7-1. χ^2 検定

<事例>

50 人のパネルに A,B,C,D という 4 つの試料を上、中、下の 3 段階で評価してもらったところ、以下の表のような結果になった。A,B,C,D によって、差があるといえるか。

表 7.1 検査結果 度数表

	上	中	下
A	25	14	11
B	14	27	9
C	33	10	7
D	22	17	11

< R による分析 >

```
> datax <- read.csv ("crossdata.csv", header=TRUE)
> datax
  High Medium Low
1  25     14  11
2  14     27   9
3  33     10   7
4  22     17  11
> chisq.test (datax, correct=FALSE)
```

Pearson's Chi-squared test

```
data: datax
X-squared = 18.3244, df = 6, p-value = 0.005471
```

> #p<0.01 より、危険率 1% 水準で A,B,C,D に対する評価に差がある。

=====

データファイル：crossdata.csv

High,Medium,Low

25,14,11

14,27,9

33,10,7

22,17,11

7-2. フィッシャーの直接確率法

対応がない2条件間の比率の比較を行う方法。周辺度数に10以下程度の小さい値があり、各セルの度数の中に0に近い値がある時に行う。

<事例>

2種類のジュースAとBに対する好みに差があるかどうかを調べる為に、ジュースAを評価する15名とジュースBを評価する15名の2組のパネルを用意し、それぞれ好きか嫌いかの2件法で答えてもらったところ、表7.2のような回答を得た。ジュースによって好きと回答する割合に違いがあるといえるであろうか。

表 7.2 ジュースに対する好き嫌いの評価の度数

	好き	嫌い	計
ジュースA	13	2	15
ジュースB	8	7	15
計	21	9	30

< Rによる分析 >

```
> ft = matrix(c(13,2,8,7), nrow=2, byrow=T)
> fisher.test(ft)
```

Fisher's Exact Test for Count Data

```
data: ft
p-value = 0.1086
alternative hypothesis: true odds ratio is not equal to 1
95 percent confidence interval:
 0.7610889 65.5005762
sample estimates:
odds ratio
 5.353131
```

検定の結果 $p > 0.05$ となり、有意ではなかった。

ジュースによって好きと回答する割合に違いがあるとは言えなかった。

8. CATA 法（対応分析）

<事例>

CATA 法を用いて炊飯米を評価したデータ（各評価語がチェックされた度数：表 8.1）を基にして、対応分析を行う。

表 8.1 各評価用語がチェックされた度数³⁵⁾

	コシヒカリ	低たんぱく米	ミルククイーン	ササニシキ
好きな味	14	0	11	16
嫌いな味	1	17	2	0
甘い味	9	3	9	10
甘い香り	6	2	7	8
程良い粘り	11	2	13	10
飲み込みやすい	7	3	7	6
ねっとりとした	7	13	7	0
かたい	5	4	4	8
渋味	0	7	3	0
酸味	2	3	3	1
あっさり	10	3	7	8

< R による分析 >

> # まず最初にパッケージ MASS を読み込み、パッケージの中の対応分析の関数 corresp を使用して分析する.

> # データファイル名は、RiceCATA20.csv

> local({pkg <- select.list(sort(.packages(all.available = TRUE)), graphics=TRUE)

+ if(nchar(pkg)) library(pkg, character.only=TRUE)})

>

> # データファイル（RiceCATA20.csv）を ricecata に読み込む

> ricecata <- read.csv("RiceCATA20.csv", header=T, row.names=1)

> ricecata

コシヒカリ 低たんぱく米 ミルククイーン ササニシキ

好きな味 14 0 11 16

嫌いな味 1 17 2 0

甘い味 9 3 9 10

甘い香り 6 2 7 8

程良い粘り 11 2 13 10

飲み込みやすい 7 3 7 6

ねっとりとした	7	13	7	0
かたい	5	4	4	8
渋味	0	7	3	0
酸味	2	3	3	1
あっさり	10	3	7	8

>

> #corresp 関数を使って対応分析を行い、分析結果を ricecata.ca に保存する。なお、nf は軸数の引数でデータ行列の行と列の少ない方の数にする（今回は nf=4）

> ricecata.ca <- corresp(ricecata,nf=4)

> #ricecata.ca の内容を書き出す

> ricecata.ca

First canonical correlation(s): 6.222947e-01 1.473050e-01 9.293416e-02 1.369485e-16

Row scores: (評価用語 (行) の得点)

	[,1]	[,2]	[,3]	[,4]
好きな味	-0.8866043	-0.5414953	0.42116341	-0.7842545
嫌いな味	2.4936704	-1.4528482	0.48183237	-1.0961861
甘い味	-0.4712183	-0.1812056	-0.30095387	-0.3284871
甘い香り	-0.5170313	-0.4240142	-1.05321623	-1.5968024
程良い粘り	-0.5724986	0.9699993	-0.85802385	-1.4677078
飲み込みやすい	-0.3022781	0.5046705	0.01028954	0.3834463
ねっとりとした	1.1609076	1.6179209	1.28025953	-1.0048445
かたい	-0.1905487	-1.9825321	0.06064178	-0.8400663
渋味	2.0078779	0.2422529	-3.07369992	-0.3520205
酸味	0.5659192	1.3149892	-0.85579831	-0.5161377
あっさり	-0.4277083	0.1354449	1.42500338	-1.0540688

Column scores: (炊飯米 (列) の得点)

	[,1]	[,2]	[,3]	[,4]
コシヒカリ	-0.4831359	0.6026025	1.4627238	-1
低たんぱく米	1.8802011	-0.4151951	0.1084212	-1
ミルキークイーン	-0.2221633	1.0877389	-1.2051552	-1
ササニシキ	-0.8383247	-1.4794955	-0.3510417	-1

>

> 固有値 <- ricecata.ca\$cor^2

> round(固有値,3)

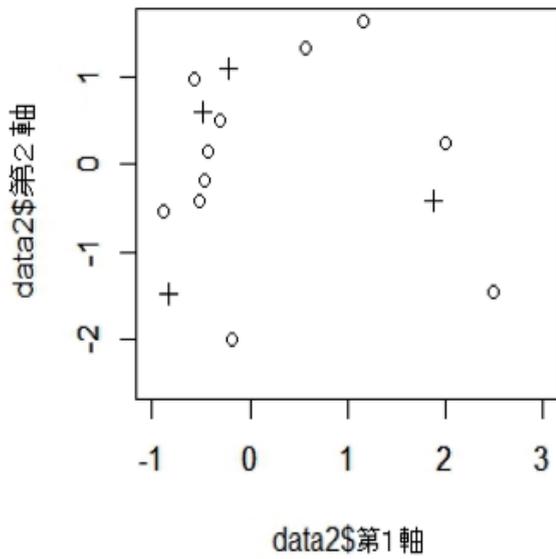
[1] 0.387 0.022 0.009 0.000

> round(100*固有値 /sum(固有値),2)

[1] 92.74 5.20 2.07 0.00 ←寄与率

>

> biplot(ricecata.ca) # 第1軸と大軸の得点の散布図を作成する



=====
 データファイル：RiceCATA20.csv

	コシヒカリ	低たんぱく米	ミルクークイーン	ササニシキ
好きな味	14	0	11	16
嫌いな味	1	17	2	0
甘い味	9	3	9	10
甘い香り	6	2	7	8
程良い粘り	11	2	13	10
飲み込みやすい	7	3	7	6
ねっとりとした	7	13	7	0
かたい	5	4	4	8
渋味	0	7	3	0
酸味	2	3	3	1
あっさり	10	3	7	8

9. 採点法

9-1. 2群の平均値の差の検定

1) 対応のあるデータの平均値の差の検定

<事例>

10人のパネリストに製品AとBの品質について、採点法により評定させた。なお、その際、5人は、Aを先に、残りの5人は、Bを先に評定して、順序効果が出ないようにした。なお、尺度は、1点から10点の10段階スケールであった。製品AとBの平均評定値に差があるといえるか。

表 9.1 対応のあるデータの平均値の差の検定のサンプルデータ

製品A	5	7	8	5	7	6	6	5	8	6
製品B	4	5	7	3	7	5	5	4	7	4

< Rによる分析 >

```
> # データファイルの読み込み
> data <- read.csv(" 対応のある差の検定データ .csv",
header=TRUE)
> data
  A B
1 5 4
2 7 5
3 8 7
4 5 3
5 7 7
6 6 5
7 6 5
8 5 4
9 8 7
10 6 4
> # 対応する変数 A と変数 B の差を計算して、dif に入れる
> dif <- data$A-data$B
> dif
[1] 1 2 1 2 0 1 1 1 1 2
> mean(data$A) # 変数 A の平均値を求める
[1] 6.3
> mean(data$B) # 変数 B の平均値を求める
[1] 5.1
> t.test(dif) # 対応のあるデータの t 検定を行う
One Sample t-test
data: dif
t = 6, df = 9, p-value = 0.0002025
alternative hypothesis: true mean is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 0.7475686 1.6524314
sample estimates:
mean of x
      1.2
>
> # 得られた t 値は 6、自由度は 9 で、危険率 p は
0.0002025(p<0.01) だったので、1% 水準で有意差があっ
た
=====
データファイル：対応のある差の検定データ .csv
A,B
5,4
7,5
8,7
5,3
7,7
6,5
6,5
5,4
8,7
6,4
```

2) 対応のないデータの平均値の差の検定 (分散が等しい場合)

対応のないデータの場合 (パネリストを2群に分けて、それぞれ異なる試料を評価する場合) は、まず、2つの標本間の等分散の検定を行なう: つまり、2群の母標準偏差が等しいことをF検定により、確認する。

<事例>

表 9.2 対応なし等分散データのサンプルデータ

各10名からなる2群のパネルの一方にはA, 他方にはBの製品を提示し、その品質の良さを1点 (不良) ~ 10点 (良) の採点法で評価させた。以下の表のようなデータが得られたとき、AとBの間に品質の差があるといえるか。

A	4	3	6	4	5	4	7	4	6	7
B	5	6	4	7	8	7	9	7	6	6

< Rによる分析 >

```
> # データファイルの読み込み
> data <- read.csv(" 対応なし等分散データ .csv",
header=TRUE)
> data
  A B
1 4 5
2 3 6
3 6 4
4 4 7
5 5 8
6 4 7
7 7 9
8 4 7
9 6 6
10 7 6
> # 分散の等質性の検定
> var.test(data$A,data$B)
      F test to compare two variances
data: data$A and data$B
F = 0.973, num df = 9, denom df = 9, p-value = 0.9681
alternative hypothesis: true ratio of variances is not
equal to 1
95 percent confidence interval:
 0.2416727 3.9171835
sample estimates:
ratio of variances
      0.972973
> #p-value=0.9681(p>0.05) より、分散が異なるという
帰無仮説は棄却されなかった。
> # 分散は等質であるとみなせる
>
```

```
> # 分散が等質の対応のない平均値の差の検定を行う
> t.test(data$A, data$B, var.equal=TRUE)

Two Sample t-test
data: data$A and data$B
t = -2.3554, df = 18, p-value = 0.03005
alternative hypothesis: true difference in means is not
equal to 0
95 percent confidence interval:
 -2.8379353 -0.1620647
sample estimates:
mean of x mean of y
      5.0      6.5
> #p-value=0.03005 (p<0.05) より、危険率5%で平均
値に差があるといえる。
>
=====
データファイル: 対応なし等分散データ .csv
A,B
4,5
3,6
6,4
4,7
5,8
4,7
7,9
4,7
6,6
7,6
```

3) 対応のないデータの平均値の差の検定 (分散が等しくない場合)

対応のないデータ (パネリストを2群に分けて、それぞれ異なる試料を評価する) 場合は、まず、2つの標本間の等分散の検定を行ない、2群の母標準偏差が等しくないことをF検定により、確認する。その後、ウェルチの検定を行う。

<事例>

表 9.3 対応なし異分散データのサンプルデータ

20人のパネリストをランダムに2群に分け、一方の組にはA, 他方にはBの製品の品質の良さを1点 (不良) ~ 10点 (良)

A	5	1	8	4	9	2	6	5	3	7
B	7	6	6	7	5	7	8	7	6	6

の採点法で評価させた。以下の表ようなデータが得られたとき、AとBの間に品質の差があるといえるか

< R による分析 >

```
> # データファイルの読み込み
> data <- read.csv(" 対応なし異分散データ .csv",
header=TRUE)
> data
  A B
1 5 7
2 1 6
3 8 6
4 4 7
5 9 5
6 2 7
7 6 8
8 5 7
9 3 6
10 7 6
>
> # 分散の等質性の検定
> var.test(data$A, data$B)
      F test to compare two variances
data: data$A and data$B
F = 9.2308, num df = 9, denom df = 9, p-value =
0.002827
alternative hypothesis: true ratio of variances is not
equal to 1
95 percent confidence interval:
 2.292793 37.163023
sample estimates:
ratio of variances
 9.230769
> #p-value=0.002827 (p<0.01) より、1%水準で分散
```

```
に差がないとする帰無仮説は棄却された
> # 分散が異なるため、Welch の検定を行う
> t.test(data$A, data$B, var.equal=FALSE)

      Welch Two Sample t-test
data: data$A and data$B
t = -1.745, df = 10.927, p-value = 0.109
alternative hypothesis: true difference in means is not
equal to 0
95 percent confidence interval:
-3.3934722 0.3934722
sample estimates:
mean of x mean of y
 5.0 6.5

> # ウェルチの検定の結果、p=0.109 (p>0.05) となり、
平均値に差がないことがわかった
=====
データファイル：対応なし異分散データ .csv
A,B
5,7
1,6
8,6
4,7
9,5
2,7
6,8
5,7
3,6
7,6
```

9-2. 分散分析

1) 一元配置の分散分析

<事例>ある製品のパッケージデザインの試作品が4つある。これらの試作品の良さを、10点満点の採点法で各試料4名ずつが評定した時、以下の表のような結果を得た。4つのパッケージデザインに対する評定値に差があるといえるか。また、差があった場合、どのパッケージ間に差があるか。

表 9.4 一元配置の分散分析のサンプルデータ

Sample1	Sample2	Sample3	Sample4
6	7	5	4
5	9	4	3
6	9	3	2
4	8	3	2

< R による分析 >

```
> y <- read.csv("ANOVA1data.csv",header=TRUE)
> y
  Sample Score
1 Sample1    6
2 Sample1    5
3 Sample1    6
4 Sample1    4
5 Sample2    7
6 Sample2    9
7 Sample2    9
8 Sample2    8
9 Sample3    5
10 Sample3   4
11 Sample3   3
12 Sample3   3
13 Sample4   4
14 Sample4   3
15 Sample4   2
16 Sample4   2
>
> # 基本統計量
> by (y$Score, y$Sample, summary)
y$Sample: Sample1
  Min. 1st Qu. Median  Mean 3rd Qu.  Max.
 4.00  4.75  5.50  5.25  6.00  6.00
-----
y$Sample: Sample2
  Min. 1st Qu. Median  Mean 3rd Qu.  Max.
 7.00  7.75  8.50  8.25  9.00  9.00
-----
y$Sample: Sample3
  Min. 1st Qu. Median  Mean 3rd Qu.  Max.
 3.00  3.00  3.50  3.75  4.25  5.00
-----
y$Sample: Sample4
  Min. 1st Qu. Median  Mean 3rd Qu.  Max.
 2.00  2.00  2.50  2.75  3.25  4.00
>
> # 等分散性の検定
> bartlett.test(y$Score~y$Sample)

    Bartlett test of homogeneity of variances

data: y$Score by y$Sample
Bartlett's K-squared = 0, df = 3, p-value = 1
>#p>0.05 より、等分散性が認められた。
>
> # 分散分析の実施
> summary (aov(y$Score~y$Sample)
+)
```

```

      Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
y$Sample  3   69 23.000  25.09 1.86e-05 ***
Residuals 12   11  0.917
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
>
> # 下位検定
> pairwise.t.test(y$Score, y$Sample, p.adj="bonf")

```

Pairwise comparisons using t tests with pooled SD

data: y\$RatingValue and y\$Sample

```

      Sample1 Sample2 Sample3
Sample2 0.00492 -      -
Sample3 0.28082 0.00014 -
Sample4 0.01846 1.9e-05 0.99244

```

P value adjustment method: bonferroni

```

>
># ボンフェローニの下位検定の結果、試料 1 と 2、2 と
3、2 と 4 の間に危険率 1% で、1 と 4 の間に危険率 5%
で有意差があった。

```

```

=====
データファイル：ANOVA1data.csv

```

```

Sample,Score
Sample1,6
Sample1 ,5
Sample1 ,6
Sample1 ,4
Sample2 ,7
Sample2 ,9
Sample2 ,9
Sample2 ,8
Sample3 ,5
Sample3 ,4
Sample3 ,3
Sample3 ,3
Sample4 ,4
Sample4 ,3
Sample4 ,2
Sample4 ,2

```

2) 二元配置分散分析 (繰り返しなし)

<事例>

以下の表は、10点満点の採点法で、各評価者が各試料を評価したものである。試料と評価者及び交互作用には、有意な効果があるか。

表 9.5 採点法によるデータ例 (繰り返しが無い場合)

	試料 A	試料 B	試料 C	試料 D
評価者 1	9	6	2	4
評価者 2	6	4	2	5
評価者 3	5	3	1	2

< R による分析 >

```
> # 繰り返しの無い 2 元配置の分散分析
>
> # 多重比較のためのライブラリを読み込み (あらかじめパッケージ multcomp をパッケージインストーラでダウンロードしておくこと)
>
> library(multcomp)
> dat1 <- read.csv("ANOVA2data.csv")
> dat1
  Sample Panel Score
1    A   P1     9
2    A   P2     6
3    A   P3     5
4    B   P1     6
5    B   P2     4
6    B   P3     3
7    C   P1     2
8    C   P2     2
9    C   P3     1
10   D   P1     4
11   D   P2     5
12   D   P3     2
>
> # aov の実施
> aovmodel <- aov(Score~Sample+Panel, data=dat1)
> # aov の結果を表示
> summary(aovmodel)
          Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Sample    3  38.25  12.750  12.750 0.00517 **
Panel     2   12.67   6.333   6.333 0.03321 *
Residuals 6    6.00   1.000
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
> # 試料の主効果が 1% 水準で、評価者の主効果が 5% 水準で有意だった。
```

```
> # 多重比較の計算
> mcp1 <- glht(aovmodel, linfct=mcp(Sample="Tukey"))
> summary(mcp1, test=adjusted(type="bonferroni"))
      Simultaneous Tests for General Linear Hypotheses
Multiple Comparisons of Means: Tukey Contrasts
Fit: aov(formula = Score ~ Sample + Panel, data = dat1)

Linear Hypotheses:
      Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
B - A == 0 -2.3333   0.8165  -2.858  0.1733
C - A == 0 -5.0000   0.8165  -6.124  0.0052 **
D - A == 0 -3.0000   0.8165  -3.674  0.0624 .
C - B == 0 -2.6667   0.8165  -3.266  0.1027
D - B == 0 -0.6667   0.8165  -0.816  1.0000
D - C == 0  2.0000   0.8165   2.449  0.2990
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Adjusted p values reported -- bonferroni method)
># 試料 A と C の間に 1% 水準で有意差があった。
=====
データファイル：ANOVA2data.csv
Sample,Panel,Score
A,P1,9
A,P2,6
A,P3,5
B,P1,6
B,P2,4
B,P3,3
C,P1,2
C,P2,2
C,P3,1
D,P1,4
D,P2,5
D,P3,2
```

3) 二元配置分散分析 (繰り返しあり)

表 9.6 採点法によるデータ例 (繰り返しがあがる場合)

<事例>

以下の表は、7段階の採点法で、各評価者が各試料を繰り返して評価した結果を示したものである。試料と評価者の効果は有意か。

	試料 A	試料 B	試料 C	試料 D
評価者 1	7	4	5	2
	6	3	6	3
評価者 2	5	3	4	2
	6	3	5	3
評価者 3	6	3	4	2
	4	2	4	1

< R による分析 >

> # 多重比較のためのライブラリを読み込み (あらかじめパッケージ multcomp をパッケージインストーラでダウンロードしておくこと)

> library(multcomp)

> # データの読み込み

> dat <- read.csv("ANOVA2REPdata.csv")

> # aov の実施

> aovmodel <- aov(Score~Sample*Panel, data=dat)

> # aov の結果を表示

> summary(aovmodel)

Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)

Sample 3 45.12 15.042 27.769 1.1e-05 ***

Panel 2 6.25 3.125 5.769 0.0176 *

Sample:Panel 6 0.75 0.125 0.231 0.9584

Residuals 12 6.50 0.542

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

> # 試料の主効果が 1% 水準で、評価者の効果が 5% 水準で有意だった。

> # 多重比較の計算

> mcp1 <- glht(aovmodel, linfct=mcp(Sample="Tukey", interaction_average=T))

> # ボンフェローニで表示

> summary(mcp1, test=adjusted(type="bonferroni"))

Simultaneous Tests for General Linear Hypotheses

Multiple Comparisons of Means: Tukey Contrasts

Fit: aov(formula = Score ~ Sample * Panel, data = dat)

Linear Hypotheses:

Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)

B - A == 0 -2.6667 0.4249 -6.276 0.000246 ***

C - A == 0 -1.0000 0.4249 -2.353 0.218922

D - A == 0 -3.5000 0.4249 -8.237 1.67e-05 ***

C - B == 0 1.6667 0.4249 3.922 0.012160 *

D - B == 0 -0.8333 0.4249 -1.961 0.440900

D - C == 0 -2.5000 0.4249 -5.883 0.000446 ***
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Adjusted p values reported -- bonferroni method)

> # 試料 A と B、A と D、C と D の間に 0.1% 水準で、B と C の間に 5% 水準で有意差があった。

=====

データファイル: ANOVA2REPdata.csv

Sample,Panel,Score

A,P1,7

A,P1,6

A,P2,5

A,P2,6

A,P3,6

A,P3,4

B,P1,4

B,P1,3

B,P2,3

B,P2,3

B,P3,3

B,P3,2

C,P1,5

C,P1,6

C,P2,4

C,P2,5

C,P3,4

C,P3,4

D,P1,2

D,P1,3

D,P2,2

D,P2,3

D,P3,2

D,P3,1

4) 二元配置分散分析 (つり合い不完備型ブロック計画 : BIBD)

つり合い不完備型ブロック計画においては、評価者は、 t 個の全試料の内、 k 個の試料を評価する。つまり、 $k < t$ である。

k 個の試料の選び方は、全試料が評価される数が等しくなるように。また、全試料を 2 つ一組にして選んだ時に、そのすべての可能な組み合わせの各ペアが、同人数の評価者によって評価されるようにする (下記のパラメータ r の数を一定にする)。

つり合い不完備型のパラメータは、下記の通りである。

t: 試料の数

k: 1 回のセッションで一人の評価者が評価する試料の数 ($k < t$)

b: 繰り返し p が 1 回の時の BIB 実験計画におけるブロック (評価者) の総数

r: 繰り返し p が 1 回の時の BIB 実験計画において各試料が評価される数

λ : 各試料対が同じ評価者によって評価される度数

p: 基本的な BIB 実験計画が繰り返される数

表 9.7 <つり合い不完備型ブロック計画 BIB の例>

以下の表は、 $t=5, k=3, b=10, r=6, \lambda=3, p=1$ の場合の採点法の例である。

ブロック (評価者)	試料 1	試料 2	試料 3	試料 4	試料 5	計 B_i
1	3	6	4			$B_1=13$
2	1	7		5		$B_2=13$
3	1	5			2	$B_3=8$
4	4		3	6		$B_4=13$
5	2		3		1	$B_5=6$
6	3			4	3	$B_6=10$
7		5	4	5		$B_7=14$
8		6	2		3	$B_8=11$
9		6		6	2	$B_9=14$
10			3	5	1	$B_{10}=9$
計 T_j	$T_1=14$	$T_2=35$	$T_3=19$	$T_4=31$	$T_5=12$	$T=111$

```

< Rによる検定 >
> # データファイル BIBdata.csv の読み込み。表の空欄には0を入れる。
> x<- read.csv("BIBdata.csv", header=TRUE)
> x
  試料1 試料2 試料3 試料4 試料5
1     3     6     4     0     0
2     1     7     0     5     0
3     1     5     0     0     2
4     4     0     3     6     0
5     2     0     3     0     1
6     3     0     0     4     3
7     0     5     4     5     0
8     0     6     2     0     3
9     0     6     0     6     2
10    0     0     3     5     1
> # x を行列形式に変換して、xx に入れる
> xx <- as.matrix(x)
> xx
  試料1 試料2 試料3 試料4 試料5
[1,]  3   6   4   0   0
[2,]  1   7   0   5   0
[3,]  1   5   0   0   2
[4,]  4   0   3   6   0
[5,]  2   0   3   0   1
[6,]  3   0   0   4   3
[7,]  0   5   4   5   0
[8,]  0   6   2   0   3
[9,]  0   6   0   6   2
[10,] 0   0   3   5   1
>
> # xx の列の数を求め、nc に入れる (nc は、上記のパラメータの t に相当する)
> nc <- ncol(xx)
> nc
[1] 5
>
> # xx の行の数を求め、nr に入れる (nr は、上記のパラメータの b に相当する)
> nr <- nrow(xx)
> nr
[1] 10
>
> # nr 行 1 列の行列を作り、各要素に 0 を入れ、B とす
る
> B <- matrix(0,nr,1)
> B
  [,1]
[1,]  0
[2,]  0
[3,]  0
[4,]  0
[5,]  0
[6,]  0
[7,]  0
[8,]  0
[9,]  0
[10,] 0
> # 1 行 nc 列の行列を作り、各要素に 0 を入れ、T とする
> T<- matrix(0,1,nc)
> T
  [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,]  0   0   0   0   0
>
> # xx の各列の列和を求め、T に入れる
> for (i in 1:nc) for (j in 1:nr) T[1,i]=T[1,i]+xx[j,i]
> T
  [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,] 14  35  19  31  12
>
> # xx の各行の行和を求め、B に入れる
> for (j in 1:nr) for (i in 1:nc) B[j,1]=B[j,1] + xx[j,i]
> B
  [,1]
[1,] 13
[2,] 13
[3,]  8
[4,] 13
[5,]  6
[6,] 10
[7,] 14
[8,] 11
[9,] 14
[10,] 9

```

```

> # 各評価者が評価した試料の数 k を xx から求める
> k=0
> for (i in 1:nc) if (xx[1,i] >= 1) k=k+1
>
> # 各試料ごとに対応する行和 B(j) の和 Q1(i) を求める
> Q1 <- matrix(0,1,nc)
> for (i in 1:nc) for(j in 1:nr) if (xx[j,i] >= 1)
Q1[1,i]=Q1[1,i]+B[j,1]
> Q1
  [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,] 63 73 66 73 58
># 求めた各列の Q1(i) と列和 T(i) から、試料の平方和
SS を求めるためのパラメータ Q2(i) を求める
> Q2 <-matrix(0,1,nc)
> for (i in 1:nc) Q2[1,i]=T[1,i]-Q1[1,i]/k
> Q2
  [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,] -7 10.66667 -3 6.666667 -7.333333
>
> # 各列の列和 T(i) の和 TT を求める
> TT=0
> for (i in 1:nc) TT = TT + T[1,i]
>
> # ブロック（評価者）の平方和 SB を求める
> SB=0
> for (j in 1:nr) SB=SB+B[j,1]^2
> N=k*nr # 全評価数 N を求める
> SB=SB/k-TT^2/N # ブロック（評価者）の平方和を
求める
> SB
[1] 22.96667
>
> # 各試料が評価される回数 r を求める
> r=0
> for (j in 1:nr) if (xx[j,1] >=1) r=r+1
> r
[1] 6
>
> # 各試料対が同じ評価者によって評価される度数
ramda を求める
> ramda=0 #ramda は上記のパラメータの  $\lambda$  に相当する
> for (j in 1:nr) if (xx[j,1]>=1) if(xx[j,2]>=1)
ramda=ramda+1
> ramda

```

```

[1] 3
>
> # 試料の平方和 SS を求める
> E=ramda*nc/(k*r)
> E
[1] 0.8333333
> SS=0
> for(i in 1:nc) SS=SS+Q2[i]^2
> SS=SS/(r*E)
> SS
[1] 54
>
> # 総平方和 ST を求める
> ST=0
> for (i in 1:nc) for (j in 1:nr) ST=ST+xx[j,i]^2
> ST=ST-TT^2/N
> ST
試料 1
  90.3
>
> # 以上より分散分析を行う
> dfs=nc-1 #dfs 試料の自由度
> dfb=nr-1 #dfb 評価者の自由度
> dfe=nc*r-nc-nr+1 #dfe 誤差の自由度
> dft=nc*r-1 #dft 全体の自由度
> dfs
[1] 4
> dfb
[1] 9
> dfe
[1] 16
> dft
[1] 29
>
> SE=ST-(SS+SB) # 誤差の平方和 SE
> SE
  試料 1
 13.33333
> MSS=SS/dfs # 試料の平均平方
> MSS
[1] 13.5
> MSE=SE/dfe # 誤差の平均平方
> MSE

```

```
  試料 1
0.8333333
>
> F=MSS/MSE # 試料の要因の F 値
> F
  試料 1
    16.2

> p=1-pf(dfs,dfc,F) # 危険率 p を求める
> p
[1] 0.004081992
>
> # 検定結果：p<0.01 より、1 %水準で試料の効果が
有意となった
```

=====

```
データファイル：BIBdata.csv
試料 1 , 試料 2 , 試料 3 , 試料 4 , 試料 5
3,6,4,0,0
1,7,0,5,0
1,5,0,0,2
4,0,3,6,0
2,0,3,0,1
3,0,0,4,3
0,5,4,5,0
0,6,2,0,3
0,6,0,6,2
0,0,3,5,1
```

9-3. 積率相関係数

<事例>

XとYの2名の評価者に試料A～Iの品質の良さについて10点（良）～1点（不良）の採点法を用いて採点したところ、表2.3.18のようになった。この結果から、2名の評価者の関係について積率相関係数を求めて分析する。

表 9.8 積率相関のためのサンプルデータ

	試料 A	試料 B	試料 C	試料 D	試料 E	試料 F	試料 G	試料 H	試料 I
評価者 X	9	8	6	5	3	8	5	8	9
評価者 Y	8	7	7	6	4	7	5	7	9

< R による分析 >

```
> # データファイルの読み込み
# 帰無仮説 H0: 相関は 0 である。
> data <- read.csv(" 積率相関データ .csv", header=TRUE)
> data
  評価者 X 評価者 Y
1     9     8
2     8     7
3     6     7
4     5     6
5     3     4
6     8     7
7     5     5
8     8     7
9     9     9
>
> # 散布図の作成
> plot ( 評価者 X~ 評価者 Y, data=data)
>
> # ピアソンの積率相関係数の計算
> cor.test(data$ 評価者 X, data$ 評価者 Y,
method="pearson")

Pearson's product-moment correlation

data: data$ 評価者 X and data$ 評価者 Y
t = 6.3154, df = 7, p-value = 0.0003982
alternative hypothesis: true correlation is not equal to 0
95 percent confidence interval:
0.6664154 0.9838222

sample estimates:
cor
0.922331

># 相関係数は 0.922331 であった。
> #p<0.001 より、0.1% 水準で帰無仮説は棄却され、相
関は 0 ではなかった。
=====
データファイル：積率相関データ .csv
評価者 X, 評価者 Y
9,8
8,7
6,7
5,6
3,4
8,7
5,5
8,7
9,9
```

9-4. 単回帰分析

1) 単回帰分析 1

<事例>

8種類の婦人靴を履いて長時間作業をした時の疲労度について、20名の評定者に7段階の採点法で評価してもらい、その平均値を求め、それぞれの靴のヒールの高さとの関連を調べたところ、以下の表のようになった。

< R のプログラム >

```
> data <- read.csv(" 単回帰データ .csv", header=TRUE)
> # データの読み込み
> data
> # データの書き出し
  ヒールの高さ 疲労度
1      80    6.3
2      70    6.0
3      60    5.8
4      50    4.5
5      40    4.2
6      30    3.0
7      20    1.9
8      10    1.6>
> M <- nrow(data)
> #data の行の数を M に入れる
> M
[1] 8
> #M の出力
> N <- ncol(data)
> #data の列の数を N に入れる
> N
[1] 2
> #N の出力
> Kaiki <- lm( 疲労度 ~ ヒールの高さ ,data)
> # 重回帰分析の実施 (ヒールの高さで疲労度を予測する)
> summary(Kaiki) # 回帰分析の演算結果の表示
Call:
lm(formula = 疲労度 ~ ヒールの高さ , data = data)
```

Residuals:

表 9.9 ヒールの高さ と 疲労度
(単回帰分析のためのサンプルデータ)

ヒールの高さ(x)	疲労度(y)
80	6.3
70	6
60	5.8
50	4.5
40	4.2
30	3
20	1.9
10	1.6

```
      Min    1Q  Median    3Q   Max
-0.45000 -0.14375 -0.02143  0.12054  0.52857

Coefficients:
      Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  0.835714  0.288745   2.894  0.0275 *
ヒールの高さ 0.073929  0.005718  12.929 1.32e-05
***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.3706 on 6 degrees of
freedom

Multiple R-squared:  0.9654,   Adjusted R-squared:
 0.9596

F-statistic: 167.2 on 1 and 6 DF, p-value: 1.317e-05
># 求めた回帰式 : Y = 0.074X + 0.836
># 分散分析の結果、危険率 1 %以下で回帰の要因が有意
  になったことから、回帰直線は、有意に当てはまると
  いう。
>
> KaikiResult <- predict(Kaiki)
> # 回帰係数から予測値を求め、求めた値を KaikiResult
  に入れる
>
> KaikiResult #KaikiResult の出力
      1      2      3      4      5      6      7      8
6.750000 6.010714 5.271429 4.532143 3.792857
3.053571 2.314286 1.575000
```

データファイル：単回帰データ1.csv	50	4.5
ヒールの高さ 疲労度	40	4.2
80 6.3	30	3
70 6	20	1.9
60 5.8	10	1.6

2) 単回帰分析 2 (マグニチュード推定法のデータ分析)

<事例>

音圧が 10 デシベルステップで 30dB から 90dB までの 7 条件の音を試料とし、試料の主観的な音の大きさをマグニチュード推定法で測定した。なお、パネルは 7 名の専門パネル。モジュラス有り条件で、基準試料には、55 デシベルの音を用いて、その主観的な大きさを 100 とした。繰り返しは 1 回で、両耳で行った。得られた結果は、以下の表のようになった。

表 9.10 データ例 (マグニチュード推定法)

音圧	30dB	40dB	50dB	60dB	70dB	80dB	90dB
評定者 1	65	80	90	100	110	120	130
評定者 2	40	65	85	95	105	115	120
評定者 3	75	85	100	105	120	125	130
評定者 4	70	85	95	105	115	125	135
評定者 5	65	85	100	110	120	130	138
評定者 6	60	75	88	100	110	115	120
評定者 7	80	90	100	110	120	125	135

次に、評定値を対数変換する

表 9.11 対数変換した評定データ

音圧	30dB	40dB	50dB	60dB	70dB	80dB	90dB
評定者 1	1.8129	1.9031	1.9542	2	2.0414	2.0792	2.1139
評定者 2	1.6021	1.8129	1.9294	1.9777	2.0212	2.0607	2.0792
評定者 3	1.8751	1.9294	2	2.0212	2.0792	2.0969	2.1139
評定者 4	1.8451	1.9294	1.9777	2.0212	2.0607	2.0969	2.1303
評定者 5	1.8129	1.9294	2	2.0414	2.0792	2.1139	2.1399
評定者 6	1.7782	1.8751	1.9445	2	2.0414	2.0607	2.0792
評定者 7	1.9031	1.9542	2	2.0414	2.0792	2.0969	2.1303

< Rによる分析 >

```
> data <- read.csv("単回帰データ2.csv", header=TRUE)
> # データの読み込み
>
> data <- read.csv("単回帰データ2.csv", header=TRUE)
> data
  音圧 評定値
1  30 1.8129
2  40 1.9031
3  50 1.9542
4  60 2.0000
5  70 2.0414
6  80 2.0792
7  90 2.1139
8  30 1.6021
9  40 1.8129
10 50 1.9294
11 60 1.9777
12 70 2.0212
13 80 2.0607
14 90 2.0792
15 30 1.8751
16 40 1.9294
17 50 2.0000
18 60 2.0212
19 70 2.0792
20 80 2.0969
21 90 2.1139
22 30 1.8451
23 40 1.9294
24 50 1.9777
25 60 2.0212
26 70 2.0607
27 80 2.0969
28 90 2.1303
29 30 1.8129
30 40 1.9294
31 50 2.0000
32 60 2.0414
33 70 2.0792
34 80 2.1139
35 90 2.1399
36 30 1.7782
37 40 1.8751
```

```
38 50 1.9445
39 60 2.0000
40 70 2.0414
41 80 2.0607
42 90 2.0792
43 30 1.9031
44 40 1.9542
45 50 2.0000
46 60 2.0414
47 70 2.0792
48 80 2.0969
49 90 2.1303
>
> M <- nrow(data)
> M
[1] 49
> N <- ncol(data)
> N
[1] 2
> Kaiki <- lm(評定値 ~ 音圧, data)
>
> summary(Kaiki)

Call:
lm(formula = 評定値 ~ 音圧, data = data)

Residuals:
    Min     1Q   Median     3Q    Max
-0.243960 -0.020000  0.005641  0.034300  0.059100

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) 1.6989408  0.0226922   74.87 <2e-16 ***
音圧         0.0049040  0.0003588   13.67 <2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.05023 on 47 degrees of
freedom
Multiple R-squared:  0.799,    Adjusted R-squared:
 0.7947
F-statistic: 186.8 on 1 and 47 DF, p-value: < 2.2e-16

> # 求めた回帰式: Y=0.0049X + 1.699
```

```

> # 分散分析の結果、危険率 1 %以下で回帰の要因が有意
> 意になったことから、回帰直線は有意に当てはまるとい
> える。
>
> KaikiResult <- predict(Kaiki) # 回帰直線から予測値を求
> め、求めた値を KaikiResult に入れる
>
> KaikiResult
  1    2    3    4    5    6    7    8    9    10   11   12   13   14   15   16   17   18   19   20   21   22   23   24   25   26   27   28   29   30   31   32   33   34   35   36   37   38   39   40   41   42   43   44   45   46   47   48   49
1.846060 1.895100 1.944140 1.993180 2.042219 2.091259 1.846060 1.895100 1.944140 1.993180 2.042219 2.091259 1.846060 1.895100 1.944140 1.993180 2.042219 2.091259 1.846060 1.895100 1.944140 1.993180 2.042219 2.091259 1.846060 1.895100 1.944140 1.993180 2.042219 2.091259 1.846060 1.895100 1.944140 1.993180 2.042219 2.091259 1.846060 1.895100 1.944140 1.993180 2.042219 2.091259 1.846060 1.895100 1.944140 1.993180 2.042219 2.091259
80,2.0607
90,2.0792
30,1.8751
40,1.9294
50,2
60,2.0212
70,2.0792
80,2.0969
90,2.1139
30,1.8451
40,1.9294
50,1.9777
60,2.0212
70,2.0607
80,2.0969
90,2.1303
30,1.8129
40,1.9294
50,2
60,2.0414
70,2.0792
80,2.1139
90,2.1399
30,1.7782
40,1.8751
1.993180 2.042219 2.091259
2.140299
2.140299

```

=====
データファイル：単回帰分析 2.csv
音圧, 評定値
30,1.8129
40,1.9031
50,1.9542
60,2
70,2.0414
80,2.0792
90,2.1139
30,1.6021
40,1.8129
50,1.9294
60,1.9777
70,2.0212

10. 多変量解析

表 10.1 試料ごとの「おいしさ」「甘味」「酸味」の
の評定値

10-1. 重回帰分析

<事例>

オレンジジュースの甘味と酸味の主観的な強度が、オレンジジュースのおいしさの評価に与える影響を調べるために、20人のパネルに10種類のオレンジジュースを7段階の採点法で評価してもらったところ、それぞれの評定値の平均が以下の表のようになったとする。オレンジジュースの甘味と酸味の平均評定値を独立変数、オレンジジュースのおいしさの平均評定値を従属変数として、重回帰分析することで、オレンジジュースの甘味と酸味の主観量で、おいしさの主観量が予測可能か否かを検討する。

おいしさ	甘味	酸味
2.5	3.6	2.3
4.8	3.8	4.6
4.1	4.4	3.8
5.5	5.3	5.5
3.5	6.3	2.1
4.3	5.2	4.3
5.7	1.4	5.8
3.8	5.1	3.2
6.2	5.8	6.1
1.8	3	1.7

< R による分析 >

```
> data <- read.csv(" 重回帰データ .csv")
> # データを読み込んで data に入れる
> data
  おいしさ 甘味 酸味
1    2.5 3.6 2.3
2    4.8 3.8 4.6
3    4.1 4.4 3.8
4    5.5 5.3 5.5
5    3.5 6.3 2.1
6    4.3 5.2 4.3
7    5.7 1.4 5.8
8    3.8 5.1 3.2
9    6.2 5.8 6.1
10   1.8 3.0 1.7
>
> Kaiki <- lm( おいしさ ~ 甘味 + 酸味, data=data)
> # data を使用して回帰分析を行い、結果を Kaiki に入れる
> summary(Kaiki) #Kaiki の内容を書きだす
Call:
lm(formula = おいしさ ~ 甘味 + 酸味, data = data)
Residuals:
    Min     1Q   Median     3Q     Max
-0.35260 -0.19618 -0.04231  0.10617  0.55648
```

Coefficients:

```
Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) 0.17674  0.44354  0.398  0.7022
甘味      0.15448  0.07420  2.082  0.0759 .
酸味      0.85409  0.06859 12.453 4.96e-06 ***
```

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.3271 on 7 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.9575, Adjusted R-squared: 0.9453

F-statistic: 78.8 on 2 and 7 DF, p-value: 1.586e-05

># 自由度修正済み決定係数が、0.9453 と非常に高い値を示し、F 検定の結果も 1 % 以下の危険率で有意となり、かなり高い精度で回帰式が求められた

># 酸味の回帰係数が 1 % 以下の危険率で有意となった

```
> KaikiResult <- predict(Kaiki)
```

```
> # 予測値を求めて KaikiResult に入れる
```

```
>
```

```
> KaikiResult
```

```
  1    2    3    4    5    6    7    8
2.697256 4.692559 4.101972 5.692954 2.943521
4.652598 5.346727 3.697651
  9   10
6.282645 2.092117
```

```

=====
データファイル：重回帰データ.csv
おいしさ,甘味,酸味
2.5,3.6,2.3
4.8,3.8,4.6
4.1,4.4,3.8
5.5,5.3,5.5

```

```

: 3.5,6.3,2.1
: 4.3,5.2,4.3
: 5.7,1.4,5.8
: 3.8,5.1,3.2
: 6.2,5.8,6.1
: 1.8,3,1.7
:

```

10-2. 判別分析

<事例>

以下の表は、20代と60代の男性に2種類のスーツに対する好みの度合いを採点法で評価してもらった結果である。これら2種類のスーツに対する好みから、年代を判別することが可能かを線形判別法で調べる。

表 9.2 スーツに対する好みの評価

age	A	B
20	3	7
20	4	5
20	2	6
20	3	5
20	1	6
20	4	6
20	3	6
20	3	5
20	2	4
20	2	6
60	4	2
60	5	3
60	3	1
60	6	4
60	7	2
60	5	2
60	4	1
60	5	3
60	6	3
60	4	4

< R のプログラム >

```
> data <- read.csv("Discrimination.csv",header=TRUE)
> data
  age A B
1  20 3 7
2  20 4 5
3  20 2 6
4  20 3 5
5  20 1 6
6  20 4 6
7  20 3 6
8  20 3 5
9  20 2 4
10 20 2 6
11 60 4 2
12 60 5 3
13 60 3 1
14 60 6 4
15 60 7 2
16 60 5 2
17 60 4 1
18 60 5 3
19 60 6 3
20 60 4 4
> data1 <- subset(data,select=c(2:3))
> data1
  A B
1  3 7
2  4 5
3  2 6
4  3 5
5  1 6
6  4 6
7  3 6
8  3 5
9  2 4
10 2 6
11 4 2
12 5 3
13 3 1
14 6 4
15 7 2
16 5 2
17 4 1
```

```
18 5 3
19 6 3
20 4 4
> group <- as.matrix (subset(data, select=c(1)))
> group
  age
1  20
2  20
3  20
4  20
5  20
6  20
7  20
8  20
9  20
10 20
11 60
12 60
13 60
14 60
15 60
16 60
17 60
18 60
19 60
20 60
> library(MASS)
> Result <- lda(data1,group)
> Result
Call:
lda(data1, group)

Prior probabilities of groups:
20 60
0.5 0.5

Group means:
  A  B
20 2.7 5.6
60 4.9 2.5

Coefficients of linear discriminants:
  LD1
A 0.6315422
```

```

B -0.9322468
>
> Result2 <- predict(Result)
> Result2
$class
 [1] 20 20 20 20 20 20 20 20 20 20 20 60 60 60 60 60
60 60 60 60 60
Levels: 20 60

$posterior
      20      60
1 9.999991e-01 8.910555e-07
2 9.626525e-01 3.734745e-02
3 9.999968e-01 3.226738e-06
4 9.974062e-01 2.593829e-03
5 9.999998e-01 2.162932e-07
6 9.992824e-01 7.176251e-04
7 9.999519e-01 4.813559e-05
8 9.974062e-01 2.593829e-03
9 9.906705e-01 9.329503e-03
10 9.999968e-01 3.226738e-06
11 1.634524e-04 9.998365e-01
12 5.916505e-04 9.994083e-01
13 4.514220e-05 9.999549e-01
14 2.139204e-03 9.978608e-01
15 4.923749e-08 1.000000e+00
16 1.095810e-05 9.999890e-01
17 3.026070e-06 9.999970e-01
18 5.916505e-04 9.994083e-01
19 3.968103e-05 9.999603e-01
20 3.230064e-01 6.769936e-01

$x
  LD1
1 -3.2553618
2 -0.7593260
3 -2.9546572
4 -1.3908682
5 -3.5861994
6 -1.6915728
7 -2.3231150
8 -1.3908682
9 -1.0901636
10 -2.9546572

11 2.0374144
12 1.7367098
13 2.3381190
14 1.4360052
15 3.9320409
16 2.6689566
17 2.9696612
18 1.7367098
19 2.3682520
20 0.1729208

> data2 <- as.matrix(data1)
> nr <- nrow(data2)
> n1=0
> for (i in 1:nr) if (group[i]==group[1]) n1=n1+1
> n1
 [1] 10
> n2=0
> for (i in 1:nr) if (group[i]==group[nr]) n2=n2+1
> n2
 [1] 10
> G1 <- head(data2, n=n1)
> G2 <- tail(data2, n=n2)
> G1
  A B
1 3 7
2 4 5
3 2 6
4 3 5
5 1 6
6 4 6
7 3 6
8 3 5
9 2 4
10 2 6
> G2
  A B
11 4 2
12 5 3
13 3 1
14 6 4
15 7 2
16 5 2
17 4 1

```

```

18 5 3
19 6 3
20 4 4
> m <- matrix(nrow=2, ncol=2)
> m[1,1]=mean(G1[,1])
> m[1,2]=mean(G1[,2])
> m[2,1]=mean(G2[,1])
> m[2,2]=mean(G2[,2])
> m
  [,1] [,2]
[1,] 2.7 5.6
[2,] 4.9 2.5
> G1a <- matrix(nrow=n1, ncol=2)
> G1a <- G1^2
> G1asum <- apply(G1a,2,sum)
> G1asum<-as.matrix(G1asum)
> sumG1 <- apply(G1,2,sum)
> sumG1 <- apply(G1,2,sum)
> sumG1 <- apply(G1,2,sum)
> sumG1 <- as.matrix(sumG1)
> G1b <- sumG1^2/n1
> SS <- G1asum-G1b
> sum12=0
> for(i in 1:n1)sum12 = sum12+G1[i,1]*G1[i,2]
> S12 <- matrix(nrow=2, ncol=1)
> S12[1]=sum12-sumG1[1]*sumG1[2]/n1
> G2sum <- apply(G2,2,sum)
> G2sum <- as.matrix(G2sum)
> G2a <- G2^2
> G2asum <- apply(G2a,2,sum)
> G2asum <- as.matrix(G2sum)
> sumG2 <- apply(G2,2,sum)
> sumG2 <- as.matrix(sumG2)
> sum12=0
> for (i in 1:n2) sum12=sum12+G2[i,1]*G2[i,2]
> S12[2]=sum12-sumG2[1]*sumG2[2]/n2
> ave1 <- (m[1,1]+m[2,1])/2
> ave2 <- (m[1,2]+m[2,2])/2
> G2b <- sumG2^2/n2
> G2asum <- apply(G2a,2,sum)
> G2asum <- as.matrix(G2asum)
> sum12=0
> SS1=as.matrix(SS)
> G2b <- sumG2^2/n2
> SS2 <- G2asum-G2b
> sigma11=(SS1[1]+SS2[1])/((n1-1)+(n2-1))
> sigma22=(SS1[2]+SS2[2])/((n1-1)+(n2-1))
> sigma12=(S12[1]+S12[2])/((n1-1)+(n2-1))
> sigma12=(S12[1]+S12[2])/((n1-1)+(n2-1))
> sigma <- matrix(nrow=2, ncol=2)
> sigma[1,1]=sigma11
> sigma[1,2]=sigma12
> sigma[2,1]=sigma12
> sigma[2,2]=sigma22
> RM <- solve(sigma)
> a <- m[1,1]-m[2,1]
> b <- m[1,2]-m[2,2]
> si <- c(a,b)
> S1 <- si %>% RM
> D2 <- S1 %>% si
> D2
  [,1]
[1,] 18.3129
> p=2
> f=n1+n2-2
> F0=((f-p+1)/(p*f))*((n1*n2)/(n1+n2))*D2
> df1=p
> df2=n1+n2-3
> F0
  [,1]
[1,] 43.2388
> f
[1] 18
> alpha = df(F0, df1, df2)
> alpha
  [,1]
[1,] 3.533657e-08
>
> apply(Result$means%>%Result$scaling,2,mean)
#Z=ax1+ax2-c とした時の c の値を求める
LD1
-1.375739
> #Z=0.6315422x1 -0.9322468x2 -(-1.375739) # 得られた判別式
> #F0=43.2388
> #df1=2, df2=17
> #p= 3.533657e-08

```

> #p<0.01 (significant) # 1 %の危険率で、妥当性がある
といえる。

=====

データファイル：Discrimination.csv

age,A,B

20,3,7

20,4,5

20,2,6

20,3,5

20,1,6

20,4,6

20,3,6

20,3,5

20,2,4

20,2,6

60,4,2

60,5,3

60,3,1

60,6,4

60,7,2

60,5,2

60,4,1

60,5,3

60,6,3

60,4,4

10-3. 主成分分析

<事例>

地下空間イメージの測定。

S D法によって地下空間に対するイメージを測定した。評価者は、地下街に勤務している一般成人50名。印象評価のための形容詞対で、左の形容詞に非常にあてはまるを1、やや当てはまるを2とし、どちらでもないを3、右の形容詞にやや当てはまるを4、非常に当てはまるを5とした。

用いた形容詞は、下記の表にあるような16の形容詞対であった。

各形容詞対に対する評価結果に基本統計量は以下の通り。

表 9.3 基本統計量 (件数 50)

	合計	平均	標準偏差
人工的な～自然な	93	1.8600	1.0200
充実している～空虚な	144	2.8800	0.9086
整然とした～散らかった	134	2.6800	1.0852
柔らかい～硬い	191	3.8200	0.8412
美しい～醜い	149	2.9800	0.7613
陰鬱な～快活な	146	2.9200	1.0167
鮮やかな～くすんだ	164	3.2800	0.8010
汚い～清潔な	150	3.0000	1.0583
気楽な～息苦しい	159	3.1800	0.9527
暗い～明るい	151	3.0200	1.0486
安全な～危険な	147	2.9400	0.9254
怖い～安心な	154	3.0800	0.7960
不快な～快適な	153	3.0600	0.8811
健康な～不健康な	166	3.3200	0.9042
閉鎖的な～開放的な	129	2.5800	0.8738
広々とした～ごみごみとした	159	3.1800	0.8171

< R による分析 >

```
> # データファイルを読み込む
> PCADATA <- read.csv("PCAdata.csv",header=TRUE)
> # 相関行列 (scale=TRUE) を用いて主成分分析を行い、
結果を result に入れる
> result <- prcomp(PCADATA, scale=TRUE)
> result
Standard deviations:# 固有値の平方根
[1] 2.8495009 1.2637802 1.0387734 0.9740458
0.8923444 0.8336967 0.7490308
[8] 0.6910443 0.6296547 0.5474541 0.4971912
0.4889071 0.4719876 0.3678065
[15] 0.3417916 0.2611420
Rotation: # 固有ベクトル
          PC1    PC2    PC3
人工的な . 自然な      0.1616579 -0.43343955
0.29884948
充実している . 空虚な    -0.2428859 -0.16507524
0.48883856
整然とした . 散らかった  -0.2502828 -0.39921758
-0.07790292
柔らかい . 硬い          -0.1967055  0.43061015
0.40426758
美しい . 醜い          -0.2592898 -0.26026236
0.27093626
陰鬱な . 快活な        0.2128371  0.21250839
0.31943555
鮮やかな . くすんだ     -0.2602932 -0.24593025
0.23197226
汚い . 清潔な          0.2674354  0.20353869
0.36797555
気楽な . 息苦しい      -0.2559698  0.11533670
-0.24041838
暗い . 明るい          0.2985699 -0.05799815
-0.07200331
安全な . 危険な        -0.2395428  0.05390688
0.01533367
恐い . 安心な          0.2694374 -0.11705381
0.01372202
不快な . 快適な        0.2716244 -0.01131492
0.02275992
健康な . 不健康な      -0.2686337  0.20884426
-0.21651113
閉鎖的な . 開放的な     0.2441516 -0.37332249
```

```
-0.13728853
広々とした . ごみごみとした -0.2674657 -0.09427108
-0.08893779
> # 主成分の寄与率と累積寄与率の表示 (3 因子)
> summary(result)
Importance of components:
          PC1    PC2    PC3
Standard deviation  2.8495 1.26378 1.03877
Proportion of Variance 0.5075 0.09982 0.06744
Cumulative Proportion 0.5075 0.60730 0.67474
> # 主成分得点の表示 (3 因子)
> result$x (主成分得点)
          PC1    PC2    PC3
[1,] -0.2092901  1.49890642  0.416478651
[2,]  3.8519085  0.17173315  0.989044824
[3,]  2.0170814  0.21128570 -0.681390030
[4,] -4.3996865  1.07326982  0.514699629
[5,] -8.0592701 -0.62994237  0.474958888
[6,]  3.5749714  0.69859900 -0.791707786
[7,]  1.2175912 -0.25268927  0.064948552
[8,] -3.4498603  0.20525831 -0.733425026
[9,] -1.5174728  0.31952067 -0.130991218
[10,] 0.1645250  1.26651041 -0.661890955
[11,] 0.3899851 -1.70467921  0.831546311
[12,] -0.1020954 -1.78847700  1.490320891
[13,] 4.4295035  0.96862097  0.577253347
[14,] 3.7033712  2.25669794  0.026100576
[15,] -2.0201194 -0.67519894  0.125260876
[16,] 6.6660815  0.14796325  0.580788977
[17,] -2.0465323  1.54078296  1.269405867
[18,] 0.8787624 -0.99333549 -0.524899002
[19,] -1.0298361 -2.31211831  1.000045939
[20,] -0.5490560  3.10325544 -0.213282849
[21,] 2.7262544  0.33388090 -1.677970098
[22,] 1.1823281 -1.24898810 -0.362274808
[23,] 2.1253804 -3.20688088 -0.3629964060
[24,] 5.4300433  0.11509069 -0.262074306
[25,] -1.8458711 -0.39835029 -2.139983697
[26,] 1.7325830  0.21716301 -1.719916642
[27,] -4.0332857 -1.38000853 -1.414722915
[28,] -1.7580742  0.38657679 -0.459898715
[29,] 2.2779992 -0.81532975 -3.198020813
[30,] -2.7575155 -0.62413511 -0.330824077
[31,] 1.6674429 -0.90962670  2.526955946
```

[32.] -2.2171429 1.03994661 0.019207571
 [33.] -0.0127363 1.17705689 0.731383855
 [34.] -2.7931111 0.34389971 -0.878949082
 [35.] -1.9002438 -1.39169621 1.470139162
 [36.] -4.1109533 0.02586724 0.427040475
 [37.] 1.7697590 1.30294179 0.401578112
 [38.] 1.5080901 0.68068048 1.007944233
 [39.] -3.5423029 -0.14247074 -0.401022359
 [40.] 0.7992841 -1.68472987 0.807800773
 [41.] -2.1640369 2.32949430 -0.339103321
 [42.] 0.1204423 -0.49968020 -0.982537957
 [43.] -1.9697136 2.45325237 0.299723464
 [44.] -2.3293175 -0.67833096 -0.336437390
 [45.] -0.3263603 0.68389326 2.416824724
 [46.] -1.4267143 -0.39444156 -0.243444737
 [47.] 4.1011860 -0.82361650 -0.094978205
 [48.] 0.6141376 -1.17318536 0.007691792
 [49.] 0.8424583 -0.80899890 0.078758771
 [50.] 2.7794282 -0.01523784 0.386840188

> # 主成分負荷量 (3 因子)

> cor(result\$x, PCADATA)

人工的な . 自然な 充実している . 空虚な 整然とし
 た . 散らかった 柔らかい . 硬い

PC1 0.46064441 -0.69210364
 -0.71318111 -0.560512407
 PC2 -0.54777233 -0.20861882
 -0.50452328 0.544196593
 PC3 0.31043688 0.50779248
 -0.08092347 0.419942394

美しい . 醜い 陰鬱な . 快活な 鮮やかな . ぐすんだ 汚
 い . 清潔な

PC1 -0.738846531 0.606479435 -0.74170585
 0.762057329
 PC2 -0.328914421 0.268563908 -0.31080179
 0.257228167
 PC3 0.281441366 0.331821143 0.24096660
 0.382243194

気楽な . 息苦しい 暗い . 明るい 安全な . 危険な 恐
 い . 安心な 不快な . 快適な

PC1 -0.7293862373 0.850775072 -0.68257731
 0.767762009 0.77399397
 PC2 0.1457602352 -0.073296918 0.06812645
 -0.147930291 -0.01429957
 PC3 -0.2497402073 -0.074795120 0.01592821

0.014254073 0.02364240

健康な . 不健康な 閉鎖的な . 開放的な 広々とした . ご
 みごみとした

PC1 -0.76547197 0.69571029
 -0.762143872
 PC2 0.26393324 -0.47179758
 -0.119137929
 PC3 -0.22490599 -0.14261167
 -0.092386205

=====

データファイル : PCAdat.csv

人工的な~自然な, 充実している~空虚な, 整然とした
 ~散らかった, 柔らかい~硬い, 美しい~醜い, 陰鬱な~
 快活な, 鮮やかな~ぐすんだ, 汚い~清潔な, 気楽な~息
 苦しい, 暗い~明るい, 安全な~危険な, 怖い~安心な,
 不快な~快適な, 健康な~不健康な, 閉鎖的な~開放的な,
 広々とした~ごみごみとした

1,3,2,4,3,3,3,4,4,2,4,3,3,2,2
 4,2,1,4,2,4,3,4,3,4,2,4,4,2,3,2
 2,2,1,3,3,3,3,4,3,4,3,3,3,4,4,2
 1,5,3,5,3,2,4,2,4,2,4,2,3,5,1,5
 1,5,5,5,1,5,1,5,1,5,1,1,5,1,5
 2,1,1,3,3,5,2,4,3,5,3,3,4,3,4,3
 2,3,2,3,3,3,3,4,3,4,3,3,3,3,3,3
 1,3,4,5,3,2,4,1,4,1,3,3,2,4,2,4
 2,3,2,4,3,2,4,3,4,2,3,3,3,4,2,4
 2,2,2,4,3,3,2,3,3,3,3,2,4,2,3
 3,3,4,3,4,5,4,4,4,4,3,3,3,4,4,3
 3,4,3,3,4,4,4,3,3,3,3,3,3,3,3,3
 2,2,2,4,2,4,2,5,2,5,2,4,4,2,3,2
 1,2,1,4,2,4,2,4,2,4,2,4,5,3,2,2
 2,3,3,4,4,2,4,2,4,2,3,3,2,3,2,3
 3,1,1,3,1,5,3,5,1,5,1,5,5,1,3,3
 1,4,3,4,3,4,4,4,4,2,4,2,3,4,1,3
 3,2,3,3,3,3,3,3,3,3,3,3,3,3,3,3
 4,4,4,4,4,2,3,2,3,2,3,3,3,3,3,3
 1,3,1,5,2,3,2,4,4,3,4,2,3,4,2,4
 1,2,3,3,2,3,2,3,3,4,2,4,4,3,3,2
 3,2,3,3,2,2,4,4,3,3,2,3,2,2,3,3
 3,3,4,2,3,2,3,3,1,5,4,3,4,2,4,3
 1,2,2,3,2,4,2,4,1,4,1,5,4,2,4,1
 1,2,4,3,3,2,4,2,5,2,3,3,4,4,2,4
 2,2,2,3,2,2,2,3,3,4,4,3,4,3,3,3
 1,3,5,4,4,1,4,1,4,2,3,3,2,4,2,5

1,3,3,5,3,2,4,2,4,3,4,3,3,4,3,3
2,2,2,2,2,2,2,2,4,4,2,4,4,4,4,3
1,3,4,4,4,2,4,2,3,2,3,3,2,4,2,4
5,4,2,5,3,2,3,4,3,4,2,4,4,2,2,3
1,3,4,5,3,4,4,2,4,2,2,3,2,5,2,3
1,3,2,5,3,3,3,3,2,3,2,3,3,3,2,4
1,3,3,4,3,2,4,2,4,2,3,2,2,4,2,4
2,4,4,4,4,4,4,2,2,2,4,2,3,3,3,4
1,4,4,5,4,2,4,2,4,2,4,2,2,4,2,4
1,2,1,4,3,4,3,4,2,3,2,3,3,3,3,3
2,3,2,4,3,4,3,4,3,4,2,4,3,3,2,3
1,4,4,4,3,2,4,2,4,2,4,2,2,4,2,4
2,4,3,3,3,2,4,4,3,3,2,4,3,2,3,3
1,2,3,5,3,3,3,3,4,3,5,2,2,4,1,3
1,2,2,3,3,4,4,1,2,3,3,3,3,3,3,4
1,3,2,5,3,3,3,3,4,2,3,2,2,4,1,3
1,4,4,4,4,2,4,2,4,4,4,4,4,5,2,4
1,4,2,5,4,4,4,4,2,2,4,4,4,4,3,3
2,3,3,4,3,2,4,2,4,2,2,3,2,3,2,3
4,2,2,3,2,4,2,4,2,4,2,4,4,3,4,3
3,3,3,3,3,3,3,3,3,3,3,3,3,3,3,3
3,3,2,3,3,3,3,3,3,3,3,3,3,3,3,3
2,3,2,4,2,3,3,4,3,4,2,3,4,2,4,2

10-4. 因子分析

<事例>地下空間イメージの測定

S D法によって地下空間に対するイメージを測定した。評価者は、地下街に勤務している一般成人50名。印象評価のための形容詞対で、左の形容詞に非常にあてはまるを1、やや当てはまるを2とし、どちらでもないを3、右の形容詞にやや当てはまるを4、非常に当てはまるを5とした。用いた形容詞は、以下の表にあるような16の形容詞対であった。

表 9.4 印象評価のための形容詞対

印象評価のための形容詞対
A:人工的な～自然な
B:充実している～空虚な
C:整然とした～散らかった
D:柔らかい～硬い
E:美しい～醜い
F:陰鬱な～快活な
G:鮮やかな～くすんだ
H:汚い～清潔な
I:気楽な～息苦しい
J:暗い～明るい
K:安全な～危険な
L:恐い～安心な
M:不快な～快適な
N:健康な～不健康な
O:閉鎖的な～開放的な
P:広々とした～ごみごみとした

```

> # 因子分析 (最尤法)
> # データファイルの読み込み
> datax <- read.csv("FACTdata.csv", header=TRUE)
> datax
  A B C D E F G H I J K L M N O P
1 1 1 3 2 4 3 3 3 4 4 2 4 3 3 3 2 2
2 4 2 1 4 2 4 2 4 3 4 3 4 2 4 4 2 3 2
3 2 2 1 3 3 3 3 4 3 4 3 3 3 4 4 2
4 1 5 3 5 3 2 4 2 4 2 4 2 3 5 1 5
5 1 5 5 5 5 1 5 1 5 1 5 1 1 5 1 5

```

```

17 1 4 3 4 3 4 4 4 4 2 4 2 3 4 1 3
18 3 2 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3
19 4 4 4 4 4 2 3 2 3 2 3 3 3 3 3 3
20 1 3 1 5 2 3 2 4 4 3 4 2 3 4 2 4
21 1 1 2 3 3 2 3 2 3 3 4 2 4 4 3 3 2
22 3 2 3 3 2 2 4 4 3 3 2 3 2 2 3 3
23 3 3 4 2 3 2 3 3 1 5 4 3 4 2 4 3
24 1 2 2 3 2 4 2 4 1 4 1 5 4 2 4 1
25 1 2 4 3 3 2 4 2 5 2 3 3 4 4 2 4
26 2 2 2 3 2 2 2 3 3 4 4 3 4 3 3 3
27 1 3 5 4 4 1 4 1 4 2 3 3 2 4 2 5
28 1 3 3 5 3 2 4 2 4 3 4 3 3 4 3 3
29 2 2 2 2 2 2 2 2 4 4 2 4 4 4 4 3
30 1 3 4 4 4 2 4 2 3 2 3 3 2 4 2 4
31 5 4 2 5 3 2 3 4 3 4 2 4 4 2 2 3
32 1 3 4 5 3 4 4 2 4 2 2 3 2 5 2 3
33 1 3 2 5 3 3 3 3 2 3 2 3 3 3 2 4
34 1 3 3 4 3 2 4 2 4 2 3 2 2 4 2 4
35 2 4 4 4 4 4 2 2 2 4 2 3 3 3 4
36 1 4 4 5 4 2 4 2 4 2 4 2 2 4 2 4
37 1 2 1 4 3 4 3 4 2 3 2 3 3 3 3 3
38 2 3 2 4 3 4 3 4 3 4 2 4 3 3 2 3
39 1 4 4 4 3 2 4 2 4 2 4 2 2 4 2 4
40 2 4 3 3 3 2 4 4 3 3 2 4 3 2 3 3
41 1 2 3 5 3 3 3 3 4 3 5 2 2 4 1 3
42 1 2 2 3 3 4 4 1 2 3 3 3 3 3 3 4
43 1 3 2 5 3 3 3 3 4 2 3 2 2 4 1 3
44 1 4 4 4 4 2 4 2 4 4 4 4 4 5 2 4
45 1 4 2 5 4 4 4 4 2 2 4 4 4 4 3 3
46 2 3 3 4 3 2 4 2 4 2 2 3 2 3 2 3
47 4 2 2 3 2 4 2 4 2 4 2 4 4 3 4 3
48 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3
49 3 3 2 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3
50 2 3 2 4 2 3 3 4 3 4 2 3 4 2 4 2
>
> # 相関行列を求める
> r <- cor(datax)
>
> # 固有値を求める
> root<- eigen(r)
> # 固有値の表示
> root
$values (固有値)
[1] 8.11965549 1.59714046 1.07905009
0.94876516 0.79627849 0.69505022
[7] 0.56104712 0.47754221 0.39646499
0.29970601 0.24719907 0.23903016
[13] 0.22277225 0.13528165 0.11682149
0.06819514

$vectors (固有ベクトル)
      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,] 0.1616579 -0.43343955 0.29884948
-0.072127976 -0.553604381
[2,] -0.2428859 -0.16507524 0.48883856
0.019424517 -0.064101690
[3,] -0.2502828 -0.39921758 -0.07790292
-0.039080049 0.165582508
[4,] -0.1967055 0.43061015 0.40426758
-0.233569206 -0.006593846
[5,] -0.2592898 -0.26026236 0.27093626
0.262314787 0.194750778
[6,] 0.2128371 0.21250839 0.31943555
0.350604263 0.406266604
[7,] -0.2602932 -0.24593025 0.23197226
-0.124324645 0.283340610
[8,] 0.2674354 0.20353869 0.36797555
0.120730638 -0.204850763
[9,] -0.2559698 0.11533670 -0.24041838
-0.050903815 -0.339113130
[10,] 0.2985699 -0.05799815 -0.07200331
0.238431974 -0.097436387
[11,] -0.2395428 0.05390688 0.01533367
0.610774192 -0.238345704
[12,] 0.2694374 -0.11705381 0.01372202
-0.323454486 0.324697958
[13,] 0.2716244 -0.01131492 0.02275992
0.148280106 0.110160763
[14,] -0.2686337 0.20884426 -0.21651113
0.267704063 0.141870421
[15,] 0.2441516 -0.37332249 -0.13728853
0.292900555 0.118307142
[16,] -0.2674657 -0.09427108 -0.08893779
0.004626536 0.061137294
      [,6] [,7] [,8] [,9] [,10]
[1,] 0.09523184 -0.04865429 -0.40759455
-0.285428612 -8.668190e-02
[2,] -0.34993215 -0.11390230 0.18484464

```

```

0.096316176 2.853128e-01
[3,] -0.04087370 -0.11895580 0.17485639
0.019153670 -6.698726e-01
[4,] -0.15864350 0.02646180 0.03037747
-0.385602736 -5.443097e-02
[5,] 0.08000316 -0.17031037 0.04527877
-0.343160393 1.221524e-02
[6,] 0.34636927 -0.06395628 -0.37120731
-0.005815488 -2.294423e-01
[7,] 0.13934713 -0.06511703 -0.17682073
0.552894698 1.158162e-01
[8,] 0.06465596 -0.15601634 0.03247922
0.370232361 -3.262495e-02
[9,] 0.05255614 -0.60739845 -0.26893412
0.215466143 -1.918863e-05
[10,] -0.24423571 -0.01210307 -0.09770855
-0.011941063 -2.992210e-01
[11,] -0.18434988 0.13308125 0.21782732
0.102101865 -1.472251e-01
[12,] -0.33600063 -0.32083198 -0.04500448
-0.127651110 -5.609812e-02
[13,] -0.62930820 -0.07522060 -0.14391507
0.183670001 1.246625e-02
[14,] -0.13259285 -0.36733721 -0.27307434
-0.263873433 1.471492e-01
[15,] 0.12566333 -0.09533483 0.11102295
-0.144493127 4.998527e-01
[16,] -0.23016147 0.51838628 -0.59756354
0.045934508 7.812568e-02
      [,11] [,12] [,13] [,14] [,15]
[1,] -0.18482948 -0.14818658 0.030960278
-0.146224959 0.16708525
[2,] -0.10920698 0.43537769 0.290722220
0.173947543 0.18322693
[3,] -0.21357213 0.32180887 -0.067014533
-0.221718337 -0.19975813
[4,] -0.14749468 0.02284727 -0.584245426
-0.019859979 -0.12153854
[5,] 0.47207137 -0.29169610 0.113256328
0.257440945 -0.34616149
[6,] -0.29908346 0.07738914 0.126667511
0.127358538 0.02853145
[7,] 0.03070995 -0.22600330 -0.385865996
-0.005396534 0.31871479

```

```

[8,] 0.37164783 0.20549241 0.006986666
-0.475563294 -0.31859319
[9,] -0.04733857 -0.01554787 -0.121387480
0.261159741 -0.27914023
[10,] 0.42232992 0.30107423 -0.368155988
0.400696319 0.33405845
[11,] -0.07970910 -0.40630303 -0.131282389
-0.247570977 0.16103933
[12,] 0.22221507 -0.26999486 0.019188589
-0.316506111 0.12761877
[13,] -0.35426489 -0.23163599 0.046850468
0.161995318 -0.30395004
[14,] 0.02946587 0.19829202 0.109891044
-0.362564470 0.33534700
[15,] -0.18046114 0.21833354 -0.456556281
-0.144636354 -0.21568098
[16,] 0.19975487 0.17467814 -0.016842994
-0.145865889 -0.27751914

```

[,16]

```

[1,] 0.10988057
[2,] -0.24536502
[3,] 0.06892625
[4,] 0.02496229
[5,] 0.15051835
[6,] -0.27653596
[7,] 0.21369450
[8,] 0.13903849
[9,] -0.30331414
[10,] 0.01562561
[11,] -0.32013175
[12,] -0.47650564
[13,] 0.36767005
[14,] 0.36194820
[15,] -0.13538970
[16,] -0.22785882

```

>

> # 上記の結果、固有値が 1.0 以上なのは、3 因子まで。
よって、3 因子に関してバリマックス回転する。

```
> f3 <- factanal(x=datax, factors=3, scores="regression")
```

>

> # 因子分析の結果を表示

```
> print(f3, cutoff=0, sort=TRUE)
```

Call:
factanal(x = datax, factors = 3, scores = "regression")

Uniquenesses:
A B C D E F G H I J K L
0.621 0.235 0.269 0.325 0.326 0.597 0.362 0.218
0.468 0.271 0.597 0.460
M N O P
0.423 0.406 0.288 0.434

Loadings: (因子負荷量 : 3 因子)

	Factor1	Factor2	Factor3
A	-0.271	0.545	0.090
B	0.186	-0.263	0.813
C	0.693	-0.022	0.500
D	-0.062	-0.752	0.325
E	0.460	-0.160	0.661
F	-0.558	0.201	-0.226
G	0.472	-0.210	0.609
H	-0.830	0.231	-0.199
I	0.478	-0.522	0.177
J	-0.494	0.566	-0.407
K	0.356	-0.376	0.367
L	-0.421	0.521	-0.302
M	-0.512	0.473	-0.301
N	0.498	-0.557	0.189
O	-0.170	0.789	-0.245
P	0.568	-0.357	0.339

	Factor1	Factor2	Factor3
SS loadings	3.666	3.386	2.649
Proportion Var	0.229	0.212	0.166
Cumulative Var	0.229	0.441	0.606

Test of the hypothesis that 3 factors are sufficient.
The chi square statistic is 117.76 on 75 degrees of freedom.
The p-value is 0.00118

>
> # 検定の結果 $p < 0.01$ となり、1%水準でデータの分散と因子分析モデルによる推測データの分散が等しいという帰無仮説が棄却されたので、3因子では全データの分散を説明できなかった。
>

```
> # 因子得点の表示 (3 因子)
> f3$scores
      Factor1  Factor2  Factor3
[1,] -0.78640213 -0.85027532 0.057311587
[2,] -1.28879118 0.31754597 -0.503385226
[3,] -0.33870658 0.48212875 -0.706835083
[4,] 0.14443835 -1.52702283 1.066164719
[5,] 1.59213697 -1.24175407 1.917627469
[6,] -0.42336290 0.64498598 -1.418479416
[7,] -0.48799223 0.46952063 0.112327913
[8,] 1.35348293 -0.89415956 -0.148333613
[9,] 0.09561197 -0.71040125 0.026612871
[10,] 0.01931174 -0.77728842 -1.026203533
[11,] 0.09848868 1.35940197 0.986160107
[12,] -0.09561369 1.00905669 1.419114173
[13,] -1.60869162 0.37385990 -0.579628265
[14,] -1.40801291 -0.49507265 -1.133605327
[15,] 0.66639825 -0.21019525 0.374719405
[16,] -1.61057329 0.99827079 -1.209969889
[17,] -0.76048600 -1.19669785 0.915646000
[18,] 0.46890177 0.65028565 -0.455333889
[19,] 0.47848320 0.82598238 1.293399858
[20,] -1.02226343 -1.83025569 -0.713448719
[21,] 0.17169929 0.58503392 -1.278143119
[22,] 0.10147139 0.63367380 -0.339623209
[23,] 0.50041293 2.42528093 0.525681920
[24,] -0.90251701 1.24748171 -0.874384417
[25,] 1.57464492 -0.07353672 -0.820984877
[26,] 0.19040429 0.29898421 -1.266126783
[27,] 2.05045770 -0.03286322 0.168555306
[28,] 0.50363399 -0.39617727 0.006764687
[29,] 1.17235578 1.09258375 -1.781947557
[30,] 1.07151211 -0.18729316 0.359798717
[31,] -1.69943234 0.15383585 1.354649917
[32,] 0.61413775 -0.92805287 -0.047209416
[33,] -0.59948170 -0.76701521 0.010525274
[34,] 0.94103629 -0.76661676 -0.216067797
[35,] 0.49166145 0.56466426 1.448726965
[36,] 0.65920052 -0.75980940 1.033076415
[37,] -0.82224525 -0.31902518 -0.574143520
[38,] -1.05023062 -0.16977970 0.177627932
[39,] 0.91161642 -0.52860129 0.586658083
[40,] -0.48882535 1.00227664 1.198449171
[41,] 0.04920526 -1.69486579 -0.734051878
```

[42.] 1.21291078 0.49465279 -0.892998600
[43.] -0.40749953 -1.90067193 -0.290543837
[44.] 0.67485905 0.17766671 0.881925951
[45.] -1.29708652 -0.27378755 1.552415609
[46.] 0.62962034 -0.31763175 -0.005933496
[47.] -0.54768400 1.15840063 -0.702546195
[48.] 0.20442649 0.72076936 0.176649505
[49.] -0.02010284 0.51603882 0.044267005
[50.] -0.97651950 0.64646863 0.025071103

>
>

=====

データファイル：FACTdata.csv

A,B,C,D,E,F,G,H,I,J,K,L,M,N,O,P

1,3,2,4,3,3,3,4,4,2,4,3,3,2,2
4,2,1,4,2,4,3,4,3,4,2,4,4,2,3,2
2,2,1,3,3,3,3,4,3,4,3,3,4,4,2
1,5,3,5,3,2,4,2,4,2,4,2,3,5,1,5
1,5,5,5,5,1,5,1,5,1,5,1,1,5,1,5
2,1,1,3,3,5,2,4,3,5,3,3,4,3,4,3
2,3,2,3,3,3,3,4,3,4,3,3,3,3,3
1,3,4,5,3,2,4,1,4,1,3,3,2,4,2,4
2,3,2,4,3,2,4,3,4,2,3,3,3,4,2,4
2,2,2,4,3,3,2,3,3,3,3,3,2,4,2,3
3,3,4,3,4,5,4,4,4,4,3,3,3,4,4,3
3,4,3,3,4,4,4,3,3,3,3,3,3,3,3,3
2,2,2,4,2,4,2,5,2,5,2,4,4,2,3,2
1,2,1,4,2,4,2,4,2,4,2,4,5,3,2,2
2,3,3,4,4,2,4,2,4,2,3,3,2,3,2,3
3,1,1,3,1,5,3,5,1,5,1,5,5,1,3,3
1,4,3,4,3,4,4,4,4,2,4,2,3,4,1,3
3,2,3,3,3,3,3,3,3,3,3,3,3,3,3,3
4,4,4,4,4,2,3,2,3,2,3,3,3,3,3,3
1,3,1,5,2,3,2,4,4,3,4,2,3,4,2,4
1,2,3,3,2,3,2,3,3,4,2,4,4,3,3,2
3,2,3,3,2,2,4,4,3,3,2,3,2,2,3,3
3,3,4,2,3,2,3,3,1,5,4,3,4,2,4,3
1,2,2,3,2,4,2,4,1,4,1,5,4,2,4,1
1,2,4,3,3,2,4,2,5,2,3,3,4,4,2,4
2,2,2,3,2,2,2,3,3,4,4,3,4,3,3,3
1,3,5,4,4,1,4,1,4,2,3,3,2,4,2,5
1,3,3,5,3,2,4,2,4,3,4,3,3,4,3,3
2,2,2,2,2,2,2,4,4,2,4,4,4,4,3
1,3,4,4,4,2,4,2,3,2,3,3,2,4,2,4

5,4,2,5,3,2,3,4,3,4,2,4,4,2,2,3
1,3,4,5,3,4,4,2,4,2,2,3,2,5,2,3
1,3,2,5,3,3,3,3,2,3,2,3,3,3,2,4
1,3,3,4,3,2,4,2,4,2,3,2,2,4,2,4
2,4,4,4,4,4,4,2,2,2,4,2,3,3,3,4
1,4,4,5,4,2,4,2,4,2,4,2,2,4,2,4
1,2,1,4,3,4,3,4,2,3,2,3,3,3,3,3
2,3,2,4,3,4,3,4,3,4,2,4,3,3,2,3
1,4,4,4,3,2,4,2,4,2,4,2,2,4,2,4
2,4,3,3,3,2,4,4,3,3,2,4,3,2,3,3
1,2,3,5,3,3,3,3,4,3,5,2,2,4,1,3
1,2,2,3,3,4,4,1,2,3,3,3,3,3,3,4
1,3,2,5,3,3,3,3,4,2,3,2,2,4,1,3
1,4,4,4,4,2,4,2,4,4,4,4,4,5,2,4
1,4,2,5,4,4,4,4,2,2,4,4,4,4,3,3
2,3,3,4,3,2,4,2,4,2,2,3,2,3,2,3
4,2,2,3,2,4,2,4,2,4,2,4,4,3,4,3
3,3,3,3,3,3,3,3,3,3,3,3,3,3,3,3
3,3,2,3,3,3,3,3,3,3,3,3,3,3,3,3
2,3,2,4,2,3,3,4,3,4,2,3,4,2,4,2

10-5. コンジョイント分析

<事例>

以下の表にある「男性用の腕時計のデザインで、消費者の購買に最も影響を及ぼす属性はどれか。

- ①各属性において水準1と2のどちらが消費者に支持されるか。
- ②消費者の購買に最も影響を及ぼす属性はどれか。

表 10.5 実施例

	価格	バンド	色	大きさ	文字盤	電波時計 機能	厚さ
水準1	5万円以上	レザー	ゴールド	ケース径 38mm未満	デジタル	あり	10mm以上
水準2	5万円未満	金属	シルバー	ケース径 38mm以上	アナログ	なし	10mm未満

表 2.5.47 の L8 直交配列表 (p.109) に従って、腕時計の属性・水準を割り付ける。水準1は1、水準2は2にする。

各カードに対する各パネリストの評定順位は、表 10.6 に示す通り。

表 10.6 各カードに対する5名のパネリストの評定順位

	パネリスト1	パネリスト2	パネリスト3	パネリスト4	パネリスト5	平均
カード1	5	4	2	1	1	2.6
カード2	2	3	3	4	6	3.6
カード3	10	2	6	8	10	7.2
カード4	1	5	4	3	5	3.6
カード5	7	9	9	9	3	7.4
カード6	3	1	1	2	2	1.8
カード7	9	8	10	10	9	9.2
カード8	6	7	5	7	8	6.6
カード9	8	6	8	6	7	7
カード10	4	10	7	5	4	6

< R による分析 >

```
> library(conjoint)
> # 腕時計の属性・水準を割り付けた直交配列表のファイル (data1.csv) を読んで tprof に保存する
> tprof <- read.csv("data1.csv",header=TRUE)
>
> # tprof の内容を書き出す
> tprof
  価格 バンド 色 大きさ 文字盤 電波時計機能 厚さ
1  1   1   1   1   1       1   1
2  1   1   1   2   2       2   2
3  1   2   2   1   1       2   2
4  1   2   2   2   2       1   1
5  2   1   2   1   2       1   2
6  2   1   2   2   1       2   1
7  2   2   1   1   2       2   1
8  2   2   1   2   1       1   2
>
> # 各属性の水準名のファイル (data2.csv) を読んで tlevn に保存する
> tlevn <- read.csv("data2.csv", header=TRUE)
>
> # tlevn の内容を書き出す
> tlevn
  水準
1 5万円以上
2 5万円未満
3 レザー
4 金属
5 ゴールド
6 シルバー
7 38mm 未満
8 38mm 以上
9 デジタル
10 アナログ
11 あり
12 なし
13 10mm 以上
14 10mm 未満
>
> # 8枚のコンジョイントカードに対する5人のパネリストの評価値のファイル (data3.csv) を読み込んで、tprefm に保存する
> tprefm <- read.csv("data3.csv", header=TRUE)
```

>

```
> #tprefm の内容を書き出す
> tprefm
  カード 1 カード 2 カード 3 カード 4 カード 5 カード 6
  カード 7 カード 8
1   5   2  10   1   7   3   9   6
2   4   3   2   5   9   1   8   7
3   2   3   6   4   9   1  10   5
4   1   4   8   3   9   2  10   7
5   1   6  10   5   3   2   9   8
>
> # tprefm, tprof, tlevn を用いてコンジョイント分析を実施する
> Conjoint(tprefm, tprof, tlevn)

Call:
lm(formula = frml)

Residuals:
  Min   1Q Median   3Q   Max
-5,2  -0,8  0,2  1,4  2,8

Coefficients:
              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)          5,2500   0,3016  17,410 <2e-16
***
factor(x$ 価格)1     -1,0000   0,3016  -3,316
0,00228 **
factor(x$ バンド)1  -1,4000   0,3016  -4,643
5,60e-05 ***
factor(x$ 色)1       0,2500   0,3016   0,829
0,41323
factor(x$ 大きさ)1   1,3500   0,3016   4,477
9,03e-05 ***
factor(x$ 文字盤)1   -0,7000   0,3016  -2,321
0,02680 *
factor(x$ 電波時計機能)1 -0,2000   0,3016  -0,663
0,51194
factor(x$ 厚さ)1     -0,9500   0,3016  -3,150
0,00353 **
---
Signif. codes:  0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1

Residual standard error: 1,907 on 32 degrees of
```

ステップ 1

《重回帰分析の結果》

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
	偏回帰係数	標準誤差	t 値	危険率
y 切片	5.2500	0.3016	-17.410	< 2e-16 ***
価格	-1.0000	0.3016	-3.316	0.00228 **
バンド	-1.4000	0.3016	-4.643	5.60e-05 ***
色	0.2500	0.3016	0.829	0.41323
大きさ	1.3500	0.3016	4.477	9.03e-05 ***
文字盤	-0.7000	0.3016	-2.321	0.02680 *
電波時計機能	-0.2000	0.3016	-0.663	0.51194
厚さ	-0.9500	0.3016	-3.150	0.00353 **

ステップ 2

各属性、各水準の効用値、範囲、分散、分散の寄与率を求める。

表 10.9 各属性、各水準の効用値、範囲、分散、分散の寄与率

属性	水準	効用値	範囲	分散	分散の寄与率
価格	5 万円以上	-1.0000	2.0000	2.0000	0.1593
	5 万円未満	1.0000			
バンド	レザー	-1.4000	2.8000	3.9200	0.3122
	金属	1.4000			
色	ゴールド	0.2500	0.5000	0.1250	0.0100
	シルバー	-0.2500			
大きさ	38mm 未満	1.3500	2.7000	3.6450	0.2903
	38mm 以上	-1.3500			
文字盤	デジタル	-0.7000	1.4000	0.9800	0.0781
	アナログ	0.7000			
電波時計機能	あり	-0.2000	0.4000	0.0800	0.0064
	なし	0.2000			
厚さ	10mm 以上	-0.9500	1.9000	1.8050	0.1438
	10mm 未満	0.9500			
定数項 (y 切片)		5.2500			
計				12.5550	

①各属性の第 1 水準の効用値には、求めた偏回帰係数の値が入る。

②各属性の第 2 水準の効用値には、第 1 水準の効用値の正負の符号が反転した値が入る。

- ③各属性の第1水準と第2水準の効用値の差の絶対値を求め、それを各属性の範囲とする。
- ④各属性の効用値の分散を求める。分散は、 $\frac{1}{n} \sum f^2$ で求めることができる。
- ⑤各属性の分散を分散の合計で除して、各属性の分散の寄与率を求める。

ステップ3

コンジョイントカードの平均順位と予測順位と比較により、解析結果の信頼性を検討する

- ①全パネリストの評定順位データ（表9.8）から、カード1～8の平均順位を求める。
- ②カード1～8の予測順位を求める。各カードの予測順位は、下記の式による。
 予測順位 = 定数項（y切片） - （各属性における該当する水準番号の効用値の合計）
 カードごとに求めた平均順位と予測順位は、表9.10のとおり。

<表 10.10 平均順位と予測順位 1 >

	平均順位	予測順位	差（絶対値）
カード1	2.6	7.9	5.3
カード2	3.6	6.9	3.3
カード3	7.2	3.3	3.9
カード4	3.6	6.9	3.3
カード5	7.4	3.1	4.3
カード6	1.8	8.7	6.9
カード7	9.2	1.3	7.9
カード8	6.6	3.9	2.7

平均順位と予測順位の差を検討する。今回の例では、平均順位と予測順位の差の絶対値が2以下のカードはなく、信頼性に問題があった。

ステップ4

ホールドアウトカードの平均順位と予測順位をステップ3と同様の方法で求め、両者を比較、解析結果の信頼性を検討する（表9.11）。

カード9の平均順位と予測順位の差の絶対値が2以下となったことから、カード9の当てはまりは良かった。

表 10.11 平均順位と予測順位

	平均順位	予測順位	差（絶対値）
カード9	7	5.1	1.9
カード10	6	2.6	3.4

=====	:	38mm 未満
データファイル:	:	38mm 以上
data1.csv	:	デジタル
価格, バンド, 色, 大きさ, 文字盤, 電波時計, 厚さ	:	アナログ
1,1,1,1,1,1,1	:	あり
1,1,1,2,2,2,2	:	なし
1,2,2,1,1,2,2	:	10mm 以上
1,2,2,2,2,1,1	:	10mm 未満
2,1,2,1,2,1,2	:	
2,1,2,2,1,2,1	:	
2,2,1,1,2,2,1	:	
2,2,1,2,1,1,2	:	
	:	
data2.csv	:	data3.csv
水準	:	カード 1, カード 2, カード 3, カード 4, カード 5,
5 万円以上	:	カード 6, カード 7, カード 8
5 万円未満	:	5,2,10,1,7,3,9,6
レザー	:	4,3,2,5,9,1,8,7
金属	:	2,3,6,4,9,1,10,5
ゴールド	:	1,4,8,3,9,2,10,7
シルバー	:	1,6,10,5,3,2,9,8
	:	

< R による分析 >

```
> #TDS
> # 試料の数を2つに限定してある
> # 試料の数が3つ以上あるときは、適宜ファイルを入れ替えて繰り返し計算を行うこと
>
># 1つ目のデータファイルを読み、DATA1に入れる
> DATA1 <- read.csv("TDSTestData1.csv",header=TRUE)
> DATA1
  S1R1 S1R2 S2R1 S2R2 S3R1 S3R2
1    1    1    1    1    0    0
2    1    1    1    1    0    0
3    1    1    1    1    0    0
4    1    0    0    1    0    1
5    0    0    0    0    1    1
6    0    0    0    0    1    1
7    0    0    1    0    1    1
8    0    0    1    0    0    0
9    0    0    0    0    0    0
10   0    0    0    0    0    0
11   0    0    0    0    1    1
12   0    0    0    0    1    0
13   0    0    0    0    0    0
14   0    1    1    0    0    0
15   1    1    1    1    0    0
16   1    0    1    1    0    0
17   0    0    0    1    0    0
18   0    0    0    0    0    0
19   0    0    0    0    0    0
20   0    0    0    0    0    0
21   0    0    0    0    0    0
22   0    0    0    0    0    1
23   0    0    0    0    1    0
24   0    0    0    0    1    0
25   0    0    0    0    0    0
26   0    1    0    0    0    0
27   1    1    0    1    0    0
28   1    0    1    1    0    0
29   0    0    0    1    0    0
30   0    0    0    1    0    0
31   0    0    0    0    0    0
32   0    0    0    0    0    1
33   0    0    0    0    0    0
34   0    0    0    0    0    0
```

```
35  0  0  0  0  0  0
36  0  0  0  0  0  0
37  0  0  0  0  0  0
38  0  0  0  0  1  1
39  1  1  0  0  1  1
40  1  1  1  0  1  1
>
> # 2つ目のデータファイルを読み、DATA2に入れる
> DATA2 <- read.csv("TDSTestData2.csv",header=TRUE)
> DATA2
  S1R1 S1R2 S2R1 S2R2 S3R1 S3R2
1    0    0    0    0    0    0
2    0    0    0    0    0    0
3    1    1    0    0    0    0
4    1    1    1    0    0    1
5    1    0    1    0    1    1
6    0    0    1    0    1    0
7    0    0    0    1    1    0
8    0    0    0    1    0    0
9    0    0    0    0    0    0
10   0    0    0    0    0    0
11   0    0    0    0    0    0
12   0    0    0    0    0    0
13   0    0    0    0    0    0
14   0    0    0    0    0    0
15   0    0    0    0    0    0
16   0    0    0    0    0    0
17   0    0    0    0    0    0
18   0    1    0    0    0    1
19   1    1    1    1    1    1
20   1    1    1    1    1    1
21   1    1    1    1    1    1
22   1    1    1    1    1    1
23   0    0    1    1    1    1
24   0    0    0    1    1    0
25   0    0    0    0    0    0
26   0    0    0    0    0    0
27   0    0    0    0    0    0
28   0    0    0    0    0    0
29   0    0    0    0    0    0
30   0    0    0    0    0    0
31   0    0    0    0    0    0
32   0    0    0    0    0    0
33   0    0    0    0    0    0
```

```

34 0 0 0 0 0 0
35 0 1 0 0 0 0
36 1 1 0 1 0 1
37 1 0 1 1 1 1
38 1 0 1 0 0 0
39 0 0 0 0 0 0
40 0 0 0 0 0 0
>
> # 試料の数 :Nsample
> Nsample=2
> # 評価者の数 :NP
> NP=3
> # 繰り返しの数 :R
> R=2
> # 各セルのデータ数 (時点の数) :N
> N=10
> # 属性の数 :ATN
> ATN=4
> # データファイルの行の数 :NR=N*ATN
> NR=N*ATN
> # データファイルの列の数 *NC=NP*R
> NC=NP*R
>
> #DATA1 の行和を求めて SUMA1 に入れる
> SUMA1 <- apply(DATA1,1,sum)
> #DATA2 の行和を求めて SUMA2 に入れる
> SUMA2 <- apply(DATA2,1,sum)
> #SUM1 を行列形式にして、SUMAmatrix1 に入れる
> SUMAmatrix1 <- matrix(SUMA1, nrow=N, ncol=ATN)
> SUMAmatrix1
  [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,] 4 2 0 0
[2,] 4 1 1 1
[3,] 4 0 1 0
[4,] 3 2 1 0
[5,] 2 4 0 0
[6,] 2 3 1 0
[7,] 3 1 3 0
[8,] 1 0 3 2
[9,] 0 0 1 4
[10,] 0 0 1 5
> #SUM2 を行列形式にして、SUMAmatrix2 に入れる
> SUMAmatrix2 <- matrix(SUMA2, nrow=N, ncol=ATN)
> SUMAmatrix2
  [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,] 0 0 6 0
[2,] 0 0 6 0
[3,] 2 0 4 0
[4,] 4 0 2 0
[5,] 4 0 0 1
[6,] 2 0 0 4
[7,] 2 0 0 5
[8,] 1 2 0 2
[9,] 0 6 0 0
[10,] 0 6 0 0
>
> # PO (チャンスレベル) を求める
> PO <- 1/ATN>
> PO
[1] 0.25
>
> #Ps (各時点で属性が選択される確率が優位になる最低の確率) を求める
> Ps <- PO+sqrt(PO*(1-PO)/NC)*1.645
> Ps
[1] 0.5407977
> # 属性ごとに、各時点での優位確率 (PP1 (試料 1) と PP2 (試料 2) ) を求める
> # この例では、5% 下限域が 0.5407977 となったので、各時点での優位確率が、この値以上であれば、5%水準で、チャンスレベルよりも高いことになる。
> PP1 <- matrix(nrow=N, ncol=ATN)
> PP1 <- SUMAmatrix1/(NC)
> PP1
  [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,] 0.6666667 0.3333333 0.0000000 0.0000000
[2,] 0.6666667 0.1666667 0.1666667 0.1666667
[3,] 0.6666667 0.0000000 0.1666667 0.0000000
[4,] 0.5000000 0.3333333 0.1666667 0.0000000
[5,] 0.3333333 0.6666667 0.0000000 0.0000000
[6,] 0.3333333 0.5000000 0.1666667 0.0000000
[7,] 0.5000000 0.1666667 0.5000000 0.0000000
[8,] 0.1666667 0.0000000 0.5000000 0.3333333
[9,] 0.0000000 0.0000000 0.1666667 0.6666667
[10,] 0.0000000 0.0000000 0.1666667 0.8333333
>> PP2 <- matrix(nrow=N, ncol=ATN)
> PP2 <- SUMAmatrix2/(NC)
> PP2
  [,1] [,2] [,3] [,4]

```

```

      [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,] 0.0000000 0.0000000 1.0000000 0.0000000
[2,] 0.0000000 0.0000000 1.0000000 0.0000000
[3,] 0.3333333 0.0000000 0.6666667 0.0000000
[4,] 0.6666667 0.0000000 0.3333333 0.0000000
[5,] 0.6666667 0.0000000 0.0000000 0.1666667
[6,] 0.3333333 0.0000000 0.0000000 0.6666667
[7,] 0.3333333 0.0000000 0.0000000 0.8333333
[8,] 0.1666667 0.3333333 0.0000000 0.3333333
[9,] 0.0000000 1.0000000 0.0000000 0.0000000
[10,] 0.0000000 1.0000000 0.0000000 0.0000000
>
> # 属性ごとに、試料間の優位確率の差の検定を行う
> Pmoyt <- matrix(nrow=N, ncol=ATN)
> for(k in 1:N){for(i in 1:ATN){Pmoyt[k,i]=(PP1[k,i]*NC+P
P2[k,i]*NC)/(2*NC)}}
> Pmoyt
      [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,] 0.3333333 0.16666667 0.50000000 0.00000000
[2,] 0.3333333 0.08333333 0.58333333 0.08333333
[3,] 0.5000000 0.00000000 0.41666667 0.00000000
[4,] 0.5833333 0.16666667 0.25000000 0.00000000
[5,] 0.5000000 0.33333333 0.00000000 0.08333333
[6,] 0.3333333 0.25000000 0.08333333 0.33333333
[7,] 0.4166667 0.08333333 0.25000000 0.41666667
[8,] 0.1666667 0.16666667 0.25000000 0.33333333
[9,] 0.0000000 0.50000000 0.08333333 0.33333333
[10,] 0.0000000 0.50000000 0.08333333 0.33333333
0.41666667
>
> #Ptdiff は、各時点（今回の時点の数は 10）における試
料間の差の 5 % 有意点を示す。
> Ptdiff <- matrix(nrow=N, ncol=ATN)
> for(k in 1:N){for(i in 1:ATN){Ptdiff[k,i] = 1.96*sqrt((2/
NC)*Pmoyt[k,i]*(1-Pmoyt[k,i]))}}
> Ptdiff
      [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,] 0.5334444 0.4217249 0.5658033 0.0000000
[2,] 0.5334444 0.3127595 0.5578895 0.3127595
[3,] 0.5658033 0.0000000 0.5578895 0.0000000
[4,] 0.5578895 0.4217249 0.4900000 0.0000000
[5,] 0.5658033 0.5334444 0.0000000 0.3127595
[6,] 0.5334444 0.4900000 0.3127595 0.5334444
[7,] 0.5578895 0.3127595 0.4900000 0.5578895

```

```

      [,1] [,2] [,3] [,4]
[8,] 0.4217249 0.4217249 0.4900000 0.5334444
[9,] 0.0000000 0.5658033 0.3127595 0.5334444
[10,] 0.0000000 0.5658033 0.3127595 0.5578895
> # 各属性において、各時点の試料 1 の優位確率と試料
2 の有意確率の差をとり (PP1-PP2)、PDIFF に入れる
> PDIFF <- matrix(nrow=N, ncol=ATN)
> for(k in 1:N){for(i in 1:ATN){PDIFF[k,i] = PP1[k,i]-
PP2[k,i]}}
> PDIFF
      [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,] 0.6666667 0.3333333 -1.0000000 0.0000000
[2,] 0.6666667 0.1666667 -0.8333333 0.1666667
[3,] 0.3333333 0.0000000 -0.5000000 0.0000000
[4,] -0.1666667 0.3333333 -0.1666667 0.0000000
[5,] -0.3333333 0.6666667 0.0000000 -0.1666667
[6,] 0.0000000 0.5000000 0.1666667 -0.6666667
[7,] 0.1666667 0.1666667 0.5000000 -0.8333333
[8,] 0.0000000 -0.3333333 0.5000000 0.0000000
[9,] 0.0000000 -1.0000000 0.1666667 0.6666667
[10,] 0.0000000 -1.0000000 0.1666667 0.8333333
> # PDIFF の値が、Ptdiff(0.5578895) よりも大きければ、
5 %水準で有意差がある
> PDIFFtest <- matrix(nrow=N, ncol=ATN)
> for(k in 1:N){for(i in 1:ATN){if (abs(PDIFF[k,i]) >=
Ptdiff[k,i]){PDIFFtest[k,i] = "*"} else PDIFFtest[k,i] = " "}}
> PDIFFtest
      [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,] "*" " " "*" "*"
[2,] "*" " " "*" " "
[3,] " " "*" " " "*"
[4,] " " " " " "*"
[5,] " " "*" "*" " "
[6,] " " "*" " " "*"
[7,] " " " " "*" "*"
[8,] " " " " "*" " "
[9,] "*" "*" " " "*"
[10,] "*" "*" " " "*"
> # 5 %水準で試料間に有意差があった属性の組み合わせに * 印が入る

```