Rによる平均値差の検定: *t*検定,分散分析

奥村泰之

国立精神・神経医療研究センター 精神保健研究所 社会精神保健研究部

於日本大学文理学部

図書館2階 メディア・ラボ 4(10:00~17:00)

Rによる平均値差の検定

- ◆独立な2群のt検定の事例: ダイエット法 (15 min)
- ◆独立な2群のt検定 (30 min)
- ◆完全無作為1要因デザインの事例: 肥満予防 (15min)
- ◆完全無作為1要因デザイン (30 min)

■目的

ARTICLE

Annals of Internal Medicine

Effects of a Mediterranean-Style Diet on the Need for Antihyperglycemic Drug Therapy in Patients With Newly Diagnosed Type 2 Diabetes

A Randomized Trial

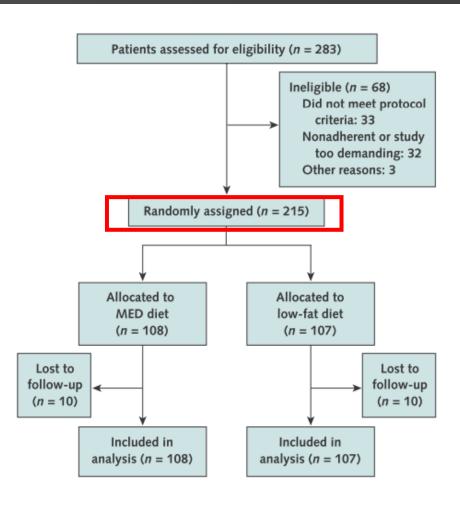
●低炭水化物ダイエットと低脂肪ダイエットのどちらが糖尿病患者の血糖コントロールに有効か?







- ■研究法
 - ●無作為化比較試験
- ■調査対象
 - ●未治療の2型糖尿病
 - ●30~75歳
 - ●BMI > 25 kg/m²
 - ●HbA1c (NGSP値) < 11%



■評価項目

- ●1年後の血糖コントロール改善の程度
 - HbA1cを使用
 - HbA1c (NGSP値) ≥ 6.5%...糖尿病疑い



■例数設計

- ●10例の予備研究の結果を参照した。低炭水化物群と低脂肪群のHbA1cの平均値差は0.3%であり、両群の分散はほぼ等しく、合併すると標準偏差は0.7%であった。検定力80%、有意水準5%の基で、0.25%*の平均値差を検出するためには、各群87名必要であると推計された。25%*の脱落率を許容するため、215名を無作為割り付けした。 *記載間違い
 - We calculated the sample size for the primary analysis on the basis of differences seen in a pilot study of 10 patients with newly diagnosed type 2 diabetes who received either the MED diet or the low-fat diet for 3 months. In this pilot study, HbA_{1c} levels differed by 0.3%, with similar SDs that averaged 0.7. Assuming an α level of 0.05 and 80% power, the required number of patients for each group to observe a HbA1c difference of 0.25% is 87. To allow for a 25% drop-out rate, we randomly assigned 215 patients.

■結果

- ●HbA1cは両群ともに改善していたが、低脂肪群と比べると、低炭水化物群の方が有意に改善していた(表参照)
 - Participants in both groups experienced decreases in fasting plasma glucose and HbA1c levels, but the reductions were statistically significantly greater in the MED diet group than in the low-fat diet group in all 4 trial years (Table 2).

| 変数 | 低炭水化物群 | 低脂肪群 | 平均值差 (95% CI) | |
|--------------------------|----------|------------|---------------------|--|
| HbA1c, 改善の平均値 (標準偏差) | -1.2 (1) | -0.6 (0.6) | -0.6 (-0.8 to -0.4) | |
| 注) 1年後の追跡者数は, 102/97名である | | | | |

Rによる平均値差の検定

- ◆独立な2群のt検定の事例: ダイエット法 (15 min)
- ◆独立な2群のt検定 (30 min)
- ◆完全無作為1要因デザインの事例: 肥満予防 (15min)
- ◆完全無作為1要因デザイン (30 min)

■独立な2群のt検定のまとめ

- ●設定
 - 独立変数: 離散変数1つ, 水準数2つ (2群)
 - ・ 従属変数: 連続変数1つ
 - 帰無仮説 (H_0) : $M_a M_b = 0$
 - 対立仮説 (*H*₁): *M*₂ − *M*_b ≠ 0
- ●方法で報告する内容
 - 有意水準 (α), 検定力 (1 β), 母集団効果量の設定根拠
- ●結果で報告する内容
 - 群ごとの平均値,標準偏差,標本サイズ,平均値差,平均値差の信頼区間,標準化された効果量(Hedgesのg)

- ■独立な2群のt検定のまとめ
 - ●標準化された効果量

• 計算式:
$$g = \frac{(M_a - M_b)}{s}$$
$$s = \sqrt{\frac{(n_a - 1)(sd_a)^2 + (n_b - 1)(sd_b)^2}{n_a + n_b - 2}}$$

- 得点可能範囲: g = -Inf~Inf
- 差が大きい: g → Inf or g → -Inf
- 差が小さい: g → 0
- Cohenの基準: 小 0.2, 中 0.5, 大 0.8

- ■独立な2群のt検定のまとめ
 - ●主要関数
 - power.t.test
 - samplesize.d (後述)
 - library(rpsychi)
 - ind.t.test
 - library(rpsychi)
 - ind.t.test.second
 - library(rpsychi)
 - t.test

- ■架空データ
 - Esposito2009.csv

| 変数名 | 説明 | コード |
|---------|-----------------------|--------------------|
| group | 治療法 | 0 = 低炭水化物, 1 = 低脂肪 |
| outcome | 1年後の血糖コント ロール改善の程度 | 連続変数 |

■演習

- 1. Esposito2009.csvをRに読み込み、"esposito"というオブジェクト名で保存すること。
- 2. 変数groupのデータ型を,前ページを参考に"因子"に変更すること。
- 3. library(rpsychi)のgroupSummaryを使い, 以下の出力を確認すること。



■演習

- 4. power.t.testを使い、以下の条件で必要な標本サイズを推計すること (2箇所のアスタリスクを埋めること)。
 - 検定力80%, 有意水準5%の基で, 0.3%の平均値差 (各群の標準偏差は0.7%)を検出するためには, 各群**名必要であると推計された。
 25%の脱落率を許容するため, ***名を無作為割り付けした。
 - ・ 脱落率を考慮した例数設計は、関数を使用しない

- ■独立な2群のt検定の例数設計(power.t.test) の関数
 - ●power.t.test(delta=平均值差, sd=標準偏差, sig.level=有意水準, power=検定力)
 - ・ 2群の標準偏差は等しいと仮定を置く

■演習

- 1. ind.t.testをオブジェクト"esposito"に対して使い、1年後の血糖コントロール改善の程度について、低炭水化物群と低脂肪群の平均値差を求め、平均値差の95%信頼区間を求めること。
- 2. ind.t.test.secondを使い、スライド7の表を基に、低炭水化物群と 低脂肪群の平均値差の95%信頼区間を求めること。
- 3. t.testをオブジェクト"esposito"に対して使い、1年後の血糖コントロール改善の程度について、低炭水化物群と低脂肪群の平均値差を求め、平均値差の95%信頼区間を求めること。

- ■独立な2群のt検定 (ind.t.test) の関数
 - •ind.t.test(formula, data=df)
 - formula = 従属変数 ~ 独立変数
 - 従属変数のデータ型は「数値」、独立変数は水準数が2の「因子」
 - df = データフレーム

```
$samp.stat
                          sd2
        sd1
                          0.6 97.0
        1.0 102.0 -0.6
$raw.difference
                                    std
mean.ditt
              lower
                        upper
   -0.600
             -0.832
                       -0.368
                                  0.118
$standardized.difference
    es lower upper
-0.723 -1.010 -0.436 0.146
$power
 small medium large
 0.289 0.939
```

- ■独立な2群のt検定 (ind.t.test) の関数の出力
 - \$samp.stat
 - ・ 群ごとの平均値, 不偏標準偏差, 標本サイズ
 - \$raw.difference
 - 平均値差, 平均値差の信頼区間, 平均値差の標準誤差
 - \$standardized.difference
 - Hedgesのg値, g値の信頼区間, 標準誤差
 - \$power
 - ・ 母集団効果量が小・中・大と想定した場合の検定力

- ■独立な2群のt検定 (ind.t.test.second) の関数 (二次データ)
 - ●ind.t.test.second(m=平均値, sd=標準偏差, n = 標本サイズ, unbiased=TRUE)
 - 平均値 = 数値ベクトル
 - 標準偏差 = 数値ベクトル
 - ・標本サイズ= 数値ベクトル
 - unbiased=TRUE (不偏標準偏差を使用)

- ■独立な2群のt検定 (t.test) の関数
 - t.test(formula, data=df, var.equal=TRUE)
 - formula = 従属変数 ~ 独立変数
 従属変数のデータ型は「数値」、独立変数は水準数が2の「因子」
 - df = データフレーム
 - var.equal=TRUE (2群の分散が等しいと仮定を置く)

- ■独立な2群のt検定 (t.test) の関数の出力
 - t = t値
 - df = 自由度
 - p-value = p 値 (p値が有意水準α%未満であれば, 帰無仮説を棄却し, 対立仮説を採択する)
 - 95 percent confidence interval = 95% 信頼区間
 - sample estimates = 群ごとの平均値