

Title	検出力解析について (3)
Author(s)	高際, 睦
Journal	東京歯科大学教養系研究紀要, 30(): 1-10
URL	http://doi.org/10.15041/tdckiyou.30.1
Right	

検出力解析について (3)

高際 睦*

1 はじめに

これまで、母集団分布が正規分布に従う、もしくは、正規分布に従うことが仮定できるときの平均に関する一標本検定の検出力、および、必要な標本数の求め方について、その理論的背景を含め解説してきた (高際 [4], 高際 [5])。理論的にきちんと説明することを主眼としていたため、それほど煩雑にならない一標本の検定を中心に議論してきたが、実用的な観点から言えば、やはり、多くの場合は二群もしくはそれ以上の母集団間での比較であり、それらの検定に関する検出力、サンプル数の求め方に関する知識も必要であることには異論がないであろう。そこで、本稿では、まず、母集団分布が正規分布に従う二つの群の平均に関する様々な検定について解説し、さらに、それらの検定の検出力、標本数の求め方を説明する。平均に関する検定では、二群の比較であっても、その検定統計量は最終的には正規分布、もしくは、 t 分布に従うので、検出力の求め方などの理論は一標本の場合とかなりの部分が同じである。そこで、すでに高際 [4], 高際 [5] で説明してある理論的な部分についてはそれらを適宜参考にしてもらうこととし、本稿では、必要最小限なこと以外は結果だけを述べることにとどめる。もし、検定やその理論的なことに関してさらに深く学びたいときには、検定一般に関しては [6] や吉村 [8], 検出力、サンプル数の求め方については永田 [3], 検出力やサンプル数を求めるために必要な確率分布に関しては Johnson[1] や蓑谷 [2] などが参考になる。

* 東京歯科大学 数学研究室

2 標本平均の差の標本分布

二つの母集団の中心に関する推測を行う場合、いくつかの方法が考えられるが、母集団分布がともに正規分布であることが仮定できるときには、それぞれの平均を使って推測を行うのが一般的である。例えば、平均 μ_1, μ_2 の二つの正規母集団に対して、この二つの母集団の中心が異なることを仮説検定を使って示したいときには、二つの母平均の差 $\mu_1 - \mu_2$ が 0 でないことを対立仮説、つまり、 $H_1: \mu_1 - \mu_2 \neq 0$ （もちろん $\mu_1 \neq \mu_2$ でも構わない）とし、片方の中心がもう一方の中心よりも大きいことを示したい場合には対立仮説を $H_1: \mu_1 - \mu_2 > 0$ （もしくは $\mu_1 - \mu_2 < 0$ ）とした検定を行う。どちらの場合でも帰無仮説は $H_0: \mu_1 - \mu_2 = 0$ である。対立仮説が正しい（つまり、帰無仮説が棄却できる）かは、二つの母集団からそれぞれランダムに抽出した標本（データ）から判断されるが、母平均の推定量として、標本平均を使うのは一標本のときと同様である。つまり、平均 μ_1 （分散 σ_1^2 ）の正規母集団の母平均 μ_1 の推定量としては、この母集団から得られた n 個の独立な標本 X_1, X_2, \dots, X_n の標本平均 $\bar{X} = (X_1 + \dots + X_n)/n$ が、平均 μ_2 （分散 σ_2^2 ）の正規母集団の母平均の推定量も、この母集団から得られた m 個の独立な標本 Y_1, Y_2, \dots, Y_m の標本平均 \bar{Y} が用いられる。したがって、二つの母平均の差 $\mu_1 - \mu_2$ の推定量は当然 $\bar{X} - \bar{Y}$ になる。帰無仮説を棄却するかどうかは有意水準と実際の標本データから求めた確率によって決まるが、この確率を求めるためには、標本平均の差 $\bar{X} - \bar{Y}$ がどのような確率分布（標本分布）になるかの知識が必要となる。この標本分布は、以下で説明する通り、母分散が既知であるかなどの条件によっていくつかに分かれる。

(i) 母分散 σ_1^2, σ_2^2 が既知の場合

正規分布の性質から、標本平均 \bar{X} は平均 μ_1 、分散 σ_1^2/n の正規分布に、標本平均 \bar{Y} も平均 μ_2 、分散 σ_2^2/m の正規分布に従う。さらに、二つの母集団から得られたすべての標本 X_j と Y_k が独立であるならば、標本平均 \bar{X} と \bar{Y} も独立であり、正規分布の再生性*1より、 $\bar{X} - \bar{Y}$ は平均 $\mu_1 - \mu_2$ 、分散 $\frac{\sigma_1^2}{n} + \frac{\sigma_2^2}{m}$ の正規分布に従う。実

*1 平均 μ_1 、分散 σ_1^2 の正規分布に従う確率変数 X と平均 μ_2 、分散 σ_2^2 の正規分布に従う、 X とは独立な確率変数 Y において、 $X \pm Y$ が平均 $\mu_1 \pm \mu_2$ 、分散 $\sigma_1^2 + \sigma_2^2$ の正規分布に従う性質のことを正規分布の再生性という。

際の仮説検定においては、これを標準化した

$$Z = \frac{\bar{X} - \bar{Y} - (\mu_1 - \mu_2)}{\sqrt{\frac{\sigma_1^2}{n} + \frac{\sigma_2^2}{m}}} \quad (1)$$

が検定統計量となる。

(ii) 母分散 σ_1^2, σ_2^2 が未知であるが、等しいことが仮定できる場合

二つの母分散が等しいことが仮定できるので、 $\sigma_1^2 = \sigma_2^2 = \sigma^2$ とすると、(1) 式は

$$Z = \frac{\bar{X} - \bar{Y} - (\mu_1 - \mu_2)}{\sqrt{\frac{\sigma_1^2}{n} + \frac{\sigma_2^2}{m}}} = \frac{\bar{X} - \bar{Y} - (\mu_1 - \mu_2)}{\sigma \sqrt{\frac{1}{n} + \frac{1}{m}}} \quad (2)$$

となるが、共通な分散である σ^2 は未知なので、(2) 式の計算はできない。そこで、標本（データ）から σ^2 の推定量を求め、それをを用いるのは一変量の分散が未知のときと同様である。一般的に、標本数が大きいほど良い推定量になるので、この場合も、二組の標本 X_1, \dots, X_n と Y_1, \dots, Y_m のどちらか一方でなく、両方の標本を合わせた推定量が望ましいものとなる。分散の推定量としては、標本分散（不偏分散）が最も良い推定量であるので、この場合の推定量としては

$$S^2 = \frac{\sum_{k=1}^n (X_k - \bar{X})^2 + \sum_{k=1}^m (Y_k - \bar{Y})^2}{n + m - 2} = \frac{(n-1)S_1^2 + (m-1)S_2^2}{n + m - 2} \quad (3)$$

になるであろう。ここで、 S_1^2 は X_1, \dots, X_n の、 S_2^2 は Y_1, \dots, Y_m の標本分散

$$S_1^2 = \frac{1}{n-1} \sum_{k=1}^n (X_k - \bar{X})^2, \quad S_2^2 = \frac{1}{m-1} \sum_{k=1}^m (Y_k - \bar{Y})^2 \quad (4)$$

である。高際 [5] でも説明した通り、統計量 $\frac{(n-1)S_1^2}{\sigma^2}$, $\frac{(m-1)S_2^2}{\sigma^2}$ はそれぞれ

自由度 $n-1, m-1$ のカイ 2 乗分布に従う確率変数であり、やはり、標本 X_j と Y_k がすべて独立であれば、2 つの統計量も独立で、カイ 2 乗分布の再生性*2より

$$V = \frac{(n-1)S_1^2}{\sigma^2} + \frac{(m-1)S_2^2}{\sigma^2} = \frac{(n+m-2)S^2}{\sigma^2}$$

*2 X, Y は独立でそれぞれ自由度 n, m のカイ二乗分布に従うとき、 $X + Y$ は自由度 $n + m$ のカイ 2 乗分布に従うという性質をカイ 2 乗分布の再生性と言う。

は自由度 $n + m - 2$ のカイ 2 乗分布に従う。したがって、(2) 式の σ にその推定量である S を代入した

$$T = \frac{\bar{X} - \bar{Y} - (\mu_1 - \mu_2)}{S \sqrt{\frac{1}{n} + \frac{1}{m}}} = \frac{Z}{\sqrt{\frac{V}{n + m - 2}}} \quad (5)$$

は t 分布の定義から、自由度 $n + m - 2$ の t 分布に従う確率変数となる。

(iii) 母分散 σ_1^2 , σ_2^2 が未知で、等しくない場合

この場合には、 $\bar{X} - \bar{Y}$ の正確な確率分布は求められないが、(1) 式の母分散 σ_1^2 , σ_2^2 の代わりに (4) で定義したそれぞれの標本分散 S_1^2 , S_2^2 を用いた

$$T = \frac{\bar{X} - \bar{Y} - (\mu_1 - \mu_2)}{\sqrt{\frac{S_1^2}{n} + \frac{S_2^2}{m}}} \quad (6)$$

が、自由度

$$\lambda = \frac{\left(\frac{S_1^2}{n} + \frac{S_2^2}{m} \right)^2}{\frac{(S_1^2/n)^2}{n-1} + \frac{(S_2^2/m)^2}{m-1}} \quad (7)$$

の t 分布で近似できることが知られている*3。この近似はウェルチ (Welch) の近似法と呼ばれるものである (Welch[7])。

3 二標本の平均の差の検定

この節では、二つの正規分布に従う母集団の平均に関する検定の説明を行う。

3.1 対応のない二標本の平均の差の検定

例えば、ある疾患に罹っている患者の血圧と健康な人の血圧に差があるかを確認したいとしよう。もし、どちらの群ともにその母集団分布が正規分布に従っていること

*3 λ が整数でない場合には、この値に最も近い整数を自由度として用いる。ただし、最近のソフトウェアの中には、自由度が整数でなくても t 分布の確率計算を行ってくれるものもある。

が仮定できるのであれば、その検定はそれぞれの母平均に関するもの、つまり、その疾患に罹っている人の血圧の母平均を μ_1 、健康な人の血圧の母平均を μ_2 としたときに対立仮説、帰無仮説をそれぞれ $H_1: \mu_1 - \mu_2 \neq 0$, $H_0: \mu_1 - \mu_2 = 0$ とした検定になる。この $\mu_1 - \mu_2$ の推定量は疾患に掛かっている群から選ばれた n 人のランダム標本の標本平均 \bar{X} と健康な人の群から得られた m 人のランダム標本の標本平均 \bar{Y} の差 $\bar{X} - \bar{Y}$ になるが、前節で説明した通り、この $\bar{X} - \bar{Y}$ の標本分布は条件によって異なったものとなる。ここでは、疾病群の母分散を σ_1^2 、健康な人の群の母分散を σ_2^2 とし、様々な状況に応じた検定手法を考えていく。

(i) 母分散 σ_1^2 , σ_2^2 が既知の場合

母分散が既知であれば、 $\bar{X} - \bar{Y}$ の標本分布は平均 $\mu_1 - \mu_2$ 、分散 $\frac{\sigma_1^2}{n} + \frac{\sigma_2^2}{m}$ の正規分布となり、検定統計量はその標準化した (1) 式になる。したがって、対立仮説が $H_1: \mu_1 - \mu_2 \neq 0$ (帰無仮説は $H_0: \mu_1 - \mu_2 = 0$) である有意水準 α の両側検定では

$$Z_0 = \frac{\bar{X} - \bar{Y} - (\mu_1 - \mu_2)}{\sqrt{\frac{\sigma_1^2}{n} + \frac{\sigma_2^2}{m}}} = \frac{\bar{X} - \bar{Y}}{\sqrt{\frac{\sigma_1^2}{n} + \frac{\sigma_2^2}{m}}}$$

が $|Z_0| > z_{\alpha/2}$ のときに帰無仮説を棄却し、対立仮説が $H_1: \mu_1 - \mu_2 > 0$ である有意水準 α の片側検定では、 $Z_0 > z_\alpha$ のときに帰無仮説を棄却する。ここで、 z_α は標準正規分布における上側 100α パーセント点である。ただし、平均に関する検定を行うということは、母平均が未知であり、そのときは、母分散も未知であることが多い。つまり、(i) のような状況はあまりあるわけではない。

(ii) 母分散 σ_1^2 , σ_2^2 が未知であるが、等しいことが仮定できる場合

この場合は、(5) 式で定義した T が自由度 $n + m - 2$ の t 分布に従うことより、対立仮説が $H_1: \mu_1 - \mu_2 \neq 0$ である有意水準 α の両側検定であれば、検定統計量

$$T_0 = \frac{\bar{X} - \bar{Y} - (\mu_1 - \mu_2)}{S \sqrt{\frac{1}{n} + \frac{1}{m}}} = \frac{\bar{X} - \bar{Y}}{S \sqrt{\frac{1}{n} + \frac{1}{m}}} \quad (8)$$

が $|T_0| > t_{\alpha/2}(n + m - 2)$ のときに帰無仮説を棄却、対立仮説が $H_1: \mu_1 - \mu_2 > 0$ である有意水準 α の片側検定の場合は $T_0 > t_\alpha(n + m - 2)$ のときに帰無仮説を棄却すればよい。ただし、 $t_\alpha(n)$ は自由度 n の t 分布の上側 100α パーセント点である。

(iii) 母分散 σ_1^2, σ_2^2 が未知で、等しくない場合

この場合も、(6) 式が自由度 λ の t 分布で近似できることより、有意水準 α の両側検定であれば、検定統計量

$$T_0 = \frac{\bar{X} - \bar{Y} - (\mu_1 - \mu_2)}{\sqrt{\frac{S_1^2}{n} + \frac{S_2^2}{m}}} = \frac{\bar{X} - \bar{Y}}{\sqrt{\frac{S_1^2}{n} + \frac{S_2^2}{m}}}$$

が $|T_0| > t_{\alpha/2}(\lambda)$ のときに帰無仮説を棄却、片側検定の場合には、 $T_0 > t_{\alpha}(\lambda)$ (もしくは、 $T_0 < -t_{\alpha}(\lambda)$) のときに帰無仮説を棄却する。ただし、 λ は (7) 式で定義された値 (もしくは、それに最も近い整数) である。この検定は Welch の検定として知られている。

3.2 対応のある二標本の検定

例えば、計算問題を解いた後では解く前よりも血圧が高くなることを示したいとする。そのためには、計算問題を解く前と解いた後の血圧を測定してそれぞれの平均を比較することになるが、このとき、計算前と後で異なった被験者の血圧を測定し、それを比較しても、その結果にはあまり意味がない。なぜならば、もし、計算前に測定した被験者の多くが日頃から血圧の高い人であったならば、示したい仮説が本当に正しかったとしても、計算前の血圧の平均の方が高い値を示してしまう可能性があるからである。そこで、このような場合には同じ被験者の計算前と計算後の血圧 (X_k, Y_k) を測定して、これらのデータを使って検定を行うのが一般的である。もし、計算前後のそれぞれの血圧の母平均を μ_1, μ_2 とすれば、この場合も、対立仮説、帰無仮説が $H_1: \mu_1 - \mu_2 < 0, H_0: \mu_1 - \mu_2 = 0$ である検定を行うことになる。ただし、この例のように二つの標本間に何らかの対応関係がある場合には、3.1 で説明したようなそれぞれの標本平均の差 $\bar{X} - \bar{Y}$ に基づいた検定を行うのではなく、まずは、対応のある標本ごとに差 $W_k = X_k - Y_k$ を取り、その差の分布が正規分布に従うことが仮定できるときには、その平均 \bar{W} に基づいた検定を行う。これは、前者の方法では、血圧を測定するうえで生じる偶然誤差に、日頃から血圧が高い (低い) などの被験者固有の要因によるバラツキが加わることで、データの分散が比較的大きくなってしまふのに対し、後者の方法では、差を取ることによって被験者固有な要因が取り除かれ、バラツキが低く抑えられるからである。

このことは数学的モデルを使って簡単に説明することができる。各標本に含まれる偶然誤差 $\epsilon_{i,k}$ を互いに独立な平均 0, 分散 σ_i^2 の確率変数とする。さらに、標本ごとに固有な要因 δ_k は平均 0, 分散 σ_δ^2 の、偶然誤差 $\epsilon_{i,k}$ とは独立な確率変数と考えられる。そうすると、 k 番目の被験者の計算問題を解く前、解いた後の血圧 X_k, Y_k はそれぞれ

$$X_k = \mu_1 + \delta_k + \epsilon_{1,k}, \quad Y_k = \mu_2 + \delta_k + \epsilon_{2,k}$$

と表すことができる。 X_k, Y_k の分散が $\text{Var}(X_k) = \sigma_1^2 + \sigma_\delta^2, \text{Var}(Y_k) = \sigma_2^2 + \sigma_\delta^2$ であるのに対し、対応のある標本間の差を取った W_k の分散が $\text{Var}(W_k) = \sigma_1^2 + \sigma_2^2$ になることは簡単な計算からわかるであろう。この結果より、標本平均の差 $\bar{X} - \bar{Y}$ の分散と W_k の標本平均 \bar{W} の分散には以下の関係が成り立つ：

$$\text{Var}(\bar{X} - \bar{Y}) = \frac{\sigma_1^2 + \sigma_2^2 + 2\sigma_\delta^2}{n} \geq \frac{\sigma_1^2 + \sigma_2^2}{n} = \text{Var}(\bar{W})$$

つまり、標本に何らかの固有な要因が少しでもある限り、 \bar{W} の分散の方が小さくなるのである。

したがって、対応がある標本の場合は、標本の差 W_k に基づいた検定を行えばよいが、差を取ることによって、実は一変量の検定に帰着することができる。つまり、 W_k が正規分布に従うことが仮定できるのであれば、 W_k の標本分散 S_W^2 を

$$S_W^2 = \frac{1}{n-1} \sum_{k=1}^n (W_k - \bar{W})^2$$

とすることによって

$$T_0 = \frac{\bar{W} - (\mu_1 - \mu_2)}{\sqrt{S_W^2/n}} = \frac{\sqrt{n} \bar{W}}{S_W}$$

が自由度 $n-1$ の t 分布に従うことは高際 [5] で説明した通りである*4このように標本間に対応がある場合の検定を対応のある t 検定と呼ぶ。

4 二標本の平均の差の検定の検出力

前節で説明した通り、二標本の平均の差の検定には何種類かあるが、どれもその検定統計量は正規分布、t 分布に従うものとなる。したがって、これらの検定の検出力、

*4 W_k の分散が既知であれば正規検定を使うことになるが、そのような場合はあまり考えられない。

必要なサンプル数は一変数の正規検定， t 検定の自然な拡張として求めることができる。その詳細は高際 [4]，高際 [5] を参考にしてもらい，ここでは，結果だけを述べることにする。サンプル数については，各群ごとに異なった場合を考えることもできるが，本稿では，二つの群の標本数が同じ場合のときだけとする。

4.1 対応のない二標本の検定

(i) 母分散 σ_1^2 ， σ_2^2 が既知の場合

この場合の検定は正規検定であるので，検出力の求め方は，高際 [4] の場合と同様である。つまり，有意水準 α で，対立仮説が $H_1: \mu_1 - \mu_2 \neq 0$ のの両側検定において， $\mu_1 - \mu_2 = d_0$ が真であるときの検出力 $1 - \beta$ は，

$$1 - \beta = 1 - \Phi\left(z_{\alpha/2} - \frac{d_0}{\tau_0}\right) + \Phi\left(-z_{\alpha/2} - \frac{d_0}{\tau_0}\right)$$

となる。ただし， $\Phi(z)$ は標準正規分布の下側確率を与える関数， τ_0 は

$$\tau_0 = \sqrt{\frac{\sigma_1^2}{n} + \frac{\sigma_2^2}{m}} \quad (9)$$

である。また，有意水準 α ，対立仮説 $H_1: \mu_1 - \mu_2 > 0$ の片側検定の検出力も

$$1 - \beta = 1 - \Phi\left(z_{\alpha} - \frac{d_0}{\tau_0}\right)$$

になる。これらの結果より，標本数が等しいときの，検出力が γ であるために必要なサンプル数は両側検定の場合（ただし， $d_0 > 0$ ）は

$$n = m = \left(\frac{(z_{\alpha/2} - z_{\gamma}) \sqrt{\sigma_1^2 + \sigma_2^2}}{d_0}\right)^2$$

であり，対立仮説が $H_1: \mu_1 - \mu_2 > 0$ である片側検定の場合は，

$$n = m = \left(\frac{(z_{\alpha} - z_{\gamma}) \sqrt{\sigma_1^2 + \sigma_2^2}}{d_0}\right)^2$$

である。

(ii) 母分散 σ_1^2 ， σ_2^2 が未知であるが，等しいことが仮定できる場合

(8) 式で定義した検定統計量 T_0 は $\mu_1 - \mu_2$ の真の値が d_0 であるとき、自由度 $n + m - 2$ 、非心度 d_0/τ_0 の非心 t 分布に従うことより、有意水準 α の両側検定における $\mu_1 - \mu_2 = d_0$ のときの検出力は

$$1 - \beta = 1 - \mathcal{F}(t_{\alpha/2}; n + m - 2, d_0/\tau_0) + \mathcal{F}(-t_{\alpha/2}; n + m - 2, d_0/\tau_0)$$

で求められる。ただし、 $\mathcal{F}(x; n, d)$ は自由度 n 、非心度 d の非心 t 分布の分布関数、 $t_{\alpha/2} = t_{\alpha/2}(n + m - 2)$ である。また、等分散であるので、 $\sigma_1^2 = \sigma_2^2 = \sigma^2$ とすると、 τ_0 は

$$\tau_0 = \sqrt{\frac{\sigma_1^2}{n} + \frac{\sigma_2^2}{m}} = \sigma \sqrt{\frac{1}{n} + \frac{1}{m}}$$

である。対立仮説が $\mu_1 - \mu_2 > 0$ で、有意水準 α の片側検定の場合も同様に、その検出力は、

$$1 - \beta = 1 - \mathcal{F}(t_\alpha; n + m - 2, d_0/\tau_0)$$

で与えられる。

これらの結果より、検出力が γ であるために必要なサンプル数は両側検定の場合（ただし、 $d_0 > 0$ ）は

$$n = m = 2 \left(\frac{(z_{\alpha/2} - z_\gamma) \sigma}{d_0} \right)^2 + \frac{z_{\alpha/2}^2}{4}$$

であり、対立仮説が $H_1: \mu_1 - \mu_2 > 0$ である片側検定の場合は、

$$n = m = 2 \left(\frac{(z_\alpha - z_\gamma) \sigma}{d_0} \right)^2 + \frac{z_\alpha^2}{4}$$

となる。

4.2 対応のある二標本の検定

対応する標本間の差 $W_k = X_k - Y_k$ の分散を $\sigma^2 = \text{Var}(W_k) = \sigma_1^2 + \sigma_2^2$ とする。ただし、 $\text{Var}(X_k) = \sigma_1^2$ 、 $\text{Var}(Y_k) = \sigma_2^2$ とする。3.2 でも説明した通り、標本間の差を取ることで、一標本の t 検定に帰着することができるので、この場合の検出力、必要な標本数は高際 [5] で説明したものとまったく同じものになる。つまり、有意水準 α の両側検定における $\mu_1 - \mu_2 = d_0$ のときの検出力は

$$1 - \beta = 1 - \mathcal{F}(t_{\alpha/2}; n - 1, \sqrt{n} d_0/\sigma) + \mathcal{F}(-t_{\alpha/2}; n - 1, \sqrt{n} d_0/\sigma)$$

であり、対立仮説が $\mu_1 - \mu_2 > 0$ の片側検定の検出力は

$$1 - \beta = 1 - \mathcal{F}(t_\alpha; n - 1, \sqrt{n} d_0 / \sigma)$$

となる。ただし、 $t_{\alpha/2} = t_{\alpha/2}(n - 1)$ である。

また、検出力が γ であるために必要なサンプル数は両側検定の場合（ただし、 $d_0 > 0$ ）は、

$$n = \left(\frac{(z_{\alpha/2} - z_\gamma) \sigma}{d_0} \right)^2 + \frac{z_{\alpha/2}^2}{2}$$

であり、対立仮説が $H_1: \mu_1 - \mu_2 > 0$ である片側検定の場合は、

$$n = \left(\frac{(z_\alpha - z_\gamma) \sigma}{d_0} \right)^2 + \frac{z_\alpha^2}{2}$$

である。

参考文献

- [1] N. L. Johnson, S. Kotz, N. Balakrishnan, *Continuous Univariate Distributions*, Wiley, 1995.
- [2] 蓑谷千風彦, 「正規分布ハンドブック」, 朝倉書店, 2005.
- [3] 永田 靖, 「サンプルサイズの決め方」, 朝倉書店, 2003.
- [4] 高際 睦, 「検出力解析について」, 東京歯科大学 教養系研究紀要, 26, 15-26, 2011.
- [5] 高際 睦, 「検出力解析について (2)」, 東京歯科大学 教養系研究紀要, 28, 13-27, 2014.
- [6] 東京大学教養学部統計学教室 (編), 「自然科学の統計学」, 東京大学出版会, 1992.
- [7] B. L. Welch, *The significance of the difference between two means when the population variances are unequal.*, *Biometrika*, 29, 350-362, 1938.
- [8] 吉村 功 (編著), 「毒性薬効データの統計解析」, サイエンティスト社, 1987.