

CONTENTS

サンプルの Experiment – Wilcoxon Tests Demo	2
クイックノート	2
手順.....	2
Wilcoxon-Mann-Whitney 2 標本順位検定.....	2
Wilcoxon 符号順位検定.....	3
StatsWilcoxonRankTest コマンドのヘルプ	4

サンプルの Experiment – Wilcoxon Tests Demo

クイックノート

メニュー **File** → **Example Experiments** → **Statistics** → **Wilcoxon Tests Demo**

この Experiment は、Wilcoxon 検定を説明するデモです。

WilcoxonRankTest コマンドは、Wilcoxon-Mann-Whitney (ウィルコクソン・マン・ホイットニー) 2 標本順位検定と、Wilcoxon 符号順位検定の両方をサポートしています。

Wilcoxon 検定は、Statistics メニューではサポートされていません。
コマンドウィンドウでコマンドを使って実行します。

手順

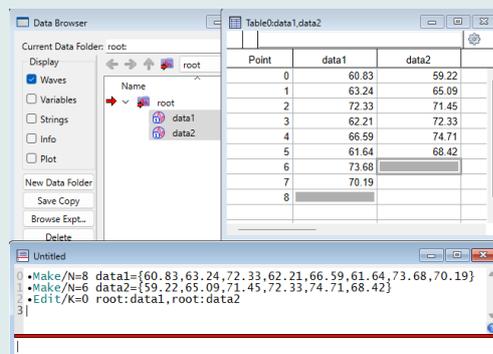
Wilcoxon-Mann-Whitney 2 標本順位検定

新しい Experiment を作成したところからの手順で確認します。

最初に 2 つのウェーブを生成します。

1. コマンドウィンドウで次を入力します。

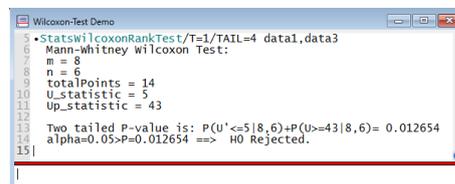
```
Make/N=8  
data1={60.83,63.24,72.33,62.21,66.59,61.64,73.68,70.19  
}  
Make/N=6 data2={59.22,65.09,71.45,72.33,74.71,68.42}
```



2. コマンドウィンドウで次を実行します。

```
StatsWilcoxonRankTest/T=1/TAILO=4 data1,data2
```

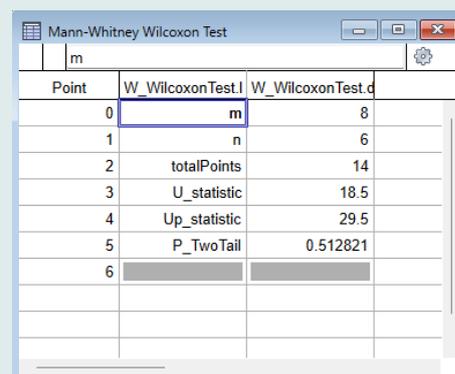
サンプルの Experiment では /Q が付いていますが、ここでは指定しません。



3. Mann-Whitney Wilcoxon Test テーブルが表示されます。

次のような結果が表示されています。

m	8
n	6
totalPoints	14
U_statistic	18.5
Up_statistic	29.5
P_TwoTail	0.512821



Point	W_WilcoxonTest.l	W_WilcoxonTest.d
0	m	8
1	n	6
2	totalPoints	14
3	U_statistic	18.5
4	Up_statistic	29.5
5	P_TwoTail	0.512821
6		

この場合、P 値は有意水準（デフォルトでは 0.05）よりも大きいため、 H_0 : data1 と data2 の結果に差異はないという仮説を受け入れなければなりません。

また、この場合、P_value は次の式で計算されます。

$$P(U' \leq 18.5 | 8, 6) + P(U \geq 29.5 | 8, 6) = 0.512821$$

次に、data1 を別のデータ data3 と検定します。

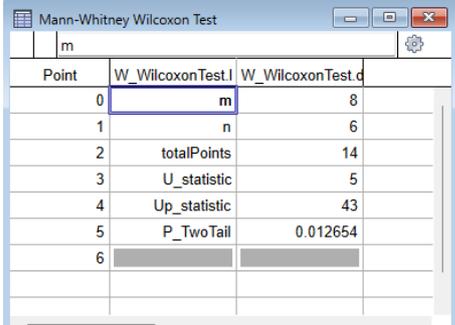
4. コマンドウィンドウで次を実行します。

```
Make/N=6 data3={77.81, 67.08, 71.55, 75.46, 74.46, 74.61}
```

コマンドウィンドウで次を実行します。

```
StatsWilcoxonRankTest/T=1/TAILO=4 data1, data3
```

ここでも /Q は指定しません。



Point	W_WilcoxonTest.I	W_WilcoxonTest.d
0	m	8
1	n	6
2	totalPoints	14
3	U_statistic	5
4	Up_statistic	43
5	P_TwoTail	0.012654
6		

5. Mann-Whitney Wilcoxon Test テーブルが表示されます。

次のような結果が表示されています。

m	8
n	6
totalPoints	14
U_statistic	5
Up_statistic	43
P_value	0.012654

この場合、P_value は有意水準よりも小さいため、 H_0 は棄却されなければなりません。

以上の例では、ウェーブのサイズが比較的小さかったため、P-value の近似値を使用する必要がなかったことに注意してください。

Wilcoxon 符号順位検定

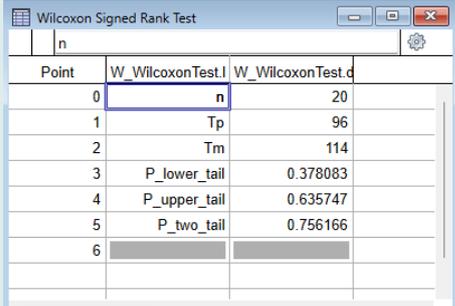
1. 新しい2つのウェーブ (data4, data5) を作成します。

2つのウェーブは、ペアになった測定値を表しています。

コマンドウィンドウで次を入力します (データポイントが多いため、サンプルのウェーブをコピーしても良いです)。

```
Make/N=20 data4={63.65, 58.99, 57.45, 61.18, 58.79, 63.49,  
56.52, 59.43, 60.77, 64.34, 59.55, 63.76, 63.62,  
51.23, 61.69, 64.41, 54.59, 57.84, 57.33, 57.14}
```

```
Make/N=20 data5={64.86, 50.22, 59.33, 59.86, 60.35, 59.71,  
59.22, 59.39, 64.95, 56.42, 59.56, 54.82, 60.74,  
60.23, 60.95, 61.6, 64.9, 59.73, 60.36, 60.12}
```



Point	W_WilcoxonTest.I	W_WilcoxonTest.d
0	n	20
1	Tp	96
2	Tm	114
3	P_lower_tail	0.378083
4	P_upper_tail	0.635747
5	P_two_tail	0.756166
6		

data4 と data5 のウェーブデータに対して符号順位検定を実行します。

コマンドウィンドウで次を実行します。

```
StatsWilcoxonRankTest/T=1/WSRT data4,data5
```

2. Mann-Whitney Wilcoxon Test テーブルが表示されます。

次のような結果が表示されています。

n	20
Tp	96
Tm	114
P_lower_tail	0.378083
P_upper_tail	0.635747
P_two_tail	0.756166

両側仮説の P_value は有意水準よりもはるかに大きいので、data4 と data5 のペアの2つのメンバーは同じであると結論づけられます。

StatsWilcoxonRankTest コマンドのヘルプ

```
StatsWilcoxonRankTest [/ALPH=val /APRX=m /T=k /TAIL=tail /Q/Z] waveA, waveB
```

StatsWilcoxonRankTest コマンドは、waveA と waveB に対して、ノンパラメトリックな Wilcoxon-Mann-Whitney 2 標本順位検定または Wilcoxon 符号順位検定（ペアデータ用）を実行します。出力は、現在のデータフォルダー内の W_WilcoxonTest ウェーブ、またはオプションでテーブルに出力されます。

waveA と waveB には、NaN や INF を含めてはならないことに注意してください。

フラグ

/ALPH=val 有意水準を設定します（デフォルトは 0.05）。

/APRX=m 近似法を設定します。デフォルトでは正確な臨界値を計算します。
m = 1: 同値を含む標準正規近似（Zar P.151）
m = 2: 改善された正規近似（Zar P.152）
計算に時間がかかる場合、またはサンプルサイズが大きい場合は、近似値が適切である場合があります。

/Q コマンドウィンドウの履歴領域に結果を表示しません。

/T=k 結果をテーブル形式で表示します。
k は、それを閉じるときのテーブルの動作を指定します。
k = 0: ダイアログを表示（デフォルト）
k = 1: ダイアログを表示せずに Kill
k = 2: Kill を不可能にする
テーブルは検定に関連付けられており、データに関連付けられているわけではありません。
検定を繰り返すと、既存のテーブルが新しい結果で更新されます。

/TAIL=*tailcode* 片側/両側検定を指定します。
tailCode =1: 下側検定
tailCode =2: 上側検定
tailCode =4: 両側検定
 対応するテール値を追加することで、任意の組み合わせの検定を行うことができます
 (/TAIL=7 はすべてのテール可能性を検定します)。
 選択したテールに応じて H_0 が変化することに注意してください。

/WSRT ペアデータに対して Wilcoxon 符号順位検定を実行します。
 この検定では、統計量 T_p と T_m 、下側片側値、上側片側値、両側 P-value を計算します。
 サンプル数が 200 未満の場合は正確な P-value を計算し、それ以外は正規近似を用いて計算します。
 このフラグと /ALPH、/APRX、および /TAIL を同時に使わないでください。

/Z エラーを無視します。

詳細

Wilcoxon-Mann-Whitney 検定は、2つのサンプルを結合し、それらをランク付けして統計量 U を計算します。

waveA が m ポイント、waveB が n ポイントの場合、 U は

$$U = mn + \frac{m(m+1)}{2} - R_1$$

によって与えられ、対応する統計量 U' は

$$U' = mn + \frac{m(m+1)}{2} - R_2$$

によって与えられます。

ここで R_i は、 i 番目のウェーブのデータのランクの合計（昇順でランク付け）です。

U の分布を計算することは困難であり、計算された値を超えない U 値を生成する、waveA の m 個の要素と waveB の n 個の要素の可能な順列の数を求める必要があります。

分布は、Klotz が開発したアルゴリズムに従って計算されます。

サンプルサイズが大きくなれば、時間のかかる分布計算を回避し、代わりに通常の近似を使用することができます。

Klotz は、次に対してこの近似値を推奨しています：

$$N = m + n \sim 100$$

最も近い近似値を得るには、/APRX=2 を使用します。

この2つの近似値については、Zar が論じています。

Wilcoxon 符号順位検定、または Wilcoxon ペア標本検定は、値のペア間の差を順位付けし、正の順位 (T_p) と負の順位 (T_m) の合計を計算します。

すべてのテール組み合わせについて、 T_p と T_m 、P-value を計算します。

P-value は：

$$P_lower_tail \quad P(W_p \leq T_p)$$

$$P_upper_tail \quad P(W_p \geq T_p)$$

$$P_two_tail2 * \text{Min}(P_lower_tail, P_upper_tail)$$

W_p は、指定された数のペアにおける正の順位の合計の一般的な記号です。

V_flag は、エラーが発生した場合は -1 に、それ以外はゼロに設定されます。

Wilcoxon-Mann-Whitney の 2 標本順位検定と Wilcoxon 符号順位検定の両方において、 H_0 は 2 つの入カウェーブのデータが統計的に同一であるというものです。

参照

Cheung, Y.K., and J.H. Klotz, The Mann Whitney Wilcoxon distribution using linked lists, *Statistica Sinica*, 7, 805-813, 1997.

See in particular Chapter 15 of: Klotz, J.H., *Computational Approach to Statistics*.

Streitberg, B., and J. Rohmel, Exact distributions for permutations and rank tests: An introduction to some recently published algorithms, *Statistical Software Newsletter*, 12, 10-17, 1986.

Zar, J.H., *Biostatistical Analysis*, 4th ed., 929 pp., Prentice Hall, Englewood Cliffs, New Jersey, 1999.

関連するヘルプ・コマンド

`Statistical Analysis`, `StatsAngularDistanceTest`, `StatsKWTest`, `StatsSignTest`