

ダネット検定

清水顕史

多重比較の場合でも、複数の処理区のそれぞれと対照区とを検定すればよいときは、ダネット検定を使います (チューキー検定よりも検出感度が上がるはず)。例えば或る遺伝子の組換え系統群をコントロール(野生型)と比較して相補性検定する場合、染色体断片置換系統群と反復親を比較する場合、などに使用できます。ダネット検定も `multcomp` パッケージを使います。なおダネット検定を行う場合、対照区(ex.野生型や反復親)のデータ数は比較群よりも多くする方がよく(比較群の各データ数は同数に揃える)、対照区のデータ数は比較群数 $k-1$ のとき $\sqrt{k-1}$ 倍より少なくするとよいようです。

例データ `OXs.txt` は、野生株(control)と、或る遺伝子の組換え系統 OX01~04 との形質値を調べたものです。検定は以下のコードで行います(`dunnett.code.txt`)。

```
s <- read.table("OXs.txt", header=T) #ファイルの読み込み
Sd <- data.frame(LINES=factor(s$treat), INTENSITY=s$data) #フレームワーク作成
plot(INTENSITY ~ LINES, data=Sd) #箱ヒゲ図
res1 <- aov(INTENSITY ~ LINES, data=Sd) #一元分散分析
library(multcomp) #パッケージ起動
res2 <- glht(res1, linfct = mcp(LINES = "Dunnett")) #ダネット検定
summary(res2) #結果を出力
```

出力結果は以下のようになります。

```
Simultaneous Tests for General Linear Hypotheses

Multiple Comparisons of Means: Dunnett Contrasts

Fit: aov(formula = INTENSITY ~ LINES, data = Sd)

Linear Hypotheses:
              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
OX01 - control == 0    89.80      21.36  4.204 0.000651 ***
OX02 - control == 0   126.49      21.36  5.921 < 1e-04 ***
OX03 - control == 0   125.76      21.36  5.887 < 1e-04 ***
OX04 - control == 0    80.57      21.36  3.772 0.002192 **
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Adjusted p values reported — single-step method)
```

コントロール(野生型)と比べて形質値が高くなる系統のみ検出する場合は以下の様な片側検定を行います。

```
res2 <- glht(res1, linfct = mcp(LINES = "Dunnett"), alternative = "greater")
summary(res2)
```

反対にコントロールと比べて形質値が低くなる系統を片側検定する場合は、

```
res2 <- glht(res1, linfct = mcp(LINES = "Dunnett"), alternative = "less")
summary(res2)
```

とします。

ⁱ Zar J.H. 2010. Biostatistical Analysis, 5th edn. Pearson Prentice-Hall, Upper Saddle River, NJ.