

GLMM power n

- Home: トップページです。マニュアルが置いてあります。
- Analysis: 分析を行うページです。
- Data base: 保存した分析結果を閲覧できます。Step 2 の計算結果も確認できます。

アカウント作成

Organization id:

Username:
Required. 150 characters or fewer. Letters, digits and @/./+/-/_ only.

Password:

- Your password can't be too similar to your other personal information.
- Your password must contain at least 8 characters.
- Your password can't be a commonly used password.
- Your password can't be entirely numeric.

Password confirmation:
Enter the same password as before, for verification.

- Organization id: 組織 ID です。大学等組織ごとに管理します。
 - 自由に使える枠として、ID = 「1905」という組織 ID を用意しました。

とりあえず、この ID で自由に使用できます。
 - 今後、1905 の枠は変更の可能性もあります。
- Username, Password を記入して、アカウント作成をクリックするとユーザー登録が完了します。
 - パスワード変更機能は未実装なので忘れないようにしてください。

Log in ページ

ログイン

Username

Password

Organization ID

Log in

- 組織 ID は登録に使用したものと合致しないとエラーになります。

Analysis ページ

- 以下では Analysis ページの使い方を紹介していきます。
- モデル
 - モデルは全て階層化した GLMM です。例えばロジスティック回帰モデルと書いてあるものも階層化した GLMM になります。
- ここでは Step 1 の検出力計算を行います。Step 1 の計算とは、解析的に検出力を計算することを本アプリでは表します。近似値だと思ってください。
 - Step 2 の計算: シミュレーションベースによる検出力の計算を行います。
1 日 1 回程度、計算を行います。Data base から結果を確認できます。
- 注意点（現時点で実装していない点）
 - 事前の検出力分析では交互作用を考えることはできません。事後の検出力分析では交互作用を含めることもできますが、正直面倒です。
 - 群変数 (MRT, CRT) の条件では、説明変数は Factor 型としては扱っていません。例えば、群数 3 の設定をした場合、説明変数は各群-1/3, 0, 1/3 とコーディングされています。

Analysis: トップページ

階層線形モデル	
事前の検出力分析 Go analysis page	事後の検出力分析 Go analysis page

ロジスティック回帰モデル	
事前の検出力分析 Go analysis page	事後の検出力分析 Go analysis page

二項回帰モデル	
事前の検出力分析 Go analysis page	事後の検出力分析 Go analysis page

- 事前の検出力分析
 - 特定のサンプルサイズにおける検出力を計算できます。
 - 特定の検出力を達成するために必要なサンプルサイズを確認できます。
- 事後の検出力分析
 - 使用したデータをアップロードすることで、その実験状況での検出力を計算することができます。データはエクセルにまとめてアップロードします。

Analysis: 設定 1 ページ

以下は、ロジスティック回帰モデルにおける、事前の検出力分析のページで説明を行います。

説明変数の数を指定

説明変数の数を指定してください。

normal	uniform	sample	MRT	CRT
1	0	0	1	0

Next

- 説明変数の種類と個数を指定します。選択肢は以下です。
- Normal
 - 説明変数は正規分布から生成されていると仮定します。
- Uniform
 - 説明変数は一様分布から生成されているとします。Uniform(a, b)とは a から b の値を等確率で取る連続分布です。
- Sample
 - 説明変数は離散一様分布から生成されているとします。例えば min=1, max=5 の場合, 1,2,3,4,5 の値を等確率で取る離散分布です。要するに R の sample 関数の挙動です。

- MRT (Multisite randomized trial)

- 群を表す変数です。グループごとに異なる群であることを許容します。

- CRT (Cluster randomized trial)

- 群を表す変数です。グループによって群が決定されます。

- 例えば、10 学級から各学級 25 人ずつのデータを取るとします。CRT では、クラス A の 25 人は実験群、クラス B の 25 人は統制群などとクラス（クラスタ）ごとに群を決めます。一方、MRT では、クラス A の学生の中でも実験群の人もいれば統制群の人もいることを許容します。

- 各説明変数が無い場合は「0」と記入して進みます。

変量効果 (モデル) の指定

説明変数の数 (total: 2)

Normal	Uniform	Sample	MRT	CRT
1	0	0	1	0

変量効果を仮定する場合はチェックを入れてください

parameter: alpha	parameter: beta1	parameter: beta2
Kind of variable:	Kind of variable: normal	Kind of variable: MRT
Assume random effect: ☒	Assume random effect: ☒	Assume random effect: ☒

[Next](#)

- 変量効果を仮定するか決定します

➤ チェックが入っているパラメータに関しては変量効果を仮定します。

- 説明変数は、normal が 1 つ、MRT が 1 つの例です。

そのため、パラメータは、切片 α , normal 説明変数の傾き β_1 , MRT 説明変数の傾き β_2 です。 β は左 (normal, uniform, ...) から順番に割り当てられます。

Analysis：設定 3 ページ

集団パラメータの設定

alpha	beta1	beta2
Mean: 0	Mean: 1	Mean: 1
Sd: 1	Sd: 1	Sd: -2

説明変数の設定

parameter: beta1 Kind of variable: normal	parameter: beta2 Kind of variable: MRT
第2引数: 0	第2引数: 2
第3引数: 1	第3引数: 0

Next

- 集団パラメータの設定

➤ 各個人パラメータは $Normal(\gamma, \tau^2)$ から生成されている仮定します。

✧ 例. $\beta_{i1} = \gamma_1 + u_{i1}, u_{i1} \sim Normal(0, \tau_1^2)$

➤ この時の集団平均 γ , 集団 sd τ を指定します。

✧ 変量効果を仮定しない場合, τ の設定は無視されます。

- 説明変数の設定：説明変数の種類によって引数の意味が変わります。

➤ Normal

✧ 第一引数: 正規分布の平均, 第二引数: 正規分布の sd

➤ Uniform, sample

✧ 第一引数: 最小値 min, 第二引数: 最大値 max

➤ MRT, CRT

✧ 第一引数: 群の数 (整数), 第二引数: なし。0 などを入れておいて
ください。

Analysis: 設定 4 ページ

検定に関する設定

focused parameter:	target power:	alpha level:
2	0.85	0.05

method design:	step size:
1	5
N (upper layer):	initial size:
15	15
Trial (lower layer):	
15	

- Focused parameter: どのパラメータの検出力に注目するか指定します。
 - 上の例では、 $\alpha=1$, $\beta_1=2$, $\beta_2=3$ があります。
- Target power: 目標となる検出力を指定します。
 - 上の図では、 β_1 の検出力が 85%以上であることを目指します。
- Alpha level: 有意水準。デフォルトは 0.05 です。
- Calculate ボタンを押すと計算が始まる

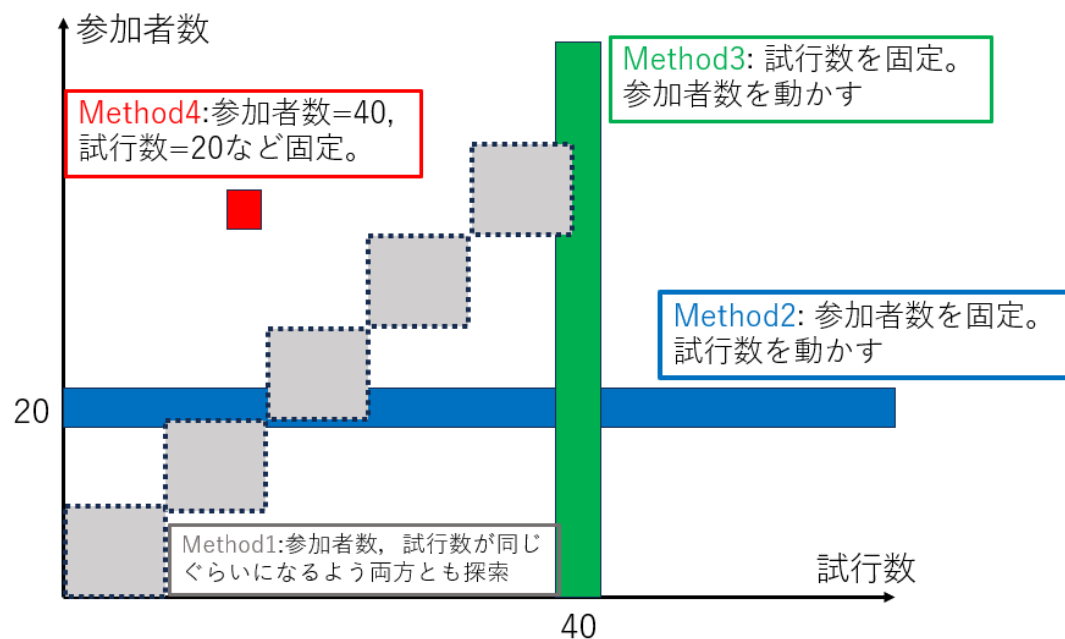


図. Method design の説明

- N: 参加者数（上の層のデータ数）。Method design = 2, 4 の時のみ設定が反映される
 - Trial: 試行数（下の層のデータ数）。Method design = 3, 4 の時のみ設定が反映される
 - Initial size: 探索の初期値。Method design=2 の場合は、試行数の初期値, method design=3 の場合は、参加者数の初期値です。
 - Step size: 一回分の探索のブロックサイズです。
- 例えば, method design=3 で, initial size=15, step size=3 の場合は, 最

初の探索では参加者数=15, 16, 17 の 3 条件で検出力が計算される。

Method design=1 で, initial size=15, step size=3 の場合は, 参加者数
=15, 16, 17 × 試行数=15, 16, 17 の $3 \times 3 = 9$ 条件で検出力が計算され
る。

Analysis: 結果ページ

Results

提案されたサンプルサイズ

N (upper layer) = 15; Trial (lower layer) = 19

検出力の予測値

[0.141, 0.83, 0.427]

[0.133, 0.176, 0.258]

修正済み検出力の予測値

[0.141, 0.83, 0.427]

[Go to step 2 calculation](#)

- 提案されたサンプルサイズ: 検出力の計算に使用した, サンプルサイズ設定
- 検出力の予測値
 - 1 行目: 検出力の平均値。上の例の場合は, 左から α , $\beta 1$, $\beta 2$ に関する結果です。
 - 2 行目: 検出力の標準偏差。
- 修正済み検出力の予測値
 - Step 2 の検出力を予測する線形モデルから予測した検出力の値です。
 - ☆ 説明変数を step 1 の検出力等, 従属変数を step 2 の検出力とする線形回帰分析の結果を保存しています。それを用いて, step 2 の検出

力を予測した値です。要するに step 1 の検出力は若干ずれる可能性がある
があるので補正しています。

- Go to step 2 calculation ボタンを押すと、結果が Data base に保存され、翌
日以降に step 2 の検出力の結果が確認できるはずです。

お願い

Step 2 の計算は時間がかかり計算リソースを消費します。大量に Data base に
step 1 の結果が溜まると、step 2 の計算が追いつかないことになりますので、計
算してほしい設定のみを Data base に保存してください。つまり何でもかんでも
step 2 の計算に進ませないでください。戻るボタンを押せば、様々な設定で計算
をやり直せます。

また参加者数が 150 以上などデータが大きすぎる場合もリソースを消費します。

参加者数、試行数がともに 50 以下などに抑えて頂けると良いです。

使用状況、計算リソースによっては、運用方法を変える可能性もあります。

Analysis (Post): 設定 1 ページ

以下は、階層線形モデルにおける、事後の検出力分析のページで説明を行います。

Upload data file

Data file: 選択されていません

upload

- エクセルファイルをアップロードします。

	A	B	C	D	E	F
1		subject	trial	x1	x2	y
2	1	1	1	-1.51178	-0.62645	-0.24456
3	2	1	2	-0.38984	0.183643	-0.2535
4	3	1	3	0.621241	-0.83563	2.756949
5	4	1	4	2.2147	1.595281	4.426349
6	5	1	5	-1.12493	0.329508	1.858722
7	6	1	6	0.044934	-0.82047	1.736678
8	7	1	7	0.01619	0.487429	1.586585
9	8	1	8	-0.94384	0.738325	1.361709
10	9	1	9	-0.82122	0.575781	-0.26999
11	10	1	10	-0.5939	-0.30539	0.423717
12	11	2	1	-1.35868	0.918977	1.60391
13	12	2	2	0.102788	0.782136	1.984003
14	13	2	3	-0.38767	0.074565	0.232756
15	14	2	4	0.053805	-1.98935	-1.59133

- データは上記のように、縦長データとします。
 - 1 列目は連番, 2 列目は参加者（上の層）の id, 3 列目は試行（下の層）の id, 4 列目以降は説明変数, 最終列は従属変数としてください。
 - 列名も上記の例と一致させてください。説明変数は x1, x2, x3, … とする。

Settings of random effect (model).

説明変数の数: 2

参加者数 (upper layer): 15

試行数 (lower layer): [10, 10, 10, 10, 10, 10, 10, 10, 10, 10]

変量効果を仮定する場合はチェックを入れてください

parameter: alpha	parameter: beta1	parameter: beta2	parameter: sigma
Assume random effect: ☒	Assume random effect: ☒	Assume random effect: ☒	Assume random effect: ☒

Estimate parameter with
GLMM?:
Conduct analysis: ☐

Next

- 説明変数の数, 参加者数, 試行数 (最初の 10 人分のみ) は自動で読み込まれます。
- 変量効果を仮定するかを決定します。
 - 階層線形モデルでは, データの標準偏差 σ も設定します。
- 一番下のチェックボックスは, パラメータ真値の設定方法を決定します。
 - チェック有: アップロードしたデータを使って, 固定効果および変量効果の分散の推定を行い, その推定値を真値として検出力を計算します。
 - チェック無: ユーザが手動でパラメータ値を指定します。

Group parameter (mean, sd)

説明変数の数: 2

参加者数 (upper layer): 15

試行数 (lower layer): [10, 10, 10, 10, 10, 10, 10, 10, 10, 10]

パラメータに変量効果を仮定するかどうか

alpha: True

beta1: True

beta2: True

sigma: True

集団パラメータの設定

alpha	beta1	beta2	sigma
Mean: 	Mean: 	Mean: 	Mean:
Sd: 	Sd: 	Sd: 	Sd:

Next

- 手動でパラメータ値を設定する場合の画面になります。
 - 集団平均 γ と集団 sd τ を指定します。
- 前ページで推定するチェックボックスを True にしていた場合は、自動で値が入ります。

検定に関する設定

focused parameter:

alpha level:

0.05

Calculate

- Focused parameter

- 何番目のパラメータの検出力に着目するかを指定します。ただしサンプルサイズの探索・決定をするわけではないので分析結果には影響しません。Data base の表示順に影響するだけです。

- Alpha level: 有意水準。

Results

検出力の予測値

[0.169, 0.866, 0.881]

[0.162, 0.179, 0.169]

修正済み検出力の予測値

[0.169, 0.866, 0.881]

[Go to step 2 calculation](#)

- 事前の検出力分析と同様です。
- [Go to step 2 calculation](#) ボタンを押すと Step 2 の計算に進めます。こちらも必要な時だけ Step 2 に進んでください。

Data base ページ

Database (pre analysis)

DB (post)

Num exp:

Num para:

Target power:

Alpha level:

Use database: Unknown ▼

Exp set 1row focused:

Method id url name contains:

Setting pre id user username contains:

Filter

ID	Url name	Num exp	Num para	Focused para	Target power	Alpha level	Use database	Suggest N	Suggest Trial
25	logistic	2	3	3	0.8	0.05	X	20	204
26	logistic	2	3	2	0.8	0.05	X	36	36
27	logistic	3	4	3	0.8	0.05	X	20	20
28	logistic	3	4	2	0.8	0.05	X	30	30

- 上の画面は事前の検出力分析（pre）のデータベースです。
 - 事後の検出力分析の結果は右上の「DB (post)」ボタンで遷移できます。
- 他ユーザが作ったデータも確認できます。
- 説明変数の数や、分析手法、説明変数の種類などでフィルタリングもできます。
- Calc finished 列に✓が入っていれば、step 2 の計算が完了しています。
- 一番右の「Detail」ボタンで詳細結果を確認できます。「user username」で自分の username を指定してフィルタリングして Detail を確認するのが便利だと思います。

Data base 詳細ページ

Settings

説明変数の数 (total: 1)				
Normal 0	Uniform 0	Sample 1	MRT 0	CRT 0
パラメータに変量効果を仮定するかどうか				
alpha: True	beta1: True	beta2: True		
集団パラメータの設定				
alpha	beta1	beta2		
Mean: 0.0	Mean: 1.5	Mean: 1.0		
Sd: 1.0	Sd: 1.0	Sd: 0.0		
説明変数の設定				
beta1	beta2			
第2引数: 1.0	第2引数: None			
第3引数: 5.0	第3引数: None			
検定等の設定				
focused parameter: 2	method_design: 2	step size: 5	Using modified power with DB?: False	
target power: 0.85	N (upper layer): 10	初期値: 20		
有意水準: 0.05	Trial (lower layer): 15			

Results

step 2で計算した検出力

[0.0314, 0.9766]
[0.0644, 0.1326]

step 2での推定値の平均およびSE

[0.0211, 1.4867]
[0.4149, 0.3121]

提案されたサンプルサイズ

N (upper layer) = 10; Trial (lower layer) = 9

検出力の予測値

[0.118, 0.951]
[0.098, 0.103]

修正済み検出力の予測値

0.118

[Go back to DB](#)[delete this result](#)

- Step 2 の計算が終わっていれば、「step 2 で計算した検出力」が表示されます。見方は step 1 における「検出力の予測値」と同様です。
- 自身のデータに関してのみ、右下の「Delete」ボタンからデータ削除できま

す。