

1 準備

2 A-1. データを入力して, csv 形式で保存する.

3 例) data20191113a.csv

	No.	Length	Width	Weight	Ratio	Species
5	1	7.58	0.48	0.058	0.459	A
6	2	7.74	0.52	0.060	0.469	A
7	3	6.36	0.40	0.039	0.445	A
8	4	7.08	0.48	0.055	0.485	A
9	5	6.52	0.41	0.043	0.490	A
10	6	7.29	0.51	0.063	0.334	A
11	7	5.92	0.37	0.054	0.45	A
12	8	8.32	0.53	0.071	0.455	A
13	9	8.01	0.40	0.062	0.464	A
14	10	6.02	0.42	0.048	0.451	A
15	11	9.78	0.86	0.192	0.469	B
16	12	10.82	0.86	0.181	0.519	B
17	13	13.14	0.81	0.261	0.489	B
18	14	12.75	0.92	0.252	0.485	B
19	15	12.74	0.83	0.250	0.493	B
20	16	8.52	0.67	0.113	0.494	B
21	17	13.35	0.75	0.136	0.501	B
22	18	10.69	0.92	0.205	0.521	B
23	19	11.15	0.72	0.125	0.481	B
24	20	7.86	0.83	0.219	0.506	B
25	21	9.56	0.78	0.169	0.433	C
26	22	9.19	0.75	0.142	0.461	C
27	23	9.53	0.99	0.148	0.473	C
28	24	9.04	0.71	0.134	0.464	C
29	25	9.32	0.76	0.163	0.441	C
30	26	10.51	0.78	0.204	0.445	C
31	27	9.79	0.68	0.155	0.455	C
32	28	10.35	0.72	0.166	0.466	C
33	29	10.52	0.80	0.177	0.481	C
34	30	8.87	0.73	0.139	0.524	C
35	31	10.31	0.79	0.187	0.451	D
36	32	9.4	0.95	0.15	0.464	D
37	33	9.19	0.86	0.158	0.452	D
38	34	9.9	0.85	0.161	0.448	D
39	35	10.17	0.71	0.161	0.468	D
40	36	9.29	0.68	0.154	0.442	D
41	37	10.08	0.75	0.173	0.486	D
42	38	9.15	0.75	0.141	0.452	D
43	39	8.1	0.72	0.142	0.466	D
44	40	8.79	0.72	0.151	0.473	D
45						
46						

```
47 A-2. 群馬大学の青木先生のサイトから関数の定義ファイル all.R をダウンロードして、デー
48 タが保存されている場所に保存する。 http://aoki2.si.gunma-u.ac.jp/R/
49
50 計算
51 B-1. R を起動する。
52 「ファイル」-「ディレクトリの変更」からデータの保存されている場所を指定する。
53
54 B-2. 関数を読み込む。
55 > source("all.R", encoding="euc-jp")
56 または
57 > source("http://aoki2.si.gunma-u.ac.jp/R/src/all.R", encoding="euc-jp") #インターネット
58 に接続された環境の場合
59
60 B-3. 計算する。
61 #関数読み込み
62 > source("http://aoki2.si.gunma-u.ac.jp/R/src/all.R", encoding="euc-jp")
63
64 #データ読み込み
65 > data <- read.csv("data20171128e.csv", header=TRUE)
66 > data
67 > dataS <- data[2:6]
68 > dataS
69 > dataS$Length
70 > dataS[,1]
71 > dataS[1]
72 > spliteddataS <- split(dataS, dataS$Species)
73 > spliteddataS
74 > spliteddataS$A
75 > spliteddataS$B
76 > spliteddataS$C
77 > spliteddataS$D
78 > sapply(spliteddataS, nrow)
79 > sapply(spliteddataS, summary)
80 > a <- spliteddataS$A
81 > b <- spliteddataS$B
82 > c <- spliteddataS$C
83 > d <- spliteddataS$D
84 > a
85 > b
86 > c
87 > d
88 > sum(a$Length)
89 > mean(a$Length)
90 > median(a$Length)
91 > which.max(table(a$Length))
92 > var(a$Length)
```

```

93 > sd(a$Length)
94 > max(a$Length)
95 > min(a$Length)
96 > range(a$Length)
97 > summary(a$Length)
98 > summary(a)
99 > summary(b)
100 > summary(c)
101 > summary(d)
102
103 > var(a$Length)
104 > var(a$Width)
105 > var(a$Length,a$Width)
106 > cor(a$Length,a$Width)
107 > waido <- function(x) mean((x-mean(x))^3)/(sd(x)^3)
108 > waido(a$Length)
109 > sendo <- function(x) mean((x-mean(x))^4)/(sd(x)^4)
110 > sendo(a$Length)
111 > hist(a$Length)
112 > boxplot(a$Length)
113 > boxplot(a$Length, b$Length, c$Length, d$Length)
114 > dev.off()
115
116 #ヒストグラムなど
117 > hist(dataS$Length)
118 > hist(dataS$Length, xlim=c(0,15),ylim=c(0,15))
119 > hist(dataS$Length[ dataS$Species=="A"], xlim=c(0,15),ylim=c(0,15))
120 > hist(dataS$Length[ dataS$Species=="B"], xlim=c(0,15),ylim=c(0,15))
121 > hist(dataS$Length[ dataS$Species=="C"], xlim=c(0,15),ylim=c(0,15))
122 > hist(dataS$Length[ dataS$Species=="D"], xlim=c(0,15),ylim=c(0,15))
123 > par(mfrow=c(2,2))
124 > hist(dataS$Length[ dataS$Species=="A"], xlim=c(0,15),ylim=c(0,10))
125 > hist(dataS$Length[ dataS$Species=="B"], xlim=c(0,15),ylim=c(0,10))
126 > hist(dataS$Length[ dataS$Species=="C"], xlim=c(0,15),ylim=c(0,10))
127 > hist(dataS$Length[ dataS$Species=="D"], xlim=c(0,15),ylim=c(0,10))
128 > dev.off()
129
130 #t 検定
131 > tapply(dataS$Length, dataS$Species, mean)
132 > indep.sample(1:4, 5, dataS, latex=FALSE)
133 > b
134 > c
135 > e <- rbind(b,c)
136 > e
137 > indep.sample(1:4, 5, e, latex=FALSE, test="parametric")
138 > indep.sample(1:4, 5, e, latex=FALSE, test="parametric", var.equal=FALSE)

```

```

139 > indep.sample(1:4, 5, e, latex=FALSE, test="parametric", var.equal=TRUE)
140 > indep.sample(1:4, 5, e, latex=FALSE, test="non-parametric")
141
142 #t 検定
143 > cor(e$Length, e$Width)
144 > cor.test(e$Length, e$Width)
145 > var.test(e$Length~e$Species)
146 > t.test(e$Length~e$Species,var.equal=FALSE)
147 > t.test(e$Length~e$Species,var.equal=TRUE)
148
149 > barplot(table(dataS$Species))
150 > plot(dataS[1:4])
151 > t.test(a$Length, b$Length)
152 > t.test(b$Length, c$Length)
153
154 #多重比較検定
155 > m <- c(a$Length, b$Length, c$Length, d$Length)
156 > group <- rep(paste("A", 1:4, sep=""), c(10,10,10,10))
157 > oneway.ANOVA(m, group)
158 > n <- dataS$Length
159 > n
160 > group2 <-rep(paste("B", 1:4, sep=""), c(10,10,10,10))
161 > oneway.ANOVA(n, group2)
162
163 #多変量解析
164 > resultPCA <- pca(dataS[1:4])
165 > resultPCA
166 > resultPCA$mean
167 > resultPCA$variance
168 > resultPCA$standard.deviation
169 > resultPCA$r
170 > resultPCA$eval
171 > resultPCA$contribution
172 > resultPCA$cum.contribution
173 > resultPCA$fs
174 > plot(resultPCA$fs[,1:2], pch=as.integer(dataS$Species))
175 > plot(resultPCA$fs[,1:2], pch=paste(dataS$Species))
176 > resultCandis <- candis(dataS[1:4], dataS[5])
177 > resultCandis
178 > plot(resultCandis$can.score, type="n")
179 > points(resultCandis$can.score, pch=as.integer(dataS$Species))
180 > plot(resultCandis$can.score, type="n")
181 > points(resultCandis$can.score, pch=paste(dataS$Species))
182 > dev.off()
183

```