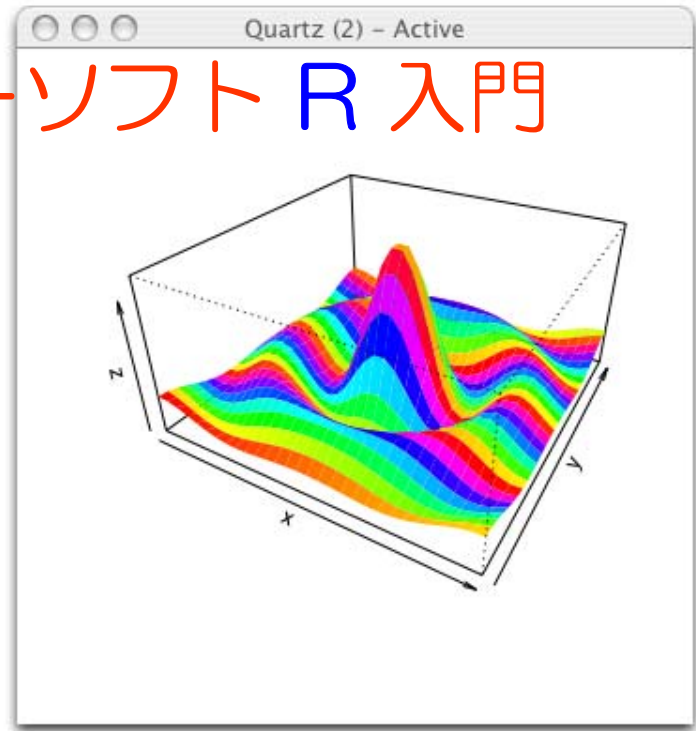


```
> plot(1:10)
> 1+2
[1] 3
> 3+4
[1] 7
> 1+2
[1] 3
> 3+4
[1] 7
> ?persp
> x <- seq(-10, 10, length= 30)
> y <- x
> f <- function(x,y) { r <- sqrt(x^2+y^2); 10 * sin(r)/r }
> z <- outer(x, y, f)
> z[is.na(z)] <- 1
> op <- par(bg = "white")
> persp(x, y, z, theta = 30, phi = 30, expand = 0.5, col = "lightblue")
> x <- seq(-10, 10, length= 30)
> y <- x
> f <- function(x,y) { r <- sqrt(x^2+y^2); 10 * sin(r)/r }
> z <- outer(x, y, f)
> z[is.na(z)] <- 1
> op <- par(bg = "white")
> persp(x, y, z, theta = 30, phi = 30, expand = 0.5, col = rainbow(200))
> x <- seq(-10, 10, length= 30)
> y <- x
> f <- function(x,y) { r <- sqrt(x^2+y^2); 10 * sin(r)/r }
> z <- outer(x, y, f)
> z[is.na(z)] <- 1
> op <- par(bg = "white")
> persp(x, y, z, theta = 30, phi = 30, expand = 0.5, border=NA, col = rainbow(50))
> x <- seq(-10, 10, length= 30)
> y <- x
> f <- function(x,y) { r <- sqrt(x^2+y^2); 10 * sin(r)/r }
> z <- outer(x, y, f)
> z[is.na(z)] <- 1
> op <- par(bg = "white")
> persp(x, y, z, theta = 30, phi = 30, expand = 0.5, border=NA, col = rainbow(200))
>
```

# 統計解析フリーソフト R 入門



## 〔GUI 版 R〕 R Commander の説明書

2007.12.27

# Rとは？



## ■ オープンソース&フリーの統計解析用ソフト

### 【長所】

- 関数電卓, 数値計算, プログラミング, 統計解析, グラフィックスの機能があり, どの機能も充実している
- 機能拡張が容易に行える
- 使用人口が多いので, バグが少なく情報も豊富

### 【短所】

- EXCEL などの表計算ソフトに比べて GUI (マウス操作) の機能が劣っている  
⇒ R の命令をひとつひとつ覚えなければいけない...
- 大規模なデータを扱う場合は多少骨が折れる

## R Commander とは？



- R Commander (アールコマンダー) は John Fox 教授 (カナダ・McMaster 大学) が開発した GUI 版 R のこと
- マウス操作で R を使うことが出来る！  
(R の命令を覚えなくても R の出力が得られる！)
- 2005 年頃より、関西大学の荒木 孝治先生が主体となって R Commander のメッセージ翻訳がなされ...
- R Commander はバージョン 1.1-1 より本格的に日本語化された！



- **R, R Commander のインストール ←**
  - R のインストール方法
  - R Commander のセットアップ方法
  
- R Commander の機能紹介
  - 基本的な使い方
  - データの読み込み方法
  - 簡単なデータ解析
  - グラフ機能の紹介
  - 分布関数に関する機能
  - etc...
  
- おまけ (R Commander に自作の機能を追加する概要)

## R のインストール



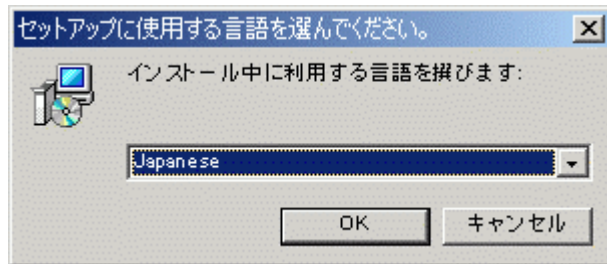
- R のインストールはインターネット上から
  - 「Rのセットアップ+CART」に手順あり  
⇒ <http://cwoweb2.bai.ne.jp/~jgb11101/files/cart/cart.html>
  - CRAN（筑波大学）から R をダウンロードする  
⇒ <http://cran.md.tsukuba.ac.jp/>
  - R をインストールする
- ★ 「Rのセットアップ」で Google 検索して下さい

# R のインストール

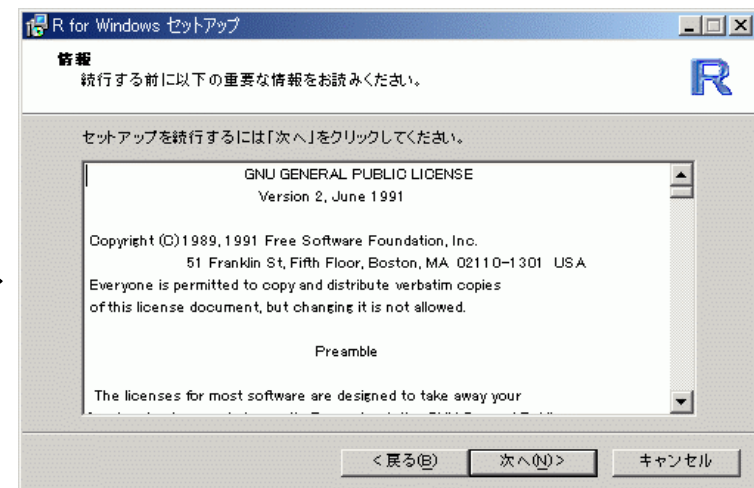
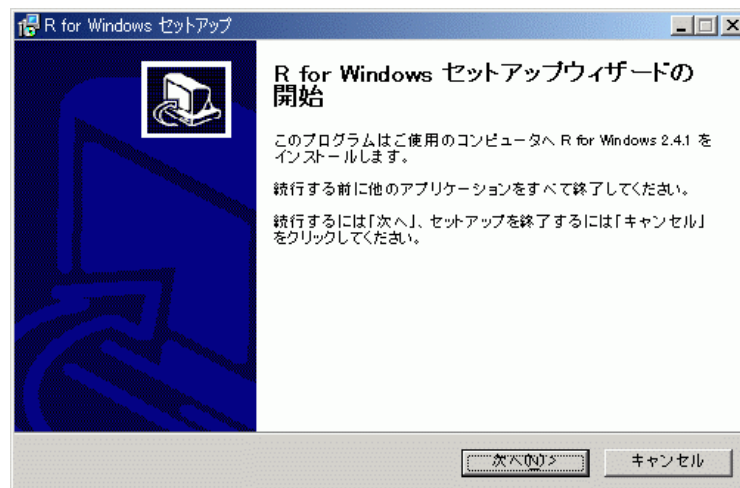
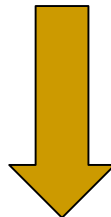


実行ファイル R-2.4.1-win32.exe をダブルクリック

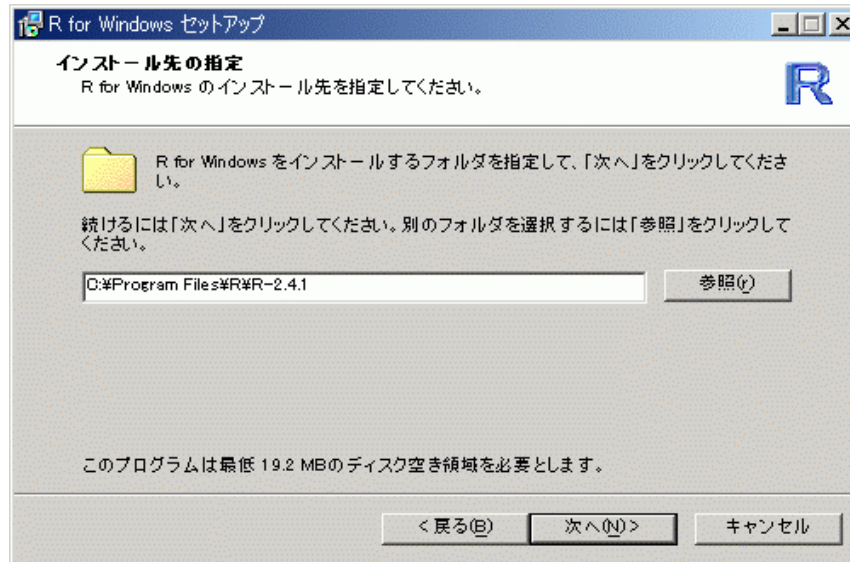
⇒ <http://cran.md.tsukuba.ac.jp/bin/windows/base/old/2.4.1/R-2.4.1-win32.exe>



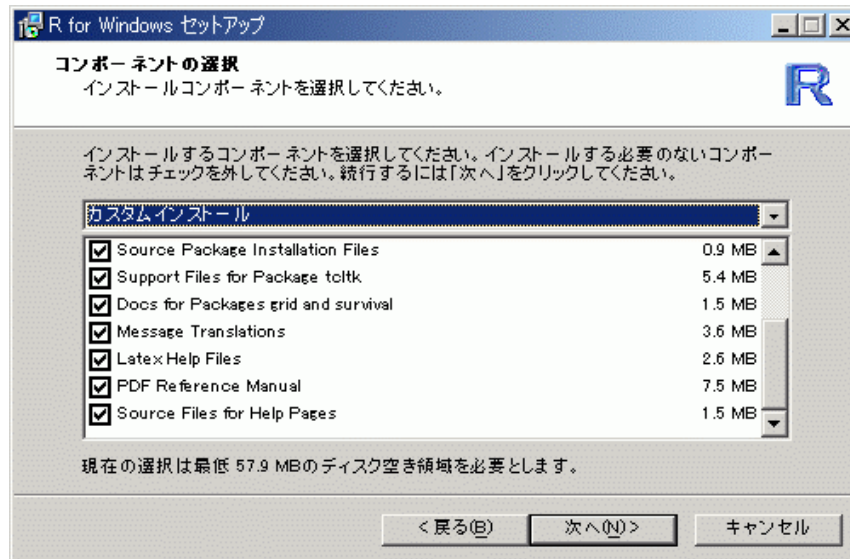
※ R Commander のバージョンについて  
⇒ バグがほとんどない「Rcmdr 1.2-9」  
を入れるため R-2.4.1 を使用しています



# R のインストール

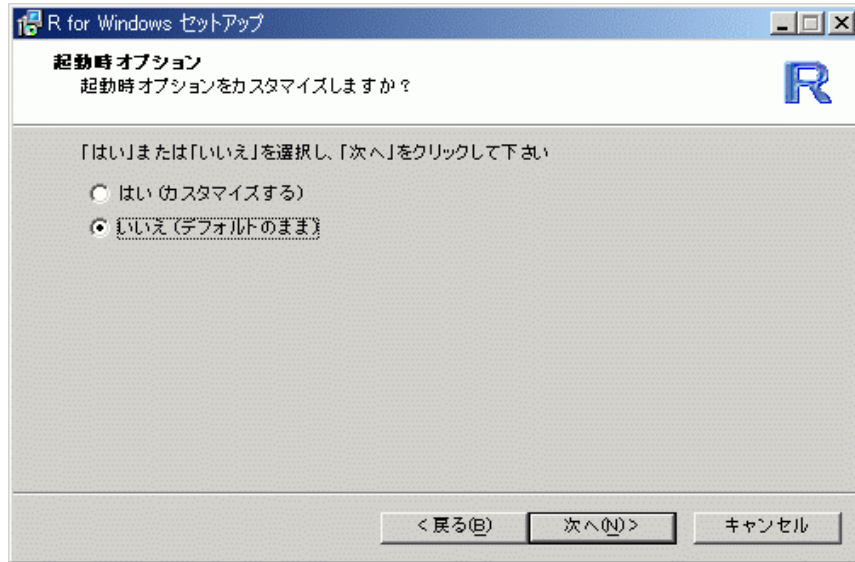


インストールする場所を指定  
(普通は何もせずに「次へ」)

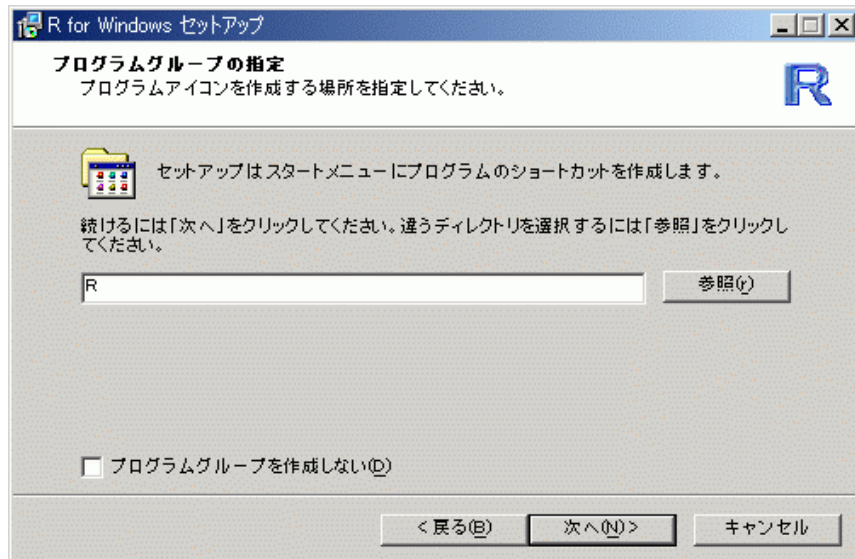


インストールするファイルを選択  
(全てチェックして「次へ」)

# R のインストール

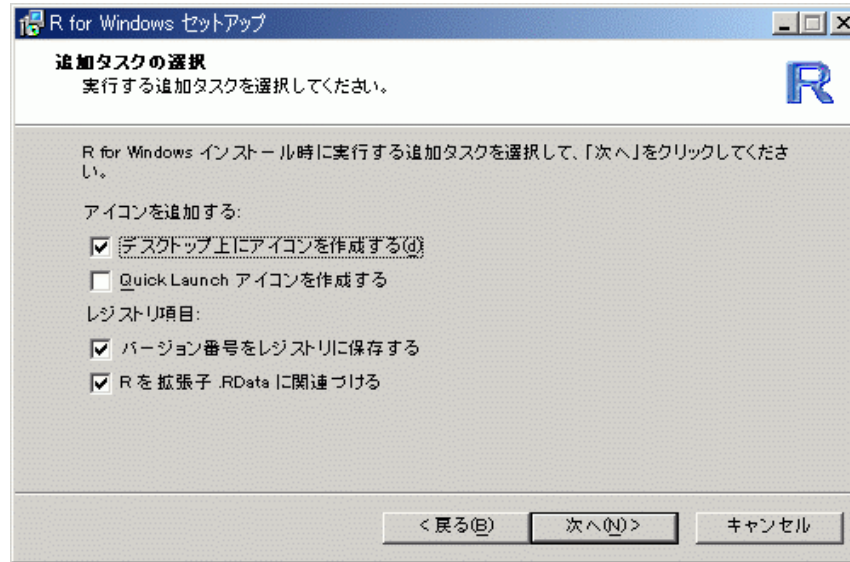


カスタマイズしますか？  
(普通は何もせずに「次へ」)

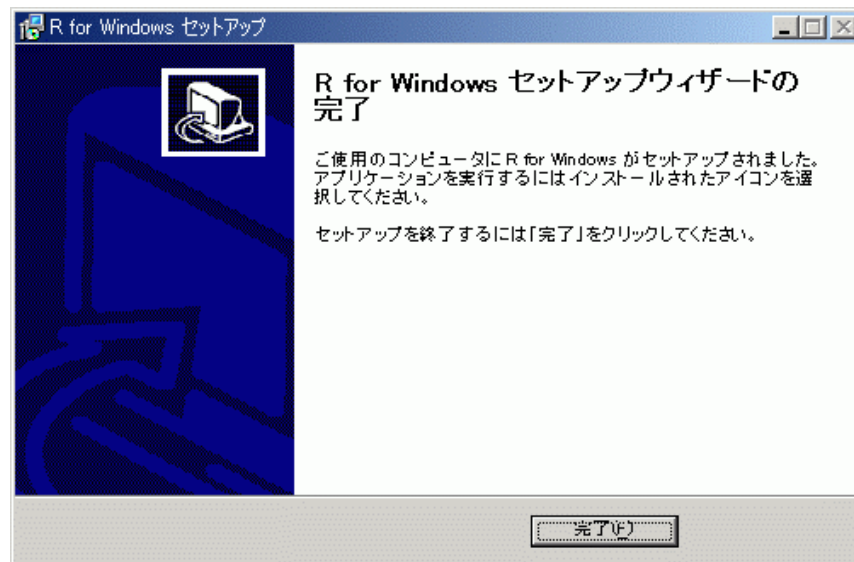


スタートメニューへの登録画面  
(普通は何もせずに「次へ」)

# R のインストール



その他諸々・・・  
(普通は何もせずに [次へ] )



しばらくするとインストール完了!

# R のインストール

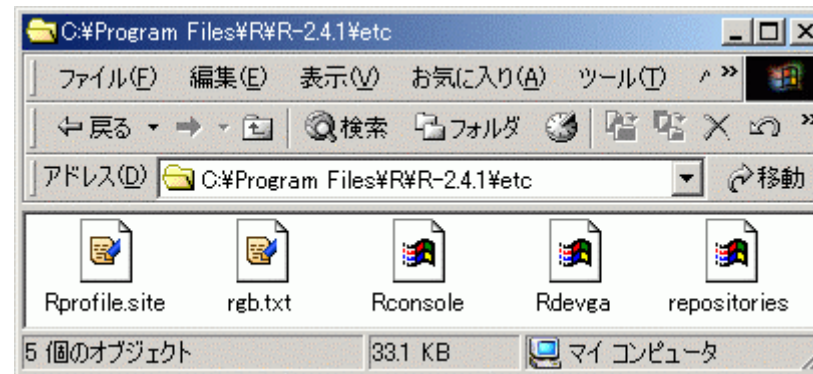


## ■ 「Rのセットアップ+CART」

<http://cwoweb2.bai.ne.jp/~jgb11101/files/cart/cart.html>

にある「Rconsole」「Rdevga」「Rprofile.site」  
をダウンロードして、[C:¥Program Files¥R¥R-2.4.1¥etc]  
にある同名ファイルに上書き  
⇒ 文字化け防止策！！

[以上]



## R Commander のセットアップ



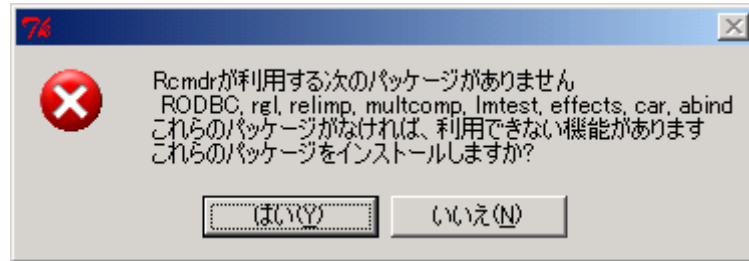
- R のショートカット → 「プロパティ」の「リンク先」に [--internet2 --sdi](#) を追記
- R を起動した後，以下のコマンドを実行

```
install.packages("Rcmdr",  
  contriburl=contrib.url("http://cran.md.tsukuba.ac.jp/"))
```

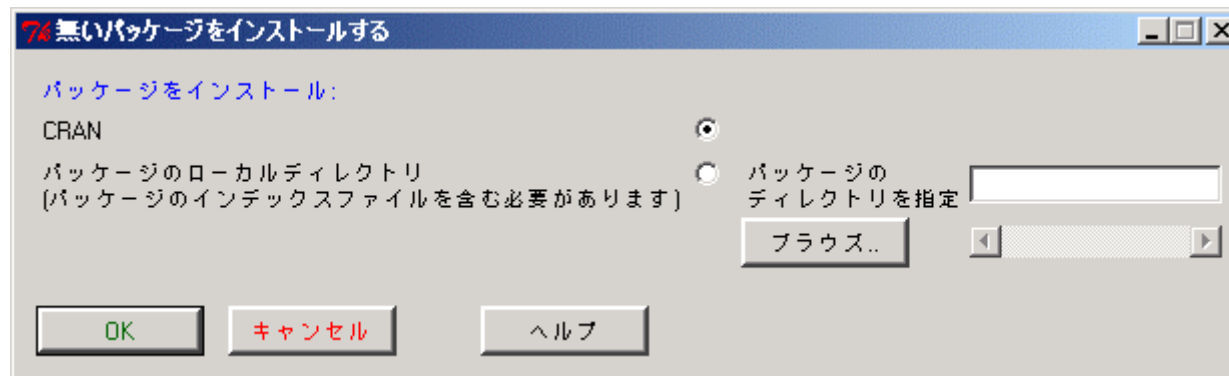
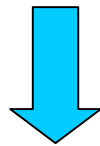
- 最後に R Commander を起動！

```
library(Rcmdr)
```

# R Commander のセットアップ



[はい] を選択



[OK] を選択



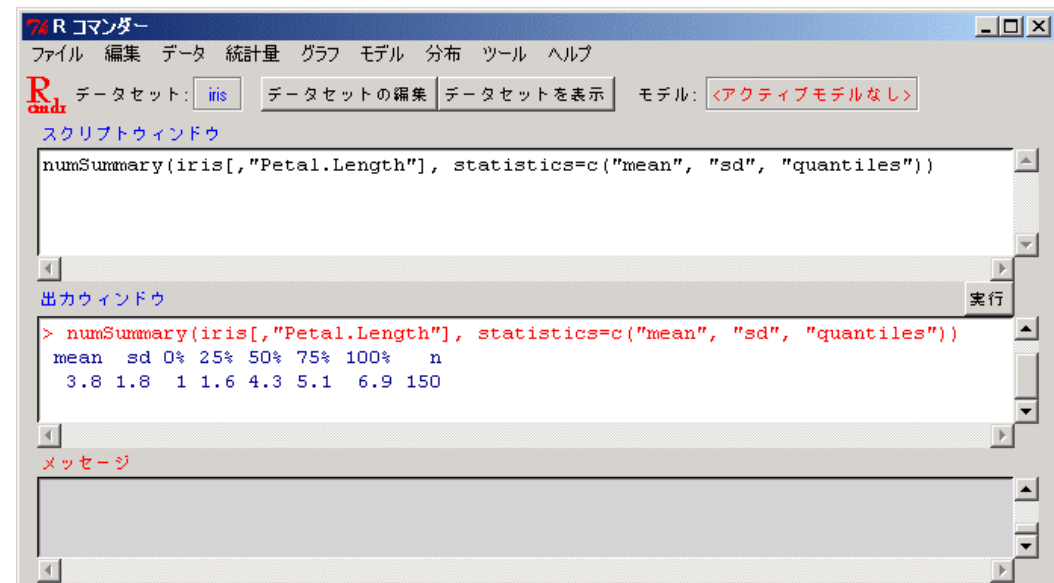
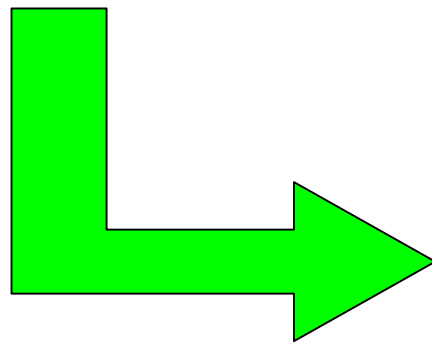
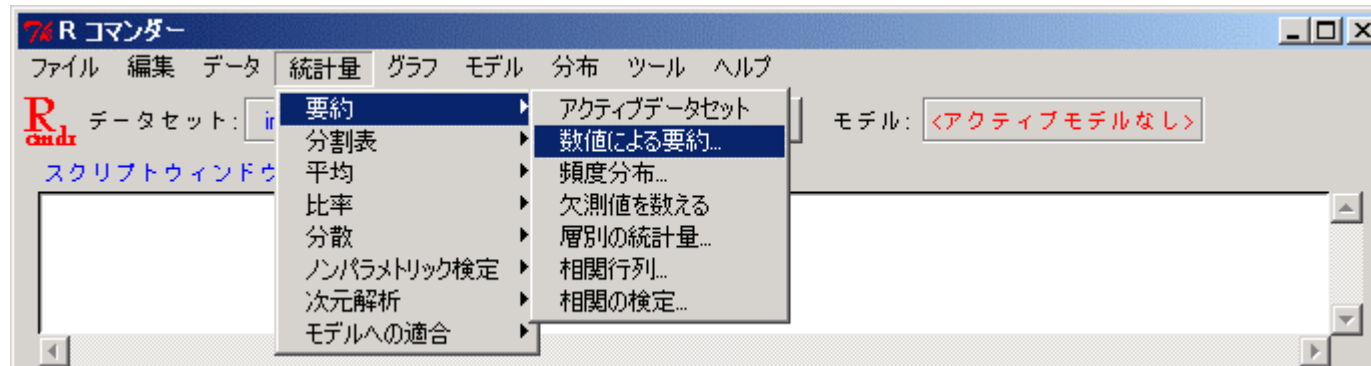
[Japan(Tsukuba)]  
を選択

# R Commander のセットアップ



起動！！！！

# R Commander のセットアップ

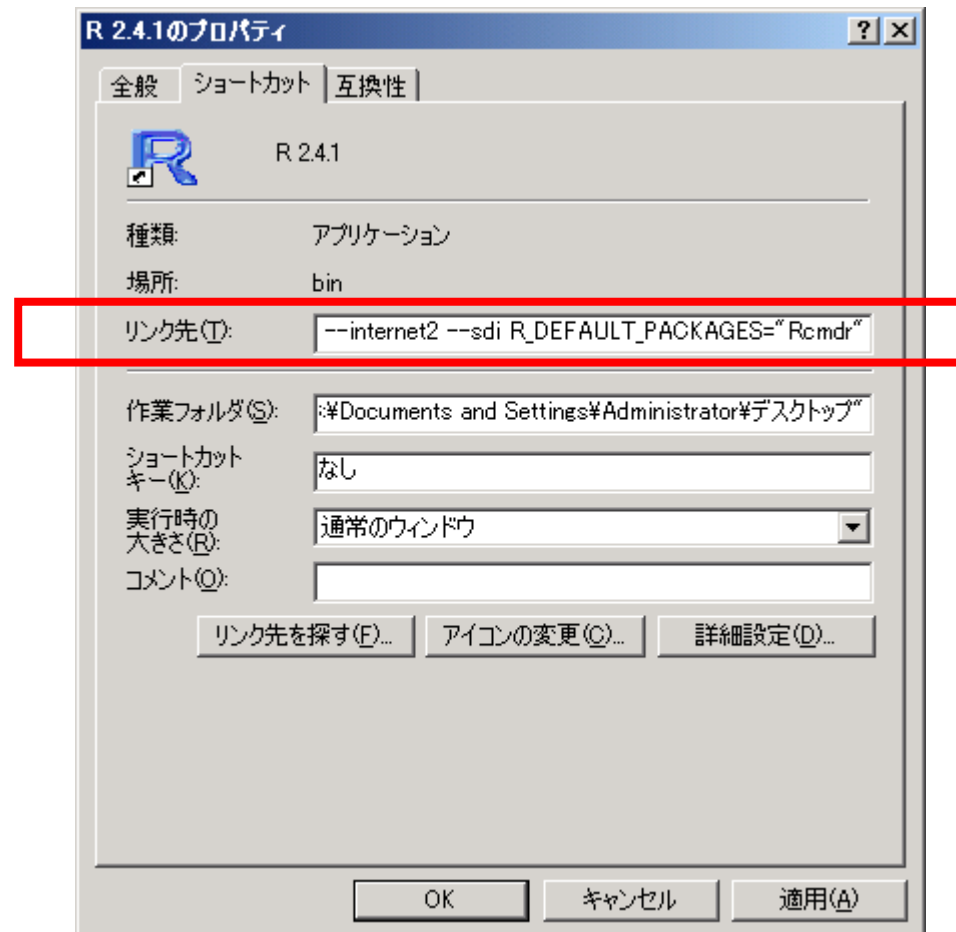


- ① メニューから機能を選択
- ② スクリプトウィンドウには実行した R のコマンドが出力される
- ③ 出力ウィンドウには、実行結果が出力される
- ④ メッセージにはエラーや警告が出力される

# R Commander のセットアップ〔事後処理〕



- R のショートカット → 「プロパティ」の「リンク先」に `--internet2 --sdi R DEFAULT PACKAGES="Rcmdr"` を追記



## 本日のメニュー



- R, R Commander のインストール
  - R のインストール方法
  - R Commander のセットアップ方法
- **R Commander の機能紹介 ←**
  - 基本的な使い方
  - データの読み込み方法
  - 簡単なデータ解析
  - グラフ機能の紹介
  - 分布関数に関する機能
  - etc...
- おまけ (R Commander に自作の機能を追加する概要)

# R Commander の機能紹介



- R Commander の機能を一挙紹介！
  - ファイル操作
  - テキストの編集
  - データの入出力，データの編集
  - 統計量の算出，検定の実行
  - 様々なグラフ描画
  - モデル解析
  - 分位点，確率点の算出，分布のプロット，乱数生成
  - 実行環境の設定機能，ヘルプ機能

## 主に使用するデータ「iris」



Sepal.Length	Sepal.Width	Petal.Length	Petal.Width	Species
5.1	3.5	1.4	0.2	setosa
4.9	3.0	1.4	0.2	setosa
4.7	3.2	1.3	0.2	setosa
4.6	3.1	1.5	0.2	setosa
5.0	3.6	1.4	0.2	setosa
5.4	3.9	1.7	0.4	setosa
4.6	3.4	1.4	0.3	setosa
...	...	...	...	...

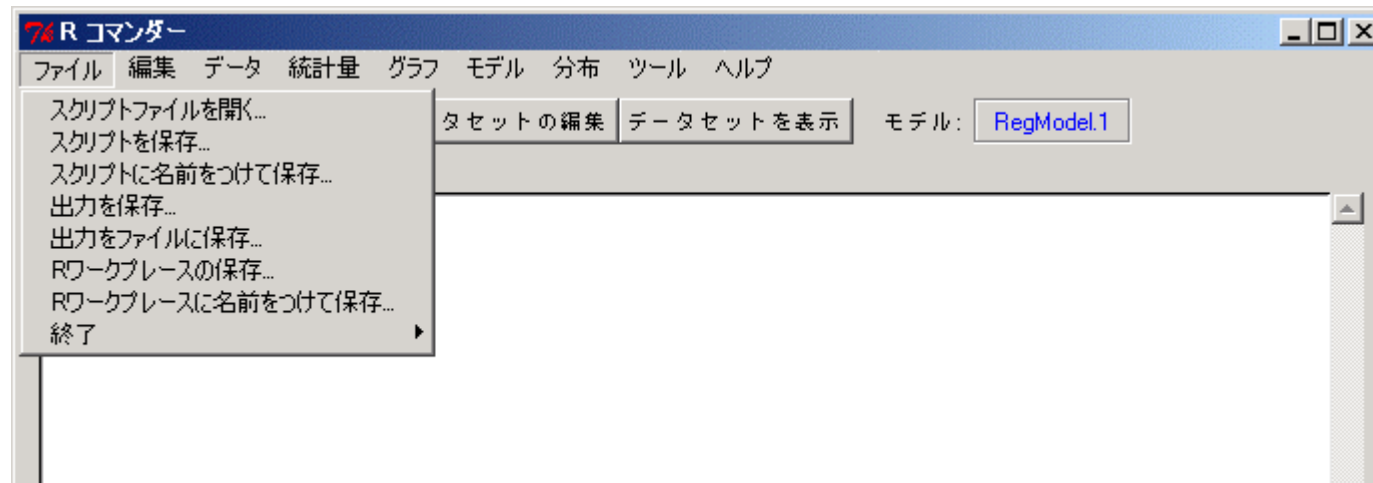
- フィッシャーが判別分析法を紹介するために利用したアヤメの品種分類 (Species: *setosa*, *versicolor*, *virginica*) に関するデータ  
⇒ 以下の4変数を説明変数としてアヤメの種類を判別しようとした
  - アヤメのがくの長さ (Sepal.Length)
  - アヤメのがくの幅 (Sepal.Width)
  - アヤメの花弁の長さ (Petal.Length)
  - アヤメの花弁の幅 (Petal.Width)

# R Commander の機能紹介



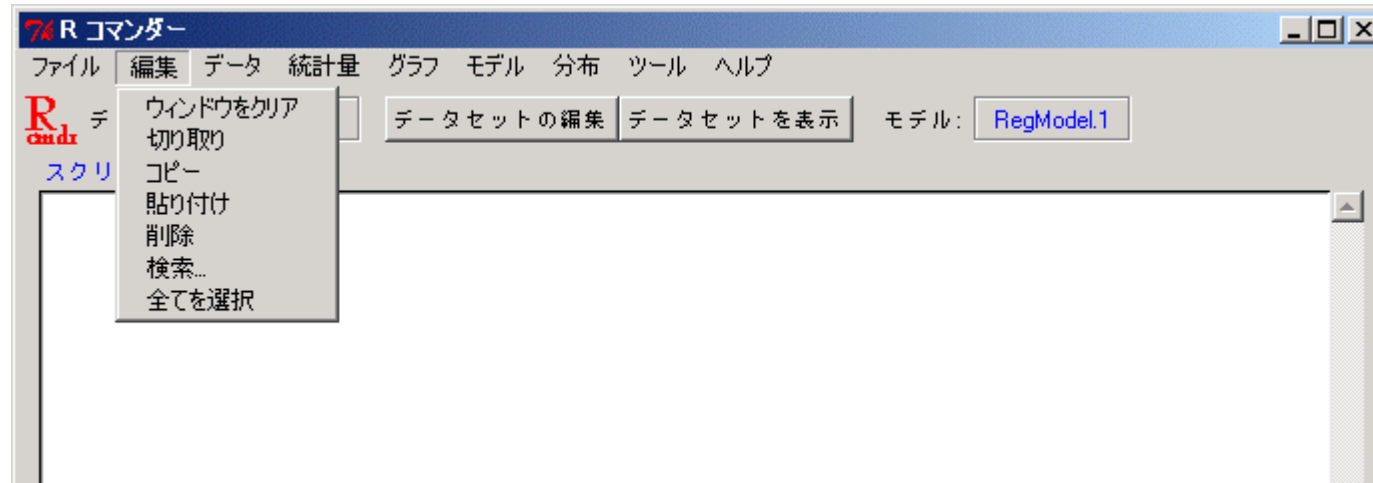
Graphic by (c)Tomo.Yun (<http://www.yunphoto.net>)

# メニュー〔ファイル〕

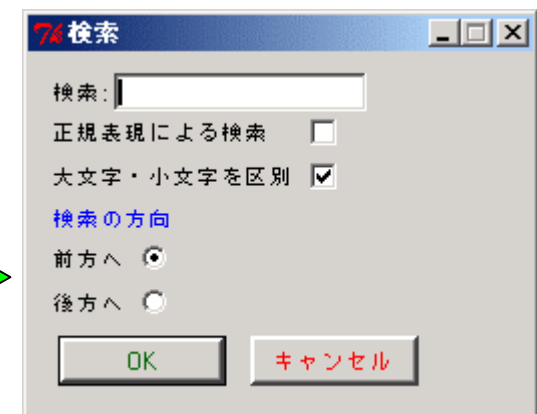
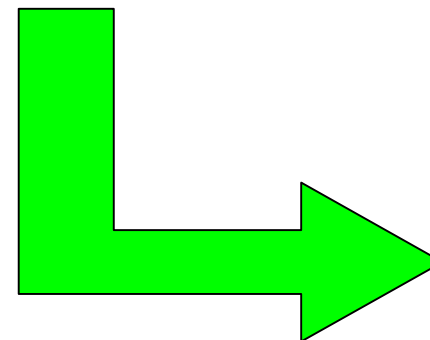


- **スクリプトファイルを開く**  
開く：R のプログラムファイルを開く
- **スクリプトを保存, スクリプトに名前をつけて保存**  
保存：スクリプトウィンドウの内容をファイルに保存
- **出力を保存, 出力をファイルに保存**  
保存：ログウィンドウの内容をファイルに保存
- **R ワークスペースの保存, R ワークスペースに名前をつけて保存**  
保存：R の現在の作業内容（データ, 関数など）をファイルに保存
- **終了**：R Commander を終了する（R 本体は終了しない）

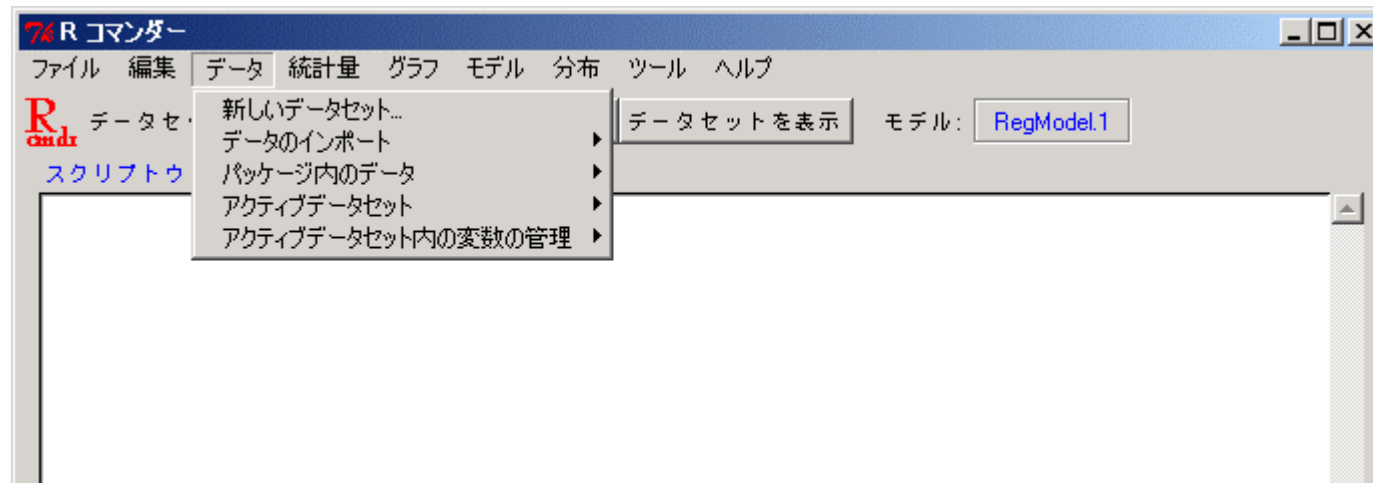
# メニュー〔編集〕



- **ウィンドウをクリア**：スクリプトウィンドウまたはログウィンドウの内容を消去する（カーソルがある方のウィンドウが対象となる）
- **切り取り, コピー, 貼り付け, 削除, 全てを選択**：（普通の編集機能）
- **検索**：カーソルがある方のウィンドウを対象として，文字列の検索を行う

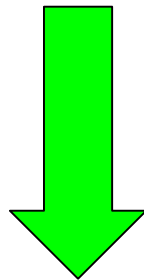
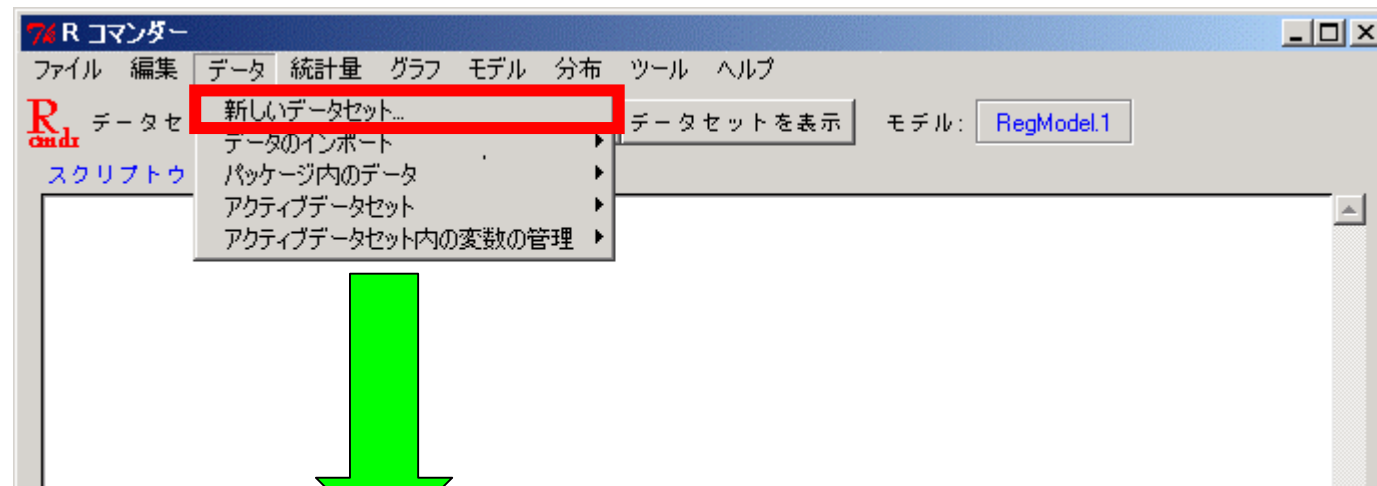


# メニュー〔データ〕

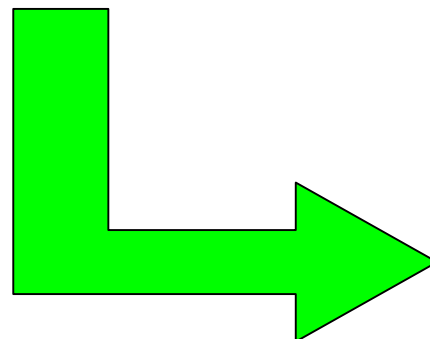


- **新しいデータセット** : セル形式のウィンドウにデータを手入力する
- **データのインポート** : txt, SPSS, Minitab, STATA, EXCEL, Access, dBase形式のデータファイルを読み込む
- **パッケージ内のデータ** : Rに用意されているサンプルデータを読み込む
- **アクティブデータセット** : 解析用データセットの選択やデータの加工を行う
- **アクティブデータセット内の変数の管理** : データの加工を行う

# メニュー〔データ〕新しいデータセット



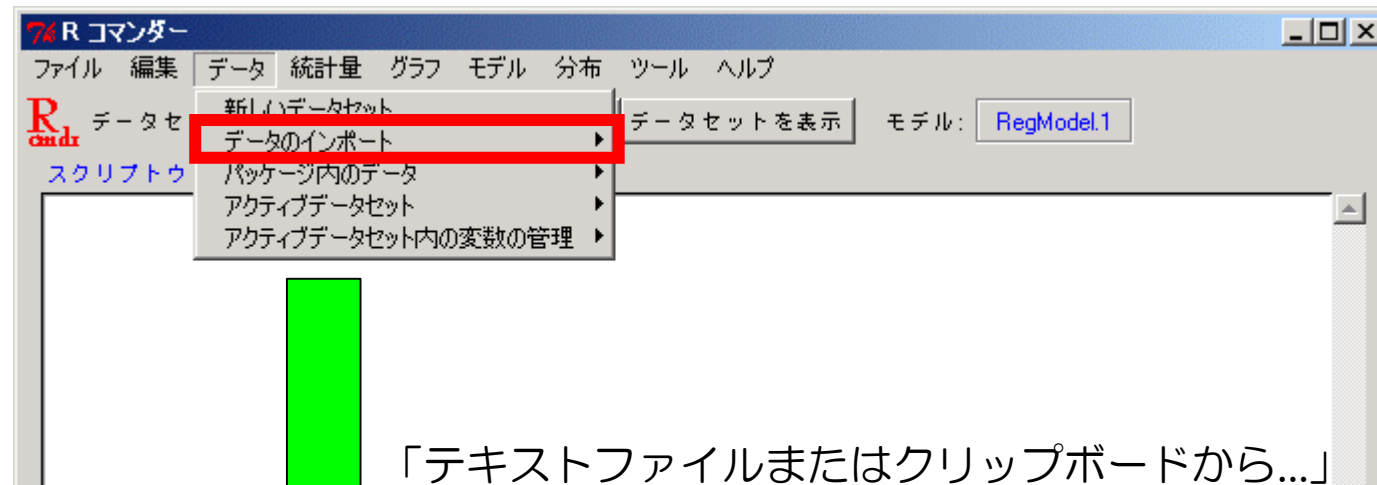
スプレッドシートに  
データを入力する



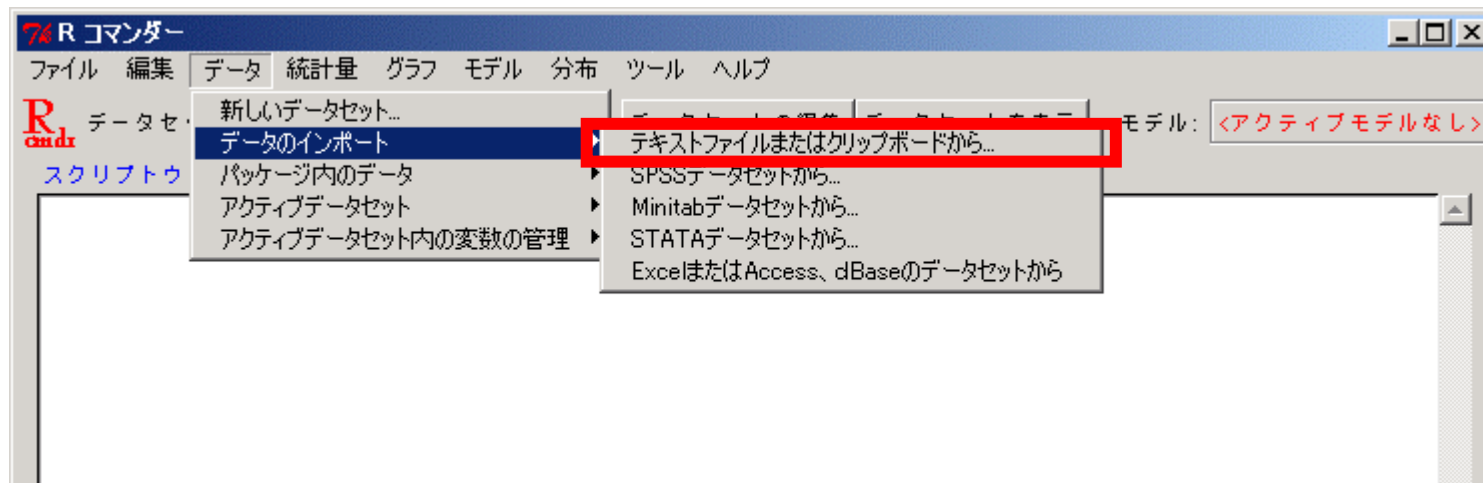
The 'データエディタ' (Data Editor) window shows a spreadsheet with 18 rows and 6 columns. The columns are labeled 'var1' through 'var6'. The first cell in the first row (row 1, column 1) is highlighted with a red border.

	var1	var2	var3	var4	var5	var6
1						
2						
3						
4						
5						
6						
7						
8						
9						
10						
11						
12						
13						
14						
15						
16						
17						
18						

# メニュー〔データ〕データのインポート



「テキストファイルまたはクリップボードから...」  
を選択



# メニュー〔データ〕データのインポート



74 テキストファイルまたはクリップボードからデータを読み込む

データセット名を入力: Dataset

ファイル内に変数名あり:

クリップボードからデータを読み込む:

欠測値の記号: NA

フィールドの区切り記号

空白

カンマ

タブ

その他  指定:

小数点の記号

ピリオド[]

カンマ[]

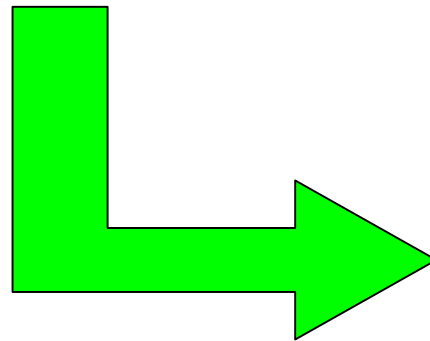
OK キャンセル ヘルプ

- データセット名を入力する
  - ファイル内に変数名（列名）がある場合はチェック
  - 欠測値の記号を指定する（通常は"NA"）
  - フィールドの区切り記号（空白，カンマ，タブ， etc）を指定する
  - 小数点の記号（ピリオド or カンマ）を指定する
- ⇒ 読み込むことが出来るデータセットの種類は豊富！

# メニュー [データ] データのインポート



	A	B	C	D	E	F	G	H
1	Sepal.Length	Sepal.Width	Petal.Length	Petal.Width	Species			
2	5.1	3.5	1.4	0.2	setosa			
3	4.9	3	1.4	0.2	setosa			
4	4.7	3.2	1.3	0.2	setosa			
5	4.6	3.1	1.5	0.2	setosa			
6	5	3.6	1.4	0.2	setosa			
7	5.4	3.9	1.7	0.4	setosa			
8	4.6	3.4	1.4	0.3	setosa			
9	5	3.4	1.5	0.2	setosa			
10	4.4	2.9	1.4	0.2	setosa			
11	4.9	3.1	1.5	0.1	setosa			



テキストファイルまたはクリップボードからデータを読み込む

データセット名を入力: Dataset

ファイル内に変数名あり:

クリップボードからデータを読み込む:

欠測値の記号: NA

フィールドの区切り記号

空白:

カンマ:

タブ:

その他:  指定:

小数点の記号

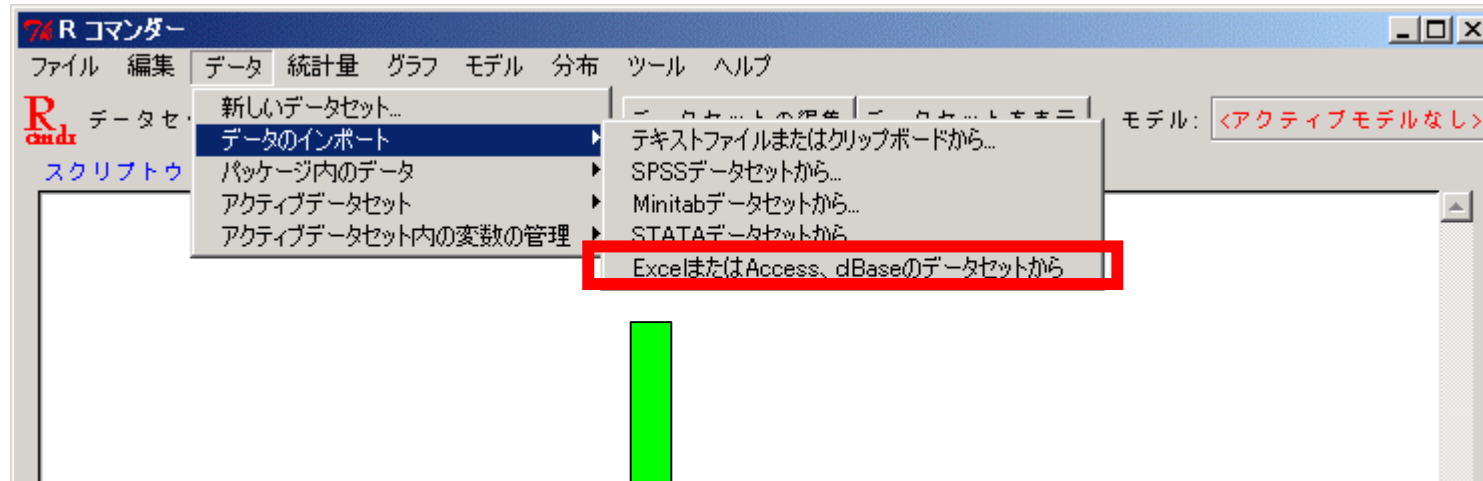
ピリオド[]:

カンマ[]:

OK キャンセル ヘルプ

EXCELファイルのデータをコピーした後、そのデータを R Commander に読み込ませることも可（「クリップボード...」）にチェック！

# メニュー [データ] データのインポート

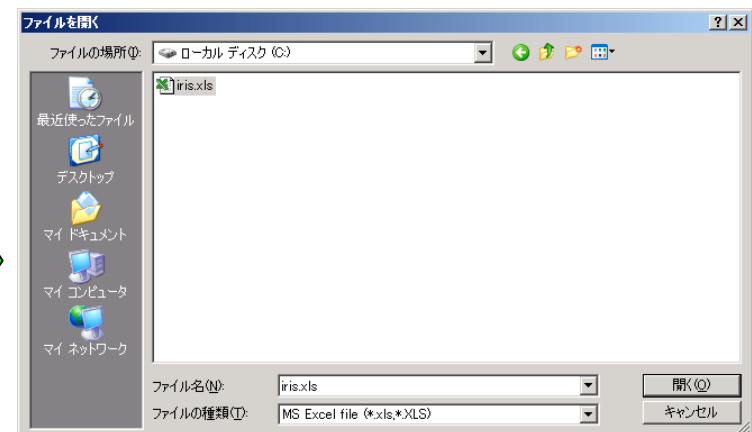


EXCELやAccessファイルの  
データを読み込むときは、

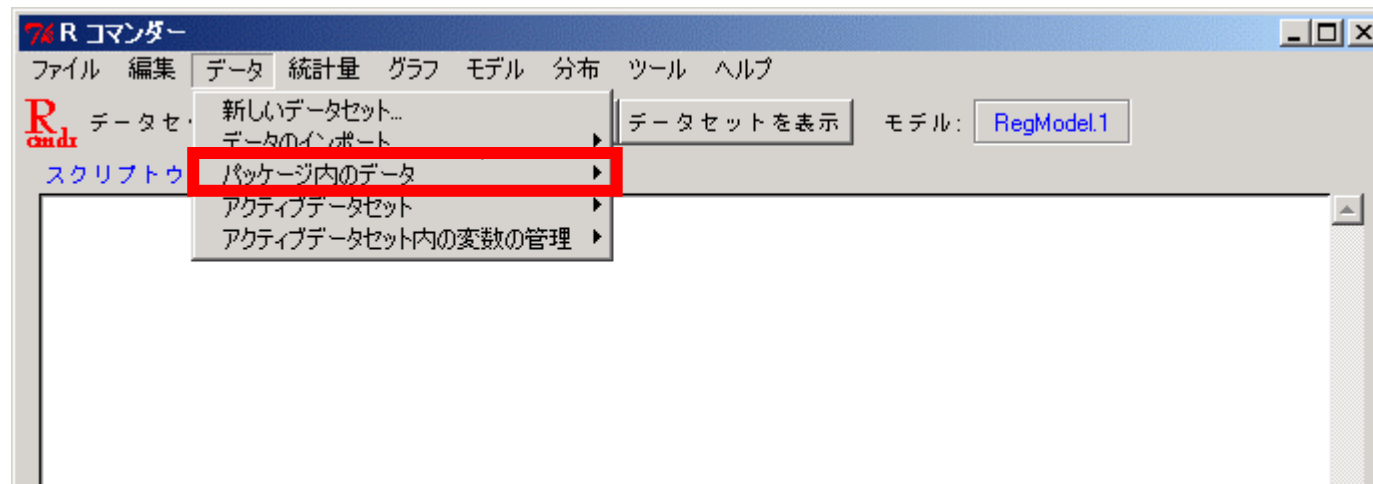
- ① 上記画像のメニューを  
選択してデータセット名を入力



- ② 読み込むファイル  
を選択する



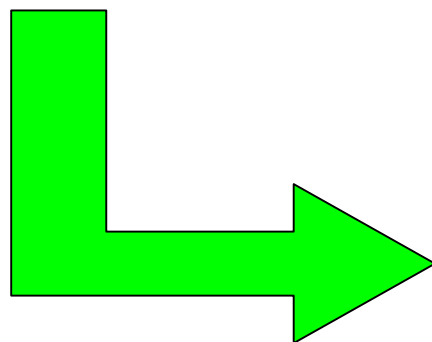
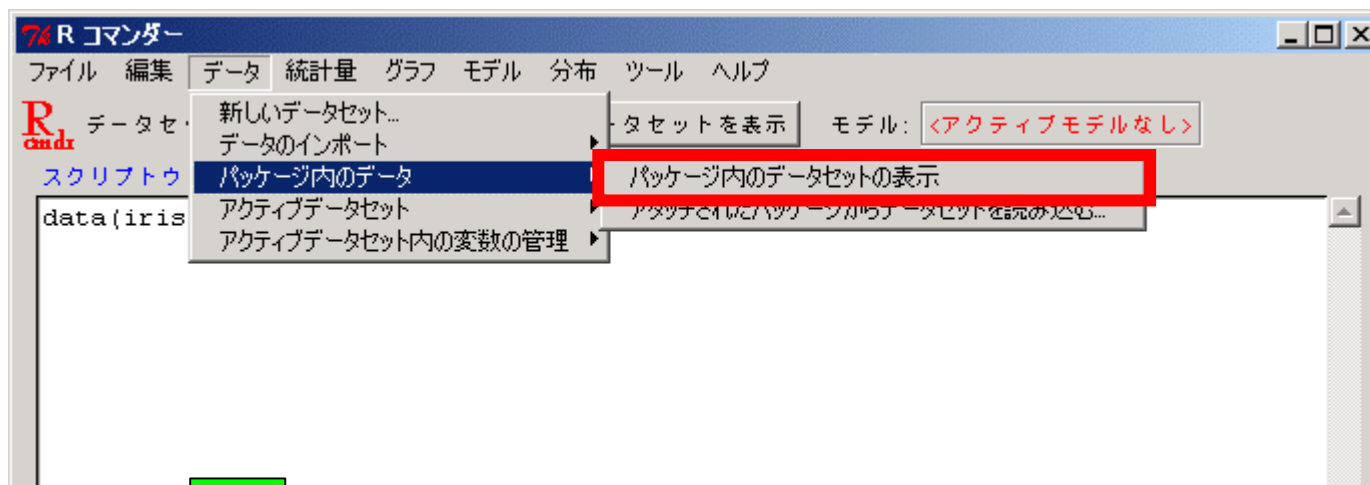
# メニュー [データ] パッケージ内のデータ...



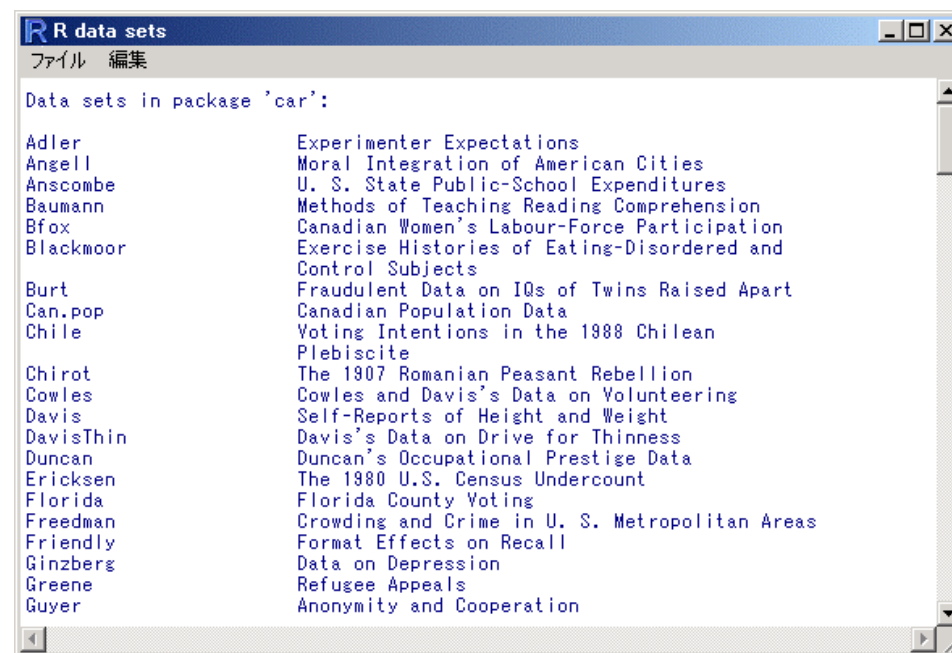
## ■ パッケージ内のデータ

- R には、サンプルデータセットが多数収録されている！
- このメニューでサンプルデータの一覧を表示したり、サンプルデータを読み込むことが出来る

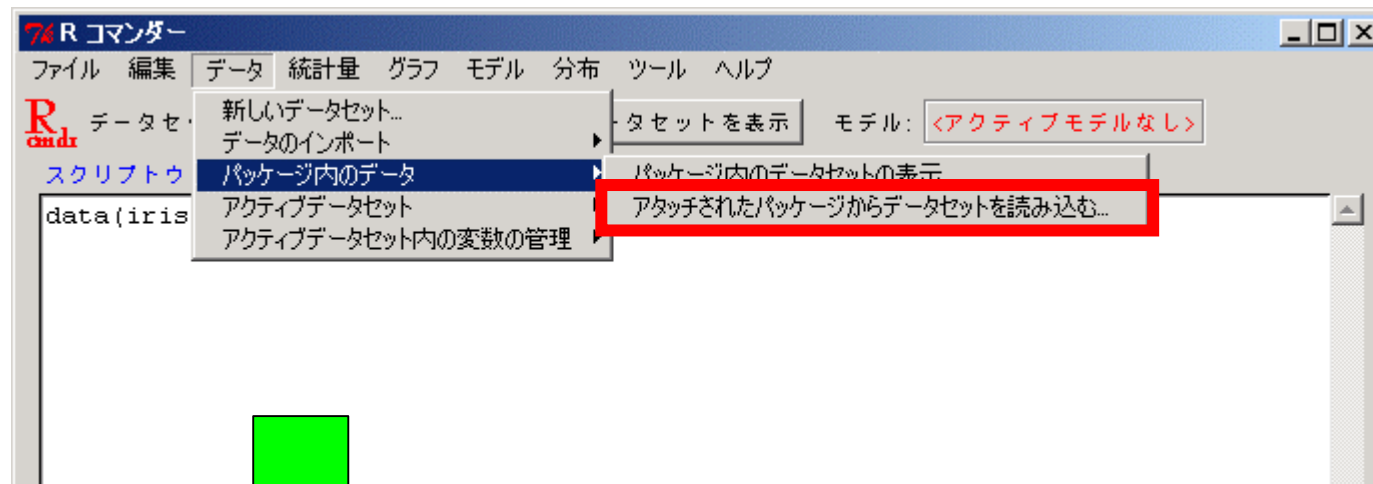
# メニュー [データ] パッケージ内のデータ...



使うことが出来るサンプルデータの一覧（データの簡単な説明つき）が表示される



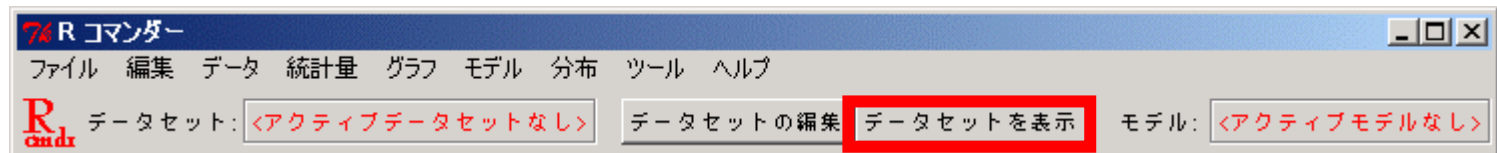
# メニュー [データ] パッケージ内のデータ...



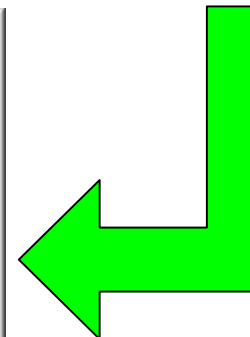
1. パッケージを選択  
(普通はdatasetsを選択)
2. 使用するデータセットの名前  
(ここでは **iris**) をダブルクリック
3. データセット名を変更する場合はデータセット名を修正



# メニュー [データ] パッケージ内のデータ...



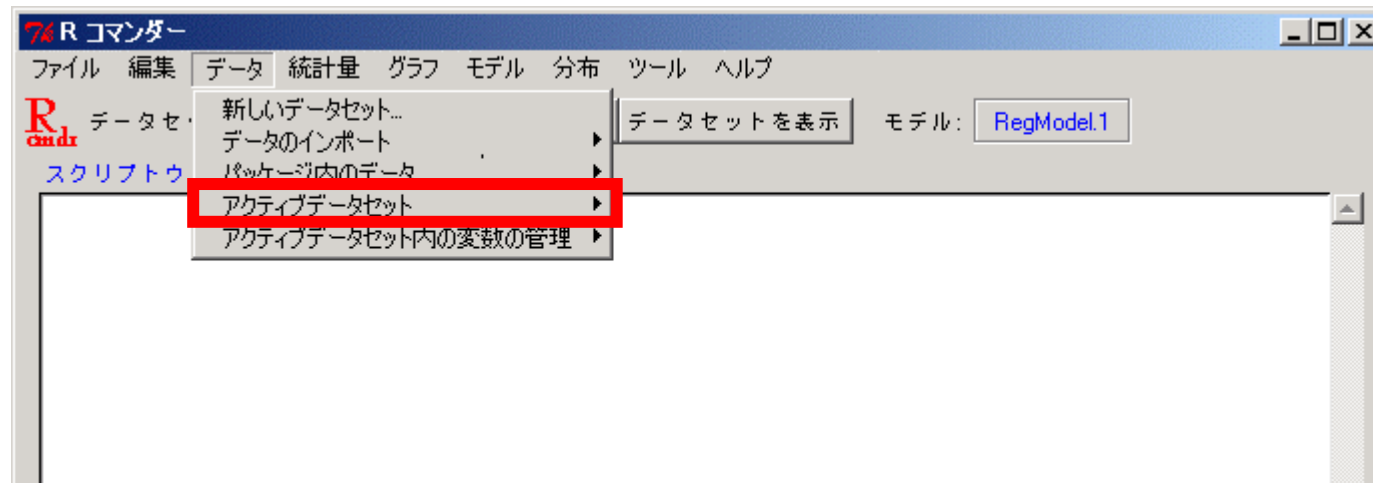
	Sepal.Length	Sepal.Width	Petal.Length	Petal.Width	Species
1	5.1	3.5	1.4	0.2	setosa
2	4.9	3.0	1.4	0.2	setosa
3	4.7	3.2	1.3	0.2	setosa
4	4.6	3.1	1.5	0.2	setosa
5	5.0	3.6	1.4	0.2	setosa
6	5.4	3.9	1.7	0.4	setosa
7	4.6	3.4	1.4	0.3	setosa
8	5.0	3.4	1.5	0.2	setosa
9	4.4	2.9	1.4	0.2	setosa
10	4.9	3.1	1.5	0.1	setosa
11	5.4	3.7	1.5	0.2	setosa
12	4.8	3.4	1.6	0.2	setosa
13	4.8	3.0	1.4	0.1	setosa
14	4.3	3.0	1.1	0.1	setosa
15	5.8	4.0	1.2	0.2	setosa
16	5.7	4.4	1.5	0.4	setosa
17	5.4	3.9	1.3	0.4	setosa
18	5.1	3.5	1.4	0.3	setosa
19	5.7	3.8	1.7	0.3	setosa
20	5.1	3.8	1.5	0.3	setosa
21	5.4	3.4	1.7	0.2	setosa
22	5.1	3.7	1.5	0.4	setosa
23	4.6	3.6	1.0	0.2	setosa
24	5.1	3.3	1.7	0.5	setosa
25	4.8	3.4	1.9	0.2	setosa
26	5.0	3.0	1.6	0.2	setosa
27	5.0	3.4	1.6	0.4	setosa
28	5.2	3.5	1.5	0.2	setosa
29	5.2	3.4	1.4	0.2	setosa
30	4.7	3.2	1.6	0.2	setosa



読み込んだデータセット  
を表示するときは、  
「データセットを表示」  
をクリック！

※ 読み込んだデータセット  
を表示するときは、  
「データセットの編集」  
をクリック

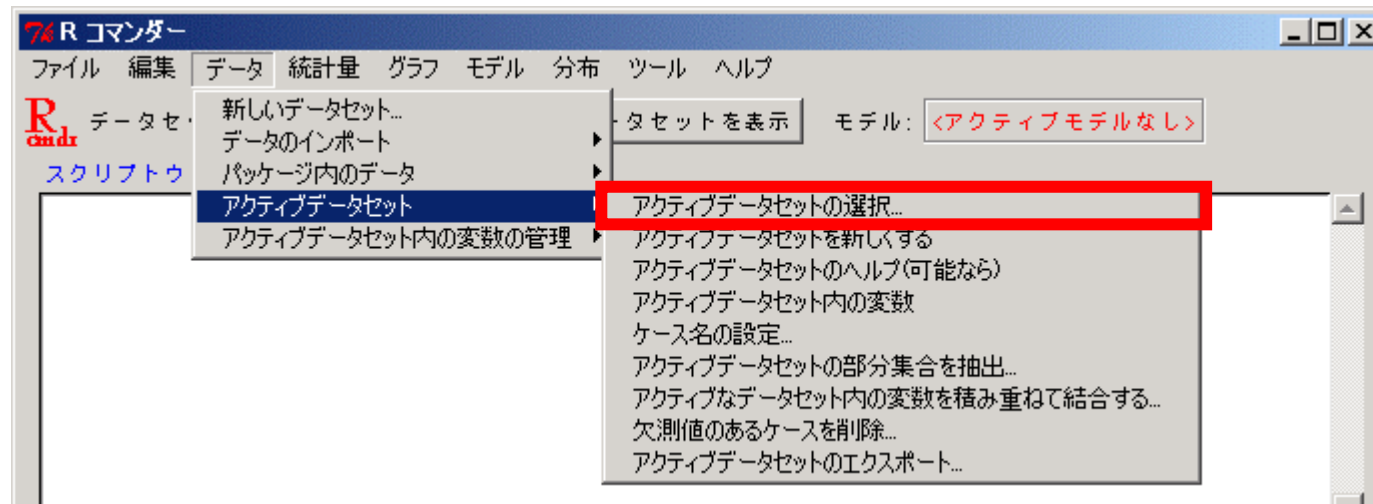
# メニュー〔データ〕 アクティブデータセット



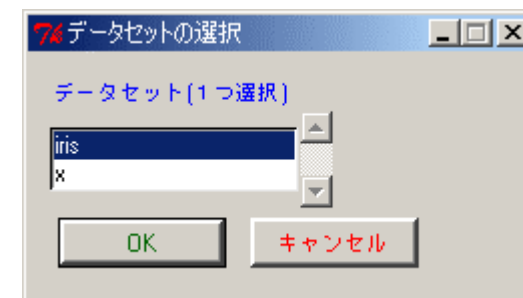
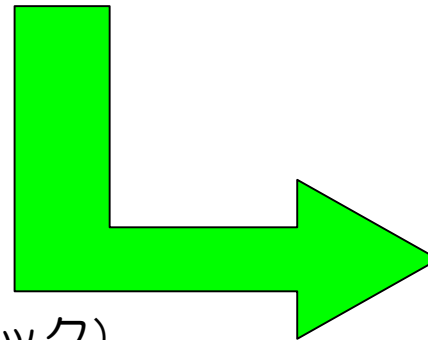
## ■ アクティブデータセット

- 解析に使うデータセットを選択する
- 読み込んだデータセットに関する情報を見る
- データの部分集合を切り取ったり、欠測値を除く処理を行う
- データセットをファイルに出力する      etc...

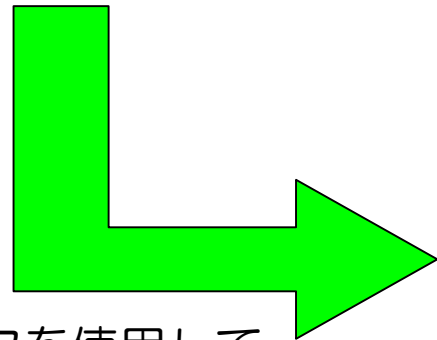
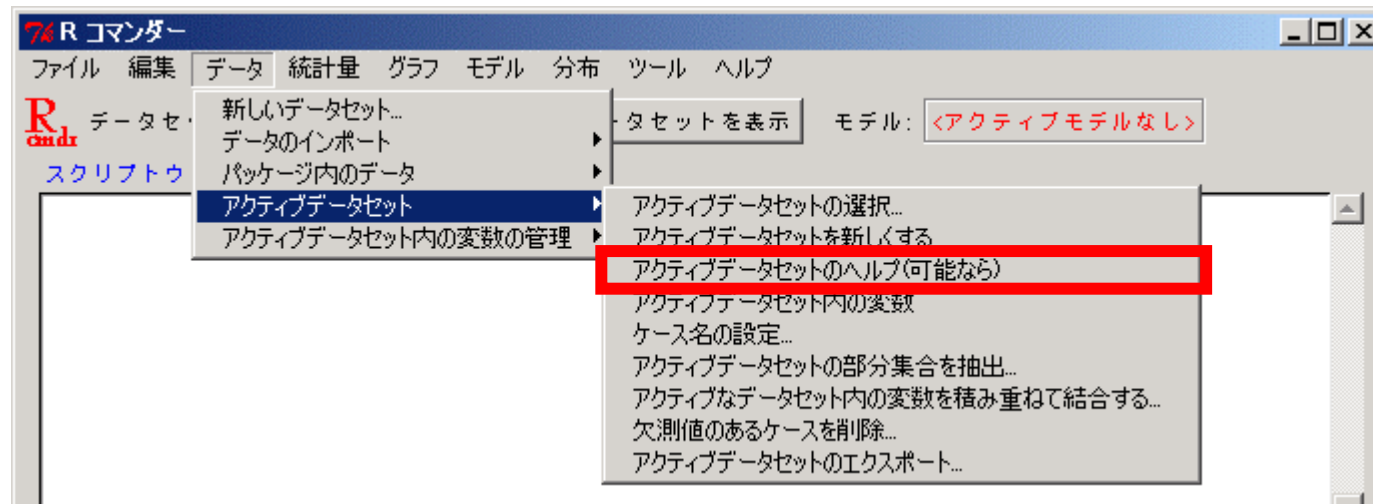
# メニュー〔データ〕 アクティブデータセット



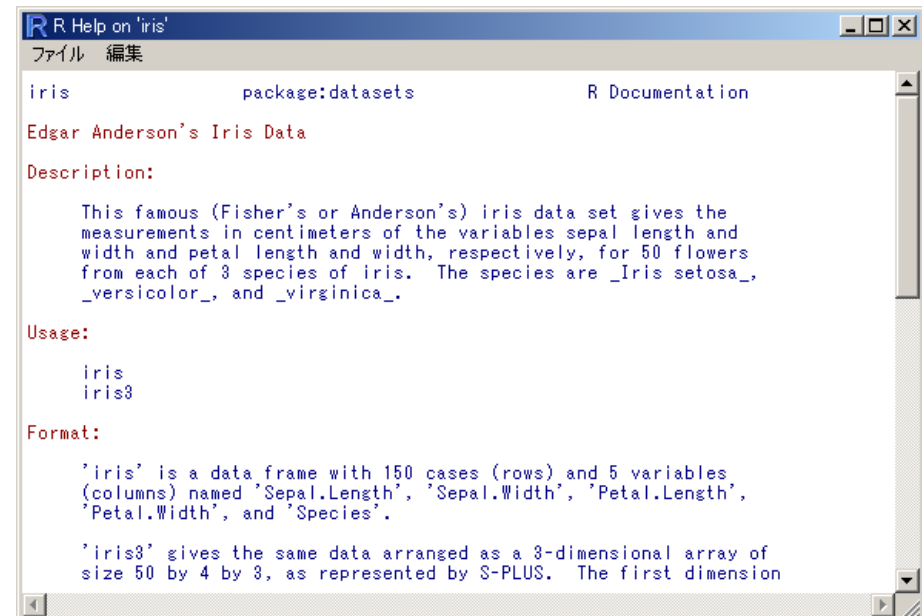
使用するデータセットを選択  
(ここでは **iris** をダブルクリック)



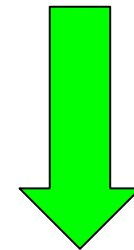
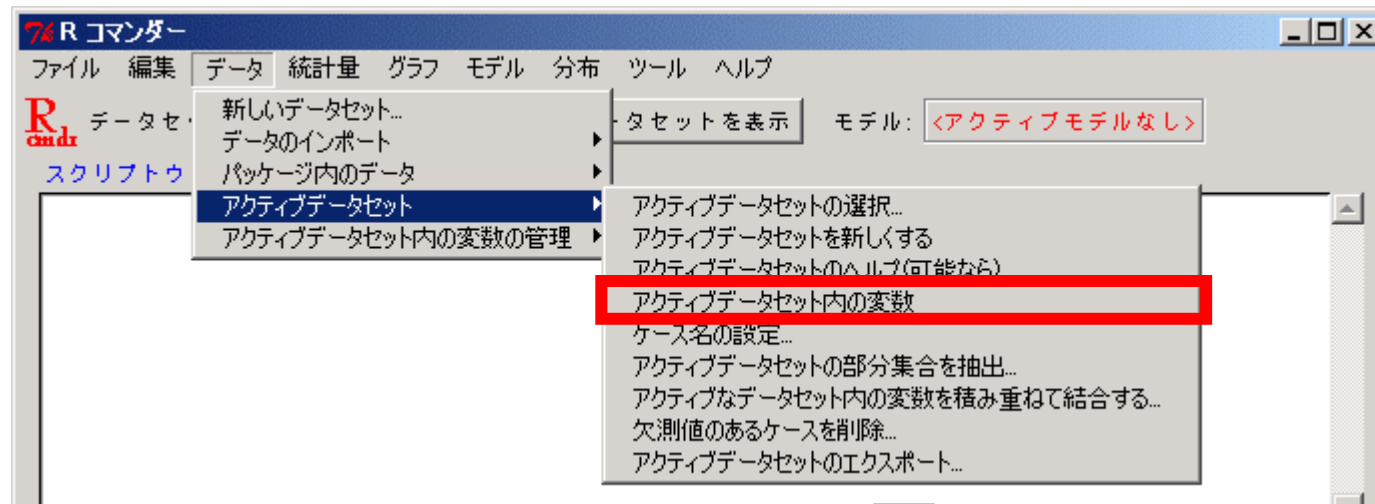
# メニュー〔データ〕 アクティブデータセット



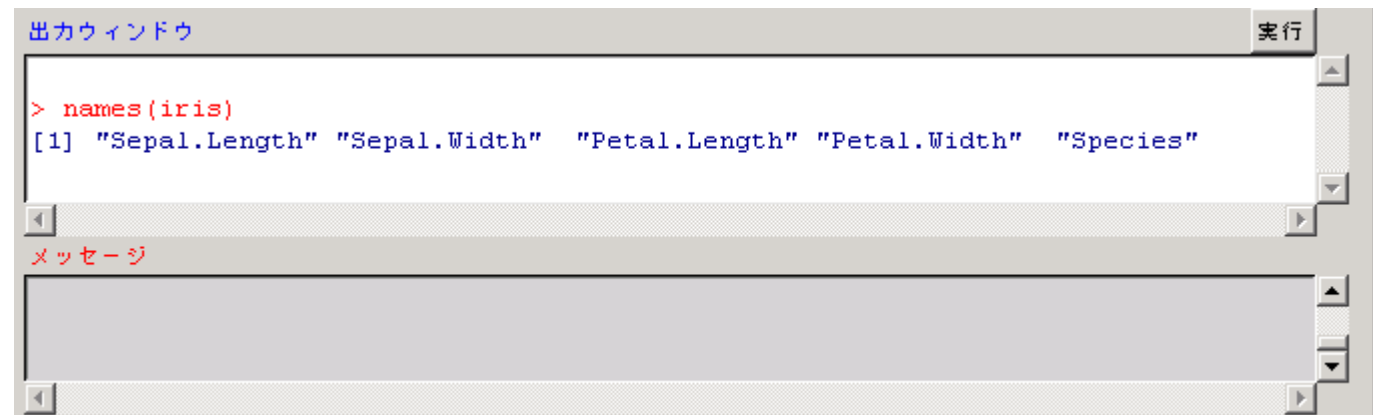
Rのサンプルデータを使用している場合は、データセットのヘルプを見ることが出来る



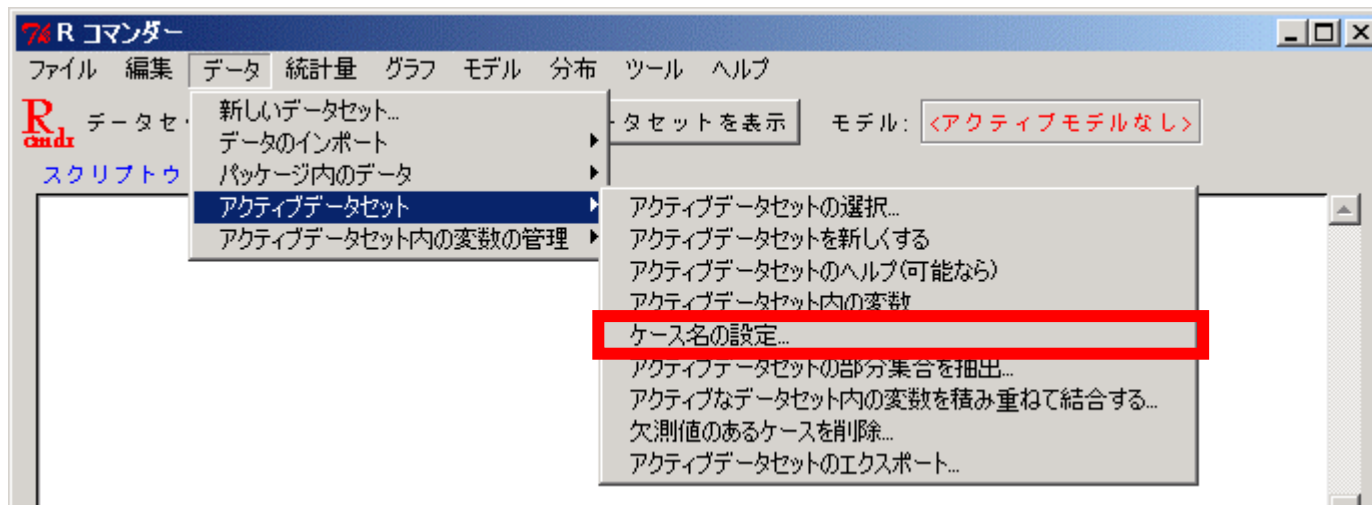
# メニュー〔データ〕アクティブデータセット



変数名を確認



# メニュー [データ] アクティブデータセット

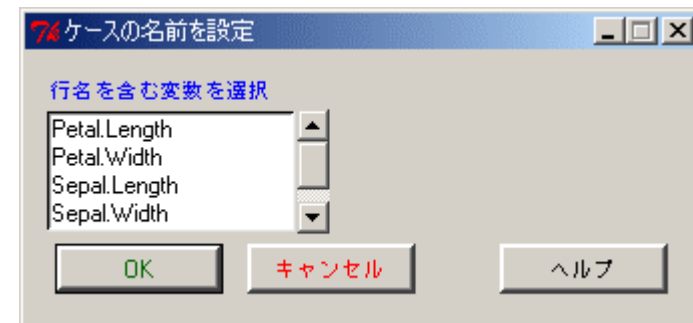


行名

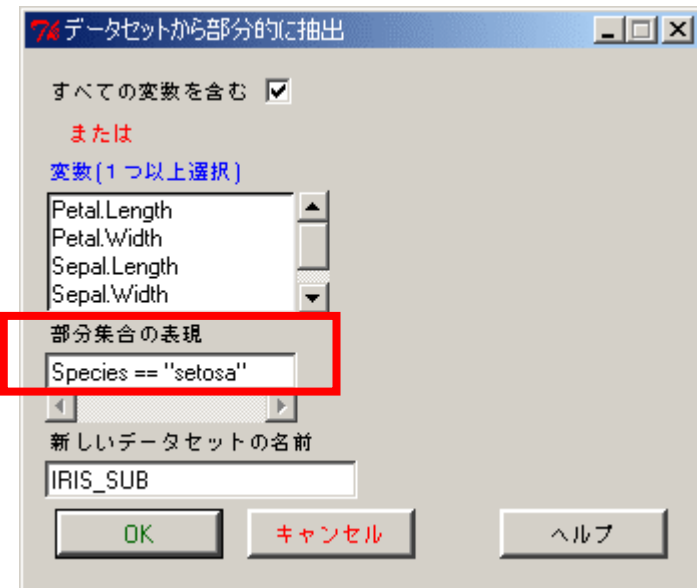
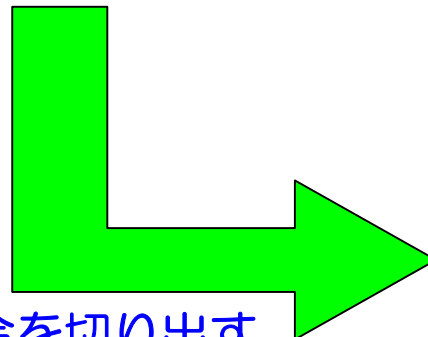
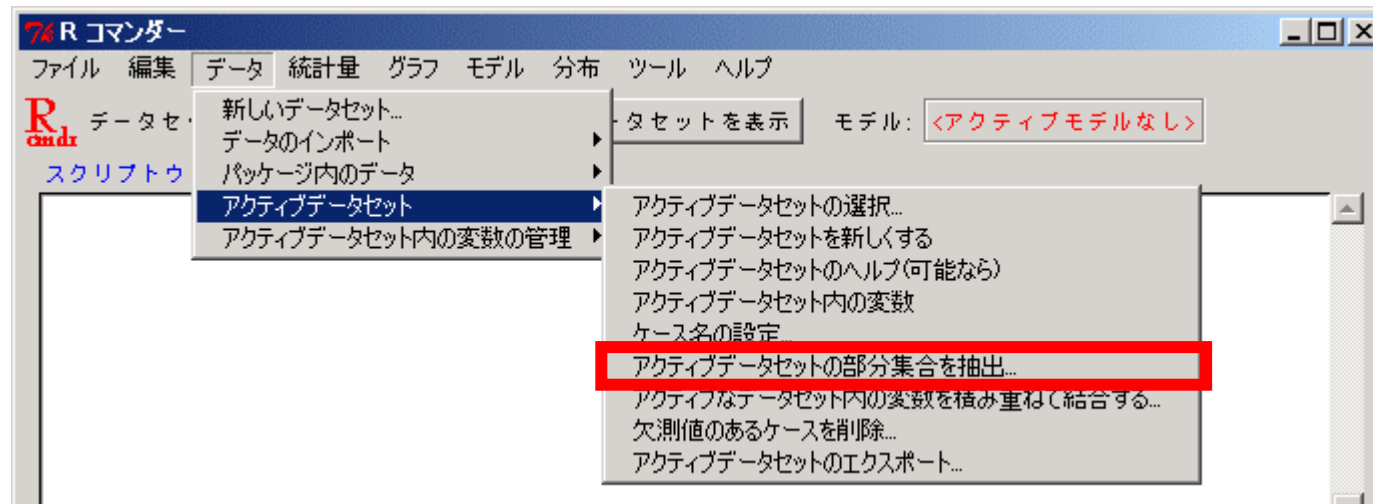


	Sepal.Length	Sepal.Width	Petal.Length	Petal.Width	Species
1	5.1	3.5	1.4	0.2	setosa
2	4.9	3.0	1.4	0.2	setosa
3	4.7	3.2	1.3	0.2	setosa
4	4.6	3.1	1.5	0.2	setosa
5	5.0	3.6	1.4	0.2	setosa
6	5.4	3.9	1.7	0.4	setosa
7	4.6	3.4	1.4	0.3	setosa
8	5.0	3.4	1.5	0.2	setosa
9	4.4	2.9	1.4	0.2	setosa
10	4.9	3.1	1.5	0.1	setosa
11	5.4	3.7	1.5	0.2	setosa
12	4.8	3.4	1.6	0.2	setosa
13	4.8	3.0	1.4	0.1	setosa
14	4.3	3.0	1.1	0.1	setosa
15	5.8	4.0	1.2	0.2	setosa
16	5.7	4.4	1.5	0.4	setosa
17	5.4	3.9	1.3	0.4	setosa
18	5.1	3.5	1.4	0.3	setosa
19	5.7	3.8	1.7	0.3	setosa
20	5.1	3.8	1.5	0.3	setosa
21	5.4	3.4	1.7	0.2	setosa
22	5.1	3.7	1.5	0.4	setosa
23	4.6	3.6	1.0	0.2	setosa
24	5.1	3.3	1.7	0.5	setosa
25	4.8	3.4	1.9	0.2	setosa
26	5.0	3.0	1.6	0.2	setosa
27	5.0	3.4	1.6	0.4	setosa
28	5.2	3.5	1.5	0.2	setosa
29	5.2	3.4	1.4	0.2	setosa
30	4.7	3.2	1.6	0.2	setosa

データセット内の  
変数を行名に  
持ってくる



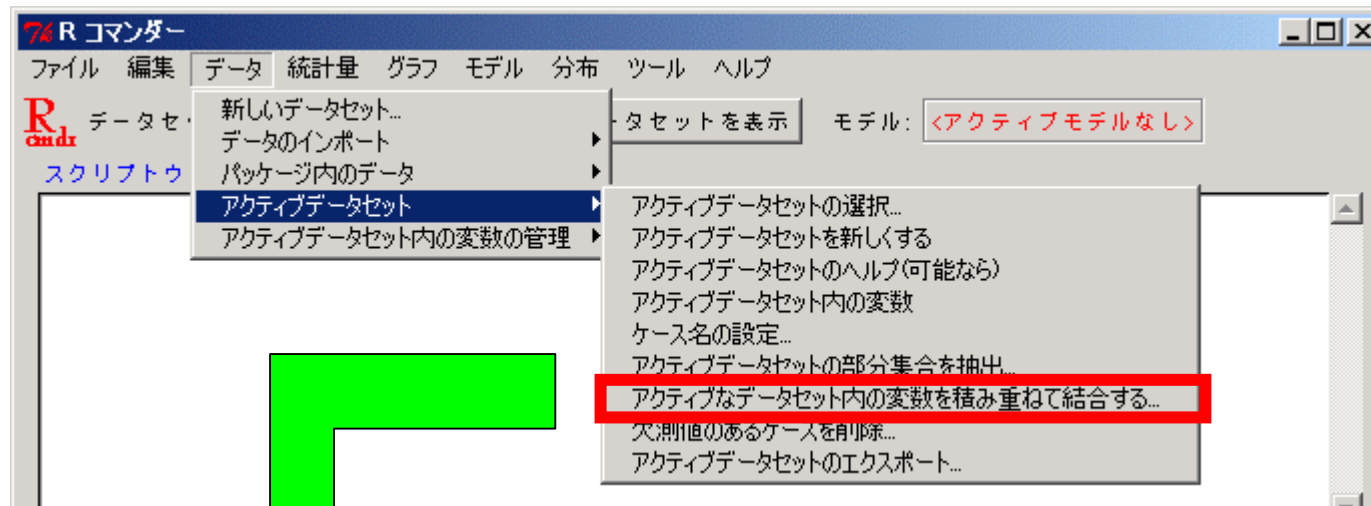
# メニュー〔データ〕アクティブデータセット



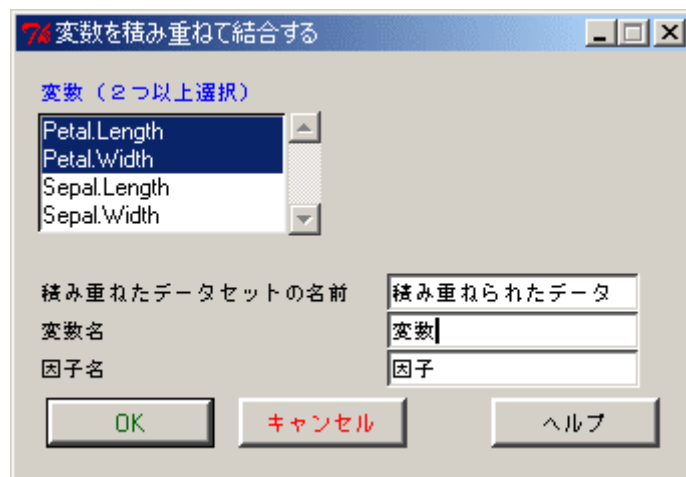
## ★ データセットから部分集合を切り出す

- ① 切り出す変数を選択する
- ② 「部分集合の表現」に条件式を入力する
- ③ 切り出した後のデータセット名を入力する

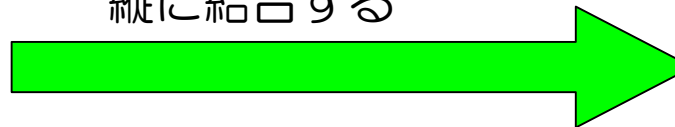
# メニュー〔データ〕アクティブデータセット



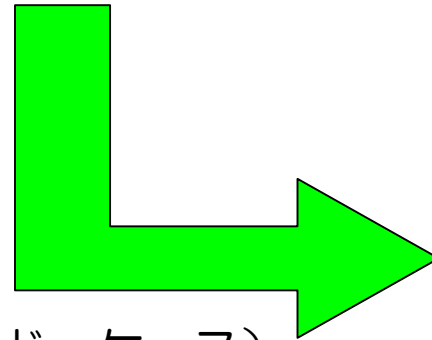
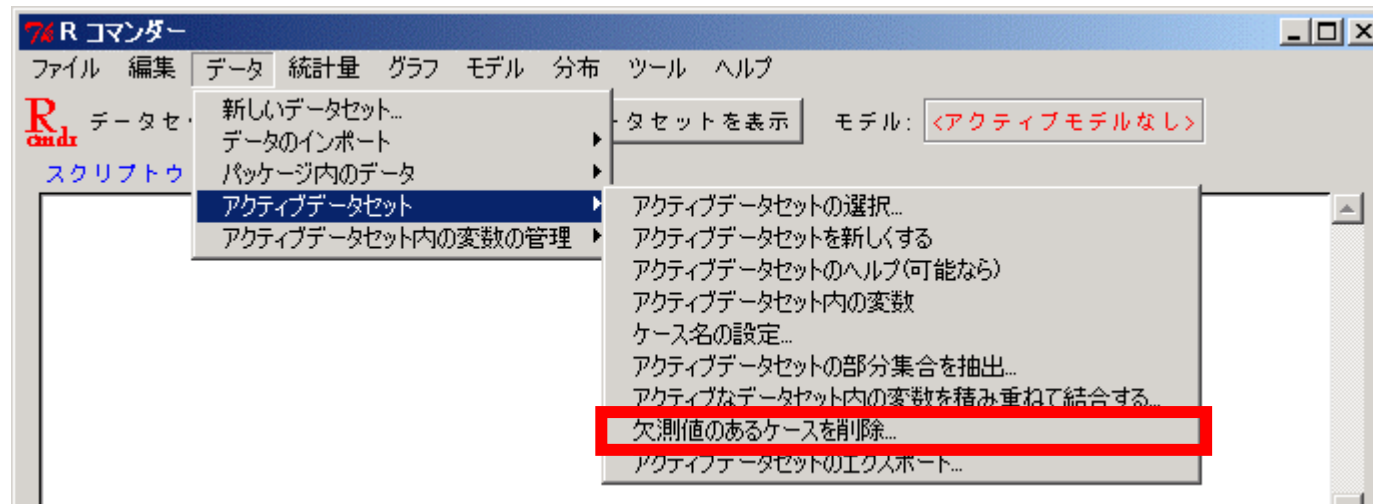
	変数	因子
137	5.6 Petal.Length	
138	5.5 Petal.Length	
139	4.8 Petal.Length	
140	5.4 Petal.Length	
141	5.6 Petal.Length	
142	5.1 Petal.Length	
143	5.1 Petal.Length	
144	5.9 Petal.Length	
145	5.7 Petal.Length	
146	5.2 Petal.Length	
147	5.0 Petal.Length	
148	5.2 Petal.Length	
149	5.4 Petal.Length	
150	5.1 Petal.Length	
151	0.2 Petal.Width	
152	0.2 Petal.Width	
153	0.2 Petal.Width	
154	0.2 Petal.Width	
155	0.2 Petal.Width	
156	0.4 Petal.Width	
157	0.3 Petal.Width	
158	0.2 Petal.Width	
159	0.2 Petal.Width	
160	0.1 Petal.Width	
161	0.2 Petal.Width	
162	0.2 Petal.Width	
163	0.1 Petal.Width	
164	0.1 Petal.Width	
165	0.2 Petal.Width	
166	0.4 Petal.Width	



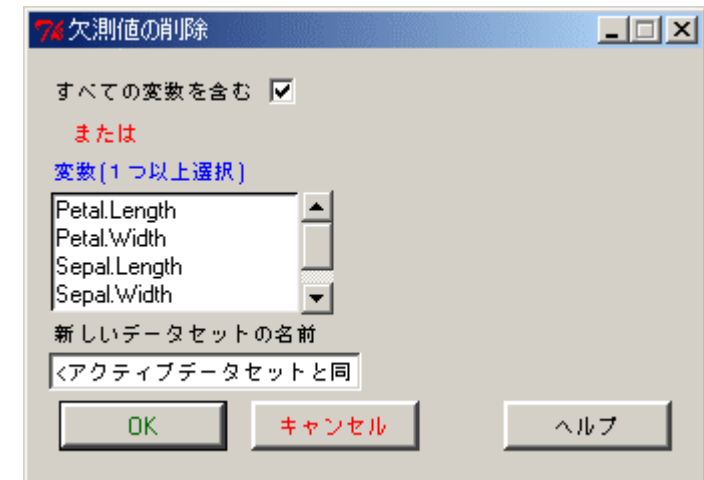
2つ以上の変数を  
縦に結合する



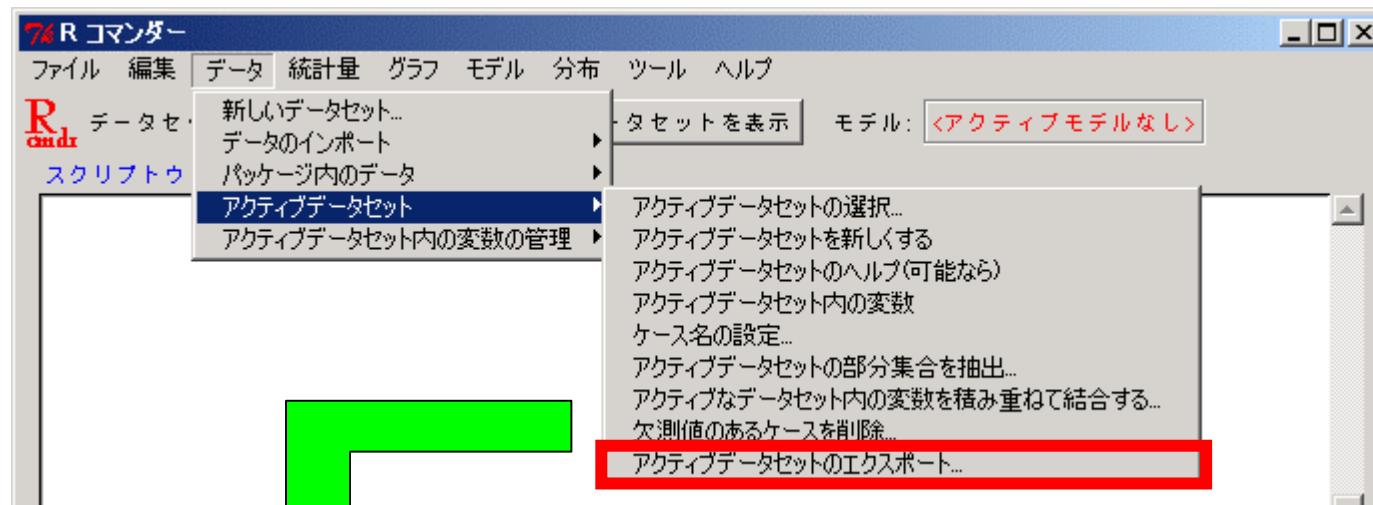
# メニュー〔データ〕 アクティブデータセット



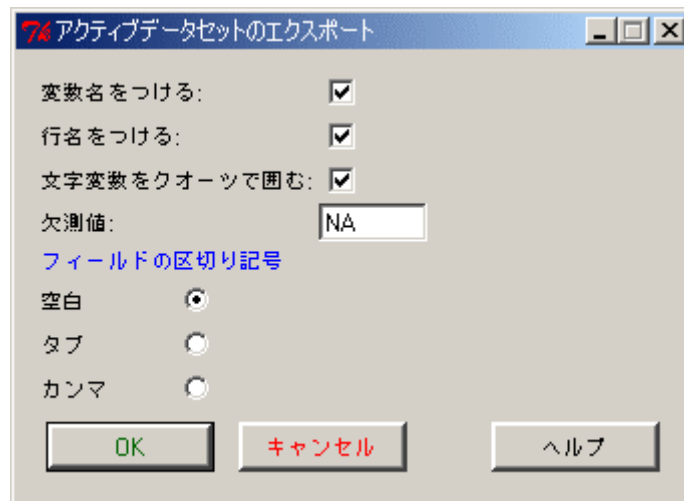
欠測のある行（レコード、ケース）  
を削除する



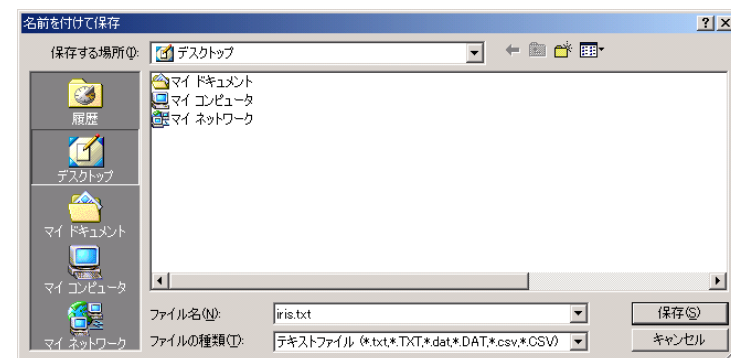
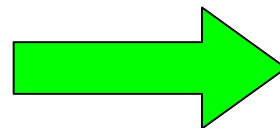
# メニュー〔データ〕 アクティブデータセット



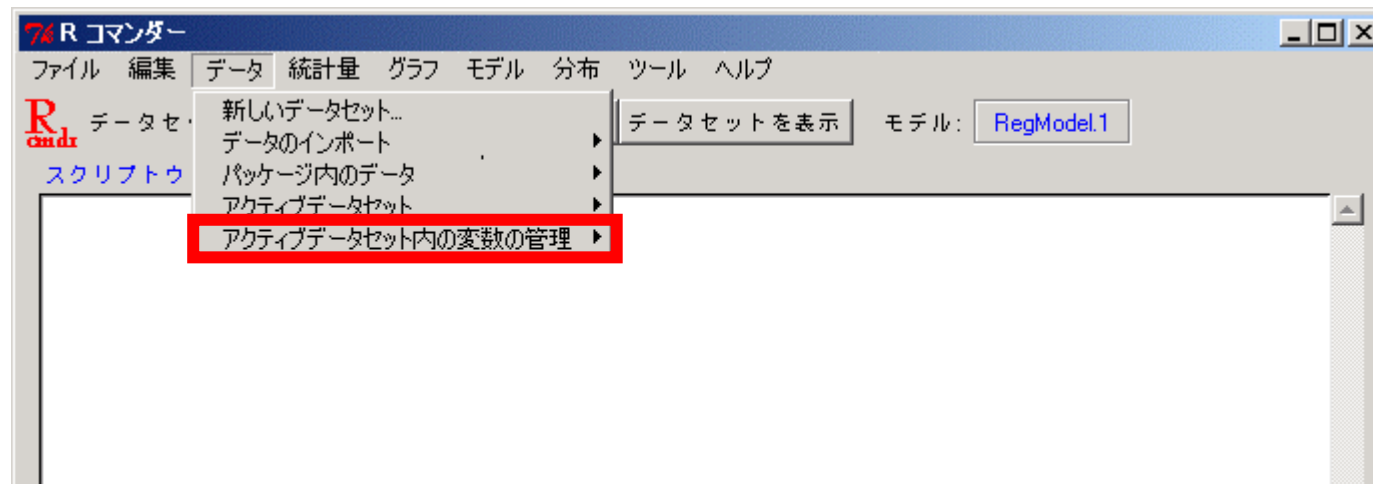
諸設定をした後...



データセットをファイルに出力する  
(テキストファイルのみ)



# メニュー [データ] アクティブデータセット...



## ■ アクティブデータセット内の変数の管理

□ カテゴリデータ（因子データ）の再カテゴリ化や再順序化，  
数値変数をカテゴリ変数に変換を行う

□ カテゴリ変数の対比を定義する

□ 変数の追加や標準化，変数名の変更，変数の削除を行う

etc...

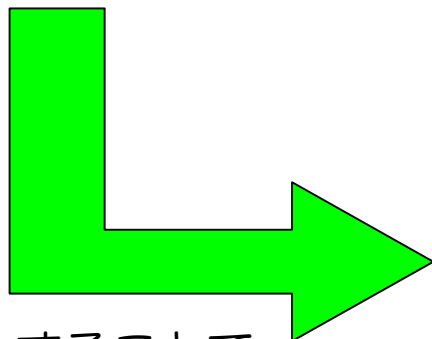
# メニュー [データ] アクティブデータセット...



The screenshot shows the R Commander interface. The 'Data' menu is open, and 'Active Data Set' is selected. A sub-menu is visible with '変数の再コード化...' (Recode variables...) highlighted. A dialog box titled '変数を再コード化' (Recode variables) is open, showing a list of variables: Petal.Width, Sepal.Length, Sepal.Width, and Species. The 'Species' variable is selected. Below the list, there is a text input field for 'New variable name or prefix for multiple recodes' with the value '変数'. A checkbox '新しい変数を因子に変更' (Change new variables to factors) is checked. The '再コード化の方法を入力' (Enter recoding method) section contains a text area with the following rules:

```
"setosa"="S"  
"versicolor"="V"  
"virginica"="@"
```

Buttons for 'OK', 'キャンセル' (Cancel), and 'ヘルプ' (Help) are at the bottom.



条件式を入力することで、  
変数を再コード化する

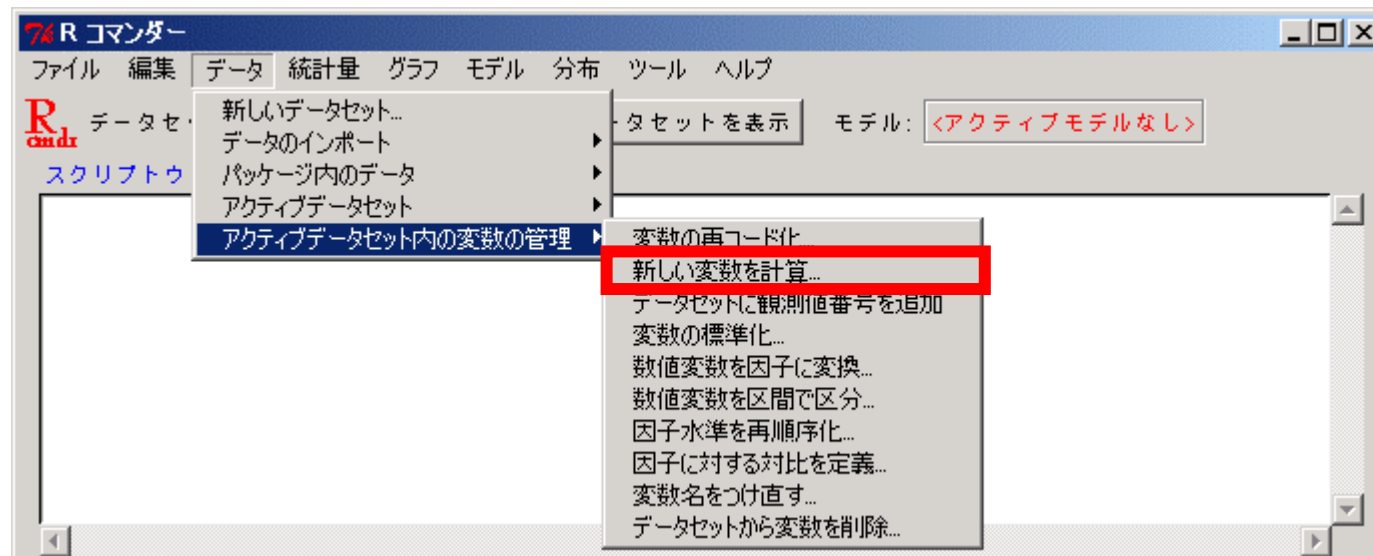
# メニュー [データ] アクティブデータセット...



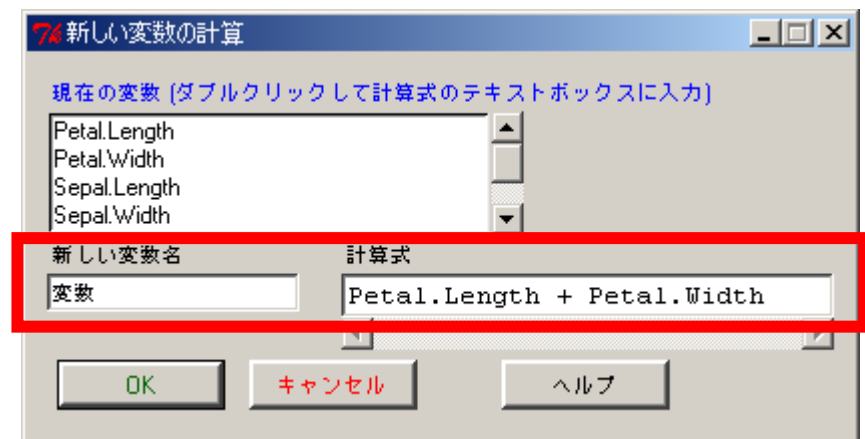
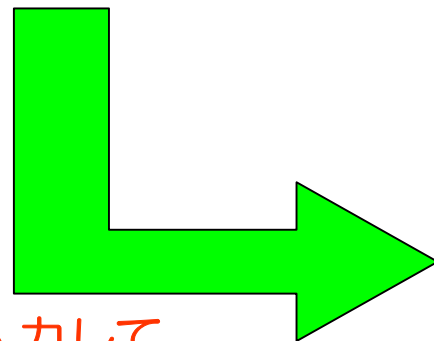
	Sepal.Length	Sepal.Width	Petal.Length	Petal.Width	Species	変数
36	5.0	3.2	1.2	0.2	setosa	S
37	5.5	3.5	1.3	0.2	setosa	S
38	4.9	3.6	1.4	0.1	setosa	S
39	4.4	3.0	1.3	0.2	setosa	S
40	5.1	3.4	1.5	0.2	setosa	S
41	5.0	3.5	1.3	0.3	setosa	S
42	4.5	2.3	1.3	0.3	setosa	S
43	4.4	3.2	1.3	0.2	setosa	S
44	5.0	3.5	1.6	0.6	setosa	S
45	5.1	3.8	1.9	0.4	setosa	S
46	4.8	3.0	1.4	0.3	setosa	S
47	5.1	3.8	1.6	0.2	setosa	S
48	4.6	3.2	1.4	0.2	setosa	S
49	5.3	3.7	1.5	0.2	setosa	S
50	5.0	3.3	1.4	0.2	setosa	S
51	7.0	3.2	4.7	1.4	versicolor	V
52	6.4	3.2	4.5	1.5	versicolor	V
53	6.9	3.1	4.9	1.5	versicolor	V
54	5.5	2.3	4.0	1.3	versicolor	V
55	6.5	2.8	4.6	1.5	versicolor	V
56	5.7	2.8	4.5	1.3	versicolor	V
57	6.3	3.3	4.7	1.6	versicolor	V
58	4.9	2.4	3.3	1.0	versicolor	V
59	6.6	2.9	4.6	1.3	versicolor	V
60	5.2	2.7	3.9	1.4	versicolor	V
61	5.0	2.0	3.5	1.0	versicolor	V
62	5.9	3.0	4.2	1.5	versicolor	V
63	6.0	2.2	4.0	1.0	versicolor	V
64	6.1	2.9	4.7	1.4	versicolor	V
65	5.6	2.9	3.6	1.3	versicolor	V

←再コード化された変数

# メニュー [データ] アクティブデータセット...



計算式を入力して、  
新たな変数を作成する



# メニュー [データ] アクティブデータセット...

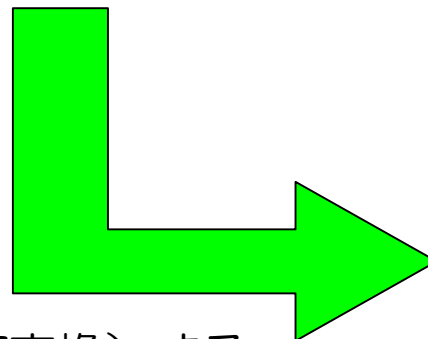
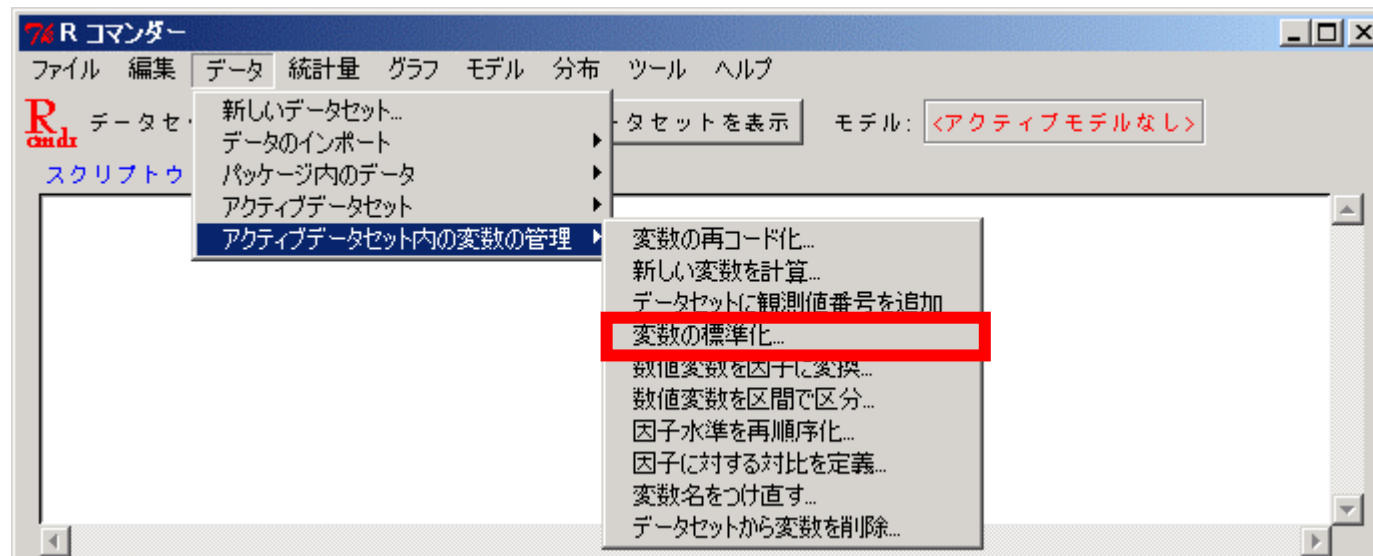


The screenshot shows the R Commander interface. The 'Data' menu is open, and the option 'アクティブデータセット内の変数の管理' is selected. A sub-menu is displayed with 'データセットに観測値番号を追加' highlighted in red. Below, the 'iris' data set is shown in a table with columns: Sepal.Length, Sepal.Width, Petal.Length, Petal.Width, Species, and ObsNumber. The 'ObsNumber' column is highlighted in red, and a red arrow points from the text below to it. A large green arrow points from the text below to the 'Data' menu.

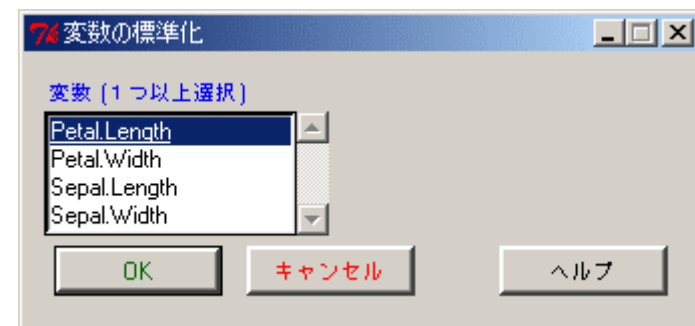
	Sepal.Length	Sepal.Width	Petal.Length	Petal.Width	Species	ObsNumber
1	5.1	3.5	1.4	0.2	setosa	1
2	4.9	3.0	1.4	0.2	setosa	2
3	4.7	3.2	1.3	0.2	setosa	3
4	4.6	3.1	1.5	0.2	setosa	4
5	5.0	3.6	1.4	0.2	setosa	5
6	5.4	3.9	1.7	0.4	setosa	6
7	4.6	3.4	1.4	0.3	setosa	7
8	5.0	3.4	1.5	0.2	setosa	8
9	4.4	2.9	1.4	0.2	setosa	9
10	4.9	3.1	1.5	0.1	setosa	10
11	5.4	3.7	1.5	0.2	setosa	11
12	4.8	3.4	1.6	0.2	setosa	12
13	4.8	3.0	1.4	0.1	setosa	13
14	4.3	3.0	1.1	0.1	setosa	14
15	5.8	4.0	1.2	0.2	setosa	15
16	5.7	4.4	1.5	0.4	setosa	16
17	5.4	3.9	1.3	0.4	setosa	17
18	5.1	3.5	1.4	0.3	setosa	18
19	5.7	3.8	1.7	0.3	setosa	19
20	5.1	3.8	1.5	0.3	setosa	20
21	5.4	3.4	1.7	0.2	setosa	21
22	5.1	3.7	1.5	0.4	setosa	22
23	4.6	3.6	1.0	0.2	setosa	23
24	5.1	3.3	1.7	0.5	setosa	24
25	4.8	3.4	1.9	0.2	setosa	25
26	5.0	3.0	1.6	0.2	setosa	26
27	5.0	3.4	1.6	0.4	setosa	27
28	5.2	3.5	1.5	0.2	setosa	28
29	5.2	3.4	1.4	0.2	setosa	29
30	4.7	3.2	1.6	0.2	setosa	30

上から順に 1, 2, 3, ...  
と連番が振られた変数を  
作成する

# メニュー [データ] アクティブデータセット...



変数を標準化 (Z変換) する



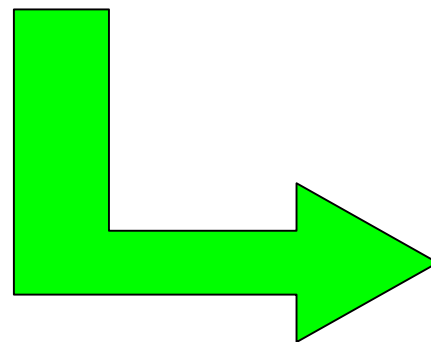
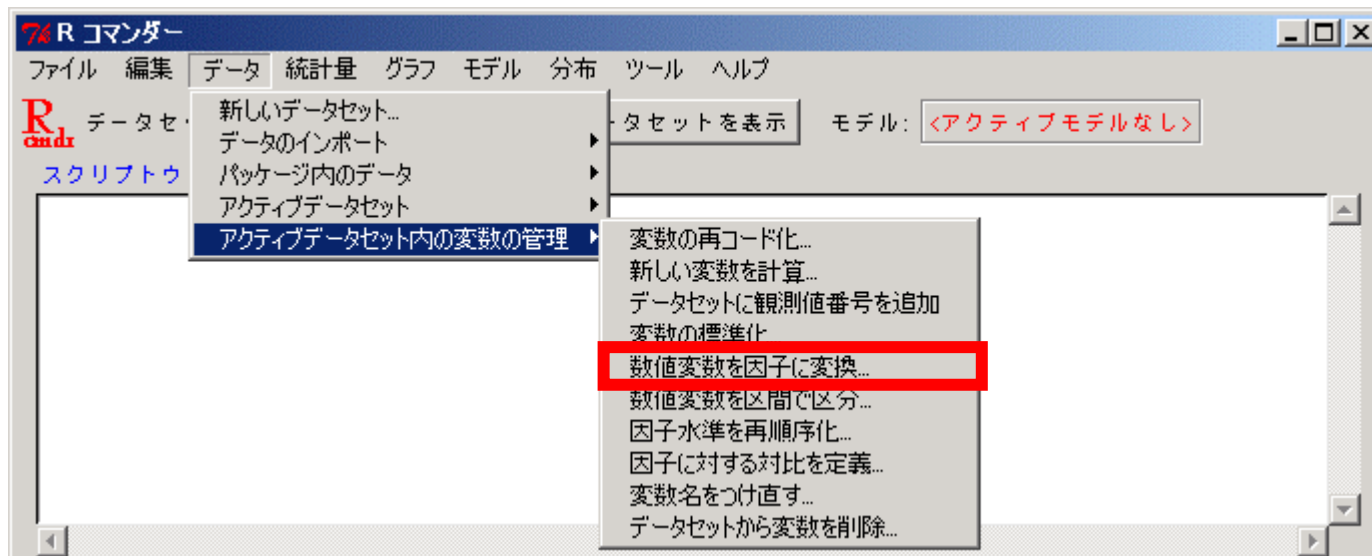
# メニュー [データ] アクティブデータセット...



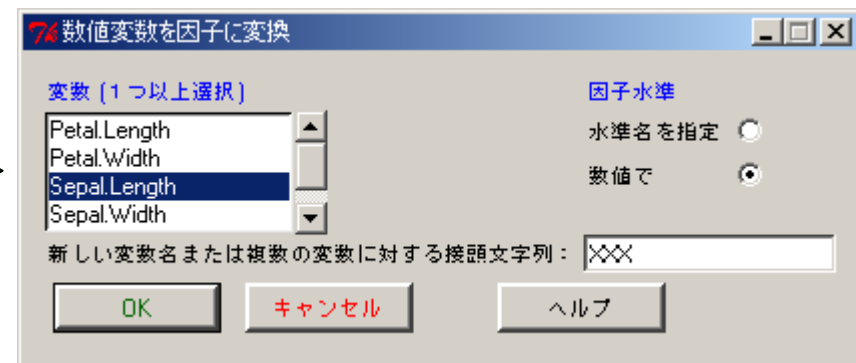
	Sepal.Length	Sepal.Width	Petal.Length	Petal.Width	Species	Z.Petal.Length
1	5.1	3.5	1.4	0.2	setosa	-1.33575163
2	4.9	3.0	1.4	0.2	setosa	-1.33575163
3	4.7	3.2	1.3	0.2	setosa	-1.39239929
4	4.6	3.1	1.5	0.2	setosa	-1.27910398
5	5.0	3.6	1.4	0.2	setosa	-1.33575163
6	5.4	3.9	1.7	0.4	setosa	-1.16580868
7	4.6	3.4	1.4	0.3	setosa	-1.33575163
8	5.0	3.4	1.5	0.2	setosa	-1.27910398
9	4.4	2.9	1.4	0.2	setosa	-1.33575163
10	4.9	3.1	1.5	0.1	setosa	-1.27910398
11	5.4	3.7	1.5	0.2	setosa	-1.27910398
12	4.8	3.4	1.6	0.2	setosa	-1.22245633
13	4.8	3.0	1.4	0.1	setosa	-1.33575163
14	4.3	3.0	1.1	0.1	setosa	-1.50569459
15	5.8	4.0	1.2	0.2	setosa	-1.44904694
16	5.7	4.4	1.5	0.4	setosa	-1.27910398
17	5.4	3.9	1.3	0.4	setosa	-1.39239929
18	5.1	3.5	1.4	0.3	setosa	-1.33575163
19	5.7	3.8	1.7	0.3	setosa	-1.16580868
20	5.1	3.8	1.5	0.3	setosa	-1.27910398
21	5.4	3.4	1.7	0.2	setosa	-1.16580868
22	5.1	3.7	1.5	0.4	setosa	-1.27910398
23	4.6	3.6	1.0	0.2	setosa	-1.56234224
24	5.1	3.3	1.7	0.5	setosa	-1.16580868
25	4.8	3.4	1.9	0.2	setosa	-1.05251337
26	5.0	3.0	1.6	0.2	setosa	-1.22245633
27	5.0	3.4	1.6	0.4	setosa	-1.22245633
28	5.2	3.5	1.5	0.2	setosa	-1.27910398
29	5.2	3.4	1.4	0.2	setosa	-1.33575163
30	4.7	3.2	1.6	0.2	setosa	-1.22245633

標準化  
された変数

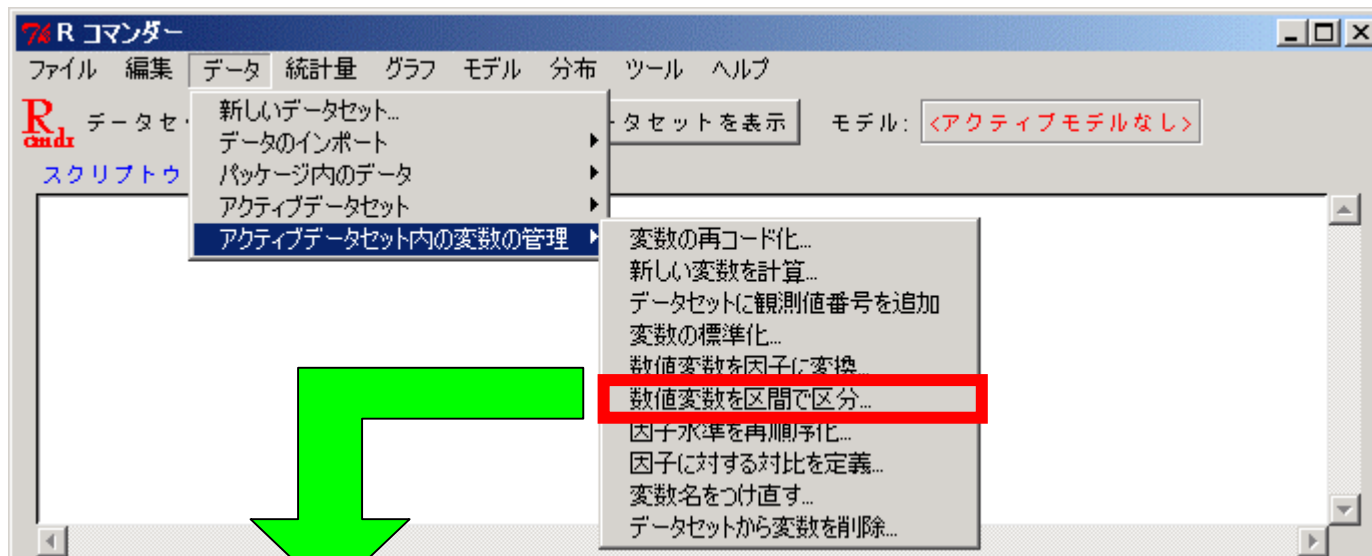
# メニュー [データ] アクティブデータセット...



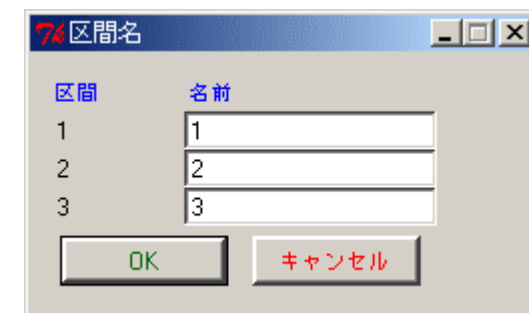
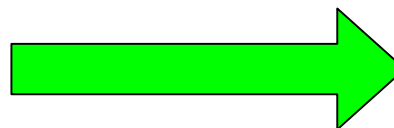
数値変数をカテゴリ（因子）  
に変換する  
（例 → 1：男， 2：女）



# メニュー〔データ〕 アクティブデータセット...



数値変数をいくつかの区分に分けてカテゴリ（因子）化する  
(任意の区分指定には未対応...)



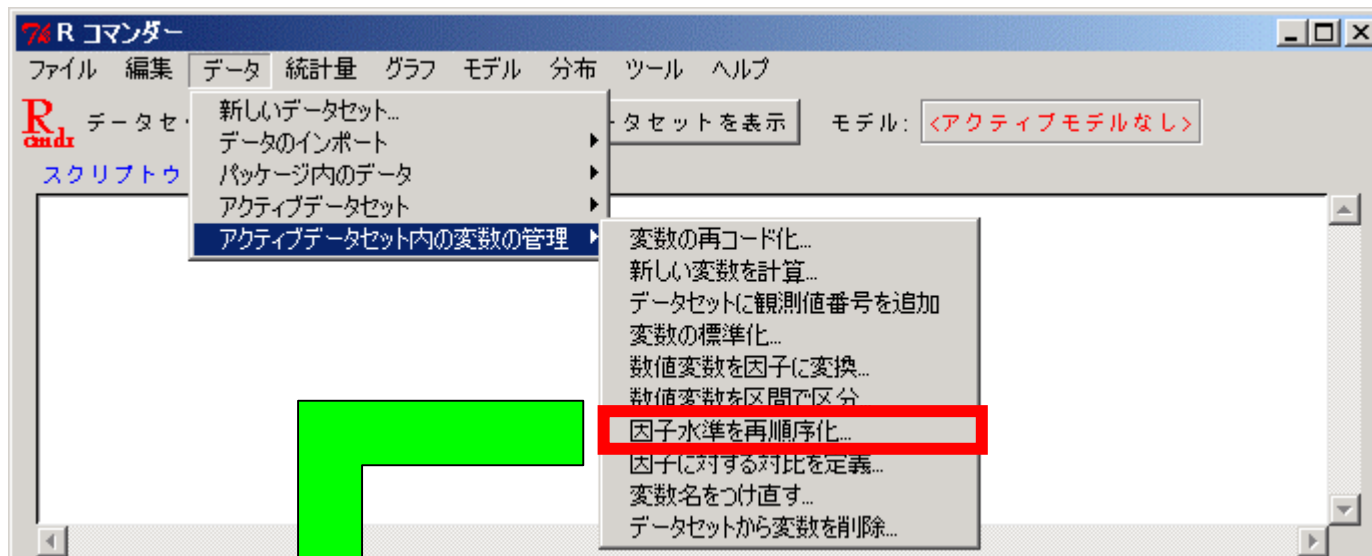
# メニュー [データ] アクティブデータセット...



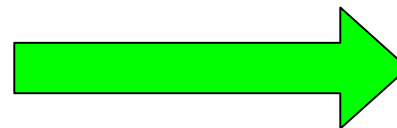
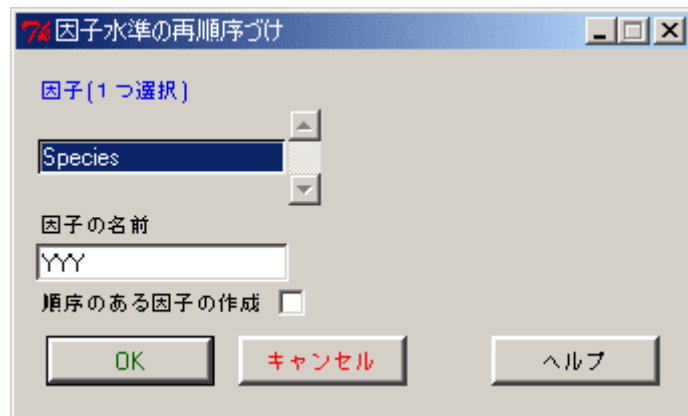
	Sepal.Length	Sepal.Width	Petal.Length	Petal.Width	Species	変数
40	5.1	3.4	1.5	0.2	setosa	1
41	5.0	3.5	1.3	0.3	setosa	1
42	4.5	2.3	1.3	0.3	setosa	1
43	4.4	3.2	1.3	0.2	setosa	1
44	5.0	3.5	1.6	0.6	setosa	1
45	5.1	3.8	1.9	0.4	setosa	1
46	4.8	3.0	1.4	0.3	setosa	1
47	5.1	3.8	1.6	0.2	setosa	1
48	4.6	3.2	1.4	0.2	setosa	1
49	5.3	3.7	1.5	0.2	setosa	1
50	5.0	3.3	1.4	0.2	setosa	1
51	7.0	3.2	4.7	1.4	versicolor	2
52	6.4	3.2	4.5	1.5	versicolor	2
53	6.9	3.1	4.9	1.5	versicolor	2
54	5.5	2.3	4.0	1.3	versicolor	2
55	6.5	2.8	4.6	1.5	versicolor	2
56	5.7	2.8	4.5	1.3	versicolor	2
57	6.3	3.3	4.7	1.6	versicolor	2
58	4.9	2.4	3.3	1.0	versicolor	2
59	6.6	2.9	4.6	1.3	versicolor	2
60	5.2	2.7	3.9	1.4	versicolor	2
61	5.0	2.0	3.5	1.0	versicolor	2
62	5.9	3.0	4.2	1.5	versicolor	2
63	6.0	2.2	4.0	1.0	versicolor	2
64	6.1	2.9	4.7	1.4	versicolor	2
65	5.6	2.9	3.6	1.3	versicolor	2
66	6.7	3.1	4.4	1.4	versicolor	2
67	5.6	3.0	4.5	1.5	versicolor	2
68	5.8	2.7	4.1	1.0	versicolor	2
69	6.2	2.2	4.5	1.5	versicolor	2

← カテゴリ化された変数

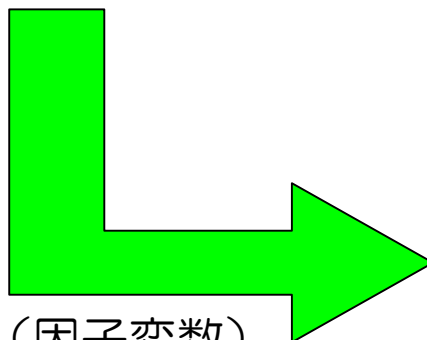
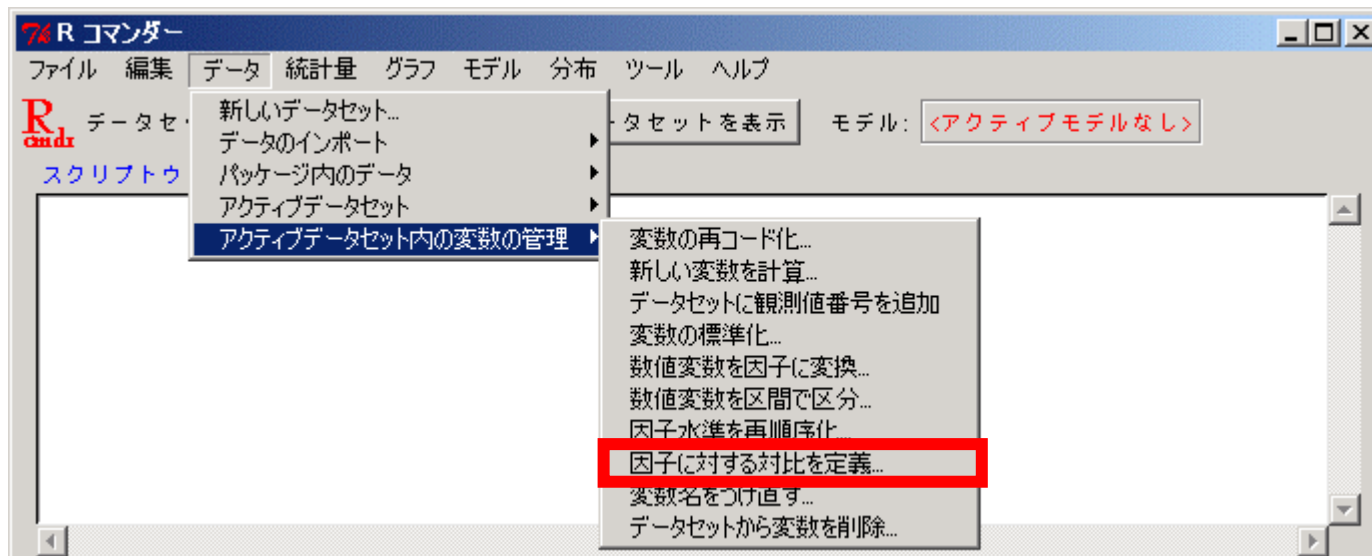
# メニュー〔データ〕 アクティブデータセット...



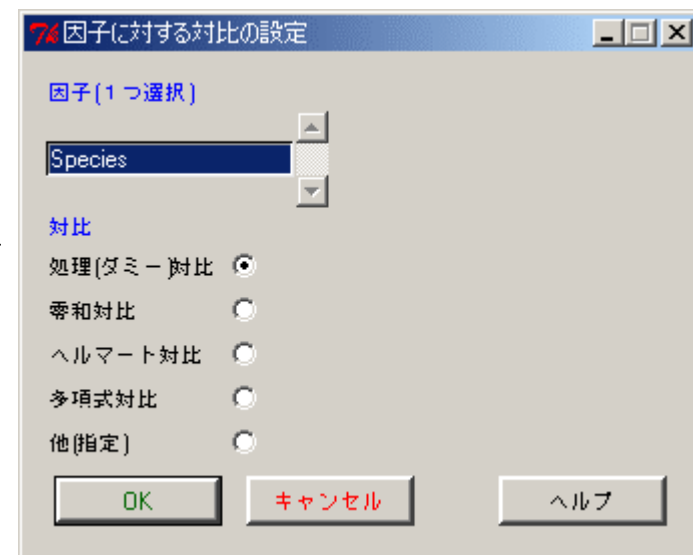
カテゴリ水準（因子水準）を再順序化する  
（例 → 「1：男」を「2：男」に修正する）



# メニュー [データ] アクティブデータセット...



カテゴリ変数（因子変数）  
に対する対比係数を決める





## [寄り道] 対比について

```
> contrasts(iris$Species) # 処理 (ダミー) 対比
      [T.versicolor] [T.virginica]
setosa                0            0
versicolor            1            0
virginica              0            1
```

```
> contrasts(iris$Species) # 等和対比 (ゼロ和対比)
      [S.setosa] [S.versicolor]
setosa           1            0
versicolor       0            1
virginica        -1           -1
```

```
> contrasts(iris$Species) # ヘルマート対比
      [,1] [,2]
setosa   -1  -1
versicolor  1  -1
virginica  0   2
```

```
> contrasts(iris$Species) # 多項式対比
      .L   .Q
[1,] -7.1e-01  0.41
[2,] -9.1e-17 -0.82
[3,]  7.1e-01  0.41
```

※ ユーザーが任意の対比係数を指定することも出来る



## 〔寄り道〕 対比について

【参考】 線形モデルによる解析

★ 「Petal.Length」の要約統計量

```
> summary(iris$Petal.Length) # 全体
  Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.  Max.
  1.0    1.6    4.3    3.8    5.1    6.9

> by(iris$Petal.Length, iris$Species, summary) # 種類別
INDICES: setosa
  Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.  Max.
 1.000  1.400  1.500  1.462  1.575  1.900
-----
INDICES: versicolor
  Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.  Max.
 3.00  4.00  4.35  4.26  4.60  5.10
-----
INDICES: virginica
  Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.  Max.
 4.500  5.100  5.550  5.552  5.875  6.900
```



# [寄り道] 対比について

# 対比係数が「処理 (ダミー) 対比」の場合

```
> summary(lm(Petal.Length ~ Species, data=iris))
```

Coefficients:

	Estimate	Std. Err	t value	Pr(> t )
(Intercept)	1.46200	0.06086	24.02	<2e-16 ***
Species[T.versicolor]	2.79800	0.08607	32.51	<2e-16 ***
Species[T.virginica]	4.09000	0.08607	47.52	<2e-16 ***

	[ve]	[vi]
setosa	0	0
versicolor	1	0
virginica	0	1

$\mu_{se}$   
 $\mu_{ve} - \mu_{se}$   
 $\mu_{vi} - \mu_{se}$

# 対比係数が「等和対比 (ゼロ和対比)」の場合

```
> summary(lm(Petal.Length ~ Species, data=iris))
```

Coefficients:

	Estimate	Std. Err	t value	Pr(> t )
(Intercept)	3.75800	0.03514	106.95	<2e-16 ***
Species[S.setosa]	-2.29600	0.04969	-46.21	<2e-16 ***
Species[S.versicolor]	0.50200	0.04969	10.10	<2e-16 ***

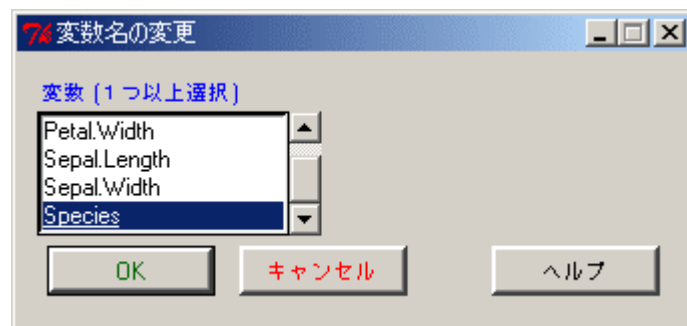
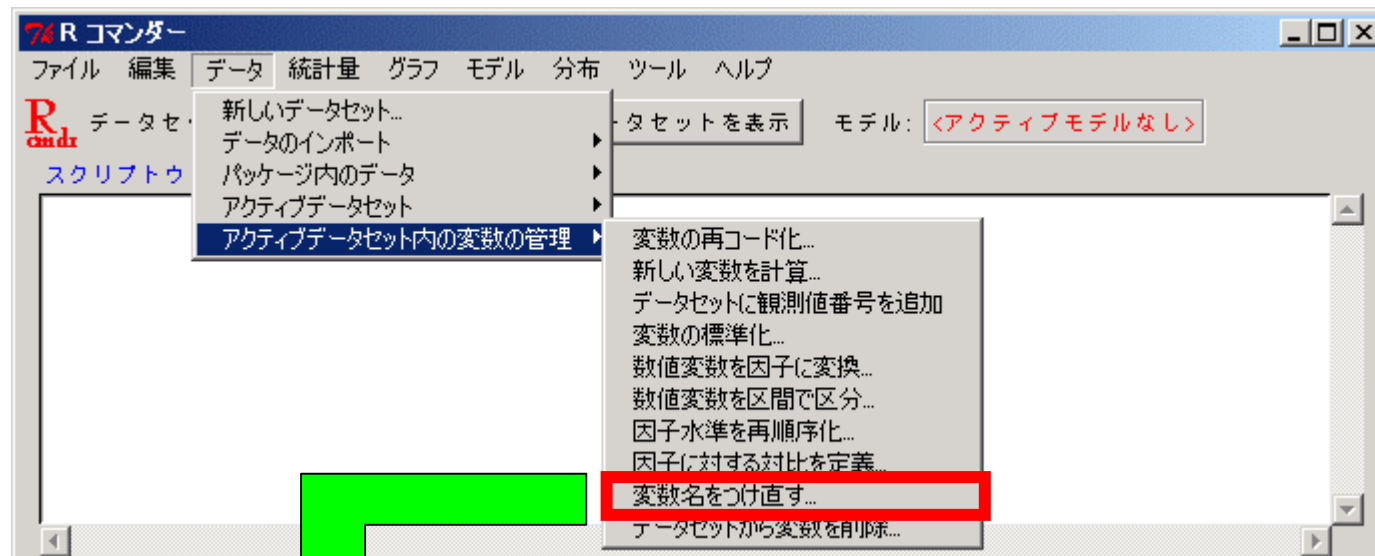
	[ve]	[vi]
setosa	1	0
versicolor	0	1
virginica	-1	-1

$\mu_{全体}$   
 $\mu_{se} - \mu_{全体}$   
 $\mu_{ve} - \mu_{全体}$

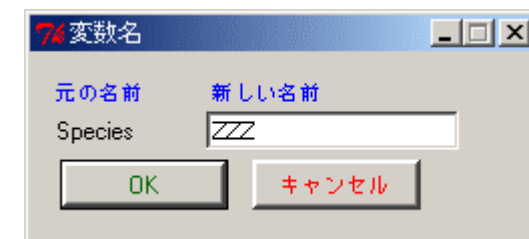
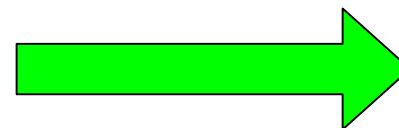
Signif. codes: 0 '\*\*\*' 0.001 '\*\*' 0.01 '\*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

$\mu_{全体}$  : 全平均 ,  $\mu_{se}$  : setosa の主効果  
 $\mu_{ve}$  : versicolorの主効果 ,  $\mu_{vi}$  : virginicaの主効果

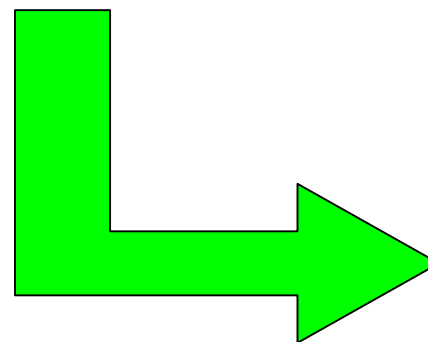
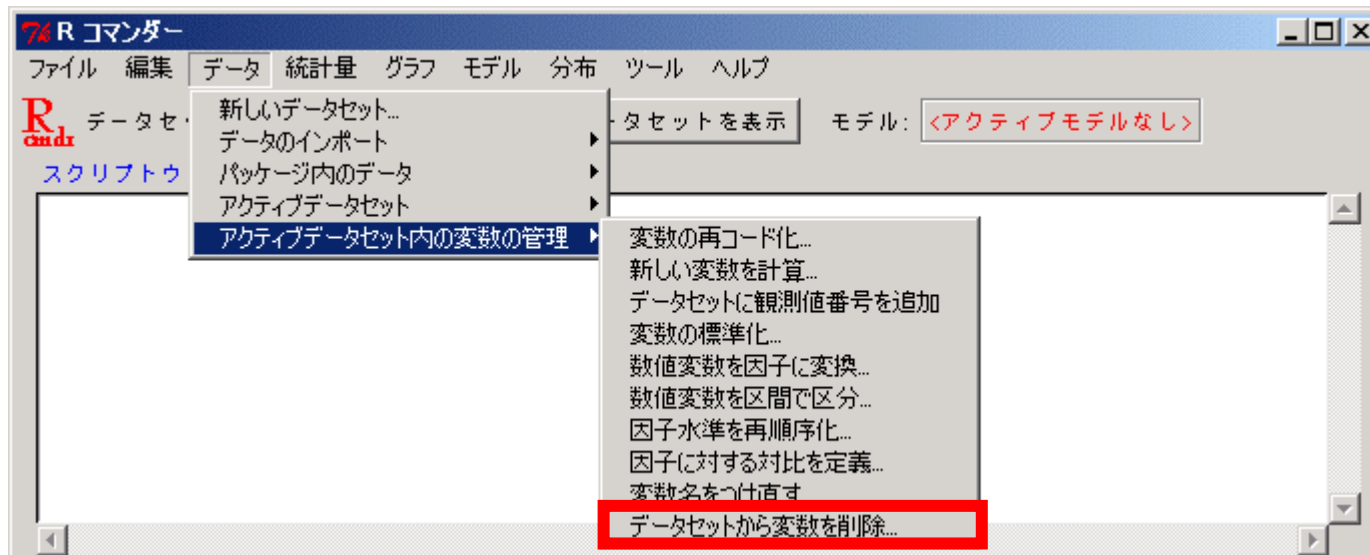
# メニュー [データ] アクティブデータセット...



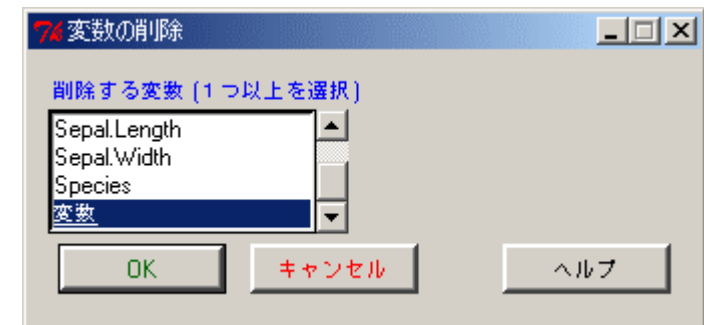
変数名を修正する



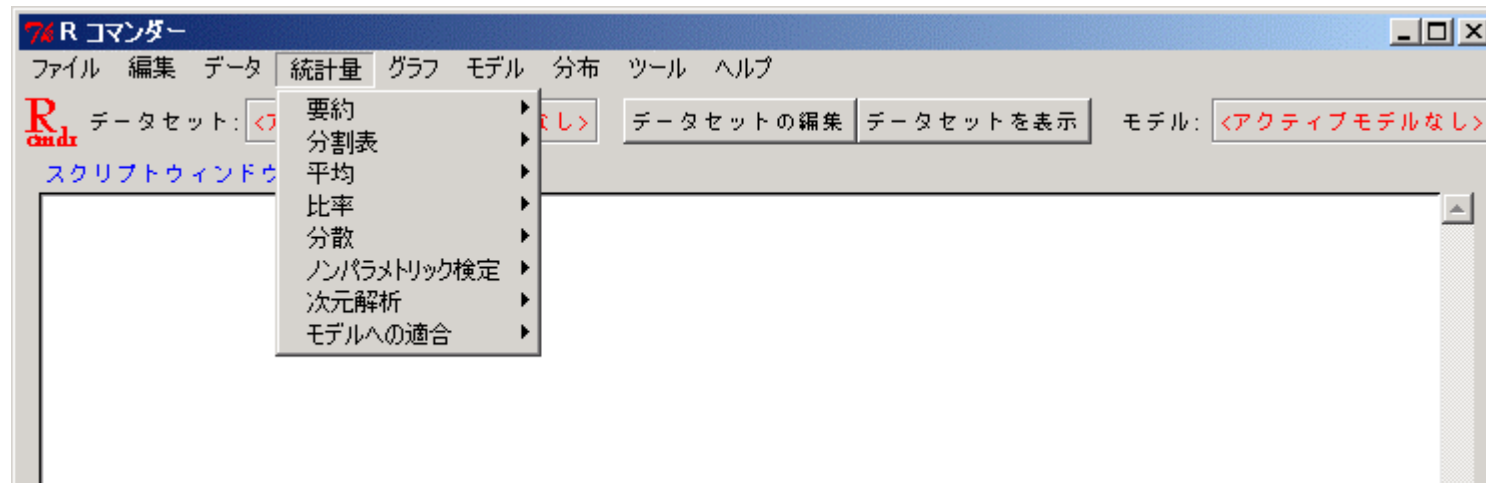
# メニュー [データ] アクティブデータセット...



変数を削除する



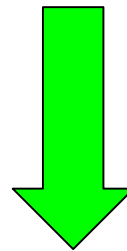
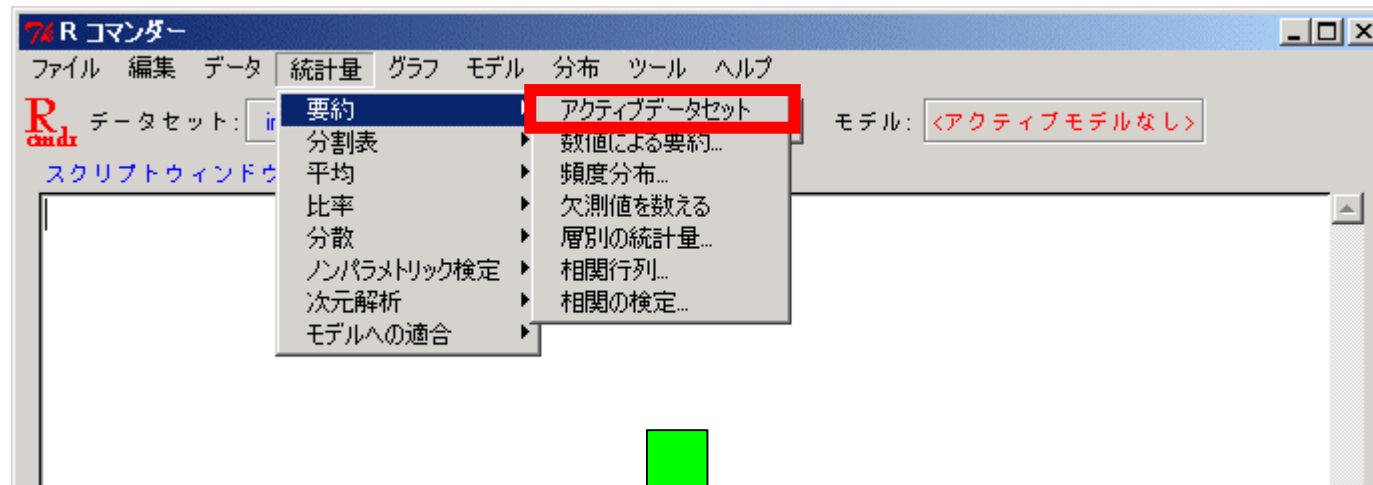
# メニュー〔統計量〕



- 統計量 → 様々な統計量の算出や検定の実行，モデルの作成が出来る
  - 要約統計量，頻度集計，相関係数の算出
  - 分割表の作成，分割表に対する検定
  - 平均値に対する検定（t 検定，分散分析），比率データに対する検定
  - 分散についての検定（F検定，バートレットの検定）
  - ノンパラ検定（ウィルコクソン検定，クラスカル・ウォリス検定）
  - 次元解析（測定の信頼性，主成分分析，因子分析，クラスター分析）
  - モデルの作成

【注】 アクティブデータセットの構造により，実行できるメニューが自動的に限定される

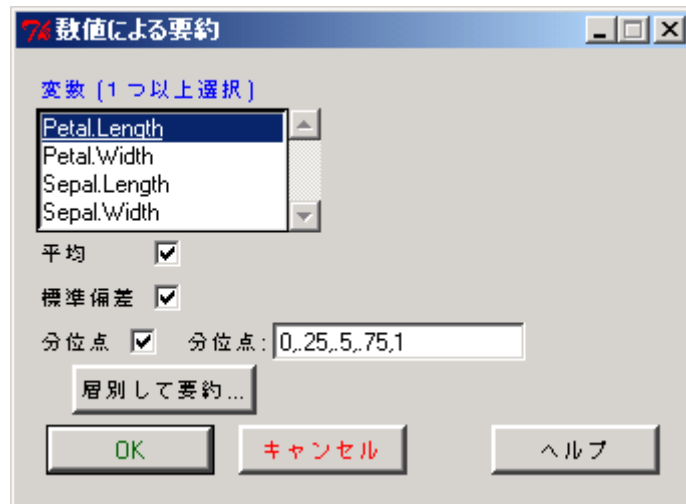
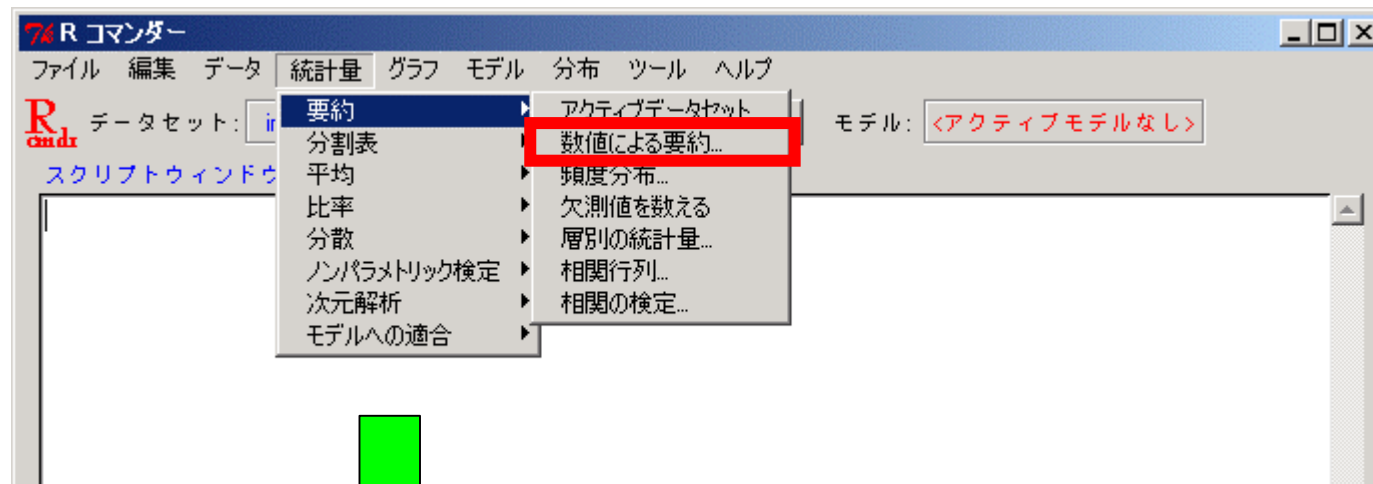
# メニュー〔統計量〕要約：要約統計量算出



データセットの要約統計量が出力される

Sepal.Length	Sepal.Width	Petal.Length	Petal.Width	Species
Min. :4.30	Min. :2.00	Min. :1.00	Min. :0.1	setosa :50
1st Qu.:5.10	1st Qu.:2.80	1st Qu.:1.60	1st Qu.:0.3	versicolor:50
Median :5.80	Median :3.00	Median :4.35	Median :1.3	virginica :50
Mean :5.84	Mean :3.06	Mean :3.76	Mean :1.2	
3rd Qu.:6.40	3rd Qu.:3.30	3rd Qu.:5.10	3rd Qu.:1.8	
Max. :7.90	Max. :4.40	Max. :6.90	Max. :2.5	

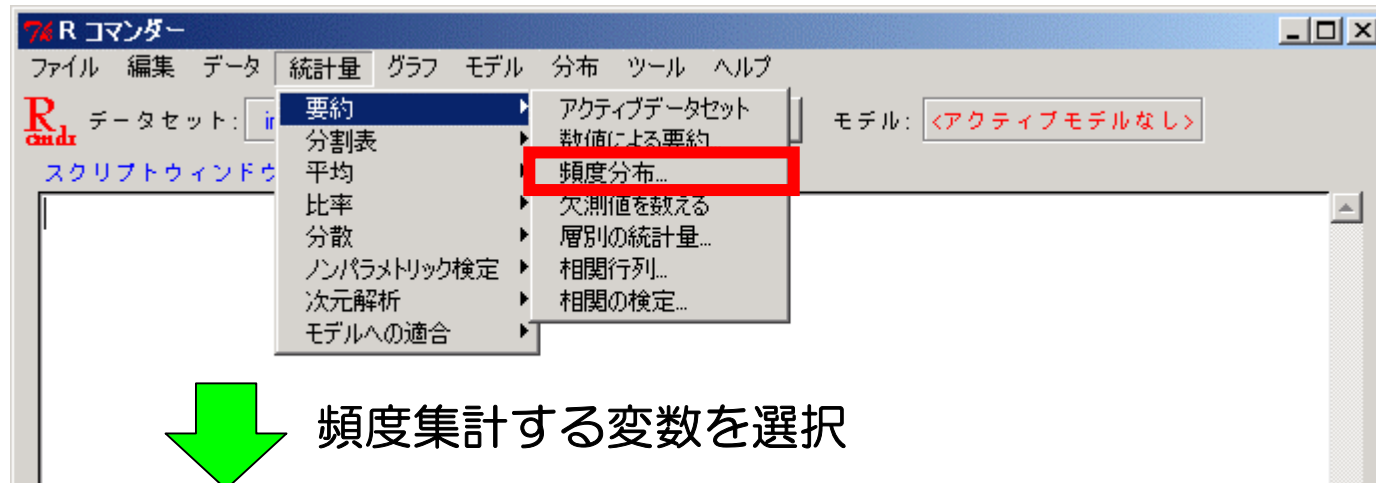
# メニュー〔統計量〕要約：要約統計量算出



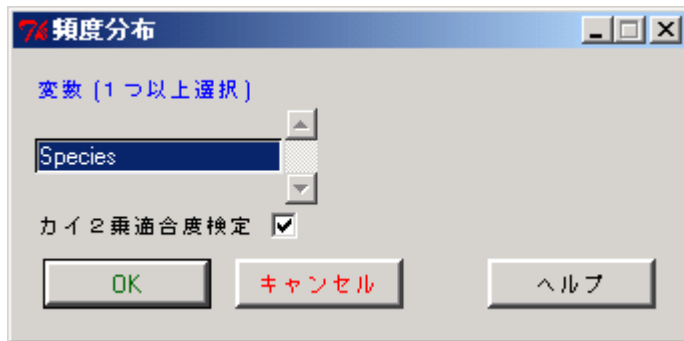
要約統計量を求める変数を選択  
(層別に求めることも出来る)

mean	sd	0%	25%	50%	75%	100%	n
3.8	1.8	1	1.6	4.3	5.1	6.9	150

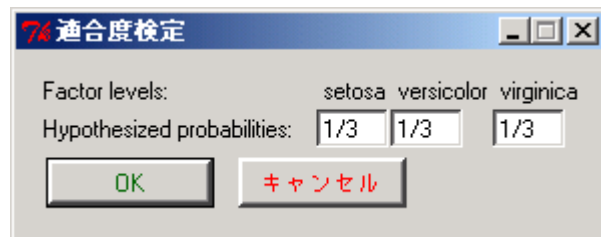
# メニュー〔統計量〕要約：頻度集計



頻度集計する変数を選択



適合度検定を行う  
場合は確率を入力



```
> 100*.Table/sum(.Table)

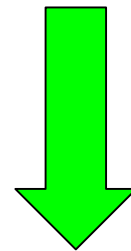
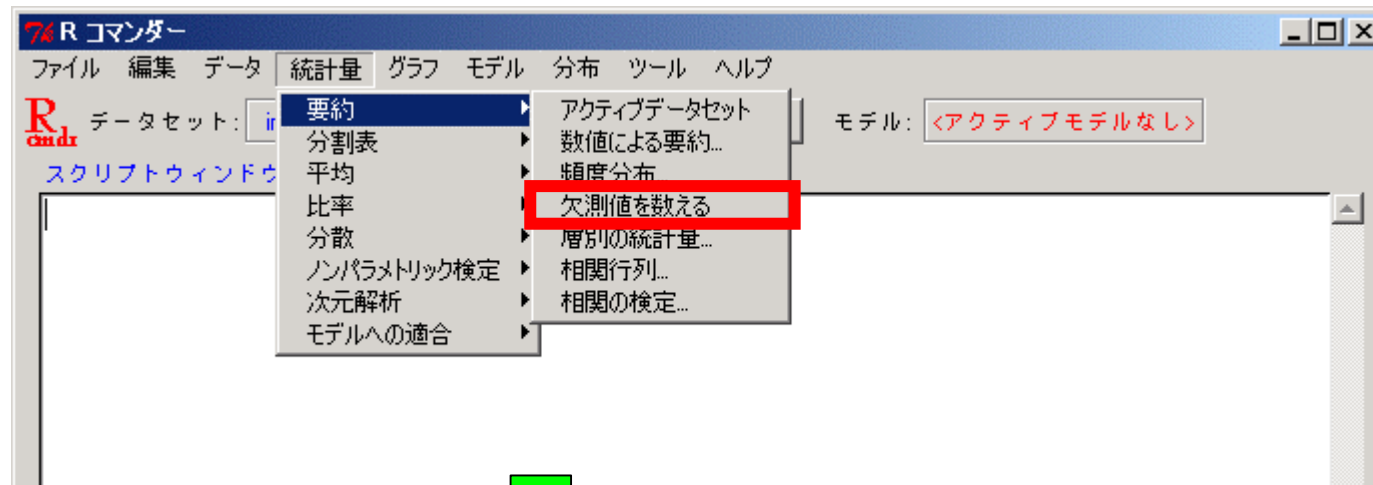
      setosa versicolor  virginica
      33          33          33

> chisq.test(.Table, p=.Probs)

Chi-squared test for given probabilities

data:  .Table
X-squared = 0, df = 2, p-value = 1
```

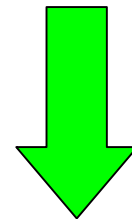
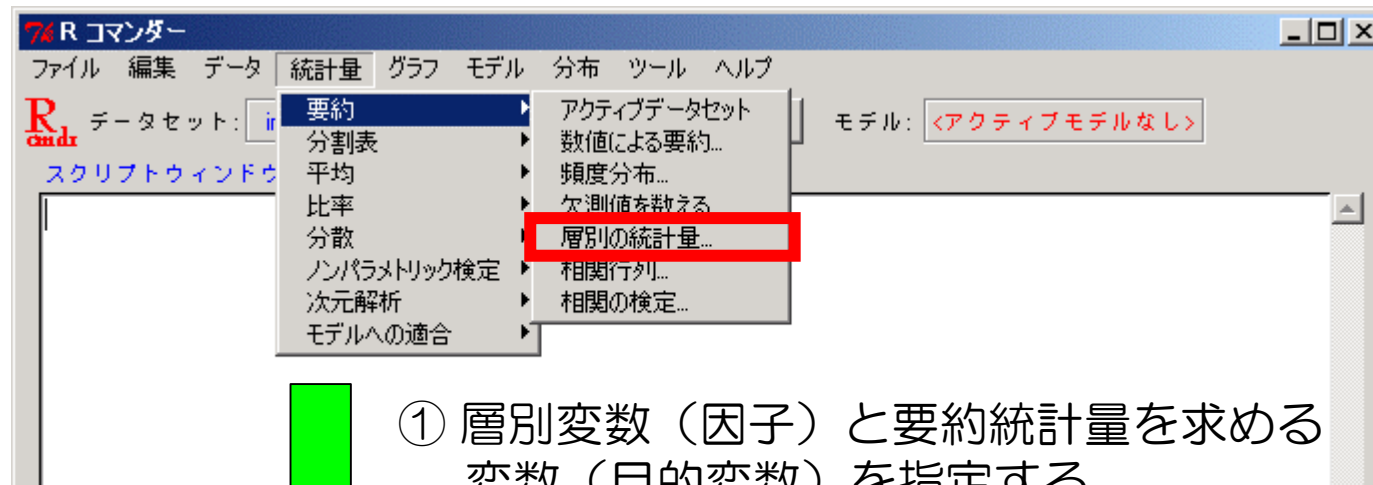
# メニュー〔統計量〕要約：欠測数の算出



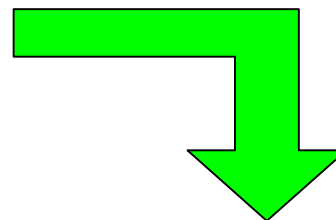
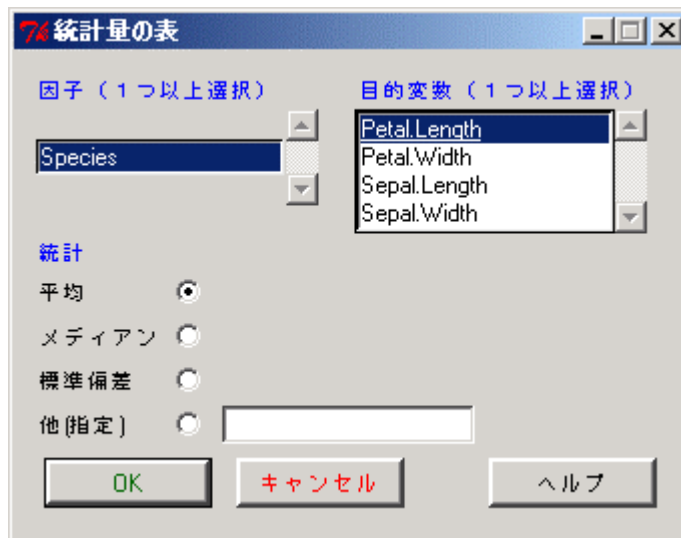
データセットの欠測値の数が出力される

Sepal.Length	Sepal.Width	Petal.Length	Petal.Width	Species
0	0	0	0	0

# メニュー〔統計量〕 要約：層別に統計量算出



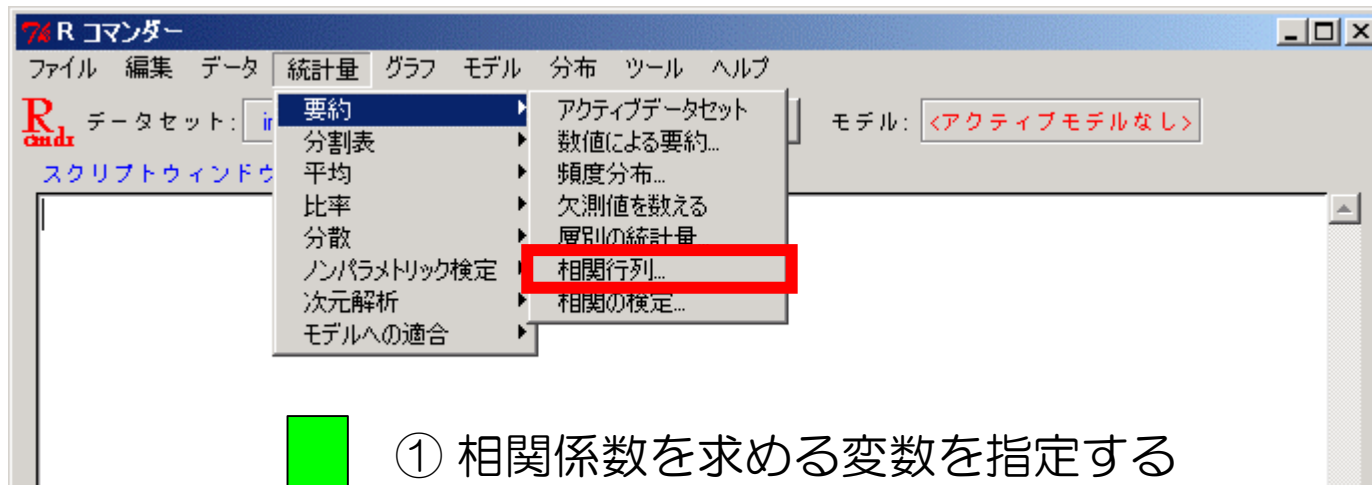
- ① 層別変数（因子）と要約統計量を求める変数（目的変数）を指定する
- ② 求める統計量にチェックを入れる



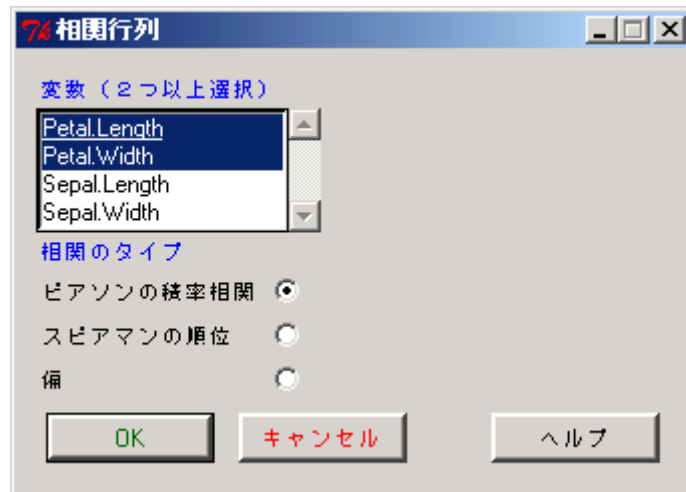
層別の平均値が求まる

Species	setosa	versicolor	virginica
	1.5	4.3	5.6

# メニュー〔統計量〕要約：相関係数



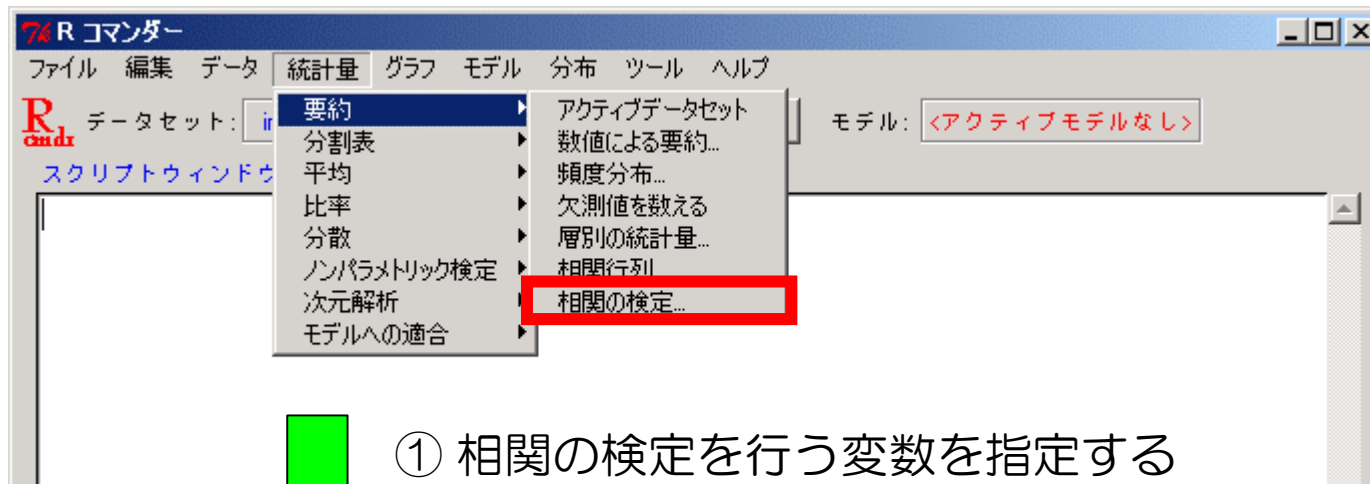
- ① 相関係数を求める変数を指定する
- ② 相関係数の種類にチェックを入れる



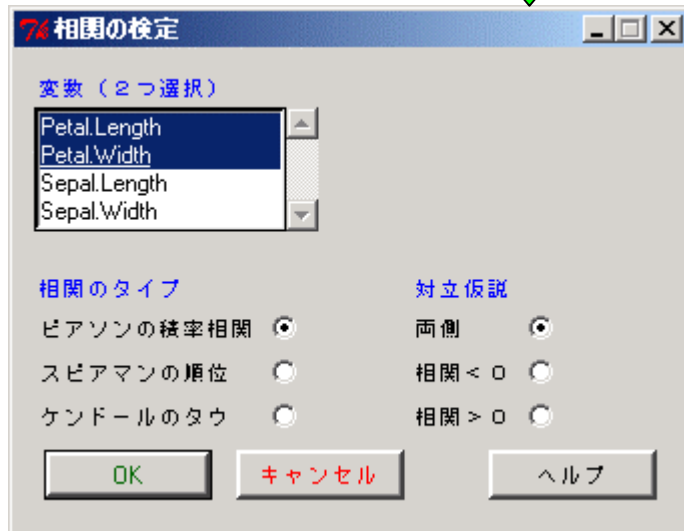
相関係数が求まる

	Petal.Length	Petal.Width
Petal.Length	1.00	0.96
Petal.Width	0.96	1.00

# メニュー〔統計量〕要約：相関検定



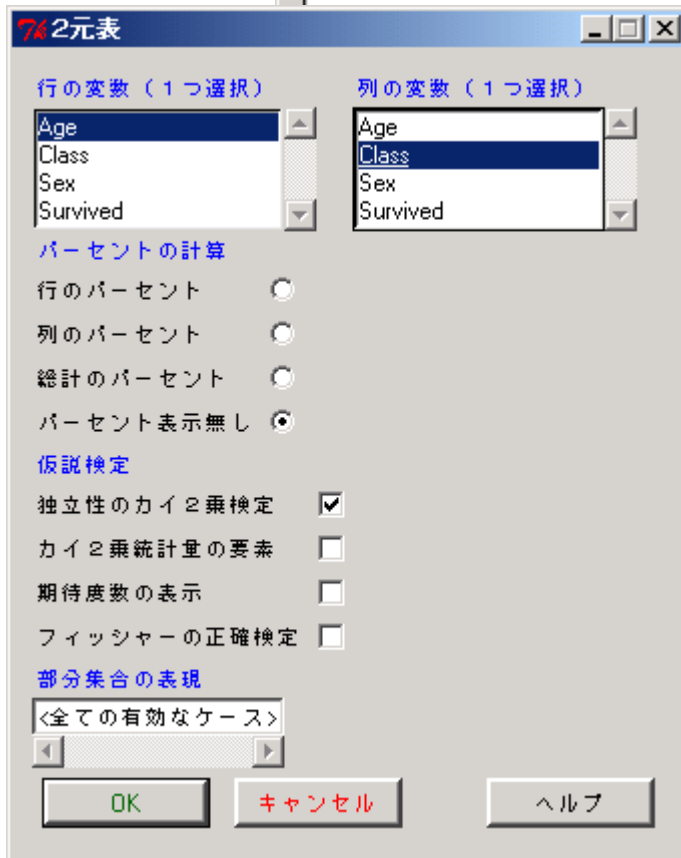
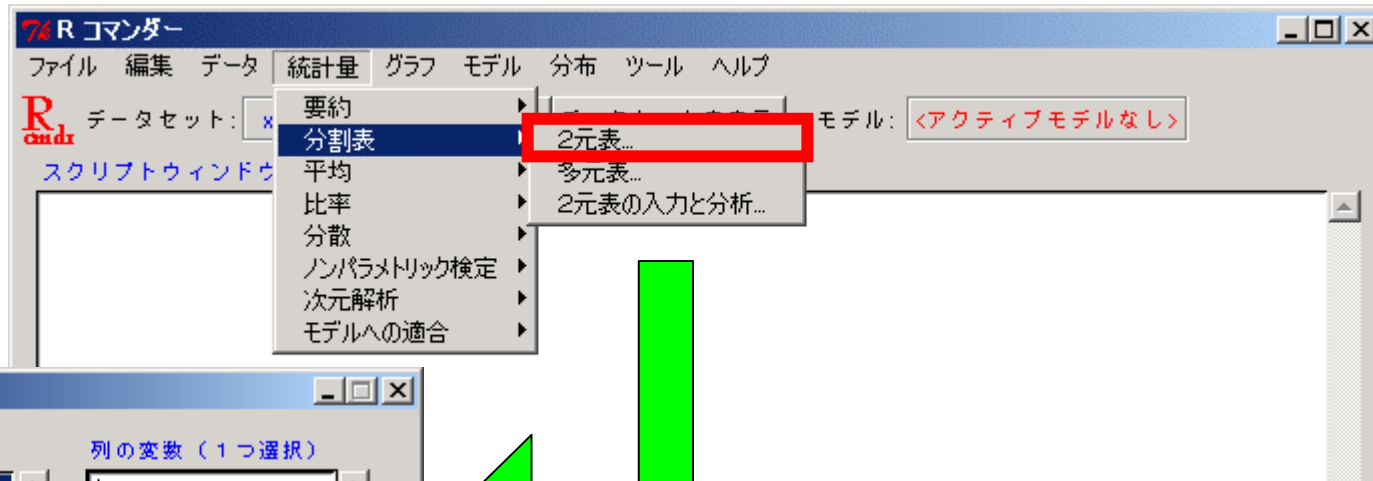
- ① 相関の検定を行う変数を指定する
- ② 相関係数の種類，対立仮説にチェックを入れる



検定結果が得られる

```
Pearson's product-moment correlation  
data: iris$Petal.Length and iris$Petal.Width  
t = 43, df = 148, p-value < 2.2e-16  
alternative hypothesis: true correlation is not equal to 0  
95 percent confidence interval:  
 0.95 0.97  
sample estimates:  
 cor  
0.96
```

# メニュー〔統計量〕 分割表：2×2



- ① 行変数と列変数を指定する
- ② 検定手法等にチェックを入れる

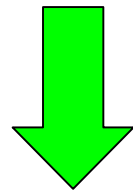
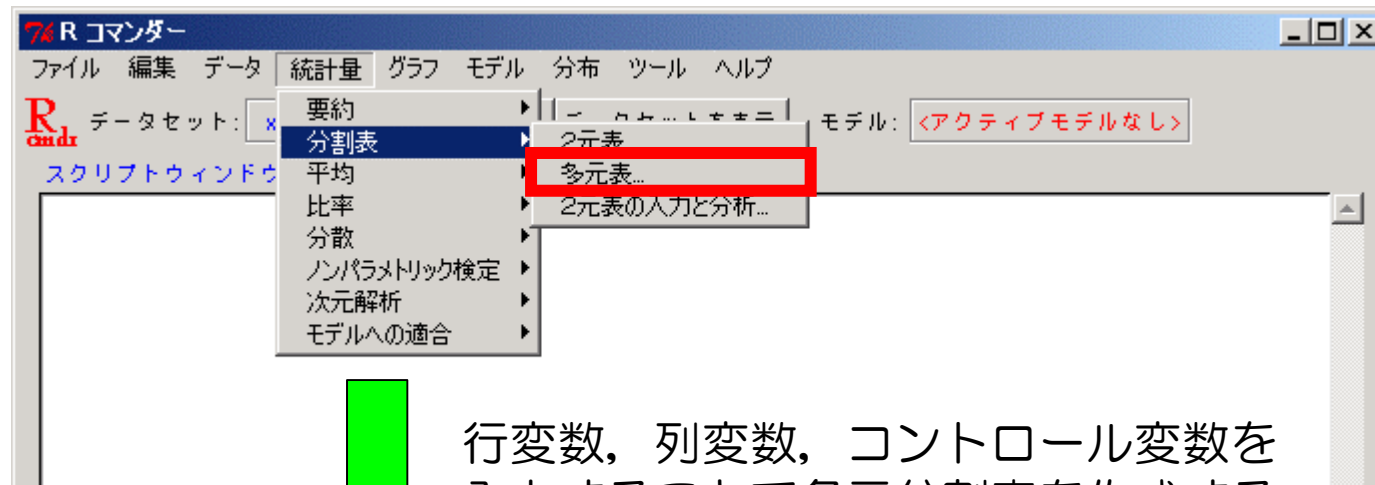
	Class			
Age	1st	2nd	3rd	Crew
Child	4	4	4	4
Adult	4	4	4	4

Pearson's Chi-squared test

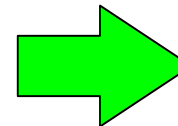
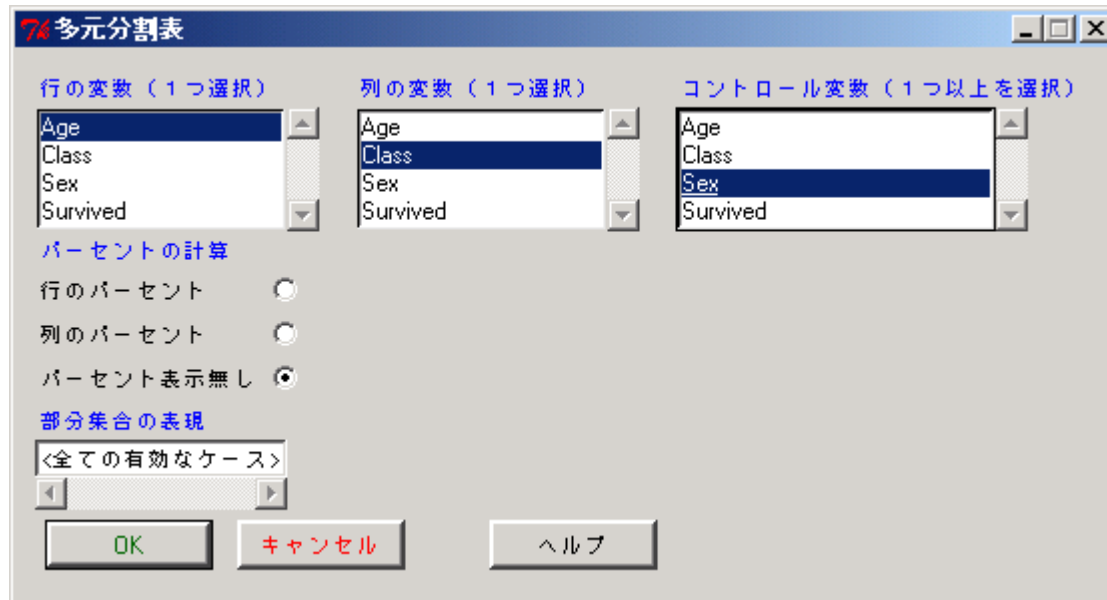
data: .Table

X-squared = 0, df = 3, p-value = 1

# メニュー〔統計量〕 分割表：多元分割表



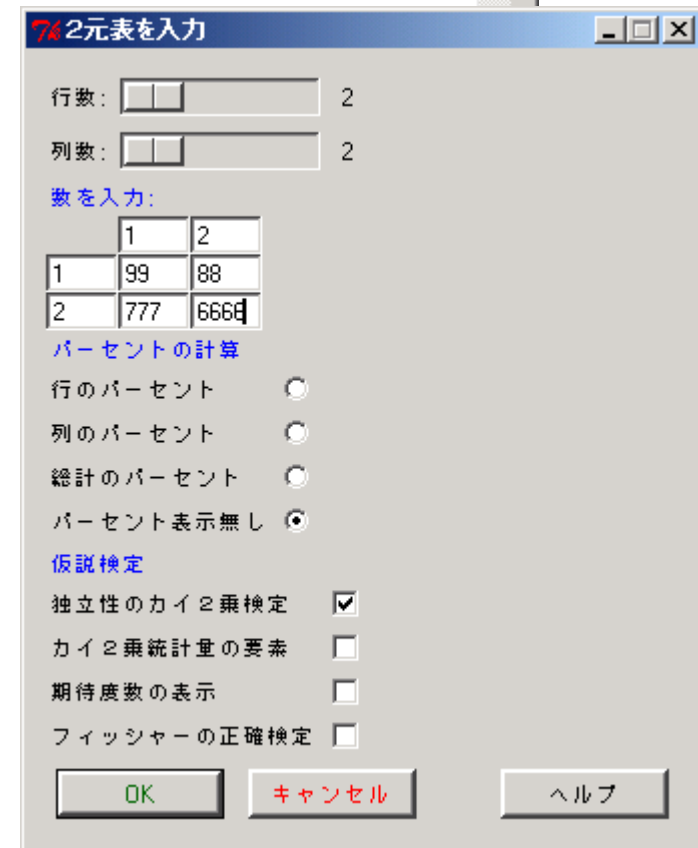
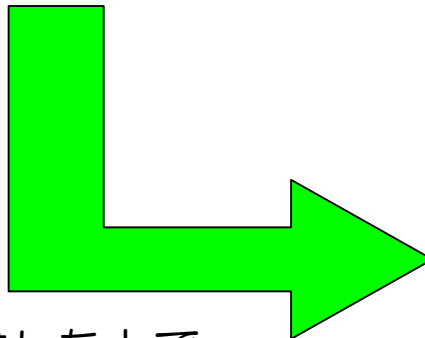
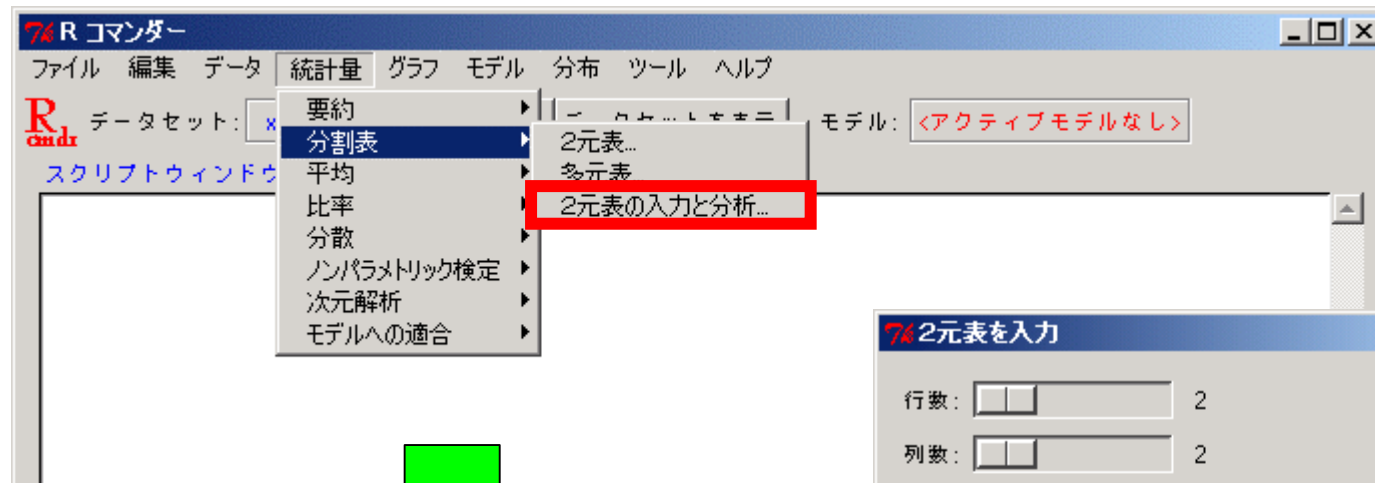
行変数, 列変数, コントロール変数を入力することで多元分割表を作成する



```
, , Sex = Male
  Class
Age   1st 2nd 3rd Crew
Child  2  2  2  2
Adult  2  2  2  2

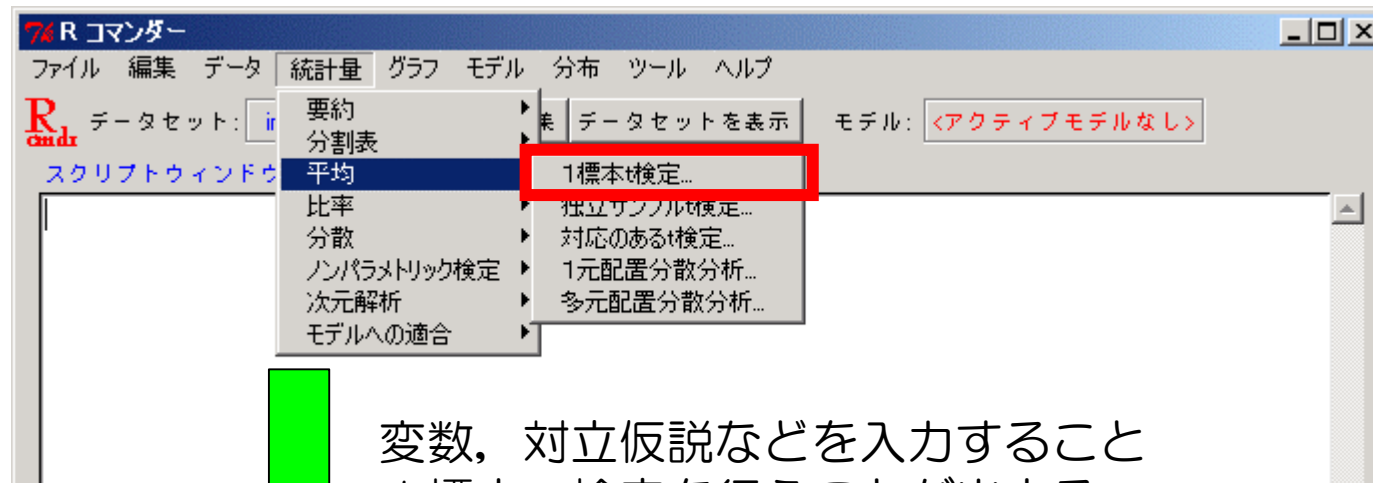
, , Sex = Female
  Class
Age   1st 2nd 3rd Crew
Child  2  2  2  2
Adult  2  2  2  2
```

# メニュー〔統計量〕 分割表：多元分割表

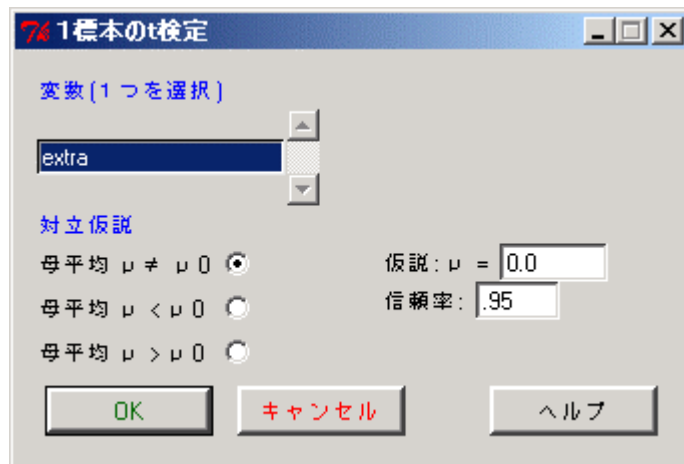


手入力で分割表を作成した上で、  
その場で検定を行うことも出来る  
(行数と列数を指定することも出来る！)

# メニュー〔統計量〕平均に関する検定



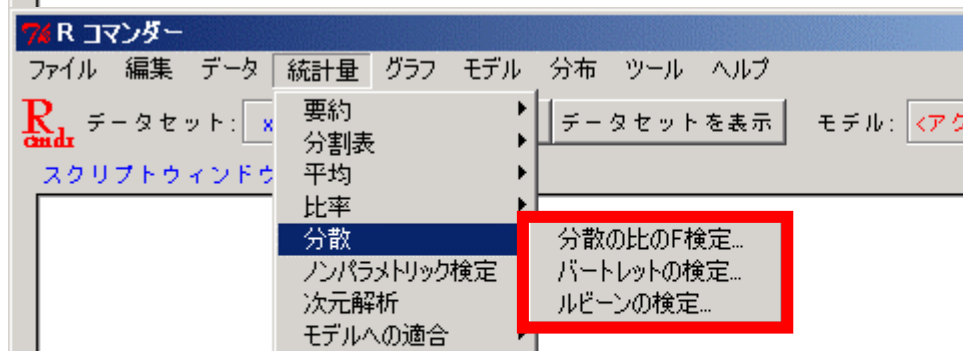
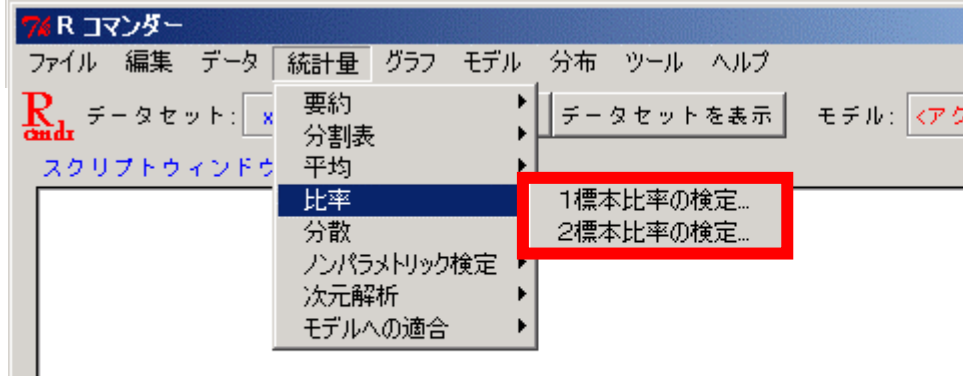
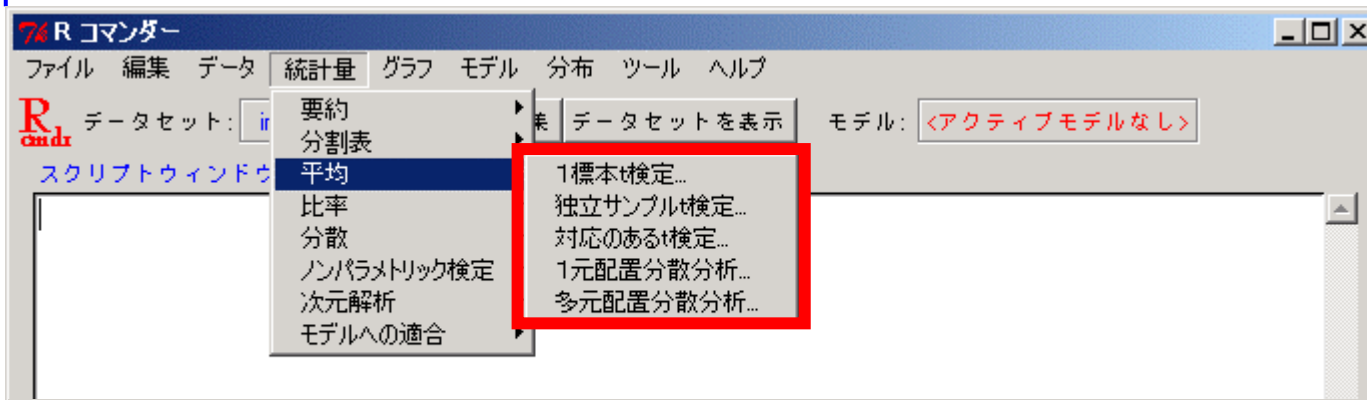
変数, 対立仮説などを入力すること  
1標本 t 検定を行うことができる



## One Sample t-test

```
data: sleep$extra
t = 3.4, df = 19, p-value = 0.002918
alternative hypothesis: true mean is not
equal to 0
95 percent confidence interval:
 0.6 2.5
sample estimates:
mean of x
 1.5
```

# メニュー〔統計量〕平均, 比率, 分散の検定

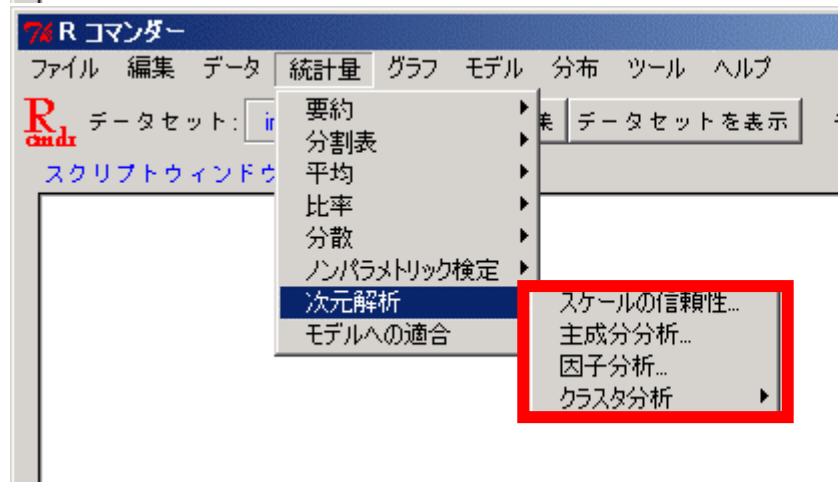
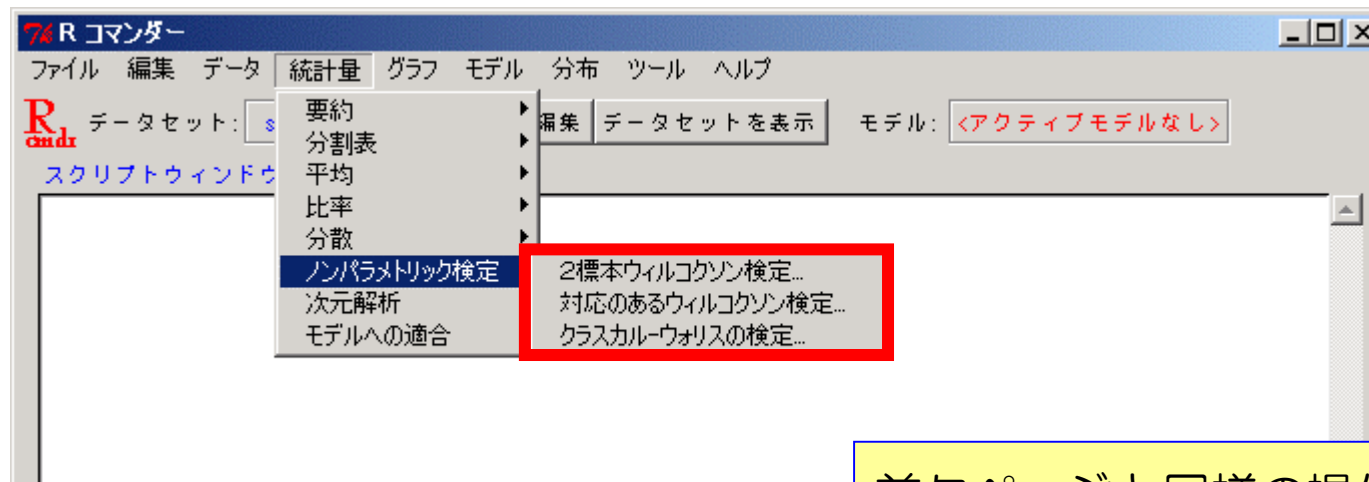


前ページと同様の操作をすることで

- 独立サンプル（2標本）t検定
- 対応のある（1標本）t検定
- 分散分析
- 比率に関する検定
- 分散の比の検定（F検定）
- バートレットの検定
- ルビーンの検定

を実行することが出来る

# メニュー〔統計量〕ノンパラ検定, 次元解析

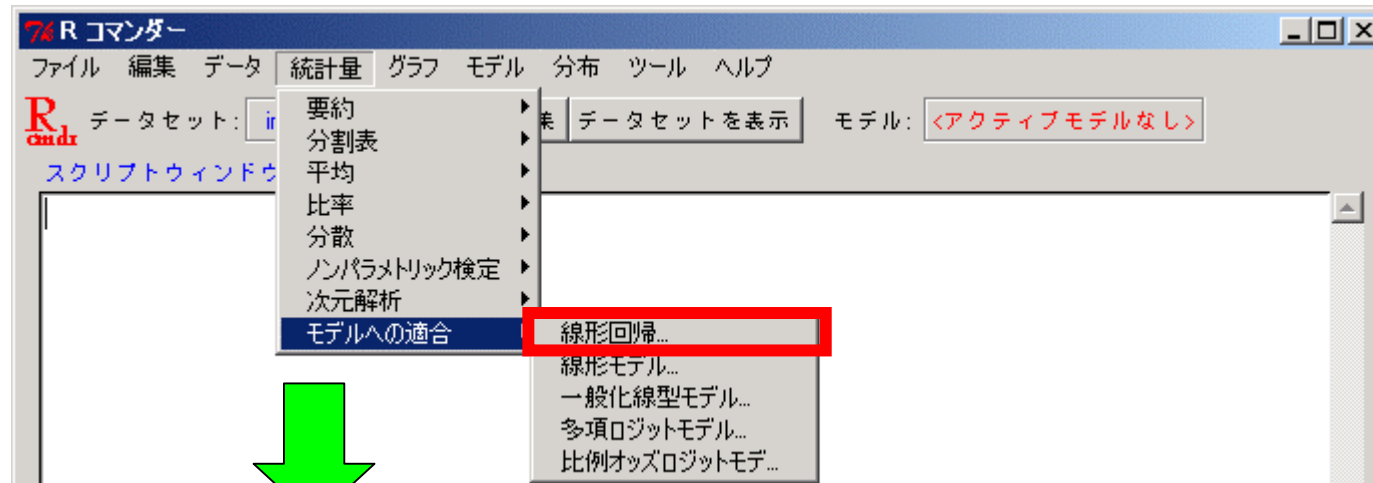


前々ページと同様の操作をすることで

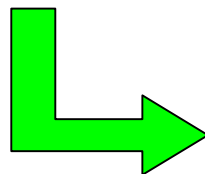
- 2標本ウィルコクソン検定
- 対応のある（1標本）ウィルコクソン検定
- クラスカル・ウォリス検定
- スケールの信頼性（クローンバックの $\alpha$ ）
- 主成分分析
- 因子分析
- クラスタ分析

を実行することが出来る

# メニュー〔統計量〕モデル：線形回帰



目的変数と説明変数  
を入力する



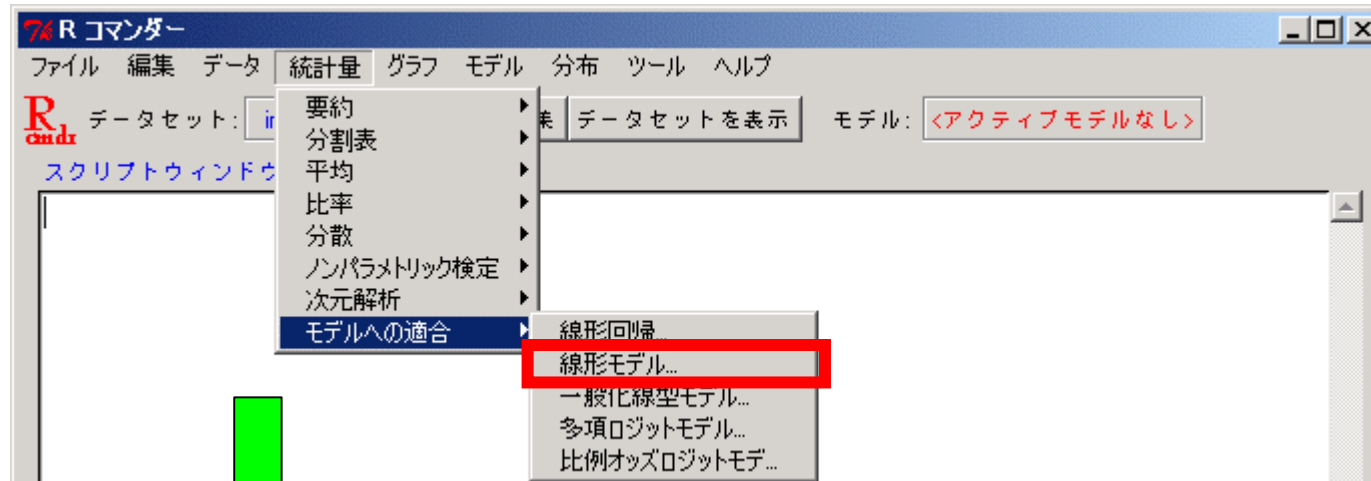
```
Call:
lm(formula = Petal.Length ~ Petal.Width, data = iris)

Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-1.3354 -0.3035 -0.0295  0.2578  1.3945

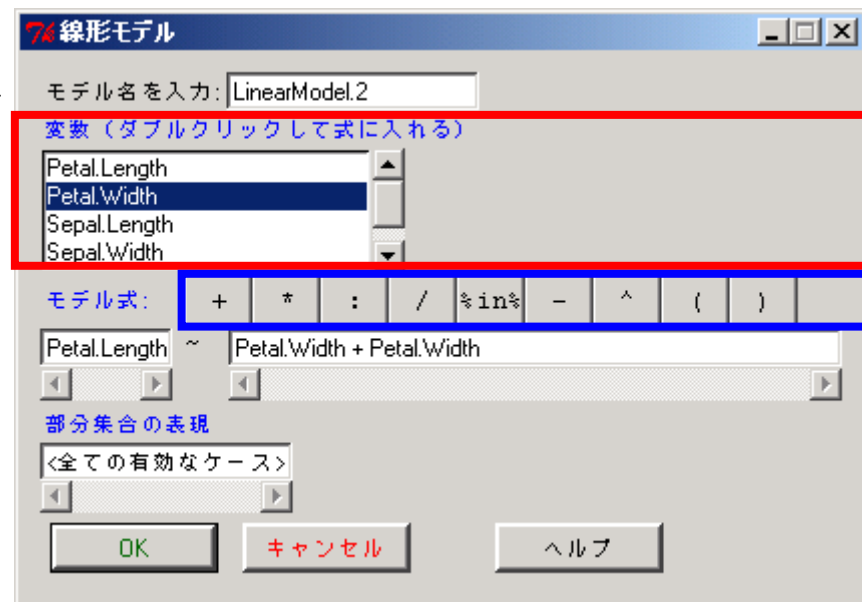
Coefficients:
              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)   1.0836     0.0730   14.8   <2e-16 ***
Petal.Width   2.2299     0.0514   43.4   <2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.48 on 148 degrees of freedom
Multiple R-Squared:  0.927,    Adjusted R-squared:  0.927
F-statistic: 1.88e+03 on 1 and 148 DF,  p-value: <2e-16
```

# メニュー〔統計量〕モデル：線形モデル



線形モデル式を作成する



変数をダブルクリックして式に追加する

演算子をクリックして式に追加する

## [寄り道] モデル式の書式



### ■ モデル式の例 ( $\varepsilon$ は誤差項)

$$Y \sim X : Y = a + bX + \varepsilon$$

$$Y \sim X_1 + X_2 : Y = a + b_1X_1 + b_2X_2 + \varepsilon$$

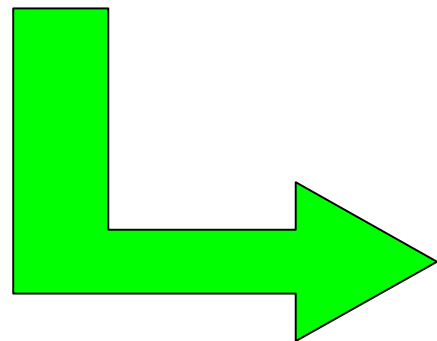
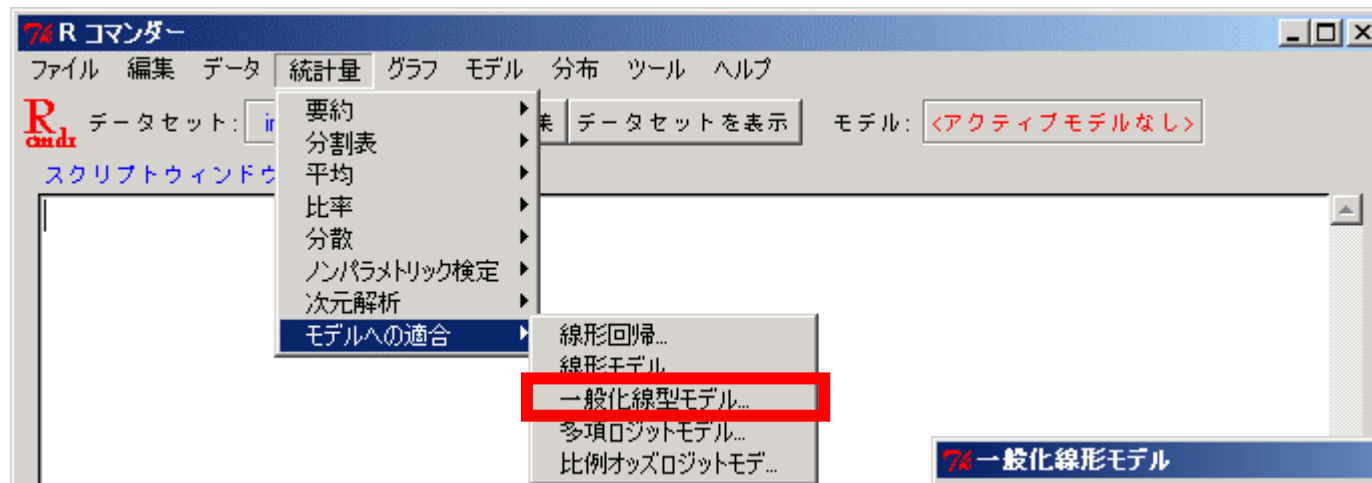
$$Y \sim . : Y = (\text{Y以外の変数を説明変数に}) + \varepsilon$$

$$Y \sim X_1 * X_2 : Y = a + b_1X_1 + b_2X_2 + b_3X_1X_2 + \varepsilon \text{ (交互作用モデル)}$$

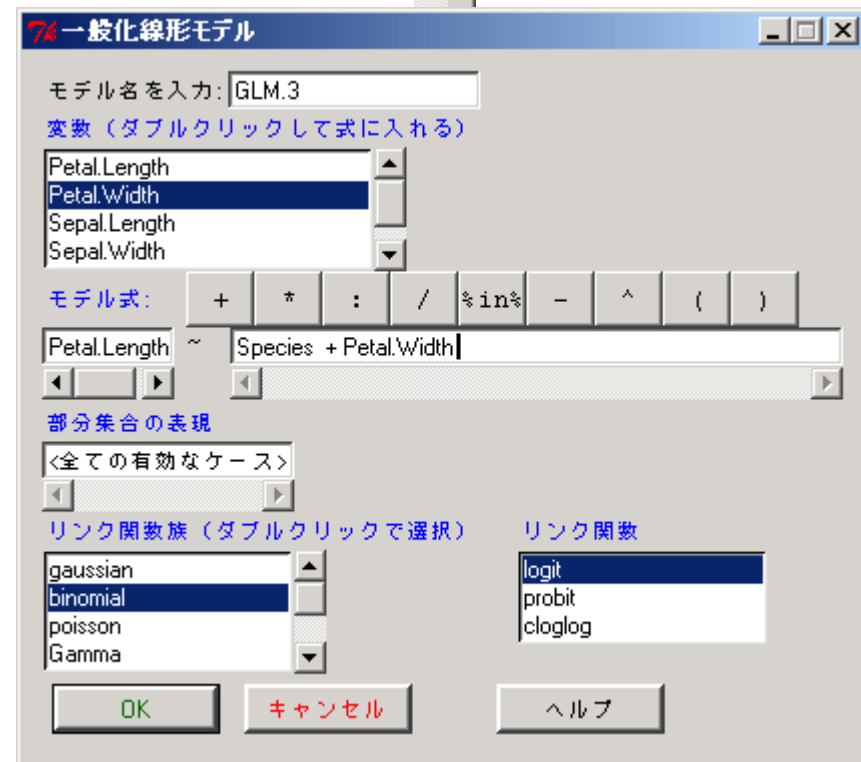
$$Y \sim X_1 + X_2 + X_1 * X_2 : \text{上と同じ交互作用モデル}$$

$$Y \sim (X_1 + X_2)^2 : \text{上と同じ交互作用モデル}$$

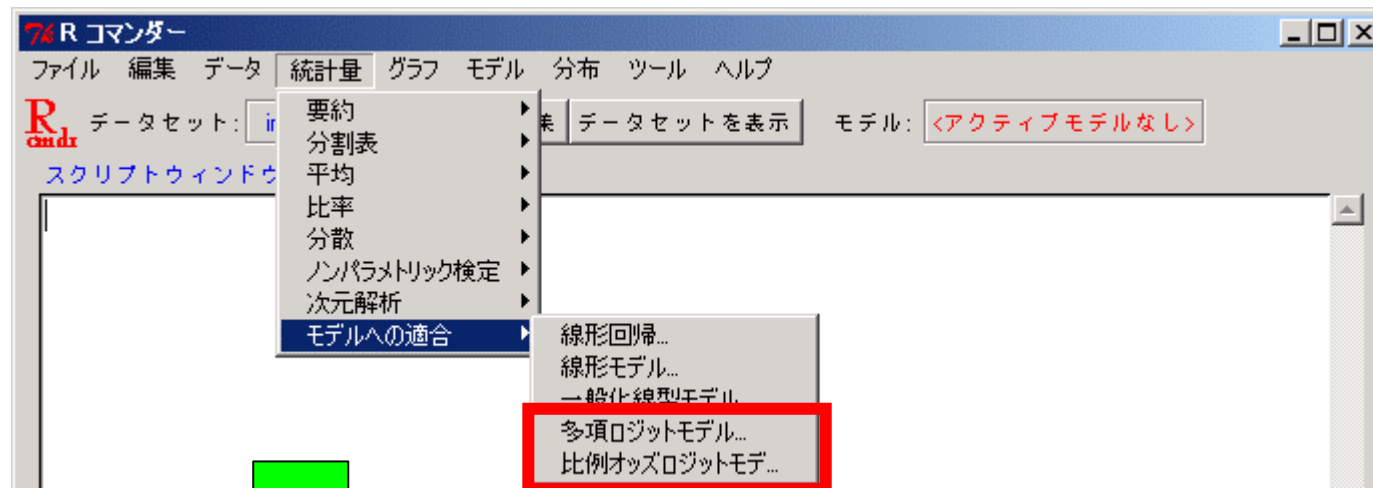
# メニュー〔統計量〕モデル：一般化線形モデル



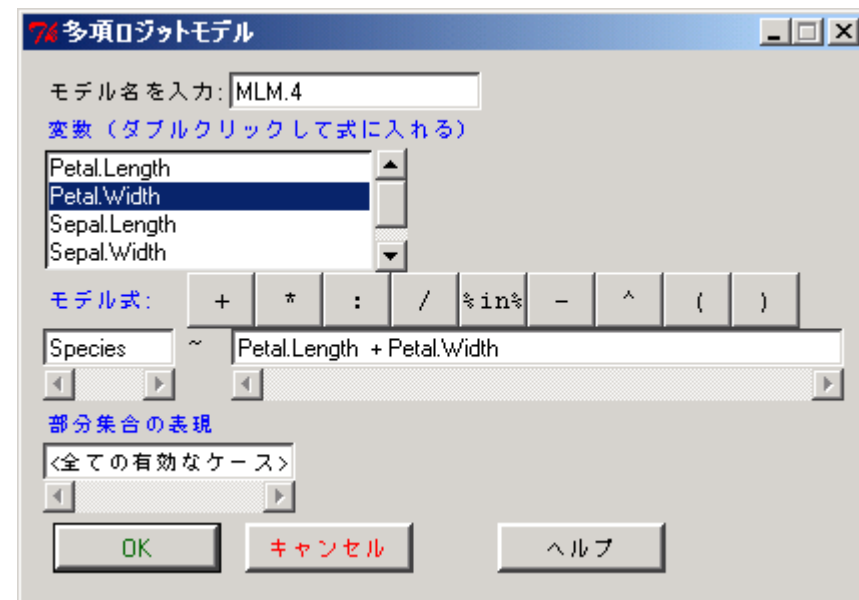
「一般化線形モデル」を選択すると  
リンク関数を指定することが出来る



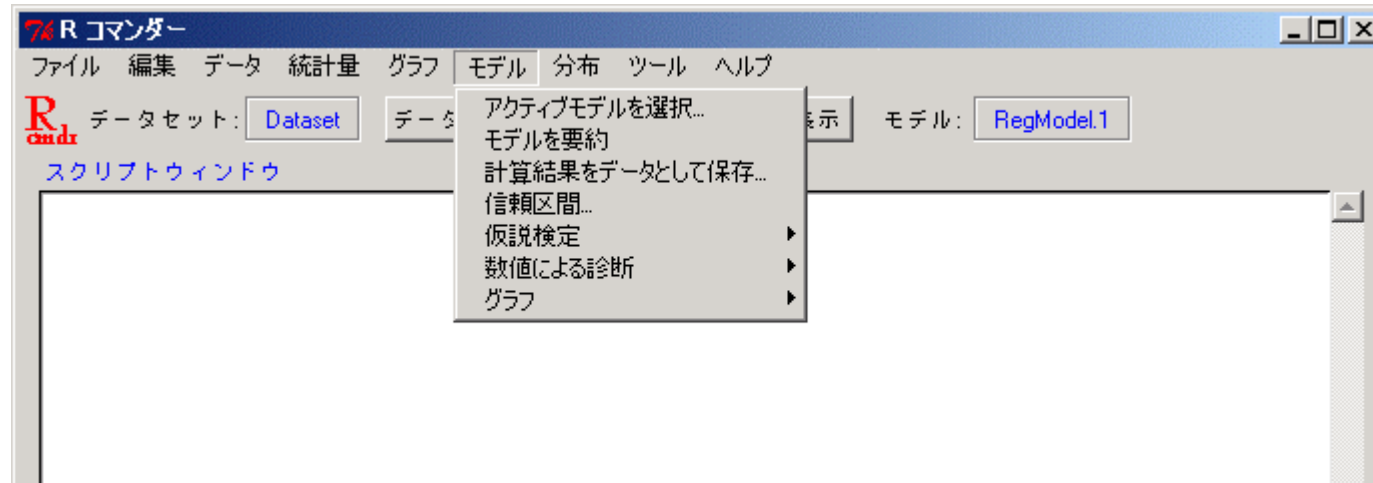
# メニュー〔統計量〕モデル：ロジットモデル



「多項ロジットモデル」や  
「比例オッズロジットモデル」  
を作成することも出来る

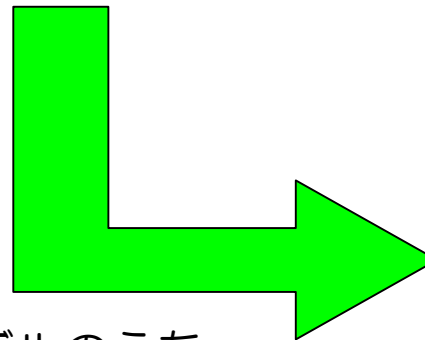
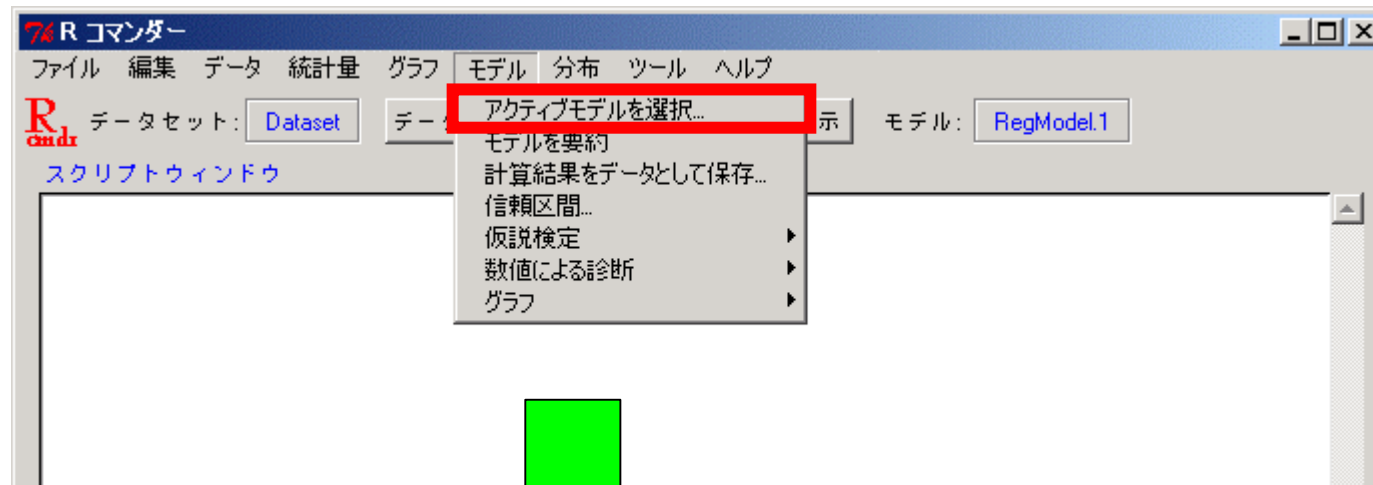


# メニュー〔モデル〕

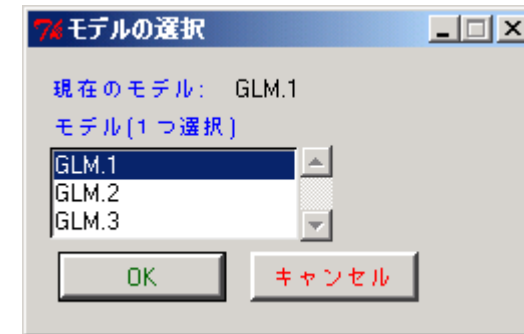


- モデル → メニューの「統計量」 → 「モデル」で作成したモデルについて詳細な検討を加えることができる
  - モデルの要約
  - 信頼区間の算出
  - 仮説検定
  - モデルの診断
  - モデルに関するグラフ描画

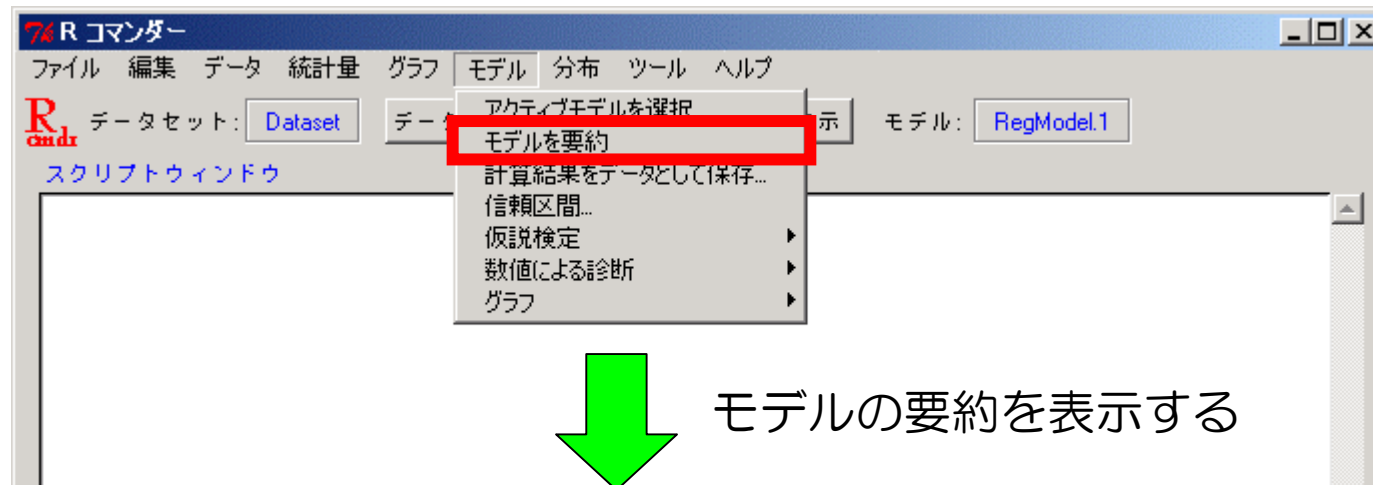
# メニュー〔モデル〕 アクティブモデルを選択



作成したモデルのうち  
今から検討を加える  
モデルを選択する



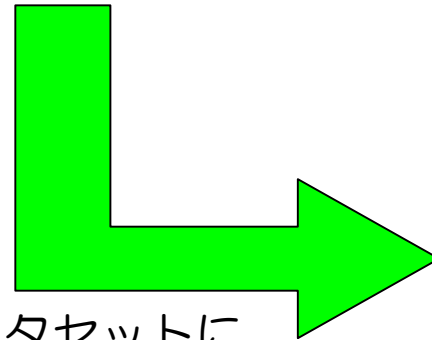
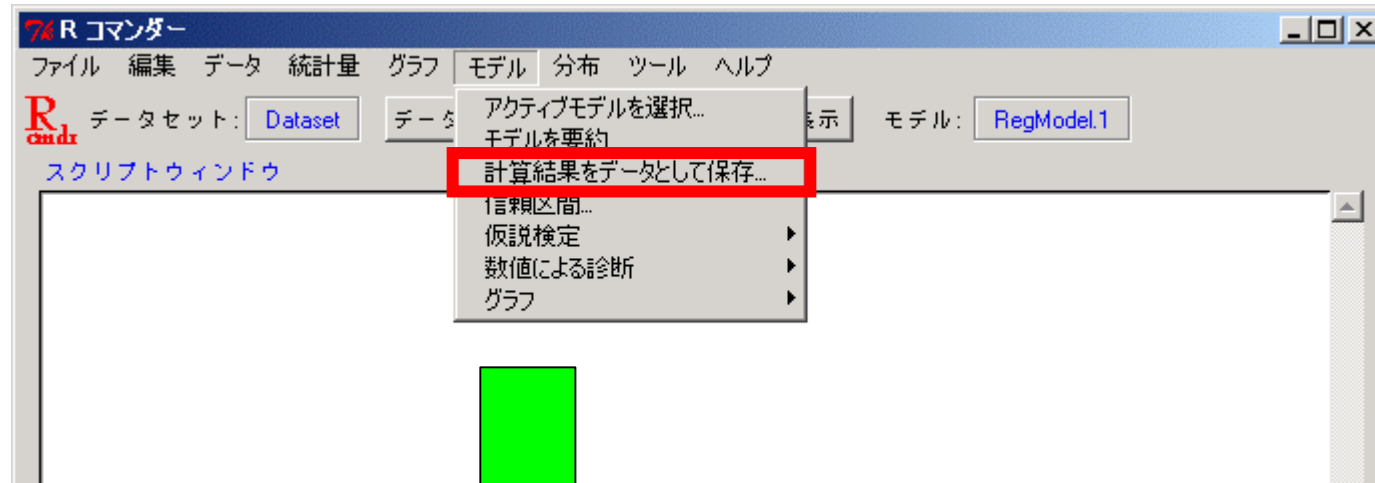
# メニュー〔モデル〕モデルを要約



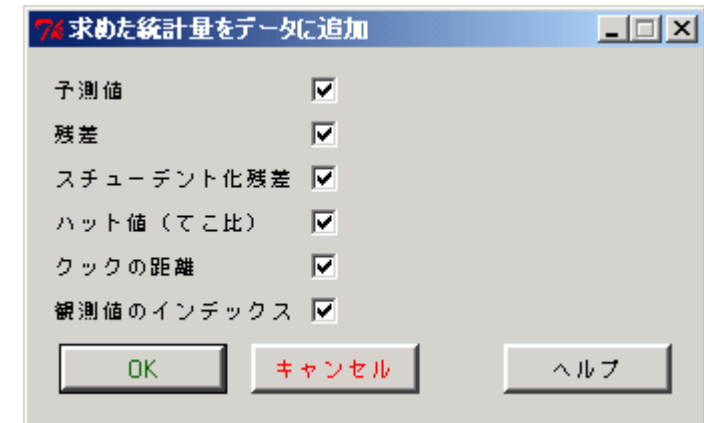
```
Call:
glm(formula = Petal.Length ~ Species, family = gaussian(identity), data = iris)
Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-1.260  -0.258   0.038   0.240   1.348
Coefficients:
                Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)         1.46200    0.06086   24.02  <2e-16 ***
Species[T.versicolor]  2.79800    0.08607   32.51  <2e-16 ***
Species[T.virginica]   4.09000    0.08607   47.52  <2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Dispersion parameter for gaussian family taken to be 0.1851878)

Null deviance: 464.325  on 149  degrees of freedom
Residual deviance:  27.223  on 147  degrees of freedom
AIC: 177.69
Number of Fisher Scoring iterations: 2
```

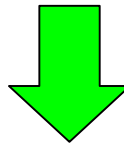
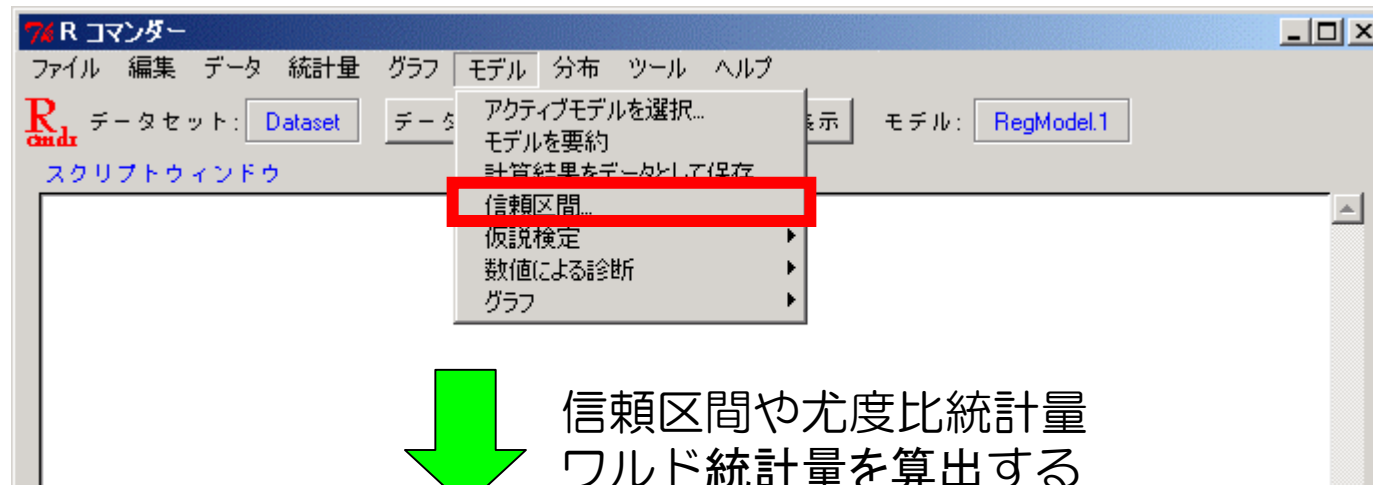
# メニュー〔モデル〕 計算結果をデータとして保存



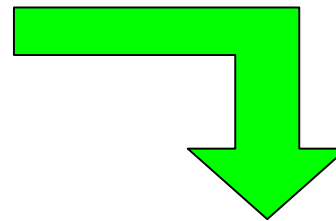
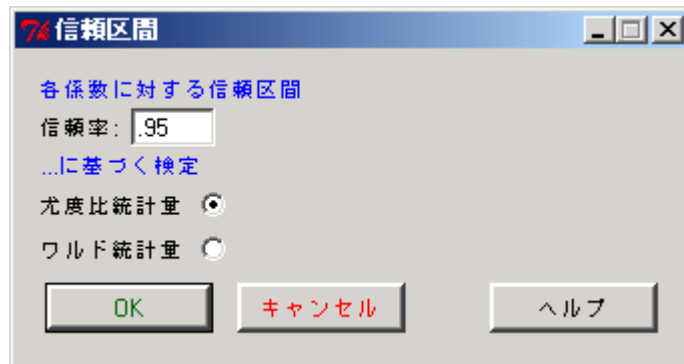
モデル解析を行ったデータセットに  
モデル解析で得られた統計量を追加する



# メニュー〔モデル〕信頼区間

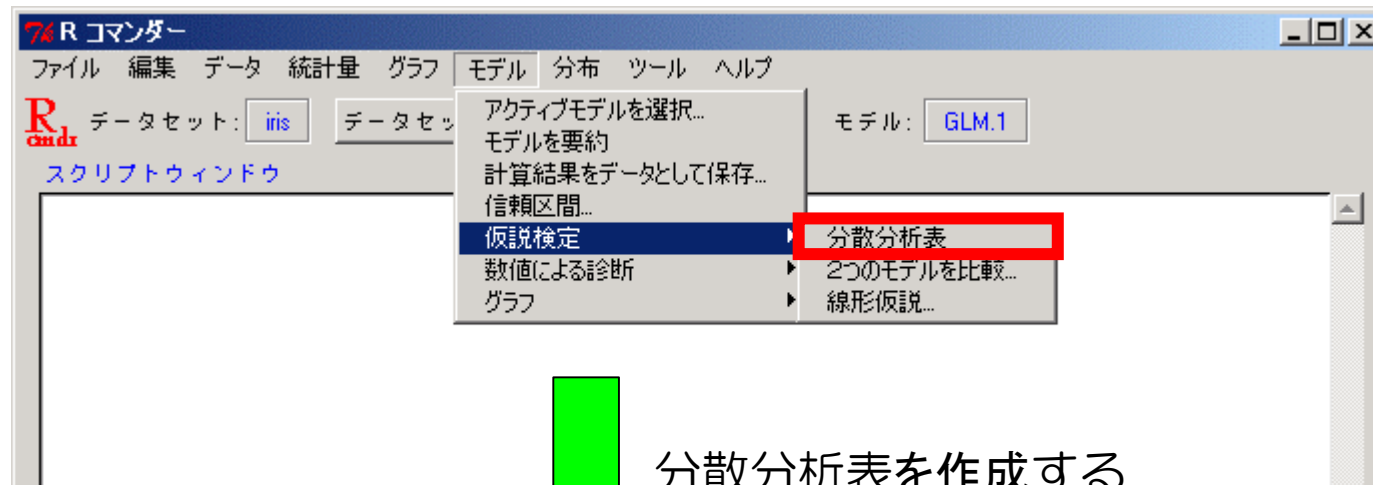


信頼区間や尤度比統計量  
ワルド統計量を算出する



	2.5 %	97.5 %
(Intercept)	1.342720	1.581280
Species[T.versicolor]	2.629312	2.966688
Species[T.virginica]	3.921312	4.258688

# メニュー〔モデル〕分散分析表



分散分析表を作成する

Anova Table (Type II tests)

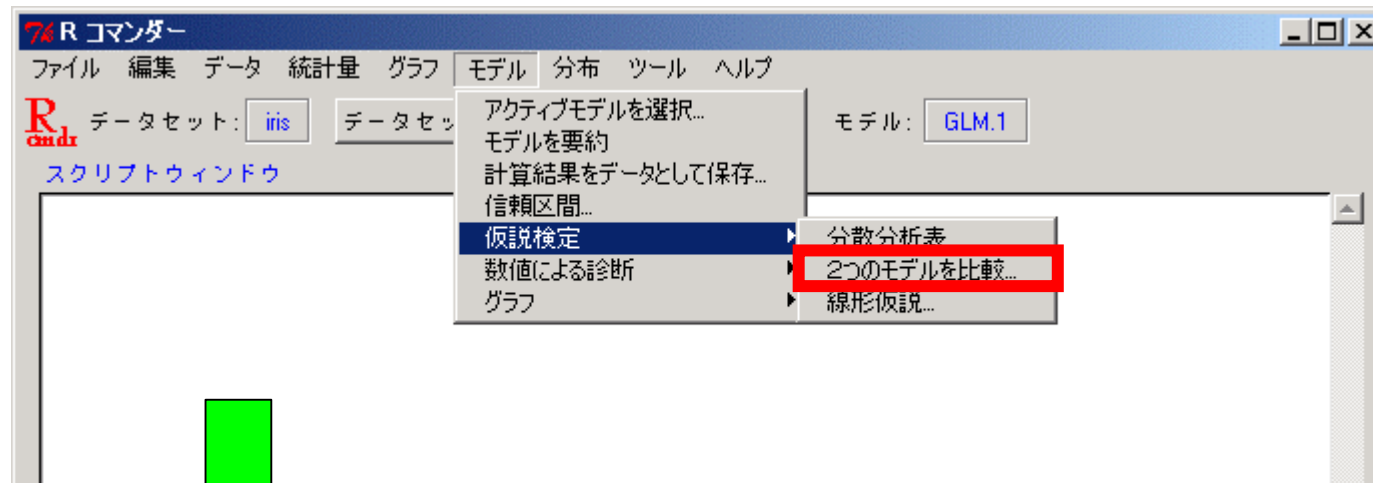
Response: Petal.Length

	LR	Chisq	Df	Pr(>Chisq)	
Species	2360.3	2	<	2.2e-16	***

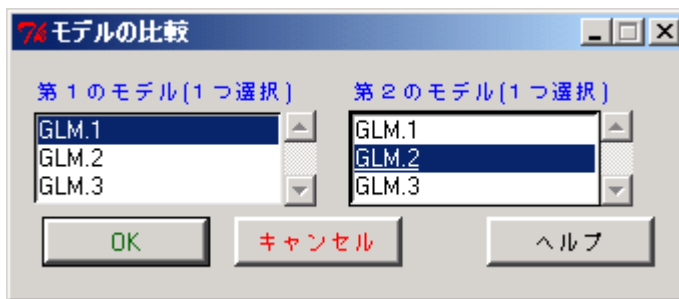
---

Signif. codes: 0 '\*\*\*' 0.001 '\*\*' 0.01 '\*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

# メニュー〔モデル〕 2つのモデルを比較



比較するモデルを選択する  
(Devianceが得られる)

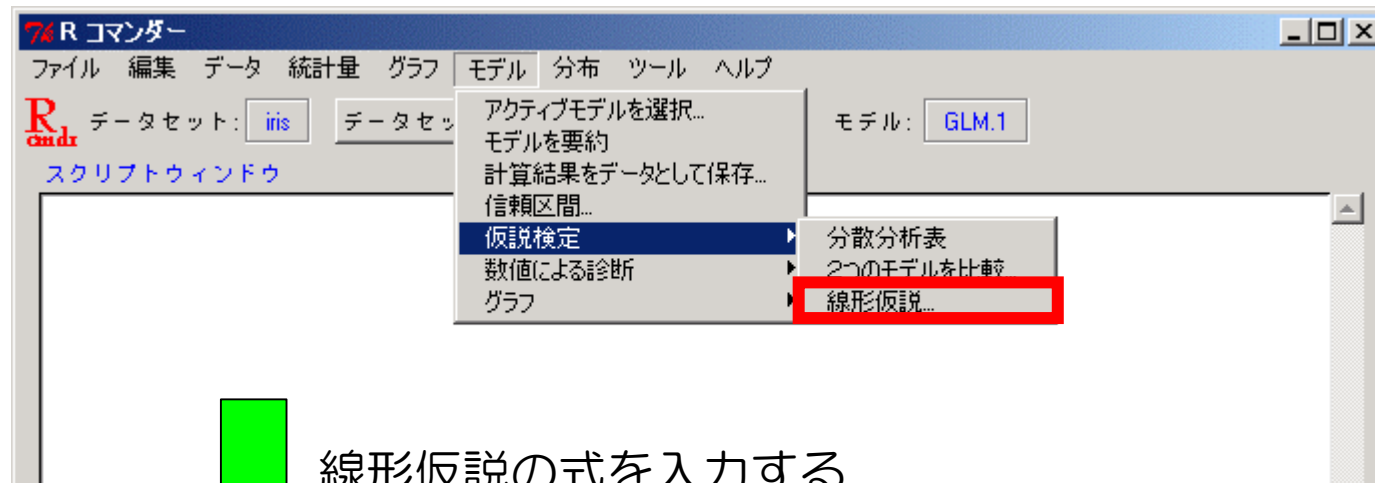


## Analysis of Deviance Table

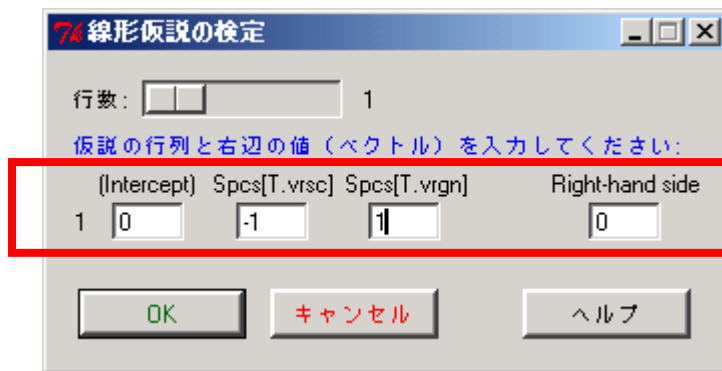
Model 1: Petal.Length ~ Species  
Model 2: Petal.Length ~ Petal.Width

	Resid. Df	Resid. Dev	Df	Deviance
1	147	27.223		
2	148	33.845	-1	-6.622

# メニュー〔モデル〕線形仮説



線形仮説の式を入力する



Linear hypothesis test

Hypothesis:

-Species[T.versicolor] + Species[T.virginica] = 0

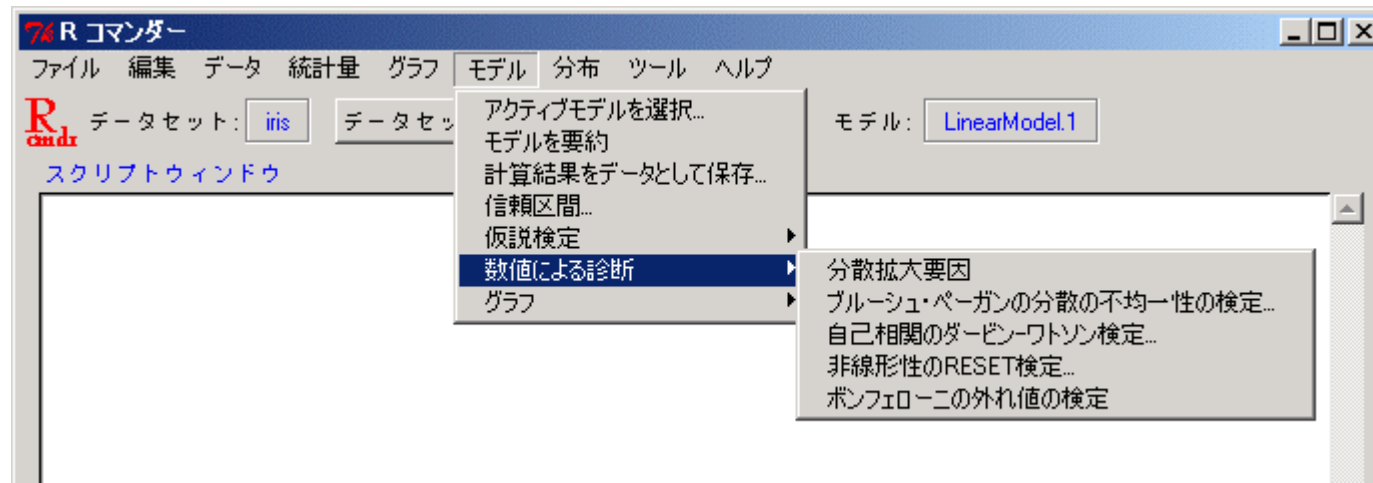
Model 1: Petal.Length ~ Species

Model 2: restricted model

```
Res.Df Df Chisq Pr(>Chisq)
1 147
2 148 -1 225.35 < 2.2e-16 ***
```

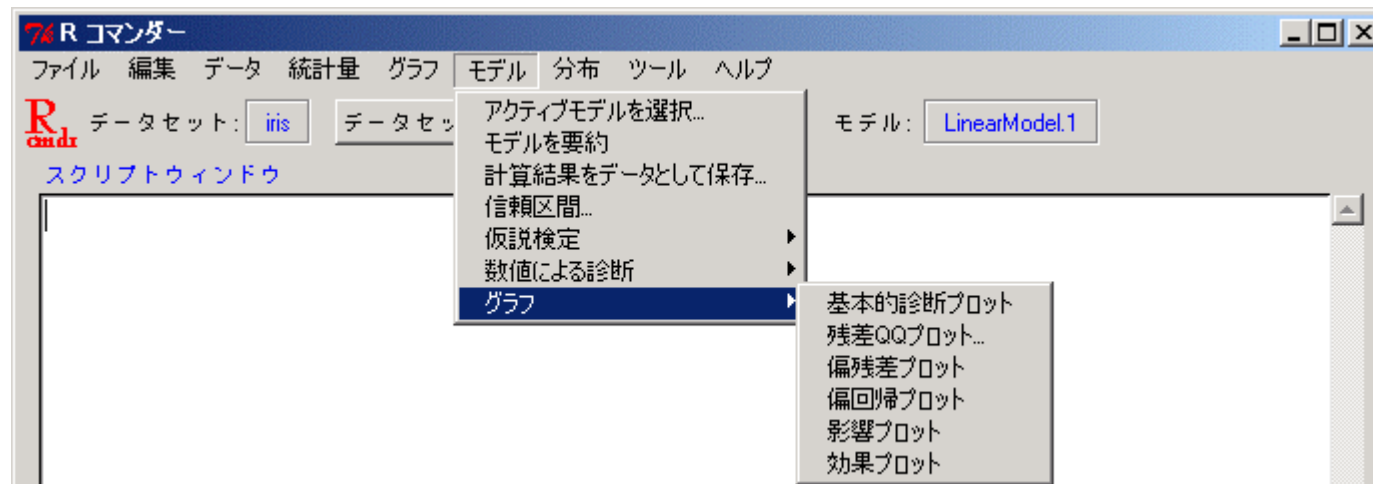
```
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*'
                0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

# メニュー〔モデル〕 数値による診断



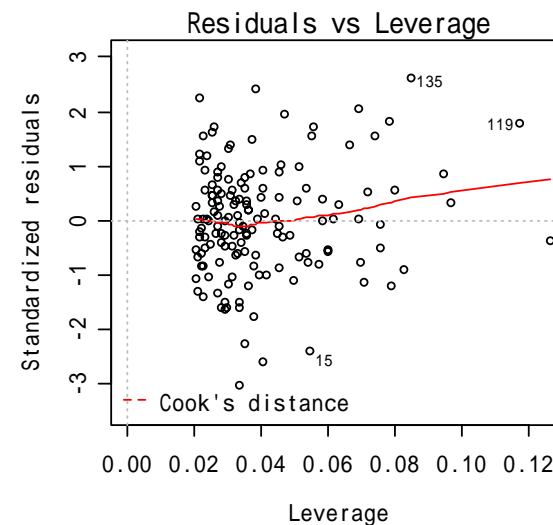
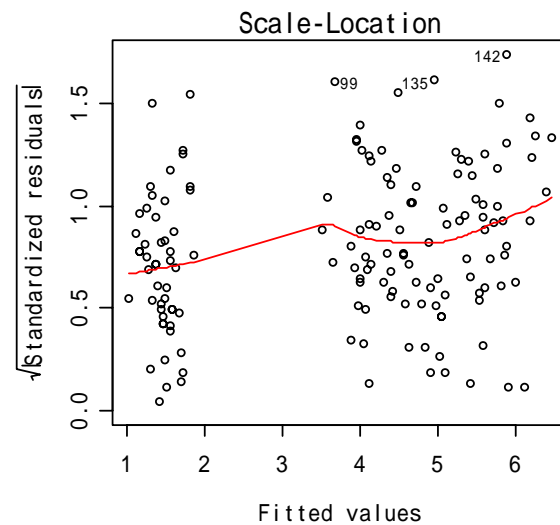
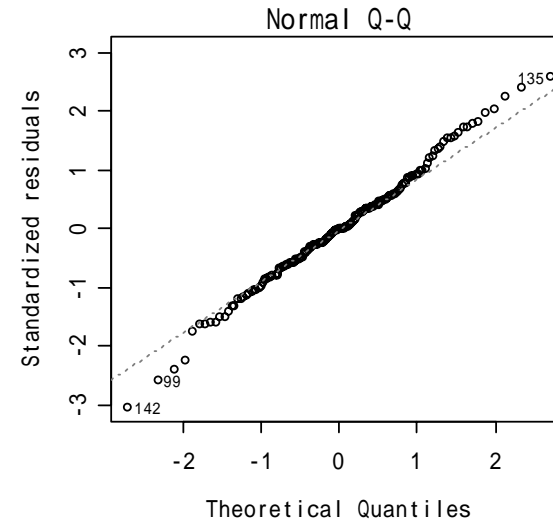
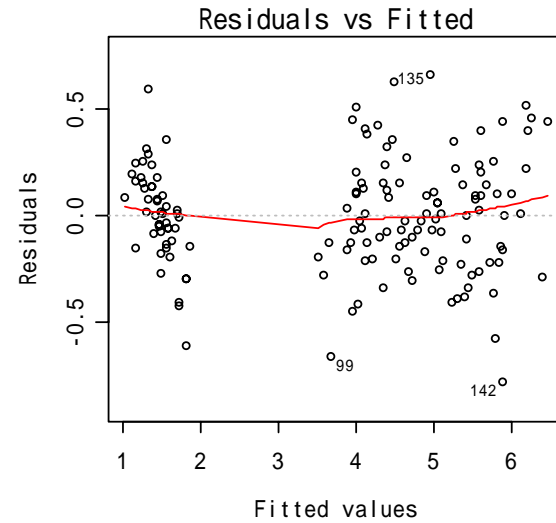
- モデルに関する様々な診断が出来る
  - 分散拡大要因
  - 分散の不均一性に関する検定
  - ダービー・ワトソン検定
  - 非線形性のRESET検定
  - ボンフェローニの外れ値の検定

# メニュー〔モデル〕グラフ

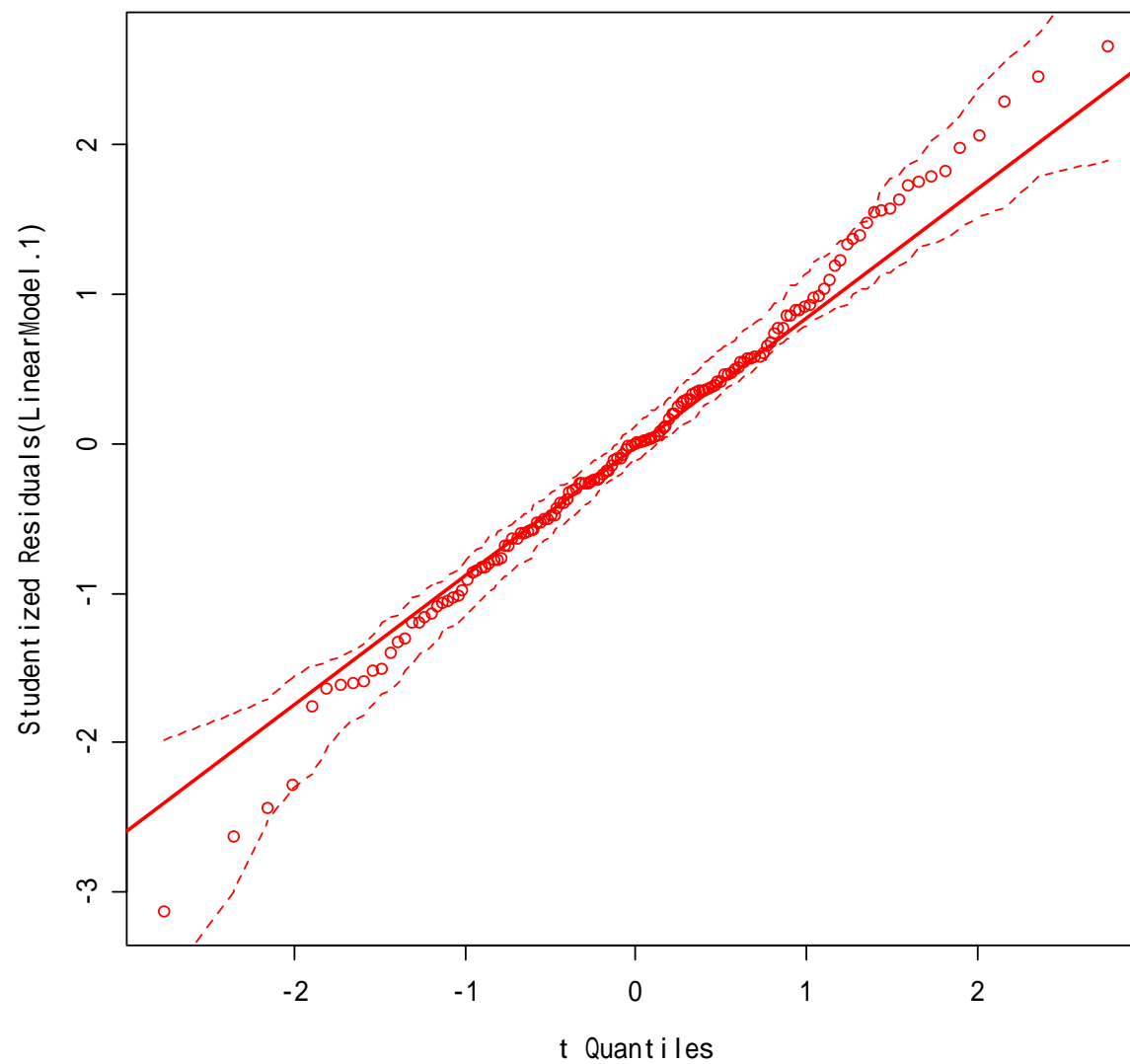


- モデルに関する様々なプロットを描くことができる
  - 基本的な回帰診断のプロット
  - 残差QQプロット
  - 偏残差プロット
  - 偏回帰プロット
  - 影響プロット
  - 効果プロット

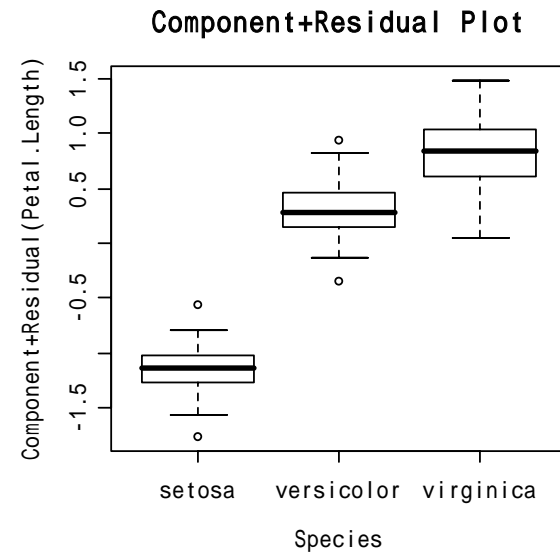
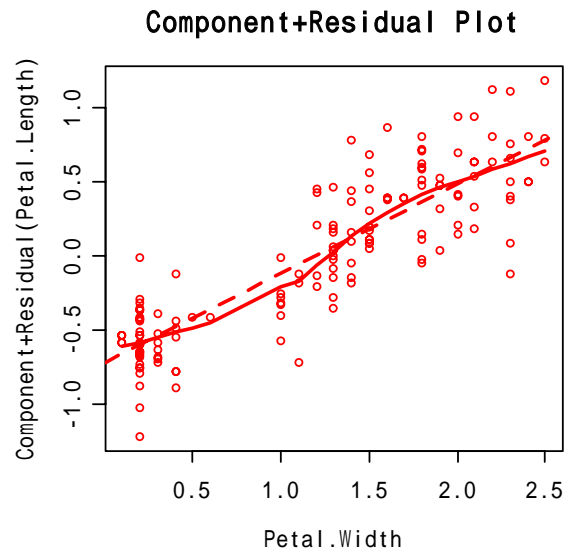
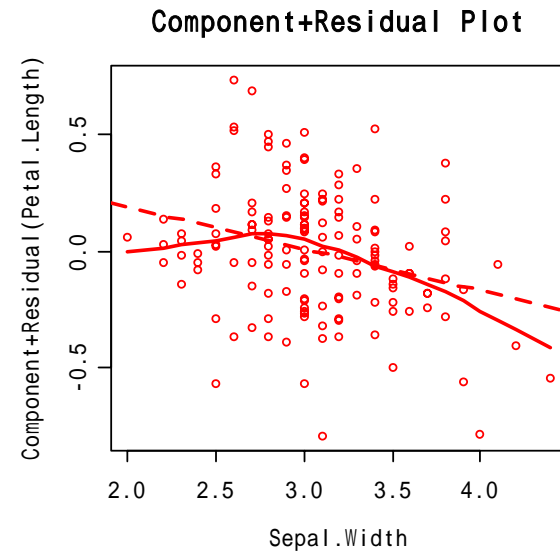
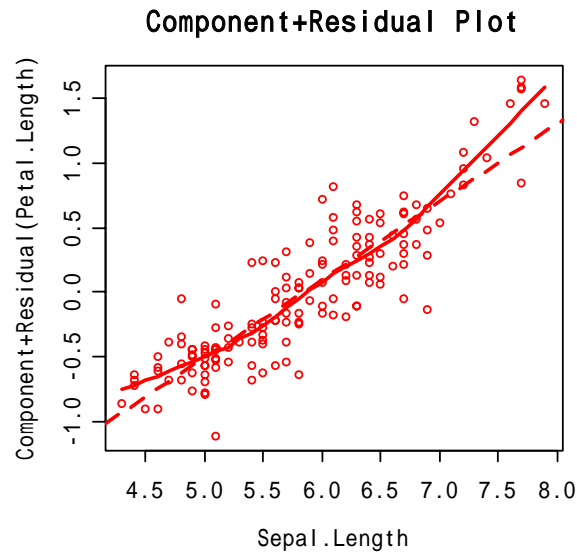
# メニュー [モデル] 基本的な診断プロット



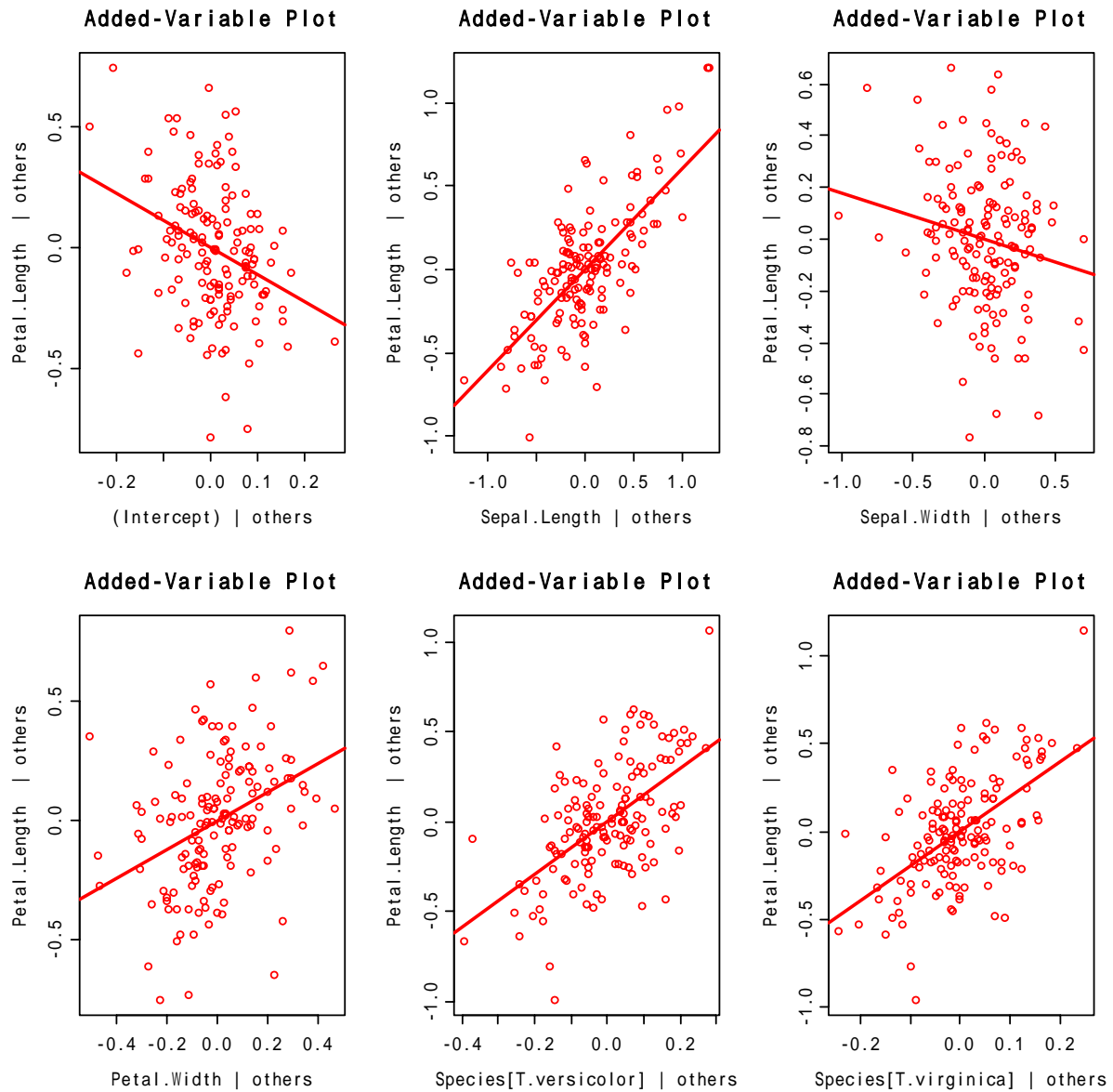
# メニュー [モデル] 残差QQプロット



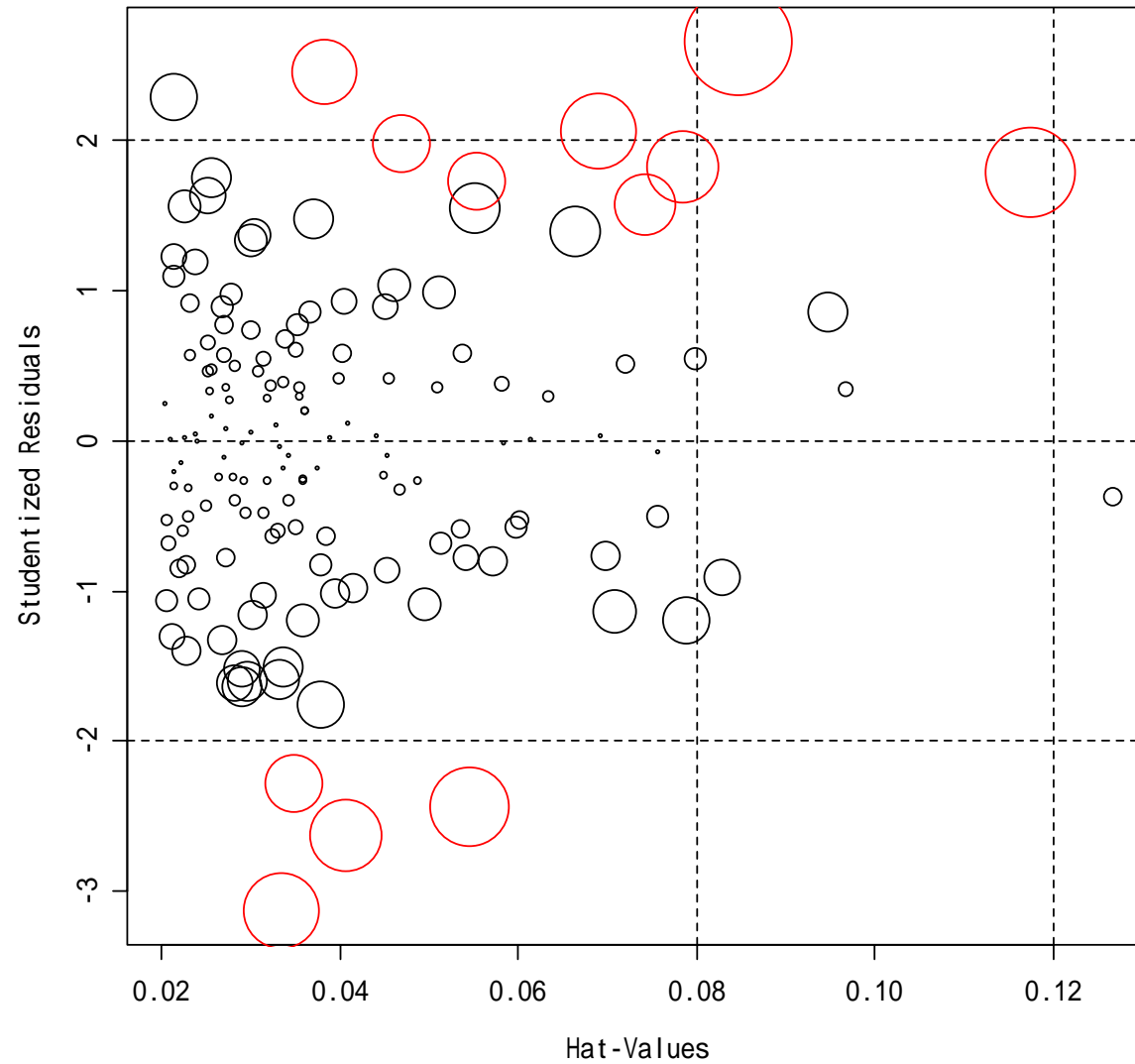
# メニュー [モデル] 偏残差プロット



# メニュー [モデル] 偏回帰プロット



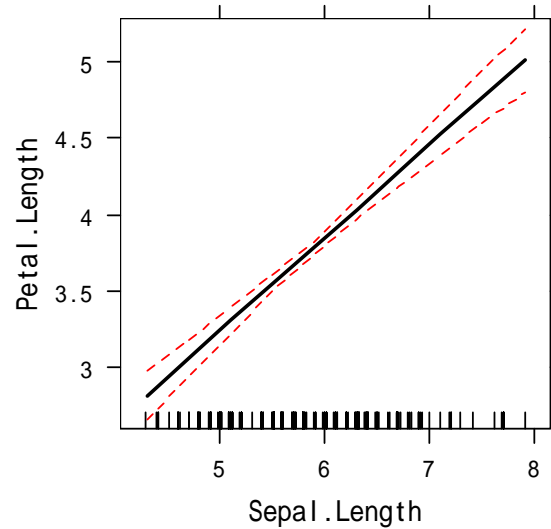
# メニュー [モデル] 影響プロット



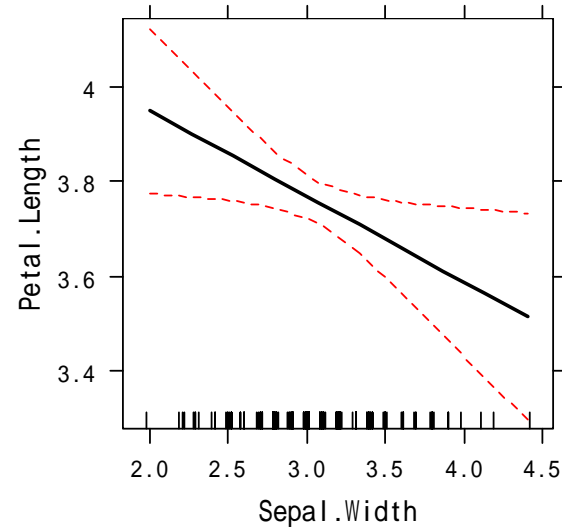
# メニュー [モデル] 効果プロット



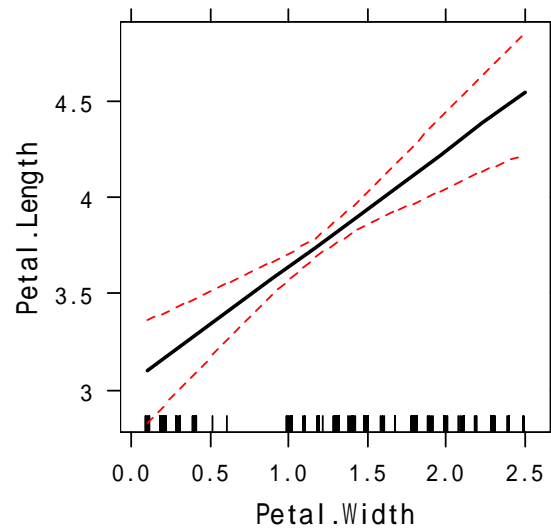
Sepal.Length effect plot



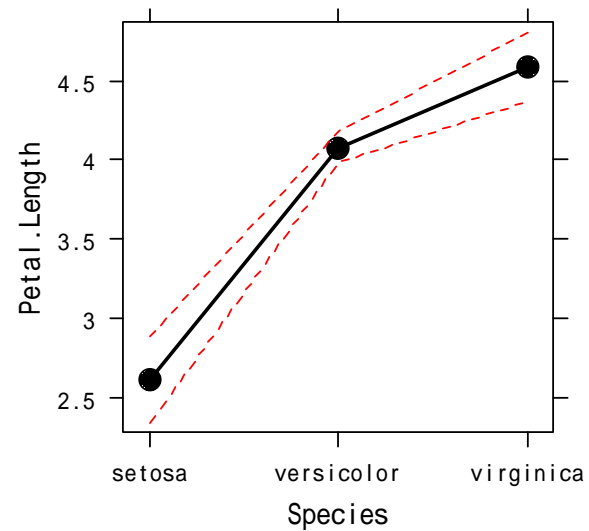
Sepal.Width effect plot



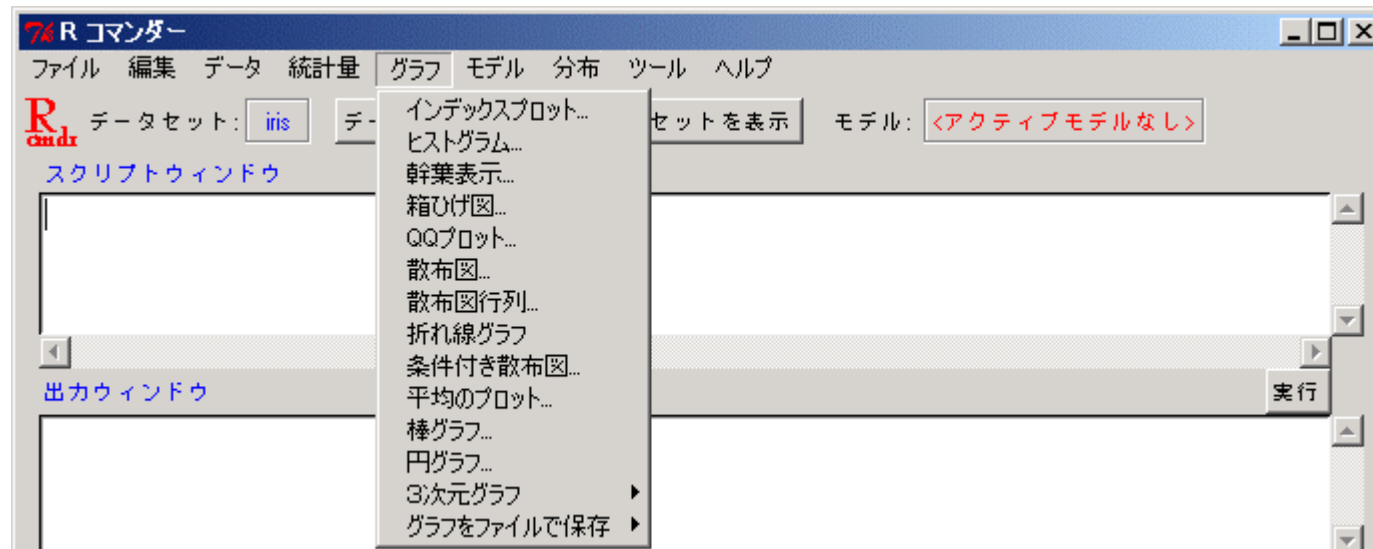
Petal.Width effect plot



Species effect plot

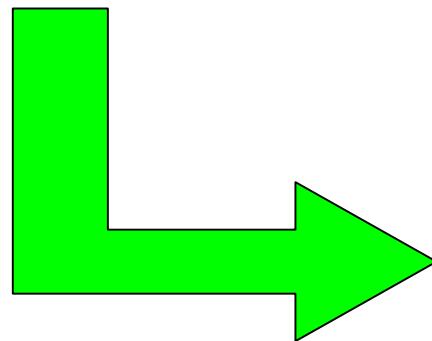
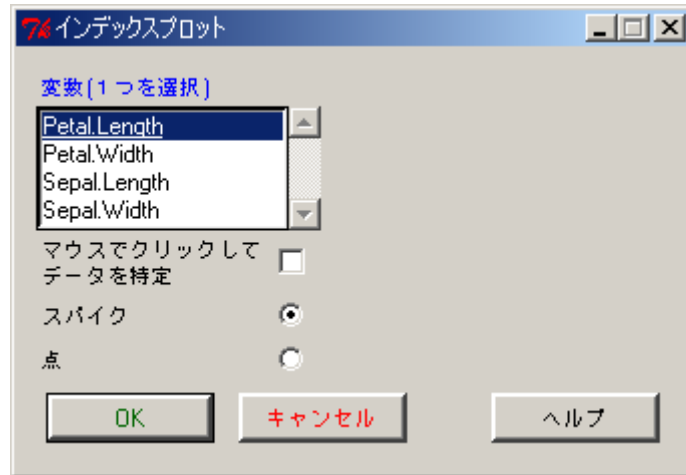


# メニュー〔グラフ〕

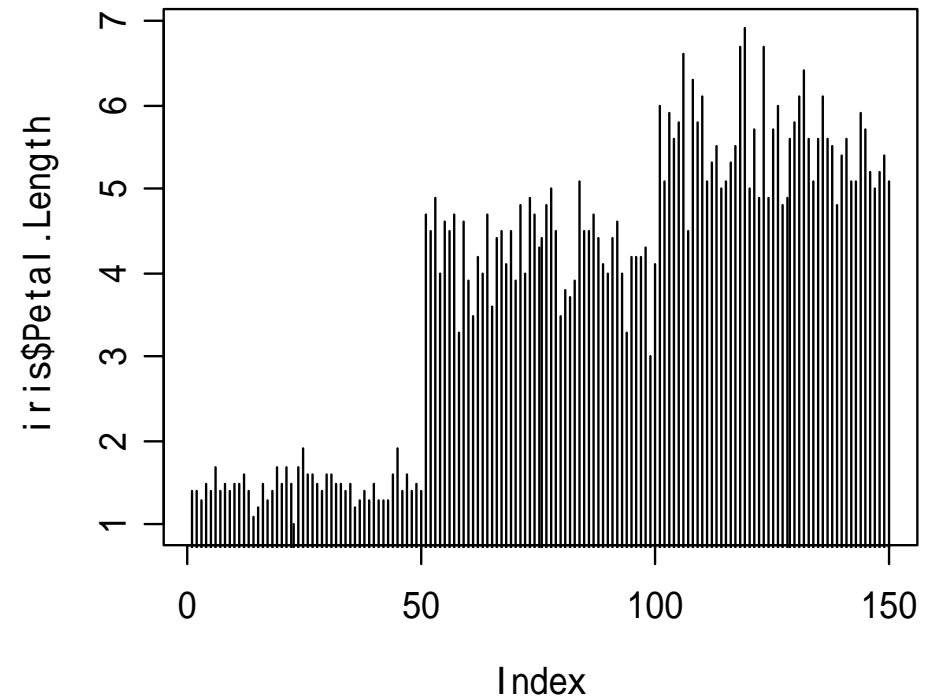


- **グラフ** → 様々な種類のグラフを描くことが出来る  
⇒ インデックスプロット, ヒストグラム, 幹葉表示 (幹葉図), 箱ひげ図, QQプロット, 散布図, 散布図行列, 折れ線グラフ, 条件付き散布図, 平均のプロット, 棒グラフ, 円グラフ, 3Dグラフ
- **グラフをファイルに保存**することも出来る

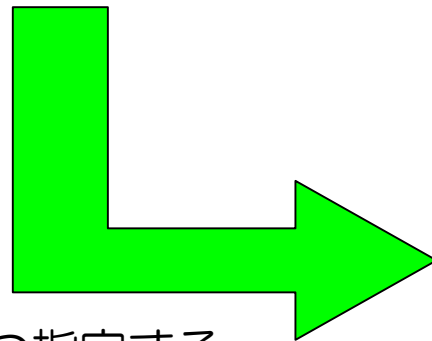
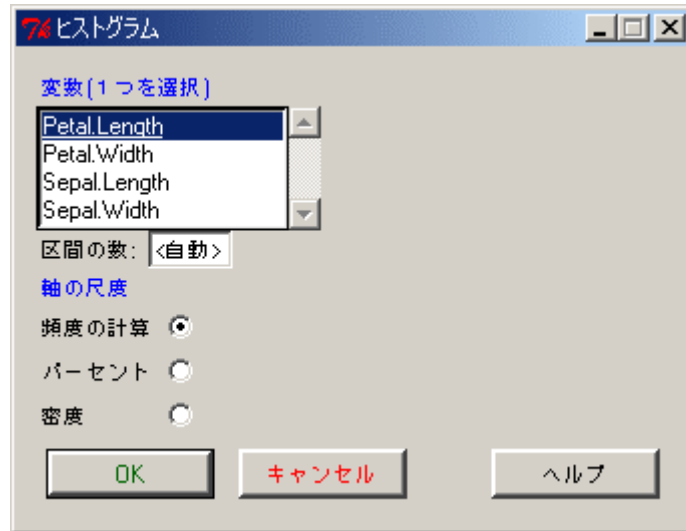
# メニュー [グラフ] インデックスプロット



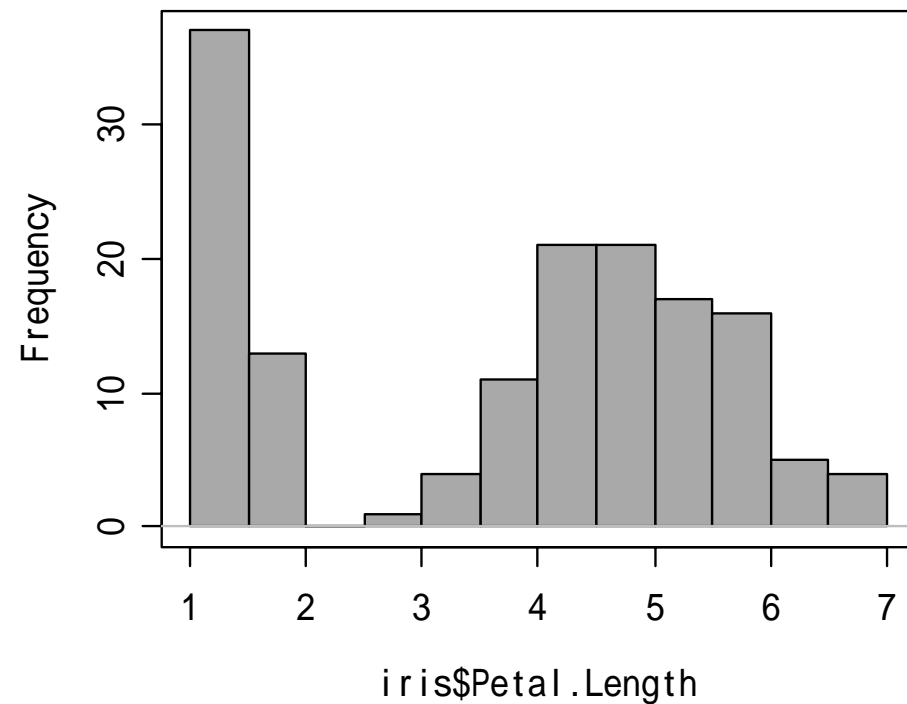
変数を1つ指定する



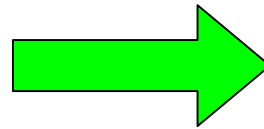
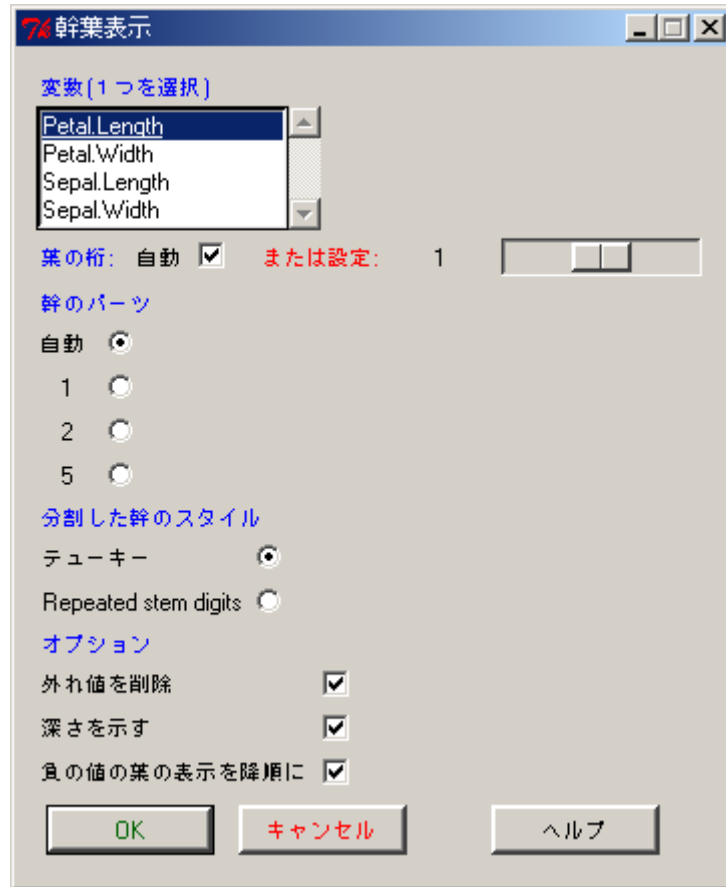
# メニュー [グラフ] ヒストグラム



変数を1つ指定する



# メニュー〔グラフ〕 幹葉表示



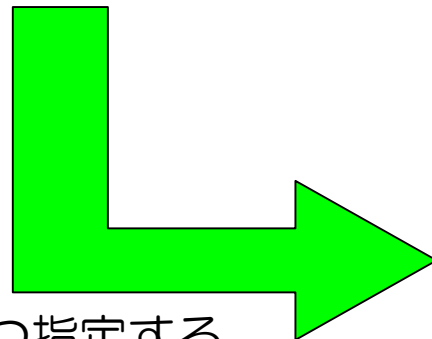
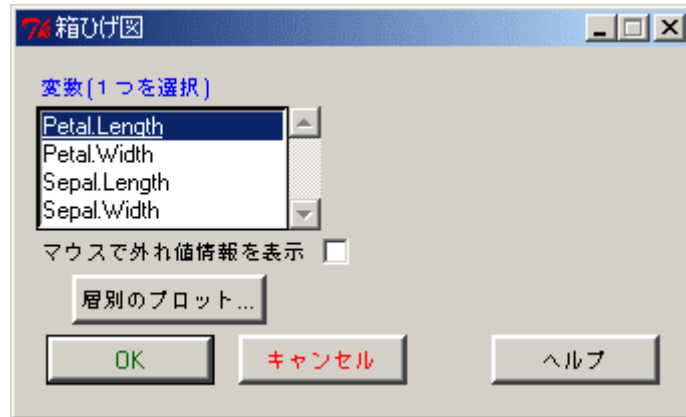
```
1 | 2: represents 1.2
  leaf unit: 0.1
    n: 150

24  1* | 01223333333344444444444444
50  1. | 55555555555556666666777799
    2* |
    2. |
53  3* | 033
61  3. | 55678999
(18) 4* | 00001112222334444
71  4. | 555555566677777888899999
46  5* | 000011111111223344
28  5. | 55566666677788899
11  6* | 0011134
  4   6. | 6779
```

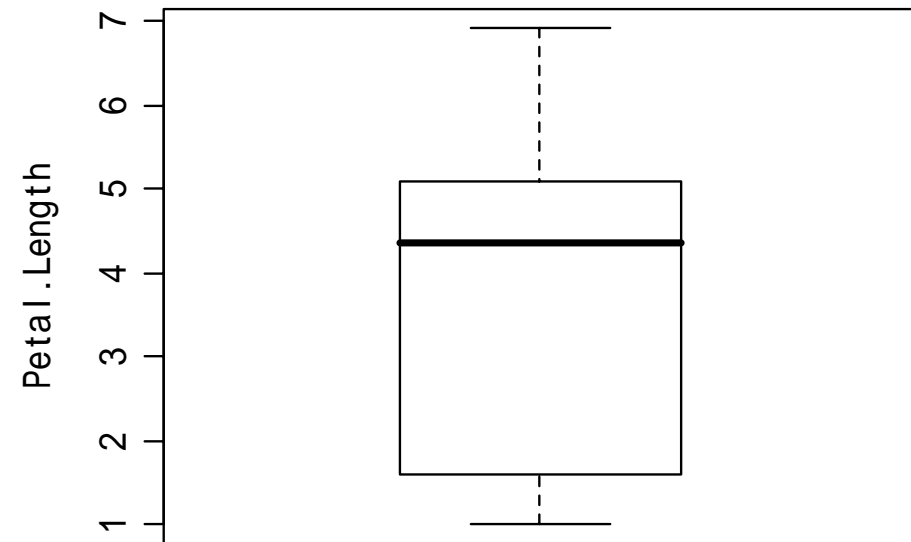
変数を1つ指定する



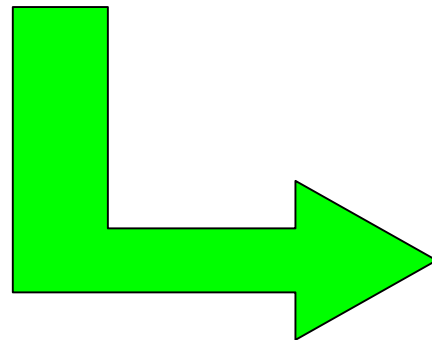
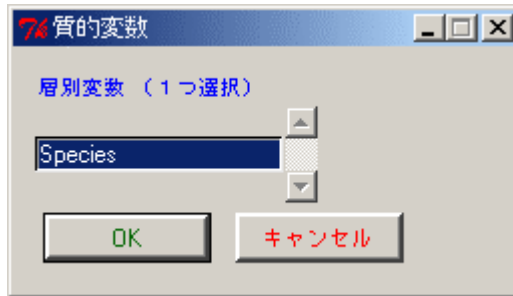
# メニュー [グラフ] 箱ひげ図



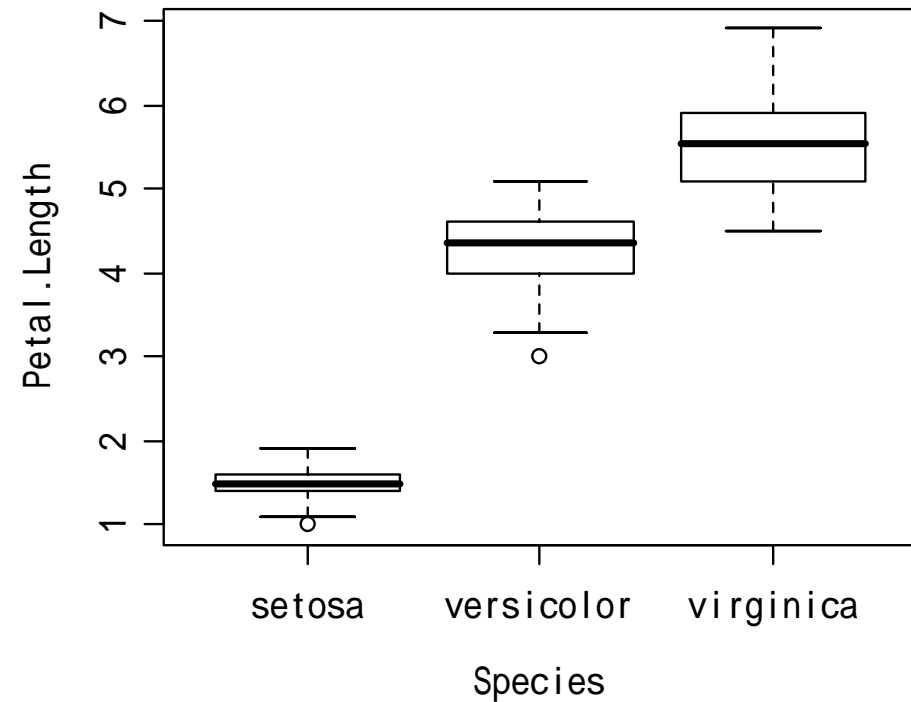
変数を1つ指定する



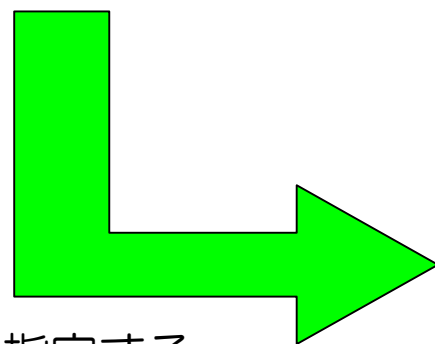
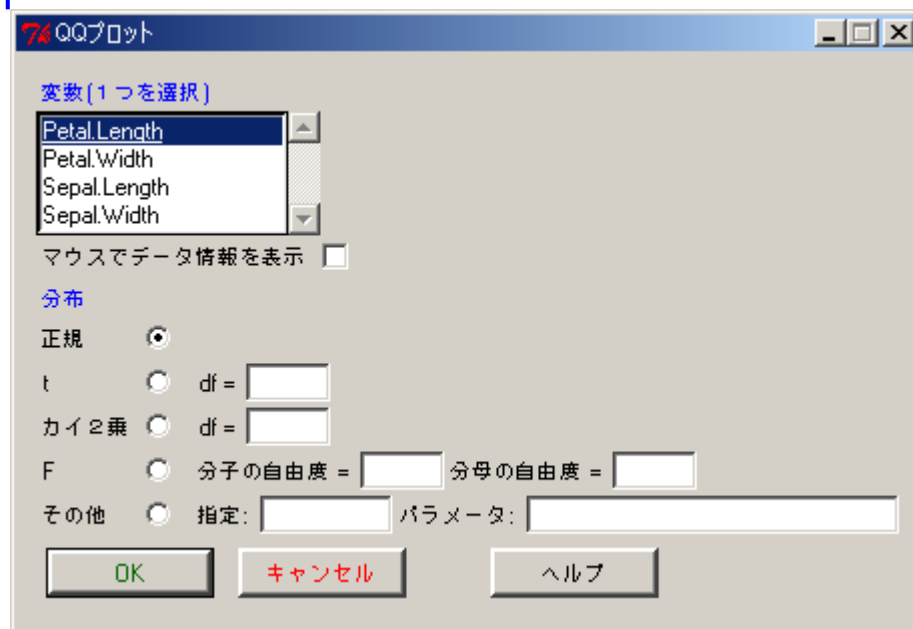
# メニュー〔グラフ〕箱ひげ図（層別）



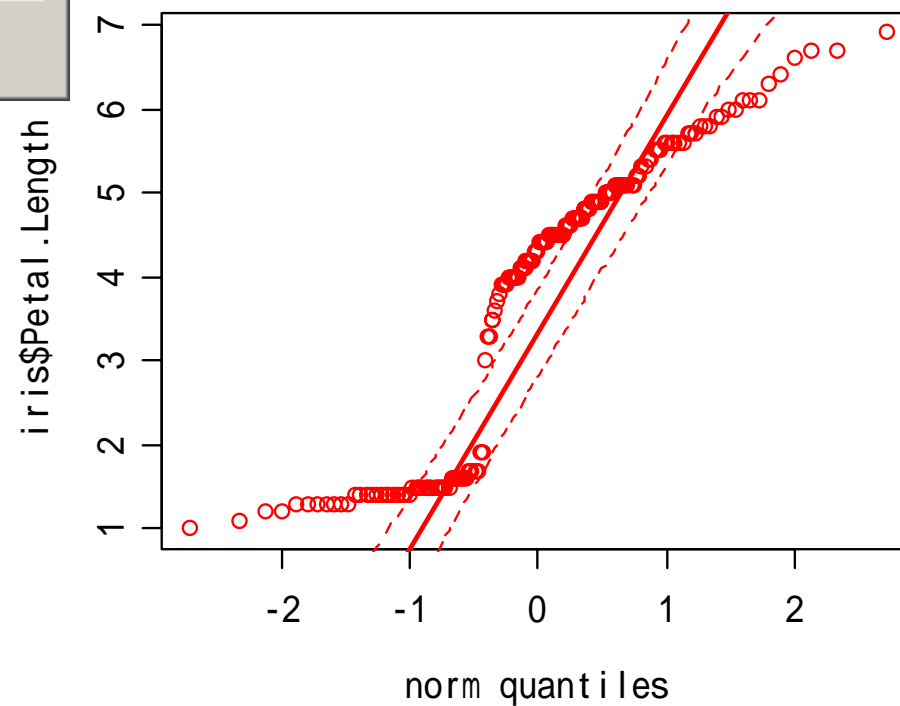
前のページの画面で「層別のプロット」を選択することで  
カテゴリ変数で層別したグラフを出力



# メニュー [グラフ] QQプロット



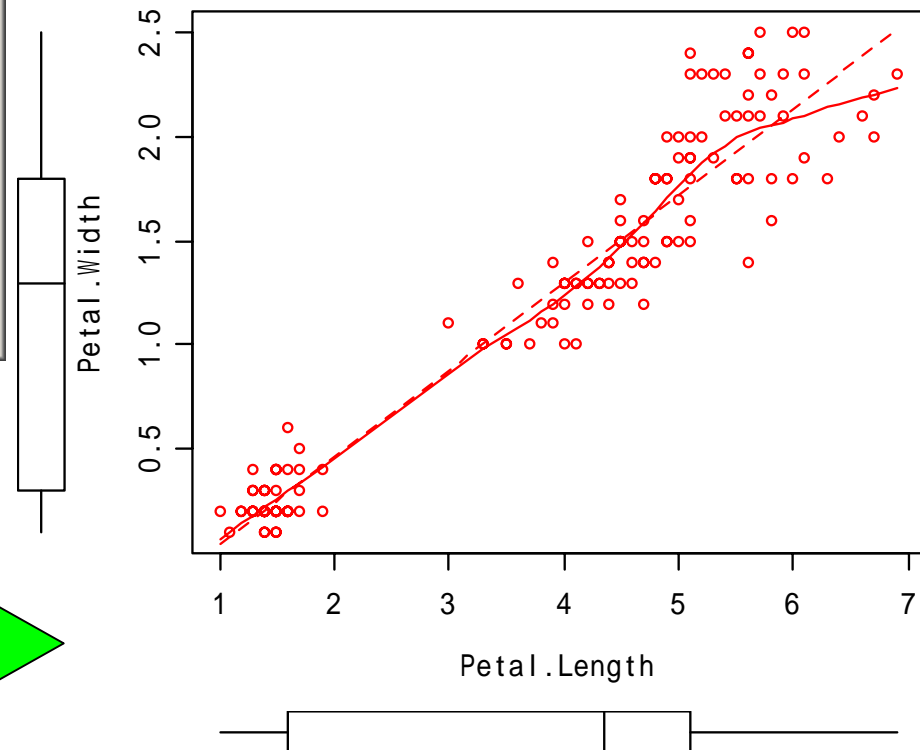
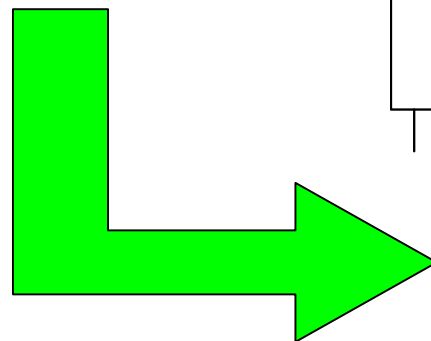
変数を1つ指定する



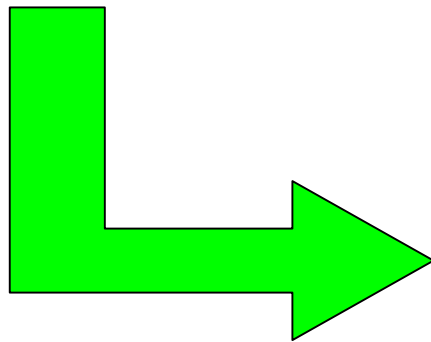
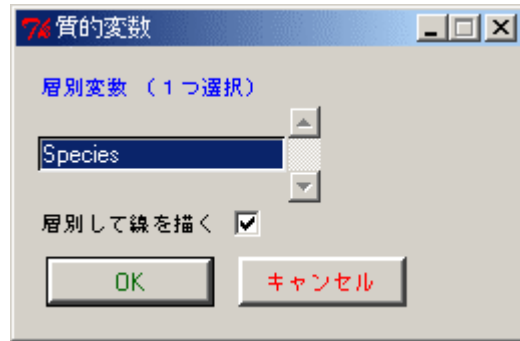
# メニュー〔グラフ〕 散布図



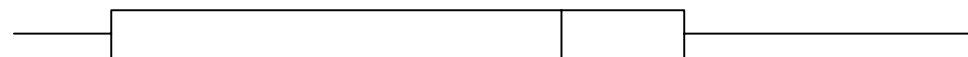
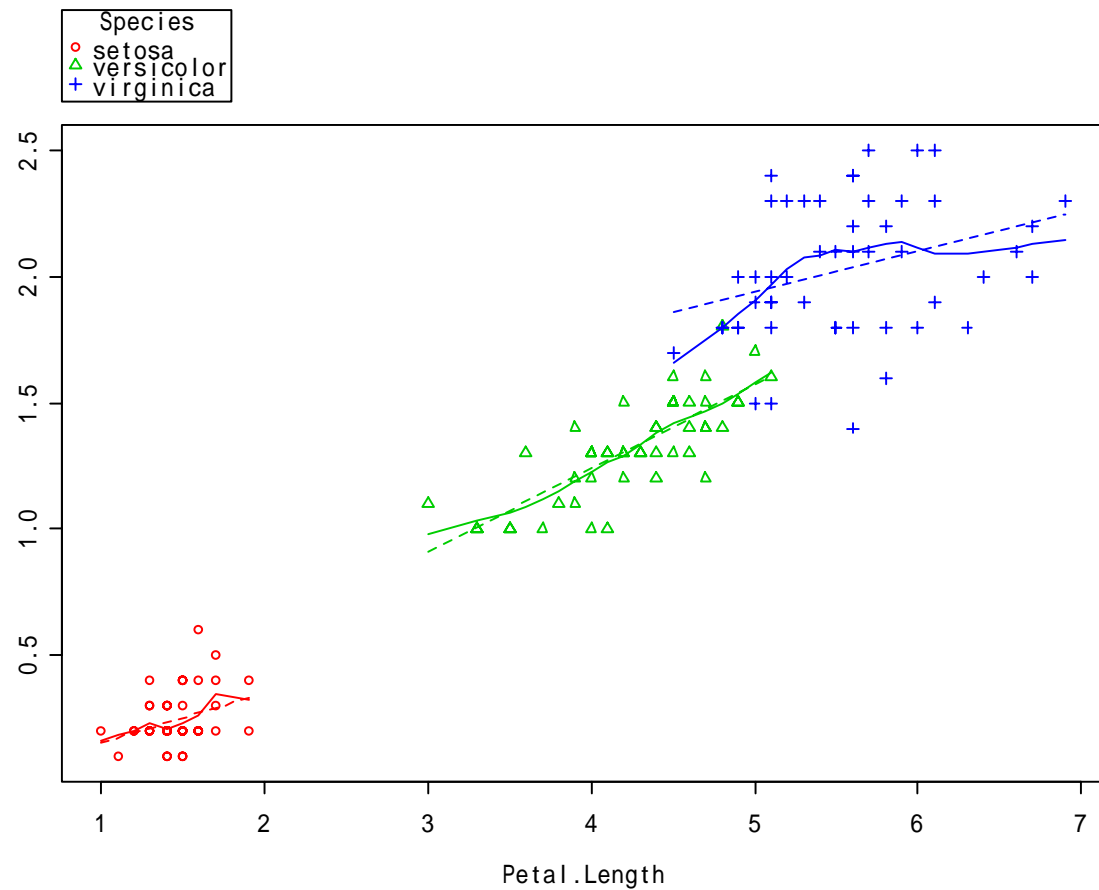
X軸の変数を1つ  
Y軸の変数を1つ  
指定する



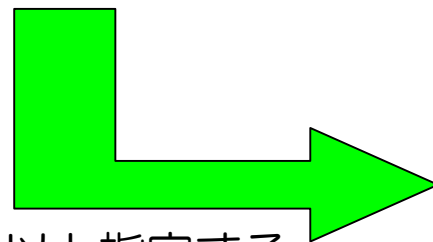
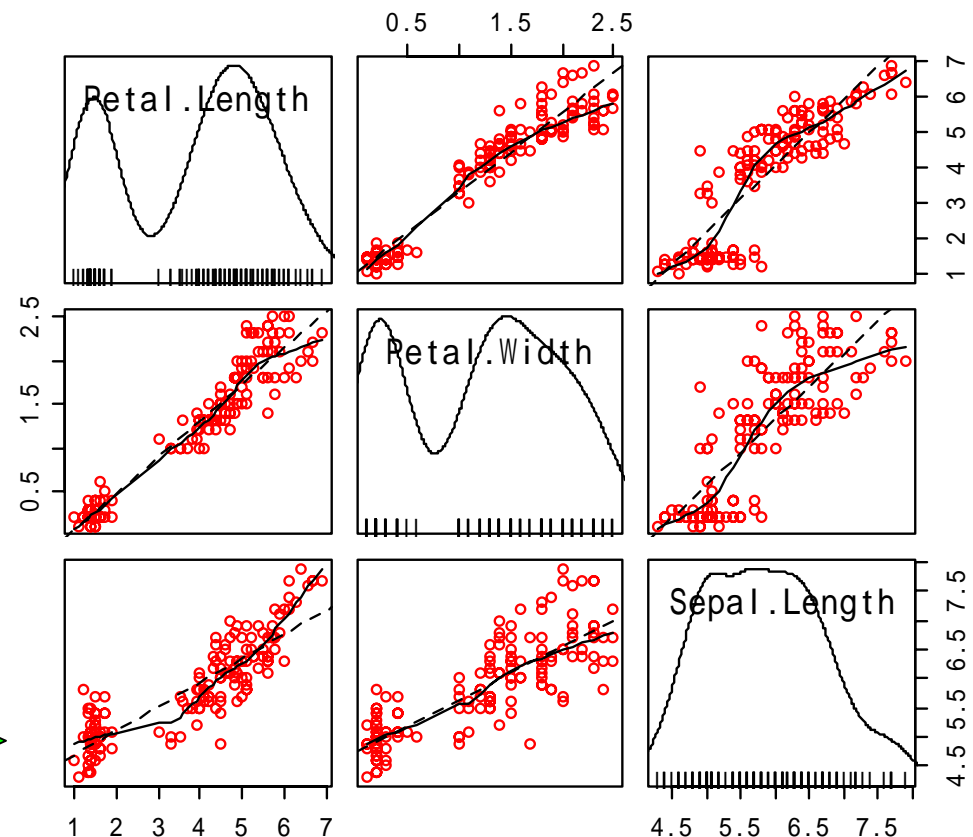
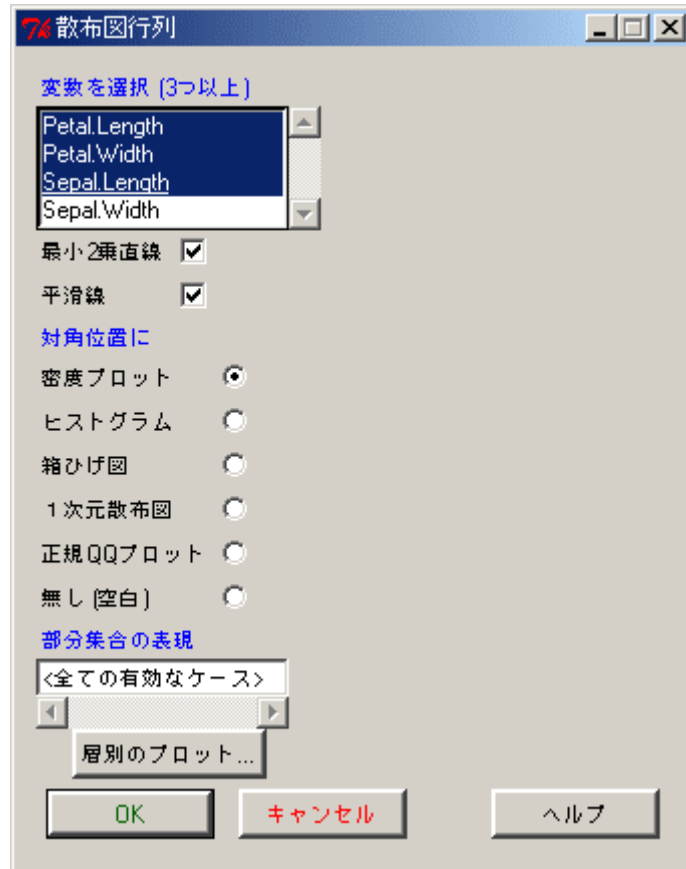
# メニュー〔グラフ〕 散布図 (層別)



前のページの画面で「層別のプロット」を選択することでカテゴリ変数で層別したグラフを出力

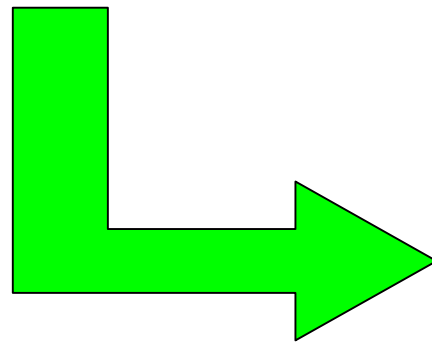
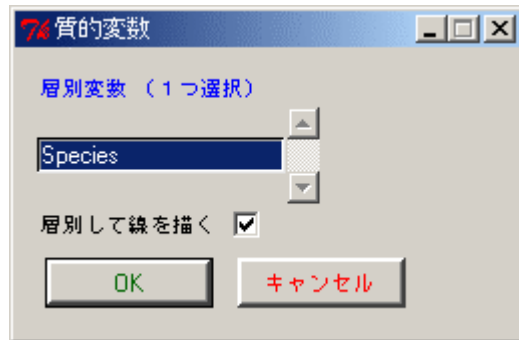


# メニュー〔グラフ〕 散布図行列

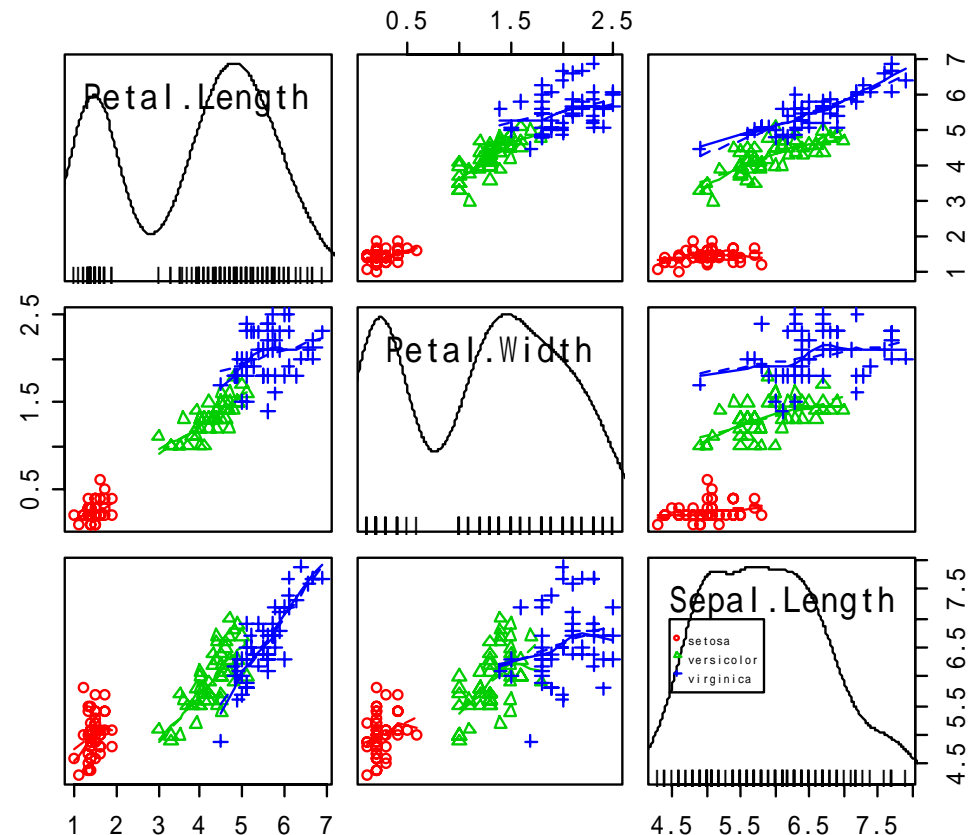


変数を3つ以上指定する

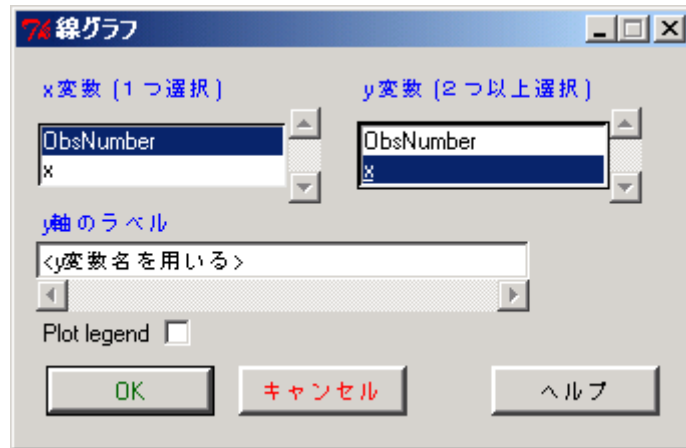
# メニュー〔グラフ〕 散布図行列 (層別)



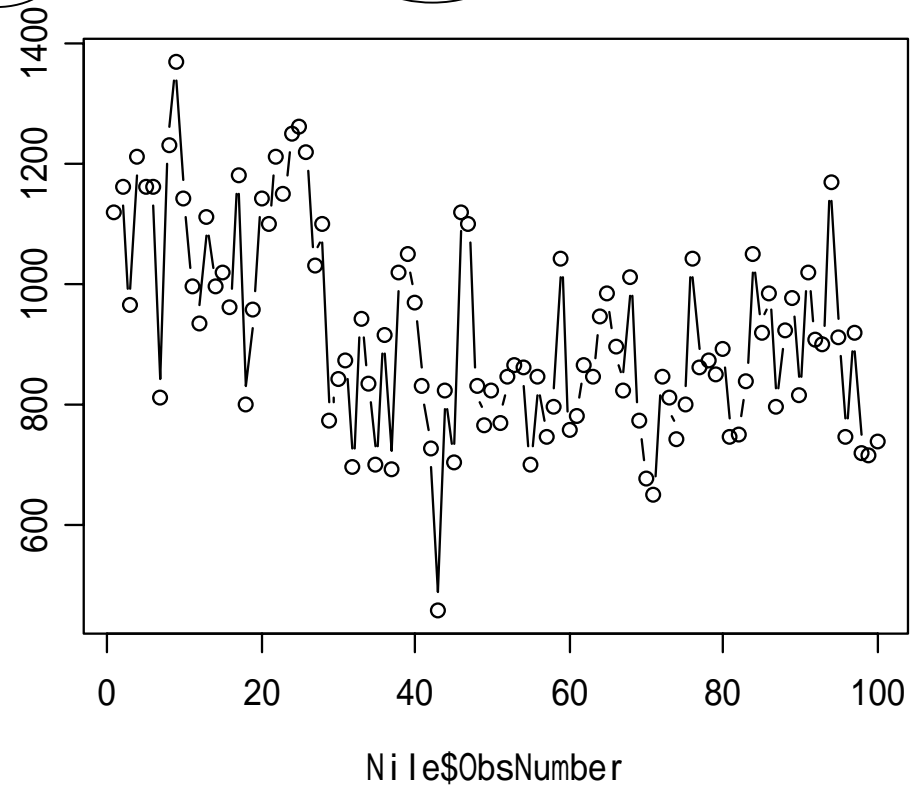
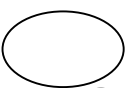
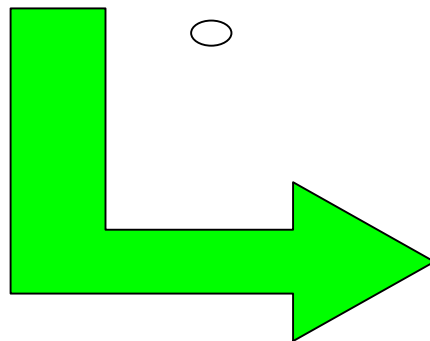
前のページの画面で「層別のプロット」を選択することで  
カテゴリ変数で層別したグラフを出力



# メニュー〔グラフ〕折れ線グラフ



	x	ObsNumber	
1	1120	1	
2	1160	2	
3	963	3	
4	1210	4	
5	1160	5	



```
Nile <- as.data.frame(Nile)
```

に観測値番号を追加したデータセット  
「Nile」について折れ線グラフを作成する

# メニュー〔グラフ〕条件付き散布図



74 条件付き散布図

説明変数 (1つ以上選択)

Petal.Length  
Petal.Width  
Sepal.Length  
Sepal.Width

目的変数 (1つ以上選択)

Petal.Length  
Petal.Width  
Sepal.Length  
Sepal.Width

グループ (0個以上選択)

Species

自動的にキーを描く

異なる目的変数には異なるパネルを適用

異なるパネルに対するX軸のスケール

同じ

自由

同じ範囲

異なるパネルに対するY軸のスケール

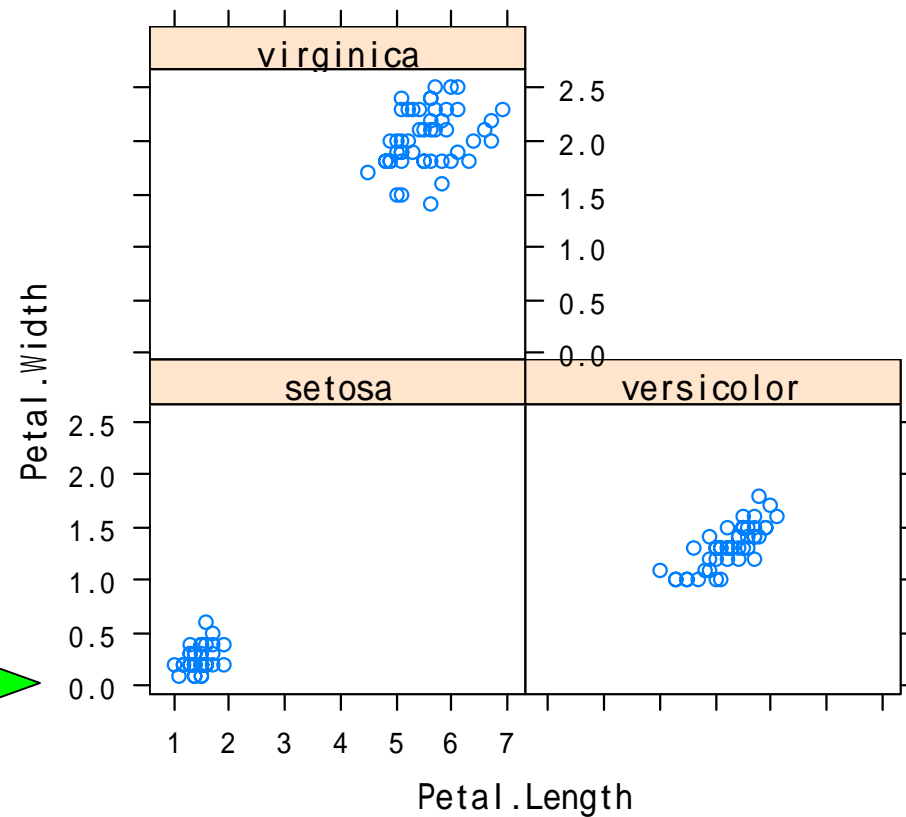
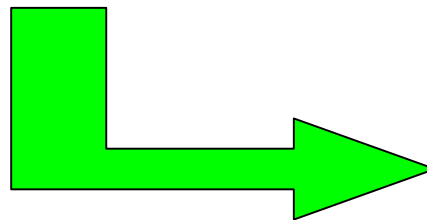
同じ

自由

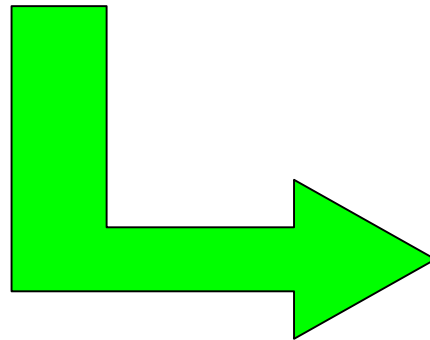
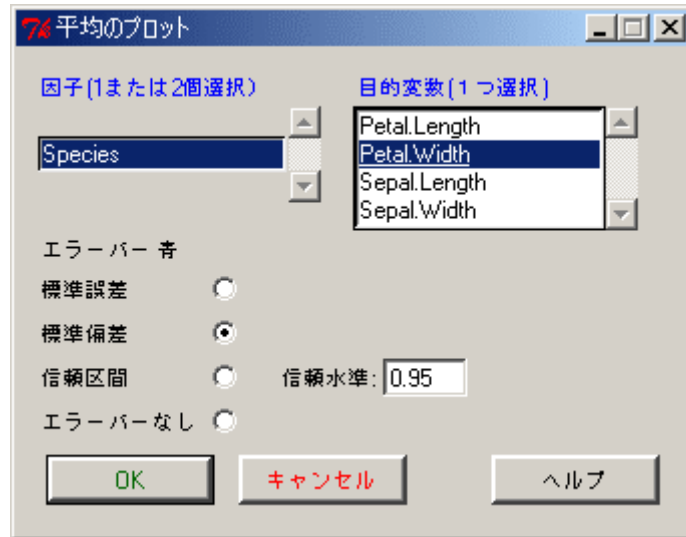
同じ範囲

OK キャンセル ヘルプ

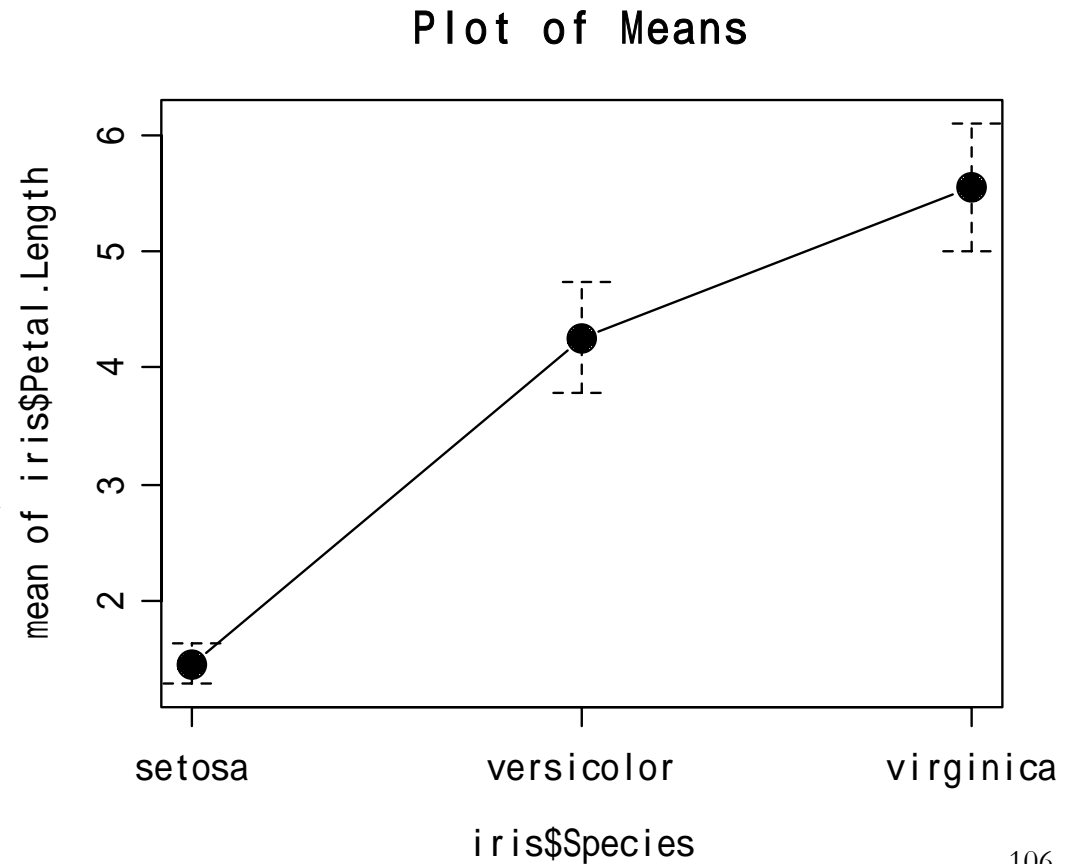
X軸変数を1つ  
Y軸変数を1つ  
層別変数を1つ  
指定する



# メニュー [グラフ] 平均のプロット

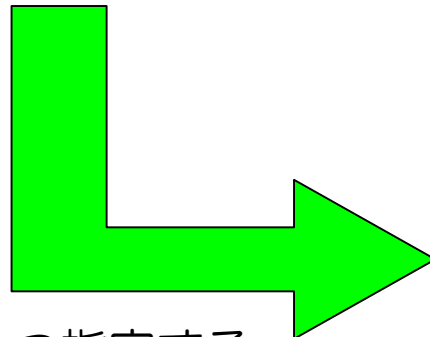
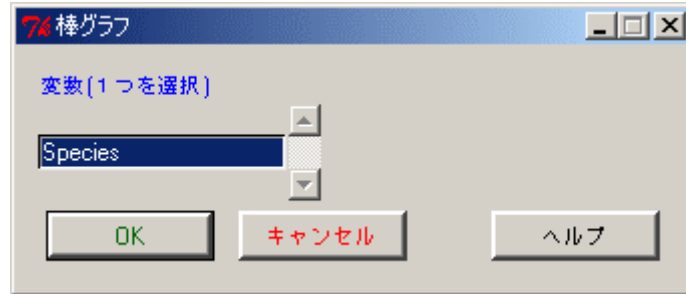


カテゴリ (因子) 変数と目的変数を指定する

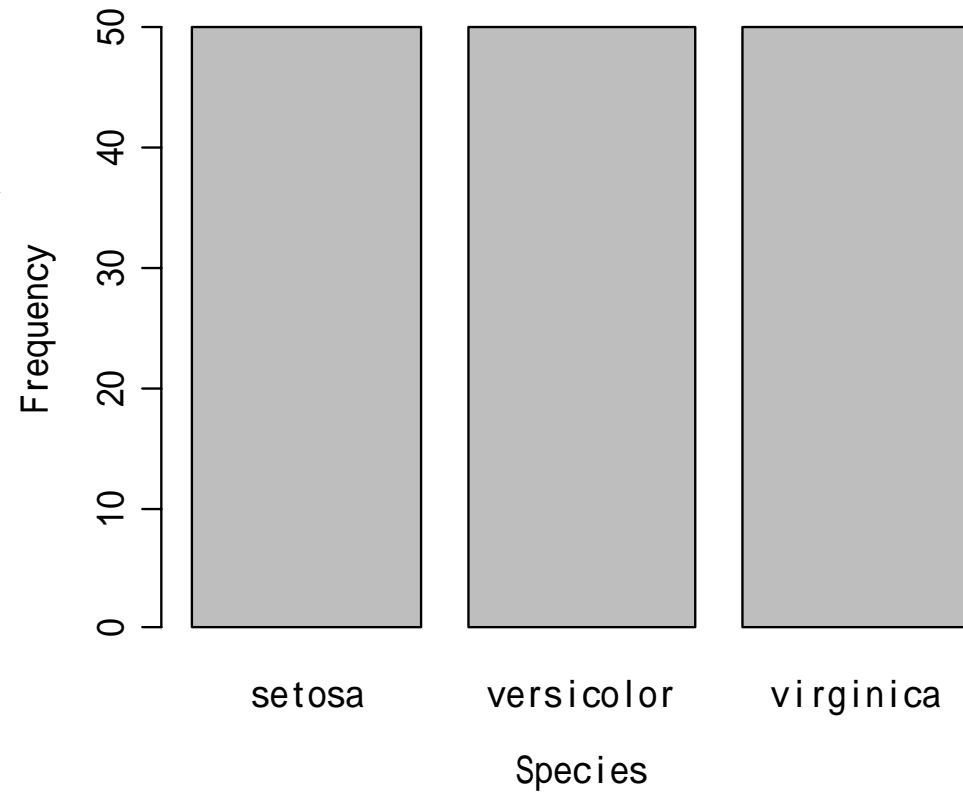




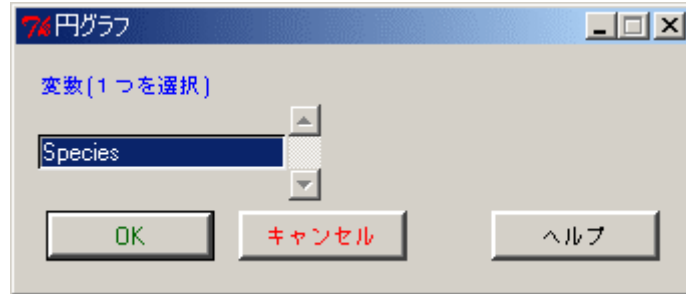
# メニュー [グラフ] 棒グラフ



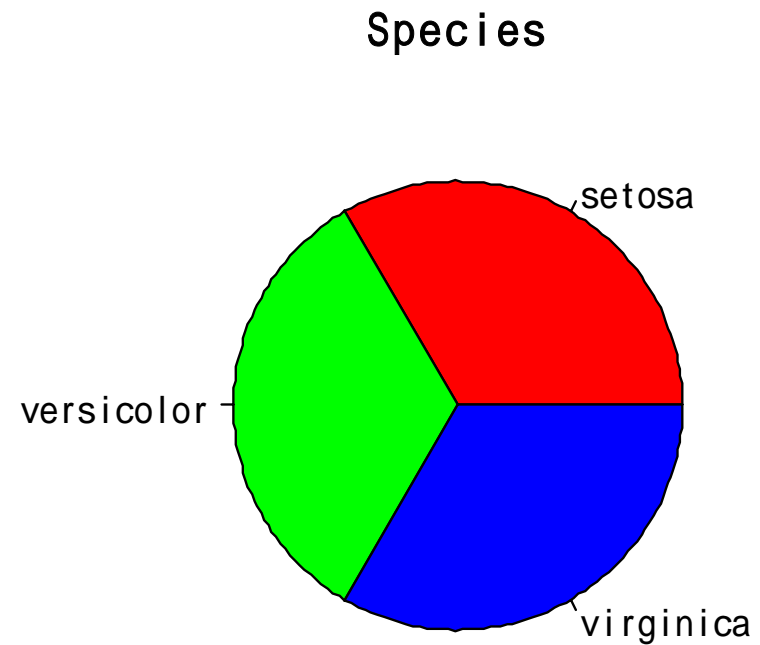
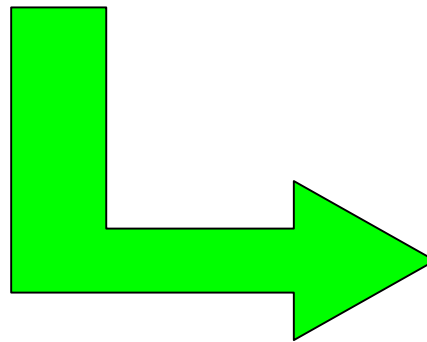
変数を1つ指定する



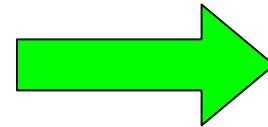
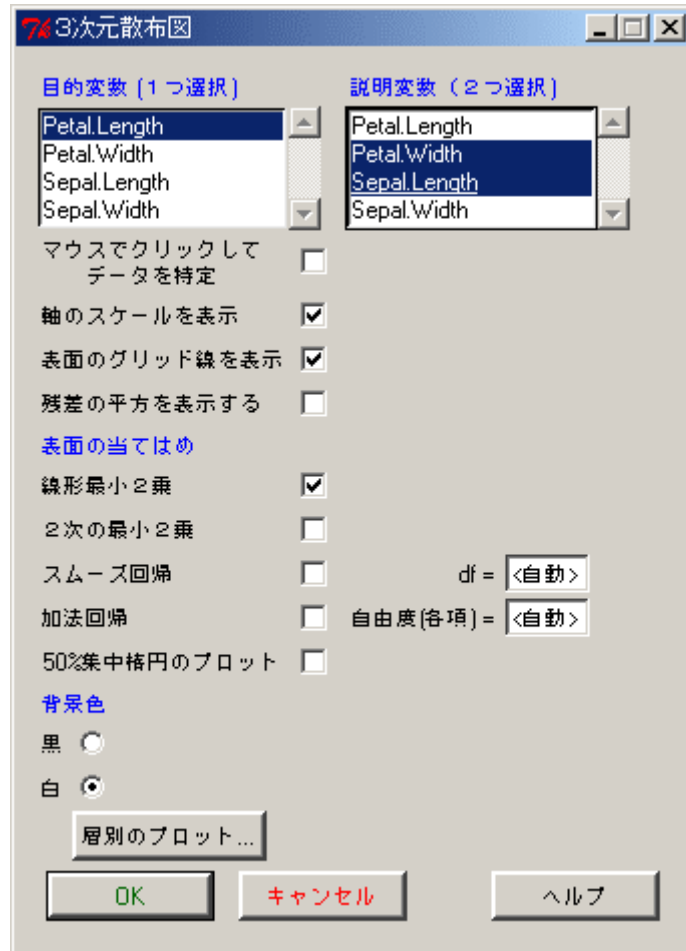
# メニュー [グラフ] 円グラフ



変数を1つ指定する



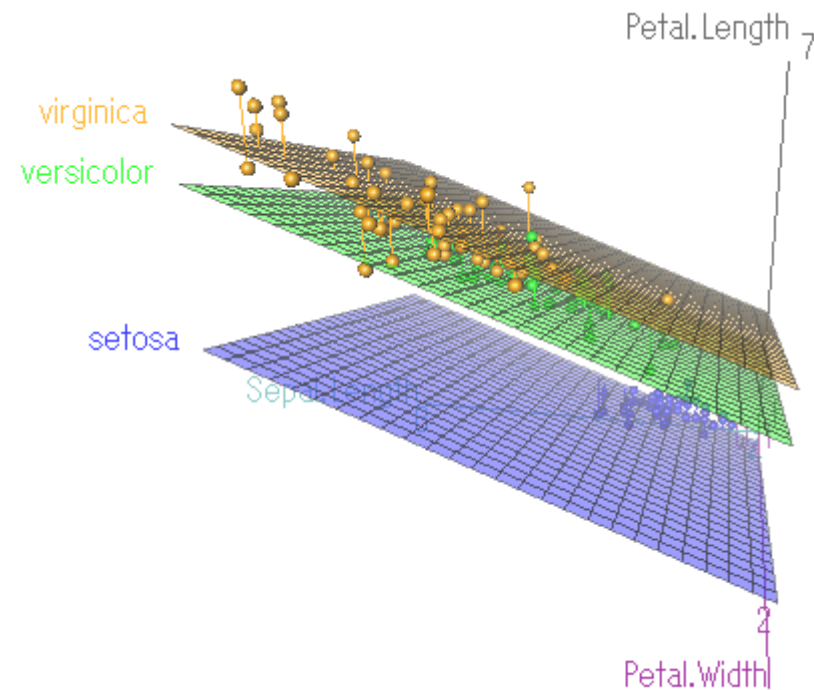
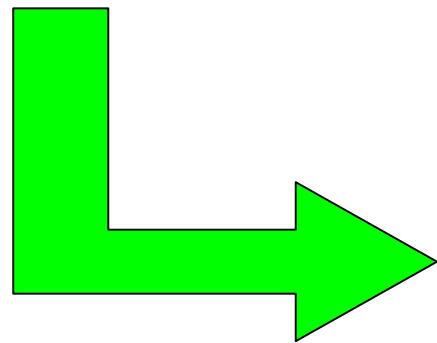
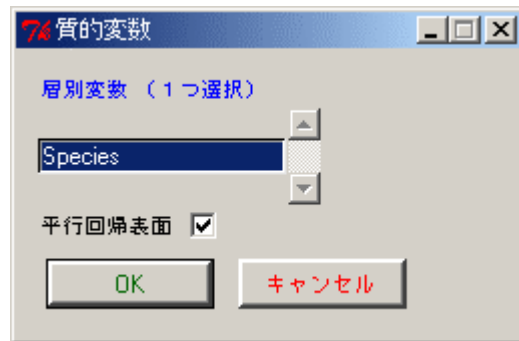
# メニュー [グラフ] 3Dプロット



目的変数を1つ，説明変数を2つ指定する

マウスでグラフを動かすことができる！

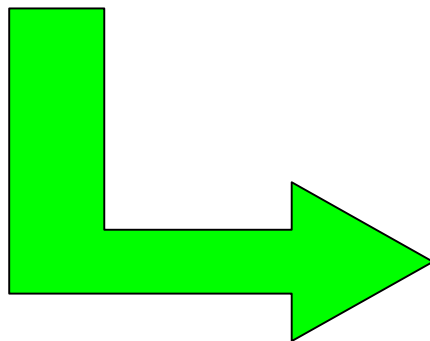
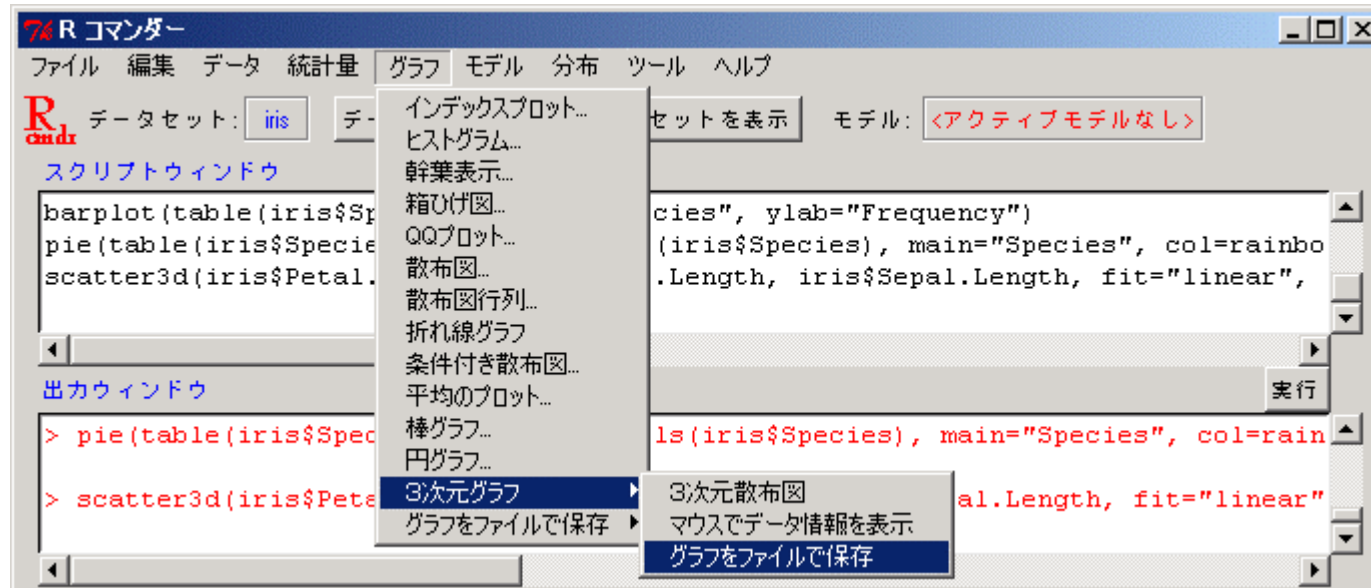
# メニュー [グラフ] 3Dプロット (層別)



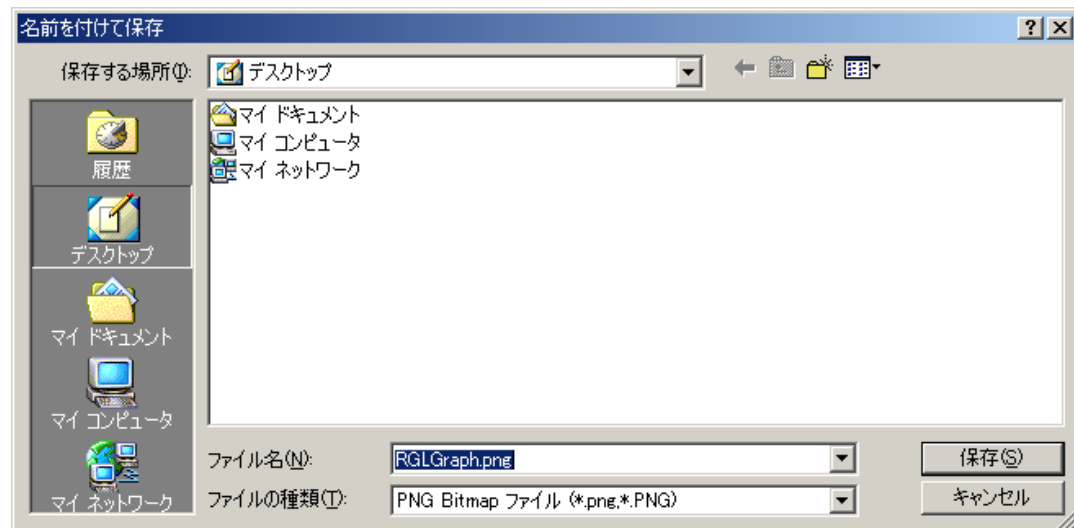
前のページの画面で「層別のプロット」を選択することで  
カテゴリ変数で層別したグラフを出力

マウスでグラフを動かすことができる！

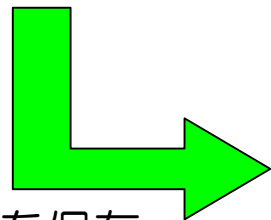
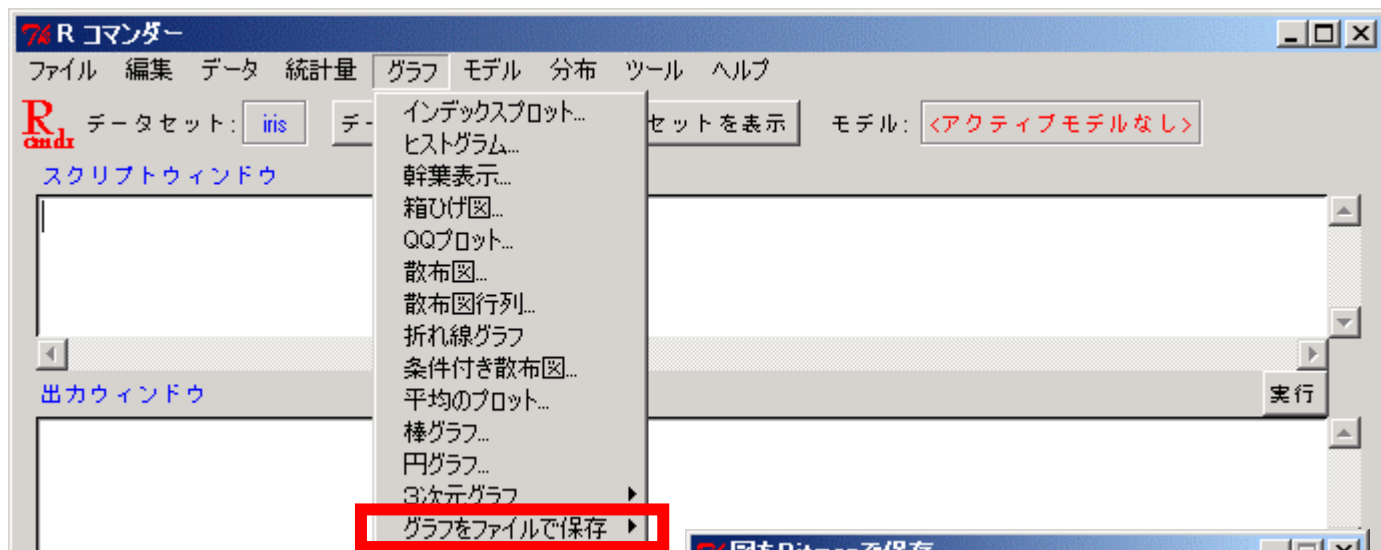
# メニュー [グラフ] 3Dプロット (保存)



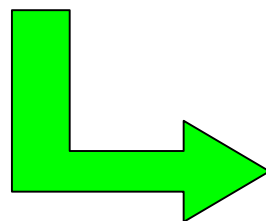
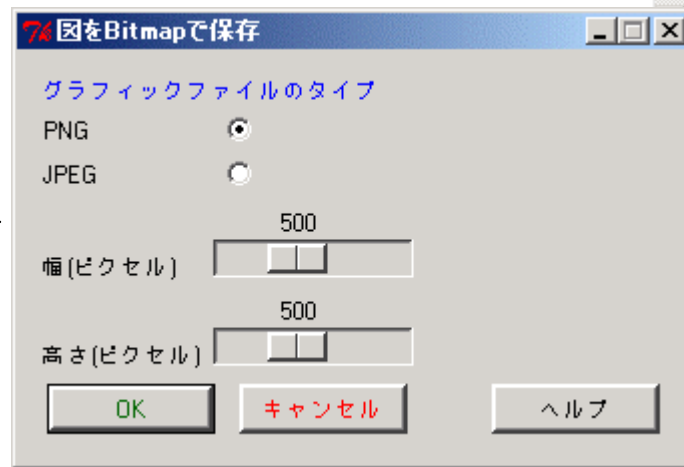
描いたグラフを保存  
することが出来る



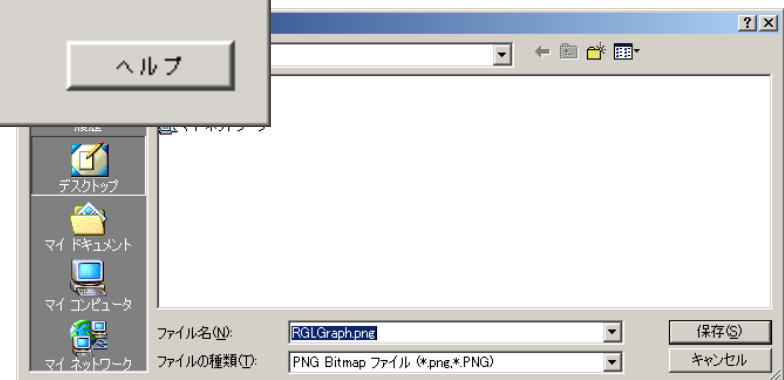
# メニュー〔グラフ〕グラフの保存



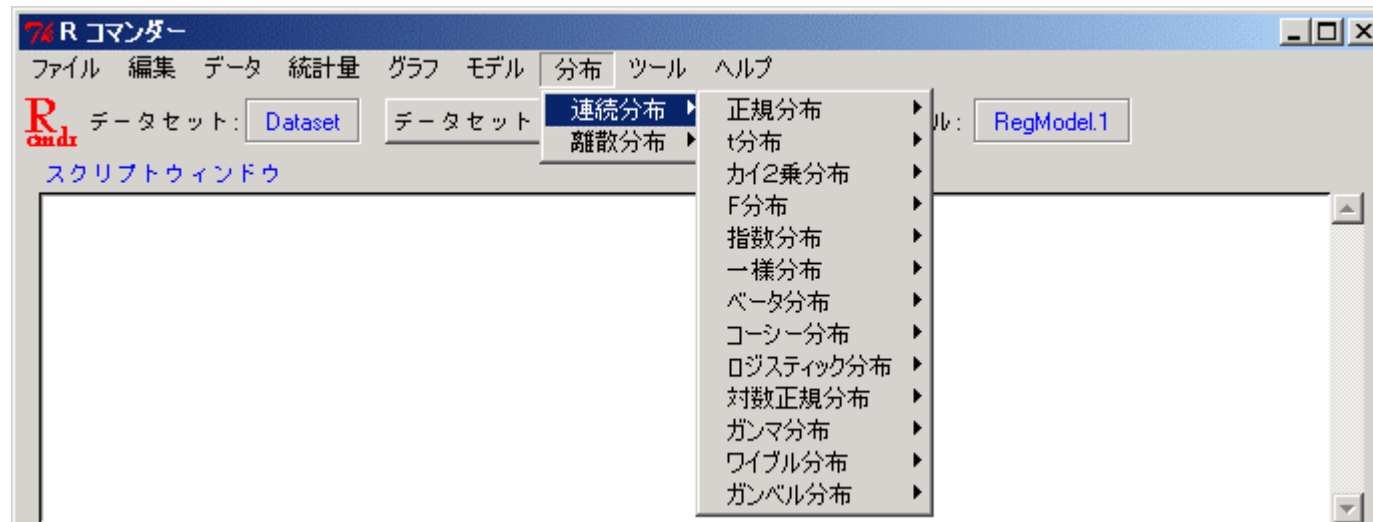
描いたグラフを保存  
することが出来る  
(PNG, PDF, PS, EPS...)



グラフの形式やサイズを  
指定して[OK]をクリック



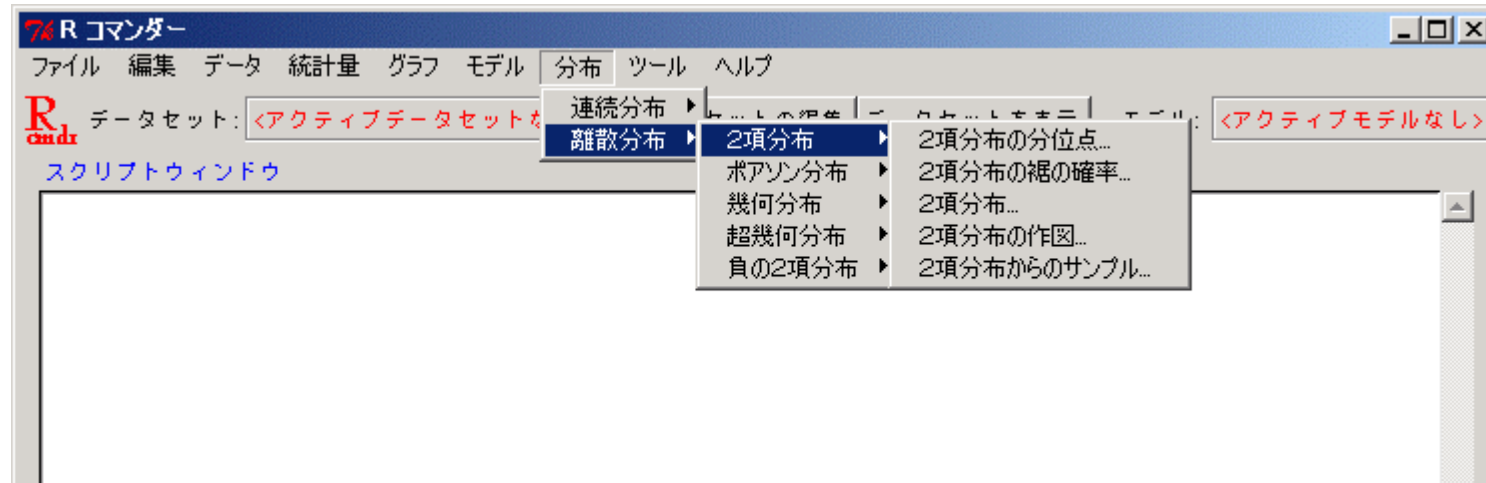
# メニュー〔分布〕連続分布



- 正規分布,  $t$  分布,  $\chi^2$  分布,  $F$  分布, 指数分布, 一様分布, ベータ分布, コーシー分布, ロジスティック分布, 対数正規分布, ガンマ分布, ワイブル分布, ガンベル分布 (二重指数分布) について...

⇒ 累積分布の算出, 確率点の算出, 乱数の算出, グラフの描画を行う

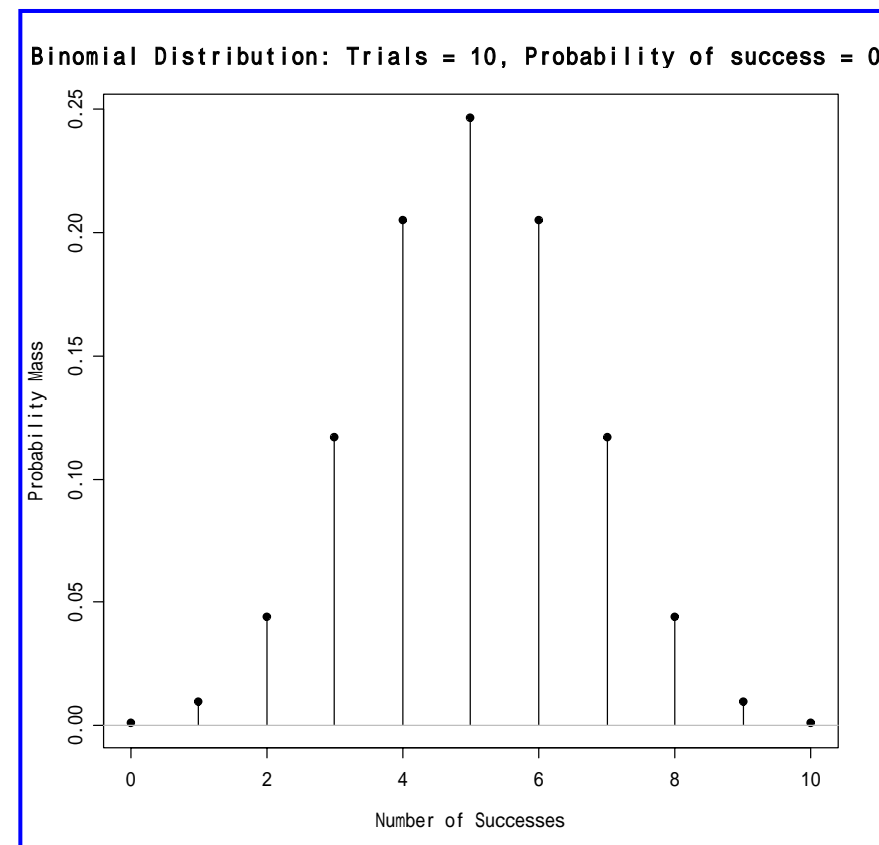
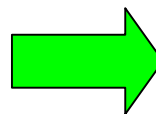
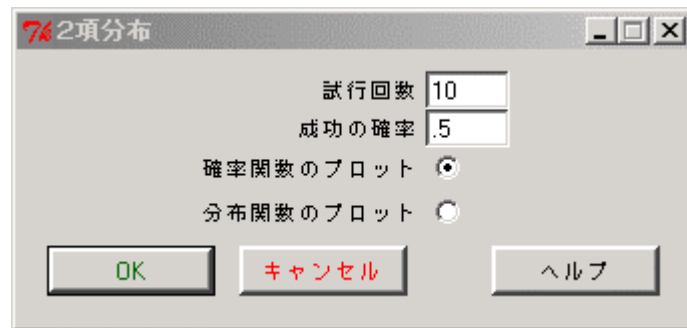
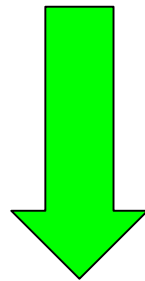
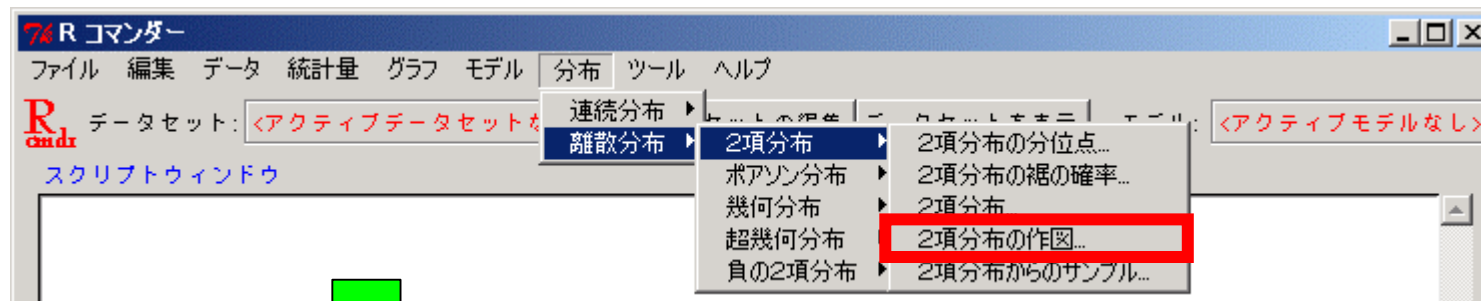
# メニュー〔分布〕 離散分布



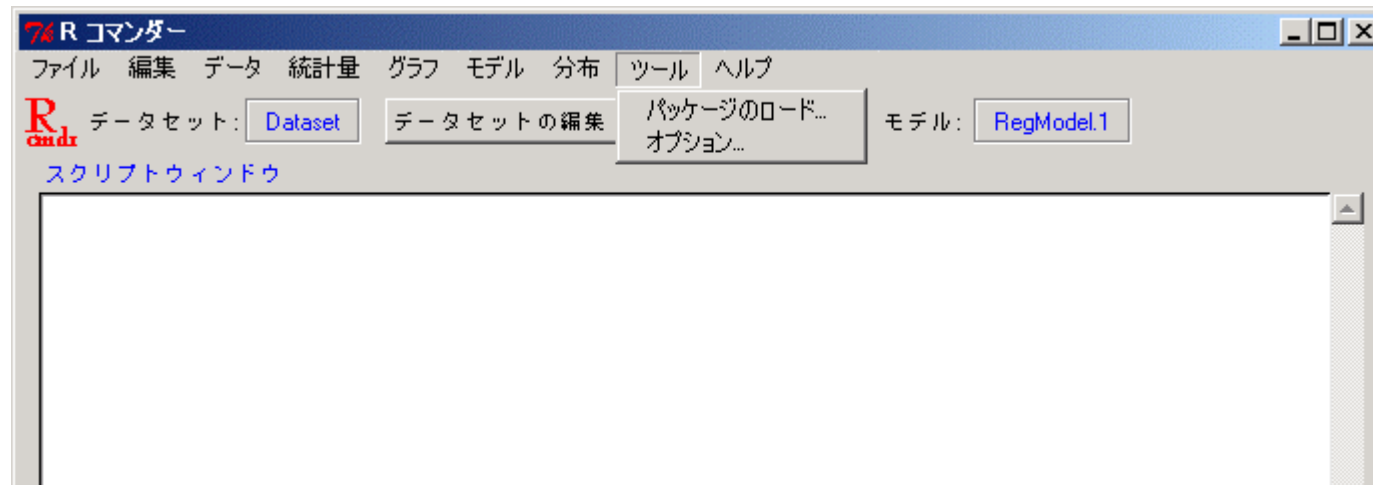
- 2項分布, ポアソン分布, 幾何分布, 超幾何分布, 負の2項分布について...

⇒ 累積分布の算出, 確率点の算出, 確率, 乱数の算出, グラフの描画を行う

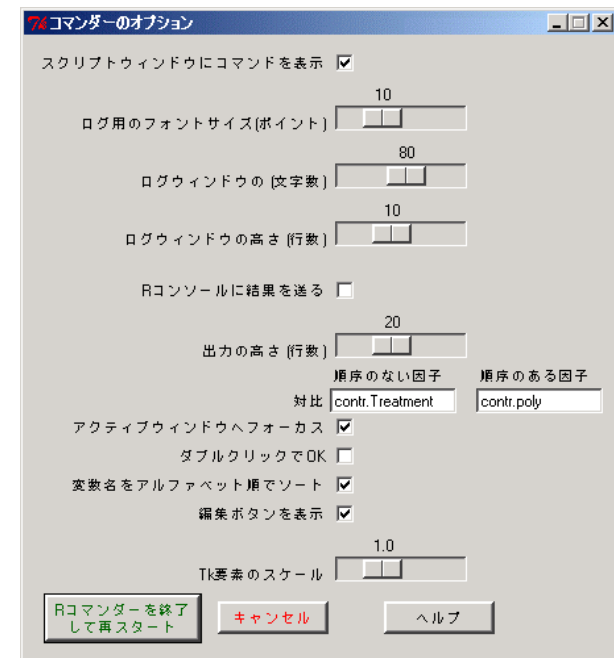
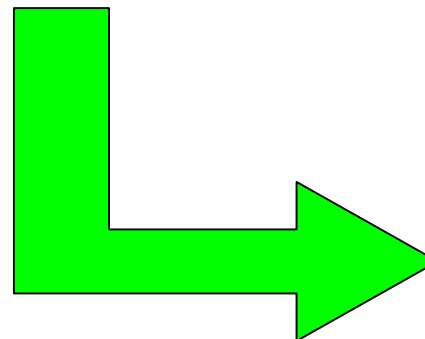
# メニュー〔分布〕例：2項分布のグラフ描画



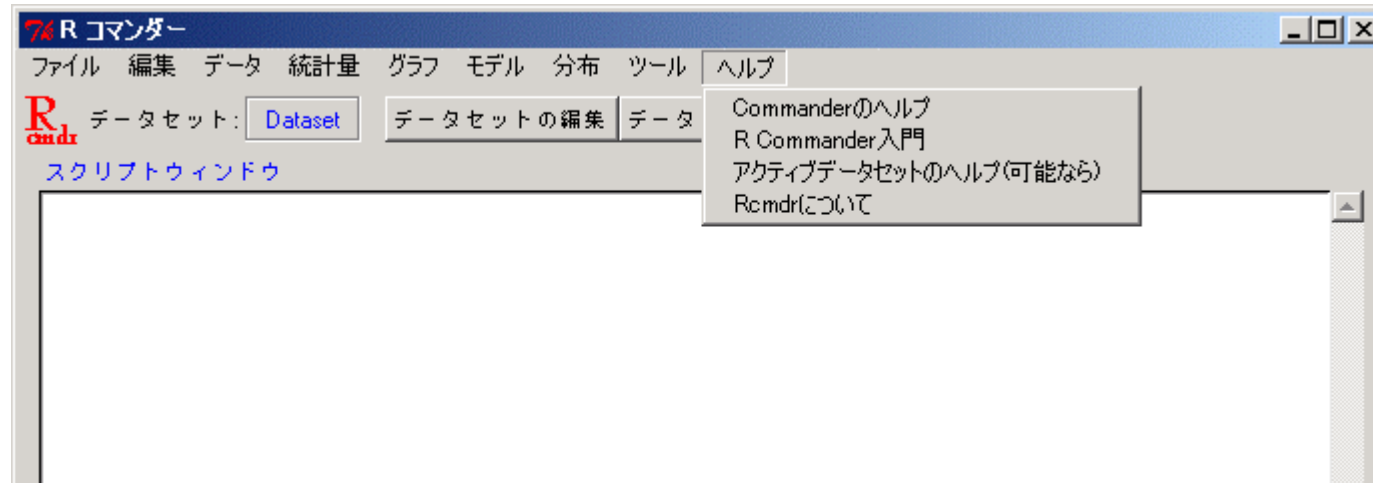
# メニュー [ツール]



- **パッケージのロード :**  
R のパッケージを呼び出す
- **オプション :** R Commander のウィンドウの表示設定を変更する



# メニュー [ヘルプ]



- **Commander のヘルプ** : R Commander のヘルプを表示
- **R Commander** : R Commander の作者・John Fox 氏の解説文書「Getting Started With the R Commander.」を表示
- **アクティブデータセットのヘルプ** : データセットのヘルプを表示 (Rに用意されているデータセットを開いている場合)
- **Rcmdr について** : R Commander の概要を表示



- フリーソフトウェア R による統計的品質管理入門  
(荒木 孝治 編著, 日科技連)
- **Getting Started With the R Commander**  
(John Fox)  
<http://socserv.mcmaster.ca/jfox/Misc/Rcmdr/>
- **R with Rcmdr: BASIC INSTRUCTIONS**  
(Murray Logan)  
<http://www.zoology.unimelb.edu.au/stats/Eworksheets/tutorials/RmanualScreen.pdf>
- **R Commander** ハンドブック (舟尾 暢男 著, 九天社)

## 本日のメニュー



### ■ R, R Commander のインストール

- R のインストール方法
- R Commander のセットアップ方法

### ■ R Commander の機能紹介

- 基本的な使い方
- データの読み込み方法
- 簡単なデータ解析
- グラフ機能の紹介
- 分布関数に関する機能
- etc...

### ■ おまけ (R Commander に自作の機能を追加する概要) ←



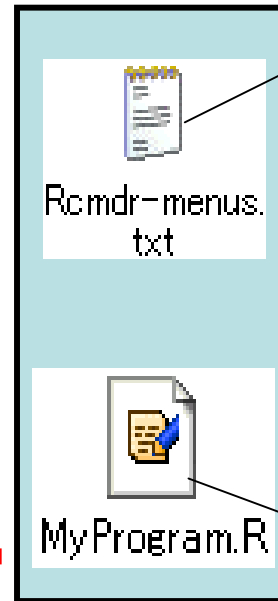
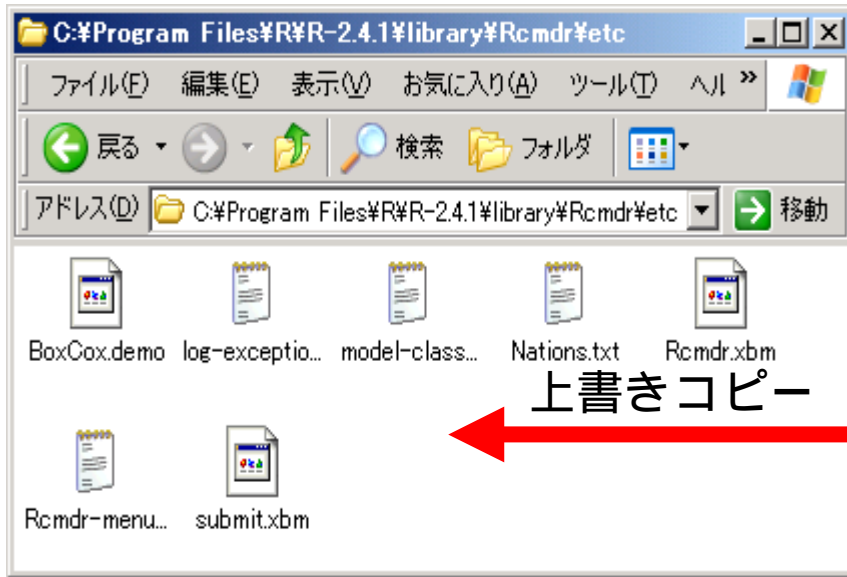
★このスライドが本になったもの★

- R Commander の概要
- R 本体と R Commander のインストール方法
- R Commander の起動／終了方法
- グラフの作成方法
- データ解析方法
- R Commander に自作の機能を追加する方法！  
⇒ 統計ソフトを自作している気分が味わえます♪

など

# ※ 自作の機能を追加する概要

パッケージRcmdrの  
「etc」フォルダ



項目「足し算」を追加した  
Rcmdrのメニュー(.txt)  
元からあるファイルを改変

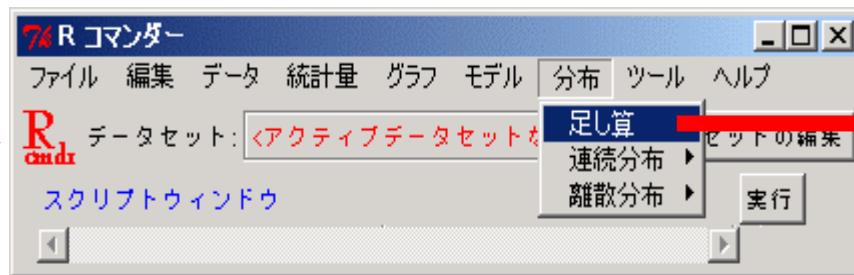
```
# R Commander Menu Definitions  
# type menu/item      operation label ...  
item distributionsMenu command "足し算"  
.....
```

機能追加プログラム(.R)

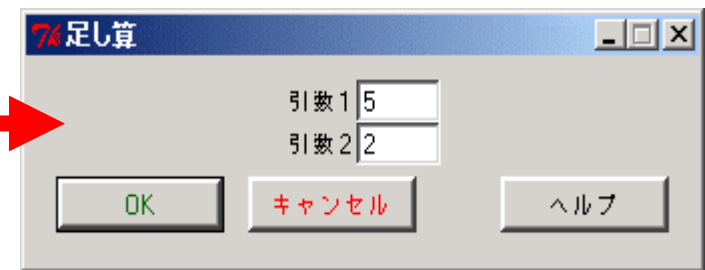
⇒ 元からあるファイル(パッケージ  
Rcmdrの「R」フォルダにある  
Rcmdr)の記述を真似て作成

```
MyAdd¥¥ <- function(){  
  initializeDialog("足し算")  
  .....  
}
```

追加されたメニュー「足し算」



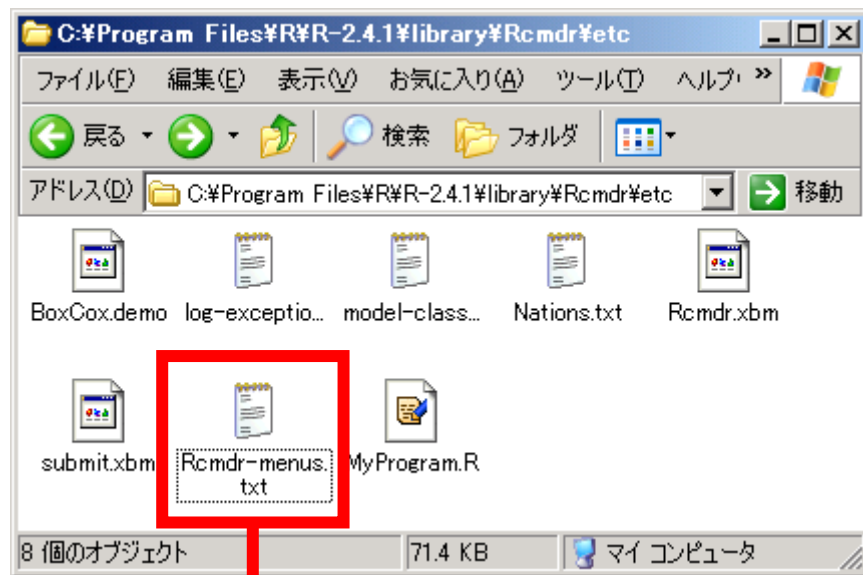
追加機能「足し算」



コピー後  
Rcmdrを起動

※ 詳しくは「R Commander ハンドブック」にて♪

## 〔メニューの追加〕 Rcmdr-menus.txt の編集



### ■ Rcmdr-menus.txt

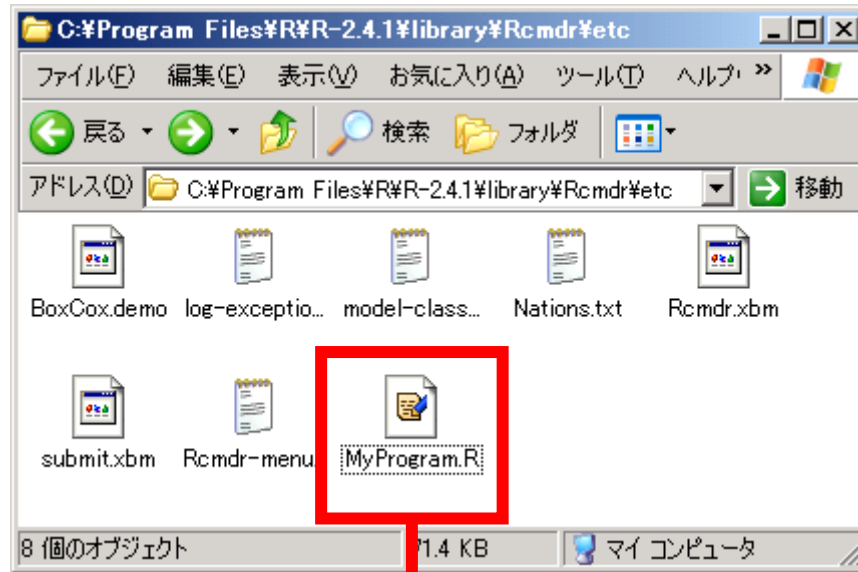
⇒ R Commander パッケージの「etc」にあり

⇒ 既にあるメニューの記述を真似することで、新たなメニューを追加することが出来る♪

```
# R Commander Menu Definitions
# last modified 5 December 2006 by J. Fox
# type      menu/item      operation/parent  label      command/menu  activation      install?
# タイプ   メニュー/項目   機能の種類      ラベル     関数名        対象とする変数

menu  fileMenu      topMenu          ""          ""            ""            ""
item  fileMenu      command          "Open script file..."  loadLog      ""            ""
item  fileMenu      command          "Save script..."       saveLog      ""            ""
```

## 〔機能の追加〕 R プログラム (MyProgram.R) の作成



### ■ Rプログラム "MyProgram.R"

(ファイル名は何でも良い)

⇒ R Commander パッケージの

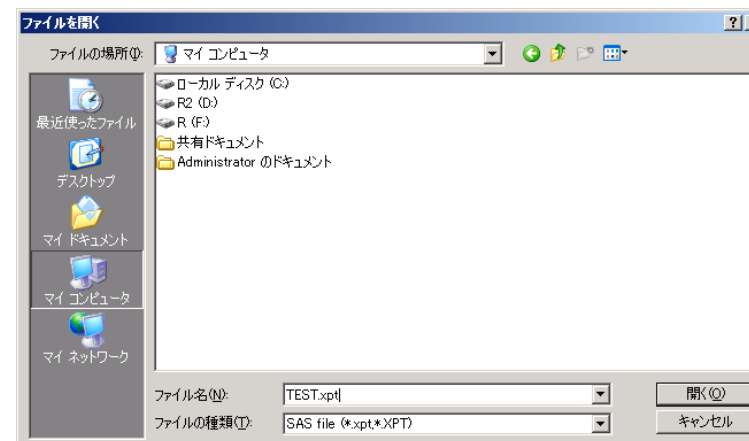
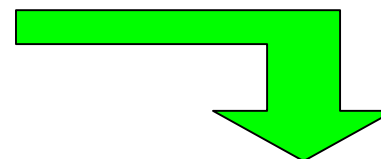
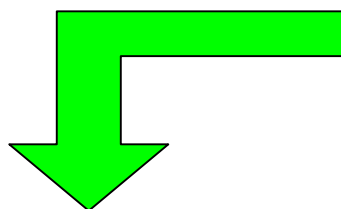
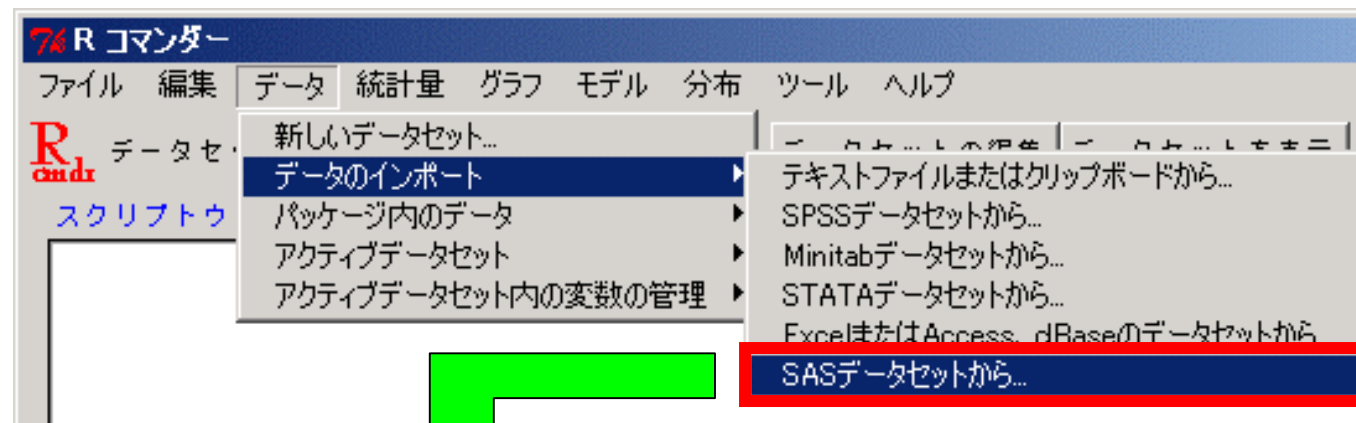
「R」フォルダにある

「Rcmdr (テキストファイル)」

のプログラム (既に用意されている機能) の記述を真似することで機能を追加することが出来る♪

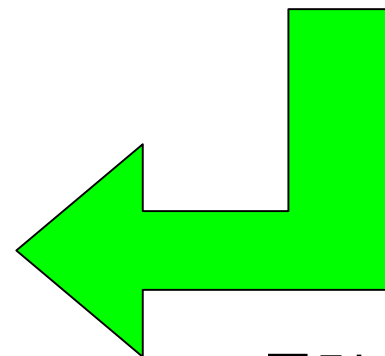
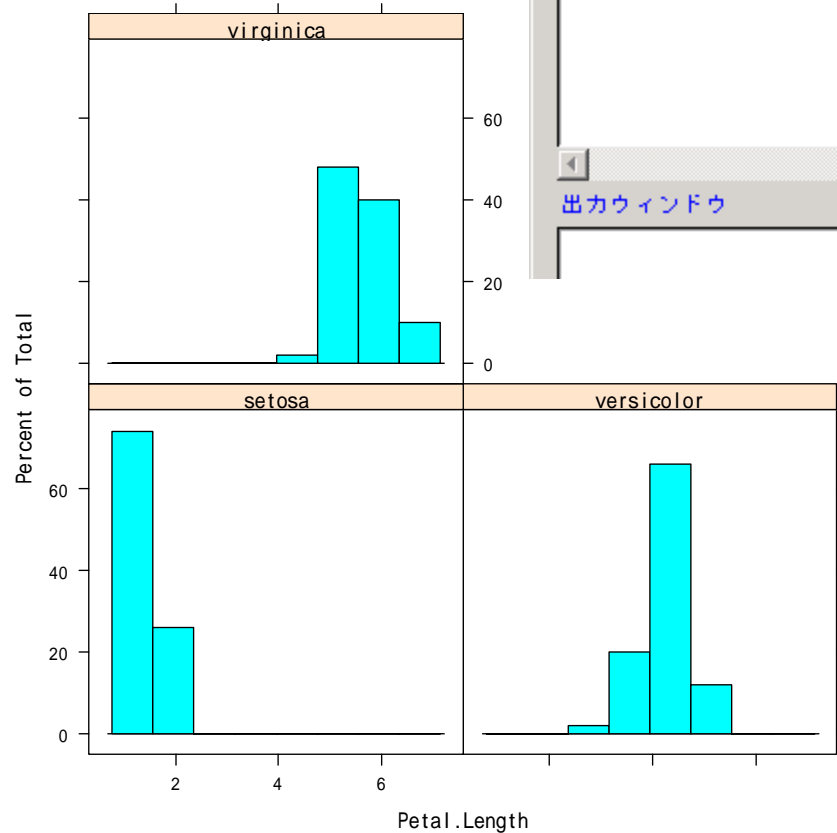
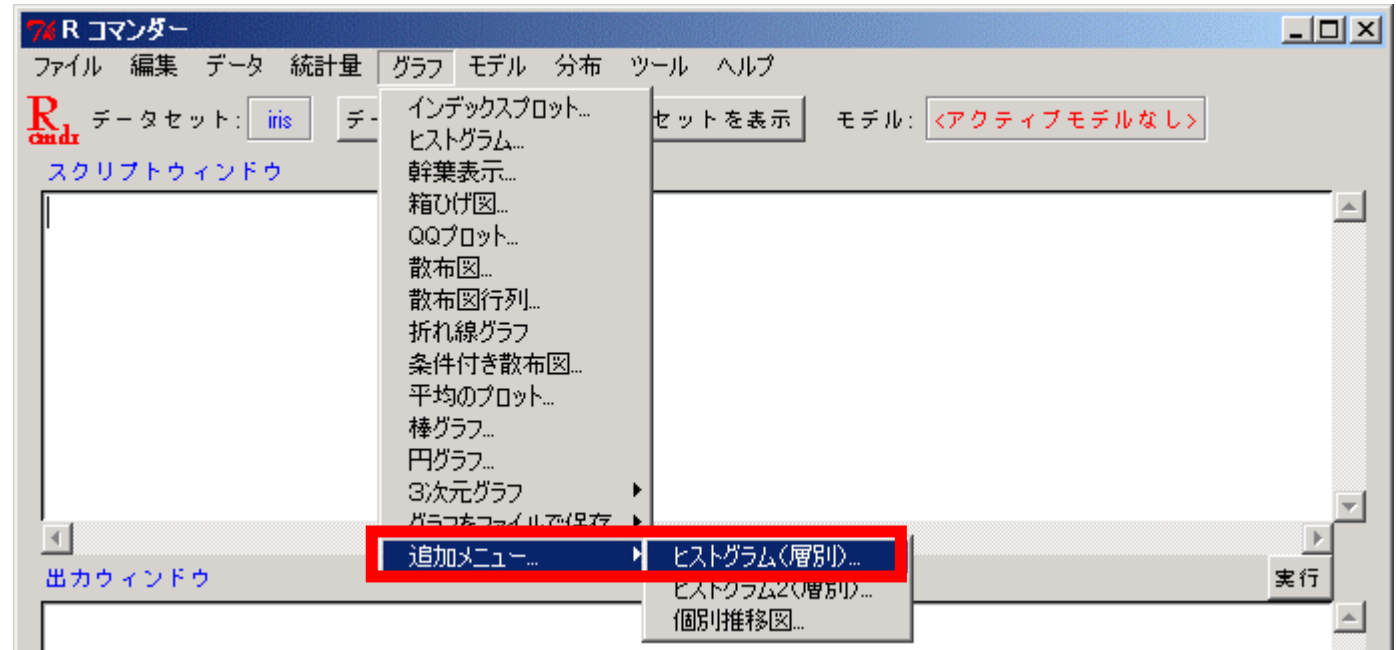
```
MyAdd <- function(){
  initializeDialog(title="タイトル")
  Var1      <- tclVar("")
  Var1Entry <- tkentry(top, width="6", textvariable=Var1)
  Var2      <- tclVar("2")
  Var2Entry <- tkentry(top, width="6", textvariable=Var2)
  onOK <- function(){
    .....
  }
  .....
}
```

# 機能追加例1 : SAS データセットの読み込み



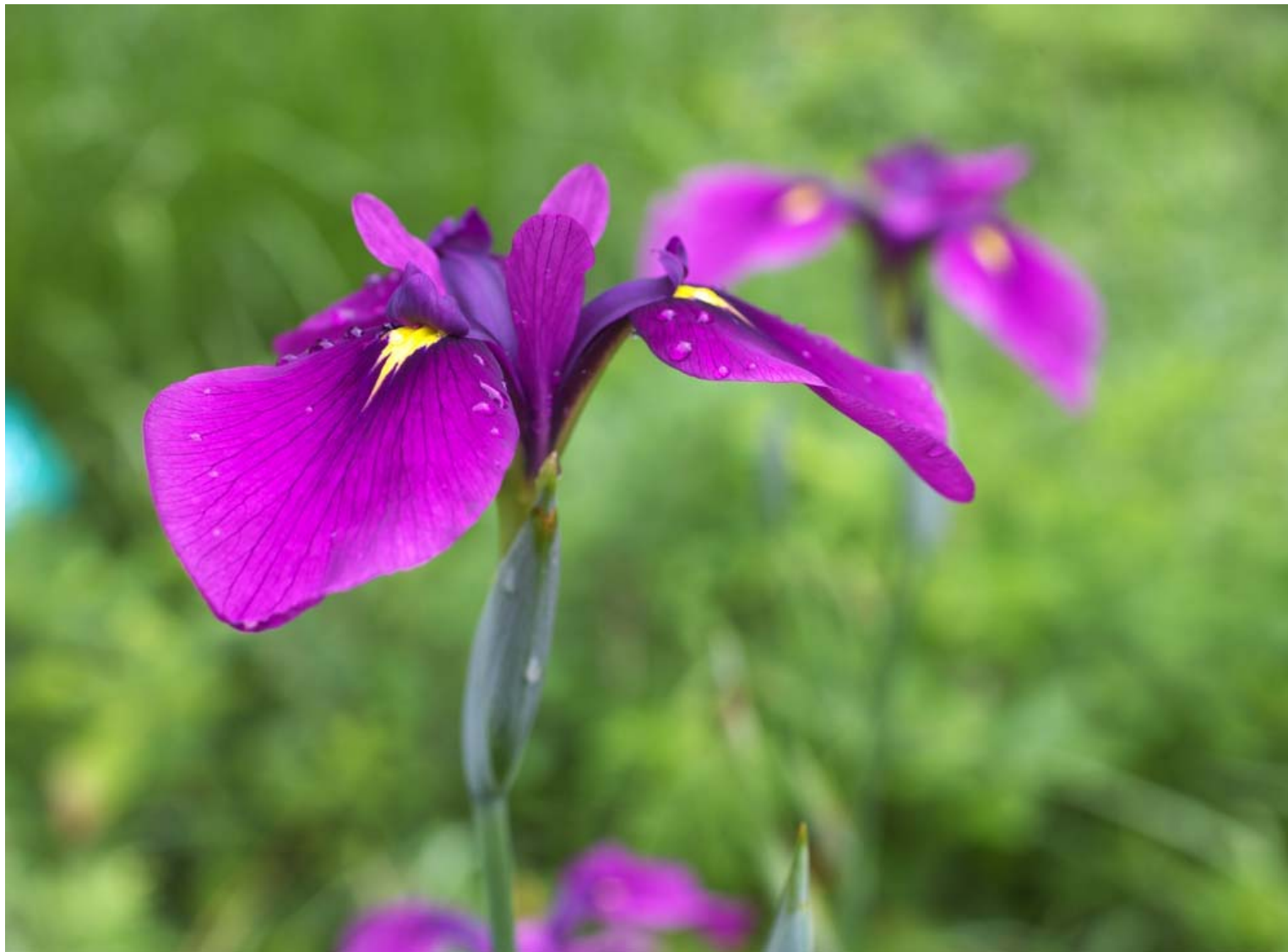
- SAS データセット(xptファイル)を読み込む機能をメニューに追加

# 機能追加例2: 層別ヒストグラム



- 層別にヒストグラムを描く機能をメニューに追加

## R Commander 用のプラグイン作成方法

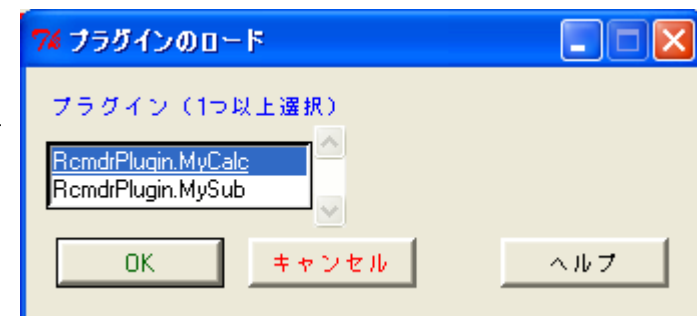
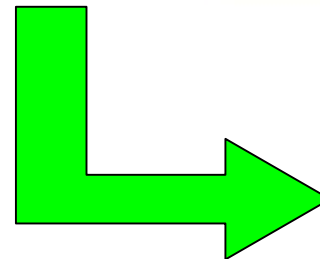


Graphic by (c)Tomo.Yun (<http://www.yunphoto.net>)  
※ これ以降のスライドの内容は「R Commander ハンドブック」には載っていません

# R Commander 用のプラグイン作成方法



- R Commander 1.3 以降はプラグイン機能が搭載！
- 環境は Windows 2000/XP を想定（動作確認済）
- 追加した機能をプラグイン（見た目は R のパッケージ）として圧縮する
- 作成したプラグインは R Commander 上で呼び出せる



# プラグインを作成する環境設定



Rtools をインストール :

Rtools.exe

- Rtools.exe (R 2.6.0 or greater)

<http://www.murdoch-sutherland.com/Rtools/Rtools.exe>

- Rtools26.exe (R 2.6.x, R 2.5.x or earlier)

<http://www.murdoch-sutherland.com/Rtools/Rtools26.exe>



HTML Help WorkShop(Htmlhelp.exe)をインストール(hhc.exeを使う為) :

htmlhelp.exe

<http://msdn2.microsoft.com/en-us/library/ms669985.aspx>



MikTeX をインストール :

basic-miktex...

<http://www.miktex.org/2.7/Setup.aspx>



Inno (isetup-5.2.2.exe) をインストール :

isetup-5.2.2.e..

<http://jrsoftware.org/isdl.php>

- 環境変数 PATH の設定 (以下を追加) :

C:¥Program Files¥R¥R-2.5.1¥bin;

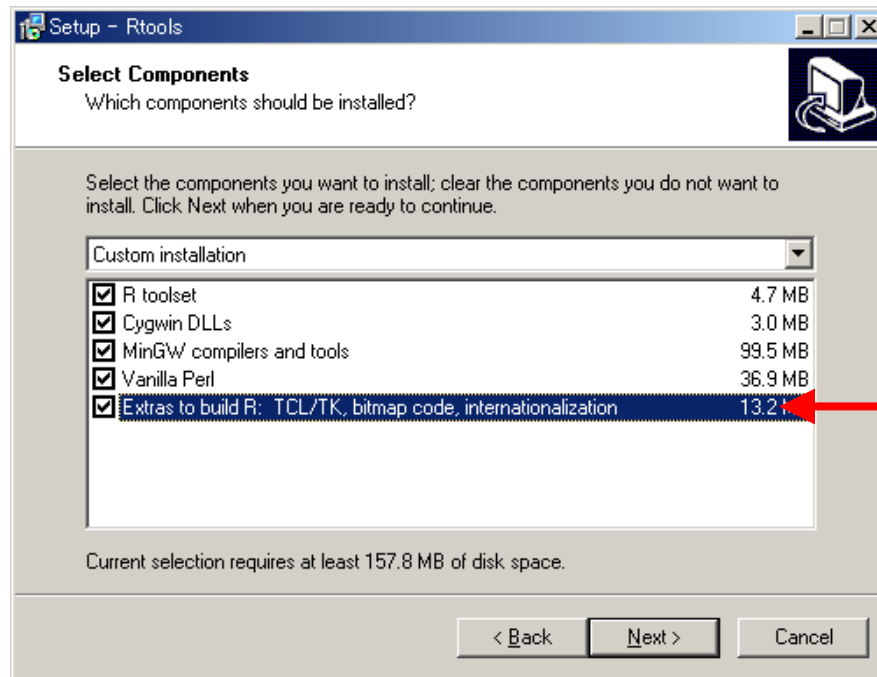
C:¥Program Files¥HTML Help Workshop;

※ Rtool.exe(24.4Mb), basic-miktex-2.7.X.exe(76.6Mb)は重たいので注意

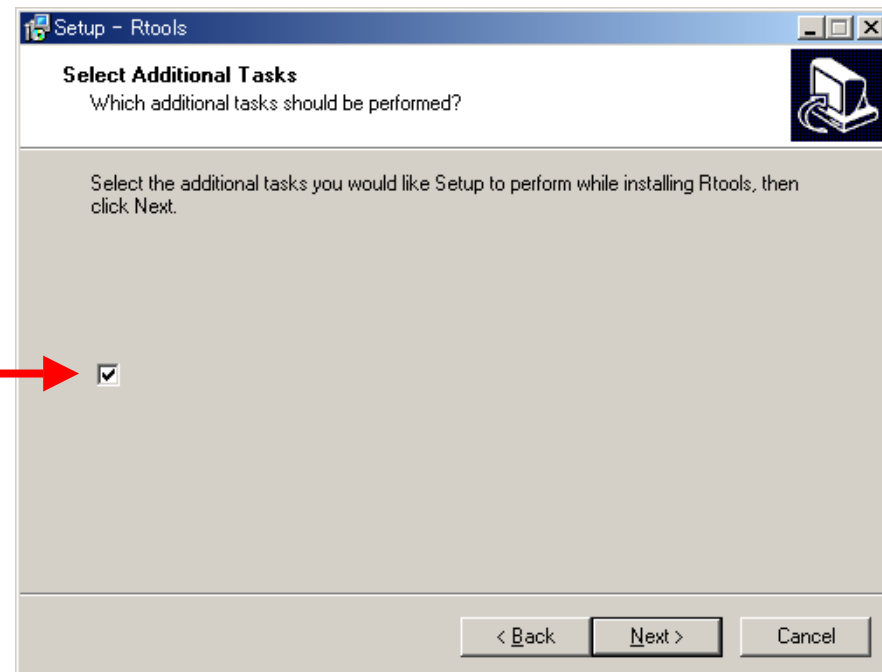
※ パスに2バイト文字(名前など)が入ったらインストールできない場合有

※ 他のソフトの環境に結構依存してしまう??

# 作成例 1 : Rtools インストール時のチェックポイント



チェック!



チェック!

## 作成例1：機能（関数）を1つ追加する方法



注：Rcmdrの「etc」から「MyProgram.R」などのRソースを取り除いてください

### ① まず、R上で関数を定義する

```
MySub <- function(){
  initializeDialog(title="引き算")
  Var1 <- tclVar("")
  Var1Entry <- tkentry(top, width="6", textvariable=Var1)
  Var2 <- tclVar("1")
  Var2Entry <- tkentry(top, width="6", textvariable=Var2)
  onOK <- function(){
    closeDialog()
    XXX <- as.numeric(tclvalue(Var1))
    YYY <- as.numeric(tclvalue(Var2))
    logger("引き算を実行します：")
    command <- paste(XXX, " - ", YYY, sep="")
    doItAndPrint(command)
    tkfocus(CommanderWindow())
  }
  OKCancelHelp(helpSubject="+")
  tkgrid(tklabel(top, text=gettextRcmdr("引数1")), Var1Entry, sticky="e")
  tkgrid(tklabel(top, text=gettextRcmdr("引数2")), Var2Entry, sticky="e")
  tkgrid(buttonsFrame, columnspan=2, sticky="w")
  tkgrid.configure(Var1Entry, sticky="w")
  tkgrid.configure(Var2Entry, sticky="w")
  dialogSuffix(rows=3, columns=2, focus=Var1Entry)
}
```

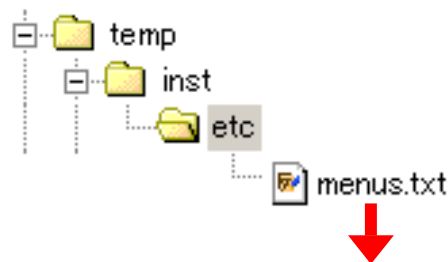


## 作成例 1 : 機能 (関数) を 1 つ追加する方法

- ② R 上で関数 `package.skeleton()` を実行する  
⇒ C ドライブの「temp」フォルダにプラグインの種が出来る

```
# package.skeleton(name="パッケージ/プラグイン名", path="場所")  
package.skeleton(name="RcmdrPlugin.MySub", path="c:/temp")
```

- ③ 「temp」に出来たパッケージの中に「inst」フォルダを追加する  
⇒ R Commander に追加した機能のメニューを入れる



← 「inst」フォルダに「etc」フォルダがあり  
その中に「menus.txt」を入れること

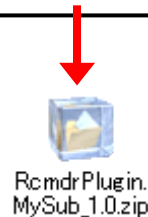
```
### メニュー追加・ここから  
menu MyMenu topMenu "" "" "" ""  
item topMenu cascade "メニュー" MyMenu "" ""  
item MyMenu command "引き算" MySub "" ""  
### メニュー追加・ここまで
```

## 作成例1：機能（関数）を1つ追加する方法



### ④ MS-DOS（コマンドプロンプト上）で以下を実行する

```
cd c:¥temp
RCMD check RcmdrPlugin.MySub --no-examples
RCMD build --binary RcmdrPlugin.MySub
```



★ パッケージ完成！  
（エラーが出た場合は PATH の設定  
& ソフトのインストールミス??）

### ⑤ 後は、作成したプラグイン（パッケージ .zip）を R にインストールすれば準備完了！

※ パッケージをアンインストールするときは。。。

```
# remove.packages("パッケージ名")
remove.packages("RcmdrPlugin.MySub")
```

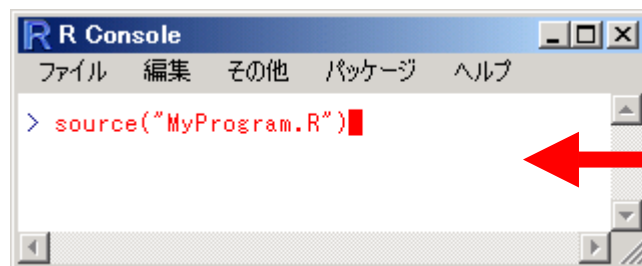
## 作成例2：機能（関数）をまとめて追加する方法



- ① 関数 `rm(list=ls(all=TRUE))` で関数定義を初期化する
- ② R 上で関数を定義するかわりに「MyProgram.R」などのテキストファイルに R のソースを保存してから関数 `source()` で関数定義を読み込ませる

```
rm(list=ls(all=TRUE))  
source("MyProgram.R")
```

※ Rcmdr の「etc」に「MyProgram.R」などの R ソースがあると自動的に取り込まれてしまうことがあるので注意



MyProgram.R

```
MySub <- function(){  
  initializeDialog("引き算")  
  .....  
}  
MyTimes <- function(){  
  initializeDialog("かけ算")  
  .....  
}
```

## 作成例 2 : MyProgram.R の中身



```
MySub <- function(){
  initializeDialog(title="引き算")
  Var1 <- tclVar("")
  Var1Entry <- tkentry(top, width="6", textvariable=Var1)
  Var2 <- tclVar("1")
  Var2Entry <- tkentry(top, width="6", textvariable=Var2)
  onOK <- function(){
    closeDialog()
    XXX <- as.numeric(tclvalue(Var1))
    YYY <- as.numeric(tclvalue(Var2))
    logger("引き算を実行します：")
    command <- paste(XXX, " - ", YYY, sep="")
    doItAndPrint(command)
    tkfocus(CommanderWindow())
  }
  OKCancelHelp(helpSubject="+")
  tkgrid(tklabel(top, text=gettextRcmdr("引数1")), Var1Entry, sticky="e")
  tkgrid(tklabel(top, text=gettextRcmdr("引数2")), Var2Entry, sticky="e")
  tkgrid(buttonsFrame, columnspan=2, sticky="w")
  tkgrid.configure(Var1Entry, sticky="w")
  tkgrid.configure(Var2Entry, sticky="w")
  dialogSuffix(rows=3, columns=2, focus=Var1Entry)
}
```

## 作成例 2 : MyProgram.R の中身 (つづき)



```
MyTimes <- function(){
  initializeDialog(title="かけ算")
  Var1 <- tclVar("")
  Var1Entry <- tkentry(top, width="6", textvariable=Var1)
  Var2 <- tclVar("1")
  Var2Entry <- tkentry(top, width="6", textvariable=Var2)
  onOK <- function(){
    closeDialog()
    XXX <- as.numeric(tclvalue(Var1))
    YYY <- as.numeric(tclvalue(Var2))
    logger("かけ算を実行します：")
    command <- paste(XXX, " * ", YYY, sep="")
    doItAndPrint(command)
    tkfocus(CommanderWindow())
  }
  OKCancelHelp(helpSubject="+")
  tkgrid(tklabel(top, text=gettextRcmdr("引数1")), Var1Entry, sticky="e")
  tkgrid(tklabel(top, text=gettextRcmdr("引数2")), Var2Entry, sticky="e")
  tkgrid(buttonsFrame, columnspan=2, sticky="w")
  tkgrid.configure(Var1Entry, sticky="w")
  tkgrid.configure(Var2Entry, sticky="w")
  dialogSuffix(rows=3, columns=2, focus=Var1Entry)
}
```

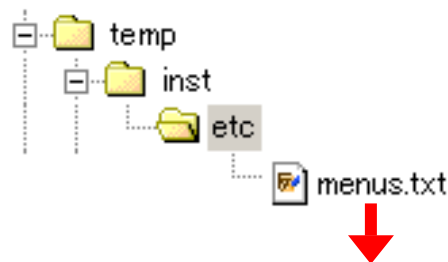


## 作成例2：機能（関数）を1つ追加する方法

- ③ R上で関数 `package.skeleton()` を実行する  
⇒ 今までに定義した関数が全て読み込まれる  
⇒ Cドライブの「temp」フォルダにプラグインの種が出来る

```
# package.skeleton(name="パッケージ/プラグイン名", path="場所")  
package.skeleton(name="RcmdrPlugin.MyCalc", path="c:/temp")
```

- ④ 「temp」に出来たパッケージの中に「inst」フォルダを追加する  
⇒ R Commanderに追加した機能のメニューを入れる



← 「inst」フォルダに「etc」フォルダがあり  
その中に「menus.txt」を入れること

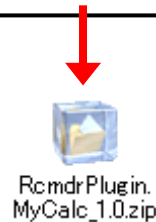
```
### メニュー追加・ここから  
menu MyMenu topMenu "" "" "" ""  
item topMenu cascade "メニュー" MyMenu "" ""  
item MyMenu command "引き算" MySub "" ""  
item MyMenu command "かけ算" MyTimes "" ""  
### メニュー追加・ここまで
```

## 作成例2：機能（関数）をまとめて追加する方法



### ⑤ MS-DOS（コマンドプロンプト上）で以下を実行する

```
cd c:¥temp
RCMD check RcmdrPlugin.MyCalc --no-examples
RCMD build --binary RcmdrPlugin.MyCalc
```



★ パッケージ完成！  
(エラーが出た場合は PATH の設定  
& ソフトのインストールミス??)

### ⑥ 後は、作成したプラグイン（パッケージ .zip）を R にインストールすれば準備完了！



【参考】R パッケージに含まれるディレクトリ（抜粋）



- R : R のコードを格納（自動生成）
- data : データを格納
- man : マニュアルを格納（自動生成・編集可）
- html : html ヘルプ（自動生成）
- chtml : コンパイル済みの html ヘルプ（自動生成）
- inst : 上記以外のフォルダを含める場合はここに入れる  
（例：「etc」フォルダはここに含めること！）
- DESCRIPTION : DESCRIPTIONファイル  
（自動生成・編集可）

## プラグイン作成方法・参考文献



- RjpWiki - RcmdrPlugin 超入門(okinawa さん)  
<http://www.okada.jp.org/RWiki/?RjpWiki>
- Writing R Extensions(R Development Core Team)  
<http://cran.r-project.org/doc/manuals/R-exts.pdf>
- R Installation and Administration(R Development Core Team)  
<http://cran.r-project.org/doc/manuals/R-admin.pdf>
- R News 7/3 - Extending the R Commander by "Plug-In" Packages (John Foxさん)  
[http://cran.r-project.org/doc/Rnews/Rnews\\_2007-3.pdf](http://cran.r-project.org/doc/Rnews/Rnews_2007-3.pdf)
- An introduction to the R package mechanism(Robert Gentlemanさん)  
<http://biosun1.harvard.edu/courses/individual/bio271/lectures/L6/Rpkg.pdf>

