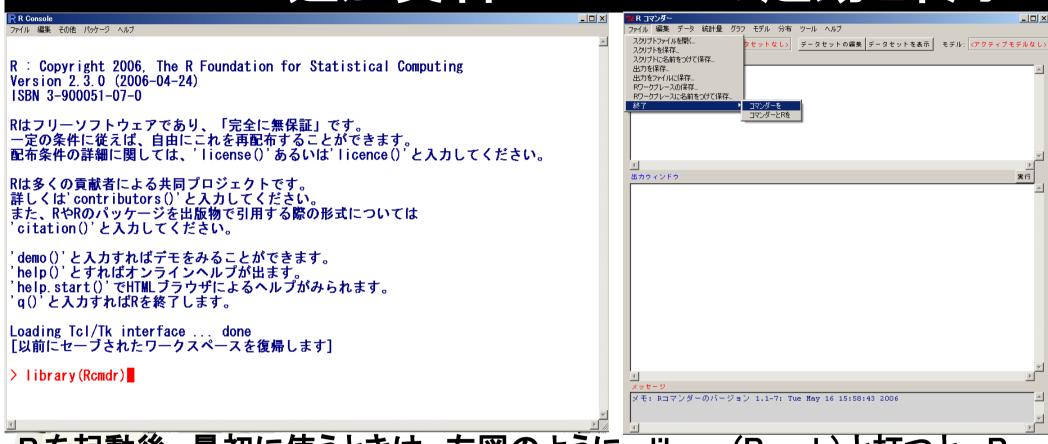


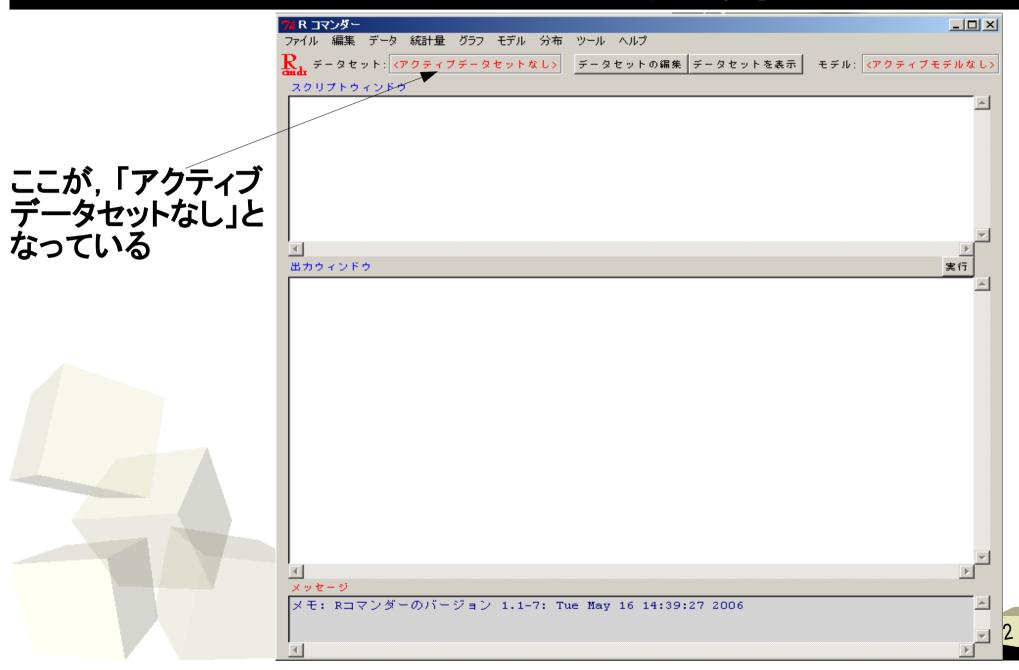
5/17 追加資料: Rcmdr の起動と終了



Rを起動後、最初に使うときは、左図のように、library(Rcmdr)と打つと、R コマンダーの Window が起動する(画面は日本語版)。 終了時は右図のように、ファイル→終了→コマンダーを、と選ぶ。スクリプト とアウトプットを保存するか聞いてくるので、必要なら保存する(作業ディレクトリ=規定値は My Document =に保存される)。 もう一度起動したいときは、detach("package:Rcmdr")として、一度アンロー

ドしてから library(Romdr) としなくてはいけない。

Rcmdr の起動直後の画面

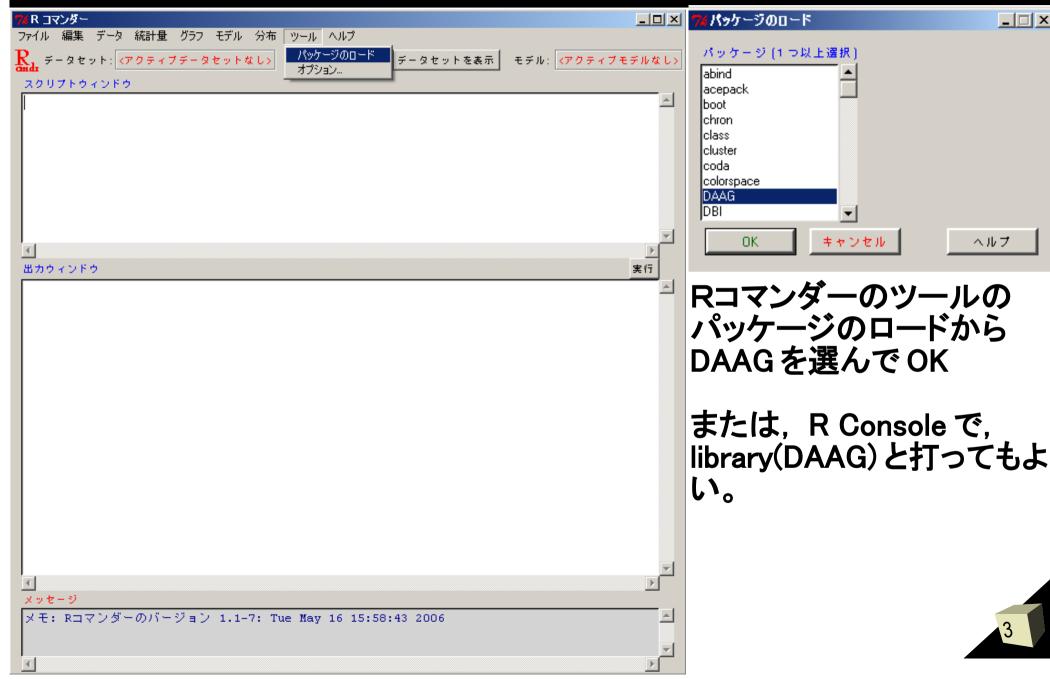




ライブラリをアタッチする(例: DAAG)

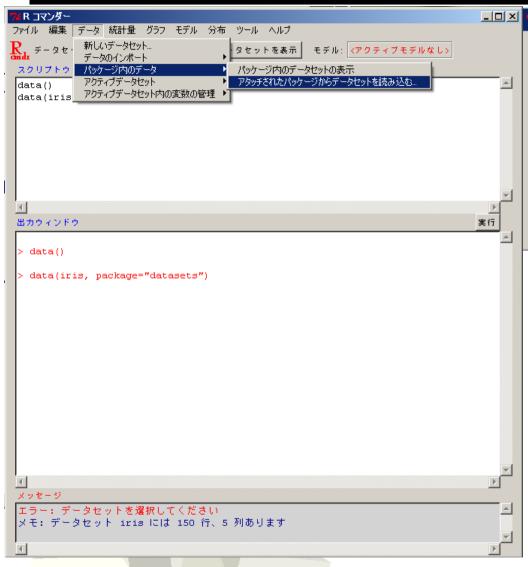
_ | □ | × |

ヘルブ





Rcmdr で組み込みデータを読み込む

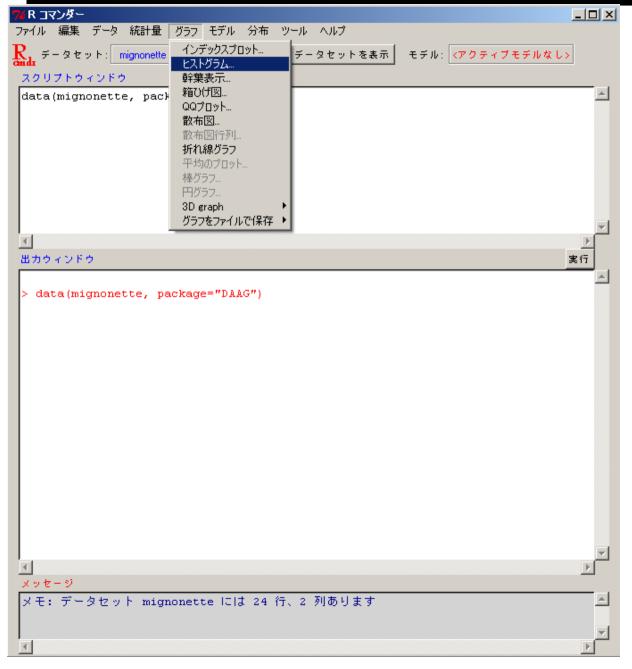


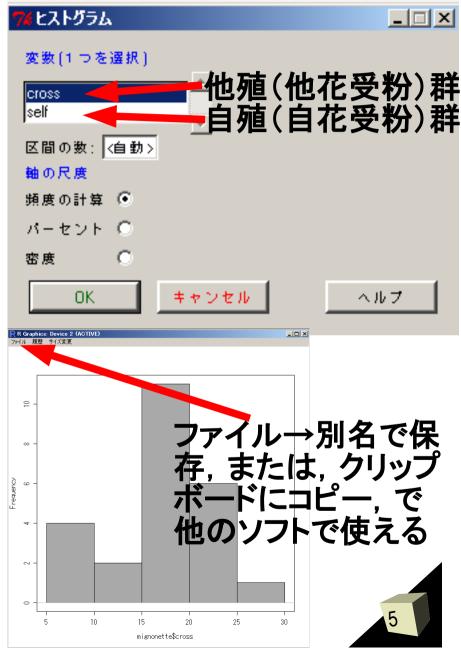
<mark>7%パッ</mark> ケージからデータを読み込む	_
パッケージ(ダブルクリックして選択) car DAAG datasets	データセット(ダブルクリックして選択) mignonette milk modelcars monica
または データセット名を入力: Imignonette	
OK キャンセル	ヘルブ

参考:ファイルから読み込む場合は、予めタブ区切りテキスト形式のファイルを作っておき、データー・ファイルから→データフレーム名を決め(規定値は Dataset)、フィールドの区切り記号を「タブ」に→ファイルを選択(URL も打てる)



Rcmdr での図示の方法(ヒストグラム)





F 検定とt 検定

実は、読み込んだままの mignonette データの形では、Rcmdr では「対応のある検定」しかできない。つまり、他殖群と自殖群は 1 行ずつ対応している (例えば、同じ鉢で育ったとか)とみなして分析してしまう。たんに同じ個体数の植物を、他殖のものと自殖のもので高さを比較するだけで、対応はない場合、その分析は誤りである。解決には2つの方法がある。

(1)データ構造を組みかえてからRコマンダーで分析する

いったん R Console に移り、

attach(mignonette)

dat <- data.frame(height=c(cross,self),kind=factor(c(rep('c',24),rep('s',24)))) detach(mignonette)

としてからRコマンダーに戻り、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の選択、として dat を選び、その後、

統計量→分散→分散の比の F 検定として、グループに kind, 目的変数に height を指定して OK することでF検定を実行→有意でない

統計量→平均→独立サンプルt検定として、変数を選び、等分散と考えますか?でYesを選んでOK→有意差あり

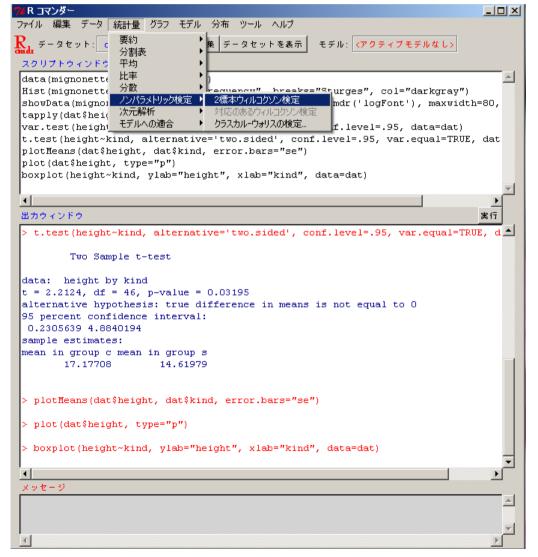
(2) R Console で分析する

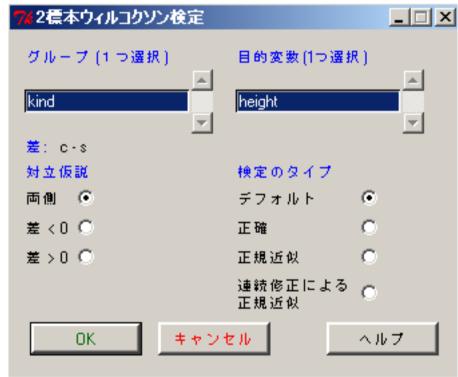
var.test(mignonette\$cross,mignonette\$self) でF検定→有意でない t.test(mignonette\$cross,mignonette\$self,var.equal=T) で t 検定→有意



Wilcoxon の順位和検定

■ データ構造を組みかえて読み込んだ場合なら、左図のように、 統計量→ノンパラメトリック検定→2標本ウィルコクソン検定 と選び、右図のようにして OK をクリックすると、R コマンダーの出力 ウィンドウに結果が得られる→有意差あり





R Console でなら, wilcox.test(mignonette\$cross, mignonette\$self) で結果が出る



その他の統計処理

- 一元配置分散分析と多重比較/相関と回帰: web からhttp://phi.med.gunma-u.ac.jp/grad/sample2.datを読みこんで分析してみる
- クロス集計: 資料の表を直接入力+ DAAG ライブラリの head.injury を使って試す 年齢層と頭部損傷以前の記憶喪失時間の関係(ただし, 数値変数として入っているので, データ→アクティブデータセット内の変数の管理→数値変数を因子に変換, で因子にしてから, 統計量→分割表→2元表
 - .Table にクロス集計結果が得られ、検定結果も出る
- 共分散分析: web から http://phi.med.gunma-u.ac.jp/grad/sample3.dat を読み込んで分析(Rコマンダーでは面倒)
- 生存時間解析: survival ライブラリの aml を使う(Rコマンダーではまだサポートされていない)