

# about:R

2017 年 4 月 27 日

## 目次

1	R とは	1
2	R をインストールしよう	2
2.1	Windows の場合 . . . . .	2
2.2	OSX (Mac) の場合 . . . . .	4
2.3	Linux の場合 . . . . .	5
3	基本的な計算	7
3.1	起動と使い方 . . . . .	7
3.2	便利に使う . . . . .	10
3.3	オブジェクトの管理と設定 . . . . .	10
3.4	基本的な関数 . . . . .	12
3.5	作図 . . . . .	14
3.6	関数の定義 . . . . .	18
3.7	パッケージの利用 . . . . .	19
3.8	よくある失敗と対処法 . . . . .	21
4	解析してみよう	22
4.1	データの読み込み . . . . .	22
4.2	データの書き出し . . . . .	22
4.3	回帰分析 . . . . .	23

## 1 Rとは

---

1996年に登場した、オープンソースでフリーの統計解析向け言語及び開発実行環境であり、最新バージョンは2016/06/21にリリースされた3.3.1 (Bug in Your Hair). Linux, Windows, OSXで利用可能である。似た言語ではS言語があり、Rが開発される前にAT&Tベル研究所によって開発された統計処理言語である。

Rではさまざまな構造のデータを保持でき、記法がC言語に似ている為、習得が大変容易である。コントリビュータによって用意されるパッケージも豊富で、その数は5000個以上である。



## 2 R をインストールしよう

## 2 R をインストールしよう

まず, <http://www.r-project.org/> にアクセスし, 左サイドバーの CRAN をクリックすると, CRAN のミラーサーバを選択する画面が表示されるので, なるべく日本のミラーサーバを選択する. 日本でのミラーサーバは山形大学・統計数理研究所に存在している. オススメは統計数理研究所 (Institute of Statistical Mathematics, Tokyo).

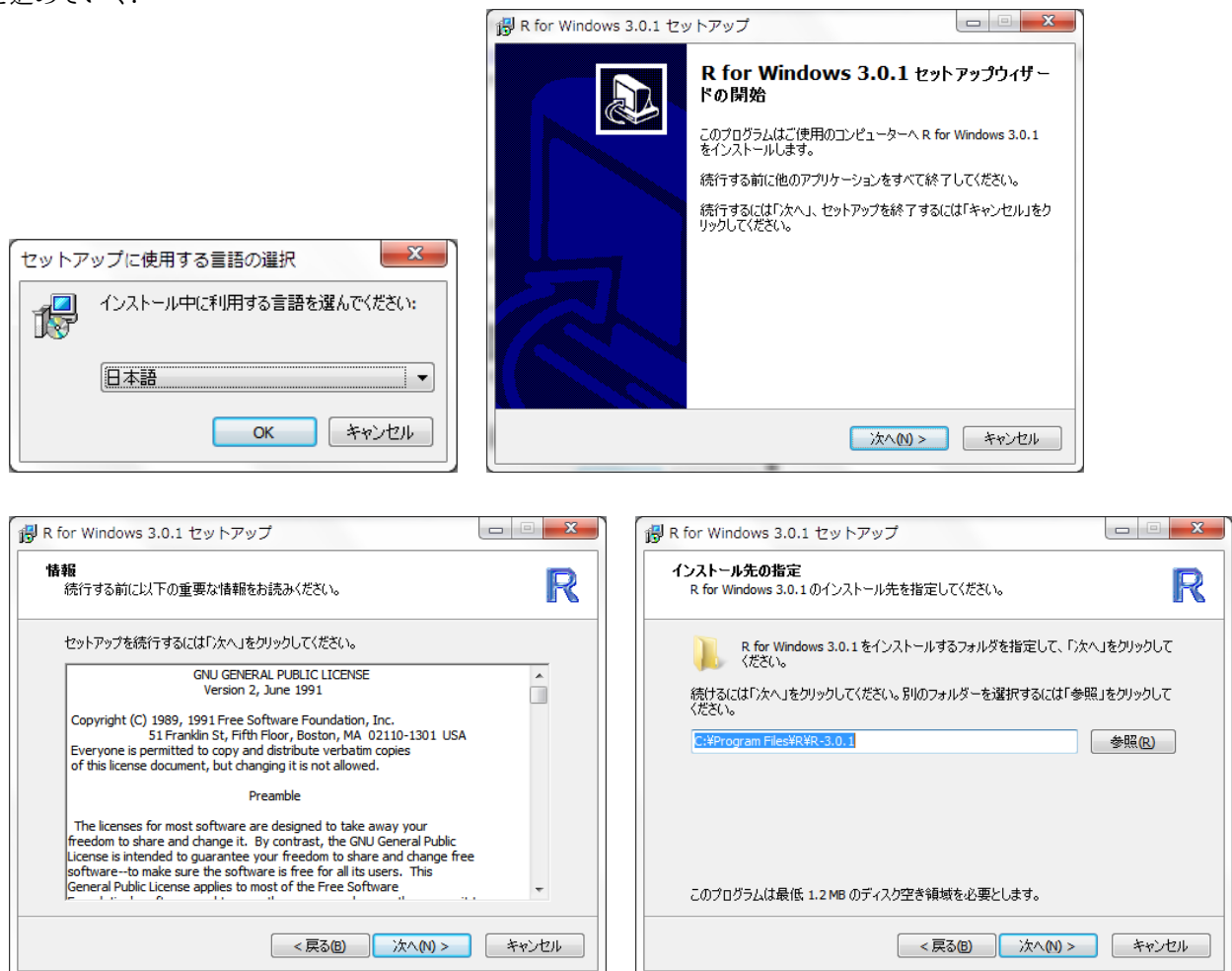
ミラーサーバにアクセスし, OS を選択する. 以下の作業は, リリースされている最新バージョンによって表示が多少異なる. また, インストール時の画像は R3.0.2 のものである.

### 2.1 Windows の場合

[Download R for Windows](#) → [base](#) → [Download R 3.2.0 for Windows \(62 megabytes, 32/64 bit\)](#) の順にクリッ

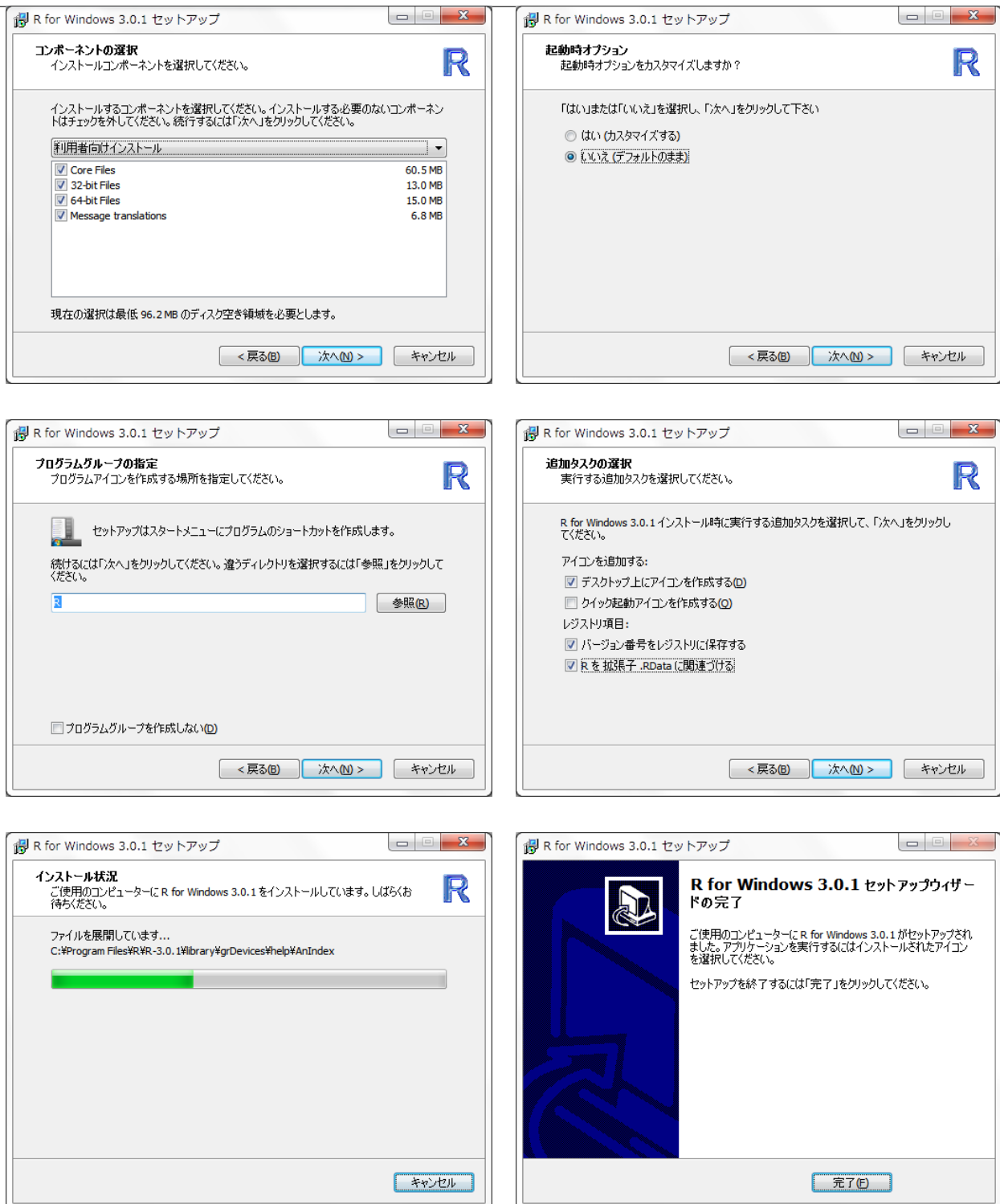


クし, インストーラをダウンロードする. `R-3.0.1-win.exe` ダウンロードしたインストーラを起動し, 以下のダイアログを進めていく.



## 2 R をインストールしよう

### 2.1 Windows の場合



以上でインストールは完了する。



デスクトップに作成されたショートカット **R x64 3.0.1** より起動する。

## 2.2 OSX (Mac) の場合

Download R for (Mac) OS X → R-3.2.0.pkg の順にクリックし、インストーラをダウンロードする。

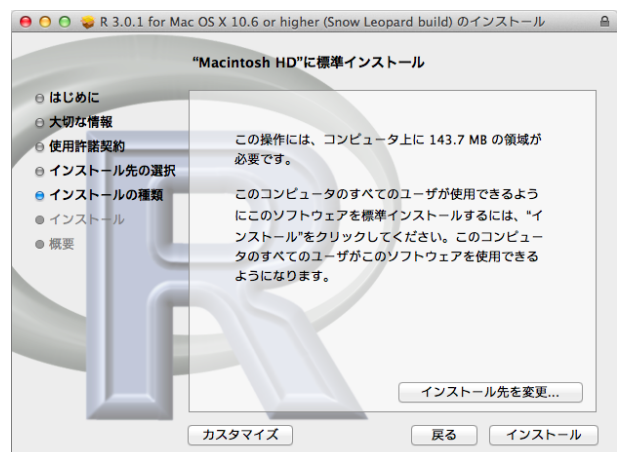
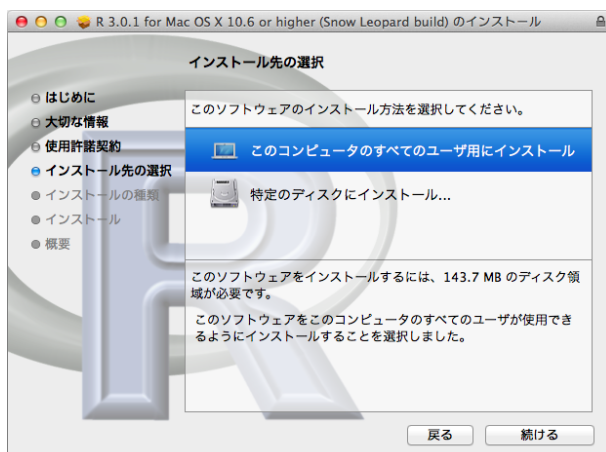
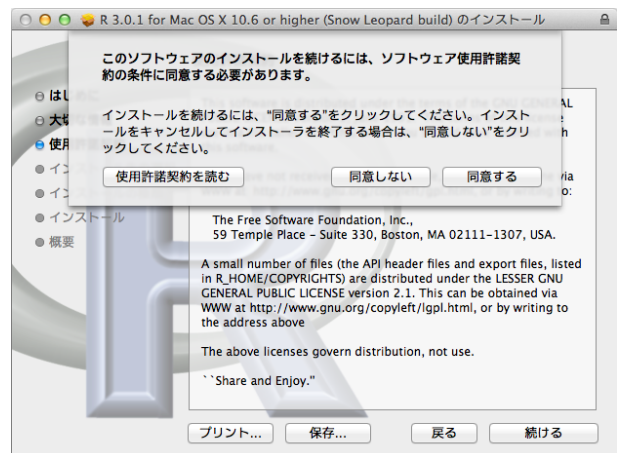
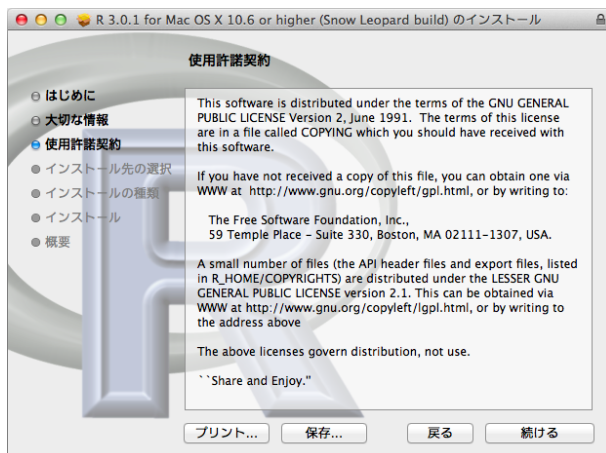
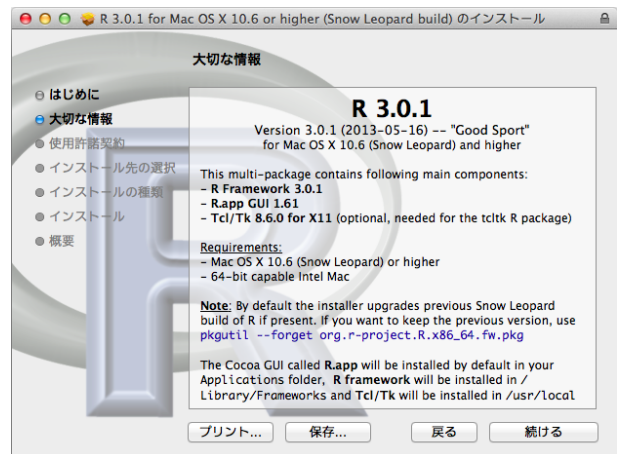


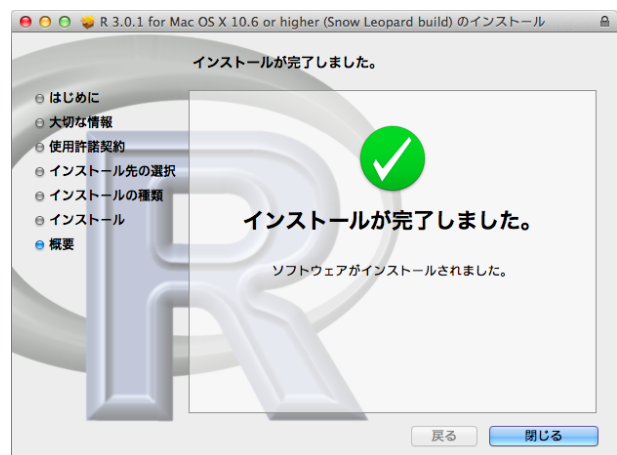
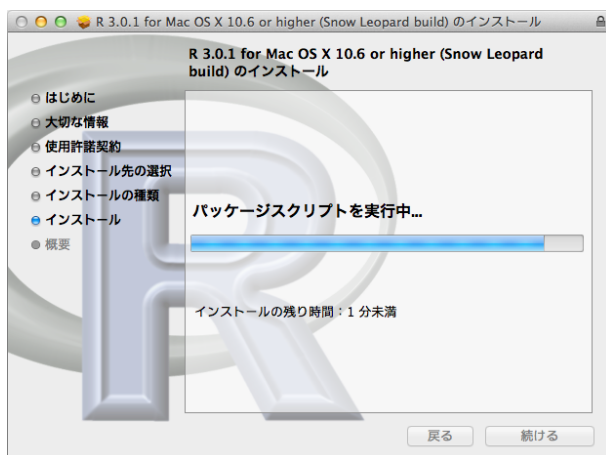
R-3.0.1.pkg

OS が古い場合はR-3.1.3-snowleopard.pkgを用いてインストールする。

ダウンロードしたインストーラ

を起動し、以下のダイアログを進めていく。





以上でインストールは完了する。



アプリケーションにある R より起動する。

## 2.3 Linux の場合

パッケージ管理システムでインストールが可能. apt-get では以下の様にインストールを行う。

```
sudo apt-get update
sudo apt-get install r-base
```

しかしながら、最新版への更新は遅めになるので、以下のように設定しても良い。 /etc/apt/sources.list を管理者権限で編集し

```
deb http://cran.ism.ac.jp/bin/linux/ubuntu precise/
```

を最終行に追記。

```
gpg --keyserver keyserver.ubuntu.com --recv-key E084DAB9
gpg -a --export E084DAB9 | sudo apt-key add -
sudo apt-get update
```

```
sudo apt-get install r-base
```

r-base のレポジトリが標準の ubuntu ミラーではなくなり CRAN のものになる.

細かい話は <http://www.trifields.jp/install-r-in-ubuntu-1000> や

<http://www.trifields.jp/how-to-deal-with-when-you-can-not-update-the-r-in-ubuntu-1515> あたりを参照してください.

## 3 基本的な計算

### 3.1 起動と使い方

通常 `>` が表示されており，入力待ちの状態である．式や関数を入力し `Enter` を押せば計算結果が表示される．

```
> 1 + 2
[1] 3
> (1 + 2i) * (1 - 2i)
[1] 5+0i
> sum(1:10)
[1] 55
> rep(1, 10)
[1] 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1
> seq(1,5, 0.5)
[1] 1.0 1.5 2.0 2.5 3.0 3.5 4.0 4.5 5.0
> ubuntu <- c(1, 2, 3, 4, 5, 6)
> ubuntu
[1] 1 2 3 4 5 6
# コメントアウトは # です.
```

代入演算子は `<-`，`=`，`->` が用意されている．推奨は `<-` である．

#### 四則演算の演算子

演算子	意味
<code>+</code>	足し算
<code>^</code>	累乗
<code>-</code>	引き算
<code>%%</code>	整数商
<code>*</code>	掛け算
<code>%%</code>	剰余
<code>/</code>	割り算

#### 特殊な演算子

演算子	意味
<code>:</code>	公差 $\pm 1$ の数列の作成
<code>%%*</code>	行列積
<code>%o%</code>	外積
<code>[ ]</code>	配列や行列の要素の取出し
<code>[[ ]]</code>	リスト成分の取出し
<code>\$</code>	データフレーム内の変数の取出し

オブジェクトの名前は予約語 (すでに基本的な関数で使われている名前) でなければ使用できる．演算子を使うこと



### 3 基本的な計算

#### 3.1 起動と使い方

や名前の最初に数字や\_(アンダーバー)を使うことはできない. 必要であれば.(ドット)か\_(アンダーバー)を使用する. ちなみに日本語も使用可能ではあるが, 対応していないライブラリがあるので使用にはあまり適さない. 前に使った命令は入力時にキーボードの「↑」を押すと履歴をさかのぼることができる.

```
> 2 * ubuntu
[1] 2 4 6 8 10 12
> 大学 = "univ"
> 大学
[1] "univ"
> debian = matrix(1:12, 3, 4)
> debian
      [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,]    1    4    7   10
[2,]    2    5    8   11
[3,]    3    6    9   12
> matrix(1:12, 3, 4, byrow = T)
      [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,]    1    2    3    4
[2,]    5    6    7    8
[3,]    9   10   11   12
> t(debian)
      [,1] [,2] [,3]
[1,]    1    2    3
[2,]    4    5    6
[3,]    7    8    9
[4,]   10   11   12
> debian * debian
      [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,]    1   16   49  100
[2,]    4   25   64  121
[3,]    9   36   81  144
> debian %*% t(debian)
      [,1] [,2] [,3]
[1,]  166  188  210
[2,]  188  214  240
[3,]  210  240  270
> ubuntu[3]
[1] 3
> debian[2, ]
[1] 2 5 8 11
> debian[, 3]
[1] 7 8 9
> debian[2, 3]
[1] 8
```

四則演算の演算子では、要素のそれぞれが計算され、行列の積は計算できない。

この `matrix` 関数では `matrix(行列の要素, 行数, 列の数, ...)` というようにオプション引数が存在する。この引数を確認するには `args(matrix)` と入力することで確認できる。

```
> args(matrix)

function (data = NA, nrow = 1, ncol = 1, byrow = FALSE, dimnames = NULL)
NULL
```

`args` 関数を使用することで引数の名前がわかるが、引数の名前だけでは、必要な情報がそろわない場合がある。そのような場合は、ヘルプページを表示すればよい。

```
> ?matrix

starting httpd help server ... done

> help(matrix)
```

以下の、マニュアルが表示される。関数の説明や使い方、引数、例などが英語で記されている。

```
matrix (base)                                R Documentation

Yatricos

Description
matrix creates a matrix from the given set of values.
as.matrix attempts to turn its argument into a matrix.
is.matrix tests if its argument is a (strict) matrix.

Usage
matrix(data = NA, nrow = 1, ncol = 1, byrow = FALSE,
        dimnames = NULL)
as.matrix(x, ...)
## S3 method for class 'data.frame'
as.matrix(x, rownames.force = NA, ...)
is.matrix(x)

Arguments
data      an optional data vector (including a list or expression vector). Non-atomic classed R objects are coerced by as.vector, and all attributes
          discarded.
nrow      the desired number of rows.
ncol      the desired number of columns.
byrow     logical. If FALSE (the default) the matrix is filled by columns, otherwise the matrix is filled by rows.
dimnames  A dimnames attribute for the matrix: NULL or a list of length 2 giving the row and column names respectively. An empty list is treated as NULL,
          and a list of length one as row names. The list can be named, and the list names will be used as names for the dimensions.
x         an R object.
...       additional arguments to be passed to or from methods.
rownames  force logical indicating if the resulting matrix should have character (rather than NULL) rownames. The default, NA, uses NULL rownames if the data frame
          has 'automatic' rownames or for a zero-row data frame.

Details
If one of nrow or ncol is not given, an attempt is made to infer it from the length of data and the other parameter. If neither is given, a one-column matrix is
returned.
If there are too few elements in data to fill the matrix, then the elements in data are recycled. If data has length zero, NA of an appropriate type is used for atomic
vectors (0 for raw vectors) and NULL for lists.
is.matrix returns TRUE if x is a vector and has a "dim" attribute of length 2) and FALSE otherwise. Note that a data.frame is not a matrix by this test. The
function is generic: you can write methods to handle specific classes of objects, see InternalMethods.
as.matrix is a generic function. The method for data frames will return a character matrix if there is only atomic columns and any non-(numeric/logical/complex)
columns, applying as.vector to factors and factor to other non-character columns. Otherwise, the usual coercion hierarchy (logical < integer < double < complex)
will be used, e.g., all-logical data frames will be coerced to a logical matrix, mixed logical-integer will give a integer matrix, etc.
The default method for as.matrix calls as.vector(x), and hence e.g. coerces factors to character vectors.
When coercing a vector, it produces a one-column matrix, and promotes the names (if any) of the vector to the rownames of the matrix.
is.matrix is a primitive function.

Note
If you just want to convert a vector to a matrix, something like
  dim(x) <- c(nx, ny)
  dimnames(x) <- list(row_names, col_names)
will avoid duplicating x.

References
Becker, R. A., Chambers, J. M. and Wilks, A. R. (1988) The New S Language. Wadsworth & Brooks/Cole.

See Also
data.matrix, which attempts to convert to a numeric matrix.
A matrix is the special case of a two-dimensional array.

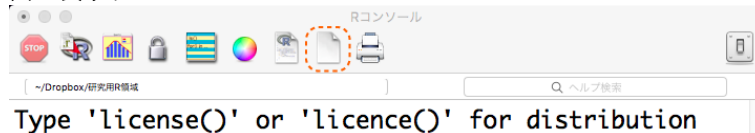
Examples
is.matrix(as.matrix(1:10))
is.matrix(warpbreaks) # data frame, NOT matrix!
warpbreaks[1:10, ]
as.matrix(warpbreaks[1:10, ]) # using as.matrix.data.frame(.) method

## Example of setting row and column names
mdat <- matrix(c(1, 2, 3, 11, 12, 13), nrow = 2, ncol = 3, byrow = TRUE,
              dimnames = list(c("row1", "row2"),
                              c("c.1", "c.2", "c.3")))
mdat
.
```

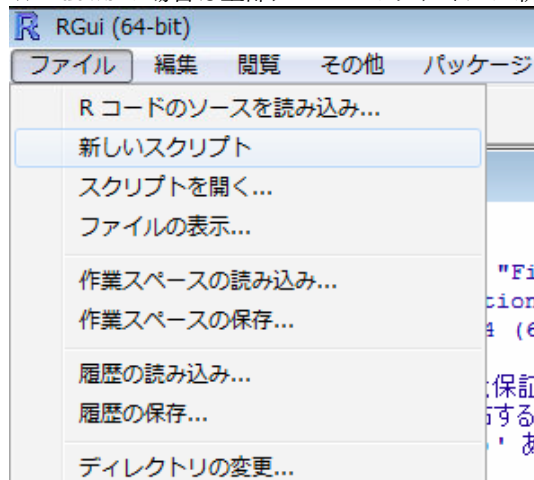
[Package base version 3.0.1 [Index](#)]

## 3.2 便利に使う

R ではコンソール画面の他にエディタ画面も用意されている。Mac の場合は画面上部のアイコンをクリックして画面を表示する。



Windows の場合は上部メニューのファイル>新しいスクリプトをクリックする。



エディタ画面では、編集した内容を **Ctrl** + **R** や **⌘ Command** + **Enter** で選択した部分はキャレット（カーソル）がある行を実行することができる。

また、コンソール画面では関数名・オブジェクト名を打っている途中で TAB キーを押すと候補が表示される。

## 3.3 オブジェクトの管理と設定

### 3.3.1 オブジェクトの型を変換する

オブジェクトには様々な型やデータ構造がある。確認するには `class(オブジェクト名)` や `str(オブジェクト名)` などの関数での確認が必要な場合がある。

```
> class(iris)
[1] "data.frame"
> str(iris)
'data.frame': 150 obs. of 5 variables:
 $ Sepal.Length: num 5.1 4.9 4.7 4.6 5 5.4 4.6 5 4.4 4.9 ...
 $ Sepal.Width : num 3.5 3 3.2 3.1 3.6 3.9 3.4 3.4 2.9 3.1 ...
 $ Petal.Length: num 1.4 1.4 1.3 1.5 1.4 1.7 1.4 1.5 1.4 1.5 ...
 $ Petal.Width : num 0.2 0.2 0.2 0.2 0.2 0.4 0.3 0.2 0.2 0.1 ...
 $ Species : Factor w/ 3 levels "setosa","versicolor",...: 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
> iris$Petal.Length=as.factor(iris$Petal.Length)
> str(iris)
'data.frame': 150 obs. of 5 variables:
 $ Sepal.Length: num 5.1 4.9 4.7 4.6 5 5.4 4.6 5 4.4 4.9 ...
 $ Sepal.Width : num 3.5 3 3.2 3.1 3.6 3.9 3.4 3.4 2.9 3.1 ...
 $ Petal.Length: Factor w/ 43 levels "1","1.1","1.2",...: 5 5 4 6 5 8 5 6 5 6 ...
```

```
$ Petal.Width : num  0.2 0.2 0.2 0.2 0.2 0.2 0.4 0.3 0.2 0.2 0.1 ...
$ Species      : Factor w/ 3 levels "setosa","versicolor",...: 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
```

このように型を変更することができる。

#### 型の確認や変更の関数

	型の確認	変換
実数	<code>is.numeric()</code>	<code>as.numeric()</code>
整数	<code>is.integer()</code>	<code>as.integer()</code>
複素数	<code>is.complex()</code>	<code>as.complex()</code>
文字列	<code>is.character()</code>	<code>as.character()</code>
論理値	<code>is.logical()</code>	<code>as.logical()</code>

#### データ構造の確認や変更の関数

	構造の確認	変換
ベクトル	<code>is.vector()</code>	<code>as.vector()</code>
行列	<code>is.matrix()</code>	<code>as.matrix()</code>
配列	<code>is.array()</code>	<code>as.array()</code>
リスト	<code>is.list()</code>	<code>as.list()</code>
データフレーム	<code>is.data.frame()</code>	<code>as.data.frame()</code>
順序なし因子	<code>is.factor()</code>	<code>as.factor()</code>
順序つき因子	<code>is.ordered()</code>	<code>as.ordered()</code>

これらの `is` で始まる関数は、`TRUE` や `FALSE` を返す。また、データの内容を確認したい場合は `head` 関数や `tail` 関数を使用する。この関数はデータの上から、もしくは下から 6 つ分のデータを表示する関数である。

```
> head(iris)
  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

> tail(iris)
  Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.Width Species
145          6.7         3.3          5.7          2.5 virginica
146          6.7         3.0          5.2          2.3 virginica
147          6.3         2.5          5.0          1.9 virginica
148          6.5         3.0          5.2          2.0 virginica
149          6.2         3.4          5.4          2.3 virginica
150          5.9         3.0          5.1          1.8 virginica
```

## 3.3.2 データの中の変数を呼び出す

前述のとおりデータの中の変数を使う場合には `data$var` というような使い方を書いたが、実際には指定することが面倒になる場合がある。その場合、`attach` 関数を用いてそのまま変数を使用することができる。

```
> head(Sepal.Length)
以下にエラー head(Sepal.Length) : オブジェクト 'Sepal.Length' がありません
> attach(iris)
> head(Sepal.Length)
[1] 5.1 4.9 4.7 4.6 5.0 5.4
```

使い終わったら、`detach` 関数で解除することをお奨めする。

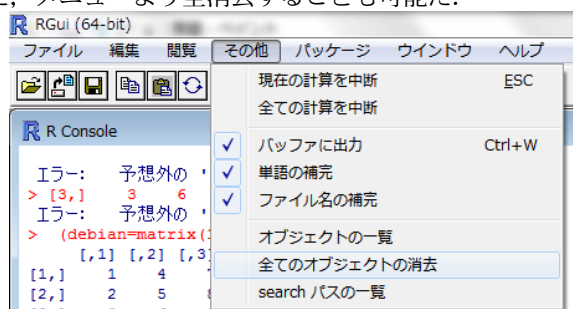
```
> detach(iris)
> head(Sepal.Length)
以下にエラー head(Sepal.Length) : オブジェクト 'Sepal.Length' がありません
```

## 3.3.3 作成したオブジェクトの削除

続けて使用しているとオブジェクトが不必要になることがある。その場合、オブジェクトを消去すればよい。

```
> ls()
[1] "chuo" "debian" "ubuntu"
> objects()
[1] "chuo" "debian" "ubuntu"
> rm(debian)
> ls()
[1] "chuo" "ubuntu"
> rm(list = ls(all = TRUE))
> ls()
character(0)
```

`ls` 関数や `objects` 関数でオブジェクトを確認できる。`rm` 関数で個別に消去もでき、全消去することもできる。また、メニューより全消去することも可能だ。



## 3.4 基本的な関数

ここでは、主に使用する関数の一部抜粋して記す。

関 数	種 類
<code>c(x1,x2,...)</code>	配列 (ベクトルの作成)
<code>rep(x,times)</code>	<code>x</code> を <code>times</code> 回繰り返す
<code>seq(初項, 末項, 公差)</code>	等差数列の作成
<code>matrix(c(x1, x2, ...), 行数, 列数, byrow = FALSE)</code>	行列の作成 ( <code>byrow</code> は配列を列方向に代入する引数)
<code>abs(x)</code>	絶対値
<code>mean(x)</code>	平均
<code>var(x)</code>	分散
<code>median(x)</code>	中央値
<code>max(x)</code>	最大値
<code>min(x)</code>	最小値
<code>cor(x,y)</code>	相関係数
<code>t()</code>	行列の転置
<code>solve(x)</code>	逆行列の生成
<code>eigen(x)</code>	固有値と固有ベクトル
<code>sqrt(x)</code>	平方根
<code>exp(x)</code>	指数関数
<code>log(x, base = exp(1))</code>	<code>base</code> を底とした対数
<code>sum(x)</code>	総和
<code>cumsum(x)</code>	累積和
<code>prod(x)</code>	総乗
<code>cumprod(x)</code>	累積積
<code>sin(x)</code>	正弦関数
<code>floor(x)</code>	切り捨て
<code>ceiling(x)</code>	切り上げ
<code>round(x, digits = 0)</code>	整数に丸める
<code>length(x)</code>	ベクトルの長さを調べる
<code>dim(x)</code>	行列やデータフレームの行数と列数を調べる

引数に数値やベクトル, 行列を入れることによって計算結果を得ることができる. 1 つの数値を入力する関数にベクトルや行列を代入すると, R では要素ごとに計算を行う.

### 3.4.1 確率分布

R では乱数発生アルゴリズムが存在する. 併せて確率密度関数や累積分布関数の計算もできるので覚えておくとよい.

種類	関数
確率密度関数	<code>d*(確率点)</code>
累積分布関数	<code>p*(確率点)</code>
確率点 (累積分布関数の逆関数)	<code>q*(確率)</code>
乱数発生	<code>r*(個数)</code>

以下では主な確率分布を取り上げる。引数に初期値が設定されているものもある。

確率分布	関数	引数
一様分布	<code>unif</code>	<code>min = 0, max = 1</code>
二項分布	<code>binom</code>	<code>size, prob</code>
正規分布	<code>norm</code>	<code>mean = 0, sd = 1</code>
ポアソン分布	<code>pois</code>	<code>lambda</code>
指数分布	<code>exp</code>	<code>rate = 1</code>
$\chi^2$ 分布	<code>chisq</code>	<code>df, ncp = 0</code>

つまり、一様分布  $U(0, 1)$  において、 $P(X = 0.5)$  の確率を求めたい場合は `dunif(0.5)`、 $P(X < 0.5)$  を求めたい場合は `punif(0.5)`、 $P(X < y) = 0.5$  となる  $y$  を求める場合は `qunif(0.5)`、この一様分布に従う乱数を 10 個生成したい場合は `runif(10)` となる。

## 3.5 作図

ここでは、`plot` 関数を用いて作図を行う。

基本形は `plot(x, y)` もしくは `plot(y ~ x)` である。変数が一つでもよい。オプション引数を特に指定しない場合は、自動で適当な作図してくれる。

```
plot(x, y, type = "", xlab = "", ylab = "", main = "", sub = "", xlim = c(), ylim = c(), axes = T)
```

引数を指定しない場合は自動で初期値となる。

### 3.5.1 軸

#### 軸の表示

`axes = FALSE` とした場合、図の枠や軸は表示されない。

その場合、あとから `box()` 関数で枠を書くことができる。

```
box()
```

後から軸を書く場合は、`axis()` 関数を使用する。

```
axis(1) # 下の軸を表示する 2:左, 3:上, 4:右
```

```
axis(1, at = c(0.4, 0.6, 0.9)) # 引数 at を用いて軸の任意の箇所に数字を表示することも可能だ。
```

#### 表題

表題は `main`、サブタイトルは `sub` で指定する。文字列は `"` で指定すること。作図後に表題を追加する場合は `title()` 関数を使用する。

```
title(main = "表題", sub = "サブタイトル")
```

#### X 軸, Y 軸の名前

`xlab` と `ylab` で指定する。同様に、後から追加する場合は `title` 関数を使用する。

```
title(xlab = "X 軸の名前", ylab = "Y 軸の名前")
```

### X 軸, Y 軸の上限と下限

`xlim = c(上限, 下限)`, `ylim = c(上限, 下限)` で指定する.

### 3.5.2 種類

`type` で指定する. 以下は R の標準で用意されているグラフの一覧である.

指定	種類
<code>type = "p"</code>	点プロット (2 変数でのデフォルト)
<code>type = "l"</code>	線プロット (折れ線グラフ・1 変数でのデフォルト)
<code>type = "b"</code>	点と線のプロット
<code>type = "c"</code>	"b" において点を描かないプロット
<code>type = "o"</code>	点プロットと線プロットの重ね書き
<code>type = "h"</code>	各点から x 軸までの垂線プロット
<code>type = "s"</code>	左側の値にもとづいて階段状に結ぶ
<code>type = "S"</code>	右側の値にもとづいて階段状に結ぶ
<code>type = "n"</code>	軸だけ描いてプロットしない (続けて低水準関数でプロットする場合)

また, 点をプロットする場合プロット記号を指定することができる. `pch` で指定する.

□0	○1	△2	+3	×4	◇5	▽6
⊠7	✱8	⊞9	⊕10	⊗11	⊠12	⊗13
◻14	■15	●16	▲17	◆18	●19	●20
○21	□22	◇23	△24	▽25		

なお, プロット記号の大きさは, `cex` で指定する. 線をプロットする場合, 線の種類 (`lty`) や線の幅 (`lwd`) を指定することができる.

<code>lty</code> で線の種類の指定	<code>lwd</code> で線の太さの指定
0 blank	— 1
— 1 solid	— 2
---- 2 dashed	— 3
..... 3 dotted	— 4
-.-. 4 dotdash	— 5
--- 5 longdash	— 6
----- 6 twodash	

他にも, 色を変えることもできる.



色	番号	名前
■	1	black
■	2	red
■	3	green
■	4	blue
■	5	cyan
■	6	magenta
■	7	yellow
■	8	gray

16 進数で RGB を指定することや、`colors()` 関数を使用して、R に定義されている 657 色を選択することも可能である。

```
> head(colors())
[1] "white"          "aliceblue"      "antiquewhite"  "antiquewhite1"
[5] "antiquewhite2" "antiquewhite3"
> plot(lynx, col = colors()[25])
> plot(lynx, col = "#8080FF")
```

`pch` や `col` に `c(1, 1, 2, 1, 1)` と指定すれば、任意の箇所だけを色を変えたり、記号を変えることもできる。また、`lines()` や `points()`、`abline()` 関数を使用して、先ほどのプロットに点や線を重ねて書くこともできる。

```
abline(v = 15) # x=15 に縦の直線を引く
abline(h = 20, col = 2) # y = 20 に横の直線を引く
```

Windows では表示されたグラフを右クリックすることで保存することや Microsoft Office Word に貼り付けることができる。

### Mac での作図

Mac で作図をする場合、文字が□に化けてしまう。（この□はネット上では豆腐と呼ばれる）そのため作図前に `par` 関数を用いて設定を変更するか、

```
par(family="HiraKakuProN-W3").
```

~/Rprofile を作成する必要がある。

```

setHook(packageEvent("grDevices", "onLoad"),
function(...){
  if(.Platform$OS.type == "windows")
    grDevices::windowsFonts(sans ="MS Gothic",
                             serif="MS Mincho",
                             mono ="FixedFont")

  if(capabilities("aqua"))
    grDevices::quartzFonts(
      sans =grDevices::quartzFont(
        c("Hiragino Kaku Gothic Pro W3",
          "Hiragino Kaku Gothic Pro W6",
          "Hiragino Kaku Gothic Pro W3",
          "Hiragino Kaku Gothic Pro W6")),
      serif=grDevices::quartzFont(
        c("Hiragino Mincho Pro W3",
          "Hiragino Mincho Pro W6",
          "Hiragino Mincho Pro W3",
          "Hiragino Mincho Pro W6")))
  if(capabilities("X11"))
    grDevices::X11.options(
      fonts=c("-kochi-gothic-%s-%s-*-*-%d-*-*-*-*-*-*-*",
              "-adobe-symbol-medium-r-*-*-%d-*-*-*-*-*-*-*"))
  grDevices::pdf.options(family="Japan1GothicBBB")
  grDevices::ps.options(family="Japan1GothicBBB")
}
)

attach(NULL, name = "JapanEnv")
assign("familyset_hook",
function() {
  winfontdevs=c("windows","win.metafile",
                "png","bmp","jpeg","tiff")
  macfontdevs=c("quartz","quartz_off_screen")
  devname=strsplit(names(dev.cur()),":")[[1L]][1]
  if ((.Platform$OS.type == "windows") &&
      (devname %in% winfontdevs))
    par(family = "sans")
  if (capabilities("aqua") &&
      devname %in% macfontdevs)
    par(family = "sans")
},
pos="JapanEnv")

setHook("plot.new", get("familyset_hook", pos = "JapanEnv"))
setHook("persp", get("familyset_hook", pos = "JapanEnv"))

```

面倒だし、やり忘れた人は plot 時に family = "Osaka" としておけばとりあえず表示には困らない。

### 3.6 関数の定義

基本的な形式はこの形である。(入力した引数を) 演算子し, return() で返す。

```
myfunc <- function(x){
  a = x%%2
  return(a)
}
```

#### 3.6.1 条件分岐 (if 文)

```
myfunc <- function(x){
  a = x%%2
  if(a == 0){
    return(TRUE) # a == 0 が真の場合の処理
  }else if(a == 1){
    return(FALSE) # a == 0 が偽の場合で a == 1 が真の場合の処理
  }else{
    return("Not Integer") # a == 0 が偽の場合で a == 1 が偽の場合の処理
  }
}
```

この定義した関数で計算した結果が以下である。

```
> myfunc(1)
[1] FALSE
> myfunc(2)
[1] TRUE
> myfunc(2.1)
[1] "Not Integer"
```

なお、比較演算子や論理演算子は以下である。

#### 比較演算子

演算子	意味
==	=
!=	≠
>	>
<	<
>=	≥
<=	≤

#### 論理演算子

演算子	意味
!	否定 $\neg$
&&	論理積 (かつ) $\wedge$
	論理和 (または) $\vee$
xor()	排他的論理和 $\oplus$

以下のように、比較演算だけを行うこともできる。また、ベクトルで演算を行えばベクトルの要素ごとの演算結果を返してくれる。

```
> 2==3
[1] FALSE
> 2 == 3 || 5 == 5
[1] TRUE
> c(1, 2, 3) != c(3, 2, 1)
[1] TRUE FALSE TRUE
```

また、オブジェクトから条件に合うものだけを抽出したり、条件に合うオブジェクト内の要素の番号を得ることもできる。

```
> b = 11:30
> b[b %% 2 == 0] # bを2で割った余りが0の要素を表示
[1] 12 14 16 18 20 22 24 26 28 30
> which(b %% 2 == 0) # bを2で割った余りが0の要素の番号を表示
[1] 2 4 6 8 10 12 14 16 18 20
```

### 3.6.2 繰り返し (for 分と while 文)

```
for(i in 1:10){
  #関数
  print(i)
}
# 1:10 ではなく任意のベクトルにしてもよい。
# この場合 i を変数として使える。

while (x <= 5) { # while ( 条件式 )
  x <- x + 1
  # 条件式が TRUE である限り式が繰り返される
}
```

## 3.7 パッケージの利用

前述のとおり、R には多くのパッケージが存在している。パッケージを使用することで、解析手法や関数を導入することができる。

```
> install.packages("ismev") # ライブラリのインストール
パッケージを 'C:/Users/User/Documents/R/win-library/2.15' 中にインストールします
('lib' が指定されていないので)
```

--- このセッションで使うために、CRAN のミラーサイトを選んでください ---

URL 'http://cran.rstudio.com/bin/windows/contrib/2.15/ismev\_1.39.zip' を試しています

Content type 'application/zip' length 192211 bytes (187 Kb)

開かれた URL

downloaded 187 Kb

パッケージ 'ismev' は無事に展開され、MD5 サムもチェックされました

ダウンロードされたパッケージは、以下にあります

C:\Users\User\AppData\Local\Temp\Rtmp2BJBEa\downloaded\_packages

これで、パッケージのインストールは完了した。メニューより選択してインストールすることも可能だ。

インストールしたパッケージを呼び出すには、library 関数を使用する。

```
> library(ismev) # ライブラリの呼び出し
```

要求されたパッケージ mgcv をロード中です

This is mgcv 1.7-18. For overview type 'help("mgcv-package")'.

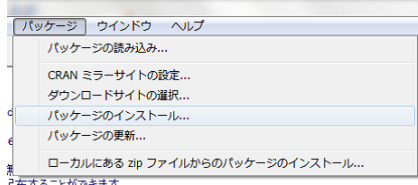
警告メッセージ：

パッケージ 'ismev' はバージョン 2.15.3 の R の下で造られました

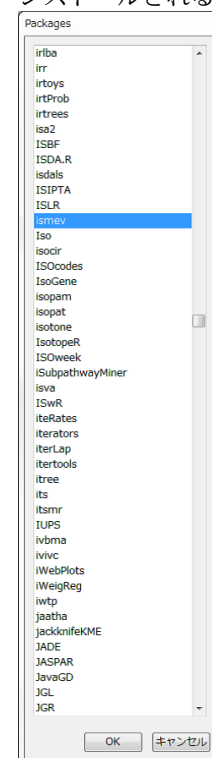
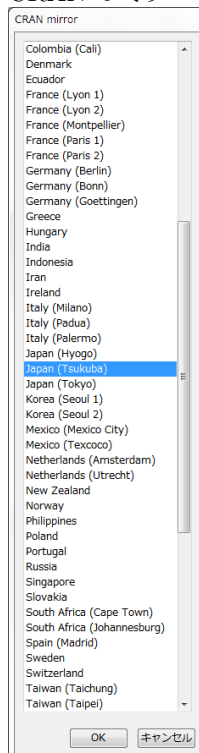
またコマンドではなくメニューからパッケージをインストールする方法もある。

メニューの“パッケージ”から

“パッケージのインストール”を選択し、



CRAN のミラーサーバを選択し、パッケージ一覧から選択するとインストールされる。



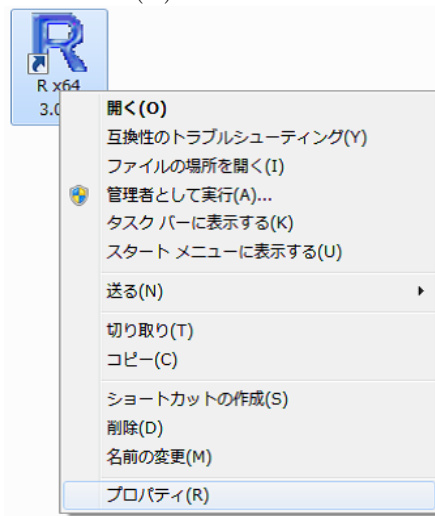
## 3.8 よくある失敗と対処法

### 3.8.1 プロキシ設定

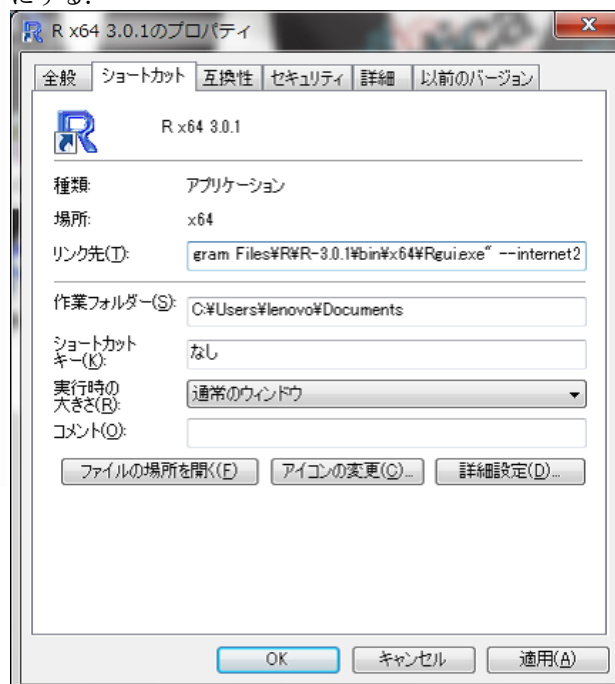
研究室の LAN 回線ではプロキシサーバーを経由した環境である場合が多い。その場合、R のパッケージをダウンロードできないため、設定が必要である。

(Windows のみ) ショートカットからプロキシの設定の場合

ショートカットを右クリックし、プロパティ (R) を開く。



リンク先 (T) のパスの後ろに、[スペース]--internet2 を追加し、  
"C:\Program Files\R\R-3.0.1\bin\x64\Rgui.exe --internet2"  
にする。



(すべての OS) コマンドで設定の場合

最近では暗号化されたセキュアなサーバも増えてきているので 1 行目だけでなく 2 行目の `https_proxy` も忘れないようにしたい。

```

Sys.setenv("http_proxy" = "http://サーバーアドレス:ポート番号")
Sys.setenv("https_proxy" = "http://サーバーアドレス:ポート番号")

```

### 3.8.2 入力エラー

また、下の例のように閉じの"や)"を入力せずに Enter を押すと、次の閉じの記号まで、入力待ちになってしまう。この場合、閉じの記号を入力して Enter を押すか、Esc を押して先ほどの入力をキャンセルすることができる。

```

> tmp = "university
+

```

## 4 解析してみよう

### 4.1 データの読み込み

データを格納しているファイル：CSV(カンマ区切りテキスト) や TSV(タブ区切りテキスト) などを読み込む関数がある。

```
dataA = read.csv(file, header = TRUE, sep = ",", skip = 0, ...)
dataB = read.table(file, header = FALSE, sep = "\t", skip = 0, ...)
```

使用するデータが CSV の場合は `read.csv` 関数を使用すればよい。スペース区切りなら `read.table` 関数、タブ区切りなら `read.table(file, sep = "\t")` とする。

また、`header` はテキストにタイトル行がある場合に指定し、`skip` はデータの最初の行にコメント行がある場合読み飛ばす行数を指定する。

`file` の部分はファイルのパスを指定する。面倒な場合は、`file.choose()` とすることでファイルを選択できる。ちなみに `read.csv` は `read.table` の引数が指定されたエイリアスです。

```
dataA = read.csv(file.choose()) # ファイル選択ウィンドウが表示される。
```

### 4.2 データの書き出し

データの読み込みがあるのでもちろんデータの書き出しもできます。汎用性の高い形式から R 独自の形式までいろいろあります。解析の途中で一度 R を閉じる場合でもデータなどを残しておけばあっという間に復帰できます。

#### 4.2.1 CSV（主にテキスト）

```
write.csv(オブジェクト名, file = "ファイル名.csv", quote = FALSE,
          sep = ",", row.names = FALSE, colnames = TRUE)
```

こちらも `write.table` のエイリアスで、基本的には互換性の高い CSV での出力用のオプションとなっている。`quote` は値を「」で囲むかどうか、`sep` は区切り文字、あとは列名行名を出力するかどうかの boolean。

#### 4.2.2 バイナリデータ（R 専用）

```
save(オブジェクト, file = "ファイル名.Rdata")
```

バイナリデータなのでテキストエディタでは編集できず、R でしか読み込めない。生成されたファイルは `load` 関数か R にドラッグ・アンド・ドロップすれば元の変数名のまま読み込まれる。

#### 4.2.3 テキストデータ（R 専用）

```
dump(list, file = "ファイル名.R", append = FALSE)
```

こちらも R 専用のデータ形式。中身はテキストデータで表現され、編集可能。R の命令として書き出される。`source` 関数か R にドラッグ・アンド・ドロップすれば元の変数名のまま読み込まれる。便宜上 `list` としているが、**オブジェクト名**とすれば良い。`append` は既にファイルが存在する場合に後ろに追記するか上書きするかの boolean である。

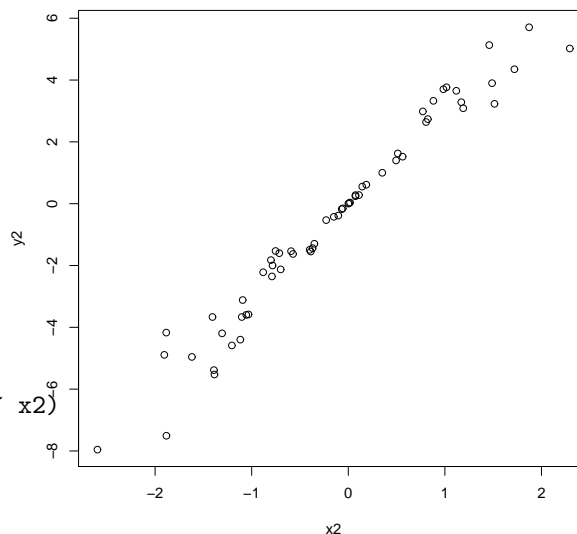
### 4.3 回帰分析

統計的な解析をするうえで、線形回帰分析というものがある。これはデータ  $X$  とデータ  $Y$  がどのような関係にあるのかを定量的に式であてはめて分析する手法である。つまり、 $Y$  を目的変数、 $X$  を説明変数として、次の式を考える。

$$Y = \alpha + \beta X$$

このように  $Y$  を  $X$  で説明するため、最小二乗法という、推定値と観測されたデータの差（残差）の2乗和が最も小さくなる推定を行う。本稿ではデータを生成して、回帰分析を行う。

```
> x2 = rnorm(60)
> y2 = runif(60, 2, 4) * x2
> plot(x2, y2)
```



```
> result2 = lm(y2 ~ x2)
> result2
```

Call:

```
lm(formula = y2 ~ x2)
```

Coefficients:

```
(Intercept)      x2
  -0.07254      2.98732
```

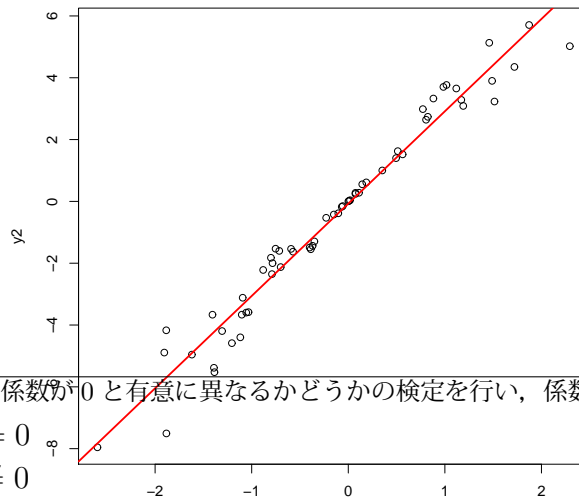
この場合、回帰式は

$$Y = -0.07254 - 2.98732X$$

となる。この回帰直線を赤線でプロットしたものが以下である。



```
> abline(result2, col = 2, lwd = 2)
```



また、回帰分析では、係数が0と有意に異なるかどうかの検定を行い、係数に意味があるのかを確認する。

帰無仮説  $H_0: \beta = 0$

対立仮説  $H_1: \beta \neq 0$

このような、仮説を立てて帰無仮説が棄却されるかを調べる。

```
> summary(result2)
```

Call:

```
lm(formula = y2 ~ x2)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-1.80981	-0.23454	0.07632	0.31896	1.53236

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
(Intercept)	-0.07254	0.08324	-0.871	0.387
x2	2.98732	0.07784	38.380	<2e-16 ***

---

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

Residual standard error: 0.6383 on 58 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.9621, Adjusted R-squared: 0.9615

F-statistic: 1473 on 1 and 58 DF, p-value: < 2.2e-16

この分散分析表を改めて書きなおしたものが以下である。

入力された式

$y2 \sim x2$

## 残差の分布

最小値	25% 点	中央値	75% 点	最大値
-1.80981	-0.23454	0.07632	0.31896	1.53236

## 係数

	推定値	標準誤差	t 値	P-値 ( $Pr(t_0 >  t )$ )
切片	-0.07254	0.08324	-0.871	0.387
x1	2.98732	0.07784	38.380	$< 2 \times 10^{-16}$ ***

\*\*\* は有意水準 0.001 で有意であるということ。

有意水準 0.001 で帰無仮説  $H_0: \beta = 0$  が棄却された。P-値が  $< 2 \times 10^{-16}$  とは帰無仮説が正しいときに、帰無仮説を棄却する確率が  $2 \times 10^{-16}$  以下ということである。

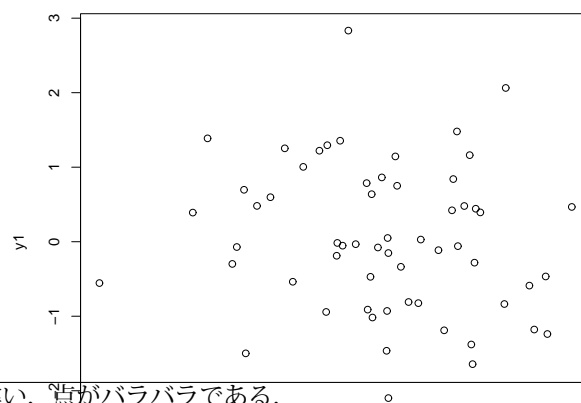
## 回帰統計

標準誤差	0.6282(自由度 58)
決定係数 $R^2$	0.9621
自由度調整済決定係数 $R^2$	0.9615
F 値 (観測された分散比)	1473(自由度 1 と 58)
P-値	$< 2 \times 10^{-16}$

この P-値ではすべての係数が 0 であるという帰無仮説の検定となっている。

次に、バラバラなデータを解析する。

```
> x1 = rnorm(60)
> y1 = rnorm(60)
> plot(x1, y1)
```



このように先ほどと違い、点がバラバラである。

```
> result1 = lm(y1 ~ x1)
> result1
```

Call:

```
lm(formula = y1 ~ x1)
```

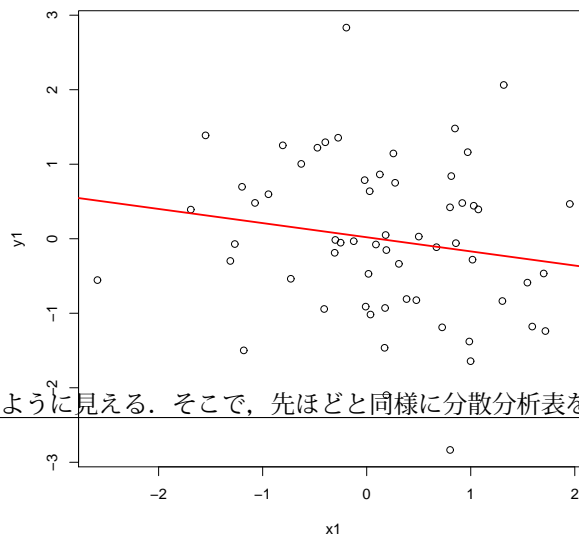
Coefficients:

(Intercept)	x1
0.01997	-0.18988

この場合、回帰式は

$$Y = 0.01997 - 0.18988X$$

である。この回帰式を赤線でプロットしたものが下図である。



あまり意味のない線のように見える。そこで、先ほどと同様に分散分析表を確認する。

```
> summary(result1)
```

Call:

```
lm(formula = y1 ~ x1)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-2.70223	-0.75451	-0.07851	0.76754	2.77611

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
(Intercept)	0.01997	0.13663	0.146	0.884
x1	-0.18988	0.14523	-1.307	0.196

Residual standard error: 1.044 on 58 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.02863, Adjusted R-squared: 0.01188

F-statistic: 1.709 on 1 and 58 DF, p-value: 0.1962

つまりこの結果は以下であり、

入力された式

$y1 \sim x1$ 

## 残差の分布

最小値	25% 点	中央値	75% 点	最大値
-2.70223	-0.75451	-0.07851	0.76754	2.77611

## 係数

	推定値	標準誤差	t 値	P-値 ( $Pr(t_0 >  t )$ )
切片	0.01997	0.13663	0.146	0.884
x1	-0.18988	0.14523	-1.307	0.196

帰無仮説が棄却されていないのがわかる。

## 回帰統計

標準誤差	1.044(自由度 58)
決定係数 $R^2$	0.02863
自由度調整済決定係数 $R^2$	0.01188
F 値 (観測された分散比)	1.709(自由度 1 と 58)
P-値	0.1962

ここの P-値も大きい。

## 4.3.1 lm 関数について

lm 関数は以下のように使用する。

```
lm(formula , data,...)
```

## formula の指定方法

formula	回帰モデル式
$y \sim x$	$y = \alpha + \beta x + \epsilon$
$y \sim x1 + x2$	$y = \alpha + \beta_1 x_1 + \beta_2 x_2 + \epsilon$
$y \sim x1 * x2$	$y = \alpha + \beta_1 x_1 + \beta_2 x_2 + \beta_3 x_1 x_2 + \epsilon$
$y \sim x1 + x2 + x1 * x2$	"
$y \sim (x1 + x2)^2$	"
$y \sim x - 1$	$y = \beta x + \epsilon$ (定数項なし)
$y \sim x + 0$	"
$y \sim x + I(x^2)$	$y = \alpha + \beta_1 x + \beta_2 x^2 + \epsilon$
$y \sim ., data = \text{データ名}$	指定したデータに含まれる y を目的変数, y 以外の変数すべてを説明変数に指定する. ( $y = \alpha + \beta_1 x_1 + \dots + \beta_p x_p + \epsilon$ )

なお,  $\epsilon$  は誤差項のことである。

lm 関数が返すオブジェクトには, 以下の情報が含まれるが特に覚える必要はない。

```
> result = lm(y2 ~ x2)
> str(result)
List of 12
 $ coefficients : Named num [1:2] -0.0725 2.9873
  ..- attr(*, "names")= chr [1:2] "(Intercept)" "x2"
 $ residuals    : Named num [1:60] 0.6062 0.6405 -0.0037 0.7905 0.131 ...
```

```

..- attr(*, "names")= chr [1:60] "1" "2" "3" "4" ...
$ effects      : Named num [1:60] 4.0488 24.4985 -0.0605 0.6912 0.0932 ...
..- attr(*, "names")= chr [1:60] "(Intercept)" "x2" "" "" ...
$ rank        : int 2
$ fitted.values: Named num [1:60] -4.272 -2.465 -0.381 -2.321 0.484 ...
..- attr(*, "names")= chr [1:60] "1" "2" "3" "4" ...
$ assign       : int [1:2] 0 1
$ qr           :List of 5
..$ qr        : num [1:60, 1:2] -7.746 0.129 0.129 0.129 0.129 ...
.. ..- attr(*, "dimnames")=List of 2
.. .. ..$ : chr [1:60] "1" "2" "3" "4" ...
.. .. ..$ : chr [1:2] "(Intercept)" "x2"
.. ..- attr(*, "assign")= int [1:2] 0 1
..$ qraux: num [1:2] 1.13 1.06
..$ pivot: int [1:2] 1 2
..$ tol   : num 1e-07
..$ rank  : int 2
..- attr(*, "class")= chr "qr"
$ df.residual : int 58
$ xlevels      : Named list()
$ call         : language lm(formula = y2 ~ x2)
$ terms        :Classes 'terms', 'formula' length 3 y2 ~ x2
.. ..- attr(*, "variables")= language list(y2, x2)
.. ..- attr(*, "factors")= int [1:2, 1] 0 1
.. .. ..- attr(*, "dimnames")=List of 2
.. .. .. ..$ : chr [1:2] "y2" "x2"
.. .. .. ..$ : chr "x2"
.. ..- attr(*, "term.labels")= chr "x2"
.. ..- attr(*, "order")= int 1
.. ..- attr(*, "intercept")= int 1
.. ..- attr(*, "response")= int 1
.. ..- attr(*, ".Environment")=<environment: R_GlobalEnv>
.. ..- attr(*, "predvars")= language list(y2, x2)
.. ..- attr(*, "dataClasses")= Named chr [1:2] "numeric" "numeric"
.. .. ..- attr(*, "names")= chr [1:2] "y2" "x2"
$ model        : 'data.frame': 60 obs. of 2 variables:
..$ y2: num [1:60] -3.666 -1.825 -0.385 -1.531 0.615 ...
..$ x2: num [1:60] -1.406 -0.801 -0.103 -0.753 0.186 ...
..- attr(*, "terms")=Classes 'terms', 'formula' length 3 y2 ~ x2
.. .. ..- attr(*, "variables")= language list(y2, x2)
.. .. ..- attr(*, "factors")= int [1:2, 1] 0 1
.. .. .. ..- attr(*, "dimnames")=List of 2
.. .. .. .. ..$ : chr [1:2] "y2" "x2"

```

```

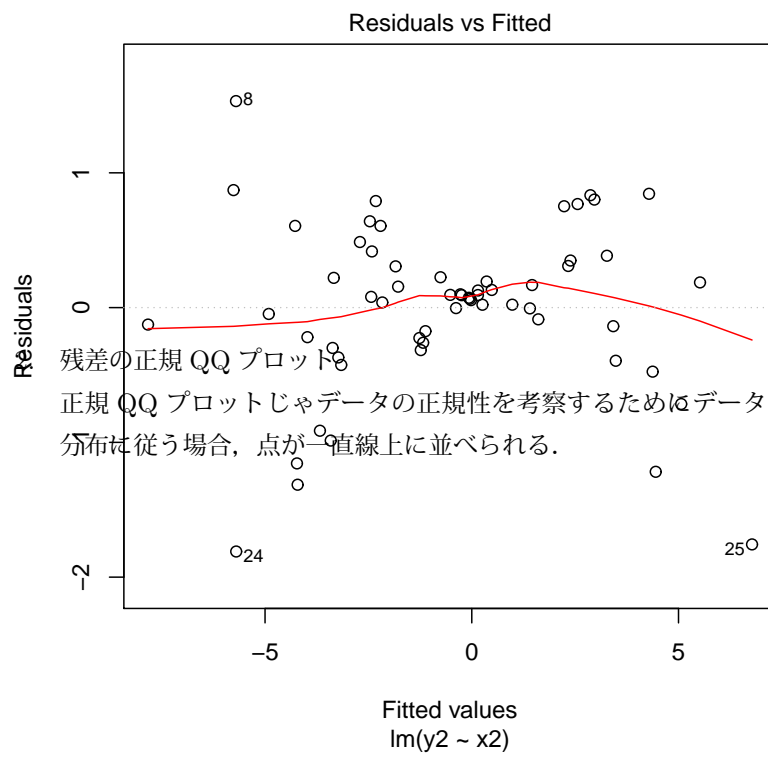
.. .. ..$ : chr "x2"
.. .. ..- attr(*, "term.labels")= chr "x2"
.. .. ..- attr(*, "order")= int 1
.. .. ..- attr(*, "intercept")= int 1
.. .. ..- attr(*, "response")= int 1
.. .. ..- attr(*, ".Environment")=<environment: R_GlobalEnv>
.. .. ..- attr(*, "predvars")= language list(y2, x2)
.. .. ..- attr(*, "dataClasses")= Named chr [1:2] "numeric" "numeric"
.. .. ..- attr(*, "names")= chr [1:2] "y2" "x2"
- attr(*, "class")= chr "lm"

```

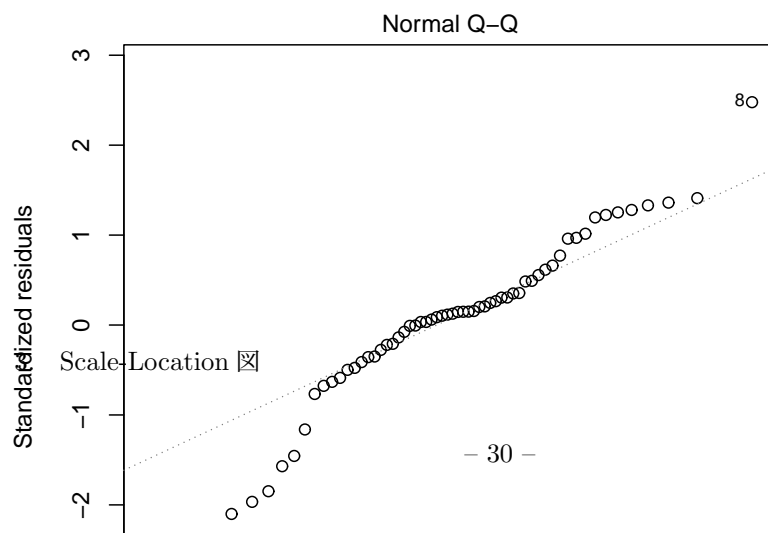
### 返り値に含まれる主なオブジェクトとそれを利用する関数

ここでは、`result=lm(y2~x2)` とした場合の `result` のことである。

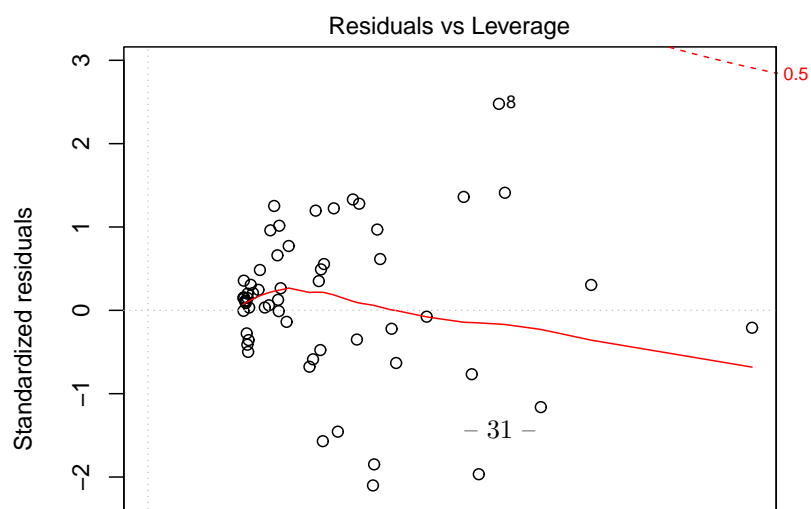
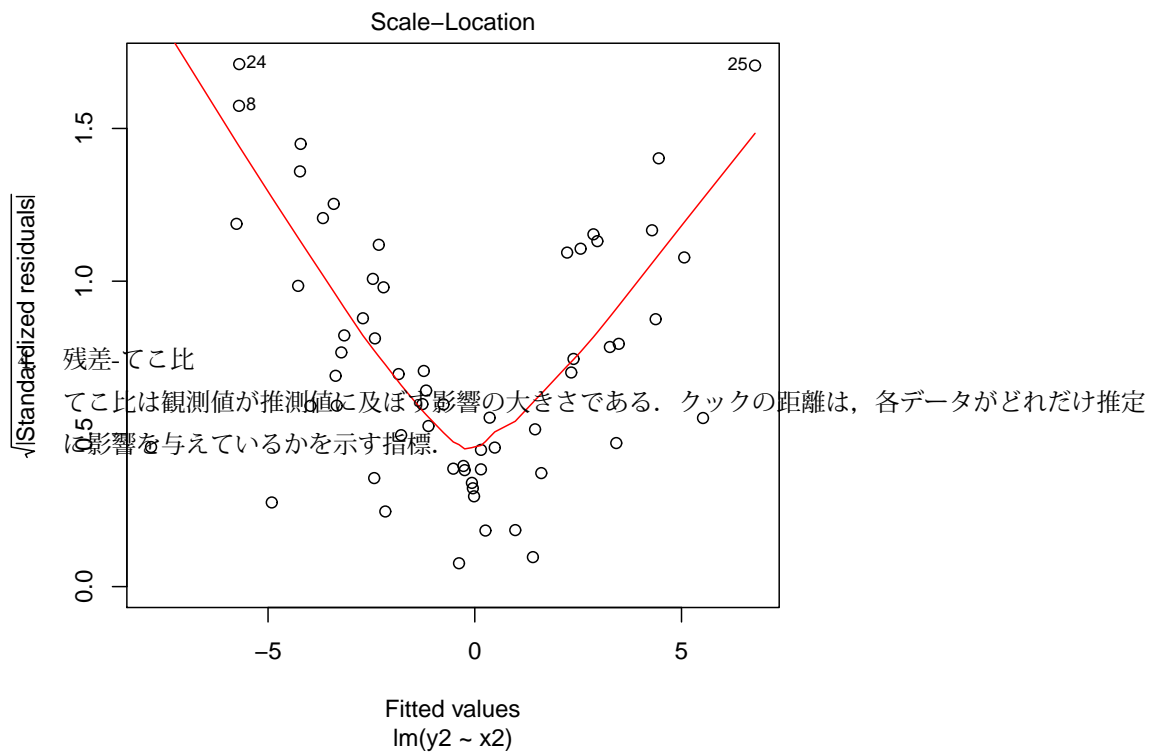
- モデル式  
先ほど説明した `formula` を指す。 `result$call` で取り出すことができる。
- 係数  
`result$coef` または `result$coefficient` や `coef(result)` で取り出すことができる。
- 残差  
観測値と推定したモデルとの誤差。 `result$residual` や `result$residuals` や `result$resid` や `residuals(result)` や `resid(result)` で取り出すことができる。
- 残差平方和  
数式で表すと  $\sum_{i=1}^n (y - \hat{y})$ 。 `deviance(result)` で取り出すことができる。また、`sum(result2$resid^2)` とするのと同じである。
- 推定値  
`predict(result)` でモデルに当てはめた値、つまり  $y_2$  の推定値  $\hat{y}_2$  を得る。また、`predict(result, newdata = データ名)` とすることで予測を行うこともできる。つまり、残差 = 観測値 - 推定値 ということである。  
※ データには回帰分析を行ったデータと同じ変数が存在する必要がある。
- 作図  
`plot(result)` とすると 4 つ作図される。以下にそれぞれの説明を記す。
  1. 残差と推定値の散布図  
図の横軸が推定値、縦軸が残差である。この図から残差の全体像を確認することができる。



正規 QQ プロットじゃデータの正規性を考察するためにデータを視覚化する方法。データが正規分布に従う場合、点が一直線上に並べられる。



標準化した残差の絶対値の平方根を縦軸にし、推測値を横軸とした散布図。





## 4.3.2 補遺

## 平均

$$\bar{x} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n x_i$$

## 分散

$$\begin{aligned} s^2 &= \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2 \\ &= \bar{x}^2 - (\bar{x})^2 \end{aligned}$$

これを**標本分散**という。

## 不偏分散

上記の分散は、 $E[s^2] = \frac{n-1}{n} \sigma^2$  ( $\sigma^2$ は母集団の分散) とした場合、標本の分散は母集団の分散よりも小さくなる傾向がある。すなわち、標本の分散は母集団の分散の不偏推定量ではない。不偏分散は以下の式で表される。また、R の `var` 関数では不偏分散が採用されている。標本数が十分に大きければ標本分散とほぼ等しくなる。

$$u^2 = \frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2$$

## 標準偏差

$$\sqrt{V(X)}$$

つまり、分散の正の平方根。

## 共分散

$$\begin{aligned} \text{Cov}(X, Y) &= \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y}) \\ &= \frac{S_{xy}}{n} \end{aligned}$$

## 相関係数

$$\begin{aligned} \text{Cor}(X, Y) &= \frac{\text{Cov}(X, Y)}{\sqrt{V(X)}\sqrt{V(Y)}} \\ &= \frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y})}{\sqrt{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2} \sqrt{\sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2}} \end{aligned}$$

つまり、共分散をそれぞれの標準偏差で割ったもの。

## 最小二乗法

$y_i$  の推定値を  $\hat{y}_i = \alpha + \beta x_i$  とした場合、実際の観測値と推定値の差を残差と呼ぶ。残差を  $e_i$  で表すと、

$$\begin{aligned} e_i &= y_i - \hat{y} \\ &= y_i - (\alpha + \beta x_i) \end{aligned}$$

であり、最小二乗法は残差平方和を最小にする方法である。残差平方和を  $\alpha$  と  $\beta$  の関数とみなすと以下のよう  
に表せる。

$$\begin{aligned} S_e(\alpha, \beta) &= \sum_{i=1}^n e_i^2 \\ &= \sum_{i=1}^n (y_i - \alpha - \beta x_i)^2 \end{aligned}$$

$S(\alpha, \beta)$  は  $\alpha, \beta$  に関する 2 次関数で、 $S(\alpha, \beta)$  を最小化する  $\alpha, \beta$  を見つけるには微分すれば良い。  
まず、 $\alpha$  に関して微分する。

$$\frac{\partial S}{\partial \alpha} = -2 \sum_{i=1}^n (y_i - \alpha - \beta x_i) = 0$$

これを変形する。

$$\sum_{i=1}^n y_i = \sum_{i=1}^n \alpha + \sum_{i=1}^n \beta x_i$$

両辺を  $n$  で割る。

$$\bar{y} = \alpha + \beta \bar{x} \tag{1}$$

また、 $\beta$  に関して微分する。

$$\frac{\partial S}{\partial \beta} = -2 \sum_{i=1}^n (y_i - \alpha - \beta x_i) x_i = 0$$

変形し、

$$\sum_{i=1}^n x_i y_i = \alpha \sum_{i=1}^n x_i + \beta \sum_{i=1}^n x_i^2 \tag{2}$$

(1)(2) の連立方程式より  $\alpha$  と  $\beta$  について解く。(1) を  $\alpha$  について解き、(2) に代入する。

$$\begin{aligned} \sum_{i=1}^n x_i y_i &= (\bar{y} - \beta \bar{x}) \sum_{i=1}^n x_i + \beta \sum_{i=1}^n x_i^2 \\ &= n \bar{x} \bar{y} + \beta \left( \sum_{i=1}^n x_i^2 - n \bar{x}^2 \right) \end{aligned}$$

また、以下の式が得られる。

$$S_{xy} = \beta S_{xx}$$

ただし、 $S_{xx}$  と  $S_{xy}$  は以下である。

$$\begin{aligned} S_{xx} &= \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2 = \sum_{i=1}^n x_i^2 - n \bar{x}^2 \\ S_{xy} &= \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y}) = \sum_{i=1}^n x_i y_i - n \bar{x} \bar{y} \end{aligned}$$

以上より、(3) と (4) を得る。

$$\alpha = \bar{y} - \beta \bar{x} \tag{3}$$

$$\beta = \frac{S_{xy}}{S_{xx}} \tag{4}$$

また、細かな計算は省略するが行列計算を行うことで、最小二乗法によって係数を求めることもできる。 $Y$  を

目的変数の  $n$  行 1 列の行列としてとして、 $X$  を説明変数の  $n$  行 2 列<sup>\*1</sup>として、 $Y = X\beta$  となる行列  $\beta$  を求める。

$$\beta = (X^T X)^{-1} X^T Y$$

R では `beta = solve(t(x) %*% x) %*% t(x) %*% y` と表現する。

#### 決定係数

残差平方和を  $S_e = \sum_{i=1}^n e_i^2$  とする。目的変数  $y$  の偏差平方和を  $S_{yy} = \sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2 = \sum_{i=1}^n y_i^2 - n\bar{y}$  とする。

$$R^2 = 1 - \frac{S_e}{S_{yy}}$$

また、寄与率とも言う。説明変数が目的変数をどの程度説明できるかを表す。標本値から求めた回帰方程式のあてはまりの良さの尺度である。

#### 自由度調整済み決定係数

説明変数を増やすと決定係数は大きくなるため、サンプル数を  $n$ 、データの中の説明変数の数を  $k$  として、自由度を調整した決定係数が以下である。

$$(\text{adjusted } R^2) = 1 - \frac{S_e/(n-k-1)}{S_{yy}/(n-1)}$$

#### 標準誤差

残差の不偏分散を以下とする。

$$S_e^2 = \frac{S_e}{n-k-1}$$

係数  $\alpha$ ,  $\beta$  の標準誤差  $SE(\alpha)$ ,  $SE(\beta)$  は以下で求められる。

$$SE(\alpha) = \sqrt{S_e^2 \left[ \frac{1}{n} + \frac{\bar{x}^2}{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2} \right]}$$

$$SE(\beta) = \sqrt{\frac{S_e^2}{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2}}$$

#### t 値

係数  $\alpha$ ,  $\beta$  の t 値は以下である。

$$t_\alpha = \frac{\alpha}{SE(\alpha)}$$

$$t_\beta = \frac{\beta}{SE(\beta)}$$

この t 値に対応する p 値は `pt` 関数で求めることができる。t 値は帰無仮説：係数が 0 であるという仮説検定の統計量である。p 値が有意水準 (0.05, 0.01, 0.005) よりも小さい場合は、p 値の右側にそれぞれ (\*, \*\*, \*\*\*) を付ける。

#### F 値

F 値は帰無仮説：すべての係数が 0 であるという仮説検定の統計量である。F 値は決定係数から求められ、自由度  $k$ ,  $n-k-1$  の F 分布に従う。

$$F = \frac{R^2}{1-R^2} \times \frac{n-k-1}{k}$$

<sup>\*1</sup> この行列  $X$  の左に成分がすべて 1 の行を結合して定数項を推定している。