

# R と RStudio の使い方

芳賀敏郎 (2011) 医薬品開発のための統計解析 第1部 基礎  
2 1組のデータの解析  
2.3 対数変換と対数正規分布

# テキストと利用上の注意

---

## ●テキスト

芳賀敏郎（2011）医薬品開発のための統計解析

第1部 基礎 改訂版、サイエンティスト社、p.275

（サイトへアップすることに対して、サイエンティスト社の了解を得ています）

## ●Rによる解析事例を紹介

R スクリプトの出力結果を紹介します（tidyverse 系には次期バージョンで対応します）

R スクリプト（文字コードUTF-8に設定）を、このサイトから[ダウンロード](#)できます

R スクリプトを [Compile Report] することにより、Word または HTML で見ることができます

R と RStudio の設定と基本的な使い方は「[R と RStudio の使い方](#)」を参照してください

R の出力結果の見方は、テキストとそれを解説した [PDF ファイル](#)を参照してください

グラフ表示は、解析手段として、必要最小限の表現に止めています

## ●自己責任で利用

上記のことを理解した上で、自己責任により利用してください

# 第1部 基礎

---

- 1. 統計の基礎 . . . . .
  - 1.1 宝くじの期待値と分散、1.2 サイコロの目の数の期待値と分散
  - 1.3 分散の加法性・中心極限定理・正規分布、1.4 統計的推測、1.5 モデル
- 2. 1組のデータの解析**
  - 2.1 データの特徴の記述、2.2 データのグラフ表示と外れ値
  - 2.3 対数変換と対数正規分布**、2.4 平均に関する推測（母標準偏差  $\sigma$  既知）
  - 2.5 分散に関する推測、2.6 平均に関する推測（母標準偏差  $\sigma$  未知）
- 3. 2組のデータの解析
  - 3.1 データのグラフ化、3.2 平均値の差の  $t$  検定、3.3 分散の違いの検定
  - 3.4 分散が異なる場合の平均値の差の比較
  - 3.5 対応のある場合の平均値の差の  $t$  検定、3.6 検出力と  $n$  の決め方
  - 3.7 ノンパラメトリック検定
- 4. 相関・回帰 . . . . .
  - 4.1 散布図、4.2 相関係数、4.3 回帰モデルとモデルの推定
  - 4.4 誤差を考慮した推定、4.5 回帰分析適用上の諸問題

- 表示2.3.2 JMP によるヒストグラムと分布のあてはめ

表示2.3.3 JMP によるモーメント

スクリプトファイル：Green1-2-3.R

利用した関数：summary、

psych::describe

方法：HDL（善玉コレステロール）のベクトルを対数変換し  
変換前と変換後の値から基本統計量を算出

```
df <- read_excel("Green1-2.xlsx",  
                 sheet = "2-ensyu")  
vt <- df$HDL # 40人の血液検査、HDL  
  
mx <- cbind(vt, log(vt))  
colnames(mx) <- c("x", "logx")
```

log：自然対数  
log10：常用対数

```
>mx  
  
##      x      logx  
## 1    37 3.610918  
## 2    36 3.583519  
## 3    28 3.332205  
## 4    52 3.951244  
## 5    52 3.951244  
## 6    67 4.204693  
## 7    47 3.850148  
# . . . . .  
## 36   40 3.688879  
## 37   45 3.806662  
## 38   44 3.784190  
## 39   56 4.025352  
## 40   53 3.970292
```

- 表示2.3.2 JMP によるヒストグラムと分布のあてはめ

表示2.3.3 JMP によるモーメント

スクリプトファイル：Green1-2-3.R

利用した関数：summary、

psych::describe

方法：HDL のベクトルを対数変換し

変換前と変換後の値から基本統計量を算出

summary の出力

```
summary(mx)
##           x           logx
## Min.      : 28.00   Min.    :3.332
## 1st Qu.: 42.75   1st Qu.:3.755
## Median : 50.00   Median :3.912
## Mean    : 51.83   Mean    :3.904
## 3rd Qu.: 56.25   3rd Qu.:4.030
## Max.    :110.00   Max.    :4.700
```

describe の出力

```
round(t(describe(mx)), digits = 3)
```

転置

```
##           x           logx
## vars      1.000    2.000
## n         40.000  40.000
## mean      51.825    3.904
## sd        17.128    0.292
## median    50.000    3.912
## trimmed   49.594    3.891
## mad        10.378    0.195
## min        28.000    3.332
## max       110.000    4.700
## range      82.000    1.368
## skew       1.740    0.554
## kurtosis   3.886    0.877
## se         2.708    0.046
```

- 表示2.3.2 JMP によるヒストグラムと分布のあてはめ

表示2.3.3 JMP によるモーメント

スクリプトファイル：Green1-2-3.R

利用した関数

min、max、length、mean、sd、qnorm

median、e1071::skewness、e1071::kurtosis

apply ([§2.1](#) 参照)

方法

HDL のベクトルを対数変換し

変換前と変換後の値から基本統計量を算出

歪度と尖度の計算

e1071::skewness、e1071::kurtosis(は、  
引数で type = 2 を選択 ([§2.1](#) 参照)

```
##           x  logx
## N          40.000 40.000
## mean       51.825  3.904
## s.d.       17.128  0.292
## s.e.        2.708  0.046
## median     50.000  3.912
## lower95CI  46.517  3.813
## upper95CI  57.133  3.994
## var        293.379  0.086
## CV          33.050    NA
## skew        1.878  0.598
## kurt         4.993  1.393
```

計算しない

- 表示2.3.2 JMP によるヒストグラムと分布のあてはめ

スクリプトファイル

Green1-2-3.R

利用した関数

hist、curve、boxplot、abline

ifelse、dnorm

apply ([§2.1](#) 参照)

方法

HDL のベクトルを対数変換し

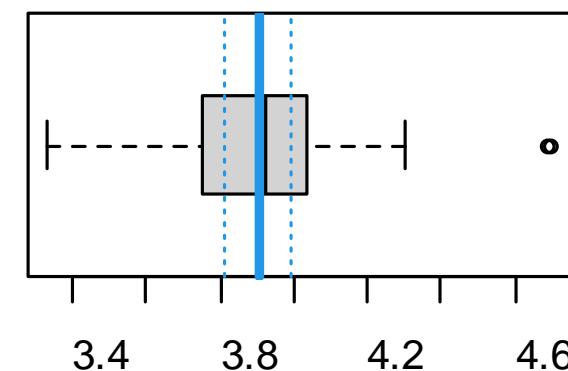
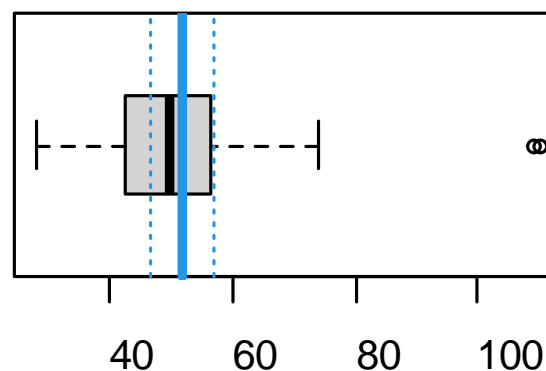
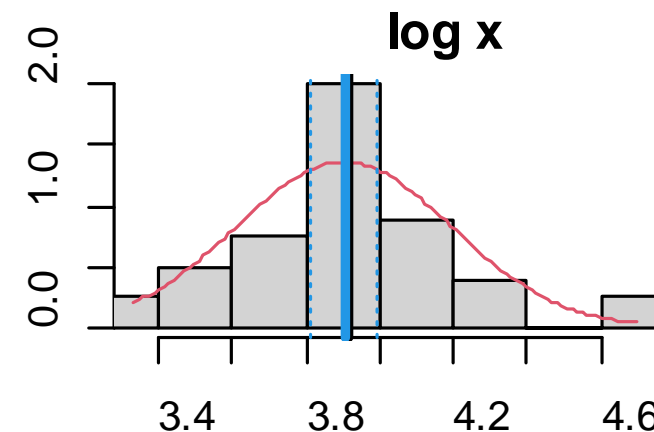
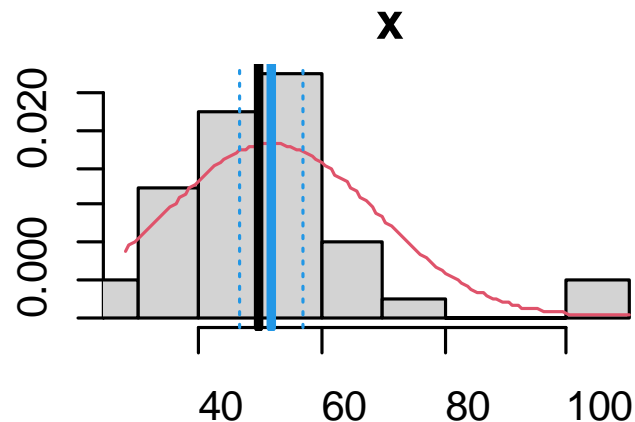
変換前と変換後の値から

ヒストグラムと箱ひげ図を描画

abline で、平均値と

95%信頼区間を追加 ([§2.2](#))

対数正規分布→第3部 ([§2.1](#)) 参照





- 作成 片瀬雅彦
- 作成時期 2021年8月25日