グラフ

各種のグラフの作り方をまとめておきました。実際に使ったスクリプトなので、書き換えた痕跡が残骸として残っています。適当に消してください。

|  |
| --- |
| #各種のグラフを書くためのスクリプトをまとめました。一応、ggplot2で書くことを前提にしています。初めにpackageをインストールしておきます。  install.packages('ggplot2')  install.packages('FactoMineR')  install.packages(psych)  #散布図とベクトル  #主成分分析の結果を、２つの主成分を選んで二次元上の散布時としてデータを表しますが、同時に測定各項目のベクトル、その平面上への投影として矢印をで表現します。  #丸い円の半径は、空間長中での単位ベクトルの長さで、矢印が円に達していれば、その平面上で、完全にその測定項目の分布を競る明出来るということです。  #実際には、投影するベクトルが、散布図の広がりに対して小さいことがあるので、ベクトルと円の半径の長さを、radiusとして指定します。、  library(MASS)  library(ggplot2)  library(gridExtra)  #単位ベクトルの長さを決める  radius=5  si=radius\*circle  v<-vector  p<-Pscore  df1<-as.data.frame(v)  df2<-as.data.frame(p)  df1$PC1<-df1$PC1\*radius  df1$PC2<-df1$PC2\*radius  chart1<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_point(data=si, aes(x=x, y=y),color="red")+  geom\_point(data=df2,aes(x=df2$PC1,y=df2$PC2,color=E.cluster))+  geom\_segment(data=df1,aes(x=0,y=0,xend=PC1,yend=PC2),color="red",arrow=arrow())+  geom\_point(data=df1,aes(x=df1$PC1,y=df1$PC2),color="black")+  geom\_text(data=df1,aes(x=df1$PC1,y=df1$PC2),label=df1$vector,color="black",vjust=-1)+  theme\_bw()+  ggtitle("Relationship between PC1=x and PC2=y, cluster(Eucrid)")  ggsave(file="Polopsyvector1-2E.png")  chart2<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_point(data=si, aes(x=x, y=y),color="red")+  geom\_point(data=df2,aes(x=df2$PC1,y=df2$PC3,color=E.cluster))+  geom\_segment(data=df1,aes(x=0,y=0,xend=PC1,yend=PC3),color="red",arrow=arrow())+  geom\_point(data=df1,aes(x=df1$PC1,y=df1$PC3),color="black")+  geom\_text(data=df1,aes(x=df1$PC1,y=df1$PC3),label=df1$vector,color="black",vjust=-1)+  theme\_bw()+  ggtitle("Relationship between PC1=x and PC3=y, cluster(Eucrid)")  ggsave(file="Polopsyvector1-3E.png")  chart3<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_point(data=si, aes(x=x, y=y),color="red")+  geom\_point(data=df2,aes(x=df2$PC1,y=df2$PC2,color=M.cluster))+  geom\_segment(data=df1,aes(x=0,y=0,xend=PC1,yend=PC2),color="red",arrow=arrow())+  geom\_point(data=df1,aes(x=df1$PC1,y=df1$PC2),color="black")+  geom\_text(data=df1,aes(x=df1$PC1,y=df1$PC2),label=df1$vector,color="black",vjust=-1)+  theme\_bw()+  ggtitle("Relationship between PC1=x and PC2=y, cluster(Maharanobis)")  ggsave(file="Polopsyvector1-2M.png")  chart4<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_point(data=si, aes(x=x, y=y),color="red")+  geom\_point(data=df2,aes(x=df2$PC1,y=df2$PC3,color=M.cluster))+  geom\_segment(data=df1,aes(x=0,y=0,xend=PC1,yend=PC3),color="red",arrow=arrow())+  geom\_point(data=df1,aes(x=df1$PC1,y=df1$PC3),color="black")+  geom\_text(data=df1,aes(x=df1$PC1,y=df1$PC3),label=df1$vector,color="black",vjust=-1)+  theme\_bw()+  ggtitle("Relationship between PC1=x and PC3=y, cluster(Maharanobis)")  ggsave(file="Polopsyvector1-3M.png")  grid.arrange(chart1,chart2,chart3, chart4,ncol=1)  rm(dart1)  rm(chart2)  rm(chart3)  rm(chart4)  #ベクトルのみ  #因子分析や主成分分析の結果を、散布図とベクトルを重ねると見にくいという問題があります。  #特に主成分分析では、測定項目のベクトルの向きを、いくつかの平面で確認したい場合が多いでしょう。  #そうゆう場合は、測定項目のベクトルを、いくつかの平面で確認する方がよさそうに思います。  #上記のグラフから、散布図を取り除いた、ベクトルだけの図を作ってみました。  library(MASS)  library(gridExtra)  library(ggplot2)  #単位ベクトルの長さを決める  si=circle  v<-Polovectors  df1<-as.data.frame(v)  g<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_point(data=si, aes(x=x, y=y),color="red")+  geom\_segment(data=df1,aes(x=0,y=0,xend=PC1,yend=PC2),color="red",arrow=arrow())+  geom\_point(data=df1,aes(x=df1$PC1,y=df1$PC2),color="red")+  geom\_text(data=df1,aes(x=df1$PC1,y=df1$PC2),label=df1$vector,color="red",vjust=-1)+  theme\_bw()+  ggtitle("Relationship between PC1=x and PC2=y")  ggsave(file="PoloPcvector1-2.png")  print(g)  chart1<-g  g<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_point(data=si, aes(x=x, y=y),color="red")+  geom\_segment(data=df1,aes(x=0,y=0,xend=PC1,yend=PC3),color="red",arrow=arrow())+  geom\_point(data=df1,aes(x=df1$PC1,y=df1$PC3),color="red")+  geom\_text(data=df1,aes(x=df1$PC1,y=df1$PC3),label=df1$vector,color="red",vjust=-1)+  theme\_bw()+  ggtitle("Relationship between PC1=x and PC3=y")  ggsave(file="PoloPCvector1-3.png")  print(g)  chart3<-g  #散布図のみ、色分け  library(MASS)  library(ggplot2)  library(gridExtra)  #データっ導入  p<-scatterB  df2<-as.data.frame(p)  chart1<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_point(data=df2,aes(x=FA1,y=FA2,color=Barangay))+  theme\_bw()+  ggtitle("Scatter on FA1-FA2 in Maharanobis D")  chart2<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_point(data=df2,aes(x=FA2,y=FA3,color=Barangay))+  theme\_bw()+  ggtitle("Scatter on FA3-FA4 in Maharanobis D")  chart3<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_point(data=df2,aes(x=FA3,y=FA1,color=Barangay))+  theme\_bw()+  ggtitle("Scatteron FA5-FA1 in Maharanobis D")  p<-grid.arrange(chart1,chart2,chart3,ncol=2)  ggsave(file="Polopriscatter.png",plot=p)  plot(p)  chart4<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_point(data=df2,aes(x=V1,y=V7,color=cluster))+  theme\_bw()+  ggtitle("Scatter on V1-V7 in Maharanobis D")  p<-grid.arrange(chart1,chart2,chart3,ncol=1)  ggsave(file="Polopriload.png",plot=p)  plot(p)  grid.arrange(chart1,chart2,chart3,chart4,ncol=2)  chart3<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_point(data=df2,aes(x=FA1,y=FA2,color=Euc))+  geom\_text(data=df2,aes(x=FA1,y=FA2),label=df2$cord,vjust=-1)+  theme\_bw()+  ggtitle("Relationship in Eucrid D between FA1=x and FA2=y")  print(chart3)  ggsave(file="PinamukFAscatterEuc1-2.png")  chart4<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_point(data=df2,aes(x=FA3,y=FA4,color=Euc))+  geom\_text(data=df2,aes(x=FA3,y=FA4),label=df2$cord,vjust=-1)+  theme\_bw()+  ggtitle("Relationship in Eucrid D between FA3=x and FA4=y")  print(chart4)  ggsave(file="PinamukFAscatterEuc3-4.png")  grid.arrange(chart1,chart2,chart3,chart4,ncol=2)  #correspondence analysis等では、ぺクトルとして表現するのではなくて、色を変えた点として、回答を表現した方が見やすいかもしれません。実際には、投影するベクトルが、散布図の広がりに対して小さいことがあるので、ベクトルと円の半径の長さを、radiusとして指定します。、  #いわゆる同時布置図として、二つのの要素の関係を表す。  library(MASS)  library(ggplot2)  library(gridExtra)  #データ読み込み  v<-Poloprica\_column  p<-Poloprica\_row2  df1<-as.data.frame(v)  df2<-as.data.frame(p)  chart1<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_point(data=df2,aes(x=df2$V1,y=df2$V2),color="black")+  geom\_point(data=df1,aes(x=df1$V1,y=df1$V2),color="red")+  geom\_text(data=df1,aes(x=df1$V1,y=df1$V2),label=df1$alternative,color="red",vjust=-1)+  geom\_text(data=df2,aes(x=df2$V1,y=df2$V2),label=df2$cluster,color="black",vjust=-1)+  theme\_bw()+  ggtitle("Relationship between V1=x and V2=y, cluster(Maharanobis)")  chart2<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_point(data=df2,aes(x=df2$V3,y=df2$V4),color="black")+  geom\_point(data=df1,aes(x=df1$V3,y=df1$V4),color="red")+  geom\_text(data=df1,aes(x=df1$V3,y=df1$V4),label=df1$alternative,color="red",vjust=-1)+  geom\_text(data=df2,aes(x=df2$V3,y=df2$V4),label=df2$cluster,color="black",vjust=-1)+  theme\_bw()+  ggtitle("Relationship between V3=x and V4=y, cluster(Maharanobis)")  chart3<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_point(data=df2,aes(x=df2$V1,y=df2$V5),color="black")+  geom\_point(data=df1,aes(x=df1$V1,y=df1$V5),color="red")+  geom\_text(data=df1,aes(x=df1$V1,y=df1$V5),label=df1$alternative,color="red",vjust=-1)+  geom\_text(data=df2,aes(x=df2$V1,y=df2$V5),label=df2$cluster,color="black",vjust=-1)+  theme\_bw()+  ggtitle("Relationship between V3=x and V4=y, cluster(Maharanobis)")  grid.arrange(chart1,chart2,chart3,ncol=2)  rm(dart1)  rm(chart2)  rm(chart3)  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_point(data=si, aes(x=x, y=y),color="red")+  geom\_point(data=df2,aes(x=df2$PC1,y=df2$PC2,color=M.cluster))+  geom\_segment(data=df1,aes(x=0,y=0,xend=PC1,yend=PC2),color="red",arrow=arrow())+  geom\_point(data=df1,aes(x=df1$PC1,y=df1$PC2),color="black")+  geom\_text(data=df1,aes(x=df1$PC1,y=df1$PC2),label=df1$vector,color="black",vjust=-1)+  theme\_bw()+  ggtitle("Relationship between PC1=x and PC2=y, cluster(Maharanobis)")  ggsave(file="Polopsyvector1-2M.png")  chart4<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_point(data=si, aes(x=x, y=y),color="red")+  geom\_point(data=df2,aes(x=df2$PC1,y=df2$PC3,color=M.cluster))+  geom\_segment(data=df1,aes(x=0,y=0,xend=PC1,yend=PC3),color="red",arrow=arrow())+  geom\_point(data=df1,aes(x=df1$PC1,y=df1$PC3),color="black")+  geom\_text(data=df1,aes(x=df1$PC1,y=df1$PC3),label=df1$vector,color="black",vjust=-1)+  theme\_bw()+  ggtitle("Relationship between PC1=x and PC3=y, cluster(Maharanobis)")  ggsave(file="Polopsyvector1-3M.png")  #点のみ 複数グラフを２列に並べる  library(MASS)  library(ggplot2)  library(gridExtra)  #データっ導入  p<-psyFscore  df2<-as.data.frame(p)  chart1<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_point(data=df2,aes(x=FA1,y=FA2,color=E.cluster))+  theme\_bw()+  ggtitle("Scattering of F score on FA1-FA2 cluster(eucrid) ")  chart2<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_point(data=df2,aes(x=FA1,y=FA2,color=M.cluster))+  theme\_bw()+  ggtitle("Scattering of F score on FA1-FA2 cluster (mahanobis)")  chart3<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_point(data=df2,aes(x=FA3,y=FA4,color=E.cluster))+  theme\_bw()+  ggtitle("Scattering of F score on FA3-FA4 cluster(eucrid) ")  chart4<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_point(data=df2,aes(x=FA3,y=FA4,color=M.cluster))+  theme\_bw()+  ggtitle("Scattering of F score on FA3-FA4 cluster(maharanobis) ")  chart5<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_point(data=df2,aes(x=FA1,y=FA5,color=E.cluster))+  theme\_bw()+  ggtitle("Scattering of F score on FA1-FA5 cluster(eucrid) ")  chart6<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_point(data=df2,aes(x=FA1,y=FA5,color=M.cluster))+  theme\_bw()+  ggtitle("Scattering of F score on FA1-FA5 cluster (mahanobis)")  grid.arrange(chart1,chart2,chart3,chart4,chart5,chart6,ncol=2)  #スクリープロット、平行分析  #簡単な平行分析として、主成分分析と同じデータ数の正規分布の乱数を測定項目分作り、その主成分分析を行った結果の  #スクリープロットと重ね合わせる。つまり、ランダムに生じる相関性から生まれる、固有値と比べることによって、  #何番目までの主成分が主成分として採用できるかどうかの判断根拠をつくる。  #このような平行分析は,多分既存のソフトにもあるし、Package"Psych"にあると思う。  #おそらく、それらではデータ抽出を繰り返して、平均と分散を求めている。  #ここでは、正規分布するランダムな数値を、データ数だけ作り、これを1セットとして、これを測定項目の数だけセットを作る。  #これについて、主成分分析を行い、各主成分の固有値（分散を求める。  #これを100回繰り返して、各l主成分の固有値について、標準偏差と危険率5%の上限値を求める。  #ここでは固有値は正規分布するとしたが、これには疑問がある。固有値が正規分布するかどうかは、若干の議論が必要である。  #このスクリプトは、２重の繰り返しループになっている。Rで2銃ループを作ると、極めて速度が低下し、時間がかかる。  #したがって、これをこのまま使うことは、勧めない。外側のループは、Rの中で回さずに、一回ずつ、元に戻ってRunさせて、  #データを作咳する方が現実的である。  library(ggplot2)  #ランダムサンプルのdataframeをつくる。  rm(para)  dnum<-24  inum<-18  Mateig0<-Mateig  Mateig0  j=1  While(j<=100){  para<-matrix(nrow=dnum,ncol=1)  #data数（dnum）の乱数セットを変数個（inum)個発生させてdata.frameをつくる。  i=1  while(i<=inum+1){  vec<-rnorm(dnum,mean=0,sd=0.5)  para<-cbind(para,vec)  i<-i+1  }  round(para,3)  para<-para[,1:inum+1]  para  library(FactoMineR)  library(psych)  ca1<-prcomp(para,scale = TRUE)  ca1  summary(ca1)  #各主成分のの固有値を表示（第一列が固有値、第二列が分散比（100%)、第三列が累積分散比）  #次に示すのは項目ごとの主成分負荷量に見えるが違う。固有ベクトルを束ねたものだから、注意。無視してよい  ca1$rotation  round(ca1$rotation,3)  #観測データの主成分得点  ca1$x  #データの散布図行列を表示する。  pairs(ca1$rotation)  #少し結果が見にくいのですが、原点がどこにあるのかを意識してい見ると結果が解り易いと思うので。  #観測データについて散布図行列を表示  pairs(ca1$x)  #第一主成分と第二主成分について、重ね書きする  biplot(ca1)  #与えられるのは主成分の偏差で分散（固有値ではないので２乗する。  round(ca1$sdev,3)  ca1$eig<-ca1$sdev^2  round(ca1$eig,3)  ca1$eig  Mateig<-t(ca1$eig)  Mateig  Mateig0<-rbind(Mateig0,Mateig)  Mateig0  j<-j+1  }  j  Mateig0  Mateig0<-t(Mateig)  Mateig0  write.table(Mateig0,"WSMayrandeigen.csv",sep=",")  #0-1データでのスクリープロット平行分析  #応用編として、0－1データの主成分分析の結果の平行分析をする。  #0-1をランダムに発生する関数はrにもあると思うがよく知らないので、エクセルで０－１をランダムに発生させて  #１０個のデータセットう作った.根データせっての各主成分の固有値の平均と、５％危険率の上限を求める。  library(MASS)  library(ggplot2)  #ランダムサンプルのdataframeをつくる。  Mateig0<-Mateig  Mateig0  j=1  While(j<=100){  library(FactoMineR)  library(psych)  ca1<-prcomp(R48,scale = TRUE)  ca1  summary(ca1)  #各主成分のの固有値を表示（第一列が固有値、第二列が分散比（100%)、第三列が累積分散比）  #次に示すのは項目ごとの主成分負荷量に見えるが違う。固有ベクトルを束ねたものだから、注意。無視してよい  ca1$rotation  round(ca1$rotation,3)  #観測データの主成分得点  ca1$x  #データの散布図行列を表示する。  pairs(ca1$rotation)  #少し結果が見にくいのですが、原点がどこにあるのかを意識してい見ると結果が解り易いと思うので。  #観測データについて散布図行列を表示  pairs(ca1$x)  #第一主成分と第二主成分について、重ね書きする  biplot(ca1)  #与えられるのは主成分の偏差で分散（固有値ではないので２乗する。  round(ca1$sdev,3)  ca1$eig<-ca1$sdev^2  round(ca1$eig,3)  ca1$eig  Mateig<-t(ca1$eig)  Mateig  Mateig0<-rbind(Mateig0,Mateig)  Mateig0  j<-j+1  }  j  write.table(Mateig0,"PinamukPCApara48.csv",sep=",")  #0-1データで因子分析の平行分液  library(MASS)  library(ggplot2)  library(FactoMineR)  library(psych)  #準備  Mateig0<-Mateig  Mateig0  j=1  #繰り返し部分  library(psych)  fdata<-R100  fa1<-fa(r=fdata,nfactor=8,rotate="promax",fm="minres")  fa1$e.values  Mateig<-t(fa1$e.values)  Mateig  Mateig0<-rbind(Mateig0,Mateig)  Mateig0  j<-j+1  j  #繰り返し終了  write.table(Mateig0,"PinamukFapara.csv",sep=",")  #平行分析の結果をグラフに表示。  #Rの中だけでやると数値の動きが見えないので、EXCELLでデータセットを作り直して、外側から導入する。  library(MASS)  library(ggplot2)  dfset<-as.data.frame(PolopsycaPG)  dfset  p<-ggplot()+  geom\_line(data=dfset,aes(x=dfset$x,y=dfset$Real),color="black")+  geom\_line(data=dfset,aes(x=dfset$x,y=dfset$average),color="red")+  geom\_line(data=dfset,aes(x=dfset$x,y=dfset$Upper),color="red", linetype="dashed")+  theme\_bw()+  ggtitle("Parallel analysis 5%risk abd average")  ggsave(file="Pol0psycapara.png",plot=p)  print(p)  #棒グラフ(一列に重ねる)  library(MASS)  library(ggplot2)  library(gridExtra)  bardata<-Valueload  chart1<-ggplot(data=bardata,aes(x=elements, y=FA1))+  geom\_bar(stat="identity",aes(fill=elements))+  theme(axis.text.x=element\_text(angle=30),legend.position ="none")  chart2<-ggplot(data=bardata,aes(x=elements, y=FA2))+  geom\_bar(stat="identity",aes(fill=elements))+  theme(axis.text.x=element\_text(angle=30),legend.position = "none")  chart3<-ggplot(data=bardata,aes(x=elements, y=FA3))+  geom\_bar(stat="identity",aes(fill=elements))+  theme(axis.text.x=element\_text(angle=30),legend.position ="none")  p<-grid.arrange(chart1,chart2,chart3,ncol=1)  ggsave(file="VAlueload.png",plot=p)  plot(p)  chart4<-ggplot(data=bardata,aes(x=Alternative, y=FA4))+  geom\_bar(stat="identity",aes(fill=Alternative))+  theme(axis.text.x=element\_text(angle=30),legend.position = "none")  chart5<-ggplot(data=bardata,aes(x=Alternative, y=FA5))+  geom\_bar(stat="identity",aes(fill=Alternative))+  theme(axis.text.x=element\_text(angle=30),legend.position = "none")  chart6<-ggplot(data=bardata,aes(x=Question, y=FA6))+  geom\_bar(stat="identity",aes(fill=Question))+  theme(axis.text.x=element\_text(angle=30),legend.position = "none")  chart7<-ggplot(data=bardata,aes(x=Question, y=FA7))+  geom\_bar(stat="identity",aes(fill=Question))+  theme(axis.text.x=element\_text(angle=30),legend.position = "none")  chart5<-ggplot(data=bardata,aes(x=alternative, y=V5))+  geom\_bar(stat="identity",aes(fill=alternative))+  theme(axis.text.x=element\_text(angle=30),legend.position ="none")  chart6<-ggplot(data=bardata,aes(x=alternative, y=V6))+  geom\_bar(stat="identity",aes(fill=alternative))+  theme(axis.text.x=element\_text(angle=30),legend.position = "none")  chart7<-ggplot(data=bardata,aes(x=alternative, y=V7))+  geom\_bar(stat="identity",aes(fill=alternative))+  theme(axis.text.x=element\_text(angle=30),legend.position = "none")  grid.arrange(chart1,chart2,chart3,chart4,chart5, chart6,chart7,ncol=1)  grid.arrange(chart1,chart2,chart3,chart4,chart5, ncol=1)  #棒グラフ(立横に並べる)  library(MASS)  library(ggplot2)  library(gridExtra)  bardata<-Valueload  chart1<-ggplot(data=bardata,aes(x=elements,y=FA1)+  geom\_bar(stat="identity",aes(fill=elements))+  theme(axis.text.x=element\_text(angle=30),legend.position ="none")  chart2<-ggplot(data=bardata,aes(x=alternative, y=FA2))+  geom\_bar(stat="identity",aes(fill=alternative))+  theme(axis.text.x=element\_text(angle=30),legend.position = "none")+  chart3<-ggplot(data=bardata,aes(x=alternative, y=FA3))+    theme(axis.text.x=element\_text(angle=30),legend.position = "none")  plot(chart1)  ggsave(file="Ponpsyquestion.png")  grid.arrange(chart1,chart2,chart3,ncol=1)  #棒グラフ(facet\_wrap)を使って複数のグラフを並べる  library(MASS)  library(ggplot2)  library(gridExtra)  bardata<-Valueload  chart1<-ggplot(data=bardata,aes(x=cluster, y=score))+  facet\_wrap(~alternative, ncol=5)+  geom\_bar(stat="identity",aes(fill=cluster))+  ggsave(file="Pinprialt.png")  plot(chart1)  rm(chart1)  #円グラフを作る  library(ggplot2)  library(ggsci)  df<-as.data.frame(cluster1)  g<-ggplot()+  geom\_bar(df,aes(x=barangay,y=number,fill=barangay,stat="identity"))+scale\_fill\_nejm()  print(g)  #ベクトルのみ  #因子分析や主成分分析の結果を、散布図とベクトルを重ねると見にくいという問題があります。  #特に主成分分析では、測定項目のベクトルの向きを、いくつかの平面で確認したい場合が多いでしょう。  #そうゆう場合は、測定項目のベクトルを、いくつかの平面で確認する方がよさそうに思います。  #上記のグラフから、散布図を取り除いた、ベクトルだけの図を作ってみました。  library(MASS)  library(gridExtra)  library(ggplot2)  #単位ベクトルの長さを決める  v<-vectors  df1<-as.data.frame(v)  chart1<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_segment(data=df1,aes(x=0,y=0,xend=PC1,yend=PC2),color="red",arrow=arrow())+  geom\_point(data=df1,aes(x=df1$PC1,y=df1$PC2),color="red")+  geom\_text(data=df1,aes(x=df1$PC1,y=df1$PC2),label=df1$vector,color="red",vjust=-1)+  theme\_bw()+  ggtitle("Relationship between PC1=x and PC2=y")  chart2<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_segment(data=df1,aes(x=0,y=0,xend=PC1,yend=PC3),color="red",arrow=arrow())+  geom\_point(data=df1,aes(x=df1$PC1,y=df1$PC3),color="red")+  geom\_text(data=df1,aes(x=df1$PC1,y=df1$PC3),label=df1$vector,color="red",vjust=-1)+  theme\_bw()+  ggtitle("Relationship between PC1=x and PC3=y")  chart3<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_segment(data=df1,aes(x=0,y=0,xend=PC2,yend=PC3),color="red",arrow=arrow())+  geom\_point(data=df1,aes(x=df1$PC2,y=df1$PC3),color="red")+  geom\_text(data=df1,aes(x=df1$PC2,y=df1$PC3),label=df1$vector,color="red",vjust=-1)+  theme\_bw()+  ggtitle("Relationship between PC1=x and PC3=y")  #散布図のみ、色分け  library(MASS)  library(ggplot2)  library(gridExtra)  #データっ導入  p<-PinpriscatterD  df2<-as.data.frame(p)  chart1<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_point(data=df2,aes(x=FA1,y=FA2,color=cluster))+  theme\_bw()+  ggtitle("Scatter on FA1-FA2")  chart2<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_point(data=df2,aes(x=FA3,y=FA4,color=cluster))+  theme\_bw()+  ggtitle("Scatter on FA3-FA4")  chart3<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_point(data=df2,aes(x=FA1,y=FA5,color=cluster))+  theme\_bw()+  ggtitle("Scatter on FA1-FA5")  P<-grid.arrange(chart1,chart2,chart3,ncol=2)  ggsave(file="Pinpriscatter.png",plot=P)  plot(P)  chart5<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_point(data=df2,aes(x=PC1,y=PC3,color=Mah))+  theme\_bw()+  ggtitle("Scatter on PC1-PC3")  chart6<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_point(data=df2,aes(x=PC2,y=PC3,color=Euc))+  theme\_bw()  ggtitle("Scatter on PC2-PC3")  grid.arrange(chart1,chart4,chart2,chart5,chart3,chart6,ncol=2)  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_point(data=df2,aes(x=FA3,y=FA4,color=Mah))+  theme\_bw()+  ggtitle("Relationship in Maharanobis D")  chart5<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_point(data=df2,aes(x=FA5,y=FA6,color=Euc))+  theme\_bw()+  ggtitle("Relationship in Euclid D")  chart6<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_point(data=df2,aes(x=FA5,y=FA6,color=Mah))+  theme\_bw()+  ggtitle("Relationship in Maharanobis D")  chart3<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_point(data=df2,aes(x=FA1,y=FA2,color=Euc))+  geom\_text(data=df2,aes(x=FA1,y=FA2),label=df2$cord,vjust=-1)+  theme\_bw()+  ggtitle("Relationship in Eucrid D between FA1=x and FA2=y")  print(chart3)  ggsave(file="PinamukFAscatterEuc1-2.png")  chart4<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_point(data=df2,aes(x=FA3,y=FA4,color=Euc))+  geom\_text(data=df2,aes(x=FA3,y=FA4),label=df2$cord,vjust=-1)+  theme\_bw()+  ggtitle("Relationship in Eucrid D between FA3=x and FA4=y")  print(chart4)  ggsave(file="PinamukFAscatterEuc3-4.png")  grid.arrange(chart1,chart2,chart3,chart4,ncol=2)  #箱ひげ図(散布図つき)  library(MASS)  library(ggplot2)  library(gridExtra)  d<-Valuebox  chart1<-ggplot(data=d,aes(x=factor,y=score,color=cluster))+  geom\_boxplot(outlier.shape = NA)+  geom\_jitter(size=0.5)+  theme\_bw()+  ggtitle("Scatter in factor, cluster maharanobis d")  chart2<-ggplot(data=d,aes(x=cluster,y=score,color=factor))+  geom\_boxplot(outlier.shape = NA)+  geom\_jitter(size=0.5)+  theme\_bw()+  ggtitle("Scatter in cluster, maharanobis d")  P<-grid.arrange(chart1,chart2,ncol=1)  ggsave(file="ValueBoxplot.png",plot=P)  plot(P)  d<-facrclus  chart2<-ggplot(d,aes(x=factor,y=score,color=E.cluster))+  geom\_boxplot(outlier.shape = NA)+  geom\_jitter(size=0.5)+  theme\_bw()+  ggtitle("Scatter in factors, cluster eucrid")  grid.arrange(chart1,chart2,ncol=1)  #箱ひげ図(layout付き)  library(MASS)  library(ggplot2)  library(gridExtra)  layout1<-rbind(c(1,1,2,2,2,2),c(3,3,4,4,5,5))  d<-PC1  chart1<-ggplot(d,aes(x=cluster, y=score,color=cluster))+  geom\_boxplot(outlier.shape = NA)+  geom\_jitter(size=0.5)+  theme(legend.position = "none")+  ggtitle("PC1")  d<-PC2  chart2<-ggplot(d,aes(x=cluster, y=score,color=cluster))+  geom\_boxplot(outlier.shape = NA)+  geom\_jitter(size=0.5)+  theme()+  ggtitle("PC2")  d<-FA1  chart3<-ggplot(d,aes(x=cluster, y=score,color=cluster))+  geom\_boxplot(outlier.shape = NA)+  geom\_jitter(size=0.5)+  theme(legend.position = "none")+  ggtitle("FA1")  d<-FA2  chart4<-ggplot(d,aes(x=cluster, y=score,color=cluster))+  geom\_boxplot(outlier.shape = NA)+  geom\_jitter(size=0.5)+  theme(legend.position = "none")+  ggtitle("FA2")  d<-FA3  chart5<-ggplot(d,aes(x=cluster, y=score,color=cluster))+  geom\_boxplot(outlier.shape = NA)+  geom\_jitter(size=0.5)+  theme(legend.position = "none")+  ggtitle("FA3")  grid.arrange(chart1,chart2,chart3,chart4,chart5,layout\_matrix=layout1)  #主成分分析の結果を、ベクトルと分布の重ね書き。散布図のみでマハラノビス距離とユークリッド距離でクラスターを分ける  library(MASS)  library(ggplot2)  library(gridExtra)  v<-vector  p<-score  #単位ベクトルの長さを決める  radius<-5  si=radius\*circle  df1<-as.data.frame(v)  df2<-as.data.frame(p)  df1$PC1<-df1$PC1\*radius  df1$PC2<-df1$PC2\*radius  chart1<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_point(data=si, aes(x=x, y=y),color="red")+  geom\_point(data=df2,aes(x=df2$PC1,y=df2$PC2,color=E.cluster))+  geom\_segment(data=df1,aes(x=0,y=0,xend=df1$PC1,yend=df1$PC2),color="red",arrow=arrow())+  geom\_point(data=df1,aes(x=df1$PC1,y=df1$PC2),color="red")+  geom\_text(data=df1,aes(x=df1$PC1,y=df1$PC2),label=df1$vector,color="black",vjust=-1)+  theme\_bw()+  ggtitle("Relationship between PC1=x and PC2=y,cluster(eucrid)")  plot(chart1)  chart2<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_hline(yintercept=0,color="blue")+geom\_vline(xintercept =0,color="blue")+  geom\_point(data=si, aes(x=x, y=y),color="red")+  geom\_point(data=df2,aes(x=df2$PC1,y=df2$PC2,color=E.cluster))+  geom\_segment(data=df1,aes(x=0,y=0,xend=df1$PC1,yend=df1$PC2),color="red",arrow=arrow())+  geom\_point(data=df1,aes(x=df1$PC1,y=df1$PC2),color="red")+  geom\_text(data=df1,aes(x=df1$PC1,y=df1$PC2),label=df1$vector,color="black",vjust=-1)+  theme\_bw()+  ggtitle("Relationship between PC1=x and PC2=y,cluster(Maharanobis)")  plot(chart2)  grid.arrange(chart1,chart2,ncol=1)  #散布図のみ、色分け  library(MASS)  library(ggplot2)  library(gridExtra)  #データっ導入  p<-Pinpridiscatdata  df2<-as.data.frame(p)  chart1<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_point(data=df2,aes(x=FA1,y=FA2,color=cluster))+  theme\_bw()+  ggtitle("Scatter on FA1-FA2")  chart2<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_point(data=df2,aes(x=FA1,y=FA3,color=cluster))+  theme\_bw()+  ggtitle("Scatter on FA1-FA3")  chart3<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_point(data=df2,aes(x=FA1,y=FA4,color=cluster))+  theme\_bw()+  ggtitle("Scatter on FA1-FA4")  chart4<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_point(data=df2,aes(x=FA2,y=FA3,color=cluster))+  theme\_bw()+  ggtitle("Scatter on FA2-F3")  chart5<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_point(data=df2,aes(x=FA2,y=FA4,color=cluster))+  theme\_bw()+  ggtitle("Scatter on FA2-FA4")  chart6<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_point(data=df2,aes(x=FA3,y=FA4,color=cluster))+  theme\_bw()+  ggtitle("Scatter on FA2-F3")  grid.arrange(chart1,chart2,chart3,chart4,chart5,chart6,ncol=2)  chart4<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_point(data=df2,aes(x=FA2,y=FA3,color=cluster))+  theme\_bw()+  ggtitle("Scatter on FA2-FA3")  chart5<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_point(data=df2,aes(x=FA2,y=FA4,color=cluster))+  theme\_bw()+  ggtitle("Scatter on FA2-FA4")  chart6<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_point(data=df2,aes(x=FA3,y=FA4,color=cluster))+  theme\_bw()+  ggtitle("Scatter on FA3-FA4")  grid.arrange(chart1,chart2,chart3,chart4, chart5, chart6,ncol=2)  chart4<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_point(data=df2,aes(x=FA2,y=FA3,color=cMaha))+  theme\_bw()+  ggtitle("Scatter on FA2-FA3")  chart5<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_point(data=df2,aes(x=FA2,y=FA4,color=cMaha))+  theme\_bw()+  ggtitle("Scatter on FA2-FA4")  chart6<-ggplot()+  coord\_fixed(ratio=1)+  geom\_point(data=df2,aes(x=FA3,y=FA4,color=cMaha))+  theme\_bw()+  ggtitle("Scatter on FA3-FA4") |