

인자분석을 위한 보충 R 코드와 결과

이재용, 임요한

서울대학교 통계학과

September 20, 2017

Contents

1	셋업	1
2	기대수명 자료 분석	2
2.1	자료	2
3	마약사용 자료 분석	8

1 셋업

```
library("MVA")

## Loading required package: HSAUR2
## Loading required package: tools

set.seed(280875)
library("lattice")

##
## Attaching package: 'lattice'
##
## The following object is masked from 'package:boot':
##
##      melanoma
```

```

lattice.options(default.theme = function() standard.theme("pdf", color = FALSE))
if (file.exists("deparse.R")) {
  if (!file.exists("figs")) dir.create("figs")
  source("deparse.R")
  options(prompt = "R", continue = "+ ", width = 64,
           digits = 4, show.signif.stars = FALSE, useFancyQuotes = FALSE)
  options(SweaveHooks = list(onefig = function() {par(mfrow = c(1,1))},
                             twofig = function() {par(mfrow = c(1,2))},
                             figtwo = function() {par(mfrow = c(2,1))},
                             threefig = function() {par(mfrow = c(1,3))},
                             figthree = function() {par(mfrow = c(3,1))},
                             fourfig = function() {par(mfrow = c(2,2))},
                             sixfig = function() {par(mfrow = c(3,2))},
                             nomar = function() par("mai" = c(0, 0, 0, 0))))
}

```

참고 `lattice.options` 함수는 `lattice` 패키지를 유지 보수하는데 쓰이는 함수이다. 여기에 꼭 필요한 것인지 모르겠다.

2 기대수명 자료 분석

2.1 자료

```

"life" <-
  structure(.Data = list(c(63., 34., 38., 59., 56., 62., 50., 65., 56., 69., 65., 64., 56., 60.,
                           61., 49., 59., 63., 59., 65., 65., 64., 64., 67., 61., 68., 67., 65., 59., 58., 57.)
                        , c(51., 29., 30., 42., 38., 44., 39., 44., 46., 47., 48., 50., 44., 44., 45., 40., 42., 44.,
                           44., 48., 48., 63., 43., 45., 40., 46., 45., 46., 43., 44., 46.)
                        , c(30., 13., 17., 20., 18., 24., 20., 22., 24., 24., 26., 28., 25., 22., 22., 22., 22., 23.,
                           24., 28., 26., 21., 21., 23., 21., 23., 23., 24., 23., 24., 28.)
                        , c(13., 5., 7., 6., 7., 7., 7., 7., 11., 8., 9., 11., 10., 6., 8., 9., 6., 8., 8., 14., 9.,
                           7., 6., 8., 10., 8., 8., 9., 10., 9., 9.)
                        , c(67., 38., 38., 64., 62., 69., 55., 72., 63., 75., 68., 66., 61., 65., 65., 51., 61., 67.,
                           63., 68., 67., 68., 68., 74., 67., 75., 74., 71., 66., 62., 60.)

```

```
, c(54., 32., 34., 46., 46., 50., 43., 50., 54., 53., 50., 51., 48., 45., 49., 41., 43., 48.,
    46., 51., 49., 47., 47., 51., 46., 52., 51., 51., 49., 47., 49.)
, c(34., 17., 20., 25., 25., 28., 23., 27., 33., 29., 27., 29., 27., 25., 27., 23., 22., 26.,
    25., 29., 27., 25., 24., 28., 25., 29., 28., 28., 27., 25., 28.)
, c(15., 6., 7., 8., 10., 14., 8., 9., 19., 10., 10., 11., 12., 9., 10., 8., 7., 9., 8., 13.,
    10., 9., 8., 10., 11., 10., 10., 10., 12., 10., 11.)
)
, class = "data.frame"
, names = c("m0", "m25", "m50", "m75", "w0", "w25", "w50", "w75")
, row.names = c("Algeria", "Cameroon", "Madagascar", "Mauritius", "Reunion", "Seychelles",
    "South Africa (C)", "South Africa (W)", "Tunisia", "Canada", "Costa Rica",
    "Dominican Rep.", "El Salvador", "Greenland", "Grenada", "Guatemala", "Honduras",
    "Jamaica", "Mexico", "Nicaragua", "Panama", "Trinidad (62)", "Trinidad (67)",
    "United States (66)", "United States (NW66)", "United States (W66)", "United States (67)",
    "Argentina", "Chile", "Colombia", "Ecuador")
)
```

life 자료를 구축했다.

```
toLatex(HSAURtable(life), pcol = 1, rownames = TRUE,
caption = "Life expectancies for different countries by age and gender.", label = "ch:EFA:life:tab")

## \index{life data@\Robject{life} data}
## \begin{center}
## \begin{longtable}{l rrrrrrrr }
## \caption{\Robject{life} data. Life expectancies for different countries by age and gender. \label{ch
## \\
## \hline
## & \Robject{m0} & \Robject{m25} & \Robject{m50} & \Robject{m75} & \Robject{w0} & \Robject{w25} & \R
## \endfirsthead
## \caption[{\Robject{life} data (continued).}]{\label{ch
## \hline
## & \Robject{m0} & \Robject{m25} & \Robject{m50} & \Robject{m75} & \Robject{w0} & \Robject{w25} & \R
## \endhead
## Algeria & 63 & 51 & 30 & 13 & 67 & 54 & 34 & 15 \\
## Cameroon & 34 & 29 & 13 & 5 & 38 & 32 & 17 & 6 \\
```

```

## Madagascar & 38 & 30 & 17 & 7 & 38 & 34 & 20 & 7 \\
## Mauritius & 59 & 42 & 20 & 6 & 64 & 46 & 25 & 8 \\
## Reunion & 56 & 38 & 18 & 7 & 62 & 46 & 25 & 10 \\
## Seychelles & 62 & 44 & 24 & 7 & 69 & 50 & 28 & 14 \\
## South Africa (C) & 50 & 39 & 20 & 7 & 55 & 43 & 23 & 8 \\
## South Africa (W) & 65 & 44 & 22 & 7 & 72 & 50 & 27 & 9 \\
## Tunisia & 56 & 46 & 24 & 11 & 63 & 54 & 33 & 19 \\
## Canada & 69 & 47 & 24 & 8 & 75 & 53 & 29 & 10 \\
## Costa Rica & 65 & 48 & 26 & 9 & 68 & 50 & 27 & 10 \\
## Dominican Rep. & 64 & 50 & 28 & 11 & 66 & 51 & 29 & 11 \\
## El Salvador & 56 & 44 & 25 & 10 & 61 & 48 & 27 & 12 \\
## Greenland & 60 & 44 & 22 & 6 & 65 & 45 & 25 & 9 \\
## Grenada & 61 & 45 & 22 & 8 & 65 & 49 & 27 & 10 \\
## Guatemala & 49 & 40 & 22 & 9 & 51 & 41 & 23 & 8 \\
## Honduras & 59 & 42 & 22 & 6 & 61 & 43 & 22 & 7 \\
## Jamaica & 63 & 44 & 23 & 8 & 67 & 48 & 26 & 9 \\
## Mexico & 59 & 44 & 24 & 8 & 63 & 46 & 25 & 8 \\
## Nicaragua & 65 & 48 & 28 & 14 & 68 & 51 & 29 & 13 \\
## Panama & 65 & 48 & 26 & 9 & 67 & 49 & 27 & 10 \\
## Trinidad (62) & 64 & 63 & 21 & 7 & 68 & 47 & 25 & 9 \\
## Trinidad (67) & 64 & 43 & 21 & 6 & 68 & 47 & 24 & 8 \\
## United States (66) & 67 & 45 & 23 & 8 & 74 & 51 & 28 & 10 \\
## United States (NW66) & 61 & 40 & 21 & 10 & 67 & 46 & 25 & 11 \\
## United States (W66) & 68 & 46 & 23 & 8 & 75 & 52 & 29 & 10 \\
## United States (67) & 67 & 45 & 23 & 8 & 74 & 51 & 28 & 10 \\
## Argentina & 65 & 46 & 24 & 9 & 71 & 51 & 28 & 10 \\
## Chile & 59 & 43 & 23 & 10 & 66 & 49 & 27 & 12 \\
## Colombia & 58 & 44 & 24 & 9 & 62 & 47 & 25 & 10 \\
## Ecuador & 57 & 46 & 28 & 9 & 60 & 49 & 28 & 11 \\
## \hline
## \end{longtable}
## \end{center}

```

toLatex는 R 객체를 라텍스로 만들어주는 함수이다. HSAURtable은 latex의 longtable 라텍 environment를 만들어주는 함수이다.

```
sapply(1:3, function(f) factanal(life, factors = f)$PVAL)
```

```
## objective objective objective
```

```
## 1.880e-24 1.912e-05 4.578e-01
```

sapply는 벡터나 리스트의 원소에 함수를 적용하는 함수이다. 여기서 함수는 인자의 개수를 인자(argument)로 받아들여 그 개수의 인자모형을 적합해서 P 값을 구하는 것이다. factanal은 인자분석을 수행하는 명령어이다. method는 언제나 mle라고 한다. 결과는 각 인자의 개수가 1, 2, 3인 모형 3개를 적합하고 각 모형의 p 값을 출력하는 명령이다. 여기서 1:3을 넣어서 돌아갔는데, 4 이상이 들어가면 에러가 발생한다. 이를 기반으로 factor의 개수가 3이라고 결론을 낸다.

```
factanal(life, factors = 3, method = "mle", rotation = "varimax")
```

```
##
```

```
## Call:
```

```
## factanal(x = life, factors = 3, rotation = "varimax", method = "mle")
```

```
##
```

```
## Uniquenesses:
```

```
##      m0      m25      m50      m75      w0      w25      w50      w75
```

```
## 0.005 0.362 0.066 0.288 0.005 0.011 0.020 0.146
```

```
##
```

```
## Loadings:
```

```
##      Factor1 Factor2 Factor3
```

```
## m0  0.964   0.122   0.226
```

```
## m25 0.646   0.169   0.438
```

```
## m50 0.430   0.354   0.790
```

```
## m75      0.525   0.656
```

```
## w0  0.970   0.217
```

```
## w25 0.764   0.556   0.310
```

```
## w50 0.536   0.729   0.401
```

```
## w75 0.156   0.867   0.280
```

```
##
```

```
##      Factor1 Factor2 Factor3
```

```
## SS loadings      3.375   2.082   1.640
```

```
## Proportion Var   0.422   0.260   0.205
```

```
## Cumulative Var   0.422   0.682   0.887
```

```
##
```

```
## Test of the hypothesis that 3 factors are sufficient.
## The chi square statistic is 6.73 on 7 degrees of freedom.
## The p-value is 0.458
```

다음의 모형을 적합했다.

$$X = \Lambda f + u, \quad u \sim N(0, \Psi).$$

여기서 X 는 $k = 8$ 차원 랜덤벡터이고, Λ 는 8×3 인자적재(factor loading)이다. 인자는 $f = (f_1, f_2, f_3)$ 로 나타낸다. 결과에서 uniqueness는 특정분산으로 u 의 분산 대각행렬 Ψ 의 대각원소이다. Loadings는 Λ 행렬을 나타낸다. 빈칸이 있는데 0을 의미하는 것 같다.

SS loadings는 각 인자의 공통성 h_i 이다. cumulative var는 공통성과 유일성을 합했을 때 공통성의 비율이다. 즉,

$$h_1 + h_2 + h_3 + \sum_{j=1}^k \psi_j$$

를 100으로 했을 때 h_i 들의 비율이다.

마지막 부분은 가설검정인데

$$H_0 : \text{적합한 모형이 옳다.}$$

에 대한 가설이다. p-value가 작으면 이 모형이 적당하지 않다는 강한 증거이다. 여기서는 0.458이므로 이 모형이 틀리다는 뚜렷한 증거는 없는 것이므로, 이 모형이 적당하다는 뜻이다.

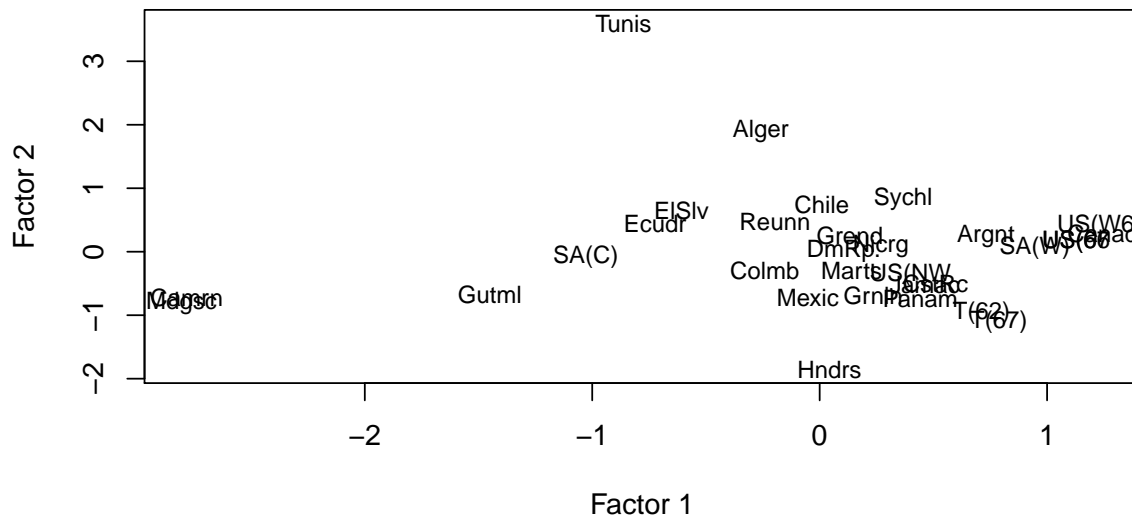
```
scores <- factanal(life, factors = 3, method = "mle", scores = "regression")$scores
```

인자점수(factor scores)를 구한다.

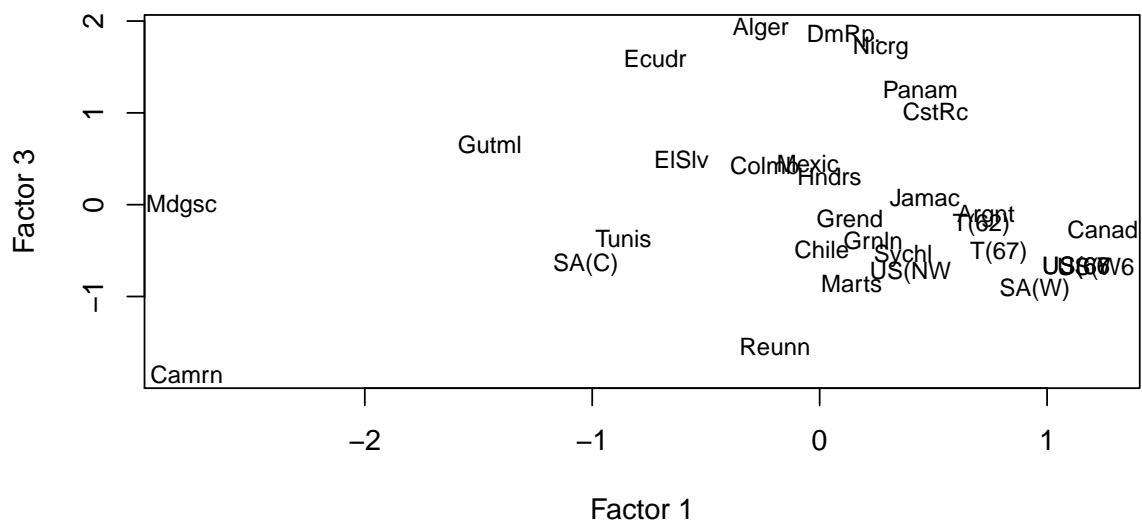
$$X = Lf + u$$

에서 \hat{f} 을 구한 것이다. 따라서, 각 관측치마다 한 개의 인자점수 벡터가 있다. 이는 각 관측치를 간단하게 요약한 통계량이라 볼 수 있다.

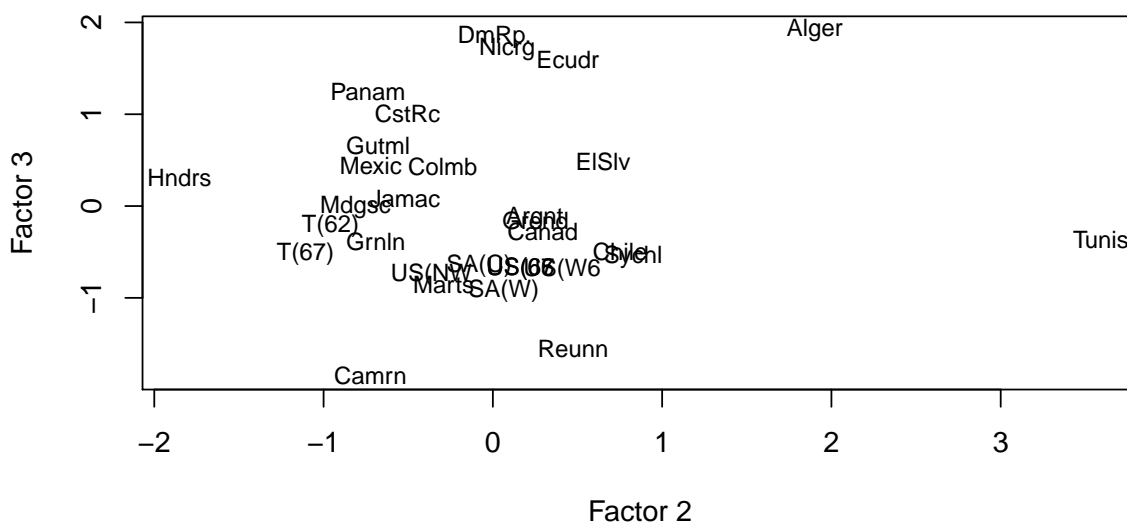
```
cex <- 0.8
plot(scores[,1], scores[,2], type = "n", xlab = "Factor 1", ylab = "Factor 2")
text(scores[,1], scores[,2], abbreviate(rownames(life), 5), cex = cex)
```



```
plot(scores[,1], scores[,3], type = "n", xlab = "Factor 1", ylab = "Factor 3")
text(scores[,1], scores[,3], abbreviate(rownames(life), 5), cex = cex)
```



```
plot(scores[,2], scores[,3], type = "n", xlab = "Factor 2", ylab = "Factor 3")
text(scores[,2], scores[,3], abbreviate(rownames(life), 5), cex = cex)
```



인자점수를 이용하여 관측치들을 인자들의 좌표에 산점도를 그린 것이다.

3 마약사용 자료 분석

참고 코드를 자세히 보지 않았다.

```
d <-
c(0.447,
  0.422, 0.619,
  0.435, 0.604, 0.583,
  0.114, 0.068, 0.053, 0.115,
  0.203, 0.146, 0.139, 0.258, 0.349,
  0.091, 0.103, 0.110, 0.122, 0.209, 0.221,
  0.082, 0.063, 0.066, 0.097, 0.321, 0.355, 0.201,
  0.513, 0.445, 0.365, 0.482, 0.186, 0.315, 0.150, 0.154,
  0.304, 0.318, 0.240, 0.368, 0.303, 0.377, 0.163, 0.219, 0.534,
  0.245, 0.203, 0.183, 0.255, 0.272, 0.323, 0.310, 0.288, 0.301, 0.302,
  0.101, 0.088, 0.074, 0.139, 0.279, 0.367, 0.232, 0.320, 0.204, 0.368, 0.340,
```



```
0.245, 0.199, 0.184, 0.293, 0.278, 0.545, 0.232, 0.314, 0.394, 0.467, 0.392, 0.511)
```

길이가 78인 벡터이다. 어떤 값인지는 모르겠다.

```
druguse <- diag(13) / 2
druguse[upper.tri(druguse)] <- d
```

upper.tri 함수는 druguse 행렬과 동일한 크기의 논리행렬으로서 상삼각 원소는 TRUE 나머지는 FALSE로 값이 들어간다. 여기서 상삼각원소라는 것은 $j < i$ 를 만족하는 (i,j) 를 말한다. druguse의 상삼각부분에 벡터 d의 원소를 대입한다.

```
druguse <- druguse + t(druguse)
rownames(druguse) <- colnames(druguse) <- c("cigarettes", "beer", "wine", "liquor", "cocaine", "tranquilizers",
      "marijuana", "hashish", "inhalants", "hallucinogenics", "amphetamine")
```

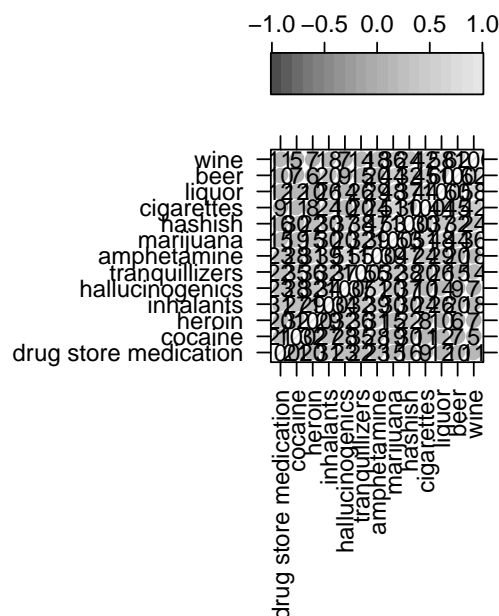
druguse를 대칭이 되도록 만들었다. 행과 열의 이름을 대입했다.

```
#####
### code chunk number 8: ch:EFA:druguse:plot
#####
ord <- order.dendrogram(as.dendrogram(hclust(dist(druguse))))
panel.corrgram <-
  function(x, y, z, subscripts, at,
           level = 0.9, label = FALSE, ...)
  {
    require("ellipse", quietly = TRUE)
    x <- as.numeric(x)[subscripts]
    y <- as.numeric(y)[subscripts]
    z <- as.numeric(z)[subscripts]
    zcol <- level.colors(z, at = at, col.regions = grey.colors, ...)
    for (i in seq(along = z)) {
      ell <- ellipse(z[i], level = level, npoints = 50,
                    scale = c(.2, .2), centre = c(x[i], y[i]))
      panel.polygon(ell, col = zcol[i], border = zcol[i], ...)
    }
    if (label)
      panel.text(x = x, y = y, lab = 100 * round(z, 2), cex = 0.8,
```

```

        col = ifelse(z < 0, "white", "black"))
    }
print(levelplot(druguse[ord, ord], at = do.breaks(c(-1.01, 1.01), 20),
               xlab = NULL, ylab = NULL, colorkey = list(space = "top"),
               scales = list(x = list(rot = 90)),
               panel = panel.corrgram, label = TRUE))

```



```

#####

### code chunk number 9: ch:EFA:drugs

#####

sapply(1:6, function(nf)
  factanal(covmat = druguse, factors = nf,
           method = "mle", n.obs = 1634)$PVAL)

## objective objective objective objective objective objective
## 0.000e+00 9.786e-70 7.364e-28 1.795e-11 3.892e-06 9.753e-02

```

```

#####

### code chunk number 10: ch:EFA:drugs

#####

```

```

(factanal(covmat = druguse, factors = 6,
          method = "mle", n.obs = 1634))

##
## Call:
## factanal(factors = 6, covmat = druguse, n.obs = 1634, method = "mle")
##
## Uniquenesses:
##          cigarettes          beer          wine
##          0.563          0.368          0.374
##          liquor          cocaine          tranquillizers
##          0.412          0.681          0.522
## drug store medication          heroin          marijuana
##          0.785          0.669          0.318
##          hashish          inhalants          hallucinogenics
##          0.005          0.541          0.620
##          amphetamine
##          0.005
##
## Loadings:
##          Factor1 Factor2 Factor3 Factor4 Factor5 Factor6
## cigarettes          0.494          0.407  0.110
## beer          0.776          0.112
## wine          0.786
## liquor          0.720  0.121  0.103  0.115  0.160
## cocaine          0.519          0.132          0.158
## tranquillizers          0.130  0.564  0.321  0.105  0.143
## drug store medication          0.255          0.372
## heroin          0.532  0.101          0.190
## marijuana          0.429  0.158  0.152  0.259  0.609  0.110
## hashish          0.244  0.276  0.186  0.881  0.194  0.100
## inhalants          0.166  0.308  0.150          0.140  0.537
## hallucinogenics          0.387  0.335  0.186          0.288
## amphetamine          0.151  0.336  0.886  0.145  0.137  0.187
##

```

```
##          Factor1 Factor2 Factor3 Factor4 Factor5 Factor6
## SS loadings      2.301   1.415   1.116   0.964   0.676   0.666
## Proportion Var   0.177   0.109   0.086   0.074   0.052   0.051
## Cumulative Var   0.177   0.286   0.372   0.446   0.498   0.549
##
## Test of the hypothesis that 6 factors are sufficient.
## The chi square statistic is 22.41 on 15 degrees of freedom.
## The p-value is 0.0975
```

```
#####
```

```
### code chunk number 11: ch:EFA:drugdiff
```

```
#####
```

```
pfun <- function(nf) {
  fa <- factanal(covmat = druguse, factors = nf,
                 method = "mle", n.obs = 1634)
  est <- tcrossprod(fa$loadings) + diag(fa$uniquenesses)
  ret <- round(druguse - est, 3)
  colnames(ret) <- rownames(ret) <-
    abbreviate(rownames(ret), 3)
  ret
}
pfun(6)
```

```
##      cgr   ber   win   lqr   ccn   trn   dsm   hrn   mrj hsh
## cgr  0.000 -0.001  0.014 -0.018  0.010  0.001 -0.020 -0.004  0.001  0
## ber -0.001  0.000 -0.002  0.004  0.004 -0.011 -0.001  0.007  0.002  0
## win  0.014 -0.002  0.000 -0.001 -0.001 -0.005  0.008  0.008 -0.004  0
## lqr -0.018  0.004 -0.001  0.000 -0.008  0.021 -0.006 -0.018  0.003  0
## ccn  0.010  0.004 -0.001 -0.008  0.000  0.000  0.008  0.004 -0.004  0
## trn  0.001 -0.011 -0.005  0.021  0.000  0.000  0.006 -0.004 -0.004  0
## dsm -0.020 -0.001  0.008 -0.006  0.008  0.006  0.000 -0.015  0.008  0
## hrn -0.004  0.007  0.008 -0.018  0.004 -0.004 -0.015  0.000  0.006  0
## mrj  0.001  0.002 -0.004  0.003 -0.004 -0.004  0.008  0.006  0.000  0
## hsh  0.000  0.000  0.000  0.000  0.000  0.000  0.000  0.000  0.000  0
## inh  0.010 -0.004 -0.007  0.012 -0.003  0.002  0.004 -0.002 -0.006  0
```

```
## hll -0.005  0.005 -0.001 -0.005 -0.008 -0.008 -0.002  0.020  0.003  0
## amp  0.000  0.000  0.000  0.000  0.000  0.000  0.000  0.000  0.000  0
##      inh    hll amp
## cgr  0.010 -0.005  0
## ber -0.004  0.005  0
## win -0.007 -0.001  0
## lqr  0.012 -0.005  0
## ccn -0.003 -0.008  0
## trn  0.002 -0.008  0
## dsm  0.004 -0.002  0
## hrn -0.002  0.020  0
## mrj -0.006  0.003  0
## hsh  0.000  0.000  0
## inh  0.000 -0.002  0
## hll -0.002  0.000  0
## amp  0.000  0.000  0
```

```
#####
### code chunk number 12: ch:opt
#####
op <- options(width = 150, prompt = "R")
pfun2 <- pfun
pfun <- function(...) {
  x <- pfun2(...)
  rownames(x) <- paste(" ", rownames(x))
  x
}
```

```
#####
### code chunk number 13: ch:EFA:drufdif34
#####
pfun(3)

##           cgr    ber    win    lqr    ccn    trn    dsm    hrn
##      cgr 0.000 -0.001  0.009 -0.013  0.011  0.009 -0.011 -0.004
```

```

##      ber -0.001  0.000 -0.002  0.002  0.002 -0.014  0.000  0.005
##      win  0.009 -0.002  0.000  0.000 -0.002 -0.004  0.012  0.013
##      lqr -0.013  0.002  0.000  0.000 -0.008  0.024 -0.017 -0.020
##      ccn  0.011  0.002 -0.002 -0.008  0.000  0.031  0.038  0.082
##      trn  0.009 -0.014 -0.004  0.024  0.031  0.000 -0.021  0.026
##      dsm -0.011  0.000  0.012 -0.017  0.038 -0.021  0.000  0.021
##      hrn -0.004  0.005  0.013 -0.020  0.082  0.026  0.021  0.000
##      mrj  0.003 -0.001  0.001 -0.001 -0.002 -0.002  0.007  0.006
##      hsh -0.027  0.019 -0.017  0.014  0.041 -0.016 -0.040 -0.035
##      inh  0.039 -0.002 -0.007 -0.002  0.023 -0.038  0.113  0.031
##      hll -0.017  0.009  0.004 -0.015 -0.030 -0.058  0.000 -0.005
##      amp  0.002 -0.007  0.002  0.006 -0.075  0.044 -0.038 -0.049
##           mrj      hsh      inh      hll      amp
##      cgr  0.003 -0.027  0.039 -0.017  0.002
##      ber -0.001  0.019 -0.002  0.009 -0.007
##      win  0.001 -0.017 -0.007  0.004  0.002
##      lqr -0.001  0.014 -0.002 -0.015  0.006
##      ccn -0.002  0.041  0.023 -0.030 -0.075
##      trn -0.002 -0.016 -0.038 -0.058  0.044
##      dsm  0.007 -0.040  0.113  0.000 -0.038
##      hrn  0.006 -0.035  0.031 -0.005 -0.049
##      mrj  0.000  0.001  0.003 -0.002 -0.002
##      hsh  0.001  0.000 -0.035  0.034  0.010
##      inh  0.003 -0.035  0.000  0.007 -0.015
##      hll -0.002  0.034  0.007  0.000  0.041
##      amp -0.002  0.010 -0.015  0.041  0.000

```

pfun(4)

```

##           cgr      ber      win      lqr      ccn      trn      dsm      hrn
##      cgr  0.000 -0.001  0.008 -0.012  0.009  0.008 -0.015 -0.007
##      ber -0.001  0.000 -0.001  0.001  0.000 -0.016 -0.002  0.003
##      win  0.008 -0.001  0.000  0.000 -0.001 -0.005  0.012  0.014
##      lqr -0.012  0.001  0.000  0.000 -0.004  0.029 -0.015 -0.015
##      ccn  0.009  0.000 -0.001 -0.004  0.000  0.024 -0.014  0.007
##      trn  0.008 -0.016 -0.005  0.029  0.024  0.000 -0.020  0.027

```

```
##          dsm -0.015 -0.002  0.012 -0.015 -0.014 -0.020  0.000 -0.018
##          hrn -0.007  0.003  0.014 -0.015  0.007  0.027 -0.018  0.000
##          mrj  0.001 -0.001  0.001 -0.001 -0.003 -0.001  0.003  0.003
##          hsh -0.023  0.018 -0.020  0.018  0.035  0.001 -0.042 -0.037
##          inh  0.037 -0.005 -0.008  0.001 -0.022 -0.032  0.090 -0.001
##          hll -0.020  0.006  0.001 -0.010 -0.028 -0.028  0.008  0.005
##          amp  0.000  0.000  0.000 -0.001  0.000  0.001  0.000  0.000
##          mrj      hsh      inh      hll      amp
##          cgr  0.001 -0.023  0.037 -0.020  0.000
##          ber -0.001  0.018 -0.005  0.006  0.000
##          win  0.001 -0.020 -0.008  0.001  0.000
##          lqr -0.001  0.018  0.001 -0.010 -0.001
##          ccn -0.003  0.035 -0.022 -0.028  0.000
##          trn -0.001  0.001 -0.032 -0.028  0.001
##          dsm  0.003 -0.042  0.090  0.008  0.000
##          hrn  0.003 -0.037 -0.001  0.005  0.000
##          mrj  0.000  0.000  0.001 -0.002  0.000
##          hsh  0.000  0.000 -0.031  0.055 -0.001
##          inh  0.001 -0.031  0.000  0.021  0.000
##          hll -0.002  0.055  0.021  0.000  0.000
##          amp  0.000 -0.001  0.000  0.000  0.000
```

```
#####
### code chunk number 14: ch:opt
#####
options(op)
```