rmarkdownパッケージで楽々ドキュメント生成

@kohske

## はじめに

Rマークダウンでドキュメントとコード書いて→ rmarkdown::render() します。

## 例：あやめの解析 (またかよ・・・orz)

**あやめ**とは、

* ~~さかな~~植物の名前です。
* おそらく、世界中でも最も多く解析にさらされた植物でしょう。
* 学名は*Iris sanguinea*といいます。
* イリスではなくて、アイリスです。
* 大きい声では言えませんが今でも「イリス」と呼んでます。

## データの雰囲気

ここでは先頭の6行を見てみましょう。

knitr::kable(head(iris), format = "pandoc", caption="あやめのデータ (1-6行)")

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| Sepal.Length | Sepal.Width | Petal.Length | Petal.Width | Species |
| 5.1 | 3.5 | 1.4 | 0.2 | setosa |
| 4.9 | 3.0 | 1.4 | 0.2 | setosa |
| 4.7 | 3.2 | 1.3 | 0.2 | setosa |
| 4.6 | 3.1 | 1.5 | 0.2 | setosa |
| 5.0 | 3.6 | 1.4 | 0.2 | setosa |
| 5.4 | 3.9 | 1.7 | 0.4 | setosa |

あやめのデータ (1-6行)

## データの解析

変数間の相関を調べてみましょう。

knitr::kable(cor(iris[, -5]), format = "pandoc", caption="あやめの相関")

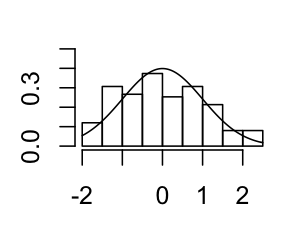
|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
|  | Sepal.Length | Sepal.Width | Petal.Length | Petal.Width |
| Sepal.Length | 1.0000 | -0.1176 | 0.8718 | 0.8179 |
| Sepal.Width | -0.1176 | 1.0000 | -0.4284 | -0.3661 |
| Petal.Length | 0.8718 | -0.4284 | 1.0000 | 0.9629 |
| Petal.Width | 0.8179 | -0.3661 | 0.9629 | 1.0000 |

あやめの相関

## データの可視化

ヒストグラムを作って、正規分布()と比べてみます。

par(mar=c(2.5, 2.5, 1.5, 1))  
hist(scale(iris[, 1]), probability = TRUE, ylim=c(0, 0.5), main = NULL)  
curve(dnorm(x), add=TRUE)



ヒストグラム

## 最後に

Enjoy!!