

ابتدا پکیج‌های مورد نیاز را نصب کرده و داده‌ها فراخوانی میکنیم :

```
> library(MASS)
> library(foreign)
> mydata2<-read.spss("C:/Users/12345/Desktop/football.sav",to.data.frame=TRUE)
> attach(mydata2)
> head(mydata2)
```

	group	WDIM	CIRCUM	FBEYE	EYEHD	EARHD	JAW
1	1	13.5	57.15	19.5	12.5	14.0	11
2	1	15.5	58.42	21.0	12.0	16.0	12
3	1	14.5	55.88	19.0	10.0	13.0	12
4	1	15.5	58.42	20.0	13.5	15.0	12
5	1	14.5	58.42	20.0	13.0	15.5	12
6	1	14.0	60.96	21.0	12.0	14.0	13

تحلیل ممیزی را با استفاده از دستور زیر اجرا میکنیم :

```
> model <- lda(group~., data = mydata2)
> model
Call:
lda(group ~ ., data = mydata2)

Prior probabilities of groups:
      1      2      3 
0.3333333 0.3333333 0.3333333 

Group means:
      WDIM  CIRCUM  FBEYE  EYEHD  EARHD  JAW 
1 15.20 58.93700 20.10833 13.08333 14.73333 12.26667 
2 15.42 57.37967 19.80333 10.08000 13.45333 11.94333 
3 15.58 57.77000 19.81000 10.94667 13.69667 11.80333 

Coefficients of linear discriminants:
      LD1      LD2 
WDIM  0.948423100 1.4067750094 
CIRCUM -0.003639865 -0.0005126312 
FBEYE  -0.006439599 -0.0286176430 
EYEHD  -0.647483088  0.5402700415 
EARHD  -0.504360916 -0.3839132257 
JAW    -0.828535064 -1.5288556226 

Proportion of trace:
      LD1  LD2 
0.943 0.057
```

در قسمت **Group means** میانگین هر متغیر را به تفکیک گروه نمایش داده است.

در قسمت **Coefficients of linear discriminants** میتوان بردارهای ویژه را مشاهده که **LD1** بردار ویژه اول و **LD2** بردار ویژه دوم ما است.

در قسمت **Proportion of trace** میزان تفکیک پذیری هر تابع ممیزی را نمایش میدهد که میبینم تابع ممیزی که به کمک ضرایب موجود در **LD1** تشکیل شده ۹۴٪ در تفکیک به ما کمک میکند و تابع ممیزی دوم ۶٪ در تفکیک به ما کمک میکند پس میتوان از تابع ممیزی دوم چشم پوشی کرد.

تابع ممیزی ما به فرم زیر است :

$$Z_1 = 0.94 * WDIM - 0.003 * CIRCUM - 0.006 * FBEYE - 0.5 * EARHD - 0.8 * JAW$$