

データサイエンスへの誘い

第5回: データの要約

先週の振り返り

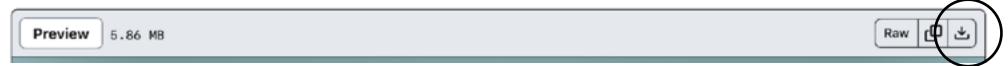
講義内容(予定)

講義に関する資料(スライド、補足資料等)を (GitHubに置いておきます

https://github.com/uribo/INNV1250



ダウンロード可能



- 1. ガイダンス、データサイエンスとは何か
- 2. プログラミング基礎
- 3. 再現可能性
- 4. データ処理の手法
- 5. データの要約
- 6. データの可視化
- 7. データと確率
- 8. データからの推論

- 9. 複数のデータを比較する
- 10. 統計のウソ
- |1. 統計的モデリング
- 12. 統計的学習
- 13. さまざまなデータサイエンスの手法
- 14. 機械学習と人工知能 (AI)
- 15. 期末試験
- 16. 振り返りと統括

【お願い】不要なWi-Fi接続は切断してください

講義中の情報センターJupyterHub環境を快適(少なくとも全員が)に利用できるよう

情報センターJupyterHubの利用時の留意事項

1. Server Optionsで間違った指定されたサーバーを選択した場合の対処法

メニューバーからFile、下の方にある「Hub Control Panel」から「Stop My Server」 再度「個人サーバーに移動」して選択しなおし

2. ファイル名は半角英数字のみにしておくと安全

日本語(漢字、片仮名、平仮名)、全角英数字、スペース、記号等は使わない `mv 日本語のファイル名.ipynb myfile.ipynb` のように変換が可能

3. ダウンロードしたnotebookファイル(ipynb)は開かない

Jupyter Notebookのファイルの実体はテキストファイルです。

メモ帳、ワード等で開くことが可能ですが、文字の羅列(JSON形式)でノートブックの見た目とは異なります。 Ipynbファイルを編集する際はJupyterHubか自分のコンピュータ内にJupyter環境を用意しましょう。

今日の目標

要約統計量の違いを理解し、

使い分けできるようになる

【課題】データの特徴を表現する方法を理解する

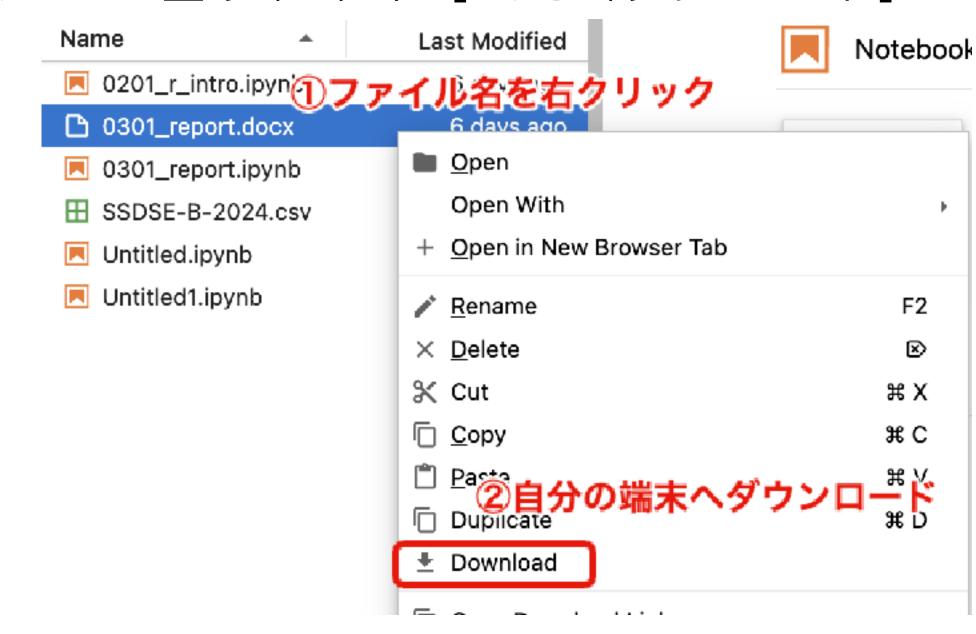
提出期限:来週の講義開始前まで

手順

- 1. 添付ファイルをダウンロード
- 2. JupyterHubヘアップロード
- 3. コードやコメントを記述、実行
- 4. 保存
- 5. ダウンロードしたファイルをmanabaへアップロード

manabaのレポートとして提出してください

メニュー上の「ファイル」から「ダウンロード」



注意: ファイル名は英数字のみにすること

日本語(漢字、片仮名、平仮名)、全角英数字、スペース、記号等は使わない

ファイルをダウンロードしても開けなくても問題ない (気にしない)

内容の確認、編集はJupyterHub上で行う

【課題】Rでのデータ表現・操作方法を学ぶ

提出期限: 来週の講義開始前まで

manabaのレポートとして提出してください

GitHubからr_introduction2.ipynbをJupyterHubにアップロードして記載

注意: ファイル名は英数字のみにすること

日本語(漢字、片仮名、平仮名)、全角英数字、スペース、記号等は使わない

ファイルをダウンロードしても開けなくても問題ない(気にしない)

内容の確認、編集はJupyterHub上で行う

week05/0501_summary_statistics.ipynb

データの特徴を表現する

テータの特徴を伝えるには?

データ分析で扱うデータは一般的に膨大 これらのデータの内容を整理し、簡潔に伝えることが求められる



→マジカルナンバー7 短期記憶内にとどめておける情報量の上限

31代表値によるデータの集約

最小值•最大值 平均值

→位置を伝える

3d ばらつきの指標の計算による分布の推定

分散

標準偏差

→範囲を伝える

₩データ可視化 箱ヒゲ図 ヒストグラム

→視覚的に伝える

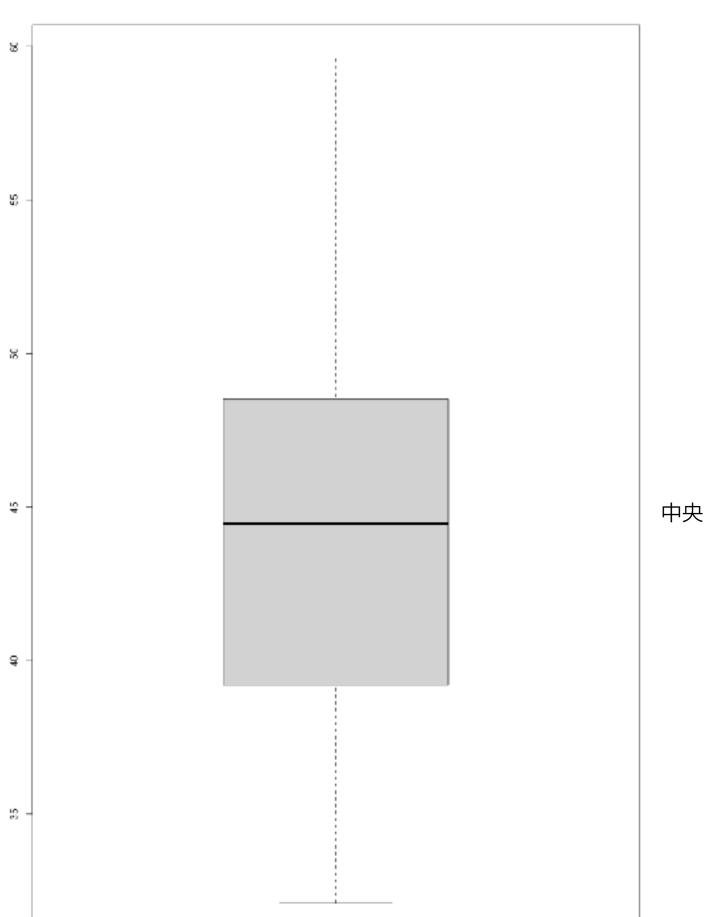
数値の羅列から特徴を読み取るのは困難…

```
39.1, 39.5, 40.3, NA, 36.7, 39.3, 38.9, 39.2, 34.1, 42, 37.8,
37.8, 41.1, 38.6, 34.6, 36.6, 38.7, 42.5, 34.4, 46, 37.8, 37.7,
35.9, 38.2, 38.8, 35.3, 40.6, 40.5, 37.9, 40.5, 39.5, 37.2, 39.5,
40.9, 36.4, 39.2, 38.8, 42.2, 37.6, 39.8, 36.5, 40.8, 36, 44.1,
37, 39.6, 41.1, 37.5, 36, 42.3, 39.6, 40.1, 35, 42, 34.5, 41.4,
39, 40.6, 36.5, 37.6, 35.7, 41.3, 37.6, 41.1, 36.4, 41.6, 35.5,
41.1, 35.9, 41.8, 33.5, 39.7, 39.6, 45.8, 35.5, 42.8, 40.9, 37.2,
36.2, 42.1, 34.6, 42.9, 36.7, 35.1, 37.3, 41.3, 36.3, 36.9, 38.3,
38.9, 35.7, 41.1, 34, 39.6, 36.2, 40.8, 38.1, 40.3, 33.1, 43.2,
35, 41, 37.7, 37.8, 37.9, 39.7, 38.6, 38.2, 38.1, 43.2, 38.1,
45.6, 39.7, 42.2, 39.6, 42.7, 38.6, 37.3, 35.7, 41.1, 36.2, 37.7,
40.2, 41.4, 35.2, 40.6, 38.8, 41.5, 39, 44.1, 38.5, 43.1, 36.8,
37.5, 38.1, 41.1, 35.6, 40.2, 37, 39.7, 40.2, 40.6, 32.1, 40.7,
37.3, 39, 39.2, 36.6, 36, 37.8, 36, 41.5, 46.1, 50, 48.7, 50,
47.6, 46.5, 45.4, 46.7, 43.3, 46.8, 40.9, 49, 45.5, 48.4, 45.8,
49.3, 42, 49.2, 46.2, 48.7, 50.2, 45.1, 46.5, 46.3, 42.9, 46.1,
44.5, 47.8, 48.2, 50, 47.3, 42.8, 45.1, 59.6, 49.1, 48.4, 42.6,
44.4, 44, 48.7, 42.7, 49.6, 45.3, 49.6, 50.5, 43.6, 45.5, 50.5,
44.9, 45.2, 46.6, 48.5, 45.1, 50.1, 46.5, 45, 43.8, 45.5, 43.2,
50.4, 45.3, 46.2, 45.7, 54.3, 45.8, 49.8, 46.2, 49.5, 43.5, 50.7,
47.7, 46.4, 48.2, 46.5, 46.4, 48.6, 47.5, 51.1, 45.2, 45.2, 49.1,
52.5, 47.4, 50, 44.9, 50.8, 43.4, 51.3, 47.5, 52.1, 47.5, 52.2,
45.5, 49.5, 44.5, 50.8, 49.4, 46.9, 48.4, 51.1, 48.5, 55.9, 47.2,
49.1, 47.3, 46.8, 41.7, 53.4, 43.3, 48.1, 50.5, 49.8, 43.5, 51.5,
46.2, 55.1, 44.5, 48.8, 47.2, NA, 46.8, 50.4, 45.2, 49.9, 46.5,
50, 51.3, 45.4, 52.7, 45.2, 46.1, 51.3, 46, 51.3, 46.6, 51.7,
47, 52, 45.9, 50.5, 50.3, 58, 46.4, 49.2, 42.4, 48.5, 43.2, 50.6,
46.7, 52, 50.5, 49.5, 46.4, 52.8, 40.9, 54.2, 42.5, 51, 49.7,
47.5, 47.6, 52, 46.9, 53.5, 49, 46.2, 50.9, 45.5, 50.9, 50.8,
50.1, 49, 51.5, 49.8, 48.1, 51.4, 45.7, 50.7, 42.5, 52.2, 45.2,
49.3, 50.2, 45.6, 51.9, 46.8, 45.7, 55.8, 43.5, 49.6, 50.8, 50.2
```

平均値と標準偏差によってデータの特徴を把握する

mean±sd 43.92193±5.459584

箱ひげ図を作成し、データの特徴を把握する



中央値、最小値・最大値、外れ値の可視化

要約統計量(summary statistics)

数値を用いた統計的な指標

主に数値データの特徴を把握するのに用いられる

平均値(mean)、中央値(median)、最小値(min)、最大値(max)など

```
# 数値データのベクトルに対してsummary()関数を実行
summary(df_animal$body_length_cm)

#> Min. 1st Qu. Median Mean 3rd Qu. Max. NA's
#> 1.20 63.62 82.50 102.87 133.00 250.00 4
```

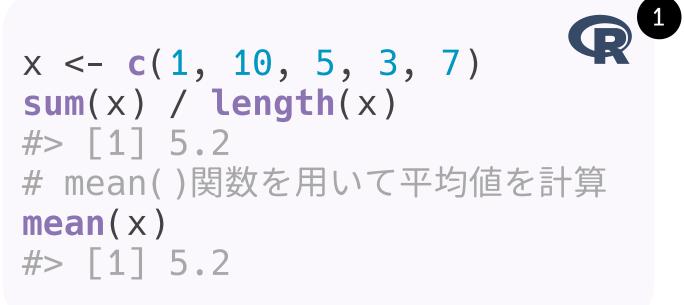
```
# データフレームに対してsummary()関数を実行すると、各列についての要約統計量が表示される 😱
summary(df_animal)
                            body_length_cm weight_kg
             name
#>
  taxon
#> Class :character Class :character 1st Qu.: 63.62 1st Qu.: 5.85
                            Median : 82.50
                                       Median : 12.50
#> Mode :character Mode :character
                             Mean :102.87
                                        Mean : 65.81
#>
                             3rd Qu.:133.00 3rd Qu.: 69.50
#>
#>
                                       Max. :410.00
                             Max. :250.00
#>
                             NA's :4
                                        NA's :2
```

代表値の算出

平均值

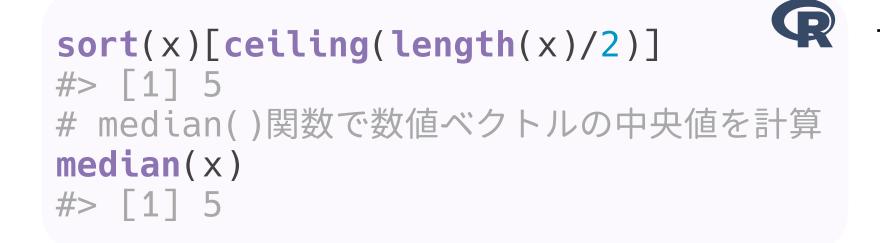
データに含まれる値をすべて足し合わせて、データの数で割った値

平均値は必ずしもデータの真ん中を示す値ではない 平均値は外れ値の影響を受けやすい



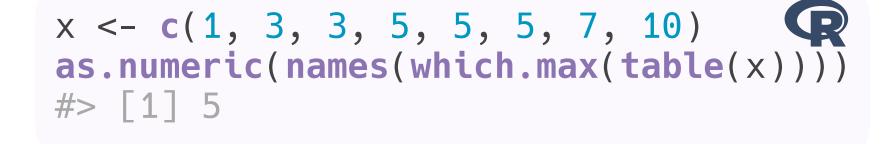
中央値

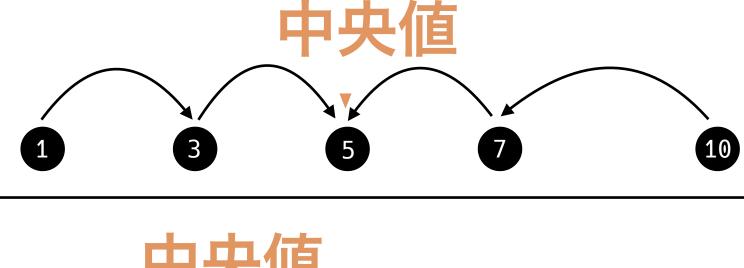
データに含まれる数の真ん中となる値



最頻値

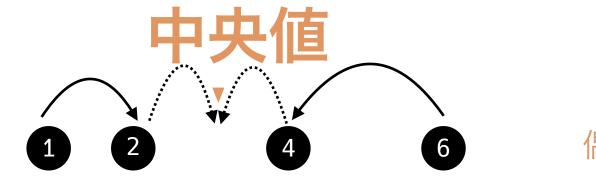
データに含まれる値の中で最も多い値





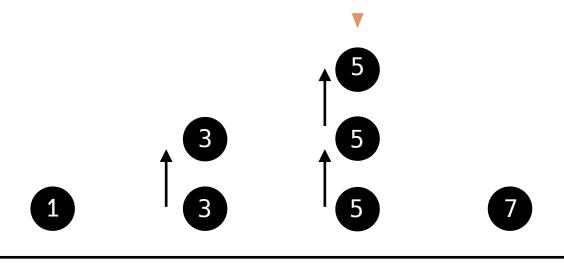
平均值

3



偶数の場合





10

平均値は外れ値の影響を受けやすい

種名	体重(km)
ミーアキャット	0.9
リスザル	1.1
モルモット	1.5
コツメカワウソ	5.4
ホッキョクグマ	410



平均値より小さい動物は5種中4種

平均値が外れ値に引っ張られる

中央値を拡張した考え方:四分位点

データを値の小さい順に並び替えたとき、

データ全体を均等な数からなる4つのグループに分ける

このときのグループを分ける3つの点(値)を四分位点という

```
データの75%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコーデータの25%が含まれるコー
```

分散(variance)

各値が平均値を中心としてどのように散らばっているかを示す

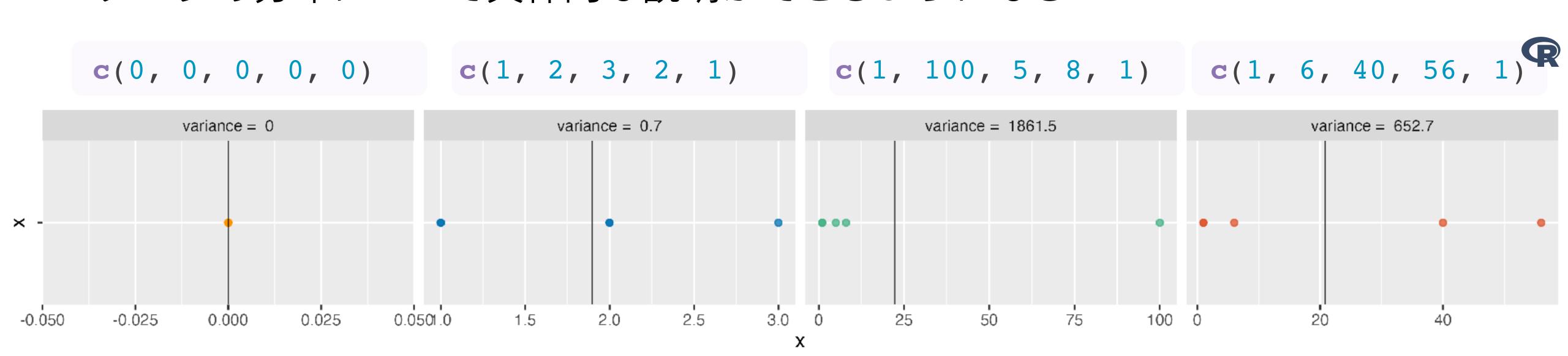
例) ペンギンの各個体の体長について

全般的に均一な値?

特定の個体が平均値よりも特段高い・低い?

体長が高い個体と低いがバラバラ?

データの分布について具体的な説明ができるようになる



平均值

縦棒は平均値を示す

分散の求め方

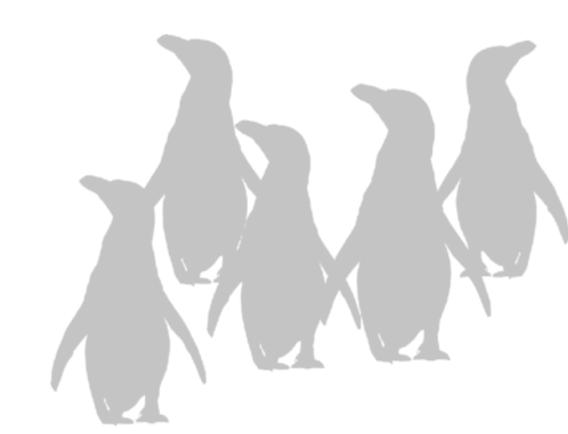
分散 =
$$\frac{g$$
数の値と平均値の差の2乗の合計 $=\frac{1}{n}\sum_{i=i}^{n}(x_i-\bar{x})^2$

- 1. 変数の平均値を出す
- 2. 変数の各値と平均値の差を求める (偏差)
- 3. 偏差を二乗する
- 4. すべての値に対して1から3を繰り返し、合計する
- 5. 合計した値をデータの数で割る

分散を算出してみよう

ペンギンデータのうち、アデリーペンギンの5頭の体重(body_mass_g)について考える

```
# library(dplyr)
  df <-
    penguins |>
    filter(species == "Adelie") |>
    select(body mass g) >
    filter(!is.na(body mass g)) >
    slice_head(n = 5)
  df
  #> # A tibble: 5 × 1
  #> body mass g
             <int>
  #>
              3750
  #> 2
              3800
  #> 3
             3250
  #> 4
              3450
  #> 5
              3650
```



分散を算出してみよう

- 1. 変数の平均値を出す
- 2. 偏差を求める
- 3. 偏差を2乗する
- 4. すべての値に対して1から3を繰り返し、合計する
- 5. 合計した値をデータの数で割る

```
R df <-
   df |>
    # 各値について偏差 deviation(平均よりもいくら大きいか小さいか)を求める
   mutate(deviation = body mass g - mean(df$body mass g, na.rm = TRUE))
  df
  #> # A tibble: 5 × 2
      body mass g deviation
                                     偏差の特徴
  #>
            <int>
                     <db1>
                                 正の値と負の値の両方が混ざる
            3750
             3800
                       220
                                 伊負の値でも2乗すると正の値になる
  #> 3
             3250
                      -330
                                 合計すると0になる
  #>
             3450
                      -130
  #> 5
             3650
                       (70)
```

分散を算出してみよう

- 1. 変数の平均値を出す
- 2. 偏差を求める
- 3. 偏差を2乗する
- 4. すべての値に対して 1から3を繰り返し、合計する
- 5. 合計した値をデータの数で割る

```
R df <-
    df >
   mutate(deviation2 = deviation^2)
  df
  #> # A tibble: 5 × 3
      body mass q deviation deviation2
            <int>
                      <db1>
                                <db1>
             3750
                        170
                                28900
                        220
                                48400
             3800
             3250
                       -330
                               108900
  #> 4
             3450
                       -130
                                16900
  #> 5
             3650
                         70
                                  4900
  sum(df$deviation2) / nrow(df)
  #> [1] 41600
```

Rの標準関数で分散を求める ※データの数 - 1で割る**不偏分散**

標準偏差(standard deviation)

分散について平方根を求める

7	
	1

	・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・	十七つつりの間は		
平方	deviation^2	deviation	body_mass_g	
分散を求めた	170×170= 28900	3750-3580= 170	3750	
2乗すると単	220×220= 48400	3800-3580= 220	3800	
	-330×-330= 108900	- 330	3250	
標準偏差 分散について平方根を求める	-130×-130=	-130	3450	
228 _六 不偏分散 ^分	70×70= 4900	3650-3580= 70	3650	
	208,000.00		17,900.00	total
	41,600.00	偏差の合計 0.00	3,580.00	mean

平均からの偏差 平均からの偏差の2乗

平方根を利用する理由

分散を求めたときに2乗したものを元に戻すため 2乗すると単位が変わるものの影響を取り除く

$$cm \longrightarrow cm^2$$

week04/summary_statistics.ipynb

分布の可想化

標準偏差からわかること

平均値と組み合わせて、データの分布をある程度理解可能にする

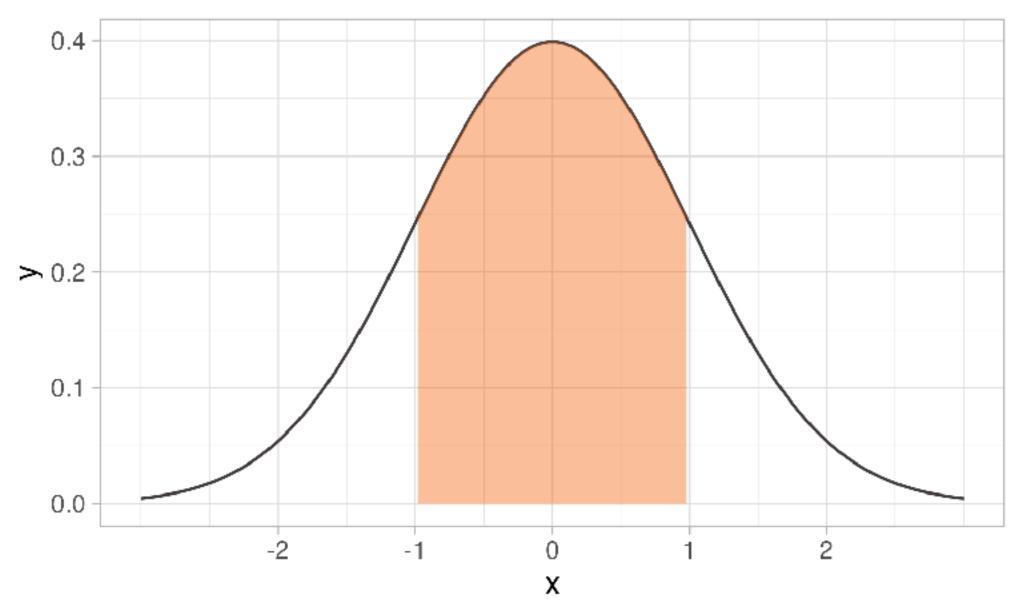
→データが正規分布に従う場合、

♥ 第6回の講義で扱う

平均値±2標準偏差の範囲にデータの約95%が含まれる(95%信頼区間)

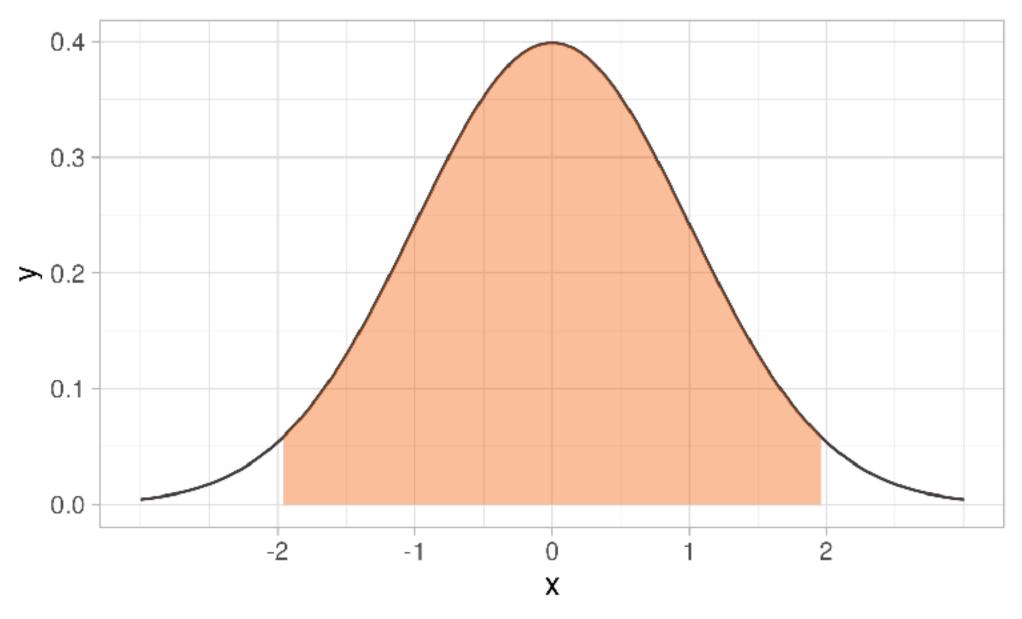
■橙色の領域

平均値±標準偏差でデータの約68%が含まれる



■橙色の領域

平均値±2標準偏差でデータの約95%が含まれる



95%信頼区間をペンギンデータで確認

Adelie(アデリーペンギン)の体重データを例にする

```
library(palmerpenguins)
library(dplyr)

# Adelieの体重を例にする

X <-
    penguins |>
    filter(species == "Adelie") |>
    pull(body_mass_g)

# 平均と(不偏)標準偏差の計算
(mu <- mean(x, na.rm = TRUE))

#> [1] 3700.662
(sigma <- sd(x, na.rm = TRUE))

#> [1] 458.5661
```

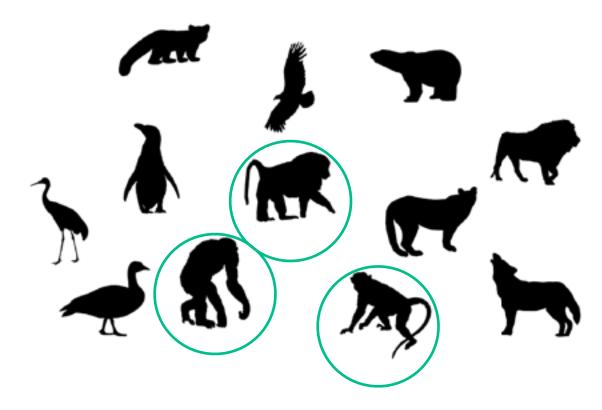
```
Histogram of Adelie penguins boby mass (g)
```

hist(x, main = "Histogram of Adelie penguins boby mass (g)")**R**

分布を視覚化する

度数分布表

ある値がデータに含まれる数… 度数または頻度 度数の分布を表形式にまとめたもの… 度数分布表



この図では霊長類は3

R df	anima	1\$taxon					
		"食肉類"	"鳥類"	"食肉類"	"鳥類"	"霊長類"	"霊長類"
#>	[7]	"霊長類"	"食肉類"	"齧歯類"	"食肉類"	"鳥類"	"偶蹄類"
#>	[13]	"食肉類"	"食肉類"	"鳥類"	"食肉類"	"霊長類"	"鳥類"
#>	[19]	"鯨偶蹄類"	"奇蹄類"	"嚣蓝類"	"鯨偶蹄類"		

taxon	frequency
食肉類	7
鳥類	5
霊長類	4
鯨偶蹄類	2
齧歯類	2
偶蹄類	1
奇蹄類	1

すべての分類群について度数をまとめる

度数分布表

量的変数に対して度数分布表を作成するときは 変数がとり得る値をいくつかの区間に分割した階級(class)を考える



離散変数

サイコロの出目など

サイコロの目	frequency
1	19
2	15
3	18
4	11
5	16
6	21

値を階級として直接用いる



連続変数

動物の体重など

class	frequency
(2000,3000]	11
(3000,4000]	159
(4000,5000]	111
(5000,6000]	59
(6000,7000]	2

適当な範囲を階級に用いる

```
weight_freq <-</pre>
    table(cut(penguins$body mass g,
             breaks = seq(2000)
                          7000,
                          by = 1000),
             dig.lab = 4)
  tibble::tibble(
    class = names(weight freq),
    frequency = weight freq)
     各度数に含まれる区間の幅を階級幅という
     階級幅や階級数はデータの範囲を見て決める
```

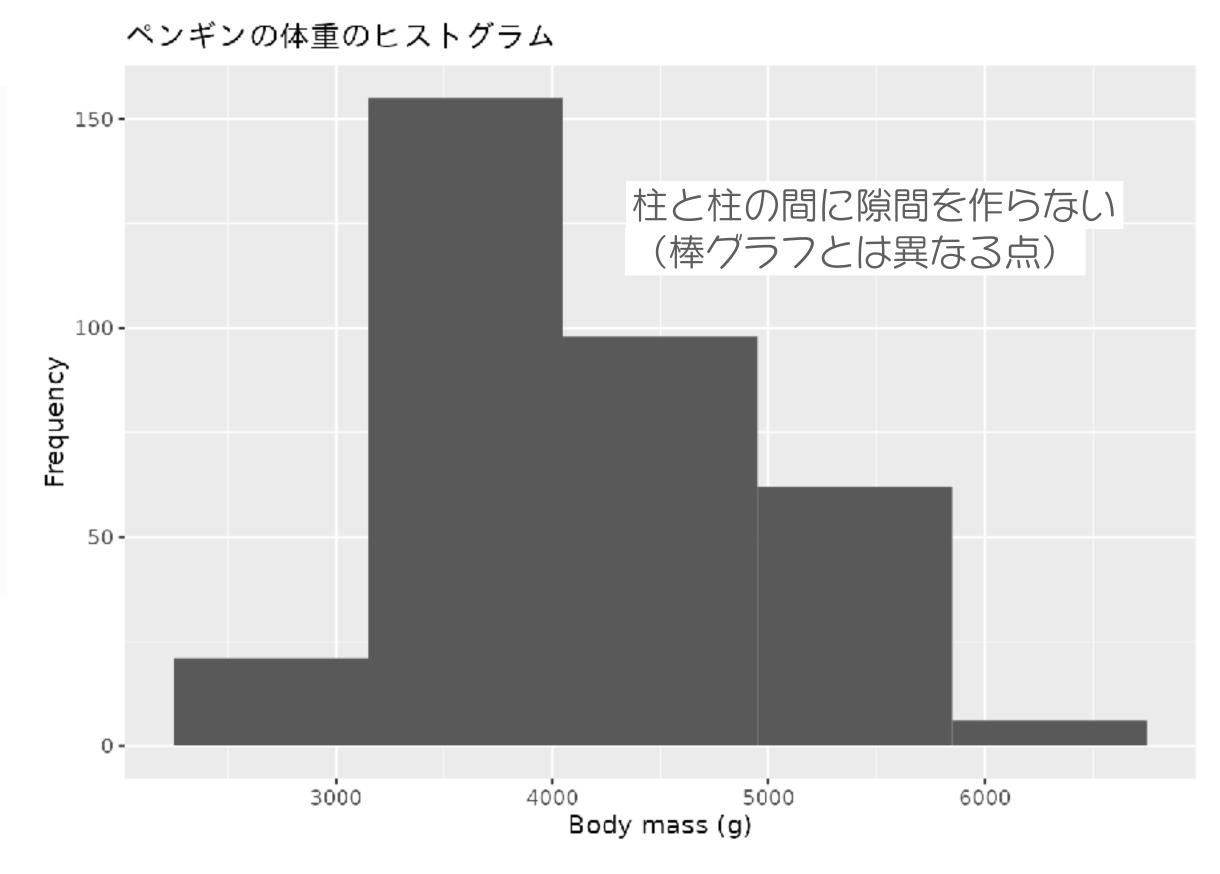
ヒストグラム(histogram)

度数分布表をもとにグラフを作成 階級ごとに柱を設け、柱の高さで度数を表現

class	frequency
(2000,3000]	11
(3000,4000]	159
(4000,5000]	111
(5000,6000]	59
(6000,7000]	2
(4000,5000] (5000,6000]	111 59

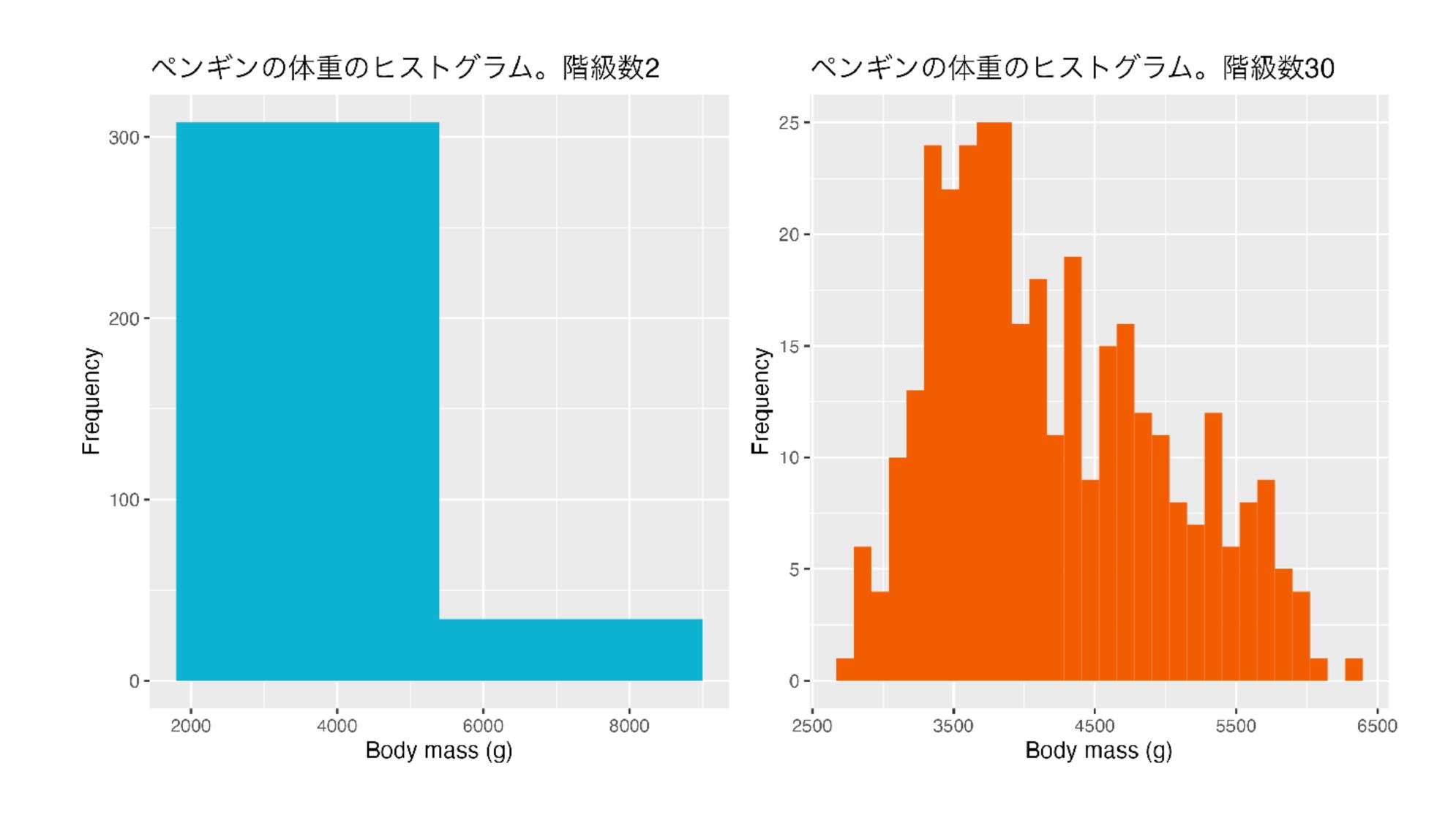
```
penguins |>
ggplot(aes(body_mass_g)) +
# ヒストグラムでは柱の階級をビン bin と呼ぶ

geom_histogram(bins = 5) +
ylab("Frequency") +
xlab("Body mass (g)") +
labs(title = "ペンギンの体重のヒストグラム")
```



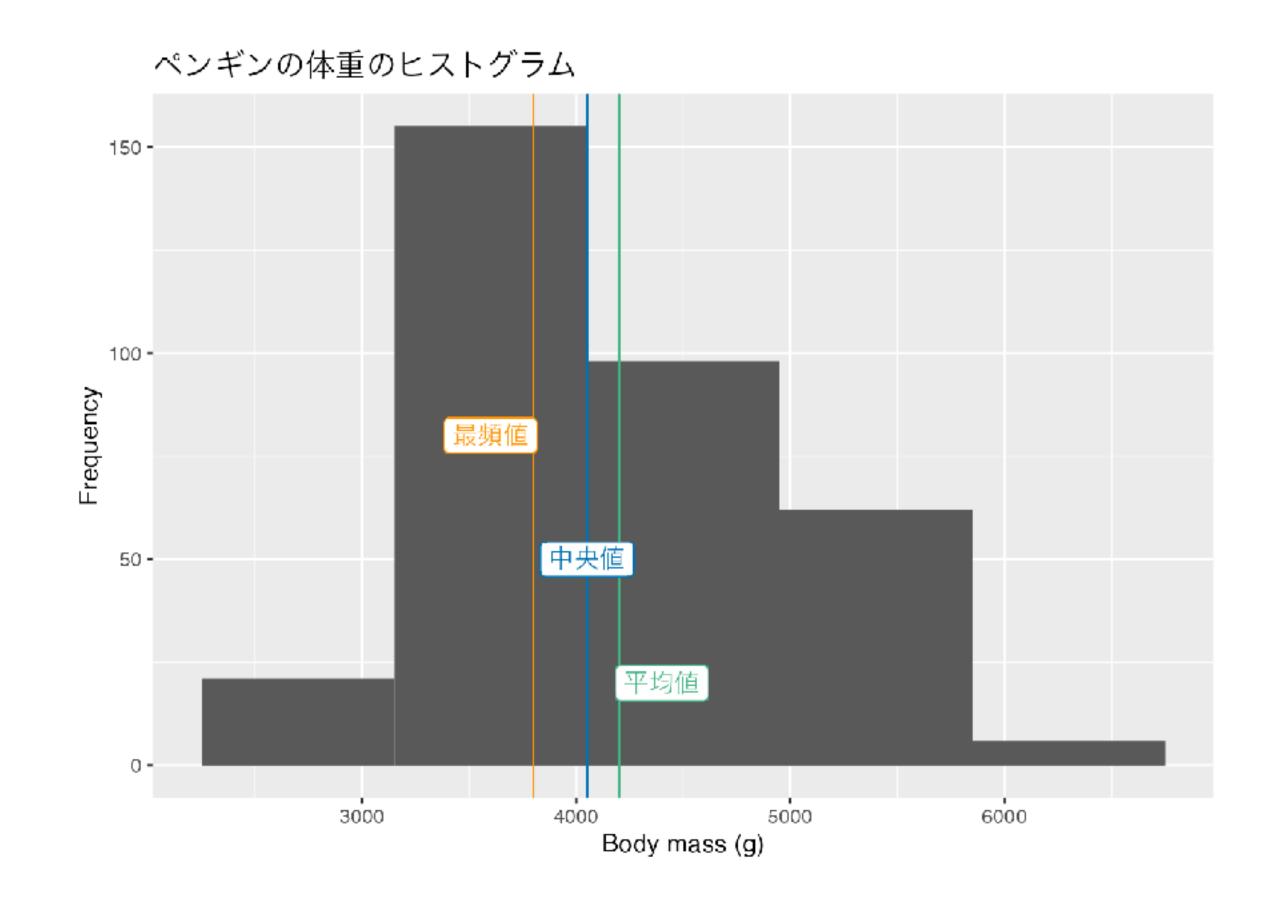
ヒストグラムの形いろいろ

ヒストグラムの階級数が異なると分布の形も変化することがある



ヒストグラムの形いろいろ

データのばらつきに応じてデータの分布も異なる 右に裾(尻尾)が長い分布… ロングテール型 『代表値が小さい方から最頻値、中央値、平均値の順に並ぶ



箱ヒゲ図

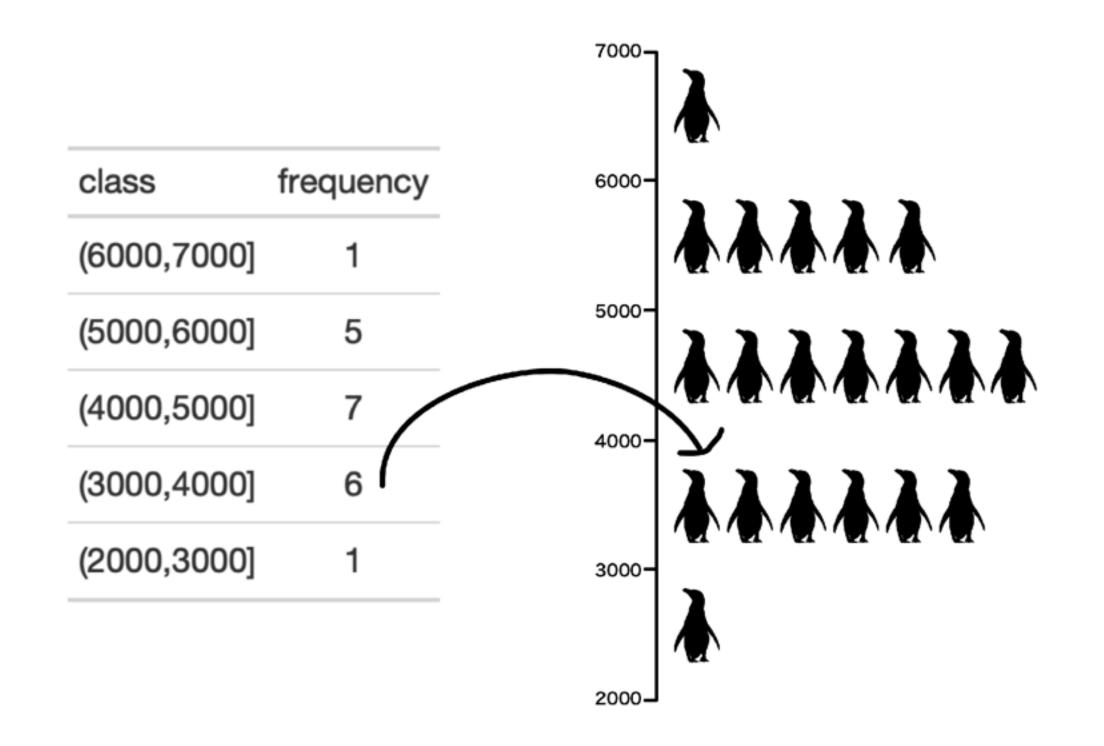
「箱」と「ヒゲ」を使ってデータの分布を表現するグラフ四分位点、外れ値の情報も可視化することができる

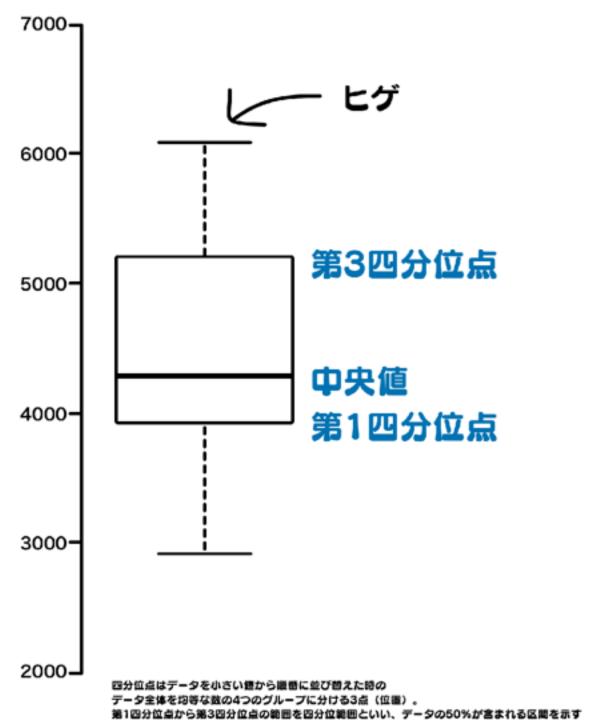
箱ヒゲ図の見方と作り方

●度数分布表からヒストグラムを作る

2四分位点を求める

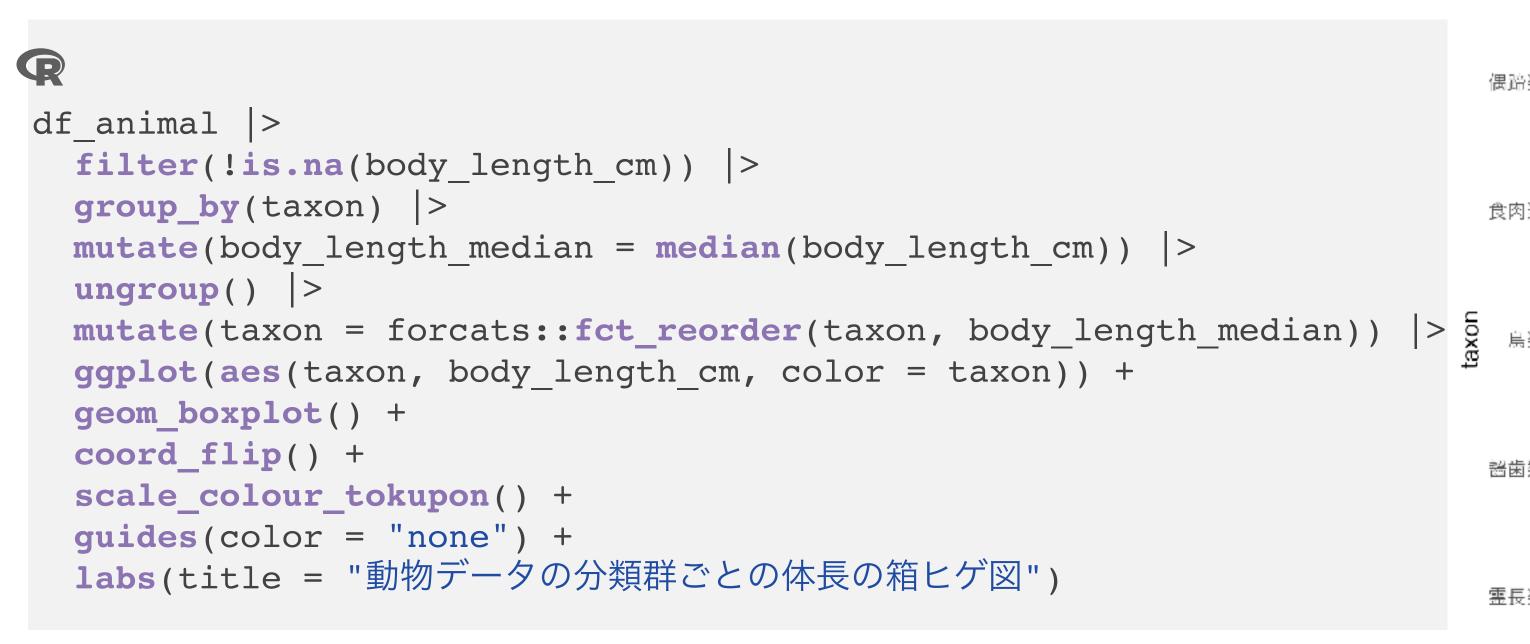
②四分位範囲で箱を作り、 箱の中に中央値の線を引く。 最大値と最小値の位置までヒゲを描く



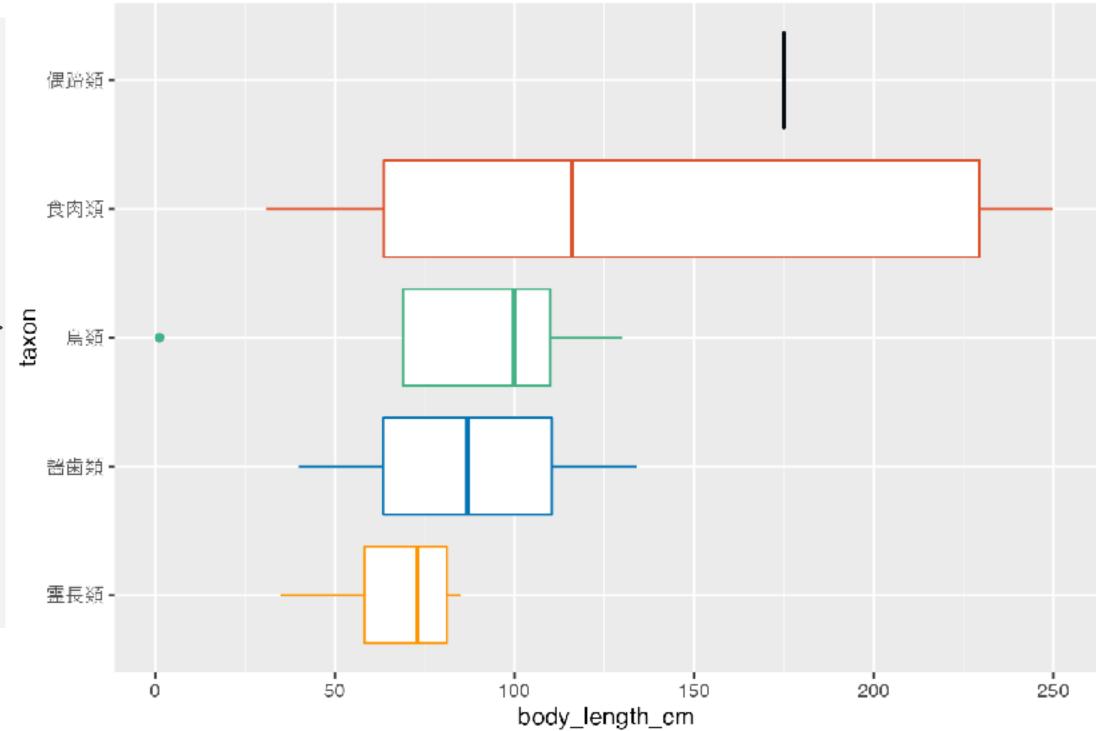


箱ヒゲ図

複数データのばらつきを比較する際にも有効 箱はデータの散らばりが小さい場合に小さく、散らばりが大きい時には大きくなる



動物データの分類群ごとの体長の箱ヒゲ図



参考資料·URL

三 東京大学教養学部統計学教室(編) 『基礎統計学I: 統計学入門』 (1991)

東京大学出版会. ISBN: 4-13-042065-8

瓜生居室: あり、徳大図書館: あり、市立図書館: なし、県立図書館: あり

Peter Bruce, Andrew Bruce, Peter Gedeck (著), 黒川利明 (訳), 大橋真也 (技術監修)
 『データサイエンスのための統計学入門:予測、分類、統計モデリング、統計的機械学習と
 R/Pythonプログラミング』 (2020) オライリー・ジャパン. ISBN: 978-4-87311-926-7
 瓜生居室:あり(電子版第一版)、徳大図書館:あり(第一版) 市立図書館 なし、県立図書館:あり

■ 滋賀大学データサイエンス学部,長崎大学情報データ科学部(編)『データサイエンスの歩き方』 (2022)学術図書出版社. ISBN: 978-4-7806-0936-3□ 瓜生居室:あり(電子版)、徳大図書館:あり、市立図書館:なし、県立図書館:なし、

https://uribo.github.io/tokupon_ds/

https://github.com/uribo/cue2022aw_r104

動物のシルエットはPHYLOPIC https://www.phylopic.org/がクリエイティブ・コモンズライセンスで提供するものです。





