



MDS

0522 武分大祐

MDSとは...?

- 多次元尺度法(Multi-Dimensional Scaling)の略
- 個体間の親近性を2次元あるいは3次元空間で、類似度に応じてあらわす
- 近いほうが似ていて、遠いほうがそうでない
- 計量MDSと非計量MDSがある
- 計量MDSでは距離を用いる
- 非計量MDSでは類似度を用いる
- ブランドのマッピングなどで使える (らしい)

MDSのやり方

- 距離を求める
- 座標値を求める
- 2～3次元上で個体を配置する
- 信頼性について考察する

計量MDS

○ 関数cmdscaleを用いる

`Cmdscale(d, k = 2, eig = FALSE)`

d=関数distが返すような距離構造データ

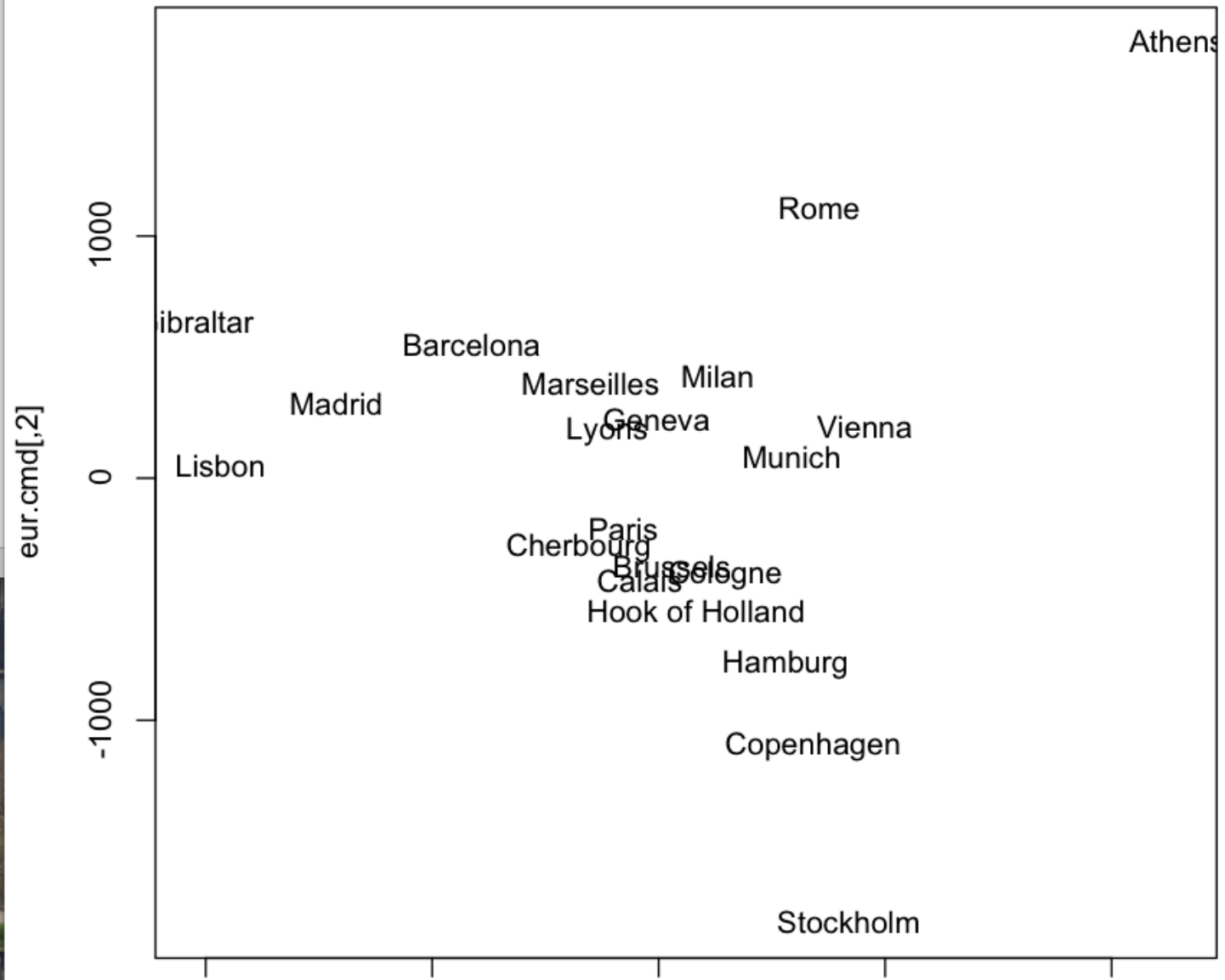
k=次元数

例 1

0 ヨーロッパの都市間の距離



```
>  
> (eur.cmd <- cmdscale(eurodist))  
  
      [,1]      [,2]  
Athens    2290.274680 1798.80293  
Barcelona -825.382790   546.81148  
Brussels   59.183341  -367.08135  
Calais    -82.845973  -429.91466  
Cherbourg -352.499435  -290.90843  
Cologne   293.689633  -405.31194  
Copenhagen 681.931545 -1108.64478  
Geneva    -9.423364   240.40600  
Gibraltar -2048.449113  642.45854  
Hamburg   561.108970  -773.36929  
Hook of Holland 164.921799 -549.36704  
Lisbon   -1935.040811   49.12514  
Lyons    -226.423236  187.08779  
Madrid   -1423.353697  305.87513  
Marseilles -299.498710  388.80726  
Milan    260.878046  416.67381  
Munich   587.675679   81.18224  
Paris    -156.836257  -211.13911  
Rome     709.413282  1109.36665  
Stockholm 839.445911 -1836.79055  
Vienna   911.230500   205.93020  
> plot(eur.cmd, type="n")  
> text(eur.cmd, rownames(eur.cmd))  
> |
```

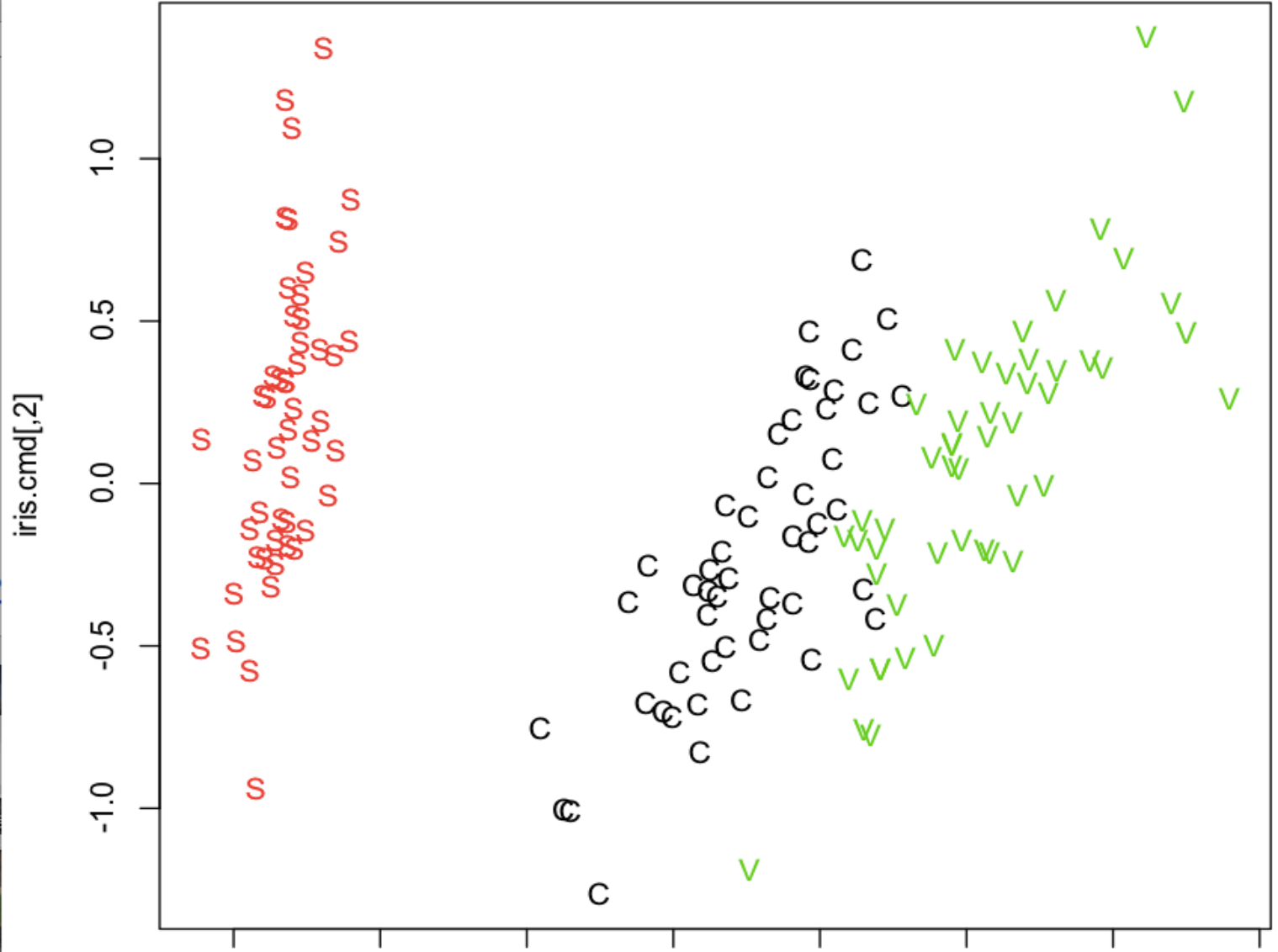


```
>  
> dhat <- dis(eur.cmd)  
エラー: 関数 "dis" を見つけることができませんでした  
> dhat <- dist(eur.cmd)  
> cor(eurodist,dhat)^2  
[1] 0.9722261
```


例 2

○ Iris (あやめの花)

```
>  
> iris.dist <- dist(iris[,-5])  
> iris.cmd <- cmdscale(iris.dist)  
> plot(iris.cmd,type="n")  
> iris.lab <- factor(c(rep("S",50),rep("C",50),rep("V",50)))  
> text(iris.cmd,labels=iris.lab,col=unclass(iris.lab))  
> |
```



非計量MDS

- カルスカルのストレス
統計量を最小にする方法
値が小さいほど当てはまりがよい
- 関数isoMDS or sammon or metaMDSを用いる

```
> install.packages("mlbench"); library(mlbench)
> install.packages("e1071"); set.seed(100)
> p<-mlbench.corners(n=160)
> lab=as.numeric(p$classes)      # 質的なラベルを量的に変換する
> x.dist<-dist(p$x)
> library(MASS)                  # sammonとisoMDSを用いるため
> par(mar=c(4.5,4.5,1,1), mfrow=c(2,2))
> plot(cmdscale(x.dist),pch=lab,col=lab)
> plot(sammon(x.dist)$points,pch=lab,col=lab)
> plot(isoMDS(x.dist)$points,pch=lab,col=lab)
> install.packages("vegan"); library(vegan) # metaMDSを用いるため
> x.dist2<-as.matrix(x.dist)
> plot(metaMDS(x.dist2)$point,pch=lab,col=lab)
```

< 図4.5 >

