

```

#母集団の仮定(x1, x2 それぞれ 10000 ケース)
#平均値 50, 標準偏差 10 の正規分布をするように作成。点数は 1 点きざみに。
x1 <- rnorm(10000, mean = 50, sd = 10)
x1 <- round(x1, digits = 0)

x2 <- rnorm(10000, mean = 50, sd = 10)
x2 <- round(x2, digits = 0)

mean(x1)
sd(x1)
mean(x2)
sd(x2)

#サンプリング(200 ケースを抽出)して t 値を計算 (教科書の式を利用)
#実際 (実践的) には t_p2 を少し変更したものが使われる (「よくわかる…」 p.147 の
一番下の式)
samp_x1 <- sample(x1, 200, replace = FALSE)
samp_x2 <- sample(x2, 200, replace = FALSE)

#samp_x1 の基礎統計量
print(m1 <- mean(samp_x1))
print(sd1 <- sd(samp_x1))
print(n1 <- length(samp_x1))
#samp_x2 の基礎統計量
print(m2 <- mean(samp_x2))
print(sd2 <- sd(samp_x2))
print(n2 <- length(samp_x2))
#t 値を計算
t_p1 <- m1-m2
t_p2 <- (n1*sd1^2+n2*sd2^2)/(n1+n2-2)
t_p3 <- (1/n1)+(1/n2)
t <- t_p1/sqrt(t_p2*t_p3)
t

#nn 人のサンプリングを rr 回繰り返したときの t 値の分布の様子をシミュレーション
する
#以下で nn と rr を指定
n <- 10
rr <- 10000

box0 <- rep(NA, rr)
t_box <- matrix(box0, ncol=1)

```

```

for(m in 1:rr) {
  samp_x1 <- sample(x1, n, replace = FALSE)
  samp_x2 <- sample(x2, n, replace = FALSE)
  #samp_x1 の基礎統計量
  m1 <- mean(samp_x1)
  sd1 <- sd(samp_x1)
  n1 <- length(samp_x1)
  #samp_x2 の基礎統計量
  m2 <- mean(samp_x2)
  sd2 <- sd(samp_x2)
  n2 <- length(samp_x2)
  #t 値を計算
  t_p1 <- m1-m2
  t_p2 <- (n1*sd1^2+n2*sd2^2)/(n1+n2-2)
  t_p3 <- (1/n1)+(1/n2)
  t <- t_p1/sqrt(t_p2*t_p3)
  t_box[m,1] <- t }

colnames(t_box) <- c("t_value")
t_box <- data.frame(t_box)

hist(t_box$t_value, breaks=seq(-6, 6, 0.25))

```