

```

#母集団の作成 (n=10000, r=.57)
#以下で該当部分を書き換えれば, 他の状況も作り出せる
library(MASS)
x <- matrix(c(1, 0.57, 0.57, 1), ncol=2)
data <- mvrnorm(n= 10000, mu= c(0, 0), Sigma= x, empirical= TRUE)

d.data <- data.frame(data)
colnames(d.data) <- c("value_a", "value_b")

plot(d.data, xlim=c(-5, 5), ylim=c(-5, 5))

#上の母集団からnn1個のデータをサンプリングして散布図を作成
nn1 <- 100
qq1 <- c(1:10000)
qq2 <- sample(qq1, nn1, replace= FALSE)
sub.d.data <- subset(d.data[qq2, ])

plot(sub.d.data, xlim=c(-5, 5), ylim=c(-5, 5))

#サンプルの相関を算出(3つのやり方)
cor(sub.d.data$value_a, sub.d.data$value_b)
cor(sub.d.data)
cor.test(sub.d.data$value_a, sub.d.data$value_b)

#母集団 (ケース数nn2, 相関rr)から, nn3個のデータをサンプリングすることをmm回繰り返す。
#サンプリングによって得られる値は, 母集団の相関とは少しズレる。たまには, 大きくズれることもある。
#ここが無相関検定への入り口になる
nn2 <- 100000
rr <- 0.561
nn3 <- 20
mm <- 100

x <- matrix(c(1, rr, rr, 1), ncol=2)
data <- mvrnorm(n= nn2, mu= c(0, 0), Sigma= x, empirical= TRUE)
d.data <- data.frame(data)

box0 <- rep(NA, mm)
box <- matrix(box0, ncol=1)
qq1 <- c(1:nn2)
for(m in 1:mm) {
  qq2 <- sample(qq1, nn3, replace = FALSE)
  sub.d.data <- subset(d.data[qq2, ])
  box[m,1] <- cor(sub.d.data$X1, sub.d.data$X2) }

#mm回で得られた相関係数をヒストグラムに
hist(box)
#うち, 0以下の値が得られた回数を表示
sum(box[,1]<=0)

```