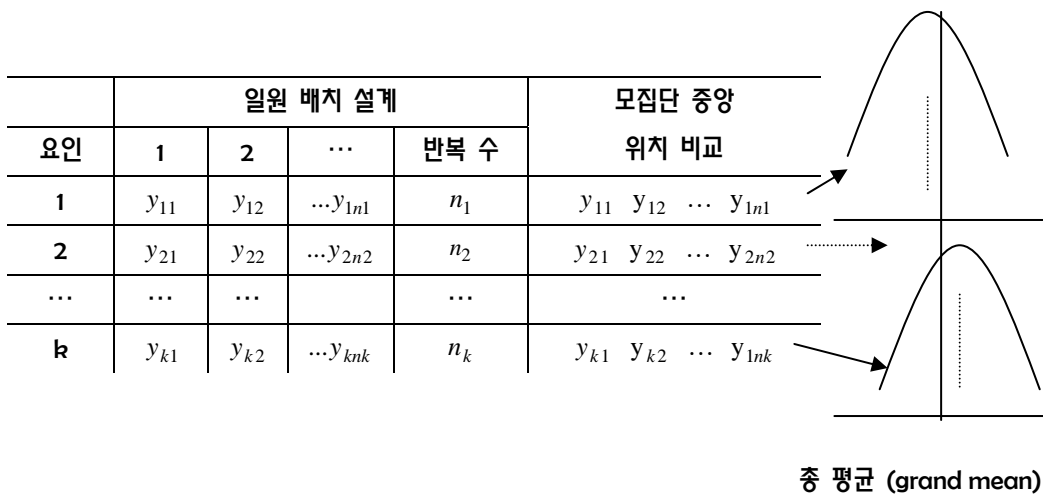


8.1 일원 분산 분석 (One-way ANOVA)

대한 분석 방법과 같다. 요인의 수준이 k 인 일원 배치 실험과 k 개의 모집단 중앙 위치에 대한 비교를 위한 자료 수집을 비교하면 다음과 같다.



표본 평균을 이용하여 모집단의 평균의 차이를 검정한다. 총 평균과 각 모집단의 평균의 차이가 크면 평균의 차이가 있을 것이다. 분산분석은 자료의 총 변동(SST)을 처리 변동과 (SStr: 총 평균과 각 모집단 평균차이 제곱합) 오차 변동(SSE= SST-SStr)으로 나누고 처리 변동이 오차 변동에 비해 많이 크면 모집단 평균의 차이가 있다, 즉 처리 효과의 차이가 있다고 결론 내린다. 물론 일원 분산 분석에서도 각 모집단의 분산은 등분산이어야 한다는 가정이 필요하다. 분산 분석 방법의 경우 반복 수는 크지 않으므로 대표본 성질을 이용할 수 없고 분산(변동)의 비(ratio)가 F-검정을 따른다는 것을 이용하여 분석하므로 가정을 하게 되는데 이것이 정규성 가정(normality assumption)이다.

등분산 가정이나 정규성 가정이 만족하지 않는 경우 사용되는 비모수 검정 방법으로는 Median 검정 일반, Kruskal-Wallis 분석 방법이 있다. 정규성이나 등분산성 가정 성립에 확신이 없으면 비모수적 방법을 사용해야 한다.

실험 계획에서 분산 분석에서 반복 수의 크기가 크지 않으므로(표본의 크기) 정규성이나 등분산 가정을 검정하는 것을 현실적으로 불가능하고 실험 계획에서는 측정치 수집 절차를 분석자가 관리하므로 실험 계획에서의 분산분석은 일반적으로 두 가정이 만족하다고 가정한다.

8.1 분산 분석: Analysis of Variance: ANOVA)

실험 설계

요인의 수준이 t 개이고 각 수준의 반복 수를 n_t 라고 한다면 다음과 같은 실험 설계 표를 만들고 각 셀에 1-n까지 번호를 차례로 매긴다. 난수표에 의해 실험 순서를 정하고 실험을 실험 단위(unit)에 실시하면 된다. 그러므로 일원 분산의 실험 설계는 각 셀에 번호를 부여한 후 난수를 이용하여 실험 순서를 결정하므로 이를 완전 임의 실험 설계(CRD: Completely Randomized Design)라 부르기도 한다.

비료 종류(A, B, C)에 따른 벼 수확량의 차이를 알아보기 위하여 실험을 한다고 하자. 반복 수는 각 비료에 대해 4번을 한다면 실험을 위해 총 12곳의 경작지가 필요하다.

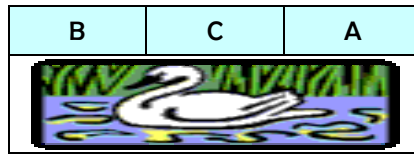
①	②	③
④	⑤	⑥
⑦	⑧	⑨
⑩	⑪	⑫

12 경작지가 땅의 비옥도가 동일하다면 CRD 방법을 이용하여 실험하면 된다. 난수표를 이용하여 임의로 비료를 배정할 수도 있지만 총 실험 수가 많지 않으므로 12 장의 종이에 각 번호를 적고 던진 후 하나씩 선택하여 실험을 배정하면 된다. 만약 1, 5, 2, 7, 12, 10 ..., 3 순으로 선택하였다면

① A	② A	③ C
④ B	⑤ A	⑥ B
⑦ A	⑧ C	⑨ C
⑩ B	⑪ C	⑫ B

만약 경작지 아래 개천이 흐른다면 물로부터 거리에 따라 땅의 비옥도의 차이는 있을 것이므로 CRD 방법은 적합하지 않다. 물의 위치에 따라 경작지를 나누고(블록화:block) 각 블록 내에서 각 비료를 하나씩 임의(randomized)로 배정하는 실험 계획을 실시하면 된다. 이를 Randomized Block Design이라 한다. 다음은 행이 (물에서 먼 정도) 블록이 되는 RBD 설계의 예이다.

A	B	C
A	C	B
C	A	B



예제 자료

다음은 3개 호수의 산소량의 차이가 있는지 알아보기 위하여 각 호수의 중앙에서 깊이 1m 의 물로부터 산소량(ppm)을 측정한 자료이다. 호수에서 위치에 따라 산소량의 차이가 있을 것이므로 10곳을 선택하여 각 산소량을 측정한 것이다.

Lake	Observation
1	0 2 1 3 1 2 3 4 1 5
2	1 3 4 6 8 7 5 3 4 5
3	14 26 25 18 19 22 21 16 20 30

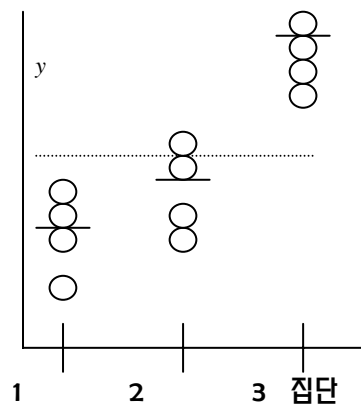
모형

$$y_{ij} = u + \tau_i + e_{ij} = \mu_i + e_{ij} \quad i = 1, 2, \dots, k \text{ (집단)} \quad j = 1, 2, \dots, n_i$$

주정치: $(y_{ij} - \bar{y}) = (y_{ij} - \bar{y}_i) + (\bar{y}_i - \bar{y})$

변동: $\sum \sum (y_{ij} - \bar{y})^2 = \sum \sum (y_{ij} - \bar{y}_i)^2 + \sum \sum (\bar{y}_i - \bar{y})^2$

$$SST = SSE + SStr$$



등분산 가정 검정 Hartley' s test

귀무가설: $H_0 : \sigma_1^2 = \sigma_2^2 = \dots = \sigma_i^2$

검정통계량: $F_{\max} = \frac{\max(s_i^2)}{\min(s_i^2)} \sim F(\text{자유도 : 분자표본크기}-1, \text{분모표본크기}-1)$

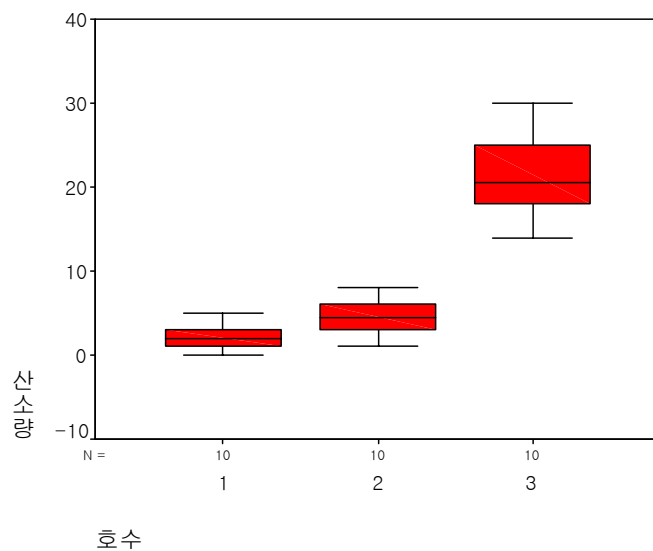
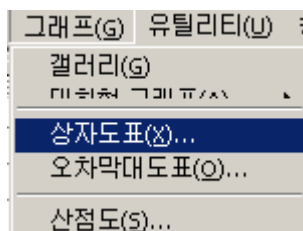
모형 유의성 검정 (분산 분석표) $H_0: all \tau_i = 0$ (집단 간 평균 차이는 없다)

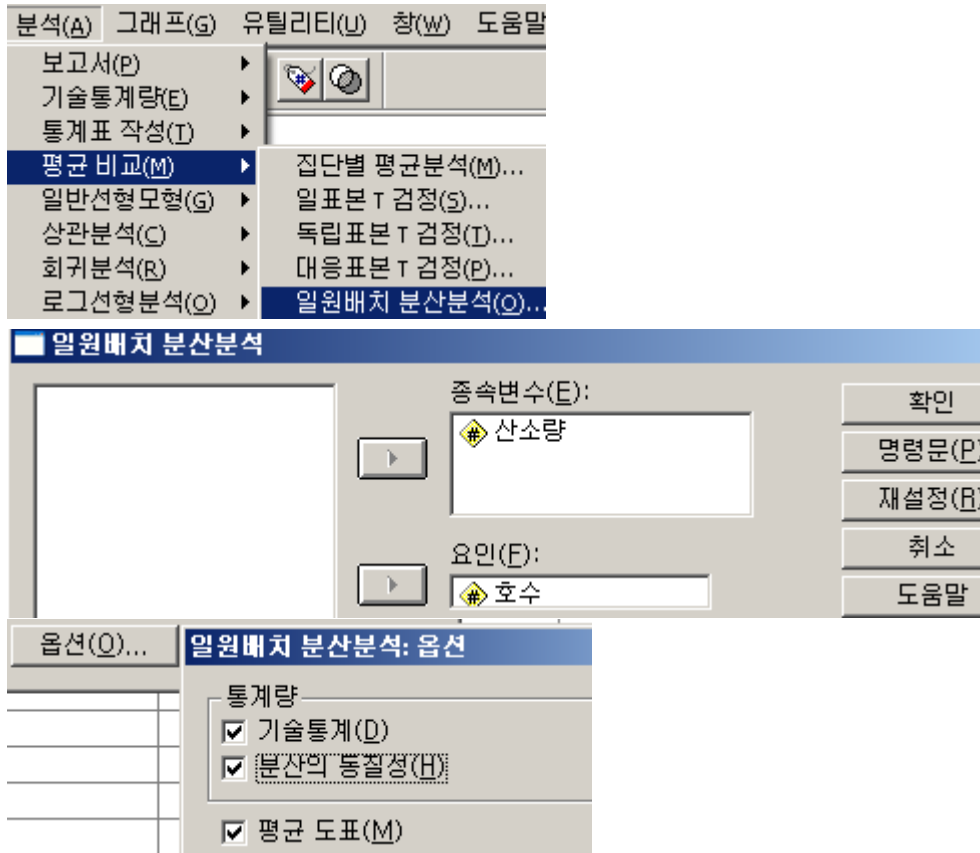
변동	자유도	SS	MS	검정
요인	$k-1$	$SStr = \sum \sum (\bar{y}_i - \bar{y})^2$	$MStr = SStr / (k - 1)$	$F = \frac{MStr}{MSE}$
오차	$n-k$	$SSE = SST - SStr$	$MSE = SSE / (n - k)$	
총합	$n-1$	$SST = \sum \sum (y_{ij} - \bar{y})^2$		$\sim F(k-1, n-k)$

SPSS 활용

산소량	호수
0	1
2	1
1	1
3	1
1	1
2	1
3	1
4	1
1	1
5	1
1	2
3	2
4	2

집단별(호수별) 상자수염 그림을 그려 시각적으로 평균 차이를 판단한다.





기술통계

산소량

	N	평균	표준편차	평균에 대한 95% 신뢰 구간	
				하한값	상한값
1	10	2.20	1.55	1.09	3.31
2	10	4.60	2.07	3.12	6.08
3	10	21.10	4.84	17.64	24.56
합계	30	9.30	9.07	5.91	12.69

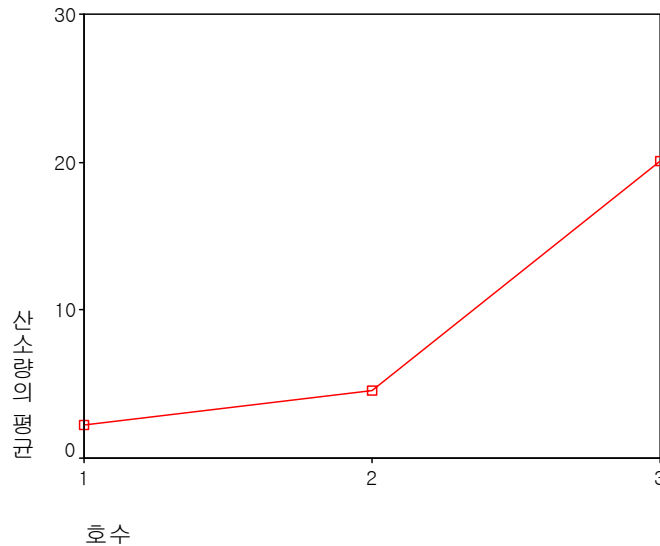
분산의 동질성에 대한 검정

산소량

Levene 통계량	자유도1	자유도2	유의확률
3.536	2	26	.044

유의확률이 0.044이므로 분산은 동일하지 않다. (이는 이미 상자 수염 그림에서 예견하고 있었다.) 그러나 앞에서 언급하였듯이 등분산 가정 무시하고(실험 설계, 측정이 제대로 되었다면 등분산 가정을 검정

할 필요는 없다) 분산 분석 사용하거나 비모수 방법을 사용하면 된다.



분산분석

산소량

	제곱합	자유도	평균제곱	F	유의확률
집단-간	2117.400	2	1058.700	105.518	.000
집단-내	270.900	27	10.033		
합계	2388.300	29			

집단간이 요인 혹은 처리 효과 변동이고 집단 내가 오차 변동이다. 유의 확률이 <.001이므로 귀무가설 (H_0 : 호수1, 2, 3의 산소량 평균은 같다.) 기각되어 집단간 (호수간) 산소량 평균 차이는 존재한다.

8.2 사후 검정 (Post-hoc test) 혹은 다중 비교 (multiple comparison)

8.2.1 다중 비교

분산 분석의 F-검정은 단지 귀무가설 $H_0 : u_1 = u_2 = \dots = u_t$ 즉 전체적인 차이를 검정하는 것이다. 그러므로 수준별 차이(pairwise: 예: $H_0 : u_1 = u_3$)가 있는지 혹은 수준의 선형 결합 대비(contrast: 예:

$H_0 : u_1 = \frac{u_2 + u_3}{2}$)의 차이가 있는지 검정할 필요가 있는데 이를 사후 검정 혹은 다중 비교(대비 포함)

라 한다. 사후 검정이므로 비록 F-검정 결과와 관계없이 (귀무가설을 채택하더라도) 시행하게 된다.

다중 비교에서는 여러 개의 가설을 동시에 검정하므로 유의수준을 조정해야 한다. 이를 조정된 실험 유

의수준 (controlled experimental error rate)이라 하고 $1 - (1 - \alpha)^c$ 이다. 여기서 c 는 가설 수를 의미한다. pairwise 다중 비교의 경우 $c = t(t-1)/2$ 가 된다.

Fisher's Least Significant Difference

pairwise (두 수준별 평균 비교) 검정에 사용하나 이는 다중 비교에 해당되지는 않는다. 두 모집단 평균 차이 검정에서 통합 분산 (pooled variance) 대신 MSE 사용한다.

Tukey HSD(honestly significant difference) procedure

$$q = \frac{\bar{Y} - \bar{Y}_j}{MSE/\sqrt{n}} \text{ 분포에 대한 표 제공}$$

가장 보수적인(귀무가설 기각하지 않음) 방법이다. → 자연 과학에서 가장 많이 이용한다.

Student-Newman-Keuls procedure

Tukey 방법의 변형한 것으로 표만 다르다. 즉 임계치(critical value)만 차이가 있고 방법은 Tukey 와 동일하다.

Duncan Multiple range test

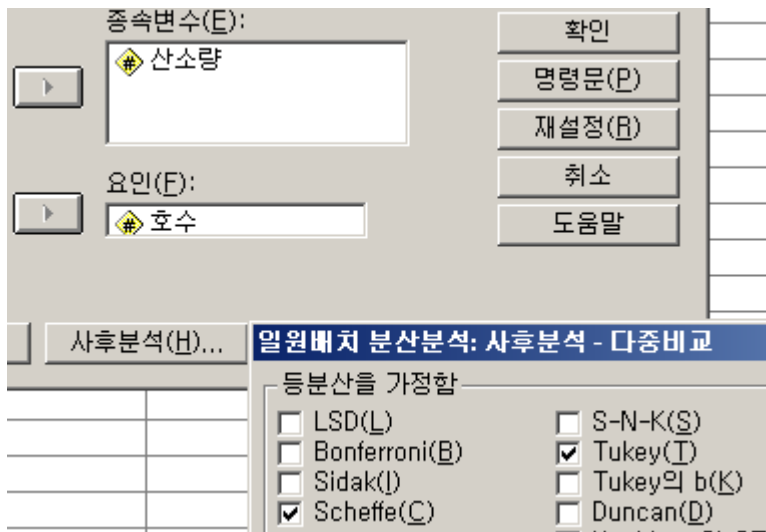
Tukey 방법과 매우 유사하나 수준별 표본 평균을 크기 순으로 나열하여 차이가 가장 큰 것을 비교해 가면서 유의 수준을 $1 - (1 - \alpha)^r$ 으로 조정해 가면서 검정한다. r 은 검정 단계 순서이다. 귀무가설을 기각할 확률이 매우 높아 자주 사용하지 않는다.

Scheffe's S method

대비(contrast)까지 고려한 다중 비교 방법이다. → 사회 과학 분야

Dunnett's procedure

처리 효과의 수준 하나가 control (실험 집단)인 경우 (예: placebo 집단, 교육을 하지 않는 집단, 이전 약 투여 집단) 이 집단과 다른 집단들을 pairwise 비교할 경우 사용된다.



다중 비교

종속변수: 산소량

	(I) 호수	(J) 호수	평균차 (I-J)	표준오차	유의확률	95% 신뢰구간	
						하한값	상한값
Tukey HSD	1	2	-2.40	1.42	.226	-5.91	1.11
		3	-18.90*	1.42	.000	-22.41	-15.39
	2	1	2.40	1.42	.226	-1.11	5.91
		3	-16.50*	1.42	.000	-20.01	-12.99
	3	1	18.90*	1.42	.000	15.39	22.41
		2	16.50*	1.42	.000	12.99	20.01
Scheffe	1	2	-2.40	1.42	.256	-6.07	1.27
		3	-18.90*	1.42	.000	-22.57	-15.23
	2	1	2.40	1.42	.256	-1.27	6.07
		3	-16.50*	1.42	.000	-20.17	-12.83
	3	1	18.90*	1.42	.000	15.23	22.57
		2	16.50*	1.42	.000	12.83	20.17

*. .05 수준에서 평균차가 큼니다.

Tukey나 Scheffe 결과는 유사하다. 호수1과 호수 3, 호수2와 호수 3의 산소량 평균 차이는 존재하지만 호수1과 호수 2의 산소량의 차이는 유의하지 않다. 유의한 차이가 있는 곳에 * 표시가 있다. 평균 차이 검정의 유의 확률을 보면 된다.

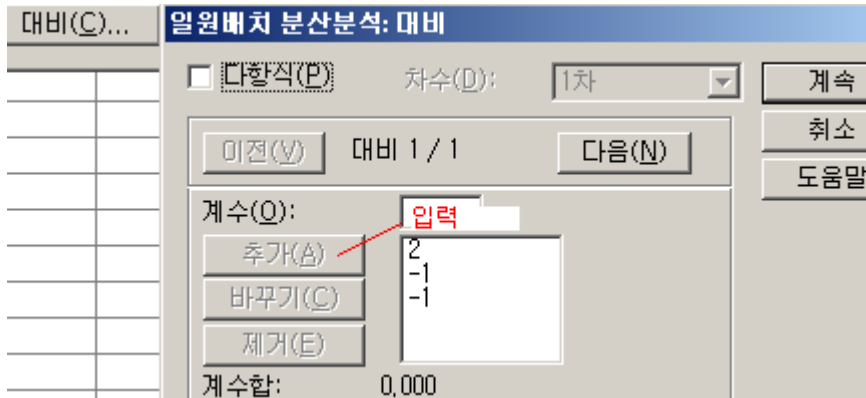
8.2.2 대비 (contrast)

처리 효과 수준별 선형 결합의 차이가 있는지 알아보기 위한 분석 방법이다.

대비 설정 예제: 호수 1이 동쪽에 있고 호수 2, 3이 서쪽에 있는 경우 동쪽 호수와 서쪽 호수간의 산소량

의 차이가 있는가? 대비: $Q = u_1 - (u_2 + u_3)/2 \rightarrow$ 추정치? $Q = \bar{y}_1 - (\bar{y}_2 + \bar{y}_3)/2$

검정 통계량: $F = \frac{(Q)^2}{MSE(\sum \frac{c_i^2}{n_i})} \sim F(1, n-t)$ where $c = \sum c_i$ 이고 c_i 는 수준 앞 계수



계수 합은 0이어야 한다

대비계수

대비	호수		
	1	2	3
1	2	-1	-1

대비검정

		대비	대비 값	표준오차	t	유의확률 (양쪽)
산소량	등분산 가정	1	-20.31	2.07	-9.796	.000
	등분산을 가정	1	-20.31	1.76	-11.548	.000

유의확률이 <0001이므로 귀무가설이 ($H_0 : u_1 = (u_2 + u_3)/2$) 기각된다. 그러므로 동쪽 호수와 서쪽 호수 간에 산소량의 차이는 있다.

8.4 이원 분산 분석 (two-way ANOVA)

처리 효과가 (요인) 두 개인 경우 이원 분산 분석이라 한다. 앞에서 살펴본 Randomized Block Design의 경우에는 블록은 요인이 아니면 단지 실험의 정도를 높이기 위하여 사용하였다.

8.4.1 RBD (randomized block design)

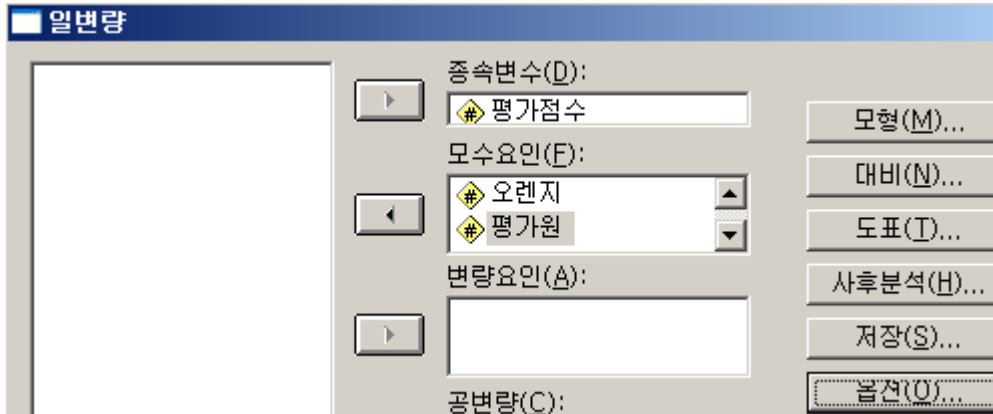
$$Y_{ijk} = \mu + \tau_i + \beta_j + e_{ijk} \quad i=\text{요인}, j=\text{블록}, b=\text{블록 개수}, k=\text{요인 수준 수}$$

변동	자유도	SS	MS	검정
요인	k-1	$SStr = \sum \sum (\bar{y}_i - \bar{y})^2$	$MStr = SStr / (k - 1)$	$F = \frac{MStr}{MSE}$
블록	b-1	$SSb = \sum \sum (\bar{y}_j - \bar{y})^2$	$MSb = SSb / (b - 1)$	
오차	n-k	$SSE = SST - SStr - SSb$	$MSE = SSE / (n - t)$	$\sim F(t - 1, n - k)$
총합	n-1	$SST = \sum \sum (y_{ij} - \bar{y})^2$		

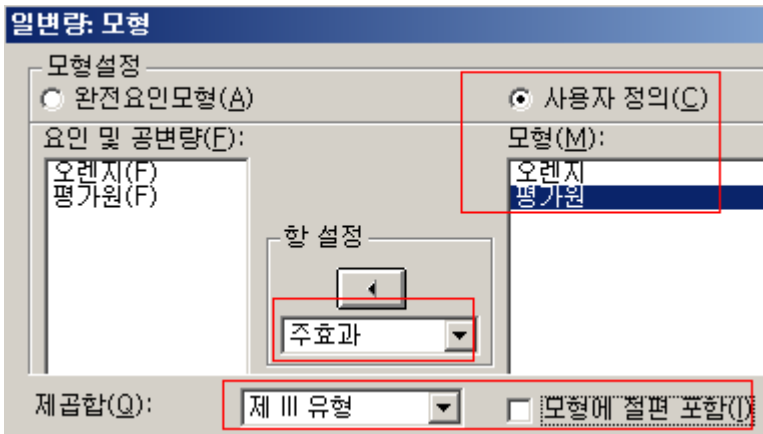
4개 제품 오렌지 주스의 맛을 평가하기 위하여 평가 요원 5명을 선발하였다. 평가 요원에 따른 평가 성향의 차이가 있으므로 평가 요원이 블록 역할을 한다. 평가 점수는 10점 만점이다.

평가 요원	I	II	III	IV
1	8	6	8	4
2	7	7	8	3
3	8	6	6	2
4	9	6	6	2
5	6	7	7	1

	평가점수	오렌지	평가원
분석(A) 그래프(G) 유틸리티(U) 창(C)	8	1	1
보고서(P)	7	1	2
기술통계량(E)	8	1	3
통계표 작성(T)	9	1	4
평균 비교(M)	6	1	5
일반선형모형(G)	6	2	1
일변량(U)...	7	2	2



모형(M)..



블록은 요인이 아니므로 주효과만 보면 된다. Type 3 SS는 partial SS로 각 요인들의 유의성을 검정하는데 사용된다. (회귀 분석의 t-검정과 유사하다.)

개체-간 효과 검정

종속변수: 평가점수

소스	제 III 유형 제공합	자유도	평균제곱	F	유의확률
모형	771.700 ^a	8	96.463	102.438	.000
오렌지	82.950	3	27.650	29.363	.000
평가원	4.300	4	1.075	1.142	.383
오차	11.300	12	.942		
합계	783.000	20			

a. R 제곱 = .986 (수정된 R 제곱 = .976)

오렌지에 따른 평가 점수의 차이는 있다. 그런데 블록으로 사용된 평가원은 예상과는 달리 유의하지 않았다. (블록 효과로 사용되는 요인은 유의해야 한다.) 만약 유의하지 않으면 오렌지 요인만 사용하여 일

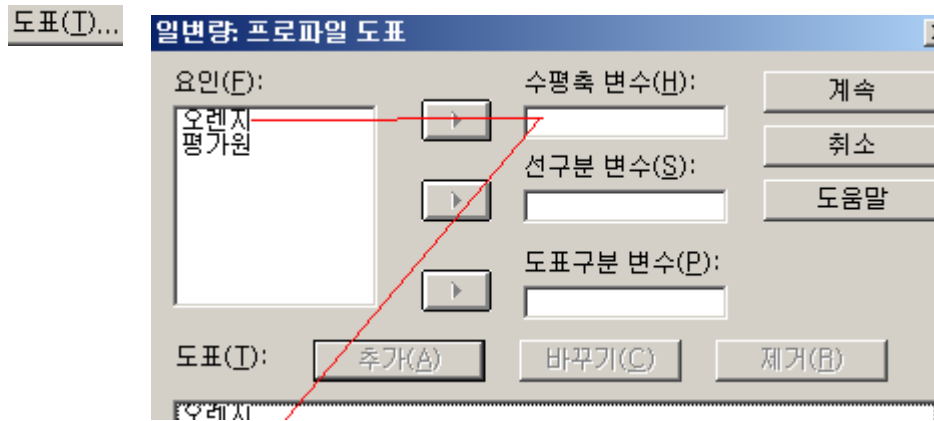
원 분산 분석을 실시해야 한다. 다음 결과는 일원 분산 분석 결과이다. 평가원 변동이 오차 변동에 삽입되었고 오차 평균 제곱합은 1.075에서 0.975로 줄어들어 오렌지 요인에 대한 유의 확률이 높아진다.

분산분석

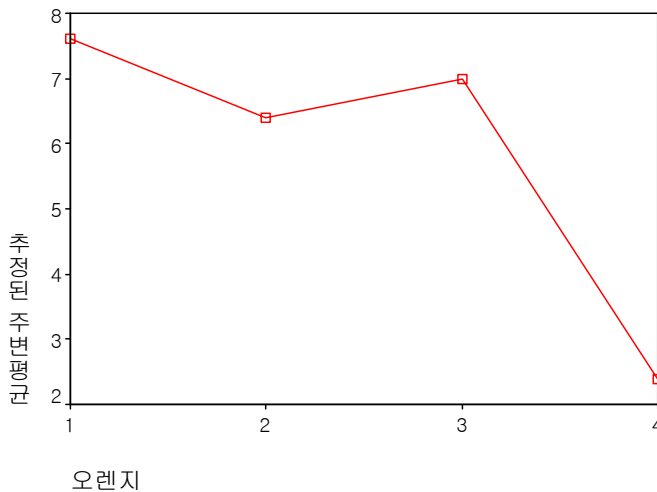
평가점수

	제곱합	자유도	평균제곱	F	유의확률
집단-간	82.950	3	27.650	28.359	.000
집단-내	15.600	16	.975		
합계	98.550	19			

블록 효과가 없었지만 RBD 결과로 아래 설명을 계속 하겠다.



평가점수의 추정된 주변평균



사후분석(H)... 일원 분산 분석과 해석 방법은 동일하다.

모형

$$Y_{ijk} = \mu + A_i + B_j + (AB)_{ij} + e_{ijk}$$

귀무가설:

$$H_0 : A_1 = A_2 = \dots = A_a = 0 \quad (\text{요인 A 주효과})$$

$$H_0 : B_1 = B_2 = \dots = B_b = 0 \quad (\text{요인 B 주효과})$$

$$H_0 : AB_{ij} = 0, \forall i, j \quad (\text{요인 A, B 상호 작용 효과})$$

변동	자유도	SS	MS	검정
요인 A	$\alpha-1$	SS α	MS α	$F_a = MS\alpha / MSE$ $F_b = MSb / MSE$ $F_{ab} = MSab / MSE$
요인 B	$b-1$	SS b	MS b	
상호 AB	$(\alpha-1)(b-1)$	SS ab	MS ab	
오차	$n-ab$	SSE	MSE	
총합	$n-1$			

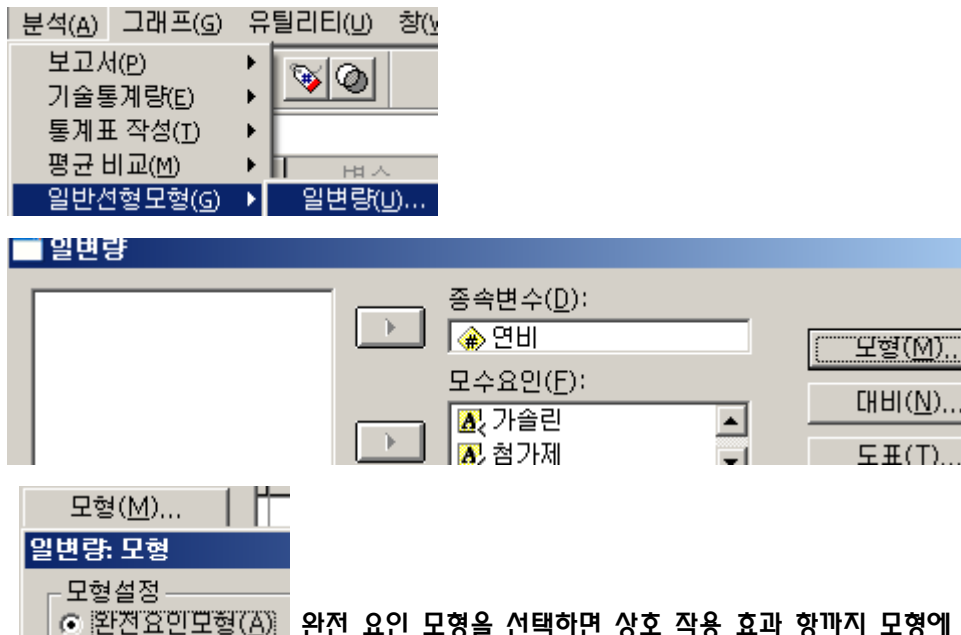
α =요인 A의 수준 수, b =요인 B의 수준 수

만약 상호 작용이 유의하지 않으면 상호 작용을 제외한다. 이 경우 상호 작용 변동은 오차항에 삽입되어 요인의 주효과의 유의 정도를 높이는 역할을 한다.

예제 자료

다음은 가솔린 종류(A, B, C)와 첨가제(1, 2, 3, 4)에 따른 연비의 차이가 있는 알아보기 위하여 동일 차종 24대를 이용하여 (물론 차에 의한 차이도 있을 것이라 생각되지만 무시한다) 측정한 결과이다.

가솔린 \ 첨가제	첨가제			
	1	2	3	4
A	27.4 28.6	33 32	33.5 32.3	30.8 29.7
B	33.3 34.5	35.6 34.4	33.4 33.1	29.6 30.6
C	33 33.5	34.7 33.3	33 32	28.6 29.8



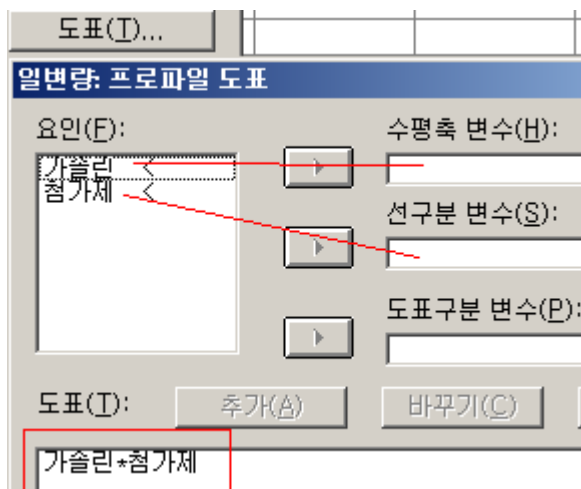
완전 요인 모형을 선택하면 상호 작용 효과 항까지 모형에 삽입된다.

개체-간 효과 검정

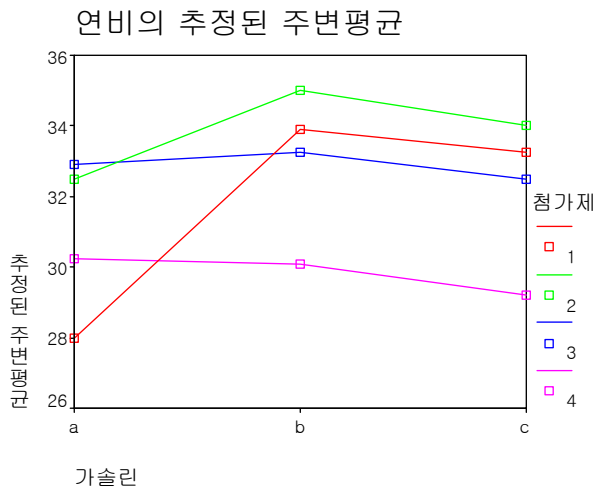
종속변수: 연비

소스	제 III 유형 제곱합	자유도	평균제곱	F	유의 확률	
모형	24787.915 ^a	12	2065.660	3616.034	.000	모두 유의
가솔린	18.823	2	9.412	16.476	.000	
첨가제	52.945	3	17.648	30.894	.000	
가솔린 * 첨가제	31.227	6	5.204	9.111	.001	
오차	6.855	12	.571			
합계	24794.770	24				

a. R 제곱 = 1.000 (수정된 R 제곱 = .999)

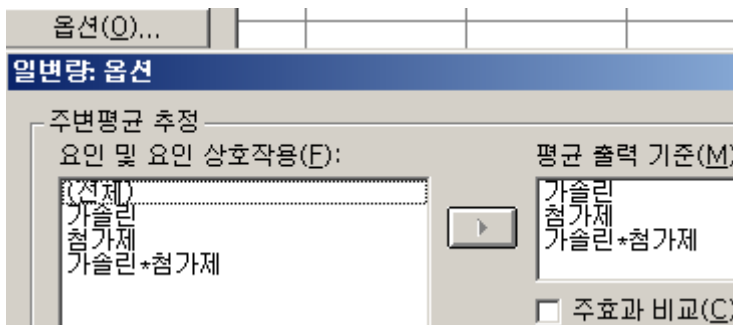


수평축과 선구분 변수 설정 후 추가버튼



가솔린 요인을 보면 b 타입의 연비가 가장 높고 첨가제 2의 연비가 가장 높아 보인다. (분산 분석표 결과에 의하면 전체적인 차이가 있다. 각 쌍의 차이 검정은 사후 검정을 실시한다. 유의하지 않은 요인에 대해서도 사후 분석은 필요하다.)

상호 작용 해석: 가솔린 a 타입의 경우 첨가제 1을 사용하면 평균보다 연비가 더 떨어진다. 가솔린 b, 첨가제 2를 사용하면 가장 높은 연비를 얻을 수 있다. 각 요인의 수준별 평균과 교차 수준의 평균을 출력하려면 “옵션” 메뉴를 다음과 같이 설정하면 된다.

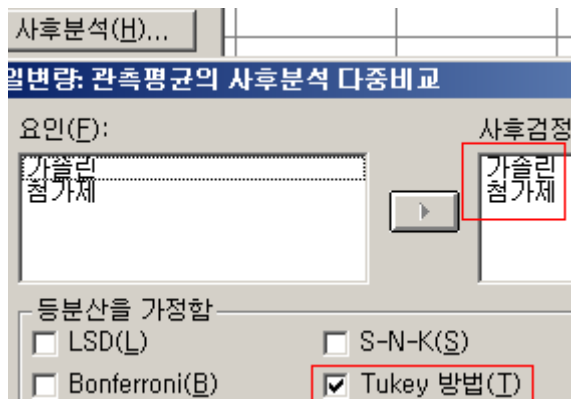


요인 수준별 평균 출력 결과는 생략하였다.

3. 가솔린 * 첨가제

종속변수: 연비

가솔린	첨가제	평균	표준오차	95% 신뢰구간	
				하한값	상한값
a	1	28.000	.534	26.836	29.164
	2	32.500	.534	31.336	33.664
	3	32.900	.534	31.736	34.064
	4	30.250	.534	29.086	31.414
b	1	33.900	.534	32.736	35.064
	2	35.000	.534	33.836	36.164
	3	33.250	.534	32.086	34.414
	4	30.100	.534	28.936	31.264
c	1	33.250	.534	32.086	34.414
	2	34.000	.534	32.836	35.164
	3	32.500	.534	31.336	33.664
	4	29.200	.534	28.036	30.364



다중 비교

종속변수: 연비

Tukey HSD

(I) 가솔린	(J) 가솔린	평균차(I-J)	표준오차	유의확률	95% 신뢰구간	
					하한값	상한값
a	b	-2.1500*	.3779	.000	-3.1582	-1.1418
	c	-1.3250*	.3779	.011	-2.3332	-.3168
b	a	2.1500*	.3779	.000	1.1418	3.1582
	c	.8250	.3779	.115	-.1832	1.8332
c	a	1.3250*	.3779	.011	.3168	2.3332
	b	-.8250	.3779	.115	-1.8332	.1832

관측된 평균에 기초합니다.

*.05 수준에서 평균차는 유의합니다.