고고학 자료 통계분석

Week 2 : 기초 통계(1)

숨실대학교 사학과 석사과정 1학기 주 찬 혁

계획

주차	제목	내용
1	Intro	<u> </u>
2	기초 통계(1)	모집단과 표본, 기술통계량
3	기초 통계(2)	변수의 종류, 가설과 오류, 분석 절차
4	전처리	데이터 전처리
5	시각화	다양한 종류의 그래프
6	검정	t-검정, Median Polish
7	회귀분석	선형회귀, 다중선형회귀, 로지스틱회귀
8	군집분석	K-means,
9	판별분석	DA, MDA
10	주성분분석	PCA

복습

- 고고학 자료에 대한 통계 분석은 왜 필요한가?
- 본인의 컴퓨터에 R을 설치
- 본인의 컴퓨터에 R Studio를 설치
- 필요한 R Package를 설치

모집단과 표본

- 모집단(Population) : 연구 대상(고고학에서는 주로 과거의 실제 양상)
- 모수(Parameter) : 모집단의 톰계값
 - 모평균(μ), 모표준편차(σ), 모비율(p)
- 표본(Sample)
- 톰계량(Statistic) : 표본의 톰계값
 - 표본 평균(x), 표본 표준편차(S)

무집단과 포본 A유적의 주거 면적을 연구하는 중...

A유적의 실제 과거 모습 = <mark>알고 싶은 대상</mark> 주거 : 20기

모진 다 모수 주거 평균 면적 : 100㎡



































무집단과 포본 A유적의 주거 면적을 연구하는 중...

A유적의 현재 모습 = 모집단을 알아내기 위해 주어진 것

포보

통계량 주거지 평균 면적: 89㎡









주거지: 4기

표본조사의 미유

- 모집단을 알 수 없기 때문에(특히 고고학은...)
- 너무 많은 비용 발생
- 너무 많은 시간 소요
- 기타 등등...

표집(Sampling)

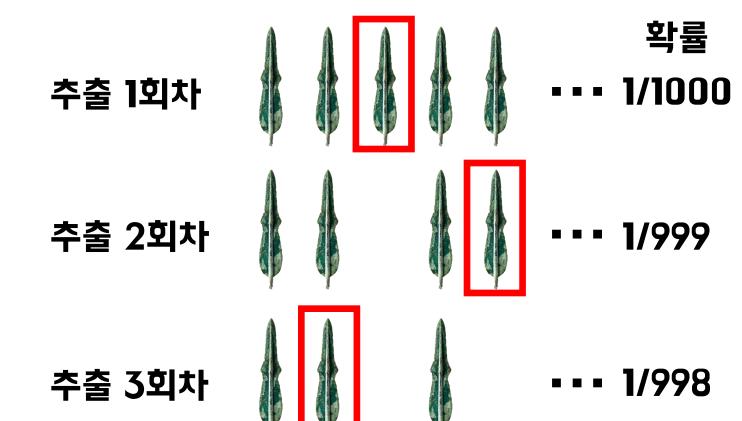
- 모집단으로부터 표본을 추출하는 과정
- 비확률표집(Non-probability Sampling)
 - 눈덩이표집, 할당표집 등 ...
- 확률표집(Probability Sampling)
 - 유층표집, 체계적표집 등 ...
 - 임의표집(Random Sampling)
 - 복원추출 : 한 번 선택된 요소의 재추출 가능
 - 비복원추출 : 한 번 선택된 요소는 추출에서 제외

비복원추출(Sampling without replacement)

모집단



X 1000

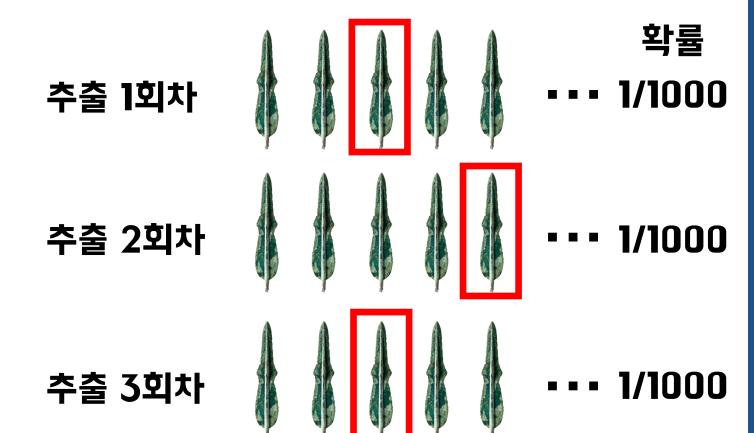


복원추출(Sampling with replacement)

모집단



X 1000



표집(Sampling)

- 대부분의 고고학자료는 임의표집된 것이 아니므로 편향의 가능성이 있음
- 고고학적 맥락을 살펴 편향을 줄이거나 없애야함

기술통계량

• 대상에 대한 수치적 요약 -> 표본(데이터)의 전반적인 형태를 알 수 있음

- 평균(Mean)
- 중암값(Median)
- 최빈값(Mode)
- 표준편차(Standard Deviation)
- 사분위수(Quartile)
- 표준오차(Standard Error, SE)

평균(Mean)

- 모든 값을 더해서 값의 개수로 나눈 것
- 데이터의 분포가 대칭을 이루고 있는 경우 유용

$$\frac{x_1 + x_2 + x_3 \dots x_n}{n}$$

중암값(Median)

- 값을 정렬했을 때 가장 중앙의 값
- 데이터의 분포가 한 쪽으로 치우친 경우 유용

표준편차(Standard Deviation)

- 분산(Variance)
 - 편차 제곱의 평균(편차 : 평균과의 차이)
 - 자료가 퍼진 정도
 - '제곱' 하기 때문에 값이 크게 증가한다는 단점
- 표준편차(Standard Deviation)
 - 분산의 제곱근
 - 분산의 단점 해결

$$V = \frac{(x_1 - m)^2 + (x_2 - m)^2 + \dots + (x_n - m)^2}{m}$$
 s = \sqrt{V}

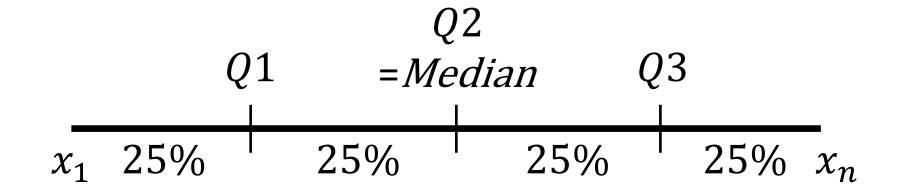
표준오차(Standard Error, SE)

- 표본 평균과 모평균 사이의 차이
- 표본평균의 표준편차

$$SE = \frac{\sigma}{\sqrt{n}}$$

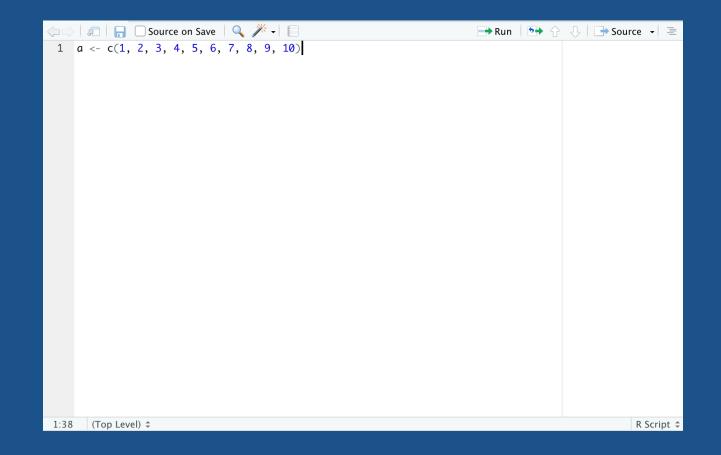
사분위수(Quartile)

- 값을 4개의 동일한 부분으로 나눈 값
- 중암값이 사용될 때 활용하기 좋음
- 데이터의 분포가 한 쪽으로 치우친 경우 유용



R 실습 - 데이터 준비

> 변수명 <- c(값1, 값2, 값3 ...)



R 실습 - 평균

> mean(데이터)

```
1 a <- c(1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10)
2
3 mean(a)
4:1 (Top Level) $
                                                      R Script $
```

```
Console Terminal × Jobs ×
R 4.1.0 · ~/ ≈
> a <- c(1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10)
> mean(a)
[1] 5.5
```

R 실습 - 중암값

> median(데이터)

```
1 a \leftarrow c(1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10)
3 median(a)
4:1 (Top Level) $
                                                      R Script $
```

```
Console Terminal × Jobs ×
R 4.1.0 · ~/ ≈
> a <- c(1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10)
> median(a)
[1] 5.5
>
```

R 실습 - 분산 및 표준편차

- > var(데이터)
- > sd(**GOE**)

```
Run Source - =
1 a \leftarrow c(1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10)
3 var(a)
4 sd(a)
5:1 (Top Level) $
                                                                 R Script $
```

```
Console Terminal ×
                    Jobs ×
R 4.1.0 · ~/ ≈
> a < -c(1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10)
> var(a)
[1] 9.166667
> sd(a)
[1] 3.02765
```

R 실습 - 사분위수

> quantile(데이터)

```
    □ □ Source on Save □ □ 
    ▼ ▼ □ □
                                                           1 a \leftarrow c(1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10)
 3 quantile(a)
4:1 (Top Level) $
                                                                                R Script $
```

```
Terminal × Jobs ×
R 4.1.0 · ~/ ≈
> a < -c(1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10)
> quantile(a)
  0% 25% 50% 75% 100%
1.00 3.25 5.50 7.75 10.00
```

R 실습 - Tip

> summary(데이터)

```
Run    Source - =
1 a \leftarrow c(1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10)
3 summary(a)
4:1 (Top Level) $
                                                                  R Script $
```

```
Console Terminal × Jobs ×
R 4.1.0 · ~/ ≈
> a < -c(1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10)
> summary(a)
  Min. 1st Qu. Median Mean 3rd Qu.
                                       Max.
  1.00 3.25
                 5.50
                        5.50
                              7.75
                                      10.00
```

R 실습 - 표준오차

plotrix 패키지로 간단히 계산 가능 > plotrix::std.error(데이터)

```
1 library(plotrix)
 a <- c(1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10)
 plotrix::std.error(a)
   (Top Level) $
                                                        R Script $
```

```
Terminal ×
                    Jobs ×
Console
R 4.1.0 · ~/ ≈
> library(plotrix)
> a < -c(1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10)
> plotrix::std.error(a)
Γ1 0.9574271
>
```