비모수통계 및 실습 #2

백규승

2017년 04월 05일

목차

1. 위치문제

wilcox.test

- R에서 Wilcoxon rank test를 진행할 수 있게 하는 함수 (내장함수)

- wilcox.test(x, y=null, alternative = c(“two.sided”, “less”, “greater”), mu=0, paired = FALSE, exact = NULL, correct = TRUE, conf.int = FALSE, conf.level = 0.95, ...)
  - x, y : 자료. 이표본 문제일 경우 y값을 입력. 일표본 문제일 경우 입력하지 않는다.
  - alternative : 대립가설
  - mu : 귀무가설 하에서의 위치모수
  - paired : 대응비교 여부
  - exact : 대표본 근사 사용여부
  - conf.int : 구간 추정 여부
- 동점 처리를 자동으로 해준다.

일표본 위치문제

- **예제 2.6** 다음은 어떤 대학의 신입생 중에서 13명의 학생을 랜덤하게 추출하여 수학능력시험 성적을 조사한 결과이다.

249 250 240 244 285 258 261 269 254 277 259 267 275

부호순위검정을 시행하여 이 학생들의 평균 수학능력시험 성적이 257과 심각하게 다른지를 유의수준 α=0.05 에서 알아보자.

일표본 위치문제

```
> score = c(249,250,240,244,285,258,261,269,254,277,259,267,275)
> wilcox.test(score, mu=257)

        Wilcoxon signed rank test

data:  score
V = 58, p-value = 0.4143
alternative hypothesis: true location is not equal to 257
```

- H0 : μ = 257 v.s. H1 : μ ≠ 257 (μ : 중앙값)
- 유의확률 : 0.4143 -> 유의수준 0.05에서 귀무가설을 기각.

∴ **평균 수학능력성적이 257점과 다르다고 할 수 있다.**

일표본 위치문제 - 대립가설

```
> wilcox.test(score, mu=257, alternative = "greater")

        Wilcoxon signed rank test

data:  score
V = 58, p-value = 0.2072
alternative hypothesis: true location is greater than 257
```

- 옵션에서 alternative 값을 바꿔줌으로써 다른 귀무가설에 대해 검정을 진행 가능하다. (기본 설정 : 양측검정)

- H0 : μ = 257 v.s. H1 : μ > 257 (μ : 중앙값)
- 유의확률 : 0.2072 -> 유의수준 0.05에서 귀무가설을 기각.

  ∴ **평균 수학능력성적이 257점보다 크다고 볼 수 있다.**

일표본 위치문제 – 대표본 근사

```
> wilcox.test(score, mu=257, exact = F)

        Wilcoxon signed rank test with continuity correction

data:  score
V = 58, p-value = 0.4017
alternative hypothesis: true location is not equal to 257
```

- 옵션에서 exact를 False로 바꾸어주면 대표본근사를 이용한 계산 가능
- p-value가 0.4143에서 0.4017로 바뀐 것을 확인가능하다.

일표본 위치문제 – 구간추정

```
> wilcox.test(score, mu=257, conf.int=T, conf.level=0.95)

        Wilcoxon signed rank test

data:  score
V = 58, p-value = 0.4143
alternative hypothesis: true location is not equal to 257
95 percent confidence interval:
 251.5 269.0
sample estimates:
(pseudo)median
           260

> median(score)
[1] 259
```

- 옵션에서 conf.int를 True로 바꾸어주면 구간추정이 가능하다. (conf.level을 통해 신뢰도를 조절 가능)
- 95% 신뢰구간 : (251.5,269.0)
- 점추정량 : 260 <-> 표본 중앙값 :259 와 일치하지 않는 것을 확인할 수 있다.

부호검정과 부호순위검정

- 부호검정과 부호순위검정 모두 일표본 위치문제에서 중앙값에 대한 검정을 진행하는 방법이다.

- 두 방법의 차이는 무엇일까?

- (교재 p.41) 부호순위검정에는 모집단의 대칭성이 추가 가정으로 필요하다. 따라서 자료가 이러한 가정을 만족시키기 어려운 경우에는 부호검정을 실시해야 한다.

- 이러한 가정이 깨지면 무슨 문제가 생길까?

부호검정과 부호순위검정

- 모집단 : 지수분포 Exp(λ) 에서 표본을 생성해서 부호검정/부호순위검정을 진행
  - 지수분포는 right-skewed distribution -> 대칭성을 만족하지 못한다.
  - 지수분포의 중앙값 : $\ln 2/\lambda$ -> $\lambda = \ln 2$ 로 두고 표본을 생성
  - H0 : median = 1 v.s H1 : median ≠ 1
  - 유의수준 0.05에서 위 검정을 반복할 경우 결과는?

부호검정과 부호순위검정

```
> set.seed(0404)
> N = 50000 ; n = 100 ; c.w = c.s = 0 ; alpha= 0.05
> for(i in 1:N){
+   x = rexp(n, rate = log(2))
+   if( wilcox.test(x, mu = 1)$p.value  < alpha)
+     c.w = c.w + 1
+   t.s = sum(x>1)
+   if((t.s < qbinom(0.025, n,0.5) ) | (t.s > qbinom(0.025, n,0.5, lower.tail=F)-1 ))
+     c.s = c.s + 1
+ }
> c.s/N ; c.w/N
[1] 0.04644
[1] 0.38404
```

- 제 1종의 오류 (귀무가설이 참임에도 귀무가설을 기각할 확률) 계산
- 부호순위검정의 경우 제 1종의 오류가 0.38로 매우 높게 나옴

∴ **검정의 가설이 어긋나는 경우, 제 1종의 오류가 통제되지 않는다!**

부호검정과 부호순위검정

- **Q. 그렇다면 부호순위검정은 왜 존재할까?**

```
> set.seed(0404)
> N = 10000 ; n = 100 ; c.w = c.s = 0 ; alpha= 0.05
> for(i in 1:N){
+   x = rnorm(n)
+   if( wilcox.test(x, mu = 0)$p.value  < alpha)
+     c.w = c.w + 1
+   t.s = sum(x>0)
+   if((t.s < qbinom(0.025, n,0.5) ) | (t.s > qbinom(0.025, n,0.5, lower.tail=F)-1 ))
+     c.s = c.s + 1
+ }
> c.s/N ; c.w/N
[1] 0.0463
[1] 0.0508
```

- 평균이 0인 정규분포에서 표본을 추출해서 위 과정을 반복하면, 두 검정 모두 유의확률이 0.05 근처의 값이 나오는 것을 확인할 수 있다.

부호검정과 부호순위검정

```
> set.seed(0404)
> N = 10000 ; n = 100 ; c.w = c.s = 0 ; alpha= 0.05
> for(i in 1:N){
+   x = rnorm(n, 1, 4)
+   if( wilcox.test(x, mu = 0)$p.value  < alpha)
+     c.w = c.w + 1
+   t.s = sum(x>0)
+   if((t.s < qbinom(0.025, n,0.5) ) | (t.s > qbinom(0.025, n,0.5, lower.tail=F)-1 ))
+     c.s = c.s + 1
+ }
> c.s/N ; c.w/N
[1] 0.5283
[1] 0.6759
```

- 평균이 1이고 표준편차가 4인 정규분포에서 표본을 추출해서 위 과정을 반복하면, 윌콕슨 부호순위검정의 검정력이 더 높게 나오는 것을 확인할 수 있다.

부호검정과 부호순위검정

```
> set.seed(0404)
> N = 10000 ; n = 100 ; c.w = c.s = 0 ; alpha= 0.05
> for(i in 1:N){
+   x = rcauchy(n, 1, 10)
+   if( wilcox.test(x, mu = 0)$p.value  < alpha)
+     c.w = c.w + 1
+   t.s = sum(x>0)
+   if((t.s < qbinom(0.025, n,0.5) ) | (t.s > qbinom(0.025, n,0.5, lower.tail=F)-1 ))
+     c.s = c.s + 1
+ }
> c.s/N ; c.w/N
[1] 0.1083
[1] 0.0804
```

- 모집단이 대칭적이라고 해서 항상 부호순위검정이 높은 검정력을 가진것은 아니다.

이표본 위치문제

- **예제 3.4** 두 암기 방법(A,B)에 대해 기억시간에 차이가 있는지를 조사하려고 한다. 17명의 학생을 대상으로 8명에게는 A 방법을, 9명에게는 B 방법을 적용한 후 암기력에 대한 시험을 실시한 결과가 다음과 같다.

A : 90 86 72 65 44 52 46 38

B : 80 70 62 53 87 44 42 35 46

유의수준 α=0.05 에서 윌콕슨 순위합검정을 시행해 보자.

이표본 위치문제

```
> A = c(90, 86, 72, 65, 44, 52, 46, 38)
> B = c(80, 70, 62, 53, 87, 44, 42, 35, 46)
> wilcox.test(A,B)

        Wilcoxon rank sum test with continuity correction

data:  A and B
W = 41, p-value = 0.6646
alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0

Warning message:
In wilcox.test.default(A, B) : tie가 있어 정확한 p값을 계산할 수 없습니다
```

- wilcox.test 함수를 이용
- H0 : $\Delta = 0$ v.s. H1 : $\Delta \neq 0$ 를 검정
- 유의확률 : 0.6646으로 유의수준 0.05에서 귀무가설을 기각한다.
- 두 벡터 A와 B의 길이가 달라도 무방함을 확인가능하다.
- 자동적으로 동점처리를 해주나, warning message는 발생한다.

이표본 위치문제 - 추정

```
> wilcox.test(A,B,conf.int=T, conf.level=0.95)

        Wilcoxon rank sum test with continuity correction

data:  A and B
W = 41, p-value = 0.6646
alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -16.00005  26.00000
sample estimates:
difference in location
                     3

Warning messages:
1: In wilcox.test.default(A, B, conf.int = T, conf.level = 0.95) :
  tie가 있어 정확한 p값을 계산할 수 없습니다
2: In wilcox.test.default(A, B, conf.int = T, conf.level = 0.95) :
  tie가 있어 정확한 신뢰구간을 계산할 수 없습니다
```

- 점추정량 : 3,   95% 신뢰구간 : (-16, 26)

대응비교

- **예제 3.D** 12쌍의 일란성 쌍둥이에게 서로 상대방에 대한 공격성향을 측정하는 심리검사를 실시하였다. 높은 점수는 더 공격적임을 나타내고 있다.

형 :	**86**	**71**	**77**	**68**	**91**	**72**	**77**	**91**	**70**	**71**	**88**	**87**
동생 :	**88**	**77**	**76**	**64**	**96**	**72**	**65**	**90**	**65**	**80**	**81**	**72**

형과 아우 사이에 공격성이 차이가 있는지를 유의수준 α=0.05 에서 검정하여라.

대응비교

```
> old = c(86, 71, 77, 68, 91, 72, 77, 91, 70, 71, 88, 87)
> young = c(88, 77, 76, 64, 96, 72, 65, 90, 65, 80, 81, 72)
> wilcox.test(old, young, paired = T)

        Wilcoxon signed rank test with continuity correction

data:  old and young
V = 41.5, p-value = 0.4765
alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0

Warning messages:
1: In wilcox.test.default(old, young, paired = T) :
  tie가 있어 정확한 p값을 계산할 수 없습니다
2: In wilcox.test.default(old, young, paired = T) :
  cannot compute exact p-value with zeroes
```

- 옵션에서 paired = True로 바꿔줌으로써 대응비교가 가능하다.
- 유의확률 0.4765로 유의수준 0.05에서 귀무가설을 기각한다.

대응비교

```
> wilcox.test(old- young)

        Wilcoxon signed rank test with continuity correction

data:  old - young
V = 41.5, p-value = 0.4765
alternative hypothesis: true location is not equal to 0

Warning messages:
1: In wilcox.test.default(old - young) :
  tie가 있어 정확한 p값을 계산할 수 없습니다
2: In wilcox.test.default(old - young) :
  cannot compute exact p-value with zeroes
```

- 대응비교 결과는 두 벡터간의 차이를 이용한 일표본 윌콕슨 순위합검정과 동일한 결과임을 확인할 수 있다.

2. 이표본 척도문제

ansari.test

- R에서 Ansari-Bradley test를 진행할 수 있게 하는 함수 (내장함수)

- ansari.test(x, y=null, alternative = c("two.sided", "less", "greater"), exact = NULL, conf.int = FALSE, conf.level = 0.95, …)
  - x, y : 자료.
  - alternative : 대립가설
  - exact : 대표본 근사 사용여부
  - conf.int : 구간 추정 여부
- 동점 처리를 자동으로 해준다.
- 귀무가설로 '두 모집단의 척도가 같다' 밖에 설정할 수 없다.

이표본 척도문제

- **예제 4.7** 길이를 측정하는 두 측정기기의 정밀도를 조사하기 위하여 다음 자료를 얻었다. 기기 A가 기기 B보다 더 정밀한 측정을 하는지 앤서리-브래들리 검정을 하여 보자.

기기 A : 6.67 6.71 6.69 6.74 6.65 6.72

기기 B : 6.54 6.77 6.43 6.82 6.74 6.79

이표본 척도문제

```
> ansari.test(a,b, alternative = "less")

        Ansari-Bradley test

data:  a and b
AB = 28.5, p-value = 0.007242
alternative hypothesis: true ratio of scales is less than 1

Warning message:
In ansari.test.default(a, b, alternative = "less") :
  tie가 있어 정확한 p값을 계산할 수 없습니다
```

- 유의확률 0.07242로 유의확률 0.05에서 귀무가설을 기각한다.

  ∴ **기기 A가 기기 B보다 더 정밀하다고 할 수 있다.**

이표본 척도문제 – 다른 대립가설

- R에서 제공하는 앤서리-브래들리 검정은 두 모집단의 척도가 동일하다는 귀무가설 하에서만 진행가능하다.
- 다른 귀무가설은 사용할 수 없을까?
  - Ex. 방금 전의 예시에서, 기기 A가 기기 B보다 두배 더 정밀한지 여부를 확인하고 싶다.

  - A1. 자료의 scale을 바꾼다! -> A에 상수 c를 곱해준다.
  - Q1. c=2 ? (표준편차) c = 4 ? (분산)

이표본 척도문제 – 과제

- R을 이용해서 앤서리-브래들리 검정과 F 검정을 비교하여라.

- 두 검정의 제 1종 오류 / 제 2종 오류를 비교하는 시뮬레이션 실험을 계획하고 그 결과를 서술하시오.
- 다양한 모집단에 대해 시뮬레이션을 진행해보고, 두 검정의 장단점에 대해 논하시오.

3. 분포(함수) 문제

ks.test

- R에서 Kolmogorov-Smirnov test를 진행할 수 있게 하는 함수 (내장함수)

- ks.test(x, y, alternative = c("two.sided", "less", "greater"), exact = NULL)
  - x, y : 자료. y에 벡터를 넣으면 스미르노프 검정 실시. 콜모고로프 검정을 실시하고자 하면 y에 R에서 제공하는 분포함수를 넣어주면 된다. (ex. "pnorm")
  - alternative : 대립가설
  - exact : 대표본 근사 사용여부

콜모고로프 검정

- **예제 5.B** 어떤 모집단으로부터 얻은 크기 10인 확률표본의 값이 아래와 같이 주어졌다. 이 관측값의 분포가 (0,10) 범위에서의 균등분포 U(0,10)을 따른다고 할 수 있는가?

3.29 7.10 6.21 2.03 3.82 5.03 4.80 4.77 5.81 5.54

콜모고로프 검정

- ks.test 함수를 이용해서 콜모고로프 검정을 진행하는 경우, R에서 제공하는 연속 확률 분포만을 사용할 수 있다. (ex. pnorm, punif, pcauchy, pbeta, …)

- 이 분포들의 모수를 설정할 수 없다는 단점이 존재.

  -> 표준화를 통해 분포의 default값에 맞추어서 분석을 진행해야 한다.

콜모고로프 검정

- ks.test 함수를 이용해서 콜모고로프 검정을 진행하는 경우, R에서 제공하는 연속 확률 분포만을 사용할 수 있다. (ex. pnorm, punif, pcauchy, pbeta, …)

- 이 분포들의 모수를 설정할 수 없다는 단점이 존재.
  -> 표준화를 통해 분포의 default값에 맞추어서 분석을 진행해야 한다.

콜모고로프 검정

- runif의 defaul는 U(0,1)이고, U(0,10) = 10 X U(0,10) 이므로, 자료를 10으로 나누어서 콜모고로프 검정 진행

```
> x = c(3.29, 7.10, 6.21, 2.03, 3.82, 5.03, 4.80, 4.77, 5.81, 5.54)
> ks.test(x/10, "runif")

        One-sample Kolmogorov-Smirnov test

data:  x/10
D = 0.85517, p-value = 8.132e-09
alternative hypothesis: two-sided
```

- 유의수준 0.05에서 귀무가설을 기각한다.

스미르노프 검정

- 자료
  - $X_1, \dots, X_n \sim F(x)$ i.i.d, $Y_1, \dots, Y_m \sim G(x)$ i.i.d

- 귀무가설과 대립가설
  - (양측) $H_0 : F \equiv G$ v.s. H_1 : 적어도 한 점 x에 대해 $F(x) \neq G(x)$ 가 성립
  - (단측) $H_0 : F \equiv G$ v.s. H_1 : 적어도 한 점 x에 대해 $F(x) > (<) G(x)$ 가 성립

  <-> H_0 : 모든 점 x에 대해 $F(x) \leq (\geq) G(x)$ 가 성립 v.s. H_1 : H_0가 아니다

스미르노프 검정

- **예제 5.D** 36명의 지원자가 두 가지 체중감량 프로그램 (A, B)에 각각 18명씩 랜덤하게 할당되었다. 각 개인에게 할당된 프로그램을 일정기간 실시한 후 체중 감소량이 측정되었으며 그 결과는 아래와 같다. 두 가지 프로그램에 의한 체중 감소량이 같은 분포를 따른다고 할 수 있는가?

A	B
2.7 17.2 17.1 12.4 4.1 15.4 5.2 25.5 3.2 4.6 6.5 19.6 26.7 21.3 5.3 8.7 6.8 14.6	5.2 29.5 5.9 6.3 3.6 25.3 19.2 25.1 32.2 4.6 28.8 24.7 9.1 11.0 36.1 7.7 7.2 20.0

스미르노프 검정

```
> a = c(2.7, 17.2, 17.1, 12.4, 4.1, 15.4, 5.2, 25.5, 3.2, 4.6, 6.5,
+       19.6, 26.7, 21.3, 5.3, 8.7, 6.8, 14.6)
> b = c(5.2, 29.5, 5.9, 6.3, 3.6, 25.3, 19.2, 25.1, 32.2, 4.6, 28.8,
+       24.7, 9.1, 11.0, 36.1, 7.7, 7.2, 20.0)
> ks.test(a,b)

        Two-sample Kolmogorov-Smirnov test

data:  a and b
D = 0.27778, p-value = 0.491
alternative hypothesis: two-sided

Warning message:
In ks.test(a, b) : tie가 있어 정확한 p값을 계산할 수 없습니다
```

- 유의수준 0.05에서 귀무가설을 기각한다.