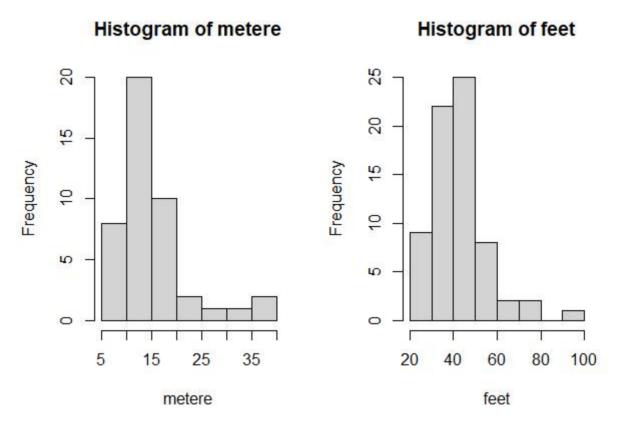
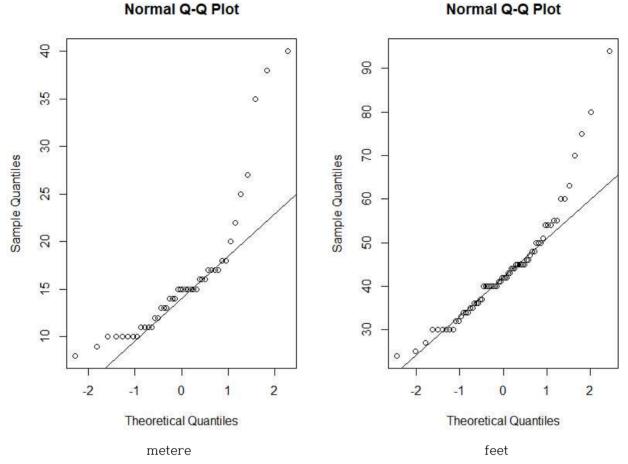
1. (1)

par(mfrow=c(1,2))
hist(metere)
hist(feet)



metere와 feet 모두 right skewness 경향이 강하기 때문에 정규분포가 아닐 것으로 생각된다. 정규분포에 대응하는 qqplot을 그리기 위해 qqnorm 함수로 분석하면 다음과 같다.

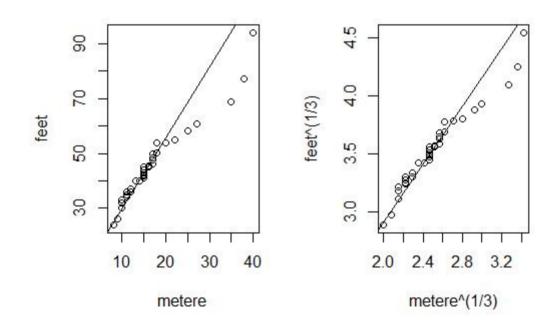
qqnorm(metere)
qqline(metere)
qqnorm(feet)
qqline(feet)



metere와 feet 모두 곡선 경향이 나타나므로 정규분포로 가정하기 어렵다고 생각된다.

(2)
qqplot(metere, feet)
abline(line(qqplot(metere, feet)))

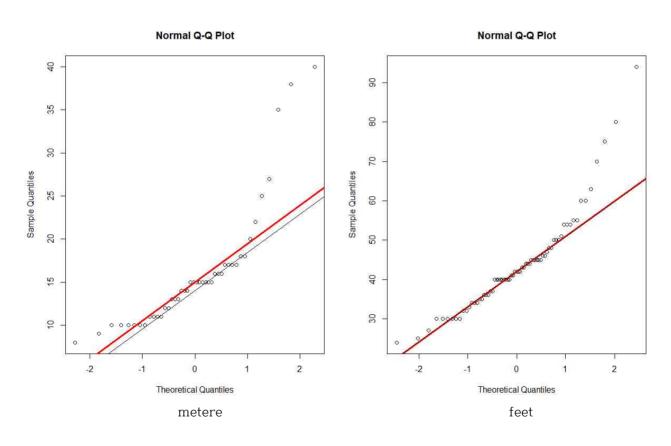
qqplot(metere^(1/3), feet^(1/3))
abline(line(qqplot(metere^(1/3), feet^(1/3))))



feet과 metere를 각각 대응시켜 그린 QQplot이 대부분 직선 경향으로 분포한다. 자료가 하단에 밀집해 분포하는 경향이 있으므로 power=1/3을 적용한 QQplot도 함께 그려 확인한다. 자료의 대부분이 직선 위에 분포하고 있으므로 두 분포는 동일하다고 할 수 있다.

qqnorm(metere)
qqline(metere)
x = fivenum(metere)
pseudosigma = (x[4]-x[2])/1.34
abline(x[3],pseudosigma, col="red", lwd=3)

qqnorm(feet)
qqline(feet)
y = fivenum(feet)
pseudosigmaf = (y[4]-y[2])/1.34
abline(y[3],pseudosigmaf, col="red", lwd=3)



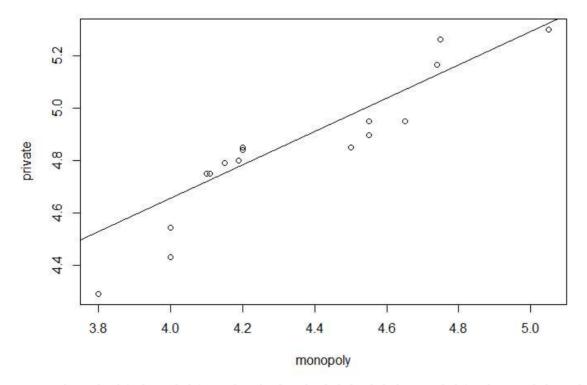
metere, feet으로 그린 Normal Q-Qplot은 다음과 같다. Q-Qplot에서 데이터와 잘 대응되는 직선을 qqline()과 abline(중앙값, pseudosigma)로 그려 각각 검은색, 빨간색으로 표시한다. metere의 경우 빨간 직선이 더 데이터를 잘 나타내고, feet의 경우 둘이 동일하므로 Q-Qplot에서 구하는 평균과 분산을 각각 중앙값, pseudosigma로 구한다.

 $\label{eq:matrix} matrix(c(mean(metere),var(metere),x[3],pseudosigma,mean(feet),var(feet),y[3],pseudosigmaf),ncol=2\\ ,dimnames = list(c("mean from sample estimates","var from sample estimates","mean from QQplot","var from QQplot"),c("metere","feet")))$

metere feet
mean from sample estimates 16.022727 43.695652
var from sample estimates 51.045983 156.185422
mean from QQplot 15.000000 42.000000
var from QQplot 4.477612 8.955224

따라서 sample estimates와 QQplot에서 구한 mean과 variance는 위와 같다,

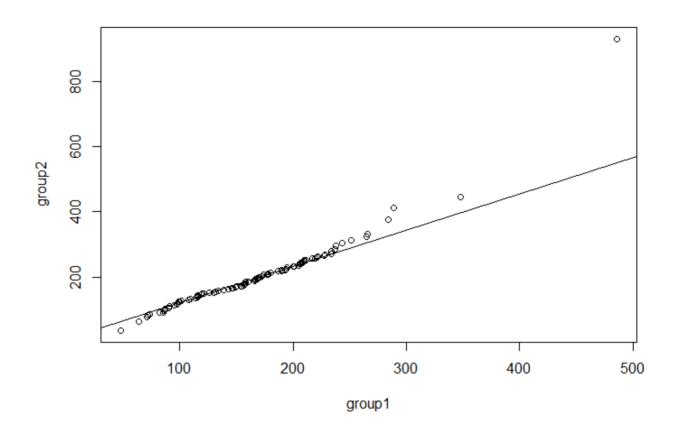
abline(line(qqplot(monopoly, private)))



qqplot과 그에 대응하는 직선을 그려보면 점들의 위치가 전반적으로 직선을 이루고 있다는 것을 알 수 있다. 따라서 두 그룹의 분포는 같은 분포라고 해석할 수 있다.

3. group1 <- BLOODFAT.DAT의 1그룹 부분 group2 <- BLOODFAT.DAT의 2그룹 부분

qqplot(group1,group2)
abline(line(qqplot(group1, group2)))



group1과 group간의 QQplot이 뚜렷한 직선의 경향을 보이고 있으므로 둘의 분포는 동일하다. 따라서 그룹1과 그룹2의 콜레스테롤 분포는 동일하다.