

● 다변량분석

○ 다변량분석 > 주성분분석

- 수치 다변량자료에 대한 주성분분석을 수행하며 공분산 또는 상관행렬로 주어진 경우에도 분석이 가능함

○ 분석품

- 변수목록에는 수치변수만 표시
- 자료형태에서는 분석할 원자료로 주어졌는지 또는 [그림 2]와 같이 공분산 또는 상관행렬로 주어졌는지를 지정할 수 있음. 공분산상관행렬로 주어진 경우 구형성검정이나 Lawley검정을 위해 표본크기를 지정할 수 있도록 함. 또한 공분산/상관행렬을 계산하는 과정에서 결측값이 있는 경우 두 변수 간 결측값을 제외할 것인지 결측이 있는 모든 행을 제외하고 분석할 것인지를 지정할 수 있음.
- 분석대상에서 어떤 행렬을 이용하여 주성분 분석을 할 것인지 결정할 수 있으며 '상관행렬'을 분석대상으로 지정하면 해당행렬이 대각행렬인지를 검정하는 구형성검정(Bartlett 검정)과 동일상관계수인지를 검정하는 Lawley검정을 실시함. 자료형태에서 공분산상관행렬을 지정한 경우에도 표본크기(N)을 입력하면 동일 검정을 실시함.
- 출력에서 주성분점수출력을 선택하면 해당 개별 관측값의 주성분 점수(score)를 분석자료시트에 출력하고 축적으로 안정성측도와 T^2 -Chart를 그릴 수 있는 결과값을 저장할 수 있음.
- 도표에서는 'Scree plot'을 선택하여 고유값을 그림으로 표시한 Scree그림을 그릴 수 있고 '+누적비율'을 선택하여 해당그림에 고유값의 누적비율을 동시에 표시할 수 있음. 'Loading plot(적재그림)'과 'Score plot(점수그림)'을 선택하여 제1주성분과 제2주성분을 기반한 적재(load)과 점수(score)를 각각 그릴 수 있음. '이상점그림(outlier plot)'은 Mahalanobis 거리를 계산하고 카이제곱분포의 99백위분수를 기준으로 이상점 유무를 확인할 수 있는 그림을 제공함.
- 언어번역의 'R'번역'과 'SAS 번역'을 선택하여 관련 R 프로그램과 SAS 프로그램을 얻을 수 있음

주성분분석 V1.0

변수목록: obs

분석변수: sepal_length, sepal_width, petal_length, petal_width

자료형태: 원자료 (선택), 결측행 전체 제외 (선택), 공분산상관행렬(N=) (선택)

분석대상: 공분산행렬 (선택), 상관행렬 (선택)

출력: 주성분점수 출력: 출력개수 3 (선택), 안정성측도 (선택), T2-Chart (선택)

도표: Scree plot (선택), +누적비율 (선택), Loading plot(적재그림) (선택), Score plot(점수그림) (선택), Outlier plot(이상점그림) (선택)

언어번역: R 번역 (선택), SAS 번역 (선택)

[그림 1] 주성분분석 분석품

- 공분산상관행렬 형태로 자료를 입력하는 경우 오른쪽 그림과 같이 대각원소와 함께 한 쪽만 표시(상삼각행렬 또는 하삼각행렬 모두 가능)할 수도 있고 행렬전체를 다 표시할 수도 있음. 단, 행렬전체를 표시하는 경우 대칭이어야 함. 이 형태로 자료가 주어진 경우, '주성분점수출력', '점수그림', '이상점그림'은 사용할 수 없음

	A	B	C	D	E	F	G
1	C1	C2	C3	C4	C5	C6	C7
2		1					
3	0.445		1				
4	-0.239	-0.454		1			
5	-0.27	-0.375	0.365		1		
6	-0.326	-0.487	0.421	0.558		1	
7	0.248	0.274	-0.187	-0.187	-0.23		1
8	-0.268	-0.338	0.319	0.345	0.343	-0.235	

[그림 2] 입력자료가 상관행렬인 경우

【분석결과】 iris 분석

주성분분석 결과: Sheet7

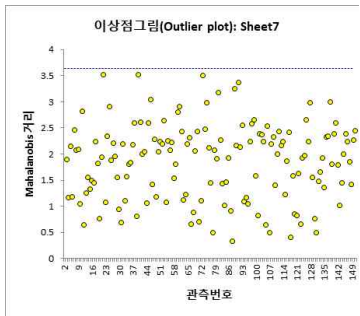
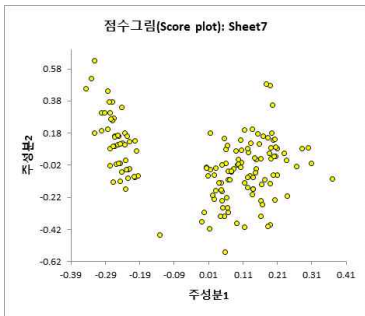
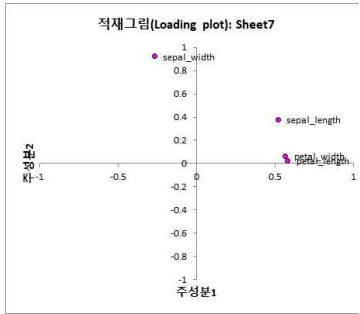
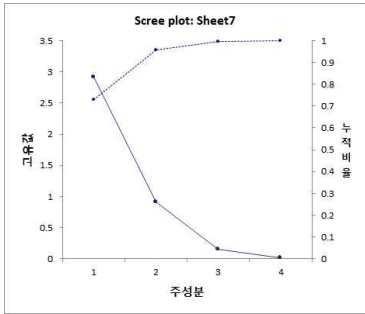
※ 기술통계와 공분산행렬 계산과정에서 결측값이 있는 경우 결측행 전체 제거

기본기술통계				
변수	sepal_leng	sepal_widt	petal_leng	petal_width
표본크기	149	149	149	149
평균	58.4899	30.5570	37.7383	12.0604
표준편차	68.5489	19.0863	309.9513	57.8139

공분산행렬				
변수	sepal_leng	sepal_widt	petal_leng	petal_width
sepal_length	68.5489	-4.1329	126.9399	51.4026
sepal_width	-4.1329	19.0863	-32.7992	-12.0812
petal_length	126.9399	-32.7992	309.9513	128.8335
petal_width	51.4026	-12.0812	128.8335	57.8139

고유값분석				
표시내역	제1주성분	제2주성분	제3주성분	제4주성분
고유값	420.7102	24.4231	7.8683	2.3988
표준편차	20.5112	4.9420	2.8050	1.5488
비율	0.9238	0.0536	0.0173	0.0053
누적비율	0.9238	0.9775	0.9947	1.0000

고유벡터				
변수	제1주성분	제2주성분	제3주성분	제4주성분
sepal_length	0.3620	0.6561	0.5820	0.3157
sepal_width	-0.0844	0.7305	-0.5975	-0.3199
petal_length	0.8565	-0.1737	-0.0765	-0.4800
petal_width	0.3581	-0.0755	-0.5463	0.7534



	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K
1	obs	sepal_leng	sepal_widt	petal_leng	petal_widt	species	주성분1	주성분2	주성분3	안정성측도 T2-Chart	
2	1		33	14	2	setosa					
3	2	64	28	56	22	virginica	0.2091	-0.0807	-0.0268	0.0221	0.3137
4	3	65	28	46	15	versicolor	0.1296	-0.0839	0.0651	0.0134	0.1331
5	4	67	31	56	24	virginica	0.2094	0.0832	-0.0558	0.0226	0.4119
6	5	63	28	51	15	virginica	0.1238	-0.0946	0.0418	0.0150	0.0446
7	6	46	34	14	3	setosa	-0.2763	0.0858	-0.0650	0.0342	0.4220
8	7	69	31	51	23	virginica	0.2055	0.0927	-0.0215	0.0239	0.5000
9	8	62	22	45	15	versicolor	0.1891	-0.3908	0.1111	0.1789	0.3660
10	9	59	32	48	18	versicolor	0.0609	0.0802	-0.0830	0.0083	0.0653

○ 다변량분석 > 인자분석

- 수치 다변량자료에 대한 인자분석을 수행하며 공분산 또는 상관행렬로 주어진 경우에도 분석이 가능함

○ 분석품

- 변수목록에는 수치변수만 표시됨
- 자료형태에서는 주성분 분석과 마찬가지로 분석할 원자료로 주어졌는지 또는 [그림 2]와 같이 공분산 또는 상관행렬로 주어졌는지를 지정할 수 있으며 이 경우 출력에서 '인자점수 출력'은 사용할 수 없음. 공분산/상관행렬을 계산하는 과정에서 결측값이 있는 경우 두 변수 간 결측값을 제외할 것인지 결측이 있는 모든 행을 제외하고 분석할 것인지를 지정할 수 있음.
- 분석대상에서 어떤 행렬을 이용하여 인자분석을 할 것인지 결정할 수 있음
- 인자개수는 고유값 기준, 설명비율, 직접지정 방식으로 결정할 수 있음.
- 인자추출은 현재 'PCA' 기반으로 추정하는 방법만 제공하고 있으며 'MLE' 방식은 추가 예정임.
- 인자회전은 '무회전', 직교회전인 'VariMax'와 'QuartiMax' 방식을 제공하고 있으며 출력부분의 '인자점수 출력'을 선택하면 선택한 회전방법의 인자점수와 무회전 인자점수를 동시에 출력해 줌

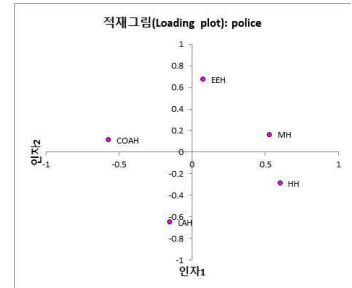
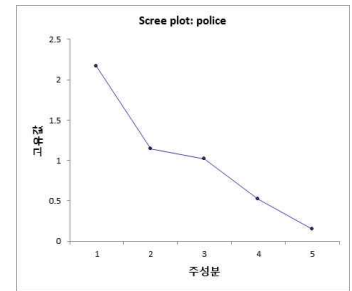
[그림 3] 인자분석 분석품

- 출력에서는 주성분분석과 마찬가지로 Scree plot과 인자개수가 2개 이상인 경우 고유값 기준 첫 번째와 두 번째 인자의 인자적재 그림을 출력해 줌
- 언어변역의 'R'번역'과 'SAS 번역'을 선택하여 관련 R 프로그램과 SAS 프로그램을 얻을 수 있음

【분석결과】 police 분석

인자분석 결과: police					
분석개요	분석대상: 상관행렬				
	인자추정법: 주성분(PC)기반				
	인자수 선택: 설명비율 90% 이상				
	인자수: 4				
회전법: Varimax					
상관행렬:					
변수	LAH	EEH	HH	COAH	MH
LAH	1.0000	-0.1005	0.1170	0.2815	-0.1562
EEH	-0.1005	1.0000	0.0304	0.0906	0.1971
HH	0.1170	0.0304	1.0000	-0.7077	0.5780
COAH	0.2815	0.0906	-0.7077	1.0000	-0.3962
MH	-0.1562	0.1971	0.5780	-0.3962	1.0000
고유값분석					
내역	인자1	인자2	인자3	인자4	인자5
고유값	2.1631	1.1463	1.0238	0.5224	0.1445
상대비율	0.4326	0.2293	0.2048	0.1045	0.0289
누적비율	0.4326	0.6619	0.8666	0.9711	1.0000

인자추정						
변수	인자적재1	인자적재2	인자적재3	인자적재4	공통성	특정분산
LAH	-0.2301	-0.6940	0.6683	-0.0466	0.9834	0.0166
EEH	0.1084	0.7247	0.6141	-0.2921	0.9993	0.0007
HH	0.8814	-0.3064	0.2018	-0.1366	0.9301	0.0699
COAH	-0.8480	0.1225	0.3224	0.3369	0.9515	0.0485
MH	0.7762	0.1748	0.2354	0.5502	0.9912	0.0088
설명분산	2.1631	1.1463	1.0238	0.5224	4.7186	
잔차행렬						
변수	LAH	EEH	HH	COAH	MH	
LAH	0.0166					
EEH	0.0034	0.0007				
HH	-0.0341	-0.0069	0.0699			
COAH	-0.0284	-0.0058	0.0582	0.0485		
MH	0.0121	0.0025	-0.0249	-0.0207	0.0088	
회전인자(VariMax)						
변수	인자적재1	인자적재2	인자적재3	인자적재4	공통성	특정분산
LAH	-0.0536	0.9868	-0.0633	-0.0519	0.9834	0.0166
EEH	-0.0377	-0.0489	0.0956	0.9932	0.9993	0.0007
HH	0.8429	0.2272	0.4078	0.0415	0.9301	0.0699
COAH	-0.9294	0.2609	-0.1111	0.0853	0.9515	0.0485
MH	0.2762	-0.0890	0.9458	0.1110	0.9912	0.0088
설명분산	1.6549	1.1038	1.0864	1.0104	4.7186	



○ 다변량분석 > 판별분석 > 다변량정규분포(LDA/QDA)

- 수치 다변량자료에 대한 다변량정규분포를 가정하고 선형판별분석(Linear Discriminant Analysis, LDA) 또는 이차판별분석(Quadratic Discriminant Analysis, QDA)를 수행함

○ 분석품

- 변수목록에서 분석할 수치변수(공변량)를 분석변수에 지정하고 그룹변수에 그룹변수를 지정함. 그룹변수 지정과 동시에 사전확률 프레임의 '그룹수'와 그룹범주값이 표시되고 비용함수 프레임에도 그룹범주값이 표시됨. 그룹변수를 최소화하면 해당자료도 자동 삭제됨
- 사전확률은 '등확률', 그룹변수 자료의 범주구성과 동일한 '자료비례', 직접지정가능한 '비율지정'로 지정할 수 있으며 '비율지정'의 경우 '/' 또는 '.'로 비율을 구분하여 표시함.
- 비용함수의 경우 '동일비용'을 선택하면 범주수가 k라고 할 때 대각원소는 0, 아닌 원소는 1인 kxk 행렬을 비용값으로 사용하고 '비용지정'을 하는 경우 '실제' 아래의 콤보박스를 선택하여 해당 범주와 다른 범주에 대한 비용을 직접 설정할 수 있음.
- 공분산설정에서 '등공분산'은 공분산이 같다는 가정 하에 LDA를 실시하며, '이공분산'은 공분산이 다르다는 가정 하에서 QDA를 실시함. '검정'의 경우 Box's M-test를 실시하여 등공분산성을 만족하면 LDA, 만족하지 않으면 QDA를 실시함

[그림 4] LDA/QDA 분석품

- 언어번역의 'R'번역'과 'SAS 번역'을 선택하여 관련 R 프로그램과 SAS 프로그램을 얻을 수 있음
- 기본적으로 판별분석한 결과의 분류그룹을 원자료가 있는 시트에 출력하며 공변량은 있으나 그룹변수값이 없는 자료에 대해서도 결과를 함께 출력해 줌. 비용함수에서 '비용지정'을 선택한 경우 '기대비용'을 사용할 수 있도록 변경되며 '기대비용'을 활성화하면 각 자료에 대해 각 범주의 기대비용을 출력해 줌. 사전확률에서 '자료비례'나 '비율지정'을 선택하면 '사후분포'를 사용할 수 있도록 변경되며 '사후분포'를 활성화하면 각 자료에 대해 각 범주의 사후확률을 출력해 줌. '밀도함수'를 활성화하면 각 범주의 평균벡터와 공분산설정에서 지정한 공분산의 형태로 추정된 다변량 정규분포의 확률밀도함수 값을 각 자료별로 출력해 줌. '공분산행렬식&역행렬'을 선택하면 표본합동공분산과 각 범주의 표본공분산에 대한 행렬식(determinant)과 역행렬을 출력해 줌
- 그룹변수의 범주가 2개이고 범주의 값이 "-", "+", 또는 대소문자 구분없이 "negative", "positive"이면 민감도, 특이도, 정밀도 등의 추가적인 정보를 제공함

【분석결과】 iris 분석

정규분포기반 판별분석 결과: Sheet7					
분석개요					
방법	QDA(Quadratic Discriminant Analysis)				
사전확률	setosa	versicolor	virginica		
	0.3333	0.3333	0.3333		
비용	실제	예측			
		setosa	versicolor	virginica	
	setosa	0.0000	1.0000	1.0000	
	versicolor	1.0000	0.0000	1.0000	
	virginica	1.0000	1.0000	0.0000	
그룹별 평균					
그룹	표본크기	변수			
		sepal_length	sepal_width	petal_length	petal_width
setosa	49	50.0612	34.3061	14.6327	2.4694
versicolor	50	59.3600	27.7000	42.6000	13.2600
virginica	49	65.9184	29.7755	55.5102	20.2245

공분산행렬					
그룹	변수	변수			
		sepal_length	sepal_width	petal_length	petal_width
합동공분산	sepal_length	26.8414	9.3764	16.9886	3.9159
	sepal_width	9.3764	11.6651	5.6008	3.3333
	petal_length	16.9886	5.6008	18.7699	4.3175
	petal_width	3.9159	3.3333	4.3175	4.2231
setosa	sepal_length	12.6837	10.1267	1.6688	1.0540
	sepal_width	10.1267	14.6335	1.1773	0.9366
	petal_length	1.6688	1.1773	3.0706	0.6135
	petal_width	1.0540	0.9366	0.6135	1.1293
versicolor	sepal_length	26.6433	8.5184	18.2898	5.5780
	sepal_width	8.5184	9.8469	8.2653	4.1204
	petal_length	18.2898	8.2653	22.0816	7.3102
	petal_width	5.5780	4.1204	7.3102	3.9106
virginica	sepal_length	41.2015	9.5021	30.9800	5.0812
	sepal_width	9.5021	10.5527	7.3044	4.9264
	petal_length	30.9800	7.3044	31.0884	4.9664
	petal_width	5.0812	4.9264	4.9664	7.6361

【분류결과】

sepal_length	sepal_width	petal_length	petal_width	species	분류그룹	밀도함수(s)	밀도함수(v)	밀도함수(v)	사후확률(s)	사후확률(v)	사후확률(v)	기대비용(s)	기대비용(v)	기대비용(virginica)
64	33	14	2	setosa	virginica	0.0000	0.0000	0.0001	0.0000	0.0000	1.0000	0.0000	0.0000	0.0000
65	28	56	22	versicolor	versicolor	0.0000	0.0002	0.0000	0.0000	0.9972	0.0028	0.0001	0.0000	0.0001
67	31	56	24	virginica	virginica	0.0000	0.0000	0.0001	0.0000	0.0000	1.0000	0.0000	0.0000	0.0000
63	28	51	15	virginica	versicolor	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.6005	0.3995	0.0000	0.0000	0.0000
46	34	14	3	setosa	setosa	0.0003	0.0000	0.0000	1.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0001	0.0001
69	31	51	23	virginica	virginica	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	1.0000	0.0000	0.0000	0.0000
62	22	45	15	versicolor	versicolor	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.7934	0.2066	0.0000	0.0000	0.0000
59	32	48	18	versicolor	virginica	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.3299	0.6701	0.0000	0.0000	0.0000
46	36	10	2	setosa	setosa	0.0000	0.0000	0.0000	1.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
61	30	46	14	versicolor	versicolor	0.0000	0.0003	0.0000	0.0000	0.9969	0.0031	0.0001	0.0000	0.0001
60	27	51	16	versicolor	virginica	0.0000	0.0000	0.0001	0.0000	0.1524	0.8476	0.0000	0.0000	0.0000

혼동행렬(Confusion Matrix)					
	그룹	분류			
		setosa	versicolor	virginica	합계
실제	setosa	49	0	0	49
	versicolor	0	48	2	50
	virginica	0	1	48	49
	합계	49	49	50	148
분류성능 평가					
	그룹	분류			판별오류
		setosa	versicolor	virginica	
실제	setosa	0.3311	0.0000	0.0000	0.0000
	versicolor	0.0000	0.3243	0.0135	0.0204
	virginica	0.0000	0.0068	0.3243	0.0400
오분류		0.0000	0.0400	0.0204	0.02027

【분석결과】 공분산설정에서 ‘검정’ 선택

등공분산 검정			
검정법	검정통계	자유도	p-값
Box's M-test	4.7901	15	0.9938

【분석결과】 범주가 2개이고 negative/positive인 경우

분류성능 평가				
	그룹	분류		판별오류
		negative	positive	
실제	negative	0.4375	0.0625	0.2222
	positive	0.1250	0.3750	0.1429
오분류		0.1250	0.2500	0.1875
※ 특이도(Specificity): 0.8750				
※ 민감도(Sensitivity, Recall): 0.7500				
※ 정밀도(Precision): 0.8571				
※ Balanced Accuracy: 0.8125				
※ G-Mean: 0.8101				
※ F1-Score: 0.8000				

○ 다변량분석 > 군집분석 > 계층적 군집분석

○ 다양한 계층적 군집(Hierarchical clustering)분석을 실시함

○ 분석품

- 변수목록에서 분석할 수치변수(공변량)를 분석변수에 지정하고 ID변수에 그룹변수/Label변수를 지정함. ID변수를 지정하지 않는 경우 ID를 자동 부여하며 ID변수에 동일 값이 있거나 결측이 있는 경우 분석을 수행하지 않음
- 연결설정에서 군집 간 연결과정에서 사용하는 기준을 선택할 수 있으며 '최단연결법' '최장연결법(완전연결법)', '중심연결법', '평균연결법', '중앙값연결법', 'Ward연결법' 중 하나를 선택함
- 척도는 '원자료', '표준화'=(자료-평균)/표준편차), '정규화'=(자료-최소)/범위, [0~1])를 사용할 수 있음. 척도에서 표준화의 평균과 표준편차, 정규화의 최솟값과 최댓값은 각 변수별로 유도하기 때문에 결측값이 있는 경우 결측값이 있는 관측값을 제외하지 않음.
- 거리에서 첫 거리행렬을 만들 때 적용할 거리척도를 의미하며 Minikowski 1($\sum |차|$), 2($\sum 차^2$), ∞ ($\max |차|$)를 선택할 수 있음. 2를 선택한 경우, 평균/중앙값/중심/Ward 계산과정에서 거리를 제공하고 연산 후 다시 제공근으로 거리를 계산하는 과정을 거침

계층적 군집분석 V1.0

변수목록: [빈 공간]

분석변수: LAH, EEH, HH, COAH, MH, ROH

ID변수: [빈 공간]

라벨: [빈 공간]

연결설정:

- ☐ 최단연결법(Single linkage)
- ☒ 평균연결법(Average linkage)
- ☐ 최장연결법(Complete linkage)
- ☐ 중앙값연결법(Median linkage)
- ☐ 중심연결법(Centroid linkage)
- ☐ Ward linkage

척도:

- ☒ 원자료
- ☐ 표준화
- ☐ 정규화

거리:

- ☒ Minkowski
- 2

출력:

- ☒ 기술통계
- ☐ 거리행렬
- ☒ 군집분석과정
- ☒ 군집분할표시
- 4

언어번역:

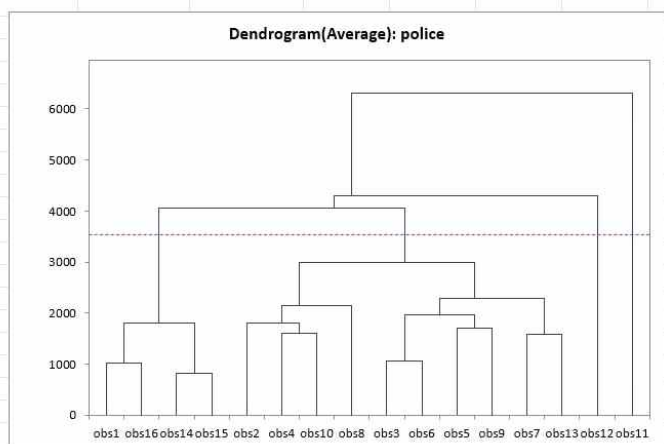
- ☐ R 번역
- ☐ SAS 번역
- ☐ Python 번역

[그림 5] 계층적 군집분석 분석품

- 출력에서는 기본적으로 출력하는 Dendrogram 이외의 출력값을 지정할 수 있음. '기술통계'에서는 각 변수의 표본크기, 평균, 표준편차와 더불어 변수들 간의 공분산행렬과 상관행렬을 출력함. '거리행렬'을 선택하면 모든 군집과정에서 군집 간 거리행렬을 출력함. '군집분석과정'은 '거리행렬'의 결과를 요약정리한 것으로 군집이 병합되는 과정에서 어떤 군집이 결합되고 그 때 거리가 얼마인지를 표시함. 출력에서 '군집분할표시'를 선택하고 숫자를 입력하면 숫자에 해당하는 군집 수로 자료를 분할하여 Dendrogram에 표시하고 자료시트에 '할당군집'이라는 변수명으로 각 자료의 군집을 표시한다.
- 언어번역의 'R'번역, 'SAS 번역', 'Python번역'을 선택하여 관련 R, SAS, Python 프로그램을 얻을 수 있음

【분석결과】 police 분석

군집과정			
군집수	결합위치1	결합위치2	군집거리
15	14	15	825.5410
14	1	16	1025.7407
13	3	6	1066.1173
12	7	13	1581.2299
11	4	10	1614.3788
10	5	9	1700.7945
9	2	4	1797.0906
8	1	14	1815.5076
7	3	5	1962.5911
6	2	8	2144.5376
5	3	7	2288.8026
4	2	3	2990.1535
3	1	2	4061.8167
2	1	12	4298.7654
1	1	11	6314.4514



○ 다변량분석 > 군집분석 > 분할군집분석

○ k-평균 군집(k-means clustering)과 같은 방법으로 분할군집분석을 실시함

○ 분석품

- 변수목록에는 수치변수만 표시되고 분석할 변수를 분석변수에 지정함.
- 군집설정에서 '집락수'를 지정하고 중심위치로 '평균'(centroid) 또는 '중앙값'(medoid)을 지정할 수 있음. 평균을 선택하면 k-평균 군집을 수행함
- 척도는 '원자료', '표준화'=(자료-평균)/표준편차), '정규화'=(자료-최소)/범위, [0~1])를 사용할 수 있음
- 거리는 1-norm($\sum |차|$), 2-norm($\sum 차^2$), ∞ -norm(max|차|)를 선택할 수 있음. 군집설정에서의 중심위치를 중심으로 차를 계산하며 해당 거리를 최소화하는 군집을 얻을 때까지 반복함
- 초기설정에서는 동일수의 집락을 랜덤하게 선택할 것인지, 차례대로 선택할 것인지를 지정할 수 있고 추가분석결과에서 각 단계별로 중심위치와 평균거리, 할당된 군집을 표시할 수 있음
- 언어번역의 'R'번역'과 'SAS 번역'을 선택하여 관련 R 프로그램과 SAS 프로그램을 얻을 수 있음

[그림 6] 분할적 군집분석 분석품

【분석결과】 police 분석

분할군집분석 결과: police								
군집별 중심위치(평균): 초기배정								
군집	표본크기	평균거리	LAH	EEH	HH	COAH	MH	
1	6	1.6174	-0.4648	-0.2509	0.1940	-0.2178	0.4855	
2	5	2.3147	0.1643	0.4981	-0.1792	0.2531	-0.3979	
3	5	1.9529	0.3935	-0.1970	-0.0536	0.0083	-0.1848	
군집별 중심위치(평균): 재배정1								
군집	표본크기	평균거리	LAH	EEH	HH	COAH	MH	
1	7	1.4586	-0.5877	-0.2806	0.4646	-0.6525	0.6139	
2	4	2.0265	-0.1917	1.0104	-0.6617	0.4047	-0.6793	
3	5	2.0340	0.9761	-0.4155	-0.1211	0.5898	-0.3160	
군집별 중심위치(평균): 최종군집								
군집	표본크기	평균거리	LAH	EEH	HH	COAH	MH	
1	7	1.3850	-0.5877	-0.2806	0.4646	-0.6525	0.6139	
2	4	1.8417	-0.1917	1.0104	-0.6617	0.4047	-0.6793	
3	5	1.9028	0.9761	-0.4155	-0.1211	0.5898	-0.3160	

LAH	EEH	HH	COAH	MH	ROH	초기배정	재배정1	최종군집
3387	2200	1181	14861	236	6187	2	2	2
3109	875	3532	11367	310	7336	3	1	1
2670	957	2502	13329	1182	6988	1	1	1
3125	1758	4510	12328	1208	6964	1	1	1
3469	868	3032	12847	1385	8425	3	1	1
3120	398	2130	13979	1053	6778	1	1	1
3671	1603	1982	13528	1046	5922	3	3	3
4531	523	4675	12699	1100	7307	2	3	3
3678	2034	2354	13534	1349	7679	1	1	1
3238	1136	4606	11609	1150	8259	1	1	1
3135	5326	3044	14189	1216	10954	2	2	2
5217	1658	3340	15052	660	9353	3	3	3
3728	1945	2111	12236	299	6291	2	2	2
3506	344	1291	15482	206	4969	2	3	3
3824	807	1365	14900	239	4825	1	3	3
3516	1223	1175	15078	161	6019	3	2	2