

#### 4 고정효과 모형과 랜덤효과 모형

##### 1. 고정효과 모형(fixed effects model)

; 실험자가 스스로 적당한 실험 수준을 선택하는 것을 말하며 이와 같은 형식으로 처리 수준을 선택하는 경우, 그 요인이 고정(fixed)되었다고 하며, 대응되는 모형을 고정효과 모형이라고 한다.

##### 2. 랜덤효과 모형(random effects model)

; 가능한 모든 처리 수준 중 랜덤으로 몇 개 고른 것을 말하며 이와 같은 형식으로 처리 수준을 선택하는 경우, 그 요인이 랜덤(random)이라 하며, 대응되는 모형을 랜덤효과 모형이라고 한다.

예 실험자가 돼지 체중증가에 가장 효율적인 사료 내 단백질 첨가 퍼센티지를 비교하기 위해 특별히 10%, 20%, 30%, 40%의 네점을 실험자가 선택하게 되면 고정효과 모형이고 실험자가 0%에서 100% 사이의 비율 중에서 임의로 4가지 비율을 선택하였다면 랜덤효과 모형이 된다.

##### 3. 혼합효과 모형(mixed effects model)

; 단일 요인의 경우에는 고정효과 모형과 랜덤효과 모형의 두 가지 모형이 존재한다. 그러나, 요인의 개수가 둘 이상이면 혼합효과 모형도 나타난다. 혼합효과 모형은 공정 요인과 랜덤 요인이 동시에 존재하는 실험에 대한 모형을 의미한다.

cf. 고정효과, 랜덤효과, 혼합효과 모형을 순서대로 각각 모형Ⅰ, 모형Ⅱ, 모형Ⅲ이라 부르기도 한다.

#### 4. 고정효과 모형과 랜덤효과 모형은 분석의 목적

##### 1) 고정효과 모형

; 통계 추론이 실험이 진행된 처리 수준들에 국한된다. 즉, 처리 수준의 평균 비교가 목적이다.

##### 2) 랜덤효과 모형

; 통계 추론이 실제 실험을 하지 않은 처리 수준을 포함하는 가능한 모든 처리 수준들에게까지 확대된다. 처리수준은 하나의 표본으로 확률변수가 되며, 모든 가능한 수준들의 변이(분산)에 대한 추론이 목적이 된다. 즉, 확률변수가 되는 처리수준의 분산이 추론의 목적이다.

##### 3) 고정효과 모형과 랜덤효과 모형의 차이

; 랜덤효과 모형으로부터의 통계적 결론은 실험을 하지 아니한 모든 수준들에게까지도 확대 적용할 수 있으나, 고정효과 모형에서는 단순히 실험이 실제로 수행된 수준들에 한해서 통계적 결론이 유효하다.

## 5. 랜덤 일원 분산분석 모형

### 1) 모형

$$; Y_{ij} = \mu + \tau_i + \epsilon_{ij} \quad (i=1, 2, \dots, l, j=1, 2, \dots, m)$$

$$\tau_i \sim N(0, \sigma_\tau^2), \epsilon_{ij} \sim N(0, \sigma^2), \quad \tau_i \text{들과 } \epsilon_{ij} \text{들은 서로 독립이다.}$$

$$\text{모수모형 } \sum_{i=1}^l \tau_i = 0, \text{ 변량모형 } \sum_{i=1}^l \tau_i \neq 0$$

### 2) $Y_{ij}$ 의 분산

$$\textcircled{1} \text{Var}(Y_{ij}) = \sigma_\tau^2 + \sigma^2$$

관측분산 = 처리분산 + 오차분산

② 처리분산( $\sigma_\tau^2$ )과 오차분산( $\sigma^2$ )을 분산요소라고 한다.

### 3) 랜덤효과 모형에서의 가설

$$\textcircled{1} H_0 : \sigma_\tau^2 = 0 \text{ vs } H_1 : \sigma_\tau^2 > 0$$

② 어느 처리 수준에서든 그 효과 차이가 없다면 모든 처리 효과들의 값이 동일할 것이고, 이 경우 분산은 0이 될 수 밖에 없다. 그러나, 효과 차이가 있다면, 처리 효과의 분산값은 0보다 크게 된다.

## 6. 랜덤효과 모형에서 기대평균제공

$$1) E(MS_{tr}) = \sigma^2 + m\sigma_\tau^2$$

$$2) E(MS_E) = \sigma^2$$

$$3) H_0 : \sigma_\tau^2 = 0 : \text{참} \Leftrightarrow MS_{tr} \approx MS_E \Leftrightarrow F \approx 1$$

$$H_0 : \sigma_\tau^2 > 0 : \text{참} \Leftrightarrow MS_{tr} > MS_E \Leftrightarrow F > 1$$

## 7. 분산요소들의 추정

$$1) E(MS_{tr}) = \sigma^2 + m\sigma_\tau^2$$

$$\Rightarrow \widehat{\sigma^2 + m\sigma_\tau^2} = \hat{\sigma}^2 + m\hat{\sigma}_\tau^2 = MS_{tr}$$

$$2) E(MS_E) = \sigma^2$$

$$\Rightarrow \hat{\sigma}^2 = MS_E$$

$$\Rightarrow \hat{\sigma}_\tau^2 = \frac{MS_{tr} - MS_E}{m}$$

4)  $MS_E$ 와  $MS_{tr}$ 의 기댓값

$$① \quad \bar{Y}_{i.} = \mu + \tau_i + \bar{\epsilon}_{i.}$$

$$Var(\bar{Y}_{i.}) = Var(\mu + \tau_i + \bar{\epsilon}_{i.}) = Var(\tau_i + \bar{\epsilon}_{i.}) = Var(\tau_i) + Var(\bar{\epsilon}_{i.}) = \sigma_\tau^2 + \frac{\sigma^2}{m}$$

$$② \quad \bar{Y}_{..} = \mu + \bar{\tau} + \bar{\epsilon}_{..} \quad (\text{모수모형의 경우 } \sum_{i=1}^l \tau_i = 0 \text{ 이므로 } \bar{\tau} = 0)$$

$$Var(\bar{Y}_{..}) = Var(\mu + \bar{\tau} + \bar{\epsilon}_{..}) = Var(\bar{\tau} + \bar{\epsilon}_{..}) = Var(\bar{\tau}) + Var(\bar{\epsilon}_{..}) = \frac{\sigma_\tau^2}{l} + \frac{\sigma^2}{lm}$$

$$③ \quad E(MS_E) = E\left(\frac{\sum_{i=1}^l \sum_{j=1}^m (Y_{ij} - \bar{Y}_{i.})^2}{N-l}\right)$$

$$= \frac{1}{N-l} E\left(\sum_{i=1}^l \sum_{j=1}^m (\mu + \tau_i + \epsilon_{ij} - \mu - \tau_i - \bar{\epsilon}_{i.})^2\right)$$

$$= E\left(\frac{\sum_{i=1}^l \sum_{j=1}^m (\epsilon_{ij} - \bar{\epsilon}_{i.})^2}{N-l}\right)$$

$$= \sigma^2$$

$$④ \quad E(MS_{tr}) = E\left(\frac{m \sum_{i=1}^l (\bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..})^2}{l-1}\right)$$

$$= \frac{1}{l-1} E\left(m \sum_{i=1}^l (\mu + \tau_i + \bar{\epsilon}_{i.} - (\mu + \bar{\tau} + \bar{\epsilon}_{..}))^2\right)$$

$$= \frac{1}{l-1} E\left(m \sum_{i=1}^l ((\tau_i - \bar{\tau}) - (\bar{\epsilon}_{i.} - \bar{\epsilon}_{..}))^2\right)$$

$$= \frac{1}{l-1} E\left(m \sum_{i=1}^l ((\tau_i - \bar{\tau})^2 - 2(\tau_i - \bar{\tau})(\bar{\epsilon}_{i.} - \bar{\epsilon}_{..}) + (\bar{\epsilon}_{i.} - \bar{\epsilon}_{..})^2)\right)$$

$$= \frac{mE\left(\sum_{i=1}^l (\tau_i - \bar{\tau})^2\right)}{l-1} + \frac{2m \sum_{i=1}^l E(\tau_i - \bar{\tau})(\bar{\epsilon}_{i.} - \bar{\epsilon}_{..})}{l-1} + \frac{mE\left(\sum_{i=1}^l (\bar{\epsilon}_{i.} - \bar{\epsilon}_{..})^2\right)}{l-1}$$

$$= \frac{mE\left(\sum_{i=1}^l (\tau_i - \bar{\tau})^2\right)}{l-1} + \frac{mE\left(\sum_{i=1}^l (\bar{\epsilon}_{i.} - \bar{\epsilon}_{..})^2\right)}{l-1}$$

$$= m\sigma_\tau^2 + m \times \frac{\sigma^2}{m} \left( \because \bar{\epsilon}_{i.} \sim N\left(0, \frac{\sigma^2}{m}\right) \right)$$

$$= m\sigma_\tau^2 + \sigma^2$$

cf.  $X$ 와  $Y$ 가 서로 독립이면  $E(XY) = E(X)E(Y)$

$$E(\tau_i - \bar{\tau})(\bar{\epsilon}_{i.} - \bar{\epsilon}_{..}) = E(\tau_i \bar{\epsilon}_{i.}) - E(\tau_i \bar{\epsilon}_{..}) - E(\bar{\tau} \bar{\epsilon}_{i.}) + E(\bar{\tau} \bar{\epsilon}_{..})$$

$$= E(\tau_i)E(\bar{\epsilon}_{i.}) - E(\tau_i)E(\bar{\epsilon}_{..}) - E(\bar{\tau})E(\bar{\epsilon}_{i.}) + E(\bar{\tau})E(\bar{\epsilon}_{..})$$

$$= 0$$

**예제 2-8.** 어떤 방직회사에서는 많은 직조기를 설치하여 직물을 생산한다. 공정 관리를 하 다보니 동일 직조기에서 생산된 직물 간의 강도 변동뿐 아니라, 직조기 간에도 상당한 강도 변동이 있다고 의심되어진다. 직조기 4대를 랜덤 선정하여, 각 직조기마다 생산된 직물에 대 하여 4번의 강도 측정을 하였다. 데이터는 다음과 같았다. 분산요소를 추정하고 해석하여라.

직조기1	직조기2	직조기3	직조기4
98	91	96	95
97	90	95	96
99	93	97	99
96	92	95	98

(a) 일원배치 분산분석

직물강도	N	평균	표준편차	표준오차	평균에 대한 95% 신뢰 구간		최소값	최대값
					하한값	상한값		
직조기1	4	97.50	1.291	.645	95.45	99.55	96	99
직조기2	4	91.50	1.291	.645	89.45	93.55	90	93
직조기3	4	95.75	.957	.479	94.23	97.27	95	97
직조기4	4	97.00	1.826	.913	94.09	99.91	95	99
합계	16	95.44	2.732	.683	93.98	96.89	90	99

직물강도			
Levene 통계량	자유도1	자유도2	유의확률
1.357	3	12	.303

직물강도					
	제 곱합	자유도	평균제곱	F	유의 확률
집단-간	89.188	3	29.729	15.681	.000
집단-내	22.750	12	1.896		
합계	111.938	15			

- ① 가설 :  $H_0 : \sigma_\tau^2 = 0$  vs  $H_1 : \sigma_\tau^2 > 0$
- ② 결론 : 직조기간의 변동차이가 있다고 할 수 있다. ( $p < .01$ )
- ③ 분산요소의 추정

$$(i) \hat{\sigma}^2 = 1.896 \quad \hat{\sigma}_\tau^2 = \frac{29.729 - 1.896}{4} = 6.958$$

$$(ii) \text{직물 강도의 총 분산의 추정} : \hat{\sigma}^2 + \hat{\sigma}_\tau^2 = 1.896 + 6.958 = 8.854$$

$$(iii) \text{직조기의 분산 비율} : \frac{6.958}{8.854} = 78.6(\%)$$

직물 강도의 변동은 주로 직조기 차이에 기인하는 것으로 생각되며 직조기의 품질 을 일정하게 유지시키는 방안을 강구해야 할 것이다.

(b) SPSS 일반선형 모형

개체-간 효과 검정

종속 변수: 직물강도

소스	제 III 유형 제곱합	자유도	평균 제곱	F	유의확률
절편	145733.063	1	145733.063	4902.023	.000
오차	89.187	3	29.729 <sup>a</sup>		
직조기	89.187	3	29.729	15.681	.000
오차	22.750	12	1.896 <sup>b</sup>		

a. MS(직조기)

b. MS(오차)

기대평균제곱<sup>a,b</sup>

소스	분산성분		
	Var(직조기)	Var(오차)	2차항
절편	4.000	1.000	절편
직조기	4.000	1.000	
오차	.000	1.000	

a. 각 소스에 대한 기대평균제곱은 셀의 계수와 분산성분을 곱한 값의 합에 2차항 셀내의 효과와 관련된 2차항을 더한 값과 같습니다.

b. 기대평균제곱은 유형 III의 제곱합을 기준으로 결정됩니다.

$$E(MS_{tr}) = \sigma^2 + 4\sigma_\tau^2$$

$$29.729 = 1.896 + 4\sigma_\tau^2$$

$$\therefore \sigma_\tau^2 = 6.95825$$

**예제 2-9.** 어떤 부품에 대하여 다수의 로트(lot)에서 랜덤하게 3로트( $A_1$ ,  $A_2$ ,  $A_3$ )를 골라 각 로트에서 또한 랜덤하게 7개씩을 임의추출하여 그 치수(mm)를 측정한 결과 다음 값을 얻었다.

$A_1$	$A_2$	$A_3$
15.4	14.8	15.5
15.2	14.9	15.4
15.0	14.7	15.3
15.3	15.0	15.2
15.2	14.8	15.4
14.9	14.9	15.5
15.1	15.0	15.0

아래 SPSS결과를 보고 다음 물음에 답하여라.

#### 기술통계

크기

	N	평균	표준편차	표준오차	평균에 대한 95% 신뢰구간		최소값	최대값
					하한값	상한값		
로트1	7	15.157	.1718	.0649	14.998	15.316	14.9	15.4
로트2	7	14.871	.1113	.0421	14.769	14.974	14.7	15.0
로트3	7	15.329	.1799	.0680	15.162	15.495	15.0	15.5
합계	21	15.119	.2442	.0533	15.008	15.230	14.7	15.5

#### 분산의 동질성 검정

크기

Levene 통계량	df1	df2	유의확률
.730	2	18	.496

#### 분산분석

크기

	제곱합	df	평균 제곱	거짓	유의확률
집단-간	.747	2	.373	15.077	.000
집단-내	.446	18	.025		
합계	1.192	20			

(a) 랜덤 효과모형으로 유의수준 5%에서 검정하여라.

① 가설 :  $H_0 : \sigma_\tau^2 = 0$  vs  $H_1 : \sigma_\tau^2 > 0$

② 결론 : 로트간의 변동차이가 있다고 할 수 있다. ( $p < .000$ )

③ 분산요소의 추정

(i)  $\hat{\sigma}^2 = 0.025$      $\hat{\sigma}_\tau^2 = \frac{0.373 - 0.025}{7} = 0.0497$

(ii) 부품 수치의 총 분산의 추정 :  $\hat{\sigma}^2 + \hat{\sigma}_\tau^2 = 0.025 + 0.0497 = 0.0747$

(iii) 로트의 분산 비율 :  $\frac{0.0497}{0.0747} = 66.5(\%)$

부품의 치수는 주로 로트간 차이에 기인하는 것으로 생각되며 로트의 품질을 일정하게 유지시키는 방안을 강구해야 할 것이다.

(b) 고정 효과모형으로 유의수준 5%에서 검정하여라.

#### [등분산성]

①  $H_0$  : 분산이 같다. vs  $H_1$  : 분산이 다르다.

②  $\alpha = 0.05 < p\text{-value} = .496$

③  $\alpha = 0.05$ 에서 not  $H_0$  reject

④ 분산이 같다.

#### [분산분석]

①  $H_0 : \mu_1 = \mu_2 = \mu_3$  vs  $H_1 : \text{not } H_0$

②  $\alpha = 0.05 > p\text{-value} = .000$

③  $\alpha = 0.05$ 에서  $H_0$  reject

④ 로트간 부품의 평균 차이가 있다.

⑤ 사후검정(튜키, SNK) 필요

**예제 2-10.** 화학공장에서는 매달 수백 단위의 원료 뭉치를 공급받는다. 공장장은 공급받는 원료 품질이 균일하기를 바란다. 그런데, 최근 원료에 따라 품질에 변동이 있는 듯하여 이를 조사하였다. 그는 수백개의 원료 뭉치들에서 랜덤으로 5개의 뭉치를 골라 3회 품질 조사를 하였다. 데이터는 다음과 같다. 아래 SPSS 결과를 보고 분산요소를 추정하고 해석하여라.

원료1	원료2	원료3	원료4	원료5
74	68	75	72	79
76	71	77	74	81
75	72	77	73	79

#### 개체-간 효과 검정

종속 변수: 품질

소스	제 III 유형 제곱합	자유도	평균 제곱	F	유의확률
절편	84075.267	1	84075.267	2276.406	.000
가설	147.733	4	36.933 <sup>a</sup>		
오차	147.733	4	36.933	20.519	.000
원료	147.733	4	36.933		
가설	18.000	10	1.800 <sup>b</sup>		
오차					

a. MS(원료)

b. MS(오차)

#### 기대평균제곱<sup>a,b</sup>

소스	분산성분		
	Var(원료)	Var(오차)	2차항
절편	3.000	1.000	절편
원료	3.000	1.000	
오차	.000	1.000	

a. 각 소스에 대한 기대평균제곱은 셀의 계수와 분산성분을 곱한 값의 합에 2차항 셀내의 효과와 관련된 2차항을 더한 값과 같습니다.

b. 기대평균제곱은 유형 III의 제곱합을 기준으로 결정됩니다.

- ① 가설 :  $H_0 : \sigma_\tau^2 = 0 \text{ vs } H_1 : \sigma_\tau^2 > 0$
- ② 결론 : 원료 뭉치간의 변동차이가 있다고 할 수 있다. ( $p < .000$ )
- ③ 분산요소의 추정

$$(i) E(MS_{tr}) = \sigma^2 + 3\sigma_\tau^2$$

$$36.933 = 1.800 + 3\sigma_\tau^2$$

$$\therefore \sigma_\tau^2 = 11.711$$

$$(ii) \text{품질 점수의 총 분산의 추정} : \hat{\sigma}^2 + \hat{\sigma}_\tau^2 = 1.8 + 11.711 = 13.511$$

$$(iii) \text{원료 뭉치의 분산 비율} : \frac{11.711}{13.511} = 86.7(\%)$$

품질 점수는 주로 원료 뭉치간 차이에 기인하는 것으로 생각되며 원료 뭉치의 품질을 일정하게 유지시키는 방안을 강구해야 할 것이다.



**예제** 2-11. 어느 대학교 내에서 사용되는 모든 복사기의 일일복사량이 같은지 알기 위해 5대의 복사기가 랜덤하게 선택된 후 10일 동안 조사된 일일복사량은 다음과 같다. 아래 분산 분석표를 완성하고 적당한 가설을 세우고 검정하여라.

복사기1	복사기2	복사기3	복사기4	복사기5
78	56	98	60	70
89	64	96	79	72
68	53	95	82	77
66	71	79	85	76
70	71	85	67	76
80	60	88	59	78
69	59	95	92	80
77	66	98	85	72
90	70	90	66	76
82	71	92	68	74

기술통계

	N	평균	표준편차	표준오차	평균에 대한 95% 신뢰구간		최소값	최대값
					하한값	상한값		
1	10	76.90	8.582	2.714	70.76	83.04	66	90
2	10	66.90	12.688	4.012	57.82	75.98	53	98
3	10	91.60	6.168	1.950	87.19	96.01	79	98
4	10	74.30	11.662	3.688	65.96	82.64	59	92
5	10	75.10	3.071	.971	72.90	77.30	70	80
합계	50	76.96	11.973	1.693	73.56	80.36	53	98

분산의 동질성 검정

복사량	Levene 통계량	df1	df2	유의확률
	3.656	4	45	.012

분산분석

복사량	제곱합	df	평균 제곱	거짓	유의확률
집단-간	3260.720	4	815.180	9.748	.000
집단-내	3763.200	45	83.627		
합계	7023.920	49			

① 가설 :  $H_0 : \sigma_\tau^2 = 0 \text{ vs } H_1 : \sigma_\tau^2 > 0$

② 결론 : 복사기 간의 변동차이가 있다고 할 수 있다. ( $p < .000$ )

③ 분산요소의 추정

$$(i) \hat{\sigma}^2 = 83.627 \quad \hat{\sigma}_\tau^2 = \frac{815.180 - 83.627}{10} = 73.155$$

$$(ii) \text{일일 복사량의 총 분산의 추정} : \hat{\sigma}^2 + \hat{\sigma}_\tau^2 = 83.627 + 73.155 = 156.782$$

$$(iii) \text{복사기의 분산 비율} : \frac{73.155}{156.782} = 46.7(\%)$$

## 5 다중비교

### 1. 다중비교 검증(multiple comparisons test)

; 분산분석법에서는 오로지 처리 평균들 간에 차이가 있는지 없는지 만을 검증한다. 분산분석을 하여 처리들 간에 평균, 즉, 처리 효과의 차이가 있다는 사실이 밝혀지면 그 다음 분석에서는 어느 처리의 평균값이 다른 처리들과 달라서 그리 되었는지를 밝혀야한다. 이와 같은 추가 분석을 다중비교 검증이라한다. 다중비교 검증은 고정효과 요인들에 대해서만 적합하다. 랜덤효과 요인들에 대한 다중 비교는 전혀 무의미하다.

#### 1) 일원배치 분산분석

$$; H_0 : \mu_1 = \mu_2 = \mu_3$$

⇒ 세 개의 평균이 동시에 같은지를 검정하는 것이다.

#### 2) 다중비교

$$; H_0 : \mu_1 = \mu_2, H_0 : \mu_1 = \mu_3, H_0 : \mu_2 = \mu_3$$

⇒ 가능한 모든 처리 쌍들 간의 비교를 고려한다.

### 2. 오류율의 조절

1) 비교별 오류율( $\alpha_0$ ) : 독립 이표본  $t$  검증에서와 같이 각 비교별로 유의수준을 고정시키는 방법을 말한다.

2) 실험별 오류율( $\alpha$ ) : 모든 가능한 쌍별 비교 가설들에 대한 동시 검증의 유의수준을 고정하는 방식을 말한다.

#### 3) $\alpha_0$ 와 $\alpha$ 의 관계

①  $(1 - \alpha_0)^c$  :  $c$  개의 귀무가설  $H_0$ 을 올바르게 기각할 확률.

②  $\alpha = 1 - (1 - \alpha_0)^c$  :  $c$  개의  $H_0$ 중, 적어도 하나가 잘못 기각할 확률.

$t$  가 크면 근사적으로  $\alpha \approx c \times \alpha_0$  가 성립한다.

cf. 실험 전에 비교 가설을 세웠으면 비교별 오류율을 조절하면 되고, 실험 후에 데이터를 보고나서 비교 가설을 세운다면 실험별 오류율을 조절하는 것이다.

### 4. 다중 비교의 가설의 절차

#### 1) 가설

;  $H_0 : \mu_I = \mu_{II}$  vs  $H_1 : \mu_I \neq \mu_{II}$  (단, I, II는 서로 다른 임의의 처리)

#### 2) 효율적으로 비교하는 방법

① 평균들을 크기 순서로 배열한다.  $\Rightarrow \bar{Y}_2 < \bar{Y}_5 < \bar{Y}_1 < \bar{Y}_3 < \bar{Y}_4$

② 최초로 평균이 가장 큰 것과 가장 작을 비교 한다. 즉  $H_0 : \mu_2 = \mu_4$ 를 검정한다.

③ 검정 결과가 유의하지 않다면 나머지 검정은 불필요하다. 검정결과가 유의하다면  $H_0 : \mu_2 = \mu_3, H_0 : \mu_5 = \mu_4$  검정한다.

④ 위의 검정 결과가 유의하지 않다면 나머지 검정은 불필요하다. 검정결과가 유의하다면  $H_0 : \mu_2 = \mu_1, H_0 : \mu_5 = \mu_3, H_0 : \mu_1 = \mu_4$ 를 검정한다.

### 3) 다중비교 검정의 결과 표시

; 검정의 결과가  $\mu_2 = \mu_5 < \mu_1 = \mu_3 < \mu_4$  라면 다음과 같이 표현한다.

$$\Rightarrow \underline{\bar{Y}_2 \quad \bar{Y}_5} \quad \underline{\bar{Y}_1 \quad \bar{Y}_3} \quad \underline{\bar{Y}_4}$$

### 5. $p$ 평균 차이( $p$ -mean difference)

; 평균들을  $\bar{Y}_2 < \bar{Y}_5 < \bar{Y}_1 < \bar{Y}_3 < \bar{Y}_4$ 와 같이 순서대로 나열하였을 때,  $\bar{Y}_2$ 와  $\bar{Y}_4$ 의 차이를 오평균 차이(5-mean difference)라 한다. 즉,  $\bar{Y}_2$ 와  $\bar{Y}_4$ 사이에는 자신들을 포함하여 5개의 평균이 있다.  $\bar{Y}_2$ 와  $\bar{Y}_3$ 의 차이는 사평균 차이(4-mean difference)가 된다.

### 6. 다중비교

#### 1) 튜키(Tukey)의 검정

; 흔히 HSD(honestly significant difference: 정직한 유의차) 검정이라고도 한다. 가장 보수적인 방법으로 알려져 있다. 보수적이라 함은 유의하다는 결론을 내리지 않는다는 의미로 기각역이 상대적으로 좁아서 기각을 잘 시키지 않는다.

① 가설 :  $H_0 : \mu_I = \mu_{II} \text{ vs. } H_1 : \mu_I \neq \mu_{II}$  (단, I, II는 서로 다른 임의의 처리)

② 검정통계량 ;  $q = \frac{|\bar{Y}_I - \bar{Y}_{II}|}{\sqrt{s^2/m}}, s^2 = MS_E$

③ 기각역  $q > q_{\nu, k, \alpha}$

$\nu$  : 오차의 자유도  $k$ , 처리의 개수  $r$  : 처리 내의 관측수,  $\alpha$  : 유의수준

#### 2) SNK(Student-Newman-Keuls)검정

; 이 검정은 임계값의 결정만 제외하면 터키의 검정과 동일하다. SNK검정은 튜키의 검정보다는 덜 보수적이다. 즉, 기각역이 다소 넓은 것을 의미하며 임계값이 다소 적음을 뜻한다.

① 가설 :  $H_0 : \mu_I = \mu_{II} \text{ vs. } H_1 : \mu_I \neq \mu_{II}$  (단, I, II는 서로 다른 임의의 처리)

② 검정통계량 :  $q = \frac{|\bar{Y}_I - \bar{Y}_{II}|}{\sqrt{s^2/m}}, s^2 = MS_E$

③ 기각역 :  $q > q_{\nu, p, \alpha}$ ,  $p$ 는  $p$ 평균 차이의  $p$ 이고, 나머지는 튜키의 검정과 같다.

#### 3) 더넷(Dunnett)의 검정 : 대조와의 비교

; 대조군과 나머지 처리들 간의 비교하는 다중비교법으로  $(t-1)$ 개의 가설을 동시에 검정한다.

① 가설 :  $H_0 : \mu_{control} = \mu_I \text{ vs. } H_1 : \mu_{control} \neq \mu_I$

② 검정통계량 :  $q' = \frac{|\bar{Y}_{control} - \bar{Y}_I|}{\sqrt{2s^2/m}}, s^2 = MS_E$

③ 기각역 :  $|q'| > q'_{\nu, p, \alpha/2}$   $p$ 는  $p$ 평균 차이의  $p$ 이고 나머지는 튜키의 검정과 같다.

**예제** 2-12. 다음은  $l = 5$ ,  $m = 6$ 인 어떤 실험의 결과이다. 다음 물음에 답하여라.

처 리				
1	2	3	4	5
28.2	39.6	46.3	41.0	56.3
33.2	40.8	42.1	44.1	54.1
36.4	37.9	43.5	46.4	59.4
34.6	37.1	48.8	40.2	62.7
29.1	43.6	43.7	38.6	60.0
31.0	42.4	40.1	36.3	57.3
$\bar{Y}_1 = 32.1$	$\bar{Y}_2 = 40.2$	$\bar{Y}_3 = 44.1$	$\bar{Y}_4 = 41.1$	$\bar{Y}_5 = 58.3$

(a) 처리간 평균 차이가 있는가를 유의수준 1%에서 검정하여라.

source	$SS$	$df$	$MS$	$F$
처리(Treatments)	2193.442	4	548.361	56.155
오차(Error)	244.130	25	9.765	
합계(Total)	2437.572	29		

**[분산분석]**

- ①  $H_0 : \mu_1 = \mu_2 = \mu_3 = \mu_4 = \mu_5$  vs  $H_1 : \text{not } H_0$
- ②  **$F.INV(0.99, 4, 25) = 4.18$**
- ③  $F = 56.155 > 4.18$
- ④  $\alpha = 0.01$ 에서  $H_0$  reject
- ⑤ 집단간의 평균차이가 있다.
- ⑥ 사후검정(튜키, SNK) 필요

(b) 사후검정 : 튜키(Tukey)의 검정 ( $\alpha = 0.05$  )

( i ) SPSS 사후 분석결과를 보고 해석하여라.

Tukey HSD

(I) 처리	(J) 처리	평균차 (I-J)	표준 오차	유의 확률	95% 신뢰구간	
					하한값	상한값
처리1	처리2	-8,1500*	1,8042	,001	-13,449	-2,851
	처리3	-12,0000*	1,8042	,000	-17,299	-6,701
	처리4	-9,0167*	1,8042	,000	-14,315	-3,718
	처리5	-26,2167*	1,8042	,000	-31,515	-20,918
처리2	처리1	8,1500*	1,8042	,001	2,851	13,449
	처리3	-3,8500	1,8042	,238	-9,149	1,449
	처리4	-,8667	1,8042	,988	-6,165	4,432
	처리5	-18,0667*	1,8042	,000	-23,365	-12,768
처리3	처리1	12,0000*	1,8042	,000	6,701	17,299
	처리2	3,8500	1,8042	,238	-1,449	9,149
	처리4	2,9833	1,8042	,479	-2,315	8,282
	처리5	-14,2167*	1,8042	,000	-19,515	-8,918
처리4	처리1	9,0167*	1,8042	,000	3,718	14,315
	처리2	,8667	1,8042	,988	-4,432	6,165
	처리3	-2,9833	1,8042	,479	-8,282	2,315
	처리5	-17,2000*	1,8042	,000	-22,499	-11,901
처리5	처리1	26,2167*	1,8042	,000	20,918	31,515
	처리2	18,0667*	1,8042	,000	12,768	23,365
	처리3	14,2167*	1,8042	,000	8,918	19,515
	처리4	17,2000*	1,8042	,000	11,901	22,499

Tukey HSD<sup>a</sup>

처리	N	유의수준 = .05에 대한 부질단		
		1	2	3
처리1	6	32,083		
처리2	6		40,233	
처리4	6		41,100	
처리3	6		44,083	
처리5	6			58,300
유의확률		1,000	,238	1,000

### [사후검정]

튜키방법으로 사후검정을 한 결과 처리1과 처리2, 처리3, 처리4는 유의수준 5%에서 통계적으로 유의한 차이가 있었고, 처리5와 처리2, 처리3, 처리4도 유의수준 5%에서 통계적으로 유의한 차이를 나타내었으며 또한 처리1과 처리5도 유의수준 5%에서 차이가 있는 것으로 조사되었다

(ii) 직접풀이

① 크기순으로 평균을 배열한다.

$$\Rightarrow \bar{Y}_1 = 32.1 \quad \bar{Y}_2 = 40.2 \quad \bar{Y}_4 = 41.1 \quad \bar{Y}_3 = 44.1 \quad \bar{Y}_5 = 58.3$$

②  $H_0 : \mu_1 = \mu_5$ 를 검정한다.

$$q = \frac{|32.1 - 58.3|}{\sqrt{9.77/6}} = 20.53 > q_{24,5,0.05} = 4.166 \quad H_0 \text{ reject}$$

③  $H_0 : \mu_1 = \mu_3, H_0 : \mu_2 = \mu_5$

$$q = \frac{|32.1 - 44.1|}{\sqrt{9.77/6}} = 9.40 > q_{24,5,0.05} = 4.166 \quad H_0 \text{ reject}$$

$$q = \frac{|40.2 - 58.3|}{\sqrt{9.77/6}} = 14.18 > q_{24,5,0.05} = 4.166 \quad H_0 \text{ reject}$$

④  $H_0 : \mu_1 = \mu_4, H_0 : \mu_2 = \mu_3, H_0 : \mu_4 = \mu_5$

$$q = \frac{|32.1 - 41.1|}{\sqrt{9.77/6}} = 7.05 > q_{24,5,0.05} = 4.166 \quad H_0 \text{ reject}$$

$$q = \frac{|40.2 - 44.1|}{\sqrt{9.77/6}} = 3.06 < q_{24,5,0.05} = 4.166 \quad H_0 \text{ not reject}$$

$$q = \frac{|41.1 - 58.3|}{\sqrt{9.77/6}} = 13.48 > q_{24,5,0.05} = 4.166 \quad H_0 \text{ reject}$$

⑤ 결론

$$\underline{\bar{Y}_1=32.1} \quad \underline{\bar{Y}_2=40.2} \quad \underline{\bar{Y}_4=41.1} \quad \underline{\bar{Y}_3=44.1} \quad \underline{\bar{Y}_5=58.3}$$

(c) 사후검정 : SNK의 검정 ( $\alpha = 0.05$ )

(i) SPSS 사후검정 분석결과를 보고 해석하여라.

Student-Newman-Keuls <sup>a</sup>				
처리	N	유의수준 = .05에 대한 부집단		
		1	2	3
처리1	6	32,083		
처리2	6		40,233	
처리4	6		41,100	
처리3	6		44,083	
처리5	6			58,300
유의확률		1,000	.103	1,000

### [사후검정]

SNK로 사후검정을 한 결과 처리1과 처리2, 처리3, 처리4는 유의수준 5%에서 통계적으로 유의한 차이가 있었고, 처리5와 처리2, 처리3, 처리4도 유의수준 5%에서 통계적으로 유의한 차이를 나타내었으며 또한 처리1과 처리5도 유의수준 5%에서 차이가 있는 것으로 조사되었다

(ii) 직접풀이

① 크기순으로 평균을 배열한다.

$$\Rightarrow \bar{Y}_1 = 32.1 \quad \bar{Y}_2 = 40.2 \quad \bar{Y}_4 = 41.1 \quad \bar{Y}_3 = 44.1 \quad \bar{Y}_5 = 58.3$$

②  $H_0 : \mu_1 = \mu_5$ 를 검정한다.

$$q = \frac{|32.1 - 58.3|}{\sqrt{9.77/6}} = 20.53 > q_{24,5,0.05} = 4.166 \quad H_0 \text{ reject}$$

③  $H_0 : \mu_1 = \mu_3, H_0 : \mu_2 = \mu_5$

$$q = \frac{|32.1 - 44.1|}{\sqrt{9.77/6}} = 9.40 > q_{24,4,0.05} = 3.901 \quad H_0 \text{ reject}$$

$$q = \frac{|40.2 - 58.3|}{\sqrt{9.77/6}} = 14.18 > q_{24,4,0.05} = 3.901 \quad H_0 \text{ reject}$$

④  $H_0 : \mu_1 = \mu_4, H_0 : \mu_2 = \mu_3, H_0 : \mu_4 = \mu_5$

$$q = \frac{|32.1 - 41.1|}{\sqrt{9.77/6}} = 7.05 > q_{24,3,0.05} = 3.532 \quad H_0 \text{ reject}$$

$$q = \frac{|40.2 - 44.1|}{\sqrt{9.77/6}} = 3.06 < q_{24,3,0.05} = 3.532 \quad H_0 \text{ not reject}$$

$$q = \frac{|41.1 - 58.3|}{\sqrt{9.77/6}} = 13.48 > q_{24,3,0.05} = 3.532 \quad H_0 \text{ reject}$$

⑤ 결론

$$\underline{\bar{Y}_1 = 32.1} \quad \underline{\bar{Y}_2 = 40.2} \quad \underline{\bar{Y}_4 = 41.1} \quad \underline{\bar{Y}_3 = 44.1} \quad \underline{\bar{Y}_5 = 58.3}$$

**예제** 2-13. 어떤 반응공정의 수율(%)을 상승시킬 목적으로 촉매의 첨가량을 1.0%, 1.5%, 2.0%, 2.5%로 바꾸어 각 3회를 실험하였다.

$A_1(1.0\%)$	$A_2(1.5\%)$	$A_3(2.0\%)$	$A_4(2.5\%)$
84.3	87.3	89.2	92.0
83.9	86.8	89.8	93.1
84.2	87.2	90.1	92.8

(a) 촉매 첨가량에 따라 수율의 차이가 있는가를 유의수준 1%에서 검정하여라.

source	$SS$	$df$	$MS$	$F$
처리(Treatments)	147.733	3	39.505	244.363
오차(Error)	1.293	8	0.162	
합계(Total)	165.733	11		

**[분산분석]**

- ①  $H_0 : \mu_1 = \mu_2 = \mu_3 = \mu_4$  vs  $H_1 : \text{not } H_0$
- ②  **$F.INV(0.99, 3, 8) = 7.591$**
- ③  $F = 244.363 > 7.591$
- ④  $\alpha = 0.01$ 에서  $H_0$  reject
- ⑤ 촉매의 첨가량에 따라 반응공정의 수율 차이가 있다.
- ⑥ 사후검정(튜키, SNK) 필요



(b) 각 수준에서 수율의 90% 신뢰구간을 구하여라.

첨가량

종속 변수: 수율

첨가량	평균	표준오차	95% 신뢰구간	
			하한값	상한값
1.0%	84.133	.232	83.598	84.669
1.5%	87.100	.232	86.565	87.635
2.0%	89.700	.232	89.165	90.235
2.5%	92.633	.232	92.098	93.169

(c) SNK의 검정( $\alpha = 0.05$ )으로 사후검정을 하여라.

수율

Student-Newman-Keuls<sup>a</sup>

첨가량	N	유의수준 = 0.05에 대한 부집단			
		1	2	3	4
1.0%	3	84.133			
1.5%	3		87.100		
2.0%	3			89.700	
2.5%	3				92.633
유의확률		1.000	1.000	1.000	1.000

동일 집단군에 있는 집단에 대한 평균이 표시됩니다.

a. 조화평균 표본 크기 3.000을(를) 사용합니다.

### [사후검정]

(1.0%, 1.5%), (1.0%, 2.0%), (1.0%, 2.5%), (1.5%, 2.0%), (1.5%, 2.5%), (2.0%, 2.5%)의 각각의 경우에 유의수준 5%에서 통계적으로 유의한 차이가 있었으며 2.5%, 2.0%, 1.5%, 1.0% 순서로 평균이 높은 것으로 나타났다.

밑줄친 부분처럼 해석도 필요

**예제 2-14.** 국내 4개 회사에서 생산되는 무가당 오렌지 주스(A, B, C, D)의 신 맛을 48명의 평가 요원이 주스마다 12명씩 랜덤 배치되어 9점 척도를 사용하여 평가한 결과이다.

A	B	C	D
8 8	6 5	8 8	9 4
7 9	7 7	8 5	6 5
8 7	6 7	6 7	4 4
9 8	6 8	6 7	5 6
6 8	7 6	7 6	7 5
7 6	8 7	7 8	8 4

(a) 다음은 SPSS 일원배치 분산분석 결과이다. 오렌지 주스에 따른 신맛의 차이가 있는지를 유의수준 1%에서 검정하여라.

신맛

	N	평균	표준편차	표준오차	평균에 대한 95% 신뢰 구간		최소값	최대값
					하한값	상한값		
A	12	7.58	.996	.288	6.95	8.22	6	9
B	12	6.67	.888	.256	6.10	7.23	5	8
C	12	6.92	.996	.288	6.28	7.55	5	8
D	12	5.58	1.676	.484	4.52	6.65	4	9
합계	48	6.69	1.355	.196	6.29	7.08	4	9

신맛

Levene 통계량	자유도1	자유도2	유의확률
2.455	3	44	.076

신맛

	제곱합	자유도	평균제곱	F	유의 확률
집단-간	24.896	3	8.299	5.945	.002
집단-내	61.417	44	1.396		
합계	86.313	47			

### [등분산성]

- ①  $H_0$  : 분산이 같다. vs  $H_1$  : 분산이 다르다.
- ②  $\alpha = 0.01 < p\text{-value} = .076$
- ③  $\alpha = 0.01$ 에서 not  $H_0$  reject
- ④ 분산이 같다.

### [분산분석]

- ①  $H_0 : \mu_1 = \mu_2 = \mu_3 = \mu_4$  vs  $H_1 : \text{not } H_0$
- ②  $\alpha = 0.01 > p\text{-value} = .002$
- ③  $\alpha = 0.01$ 에서  $H_0$  reject
- ④ 오렌지 주스간 신맛의 평균 차이가 있다.
- ⑤ 사후검정(튜키, SNK) 필요

(b) SPSS 사후검정 결과를 해석하여라. ( $\alpha = 0.05$ )

종속변수: 신맛

	(I) 집단	(J) 집단	평균차 (I-J)	표준오차	유의확률	95% 신뢰구간	
						하한값	상한값
Tukey HSD	A	B	,917	,482	,243	-,37	2,20
		C	,667	,482	,517	-,62	1,95
		D	2,000*	,482	,001	,71	3,29
	B	A	-,917	,482	,243	-2,20	,37
		C	-,250	,482	,954	-1,54	1,04
		D	1,083	,482	,127	-,20	2,37
	C	A	-,667	,482	,517	-1,95	,62
		B	,250	,482	,954	-1,04	1,54
		D	1,333*	,482	,040	,05	2,62
	D	A	-2,000*	,482	,001	-3,29	-,71
		B	-1,083	,482	,127	-2,37	,20
		C	-1,333*	,482	,040	-2,62	-,05

	집단	N	유의수준 = ,05에 대한 부집단	
			1	2
Student-Newman-Keuls <sup>a</sup>	D	12	5,58	
	B	12		6,67
	C	12		6,92
	A	12		7,58
	유의 확률		1,000	,151
Tukey HSD <sup>a</sup>	D	12	5,58	
	B	12	6,67	6,67
	C	12		6,92
	A	12		7,58
	유의 확률		,127	,243

### [사후검정]

SNK 사후검정 결과 ( $D$ ,  $B$ ), ( $D$ ,  $C$ ), ( $D$ ,  $A$ )간에 유의수준 5%에서 통계적으로 유의한 차이가 있었다. 튜키의 사후검정 결과는 ( $D$ ,  $C$ ), ( $D$ ,  $A$ )간에 유의수준 5%에서 통계적으로 유의한 차이가 있는 것으로 나타났다.

**예제** 2-15. 2020학년도 대학수학능력시험 후 독일어를 선택한 수험생들 중 계열별로 10명씩 임의로 추출하여 가채점한 결과가 다음과 같다.

인문	자연	예체능
31	30	18
35	21	21
20	17	23
33	27	30
27	15	15
40	12	17
38	34	22
29	26	11
32	29	26
23	39	17

독일어

	N	평균	표준편차	표준오차	평균에 대한 95% 신뢰구간		최소값	최대값
					하한값	상한값		
인문	10	29.00	7.944	2.512	23.32	34.68	15	40
자연	10	25.00	8.641	2.733	18.82	31.18	12	39
예체능	10	20.00	5.558	1.758	16.02	23.98	11	30
합계	30	24.67	8.147	1.487	21.62	27.71	11	40

(a) 계열별로 독일어 점수차가 있는지 유의수준 1%에서 검정하여라.

source	SS	df	MS	F
처리(Treatments)	406.667	2	203.333	3.617
오차(Error)	1518.000	27	56.222	
합계(Total)	1924.667	29		

**[분산분석]**

- ①  $H_0 : \mu_1 = \mu_2 = \mu_3$  vs  $H_1 : \text{not } H_0$
- ②  $F.INV(0.99, 2, 27) = 5.488$
- ③  $F = 3.617 < 5.488$
- ④  $\alpha = 0.01$ 에서  $H_0$  not reject
- ⑤ 계열별로 독일어 점수의 차이가 존재한다.
- ⑥ 사후검정 불필요

사후검정이 필요하지 않지만 유의수준 5%에서는 기각이 되므로 사후검정을 진행  
 유의수준 5%에서 기각치  $F.INV(0.95, 2, 27) = 3.354$

(b) 튜키( $\alpha = 0.05$ )로 사후검정을 실시하여라.

#### 다중 비교

독일어  
Tukey HSD

(I) 계열	(J) 계열	평균차(I-J)	표준오차	유의확률	95% 신뢰구간	
					하한값	상한값
인문	자연	4.000	3.353	.468	-4.31	12.31
	예체능	9.000 <sup>a</sup>	3.353	.032	.69	17.31
자연	인문	-4.000	3.353	.468	-12.31	4.31
	예체능	5.000	3.353	.311	-3.31	13.31
예체능	인문	-9.000 <sup>a</sup>	3.353	.032	-17.31	-.69
	자연	-5.000	3.353	.311	-13.31	3.31

\*. 평균차는 0.05 수준에서 유의합니다.

#### 동일 집단군

##### 독일어

Tukey HSD<sup>a</sup>

계열	N	유의수준 = 0.05에 대한 부집단	
		1	2
예체능	10	20.00	
자연	10	25.00	25.00
인문	10		29.00
유의확률		.311	.468

동일 집단군에 있는 집단에 대한 평균이 표시됩니다.

a. 조화평균 표본 크기 10.000을(를) 사용합니다.

#### [사후검정]

예체능과 자연, 자연과 인문은 유의수준 5%에서 통계적으로 유의한 차이가 없었고 예체능과 인문은 유의수준 5%에서 유의한 차이를 나타내었다.

(c) SNK의 검정( $\alpha = 0.05$ )으로 사후검정을 하여라.

##### 독일어

Student-Newman-Keuls<sup>a</sup>

계열	N	유의수준 = 0.05에 대한 부집단	
		1	2
예체능	10	20.00	
자연	10	25.00	25.00
인문	10		29.00
유의확률		.148	.243

동일 집단군에 있는 집단에 대한 평균이 표시됩니다.

a. 조화평균 표본 크기 10.000을(를) 사용합니다.

#### [사후검정]

예체능과 자연, 자연과 인문은 유의수준 5%에서 통계적으로 유의한 차이가 없었고 유의수준 5%에서 예체능과 인문은 유의한 차이를 나타내었다.

**예제 2-16.** 고전압 송전용 케이블은 인장강도가 높아야 한다. 케이블을 제조하는 어느 회사에서 인장강도가 높은 케이블을 생산하기 위하여 원재료의 성분 비율을 달리하여 시제품을 만들고 인장강도를 측정한 결과 다음 표와 같다.

재료1	재료2	재료3	재료4
345	340	341	339
327	330	340	340
335	325	335	347
338	328	336	345
330	338	339	350
334	332	340	348
335	335	342	341
340	340	345	342

(a) 아래 SPSS 결과를 보고 재료별로 인장강도 차이가 있는지를 유의수준 5%에서 검정하여라.

강도

	N	평균	표준편차	표준오차	평균에 대한 95% 신뢰 구간		최소값	최대값
					하한값	상한값		
재료1	8	335.63	5.706	2.017	330.86	340.39	327	345
재료2	8	333.50	5.657	2.000	328.77	338.23	325	340
재료3	8	339.75	3.196	1.130	337.08	342.42	335	345
재료4	8	344.00	4.071	1.439	340.60	347.40	339	350
합계	32	338.22	6.110	1.080	336.02	340.42	325	350

강도

Levene 통계량	자유도1	자유도2	유의확률
1.483	3	28	.241

강도

	제곱합	자유도	평균제곱	F	유의확률
집단-간	518.094	3	172.698	7.563	.001
집단-내	639.375	28	22.835		
합계	1157.469	31			

### [등분산성]

- ①  $H_0$  : 분산이 같다. vs  $H_1$  : 분산이 다르다.
- ②  $\alpha = 0.05 < p\text{-value} = .241$
- ③  $\alpha = 0.05$ 에서 not  $H_0$  reject
- ④ 분산이 같다.

### [분산분석]

- ①  $H_0$  :  $\mu_1 = \mu_2 = \mu_3 = \mu_4$  vs  $H_1$  : not  $H_0$
- ②  $\alpha = 0.05 > p\text{-value} = .001$
- ③  $\alpha = 0.05$ 에서  $H_0$  reject
- ④ 재료에 따른 케이블의 인장강도 차이가 있다.
- ⑤ 사후검정(튜키, SNK) 필요

(b) 튜키( $\alpha = 0.05$ )로 사후검정을 실시하여라.

**다중 비교**

강도  
Tukey HSD

(I) 재료	(J) 재료	평균차(I-J)	표준오차	유의확률	95% 신뢰구간	
					하한값	상한값
재료1	재료2	2.125	2.389	.810	-4.40	8.65
	재료3	-4.125	2.389	.329	-10.65	2.40
	재료4	-8.375*	2.389	.008	-14.90	-1.85
재료2	재료1	-2.125	2.389	.810	-8.65	4.40
	재료3	-6.250	2.389	.064	-12.77	.27
	재료4	-10.500*	2.389	.001	-17.02	-3.98
재료3	재료1	4.125	2.389	.329	-2.40	10.65
	재료2	6.250	2.389	.064	-.27	12.77
	재료4	-4.250	2.389	.304	-10.77	2.27
재료4	재료1	8.375*	2.389	.008	1.85	14.90
	재료2	10.500*	2.389	.001	3.98	17.02
	재료3	4.250	2.389	.304	-2.27	10.77

\*. 평균차는 0.05 수준에서 유의합니다.

**동일 집단군**

**강도**

Tukey HSD<sup>a</sup>

재료	N	유의수준 = 0.05에 대한 부집단	
		1	2
재료2	8	333.50	
재료1	8	335.63	
재료3	8	339.75	339.75
재료4	8		344.00
유의확률		.064	.304

동일 집단군에 있는 집단에 대한 평균이 표시됩니다.

a. 조화평균 표본 크기 8.000을(를) 사용합니다.

**[사후검정]**

(재료2, 재료4), (재료1, 재료4)사이 에 유의수준 5%에서 통계적으로 유의한 차이가 있었다.

(c) SNK의 검정( $\alpha = 0.05$ )으로 사후검정을 하여라.

**강도**

Student-Newman-Keuls<sup>a</sup>

재료	N	유의수준 = 0.05에 대한 부집단		
		1	2	3
재료2	8	333.50		
재료1	8	335.63	335.63	
재료3	8		339.75	339.75
재료4	8			344.00
유의확률		.381	.095	.086

동일 집단군에 있는 집단에 대한 평균이 표시됩니다.

a. 조화평균 표본 크기 8.000을(를) 사용합니다.

**[사후검정]**

(재료2, 재료3), (재료2, 재료4), (재료1, 재료4)사이 에 유의수준 5%에서 통계적으로 유의한 차이가 있었다.

**예제** 2-17. 다음은  $l = 5$ ,  $m = 6$ 인 어떤 실험의 결과이다.

처 리				
1	2	3	4	5
28.2	39.6	46.3	41.0	56.3
33.2	40.8	42.1	44.1	54.1
36.4	37.9	43.5	46.4	59.4
34.6	37.1	48.8	40.2	62.7
29.1	43.6	43.7	38.6	60.0
31.0	42.4	40.1	36.3	57.3
$\bar{Y}_1 = 32.1$	$\bar{Y}_2 = 40.2$	$\bar{Y}_3 = 44.1$	$\bar{Y}_4 = 41.1$	$\bar{Y}_5 = 58.3$

유의수준 1%에서 처리간 평균차이에 대한 검정을 하고 유의한 차이가 있다면 더넷(Dunnett)의 검정( $\alpha = 0.1$ )으로 사후검정을 하여라.

(a) 분산분석

source	$SS$	$df$	$MS$	$F$
처리(Treatments)	2193.442	4	548.36	56.2**
오차(Error)	244.130	25	9.77	
합계(Total)	2437.572	29		

### [분산분석]

- ①  $H_0 : \mu_1 = \mu_2 = \mu_3 = \mu_4 = \mu_5$  vs  $H_1 : \text{not } H_0$
- ②  **$F.INV(0.99, 4, 25) = 4.18$**
- ③  $F = 56.155 > 4.18$
- ④  $\alpha = 0.01$ 에서  $H_0$  reject
- ⑤ 집단간의 평균차이가 있다.
- ⑥ 사후검정(튜키, SNK) 필요



(b) 사후검정

(i) 크기순으로 평균을 배열한다.

$$\Rightarrow \bar{Y}_1 = 32.1 \quad \bar{Y}_2 = 40.2 \quad \bar{Y}_4 = 41.1 \quad \bar{Y}_3 = 44.1 \quad \bar{Y}_5 = 58.3$$

(ii) 대조군을 처리5라고 가정한다.

$$q' = \frac{|58.3 - 32.1|}{\sqrt{(2 \times 9.77)/6}} = 14.518 > q'_{24,5, \frac{0.1}{2}} = 2.61 \quad H_0 \text{ reject}$$

$$q' = \frac{|58.3 - 40.2|}{\sqrt{(2 \times 9.77)/6}} = 10.029 > q'_{24,4, \frac{0.1}{2}} = 2.51 \quad H_0 \text{ reject}$$

$$q' = \frac{|58.3 - 41.1|}{\sqrt{(2 \times 9.77)/6}} = 9.531 > q'_{24,3, \frac{0.1}{2}} = 2.35 \quad H_0 \text{ reject}$$

$$q' = \frac{|58.3 - 44.1|}{\sqrt{(2 \times 9.77)/6}} = 7.869 > q'_{24,2, \frac{0.1}{2}} = 2.06 \quad H_0 \text{ reject}$$

(c) SPSS 사후검정 결과

Dunnett (양측)<sup>3</sup>

(I) 처리	(J) 처리	평균차 (I-J)	표준오차	유의확률	95% 신뢰구간	
					하한값	상한값
처리1	처리5	-26,2167*	1,8042	,000	-30,920	-21,513
처리2	처리5	-18,0667*	1,8042	,000	-22,770	-13,363
처리3	처리5	-14,2167*	1,8042	,000	-18,920	-9,513
처리4	처리5	-17,2000*	1,8042	,000	-21,903	-12,497

**예제 2-18.** 연구자들은 비흡연자(NO ETS), 연기에 노출된 적이 있는 비흡연자(ETS), 흡연자(smoker) 세 그룹의 사람들의 혈액 내 코티닌 농도를 측정하였다. 아래 분석결과를 보고 해석하여라.

(a) 분산분석

#### 기술통계

니코틴

	N	평균	표준편차	표준오차	평균에 대한 95% 신뢰구간		최소값	최대값
					하한값	상한값		
NO ETS	50	.4050	1.21290	.17153	.0603	.7497	.03	8.56
ETS	50	4.0976	10.21176	1.44416	1.1955	6.9997	.03	61.33
Smokers	50	145.3450	226.36001	32.01214	81.0142	209.6758	.08	983.41
합계	150	49.9492	146.52012	11.96332	26.3095	73.5889	.03	983.41

#### 분산의 동질성 검정

니코틴

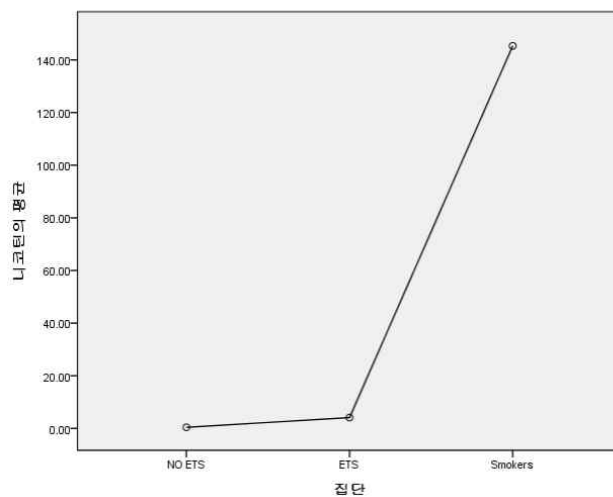
Levene 통계량	df1	df2	유의확률
63.751	2	147	.000

#### 분산분석

니코틴

	제곱합	df	평균 제곱	거짓	유의확률
집단-간	682867.782	2	341433.891	19.950	.000
집단-내	2515885.690	147	17114.869		
합계	3198753.472	149			

#### 평균 도표



### [등분산성]

- ①  $H_0$  : 분산이 같다. vs  $H_1$  : 분산이 다르다.
- ②  $\alpha = 0.05 > p\text{-value} = .000$
- ③  $\alpha = 0.05$ 에서  $H_0$  reject
- ④ 분산이 같지 않다.

### [분산분석]

분산이 같다는 가정이 만족하지 않으므로 비모수적인 방법으로 해결

### (b) 사후검정

**다중 비교**

종속 변수: 니코틴

(i) 집단	(j) 집단	평균차(i-j)	표준오차	유의확률	95% 신뢰구간		
					하한값	상한값	
Tukey HSD	NO ETS	ETS	-3.69260	26.16476	.989	-65.6427	58.2575
		Smokers	-144.94000*	26.16476	.000	-206.8901	-82.9899
	ETS	NO ETS	3.69260	26.16476	.989	-58.2575	65.6427
		Smokers	-141.24740*	26.16476	.000	-203.1975	-79.2973
	Smokers	NO ETS	144.94000*	26.16476	.000	82.9899	206.8901
		ETS	141.24740*	26.16476	.000	79.2973	203.1975
LSD	NO ETS	ETS	-3.69260	26.16476	.888	-55.4003	48.0151
		Smokers	-144.94000*	26.16476	.000	-196.6477	-93.2323
	ETS	NO ETS	3.69260	26.16476	.888	-48.0151	55.4003
		Smokers	-141.24740*	26.16476	.000	-192.9551	-89.5397
	Smokers	NO ETS	144.94000*	26.16476	.000	93.2323	196.6477
		ETS	141.24740*	26.16476	.000	89.5397	192.9551

\*. 평균차는 0.05 수준에서 유의합니다.

### 동일 집단군

니코틴				
집단		N	유의수준 = 0.05에 대한 부집단	
			1	2
Student-Newman-Keuls <sup>a</sup>	NO ETS	50	.4050	
	ETS	50	4.0976	
	Smokers	50		145.3450
	유의확률		.888	1.000
Tukey HSD <sup>a</sup>	NO ETS	50	.4050	
	ETS	50	4.0976	
	Smokers	50		145.3450
	유의확률		.989	1.000

동일 집단군에 있는 집단에 대한 평균이 표시됩니다.

a. 조화평균 표본 크기 50.000을(를) 사용합니다.

### [사후검정]

#### 분산분석 결과와 상관없이 사후검정만 해석해보면

SNK 검정에서는 유의수준 5%에서 흡연자 집단과 비흡연자, 연기에 노출된 흡연자의 평균차이가 있었으며 튜키 검정에서도 같은 결과를 나타내었다.

**예제 2-19.** 프리스비(던지기를 하고 놀 때 쓰는 플라스틱 원반) 한 학생이 그림이 프리스비 던지기 거리에 어떤 영향을 미치는지 알아보기 위해 세 가지 다른 그림(Finger Out, Normal, Inverted)으로 던지기를 하여 아래 자료를 얻었다. 분석 결과를 보고 해석하여라.



Finger Out	Normal	Inverted
33	39	33
32	34	34
23	36	36
36	37	37
26	30	30
27	28	28
30	30	30
29	31	31

(a) 분산분석

#### 기술통계

거리

	N	평균	표준편차	표준오차	평균에 대한 95% 신뢰구간		최소값	최대값
					하한값	상한값		
Finger Out	8	29.50	4.175	1.476	26.01	32.99	23	36
Normal	8	33.13	3.944	1.394	29.83	36.42	28	39
Inverted	8	32.38	3.159	1.117	29.73	35.02	28	37
합계	24	31.67	3.953	.807	30.00	33.34	23	39

#### 분산의 동질성 검정

거리

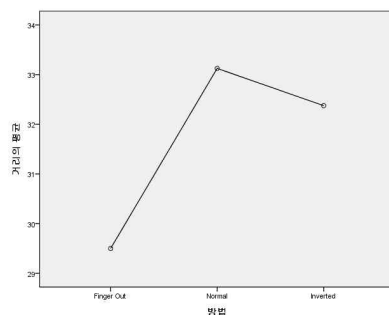
Levene 통계량	df1	df2	유의확률
.388	2	21	.684

#### 분산분석

거리

	제곱합	df	평균 제곱	거짓	유의확률
집단-간	58.583	2	29.292	2.045	.154
집단-내	300.750	21	14.321		
합계	359.333	23			

평균 도표



(b) 사후검정

다중 비교

종속 변수: 거리

(I) 방법	(J) 방법	평균차(I-J)	표준오차	유의확률	95% 신뢰구간		
					하한값	상한값	
Tukey HSD	Finger Out	Normal	-3.625	1.892	.159	-8.39	1.14
		Inverted	-2.875	1.892	.302	-7.64	1.89
	Normal	Finger Out	3.625	1.892	.159	-1.14	8.39
		Inverted	.750	1.892	.917	-4.02	5.52
	Inverted	Finger Out	2.875	1.892	.302	-1.89	7.64
		Normal	-.750	1.892	.917	-5.52	4.02
LSD	Finger Out	Normal	-3.625	1.892	.069	-7.56	.31
		Inverted	-2.875	1.892	.144	-6.81	1.06
	Normal	Finger Out	3.625	1.892	.069	-.31	7.56
		Inverted	.750	1.892	.696	-3.19	4.69
	Inverted	Finger Out	2.875	1.892	.144	-1.06	6.81
		Normal	-.750	1.892	.696	-4.69	3.19

동일 집단군

거리

방법		N	유의수준 = 0.05에 대한 부집단
			1
Student-Newman-Keuls <sup>a</sup>	Finger Out	8	29.50
	Inverted	8	32.38
	Normal	8	33.13
	유의확률		.159
Tukey HSD <sup>a</sup>	Finger Out	8	29.50
	Inverted	8	32.38
	Normal	8	33.13
	유의확률		.159

동일 집단군에 있는 집단에 대한 평균이 표시됩니다.

a. 조화평균 표본 크기 8.000을(를) 사용합니다.

[등분산성]

- ①  $H_0$  : 분산이 같다. vs  $H_1$  : 분산이 다르다.
- ②  $\alpha = 0.05 < p\text{-value} = .684$
- ③  $\alpha = 0.05$ 에서  $H_0$  not reject
- ④ 분산이 같다.

[분산분석]

- ①  $H_0 : \mu_1 = \mu_2 = \mu_3$  vs  $H_1 : \text{not } H_0$
- ②  $\alpha = 0.05 < p\text{-value} = .154$
- ③  $\alpha = 0.05$ 에서  $H_0$  not reject
- ④ 손가락 그림에 따른 프리비스 던지기 거리에는 차이가 없다.
- ⑤ 사후검정(튜키, SNK) 불필요

**예제 2-20.** 돼지를 사육하는 어느 목장에서 네 가지 돼지사료의 비육효과를 실험하기 위해 같은 품종의 어미돼지에서 같은 날 태어난 32마리의 새끼돼지를 8마리씩 4집단으로 나누어 각각 다른 사료를 한 달 동안 먹인 후 체중을 재었더니 다음과 같았다.

사료1	사료2	사료3	사료4
32.6	30.3	31.3	32.4
37.4	33.7	29.3	30.5
32.2	32.3	35.3	31.2
35.3	31.1	31.1	33.1
36.2	32.2	30.0	34.1
36.8	32.3	33.2	32.2
35.3	34.2	31.3	33.1
33.8	35.2	36.3	32.3
$\bar{Y}_1 = 34.95$	$\bar{Y}_2 = 32.66$	$\bar{Y}_3 = 32.23$	$\bar{Y}_4 = 32.36$

(a) 사료에 따라 비육효과가 있는지 유의수준 5%에서 검정하여라.

source	SS	df	MS	F
처리(Treatments)	39.308	3	13.103	3.803
오차(Error)	96.472	28	3.445	
합계(Total)	135.780	31		

**[사후검정]**

- ①  $H_0 : \mu_1 = \mu_2 = \mu_3 = \mu_4$  vs  $H_1 : \text{not } H_0$
- ②  **$F.INV(0.95, 3, 28) = 2.947$**
- ③  $F = 3.803 > 2.947$
- ④  $\alpha = 0.05$ 에서  $H_0$  reject
- ⑤ 돼지 사료간에 체중의 평균차이가 있다.
- ⑥ 사후검정 필요

(b) 사료1이 기준 사료라고 할때 적당한 사후검정법으로 검정하고 결과를 해석하여라.

( $\alpha = 0.1$ )

#### 다중 비교

체 중  
Dunnett t (양측)<sup>a</sup>

(I) 사료	(J) 사료	평균차(I-J)	표준오차	유의확률	90% 신뢰구간	
					하한값	상한값
사료2	사료1	-2.2875*	.9281	.052	-4.286	-.289
사료3	사료1	-2.7250*	.9281	.018	-4.723	-.727
사료4	사료1	-2.5875*	.9281	.025	-4.586	-.589

a. Dunnett t-검정은 한 집단을 하나의 제어로 취급하고 다른 모든 집단을 이 제어와 비교합니다.

\*. 평균차는 0.1 수준에서 유의합니다.

#### [사후검정]

유의수준 10%에서 (사료2, 사료1), (사료3, 사료1), (사료4, 사료1)사이에 유의한 차이가 있는 것으로 나타났다.

**예제** 2-21. 모차르트의 음악을 들으면 시공간 추론이 향상된다고 알려져 있다.(저널 : Psychological Science) 3개의 서로 다른 집단에 대하여 2개 집단은 10분동안 각각 모차르트 피아노 소나타, 필립 모리스 글래스의 피아노 연주를 들려주고 나머지 하나의 집단은 10분동안 조용히 있었다. 그리고 IQ 테스트의 공간 추론을 TEST하여 분석한 결과는 아래와 같다. 결과를 해석하여라.

(a) 성별에 대한 점수 향상의 독립표본 검정

집단통계량

성별	N	평균	표준편차	평균의 표준오차
점수 남자	42	1.9762	2.79798	.43174
여자	83	2.0482	2.48853	.27315

독립표본 검정

		Levene의 등분산 검정		평균의 동일성에 대한 t-검정						차이의 95% 신뢰구간	
		F	유의확률	t	자유도	유의확률 (양쪽)	평균차	차이의 표준오차		하한	상한
점수	등분산이 가정됨	.734	.393	-.146	123	.884	-.07200	.49154		-1.04498	.90097
	등분산이 가정되지 않음			-.141	74.430	.888	-.07200	.51089		-1.08988	.94587

### [등분산성]

- ①  $H_0$  : 분산이 같다. vs  $H_1$  : 분산이 다르다.
- ②  $\alpha = 0.05 < p\text{-value} = .393$
- ③  $\alpha = 0.05$ 에서  $H_0$  not reject
- ④ 분산이 같다.

### [분산분석]

- ①  $H_0 : \mu_{\text{남}} = \mu_{\text{여}}$  vs  $H_1 : \mu_{\text{남}} \neq \mu_{\text{여}}$
- ②  $\alpha = 0.05 < p\text{-value} = .884$
- ③  $\alpha = 0.05$ 에서  $H_0$  not reject
- ④ 남자와 여자의 공간 추론 능력은 차이가 없었다.



## (b) 분산분석

### 기술통계량

종속 변수: 점수

Group	평균	표준편차	N
Mozart	2.1136	2.64325	44
Glass	2.2564	2.51017	39
Silence	1.7143	2.62526	42
합계	2.0240	2.58552	125

### 오차 분산의 동질성에 대한 Levene의 검정<sup>a</sup>

종속 변수: 점수

F	df1	df2	유의확률
.283	2	122	.754

여러 집단에서 종속변수의 오차 분산이 동일한  
여가설을 검정합니다.

a. Design: 절편 + Group

### 개체-간 효과 검정

종속 변수: 점수

소스	제 III 유형 제곱합	자유도	평균 제곱	F	유의확률
수정 모형	6.489 <sup>a</sup>	2	3.244	.481	.619
절편	512.887	1	512.887	76.081	.000
Group	6.489	2	3.244	.481	.619
오차	822.439	122	6.741		
합계	1341.000	125			
수정 합계	828.928	124			

a. R 제곱 = .008 (수정된 R 제곱 = -.008)

### 추정된 주변평균

#### Group

종속 변수: 점수

Group	평균	표준오차	95% 신뢰구간	
			하한값	상한값
Mozart	2.114	.391	1.339	2.888
Glass	2.256	.416	1.433	3.079
Silence	1.714	.401	.921	2.507

### [등분산성]

- ①  $H_0$  : 분산이 같다. vs  $H_1$  : 분산이 다르다.
- ②  $\alpha = 0.05 < p\text{-value} = .393$
- ③  $\alpha = 0.05$ 에서  $H_0$  not reject
- ④ 분산이 같다.

### [분산분석]

- ①  $H_0$  :  $\mu_1 = \mu_2 = \mu_3$  vs  $H_1$  : not  $H_0$
- ②  $\alpha = 0.05 < p\text{-value} = .691$
- ③  $\alpha = 0.05$ 에서  $H_0$  not reject
- ④ 3개 집단간에 공간 추론 능력은 차이가 없었다.
- ⑤ 사후검정 불필요

(c) 사후검정

다중 비교

종속 변수: 점수

(I) Group		(J) Group	평균차(I-J)	표준오차	유의확률	95% 신뢰구간	
						하한값	상한값
Tukey HSD	Mozart	Glass	-.1428	.57102	.966	-1.4976	1.2121
		Silence	.3994	.56011	.756	-.9296	1.7283
	Glass	Mozart	.1428	.57102	.966	-1.2121	1.4976
		Silence	.5421	.57737	.617	-.8278	1.9120
	Silence	Mozart	-.3994	.56011	.756	-1.7283	.9296
		Glass	-.5421	.57737	.617	-1.9120	.8278
LSD	Mozart	Glass	-.1428	.57102	.803	-1.2732	.9876
		Silence	.3994	.56011	.477	-.7094	1.5081
	Glass	Mozart	.1428	.57102	.803	-.9876	1.2732
		Silence	.5421	.57737	.350	-.6008	1.6851
	Silence	Mozart	-.3994	.56011	.477	-1.5081	.7094
		Glass	-.5421	.57737	.350	-1.6851	.6008

관측평균을 기준으로 합니다.  
오류 조건은 평균 제곱(오류) = 6.741입니다.

동일집단군

점수

Group		N	집단군
			1
Student-Newman-Keuls <sup>a, b, c</sup>	Silence	42	1.7143
	Mozart	44	2.1136
	Glass	39	2.2564
	유의확률		.609
Tukey HSD <sup>a, b, c</sup>	Silence	42	1.7143
	Mozart	44	2.1136
	Glass	39	2.2564
	유의확률		.609

동일 집단군에 있는 집단에 대한 평균이 표시됩니다.  
관측평균을 기준으로 합니다.  
오류 조건은 평균 제곱(오류) = 6.741입니다.  
a. 조화평균 표본 크기 41.564를(를) 사용합니다.  
b. 집단 크기가 동일하지 않습니다. 집단 크기의 조화평균이  
사용됩니다. I 유형 오차 수준은 보장되지 않습니다.  
c. 유의수준 = .05.

[사후검정]

사후검정 결과 집단간에 차이가 없는 것으로 조사되었다.