2-2 기초 통계 분석

제2장 통계분석

제1절 통계학 개론

제2절 기초 통계 분석

기술통계(Descriptive Statistics)

자료의 특성을 표, 그림, 통계량 등을 사용하에 쉽게 파악할 수 있도록 정리/요약하는 것

- 자료를 요약하는 기초적 통계
- 데이터 분석에 앞서 데이터의 대략적인 통계적 수치를 계산함으로써 데이터에 대한 대략적인 이해와 앞으로 분석에 대한 통찰력을 얻기에 유리

회귀 분석(Regression Analysis)

1. 회귀분석의 개요

- **정의**: 하나 이상의 독립변수가 종속변수에 미치는 영향을 추정하는 통계 기법.
- **목적**: 변수들 간 인과관계를 밝히고 모형을 적합시켜 예측 및 추론.
- **종류**
  - 단순 선형 회귀: 독립변수 1개
  - 다중 선형 회귀: 독립변수 2개 이상
- **변수 구분**
  - y: 종속변수, 반응변수
  - x: 독립변수, 설명변수
  - 영향을 받는 변수(y) : 반응변수(Response Variable), 종속변수(Dependent Variable), 결과변수(Outcome Variable)

- 영향을 주는 변수(x) : 설명변수(Explanatory Variable) , 독립변수(Independent Variable), 예측변수(Predictor Variable)

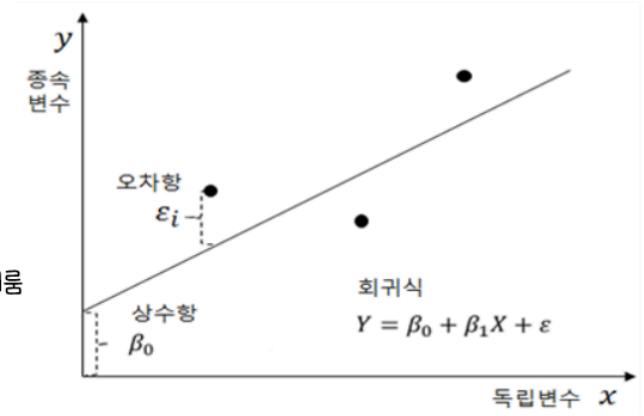
단순선형회귀분석

하나의 독립변수가 종속변수에 미치는 영향을 추정하는 통계기법

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 x_i + \varepsilon\,, \qquad i = 1,2,\dots,n, \qquad \varepsilon_i \overset{iid}{\sim} N(0,\sigma^2)$$

iid(독립적이고 동일한 분포
-independent
-identically
-distributed

- y_i : i번째 종속변수 값
- x_i : i번째 독립변수 값
- β_0 : 선형 회귀식의 절편
- β_1 : 선형 회귀식의 기울기
- ε : 오차항. 독립적이며 $N(0, s^2)$ 의 분포를 이룸



출처: https://velog.io/@dangdang/ADsP-통계-분석

회귀분석에서의 검토사항

- 회귀계수들이 유의미한가?
  : 해당 계수의 t-통계량(평균)의 p-값이 0.05보다 작으면 회귀계수가 통계적으로 유의
- 모형이 얼마나 설명력을 갖는가?
  : 결정계수(R^2) 확인
  -결정계수는 0~1값을 가지며, 높은 값을 가질 수록 추정된 회귀식의 설명력이 높음
- 모형이 데이터를 잘 적합하고 있는가?
  : 잔차를 그래프로 그리고 회귀진단

선형회귀분석의 가정

- 선형성
  : 입력변수와 출력변수의 관계가 선형(선형회귀분석에서 가장 중요한 가정)
- 등분산성(분산이 같음)
  : 오차의 분산이 입력변수와 무관하게 일정
  - 잔차플롯(산점도)을 활용하여 잔차(표본으로 추정한 회귀식과 실제 관측값의 차이)와 입력변수간에 아무런 관련성이 없게 무작위적으로 고루 분포되어야 등분산성 가정 만족
- 독립성
  : 입력변수와 오차는 관련 무관
  - 자기상관(독립성)을 알아보기 위해 Durbin-Waston 통계량 사용
  - 시계열 데이터에서 많이 활용
- 비상관성
  : 오차들끼리 무 상관
- 정상성(정규성)
  : 오차의 분포가 정규분포를 따름
  - Q-Q plot, Kolmogorov-Smirnov 검정, Shaprio-Wilk 검정등을 활용해 정규성 확인

회귀분석의 종류 비교표

종류	모형	설명
단순회귀	$Y = \beta_0 + \beta_1 X + \epsilon$	설명변수가 1개이며, 반응변수와의 관계가 **직선**
다중회귀	$Y = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \beta_2 X_2 + \cdots + \beta_k X_k + \epsilon$	설명변수가 k개이며, 반응변수와의 관계가 **선형** (1차 함수)
다항회귀	$Y = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \beta_2 X_2 + \beta_{11} X_1^2 + \beta_{22} X_2^2 + \beta_{12} X_1 X_2 + \epsilon$ (예: $k = 2$일 때)	설명변수가 k개이며, 반응변수와의 관계가 **1차 이상 함수** (비선형 포함 가능)
비선형회귀	$Y = g(\beta_0 + \beta_1 X + \cdots + \beta_k X_k) + \epsilon$	회귀식의 형태가 미지의 계수 β_i들이 **선형관계를 이루지 않는 경우**. 예: $g(t) = e^t$ 형태의 지수함수 등

회귀 계수 검정

결정계수 (R^2)

- SSR/SST, $0 \le R^2 \le 1$
- 단순회귀에서는 상관계수 r의 제곱

회귀 직선의 적합도 검토

- 결정계수 R^2 통해 회귀 식의 타당성 검토
- 수정된 결정계수 (Adjusted R^2): 독립변수 수 증가 시 보정

회귀분석에서의 검토사항

1. 회귀 계수들이 유의미한가?
    - t 통계량의 p값이 0.05보다 작으면 유의미함
2. 모형은 얼마나 설명력을 갖는가?
    - 결정계수(R^2) 확인: `Multiple R-squared:`
    - 수정된 결정계수(R^2) 확인: `Adjusted R-squared:`
3. 모형이 데이터를 잘 적합하고 있는가?
    - 잔차를 그래프로 그리고 회귀 진단

회귀계수의 추정 (최소 제곱 법, 최소 자승 법)

- 잔차 제곱이 가장 작은 선을 구하는 방법

회귀계수의 t-value 해석

기본 수식

$$t = \frac{\hat{\beta}_j}{SE(\hat{\beta}_j)}$$

- βj: 설명변수 Xj에 대한 회귀계수의 추정값
- SE(βj): 해당 회귀계수의 **표준오차(Standard Error)**

  → 계수의 불확실성을 수치로 표현한 것

t-value가 크다는 것은?

- `t-value`가 클수록, 해당 계수는 0이 아닐 가능성이 높다는 의미야.
    - 회귀 계수가 0이라는 귀무가설(H_0: β = 0)을 기각할 수 있게 돼.
- 일반적으로는 다음 기준을 참고해:
    - |t| > 2 → 통계적으로 유의할 가능성 있음
    - |t| > 3~4 이상이면 거의 확실하게 유의미
    - |t| >> 10 이면 아주 강력한 신호

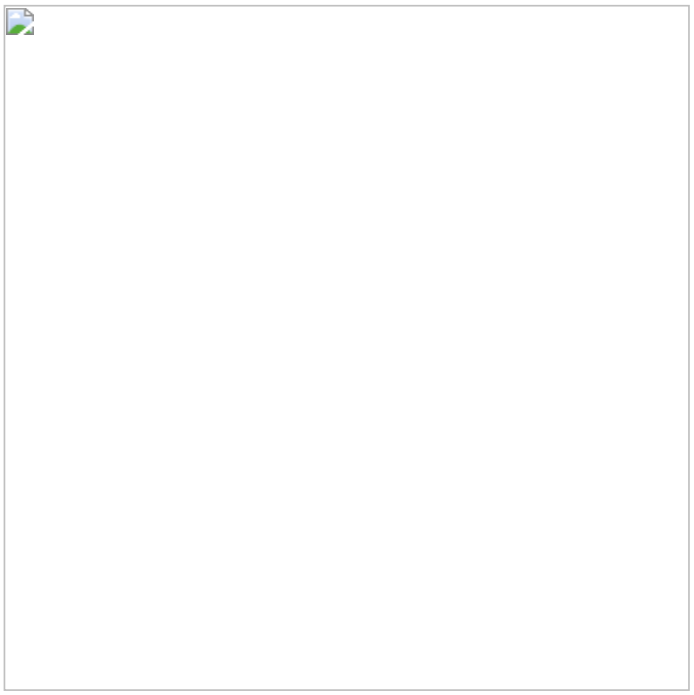
회귀분석의 검정

1. 회귀계수의 검정
   - 귀무가설: $\beta_1 = 0$ (x와 y는 무관)
   - 대립가설: $\beta_1 \neq 0$
2. 결정계수
   - SST = SSR + SSE
   - 전체 제곱합, 회귀 제곱합, 오차 제곱합 구분

분산 분해의 3요소

1. SST (Total Sum of Squares)

- 전체 데이터의 `y`값이 평균으로부터 **얼마나 퍼져있는지** 측정
- 수식:SST=∑(yi−y¯)2

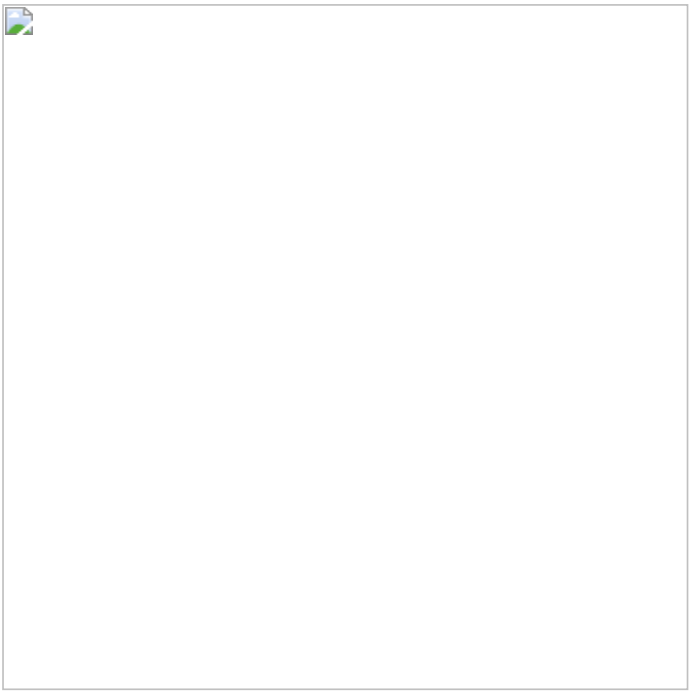


- "총 분산의 양"이라고 보면 돼
- 아무런 모델 없이 `ȳ`만 가지고 예측할 때 생기는 총 오차

---

2. SSR (Regression Sum of Squares)

- 모델이 `y`값을 예측할 때 평균보다 **얼마나 더 잘 예측했는지** 나타냄
- 수식:SSR=∑(y^i−y¯)2

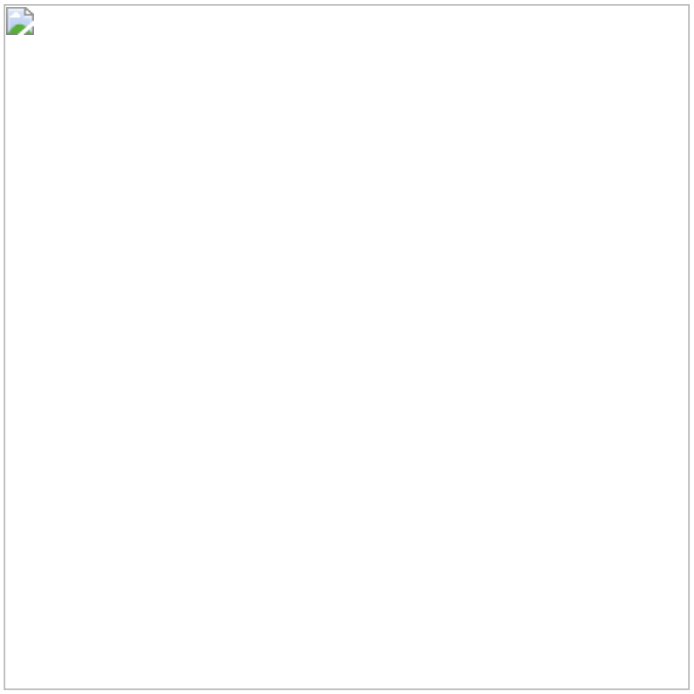


- 즉, 예측값이 평균값보다 얼마나 더 정확한지를 측정
- 모델이 설명한 분산 = **설명된 분산**

---

3. SSE (Error Sum of Squares)

- 실제 `y` 값과 예측값 사이의 **오차(잔차)**를 측정함
- 수식:SSE=∑(yi−y^i)2



- 모델이 설명하지 못한 나머지 분산 = **잔차 분산**

SST = SSR + SSE 공식 이해하기

이 식은 다음과 같은 의미야:

> 전체 y의 총 변동성(SST)은
>
> 모델이 설명한 부분(SSR) + 설명 못한 오차(SSE)로 나뉜다.

즉, 이 회귀모델이 얼마나 잘 맞았는지를 **설명된 분산 대 전체 분산 비율로 측정**할 수 있다는 거야.

제곱합 총계(SST):

제곱합은 종속 변수 Y의 참값과 평균값의 차이 제곱의 합입니다. 이는 현재 데이터 집합에서 모형으로 설명할 수 있는 총 변동성을 나타냅니다.

$$SST = \sum_{i=1}^{n} (y_i - \bar{y})^2$$

몇 가지 주요 지침:

- 총 변동성 **(SST)** = **(SSR)**설명 변동성 + **(SSE)**설명되지 않은 변동성
- **총 제곱합(TSS)**

  으로도 알려져 있습니다 .

제곱 오차의 합(SSE):

제곱 오차의 합은 회귀 모형의 추정력을 나타냅니다. 이는 학습 후 모형으로 설명할 수 없었던 분산의 양을 나타냅니다.

$$SSE = \sum_{i=1}^{n} (y_i - \hat{y}_i)^2$$

몇 가지 주요 지침:

- 높은 추정력을 가진 모델은 예측값(Ŷ)이 실제값(Y)에 가깝다는 것을 의미합니다. 따라서 최종 목표인 SSE 값이 낮아집니다.
- 실제 값과 예측 값의 차이가 제곱되므로 차이가 클 경우 큰 페널티가 부과됩니다.
- **잔차 제곱합(RSS)**

  으로도 알려져 있습니다 .

제곱합 회귀(SSR):

제곱합 회귀는 모델이 데이터 포인트에 얼마나 잘 적합한지를 설명합니다. 이는 모델이 훈련 후 설명할 수 있었던 분산의 양을 나타냅니다.

$$SSR = \sum_{i=1}^{n} (\hat{y}_i - \bar{y})^2$$

> 회귀 모형의 적합도를 계산하는 데 사용되는 R-제곱 지표는 설명 변동성(SSR) 과 총 변동성(SST) 의 비율에 불과합니다 .
>
> ***R-제곱 = SSR/SST***
>
> *범위는 [0,1] 입니다.*
>
> - ***SSR 이 SST 에 가까워질수록*** *R-* ***제곱 값은 1 에 가까워집니다.***
>   - *이는 모델이 적합도가 높고 데이터의 많은 변동성을 설명할 수 있음을 의미합니다.*

몇 가지 주요 지침:

- **ESS(설명된 제곱합)** 로도 알려짐

Formula: $\hat{Y}=b+w*X$

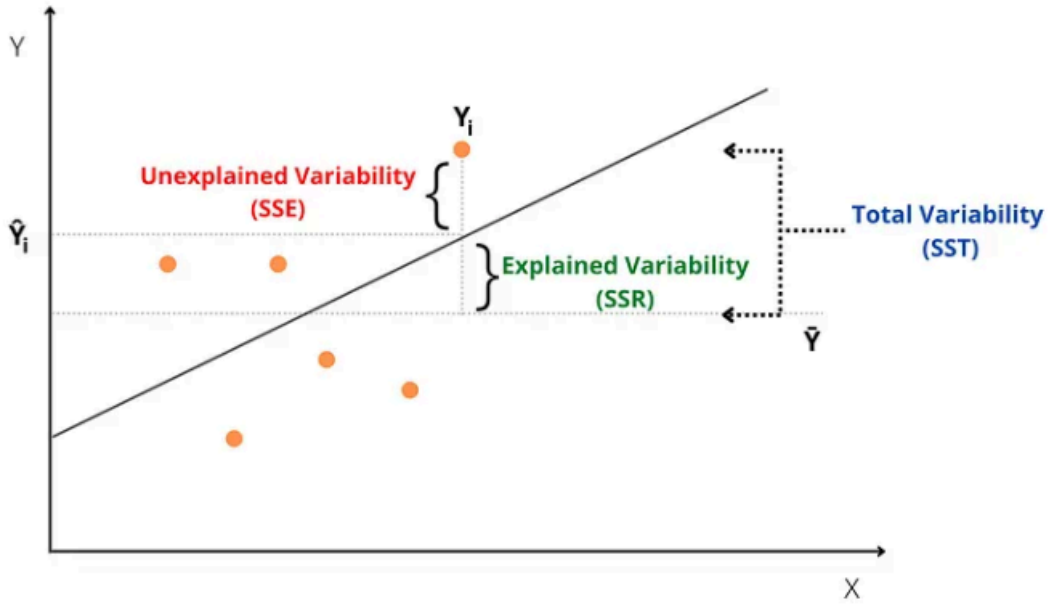
$\hat{Y}$: Predicted value of Y

b: Y-intercept (bias factor)

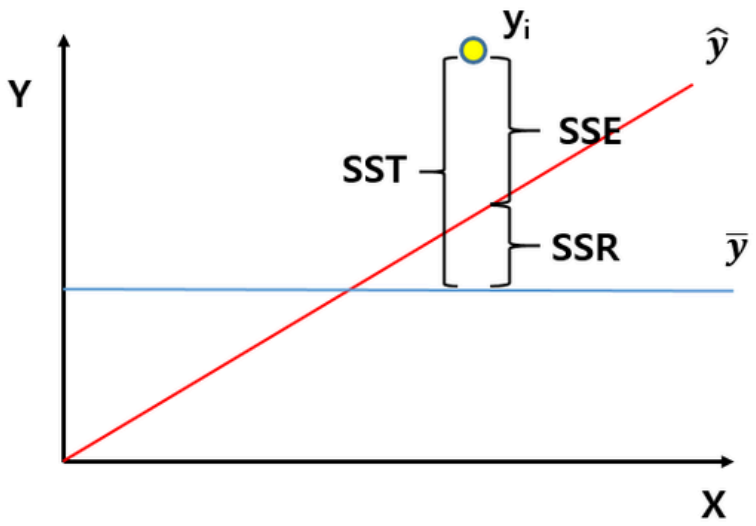
w: Weights

X: Independent Variable X

Y-bar: Mean of True values of Y



SST, SSE & SSR



SST(Y의 전체 변동) : $\sum(y_i - \bar{y})^2$
SSR(모형에 의해 설명되는 변동) : $\sum(\hat{y}_i - \bar{y})^2$
SSE(모형에 의해 설명이 되지 않는 변동) : $\sum(y_i - \hat{y}_i)^2$

이름	수식	의미
SST	sum $(y_i - \bar{y})^2$	전체 변동성
SSR	sum $(\hat{y}_i - \bar{y})^2$	모델이 설명한 변동성
SSE	sum $(y_i - \hat{y}_i)^2$	모델이 설명 못한 오차

다중 선형 회귀분석

- **회귀식**:

  Y= β0+β1X1+β2X2+...+ε

- **F 통계량 검정**:

  유의수준 5%에서 p값이 0.05보다 작으면 모형 유의

최적회귀방정식: 최적회귀방정식의 선택

설명변수(x) 선택: 필요한 변수만 상황에 따라 타협을 통해 선택

- y에 영향을 미칠 수 있는 모든 설명변수 x들을 y의 값을 예측하는 데 참여
- 데이터에 설명변수 x들의 수가 많아지면 관리하는데 많은 노력이 요구되므로
  - 가능한 범위 내에서 적은 수의 설명변수 포함

모형선택(Exploratory Analysis): 분석 데이터에 가장 잘 맞는 모형을 찾아내는 방법

- 모든 가능한 조합의 회귀분석(All Possible Regression) : 모든 가능한 독립변수들의 조합에 대한 회귀모형을 생성한 뒤 가장 적합한 회귀모형 선택

단계적 변수선택(Stepwise Variable Selection)

- 전진선택법(Forward Selection)
  - 절편만 있는 상수모형으로부터 시작해 중요하다고 생각되는 설명변수부터 차례로 모형에 추가
    - 변수의 개수가 많은 경우에도 사용 가능
    - 변수값의 작은 변동에도 그 결과가 크게 달라짐 =>안정성 부족
- 후진제거법(Backward Elimination)
  - 독립변수 후보 모두를 포함한 모형에서 출발해 가장 적은 영향을 주는 변수부터 하나씩 제거하면서 더 이상 제거할 변수가 없을 때의 모형 선택
    - 변수의 개수가 많은 경우 사용하기 어려움
    - 전체 변수들의 정보를 이용
- 단계선택법(Stepwise Method)
  - 전진선택법에 의해 변수를 추가하면서 새롭게 추가된 변수에 기인해 기존 변수의 중요도가 약화되면 해당 변수를 제거하는 등 단계별로 추가 또는 제거되는 변수의 여부를 검토해 더 이상 없을 때 중단

최적 회귀 방식

- **변수 선택법**

방법	설명
전진선택법	절편만으로 시작, 변수 추가
후진제거법	모든 변수 포함 후 하나씩 제거
단계선택법	추가/제거 병행

모형 선택 기준: AIC(Akaike Information Criterion), BIC(Bayesian Information Criterion)

- 벌점화된 선택기준: 모형의 복잡도에 벌점을 주는 방법
  - 모든 후보 모형들에 대해 AIC 또는 BIC를 계산하고, 그 값이 최소가 되는 모형을 선택
  - 모형 선택의 일치성(Consistency Inselection): 자료의 수가 늘어날 때 참인 모형이 주어진 모형 선택 기준의 최소값을 갖게 되는 성질

실습

MASS::Animals 데이터셋 설명

1. 데이터 개요

- **패키지**: `MASS` (Modern Applied Statistics with S)
- **데이터명**: `Animals`
- **행(Row)**: 28개 (동물의 종류)
- **열(Column)**: 2개
  - `body`: 몸무게 (Body weight in kg)
  - `brain`: 뇌 무게 (Brain weight in g)
- 각 행의 이름이 동물 이름으로 되어 있음 (예: "Mouse", "Elephant", "Cat" 등)

코드

```
m ← lm(y ~ u+v+w)
summary(m)

Call:
lm(formula = y ~ u + v + w)

Residuals:
     Min       1Q   Median       3Q      Max
-0.188562 -0.058632 -0.002013  0.080024  0.143757

Coefficients:
            Estimate Std. Error  t value Pr(>|t|)
(Intercept)  3.041653   0.264808   11.486 2.62e-05 ***
u            0.123173   0.012841    9.592 7.34e-05 ***
v            1.989017   0.016586  119.923 2.27e-11 ***
w           -2.997816   0.005421 -552.981 2.36e-15 ***
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Residual standard error: 0.1303 on 6 degrees of freedom
Multiple R-squared:      1,   Adjusted R-squared:      1
F-statistic: 1.038e+05 on 3 and 6 DF,  p-value: 1.564e-14
```

✅ 요약

- 이 회귀모델은 종속변수 `y`를 설명하기 위해 독립변수 `u`, `v`, `w`를 사용함.
- R^2 값이 거의 1이고, 모든 변수의 **p-value가 매우 작아** 통계적으로 유의미함.
- 잔차도 작고 F-검정 결과도 매우 강력함 → 모델 설명력이 극도로 높음.

선형회귀 결과 요약 설명

1. 모델 개요

- 모델 수식:y=β0+β1u+β2v+β3w+ϵ

$$y = \beta_0 + \beta_1 u + \beta_2 v + \beta_3 w + \epsilon$$

- 호출 내용: `lm(formula = y ~ u + v + w)`

  → y를 u, v, w로 설명하는 선형모델을 만든 거임

---

2. 잔차 분석 (Residuals)

- 최소값 ~ 최대값: `0.188562 ~ 0.143757`
- 중앙값(Median): `0.002013`
- 대부분 잔차가 ±0.1 정도로 매우 작음

  → 예측값이 실제값과 거의 일치함

- 잔차란 관측값과 예측값의 차이

$$e_i = y_i - \hat{y}_i$$

- 여기서:
  - y_i: 실제 관측값
  - $\hat{y}_i$: 예측된 값 (회귀선 위의 값)
  - e_i: i번째 관측값의 잔차

---

3. 회귀계수(Coefficients)

변수	계수 (Estimate)	표준오차	t값	p-value	해석
(Intercept)	3.041653	0.264808	11.486	2.62e-05	절편, y축 시작값
u	0.123173	0.012841	9.592	7.34e-05	u가 1 증가하면 y는 0.123 증가
v	1.989017	0.016586	119.923	2.27e-11	v가 y에 매우 강하게 양의 영향
w	-2.997816	0.005421	-552.981	2.36e-15	w는 y에 강하게 음의 영향

- 모든 변수의 p-value < 0.001 → **매우 유의미함 (`**`)**

✅ 회귀 계수 요약

- 회귀계수의 t값은 t = 회귀계수(Estimate) / 표준오차(Std. Error)

$$t = \frac{\text{회귀계수(Estimate)}}{\text{표준오차(Std. Error)}}$$

- 이 t값은 **귀무가설(H_0: 계수 = 0)**을 검정하기 위한 통계량이야.
- t값이 크면 클수록 해당 변수는 **통계적으로 유의미**하다는 뜻이야.

---

4. 모델 적합도 지표

- **Residual standard error**: 0.1303 (잔차의 평균 크기 → 작음)
- **Multiple R-squared**: 1
- **Adjusted R-squared**: 1

  → 모델이 y의 변동을 **100% 설명**함 (사실상 완벽)
- **F-statistic**: 103800
  - F값이 클수록 **회귀모형이 통계적으로 유의**하다는 뜻

$$F = \frac{MSR}{MSE} = \frac{SSR/p}{SSE/(n-p-1)}$$

기호	의미
SSR	회귀 제곱합 (모델이 설명한 부분)
SSE	잔차 제곱합 (오차)
p	독립변수 개수
n	전체 관측값 수
MSR	Mean Square for Regression = SSR / p
MSE	Mean Square Error = SSE / (n - p - 1)

- **F-test p-value**: 1.564e-14

  → 모델 전체가 통계적으로 매우 유의미함

💡 해석 요약

- 이 모델은 거의 "완벽" 수준으로 y를 예측함
- 변수 `v`와 `w`는 영향력이 **매우 큼**, `u`도 영향 있음
- 오차도 거의 없음 → 실험 데이터이거나 과적합일 가능성도 염두에 둬야 함
- 실제 데이터라면 거의 **설명력이 100%인 드문 경우**임

데이터셋 ChickWeight

✅ 요약

- `ChickWeight`는 **병아리의 성장 데이터를 담은 R 내장 데이터셋**으로,

  병아리에게 서로 다른 사료를 주며 **시간에 따른 몸무게 변화를 측정**한 실험 결과야.
- **반복 측정 자료(repeated measures)** 형태이기 때문에 **혼합효과모델, 로지스틱 회귀, 선형모형 분석** 등 다양한 실습에 사용됨.
- 총 578개의 관측값, 4개 변수, 50마리의 병아리 데이터를 포함하고 있음.

`ChickWeight` 데이터셋 상세 설명

1. 데이터 구조

```
str(ChickWeight)
```

출력 예시:

```
'data.frame':   578 obs. of  4 variables:
 $ weight: num  42 51 59 64 76 93 106 125 149 171 ...
 $ Time  : num  0 2 4 6 8 10 12 14 16 18 ...
 $ Chick : Ord.factor w/ 50 levels "1"<"2"<"3"<...
 $ Diet  : Factor w/ 4 levels "1","2","3","4"
```

2. 각 변수 설명

변수명	설명	예시
`weight`	병아리의 몸무게 (그램)	42, 51, 59, ...
`Time`	실험 경과일 (일 단위)	0, 2, 4, ..., 21
`Chick`	병아리 개체 식별자 (총 50마리)	"1", "2", ..., "50"
`Diet`	사료 종류 (1~4번)	"1", "2", "3", "4"

실험 디자인 요약

- **총 50마리 병아리**가 **4가지 서로 다른 사료(Diet)** 그룹 중 하나에 배정됨
- 각 병아리는 **여러 시점(Time)**에서 **몸무게(weight)**를 측정함
- 결과적으로 **반복 측정(같은 병아리의 다회 측정)** 구조를 가짐

코드

```
model1 = lm(y ~ x, df)
plot(model1)
```

✅ 요약

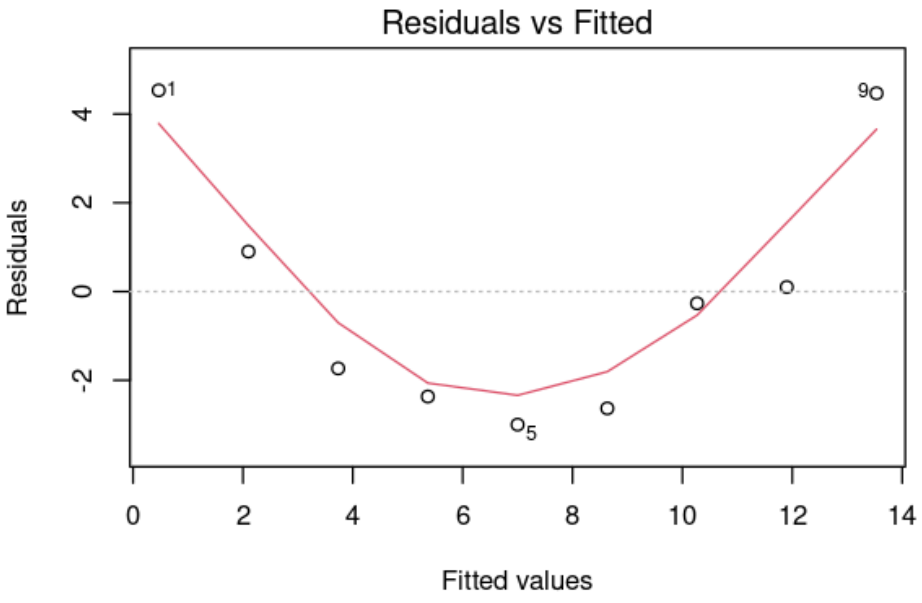
- `plot(lm_object)` 은 회귀모델 진단용 **기본 4개의 플롯**을 출력함
- 이 그래프들은 각각 **잔차, 정규성, 레버리지, 이상치** 등을 시각적으로 보여줌
- 이 플롯들을 통해 **선형 회귀모형이 적절한지 여부를 직관적으로 파악**할 수 있음

---

1. plot(lm)에서 나오는 4가지 플롯 설명

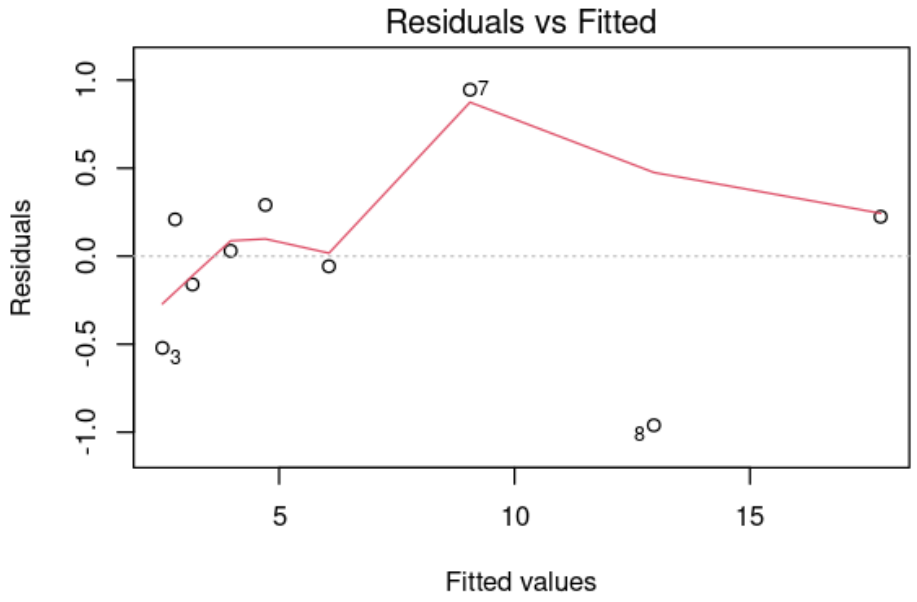
① Residuals vs Fitted (잔차 vs 예측값)

- **X축**: 예측값 (y^)
- **Y축**: 잔차 (y−y^)
- **목적**: 선형성(linearity) 및 등분산성(homoscedasticity) 점검
- **해석 포인트**:
  - **랜덤하게 흩어진 패턴**이면 OK
  - **곡선형태나 깔때기 형태** → 비선형/이분산성 의심됨



식을 x 뿐만 아니라 X^2를 추가해서 모델 model2를 만들어 그려보니

- 결과가 좋음



② Normal Q-Q (잔차의 정규성 검정)

- **X축**: 이론적 분위수 (정규분포)
- **Y축**: 관측된 잔차의 분위수
- **목적**: 오차가 정규분포를 따르는지 시각화
- **해석 포인트**:
  - 점들이 **45도 직선**에 잘 붙어 있으면 OK
  - 끝부분에서 튀면 **정규성 위배**

③ Scale-Location (Spread-Location)

- **X축**: 예측값
- **Y축**:

$$\sqrt{|e|} \text{ 또는 } \sqrt{\text{표준화잔차}}$$

- **목적**: 오차의 분산이 일정한지 확인 (등분산성)
- **해석 포인트**:
  - 평평한 수평선이면 OK
  - 점들이 **위나 아래로 퍼지는 패턴** → 이분산성 문제 있음

④ Residuals vs Leverage (레버리지 vs 잔차)

- **X축**: 레버리지 (influence)
- **Y축**: 잔차
- **목적**: 이상치(outlier) 및 영향점(influential point) 탐지

- **해석 포인트**:
  - **점이 Cook's distance 선 바깥에 있음** → 영향력 큰 이상치!
  - **레버리지가 큰 관측값**은 주의 깊게 봐야 함

---

2. 참고: plot이 한 번에 안 뜰 때는?

R 콘솔에서 한 번에 4개가 안 뜰 수도 있으니 이럴 땐:

```
par(mfrow = c(2, 2))
plot(model1)
```

코드

```
> step(lm(Y ~ X1+X2+X3+X4, df),
+      scope = list(lower = ~1, upper = ~X1+X2+X3+X4), direction = "backward")
Start:  AIC=26.94
Y ~ X1 + X2 + X3 + X4

      Df Sum of Sq    RSS    AIC
- X3    1    0.1091 47.973 24.974
- X4    1    0.2470 48.111 25.011
- X2    1    2.9725 50.836 25.728
<none>              47.864 26.944
- X1    1   25.9509 73.815 30.576

Step:  AIC=24.97
Y ~ X1 + X2 + X4

      Df Sum of Sq    RSS    AIC
<none>              47.97 24.974
- X4    1     9.93  57.90 25.420
- X2    1    26.79  74.76 28.742
- X1    1   820.91 868.88 60.629

Call:
lm(formula = Y ~ X1 + X2 + X4, data = df)

Coefficients:
(Intercept)         X1         X2         X4
    71.6483     1.4519     0.4161    -0.2365
```

✅ 요약

- 처음에는 **모든 변수(X1, X2, X3, X4)**를 포함한 전체 모델로 시작했어.
- 이후 `AIC`가 **가장 많이 감소하는 변수를 하나씩 제거**하면서
  X3가 제거되고, 최종 모델은 X1 + X2 + X4로 결정됐어.
- 최종 모델은 AIC = 24.97로 이전보다 더 간결하면서도 성능을 유지하는 모델이야.

---

1. step() 함수 요약

```
step(lm(Y ~ X1+X2+X3+X4, df),
    scope = list(lower = ~1, upper = ~X1+X2+X3+X4),
    direction = "backward")
```

- `direction = "backward"` : **후진 제거법**
  - 처음에는 **모든 변수 포함**
  - AIC 기준으로 가장 덜 중요한 변수 하나씩 제거
- `scope` : 제거 가능한 범위 (최소 모델은 상수항 only, 최대 모델은 전체 변수)
  - `scope`는 **모델 탐색의 최소 범위(lower)**와 **최대 범위(upper)**를 지정하는 옵션
  - `lower = ~1`은 **절편만 있는 모델(즉, 아무 변수도 없는 모델)**
  - `upper = ~X1+X2+X3+X4`는 **모든 변수 포함 모델**
  - 따라서 이 `scope`는 "절편만 있는 모델부터 전체 변수 포함 모델까지"를 탐색 범위로 지정한 거야

예시 비교

설정	의미
`lower = ~1`	절편만 있는 모델부터 시작/도달 가능
`lower = ~X1+X2`	최소한 X1, X2는 항상 포함됨
`upper = ~X1+X2+X3+X4`	최대한 이 변수들까지만 포함 가능
`upper = ~.`	데이터프레임에 있는 모든 변수 포함 가능

---

2. 진행 과정 해석

✅ Step 1: 전체 모델로 시작

- **현재 AIC = 26.94**
- 변수 중 제거하면 AIC가 더 줄어드는 항목 탐색

제거 변수	AIC 결과	비고
-X3	24.974	✔ 가장 낮음 → **제거됨**
-X4	25.011	

제거 변수	AIC 결과	비고
-X2	25.728	
-X1	30.576	X → 제거하면 안 됨

→ **X3가 가장 효과 없는 변수로 판단되어 제거됨**

✅ Step 2: 모델이 `Y ~ X1 + X2 + X4` 로 업데이트됨

- 현재 AIC = **24.974**
- 변수 제거 시 AIC 증가하므로 더 제거하지 않음

제거 변수	AIC 결과	비고
-X4	25.42	제거 시 AIC 증가 ❌
-X2	28.74	제거 시 AIC 증가 ❌
-X1	60.63	제거 시 AIC 폭증 ❌

→ 더 이상 제거할 변수 없음 → **최종 모델 확정**

---

3. 최종 선택된 모델

```
lm(formula = Y ~ X1 + X2 + X4, data = df)
```

회귀계수

항목	계수(Estimate)	해석
(Intercept)	71.6483	y 절편
X1	1.4519	X1이 1 증가하면 y는 1.45 증가
X2	0.4161	X2가 1 증가 → y 약간 증가
X4	-0.2365	X4가 증가하면 y는 감소함

---

4. 모델 선택 기준: AIC란?

- AIC (Akaike Information Criterion):$AIC = 2k - 2\log(L)$

  $AIC = 2k - 2\log(L)$
  - k = 모델의 파라미터 수
  - L = 최대우도
- AIC는 **작을수록 좋은 모델**
  - **설명력 + 단순성** 모두 고려한 균형 지표
  - 너무 많은 변수 쓰는 모델은 **패널티 받음**