

## ■ 일원분류 분산분석(Oneway ANOVA)

### ○ 두 모평균의 비교 : 독립표본

- 가정:  $Y_{11}, \dots, Y_{1n_1} \sim \text{iid } N(\mu_1, \sigma_1^2), Y_{11}, \dots, Y_{1n_2} \sim \text{iid } N(\mu_2, \sigma_2^2)$ 
  - 각 모집단에 대한 정규성 확인필요: Jarque-Bera test, Shapiro-Wilk test, ...
- 관심모수:  $\delta = \mu_1 - \mu_2$
- 점추정량:  $\bar{Y}_1 - \bar{Y}_2 \sim N\left(\mu_1 - \mu_2, \frac{\sigma_1^2}{n_1} + \frac{\sigma_2^2}{n_2}\right)$
- 중심축량:  $\frac{\bar{Y}_1 - \bar{Y}_2 - \delta}{\sqrt{\sigma_1^2/n_1 + \sigma_2^2/n_2}} \sim N(0, 1)$

- 등분산의 경우 :  $\sigma_1^2 = \sigma_2^2 = \sigma^2$

- $\sigma^2$ 의 추정:  $S_p^2 = \frac{\sum (Y_{1i} - \bar{Y}_1)^2 + \sum (Y_{2i} - \bar{Y}_2)^2}{n_1 + n_2 - 2}$

- 중심축량:

$$T = \frac{\bar{Y}_1 - \bar{Y}_2 - \delta}{S_p \sqrt{1/n_1 + 1/n_2}} \sim t_{n_1 + n_2 - 2}$$

- 구간추정:  $\bar{Y}_1 - \bar{Y}_2 \pm t_{\alpha/2, n_1 + n_2 - 2} S_p \sqrt{1/n_1 + 1/n_2}$

- 가설검정:  $H_0 : \delta = \delta_0$

|   | 귀무가설( $H_0$ )                 | 대립가설( $H_1$ )                 | 기각역                                    |
|---|-------------------------------|-------------------------------|--|
| Ⓐ | $\mu_1 - \mu_2 \leq \delta_0$ | $\mu_1 - \mu_2 > \delta_0$    | $T \geq t_{\alpha, n_1 + n_2 - 2}$     |
| Ⓑ | $\mu_1 - \mu_2 \geq \delta_0$ | $\mu_1 - \mu_2 < \delta_0$    | $T \leq -t_{\alpha, n_1 + n_2 - 2}$    |
| ⓒ | $\mu_1 - \mu_2 = \delta_0$    | $\mu_1 - \mu_2 \neq \delta_0$ | $ T  \geq t_{\alpha/2, n_1 + n_2 - 2}$ |

- 선형모형식:

$$Y_{ij} = \mu_1 + (\mu_2 - \mu_1)x_{ij} + \varepsilon_{ij} = \alpha + \beta x_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

- 첫 번째 그룹이면  $x_{ij} = 0$ , 두 번째 그룹이면  $x_{ij} = 1$
- $\varepsilon_{ij} \sim \text{iid } N(0, \sigma^2)$
- 최소제곱추정량:  $\hat{\beta} = \frac{S_{xy}}{S_{xx}}, \quad \hat{\alpha} = \bar{Y} - \hat{\beta} \bar{x}$

- 등분산성 확인

-  $N(\mu_1, \sigma_1^2)$  이고  $N(\mu_2, \sigma_2^2)$  일 때  $\sigma_1^2 = \sigma_2^2$  인지를 검정

- 간이검정:  $0.5 < s_1/s_2 < 2$ 이면  $\sigma_1^2 = \sigma_2^2$  를 만족

-  $F = \frac{S_1^2/\sigma_1^2}{S_2^2/\sigma_2^2} = \frac{S_1^2/S_2^2}{\sigma_1^2/\sigma_2^2} \sim F_{n_1-1, n_2-1} \Rightarrow$  검정통계량:  $S_1^2/S_2^2 \sim F_{n_1-1, n_2-1}$

- 이분산의 경우:  $\sigma_1^2 \neq \sigma_2^2$

- $\sigma_i^2$ 의 추정량:  $S_i^2 = \sum_{j=1}^{n_i} (Y_{ij} - \bar{Y}_i)^2 / (n_i - 1)$

- 중심축량:

$$\frac{\bar{Y}_1 - \bar{Y}_2 - \delta}{\sqrt{S_1^2/n_1 + S_2^2/n_2}} \sim ?$$

- 베렌스-피셔문제(Behrens-Fisher problem)
- 근사적으로 t-분포를 따름

- Satterthwaite:  $df = \frac{(S_1^2/n_1 + S_2^2/n_2)^2}{(S_1^2/n_1)^2/(n_1 - 1) + (S_2^2/n_2)^2/(n_2 - 1)}$

```
x <- scan()
65 70 76 63 72 71 68 68

y <- scan()
75 80 72 77 69 81 71 78

# 정규성검정
shapiro.test(x)
shapiro.test(y)
# 등분산성검정
var.test(x,y)
```

```
# t-검정
t.test(x,y)
t.test(x,y,var.eq=T)
# 그룹변수가 있는 경우
score <- c(x,y)
n1 <- length(x); n2 <- length(y)
group <- c(rep(1,n1),rep(2,n2))
var.test(score~group)
t.test(score~group, var.eq=T)
boxplot(score~group)
```

## ○ 두 모평균의 비교 : 대응표본, 짝비교

| 번호       |    | 처리1       | 처리2       | 차                             |
|----------|----|-----------|-----------|-------------------------------|
| 1        |    | $X_1$     | $Y_1$     | $D_1 = X_1 - Y_1$             |
| 2        |    | $X_2$     | $Y_2$     | $D_2 = X_2 - Y_2$             |
| $\vdots$ |    | $\vdots$  | $\vdots$  | $\vdots$                      |
| $n$      |    | $X_n$     | $Y_n$     | $D_n = X_n - Y_n$             |
| 평균       | 모수 | $\mu_1$   | $\mu_2$   | $\mu_1 - \mu_2$               |
|          | 표본 | $\bar{X}$ | $\bar{Y}$ | $\bar{D} = \bar{X} - \bar{Y}$ |

- 관측값들 간의 차이에서 발생하는 변동을 제거하고 순수한 처리효과를 유도할 수 있음
- $X_i$ 와  $Y_i$ 는 독립이라고 할 수 없음

- 가정:  $D_1, \dots, D_n \sim \text{iid } N(\delta, \sigma_d^2)$
- 관심모수:  $\delta = \mu_1 - \mu_2$
- 중심축량:  $T = \frac{\bar{D} - \delta}{S_d / \sqrt{n}} \sim t_{n-1}$      $S_d^2 = \sum_{i=1}^n (D_i - \bar{D})^2 / (n-1)$
- 구간추정:  $\bar{D} \pm t_{\alpha/2, n-1} S_d / \sqrt{n}$
- 가설검정:  $H_0 : \delta = \delta_0$

|   | 귀무가설( $H_0$ )                 | 대립가설( $H_1$ )                 | 기각역                          |
|---|-------------------------------|-------------------------------|------------------------------|
| Ⓐ | $\mu_1 - \mu_2 \leq \delta_0$ | $\mu_1 - \mu_2 > \delta_0$    | $T \geq t_{\alpha, n-1}$     |
| Ⓑ | $\mu_1 - \mu_2 \geq \delta_0$ | $\mu_1 - \mu_2 < \delta_0$    | $T \leq -t_{\alpha, n-1}$    |
| Ⓒ | $\mu_1 - \mu_2 = \delta_0$    | $\mu_1 - \mu_2 \neq \delta_0$ | $ T  \geq t_{\alpha/2, n-1}$ |

```
test <- scan(what=list(1,1,1))  
01 80 82 02 73 71 03 70 95 04 60 69 05 88 100  
06 84 71 07 65 75 08 37 60 09 91 95 10 98 99  
11 52 65 12 78 83 13 40 60 14 79 86 15 59 62  
  
names(test) <- c("id","before","after")  
test <- data.frame(test)  
attach(test)  
t.test(before,after,paired=T)  
t.test(before-after)
```



## ■ 완전확률화설계와 일원분류분산분석

- 하나의 요인의 여러 수준에 대한 특성치의 비교를 위한 설계법
  - 실험 단위의 배치 또는 실험순서에 있어 확률화의 원리에 충실해야 한다고 해서 **완전 확률화 설계(계획)(completely randomized design)**이라고도 불림
- ◎ 4 종류의 사료에 의한 쥐 무게증가 실험
- 사료를 먹일 쥐를 선정하고 할당하는 과정이 랜덤(random)하게 이루어져야 함
  - 실험에서 수준의 수와 반복수에는 특별한 제한은 없으나, 수준의 수는 3에서 5정도가 적절
  - 모든 수준에 대해 반복수가 같을 필요는 없으나(unbalanced) 반복수가 같으면 통계적 분석에 있어 편리한 점이 많음

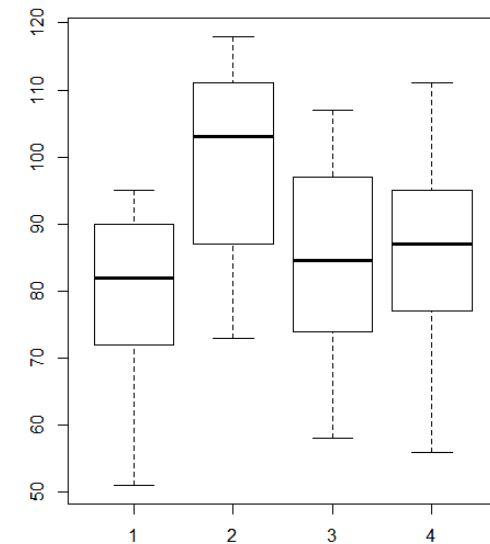
- 완전확률화설계 (4개의 수준, 10번 반복)

```
unit <- 1:40  
treat <- ceiling(unit/10)  
unit <- sample(unit,40)  
crd <- data.frame(unit,treat)  
crd <- crd[order(unit),]
```

● Snedecor & Cochran (1967)

- 4가지 사료에 따른 성장량

| 종류      | 1           | 2            | 3             | 4              |       |
|---------|-------------|--------------|---------------|----------------|-------|
| Protein | Beef<br>Low | Beef<br>High | Cereal<br>Low | Cereal<br>High |       |
|         | 90 76       | 73 102       | 107 95        | 98 74          |       |
|         | 90 64       | 118 104      | 97 80         | 56 111         |       |
|         | 86 51       | 81 107       | 98 74         | 95 88          |       |
|         | 72 90       | 100 87       | 74 67         | 82 77          |       |
|         | 95 78       | 117 111      | 89 58         | 86 92          |       |
| 합       | 792         | 1000         | 839           | 859            | 3490  |
| 평균      | 79.2        | 100          | 83.9          | 85.9           | 87.25 |



## ○ 통계적 모형

- 자료 형태 : 반복수가 동일한 경우

|             |          | 요인의 수준(처리) |          |          |          |
|-------------|----------|------------|----------|----------|----------|
|             |          | 1          | 2        | ...      | $p$      |
| 반<br>복<br>수 | 1        | $Y_{11}$   | $Y_{21}$ | ...      | $Y_{p1}$ |
|             | 2        | $Y_{12}$   | $Y_{22}$ | ...      | $Y_{p2}$ |
|             | $\vdots$ | $\vdots$   | $\vdots$ | $\ddots$ | $\vdots$ |
|             | $n$      | $Y_{1n}$   | $Y_{2n}$ | ...      | $Y_{pn}$ |

- 모형식 I

$$\begin{aligned} Y_{ij} &= \mu_i + \varepsilon_{ij}, \quad i = 1, \dots, p, \quad j = 1, \dots, n \\ &= \mu + \tau_i + \varepsilon_{ij} \end{aligned}$$

- $Y_{ij}$  :  $i$  번째 수준(처리)을 받은  $j$  번째 개체의 반응변수 값
- $\mu$  : 전체 모평균
- $\mu_i$  :  $i$  번째 수준의 모평균
- $\tau_i = \mu_i - \mu$  :  $i$  번째 처리 효과,  $\sum_{i=1}^p \tau_i = 0$
- $\varepsilon_{ij} \sim \text{iid } N(0, \sigma^2)$

- 모형식 II

$$\begin{aligned} Y_{1i} &= \mu_1 + \varepsilon_{1j}, \quad j = 1, \dots, n_1 \\ Y_{2i} &= \mu_2 + \varepsilon_{2j}, \quad j = 1, \dots, n_2 \end{aligned} \quad \Rightarrow \quad \begin{aligned} Y_{ij} &= \mu_1 + (\mu_2 - \mu_1)x_{ij} + \varepsilon_{ij} \\ &= \alpha + \beta x_{ij} + \varepsilon_{ij} \end{aligned}$$

- $x_{1j} = 0, x_{2j} = 1$
- 수준이  $p$  개이면  $p-1$  개의 가변수(dummy variable)로 표시
- 예제)  $p=3$  인 경우  $x_{ij1} = \begin{cases} 1, & i = 1 \\ 0, & i \neq 1 \end{cases} \quad x_{ij2} = \begin{cases} 1, & i = 2 \\ 0, & i \neq 2 \end{cases}$

$$\begin{aligned} Y_{ij} &= \mu_3 + (\mu_1 - \mu_3)x_{ij1} + (\mu_2 - \mu_3)x_{ij2} + \varepsilon_{ij} \\ &= \beta_0 + \beta_1 x_{ij1} + \beta_2 x_{ij2} + \varepsilon_{ij} \end{aligned}$$

-  $\beta_1 = 0, \beta_2 = 0 \Rightarrow$  기저인  $\mu_3$ 와의 비교

- 모형식 III

$$\begin{aligned} Y_{1j} &= \mu_1 + \varepsilon_{1j}, \quad j = 1, \dots, n_1 \\ Y_{2j} &= \mu_2 + \varepsilon_{2j}, \quad j = 1, \dots, n_2 \end{aligned} \quad \Rightarrow \quad Y_j = \mu_1 x_{1j} + \mu_2 x_{2j} + \varepsilon_j, \quad j = 1, \dots, n_1 + n_2$$

- $x_{1j} = \begin{cases} 0, & j > n_1 \\ 1, & j \leq n_1 \end{cases}, \quad x_{2j} = \begin{cases} 0, & j \leq n_1 \\ 1, & j > n_1 \end{cases}$
- 수준이  $p$  개이면  $p$  개의 가변수(dummy variable)로 표시

- 통계적 추론

- ① 처리효과에 대한 적절한 가설 검정

(예)  $H_0 : \tau_1 = \dots = \tau_p = 0$

(예)  $H_0 : \beta_1 = \dots = \beta_{p-1} = 0$

(예)  $H_0 : \mu_1 = \dots = \mu_p = 0$

- ② 처리효과의 추정 (단, 처리효과의 동일성 가설 기각시)

## ○ 고정효과모형(Fixed Effect Models)

- 요인의 수준이 실험자의 의도에 의해 조정 또는 결정되는 경우
- $\tau_i$ 에 대한 가설검정의 결과는 분석에서 고려된 요인의 수준에 대해서만 적용할 수 있음

- Notations :

$$N = \sum_{i=1}^p n_i, \quad Y_{i.} = \sum_{j=1}^{n_i} Y_{ij}, \quad \bar{Y}_{i.} = Y_{i.}/n_i, \quad Y_{..} = \sum_{i=1}^p \sum_{j=1}^{n_i} Y_{ij}, \quad \bar{Y}_{..} = Y_{..}/N$$

- 모수추정

$$\begin{aligned} \circ \mu &\Leftrightarrow \bar{Y}_{..}, \quad \mu_i \Leftrightarrow \bar{Y}_{i.}, \quad \tau_i = \mu_i - \mu \Leftrightarrow \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..} \\ \circ \varepsilon_{ij} &= Y_{ij} - \mu_i \Leftrightarrow e_{ij} = Y_{ij} - \bar{Y}_{i.}, \quad \sum_j e_{ij} = 0, \quad \forall i \end{aligned}$$



- 가설검정

- $H_0 : \tau_1 = \dots = \tau_p = 0$  vs  $H_1 : \text{최소한 하나의 } i \text{ 에 대해 } \tau_i \neq 0$

- 고정효과모형에서는  $\sum_{i=1}^p \tau_i = 0$

- 귀무가설 하에서

$$Y_{ij} = \mu + \varepsilon_{ij} \Rightarrow Y_{ij} - \mu = \varepsilon_{ij} \Leftrightarrow \hat{\varepsilon}_{ij} = Y_{ij} - \bar{Y}_{..}$$

- 변동분해

- $F$ -통계량을 효과적으로 계산하기

$$\begin{aligned}
 TSS &= \sum_i \sum_j (Y_{ij} - \bar{Y}_{..})^2 = \sum_i \sum_j (Y_{ij} - \bar{Y}_{i.} + \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..})^2 \\
 &= \sum_i \sum_j (Y_{ij} - \bar{Y}_{i.})^2 + \sum_i \sum_j (\bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..})^2 + 2 \sum_i \sum_j (Y_{ij} - \bar{Y}_{i.})(\bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..}) \\
 &= \sum_i \sum_j (Y_{ij} - \bar{Y}_{i.})^2 + \sum_i n_i (\bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..})^2 \\
 &\quad \quad \quad SSE \quad (N-p) \quad \quad \quad SSTR \quad (p-1)
 \end{aligned}$$

- TSS: 전체제곱합(Total Sum of Squares)
- SSE: 오차제곱합(Sum of Squares for Residual), 잔차제곱합
- SSTR: 처리제곱합(Sum of Squares for Treatment)

- 평균제곱

- $MSE = SSE / (N - p)$

- $E(MSE) = \sigma^2$

- $MSTR = SSTR / (p - 1)$

- $E(MSTR) = \sigma^2 + \sum_{i=1}^p n_i \tau_i^2 / (p - 1) \geq E(MSE) = \sigma^2$

- 귀무가설 하에서

- $TSS / \sigma^2 \sim \chi_{N-1}^2$

- $SSTR / \sigma^2 \sim \chi_{p-1}^2$

- $SSE / \sigma^2 \sim \chi_{N-p}^2$

- 검정통계량

$$F_0 = \frac{SSTR/(p-1)}{SSE/(N-p)} = \frac{MSTR}{MSE} \sim F_{p-1, N-p}$$

○ 대립가설 하에서는  $E(MSTR) > E(MSE) \Rightarrow$  기각역 :  $F_0 > F_{\alpha, p-1, N-p}$

- 분산분석표(ANOVA table)

| 변인     | 자유도 | 제곱합(SS) | 평균제곱(MS) | F        |
|--------|-----|---------|----------|----------|
| 처리(모형) | p-1 | SSTR    | MSTR     | MSTR/MSE |
| 오차     | N-p | SSE     | MSE      |          |
| 전체     | N-1 | TSS     |          |          |

- 간이식

- 보정항:  $CT = Y_{..}^2 / N$

- $TSS = \sum_i \sum_j Y_{ij}^2 - CT$

- $SSTR = \sum_i Y_{i.}^2 / n_i - CT$

- $SSE = TSS - SSTR$

- ◎ 4 종류의 사료에 의한 쥐 무게증가 실험

- $TSS = 90^2 + 76^2 + \dots + 92^2 - 3490^2 / 40 = 10453.5$

- $SSTR = (792^2 + \dots + 859^2) / 10 - 3490^2 / 40 = 2404.1$

- $SSE = TSS - SSTR = 8049.4$

○ 분산분석표

| 변인     | 자유도 | 제곱합(SS) | 평균제곱(MS) | F     |
|--------|-----|---------|----------|-------|
| 처리(모형) | 3   | 2404.1  | 801.37   | 3.584 |
| 오차     | 36  | 8049.4  | 223.59   |       |
| 전체     | 39  | 10453.5 |          |       |

-  $F_{0.05,3,36} = 2.866$ ,  $F_{0.01,3,36} = 4.377$

⇒ 유의수준 5%인 경우에도 4가지 사료에 의한 성장량이 동일하다는 귀무가설을 기각 ⇒ **4가지 사료**에 따라 성장량이 다름

```

rat <- scan(what=list(1,1))
1 90 1 76 1 90 1 64 1 86 1 51 1
72 1 90 1 95 1 78
2 73 2 102 2 118 2 104 2 81 2 107
2 100 2 87 2 117 2 111
3 107 3 95 3 97 3 80 3 98 3 74 3
74 3 67 3 89 3 58
4 98 4 74 4 56 4 111 4 95 4 88 4
82 4 77 4 86 4 92

```

```

names(rat) <- c("feed","growth")
rat <- data.frame(rat)
rat$feed <- as.factor(rat$feed)

```

```

boxplot(growth~feed,data=rat)

```

```

result <- lm(growth~feed,data=rat)
summary(result)
anova(result)

```

```

# Bartlett test
bartlett.test(growth~feed,data=rat)

```

```

# Fligner-Killeen test
fligner.test(growth~feed,data=rat)

```

```

# Levene test
library(car)
leveneTest(growth~feed,data=rat)

```

## □ 처리 평균치간의 비교

### ● 쥐 무게증가 실험

- ① 단백질 원료(Beef, Cereal)에 따른 차이비교
- ② 단백질 양(Low, High)에 따른 차이비교
- ③ 사료 1은 A 제조사, 2, 3, 4는 B제조사 일 때, 제조사 간의 차이비교

### ● 어떻게 가설을 설정할 것인가?

- 적절한 형태의 선형식을 유도하여 가설을 설정

①  $H_0 : \mu_1 + \mu_2 - \mu_3 - \mu_4 = 0$  vs  $H_1 : \mu_1 + \mu_2 - \mu_3 - \mu_4 \neq 0$

②  $H_0 : \mu_1 - \mu_2 + \mu_3 - \mu_4 = 0$  vs  $H_1 : \mu_1 - \mu_2 + \mu_3 - \mu_4 \neq 0$

③  $H_0 : 3\mu_1 - \mu_2 - \mu_3 - \mu_4 = 0$  vs  $H_1 : 3\mu_1 - \mu_2 - \mu_3 - \mu_4 \neq 0$

※ 각 선형식 계수의 합은 0



## ○ 선형대비(Linear Contrast)

- 선형대비: 계수의 합이 0인  $\mu_1, \dots, \mu_p$ 들의 선형결합

$$\mu_L = c_1\mu_1 + \dots + c_p\mu_p \text{ (단, } \sum_i c_i = 0)$$

- $\mu_L$ 의 추정:  $L = c_1\bar{Y}_{1.} + \dots + c_p\bar{Y}_{p.}$

- $L \sim N(\mu_L, \sigma_L^2)$

- $\sigma_L^2 = \text{Var}(c_1\bar{Y}_{1.} + \dots + c_p\bar{Y}_{p.}) = c_1^2 \frac{\sigma^2}{n_1} + \dots + c_p^2 \frac{\sigma^2}{n_p} = \sigma^2 \sum_i \frac{c_i^2}{n_i}$

- $\sigma_L^2$ 의 추정량:  $S_L^2 = \text{MSE} \sum_i \frac{c_i^2}{n_i}$

- $T = \frac{L - \mu_L}{S_L} = \frac{L - \mu_L}{\sqrt{MSE} \sqrt{\sum_i c_i^2 / n_i}} \sim t_{N-p}$ 
  - 귀무가설 하에서  $T_0 = \frac{L}{\sqrt{MSE} \sqrt{\sum_i c_i^2 / n_i}} \sim t_{N-p}$
  - 귀무가설 하에서  $T^2 = \frac{L^2}{MSE \sum_i c_i^2 / n_i} \sim F_{1, N-p}$

● 무게증가 실험

① 단백질 원료(Beef, Cereal)에 따른 차이비교

$$- L = 9.4, \quad S_L^2 = \frac{223.59}{10} (1^2 + 1^2 + (-1)^2 + (-1)^2) = 89.436$$

$$- T^2 = \frac{9.4^2}{89.436} = 0.988 < 4.113 = F_{.05, 1, 36}$$

⇒ 단백질 원료 간의 처리효과에는 유의한 차이가 없음

② 단백질 양(Low, High)에 따른 차이비교

$$- L = -22.8, \quad S_L^2 = \frac{223.59}{10} (1^2 + (-1)^2 + 1^2 + (-1)^2) = 89.436$$

$$- T^2 = \frac{(-22.8)^2}{89.436} = 5.812 > 4.113 = F_{.05, 1, 36}$$

⇒ 단백질의 양에 따른 처리효과에는 유의한 차이가 있음

③ 사료 1은 A 제조사, 2, 3, 4는 B제조사 일 때, 제조사 간의 차이비교

$$- L = -32.2, \quad S_L^2 = \frac{223.59}{10} (3^2 + (-1)^2 + (-1)^2 + (-1)^2) = 268.308$$

$$- T^2 = \frac{(-32.2)^2}{268.308} = 3.864 < 4.113 = F_{.05, 1, 36}$$

⇒ 제조사에 따른 처리효과는 유의한 차이가 없음

## □ 다중비교(Multiple Comparison)

- 전체처리비교: 모든  $i, j$ 에 대해,  $H_0 : \mu_i = \mu_j$  vs  $H_1 : \mu_i \neq \mu_j$  를 비교
- 처리-대조비교: 기저가 되는 것(대조군)과 다른 처리의 비교
  - $\mu_c$ : 대조군의 평균
  - $i \neq c$ 에 대해,  $H_0 : \mu_c = \mu_i$  ( $H_1 : \mu_c \neq \mu_i$ ),  $H_0 : \mu_c \leq \mu_i$  ( $H_1 : \mu_c > \mu_i$ ),  
 $H_0 : \mu_c \geq \mu_i$  ( $H_1 : \mu_c < \mu_i$ )

## ■ F-검정을 기초로 한 다중비교(전체처리비교)

### ① Fisher's least significant difference(최소유의차 방법)

- 모든  $i \neq j$ 인 모든 쌍에 대해 t-검정을 실시

- 귀무가설 하에서 
$$T_0 = \frac{\bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{j.}}{\hat{\sigma} \sqrt{\frac{1}{n_i} + \frac{1}{n_j}}} \sim t_{N-p}$$

- $\hat{\sigma} = \sqrt{MSE} \Rightarrow$  자유도  $N-p$

- $|\bar{y}_{i.} - \bar{y}_{j.}| > t_{\alpha/2, N-p} \sqrt{MSE} \sqrt{\frac{1}{n_i} + \frac{1}{n_j}}$ 이면 이 쌍의 차이는 유의함

- 개별오류율을  $\alpha$ 로 제어하고 있어 실험 내 모든 처리 짝의 비교에서 범하는 오류율(모임오류율, family error rate)은  $\alpha$ 보다 큼

## ② Bonferroni 방법

- 유의수준을  $\alpha$ 로 한  $k$ 개의 가설검정에 대한 유의수준은 Bonferroni's inequality에 의해  $k\alpha$ 보다 작거나 같음  $\Rightarrow$  원하는 유의수준과 차이가 남
- Bonferroni 방법은  $\alpha_k \simeq \alpha \times k$ 이라고 가정  $\Rightarrow t_{\alpha/2, N-p}$ 을  $t_{\alpha/(2k), N-p}$ 로 대신
  - $k = \binom{p}{2} = p(p-1)/2$
- $|\bar{y}_i - \bar{y}_j| > t_{\alpha/(2k), N-p} \sqrt{MSE} \sqrt{\frac{1}{n_i} + \frac{1}{n_j}}$ 이면 이 쌍의 차이는 유의함
- MSD(Minimum Significant Difference) =  $t_{\alpha/(2k), N-p} \sqrt{MSE} \sqrt{1/n_i + 1/n_j}$

### ③ Scheffe 방법

- 모든 가능한 비교에 대해 제 1 종의 오류를 조절하는 방법
- F-검정에서  $H_0$ 을 기각시키지 못하면 Scheffe 방법에 의한 비교에서 유의한 차이가 있는 경우가 없음
- F-검정에서  $H_0$ 을 기각시킨 경우에는 최소한 하나의 비교에서 차이가 있는 것으로 나옴
- $|\bar{y}_i - \bar{y}_j| > \sqrt{(p-1)F_{\alpha, p-1, N-p}} \sqrt{MSE} \sqrt{\frac{1}{n_i} + \frac{1}{n_j}}$ 이면 이 쌍의 차이는  
유의함

### ● 기타방법

- REGWF : Ryan, Einot, Gabriel, Welsch
- Waller-Duncan 방법



● 쥐 성장량 실험

- 5% 유의수준:  $t_{0.025,36} = 2.028$ ,  $t_{0.025/6,36} = 2.792$ ,  $\sqrt{(4-1)F_{0.05,3,36}} = 2.932$
- $\sqrt{MSE} = 14.953 \Rightarrow \text{LSD} = 13.56$ , Bonferroni = 18.67, Scheffe = 19.61

| 종류 | 평균   | 종류 | 평균   | 차이   | LSD | Bonferroni | Scheffe |
|----|------|----|------|------|-----|------------|---------|
| 1  | 79.2 | 2  | 100  | 20.8 | O   | O          | O       |
|    |      | 3  | 83.9 | 4.7  | X   | X          | X       |
|    |      | 4  | 85.9 | 6.7  | X   | X          | X       |
| 2  | 100  | 3  | 83.9 | 16.1 | O   | X          | X       |
|    |      | 4  | 85.9 | 14.1 | O   | X          | X       |
| 3  | 83.9 | 4  | 85.9 | 2.0  | X   | X          | X       |

## ■ 평균의 범위를 기초로 한 다중비교(전체처리비교)

- 표준화범위(studentized range)

$$Q = \sqrt{n} [\max(\bar{Y}_1, \dots, \bar{Y}_p) - \min(\bar{Y}_1, \dots, \bar{Y}_p)] / \sqrt{MSE} \sim q(p, N-p)$$

- $q(p, N-p)$ 는 표준화 범위분포로써 표로 주어짐
- $Q > q(\alpha, p, N-p)$ 이면,  $H_0$ 을 기각시킬 수 있음

### ① Tukey's honest significant difference(HSD)

- $HSD_{ij} = [q(\alpha, p, N-p) / \sqrt{2}] \sqrt{MSE} \sqrt{1/n_i + 1/n_j}$
- $|\bar{y}_{i.} - \bar{y}_{j.}| > HSD_{ij}$ 이면, 두 평균의 차이는 유의적임
- 주 예제:  $q(0.05, 4, 36) = 3.809 \Rightarrow HSD = 18.01$

### ② Duncan's multiple range

## ■ 처리-대조비교

- 대조(control)와  $p-1$  개의 처리 간 비교
- Dunnett 방법

- $\left| \bar{Y}_c - \bar{Y}_i \right| > t'(\alpha, p-1, N-p) \sqrt{MSE} \sqrt{1/n_c + 1/n_i}$ 
  - $t'$ : Dunnett의 t-분포 위수

```
attach(rat)
pairwise.t.test(growth,feed,p.adj="none")
pairwise.t.test(growth,feed,p.adj="bonf")
result <- aov(growth~feed,data=rat)
TukeyHSD(result)

library(agricolae)
df <- result$df.residual
mse <- sum(result$residuals^2)/df
print(LSD.test(growth,feed,df,mse))
```

## ■ 평균의 범위를 기초로 한 다중비교(전체처리비교)

- 표준화범위(studentized range)

$$Q = \sqrt{n} [\max(\bar{Y}_1, \dots, \bar{Y}_p) - \min(\bar{Y}_1, \dots, \bar{Y}_p)] / \sqrt{MSE} \sim q(p, N-p)$$

- $q(p, N-p)$ 는 표준화 범위분포로써 표로 주어짐
- $Q > q(\alpha, p, N-p)$ 이면,  $H_0$ 을 기각시킬 수 있음

### ① Tukey's honest significant difference(HSD)

- $HSD_{ij} = [q(\alpha, p, N-p) / \sqrt{2}] \sqrt{MSE} \sqrt{1/n_i + 1/n_j}$
- $|\bar{y}_{i.} - \bar{y}_{j.}| > HSD_{ij}$ 이면, 두 평균의 차이는 유의적임
- 주 예제:  $q(0.05, 4, 36) = 3.809 \Rightarrow HSD = 18.01$

## ② Duncan's multiple range

- 매 단계마다 LSR(least significant range)을 구하고 평균 차이를 비교
  - 최대평균과 최소평균의 차이를 LSR 비교
    - ⇒ 유의하지 않으면 중단, 하면 다음단계
  - 다음으로 큰 평균의 차이와 LSR 비교
    - ⇒ 유의하지 않으면 중단, 하면 다음단계
  - 유의하지 않을 때까지 반복
- 매 단계에 적용되는 LSR은 달라짐
- 짝비교의 개수를 줄일 수 있고 근소한 평균차이를 검출하는데 민감
- 처리별 반복수가 같다는 가정하고 제안한 것으로 반복수가 크게  
다르면 결과해석이 어려워짐

## ■ 처리-대조비교

- 대조(control)와  $p-1$  개의 처리 간 비교

- Dunnett 방법

- $\left| \bar{Y}_c - \bar{Y}_i \right| > t'(\alpha, p-1, N-p) \sqrt{MSE} \sqrt{1/n_c + 1/n_i}$

- $t'$ : Dunnett의 t-분포 위수

```
attach(rat)
pairwise.t.test(growth,feed,p.adj="none")
pairwise.t.test(growth,feed,p.adj="bonf")
result <- aov(growth~feed,data=rat)
TukeyHSD(result)

library(agricolae)
df <- result$df.residual
mse <- sum(result$residuals^2)/df
print(LSD.test(growth,feed,df,mse))
```