Part 2. R 통계분석 (데이터 분석 전문가 양성과정)

11

반복측정과 공분산 분석

경북대학교 배준현 교수

(joonion@knu.ac.kr)



- 분산분석: analysis of variance (ANOVA)
 - 일원 분산분석: one-way ANOVA
 - 이언 분산분석: two-way ANOVA
 - 반복측정 분산분석: repeated-measures ANOVA
 - 공분산 분석: analysis of covariance (ANCOVA)
 - 다변량 분산분석: *multivariate* analysis of variance (*MANOVA*)





- 반복측정 분산분석: repeated measures ANOVA
 - 하나의 실험 대상에 대해 두 번 이상 반복측정한 관측값 간의 차이 검정
 - 반복측정 이원 분산분석:
 - 집단 간 요인과 집단 내 요인이 각각 한 개씩일 때
 - 집단 간 요인과 집단 내 요인이 모두 집단변수로서의 역할 수행
 - 집단 내 요인의 각 범주별로 관측값을 반복측정





🔊 11. 반복측정과 공분산 분석

• 표준패키지의 CO2 데이터셋: 식물이 저온의 생장환경에서 견디는 정도에 대한 실험 결과

```
> str(CO2)
Classes 'nfnGroupedData', 'nfGroupedData', 'groupedData' and 'data.frame':
84 obs. of <mark>5</mark> variables:
$ Plant : Ord.factor w/ 12 levels "Qn1"<"Qn2"<"Qn3"<...: 1 1 1 1 1 1 1 2 2 2 ...</pre>
$ Type : Factor w/ 2 levels "Quebec", "Mississippi": 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
$ Treatment: Factor w/ 2 levels "nonchilled", "chilled": 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
$ conc : num 95 175 250 350 500 675 1000 95 175 250 ...
 $ uptake : num 16 30.4 34.8 37.2 35.3 39.2 39.7 13.6 27.3 37.1 ...
 - attr(*, "formula")=Class 'formula' language uptake ~ conc | Plant
 .. ..- attr(*, ".Environment")=<environment: R_EmptyEnv>
 - attr(*, "outer")=Class 'formula' language ~Treatment * Type
  .. ..- attr(*, ".Environment")=<environment: R_EmptyEnv>
 - attr(*, "labels")=List of 2
  ..$ x: chr "Ambient carbon dioxide concentration"
  ..$ y: chr "CO2 uptake rate"
 - attr(*, "units")=List of 2
  ..$ x: chr "(uL/L)"
  ..$ y: chr "(umol/m^2 s)"
```



🔊 11. 반복측정과 공분산 분석

```
> head(CO2, 3); tail(CO2, 3)
Grouped Data: uptake ~ conc | Plant
 Plant Type Treatment conc uptake
   Qn1 Quebec nonchilled 95 16.0
2 Qn1 Quebec nonchilled 175 30.4
3 On1 Quebec nonchilled 250 34.8
Grouped Data: uptake ~ conc | Plant
  Plant Type Treatment conc uptake
  Mc3 Mississippi chilled 500
                                  17.9
82
   Mc3 Mississippi chilled 675 18.9
83
   Mc3 Mississippi chilled 1000 19.9
84
```





• 반복측정 분산분석을 위한 포뮬러 형식:

- 반복측정 <mark>일원</mark> 분산분석: y ~ W + Error(Subject/W)

- 반복측정 <mark>이윈</mark> 분산분석: y ~ B * W + Error(Subject/W)

- W: 집단 내 요인, B: 집단 간 요인

- Subject: 각 측정 대상에 대한 식별자 변수





```
> CO2sub <- subset(CO2, Treatment=="chilled")</pre>
> C02sub$conc <- factor(C02sub$conc)</pre>
> CO2sub.aov <- aov(uptake ~ Type * conc + Error(Plant/conc), data=CO2sub)</pre>
> summary(CO2sub.aov)
Error: Plant
         Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Type 1 2667.2 2667.2 60.41 0.00148 **
Residuals 4 176.6 44.1
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
Error: Plant:conc
         Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
conc 6 1472.4 245.40 52.52 1.26e-12 ***
Type:conc 6 428.8 71.47 15.30 3.75e-07 ***
Residuals 24 112.1 4.67
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```



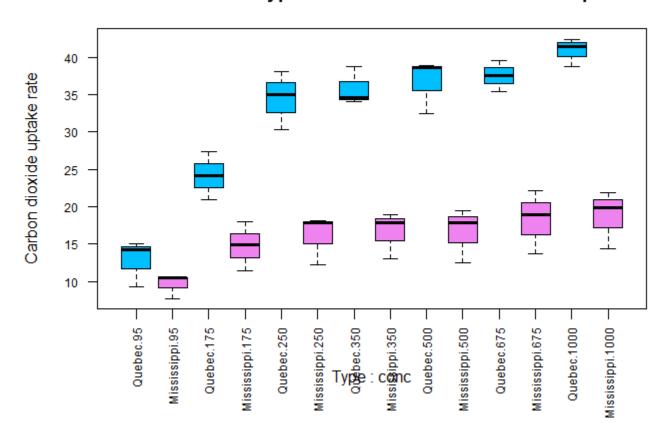
• 상자도표를 통해 주 효과와 상호작용 효과를 확인

```
par(mar=c(6,4,4,2))
boxplot(uptake ~ Type * conc, data=CO2sub,
        col=c("deepskyblue", "violet"), las=2, cex.axis=0.75,
        ylab="Carbon dioxide uptake rate",
        main="Effects of Plant Type and CO2 on Carbon Dioxide Uptake")
legend("topleft", inset=0.02,
       legend=c("Quebec", "Mississippi"), fill=c("deepskyblue", "violet"))
```





Effects of Plant Type and CO2 on Carbon Dioxide Uptake

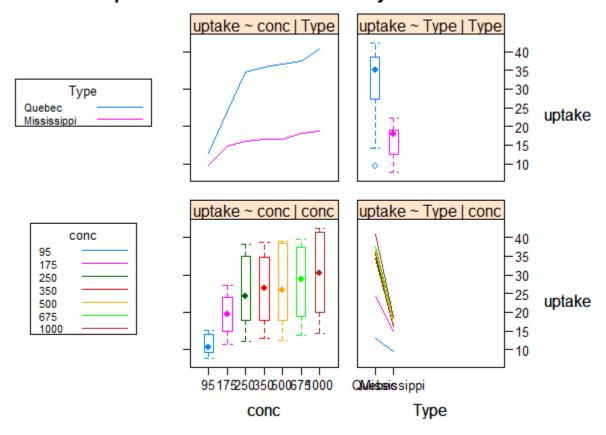




• HH 패키지의 interaction2wt() 함수를 이용하여 주 효과와 상호작용 효과를 확인

```
library(HH)
interaction2wt(uptake ~ conc * Type, data=CO2sub)
```

uptake: main effects and 2-way interactions



Part 2. R 통계분석 (데이터 분/



- 공분산 분석: *ANCOVA* (analysis of covariance)
 - 분산분석에 공변량을 추가하여 분산분석 모델을 확장



10



- faraway 패키지의 sexab 데이터셋: 아동기의 성폭력 경험이 성인의 정신건강에 미치는 영향 연구
 - > library(faraway) > str(sexab) 'data.frame': 76 obs. of 3 variables: \$ cpa : num 2.048 0.839 -0.241 -1.115 2.015 ... \$ ptsd: num 9.71 6.17 15.16 11.31 9.95 ... \$ csa : Factor w/ 2 levels "Abused", "NotAbused": 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...





• 집단별(성폭력 경험 유무별) 요약통계량 확인

```
> tapply(sexab$ptsd, sexab$csa, mean)
   Abused NotAbused
11.941093 4.695874
> tapply(sexab$ptsd, sexab$csa, sd)
  Abused NotAbused
 3.440152 3.519743
> tapply(sexab$ptsd, sexab$csa, length)
   Abused NotAbused
       45
                 31
```



12



• 일원 공분산 분석을 통해 아동기의 성폭력 경험과 외상 후 스트레스 장애 간의 관계를 통계적 검정

```
> sexab.aov <- aov(ptsd ~ cpa + csa, data=sexab)</pre>
> summary(sexab.aov)
           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
            1 449.8 449.8 41.98 <mark>9.46e-09 ***</mark>
cpa
          1 624.0 624.0 58.25 6.91e-11 ***
csa
Residuals 73 782.1 10.7
Signif. codes: 0 '*** 0.001 '** 0.01 '* 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```



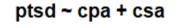
• effects 패키지의 effects() 함수: 공변량의 영향을 제거한 후 외상 후 스트레스 장애의 집단 평균 계산

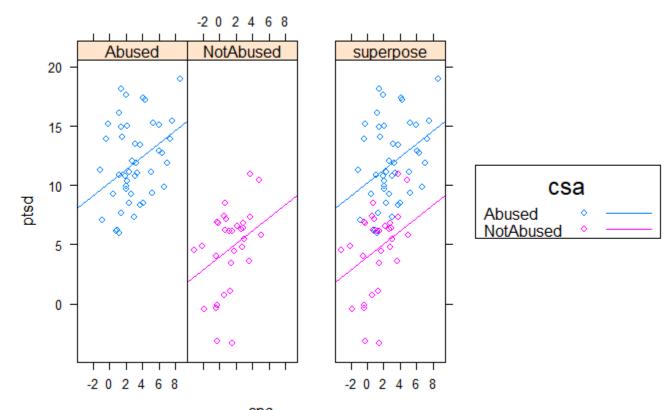
```
> library(effects)
> effect("csa", sexab.aov)
csa effect
csa
   Abused NotAbused
11.544429 5.271677
```





- HH 패키지의 ancova() 함수: 종속변수, 공변량, 독립변수 간의 관계 그래프
 - > library(HH)
 - > ancova(ptsd ~ cpa + csa, data = sexab)





()

Part 2. R 통계분석 (데이터 분!

15



- 다변량 분산분석: MANOVA (multivariate ANOVA)
 - 두 개 이상의 종속변수가 있을 경우 다변량 분산분석을 이용





- heplots 패키지의 Skulls 데이터셋: 이집트 지역에서 발굴된 인간의 두개골 크기 측정
 - > library(heplots) > str(Skulls) 'data.frame': 150 obs. of 5 variables: \$ epoch: Ord.factor w/ 5 levels "c4000BC"<"c3300BC"<...: 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...</pre> \$ mb : num 131 125 131 119 136 138 139 125 131 134 ... \$ bh : num 138 131 132 132 143 137 130 136 134 134 ... \$ bl : num 89 92 99 96 100 89 108 93 102 99 ... \$ nh : num 49 48 50 44 54 56 48 48 51 51 ...





87

11. 반복측정과 공분산 분석

- > library(dplyr) > sample_n(Skulls, 10) epoch mb bh bl nh c4000BC 131 132 99 50 104 c200BC 133 136 95 52 c4000BC 129 138 95 50 11 149 cAD150 147 129 87 48
- 74 c1850BC 137 133 90 49 59 c3300BC 135 132 98 54

53 c3300BC 135 136

134 cAD150 137 134 93 53

c1850BC 136 137 101 54

97 52

18

cAD150 133 125 92 50 139





• 다변량 분산분석을 통해 두개골의 측정값이 시대에 따라 다른지 검정

```
> y <- with(Skulls, cbind(mb, bh, bl, nh))</pre>
> with(Skulls, aggregate(y, by=list(epoch), FUN=mean))
 Group.1 mb bh bl
1 c4000BC 131.3667 133.6000 99.16667 50.53333
2 c3300BC 132.3667 132.7000 99.06667 50.23333
3 c1850BC 134.4667 133.8000 96.03333 50.56667
4 c200BC 135.5000 132.3000 94.53333 51.96667
5 cAD150 136.1667 130.3333 93.50000 51.36667
```





• manova() 함수: 종속변수값(두개골 크기)의 집단 간 차이(시대별 차이)에 대한 다변량 분산분석 수행

```
> Skulls.manova <- with(Skulls, manova(y ~ epoch))</pre>
> summary(Skulls.manova)
          Df Pillai approx F num Df den Df Pr(>F)
epoch 4 0.35331 3.512 16 580 4.675e-06 ***
Residuals 145
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```





summary.aov() 함수: 일변량 일원분산분석으로 어느 두개골 측정값에 차이가 존재하는지 확인

```
> summary.aov(Skulls.manova)
Response mb:
           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
epoch 4 502.83 125.707 5.9546 0.0001826 ***
Residuals 145 3061.07 21.111
Signif. codes: 0 '*** 0.001 '** 0.01 '* 0.05 '.' 0.1 ' '1
Response bh:
           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
epoch 4 229.9 57.477 2.4474 0.04897 *
Residuals 145 3405.3 23.485
Signif. codes: 0 '*** 0.001 '** 0.01 '* 0.05 '.' 0.1 ' '1
Response bl:
           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
epoch 4 803.3 200.823 8.3057 4.636e-06 ***
Residuals 145 3506.0 24.179
Signif. codes: 0 '*** 0.001 '** 0.01 '* 0.05 '.' 0.1 ' '1
Response nh :
           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
            4 61.2 15.300
                             1.507 0.2032
epoch
         145 1472.1 10.153
Residuals
```

Any Questions?

