

실험계획법 2024 강의 노트

서울시립대학교 통계학과 이용희

2024-03-20

목차

서론	1
필요한 R 라이브러리	1
1. 일원배치법	2
1.1. 두 집단의 평균 비교	1
1.1.1. t-검정	1
1.1.2. t-검정의 재구성	3
1.2. 일원배치법	4
1.2.1. 일원배치를 이용한 랜덤화 실험계획법	4
1.2.2. 실험배정의 랜덤화	4
1.2.3. 예제 3.1 - 자료	4
1.2.4. 일원배치법의 자료 구조와 모형	6
1.3. 분산분석	7
1.3.1. 모형과 가설	7
1.3.2. 변동의 분해	8
1.3.3. 자유도	9
1.3.4. 평균제곱합과 F-통계량	9
1.3.5. 분산분석을 이용한 F-검정	10
1.3.6. 분산분석 후의 추정	11
1.3.7. 예제 3.1 - ANOVA F-검정과 사후 추정	12
2. 이원배치법	17
2.1. 예제 4.1	17
2.1.1. 자료 읽기	17
2.1.2. 자료의 시각화와 기초 통계량	18
2.1.3. 분산분석표와 가설검정	22
2.1.4. 분산분석 후의 추정	23
2.2. 반복이 있는 이원배치에서 상호작용이 없는 경우의 추론	24
2.3. 전지의 수명 실험	27
2.3.1. 자료 읽기	28
2.3.2. 자료의 시각화와 기초 통계량	28
2.3.3. 분산분석표와 가설검정	30
2.3.4. 분산분석 후의 추정	31
2.3.5. 모평균에 대한 추론	31
2.3.6. 미래의 관측값에 대한 추론	32
References	34

Appendices	35
A. R을 이용한 자료의 시각화 비교	35
A.1. 두 개 모집단의 비교	35
A.1.1. 예제 2.2 자료	35
A.1.2. 기술 통계량에 의한 요약 - 넓은 형태의 자료	36
A.1.3. 기술 통계량에 의한 요약 - 좁은 형태의 자료	37
A.1.4. 집단 자료에 대한 시각화	37
A.2. 세 개 이상의 모집단의 비교	38
A.2.1. 예제 3.1 자료	38
A.2.2. 기술 통계량에 의한 요약	39
A.2.3. 집단 자료에 대한 시각화	39

서론

이 온라인 교과서는 2024년 실험계획법 강의의 보조 교재입니다.

강의교재는 임용빈 (2020) 를 참고하시기 바랍니다.

필요한 R 라이브러리

```
library(here)           # file pathways
library(tidyverse)      # data management, summary, and visualization
library(MASS)
library(knitr)
library(kableExtra)

library(agricolae)
library(emmeans)

library(showtext)
font_add_google("Nanum Pen Script", "gl")
showtext_auto()

# 참고도서 데이터
library(MontgomeryDAE)
```

1. 일원배치법

1.1. 두 집단의 평균 비교

1.1.1. t-검정

기초통계학에서 나오는 가장 기본적이고 자주 쓰이는 가설검정 방법은 두 집단의 평균의 차이를 검정하는 t-검정(t-test)이다.

교과서 2장 예제 2.2 를 다시 보자. 공장의 두 개 라인에서 생산되는 시멘트의 인장강도에 유의한 차이가 있는지 통계적 가설 검정을 수행하려고 한다. 첫 번째 생산라인을 1, 두 번째 생산라인을 2 라고 했을 때 각각의 라인에서 시멘트 인장강도의 평균을 μ_1, μ_2 이라고 하자.

여기서 고려해야할 가설은 다음과 같다.

$$H_0 : \mu_1 = \mu_2 \quad \text{vs.} \quad H_1 : \mu_1 \neq \mu_2$$

두 집단이 분산이 동일한 정규분포 $N(\mu_1, \sigma^2), N(\mu_2, \sigma^2)$ 를 따른다고 가정하고 다음과 같이 각각 n_1, n_2 개의 독립 표본을 얻었다고 하자.

$$y_{11}, y_{12}, \dots, y_{1n_1} \sim N(\mu_1, \sigma^2), \quad y_{21}, y_{22}, \dots, y_{2n_2} \sim N(\mu_2, \sigma^2)$$

위의 가설을 다음과 같은 t-통계량을 이용하여 검정할 수 있다.

$$t_0 = \frac{\bar{y}_1 - \bar{y}_2}{s_p \sqrt{1/n_1 + 1/n_2}}$$

여기서 \bar{y}_1, \bar{y}_2 은 두 생산라인에서 추출된 표본의 평균을 나타내고 n_1, n_2 은 각 집단의 표본 개수를 나타낸다. 또한 s_p^2 은 두 집단의 공통분산 추정량이며 다음과 같이 계산한다.

$$\hat{\sigma}^2 = s_p^2 = \frac{\sum_{i=1}^{n_1} (y_{1i} - \bar{y}_1)^2 + \sum_{i=1}^{n_2} (y_{2i} - \bar{y}_2)^2}{n_1 + n_2 - 2}$$

위에서 구한 t-통계량의 절대값이 크다면 귀무가설 H_0 에 반대되는 증거이다. 유의수준을 α 라고 했을 때 t-통계량 t_0 의 절대값이 자유도 $df = n_1 + n_2 - 2$ 를 가지는 t-분포의 상위 $\alpha/2$ 분위수보다 크면 귀무가설을 기각하고 대립가설 H_1 을 채택한다.

$$\text{Reject } H_0 \quad \text{if} \quad |t_0| > t(1 - \alpha/2, n_1 + n_2 - 2)$$

가설 검정은 p-값(p-value)을 구하고 그 값이 α 보다 작으면 귀무가설을 기각하는 방법을 사용할 수 있다.

$$\text{Reject } H_0 \quad \text{if} \quad \text{p-value} < \alpha$$

여기서 p-value 는 다음과 같이 계산할 수 있으며 $t(n_1 + n_2 - 2)$ 는 자유도가 $n_1 + n_2 - 2$ 을 가지는 t-분포를 따르는 확률 변수이다. .

$$\text{p-value} = 2P[t(n_1 + n_2 - 2) > |t_0|]$$

1. 일원배치법

R 에서 함수 `t.test`를 이용하여 두 집단에 대한 t-검정을 실시해 보자.

```
line1 <- c(16.9, 16.4, 17.2, 16.4, 16.5, 17.0, 17.0, 17.2, 16.6, 16.6)
line2 <- c(16.6, 16.8, 17.4, 17.1, 17.0, 16.9, 17.3, 17.0, 17.1, 17.3)
df220 <- data.frame(line1, line2)
```

df220

	line1	line2
1	16.9	16.6
2	16.4	16.8
3	17.2	17.4
4	16.4	17.1
5	16.5	17.0
6	17.0	16.9
7	17.0	17.3
8	17.2	17.0
9	16.6	17.1
10	16.6	17.3

```
df22<- df220 %>% pivot_longer(cols = everything(), names_to = "line", values_to = "strength") %>% dplyr::
```

df22

A tibble: 20 x 2

	line	strength
	<chr>	<dbl>
1	line1	16.9
2	line1	16.4
3	line1	17.2
4	line1	16.4
5	line1	16.5
6	line1	17
7	line1	17
8	line1	17.2
9	line1	16.6
10	line1	16.6
11	line2	16.6
12	line2	16.8
13	line2	17.4
14	line2	17.1
15	line2	17
16	line2	16.9
17	line2	17.3
18	line2	17
19	line2	17.1
20	line2	17.3

1. 일원배치법

```
t.test(strength~line, df22, paired = FALSE, var.equal = TRUE, conf.level = 0.95)
```

Two Sample t-test

```
data: strength by line
t = -2.1338, df = 18, p-value = 0.04687
alternative hypothesis: true difference in means between group line1 and group line2 is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -0.535840211 -0.004159789
sample estimates:
mean in group line1 mean in group line2
      16.78           17.05
```

유의수준을 0.05로 정하면 t-검정의 결과 p-값이 유의수준 보다 작아서 귀무가설을 기각하고 대립가설 H_1 을 채택한다. 즉, 두 라인의 시멘트 인장강도 평균은 유의하게 다르다.

1.1.2. t-검정의 재구성

이제 두 집단에 대한 가설 검정을 세 개 이상인 여러 개의 집단으로 확장하는 경우를 생각해보자. 여러 개의 집단에 대한 가설 검정을 고려하기 전에 두 집단에 대한 t-검정을 약간 재구성하여 여러 평균들의 차이를 비교하는 검정법에 대한 일반적인 개념을 제시해 보려고 한다. 이제 t-검정에서 검정 통계량의 분자와 분모를 따로 살펴보자

$$t_0 = \frac{\bar{y}_1 - \bar{y}_2}{s_p \sqrt{1/n_1 + 1/n_2}}$$

t-검정 통계량의 분자는 집단 간의 평균의 차이를 나타낸다. 즉 $\bar{y}_1 - \bar{y}_2$ 는 두 집단의 표본 평균의 차이를 추정하는 양이고 그 차이가 크면 클수록 두 집단의 모평균의 차이 $\mu_1 - \mu_2$ 가 크다는 것을 의미한다.

t-검정 통계량의 분모는 두 집단의 공통분산 추정량 $\hat{\sigma}^2 = s_p^2$ 에 비례한다. 즉 집단 내의 변동을 반영하는 s_p^2 이 크면 클수록 t-검정 통계량은 그 크기가 작아져서 귀무가설의 기각을 어렵게 한다.

$$s_p^2 = \frac{\sum_{i=1}^{n_1} (y_{1i} - \bar{y}_1)^2 + \sum_{i=1}^{n_2} (y_{2i} - \bar{y}_2)^2}{n_1 + n_2 - 2}$$

또한 t-검정 통계량은 표본의 수(n_1 과 n_2)에 비례한다. 즉 표본의 수가 증가하면 t-검정 통계량이 커지게 된다.

정리해보면 t-검정 통계량은 집단 간의 변동(between-group variation)을 집단 내의 변동(within-group variation)으로 나누어준 값이다. 다른 말로 급간 변동과 급내 변동을 사용하기도 한다.

이제 t-검정 통계량을 재구성하면 다음과 같이 표현할 수 있다.

$$t_0^2 = \frac{(\bar{y}_1 - \bar{y}_2)^2}{s_p^2(1/n_1 + 1/n_2)} = \frac{\text{between-group variation}}{\text{within-group variation}}$$

두 집단의 평균을 비교하는 t-검정 통계량은 집단 간의 변동(집단 간의 평균들의 차이)과 집단 내의 변동(집단 내 관측치들의 퍼진 정도)의 비율로 구성된 통계량으로 생각할 수 있으며 이러한 개념을 3개 이상의 집단을 비교하는 경우로 쉽게 확장할 수 있다.

1.2. 일원배치법

1.2.1. 일원배치를 이용한 랜덤화 실험계획법

- 일원배치법(one-way randomization design)은 관심있는 중요한 한 개 요인이 반응변수에 어떠한 영향을 미치는지 알아보는 실험법이다.
- 반응값에 영향을 주는 다른 요인들에 대한 정보가 많고 사전 실험이 많이 이루어져서 가장 중요한 요인의 미세한 영향을 조사하고자 할 때 유용하다.
- 처리를 제외한 다른 요인들의 영향을 적절하게 통제할 수 있어야 한다.

1.2.2. 실험배정의 랜덤화

실험배정의 랜덤화 방법은 교과서 38-41 페이지 참조

- 요인 수준 별로 실험 실시 순서가 랜덤한 메카니즘에 의해 결정 (4수준 5반복)

실험의 반복	요인 수준			
	A_1	A_2	A_3	A_4
1	1	6	11	16
2	2	7 ⑤	12	17
3	3 ①	8	13	18
4	4 ②	9	14 ④	19
5	5	10	15	20 ③

단계 1 : 각 실험 조건에 일련번호를 할당 (std order)

단계 2 : 1에서 20까지의 20개 숫자의 랜덤한 배열 구하기 (run order)
3, 4, 20, 14, 7, 16, ...

단계 3 : 나온 순서대로 실험 실시 (원형 숫자의 순서대로)
실험 순서: $A_1, A_1, A_4, A_3, A_2, A_4, \dots$

1.2.3. 예제 3.1 - 자료

이 실험에서 요인은 직물이며 4개 수준은 4개의 납품업체에서 공급한 서로 다른 직물이다. 실험 목적은 4개의 직물의 굽힘에 대한 저항력을 비교하는 실험이다. 각 업체마다 4개의 제품을 랜덤하게 선택하여 일원배치법으로 마모도 검사를 실시하였다.

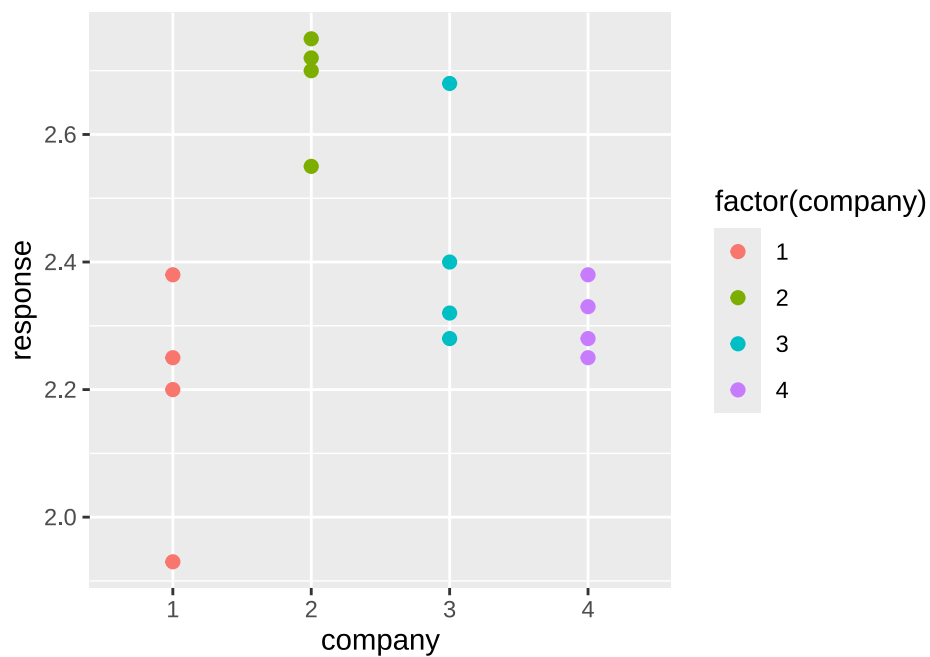
1. 일원배치법

```
company<- as.factor(rep(c(1:4), each=4))
response<- c(1.93, 2.38, 2.20, 2.25,
             2.55, 2.72, 2.75, 2.70,
             2.40, 2.68, 2.32, 2.28,
             2.33, 2.38, 2.28, 2.25)
df31 <- data.frame(company=company, response= response)

df31
```

	company	response
1	1	1.93
2	1	2.38
3	1	2.20
4	1	2.25
5	2	2.55
6	2	2.72
7	2	2.75
8	2	2.70
9	3	2.40
10	3	2.68
11	3	2.32
12	3	2.28
13	4	2.33
14	4	2.38
15	4	2.28
16	4	2.25

```
ggplot(df31, aes(company, response)) + geom_point(aes(colour = factor(company)), size = 2)
```



1. 일원배치법

실험에서는 처리 이외의 다른 요인들이 적절하게 통제되는 것이 매우 중요하다. 4개의 처리 외에 마모도 검사의 결과에 영향을 미칠 수 있는 다른 요인을 생각해 보자.

- 검사를 수행하는 사람
- 마모도를 검사하는 도구 또는 기계
- 검사를 실시하는 환경 (측정 시간, 장소 등)
- 마모도 검사의 배정을 완전 임의(completely randomized)로 할 수 있는지?

일원배치법으로 실험을 진행할 때 다음과 같은 사항들을 고려해야 한다.

- 처리 이외의 다른 요인들을 적절하게 통제할 수 있는가?
- 어떤 경우에 완전한 랜덤화가 불가능한가? 이러한 경우 실험의 배정을 어떻게 해야 할까?

1.2.4. 일원배치법의 자료 구조와 모형

- 일원배치법에서의 자료 구조는 교과서 41-44 페이지 참조

일원배치법 실험에서는 하나의 요인 A 의 효과를 측정한다. 요인 A 에 대하여 서로 다른 a 개의 수준(A_1, A_2, \dots, A_a)의 효과를 비교한다고 가정하자. 각 수준에 대하여 r_i 개의 반응값을 반복 측정한다.

이제 i 번 수준에서 측정된 j 번째 반응변수의 값을 x_{ij} 라고 하자. 일원배치법에서 측정된 자료들은 다음과 같은 모형을 가진다고 가정한다.

$$x_{ij} = \mu_i + e_{ij} \text{ where } e_{ij} \sim N(0, \sigma_E^2) \quad (1.1)$$

여기서 오차항 e_{ij} 는 모두 독립이다.

첨자 i 는 실험의 수준에 나타낸다 ($i = 1, 2, \dots, a$). 균형자료의 경우는 모든 수준에 대하여 반복수가 같은 경우이다 ($j = 1, 2, \dots, r$). 불균형자료의 경우는 수준에 대하여 반복수가 다른 경우이다 ($j = 1, 2, \dots, r_i$).

		실험의 반복	합계	평균
요인의 수준	A_1	$x_{11} \quad x_{12} \quad \dots \quad x_{1r}$	$T_1.$	$\bar{x}_1.$
	A_2	$x_{21} \quad x_{22} \quad \dots \quad x_{2r}$	$T_2.$	$\bar{x}_2.$
	\vdots	\vdots	\vdots	\vdots
	A_a	$x_{a1} \quad x_{a2} \quad \dots \quad x_{ar}$	$T_a.$	$\bar{x}_a.$
			T	\bar{x}

식 1.1 은 일반적으로 평균모형(mean model) 이라고 부르며 모형의 이름대로 모두 μ_i 는 i 번째 수준의 평균을 의미한다.

$$E(x_{ij}) = E(\mu_i + e_{ij}) = \mu_i$$

1. 일원배치법

이제 식 1.1 을 약간 변형하여 다른 형식의 모형을 만들어 보자.

$$\begin{aligned}x_{ij} &= \mu_i + e_{ij} \\&= \mu + (\mu_i - \mu) + e_{ij} \\&= \mu + \alpha_i + e_{ij}\end{aligned}$$

위의 모형에서 모수 μ 는 반응값의 전체 평균을 의미하며 $\alpha_i = \mu_i - \mu$ 는 i 번째 수준의 평균이 전체 평균과 어떻게 다른지 나타내는 수준의 상대적 효과를 의미한다.

다음의 식으로 정의된 일원배치 모형을 **주효과모형(main effect model)** 이라고 부른다. 모수 α_i 는 i 번째 집단의 효과(처리 효과; treatment effect)를 나타낸다고 할 수 있다.

$$x_{ij} = \mu + \alpha_i + e_{ij} \text{ where } e_{ij} \sim N(0, \sigma_E^2) \quad (1.2)$$

여기서 오차항 e_{ij} 는 모두 독립이며 다음과 같은 제약조건이 있다.

$$\sum_{i=1}^a \alpha_i = 0 \quad (1.3)$$

식 1.3 의 제약조건은 모수의 개수($a+1$)가 그룹의 개수(a)보다 많아서 발생하는 문제를 해결하기 위하여 모수에 대한 제약 조건 1개를 고려해서 모수의 개수와 그룹의 개수를 맞추어준 것이다. 나중에 이러한 제약조건에 대한 이론을 자세히 다루기로 한다.

식 1.3 의 제약조건은 **sum to zero**조건이라고 부르며 문제를 해결하는 유일한 조건은 아니다. 예를 들어서 조건 식 1.3 의 제약조건을 대신하여 $\alpha_1 = 0$ 인 **set to zero** 조건을 사용할 수 있다.

1.3. 분산분석

1.3.1. 모형과 가설

집단의 모평균을 편의상 $\mu_1, \mu_2, \dots, \mu_a$ 이라고 하자. 평균모형 식 1.1 을 가정하고 집단들 사이에 차이가 있는지에 대한 가설은 다음과 같다.

$$H_0 : \mu_1 = \mu_2 = \dots = \mu_a \quad \text{vs.} \quad H_1 : \text{not } H_0$$

위의 가설에서 주의할 점은 대립가설 H_1 의 경우에 평균들이 서로 다른 경우가 매우 다양하다는 것이다. 예를 들어 집단이 3개 인 경우 $\mu_1 = \mu_2 < \mu_3$ 일 수 도 있고 $\mu_1 < \mu_2 < \mu_3$ 있으며 이 외에 매우 다양한 경우들이 있다.

이제 효과모형 식 1.2 을 고려하면 집단들 사이에 차이가 있는지에 대한 가설을 다음과 같이 바꿀수 있다. 집단에 대한 효과가 모두 0이 되면 집단 간의 평균에 대한 차이는 없다.

$$H_0 : \alpha_1 = \alpha_2 = \dots = \alpha_a = 0 \quad \text{vs.} \quad H_1 : \text{not } H_0 \quad (1.4)$$

1.3.2. 변동의 분해

이제 앞 절에서 생각해본 t-검정의 재구성처럼 집단 간의 변동(각 집단의 평균의 차이가 얼마나 나는지에 대한 통계량)과 집단 내의 변동(각 집단내에서 관측값들의 퍼진 정도)를 측정하는 통계량을 찾아서 검정 통계량을 구성해 보자.

일단 다음과 같이 전체 평균과 집단의 평균을 정의하자.

$$\bar{\bar{x}} = \frac{\sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^r x_{ij}}{ar} = \frac{T}{ar}, \quad \bar{x}_{i.} = \frac{\sum_{j=1}^r x_{ij}}{r} = \frac{T_{i.}}{r}$$

이제 하나의 관측값 x_{ij} 과 전체 평균 $\bar{\bar{x}}$ 간의 편차(deviation)를 다음과 같이 분해해 보자.

$$\underbrace{x_{ij} - \bar{\bar{x}}}_{\text{total deviation}} = \underbrace{(x_{ij} - \bar{x}_{i.})}_{\text{within-group deviation}} + \underbrace{(\bar{x}_{i.} - \bar{\bar{x}})}_{\text{between-group deviation}} \quad (1.5)$$

식 1.5 에서 집단 평균과 총 평균의 편차 $(\bar{x}_{i.} - \bar{\bar{x}})$ 는 처리의 효과를 측정할 수 있는 통계량이다. 집단 간의 차이를 반영하는 양으로 처리 효과 α_i 들에 의하여 발생한다.

집단 내의 관측값과 집단 평균의 차이 $(x_{ij} - \bar{x}_{i.})$ 는 집단 내의 변동을 나타내는 통계량으로 측정 오차 e_{ij} 에 의하여 발생한다.

식 1.5 의 각 편차들은 양수와 음수로서 부호를 가지기 때문에 이를 변동으로 표현하기 위하여 차이를 제곱하여 합친 제곱합(sum of squares)을 고려해 보자.

$$\begin{aligned} \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^r (x_{ij} - \bar{\bar{x}})^2 &= \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^r [(x_{ij} - \bar{x}_{i.}) + (\bar{x}_{i.} - \bar{\bar{x}})]^2 \\ &= \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^r (x_{ij} - \bar{x}_{i.})^2 + \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^r (\bar{x}_{i.} - \bar{\bar{x}})^2 + 2 \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^r (x_{ij} - \bar{x}_{i.})(\bar{x}_{i.} - \bar{\bar{x}}) \\ &= \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^r (x_{ij} - \bar{x}_{i.})^2 + \sum_{i=1}^a r(\bar{x}_{i.} - \bar{\bar{x}})^2 + 0(\text{why?}) \end{aligned}$$

결과적으로 다음과 같은 변동의 분해를 제곱합의 형식으로 얻을 수 있다.

$$\underbrace{\sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^r (x_{ij} - \bar{\bar{x}})^2}_{\text{total variation}} = \underbrace{\sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^r (x_{ij} - \bar{x}_{i.})^2}_{\text{within-group variation}} + \underbrace{\sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^r (\bar{x}_{i.} - \bar{\bar{x}})^2}_{\text{between-group variation}} \quad (1.6)$$

분해 식 1.6 에서 나타난 각 제곱합에 대한 이름과 의미를 살펴보자.

- SS_T 를 총 제곱합(Total Sum of Squares)이라고 부르며 자료의 전체 변동을 의미한다.

$$SS_T = \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^r (x_{ij} - \bar{\bar{x}})^2$$

- SS_E 를 잔차 제곱합(Residual Sum of Squares)이라고 부르며 관측 오차에 발생된 집단 내의 변동 또는 급내 변동(within-group variation)을 의미한다.

1. 일원배치법

$$SS_E = \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^r (x_{ij} - \bar{x}_{i.})^2$$

- SS_A 를 처리 제곱합(Treatment Sum of Squares)이라고 부르며 처리들의 차이로 발생하는 변동으로 집단 간의 변동 또는 집단 변동(between-group variation)을 의미한다.

$$SS_A = \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^r (\bar{x}_{i.} - \bar{\bar{x}})^2 = \sum_{i=1}^a r(\bar{x}_{i.} - \bar{\bar{x}})^2$$

이제 분해 식 1.6 을 다음과 같이 나타낼수 있다.

$$SS_T = SS_A + SS_E \quad (1.7)$$

위의 분해식에서 볼 수 있듯이 집단 간의 변동의 크기를 나타내는 처리제곱합이 커질수록, 또는 집단내의 변동의 크기를 나타내는 오차제곱합이 작아질수록 귀무가설에 반대되는(즉, 집단 간의 평균이 유의한 차이가 난다는) 증거가 강해진다.

1.3.3. 자유도

제곱합은 편차(deviation)의 제곱들을 더한 형태로서 각 제곱합들에 대하여 해당하는 자유도(degrees of freedom; df 또는 ϕ 로 표기)를 구할 수 있다.

제곱합의 자유도 = 제곱합을 구성하는 편차의 개수 - 선형제약 조건의 개수

각 제곱합에 대한 선형제약조건은 편차들의 합이 0이 되는 조건이다. 이제 식 1.7 에 주어진 제곱합의 자유도에 대한 정보를 다음과 같이 정리할 수 있다.

제곱합	편차의 개수	제약조건	제약조건의	
			수	자유도
SS_T	ar	$\sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^r (x_{ij} - \bar{\bar{x}}) = 0$	1	$\phi_T = ar - 1$
SS_A	a	$\sum_{i=1}^a (\bar{x}_{i.} - \bar{\bar{x}}) = 0$	1	$\phi_A = a - 1$
SS_E	ar	$\sum_{j=1}^r (x_{ij} - \bar{x}_{i.}) = 0, i = 1, 2, \dots, a$	a	$\phi_E = ar - a$

1.3.4. 평균제곱합과 F-통계량

이제 가설 식 1.4 을 검정하기 위한 통계량을 구성해 보자. 먼저 다음과 같은 제곱합들을 각 자유도로 나눈 평균제곱합(Mean Sum of Squares)를 정의한다.

$$MS_A = \frac{SS_A}{\phi_A}, \quad MS_E = \frac{SS_E}{\phi_E} \quad (1.8)$$

앞 절에서 t-검정을 재구성하면서 알아본 통계량의 의미를 다시 생각해 보자. 집단 간의 변동과 집단 내의 변동의 상대적 비율로 그룹 간의 차이를 검정할 수 있다는 개념을 확장하여 다음과 같은 F-통계량 F_0 를 만들어 보자.

1. 일원배치법

$$F_0 = \frac{MS_A}{MS_E} = \frac{\text{between-group variation}}{\text{within-group variation}} \quad (1.9)$$

위 식 1.9 에서 정의된 F-통계량은 그룹 간에 평균의 차이가 클수록, 그룹 내의 차이가 작을 수록 그 값이 커진다. 따라서 F-통계량의 값이 크면 클수록 귀무가설에 반대되는 증거가 강해진다.

이렇게 전체의 변동을 집단 간의 변동과 집단 내의 변동으로 나누어 집단 간의 평균의 차이를 추론하는 방법을 분산분석 (Analysis of Variance, **ANOVA**)이라고 한다.

1.3.5. 분산분석을 이용한 F-검정

이제 식 1.9 에서 정의된 F-통계량을 이용하여 가설 식 1.4 를 검정하는 통계적 방법을 만들어 보자. 일단 두 제곱합의 통계적 성질은 다음과 같다.

- 잔차 제곱합을 오차항의 분산으로 나눈 통계량은 자유도가 ϕ_E 를 가지는 카이제곱 분포를 따른다.

$$\frac{SS_E}{\sigma_E^2} \sim \chi^2(\phi_E)$$

- 귀무가설이 참인 경우 처리 제곱합을 오차항의 분산으로 나눈 통계량은 자유도가 ϕ_A 를 가지는 카이제곱 분포를 따른다.

$$\frac{SS_A}{\sigma_E^2} \sim \chi^2(\phi_A) \quad \text{under } H_0$$

- 잔차 제곱합과 처리 제곱합은 서로 독립이다.

따라서 귀무가설이 참인 경우 F-통계량은 자유도가 ϕ_A, ϕ_E 를 가지는 F-분포를 따른다.

$$F_0 = \frac{MS_A}{MS_E} = \frac{\frac{SS_A/\sigma_E^2}{\phi_A}}{\frac{SS_E/\sigma_E^2}{\phi_E}} \sim F(\phi_A, \phi_E) \quad \text{under } H_0 \quad (1.10)$$

유의수준 α 에서 F-통계량이 기각역을 벗어나면 귀무가설을 기각한다.

$$\text{Reject } H_0 \text{ if } F_0 > F(1 - \alpha, \phi_A, \phi_E)$$

또는 다음과 같이 계산된 p-값이 유의수준 α 보다 작으면 귀무가설을 기각한다.

$$p - \text{value} = P[F(\phi_A, \phi_E) > F_0]$$

F-통계량을 정의할 때 편리하고 유용하게 사용되는 것이 다음과 같은 분산분석표(ANOVA table)이다.

요인	제곱합	자유도	평균제곱합	F_0	p-값
처리	SS_A	$\phi_A = a - 1$	$MS_A = SS_A/\phi_A$	$F_0 = \frac{MS_A}{MS_E}$	$P[F(\phi_A, \phi_E) > F_0]$
잔차	SS_E	$\phi_E = a(r - 1)$	$MS_E = SS_E/\phi_E$		
총합	SS_T	$\phi_T = ar - 1$			

요인	제공합	자유도	평균제공합	F_0	p-값
----	-----	-----	-------	-------	-----

1.3.6. 분산분석 후의 추정

분산분석에서 고려한 요인 A의 수준에 따라서 반응값의 평균에 유의한 차이가 있다고 결론이 나면 그룹 간의 모평균을 차이에 대한 더 자세한 정보가 필요하다. 즉 집단들의 평균이 서로 유의하게 다르거나 같은지에 대한 정보를 얻는 것이 중요하다.

일단 모집단의 분산 σ_E^2 에 대한 추정은 잔차제공합의 분포를 이용하면 다음과 같은 불편추정량을 얻을 수 있다.

$$\hat{\sigma}_E^2 = MS_E, \quad E(MS_E) = \sigma_E^2$$

다음으로 각 수준(집단)에 대한 평균에 대한 추정량은 표본평균 $\bar{x}_{i.}$ 이며

$$\hat{\mu}_i = \widehat{\mu + \alpha_i} = \bar{x}_{i.} \quad E(\bar{x}_{i.}) = \mu_i$$

100(1 - α) % 신뢰구간(confidence interval)은 다음과 같이 주어진다.

$$\bar{x}_{i.} \pm t(1 - \alpha/2, \phi_E) \sqrt{\frac{MS_E}{r}}$$

여기서 $t(1 - \alpha/2, \phi_E)$ 는 자유도 ϕ_E 를 가지는 t-분포의 $1 - \alpha/2$ 분위수를 의미한다.

이제 두 개의 수준에 대한 평균의 차이에 대한 통계적 추론을 생각해 보자. 수준 A_i 와 A_j 의 평균의 차이에 대한 추정과 검정을 하려고 한다.

$$\delta_{ij} = \mu_i - \mu_j = \alpha_i - \alpha_j$$

두 평균의 차이 δ_{ij} 에 대한 100(1 - α) % 신뢰구간은 다음과 같이 주어진다.

$$(\bar{x}_{i.} - \bar{x}_{j.}) \pm t(1 - \alpha/2, \phi_E) \sqrt{\frac{2MS_E}{r}} \quad (1.11)$$

신뢰구간 식 1.11에서 두 개의 표본 평균 $\bar{x}_{i.}$ 와 $\bar{x}_{j.}$ 은 서로 독립인 것에 유의하자.

이제 마지막으로 두 평균의 차이 δ_{ij} 에 대한 가설을 검정하여고 한다.

$$H_0 : \alpha_i = \alpha_j \quad \text{vs.} \quad H_1 : \alpha_i \neq \alpha_j$$

유의 수준 α 에서 다음과 같은 조건을 만족하면 위의 귀무가설을 기각한다.

$$|\bar{x}_{i.} - \bar{x}_{j.}| > t(1 - \alpha/2, \phi_E) \sqrt{\frac{2MS_E}{r}} \quad (1.12)$$

식 1.12에서 주어진 귀무 가설 $\delta_{ij} = 0$ 을 기각하는 조건은 식 1.11에 주어진 신뢰구간이 0을 포함하지 않는 조건과 동일하다.

1. 일원배치법

식 1.12 에서 검정을 위한 조건의 우변을 최소유의차(least significant difference; LSD) 라고 부른다. 두 수준의 차이가 유의하려면 두 평균 차이의 절대값이 최소한 최소유의차의 값보다 커야한다.

$$LSD = t(1 - \alpha/2, \phi_E) \sqrt{\frac{2MS_E}{r}}$$

1.3.7. 예제 3.1 - ANOVA F-검정과 사후 추정

다시 예제 3.1의 실험 자료를 고려한다.

```
df31
```

```
company response
1      1      1.93
2      1      2.38
3      1      2.20
4      1      2.25
5      2      2.55
6      2      2.72
7      2      2.75
8      2      2.70
9      3      2.40
10     3      2.68
11     3      2.32
12     3      2.28
13     4      2.33
14     4      2.38
15     4      2.28
16     4      2.25
```

```
df31s <- df31 %>% group_by(company) %>% summarise(mean=mean(response), median= median(response), sd=s
```

```
df31s
```

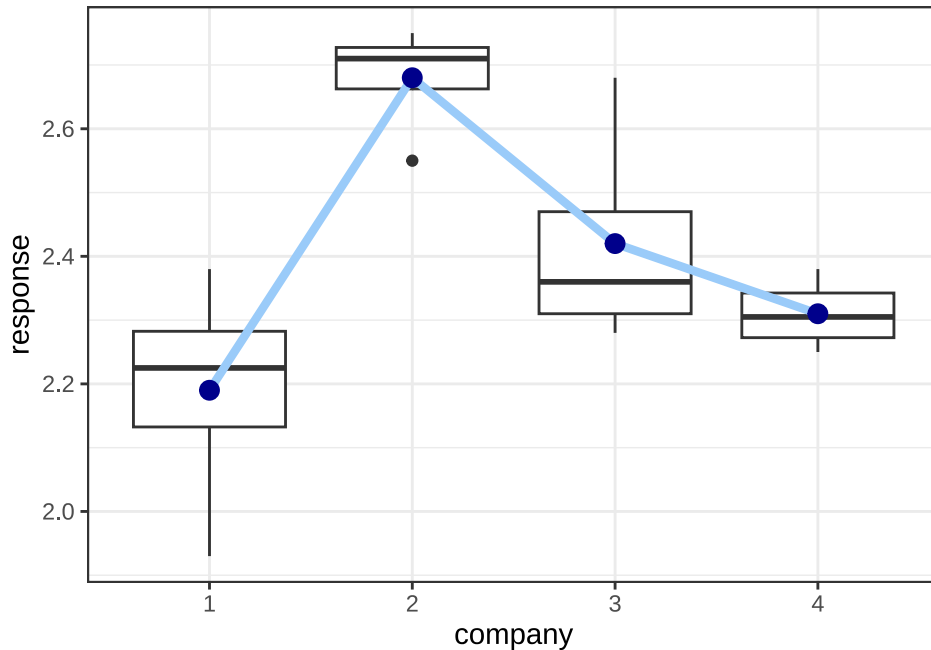
```
# A tibble: 4 x 6
```

```
company mean median    sd  min  max
<fct>   <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl>
1 1      2.19  2.22 0.189  1.93  2.38
2 2      2.68  2.71 0.0891  2.55  2.75
3 3      2.42  2.36 0.180   2.28  2.68
4 4      2.31  2.30 0.0572  2.25  2.38
```

예제 3.1에서 실험의 목적은 4개의 직물의 굽힘에 대한 저항력을 비교하는 실험이다.

1. 일원배치법

```
ggplot(df31, aes(company, response)) +
  geom_boxplot() +
  geom_line(data=df31s, aes(x=company, y=mean, group=1), size=1.5, col="#9ACBF9") +
  geom_point(data=df31s, aes(x=company, y=mean), col="darkblue", size=3) +
  theme_bw()
```



이제 위에서 제시한 F-검정을 이용하여 납품 업체 간에 식물 마모도에 차이가 있는지 검정해보자.

$$H_0 : \mu_1 = \mu_2 = \mu_3 = \mu_4 \quad \text{vs.} \quad H_1 : \text{not } H_0$$

```
anova.res <- aov(response~company,data=df31)
summary(anova.res)
```

```
          Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
company      3  0.5240  0.17467    8.785 0.00235 **
Residuals   12  0.2386  0.01988
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

위의 분산분석표에서 p-값이 유의수준 5% 보다 매우 작으므로 네 개의 식물에 대한 평균이 같다는 귀무가설을 기각한다. 따라서 4개의 납품업체에서 받은 식물의 저항력이 유의하게 다르다고 할 수 있다. 여기서 유의할 점은 ANOVA를 이용한 F-검정은 그룹 간의 차이가 있다는 것을 의미하지만 어떻게 다른지에 대한 정보를 주지 않는다.

최소유의차(LSD) 방법에 의하여 처리 간의 평균을 신뢰구간을 구하고 차이가 있는지 검정할 수 있다.

```
### Mean of response by factor
result1 <- LSD.test(anova.res, "company", group=FALSE, console = TRUE)
```

1. 일원배치법

Study: anova.res ~ "company"

LSD t Test for response

Mean Square Error: 0.01988333

company, means and individual (95 %) CI

	response	std r	se	LCL	UCL	Min	Max	Q25	Q50
1	2.19	0.18920888	4 0.07050414	2.036385	2.343615	1.93	2.38	2.1325	2.225
2	2.68	0.08906926	4 0.07050414	2.526385	2.833615	2.55	2.75	2.6625	2.710
3	2.42	0.18036999	4 0.07050414	2.266385	2.573615	2.28	2.68	2.3100	2.360
4	2.31	0.05715476	4 0.07050414	2.156385	2.463615	2.25	2.38	2.2725	2.305

Q75

1	2.2825
2	2.7275
3	2.4700
4	2.3425

Alpha: 0.05 ; DF Error: 12

Critical Value of t: 2.178813

Comparison between treatments means

	difference	pvalue	signif.	LCL	UCL
1 - 2	-0.49	0.0004	***	-0.70724487	-0.27275513
1 - 3	-0.23	0.0397	*	-0.44724487	-0.01275513
1 - 4	-0.12	0.2520		-0.33724487	0.09724487
2 - 3	0.26	0.0229	*	0.04275513	0.47724487
2 - 4	0.37	0.0030	**	0.15275513	0.58724487
3 - 4	0.11	0.2916		-0.10724487	0.32724487

result1

\$statistics

MSerror	Df	Mean	CV	t.value	LSD
0.01988333	12	2.4	5.875345	2.178813	0.2172449

\$parameters

test	p.adjusted	name.t	ntr	alpha
Fisher-LSD	none	company	4	0.05

\$means

	response	std r	se	LCL	UCL	Min	Max	Q25	Q50
1	2.19	0.18920888	4 0.07050414	2.036385	2.343615	1.93	2.38	2.1325	2.225
2	2.68	0.08906926	4 0.07050414	2.526385	2.833615	2.55	2.75	2.6625	2.710

1. 일원배치법

```
3      2.42 0.18036999 4 0.07050414 2.266385 2.573615 2.28 2.68 2.3100 2.360
4      2.31 0.05715476 4 0.07050414 2.156385 2.463615 2.25 2.38 2.2725 2.305
```

Q75

```
1 2.2825
2 2.7275
3 2.4700
4 2.3425
```

\$comparison

	difference	pvalue	signif.	LCL	UCL
1 - 2	-0.49	0.0004	***	-0.70724487	-0.27275513
1 - 3	-0.23	0.0397	*	-0.44724487	-0.01275513
1 - 4	-0.12	0.2520		-0.33724487	0.09724487
2 - 3	0.26	0.0229	*	0.04275513	0.47724487
2 - 4	0.37	0.0030	**	0.15275513	0.58724487
3 - 4	0.11	0.2916		-0.10724487	0.32724487

\$groups

NULL

attr(,"class")

[1] "group"

최소유의차(LSD) 방법에 의한 평균의 차이에 대한 결과를 이용하여 처리를 다음과 같이 그룹화 하여 보여줄 수 있다.

```
result2 <- LSD.test(anova.res, "company", group=TRUE, console = TRUE)
```

Study: anova.res ~ "company"

LSD t Test for response

Mean Square Error: 0.01988333

company, means and individual (95 %) CI

	response	std r	se	LCL	UCL	Min	Max	Q25	Q50
1	2.19	0.18920888	4 0.07050414	2.036385	2.343615	1.93	2.38	2.1325	2.225
2	2.68	0.08906926	4 0.07050414	2.526385	2.833615	2.55	2.75	2.6625	2.710
3	2.42	0.18036999	4 0.07050414	2.266385	2.573615	2.28	2.68	2.3100	2.360
4	2.31	0.05715476	4 0.07050414	2.156385	2.463615	2.25	2.38	2.2725	2.305

Q75

```
1 2.2825
2 2.7275
3 2.4700
4 2.3425
```

1. 일원배치법

Alpha: 0.05 ; DF Error: 12

Critical Value of t: 2.178813

least Significant Difference: 0.2172449

Treatments with the same letter are not significantly different.

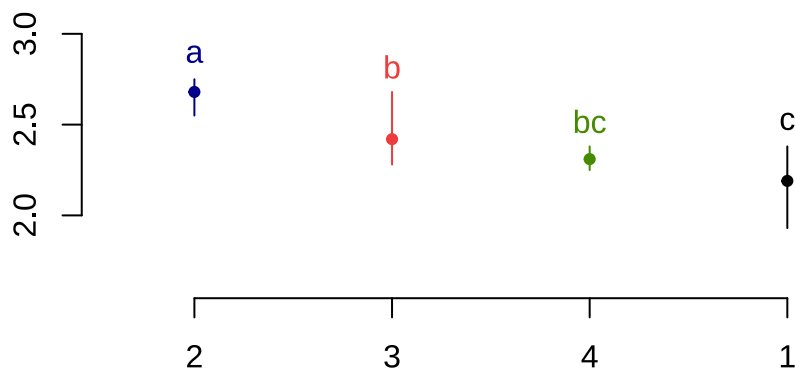
	response	groups
2	2.68	a
3	2.42	b
4	2.31	bc
1	2.19	c

```
result2$groups
```

	response	groups
2	2.68	a
3	2.42	b
4	2.31	bc
1	2.19	c

```
plot(result2)
```

Groups and Range



2. 이원배치법

2.1. 예제 4.1

예제 4.1 은 교과서 89 페이지에 나온 분석 예제이다. 4종류의 사료(A)와 3종류의 돼지품종(B)이 체중 증가에 미치는 영향을 조사한 실험이다. 각 처리 조합마다 3회 반복실험하여 총 36개의 관측값을 얻었다.

2.1.1. 자료 읽기

다음과 같은 순서로 자료를 가진 데이터프레임 `df2`을 만들어 보자.

```
response<- c(64, 66, 70, 72, 81, 64,  
             74, 51, 65, 65, 63, 58,  
             57, 43, 52, 47, 58, 67,  
             59, 68, 65, 66, 71, 59,  
             58, 39, 42, 58, 41, 46,  
             57, 61, 53, 53, 59, 38)  
response
```

```
[1] 64 66 70 72 81 64 74 51 65 65 63 58 57 43 52 47 58 67 59 68 65 66 71 59 58  
[26] 39 42 58 41 46 57 61 53 53 59 38
```

```
food<- factor(rep(c(1:4), each=9))  
breed<- factor(rep(c(1:3), each=3))  
food
```

```
[1] 1 1 1 1 1 1 1 1 1 2 2 2 2 2 2 2 2 2 3 3 3 3 3 3 3 3 4 4 4 4 4 4 4 4  
Levels: 1 2 3 4
```

```
breed
```

```
[1] 1 1 1 2 2 2 3 3 3  
Levels: 1 2 3
```

```
df2<- data.frame(food, breed, response)  
head(df2)
```

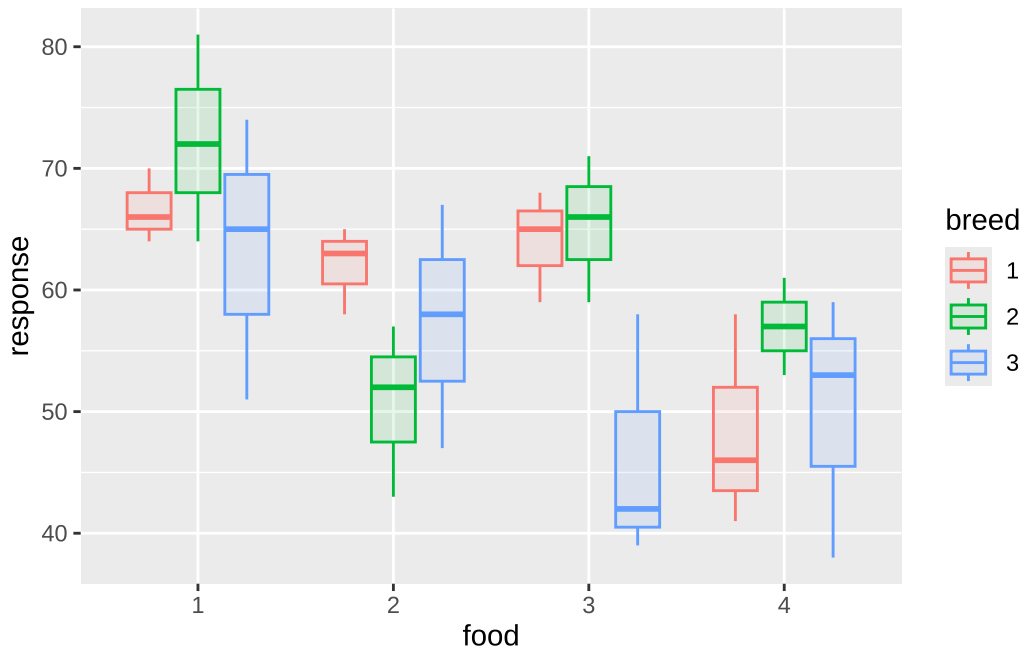
2. 이원배치법

	food	breed	response
1	1	1	64
2	1	1	66
3	1	1	70
4	1	2	72
5	1	2	81
6	1	2	64

2.1.2. 자료의 시각화와 기초 통계량

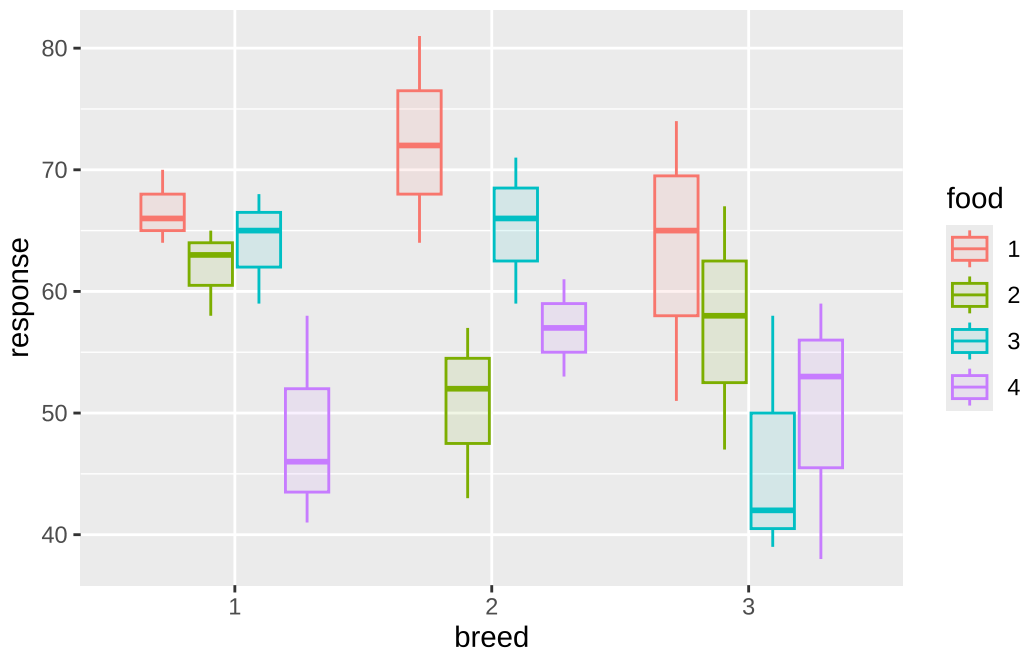
이제 처리별로 효과를 시각적으로 비교하기 위하여 자료들에 대한 산점도와 상자그림을 그려보자

```
df2 %>%  
  ggplot() +  
  aes(x = food , y = response, fill=breed, color=breed) +  
  geom_boxplot(alpha = 0.1, width = 0.75)
```



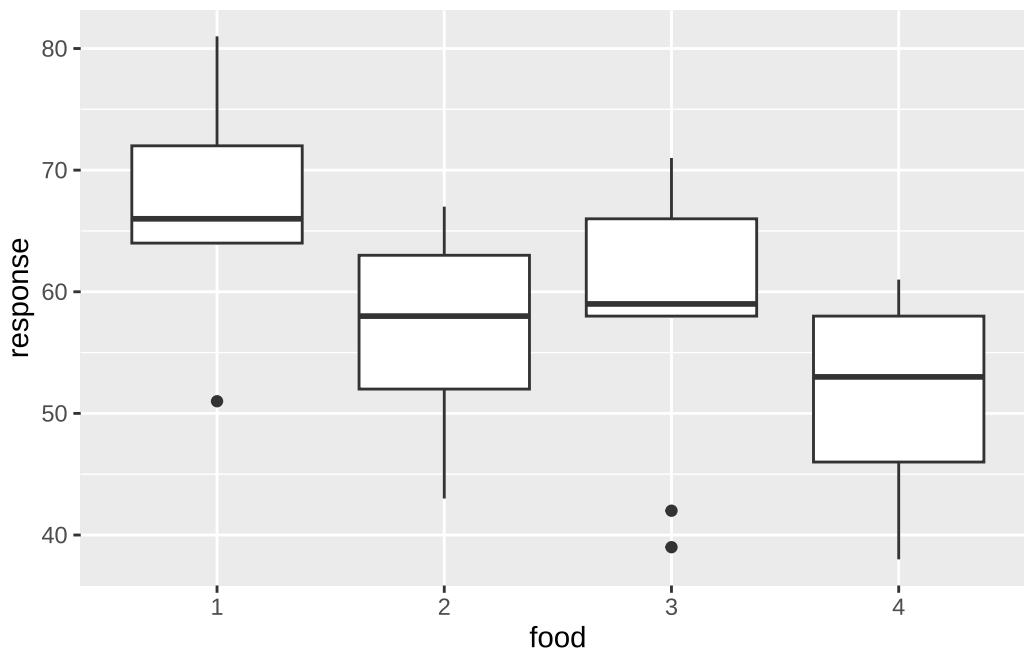
```
df2 %>%  
  ggplot() +  
  aes(x = breed , y = response, fill=food, color=food) +  
  geom_boxplot(alpha = 0.1, width = 0.75)
```

2. 이원배치법



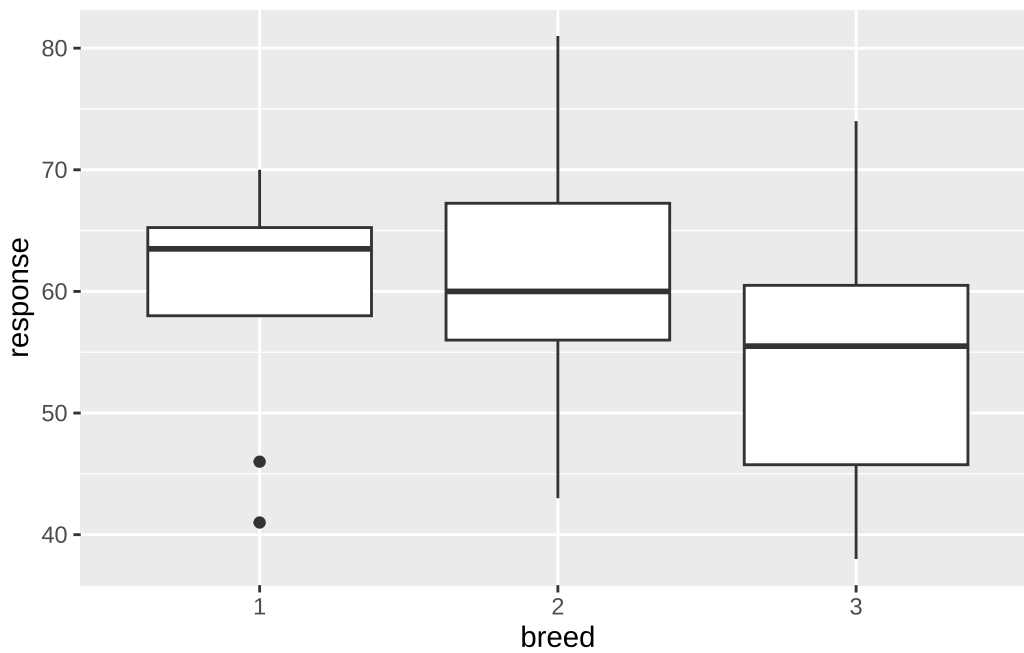
위와 같이 두 요인의 조합으로 그림을 보는 것보다 각 요인별로 요약하여 보는 것도 유용하다.

```
df2 %>%
  ggplot( aes(x = food , y = response) ) +
  geom_boxplot()
```



```
df2 %>%
  ggplot( aes(x = breed , y = response)) +
  geom_boxplot()
```


2. 이원배치법



다음으로 12개의 처리 조합에 대한 체중의 기초통계량(평균과 표준편차)을 구해보자.

```
df2s <- df2 %>% group_by(food, breed) %>% summarise(mean=mean(response), sd=sd(response))
df2s
```

```
# A tibble: 12 x 4
# Groups:   food [4]
  food breed mean  sd
  <fct> <fct> <dbl> <dbl>
1 1     1     66.7  3.06
2 1     2     72.3  8.50
3 1     3     63.3 11.6
4 2     1     62   3.61
5 2     2     50.7  7.09
6 2     3     57.3 10.0
7 3     1     64   4.58
8 3     2     65.3  6.03
9 3     3     46.3 10.2
10 4     1     48.3  8.74
11 4     2     57   4
12 4     3     50  10.8
```

또한 각 요인에 대한 기초통계량도 구해보자.

```
df2s_food<- df2 %>% group_by(food) %>% summarise(mean=mean(response), sd=sd(response))
df2s_food
```

```
# A tibble: 4 x 3
  food mean  sd
  <dbl> <dbl> <dbl>
```

2. 이원배치법

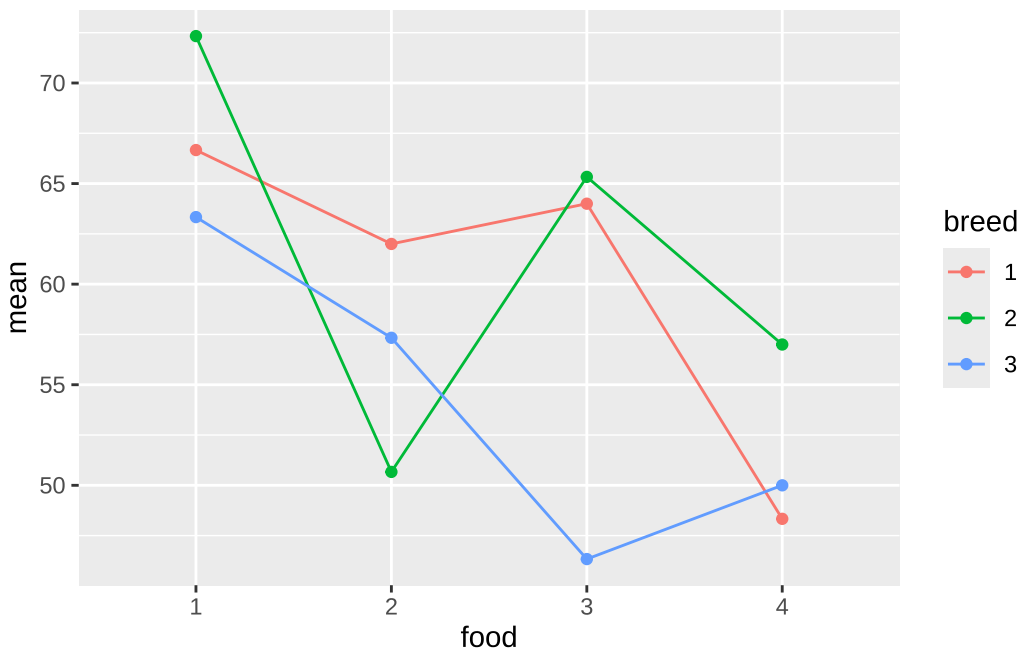
```
<fct> <dbl> <dbl>
1 1      67.4  8.34
2 2      56.7  8.08
3 3      58.6 11.2
4 4      51.8  8.26
```

```
df2s_breed <- df2 %>% group_by(breed) %>% summarise(mean=mean(response), sd=sd(response))
df2s_breed
```

```
# A tibble: 3 x 3
  breed mean  sd
  <fct> <dbl> <dbl>
1 1      60.2  8.74
2 2      61.3 10.3
3 3      54.2 11.4
```

이제 위에서 계산된 처리 그룹에 대한 평균으로 상호작용 그림을 그려보자. 아래 그림에서 사료의 종류에 따라서 체중의 변화를 본 그림이다. 사료 1번에서 체중이 가장 크게 나타났고 다른 사료에 대해서는 체중이 줄어드는데 품종에 따라서 그 크기가 서로 다르다.

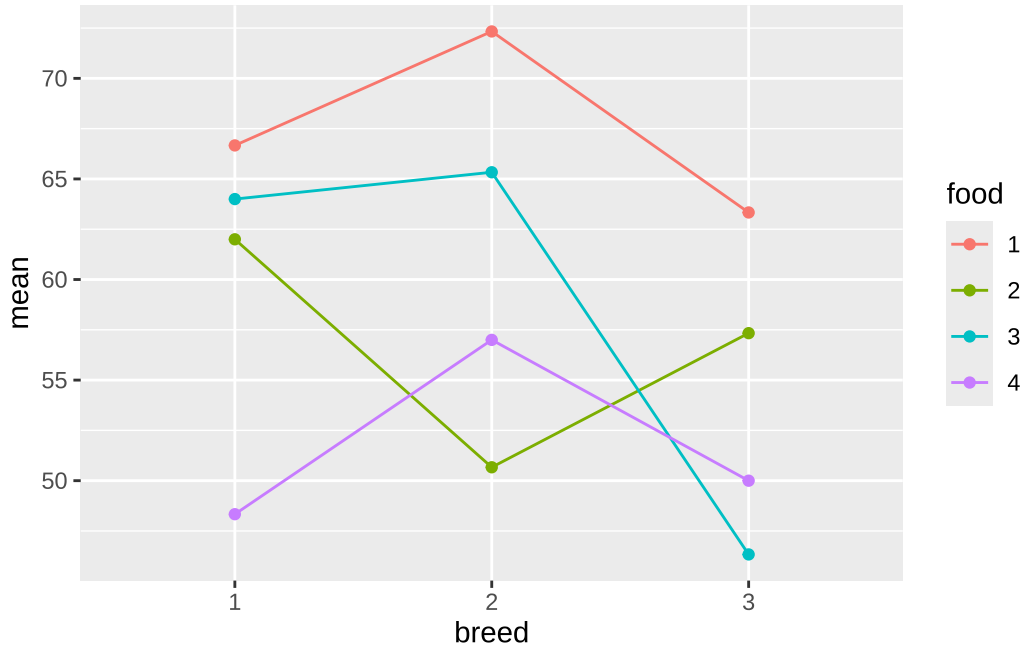
```
df2s %>%
  ggplot() +
  aes(x = food , y = mean, color =breed) +
  geom_line(aes(group = breed)) +
  geom_point()
```



아래 그림은 아래 그림에서 품종의 종류에 따라서 체중의 변화를 본 그림이다.

2. 이원배치법

```
df2s %>%
  ggplot() +
  aes(x = breed, y = mean, color = food) +
  geom_line(aes(group = food)) +
  geom_point()
```



사료와 품종간에 상호 작용이 그림으로 나타나고 있지만 뚜렷하지 않고 해석하기도 힘들다.

2.1.3. 분산분석표와 가설검정

이제 이원배치법에서의 가설검정을 수행하기 위하여 분산분석 표를 구해보자.

```
df2aov <- aov(response ~ food*breed, data=df2)
summary(df2aov)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
food	3	1156.6	385.5	6.163	0.00294 **
breed	2	349.4	174.7	2.793	0.08121 .
food:breed	6	771.3	128.5	2.055	0.09712 .
Residuals	24	1501.3	62.6		

 Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

- 상호작용에 대한 가설 검정

$$H_0 : (\alpha\beta)_{11} = (\alpha\beta)_{12} = \dots = (\alpha\beta)_{66} = 0 \quad \text{vs.} \quad H_1 : \text{not } H_0$$

2. 이원배치법

분산분석표에서 상호작용에 대한 가설 검정을 위한 F-통계량은 2.055이고 p-값은 0.097으로 유의수준 0.05보다 크므로 귀무가설 H_0 를 기각할 수 없다. 따라서 사료와 품종 간의 상호작용은 유의하지 않다. 하지만 p-값이 0.1 미만이므로 품종에 따라서 사료가 주는 효과가 약간은 다를 가능성이 존재한다.

i 노트

상호작용에 대한 p-값이 0.25 보다 작으므로 상호작용에 대한 모수를 가진 모형을 그대로 사용한다. (교과서 88 페이지 참조)

상호작용을 모형에서 제외하는 기준을 일반적으로 정하는 방법은 매우 어려우며 실험계획의 적용되는 분야와 문제에 따라 달리질 수 있다. 또한 기준을 설명할 때는 고위 분야에 대한 지식과 경험이 필요하다.

본 강의에서는 학생들이 상호작용을 모형에서 제외하는 판단은 하지 않으며 과제나 시험에서 상호작용을 모형에서 제외하는 판단을 요구하지 않는다.

• 주효과에 대한 가설 검정

주효과에 대한 검정에서 품종에 대한 검정은 p-값이 0.081로서 유의수준 5%에서 귀무가설을 기각할 수 없으므로 돼지 품종에 따라서는 유의한 차이가 없다. 다만 유의수준 1%에서는 유의하므로 약간의 차이는 있다고 말할 수 있다.

사료에 대한 검정은 p-값이 0.003로서 유의수준 5%에서 귀무가설을 기각할 수 있어서 사료에 따라서는 유의한 차이가 있다.

i 노트

보통 유의수준 1%에서 유의하면 “제한적으로 유의하다”(marginally significant)라고 말한다.

2.1.4. 분산분석 후의 추정

2.1.4.1. 모평균에 대한 추론

이원배치에서 유의한 상호작용이 있는 경우 처리수준 $A_i B_j$ 에 대한 모평균 μ_{ij} 에 대한 추정량은 처리수준 $A_i B_j$ 에서의 관측값들의 평균 \bar{x}_{ij} 이며 오차항의 분산 σ_E^2 은 분산분석표에서 MS_E 로 추정할 수 있다.

$$\hat{\sigma}_E^2 = MS_E = \frac{SS_E}{ab(r-1)} = \frac{1501.3}{24} = 62.6$$

위의 결과를 이용하면 처리수준 $A_i B_j$ 에 대한 모평균 μ_{ij} 에 대한 $100(1 - \alpha)\%$ 신뢰구간은 다음과 같이 주어진다.

$$\bar{x}_{ij} \pm t(1 - \alpha/2, ab[r-1]) \sqrt{\frac{MS_E}{r}}$$

예를 들어 사료가 1 이고($i = 1$) 품종이 1인 경우($j = 1$) 체중의 평균 μ_{11} 에 대한 95% 신뢰 구간을 구해보자. 일단 위의 기초 통계량에서 $\bar{x}_{11} = 66.7$ 이고 분산분석표에서 $MS_E = 62.6$, $r = 3$ 그리고 t-분포의 백분위수 $t(0.975, 24)$ 은 다음과 같이 주어진다.

`qt(0.975, 24)`

[1] 2.063899

2. 이원배치법

따라서 μ_{11} 에 대한 95% 신뢰 구간은 다음과 같다.

$$\bar{x}_{11} \pm t(1 - \alpha/2, 24) \sqrt{\frac{MS_E}{r}} = 66.7 \pm (2.06) \sqrt{\frac{62.6}{3}} = 66.7 \pm (2.06)(4.56) = (57, 76) \quad (2.1)$$

패키지 `emmeans`에 있는 함수 `emmeans()`를 다음과 같이 사용하면 각 처리에 대한 평균의 95% 신뢰구간을 쉽게 구할 수 있다.

```
emmeans(df2aov, "food", "breed")
```

breed = 1:

food	emmean	SE	df	lower.CL	upper.CL
1	66.7	4.57	24	57.2	76.1
2	62.0	4.57	24	52.6	71.4
3	64.0	4.57	24	54.6	73.4
4	48.3	4.57	24	38.9	57.8

breed = 2:

food	emmean	SE	df	lower.CL	upper.CL
1	72.3	4.57	24	62.9	81.8
2	50.7	4.57	24	41.2	60.1
3	65.3	4.57	24	55.9	74.8
4	57.0	4.57	24	47.6	66.4

breed = 3:

food	emmean	SE	df	lower.CL	upper.CL
1	63.3	4.57	24	53.9	72.8
2	57.3	4.57	24	47.9	66.8
3	46.3	4.57	24	36.9	55.8
4	50.0	4.57	24	40.6	59.4

Confidence level used: 0.95

2.2. 반복이 있는 이원배치에서 상호작용이 없는 경우의 추론

교과서에서 상호작용의 유의성에 따라서 모형을 축소하는 기준을 다음과 같이 제시하고 있다.

상호작용에 대한 p-값이 0.25보다 큰 경우 상호작용이 존재하지 않는다고 판단하고 오차항에 풀링한다. 상호작용을 오차항에 풀링한다는 것은 다음과 같은 모형을 사용한다는 의미이다.

$$x_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_j + e_{ijk} \quad (2.2)$$

만약 예제 4.1에 대한 반복이 있는 자료에서 위와 같이 오차항을 풀링한 모형을 적합해 보면 아래와 같은 분산분석표를 얻는다.

2. 이원배치법

```
df2aov2 <- aov(response ~ food + breed, data=df2)
summary(df2aov2)
```

```

          Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
food         3 1156.6   385.5    5.089 0.00575 **
breed         2  349.4   174.7    2.306 0.11705
Residuals    30 2272.6    75.8
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

만약 반복이 있는 이원배치 모형에서 상호작용 $A \times B$ 가 존재하지 않고 주효과만 유의한 경우, 즉 모형 식 2.2 을 가정한 경우 모평균 μ_{ij} 에 대한 모수는 다음과 같다.

$$\mu_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j$$

이러한 경우 모평균 μ_{ij} 에 대한 최소제곱 추정량(least square estimator)은 표본 평균 \bar{x}_{ij} 이 아니라 다음과 같은 추정량이 주어진다.

$$\begin{aligned}\hat{\mu}_{ij} &= \hat{\mu} + \hat{\alpha}_i + \hat{\beta}_j \\ &= (\bar{\bar{x}}) + (\bar{x}_{i..} - \bar{\bar{x}}) + (\bar{x}_{.j.} - \bar{\bar{x}}) \\ &= \bar{x}_{i..} + \bar{x}_{.j.} - \bar{\bar{x}}\end{aligned}$$

위에서 주어진 $\hat{\mu}_{ij}$ 는 모평균 μ_{ij} 의 불편 추정량이며 상호작용 $A \times B$ 이 없는 모형 @ref(eq:nointer) 에서 표본 평균 \bar{x}_{ij} . 보다 분산이 작은 추정량이다. 즉,

$$Var(\hat{\mu}_{ij}) = \frac{\sigma_E^2}{n_e} \leq \frac{\sigma_E^2}{r} = Var(\bar{x}_{ij.})$$

위의 식에서 유효 반복수 n_e 는 다음과 같이 정의된다.

$$\frac{1}{n_e} = \frac{1}{br} + \frac{1}{ar} - \frac{1}{abr}, \quad n_e = \frac{abr}{a+b-1}$$

따라서 이 경우 모평균 μ_{ij} 에 대한 $100(1-\alpha)\%$ 신뢰구간은 다음과 같은 주어진다.

$$\hat{\mu}_{ij} \pm t(1-\alpha/2, \phi_E) \sqrt{\frac{MS_E}{n_e}}$$

주의할 점은 위의 신뢰구간에서 MS_E 는 상호작용이 없는 모형 식 2.2 으로 유도된 분산분석표에 나타난 MS_E 이며 자유도는 $\phi_E = abr - a - b + 1$ 이다.

참고로 예제 4.1 경우 $a = 4, b = 3, r = 3$ 이므로 유효 반복수 n_e 는 다음과 같이 주어진다.

$$n_e = \frac{abr}{a+b-1} = \frac{(4)(3)(3)}{4+3-1} = 6$$

2. 이원배치법

상호작용 $A \times B$ 이 없는 모형 식 2.2 에서 적용한 분산분석 결과 `df2aov2` 에 대하여 모형 식 2.2 에서 각 처리에 대한 평균 μ_{ij} 에 대한 최소제곱 추정량 $\hat{\mu}_{ij} = \bar{x}_{i..} + \bar{x}_{.j.} - \bar{\bar{x}}$ 과 95% 신뢰구간을 다음과 같이 구할 수 있다.

```
df2s_food$mean[1]
```

```
[1] 67.44444
```

```
df2s_breed$mean[1]
```

```
[1] 60.25
```

```
mean(df2$response)
```

```
[1] 58.61111
```

$$\hat{\mu}_{ij} = \bar{x}_{i..} + \bar{x}_{.j.} - \bar{\bar{x}} = 67.4 + 60.3 - 58.6 = 69.1$$

이제 상호작용 $A \times B$ 이 없는 모형 식 2.2 에서 μ_{11} 에 대한 95% 신뢰 구간은 다음과 같다.

$$\begin{aligned} \hat{\mu}_{11} \pm t(1 - \alpha/2, 30) \sqrt{\frac{MS_E}{n_e}} &= 69.1 \pm (2.04) \sqrt{\frac{75.8}{6}} \\ &= 69.1 \pm (2.04)(3.55) \\ &= (61.8, 76.3) \end{aligned}$$

위의 신뢰구간 (61.8, 76.3)은 상호 작용이 포함된 모형에서 유도된 신뢰구간 식 2.1 에서 구한 (57, 76)과 다르다.

함수 `emmeans()`를 분산분석 결과`df2aov2`에 대하여 다음과 같이 사용하면 상호작용 $A \times B$ 이 없는 모형 식 2.2 에서 각 처리에 대한 평균 μ_{ij} 에 대한 최소제곱 추정량 $\hat{\mu}_{ij}$ 과 95% 신뢰구간을 다음과 같이 구할 수 있다.

```
emmeans(df2aov2, "food", "breed")
```

```
breed = 1:
```

	food	emmean	SE	df	lower.CL	upper.CL
1		69.1	3.55	30	61.8	76.3
2		58.3	3.55	30	51.0	65.6
3		60.2	3.55	30	52.9	67.5
4		53.4	3.55	30	46.2	60.7

```
breed = 2:
```

	food	emmean	SE	df	lower.CL	upper.CL
1		70.2	3.55	30	62.9	77.4
2		59.4	3.55	30	52.1	66.6
3		61.3	3.55	30	54.0	68.5
4		54.5	3.55	30	47.2	61.8

```
breed = 3:
  food emmean    SE df lower.CL upper.CL
1      63.1 3.55 30     55.8     70.3
2      52.3 3.55 30     45.0     59.6
3      54.2 3.55 30     46.9     61.5
4      47.4 3.55 30     40.2     54.7
```

Confidence level used: 0.95

위에서 나타난 `emmean` 은 μ_{ij} 에 대한 최소제곱 추정량 $\bar{x}_{i..} + \bar{x}_{.j.} - \bar{\bar{x}}$ 으로서 아래 주어진 표본평균 \bar{x}_{ij} 과 다른 값으로 나타남을 알 수 있다.

`df2s`

```
# A tibble: 12 x 4
# Groups:   food [4]
  food breed mean    sd
  <fct> <fct> <dbl> <dbl>
1 1      1      66.7 3.06
2 1      2      72.3 8.50
3 1      3      63.3 11.6
4 2      1      62   3.61
5 2      2      50.7 7.09
6 2      3      57.3 10.0
7 3      1      64   4.58
8 3      2      65.3 6.03
9 3      3      46.3 10.2
10 4     1      48.3 8.74
11 4     2      57   4
12 4     3      50  10.8
```

2.3. 전지의 수명 실험

전지(battery)를 제조하는 회사의 기술자들이 전지의 수명(BatteryLife)에 영향을 미치는 두 요인, 온도(Temperature)와 재료(MaterialType)의 효과를 알아보기 위해서 실행한 실험입니다.

기술자들은 온도가 크게 변할 때 전지의 수명에 어떤 영향을 미치는지 알아보기 위하여 실험을 실시하였다. 온도는 3개의 수준(15도, 70도, 125도)을 고려하였다. 전지를 생산하는 재료가 3개이므로 재료는 3개의 수준(type 1,2,3)으로 구성되어 있다. 이 실험은 9 개의 처리($ab = 3 \times 3 = 9$)에 대하여 각각 4번의 반복 측정($r = 4$)을 실시하였다.

자료의 출처는 (Montgomery 2017) 에 나와 있다

자료를 얻기 위해서는 다음과 같은 R 프로그램을 실행하여 패키지 `MontgomeryDAE`를 설치하고 실행해야 한다.

```
install.packages("remotes")
remotes::install_github("ehassler/MontgomeryDAE")
library(MontgomeryDAE)
```


2.3.1. 자료 읽기

이제 전지의 수명 실험 자료를 읽어 오자. 전지의 수명 실험에 대한 자료는 데이터프레임 Table5.1에 있다.

```
df <- Table5.1
head(df) # 자료의 앞부분만 보기
```

	MaterialType	Temperature	BatteryLife
1	1	15	130
2	1	15	74
3	2	15	150
4	2	15	159
5	3	15	138
6	3	15	168

함수 `str()`은 자료의 구조와 자료 안에 있는 변수의 형식을 보여준다.

```
str(df) # 자료의 구조를 알아보는 명령
```

```
'data.frame': 36 obs. of 3 variables:
 $ MaterialType: chr "1" "1" "2" "2" ...
 $ Temperature : num 15 15 15 15 15 15 15 15 15 15 ...
 $ BatteryLife : num 130 74 150 159 138 168 155 180 188 126 ...
```

위의 결과를 보면 데이터프레임 `df`에 있는 변수 `MaterialType`은 문자형 변수(`chr`)이고 나머지는 숫자형 변수(`num`)이다. 두 요인에 대한 변수인 `MaterialType`과 `Temperature`를 함수 `factor()`를 이용하여 범주형 변수로 만들어 주자.

```
df$MaterialType <- factor(df$MaterialType)
df$Temperature <- factor(df$Temperature)
str(df)
```

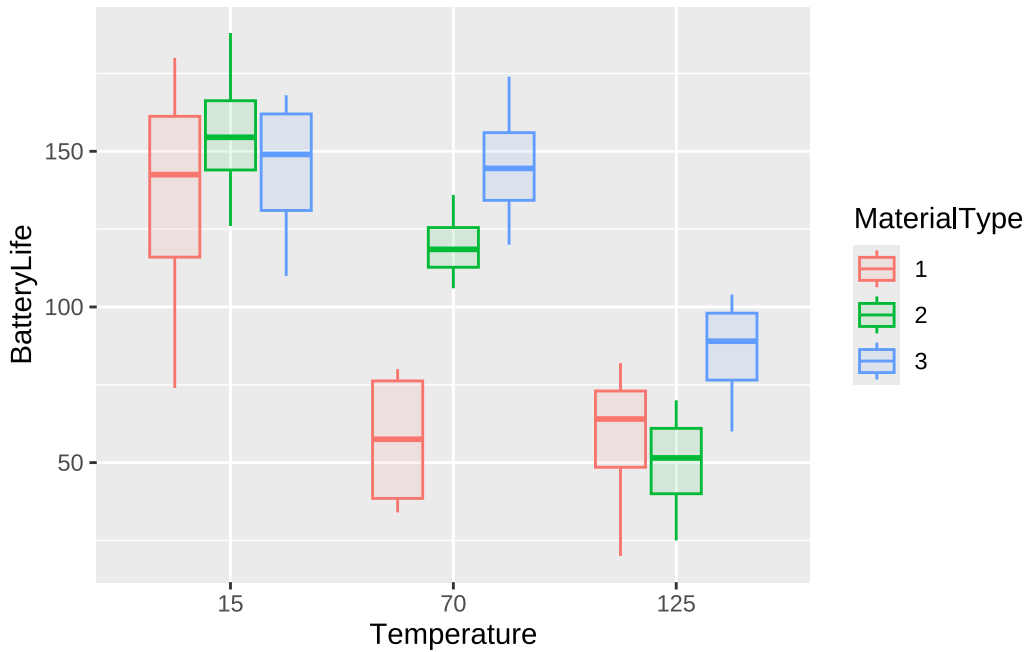
```
'data.frame': 36 obs. of 3 variables:
 $ MaterialType: Factor w/ 3 levels "1","2","3": 1 1 2 2 3 3 1 1 2 2 ...
 $ Temperature : Factor w/ 3 levels "15","70","125": 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
 $ BatteryLife : num 130 74 150 159 138 168 155 180 188 126 ...
```

2.3.2. 자료의 시각화와 기초 통계량

이제 처리별로 효과를 시각적으로 비교하기 위하여 자료들에 대한 산점도와 상자그림을 그려보자

```
df %>%
  ggplot() +
  aes(x = Temperature, y = BatteryLife, fill=MaterialType, color=MaterialType, group = interaction(Tem
  geom_boxplot(alpha = 0.1, width = 0.75))
```

2. 이원배치법



다음으로 6개의 처리 조합에 대한 전지 수명의 기초통계량(평균과 표준편차)을 구해보자.

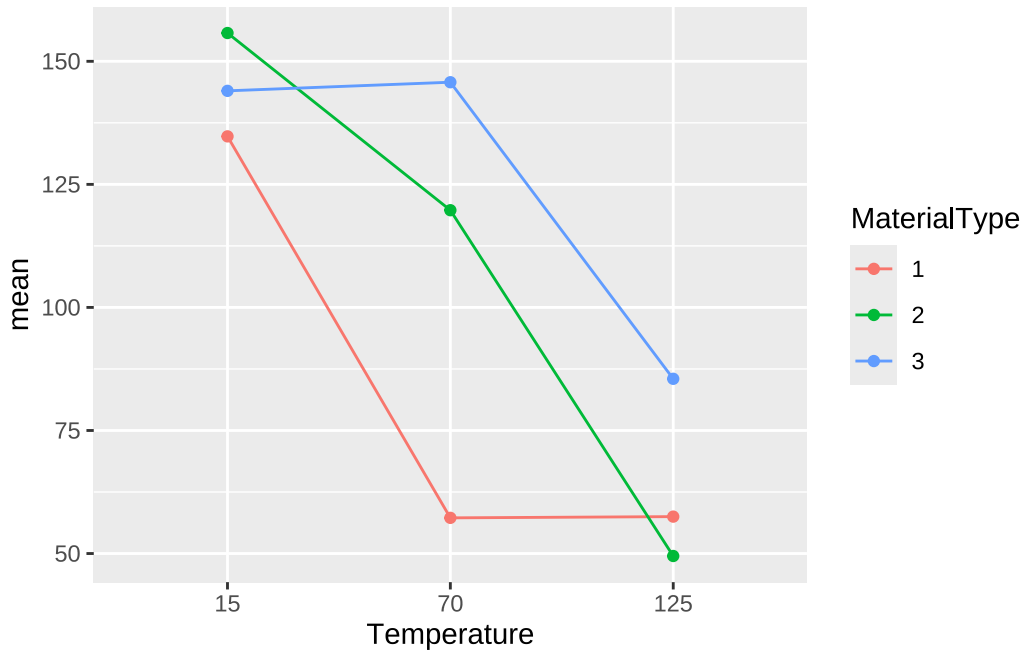
```
dfs <- df %>% group_by(MaterialType, Temperature) %>% summarise(mean=mean(BatteryLife), sd=sd(BatteryLife))
dfs
```

```
# A tibble: 9 x 4
# Groups:   MaterialType [3]
  MaterialType Temperature  mean    sd
  <fct>         <fct>      <dbl> <dbl>
1 1             15        135.  45.4
2 1             70         57.2  23.6
3 1            125         57.5  26.9
4 2             15        156.  25.6
5 2             70        120.  12.7
6 2            125         49.5  19.3
7 3             15        144   26.0
8 3             70        146.  22.5
9 3            125         85.5  19.3
```

이제 위에서 계산된 처리 그룹에 대한 평균으로 상호작용 그림을 그려보자. 아래 그림에서 온도가 증가할 수록 전지의 수명이 감소하는 경향을 보이고 있다. 또한 각 재료에 따른 온도의 변화가 수평으로 나타나지 않고 있음을 알 수 있다. 이러한 점은 온도와 재료 사이에 유의한 상호작용이 있다고 예측할 수 있다.

```
dfs %>%
  ggplot() +
  aes(x = Temperature, y = mean, color =MaterialType) +
  geom_line(aes(group = MaterialType)) +
  geom_point()
```

2. 이원배치법



2.3.3. 분산분석표와 가설검정

이제 다음과 같은 모형에서 이원배치법에서의 가설검정을 수행하기 위하여 분산분석 표를 구해보자.

$$x_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_j + (\alpha\beta)_{ij} + e_{ijk}$$

요인	제곱합	자유도	평균제곱합	F_0
요인 A	SS_A	$a - 1$	MS_A	MS_A/MS_E
요인 B	SS_B	$b - 1$	MS_B	MS_B/MS_E
상호작용 $A \times B$	$SS_{A \times B}$	$(a - 1)(b - 1)$	$MS_{A \times B}$	$MS_{A \times B}/MS_E$
잔차 E	SS_E	$ab(r - 1)$	MS_E	
총합	SS_T	$abr - 1$		

```
dfaov <- aov(BatteryLife~ MaterialType + Temperature + MaterialType:Temperature, data=df)
# This is equivalent to aov(BatteryLife~ MaterialType *Temperature , data=df)
summary(dfaov)
```

```

              Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
MaterialType    2  10684     5342   7.911 0.00198 **
Temperature      2  39119    19559  28.968 1.91e-07 ***
MaterialType:Temperature  4   9614     2403   3.560 0.01861 *
Residuals      27  18231      675
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

2. 이원배치법

- 상호작용에 대한 가설 검정

$$H_0 : (\alpha\beta)_{11} = (\alpha\beta)_{12} = \dots = (\alpha\beta)_{3,3} = 0 \quad \text{vs.} \quad H_1 : \text{not } H_0$$

분산분석표에서 상호작용에 대한 가설 검정을 위한 F-통계량은 다음과 같다.

$$F_0 = \frac{MS_{A \times B}}{MS_E} = \frac{SS_{A \times B} / \phi_{AB}}{SS_E / \phi_E} = \frac{9614/4}{18231/27} = 3.560$$

위의 F-통계량에 대한 p-값은 0.0186으로 유의수준 0.05보다 작으므로 귀무가설 H_0 를 기각한다. 따라서 온도와 재료의 상호작용은 유의하다.

- 주효과에 대한 가설 검정

위에서 유의한 상호작용이 있다고 판단하였기 때문에 주효과에 대한 가설검정은 기술적 의미가 없다. 기술적으로 의미가 없다는 것은 유의한 상호작용이 있으면 이미 주효과 A의 크기가 B의 수준에 따라서 다르므로 주효과가 유의하게 있다는 것을 뜻한다.

2.3.4. 분산분석 후의 추정

2.3.5. 모평균에 대한 추론

이원배치에서 유의한 상호작용이 있는 경우 처리수준 $A_i B_j$ 에 대한 모평균 μ_{ij} 은 다음과 같다.

$$\mu_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + (\alpha\beta)_{ij} = \mu + \tau_{ij}$$

이때 μ_{ij} 에 대한 추정량은 처리수준 $A_i B_j$ 에서의 관측값들의 평균 $\bar{x}_{ij.}$ 으로 다음과 같은 분포를 따른다.

$$\bar{x}_{ij.} \sim N(\mu_{ij}, \sigma_E^2 / r)$$

오차항의 분산 σ_E^2 은 분산분석표에서 MS_E 로 추정할 수 있다.

$$\hat{\sigma}_E^2 = MS_E = \frac{SS_E}{ab(r-1)} = \frac{18231}{27} = 675$$

위의 결과를 이용하면 처리수준 $A_i B_j$ 에 대한 모평균 μ_{ij} 에 대한 $100(1 - \alpha)\%$ 신뢰구간은 다음과 같이 주어진다.

$$\bar{x}_{ij.} \pm t(1 - \alpha/2, ab[r - 1]) \sqrt{\frac{MS_E}{r}}$$

예를 들어 전지의 수명실험에서 온도가 70도이고($i = 2$) 재료의 형태가 3인 경우($j = 3$) 수명 시간의 평균 μ_{23} 에 대한 95% 신뢰 구간을 구해보자. 일단 위의 기초 통계량에서 $\bar{x}_{13.} = 146$ 이고 분산분석표에서 $MS_E = 675$, $r = 4$ 그리고 t-분포의 백분위수 $t(0.975, 27)$ 은 다음과 같이 주어진다.

`qt(0.975, 27)`

[1] 2.051831

따라서 μ_{23} 에 대한 95% 신뢰 구간은 다음과 같다.

$$\bar{x}_{23} \pm t(1 - \alpha/2, ab[r - 1]) \sqrt{\frac{MS_E}{r}} = 146 \pm (2.05) \sqrt{\frac{675}{4}} = (119, 172)$$

패키지 `emmeans`에 있는 함수 `emmeans()`를 다음과 같이 사용하면 각 처리에 대한 평균의 95% 신뢰구간을 쉽게 구할 수 있다. 함수 `emmeans()`의 첫 번째 인자는 분산분석의 결과(`aov()`의 결과)이며 다음의 인자들은 요인에 대한 변수명을 써주면 된다.

```
emmeans(dfaov, "MaterialType", "Temperature")
```

Temperature = 15:

MaterialType	emmean	SE	df	lower.CL	upper.CL
1	134.8	13	27	108.1	161.4
2	155.8	13	27	129.1	182.4
3	144.0	13	27	117.3	170.7

Temperature = 70:

MaterialType	emmean	SE	df	lower.CL	upper.CL
1	57.2	13	27	30.6	83.9
2	119.8	13	27	93.1	146.4
3	145.8	13	27	119.1	172.4

Temperature = 125:

MaterialType	emmean	SE	df	lower.CL	upper.CL
1	57.5	13	27	30.8	84.2
2	49.5	13	27	22.8	76.2
3	85.5	13	27	58.8	112.2

Confidence level used: 0.95

함수 `emmeans()`에서 출력되는 SE는 표본오차(standard error)를 의미하며 이는 평균의 추정량 \bar{x}_{ij} 의 표준편차(standard deviation)이다.

$$\hat{SE}(\bar{x}_{ij.}) = \hat{sd}(\bar{x}_{ij.}) = \sqrt{\hat{Var}(\bar{x}_{ij.})} = \sqrt{\frac{MS_E}{r}} = \sqrt{675/4} = 13.0$$

2.3.6. 미래의 관측값에 대한 추론

처리수준 $A_i B_j$ 에 대한 미래의 관측값에 대한 신뢰구간을 구하는 경우 관측 오차에 의한 불확실성을 반영하기 때문에 그 신뢰구간은 다음과 같이 주어진다.

$$\bar{x}_{ij.} \pm t(1 - \alpha/2, ab[r - 1]) \sqrt{\frac{MS_E}{r} + MS_E}$$

2. 이원배치법

참고로 다른 교과서에서는 관측값에 대한 신뢰구간을 예측구간(prediction interval)이라고 부른다. 이는 모수는 추정(estimation)하지만 관측값은 예측(prediction)한다고 말하기 때문이다.

References

- Montgomery, Douglas C. 2017. *Design and analysis of experiments*. John wiley & sons.
- 임용빈. 2020. *Design Expert, Minitab* 과 *R*을 활용한 실험계획법. 자유아카데미.

A. R을 이용한 자료의 시각화 비교

대부분의 연구나 실험의 목적은 집단(group, 그룹)간의 유의한 차이가 있는지 검증하는 것이다. 집단의 차이는 집단의 특성을 파악할 수 있는 기술 통계량(descriptive statistics)를 사용하여 비교할 수 있다. 즉 각 집단에 대한 관심변수의 평균, 중앙값 등으로 집단 간 중심의 차이를 비교할 수 있고 표준편차, 사분위범위(Inter Quartile Range; IQR) 등을 사용하면 퍼진 정도도 비교할 수 있다.

이러한 기술 통계량을 이용한 비교도 의미가 있지만 그림을 통하여 집단 간의 차이를 나타내는 것이 자료의 특성을 이해하는데 더 큰 도움이 된다. 그림을 이용하면 자료의 전체적인 퍼진 정도를 파악하기 쉽고 이상치(outlier) 등을 알아내는데 도움이 된다.

이 장에서는 교과서에 제시된 예제 자료를 R 프로그램을 이용하여 분석할 것이다. 기술 통계량과 그림을 이용하여 집단을 비교하는 방법을 알아보고자 한다.

A.1. 두 개 모집단의 비교

A.1.1. 예제 2.2 자료

교재 2장의 예제 2.2 에서 소개된 인장 강도의 자료는 시멘트 공장의 2개의 생산라인에서 생산된 시멘트의 인장 강도를 측정한 것이다. 분석의 목적은 2개의 생산라인의 분포가 동일한지를 비교하는 것이다.

먼저 R로 데이터프레임(data.frame)으로 만들어 보자. 예제 자료를 line1 과 line2 의 벡터 형식으로 만들고 data.frame 의 형식인 df0에 저장하려면 다음과 같은 명령어를 사용하면 된다.

```
line1 <- c(16.9, 16.4, 17.2, 16.4, 16.5, 17.0, 17.0, 17.2, 16.6, 16.6)
line2 <- c(16.6, 16.8, 17.4, 17.1, 17.0, 16.9, 17.3, 17.0, 17.1, 17.3)
df220 <- data.frame(line1, line2)
df220
```

	line1	line2
1	16.9	16.6
2	16.4	16.8
3	17.2	17.4
4	16.4	17.1
5	16.5	17.0
6	17.0	16.9
7	17.0	17.3
8	17.2	17.0
9	16.6	17.1
10	16.6	17.3

`data.frame` 인 `df0`에는 각 그룹(`line1`과 `line2`)에 대한 10개의 자료가 2개의 열(column)에 각각 저장되어 있다. 이러한 자료의 형태를 넓은 형태의 자료(`wide-format data`)라고 부른다.

위에서 만든 데이터프레임 `df0`를 변형하여 반응값들을 하나의 변수(`strength`)로 합치고, 집단을 나타내는 변수 `line`를 생성하여 다른 형태의 데이터프레임 `df`를 다음과 같이 만들어 보자. 아래와 같은 형태의 자료를 좁은 형태의 자료(`narrow-format data`)라고 부른다. 넓은 형태보다 좁은 형태의 자료가 통계적 분석을 적용하기 편하다.

```
# convert wide format to long format
df22<- df220 %>% pivot_longer(cols = everything(), names_to = "line", values_to = "strength") %>% dplyr::
df22
```

```
# A tibble: 20 x 2
```

	line	strength
	<chr>	<dbl>
1	line1	16.9
2	line1	16.4
3	line1	17.2
4	line1	16.4
5	line1	16.5
6	line1	17
7	line1	17
8	line1	17.2
9	line1	16.6
10	line1	16.6
11	line2	16.6
12	line2	16.8
13	line2	17.4
14	line2	17.1
15	line2	17
16	line2	16.9
17	line2	17.3
18	line2	17
19	line2	17.1
20	line2	17.3

A.1.2. 기술 통계량에 의한 요약 - 넓은 형태의 자료

넓은 형태의 자료 `df0`에 대한 요약통계(평균, 중앙값, 사분위수, 최소, 최대 등)를 다음과 같이 `summary` 함수를 이용하여 구하고 집단간의 차이를 비교할 수 있다.

```
summary(df220)
```

	line1	line2
Min.	:16.40	Min. :16.60
1st Qu.	:16.52	1st Qu.:16.93
Median	:16.75	Median :17.05

```

Mean    :16.78    Mean    :17.05
3rd Qu.:17.00    3rd Qu.:17.25
Max.    :17.20    Max.    :17.40

```

A.1.3. 기술 통계량에 의한 요약 - 좁은 형태의 자료

좁은 형태의 자료 `df`에 대해서는 다음과 같이 먼저 `group_by`함수로 집단을 구별하는 변수를 지정한다. 그 다음으로 `summarise`함수를 이용하여 여러 가지 통계량을 집단별로 계산할 수 있다.

```
df22 %>% group_by(line) %>% summarise(mean=mean(strength), median= median(strength), sd=sd(strength),
```

```

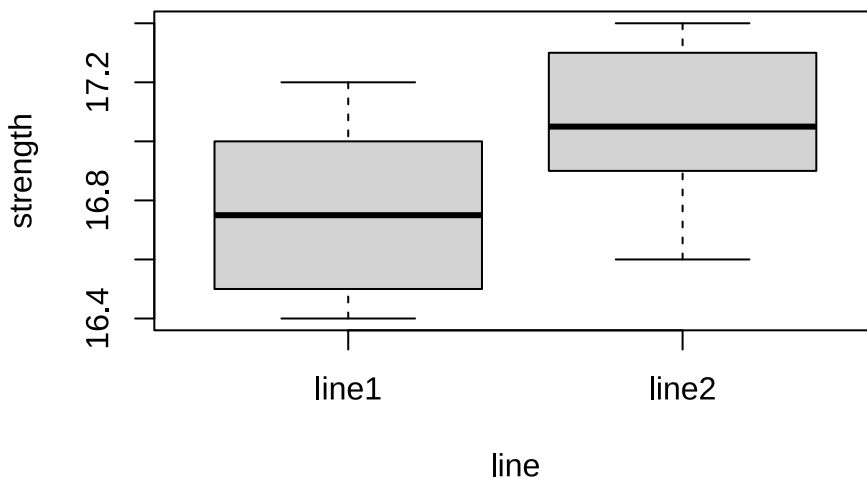
# A tibble: 2 x 6
  line mean median sd min max
  <chr> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl>
1 line1 16.8 16.8 0.316 16.4 17.2
2 line2 17.0 17.0 0.246 16.6 17.4

```

A.1.4. 집단 자료에 대한 시각화

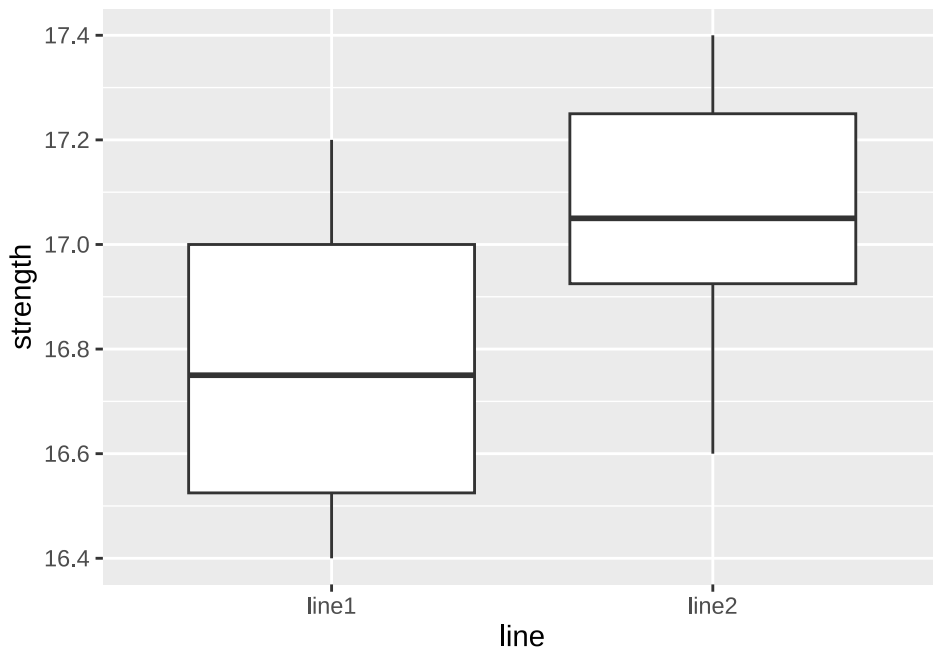
다음으로 각 집단별로 상자그림(boxplot)을 그려서 자료의 중심과 퍼진 정도를 그림으로 비교해 보자. 위에서 좁은 형태로 구성된 자료에 대하여 다음과 같은 명령어로 상자그림을 집단별로 그릴 수 있다.

```
with(df22, boxplot(strength~line))
```



패키지 `ggplot2`를 사용하면 좀 더 멋진 상자그림으로 시각화를 할 수 있다.

```
ggplot(df22, aes(line, strength)) + geom_boxplot()
```



A.2. 세 개 이상의 모집단의 비교

A.2.1. 예제 3.1 자료

4개의 서로 다른 원단업체에서 직물을 공급받고 있다. 공급한 직물의 굵힘에 대한 저항력을 알아보기 위하여 각 업체마다 4개의 제품을 랜덤하게 선택하여 일원배치법에 의하여 마모도 검사를 실시하였다. 자료는 다음과 같다.

```
company<- as.factor(rep(c(1:4), each=4))
response<- c(1.93, 2.38, 2.20, 2.25,
             2.55, 2.72, 2.75, 2.70,
             2.40, 2.68, 2.32, 2.28,
             2.33, 2.38, 2.28, 2.25)
df31<- data.frame(company=company, response= response)
df31
```

	company	response
1	1	1.93
2	1	2.38
3	1	2.20
4	1	2.25
5	2	2.55
6	2	2.72
7	2	2.75
8	2	2.70
9	3	2.40

A. R을 이용한 자료의 시각화 비교

10	3	2.68
11	3	2.32
12	3	2.28
13	4	2.33
14	4	2.38
15	4	2.28
16	4	2.25

A.2.2. 기술 통계량에 의한 요약

```
df31s <- df31 %>% group_by(company) %>% summarise(mean=mean(response), median= median(response), sd=s
```

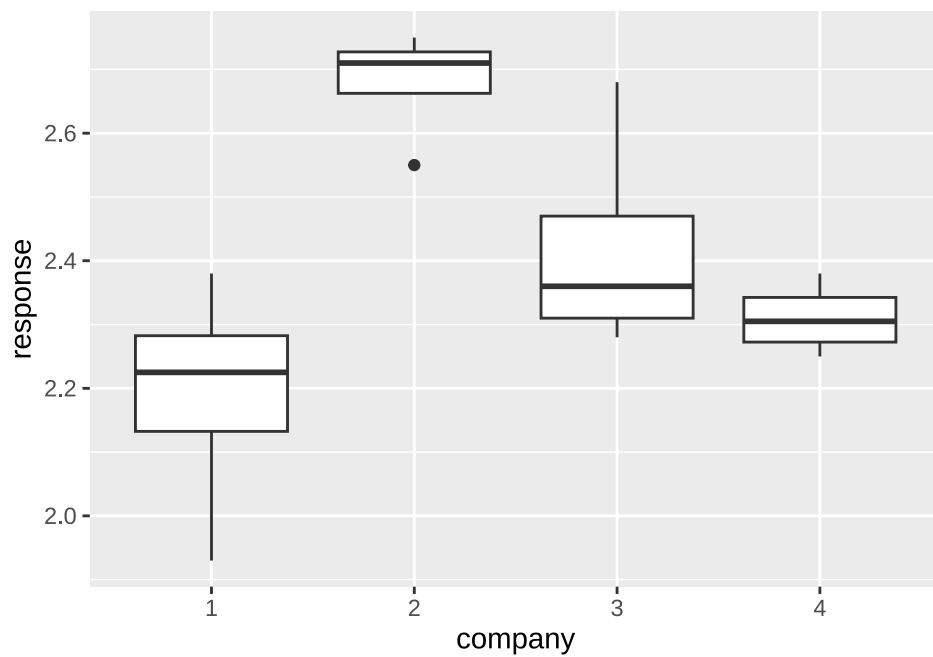
```
df31s
```

```
# A tibble: 4 x 6
```

	company	mean	median	sd	min	max
	<fct>	<dbl>	<dbl>	<dbl>	<dbl>	<dbl>
1	1	2.19	2.22	0.189	1.93	2.38
2	2	2.68	2.71	0.0891	2.55	2.75
3	3	2.42	2.36	0.180	2.28	2.68
4	4	2.31	2.30	0.0572	2.25	2.38

A.2.3. 집단 자료에 대한 시각화

```
ggplot(df31, aes(company, response)) + geom_boxplot()
```



A. R을 이용한 자료의 시각화 비교

```
ggplot(df31, aes(company, response)) +  
  geom_boxplot() +  
  geom_line(data=df31s, aes(x=company, y=mean, group=1), size=1.5, col="#9ACBF9") +  
  geom_point(data=df31s, aes(x=company, y=mean), col="darkblue", size=3) +  
  theme_bw()
```

