맥니마 검정 (McNemar's Test)

- **대응되는(paired) 명목형 데이터(nominal data)**에서 두 변수의 주변 확률(marginal probabilities) 또는 비율이 동일한지를 검정하는 비모수적 통계 방법
- 주로 어떤 사건이나 처리(treatment)의 전후(before-and-after) 효과를 비교할 때 사용
 - ㅇ 특정 캠페인 실시 전과 후의 제품 구매 여부 변화, 특정 약물 투여 전과 후의 질병 완치 여부 변화

검정은 아래와 같은 2x2 분할표에서 **변화가 일어난 셀(b, c)**에만 초점을 맞춥니다.

	저리 후: 예	저리 후: 아니오	합계
처리 전: 예	a	b	a+b
처리 전: 아니오	С	d	c+d
 합계	a+c	b+d	n=a+b+c+d

- a: 전(Yes) -> 후(Yes)
- b: 전(Yes) -> 후(No)
- c: 전(No) -> 후(Yes)
- d: 전(No) -> 후(No)
- 귀무가설 (H0): 처리 전후의 비율에 차이가 없다. 즉, 주변 확률이 동일하다. (P(전=Yes) = P(후=Yes)) 이는 변화가 일어난 두 셀의 기대 빈도가 같다는 의미와 동일합니다 (b = c).
- 대립가설 (H1): 처리 전후의 비율에 차이가 있다. (b ≠ c)

적용 가능한 상황

- **대응 표본**: 동일한 대상에 대해 두 번의 측정(예: 전/후)을 한 경우.
- 이분형 변수: 각 측정 결과가 '예/아니오', '성공/실패' 등 두 가지 범주로 나뉘는 경우.
- 예시:
 - 특정 교육 프로그램 이수 전과 후의 시험 합격/불합격 여부 비교
 - ㅇ 새로운 광고 시청 전과 후의 제품 선호/비선호 여부 비교
 - 두 명의 평가자가 동일한 환자들에 대해 '정상/비정상' 진단을 내렸을 때, 두 평가자의 진단 비율이 일치하는지 비교

구현 방법

statsmodels.stats.contingency_tables.mcnemar 함수를 사용하여 맥니마 검정을 수행할 수 있습니다.

주의사항 (가정)

- 대응 표본: 데이터는 반드시 대응되는 쌍으로 이루어져야 합니다. 독립적인 두 집단에는 카이제곱 독립 성 검정을 사용해야 합니다.
- 표본 크기: 변화가 일어난 두 셀의 빈도 합(b+c)이 충분히 커야 카이제곱 분포 근사가 유효합니다. 일반적으로 b+c >= 25 정도를 권장합니다. 만약 이 값이 작다면(예: 25 미만), **이항 분포를 이용한 정확 검정

(Exact Test)**을 수행해야 합니다.

코드 예시

statsmodels.stats.contingency_tables.mcnemar(table, exact=True, correction=True)

하이퍼파라미터 (인자) 설명

- table: 2x2 array_like. 위에서 설명한 형태의 분할표.
- exact: bool (기본값: True).
 - o True: 변화가 일어난 셀의 빈도 합(b+c)이 작은 경우, 이항 분포를 이용한 정확한 p-value를 계산합니다. (권장)
 - False: 카이제곱 분포 근사를 사용하여 p-value를 계산합니다.
- correction: bool (기본값: True). 연속성 수정(continuity correction) 적용 여부. exact=False일 때만 의미가 있으며, 카이제곱 근사의 정확도를 높이기 위해 사용됩니다.

```
import numpy as np
from statsmodels.stats.contingency_tables import mcnemar
# 예시: 새로운 약물 치료법의 효과 검증
# 100명의 환자를 대상으로 약물 투여 전과 후의 질병 유무를 조사
# 분할표 데이터
        | 후: 완치 | 후: 비완치 |
# 전: 비완치 | 60
                       10 (c)
# 전: 완치 |
             20
                       10
                             (b)
# statsmodels의 mcnemar 함수는 다음과 같은 형식의 테이블을 기대합니다:
# [[a, b], [c, d]]
# a: 그룹1=Yes, 그룹2=Yes
# b: 그룹1=Yes, 그룹2=No
# c: 그룹1=No, 그룹2=Yes
# d: 그룹1=No, 그룹2=No
# 위의 예시를 함수에 맞는 형태로 재구성:
# 그룹1: 치료 전 (Yes=완치, No=비완치)
# 그룹2: 치료 후 (Yes=완치, No=비완치)
# a (전:완치, 후:완치) = 20
# b (전:완치, 후:비완치) = 10
# c (전:비완치, 후:완치) = 60
# d (전:비완치, 후:비완치) = 10
table = np.array([[20, 10],
              [60, 10]])
# 맥니마 검정 수행
# b+c = 10+60 = 70 이므로 충분히 크지만, exact=True 사용이 일반적으로 더 안전합니다.
result = mcnemar(table, exact=True)
print(f"Statistic (b+c): {result.statistic}") # 10.0, exact=True일 경우, b와 c 중
```

```
작은 값
print(f"P-value: {result.pvalue:.4f}") # 0.0000
# 결과 해석: "귀무가설 기각: 약물 투여 전후의 완치율에는 통계적으로 유의미한 변화가 있습
니다."
alpha = 0.05
if result.pvalue < alpha:
   print("귀무가설 기각: 약물 투여 전후의 완치율에는 통계적으로 유의미한 변화가 있습니
다.")
else:
   print("귀무가설 채택: 약물 투여 전후의 완치율 변화는 유의미하지 않습니다.")
# 만약 exact=False (카이제곱 근사)를 사용한다면
result_chi2 = mcnemar(table, exact=False, correction=True)
print("\n--- Chi-squared approximation ---")
print(f"Chi-squared statistic: {result chi2.statistic:.4f}")
print(f"P-value: {result_chi2.pvalue:.4f}")
--- Chi-squared approximation ---
Chi-squared statistic: 34.3000
P-value: 0.0000
```

결과 해석 방법

- Statistic: exact=True일 경우, b와 c 중 작은 값이 반환됩니다. exact=False일 경우, 카이제곱 검정 통계량이 반환됩니다.
- P-value: 귀무가설(처리 전후의 비율에 차이가 없다)이 참일 때, 현재와 같은 결과 또는 더 극단적인 결과 가 관찰될 확률입니다.
 - o p-value < 유의수준: 귀무가설을 기각합니다. 즉, 처리(개입) 전후에 유의미한 비율 변화가 있었다고 결론 내릴 수 있습니다.

장단점 및 대안

장점

- 대응 표본 분석: 대응되는 쌍으로 이루어진 명목형 데이터의 변화를 분석하는 데 특화되어 있습니다.
- 간단함: 2x2 분할표를 사용하여 간단하게 전후 효과를 검정할 수 있습니다.

단점

- 정보 손실: 변화가 없는 셀(a, d)의 정보는 무시하고, 변화가 있는 셀(b, c)에만 초점을 맞춥니다.
- **적용 제한**: 2x2 형태의 대응 표본에만 적용 가능합니다. 3개 이상의 범주나 3회 이상의 시점 비교에는 사용할 수 없습니다.

대안

• **코크란의 Q 검정 (Cochran's Q Test)**: 맥니마 검정을 확장한 형태로, 3개 이상의 대응 표본(예: 시점 1, 2, 3)에 대한 이분형 변수의 비율 변화를 검정할 때 사용합니다.

• **카이제곱 독립성 검정 (Chi-squared Test of Independence)**: **서로 다른 두 변수가 독립적인지**를 검정합니다. 맥니마 검정은 **동일한 변수의 시간/조건에 따른 변화**를 검정한다는 점에서 근본적인 차이가 있습니다. 대응 표본에 카이제곱 독립성 검정을 잘못 적용하면 잘못된 결론을 내릴 수 있습니다.

• G-검정 (G-test): 카이제곱 검정과 유사하게 사용될 수 있으며, 맥니마 검정의 대안으로도 고려될 수 있습니다.