<정리본 | 함수 총정리>

(문자: chr / 범주: factor)

OK

데이터 파일이름 <- read_csv("file.csv", col_names = T, locale=locale('ko', encoding='euc-kr')) : file을 데이터 파일이름으로 불러와서 저장하기

※ 우선 library(readr) 설치하기

View(데이터) : 데이터 보여줌

str(데이터 or 데이터$변수) : 데이터 또는 데이터의 변수에 대해 다양한 정보 보여줌

summary(데이터) : 범주형척도에 대한 개별변수에 대한 구체적인 정보보여줌, NA가 어떤변수에 있는지 알려줌

데이터$변수 <- as.factor(데이터$변수) : 해당변수의 척도를 범주형으로 변경

glimpse(데이터) : 데이터의 다양한 정보 보여줌 (척도확인때)

※ 우선 library(dplyr) 설치하기

table(데이터$변수) : 해당변수의 빈도수

freq(데이터$변수) : 해당변수의빈도수와 막대그래프

※ 우선 library(descr) 설치하기

qplot(data= 데이터, 변수) : 해당변수의 빈도수를 막대그래프로 표현

qplot(data= 데이터, 변수1, fill=변수2) : 변수1과 변수2의 조합된 빈도수를 막대그래프로 표현

※ 우선 library(ggplot2) 설치하기 └ 색상구분

• 변수에는 " " 안씀.

mean(데이터$변수) : 해당변수의 평균

var(데이터$변수) : 해당변수의 분산

sd(데이터$변수) : 해당변수의 표준편차

mean/var/sd (데이터$변수, na.rm=T) : 데이터 변수에서 결측치(NA)를 제외하고 계산

freq(is.na(데이터$변수)) : 데이터의 변수에서 결측치가 있는지 여부를 구하고 있으면 빈도수 T로 표현

※ 우선 library(descr) 설치하기 / 즉 NA=결측치가 몇개인지

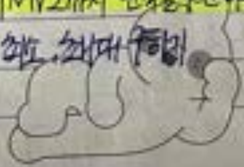
describe(데이터 or 데이터$변수) : 해당 데이터 또는 변수의 해당하는 정규분포의 수치

(skew-왜도, kurtosis-첨도 ...)

※ 우선 library(psych) 설치하기

hist(데이터$변수, breaks = seq(N1, N2, K)) : 해당변수를 N1~N2까지 K간격을 둔 히스토그램

• 변수의 척도가 수치형 / N1, N2는 summary(데이터$변수) 통해 최소, 최대값 확인



같다 ==
같지않다 !=
크다 >
작다 <
이상 >=
이하 <=
그리고 &
또는 | (shift + ₩)

<패키지모음>

```
library(readr)
library(dplyr)
library(descr)
library(ggplot2)
library(psych)
```

table(데이터$변수 %in% c("a", "b", "c")) : 데이터의 변수가 a, b, c 중에 적어도 하나의 조건에 일치하는것들의 빈도수, (문자가 아니면 " " 필요X)
· | 연산자 사용과 동일

데이터$A <— B : B라는 값을 데이터의 새로운 변수 'A'에 저장
└ 함수이거나 어떤데이터의 변수여도 OK

데이터$A <— NULL : 데이터의 A라는 변수 삭제

weekdays(데이터$변수) : 해당변수(날짜)의 요일이 무엇인지 보여줌
└ 척도가 날짜(date)여야함
데이터$변수 <— as.Date(데이터$변수) : 해당변수의 척도를 날짜(date)로 변경
ex) weekdays(as.Date("2020-01-01")) : 수요일

★ ex) weather$요일 <— weekdays(weather$일시) weather의 변수 '일시'의 요일을 뽑은 값들을 데이터 weather의 새로운 변수 '요일'에 지정

데이터$변수 <— factor(데이터$변수, levels = c("a", "b", "c" ....)) (levels ─ PTH와 같은 함수랑 사용가능)
a, b, c 순으로 변수를 배열하고 척도를 범주형으로 바꾼뒤 해당데이터의 변수에 지정

데이터 <— 데이터 %>% rename(바뀔변수명 = 기존변수명) : 변수명 변경하기
└ ※ 우선 library(dplyr) 실행하기 / " " 안써도됨
데이터$변수 <— ifelse(데이터$변수 == "a", "b", 데이터$변수) :
만약 데이터의 변수값이 a이면 b로 바꾸고 아니면 데이터의 원래 변수값 그대로 두어라
└ 같은변수가 아니어도 OK

weather의 평균기압이 NA인경우는
is.na(weather$평균기압) 이지 weather$평균기압==NA는 오답
is.na(데이터$변수) : 해당변수가 결측치(NA)이다
" " 안써도됨, 단 사례에 문자는 " " 쓰기

데이터 전체의 함수 — 우선 library(dplyr) 먼저하기

데이터 %>% filter(변수 == 사례) : 데이터 안에 있는 변수에서 해당 사례만 추출
① var 나 mean과 같은 기초통계함수를 이용하기 위해서는 해당사례들만 추출한것들을 새로운 데이터에 assign해야함
round(변량값, digits=k) : 해당값에서 소수 k번째 자리까지
└ 함수를 이용해서나 숫자값 그대로 넣기

→ filter 함수안에 다양한 여러변수들을 기준으로 조건에 맞게 설정가능
ex) exam %>% filter(class != 4, math >= 90 | history >= 95)
(4반이 아닌 학생들에서 수학이 90점이상이거나 역사가 95점이상)

(변수의 값에서 k인값)
데이터 %>% filter(변수 >= quantile(변수, probs = c(k))) : 데이터의 해당변수값이 변수의 값중에서 k인값보다 이상인사례만 추출 (즉 k가 0.9이면 0.9이상인 값, 변수가 상위 10% 인 사례들만 추출 (변수의 값이 상위 1-k 인 값들만 추출)
데이터 %>% select(변수) : 해당변수들만 추출 (여러변수들을 , 로 연결해서 추출가능)
데이터 %>% select(-변수) : 해당변수를 제외하고 추출
데이터 %>% select(contains("특정단어")) : 특정단어가 포함된 변수추출 — "특정단어"를 연속으로 X 연산자 | 사용하기
print(n=Inf) : 일일이 행까지 다보여주기
데이터 %>% arrange(변수) : 변수에 대해서 오름차순정렬
데이터 %>% arrange(-변수) : 변수에 대해서 내림차순정렬 (높은순서)
— 두변수를 같이 사용가능 arrange(class, -math) → 반별로 오름차순 정렬한것들에서 수학점수 내림차순해서 정렬하기
├ exam$math의 형태가아니라 math, -math 변수 그대로
└ summarise 쓸때 변수명 지정해야 arrange 이용가능

데이터 <- 데이터 %>% mutate(새변수 = □) : □라는 과정을거친 새변수를 데이터에 저장. mutate 함수로 동시에 여러변수 생성가능. 이과정에 주로 ifelse 함수가 쓰이는데 ifelse 안에 또 ifelse가 들어갈수 있음
(변수가 n개로 구분되면 ifelse를 (n-1)회 사용)

☆ 데이터 <- 데이터 %>% mutate(새변수 = case_when(기준변수 < k ~ " ", 기준변수 >= k ~ " ")
ex) exam <- exam %>% mutate(test = case_when(total < 180 ~ "fail", total >= 180 ~ "pass"))
* 변수속 값에 NA가 있다면 TRUE ~ 조건이 아닌 total >= 180 ~ "pass" 같이 새로조건 이용해서

데이터 ← 데이터 %>% relocate(변수, .before(혹은 after)=변수2)

: 변수를 변수2 왼쪽이나 오른쪽에 이동시키기

: ① .before: 변수를 변수2 왼쪽에(앞)

② .after: 변수를 변수2 오른쪽에(뒤)

데이터 ← 데이터 %>% relocate(where(is.character 혹은 is.factor))

: 문자형척도 혹은 범주형척도를 맨앞으로 이동하기

데이터 ← 데이터 %>% relocate(where(is.factor), .before=where(is.character))

: 범주형 척도변수를 문자형 척도 변수 앞으로 이동하기

데이터 %>% group_by(변수) %>% summarise(mean 이나 var이나 sd....)

: 변수별로 그룹을 나누고 기술통계량을 조건에 맞게 제시

☆ summarise 를 보여주는 평균값 앞에 변수명 지정가능 ex) mean_math = mean(math)

mutate 든 summarise 를 이용하든 count = n() 빈도이용한 코드사용가능

(변수명 / 함수코드)

count/sum(count): 이미 기준이된 변수로 그룹이 묶이고 나누어진 '사례들끼리'의 전체 갯수에서 해당사례 비율

count/sum(데이터$count): 모든사례들(전체) 갯수에서 해당사례비율

n_distinct(데이터$변수): 변수의척도와는 무관하게 중복되는 값이아닌 고유의값이 몇가지 종류가 있는가

(변수에해당하는 사례가 중복되지 않고 몇가지나 있나?)

c(a:b): a부터 b까지가 연속된 숫자들의 배열

ex) c(1:7): 1~7

relocate(변수): 데이터셋에서 변수가 제일앞으로

ex) relocate(ID): 데이터셋에서 'ID' 라는 변수가 제일앞으로

데이터 ← left_join(데이터, 데이터2, by="변수"): 데이터와 데이터2를 데이터에 공통 변수를 이용해서 합침

데이터 ← left_join(데이터, 데이터2, by=c("변수1"="변수2"))

: 공통변수의 이름이 다를때 변수1의 이름과 변수2의 이름이 같다고 지정한뒤 데이터에 합치기

데이터 <— bind_rows(데이터, 데이터2) : 데이터와 데이터2를 합쳐서 사례수가

단, 변수명이 일치해도 척도가 다르면 오류발생 (척도가 동일해야함) / 모든변수척도동일

내용상 동일한 변수여도 변수명이 다르면 다른변수로 인식 / 모든변수 변수명동일

⇒ 1) 변수명 일치하게변경 : rename 함수

2) 척도 일치하게 변경 : as.factor 함수

데이터 <— 데이터 %>% distinct(변수, .keep_all=T) : 해당변수가 같은 사례들중에 한개만 남기고 다 제외하기

ex) ID가 중복된것일때 동일한 사례인지 확인

exam %>% group_by(ID) %>% summarise(count=n()) %>% arrange(-count)

→ 결과가 ID가 30인것에 count가 2가 나옴 즉 동일한것이니까 distinct 써서 지워야함

데이터[a:b] : 데이터에서 a~b까지의 변수들

ex) exam[5:8] : exam에서 5번째~8번째의 변수들 (5열에서 8열까지)

데이터$mean ± 2,57583 x 데이터$sd : 이 기준을 넘어가면 이상치처리

<t-검정하기>

① 데이터 프레임만들기

데이터파일이름 <- read.csv("file.csv")

② 보기좋게 변수위치 조정 : 범주형 → 수치형 → 순서형

• 데이터 <— 데이터 %>% relocate 함수이용

③ 이상치 검토할 변수 확인

descr <— describe(ttest[6:10])

descr <— descr %>% mutate(LL=mean-2xsd, UL=mean+2xsd)

④ 이상치를 제외한 데이터프레임 형성

ex) ttest_new <— ttest %>% filter(변수 ≤ k ......)

└ UL값

1) 가설수립
Ho : $M_{Ho} = M_{CS}$ (귀무가설)
Ha : $M_{Ho} \neq M_{CS}$ (대립가설)] 양측검정

2) 집단별로 데이터프레임 만들기
ex) Test_Ho <- Test_new %>% filter(Customer == "Home office")
Test_CS <- Test_new %>% filter(Customer == "Consumer")

3) 정규성 조건검토 (정규분포의 형태를 따르는가)
summary, hist 함수이용해서 확인
ex) summary(Test_ho$Sales)
hist(Test_ho$Sales, breaks=seq(0, 9000, 50))
=> 두 데이터 다 왼쪽으로 치우친 히스토그램 모양이라 정규분포가 아님
shapiro.test(데이터$변수) : 데이터의 해당하는 변수에 대해 P-value구하기
P-value > 0.05 즉 P-value가 유의하지 않아야 정규성 조건을 만족하는데
위 함수를 이용한결과 P-value < 0.05 (α) 이기에 유의해서 정규성 조건에 부합X
=> 정규성 조건에 부합하게 종속변수인 Sales를 자연로그로 변환
ex) Test_ho <- Test_ho %>% mutate(lnSales=log(Sales))
└ 이후 hist, shapiro.test 이용하여 정규성 조건검토
└ 여기서 P-value값이 여전히 0에 가까우므로 ×

4) 등분산성 조건검토
var.test함수이용해서 P-value < 0.05 면 이분산 t-검정 P-value ≥ 0.05 면 등분산 t검정
var.test(Test_ho$lnSales, Test_CS$lnSales)
└ • F = 1.3093으로 1에 가까우며 표본분산이 비슷하고 P-value = 0.5536 > 0.05 (α)이니 등분산

5) 독립표본 t-검정 실시 및 가설검정
t.test(Test_ho$lnSales, Test_CS$lnSales, alternative = "two.sided", var.equal=(T))
└ 만약 4)과정에서 이분산이면 F
계산하면 P-value = 0.2601 이며 0.05 (α)보다 크고
mean of x (Test_ho$lnSales) = 5.976144
mean of y (Test_CS$lnSales) = 5.911587
이니 표본평균이 비슷하고 P-value로 유의하지 않고 Ho = Mho = Mcs 의 귀무가설채택

<고나 봉녀> 0.05

ne-way ANOVA - 일원분산분석

<기말 필기 패키지 모음>

```
library(readr)
library(dplyr)
library(psych)
library(forcats)
library(agricolae)
library(dunn.test)
library(car)
library(HH)
```

↳ 한 개변씩 하면 오류 뜨니까 차근하게 하기

1단계: 가설수립

○ 이상치 검토 후 anova_new 데이터 프레임 만들기

```
library(psych)
descr <- describe(anova1$price)
descr <- descr %>% mutate(UL=mean+2xsd, LL=mean-2xsd)
anova1_new <- anova1 %>% filter(price <=descr$UL)
```

○ 새로운 변수 price 만들기 → 다다마와 하나 통합

```
install.packages("forcats")
library(forcats)
anova_new <- anova1_new %>% mutate(price = fct_collapse(price이전,
"High" = c("다다마", "High")))
```

└ 새로운 변수

○ 두가지 가설 수립

H_0: 4가지 집단의 price 모평균이 같다

H_a: 적어도 한 집단의 price 모평균은 다른 집단과 다르다

2단계: 집단간 데이터 프레임 생성하기

```
anova1_H <- anova1_new %>% filter(price == "High")
```

* 각 price의 변수 4개 만의 프레임 동일하게 생성 *

3단계: 종속변수 정규성 검토

```
summary(anova1_H$price)
hist(anova1_H$price, breaks=seq(0,600,10))
shapiro.test(anova1_H$price)
```

→ p-value 가 0 이하라 유의해서 정규성조건에 부합하지 않지만 n의 크기가 많아서 조건에 만족한다고 가정하고 분석 진행

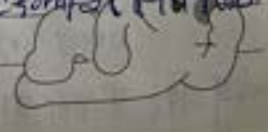
* 모든 데이터 프레임에서 다 확인 *

4단계: 등분산성 검토

```
install.packages("car")
library(car)
leveneTest(price~price, data=anova1_new)
```

종속변수 독립변수 전체데이터프레임

★ Pr(>F) = 0.1607 이라 α인 0.05보다 커서 등분산조건을 만족하게 됨 (유의하지 않음)



★ 등분산성에서 대립이나 귀무이
그냥 P-value와 α값 비교 (F값..)

5단계: ANOVA 검정 실시 (등분산성조건이 만족할 때) /

```
anova_result <- aov(price~prior, data=anova_new)
summary(anova_result)
```

P-value가 0.733이니 α인 0.05가 크므로
P-value가 유의하지 않고 귀무가설을 채택
즉 4가지의 칼라에 price의 모평균이 모두 같다.

만약 귀무가설이 아니라 3번 2처럼 대립가설 채택하면 사후검정실시 (등분산조건에서 대립가설채택할 때)

6단계: 사후분석 Duncan test 실시

```
install.packages("agricolae")
library(agricolae)
duncan.test(anova2_result, "Payment", console=T)
```

(anova2_result: aov변수이용데이터, "Payment": 독립변수)

- 모평균이 큰 집단부터 표시하고 같은 group으로 나뉜 집단끼리의 모평균은 같다고 지정
- 신용카드 expense 모평균 > 계좌이체 expense 모평균 = 간편결제 expense 모평균 %

만약 α가 0.01이 아니라 0.05이면 5단계에서 등분산이 아니라 이분산조건을 실시해야함

```
oneway.test(expense ~ payment, data=anova2_new)
```

- P-value가 0에 가까워서 대립가설채택

이분산조건 사후분석 dunn.test 실시 (이분산조건에서 대립가설을 채택할 때)

```
install.packages("dunn.test")
library(dunn.test)
dunn.test(anova2_new$expense, anova2_new$payment, method="bonferroni")
```

(anova2_new$expense: 데이터$종속변수, anova2_new$payment: 데이터$독립변수)

- 간편결제와 계좌이체의 P-value가 1이다. α/2보다 커서 유의하지 않고 모평균이 동일하다.
- 간편결제와 신용카드의 P-value가 0에 가까우니 α/2보다 작아서 유의하고 모평균 동일하지 않은데 신용카드가 더 크다 (간편결제 순서인 신용카드와 비교할 때 -7.301456이니)
  └ (계좌이체 - 신용카드 = -7.301456)
  └ 통계량값

계좌이체 = 간편결제
신용카드 > 간편결제
신용카드 > 계좌이체 %

★ 여기는 P-value와 α/2 (=0.025)와 비교)

two-way ANOVA 이원분산분석

1단계: 가설수립

① 가설수립

Ho: 두 독립변수 간에 상호작용효과가 없다.
Ha: 두 독립변수 간에 상호작용효과가 있다.

① 이상치 검토 및 제거

```
library(psych)
descr <- describe(two_anova$expense)
descr <- descr %>% mutate(UL=mean+3xsd, LL=mean-3xsd)
two_anova_new <- two_anova %>% filter(expense <= descr$UL)
```

2단계: 서브 데이터 프레임 만들기

```
two_anova_male <- two_anova_new %>% filter(gender == "Male")
```

※ 각 gender의 변수인 Female도 같이 만들어주기 ※

3단계: 정규성검토

```
summary(two_anova_male$expense)
hist(two_anova_male$expense, breaks= seq(0,2000,40))
shapiro.test(two_anova_male$expense)
```

↳ P-value가 0보다 작아 유의해서 정규성 조건이 만족하지 힘들지만 사례가 많기에(n) 그대로 진행

4단계: 등분산성검토

```
library(car)
leveneTest(expense~gender, data=two_anova_new)
```

↳ P-value가 0.00123이라 α인 0.05보다 작아서 유의함
등분산 조건을 만족하지 못한다

5단계: 이분산 가정 one way anova 시행

```
oneway.test(expense~gender, data=two_anova_new)
```

↳ P-value가 0에 가까우므로 귀무가설을 기각하고 대립가설 채택 ** gender에 따라 집단을 두 개로 구분했을 때 종속변수 expense에 평균의 차이가 있다 → mfemale > mmale (553 > 359) ←

```
two_anova_new %>% group_by(gender) %>% summarise(mean(expense))
```

7단계: two-away anova 시행 및 그래프

1) two_anova_result ← aov(expense ~ gender x OS, data = two_anova_new)
└ 두 독립변수의 곱 / 전체데이터

summary(two_anova_result)
↳ 변수 gender의 p-value가 1.38e-12... 이므로 0보다 작고 유의하고 (5단계)
gender x OS p-value가 0.000... 이므로 0보다 작고 유의하기에 (α=0.05보다 작고)
(Ha. 독립변수간에 상호작용효과가 있다) [대립가설 채택]
** 즉 IV₁과 IV₁과 IV₂의 곱에 따른 p-value가 모두 유의해야하는것이 조건 확보.

2) two_anova_new$gender ← factor(two_anova_new$gender, levels =
c("Male", "Female"))
↳ (one-way anova에서 표본평균이 작은순서대로 집단을 먼저 출력해야함
따라서 작은 Male이 먼저 출력되게 순서바꾸기)

install.packages("HH")
library(HH)
interaction2wt(expense ~ gender x os, data = two_anova_new)
↳ OS와 무관하게 Male보다는 female일때 expense의 평균값이 증가한다
↳ OS가 IOS일때 Male에서 female로 갈때 expense의 평균차이가 더 커진다 (기울기 더 큼)
OS가 Indroid일때 Male에서 female로 갈때 expense의 평균차이가 작다 (기울기 완만)
↳ [상호작용의 정도차이]

8단계: 후가분석 집단을 네개로 구분해서 세분화 한뒤 one-way anova
** 집단 네개 MA, MI, FA, FI (남성, 여성 / Indroid, IOS)
two_anova_new ← two_anova_new %>% mutate(genderos = ifelse(
gender == "Male" & OS == "Android", "MA", ifelse(gender == "Male" &
OS == "IOS", "MI", ifelse(gender == "Female" & OS == "Android",
"FA", "FI"))))
[mutate와 ifelse 함수써서 새로운 변수 genderous 만드는데 네개의 집단기준
└ 이후 one-way ANOVA 1단계 ~ 6단계 실시

일원혼산분석과 이원분산분석에서 대립가설, 귀무가설에서 어떤거 채택인지 확인하는것은
p-value와 α(유의수준)간에 비교하는것이고 이후 몇이 얼마만큼 차이가 있는지는
사후분석에서 오직 p-value vs α이거나 p-value vs α/2 사이를 비교하면된다.

(…과 독립성검정)

모비율 차이에 대한 가설검정

① 데이터프레임 불러오기

```
library(readr)
proptest <- read_csv("proptest.csv")
```

② 빈도수 기준 교차표 만들기

```
table(proptest$customer==20 & proptest$trans=="Yes") = 48
```

* customer와 trans의 모든 변수의 조합개의 파악해주기 *

	Yes	No	
20대	48	49	(97)
30대	30	73	(103)

```
prop <- matrix(c(48,49,30,73), nrow=2, ncol=2, byrow=T)
```

└ nrow: 행의 갯수 └ ncol: 열의 갯수 └ byrow: 행을 기준으로 나열

```
rownames(prop) <- c(20,30)
colnames(prop) <- c("Yes","No")
```

↳ 각 행과 열의 이름을 다시 지정해주기

③ 비율 기준 교차표 만들기

```
prop.table(prop, margin=1)
```

└ prop이라는 빈도수로 채워진 것을 비율로 바꿔주는데 행이라 값의 합이 1로 되게

④ 가설검정

- $H_0: p_{20} - p_{30} = 0$
- $H_a: p_{20} - p_{30} \neq 0$

$\hat{p}_{20} - \hat{p}_{30}$ 의 정규분포를 그리기 위한 조건인 np & $n(1-p) \geq 5$ 인지 확인을 우선해야 함

- $97 \times 0.495 = 48.015 > 5$
- $97 \times 0.505 = 48.985 > 5$
- $103 \times 0.291 = 29.973 > 5$
- $103 \times 0.709 = 73.027 > 5$

모든 경우가 5보다 크니 $\hat{p}_{20} - \hat{p}_{30}$ 은 정규분포를 그린다

```
prop.test(prop, alternative="two.sided", correct=T)
```

└→ p-value의 값이 0.00503 인데 α인 0.05보다 작으니 즉 유의하니까 대립가설 채택
(양측검정이니까) [P20 > P30 (대립가설 채택)] prop1 0.4948454 > prop2 0.2912621

다항 모집단 적합성검정

① 데이터프레임 불러오기 및 각각 과거, 현재에서 빈도수 check

```
library(readr)
telecom<-read_csv("telecom.csv")
table(telecom$past) = skt:120/ kt:100/ LGt 80
table(telecom$current) : skt:149/ kt:85/ LGt 66
```

② 첫번째 가설검정: 과거시점에 3사의 시장점유율이 동일한지

```
chisq.test(c(120,100,80))
```

└ 각 빈도수를 넣기

└→ p-value=0.01832로 α인 0.05보다 작게 나왔으니 대립가설채택 즉 과거의 이동통신 3사의 시장점유율은 서로 같지 않다.

③ 두번째 가설검정: 현재시점에 3사의 시장점유율이 동일한지

```
chisq.test(c(149,85,66))
```

└→ P-value=6.1e-07 이므로 α인 0.05보다 작게 나왔으니 대립가설채택 즉 현재의 이동통신 3사의 시장점유율은 서로 같지 않다.

③ 세번째 가설검정: 과거시장점유율과 현재시장점유율이 모두 동일한지 여부

```
chisq.test(c(149,85,66), p=c(0.4, 1/3, 4/15))
```

└ 현재 빈도수 / └ 과거시점 해당통신사 개수 / 과거시점 전체개수) ex) 100/300 (KT통신사 비율)

└→ P-value=0.002868 이라 α인 0.05보다 작게 나왔으니 대립가설 채택하고 과거에 비해서 이동통신 3사의 시장점유율은 변화가 있다

④ 세번째 가설검정에 대한 사후분석

```
prop_skt <- matrix(c(120,180,149,151), nrow=2, ncol=2, byrow=T)
```

└ skt가 아닌 나머지 통신사들의 과거, 현재의 개수합

```
rownames(prop_skt) <- c("past","current")
colnames(prop_skt) <- c("skt","not skt")
prop.test(prop_skt, alternative="two.sided", correct=T)
```

과거보다 시장점유율이 더 ... skt는 ...

이하게 kt와 LG+도 똑같은 방식으로 해석하면 되는데 prop-kt는 2P-value=0.2159
즉 α인 0.05보다 크기 때문에 유의하지 않고 kt의 시장점유율은 과거와 현재 비교시 변화가 없음
prop-LG+도 2P-value가 0.216이어서 α인 0.05보다 크기 때문에 유의하지 않고
따라서 LG+의 시장점유율은 과거와 현재 비교시 변화가 없음.

독립성 검정

① 데이터 불러오기

```
library(readr)
tennis <- read_csv("tennis.csv")
```

② 데이터 전처리

1) names(tennis) ⟵ tolower(names(tennis)) : tennis 데이터의 변수들의 이름을 다 소문자로
└ 변수들 안 보여주는 함수 └ 소문자 변경함수

2) tennis $surface ⟵ tolower (tennis $surface) : tennis의 변수의 속성값을 소문자로
☆ 독립변수 surface와 마찬가지로 종속변수 result 이도 해주기 ☆

3) surface의 속성값 clay와 clay (T)를 합치고 hard와 hard (T)를 합치기

a.
```
library (forcats)
tennis $surface <- fct_collapse (tennis $surface, "clay" = c ("clay", "clay (T)"))
```

b.
```
library(forcats)
library (dplyr)
tennis <- tennis %>% mutate (surface=fct_collapse (surface, "clay" = c (
"clay", "clay (T)")))
```

☆ 변수의 속성값 hard, hard(T)도 같은 방식으로 합쳐야 ☆ / 두 방법 다 가능 (a,b 중에 골라서 쓰기)

만약 surface의 속성값 중에서 결측치가 존재하면 filter 이용해서 제거하고 새로운 데이터 만들기

```
tennis_new <- tennis %>% filter (!is.na(surface))
```

4) Player가 Rafael Nadal인 것만 추출해서 데이터 만들기

```
tennis_nadal <- tennis_new %>% filter(Player == "Rafael Nadal")
```

5) 위 3)의 코드를 이용해서 nadal의 result의 속성값 중에서 l, lr, lw 합치고
w, wr, ww 합치기

③ 독립성검정

독립변수 종속변수

```
xtabs(~surface+result, tennis_nadal)
xtabs(~surface+result, tennis_nadal), margin=1)
prop.table(xtabs(~surface+result, tennis_nadal))
chisq.test(xtabs(~surface+result, tennis_nadal
```

└ p-value가 2.4[illegible]e-09 이므로 사실상 0이고 surface와 result는 독립적이지 않다고하는 대립가설채택, 즉, surface가 result에 영향을 미침, 잔디코트에서 승률이 더 높다

└ prop.table에서 확인

대응표본 t-검정 (독립변수없이 두 종속변수끼리의 모평균의차이)

① step1 : 가설수립

Ho : μm-μw(μd)=0

Ha : μm-μw≠0

② step2 : 파일불러오기 및 차이변수만들기

```
library(readr)
pttest <- read_csv("pttest.csv", locale=locale('ko', encoding="euc-kr"))
```

└> 데이터에 한글이있으면 이함수코드를 사용

```
library(dplyr)
pttest <- pttest %>% mutate(d=morning-weekend)
```

└ 두 종속변수의 차이에 대한 변수(d) 생성

③ step3 : d에 대한 정규성검토

```
shapiro.test(pttest$d)
```

└ p-value가 9.70e-12라서 0에 가까우나 유의해서 정규성조건에 안맞하게 여겨지만 표본이 많으면 중심극한정리에서 두 확률변수가 정규분포를 따르기에 표본평균의 차이도 정규분포를 따른다고 생각하고 넘기기

④ summary(pttest$d)

```
hist(pttest$d, breaks=seq(-15,8,1))
```

step4 : 대응표본 t-검정을 통한 가설검정

t.test(PTest$mornings, PTest$weekend, alternative="two.sided", paired=T)

↳ 대응표본 t검정이다

- PTest에서도 mornings의 수 < weekend의 수였고
2. P-value가 2.2e-16보다 작아 0에 가깝고 α인 0.05보다 작으니까 유의하고.
두 집단간의 모평균차이가 0이아니라는 대립가설채택. 즉 (한달중 주말제외주운평균) (새벽기배달주운평균) 이런 차이는 통계적으로 유의한차이다.