

랜덤화 블록 모형에서 정렬 방법을 이용한 비모수 다중비교법

한지웅¹⁾ 김동재²⁾

요 약

랜덤화 블록 모형하에서의 비모수 다중비교방법으로는 Friedman 순위합 다중비교 방법(McDonald와 Thompson, 1967)이 있다. 이 방법은 블록내 순위를 이용하여 블록 간 정보를 이용하지 못하였다. 이런 단점을 보완하기 위하여 본 논문에서는 Hodges와 Lehmann(1962)이 제안한 정렬방법을 이용한 새로운 비모수 다중비교방법을 제안한다. 또한 모의실험을 통하여 여러 다중비교방법의 검정력을 비교하였다

주요용어: 다중비교, 순위, 정렬방법

1. 서론

처리가 3개 이상인 랜덤화 블록 모형(randomized block design)에서의 분산분석법은 처리 효과 차이 유무만을 검정한다. 예를 들어, 계절에 따른 출산율에 차이가 있는지를 비교검정하기 위하여, 7개의 병원에서 1년 동안 신생아 수를 조사하여 분산분석을 수행하면 계절에 따른 출산율의 차이 유무만을 알 수 있다. 이때 귀무가설을 기각할 수 없어 계절에 따른 출산율 차이가 없다는 결론을 얻으면 더 이상의 분석은 필요하지 않는다. 그러나 귀무가설을 기각해서 계절간의 출산율 차이가 있다는 결론을 얻으면 그 다음 분석과정에서는 구체적으로 어떤 계절간에 출산율이 차이가 있는지를 밝혀야 한다. 이와 같은 분석방법을 다중비교(multiple comparison)라 한다. 다중비교는 분산분석에서 유의한 결과가 나온 후 시행하는 것이 자연스럽지만 대부분의 다중비교의 방법론은 분산분석의 F 검정과 독립적으로 개발되었다. 따라서 다중비교는 분산분석의 F 검정의 귀무가설 기각 여부와 관계없이 수행할 수 있다. 기존의 다중비교 방법으로는 Tukey(1953), Student-Newman-Keuls(SNK)(1952), Scheffe(1953) 등이 제안한 다양한 다중비교방법들이 있다. Tukey 다중비교는 모든 집단들의 수가 동일하면 검정력이 높다는 장점이 있지만 가장 보수적인 방법이라 평균간의 차이가 있다는 결론을 잘 내리지 않는다. SNK 다중비교는 임계값의 결정만 제외하면 Tukey 다중비교와 동일하다. Scheffe 다중비교는 분산분석의 F 검정후 유의한 차이를 얻었을 때 적용하는 전형적인 방법이다. 집단들의 수가 동일하지 않아도 될 뿐 아니라 계산을 쉽게 할 수 있다. 하지만 이 방법은 전체 처리 비교시 Tukey 다중비교나 SNK 다중비교보다 열등

1) (137-743) 서울시 서초구 잠원동 37-12, 현대리서치연구소, 연구원

E-mail: jibung0414@hri4u.com

2) (교신저자) (137-701) 서울시 서초구 반포동 505, 가톨릭대학교 의학통계학과, 교수

E-mail: djkim@catholic.ac.kr

하다. 이러한 방법들은 모집단에 대하여 구체적인 분포함수를 가정했을 때 사용하는 모수적 방법이다. 따라서 모수적 방법을 사용하기 힘든 자료의 경우, 이에 따른 적절한 비모수적 방법을 사용하여야 한다. 다중비교에서의 비모수적 방법으로는 일원배치 모형에서의 Kruskal-Wallis 순위합 다중비교(Nemenyi, 1963)가 있고 이원배치 모형에서의 Friedman 순위합 다중비교가 있다. 블록 효과가 있는 이원배치 모형에서의 Friedman 순위합 다중비교는 관측값의 블록내에서 순위를 사용하여 블록간 정보를 이용하지 못한다. 이와 같이 블록 사이의 정보를 이용하지 못할 경우에는 검정법의 효율이 떨어진다는 단점이 있다(Hodges and Lehmann, 1962). 따라서 본 논문에서는 블록간의 정보를 이용하여 검정법의 효율을 높인 비모수적 다중비교방법을 제안한다. 그리고 랜덤화 블록 모형에서의 기존 다중비교인 Friedman 순위합 다중비교방법과 Hodges와 Lehmann(1962)이 제안한 정렬방법(alignment method)을 적용한 Tukey 다중비교방법, Kruskal-Wallis 순위합 다중비교방법을 본 논문에서 제안한 다중비교방법과 모의실험을 통하여 검정력을 비교하였다.

2. 랜덤화 블록 모형과 정렬 자료의 생성

Mack과 Skillings(1980)에서 사용한 랜덤화 블록 모형은 다음과 같다.

$$X_{ij} = \mu + \theta_i + \beta_j + \varepsilon_{ij} \quad (i = 1, 2, \dots, k; j = 1, 2, \dots, b)$$

여기서, X_{ij} 는 i 번째 처리에서 j 번째 블록의 반응값을 말하고, μ 는 전체평균, θ_i 는 처리효과, β_j 는 블록효과, ε_{ij} 는 오차항이며 오차항은 동일한 연속분포를 따르는 서로 독립인 확률변수를 가정한다. 이러한 랜덤화 블록 모형에서 자주 사용하는 비모수 다중비교방법인 Friedman 순위합 다중비교는 블록안의 순위를 이용하여 블록내의 정보만을 사용하고 블록간의 정보를 이용하지 못하여 검정법의 효율이 떨어진다. 따라서 블록간의 정보를 이용하기 위하여 Hodges와 Lehmann(1962)이 제안한 정렬방법을 이용하여 정렬자료를 생성한다. 정렬자료는 다음과 같이 각 블록의 효과인 블록평균 $\bar{X}_{.j} = \sum_{i=1}^k X_{ij}/k$ 를 각 처리의 확률표본에서 빼서 생성할 수 있다.

$$X_{ij}^* = X_{ij} - \bar{X}_{.j} \quad (i = 1, 2, \dots, k; j = 1, 2, \dots, b)$$

3. 정렬방법을 이용한 다중비교방법

3.1. 정렬방법을 이용한 위치 다중비교방법

정렬방법을 이용한 위치 다중비교방법은 Orban과 Wolfe(1982)가 제안한 위치 검정법(placement test)에 Hodges와 Lehmann(1962)이 제안한 정렬 방법을 적용한 다중비교 방법이다. 처리가 k 개 있을 때, 처리효과들에 대한 차이 $H_{0d} : \mu_u = \mu_v (u < v; u = 1, 2, \dots, k-1, v = u+1, \dots, k; d = 1, 2, \dots, k(k-1)/2)$ 을 검정할 때 처리 v 의 위치를 이용하는 것이다. 처리 u 들 안에서 처리 v 의 위치를 다음과 같이 정의한다.

$$bU_{uvj} = [X_{u1}^*, X_{u2}^*, \dots, X_{ub}^* \text{들의 갯수} \leq X_{vj}^*] \quad (j=1, 2, \dots, b)$$

정렬위치 다중비교 통계량은

$$S_{u,v} = \sum_{j=1}^b \phi(U_{uvj})$$

이며 $\phi(\cdot)$ 는 $[0,1]$ 에서 정의된 실수값인 점수함수(score function)이고 점수함수 $\phi(\cdot)$ 를 어떤 것을 사용하는가에 따라 검정통계량의 분포가 달라진다. 본 논문에서는 정규 점수함수(normal score function)와 지수 점수함수(exponential score function)를 이용한 방법을 제안한다. 정렬위치 다중비교 통계량을 만드는 점수함수로는 정규 점수함수인 $\phi(x)=\Phi^{-1}(x)$ ($\Phi(t)=\int_{-\infty}^t \frac{1}{\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{u^2}{2}} du$:표준정규분포의 분포함수) 과 지수 점수함수인 $\phi(x)=-\ln(1-x)$ 있고, 각각의 점수함수에 따른 정렬 위치 다중비교 통계량은 다음과 같다.

$$S_{u,v}^{NS} = \sum_{j=1}^b \phi^{-1} \left[\frac{bU_{uvj} + 1}{b + 2} \right]$$

$$S_{u,v}^E = - \sum_{j=1}^b \ln \left[1 - \frac{bU_{uvj}}{b + 1} \right]$$

이러한 정렬 위치 다중비교 통계량들을 가지고 처리효과들에 대한 차이 $H_{0d} : \mu_u = \mu_v$ ($u < v$) 검정하기 위한 기각역은 점수함수 $\phi(\cdot)$ 에 의존한다. 따라서 정규함수를 이용한 정렬 위치 다중비교의 기각역은 $|S_{u,v}^{NS}| \geq s_{\alpha}^{NS}(u < v)$ 이고 s_{α}^{NS} 는 $P(|S_{u,v}^{NS}| < s_{\alpha}^{NS}; 1 \leq u < v \leq k | H_0) = 1 - \alpha$ 이다. 그리고 지수함수를 이용한 정렬 위치 다중비교의 기각역은 $S_{u,v}^E \geq s_{\alpha}^E(u < v)$ 이고, s_{α}^E 는 $P(S_{u,v}^E < s_{\alpha}^E; 1 \leq u < v \leq k | H_0) = 1 - \alpha$ 이다.

3.2. 정렬방법을 이용한 Kruskal-Wallis 순위합 다중비교방법

랜덤화 블록 모형에서 자료를 정렬시켜 블록효과를 없애 블록내의 순위가 아닌 자료 전체의 순위를 이용하여 Kruskal-Wallis 순위합 다중비교방법을 적용하는 방법이다. R_{ij}^* 는 전체 자료에서 정렬된 X_{ij}^* 의 혼합순위이고, \bar{R}_i^* 는 각 처리에서의 평균순위로 정의한다. 두 처리 $u < v$ 에 대하여 처리효과에 대한 차이 $H_{0d} : \mu_u = \mu_v$ 를 검정하는 검정통계량은 $R_{u,v}^* = |\bar{R}_u^* - \bar{R}_v^*|$ 이며, 이때 기각역은 $R_{u,v}^* \geq r_{\alpha}$ 이며 r_{α} 는 귀무가설하에서 $R_{u,v}^*$ 분포의 상위 100α 백분위수이다.

3.3. 정렬방법을 이용한 Tukey 다중비교방법

이 다중비교방법은 Tukey가 제안한 방법에 Hodges와 Lehmann(1962)이 제안한 정렬방법을 적용한 다중비교방법이다. 정렬된 자료 X_{ij}^* 에서 $X_{i.}^*$ 는 각 처리의 합, $\bar{X}_{i.}^*$ 는 각 처리의 평균으로 정의한다. k 개의 처리에서 다중비교를 하기 위하여 $k(k-1)/2$ 개의 모든 처리 $u < v$ 에 대하여 처리효과에 대한 차이 $H_{0d} : \mu_u = \mu_v$ 를 검정하는 검정통계량은 $T_{u,v}^* = |\bar{X}_{u.}^* - \bar{X}_{v.}^*|$ 이고, 이때 기각역은 $T_{u,v}^* \geq t_{\alpha}$ 이며, t_{α} 는 귀무가설하에서 $T_{u,v}^*$ 분포의 상위 100α 백분위수이다.

4. 예 제

표 4.1은 Parker와 Halford(1968)의 논문에 나와 있는 자료로서 사람의 머리카락 속에 있는 미량원소(trace element)들의 차이를 알아보기 위하여 10사람의 머리카락 속에 있는 미량원소 염소(*Cl*), 아이오딘(*I*), 브로핀(*Br*)들의 농도를 나타낸 것이고 표 4.2는 Hodges와 Lehmann(1962)이 제안한 방법을 이용하여 표 4.1를 정렬한 자료이다. 제안한 방법들을 이용하여 유의수준 0.05에서 미량원소들의 차이를 알아보자.

표 4.1: 원자료(original data)

Subject	Trace element		
	<i>Cl</i>	<i>I</i>	<i>Br</i>
1	8.268	2.945	3.893
2	7.460	3.642	3.133
3	8.439	1.631	3.040
4	7.637	2.339	3.533
5	7.740	4.488	2.855
6	5.858	2.589	5.705
7	6.005	2.355	2.350
8	8.069	2.594	3.763
9	7.571	2.174	2.847
10	8.804	2.104	3.470

표 4.2 : 정렬된자료(aligned data)

Subject	Trace element		
	<i>Cl</i>	<i>I</i>	<i>Br</i>
1	3.2372	-2.0903	-1.1423
2	2.715	-1.1034	-1.612
3	4.069	-2.739	-1.33
4	1.134	-1.164	0.03
5	2.7124	-0.5396	-2.1726
6	1.1407	-2.1283	0.9877
7	2.435	-1.215	-1.22
8	3.2604	-2.2146	-1.0456
9	3.3737	-2.0233	-1.3503
10	4.0114	-2.6886	-1.3226

단위: ppm(parts per million)

정규함수를 이용한 정렬위치다중비교 통계량은 $|S_{Cl,I}^{NS}|=13.85$, $|S_{Cl,Br}^{NS}|=13.85$, $|S_{I,Br}^{NS}|=4.96$ 이고 다중비교를 위해 각각 $s_{\alpha}^{NS}=9.2$ 와 비교하면 $|S_{Cl,I}^{NS}|=13.85 > 9.2$, $|S_{Cl,Br}^{NS}|=13.85 > 9.2$, $|S_{I,Br}^{NS}|=4.96 < 9.2$ 이다. 지수함수를 이용한 정렬위치다중비교 통계량은 $S_{Cl,I}^E=0$, $S_{Cl,Br}^E=0$, $S_{I,Br}^E=12.0599$ 이고 각각 $s_{\alpha}^E=16.8$ 와 비교하면 $S_{Cl,I}^E=0 < 16.8$, $S_{Cl,Br}^E=0 < 16.8$, $S_{I,Br}^E=12.0599 < 16.8$ 이다. 정렬방법을 이용한 Kruskal-Wallis 순위합 다중비교를 위한 통계량은 $R_{Cl,I}^*=17$, $R_{Cl,Br}^*=13$, $R_{I,Br}^*=4$ 이고 각각 $r_{\alpha}=29.2$ 와 비교하면 $R_{Cl,I}^*=17 < 29.2$, $R_{Cl,Br}^*=13 < 29.2$, $R_{I,Br}^*=4 < 29.2$ 이다. 정렬방법을 이용한 Tukey 다중비교를 위한 통계량은 $T_{Cl,I}^*=4.5994$, $T_{Cl,Br}^*=3.2862$, $T_{I,Br}^*=0.7729$ 이고 각각 $t_{\alpha}=0.9888$ 와 비교하면 $T_{Cl,I}^*=4.5994 > 0.9888$, $T_{Cl,Br}^*=3.2862 > 0.9888$, $T_{I,Br}^*=0.7729 > 0.9888$ 이다. 다중비교결과 정규함수를 이용한 정렬위치다중비교는 처리 *Cl*과 *I*, *Cl*과 *Br*는 처리별 차이가 있고 *I*과 *Br*는 처리별 차이가 없었고 지수함수를 이용한 정렬위치다중비교는 처리 *Cl*과 *I*, *Cl*과 *Br*, *I*와 *Br*는 처리별 차이가 없었다. 그리고 정렬방법을 이용한 Kruskal-Wallis 순위합 다중비교는 처리 *Cl*과 *I*, *Cl*과 *Br*, *I*과 *Br*는 처리별 차이가 없었고 정렬방법을 이용한 Tukey 다중비교는 처리 *Cl*과 *I*, *Cl*과 *Br*는 처리별 차이가 있고 *I*과 *Br*는 차이가 없었다. 본 논문에서 제시한 4가지 다중비교방법으로 다중비교를 한 결과 정규함수를 이용한 정렬위치다중비교와 정렬방법을 이용한 Tukey 다중비교가 같은 결과가 나왔고, 지수함수를 이용한 정렬위치다중비교와 정렬방법을 이용한 Kruskal-Wallis 순위합 다중비교가 같은 결과가 나왔다.

5. 모의 실험의 계획 및 결과

일반적으로 랜덤화 블록 모형에서의 비모수 다중비교방법은 Friedman 순위합 다중비교방법을 자주 사용한다. 따라서 Friedman 순위합 다중비교법과 논문에서 제시한 4가지 다중비교법의 검정력을 비교하기 위하여 SAS를 이용해 모의 실험을 시행하였다. 처리 수는 3과 5로 하고 블록 수는 5, 10, 15로 한다. 모집단의 분포로는 정규분포, 오염정규분포, 이종지수분포를 채택하고, SAS의 RANNOR함수를 이용하여 정규분포와 오염정규분포의 난수를 생성하였다. 오염정규분포에서의 오염정도는 0.1, 표준편차는 3으로 하였다. 이종지수분포의 난수생성은 균일분포의 RANUNI함수의 역변환 기법을 이용하여 생성하였다. 그리고 유의수준 α 는 0.05로 하였다. 이런 상태에서 각 다중비교법들의 검정력을 비교하기 위하여 10,000번 반복 실험한다. 표 5.1는 처리 $k=3$ 일 때 제시한 3가지 분포에서의 다중비교방법별 검정력이고 표 5.2은 처리 $k=5$ 일 때 제시한 3가지 분포에서의 다중비교법별 검정력이다.

표 5.1에서 처리별 차이 없는 경우를 보면 Friedman 순위합 다중비교법의 검정력은 모든 분포에서 검정력이 0.95정도로 나타났다. 정렬방법을 이용한 Tukey 다중비교법의 검정력은 정규분포, 오염정규분포, 이종지수분포 모두 검정력이 0.95정도 나타났고 정렬방법을 이용한 Kruskal-Wallis 순위합 다중비교법은 모든 분포에서 0.9정도 나타났다. 즉 처리수가 3인 경우에 유의수준 0.05를 만족하지 못한다는 것을 알 수 있다. 이는 자료의 정렬하는 과정에서 자료들간의 독립성이 상실되어 일어나는 문제로 생각된다. 정규함수와 지수함수를 이용한 정렬 위치 다중비교법들은 모든 분포에서 0.95정도 나타났다. 표 5.2에서 Friedman 순위합 다중비교법의 검정력은 모든 분포에서 블록이 5, 10일 때 0.96정도 나타났고 블록이 15인 경우 0.95정도 나타났다. 정렬방법을 이용한 Tukey 다중비교법은 정규분포, 오염정규분포, 이종지수분포에서는 블록에 상관없이 검정력이 0.95정도 나타났다. 정렬방법을 이용한 Kruskal-Wallis 순위합 다중비교법은 정규분포, 오염정규분포, 이종지수분포는 블록이 5인 경우 0.95정도 나타났고 블록이 10, 15인 경우 0.93정도 나타났다. 정규함수를 이용한 정렬 위치 다중비교법은 정규분포, 오염정규분포, 이종지수분포에서는 블록이 5일 때 0.9정도 나타났고 블록이 10, 15인 경우에는 0.95정도 나타났다. 지수함수를 이용한 정렬 위치 다중비교법은 정규분포, 오염정규분포, 이종지수분포의 경우 검정력은 0.95정도 나타났다.

처리별 차이가 있는 경우 Friedman 순위합 다중비교법은 블록이 5인 경우의 검정력은 모두 0이었다. 그 이유는 Friedman 순위합 다중비교법은 각 블록의 순위를 구한 후 각각의 처리에서 순위합을 구한 다음 처리의 차를 기각역과 비교하는 것인데 블록이 적은 경우 그 값이 기각역 보다 항상 작아 처리간 차이가 있는 경우에도 처리별 차이가 있다는 대립가설을 채택하지 못한다. 따라서 Friedman 순위합 다중비교법에서 블록수가 적은 경우의 검정력은 항상 0으로 나타난다. 처리가 5이고 블록이 5일 때 정렬 방법을 이용한 Kruskal-Wallis 순위합 다중비교방법에서 0으로 나타난 것도 같은 이유 때문이다.

표 5.1에서 제시한 3가지 분포에서 다중비교법별 검정력을 살펴보면 정규분포에서는 블록수가 5인 경우는 지수함수를 이용한 정렬 위치 다중비교방법과 정렬방법을 이용한 Tukey 다중비교방법이 높은 검정력을 나타냈고, 블록수가 10, 15인 경우는 정렬방법을 이용한 Kruskal-Wallis 순위합 다중비교방법이 높은 검정력을 나타냈다. 오염정규분포에서는 블록수가 5인 경우에는 지수함수를 이용한 정렬 위치 다중비교방법의 검정력이 높았고 블록

수가 10, 15인 경우는 정렬방법을 이용한 Kruskal-Wallis 순위합 다중비교방법이 높은 검정력을 나타냈다. 이중지수분포의 경우는 블록수가 5인 경우 지수함수를 이용한 정렬 위치 다중비교방법이 높은 검정력을 나타냈고 블록수가 10, 15인 경우는 정렬방법을 이용한 Kruskal-Wallis 순위합 다중비교방법이 높은 검정력을 나타냈다.

표 5.2에서 제시한 3가지 분포에서 다중비교별 검정력을 살펴보면 정규분포에서는 정렬방법을 이용한 Tukey 다중비교방법이 높은 검정력을 나타냈다. 하지만 정규함수와 지수함수를 이용한 정렬 위치 다중비교법과 검정력이 큰 차이가 나지 않음을 알 수 있었다. 오염정규분포에서는 블록수가 5, 10인 경우는 정렬방법을 이용한 Tukey 다중비교방법의 검정력이 높았고, 블록수가 15인 경우는 정렬방법을 이용한 Kruskal-Wallis 순위합 다중비교방법의 검정력이 높았다. 이중지수분포의 경우는 Tukey 다중비교방법의 검정력이 높게 나타났다.

6. 결론 및 고찰

본 논문에서는 랜덤화 블록 모형에서의 여러가지 다중비교방법들을 제안하고 모의실험을 통하여 비교해 보았다. 표 5.1와 표 5.2을 보면 모든 다중비교방법들은 제시한 3가지 분포에서 블록수가 늘어 날수록 검정력이 증가하고 처리수가 늘어 날수록 검정력이 감소하는 경향을 보였다. 처리수가 3인 경우를 보면 정규분포, 오염정규분포, 이중지수분포에서 블록수가 5인 경우는 지수함수를 이용한 정렬 위치 다중비교의 검정력이 높았고, 블록수가 10, 15인 경우는 순위를 이용한 다중비교방법인 정렬방법을 이용한 Kruskal-Wallis 순위합 다중비교방법의 검정력이 높은 경향을 나타냈다. 처리수가 5인 경우는 제시한 3가지 분포 모두 정렬방법을 이용한 Tukey 다중비교방법이 대체로 높은 검정력이 나타났다. 하지만 처리수가 3일 때 높은 검정력을 나타낸 정렬방법을 이용한 Kruskal-Wallis 순위합 다중비교방법과 처리수가 5일 때 높은 검정력을 나타낸 정렬방법을 이용한 Tukey 다중비교방법과 본 논문에서 제안한 정렬 위치 다중비교방법과는 검정력의 차이가 크지 않다는 것을 알 수 있었다. 따라서 본 논문에서 제시한 정규함수와 지수함수를 이용한 정렬 위치 다중비교방법은 블록이 클수록 적합하며 꼬리가 두꺼운 분포에서뿐만 아니라 일반적인 분포에서도 검정력이 좋게 나타났다. 하지만 블록 모형에서 블록간의 정보를 이용할 경우 자료를 정렬시켜야 한다는 번거로움과 계산이 순위를 구하는것에 비해 복잡하다는 단점이 있다. 그리고 검정법의 효율면에서는 좋지만 미지의 블록 효과가 존재하기 때문에 비모수방법의 장점인 분포 무관의 성질을 유지하면서 블록간의 정보를 추출해 내는 것은 쉽지 않다는 문제가 있다.

표 5.1: 다중비교의 검정력에 대한 모의 실험 결과 ; $\alpha = 0.05$, $k=3$

블록수	μ_1	μ_2	μ_3	APNS	APES	FRID	AKRU	TUKEY	
정	5	0	0	0	0.9522	0.9482	0.9580	0.8998	0.9512
		2	0	0	0.4010	0.4645	0	0.2561	0.4887
		5	1	0	0.1503	0.2855	0	0.0846	0.1621
		5	3	1	0.3080	0.5694	0	0.2116	0.3957
규	10	0	0	0	0.9502	0.9479	0.9548	0.8946	0.9538
		2	0	0	0.8946	0.9194	0.6492	0.9280	0.9174
		5	1	0	0.3769	0.4429	0.1602	0.4498	0.3992
		5	3	1	0.8963	0.9220	0.6352	0.9304	0.9296
포	15	0	0	0	0.9494	0.9454	0.9601	0.8987	0.9500
		2	0	0	0.9723	0.9781	0.9333	0.9905	0.9752
		5	1	0	0.6919	0.6514	0.2980	0.6975	0.6025
		5	3	1	0.9963	0.9955	0.9552	0.9979	0.9958
오	5	0	0	0	0.9481	0.9409	0.9489	0.8652	0.9489
		2	0	0	0.5324	0.7395	0	0.2950	0.6331
		5	1	0	0.2178	0.3647	0	0.1884	0.2429
		5	3	1	0.4715	0.7309	0	0.2620	0.5796
정	10	0	0	0	0.9452	0.9507	0.9516	0.8889	0.9480
		2	0	0	0.9595	0.9686	0.7809	0.9807	0.9680
		5	1	0	0.4846	0.5569	0.2899	0.5663	0.5191
		5	3	1	0.9789	0.9864	0.8422	0.9911	0.9888
분	15	0	0	0	0.9483	0.9500	0.9446	0.8888	0.9509
		2	0	0	0.9815	0.9815	0.9781	0.9966	0.9807
		5	1	0	0.8070	0.7709	0.3358	0.8199	0.7384
		5	3	1	0.9981	0.9990	0.9777	0.9999	0.9996
이	5	0	0	0	0.9446	0.9350	0.9618	0.9014	0.9575
		2	0	0	0.4533	0.6532	0	0.2783	0.5469
		5	1	0	0.1905	0.3331	0	0.1572	0.1941
		5	3	1	0.3824	0.6019	0	0.2379	0.4713
중	10	0	0	0	0.9529	0.9569	0.9567	0.9017	0.9588
		2	0	0	0.8734	0.9049	0.6920	0.9200	0.9114
		5	1	0	0.4201	0.4888	0.2479	0.5008	0.4219
		5	3	1	0.8551	0.8881	0.6618	0.8974	0.8842
수	15	0	0	0	0.9497	0.9542	0.9454	0.8916	0.9536
		2	0	0	0.9750	0.9716	0.9498	0.9908	0.9708
		5	1	0	0.7326	0.6910	0.4490	0.7933	0.6305
		5	3	1	0.9904	0.9890	0.9518	0.9954	0.9899

APNS : 정규함수를 이용한 정렬 위치 다중비교 APES : 지수함수를 이용한 정렬 위치 다중비교

FRID : Friedman 순위합 다중비교 AKRU : Kruskal-Wallis 순위합 다중비교 TUKEY : Tukey 다중비교

표 5.2: 다중비교의 검정력에 대한 모의 실험 결과; $\alpha = 0.05$, $k=5$

블록수	μ_1	μ_2	μ_3	μ_4	μ_5	APNS	APES	FRID	AKRU	TUKEY	
정	5	0	0	0	0	0	0.9028	0.9424	0.9635	0.9421	0.9452
		2	0	0	0	0	0.1741	0.1800	0	0	0.2778
		3	3	3	0	0	0.5134	0.5279	0	0	0.7645
		6	4	2	0	0	0.0609	0.0620	0	0	0.1161
규	10	0	0	0	0	0	0.9480	0.9483	0.9571	0.9245	0.9410
		2	0	0	0	0	0.5746	0.6978	0.1887	0.3958	0.7673
		3	3	3	0	0	0.9581	0.9651	0.5541	0.8561	0.9711
		6	4	2	0	0	0.5289	0.6258	0.1598	0.3811	0.7313
분	15	0	0	0	0	0	0.9476	0.9498	0.9506	0.9144	0.9467
		2	0	0	0	0	0.9096	0.9204	0.7090	0.8882	0.9412
		3	3	3	0	0	0.9821	0.9810	0.9808	0.9810	0.9959
		6	4	2	0	0	0.9169	0.9295	0.6904	0.8864	0.9658
오	5	0	0	0	0	0	0.8762	0.9402	0.9583	0.9477	0.9332
		2	0	0	0	0	0.2732	0.2860	0	0	0.4205
		3	3	3	0	0	0.7316	0.7563	0	0	0.8993
		6	4	2	0	0	0.1598	0.1612	0	0	0.2647
염	10	0	0	0	0	0	0.9508	0.9517	0.9607	0.9283	0.9471
		2	0	0	0	0	0.8206	0.8886	0.3293	0.6106	0.9255
		3	3	3	0	0	0.9744	0.9767	0.7491	0.9268	0.9775
		6	4	2	0	0	0.8450	0.8913	0.3210	0.6307	0.9438
분	15	0	0	0	0	0	0.9546	0.9540	0.9521	0.9204	0.9510
		2	0	0	0	0	0.9634	0.9647	0.8725	0.9588	0.9670
		3	3	3	0	0	0.9758	0.9720	0.8587	0.9741	0.9799
		6	4	2	0	0	0.9897	0.9897	0.9990	0.9894	0.9997
이	5	0	0	0	0	0	0.9041	0.9471	0.9631	0.9430	0.9542
		2	0	0	0	0	0.2147	0.2211	0	0	0.3314
		3	3	3	0	0	0.5058	0.5175	0	0	0.7513
		6	4	2	0	0	0.1132	0.1143	0	0	0.2071
중	10	0	0	0	0	0	0.9535	0.9520	0.9618	0.9315	0.9504
		2	0	0	0	0	0.6328	0.7583	0.2647	0.4742	0.8034
		3	3	3	0	0	0.9208	0.9285	0.5517	0.8215	0.9705
		6	4	2	0	0	0.5525	0.6380	0.2231	0.4544	0.7595
수	15	0	0	0	0	0	0.9497	0.9510	0.9487	0.9195	0.9482
		2	0	0	0	0	0.8966	0.9079	0.7525	0.8953	0.9340
		3	3	3	0	0	0.9782	0.9792	0.9681	0.9966	0.9768
		6	4	2	0	0	0.8950	0.9007	0.7188	0.9009	0.9496

APNS : 정규합수를 이용한 정렬 위치 다중비교 APES : 지수합수를 이용한 정렬 위치 다중비교

FRID : Friedman 순위합 다중비교 AKRU : Kruskal-Wallis 순위합 다중비교 TUKEY : Tukey 다중비교

참고문헌

- Hodges, J. L. and Lehmann, E. L. (1962). Rank methods for combination of independent experiments in analysis of variance, *The Annals of Mathematical Statistics*, **33**, 482-497.
- Keuls, M. (1952). The use of the "studentized range" in connection with an analysis of variance, *Euphytica*, **1**, 112-122
- Mack, G. A. and Skillings, J. H. (1980). A Friedman-type rank test for main effects in a two factor ANOVA. *Journal of the American Statistical Association*, **75**, 947-951.
- McDonald, B. J. and Thompson, W. A., Jr.(1967). Rank sum multiple comparisons in one-way and two-way classifications, *Biometrika*, **54**, 487-497
- Nemenyi, P. (1963). Distribution-free multiple comparisons. Ph. D. thesis, Princeton University.
- Orban, J. and Wolfe, D. A. (1982). A class of distribution-free two-sample tests based on placements, *Journal of the American Statistical Association*, **77**, 666-672.
- Parker, J. B. and Halford, A. (1968). Optimum test statistics with particular reference to a forensic science problem, *Applied Statistics*, **17** 246.
- Scheffe, H. (1953). A method for judging all contrasts in the analysis of variance, *Biometrika*, **40**, 87-104
- Tukey, J. W.(1953). The problem of multiple comparisons. Unpublished manuscript.

[2006년 3월 접수, 2006년 5월 채택]

Nonparametric Multiple Comparison Procedure Using Alignment Method Under Randomized Block Design

Ji Ung Han¹⁾ Dong Jae Kim²⁾

ABSTRACT

Friedman rank-sum multiple comparison procedure is often applied to nonparametric multiple comparison method under randomized block design. Since this method does not use between-block information, we propose, in this paper, nonparametric multiple comparison procedures employing aligned method suggested by Hodges and Lehmann(1962) under randomized block design. The proposed procedure and Friedman procedure are compared by Monte Carlo simulation study.

Keywords: Multiple comparison, Rank, Alignment method

1) Researcher, Hyundai Research Institute, Seoul 137-743, Korea

E-mail: jibung0414@hri4u.com

2) (Corresponding author) Professor, Dept. of Biostatistics, The Catholic University of Korea, Seoul 137-701, Korea

E-mail: djkim@catholic.ac.kr