

랜덤화 블록 계획법에서 정렬방법과 결합 위치를 이용한 비모수 검정법

조성동¹ · 김동재²

¹²가톨릭대학교 의학통계학과

접수 2012년 11월 13일, 수정 2012년 12월 3일, 게재확정 2013년 1월 7일

요약

랜덤화 블록 모형에서 처리 간의 차이 유무를 검정하는 비모수 방법은 일반 대립가설에서는 Friedman (1937)이, 순서 대립가설에서는 Page (1963)가 제안한 검정법이 있다. 이 방법은 각 블록 내 처리 간의 순위를 이용하여 처리 간의 차이를 검정하는 검정법이다. 본 논문에서는 Hodges와 Lehmann (1962)의 정렬 방법과 Chung과 Kim (2007)이 제안한 결합위치 검정법을 확장하여 랜덤화 블록 모형에서 새로운 비모수적 방법을 제시하였다. 또한, 모의실험을 통하여 모수적 방법과 기존의 비모수적 방법과의 검정력을 비교하였다.

주요용어: 랜덤화 블록 계획법, 비모수 방법, 위치, 정렬방법.

1. 머리말

처리가 3개 이상일 때 처리 효과의 차이 유무를 알기 위한 랜덤화 블록 계획법 (randomized block design)은 연구대상을 비슷한 특성을 가진 블록으로 구분한 다음, 무작위로 한 가지의 처리 수준에 한 명의 연구대상을 할당하는 실험 설계법이다. 처리 효과의 차이 유무를 검정하기 위해서는 오차가 서로 독립이고 정규분포를 따르는 확률변수라는 가정이 성립한다면 모수적 방법인 분산분석법을 사용하여 처리 효과들이 모두 같다는 귀무가설을 검정할 수 있다. 하지만 오차가 정규분포를 따른다는 가정을 만족하지 않을 때에는 분산분석법의 사용 시 문제점이 발생한다. 따라서 모수적 가정을 만족하지 않는 때에는 제 1종 오류를 제어할 수 있는 비모수적 검정법을 선택해야 한다 (Lee와 Kim, 2011).

랜덤화 블록 계획법에서 비모수적 방법으로는 각 처리의 효과가 적어도 하나는 다르다는 일반 대립가설에 관한 검정법은 Friedman (1937)이 제안한 검정법이 있고, 순서 대립가설에 관해서는 Page (1963)가 제안한 검정법이 있다. Friedman이 제안한 검정법은 각 블록 내 순위 (rank)를 사용하여 처리 간의 효과 차이를 검정하는 점이 특징이다. 하지만 블록 내 순위를 사용함으로써 블록 간 정보를 이용하지 못할 경우에는 검정법의 효율이 떨어진다는 단점이 있다. Page가 제안한 검정법은 Friedman과 같은 블록 내 순위를 사용하며 처리 별 가중치를 적용하여 통계량을 계산한다. 처리 효과에 따른 반응값의 증감에 대한 사전정보가 있는 경우 Friedman이 제안한 검정법보다 효율적이다.

Orban과 Wolfe (1982)는 두 처리 간 효과 차이를 검정하기 위해 위치 (placement)를 사용한 비모수 검정법을 제안하였다. 이 방법은 두 처리 중 어느 한 처리에 대한 상대적 위치정보를 이용하여 처리 효

¹ (137-701) 서울시 서초구 반포동 505번지, 가톨릭대학교 의학통계학과, 대학원생.

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

E-mail: djkim@catholic.ac.kr

과의 차이를 검정하는 방법으로 대조군의 표본크기가 처리 군의 표본크기보다 클 때 더 유용하다고 알려져 있다. 또한 Chung과 Kim (2007)이 이것을 확장하여 결합위치를 이용한 일원 배치모형 검정방법을 제안하였다. 이 방법은 처리 효과가 크고 표본크기가 클수록 Kruskal-Wallis 검정법보다 효율적이다. 또한, 각 처리에서 표본크기가 같은 경우에는 Kruskal-Wallis 검정법과 같음이 알려져 있다.

본 논문에서는 Chung과 Kim (2007)이 일원 배치모형에 대해 제안한 검정법인 결합 위치 (joint placement) 방법과 Hodges와 Lehmann (1962)이 제안한 정렬 방법을 이용하여 블록 간의 정보를 이용하는 비모수적 검정법을 제안하였다. 또한, 제안된 검정법을 대표적인 비모수적 검정법과 모수적 검정법인 분산분석법과의 모의실험을 통하여 검정력을 비교하였다.

2. 제안한 방법

2.1. 모형

처리의 개수가 k 개인 랜덤화 블록 계획법 모형은 다음과 같다.

$$X_{ij} = \mu + \beta_i + \tau_j + \varepsilon_{ij} \quad (i = 1, \dots, n; j = 1, \dots, k)$$

여기서 X_{ij} 는 i 번째 블록에서 j 번째 처리의 반응 값이고, μ 는 전체평균, β_i 는 블록 효과, τ_j 는 처리 효과, ε_{ij} 는 오차 항이며 동일한 연속분포를 따르는 서로 독립인 확률변수를 가정한다. 블록 간 정보를 이용하기 위하여 Hodges와 Lehmann (1962)이 제안한 정렬방법을 이용하여 생성된 정렬자료는

$$X_{ij}^* = X_{ij} - \bar{X}_{.j}$$

이고, $\bar{X}_{.j} = \sum_{i=1}^n X_{ij}/n$ 는 각 블록의 효과인 블록 평균이다.

2.2. 정렬을 이용한 결합위치 방법

모집단에 대하여 구체적인 분포함수를 가정할 수 없는 경우에 각 처리의 효과가 적어도 하나는 다르다는 일반적인 대립가설을 검정하기 위하여 Chung과 Kim (2007)이 제안한 일원 배치모형의 비모수 방법에 Hodges와 Lehmann (1962)이 제안한 정렬방법을 적용한 비모수적 방법이다.

각 처리 효과가 모두 동일하다는 귀무가설과 일반적인 대립가설은 다음과 같다.

$$H_0 : \tau_1 = \tau_2 = \dots = \tau_j = \dots = \tau_k \text{ vs } H_1 : \tau_j \text{들이 모두 같지는 않다.}$$

자료를 정렬시켜 블록 효과를 없애 자료 전체에 대한 결합 위치 (joint placement)를 다음과 같이 정의한다.

$$V_{ij} = \sum_{\substack{h=1 \\ h \neq j}}^k \sum_{s=1}^n \chi(X_{sh}^*, X_{ij}^*), \text{ 여기서 } \chi(x, y) = \begin{cases} 1, & x \leq y \text{ 일 경우} \\ 0, & \text{그 외} \end{cases}$$

결합 위치 V_{ij} 는 j 번째 처리의 관측값을 제외한 혼합표본에서 X_{ij}^* 보다 작거나 같은 관측값의 개수로 정의된 확률변수이다. 또한, 전체자료 수를 $N = nk$ 라 하며 결합 위치의 처리 별 평균 $\bar{V}_{.j}$ 과 전체평균 $\bar{V}_{..}$ 는 다음과 같다.

$$\bar{V}_{.j} = \frac{\sum_{i=1}^n V_{ij}}{n}, j = 1, 2, \dots, k$$

$$\bar{V}_{..} = \frac{\sum_{j=1}^k \sum_{i=1}^n V_{ij}}{N} = \frac{\sum_{j=1}^k n\bar{V}_{.j}}{N} = \frac{\sum_{j=1}^k \bar{V}_{.j}}{k}$$

따라서 각 군에서의 $\bar{V}_{.j}$ 와 $\bar{V}_{..}$ 의 차이를 이용한 검정통계량 H

$$H = \frac{12}{N(N+1)} \sum_{j=1}^k n(\bar{V}_{.j} - \bar{V}_{..})^2$$

이다. 검정통계량 H 와 Kruskal과 Wallis가 제안한 순위를 이용한 검정법의 혼합 표본에서의 순위 R_{ij} 와 결합위치 V_{ij} 와의 관계를 살펴보면, 처리 별 표본의 크기가 동일한 경우 검정통계량 H 는 Kruskal과 Wallis 통계량과 상수 배의 관계에 놓여있기 때문에 검정통계량은 같다고 할 수 있다. 따라서 처리 별 표본의 크기가 동일할 때 두 검정법은 같은 검정방법이 된다. 검정통계량 H 는 귀무가설 하에서 근사적으로 자유도가 $k - 1$ 인 카이제곱분포를 따르며 기각역은 $\chi^2_{k-1, \alpha}$ 이며, $\chi^2_{k-1, \alpha}$ 는 자유도가 $k - 1$ 인 카이제곱분포의 상위 100α 백분위수이다.

3. 예제

Table 3.1은 사람의 머리카락 속에 있는 미량원소 (trace element)들의 차이를 알아보기 위하여 열 사람의 머리카락 속에 있는 미량원소 나트륨 (Na), 염소 (Cl), 아이오딘 (I), 브로민 (Br), 구리 (Cu)들의 농도를 나타낸 인위적 자료이다. Table 3.1은 사람을 블록화하고 미량원소 농도 차이를 검정하는 랜덤화 블록 설계법으로 일반 대립가설에 대하여 분산분석법과 Friedman 방법 그리고 논문에서 제안한 정렬을 이용한 결합위치 방법들을 이용하여 유의수준 0.05에서 차이를 알아보자.

Table 3.1 Original data (unit: ppm)

Subject	Trace element				
	Na	Cl	I	Br	Cu
1	2.077	2.945	2.729	3.893	3.532
2	1.203	3.642	1.948	3.133	3.02
3	2.306	1.631	3.666	3.04	2.747
4	1.483	2.339	2.442	3.533	3.707
5	2.243	4.488	1.36	2.855	3.294
6	1.407	2.589	3.152	5.705	3.246
7	3.22	2.355	3.931	2.35	3.52
8	3.946	2.594	3.64	3.763	3.806
9	3.364	2.174	3.869	2.847	3.41
10	2.45	2.104	2.626	3.47	2.515

Table 3.2는 Table 3.1의 자료를 Hodges와 Lehman이 제안한 방법을 이용하여 정렬하고 결합위치를 계산결과를 나타내고 있다.

Table 3.2 Aligned data and joint placement (V_{ij})

Trace element									
Aligned data					Joint placement (V_{ij})				
Na	Cl	I	Br	Cu	Na	Cl	I	Br	Cu
-0.9582	-0.0902	-0.3062	0.8578	0.4968	3	14	14	36	30
-1.3862	1.0528	-0.6412	0.5438	0.4308	1	39	9	34	30
-0.372	-1.047	0.988	0.362	0.069	9	4	36	29	24
-1.2178	-0.3618	-0.2588	0.8322	1.0062	1	9	15	35	37
-0.605	1.64	-1.488	0.007	0.446	8	39	1	22	30
-1.8128	-0.6308	-0.0678	2.4852	0.0262	0	7	18	40	24
0.1448	-0.7202	0.8558	-0.7252	0.4448	21	6	35	8	30
0.3962	-0.9558	0.0902	0.2132	0.2562	25	5	21	26	28
0.2312	-0.9588	0.7362	-0.2858	0.2772	22	4	33	16	28
-0.183	-0.529	-0.007	0.837	-0.118	13	8	18	35	20

결합위치의 미량원소별 평균과 전체 평균은

$$\bar{V}_{.1} = \frac{103}{10} = 10.3, \bar{V}_{.2} = \frac{135}{10} = 13.5, \bar{V}_{.3} = \frac{200}{10} = 20, \bar{V}_{.4} = \frac{281}{10} = 28.1, \bar{V}_{.5} = \frac{281}{10} = 28.1, \bar{V}_{..} = \frac{1000}{50} = 20$$

이며, 이를 이용하여 구한 검정통계량

$$H = \frac{12}{50(50+1)} 10 [(10.3 - 20)^2 + (13.5 - 20)^2 + (20 - 20)^2 + (28.1 - 20)^2 + (28.1 - 20)^2] \\ = 12.5911$$

이다. 기존의 검정방법들에 대한 검정통계량과 기각값은 Table 3.3과 같다.

	test statistic	critical value
Anova Test	2.77	2.634
Friedman's Test	9.360	9.4877
Joint placement Test	12.5911	11.0588

Table 3.3의 검정결과를 살펴보면 각 방법의 검정통계량과 기각값의 차이가 크게 나지 않음을 알 수 있다. 하지만 Friedman의 검정방법은 검정통계량이 기각값 보다 작아 미량원소 간 농도의 차이가 없다는 귀무가설을 기각하지 못하지만, 분산분석법과 정렬을 이용한 결합위치 방법에 따른 검정통계량은 기각값 보다 크며 귀무가설을 기각하는 결과를 나타낸다.

4. 모의실험의 계획 및 결과

본 논문에서 제시한 방법, 기존 비모수 검정법과 분산분석법과의 검정력을 비교하기 위하여 SAS를 이용해 모의실험을 시행하였다. 모집단의 분포로는 대칭분포인 정규분포, Cauchy 분포, 이중지수분포와 비대칭분포인 지수분포, 카이제곱분포, F 분포를 채택하였다. 정규분포, Cauchy 분포, 지수분포에 대한 난수 생성은 SAS의 RANNOR, RANCAU, RANEXP 함수를 사용하였고, 자유도가 $k - 1$ 인 카이제곱분포와 분자와 분모의 자유도가 $k - 1$ 과 $(k - 1) * (n - 1)$ 인 F 분포에 대한 난수 생성은 SAS의 RAND 함수를 사용하였다. 이중지수분포는 RANUNI 함수와 역변환기법을 이용하여 난수를 생성하였다. 생성된 난수를 실제 표본으로 간주하고, 계산된 검정통계량이 기각 역에 포함되는지를 판단하는 과정을 10,000번 반복하는 몬테 카를로 기법을 이용하였다.

처리의 수는 3개와 5개일 경우를 선택하였고 블록의 수는 5개와 10개일 경우를 비교하였다. 유의수준은 0.05로 하고 여러 가지 처리조합에 대하여 검정력을 비교하였다. 각 분포에서의 방법별 검정력의 비교 결과를 처리의 개수가 $k = 3$ 일 때는 Table 4.1에, 처리의 개수가 $k = 5$ 일 때는 Table 4.2에 정리하였다.

처리의 개수가 3개일 때의 유의수준이 0.05를 만족하는지를 살펴보면, 모집단의 분포가 정규분포인 경우 정렬을 이용한 결합위치 방법과 분산분석법의 경우 제 1종 오류를 범할 확률 0.05 근방의 값을 얻었으며, Friedman 방법과 Page 방법은 제 1종 오류를 범할 확률 0.04 근방으로 정렬을 이용한 결합위치 방법과 분산분석법에 비해 보수적인 검정법임을 알 수 있다. 지수분포, 카이제곱 분포, F 분포, 이중지수분포인 경우 0.04에 근사한 값을 얻었으며, 블록의 수가 적은 경우 정렬을 이용한 결합위치 방법이 다른 검정법에 비해 유의수준이 0.05에 근사한 값이 나타났다. Cauchy 분포인 경우 정렬을 이용한 결합위치 방법과 Friedman 방법은 0.04에 근사한 값을 얻었으며, 분산분석법은 0.02에 근사한 값을 얻었

Table 4.1 Monte Carlo power estimates : $\alpha = 0.05, k = 3$

Dist	Block	τ_1	τ_2	τ_3	F	S	H	L	
Normal	5	0	0	0	0.0503	0.0387	0.0502	0.0365	
		0	0	1.5	0.5066	0.3678	0.4974	0.5022	
		0	0.8	1.5	0.3951	0.2865	0.3916	0.5452	
		0	1.5	1.5	0.5014	0.3903	0.4949	0.5084	
		0	1	0	0.7653	0.5840	0.7417	0.0138	
		0	0	0	0.0493	0.0456	0.0498	0.0437	
	10	0	0	1.5	0.8983	0.7546	0.8892	0.8303	
		0	0.8	1.5	0.7892	0.6351	0.7813	0.8486	
		0	1.5	1.5	0.8961	0.7521	0.8892	0.8273	
		0	1	0	0.9904	0.9403	0.9894	0.0177	
		0	0	0	0.0165	0.0372	0.0378	0.0373	
		0	0	1.5	0.0613	0.1219	0.1092	0.2145	
Cauchy	5	0	0.8	1.5	0.0505	0.1040	0.0937	0.2313	
		0	1.5	1.5	0.0635	0.1237	0.1158	0.2156	
		0	1	0	0.1039	0.1770	0.1697	0.0284	
		0	0	0	0.0180	0.0441	0.0443	0.0467	
		0	0	1.5	0.0791	0.2514	0.1808	0.3888	
		0	0.8	1.5	0.0610	0.2089	0.1486	0.4131	
	10	0	1.5	1.5	0.0793	0.2608	0.1831	0.3902	
		0	1	0	0.1251	0.3860	0.2718	0.0356	
		0	0	0	0.0398	0.0378	0.0474	0.0373	
		0	0	1.5	0.3191	0.2526	0.3294	0.3795	
		0	0.8	1.5	0.2434	0.2034	0.2592	0.4213	
		0	1.5	1.5	0.3074	0.2469	0.3221	0.3842	
Double Exponential	5	0	1	0	0.5060	0.3908	0.5055	0.0170	
		0	0	0	0.0433	0.0452	0.0474	0.0480	
		0	0	1.5	0.6362	0.5594	0.6565	0.6862	
		0	0.8	1.5	0.5136	0.4725	0.5416	0.7209	
		0	1.5	1.5	0.6317	0.5684	0.6534	0.6866	
		0	1	0	0.8622	0.7899	0.8736	0.0243	
	Exponential	5	0	0	0	0.0367	0.0378	0.0426	0.0372
			0	0	1.5	0.5793	0.4391	0.5756	0.6069
			0	0.8	1.5	0.4839	0.4351	0.5072	0.7043
			0	1.5	1.5	0.5847	0.5071	0.5889	0.5970
			0	1	0	0.7884	0.6099	0.7650	0.0160
			0	0	0	0.0413	0.0452	0.0449	0.0464
10		0	0	1.5	0.8925	0.8848	0.9229	0.9131	
		0	0.8	1.5	0.7960	0.8159	0.8398	0.9461	
		0	1.5	1.5	0.8817	0.8231	0.8927	0.8907	
		0	1	0	0.9826	0.9727	0.9911	0.0196	
		0	0	0	0.0375	0.0387	0.0439	0.0365	
		0	0	1.5	0.1966	0.1710	0.2199	0.3008	
χ^2 Dist.	5	0	0.8	1.5	0.1533	0.1615	0.1820	0.3384	
		0	1.5	1.5	0.1955	0.2069	0.2322	0.3146	
		0	1	0	0.1022	0.0955	0.1176	0.0388	
		0	0	0	0.0439	0.0483	0.0494	0.0490	
		0	0	1.5	0.3792	0.4334	0.4388	0.5668	
		0	0.8	1.5	0.2991	0.3458	0.3483	0.5972	
	10	0	1.5	1.5	0.3922	0.4178	0.4419	0.5585	
		0	1	0	0.1857	0.2305	0.2203	0.0553	
		0	0	0	0.0279	0.0408	0.0429	0.0407	
		0	0	1.5	0.3408	0.3080	0.3794	0.4746	
		0	0.8	1.5	0.2728	0.3153	0.3311	0.5607	
		0	1.5	1.5	0.3587	0.3876	0.4080	0.4870	
F Dist.	5	0	1	0	0.1745	0.1848	0.2175	0.0386	
		0	0	0	0.0376	0.0444	0.0449	0.0446	
		0	0	1.5	0.7498	0.8164	0.8217	0.8679	
		0	0.8	1.5	0.6530	0.7382	0.7254	0.9106	
		0	1.5	1.5	0.7487	0.7573	0.7893	0.8446	
		0	1	0	0.4495	0.5524	0.5376	0.0434	

F: ANOVA for randomized block design, S: Friedman Test, L: Page Test, H: Joint placement Test

Table 4.2 Monte Carlo power estimates : $\alpha = 0.05, k = 5$

Dist.	Block	τ_1	τ_2	τ_3	τ_4	τ_5	F	S	H	L
Normal	5	0	0	0	0	0	0.0514	0.0362	0.0500	0.0520
		0	0	1	1.5	2	0.7983	0.6452	0.7801	0.9496
		0	0	1.5	1.5	1.5	0.7130	0.5663	0.7023	0.8436
		0	1	2	1	0	0.7364	0.5632	0.7070	0.0217
		1	0	0	0	1	0.3594	0.2530	0.3432	0.0343
	10	0	0	0	0	0	0.0488	0.0429	0.0500	0.0472
		0	0	1	1.5	2	0.9946	0.9759	0.9935	0.9988
		0	0	1.5	1.5	1.5	0.9855	0.9481	0.9830	0.9853
		0	1	2	1	0	0.9857	0.9527	0.9841	0.0187
		1	0	0	0	1	0.7382	0.6176	0.7270	0.0307
Cauchy	5	0	0	0	0	0	0.0166	0.0334	0.0206	0.0505
		0	0	1	1.5	2	0.0621	0.1739	0.1041	0.5122
		0	0	1.5	1.5	1.5	0.0555	0.1524	0.0930	0.3980
		0	1	2	1	0	0.0601	0.1513	0.0940	0.0396
		1	0	0	0	1	0.0312	0.0849	0.0472	0.0408
	10	0	0	0	0	0	0.0186	0.0449	0.0264	0.0492
		0	0	1	1.5	2	0.0712	0.4260	0.1965	0.7641
		0	0	1.5	1.5	1.5	0.0606	0.3725	0.1690	0.6173
		0	1	2	1	0	0.0649	0.3827	0.1769	0.0373
		1	0	0	0	1	0.0338	0.1904	0.0823	0.0398
Double Exponential	5	0	0	0	0	0	0.0439	0.0379	0.0475	0.0556
		0	0	1	1.5	2	0.5028	0.4398	0.5306	0.8454
		0	0	1.5	1.5	1.5	0.4413	0.3795	0.4650	0.7064
		0	1	2	1	0	0.4562	0.3945	0.4689	0.0317
		1	0	0	0	1	0.2097	0.1802	0.2259	0.0416
	10	0	0	0	0	0	0.0480	0.0447	0.0503	0.0486
		0	0	1	1.5	2	0.8632	0.8590	0.9013	0.9812
		0	0	1.5	1.5	1.5	0.8018	0.8052	0.8537	0.9252
		0	1	2	1	0	0.8159	0.8100	0.8562	0.0280
		1	0	0	0	1	0.4360	0.4529	0.4988	0.0373
Exponential	5	0	0	0	0	0	0.0441	0.0379	0.0392	0.0495
		0	0	1	1.5	2	0.8105	0.7810	0.8486	0.9768
		0	0	1.5	1.5	1.5	0.7483	0.6975	0.7761	0.9032
		0	1	2	1	0	0.7631	0.7223	0.7976	0.0245
		1	0	0	0	1	0.4167	0.4210	0.4829	0.0125
	10	0	0	0	0	0	0.0442	0.0447	0.0440	0.0493
		0	0	1	1.5	2	0.9848	0.9947	0.9951	0.9999
		0	0	1.5	1.5	1.5	0.9664	0.9732	0.9838	0.9932
		0	1	2	1	0	0.9764	0.9902	0.9936	0.0243
		1	0	0	0	1	0.7563	0.8529	0.8647	0.0100
χ^2 Dist.	5	0	0	0	0	0	0.0444	0.0326	0.0380	0.0516
		0	0	1	1.5	2	0.1520	0.1264	0.1547	0.4198
		0	0	1.5	1.5	1.5	0.1260	0.1118	0.1371	0.3205
		0	1	2	1	0	0.1301	0.1105	0.1352	0.0486
		1	0	0	0	1	0.0757	0.0628	0.0758	0.0363
	10	0	0	0	0	0	0.0433	0.0404	0.0408	0.0455
		0	0	1	1.5	2	0.2991	0.3135	0.3466	0.6527
		0	0	1.5	1.5	1.5	0.2598	0.2824	0.2994	0.5129
		0	1	2	1	0	0.2638	0.2728	0.2987	0.0516
		1	0	0	0	1	0.1227	0.1245	0.1370	0.0362
F Dist.	5	0	0	0	0	0	0.0438	0.0350	0.0411	0.0499
		0	0	1	1.5	2	0.8338	0.8174	0.8703	0.9869
		0	0	1.5	1.5	1.5	0.7772	0.7379	0.8030	0.9247
		0	1	2	1	0	0.7831	0.7709	0.8271	0.0220
		1	0	0	0	1	0.4474	0.4565	0.5167	0.0126
	10	0	0	0	0	0	0.0461	0.0447	0.0460	0.0465
		0	0	1	1.5	2	0.9981	0.9993	1.0000	1.0000
		0	0	1.5	1.5	1.5	0.9941	0.9952	0.9980	0.9986
		0	1	2	1	0	0.9972	0.9991	0.9998	0.0160
		1	0	0	0	1	0.8980	0.9332	0.9522	0.0077

F: ANOVA for randomized block design, S: Friedman Test, L: Page Test, H: Joint placement Test

다. 검정력을 비교해보면 일반 대립가설에 대해 모집단의 분포가 정규분포, 지수분포, 카이제곱 분포, F 분포, 이중지수분포인 경우 블록의 수와 관계없이 정렬을 이용한 결합위치 방법의 검정력이 분산분석법과 Friedman 방법의 검정력 보다 높게 나타났다. 또한, 블록의 수가 적은 경우보다 블록의 수가 많은 경우 검정력이 더 높게 나타나는 것을 알 수 있다. 처리 효과들이 순서형일 경우 순서 대립가설을 검정하기 위한 Page 방법과의 검정력을 비교해보면 모집단의 분포가 Cauchy인 경우를 제외하면 블록의 수가 많고 처리 효과의 평균차이가 큰 경우 정렬을 이용한 결합위치 방법이 Page 방법의 검정력과 차이가 크게 나지 않지만, 블록의 수가 적거나 처리 효과의 평균차이가 크지 않은 경우에는 Page 방법과의 검정력 차이가 크게 나타남을 알 수 있다. 모집단의 분포가 Cauchy 분포인 경우 정렬을 이용한 결합위치 방법은 위치를 이용하여 검정통계량을 계산하는 반면에 Page 방법은 가중치를 이용하여 검정통계량을 계산하므로 다른 분포들의 검정력과 차이를 보임을 알 수 있다.

처리의 개수가 5개일 때를 살펴보면, 유의수준은 Friedman 방법이 0.04 정도로 약간 낮게 나타났고, 그 외의 경우 모집단의 분포가 Cauchy 분포가 아닌 경우 0.05 근방의 값을 얻었다. 일반 대립가설에 대한 검정력을 비교해보면 모집단의 분포가 Cauchy 분포인 경우를 제외하면 정렬을 이용한 결합위치 방법이 분산분석법의 검정력이 비슷하게 나타났으며, Friedman 방법보다 검정력이 대체로 높게 나타났다. 또한, 블록의 수가 적은 경우 정렬을 이용한 결합위치 방법과 Friedman 방법에 대한 검정력의 차이가 크게 나타났다. 모집단의 분포가 Cauchy 분포인 경우 Friedman 방법의 검정력이 분산분석법과 정렬을 이용한 결합위치 방법의 검정력보다 높게 나타났다. 처리 효과들이 순서형일 경우 순서 대립가설에 대한 검정력은 모집단의 분포와 블록의 수와 관계없이 Page 방법이 정렬을 이용한 결합위치 방법보다 높게 나타났다. 그러나 블록의 수가 많은 경우 Page 방법과 정렬을 이용한 결합위치 방법의 검정력 비슷하게 나타나는 것을 알 수 있다. 모의실험 결과 모집단의 분포가 대칭인 경우와 비대칭인 경우에 관계없이 검정방법들의 검정력이 유사한 결과를 보임을 알 수 있다.

5. 결론 및 고찰

본 논문에서는 랜덤화 블록 계획법에서의 정렬을 이용한 결합위치를 이용한 검정법을 제안하고 모수적 방법과 비모수적 방법의 대표적인 검정법과의 검정력을 모의실험을 통하여 비교해 보았다. 정렬을 이용한 결합위치 방법은 모집단의 분포가 정규분포인 경우 블록과 처리의 개수와 관계없이 분산분석법의 검정력과 크게 차이 나지 않았지만, 모집단의 분포가 지수분포, 이중지수분포인 경우 검정력이 더 높게 나타남을 알 수 있었다. 처리 효과의 조합에 상관없이 정렬을 이용한 결합위치 방법이 Friedman 방법의 검정력 보다 높게 나타났으며, 처리와 블록의 수가 적은 경우 또는 처리 효과의 평균 차이가 큰 경우 검정력의 차이가 더 크게 나타남을 알 수 있었다. 처리 효과가 순서형일 경우에는 Page 방법의 검정력이 높게 나타났지만 블록의 수가 많은 경우 정렬을 이용한 결합위치 방법의 검정력이 크게 떨어지지 않음을 알 수 있었다. 또한, 처리 효과가 우산형 패턴인 경우 처리의 수가 적은 경우 다른 처리 효과 조합에 비해 검정력이 높게 나타났다. 따라서 이러한 실험 계획법의 분석에서 일반 대립가설에 대한 검정 방법인 경우 분산분석법과 Friedman이 제안한 방법 보다 본 논문에서 제시한 정렬을 이용한 결합위치 방법을 사용하는 것이 더 효율적인 분석이 될 것이다. 또한, 반복이 있는 랜덤화 블록 계획법에서도 검정력 비교를 통해 이와 같은 결과를 보인다면 결합위치를 이용한 검정 방법이 효율적인 비모수적 방법이 될 것이라 생각된다. 하지만 블록 모형에서 블록 간의 정보를 이용할 경우 검정법의 효율 면에서 좋지만 미지의 블록 효과가 존재하기 때문에 비모수방법의 장점인 분포 무관의 성질을 유지하면서 블록 간의 정보를 추출해 내는 것은 쉽지 않다는 문제가 있다.

참고문헌

- Chung, T. S. and Kim, D. (2007) Nonparametric method using placement in one-way layout. *The Korean Communications in Statistics*, **14**, 551-560.
- Friedman, M. (1937). The use of ranks to avoid the assumption of normality implicit in the analysis of variance. *Journal of the American Statistical Association*, **32**, 675-701.
- 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.
- Lee, S. and Kim, D. (2011) Nonparametric procedures using placement in randomized block design with replications. *Journal of the Korean Data & Information Science Society*, **22**, 1105-112.
- Orban, J. and Wolfe, D. A. (1982). A class of distribution-free two-sample tests based on placements. *Journals of the American Statistical Association*, **77**, 666-671.
- Page, E. B. (1963). Ordered hypotheses for multiple treatment : A signification test for linear ranks. *Journal of the American Statistical Association*, **58**, 216-230.

Nonparametric procedures using aligned method and joint placement in randomized block design

Sungdong Jo¹ · Dongjae Kim²

¹²Department of Biostatistics, The Catholic University of Korea

Received 13 November 2012, revised 3 December 2012, accepted 7 January 2013

Abstract

Nonparametric procedure in randomized block design (RBD) was proposed by Friedman (1937) for general alternatives. Also Page (1963) suggested the test for ordered alternatives in RBD. In this paper, we proposed the new nonparametric method in randomized block design using aligned method suggested by Hodges and Lehmann (1962) and the joint placement described in Chung and Kim (2007). Also, Monte Carlo simulation study was adapted to compare the power of the proposed procedure with those of previous procedure.

Keywords: Aligned method, nonparametric, placement, randomized block design.

¹ Researcher, Department of Biostatistics, The Catholic University of Korea, Seoul 137-701, Korea.

² Corresponding author: Professor, Department of Biostatistics, The Catholic University of Korea, Seoul 137-701, Korea. E-mail: djkim@chtholic.ac.kr