



1-표본 표준 편차 검정

개요

1-표본 표준 편차 검정은 공정의 변동성을 추정하고 변동성을 목표값과 비교하기 위해 사용됩니다. 일반적으로, 변동성은 분산 또는 이와 동등하게 표준 편차를 사용하여 측정됩니다.

모집단의 분산을 평가하기 위해 많은 통계적 방법이 개발되었으며, 각 방법에는 나름의 장단점이 있습니다. 분산을 검정하기 위해 사용되는 기존의 카이-제곱 방법이 가장 일반적으로 사용되지만, 카이-제곱 방법은 정규성 가정에 극히 민감하며 데이터가 치우치거나 두꺼운 꼬리를 갖는 분포를 따르는 경우 아주 부정확한 결과가 나올 수 있습니다. 다른 방법도 개발되었지만 역시 단점이 있습니다. 예를 들어, 일부 방법은 대표본이나 대칭 분포를 따르는 데이터에만 유효합니다(부록 A 참조).

Minitab 15에서는 척도화된 카이-제곱 근사에서 Box(1953)에 의한 표본 분산의 분포로 유도한 대체 대표본 방법을 사용합니다. 수정된 자유도(AdjDF) 방법이라고 하는 이 방법은 충분히 큰 표본의 경우 정규성 가정에 덜 민감하며, 다른 방법보다 더 정확한 신뢰 구간을 생성하는 것으로 확인되었습니다(Hummel, Banga, & Hettmansperger, 2005). 그러나 최근에는 더 나은 근사 신뢰 구간을 제공하는 Bonnett(2006)에 의해 수정된 통계적 방법이 개발되었습니다.

이 백서에서는 Bonnett의 방법 성능을 평가합니다. 또한 표본 크기 계획의 경우 Bonnett의 신뢰 구간과 연관된 동등한 검정 절차의 검정력 함수를 조사합니다. 이러한 결과를 바탕으로, 보조 도구에서는 1-표본 표준 편차 검정에 Bonnett 방법을 사용합니다. 또한 보조 도구 보고서 카드에 표시되고 자동으로 수행되는 다음 데이터 검사를 조사하고 이 검사가 결과에 어떤 영향을 미치는지 설명합니다.

- 비정상적인 데이터
- 검정의 유효성
- 표본 크기

1-표본 표준 편차 방법

Bonett의 방법 대 AdjDF 방법

Bonett(2006)의 방법이 나오기 전에 모집단의 분산을 추정하기 위한 가장 강력한 절차는 AdjDF 방법이었습니다. 그러나 Bonett에 따르면 비정규 모집단에서 중간 크기의 표본을 추출하는 경우 Bonett의 방법이 목표 수준에 가까운 안정적인 신뢰 수준을 제공합니다. 따라서 모집단의 표준 편차 또는 분산을 추정하는 경우 Bonett의 방법이 유용할 수 있습니다.

목적

Minitab에서는 단일 모집단의 분산을 추정하는 경우 Bonett 방법의 성능을 AdjDF 방법과 비교하고자 했습니다. 특히, 비정규 모집단에서 다양한 크기의 표본을 생성하는 경우 어느 방법이 분산(또는 표준 편차)에 대해 보다 정확한 신뢰 구간을 생성하는지 확인하고자 했습니다.

Bonett의 방법이 신뢰 구간에 직접 적용되기 때문에 신뢰 구간을 비교합니다. Bonett의 신뢰 구간과 연관된 동등한 가설 검정 절차를 유도할 수 있습니다. 그러나 이러한 결과를 Bonett(2006)의 방법에 공개된 결과와 직접 비교하기 위해 Minitab에서는 가설 검정이 아니라 신뢰 구간을 조사했습니다.

방법

AdjDF 방법과 Bonett의 방법은 모두 부록 B에 공식적으로 정의되어 있습니다. 각 방법의 신뢰 구간 정확도를 비교하기 위해 다음과 같은 시뮬레이션을 수행했습니다. 먼저 치우치고 두꺼운 꼬리, 대칭적이고 두꺼운 꼬리, 대칭적이고 가는 꼬리를 갖는 분포 등 여러 속성의 분포에서 다양한 크기의 임의 표본을 생성했습니다. 각 표본 크기에 대해 각 분산으로부터 10,000개의 반복실험을 추출하고, 각 방법을 사용하여 분포의 실제 분산에 대한 양측 95% 신뢰 구간을 계산했습니다. 그런 다음, 시뮬레이트된 범위 확률이라고 하는 실제 분산이 포함된 10,000개 구간의 비율을 계산했습니다. 신뢰 구간이 정확한 경우 시뮬레이트된 범위 확률은 목표 범위 확률 0.95에 가까워야 합니다. 또한 Minitab에서는 각 방법의 신뢰 구간과 연관된 평균 폭을 계산했습니다. 두 방법의 신뢰 구간에 대한 시뮬레이트된 범위 확률이 거의 같은 경우 (평균적으로) 더 짧은 구간을 생성하는 방법이 보다 정밀합니다. 자세한 내용은 부록 C를 참조하십시오.

결과

Bonett의 방법이 일반적으로 AdjDF 방법보다 더 나은 범위 확률 및 더 정밀한 신뢰 구간을 생성합니다. 그 결과, Bonett의 방법을 기반으로 한 통계적 검정의 제1종 및 제2종 오류율이 더 낮습니다. 이러한 이유로 보조 도구의 1-표본 표준 편차 검정은 Bonett의 방법을 바탕으로 합니다.

또한 시뮬레이션 결과에 따르면 중간 및 두꺼운 꼬리를 갖는 분포의 경우 목표 정확도 수준에 도달하기 위해서는 Bonett의 방법에 더 큰 표본 크기가 필요합니다.

- 보통 또는 가는 꼬리를 갖는 분포의 경우 표본 크기가 20이면 충분합니다.
- 약간 두꺼운 꼬리를 갖는 분포의 경우 표본 크기가 80 이상이어야 합니다.

- 두꺼운 꼬리를 갖는 분포의 경우 표본 크기가 200 이상이어야 합니다.

따라서 데이터에 유효한 1-표본 표준 편차 검정 또는 신뢰 구간 결과를 얻기 위해서는 보조 도구에 표본 크기 및 데이터 분포의 꼬리를 동시에 평가할 수 있는 데이터 검사가 포함되어야 합니다. 아래 검정 데이터 검사의 유효성을 참조하십시오.

이론적 검정력 성능

Bonett의 방법은 분산(또는 표준 편차)에 대한 신뢰 구간에 직접 적용됩니다. 그러나 가설 검정과 신뢰 구간 간의 통계적 관계를 사용하여 Bonett의 근사 신뢰 구간과 연관된 동등한 검정을 유도할 수 있습니다. 이 검정에 대한 정확한 검정력 함수를 사용할 수 없기 때문에 이를 유도해야 했습니다. 또한 Minitab에서는 이론적 검정력 함수의 정규성 가정에 대한 민감도를 평가하고자 했습니다.

목적

Minitab에서는 Bonett의 신뢰 구간과 연관된 검정의 이론적 검정력 함수를 사용하여 보조 도구의 1-표본 표준 편차 검정의 검정력 및 표본 크기 요구 사항을 평가할 수 있는지 여부를 확인하고자 했습니다. 이를 위해서는 정규 및 비정규 데이터를 분석할 때 이 이론적 검정력 함수에 검정의 실제 검정력이 반영되는지 여부를 평가해야 했습니다.

방법

Bonett의 방법을 사용한 검정의 이론적 검정력 함수는 부록 C에 나와 있습니다. Minitab에서는 Bonett의 방법을 사용하여 (시뮬레이트된 검정력 수준이라고 하는) 실제 검정력 수준을 추정하기 위해 시뮬레이션을 수행했습니다. 먼저 치우치고 두꺼운 꼬리, 대칭적이고 두꺼운 꼬리, 대칭적이고 가는 꼬리를 갖는 분포 등 이전 연구에서 설명된 분포에서 다양한 크기의 임의 표본을 생성했습니다. 각 분포에서 10,000개의 표본 반복실험 각각에 대해 검정을 수행했습니다. 각 표본 크기에 대해 주어진 차이를 10,000개의 표본 중에서 검정이 유의한 부분으로 탐지하기 위해 검정의 시뮬레이트된 검정력을 계산했습니다. 또한 비교를 위해 검정의 이론적 검정력 함수를 사용하여 해당하는 검정력 수준을 계산했습니다. 이론적 검정력 함수가 정규성에 너무 민감하지 않은 경우 정규 및 비정규 데이터에 대해 이론적 검정력 수준 및 시뮬레이트된 검정력 수준이 가까워야 합니다. 자세한 내용은 부록 D를 참조하십시오.

결과

시뮬레이션 결과에 따르면, 정규 분포 또는 가는 꼬리를 갖는 분포에서 표본을 추출하는 경우 Bonett의 방법을 사용하는 검정의 이론적 검정력과 시뮬레이트된 검정력이 거의 같습니다. 그러나 두꺼운 꼬리를 갖는 분포에서 표본을 추출하는 경우 이론적 검정력 함수가 보수적이고 주어진 검정력을 얻는 데 필요한 표본 크기를 과대 추정할 수 있습니다. 따라서 검정의 이론적 검정력 함수는 표본 크기가 분포에 관계 없이 실제로 중요한 표준 편차의 차이를 탐지할 수 있을 만큼 충분히 크다는 것을 보장합니다. 그러나 두꺼운 꼬리를 갖는 분포에서 데이터를 추출하는 경우 추정된 표본 크기가 실제로 필요한 크기보다 커지므로 항목을 추출할 때 필요한 것보다 높은 비용을 초래할 수 있습니다.

데이터 검사

비정상적인 데이터

비정상적인 데이터는 지나치게 크거나 작은 데이터 값이며, 특이치라고도 합니다. 비정상적인 데이터는 분석 결과에 중대한 영향을 미칠 수 있으며, 특히 표본이 작은 경우 통계적으로 유의한 결과를 찾는 확률에 영향을 미칠 수 있습니다. 비정상적인 데이터는 데이터 수집의 문제를 나타낼 수 있으며, 조사 중인 공정의 비정상적인 동작 때문에 발생할 수도 있습니다. 따라서 이러한 데이터 점은 조사할 가치가 있으며 가능한 경우 수정해야 합니다.

목적

Minitab에서는 전체 표본에 비해 너무 크거나 너무 작고 분석 결과에 영향을 미칠 수 있는 데이터 값을 확인할 수 있는 방법을 개발하고자 했습니다.



방법

Minitab에서는 상자 그림에서 특이치를 식별하는 데 사용되는, Hoaglin, Iglewicz 및 Tukey(1986)에 의해 설명된 방법을 바탕으로 비정상적인 데이터를 검사하는 방법을 개발했습니다.

결과

보조 도구는 분포의 하위 또는 상위 사분위수를 벗어난 사분위간 범위의 1.5배 이상인 데이터 점을 비정상 데이터로 구분합니다. 하위 및 상위 사분위수는 데이터의 25번째 및 75번째 백분위수입니다. 사분위간 범위는 두 사분위수 간의 차이입니다. 이 방법은 특정한 각 특이치를 탐지할 수 있기 때문에 여러 특이치가 있는 경우에도 잘 작동합니다.

비정상적인 데이터를 검사하는 경우 보조 도구의 보고서 카드에는 다음과 같은 상태가 표시됩니다.

상태	조건
	비정상적인 데이터 점이 없습니다.
	하나 이상의 데이터 점이 비정상적이고 결과에 중대한 영향을 미칠 수 있습니다.

검정의 유효성

위의 1-표본 표준 편차 항목에서 Bonnett의 방법이 일반적으로 AdjDF 방법보다 더 나은 결과를 제공한다는 것을 보여드렸습니다. 그러나 분포의 꼬리가 더 두꺼운 경우 정확한 결과를 얻기 위해서는 Bonnett의 방법에 더 큰 표본 크기가 필요합니다. 따라서 검정의

유효성을 평가하는 방법은 표본 크기뿐만 아니라 상위 분포의 꼬리의 두께에 바탕을 두어야 합니다. Gel et al. (2007)은 표본이 두꺼운 꼬리를 갖는 분포에서 추출되었는지 여부를 확인할 수 있는 검정을 개발했습니다. 이 검정은 SJ 검정이라고 하며, 표본 표준 편차(s) 및 꼬리 추정량 J의 비율을 바탕으로 합니다. 자세한 내용은 부록 E를 참조하십시오.

목적

주어진 데이터 표본의 경우 데이터에서 꼬리의 두께를 평가하여 Bonett 방법의 유효성을 평가하기 위한 규칙을 개발해야 했습니다.



방법

Minitab에서는 두꺼운 꼬리를 갖는 분포를 식별하기 위한 SJ 검정의 검정력을 조사하기 위해 시뮬레이션을 수행했습니다. SJ 검정이 적당히 큰 표본에 대해 강력한 경우 두꺼운 꼬리를 갖는 분포와 가는 꼬리를 갖는 분포를 구별하는 용도로 사용할 수 있습니다. 자세한 내용은 부록 F를 참조하십시오.

결과

시뮬레이션 결과에 따르면, 표본이 충분히 큰 경우 SJ 검정을 사용하여 두꺼운 꼬리를 갖는 분포와 가는 꼬리를 갖는 분포를 구별할 수 있습니다. 크기가 중간 또는 큰 표본의 경우 작은 p-값은 두꺼운 꼬리를 나타내고 큰 p-값은 가는 꼬리를 나타냅니다. 그러나 큰 표본의 p-값이 작은 표본보다 더 작은 경향이 있기 때문에 꼬리 두께를 결정할 때는 표본 크기도 고려해야 합니다. 따라서 Minitab에서는 표본 크기 및 SJ 검정의 p-값 모두를 바탕으로 각 표본에 대해 분포의 꼬리를 분류하기 위한 규칙을 개발했습니다. 가는 꼬리, 중간 꼬리 및 두꺼운 꼬리를 갖는 분포와 연관된 p-값의 범위 및 표본 크기는 부록 F를 참조하십시오.

이러한 결과를 바탕으로 보조 도구 보고서 카드에는 표본 데이터에 대한 1-표본 표준 편차 검정(Bonett의 방법)의 유효성을 평가하는 다음과 같은 상태가 표시됩니다.

상태	조건
	표본이 두꺼운 꼬리를 갖는다는 증거는 없습니다. 표본 크기가 이 조건을 안정적으로 확인할 수 있을 만큼 충분히 큼니다. 또는 표본이 약간 두껍거나 두꺼운 꼬리를 가집니다. 그러나 표본 크기가 보상하기에 충분히 크므로 p-값이 정확해야 합니다.
	표본이 약간 두껍거나 두꺼운 꼬리를 가집니다. 그러나 표본 크기가 보상하기에 충분히 크지 않습니다. 결과를 해석할 때 주의하십시오. 또는 표본 크기가 이 조건을 안정적으로 확인할 수 있을 만큼 충분히 큼니다. 결과를 해석할 때 주의하십시오.

표본 크기

일반적으로, 통계적 가설 검정은 “차이 없음”의 가설 검정을 기각하기 위한 증거를 수집하기 위해 수행됩니다. 표본이 너무 작은 경우 검정의 검정력이 실제로 존재하는 차이를

탐지하기에 적절하지 않아 제2종 오류를 초래할 수 있습니다. 따라서 실제로 중요한 차이를 높은 확률로 탐지하기에 충분히 큰 표본 크기를 유지하는 것이 중요합니다.

목적

데이터가 귀무 가설을 기각하기에 충분한 증거를 제공하지 않는 경우 Minitab에서는 표본 크기가 검정에서 실제로 중요한 차이를 높은 확률로 탐지하기에 충분히 큰지 여부를 확인하고자 합니다. 표본 크기 계획의 목적은 중요한 차이를 높은 확률로 탐지하기에 충분히 큰 표본 크기를 사용하기 위한 것이지만, 표본이 너무 커서 무의미한 차이가 통계적으로 중요하다고 인식될 확률이 높아져서도 안 됩니다.





방법


1-표본 표준 편차 검정의 검정력 및 표본 크기 분석은 검정의 이론적 검정력 함수를 바탕으로 합니다. 이 검정력 함수는 데이터가 보통의 꼬리 또는 가는 꼬리를 갖는 분포를 따르는 경우 적절한 추정치를 제공하지만, 데이터가 두꺼운 꼬리를 갖는 분포를 따르는 경우 보수적인 추정치를 생성할 수 있습니다. 위의 1-표본 표준 편차 방법 항목의 이론적 검정력 함수 성능에 요약되어 있는 시뮬레이션 결과를 참조하십시오.

결과

데이터가 귀무 가설을 기각하기 위한 충분한 증거를 제공하지 않는 경우, 보조 도구에서는 정규 근사 검정의 검정력 함수를 사용하여 주어진 표본 크기에 대해 80% 및 90% 확률로 탐지할 수 있는 실제 차이를 계산합니다. 또한 탐지하고자 하는 특정 실제 차이를 제공할 경우 보조 도구는 정규 근사 검정의 검정력 함수를 사용하여 80% 및 90%의 차이 탐지 확률을 얻기 위해 필요한 표본 크기를 계산합니다.

1-표본 표준 편차 검정에 대한 보조 도구 보고서 카드에는 결과 해석을 지원하기 위해 검정력 및 표본 크기를 확인할 때 다음과 같은 상태가 표시됩니다.

상태	조건
	검정에서 표준 편차와 목표값 간의 차이가 탐지되므로 검정력은 문제가 되지 않습니다. 또는 검정력이 충분합니다. 검정에서 표준 편차와 목표값 간의 차이를 찾지 못했지만 표본 크기는 주어진 차이를 90% 이상의 확률로 탐지하기에 충분합니다.
	검정력이 충분할 수 있습니다. 검정에서 표준 편차와 목표값 간의 차이를 찾지 못했으며 표본 크기는 주어진 차이를 80% - 90%의 확률로 탐지하기에 충분합니다. 90% 검정력에 도달하는 데 필요한 표본 크기가 보고됩니다.
	검정력이 충분하지 않을 수 있습니다. 검정에서 표준 편차와 목표값 간의 차이를 찾지 못했으며 표본 크기는 주어진 차이를 60% - 80%의 확률로 탐지하기에 충분합니다. 80% 검정력 및 90% 검정력에 도달하는 데 필요한 표본 크기가 보고됩니다.
	검정력이 충분하지 않습니다. 검정에서 표준 편차와 목표값 간의 차이를 찾지 못했으며 표본 크기는 주어진 차이를 60% 이상의 확률로 탐지하기에 충분하지 않습니다. 80% 검정력 및 90% 검정력에 도달하는 데 필요한 표본 크기가 보고됩니다.

상태	조건
	<p>검정에서 표준 편차와 목표값 간의 차이를 찾지 못했습니다. 탐지할 실제 차이를 지정하지 않았습니니다. 데이터에 따라 표본 크기 및 알파를 바탕으로 80% 및 90%의 확률로 탐지할 수 있는 차이가 보고서에 표시될 수 있습니다.</p>

참고 문헌

- Bonett, D.G. (2006). Approximate confidence interval for standard deviation of nonnormal distributions. *Computational Statistics & Data Analysis*, 50, 775-782.
- Box, G.E.P. (1953). Non-normality and tests on variances. *Biometrika*, 40, 318.
- Efron, B., & Tibshirani, R. J. (1993). An introduction to the bootstrap. Boca Raton, FL: Chapman and Hall/CRC.
- Gel, Y. R., Miao, W., & Gastwirth, J. L. (2007)에서 공개한 결과와 일관성이 있습니다. Robust directed tests of normality against heavy-tailed alternatives. *Computational Statistics & Data Analysis*, 51, 2734-2746.
- Hummel, R., Banga, S., & Hettmansperger, T.P. (2005). Better confidence intervals for the variance in a random sample. *Minitab Technical Report*.
- Lee, S.J., & Ping, S. (1996). Testing the variance of symmetric heavy-tailed distributions. *Journal of Statistical Computation and Simulation*, 56, 39-52.

부록 A: 분산(또는 표준 편차) 검정 방법

아래 표에는 다양한 분산 검정 방법에 대한 장단점이 요약되어 있습니다.

방법	설명
기존의 카이-제곱 절차	정규 분포에 극히 민감합니다. 정규성에서 조금 이탈하더라도 표본 크기에 관계 없이 부정확한 결과를 초래할 수 있습니다. 실제로 데이터가 정규성에서 벗어나는 경우 표본 크기가 증가하면 절차의 정확도가 감소합니다.
표본 분산의 로그 변환의 점근 정규 분포를 바탕으로 한 대표본 방법	일반적으로 기존의 카이-제곱 방법보다 낮지만 정규성 가정에 민감하지 않으려면 더 큰 표본 크기가 필요합니다.
단측(위쪽 꼬리) 검정의 Edgeworth 팽창을 바탕으로 한 대표본 방법 Lee and Ping(1996)을 참조하십시오.	허용 가능한 제1종 오류율을 생성하지만 대칭 분포에서 데이터를 추출해야 합니다.
척도화된 카이-제곱 분포에 의한 표본 분산 분포의 근사를 바탕으로 한 대표본 방법. 이 방법은 수정된 자유도(AdjDF) 방법이라고 합니다. Hummel, Banga, and Hettmansperger(2005)를 참조하십시오.	표본 분산의 로그 변환의 점근 정규 분포를 바탕으로 한 방법 및 신뢰 구간에 대한 비모수 ABC 부트스트랩 근사 방법(Efron and Tibshirani, 1993)보다 우수한 범위 확률을 제공합니다. Minitab 15에서 단일 표본 분산 검정에 사용됩니다.
표본 분산의 로그 변환의 Bonett의 수정된 점근 분포 Bonett(2006)을 참조하십시오.	적당히 큰 표본의 경우에도 신뢰 구간에 대해 적절한 범위 확률을 제공합니다. 그러나 두꺼운 꼬리를 갖는 분포에서 데이터를 추출하는 경우 훨씬 더 큰 표본이 필요합니다. Minitab 16에서 단일 표본 분산 검정 및 보조 도구 1-표본 표준 편차 검정에 사용됩니다.

부록 B: Bonnett의 방법 및 AdjDF 방법의 정의

x_1, \dots, x_n 을 유한한 4번째 곱적률을 갖는 모집단에서 추출한 크기 n 의 관측된 임의 표본으로 설정하십시오. \bar{x} 및 s 을 각각 관측된 표본 평균 및 표준 편차로 설정하십시오. 또한 γ 및 γ_e 를 각각 모집단 첨도 및 첨도 초과로 설정하여 $\gamma_e = \gamma - 3$ 이 되도록 하십시오. 따라서 정규 모집단의 경우 $\gamma = 3$ 및 $\gamma_e = 0$ 입니다. 또한 σ^2 를 알 수 없는 모집단 분산으로 설정하십시오. 다음 항목에는 수정된 자유도(AdjDF) 방법과 Bonnett의 방법 등 σ^2 를 추정하는 두 가지 방법이 설명되어 있습니다.

공식 B1: AdjDF 방법

AdjDF 방법은 척도화된 카이-제곱 분포에 의한 표본 분산 분포의 근사를 바탕으로 합니다(Box, 1953 참조). 보다 구체적으로는, 표본 분산의 처음 두 곱적률이 알 수 없는 척도 및 자유도를 결정하기 위한 척도화된 카이-제곱 분포의 곱적률과 일치합니다. 이 방법은 분산에 대해 다음과 같은 근사 양측 $(1 - \alpha)100$ 퍼센트 신뢰 구간을 생성합니다.

$$\left[\frac{rs^2}{\chi_{r,\alpha/2}^2}, \frac{rs^2}{\chi_{r,1-\alpha/2}^2} \right]$$

설명

$$r = \frac{2n}{\hat{\gamma}_e + 2n/(n-1)}$$

$$\hat{\gamma}_e = \frac{n(n+1)}{(n-1)(n-2)(n-3)} \sum_{i=1}^n \left(\frac{x_i - \bar{x}}{s} \right)^4 - \frac{3(n-1)^2}{(n-2)(n-3)}$$

이 첨도 초과 추정치는 Minitab의 기초 통계 명령에 사용되는 것과 동일합니다.

공식 B2: Bonnett의 방법

Bonnett의 방법은 표본 분산의 로그 변환에 대한 점근 분포를 얻기 위해 중심 극한 정리 및 Cramer δ 방법을 사용하는, 잘 알려진 기존 방법을 바탕으로 합니다. 로그 변환은 정규성으로의 수렴을 가속화하기 위해 사용됩니다. 이 방법을 사용하여 분산에 대한 근사 양측 $(1 - \alpha)100$ 퍼센트 신뢰 구간이 다음과 같이 정의됩니다.

$$\left[s^2 \exp(-z_{\alpha/2} se), s^2 \exp(z_{\alpha/2} se) \right]$$

여기서 z_α 은 표준 정규 분포의 상위 백분위수이고 se 는 다음과 같이 지정되는, 로그 변환된 표본 분산의 표준 오차의 점근 추정치입니다.

$$se = \sqrt{\frac{\hat{\gamma} - (n-3)/n}{n-1}} = \sqrt{\frac{\hat{\gamma}_e + 2 + 3/n}{n-1}}$$

이전에, Hummel et al. (2005)은 AdjDF 방법이 기존 방법보다 우수하다는 것을 보여주는 시뮬레이션 연구를 수행했습니다. 그러나 Bonnett은 이러한 문제를 해결하기 위해 기존

방법에서 두 가지를 수정했습니다.

첫 번째 수정에는 첨도의 추정치가 포함됩니다. 첨도를 추정하기 위해 Bonnett은 다음과 같은 공식을 사용합니다.

$$\hat{\gamma}_e = \frac{n}{(n-1)^2} \sum_{i=1}^n \left(\frac{x_i - m}{s} \right)^4 - 3$$

여기서 m 는 절사 평균이며 절사 비율은 $1/2\sqrt{n-4}$ 과 같습니다. 이 첨도 추정치에 따라 두꺼운 꼬리를 갖는(대칭적이거나 치우친) 분포에 대한 신뢰 구간의 정확도가 개선되는 경향이 있습니다.

두 번째 조정의 경우, Bonnett은 표본 분산 및 표준 오차에 대한 일정한 승수를 경험적으로 결정합니다. 이 일정한 승수는 표본이 작은 경우 꼬리 확률을 동등하게 만들며, 다음과 같이 지정됩니다.

$$c = \frac{n}{n - z_{\alpha/2}}$$

이러한 조정에 따라 분산에 대한 Bonnett의 근사 양측 $(1 - \alpha)100$ 퍼센트 신뢰 구간이 생성됩니다.

$$\left[cs^2 \exp(-c z_{\alpha/2} se), cs^2 \exp(c z_{\alpha/2} se) \right]$$

부록 C: Bonnett의 방법 대 AdjDF 방법의 정확도

시뮬레이션 C1: 신뢰 구간 비교

Minitab에서는 AdjDF 방법 및 Bonnett의 방법을 사용하여 계산된 분산에 대한 신뢰 구간의 정확도를 비교하고자 했습니다. 여러 분포에서 다른 크기($n = 20, 30, 40, 50, 60, 80, 100, 150, 200, 250, 300$)의 임의 표본을 생성하고 각 방법을 사용하여 신뢰 구간을 계산했습니다. 다음과 같은 분포가 포함되었습니다.

- 표준 정규 분포($N(0,1)$)
- 균등 분포($U(0,1)$), 두 변수가 모두 3으로 설정된 베타 분포($B(3,3)$) 등 대칭적이고 가는 꼬리를 갖는 분포
- 자유도가 5 및 10인 t-분포($t(5), t(10)$), 위치가 0이고 척도가 1인 Laplace 분포(Lpl) 등 대칭적이고 두꺼운 꼬리를 갖는 분포
- 척도가 1인 지수 분포(Exp), 자유도가 3, 5 및 10인 카이-제곱 분포(Chi(3), Chi(5), Chi(10)) 등 치우치고 두꺼운 꼬리를 갖는 분포
- 왼쪽으로 치우치고 두꺼운 꼬리를 갖는 분포. 특히 모수가 각각 8과 1로 설정된 베타 분포($B(8,1)$)

또한 특이치의 직접적인 영향을 평가하기 위해 다음과 같이 오염된 정규 분포에서 표본을 생성했습니다.

$$CN(p, \sigma) = pN(0,1) + (1-p)N(0, \sigma)$$

여기서 p 은 혼합 모수이고 $1-p$ 은 오염률입니다. 이 비율은 특이치의 비율과 같습니다. Minitab에서는 연구를 위해 두 개의 오염된 정규 분포, $CN(0.9,3)$ (여기서 모집단의 10%는 특이치임) 및 $CN(0.8,3)$ (여기서 모집단의 20%는 특이치임)을 선택했습니다. 이 두 분포는 대칭적이며 특이치로 인해 두꺼운 꼬리를 갖습니다.

각 표본 크기에 대해 각 분포로부터 10,000개의 표본 반복실험을 추출했으며 각 방법을 사용하여 양측 95% 신뢰 구간을 계산했습니다. 두 가지 방법은 모두 동일한 표본에 적용되도록 임의 표본 생성기에 시드 값을 지정했습니다. 그런 다음, 이러한 신뢰 구간을 바탕으로 각 방법에 대해 시뮬레이트된 범위 확률(CovP) 및 평균 구간 너비(AveW)를 계산했습니다. 두 방법의 신뢰 구간에 대한 시뮬레이트된 범위 확률이 거의 같은 경우(평균적으로) 더 짧은 구간을 생성하는 방법이 보다 정밀합니다. 95%의 목표 신뢰 수준을 사용했기 때문에 시뮬레이션 오차는 $\sqrt{0.95(0.05)/10,000} = 0.2\%$ 였습니다.

시뮬레이션 결과는 아래 표 1과 2에 기록되어 있습니다.

표 1 AdjDF 및 Bonett의 방법을 사용하여 계산된 분산에 대한 95% 양측 신뢰 구간의 시뮬레이션된 범위 확률. 이러한 표본은 가는 꼬리, 보통의 꼬리, 거의 보통의 꼬리 또는 두꺼운 꼬리를 갖는 대칭적 분포에서 생성되었습니다.

분포	가는 꼬리, 보통의 꼬리 또는 거의 보통의 꼬리를 갖는 대칭적 분포				두꺼운 꼬리를 갖는 대칭적 분포			
	U(0,1)	B(3,3)	N(0,1)	t(10)	Lpl	CN (0.8, 3)	CN (0.9, 3)	T(5)
왜도	0	0	0	0	0	0	0	0
첨도 (γ_e)	-1.200	-0.667	0	1.000	3.000	4.544	5.333	6.000

n = 10

AdjDF	CovP	0.910	0.909	0.903	0.883	0.853	0.793	0.815	0.858
	AveW	0.154	0.087	3.276	5.160	13.924	21.658	14.913	11.742
Bonett	CovP	0.972	0.967	0.962	0.952	0.919	0.891	0.920	0.935
	AveW	0.242	0.115	3.710	5.134	10.566	15.335	10.367	8.578

n = 20

AdjDF	CovP	0.937	0.937	0.923	0.909	0.881	0.819	0.817	0.868
	AveW	0.080	0.045	1.572	2.463	5.781	9.265	6.539	5.151
Bonett	CovP	0.953	0.954	0.946	0.934	0.909	0.856	0.864	0.904
	AveW	0.100	0.051	1.683	2.422	4.932	7.282	4.945	4.026

n = 30

AdjDF	CovP	0.946	0.942	0.933	0.917	0.894	0.851	0.823	0.882
	AveW	0.061	0.034	1.170	1.764	4.117	6.330	4.557	3.667
Bonett	CovP	0.951	0.950	0.947	0.933	0.909	0.869	0.852	0.907
	AveW	0.070	0.037	1.221	1.750	3.654	5.383	3.736	2.997

n = 40

AdjDF	CovP	0.953	0.947	0.932	0.922	0.904	0.867	0.833	0.890
	AveW	0.051	0.028	0.971	1.489	3.246	5.131	3.654	3.024
Bonett	CovP	0.954	0.951	0.941	0.936	0.914	0.879	0.856	0.907
	AveW	0.057	0.030	1.002	1.469	2.994	4.519	3.128	2.542

n = 50

AdjDF	CovP	0.951	0.945	0.937	0.925	0.911	0.878	0.838	0.893
	AveW	0.045	0.025	0.849	1.291	2.789	4.357	3.091	2.603

분포		가는 꼬리, 보통의 꼬리 또는 거의 보통의 꼬리를 갖는 대칭적 분포				두꺼운 꼬리를 갖는 대칭적 분포			
		U(0,1)	B(3,3)	N(0,1)	t(10)	Lp1	CN (0.8, 3)	CN (0.9, 3)	T(5)
왜도		0	0	0	0	0	0	0	0
첨도 (γ_e)		-1.200	-0.667	0	1.000	3.000	4.544	5.333	6.000
Bonett	CovP	0.951	0.947	0.944	0.938	0.918	0.888	0.855	0.908
	AveW	0.049	0.026	0.870	1.280	2.613	3.939	2.729	2.240

n = 60

AdjDF	CovP	0.949	0.943	0.938	0.926	0.913	0.890	0.853	0.899
	AveW	0.040	0.022	0.766	1.155	2.490	3.857	2.768	2.283
Bonett	CovP	0.949	0.947	0.943	0.935	0.918	0.896	0.868	0.910
	AveW	0.043	0.023	0.781	1.147	2.354	3.552	2.498	2.023

n = 70

AdjDF	CovP	0.948	0.945	0.940	0.930	0.913	0.890	0.858	0.896
	AveW	0.037	0.020	0.701	1.056	2.283	3.458	2.475	2.049
Bonett	CovP	0.947	0.946	0.944	0.938	0.918	0.894	0.868	0.905
	AveW	0.039	0.021	0.713	1.049	2.174	3.227	2.272	1.828

n = 80

AdjDF	CovP	0.947	0.949	0.938	0.929	0.918	0.905	0.869	0.902
	AveW	0.034	0.019	0.652	0.988	2.089	3.205	2.300	1.906
Bonett	CovP	0.946	0.950	0.942	0.935	0.923	0.907	0.877	0.911
	AveW	0.036	0.019	0.662	0.982	2.005	3.014	2.133	1.716

n = 90

AdjDF	CovP	0.946	0.947	0.948	0.929	0.918	0.908	0.869	0.901
	AveW	0.032	0.018	0.611	0.921	1.951	2.982	2.124	1.874
Bonett	CovP	0.945	0.948	0.952	0.936	0.920	0.910	0.874	0.909
	AveW	0.034	0.018	0.618	0.916	1.882	2.822	1.984	1.646

n = 100

AdjDF	CovP	0.947	0.951	0.945	0.933	0.920	0.910	0.885	0.912
	AveW	0.030	0.017	0.576	0.873	1.830	2.801	2.017	1.658

분포		가는 꼬리, 보통의 꼬리 또는 거의 보통의 꼬리를 갖는 대칭적 분포				두꺼운 꼬리를 갖는 대칭적 분포			
		U(0,1)	B(3,3)	N(0,1)	t(10)	Lp1	CN (0.8, 3)	CN (0.9, 3)	T(5)
왜도		0	0	0	0	0	0	0	0
첨도 (γ_e)		-1.200	-0.667	0	1.000	3.000	4.544	5.333	6.000
Bonett	CovP	0.946	0.953	0.948	0.937	0.923	0.912	0.891	0.916
	AveW	0.032	0.017	0.583	0.869	1.772	2.666	1.899	1.522

n = 150

AdjDF	CovP	0.949	0.951	0.947	0.936	0.932	0.925	0.896	0.912
	AveW	0.024	0.014	0.464	0.700	1.470	2.228	1.602	1.325
Bonett	CovP	0.948	0.952	0.949	0.939	0.933	0.924	0.898	0.915
	AveW	0.025	0.014	0.467	0.698	1.438	2.156	1.539	1.251

n = 200

AdjDF	CovP	0.943	0.949	0.948	0.938	0.927	0.930	0.914	0.918
	AveW	0.021	0.012	0.400	0.605	1.265	1.906	1.373	1.178
Bonett	CovP	0.942	0.951	0.949	0.940	0.928	0.930	0.915	0.920
	AveW	0.021	0.012	0.402	0.603	1.245	1.860	1.333	1.106

n = 250

AdjDF	CovP	0.952	0.952	0.949	0.942	0.938	0.929	0.909	0.915
	AveW	0.019	0.010	0.355	0.538	1.120	1.690	1.219	1.037
Bonett	CovP	0.951	0.952	0.949	0.944	0.941	0.929	0.909	0.916
	AveW	0.019	0.010	0.357	0.537	1.106	1.657	1.190	0.986

n = 300

AdjDF	CovP	0.950	0.948	0.951	0.940	0.938	0.936	0.920	0.914
	AveW	0.017	0.009	0.324	0.490	1.019	1.544	1.115	0.933
Bonett	CovP	0.950	0.947	0.951	0.942	0.937	0.929	0.920	0.916
	AveW	0.017	0.010	0.325	0.489	1.009	1.657	1.093	0.897

표 2 AdjDF 및 Bonett의 방법을 사용하여 계산된 분산에 대한 95% 양측 신뢰 구간의 시뮬레이션된 범위 확률. 이러한 표본은 거의 보통의 꼬리, 약간 두꺼운 꼬리 또는 두꺼운 꼬리를 갖는 치우친 분포에서 생성되었습니다.

분포	거의 보통의 꼬리 또는 약간 두꺼운 꼬리를 갖는 치우친 분포			두꺼운 꼬리를 갖는 치우친 분포	
	Chi(10)	B(8,1)	Chi(5)	Chi(3)	기대
왜도	0.894	-1.423	1.265	1.633	2
첨도 (γ_e)	1.200	2.284	2.400	4.000	6

n = 10

AdjDF	CovP	0.869	0.815	0.836	0.797	0.758
	AveW	93.383	0.065	61.994	47.821	10.711
Bonett	CovP	0.950	0.917	0.938	0.911	0.882
	AveW	91.006	0.058	53.830	38.137	7.498

n = 20

AdjDF	CovP	0.889	0.862	0.862	0.833	0.811
	AveW	41.497	0.026	25.479	20.099	4.293
Bonett	CovP	0.932	0.912	0.913	0.893	0.877
	AveW	41.600	0.026	24.094	17.232	3.370

n = 30

AdjDF	CovP	0.901	0.881	0.880	0.864	0.838
	AveW	30.021	0.018	18.182	13.63	2.844
Bonett	CovP	0.931	0.920	0.914	0.906	0.885
	AveW	30.462	0.019	17.858	12.634	2.441

n = 40

AdjDF	CovP	0.909	0.882	0.885	0.867	0.862
	AveW	24.459	0.015	14.577	10.649	2.193
Bonett	CovP	0.930	0.915	0.913	0.904	0.898
	AveW	24.952	0.015	14.504	1.991	1.991

n = 50

AdjDF	CovP	0.912	0.900	0.892	0.871	0.868
	AveW	21.373	0.013	12.694	9.115	1.861

분포		거의 보통의 꼬리 또는 약간 두꺼운 꼬리를 갖는 치우친 분포			두꺼운 꼬리를 갖는 치우친 분포	
		Chi(10)	B(8,1)	Chi(5)	Chi(3)	기대
왜도		0.894	-1.423	1.265	1.633	2
첨도 (γ_e)		1.200	2.284	2.400	4.000	6
Bonett	CovP	0.930	0.927	0.916	0.903	0.901
	AveW	21.814	0.013	12.741	8.897	1.735

n = 60

AdjDF	CovP	0.915	0.908	0.901	0.890	0.875
	AveW	18.928	0.011	11.338	8.211	1.645
Bonett	CovP	0.930	0.933	0.923	0.917	0.900
	AveW	19.369	0.012	11.456	8.093	1.554

n = 70

AdjDF	CovP	0.915	0.910	0.904	0.898	0.881
	AveW	17.513	0.010	10.307	7.461	1.488
Bonett	CovP	0.932	0.932	0.922	0.919	0.906
	AveW	17.906	0.011	10.464	7.408	1.429

n = 80

AdjDF	CovP	0.920	0.916	0.911	0.904	0.890
	AveW	16.157	0.009	9.604	6.892	1.349
Bonett	CovP	0.935	0.936	0.929	0.924	0.915
	AveW	16.537	0.010	9.765	6.882	1.314

n = 90

AdjDF	CovP	0.924	0.918	0.911	0.897	0.894
	AveW	15.250	0.009	9.007	6.323	1.255
Bonett	CovP	0.938	0.936	0.929	0.918	0.913
	AveW	15.609	0.009	9.175	6.366	1.230

n = 100

AdjDF	CovP	0.926	0.919	0.915	0.908	0.895
	AveW	14.332	0.008	8.451	6.016	1.171
Bonett	CovP	0.935	0.936	0.931	0.924	0.916
	AveW	14.664	0.009	8.625	6.063	1.158

분포	거의 보통의 꼬리 또는 약간 두꺼운 꼬리를 갖는 치우친 분포			두꺼운 꼬리를 갖는 치우친 분포	
	Chi(10)	B(8,1)	Chi(5)	Chi(3)	기대
왜도	0.894	-1.423	1.265	1.633	2
첨도 (γ_e)	1.200	2.284	2.400	4.000	6

n = 150

AdjDF	CovP	0.933	0.925	0.923	0.913	0.911
	AveW	11.606	0.007	6.781	4.792	0.933
Bonett	CovP	0.943	0.941	0.936	0.929	0.928
	AveW	11.846	0.007	6.942	4.875	0.937

n = 200

AdjDF	CovP	0.935	0.934	0.926	0.916	0.915
	AveW	9.973	0.006	5.849	4.127	0.799
Bonett	CovP	0.942	0.948	0.936	0.930	0.931
	AveW	10.185	0.006	5.991	4.212	0.808

n = 250

AdjDF	CovP	0.938	0.939	0.934	0.926	0.922
	AveW	8.899	0.005	5.231	3.652	0.705
Bonett	CovP	0.946	0.951	0.944	0.936	0.931
	AveW	9.078	0.005	5.355	3.735	0.716

n = 300

AdjDF	CovP	0.942	0.938	0.934	0.931	0.922
	AveW	8.156	0.005	4.749	3.344	0.640
Bonett	CovP	0.947	0.948	0.943	0.941	0.933
	AveW	8.314	0.005	4.862	3.419	0.651

Minitab의 결과는 Bonett(2006)이 공개한 결과와 매우 일관성이 있습니다. 표 1과 2에 나와 있듯이 Bonett의 방법을 사용하여 계산된 신뢰 구간은 목표 수준 0.95에 더 가까운 범위 확률 및 평균적으로, 더 좁은 신뢰 구간을 생성하기 때문에 AdjDF 방법을 사용하여 계산된 신뢰 구간보다 더 낮습니다. 두 방법의 신뢰 구간에 대한 시뮬레이션된 범위 확률이 거의 같은 경우 (평균적으로) 더 짧은 구간을 생성하는 방법이 보다 정밀합니다. 즉, Bonett의 방법을 바탕으로 한 분산에 대한 통계적 검정이 더 낮게 수행되며 더 낮은 제1종 및 제2종 오류율을 생성합니다. 표본 크기가 큰 경우 두 방법이 거의 동일한 결과를 생성하지만, 작거나 중간 표본 크기의 경우 Bonett의 방법이 더 낮습니다.

Bonett의 방법은 일반적으로 AdjDF 방법보다 더 낮게 수행되지만 아주 큰 표본($n > 100$)의 경우에도 두꺼운 꼬리를 갖는 (대칭적이거나 치우친) 분포의 경우 일관적으로 목표 범위 0.95 미만의 범위 확률을 생성합니다. 결과적으로 작은 표본 크기, 중간 표본 크기 및 큰 표본 크기 모집단의 실제 침도 초과에 대한 Bonett 방법의 시뮬레이트된 범위 확률이 표시됩니다(아래 그림 1 참조).

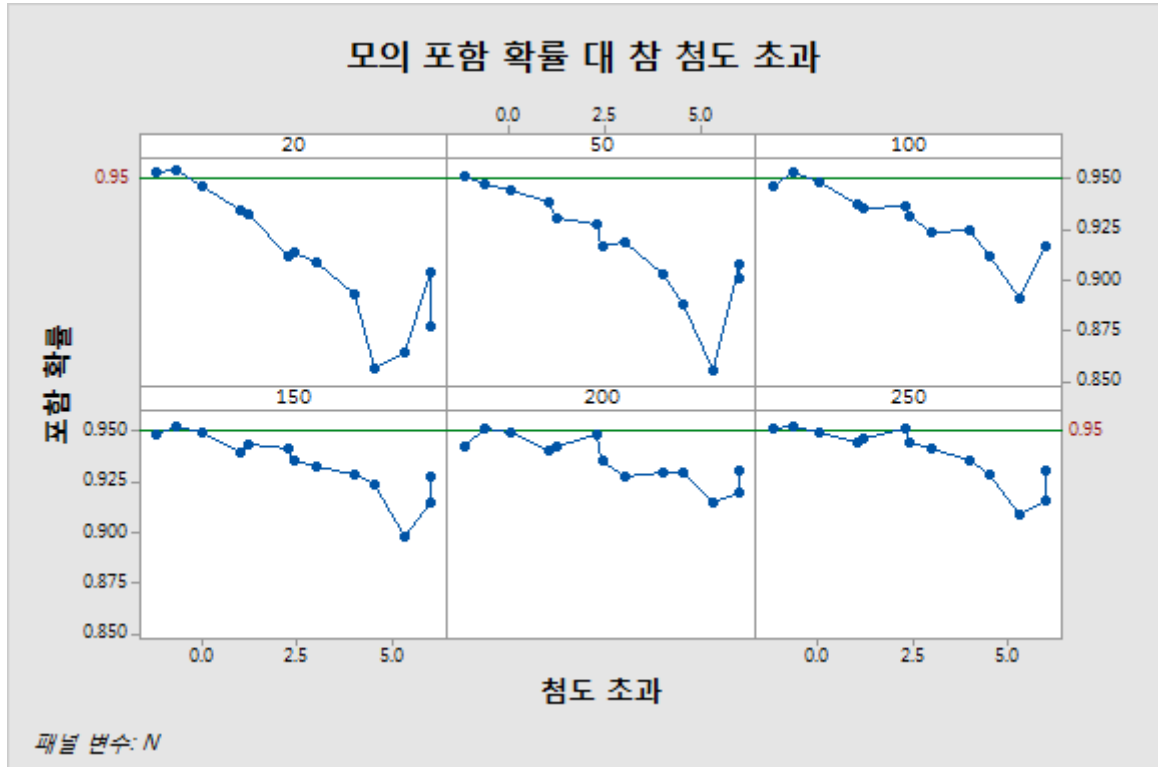


그림 1 여러 표본 크기에서 각 분포의 침도 초과에 대해 표시된 Bonett의 95% 신뢰 구간에 대한 시뮬레이트된 범위 확률.

그림 1에 나와 있듯이, 침도가 클수록 목표 수준에 가까운 시뮬레이트된 범위 확률을 생성하기 위해 필요한 표본 크기가 커집니다. 앞에서 언급된 대로 두꺼운 꼬리를 갖는 분포의 경우 Bonett의 방법에 대한 시뮬레이트된 범위 확률이 낮습니다. 그러나 표본 크기가 20만큼 작고 균등 및 Beta(3,3) 분포와 같이 가는 꼬리를 갖는 분포의 경우 시뮬레이트된 범위 확률이 안정적이며 목표값에 도달합니다. 따라서 표본 크기 및 표본이 추출된 분포의 꼬리 두께를 바탕으로 Bonett 방법의 유효성을 확인하기 위한 기준을 설정합니다.

이 기준을 개발하기 위한 첫 번째 단계로 Minitab에서는 분포를 꼬리 두께에 따라 세 가지 범주로 분류합니다.

- **가는 꼬리 또는 보통의 꼬리를 갖는 분포(L자형):** Bonett의 신뢰 구간이 목표 범위 수준에 가까운 안정적인 범위 확률을 생성합니다. 이 분포의 경우 20 이하의 표본 크기가 정확한 결과를 생성합니다. 이러한 분포의 예로는 균등 분포, Beta(3,3) 분포, 정규 분포, 자유도가 10인 t 분포 및 자유도가 10인 카이-제곱 분포 등이 있습니다.
- **약간 두꺼운 꼬리를 갖는 분포(M자형):** 이러한 분포의 경우, Bonett의 방법에서 목표 범위에 가까운 시뮬레이트된 범위 확률을 생성하기 위해서는 80 이상의 표본

크기가 필요합니다. 이러한 분포의 예로는 자유도가 5인 카이-제곱 분포, Beta(8,1) 분포 등이 있습니다.

- **두꺼운 꼬리를 갖는 분포(H자형):** 표본 크기가 아주 크지 않은 경우($n \geq 200$) Bonett의 신뢰 구간이 목표 범위에 훨씬 못미치는 범위 확률을 생성합니다. 이러한 분포의 예로는 자유도가 5인 t 분포, Laplace 분포, 자유도가 3인 카이-제곱 분포, 지수 분포, 두 개의 오염된 정규 분포 CN(0.9,3) 및 CN(0.8,3) 등이 있습니다.

따라서 Bonett 방법의 유효성을 평가하기 위한 일반 규칙을 설정하기 위해 3가지 분포 유형 중 표본 데이터를 추출한 분포를 식별하기 위한 절차를 개발했습니다. Minitab에서는 이 절차를 검정 데이터의 유효성 검사의 일부로 개발했습니다. 자세한 내용은 부록 E를 참조하십시오.

부록 D: 이론적 검정력

Minitab에서는 Bonett의 방법과 연관된 검정의 이론적 검정력 함수를 생성하고 검정의 이론적 검정력 및 시뮬레이션된 검정력을 비교하기 위해 시뮬레이션을 수행했습니다. 이론적 검정력 곡선과 시뮬레이션된 검정력 곡선이 서로 가까운 경우 이론적 검정력 곡선을 바탕으로 한 검정력 및 표본 크기 분석이 정확한 결과를 생성합니다.

공식 D1: Bonett의 방법에 대한 이론적 검정력 함수

앞에서 설명한 대로 Bonett의 방법은 로그 변환된 표본 분산의 점근 분포를 찾기 위해 중심 극한 정리 및 Cramer δ 방법을 사용하는, 잘 알려진 기존 방법을 바탕으로 합니다. 보다 구체적으로, 대표본에서는 $\frac{\ln S^2 - \ln \sigma^2}{se}$ 가 근사적으로 표준 정규 분포를 따르도록 설정됩니다. 분모 se 는 로그 변환된 표본 분산의 대표본 표준 오차이며 다음과 같이 지정됩니다.

$$se = \sqrt{\frac{\gamma - (n-3)/n}{n-1}}$$

여기서 γ 는 알 수 없는 모집단의 첨도입니다.

그런 다음 Bonett의 방법을 사용한 양측 검정에 대한 근사 알파 수준을 갖는 근사 검정력 함수를 표본 크기, 비율 $\rho = \sigma/\sigma_0$ 및 모집단 첨도 γ 의 함수로 지정할 수 있습니다.

$$\pi(n, \rho, \gamma) = 1 - \Phi\left(z_{\alpha/2} - \frac{\ln \rho^2}{\sqrt{\frac{\gamma - 1 + 3/n}{n-1}}}\right) + \Phi\left(-z_{\alpha/2} - \frac{\ln \rho^2}{\sqrt{\frac{\gamma - 1 + 3/n}{n-1}}}\right)$$

여기서 σ_0 은 알 수 없는 표준 편차의 귀무 가설에서의 값, Φ 은 표준 정규 분포의 CDF, z_α 는 표준 정규 분포의 상위 α 백분위수 점입니다. 이 계산에서 단측 검정력 함수도 얻을 수 있습니다.

연구의 표준 크기를 계획할 때 실제 첨도 대신 첨도의 추정치를 사용할 수도 있습니다. 이 추정치는 일반적으로 전문가의 의견 또는 이전 실험의 결과를 바탕으로 합니다. 이러한 정보를 사용할 수 없는 경우 종종 소규모 시험 연구를 수행하여 주 연구에 대한 계획을 개발하는 것이 좋은 방법입니다. 시험 연구의 표본을 사용하여 첨도를 다음과 같이 추정할 수 있습니다.

$$\hat{\gamma} = \frac{n}{(n-1)^2} \sum_{i=1}^n \left(\frac{x_i - m}{s}\right)^4$$

여기서 m 는 절사 평균이며 절사 비율은 $1/2\sqrt{n-4}$ 과 같습니다.

시뮬레이션 D1: 실제 검정력 대 이론적 검정력 비교

Minitab에서는 Bonett의 방법을 사용하여 분산을 검정할 때 추정된 실제 검정력 수준(시뮬레이트된 검정력 수준이라고 함)을 이론적 검정력 수준(근사 검정력 수준이라고 함)과 비교하기 위한 시뮬레이션을 설계했습니다.

각 실험에서 시뮬레이션 C1에 설명된 각 분포로부터 크기 n 의 표본 반복실험 10,000개를 생성했습니다. 여기서 $n = 20, 30, 40, 50, \dots, 120$ 입니다(부록 C 참조). 각 분포 및 표본 크기 n 에 대해 10,000개의 임의 표본 반복실험 중에서 알파 수준이 $\alpha = 0.05$ 인 양측 검정이 유의한 부분을 시뮬레이트된 검정력 수준으로 계산했습니다. 시뮬레이트된 검정력을 계산할 때 상대적으로 작은 검정력 수준을 얻기 위해 $\rho = \sigma/\sigma_0 = 1.25$ 를 사용했습니다. 그런 다음 비교를 위해 이론적 검정력 함수를 사용하여 해당하는 검정력 수준을 계산했습니다.

결과는 아래 표 3과 4에 나와 있으며 그림 2에 그림으로 표시되어 있습니다.

표 3 Bonett의 방법을 바탕으로 한 양측 분산 검정의 시뮬레이트된 검정력 수준($\rho = \sigma/\sigma_0 = 1.25$ 에서 평가됨)과 이론적(정규 근사) 검정력 수준의 비교. 이러한 표본은 가는 꼬리, 보통의 꼬리, 거의 보통의 꼬리 또는 두꺼운 꼬리를 갖는 대칭적 분포에서 생성되었습니다.

n	검정력	가는 꼬리, 보통의 꼬리 또는 거의 보통의 꼬리를 갖는 대칭적 분포				두꺼운 꼬리를 갖는 대칭적 분포			
		U(0,1)	B(3,3)	N(0,1)	t(10)	Lp1	CN (.8,3)	CN (.9,3)	t(5)
20	시뮬레이트됨	0.521	0.390	0.310	0.237	0.178	0.152	0.139	0.172
	근사	0.514	0.359	0.264	0.195	0.137	0.117	0.109	0.104
30	시뮬레이트됨	0.707	0.551	0.441	0.337	0.225	0.186	0.169	0.228
	근사	0.717	0.519	0.382	0.276	0.186	0.154	0.143	0.135
40	시뮬레이트됨	0.831	0.679	0.526	0.427	0.285	0.266	0.203	0.285
	근사	0.846	0.651	0.490	0.356	0.236	0.192	0.176	0.165
50	시뮬레이트됨	0.899	0.753	0.621	0.505	0.332	0.255	0.238	0.340
	근사	0.921	0.754	0.586	0.431	0.284	0.229	0.210	0.196
60	시뮬레이트됨	0.942	0.822	0.701	0.570	0.380	0.285	0.274	0.384
	근사	0.961	0.830	0.668	0.501	0.332	0.266	0.243	0.227
70	시뮬레이트됨	0.964	0.866	0.757	0.632	0.424	0.327	0.314	0.439
	근사	0.981	0.885	0.737	0.566	0.379	0.303	0.276	0.257
80	시뮬레이트됨	0.981	0.909	0.815	0.689	0.481	0.372	0.347	0.483
	근사	0.991	0.923	0.794	0.624	0.423	0.340	0.309	0.288

n	검정력	가는 꼬리, 보통의 꼬리 또는 거의 보통의 꼬리를 갖는 대칭적 분포				두꺼운 꼬리를 갖는 대칭적 분포			
		U(0,1)	B(3,3)	N(0,1)	t(10)	Lp1	CN (.8,3)	CN (.9,3)	t(5)
90	시뮬레이션된 근사	0.988	0.937	0.851	0.724	0.514	0.400	0.377	0.523
		0.996	0.950	0.840	0.676	0.467	0.375	0.342	0.318
100	시뮬레이션된 근사	0.994	0.961	0.880	0.779	0.558	0.430	0.411	0.566
		0.998	0.967	0.876	0.722	0.508	0.410	0.373	0.347
110	시뮬레이션된 근사	0.997	0.967	0.909	0.803	0.591	0.471	0.449	0.592
		0.999	0.979	0.905	0.763	0.547	0.443	0.404	0.376
120	시뮬레이션된 근사	0.999	0.982	0.929	0.844	0.629	0.502	0.476	0.630
		1.000	0.987	0.928	0.799	0.584	0.476	0.434	0.405

표 4 Bonett의 방법을 바탕으로 한 양측 분산 검정의 시뮬레이션된 검정력 수준($\rho = \sigma/\sigma_0 = 1.25$ 에서 평가됨)과 이론적(정규 근사) 검정력 수준의 비교. 이러한 표본은 거의 보통의 꼬리, 약간 두꺼운 꼬리 또는 두꺼운 꼬리를 갖는 치우친 분포에서 생성되었습니다.

n	검정력	거의 보통의 꼬리 또는 약간 두꺼운 꼬리를 갖는 치우친 분포			두꺼운 꼬리를 갖는 치우친 분포	
		Chi(10)	B(8,1)	Chi(5)	Chi(3)	기대
20	시뮬레이션된 근사	0.222	0.166	0.172	0.139	0.128
		0.186	0.152	0.149	0.123	0.104
30	시뮬레이션된 근사	0.314	0.216	0.234	0.190	0.151
		0.263	0.263	0.205	0.164	0.135
40	시뮬레이션된 근사	0.387	0.266	0.292	0.223	0.186
		0.338	0.266	0.261	0.204	0.165
50	시뮬레이션된 근사	0.455	0.324	0.349	0.263	0.208
		0.409	0.323	0.316	0.245	0.196
60	시뮬레이션된 근사	0.521	0.376	0.399	0.302	0.239
		0.477	0.377	0.369	0.286	0.227

n	검정력	거의 보통의 꼬리 또는 약간 두꺼운 꼬리를 갖는 치우친 분포			두꺼운 꼬리를 갖는 치우친 분포	
		Chi(10)	B(8,1)	Chi(5)	Chi(3)	기대
70	시플레이트 뿔 근사	0.583	0.419	0.463	0.361	0.269
		0.539	0.430	0.420	0.325	0.257
80	시플레이트 뿔 근사	0.646	0.473	0.499	0.394	0.299
		0.597	0.479	0.469	0.365	0.288
90	시플레이트 뿔 근사	0.688	0.517	0.561	0.428	0.327
		0.649	0.526	0.516	0.403	0.318
100	시플레이트 뿔 근사	0.738	0.561	0.591	0.469	0.368
		0.695	0.571	0.560	0.440	0.347
110	시플레이트 뿔 근사	0.779	0.608	0.637	0.495	0.394
		0.737	0.611	0.600	0.475	0.376
120	시플레이트 뿔 근사	0.810	0.635	0.679	0.538	0.416
		0.774	0.650	0.638	0.509	0.405

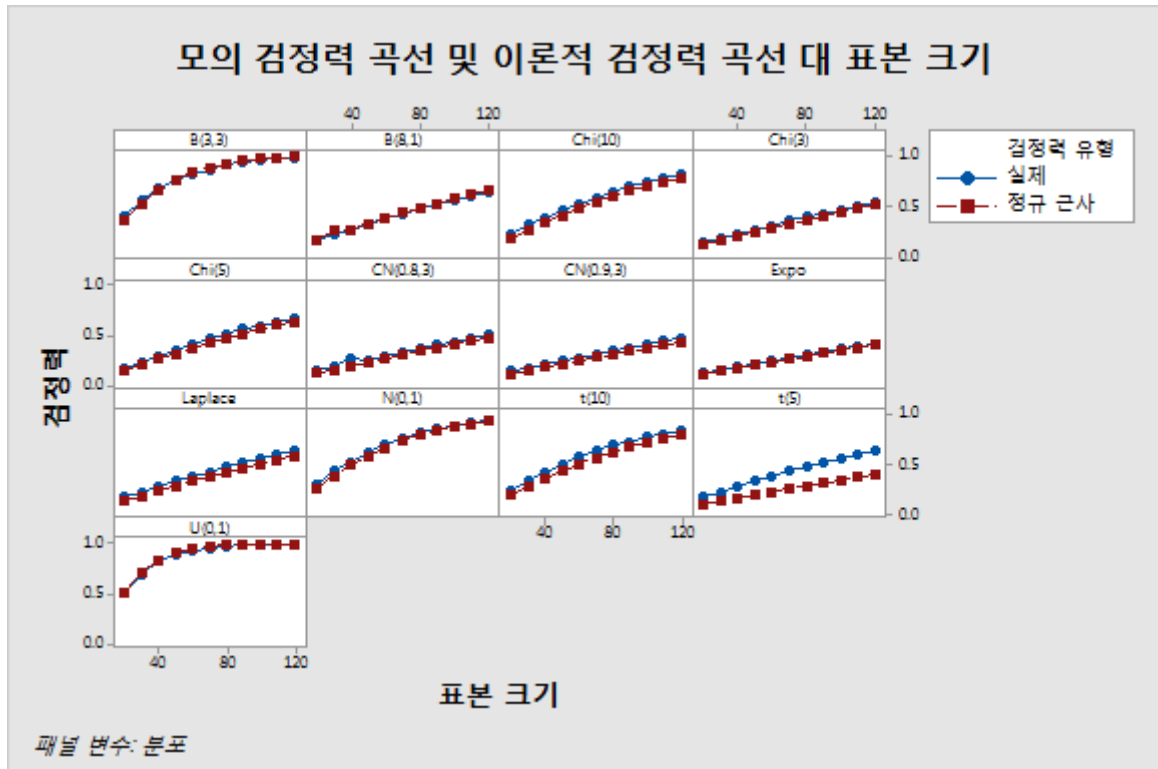


그림 2 다양한 분포에 대해 시뮬레이트된 검정력 곡선과 이론적 검정력 곡선 비교

표 3과 4, 그림 2의 결과는 균등 분포, Beta (3,3) 분포, 정규 분포, 자유도가 10인 t 분포, 자유도가 10인 카이-제곱 분포 등 가는 꼬리를 갖는 분포(L자형, 부록 C에 정의됨)에서 표본을 생성하는 경우 이론적 검정력 값과 시뮬레이트된 검정력 수준을 실제로 구별할 수 없다는 것을 보여줍니다.

그러나 두꺼운 꼬리를 갖는 분포(H자형 분포)의 경우 표본이 작으면 시뮬레이트된 검정력 곡선이 이론적 검정력 곡선보다 분명히 위에 있습니다. 두꺼운 꼬리를 갖는 분포의 예로는 자유도가 5인 t 분포, Laplace 분포, 자유도가 3인 카이-제곱 분포, 지수 분포, 두 개의 오염된 정규 분포 CN(0.9,3) 및 CN(0.8,3) 등이 있습니다. 따라서 연구의 표본 크기를 계획할 때 두꺼운 꼬리를 갖는 분포에서 표본을 추출하는 경우 이론적 검정력 함수에 의해 추정되는 표본 크기가 지정된 목표 검정력을 달성하기 위해 필요한 실제 표본 크기보다 클 수도 있습니다.

부록 E: 정규 분포 대 두꺼운 꼬리를 갖는 분포에 대한 SJ 검정

부록 C의 시뮬레이션 연구 결과에 따르면 분포의 꼬리가 두꺼운 경우 Bonnett의 신뢰 구간의 시뮬레이트된 범위 확률이 목표 수준에 도달하려면 더 큰 표본 크기가 필요합니다. 그러나 왜도는 시뮬레이트된 범위 확률에 유의한 영향을 미치지 않는 것으로 나타났습니다.

따라서 표본 크기 및 표본이 추출된 분포의 꼬리 두께를 바탕으로 Bonnett 방법의 유효성을 평가하기 위한 기준을 개발해야 했습니다. 다행히, Gel et al. (2007)은 분포가 보통의 꼬리를 갖는다는 귀무 가설을 분포가 두꺼운 꼬리를 갖는다는 대립 가설에 대해 직접 검정하기 위한 상당히 강력한 검정을 제공합니다. SJ 검정이라고 하는 이 검정은 다음과 같은 통계량을 바탕으로 합니다.

$$\hat{R} = \frac{S}{\hat{j}}$$

여기서 S 은 표본 표준 편차이고 \hat{j} 은 중위수로부터의 표본 평균 절대 편차의 추정치이며 m 는 다음과 같이 지정됩니다.

$$\hat{j} = \frac{\sqrt{\pi/2}}{n} \sum_{i=1}^n |X_i - m|$$

분포가 두꺼운 꼬리를 갖는다는 대립 가설에 대한 근사 크기- α 검정은 다음과 같은 경우 분포가 보통의 꼬리를 갖는다는 귀무 가설을 기각합니다.

$$\frac{\sqrt{n}(\hat{R} - 1)}{\sigma_R} \geq z_\alpha$$

여기서 z_α 은 표준 정규 분포의 상위 α -백분위수이며 $\sigma_R = (\pi - 3)/2$ 입니다.

Gel et al. (2007)에 따르면 중간 표본 크기의 경우 표준 정규 분포의 상위 α -백분위수를 자유도가 $(\sqrt{n} + 3)/2$ 인 t 분포의 백분위수로 대체하면 더 나은 근사치를 얻을 수 있습니다. 따라서 검정 데이터의 유효성 검사를 위해 SJ 검정을 적용하는 경우 z_α 를 $t_{d,\alpha}$ (자유도가 $d = (\sqrt{n} + 3)/2$ 인 t-분포의 상위 α -백분위수)으로 대체합니다.

부록 F: 검정의 유효성

시뮬레이션 F1: SJ 검정의 시뮬레이트된 검정력을 사용하여 분포 분류 결정

Minitab에서는 SJ 검정의 검정력을 조사하기 위해 시뮬레이션을 수행했습니다.

Minitab에서는 다양한 분포에서 다양한 크기($n =$

10, 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80, 90, 100, 120, 140, 160, 180, 200)의 표본을 생성했습니다. 분포는 보통의 꼬리, 가는 꼬리, 중간 꼬리 또는 두꺼운 꼬리를 가지며 시뮬레이션 C1에 설명된 분포와 같습니다(부록 C 참조). 주어진 각 표본 크기에 대해 각 분포에서 10,000개의 표본 반복실험이 추출되었습니다. 그런 다음 귀무 가설(상위 분포가 보통의 꼬리를 가짐)이 기각된 경우의 비율로 SJ 검정의 시뮬레이트된 검정력을 계산했습니다. 또한 평균 R 값(AveR)과 평균 p -값(AvePV)도 계산했습니다.

시뮬레이션 결과는 아래 표 5와 6에 기록되어 있습니다.

표 5 SJ 검정의 시뮬레이트된 검정력 수준. 이러한 표본은 가는 꼬리, 보통의 꼬리, 거의 보통의 꼬리 또는 두꺼운 꼬리를 갖는 대칭적 분포에서 생성되었습니다.

분포		가는 꼬리, 보통의 꼬리 또는 거의 보통의 꼬리를 갖는 대칭적 분포				두꺼운 꼬리를 갖는 대칭적 분포			
		U(0,1)	B(3,3)	N(0,1)	t(10)	Lpl	CN (.8,3)	CN (.9,3)	t(5)
n	TrueR	0.921	0.965	1.0	1.032	1.128	1.152	1.118	1.085
10	검정력	0.021	0.041	0.075	0.103	0.249	0.264	0.198	0.161
	AveR	1.010	1.036	1.060	1.073	1.129	1.131	1.106	1.096
	AvePV	0.482	0.401	0.341	0.314	0.219	0.228	0.272	0.278
15	검정력	0.009	0.027	0.071	0.121	0.350	0.389	0.283	0.215
	AveR	0.986	1.018	1.043	1.063	1.130	1.140	1.110	1.093
	AvePV	0.572	0.440	0.357	0.302	0.171	0.181	0.240	0.247
20	검정력	0.002	0.016	0.066	0.144	0.428	0.465	0.331	0.253
	AveR	0.966	1.001	1.030	1.054	1.127	1.137	1.104	1.086
	AvePV	0.669	0.503	0.382	0.311	0.147	0.161	0.236	0.244
25	검정력	0.002	0.011	0.065	0.153	0.500	0.550	0.397	0.293
	AveR	0.959	0.995	1.025	1.050	1.128	1.141	1.107	1.086
	AvePV	0.721	0.535	0.391	0.305	0.120	0.128	0.208	0.223

분포		가는 꼬리, 보통의 꼬리 또는 거의 보통의 꼬리를 갖는 대칭적 분포				두꺼운 꼬리를 갖는 대칭적 분포			
		U(0,1)	B(3,3)	N(0,1)	t(10)	Lp1	CN (.8,3)	CN (.9,3)	t(5)
n	TrueR	0.921	0.965	1.0	1.032	1.128	1.152	1.118	1.085
30	검정력	0.001	0.010	0.060	0.170	0.561	0.603	0.431	0.334
	AveR	0.951	0.989	1.019	1.046	1.127	1.141	1.106	1.084
	AvePV	0.773	0.570	0.409	0.304	0.103	0.112	0.197	0.209
40	검정력	0.000	0.006	0.058	0.190	0.665	0.709	0.513	0.401
	AveR	0.944	0.984	1.015	1.043	1.126	1.145	1.109	1.084
	AvePV	0.840	0.616	0.420	0.287	0.073	0.076	0.162	0.179
50	검정력	0.000	0.004	0.058	0.208	0.746	0.785	0.590	0.462
	AveR	0.939	0.980	1.012	1.040	1.126	1.146	1.111	1.084
	AvePV	0.886	0.654	0.427	0.279	0.053	0.055	0.131	0.156
60	검정력	0.000	0.002	0.060	0.231	0.813	0.836	0.647	0.518
	AveR	0.936	0.978	1.010	1.039	1.127	1.146	1.112	1.084
	AvePV	0.913	0.686	0.430	0.267	0.039	0.039	0.109	0.134
70	검정력	0.000	0.002	0.054	0.247	0.863	0.879	0.702	0.554
	AveR	0.934	0.975	1.009	1.037	1.127	1.147	1.112	1.083
	AvePV	0.935	0.716	0.437	0.259	0.028	0.029	0.091	0.123
80	검정력	0.000	0.001	0.054	0.265	0.896	0.912	0.729	0.591
	AveR	0.933	0.974	1.007	1.037	1.128	1.147	1.111	1.083
	AvePV	0.950	0.740	0.440	0.241	0.021	0.021	0.079	0.105
90	검정력	0.000	0.001	0.054	0.281	0.933	0.934	0.771	0.633
	AveR	0.932	0.973	1.007	1.036	1.128	1.148	1.113	1.083
	AvePV	0.962	0.759	0.445	0.237	0.014	0.016	0.067	0.093
100	검정력	0.000	0.001	0.057	0.301	0.947	0.954	0.805	0.661
	AveR	0.930	0.972	1.006	1.036	1.127	1.148	1.113	1.083
	AvePV	0.971	0.779	0.446	0.224	0.012	0.011	0.055	0.083
120	검정력	0.000	0.000	0.052	0.334	0.974	0.974	0.852	0.732
	AveR	0.929	0.971	1.005	1.035	1.128	1.149	1.114	1.083
	AvePV	0.982	0.809	0.452	0.206	0.006	0.007	0.041	0.064

분포		가는 꼬리, 보통의 꼬리 또는 거의 보통의 꼬리를 갖는 대칭적 분포				두꺼운 꼬리를 갖는 대칭적 분포			
		U(0,1)	B(3,3)	N(0,1)	t(10)	Lp1	CN (.8,3)	CN (.9,3)	t(5)
<i>n</i>	TrueR	0.921	0.965	1.0	1.032	1.128	1.152	1.118	1.085
140	검정력	0.000	0.000	0.052	0.336	0.986	0.988	0.894	0.785
	AveR	0.928	0.971	1.004	1.034	1.127	1.150	1.116	1.084
	AvePV	0.989	0.834	0.454	0.192	0.004	0.003	0.027	0.048
160	검정력	0.000	0.000	0.054	0.402	0.993	0.992	0.916	0.819
	AveR	0.927	0.970	1.004	1.034	1.128	1.150	1.114	1.084
	AvePV	0.993	0.858	0.457	0.177	0.002	0.002	0.021	0.040
180	검정력	0.000	0.000	0.052	0.416	0.998	0.996	0.934	0.853
	AveR	0.926	0.969	1.003	1.034	1.128	1.149	1.115	1.084
	AvePV	0.995	0.874	0.461	0.167	0.001	0.001	0.016	0.033
200	검정력	0.000	0.000	0.053	0.448	0.998	0.998	0.954	0.884
	AveR	0.926	0.969	1.003	1.034	1.127	1.150	1.116	1.083
	AvePV	0.997	0.890	0.461	0.153	0.001	0.001	0.011	0.025

표 6 SJ 검정의 시뮬레이트된 검정력 수준. 이러한 표본은 거의 보통의 꼬리, 약간 두꺼운 꼬리 또는 두꺼운 꼬리를 갖는 치우친 분포에서 생성되었습니다.

분포		거의 보통의 꼬리 또는 약간 두꺼운 꼬리를 갖는 치우친 분포			두꺼운 꼬리를 갖는 치우친 분포	
		Chi(10)	B(8,1)	Chi(5)	Chi(3)	기대
<i>n</i>	TrueR	1.028	1.075	1.059	1.098	1.151
10	검정력	0.120	0.213	0.161	0.218	0.283
	AveR	1.072	1.105	1.088	1.108	1.136
	AvePV	0.326	0.284	0.304	0.279	0.251
15	검정력	0.139	0.270	0.205	0.292	0.377
	AveR	1.062	1.105	1.082	1.110	1.141
	AvePV	0.320	0.261	0.286	0.245	0.209
20	검정력	0.152	0.295	0.223	0.328	0.449
	AveR	1.051	1.089	1.070	1.101	1.142
	AvePV	0.335	0.260	0.296	0.242	0.186

분포		거의 보통의 꼬리 또는 약간 두꺼운 꼬리를 갖는 치우친 분포			두꺼운 꼬리를 갖는 치우친 분포	
		Chi(10)	B(8,1)	Chi(5)	Chi(3)	기대
<i>n</i>	TrueR	1.028	1.075	1.059	1.098	1.151
25	검정력	0.160	0.336	0.255	0.374	0.515
	AveR	1.043	1.084	1.068	1.101	1.144
	AvePV	0.337	0.236	0.281	0.219	0.156
30	검정력	0.171	0.370	0.285	0.414	0.564
	AveR	1.043	1.084	1.065	1.097	1.142
	AvePV	0.329	0.228	0.274	0.206	0.139
40	검정력	0.193	0.440	0.331	0.490	0.651
	AveR	1.039	1.085	1.064	1.098	1.143
	AvePV	0.321	0.188	0.246	0.171	0.106
50	검정력	0.215	0.484	0.370	0.556	0.720
	AveR	1.037	1.081	1.064	1.100	1.143
	AvePV	0.314	0.173	0.220	0.140	0.080
60	검정력	0.224	0.527	0.395	0.607	0.778
	AveR	1.035	1.079	1.062	1.099	1.146
	AvePV	0.303	0.152	0.208	0.119	0.062
70	검정력	0.241	0.568	0.438	0.648	0.822
	AveR	1.034	1.079	1.061	1.098	1.146
	AvePV	0.292	0.134	0.191	0.104	0.048
80	검정력	0.259	0.612	0.474	0.689	0.855
	AveR	1.034	1.079	1.062	1.098	1.148
	AvePV	0.280	0.115	0.170	0.089	0.036
90	검정력	0.284	0.643	0.501	0.733	0.890
	AveR	1.034	1.079	1.060	1.099	1.148
	AvePV	0.270	0.104	0.163	0.075	0.028
100	검정력	0.285	0.675	0.527	0.757	0.912
	AveR	1.032	1.078	1.060	1.098	1.147
	AvePV	0.267	0.094	0.151	0.067	0.022
120	검정력	0.323	0.728	0.572	0.816	0.942
	AveR	1.032	1.077	1.060	1.098	1.149
	AvePV	0.246	0.074	0.129	0.050	0.014

분포		거의 보통의 꼬리 또는 약간 두꺼운 꼬리를 갖는 치우친 분포			두꺼운 꼬리를 갖는 치우친 분포	
		Chi(10)	B(8,1)	Chi(5)	Chi(3)	기대
<i>n</i>	TrueR	1.028	1.075	1.059	1.098	1.151
140	검정력	0.344	0.769	0.621	0.852	0.963
	AveR	1.031	1.077	1.060	1.099	1.148
	AvePV	0.232	0.060	0.112	0.036	0.009
160	검정력	0.363	0.815	0.666	0.887	0.978
	AveR	1.031	1.077	1.060	1.098	1.150
	AvePV	0.217	0.047	0.093	0.027	0.005
180	검정력	0.385	0.843	0.692	0.910	0.986
	AveR	1.031	1.077	1.059	1.099	1.148
	AvePV	0.209	0.039	0.083	0.021	0.004
200	검정력	0.410	0.877	0.727	0.931	0.989
	AveR	1.030	1.077	1.059	1.098	1.149
	AvePV	0.196	0.030	0.071	0.016	0.003

표 5와 6의 시뮬레이션 결과는 Gel et al. (2007)에서 공개한 결과와 일관성이 있습니다. 정규 분포에서 표본을 추출하는 경우 시뮬레이트된 검정력 수준(이 경우 검정의 실제 유의 수준을 나타냄)은 표본 크기가 25만큼 낮은 경우에도 목표 수준에서 멀리 떨어져 있지 않습니다. 두꺼운 꼬리를 갖는 분포에서 표본을 추출하는 경우 검정의 검정력은 표본 크기가 작을 때는 낮지만 표본 크기가 40에 도달하면 40% 이상으로 증가합니다. 구체적으로, 표본 크기가 40일 때 검정력은 t-분포의 경우 40.1%, Laplace 분포의 경우 66.5%, 지수 분포의 경우 65.1%입니다.

가는 꼬리를 갖는 분포(Beta(3,3) 및 균등 분포)의 경우 검정력은 작은 표본의 경우 0에 가까우며 표본 크기가 증가함에 따라 훨씬 더 감소합니다. 이러한 분포의 증거는 실제로 두꺼운 꼬리를 갖는 분포의 대립 가설이 아니라 가는 꼬리를 갖는 분포의 대립 가설을 지원하기 때문에 이는 놀라운 일이 아닙니다.

자유도가 10인 t-분포나 자유도가 10인 카이-제곱 분포와 같이 약간 두꺼운 꼬리를 갖는 분포에서 표본을 추출하는 경우 검정력 수준은 중간 및 큰 표본 크기의 경우 낮습니다. 이는 단일 표본 분산(표준 편차)에 대한 검정이 이 분포에 대해 잘 수행되며 이러한 분포가 두꺼운 꼬리를 갖는 것으로 표시되지 않길 바라기 때문에 좋은 결과입니다. 그러나 표본 크기가 증가하면 검정의 검정력이 증가하기 때문에 약간 두꺼운 꼬리를 갖는 이러한 분포는 두꺼운 꼬리를 갖는 것으로 탐지됩니다.

따라서 이 검정에 대해 분포의 꼬리 두께를 평가하기 위한 규칙에서는 표본 크기도 고려해야 합니다. 한 가지 방법은 꼬리 두께의 측정값에 대한 신뢰 구간을 계산하는 것입니다. 그러나 SJ 통계량의 분포는 표본의 상위 분포에 극히 민감합니다. 다른 방법은 SJ 검정의 귀무 가설 기각 강도 및 표본 크기 모두를 바탕으로 분포의 꼬리 두께를 평가하는 것입니다. 보다 구체적으로, 작은 p-값은 두꺼운 꼬리를 나타내고 큰 p-값은 가는 꼬리를 나타냅니다. 그러나 큰 표본의 p-값이 작은 표본보다 더 작은 경향이 있습니다. 따라서 Minitab에서는 표

3의 시뮬레이트된 검정력 수준, 표본 크기 및 평균 p-값을 바탕으로 SJ 검정을 사용하는 각 표본에 대해 분포의 꼬리를 평가하는 일반적인 규칙 집합을 만들었습니다.

중간 및 큰 표본 크기($40 \leq n \leq 100$)의 경우, p-값이 0.01과 0.05 사이이면 귀무 가설에 반대되는 경미한 증거가 있는 것으로 간주됩니다. 즉, 표본의 분포는 적당히 두꺼운 꼬리를 갖는(M자형) 분포로 분류됩니다. 반면에, p-값이 0.01 미만이면 귀무 가설에 반대되는 강한 증거가 있으며 표본의 상위 분포는 두꺼운 꼬리를 갖는 분포로 분류됩니다.

큰 표본($n > 100$)의 경우에는 상위 분포를 p-값이 0.005와 0.01 사이이면 M자형 분포, p-값이 극히 작으면(0.005 미만) H자형 분포로 분류합니다. 표본 크기가 40 미만인 경우에는 일반적으로 SJ 검정의 검정력이 표본의 분포를 효과적으로 결정하기에 너무 작습니다.

Bonett의 방법을 사용한 단일 표본 분산의 유효성 검정에 대한 일반 분류 규칙은 아래 표 7에 요약되어 있습니다.

표 7 각 표본의 상위 분포를 식별하기 위한 분류 규칙(p는 SJ 검정의 p-값입니다)

조건	분포 유형
$n < 40$	결정되지 않음
$100 \geq n \geq 40$ 및 $p > 0.05$	L자형 분포
$n > 100$ 및 $p > 0.01$	L자형 분포
$40 \leq n \leq 100$ 및 $0.01 < p \leq 0.05$	M자형 분포
$n > 100$ 및 $0.005 < p \leq 0.01$	M자형 분포
$40 \leq n \leq 100$ 및 $p \leq 0.01$	H자형 분포
$n > 100$ 및 $p \leq 0.005$	H자형 분포

앞에서 언급한 대로 시뮬레이션 C1의 표 1과 2의 결과를 바탕으로, L자형, M자형 및 H자형 분포에서 표본을 생성하는 경우 0.93 이상의 범위 확률에 도달하는 데 필요한 근사 최소 표본 크기는 각각 20, 80, 200입니다. 그러나 작은 표본의 경우 SJ 검정의 검정력이 낮기 때문에 L자형 분포의 최소 표본 크기 요구 사항은 40으로 설정됩니다.

시뮬레이션 F2: 분포를 분류하기 위한 규칙 확인

Minitab에서는 시뮬레이션 C1에 설명된 여러 분포에서 표본을 생성하고 SJ 검정을 사용하여 L자형, M자형, H자형 등 세 가지 분포 그룹 중 하나로 분류된 표본의 비율을 확인했습니다. 시뮬레이션 결과는 표 8에 기록되어 있습니다.

표 8 여러 크기의 다양한 분포에서 추출된 10,000개 표본 중 L자형, M자형, H자형으로 식별된 표본의 비율

n	분포	L자형				M자형	H자형	
		B(3,3)	N(0,1)	t(10)	Chi(10)	Chi(5)	Lpl	기대
40	L자형의 비율	99.6	94.0	81.5	80.3	66.6	33.0	34.4
	M자형의 비율	0.4	5.5	14.0	14.0	20.0	31.9	22.9
	H자형의 비율	0.0	0.5	4.5	5.7	13.4	35.1	42.8
50	L자형의 비율	99.7	94.4	78.7	79.1	64.0	25.1	28.0
	M자형의 비율	0.3	5.1	15.6	14.2	20.0	29.9	20.7
	H자형의 비율	0.0	0.5	5.7	6.7	16.0	45.0	51.3
60	L자형의 비율	99.7	94.5	77.3	77.3	59.1	18.5	22.6
	M자형의 비율	0.3	5.1	16.4	15.0	22.0	27.4	19.2
	H자형의 비율	0.0	0.5	6.3	7.7	18.9	54.1	58.2
70	L자형의 비율	99.8	94.4	74.5	75.2	55.9	14.0	18.1
	M자형의 비율	0.2	5.0	18.1	16.0	22.2	24.0	17.5
	H자형의 비율	0.0	0.6	7.4	8.8	21.9	62.0	64.4
80	L자형의 비율	99.9	94.3	74.1	74.4	53.0	10.0	13.9
	M자형의 비율	0.1	5.1	17.8	16.7	22.8	21.0	15.5
	H자형의 비율	0.0	0.6	8.2	8.9	24.2	69.0	70.6
90	L자형의 비율	99.9	94.4	71.2	72.1	49.5	7.5	11.1
	M자형의 비율	0.1	5.0	19.1	17.2	22.6	16.5	13.7
	H자형의 비율	0.0	0.6	9.7	10.7	27.9	76.0	75.3
100	L자형의 비율	99.9	94.5	70.8	70.3	47.3	4.8	8.9
	M자형의 비율	0.1	4.9	19.5	17.9	22.7	14.3	11.8
	H자형의 비율	0.0	0.6	9.7	11.8	30.0	80.9	79.4
120	L자형의 비율	100.0	99.4	87.4	87.2	64.8	12.0	14.4
	M자형의 비율	0.0	0.4	5.0	4.5	7.9	7.8	5.6
	H자형의 비율	0.0	0.2	7.6	8.4	27.4	80.4	80.0
140	L자형의 비율	100.0	99.3	86.0	85.1	60.5	7.0	9.9
	M자형의 비율	0.0	0.5	5.2	5.0	8.6	5.6	4.1
	H자형의 비율	0.0	0.2	8.8	9.9	30.9	87.4	86.0
160	L자형의 비율	100.0	99.4	83.4	83.0	55.6	4.0	6.9
	M자형의 비율	0.0	0.5	6.3	5.8	9.5	3.5	3.0
	H자형의 비율	0.0	0.1	10.4	11.2	34.9	92.5	90.1

n	분포	L자형				M자형	H자형	
		B(3,3)	N(0,1)	t(10)	Chi(10)	Chi(5)	Lp1	기대
180	L자형의 비율	100.0	99.3	81.1	81.7	51.0	2.5	4.6
	M자형의 비율	0.0	0.5	6.8	5.9	9.4	1.9	2.2
	H자형의 비율	0.0	0.2	12.1	12.4	39.6	95.6	93.2
200	L자형의 비율	100.0	99.5	79.0	80.5	47.2	1.3	3.0
	M자형의 비율	0.0	0.4	7.6	6.1	9.4	1.6	1.7
	H자형의 비율	0.0	0.1	13.4	13.4	43.4	97.1	95.3

표 8의 결과는 가는 꼬리를 갖는(L자형) 분포 및 두꺼운 꼬리를 갖는(H자형) 분포에서 표본을 추출하는 경우 높은 비율의 표본이 올바르게 분류된다는 것을 보여줍니다. 예를 들어, Beta(3,3) 분포에서 크기 40의 표본을 생성한 경우 표본의 99.6%가 가는 꼬리를 갖는 것으로 올바르게 분류되었으며, Laplace 분포에서 크기 90의 표본을 생성하는 경우 76.0%가 두꺼운 꼬리를 갖는 것으로 올바르게 분류되었습니다. 그 결과, 검정의 유효성에 대한 보고서 카드의 경고 메시지는 실제로 가는 꼬리를 갖는 분포에서 표본을 추출하는 경우 잘못 나타나지 않으며, 두꺼운 꼬리를 갖는 분포에서 표본을 추출하고 최소 표본 크기를 충족하지 않는 경우 제대로 나타납니다. 또한 카이-제곱(5) 분포와 같이 약간 두꺼운 꼬리를 갖는(M자형) 분포에서 표본을 추출하는 경우 표본이 작으면 더 높은 비율의 표본이 가는 꼬리를 갖는(L자형) 분포를 따르는 것으로 잘못 분류됩니다. 표본 크기가 40인 경우 표본의 66%가 가는 꼬리를 갖는 분포를 따르는 것으로 잘못 분류됩니다. 결과적으로, 이 경우 상위 분포가 약간 두꺼운 꼬리를 갖는 분포이더라도 보고서 카드에 경고 메시지가 나타나지 않을 수 있습니다. 그러나 표본 크기가 80보다 큰 경우에는 최소 표본 크기 요구 사항이 이미 충족되었기 때문에 L자형 분포로의 오분류가 영향을 미치지 않습니다.

© 2020 Minitab, LLC. All rights reserved. Minitab®, Minitab Workspace™, Companion by Minitab®, Salford Predictive Modeler®, SPM®, and the Minitab® logo are all registered trademarks of Minitab, LLC, in the United States and other countries. Additional trademarks of Minitab, LLC can be found at www.minitab.com. All other marks referenced remain the property of their respective owners.