

Combining Independent Permutation p Values Associated with Mann-Whitney Test Data

Yonghwan Um*

Abstract

In this paper, we compare Fisher's continuous method with an exact discrete analog of Fisher's continuous method from permutation tests for combining p values. The discrete analog of Fisher's continuous method is known to be adequate for combining independent p values from discrete probability distributions. Also permutation tests are widely used as alternatives to conventional parametric tests since these tests are distribution-free, and yield discrete probability distributions and exact p values. In this paper, we obtain permutation p values from discrete probability distributions using Mann-Whitney test data sets (real data and hypothetical data) and combine p values by the exact discrete analog of Fisher's continuous method.

▶ Keyword: Discrete analog of Fisher's continuous method, Combining p values, Permutation test

1. Introduction

동일한 연구주제에 대한 여러 개별 연구들의 결과를 종합적으로 통합하여 결론을 내리는 메타분석에 대한 연구가 활발히 진행되고 있다. 특히 각 연구로부터 얻은 p값을 이용한 연구결과의 통합은 (combining p values) 메타분석에서 많이 사용되는 대표적인 연구방법이다. 그동안 Fisher, Stouffer, Simes, Zaykin, 선정연과 김동재, Good, Lunneborg, Pesarin 등의 많은 연구자들이 독립적인 개별 연구들에 대해 p값을 통합하는 다양한 방법들을 제안해 왔으며, 이 중에서 특히 Fisher가 제안한 고전적 방법(Fisher's classical method)이 효과가 있는 것으로 알려지고 있다[1][2][3][4][5][6][7][8][9]. Fisher의 방법은 연속적인 확률분포로부터 얻은 서로 독립적인 k개의 p값들(p_1, p_2, \dots, p_k)을 로그변환하고 카이제곱분포를 이용하여 p값을 통합하는 것이며, Stouffer는 연구에서 얻은 p값들을 정규분포 가정 하에 정규점수로 변환하여 통합하였고, Simes는 p값들의 순위통계량에 근거하여 통합방법을 제안하였다. 또한 Zaykin 등이 제안한 통합방법은 p값의 기준값을 정해 기준값 이하의 p값만을 통합하는 Truncated Product Method로서 Fisher의 방법과 더불어 좋은 검정력을 보였고 선정연과 김동재는 지수분포에 근거하여 p값을 통합하는 방법을 제안하였으

며 이 방법은 데이터 중에 이상값이 존재할 때 Fisher의 통합 방법보다 검정력이 좋은 것으로 나타났다. 그러나 이러한 통합 방법들의 문제점은 이론적인 연속확률분포에 기초하여 전개된 각 연구의 모수 검정(parametric test)들이 매우 제한적인 가정을 만족시켜야 한다는 것과 결과적으로 얻어지는 p값도 근사적이기 때문에 결국 통합된 p값의 정확성에 한계가 있다는 것이다. 따라서 모수 검정의 대안으로서 제시될 수 있는 것이 Fisher와 Pitman에 의해 소개된 퍼뮤테이션 검정(permutation test)이며 퍼뮤테이션 검정은 확률분포에 의존하지 않고 (distribution-free) 정확한 p값을 제공한다는 장점을 갖고 있다[10][11][12]. 그리고 주어진 데이터에서 얻어지는 퍼뮤테이션의 수는 제한되어 있기 때문에 퍼뮤테이션 검정에서 생성되는 확률분포는 연속형이 아닌 이산형을 띠게 되므로 p값들을 통합하기 위해서는 기존의 방법과 다른 통합방법을 사용해야 한다. 이를 해결하기 위해 Mielke, Johnston과 Berry는 'exact discrete analog of Fisher's classical method'라 불리는 유사 Fisher의 통합방법을 제안하였다[13]. 또한 Mielke, Johnston과 Berry는 대응표본 t 검정의 p값들을 통합하기 위해 유사 Fisher의 통합방법을 사용한 바 있고 그 결과를 기존의 Fisher

* First Author: Yonghwan Um, Corresponding Author: Yonghwan Um

*Yonghwan Um (uyh@sungkyul.ac.kr). Division of Industrial and Management Engineering, Sungkyul University.

• Received: 2018. 05. 23, Revised: 2018. 06. 20, Accepted: 2018. 07. 09.

의 고전적 통합방법과 비교하여 유사 Fisher의 통합방법이 더 적합함을 보였다[14]. 본 논문에서는 Mann-Whitney 검정을 적용한 데이터들의 퍼뮤테이션 확률분포로부터 얻은 p값들을 통합하기 위해 유사 Fisher의 통합방법과 Fisher의 고전적 통합방법을 사용하여 비교하고자 한다.

II. Fisher's Classical Method and A Exact Discrete Analog Method For Combining p Values

독립적인 k개의 개별 연구들의 p값을 통합하는 Fisher의 고전적 통합방법은 통계량 T에 기초하고 있다.

$$T = -2 \sum_{i=1}^k \ln p_i \sim \chi_{2k}^2 \quad (1)$$

여기서 p_1, p_2, \dots, p_k 은 개별 연구로부터 얻은 p값이며, 귀무 가설 하에서 $-2 \ln p_i, i=1, 2, \dots, k$, 는 자유도가 2인 카이제곱 분포를 따르고, 각 연구는 서로 독립이므로 통계량 T는 자유도가 2k인 카이제곱분포를 따른다. 이 때 귀무가설은 각각의 p_i 가 0과 1 사이에서 균일분포를 따르는 연속형 확률변수라는 것이다. 이 때 만일 T의 관측값이 T_0 라 할 경우 Fisher의 통합된 p값은 다음과 같이 주어진다.

$$\text{Fisher의 통합된 } p\text{값} = P(T \geq T_0 | H_0) \quad (2)$$

그런데 Fisher의 고전적 통합방법은 연속형 확률분포의 가정하에 제안된 방법이므로 이산형 확률분포를 따르는 p값들에 대해서는 적합하지 않다고 할 수 있다. 실제로 Fisher의 고전적 방법에 의해 이산형 확률분포를 따르는 p값들을 통합할 때, 통합된 p값이 매우 커지는 보수적인 결과를 낳는다는 연구결과가 보고된 바 있으며, 확률분포 안에 혹시 존재할 수 있는 매우 작은 불연속성조차도 통합된 p값에 심대한 영향을 준다고 알려져 있다[15].

따라서 Fisher의 고전적 통합방법의 이러한 문제를 해결하기 위해 Mielke, Johnston과 Berry는 변형된 유사 Fisher의 통합방법을 제안하였으며 본 논문에서는 두 집단 간의 중심을 비교하는 Mann-Whitney 검정의 p값을 통합하는 유사 Fisher의 통합방법을 제시한다.

Mann-Whitney 통계량을 W_{ij} 을 생각해보자. 여기서 i는 전체 k개의 연구에서 사용된 이산형 확률분포들 중에 i번째 이산형 확률분포에 해당되고 j는 i번째 이산형 확률분포와 관련된 m_i 개의 배열을 뜻한다. 즉, $j=1, 2, \dots, m_i$, 이고 $i = 1, 2, \dots, k$ 이다. 다시 말하면 i는 Mann-Whitney 통계량을 사용한 전체 k개의 연구들 중 i번째 연구이고, j는 i번째 개별 연구에서 퍼뮤

테이션에 의해 고려할 수 있는 m_i 개의 배열의 수이다. 그리고 i번째 개별 연구에서 Mann-Whitney 검정을 적용한 두 집단 중 첫 번째 집단의 표본의 크기를 n_i , 두 번째 집단의 표본의 크기를 r_i 라 하자. 그러면 가능한 배열의 수는

$$m_i = \frac{(n_i + r_i)!}{n_i! r_i!}$$

로 계산되고 각각의 배열은 동일한 확률로 발생할 수 있다. 이 때 두 집단 사이에는 차이가 없다는 귀무가설 하에서 단측 검정의 퍼뮤테이션 $p\text{값}(=p_i)$ 은

$$p_i = \sum_{j=1}^{m_i} \frac{\Phi_{ij}}{m_i} \quad (3)$$

으로 주어진다. 여기서

$$\Phi_{ij} = \begin{cases} 1 & w_{ij} \geq w_{i0} \text{ 일때,} \\ 0 & \text{아닐때} \end{cases}$$

이며 w_{i0} 는 i번째 연구에서의 관측된 Mann-Whitney 통계량이다. 예를 들어 Mann-Whitney를 적용한 연구에서 사용된 두 집단(X와 Y)의 데이터가 $X = (25, 30, 33)$ $Y = (20, 38)$ 라 할 때 퍼뮤테이션 p값을 구해보자. 표본의 크기는 $n=3, r=2$ 이므로 가능한 배열의 수 $m=5!/(3! \times 2!)=10$ 개이고 각 배열과 배열에 대응되는 Mann-Whitney 통계량(=W)은 표1과 같다. Mann-Whitney 통계량은 Y값이 X값 보다 큰 (X, Y) 쌍의 수로 정의 되므로 이에 해당되는 쌍은 (25,38), (30,38), (33,38)이 되어 관측되는 Mann-Whitney 통계량 값(= w_0)은 3이되며, 전체 10개의 배열에서 계산된 10개의 Mann-Whitney 통계량 값 중에서 3보다 크거나 같은 값은 6개($W_1, W_3, W_5, W_8, W_9, W_{10}$)가 되어 수식 (3)에 의해 퍼뮤테이션 $p\text{값} = 0.6$ 이 된다.

Table 1. All Permutations for X and Y and Corresponding Mann-Whitney Statistics

m	permuted (x)	permuted (y)	rank (permuted x)	rank (permuted y)	W_j
1	25 30 33	20 38	2 3 4	1 5	3
2	25 30 20	33 38	2 3 1	4 5	0
3	25 30 38	33 20	2 3 5	4 1	4
4	25 33 20	30 38	2 4 1	3 5	1
5	25 33 38	30 20	2 4 5	3 1	5
6	25 20 38	30 33	2 1 5	3 4	2
7	30 33 20	25 38	3 4 1	2 5	2
8	30 33 38	25 20	3 4 5	2 1	6
9	30 20 38	25 33	3 1 5	2 4	3
10	33 20 38	25 30	4 1 5	2 3	4

이러한 방식으로 k개의 연구에서 k개의 퍼뮤테이션 p값들 (p_1, p_2, \dots, p_k) 구하게 되면, p_1, p_2, \dots, p_k 은 서로 독립적인 관계가 있으므로 이 p값들을 통합하여 최종 얻을 수 있는 통합된 정확한 p값($=P_D$)은 수식 (4)와 같다.

$$P_D = \frac{1}{M} \sum_{j_1=1}^{m_1} \dots \sum_{j_k=1}^{m_k} \delta_{j_1, \dots, j_k} \quad (4)$$

여기서

$$\delta_{j_1, \dots, j_k} = \begin{cases} 1 & \sum_{i=1}^k w_{ij_i} \geq \sum_{i=1}^k w_{i0} \text{ 일 때,} \\ 0 & \text{아닐 때} \end{cases}$$

이고 M은 p값들을 통합하기 위해 고려해야 할 전체 배열의 수로서 $M = \prod_{i=1}^k m_i$ 이다. 또한

$\sum_{i=1}^k w_{ij_i}$ 은 M개의 각 배열에서 계산되는 k개의

Mann-Whitney 통계량 값의 합이고 $\sum_{i=1}^k w_{i0}$ 은 k개의 연구에서 관측된 각각의 Mann-Whitney 통계량 값의 합이다.

III. Examples

실제 데이터와 가상 데이터에 대해서 두 가지 분석을 실시하였다. 첫째로 Mann-Whitney 검정과 관련하여 퍼뮤테이션에 의한 p값 계산과 더불어 유사 Fisher의 통합방법을 이용해 통합된 정확한 p값($=P_D$)을 제시하였고, 둘째로 퍼뮤테이션 p값들에 대해 Fisher의 고전적 통합방법을 적용하여 통합된 p값(이것을 P_C 로 표시함)을 계산하였다. Fisher의 고전적 통합방법은 연속형 확률분포를 가정할 때 사용되지만 이산형 퍼뮤테이션 분포하에서 얻은 두 통합된 p값을 제시하여 비교하였다. 본 논문에서는 퍼뮤테이션 생성, Mann-Whitney 통계량 계산, p값 계산 등 모든 계산을 R 프로그램에 의해 진행하였다.

1. Example 1

통합된 p값을 구하기 위해 Mielke와 Berry가 사용한 이 표본(two-sample) 데이터를 이용하였다(Table 2)[16]. Table 2는 세 개의 각 연구에서 두 개의 처리에 따른 반응 결과들이다. 즉, $k=3$ 이고 $n_1=5, r_1=4, n_2=3, r_2=7, n_3=4, r_3=4$ 이다. 이 데이터 세트에 대한 퍼뮤테이션의 수는 각각 $m_1 = 9!/(5!4!) =$

$126, m_2 = 10!/(3!7!) = 120, m_3 = 8!/(4!4!) = 70$ 로 계산되고, 관측된 Mann-Whitney 통계량은 각각 $w_{10}=6.5, w_{20}=5, w_{30}=3.5$ 이 된다(Table 3). 이 값들과 수식 (3)을 이용해서 구한 퍼뮤테이션 p값은 각각 $p_1=0.2302, p_2=0.1333, p_3=0.1143$ 이 된다(Table 4). 최종적으로, 통합된 p값을 계산해 주는 수식

$$(4) \text{에서 } \sum_{i=1}^k w_{i0} = w_{10} + w_{20} + w_{30} = 6.5 + 5 + 3.5 = 15,$$

$$M = \prod_{i=1}^k m_i = m_1 \times m_2 \times m_3 = 126 \times 120 \times 70 = 1,058,400$$

이고, 총 1,058,400개의 배열에 대응되는 1,058,400개의 Mann-Whitney 통계량 중에서 15보다 크거나 같은 통계량의 수가 76,547개로 나타나 통합된 정확한 p값($=P_D$) = $76,547/1,058,400 = 0.07232$ 가 된다(Table 5). Table 5에는 퍼뮤테이션 p값들에 Fisher의 고전적 통합방법을 적용하여 얻은 p값($=P_C$)과 표준화 퍼센트 차이(standardized % difference) 값을 함께 제시하였다. $P_D = 0.07232 < P_C = 0.07936$ 임을 볼 수 있으며 참고로 P_C 를 구하는 과정은 수식 (1)과 (2)을 이용해 다음과 같이 진행된다.

$$\begin{aligned} & -2 \sum_{i=1}^k \ln p_i \\ & = -2[\ln(0.2302) + \ln(0.1333) + \ln(0.1143)] \\ & = 11.3064 \end{aligned}$$

그리고

$$P_C = P(\chi_6^2 \geq 11.3064 \mid H_0) = 0.07936.$$

표준화 퍼센트 차이는 P_D 와 P_C 를 비교하기 위해 $100 \times (P_C - P_D)/P_D$ 로 정의되는 수치로서 P_D 와 비교하여 상대적으로 P_C 가 얼마나 큰 차이가 있는지를 퍼센트로 나타낸 값이다. 이 수치가 양의 값일 때는 Fisher의 고전적 통합방법이 통합된 p값을 크게 만드는 보수적인 결과를 낳는다는 것을 의미한다. 따라서 표준화 퍼센트 차이 = 9.73는 Fisher의 고전적 통합방법은 유사 Fisher의 통합방법 보다 9.73% 정도 큰 p값을 나타내었다.

Table 2. Three data sets consisting of two treatments each.

data set 1		data set 2		data set 3	
treat. 1	treat. 2	treat. 1	treat. 2	treat. 1	treat. 2
14	20	16	21	16	22
19	27	22	18	12	29
15	14	13	24	21	16
23	18		15	17	19
11			28		
			25		
			19		

Table 3. m_i and w_{i0} for each data set in Table 1.

	data set 1	data set 2	data set 3
m_i	126	120	70
w_{i0}	6.5	5	3.5

Table 4. Permutation p Values for each data set in Table 1.

	data set 1	data set 2	data set 3
perm. p value	0.2301	0.1333	0.1143

Table 5. Combined p Values

method	combined p value	standardized % difference
exact discrete analog of Fisher's classical method	0.07232	9.73
Fisher's classical method	0.07936	

2. Example 2

Table 6은 $k=4$, $n_1=6$, $r_1=5$, $n_2=5$, $r_2=5$, $n_3=4$, $r_3=5$, $n_4=5$, $r_4=4$ 로 이루어진 가상 데이터이다. 이 데이터에 대한 퍼뮤테이션의 수는 각각 $m_1=462$, $m_2=252$, $m_3=126$, $m_4=126$ 으로 계산되고, 관측된 Mann-Whitney 통계량은 각각 $w_{10}=23$, $w_{20}=21$, $w_{30}=18$, $w_{40}=16.5$ 가 된다(Table 7). 이 값들을 수식 (3)에 대입하면 퍼뮤테이션 값은 각각 $p_1=0.08225$, $p_2=0.04762$, $p_3=0.03175$, $p_4=0.06349$ 이 된다(Table 8). 또한 수식 (4)에서 $\sum_{i=1}^k w_{i0} = 23 + 21 + 18 + 16.5 = 78.5$, $M = \prod_{i=1}^k m_i = 462 \times 252 \times 126 \times 126 = 1,848,347,424$ 이고 78.5보다 크거나 같은 Mann-Whitney 통계량의 수가 514,542개가 되어 통합된 정확한 p값($=P_D$) = 0.0002784 로 계산된다(Table 9). 더불어 Fisher의 고전적 통합방법을 적용할 때

$$\begin{aligned}
 & -2 \sum_{i=1}^k \ln p_i \\
 & = -2[\ln(0.08225) + \ln(0.04762) \\
 & \quad + \ln(0.03175) + \ln(0.06349)] \\
 & = 23.4985 \text{ 로 계산되며,}
 \end{aligned}$$

통합된 p값($=P_C$) = $P(\chi_8^2 \geq 23.4985 \mid H_0) = 0.002779$ 이 된다. 그리고 Example 1의 결과와 마찬가지로 $P_D < P_C$ 이다. 표준화 퍼센트 차이는 898.20의 매우 큰 값으로서 Fisher의 고전적 통합방법은 유사 Fisher의 통합방법 보다 훨씬 큰 p값임을 보여준다.

Table 6. Hypothetical data

data set 1		data set 2		data set 3		data set 4	
treat. 1	treat. 2	treat. 1	treat. 2	treat. 1	treat. 2	treat. 1	treat. 2
85	79	87	81	84	78	84	76
78	82	79	78	83	81	87	81
90	76	83	75	86	76	82	77
86	78	89	80	79	80	78	79
80	86	90	84		77	79	
88							

Table 7. m_i and w_{i0} for hypothetical data

	data set 1	data set 2	data set 3	data set 4
m_i	462	252	126	126
w_{i0}	23	21	18	16.5

Table 8. Permutation p values for hypothetical data

	data set 1	data set 2	data set 3	data set 4
perm. p value	0.08225	0.04762	0.03175	0.06349

Table 9. Combined p values and standardized % difference for hypothetical data

method	combined p value	standardized % difference
exact discrete analog of Fisher's classical method	0.0002784	898.20
Fisher's classical method	0.002779	

IV. Conclusion

가설검정의 결과로 얻은 p값을 통합하기 위해서 Fisher의 고전적 방법이 널리 사용되어 왔다. 그러나 이 방법은 확률분포가 연속형이라는 가정하에 사용될 수 있으며 이 가정에서 벗어난 확률분포에 대해서는 유사 Fisher의 통합방법이 더 적합하다고 알려져 있다. 본 논문은 유사 Fisher의 통합방법을 사용하여 Mann-Whitney 검정을 적용한 데이터들의 퍼뮤테이션 확률분포로부터 얻은 p값들을 통합하는 과정을 소개한 것이다. 본 연구를 위해서 $k=3$ 인 이 표본 실제 데이터와 $k=4$ 인 이 표본 가상 데이터를 예제로 사용하였다. 각 데이터의 퍼뮤테이션 확률분포로부터 퍼뮤테이션 p값을 구한 후 유사 Fisher의 통합방법에 의해 p값을 통합하고 더불어 비교를 위해 Fisher의 고전적 방법에 의한 통합을 실시하였다. 결과적으로 유사 Fisher의

통합방법은 정확한 통합 p값($=P_D$)을 제공하는 반면에 Fisher의 고전적 통합방법은 보다 큰 값의 통합 p값($=P_C$)을 제공하였다. (실제 데이터의 경우 : $P_D=0.07232$, $P_C=0.07936$, 표준화 퍼센트 차이 = 9.73, 가상 데이터의 경우 : $P_D=0.0002784$, $P_C=0.002779$, 표준화 퍼센트 차이 = 898.20). 이 결과는 이산형 확률분포를 따르는 p값들을 통합하기 위해 Fisher의 고전적 방법을 사용하면 p값이 커진다는 여러 연구결과와 부합한다고 할 수 있다. 따라서 본 연구에서와 같이 퍼뮤테이션 검정에 기초한 p값들을 통합할 때는 유사 Fisher의 통합방법이 더 적합하다고 말할 수 있다. 왜냐하면 퍼뮤테이션 검정은 기본적으로 이산형 확률분포를 기반으로 이루어지고 정확한 p값을 산출해주는 장점을 갖고 있기 때문이다. 그러므로 모집단에 대해 정규성과 같은 연속형의 분포를 가정할 수 없을 경우에는 모든 가설검정이 본질적으로 이산형이라 볼 수 있어 그동안 사용한 Fisher의 고전적인 방법에 의해 통합된 p값은 부정확하거나 근사적인 값에(M의 값이 클지라도) 불과하므로 유사 Fisher의 통합방법에 의한 p값 통합이 대안적인 방법이라 하겠다. 또한 유사 Fisher의 통합방법에 의한 p값 통합은 이산형 확률분포에 기초하는 다양한 순위검정(안사리-브래들리 검정, 중위수 검정 등)과 Fisher-Pitman 검정과 같은 퍼뮤테이션 검정에 적용할 수가 있어 그 활용도가 높다고 말할 수 있으며, p값 통합이 메타분석에서 널리 사용되는 분석방법이기 때문에 통합 p값의 정확성이 크게 향상되면 메타분석결과의 타당성을 높일 수 있을 것으로 생각된다. 다만 p값 통합 시 전제되는 가정은 통합되는 p값들이 모두 서로 독립이어야 하는 것인데, 이 가정이 충족되지 않을 때 p값 통합을 할 수 없다는 제한점이 있으며 따라서 비독립적인 p값들을 통합하는 연구가 추후 과제가 되어야 할 것이다.

REFERENCES

- [1] R. A. Fisher, "Statistical methods for research workers", (5th ed.) Edinburgh, Scot.: Oliver & Boyd, 1934.
- [2] S. A. Stouffer, E. A. Suchman, L. C. DeVinney, S. A. Star, and R. M. William, The American Soldier, *Adjustment During Army Life*, Princeton Univ. Press, Princeton, 1949.
- [3] R. J. Simes, An improved Bonferroni procedure for multiple tests of significance, *Biometrics*, 73, 751-754, 1986.
- [4] D. Zaykin, L. Zhivotovsky, P. H. Westfall, and B. S. Weir, "Truncated Product Method for Combining p-values", *Genetic Epidemiology*, 22, 170-185, 2002.
- [5] J. Seon and D. Kim, "New Method for Combining P-values in Metha-Analysis", *The Korean Journal of Applied Statistics*, 26, 5, 797-806, 2013.
- [6] P. I. Good, "Permutation tests: a practical guide to resampling methods for testing hypotheses", (2nd ed.) New York: Springer-Verlag, 2000.
- [7] P. I. Good, "Resampling methods: a practical guide to data analysis", (2nd ed.) Boston, MA: Birkhauser, 2001.
- [8] C. E. Lunneborg, "Analysis by resampling: concepts and applications". Pacific Grove, CA: Duxbury, 2000.
- [9] E. Pesarin, "Multivariate permutation tests: with applications in biostatistics", Chichester, UK: Wiley, 2001.
- [10] E. J. G. Pitman, "Significance tests which may be applied to samples from any populations". Supplement to the *Journal of the Royal Statistical Society*, 4, 119-130, 1937.
- [11] E. J. G. Pitman, "Significance tests which may be applied to samples from any populations": II. Supplement to the *Journal of the Royal Statistical Society*, 4, 225-232, 1937.
- [12] E. J. G. Pitman, "Significance tests which may be applied to samples from any populations": III. The analysis of variance tests. *Biometrika*, 29, 322-335, 1938.
- [13] P. W. Jr. Mielke, J. E. Johnston and K. J. Berry, "Combining probability value from independent permutation tests: a discrete analog of Fisher's classical method", *Psychological Reports*, 95, 449-458, 2004.
- [14] P. W. Jr. Mielke, J. E. Johnston and K. J. Berry, "Comparisons of continuous and discrete methods for combining probability values associated with matched-pairs t-test data", 100, 799-805, 2005.
- [15] W. M. Kincaid, "The combination of tests based on discrete distributions", *Journal of the American Statistical Association*, 57, 10-19, 1962.
- [16] P. W. Mielke Jr. and K. J. Berry, *Permutation methods: a distance function approach*. (2nd ed.) New York: Springer-Verlag, 2007.

Authors



Yonghwan Um received the B.S. and M.S. in Chemistry M.S. from Yonsei University, Korea, in 1981, 1983, M.S. in Biostatistics from Emory University, in 1990 and Ph.D. in Statistics from University of Florida, U.S.A. in 1995. Dr. Um joined the faculty

of the Department of Computational Statistics at Sungkyul University, Anyang, Korea, in 1996. He is currently a Professor in the Division of Industrial and Management Engineering, Sungkyul University. He is interested in reliability measure, data-mining, statistical inference.