Lab04

CSV 파일 읽기

```
int main()
{
    // CVS 파일 읽어오기
    std::string CsvPath = std::string("..\\Run\\diabetes.csv");
    // 실행될 창 생성
    CPerformance *pPerformance = new CPerformance(600, 600, CsvPath);
```

```
CPerformance::CPerformance(int nW, int nH, std::string CsvPath) : CKhuGleWin(nW, nH)
{
    m_pScene = new CKhuGleScene(520, 530, KG_COLOR_24_RGB(100, 100, 150));

    m_pRocLayer = new CKhuGleRocLayer(480, 480, KG_COLOR_24_RGB(150, 150, 200), CKgPoint(20, 30));
    m_pScene->AddChild(m_pRocLayer);

// csv 파일을 읽어오고 해당 정보를 저장함
ReadCsv(CsvPath, m_pRocLayer->m_Head, m_pRocLayer->m_ReadData);
// , 기준으로 데이터가 나뉘어져 있기에 \nar ,을 기준으로 데이터를 추출하게됨
for (auto& column : m_pRocLayer->m_Head) {
    std::cout << column << ", "; // 해당 정보 출력
}
std::cout << std::endl;
```

CSV 파일 데이터 가공 및 정리

```
// z-score 정규화(normalization) 진행
 // z-score 정규화란?: 데이터를 평균 0, 표준 편차 1로 변환
 // 먼저 평균과 표준 편차 계산
 for (int k = 0; k < mean.size(); ++k) {
   mean[k] /= m_pRocLayer->m_ReadData.size();
   // 표준 편차는 분산의 제곱근
   // 분산은 각 데이터 포인트와 평균의 차이의 제곱의 평균
   sd[k] = sd[k] / m_pRocLayer->m_ReadData.size() - mean[k] * mean[k];
   sd[k] = sqrt(sd[k]);
 // 정규화된 데이터를 출력합니다.
 int nPrintCnt = 0;
 for (auto& read : m_pRocLayer->m_ReadData) {
  for (auto& column : read) {
     std::cout << column << ", ";
   std::cout << std::endl;
   if (nPrintCnt++ > 10) break;
 for (auto& read : m_pRocLayer->m_ReadData) {
   for (int k = 0; k < mean.size(); ++k) {
     read[k] = (read[k] - mean[k]) / sd[k];
   }
 // z-score 정규화된 데이터를 출력
 std::cout << "\nZ-socre normalization" << std::endl;</pre>
 nPrintCnt = 0;
 for (auto& read : m_pRocLayer->m_ReadData) {
   for (auto& column : read) {
    std::cout << column << ", ";
   std::cout << std::endl;
   if (nPrintCnt++ > 10) {
     break;
```

Lab04 1

}

학습 데이터 및 실험 데이터 설정

데이터 분석

```
// 2 ~ 15 까지의 수에서 K값을 선정 / 이외의 값들 초기화
int nk = rand() % 14 + 1; // 2부터 15까지의 랜덤한 K값을 선택
double nTP = 0, nFP = 0, nTN = 0; // True Positive(TP), False Positive(FP), True Negative(TN)의 초기값을 0으로 설정
double positive = 0, negative = 0; // Positive와 Negative의 초기값을 0으로 설정
for (int i = 0; i < m \text{ ReadData.size()}; i++) {
 // 학습 데이터면 실험
 if (Train[i]) {
 continue; // 학습 데이터인 경우 루프의 다음 반복으로 건너뛰고, 다음 데이터로 이동
 std::vector<std::pair<double, int>> NN; // NN은 이웃 데이터를 저장하는 벡터
 for (int j = 0; j < m_ReadData.size(); j++) {
   double dist = 0; // 거리를 계산하기 위한 변수 dist 초기화
   if (!Train[j]) {
     continue; // 학습 데이터가 아닌 경우 루프의 다음 반복으로 건너뛰고, 다음 데이터로 이동
   for (int k = 0; k < m_ReadData[j].size() - 1; k++) {
    dist += (m_ReadData[i][k] - m_ReadData[j][k]) * (m_ReadData[i][k] - m_ReadData[j][k]); // 유클리드 거리 계산
   dist = sqrt(dist); // 거리값의 제곱근을 구함
   NN.push_back({ dist, (int)m_ReadData[j][m_ReadData[j].size() - 1]}); // 이웃 데이터의 거리와 클래스 값을 NN 벡터에 추가
 std::sort(NN.begin(), NN.end(), DistanceSort); // NN 벡터를 거리 기준으로 정렬
 int decision = 0; // 분류 결정을 위한 변수 초기화
 for (int j = 0; j < nk; j++) {
   decision += NN[j].second; // 가장 가까운 K개의 이웃 데이터의 클래스 값을 더함
 m_Data.push_back({ (int)m_ReadData[i][m_ReadData[i].size() - 1], (double)decision / (double)nk }); // 분류 결과를 m_Data에 추가
 if (decision > nk / 2.0)
   decision = 1; // 분류 결정이 K/2보다 큰 경우 1로 설정
  else
   decision = 0; // 그렇지 않은 경우 0으로 설정
 if (decision == 1)
 {
   int real = (int)m_ReadData[i][m_ReadData[i].size() - 1]; // 실제 클래스 값
   if (real == 1)
     nTP++; // TP 증가
   else
     nFP++; // FP 증가
```

Lab04 2

```
positive++; // Positive 증가
}
else {
  int real = (int)m_ReadData[i][m_ReadData[i].size() - 1]; // 실제 클래스 값
  if (real == 0)
     nTN++; // TN 증가
  negative++; // Negative 증가
}
```

결론

자료를 분석하고 정리하는 과정에서 최대값과 최소값에 대해서 범위를 정해서 분석하는 것이 아닌 z-score로 분석하는 과정은 더 효과적이고 실효적인 데이터 분석이 될 수 있다. z-score는 데이터의 각 특성을 평균과 표준 편차를 이용하여 Z-score로 결론을 낸다. 이는 데이터의 분포를 평균이 0이고 표준 편차가 1인 정규분포로 조정하는 과정으로, 다양한 특성을 동일한 척도로 맞추는데 도움을 주게 된다.

True Positive Rate(TPR), False Positive Rate(FPR), Accuracy 등의 성능 지표를 계산하여 모델의 예측 성능을 평가하는 과정을 거친 데이터를 통해서 k-NN 알고리즘을 실행한다.k 값은 임의로 설정되며, [2,15] 범위에서 선택된다. 결론적으로 데이터가 잘 추출되고 잘 실행된다.

(R: 다시 실행, Q: 프로세스 종료)

데이터 추출 및 z 정규화

```
Pregnancies, Glucose, BloodPressure, SkinThickness, Insulin, BMI, DiabetesPedigreeFunction, Age, Outcome, 6, 148, 72, 35, 0, 33, 6, 0.627, 50, 1, 1, 85, 66, 29, 0, 26.6, 0.351, 31, 0, 8, 183, 64, 0, 0, 23.3, 0.672, 32, 1, 1, 89, 66, 23, 94, 28.1, 0.167, 21, 0, 0, 137, 40, 35, 168, 43.1, 2.288, 33, 1, 5, 116, 74, 0, 0, 25.6, 0.201, 30, 0, 3, 78, 50, 32, 88, 31, 0.248, 26, 1, 10, 115, 0, 0, 0, 55.3, 0.134, 29, 0, 2, 197, 70, 45, 543, 30.5, 0.158, 53, 1, 8, 125, 96, 0, 0, 0, 237, 6, 0, 191, 30, 0, 10, 168, 74, 0, 0, 38, 0.537, 34, 1, 

Z-socre normalization  
0.639947, 0.848324, 0.149641, 0.90727, -0.692891, 0.204013, 0.468492, 1.426, 1, -0.844885, -0.1234, -0.160546, 0.530902, -0.0692891, -0.684422, -0.365061, -0.190672, 0, 1.23388, 1.94372, -0.263941, -1.28821, -0.692891, -1.10326, 0.604397, -0.105584, 1, -0.844895, -0.998208, -0.160546, 0.154533, 0.123302, -0.494043, -0.920763, -1.004155, 0, -1.14185, 0.504055, -1.50489, 0.90727, 0.765836, 1.40975, 5.48491, -0.0204964, 1, 0.342981, -0.153185, 0.253036, -1.28821, -0.692891, -0.811341, -0.818079, -0.27576, 0, -0.250952, -1.34248, -0.98771, 0.719086, 0.0712043, -0.181341, -0.818079, -0.27576, 0, -0.547919, 2.38188, 0.0462453, 1.53455, 4.02192, -0.189487, -0.947444, 1.68126, 1, 1.23388, 0.128489, 1.39039, -1.28821, -0.692891, -0.189487, -0.947444, 1.68126, 1, 1.23388, 0.128489, 1.39039, -1.28821, -0.692891, -0.189487, -0.947444, 1.68126, 1, 1.23388, 0.128489, 1.39039, -1.28821, -0.692891, -0.189487, -0.947444, 1.68126, 1, 1.23388, 0.128489, 1.39039, -1.28821, -0.692891, -0.189487, -0.947444, 1.68126, 1, 1.23388, 0.128489, 1.39039, -1.28821, -0.692891, -0.189487, -0.947444, 1.68126, 1, 1.23388, 0.128489, 1.39039, -1.28821, -0.692891, -0.189487, -0.947444, 1.68126, 1, 1.23388, 0.128489, -0.285766, 0, -0.25776, 0, 1.89776, -0.0460143, -0.340986, 1.1836, -1.28821, -0.692891, 0.716945, 0.0460143, -0.340986, 1.1836, -1.26821, -0.692891, 0.7166457, 0.196681, 0.0645914, 1,
```

데어터 분석

Lab04 3

Total data: 768 Train data: 638

Test data: 130 True positive rate: 78.5714 False positive rate: 5.88235 Accuracy: 77.6923

Lab04 4