# Chapo5. Statistics Analysis

# 목차

- 1. 표본추출
- 2. 정규분포
- 3. 검정통계
- 4. 상관분석
- 5. 회귀분석

# 1. 표본 추출

#### ❖표본 추출

- ✓ 구글의 사용자들이 검색하는 질의를 분석하는 경우에 특정 알고리즘이 검색을 개선하는지를 알아보기 위해서 사용자들이 입력한 모든 질의를 분석하는 것은 낭비에 가깝습니다.
- ✓ 위의 경우 특정 기간에 있었던 질의만 분석한다던가 특정 조건을 만족하는 질의만 분석하는 것이 효율적일 것입니다.
- ✓ 이처럼 전체 데이터(모집단) 중 일부를 표본(샘플)으로 추출하는 작업이 데이터 분석에서는 필수입니다.
- ✓ 보통은 훈련 데이터와 테스트 데이터를 80% 와 20%로 분리하여 데이터에 대한 모델링은 훈련 데이터로만 수행하고 모델의 성능은 테스트 데이터로 평가하면 모델의 성능을 가장 적절히 평가할 수 있습니다.
- ✓ 데이터의 분포가 일정하지 않다면 가중치를 이용해서 데이터를 추출하는 부 분도 고려해야 합니다.

#### ❖표본 추출

- ✓ 단순 임의 추출은 전체 데이터에서 각 데이터를 추출할 확률을 동일하게 하여 표본을 추출하는 방법으로 복원 추출과 비복원 추출이 있습니다.
- ✓ 복원 추출은 한 번 추출된 표본을 다시 선택하는 것이 가능한 경우를 의미하며 비복원 추출은 한 번 추출된 표본은 다시 선택할 수 없는 경우를 의미합니다.
- ✓ 파이썬에서 복원 추출은 random.random 함수를 이용하며 비복원 추출은 random.sample 함수를 이용합니다.
- ✓ 시퀀스 자료형의 순서를 무작위로 배치하는 shuffle(시퀀스 자료형) 함수도 있습니다.
- ✓ random.random() 함수는 0 이상 1 미만의 숫자 중에서 하나를 리턴하고 randrange(시작위치, 종료위치) 나 randint (시작위치, 종료위치) 함수를 이용하면 특정 범위 내의 정수를 리턴합니다.

#### ❖표본 추출

✓ random.sample 함수는 비복원 추출이 가능한 함수인데 매개변수로는 데이 터와 추출할 개수를 넘겨주면 됩니다.

```
import random
li = [10,20,30,40,50]
#복원 추출
for i in range(5):
    print(li[random.randint(0, len(li)-1)], end=' ')
print()
#비복원 추출
print(random.sample(li, k=5))
```

#### ❖표본 추출

- ✓ numpy 라이브러리에도 동일한 함수가 존재
- ✓ numpy 라이브러리의 random.choice를 이용하면 가중치를 이용한 데이터 추출도 가능
- ✓ 데이터의 분포가 일정하지 않은 경우 일반 추출을 수행하게 되면 빈도가 적은 데이터가 많이 나올 수 있습니다.
- ✓ choice(a, size=None, replace=True, p=None): a는 배열이고 size는 개수이며 replace는 복원 여부이고 p는 확률

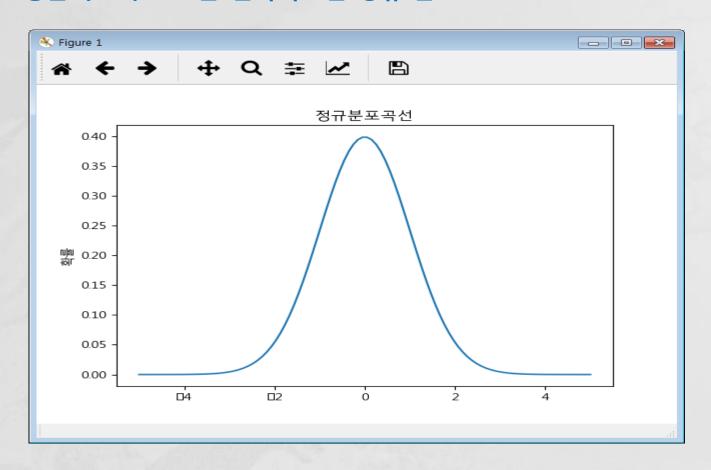
# 가중치를 고려한 추출
arr = ['Hello', 'Hi', 'Good', 'Nice']
print(np.random.choice(arr, 5, p=[0.5, 0.1, 0.1, 0.3]))

## 2. 정규 분포

#### ❖정규 분포

- ✓ 가우시안 정규 분포(Gaussian normal distribution), 혹은 그냥 간단히 정규 분포라고 부르는 분포는 자연 현상에서 나타나는 숫자를 확률 모형으로 모 형화할 때 가장 많이 사용되는 모형
- ✓ 데이터들이 평균 값을 기준으로 좌 우 대칭형으로 분포되어 있는 형태
- ✓ 평균 값을 기준으로 표준편차 1배 안에 전체 데이터의 약 70% 이상이 몰려 있고 약 1.96배 안에 95%이상이 분포된 경우
- ✓ scipy의 stats 서브 패키지에 있는 norm 클래스는 정규 분포에 대한 클래스인데 loc 인수로 평균을 설정하고 scale 인수로 표준 편차를 설정
- ✓ 시뮬레이션을 통해 샘플을 얻으려면 rvs 메서드를 사용

#### ❖평균이 0이고 표준 편차가 1인 정규 분포



#### ❖평균이 0이고 표준 편차가 1인 정규 분포에서 100개의 데이터 샘플링

[-0.18866368 0.33298835 -0.38338861 -0.58630201 -0.0352717 0.83131306 0.45430349

0.62156248 1.05328769 -0.33809822 -0.74267457

0.68693788 0.56864614 -0.83377739 0.75246509 1.41831302 0.60342366

-0.55103535 0.15477685 -0.43566131 0.46150938 0.51121478 0.14369775

-1.65575749 1.66535737 -0.97471866 -3.52622788 -0.56315723 0.60597605

0.36105992 -0.24231248 0.04772834 0.09526121 -0.01955942 0.47597838

from pandas import Series, DataFrame import pandas as pd import numpy as np import matplotlib.pyplot as plt from matplotlib import font\_manager, rc from scipy import stats import scipy as sp

font\_name =
font\_manager.FontProperties(fname="c:/Windows/Fonts/malgun.ttf").get\_name()
rc('font', family=font\_name)

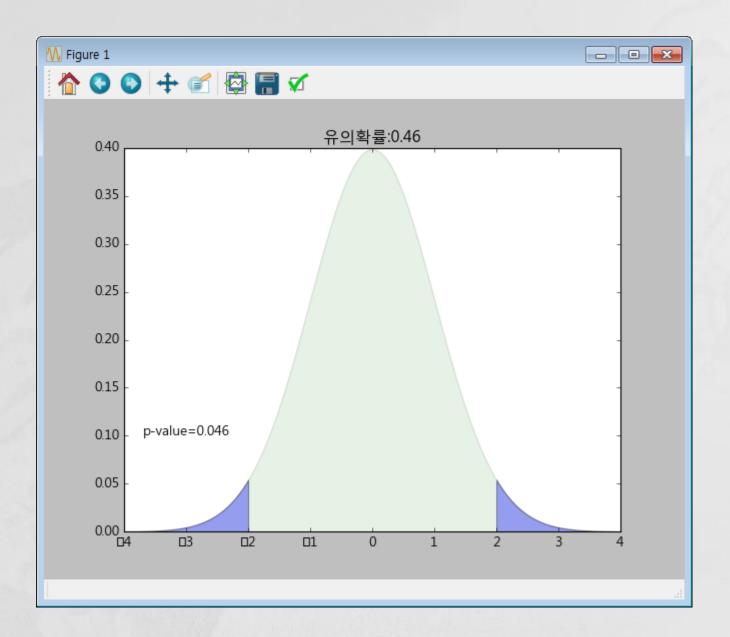
```
mu = 0
std = 1
rv = sp.stats.norm(mu, std)
xx = np.linspace(-5, 5, 100)
plt.plot(xx, rv.pdf(xx))
plt.ylabel("확률")
plt.title("정규분포곡선")
plt.show()
x = rv.rvs(100)
print(x)
```

# 3. 검정 통계

- ❖ 검정(testing)은 데이터 뒤에 숨어있는 확률 변수의 분포와 모수에 대한 가설의 진 위를 정량적(quantitatively)으로 증명하는 작업
- ❖ 통계처리를 할 때 대개는 모집단의 분산이나 평균을 알기가 어려운데 이유는 모집단 자체를 전수조사하기가 어렵기 때문이기도 하고 모집단의 정확한 범위를 알지 못 하는 경우도 있고 그래서 실제 모집단에서 표본 몇 십 개 또는 몇 백 개를 추출해서 그것의 분산(표본분산)이나 평균(표본평균)을 사용해야 하는 경우가 대부분입니다.
- ❖ 표본수가 크지 않을 때 표본분산(표본표준편차)을 사용한 테스트는 t-분포를 이용한다고 해서 T-test라고 합니다.
- ❖ 가설 증명 즉 검정의 기본적인 논리는 다음과 같습니다.
  - ✓ 만약 가설이 맞다면 즉, 모수 값이 특정한 조건을 만족한다면 해당 확률 변수로부터 만들어진 표본(sample) 데이터들은 어떤 규칙을 따르게 된다.

- ✓ 해당 규칙에 따라 표본 데이터 집합에서 어떤 숫자를 계산하면 계산된 숫자는 특정한 확률 분포를 따르게 된다. 이 숫자를 검정 통계치(test statistics)라고 하며 확률 분포를 검정 통계 분포(test statistics distribution)라고 한다. 검정 통계 분포의 종류 및 모수의 값은 처음에 정한 가설에 의해 결정된다. 이렇게 검정 통계 분포를 결정하는 최초의 가설을 귀무 가설(Null hypothesis)이라고 한다.
- ✓ 데이터에 의해서 실제로 계산된 숫자, 즉, 검정 통계치가 해당 검정 통계 분포에서 나올 수 있는 확률을 계산한다. 이를 유의 확률(p-value)라고 한다.
- ✓ 만약 유의 확률이 미리 정한 특정한 기준 값보다 작은 경우를 생각하자. 이 기준 값을 유의 수준(significance level)이라고 하는 데 보통 1% 혹은 5% 정도의 작은 값을 지정한다. 유의 확률이 유의 수준으로 정한 값(예 1%)보다도 작다는 말은 해당 검정 통계 분포에서 이 검정 통계치가 나올 수 있는 확률이 아주 작다는 의미이므로 가장 근본이 되는 가설 즉, 귀무 가설이 틀렸다는 의미이다. 따라서 이 경우에는 귀무 가설을 기각(reject)한다.
- ✓ 만약 유의 확률이 유의 수준보다 크다면 해당 검정 통계 분포에서 이 검정 통계치가 나오는 것이 불가능하지만은 않다는 의미이므로 귀무 가설을 기각할 수 없다. 따라서 이경우에는 귀무 가설을 채택(accept)한다.

- ❖ 유의수준(significance level)은 보통 1%, 5%, 10% 세 개를 주로 사용하는데 0.01, 0.05, 0.1.... 그 중에서 1%와 5%를 많이 사용합니다.
- ❖ 유의수준 0.05라 함은 두 개 집단의 모평균은 실제 같은데도 잘못해서 귀무 가설을 기각하게 될 확률을 의미합니다.
- ❖ 5%(0.05)의 유의성이란 테스트 결과가 "사실이 아닐 확률"이 5%라는 뜻....또는 " 사실일 확률"이 95% 라는 뜻입니다.
- ❖ 유의확률은 소위 p-value라고 하는 것으로 귀무 가설을 기각할 수 있는 최소한의 확률을 의미합니다.
- ❖ 유의확률이 0.009로 도출되었다고 할 때 유의확률은 위의 유의수준을 보다 정확히 계산한 것으로 귀무 가설을 잘못 기각할 확률 0.9% 밖에 안 된다는 겁니다.
- ❖ 여기서는 0.009(0.9%)니까, 5%는 물론 1%의 유의수준에서 귀무 가설을 기각할 수 있다는 뜻입니다.



```
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
from matplotlib import font_manager, rc
from scipy import stats
import scipy as sp
font_name =
font_manager.FontProperties(fname="c:/Windows/Fonts/malgun.ttf").get_name()
rc('font', family=font_name)
xx1 = np.linspace(-4, 4, 100)
xx2 = np.linspace(-4, -2, 100)
xx3 = np.linspace(2, 4, 100)
```

```
plt.fill_between(xx1, sp.stats.norm.pdf(xx1), facecolor='green', alpha=0.1) plt.fill_between(xx2, sp.stats.norm.pdf(xx2), facecolor='blue', alpha=0.35) plt.fill_between(xx3, sp.stats.norm.pdf(xx3), facecolor='blue', alpha=0.35) plt.text(-3, 0.1, "p-value=%5.3f" % (2*sp.stats.norm.cdf(-2)), horizontalalignment='center') plt.title("유의확률:0.46")
```

plt.show()

## 이항 검정(binominal test)

- ❖ 이항 검정(binominal test) : 이분형 변수의 두 범주(Yes/No)에 대한 <u>관측 빈도</u>가 지정된 <u>확률 모수(θ)</u>를 가지는 이항 분포의 <u>기대 빈도</u>에 대한 가설 검정
- ❖ 베르누이 확률 분포 : 어떤 시행의 결과가 '성공'과 '실패'인 결과를 갖는 변수를 베르누이 변수라고 하며, 이 변수의 확률 분포를 의미
- ❖ 유의확률 = 1- scipy.stats.binom(시행횟수, 성공확률).cdf(성공횟수-1)
- ❖ 게임에서 내가 이길 확률은 0.3(확률모수) 이고 100번(시행) 했을 때 30번(성공) 이길 유의확률은? 이 때 이것이 가능한 것인지 유의수준 5%로 검정
- ❖ 게임에서 내가 이길 확률은 0.3이고 100번 했을 때 60번 이길 유의확률은?
  이 때 이것이 가능한 것인지 유의수준 5%로 검정

```
from scipy import stats
import scipy as sp
r = 1-sp.stats.binom(100, 0.3).cdf(30 - 1) #(시행횟수, 성공확률).cdf(성공횟수 - 1)
if r > 0.05: # 유의확률 > 유의수준
  print("p-value가 0.05보다 크므로 정상적인 상황입니다..")
else:
  print("p-value가 0.05보다 작으므로 발생할 가능성이 낮은 상황입니다..")
r = 1-sp.stats.binom(100, 0.3).cdf(60 - 1)
if r > 0.05:
  print("p-value가 0.05보다 크므로 정상적인 상황입니다..")
else:
  print("p-value가 0.05보다 작으므로 발생할 가능성이 낮은 상황입니다..")
```

## 카이제곱 검정(chisqure test)

- ❖ 범주(Category)별로 관측 빈도와 기대빈도가 차이가 있는지 검정
- ❖ 카이제곱 분포에 기초한 통계적 방법(카이제곱 분포표 이용)
- ❖ χ₂ = Σ (관측값 기댓값)2 / 기댓값
- ❖ 분석을 위해서 교차분할표 작성
- ❖ 교차분석은 검정통계량으로 카이제곱 사용(=카이제곱 검정)
- ❖ 검증 유형 분류 : 일원카이제곱검정, 이원카이제곱검정

```
# 귀무가설 : 관측치와 기대치는 차이가 없다.(게임에 적합하다.)
# 대립가설 : 관측치와 기대치는 차이가 있다.(게임에 적합하지 않다.)
real_data = [4, 6, 17, 16, 8, 9] # 관측치
exp_data = [10,10,10,10,10,10] # 기대치
chis = stats.chisquare(real_data, exp_data)
print('statistic = %.3f, pvalue = %.3f'%(chis))
# statistic = 14.200, pvalue = 0.014
```

### 단일 표본 t-검정

- ❖ 단일 표본 t-검정은 정규 분포의 표본에 대해 기댓값을 조사하는 검정방법
- ❖ 데이터의 표준편차나 분산을 아는 경우에 아래 함수를 이용해서 유의확률을 구합니다.

scipy.stats.t(df=데이터개수-1).cdf(평균/표준편차\*데이터개수의 제곱근)

❖ 평균/표준편차\*데이터개수의 제곱근을 검정 통계량이라고 합니다.

#### ❖ tdata.csv

번호,성적

1,77

2,85

3,63

4,69

5,82

6,78

7,73

8,87

9,65

10,92

import matplotlib.pylab as plt import pandas as pd import numpy as np from scipy import stats import scipy as sp

items = pd.read\_csv('tdata.csv', encoding='ms949') #평균이 75라고 할 수 있는지 유의수준 5%로 검정 items['성적'] = items['성적']/75-1

```
t = items['성적'].mean()/items['성적'].std(ddof=1)*np.sqrt(len(items['성적']))
print("검정통계:", t)
result = 1-sp.stats.t(df=len(items['성적'])-1).cdf(t)
print("유의확률:", result)
if result >= 0.05:
    print("평균은 75라고 할 수 있습니다.")
else:
    print("평균은 75라고 할 수 없습니다.")
```

### 독립 표본 t-검정

- ❖ 독립 표본 t-검정(Independent-two-sample t-test)은 간단하게 two sample t-검정 이라고도 합니다.
- ❖ 두 개의 독립적인 정규 분포에서 나온 두 개의 데이터 셋을 사용하여 두 정규 분 포의 기댓값이 동일한지를 검사합니다.
- ❖ scipy stats 서브패키지의 ttest\_ind 함수를 사용
- ❖ 독립 표본 t-검정은 두 정규 분포의 분산 값이 같은 경우와 같지 않은 경우에 사용하는 검정 통계량이 다르기 때문에 equal\_var 인수를 사용하여 이를 지정해 주어야 합니다.
- ◆ 서로 다른 10명의 사람에게 수면제1을 복용했을 때의 수면 증가 시간은 [0.7,-1.6,-0.2,-1.2,-0.1,3.4,3.7,0.8,0.0,2.0] 이고 수면제2를 복용했을 때의 수면 증가 시간은 [1.9,0.8,1.1,0.1,-0.1,4.4,5.5,1.6,4.6,3.4] 인 경우 2가지 약 복용 시 수면 증가 시간은 차이가 없는지 유의확률 5%로 검정

```
import numpy as np
from scipy import stats
import scipy as sp
x1 = np.array([0.7, -1.6, -0.2, -1.2, -0.1, 3.4, 3.7, 0.8, 0.0, 2.0]);
x2 = np.array([1.9,0.8,1.1,0.1,-0.1,4.4,5.5,1.6,4.6,3.4]);
r = sp.stats.ttest_ind(x1, x2, equal_var=True)
print(x1.var())
if r.pvalue >= 0.05:
   print("2가지 약의 평균 수면 증가시간은 같다.")
else:
   print("2가지 약의 평균 수면 증가시간은 다르다.")
```

#### 대응 표본 t-검정

- ❖ 대응 표본 t-검정은 독립 표본 t-검정을 두 집단의 샘플이 1대1 대응하는 경우에 대해 수정한 것
- ❖ 독립 표본 t-검정과 마찬가지로 두 정규 분포의 기댓값이 같은지 확인하기 위한 검정
- ❖ 예를 들어 어떤 반의 학생들이 특강을 수강하기 전과 수강한 이후에 각각 시험을본 시험 점수의 경우에는 같은 학생의 두 점수는 대응
- ❖ 이 대응 정보를 알고 있다면 보통의 독립 표본 t-검정에서 발생할 수 있는 샘플간의 차이의 영향을 없앨 수 있기 때문에 특강 수강의 영향을 보다 정확하게 추정할수 있습니다.
- ❖ scipy stats 서브패키지의 ttest\_rel 함수를 사용

```
import numpy as np
from scipy import stats
import scipy as sp
x1 = np.array([0.7, -1.6, -0.2, -1.2, -0.1, 3.4, 3.7, 0.8, 0.0, 2.0]);
x2 = np.array([1.9,0.8,1.1,0.1,-0.1,4.4,5.5,1.6,4.6,3.4]);
r = sp.stats.ttest_rel(x1, x2)
print(x1.var())
if r.pvalue >= 0.05:
   print("2가지 약의 평균 수면 증가시간은 같다.")
else:
   print("2가지 약의 평균 수면 증가시간은 다르다.")
```

### 4. 상관관계

- ❖ 두 변수 간에 어떤 선형적 관계가 있는지 분석하는 것을 이를 상관 분석 (Correlation Analysis)이라고 합니다.
- ❖ 예를 들면 교육수준과 월 수입 간의 관계
- ❖ 공분산은 결합 분포의 평균을 중심으로 각 자료들이 어떻게 분포되어 있는지를 보여줍니다.

샘플 공분산(sample covariance)은 다음과 같이 정의된다. 여기에서  $x_i$ 와  $y_i$ 는 각각 i번째의 x 자료와 y자료의 값을 가리키고,  $m_x$ 와  $m_y$ 는 x 자료와 y자료의 샘플 평균을 가리킨다.

$$s_{xy}^2 = rac{1}{N} \sum_{i=1}^N (x_i - m_x) (y_i - m_y)$$

- ❖ 분포의 크기는 공분산이 아닌 분산만으로도 알 수 있기 때문에 대부분의 경우 자료 분포의 방향성만 분리하여 보는 것이 유용한데 이 때 필요한 것이 상관계수 (correlation coefficient)
- ❖ 값의 범위는 -1에서 1사이입니다.
- ❖ 두 변수 사이에는 강한 양의 상관관계가 존재하면 상관 계수의 값은 1에 가까울 것입니다. 반대로 두 변수 사이에 특별한 상관관계가 존재하지 않으면 상관 계수 의 값은 0에 가까울 것이며, 두 변수 사이에 음의 상관관계가 존재한다면 상관 계수의 값은 -1에 가까워집니다.
- ❖ DataFrame 이나 Series 객체의 corr()을 이용하면 상관계수를 알아볼 수 있습니다.
- ❖ cov()는 공분산

From pandas import Series, DataFrame
Import pandas as pd
Import numpy as np
Import matplotlib.pyplot as plt
From matplotlib import font\_manager, rc
From scipy import stats
Import scipy as sp

Sales = Series([3,5,8,11,13]) 은 = Series([1,2,3,4,5]) Su = sales.corr(dms) print("상관계수:",su)

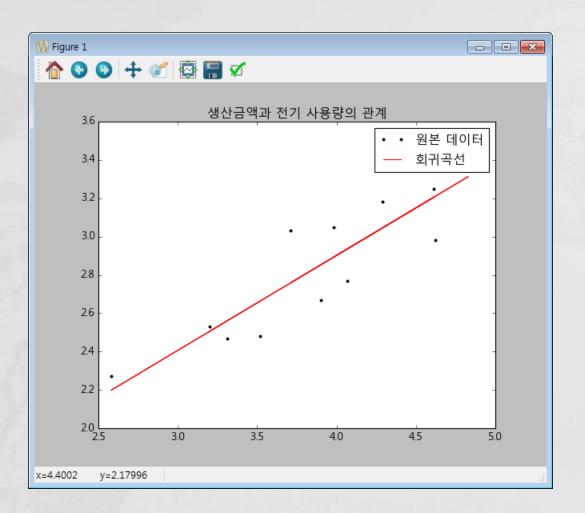
# 5. 회귀분석

❖ 두 변수 사이에 상관관계가 존재한다면 통계적으로 모델을 작성할 수 있으며, 특히 단순하게 일차원적인 선형 모델의 경우라면 다음과 같이 단순한 수식 형태로 표현할 수 있습니다

Yi = B0 + B1 \* Xi + Ei

❖ 여기서 Yi를 종속 변수(dependent variable), Xi를 독립 변수(independent variable) 라고 합니다. 종속 변수와 독립 변수 간의 관계식을 결정하는 B0와 B1는 데이터 로부터 추정할 수 있으며, 이를 각각 절편(intercept), 기울기(slope)라고 합니다. Ei 는 오차항으로 우리가 작성한 모델과 실제 데이터 값과의 차이를 나타냅니다

- ❖ 종속 변수에 영향을 주는 변수가 1개일 경우를 단일 회귀분석
- ❖ 단일 회귀 분석의 경우는 scipy 패키지의 stats 모듈의 linregress 함수 이용
- ❖ 결과는 float 형으로 선형 모델의 기울기, 절편, 상관 계수, p-value, 에러의 표준 편차가 순차적으로 반환
- ❖ 여기서 p-value는 통계학에서 예측 불확실성의 정도를 나타내는 값으로, 일반적으로 0.05 미만일 때가 통계학적으로 유의미



```
import pandas as pd
import numpy as np
from pandas import Series, DataFrame
from scipy import stats
import matplotlib as plt
from matplotlib import font_manager, rc
from scipy import stats, polyval
from pylab import plot, title, show, legend
font_name =
```

font\_manager.FontProperties(fname="c:/Windows/Fonts/malgun.ttf").get\_name()
rc('font', family=font\_name)

data = pd.read\_csv("electronic.csv", encoding="ms949")

```
slope, intercept, r_value, p_value, stderr = stats.linregress(data['production'], data['quantity'])
print("기울기:", slope)
print("절편:", intercept)
print("상관계수", r_value)
print("불확실성 정도:", p_value)
print("생산금액이 4가 되기 위한 전기 사용량:", end=' ')
print(4 * slope + intercept)
```

```
ry = polyval([slope, intercept], data['production'])
plot(data['production'], data['quantity'],'k.')
plot(data['production'], ry,'r')
title('생산금액과 전기 사용량의 관계')
legend(['원본 데이터', '회귀곡선'])
show()
```

## 다중회귀분석

- ❖ statsmodels 는 통계 분석을 위한 python 패키지
- http://www.statsmodels.org
- ❖ statsmodels는 다음과 같이 기초 통계, 회귀 분석, 시계열 분석 등 다양한 통계 분석 기능을 제공
- ❖ 기초 통계 (Statistics)
  - ✓ 각종 검정(test) 기능
  - ✓ 커널 밀도 추정
  - ✓ Generalized Method of Moments
- ❖ 회귀 분석 (Linear Regression)
  - ✓ 선형 모형 (Linear Model)
  - ✓ 일반화 선형 모형 (Generalized Linear Model)
  - ✓ 강인 선형 모형 (Robust Linear Model)
  - ✓ 선형 혼합 효과 모형 (Linear Mixed Effects Model)
  - ✓ ANOVA (Analysis of Variance)
  - ✓ Discrete Dependent Variable (Logistic Regression 포함)
  - ✓ 시계열 분석 (Time Series Analysis)

## ❖ 단일 회귀 분석

- √ statsmodels.regression.linear\_model.OLS(endog, exog=None)
- ✓ 파라미터
  - endog : 종속 변수. 1차원 배열
  - exog : 독립 변수, 2차원 배열.
- ✓ statsmodels 의 OLS 클래스는 자동으로 상수 항을 만들어주지 않기 때문에 사용자가 add\_constant 명령으로 상수 항을 추가해야 한다.
- ✓ 모형 객체가 생성되면 fit, predict 메서드를 사용하여 추정 및 예측을 실시합니다.
- ✓ 예측 결과는 RegressionResults 클래스 객체로 출력되며 summary 메서드로 결과 보고서를 볼 수 있습니다.

## ❖ 다중 회귀 분석

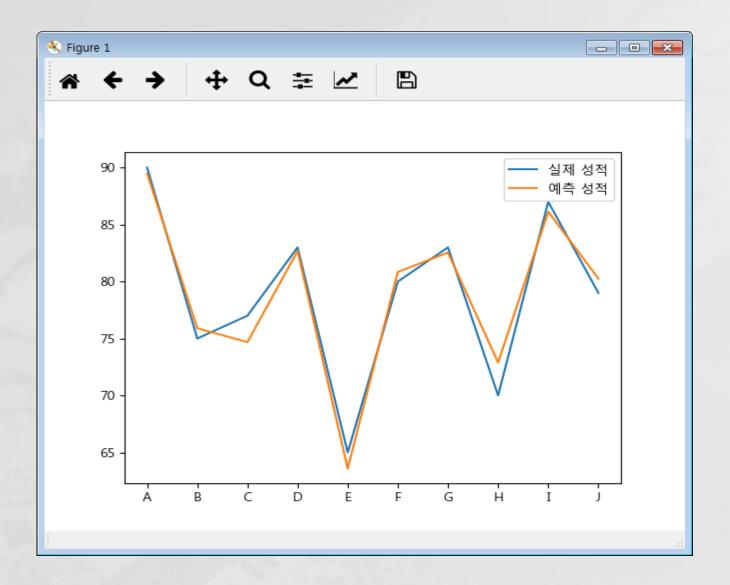
- ✓ statsmodels.formula.api 패키지의 ols(formula = '종속변수 ~ 독립변수[+ 독립변수] ', data = 데이터프레임).fit()을 호출해서 결과를 리턴 받음
- ✓ 결과의 params 가 y절편과 각 독립변수 와 의 상관계수를 Series로 리턴
- ✓ 결과의 pvalues 가 유의 확률을 Series로 리턴
- ✓ 결과의 predict()이 예측 값을 ndarray 타입으로 리턴
- ✓ 결과의 rsquared가 반응 변수 변동의 백분율을 리턴하는데 일반적으로 값이 클수록 모형이 데이터를 더 잘 적합시킨다.
  - 항상 0%에서 100% 사이
  - R-제곱은 다중 회귀 분석에서 결정 계수 또는 다중 결정 계수

name	score	iq	academy	game	tv
Α	90	140	2	1	0
В	75	125	1	3	3
С	77	120	1	0	4
D	83	135	2	3	2
E	65	105	0	4	4
F	80	123	3	1	1
G	83	132	3	4	1
Н	70	115	1	1	3
1	87	128	4	0	0
J	79	131	2	2	3

```
import pandas as pd
import numpy as np
from pandas import Series, DataFrame
from scipy import stats
import statsmodels.formula.api as sm
df = pd.read_csv("score.csv", encoding="ms949")
result = sm.ols(formula = 'score ~ iq + academy + game + tv', data = df).fit()
print('상관계수 : ', result.params)
print('Pvalue :', result.pvalues)
print('Predicted values', result.predict())
print('Rsquaured : ', result.rsquared)
```

#IQ가 130이고 학원을 3개 다니고 게임을 2시간하고 TV를 1시간 보는 학생의 예측점수는?

y = result.params.Intercept + 130\*result.params.iq + 3\*result.params.academy + 2\*result.params.game+1\*result.params.tv print("예측점수:", y)



import pandas as pd import numpy as np from pandas import Series, DataFrame from scipy import stats import statsmodels.formula.api as sm import matplotlib.pyplot as plt from matplotlib import font\_manager, rc font\_name = font\_manager.FontProperties(fname="c:/Windows/Fonts/malgun.ttf").get\_name() rc('font', family=font\_name)

```
df = pd.read_csv("score.csv", encoding="ms949")
result = sm.ols(formula = 'score ~ iq + academy + game + tv', data = df).fit()
plt.figure()
plt.plot(df['score'], label='실제 성적')
plt.plot(result.predict(), label='예측 성적')
plt.xticks(range(0,10,1),df['name'])
plt.legend();
plt.show()
```

1	Α	В	С	D	E	F	G	Н	I	J	K	L	М	N	0	Р	Q
4	3	최정	3루수	SK	120	434	75	137	18	0	28	83	24	64	109	10	0.316
5	4	박석민	3루수	삼성	117	396	61	126	24	0	18	76	4	54	73	13	0.318
6	5	손아섭	우익수	롯데	128	498	83	172	23	4	11	69	36	64	88	9	0.345
7	6	정성훈	3루수	LG	121	407	64	127	22	1	9	62	13	59	58	12	0.31
8	7	배영섭	중견수	삼성	113	393	66	116	16	4	2	38	23	52	62	9	0.29
9	8	나지완	좌익수	KIA	125	435	57	125	18	0	21	96	7	62	111	12	0.28
10	9	박정권	1루수	SK	110	363	56	106	20	1	18	70	4	64	79	5	0.292
11	10	박용택	중견수	LG	125	476	79	156	22	4	7	67	13	52	71	5	0.32
12	11	이진영	우익수	LG	106	368	41	121	26	1	3	62	6	37	42	6	0.32
13	12	최진행	좌익수	한화	106	367	39	110	27	0	8	53	0	50	86	18	0.
14	13	강정호	유격수	넥센	126	450	67	131	21	1	22	96	15	68	109	18	0.29
15	14	민병헌	우익수	두산	119	383	71	122	21	7	9	65	27	40	62	7	0.31
16	15	이병규	우익수	LG	98	374	39	130	19	3	5	74	2	22	40	10	0.34
17	16	김현수	좌익수	두산	122	434	63	131	23	1	16	90	2	62	71	6	0.30
18	17	홍성흔	1루수	두산	127	469	61	140	21	0	15	72	5	57	93	15	0.29
19	18	김종호	우익수	NC	128	465	72	129	12	7	0	22	50	57	100	11	0.27
20	19	이용규	중견수	KIA	100	390	74	115	20	1	2	22	21	44	37	4	0.29
21	20	김강민	중견수	SK	105	352	39	106	22	3	10	55	10	36	54	10	0.30
22	21	이종욱	중견수	두산	110	401	77	123	23	6	6	52	30	38	57	6	0.30
23	22	정근우	2루수	SK	112	407	64	114	19	3	9	35	28	50	48	6	0.2
24	23	전준우	중견수	롯데	128	455	65	125	25	1	7	66	19	65	77	15	0.27
25	24	최형우	좌익수	삼성	128	511	80	156	28	0	29	98	2	47	91	5	0.30
26	25	가미ㅎ	교스	로데	105	227	10	77	12	n	11	57	1	60	Ω7	ς	U 33
+	-	baseball	+								1						
Щ														<b>= =</b>	Ш -—	-	<b>-+</b> 10

```
import pandas as pd
import numpy as np
from pandas import Series, DataFrame
from scipy import stats
import statsmodels.formula.api as sm
df = pd.read_csv("baseball.csv", encoding="ms949")
df = df[["타수","득점",'2루타','3루타','홈런','삼진','타율']]
df['run'] = df['득점']/df['타수']
df['double'] = df['2루타']/df['타수']
df['triple'] = df['3루타']/df['타수']
df['homerun'] = df['홈런']/df['타수']
```

df['avg'] = df['타율'] print(df)

df['strikeout'] = df['삼진']/df['타수']

```
#타율과 2루타, 3루타, 홈런, 삼진 등이 득점 확률과의 회귀분석
result = sm.ols(formula = 'run ~ avg+strikeout+homerun+double+triple', data = df).fit()
print('상관계수:', result.params)
print('Pvalue:', result.pvalues)
print('Predicted values', result.predict())
print('Rsquaured:', result.rsquared)
```