결정트리(decision tree)

학습 내용

- 01 의사결정트리 모델을 생성해 보기
- 02 트리의 특성 중요도 알아보고 시각화 해보기
- 03 의사결정트리의 범주형/연속형 적용해보기
- 04 과적합을 해결해 보기

01 의사결정트리 기본

- (가) decision tree는 classification(분류)와 regression(회귀) 문제에 널리 사용하는 모델이다.
- (나) 스무고개 놀이의 질문과 비슷하다.

```
# mglearn 설치 필요
# !pip install mglearn
```

```
import matplotlib.pyplot as plt
import mglearn
```

```
plt.figure(figsize=(10,10))
mglearn.plots.plot_animal_tree()
```

- (가) 트리에 사용되는 세 개의 feature가 있음.
    - 'Has feathers?'(날개가 있나요?)
    - 'Can fly?'(날수 있나요?)
    - 'Has fins?'(지느러미가 있나요?)
- (나) 이 머신러닝 문제는 네 개의 클래스로 구분하는 모델을 생성
    - 네 개의 클래스 - 매, 펭권, 돌고래, 곰
- (다) 노드 종류
    - 맨 위의 노드 - **Root Node(루트 노드)**
    - 맨 마지막 노드 - **Leaf Node(리프 노드)**
    - target가 하나로만 이루어진 Leaf Node(리프 노드) **순수 노드 (pure node)**
- (라) 노드 분기(각 노드)
    - 범주형은 **데이터를 구분하는 질문** 을 통해 나눈다.
    - 연속형은 **특성 i가 a보다 큰가?**의 질문으로 나눈다.

02 의사결정 트리 구축

```
from sklearn.tree import DecisionTreeClassifier
from sklearn.model_selection import train_test_split
from sklearn.datasets import load_breast_cancer
import seaborn as sns


cancer = load_breast_cancer()
X = cancer.data
y = cancer.target

X_train, X_test, y_train, y_test = train_test_split(X, y,
                                                    stratify=cancer.target,
                                                    test_size = 0.3,
                                                    random_state=77)


tree = DecisionTreeClassifier(max_depth=2, random_state=0)
tree.fit(X_train, y_train)

print("훈련 세트 정확도 : {:.3f}".format(tree.score(X_train, y_train)))
print("테스트 세트 정확도 : {:.3f}".format(tree.score(X_test, y_test)))
```

```
훈련 세트 정확도 : 0.972
테스트 세트 정확도 : 0.912
```

03 의사 결정 트리 복잡도 변경

- 결정트리의 깊이를 제한하지 않으면 트리는 무작정 깊어지고 복잡해 질 수 있다.
- 첫번째는 트리가 일정 깊이에 도달하면 트리의 성장을 멈추게 하는 것.
    - max_depth를 이용

```
for i in range(1,7,1):
  tree = DecisionTreeClassifier(max_depth=i, random_state=0)
  tree.fit(X_train, y_train)
  print(f"max_depth : {i}")
  print("훈련 세트 정확도 : {:.3f}".format(tree.score(X_train, y_train)))
  print("테스트 세트 정확도 : {:.3f}".format(tree.score(X_test, y_test)))
```

```
   max_depth : 1
   훈련 세트 정확도 : 0.932
   테스트 세트 정확도 : 0.883
   max_depth : 2
   훈련 세트 정확도 : 0.972
   테스트 세트 정확도 : 0.912
   max_depth : 3
   훈련 세트 정확도 : 0.982
   테스트 세트 정확도 : 0.906
   max_depth : 4
   훈련 세트 정확도 : 0.985
   테스트 세트 정확도 : 0.906
   max_depth : 5
   훈련 세트 정확도 : 0.992
   테스트 세트 정확도 : 0.889
   max_depth : 6
   훈련 세트 정확도 : 0.997
   테스트 세트 정확도 : 0.901
```

```
tree = DecisionTreeClassifier(max_depth=2, random_state=0)
tree.fit(X_train, y_train)
print(f"max_depth : {i}")
print("훈련 세트 정확도 : {:.3f}".format(tree.score(X_train, y_train)))
print("테스트 세트 정확도 : {:.3f}".format(tree.score(X_test, y_test)))
```

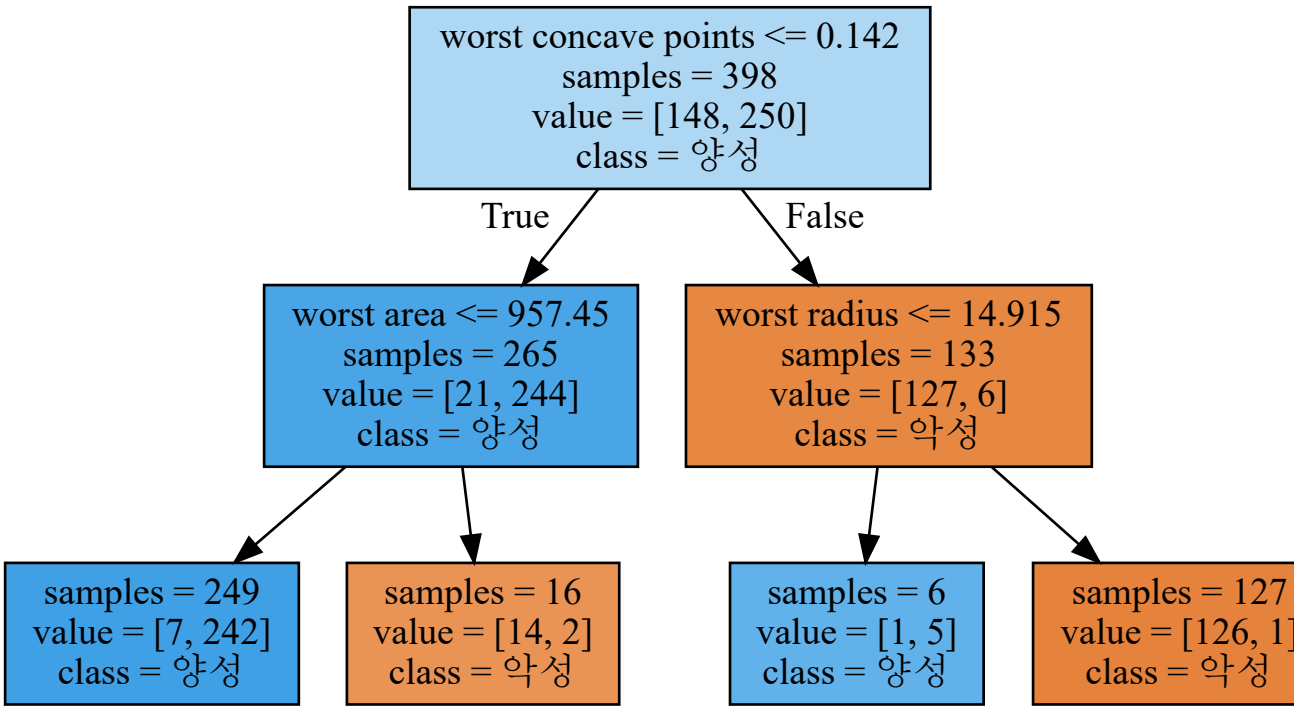
```
   max_depth : 6
   훈련 세트 정확도 : 0.972
   테스트 세트 정확도 : 0.912
```

04 유방암 데이터 셋을 이용한 모델 구축 및 시각화

```
from sklearn.tree import export_graphviz
import graphviz
```

```
export_graphviz(tree,
                out_file="tree.dot",
                class_names=['악성', '양성'],
                feature_names = cancer.feature_names,
                impurity = False,  # gini 계수
                filled=True)       # color
```

```
with open("tree.dot") as f:
  dot_graph = f.read()
display(graphviz.Source(dot_graph))
```



05 트리의 특성 중요도

- 특성 중요도 : 이 값은 0과 1사이의 숫자.
  - 0은 트리에서 전혀 사용되지 않음.
  - 1은 트리에서 완벽하게 타깃 클래스를 예측했다.
  - 특성 중요도의 전체 합은 1이다.
- 특성의 feature_importance_ 값이 낮다고 해서 특성이 유용하지 않다는 것이 아니다.
- 단지 트리가 그 특성을 선택하지 않았다는 것.

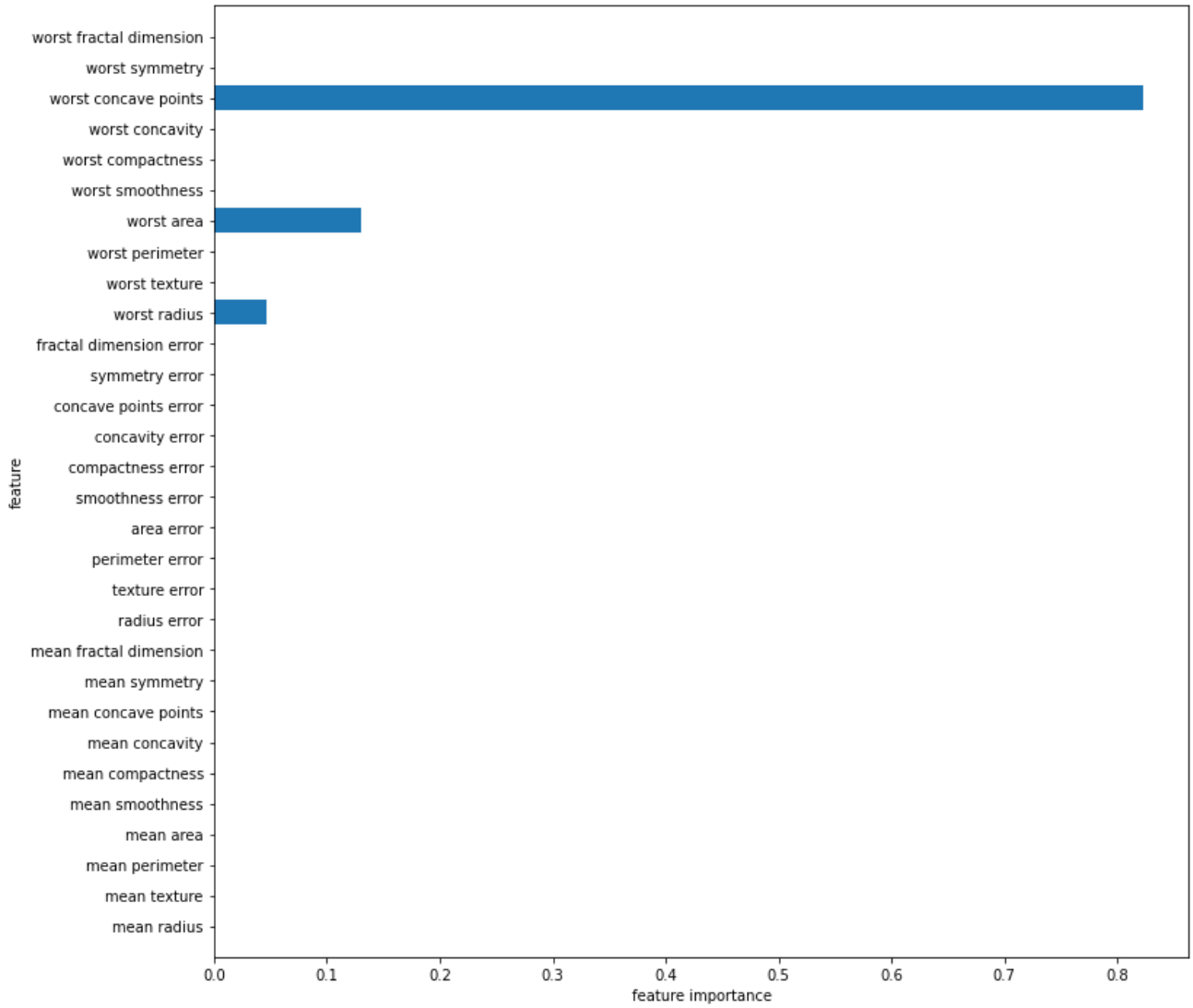
```
import numpy as np


def plot_feature_imp_cancer(model):
    n_features = cancer.data.shape[1]
    imp = model.feature_importances_
    plt.barh(range(n_features) , imp, align='center')
    plt.yticks(np.arange(n_features), cancer.feature_names)

    plt.xlabel("feature importance")
    plt.ylabel("feature")
    plt.ylim(-1, n_features)


plt.figure(figsize=(12,12))
```

```
plot_feature_imp_cancer(tree)
```



- worst_concave_points이 가장 중요한 특성으로 나타난다.
    - 첫번째 노드에서 두 클래스를 꽤 잘 나누고 있다.
- feature_importance_ 값이 낮다고 해서 특성이 유용하지 않다는 뜻이 아님.

✓ 0초 오후 8:18에 완료됨