Machine Learning with Python

Life is too short, You need Python

실습 내용

- Diabetes 데이터로 모델링합니다.
- Decision Tree 알고리즘으로 모델링합니다.

1.환경 준비

- 기본 라이브러리와 대상 데이터를 가져와 이후 과정을 준비합니다.

In [27]:
```
# 라이브러리 불러오기
import numpy as np
import pandas as pd
import matplotlib.pyplot as plt
import seaborn as sns
import warnings

warnings.filterwarnings(action='ignore')
%config InlineBackend.figure_format='retina'
```

In [28]:
```
# 데이터 읽어오기
path = 'https://raw.githubusercontent.com/jangrae/csv/master/diabetes.csv'
data = pd.read_csv(path)
```

2.데이터 이해

- 분석할 데이터를 충분히 이해할 수 있도록 다양한 탐색 과정을 수행합니다.

In [29]:
```
# 상위 몇 개 행 확인
data.head()
```

Out[29]:

	Pregnancies	Glucose	BloodPressure	SkinThickness	Insulin	BMI	DiabetesPedigreeFunction	Age
0	6	148	72	35	0	33.6	0.627	50
1	1	85	66	29	0	26.6	0.351	31
2	8	183	64	0	0	23.3	0.672	32
3	1	89	66	23	94	28.1	0.167	21
4	0	137	40	35	168	43.1	2.288	33

데이터설명

피마 인디언 당뇨 데이터셋은 몇 명의 여성 피마 인디언의 진료 자료와 진단 후 5년 내 당뇨 발병 여부로 구성됨

- Pregnancies: 임신 횟수
- Glucose: 포도당 부하 검사 수치
- BloodPressure: 혈압(mm Hg)
- SkinThickness: 팔 삼두근 뒤쪽의 피하지방 측정값(mm)
- Insulin: 혈청 인슐린(mu U/ml)
- BMI: 체질량지수(체중(kg)/키(m))^2
- DiabetesPedigreeFunction: 당뇨 내력 가중치 값
- Age: 나이
- Outcome: 클래스 결정 값(0 또는 1)

diabetes

- 당뇨병(糖尿病, diabetes)은 높은 혈당 수치가 오랜 기간 지속되는 대사 질환이다.
- 혈당이 높을 때의 증상으로는 소변이 잦아지고, 갈증과 배고픔이 심해진다.
- 이를 치료하지 않으면 다른 합병증을 유발할 수 있다. (출처: 위키백과)

In [30]:
```
# 기술통계 확인
data.describe()
```

Out[30]:

	Pregnancies	Glucose	BloodPressure	SkinThickness	Insulin	BMI	DiabetesPedigr
count	768.000000	768.000000	768.000000	768.000000	768.000000	768.000000	
mean	3.845052	120.894531	69.105469	20.536458	79.799479	31.992578	
std	3.369578	31.972618	19.355807	15.952218	115.244002	7.884160	
min	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000	
25%	1.000000	99.000000	62.000000	0.000000	0.000000	27.300000	
50%	3.000000	117.000000	72.000000	23.000000	30.500000	32.000000	
75%	6.000000	140.250000	80.000000	32.000000	127.250000	36.600000	
max	17.000000	199.000000	122.000000	99.000000	846.000000	67.100000	

In [31]:
```
# 범주값 개수 확인
data['Outcome'].value_counts()
```

Out[31]:
```
Outcome
0    500
1    268
Name: count, dtype: int64
```

In [32]:
```
# 상관관계 확인
data.corr(numeric_only=True)
```

Out[32]:

	Pregnancies	Glucose	BloodPressure	SkinThickness	Insulin	BMI	D
Pregnancies	1.000000	0.129459	0.141282	-0.081672	-0.073535	0.017683	
Glucose	0.129459	1.000000	0.152590	0.057328	0.331357	0.221071	
BloodPressure	0.141282	0.152590	1.000000	0.207371	0.088933	0.281805	
SkinThickness	-0.081672	0.057328	0.207371	1.000000	0.436783	0.392573	
Insulin	-0.073535	0.331357	0.088933	0.436783	1.000000	0.197859	
BMI	0.017683	0.221071	0.281805	0.392573	0.197859	1.000000	
DiabetesPedigreeFunction	-0.033523	0.137337	0.041265	0.183928	0.185071	0.140647	
Age	0.544341	0.263514	0.239528	-0.113970	-0.042163	0.036242	
Outcome	0.221898	0.466581	0.065068	0.074752	0.130548	0.292695	

3.데이터 준비

- 전처리 과정을 통해 머신러닝 알고리즘에 사용할 수 있는 형태의 데이터를 준비합니다.

1) x, y 분리

In [33]:
```
# Target 설정
target ='Outcome'

# 데이터 분리
x = data.drop(target, axis=1)
y = data.loc[:, target]
```

2) 학습용, 평가용 데이터 분리

In [34]:
```
# 모듈 불러오기
from sklearn.model_selection import train_test_split

# 7:3으로 분리
x_train, x_test, y_train, y_test = train_test_split(x, y, test_size=0.3, random_state=1)
```

4.모델링

- 본격적으로 모델을 선언하고 학습하고 평가하는 과정을 진행합니다.

In [35]:
```
# 1단계: 불러오기
from sklearn.tree import DecisionTreeClassifier
from sklearn.metrics import confusion_matrix, classification_report
```

In [36]:
```
# 2단계: 선언하기
model = DecisionTreeClassifier(max_depth=5 ,random_state=1)
```

In [37]:
```
# 3단계: 학습하기
model.fit(x_train, y_train)
```

Out[37]:
```
DecisionTreeClassifier(max_depth=5, random_state=1)
```

In [38]:
```
# 4단계: 예측하기
y_pred = model.predict(x_test)
```

In [39]:
```
# 5단계: 평가하기
print(confusion_matrix(y_test, y_pred))
print(classification_report(y_test, y_pred))
```

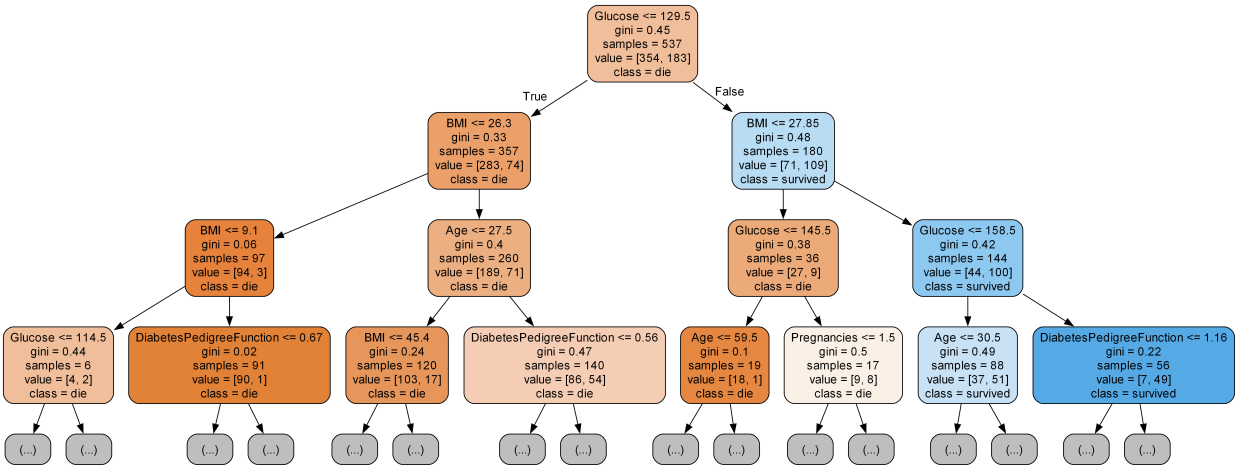
```
[[122  24]
 [ 30  55]]
              precision    recall  f1-score   support

           0       0.80      0.84      0.82       146
           1       0.70      0.65      0.67        85

    accuracy                           0.77       231
   macro avg       0.75      0.74      0.74       231
weighted avg       0.76      0.77      0.76       231
```

5.기타

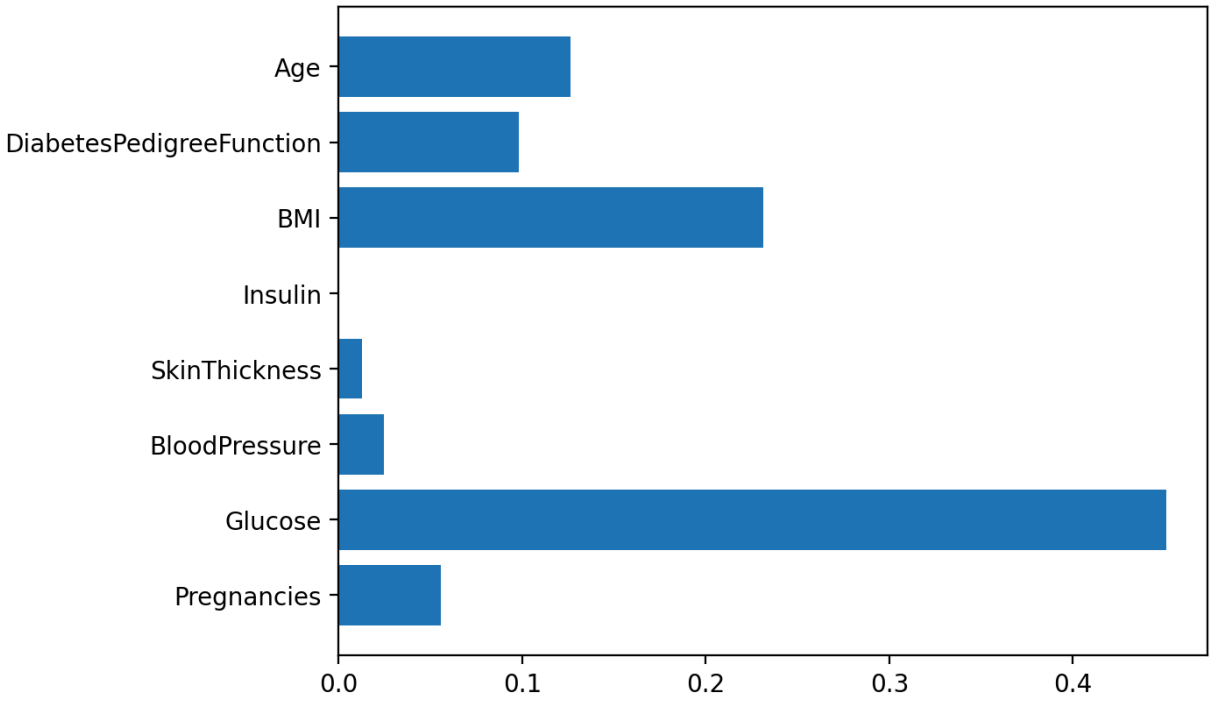
- 기타 필요한 내용이 있으면 진행합니다.

In [40]:
```
# 시각화 모듈 불러오기
from sklearn.tree import export_graphviz
from IPython.display import Image

# 이미지 파일 만들기
export_graphviz(model,                                  # 모델 이름
                out_file='tree.dot',                    # 파일 이름
                feature_names=list(x),                  # Feature 이름
                class_names=['die', 'survived'],        # Target Class 이름 (분류인 경우만 지정
                rounded=True,                           # 둥근 테두리
                precision=2,                            # 불순도 소숫점 자리수
                max_depth=3,                            # 실제로 표시할 트리 깊이
                filled=True)                            # 박스 내부 채우기

# 파일 변환
!dot tree.dot -Tpng -otree.png -Gdpi=300

# 이미지 파일 표시
Image(filename='tree.png')
```

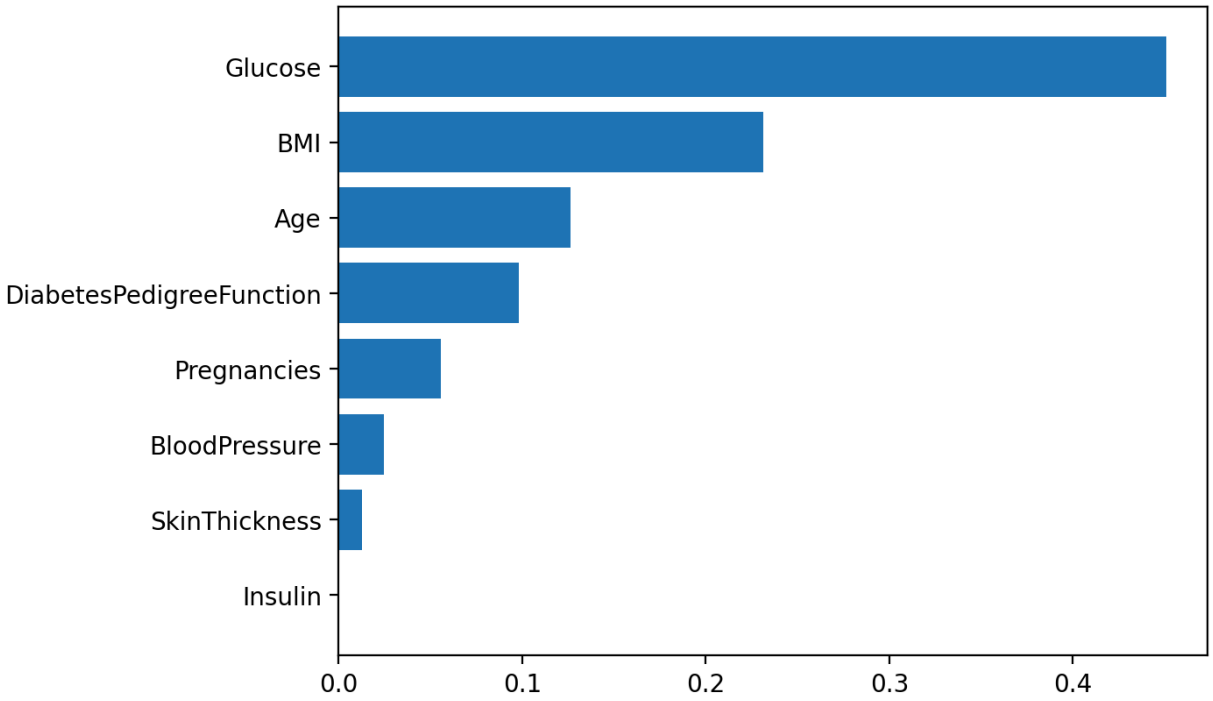
Out[40]:



In [41]:
```
# 변수 중요도 시각화
plt.barh(y=list(x), width=model.feature_importances_)
plt.show()
```



In [45]:
```
# 정렬하여
df= pd.DataFrame()
df['features'] = list(x)
df['target'] = model.feature_importances_
df.sort_values(by='target', ascending=True, inplace=True)
plt.barh('features', 'target', data=df)
plt.show()
```



In [ ]: