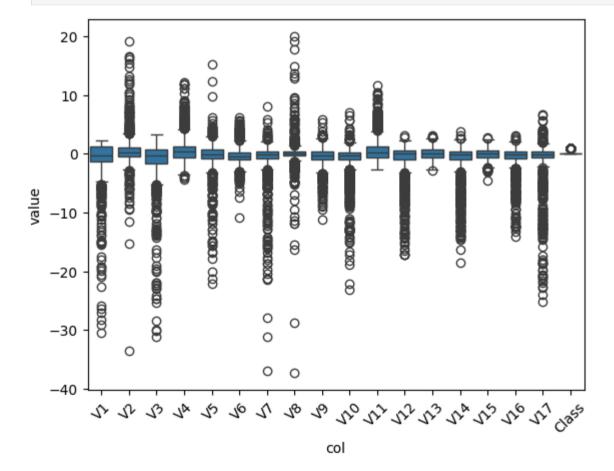
```
In [40]: #ml 1 eda import pandas as pd df=pd.read_csv("https://raw.githubusercontent.com/ADPclass/ADP_book_ver01/main/data/27_problem1.csv")

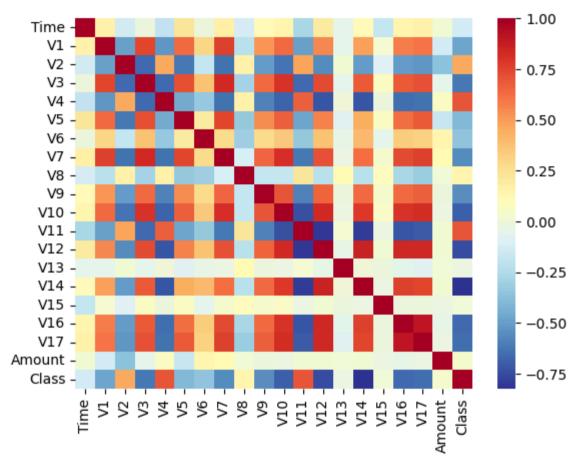
In [41]: import matplotlib.pyplot as plt import seaborn as sns

X=df.copy().drop(columns=['Time', 'Amount']) y=df['Amount'] df_v1=pd.melt(X,var_name='col',value_name='value') plt.figure() sns.boxplot(x='col',y='value',data=df_v1) plt.xticks(range(len(X.columns)),X.columns,rotation=45) plt.show()# 많은 이상치 부분이 사기 부분임거라보임
```



In [42]: import seaborn as sns
import matplotlib.pyplot as plt

```
import numpy as np
fig,ax= plt.subplots()
sns.heatmap(df.corr(),cmap='RdYlBu_r')
plt.show()
```



```
In [43]: df['Class'].value_counts()
# 불균형으로 오버/언더 샘플링 필요
# 변수간 상관관계 는 전문가 놀리지 필요
# amount는 다른 거랑 스케일차이가 커서 스케일링이 필욯
```

Out[43]: Class 0 993 1 200 Name: count, dtype: int64

In [44]: # #2-1 차원 축소 방법 2가지 이상을 비교하고 한가지를 선택하시오 # FA. 요인분석 유사한 항목들끼리 묶어서 처리하는 기법, 이때는 독립 변수와 종속변수의 개념이 없으며, 모든 변수들 간의 관계를 분석함으로써 공통요인 ㅂ을 분석가의 판단으

```
# PCA 주성분 분석 상완성이 높은 변수들의 선형결합으로 이루어진 주성분이라는 ㅅ해로운 변수를 만들어 요약하고 축소하는 기법이다. 변수들의 성격을 알 수 없는 해당 데이터에
         from sklearn.preprocessing import MinMaxScaler
         scaler=MinMaxScaler(feature range=(-1,1),copy=True)
         scaled amount=scaler.fit transform(df[['Amount']])
         df['Scaled Amount']=scaled amount
In [45]: features=df.columns.drop(['Time','Class','Amount'])
In [46]: from sklearn.decomposition import PCA
         pca=PCA(n components=len(features))
         pca fit=pca.fit(df[features])
         print("고유값",pca fit.singular values )
         print("분산설명력",pca fit.explained variance ratio )
       고유값 [313.34445642 108.1494526 88.31656842 75.95550775 74.04174398
         54.38022362 48.53052166 44.43119733 42.88301542 41.22188826
         40.02461796 37.7240559
                                  35.89894925 34.29952844 33.25124613
         30.10449767 28.27817612 2.39049112]
       분산설명력 [6.63121024e-01 7.89946023e-02 5.26784682e-02 3.89643386e-02
         3.70255949e-02 1.99724225e-02 1.59066485e-02 1.33329054e-02
        1.24199371e-02 1.14763697e-02 1.08193995e-02 9.61137507e-03
        8.70386688e-03 7.94557011e-03 7.46731749e-03 6.12084716e-03
        5.40071868e-03 3.85942881e-05]
In [47]: pca fit.singular values **2/np.sum(pca fit.singular values **2)
Out[47]: array([6.63121024e-01, 7.89946023e-02, 5.26784682e-02, 3.89643386e-02,
                3.70255949e-02, 1.99724225e-02, 1.59066485e-02, 1.33329054e-02,
                1.24199371e-02, 1.14763697e-02, 1.08193995e-02, 9.61137507e-03,
                8.70386688e-03, 7.94557011e-03, 7.46731749e-03, 6.12084716e-03,
```

5.40071868e-03, 3.85942881e-05])

데이터 $X \in \mathbb{R}^{n \times p}$ 를 열 평균 $\mathbf{0}$ (센터링) 했다고 하자.

SVD:

$$X = U \, \Sigma \, V^ op, \quad \Sigma = \mathrm{diag}(s_1, \dots, s_m), \; m = \min(n, p)$$

공분산:

$$rac{1}{n-1}X^ op X = V\,rac{\Sigma^2}{n-1}\,V^ op$$

따라서 주성분 고유값(= 각 주성분의 분산)과 singular value의 관계는

$$\lambda_k \ = \ rac{s_k^2}{n-1}$$

- explained variance (EV) of PC k: $\lambda_k = s_k^2/(n-1)$
- explained variance ratio (EVR):

$$ext{EVR}_k = rac{\lambda_k}{\sum_j \lambda_j} = rac{s_k^2}{\sum_j s_j^2}$$

Thought for 20s

짧게 핵심:

- sklearn의 components_ (행=PC, 열=원변수)는 고유벡터 v_k 입니다.
- **로딩(loading)**은 보통 v_k에 고유값의 제곱근을 곱한 것:

$$\operatorname{loading}_k = v_k \sqrt{\lambda_k}$$

 \circ SVD 특이값 s_k 와 관계: $\lambda_k = s_k^2/(n-1)$. 따라서

$$\operatorname{loading}_k \ = \ v_k \, rac{s_k}{\sqrt{n-1}}$$

즉, 그냥 singular_values_ **를 곱하면 안 되고**, √(n−1) 로 한 번 나눠줘야 정석 로딩이 됩니다. (또는 explained_variance_ 의 제곱근을 곱는 것이 동일합니다.)

실전 공식 (sklearn)

- ullet V = pca.components_ (shape: n_components imes n_features) 각 행이 $v_k^ op$
- $S = pca.singular_values_ (20: n_components)$
- λ = pca.explained_variance_ (길이: n_components), $\lambda_k = s_k^2/(n-1)$

1) 로딩 행렬 (features x components)

```
import numpy as np

# 방법 A: 고유값 사용
loadings = pca.components_.T * np.sqrt(pca.explained_variance_)

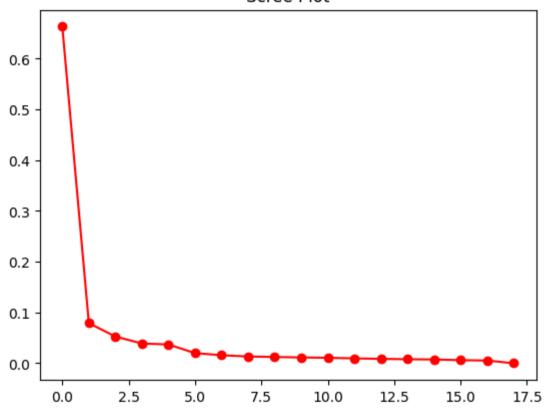
# 방법 B: 특이값 사용 (n은 학습에 쓴 샘플 수)
n = X.shape[0]
```

```
loadings = pca.components_.T * (pca.singular_values_ / np.sqrt(n - 1))
```

```
import matplotlib.pyplot as plt
plt.title('Scree Plot')
plt.plot(pca.explained_variance_ratio_,'ro-')
```

Out[48]: [<matplotlib.lines.Line2D at 0x1760f5390>]

Scree Plot



```
In [49]: print('주성분 3개',np.sum(pca_fit.explained_variance_ratio_[:3])) print('주성분 9개',np.sum(pca_fit.explained_variance_ratio_[:9]))
```

주성분 3개 0.7947940941729138 주성분 9개 0.9324159411774043

```
In [50]: #3-1 오버샘플링과 언더 샘플링의 장단점 비교
# 언더 샘플링 할땐 데이터가 많이 날라가니깐 오버샘플링 할듯
```

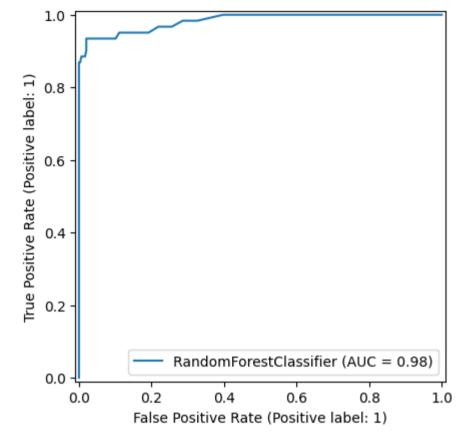
__ _ _ .___

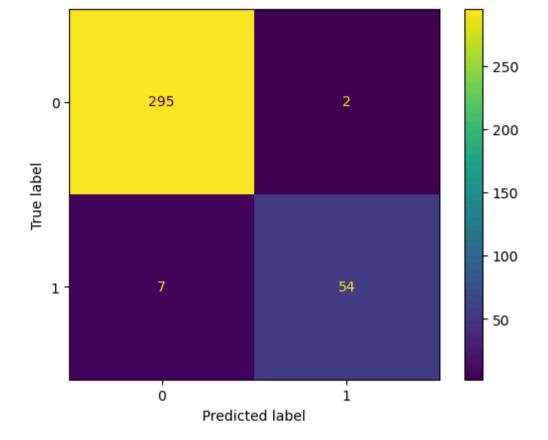
```
구분
               개념
                                                                              단점/주의
                               대표 기법
                                                      장점
                                                                                                     적합한 상황
오버샘플링
               소수(양성) 클래스
                               RandomOverSampler,
                                                      다수 클래스 정보 보존, 소수 클
                                                                             과적합(특히 단순 복제), 노이
                                                                                                     데이터가 작거나(버리기
               를 늘림
                               SMOTE/Borderline-
                                                      래스 결정경계 학습에 유리, 작
                                                                              즈/중복 증폭, SMOTE가 클래
                                                                                                     아까움), 소수 클래스 샘
                               SMOTE/ADASYN,
                                                      은 데이터셋에 적합
                                                                              스 경계 혼합 → 오버랩/허위 패
                                                                                                     플이 매우 적을 때
                               SMOTE-NC(범주형)
                                                                              턴, 학습시간↑
                                                      학습/메모리 가벼움, 불균형 빠
언더샘플링
               다수(음성) 클래스
                               RandomUnderSampler,
                                                                              정보 손실 위험, 경계대표성 약
                                                                                                     데이터가 매우 크거나
               를 줄임
                                                      르게 완화, 경계 정리(클리닝)
                               Tomek Links/ENN,
                                                                              화 \rightarrow 분산\uparrow, 소수 클래스가 아
                                                                                                     중복이 많을 때, 빠른 베
                               NearMiss, CNN, One-
                                                      가능
                                                                              주 적으면 불안정
                                                                                                     이스라인/프로토타입
                               Sided Selection
```

```
In [51]: from imblearn.under sampling import TomekLinks
        from imblearn.combine import SMOTETomek
        from imblearn.pipeline import Pipeline
        from sklearn.ensemble import RandomForestClassifier
        # 1) Tomek Links만 사용(언더샘플/클리닝)
        tl = TomekLinks(sampling strategy="majority") # "majority"만 제거 (기본적 선택)
        # tl = TomekLinks(sampling strategy="all") # 양쪽 모두 제거(클리닝 강화)
        X=df[features]
        v=df['Class']
        X_tl, y_tl = tl.fit_resample(X, y)
        X_stl, y_stl = SMOTETomek(random_state=42).fit_resample(X,y)
        # 2) 오버샘플링과 함께(권장 조합)
        pipe = Pipeline([
            ("smote_tomek", SMOTETomek(random_state=42)), # SMOTE(오버) + Tomek(클리닝)
            ("clf", RandomForestClassifier(random state=42))
        ])
        pipe.fit(X, y)
        # 언제 쓰면 좋아?
        # 경계가 들쭉날쭉하거나 노이즈가 많아 결정경계를 정리하고 싶을 때
        # SMOTE 같은 오버샘플링 전/후에 경계 클리닝으로 조합할 때
        # (대표 조합: SMOTE+Tomek = SMOTETomek, SMOTE+ENN)
        # 단점/주의
        # 샘플을 늘리지 않으므로 불균형 비율 자체는 크게 개선되지 않을 수 있음
        # 클래스가 많이 겹치면 다수 샘플을 과도하게 삭제해 성능이 떨어질 수 있음
        # 고차원에서 1-NN 품질이 떨어지면 효과가 약해짐
```

```
Out[51]:
                      Pipeline
                   ▶ SMOTETomek
           ▶ RandomForestClassifier
In [52]: print(y.value counts())
        print(y_tl.value_counts())
        print(y stl.value counts())
       Class
            993
            200
       Name: count, dtype: int64
       Class
            987
            200
       Name: count, dtype: int64
       Class
            992
            992
       Name: count, dtype: int64
In [53]: #3-2 분류 분석 구현 및 위에서 선택한 샘플링 기법중 2가지 이상의 알고리즘으로 모델을 비교하고 성능을 측정하시오
        from sklearn.ensemble import RandomForestClassifier
        from sklearn.metrics import RocCurveDisplay, ConfusionMatrixDisplay, classification_report
        from sklearn.model selection import train test split
        X=df[features]
        y=df['Class']
        X_train,X_test,Y_train,Y_test= train_test_split(X,y,test_size=0.3,random_state=23)
        clf=RandomForestClassifier(random state=32)
        clf.fit(X_train,Y_train)
        RocCurveDisplay.from_estimator(clf, X_test, Y_test)
        # AUC 값이 0.96으로 굉장히 좋은 성능을 보이고 있다. 높을 수록 모델이 사기 와 ㄷ정상을 잘 구분한다느,ㄴ 것.
        # 데이터 불균형이 있을 경우 모든 ㅈ데이터를 정상으로 분류하여도 auc 의 값은 높아지게 된다.
        # 그러므로 오버 샘플링 언더 샘플링을 하여 모델의 정확도를 살펴볼필요가 있다.
        ConfusionMatrixDisplay.from_predictions(Y_test,clf.predict(X_test))
```

Out[53]: <sklearn.metrics._plot.confusion_matrix.ConfusionMatrixDisplay at 0x177c1ed50>





	precision	recatt	11-30016	Support
0	0.98	0.99	0.98	297
1	0.96	0.89	0.92	61
accuracy			0.97	358
macro avg	0.97	0.94	0.95	358
weighted avg	0.97	0.97	0.97	358

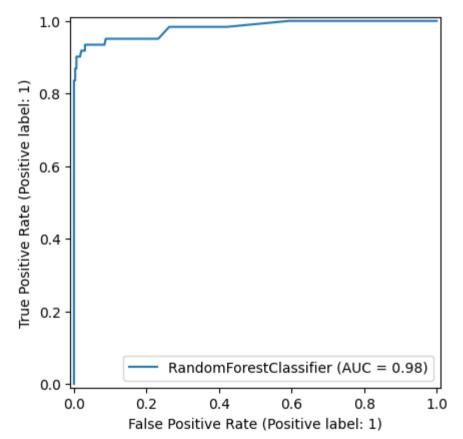
```
In [55]: #샘플링 기법 2개 다적용 비교

from imblearn.over_sampling import RandomOverSampler, SMOTE

X_resampled,Y_resampled = RandomOverSampler(random_state=1).fit_resample(X_train,Y_train)
clf_re=RandomForestClassifier(random_state=0)
clf_re.fit(X_resampled,Y_resampled)
```

```
print(classification_report(Y_test,clf_re.predict(X_test)))
 RocCurveDisplay.from_estimator(clf_re,X_test,Y_test)
              precision
                           recall f1-score
                                               support
           0
                   0.98
                             0.99
                                        0.98
                                                   297
           1
                   0.93
                             0.90
                                        0.92
                                                    61
                                        0.97
                                                   358
    accuracy
   macro avg
                   0.96
                             0.94
                                        0.95
                                                   358
weighted avg
                   0.97
                             0.97
                                        0.97
                                                   358
```

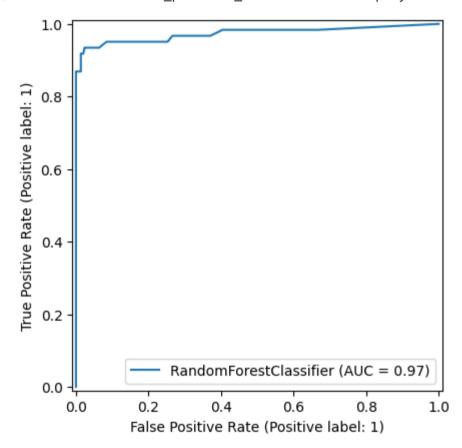
Out[55]: <sklearn.metrics._plot.roc_curve.RocCurveDisplay at 0x31f618610>



```
In [56]: #샘플링 기법 2개 다적용 비교
X_resampled,Y_resampled = SMOTE(k_neighbors=5,random_state=1).fit_resample(X_train,Y_train)
clf_re=RandomForestClassifier(random_state=0)
clf_re.fit(X_resampled,Y_resampled)
print(classification_report(Y_test,clf_re.predict(X_test)))
RocCurveDisplay.from_estimator(clf_re,X_test,Y_test)
```

	precision	recall	f1-score	support
0 1	0.98 0.92	0.98 0.92	0.98 0.92	297 61
accuracy			0.97	358
macro avg	0.95	0.95	0.95	358
weighted avg	0.97	0.97	0.97	358

Out[56]: <sklearn.metrics._plot.roc_curve.RocCurveDisplay at 0x337925a90>



In [57]: #4 이상탐지모델 2가지 이상 서술하고 기술 장단점을 설명하시오

좋아, **Isolation Forest(iForest)**를 "왜/어떻게" 쓰는지, SVM/DBSCAN과의 차이, 그리고 바로 돌릴 수 있는 예시 코드까지 한 번에 정리할게요.

Isolation Forest 핵심

- 아이디어: 이상치는 "소수이고 다르다(few & different)".
 무작위로 축을 고르고 임계값을 랜덤 컷으로 자르는 랜덤 분할 트리를 여러 개 만든 뒤, **한 점이 리프에 도달할 때까지의 길이(경로 길이)**가 짧을수록 이상치로 봅니다.
- 점수: 트리들에서의 평균 경로 길이를 $\mathbb{E}[h(x)]$ 라 하면

$$s(x) \ = \ 2^{-rac{\mathbb{E}[h(x)]}{c(\psi)}}, \qquad c(\psi) pprox 2ig(\ln(\psi-1)+\gammaig) - rac{2(\psi-1)}{\psi}$$

- ψ : 서브샘플 크기(max_samples , 보통 256), γ : 오일러 상수(\approx 0.5772)
- s(x)
 ightarrow 1: 이상치, s(x) pprox 0.5: 보통, s(x)
 ightarrow 0: 정상치
- 복잡도: 대략 $O(t \cdot \psi \log \psi)$ (트리 개수 t, 서브샘플 ψ). 대규모·고차원에서도 빠르고 스케일 좋음.

SVM/DBSCAN과 비교 (요점표)

모델	장점	단점/주의	언제 좋나
IsolationForest	대규모/고차원에 빠름, 이상치 연속 점수 제공, 파라미터 적음(n_estimators , max_samples , contamination)	축 정렬 분할 → 강한 비선형 경계는 세밀 도 떨어질 수 있음, 결측치 전처리 필요	대량 데이터, 피처 많고 군집 가정 어려울 때, 실시간/배치 모두
One-Class SVM	커널로 복잡 경계 가능	스케일 필수, ν/γ 튜닝 민감, n^2~n^3 근사 복잡도(대규모 불리)	데이터가 크지 않고 경계가 복잡 할 때
DBSCAN	밀도 기반, 임의 모양 클러스터, **노이즈 (-1)**로 이상치 구분	eps/min_samples 튜닝 난이도, 고차 원에서 거리 붕괴, 점수보다 **라벨 (-1/cluster)**만	저차원/공간데이터, 군집이 밀도 기반으로 잘 구분될 때

실무 팁

- "알 수 없는 비율이면 iForest contamination=None 로 두고, 사후에 점수 분포로 임계를 **분위수(예: 상위 1%)**로 자르세요."
- "DBSCAN은 이상치 "점수"가 필요하면 핵심 거리나 이웃 수를 보조 지표로 쓸 수 있지만, 표준은 라벨(-1)입니다."

```
In [58]: import numpy as np
        from sklearn.ensemble import IsolationForest
        from sklearn.svm import OneClassSVM
         from sklearn.cluster import DBSCAN
         from sklearn.preprocessing import StandardScaler
         from sklearn.metrics import classification report
         # 예시 데이터: 정상 2개 군집 + 소수의 이상치
         rng = np.random.RandomState(42)
        X normal = np.r [rng.normal([0,0], 0.6, size=(600,2)),
                         rng.normal([4,4], 0.6, size=(400,2))]
        X_{out} = rng.uniform(low=-6, high=8, size=(30,2))
        X = np.vstack([X normal, X out])
        y true = np.hstack([np.zeros(len(X normal), dtype=int), np.ones(len(X out), dtype=int)]) # 1=0/45/\dot{\pi}
         # ---- 1) Isolation Forest ----
         iso = IsolationForest(
            n_estimators=200,
            max_samples=256, # 서브샘플 크기(기본 256)
            contamination=0.03, # 이상치 비율 추정치 (모르면 None로 두고 따로 임계 설정)
            random_state=42,
            n_{jobs=-1}
         iso.fit(X)
         pred_iso = iso.predict(X) # {1: 정상, -1: 이상}
         score iso = -iso.decision function(X) # 클수록 이상치
         v pred iso = (pred iso == -1).astype(int)
         print("[IsolationForest]")
         print(classification_report(y_true, y_pred_iso, digits=3))
         # ---- 2) One-Class SVM ----
         scaler = StandardScaler() # 스케일 강추
        Xz = scaler.fit_transform(X)
         ocsvm = OneClassSVM(kernel="rbf", gamma="scale", nu=0.03) # nu≈이상치 상한
         ocsvm.fit(Xz)
         pred svm = ocsvm.predict(Xz)
                                               # {1: 정상, -1: 이상}
        y_pred_svm = (pred_svm == -1).astype(int)
         print("[OneClassSVM]")
         print(classification_report(y_true, y_pred_svm, digits=3))
         # ---- 3) DBSCAN (이상치 = noise = -1) ----
         # eps/min_samples는 데이터 스케일에 민감 → 보통 표준화 후 튜닝
```

```
db = DBSCAN(eps=0.4, min_samples=5)
                                          # 값은 데이터에 맞게 조정
 lab = db.fit predict(Xz)
                                           # {0,1,2,..., -1: 이상치}
 y \text{ pred db} = (lab == -1).astype(int)
 print("[DBSCAN]")
 print(classification report(y true, y pred db, digits=3))
 # 임계값을 수동으로 정하고 싶을 때 (contamination 모를 때)
 iso nc = IsolationForest(contamination='auto', random state=0).fit(X)
 scores = -iso_nc.decision_function(X)
 # 상위 2%를 이상치로:
 thr = np.quantile(scores, 0.98)
 y_pred_custom = (scores >= thr).astype(int)
[IsolationForest]
                           recall f1-score
              precision
                                               support
           0
                  0.994
                            0.993
                                       0.993
                                                  1000
                  0.774
                            0.800
                                       0.787
                                                    30
           1
                                       0.987
                                                  1030
    accuracy
                                       0.890
   macro avq
                  0.884
                            0.897
                                                  1030
                  0.988
                            0.987
                                       0.987
                                                  1030
weighted avg
[OneClassSVM]
                            recall f1-score
                                               support
              precision
           0
                  0.992
                            0.991
                                       0.991
                                                  1000
                  0.710
                            0.733
                                       0.721
                                                    30
           1
    accuracy
                                       0.983
                                                  1030
                                       0.856
                                                  1030
   macro avq
                  0.851
                            0.862
weighted avg
                  0.984
                            0.983
                                       0.984
                                                  1030
[DBSCAN]
                            recall f1-score
              precision
                                               support
           0
                  0.991
                            0.999
                                       0.995
                                                  1000
                  0.955
                            0.700
                                       0.808
                                                    30
           1
```

0.849

0.990

accuracy macro avq

weighted avg

0.973

0.990

0.990

0.901

0.990

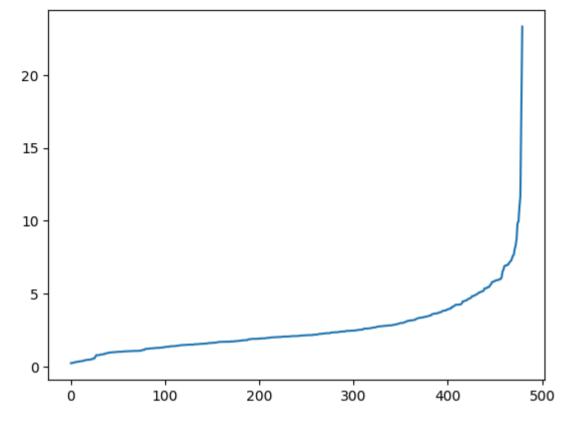
1030

1030

1030

```
# scikit-learn DBSCAN의 기본은 metric='euclidean'이라면 유클리드 거리 반경이에요. 하지만 metric을 바꾸면 eps의 의미/단위도 그 거리 정의에 맞게 바뀝니다.
        # 거리별로 eps가 의미하는 것
        # Euclidean (기본):
        # d(x, y) = ||x - y||
        # StandardScaler()로 표준화했다면 eps≈0.3~1.5 같은 무단위 값으로 튜닝합니다(데이터마다 다름).
        # Minkowski(p=1,2,...): metric='minkowski', p=1은 맨해튼, p=2는 유클리드. eps는 해당 거리의 반경.
        # Cosine: d\cos(x, y) = 1 - \cos\theta d\cos
        # (x,v)=1-cos0. eps=0.1 ↔ 코사인 유사도 ≥ 0.9 근처라는 뜻. (범위 대략 0~2, 보통 0에 가까운 값 사용)
        # precomputed: 입력이 거리행렬이면 eps는 그 행렬 값(거리)에 대한 임계치 그대로.
        # Haversine(위경도): 거리 단위가 라디안. 위경도를 라디안으로 넣고,
        # eps = (원하는 km / 지구반경 km) 예) 1km → eps ≈ 1/6371 ≈ 0.000157.
        # 실무 팁
        # 스케일링 필수: 피처 단위가 다르면 유클리드 기준의 eps가 무의미해져요. 보통 StandardScaler로 표준화 후 튜닝.
        # k-거리 플롯으로 eps 초기값: k=min samples로 k-NN의 k번째 거리들을 정렬해 엘보우 지점 선택.
        # 고차원/텍스트 등은 cosine이 더 낫기도 합니다.
        features.drop("Scaled Amount")
        df sample=df.sample(n=500)
        df sample=df sample.drop(df sample[df sample["Class"]==1].index)
        df outlier=df[df["Class"]==1].sample(n=60)
        df sample com=pd.concat([df sample.df outlier])
        X sp=df sample com[features]
        Y_sp=df_sample_com["Class"]
In [75]: from sklearn.neighbors import NearestNeighbors
        import numpy as np
        neigh=NearestNeighbors(n_neighbors=2)
        nbrs=neigh.fit(X sp)
        dist,indices=nbrs.kneighbors(X sp)
In [61]: dist=np.sort(dist,axis=0)
        dist= dist[:,1]
        plt.figure()
        plt.plot(dist)
        # 엡실론의 최적값은 K 거리 그래프에서 최대 곡률 지점에 있으며 이경우 5로 지정한다.
        # 민 포인트는 2배인 10으로 적당히
```

Out[61]: [<matplotlib.lines.Line2D at 0x175d5f410>]



```
In [62]: import numpy as np
                                                 import pandas as pd
                                                 from sklearn.cluster import DBSCAN
                                                  from sklearn.preprocessing import StandardScaler
                                                  from sklearn.metrics import silhouette score
                                                 # 표준화 → 2) minPts ≈ d+1 ~ 2d로 시작 → 3) **k-거리(elbow)**로 ε 후보 → 4) **실루엣(노이즈 패널티)**로 미세 조정.
                                                 # \epsilon \uparrow \leftarrow \dot{c} \dot{c} \lambda J, minPts\uparrow \leftarrow \Delta J \psi \dot{c} \psi \dot
                                                 def dbscan_eval(X, eps, min_samples, scale=True, metric="euclidean"):
                                                                      X used = StandardScaler().fit transform(X) if scale else X
                                                                      lab = DBSCAN(eps=eps, min_samples=min_samples, metric=metric).fit_predict(X_used)
                                                                      mask = lab != -1
                                                                      n noise = int((lab == -1).sum())
                                                                      n_eff = mask.sum()
                                                                      # 실루엣은 유효 클러스터가 2개 이상일 때만
                                                                      if n_eff > 1 and len(set(lab[mask])) > 1:
                                                                                            sil = silhouette_score(X_used[mask], lab[mask], metric=metric)
                                                                                            sil_adj = sil * (n_eff / len(lab)) # 노이즈 패널티(선택)
                                                                        else:
                                                                                            sil, sil_adj = np.nan, np.nan
                                                                       return sil, sil_adj, n_noise, lab
```

```
def dbscan grid(X, eps list, minpts list, scale=True, metric="euclidean"):
             rows = []
             for m in minpts list:
                 for e in eps list:
                     sil, sil adi, n noise, lab = dbscan eval(X, e, m, scale, metric)
                     rows.append({
                         "minPts": m, "eps": e,
                         "silhouette": sil, "silhouette adj": sil adj,
                         "n noise": n noise,
                         "n clusters": len(set(lab)) - (1 if -1 in lab else 0),
                     })
             df = pd.DataFrame(rows)
             # 실루엣(또는 패널티 포함)의 상위 조합을 확인
             score_col = "silhouette_adj" if df["silhouette_adj"].notna().any() else "silhouette"
             return df.sort values(score col, ascending=False, na position="last").reset index(drop=True)
In [63]: from sklearn.cluster import DBSCAN
         from sklearn.preprocessing import StandardScaler
         db=DBSCAN(eps=6,min samples=10).fit(X sp)
         label=db.labels
         data=pd.DataFrame()
         data["Class"]=Y sp.copy()
         data["labels"]=label
         data.loc[data['labels']==1,'Class'].sum()
Out[63]: 11
In [65]: # -1 은 사실 정상이지만 -1로 분류된경우가 많음
         from sklearn.metrics import confusion_matrix,classification report
         from sklearn import metrics
         data.loc[data.labels==-1, 'labels']=1
         confusion_matrix(data.Class,data.labels)
         print(classification_report(data.Class,data.labels))
                      precision
                                   recall f1-score
                                                     support
                                     0.97
                                                          420
                   0
                           0.97
                                               0.97
                                     0.78
                   1
                           0.81
                                               0.80
                                                           60
                                               0.95
                                                          480
            accuracy
                           0.89
                                     0.88
           macro avg
                                               0.88
                                                          480
                           0.95
        weighted avg
                                     0.95
                                               0.95
                                                          480
```

```
In [66]: # DBSCAN 4번 모델에서 라벨이 -1 이면서 클래스가 0 인 고객은 위험군으로 분류할 수 있다. 분류 정확도 만 보면 RF가 좋지만 여러케이스가 있을 경우 분류 해내기가 어렵
        # 하지만 DBSCAN 같은 거리기반 이상탐지는 정상으로 분류됮지않은 이상치를 가지고 위험ㅇ군을 관리할 수 있다.
In [67]: # 통계 1 2년전 제품 생산량이 100000 1년전 생산량이 150000 그후 250000 되었을때 연평균 상승율의 개푯값을 구하시오
        # 기하 평균
        import numpy as np
        prod 2y=100000
        prod 1y=150000
        prod 0y=250000
        rt1=(prod 1y)/prod 2y
        rt2=(prod_0y)/prod_1y
        print(np.sqrt(rt1*rt2))
       1.5811388300841898
In [68]: # 통계 2 12건의 광과 시간을 측정한 데이터에서 평균은 15.5s 분산은 3.2s 였다 이때 광고 시간의 90% 신뢰구간은
        from scipy import stats
        mu = 15.5
        std=3.2**0.5
        dof = 12 - 1
        print(stats.t.interval(confidence=0.9,loc=15.5, scale=std,df=dof))
       (12.287423572494966, 18.71257642750503)
In [69]: # 통계 3 강의 상류와 하류 생물 다양성 점수의 차이가 있는지 유의수준 0.1 이하 검정하시오 독립적이지 않고 종속적 관계 정규성만족
        import pandas as pd
        import numpy as np
        df=pd.read_csv("https://raw.githubusercontent.com/ADPclass/ADP_book_ver01/main/data/27_problem7.csv")
In [70]: import scipy.stats as stats
        stats.ttest rel(df['up'],df['down'])# 0.1 이하 므로 기각
Out[70]: TtestResult(statistic=3.3526056764717995, pvalue=0.028499777234053288, df=4)
In [84]: #통계 4 user_counts를 종속변수
        #4-1 분위수 회귀분석을 사용하여 쇠귀 계수를 구하시오
        import pandas as pd
        import numpy as np
        df user=pd.read csv("https://raw.githubusercontent.com/ADPclass/ADP book ver01/main/data/27 problem8.csv")
        from sklearn.linear_model import QuantileRegressor
        from sklearn.model_selection import train_test_split
        X=df_user[[c for c in df_user.columns if c !='user_counts']]
```

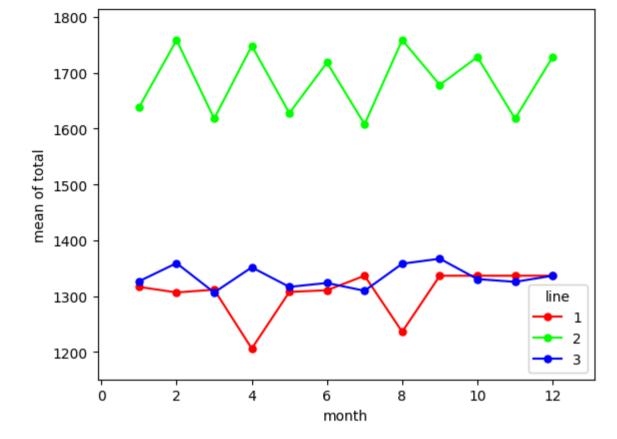
```
y=df user[[c for c in df user.columns if c == 'user counts']]
 X train, X test, Y train, Y test = train test split(X, y, test size=.3,)
 rgr=QuantileRegressor(guantile=0.5,fit intercept=True)
 rgr.fit(X train, Y train)
 print(df user.head(5))
 print(rgr.coef )
 print(rgr.intercept )
 print(rgr.coef [0]*10.5)
 #OuantileRegressor는 "조건부 평균"이 아니라 **조건부 분위수(quantile)**를 직접 예측하는 선형 분위수 회귀입니다. 손실로 핀볼(pinball) 손실을 최소화하고, 기
 # 그래서 **중앙값 회귀(T=0.5)**나 상·하위 분위수를 바로 맞추어 예측 구간을 만들 때 유용하고, 평균 회귀보다 이상치에 더 견고합니다.
 # T를 여러 개(예: 0.05/0.95) 학습하면 95% 예측구간을 바로 얻습니다.
 # OuantileRegressor(quantile=tau, alpha=1.0)
 # 2) 예측구간(분위수 밴드) 얻는 법
 # from sklearn.linear import QuantileRegressor
 # tau lo, tau hi = 0.05, 0.95
 # gr_lo = QuantileRegressor(quantile=tau_lo, alpha=1.0).fit(X, y)
 # gr hi = QuantileRegressor(quantile=tau hi, alpha=1.0).fit(X, y)
 # v lo = gr lo.predict(X new) # 5% 분위수 추정
 # v hi = gr hi.predict(X new) # 95% 분위수 추정
 # → [v lo, v hi] 가 90% 예측구간 역할
  temperature wind precipitation user_counts
    10.400000 4.600
                          0.844944
0
                                           6368
1
     5.666667 4.625
                          0.040860
                                           5902
2
     4.933333 4.725
                          0.008696
                                           6226
     3.400000 2.675
                                           5829
3
                          0.156989
     8.900000 3.950
                          7.988462
                                           7589
                                     1
[208, 22485207 0.
                            0.
6125.627218934912
2186.3609467455617
/opt/homebrew/Caskroom/miniforge/base/envs/general/lib/python3.11/site-packages/sklearn/utils/validation.py:1408: DataConversion
```

Warning: A column-vector y was passed when a 1d array was expected. Please change the shape of y to (n samples,), for example u sing ravel().

y = column_or_1d(y, warn=True)

```
In [81]: #5 지하철 호선과 월별 승갱 수간 상관관계가 있는지 확인하시오
       #5-1 귀무가설과 대립가설을 설정하시오
       # 상호 작용효과 가설
       # 귀무 지하철 호선과 월별 승객 수 간 상관관계가 없다.
       # 대립 지하철 호선과 월별 승객 수 간 상관관계가 있다.
       # 주효과 가설 2개
       # 귀무 지하철 호선 승객 수 차이는 존재하지 않는다.
       # 대립 지하철 호선 승객 수 차이는 존재한다.
       # 귀무 월별 승객 수 차이는 존재하지 않는다.
```

```
# 대립 월별 승객 수 차이는 존재한다.
        import pandas as pd
       df=pd.read csv("https://raw.githubusercontent.com/ADPclass/ADP book ver01/main/data/27 problem9.csv")
        from statsmodels.formula.api import ols
        from statsmodels.stats.anova import anova lm
        fomula='total ~ C(line) + C(month) + C(line):C(month)' #fomula='total ~ C(line)*C(month)'
       model=ols(fomula,df).fit()
       anova results=anova lm(model)
        print(anova results)
       # 전부 pvalue 가 0.05 이하로 귀무가설 기각 대립가설 채택
       # 지하철 호선과 월별 승객 수 간 상관관계가 있다
        # 지하철 호선 승객 수 차이는 존재한다.
       # 월별 승객 수 차이는 존재한다.
                         df
                                                                           PR(>F)
                                                                  F
                                   sum_sq
                                               mean_sq
                        2.0 2.147444e+06 1.073722e+06 10362.998525 2.007247e-50
      C(line)
      C(month)
                       11.0 3.206533e+04 2.915030e+03
                                                          28.134341 2.103496e-14
      C(line):C(month) 22.0 9.696908e+04 4.407686e+03
                                                          42.540665 1.582232e-19
      Residual
                       36.0 3.730000e+03 1.036111e+02
                                                                NaN
                                                                             NaN
In []: #타입3 아노바의 경우 아래의 시각화
       from statsmodels.graphics.factorplots import interaction plot
       import matplotlib.pyplot as plt
        total=df['total']
        line=df['line']
       month=df['month']
       fix.ax=plt.subplots()
        fit=interaction plot(month,line,total,ax=ax,ms=10)
       # 달과 호선에 따라 승객수의 그래프가 교 1차하는 지점이 없어 평행해야지 인터랙션이 없다고 할수 없지만,
       # 여러번 교차하므로 서로 상관이 있다.
```



```
In [74]: # --- 사후분석: Tukey HSD ---
from statsmodels.stats.multicomp import pairwise_tukeyhsd

# 에시: 호선별로 월별 승객수 차이 사후분석 (line 기준)
tukey_line = pairwise_tukeyhsd(df['total'], df['line'])
print(tukey_line)
# 월별로도 가능
tukey_month = pairwise_tukeyhsd(df['total'], df['month'])
print(tukey_month)

# 시각화(선택)
tukey_line.plot_simultaneous()
plt.title("Tukey HSD: Line")
plt.show()
```

Multiple Comparison of Means - Tukey HSD, FWER=0.05 group1 group2 meandiff p-adj lower upper reject 2 379.4583 349.1273 409.7894 True 0.0 -2.5394 1 27.7917 0.0792 58.1227 False 2 3 -351.6667 0.0 -381.9977 -321.3356 Multiple Comparison of Means - Tukey HSD, FWER=0.05 group1 group2 meandiff p-adj lower upper reject 1 2 47.8333 1.0 -332.1532 427.8199 False 1 -15.01.0 -394.9865 364.9865 False 1 8.3333 1.0 -371.6532 388.3199 False 1.0 -389.6532 370.3199 1 -9.6667 False 1.0 -356.1532 403.8199 1 23.8333 False 1 -9.01.0 -388.9865 370.9865 False 1 24.0 1.0 -355.9865 403.9865 False 1 33.6667 1.0 -346.3199 413.6532 False 1 38.1667 1.0 -341.8199 418.1532 False 1 -0.3333 1.0 -380.3199 379.6532 False 11 1 12 40.1667 1.0 -339.8199 420.1532 False 2 3 -62.8333 1.0 -442.8199 317.1532 False 2 -39.51.0 -419.4865 340.4865 False 2 -57.51.0 -437.4865 322.4865 False 2 -24.01.0 -403.9865 355.9865 False 7 -56.8333 1.0 -436.8199 323.1532 False 2 8 -23.8333 1.0 -403.8199 356.1532 False 2 9 -14.1667 1.0 -394.1532 365.8199 False 2 10 -9.6667 1.0 -389.6532 370.3199 False 11 -48.1667 1.0 -428.1532 331.8199 False 2 12 -7.6667 1.0 -387.6532 372.3199 False 3 23.3333 1.0 -356.6532 403.3199 False 3 1.0 -374.6532 385.3199 5.3333 False 3 38.8333 1.0 -341.1532 418.8199 False 3 6.0 7 1.0 -373.9865 385.9865 False 3 39.0 1.0 -340.9865 418.9865 False 3 48.6667 1.0 -331.3199 428.6532 False 3 53.1667 1.0 -326.8199 433.1532 False 3 11 14.6667 1.0 -365.3199 394.6532 False 3 12 55.1667 1.0 -324.8199 435.1532 False 4 5 -18.01.0 -397.9865 361.9865 False 4 15.5 1.0 -364.4865 395.4865 False 1.0 -397.3199 362.6532 False 7 -17.3333 8 15.6667 1.0 -364.3199 395.6532 False

4	9	25.3333	1.0	-354.6532	405.3199	False
4	10	29.8333	1.0	-350.1532	409.8199	False
4	11	-8.6667	1.0	-388.6532	371.3199	False
4	12	31.8333	1.0	-348.1532	411.8199	False
5	6	33.5	1.0	-346.4865	413.4865	False
5	7	0.6667	1.0	-379.3199	380.6532	False
5	8	33.6667	1.0	-346.3199	413.6532	False
5	9	43.3333	1.0	-336.6532	423.3199	False
5	10	47.8333	1.0	-332.1532	427.8199	False
5	11	9.3333	1.0	-370.6532	389.3199	False
5	12	49.8333	1.0	-330.1532	429.8199	False
6	7	-32.8333	1.0	-412.8199	347.1532	False
6	8	0.1667	1.0	-379.8199	380.1532	False
6	9	9.8333	1.0	-370.1532	389.8199	False
6	10	14.3333	1.0	-365.6532	394.3199	False
6	11	-24.1667	1.0	-404.1532	355.8199	False
6	12	16.3333	1.0	-363.6532	396.3199	False
7	8	33.0	1.0	-346.9865	412.9865	False
7	9	42.6667	1.0	-337.3199	422.6532	False
7	10	47.1667	1.0	-332.8199	427.1532	False
7	11	8.6667	1.0	-371.3199	388.6532	False
7	12	49.1667	1.0	-330.8199	429.1532	False
8	9	9.6667	1.0	-370.3199	389.6532	False
8	10	14.1667	1.0	-365.8199	394.1532	False
8	11	-24.3333	1.0	-404.3199	355.6532	False
8	12	16.1667	1.0	-363.8199	396.1532	False
9	10	4.5	1.0	-375.4865	384.4865	False
9	11	-34.0	1.0	-413.9865	345.9865	False
9	12	6.5	1.0	-373 . 4865	386.4865	False
10	11	-38.5	1.0	-418.4865	341.4865	False
10	12	2.0		-377.9865	381.9865	False
11	12	40.5	1.0	-339.4865	420.4865	False

Tukey HSD: Line

