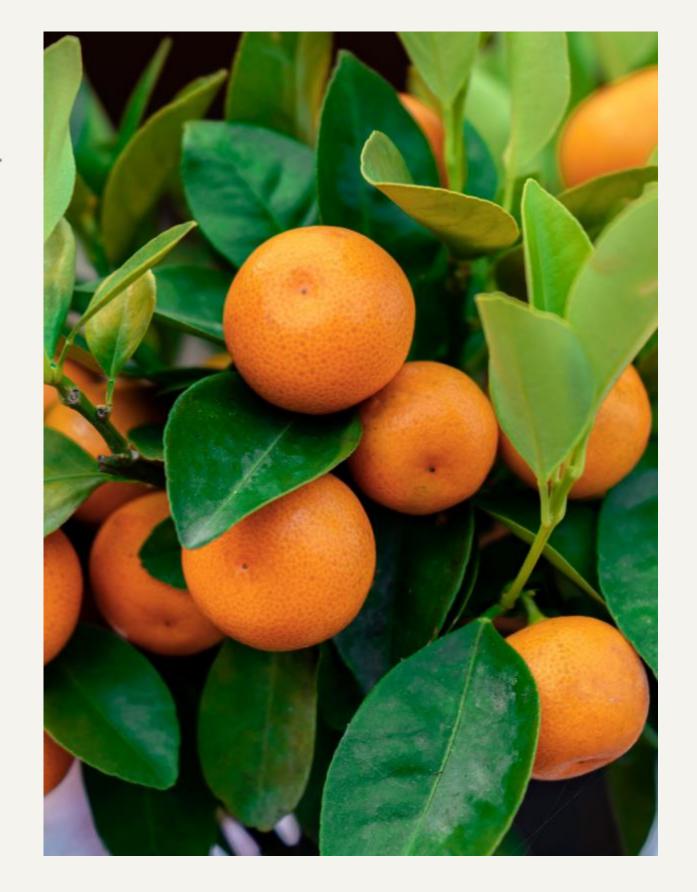


대회 및 발표 소개	03
우리팀의 중점	04
파생변수 결정 및 과정	05
최종 파생변수 선택	09
모델 선택 및 구동	11
모델 구동 결과	13

갈귤나무 착과량 예측

- 1. 제공된 수고, 수관폭, 엽록소, 새순 등의 변수들을 사용하여 착과량을 예측해야함.
- 2. 사용기법은 자유임.
- 3. CSV 파일을 불러온다던가, PANDAS, NUMPY 등을 불러오는 과정은 모두들 다 했을 것이니 본 발표에서 다루지 않겠음.
- 4. 다른 팀들도 다들 잘 알테니 (생략)...





OUR FOCUS

- 1. 성능이 비교적 떨어질지라도 기본기를 탄탄하게 사용하자.
- 2. 포기하지 말자.
- 3. 배운 내용을 최대한 활용하자.

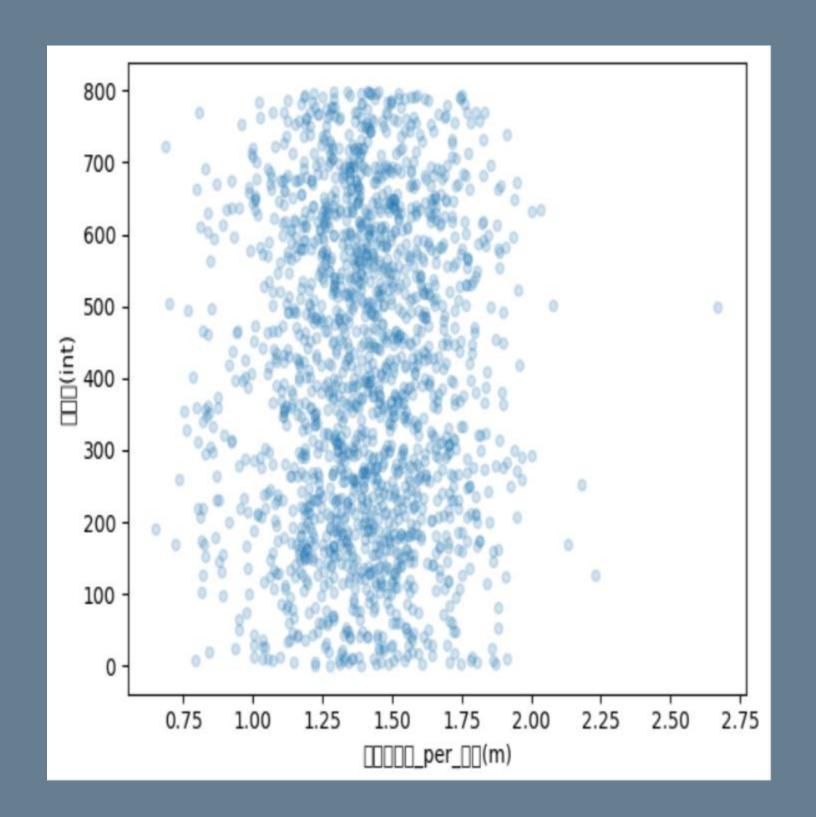
파생 변수 생성 근거

```
In [53]: corr_matrix
Out[53]:
                   착과량
                                                             2022-09-
                                                                      2022-09-
                                                                               2022-09-
                                                                                        2022-09-
                                                                                                 2022-09-
                                                                                                            2022-11-
                                                                                                                    2022-11-
                                                                                                                              2022-11- 2022-11-
                                    수관폭
                           수고(m)
                                                                                                 05 새순 …
                                                                       02 새순
                                                                                03 새순
                                             2(max)
                                                              01 새순
                                                                                        04 새순
                                                                                                            25 엽록소 26 엽록소 27 엽록소 28 엽록소
          착과량
                                                            -0.981033 -0.980868 -0.980791 -0.980969 -0.980717 ... 0.011146 0.011484
```

- 1. Y값과 주어진 X값들의 상간관계를 확인 해본 결과, 새순 데이터를 제외하고는 미미한 상관성을 보임.
- 2. 각 변수간의 상관성은 있을 수 있으나, 근본적으로 Y값과 큰 상관성없는 X들은 크게 활용가치가 없다고 판단함.
- 3. 그래도 새순을 재외한 다른 변수들로 파생변수를 만들어 보려 했으나, 역시나 실패하였음.
- 3. 따라서 최종적으로 새순 데이터만을 이용하여 파생변수를 만들기로 의사결정.

'수관폭 평균 per 수고(m)' 와 '착과량(int)'의 상관성

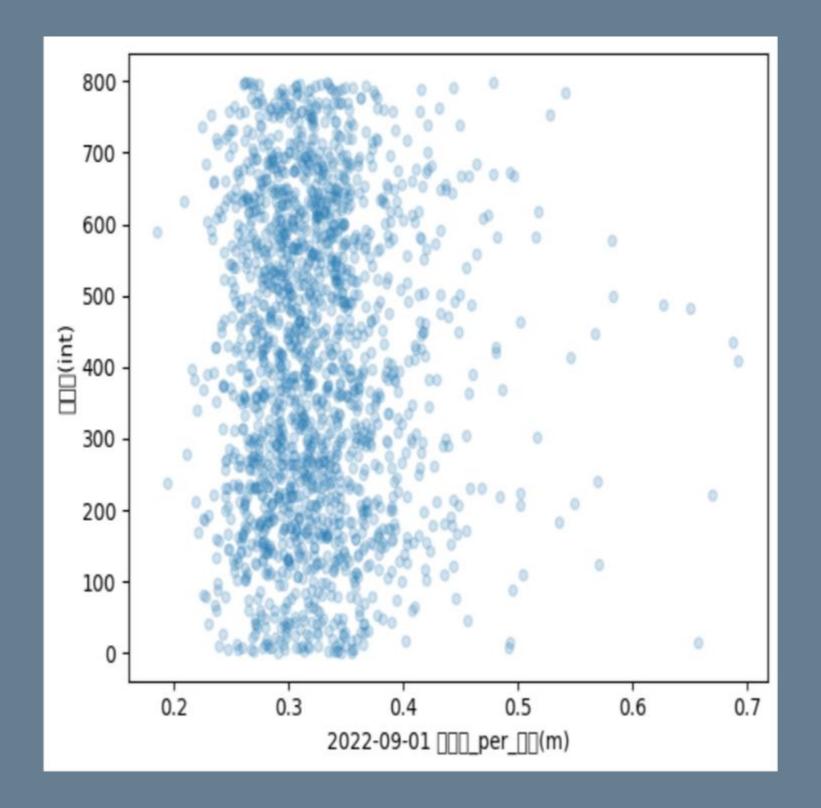
- '수고'와 '수관폭 평균' 변수들 간의 상관성이 비교적 높아 이들을 하나의 비율로 나타내어 착과량과 대응해보았지만 상관성이 보이지 않았음.
- 신장과 몸무게 비율인 BMI와 같이, 나무의 건강성을 판단하려는 1차원적 시선으로 접근하였음.
- BECAUSE, 건장한 나무가 열매를 많이 달 수 있을 것이라 생각하였음.



파생 변수 생성 까지의 시도

'2022-09-01 엽록소_per_수고(m)' 과 '착과량(int)'의 상관성

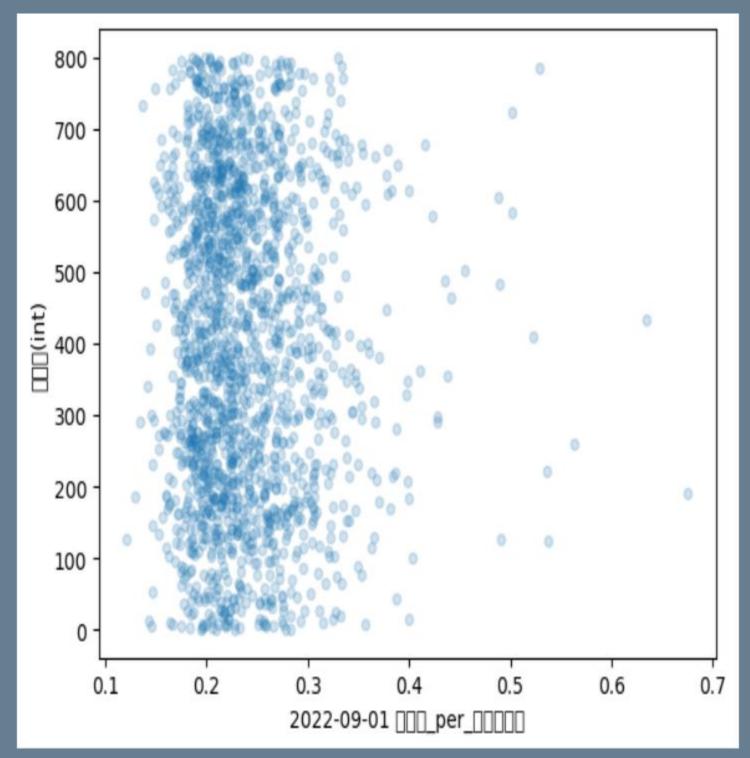
- 나무의 키가 크면, 햇빛을 많이 받아,
 엽록소가 많이 생길 것이고,
 엽록소가 많으면 열매가 많이 열릴 것이라는 생각으로
 나름 논리적으로 접근함.
- 하지만 앞에서도 보았듯이,
 엽록소 데이터는 착과량에 미미한 영향을 줄 뿐이고,
 이 파생변수의 특정 부분에 Y값들이 몰려있어,
 수고와 엽록소의 비율은 각 나무별로 차이가 크지 않음.
- 따라서 엽록소 변수를 제외하기로 결정함.



파생 변수 생성 까지의 시도

'2022-09-01 엽록소_per_수관폭평균' 과 '착과량(int)'의 상관성

- 이 때도 수관폭평균을 잘 활용하면 상관성을 높일 수 있을 것이라 생각하였지만, 역시나 실패함.
- 엽록소 변수 자체가 큰 의미가 없으며,
 엽록수를 이용하여 파생 변수를 만들 시,
 기존의 변수를 오히려 어지럽히는 경향을 보임.
- 따라서 엽록소 변수를 제외하기로 결정함.



최종 파생 변수 생성

새순 평균, 새순 중간값, 새순 표준편차, 새순 최대값, 새순 차이

```
In [27]: leaf=train_set.iloc[:,6:95]
         leaf_mean=leaf.mean(axis='columns')
In [28]: leaf=train_set.iloc[:,6:95]
         leaf_min = leaf.min(axis='columns')
In [29]: leaf=train_set,iloc[:,6:95]
         leaf_max = leaf.max(axis='columns')
In [30]: leaf=train_set.iloc[:,6:95]
         leaf_std = leaf.std(axis='columns')
In [60]: leaf=train_set,iloc[:,6:95]
         leaf_median = leaf.median(axis='columns')
In [61]: leaf=train_set.iloc[:,6:95]
         leaf_gap = train_set.iloc[:,94] - train_set.iloc[:,6]
In [62]: train_set["새순 평균"] = leaf_mean
In [63]: train_set["새순 표준편차"] = leaf_std
In [64]: train_set["새순 중간값"] = leaf_median
In [65]: train_set["새순 최소값"] = leaf_min
In [66]: train_set["새순 최대값"] = leaf_max
In [67]: train_set["새순 차이"] = leaf_gap
```

최종 파생 변수 생성

새순 평균, 새순 중간값, 새순 표준편차, 새순 최대값, 새순 차이

- 완성된 각각의 파생 변수와 착과량(int)간의 상관관계가 매우 높은 것으로 확인됨.
- 총 6개의 파생 변수들 중 비교적 상관성이 떨어지는 '새순 최소값'을 제외하고, 남은 5개의 것들로 모델을 구동하기로 결정하였음.

다중 선형 회귀 모델

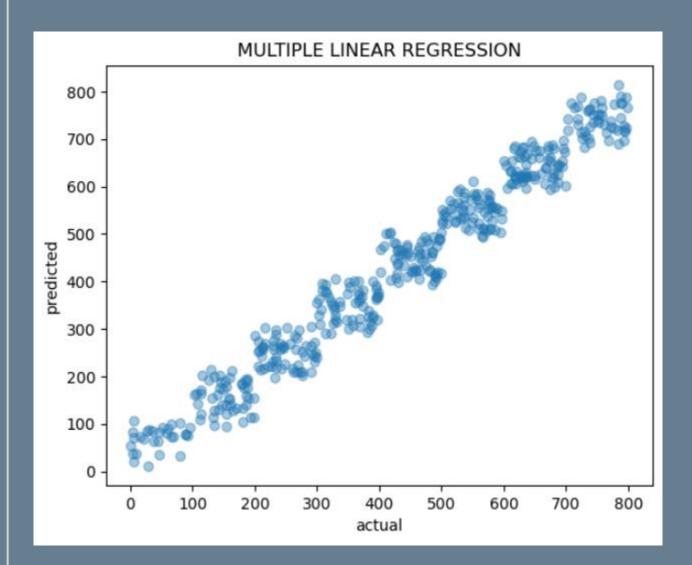
- 정해진 5개의
 최종 파생 변수들을
 각각의 X값으로 해서
 다중 선형 회귀 모델을 구성함.
- 구글링을 적극 활용하여 비교적 간단하면서, 성능은 잘 챙기는 모델을 만드려고함.
- 다른 모델들에 비해
 파라미터 수정이 거의 필요없고
 우리가 알고 있는
 문법과 능력으로 어느정도
 구동의 틀이 잡혀졌기 때문에
 이 모델을 선택함.
- 또한 데이터의 행이 크게 많지 않아서, 과적합을 우려하여 LGBM 방식을 활용하지 않았음.
- RANDOM-FOREST는 못하겠었음.ㅠㅠ

```
In [63]: from sklearn, model_selection import train_test_split
         x = train[['새순 평균', '새순 최대값', '새순 중간값', '새순 표준편차', '새순 차이']]
         y = train[['착과량(int)']]
         x_train, x_test, y_train, y_test = train_test_split(x, y, train_size=0.8, test_size=0.2, random_state = 7547)
         모델 선택과 훈련
In [64]: from sklearn, preprocessing import PolynomialFeatures
         poly = PolynomialFeatures(degree=5, include_bias = False)
         poly.fit(x_train)
         train_poly = poly.transform(x_train)
         poly.get_feature_names()
Out[64]: ['x0'.
           x1'.
           x2'.
           x3'.
           x4'.
           x0^2'.
           'x0 x1'.
           x0 x2'.
           'x0 x3'.
           'x0 x4'.
           'x1^2'.
           'x1 x2'.
          'x1 x3'.
           'x1 x4'.
           'x2^2'.
           'x2 x3'.
           x2 x4'.
           x3^2'.
In [65]: from sklearn, linear_model import LinearRegression
         mlr = LinearRegression()
         mlr.fit(x_train, y_train)
Out[65]: LinearRegression()
```

다중 선형 회귀 모델

- 평가계수 (= 결정계수) 확인결과 -TRAIN, TEST에 관해 모두 0.96이상이 나왔으며, 차이는 약 0.002 정도가 남.

PRESENTATION

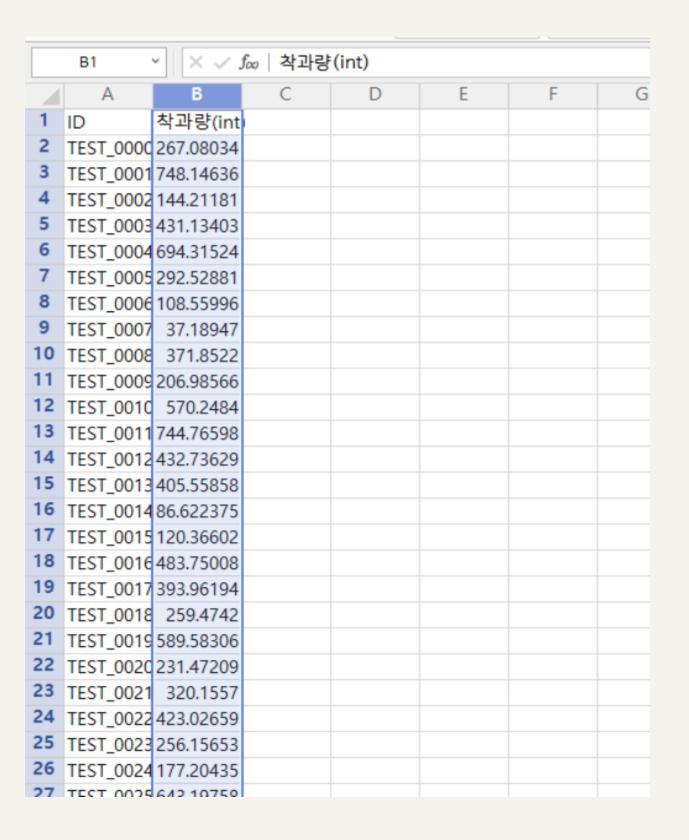


- 예측도 시각화 -실제값과 모델의 예측값간의 상관성을 시각화 하였으며, 준수한 상관관계를 보임.

모델 예측 결과

노력의 결실. 우리들의 황금기. 모두들 화이팅!!

- 모델 완성후 결과는 이런식으로 도출되었음.
- 다들 귀한 겨울 방학기간에 고생이 다들 많아요...
 하지만 포기하지않고 끝까지가는 우리들의 멋진 자세를 언젠간 보상받을 것입니다. 끝까지 가봅시다.!!





각종 질문은 인스타 DM을 통해 정중히 부탁드리십니다. 저희는 기계가 아닙니다.ㅜㅜ

INSTAGRAM_ID

s00nuu_som jangchun.lee.10