Chapter 1	machine Learning with Scikit-Learn	차원축소

비지도 학습

- 군집, 비지도 차원 축소 등.

군집 (Clustering) : 비슷한 특징을 가지는 데이터 인스턴스들끼리 그룹화.

비지도 차원 축소 :

대표적 예) 시각화를 위해 데이터셋을 2차원으로 변경

[차원 축소]

주성분 분석 (PCA)

비지도 학습을 사용해 데이터를 변환하는 이유는 여러가지입니다.

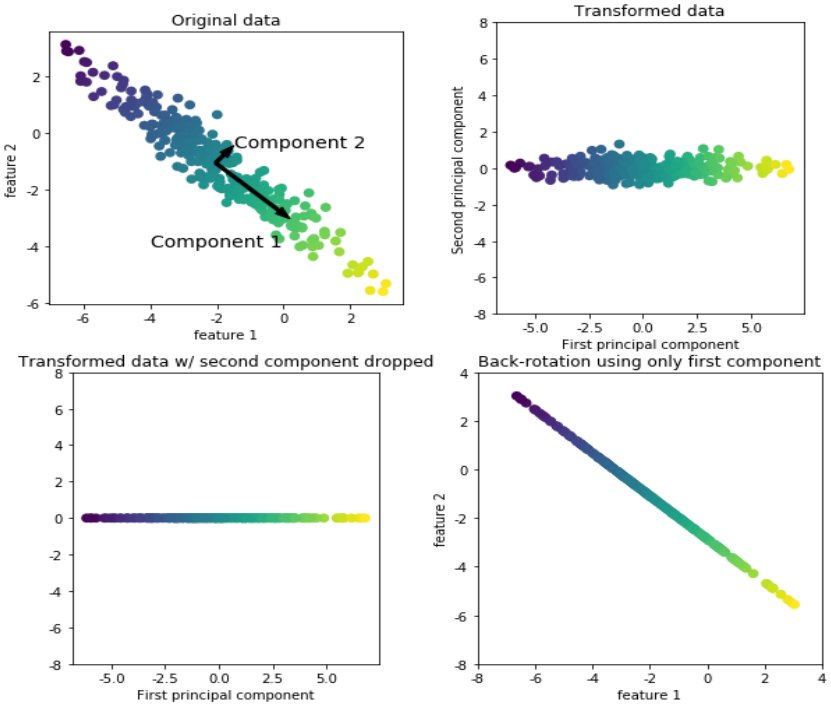
가장 일반적인 동기는 시각화하거나, 데이터를 압축하거나, 추가적인 처리를 위해 정보가 더 잘 드러나는 표현을 찾기 위해서 입니다.

이런 용도로 가장 간단하고 흔히 사용하는 알고리즘은 주성분 분석입니다.

ex22.py PCA 처리 방식 설명

```
import mglearn
import matplotlib.pyplot as plt

mglearn.plots.plot_pca_illustration()
plt.show()
```



왼쪽 위 그래프는 원본 데이터 포인트를 색으로 구분해 표시, 이 알고리즘은 먼저 'component1'이라고 쓰여 있는,

Variant(분산)이 가장 큰 방향을 찾습니다. 이 방향(벡터)가 가장 많은 정보를 담고 있는 방향이고 ==> 특성들의 상관관계가 가장 큰 방향입니다.
그 다음에 이 algorithm은 첫 번째 방향과 직각인 방향 중에서 가장 많은 정보를 담은 방향을 찾습니다.
2차원에서는 직각 방향은 하나지만 3차원이상부터는 무수히 많은 직각 방향이 존재하고, 이 그래프에서 화살표 머리방향은 의미가 없습니다.
이런 방법으로 찾은 방향이 데이터의 주된 Variant(분산)의 방향이라 해서 principal component(주성분)이라 합니다. 일반적으로 원본 특성 개수만큼의 주성분 존재합니다.
오른쪽 위 그래프는 주성분1과 2를 각각 x축과 y축에 나란하도록 회전시켰습니다.
회전하기전에 데이터에서 평균을 빼서 중심을 원점에 맞춥니다.
PCA에 의해 회전된 두 축은 독립이므로 변환된 데이터의 correlation matirx(상관관계 행렬)이 대각선 방향(자기자신)을 제외하고는 0이 나옵니다.
PCA는 주성분의 일부만 남기는 차원 축소 용도로 사용할 수 있습니다. 왼쪽 아래 그림은 첫 번재 주성분만 유지하려고 하며 2차원 데이터셋이 1차원 데이터셋으로 감소하지만 단순히 원본 특성 중 하나만 남기는 것이 아니라, 첫번째 방향의 성분을 유지하도록 데이터를 가공합니다.
마지막으로 데이터에 다시 평균을 더해서 반대로 회전(오른쪽 아래 그림)
이 데이터들은 원래 특성 공간에 놓여 있지만 첫 번째 주성분의 정보만 담고 있음
이 변환은 데이터에서 노이즈를 제거하거나 주성분에서 유지되는 정보를 시각화 하는데 사용됩니다.
PCA이 가장 널리 사용되는 분야는 고차원 데이터셋의 시각화 영역입니다.
보습학원 사례의 데이터셋은 특성이 5개나 되므로 산점도가 시각적으로 직관적일 수 없습니다.
breast cancer와 같은 데이터셋은 특성이 30개나 있어서 30개중 2개를 택하는 경우의 수인 435개의 산점도를 그려야하므로 단순한 시각화가 비효율적입니다.

사례) breast cancer 데이터 셋 시각화하기 1) 이 데이터 셋은 30개의 특성을 가지고 있다. 이렇게 많은 그래프는 이해하기는 커녕 자세히 들여다 볼 수도 없습니다.

ex23.py

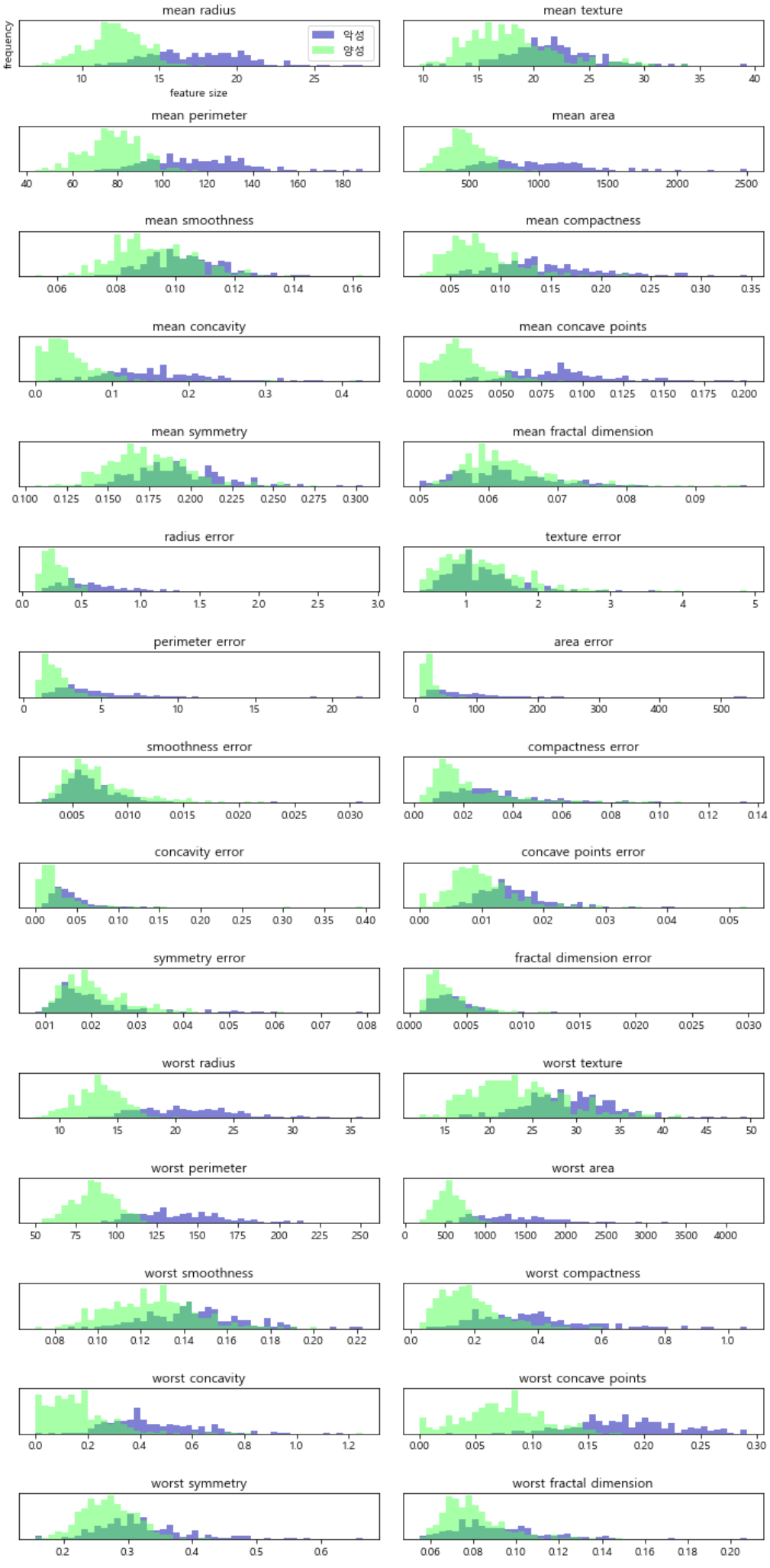
```
import mglearn
import matplotlib.pyplot as plt
from matplotlib import font_manager, rc
from sklearn.datasets import load_breast_cancer
import numpy as np

cancer = load_breast_cancer() #breast_cancer sample 데이터

# 특성이 30개이므로 15X2 set의 plot 객체 생성합니다.
fig, axes = plt.subplots(15, 2, figsize=(10,20))

malignant = cancer.data[cancer.target == 0]     #악성 데이터
benign = cancer.data[cancer.target == 1]        #양성 데이터
target_set = np.array([malignant, benign])
ax = axes.ravel()

for i in range(30) :
    _, bins = np.histogram(cancer.data[:,i], bins=50)# bins: histogram 간격
    ax[i].hist(malignant[:,i], bins=bins,color=mglearn.cm3(0), alpha=0.5)
    ax[i].hist(benign[:,i],    bins=bins,color=mglearn.cm3(2), alpha=0.5)
    ax[i].set_title(cancer.feature_names[i])
    ax[i].set_yticks(())
ax[0].set_xlabel('feature size')
ax[0].set_ylabel('frequency')
ax[0].legend(['악성 ', '양성 '], loc="best" )
fig.tight_layout()
```


mean radius
frequency
feature size
악성
양성
mean texture
mean perimeter
mean area
mean smoothness
mean compactness
mean concavity
mean concave points
mean symmetry
mean fractal dimension
radius error
texture error
perimeter error
area error
smoothness error
compactness error
concavity error
concave points error
symmetry error
fractal dimension error
worst radius
worst texture
worst perimeter
worst area
worst smoothness
worst compactness
worst concavity
worst concave points
worst symmetry
worst fractal dimension

사례) PCA를 적용하여 차원 축소 후, breast cancer 데이터 셋 시각화하기 2)

ex24_PCA.py

1) PCA 적용 전 각 특성의 평균이 0, 분산이 1이 되도록 데이터의 스케일을 조정

```
#######################################
#[Code 1 ]
from sklearn.preprocessing import StandardScaler
from sklearn.datasets import load_breast_cancer
cancer = load_breast_cancer() #breast_cancer sample 데이터

#각 특성의 분산이 1이 되도록 데이터의 스케일조정
scaler = StandardScaler()
scaler.fit(cancer.data)
X_Scaled = scaler.transform(cancer.data)
#######################################
```

ex24_PCA.py (계속)

2) PCA 적용. 두 개의 주성분만 유지하는 데이터 변환 (차원축소)

```
#######################################
#[Code 2 ]
from sklearn.decomposition import PCA
pca = PCA(n_components=2)          # 두 개의 주성분만 유지 .
pca.fit(X_Scaled)                  # PCA 모델

X_pca = pca.transform(X_Scaled)  # 두 개의 주성분만 유지하는 데이터 변환 (차원축소)
print( X_Scaled.shape ) #(569, 30)  569행 30열
print( X_pca.shape )    #(569, 2)  차원 축소 후   569행 2열

#######################################
```

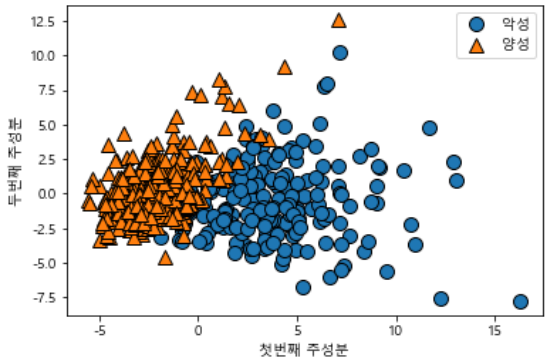
ex24_PCA.py (계속)

3) 산점도 그래프(첫, 두번째 주성분으로 산점도 그래프, cancer.target 0 악성, 1 양성데이터에 따라 다른 색표현

```
#######################################
#[Code 3 ]
import mglearn
import matplotlib.pyplot as plt

mglearn.discrete_scatter(X_pca[:,0],X_pca[:,1], cancer.target)
plt.legend(["악성","양성"],loc="best")
plt.xlabel("첫번째 주성분")
plt.ylabel("두번째 주성분")
plt.show()

#######################################
```

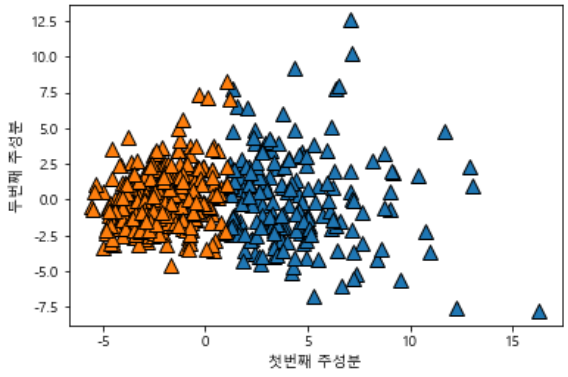


ex24_PCA.py (계속)

4) cancer.target 데이터를 활용하지 않고, 첫번째 두번째 주성분으로 군집화

```
######################################## 군집화

from sklearn.cluster import KMeans
kmeans = KMeans(n_clusters=2)
kmeans.fit(X_Scaled)
mglearn.discrete_scatter(X_pca[:,0],X_pca[:,1],kmeans.labels_,markers='^')
plt.xlabel("첫번째 주성분")
plt.ylabel("두번째 주성분")
plt.show()
```



cancer.target 데이터와 유사하게 군집.