# 빅데이터 분석 시각화

Homework#9

학번 : 2016039029

이름 : 이종영

마감일자 : 23/10/31

# Contents

- 1. Data Analysis Processing
- 2. Result

## 1. Data Analysis Processing

1.1 데이터 분석에 사용될 라이브러리 및 데이터를 호출

1.2 데이터 정보 확인 헤더정보, 크기, 컬럼의 타입

```
print(df.head())
print(df.shape)
    Bland_Chromatin Hormal_Nucleoli Hitoses Class
(699, 11)
<class 'pandas.core.frame.DataFrame'>
RangeIndex: 699 entries, 0 to 698
                                                       Non-Mull Count Dtype
 # Column
                                                                              int64
int64
int64
int64
int64
      Clump thickness 699 non null
Uniformity Cell Size 699 non null
Uniformity Cell Shape 699 non null
Marginal Adhesion 699 non-null
Single Epithelial Cell Size 699 non-null
      Ware_Muclei
Oland_Chromatin
                                                      699 non-mull
                                                      699 mon-mul1
       Normal_Nucleoli
                                                                                Int64
      Mitoses
                                                      699 non-null
dtypes: int64(18), object(1)
memory usage: 68.2; KB
```

#### 1.3 오브젝트 타입 제거, EDA 수행

```
# 2-1. object delete
df = df.drop(columns=['Bare_Nuclei'])
# 3. Exploratory data analysis: Class Inbalance
print(df['Class'].value_counts())
print()
print(df['Mitoses'].value_counts())
print()
print(df['Bland_Chromatin'].value_counts())
print()
```

```
Class
   458
4 241
Name: count, dtype: int64
Mitoses
     579
      35
10
       8
Name: count, dtype: int64
Bland Chromatin
      166
      165
      152
      40
      28
```

표본의 형태를 고려한 Class 속성 선정

```
print(df['Class'].value_counts()/np.float64(len(df)))
```

```
Class
2 0.655222
4 0.344778
Name: count, dtype: float64
```

#### 1.4 누락된 필드 체크

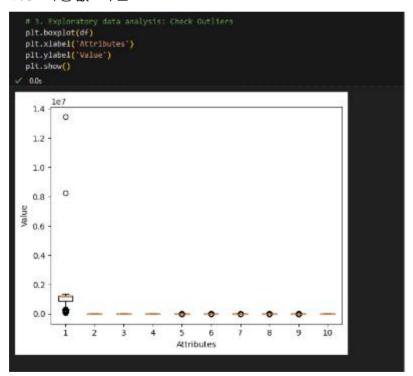
```
# 3. Exploratory data analysis: Check Missing Data
   print(df.isnull().sum())

√ 0.0s

Id
                                0
Clump_thickness
                                0
Uniformity Cell Size
                                0
Uniformity_Cell_Shape
                                0
Marginal Adhesion
                                0
Single_Epithelial_Cell_Size
                                0
Bland Chromatin
                                0
Normal Nucleoli
                                0
Mitoses
                                0
Class
                                0
dtype: int64
```

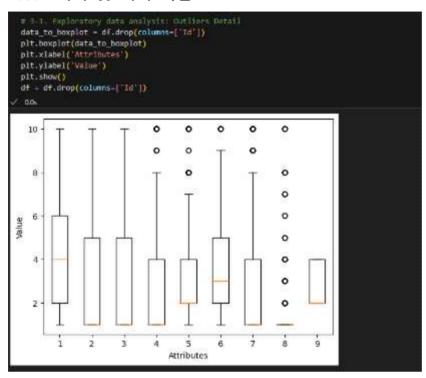
따로 없으니 전처리는 하지 않음.

#### 1.5 이상값 확인



이때, 첫번째 컬럼으로 인한 가시성이 떨어짐을 확인 ID는 사실상 기본키의 역할로 해당값을 배제함.

# 1.5.1 제거 및 다시 확인



4~7까지는 전처리 필요, 8번째 컬럼은 고른 분포가 확인되며 정확도에 영향을 줄 것으로 추측

### 1.6 트레이닝셋을 7의 비율로 세트 및 확인

```
# 1. (gill item tree imports training and test and 7:1

training paties - off-dreptoclasso ( (1.55/1)

training paties - off-dreptoclasso ( (1.55/1)

training paties,

training state, y train, y test - train test spife(
training paties,
print(y,train, shape)
print(y,train
```

#### 1.7 K-최근접 이웃법(KNN) 실시 주변 데이터셋 변경하며 정확도 확인

```
# 5. Fit K Neighbours Classifier to the training set 5
  classifier = KNeighborsClassifier(n neighbors = 5)
  classifier.fit(X_train, y_train)
  guesses = classifier.predict(X_test)
  print(guesses)
[4 2 2 4 2 2 2 4 4 4 2 2 2 2 2 4 4 2 2 2 2 2 2 4 2 2 2 2 2 4 4 2 2 2 2 2 2 4 4 2 2 2 2 2 4 4 2 4 2 2 2 2 4 2
2242222222222442222444224222222222222
224244222424222242422224242224442222422
4 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 4 2 2 4 2 2 4 2 4 2 4 2 2 2 2 2 4 2 4 4 4 2 4 2 2 2 4 2 4 2 4 2
2 2 2 4 4 2 4 2 4 2 2 2 2 2 2 2 2 2 4 2 2 2 2 2 2 2 ]
  print(confusion_matrix(y_test, guesses))
  print(metrics.accuracy_score(y_test, guesses))

√ 0.0s

[[136 2]
[ 9 63]]
8.9476190476190476
```

K=5, 0.947...

K=15. 0.947 K=30. 0.947

유의미한 차이가 없음 즉 K값을 범위로 두어 시각분석화 할 필요가 있음.

#### 1.7.1 KNN 범위에 대한 시각 분석화

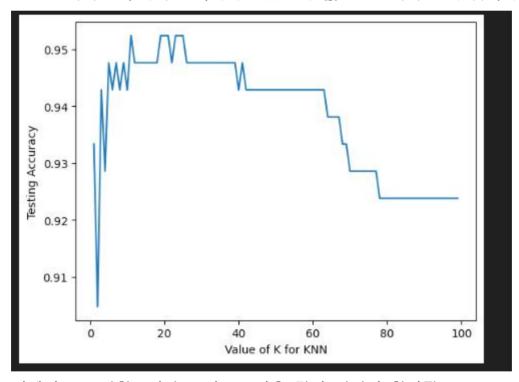
```
# 7. Improving Accuracy: Tuning k parameter 1 to 100
k_range = range(1, 100)

accuracy_scores = []

for k in k_range:
    classifier = KNeighborsClassifier(n_neighbors = k)
    classifier.fit(X_train, y_train)
    guesses = classifier.predict(X_test)
    accuracy_scores.append(metrics.accuracy_score(y_test, guesses))
print(accuracy_scores)

plt.plot(k_range, accuracy_scores)
plt.ylabel('Value of K for KNN')
plt.ylabel('Testing Accuracy')
plt.show()
```

K = 30까지도 무의미한 차이가 있었으니 값은 100까지 크게 잡아서 식별.



전체적으로 정확도가 높으나 70 이후 값이 쳐짐이 확인됨.

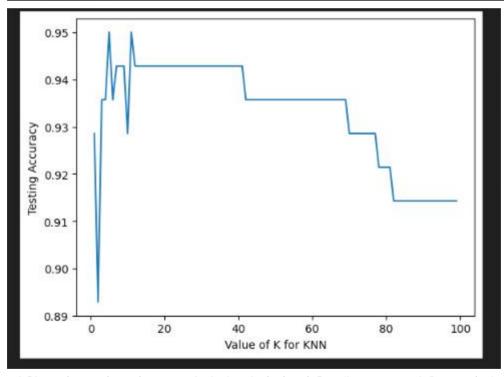
#### 1.8 트레이닝 셋, 테스트 셋 비율 변경 (8:2)

```
# 8. Improving Accuracy: Changing split ratio (8:2)
# Tuning k parameter
k_range = range(1, 100)

accuracy_scores = []

for k in k_range:
    classifier = KNeighborsClassifier(n_neighbors = k)
    classifier.fit(X_train, y_train)
    guesses = classifier.predict(X_test)
    accuracy_scores.append(metrics.accuracy_score(y_test, guesses))
print(accuracy_scores)

plt.plot(k_range, accuracy_scores)
plt.xlabel('Value of K for KNN')
plt.ylabel('Testing Accuracy')
plt.show()
```



정확도가 줄어든것으로 식별됨 따라서 이후 셋은 7:3 비율로 진행됨.

#### 1.9 정확도 높이기를 위한 속성 관계 시각화

```
# 9. Improving Accuracy: Feature Engineering
dfcorr = df.corr()
plt.figure(figsize=(12,8))
sns.heatmap(data = dfcorr, annot=True)
```

	Oung, thickness -	Uniformity, Cell, Size	Unformity, Cell_Shape	Marginal Adhesion -	Single_Ejetbellaf_Cef_Site	Bant Chomats -	Normal_Macheri	Mtoses	80	5755
Class -				10.7	(0.66)		0.71	0.47	1:	R
Mitoes	0.35	0.46	10.44	0.42	0.48	0.54	0.49	1/4	0.02	
Normal_Nucleoh -	1.54	0.72	0.12	42	0.03	847	1	0.43	tn.	
Bland Circumstin	0.56			967	10.63	1.	39.97	0.34		i i
Sngle_Epithelial_Cell_Size -	0.52		0.02	0.0	1	0.62	0.83	0.48	10.660	
Marginal_Adhesion -	849	031	666	1	66	667		642	-0.7	
uniformity_Cell_Shape -	865	0.93	1	0,68	0.72		0.72	0.44	4.62	
Uniformity_Cell_Size <	394	(4)	1994	0.71				82.40	1 1000	
Clump_thyckness -	1	0.64	CHS	0.49	652	0.56	0.54	0.35	(0.72)	

이때, Class에 대해 Mitoses(8번째 컬럼, 0.42) Single\_Epithelial\_Cell\_Size(5번째 컬럼, 0.68) 약한 속성을 식별하여 제거 함. 처음 데이터 분석 과정에서 확인한 4~7 속성 및 8번째 속성임을 알 수

1.10 해당컬럼 제거

있음.

```
# 10. Improving Accuracy: Feature Engineering ( low 2 columns 0.68, 0.42 )
df = df.drop(columns=['Single_Epithelial_Cell_Size', 'Mitoses'])
```

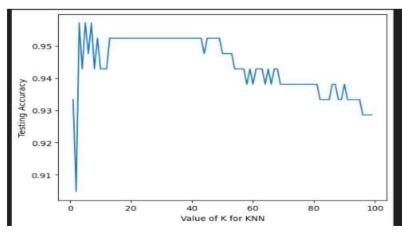
#### 1.11 다시한번 트레이닝 및 시각화

```
# 11. Tuning k parameter
k_range = range(1, 100)

accuracy_scores = []

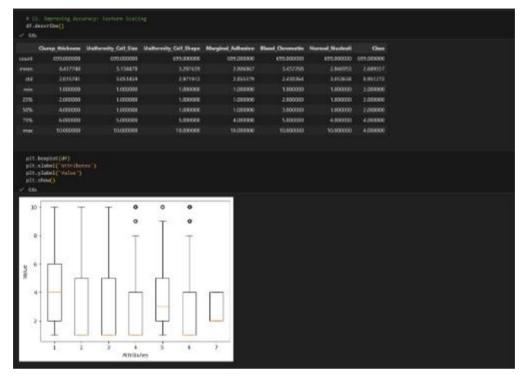
for k in k_range:
    classifier = KNeighborsClassifier(n_neighbors = k)
    classifier.fit(X_train, y_train)
    guesses = classifier.predict(X_test)
    accuracy_scores.append(metrics.accuracy_score(y_test, guesses))
print(accuracy_scores)

plt.plot(k_range, accuracy_scores)
plt.xlabel('Value of K for KNN')
plt.ylabel('Testing Accuracy')
plt.show()
```



정확도가 0.91 -> 0.93 으로 상승함.

#### 1.12 스케일링 및 속성 분포 확인



Min,max가 차이가 크지 않고 고르게 분포됨이 보임 이때 4,5,6 번째 속성에 대해 일부 오류값이 식별됨. 이에 대해 RobustScaler 정규화를 진행하기로 함.

#### 1.13 정규화 및 트레이닝

```
# 12. Improving Accuracy: Feature Scaling
from sklearn.preprocessing import RobustScaler

#Create copy of dataset.

# df = df.copy()

scaler = RobustScaler()

features = [['Marginal_Adhesion', 'Normal_Nucleali']]
for feature in features:
    # df[feature] = scaler.fit transform(#feature])

# 00s

# 13. Split data into separate training and test set
training points = df.drop(columns=['Class'])
training labels = df['Class']

X_train, X_test, y_train, y_test = train_test_split(
    training_labels,
    test_size=0.3,
    random_state=4)

print(X_train.shape)
print(Y_train.shape)
print(Y_test_shape)

print(Y_test_shape)
```

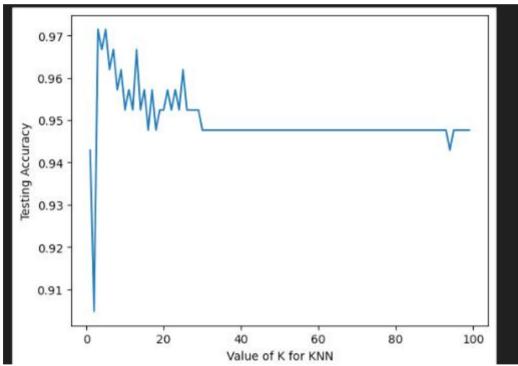
#### 1.14 마지막 정확도 확인

```
# 14. Tuning k parameter
k_range = range(1, 100)

accuracy_scores = []

for k in k_range:
    classifier = KNeighborsClassifier(n_neighbors = k)
    classifier.fit(X_train, y_train)
    guesses = classifier.predict(X_test)
    accuracy_scores.append(metrics.accuracy_score(y_test, guesses))
print(accuracy_scores)

plt.plot(k_range, accuracy_scores)
plt.xlabel('Value of K for KNN')
plt.ylabel('Testing Accuracy')
plt.show()
```



기존 0.93 -> 0.94 이상으로 정확도를 확보하였고 k값이 적을때의 정확도 또한 증가한것을 식별함.

#### 2. Result

데이터 분석 후 정확도를 상승 시키는 전처리 과정을 진행하였습니다. 오브젝트 데이터를 지우고 기본키를 제거하여 전처리를 진행한 뒤 기준이 될 속성값을 선택하였습니다.

선택된 속성값에 대해 트레이닝셋과 테스트 셋의 비율은 7:3으로 선정하였습니다.

정확도를 높이기 위한 속성간 관계를 시각화 하고 제거한 뒤 정규화를 위한 값의 분포를 확인하고 RobustScaler를 진행하여 최종적으로 정확도를 높이는데 성공하였습니다.