분류 알고리즘 - 1

Kyungsik Han

본 영상에서 다룰 내용

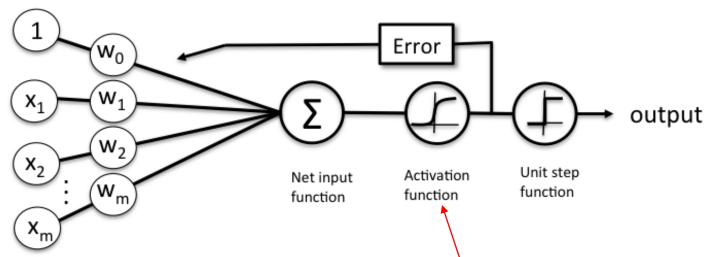
■ 지도학습 분류(classification) 알고리즘 학습

분류 알고리즘 종류

- Logistic Regression
- Support Vector Machine
- Decision Tree
- Random Forest
- kNN
- Naïve Bayes
- More ...

Logistic Regression (로지스틱 회귀)

- 선형 바이너리 분류의 강력한 알고리즘 중 하나
- 로지스틱 회귀 분석은 일반 회귀 분석이 아니라 분류를 위한 모델임을 주의



Schematic of a logistic regression classifier.

활성화함수

- = 순입력 함수(Net input function)의 리턴값과 실제 결과값을 비교하여 오차가 최소가 되도록 가중치 업데이트
- → Logistic Regression에서는 sigmoid 함수 사용

- Odds: 어떤 일이 일어날 승산
- Odds ratio: 특정 사건의 승산률
 - 어떤 특정 사건이 일어날 확률(p)과 일어나지
 않을 확률의 비율(1-p)

$$odds\ ratio = rac{p}{1-p}$$
 Odds $ratio$ 정의 $f(p) = log rac{p}{1-p}$ 로그를 취한 함수 정의

$$z = \sum_{j} w_{j} x_{j}$$

$$z = log \frac{p}{1 - p}$$

$$p = \frac{1}{1 + e^{-z}}$$

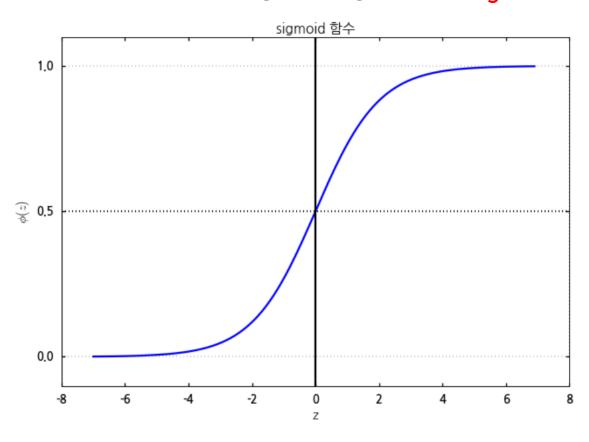
$$\Phi(z) = \frac{1}{1 + e^{-z}}$$

z 값에 따라서 입력된 트레이닝 데이터 X가 어떤 집단에 속하는지 결정

*p*를 *z*에 관한 식으로 표현 |

*p*를 *z*에 관한 함수로 표현

로지스틱 회귀는 순입력 함수의 리턴값에 대해 가중치 업데이트 여부를 결정하는 활성화 함수로 sigmoid 함수를 이용



Data preparation

```
iris = datasets.load_iris()
X = iris.data[:, [2,3]]
y = iris.target

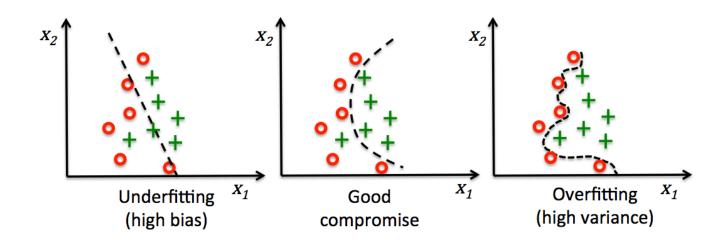
X_train, X_test, y_train, y_test = train_test_split(X, y, test_size=0.2, random_state=0)

sc = StandardScaler()
sc.fit(X_train) # get mean and sd of X_train
X_train_std = sc.transform(X_train) # training 데이터 표준화
X test std = sc.transform(X test) # test 데이터 표준화
```

Logistic Regression

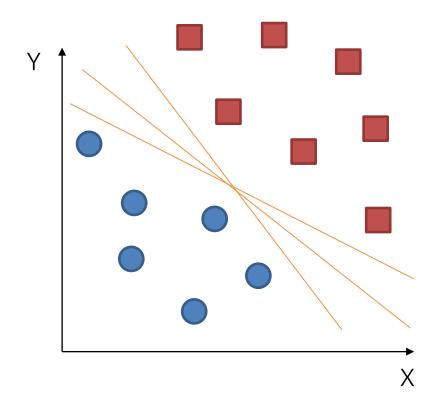
• 평가

- 계산비용이 적고, 구현하기 쉬우며, 결과 해석을 위한 지식 표현 쉬움
- 선형 외의 경우 정확도가 낮을 수 있음
- 언더피팅 경향이 있어서 정확도가 낮게 나올 수 있음

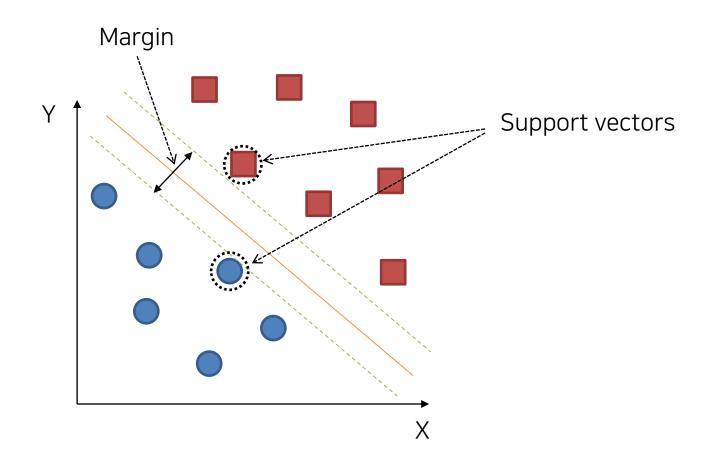


Support Vector Machine (서포트 벡터 머신)

- SVM은 높은 인식 성능을 보여주는 지도학습의 대표적인 알고리즘
- SVM은 선을 구성하는 매개변수를 조정해서 요소들을 구 분하는 선을 찾고, 이를 기반으로 패턴을 인식하는 방법



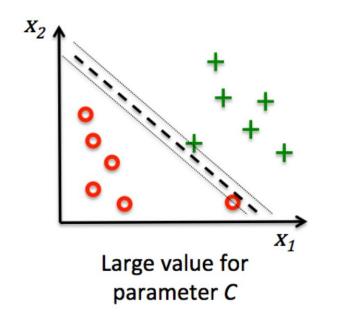
마진을 최소화

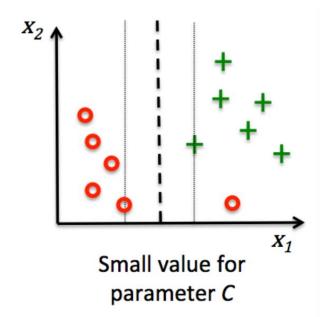


SVM의 특징 → 마진 최대화

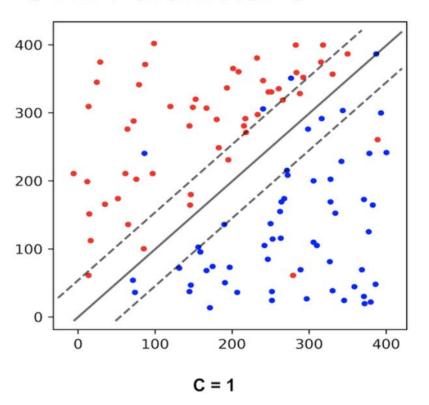
- sklearn 에서 크게 2가지 종류의 SVM 지원
 - SVC: 표준적으로 구현된 SVM
 - LinearSVC: 선형에 특화된 SVM
- Why SVC?
 - C represents '<u>C</u>lassification'

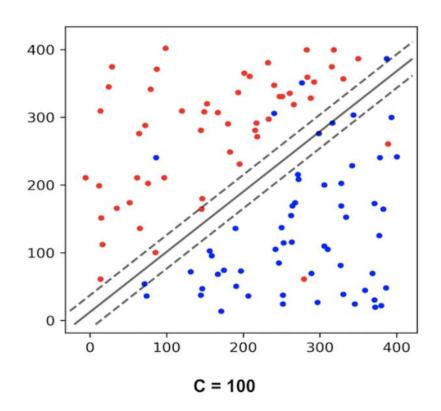
- sklearn의 SVM 에는 C 파라미터가 있음
- C 값에 따라서 경계선이 달라짐
 - 모델 overfitting or underfitting이 될 수 있음
 - 보통 [0.01, 0.1, 1.0, 10.0] 값을 많이 사용





SVM Parameter C







Support Vector Machine

```
svm = SVC(kernel='linear', C=1.0, random_state=0)
svm.fit(X_train_std, y_train)

SVC(C=1.0, cache_size=200, class_weight=None, coef0=0.0,
    decision_function_shape='ovr', degree=3, gamma='auto', kernel='linear',
    max_iter=-1, probability=False, random_state=0, shrinking=True,
    tol=0.001, verbose=False)

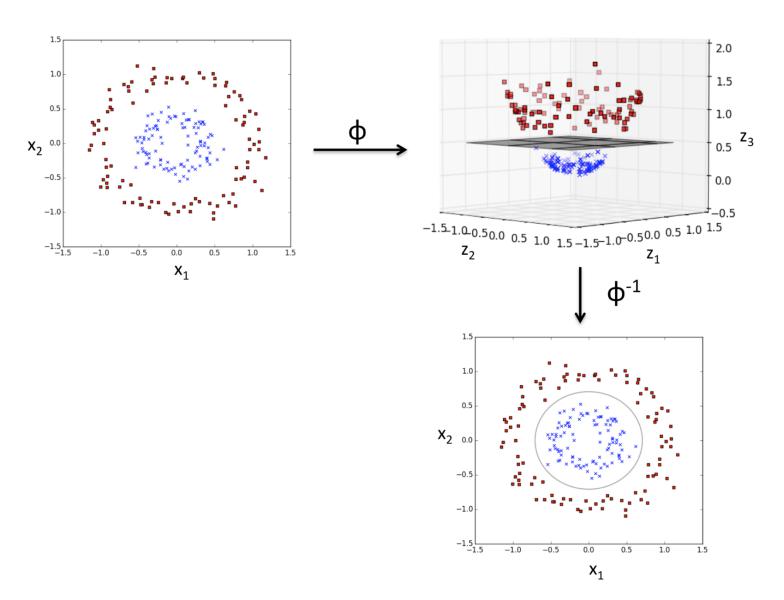
# X 테스트 데이터의 예측값 구하기
y_pred = svm.predict(X_test_std)
# 정답값과 예측값의 비교
accuracy_score(y_test, y_pred)
```

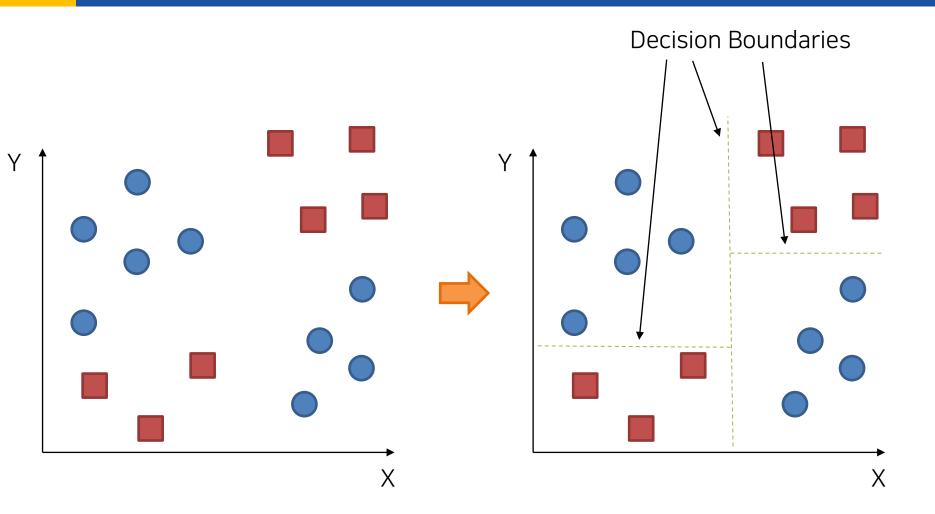
0.9666666666666667

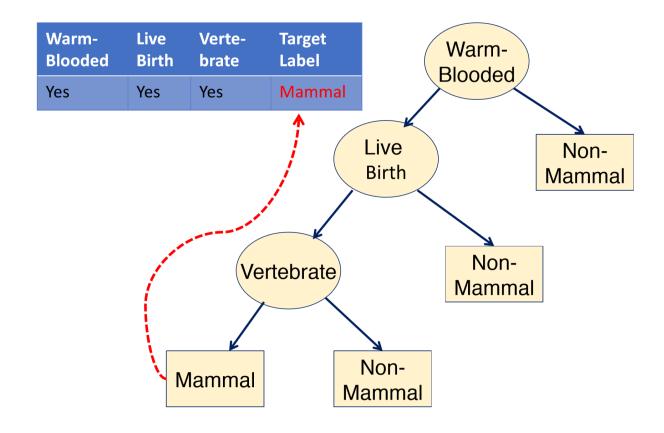
• 평가

- 학습데이터의 오버피팅을 방지함
- 비선형 데이터 분류 가능 (kernel method 활용)
- 고차원 데이터에서 효율적
- 학습 데이터의 margin이 적을 때 문제 발생 가능
- Support vector (margin) 근처의 데이터만 고려

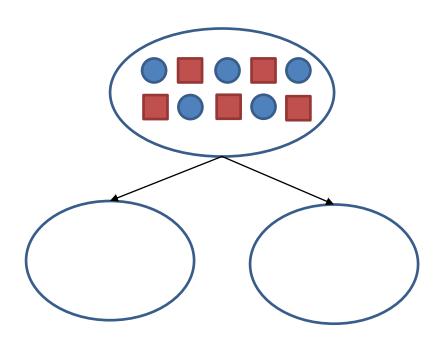
SVM 은 가능



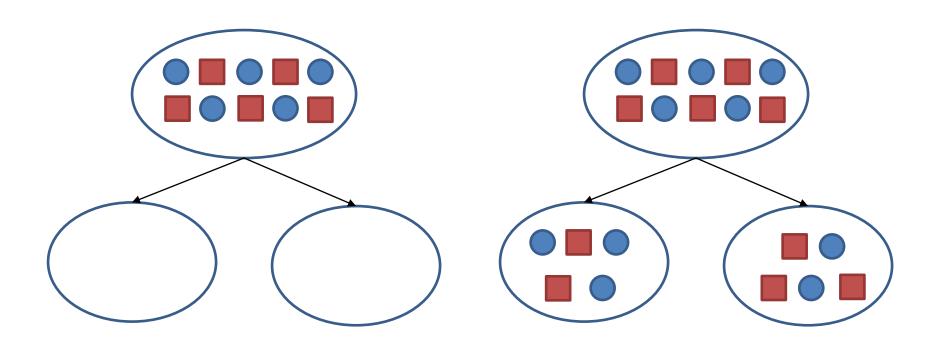




- Start with all samples at a node (모든 샘플에서 시작)
- Partition samples based on input to create purest subsets (샘플 나누기 → 기준: 불순도)
- Repeat to partition data into successively purer subsets

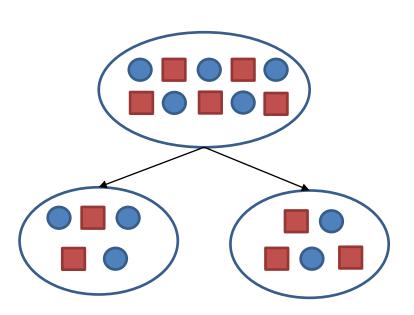


Greedy 접근

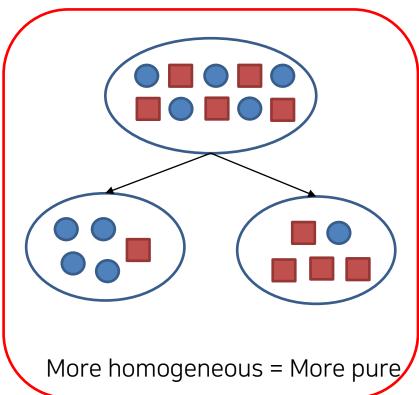


What's the best way to split the current node?

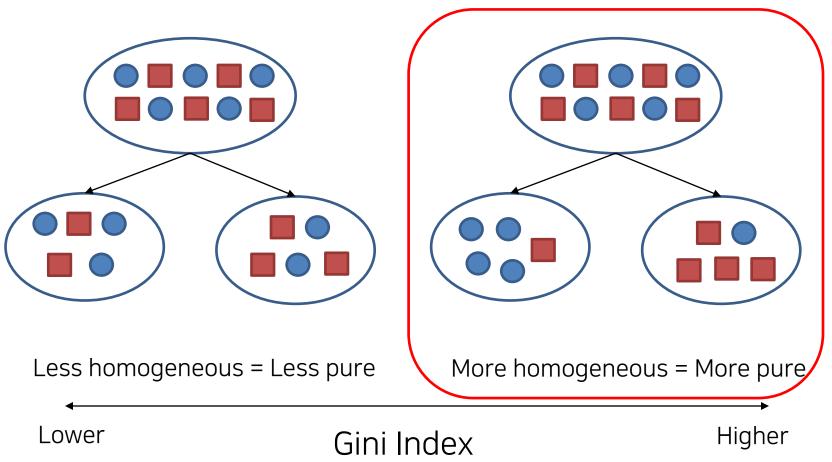
We want subsets to be as homogeneous as possible



Less homogeneous = Less pure



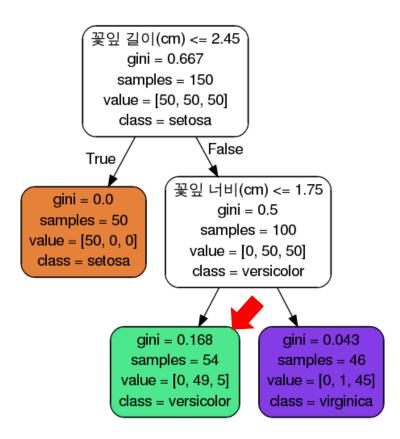
We want subsets to be as homogeneous as possible



Gini (지니) 계수

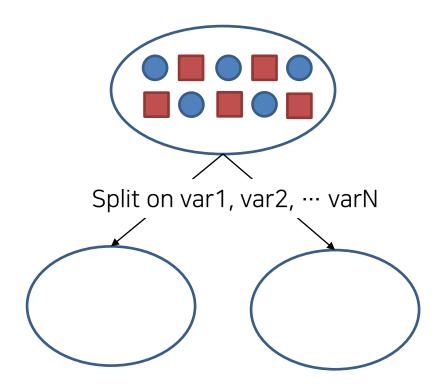
$$G_i = 1 - \sum_{k=1}^n P_{i,k}^2$$

 $G_i = 1 - \sum_{l=1}^{\infty} P_{l,k}^2$ $P_{l,k} = i$ 번째 노드에 있는 훈련 샘플 중 클래스 k 에 속하는 샘플의 비율



Gini 점수 = $1 - (0/54)^2 - (49/54)^2 - (5/54)^2$ ≈ 0.168

Splits on all variables are tested



Can take a lot of time

언제까지 구분?

- 특정 비율 만큼 샘플이 들어가는 경우: All (or X% of) samples have same class label
- 한 그룹당 최소 샘플 갯수가 채워진 경우: Number of samples in node reaches minimum
- 특정 기준 보다 불순도가 낮아진 경우: Change in impurity measure is smaller than threshold
- 최대 트리 깊이에 도달한 경우: Max tree depth is reached
- Others …

• 평가

- Tree를 만드는 과정이 직관적이고 이해하기 쉽다
- 데이터 전처리 과정이 필수는 아니다
- Greedy 접근법은 항상 Best Solution을 제공하지 않는다
- 직선 boundary만 가능하다

0.966666666666666

```
from sklearn.tree import DecisionTreeClassifier
dt = DecisionTreeClassifier(criterion='entropy', max depth=3, random state=0)
dt.fit(X train std, y train)
DecisionTreeClassifier(class weight=None, criterion='entropy', max depth=3,
           max features=None, max leaf nodes=None,
           min impurity decrease=0.0, min impurity split=None,
           min samples leaf=1, min samples split=2,
           min_weight_fraction_leaf=0.0, presort=False, random state=0,
            splitter='best')
# X 테스트 데이터의 예측값 구하기
y pred = dt.predict(X test std)
# 정답값과 예측값의 비교
accuracy score(y test, y pred)
```