Computational Document

체질량지수(BMI) - R마크다운(`.rmd`)

true

2019-11-16

비즈니스 설명

캐글, "500 Person Gender-Height-Weight-Body Mass Index - Height and Weight random generated, Body Mass Index Calculated"에서 데이터를 바탕으로 고객에게 체중과 키 정보만 제공하면 체질량 지수(Body Mass Index , BMI)를 예측하는 모형을 개발하여 고객이 궁금해하는 서비스를 개발하고자 한다.

> **체질량 지수(體質量指數, Body Mass Index, BMI)**는 인간의 비만도를 나타내는 지수로, 체중과 키의 관계로 계산된다. 키가 `t` 미터, 체중이 `w` 킬로그램일 때, BMI는 다음이 수식으로 표현된다. (키의 단위가 센티미터가 아닌 미터임에 유의해야 한다.)

$$BMI = \frac{w}{t^2}$$

체질량지수 (BMI지수)로 과체중 혹은 비만을 판정하는 한국 사례 [1]

구분	BMI 지수
고도 비만	40 이상
중등도 비만 (2단계 비만)	35 - 39.9
경도 비만 (1단계 비만)	30 - 34.9
과체중	25 - 29.9
정상	18.5 - 24.9
저체중	18.5 미만

데이터

캐글, "500 Person Gender-Height-Weight-Body Mass Index - Height and Weight random generated, Body Mass Index Calculated"에서 데이터를 바탕으로 고객에게 체중과 키 및 라벨 데이터 **index**가 준비되어 있어 키와 몸무게를 통해 BMI 예측한다.

데이터 사전

- Gender : Male / Female
- Height : Number (cm)
- Weight : Number (Kg)
- Index :
    - 0 : Extremely Weak
    - 1 : Weak

[1] 위키백과, "체질량 지수" (2019-04-22 접근함)

- 2 : Normal
- 3 : Overweight
- 4 : Obesity
- 5 : Extreme Obesity

데이터 가져오기

캐글에서 내려받은 원본 데이터를 살펴본다.

```
library(tidyverse)

bmi_dat <- read_csv("https://raw.githubusercontent.com/statkclee/author_carpentry_kr/gh-pages/data/500_

glimpse(bmi_dat)
```

```
Observations: 500
Variables: 4
$ Gender <chr> "Male", "Male", "Female", "Female", "Male", "Male", "Ma...
$ Height <dbl> 174, 189, 185, 195, 149, 189, 147, 154, 174, 169, 195, ...
$ Weight <dbl> 96, 87, 110, 104, 61, 104, 92, 111, 90, 103, 81, 80, 10...
$ Index  <dbl> 4, 2, 4, 3, 3, 3, 5, 5, 3, 4, 2, 4, 3, 2, 2, 5, 5, 5, 5...
```

```
bmi_dat %>%
  DT::datatable()
```

탐색적 데이터 분석

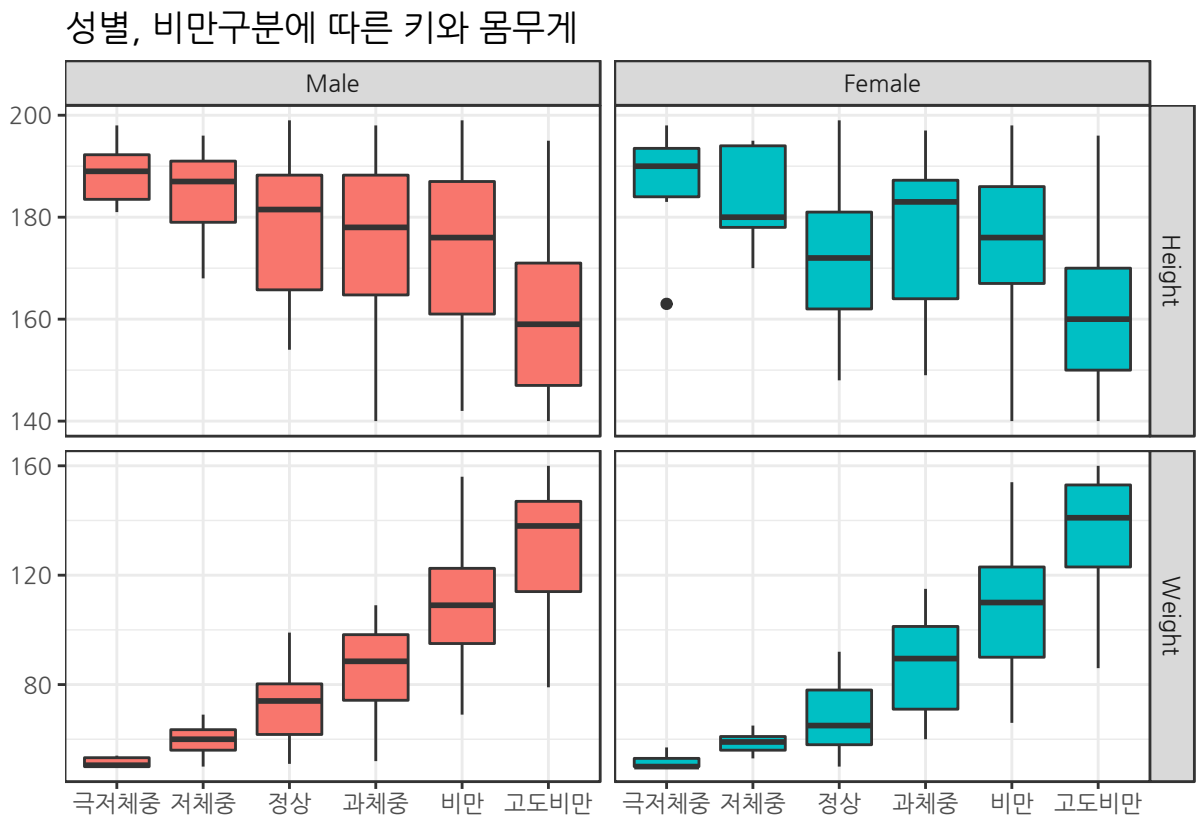
요약 통계

```
bmi_df <- bmi_dat %>%
  mutate(Index = factor(Index, levels = c(0,1,2,3,4,5), labels = c("  ", "  ", " ", "  ", " ", "  ")),
         Gender = factor(Gender, levels = c("Male", "Female")))

bmi_df %>%
  group_by(Index) %>%
  summarise(   = mean(Height),
               = mean(Weight))
```

```
# A tibble: 6 x 3
  Index
  <fct>     <dbl>    <dbl>
1      188.     51.7
2       185.     59.4
3         174.     69.1
4       176.     86.9
5         174.    108.
6      161.    133.
```

시각화

```
library(extrafont)
loadfonts()

bmi_df %>%
  gather(  ,  , -Gender, -Index) %>%
  ggplot(aes(x=Index, y=  , fill=Gender)) +
    geom_boxplot(show.legend = FALSE) +
    facet_grid(   ~ Gender,  scales="free") +
    labs(x="", y="",
         title=" ,           ") +
    theme_bw(base_family="NanumGothic")
```



예측모형 - BMI 예측

$$\text{BMI 그룹} = f(\text{성별}, \text{키}, \text{몸무게}) + \epsilon$$

BMI 그룹: “극저체중”, “저체중”, “정상”, “과체중”, “비만”, “고도비만”

```
# 0.     ------
library(caret)
library(doSNOW)
```

```r
set.seed(777)

# 1.    ------
# bmi_df

# 2.      ------

# 3.    ------
## 3.1.
num_cores <- parallel:::detectCores()
start_time <- Sys.time()

cl <- makeCluster(num_cores, type = "SOCK")
registerDoSNOW(cl)

## 3.2.   vs  /
train_test_index <- createDataPartition(bmi_df$Index, p = 0.7, list = FALSE)

train <- bmi_df[train_test_index, ]
test <- bmi_df[-train_test_index, ]

## 3.3.    /       ------
cv_folds <- createMultiFolds(train$Index, k = 10, times = 5)
cv_ctrl <- trainControl(method = "cv", number = 10,
                        index = cv_folds,
                        verboseIter = TRUE)
## 3.2.
### ranger
gc_ranger_model <- train(Index ~., train,
                  method = "ranger",
                  tuneLength = 7,
                  trControl = cv_ctrl)
```

```
note: only 2 unique complexity parameters in default grid. Truncating the grid to 2 .

Aggregating results
Selecting tuning parameters
Fitting mtry = 3, splitrule = extratrees, min.node.size = 1 on full training set
```

```r
# 4.     -----
gc_pred_class <- predict(gc_ranger_model, newdata = test, type="raw")
##    -----
bmi_conf <- confusionMatrix(gc_pred_class, test$Index)

bmi_conf$table
```

```
          Reference
Prediction
            3      0    0      0    0        0
              0      5    0      0    0        0
                0      1   16      1    0        0
              0      0    3     16    0        0
```

```
               0       0     1       3    38         5
          0       0     0       0     1        54
```

```
cat("  : ", scales::percent(bmi_conf$overall[["Accuracy"]]))
```

```
  :  89.8%
```

```
stopCluster(cl)
```

BMI 예측

```
bmi_test_dat <- tribble(
   ~"Gender", ~"Height", ~"Weight",
   "Male", 149, 61,
   "Female",  172, 67
)

predict(gc_ranger_model, newdata = bmi_test_dat, type="raw")
```

```
[1]
Levels:
```