Sigmoid: 2진 분류 => 0과 1사이의 값

Softmax : 다중 분류

#### DNN

-특정 데이터(도메인) 에서 학습된 구조를 다른 데이터(도메인)에서도 사용할 수 있음

=>전이학습

## -문제점

- 1) Gradient가 소실되지 않는 Activation function을 사용해야 한다
- =>즉, Squashing 특성이 없는 activation function인 Relu 를 사용한다
- -Relu 는 음수이면 0 이고 음수가 아니면 0이 아닌값이다 ( max(0, x) )
- -이 Relu를 변형한 activation function 은 ELU, Leaky Relu가 있다 (음수에 살짝 값을 준다 )

2)

- -층(Layer)을 많이 사용하면 과적합(overfitting) 발생
- =>(모델 관점)학습 과정에서 일부러 특정 노드들에 연결된 가중치들은 업데이트를 하지 않으면 된다 어떤 노드를 업데이트 시키지 않을 것인가는 무작위로 그때그떄 바꿔가며 결정한다
- -사용하고 싶은 모델은 파라미터의 수가 엄청 많은데 보유하고 있는 데이터의 수가 너무 적어도 과 적합이 발생한다
- =>(데이터 관점)현재 보유한 데이터를 증폭한다 즉, Data Augmentation을 하는 것이다
- -DNN의 특별한 형태인 CNN이 존재한다

## <CNN>

- -컬러 이미지는 3차원의 Tensor로 표현된다 (Red, Green, Blue)
- ex) Raw image 는 [332, 344, 3] 로 표현되고 Red, Green, Blue는 각각 [332, 344, 1]의 형태이다
- -이미지 데이터를 neural network에 학습시키려면 N1 = 400(width) \* 700(height) \* 3(RGB) = 840,000 개의 input 노드가 생기고 hidden node, weight node 까지 고려하면 엄청나게 많아서 불가능하다
- -따라서, 픽셀 하나하나가 변수인데 변수의 수를 줄여야 한다
- =>**Feature engineering(selection)** 기법: 도메인 지식, 기계학습(decision tree, PLS 등등), transform 기법을 이용하여 적은수의 feature을 생성해서 이것을 input으로 사용한다

- -이미지의 경우 인접 변수(픽셀)간 높은 상관관계를 가진다 =>Local correlation
- -이미지의 부분적 특성(ex. 눈, 귀)은 고정된 위치에 등장하지 않음 =>invariant feature
- -위의 두개를 한꺼번에 실현시킬 수 있는 방법이 Convolution 이다

## Convolution Neural Network

- -이미지 데이터의 특성을 잘 반영할 수 있는 인공신경망 모델
- -2D 혹은 3D 구조를 유지하면서 학습
- -일반적인 CNN은 Convolution 연산, Activation 연산, Pooling 연산의 반복으로 구성된다

## 1) Convolution 연산

- -변수(variable)은 맨 처음 raw data의 값이고 feature는 variable 들의 combination을 의미한다
- -Stride가 커지면 이미지의 특징을 놓칠 가능성이 증가해서 성능이 약화될 가능성이 있으나 feature size가 작다 => 이미지가 굉장히 클 때는 stride가 조금 큰게 좋다
- -실질적으로 입력데이터와 합성곱 연산을 할 filter의 값을 back-propagation으로 추정해야 하는 것임 -위의 합성곱 연산의 결과가 담겨져 있는 것을 "Feature map" 이라고 한다

#### 2) Activation 연산 = Relu

-Convolution을 통해 학습된 값들의 비선형 변환

#### **Padding**

-가장자리에 있는 픽셀들은 중앙에 위치한 픽셀들에 비해 Convolution 연산이 적게 수행됨 =>원 이미지 테두리에 0의 값을 갖는 픽셀 추가, 사이즈 유지

## 3) Pooling 연산

- -Feature map의 공간적 크기를 줄이자 => 일정 영역의 정보를 축약
- -Max Pooling은 이미지 분석에서 주로 사용하고 Average Pooling도 존재한다
- -여기까지 하게되면 Pooled Featured map이 촘촘하게 쌓여있다. 이것을 Flattening 과정을 거쳐서 2차원, 3차원의 행렬/텐서 구조를 1차원의 벡터로 변환한다
- -이 1차원 벡터가 이제 우리가 알고있는 neural network의 input으로 사용한다

## CNN의 하이퍼파라미터

- 1) Filter의 크기
- 2) Filter의 수: Filter로부터 나온 Feature map의 개수임
- 3) Stride
- 4) zero padding
- 1 by 1 convolution의 역할: feature map의 depth를 감소시켜 연산량을 감소시킴

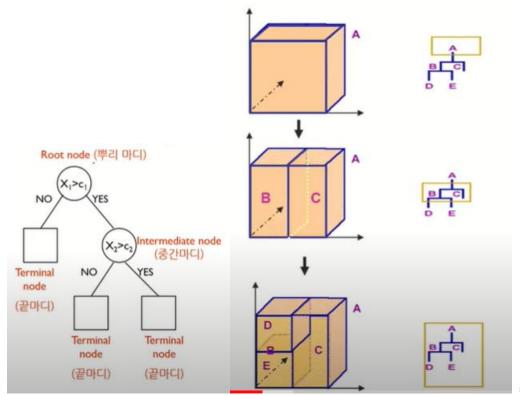
#### Resnet

- -152개 Layer를 사용하는 CNN 중에서 가장 획기적인 모델
- -152개 Layer에 대한 전통적인 문제인 Feature map의 값자체가 작아지는 것과 Gradiant(weight) 소실을 막기 위해 이전의 Feature 값을 더해줌으로써 Feature map의 값을 1 이상으로 계속 유지시켜준다

## 의사결정나무 모델

-데이터를 2개 혹은 그 이상의 부분집합으로 분할 => 데이터가 균일해지도록 분할

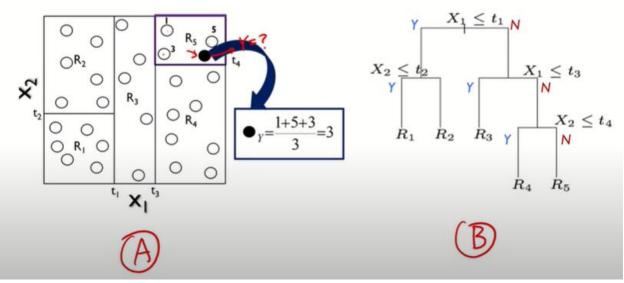
-분류 : 비슷한 범주를 갖고 있는 관측치끼리 모음 예측 : 비슷한 수치를 갖고 있는 관측지끼리 모음



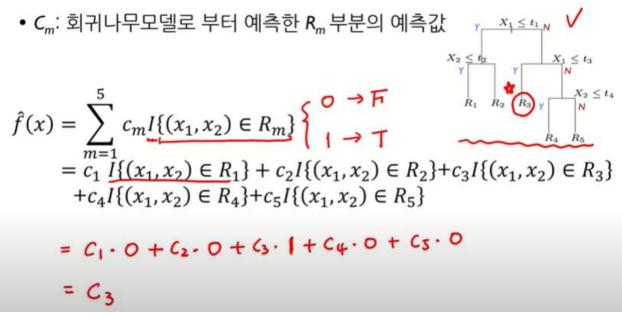
=>끝마디개수3개

-의사결정나무는 예측나무 모델, 분류나무 모델에도 적용이 된다

## 1) 예측나무 모델



-A와 B는 같은 의미이다. A의 끝마디는 5개, B의 끝마디도 5개로 같다 -R1 = 6개, R2=6개, R3=5개, R4 = 8개, R5 = 4개의 데이터를 가지고 있다



I: 중괄호안에 있는 것이 참이면 값이 1이고, 중괄호안에 있는 것이 거짓이면 값이 0이다 -(x1,x2) 가 R3 에 속한다고 가정하면 결과적으로 c3 이라는 값을 가진다

=>여기까지 나온 A, B, 수식은 모든 같은 의미를 가진다 (나타내는 표현만 다를 뿐)

- -결과적으로 예측나무 모델에서 끝마디 마다 비슷한 값을 가지는 데이터끼리 모이게 된다
- -예측나무 모델링 프로세스
- 1) 데이터를 M개 (끝마디가 M개) 로 분할 : R1, R2, ... RM

$$f(x) = \sum_{m=1}^{M} c_m I(x \in R_m)$$

Cm : 회귀나무모델로부터 예측한 Rm부분의 예측값

2) 최상의 분할은 다음 비용함수를 최소로 할 때 얻어짐

$$= \min_{C_m} \sum_{i=1}^{N} (y_i - \sum_{m=1}^{M} c_m I(x \in R_m))^2$$

- -실제 숫자 y와 f(x)로 부터 나온 y 값의 차이의 제곱의 합을 최소화 시키는 Cm?
- -어떤 데이터가 들어왔을 때 해당 부분에 속해 있는 관측치들의 y값들의 평균으로 예측하는게 가장 좋음
- 3) 맨 처음 최상위 분할의 분할변수(j)와 분할점(s)는 어떻게 결정?

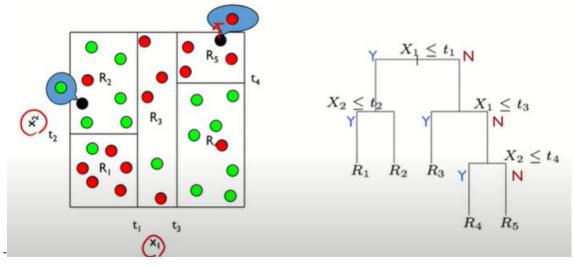
$$R_1(j,s) = \{x | x_j \le s\}$$
  
 $R_2(j,s) = \{x | x_i > s\}$ 

$$\operatorname*{argmin}_{j,s} \left[ \min_{c_1} \sum_{x_i \in R_1(j,s)} (y_i - c_1)^2 + \min_{c_2} \sum_{x_i \in R_2(j,s)} (y_i - c_2)^2 \right]$$

-방법은 예로 들어 x1 = (2, 3), x2 = (5, 6), x3 = (1, 7) 이 있으면 x1 >=2, x1>=3, x2>=5, x2>=6, x3>=1, x3>=7 을 각각 해보고 가장 작은 값을 가지는 분할변수, 분할점을 구하면 된다

-Cm: 해당 끝마디에 있는 v값의 평균

## 2) 분류나무 모델



-각 관측치 마다 반응변수 값 yi = 1, 2, ... k, 즉 K개의 클래스(범주)가 존재 -Rm : 끝노드 m에 해당하며 Nm 관측치 개수를 가지고 있음

 $\hat{p}_{mk}$  : 끝노드 m에서 k 클래스에 속해 있는 관측치의 비율

$$\hat{p}_{mk} = \frac{1}{N_m} \sum_{x_i \in R_m} I(y_i = k)$$

=>즉, 특정 끝노드에 속한 노드들이 속한 클래스중에서 가장 높은 확률을 가지는 클래스를 의미

$$\begin{split} \hat{f}(x) &= \sum_{m=1}^{5} k(m)I\{(x_1, x_2) \in R_m\} \\ &= k(1)I\{(x_1, x_2) \in R_1\} + k(2)I\{(x_1, x_2) \in R_2\} + k(3)I\{(x_1, x_2) \in R_3\} \\ &+ k(4)I\{(x_1, x_2) \in R_4\} + k(5)I\{(x_1, x_2) \in R_5\} \end{split}$$

$$k(m) = \operatorname*{argmax}_{k} \hat{p}_{mk}$$

=>제일 큰 확률을 가진 클래스를 내뱉는다

분류 모델에서의 비용 함수(불순도 측정)

Misclassification rate: 
$$\frac{1}{N_m} \sum_{i \in R_m} I(y_i \neq k(m)) = 1 - \hat{p}_{(mk)m}$$
1)
Gini Index: 
$$\sum_{k \neq k'} \hat{p}_{mk} \hat{p}_{mk'} = \sum_{k=1}^{n} \hat{p}_{mk} (1 - \hat{p}_{mk})$$
2)
Cross-entropy: 
$$-\sum_{k=1}^{K} \hat{p}_{mk} \log \hat{p}_{mk}$$
3)

분할변수 (j) 와 분할점 (s) 은 어떻게 결정할까?

- -분할 변수와 분할 기준은 목표변수(y)의 분포를 가장 잘 구별해주는 쪽으로 정함 (균일하게)
- -목표변수(y)의 분포를 잘 구별해주는 측도로 순수도 또는 불순도를 정의
- -예를 들어 클래스 0과 클래스 1의 비율이 45% 와 55% 인 노드는 각 클래스의 비율이 90%와 10% 인 마디에 비하여 순수도가 낮다(불순도가 높다) 라고 해석
- -각 노드에서 분할 변수와 분할점의 설정은 불순도의 감소가 최대가 되도록 선택

정보 획득량 : 특정 변수를 사용했을 때 엔트로피 감소량

$$IG(S,A) = Entropy(S) - \sum_{v \in value(A)} \frac{|S_v|}{|S|} Entropy(S_v)$$

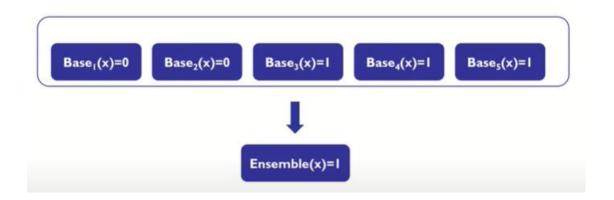
개별 트리 모델의 단점

-나무의 최종노드 개수를 늘리면 과적합 위험

## 랜덤 포레스트 모델

### -앙상블 모델의 하나의 예시

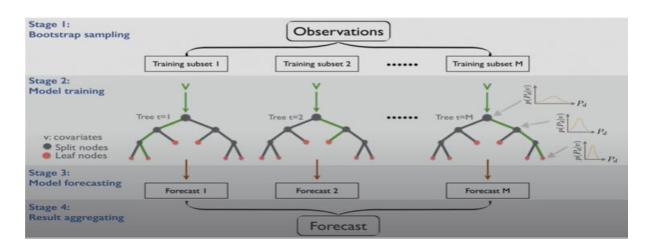
-여러 Base 모델들의 예측을 다수결 법칙 또는 평균을 이용해 통합하여 예측 정확성을 향상시키는 방법



- -Base 모델들이 서로 독립적이어야 앙상블 모델은 Base 모델보다 우수한 성능을 보여줌
- -Base 모델의 성능이 무작위 모델 (확률: 0.5) 보다는 좋아야 함
- -랜덤 포레스트 모델은 Base 모델로 의사결정 나무모델을 사용하는 것이다
- =>데이터의 크기가 방대한 경우에도 모델을 빨리 구축할 수 있어서
- -의사결정나무모델은 앙상블 모델의 Base 모델로써 활용도가 높다
- -다수의 의사결정나무모델에 의한 예측을 종합하는 앙상블 방법이다
- =>일반적으로 하나의 의사결정나무모델 보다 높은 예측 정확성을 보여줌

## 핵심 아이디어

- 1) 여러 개의 Training data를 생성하여 각 데이터마다 개별 의사결정나무모델 구축 => Bagging
- -Bagging (Bootstrap Aggregating): 각각의 bootstrap 샘플로 부터 생성된 모델을 합침



-bootstrapping : 샘플링 하는 기법

# =>각 데이터셋은 복원 추출을 통해 원래 데이터의 수만큼의 크기를 갖도록 샘플링

=>개별 데이터셋을 붓스트랩셋이라 부름

<b>Qriginal Da</b>	taset	Bootstra	ap I	Bootstra	ap 2		Bootstra	р В
x <sup>l</sup>	y'	x <sup>3</sup>	y <sup>3</sup>	x <sup>7</sup>	y <sup>7</sup>		x <sup>9</sup>	y9
x <sup>2</sup>	y <sup>2</sup>	×6	y6	× <sup>l</sup>	yl	•••	x <sup>5</sup>	y <sup>5</sup>
׳	y <sup>3</sup>	x <sup>2</sup>	y <sup>2</sup>	×10	y10		x <sup>2</sup>	y <sup>2</sup>
x <sup>4</sup>	y <sup>4</sup>	×10	y10	x <sup>I</sup>	yı		×4	y <sup>4</sup>
x <sup>5</sup>	y <sup>5</sup>	x <sup>8</sup>	y8	x <sup>8</sup>	y8		x <sup>7</sup>	y <sup>7</sup>
<b>x</b> <sup>6</sup>	y <sup>6</sup>	$\bigcirc$	y <sup>7</sup>	× <sup>6</sup>	y <sup>6</sup>		x <sup>2</sup>	y <sup>2</sup>
x <sup>7</sup>	y <sup>7</sup>	(x <sup>7</sup> )	y <sup>7</sup>	x <sup>2</sup>	y <sup>2</sup>		x <sup>5</sup>	y <sup>5</sup>
×8	y <sup>8</sup>	x³	y <sup>3</sup>	×6	y6		x10	y10
×9	y <sup>9</sup>	x <sup>2</sup>	y <sup>2</sup>	× <sup>4</sup>	y4		x <sup>8</sup>	y8
×10	y10	· x <sup>7</sup>	y <sup>7</sup>	x9	y <sup>9</sup>		x <sup>2</sup>	y <sup>2</sup>

=>즉, original data 에서 복원 추출(중복 가능) 하며 원래 데이터의 크기만큼의 데이터를 각 모델마다 뽑는다

-Result Aggregating : 개별 모델들을 합치는 과정

For classification problem

Training Accuracy	Ensemble population	P(y=1) for a test instance	Predicted class label
0.80	Model I	0.90	1
0.75	Model 2	0.92	1
0.88	Model 3	0.87	1
0.91	Model 4	0.34	0
0.77	Model 5	0.41	0
0.65	Model 6	0.84	1
0.95	Model 7	0.14	0
0.82	Model 8	0.32	0
0.78	Model 9	0.98	
0.83	Model 10	0.57	

$$\sum_{j=1}^{n} I(\hat{y}_j = 0) = 4$$

$$\sum_{j=1}^{n} I(\hat{y}_j = 1) = 6$$

=> 위의 도표에서 yi = 0 이 몇번 나오는지 ?

$$\sum_{j=1}^n l\big(\hat{y}_j=1\big)=6$$

=> 위의 도표에서 vi = 1 이 몇번 나오는지 ?

$$Ensemble(\hat{y}) = \underset{i}{\operatorname{argmax}} \left( \sum_{j=1}^{n} I(\hat{y}_{j} = i), i\epsilon\{0,1\} \right)$$
 =>argmax 이므로 1번 클래스가 선정!

- 2) 의사결정나무모델 구축 시 변수 무작위로 선택 => Random subspace
- -의사결정나무의 분기점을 탐색할 때, 원래 변수의 수보다 적은 수의 변수를 임의로 선택하여 해당 변수들만을 고려함

=>즉 예로들어 x1, x2, x3, x4, x5의 변수가 있다면 일반적인 의사결정나무에서는 x1, x2, x3, x4, x5 를 전부 고려하여 분할 변수를 선택해야 한다. 하지만 Random subspace 는 각 모델마다 랜덤하게 x1, x2, x3, x4, x5 중 선택한다. 랜덤하게 선택한 변수 중에서 이제 일반적인 의사결정나무에서의 과정을 실시한다. 왜냐하면 랜덤 포레스트모델의 조건중, Base 모델은 서로 독립적이어야 한다는 점 때문

- =>여기까지 하면 랜덤 포레스트의 핵심 아이디어인 Diversity, Random을 확보한 것이다
- -랜덤 포레스트 모델 각각의 개별 tree는 과적합 될 수 있다
- -Random forest는 tree수가 충분히 많을 때 Strong Law of Large Numbers에 의해 과적합 되지 않고 그 에러는 limiting value에 수렴됨

Generalization error 
$$\leq \frac{\overline{\rho}(1-s^2)}{s^2}$$

 $\bar{\rho}$ : Decision tree 사이의 평균 상관관계

s: 올바로 예측한 tree와 잘못 예측한 tree수 차이의 평균

- -개별 tree의 정확도가 높을수록 s는 증가한다
- -Bagging과 Random subspace 기법은 각 모델들의 독립성, 일반화, 무작위성을 최대화 시켜 <mark>모델간</mark> 의 상관관계 p를 감소시킨다
- -즉, 개별 tree의 정확도, 독립성이 높을수록 random forest의 성능이 높아짐

-Out of bag ( OOB ) : bagging을 사용할 경우 붓스트랩셋에 포함되지 않는 데이터들을 검증 집합으로 사용함