

# 3장. 분류분석

1절. 분류분석 개요

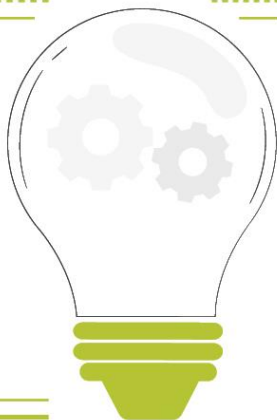
2절. 분류 모형

3절. 인공지능망

4절. 분류 모형 성능평가



# 머신러닝을 이용한 데이터 분석



## 3장. 분류분석

### 1절. 분류분석 개요

# 분류 분석(Classification analysis) 개요

## 1절. 분류분석 개요

데이터의 속성을 활용하여 데이터에 대한 분류 기준을 수립하는 과정

분류 분석은 지도 학습(Supervised learning, 또는 감독 학습)에 해당함



### 분류 학습의 예

- ▶ MNIST 필기체 숫자 데이터 분류
- ▶ iris 데이터의 종 분류
- ▶ 와인데이터 등급 분류

7 2 1 0 4 1 4 9 5 9

pred : [7 2 1 0 4 1 4 9 5 9]  
label: [7 2 1 0 4 1 4 9 5 9]

0 6 9 0 1 5 9 7 3 4

pred : [0 6 9 0 1 5 9 7 3 4]  
label: [0 6 9 0 1 5 9 7 3 4]

9 6 6 5 4 0 7 4 0 1

pred : [9 6 6 5 4 0 7 4 0 1]  
label: [9 6 6 5 4 0 7 4 0 1]

3 1 3 4 7 2 7 1 2 1

pred : [3 1 3 0 7 2 7 1 2 1]  
label: [3 1 3 4 7 2 7 1 2 1]

1 7 4 2 3 5 1 2 4 4

pred : [1 7 4 2 3 5 1 2 4 4]  
label: [1 7 4 2 3 5 1 2 4 4]

# Scikit-learn 패키지

1절. 분류분석 개요

다양한 머신러닝 알고리즘을 하나의 패키지 안에서 모두 제공해줌

예제 데이터셋, 전처리 등의 기능도 제공해 줌



## Scikit-learn 패키지

- ▶ 공식 사이트 : <http://scikit-learn.org>
- ▶ 문서 : <http://scikit-learn.org/stable/>
- ▶ 설치 : `pip install sklearn`

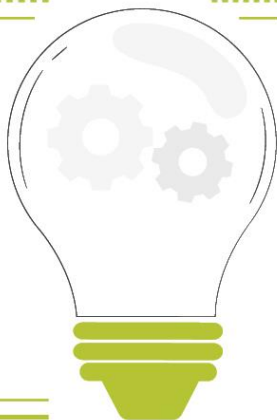
# Scikit-learn 데이터셋

## 1절. 분류분석 개요

Tensorflow와 sklearn.datasets는 실습을 위한 샘플용 데이터셋을 제공

- 샘플용 데이터셋의 접근 방법
  - 기본적으로 Scikit-learn 패키지 안에 내장되어 있는 형태(load명령으로 import)
  - 인터넷에서 다운로드하여 사용하는 형태(fetch명령으로 import),
  - 새로운 데이터셋을 생성시켜 사용하는 형태(make 명령으로 생성)
- load 계열
  - load\_boston() : 보스턴 집값 데이터
  - load\_diabetes() : 당뇨병 관련 데이터
  - load\_iris() : iris 데이터
- fetch 계열
  - fetch\_openml() : mnist, iris, 보스턴 집값데이터
  - fetch\_20newsgroups() : 뉴스텍스트 데이터
  - fetch\_rcv1() : 로이터뉴스 말뭉치
  - fetch\_california\_housing : 주택 데이터
- make 계열
  - make\_regression() : regression용 데이터 생성
  - make\_classification() : classification용 데이터 생성
  - make\_blobs() : clustering용 데이터 생성

# 머신러닝을 이용한 데이터 분석



## 3장. 분류분석



### 2절. 분류분석 모형

# 분류분석 모형의 종류

## 2절. 분류분석 모형

### 확률적 모형

주어진 데이터에 대해(conditionally) 각 클래스가 정답일 조건부확률(conditional probability)을 계산하는 모형,

확률적 모형은 조건부확률을 계산하는 방법에 따라 직접 조건부확률 함수를 추정하는 확률적 판별(discriminative) 모형과 베이지 정리를 사용하는 확률적 생성(generative) 모형으로 나누어 짐

### 판별함수 모형

주어진 데이터를 클래스에 따라 서로 다른 영역으로 나누는 경계면(decision boundary)을 찾은 후 이 경계면으로부터 주어진 데이터가 어느 위치에 있는지를 계산하는 판별함수를 이용하는 모형

# 분류분석 모형의 종류

## 2절. 분류분석 모형

모형	방법론 / 클래스
Quadratic Discriminant Analysis	<b>확률적 생성(generative) 모형</b> sklearn.discriminant_analysis.QuadraticDiscriminantAnalysis
나이브 베이지안 (Naive Bayes)	<b>확률적 생성(generative) 모형</b> sklearn.naive_bayes.MultinomialNB
로지스틱 회귀 (Logistic Regression)	<b>확률적 판별(discriminative) 모형</b> sklearn.linear_model.LogisticRegression
의사결정나무 (Decision Tree)	<b>확률적 판별(discriminative) 모형</b> sklearn.tree.DecisionTreeClassifier
퍼셉트론 (Perceptron)	<b>판별함수(discriminant function) 모형</b> sklearn.linear_model.Perceptron
서포트 벡터 머신 (Support Vector Machine)	<b>판별함수(discriminant function) 모형</b> sklearn.svm.SVC
신경망 (Neural Network)	<b>판별함수(discriminant function) 모형</b> sklearn.neural_network.MLPClassifier



## 주어진 데이터에 대해 각 클래스가 정답일 조건부확률을 계산하는 모형



### 조건부확률을 계산하는 방법

- ▶ 생성 모형(generative model) : 베이즈 정리 이용
- ▶ 판별 모형(discriminative model) : 조건부확률 이용



### Scikit-Learn에서 조건부확률을 사용하는 분류 모형들

- ▶ 모두 독립변수  $x$ 가 주어지면 종속변수  $y$ 의 모든 카테고리 값에 대해 다음 함수를 지원
  - ▶ **predict\_proba()** : 조건부확률을 계산하는 함수
  - predict\_log\_proba() : 조건부확률의 로그값을 계산하는 함수

# 확률적 생성모형

## 2절. 분류분석 모형

각 클래스별 특징 데이터의 확률분포를 추정한 다음 베이즈 정리를 사용하여 확률 P를 계산

$$P(y = k|x) = \frac{P(x|y = k) P(y = k)}{P(x)}$$

전체 확률의 법칙을 이용하여 특징 데이터 x의 무조건부 확률분포 P(x)를 구할 수 있음

$$P(x) = \sum_{k=1}^K P(x|y = k) P(y = k)$$



### 베이즈 정리(Bayes' theorem)

- ▶ 두 확률 변수의 사전 확률과 사후 확률 사이의 관계를 나타내는 정리
- ▶ 베이즈 확률론 해석에 따르면 베이즈 정리는 사전확률로부터 사후확률을 구할 수 있음
- ▶ 베이즈 정리는 불확실성 하에서 의사결정문제를 수학적으로 다룰 때 중요하게 이용됨
- ▶ 특히, 정보와 같이 눈에 보이지 않는 무형자산이 지닌 가치를 계산할 때 유용하게 사용됨
- ▶ 전통적인 확률이 연역적 추론에 기반을 두고 있다면 베이즈 정리는 확률임에도 귀납적, 경험적인 추론을 사용함

이차판별분석법(quadratic discriminant analysis, QDA)는 대표적인 확률론적 생성모형(generative model)

가능도 즉,  $y$ 의 클래스값에 따른  $x$ 의 분포에 대한 정보를 먼저 알아낸 후, 베이즈 정리를 사용하여 주어진  $x$ 에 대한  $y$ 의 확률분포를 찾아냄

이차판별분석법에서는 독립변수  $x$ 가 실수이고 확률분포가 다변수 정규분포라고 가정함

확률분포들을 알고 있으면 독립변수  $x$ 에 대한  $y$ 클래스의 조건부확률분포는 다음과 같이 베이즈 정리와 전체 확률 법칙으로 구할 수 있음

$$P(y = k|x) = \frac{p(x|y = k)P(y = k)}{p(x)} = \frac{p(x|y = k)P(y = k)}{\sum_l p(x|y = l)P(y = l)}$$

```
sklearn.discriminant_analysis.QuadraticDiscriminantAnalysis(*,  
    priors=None, reg_param=0.0, store_covariance=False,  
    tol=0.0001)
```



## QuadraticDiscriminantAnalysis

- ▶ `priors_` : ndarray, 각 클래스 k의 사전확률. None이면 훈련 데이터로부터 유추됨
- ▶ `reg_param` : float, 기본값 0.0, S2를 다음과 같이 변환하여 클래스별 공분산 추정을 정규화 함. S2는 주어진 클래스의 `scaling_` 속성.  
$$S2 = (1 - \text{reg\_param}) * S2 + \text{reg\_param} * \text{np.eye}(n\_features)$$
- ▶ `store_covariance` : bool, 기본값 False, True인 경우 클래스 공분산 행렬이 계산되어 `self.covariance_` 속성에 저장됨
- ▶ `tol` : float, 기본값  $1.0e-4$ , 특이값으로 간주되는 절대 임계값. 절대 임계값은  $X_k$ 의 등급을 추정하는데 사용되며, 여기서  $X_k$ 는 k등급의 샘플 중심 행렬임. 이 매개변수는 예측에 영향을 미치지 않음. 피쳐가 동일 선상에 있다고 간주 될 때 발생하는 경고만 제어함

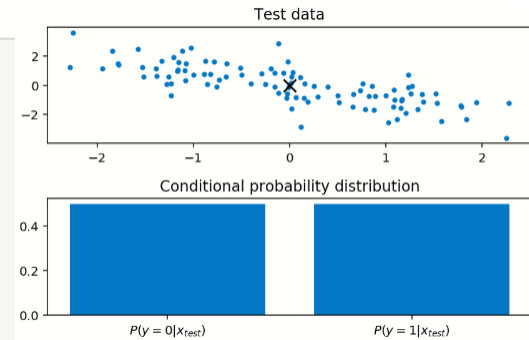
# QDA

## 2절. 분류분석 모형

```
1 from sklearn.discriminant_analysis import QuadraticDiscriminantAnalysis
2 model = QuadraticDiscriminantAnalysis()
3 model.fit(X, y)
```

QuadraticDiscriminantAnalysis(priors=None, reg\_param=0.0,  
store\_covariance=False, tol=0.0001)

```
1 x = [[0, 0]]
2 p = model.predict_proba(x)[0]
3 plt.subplot(211)
4 plt.scatter(X.T[0], X.T[1], s=10)
5 plt.scatter(x[0][0], x[0][1], c='k', s=100, marker='x')
6 plt.title("Test data")
7
8 plt.subplot(212)
9 plt.bar(model.classes_, p)
10 plt.title("Conditional probability distribution")
11 plt.xticks(model.classes_, ["$P(y=0|x_{test})$", "$P(y=1|x_{test})$"])
12 plt.tight_layout()
13 plt.show()
```



# 나이브베이지스

2절. 분류분석 모형



## 나이브 가정(naïve assumption)

- ▶ 독립변수  $x$ 가  $D$ 차원이라고 가정했을 경우  $x=(x_1, \dots, x_D)$
- ▶ 가능도함수는  $x_1, \dots, x_D$ 의 결합확률이 됨  
 $P(x \mid y=k) = P(x_1, \dots, x_D \mid y=k)$
- ▶ 원리상으로는  $y=k$ 인 데이터만 모아서 이 가능도함수의 모양을 추정할 수 있음
- ▶ 그러나 차원  $D$ 가 커지면 가능도 함수의 추정이 현실적으로 어려워지기 때문에 나이브베이지스 분류모형에서는 **모든 차원의 개별 독립변수가 서로 조건부독립(conditional independent)**이라는 가정을 사용



## 사이킷런은 3가지 나이브베이지스 모형을 클래스를 제공

- ▶ GaussianNB: 정규분포 나이브베이지스 ; 연속형 실수
- ▶ BernoulliNB: 베르누이분포 나이브베이지스 : 0또는 1 이진데이터
- ▶ MultinomialNB: 다항분포 나이브베이지스 : 이산형 데이터

```
sklearn.naive_bayes.MultinomialNB(*,  
    alpha=1.0, fit_prior=True, class_prior=None)
```



## MultinomialNB

- ▶ 다항분포 가능도 함수를 사용하는 나이브베이지스 모형
- ▶ 다항분포 가능도 모형을 기반으로 하는 나이브베이지스 모형은 주사위를 던진 결과로부터  $1, \dots, K$  중 어느 주사위를 던졌는지를 찾아내는 모형
- ▶ `alpha` : float, 기본값 1.0, Additive(Laplace/Lidstone) smoothing 파라미터
- ▶ `fit_prior` : bool, 기본값 True, 클래스 사전확률을 배울지 여부. False 이면 균일한 prior
- ▶ `class_prior` : (n\_classes,) 모양 배열, 기본값 None, 수업의 사전확률. 지정된 경우 사전(prior) 데이터는 데이터에 따라 조정되지 않음

# 나이브베이지즈

## 2절. 분류분석 모형

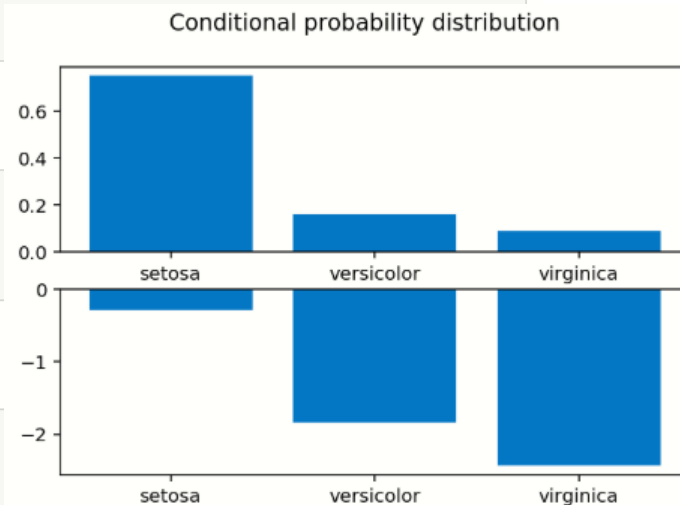
```
1 from sklearn.naive_bayes import MultinomialNB
2 model = MultinomialNB()
3 model.fit(X, y)
```

```
MultinomialNB(alpha=1.0, class_prior=None, fit_prior=True)
```

```
1 test_X = [[5.0, 3.4, 1.2, 0.25]]
2 model.predict(test_X)
```

```
array(['setosa'], dtype='<U10')
```

```
1 %matplotlib inline
2 import matplotlib.pyplot as plt
3 plt.subplot(211)
4 plt.bar(model.classes_, model.predict_proba(test_X)[0])
5 plt.xticks(model.classes_)
6 plt.subplot(212)
7 plt.bar(model.classes_, model.predict_log_proba(test_X)[0])
8 plt.xticks(model.classes_)
9 plt.suptitle("Conditional probability distribution")
10 plt.show()
11
```





# 확률적 판별모형

2절. 분류분석 모형

조건부확률  $p$ 가  $x$ 에 대한 함수  $f(x)$ 로 표시될 수 있다고 가정하고 그 함수를 찾아내는 방법

$$p(y = k|x) = f(x)$$

로지스틱 회귀(Logistic Regression)와 의사결정나무(Decision Tree)가 있음

# 로지스틱 회귀 모형

2절. 분류분석 모형

종속변수가 이항분포를 따르고 그 모수  $\mu$ 가 독립변수  $x$ 에 의존한다고 가정

$$p(y|x) = \text{Bin}(y; \mu(x), N)$$

종속변수  $y$ 가 0 또는 1인 분류 문제를 풀 때는  $x$ 값을 이용하여  $\mu(x)$ 를 예측한 후 다음 기준에 따라  $\hat{y}$  값을 출력

$$\hat{y} = \begin{cases} 1 & \text{if } \mu(x) \geq 0.5 \\ 0 & \text{if } \mu(x) < 0.5 \end{cases}$$

```
sklearn.linear_model.LogisticRegression(penalty='l2', *,
    dual=False, tol=0.0001, C=1.0,
    fit_intercept=True, intercept_scaling=1,
    class_weight=None, random_state=None,
    solver='lbfgs', max_iter=100,
    multi_class='auto', verbose=0, warm_start=False,
    n_jobs=None, l1_ratio=None)
```

# 로지스틱 회귀 모형

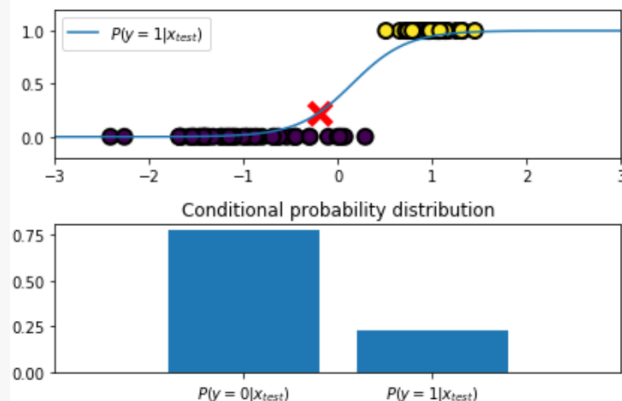
## 2절. 분류분석 모형

```
1 import numpy as np
2 xx = np.linspace(-3, 3, 100)
3 XX = xx[:, np.newaxis]
4 prob = model.predict_proba(XX)[:, 1]
```

분류 예측

```
1 import matplotlib.pyplot as plt
2 %matplotlib inline
3 x_test = [[-0.2]]
4 plt.subplot(211)
5 plt.plot(xx, prob)
6 plt.scatter(X, y, marker='o', c=y, s=100, edgecolor='k', linewidth=2)
7 plt.scatter(x_test[0], model.predict_proba(x_test)[0][1:], marker='x',
8             s=200, c='r', lw=5)
9 plt.xlim(-3, 3)
10 plt.ylim(-.2, 1.2)
11 plt.legend(["$P(y=1|x_{test})$"])
12 plt.subplot(212)
13 plt.bar(model.classes_, model.predict_proba(x_test)[0])
14 plt.xlim(-1, 2)
15 plt.gca().xaxis.grid(False)
16 plt.xticks(model.classes_, ["$P(y=0|x_{test})$", "$P(y=1|x_{test})$"])
17 plt.title("Conditional probability distribution")
18 plt.tight_layout()
19 plt.show()
```

시각화



여러 가지 규칙을 순차적으로 적용하면서 독립변수 공간을 분할하는 분류 모형

분류(classification)와 회귀분석(regression)에 모두 사용될 수 있으므로  
CART(Classification And Regression Tree)라고도 함



## 의사결정나무를 이용한 분류법

- ▶ 여러가지 독립변수 중 하나의 독립변수를 선택하고 그 독립변수에 대한 기준값(threshold)을 정함(최적의 분류 규칙을 찾는 방법이 있어야함)
- ▶ 전체 학습 데이터 집합(부모 노드)을 해당 독립변수의 값이 기준값보다 작은 데이터 그룹(자식 노드 1)과 해당 독립변수의 값이 기준값보다 큰 데이터 그룹(자식 노드 2)으로 나눔
- ▶ 각각의 자식 노드에 대해 1~2의 단계를 반복하여 하위의 자식 노드를 만듦. 단, 자식 노드에 한가지 클래스의 데이터만 존재한다면 더 이상 자식 노드를 나누지 않고 중지함
- ▶ 자식 노드 나누기를 연속적으로 적용하면 노드가 계속 증가하는 나무(tree)와 같은 형태로 표현할 수 있음



### 분류 규칙을 정하는 방법

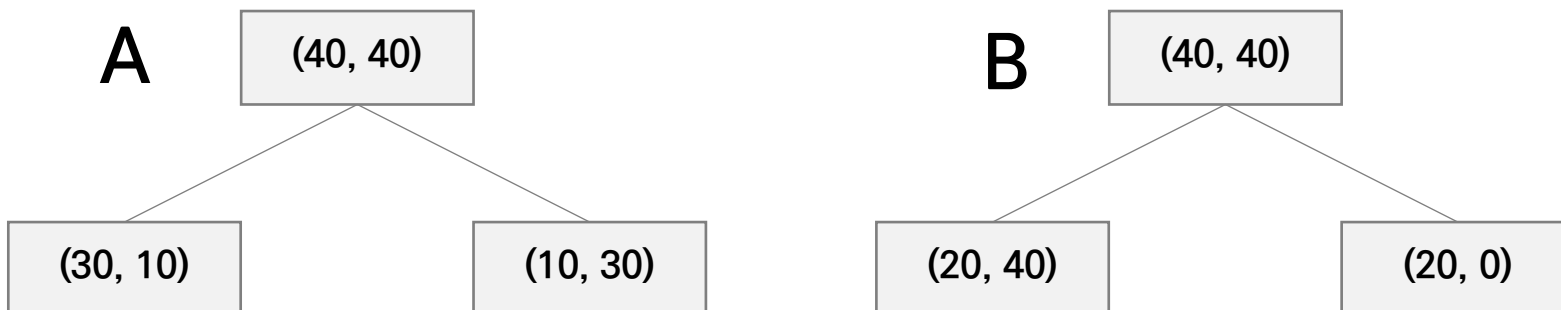
- ▶ 부모 노드와 자식 노드 간의 엔트로피를 가장 낮게 만드는 최상의 독립변수와 기준값을 찾는 것
- ▶ 이러한 기준을 정량화한 것이 정보획득량(information gain)
- ▶ 정보획득량(information gain)은 X라는 조건에 의해 확률변수 Y의 엔트로피가 얼마나 감소하였는가를 나타내는 값

$$H[Y] = - \sum_i y_i' \log(y_i)$$

- ▶ Y의 엔트로피에서 X에 대한 Y의 조건부 엔트로피를 뺀 값으로 정의

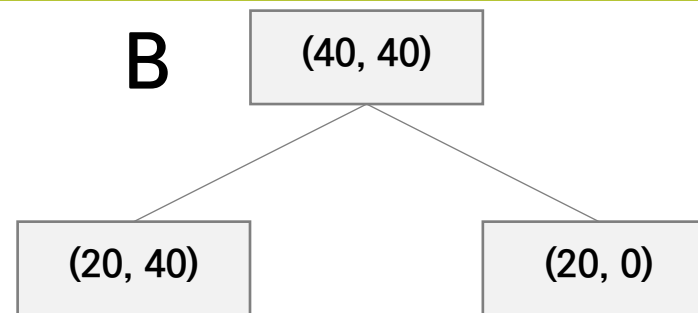
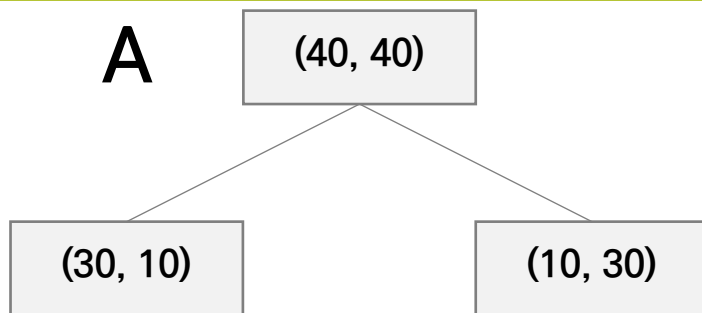
$$IG[Y, X] = H[Y] - H[Y|X]$$

아래 두 분류 중 더 좋은 방법은?



# 의사결정나무

2절. 분류분석 모형



$$H[Y] = -\frac{1}{2}\log_2\left(\frac{1}{2}\right) - \frac{1}{2}\log_2\left(\frac{1}{2}\right) = \frac{1}{2} + \frac{1}{2} = 1$$

부모 노드의 엔트로피

**A**

$$H[Y|X = X_1] = -\frac{3}{4}\log_2\left(\frac{3}{4}\right) - \frac{1}{4}\log_2\left(\frac{1}{4}\right) = 0.81$$

$$H[Y|X = X_2] = -\frac{1}{4}\log_2\left(\frac{1}{4}\right) - \frac{3}{4}\log_2\left(\frac{3}{4}\right) = 0.81$$

$$H[Y|X] = \frac{1}{2}H[Y|X = X_1] + \frac{1}{2}H[Y|X = X_2] = 0.81$$

$$IG = H[Y] - H[Y|X] = 0.19$$

**B**

$$H[Y|X = X_1] = -\frac{1}{3}\log_2\left(\frac{1}{3}\right) - \frac{2}{3}\log_2\left(\frac{2}{3}\right) = 0.92$$

$$H[Y|X = X_2] = 0$$

$$H[Y|X] = \frac{3}{4}H[Y|X = X_1] + \frac{1}{4}H[Y|X = X_2] = 0.69$$

$$IG = H[Y] - H[Y|X] = 0.31$$

```
sklearn.tree.DecisionTreeClassifier(*, criterion='gini',  
                                     splitter='best', max_depth=None,  
                                     min_samples_split=2, min_samples_leaf=1,  
                                     min_weight_fraction_leaf=0.0, max_features=None,  
                                     random_state=None, max_leaf_nodes=None,  
                                     min_impurity_decrease=0.0,  
                                     min_impurity_split=None, class_weight=None,  
                                     presort='deprecated', ccp_alpha=0.0)
```

# 의사결정나무

## 2절. 분류분석 모형

- 의사결정모형을 만듦, Depth는 1로 설정

```
1 from sklearn.datasets import load_iris
2 data = load_iris()
3 X = data.data[:, 2:]
4 y = data.target
5 feature_names = data.feature_names[2:]
```

```
1 from sklearn.tree import DecisionTreeClassifier
2
3 dt_model = DecisionTreeClassifier(criterion='entropy', max_depth=1, random_state=0)
4 dt_model.fit(X, y)
```

```
DecisionTreeClassifier(class_weight=None, criterion='entropy', max_depth=1,
                        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')
```



# 의사결정나무

## 2절. 분류분석 모형

- 의사결정모형의 분류 과정을 트리로 시각화

```
1 import io
2 from sklearn.tree import export_graphviz
3 # conda install graphviz
4 import pydot # pip install pydot
5 from IPython.core.display import Image
```

```
1 def draw_decision_tree(model, feature_names):
2     dot_buf = io.StringIO()
3     export_graphviz(model, out_file=dot_buf, feature_names=feature_names)
4     graph = pydot.graph_from_dot_data(dot_buf.getvalue())[0]
5     image = graph.create_png()
6     return Image(image)
```

# 의사결정나무

## 2절. 분류분석 모형

- 의사결정모형에 의해 데이터의 영역이 어떻게 나눠졌는지 시각화

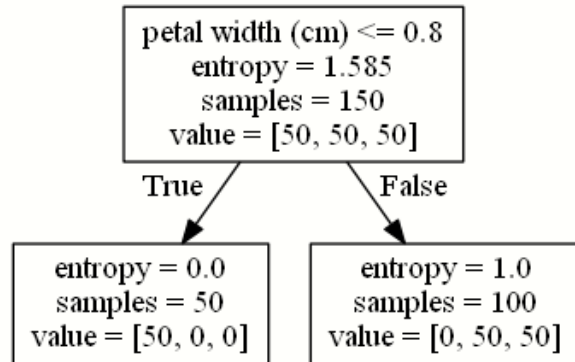
```
1 import numpy as np
2 import matplotlib as mpl
3 import matplotlib.pyplot as plt
4
5 def plot_decision_regions(X, y, model, title):
6     species = ['setosa', 'versicolor', 'virginica']
7     resolution = 0.01
8     markers = ('s', '^', 'o')
9     colors = ('red', 'blue', 'lightgreen')
10    cmap = mpl.colors.ListedColormap(colors)
11
12    x1_min, x1_max = X[:, 0].min() - 1, X[:, 0].max() + 1
13    x2_min, x2_max = X[:, 1].min() - 1, X[:, 1].max() + 1
14    xx1, xx2 = np.meshgrid(np.arange(x1_min, x1_max, resolution),
15                           np.arange(x2_min, x2_max, resolution))
16    Z = model.predict(
17        np.array([xx1.ravel(), xx2.ravel()]).T).reshape(xx1.shape)
18
19    plt.contour(xx1, xx2, Z, cmap=mpl.colors.ListedColormap(['k']))
20    plt.contourf(xx1, xx2, Z, alpha=0.4, cmap=cmap)
21    plt.xlim(xx1.min(), xx1.max())
22    plt.ylim(xx2.min(), xx2.max())
23
24    for idx, cl in enumerate(np.unique(y)):
25        plt.scatter(x=X[y == cl, 0], y=X[y == cl, 1], alpha=0.8,
26                    c=[cmap(idx)], marker=markers[idx], s=80, label=species[cl])
27
28    plt.xlabel(data.feature_names[2])
29    plt.ylabel(data.feature_names[3])
30    plt.legend(loc='upper left')
31    plt.title(title)
32
33    return Z
```

# 의사결정나무

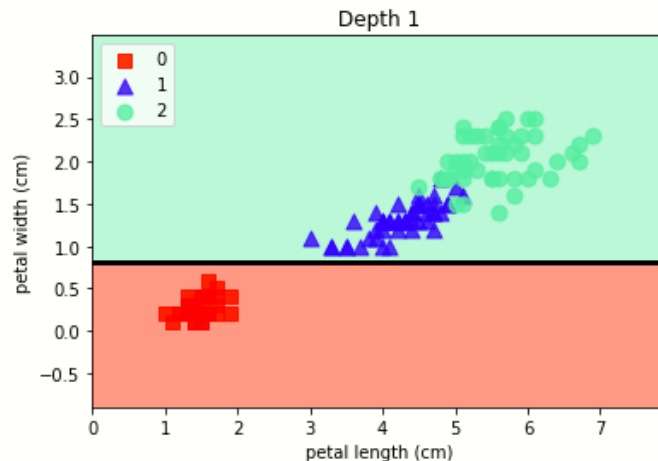
## 2절. 분류분석 모형

```
1 draw_decision_tree(dt_model, feature_names=data.feature_names[2:])
```

- max\_depth=1인 모형



```
1 plot_decision_regions(X, y, dt_model, "Depth 1")  
2 plt.show()
```

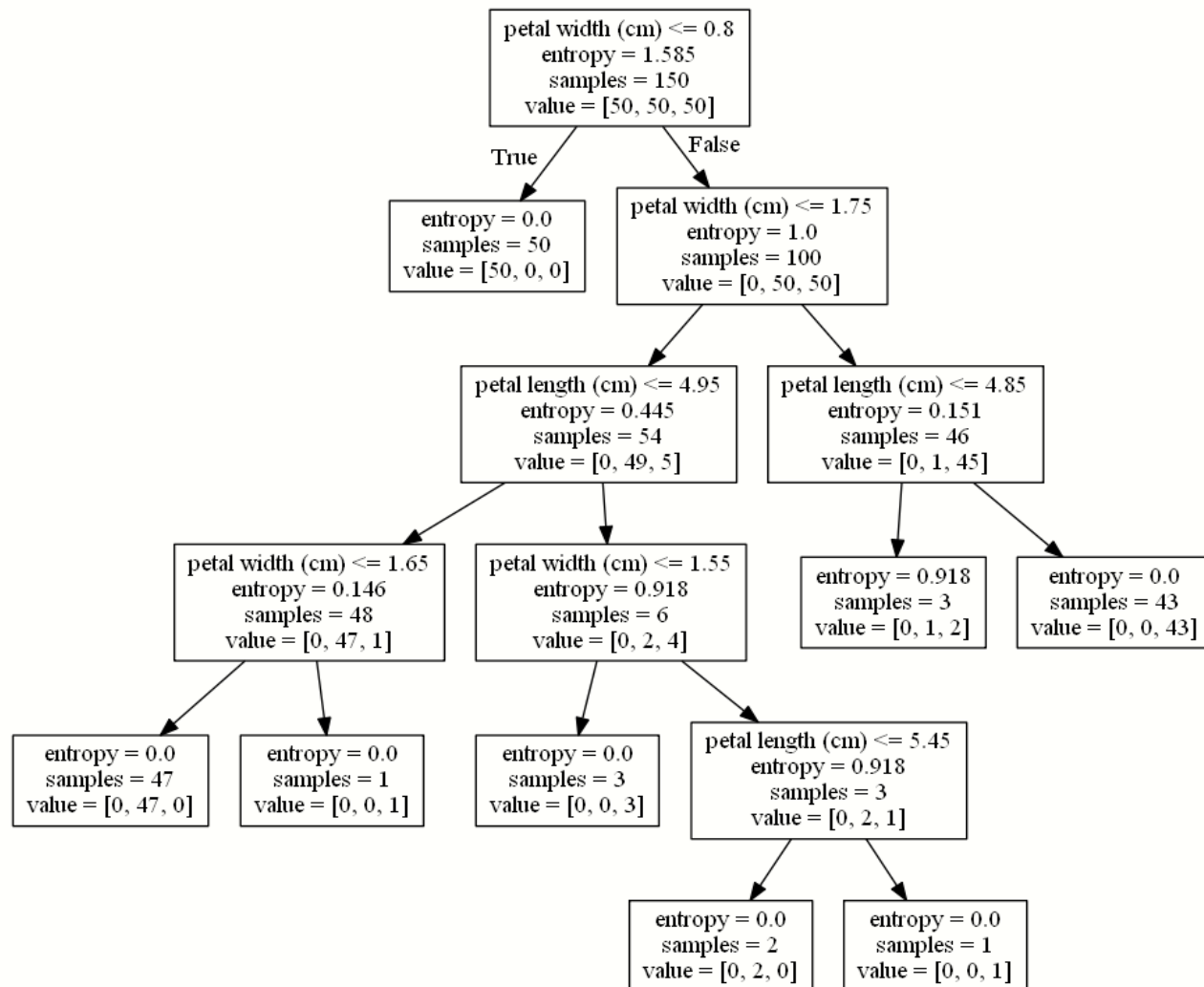


# 의사결정나무

## 2절. 분류분석 모형

```
1 draw_decision_tree(dt_model5, feature_names=data.feature_names[2:])
```

- max\_depth=5인 모형

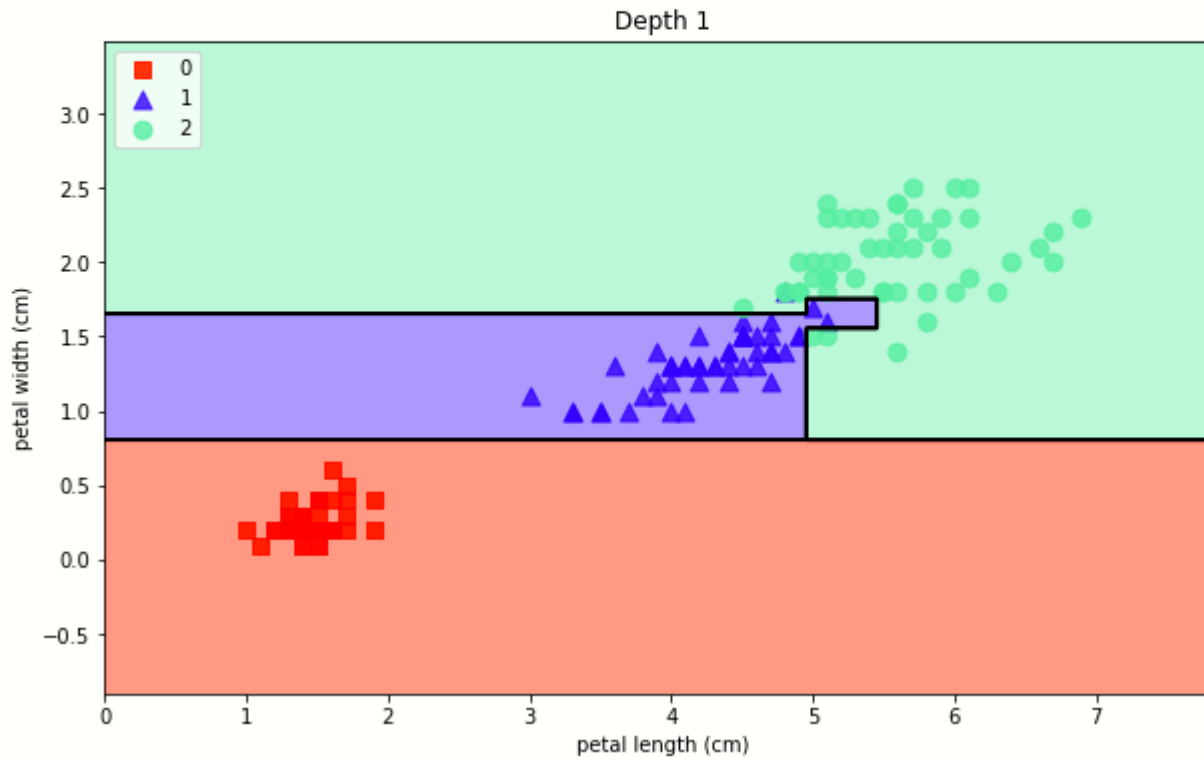


# 의사결정나무

## 2절. 분류분석 모형

```
1 plt.figure(figsize=(10,6))
2 plot_decision_regions(X, y, dt_model5, "Depth 1")
3 plt.show()
```

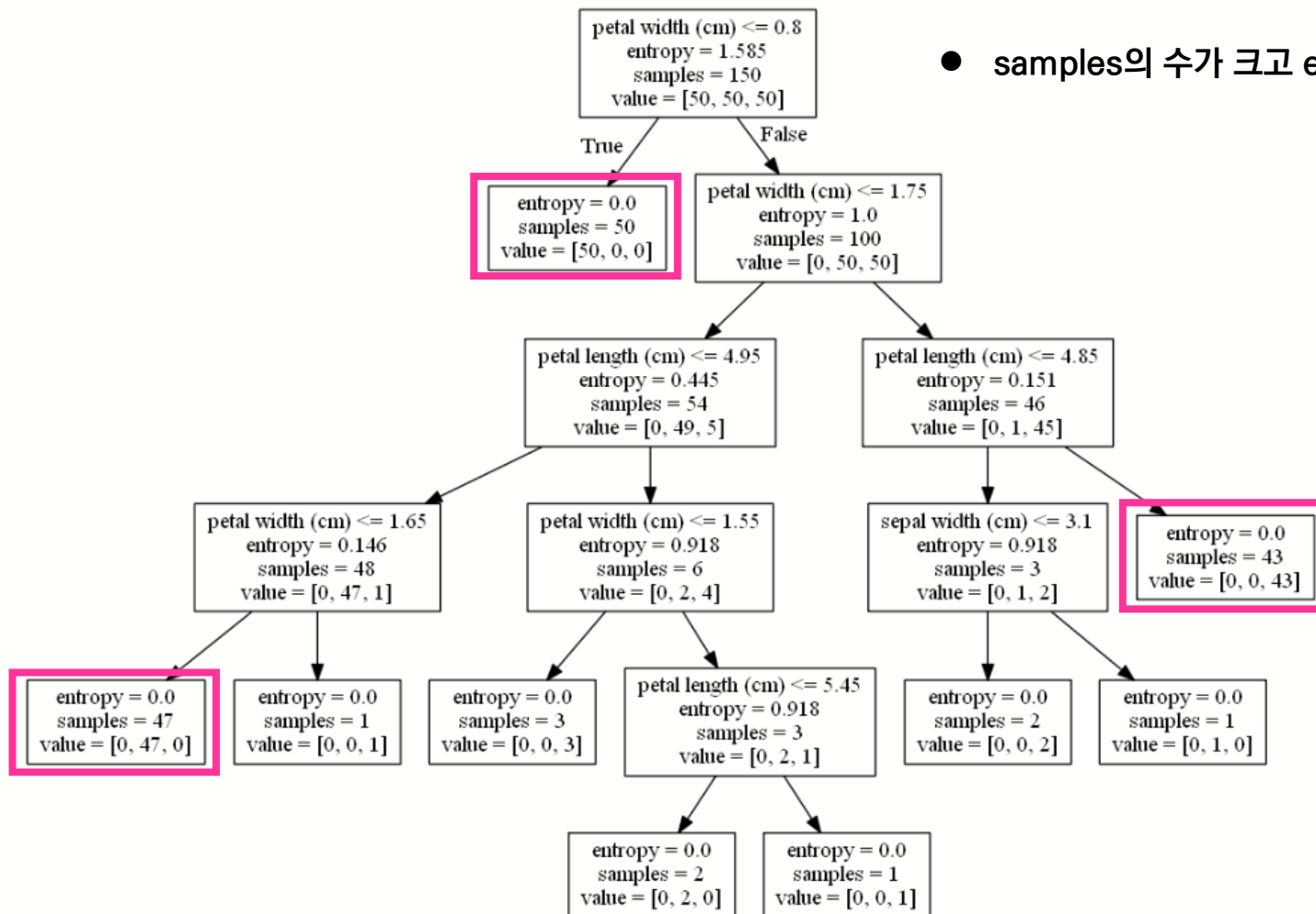
- max\_depth=5인 모형



# 의사결정나무

## 2절. 분류분석 모형

```
1 draw_decision_tree(dt_model6, feature_names=data.feature_names)
```



● samples의 수가 크고 entropy가 작은 노드를 찾으면...

**Sample**의 수가 크고,  
**entropy**가 작은 노드를 찾고  
그 노드까지 내려오는 상위 노드들의 변수의 값 범위를 통해  
분류에 영향을 주는 변수와 값의 범위를 알 수 있음

# 판별함수 기반 모형

2절. 분류분석 모형

동일한 클래스가 모여 있는 영역과 그 영역을 나누는 경계면(boundary plane)을 정의

이 경계면은 경계면으로부터의 거리를 계산하는 형태의 함수인 판별함수로 정의됨

클래스는 판별함수값의 부호에 따라 나뉨(경계선  $f(x)=0$ , 클래스 1  $f(x)>0$ , 클래스 0  $f(x)<0$ )

Scikit-learn의 판별함수 모형은 판별함수 값을 출력하는 `decision_function()`을 제공

퍼셉트론, 커널 SVM, 인공신경망 모형 등이 있음

# 퍼셉트론

## 2절. 분류분석 모형

- 퍼셉트론(Perceptron)은 가장 단순한 판별함수 모형
- 판별함수(discriminant function) 기반 모형은 동일한 클래스가 모여 있는 영역과 그 영역을 나누는 경계면(boundary plane)을 정의
- 이 경계면은 경계면으로부터의 거리를 계산하는 형태의 함수인 판별함수로 정의
- Scikit-learn에서 판별함수 기반 모형은 판별함수 값을 출력하는 `decision_function()` 함수를 제공

```
1 from sklearn.datasets import load_iris
2 import numpy as np
3 iris = load_iris()
4 idx = np.in1d(iris.target, [0, 2])
5 X = iris.data[idx, 0:2]
6 y = iris.target[idx]
```

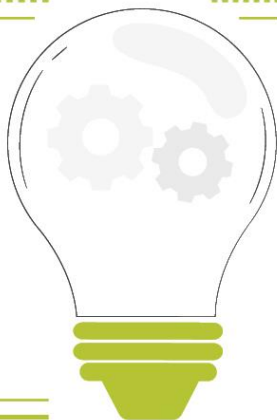
분류를 위한 데이터셋

```
1 from sklearn.linear_model import Perceptron
2 model = Perceptron(max_iter=100, eta0=0.1, random_state=1).fit(X, y)
```

퍼셉트론 모형



# 머신러닝을 이용한 데이터 분석



## 3장. 분류분석



## 3절. 인공지능망

# 인공신경망

## 3절. 인공신경망

### 인공지능의 역사 및 딥러닝의 혁신

~1990년 : 이론 정립

~2000년 : 구현 시도

~2010년 : 본격 시도

2010년~ : 혁신의 시작  
(딥러닝 기반의 인공지능)

시대별 한계 : - 컴퓨팅의 한계로 제안된 이론 구현의 어려움 - 데이터의 한계로 현실 문제 해결하지 못함 - 알고리즘의 한계로 완성도 부족

#### 혁신적 알고리즘 제안



Geoffrey Hinton  
(Univ. of Toronto,  
Google)

- 혁신적 딥러닝 이론 제안(2006년)
- 실제 구현으로 혁신적 성능 증명
- 이미지 인식 대회인 ImageNet Challenge에서 압도적 성능으로 우승(2012년)

#### 컴퓨팅 파워 발전



- CPU는 고성능화와 함께 저가격화

#### 데이터 폭증



- 2020년 데이터의 크기는 40ZB (40조 GB) 크기

# 인공신경망

## 3절. 인공신경망



### 인간의 뉴런(neuron)

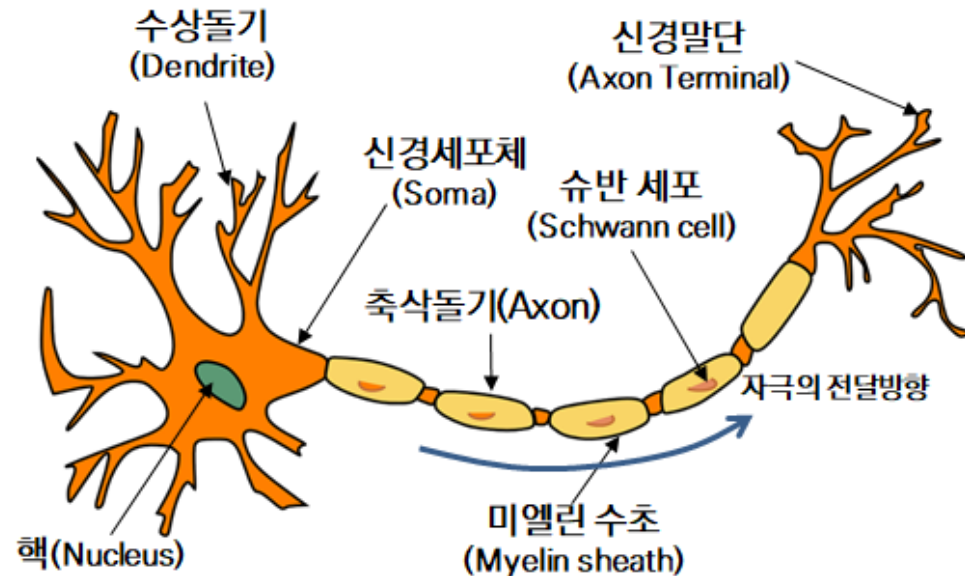
- ▶ 시냅스(synapse)를 통해 뉴런간 신호를 전달
- ▶ 각 뉴런은 수상돌기(dendrite)를 통해 입력 신호를 받음
- ▶ 입력 신호가 특정크기(threshold) 이상인 경우에만 활성화 되어 축삭돌기(axon)을 통해 다음 뉴런으로 전달



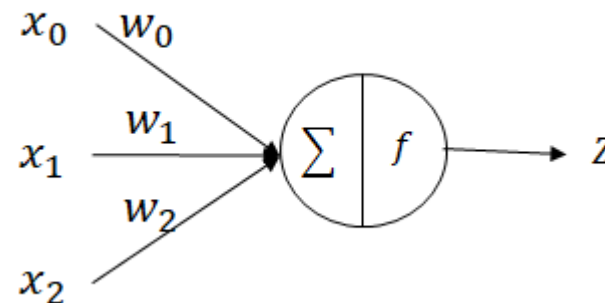
### 인공 뉴런(노드; node)

- ▶ 각 노드는 가중치가 있는 입력 신호를 받음
- ▶ 입력신호는 모두 더한 후, 활성화 함수(activation function)을 적용함
- ▶ 활성화 함수의 값이 특정 값 이상인 경우에만 다음 노드의 입력값으로 전달

인간의 뉴런 구조



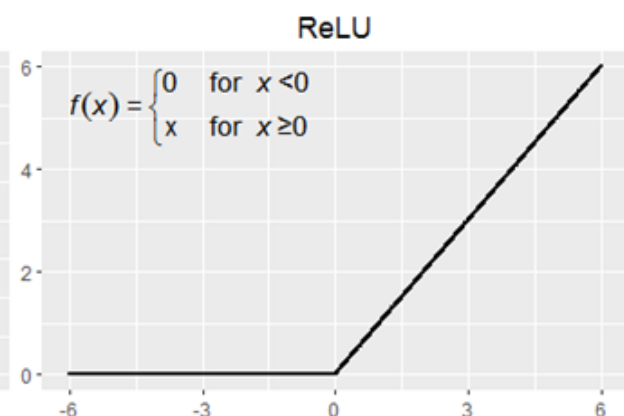
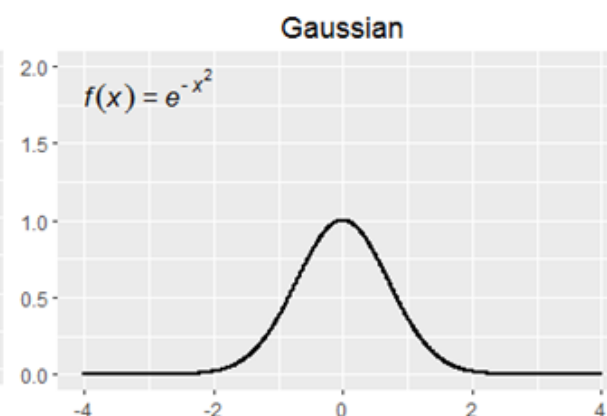
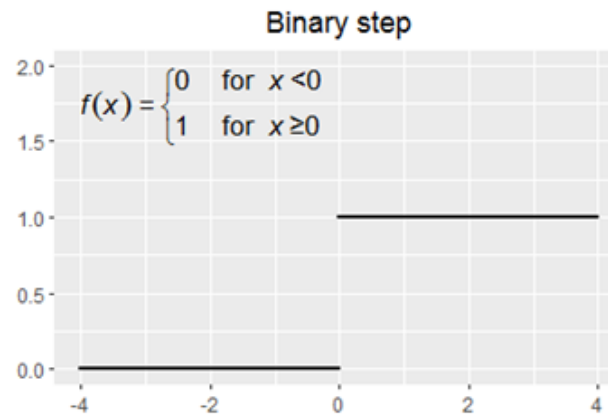
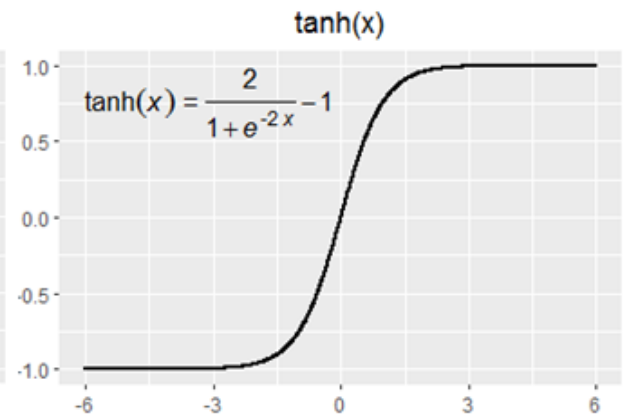
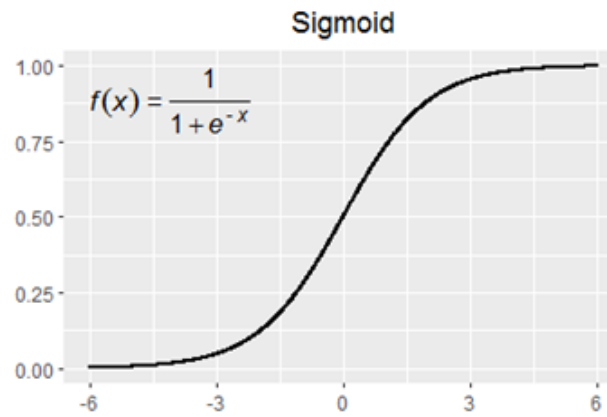
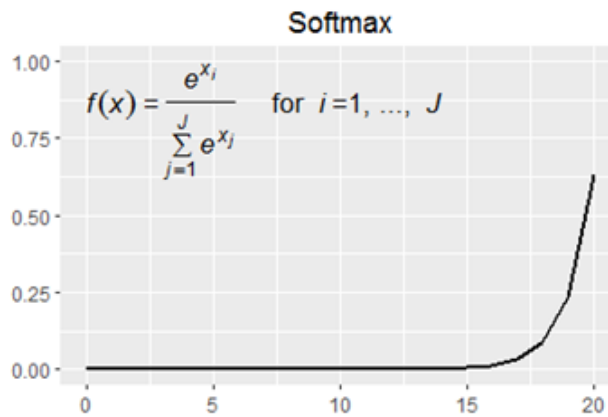
인공 뉴런의 구조



# 활성화 함수(activation function)

## 3절. 인공지능망

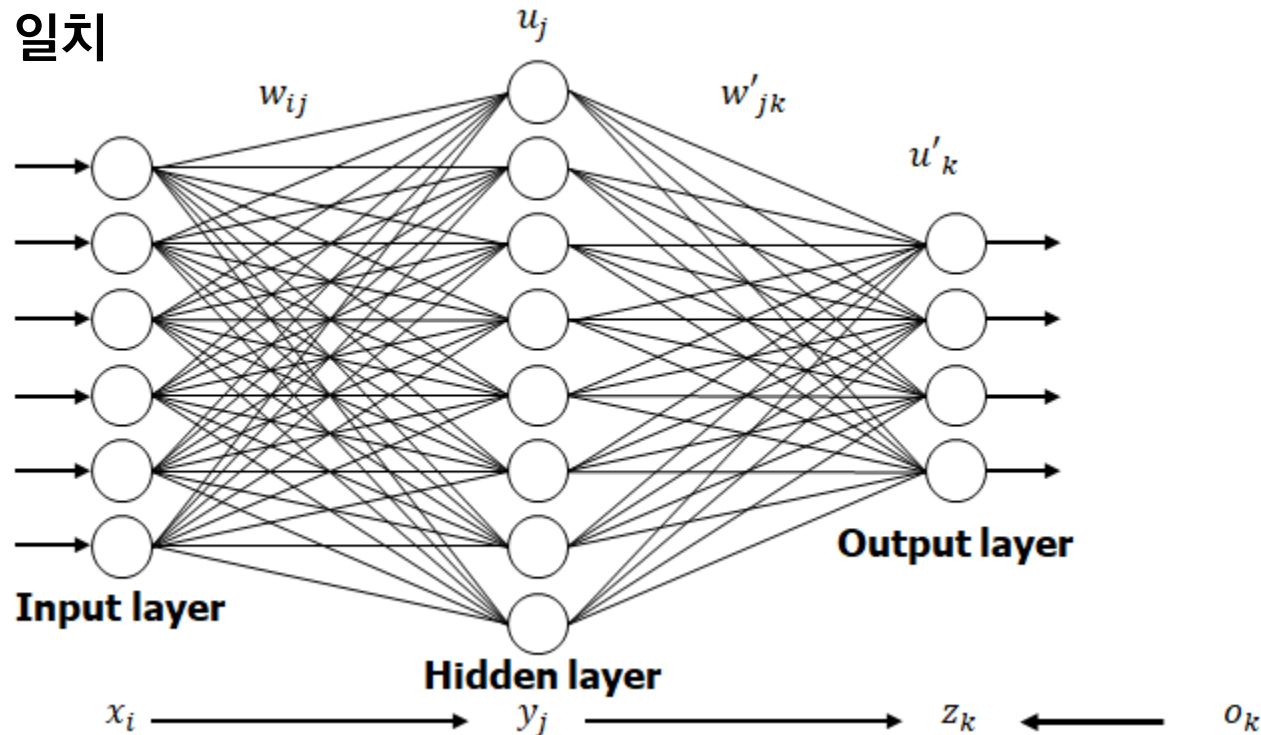
생물학적 뉴런(neuron)에서 입력 신호가 일정 크기 이상일 때만 신호를 전달하는 메커니즘을 모방한 함수



# 인공신경망

## 3절. 인공신경망

- 인공신경망은 입력층(Input layer), 은닉층(Hidden layer), 출력층(Output layer)으로 구성
- 각 층의 뉴런들을 퍼셉트론(Perceptron)이라고 부르기도 함
  - 퍼셉트론(Perceptron)은 인공 뉴런의 한 종류
- 입력층의 뉴런의 수는 입력 데이터의 수이며, 출력층은 분류 문제를 해결할 경우에는 분류의 수와 일치



# 인공신경망 구성요소

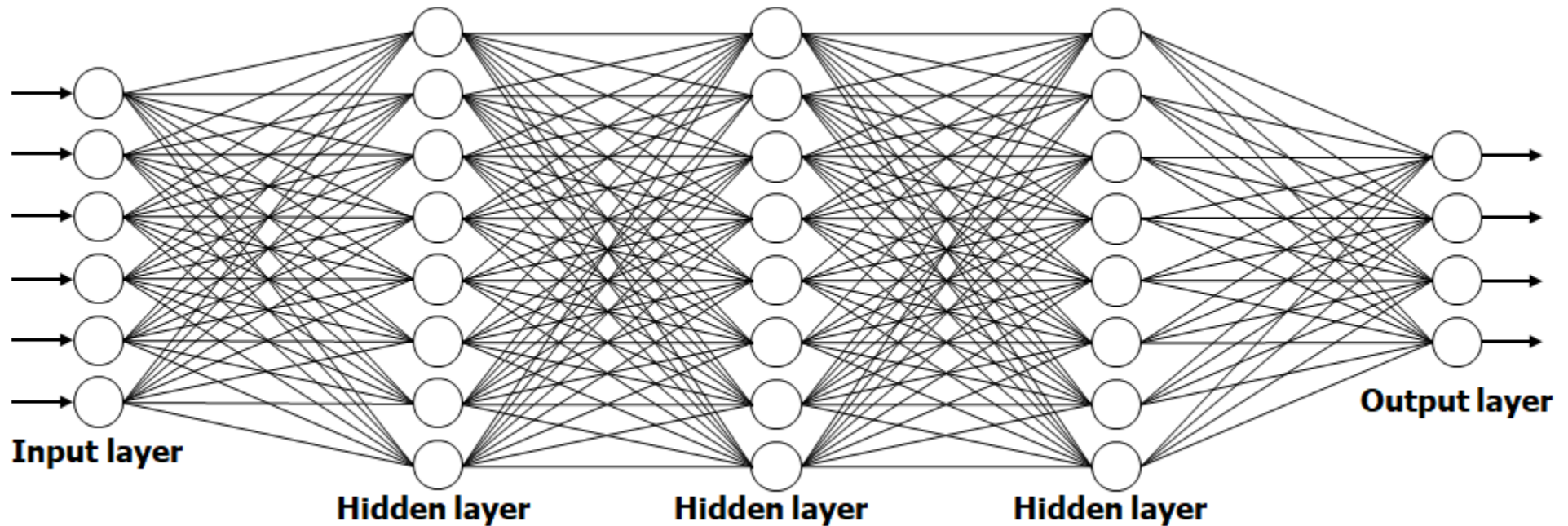
## 3절. 인공신경망

- 입력층(input layer)
  - 입력 값으로 구성된 레이어
  - 학습 데이터셋의 “입력 변수의 개수 노드 + 1”만큼의 노드로 구성
    - 0번째 원소는 바이어스(bias)로 값은 항상 1을 할당
- 출력층(output layer)
  - 모델의 출력값을 만들어 내는 레이어
  - 예) IRIS 품종 분류 문제
    - 멀티 클래스 분류 문제의 경우 소프트맥스(softmax) 함수를 출력함수로 사용
- 은닉층(hidden layer)
  - 입력층과 출력층 사이의 레이어
  - 뉴런(neuron)과 시냅스(synapse)로 구성된 인간의 두뇌를 모방하는 레이어
  - 은닉층으로 들어오는 입력값의 합을 계산한 후 활성화 함수를 적용
  - 활성화 함수 출력이 임계치를 넘지 않을 경우 다음 노드로 0을 전달(신호를 전달하지 않음)
  - 은닉층의 개수와 은닉 노드 개수
  - 너무 적으면 입력 데이터를 제대로 표현하지 못해 모델을 제대로 학습하지 못함
  - 너무 많으면 과적합(overfitting)이 발생하며, 학습 시간도 많이 소모

# 은닉 계층이 3개인 인공신경망

3절. 인공신경망

- 일반적으로 은닉 계층이 3개 이상 들어간 인공 신경망을 DNN
- 실제로 구현된 DNN의 경우에는 이렇게 간단하지 않음
- 은닉 계층이 60~90개 정도로 이뤄진 신경망도 많이 있음

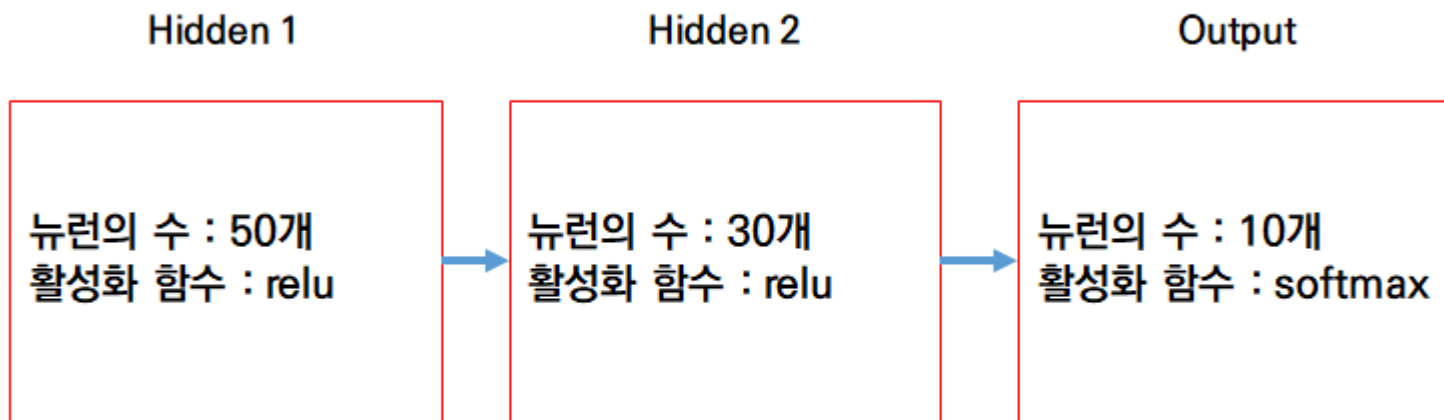




# 딥러닝 인공신경망 네트워크의 간단한 표현

3절. 인공신경망

## DNN Layer



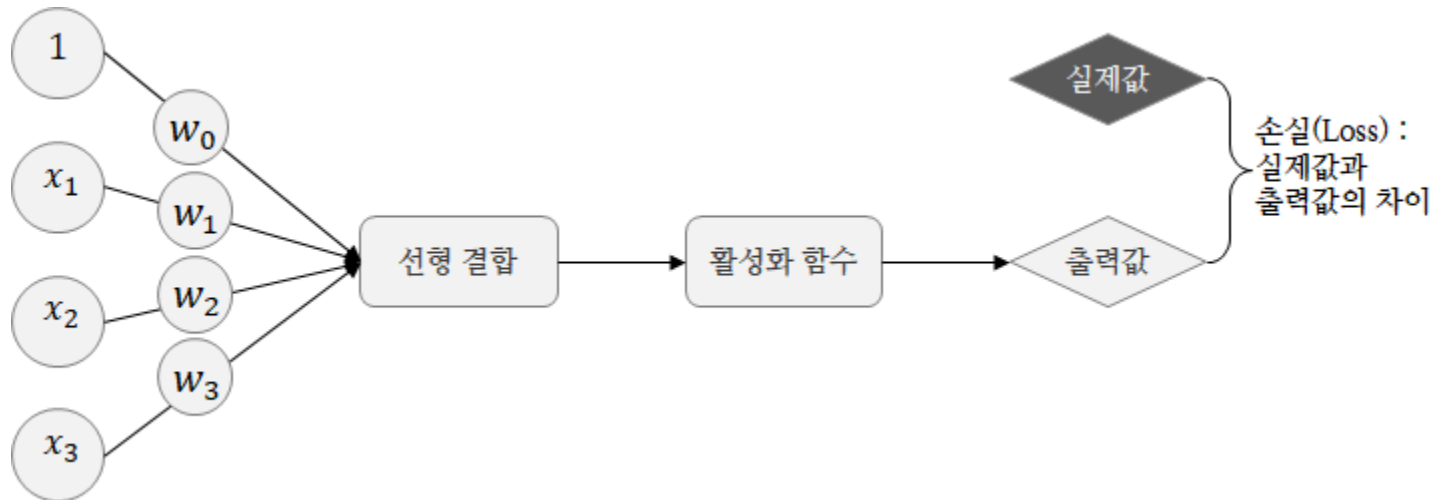
손실 함수 : 크로스엔트로피  
옵티마이저 : 경사하강법, 학습률 : 0.001  
배치 크기 : 100  
학습 횟수 : 200회



# 손실함수

## 3절. 인공지능망

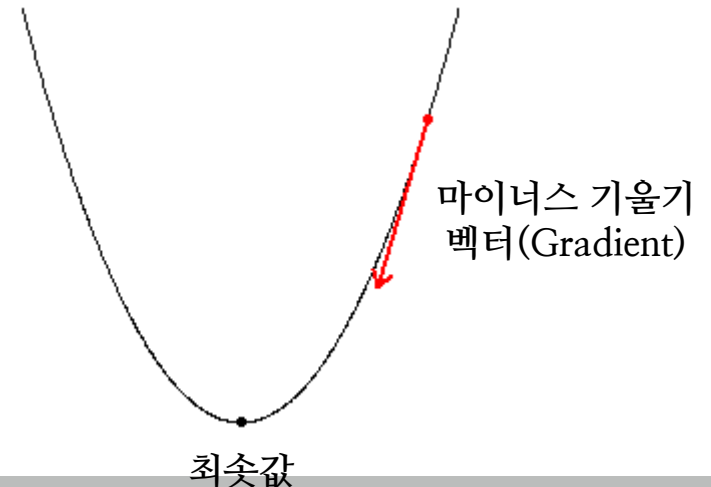
- 인공지능망에서 가중치(Weight)는 학습을 통해 손실(Loss)을 최소화 하는 방향으로 추정
- 추론한 값과 실제 값의 차이를 손실(Loss)로 정의하고 이러한 차이를 표현한 함수를 손실 함수(Loss Function)이라고 함



# 경사하강법

## 3절. 인공신경망

- 손실을 최소화 하는 방향은 기울기 벡터(Gradient)를 통해 정해짐
  - 마이너스 기울기 벡터(Gradient)는 현재 위치에서 함수의 최솟값으로 가는 가장 빠른 방향을 정해 줌
  - 이와 같은 과정을 반복하여 마이너스 기울기 벡터를 따라가게 되면 결국은 해당 함수의 최솟값으로 수렴할 수 있음
  - 이러한 방법을 경사하강법(Gradient Descent)이라고 함
- 인공신경망의 관점에서 설명하며, 학습을 통해 현재 가중치 값에 해당하는 손실함수의 마이너스 기울기 벡터를 구하게 되고 이런 과정을 반복해 손실을 최소화 하는 가중치 값을 추정하게 됨
- 이렇게 추정된 값을 기반으로 모델이 결정 됨



# MLPClassifier

## 3절. 인공신경망

- Scikit-learn 패키지에는 다층신경망을 구현한 클래스
- LBFGS 또는 확률적 경사 하강법(SGD)을 사용하여 로그 손실 함수를 최적화

```
sklearn.neural_network.MLPClassifier(hidden_layer_sizes=(100, ),  
                                     activation='relu', solver='adam', alpha=0.0001,  
                                     batch_size='auto', learning_rate='constant',  
                                     learning_rate_init=0.001, power_t=0.5, max_iter=200,  
                                     shuffle=True, random_state=None, tol=0.0001,  
                                     verbose=False, warm_start=False, momentum=0.9,  
                                     nesterovs_momentum=True, early_stopping=False,  
                                     validation_fraction=0.1, beta_1=0.9, beta_2=0.999,  
                                     epsilon=1e-08, n_iter_no_change=10, max_fun=15000)
```

# MLPClassifier로 분류하기

## 3절. 인공지능망

### iris 데이터 분류하기

```
1 import seaborn as sns
```

```
1 iris = sns.load_dataset("iris")
```

```
1 from sklearn.preprocessing import LabelEncoder  
2 le = LabelEncoder()
```

```
1 le.fit(iris.species)
```

LabelEncoder()

```
1 iris.species = le.transform(iris.species)
```

```
1 from sklearn.model_selection import train_test_split
```

```
1 iris_X = iris.iloc[:, :-1]  
2 iris_y = iris.species # iris.iloc[:, -1]
```

```
1 train_X, test_X, train_y, test_y = \  
2 train_test_split(iris_X, iris_y, test_size=0.3,  
3                 random_state=1)
```

```
1 train_X.shape, test_X.shape
```

((105, 4), (45, 4))

```
1 mlp = MLPClassifier(hidden_layer_sizes=(50,50,30),  
2                      max_iter=500)
```

```
1 mlp.fit(train_X, train_y)
```

```
1 pred = mlp.predict(test_X)
```

```
1 pred
```

```
array([0, 1, 1, 0, 2, 1, 2, 0, 0, 2, 1, 0, 2, 1, 1, 0, 1,  
       2, 0, 0, 1, 2,  
              2, 0, 2, 1, 0, 0, 1, 2, 1, 2, 1, 2, 2, 0, 1, 0, 1,  
       2, 2, 0, 2, 2,  
              1])
```

```
1 mlp.score(test_X, test_y)
```

0.9333333333333333

# 인공신경망 모형의 파라미터

## 3절. 인공신경망



### 인공신경망 모형을 정의할 때에 연구자가 고려해야 할 사항

- ▶ 레이어의 수 : 인공신경망 모형에서 은닉층의 수를 지정하는 것
- ▶ 뉴런의 수 : 입력층의 뉴런의 수는 입력데이터의 변수의 수와 동일해야 하며, 출력층의 뉴런의 수는 분류분석의 경우 분류 레이블의 수이며, 회귀분석의 경우 1개.
- ▶ 활성화 함수 : 각 계층에서 사용할 활성화 함수를 지정하는 것
- ▶ 손실함수 : 예측한 값과 실제 값과의 차이를 계산하는 함수를 지정
- ▶ 옵티마이저 : 손실함수를 최소화 하도록 가중치를 갱신시키기 위한 옵티마이저
- ▶ 학습률 : 옵티마이저가 사용할 학습률
- ▶ 학습 횟수(epoch) : 모든 데이터가 입력되어 가중치가 업데이트 되는 학습 횟수
- ▶ 배치 크기 : 1회 epoch가 학습될 동안 가중치가 업데이트 되어야 하는 입력데이터의 크기(batch\_size)

# Scikit-learn MLPClassifier vs. Tensorflow DNNClassifier

3절. 인공지능망

가장 단순한 피드 포워드 신경망의 구현, 따라서 원칙적으로 동일



## Scikit-learn MLPClassifier

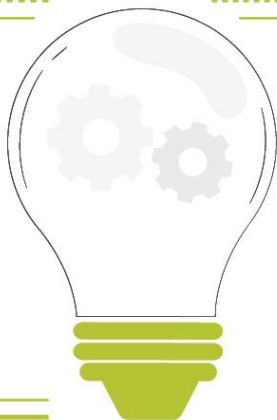
- ▶ Scikit-learn의 개발자들은 보다 전통적인 머신러닝 영역에 초점을 맞추고 딥러닝 영역으로 너무 많이 확장하지 않도록 신중하게 선택했음
- ▶ 작은 크기의 데이터를 이용해서 분류 모형을 만들 수 있지만 그 이상은 쉽지 않음



## Tensorflow DNNClassifier

- ▶ Tensorflow는 딥러닝에 전념하므로 매우 복잡한 딥러닝 모델을 구성 할 수 있음
- ▶ Tensorflow는 LeakyReLU, ELU 등의 보다 복잡한 활성화 함수를 사용하거나 배치 정규화, 드롭아웃 등을 추가

# 머신러닝을 이용한 데이터 분석



## 3장. 분류분석



## 4절. 분류모형 성능평가

# Scikit-learn의 모형 평가 방법

## 4절. 분류모형 성능평가

### 예측 모형의 score 메소드

- 예측 모형들은 `score()` 메소드를 통해 예측 모형을 평가할 수 있는 기본 기준을 제공합니다.

### metrics 함수

- 메트릭(`sklearn.metrics`) 모듈은 분류, 회귀 그리고 군집모형 등 예측 모형의 평가를 위한 함수들을 제공합니다.

### scoring 매개변수

- `sklearn.model_selection` 모듈의 `cross_val_score()` 함수 또는 `GridSearchCV` 클래스 등 교차 검증(cross-validation)을 사용하는 모형 평가 도구들은 내부적으로 scoring 매개변수를 이용해 모형 평가 규칙을 정의합니다.
- scoring 매개변수의 가능한 값은 `sklearn.metrics.SCORERS.keys()` 함수를 통해 알 수 있습니다.



# 사이킷런의 분류모형 성능 평가 함수

4절. 분류모형 성능평가

## 이진 분류 모델에서 사용

함수	설명
<code>precision_recall_curve(y_true, probas_pred)</code>	다른 확률 임계값에 대한 <b>정밀도와 재현율</b> 쌍을 계산
<code>roc_curve(y_true, y_score[, pos_label, ...])</code>	ROC(Receiver operating characteristic)를 계산
<code>balanced_accuracy_score(y_true, y_pred[, ...])</code>	균형 잡힌 정확도를 계산

## 멀티 클래스에서 사용

함수	설명
<code>cohen_kappa_score(y1, y2[, labels, weights, ...])</code>	두 평가자의 평가가 얼마나 일치하는지 평가하는 코헨의 카파(Cohen's kappa)를 계산
<code>confusion_matrix(y_true, y_pred[, labels, ...])</code>	분류 정확도를 평가하기 위한 혼동 행렬을 계산
<code>hinge_loss(y_true, pred_decision[, labels, ...])</code>	평균 힙지 손실(Hinge loss)을 계산
<code>matthews_corrcoef(y_true, y_pred[, ...])</code>	MCC(Matthews correlation coefficient)를 계산

# 사이킷런의 분류모형 성능 평가 함수

## 4절. 분류모형 성능평가

### 멀티 라벨에서 사용

함수	설명
<code>accuracy_score(y_true, y_pred[, normalize, ...])</code>	분류 정확도를 계산합니다.
<code>classification_report(y_true, y_pred[, ...])</code>	분류 평가 보고서를 만듭니다.
<code>f1_score(y_true, y_pred[, labels, ...])</code>	F1 점수를 계산합니다.(balanced F-score 또는 F-measure라고 부릅니다.
<code>fbeta_score(y_true, y_pred, beta[, labels, ...])</code>	F-beta를 계산합니다.
<code>hamming_loss(y_true, y_pred[, labels, ...])</code>	평균 해밍 손실(Hamming loss)을 계산합니다. 해밍 손실은 멀티 클래스 분류에서 가장 널리 사용되는 손실함수입니다.
<code>jaccard_similarity_score(y_true, y_pred[, ...])</code>	자카드 유사도(Jaccard similarity)를 계산합니다.
<code>log_loss(y_true, y_pred[, eps, normalize, ...])</code>	로그 손실(로지스틱 손실 또는 크로스 엔트로피 손실)을 계산합니다.
<code>precision_recall_fscore_support(y_true, y_pred)</code>	각 클래스에 대해 precision, recall, F-measure를 계산합니다.
<code>precision_score(y_true, y_pred[, labels, ...])</code>	정밀도를 계산합니다.
<code>recall_score(y_true, y_pred[, labels, ...])</code>	재현율을 계산합니다.
<code>zero_one_loss(y_true, y_pred[, normalize, ...])</code>	Zero-one 분류 손실을 계산합니다.

# 분류표(혼동 행렬)

4절. 분류모형 성능평가

클래스가 0과 1 두 종류만 있을 경우에 클래스 이름을 "Positive"와 "Negative"로 표시

분류 모형의 예측 결과가 맞은 경우, 즉 Positive를 Positive라고 예측하거나 Negative를 Negative라고 예측한 경우에는 "True"

예측 결과가 틀린 경우, 즉 Positive를 Negative라고 예측하거나 Negative를 Positive라고 예측한 경우에는 "False"

		예측 클래스	
		N	Y
실제 클래스	N	True/Negative 실제 N. 예측 Y	False/Positive 실제 N, 예측 Y
	Y	False/Negative 실제 Y. 예측 Y	True/Positive 실제 Y, 예측 Y

# 분류표 API

4절. 분류모형 성능평가

Scikit-learn 패키지의 `confusion_matrix()` 함수

Pandas 패키지의 `crosstab()` 함수

```
sklearn.metrics.confusion_matrix(y_true, y_pred, labels=None,  
                                   sample_weight=None)
```

```
pandas.crosstab(index, columns, values=None, rownames=None,  
                 colnames=None, aggfunc=None, margins=False,  
                 margins_name='All', dropna=True, normalize=False)
```

```
1 y_true = [1, 1, 0, 0, 2, 1, 0, 2, 2]
2 y_pred = [1, 1, 0, 1, 1, 0, 0, 2, 1]
```

```
1 from sklearn.metrics import confusion_matrix
2 confusion_matrix(y_true, y_pred)
```

```
array([[2, 1, 0],
       [1, 2, 0],
       [0, 2, 1]], dtype=int64)
```

```
1 import pandas as pd
2 df = pd.DataFrame({"y_true":y_true, "y_pred":y_pred})
3 pd.crosstab(df.y_true, df.y_pred, margins=True)
```

y_pred	0	1	2	All
0	2	1	0	3
1	1	2	0	3
2	0	2	1	3
All	3	5	1	9

# 혼동행렬 예

4절. 분류모형 성능평가

		Predicted Target		All
		N(일반 고객)	Y(보험 사기자)	
Actual Target	일반 고객 (Negative)	1613 True/Negative 실제 N. 예측 N	22 False/Positive 실제 N, 예측 Y	1635(91.19%)
	보험 사기자 (Positive)	81 False/Negative 실제 Y. 예측 N	77 True/Positive 실제 Y, 예측 Y	158(8.81%)
All		1694	99	1793

True : 1690

- 실제 일반 고객을 일반 고객(Negative)으로 바르게 분류(True)한 고객의 수가 1613명
- 실제 일반 고객을 보험사기자(Positive)로 틀리게 분류(False)한 고객의 수가 22명
- 실제 보험사기자를 일반 고객(Negative)으로 틀리게 분류(False)한 고객의 수가 81명
- 실제 보험사기자를 보험사기자(Positive)로 바르게 분류(True)한 고객의 수가 77명

# 혼동행렬을 이용한 분류모형 평가

## 4절. 분류모형 성능평가

메트릭	계산식	의미
정확도 (Accuracy)	$(TP+TN)/(TP+FP+FN+TN)$	전체 예측에서 옳은 예측의 비율
정밀도 (Precision)	$TP/(FP+TP)$	Y으로 예측된 것 중 실제로도 Y인 경우의 비율
민감도 (Recall)	$TP/(FN+TP)$	실제로 Y인 것들 중 예측이 Y로 된 경우 비율(=Sensitivity)
특이도 (Specificity)	$TN/(TN+FP)$	실제로 N인 것들 중에서 예측이 N으로 된 경우의 비율(N의 Recall값)
오류율 (FP Rate, fallout)	$FP/(TN+FP)$	Y가 아닌데 Y로 예측된 비율.(=errorrate) $1 - \text{Specificity}$ 와 같은 값
F-measure	$2 * \frac{Precision * Recall}{Precision + Recall}$	Precision과 Recall의 조화 평균. 시스템의 성능을 하나의 수치로 표현하기 위해 사용하는 점수. 0~1사이의 값을 가짐. Precision과 Recall 두 값이 골고루 클 때 큰 값을 가짐.

# 혼동 행렬을 이용한 분류모형 평가

## 4절. 분류모형 성능평가

	CUST_ID	y_true	y_pred
0	37	0	0
1	51	0	0
2	60	0	0
3	65	0	0
4	73	0	0

```
1 from sklearn.metrics import accuracy_score
2 accuracy_score(result.y_true, result.y_pred)
```

0.9425543781372002

$$accuracy = \frac{TP + TN}{TP + TN + FP + FN}$$

```
1 from sklearn.metrics import precision_score
2 precision_score(result.y_true, result.y_pred)
```

0.7777777777777778

$$precision = \frac{TP}{TP + FP}$$



# 혼동행렬을 이용한 분류모형 평가

## 4절. 분류모형 성능평가

```
1 from sklearn.metrics import recall_score
2 recall_score(result.y_true, result.y_pred)
```

$$recall = \frac{TP}{TP + FN}$$

0.4873417721518987

$$specificity = \frac{TN}{TN + FP}$$

```
1 recall_score(result.y_true, result.y_pred, pos_label=0)
```

0.9865443425076452

```
1 specificity = recall_score(result.y_true, result.y_pred, pos_label=0)
2 fallout = 1 - specificity
3 fallout
```

$$fallout = \frac{FP}{TN + FP}$$

0.013455657492354778

```
1 from sklearn.metrics import f1_score
2 f1_score(result.y_true, result.y_pred)
```

$$F1 = \frac{2 \times precision \times recall}{precision + recall}$$

0.5992217898832685

$$F_{\beta} = (1 + \beta^2)(precision \times recall) / (\beta^2 precision + recall)$$

beta값이 2일 경우 Recall의 가중치가 Precision보다 높으며(False Negative를 더 강조),  
0.5일 경우 Precision의 가중치가 Recall보다 더 높음. F1 score는 beta=1일 경우

# ROC 커브를 이용한 성능 비교

4절. 분류모형 성능평가

ROC 커브는 클래스 판별 기준값의 변화에 따른 위양성률(fall-out)과 재현율(recall)의 변화를 시각화한 것

ROC 그래프는 가로축을 False Positive Rate( $1 - \text{True Negative Rate (Specificity, } TN/(TN+FP))$ ) 값의 비율로 하고 세로축을 True Positive Rate(Sensitive(Recall),  $TP/P$ )로 하여 시각화한 그래프



## 분류 모형과 decision\_function()

- ▶ 모든 이진 분류모형은 판별 평면으로부터의 거리에 해당하는 판별함수(discriminant function)를 가지며 판별함수 값이 음수이면 0인 클래스, 양수이면 1인 클래스에 해당
- ▶ 즉 0 이 클래스 판별 기준값이 되는데, ROC 커브는 이 클래스 판별 기준값이 달라진다면 판별 결과가 어떻게 달라지는지를 표현한 것
- ▶ Scikit-Learn의 분류모형을 위한 클래스들은 판별함수 값을 계산하는 decision\_function() 함수를 제공

# roc\_curve()

4절. 분류모형 성능평가

```
sklearn.metrics.roc_curve(y_true, y_score,  
                             pos_label=None, sample_weight=None,  
                             drop_intermediate=True)
```



## 구문에서...

- ▶ `y_true` : array, shape=[n\_samples], 실제 이진 레이블. 레이블이 {-1, 1} 또는 {0, 1}이 아닌 경우 `pos_label`을 명시적으로 제공해야 함
- ▶ `y_score` : array, shape=[n\_samples], 목표 점수, 긍정(Positive) 클래스의 확률 추정치, 신뢰도 값 또는 임계값이 없는 결정값(일부 분류 모델은 "decision\_function"에 의해 반환) 일 수 있음
- ▶ `pos_label` : int 또는 str, 기본값=None, 긍정(Positive) 클래스의 레이블. `pos_label=None`인 경우 `y_true`가 {-1, 1} 또는 {0, 1}에 있으면 `pos_label`이 1로 설정되고 그렇지 않으면 오류가 발생함
- ▶ `sample_weight` : (n\_samples,) 모양 배열 형식, 기본값=None, 샘플 가중치
- ▶ `drop_intermediate` : boolean, 기본값=True, ROC 곡선에 나타나지 않는 일부 차선의 임계값을 제거할 지 여부. 더 가벼운 ROC 곡선을 만드는 데 유용함. 0.17에 추가.
- ▶ 이 함수의 반환 값
  - `fpr` : 증가하는 False Positive Rate, `tpr` : 증가하는 True Positive Rate
  - `threshold` : `fpr`과 `tpr`을 계산하는데 사용되는 의사결정(decision\_function) 함수의 감소하는 임계값. `threshold[0]`은 예측되는 인스턴스가 없음을 나타내며 임의로 `max(y_score) + 1`로 설정됨

# 두 모형의 혼동 행렬이 같을 경우...

4절. 분류모형 성능평가

```
1 from sklearn.datasets import make_classification
```

```
1 X, y = make_classification(n_samples=1000, weights=[0.95,0.05],  
2                             random_state=5)
```

```
1 from sklearn.linear_model import LogisticRegression  
2 from sklearn.svm import SVC
```

```
1 model1 = LogisticRegression().fit(X, y)
```

```
1 model2 = SVC(gamma=0.0001, C=3000, probability=True).fit(X,y)
```

```
1 pred1 = model1.predict(X)  
2 pred2 = model2.predict(X)
```

```
1 pd.crosstab(y, pred1)
```

col_0	0	1
row_0		
0	940	3
1	30	27

```
1 pd.crosstab(y, pred2)
```

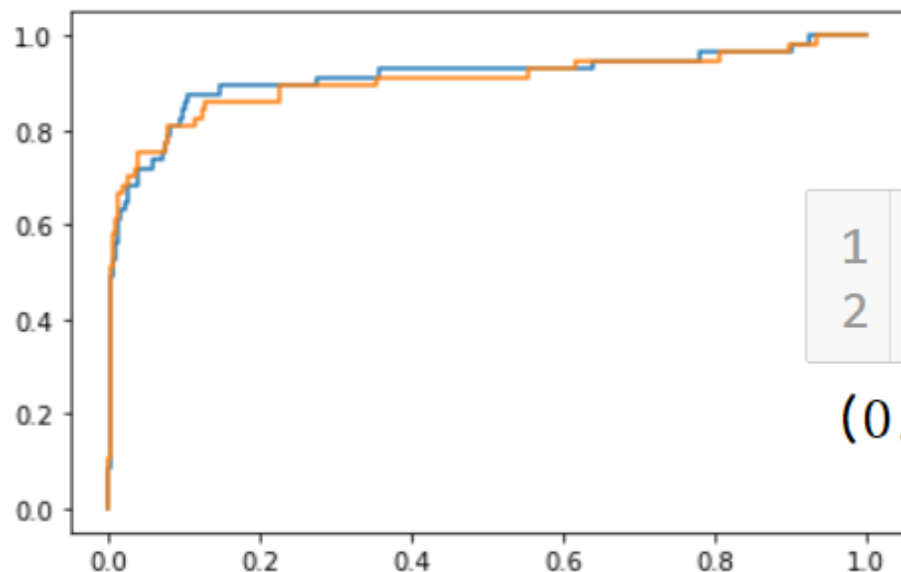
col_0	0	1
row_0		
0	940	3
1	30	27

# ROC 커브를 이용한 성능 비교

4절. 분류모형 성능평가

```
1 from sklearn.metrics import roc_curve
2 fpr1, tpr1, thr1 = roc_curve(y, model1.decision_function(X))
3 fpr2, tpr2, thr2 = roc_curve(y, model2.decision_function(X))
```

```
1 plt.plot(fpr1, tpr1)
2 plt.plot(fpr2, tpr2)
3 plt.show()
```



```
1 from sklearn.metrics import auc
2 auc(fpr1, tpr1), auc(fpr2, tpr2)
```

(0.9112202563673234, 0.9037227214377407)

# 다중 클래스의 ROC 커브 – 레이블 이진화

4절. 분류모형 성능평가

```
1 from sklearn.datasets import load_iris
2 iris = load_iris()
```

```
1 from sklearn.preprocessing import label_binarize
```

```
1 iris_X = iris.data
```

```
1 iris_y = label_binarize(iris.target, [0,1,2])
```

```
1 iris_y
```

```
array([[1, 0, 0],
       [1, 0, 0],
       [1, 0, 0],
       [1, 0, 0],
       [1, 0, 0],
```

# 다중 클래스의 ROC 커브

## 4절. 분류모형 성능평가

```
1 from sklearn.naive_bayes import GaussianNB
```

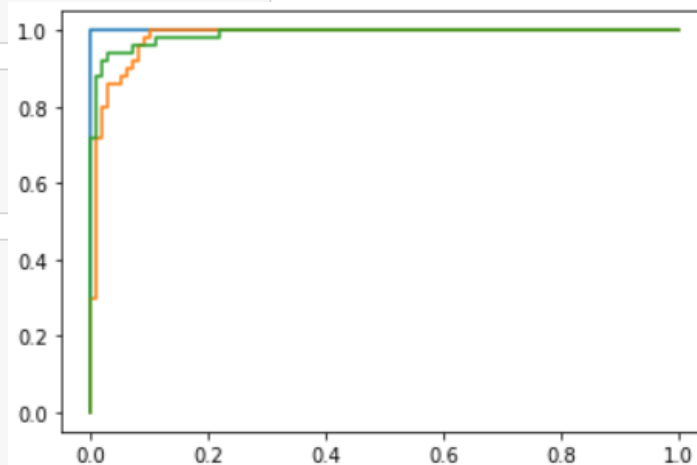
```
1 gnb_model0 = GaussianNB().fit(iris_X, iris_y[:,0])  
2 gnb_model1 = GaussianNB().fit(iris_X, iris_y[:,1])  
3 gnb_model2 = GaussianNB().fit(iris_X, iris_y[:,2])
```

```
1 fpr0, tpr0, thr0 = roc_curve(iris_y[:,0],  
2                             gnb_model1.predict_proba(iris_X)[:,1])
```

```
1 fpr1, tpr1, thr1 = roc_curve(iris_y[:,1],  
2                             gnb_model1.predict_proba(iris_X)[:,1])
```

```
1 fpr2, tpr2, thr2 = roc_curve(iris_y[:,2],  
2                             gnb_model2.predict_proba(iris_X)[:,1])
```

```
1 plt.plot(fpr0, tpr0)  
2 plt.plot(fpr1, tpr1)  
3 plt.plot(fpr2, tpr2)  
4 plt.show()
```



1. **winequality-red** 데이터의 와인 등급을 분류하는 모델을 구현하고 가장 좋은 모델을 판단하세요 (<https://archive.ics.uci.edu/ml/machine-learning-databases/wine-quality/winequality-red.csv> )
  - 확률적 모형(**QuadraticDiscriminantAnalysis, MultinomialNB, DecisionTreeClassifier, LogisticRegression**) 클래스와 판별함수 모형(**SVC, MLPClassifier, Perceptron**) 클래스를 한개씩 선택하여 구현하세요.
  - 모델 학습 후 교차분류표와 **accuracy, precision, recall**, 특이도, 위양성률, **f1 score**를 출력하세요. **ROC** 커브의 **auc(Area Under Curve)** 값을 포함해서 가장 성능이 좋은 분류모형을 판단하세요



# 연습문제

## 5절. 연습문제

다음 표는 **Wine Quality** 데이터 셋 변수에 대한 설명입니다

No	변수명	변수설명
1	fixed acidity	결합산도
2	volatile acidity	휘발성 산도
3	citric acid	구연산
4	residual sugar	발효 후 와인 속에 남아있는 당분
5	chlorides	염화물
6	free sulfur dioxide	유리 이산화황
7	total sulfur dioxide	총 이산화황
8	density	밀도
9	pH	산도
10	sulphates	황산염
11	alcohol	알코올
12	quality	와인 등급(0~10사이의 점수)