



AI를 이용한 식용 버섯 분류

2019108265 컴퓨터공학전공 양진석

목차

- | | | | |
|---|----------|---|------------|
| 1 | 개요 및 필요성 | 4 | 모델 학습 |
| 2 | 데이터셋 | 5 | 모델 분석 및 비교 |
| 3 | 데이터 분석 | 6 | 결론 |

01

|

개요 및 필요성

개요 및 필요성

뉴스포스트 · 2023.09.27.

산림당국, 추석 성묘객에 야생 '독버섯' 중독사고 주의 당부

독버섯 중독사고는 독버섯을 식용버섯으로 오인해 섭취하면서 발생한다. 특히 가을철에는 독버섯인 담갈색송이를 식용버섯인 송이로 혼동하는 중독사고가 빈번히 일어난다. 추석 무렵 송이는 소나무 숲에서만 만날 수 ...



무분별한 야생 버섯 채취 금지... 독버섯 중독사고 ... 국제신문 PICK · 2023.09.27. · 네이버뉴스

추석 성묘객·가을철 등산객 증가, 독버섯 중독사고 주의 메디컬투데이 · 2023.09.27.

독버섯 담갈색송이 송이와 자주 헷갈려... 가을철 야생버섯 중독사고 주의 Queen · 2023.09.27.

가을철 '독버섯' 중독사고 비상...산림과학원 "야생 버섯 바로 먹지 말아... UPI뉴스 · 2023.09.27.

관련뉴스 12건 전체보기

뉴스 뉴시스 · 2023.09.13. · 네이버뉴스

"가을철 독버섯 중독사고 조심하세요"

"가을철 독버섯 중독사고 조심하세요!" 충남도 농업기술원은 추석 연휴와 가을 산행철을 맞아 야생 버섯 채취와 섭취에 따른 중독사고에 주의할 것을 강조했다. 기온이 하강하고 습기가 풍부해지는 가을은 버섯이 발생하...



가을철 독버섯 중독사고 조심해야 대전일보 · 2023.09.13. · 네이버뉴스

가을철 독버섯 중독사고 조심하세요! 충청일보 · 2023.09.13.

충남도 농기원, 가을철 독버섯 중독사고 주의 요망 충청뉴스 · 2023.09.13.

가을철 독버섯 중독사고 조심하세요! 불교공뉴스 · 2023.09.13.

매년 일어나는 독버섯 중독 사고

장마철 독버섯 급증

추석, 가을 산행길에 독버섯 노출

개요 및 필요성

"AI로 독버섯 중독 막고 싶어요" 대구시교육청-MS, AI모델 해커톤 실시



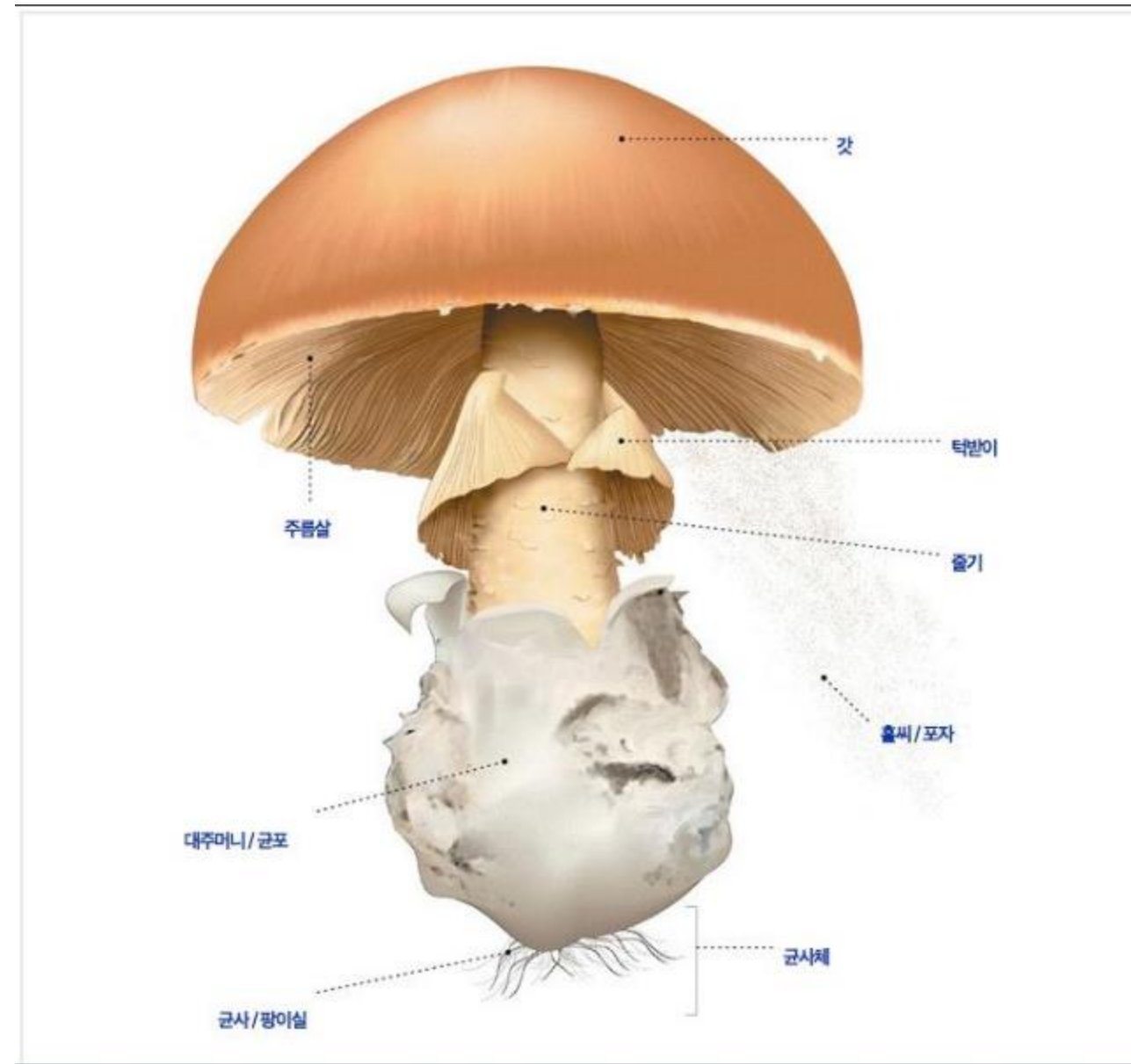
10일 한국마이크로소프트에서 대구 지역 소프트웨어(SW)·인공지능(AI)융합 진로 탐색 학생 동아리 소속 중·고등학생 60여 명이 SW-AI융합 동아리 AI모델 해커톤에 참가했다. 대구시교육청 제공

02

|

데이터셋

데이터셋





데이터셋

▲ class		▲ cap-shape		▲ cap-surface		▲ cap-color		✓ bruises	
edible=e, poisonous=p		bell=b,conical=c,convex=x,flat=f, knobbed=k,sunken=s		fibrous=f,grooves=g,scaly=y,smooth=s		brown=n,buff=b,cinnamon=c,gray=g,green=r,pink=p,purple=u,red=e,white=w,yellow=y		bruises=t,no=f	
e	52%	x	45%	y	40%	n	28%	true 0 0%	
p	48%	f	39%	s	31%	g	23%	false 0 0%	
Other (1316)		Other (1316)	16%	Other (2324)	29%	Other (4000)	49%		

▲ odor		✓ gill-attachment		▲ gill-spacing		▲ gill-size		▲ gill-color	
almond=a,anise=l,creosote=c,fishy=y,foul=f,musty=m,none=n,pungent=p,spicy=s		attached=a, descending=d, free=f, notched=n		close=c,crowded=w,distant=d		broad=b,narrow=n		black=k,brown=n,buff=b, chocolate=h,gray=g, green=r,orange=o,pink=p, purple=u,red=e,white=w,yellow=y	
n	43%	true 0 0%		c	84%	b	69%	b	21%
f	27%	false 0 0%		w	16%	n	31%	p	18%
Other (2436)								Other (4904)	60%

데이터셋

class : 독성 유무

cap-shape : 머리 모양

cap-surface : 머리 표면

cap-color : 머리 색상

bruises : 버섯의 멍 유무

odor : 냄새

gill-attachment : 주름 부착 방식

gill-spacing : 주름 사이의 간격

gill-size : 주름 크기

gill-color : 주름 색상

stalk-shpae : 줄기 모양

stalk-root : 줄기의 뿌리 부분 모양

데이터셋

stalk-surface-above-ring : 턱받이 위의 줄기 표면 ring-number : 턱받이의 수

stalk-surface-below-ring : 턱받이 아래의 줄기 표면 ring-type : 턱받이의 종류

stalk-color-above-ring : 턱받이 위의 줄기 색상 spore-print-color : 포자 자국의 색상

stalk-color-below-ring : 턱받이 아래의 줄기 색상 population : 개체군의 분포 형태

veil-type : 버섯의 부착물 종류 habitat : 버섯이 자라는 환경

veil-color : 버섯 부착물의 색상

03

|

데이터분석

데이터분석

```
# 수학 및 과학 계산을 위한 라이브러리
import numpy as np
#데이터 조작 및 분석을 위한 라이브러리
import pandas as pd
#데이터 시각화 도구 중 하나로, 통계 그래픽 생성
import seaborn as sns
#시각화 도구 중 하나로, 그래프 및 차트를 생성
import matplotlib.pyplot as plt
```

주요 라이브러리 호출

데이터분석

```
df = pd.read_csv('../input/mushroom-classification/mushrooms.csv')
df.head()
```

	class	cap-shape	cap-surface	cap-color	bruises	odor	gill-attachment	gill-spacing	gill-size	gill-color	...	stalk-surface-below-ring	stalk-color-above-ring	stalk-color-below-ring	veil-type	veil-color	ring-number	ring-type	spore-print-color	population	habitat
0	p	x	s	n	t	p	f	c	n	k ...		s	w	w	p	w	o	p	k	s	u
1	e	x	s	y	t	a	f	c	b	k ...		s	w	w	p	w	o	p	n	n	g
2	e	b	s	w	t	l	f	c	b	n ...		s	w	w	p	w	o	p	n	n	m
3	p	x	y	w	t	p	f	c	n	n ...		s	w	w	p	w	o	p	k	s	u
4	e	x	s	g	f	n	f	w	b	k ...		s	w	w	p	w	o	e	n	a	g

5 rows × 23 columns

csv 파일을 읽어와 DataFrame으로 저장
head()함수를 통해 DataFrame의 처음 다섯 행을 표시

데이터분석

```
df.info()

<class 'pandas.core.frame.DataFrame'>
RangeIndex: 8124 entries, 0 to 8123
Data columns (total 23 columns):
 #   Column                                Non-Null Count  Dtype
---  -
 0   class                                8124 non-null   object
 1   cap-shape                             8124 non-null   object
 2   cap-surface                           8124 non-null   object
 3   cap-color                             8124 non-null   object
 4   bruises                              8124 non-null   object
 5   odor                                 8124 non-null   object
 6   gill-attachment                       8124 non-null   object
 7   gill-spacing                          8124 non-null   object
 8   gill-size                             8124 non-null   object
 9   gill-color                            8124 non-null   object
10  stalk-shape                           8124 non-null   object
11  stalk-root                            8124 non-null   object
12  stalk-surface-above-ring              8124 non-null   object
13  stalk-surface-below-ring              8124 non-null   object
14  stalk-color-above-ring                8124 non-null   object
15  stalk-color-below-ring                8124 non-null   object
16  veil-type                             8124 non-null   object
17  veil-color                            8124 non-null   object
18  ring-number                           8124 non-null   object
19  ring-type                             8124 non-null   object
...
21  population                            8124 non-null   object
22  habitat                              8124 non-null   object
dtypes: object(23)
memory usage: 1.4+ MB
```

데이터프레임은 8123개의 행과 6개의 열로 이루어짐

데이터타입을 보여줌과
동시에 결측치 유무를 보여줌

전체 데이터프레임이 약 1.4MB의 메모리는 차지

데이터분석

```
df['class'].replace(to_replace=['e','p'], value=['edible','poisonous'],inplace=True)
df['cap-shape'].replace(to_replace=['b','c','f','x','k','s'], value=['bell','conical','convex','flat','knobbed','sunken'],inplace=True)
df['cap-surface'].replace(to_replace=['f','g','y','s'], value=['fibrous','grooves','scaly','smooth'],inplace=True)
df['cap-color'].replace(to_replace=['n','b','c','g','r','p','u','e','w','y'], value=['brown','buff','cinnamon','gray','green','pink','purple','red','white','yellow'],inplace=True)
df['bruises'].replace(to_replace=['t','f'], value=['bruises','no'],inplace=True)
df['odor'].replace(to_replace=['a','l','c','y','f','m','n','p','s'], value=['almond','anise','creosote','fishy','foul','musty','none','pungent','spicy'],inplace=True)
df['gill-attachment'].replace(to_replace=['a','d','f','n'], value=['attached','descending','free','notched'],inplace=True)
df['gill-spacing'].replace(to_replace=['c','w','d'], value=['close','crowded','distant'],inplace=True)
df['gill-size'].replace(to_replace=['b','n'], value=['broad','narrow'],inplace=True)
df['gill-color'].replace(to_replace=['k','n','b','h','g','r','o','p','u','e','w','y'], value=['black','brown','buff','chocolate','gray','green','orange','pink','purple','red','white','yellow'],inplace=True)
df['stalk-shape'].replace(to_replace=['e','t'], value=['enlarging','tapering'],inplace=True)
df['stalk-root'].replace(to_replace=['b','c','u','e','z','r','?'], value=['bulbous','club','cup','equal','rhizomorphs','rooted','missing'],inplace=True)
df['stalk-surface-above-ring'].replace(to_replace=['f','y','k','s'], value=['fibrous','scaly','silky','smooth'],inplace=True)
df['stalk-surface-below-ring'].replace(to_replace=['f','y','k','s'], value=['fibrous','scaly','silky','smooth'],inplace=True)
df['stalk-color-above-ring'].replace(to_replace=['n','b','c','g','o','p','e','w','y'], value=['brown','buff','cinnamon','gray','orange','pink','red','white','yellow'],inplace=True)
df['stalk-color-below-ring'].replace(to_replace=['n','b','c','g','o','p','e','w','y'], value=['brown','buff','cinnamon','gray','orange','pink','red','white','yellow'],inplace=True)
df['veil-type'].replace(to_replace=['p','u'], value=['partial','universal'],inplace=True)
df['veil-color'].replace(to_replace=['n','o','w','y'], value=['brown','orange','white','yellow'],inplace=True)
df['ring-number'].replace(to_replace=['n','o','t'], value=['none','one','two'],inplace=True)
df['ring-type'].replace(to_replace=['c','e','f','l','n','p','s','z'], value=['cobwebby','evanescent','flaring','large','none','pendant','sheathing','zone'],inplace=True)
df['spore-print-color'].replace(to_replace=['k','n','b','h','r','o','u','w','y'], value=['black','brown','buff','chocolate','green','orange','purple','white','yellow'],inplace=True)
df['population'].replace(to_replace=['a','c','n','s','v','y'], value=['abundant','clustered','numerous','scattered','several','solitary'],inplace=True)
df['habitat'].replace(to_replace=['g','l','m','p','u','w','d'], value=['grasses','leaves','meadows','paths','urban','waste','woods'],inplace=True)
```

데이터 값을 명확하게 표시

데이터분석

df.head()

	class	cap-shape	cap-surface	cap-color	bruises	odor	gill-attachment	gill-spacing	gill-size	gill-color	...	stalk-surface-below-ring	stalk-color-above-ring	stalk-color-below-ring	veil-type	veil-color	ring-number	ring-type	spore-print-color	population	habitat
0	poisonous	flat	smooth	brown	bruises	pungent	free	close	narrow	black	...	smooth	white	white	partial	white	one	pendant	black	scattered	urban
1	edible	flat	smooth	yellow	bruises	almond	free	close	broad	black	...	smooth	white	white	partial	white	one	pendant	brown	numerous	grasses
2	edible	bell	smooth	white	bruises	anise	free	close	broad	brown	...	smooth	white	white	partial	white	one	pendant	brown	numerous	meadows
3	poisonous	flat	scaly	white	bruises	pungent	free	close	narrow	brown	...	smooth	white	white	partial	white	one	pendant	black	scattered	urban
4	edible	flat	smooth	gray	no	none	free	crowded	broad	black	...	smooth	white	white	partial	white	one	evanescent	brown	abundant	grasses

5 rows × 23 columns

데이터분석

```
df.describe()
```

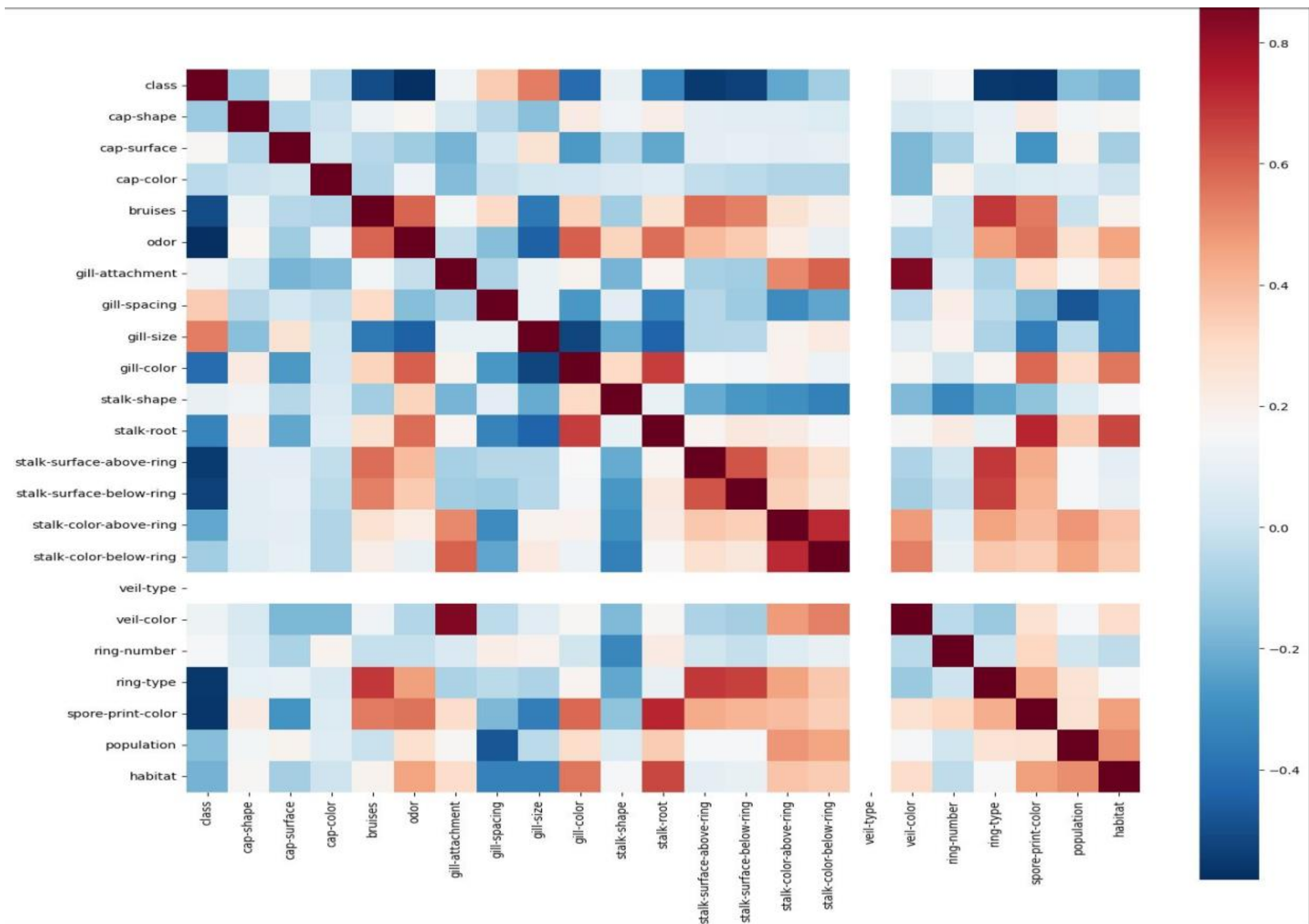
	class	cap-shape	cap-surface	cap-color	bruises	odor	gill-attachment	gill-spacing	gill-size	gill-color	...	stalk-surface-below-ring	stalk-color-above-ring	stalk-color-below-ring	veil-type	veil-color	ring-number	ring-type	spore-print-color	population	habitat
count	8124	8124	8124	8124	8124	8124	8124	8124	8124	8124	...	8124	8124	8124	8124	8124	8124	8124	8124	8124	8124
unique	2	6	4	10	2	9	2	2	2	12	...	4	9	9	1	4	3	5	9	6	7
top	edible	flat	scaly	brown	no	none	free	close	broad	buff	...	smooth	white	white	partial	white	one	pendant	white	several	woods
freq	4208	3656	3244	2284	4748	3528	7914	6812	5612	1728	...	4936	4464	4384	8124	7924	7488	3968	2388	4040	3148

4 rows × 23 columns

count - 해당 열의 총 행 수
unique - 고유값의 수 (중복 X)
top - 최빈값
freq - 최빈값의 빈도

데이터분석

```
corr = df.apply(lambda x : pd.factorize(x)[0]).corr(method='pearson', min_periods=1)
# 프로팅할 히트맵의 크기
plt.figure(figsize=(16,16))
#히트맵으로 시각화
sns.heatmap(corr, cmap = "RdBu_r", vmax=0.9, square=True) # 값이 0.9 초과시 색상이 진해짐, 모양은 정사각형
```



데이터분석

버섯 부속물의 종류는 모두 하얀색??

모든 값이 partial(불완전)로 동일

데이터분석

gill-size - 주름 크기
gill-spacing - 주름 사이의 간격
cap-surface - 머리 표면
ring-number - 턱받이의 수
gill-attachment - 주름 부착 방식
veil-color - 버섯 부속물의 색상
stalk-shape - 줄기 모양

데이터분석

```
IF = corr['class'].sort_values(ascending=False).head(10).to_frame()  
IF.head(8)
```

class와 상관관계가 큰 순서대로
상위 8개의 데이터프레임을 출력



	class
class	1.000000
gill-size	0.540024
gill-spacing	0.348387
cap-surface	0.169663
ring-number	0.152261
gill-attachment	0.129200
veil-color	0.120766
stalk-shape	0.102019

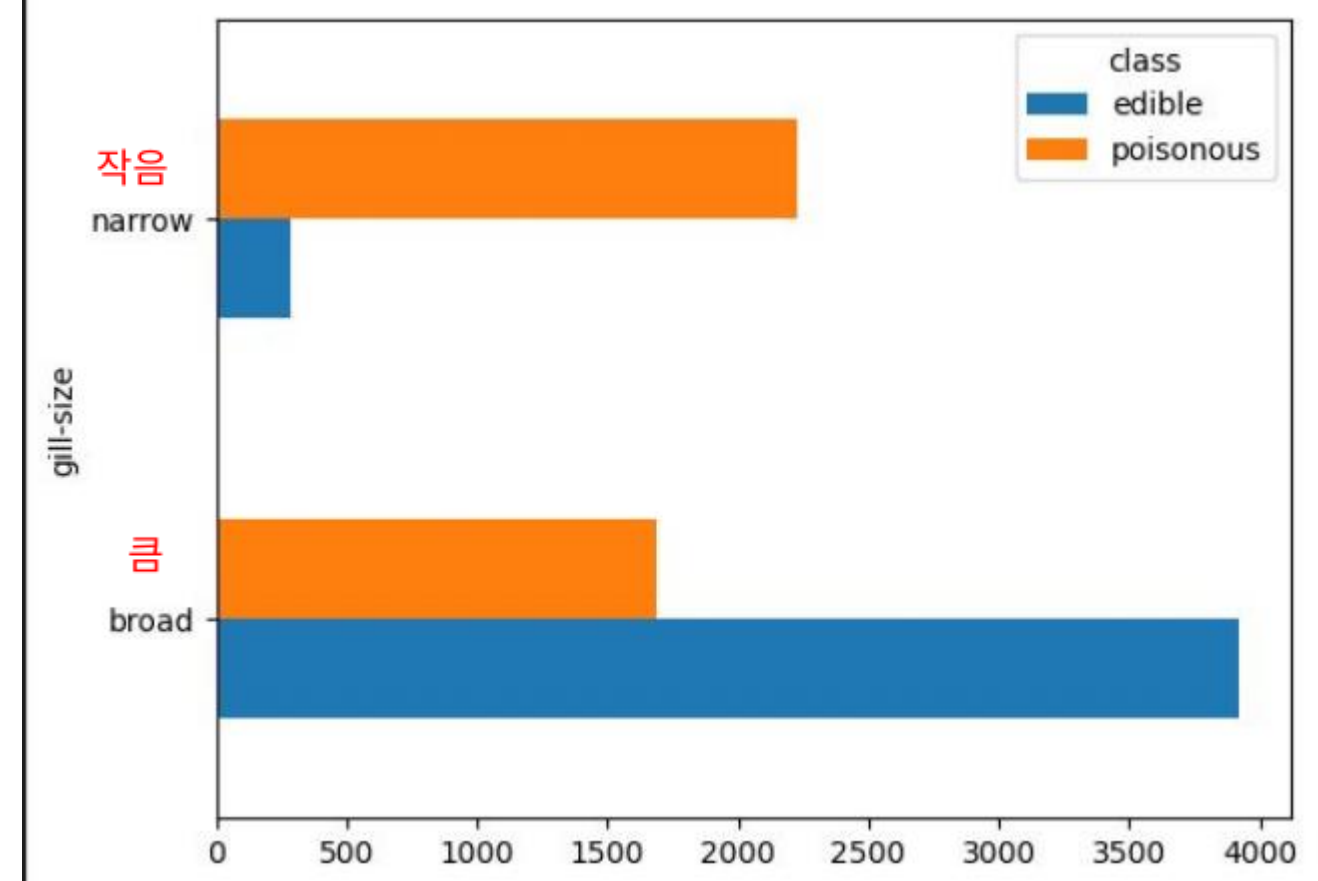
데이터분석(주름 크기)

```
print(df.groupby('gill-size')['class'].value_counts())  
df.groupby('gill-size')['class'].value_counts().unstack().plot.barh()
```



```
gill-size  class  
broad      edible      3920  
           poisonous    1692  
narrow     poisonous    2224  
           edible       288  
Name: count, dtype: int64
```

주름 크기가 작을수록 독성
크기가 클수록 식용이 더 많음

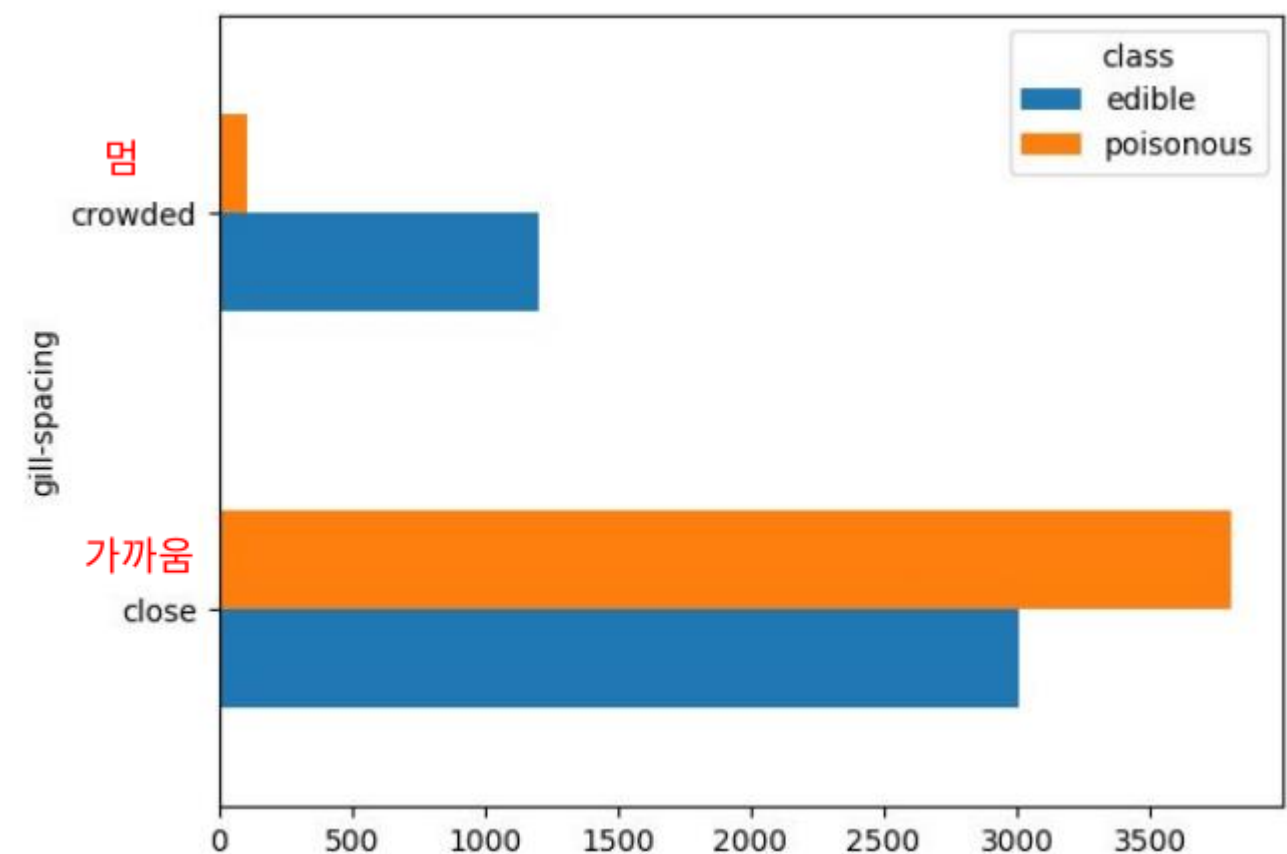


데이터분석(주름 사이 간격)

```
print(df.groupby('gill-spacing')['class'].value_counts())  
df.groupby('gill-spacing')['class'].value_counts().unstack().plot.barh()
```



```
gill-spacing  class  
close        poisonous  3804  
              edible    3008  
crowded      edible    1200  
              poisonous   112  
Name: count, dtype: int64  
<Axes: ylabel='gill-spacing'>
```



주름 사이 간격이 멀수록 식용
가까울수록 독성이 더 많음

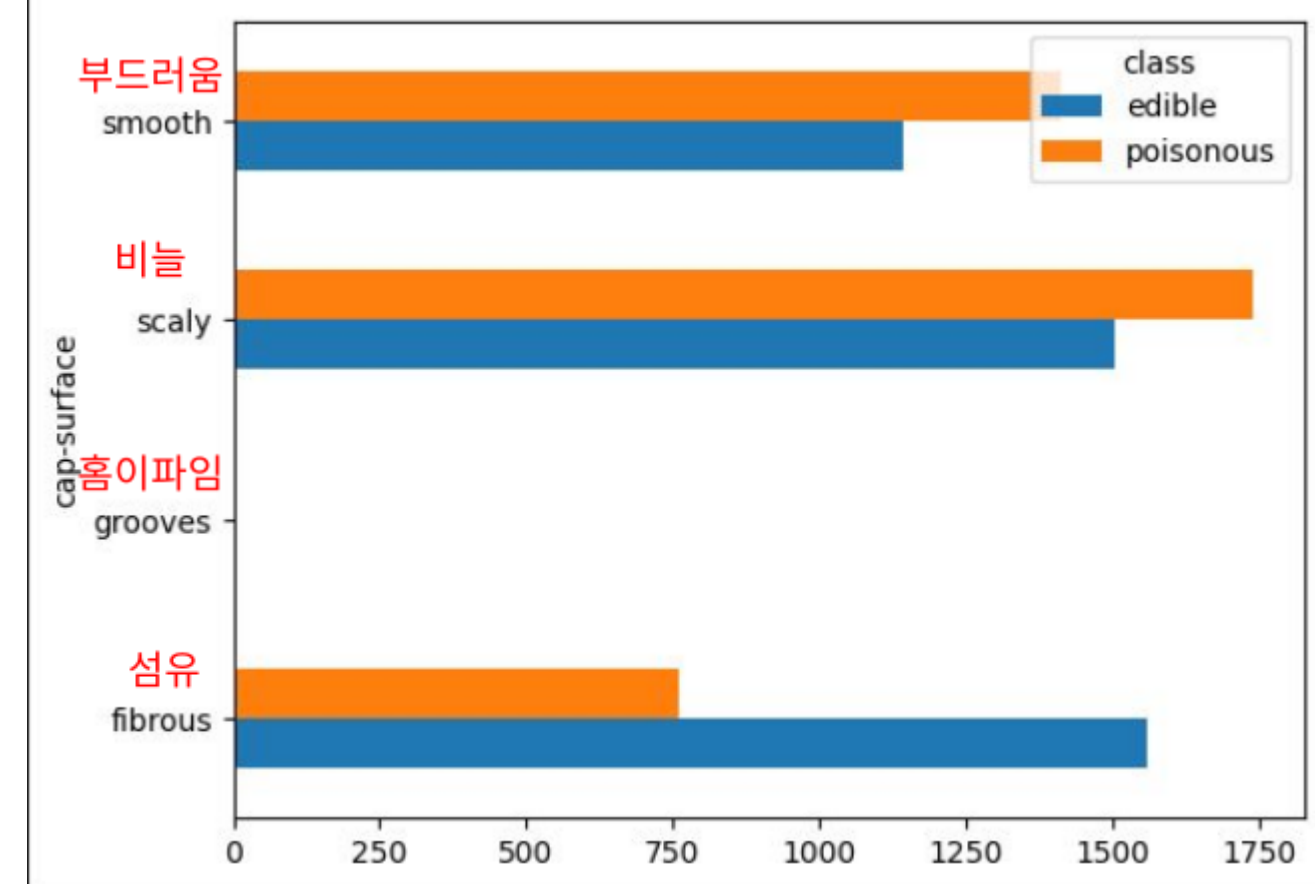
데이터분석(머리 표면)

```
print(df.groupby('cap-surface')['class'].value_counts())  
df.groupby('cap-surface')['class'].value_counts().unstack().plot.barh()
```



cap-surface	class	
fibrous	edible	1560
	poisonous	760
grooves	poisonous	4
scaly	poisonous	1740
	edible	1504
smooth	poisonous	1412
	edible	1144

Name: count, dtype: int64



표면이 부드러우면 비늘이 있을수록
독성이 많음

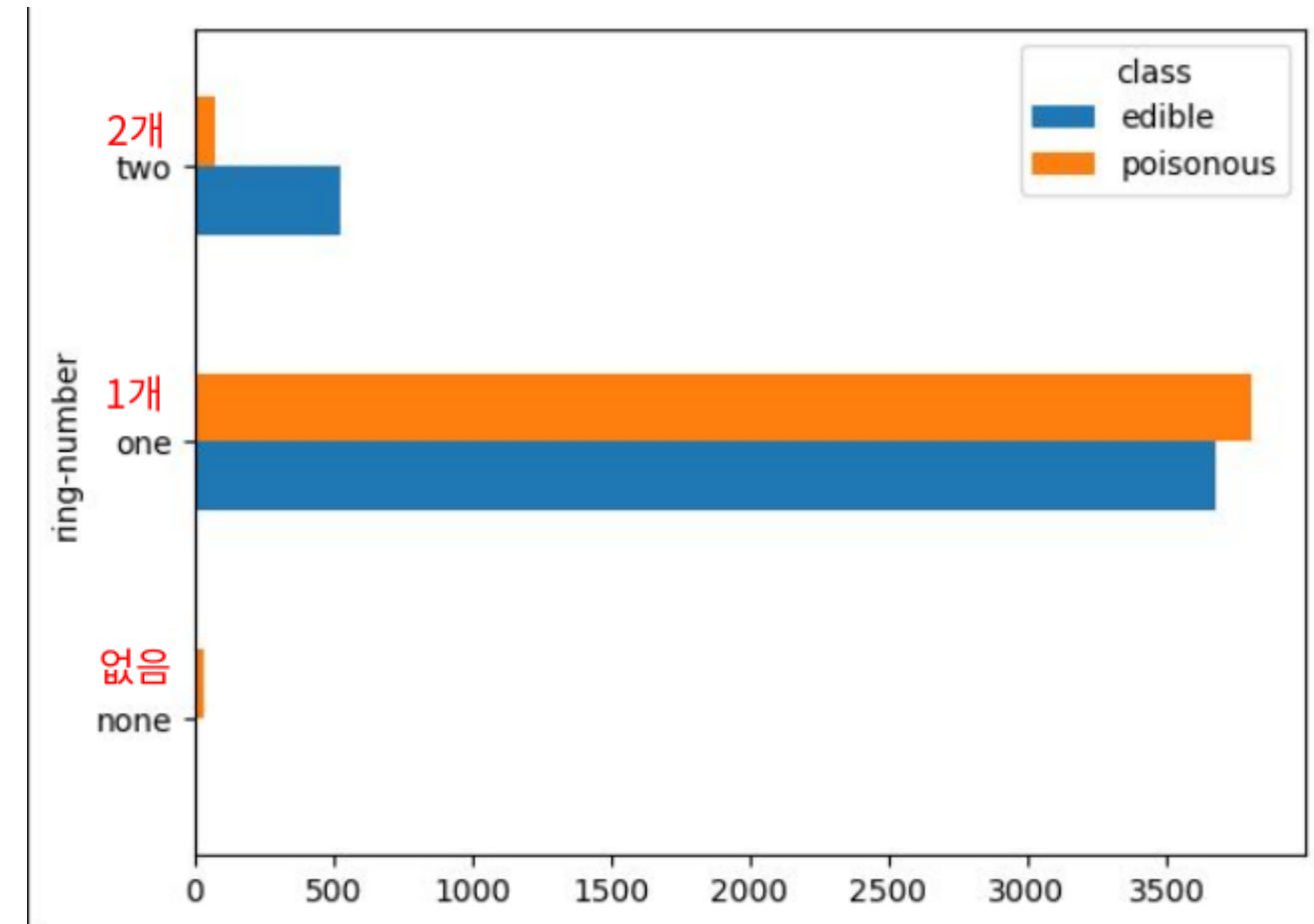
데이터분석(턱받이 수)

```
print(df.groupby('ring-number')['class'].value_counts())  
df.groupby('ring-number')['class'].value_counts().unstack().plot.barh()
```



```
ring-number  class  
none         poisonous    36  
one          poisonous  3808  
             edible     3680  
two          edible     528  
             poisonous    72  
Name: count, dtype: int64
```

턱받이 수가 1개이면 독성과 식용
버섯의 수가 균일하지만, 턱받이 수가
2개일땐 식용 버섯의 수가 많음



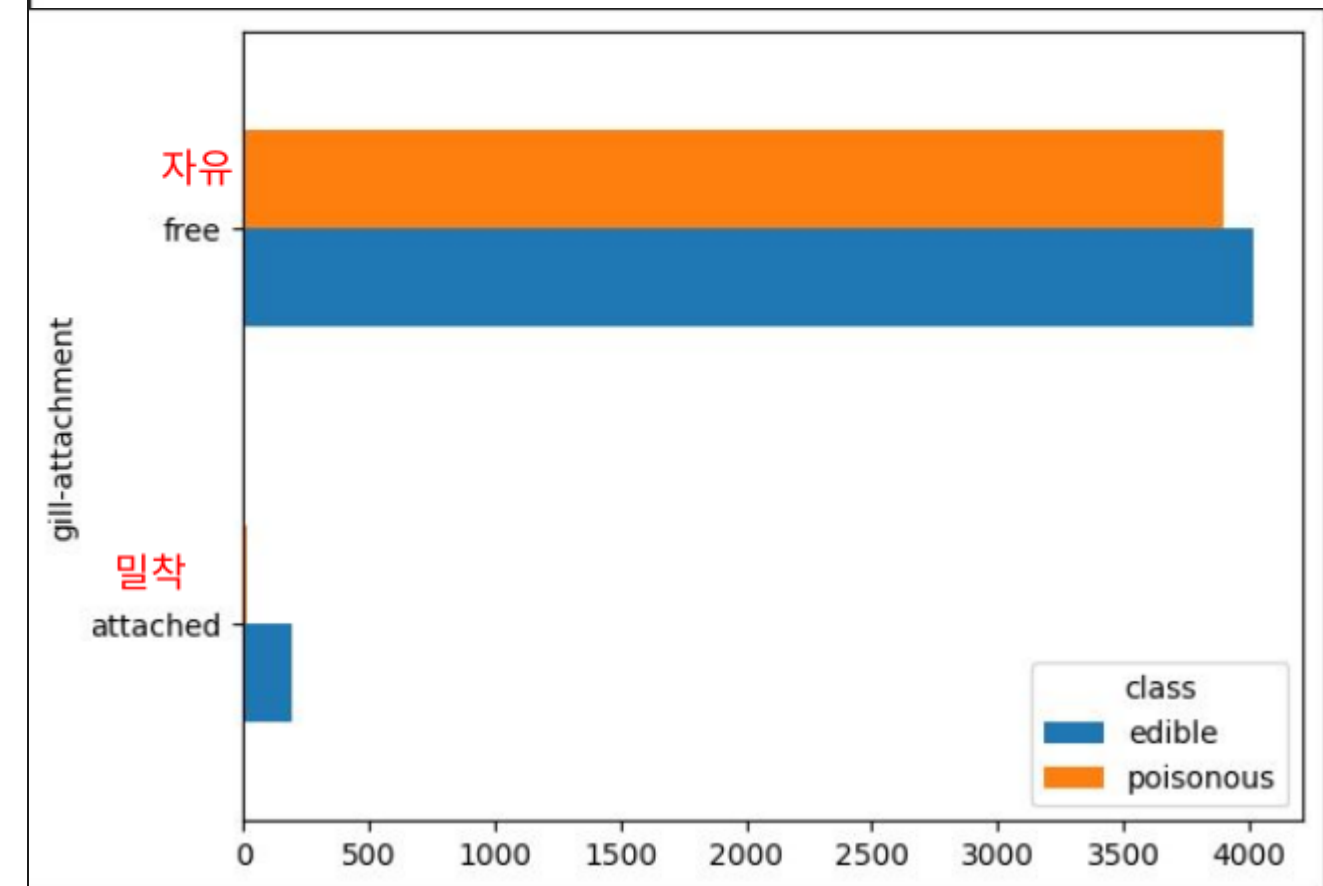
데이터분석(주름 부착 방식)

```
print(df.groupby('gill-attachment')['class'].value_counts())  
df.groupby('gill-attachment')['class'].value_counts().unstack().plot.barh()
```



```
gill-attachment  class  
attached        edible      192  
                poisonous    18  
free            edible    4016  
                poisonous  3898  
Name: count, dtype: int64
```

주름 부착 방식이 자유로울 경우
독성과 식용이 균일한 반면, 밀착돼
있을 경우 식용이 더 많음



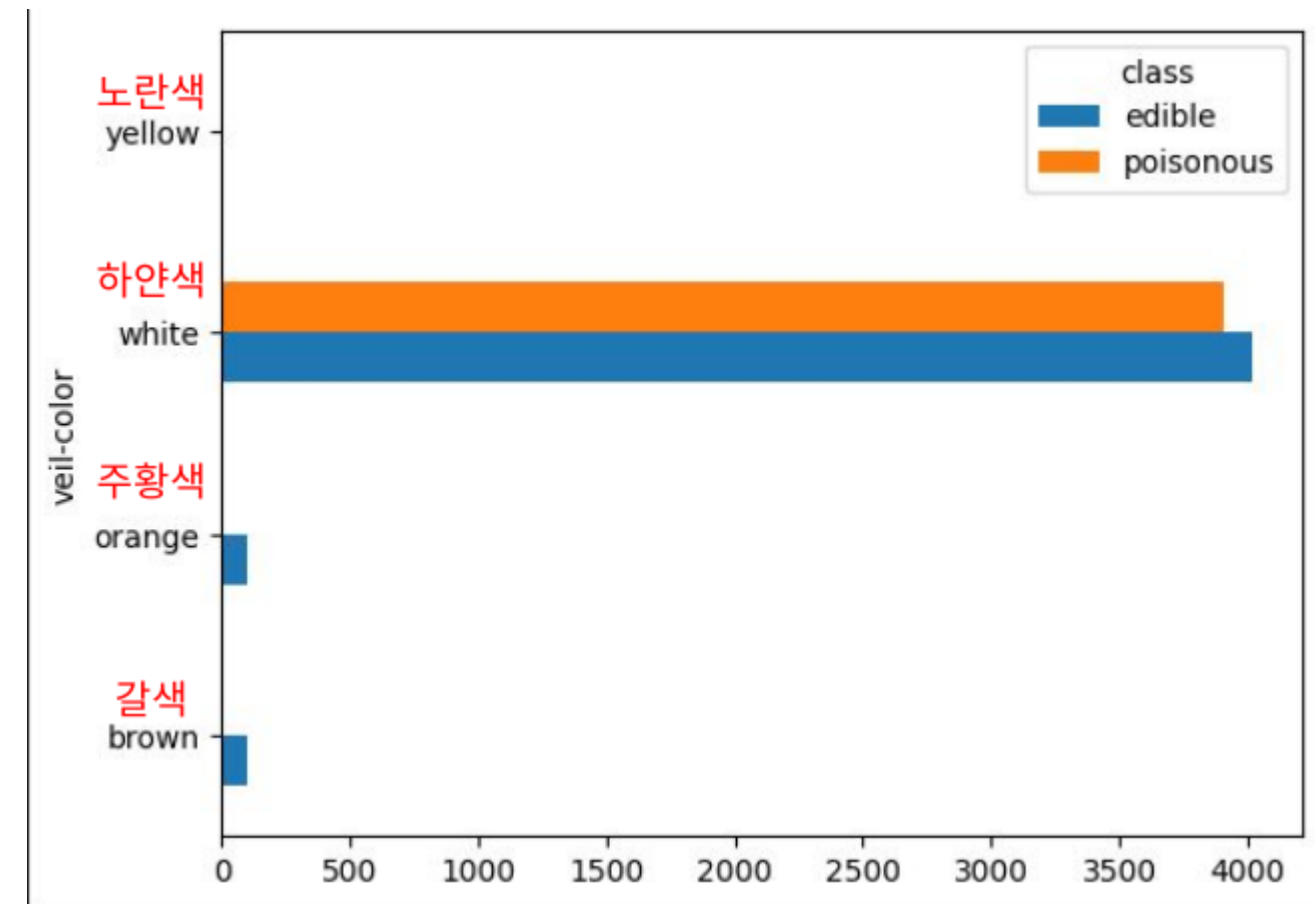
데이터분석(부속물의 색상)

```
print(df.groupby('veil-color')['class'].value_counts())  
df.groupby('veil-color')['class'].value_counts().unstack().plot.barh()
```



```
veil-color  class  
brown      edible      96  
orange     edible      96  
white      edible    4016  
           poisonous  3908  
yellow     poisonous     8  
Name: count, dtype: int64
```

전체적으로 독성과
식용의 편차가 균일하다



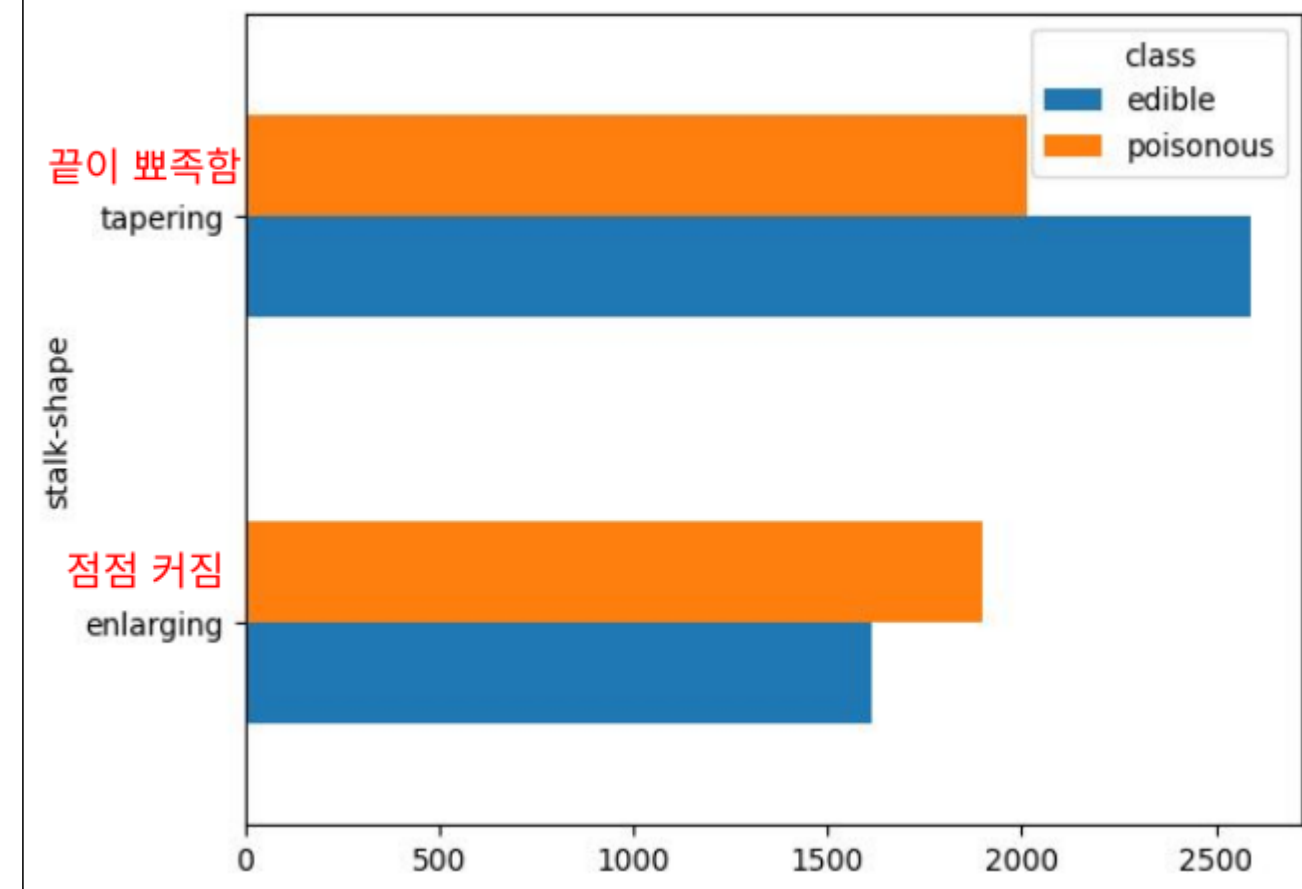
데이터분석(줄기 모양)

```
print(df.groupby('stalk-shape')['class'].value_counts())  
df.groupby('stalk-shape')['class'].value_counts().unstack().plot.barh()
```



```
stalk-shape  class  
enlarging    poisonous  1900  
              edible    1616  
tapering     edible    2592  
              poisonous  2016  
Name: count, dtype: int64
```

줄기의 끝이 뾰족할 경우 식용이 많으며
줄기의 끝이 점점 커질 경우 독성이 많다



04

|

모델 학습

모델 학습

```
from sklearn.model_selection import train_test_split  
from sklearn.metrics import accuracy_score
```

scikit-learn 라이브러리에서 제공되는 기능 사용

`train_test_split` : 데이터셋을 훈련세트와 테스트 세트로 무작위 분할, 모델의 일반화 성능을 평가

`accuracy_score` : 모델의 예측과 실제 타겟 값 간의 정확도를 계산

모델 학습

```
## Feature engineering
```

```
df['class'].replace(to_replace=['edible','poisonous'], value=['0','1'],inplace=True)  
df.head()
```

	class	cap-shape	cap-surface	cap-color	bruises	odor	gill-attachment	gill-spacing	gill-size	gill-color	...	stalk-surface-below-ring	stalk-color-above-ring	stalk-color-below-ring	veil-type	veil-color	ring-number	ring-type	spore-print-color	population	habitat
0	1	flat	smooth	brown	bruises	pungent	free	close	narrow	black	...	smooth	white	white	partial	white	one	pendant	black	scattered	urban
1	0	flat	smooth	yellow	bruises	almond	free	close	broad	black	...	smooth	white	white	partial	white	one	pendant	brown	numerous	grasses
2	0	bell	smooth	white	bruises	anise	free	close	broad	brown	...	smooth	white	white	partial	white	one	pendant	brown	numerous	meadows
3	1	flat	scaly	white	bruises	pungent	free	close	narrow	brown	...	smooth	white	white	partial	white	one	pendant	black	scattered	urban
4	0	flat	smooth	gray	no	none	free	crowded	broad	black	...	smooth	white	white	partial	white	one	evanescent	brown	abundant	grasses

5 rows × 23 columns

데이터프레임의 'class' 열에서 'edible'을 '0'으로, 'poisonous'를 '1'로 대체

모델 훈련 시 더 적합한 형태로 종속 변수를 사용할 수 있음

모델 학습

```
# Split the data  
  
X = df.drop('class', axis=1)  
y = df['class']
```

데이터프레임 변수 할당

'X' : 독립 변수 데이터프레임, 'class'열을 제외한 모든 열의 데이터 포함

'Y' : 종속 변수 시리즈, 'class'열의 데이터 포함

모델을 훈련할 때 독립 변수와 종속 변수를 각각 사용할 수 있게 됨

모델 학습

```
# handling categorical features
```

```
X = pd.get_dummies(X)
```

```
X.head()
```

	cap- shape_bell	cap- shape_conical	cap- shape_convex	cap- shape_flat	cap- shape_knobbed	cap- shape_sunken	cap- surface_fibrous	cap- surface_grooves	cap- surface_scaly	cap- surface_smooth	...	population_scattered	population_several	population_solitary	habitat_grasses	habitat_leaves
0	False	False	False	True	False	False	False	False	False	True	...	True	False	False	False	False
1	False	False	False	True	False	False	False	False	False	True	...	False	False	False	True	False
2	True	False	False	False	False	False	False	False	False	True	...	False	False	False	False	False
3	False	False	False	True	False	False	False	False	True	False	...	True	False	False	False	False
4	False	False	False	True	False	False	False	False	False	True	...	False	False	False	True	False

5 rows × 117 columns

데이터프레임 X의 특성을 원-핫 인코딩하여 더미 변수로 변환하는 작업

원-핫 인코딩 : 표현하고 싶은 단어의 인덱스에 1의 값을 부여하고 다른 인덱스에는 0을 부여하는 표현방식

더미 변수 : 어떤 속성이 존재할 경우 값을 1, 존재하지 않을 경우 값을 0으로 코딩한 변수

각 범주형 변수에 대한 더미 변수가 추가된 새로운 데이터프레임 생성

머신러닝 모델에서 범주형 변수를 처리하는데 유용

모델 학습

```
X_train, X_test, y_train, y_test = train_test_split(X, y, test_size=0.5, random_state=44)
```

데이터셋인 x와 y를 훈련 세트와 테스트 세트로 분할

05

|

모델 분석 및 비교

모델 분석 및 비교

RandomForest

```
from sklearn.ensemble import RandomForestClassifier
```

```
# Fitting Random Forest Classification
```

```
classifier = RandomForestClassifier(n_estimators = 200)
```

```
classifier.fit(X_train, y_train)
```

```
# predict
```

```
RF_pred = classifier.predict(X_test)
```

```
accuracy = accuracy_score(y_test, RF_pred)
```

```
accuracy
```

```
1.0
```

트리의 개수가 200개인 랜덤 포레스트 모델 생성

훈련 데이터를 사용하여 모델 학습

테스트 데이터에 대한 예측 수행

실제 타겟값과 모델의 예측값은 100퍼센트로 정확함

모델 분석 및 비교

SGDClassifier

```
from sklearn.linear_model import SGDClassifier
```

```
# fit to SGDClassifier
```

```
sgd = SGDClassifier()
```

```
sgd.fit(X_train, y_train)
```

```
# predict
```

```
SGD_pred = sgd.predict(X_test)
```

```
acc = accuracy_score(y_test, SGD_pred)
```

```
print(acc)
```

```
0.999507631708518
```

확률적 경사 하강법을 사용하는 선형 분류기 생성

훈련 데이터를 사용하여 모델 학습

테스트 데이터에 대한 예측 수행

실제 타겟값과 모델의 예측값은 약 99퍼센트로 정확함

모델 분석 및 비교

LogisticRegression

```
from sklearn.linear_model import LogisticRegression
```

```
#fit to LogReg
```

```
lr = LogisticRegression()
```

```
lr.fit(X_train, y_train)
```

```
# Predict
```

```
LR_pred = lr.predict(X_test)
```

```
acc = accuracy_score(y_test, LR_pred)
```

```
print(acc)
```

```
1.0
```

로지스틱 회귀 모델 생성

훈련 데이터를 사용하여 모델 학습

테스트 데이터에 대한 예측 수행

실제 타겟값과 모델의 예측값은 100퍼센트로 정확함

모델 분석 및 비교

```
## Distribution Comparison

f = plt.figure(figsize=(15,12))

# Basic Distribution
ax = f.add_subplot(221)
ax = sns.distplot(y_test)
ax.set_title('Basic Distribution')

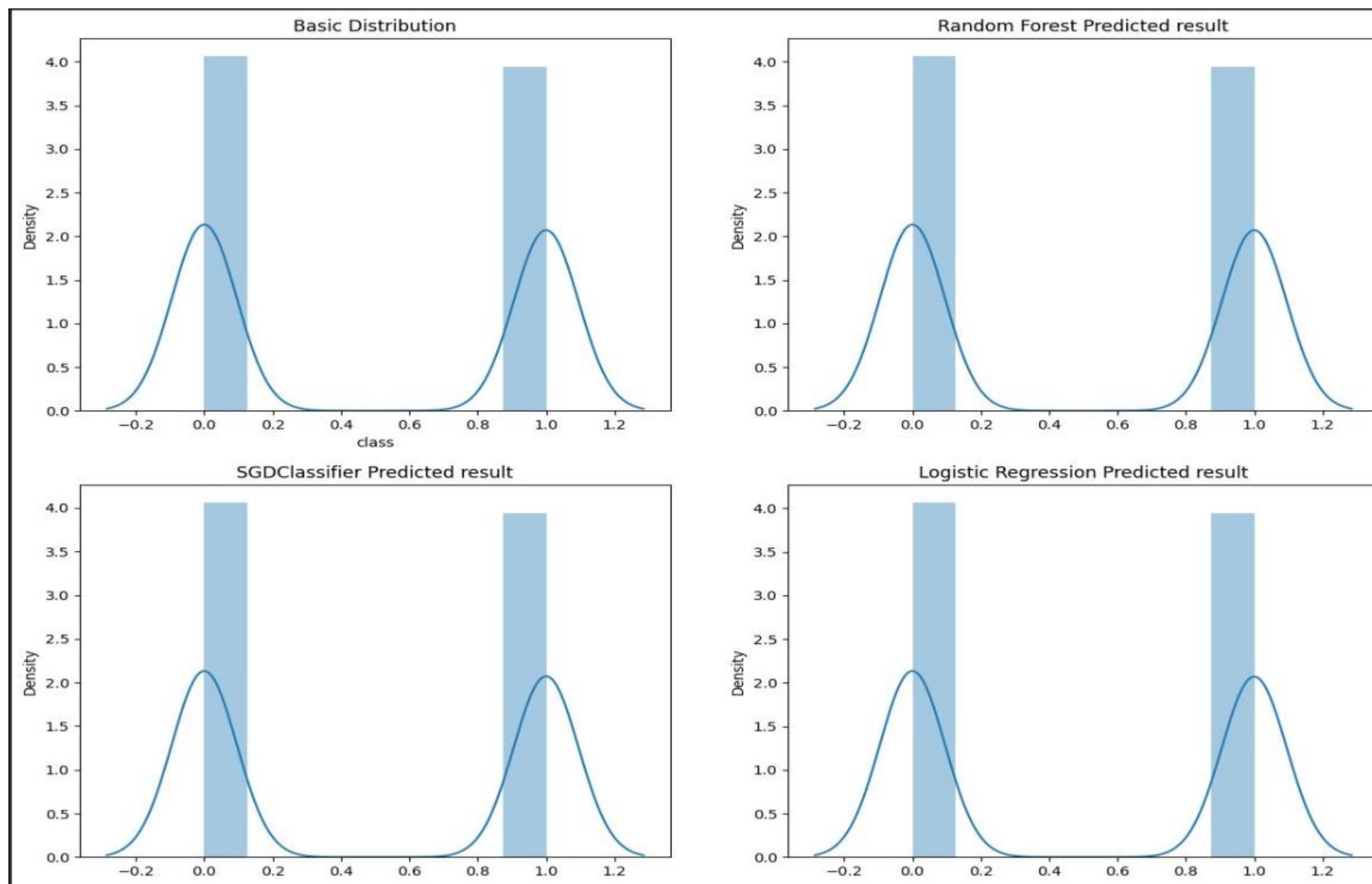
# Random Forest Predicted result
ax = f.add_subplot(222)
xx = pd.DataFrame(RF_pred)
ax = sns.distplot(RF_pred, label="Predicted Values")
ax.set_title('Random Forest Predicted result')

# SGDClassifier Predicted result
ax = f.add_subplot(223)
ax = sns.distplot(SGD_pred, label="Predicted Values")
ax.set_title('SGDClassifier Predicted result')

# Logistic Regression Predicted result
ax = f.add_subplot(224)
ax = sns.distplot(LR_pred, label="Predicted Values")
ax.set_title('Logistic Regression Predicted result')
```

테스트 세트와 각 모델의 예측 결과에 대한 분포를 그래프로 시각화

모델 분석 및 비교



06

|

결론

결론

테스트의 정확성을 바탕으로 데이터분석 결과를 정리해 보았을때

주름크기 : 주름이 큰 경우 '식용' 비율이 높고, 좁을 경우 '독성' 비율이 높다

주름 사이 간격 : 간격이 멀 수록 '식용' 비율이 높고, 좁을 수록 '독성' 비율이 높다

머리 표면 : 부드럽거나 비늘이 있는 경우에는 '독성' 비율이 '식용' 비율보다 높다.

턱받이 수 : 2개일 때 '식용' 비율이 높고, '1개'일 때 '독성' 비율이 높다

주름 부착 방식 : 자유로운 부착 방식일 때 '독성'와 '식용'의 분포가 비슷하며, 밀착되어 있을 경우 '식용' 비율이 낮다

부속물 색상 : 전체적으로 '식용'과 '독성'의 편차가 균일하다

줄기 모양 : 모양이 점점 커질 경우 '독성' 비율이 높고, 끝이 뾰족할 경우 '식용' 비율이 높다.

감사합니다