Clasificacion de Vinos Adrián de Lucas Gómez y Andrés Ruiz Bartolomé import numpy as np In [189... import checkNNGradients as checkNNG import matplotlib.pyplot as plt from scipy.special import expit from scipy.sparse.construct import random import scipy.optimize as opt import sklearn.model selection as ms from sklearn.preprocessing import StandardScaler, LabelEncoder from sklearn.svm import SVC from sklearn.ensemble import RandomForestClassifier from sklearn.linear model import LogisticRegression from sklearn.metrics import classification report, accuracy score, confusion matrix import seaborn as sns from pandas.io.parsers import read csv import pandas as pd En este proyecto vamos a utilizar varios métodos vistos en Aprendizaje Automático para intentar predecir si cierto vino vale la pena o no, basándonos en parámetros fisio-químicos (densidad, alcohol, acidos cítricos, ph...). Para ello vamos a usar el datatset Red Wine Quality. Vamos a usar: Regresión Logística, Redes Neuronales, Suport Vector Machines y Bosques Aleatorios. Visualizacion de los datos Para empezar, vamos a cargar el archivo con los datos de los vinos y a mirar con que vamos a trabajar In [190... wines = read\_csv('winequality-red.csv') print(wines.info()) <class 'pandas.core.frame.DataFrame'> RangeIndex: 1599 entries, 0 to 1598 Data columns (total 12 columns): Non-Null Count Dtype # Column -----0 fixed acidity 1599 non-null float64
1 volatile acidity 1599 non-null float64
2 citric acid 1599 non-null float64
3 residual sugar 1599 non-null float64
4 chlorides 1599 non-null float64 5 free sulfur dioxide 1599 non-null float64 6 total sulfur dioxide 1599 non-null float64 7 density 1599 non-null float64 8 pH 1599 non-null float64 9 sulphates 1599 non-null float64 10 alcohol 1599 non-null float64 11 quality 1599 non-null int64 11 quality 1599 non-null int64 dtypes: float64(11), int64(1) memory usage: 150.0 KB In [191... print(wines.head()) fixed acidity volatile acidity citric acid residual sugar chlorides 0.00 1.9 0.076 0.00 2.6 0.098 0.04 2.3 0.092 0.56 1.9 0.075 0.00 1.9 0.076 7.4 0 0.70 1 7.8 0.88 7.8 0.76 2 0.28 11.2 3 4 0.70 free sulfur dioxide total sulfur dioxide density pH sulphates 0.9978 3.51 0.56 0.68 34.0 0 11.0 67.0 0.9968 3.20 1 25.0 15.0 54.0 0.9970 3.26 0.9980 3 17.0 60.0 3.16 0.58 4 11.0 34.0 0.9978 3.51 0.56 alcohol quality 0 9.4 5 1 9.8 2 9.8 5 3 9.8 6 4 9.4 5 print(wines.describe()) In [192... fixed acidity volatile acidity citric acid residual sugar 1599.000000 1599.000000 1599.000000 1599.000000 8.319637 0.527821 0.270976 2.538806 std 1.741096 0.179060 0.194801 1.409928 min 4.600000 0.120000 0.000000 0.900000 1.900000 25% 7.100000 0.390000 0.090000 50% 7.900000 0.520000 0.260000 2.200000 75% 9.200000 0.640000 0.420000 2.600000 15.900000 max 1.580000 1.000000 15.500000 chlorides free sulfur dioxide total sulfur dioxide density count 1599.000000 1599.000000 1599.000000 1599.000000 0.087467 15.874922 46.467792 0.996747 0.047065 10.460157 32.895324 0.001887 std min 0.012000 1.000000 6.000000 0.990070 25% 0.070000 7.000000 22.000000 0.995600 50% 0.079000 14.000000 38.000000 0.996750 75% 0.090000 21.000000 62.000000 0.997835 max 0.611000 72.000000 289.000000 1.003690 рН sulphates alcohol quality count 1599.000000 1599.000000 1599.000000 1599.000000 3.311113 0.658149 10.422983 5.636023 std 0.154386 0.169507 1.065668 0.807569 min 2.740000 0.330000 8.400000 3.000000 25% 3.210000 0.550000 9.500000 5.000000 50% 3.310000 0.620000 10.200000 6.000000 75% 3.400000 0.730000 11.100000 6.000000 4.010000 2.000000 14.900000 8.000000 max Aqui podemos ver un mapa que indica la correlacion entre los parámetros del set de datos. Cuanto más morado, mas correlacion hay, y cuanto mas naranja, menos correlacion. Podemos ver que el valor que más afecta a la calidad es el alcohol. corr = wines.corr() In [193... plt.subplots(figsize=(15,10)) sns.heatmap(corr, xticklabels=corr.columns, yticklabels=corr.columns, annot=True, cmap=sns.diverging palette(18, 282, s=70, l=40, as cmap=True)) plt.show() 1.0 0.094 -0.11 -0.68 -0.062 fixed acidity 0.11 -0.150.18 0.12 - 0.8 volatile acidity 0.0019 0.061 -0.011 0.076 0.022 0.23 -0.20.14 0.2 -0.061 0.036 0.36 0.31 0.11 0.23 citric acid - 0.6 0.0019 0.14 0.056 0.19 0.2 0.36 -0.0860.0055 0.042 0.014 residual sugar -0.11 0.4 0.094 0.061 0.2 0.056 0.0056 0.047 0.37 chlorides 0.2 -0.22-0.13free sulfur dioxide -0.15-0.011-0.0610.0056 -0.0220.07 0.052 -0.069-0.0510.19 - 0.2 total sulfur dioxide -0.110.076 0.036 0.2 0.047 0.071 -0.0660.043 -0.21 -0.19 -0.0 density 0.022 -0.0220.071 -0.170.23 -0.0860.07 -0.0660.21 -0.058 -0.20.094 sulphates 0.18 0.31 0.0055 0.37 0.052 0.043 0.15 -0.20.25 alcohol -0.062-0.20.11 0.042 -0.22-0.069-0.210.21 0.094 0.48 quality 0.12 0.23 0.014 -0.13-0.051-0.19-0.17-0.0580.25 0.48 quality density fixed acidity total sulfur dioxide 핆 alcohol volatile acidity residual suga free sulfur dioxide Estas graficas muestran la distribucion de los 1599 casos de prueba en los diferentes parámetros wines.hist(bins=25, figsize=(10,10)) In [194... plt.show() volatile acidity fixed acidity citric acid 200 200 200 150 100 100 100 50 0 0 7.5 10.0 12.5 15.0 residual sugar 0.5 1.0 0.50 1.5 0.25 0.75 chlorides free sulfur dioxide 600 800 600 200 400 400 100 200 200 0 0 10 0.2 0.4 0.6 60 0.0 total sulfur dioxide density 200 300 200 150 200 100 100 100 0 0 995 1.000 alcohol 3.5 quality 100 200 300 0.990 0.995 3.0 sulphates 600 300 200 400 200 100 200 100 0 1.5 2.0 1.0 Tratamiento de los parámetros Lo primero que deberemos de hacer para empezar a trabajar es agrupar los valores de calidad del vino ya que queremos dividirlo en 2 grupos pero tenemos calificaciones desde 2 hasta 8. Una vez hemos agrupado los distintos valores en 0 (vino poco recomendable) y 1 (vino que esta bien) tendremos que contabilizar para saber la proporcion que hat de cada uno. Luego procederemos a distribuir el dataSet en 3 conjuntos: entrenamiento, validación y prueba. Una vez troceado se normalizan los datos. NOTA: Podremos descartar algunos atributos del vino que no sean muy importante en relación a su calidad evitando así ruido innecesario y mejorando un poco la precision. Para saber cuales se pueden quitar en el apartado del RANDOM FOREST se puede ver. bins = (2, 5.5, 9) #Consideramos que cualquier vino con un 2,3,4 o 5 es "mediocre" y los 6,7,8,9 son buenos In [195... group names = [0,1] #0 malos / 1 buenos wines['quality'] = pd.cut(wines['quality'], bins = bins, labels = group names) #OPCIONAL Quitamos los parametros menos relevantes evitando ruido y mejorando la precision # X = X.drop('residual sugar', axis = 1) # X = X.drop('fixed acidity', axis = 1)# X = X.drop('free sulfur dioxide', axis = 1) # X = X.drop('citric acid', axis = 1)#Quitamos la columna de valores (que es lo que queremos determinar nosotros) y las etiquetas X raw = wines.drop('quality', axis = 1) X = X raw.values y = wines['quality'] y = y.astype(int).values counts = wines['quality'].value counts() nbad = counts[0] ngood = counts[1] print(f"Numero de vinos: \"malos\" {nbad} y buenos: {ngood}") X\_train, X\_test, y\_train, y\_test = ms.train\_test\_split(X, y, test\_size=0.2, random\_state=1) X\_train, X\_valid, y\_train, y\_valid = ms.train\_test\_split(X\_train, y\_train, test\_size=0.25, random\_state=1) #Distribucion de los tamaños para loc conjuntos de entrenamiento, validacion y prueba print(f"Tamaños de los conjuntos: entrenamiento: {len(X\_train)}, test: {len(X\_test)} y validacion: {len(X\_validacion)} #Por ultimo normalizamos los datos sc = StandardScaler() X\_train = sc.fit\_transform(X\_train) X\_test = sc.fit\_transform(X\_test) X\_valid = sc.fit\_transform(X\_valid) Numero de vinos: "malos" 855 y buenos: 744 Tamaños de los conjuntos: entrenamiento: 959, test: 320 y validacion: 320 Regresión logística Para utilizar regresion logistica deberemos de usar los metodos de coste y gradiente usado en las prácticas. En esta ocasion el sigmoide usado es el de la libreria y lleva el nombre de expit. Para comenzar deberemos de añadir una columna de uno a los datos de entrada para poder usar vectorización. Usaremos la función opt.fmin\_tnc para tratar de buscar la configuración con menos coste e iremos probando con diferentes valores de regularización hasta dar con el mejor. Buscaremos la configuración que arroje la mejor precision con los datos de validación y despues probaremos que tal se ha ajustado a los datos del conjunto de test. In [196... def costeRegularizado(theta, X, Y, lambo): m = np.shape(X)[0]return coste(theta, X, Y) + lambo \* np.sum(theta\*\*2)/(2\*m) def coste(theta, X, Y): H = expit(np.matmul(X, theta)) cost = (-1/(len(X))) \* (np.dot(Y, np.log(H+ 0.00000001)) +np.dot((1-Y), np.log(1-H + 0.00000001)))return cost def gradiente(theta, XT, Y): H = expit(np.matmul(XT, theta)) grad = (1/len(Y)) \* np.matmul(XT.T, H - Y)return grad def gradienteRegularizado(theta, XT, Y, lambo): grad = (gradiente(theta, XT, Y)) a = grad[0]reg = lambo\*theta / len(Y) reg[0] = areturn grad + reg In [197... def evaluaLogistica(X,Y,theta): b = expit(np.dot(X, theta)) >= 0.5correctos = np.sum((expit(np.dot(X,theta))>=0.5)==Y)return correctos / np.shape(X)[0] In [198... Rs = [0.01, 0.03, 0.1, 0.3, 1, 3, 10, 30]m = np.shape(X\_train)[0] X train s = np.hstack([np.ones([m, 1]), X train]) m = np.shape(X\_valid)[0] X\_valid\_s = np.hstack([np.ones([m, 1]),X\_valid]) m = np.shape(X\_test)[0] X test s = np.hstack([np.ones([m, 1]), X test])theta = np.zeros(np.shape(X train s)[1])  $r_{opt} = 0$ maxAccuracy = 0for r in Rs: result = opt.fmin\_tnc( func = costeRegularizado, x0 = theta, fprime = gradienteRegularizado, args = (X\_train\_s, y\_train, r)) theta\_opt = result[0] accuracy = evaluaLogistica(X\_valid\_s, y\_valid, theta\_opt) if accuracy > maxAccuracy: r\_opt = r maxAccuracy = accuracy print(f"Maxima tasa de acierto en validación: {maxAccuracy\*100}%") # Resultados con los datos no vistos accuracy = evaluaLogistica(X\_test\_s, y\_test, theta\_opt) print(f"Maxima tasa de acierto con datos de test: {accuracy\*100}%") Maxima tasa de acierto en validación: 72.5% Maxima tasa de acierto con datos de test: 75.3125% También hemos decidido comparar nuestra versión con la de la libreria para ver como varia una de otra teniendo los mismos datos para entrenar, validar y comprobar. In [199... #Busqueda de la mejor configuracion de C Cs = [0.01, 0.03, 0.1, 0.3, 1, 3, 10, 30]for Ci in Cs: logReg = LogisticRegression(random state=1, solver='lbfgs', C=Ci) logReg.fit(X train, y train) pred sgd = logReg.predict(X valid) accuracy = accuracy\_score(y\_valid, pred\_sgd) if accuracy > maxAccuracy: maxAccuracy = accuracy bestC = Ci print(f"Maxima tasa de acierto en validación: {maxAccuracy\*100}%\n") # Resultados con los datos no vistos logReg = LogisticRegression(random state=1, solver='lbfgs', C=bestC) logReg.fit(X valid, y valid) pred sgd = logReg.predict(X test) print(f"Resumen de regresion logistica con datos de test:") print(classification report(y test, pred sgd)) Maxima tasa de acierto en validación: 72.5% Resumen de regresion logistica con datos de test: precision recall f1-score support 

 0.72
 0.73
 0.72
 154

 0.75
 0.73
 0.74
 166

 0 1 320 accuracy 0.73 

 0.73
 0.73
 0.73

 0.73
 0.73
 0.73

 320 macro avg 320 weighted avg **Redes Neuronales** Como en las practicas deberemos de hacer uso de las funciones de coste, propagación hacia delante y hacia atrás. En este caso deberemos de encontrar la mejor configuracion para el parámetro de regularización y el número de neuronas ocultas que mejoran la precisión de esta red neuronal. Una vez tengamos la mejor configuracion que da la mayor tasa de aciertos la mostraremos junto a la matriz de confusion la cual nos indicará adema de los aciertos los falsos positivos y falsos negativos. def costeNN(X, Y, theta1, theta2): In [200... a1, a2, H = redNeuronalPaLante(X, theta1, theta2) #Haces la pasada por la red neuronal #Queda mas claro dividido por partes op1 = -1/(len(X))op2 = Y.dot(np.log(H))op3 = (1-Y).dot(np.log(1-H))cost = op1 \* np.sum(op2 + op3)return cost def costeNNReg(X, Y, theta1, theta2, lambo): costeN = costeNN(X, Y, theta1, theta2) costeR = costeN + (lambo/(2\*len(X)) \* (np.sum(np.square(theta1[:,1:])) + np.sum(np.square(theta2[:,1:]))))return costeR def redNeuronalPaLante(X, theta1, theta2): xSize = X.shape[0]# Capa de entrada a1 = np.hstack([np.ones((xSize,1)), X]) # Capa oculta z2 = theta1.dot(a1.T)a2 = np.hstack([np.ones((xSize,1)), expit(z2.T)]) # Capa de salida z3 = np.dot(a2, theta2.T)a3 = expit(z3) #Es la hipotesis **return** (a1, a2, a3) def redNeuronalPatras(params\_rn, n\_input, n\_hidden, n\_labels, X, y, lambdita): theta1 = np.reshape(params\_rn[:n\_hidden \* (n\_input+1)], (n\_hidden, (n\_input+1))) theta2 = np.reshape(params\_rn[n\_hidden \* (n\_input+1):], (n\_labels, (n\_hidden+1))) m = len(X)A1, A2, H = redNeuronalPaLante(X, theta1, theta2) Delta1 = np.zeros\_like(theta1) Delta2 = np.zeros\_like(theta2) for t in range(m): a1t = A1[t, :]a2t = A2[t, :]ht = H[t, :]yt = y[t]d3t = ht - ytd2t = np.dot(theta2.T, d3t) \* (a2t \* (1 - a2t))Delta1 = Delta1 + np.dot(d2t[1:, np.newaxis], a1t[np.newaxis, :]) Delta2 = Delta2 + np.dot(d3t[:, np.newaxis], a2t[np.newaxis, :]) #Gradientes G1= Delta1 / m G2 = Delta2 / m#Lambdas lambo1 = lambdita \* theta1 / m lambo2 = lambdita \* theta2 / m lambo1[:, 0] = 0lambo2[:, 0] = 0G1 += lambo1G2 += lambo2gradiente = np.concatenate((np.ravel(G1), np.ravel(G2))) coste = costeNNReg(X, y, theta1, theta2, lambdita) return coste, gradiente def randomWeights(L\_ini, L\_out, E\_ini): return np.random.random((L\_out, L\_ini + 1)) \* (2\*E\_ini) - E\_ini In [201... input\_size = np.shape(X)[1] out size = 2 #bueno o malo  $num_hidden = np.arange(5,50,5)$  $num_hidden = [25]$  $num_labels = 2$ lambdas = np.arange(0,2,0.06)lambdas = [0.12]# 1 = 0.12 y 25 neuronas ocultas -> bastante bueno record = 0bestL = 0bestHid = 0bestGuess = 0for hid in num hidden: for 1 in lambdas: #Elejimos valores aleatorios para las thetas theta1 = randomWeights(input\_size, hid, 0.12) theta2 = randomWeights(hid, out size, 0.12) #Los guardamos para probar con ellos params rn = np.concatenate((np.ravel(theta1), np.ravel(theta2))) num Iterations = 100 #Vueltas dadas para tratar de optimizar optimizeResult = opt.minimize( fun=redNeuronalPatras, x0=params rn, args=(input\_size, hid, num\_labels, X\_train, y\_train, 1), jac=True, options={'maxiter': num\_Iterations}) H = redNeuronalPaLante(X\_valid, theta1, theta2)[2] predValues = np.zeros(np.shape(H)[0]) i = 0for v in H: **if**(v[0]>v[1]): predValues[i] = 0 else: predValues[i] = 1 i += 1 nn matrix = confusion matrix(y valid, predValues) # print("Confusion matrix:") # print(nn\_matrix) porcentaje = ((nn\_matrix[0][0] + nn\_matrix[1][1]) / np.shape(H)[0]) \* 100 if porcentaje > record: record = porcentaje bestL = 1 bestHid = hid bestGuess = predValues #print(f"Precision de la red con lambda {1} y {hid} neuronas ocultas") #print(f"{porcentaje}%\n") print(f"La mejor configuracion de la red fue con lambda = {bestL} y {bestHid} neuronas ocultas, con un porcenta nn\_matrix = confusion\_matrix(y\_valid, bestGuess) print("Matriz de confusion:") print(nn\_matrix) La mejor configuracion de la red fue con lambda = 0.12 y 25 neuronas ocultas, con un porcentaje de 49.6875% Matriz de confusion: [[159 0] [161 0]] **Support Vector Machines** Cuando se hace uso de las Support Vector Machines tenemos que tratar de buscar la mejor configuración para 2 parámetros: C y sigma. Ambos son parámetros de regulacion con los cuales se ajusta el comportamiento con el objetivo de adecuarlo mas o menos a los datos que le damos, controlando así el sobreajuste. Una vez hemos dado con la configuracion que arroja mejor fiabilidad deberemos de probarlo con los ejemplos de prueba (datos que no se han usado para entrenar) In [202... Cs = [0.01, 0.03, 0.1, 0.3, 1, 3, 10, 30]sigmas = [0.01, 0.03, 0.1, 0.3, 1, 3, 10, 30]bestAcc = 0bestC = 0bestSig = 0for c in Cs : for s in sigmas: svc = SVC(kernel='rbf', C=c, gamma=1/(2 \* s\*\*2))svc.fit(X\_train, y\_train) pred\_svc = svc.predict(X\_valid) accuracy = accuracy\_score(y\_valid, pred\_svc) if bestAcc < accuracy:</pre> bestAcc = accuracy bestC = c bestSig = s svc = SVC(kernel='rbf', C=bestC, gamma=1/(2 \* bestSig\*\*2)) svc.fit(X\_valid, y\_valid) pred svc = svc.predict(X test) print(f"Resumen de SVM con C = {bestC} y Sigma = {bestSig}n") print(classification\_report(y\_test, pred\_svc)) Resumen de SVM con C = 1 y Sigma = 1 precision recall f1-score support 

 0.77
 0.71
 0.74
 154

 0.75
 0.81
 0.78
 166

 accuracy
 0.76
 320

 macro avg
 0.76
 0.76
 0.76

 weighted avg
 0.76
 0.76
 0.76
 320

 Random Forest Aparte de los modelos vistos en clase, vimos que mucha gente usaba Bosques Aleatorios para este tipo de ejercicios (de clasificación), así que decidimos probarlo. Es un metaestimador que hace uso de varios árboles de decisión a varios niveles en el conjunto de datos. Para mejorar la precisión predictiva y controlar el sobreajuste se hace la media con los resultados dados por esos arboles. Esto es así porque los arboles de decisión por si solos tienden rápidamente al sobreajuste. Como en los otros clasificadores deberemos de encontrar la configuración que maximiza el numero de aciertos o lo que es lo mismo, minimizar costes. Hay muchos parámetros posibles para configurar un bosque aleatorio pero en esta ocasion hemos decidido ver que numero de arboles de decisión es el óptimo. In [206... num Estimadores = np.linspace(50, 150, 10) # numero de arboles en el bosque maxAccuracy = 0bestEst = 0for est in num\_Estimadores: randForest = RandomForestClassifier(random state=0,) randForest.fit(X\_train, y\_train) pred rfc = randForest.predict(X valid) accuracy = accuracy\_score(y\_valid, pred\_rfc) if(accuracy > maxAccuracy): bestEst = est maxAccuracy = accuracy pred\_rfc = randForest.predict(X\_test) print(f"Resumen de Random Forest con numero de arboles = {bestEst}\n") print(classification\_report(y\_test, pred\_rfc)) Resumen de Random Forest con numero de arboles = 50.0 precision recall f1-score support 

 0.80
 0.79
 0.80
 154

 0.81
 0.82
 0.81
 166

 accuracy
 0.81
 320

 macro avg
 0.81
 0.81
 0.81

 weighted avg
 0.81
 0.81
 0.81
 320

 Importancia de los parámetros Gracias al Random forest podemos ver la influencia que tiene cada parámetro de un vino en relacion a su calidad. Este dato coincide con los del mapa de calor, siendo una vez más el alcohol el más influyente. In [204... ###### Utilidad de los atributos ###### param importances = pd.Series(randForest.feature importances , index= X raw.columns) param importances.nlargest(25).plot(kind='barh', figsize=(10,10)) plt.show() residual sugar free sulfur dioxide fixed acidity citric acid pΗ chlorides density total sulfur dioxide volatile acidity sulphates alcohol 0.025 0.050 0.075 0.100 0.125 0.150 0.175 0.000 0.200 **Conclusiones** Como era de esperar nos ha resultado más cómodo usar las librerías que nuestros propios métodos. Sin embargo, estamos satisfechos con su desempeño (sobre todo con la regresión logística, en la que conseguimos un mayor porcentaje de aciertos que la funcion de librería) Metodo Porcentaje de aciertos **Bosques Aletorios** 81% Regresión Logística (propia) 75,3% Regresión Logística (libreria) 73% **SVMs** 73% **Redes Neuronales** 65%