

# Fondamenti di Scienza dei Dati

## Classificazione del dataset Iris mediante Support Vector Machine

Gruppo 0: Gabriele Lo Cascio, Alessia Bonì, Samuele Ales

27/05/2024

## Introduzione

Questo progetto riguarda l'analisi e la classificazione del famoso dataset Iris. Le informazioni raccolte includono la lunghezza e la larghezza sia del sepal che del petalo di diversi fiori. L'obiettivo è utilizzare il modello Support Vector Machine (SVM), con diverse configurazioni, per classificare i dati. Di fondamentale importanza è l'analisi preliminare di statistica descrittiva, che consente di acquisire maggior consapevolezza dei dati al fine di valutare successivamente la bontà del modello.

## Cenni teorici

*Support Vector Machine* (SVM) è un modello di supervised machine learning potente e versatile in grado di effettuare classificazione binaria. Anche se può essere esteso per affrontare problemi di classificazione multi-classe (tramite tecniche come *One-vs-All* oppure *One-vs-One*), regressione e novelty detection ossia l'identificazione di dati o pattern nuovi in un dataset, ai quali il modello non è stato esposto durante la fase di addestramento. È importante notare che con questo tipo di modello si riescono ad ottenere buone performance solo per dataset nell'ordine di centinaia o al massimo migliaia di istanze. Il fatto che sia un modello di tipo supervisionato vuol dire che richiede dati di addestramento etichettati. Ciò significa che per effettuare operazioni di classificazione si deve addestrare il modello su dati di cui si conosce già la classe di appartenenza. Quindi sapere a priori l'etichetta è fondamentale e giustifica l'idea alla base del modello ossia il concetto di *classi linearmente separabili*. Supponendo di avere dei punti su un piano cartesiano che, sebbene siano sparpagliati, formano due agglomerati distinti, ecco che il modello SVM ricerca una linea che riesca a separare le due zone senza che vadano in *conflitto*. La classificazione consiste nel

capire in quale delle due zone, individuate durante la fase di addestramento, si trovano i nuovi dati. La parola *conflitto*, usata precedentemente, non è un caso, infatti non sempre è possibile riuscire a separare due classi con una linea. In questi casi un possibile approccio è aumentare la dimensionalità del dataset, per far in modo che si riesca a trovare un piano (o in casi più complessi un iperpiano) che separi le due classi. Da un punto di vista geometrico, questa operazione consiste nel proiettare in uno spazio vettoriale, ad una più alta dimensionalità, i punti del dataset. Difatto, la nuova feature aggiunta al dataset viene calcolata a partire da quelle già esistenti applicando una particolare funzione detta *kernel*. In machine learning una funzione di *kernel* è in grado di mappare vettori da un sotto spazio ad un altro, senza effettivamente applicare la formula di mapping e senza addirittura conoscerla, basta sapere che esiste. Gli unici ingredienti sono semplicemente i vettori del sotto spazio iniziale. Solitamente questa proprietà è detta *kernel trick* ed è garantita dal Teorema di Mercer.

## Statistica descrittiva

Il dataset è composto da 150 istanze per un totale di 5 features:

- *sepal\_length*: la lunghezza del sepalo (ossia una particolare foglia);
- *sepal\_width*: la larghezza del sepalo;
- *petal\_length*: la lunghezza del petalo;
- *petal\_width*: la larghezza del petalo;
- *species*: rappresenta il target ossia le diverse specie a cui appartengono i fiori. Nello specifico si hanno: setosa, versicolor e virginica.

Inoltre non sono presenti valori mancanti e la numerosità di ogni classe è la stessa.

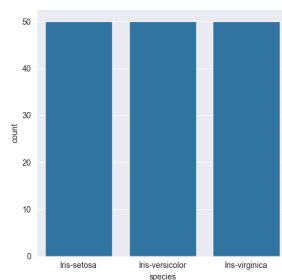


Figura 1 - Grafico a barre relativo alla numerosità di ogni specie.

Per avere contezza delle relazioni che intercorrono tra le features si è realizzato un *pairplot* mediante la libreria *seaborn*. Si impostano sulla diagonale principale della griglia dei boxplot al fine di individuare immediatamente eventuali asimmetrie e la presenza di outliers. Nei restanti grafici della griglia vengono effettuati degli scatterplot, in questo modo si notano eventuali dipendenze funzionali.

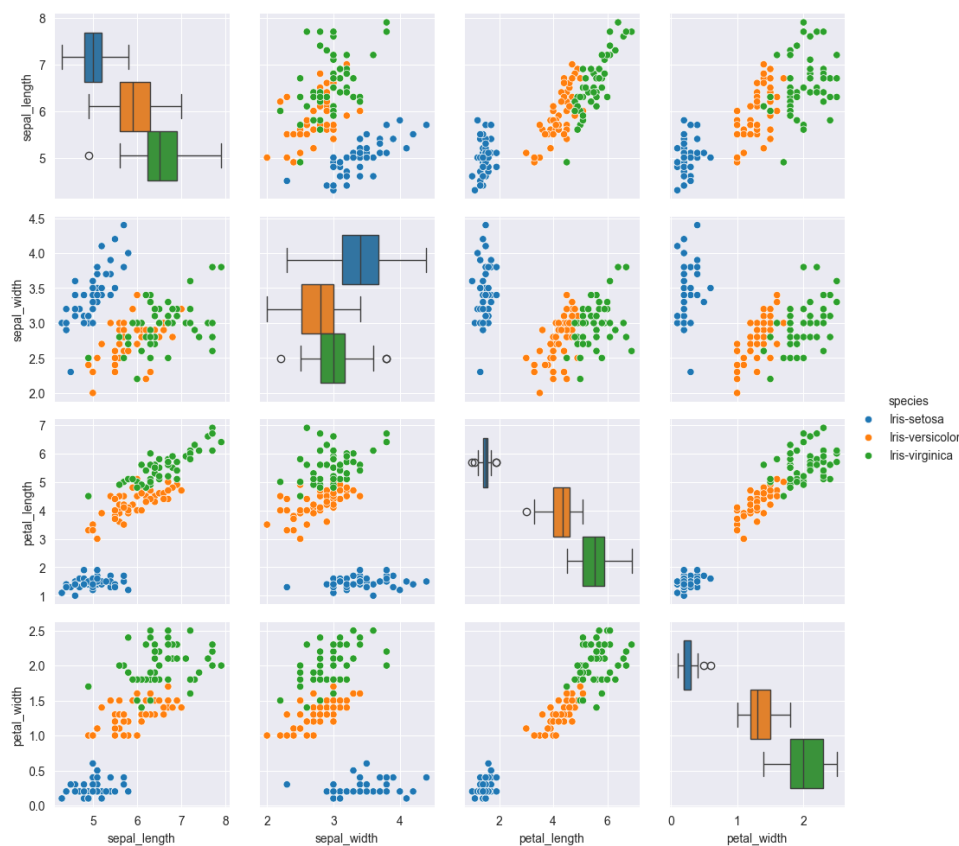
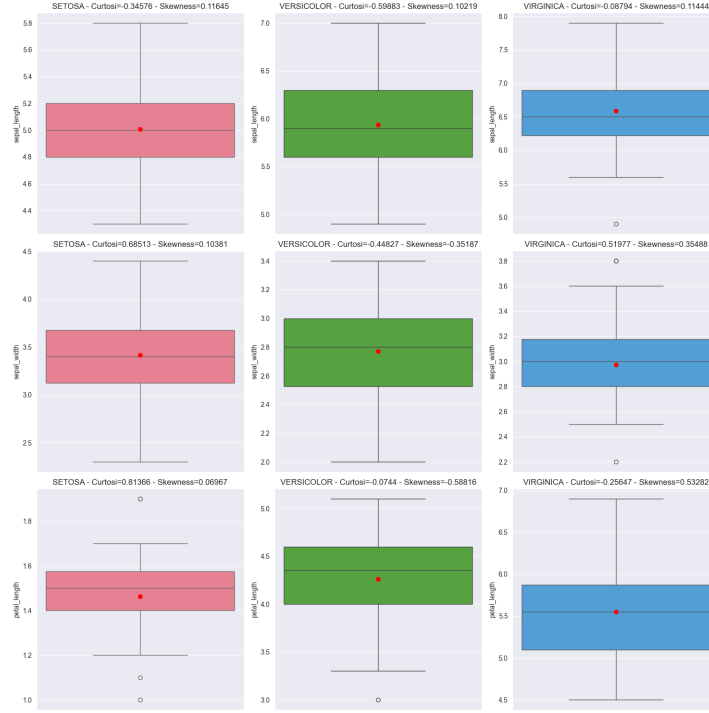


Figura 2 - Griglia riassuntiva con scatterplot e boxplot sulla diagonale principale.

Dagli scatterplot si nota che vi è una correlazione positiva tra le seguenti features:

- $\text{petal\_length} \sim \text{sepal\_length}$ ;
- $\text{petal\_width} \sim \text{sepal\_length}$ ;
- $\text{petal\_width} \sim \text{petal\_length}$ .

Mentre sui boxplot si nota la presenza di alcuni outliers, di seguito si riportano i soli boxplot per un'analisi di maggior dettaglio.



*Figura 3 - Boxplot delle varie features (righe) separate per specie (colonne). Si riporta anche l'indice di Curtosi e l'indice di Asimmetria di Pearson per ogni grafico. Il puntino rosso rappresenta la media aritmetica dei valori.*

Nel complesso le distribuzioni mostrano un andamento pressocché normale, si ricorda infatti che l'indice di Curtosi di Pearson è nullo nel caso in cui la distribuzione sia normale mentre è positivo nel caso di picchi appuntiti (o code pesanti) oppure negativo nel caso di picchi piatti (o code leggere). Inoltre non sono presenti evidenti asimmetrie. Infine si nota la presenza di probabili outliers in alcuni boxplots.

## Correlation Matrix

Una misura quantitativa di quanto ciascun attributo sia correlato ad un'altro si ottiene calcolando la matrice di correlazione. Di fatto si determina l'indice di correlazione lineare  $\left(\frac{\sigma_{xy}}{\sigma_x \sigma_y}\right)$  per ogni coppia di attributi e si crea una matrice per visualizzare comodamente ogni valore. Tenendo conto che una buona cor-

relazione si ha se l'entrata della matrice è in modulo pressocché pari ad 1.

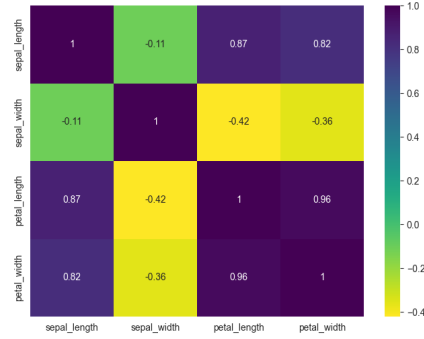


Figura 4 - Heatmap di correlazione, si riconfermano le correlazioni tra le features notate nel pariplot in Figura 1.

Si realizza infine un grafico in cui vengono rappresentate le tre rette di regressione.

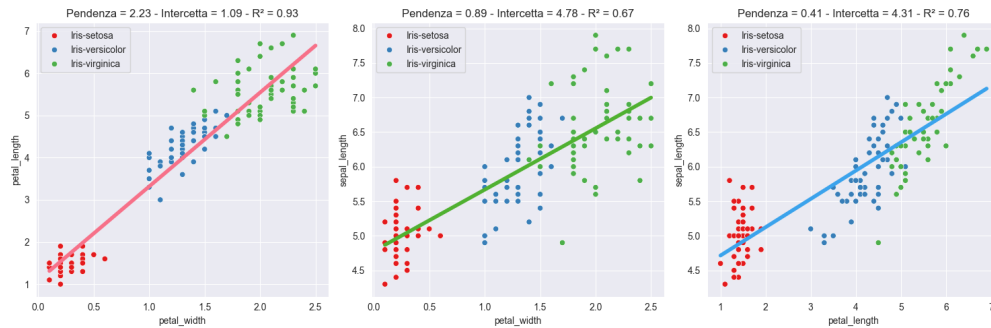


Figura 5 - Grafici delle tre coppie di features. Si riporta la pendenza, l'intercetta e  $R^2$  score.

Si osserva dunque una correlazione positiva per ogni coppia di attributi. Si ricorda che la pendenza rappresenta la variazione media subita da Y quando X aumenta di un'unità. Si riporta inoltre lo score  $R^2$  che fornisce una misura di quanto sia forte la correlazione tra gli attributi (che è perfetta se pari ad 1).

I risultati ottenuti durante questa analisi mostrano come non siano presenti valori anomali significativi, quindi non occorre effettuare alcuna scrematura del

dataset. Le correlazioni tra alcuni campi potrebbero risultare utili successivamente per un eventuale *PCA*, quindi rimuovendo ridondanza. Inoltre le features che presentano una correlazione con altre sono quelle che hanno maggior rilevanza all'interno del dataset, costituiscono un metodo di misura per classificare i fiori. In *Figura 5*, infatti, si notano delle regioni differenti per ogni specie ed utilizzando una combinazione delle tre rette di regressione si potrebbe risalire alla classe di appartenenza del fiore.

## Costruzione del modello

**PCA** È utile studiare

## Conclusioni