

PD 9 wyjaśnialne uczenie maszynowe

Daniel Ponikowski

29 maja 2019

Wczytanie i podział danych

```
X <- read.table("rotatingHyperplane.data")
y <- read.table("rotatingHyperplane.labels")

X1 <- X[1:20000,]
y1 <- y$V1[1:20000] %>% as.factor()
train1_num <- createDataPartition(y = y1, p = 0.8, list = FALSE)
train1 <- X1[train1_num,]
test1 <- X1[-train1_num,]
y1_train <- y1[train1_num]
y1_test <- y1[-train1_num]

X2 <- X[180001:200000,]
y2 <- y$V1[180001:200000] %>% as.factor()
train2_num <- createDataPartition(y = y2, p = 0.8, list = FALSE)
train2 <- X2[train2_num,]
test2 <- X2[-train2_num,]
y2_train <- y2[train2_num]
y2_test <- y2[-train2_num]
```

Modele

Dopasowałem 2 modele, jeden na zbiorze treningowym pochodzącym z pierwszych 10% całego zbioru, drugi na zbiorze treningowym pochodzącym z ostatnich 10% całego zbioru.

```
logit1 <- train(x = train1, y = y1_train, method = "glmnet", family = "binomial")
logit2 <- train(x = train2, y = y2_train, method = "glmnet", family = "binomial")
```

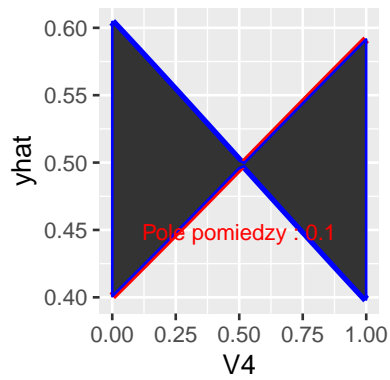
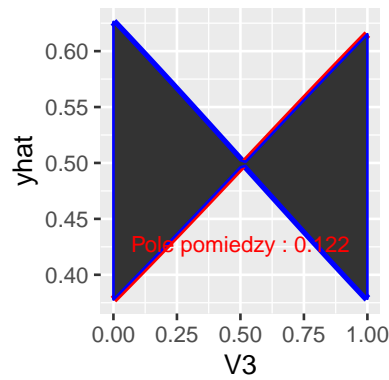
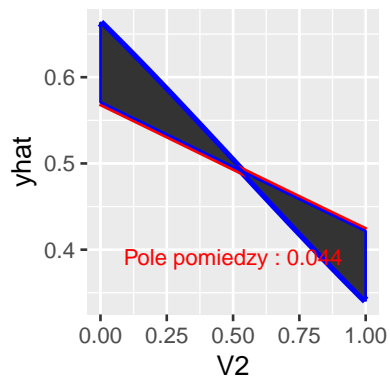
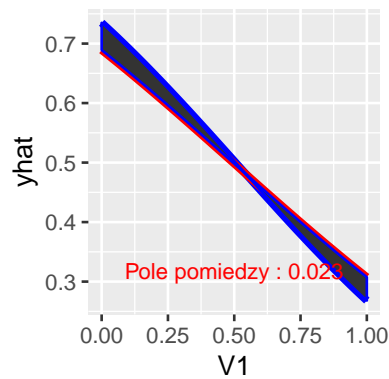
PD ploty zmiennych

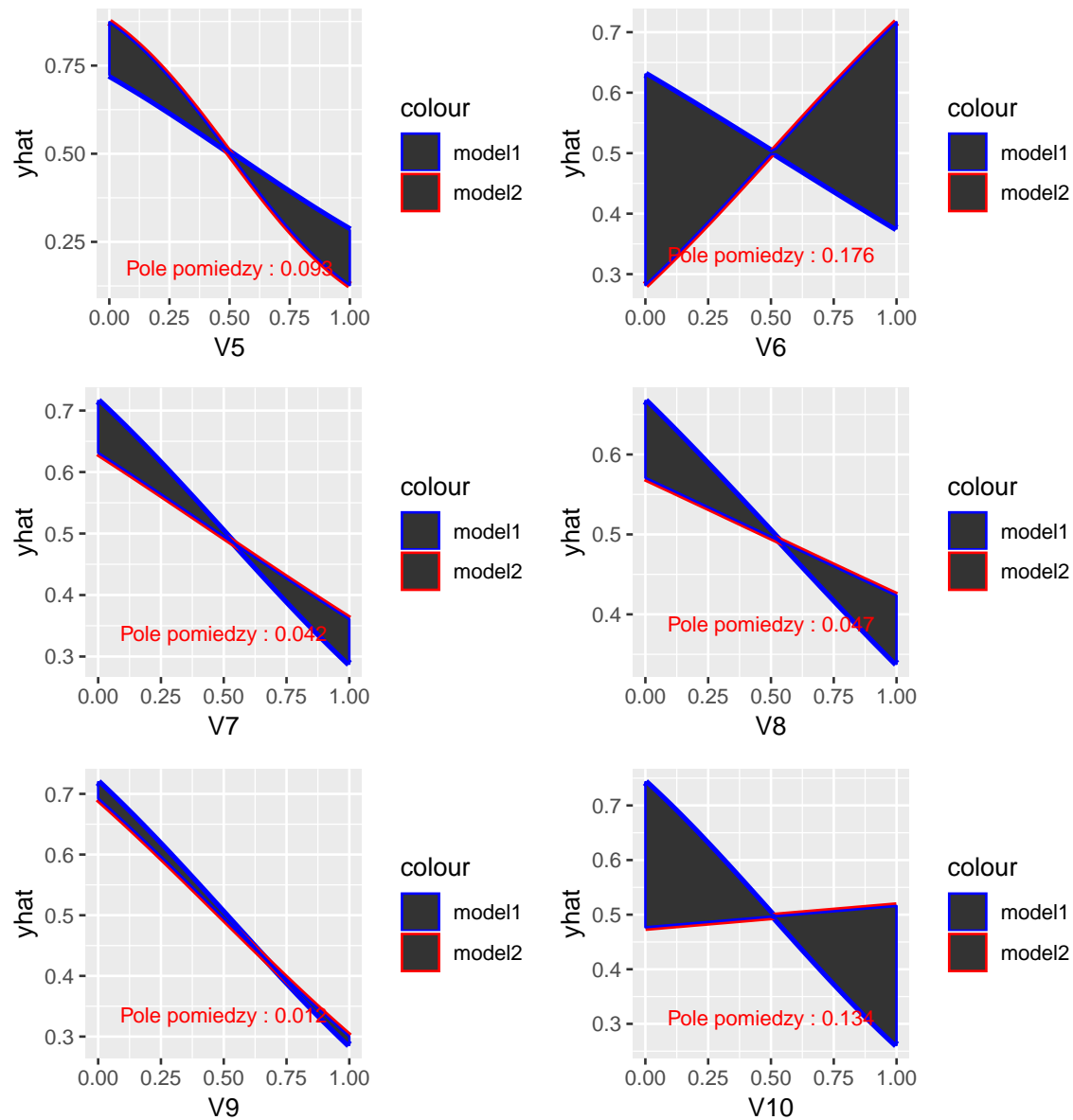
```
pdp_2models <- function(model1, model2, n=51, ncol=2, zmienne){
  variables <- model1$trainingData %>% colnames() %>%
    "[1:(model1$trainingData %>%
      colnames() %>% length() -1)) %>% "]"(zmienne)
  a <- list()
  for (zmienna in variables){
    p1 <- partial(model1, pred.var = zmienna, prob = TRUE, grid.resolution = n)
    p2 <- partial(model2, pred.var = zmienna, prob = TRUE, grid.resolution = n)
    df2 <- cbind(model1 = p1, model2 = p2)
    df2$max <- ifelse(df2$model1.yhat > df2$model2.yhat, df2$model1.yhat, df2$model2.yhat )
    df2$min <- ifelse(df2$model1.yhat < df2$model2.yhat, df2$model1.yhat, df2$model2.yhat )
    colnames(df2) <- c("V1", "yhat1", "V2", "yhat2", "max", "min")
    intersect <- sum(p1[[zmienna]] %>% diff() * (df2$max[2:length(df2$max)] - df2$min[
      2:length(df2$max)])) %>% round(3)
    a[[zmienna]] <- ggplot(df2, aes(x = V1, y = yhat1, col = "model1")) +
```

```

geom_line(size = 1.5) +
geom_line(aes(x = V2, y = yhat2,
              col = "model2"), size = 1.5) +
geom_ribbon(aes(ymin = min, ymax = max)) +
scale_fill_manual(values = c("blue", "red")) +
scale_color_manual(values = c("blue", "red")) +
xlab(zmienna) + ylab("yhat") +
annotate(geom = "text", x = min(p1[,1]) + 0.5, y = min(df2$min) + 0.05,
         label = paste("Pole pomiedzy :", intersect),
         color = "red", size = 3)
}
grid.arrange(grobs = a, ncol = ncol, nrow = 2)
}

```





Dla zmiennych **V2, V3, V4, V6** oraz **V10**, modele “wychwycily” odwrotna zaleznosc prawdopodobienstwa klasy 1, tzn model 1 wraz ze wzrostem tych zmiennych przewiduje coraz mniejsze prawdopodobienstwo przynaleznosci do klasy 1, a model zbudowany na drugiej czesci zbioru wraz ze wzrostem tych zmiennych

zwiększa prawdopodobieństwo klasy 1. Dla pozostałych zmiennych obserwujemy większe bądź mniejsze różnice w krzywych, jednak zachowują monotoniczność.

Histogramy zmiennych objaśniających

```

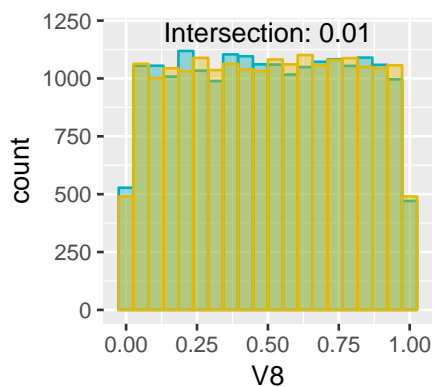
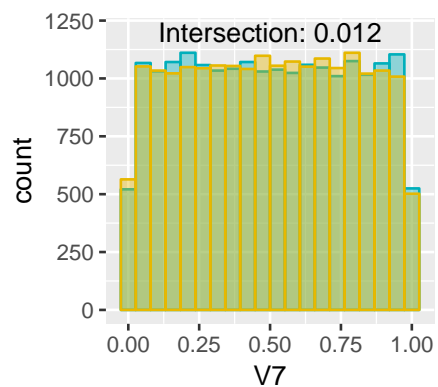
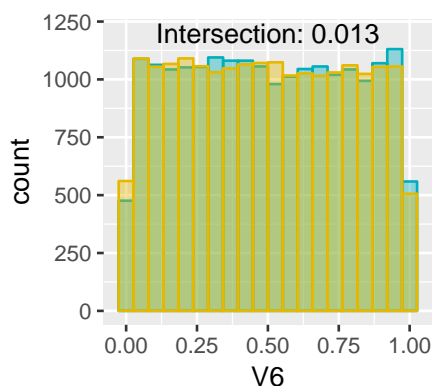
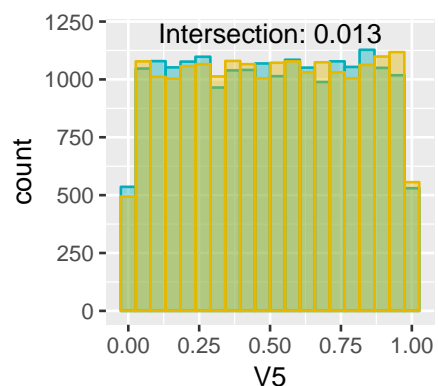
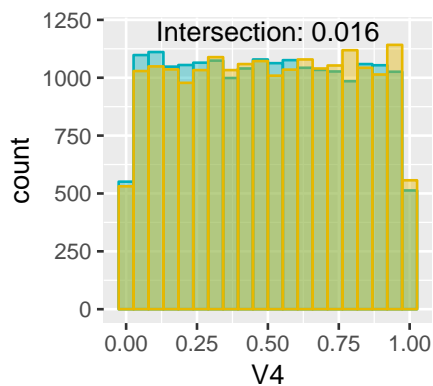
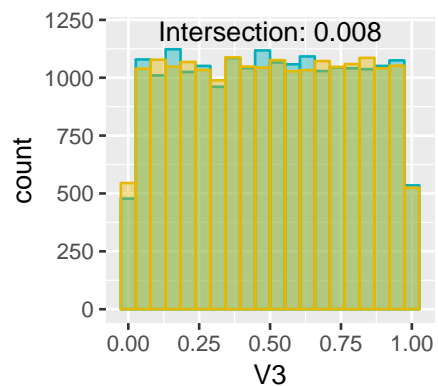
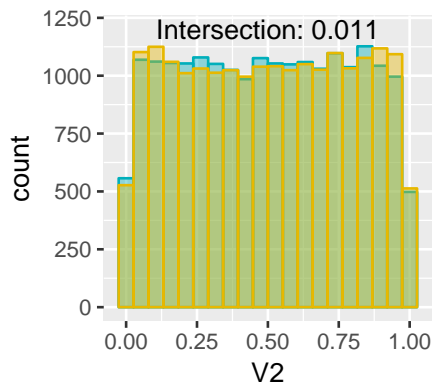
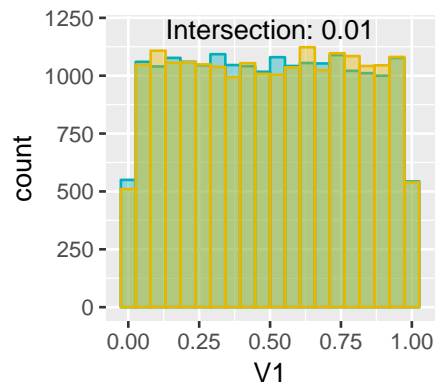
intersection <- function(x1,x2){
  dens1 <- density(x1)
  dens2 <- density(x2)
  minimum <- data.frame(y1 = dens1$y,y2 = dens2$y) %>% apply(MARGIN = 1,min)
  1 - sum(dens1$x %>% diff() * (minimum[2:length(minimum)]))
}

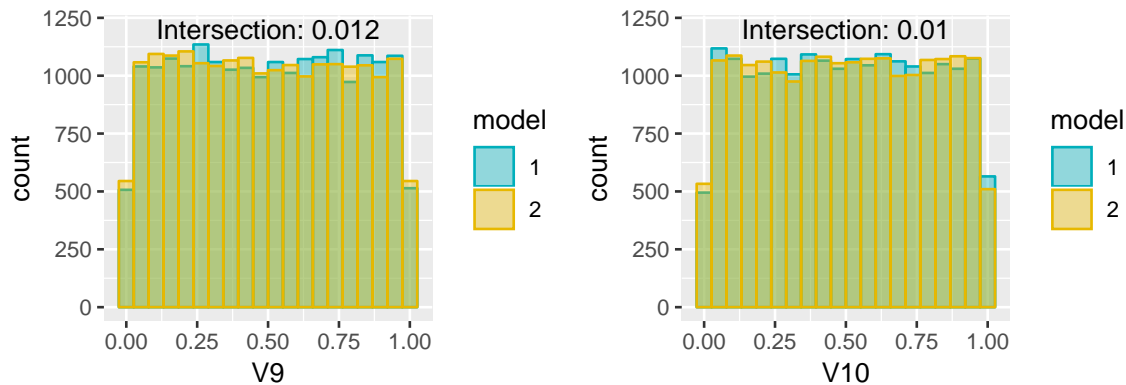
data_do_histogram <- rbind(X1,X2)

data_do_histogram$model <- c(rep(1,nrow(X1)),rep(2,nrow(X2))) %>% as.factor()

hist_all <- function(data_do_histogram,nbins = 20,zmienne){
  n <- nrow(data_do_histogram)
  variables <- data_do_histogram %>% colnames() %>%
    "["(1:(length(data_do_histogram %>% colnames())-1)) %>% "["(zmienne)
  a <- list()
  for (zmienna in variables){
    df <- data.frame(V1 = data_do_histogram %>% "["(zmienna),model = data_do_histogram %>%
      "["("model") %>% as.factor())
    x1 <- data_do_histogram[1:(n/2),zmienna]
    x2 <- data_do_histogram[(n/2):n,zmienna]
    int <- intersection(x1,x2) %>% round(3)
    a[[zmienna]] <- ggplot(data = df, aes(x = V1)) +
      geom_histogram(aes(color = model, fill = model),
        position = "identity", bins = nbins, alpha = 0.4) +
      scale_color_manual(values = c("#00AFBB", "#E7B800")) +
      scale_fill_manual(values = c("#00AFBB", "#E7B800")) + xlab(zmienna) +
      annotate(geom = "text", label = paste("Intersection:",int), y = 1200,x = 0.5)
  }
  grid.arrange(grobs = a,ncol = 2, nrow = 2)
}

```





Rozkład zmiennych objaśnianych w poszczególnych fragmentach zbioru danych nie różni się znacząco, co pokazują wartości **Intersection**.

Porównanie rozkładu reszt

Porównam rozkłady reszt tzn. różnice w prawdziwej wartości zmiennej objaśnianej z odpowiedzią modelu (modelu dopasowanego na pierwszej części zbioru). Dokładniej, niebieskim kolorem oznaczona jest wyestymowana gęstość reszt pierwszego modelu na pierwszym zbiorze testowym, a żółtym gęstość reszt obliczonych na ostatnich 10% całego zbioru.

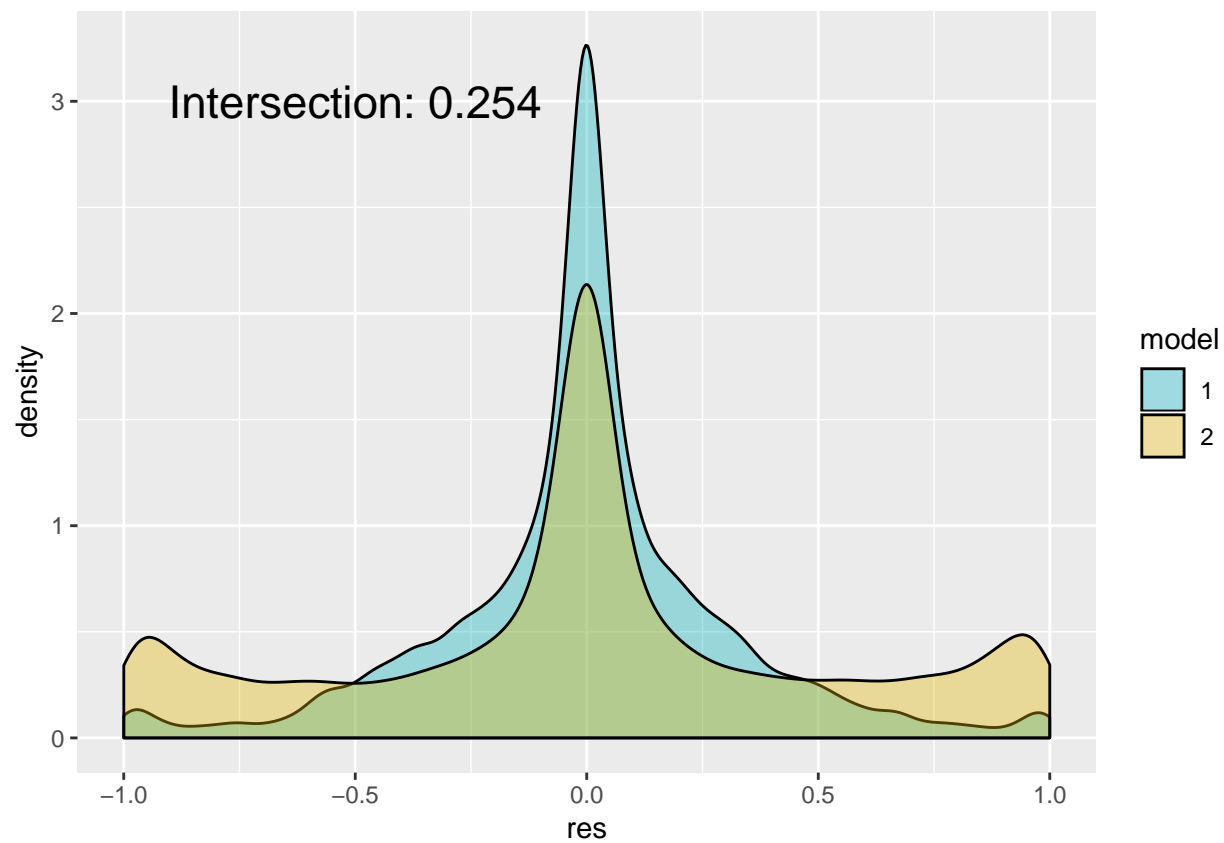
```
residual1 <- as.numeric(y1_test) - 1 - predict(logit1,newdata = test1,"prob")[,2]

residual2 <- as.numeric(y2) - 1 - predict(logit1,newdata = X2,"prob")[,2]

reszty <- data.frame(res = c(residual1,residual2),
                    model = factor(c(rep(1,nrow(test1)),rep(2,nrow(X2)))))

dens1 <- density(residual1)
dens2 <- density(residual2)
minimum <- data.frame(y1 = dens1$y,y2 = dens2$y) %>% apply(MARGIN = 1,min)
intersection <- 1 - sum(dens1$x %>% diff() * (minimum[2:length(minimum)])) %>% round(3)

ggplot(reszty, aes(res, fill = model)) +
  geom_density(alpha = 0.35)+
  scale_color_manual(values = c("#00AFBB", "#E7B800")) +
  scale_fill_manual(values = c("#00AFBB", "#E7B800")) +
  annotate(geom = "text",x = -0.5,y = 3,label = paste("Intersection:",intersection),size = 6)
```



Widac wyraźne przesunięcie się reszt na “ogony”, tzn. większa masa jest w okolicach punktów 1 i -1. Rozkład reszt dla drugiej części zbioru jest o wiele mniej skoncentrowany wokół zera.