判别分析

一、距离判别法

>> Mahalanobis距离 (简称马氏距离)

设x、y是从均值为 μ 、协方差为 Σ 的总体A中抽取出来的样本,则

• 总体A内两点x与y的马氏距离定义为

$$d(oldsymbol{x},oldsymbol{y}) = \sqrt{(oldsymbol{x}-oldsymbol{y})^{ ext{T}}oldsymbol{\Sigma}^{-1}(oldsymbol{x}-oldsymbol{y})}$$

• 样本x与总体A的马氏距离为

$$d(oldsymbol{x},oldsymbol{A}) = \sqrt{(oldsymbol{x}-oldsymbol{\mu})^{ ext{T}}oldsymbol{\Sigma}^{-1}(oldsymbol{x}-oldsymbol{\mu})}$$

```
import numpy as np
import pandas as pd
def calMahalanobis(x: np.ndarray, A: pd.DataFrame):
    """计算样本x到总体A之间的Mahalanobis距离(马氏距离)"""
    mu = A.mean().values
    cov = A.cov().values
    x_ = (x-mu).reshape(-1, 1)
    res = x_.T @ np.linalg.inv(cov) @ x_
    return res[0][0]**0.5
```

>> 判别方法

计算样本x到各总体间的马氏距离,最小距离的那一类即为该样本所属的类

二、Fisher判别法

Fisher判别又称为线性判别分析(Linear Discriminant Analysis,LDA), 其基本思想是投影,即将表面上不易分类的数据通过投影到某个方向上,使得投影类与类之间得以 分离的一种判别方法。

>> 算法原理

对于两个总体 G_1 、 G_2 , 其均值向量分别为 μ_1 、 μ_2 , 公共的协方差矩阵为 Σ 。

对于一个样本x, 其判别函数为:

$$W(x) = \left[X - rac{1}{2}(\mu_1 + \mu_2)
ight]^T \Sigma^{-1}\left(\mu_1 - \mu_2
ight)$$

判别准则为:

$$egin{cases} x \in G_1, & W(x) \geq 0 \ x \in G_2, & W(x) < 0 \end{cases}$$

>> Python实现

from sklearn.discriminant_analysis import LinearDiscriminantAnalysis as LDA
md = LDA().fit(x0, y0)
val = md.predict(x)

三、Bayes判别

Bayes判别和Bayes估计的思想方法是一样的,即假定对研究的对象已经有一定的认识,这种认识常用先验概率来描述。当取得一个样本后,就可以用样本来修正已有的先验概率分布,得出后验概率分布,再通过后验概率分布进行各种统计推断。

>> 算法原理

对于两个总体 G_1 、 G_2 ,其均值向量分别为 μ_1 、 μ_2 ,公共的协方差矩阵为 Σ 。

设两个总体的先验概率分别为 p_1 、 p_2 ;来自 G_2 误判为 G_1 引起的损失为L(1|2),来自 G_1 误判为 G_2 引起的损失为L(2|1)

对于一个样本x, 其判别函数为:

$$W(x) = \left[X - rac{1}{2}(\mu_1 + \mu_2)
ight]^T \Sigma^{-1}\left(\mu_1 - \mu_2
ight)$$

判别准则为:

$$egin{cases} x \in G_1, & W(x) \geq eta \ x \in G_2, & W(x) < eta \end{cases}$$
 其中, $eta = \ln rac{L(1|2) \cdot p_2}{L(2|1) \cdot p_1}$

四、判别分析的评价方法

1. 回代误判率

$$\hat{P}=rac{N_1+N_2}{m+n}$$

其中, N_1 、 N_2 分别为两个总体回代误判的个数,m、n为两个总体的样本数。

2. 交叉误判率

>> 算法原理

交叉误判率估计是每次删除一个样品,利用其余的m+n-1个训练样品建立判别准则,再用所建立的准则对删除的样品进行判别。对训练样品中每个样品都做如上分析,以其误判的比例作为误判率。

>> Python实现

from sklearn.model_selection import cross_val_score res = cross_val_score(model, x0, y0,cv=k) # cv=k表示把已知样本点分为k组