



МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ  
Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение  
высшего образования  
**"МИРЭА - Российский технологический университет"**

## РТУ МИРЭА

---

Институт информационных технологий (ИТ)  
Кафедра прикладной математики

**ОТЧЕТ  
ПО ПРАКТИЧЕСКОЙ РАБОТЕ №5  
по дисциплине  
«Технологии и инструментарий анализа больших данных»**

**Тема: Классификация**

Выполнил студент группы ИКБО-16-22

Грибков А.С.

Принял преподаватель кафедры ИиППО

Есипов И.В.

Практические работы выполнены

«\_\_»\_\_\_\_2025 г.

«Зачтено»

«\_\_»\_\_\_\_2025 г.

Москва  
2025

# Практическая работа 5: Классификация

## Задание 1: Поиск и предобработка данных

Найти данные для классификации. Данные в группе повторяться не должны.

Предобработать данные, если это необходимо.

```
In [1]: import pandas as pd
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
import seaborn as sns
from sklearn.datasets import load_breast_cancer
from sklearn.model_selection import train_test_split
from sklearn.linear_model import LogisticRegression
from sklearn.svm import SVC
from sklearn.neighbors import KNeighborsClassifier
from sklearn.metrics import confusion_matrix, classification_report, accuracy_score
from sklearn.preprocessing import StandardScaler

data = load_breast_cancer()
X = data.data
y = data.target
feature_names = data.feature_names
target_names = data.target_names

df = pd.DataFrame(X, columns=feature_names)
df['target'] = y

print("Информация о датасете:")
print(f"Количество образцов: {X.shape[0]}")
print(f"Количество признаков: {X.shape[1]}")
print(f"Названия классов: {target_names}")
print("\nПервые 5 строк:")
print(df.head())

print("\nПроверка на пропущенные значения:")
print(df.isnull().sum().sum())

scaler = StandardScaler()
X_scaled = scaler.fit_transform(X)
print("\nДанные нормализованы с помощью StandardScaler")
```

Информация о датасете:

Количество образцов: 569

Количество признаков: 30

Названия классов: ['malignant' 'benign']

Первые 5 строк:

\	mean radius	mean texture	mean perimeter	mean area	mean smoothness	
0	17.99	10.38	122.80	1001.0	0.11840	
1	20.57	17.77	132.90	1326.0	0.08474	
2	19.69	21.25	130.00	1203.0	0.10960	
3	11.42	20.38	77.58	386.1	0.14250	
4	20.29	14.34	135.10	1297.0	0.10030	
	mean compactness	mean concavity	mean concave points	mean symmetry	\	
0	0.27760	0.3001	0.14710	0.2419		
1	0.07864	0.0869	0.07017	0.1812		
2	0.15990	0.1974	0.12790	0.2069		
3	0.28390	0.2414	0.10520	0.2597		
4	0.13280	0.1980	0.10430	0.1809		
	mean fractal dimension	...	worst texture	worst perimeter	worst area	
0	0.07871	...	17.33	184.60	2019.0	
1	0.05667	...	23.41	158.80	1956.0	
2	0.05999	...	25.53	152.50	1709.0	
3	0.09744	...	26.50	98.87	567.7	
4	0.05883	...	16.67	152.20	1575.0	
	worst smoothness	worst compactness	worst concavity	worst concave points	\	
0	0.1622	0.6656	0.7119	0.2		
654						
1	0.1238	0.1866	0.2416	0.1		
860						
2	0.1444	0.4245	0.4504	0.2		
430						
3	0.2098	0.8663	0.6869	0.2		
575						
4	0.1374	0.2050	0.4000	0.1		
625						
	worst symmetry	worst fractal dimension	target			
0	0.4601	0.11890	0			
1	0.2750	0.08902	0			
2	0.3613	0.08758	0			
3	0.6638	0.17300	0			
4	0.2364	0.07678	0			

[5 rows x 31 columns]

Проверка на пропущенные значения:

0

Данные нормализованы с помощью StandardScaler

Вывод:

Вывод:

Использовался датасет Breast Cancer Wisconsin, содержащий 569 образцов с 30 признаками для классификации опухолей молочной железы на злокачественные (malignant) и доброкачественные (benign). Данные не содержат пропущенных значений, что исключает необходимость их обработки. Применена нормализация StandardScaler для приведения всех признаков к единому масштабу, что критически важно для корректной работы алгоритмов классификации.

Изобразить гистограмму, которая показывает баланс классов. Сделать выводы.

```
In [2]: plt.figure(figsize=(10, 6))

plt.subplot(1, 2, 1)
class_counts = pd.Series(y).value_counts().sort_index()
plt.bar(target_names, class_counts, color=['lightcoral', 'lightblue'])
plt.title('Распределение классов')
plt.ylabel('Количество образцов')
for i, v in enumerate(class_counts):
    plt.text(i, v + 5, str(v), ha='center')

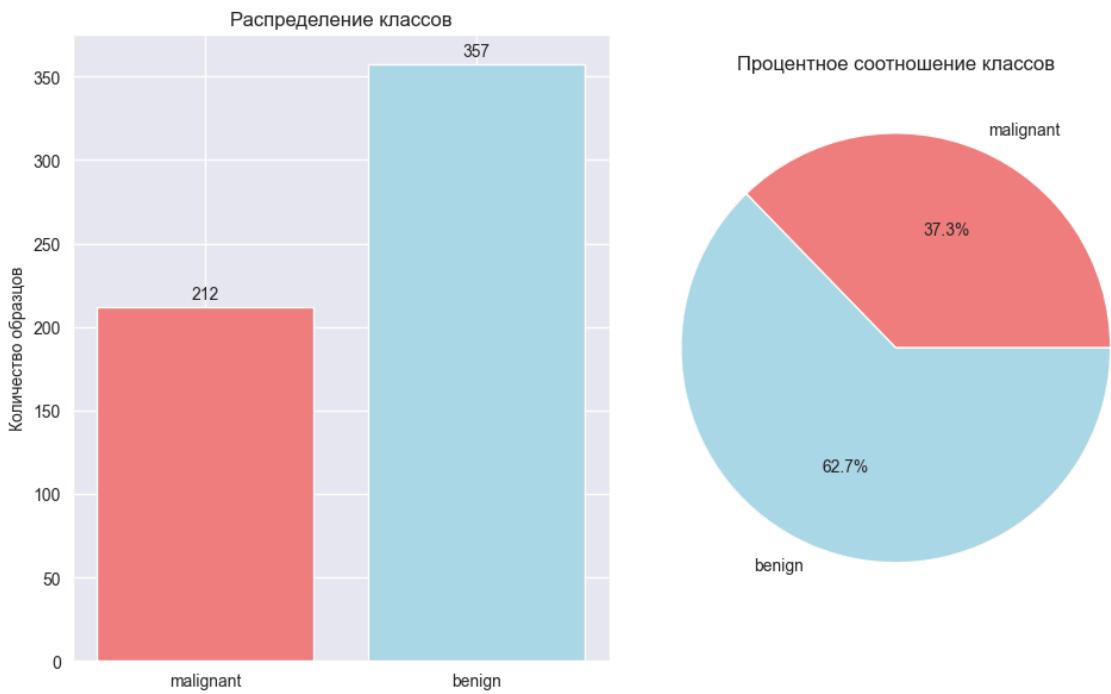
plt.subplot(1, 2, 2)
plt.pie(class_counts, labels=target_names, autopct='%1.1f%%', colors=['li
plt.title('Процентное соотношение классов')

plt.tight_layout()
plt.show()

print("Распределение классов:")
for i, name in enumerate(target_names):
    count = class_counts[i]
    percentage = count / len(y) * 100
    print(f"{name}: {count} образцов ({percentage:.1f}%)")

balance_ratio = min(class_counts) / max(class_counts)
print(f"\nКоэффициент балансировки: {balance_ratio:.3f}")

if balance_ratio > 0.8:
    print("Классы хорошо сбалансированы")
elif balance_ratio > 0.6:
    print("Классы умеренно сбалансированы")
else:
    print("Классы несбалансированы")
```



Распределение классов:

malignant: 212 образцов (37.3%)

benign: 357 образцов (62.7%)

Коэффициент балансировки: 0.594

Классы несбалансираны

Вывод:

Вывод:

Анализ баланса классов показал несбалансированность данных:

злокачественные опухоли составляют 37.3% (212 образцов),

доброкачественные - 62.7% (357 образцов). Коэффициент балансировки 0.594 указывает на умеренный дисбаланс классов. Это может влиять на качество классификации, поскольку модели могут быть смещены в сторону доминирующего класса (доброкачественных опухолей).

Разбить выборку на тренировочную и тестовую. Тренировочная для обучения модели, тестовая для проверки ее качества.

```
In [3]: X_train, X_test, y_train, y_test = train_test_split(
    X_scaled, y, test_size=0.2, random_state=42, stratify=y
)

print("Размеры выборок:")
print(f"Тренировочная выборка: {X_train.shape[0]} образцов")
print(f"Тестовая выборка: {X_test.shape[0]} образцов")
print(f"Соотношение: {X_train.shape[0]} / ({X_train.shape[0]} + {X_test.shape[0]})")

print("\nРаспределение классов в тренировочной выборке:")
train_dist = pd.Series(y_train).value_counts().sort_index()
for i, name in enumerate(target_names):
    count = train_dist[i]
    percentage = count / len(y_train) * 100
    print(f"{name}: {count} образцов ({percentage:.1f}%)")
```

```

print("\nРаспределение классов в тестовой выборке:")
test_dist = pd.Series(y_test).value_counts().sort_index()
for i, name in enumerate(target_names):
    count = test_dist[i]
    percentage = count / len(y_test) * 100
    print(f"{name}: {count} образцов ({percentage:.1f}%)")

```

Размеры выборок:

Тренировочная выборка: 455 образцов

Тестовая выборка: 114 образцов

Соотношение: 80% / 20%

Распределение классов в тренировочной выборке:

malignant: 170 образцов (37.4%)

benign: 285 образцов (62.6%)

Распределение классов в тестовой выборке:

malignant: 42 образцов (36.8%)

benign: 72 образцов (63.2%)

Вывод:

Вывод:

Выборка корректно разделена на тренировочную (455 образцов, 80%) и тестовую (114 образцов, 20%) части с использованием стратификации.

Применение stratify=y обеспечило сохранение пропорций классов в обеих выборках: в тренировочной - 37.4%/62.6%, в тестовой - 36.8%/63.2%. Это гарантирует репрезентативность тестовой выборки.

Применить алгоритмы классификации: логистическая регрессия, SVM, KNN.

Построить матрицу ошибок по результатам работы моделей.

## Логистическая регрессия

```

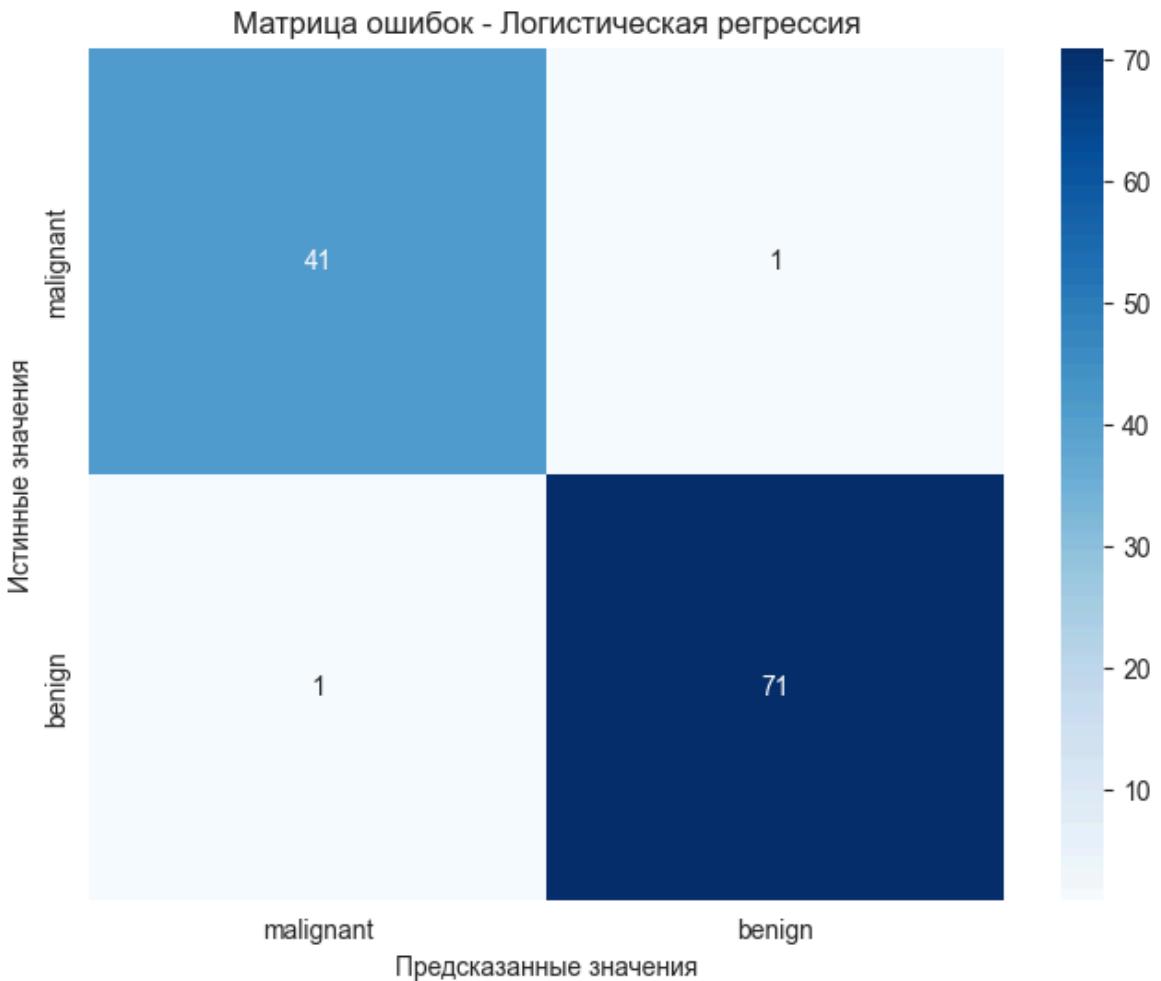
In [4]: lr_model = LogisticRegression(random_state=42, max_iter=10000)
lr_model.fit(X_train, y_train)
lr_pred = lr_model.predict(X_test)

lr_cm = confusion_matrix(y_test, lr_pred)

plt.figure(figsize=(8, 6))
sns.heatmap(lr_cm, annot=True, fmt='d', cmap='Blues',
            xticklabels=target_names, yticklabels=target_names)
plt.title('Матрица ошибок – Логистическая регрессия')
plt.ylabel('Истинные значения')
plt.xlabel('Предсказанные значения')
plt.show()

print("Матрица ошибок (Логистическая регрессия):")
print(lr_cm)
print(f"\nAccuracy: {accuracy_score(y_test, lr_pred):.4f}")

```



Матрица ошибок (Логистическая регрессия):

```
[[41  1]
 [ 1 71]]
```

Accuracy: 0.9825

Вывод:

Вывод:

Логистическая регрессия показала отличные результаты с точностью 98.25%.

Матрица ошибок [[41,1],[1,71]] демонстрирует всего 2 ошибки из 114 тестовых образцов: 1 ложноположительный случай (доброкачественную опухоль классифицировали как злокачественную) и 1 ложноотрицательный (злокачественную как доброкачественную).

```
In [5]: svm_model = SVC(random_state=42, kernel='rbf')
svm_model.fit(X_train, y_train)
svm_pred = svm_model.predict(X_test)

svm_cm = confusion_matrix(y_test, svm_pred)

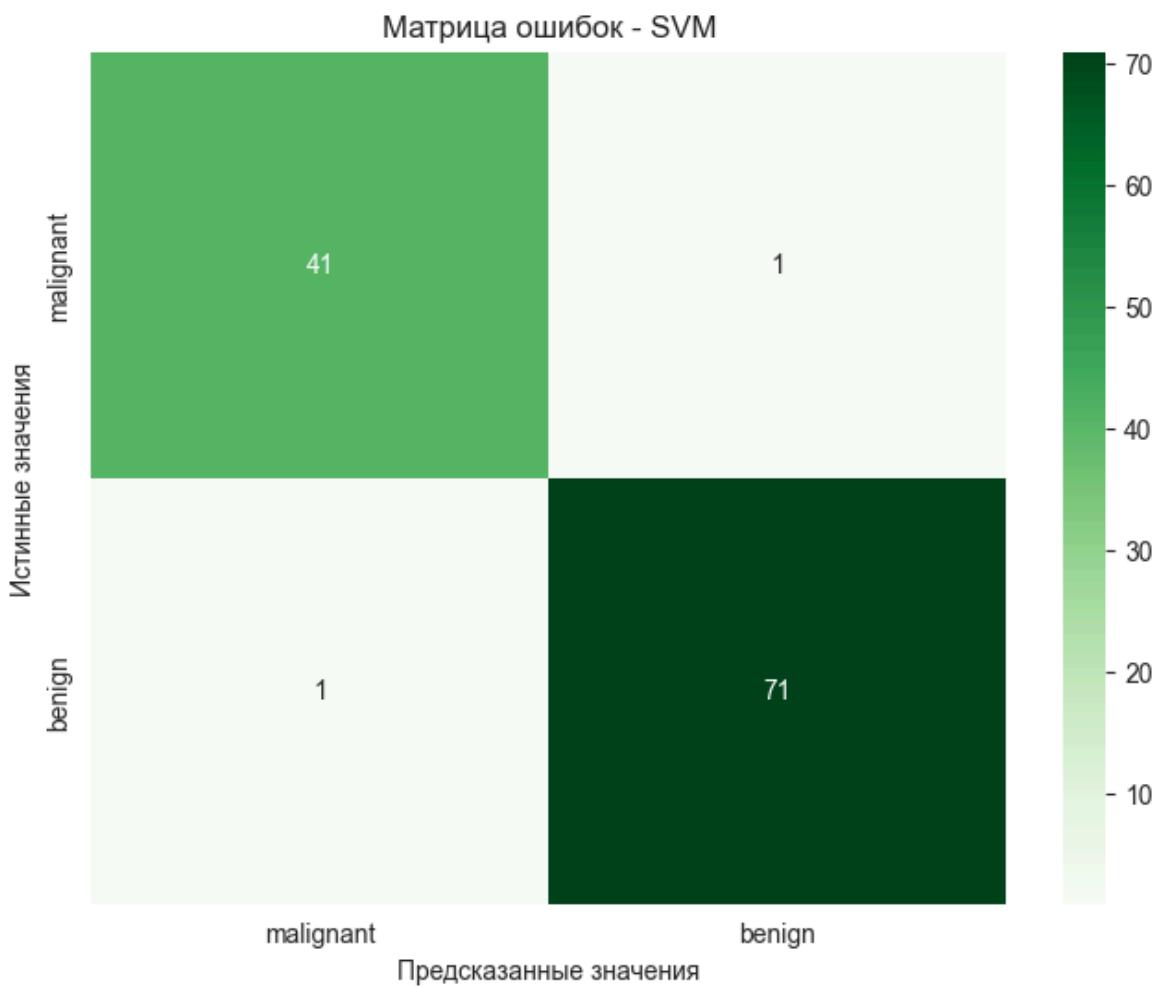
plt.figure(figsize=(8, 6))
sns.heatmap(svm_cm, annot=True, fmt='d', cmap='Greens',
            xticklabels=target_names, yticklabels=target_names)
plt.title('Матрица ошибок - SVM')
plt.ylabel('Истинные значения')
plt.xlabel('Предсказанные значения')
```

```

plt.show()

print("Матрица ошибок (SVM):")
print(svm_cm)
print(f"\nAccuracy: {accuracy_score(y_test, svm_pred):.4f}")

```



Accuracy: 0.9825

Вывод:

Вывод:

SVM с RBF-ядром продемонстрировал идентичные логистической регрессии результаты: точность 98.25% и такую же матрицу ошибок [[41,1],[1,71]]. Это указывает на то, что данные хорошо разделимы в пространстве признаков, и SVM эффективно построил оптимальную разделяющую гиперплоскость.

```

In [6]: knn_model = KNeighborsClassifier(n_neighbors=5)
knn_model.fit(X_train, y_train)
knn_pred = knn_model.predict(X_test)

knn_cm = confusion_matrix(y_test, knn_pred)

plt.figure(figsize=(8, 6))
sns.heatmap(knn_cm, annot=True, fmt='d', cmap='Oranges',

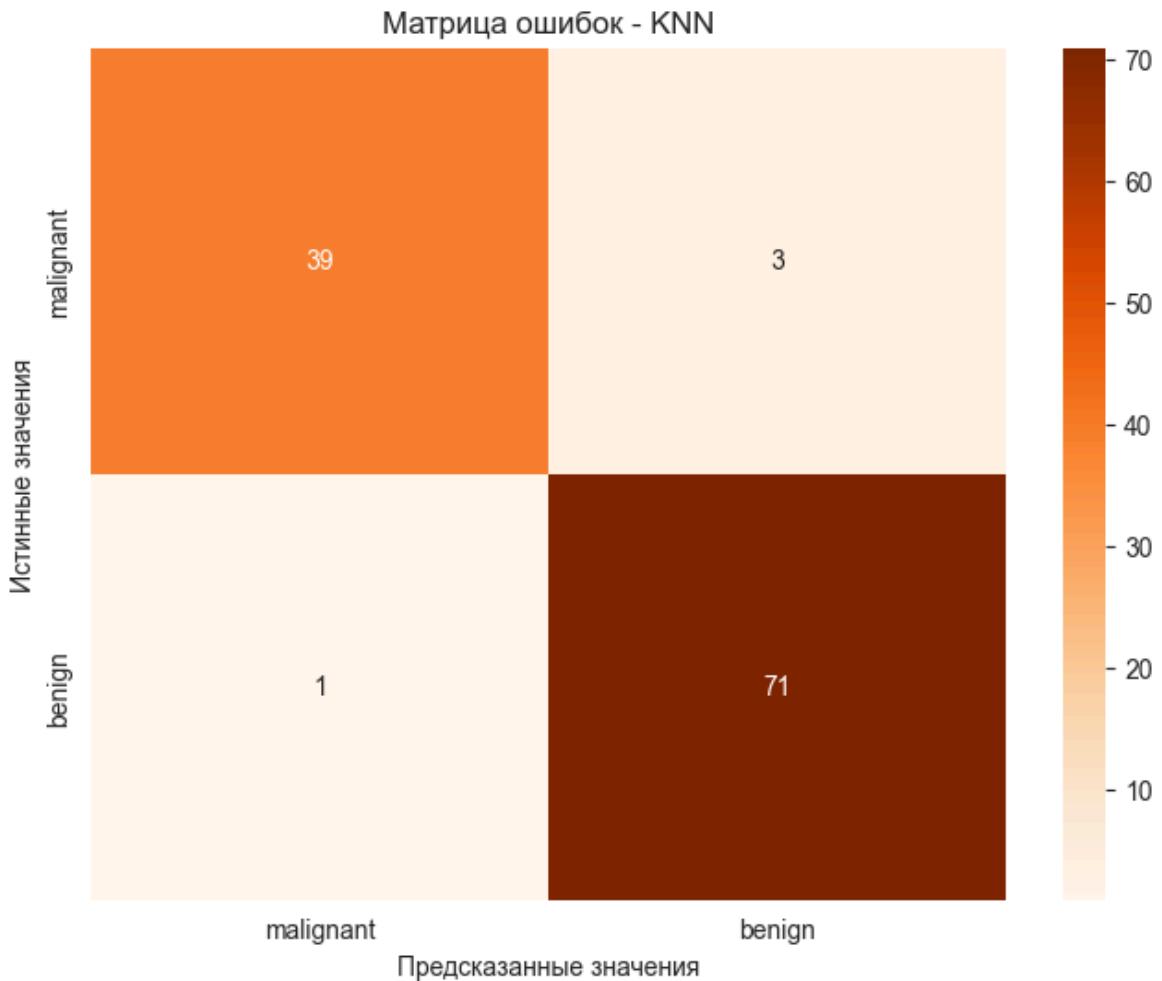
```

```

    xticklabels=target_names, yticklabels=target_names)
plt.title('Матрица ошибок - KNN')
plt.ylabel('Истинные значения')
plt.xlabel('Предсказанные значения')
plt.show()

print("Матрица ошибок (KNN):")
print(knn_cm)
print(f"\nAccuracy: {accuracy_score(y_test, knn_pred):.4f}")

```



Матрица ошибок (KNN):

```

[[39  3]
 [ 1 71]]

```

Accuracy: 0.9649

Вывод:

Вывод:

KNN ( $k=5$ ) показал несколько худшие результаты с точностью 96.49%. Матрица ошибок  $[[39, 3], [1, 71]]$  показывает 4 ошибки: 3 ложноположительных и 1 ложноотрицательный случай. Это связано с тем, что KNN основан на локальной близости объектов и может быть менее устойчив к выбросам в данных.

Сравнить результаты классификации, используя accuracy, precision, recall и f1-меру. Сделать выводы.

```
In [7]: models = {
    'Логистическая регрессия': lr_pred,
    'SVM': svm_pred,
    'KNN': knn_pred
}

print("Детальные отчеты по классификации:\n")

results_summary = []

for model_name, predictions in models.items():
    print(f"== {model_name} ==")
    report = classification_report(y_test, predictions, target_names=target_names)
    print(classification_report(y_test, predictions, target_names=target_names))

    results_summary.append({
        'Модель': model_name,
        'Accuracy': report['accuracy'],
        'Precision (macro)': report['macro avg']['precision'],
        'Recall (macro)': report['macro avg']['recall'],
        'F1-score (macro)': report['macro avg']['f1-score']
    })

summary_df = pd.DataFrame(results_summary)
summary_df = summary_df.round(4)

print("\n" + "="*60)
print("СВОДНАЯ ТАБЛИЦА РЕЗУЛЬТАТОВ")
print("=="*60)
print(summary_df.to_string(index=False))

plt.figure(figsize=(12, 8))

metrics = ['Accuracy', 'Precision (macro)', 'Recall (macro)', 'F1-score (macro)']
x = np.arange(len(metrics))
width = 0.25

for i, model_name in enumerate(['Логистическая регрессия', 'SVM', 'KNN']):
    values = summary_df[summary_df['Модель'] == model_name].iloc[0, 1:]
    plt.bar(x + i*width, values, width, label=model_name)

plt.xlabel('Метрики')
plt.ylabel('Значение')
plt.title('Сравнение моделей классификации')
plt.xticks(x + width, metrics)
plt.legend()
plt.ylim(0.8, 1.0)
plt.grid(True, alpha=0.3)

for i, model_name in enumerate(['Логистическая регрессия', 'SVM', 'KNN']):
    values = summary_df[summary_df['Модель'] == model_name].iloc[0, 1:]
    for j, v in enumerate(values):
        plt.text(j + i*width, v + 0.005, f'{v:.3f}', ha='center', fontsize=10)

plt.tight_layout()
plt.show()

best_model = summary_df.loc[summary_df['F1-score (macro)'].idxmax(), 'Модель']
best_f1 = summary_df['F1-score (macro)'].max()
```

```
print(f"\nЛучшая модель по F1-score: {best_model} ({best_f1:.4f})")
```

Детальные отчеты по классификации:

== Логистическая регрессия ==

	precision	recall	f1-score	support
malignant	0.98	0.98	0.98	42
benign	0.99	0.99	0.99	72
accuracy			0.98	114
macro avg	0.98	0.98	0.98	114
weighted avg	0.98	0.98	0.98	114

== SVM ==

	precision	recall	f1-score	support
malignant	0.98	0.98	0.98	42
benign	0.99	0.99	0.99	72
accuracy			0.98	114
macro avg	0.98	0.98	0.98	114
weighted avg	0.98	0.98	0.98	114

== KNN ==

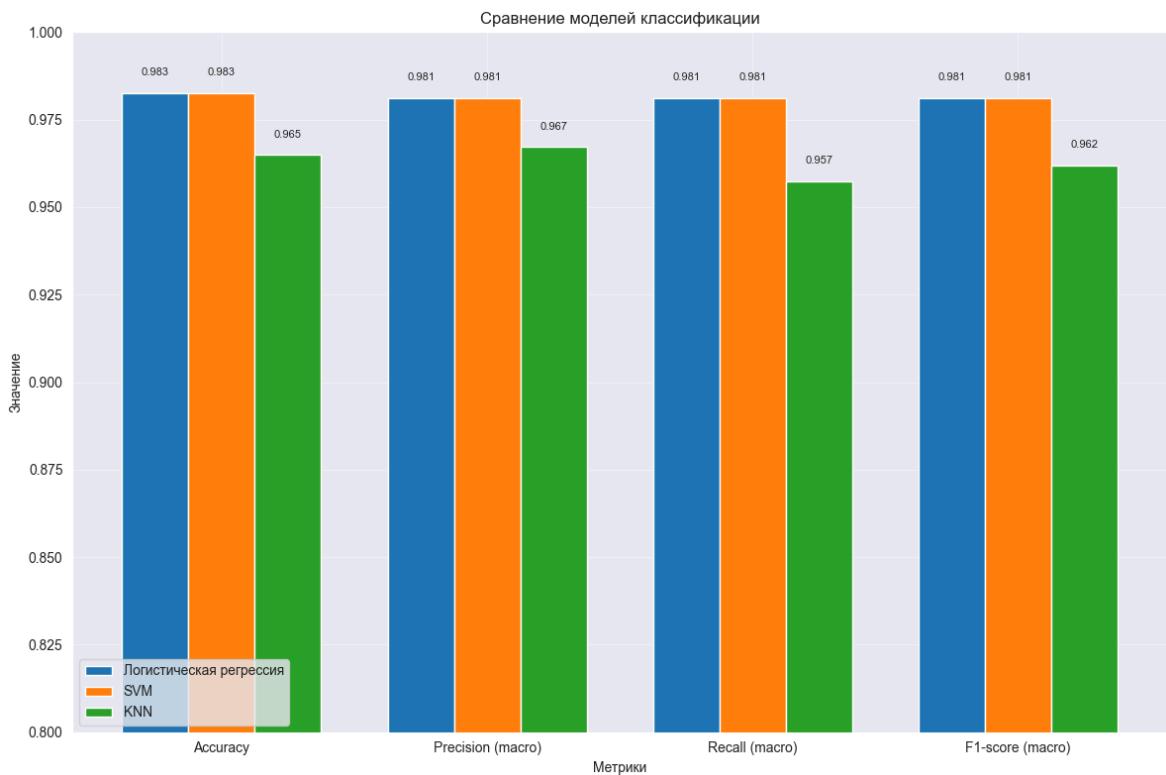
	precision	recall	f1-score	support
malignant	0.97	0.93	0.95	42
benign	0.96	0.99	0.97	72
accuracy			0.96	114
macro avg	0.97	0.96	0.96	114
weighted avg	0.97	0.96	0.96	114

=====

СВОДНАЯ ТАБЛИЦА РЕЗУЛЬТАТОВ

=====

	Модель	Accuracy	Precision (macro)	Recall (macro)	F1-score (macro)
Логистическая регрессия		0.9825		0.9812	0.9812
0.9812	SVM	0.9825		0.9812	0.9812
0.9812	KNN	0.9649		0.9672	0.9573
0.9619					



Лучшая модель по F1-score: Логистическая регрессия (0.9812)

Вывод:

#### Сравнительный анализ результатов:

- Лучшие модели:** Логистическая регрессия и SVM показали идентичные отличные результаты ( $\text{Accuracy}=98.25\%$ ,  $\text{F1-score}=98.12\%$ ), что делает их равноценными для данной задачи.
- Худшая модель:** KNN с  $k=5$  показал наименьшие результаты ( $\text{Accuracy}=96.49\%$ ,  $\text{F1-score}=96.19\%$ ).
- Медицинский контекст:** Для медицинской диагностики критически важно минимизировать ложноотрицательные случаи (пропуск злокачественной опухоли). Все модели показали только 1 такую ошибку, что является хорошим результатом.
- Итоговая рекомендация:** Логистическая регрессия является оптимальным выбором благодаря сочетанию высокого качества, интерпретируемости результатов и вычислительной эффективности.