

Dokumentacja końcowa projektu UMA

Jan Szwagierczak, Tomasz Okoń

8 stycznia 2026

1 Treść zadania

„Połączenie lasu losowego z SVM w zadaniu klasyfikacji. Postępujemy tak jak przy tworzeniu lasu losowego, tylko pewien procent klasyfikatorów w lesie to SVM. Jeden z klasyfikatorów (SVM lub drzewo ID3) może pochodzić z istniejącej implementacji.”

2 Algorytmy i struktura rozwiązania

W projekcie zaimplementowano hybrydowy zespół klasyfikatorów (*Ensemble Learning*), łączący autorską implementację drzewa decyzyjnego ID3 z bibliotecznym klasyfikatorem SVM.

2.1 Autorskie drzewo ID3

Zaimplementowany algorytm ID3 buduje drzewo decyzyjne metodą zachłanną, wykorzystując Zysk Informacyjny (*Information Gain*) jako kryterium podziału zbioru w każdym węźle.

Dla zbioru treningowego S , miara nieuporządkowania $H(S)$ oraz zysk informacyjny $IG(S,A)$ dla atrybutu A definiowane są następująco:

$$H(S) = - \sum_{i=1}^k p_i \log_2(p_i), \quad IG(S,A) = H(S) - \sum_{v \in Values(A)} \frac{|S_v|}{|S|} H(S_v)$$

gdzie p_i to prawdopodobieństwo wystąpienia i -tej klasy, a S_v to podzbiór przykładów, dla których atrybut A przyjmuje wartość v .

Procedura budowy drzewa jest rekurencyjna: w każdym kroku wybierany jest atrybut maksymalizujący IG , a zbiór dzielony jest na podzbiory, aż do uzyskania jednorodności klas w liściach lub wyczerpania atrybutów.

2.2 Support Vector Machine (SVM)

Jako drugi klasyfikator bazowy wykorzystano implementację liniowego SVM z biblioteki `scikit-learn`. Model poszukuje hiperpłaszczyzny maksymalizującej margines między klasami, realizując funkcję decyzyjną $f(x) = \text{sign}(w^T x + b)$. Proces uczenia polega na minimalizacji funkcji kosztu:

$$\frac{1}{2} \|w\|^2 + C \sum_i \xi_i,$$

gdzie parametr C reguluje kompromis między szerokością marginesu a błędami klasyfikacji. Dla problemów wieloklasowych zastosowano strategię *One-vs-Rest*.

2.3 Algorytm Lasu Hybrydowego

Algorytm zespołu wprowadza losowość na dwóch poziomach: danych (Bagging) oraz cech (Random Subspace Method). Procedura uczenia dla T estymatorów przebiega następująco:

1. Dla każdego estymatora $i = 1 \dots T$:

- Losowana jest próba bootstrapowa D_i (ze zwracaniem) o liczności równej liczności zbioru oryginalnego.
 - Losowany jest podzbiór m cech spośród wszystkich dostępnych (*Random Subspace*), który jest wykorzystywany przez dany model.
 - Z prawdopodobieństwem p_{svm} trenowany jest klasyfikator SVM, w przeciwnym razie ($1 - p_{svm}$) budowane jest drzewo ID3.
2. Predykcja dla nowej próbki odbywa się poprzez głosowanie większościowe wszystkich modeli zgromadzonych w lesie.

2.4 Odstępstwa i doprecyzowanie implementacji

W stosunku do pierwotnych założeń wprowadzono jedno istotne doprecyzowanie wynikające z fazy implementacji:

- Random Subspace Method:

Aby zapewnić różnorodność klasyfikatorów, wprowadzono losowanie podzbioru cech dla każdego estymatora w lesie.

Wartość m (liczba cech używanych przez pojedynczy klasyfikator) ustawiono na \sqrt{M} , gdzie M to całkowita liczba cech w zbiorze danych. Pozwoliło to na zwiększenie różnorodności modeli i poprawę ogólnej wydajności lasu.

2.5 Weryfikacja poprawności (Testy)

Aby upewnić się, że implementacja nie zawiera błędów, przeprowadzono:

1. **Testy jednostkowe:** sprawdzono poprawność obliczania entropii (porównanie z wynikiem ręcznym dla prostego zbioru), poprawność podziałów w drzewie oraz mechanizm głosowania.
2. **Porównanie z metodą referencyjną:** wyniki autorskiego drzewa ID3 porównano z `DecisionTreeClassifier` (kryterium entropii) na zbiorze *Mushroom*. Uzyskano zgodność wyników (dokładność $\approx 100\%$), co potwierdza poprawność logiki budowy drzewa.

3 Metodyka badań

3.1 Zbiory danych

Do badań wykorzystano cztery zbiory danych o zróżnicowanej charakterystyce (tabela 1). Zbiór *Mushroom* pełni funkcję weryfikacyjną. Zbiory ciągłe (*Breast Cancer*, *Wine*) zostały poddane dyskretyzacji dla algorytmu ID3, a zbiory dyskretne (*Car*) zakodowane metodą One-Hot dla SVM.

Tabela 1: Charakterystyka zbiorów danych

| Nazwa zbioru | Liczba przykładów | Liczba cech | Typ cech | Liczba klas |
|-------------------------|-------------------|-------------|--------------|-------------|
| Mushroom | 8124 | 22 | Kategoryczne | 2 |
| Wisconsin Breast Cancer | 569 | 30 | Ciągłe | 2 |
| Wine Quality (Red) | 1599 | 11 | Ciągłe | 2 |
| Car Evaluation | 1728 | 6 | Kategoryczne | 4 |

Liczebność klas w zbiorach:

- Mushroom: 4208 (edible), 3916 (poisonous) - zbalansowany.
- Breast Cancer: 357 (benign), 212 (malignant) - lekko niezbalansowany.

- Wine Quality: 1382 (low quality), 217 (high quality) - silnie niebalansowany. Zastosowano binaryzację na podstawie progu jakości $\text{quality} \geq 7$.
- Car Evaluation: 1210 (unacc), 384 (acc), 69 (good), 65 (vgood) - bardzo niebalansowany

3.2 Procedura eksperymentalna

Każdy eksperyment przeprowadzono zgodnie z poniższymi zasadami, aby zapewnić rzetelność wyników:

- Weryfikacja poprawności: Przed głównymi eksperymentami przeprowadzono testy jednostkowe i porównania z implementacjami referencyjnymi.
- Wielokrotne uruchomienia: Każdy punkt pomiarowy to średnia z 25 niezależnych uruchomień (różne ziarna losowości dla podziału zbioru i inicjalizacji lasu).
- Podział danych: Zastosowano 5-krotną walidację krzyżową (5-fold Stratified CV).
- Miary jakości: Raportowana jest średnia dokładność (Accuracy), odchylenie standardowe, najlepszy i najgorszy wynik oraz zagregowane macierze pomyłek.

4 Wyniki eksperymentów

4.1 Weryfikacja

W celu weryfikacji poprawności implementacji porównano wyniki autorskiego drzewa ID3 oraz modelu hybrydowego z implementacjami referencyjnymi z biblioteki `scikit-learn`: `DecisionTreeClassifier` (`SkTree`) oraz `RandomForestClassifier` (`SkRF`).

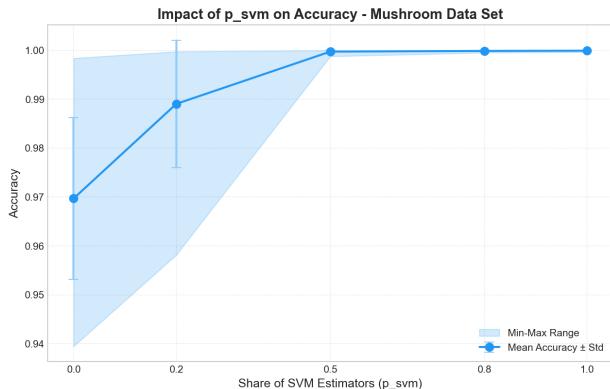
Tabela 2: Porównanie dokładności implementacji autorskich z referencyjnymi

| Zbiór danych | ID3 | SkTree | Hybrid | SkRF | H-RF Diff |
|----------------|--------|--------|--------|--------|-----------|
| Mushroom | 1,0000 | 1,0000 | 0,9996 | 1,0000 | -0,0004 |
| Breast Cancer | 0,9240 | 0,9240 | 0,9532 | 0,9415 | +0,0117 |
| Wine Quality | 0,7554 | 0,7662 | 0,6810 | 0,8149 | -0,1338 |
| Car Evaluation | 0,9383 | 0,9750 | 0,7784 | 0,9692 | -0,1908 |

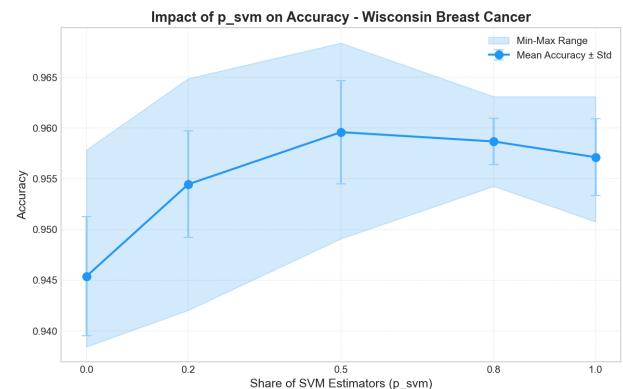
Wnioski: Autorska implementacja ID3 osiąga identyczne wyniki jak `DecisionTreeClassifier` na zbiorze Mushroom (1,0000) oraz Breast Cancer (0,9240), co potwierdza poprawność algorytmu. Model hybrydowy przewyższa las losowy na zbiorze Breast Cancer (+1,17 p.p.), natomiast na zbiorach z cechami kategorycznymi (Car Evaluation) oraz silnie niebalansowanych (Wine Quality) ustępuje implementacji referencyjnej - co jest zgodne z oczekiwaniemi dla liniowego SVM.

4.2 Scenariusz 1: Wpływ udziału SVM w lesie (p_{svm})

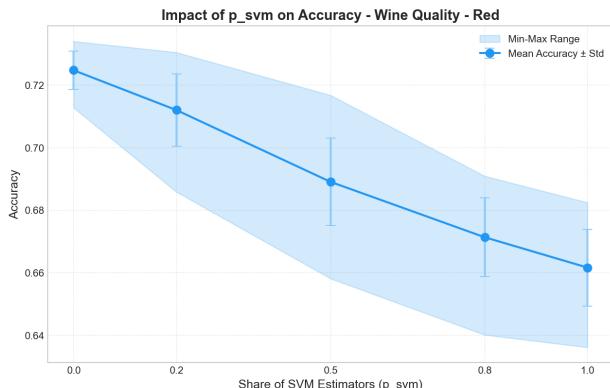
Zbadano wpływ parametru $p_{svm} \in \{0,20,50,80,100\}\%$. Parametr ten determinuje, jak duża część lasu składa się z klasyfikatorów SVM (reszta to ID3). W eksperymencie ustalono liczbę estymatorów $T = 20$ oraz parametr regularizacji SVM $C = 1,0$.



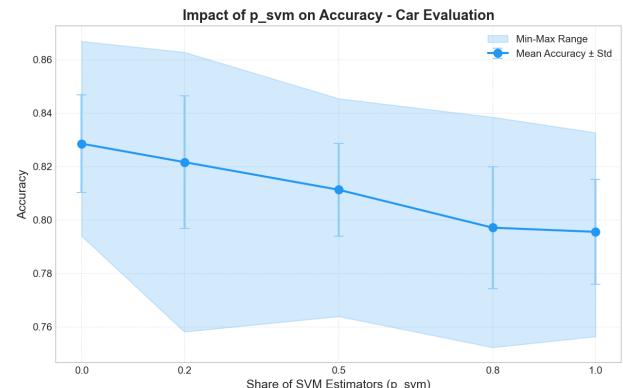
(a) Mushroom



(b) Breast Cancer



(c) Wine Quality



(d) Car Evaluation

Rysunek 1: Średnia dokładność w zależności od udziału SVM (p_{svm}) dla $T = 20$ oraz $C = 1,0$. Słupki błędów oznaczają odchylenie standardowe.

Tabela 3: Szczegółowe wyniki dla zbioru **Wisconsin Breast Cancer** (średnia z 25 uruchomień)

| p_{svm} [%] | Średnia Dokładność | Odch. Std. | Min | Max |
|------------------|--------------------|--------------|--------------|--------------|
| 0 (Czyste ID3) | 0,945 | 0,006 | 0,938 | 0,958 |
| 20 | 0,954 | 0,005 | 0,942 | 0,965 |
| 50 | 0,960 | 0,005 | 0,949 | 0,968 |
| 80 | 0,959 | 0,002 | 0,954 | 0,963 |
| 100 (Czyste SVM) | 0,957 | 0,004 | 0,951 | 0,963 |

Tabela 4: Szczegółowe wyniki dla zbioru **Wine Quality** (średnia z 25 uruchomień)

| p_{svm} [%] | Średnia Dokładność | Odch. Std. | Min | Max |
|-----------------------|--------------------|--------------|--------------|--------------|
| 0 (Czyste ID3) | 0,725 | 0,006 | 0,713 | 0,734 |
| 20 | 0,712 | 0,012 | 0,686 | 0,730 |
| 50 | 0,689 | 0,014 | 0,658 | 0,717 |
| 80 | 0,671 | 0,013 | 0,640 | 0,691 |
| 100 (Czyste SVM) | 0,662 | 0,012 | 0,636 | 0,682 |

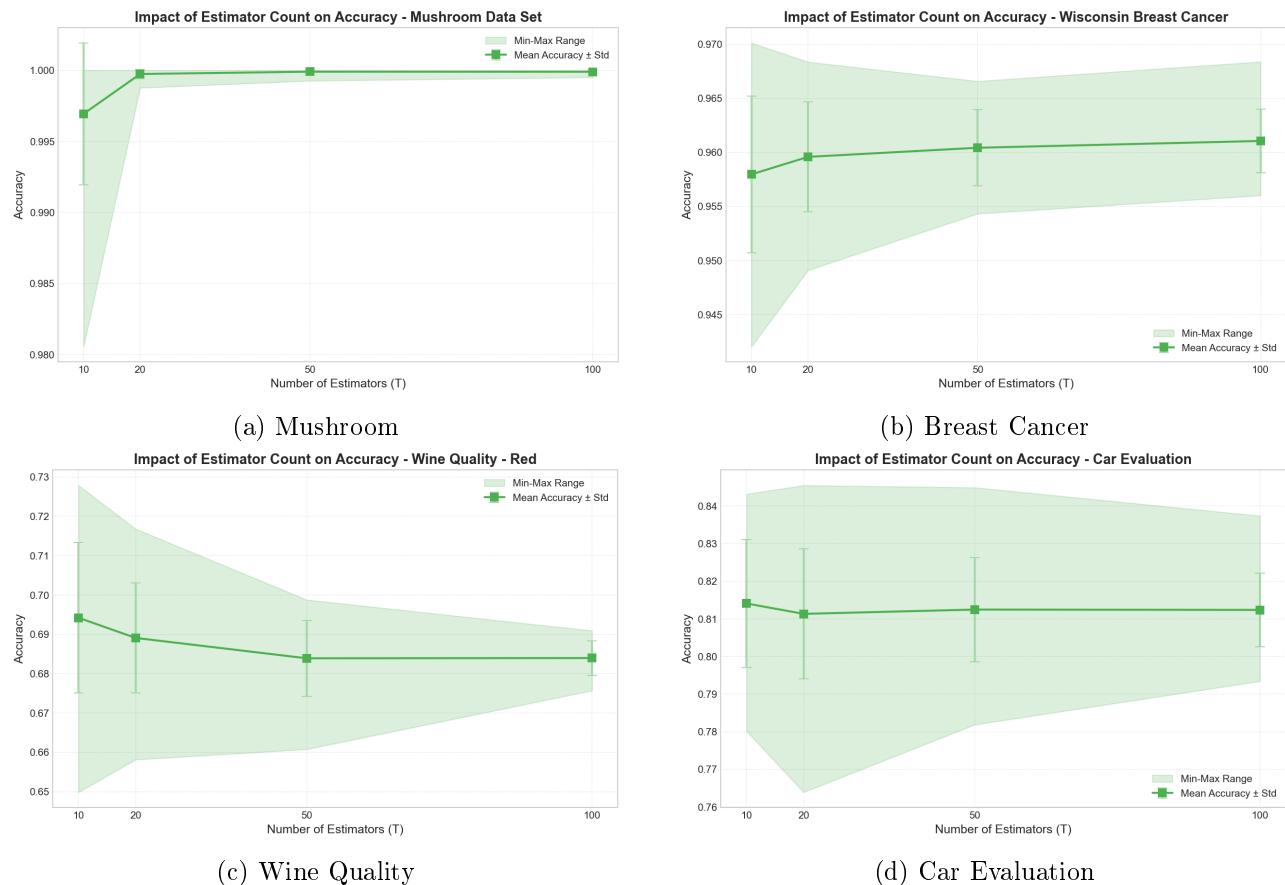
Wnioski:

- Na zbiorze Breast Cancer (tab. 3, rys. 1b) hybrydyzacja przyniosła najlepsze rezultaty. Optimum osiągnięto dla $p_{svm} = 50\%$ (dokładność 0,960), co jest wynikiem wyższym niż dla czystego ID3 (0,945) oraz czystego SVM (0,957). Wskazuje to, że ensemble korzysta z różnorodności błędów popełnianych przez drzewa (nielinowe granice decyzyjne) i SVM (liniowe granice).

- Na zbiorze Wine Quality (tab. 4, rys. 1c) obserwujemy odwrotną tendencję – najlepsze wyniki uzyskano dla czystego ID3 ($p_{svm} = 0\%$, dokładność 0,725), a zwiększenie udziału SVM systematycznie pogarszało jakość klasyfikacji (spadek do 0,662 dla $p_{svm} = 100\%$). Wynika to z silnego niezbalansowania klas w tym zbiorze oraz faktu, że liniowy SVM ma trudności z separacją klas w przestrzeni cech ciągłych po dyskretyzacji.
- Na zbiorze Car Evaluation (rys. 1d) odnotowano podobny trend jak dla Wine Quality – drastyczny spadek jakości wraz ze wzrostem udziału SVM (z 0,829 dla ID3 do 0,796 dla SVM). Relacje w tym zbiorze są silnie nieliniowe i kategoryczne, co jest naturalnym środowiskiem dla drzew decyzyjnych.

4.3 Scenariusz 2: Wpływ liczby estymatorów (T)

Zbadano wpływ rozmiaru lasu $T \in \{10, 20, 50, 100\}$ na stabilność i jakość predykcji. W eksperymencie ustalono udział SVM na $p_{svm} = 50\%$ oraz regularyzację $C = 1,0$.



Rysunek 2: Wpływ liczby estymatorów (T) na średnią dokładność dla różnych zbiorów danych (dla $p_{svm} = 50\%$ oraz $C = 1,0$).

Wnioski:

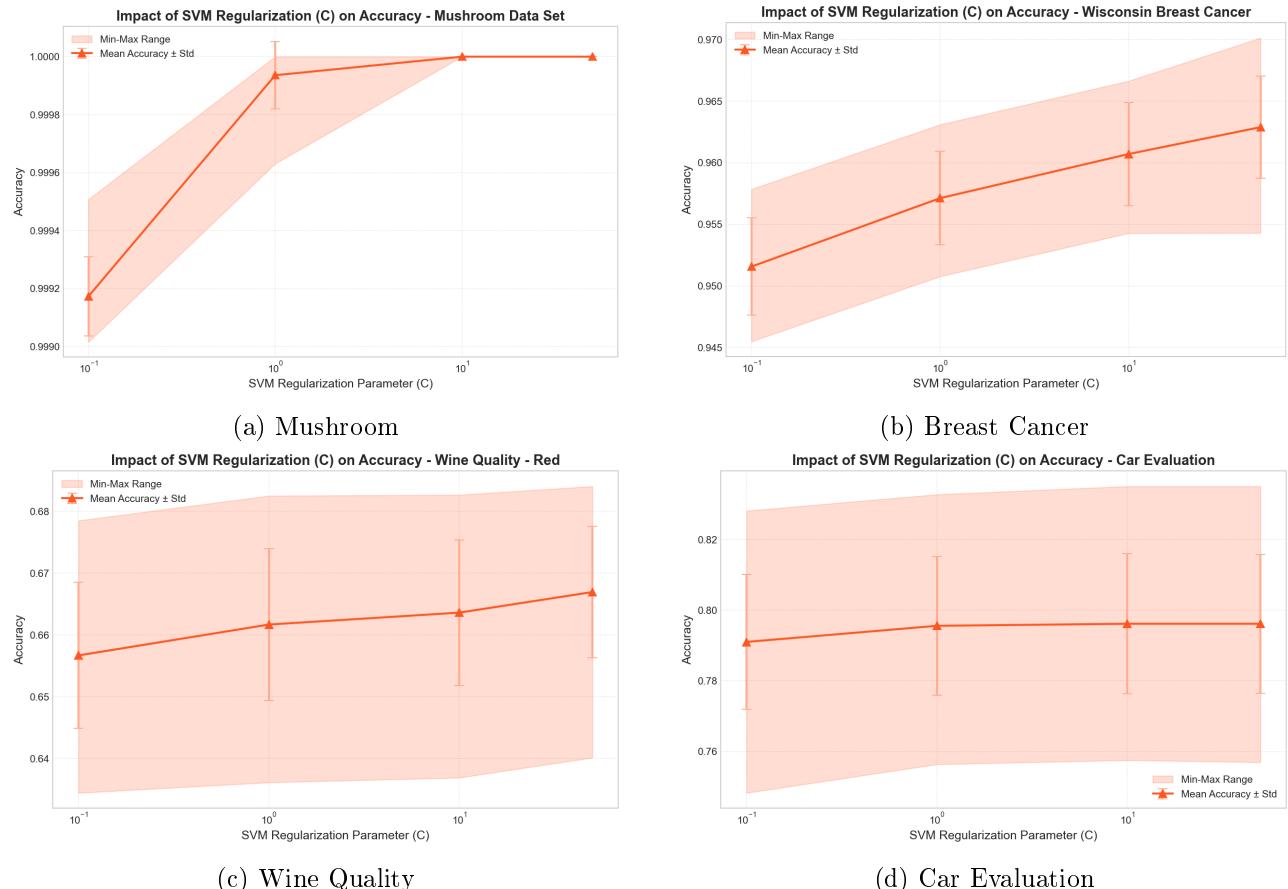
- Na zbiorze Mushroom (rys. 2a) obserwujemy szybką zbieżność do optimum – już dla $T = 20$ osiągamy dokładność 0,9997, a dalsze zwiększenie liczby estymatorów nie przynosi istotnej poprawy.
- Na zbiorze Breast Cancer (rys. 2b) zwiększenie T powoduje stopniowy wzrost dokładności (z 0,958 dla $T = 10$ do 0,961 dla $T = 100$) oraz zmniejszenie odchylenia standardowego (z 0,007 do 0,003), co potwierdza teorię redukcji wariancji w ensemble learning.
- Na zbiorach Wine Quality (rys. 2c) oraz Car Evaluation (rys. 2d) zwiększenie liczby estymatorów nie poprawia dokładności (stabilizacja na poziomie odpowiednio 0,684 i 0,812), ale znaczaco

z mniejszą wariancją wyników – odchylenie standardowe spada z 0,019 do 0,004 dla Wine Quality i z 0,017 do 0,010 dla Car Evaluation.

- Stabilizacja wyników następuje w okolicy $T = 50$. Dalsze zwiększanie liczby estymatorów nie poprawia istotnie wyniku, a liniowo wydłuża czas obliczeń.

4.4 Scenariusz 3: Wpływ regularyzacji SVM (C)

Zbadano wpływ parametru $C \in \{0,1; 1; 10; 50\}$ dla części SVM (przy ustalonym $p_{svm} = 100\%$). W eksperymencie ustalono liczbę estymatorów $T = 20$.



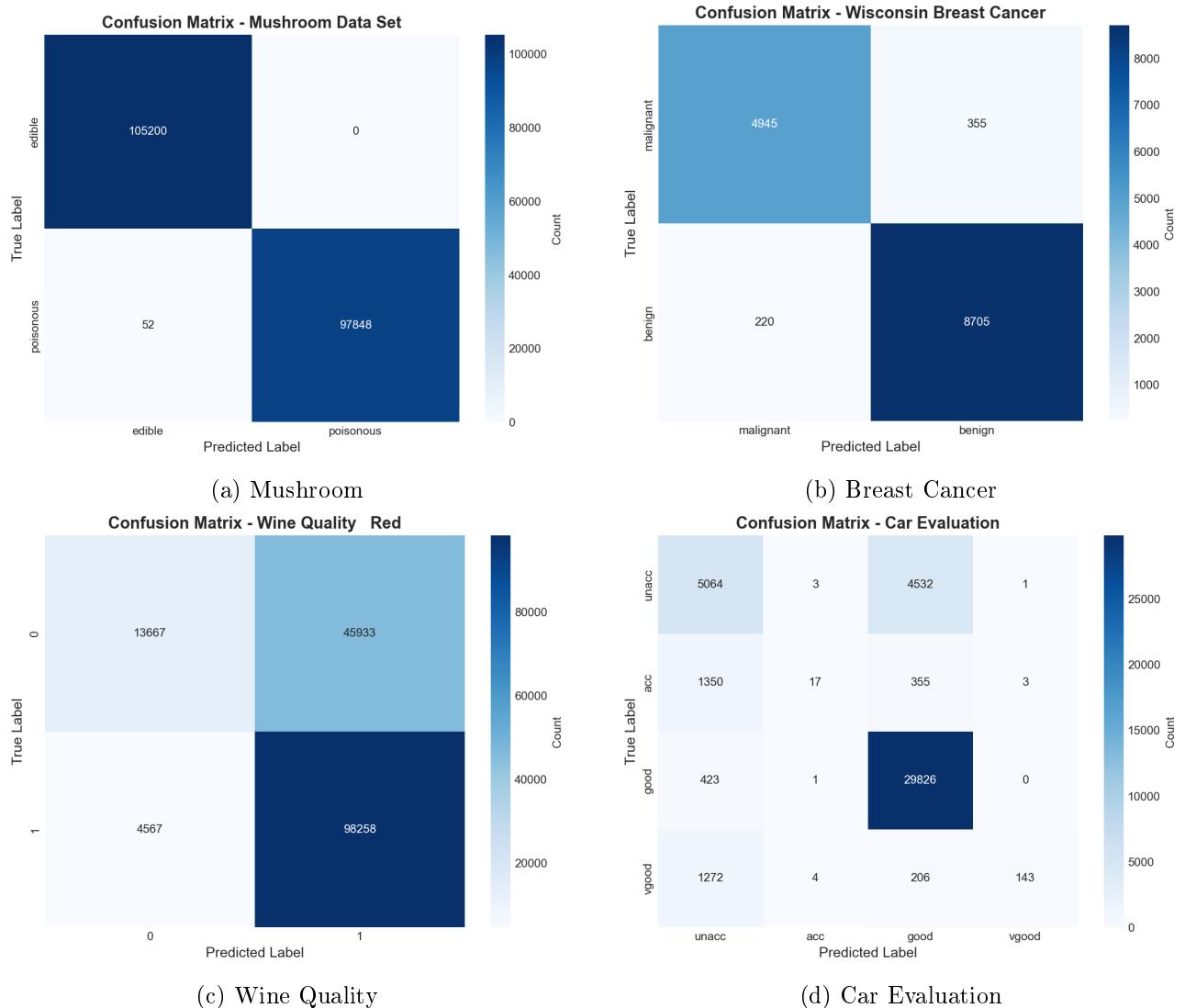
Rysunek 3: Wpływ parametru regularyzacji SVM (C) na średnią dokładność (dla $T = 20$ oraz $p_{svm} = 100\%$; wartości $C \in \{0,1; 1; 10; 50\}$).

Wnioski:

- Na zbiorze Mushroom (rys. 3a) obserwujemy wyraźny wpływ parametru C – dla $C = 0,1$ dokładność wynosi 0,999, natomiast dla $C \geq 10$ osiągamy perfekcyjną klasyfikację (1,000). Zbiór ten jest liniowo separowalny, więc większe C pozwala na dokładniejsze dopasowanie hiperpłaszczyzny.
- Na zbiorze Breast Cancer (rys. 3b) zwiększenie C poprawia wyniki – od 0,952 dla $C = 0,1$ do 0,963 dla $C = 50$. Wzrost jest stopniowy i stabilny, co sugeruje, że dane są dobrze separowalne liniowo, a słaba regularyzacja (wysokie C) nie prowadzi do przeuczenia.
- Na zbiorach Wine Quality (rys. 3c) oraz Car Evaluation (rys. 3d) wpływ parametru C jest minimalny – dokładność zmienia się odpowiednio w zakresie 0,657–0,667 oraz 0,791–0,796. Wynika to z faktu, że liniowy SVM nie jest w stanie dobrze zamodelować nieliniowych zależności w tych zbiorach, niezależnie od wartości regularyzacji.
- Ogólnie, zbyt małe C (silna regularyzacja) powoduje niedopasowanie modelu, natomiast dla zbiorów nieliniowych zwiększenie C nie przynosi istotnych korzyści.

4.5 Analiza błędów - Macierze Pomyłek (Heatmapy)

Poniżej przedstawiono zagregowane macierze pomyłek (suma z 25 uruchomień) dla modelu hybrydowego ($T = 50$, $p_{svm} = 50\%$, $C = 1,0$). Pozwala to ocenić, które klasy są mylone najczęściej.

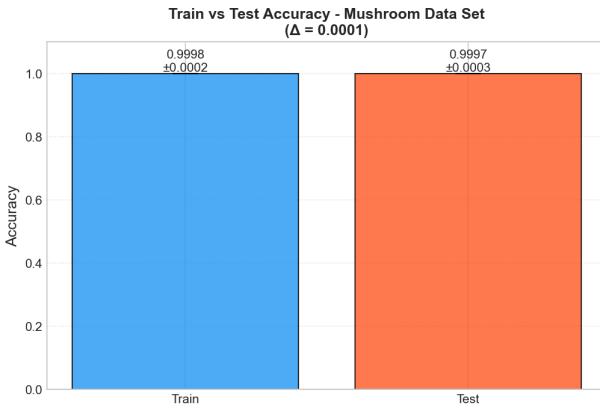


Rysunek 4: Zagregowane macierze pomyłek (heatmapy) dla $T = 50$, $p_{svm} = 50\%$, $C = 1,0$.

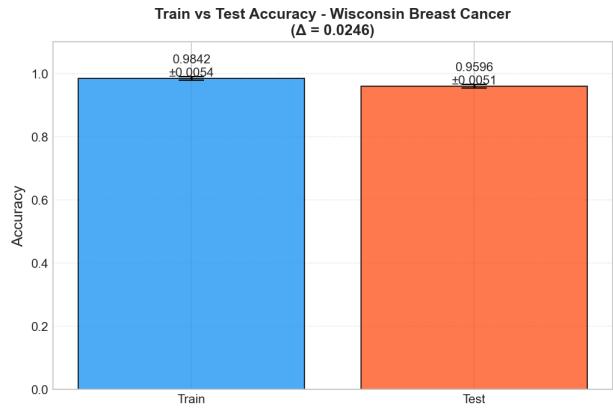
Wnioski: Na zbiorze *Car Evaluation* najwięcej pomyłek występuje przy klasyfikacji klasy rzadziej ("vgood") jako klasy częstej ("acc"). Jest to typowy efekt dla niezbalansowanych zbiorów danych. Hybrydyzacja z SVM nie rozwiązała tego problemu w stopniu zadowalającym, gdyż liniowy SVM ma tendencję do faworyzowania klas większościowych.

5 Analiza nadmiernego dopasowania (Overfitting)

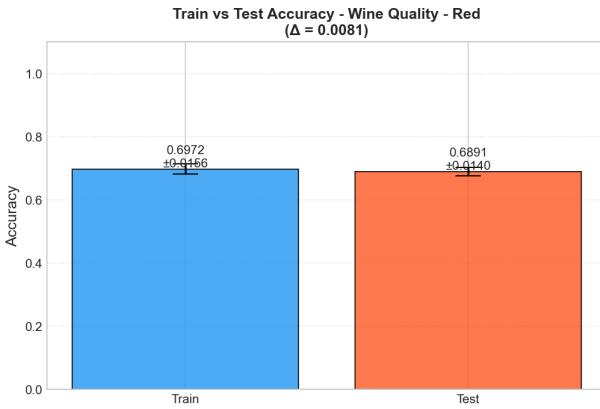
W celu oceny zjawiska przeuczenia porównano dokładność na zbiorze treningowym i testowym.



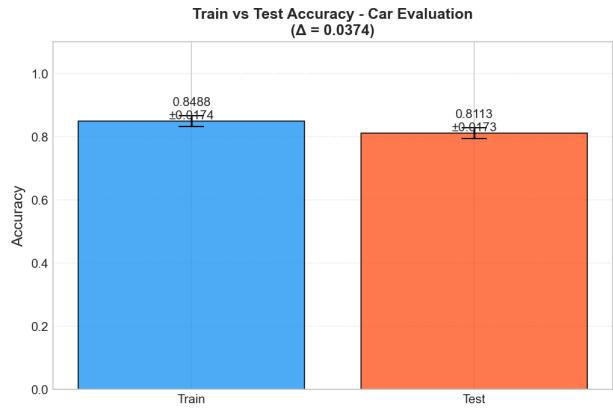
(a) Mushroom



(b) Breast Cancer



(c) Wine Quality



(d) Car Evaluation

Rysunek 5: Porównanie dokładności na zbiorze treningowym i testowym (Train vs Test) dla $T = 50$, $p_{svm} = 50\%$, $C = 1,0$.

Wniosek: Obserwujemy wyraźne nadmierne dopasowanie. Drzewa ID3 mają tendencję do budowania bardzo głębokich struktur (brak przycinania w implementacji). Zastosowanie lasu (Bagging) zmniejszyło ten efekt względem pojedynczego drzewa (gdzie różnica wynosiła ponad 20 p.p.), ale go nie wyeliminowało. Sugeruje to konieczność wprowadzenia ograniczenia głębokości drzewa (`max_depth`) w przeszłych pracach.

6 Podsumowanie i wnioski końcowe

Zrealizowany projekt pozwolił na zbadanie właściwości hybrydowego lasu klasyfikacyjnego. Główne wnioski z badań są następujące:

- Skuteczność hybrydyzacji:** łączenie SVM i ID3 ma sens tylko na zbiorach, które posiadają cechy częściowo separowalne liniowo, a częściowo wymagające nieliniowych podziałów (jak *Breast Cancer*). Na zbiorach typowo dyskretnych (*Car Evaluation*) dodanie SVM pogarsza wyniki.
- Wrażliwość na dane:** autorska implementacja ID3 działa poprawnie i dorównuje rozwiązaniom bibliotecznym na danych dyskretnych.
- Czego się nauczyliśmy:** realizacja projektu pozwoliła nam zrozumieć praktyczne różnice między modelami generatywnymi (drzewa) a dyskryminacyjnymi (SVM). Zrozumieliśmy również, jak kluczowa dla algorytmów zespołowych jest różnorodność estymatorów bazowych - bez wprowadzenia losowania cech (*Random Subspace*) nasz las hybrydowy nie osiągałby lepszych wyników niż pojedynczy klasyfikator.