

# 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:

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

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 niezbilansowany. Zastosowano binaryzację na podstawie progu jakości  $\text{quality} \geq 7$ .
- Car Evaluation: 1210 (unacc), 384 (acc), 69 (good), 65 (vgood) - bardzo niezbilansowany

### 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).

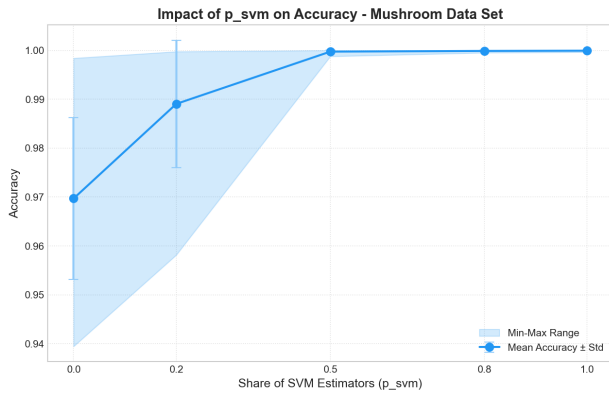
Tabela 2: Porównanie dokładności implementacji autorskich z referencyjnymi

| 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   |

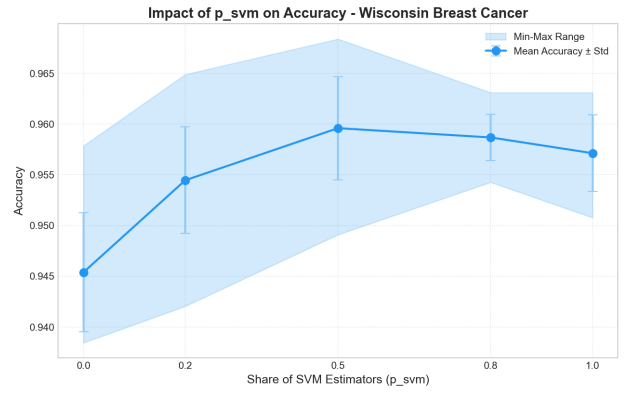
**Wnioski:** Autorska implementacja ID3 osiąga identyczne wyniki jak `DecisionTreeClassifier` na zbiorze Mushroom (1,0000) oraz Breast Cancer (0,9240), co potwierdza poprawność algorytmu. Model hybrydowy przewyższa las losowy na zbiorze Breast Cancer (+1,17 p.p.), natomiast na zbiorach z cechami kategorycznymi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

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

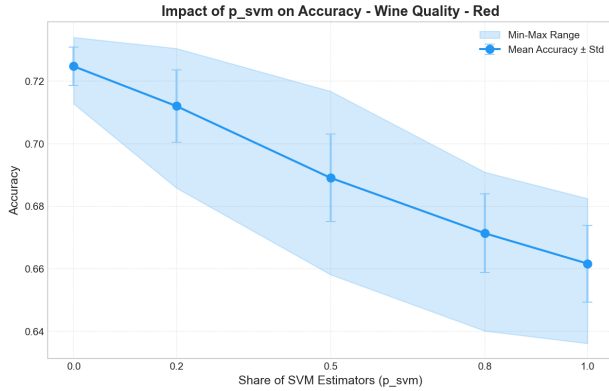
Zbadano wpływ parametru  $p_{svm} \in \{0,20,50,80,100\}\%$ . Parametr ten determinuje, jak duża część lasu składa się z klasyfikatorów SVM (reszta to ID3). W eksperymencie ustalono liczbę estymatorów  $T = 20$  oraz parametr regularyzacji SVM  $C = 1,0$ .



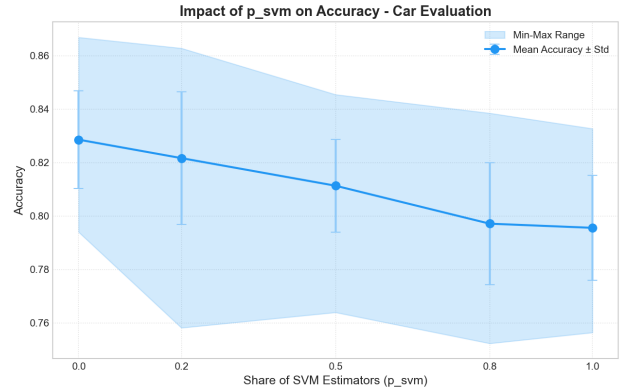
(a) Mushroom



(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        |
| <b>50</b>        | <b>0,960</b>       | <b>0,005</b> | <b>0,949</b> | <b>0,968</b> |
| 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          |
|-----------------------|--------------------|--------------|--------------|--------------|
| <b>0 (Czyste ID3)</b> | <b>0,725</b>       | <b>0,006</b> | <b>0,713</b> | <b>0,734</b> |
| 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        |

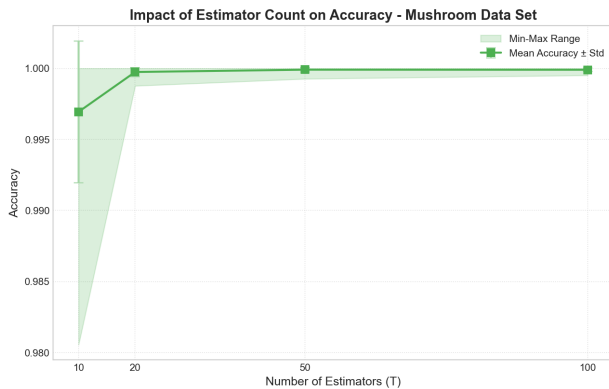
### Wnioski:

- 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 dopełnianych przez drzewa (nieliniowe granice decyzyjne) i SVM (liniowe granice).

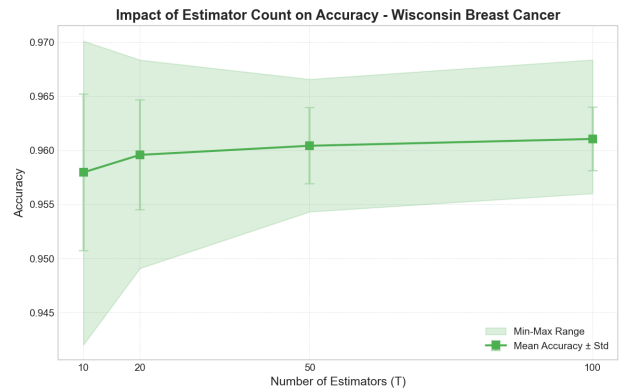
- Na zbiorze Wine Quality (tab. 4, rys. 1c) obserwujemy odwrotną tendencję – najlepsze wyniki uzyskano dla czystego ID3 ( $p_{svm} = 0\%$ , dokładność 0,725), a zwiększanie udziału SVM systematycznie pogarszało jakość klasyfikacji (spadek do 0,662 dla  $p_{svm} = 100\%$ ). Wynika to z silnego niezbalansowania 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 katerygiczne, co jest naturalnym środowiskiem dla drzew decyzyjnych.

### 4.3 Scenariusz 2: Wpływ liczby estymatorów ( $T$ )

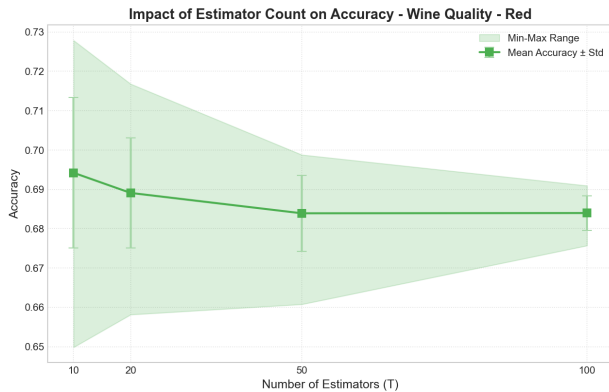
Zbadano wpływ rozmiaru lasu  $T \in \{10, 20, 50, 100\}$  na stabilność i jakość predykcji. W eksperymencie ustalono udział SVM na  $p_{svm} = 50\%$  oraz regularyzację  $C = 1,0$ .



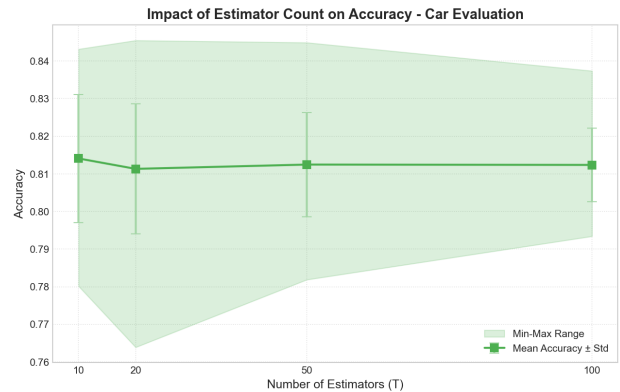
(a) Mushroom



(b) Breast Cancer



(c) Wine Quality



(d) Car Evaluation

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

#### Wnioski:

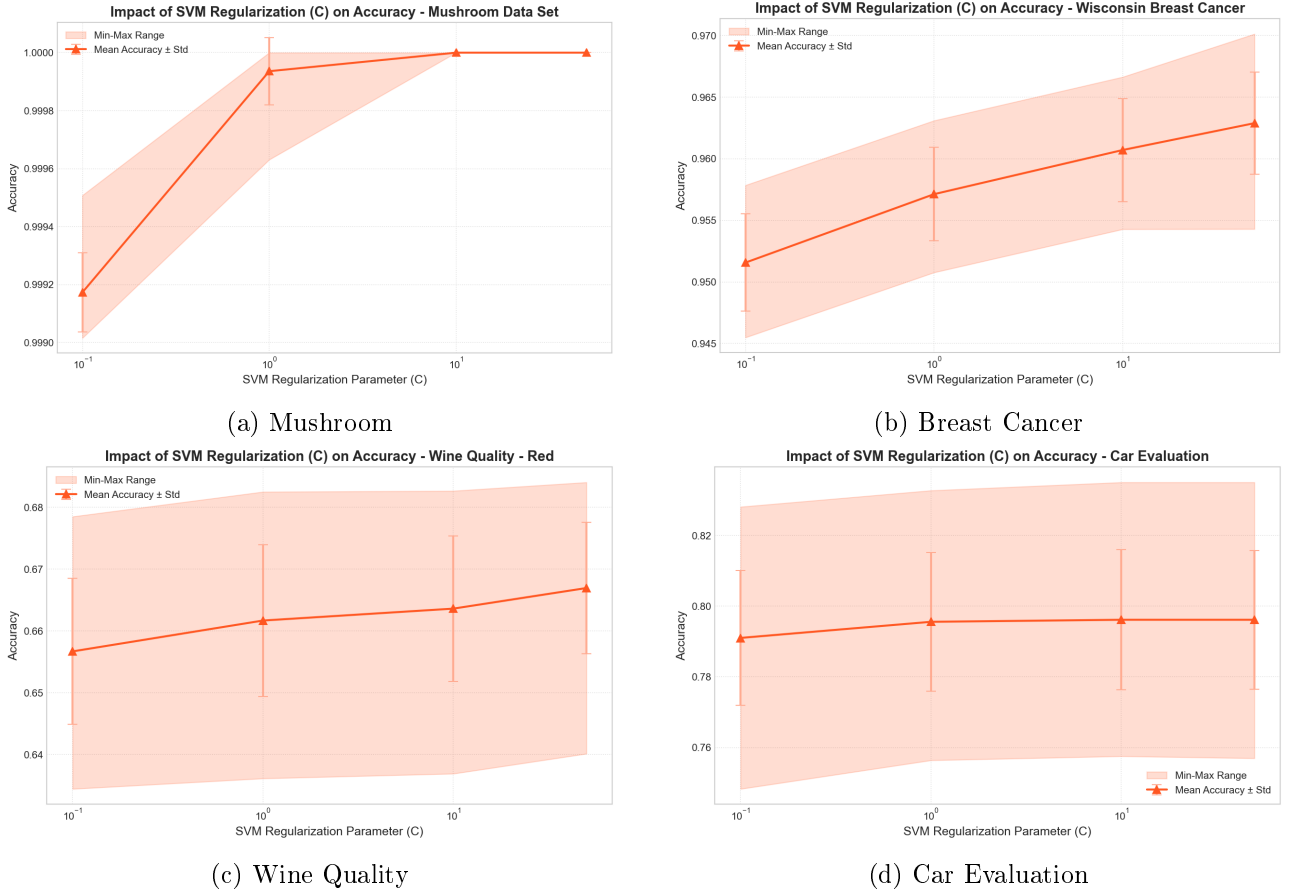
- Na zbiorze Mushroom (rys. 2a) obserwujemy szybką zbieżność do optimum – już dla  $T = 20$  osiągamy dokładność 0,9997, a dalsze zwiększanie liczby estymatorów nie przynosi istotnej poprawy.
- Na zbiorze Breast Cancer (rys. 2b) zwiększanie  $T$  powoduje stopniowy wzrost dokładności (z 0,958 dla  $T = 10$  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) zwiększanie liczby estymatorów nie poprawia dokładności (stabilizacja na poziomie odpowiednio 0,684 i 0,812), ale znacząco

zmniejsza wariancję 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  $T = 20$ .



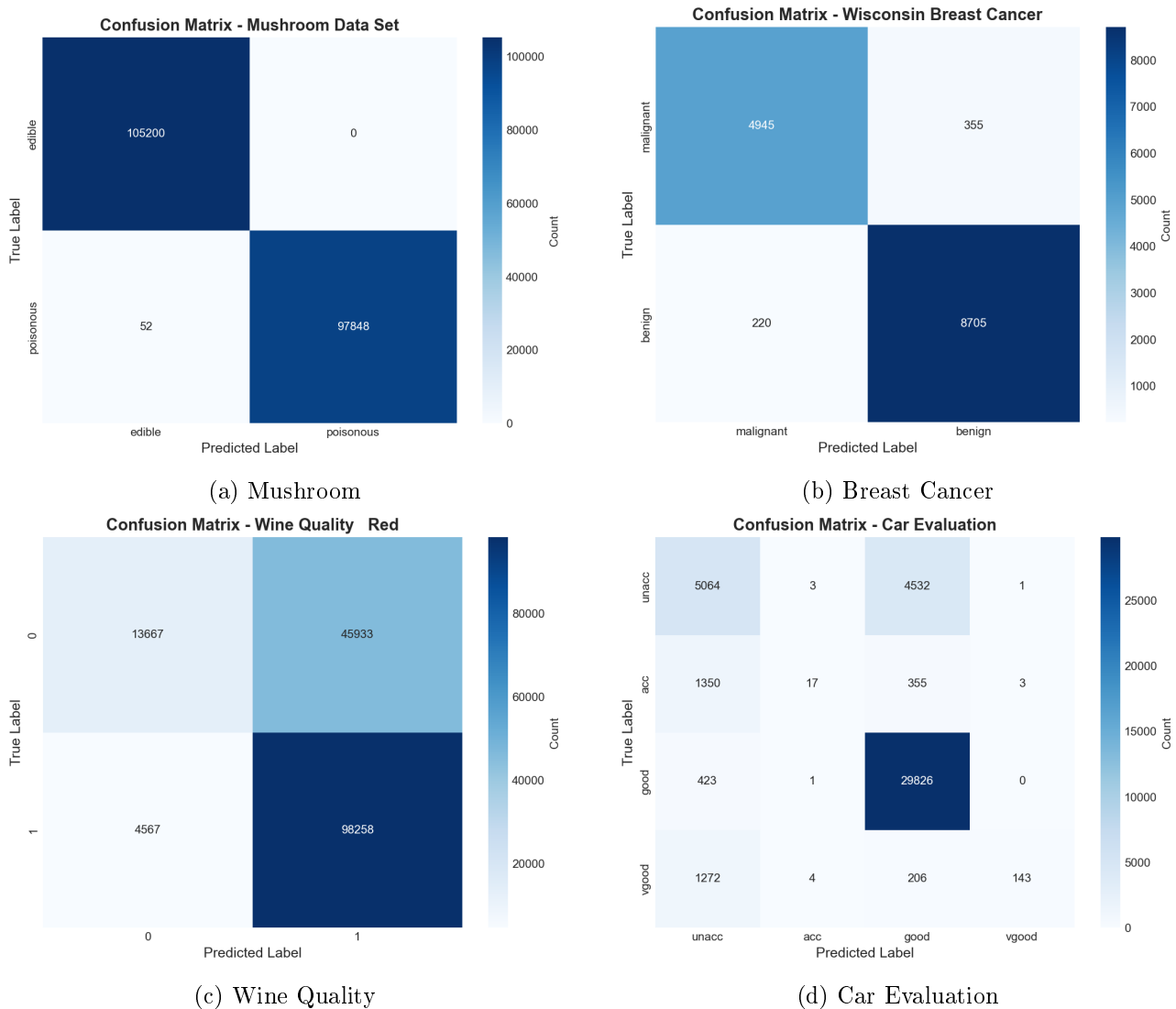
Rysunek 3: Wpływ parametru regularyzacji SVM ( $C$ ) na średnią dokładność (dla  $T = 20$  oraz  $p_{svm} = 100\%$ ; wartości  $C \in \{0,1; 1; 10; 50\}$ ).

#### 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) zwiększanie  $C$  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 zwiększanie  $C$  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  $T = 50$ ,  $p_{svm} = 50\%$ ,  $C = 1,0$ .

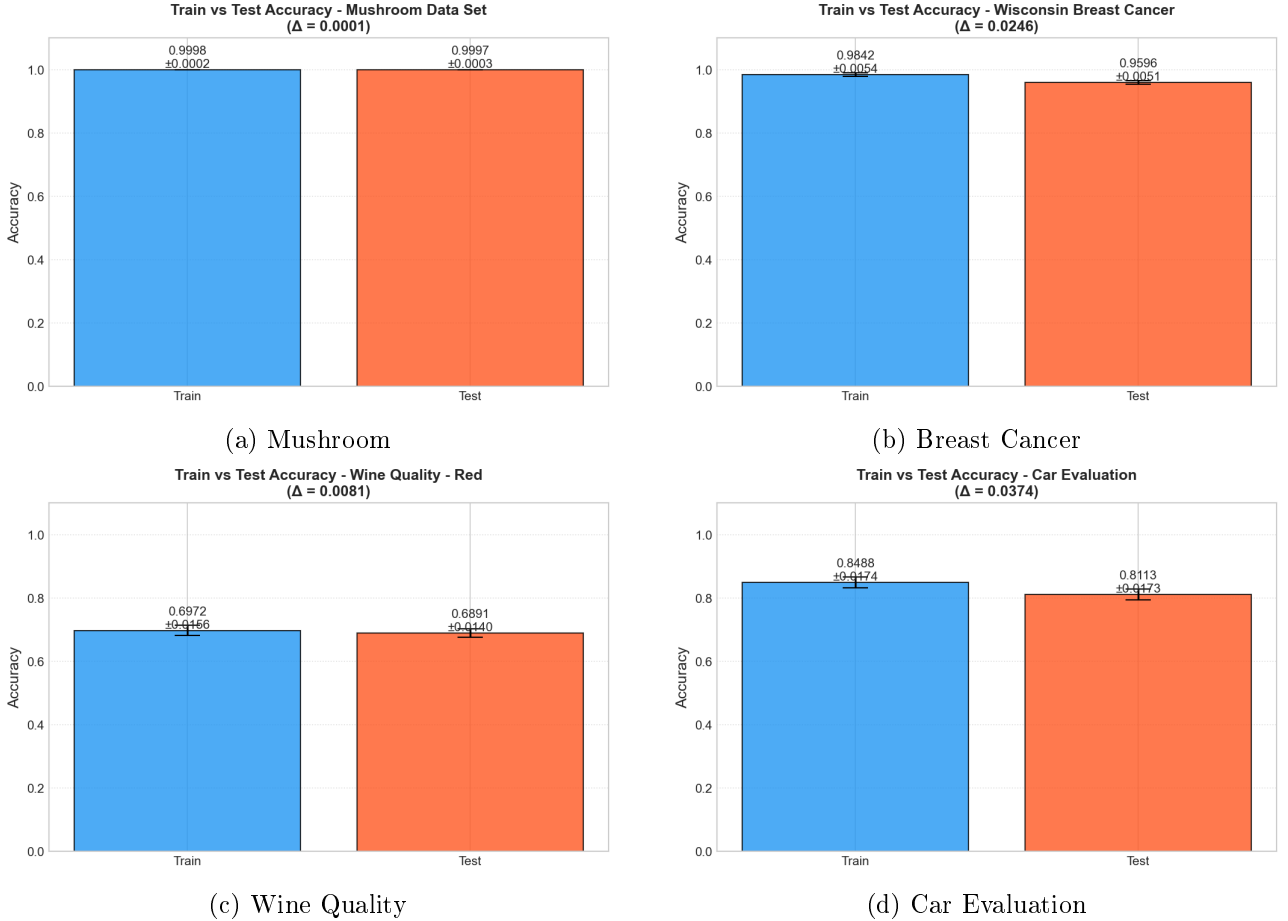
### Wnioski:

- Na zbiorze Mushroom (rys. 4a) obserwujemy niemal perfekcyjną klasyfikację – tylko 52 błędy na ponad 200 000 predykcji (zagregowanych z 25 uruchomień). Model popełnia sporadyczne błędy w obu kierunkach.
- Na zbiorze Breast Cancer (rys. 4b) model popełnia więcej błędów typu FP (355 przypadków benign sklasyfikowanych jako malignant) niż FN (220 przypadków malignant sklasyfikowanych jako benign). W kontekście diagnostyki medycznej taki rozkład błędów jest akceptowalny – lepiej fałszywie zaalarmować niż przeoczyć chorobę.
- Na zbiorze Wine Quality (rys. 4c) widoczny jest silny wpływ niebalansowania klas – model ma tendencję do klasyfikowania próbek jako klasa większościowa (low quality). Aż 45 933 przypadków high quality zostało błędnie sklasyfikowanych jako low quality (FN), podczas gdy tylko 4 567 przypadków low quality jako high quality (FP).
- Na zbiorze Car Evaluation (rys. 4d) najczęściej mylone są klasy “unacc” i “good” (4532 błędów) oraz “vgood” klasyfikowana jako “unacc” (1272 błędów). Klasy rzadkie (“acc”, “vgood”) są bardzo

słabo rozpoznawane – tylko 17 z 1725 przypadków “acc” i 143 z 1625 przypadków “vgood” zostało poprawnie sklasyfikowanych. Potwierdza to, że hybrydyzacja z liniowym SVM nie rozwiązuje problemu niebalansowanych zbiorów wieloklasowych.

#### 4.6 Analiza nadmiernego dopasowania (Overfitting)

W celu oceny zjawiska przeuczenia porównano dokładność na zbiorze treningowym i testowym dla modelu hybrydowego ( $T = 20$ ,  $p_{svm} = 50\%$ ,  $C = 1,0$ ).



Rysunek 5: Porównanie dokładności na zbiorze treningowym i testowym (Train vs Test) dla  $T = 20$ ,  $p_{svm} = 50\%$ ,  $C = 1,0$ .

#### Wnioski:

- Na zbiorze Mushroom (rys. 5a) nie obserwujemy przeuczenia – dokładność treningowa (0,9998) i testowa (0,9997) są niemal identyczne (różnica  $\Delta = 0,008$  p.p.). Zbiór jest łatwy do klasyfikacji i model dobrze generalizuje.
- Na zbiorze Breast Cancer (rys. 5b) występuje umiarkowane przeuczenie – dokładność treningowa wynosi 0,984, a testowa 0,960 (różnica  $\Delta = 2,46$  p.p.). Jest to akceptowalny poziom, wskazujący na dobrą generalizację modelu.
- Na zbiorze Wine Quality (rys. 5c) paradoksalnie dokładność testowa (0,689) jest zbliżona do treningowej (0,697), z różnicą  $\Delta = 0,81$  p.p. Niska dokładność w obu przypadkach wynika z trudności zadania (silne niebalansowanie), a nie z przeuczenia.
- Na zbiorze Car Evaluation (rys. 5d) obserwujemy wyraźne przeuczenie – dokładność treningowa wynosi 0,849, a testowa 0,811 (różnica  $\Delta = 3,74$  p.p.). Drzewa ID3 mają tendencję do budowania głębokich struktur bez przycinania, co prowadzi do nadmiernego dopasowania do danych treningowych.



- Ogólnie, zastosowanie techniki Bagging (losowanie próbek bootstrapowych) zmniejsza efekt przeuczenia w porównaniu do pojedynczego drzewa decyzyjnego. Dalszą poprawę można uzyskać przez wprowadzenie ograniczenia głębokości drzewa (`max_depth`).

## 5 Podsumowanie i wnioski końcowe

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

1. **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.
2. **Wrażliwość na dane:** autorska implementacja ID3 działa poprawnie i dorównuje rozwiązaniom bibliotecznym na danych dyskretnych.
3. **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.