# Extracción de reglas

## Laura del Pino Díaz 23/1/2017

### Índice

Introducción	1
Preparación de los datos	2
Visualización de las transacciones	4
Itemset frecuentes	6
Conjuntos maximales	63
Conjuntos cerrados	64
Comparación del número de itemset frecuentes, conjuntos maximales y conjuntos cerrados	64

#### Introducción

La extracción de reglas de asociación es una técnica de la minería de datos que nos permite extraer conocimiento de las bases de datos. En este trabajo trata de extraer conocimiento de la base de datos *lymphography*.

La base de datos lymphography contiene los atributos más descriptivos de las linfografías médicas, a saber:

- Lymphatics, nominal cuyos valores son {normal,arched,deformed,displaced}
- Block of affere de tipo nominal que toma los valores {no,yes}
- Bl of lymph c de tipo nominal que toma los valores {no,ves}
- Bl of lymph s de tipo nominal que toma los valores {no,yes}
- By\_pas de tipo nominal que toma los valores {no,yes}
- Extravasates de tipo nominal que toma los valores {no,yes}
- Regeneration\_of de tipo nominal que toma los valores {no,yes}
- Early\_uptake\_in de tipo nominal que toma los valores {no,yes}
- Lym\_nodes\_dimi de tipo numérico discreto que toma los valores [0,3]
- Lym nodes enlar de tipo numérico que toma los valores [1,4]
- Change in lym de tipo nominal que toma los valores {bean,oval,round}
- Defect in node de tipo nominal que toma los valores {no,lacunar,lac margin,lac central}
- Changes\_in\_node de tipo nominal que toma los valores {no,lacunar,lac\_margin,lac\_central}
- Changes\_in\_stru de tipo nominal que toma los valores {no,grainy,drop\_lik,coarse,diluted,reticular,stripped,faint}
- Special form de tipo nominal que toma los siguientes valores {no,chalices,vesicles}
- Dislocation of de tipo nominal que toma los valores {no,yes}
- Exclusion of no de tipo nominal que toma los valores {no,yes}
- No of nodes in de tipo numérico discreto que toma los valores [1,8]
- Class de tipo nominal que toma los valores {normal,metastases,malig\_lymph,fibrosis}

La base de datos la he tomado de la página web de KEEL por lo que habrá que tener en cuenta el apartado descriptivo que aparece en la parte superior del fichero.

```
datos <- read.csv("lymphography.dat", comment.char = "@")
colnames(datos) <- c("Lymphatics", "Block_of_affere", "Bl_of_lymph_c", "Bl_of_lymph_s", "By_pas", "Extrav")</pre>
```

#### Preparación de los datos

Para realizar la extracción de reglas tenemos que preparar los datos para que estén en un formato que nos facilite el trabajo. Este formato es un formato binario donde los valores sean 0 y 1 que nos permita extraer el los casos en los que aparece el atributo y en los que no, para metricas como la *confianza confirmada* es necesario conocer los casos en donde se da un valor y su contrario.

Esta transformación la conseguimos con el siguiente conjunto de funciones:

```
transformDataToBinary <- function(lvl,data){</pre>
  result = sapply(data,function(x){ifelse(x==lvl,1,0)})
  return(result)
}
selectData <-function(column){</pre>
   if(is.factor(column) && length(levels(column))>2){
     lvls = levels(column)
     m = matrix(nrow = 147, ncol = 0)
     m = data.frame(m)
     for(lvl in lvls){
      d = transformDataToBinary(lvl,column)
      d = as.factor(d)
      m = cbind(m,d)
     colnames(m) <- lvls</pre>
     return(m)
   }
  else if(!is.factor(column)){
    return(selectData(as.factor(column)))
  }
  else{
    return(column)
}
expandDataFrame <- function(dataFrame){</pre>
  extendedData = selectData(datos[,1])
  for(i in 2:(dim(dataFrame)[2])){
    extendedData = cbind(extendedData,selectData(datos[,i]))
  }
  return(extendedData)
expandedDataFrame = expandDataFrame(datos)
```

En estos momentos en *expandedDataFrame* tenemos 54 variables creadas a partir de los valores que toman las variables, esto es, si la variable es categorica y tenía tres posibles valores tenemos tres variables a partir de esta de forma que cada nueva variable toma valores de 0 o 1 donde 0 es si no tiene ese valor y 1 en caso de que si toma el valor.

Por suerte aquellas variables que no son categóricas son numéricas discretas con un conjunto reducido de valores de forma que se puede crear una variable por cada uno de los valores del dominio de la variable.

Por desgracia la salida de la función *expandDataFrame* no da nombres significativos a todas las variables por lo que es conveniente cambiarles el valor a aquellas que no tienen nombre representativo o que el nombre se repite produciendo confusión.

Por restricciones sobre el número de páginas la sección de código que modifica los nombres de las columnas no se muestra. Se recomienda abrir el fichero .Rmd para visualizarlo.

Ahora que ya tenemos el dataframe en un estado que nos favorece nos queda que cambiar la interpretación que le damos, para que sea del tipo transacción. Para ello cargamos el paquete arules que nos permitirá hacer dicha transformación y además cargaremos el paquete de visualización de reglas de asociación arules Viz que será útil en pasos posteriores.

```
require(arules)
## Loading required package: arules
## Loading required package: Matrix
##
## Attaching package: 'arules'
## The following objects are masked from 'package:base':
##
##
       abbreviate, write
require(arulesViz)
## Loading required package: arulesViz
## Loading required package: grid
## Warning: failed to assign NativeSymbolInfo for lhs since lhs is already
## defined in the 'lazyeval' namespace
## Warning: failed to assign NativeSymbolInfo for rhs since rhs is already
## defined in the 'lazyeval' namespace
transactionData <- as(expandedDataFrame, "transactions")</pre>
summary(transactionData)
## transactions as itemMatrix in sparse format with
    147 rows (elements/itemsets/transactions) and
    108 columns (items) and a density of 0.5
##
##
## most frequent items:
##
                                       Changes_in_stru=no=0
                      normal=0
##
                            145
                                                         145
                                         No_of_nodes_in=8=0
##
   Changes_in_stru=reticular=0
##
                                                         145
##
                Class=normal=0
                                                     (Other)
##
                                                        7213
                            145
##
## element (itemset/transaction) length distribution:
## sizes
   54
##
## 147
##
##
      Min. 1st Qu.
                    Median
                               Mean 3rd Qu.
                                 54
                                                  54
##
        54
                54
                         54
                                         54
##
## includes extended item information - examples:
         labels variables levels
##
       arched=0
## 1
                   arched
## 2
       arched=1
                   arched
                                1
```

Del resumen anterior obtenermos que los elementos más repetidos son normal=0, Changes in stru=no=0, Changes in stru=reticular=0, Changes in no nodes=8=0, Class=normal=0 lo que quiere decir que:

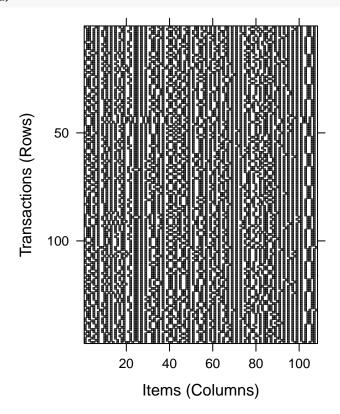
- En la mayoría de las transacciones hay un tipo de linfático distinto del normal.
- En la mayoría de las transacciones hay algún tipo de cambio en la estructura que no es de tipo reticular, convirtiendo este tipo en el más raro con solo dos casos.
- El cambio en el número de nodos es en la mayoría de los casos distinto de 8.
- Es raro el caso en el que el linfoma sea normal.

Además tenemos la información sobre la longitud máxima de la transacción que en este caso coincide con el número de variables.

#### Visualización de las transacciones

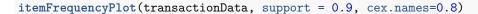
Podemos visualizar las transacciones para ver su comportamiento:

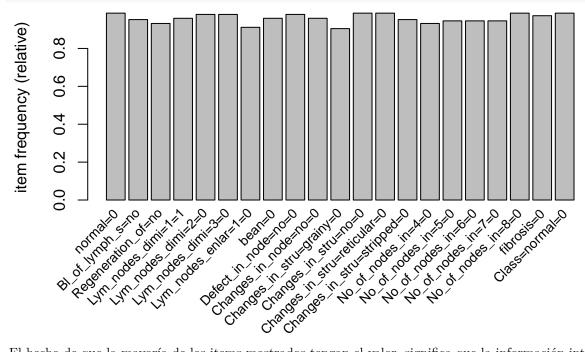
image(transactionData)



De la imagen anterior podemos deducir que las transacciones,

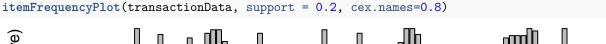
Si nos interesa visualizar los items con mayor frecuencia tenemos que reducir los items por el soporte a aquellos que tienen dicho valor a .9 de otra forma la figura sería imposible visualizar algo.

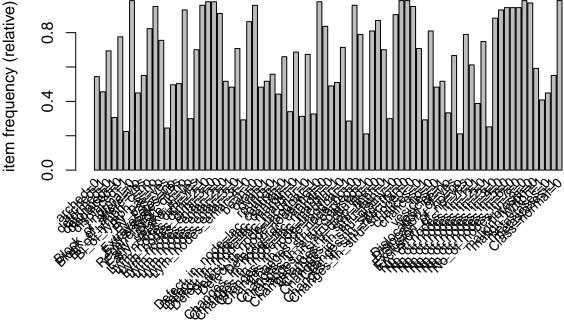




El hecho de que la mayoría de los items mostrados tengan el valor, significa que la información interesante está en las otras variables que toman distintos valores.

Aún sabiendo que la imagen no mostrará correctamente los nombres de las variables vamos a visualizar los items que se convertirían en frecuentes si se baja el valor de soporte.





El gráfico anterior representa una población de aproximadamente 80 items que se convierten en frecuentes al determinar el umbral en 0.2. 80 items representa más de la mitad de las posibilidades que obtenemos de multiplicar las 54 variables por los 2 posibles valores que pueden tomar.

#### Itemset frecuentes

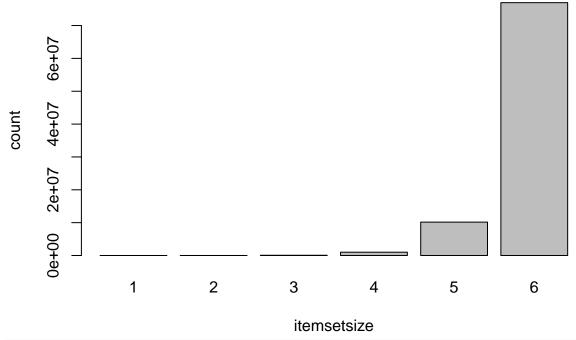
```
aPrioriTransactionData = apriori(transactionData, parameter = list(support = 0.1, target="frequent"))
## Apriori
## Parameter specification:
##
 confidence minval smax arem aval original Support maxtime support minlen
##
            1 none FALSE
                       TRUE.
##
 maxlen
          target
               ext
##
   10 frequent itemsets FALSE
##
## Algorithmic control:
 filter tree heap memopt load sort verbose
   0.1 TRUE TRUE FALSE TRUE
##
##
## Absolute minimum support count: 14
##
## set item appearances ...[0 item(s)] done [0.00s].
## set transactions ...[108 item(s), 147 transaction(s)] done [0.00s].
## sorting and recoding items ... [87 item(s)] done [0.00s].
## creating transaction tree ... done [0.00s].
## checking subsets of size 1 2 3 4 5 6
## Warning in apriori(transactionData, parameter = list(support = 0.1, target
## = "frequent")): Mining stopped (time limit reached). Only patterns up to a
## length of 6 returned!
## done [19.71s].
## writing ... [88199631 set(s)] done [7.32s].
## creating S4 object ... done [40.13s].
aPrioriTransactionData = sort(aPrioriTransactionData, by="support")
size(aPrioriTransactionData)
##
   ##
   ##
  [103] 3 3 3 4 4 4 4 4 4 4 4 4 4 4 4 4 4 5 5 1 1 2 2 2 2 2 2 2 2 3 3 3 3 3 3
##
##
  ##
##
  ##
##
  ##
  ##
  ##
  ##
  ##
  ##
##
  ##
  ##
  ##
```

```
##
##
##
##
```

```
## [44065] 4 4 4 4 4 4 4 4 4 4 4 4 4 4 4 4 4 4 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5
```

```
## [99995] 6 6 6 6 6
[ reached getOption("max.print") -- omitted 88099632 entries ]
```

barplot(table(size(aPrioriTransactionData)), xlab="itemsetsize", ylab="count")



inspect(aPrioriTransactionData[size(aPrioriTransactionData)==1])

```
##
        items
                                          support
## [1]
        {normal=0}
                                          0.9863946
##
   [2]
        {Class=normal=0}
                                          0.9863946
##
  [3]
        {Changes_in_stru=reticular=0}
                                          0.9863946
   [4]
        {No_of_nodes_in=8=0}
                                          0.9863946
##
   [5]
        {Changes_in_stru=no=0}
                                          0.9863946
   [6]
        {Lym_nodes_dimi=3=0}
##
                                          0.9795918
   [7]
##
        {Lym_nodes_dimi=2=0}
                                          0.9795918
   [8]
        {Defect_in_node=no=0}
                                          0.9795918
## [9]
        {fibrosis=0}
                                          0.9727891
##
   [10] {bean=0}
                                          0.9591837
## [11] {Lym_nodes_dimi=1=1}
                                          0.9591837
## [12] {Changes_in_node=no=0}
                                          0.9591837
## [13] {Bl_of_lymph_s=no}
                                          0.9523810
## [14] {Changes_in_stru=stripped=0}
                                          0.9523810
## [15] {No of nodes in=5=0}
                                          0.9455782
## [16] {No_of_nodes_in=6=0}
                                          0.9455782
## [17] {No_of_nodes_in=7=0}
                                          0.9455782
## [18] {No_of_nodes_in=4=0}
                                          0.9319728
## [19] {Regeneration_of=no}
                                          0.9319728
## [20] {Lym_nodes_enlar=1=0}
                                         0.9115646
```

```
## [21] {Changes_in_stru=grainy=0}
                                         0.9047619
  [22] {No_of_nodes_in=3=0}
                                         0.8843537
## [23] {Changes in stru=drop like=0}
                                         0.8707483
## [24] {Lym_nodes_enlar=4=0}
                                         0.8639456
  [25] {Changes_in_node=lac_central=0} 0.8367347
## [26] {Bl of lymph c=no}
                                         0.8231293
## [27] {Changes in stru=diluted=0}
                                         0.8095238
## [28] {no=0}
                                         0.8095238
## [29] {Changes_in_stru=coarsed=0}
                                         0.7891156
  [30] {Exclusion_of_no=yes}
                                         0.7891156
  [31] {displaced=0}
                                         0.7755102
  [32] {By_pas=no}
                                         0.7551020
  [33] {No_of_nodes_in=2=0}
                                         0.7482993
## [34] {Changes_in_node=lacunar=0}
                                         0.7142857
## [35] {chalices=0}
                                         0.7074830
## [36] {Lym_nodes_enlar=3=0}
                                         0.7074830
       {Early_uptake_in=yes}
  [37]
                                         0.7006803
  [38] {Changes_in_stru=faint=0}
                                         0.7006803
  [39] {deformed=0}
                                         0.6938776
## [40] {Defect in node=lac margin=0}
                                         0.6870748
## [41] {Defect_in_node=lacunar=0}
                                         0.6734694
## [42] {Dislocation_of=yes}
                                         0.666667
## [43] {Defect_in_node=lac_central=0}
                                         0.6598639
## [44] {No of nodes in=1=0}
                                         0.6122449
## [45] {malign_lymph=0}
                                         0.5918367
## [46] {round=0}
                                         0.5578231
## [47] {Block_of_affere=yes}
                                         0.5510204
## [48] {metastases=1}
                                         0.5510204
## [49] {arched=0}
                                         0.5442177
## [50] {Lym_nodes_enlar=2=0}
                                         0.5170068
## [51] {vesicles=1}
                                         0.5170068
  [52] {oval=1}
                                         0.5170068
## [53] {Changes_in_node=lac_margin=1}
                                         0.5102041
## [54] {Extravasates=yes}
                                         0.5034014
  [55] {Extravasates=no}
                                         0.4965986
## [56] {Changes_in_node=lac_margin=0}
                                         0.4897959
## [57] {oval=0}
                                         0.4829932
## [58] {vesicles=0}
                                         0.4829932
## [59] {Lym_nodes_enlar=2=1}
                                         0.4829932
  [60] {arched=1}
                                         0.4557823
  [61] {Block of affere=no}
                                         0.4489796
## [62] {metastases=0}
                                         0.4489796
## [63] {round=1}
                                         0.4421769
## [64] {malign_lymph=1}
                                         0.4081633
## [65] {No_of_nodes_in=1=1}
                                         0.3877551
## [66] {Defect_in_node=lac_central=1}
                                         0.3401361
  [67]
       {Dislocation_of=no}
                                         0.3333333
  [68] {Defect_in_node=lacunar=1}
                                         0.3265306
## [69] {Defect_in_node=lac_margin=1}
                                         0.3129252
## [70] {deformed=1}
                                         0.3061224
## [71] {Changes_in_stru=faint=1}
                                         0.2993197
## [72] {Early_uptake_in=no}
                                         0.2993197
## [73] {Lym_nodes_enlar=3=1}
                                         0.2925170
## [74] {chalices=1}
                                         0.2925170
```

```
## [75] {Changes_in_node=lacunar=1}
                                         0.2857143
## [76] {No_of_nodes_in=2=1}
                                         0.2517007
## [77] {By pas=yes}
                                         0.2448980
## [78] {displaced=1}
                                         0.2244898
## [79] {Changes_in_stru=coarsed=1}
                                         0.2108844
## [80] {Exclusion of no=no}
                                         0.2108844
## [81] {no=1}
                                         0.1904762
## [82] {Changes_in_stru=diluted=1}
                                         0.1904762
## [83] {Bl_of_lymph_c=yes}
                                         0.1768707
## [84] {Changes_in_node=lac_central=1} 0.1632653
## [85] {Lym_nodes_enlar=4=1}
                                         0.1360544
## [86] {Changes_in_stru=drop_like=1}
                                         0.1292517
## [87] {No_of_nodes_in=3=1}
                                         0.1156463
```

## Conjuntos maximales

imaxAPrioriTransactionData<-aPrioriTransactionData[is.maximal(aPrioriTransactionData)]
inspect(head(sort(imaxAPrioriTransactionData, by="support")))</pre>

```
##
       items
                                          support
##
   [1] {normal=0,
        Lym_nodes_dimi=3=0,
##
##
        bean=0,
##
        Defect_in_node=no=0,
##
        fibrosis=0,
##
        Class=normal=0}
                                       0.9455782
##
   [2] {normal=0,
##
        Lym_nodes_dimi=3=0,
##
        bean=0,
##
        Defect_in_node=no=0,
##
        Changes_in_stru=no=0,
##
        Class=normal=0}
                                       0.9455782
##
   [3] {normal=0,
##
        Lym_nodes_dimi=1=1,
##
        Lym_nodes_dimi=2=0,
        Lym_nodes_dimi=3=0,
##
##
        fibrosis=0,
##
        Class=normal=0}
                                       0.9455782
##
   [4] {normal=0,
        Lym_nodes_dimi=3=0,
##
##
        Defect_in_node=no=0,
##
        Changes_in_stru=no=0,
##
        fibrosis=0,
##
        Class=normal=0}
                                       0.9455782
##
   [5] {normal=0,
        Lym_nodes_dimi=2=0,
##
##
        Defect_in_node=no=0,
##
        Changes_in_stru=no=0,
##
        No_of_nodes_in=8=0,
##
        Class=normal=0}
                                       0.9455782
##
   [6] {normal=0,
##
        Defect_in_node=no=0,
##
        Changes_in_stru=no=0,
```

```
## Changes_in_stru=reticular=0,
## No_of_nodes_in=8=0,
## Class=normal=0} 0.9455782
```

## Conjuntos cerrados

icloAPrioriTransactionData<-aPrioriTransactionData[is.closed(aPrioriTransactionData)]
inspect(head(sort(icloAPrioriTransactionData, by="support")))</pre>

```
## items support
## [1] {Changes_in_stru=reticular=0} 0.9863946
## [2] {No_of_nodes_in=8=0} 0.9863946
## [3] {Changes_in_stru=no=0} 0.9863946
## [4] {normal=0,Class=normal=0} 0.9863946
## [5] {Lym_nodes_dimi=3=0} 0.9795918
## [6] {Lym_nodes_dimi=2=0} 0.9795918
```

Comparación del número de itemset frecuentes, conjuntos maximales y conjuntos cerrados  $\,$ 

