

Лабораторная работа №6  
по дисциплине  
«Методы машинного обучения»  
на тему  
«Ансамбли моделей машинного обучения.»

Выполнил:  
студент группы ИУ5-64Б  
Береговая Д.

---

# 1. Цель лабораторной работы

Изучение ансамблей моделей машинного обучения. # Задание 1. Выберите набор данных (датасет) для решения задачи классификации или регрессии. 2. В случае необходимости проведите удаление или заполнение пропусков и кодирование категориальных признаков. 3. С использованием метода `train_test_split` разделите выборку на обучающую и тестовую. 4. Обучите две ансамблевые модели. Оцените качество моделей с помощью одной из подходящих для задачи метрик. Сравните качество полученных моделей. # Ход выполнения работы

## 1.1. 1) Набор данных для решения задачи классификации или регрессии

### 1.1.1. В качестве набора данных используется набор по исследованию качества белых вин

Датасет состоит из одного файла: - wine.csv

Файл содержит следующие колонки: 1. fixed acidity — фиксированная кислотность 2. volatile acidity — летучая кислотность 3. citric acid — лимонная кислота 4. residual sugar — остаточный сахар 5. chlorides — хлориды 6. free sulfur dioxide — свободный диоксид серы 7. total sulfur dioxide — общая двуокись серы 8. density — плотность 9. pH — потенциал водорода 10. sulphates — сульфаты 11. alcohol — алкоголь 12. quality — качество алкоголя (выходной параметр)

### 1.1.2. Импортируем библиотеки

```
[1]: import os
import numpy as np
import pandas as pd
import seaborn as sns
import matplotlib.pyplot as plt
from sklearn.preprocessing import MinMaxScaler
from sklearn.linear_model import LinearRegression, LogisticRegression
from sklearn.model_selection import train_test_split
from sklearn.neighbors import KNeighborsRegressor, KNeighborsClassifier
from sklearn.metrics import accuracy_score, balanced_accuracy_score
from sklearn.metrics import precision_score, recall_score, f1_score,
    classification_report
from sklearn.metrics import confusion_matrix
from sklearn.metrics import plot_confusion_matrix
from sklearn.model_selection import GridSearchCV
from sklearn.metrics import mean_absolute_error, mean_squared_error,
    mean_squared_log_error, median_absolute_error, r2_score
from sklearn.metrics import roc_curve, roc_auc_score
from sklearn.svm import SVC, NuSVC, LinearSVC, OneClassSVM, SVR, NuSVR,
    LinearSVR
from sklearn.tree import DecisionTreeClassifier, DecisionTreeRegressor,
    export_graphviz
from sklearn.ensemble import RandomForestClassifier, RandomForestRegressor
from sklearn.ensemble import ExtraTreesClassifier, ExtraTreesRegressor
from sklearn.ensemble import GradientBoostingClassifier,
    GradientBoostingRegressor
from gmdhpy import gmdh
```

```
%matplotlib inline
sns.set(style="ticks")
```

### 1.1.3. Отрисовка ROC-кривой

```
[2]: def draw_roc_curve(y_true, y_score, pos_label=1, average='micro'):
    fpr, tpr, thresholds = roc_curve(y_true, y_score,
                                     pos_label=pos_label)
    roc_auc_value = roc_auc_score(y_true, y_score, average=average)
    plt.figure()
    lw = 2
    plt.plot(fpr, tpr, color='darkorange',
             lw=lw, label='ROC curve (area = %0.2f)' % roc_auc_value)
    plt.plot([0, 1], [0, 1], color='navy', lw=lw, linestyle='--')
    plt.xlim([0.0, 1.0])
    plt.ylim([0.0, 1.05])
    plt.xlabel('False Positive Rate')
    plt.ylabel('True Positive Rate')
    plt.title('Receiver operating characteristic')
    plt.legend(loc="lower right")
    plt.show()
```

## 1.2. 2) Разделение выборки на обучающую и тестовую

```
[3]: def split(filehandler, delimiter=';', row_limit=3500,
              output_name_template='wine%s.csv', output_path='.',
              keep_headers=True):
    import csv
    reader = csv.reader(filehandler, delimiter=delimiter)
    current_piece = 1
    current_out_path = os.path.join(
        output_path,
        output_name_template % current_piece
    )
    current_out_writer = csv.writer(open(current_out_path, 'w'),
    delimiter=delimiter)
    current_limit = row_limit
    if keep_headers:
        headers = next(reader)
        current_out_writer.writerow(headers)
    for i, row in enumerate(reader):
        if i + 1 > current_limit:
            current_piece += 1
            current_limit = row_limit * current_piece
            current_out_path = os.path.join(
                output_path,
                output_name_template % current_piece
            )
```

```

        current_out_writer = csv.writer(open(current_out_path, 'w'),
        delimiter=delimiter)
        if keep_headers:
            current_out_writer.writerow(headers)
        current_out_writer.writerow(row)

```

```
[4]: split(open('wine.csv', 'r'));
```

```
[5]: os.rename('wine1.csv', 'wine_Train.csv')
os.rename('wine2.csv', 'wine_Test.csv')
```

```
[6]: #
train = pd.read_csv('wine_Train.csv', sep=";")
#
test = pd.read_csv('wine_Test.csv', sep=";")
```

### Проверим правильность создания обучающей и тестовой выборки

```
[7]: train.head()
```

```
[7]:
```

	fixed acidity	volatile acidity	citric acid	residual sugar	chlorides	\
0	7.0	0.27	0.36	20.7	0.045	
1	6.3	0.30	0.34	1.6	0.049	
2	8.1	0.28	0.40	6.9	0.050	
3	7.2	0.23	0.32	8.5	0.058	
4	7.2	0.23	0.32	8.5	0.058	

	free sulfur dioxide	total sulfur dioxide	density	pH	sulphates	\
0	45.0	170.0	1.0010	3.00	0.45	
1	14.0	132.0	0.9940	3.30	0.49	
2	30.0	97.0	0.9951	3.26	0.44	
3	47.0	186.0	0.9956	3.19	0.40	
4	47.0	186.0	0.9956	3.19	0.40	

	alcohol	quality
0	8.8	6
1	9.5	6
2	10.1	6
3	9.9	6
4	9.9	6

```
[8]: test.head()
```

```
[8]:
```

	fixed acidity	volatile acidity	citric acid	residual sugar	chlorides	\
0	6.0	0.28	0.27	15.5	0.036	
1	6.7	0.24	0.36	8.4	0.042	
2	6.7	0.29	0.45	14.3	0.054	
3	6.9	0.33	0.31	4.2	0.040	
4	6.5	0.16	0.34	1.4	0.029	

	free sulfur dioxide	total sulfur dioxide	density	pH	sulphates	\
0	31.0	134.0	0.99408	3.19	0.44	

1	42.0	123.0	0.99473	3.34	0.52
2	30.0	181.0	0.99869	3.14	0.57
3	21.0	93.0	0.98960	3.18	0.48
4	29.0	133.0	0.99108	3.33	0.64

	alcohol	quality
0	13.0	7
1	10.9	6
2	9.1	5
3	13.4	7
4	11.5	7

### 1.3. 3) Проведение разведочного анализа данных

```
[9]: train.shape, test.shape
```

```
[9]: ((3500, 12), (1398, 12))
```

#### 1.3.1. Проверим, одинаковы ли типы данных в столбцах обучающего и тестового датасета

```
[10]: train.dtypes
```

```
[10]: fixed acidity      float64
       volatile acidity  float64
       citric acid      float64
       residual sugar    float64
       chlorides         float64
       free sulfur dioxide float64
       total sulfur dioxide float64
       density          float64
       pH               float64
       sulphates        float64
       alcohol          float64
       quality          int64
       dtype: object
```

```
[11]: test.dtypes
```

```
[11]: fixed acidity      float64
       volatile acidity  float64
       citric acid      float64
       residual sugar    float64
       chlorides         float64
       free sulfur dioxide float64
       total sulfur dioxide float64
       density          float64
       pH               float64
       sulphates        float64
       alcohol          float64
```

```
quality                                int64
dtype: object
```

### Проверяем датасеты на наличие пустых значений:

```
[12]: train.isnull().sum()
```

```
[12]: fixed acidity      0
      volatile acidity   0
      citric acid        0
      residual sugar     0
      chlorides          0
      free sulfur dioxide 0
      total sulfur dioxide 0
      density            0
      pH                0
      sulphates          0
      alcohol            0
      quality            0
      dtype: int64
```

```
[13]: test.isnull().sum()
```

```
[13]: fixed acidity      0
      volatile acidity   0
      citric acid        0
      residual sugar     0
      chlorides          0
      free sulfur dioxide 0
      total sulfur dioxide 0
      density            0
      pH                0
      sulphates          0
      alcohol            0
      quality            0
      dtype: int64
```

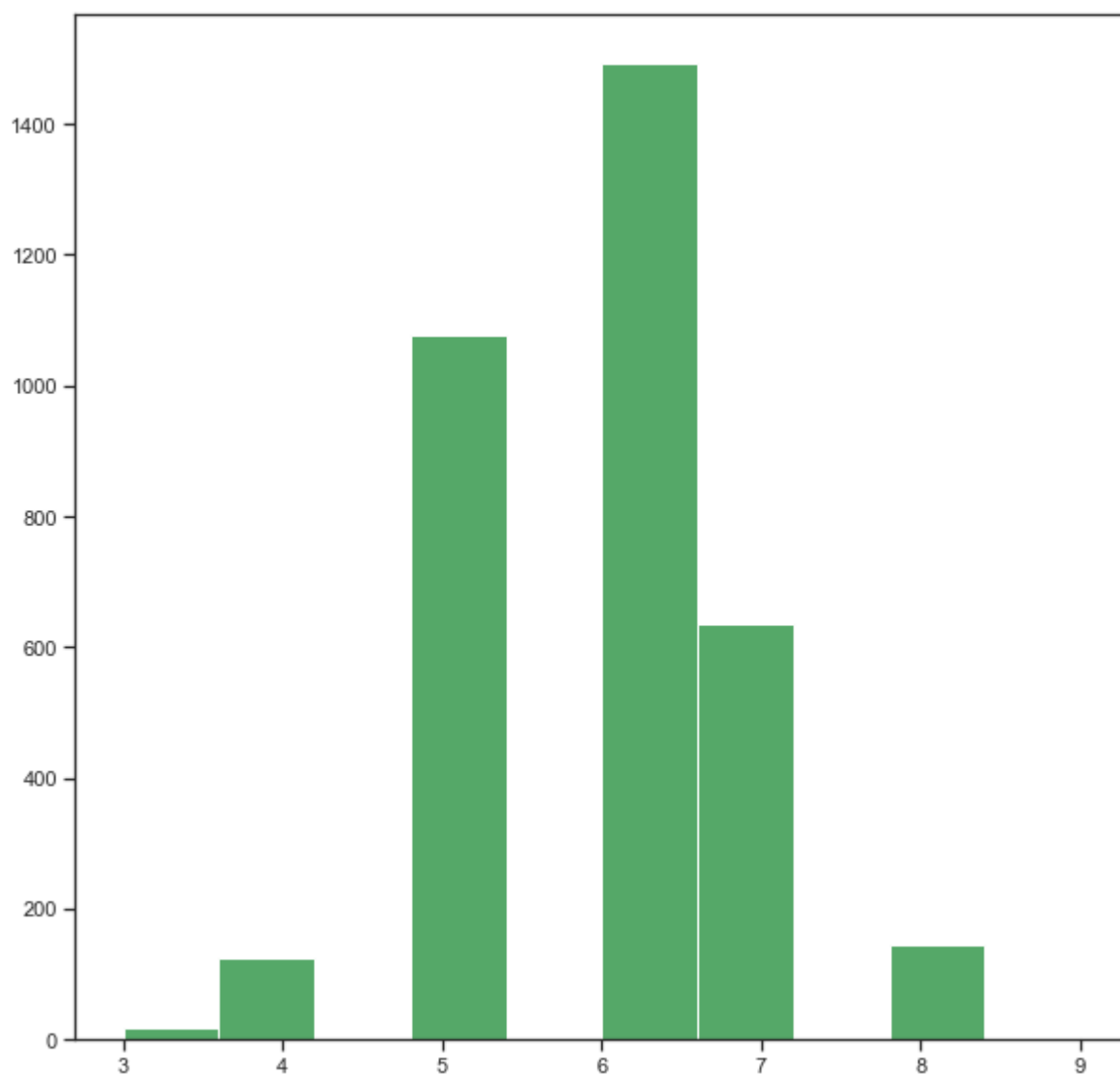
### 1.3.2. Уникальные значения целевого признака

```
[14]: train['quality'].unique()
```

```
[14]: array([6, 5, 7, 8, 4, 3, 9])
```

### 1.3.3. Рассмотрим распределение целых значений в обучающей и тестовой выборках

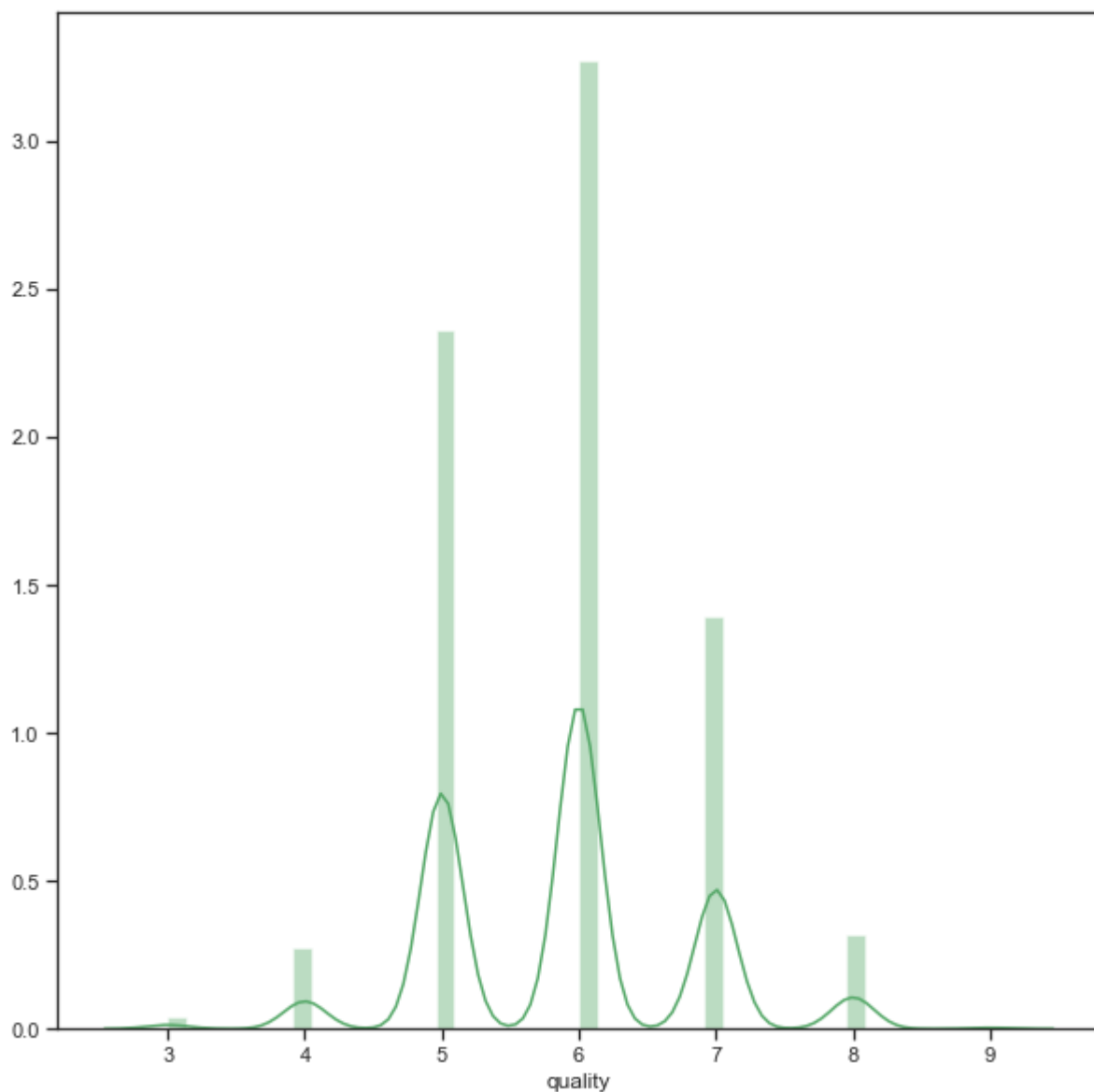
```
[15]: fig, ax = plt.subplots(figsize=(10,10))
      plt.hist(train['quality'], color="g")
      plt.show()
```



**Оценим здесь же плотность вероятности распределения:**

```
[16]: fig, ax = plt.subplots(figsize=(10,10))  
sns.distplot(train['quality'], color="g")
```

```
[16]: <matplotlib.axes._subplots.AxesSubplot at 0x1a276748d0>
```



#### 1.3.4. Подсчитаем дисбаланс классов для обучающей выборки

```
[17]: #
total = train.shape[0]
class_6, class_5, class_7, class_8, class_4, class_3, class_9 = \
    train['quality'].value_counts()
print('    3    {}, \n    4    {}, \n    5    {}, \n    6    \n
    \n    7    {}, \n    8    {}, \n    9    {}.'.
      .format(round(class_3 / total, 4)*100,
              round(class_4 / total, 4)*100,
              round(class_5 / total, 4)*100,
              round(class_6 / total, 4)*100,
              round(class_7 / total, 4)*100,
              round(class_8 / total, 4)*100,
              round(class_9 / total, 4)*100))
```



```

3      0.51%,
4      3.5999999999999996%,
5      30.769999999999996%,
6      42.69%,
7      18.17%,
8      4.109999999999999%,
9      0.1399999999999999%.

```

```
[18]: train['quality'].value_counts()
```

```

[18]: 6      1494
      5      1077
      7       636
      8       144
      4       126
      3        18
      9         5
      Name: quality, dtype: int64

```

### 1.3.5. Подсчитаем дисбаланс классов для тестовой выборки

```

[19]: #
total = test.shape[0]
class_6, class_5, class_7, class_8, class_4, class_3, class_9 = \
    ↪ train['quality'].value_counts()
print('      3      {}, \n      4      {}, \n      5      {}, \n      6      \n
    ↪ {}, \n      7      {}, \n      8      {}, \n      9      {}.'.
      .format(round(class_3 / total, 4)*100,
              round(class_4 / total, 4)*100,
              round(class_5 / total, 4)*100,
              round(class_6 / total, 4)*100,
              round(class_7 / total, 4)*100,
              round(class_8 / total, 4)*100,
              round(class_9 / total, 4)*100))

```

```

3      1.29%,
4      9.01%,
5      77.03999999999999%,
6      106.87%,
7      45.49%,
8      10.299999999999999%,
9      0.36%.

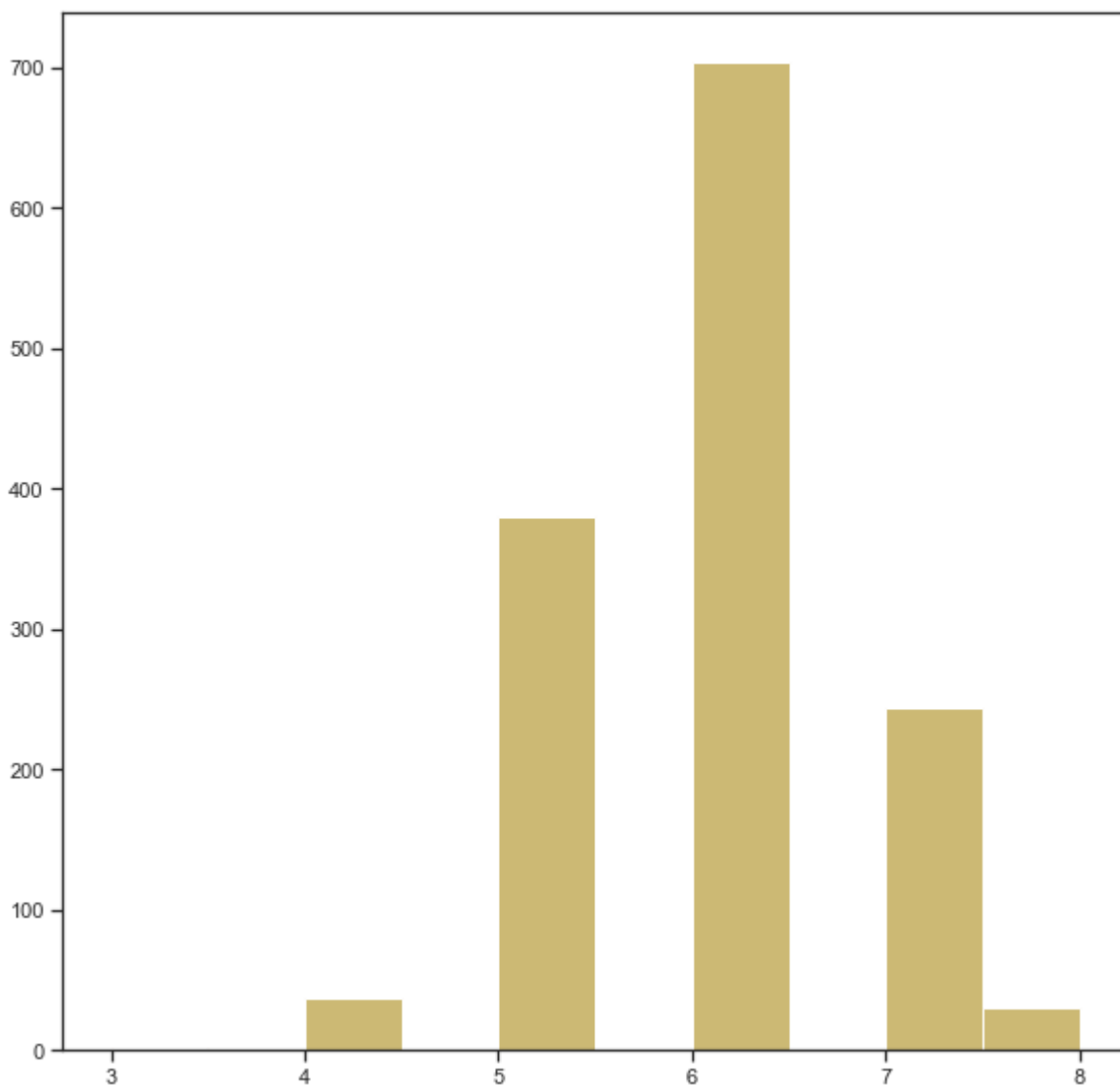
```

### 1.3.6. Распределение классов в тестовой выборке

```

[20]: fig, ax = plt.subplots(figsize=(10,10))
      plt.hist(test['quality'], color="y")
      plt.show()

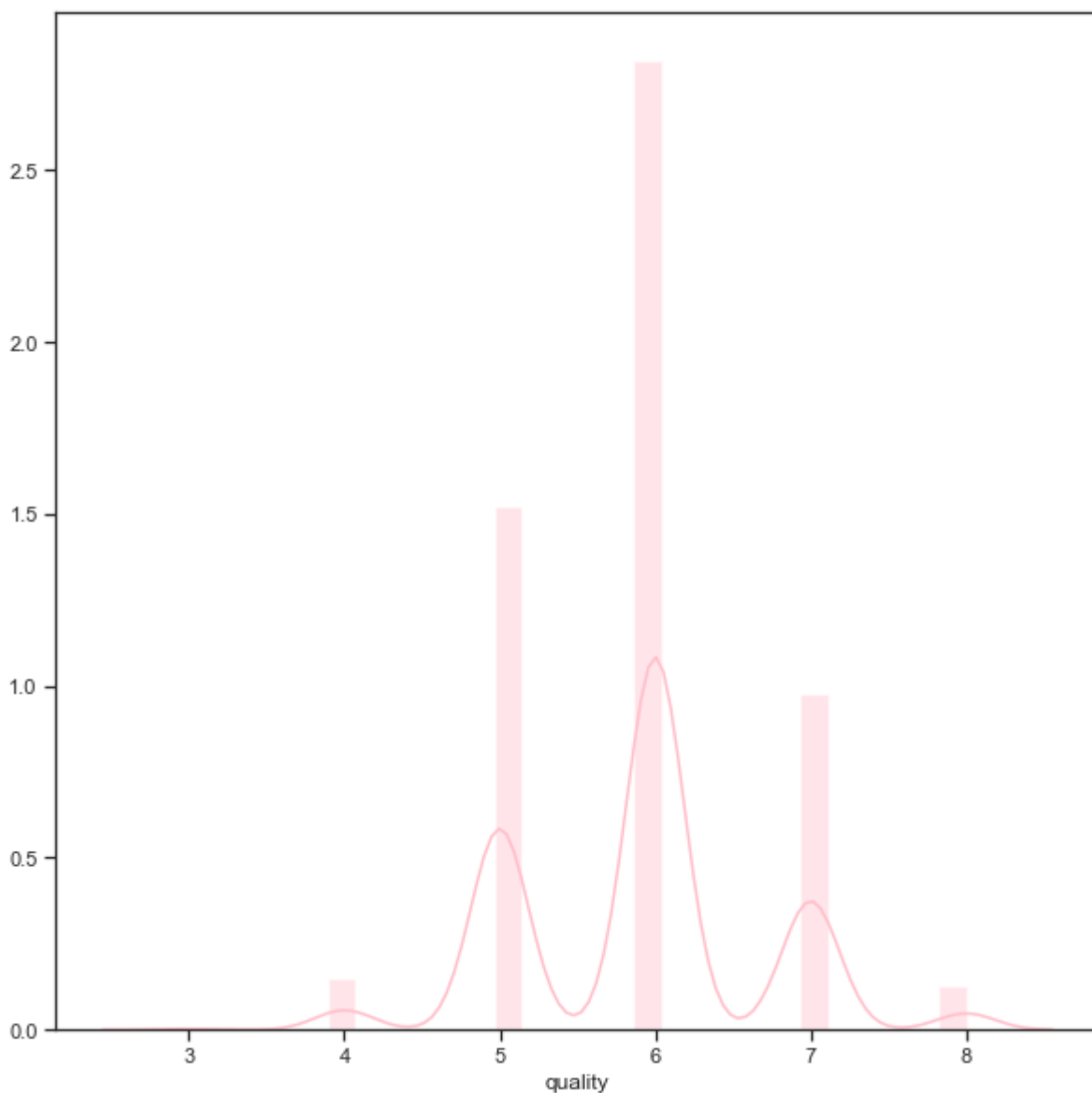
```



### 1.3.7. Оценим плотность вероятности распределения

```
[21]: fig, ax = plt.subplots(figsize=(10,10))  
sns.distplot(test['quality'], color="pink")
```

```
[21]: <matplotlib.axes._subplots.AxesSubplot at 0x1a265a6990>
```



### 1.3.8. Выводы об оценке дисбаланса классов

Дисбаланс классов неравномерен к рамках обучающей и тестовой выборках по отдельности.

Также сложилась такая ситуация, что количество уникальных значений целевого признака в тестовой выборке меньше. Это следствие дисбаланса распределения классов.

Было выявлено, что для задачи классификации подходят не все классы (нам не подходят классы, которые встречаются < 10% раз).

Поэтому для задачи классификации у нас будет только 2 класса: - оценка качества 6; - оценка качества 7.

```
[22]: train.dtypes
```

```
[22]: fixed acidity      float64
      volatile acidity  float64
      citric acid       float64
      residual sugar    float64
```

```

chlorides                float64
free sulfur dioxide      float64
total sulfur dioxide     float64
density                  float64
pH                       float64
sulphates                float64
alcohol                  float64
quality                  int64
dtype: object

```

Кодирование признаков не требуется, поскольку все данные представлены в числовом виде. Для построения моделей будем использовать все признаки. Объединим обучающую и тестовую выборки для масштабирования данных. Для начала создадим вспомогательные колонки для возможности дальнейшего разделения целого датасета

```

[23]: train['dataset'] = 'TRAIN'
      test['dataset'] = 'TEST'

```

### 1.3.9. Выберем столбцы для объединения датасетов

```

[24]: #
      join_cols = ['dataset', 'fixed acidity', 'volatile acidity', 'citric acid',
      ↪ 'residual sugar',
      ↪ 'chlorides', 'free sulfur dioxide', 'total sulfur dioxide',
      ↪ 'density',
      ↪ 'pH', 'sulphates', 'alcohol', 'quality']

```

```

[25]: data_all = pd.concat([train[join_cols], test[join_cols]])

```

### 1.3.10. Проверяем корректность объединения

```

[26]: assert data_all.shape[0] == train.shape[0]+test.shape[0]

```

```

[27]: data_all.head()

```

```

[27]:  dataset  fixed acidity  volatile acidity  citric acid  residual sugar  \
0    TRAIN              7.0              0.27          0.36             20.7
1    TRAIN              6.3              0.30          0.34              1.6
2    TRAIN              8.1              0.28          0.40              6.9
3    TRAIN              7.2              0.23          0.32              8.5
4    TRAIN              7.2              0.23          0.32              8.5

      chlorides  free sulfur dioxide  total sulfur dioxide  density    pH  \
0          0.045              45.0              170.0    1.0010  3.00
1          0.049              14.0              132.0    0.9940  3.30
2          0.050              30.0              97.0     0.9951  3.26
3          0.058              47.0              186.0    0.9956  3.19
4          0.058              47.0              186.0    0.9956  3.19

      sulphates  alcohol  quality

```

0	0.45	8.8	6
1	0.49	9.5	6
2	0.44	10.1	6
3	0.40	9.9	6
4	0.40	9.9	6

### 1.3.11. Выберем столбцы для масштабирования

```
[28]: #
scale_cols = ['fixed acidity', 'volatile acidity', 'citric acid', 'residual_
↳sugar',
              'chlorides', 'free sulfur dioxide', 'total sulfur dioxide',
↳'density',
              'pH', 'sulphates', 'alcohol']
```

```
[29]: sc1 = MinMaxScaler()
sc1_data = sc1.fit_transform(data_all[scale_cols])
```

### 1.3.12. Добавляем масштабированные данные в наш датасет

```
[30]: for i in range(len(scale_cols)):
        col = scale_cols[i]
        new_col_name = col + '_scaled'
        data_all[new_col_name] = sc1_data[:,i]
```

### 1.3.13. Проверяем корректность

```
[31]: data_all.head()
```

```
[31]: dataset  fixed acidity  volatile acidity  citric acid  residual sugar  \
0    TRAIN          7.0           0.27           0.36           20.7
1    TRAIN          6.3           0.30           0.34           1.6
2    TRAIN          8.1           0.28           0.40           6.9
3    TRAIN          7.2           0.23           0.32           8.5
4    TRAIN          7.2           0.23           0.32           8.5

        chlorides  free sulfur dioxide  total sulfur dioxide  density  pH  ...  \
0         0.045           45.0           170.0       1.0010  3.00  ...
1         0.049           14.0           132.0       0.9940  3.30  ...
2         0.050           30.0           97.0       0.9951  3.26  ...
3         0.058           47.0           186.0       0.9956  3.19  ...
4         0.058           47.0           186.0       0.9956  3.19  ...

        volatile acidity_scaled  citric acid_scaled  residual sugar_scaled  \
0              0.186275           0.216867           0.308282
1              0.215686           0.204819           0.015337
2              0.196078           0.240964           0.096626
3              0.147059           0.192771           0.121166
```

```

4          0.147059          0.192771          0.121166

chlorides_scaled  free sulfur dioxide_scaled  total sulfur dioxide_scaled
↪ \
0          0.106825          0.149826          0.373550
1          0.118694          0.041812          0.285383
2          0.121662          0.097561          0.204176
3          0.145401          0.156794          0.410673
4          0.145401          0.156794          0.410673

density_scaled  pH_scaled  sulphates_scaled  alcohol_scaled
0          0.267785  0.254545          0.267442          0.129032
1          0.132832  0.527273          0.313953          0.241935
2          0.154039  0.490909          0.255814          0.338710
3          0.163678  0.427273          0.209302          0.306452
4          0.163678  0.427273          0.209302          0.306452

[5 rows x 24 columns]

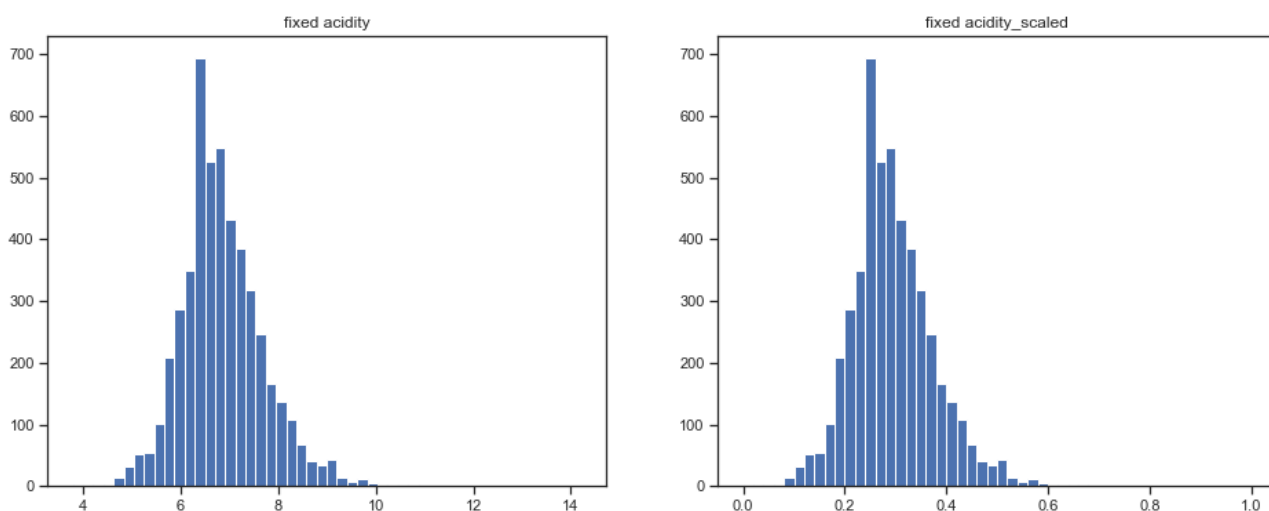
```

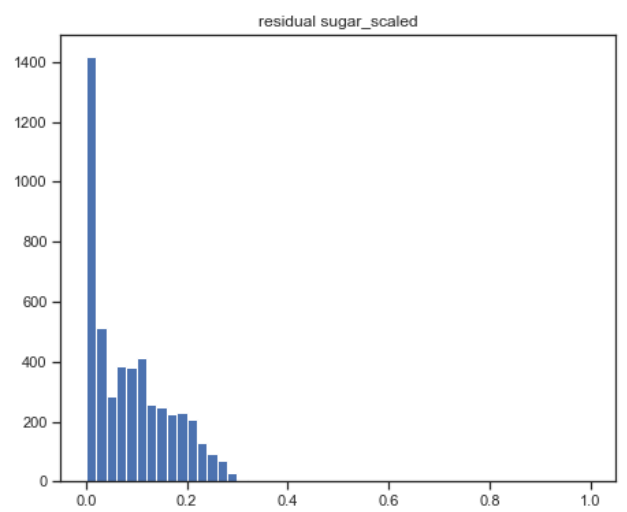
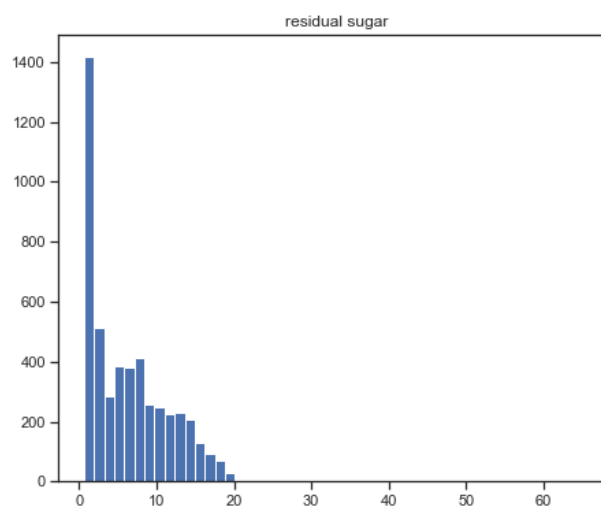
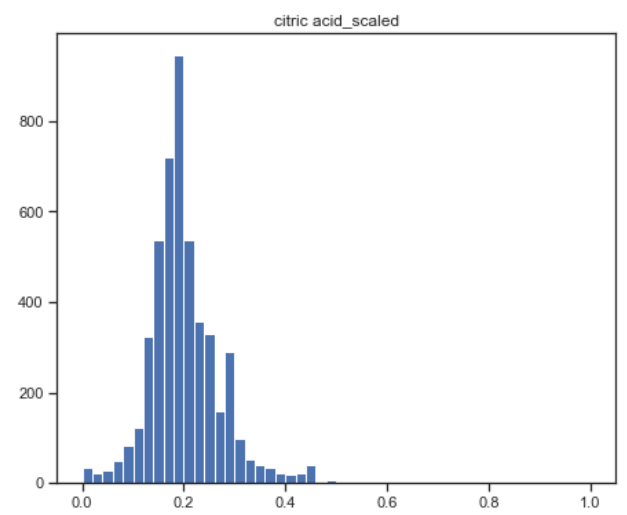
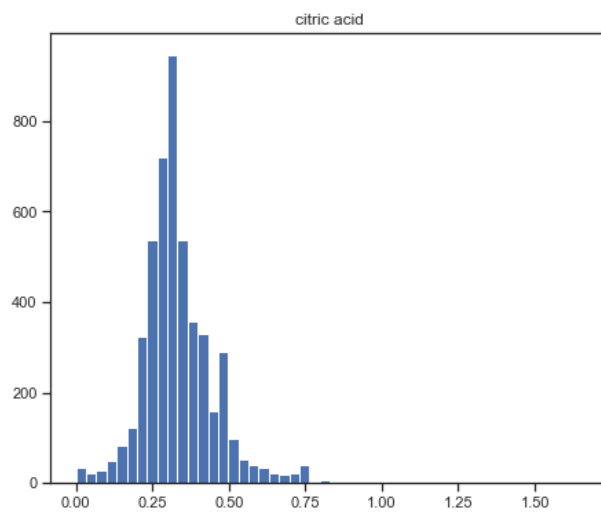
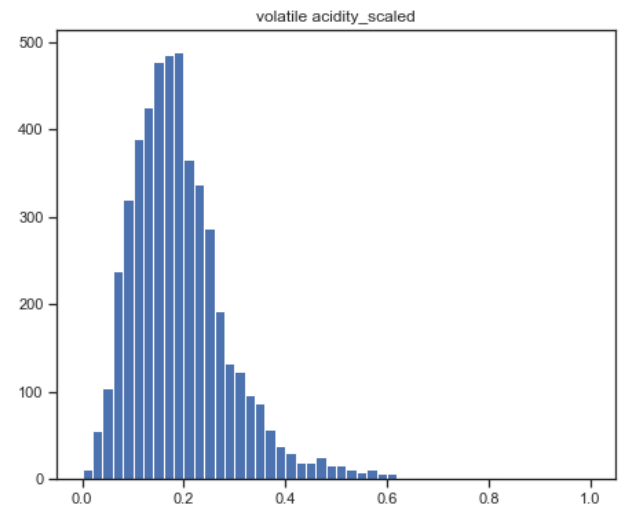
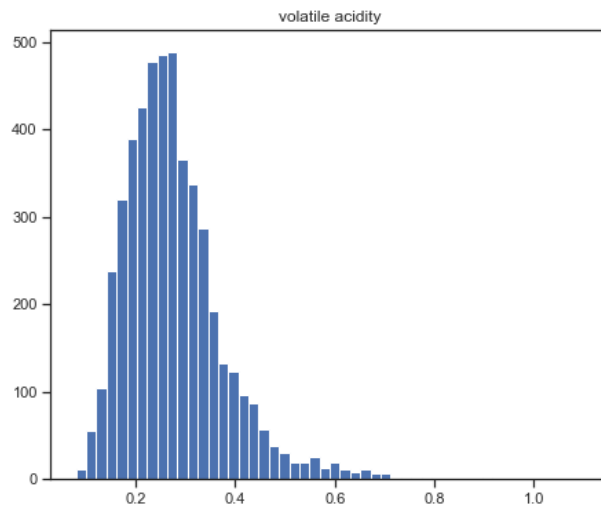
### 1.3.14. Посмотрим, повлияло ли масштабирование на распределение данных

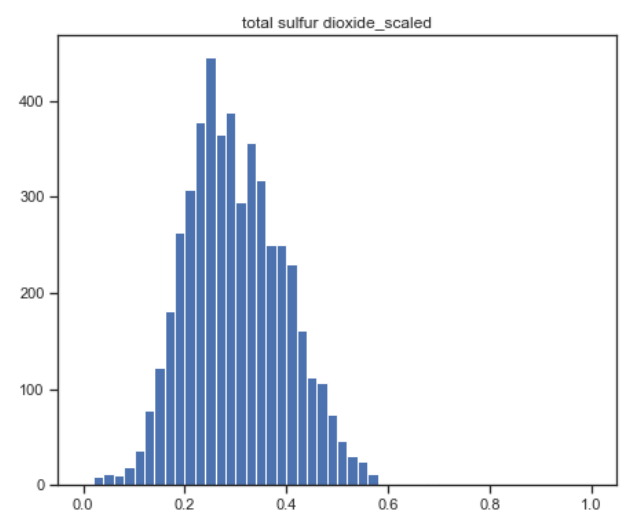
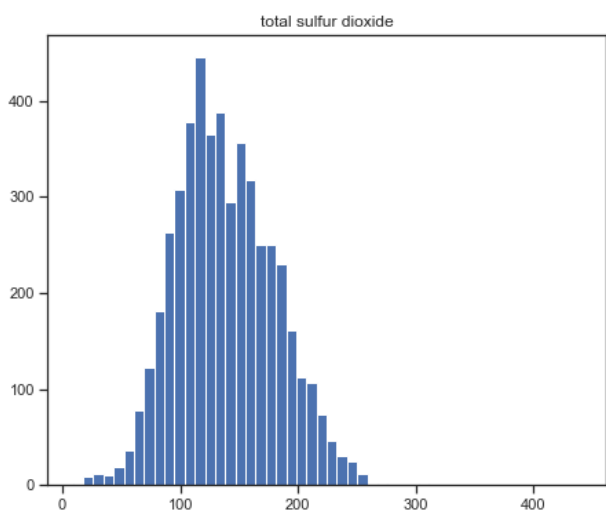
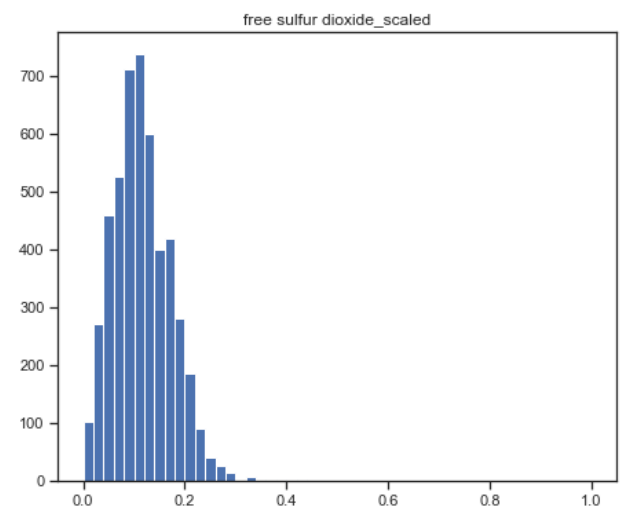
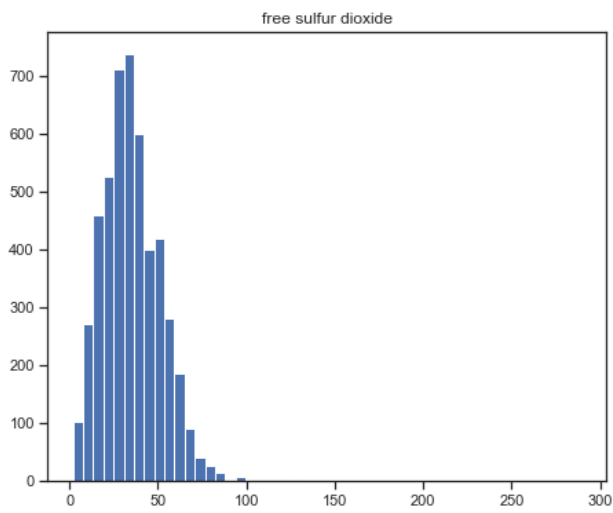
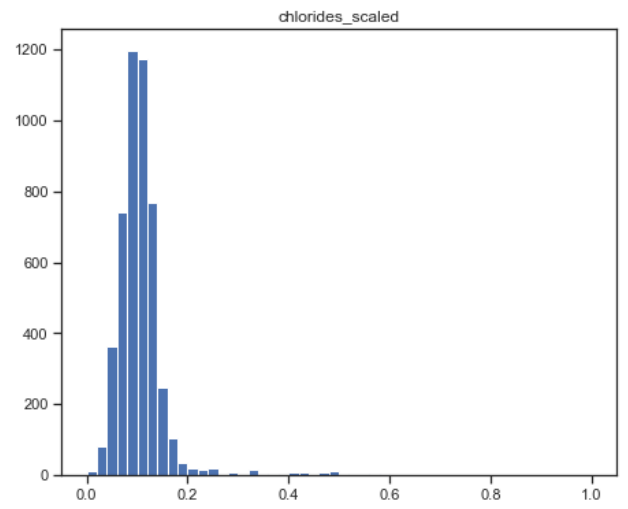
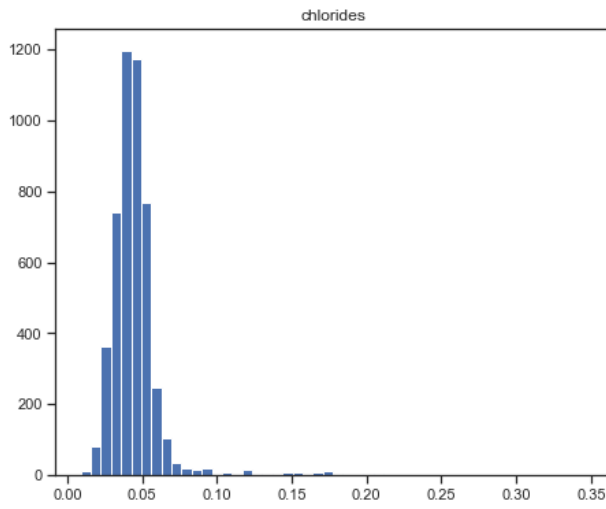
```

[32]: for col in scale_cols:
        col_scaled = col + '_scaled'
        fig, ax = plt.subplots(1, 2, figsize=(16,6))
        ax[0].hist(data_all[col], 50)
        ax[1].hist(data_all[col_scaled], 50)
        ax[0].title.set_text(col)
        ax[1].title.set_text(col_scaled)
        plt.show()

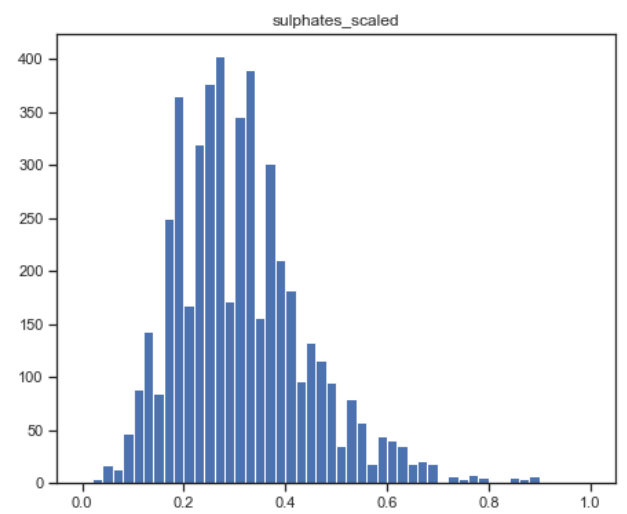
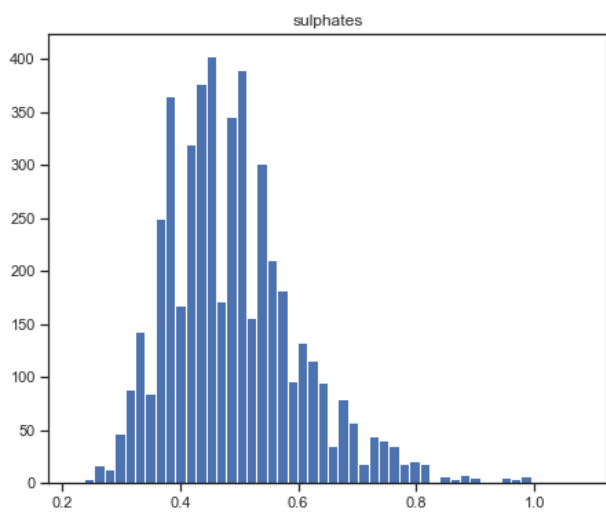
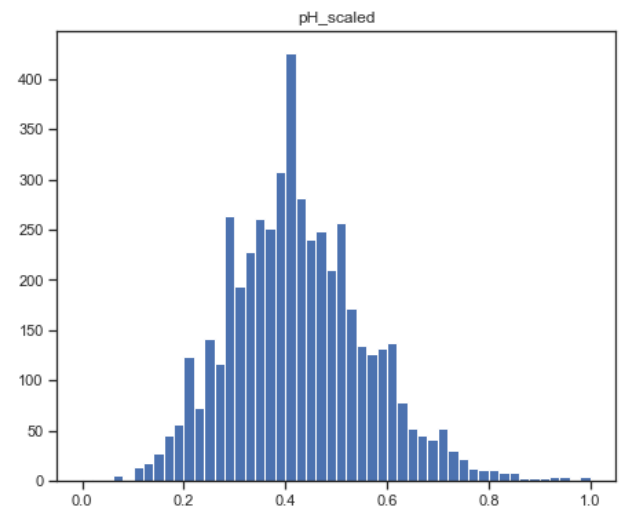
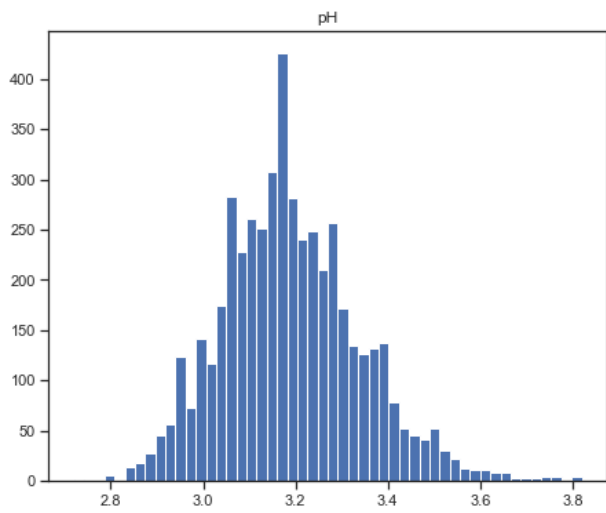
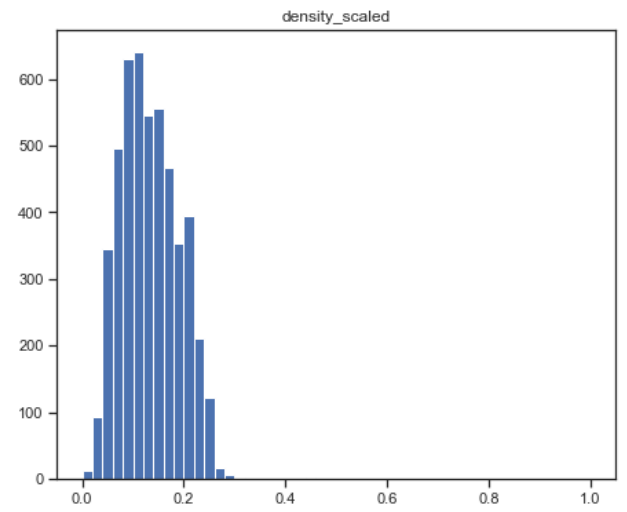
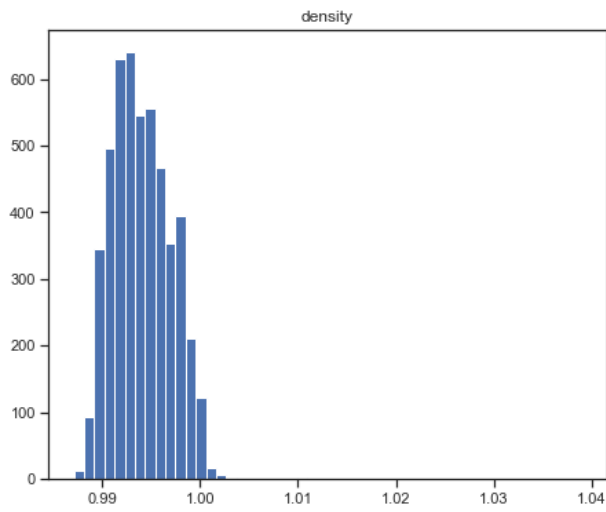
```

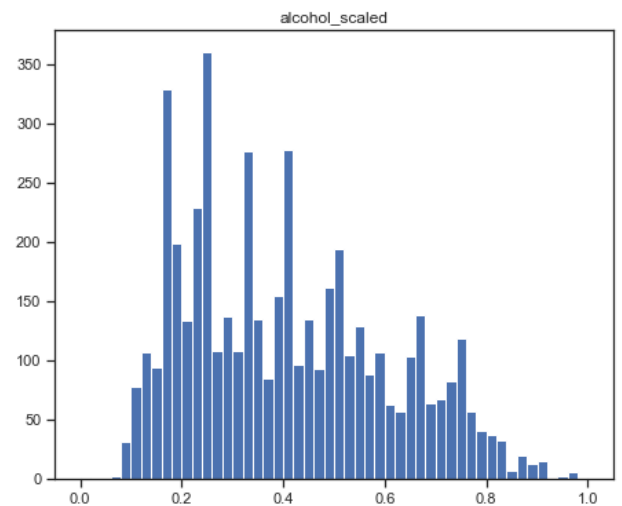
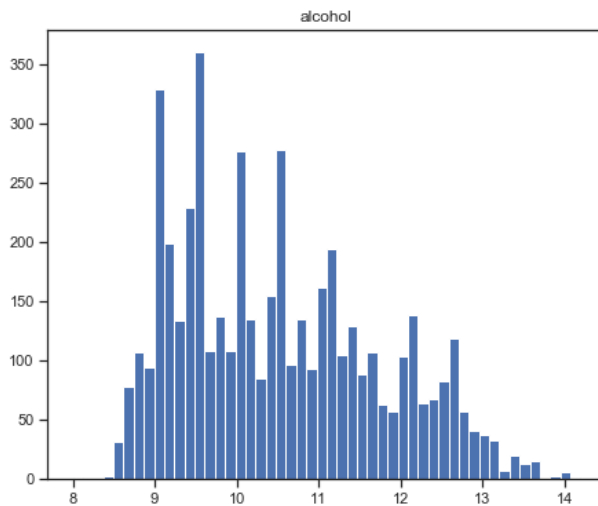












Масштабирование данных не повлияло на их распределение

### 1.3.15. Включим тестовую выборку в корреляционную матрицу

```
[33]: corr_cols_1 = scale_cols + ['quality']
      corr_cols_1
```

```
[33]: ['fixed acidity',
      'volatile acidity',
      'citric acid',
      'residual sugar',
      'chlorides',
      'free sulfur dioxide',
      'total sulfur dioxide',
      'density',
      'pH',
      'sulphates',
      'alcohol',
      'quality']
```

```
[34]: scale_cols_postfix = [x+'_scaled' for x in scale_cols]
      corr_cols_2 = scale_cols_postfix + ['quality']
      corr_cols_2
```

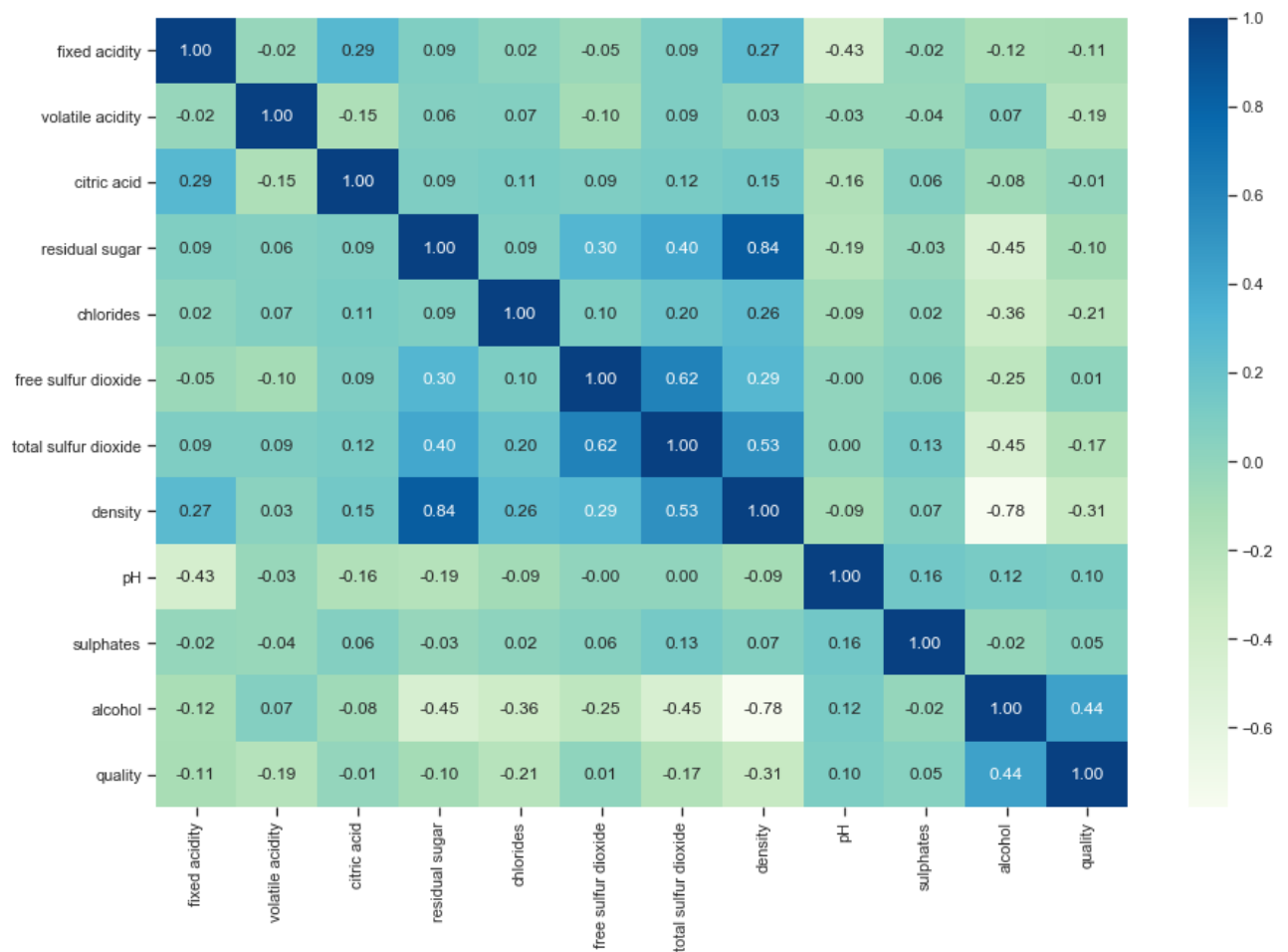
```
[34]: ['fixed acidity_scaled',
      'volatile acidity_scaled',
      'citric acid_scaled',
      'residual sugar_scaled',
      'chlorides_scaled',
      'free sulfur dioxide_scaled',
      'total sulfur dioxide_scaled',
      'density_scaled',
      'pH_scaled',
      'sulphates_scaled',
      'alcohol_scaled',
```

'quality']

### 1.3.16. Построим корреляционную матрицу

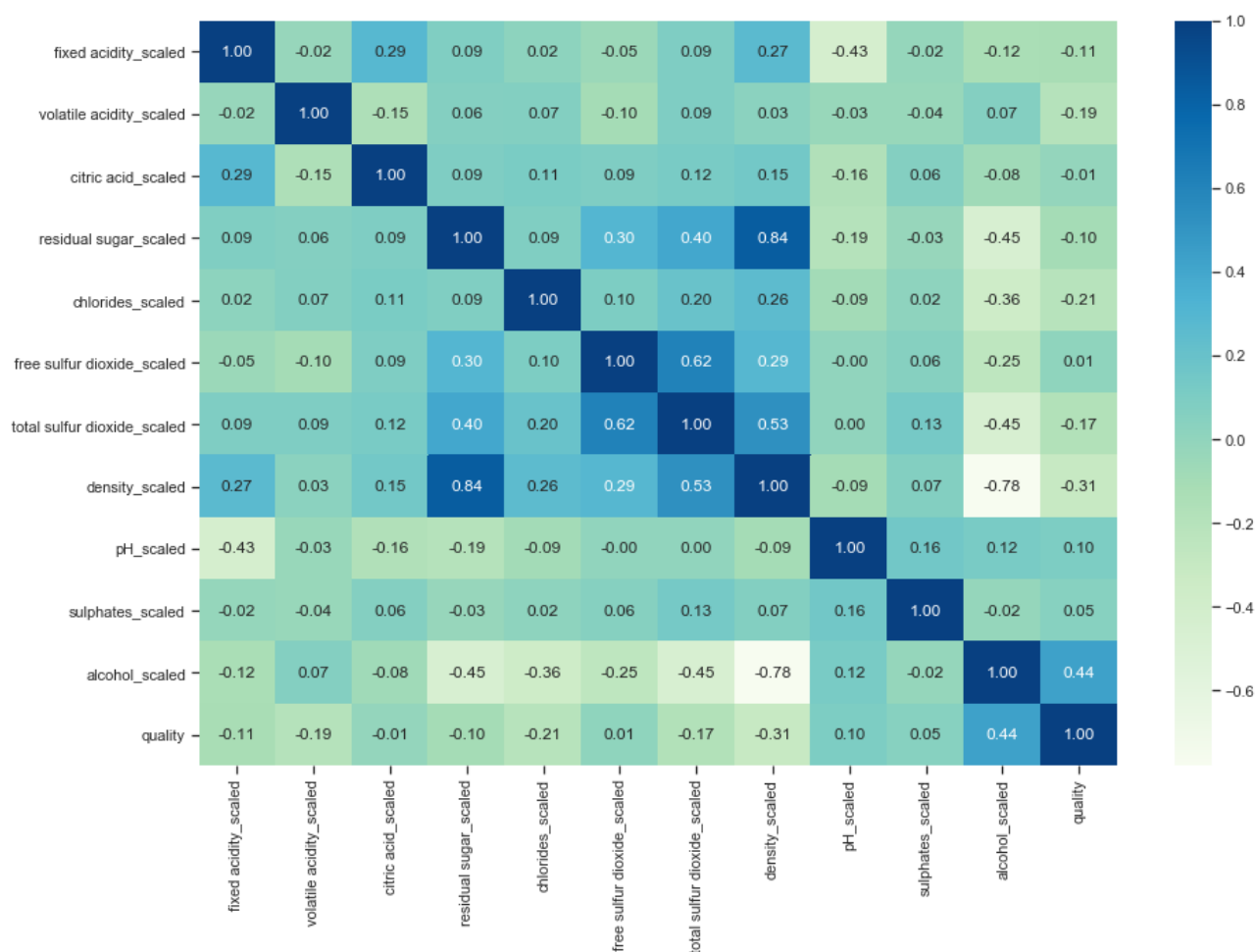
```
[35]: fig, ax = plt.subplots(figsize=(15,10))
sns.heatmap(data_all[corr_cols_1].corr(), annot=True, fmt='.2f',
            cmap='GnBu')
```

[35]: <matplotlib.axes.\_subplots.AxesSubplot at 0x110ee6110>



```
[36]: fig, ax = plt.subplots(figsize=(15,10))
sns.heatmap(data_all[corr_cols_2].corr(), annot=True, fmt='.2f',
            cmap="GnBu")
```

[36]: <matplotlib.axes.\_subplots.AxesSubplot at 0x1a279a82d0>



Корреляционные матрицы для исходных и масштабированных данных полностью совпадают.

## 1.4. Выводы о коррелирующих признаках

1. Коэффициенты корреляции в данном наборе достаточно низкие. Этот факт будет иметь непосредственное влияние на качество наших моделей (в сторону ухудшения, к сожалению).
2. Если рассуждать чисто логически, то все представленные входные параметры влияют на качество алкоголя, так как они определяют его химический состав. С этой точки зрения для построения моделей мы можем использовать все 11 признаков. Однако, для улучшения качества моделей исключим признаки, которые могут быть зависимы друг от друга.
3. 'alcohol' и 'density' лучше всего коррелируют с целевым признаком, однако они очень сильно коррелируют друг с другом ( $|0.78|$ ), что может означать зависимость между ними и плохо влиять на построение моделей. 'alcohol' лучше коррелирует с целевым признаком, поэтому оставим его, а 'density' уберем.
4. 'free sulfur' и 'total sulfur' довольно неплохо коррелируют друг с другом ( $|0.62|$ ), что логично, так как общий диоксид серы является суммой связанной и свободной серы. У них прослеживается явная зависимость. Уберем 'free sulfur' из признаков для построения модели.

### 1.4.1. Бинаризация данных

Так как наш целевой признак ‘quality’ включает в себя 7 значений, бинарная классификация невозможна.

Чтобы бинаризовать 7 различных значений целевого признака, мы вместо одного целевого столбца ‘quality’ создаем 7 столбцов (каждый столбец соответствует определенному значению выходного параметра ‘quality’).

Каждый из семи столбцов является бинарным, то есть принимает значение “1”, когда вино имеет оценку качества, соответствующую столбцу, и “0” — во всех остальных случаях.

Все семь столбцов мы создали для наглядности и удобства. Как уже было сказано выше, для задачи классификации мы будем использовать только оценку “6” и “7”.

```
[37]: qual = pd.concat([train['quality'], test['quality']])
```

```
[38]: def code_myohe(data, column):  
    for i in data[column].unique():  
        data[column + '=' + str(i)] = (data[column] == i).astype(int)
```

```
[39]: code_myohe(data_all, 'quality')  
data_all.head()
```

```
[39]: dataset  fixed acidity  volatile acidity  citric acid  residual sugar  \  
0  TRAIN          7.0             0.27          0.36          20.7  
1  TRAIN          6.3             0.30          0.34           1.6  
2  TRAIN          8.1             0.28          0.40           6.9  
3  TRAIN          7.2             0.23          0.32           8.5  
4  TRAIN          7.2             0.23          0.32           8.5  
  
    chlorides  free sulfur dioxide  total sulfur dioxide  density    pH  ...  \  
0      0.045             45.0             170.0    1.0010  3.00  ...  
1      0.049             14.0             132.0    0.9940  3.30  ...  
2      0.050             30.0              97.0    0.9951  3.26  ...  
3      0.058             47.0             186.0    0.9956  3.19  ...  
4      0.058             47.0             186.0    0.9956  3.19  ...  
  
    pH_scaled  sulphates_scaled  alcohol_scaled  quality=6  quality=5  \  
0    0.254545          0.267442      0.129032          1          0  
1    0.527273          0.313953      0.241935          1          0  
2    0.490909          0.255814      0.338710          1          0  
3    0.427273          0.209302      0.306452          1          0  
4    0.427273          0.209302      0.306452          1          0  
  
    quality=7  quality=8  quality=4  quality=3  quality=9  
0           0           0           0           0           0  
1           0           0           0           0           0  
2           0           0           0           0           0  
3           0           0           0           0           0  
4           0           0           0           0           0
```

[5 rows x 31 columns]

```
[40]: data_all['quality'] = qual
```

## 1.5. 4) Выбор метрик для последующей оценки качества моделей.

В качестве метрик для решения задачи классификации будем использовать: - Метрика precision:  $precision = \frac{TP}{TP+FP}$  - Метрика recall (полнота):  $recall = \frac{TP}{TP+FN}$  - Метрика  $F_1$ -мера:  $F_\beta = (1 + \beta^2) \cdot \frac{precision \cdot recall}{precision + recall}$ , где  $\beta$  определяет вес точности в метрике. - Метрика ROC AUC:  $TPR = \frac{TP}{TP+FN}$  - True Positive Rate, откладывается по оси ординат. Совпадает с recall.  $FPR = \frac{FP}{FP+TN}$  - False Positive Rate, откладывается по оси абсцисс. Показывает какую долю из объектов отрицательного класса алгоритм предсказал неверно.

### 1.5.1. Введем класс, который позволит сохранять метрики качества построенных моделей и реализует визуализацию метрик качества

```
[41]: class MetricLogger:

    def __init__(self):
        self.df = pd.DataFrame(
            {'metric': pd.Series([], dtype='str'),
             'alg': pd.Series([], dtype='str'),
             'value': pd.Series([], dtype='float')})

    def add(self, metric, alg, value):
        """

        """
        #
        self.df.drop(self.df[(self.df['metric']==metric)&(self.
        ↪df['alg']==alg)].index, inplace = True)
        #
        temp = [{'metric':metric, 'alg':alg, 'value':value}]
        self.df = self.df.append(temp, ignore_index=True)

    def get_data_for_metric(self, metric, ascending=True):
        """

        """
        temp_data = self.df[self.df['metric']==metric]
        temp_data_2 = temp_data.sort_values(by='value', ascending=ascending)
        return temp_data_2['alg'].values, temp_data_2['value'].values

    def plot(self, str_header, metric, ascending=True, figsize=(5, 5)):
        """

        """
        array_labels, array_metric = self.get_data_for_metric(metric, ↪
        ↪ascending)
        fig, ax1 = plt.subplots(figsize=figsize)
        pos = np.arange(len(array_metric))
        rects = ax1.barh(pos, array_metric,
                        align='center',
                        height=0.5,
```

```

        tick_label=array_labels)
ax1.set_title(str_header)
for a,b in zip(pos, array_metric):
    plt.text(0.5, a-0.05, str(round(b,3)), color='white')
plt.show()

```

## 1.6. Формирование обучающей и тестовой выборок на основе исходного набора данных.

### 1.6.1. Выделим обучающую и тестовую выборки на основе масштабированных данных с помощью фильтра

```

[42]: train_data_all = data_all[data_all['dataset']=='TRAIN']
      test_data_all = data_all[data_all['dataset']=='TEST']
      train_data_all.shape, test_data_all.shape

```

```

[42]: ((3500, 31), (1398, 31))

```

### 1.6.2. Определим признаки для задачи классификации

```

[43]: #
      task_clas_cols = ['fixed acidity_scaled', 'volatile acidity_scaled',
      ↪ 'citric acid_scaled', 'residual sugar_scaled',
      'chlorides_scaled', 'total sulfur dioxide_scaled',
      'pH_scaled', 'sulphates_scaled', 'alcohol_scaled']

```

### 1.6.3. Определим выборки для задачи классификации

```

[44]: #
      clas_X_train = train_data_all[task_clas_cols]
      clas_X_test = test_data_all[task_clas_cols]

      clas_Y6_train = train_data_all['quality=6']
      clas_Y6_test = test_data_all['quality=6']

      clas_Y7_train = train_data_all['quality=7']
      clas_Y7_test = test_data_all['quality=7']

      clas_X_train.shape, clas_X_test.shape, clas_Y6_train.shape, clas_Y6_test.
      ↪shape

```

```

[44]: ((3500, 9), (1398, 9), (3500,), (1398,))

```

## 1.7. Построение базового решения

### 1.7.1. Определим модель

```
[45]: clas_models = {'RF':RandomForestClassifier(),
                    'GB':GradientBoostingClassifier()}
```

### 1.7.2. Сохранение метрик

```
[46]: clasMetricLogger = MetricLogger()
```

```
[47]: def clas_train_model7(model_name, model, clasMetricLogger):
    model.fit(clas_X_train, clas_Y7_train)
    Y_pred = model.predict(clas_X_test)
    precision = precision_score(clas_Y7_test.values, Y_pred)
    recall = recall_score(clas_Y7_test.values, Y_pred)
    f1 = f1_score(clas_Y7_test.values, Y_pred)
    roc_auc = roc_auc_score(clas_Y7_test.values, Y_pred)

    clasMetricLogger.add('precision', model_name, precision)
    clasMetricLogger.add('recall', model_name, recall)
    clasMetricLogger.add('f1', model_name, f1)
    clasMetricLogger.add('roc_auc', model_name, roc_auc)

    print('*****')
    print(model)
    print('*****')
    draw_roc_curve(clas_Y7_test.values, Y_pred)

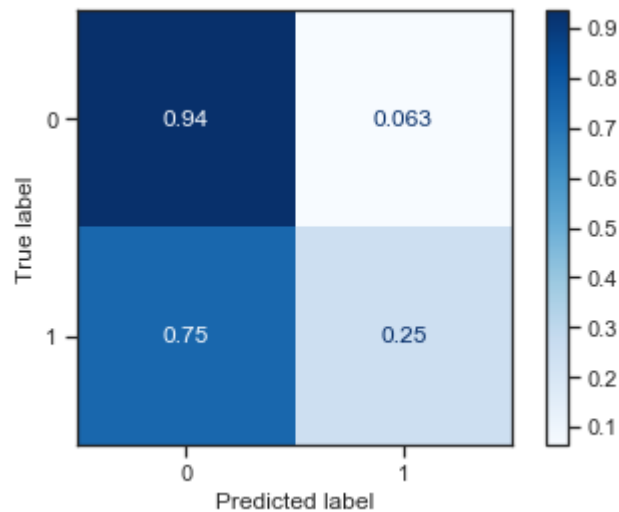
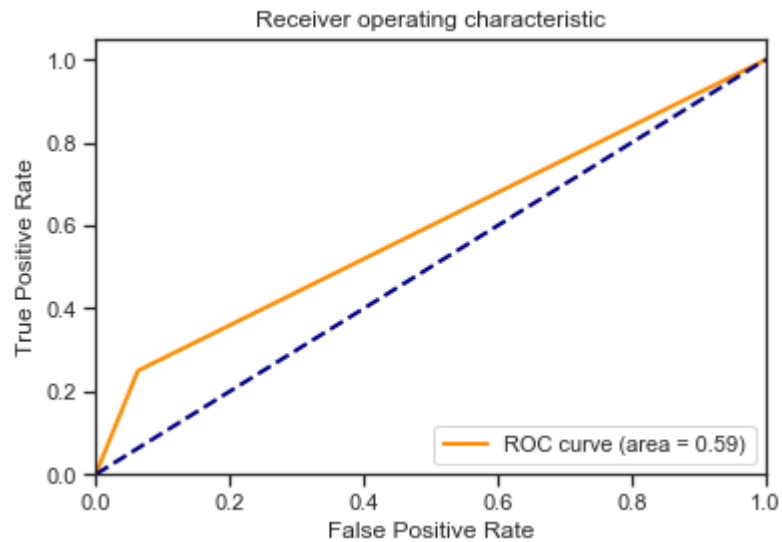
    plot_confusion_matrix(model, clas_X_test, clas_Y7_test.values,
                          display_labels=['0', '1'],
                          cmap=plt.cm.Blues, normalize='true')

    plt.show()
```

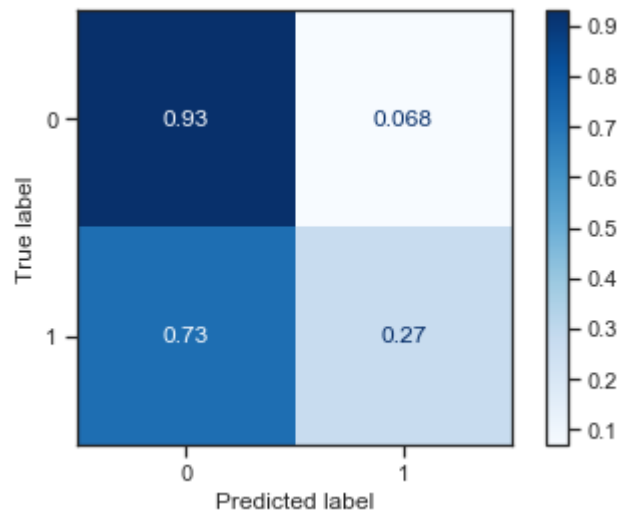
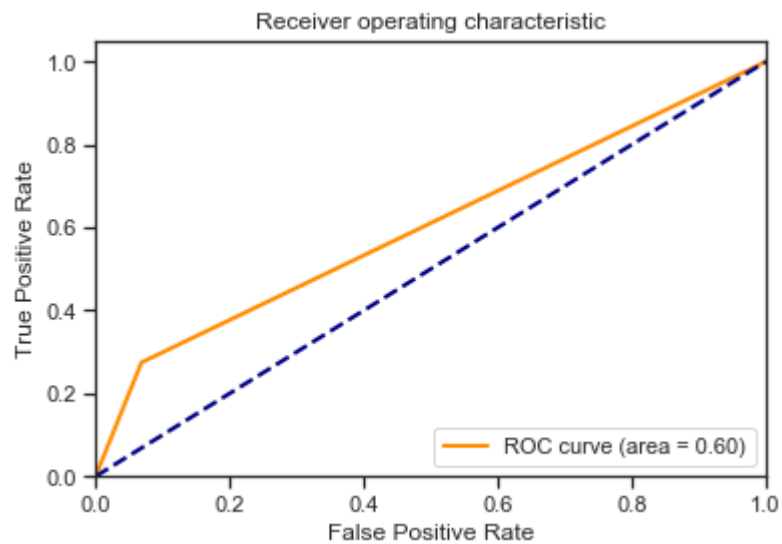
```
[48]: for model_name, model in clas_models.items():
    clas_train_model7(model_name, model, clasMetricLogger)
```

```
*****
RandomForestClassifier(bootstrap=True, ccp_alpha=0.0, class_weight=None,
                       criterion='gini', max_depth=None, max_features='auto',
                       max_leaf_nodes=None, max_samples=None,
                       min_impurity_decrease=0.0, min_impurity_split=None,
                       min_samples_leaf=1, min_samples_split=2,
                       min_weight_fraction_leaf=0.0, n_estimators=100,
                       n_jobs=None, oob_score=False, random_state=None,
                       verbose=0, warm_start=False)
*****
```





```
*****
GradientBoostingClassifier(ccp_alpha=0.0, criterion='friedman_mse', init=None,
                           learning_rate=0.1, loss='deviance', max_depth=3,
                           max_features=None, max_leaf_nodes=None,
                           min_impurity_decrease=0.0, min_impurity_split=None,
                           min_samples_leaf=1, min_samples_split=2,
                           min_weight_fraction_leaf=0.0, n_estimators=100,
                           n_iter_no_change=None, presort='deprecated',
                           random_state=None, subsample=1.0, tol=0.0001,
                           validation_fraction=0.1, verbose=0,
                           warm_start=False)
*****
```



## 1.8. Формирование выводов о качестве построенных моделей на основе выбранных метрик

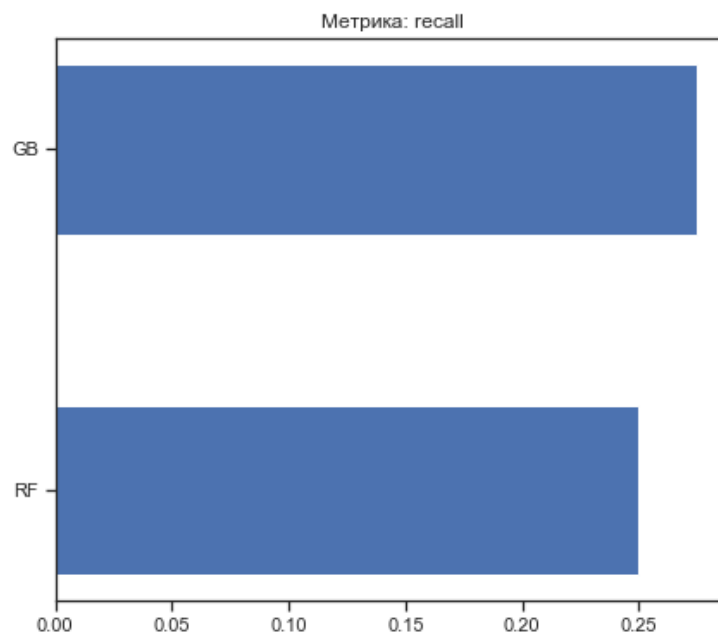
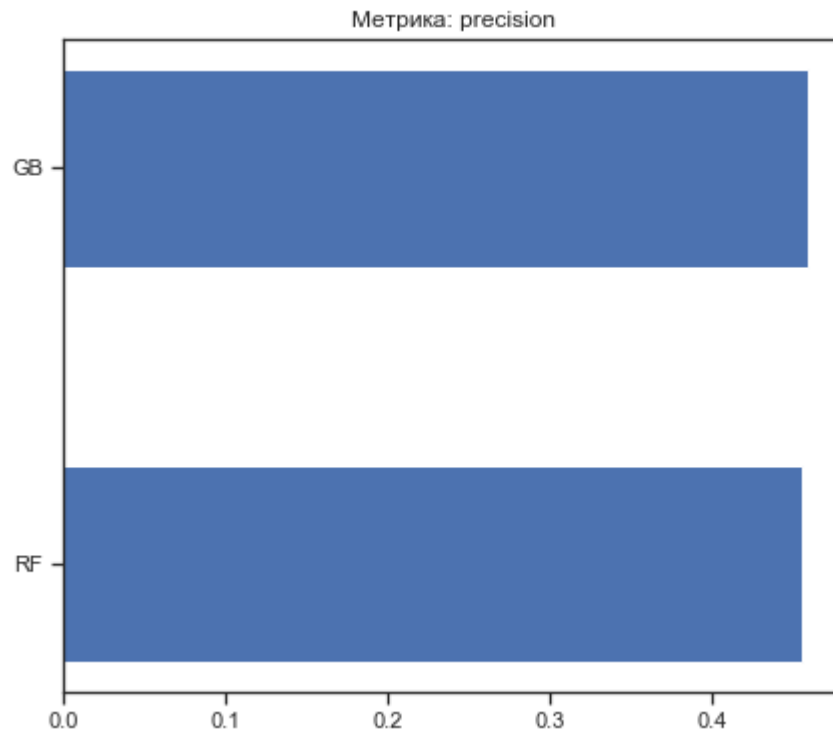
### 1.8.1. Метрики качества модели

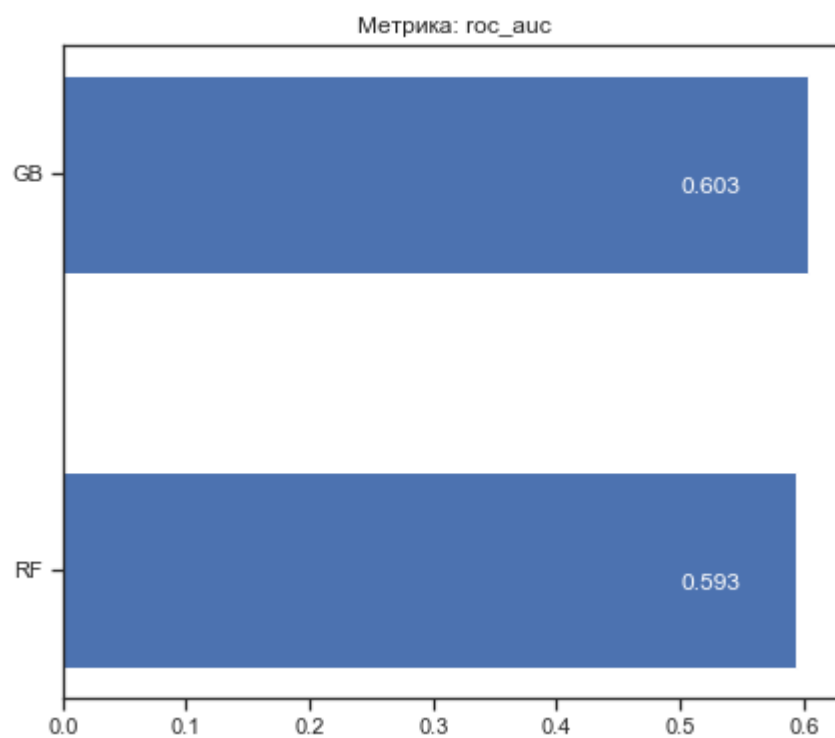
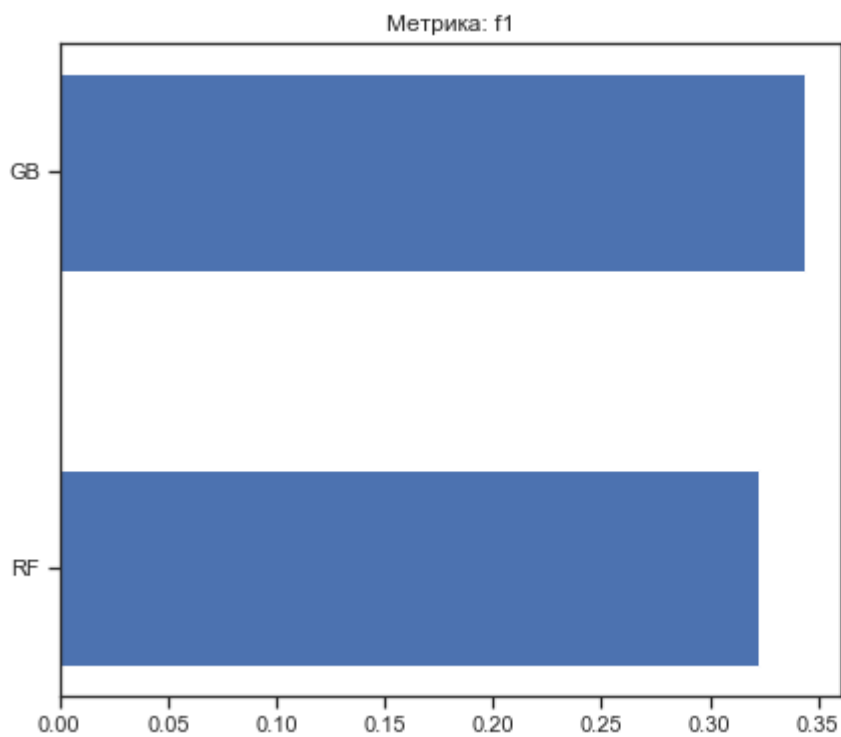
```
[49]: clas_metrics = clasMetricLogger.df['metric'].unique()
clas_metrics
```

```
[49]: array(['precision', 'recall', 'f1', 'roc_auc'], dtype=object)
```

## 1.8.2. Графики метрик качества модели

```
[50]: for metric in clas_metrics:  
      clasMetricLogger.plot('      : ' + metric, metric, figsize=(7, 6))
```





## 1.9. Вывод

Метод градиентного бустинга оказался точнее во всех случаях

[ ]: