Raport 3

Eksploracja danych

Mikołaj Langner, Marcin Kostrzewa
nr albumów: 255716, 255749

2021-04-19

Spis treści

1 Wstęp

Raport zawiera rozwiązania listy 3.

W zadaniu pierwszym budujemy klasyfikator na bazie metody regresji liniowej i oceniamy jego skuteczność i dokładność.

W zadaniu drugim ....Porównamy ze sobą rezultaty zastosowania:

- metoda k-najblizszych sasiadów (*k-Nearest Neighbors*),
- drzewa klasyfikacyjne (*classification trees*),
- naiwny klasyfikator bayesowski (*naïve Bayes classifier*).

2 Zadanie 1

2.1 Wczytanie danych i podział na zbiór uczący i testowy

Wczytajmy dane o irysach i podzielmy je na zbiór uczący i testowy w proporcji $1:2$.

```
data(iris)
n <- dim(iris)[1]

train.set.index <- sample(1:n, 2/3*n)
train.set <- iris %>% slice(train.set.index) %>% arrange(Species)
test.set <- iris %>% slice(-train.set.index) %>% arrange(Species)
```

2.2 Konstrukcja klasyfikatora i wyznaczenie prognoz

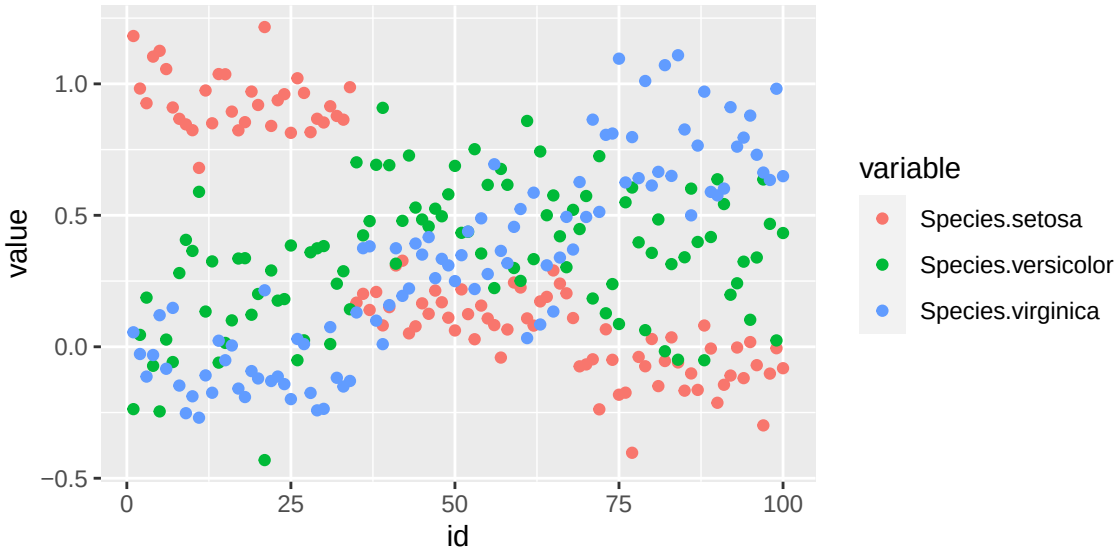
Stworzymy teraz macierze eksperymentu i wskaźnikową zarówno dla zbioru uczącego, jak i testowego. W tym celu wykorzystamy funckję `dummyVars` z pakietu Caret.

```
dummies <- dummyVars(" ~ .", data=iris)

train.dummies <- predict(dummies, newdata = train.set)
train.X <- as.matrix(cbind(rep(1, nrow(train.dummies)),
                           train.dummies[, 1:4]))
train.Y <- train.dummies[, 5:7]

test.dummies <- predict(dummies, newdata = test.set)
test.X <- as.matrix(cbind(rep(1, nrow(test.dummies)), test.dummies[, 1:4]))
test.Y <- test.dummies[, 5:7]
```

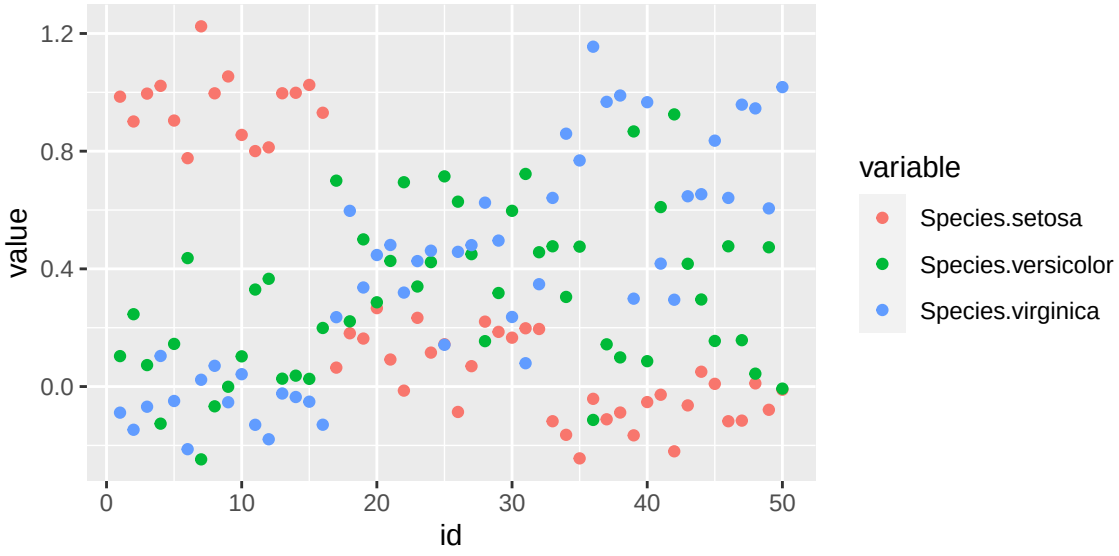
Wykorzystując metodę najmniejszych kwadratów, wyznaczamy przewidywane prognozy klas dla obu zbiorów.

```
Y.hat <- solve(t(train.X) %*% train.X) %*% t(train.X) %*% train.Y

train.proba <- train.X %*% Y.hat
test.proba <- test.X %*% Y.hat
```

Przedstawmy prognozy klas na wykresach.



Rysunek 1: Prognozy klas dla zbioru uczacego.



Rysunek 2: Prognozy klas dla zbioru testowego.

2.3 Ocena jakości klasyfikacji

Wyznaczmy teraz macierz pomyłek dla zbioru uczącego.

Tabela 1: Macierz pomylek dla zbioru uczacego.

	Species.setosa	Species.versicolor	Species.virginica
setosa	34	0	0
versicolor	0	26	8
virginica	0	4	28

Błąd klasyfikacji to 0.12.

Tabela 2: Macierz pomylek dla zbioru testowego.

	Species.setosa	Species.versicolor	Species.virginica
setosa	16	0	0
versicolor	0	8	8
virginica	0	3	15

Błąd klasyfikacji wynosi 0.22.

Wnioski i napomnienie o maskowaniu

2.4 Zastosowanie regresji liniowej do modelu o rozszerzonej ilości cech

Najpierw uzupełnijmy dane o irysach o składniki wielomianowe stopnia 2.

```
iris.quad <- (iris %>% select(-Species))^2
colnames(iris.quad) <- c("SL^2", "SW^2", "PL^2", "PW^2")
iris <- cbind(iris, combn(iris %>% select(-Species), 2,
                          FUN = Reduce, f = `*`),
              iris.quad)
```

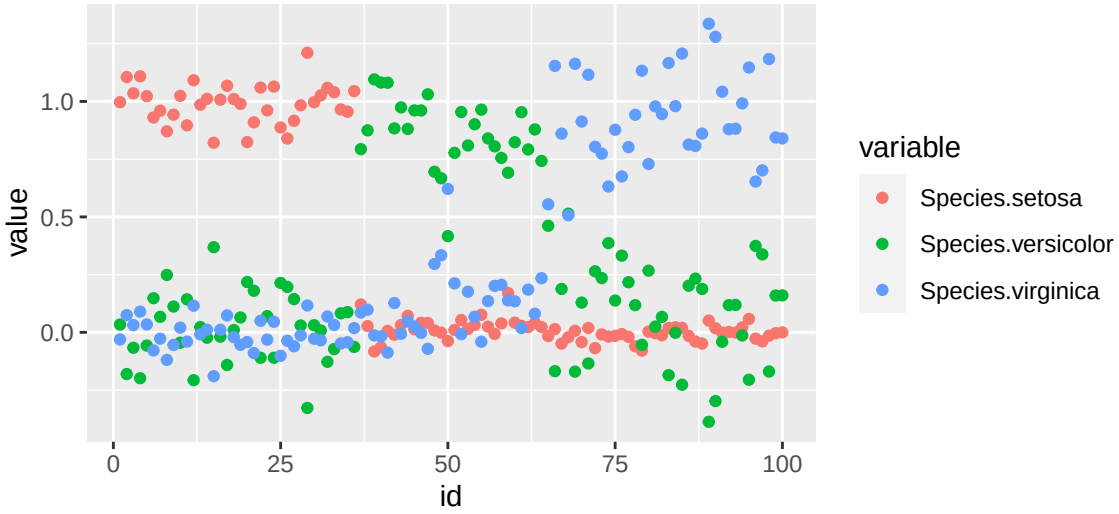
Podobnie jak poprzednio podzielimy dane na zbiory: uczący i testowy, a następnie utworzymy macierze: eksperymentu i indykatorów.

```
train.set.index <- sample(1:n, 2/3*n)
train.set <- iris %>% slice(train.set.index) %>% arrange(Species)
test.set <- iris %>% slice(-train.set.index) %>% arrange(Species)

dummies <- dummyVars(" ~ .", data=iris)
train.dummies <- predict(dummies, newdata = train.set)
train.X <- as.matrix(cbind(rep(1, nrow(train.dummies)), train.dummies[, -c(5:7)]))
train.Y <- train.dummies[, 5:7]
test.dummies <- predict(dummies, newdata = test.set)
```

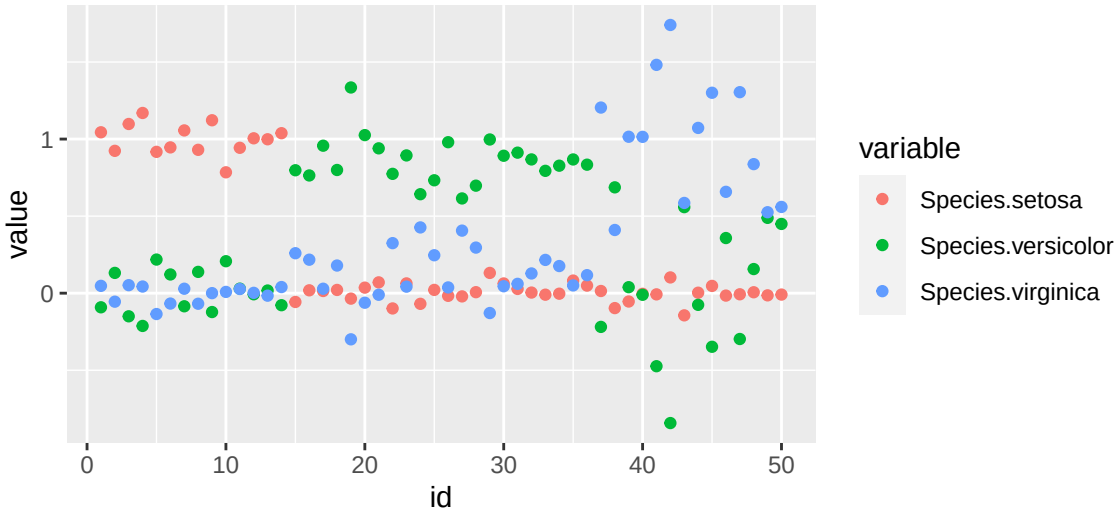
```
test.X <- as.matrix(cbind(rep(1, nrow(test.dummies)), test.dummies[, -c(5:7)]))
test.Y <- test.dummies[, 5:7]
```

Ponownie, wyznaczymy prognozy klas i zwizualizujemy to przypisanie na wykresach.

```
Y.hat <- solve(t(train.X) %*% train.X) %*% t(train.X) %*% train.Y

train.proba <- train.X %*% Y.hat
test.proba <- test.X %*% Y.hat
```



Rysunek 3: Prognozy klas dla zbioru uczacego o rozszerzonej liczbie cech.



Rysunek 4: Prognozy klas dla zbioru uczacego o rozszerzonej liczbie cech.

Wyznaczymy także macierze pomyłek i błędy klasyfikacji.

Tabela 3: Macierz pomylek dla zbioru uczacego dla przypadku o rozszerzonej liczbie cech.

	Species.setosa	Species.versicolor	Species.virginica
setosa	36	0	0
versicolor	0	27	1
virginica	0	1	35

Tabela 4: Macierz pomylek dla zbioru testowego dla przypadku o rozszerzonej liczbie cech.

	Species.setosa	Species.versicolor	Species.virginica
setosa	14	0	0
versicolor	0	22	0
virginica	0	1	13

Błąd klasyfkacji wynosi 0.02.

Błąd klasyfikacji wynosi 0.02.

Wnioski i napomnienie o maskowaniu

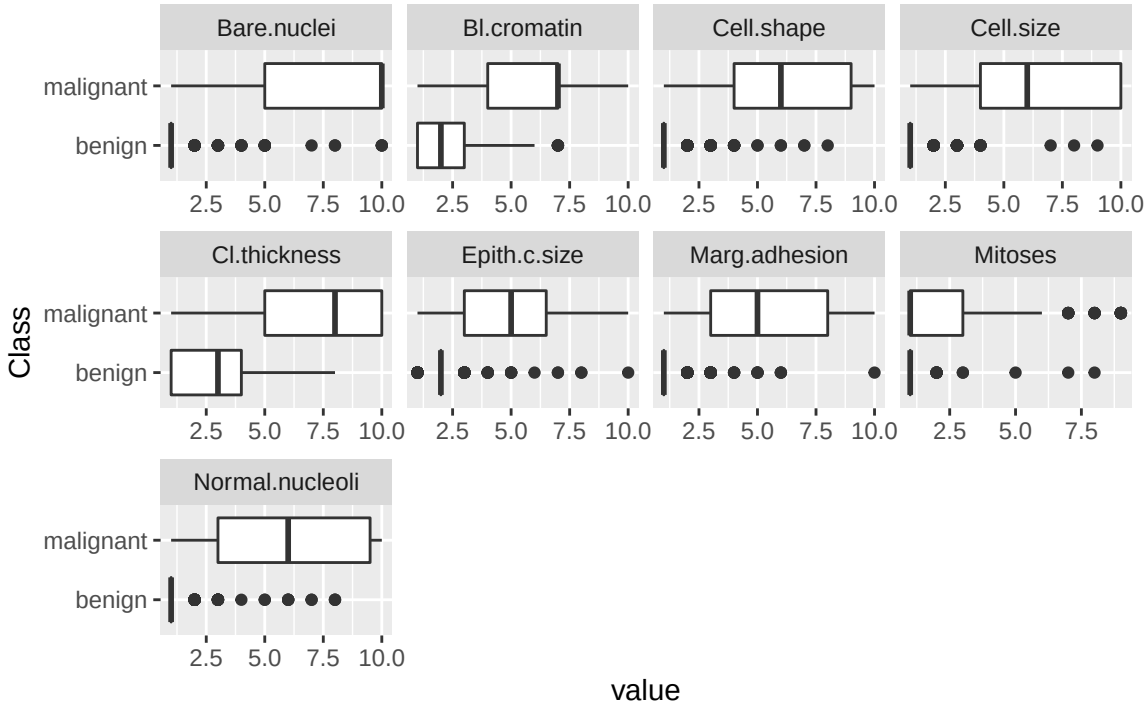
3 Zadanie 2

3.1 Wczytanie i krótka anliza danych

Wczytajmy i przygotujmy dane do dalszych analizy.

```
data("BreastCancer")
n <- dim(BreastCancer)[1]

BreastCancer <- BreastCancer %>% select(-Id)
BreastCancer <- drop_na(BreastCancer)
BreastCancer[, 1:9] <- data.frame(sapply(BreastCancer[, 1:9], as.numeric))


for (column in colnames(BreastCancer)) {
  if (is.factor(BreastCancer[, column]) & column != "Class") {
    BreastCancer[, column] <- ordered(BreastCancer[, column])
  }
}
```

Przyjrzyjmy się naszym danym na wykresach pudełkowych.



Rysunek 5: Wykresy pudelkowe dla naszch danych.

Możemy zauważyć, że zmiennymi, które dobrze ...

Podzielmy nasze dane na zbiór uczący i testowy.

```
set.seed(42)
train.index <- sample(n, 2/3 * n)
train.data <- BreastCancer %>% slice(train.index)
test.data <- BreastCancer %>% slice(-train.index)

train.subset <- data.frame(train.data[, c(3, 6, 10)])
test.subset <- data.frame(test.data[, c(3, 6, 10)])
```

```
train.etiquettes <- train.data$Class
test.etiquettes <- test.data$Class
subset.train.etiquettes <- train.subset$Class
subset.test.etiquettes <- test.subset$Class
```

```
cv <- trainControl(method="cv", number=5)
```

3.2 Metoda k-najbliższych sąsiadów

```
model.knn.basic <- ipredknn(Class ~ ., data = train.data, k=5)

basic.knn.pred <- predict(model.knn.basic, test.data, type="class")

(wynik.tablica <- table(basic.knn.pred, test.etiquettes))
```

```
##                test.etiquettes
## basic.knn.pred benign malignant
##      benign       148         3
##      malignant      3        75
```

```
1 - sum(diag(wynik.tablica)) / length(test.etiquettes)
```

```
## [1] 0.02620087
```

```
knn.model.subset <- ipredknn(Class ~ ., data = train.subset, k=5)

subset.knn.pred <- predict(knn.model.subset, test.subset, type="class")


(wynik.tablica <- table(subset.knn.pred, subset.test.etiquettes))
```

```
##                 subset.test.etiquettes
## subset.knn.pred benign malignant
##       benign       146         3
##       malignant      5        75
```

```
1 - sum(diag(wynik.tablica)) / length(subset.test.etiquettes)
```

```
## [1] 0.0349345
```

```
model <- train(Class ~ ., data = train.data, method = "knn", trControl = cv)
confusion <- table(test.data$Class, predict(model, test.data))
confusion
```

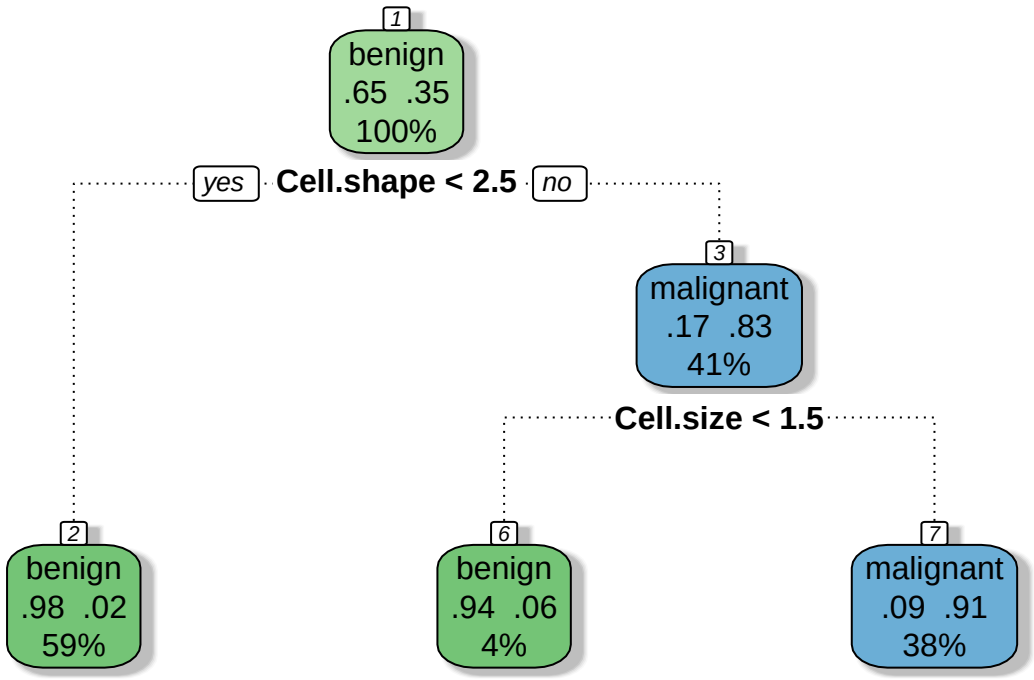
```
##
##              benign malignant
##   benign        147         4
##   malignant       2        76
```

```
1 - sum(diag(confusion)) / nrow(test.data)
```

```
## [1] 0.02620087
```

3.3 Drzewa klasyfikacyjne

```
basic.tree.model <- rpart(Class ~ ., data = train.data, control=rpart.control(cp=.03, m
fancyRpartPlot(basic.tree.model, sub="")
```



3.4 Naiwny klasyfikator bayesowski

```
bayes.model.basic <- naiveBayes(Class ~ ., data = train.data)

basic.bayes.train.pred <- predict(bayes.model.basic, train.data)
basic.bayes.test.pred <- predict(bayes.model.basic, test.data)

test.confusion <- table(test.etiquettes, basic.bayes.test.pred)
train.confusion <- table(train.etiquettes, basic.bayes.train.pred)
test.matrix <- as.matrix(test.confusion)
train.matrix <- as.matrix(train.confusion)

test.confusion %>% kbl(caption="Macierz pomylek dla zbioru testowego.", format="latex",
```

Tabela 5: Macierz pomylek dla zbioru testowego.

	benign	malignant
benign	144	7
malignant	1	77

```
test.matrix %>% kbl(caption="Macierz pomylek dla zbioru testowego.", format="latex", dig
```

Tabela 6: Macierz pomylek dla zbioru testowego.

	benign	malignant
benign	144	7
malignant	1	77

```
print(xtable(train.matrix), file="ta.tex", floating=FALSE)
print(xtable(test.matrix), file="tb.tex", floating=FALSE)
```

	benign	malignant
benign	279	14
malignant	5	156

(a) Table x(a)

	benign	malignant
benign	144	7
malignant	1	77

(b) Table x(b)

Tabela 7: Caption about here

Błędy klasyfikacji to kolejno 0.0418502 i 0.0349345.

Powtórzmy teraz powyższe dla wybranego podzbioru naszych danych.

```
bayes.model.subset <- naiveBayes(Class ~ ., data = train.subset)

basic.bayes.train.pred <- predict(bayes.model.subset, train.subset)
basic.bayes.test.pred <- predict(bayes.model.subset, test.subset)
```

```
test.confusion <- table(subset.test.etiquettes, basic.bayes.test.pred)
train.confusion <- table(subset.train.etiquettes, basic.bayes.train.pred)
test.matrix <- as.matrix(test.confusion)
train.matrix <- as.matrix(train.confusion)

train.matrix %>% kbl(caption="Macierz pomylek dla zbioru testowego.", format="latex", di
```

Tabela 8: Macierz pomylek dla zbioru testowego.

	benign	malignant
benign	284	9
malignant	10	151

```
test.matrix %>% kbl(caption="Macierz pomylek dla zbioru testowego.", format="latex", dig
```

Tabela 9: Macierz pomylek dla zbioru testowego.

	benign	malignant
benign	146	5
malignant	5	73

```
print(xtable(train.matrix), file="tc.tex", floating=FALSE)
print(xtable(test.matrix), file="td.tex", floating=FALSE)
```

Błędy klasyfikacji to kolejno 0.0418502 i 0.0436681.

Model “stunigowany”

```
model <- train(Class ~ ., data = train.data, method = "naive_bayes", trControl = cv)
test.confusion <- table(test.data$Class, predict(model, test.data))
train.confusion <- table(train.data$Class, predict(model, train.data))

train.confusion %>% as.matrix %>% kbl(caption="Macierz pomylek dla zbioru testowego.",
```

Tabela 10: Macierz pomylek dla zbioru testowego.

	benign	malignant
benign	279	14
malignant	5	156

```
test.confusion %>% as.matrix %>% kbl(caption="Macierz pomylek dla zbioru testowego.", f
```

Błędy klasyfikacji w tym przypadku to kolejno 0.0418502 i 0.0349345.

```
model <- train(Class ~ ., data = train.data, method = "rpart", trControl = cv)
confusion <- table(test.data$Class, predict(model, test.data))
confusion
```

Tabela 11: Macierz pomylek dla zbioru testowego.

	benign	malignant
benign	144	7
malignant	1	77

```
##
##              benign malignant
##   benign        141         10
##   malignant       4         74
```

```
sum(diag(confusion)) / nrow(test.data)
```

```
## [1] 0.9388646
```

```
# my.predict  <- function(model, newdata)
# { predict(model, newdata=newdata) }
#
#
# cv <- trainControl(method="cv", number=5)
#
#
# my.naiveBayes <- function(formula, data)
# { train(formula, data = data, method = "naive_bayes", trControl = cv)}
#
#
# my.tree <- function(formula, data)
# { }
#
#
# my.knn <- function(formula, data)
# { }
#
#
# blad.cv <- errorest(Class~., BreastCancer, model=my.naiveBayes, predict=my.predict,
#              estimator="cv", est.para=control.errorest(k = 5))
```