

Raport 2

Eksploracja danych

Mikołaj Langner, Marcin Kostrzewa
nr albumów: 255716, 255749

2021-04-19

Spis treści

1	Wstęp	1
2	Zadanie 1	2
2.1	Wczytanie danych i wstępna analiza	2
2.2	Metody dyskretyzacji	2
2.3	Metody dyskretyzacji z wartościami odstającymi	6
3	Zadanie 2	11
3.1	Wczytanie i przygotowanie danych	11
3.2	Składowe główne i ich analiza	11
3.3	Wizualizacja danych	13
3.4	Korelacja zmiennych	14
3.5	Wnioski do zadania 2	15
4	Zadanie 3	16
4.1	Wybrany zbiór danych	16
4.2	Redukcja wymiaru na bazie MDS i analiza jej jakości	17
4.3	Wizualizacja danych	19

1 Wstęp

Sprawozdanie zawiera rozwiązanie zadań z listy 2.

Zadanie pierwsze dotyczy pojęcia dyskretyzacji i badania jego jakości.

Zadanie drugie i trzecie dotykają pojęcia metod redukcji wymiaru:

- w zadaniu ddrugim skorzystamy z metody składowych głównych,
- w zadaniu trzecim z metody skalowania wielowymiarowego.

2 Zadanie 1

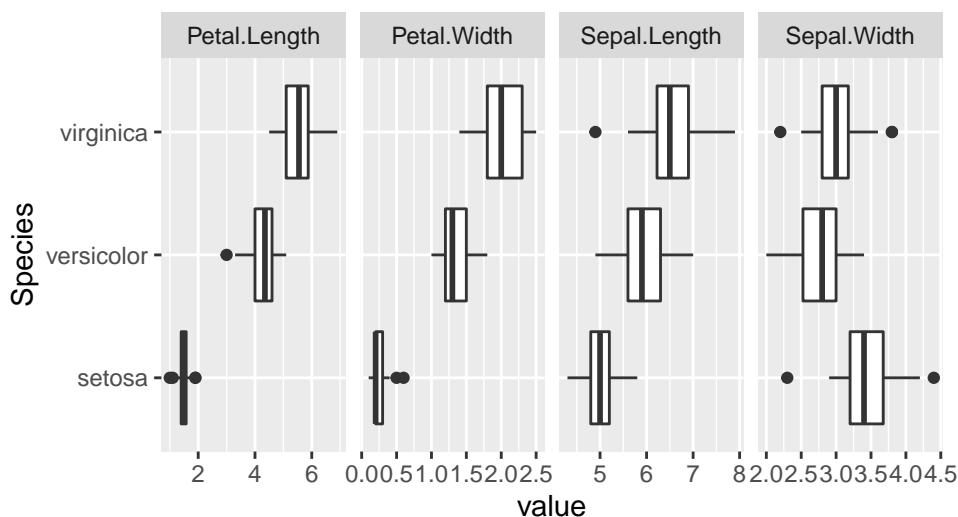
W pierwszym zadaniu mamy dokonać dyskretyzacji cech ciągłych ze zbioru *iris* i ocenić jej jakość.

2.1 Wczytanie danych i wstępna analiza

```
data(iris)
```

Wybierzmy zmienne o najlepszej i najgorszej zdolności dyskryminacyjnej. W tym celu narysujemy wykresy pudełkowe oraz wyliczymy współczynniki zmienności każdej ze zmiennych z podziałem na poszczególne gatunki irysów i porównamy ich rozkłady.

```
plot_boxplot(iris, by="Species")
```



Rysunek 1: Wykresy pudelkowe dla zmiennych ze zbioru iris

Tabela 1: Wspolczynniki zmienności dla poszczególnych zmiennych

Species	Sepal.Length	Sepal.Width	Petal.Length	Petal.Width
setosa	0.070	0.111	0.119	0.428
versicolor	0.087	0.113	0.110	0.149
virginica	0.097	0.108	0.099	0.136

Możemy zauważyć, że zmienna Petal.Length najefektywniej rozdziela poszczególne gatunki, natomiast zmienna Sepal.Width radzi sobie z tym najgorzej.

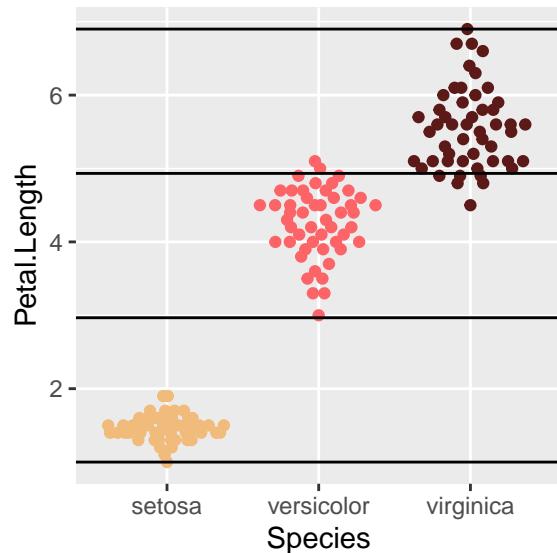
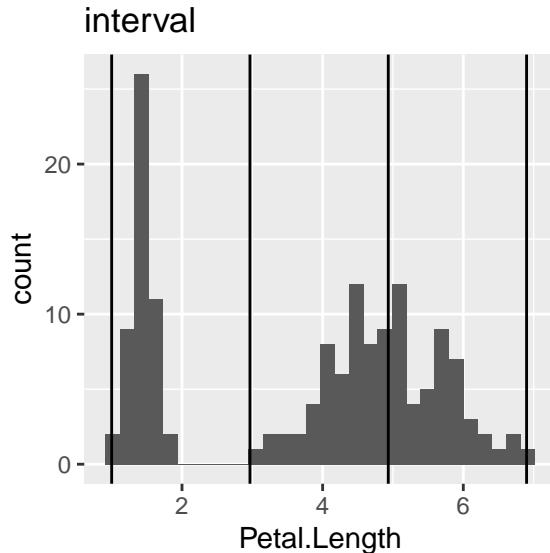
2.2 Metody dyskretyzacji

Porównamy ze sobą cztery metody dyskretyzacji nienadzorowanej:

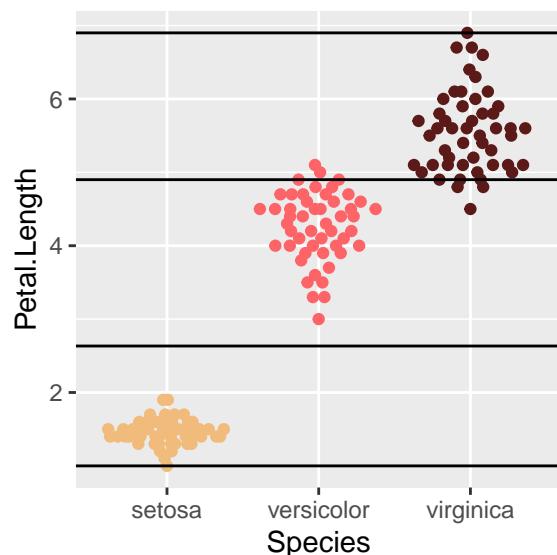
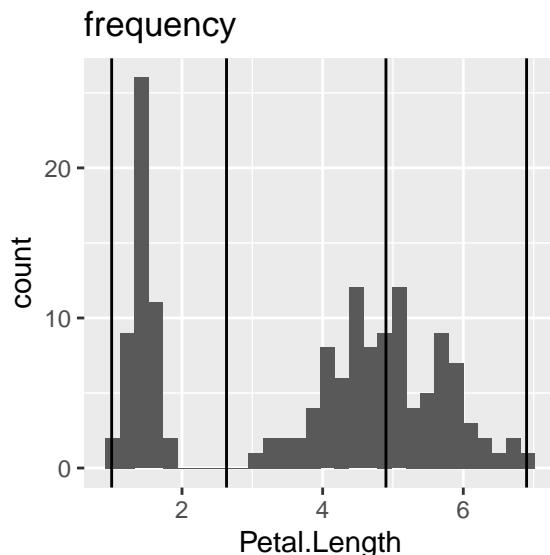
- equal width,
- equal frequency,
- k-means clustering,
- dyskretyzacje dla przedziałów zadanych przez użytkownika.

2.2.1 Najlepiej separująca zmienna

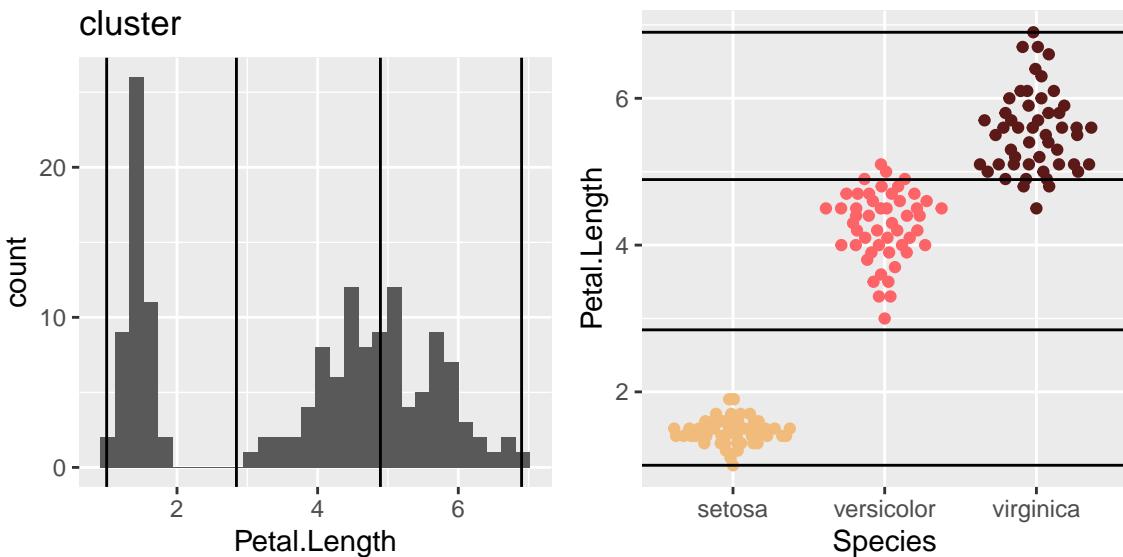
Zacznijmy od zmiennej Petal.Length, która najlepiej rozdziela poszczególne gatunki irysów.



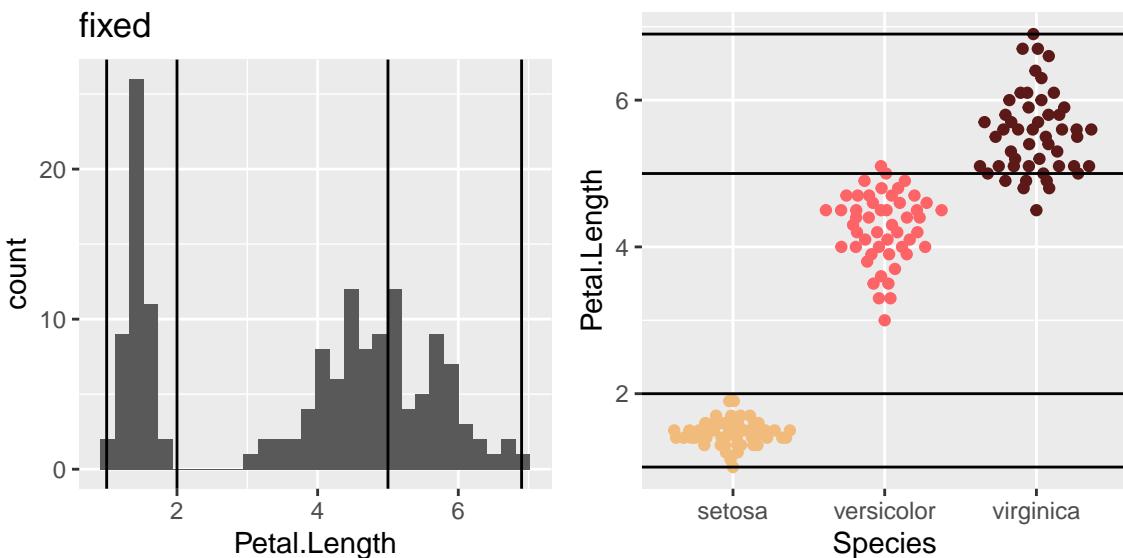
```
## Cases in matched pairs: 94.67 %
```



```
## Cases in matched pairs: 95.33 %
```



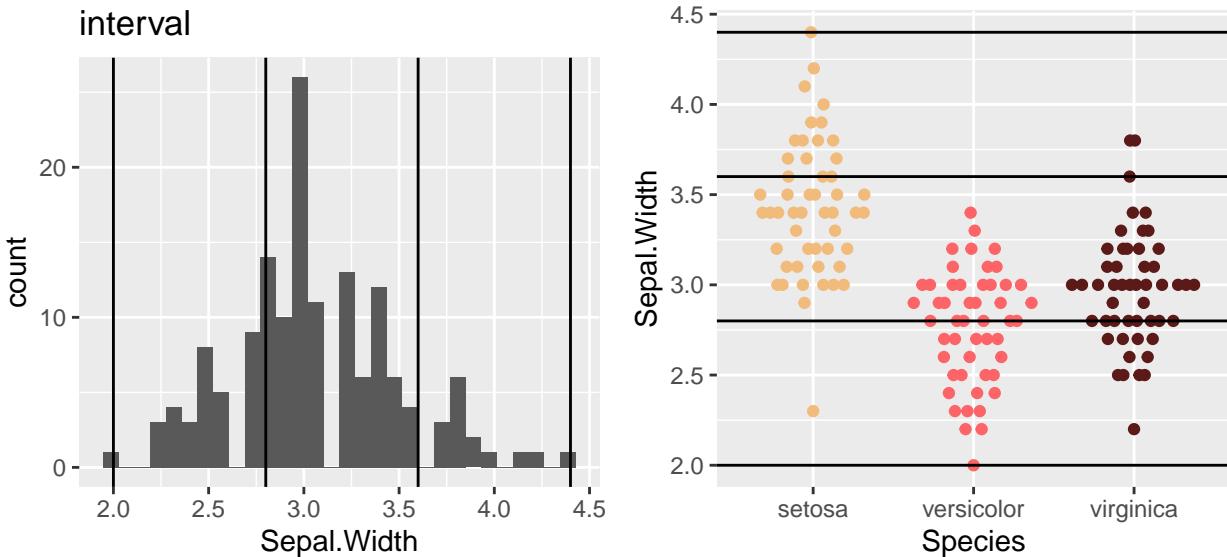
```
## Cases in matched pairs: 95.33 %
```



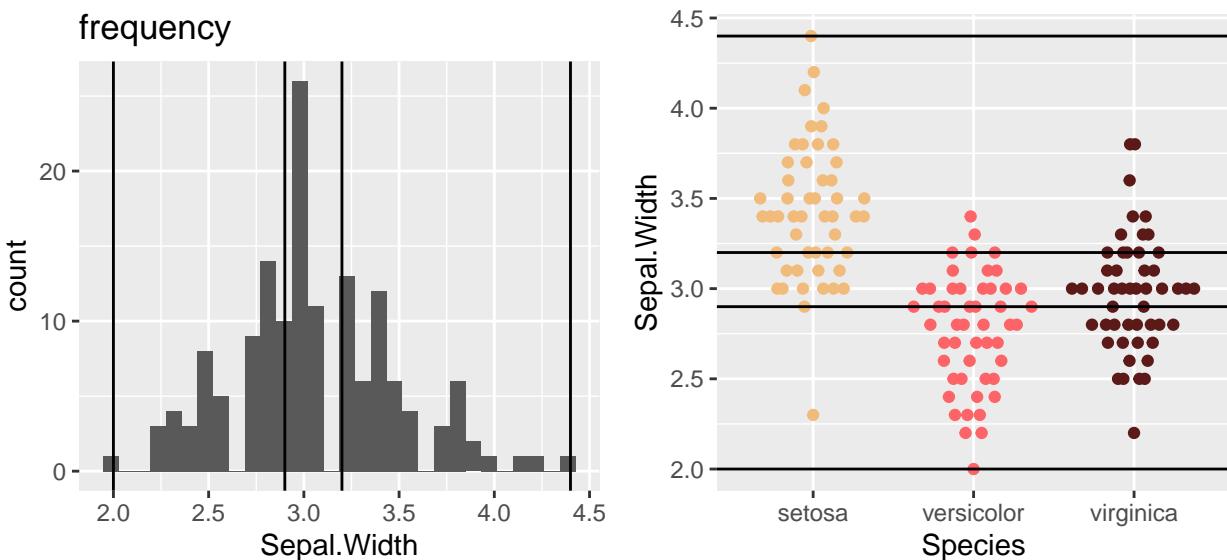
```
## Cases in matched pairs: 94.67 %
```

2.2.2 Najgorzej separująca zmienna

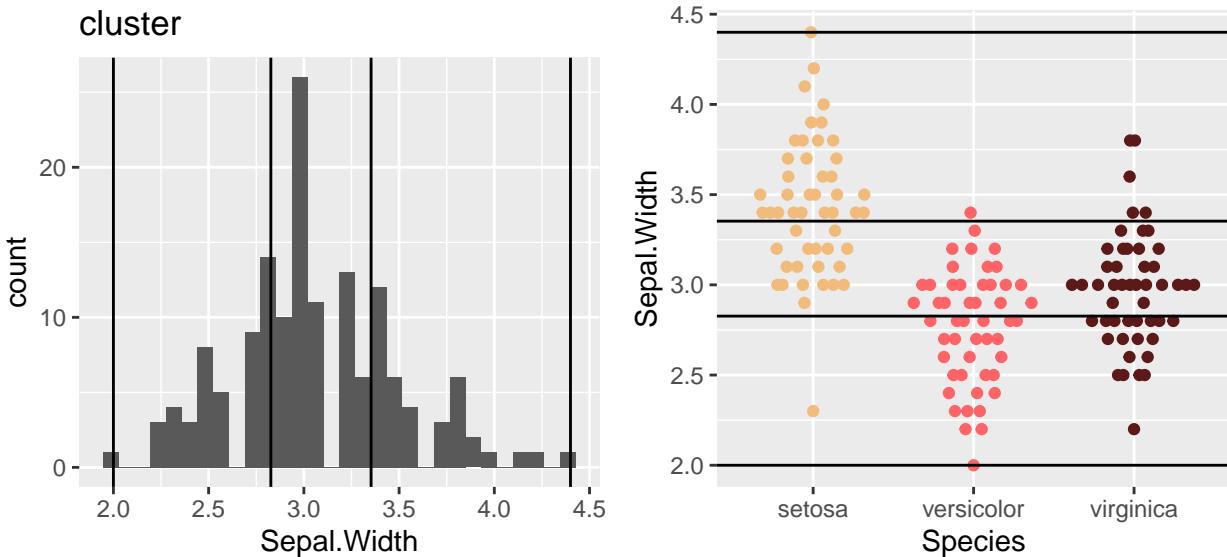
Możemy zobaczyć teraz jak poszczególne metody działają dla zmiennej Sepal.Width, która najgorzej radzi sobie z rozdzieleniem gatunków.



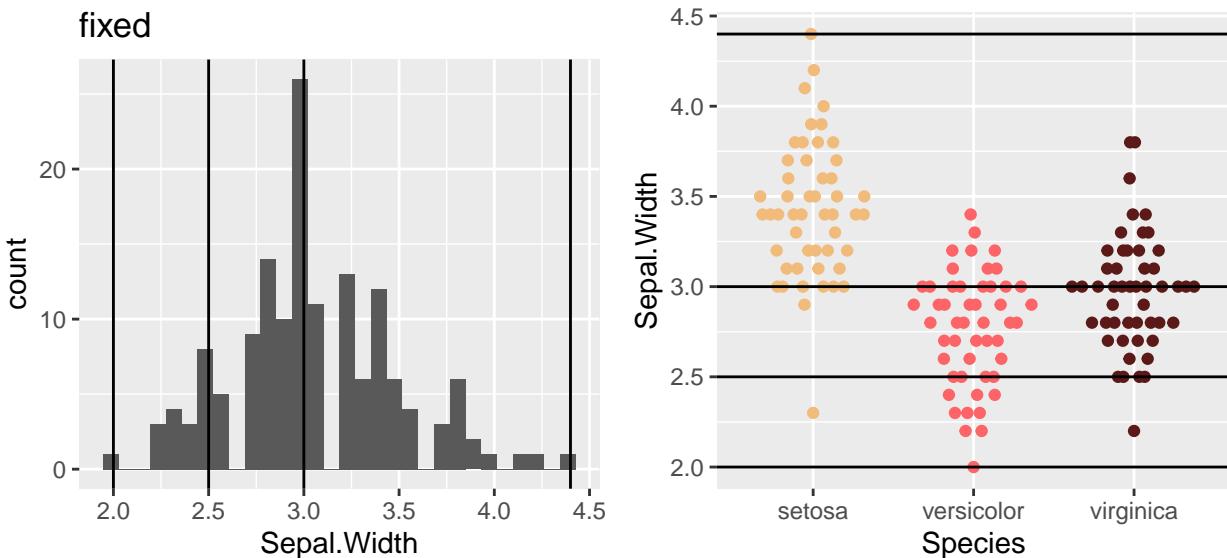
Cases in matched pairs: 50.67 %



Cases in matched pairs: 55.33 %



```
## Cases in matched pairs: 56 %
```



```
## Cases in matched pairs: 54.67 %
```

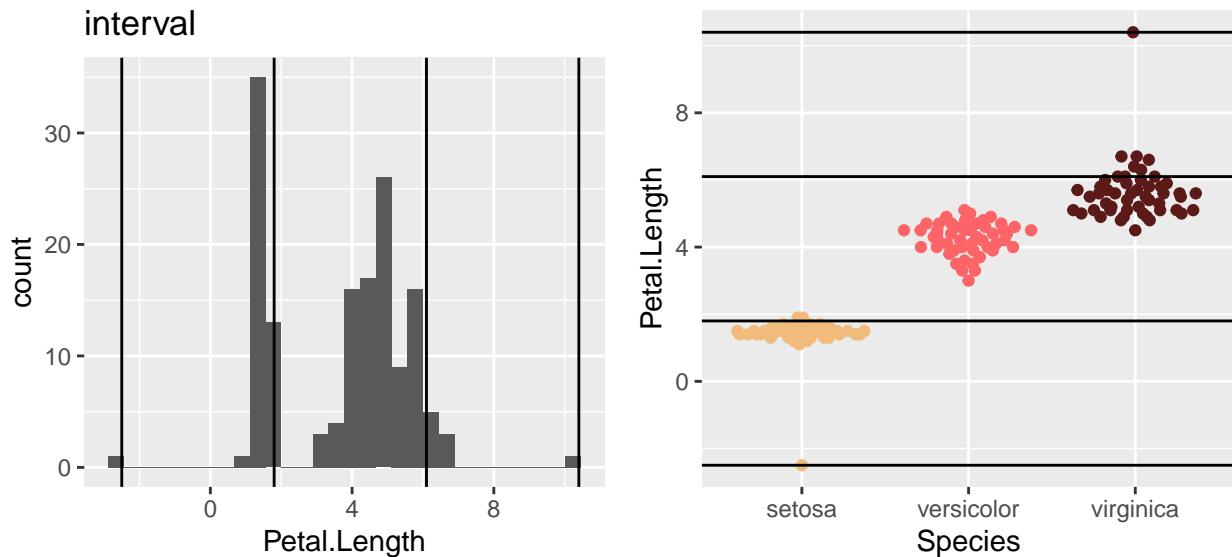
Dla obu zmiennych każda z metod wypada równie dobrze, przy czym, najlepsze wyniki produkują metody równej częstości oraz k-srednich.

2.3 Metody dyskretyzacji z wartościami odstającymi

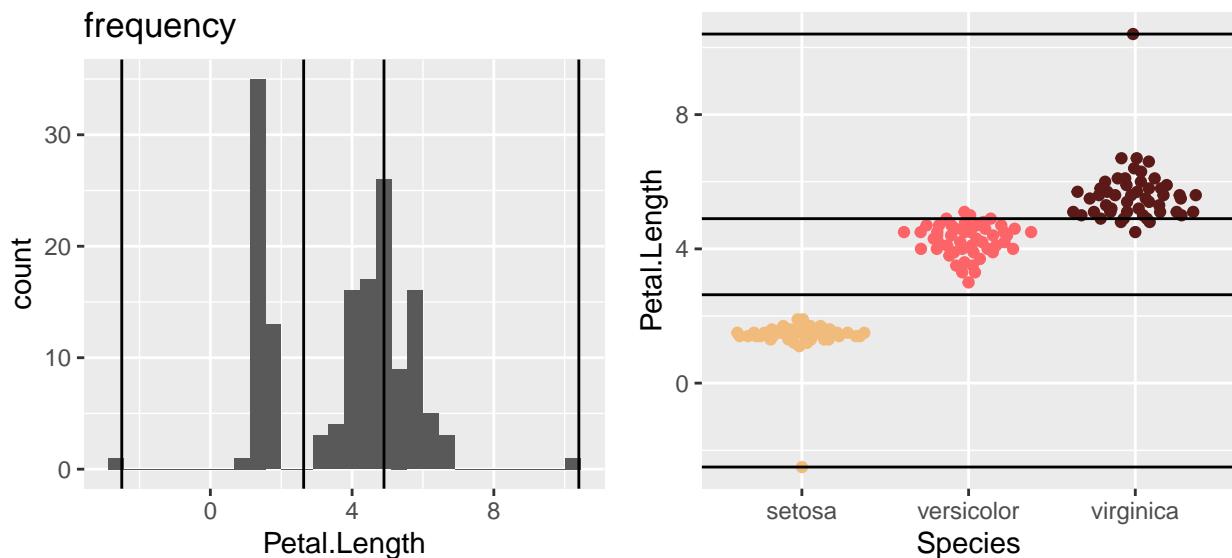
Rozpatrzmy teraz dyskretyzację przy dodaniu sztucznie wartości odstających.

2.3.1 Zmienna Petal.Length

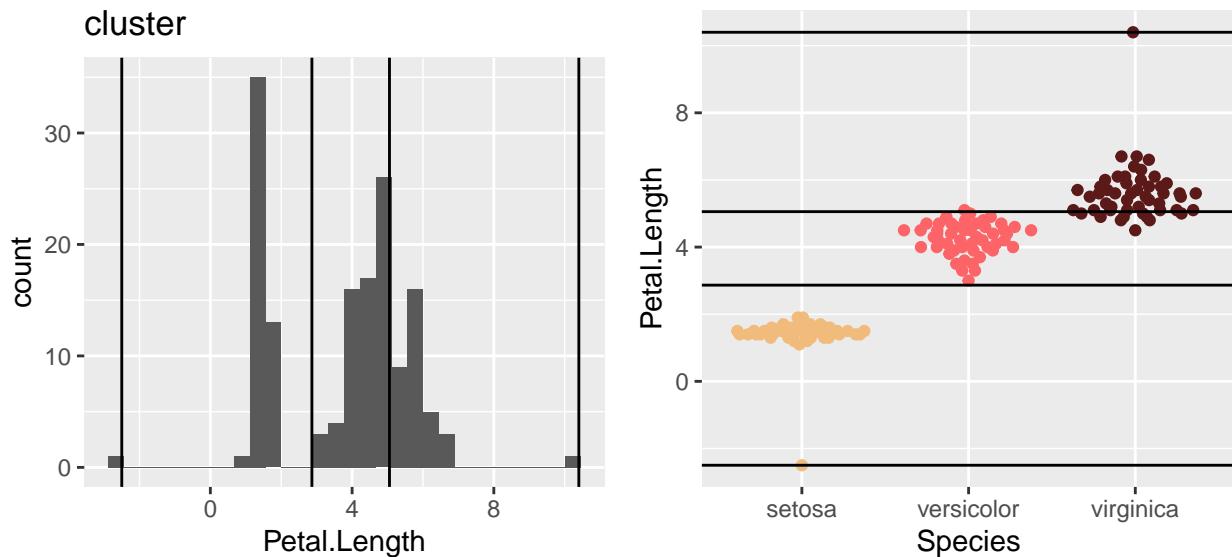
Zacznijmy znowu od zmiennej Petal.Length.



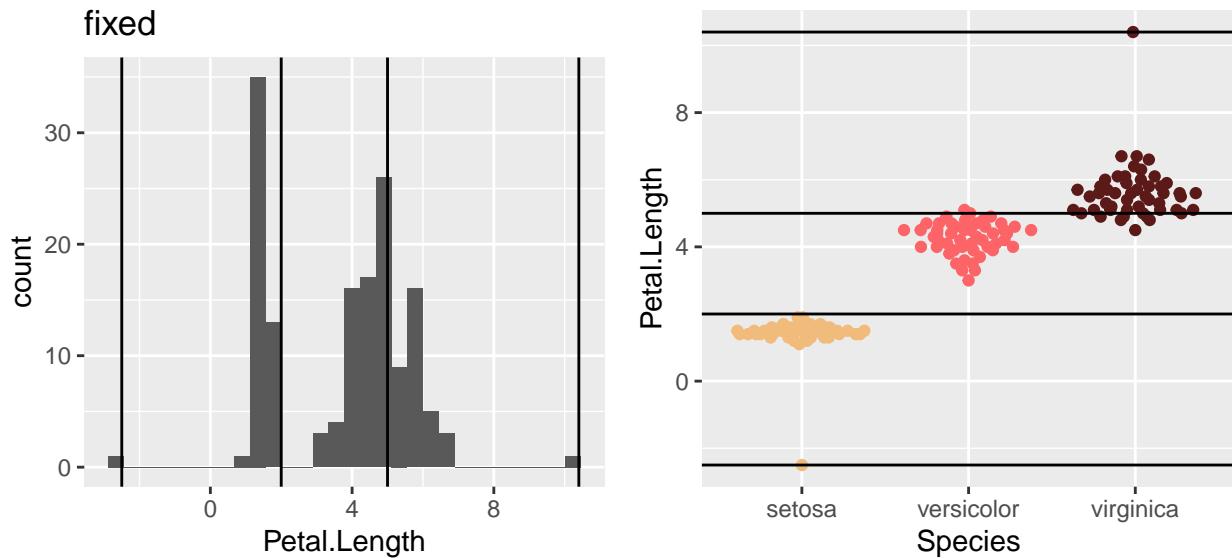
```
## Cases in matched pairs: 71.33 %
```



```
## Cases in matched pairs: 95.33 %
```



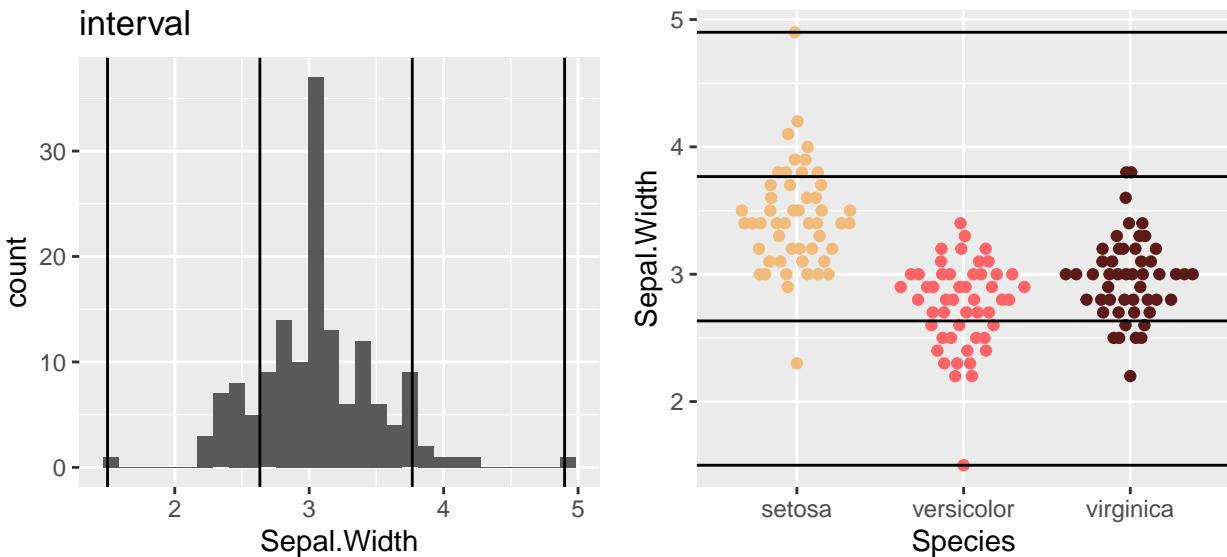
```
## Cases in matched pairs: 93.33 %
```



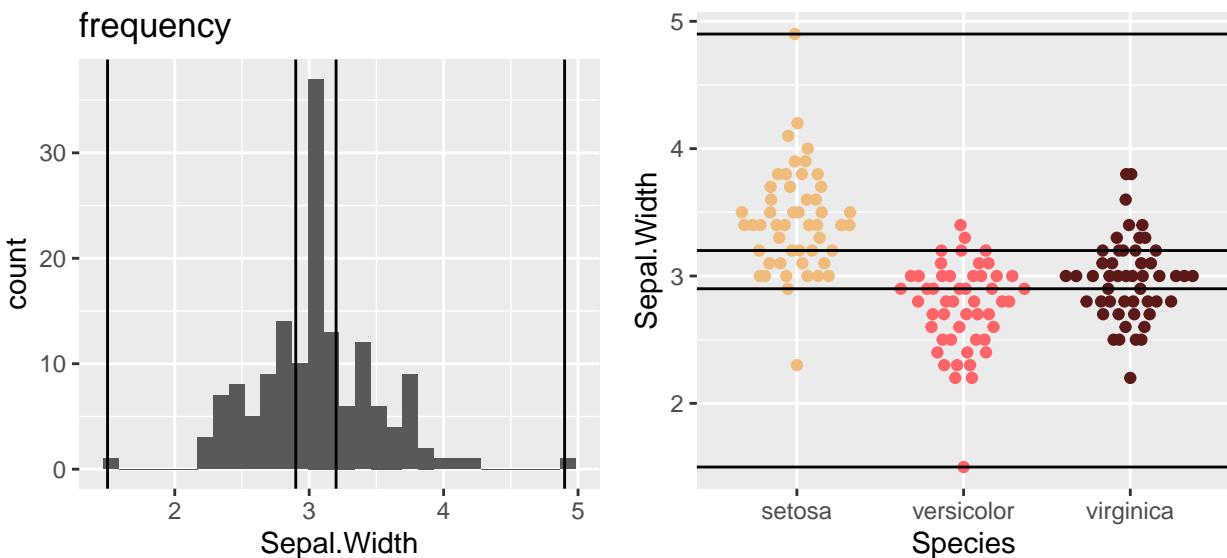
```
## Cases in matched pairs: 94.67 %
```

2.3.2 Zmienna Sepal.Width

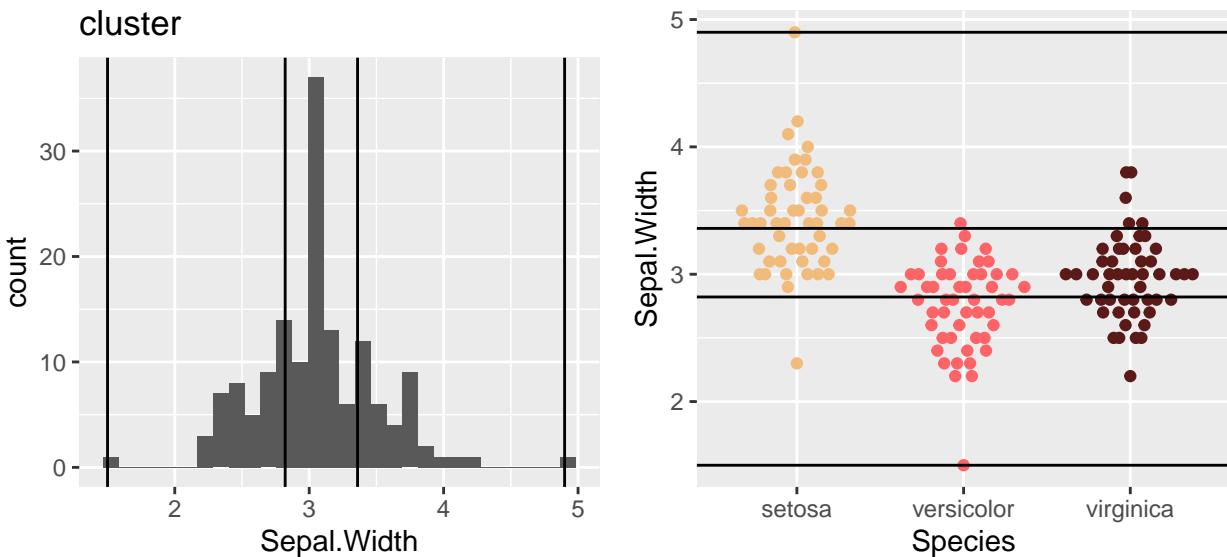
Dla zmiennej Sepal.Width po dodaniu wartości odstających dyskretyzacja wygląda następująco:



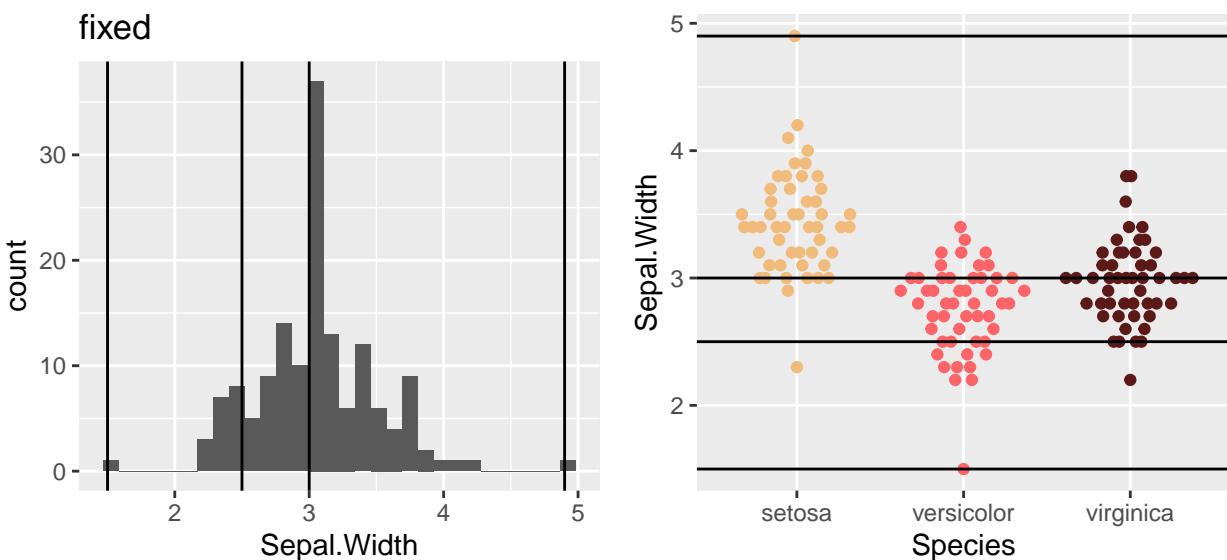
Cases in matched pairs: 44.67 %



Cases in matched pairs: 55.33 %



```
## Cases in matched pairs: 56 %
```



```
## Cases in matched pairs: 54.67 %
```

Nie powinien dziwić fakt, że największa zmiana w poprawności predykcji dotknęła metodę przedziałów równej długości, gdyż pojedyncza obserwacja całkowicie zmienia dobór miejsc partycji przedziału.

3 Zadanie 2

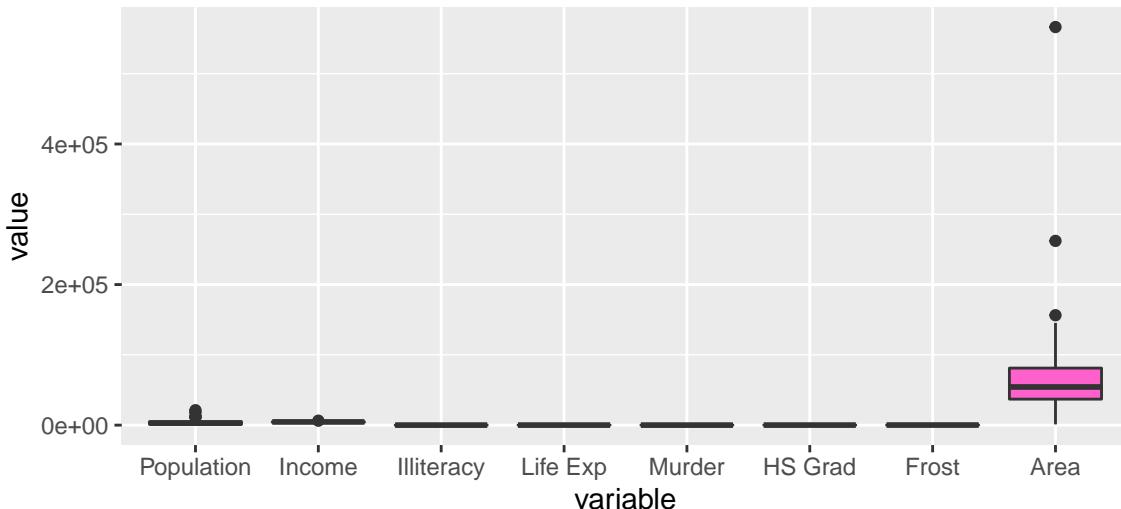
3.1 Wczytanie i przygotowanie danych

Teraz naszym zadaniem jest dokonanie analizy składów głównych (PCA) dla zbioru `state.x77`, który zawiera informacje o wskaźnikach terytorialno-społecznych dla wszystkich amerykańskich stanów.

Najpierw wczytajmy dane i uzupełnijmy je o informacje geograficzne.

```
data(state)
state <- as.data.frame(state.x77)
state$region <- state.region
state$division <- state.division
state.subset <- subset(state, select=-c(region, division))
```

By rozstrzygnąć, czy potrzebna jest normalizacja danych, przeanalizujemy wykresy pudełkowe oraz wyznaczmy odchylenia standardowe i współczynniki zmienności.



Rysunek 2: Wykresy pudełkowe dla zmiennych ze zbioru state.x77

Tabela 2: Odchylenie standardowe i współczynnik zmienności dla zmiennych

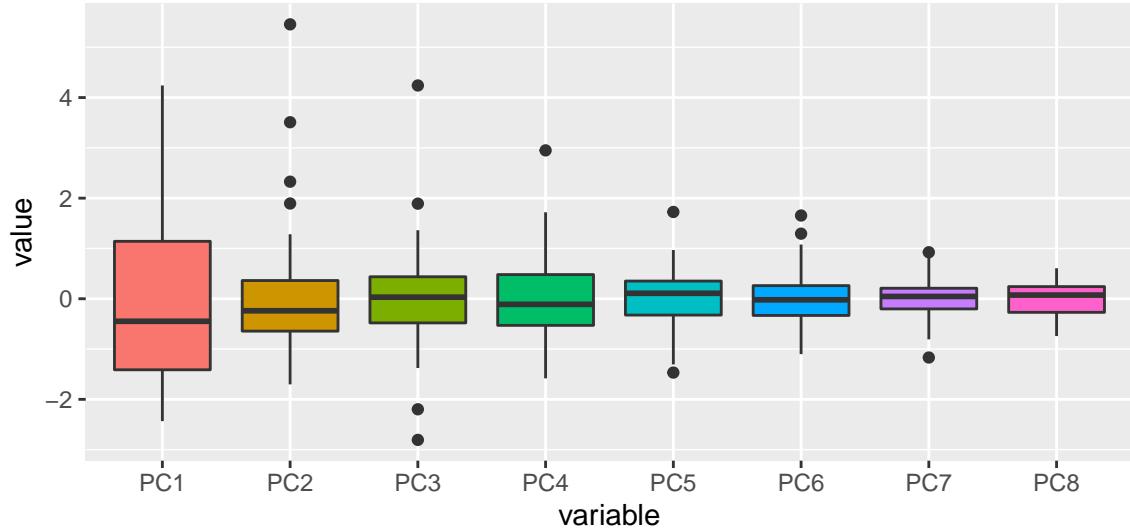
	Population	Income	Illiteracy	Life Exp	Murder	HS Grad	Frost	Area
Odchylenie standardowe	4464.491	614.470	0.610	1.342	3.692	8.077	51.981	85327.300
Współczynnik zmienności	1.051	0.139	0.521	0.019	0.500	0.152	0.498	1.206

Widać, że zmienne wymagają standaryzacji — ich wariancje zbyt mocno się różnią.

3.2 Składowe główne i ich analiza

Wyznaczymy teraz składowe główne i przedstawimy ich rozrzut, wykorzystując wykresy pudełkowe.

```
after.pca <- prcomp(state.subset, retx=T, center=T, scale.=T)
```



Rysunek 3: Wykresy pudelkowe dla składowych głównych

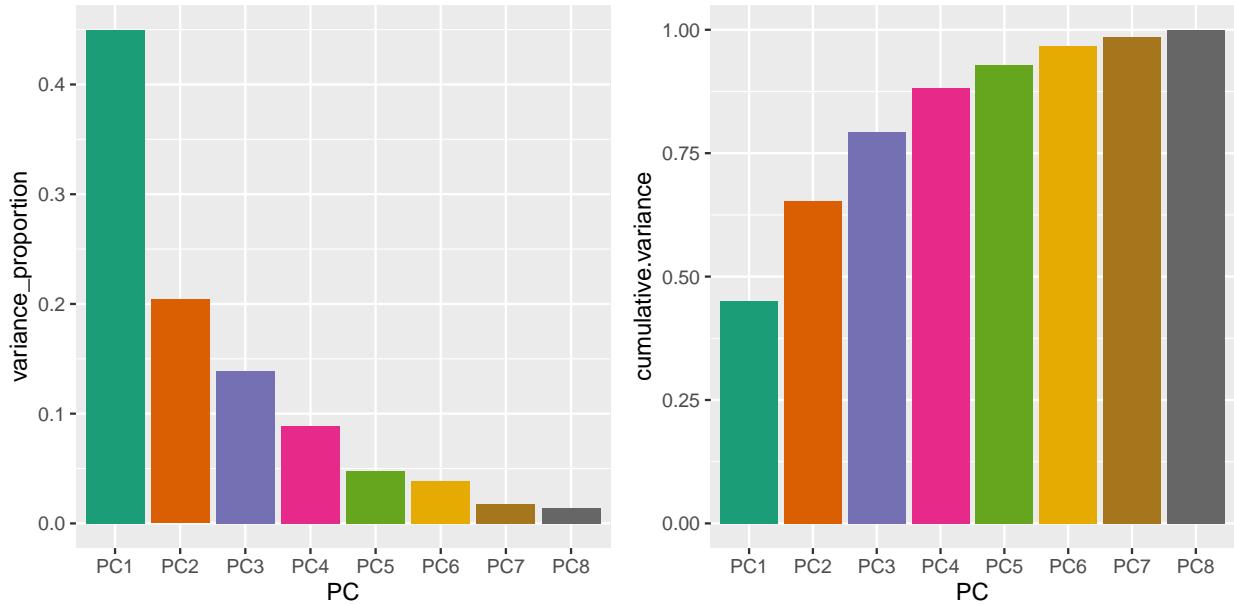
Przypatrzmy się teraz wektorom ładunków dla trzech pierwszych składowych głównych.

Tabela 3: Wektory ładunków dla trzech pierwszych PC

	PC1	PC2	PC3
Population	0.126	0.411	-0.656
Income	-0.299	0.519	-0.100
Illiteracy	0.468	0.053	0.071
Life Exp	-0.412	-0.082	-0.360
Murder	0.444	0.307	0.108
HS Grad	-0.425	0.299	0.050
Frost	-0.357	-0.154	0.387
Area	-0.033	0.588	0.510

- W przypadku pierwszej składowej głównej, największy wkład mają zmienne **Illiteracy**, **Murder**, **HS Grad** i **Life Exp**. Dwie pierwsze mają ten sam znak, możemy więc wnioskować, że są ze sobą powiązane. **HS Grad** i **Life Exp** mają znak przeciwny — stąd te dwie pary są ze sobą negatywnie skorelowane. Jest to dość oczywisty rodzaj zależności między stopniem analfabetyzmu a procentem ilości mających ukończoną szkołę średnią i między ilością morderstw a średnią długością życia.
- W przypadku drugiej składowej głównej, największą wagę mają zmienne **Area**, **Population** i **Income**. Zależność między **Area** a **Population** jest dość oczywista, natomiast zależność tych zmiennych od **Income** już niekoniecznie da się łatwo wy tłumaczyć.

Zbadajmy teraz jaka część wyjaśnionej wariancji odpowiada kolejnym składowym głównym.



Rysunek 4: Wariancja wyjaśniana przez poszczególne składowe główne i wariancja skumulowana.

Tabela 4: Odchylenie standardowe i współczynnik zmienności dla zmiennych

	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5
Proporcja wariancji	0.45	0.204	0.139	0.088	0.048
Skumulowana wariancja	0.45	0.654	0.793	0.881	0.929

Zauważamy, że:

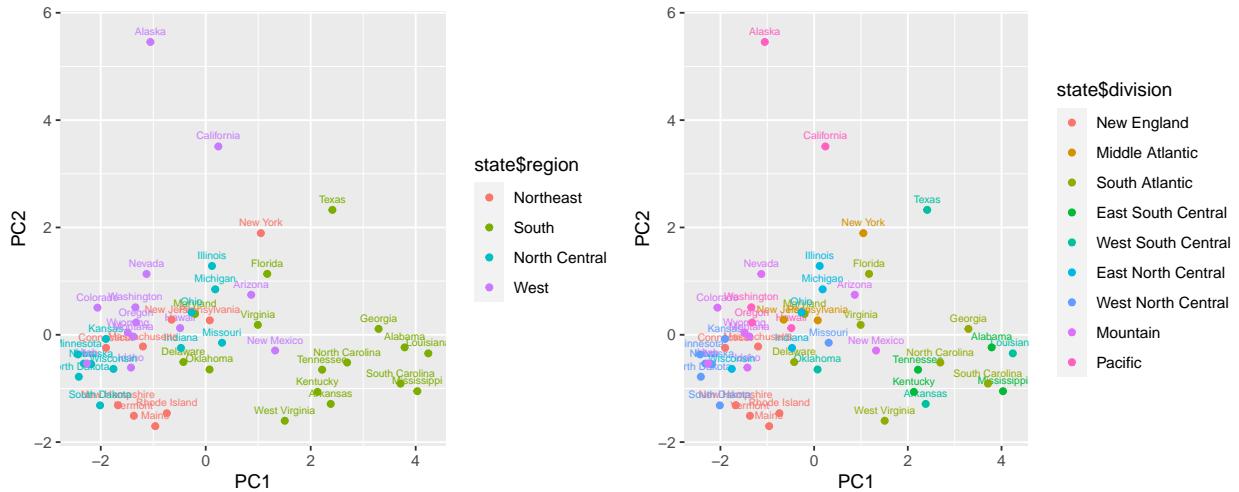
- PC1 wyjaśnia 45% wyjaśnianej wariancji, PC2 prawie 25%;
- 80% całkowitej wariancji jest wyjaśniane przez pierwsze cztery składowe główne (trzy pierwsze wyjaśniają niewiele mniej), 90% jest wyjaśniane zaś przez pierwszych 5.

3.3 Wizualizacja danych

W tej części wygenerujemy dwuwymiarowe wykresy rozrzutu (5) dla dwóch pierwszych składowych głównych. Skorzystamy z danych dotyczących lokalizacji poszczególnych stanów, by być w stanie wyciągnąć interesujące wnioski.

Obserwacje:

- Stany zlokalizowane w południowych częściach USA są stosunkowo blisko względem siebie położone — możemy więc wnioskować o ich dużym podobieństwie. Są one też często dość oddalone od pozostałych obserwacji.



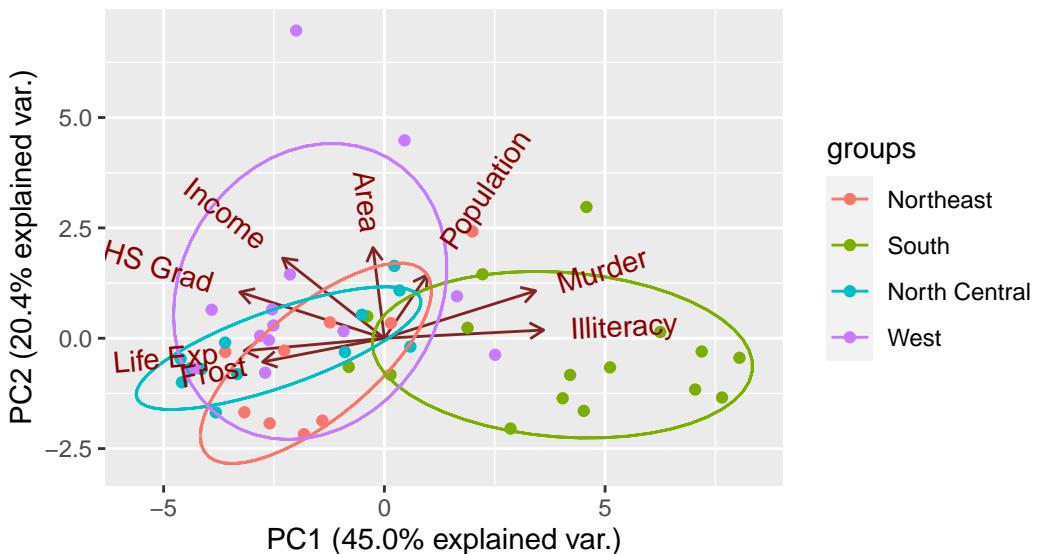
Rysunek 5: Wykresy rozrzutu

- Są dwie obserwacje, które znaczowo różnią się od pozostałych. Są to Alaska i Kalifornia. Alaska jest stanem o największej powierzchni oraz dochód na jednego mieszkańca jest tam również najwyższy. Natomiast w Kalifornii mieszka najwięcej ludzi (stan ten charakteryzuje się także dużą powierzchnią).

Przygotowaliśmy także wykresy 3d — kod umieściliśmy w dodatkowym skrypcie.

3.4 Korelacja zmiennych

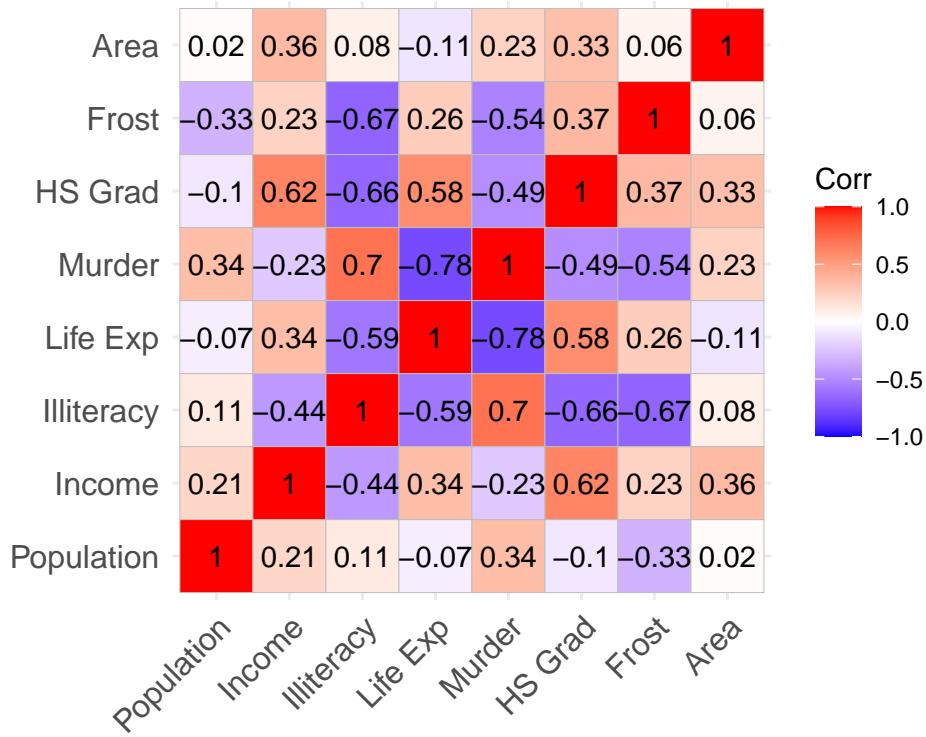
Zbadamy teraz korelację między zmiennymi. Najpierw skorzystamy z dwuwykresu.



Rysunek 6: Dwuwykres dla danych state.x77

Możemy zaobserwować, że zmienne *Murder* i *Illiteracy* są ze dodatnią skorelowane. Podobnie zachowują się zmienne *Income* i *HS Grad*. Ujemna korelacja jest możliwa do zaobserwowania pomiędzy zmiennymi *Life Exp* i *Murder*, *HS Grad* i *Illiteracy*. Zmienna *Frost* jest ujemnie skorelowane z *Illiteracy* i *Murder*.

Te wnioski potwierdzają, jeżeli popatrzymy na mapę ciepła korelacji.



Rysunek 7: Mapa ciepła korelacji zmiennych

3.5 Wnioski do zadania 2

Dzięki zastosowaniu metody analizy składowych głównych udało się nam otrzymać ciekawe wnioski dotyczące stanów USA.

Przede wszystkim, stany zlokalizowane na południu kraju są bardzo do siebie podobne. Charakteryzuje się największym stopniem analfabetyzmu, największą ilością morderstw (co potwierdzała ujemna korelacja tych zmiennych ze zmienną *Frost*), najniższym stopniem wykształcenia.

4 Zadanie 3

4.1 Wybrany zbiór danych

Wybranym przez nas zbiorem danych jest **Stars**, który dostępny jest na Kaggle'u (link). Zawiera on 240 obserwacji i 7 następujących zmiennych:

- **Temperature** — temperatura gwiazdy (w Kelvinach),
- **L** — stosunek jasności gwiazdy i jasności Słońca (ciągła),
- **R** — stosunek promienia gwiazdy do promienia Słońca (ciągła),
- **A_M** — absolutna wielkość gwiazdowa (ciągła),
- **Color** — kolor gwiazdy (nominalna),
- **Spectral_Class** — typ spektralny gwiazdy (nominalna),
- **Type** — typ gwiazdy — jedno z: czerwony, biały, brązowy karzeł, gwiazda ciągu głównego, nadolbrzym, hiperolbrzym (nominalna).

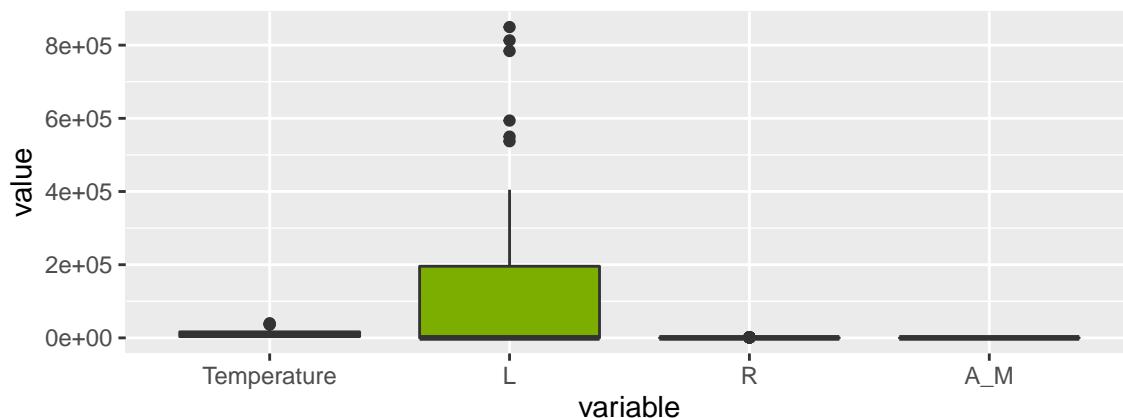
Zmienną **Type** będziemy traktować jako zmienną grupującą.

Wczytamy teraz dane (z całego zbioru wybieramy losowo 100 obserwacji), przygotujemy je do skalowania wielowymiarowego i wyznaczmy macierz niepodobieństwa.

```
set.seed(42)
stars <- sample_n(read.csv("Stars.csv"), 100)
stars[, c("Color", "Type", "Spectral_Class")] = lapply(stars[, c("Color", "Type", "Spectral_Class")], as.factor)

data.for.mds <- subset(stars, select=-Type)
dist.matrix <- as.matrix(daisy(data.for.mds, stand = T))
```

Przy wyznaczaniu odległości między obserwacjami za pomocą funkcji **daisy** dane poddajemy standaryzacji. O konieczności tej operacji świadczą wykresy pudełkowe zmiennych ciągłych.



Rysunek 8: Wykresy pudelkowe dla zmiennych ze zbioru Stars

4.2 Redukcja wymiaru na bazie MDS i analiza jej jakości

Porównamy teraz jakość odwzorowania MDS w zależności od wielkości wymiaru d przestrzeni docelowej. Przedstawimy na wykresie wartości funkcji STRESS, jak i wykonamy diagramy Sheparda. Porównamy ze sobą skalowanie klasyczne (funkcja `cmdscale`) i niemytryczne — wykorzystujące metrykę Sheparda (funkcja `isoMDS`).

```
d.max <- 6

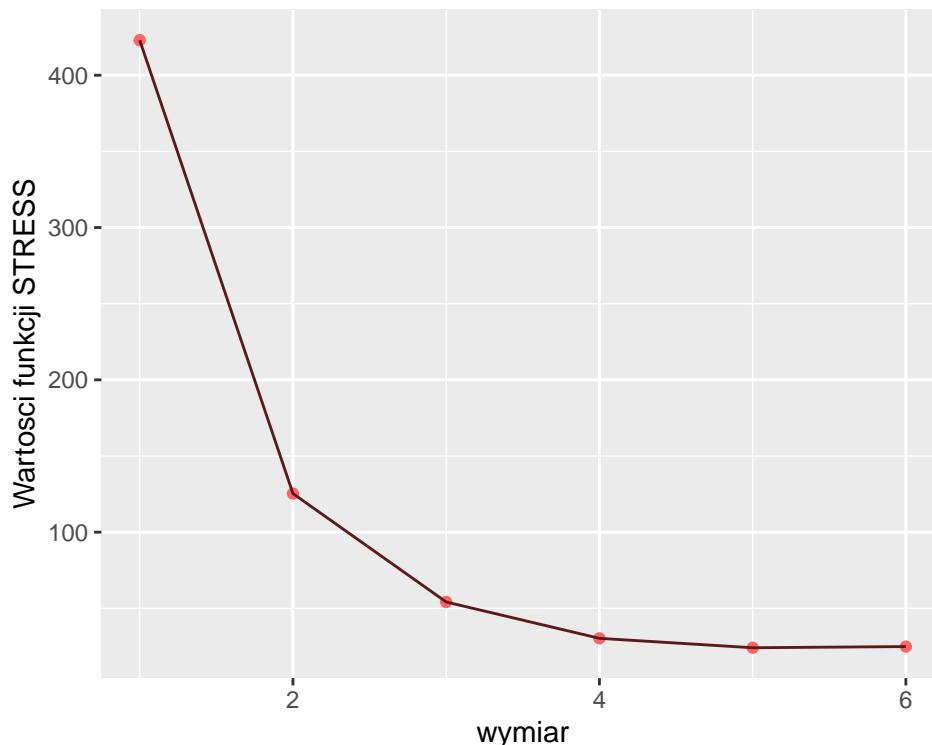
data.for.shepard <- data.frame('original' = as.vector(dist.matrix))
STRESS.values <- numeric(d.max)

for (i in 1:d.max) {
  mds.k <- as.matrix(cmdscale(dist.matrix, k = i))
  new.dist.matrix <- as.matrix(dist(mds.k, method = "euclidean"))

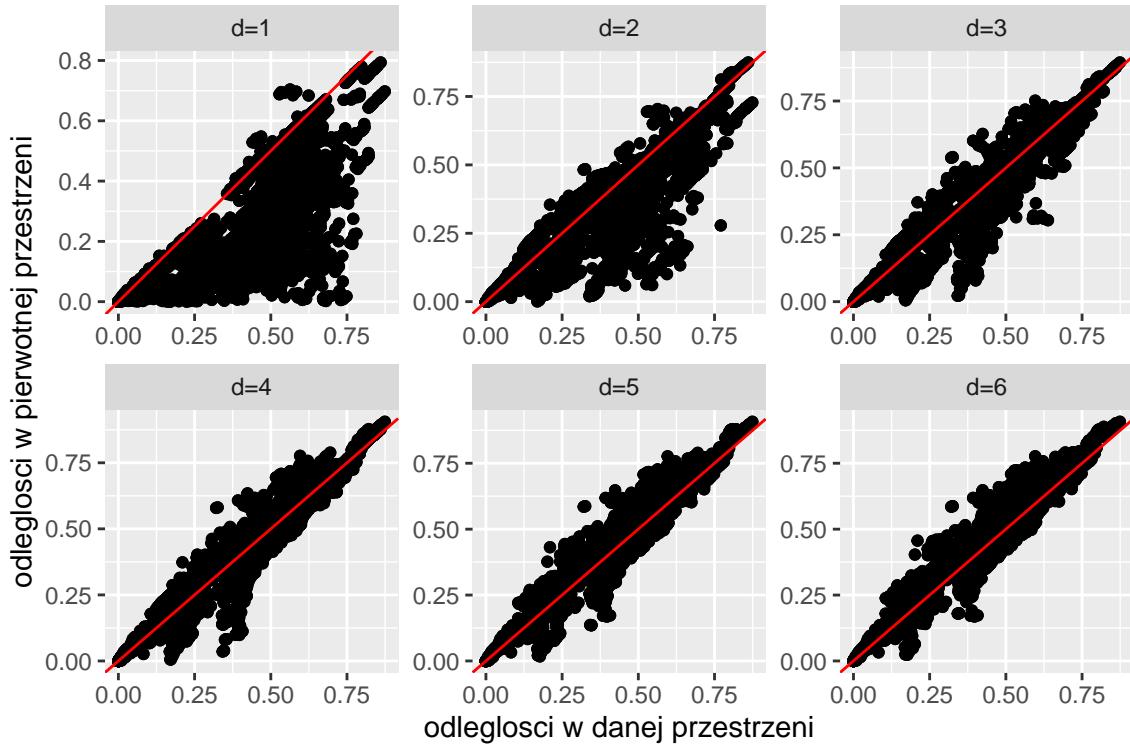
  STRESS.values[i] <- sum((new.dist.matrix - dist.matrix)^2)

  data.for.shepard[paste0("d=", i)] = as.vector(new.dist.matrix)
}

}
```



Rysunek 9: Wykres funkcji STRESS



Rysunek 10: Diagramy Sheparda dla kolejnych wymiarow

```

kruskal.stress <- numeric(d.max)
data.for.shepard.2 <- data.frame('original' = as.vector(dist.matrix))

for (i in 1:d.max) {
  mds.k <- isoMDS(dist.matrix, k = i, trace = FALSE)
  new.dist.matrix <- as.matrix(dist(mds.k$points, method = "euclidean"))

  kruskal.stress[i] <- mds.k$stress

  data.for.shepard.2[paste0("d=", i)] = as.vector(new.dist.matrix)
}

sammon.stress <- numeric(d.max)
data.for.shepard.3 <- data.frame('original' = as.vector(dist.matrix))

for (i in 1:d.max) {
  mds.k <- sammon(dist.matrix, k = i, trace = FALSE)
  new.dist.matrix <- as.matrix(dist(mds.k$points, method = "euclidean"))

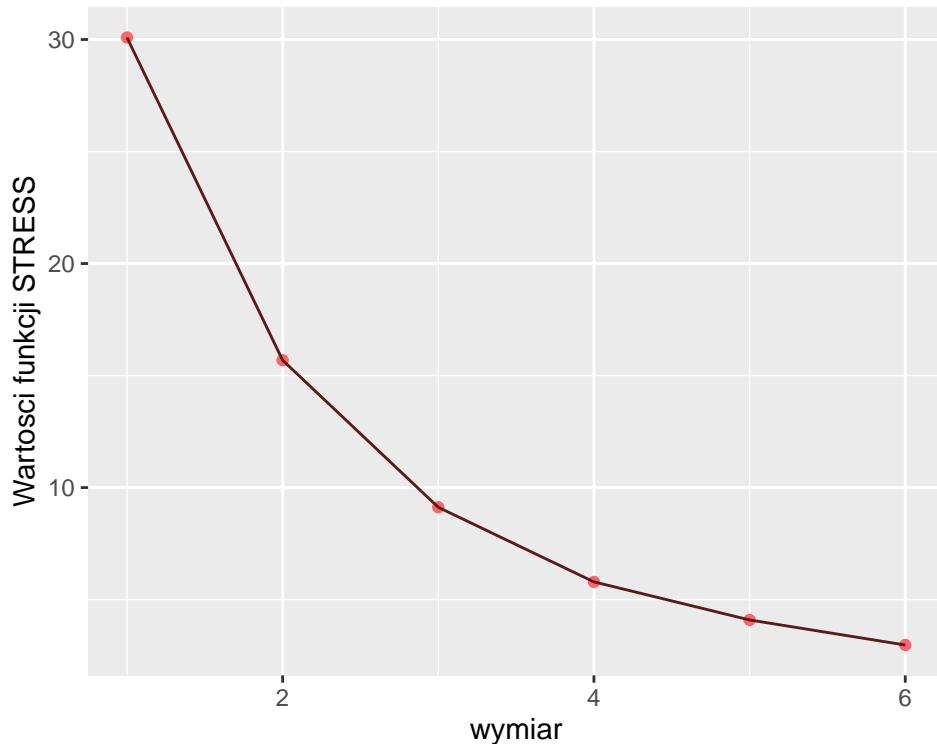
  sammon.stress[i] <- mds.k$stress
}

```

```

  data.for.shepard.3[paste0("d=", i)] = as.vector(new.dist.matrix)
}

```

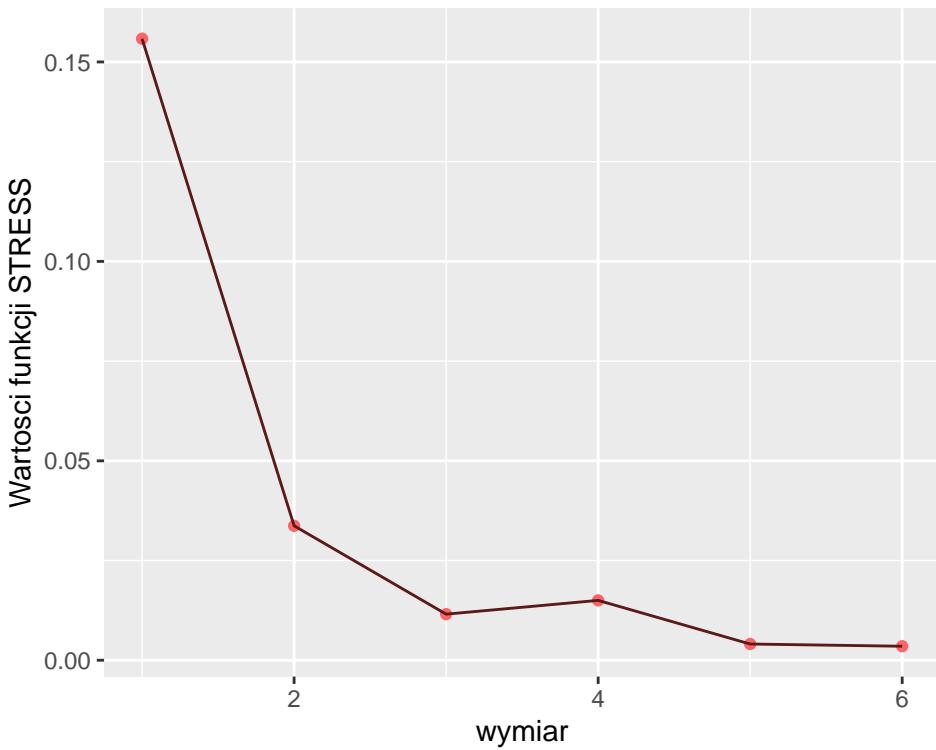


Rysunek 11: Wykres funkcji STRESS Kruskal

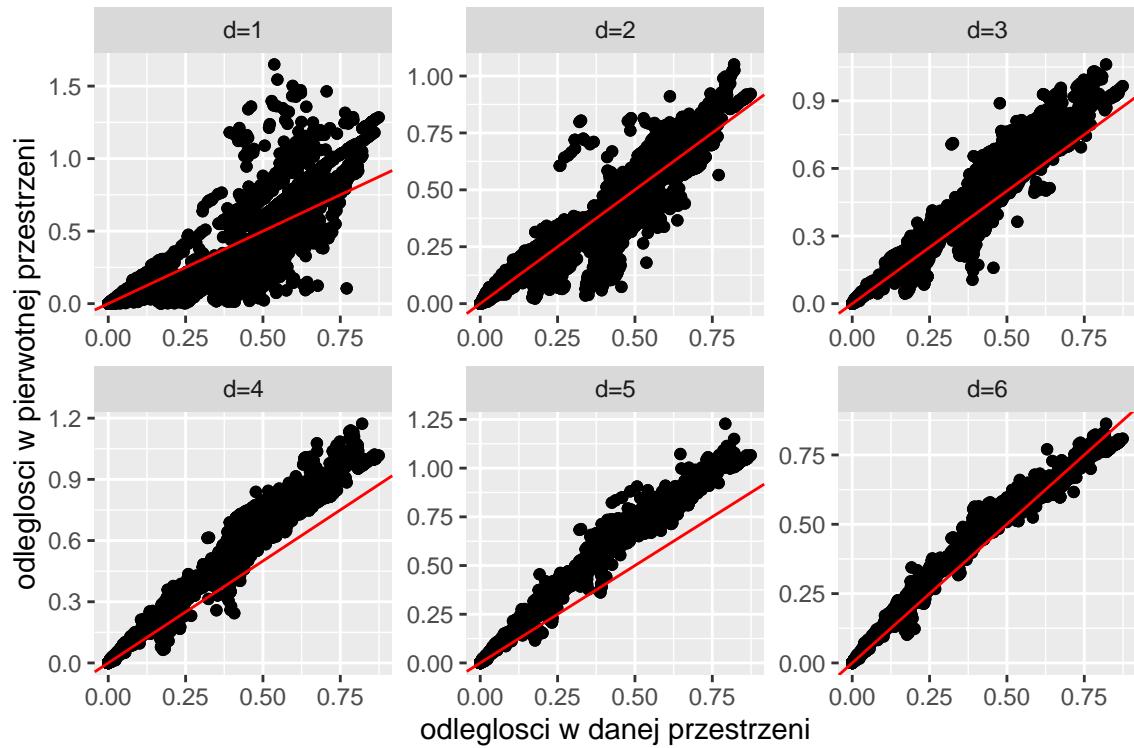
Przyglądając się diagramom Sheparda (14), możemy dojść do wniosku, że MDS nie działa dla naszych danych idealnie. Świadczy o tym również wartość funkcji STRESS dla maksymalnego wymiaru $d.\max = 6 = 24.9$. Na podstawie tych wykresów możemy też stwierdzić, że optymalnym wyborem wymiary byłoby $d = 4$, dla którego wartość funkcji stresu wynosi 30.3 — niewiele mniej niż dla $d.\max$.

4.3 Wizualizacja danych

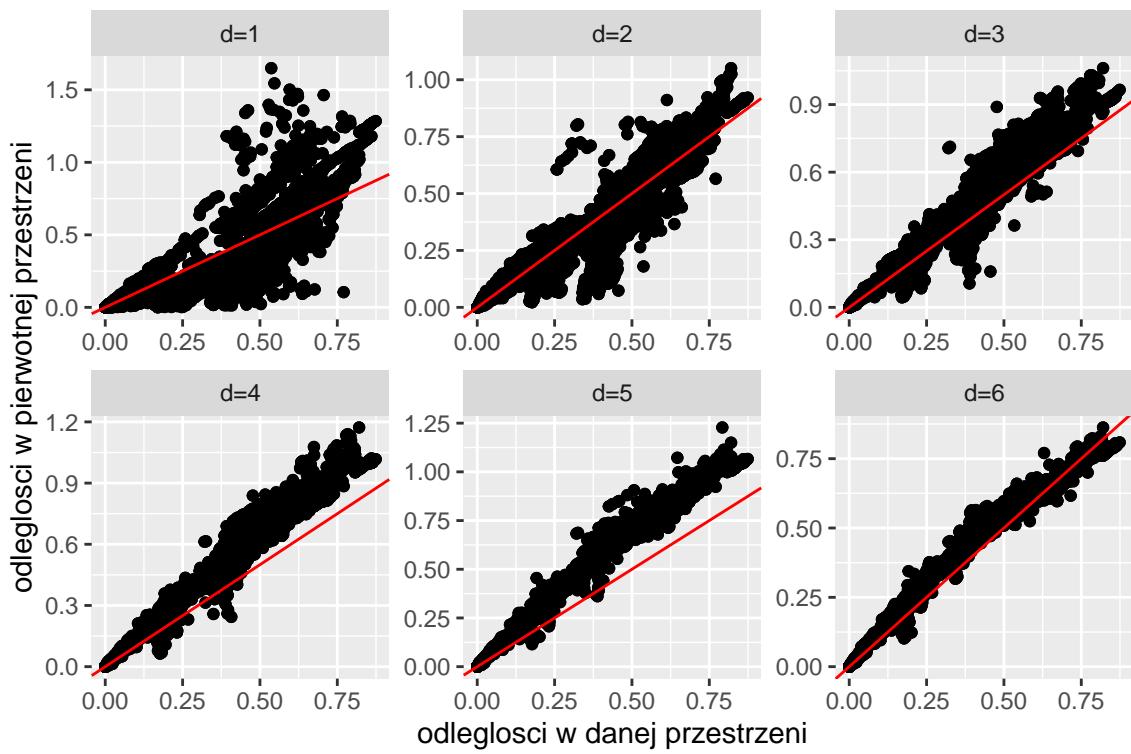
Wykorzystamy teraz metodę skalowania wielowymiarowego do przedstawienia naszych danych w przestrzeni dwuwymiarowej (przygotowaliśmy także wykresy w przestrzeni trójwymiarowej — znajdują się one w dołączonym do sprawozdania skrypcie).



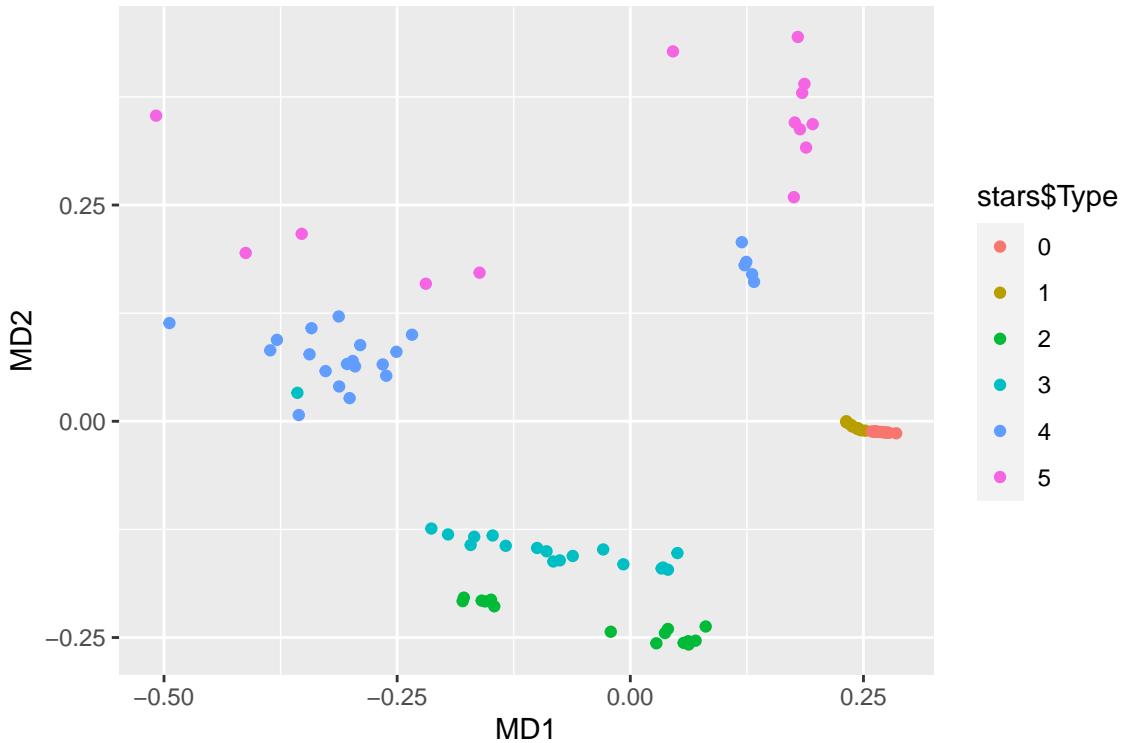
Rysunek 12: Wykres funkcji STRESS sammon



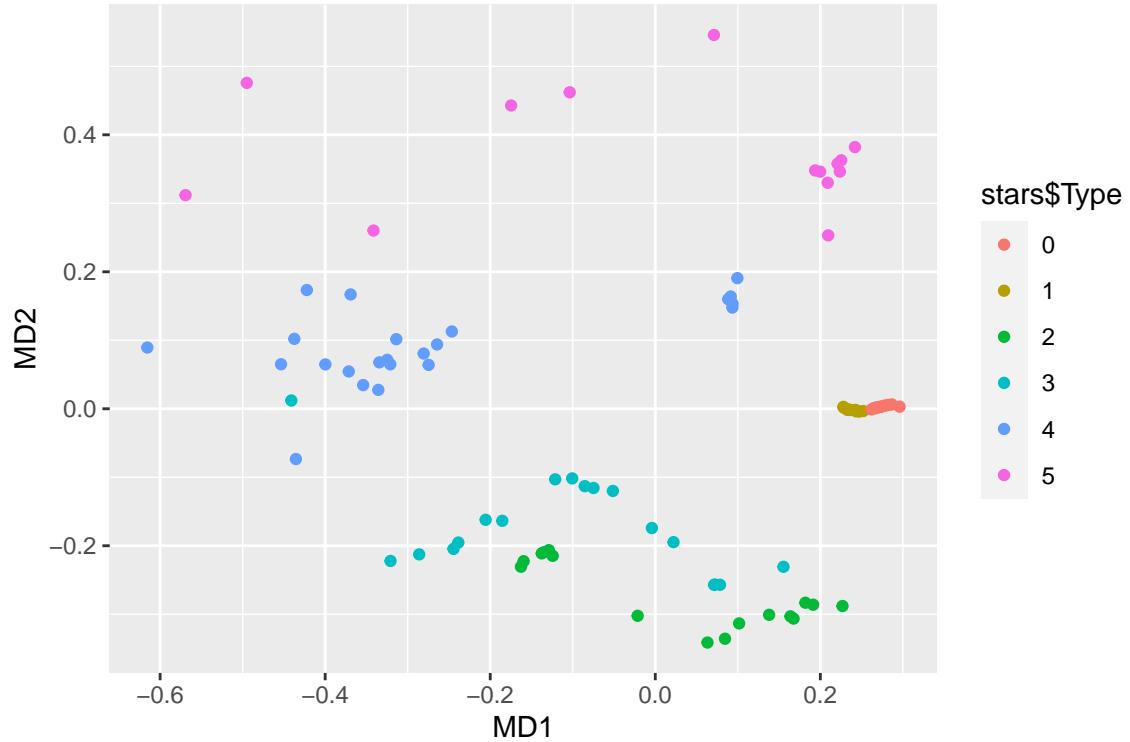
Rysunek 13: Diagramy Sheparda dla kolejnych wymiarów Kruskala



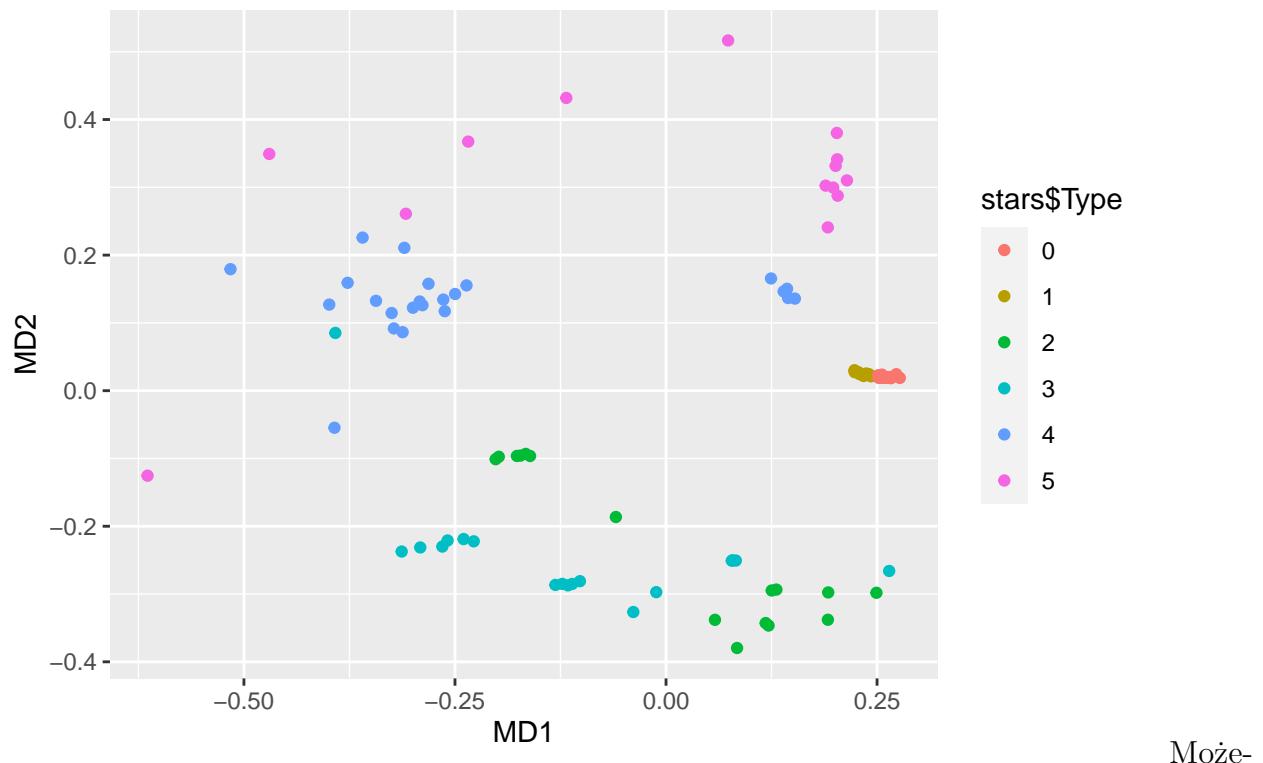
Rysunek 14: Diagramy Sheparda dla kolejnych wymiarow - Samon



Rysunek 15: Wykres rozrzutu w przestrzeni $d = 2$ klasyczne

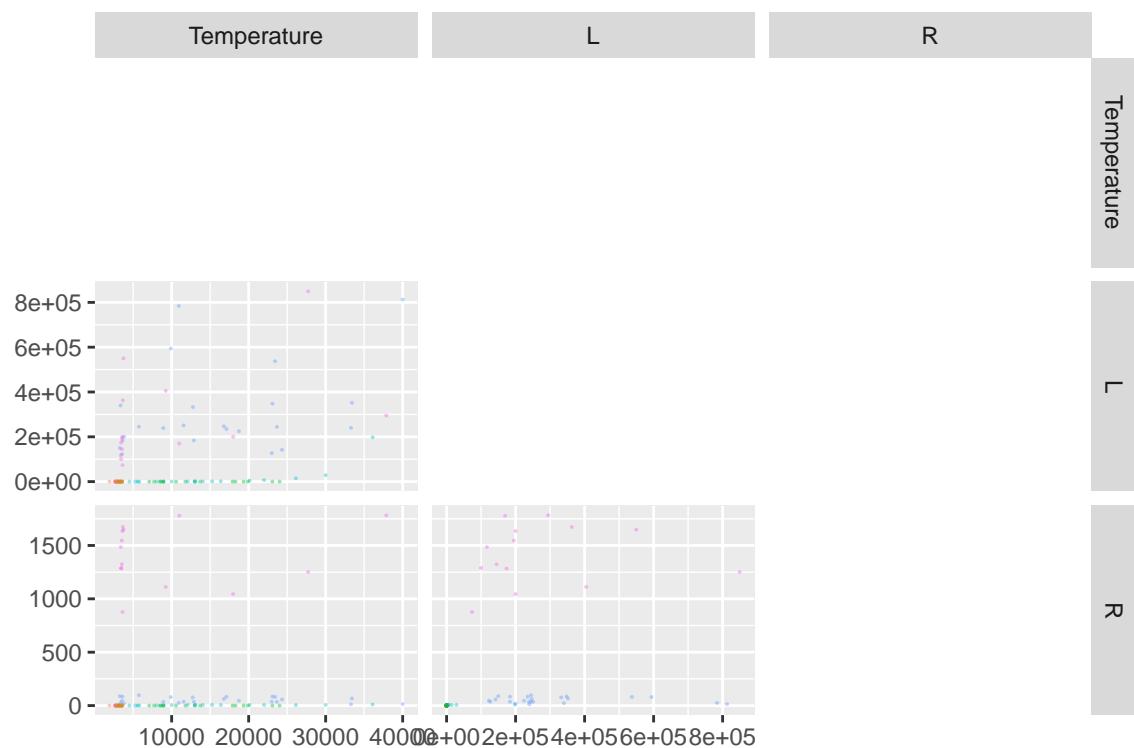


Rysunek 16: Wykres rozrzutu w przestrzeni $d = 2$ Kruskal



my zauważyc, że obserwacje

Może-



Rysunek 17: Wykresy rozrzutu dla zmiennych ciągzych