Лабораторная работа №6. Моделирование. Дискриминантный анализ

Студент:

Dubovskij Jan

Вариант

N/A

Генерация случайных данных

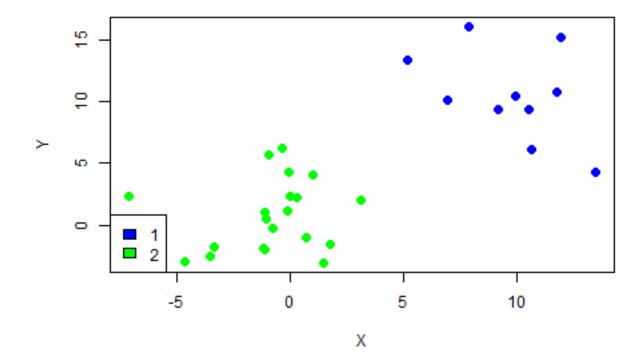
```
dat_1 = cbind(rnorm(20, 0 , 9 / 3), rnorm(20, 0 , 9 / 3))
dat_2 = cbind(rnorm(10, 9 , 9 / 3), rnorm(10, 9 , 9 / 3))
dat = rbind(dat_1, dat_2)
dat
```

```
##
                [,1]
                           [,2]
##
    [1,] -0.37441662
                      6.1910101
   [2,] -0.01921261 2.3523424
   [3,]
          1.72975208 -1.5304585
##
   [4,]
          0.69307479 -0.9715490
    [5,]
          1.47198673 -3.0469955
   [6,] -3.54597902 -2.5453705
    [7,] -0.08157950 4.2980950
   [8,]
          3.09559253
                      2.0465648
   [9,]
         0.98714710
                      4.0429209
## [10,] -1.16948734 -1.9044277
## [11,] -0.10972765
                      1.1473335
## [12,] -3.36452946 -1.7935724
## [13,] -4.66719505 -2.9639322
## [14,] -1.11219357 -1.9937626
## [15,] -1.09473456
                      0.5597099
## [16,] -7.17019809
                      2.3991350
## [17,] -0.75583618 -0.2131011
## [18,] -1.15272482
                      1.0527132
## [19,] -0.93880780
                      5.6873926
## [20,] 0.28242917
                      2.2633558
## [21,] 11.78079046 10.7576275
## [22,] 9.19908306
                      9.3371496
## [23,] 10.51780921
                      9.3468266
## [24,] 10.67088975
                      6.1785641
```

```
## [25,] 7.87300477 16.0994075
## [26,] 11.97391279 15.1441806
## [27,] 13.50385503 4.3089619
## [28,] 6.93593816 10.1460977
## [29,] 5.20414559 13.3176032
## [30,] 9.95912158 10.4819086
```

Построение истинной классификации

2 clusters



Дискриминантный анализ с использованием верной классификации

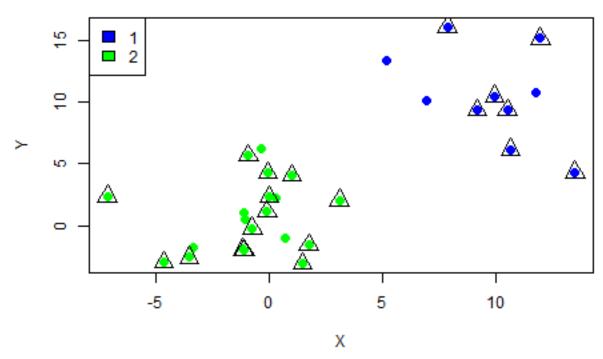
```
library("MASS")
#Дискриминантный анализ № 1
n = length(dat[,1])
n.train = floor(n * 0.7)
n.test = n - n.train
idx.train = sample(1:n, n.train)
data.train = dat[idx.train, ]
idx.test = setdiff(1:n, idx.train)
data.test = dat[idx.test, ]
cl.train = factor(cl[["cluster"]][idx.train])
cl.test = factor(cl[["cluster"]][idx.test])
#Обучение полученой тестовой выборки
mod = qda(data.train, cl.train)
cl.test est = predict(mod, data.test)$class
#Оценка ошибки классификации
sum(cl.test_est != cl.test) / n.test
```

```
## [1] 0
```

```
idx.wrong = idx.test[cl.test_est != cl.test]

#Cmpoum nepθωŭ εραφυκ
plot(dat, col = c("blue", "green")[cl$cluster], pch = 20, cex = 2, xlab = "X", ylab = "Y", ma
legend("topleft", legend = c("1", "2"), fill = c("blue", "green"))
points(dat[idx.wrong, 1], dat[idx.wrong, 2], col = "red", pch = 4, cex = 2, lwd = 3)
points(dat[idx.train,],pch = 2, cex = 2)
```





Дискриминантный анализ с использованием неверной классификации

```
#Меняем номер кластера в 20% выборки
idx.new = sample(1:n, n*0.2)
for (i in 1:length(idx.new)) {
  if(cl[["cluster"]][idx.new[i]] == 1){
    cl[["cluster"]][idx.new[i]] = 2}
  else{
    cl[["cluster"]][idx.new[i]] = 1
  }
}
#Дискриминантный анализ № 2
cl_train = factor(cl[["cluster"]][idx.train])
cl_test = factor(cl[["cluster"]][idx.test])
#Обучение полученой тестовой выборки
mod2 = qda(data.train, cl.train)
cl.test_est2 = predict(mod2, data.test)$class
#Оценка ошибки классификации
sum(cl.test_est2 != cl.test) / n.test
```

[1] 0

```
idx.wrong2 = idx.test[cl.test_est2 != cl.test]

#Cmpoum βmopoŭ εραφυκ

plot(dat, col = c("blue", "green")[cl$cluster], pch = 20, cex = 2, xlab = "X", ylab = "Y", ma
legend("topleft", legend = c("1", "2"), fill = c("blue", "green"))

points(dat[idx.wrong2, 1], dat[idx.wrong2, 2], col = "red", pch = 4, cex = 2, lwd = 3)

points(dat[idx.new, ], pch = 3, cex = 2, lwd = 2)
```

plot_2

