Московский государственный технический университет им. Н.Э. Баумана

Факультет «Радиотехнический»
Кафедра ИУ5 «Системы обработки информации и управления»

Курс «Технологии машинного обучения»

Отчёт по лабораторной работе №4 «Линейные модели, SVM и деревья решений.»

Выполнил:
студент группы РТ5-61Б
Агеев Алексей
Подпись и дата:

Проверил:
преподаватель каф. ИУ5
Гапанюк Ю.Е.
Подпись и дата:

Москва, 2023 г

Описание задания

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 следующие модели: одну из линейных моделей (линейную или полиномиальную регрессию при решении задачи регрессии, логистическую регрессию при решении задачи классификации); SVM; дерево решений.
5. Оцените качество моделей с помощью двух подходящих для задачи метрик. Сравните качество полученных моделей.
6. Постройте график, показывающий важность признаков в дереве решений.
7. Визуализируйте дерево решений или выведите правила дерева решений в текстовом виде.

Ход работы

```
from IPython.display import Image
import numpy as np
import pandas as pd
from sklearn.model_selection import train_test_split
from sklearn.datasets import load_diabetes
from sklearn.metrics import mean_absolute_error, mean_squared_error, mean_squ
ared_log_error, median_absolute_error, r2_score
from sklearn.linear_model import LinearRegression
from sklearn.tree import DecisionTreeClassifier, DecisionTreeRegressor, expor
t_graphviz
import matplotlib.pyplot as plt
from IPython.display import Image
from sklearn.svm import SVC
import pydotplus
import graphviz
from io import StringIO
import seaborn as sns
%matplotlib inline
sns.set(style="ticks")
```

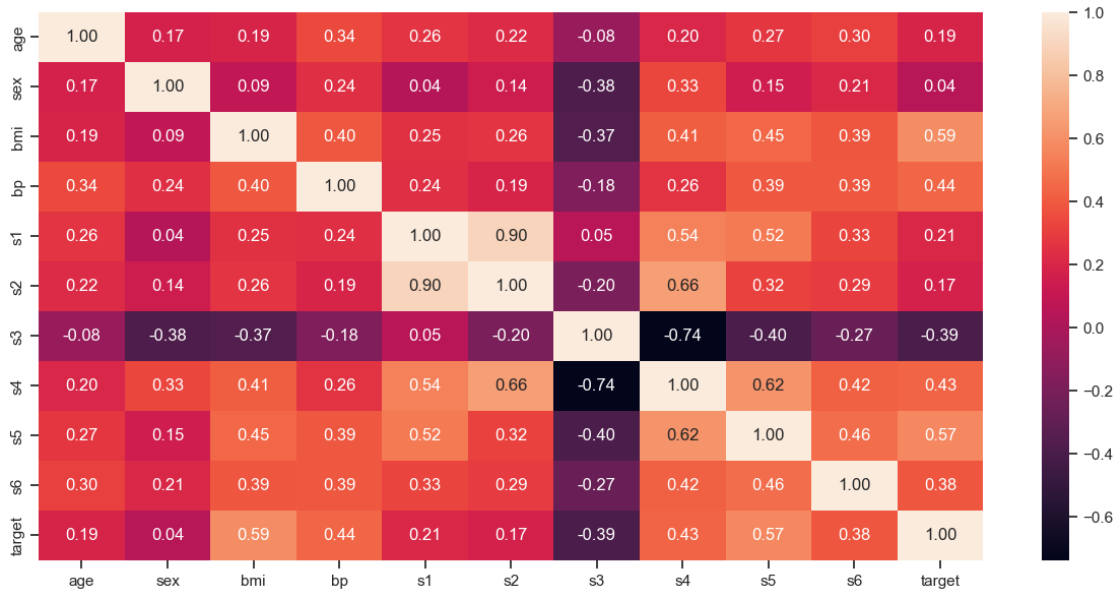
```
diabetes = load_diabetes()
df_diabetes = pd.DataFrame(diabetes.data,columns=diabetes.feature_names)
df_diabetes['target'] = pd.Series(diabetes.target)
df_diabetes.head()
```

```
        age       sex       bmi        bp        s1        s2        s3
0  0.038076  0.050680  0.061696  0.021872 -0.044223 -0.034821 -0.043401  \
1 -0.001882 -0.044642 -0.051474 -0.026328 -0.008449 -0.019163  0.074412
2  0.085299  0.050680  0.044451 -0.005670 -0.045599 -0.034194 -0.032356
3 -0.089063 -0.044642 -0.011595 -0.036656  0.012191  0.024991 -0.036038
4  0.005383 -0.044642 -0.036385  0.021872  0.003935  0.015596  0.008142

         s4        s5        s6  target
0 -0.002592  0.019907 -0.017646   151.0
1 -0.039493 -0.068332 -0.092204    75.0
2 -0.002592  0.002861 -0.025930   141.0
3  0.034309  0.022688 -0.009362   206.0
4 -0.002592 -0.031988 -0.046641   135.0
```

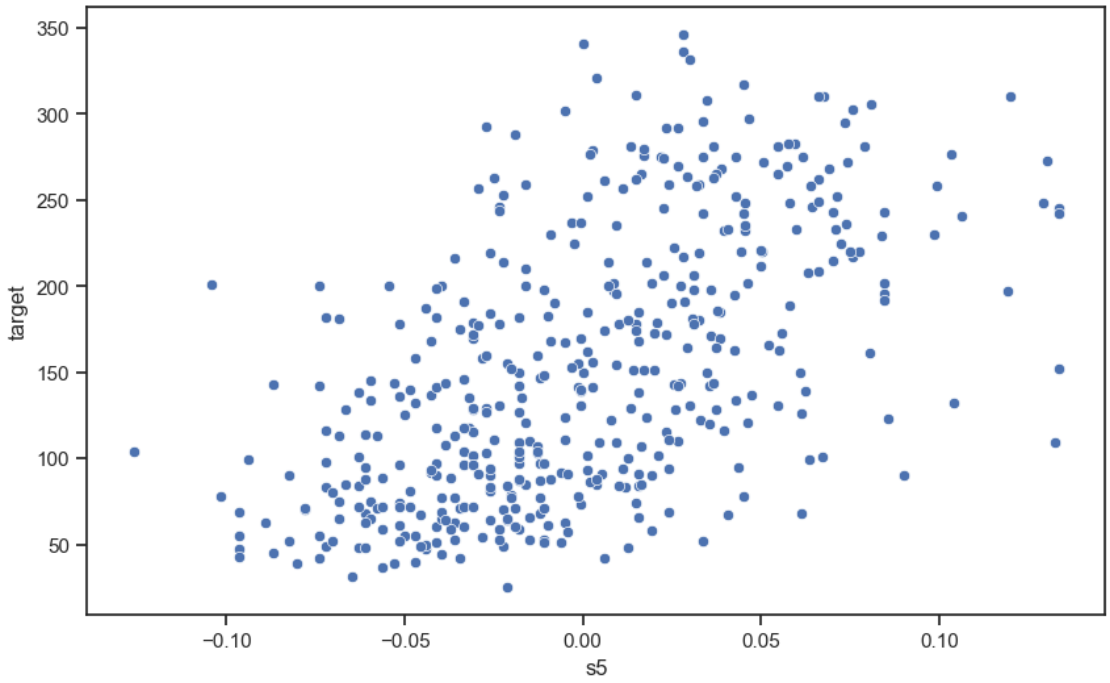
```
#Построим корреляционную матрицу
fig, ax = plt.subplots(figsize=(15,7))
sns.heatmap(df_diabetes.corr(method='pearson'), ax=ax, annot=True, fmt='.2f')
```

```
<Axes: >
```




```
fig, ax = plt.subplots(figsize=(10,6))
sns.scatterplot(ax=ax, x='s5', y='target', data=df_diabetes)
```

```
<Axes: xlabel='s5', ylabel='target'>
```



Линейная модель

```
X_train, X_test, y_train, y_test = train_test_split(
    diabetes.data, diabetes.target, test_size=0.8, random_state=1)

# Обучим линейную регрессию и сравним коэффициенты с рассчитанными ранее
reg1 = LinearRegression().fit(X_train, y_train)
target1 = reg1.predict(X_test)

mean_absolute_error(y_test, target1)
```

```
48.12036867045504
```

```
r2_score(y_test, target1)
```

```
0.36123801479756923
```

SVM

```
#SVM
svm = SVC(kernel='linear', C=1E10)
svm.fit(X_train, y_train)
target3 = svm.predict(X_test)

mean_absolute_error(y_test, target3)
```

```
65.5
```

```
r2_score(y_test, target1)
```

```
0.36123801479756923
```

Дерево решений

```
tree = DecisionTreeRegressor(random_state=1).fit(X_train, y_train)
target2 = tree.predict(X_test)

mean_absolute_error(y_test, target2)
```

```
63.5819209039548
```

```
r2_score(y_test, target2)
```

```
-0.1389533158261982
```

```
# Важность признаков
list(zip(df_diabetes.columns.values, tree.feature_importances_))
```

```
[('age', 0.027573806970594715),
 ('sex', 0.0004258510680318088),
 ('bmi', 0.20523697536156485),
 ('bp', 0.004954211390648432),
 ('s1', 0.05459571598761492),
 ('s2', 0.021091077379320294),
 ('s3', 0.04270292643445246),
 ('s4', 0.025465854604880798),
 ('s5', 0.5761425902388766),
 ('s6', 0.04181099056401502)]
```

```
# Важность признаков в сумме дает единицу
sum(tree.feature_importances_)
```

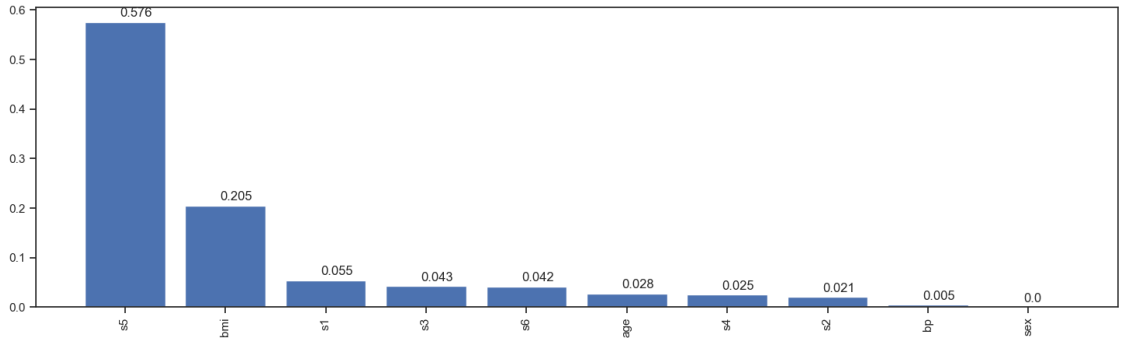
```
1.0
```

```
from operator import itemgetter

def draw_feature_importances(tree_model, X_dataset, figsize=(18,5)):
    """
    Вывод важности признаков в виде графика
    """
    # Сортировка значений важности признаков по убыванию
    list_to_sort = list(zip(X_dataset.columns.values, tree_model.feature_impo
rtances_))
    sorted_list = sorted(list_to_sort, key=itemgetter(1), reverse = True)
    # Названия признаков
    labels = [x for x,_ in sorted_list]
```

```
    # Важности признаков
    data = [x for _,x in sorted_list]
    # Вывод графика
    fig, ax = plt.subplots(figsize=figsize)
    ind = np.arange(len(labels))
    plt.bar(ind, data)
    plt.xticks(ind, labels, rotation='vertical')
    # Вывод значений
    for a,b in zip(ind, data):
        plt.text(a-0.05, b+0.01, str(round(b,3)))
    plt.show()
    return labels, data

draw_feature_importances(tree, df_diabetes)
```




```
(['s5', 'bmi', 's1', 's3', 's6', 'age', 's4', 's2', 'bp', 'sex'],
 [0.5761425902388766,
  0.20523697536156485,
  0.05459571598761492,
  0.04270292643445246,
  0.04181099056401502,
  0.027573806970594715,
  0.025465854604880798,
  0.021091077379320294,
  0.004954211390648432,
  0.0004258510680318088])

def get_png_tree(tree_model_param, feature_names_param):
    dot_data = StringIO()
    export_graphviz(tree_model_param, out_file=dot_data, feature_names=featur
e_names_param,
                    filled=True, rounded=True, special_characters=True)
    graph = pydotplus.graph_from_dot_data(dot_data.getvalue())
    return graph.create_png()

from IPython.core.display import HTML
from sklearn.tree import export_text
tree_rules = export_text(tree, feature_names=list(diabetes.feature_names))
HTML('<pre>' + tree_rules + '</pre>')
```

```
<IPython.core.display.HTML object>
```