

Wykrywanie występowanie chorób serca,porównanie algorytmów uczenia  
maszynowego nadzorowanego na podstawie zbioru danych dotyczących  
chorób układu krążenia z repozytorium UCI

Magdalena Szulc

Toruń,2022-05-01

# Contents

<b>Abstrakt</b>	<b>1</b>
<b>Wstęp</b>	<b>2</b>
<b>Cel i zakres pracy</b>	<b>3</b>
<b>Wykrywanie występowanie chorób serca,porównanie algorytmów uczenia maszynowego nadzorowanego na podstawie zbioru danych dotyczących chorób układu krążenia z repozytorium UCI</b>	<b>4</b>
<b>Wprowadzenie teoretyczne</b>	<b>5</b>
Klasyfikacja a Regresja . . . . .	6
Ścieżka działania algorytmów uczenia maszynowego nadzorowanego . . . . .	7
Dane . . . . .	7
Terminologia . . . . .	7
Repozytorium uczenia maszynowego UCI . . . . .	8
Wstępna obróbka danych . . . . .	9
Wybrane algorytmy uczenia maszynowego nadzorowanego . . . . .	12
Losowe lasy decyzyjne . . . . .	12
Maszyna wektorów nośnych . . . . .	13
K najbliższych sąsiadów . . . . .	14
<b>Opis praktycznej części projektu</b>	<b>15</b>
Narzędzia i biblioteki zastosowane w pojeckie . . . . .	15
Python . . . . .	15
Scikit-learn . . . . .	15
Środowisko wykonania . . . . .	16
Moduły projektu: . . . . .	16
Wstęp . . . . .	16
Trening algorytmu . . . . .	17
Wstęp . . . . .	17
Przygotowanie danych . . . . .	17
Opis działania aplikacji webowej . . . . .	21
Porównanie działania modeli . . . . .	23
Wstęp . . . . .	23
Losowe lasy decyzyjne . . . . .	25
Losowe lasy decyzyjne . . . . .	25
Maszyna wektorów nośnych . . . . .	25
K-najbliższych sąsiadów . . . . .	25
Maszyna wektorów nośnych . . . . .	26
K-najbliższych sąsiadów . . . . .	26
<b>Spis tabel</b>	<b>27</b>
<b>Bibliografia</b>	<b>28</b>

# Abstrakt

The aim of the work is to compare selected algorithms of supervised machine learning and build a model based on medical data, which diagnoses the presence or absence of cardiovascular disorders.

Medical data is distinguished by the fact that it is difficult to access, in most cases it is restricted information not available for public use. Therefore, a key step is to choose the features taken into account when creating the model. The data obtained from the UCI repository has already undergone pre-processing. The dataset itself, due to its small size, allows checking effects of algorithms without getting rid of redundant and insignificant features.

The main motive is to answer the question of how data deficiency strongly influences the outcome and whether there is a difference between the use of selected supervised learning algorithms requires a comparison of the difficulty level of creating a model, accuracy, complexity and time to obtain an answer.

# Wstęp

Uczenie maszynowe jako spopularyzowana dziedzina metod uczenia, zainteresowanie sobą w dużej mierze zawdzięcza rozwojowi procesorów graficznych pozwalających na wykorzystanie algorytmów w optymalnym czasie. Ze względu na chodliwość tematu, powstało nowe oprogramowanie lub przystosowania ułatwiające wydajną pracę z obszernymi zasobami danych. Pojęcie sztucznej inteligencji pochodzi od próby odtworzenia ludzkiego sposobu myślenia, jedną z bardziej znanych historycznie postacią z tym związaną jest psycholog Frank Rosenblatt z Cornell University. Badacz przyczynił się do powstania projektu zbudowania maszyny o nazwie “perceptron” mającej za zadanie rozpoznawać litery jest prawozorem nowoczesnych sztucznych sieci neuronowych. To dzięki jego badaniom nad perceptronem rozpropagowany został koncept algorytmu uczenia skończonej liczbie wywołań. Z czasem liczba przetwarzanych informacji stopniowo się zwiększała dzięki zastosowaniu procesów równoległych oraz pamięci. Wartą wspomnienia datą jest rok 2006, w tym roku zaprezentowano opensource’owy odpowiednik MapReduce od Google o który dał sposobność do przenoszenia między procesorami obróbki Big Data. Rok ten jest również znaczący ze względu na wydanie przez Nividia procesora graficznego monopolizującego rynek uczenia maszynowego. Zmniejszenie kosztów pamięci RAM zaoowocowała powstaniem kolejnych algorytmów uczenia, a istniejące podejścia są sukcesywnie ulepszone.[1] W całym ogromie powstałych już metod uczenia się, z których każda ma swoje zalety i niedogodności.[2]

Diagnoza medycznej to rozległy temat i pod kątem uczenia maszynowego może być rozpatrywany na podstawie danych tekstowych czy obrazów. Zadanie postawienia diagnozy podlega to typowe zagadnienie klasyfikacji, ale nie jedyny sposób wykorzystania. Przykładem systemu uczącego może być wycena akcji na giełdzie na podstawie danych z poprzedniego kwartału lub optymalizacja strony na podstawie historii odwiedzeń.[3]

Sztuczna inteligencja wśród szerokiego zakresu swoich zastosowań może zostać wykorzystana do analizy bardziej lub mniej złożonych danych medycznych, w celu przewidzenia wystąpienia choroby u konkretnej osoby, bez udziału procesu myślowego od stony specjalisty.

Do tego przeznaczenia istnieje możliwość zastosowania uczenia nadzorowanego (ang. *supervised learning*) tj. rodzaj uczenia maszynowego zakładający istnienie zbioru danych testowych zawierających odpowiedzi, na których podstawie wyszukiwane są zależności, cechy znaczące oraz budowany jest w ten sposób model służący przykładowo do przewidywania przyszłych wartości.

W przypadku danych dotyczących chorób zależności typujące występowanie choroby, bazują na podstawie konkretnych wyników badań zgromadzonych w repozytorium UCI.

W dzisiejszych czasach choroby sercowo-naczyniowe stanowią najczęstszą przyczynę zgonów, a liczba osób cierpiących na te dolegliwości stale rośnie. Głównymi przyczynami zachorowalności diagnozowanymi przez specjalistów są niski poziom świadomości i profilaktyki chorób serca. Dlatego prowadzone są intensywne prace nad zwiększeniem dostępności badań, które wspomogą diagnostykę kardiologiczną na jak najwcześniejszym etapie [4].

Powodem szukania dokładniejszych sposobów diagnozowania są również wysokie koszty leczenia generowane przez choroby układu krwionośnego. Według analityków firmy konsultingowej KPMG [5] w 2011 r. koszty diagnostyki i terapii chorób serca wyniosły ponad 15 miliardów polskich złotych.

Uczenie maszynowe poprzez przetwarzanie dużych zasobów klinicznych danych historycznych pod kątem zależności przyczynowo skutkowych, może zostać wykorzystane do wczesnej diagnostyki lub wspomagania leczenia pacjentów [6].

Słowa kluczowe: uczenie maszynowe, uczenie nadzorowane, lasy losowe, maszyna wektorów nośnych, k-najbliższych sąsiadów

# Cel i zakres pracy

Celem pracy jest porównanie wybranych algorytmów uczenia maszynowego nadzorowanego, przy założeniu że dane wejściowe są wybrakowane, a w rezultacie zbudowanie modelu który na podstawie danych medycznych wystawia diagnozę o występowaniu zaburzeń sercowo-naczyniowych lub ich braku.

Dane medyczne wyróżniają się tym, że trudno uzyskać do nich dostęp, najczęściej nie są to informacje, które się udostępnia do użytku publicznego, z tego powodu, kluczowym krokiem jest wybór cech branych pod uwagę przy tworzeniu modelu. Dane pozyskane z repozytorium UCI przeszły już wstępną obróbkę, sam dataset ze względu na swoje niewielkie rozmiary pozwala na sprawdzenie działań algorytmów bez pozbywania się nadmiarowych i mało znaczących cech.

Zatem odpowiedź na pytanie jak wybrakowanie danych mocno wpływa na rezultat i czy istnieją różnicę między zastosowaniem wybranych algorytmów nauczania nadzorowanego wymaga przedstawienia porównania łatwości tworzenia modelu, dokładności, złożoności oraz czasu uzyskania odpowiedzi.

W pracy opisano następujące algorytmu uczenia nadzorowanego:

- losowe lasy decyzyjne (ang. *random decision forests*)
- maszyna wektorów nośnych (ang. *support vector machines*, SVM)
- k-najbliższych sąsiadów (ang. *k-neares neighbours*, KNN)

Wykrywanie występowanie chorób  
serca, porównanie algorytmów uczenia  
maszynowego nadzorowanego na  
podstawie zbioru danych dotyczących  
chorób układu krążenia z repozytorium  
UCI

# Wprowadzenie teoretyczne

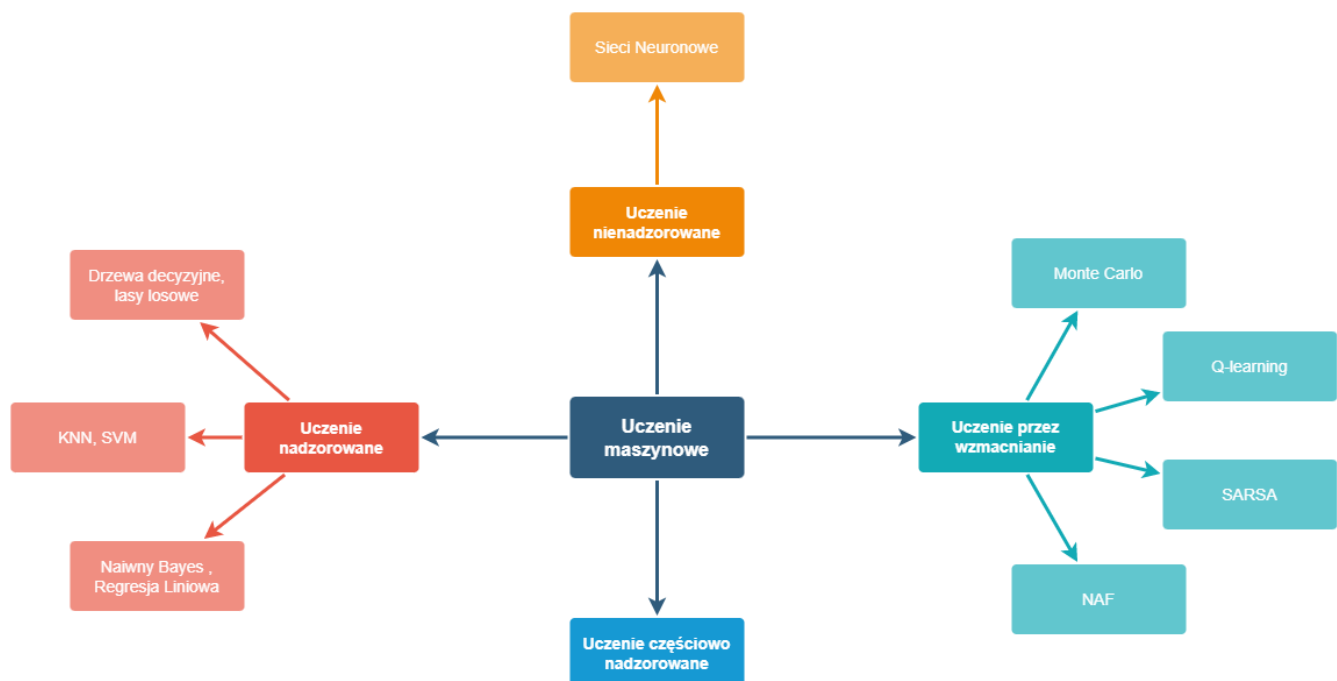
Omówienie teoretyczne rozpoczynają definicje podstawowych pojęć wykorzystywanych w dalszych częściach, zaczynając od Algorytmu.

*Algorytm* to pojęcie matematyczne odpowiadające za szereg działań prowadzących do uzyskania żadanego rozwiązania, bazując na wynikach działań krokami opisujemy np problem znajdowania najkrótszej drogi jak i zarówno tłumaczenie języka na podstawie analizy mowy.

**Uczenie maszynowe** (ang. *machine learning*, ML) to dziedzina zajmująca się tworzeniem modeli do analizy bardzo obszernych zasobów danych. Modele utworzone za pomocą algorytmów uczenia maszynowego są w stanie z wysokim prawdopodobieństwem wystawić predykcję lub dokonać klasyfikacji na temat zadanego problemu.

Model *klasyfikacyjny* służy do przewidzenia etykiety klasy poprzez mapowanie na już z góry ustalony jednowymiarowy podział, model *regresyjny* natomiast mapuje przestrzeń ustalając liczbę klas podziału oraz grupując wartości. [7] Istnieje możliwość przekształcenia problemu regresyjnego na klasyfikację i na odwrót poprzez zamianę wartości oczekiwanego wyniku. Taką modyfikację zastosowano w praktycznej części projektu. Wyniki dla danych występowały w wartościach od 0 do 4 , dla wartości  $<1,4>$  przypadek testowy uznawany był za sklasyfikowany pozytywny (chory), dlatego przekształcenie z modelu regresyjnego do modelu klasyfikacyjnego polega na konwersji wyników do wartości liczbowych 0 - brak stwierdzenia stanu chorobowego oraz 1 - stwierdzenie o chorobie układu krążenia.

Sposób wykorzystania segreguje algorytmy uczenia maszynowego na dwie kategorie, jednak powszechnie stosowanym podziałem jest podział zależnie od sposobu *trenowania* algorytmu. Algorytmy dzieli się na min.: uczenie nadzorowane, uczenie częściowo nadzorowane, uczenie bez nadzoru oraz uczenie przez wzmocnienie [8] .



Dobór typu uczenia oraz algorytmu uzależniony jest od danych wejściowych oraz oczekiwanego rezultatu. Dane

wyjściowe mogą przyjmować format odpowiedzi TAK/NIE, klasyfikacji do danego zbioru czy np. procentowej oceny ryzyka.

**Uczenie maszynowe nadzorowane** (ang. *supervised learning*) to klasa algorytmów uczenia maszynowego, która bazuje na poetykietowanych danych. Nadzór polega na porównaniu rezultatów działania modelu z wynikami, które są zawarte w danych wejściowych (*dane oznaczone*) [9]. Algorytm po osiągnięciu żądanej efektywności jest w stanie dokonać klasyfikacji przykładu dla którego nie posiada odpowiedzi. Sprawdza się to obecnie w rekomendacji produktów oraz diagnozie chorób. Z matematycznego punktu widzenia dopasowanie danych oznaczonych nazywane jest aproksymacją funkcji [8].

**Uczenie maszynowe bez nadzoru** (ang. *unsupervised learning*) to klasa algorytmów uczenia maszynowego, która wiodąco rozwiązuje problemy grupowania. Dane dostarczane do modelu nie zawierają *oznaczeń*, zatem nauczanie polega na wyciąganiu konkluzji z poprzednio wykonanych iteracji. Na skuteczność modeli budownych w oparciu o uczenie bez nadzoru wpływ ma rozmiar dostarczonego do nauki zbioru danych, im jest on większy tym bardziej wzrasta efektywność. Takie zbiory można uzyskać rejestrując dane na bieżąco, dlatego do najczęstszych zastosowań tej klasy algorytmów, można zaliczyć rozpoznawanie mowy czy obrazu [8].

**Uczenie maszynowe przez wzmacnianie** (ang. *reinforcement learning*) to klasa algorytmów uczenia maszynowego, której nauczanie nie opiera się na danych wejściowych czy wyjściowych, a rezultatami otrzymanymi podczas testu nazywanych tzw. sygnałami wzmocnienia, który może przyjmować wartość pozytywną lub negatywną. Algorytm generując dane wejściowe dostosowuje reguły, by uzyskać zwrotnie sygnał pozytywny w jak największej liczbie przypadków. [10].

**Uczenie częściowo nadzorowane** (ang. *semi-supervised learning*) to klasa algorytmów uczenia maszynowego, która wykorzystuje zbiór danych w większości niepoetykietowany, na podstawie których tworzony jest model [11], w wykorzystywana głównie w przypadkach niewydajności zastosowania osobno modeli nadzorowanych i nienadzorowanych. Zastosowanie tej klasy algorytmów pozwala również na maksymalizację wykorzystania zebranych informacji [2].

Uczenie nadzorowane przedstawiając oficjalną matematyczną definicję:

$$DL = ((x_i, y_i))_{i=1}^l \quad \text{gdzie } i=1$$

$(x_i, y_i)$  to punkt z zakresu  $x_i \in X$  oznaczony etykietą  $y_i$  dla danych wejściowych oznaczonych jako  $X$ .

Zbiór  $(x_i, y_i)$  to tzw. dane uczące, na podstawie których metody uczenia próbują wywnioskować funkcję, która ustali  $y$  dla nieoznakowanego  $x$ . Większy zasób punktów sprawdzający działanie, czyli dane testowe definiujemy następująco [12]:

$$DU = (x_i)_{i=l+1}^{l+u} \quad \text{gdzie } i=l+1$$

## Klasyfikacja a Regresja

Oba przedstawione poniżej typy systematyzują w oparciu o dostarczone dane wejściowe i mają one wspólną część polegającą na budowaniu modelu separującego kategorie docelowe w użyteczny i dokładny sposób. [2]

Pod ogólnym pojęciem nadzorowanego uczenia się z przykładów rozróżnić można przewidywanie wartości i przewidywanie kategorii. Czy próbujemy (1) skorelować dane wejściowe do jednej z możliwych kategorii, określonej przez dyskretne symbole, czy (2) skorelować dane wejściowe do mniej lub bardziej ciągłego zakresu wartości numerycznych? W skrócie, czy cel jest kategoriyczny, czy numeryczny? Jak już wspomniałem, predykcja kategorii nazywa się klasyfikacją. Predykcja wartości liczbowej nazywana jest regresją. Przyjrzymy się przykładom każdej z nich.

**Klasyfikacja** - decyduje o przynależności do zbioru grupy lub klasy. **Regresja** - daje ciągłą prognozę korelacji między zmiennymi, standardowym przykładem zastosowania jest prognoza pogody. Realne pomiary temperatury, prędkości wiatru, ciśnienia wpływają na finalną odpowiedź. Sama regresja dzieli się również na kategorie ze względu na skomplikowanie, najprostrzym przykładem jest oczywiście regresja liniowa.

Analogiczne typy istnieją dla uczenia bez nadzoru, jak na przykład *grupowanie*, które klasyfikuje dane w zbiory. Rozbieżność z klasyfikacją polega na wykorzystaniu do wykonania oceny korelacji podobnych cech, a nie wsad danych testowych.



*Redukcja wymiarowa* to jak nazwa wskazuje pozbycie się nieistotnych atrybutów i odrzuceniu duplikatów, a co za tym idzie wymiaru data set'u. Dobrym przykładem byłoby tutaj analizy zawartości skrzynki pocztowej i szukanie spamu.

Podział osób na kategorie cierpiące na choroby sercowo-naczyniowe oraz zdrowe, to dylemat klasyfikacyjny nadający się do rozwiązania za pomocą algorytmów uczenia maszynowego nadzorowanego i na nich skupia się dalsza część pracy.

## Ścieżka działania algorytmów uczenia maszynowego nadzorowanego

Bazowy schemat budowania i oceniania modeli uczenia nadzorowanego to kolejno:

1. Przygotowanie danych.
2. Implementacja modelu.
3. Trening oraz ocena precykcji.

Wykorzystanie utworzonego modelu wymaga:

1. Zbudowania modelu oraz jego wytrenowania
2. Wykonania predykcji na danych które nie posiadają oznaczenia[3]

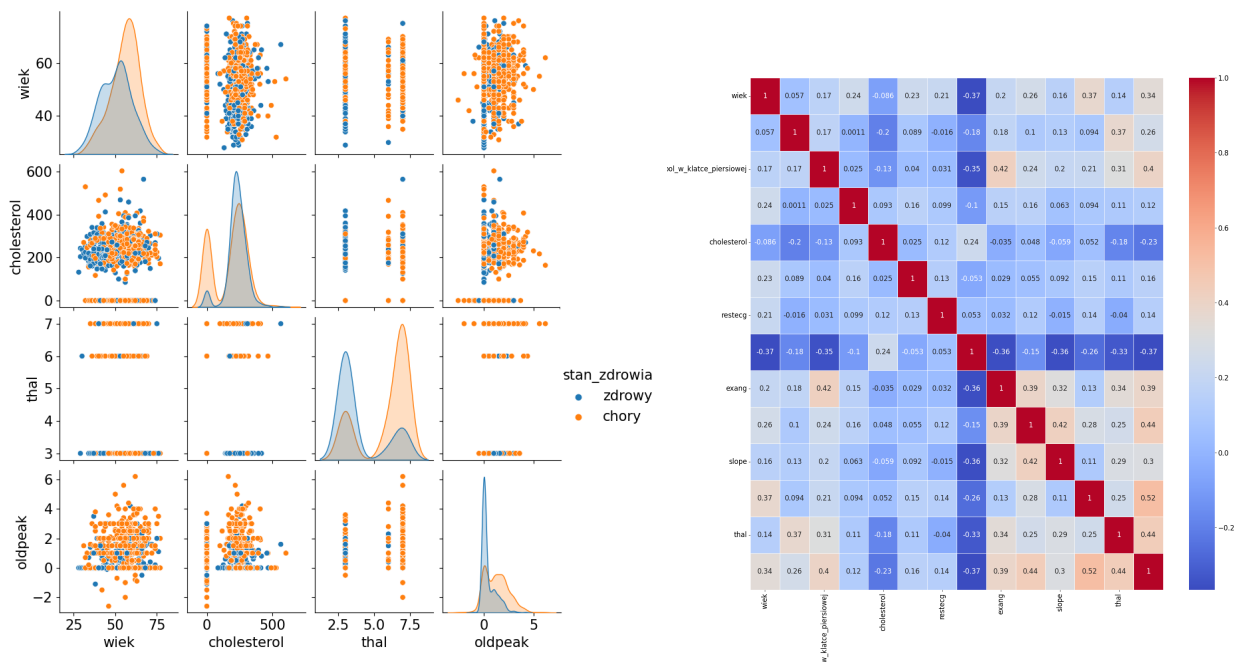
Ten schemat można zastosować do dowolnego modelu uczenia, wykonanie kolejnych bloków zadaniowych różnić się będzie specyfiką dla danego modelu:

- przygotowanie danych dla algorytmów uczenia nadzorowanego musi zawierać również zebranie odpowiedzi/wyników dla danych testowych
- implementacja modelu za każdym razem jest specyficzna dla zastosowanego algorytmu który również zależy od typu uczenia
- ewaluacja modeli regresyjnych różni się od ewaluacji modeli klasyfikacyjnych ze względu na wykorzystanie innych miar oceny dokładności
- zastosowanie modeli może posiadać wielorakie formy realizacji.

## Dane

### Terminologia

Analiza uczenia maszynowego wymusza stosowanie rozróżnienia przy pojęciach parametru i argumentu. Cechy dla których szukamy optymalnych wartości, które stanowią podstawę modelu i ich dostrajanie wykonywane jest podczas treningu nazywane są parametrami i hiperparametrami. Argumenty natomiast to liczby znajdujące się w wierszach zbioru danych które podlegają zmianie tylko podczas pre-procesingu. Nazewnictwo hiperparametrów wykorzystywane jest w przypadku zastosowania dla nich walidacji krzyżowej.



### Nadmierne dopasowanie(ang. overfitting )

Istnieje możliwość wytrenowania algorytmu tylko pod zadany zbiór testowy, wyniki dotyczące dokładności modelu pomimo iż będą wysokie nie będą świadczyły o rzeczywistej skuteczności gdyż będą uwzględniały tylko pojedynczy przypadek zasymulowany daną próbką danych testowych. Przed wyborem cech do hiperparametryzacji warto sprawdzić macierz korelacji cech aby nie wybrać tylko tych silnie ze sobą sprzężonych[13].

### Repozytorium uczenia maszynowego UCI



[14]

Sensem wykorzystania uczenia maszynowego jest prognoza lub klasyfikacja rzeczywistych wartości z dużego zbioru danych które mogą znaleźć zastosowanie w praktycznych dziedzinach. Im bardziej dokładne i rzeczywiste dane do testowania i tworzenia modelu tym większe prawdopodobieństwo otrzymania realnych wyników na końcu ścieżki uczenia. W celu gromadzenia miarodajnej bazy dostępnych zbiorów danych testowych powstało repozytorium uczenia maszynowego UCI. Jak podaje strona informacyjna :

... było ono cytowane ponad 1000 razy, co czyni je jednym ze 100 najczęściej cytowanych „artykułów” w całej informatyce ... [14]

Repozytorium gromadzi dane z wielu rozbieżnych dziedzin , dane medyczne umieszczone w repozytorium nie zawierają wrażliwych danych pacjentów , a niektóre zbiory są poddane już wstępnej obróbce tak jak zbiór danych “Heart Disease Databases” wykorzystany w tym dokumencie, który powstał na podstawie realnych danych medycznych zebrany z lokalizacji

1. Fundacja Cleveland Clinic [15]
2. Węgierski Instytut Kardiologii, Budapeszt [16]
3. V.A. Centrum medyczne, Long Beach, Kalifornia [15]
4. Szpital Uniwersytecki, Zurych, Szwajcaria [17].

## Stratyfikacja

Wyróżniono 14 atrybutów spośród 76 zebranych do wykorzystania w algorytmach uczenia maszynowego, wszystkie z nich mają wartości liczbowe. Lista atrybutów wykorzystanych w algorytmie:

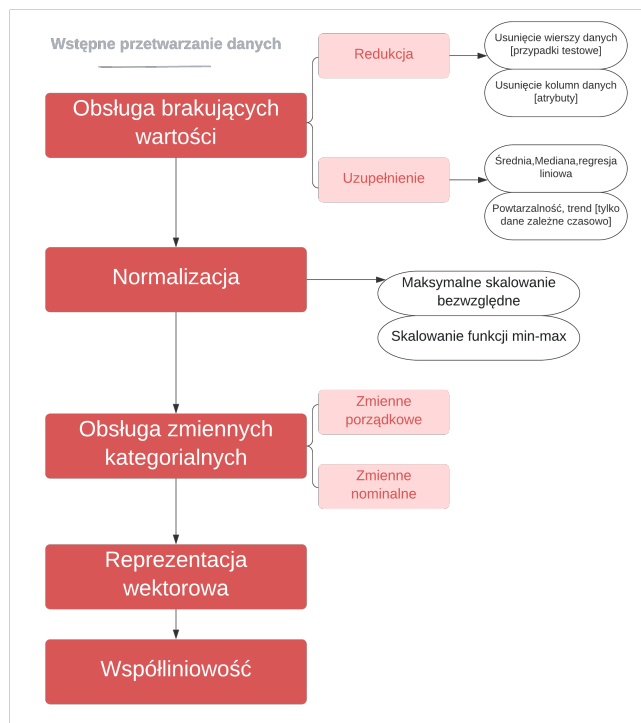
- wiek
- płeć
- rodzaj bólu w klatce piersiowej
- spoczynkowe ciśnienie krwi
- cholesterol w surowicy w mg/dl
- poziom cukru we krwi na czczo  $> 120$  mg/dl
- spoczynkowe wyniki elektrokardiograficzne
- osiągnięto maksymalne tętno
- dławica piersiowa wywołana wysiłkiem fizycznym
- obniżenie odcinka ST wywołane wysiłkiem fizycznym w stosunku do odpoczynku
- nachylenie szczytowego odcinka ST ćwiczenia
- liczba głównych naczyń pokolorowanych fluorozopią
- skan serca z talem lub test wysiłkowy
- stan (brak choroby serca/choroba serca)

Rozkład chorób serca w danych testowych to 44.67% chorych czyli 509 prób pozytywnych oraz 411 negatywnych. W danych testowych znajduje się 726 przypadków osób płci męskiej oraz 194 żeńskiej. Dla zachorowań widać nierówność ale jest ona spowodowana rzeczywistą statystyką. Tylko u 25.77% badanych kobiet stwierdzono występowanie chorób wieńcowych, natomiast wśród badanych mężczyzn jest to aż 63.22%. [14]

W przypadku danych testowych z repozytorium UCI, fakt iż dane pochodziły z różnych lokalizacji ma duże znaczenie, gdyż od placówki medycznej zależy jakim badaniom poddani zostali pacjenci a co za tym idzie w jakich kolumnach tabelarycznego przedstawienia będą mieć uzupełnione bądź puste wartości. Scalenie ze sobą wyników badań dostarcza większej różnorodności również dzięki temu że dane pochodzą z wielu krajów. Jeżeli zestaw wejściowy zostałby ograniczony do jednej lokalizacji to cecha dla której nie uzupełniono wartości zostałaby pominięta podczas treningu ze względu na brak danych, co skutowało by uboższym modelem i możliwe że pominięciem kluczowej cechy wpływającej na działanie.

## Wstępna obróbka danych

Proces przetwarzania danych może składać się z wielu różnych kroków zależnie od typu, w uczeniu nadzorowanym operującym na danych tekstowo-liczbowych poprawnym będzie zastosowanie schematu przedstawionego poniżej:



Po złączeniu można przeprowadzić szereg działań w celu sztucznego uzupełnienia pustych wartości bazując na wartościach które już istnieją.

#### Obsługa brakujących wartości

Możliwościami obsługi brakujących wartości są : mniej polecana ze względu na utratę danych, redukcja zestawu danych lub uzupełnienie go zgodnie z wybranym przez siebie założeniem. Biblioteki do nauczania maszynowego dostarczają już gotowe rozwiązania do upuszczenia wierszy lub kolumn zawierających wartości *null*. Uzupełnienie danych inaczej *imputacja*, rozwiązuje problem w mniej stratny sposób i tak samo jak do redukcji są już gotowe rozwiązania w bibliotece *sklearn*. Istnieją 4 różne strategie uzupełniania wykorzystujące proste matematyczne obliczenia takie jak :

- średnia,
- mediana,
- stała,
- najczęściej występująca wartość.

Do wyznaczenia wartości uzupełniających można również użyć regresji liniowej.

#### Standaryzacja

Przekształcenie danych również bazujące na statystycznych założeniach i również ustandaryzowane w popularnych bibliotekach. Dążymy aby średnia wartość wynosiła 0, a odchylenie standardowe 1 dla liczbowych reprezentacji danych. Z matematycznego punktu widzenia wykonujemy działanie

$$\frac{\bar{X}}{\sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (X - \bar{X})^2}{N - 1}}}$$

[18]

#### Obsługa zmiennych kategorialnych

Cechy kategorialne dzielą się na dwie zasadnicze grupy ze względu na możliwość uporządkowania , dane takie jak wykształcenie , rozmiar podlegają mapowaniu , dane typu kolor lub płeć podlegają kodowaniu. W ten sposób dane

kategoryczne stają się wartościami liczbowymi.

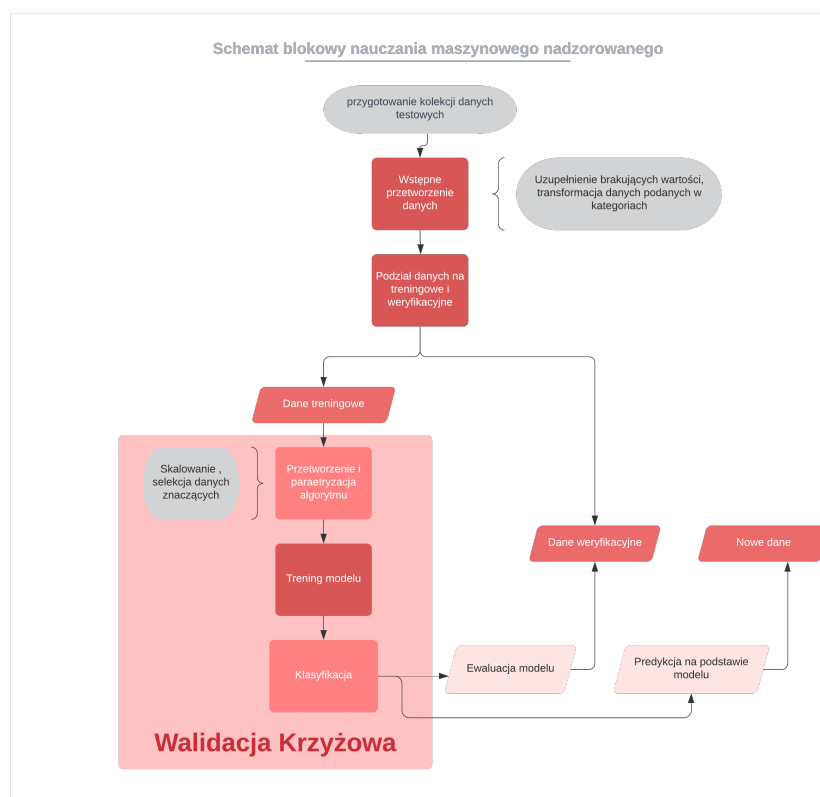
### Reprezentacja wektorowa

Obsługa danych kategorycznych pozwoliła zamapować/zakodować je w postaci liczbowej, ale można pójść o krok dalej i te same dane mieć w postaci 0 lub 1 na odpowiedniej kolumnie. Rozwiązanie reprezentacji wektorowej polega na utworzeniu tylu kolumn ile jest unikalnych wartości dla kategorii i wpisanie 0 lub 1 dla każdego rekordu danych [19].

### Współliniowość cech

Aby znaleźć korelacje współliniowości należy szukać liniowej zależności pomiędzy danymi, najłatwiej zauważyć to tworząc wykresy z danych testowych dla każdej pary [19].

Zgodnie z poniższym schematem po przeprocesowaniu wejściowego zbioru danych, należy go podzielić na dane treningowe oraz ewaluacyjne. Powszechnie stosowana K krzyżowa walidacja umożliwia maksymalne wykorzystanie dostarczonego wejścia do dostrajania parametrów modelu, ponieważ optymalizacja hiperparametrów połączone z ciągłą weryfikacją poprawności to sedno treningu.



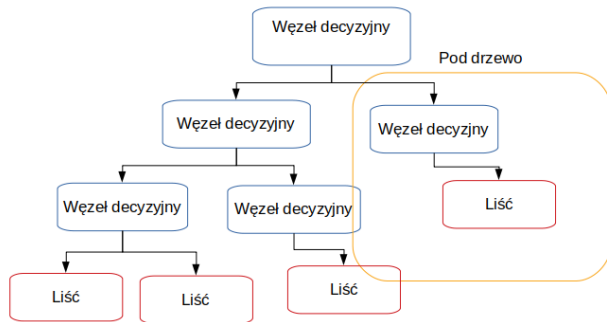
**K-krotna walidacja krzyżowa** (ang. *K-fold Cross Validation*, KCV) - metoda weryfikacji działająca poprzez podział zbioru danych na  $k$  podzbiorów z których każdy przynajmniej raz jest zbiorem oceniającym wydajność, zaznaczając że  $K$  musi być równe lub mniejsze niż liczba elementów w zbiorze [20], [21].

Kluczowym elementem jest ewaluacja która odbywa się na końcu każdej z  $k-1$  iteracji w celu dostosowania parametrów, po osiągnięciu wymaganych lub ustalonych wartości dokładności modelu lub weryfikacji wszystkich możliwych opcji i znalezienie najlepszego modelu można go wykorzystać do weryfikacji na danych spoza zestawu testowego.

## Wybrane algorytmy uczenia maszynowego nadzorowanego

### Losowe lasy decyzyjne

**Drzewa decyzyjne** (ang. *decisions trees*) są uznawane za najprostszyszy i najbliższy ludzkiemu zrozumieniu algorytm uczenia, który swoją nazwę zawdzięcza graficznej reprezentacji w postaci drzewa. Każdy węzeł oznacza atrybut, na podstawie którego następuje rozróżnienie. W modelu kluczowa jest kolejność cech, które występują po sobie ponieważ determinuje to otrzymany rezultat [8], [22].



Prawie każdy algorytm uczenia maszynowego nadzorowanego można podzielić na dwa etapy. W pierwszym opracowywany jest wzorzec, na którym bazują późniejsza predykcja. Uczenie składa się z dwóch części w wariancie drzew decyzyjnych uczenie to tworzenie rozgałęzień reprezentujących atrybuty dzielące zwstaw testowy aż dalszy podział jest niemożliwy. Takie drzewo może mieć dowolnie długą drogę po węzłach, niestety taki sposób rozwiązywania jest przyczyną powstania przypadku *\_overfitting\_*'u. Ograniczenie głębokości drzewa lub minimalna liczba wartości w liściu zmniejsza ale nie niweluje ryzyka. [3]

Na metodologii drzew decyzyjnych oparta jest dokładniejsza forma nauczania nadzorowanego: *losowe lasy decyzyjne*.

**Losowe lasy decyzyjne** (ang. *random decision forests*) to technika polegająca na połączeniu wielu drzew decyzyjnych w celu uniknięcia problemu z *nadmiernym dopasowaniem* do treningowego zestawu danych na którym został przeszkolony.

Utworzony szablon aby poprawnie działać na danych testowych i służących weryfikacji, nie może stać się charakterystycznym przypadkiem rozwiązującym przypadek testowy [8], [22]. W tym celu dla losowych lasów decyzyjnych najpierw stosuje się **agregację bootstrap'ową**. Z treningowego zestawu danych losuje się, z możliwymi powtórzeniami, wiersze danych dla których trenowany będzie model. Jako rezultat brana jest większość lub średnia wartości uzyskanych wyników dla poszczególnych drzew decyzyjnych. Dodatkowo dla drzew decyzyjnych w lasach losowych, atrybuty odpowiadające za kategoryzację są wybierane z wylosowanego podzbioru. [23]

Działanie biblioteki sklearn dla lasów losowych wygląda następująco : 0. Wylosowanie podzbioru cech włączanych w dane drzewo. 1. Typowanie kombinacji podziału obliczając prawdopodobieństwo wyboru i uśredniając wyniki. Wybierany jest podział na klasy o najwyższym średnim prawdopodobieństwie . 2. Utworzenie nowego węzła . 3. W każdym podwęźle należy zweryfikować powiązania i jeżeli spełniony jest warunek wartości docelowych są wystarczająco podobne, zwracana jest prognozowana wartość w przeciwnym razie należy powtórzyć od kroku 1.

#### Technika bootstrap

Główną wartością z jej zastosowania jest nadanie losowości tworzenia drzew , podział można wykonać pobierając próbki z zwracaniem lub bez. Brak możliwości ponownego wyboru wcześniejszej cechy uniezależnia je od siebie . Metoda z zwracaniem wymaga powtarzania aż do wyrznięcia próbki liczącej tyle samo co macieżysta kolekcja. Potem po podliczeniu statystyki i ich średnich dla każdego wykonania proces powtarzany jest aż do uzyskania warunku końcowego. [3]

**Ekstremalne lasy losowe** Ekstremalność polega na wyselekcjonowaniu losowego podzbioru punktów podziału i dla tego podzbioru przeprowadzana jest ewaluacja. W związku z tym do kroków procesu oprócz losowania cech , dodatkowo losowo określane są też podziały.

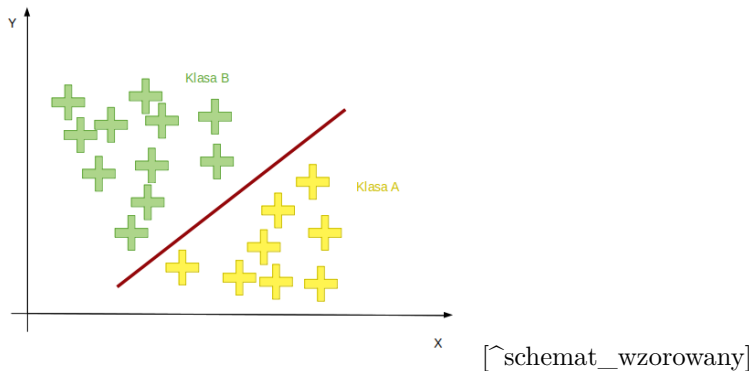
Wśród zalet lasów losowych należy wyróżnić iż potrafią one trafnie wykalkulować brakujące wartości cech. Idealnie

znajdują zastosowanie dla realnych danych, których zasadniczym problemem jest ich niekompletność.

Dane medyczne posiadają szeroką wariację zmiennych z dużym prawdopodobieństwem wybrakowania, zastosowanie do nich lasów decyzyjnych ma potencjał na pozytywne rezultaty.

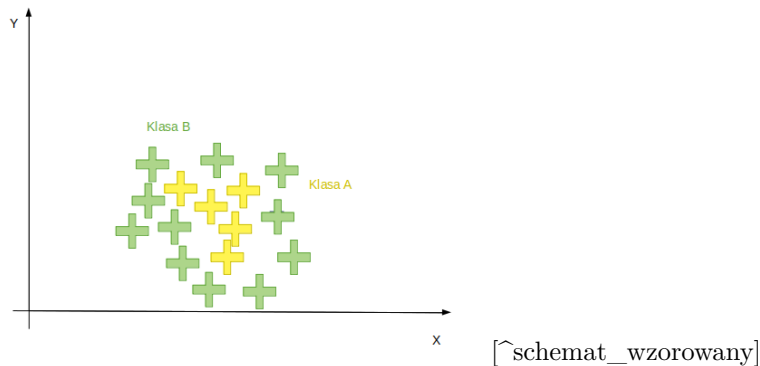
## Maszyna wektorów nośnych

**Metoda wektorów nośnych** (ang. *support vector machines*, skr. **SVM**) to algorytm uczenia maszynowego nadzorowanego, który każdy parametr z dostępnych cech dla danych wejściowych, traktuje jako punkt w przestrzeni. Na podstawie ułożenia punktów dzieli się je na 2 klasy. Graficznie jest to reprezentowane przez prostą dla której odległość między najbliższymi dwoma punktami dla wektorów jest możliwie największa.



Taka prosta nazywana jest *prostą marginalną* i powstaje ona poprzez generowanie i selekcję tych prostych które rzetelnie szufladkują klasy danych [8], [22].

Techinka ta gwarantuje precyzyjniejsze rezultaty niż drzewa decyzyjne, niestety dla dużych zbiorów danych czas trwania szkolenia znacznie się wydłuża oraz istnieją przypadki dla których podział jedną prostą jest niewykonalny, taki przypadek reprezentuje rozkład na schemacie nr. 2.



Z powyższego schematu widać że prosta marginalna ma zastosowanie w przypadku dwóch wymiarów, dla większej ilości stosowane jest przekształcenie do innego systemu współrzędnych i szukanie hiperpłaszczyzny brzegowej dzielącej tak samo jak prosta punkty w przestrzeni na dwa zbiory.[24]

## Wyszukiwanie podziału

Idea działania maszyny wektorów nośnych opiera się na wyznaczeniu minimalnej wartości wektora wag oraz przesunięcia (ang. *bias*) który geometrycznie opisuje współrzędne hiperpłaszczyzny.

$$\min_{w,b} \frac{1}{2} \|w\|^2$$

pod warunkiem  $y_i(w \cdot x_i + b) - 1 \geq 0, i = 1, \dots, n.$

[25]

W przypadku prostej wersji podziału poprzez prostą optymalizacja polega na redukcji danych potrzebnych do

uzyskania rozbitcia. Margines między kategoriami powinien być maksymalny żeby zminimalizować błąd dla próby testowej oraz proste uogólnianie. Nawet w przypadku zastosowania hiperpłaszczyzny punkty dzielone są na 2 klasy dlatego nie stosuje się go do grupowania i klasyfikacji dla większej ilości. W bibliotece sklearn konwencja przyjmuje stosowanie zasady podziału ang. *one-versus-rest* i oferuje ponad trzy podejścia formułowania estymatora klasyfikacji: *SVC*, *LinearSVC*, *NuSVC* itd. .

## K najbliższych sąsiadów

**K najbliższych sąsiadów** (ang. *k nearest neighbours*, skr. **KNN**) to algorytm uczenia maszynowego nadzorowanego operujący swoje estymacje dla konkretnego przypadku danych na wartościach jego K najbliższych sąsiadów (punktów) liczonych min. dla przestrzeni Euklidesowej [8]. Koncepcja polega na :

0. Wyszukanie k prób do porównania zgodnie z metryką.
1. Analiza podobieństwa dla wybranej próbki .
2. Selekcja najczęściej pojawiającej się odpowiedzi i oznaczenie sklasyfikowanych wartości.[3]

Do wyznaczenia odległości w metryce Euklidesowej stosowany jest wzór:

$$d_{(x,y)} = \sqrt{\sum_{i=1}^n (x_i - y_i)^2} \quad [26]$$

popularne są również przestrzenie Manhattan:

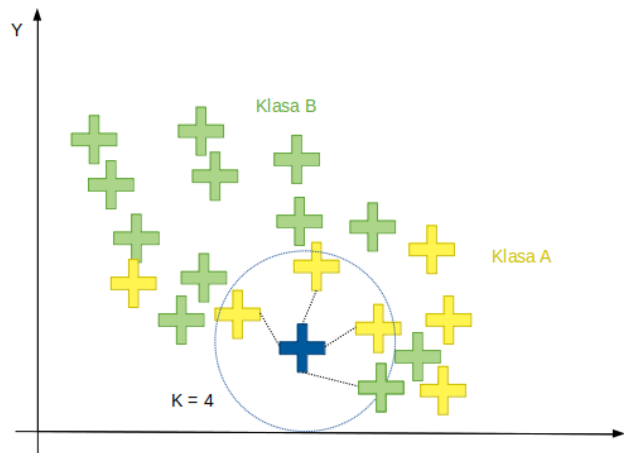
$$d_{(x,y)} = \sum_{i=1}^n |(x_i - y_i)| \quad [26]$$

oraz Mińkowskiego:

$$d = \left( \sum_{i=1}^m |u_i - v_i|^p \right)^{1/p} \quad [27]$$

Atrybut który nastraja proces uczenia się modelu i ma na niego największy wpływ określany jest jako hiperparametr. Dla KNN jest to liczba sąsiadów i może przyjmować maksymalnie wartości do rozmiaru zbioru cech. Im większa ilość jednostek mających wpływ, tym potęguje się niestety złożoność czasowa algorytmu, znacząco już większa od przedstawionych powyżej innych algorytmów,[8] oraz tym bardziej wzrasta ryzyko nadmiernego dopasowania do modelu testowanego.

W celu przewidzenia wartości dla nowych danych, należy odnaleźć K najbliższych punktów wyliczając odległości, a następnie przypisać odpowiedź implikowaną przez większość sąsiadów. Dla wartości K równej jeden, metoda



ta nazywana jest algorytmem najbliższego sąsiada.

[^schemat\_wzorowany]

Dla lekarza wartością dodatnią jest wykrycie zależności które decydują o uznaniu lub zaprzeczeniu występowania choroby. Zastosowanie algorytmu KNN może nie tylko zakwalifikować osoby chorujące na serce, ale również ułatwić swoją graficzną reprezentacją wpływ cech na ostateczny osąd próbki.



# Opis praktycznej części projektu

## Narzędzia i biblioteki zastosowane w pojeckie

Biblioteki w większości posiadają otwarty kod źródłowy, napisany w języku Python [28].

### Python

Python to łatwy do nauczenia, potężny język programowania. Posiada wydajne struktury danych wysokiego poziomu i prosty ale efektywne podejście do programowania obiektowego. Elegancka składnia Pythona i dynamiczne pisanie wraz z jego interpretowany charakter sprawia, że jest to idealny język do pisania skryptów i szybkiego tworzenia aplikacji w wielu obszarach większość platform. Interpreter Pythona i obszerna biblioteka standardowa są bezpłatnie dostępne w postaci źródłowej lub binarnej dla wszystkich głównych platformy ze strony internetowej Pythona, <https://www.python.org/> i mogą być swobodnie rozpowszechniane. Ta sama strona również zawiera dystrybucje i wskaźniki do wielu darmowych modułów Pythona, programów i narzędzi innych firm oraz dodatkowych dokumentacja. Interpreter Pythona można łatwo rozbudować o nowe funkcje i typy danych zaimplementowane w C lub C++ (lub w innych języki wywoływane z C). Python nadaje się również jako język rozszerzeń dla aplikacji, które można dostosowywać. Ten samouczek wprowadza czytelnika nieformalnie do podstawowych pojęć i funkcji języka i systemu Python. Ono pomaga mieć pod ręką interpreter Pythona do praktycznego doświadczenia, ale wszystkie przykłady są samowystarczalne, więc samouczek można czytać również w trybie offline. Aby uzyskać opis standardowych obiektów i modułów, zobacz indeks biblioteki. indeks referencyjny daje bardziej formalną definicję języka. Aby napisać rozszerzenia w C lub C++, przeczytaj *extending-index* i *c-api-index*. Jest też kilka książek omówienie Pythona dogłębnie. Ten samouczek nie stara się być wyczerpujący i obejmuje każdą pojedynczą funkcję, a nawet każdą powszechnie używaną funkcja. Zamiast tego wprowadza wiele najbardziej godnych uwagi funkcji Pythona i daje dobre pojęcie o smak i styl języka. Po jego przeczytaniu będziesz mógł czytać i pisać moduły i programy Pythona oraz będziesz gotowy, aby dowiedzieć się więcej o różnych modułach bibliotecznych Pythona opisanych w bibliotecznym indeksie. [11]

### Scikit-learn

Praktyczna część pracy napisana została w języku Python z wykorzystaniem *scikit-learn*, obsługującym wiele algorytmów maszynowego uczenia się w tym uczenia nadzorowanego i docelowo wybranych algorytmów przedstawionych w teoretycznej części pracy.



Biblioteka opiera się o *Numpy* oraz *Scipy*, daje zestaw narzędzi do obliczeń na macierzach, wektorach oraz umożliwiające metody numeryczne takie jak całkowanie, różniczkowanie i temu podobne [29]. W rezultacie można za jej pomocą wykonać elementy procesu nauczania algorytmu, takie jak: przetwarzanie wstępne, redukcja wymiarowości, klasyfikacja, regresja. [28]

The scikit-learn library is very well established within the machine learning community (developed for >10 years). However, it has to be emphasized that the numerical implementation of some classifiers might still be suboptimal

or erroneous. Moreover, this library makes external calls to other libraries implemented in Python (i.e., Numpy version 1.21.1) or C (i.e., BLAS version 3.7.1), which adds another source of potential software bugs. Nevertheless, debugging of the scikit-learn classification routines is beyond the scope of this work and the library was used as it was. Besides classifiers, the scikit-learn library comes with a set of routines used within this study for (1) generation of synthetic datasets, (2) computation of classification performance metrics, (3) data pre-processing and standardization, (4) hyper-parameter optimization, (5) feature selection and (6) visualization of classifiers' performance (`plot_classifier_comparison.py`). In the following subsections, a short summary of each classifier is given in order to facilitate further understanding and interpretation of the results. [13]

*Pandas* Do przygotowania danych wykorzystano zestaw narzędzi *Pandas*, ułatwiający tworzenie struktur danych i ich analizę. [todo] *Matplotlib*

W celu wizualizacji wyników w postaci wykresów zastosowano, opartą na *Matplotlib*, bibliotekę *Seaborn* powszechnie stosowaną do rysowania estetycznej grafiki statystycznej. [todo] *Flask*

Część prezentacyjna czyli możliwość wprowadzenia danych w formularzu na stronie i weryfikacja wyniku dla wyuczonych już modeli wykorzystuje bibliotekę *Flask*. Framework *Flask* ułatwia pisanie aplikacji internetowych i jest rozwiązaniem które daje duży zakres dowolności oraz możliwości. *Flask* sam z siebie nie definiuje warstwy bazy danych czy formularzy, pozwala za to na obsługę rozszerzeń które ubogacają aplikację o wybraną funkcjonalność. [30]

[todo] *JsonPickle* Przekazywanie obiektów o bardziej skomplikowanej budowie i ich *serializacja* oraz *deserializacja* do formatu JSON wykonane są za pomocą biblioteki *jsonpickle*, a zapis modeli wykonano za pomocą *joblib* która zapewnia obsługę obiektów Pythona i jest zoptymalizowana pod kątem pracy na dużych tablicach Numpy. [28]

[todo] *JobLib*

[todo]

## Środowisko wykonania

Wykonanie programu i analizę danych testowych wykonano na maszynie o parametrach :

Procesor Intel(R) Core(TM) i5-6300U CPU @ 2.40GHz 2.50 GHz  
 Zainstalowana ęcpami RAM 8,00 GB (ędostpne: 7,82 GB)  
 Typ systemu 64-bitowy system operacyjny , procesor x64

Wersje bibliotek wykorzystanych w projekcie:

```
setuptools~=49.2.1
Flask~=2.0.1
matplotlib~=3.4.2
numpy~=1.20.3
pandas~=1.2.4
scikit-learn~=0.24.2
pytest~=6.2.5
joblib~=1.0.1
scipy~=1.6.3
seaborn~=0.11.2
jsonpickle~=2.1
```

Interpreter Python w wersji 3.9.

## Moduły projektu:

### Wstęp

- Config - zawiera statyczne zasoby oraz konfigurację logowania projektu
- Data - moduł odpowiada za wczytywanie i obróbkę danych testowych, zawiera definicje obiektów wykorzystywanych przy uczeniu oraz zapisu modelu oraz przekazywaniu wyników prezentowanych na stronie

- Management:
  - PlotGeneration - moduł odpowiedzialny za prezentację wyników w postaci wykresów porównujących algorytmy oraz odpowiedzi na zadany problem oraz przechowuje obiekty które przy wywoływaniu funkcji od strony www są jedynie formatowane i zwracane
  - Prediction - przygotowanie parametryzacji oraz implementacja treningu dla każdego z 3 algorytmów :
    - \* RF - przygotowanie, trening i zapis modelu sprecyzowany dla klasyfikatora lasów losowych
    - \* KNN - przygotowanie, trening i zapis modelu sprecyzowany dla klasyfikatora k-najbliższych sąsiadów
    - \* SVM - przygotowanie, trening i zapis modelu sprecyzowany dla maszyny wektorów nośnych
- Static - folder z grafikami, plikami stylów, skryptami javascript oraz jQuery
- Templates - folder z stronami html wykorzystującymi dyrektywy Flask

Projekt posiada dwa tryby pracy :

- tryb nauczania na podstawie danych testowych  
machine learning z wykorzystaniem 3 algorytmów (*Run\_Learning\_Proces.xml*) , musi być wykonany przynajmniej raz przed wykorzystaniem programu jako aplikacja
- tryb aplikacji web  
wykorzystanie Flask do prezentacji i wykorzystania utworzonych modeli (*Run\_Web\_Application.xml*) , strona prezentuje analizę danych oraz uczenia algorytmów , przy czym głównym zadaniem jest wykonanie predykcji na podstawie danych wpisanych do formularza.

## Trening algorytmu

### Wstęp

Głównym zadaniem trybu nauczania jest utworzenie i wytrenowanie modeli dla 3 algorytmów nauczania nienadzorowanego, w tym celu wykonywany jest preprocesing danych czyli kolejno:

### Przygotowanie danych

{ Skalowanie i normalizacja polegają na dostosowywaniu przedziału i wartości centralnej danych, aby ułatwić uczenie i interpretację wyników. Może przypominać sobie, że zbiór danych diabetes z biblioteki sklearn (podrozdział 4.1) jest wstępnie standaryzowany, co jest jedną z postaci skalowania. Uzupełnianie brakujących wartości. W rzeczywistych zbiorach danych może brakować wartości. Przyczyny to trudności z rejestrowaniem kompletnych zbiorów danych i błędy w procesie zbierania danych. Brakujące wartości mogą zostać uzupełnione na podstawie wiedzy eksperckiej, heurystyk lub technik uczenia maszynowego. Wybór cech polega na eliminowaniu cech, ponieważ są nieistotne, nadmiarowe lub nawet szkodliwe. Czasem cech jest zbyt dużo i trzeba ograniczyć ich listę. Przykładem szkodliwej cechy jest zmienna identyfikacyjna, która nie pomaga w uogólnianiu modelu. W podrozdziale 8.2 zobaczysz, że unikatowe identyfikatory mogą prowadzić do powstania drzewa decyzyjnego z unikatowymi liśćmi dla każdego przykładu treningowego. Problem polega na tym, że nowego unikatowego identyfikatora z przykładu testowego nie będzie w drzewie. No i mamy problem. Kodowanie cech polega na doborze zbioru wartości symbolicznych reprezentujących różne kategorie. Opisałem to w rozdziale 1. Informację WZwiązku można zapisać za pomocą jednej kolumny przyjmującej wartości WZwiązku i Singel. Można też użyć dwóch kolumn, WZwiązku i Singel, z których jedna ma wartość Prawda, a druga — Fałsz. Jest to jeden ze sposobów tworzenia cech. Tworzenie cech polega na tworzeniu nowych cech na podstawie innych. Na przykład na podstawie długości i szerokości płatków kwiatu można utworzyć cechę powierzchnia płatka. Wyodrębnianie cech oznacza przechodzenie od niskopoziomowych cech, które nie są przydatne w uczeniu (dają słabe wyniki testów), do bardziej wysokopoziomowych cech przydatnych w tym procesie. Wyodrębnianie cech jest przydatne, gdy używane są specjalne formaty danych (na przykład grafika lub tekst), które trzeba przekształcić na tabelowy format wiersz-kolumna z przykładami i cechami. Wyodrębnianie cech i tworzenie cech różnią się poziomem złożoności przekształceń, ale koncepcyjnie polegają na tym samym} [3]

Proces przygotowania danych zastosowany w projekcie składa się z następujących kroków:

2. Załadowanie i konkatencja dataset'u

3. Uzupełnienie pustych wartości - dla późniejszego porównania tworzone są imputery dla 4 różnych form uzupełnienia
4. Standaryzacja
5. Konwersja danych dla kategorii
6. Normalizacja z wykorzystaniem MinMaxScaler.

Standardowo przed zebraniem danych należy zastanowić się na jaki problem chcemy uzyskać odpowiedź oraz zebrać jak najliczniejszą grupę cech i danych. Następnie należy wyeliminować cech nie wpływających na odpowiedź i dopiero po dokonaniu selekcji przystąpić do przetwarzania zebranych informacji.

{ 10.3. Skalowanie cech Tu omawiam dwa sposoby zmiany skali i wartości centralnej cech bez uwzględniania relacji z innymi cechami lub wartościami docelowymi. Zmiana skali polega na przekształcaniu danych w taki sposób, aby zmienić wartości skrajne i przesunąć wartości pośrednie w spójny sposób. Zmiana wartości centralnej oznacza przekształcenie danych tak, że wartości skrajne się zmieniają, a wartości pośrednie są przesuwane w spójny sposób. Zmiana skali często skutkuje też zmianą wartości centralnej. Dwa podstawowe sposoby zmiany skali to stała zmiana skali i modyfikacja wartości według statystyk obliczonych na podstawie danych. Chwileczkę, czy Markowi coś się nie pomieszało? Wszystko w porządku. Zaraz to wyjaśnię. Oto przykład stałej zmiany skali. Jeśli przeliczasz temperaturę ze stopni Fahrenheita na stopnie Celsjusza, 220°F daje 100°C, a 32°F to 0°C. Temperatury pośrednie, na przykład 104°F równe 40°C, są przeliczane według stałej reguły. Jest to trochę bardziej konkretne wyjaśnienie, ale jaka stała wartość jest używana w tych przekształceniach? No cóż, wynika ona ze wzoru na przeliczanie temperatur:  $9 \frac{5}{9} (F - 32) = C$ . Krótkie przekształcenia pozwalają uzyskać postać  $17,7778 \frac{C}{F}$ , będącą naszym dawnym znajomym  $y = ax + b$ . Jeśli jeszcze nie zauważyłeś, przekształcanie wartości za pomocą wzoru liniowego po prostu rozciąga lub kompresuje wartości i przesuną je; a odpowiada za rozciąganie lub kompresję, a b — za przesunięcie. }

10.4. Dyskretyzacja Zetknąłeś się już z dyskretyzacją (jest to proces przekształcania ciągłego przedziału wartości na skończoną, czyli dyskretną, liczbę kubelków) w kontekście implementowania regresji segmentowej ze stałymi. Tam trzeba było wybrać wartość wyjściową (segment linii) na podstawie kubelka, do którego należy wartość wejściowa. Dyskretyzacja pojawia się też w ramach podziałów w drzewach decyzyjnych; równanie wzrost  $> 1,7$  ma wartość prawda lub fałsz. Istnieją też różne automatyczne metody dyskretyzacji danych. Niektóre z nich szukają zależności między wartościami cech, idealnych punktów podziału lub punktów podziału prowadzących do skutecznej klasyfikacji. Bardzo ważne jest, aby stosować te metody w ramach sprawdzianu krzyżowego, by zapobiec nadmiernemu dopasowaniu modelu do danych treningowych. Możesz traktować zaawansowane strategie dyskretyzacji jak samodzielne mikromodele. Wyobraź sobie, że potrafiłyby one dzielić wartości na poprawne kubelki w ramach klasyfikacji! Jednak na razie rozważam ręczne sposoby dyskretyzacji zbioru danych iris.

[3] ### Trening algorytmu

### *Podział danych*

Na szczęście sklearn zapewnia nam pewne wsparcie w tym względzie. Wykorzystamy narzędzie z biblioteki sklearn, aby uniknąć uczenia się do testu. Funkcja `train_test_split` podzieli zestaw danych znajdujący się w Pythonie pod zmienną `iris`. Pamiętaj, zestaw danych ma już dwie składowe: cechy i cel. Nasz nowy podział podzieli dane na dwa zbiory przykładów: 1. Część danych, które zostaną wykorzystane do zbadania i zbudowania zrozumienia. 2. Część danych, które wykorzystamy do sprawdzenia. Będziemy badać dane treningowe (czyli uczyć się na ich podstawie). Aby otrzymać miarodajną ocenę, do sprawdzenia wykorzystamy tylko dane testowe. Obiecujemy nie podglądać danych testowych. Zaczęliśmy od rozbicia danych na dwie części: cechy i cel. Teraz każdą z nich rozbijemy na dwie grupy: 1. Cechy  $\rightarrow$  cechy treningowe i cechy testowe. 2. Cele  $\rightarrow$  cele treningowe i cele testowe. [3] [todo dlaczego] W niniejszej pracy proponujemy procedurę walidacji krzyżowej uśredniania K-krotnego do wyboru modelu i estymacja parametrów. Ustalamy jego teoretyczną własność i pokazujemy jej obietnicę poprzez: badanie empiryczne. Ponieważ walidacja krzyżowa jest aktywnie wykorzystywana w wielu obszarach statystyki, ACV można również zastosować do szerokiego zakresu procedur modelowania. Na przykład, ACV może być łatwo stosowany z karną metodą wyboru modelu, dla której wybór interesujące są parametry kary. Zademonstrowane poprzez symulacje z wykorzystaniem LASSO, metoda ACV przewyższa metodę CV pod względem błędu średniokwadratowego i selekcji dokładność. Badamy również jego zastosowanie w wygładzaniu kwantylowym splajnów i demonstrujemy jego zdolność do zapewniania bardziej płynnego dopasowania danych niż tradycyjna metoda CV. Należy zwrócić uwagę na wielkość zestawu testowego i dobór K przy wdrażaniu ACV. Duża wartość K w połączeniu z małą wielkością próbki może powodować niewystarczające dopasowanie dane, ponieważ K-fold ACV dokonuje wyboru modelu na podstawie  $1/K$  danych. Zalecamy uwzględnienie w zestawie testowym wystarczającej liczby obserwacji. Zwróć

uwagę, że pożądany rozmiar zestaw testowy zależy również od złożoności bazowego prawdziwego modelu. [31]

Następnie wykonywany jest podział na dane treningowe i testowe z wykorzystaniem zdefiniowanej w bibliotece sklearn predefiniowanej metody. Tak spreparowany zestaw danych poddawany jest treningowi modelu kolejno dla każdego z algorytmów. Do dostrojenia parametrów oraz znalezienia najlepszego modelu wykorzystywany jest:

GridSearchCV

{ GridSearchCV jest alternatywą dla naiwnej metody, którą opisałem powyżej. Zamiast ręcznie modyfikować parametry i kilkakrotnie ponownie uruchamiać algorytm, możesz wyświetlić listę wszystkich wartości parametrów, które algorytm powinien wypróbować i przekazać do GridSearchCV.

GridSearchCV wypróbuje wszystkie kombinacje tych parametrów, oceni wyniki za pomocą weryfikacji krzyżowej i podanej przez Ciebie metryki punktacji. W końcu wypływa najlepsze parametry dla twojego zestawu danych.

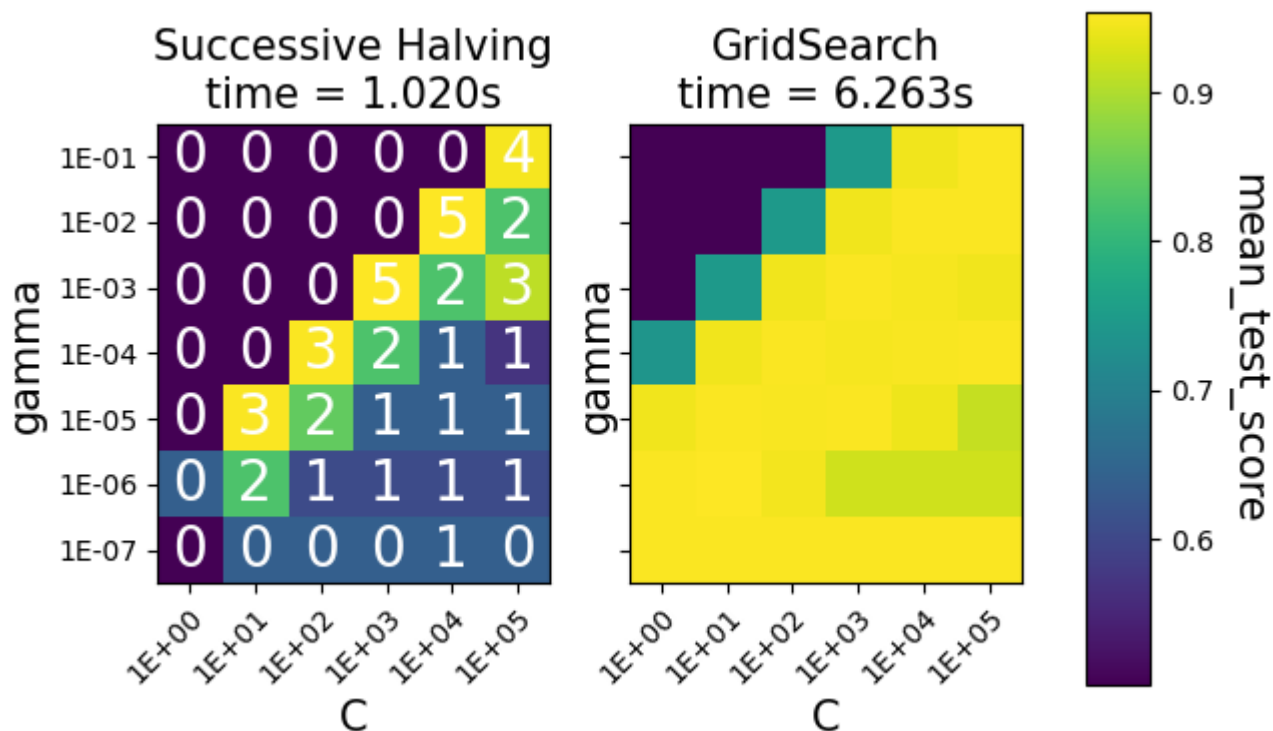
GridSearchCV może być używany z dowolnym algorytmem uczenia nadzorowanego uczenia maszynowego, który znajduje się w bibliotece nauki sci-kit. Będzie działać zarówno w przypadku regresji, jak i klasyfikacji, jeśli podasz odpowiednią metrykę. } ypowe modele, dla których wywołujemy funkcję fit, są w pełni zdefiniowane. Wybieramy model oraz jego hiperparametry, aby był konkretny. Co więc, do diabła, dzieje się po wywołaniu funkcji fit dla megamodułu z klasy GridSearchCV? Po wywołaniu funkcji fit dla modelu LinearRegression otrzymujemy zestaw wartości wag wewnętrznych parametrów. Są to preferowane, optymalne wartości dla treningowego zbioru danych. Po wywołaniu GridSearchCV z hiperparametrem n\_neighbors dla algorytmu k-NN otrzymujemy wartość tego hiperparametru, która jest preferowanym jego ustawieniem dla danych treningowych. Te dwa podejścia robią to samo na różnych poziomach. Na rysunku 11.3 przedstawione jest graficzne ujęcie przeszukiwania siatki dla dwóch hiperparametrów z pokazanymi danymi wyjściowymi tej techniki: dopasowanym modelem ze skutecznymi hiperparametrami. Widoczny jest tu też sprawdzian krzyżowy będący wewnętrznym komponentem przeszukiwania siatki. Sprawdzian krzyżowy dla jednego hiperparametru pozwala ocenić połączenie tego hiperparametru i modelu. Następnie kilka takich ocen jest porównywanych, aby wybrać preferowany hiperparametr [3]

W projekcie dla każdego algorytmu zapróbkowano większość dostępnych dla danego modelu klasyfikacji hiperparametrów przekazywane w param\_grid. Wykorzystane parametry wykonania GridSearchCv [29]:

- estimator: implementacja interfejsu obiekt estymatora scikit-learn,
- param\_grid: słownik parametrów które są potem testowane w dowolnej sekwencji ustawień,
- refit: dopasowanie best\_estimator\_, best\_index\_, best\_score\_ i best\_params\_ dla najlepszej sekwencji ustawień parametrów
- cv: parametr k dla KFold walidacji krzyżowej,
- verbose: obszerność logowanych informacji

*HalvingGridSearchCV*

Sciikit-learn udostępnia również inne implmentacj zastosowania walidacy krzyżowej np.: *HalvingGridSearchCV* lub *HalvingRandomSearchCV*. HalvingGridSearchCV polega na zmniejszaniu o połowę (z ang. *half*) zbioru parametrów po każdej iteracji algorytmu krzyżowego. Ta strategia wyszukiwania sukcesywnie zmniejsza ilość wymaganych iteracji dla danego zestawienia przez co wykonania jest szybsze niż w przypadku zwykłego GridSearchCv. Na poniższym wykresie przedstawiającym średni wynik dla algorytmu SVC widać że czas wykonania zmniejszył się ponad 6 krotnie w stosunku do GridSearch.



[29]

{ width=30% }

Umieszczone oznaczenia od 0 do 5 informują o tym w której iteracji kombinacja parametów została oznaczona jako najlepsze zestawienie. Implementacja ta nie została wykorzystana ze względu na nadal pozycjonowanie jej jako eksperymentalnej.

Estymatory to implementacja z sklearn która powstała w oparciu o dokumentację sklearn oraz dostępną dla nich parametryzację. Zestawienie najlepszych osiągniętych estymatorów przedstawia się następująco:

*KNeighborsClassifier* [29] :

- `n_neighbors`: 8 - liczba sąsiadów z których wnioskowany jest jednostkowy rezultat
- `weights`: distance - wagi na podstawie których wyliczana jest predykcja, można zastosować wagę 1:1 lub nałożyć wagi zgodnie z dystansem.
- `algorithm`: auto - algorytm zastosowany do znalezienia najbliższych sąsiadów, w projekcie wykorzystano : brute-force oraz auto
- `leaf_size`: 1 - rozmiar liścia dla algorytmów BallTree or KDTree
- `p`: 1 - wykorzystanie miar odległości dla manhattan
- `metric`: canberra - metryka odległości

*RandomForestClassifier* [29] :

- `criterion`: [todo] - funkcja pomiaru dokładności rozgałęzienia
- `min_samples_leaf`: [todo] - minimalna liczba próbek wymagana na liściu.
- `min_weight_fraction_leaf`: [todo] - minimalny ułamek sumy wag wymagany na liściu
- `min_impurity_decrease`: [todo] - większe lub równe zmniejszenie zanieczyszczenia powoduje podział danego węzła

Zmniejszenie zanieczyszczenia liczone jest zgodnie z wzorem:

$$N_t / N * ( \text{impurity} - N_{t\_R} / N_t * \text{right\_impurity} - N_{t\_L} / N_t * \text{left\_impurity} )$$

gdzie  $N$  to całkowita liczba próbek,  $N_t$  to liczba próbek w bieżącym węźle,  $N_{t\_L}$  to liczba próbek w lewym liściu, a  $N_{t\_R}$  to liczba próbek w prawym liściu.

- `max_features`: [todo] - liczba funkcji najlepszego podziału

- `random_state`: [todo] - wykorzystywany przy próbkowaniu cech przy poszukiwaniu najlepszego podziału w węźle
- `cpp_alpha`: [todo] - zastosowanie to przycinanie drzewa o największej złożoności mniejszej niż `cpp_alpha`

*SVC* [29] :

- `C`: [todo]float, default=1.0 Regularization parameter. The strength of the regularization is inversely proportional to C. Must be strictly positive. The penalty is a squared l2 penalty.
- `kernel`: [todo]- jądro wykorzystane w algorytmie
- `degree`: [todo] - stopień dla funkcji jądra *poly*
- `gamma`: [todo] - współczynnik jądra dla wartości *scale* parametr jądra ustawiany jest na wartość:

$$1 / (n * X.var())$$

dla wartości `auto` jest to :

$$1 / n$$

gdzie `n` to liczba cech.

- `coef0`: [todo] - niezależny parametr funkcji jądra , wykorzystywany tylko przy jądrach *poly* i *sigmoid*.
- `shrinking`: [todo] - heurystyka kurcząca
- `cache_size`: [todo] - cache jądra (w MB).

*SVC* używa jednego podstawowego parametru, `C`, do kontrolowania kompromisu między obciążeniem a wariancją. Bezpośrednia interpretacja tego parametru jest trudna. Klasa *NuSVC* wykonuje to samo zadanie co *SVC*, ale za pomocą innych obliczeń. Zwracam na to uwagę, ponieważ podstawowy parametr klasy *NuSVC*, (`nu`, ang. `nu`), ma proste znaczenie: przynajmniej procent danych jest zachowywanych jako wektory nośne. Ma to wpływ na błędy, przy czym są one określonego rodzaju — są to błędy marginesu. Błędy marginesu to punkty, które albo (1) znajdują się po złej stronie separatora (jest to błąd klasyfikacji), albo (2) znajdują się po właściwej stronie (zostały poprawnie sklasyfikowane), ale na marginesie. Inne znaczenie parametru jest takie, że dla danych treningowych akceptowany jest maksymalnie procent błędów marginesu. W określonych warunkach procent błędów marginesu rośnie do , a procent danych w wektorach nośnych spada do . Wartości znajdują się w przedziale  $[0, 1]$  i są interpretowane jako wartość procentowa od 0% do 100%. Choć klasa *SVC* jest trudniejsza do interpretacji, ma lepszą charakterystykę działania niż *NuSVC*. Parametry klasyfikatorów *SVC* są nieco magiczne. Są jak tajniki znane tylko alchemikom. Aby zrozumieć ich znaczenie, trzeba zagłębić się w zaawansowaną matematykę. Można jednak analizować skutki używania tych parametrów na niewielkich przykładach (napisałem „niewielkich”, a nie „prostych”). Zobacz, jak zmiany wartości parametrów `C` i wpływają na granice między klasami.

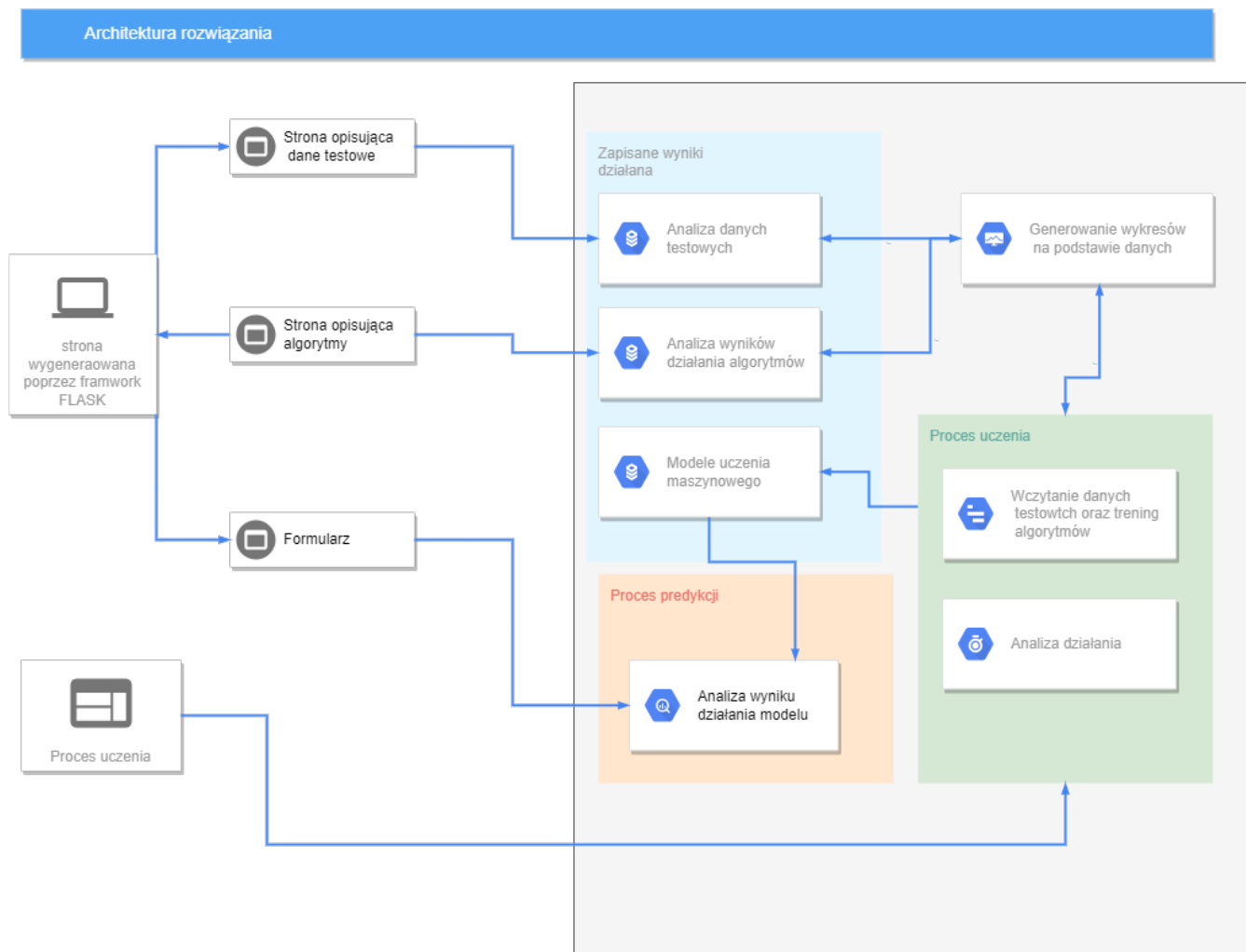
Z tego przykładu należy zapamiętać dwie rzeczy: 1. Zwiększanie i zmniejszanie `C` dają mniej więcej ten sam efekt. Jednak skale dla obu tych parametrów są wyraźnie różne. `C` zmienia się o rzędy wielkości, natomiast `gamma` zmienia się liniowo w krokach o wielkości  $1/10$ . 2. Duże i małe `C` mogą prowadzić do klasyfikatora *SVC*, który w pewnym zakresie ignoruje błędy klasyfikacji[3]

Po odnalezieniu najlepszego estymatora model jest zapisywany oraz generowane są wykresy dla trybu aplikacji webowej:

- wykresy modeli datasetu wejściowego i rozłożenia cech
- wykresy prezentujące zestawienia danych zebranych na temat algorytmu podczas wykonywania treningu.

## Opis działania aplikacji webowej

Poniżej przedstawiono architekturę działania:

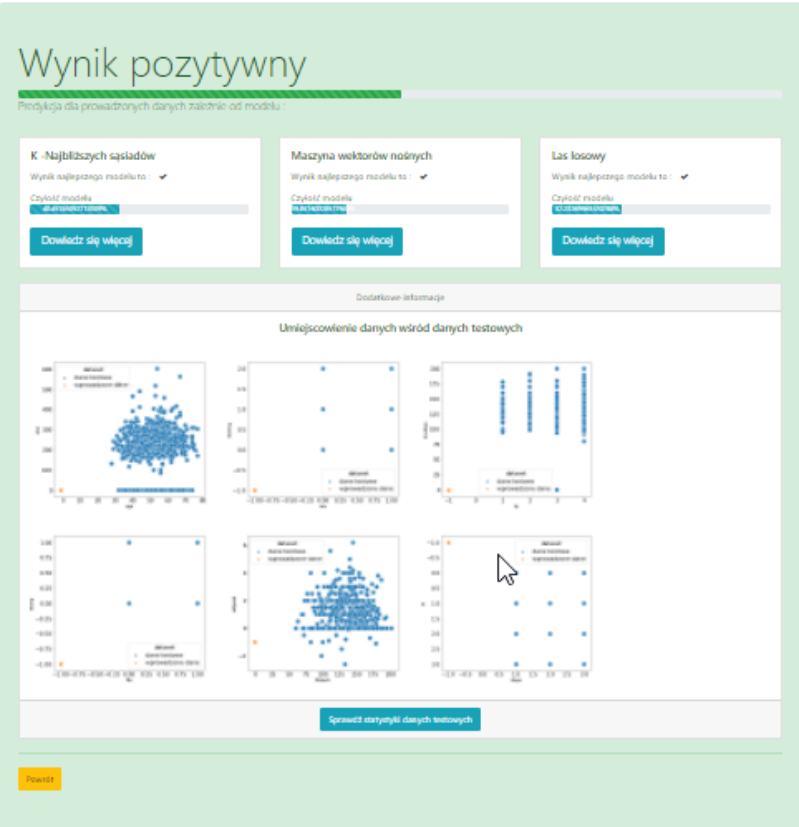


Aplikacja posiada 4 widoki :

- widok główny strony
- widok prezentacji danych wejściowych
- widok omówienia treningu algorytmów
- widok formularza pozwalającego na wykonanie predykcji na wyuczonych modelach na podstawie własnych danych wejściowych

Zatwierdzenie formularza wyzwała odczytanie zapisanych modeli , iteracje i wykonanie predykcji na każdym z nich , następnie prezentowane są wyniki dla najlepszych estymatorów oraz wykresy wskazujące na umiejscowienie nowych danych na tle zbior testowego.





Porównanie działania modeli

Wstęp

Chodzi o to, że domyślna metoda oceny k-NN to średnia dokładność. Dokładność ma pewne fundamentalne ograniczenia i niebawem przejdziemy do tematu precision, recall, 4c2836bbe011706b10838f45bf5d766f 6.2. Więcej niż dokładność — wskaźniki dla klasyfikacji 187 roc\_auc i f1 z rozległej listy powyżej. Po co omawiać te wskaźniki i co jest nie tak z dokładnością? Czy nie jest dokładna? Cieszę się, że pytasz. Przejdźmy od razu do odpowiedzi na Twoje pytania. Oto szybki przykład tego, jaki jest problem z dokładnością. Pamiętaj: dokładność polega w zasadzie na zliczeniu, ile razy odpowiedź jest poprawna. Wyobraźmy sobie zestaw danych, wśród których mamy 100 pacjentów i rzadką chorobę. Cieszymy się, że choroba jest rzadka, niemniej jest bardzo niebezpieczna. W naszym zestawie danych mamy 98 zdrowych pacjentów i 2 chore osoby. Weźmy prostą strategię bazową przepowiadającą, że wszyscy są zdrowi. Nasza dokładność wynosi 98%. To świetnie, prawda? Cóż, nie do końca. Znaleźliśmy dokładnie zero spośród ludzi, których mieliśmy znaleźć — tych, którzy wymagają leczenia. To poważny problem. Gdybyśmy mieli bardziej złożony system uczący się, który w taki sposób nie trafia z wynikami, byłibyśmy bardzo z niego niezadowoleni. W tym podrozdziale zamieszczone zostały wyniki oraz wykresy wygenerowane podczas treningu i weryfikacji danych testowych.

Dokładność w %								
Parametryzacja		parametry domyślne			wyznaczanie parametrów			
Algorytm / Imputer	średnia	mediana	stała	naj. wartość	średnia	medianastała	naj. wartość	
Losowe lasy decyzyjne	100	100	100	100	100	100	100	100
Maszyna wektorów nośnych	100	100	100	100	100	100	100	100

Dokładność w %									
K-najbliższych sąsiadów	100	100	100	100	100	100	100	100	100

Możemy zadawać pytania i uzyskiwać odpowiedzi za pomocą macierzy błędów. Na przykład, jeżeli jesteśmy lekarzami, interesuje nas, jak dobrze jesteśmy w stanie identyfikować ludzi, którzy rzeczywiście są chorzy. Skoro zdefiniowaliśmy chorobę jako nasz wynik pozytywny, są to nasze osoby z pierwszego rzędu. Pytamy, jak dobrze nam poszło dla RzeczP: ile spośród rzeczywiście chorych osób wykryliśmy poprawnie:  $RzeczP \ TP \ TP \ FN \ TP$ . Określamy to terminem czułość. Można to określić następująco: „Jak dobrze test jest dopasowany do znajdowania chorych ludzi” — nacisk kładziony jest na chorych ludzi. Jest to też nazywane skutecznością wyszukiwania przez ludzi zawodowo zajmujących się wyszukiwaniem informacji. Różne społeczności wymyśliły tę koncepcję niezależnie, dlatego nadały jej inne nazwy. Aby zrozumieć skuteczność wyszukiwania, pomyśl o ruchu wyszukiwarki internetowej. Spośród interesującego nas ruchu, RzeczP, ile zapytań odnaleźliśmy lub wyszukaliśmy poprawnie? Jeszcze raz dla czułości i skuteczności wyszukiwania interesuje nas poprawność w przypadku rzeczywistych pozytywnych lub interesujących nas przykładów. Czułość ma jeszcze jeden powszechnie używany synonim: współczynnik poprawnie pozytywnych (TPR — ang. true positive rate). Nie szukaj ołówka, aby to zapisać; za moment przedstawię Ci tabelę terminów. TPR jest współczynnikiem przypadków poprawnie pozytywnych w odniesieniu do rzeczywistości. Jest jeszcze kwestia związana z chorymi osobami, które odnaleźliśmy poprawnie: chore osoby, które oceniliśmy błędnie. Taki błąd nazywany jest błędem negatywnym (ang. false negative — FN). Zgodnie ze wzorem chorzy ludzie, w przypadku których się pomyliliśmy, to  $TP \ FN \ FN$ . Możemy dodać chorych ludzi, których oceniliśmy poprawnie, i chorych ludzi, których nie odnaleźliśmy, aby uzyskać liczbę wszystkich chorych ludzi. Matematycznie wygląda to tak:  $\frac{1}{100\%}$

$TP \ FN \ TP \ FN \ TP \ FN \ FN \ TP \ FN \ TP$ . Te równania mówią, że mogę rozbić wszystkich chorych ludzi na (1) chorych, o których myślę, że są chorzy, i (2) chorych, o których myślę, że są zdrowi. Możemy również zapytać: „Jak dobrze idzie nam ze zdrowymi ludźmi?”. Nasza uwaga przenosi się teraz do drugiego rzędu RzeczN. Jeżeli jesteśmy lekarzami, chcemy wiedzieć, jaka jest wartość naszego testu, kiedy ludzie są zdrowi. O ile ryzyko jest inne, wciąż występuje ryzyko błędnej diagnozy zdrowej osoby. My — bawiący się przez chwilę w lekarzy — nie chcemy mówić ludziom, że są chorzy, kiedy są zdrowi. Nie tylko straszymy ich i dajemy powód do zmartwienia, ale możemy przepisać im zabiegi i lekarstwa, których nie potrzebują! Taki przypadek nazywany jest błędem pozytywnym (ang. false positive — FP). Możemy go ocenić, patrząc na to, jak dobrze poszło nam ze zdrowymi osobami:  $RzeczN \ TN \ FP \ TN \ TN$ . Terminem diagnostycznym jest tutaj specyficzność testu: czy test zgłasza alert tylko w specyficznych `4c2836bbe011706b10838f45bf5d766f` 190 Rozdział 6. Ocena klasyfikatorów przypadkach, o które nam chodzi. Specyficzność jest także nazywana współczynnikiem poprawnie negatywnych (ang. true negative rate — TNR). W istocie jest to częstotliwość występowania przypadków prawdziwie negatywnych w odniesieniu do rzeczywistości. Ostatnia kombinacja macierzy błędów bierze predykcje jako część główną, a rzeczywistość jako drugorzędną. Ja widzę to jako odpowiedź na pytanie: „Jaka jest wartość naszego testu, kiedy wynik jest pozytywny?” lub bardziej zwięźle: „Jaka jest wartość trafienia?”. Cóż, trafienia to PredP. W ramach PredP obliczymy liczbę poprawnych: TP. Wtedy otrzymamy  $TP \ FP \ TP \ PredP \ TP$ , nazywane dokładnością. Spróbuj dziesięć razy szybko powiedzieć: „Jak dokładne są nasze predykcje pozytywne?”. Rysunek 6.1 przedstawia macierz błędów wraz ze wskaźnikami jej oceny. Rysunek 6.1. Macierz błędów poprawnych i niepoprawnych predykcji Jeszcze jeden komentarz odnośnie do macierzy błędów. Podczas czytania o niej możesz zauważyć, że niektórzy autorzy zamieniają osie: ustawiają rzeczywistość w kolumnach, a predykcje w wierszach. Wtedy TP i TN będą tymi samymi komórkami, ale FP i FN będą zamienione. Nieświadomy czytelnik może być bardzo, bardzo skonsternowany. Uznaj się za ostrzeżonego i bądź uważny, czytając inne omówienia macierzy błędów.[3]

## Zestawienie efektywności działania algorytmów

Konfrontacja technik ucznia maszynowego zależnie od zestawu danych będzie dawała odmienne wyniki ze względu na ich predyspozycje do zajmowania się odpowiednimi zbiorami danych.

*Potencjał algorytmów dla niewielkiego kompletu danych zawierającego wartości*

Zczynając od drzew decyzyjnych, można od razu stwierdzić ich niski potencjał. Istnieje zbyt duże prawdopodobieństwo dopasowania się do modelu treningowego, gdyż wspomniany zbiór danych wejściowych nie jest wystarczająco liczny. Dlatego w pracy omówione zostały lasy decyzyjne.

Większej dokładności można się spodziewać po metodzie wektorów nośnych, ale jego złożoność czasowa oraz pamięciowa mogą zaniżyć jego ogólną klasyfikację.

K-najbliższego sąsiada może być przydatny w przypadku danych nieliniowych oraz łatwo wykorzystany w problemach regresji. Wartość wyjściowa obiektu jest obliczana przez średnią k wartości najbliższych sąsiadów. Niestety tak samo jak w przypadku maszyny wektorów nośnych jest wolniejsza i bardziej kosztowna pod względem czasu i pamięci. Wymaga dużej pamięci do przechowywania całego zestawu danych treningowych do przewidywania oraz nie nadaje się również do dużych danych wymiarowych.

### Wskaźniki wydajności

Określenie stopnia, w jakim skonstruowany model z powodzeniem realizuje wyznaczone zadanie należy do wskaźnika wydajności. Przykładem nieprawidłowego wyboru może być próba przewidzenia wystąpienia rzadkiej choroby u pacjenta i określenie głównym miernikiem *dokładność*. W takim scenariuszu klasyfikacja wszystkich pacjentów jako zdrowych, daje niewiele odbiegającą od perfekcji dokładność, a jednocześnie błędnie osądzać każde wystąpienie choroby.

### Losowe lasy decyzyjne

##todo liczenie błędów macieź pomyslek

### Losowe lasy decyzyjne

###OCENA PODELI ORAZ UŻYTYCH PARAMETRÓW -OCENA SZYBKOŚCI WYKONANIA -OCENA ZALEŻNIE OD UZUPELNIANIA DANYCH -OCENA ZALEŻNIE OD DOBRANEJ PARAMERYZACJI : - które parametry mają i wpływ i dlaczego: - ZALEŻNIE OD METRYKI(SHORT OPIS METRYK)

### Maszyna wektorów nośnych

###OCENA PODELI ORAZ UŻYTYCH PARAMETRÓW -OCENA SZYBKOŚCI WYKONANIA -OCENA ZALEŻNIE OD UZUPELNIANIA DANYCH -OCENA ZALEŻNIE OD DOBRANEJ PARAMERYZACJI : - które parametry mają i wpływ i dlaczego: - ZALEŻNIE OD METRYKI(SHORT OPIS METRYK)

### K-najbliższych sąsiadów

###OCENA PODELI ORAZ UŻYTYCH PARAMETRÓW -OCENA SZYBKOŚCI WYKONANIA -OCENA ZALEŻNIE OD UZUPELNIANIA DANYCH -OCENA ZALEŻNIE OD DOBRANEJ PARAMERYZACJI : - które parametry mają i wpływ i dlaczego: - ZALEŻNIE OD METRYKI(SHORT OPIS METRYK)

*Porównanie całościowe algorytmów : złożoność czasowa , dokładność , złożoność implementacyjna , wpływ danych wykorzystywanych w modelu*

Wybrane najlepsze modele klasyfikacji:

[CV 5/15] END C=0.1, cache\_size=200, coef0=0.0, degree=1, gamma=scale, kernel=linear, shrinking=False, score=0.982 total time= 0.0s [CV 4/15] END C=0.1, cache\_size=200, coef0=0.0, degree=1, gamma=scale, kernel=poly, shrinking=True, score=0.982 total time= 0.0s [CV 4/15] END C=0.1, cache\_size=200, coef0=0.0, degree=1, gamma=scale, kernel=poly, shrinking=False, score=0.982 total time= 0.0s [CV 4/15] END C=10, cache\_size=500, coef0=0.3, degree=5, gamma=scale, kernel=linear, shrinking=True, score=0.982 total time= 0.0s [CV 4/15] END C=10, cache\_size=200, coef0=0.3, degree=5, gamma=auto, kernel=rbf, shrinking=True, score=0.982 total time= 0.0s

Wybrane najgorsze modele klasyfikacji :

[CV 10/15] END C=100, cache\_size=200, coef0=0.3, degree=5, gamma=scale, kernel=poly, shrinking=True, score=0.800 total time= 0.0s [CV 10/15] END C=100, cache\_size=500, coef0=0.3, degree=5, gamma=scale, kernel=poly, shrinking=False, score=0.800 total time= 0.0s [CV 10/15] END C=100, cache\_size=200, coef0=0.3, degree=5, gamma=scale, kernel=poly, shrinking=False, score=0.800 total time= 0.0s

Najlepsze modele i wartości dla regresji :

Najgorsze modele i wartości dla regresji :

## Maszyna wektorów nośnych

### K-najbliższych sąsiadów

#### OCENA PODELI ORAZ UŻYTYCH PARAMETRÓW

problem multiklasyfikacji - problem regresji katerycznej - zwykła regresja , mierzyć będe metoda prównania - tzrea było wprowadzić reguły do float na int -> inne metody do liczenia błędów na dzień dobry widzimy nie dokładność ze względu na klasyfikację po przecinku regresja kateryczna -> rzutowanie przedziału wartości na wartość graniczną

This question is a little wrong-worded. You cannot get worse after optimization, otherwise it wouldn't be optimization! (At worst you are at the same performance like before, getting the exact same parameters you already had)

As Grzegorz points out in a comment, first of all your parameter list isn't complete and doesn't contain the values you use later. For example the learning rate, but also max\_depth. Secondly, a grid search where you don't really know where to look should contain a much larger variance for the parameters. You check [0.1, 0.01, 0.05] for the learning rate, but did you check [0.0001, 0.001, 1.]? The learning rate might be a bad example here but I hope it gets the point across, you might want to check magnitude/scale first, e.g. powers of ten, before checking small variations.

Depending on your dataset, the difference between runs with the same values might also come from different seeds! Check that you either always set the same seed, or try it enough times with different seeds to get a comparable answer (for example with KFold).

Is your model even converging for every training? Where do you make sure that you train long enough? You can plot the loss for the training and test sample and check if it's converging or not. This can be controlled with n\_estimators in xgboost I believe.

There is nothing wrong in your code or process. Often times in machine learning performance on the test dataset is lower than than performance on the training data set. Your model is not generalizing perfectly to the data it has not seen before (i.e., the test dataset).

-2

When you do hyper-parameter tuning, you improve the regularization of the model. Before you did optimization, you could be overfitting. After optimization you regularized your model and now it performs just right.

enter image description here

Then your model score will be worse after optimization on training set. Your model score will also be bad for test set if your model heavily relies on one feature for classification.

You can use learning curve to see how the curve changes when you use optimization vs when you don't. And you can use df.corr() to see the correlation matrix for the correlation between feature values and target values. +++++ Spis ilustracji{.unnumbered} ===== [^schemat\_wzorowany]:Na podstawie materiałów opublikowanych na <https://www.datacamp.com>

# Spis tabel

# Bibliografia

- [1] A. L. Fradkov, “Early history of machine learning,” *IFAC-PapersOnLine*, vol. 53, no. 2, pp. 1385–1390, 2020, doi: <https://doi.org/10.1016/j.ifacol.2020.12.1888>.
- [2] 2. Jesper E. van Engelen<sup>1</sup> · Holger H. Hoos<sup>1</sup>, *A survey on semi-supervised learning*.
- [3] M. E. FENNER, *Machine learning with python for everyone*.
- [4] W. Modrzejewski and W. J. Musiał, “Stare i nowe i czynniki ryzyka sercowo-naczyniowego - jak zahamować epidemię miażdżycy? Część i. Klasyczne czynniki ryzyka,” *Forum Zaburzeń Metabolicznych*, vol. 1(2), pp. 106–114, 2010.
- [5] “Międzynarodowa sieć firm audytorsko-doradczych ze szczególnym uwzględnieniem branży dóbr konsumpcyjnych, usług finansowych, nieruchomości i budownictwa, technologii informacyjnych, mediów i komunikacji (TMT), transportowej (TSL), produkcji przemysłowej, a także sektora publicznego.”
- [6] K. Karol, *Uczenie maszynowe w opiece zdrowotnej*. Roczniki Kolegium Analiz Ekonomicznych/Szkoła Główna Handlowa 56, 2019, pp. 305–316.
- [7] V. Nasteski, “An overview of the supervised machine learning methods.”
- [8] J. Grus, *Data science from scratch: first principles with python*. pp. r11 pp140.
- [9] T. Łysiak, *The use of machine learning methods in predicting stock prices on the stock exchange*.
- [10] J. Laska, “An overview of machine learning methods used in sentiment analysis.”
- [11] H. van Engelen J. E., “A survey on semi-supervised learning,” *Technologie informatyczne w administracji publicznej i służbie zdrowia*, pp. 373–440, 2020.
- [12] G. J. G. Pedregosa F.; Varoquaux, *Scikit-learn: Machine learning in Python*. Scikit-learn: Machine learning in python. 2011, pp. 2825–2830.
- [13] \*J. P. M. and J. S. Bojanowski, “Comparison of the novel probabilistic self-optimizing vectorized earth observation retrieval classifier with common machine learning algorithms.”
- [14] D. Dua and C. Graff, “UCI machine learning repository [<http://archive.ics.uci.edu/ml>],” *Machine Learning Technical Reports*, vol. 1(1), pp. 1–6, 2019.
- [15] dr n. med. Robert Detrano,.
- [16] M. Andras Janosi,.
- [17] W. S. M. M. P. MD,.
- [18] R. H. F. Peshawa J. Muhammad Ali, “Data normalization and standardization: A technical report,” *Machine Learning Technical Reports*, vol. 1(1), pp. 1–6, 2014.
- [19] D. Kumar, “Introduction to data preprocessing in machine learning beginners guide for data preprocessing.”
- [20] A. G. D. Anguita L. Ghelardoni, “The ‘k’ in k-fold cross validation,” *Journal of Machine Learning Research*.

- [21] G. Bonaccorso, *Mastering machine learning algorithms: Expert techniques to implement popular machine learning algorithms and fine-tune your models*.
- [22] K. Matthew, *Thoughtful machine learning with python a test-driven approach*. pp. r.1 pp8.
- [23] T. D. Breiman L., *Random forests, machine learning*. StatSoft Polska Sp. z o. o, 2001.
- [24] S. HUANG, N. CAI, P. P. PACHECO, S. NARRANDES, Y. WANG, and W. XU, “Applications of support vector machine (SVM) learning in cancer genomics,” *Cancer Genomics & Proteomics*, vol. 15, no. 1, pp. 41–51, 2018, Available: <https://cgp.iiarjournals.org/content/15/1/41>
- [25] A. Pielowska, “Maszyna wektorów nośnych.”
- [26] H. S. R. Sudip Karki, “Comparison of a\*, euclidean and manhattan distance using influence map in ms. Pac-man,” *Journal of Machine Learning Research*, vol. 12, pp. 2825–2830, 2011.
- [27] C. B. Binbin Lua Martin Charltonb and P. Harrisc, “The minkowski approach for choosing the distance metric in geographically weighted regression.”
- [28] V. S. W. Samrudhi Rajendra Kaware, *Podejście porównawcze do algorytmów uczenia się maszynowego*. Reading, Massachusetts: Addison-Wesley, 1993.
- [29] F. Pedregosa *et al.*, “Scikit-learn: Machine learning in Python,” *Journal of Machine Learning Research*, vol. 12, pp. 2825–2830, 2011.
- [30] M. Grinberg, *Flask web development: Developing web applications with python*. ” O’Reilly Media, Inc.”, 2018.
- [31] H. J. Jung Yoonsuh, “A k-fold averaging cross-validation procedure,” *Journal of nonparametric statistics*, vol. 27, 2015.