## POLITECHNIKA WROCŁAWSKA Wydział Informatyki i Telekomunikacji



# Sieci neuronowe

Raport éw. 1-4

## AUTOR

Szymon Sawczuk

nr albumu: **260287** 

kierunek: Informatyka Stosowana

# Spis treści

1	Ćwi	czenie 1 - Analiza danych	2
	1.1	Biblioteki użyte w tym ćwiczeniu	2
	1.2	Eksploracja danych	
	1.3	Przygotowanie macierzy cech liczbowych	6
	1.4	Wnioski	
<b>2</b>	Ćwi	czenie 2 - Model sieci neuronowej wykorzystującej regresję logistyczną	9
	2.1	Implementacja modelu	Ö
	2.2	Test modelu na bazie danych z ćwiczenia 1	11
	2.3	Podsumowanie wyników	12
3	Ćwi	czenie 3 - Model wielowarstwowy z propagacją wsteczną	13
	3.1	Implementacja modelu	13
	3.2	Badanie modelu na zbiorze heart disease	
	3.3	Podsumowanie wyników	21
Li	terat	ura	21

### 1 Ćwiczenie 1 - Analiza danych

Celem ćwiczenia było zapoznanie (bądź przypomnienie) się z bibliotekami i narzędziami, które wykorzystywane są do uczenia maszynowego, eksploracji danych oraz ewaluacji sieci neuronowych, a także analiza zbioru danych wykorzystywanych do tego i dalszych ćwiczeń. (*Heart Disease Dataset*, 1988)

### 1.1 Biblioteki użyte w tym ćwiczeniu

W tym ćwiczeniu wykorzystałem 3 biblioteki dostępne dla języka python:

- pandas biblioteka pozwalająca na łatwe tworzenie zbiorów danych oraz ich eksploracje i modyfikacje
- matplotlib do tworzenia wykresów danych
- seaborn dla zaawansowanych wizualizacji danych np. mapy ciepła

Zapoznałem się także z bibliotekami, które będą potrzebne do kolejnych ćwiczeń: numpy (biblioteka do operacji na wielowymiarowych tabelach/macierzach), Scikit-learn (dająca implementacje algorytmów do preprocessing'u oraz algorytmów uczenia maszynowego).

### 1.2 Eksploracja danych

Po załadowaniu danych poprzez prosty skrypt podany na stronie zbioru danych (*Heart Disease Dataset*, 1988), uzyskałem 14 kolumn w zbiorze danych:

- age (liczbowa) wiek osoby (lata)
- sex (kategoryczna) płeć osoby (0 kobieta, 1 mężczyzna)
- cp (kategoryczna) typ bólu klatki piersiowej (wartości 1-4)
- trestbps (liczbowa) ciśnienie krwi w spoczynku (mmHg)
- chol (liczbowa) poziom cholesterolu w surowicy (mg/dl)
- fbs (kategoryczna) poziom cukru we krwi na czczo (0 nie, 1 tak)
- restecg (kategoryczna) wynik elektrokardiografii w spoczynku (0 normalny, 1 ST-T anormalność, 2 hipertrofia)
- thalach (liczbowa) maksymalne tętno osiągnięte podczas testu wysiłkowego
- exang (kategoryczna) dławica wysiłkowa (0 nie, 1 tak)
- oldpeak (liczbowa) depresja odcinka ST wywołana przez ćwiczenia w stosunku do odpoczynku
- slope (kategoryczna) nachylenie odcinka ST podczas ćwiczeń (0 wnoszące, 1 płaskie, 2 opadające)
- ca (liczbowa) liczba głównych naczyń (0-3), podczas badania fluoroskopowego
- thal (kategoryczna) rodzaj defektu (3 normalny, 6 uleczony defekt, 7 odwracalny defekt)
- num obecność choroby serca (0 brak, 1,2,3,4 obecność (czym większa wartość tym poważniejsza choroba))

Dane składają się z 303 próbek oraz 13 cech, kolumna num określa nam obecność choroby serca, albo jej brak.

he	art_d	ata.s	ampl	e(10) 🖣										
√ (	0.0s													
	age	sex	ср	trestbps	chol	fbs	restecg	thalach	exang	oldpeak	slope	са	thal	num
261	58			136	319			152		0.0		2.0	3.0	
169	45				160			138		0.0		0.0	3.0	
40	65			150	225			114		1.0		3.0	7.0	
241				126	306			163		0.0		0.0	3.0	
	56			130	256			142		0.6		1.0	6.0	
259				124	261			141		0.3		0.0	7.0	
201	64			180	325			154		0.0		0.0	3.0	
246	58			100	234			156		0.1		1.0	7.0	
99	48			122	222			186		0.0		0.0	3.0	
255	42			120	209			173		0.0		0.0	3.0	

Rysunek 1: 10 losowych przykładowych danych po wczytaniu

Pierwszą rzeczą jaką zbadałem było zbalansowanie danych względem liczby próbek w klasie.

```
heart_data["num"].value_counts()

v 0.0s

num

164

1 55

2 36

3 35

4 13

Name: count, dtype: int64
```

Rysunek 2: Liczba próbek w klasach zbioru

Wyniki wskazują na brak zbalansowania danych pod względem liczby próbek na klasy. 164 próbki (około 54%) są próbkami zdrowych pacjentów (bez wykazanych problemów z sercem). Natomiast osób z zdiagnozowanymi najpoważniejszymi chorobami serca (klasa 4) jest tylko 4%. Rozwiązanie tego problemu wytłumaczone zostanie w następnym podrozdziale.

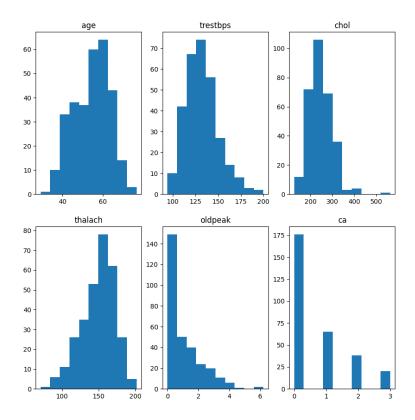
Następnym elementem badanym były wartości średnie oraz odchylenia standardowe cech liczbowych zbioru.

```
heart_data[num_features].mean()
                                                   heart_data[num_features].std()
    0.0s
                                                    0.0s
              54.438944
age
                                                             9.038662
                                               age
             131.689769
trestbps
                                               trestbps
                                                            17.599748
             246.693069
chol
                                               chol
                                                            51.776918
thalach
             149.607261
                                               thalach
                                                            22.875003
               1.039604
oldpeak
                                               oldpeak
                                                             1.161075
               0.672241
                                                             0.937438
dtype: float64
                                               dtype: float64
```

Rysunek 3: Wartości średnie oraz odchylenia standardowe cech liczbowych

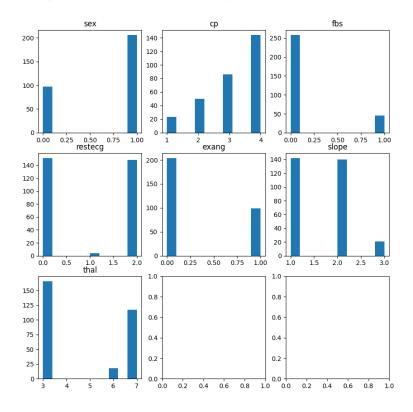
Dla przykładu średnia wartość wieku w zbiorze danych wynosi 54 lata, a około 70% danych mieści się między wiekiem 45, a 63. Widać już tutaj potencjalne rozkłady niektórych cech np. wieku. Natomiast histogramy wykazane poniżej wykazują, że cechy wieku, ciśnienia krwi w spoczynku, poziomu cholesterolu oraz maksymalnego osiągniętego tętna układają się w przybliżeniu zgodnie z wykresem

Gaussa, zatem posiadają one rozkłady normalne. Dane depresji odcinka ST (oldpeak) oraz liczba naczyń zaobserwowanych poprzez fluoroskopię (ca) nie wykazują rozkładu normalnego, bardziej rozkład wykładniczy.



Rysunek 4: Histogramy cech liczbowych

Weźmy teraz pod lupę cechy kategoryczne i czy są one w przybliżeniu równomierne.



Rysunek 5: Histogramy cech kategorycznych

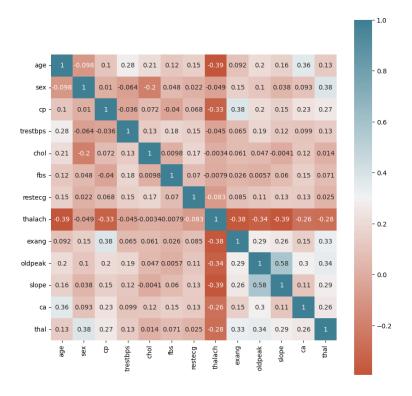
Na powyższych histogramach cech kategorycznych nie widać, aby jakakolwiek cecha miała zrównoważone dane. Najbliżej jednak takiego rozkładu równomiernego są cechy danych elektrokardiograficznych (restecg) oraz nachylenie odcinka ST (slope). Z danych nierównomiernych widać np. że większą ilością badanych byli mężczyźni.

W zbiorze odnalazłem 2 cechy, które posiadają wartości puste jest to ca oraz thal. Łącznie wartości pustych jest 6.

heart_data[heart_data["ca"].isnull()]														
	age	sex	ср	trestbps	chol	fbs	restecg	thalach	exang	oldpeak	slope	са	thal	num
166	52			138	223			169		0.0		NaN	3.0	
192	43			132	247			143		0.1		NaN	7.0	
287	58			125	220			144		0.4		NaN	7.0	
302	38			138	175			173		0.0		NaN	3.0	
heart_data[heart_data["thal"].isnull()]														
✓ 0	.0s													
	age	sex	ср	trestbps	chol	fbs	restecg	thalach	exang	oldpeak	slope	ca	thal	num
87	53			128	216			115		0.0		0.0	NaN	
266	52		4	128	204		0	156		1.0	2	0.0	NaN	2

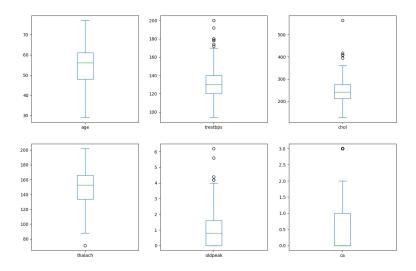
Rysunek 6: Wartości puste zbioru

Jest wiele sposobów na rozwiązanie tego problemu np. uzupełnienie brakujących danych w sposób sztuczny używając mediany, albo algorytmu k-najbliższych sąsiadów (*K najbliższych sąsiadów*, 2022). Natomiast z powodu małej ilości danych brakujących (około 2% danych), możemy najprościej usunąć te dane ze zbioru, bez znaczącej utraty informacji.



Rysunek 7: Wykres ciepła dla korelacji między cechami

Mapy ciepła zamieszczone powyżej pokazują poziom korelacji cech danych. Przy wysokich wartościach korelacji możnaby rozważyć usunięcie jednej z tych cech np. (slope i oldpeak), mogłoby to pomóc w uzykaniu lepszych wyników nauczania. Warto jednak rozważyć także sens merytoryczny tych dwóch cech, czy jednak nie są one znaczące dla całego modelu.



Rysunek 8: Wykresy pudełkowe dla cech liczbowych

Powyższe wykresy pudełkowe wskazują nam na rozłożenie wartości danych cech. Widzimi, że dane ca, oldepeak są w mniejszym zakresie niż np. wiek. Takie dane o małych zakresach mogą zostać przykryte w niektórych modelach przez cechy o większych zakresach. Warto też przyjrzeć się danym odbiegającym od kwartyli cechy (można rozważyć ich usunięcie).

### 1.3 Przygotowanie macierzy cech liczbowych

Po wyciągnięciu cech liczbowych ze zbioru danych zająłem się rozwiązaniem problemu braku zbilansowania próbek względem klasyfikacji zbioru. Zdecydowałem na naprawę braku zbalansowania próbek poprzez zmniejszenie klasyfikacji do klasyfikacji binarnej (0 - zdrowy, 1 - choroba serca), ponieważ klasy 1-4 oznaczały inne stopnie problemów z sercem, które można na potrzeby modelu budowanego zmniejszyć do tej samej klasyfikacji. Owe rozwiązanie pozwoliło także na zmniejszenie ilości danych potrzebnych do usunięcia, aby klasyfikacje były zbilansowane. W wyniku uzyskałem zmniejszony zbiór do 274 próbek, ale ze zbilansowanymi próbkami względem klas.

```
# repearing of the inbalnace in classification and removing null values
df["num"] = df["num"].value_counts())

#get null values of ca and remove them
null_idx = df[df["ca"].isnull()].index
print(null_idx)
df = df.drop(null_idx)
df = df.reset_index(drop=True)
print(df["num"].value_counts())

#get null values of thel and remove them
null_idx = df[df["thal"].isnull()].index
print(null_idx)
df = df.drop(null_idx)
df = df.qrop(null_idx)
df = df.drop(null_idx)
df = df.drop(null_idx)
df = df.drop(null_idx)
df = df.query("num = 0").sample(df["num"].value_counts()[0] - df["num"].value_counts()[1]).index
df = df.drop(random_idx)
df = df.reset_index(drop=True)
print(df["num"].value_counts())
```

Rysunek 9: Kod naprawiający zbilansowanie próbek

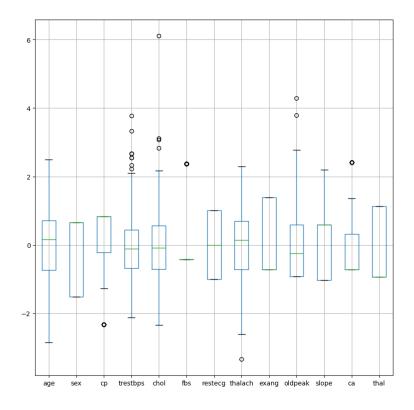
Usunięcie tych danych pozwoliło także na pozbycie się wartości pustych dla cechy ca oraz thal.

Wykorzystując metodę get\_dummies z biblioteki pandas zamieniłem dane kategoryczne (pomijając kategorie z wartościami 0 i 1) na rozdzielone kolumny danych o wartościach 0 lub 1.

Rysunek 10: Zamiana wartości kategorycznych na liczbowe

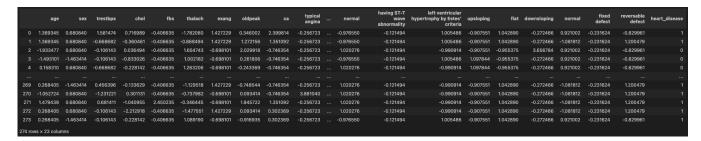
Następnie rozwiązałem problem różnych zakresów cech liczbowych poprzez standaryzację cech, w taki sposób zachowane pozostały rozkłady owych cech. Standaryzację wykonałem za pomocą wzoru  $z=\frac{x-\mu}{\sigma},$  gdzie:

- x zmienna niestandaryzowana,
- $\mu$  średnia z populacji,
- $\sigma$  odchylenie standardowe populacji.



Rysunek 11: Wykresy pudełkowe cech po standaryzacji

Wynikiem wszystkich tych operacji jest gotowa macierz cech liczbowych z przykładami, którą można wykorzystać do dalszych ćwiczeń.



Rysunek 12: Wynikowa macierz cech liczbowych

#### 1.4 Wnioski

- Analiza danych pozwala nam na lepsze zrozumienie zbioru, a także naprawę problemów w zbiorze, które mogą spowodować gorsze wyniki naszego modelu.
- Warto zwrócić uwagę na zbalansowanie klasyfikacji w próbkach, gdyż brak owego zbalansowania może nauczyć model rozpoznawania poprawnej klasyfikacji tylko w kilku z nich (tych klas, których jest najwięcej).
- Innymi wartymi uwagi problemami jakie mogą pojawić się w zbiorze są brakujące dane, nierówne zakresy cech, bądź zbyt duża korelacja danych.
- Warto zwrócić uwagę na rozkłady cech w zbiorze, ponieważ może nam to pomóc w wyborze odpowiedniego modelu do rozwiązania naszego zadania.
- Analiza danych to proces iteracyjny, który nie raz wymaga wielu kroków, warto wspomóc się bibliotekami np. dla języka python, które pomagają nam na np. szybszą operację na danych oraz różne wizualizacje zbioru danych.

# 2 Ćwiczenie 2 - Model sieci neuronowej wykorzystującej regresję logistyczną

Celem ćwiczenia było przygotowanie własnoręczne modelu sieci neuronowej wykorzystującej regresję logistyczną, a później przetestowanie działania wykorzystując dane przygotowane w ćwiczeniu 1. Do zadania wykorzystałem biblioteki numpy (do operacji na macierzach), pandas (do przygotowania danych jak w ćwiczeniu 1), matplotlib (wykonanie wykresów przedstawiający wyniki uczenia się modelu) oraz scikit learn (do łatwej weryfikacji wyników sklearn.metrics)

### 2.1 Implementacja modelu

Wyjście modelu opiera się o funkcję sigmoidu:

```
def sigmoid(n: int) -> float:
    return 1 / (1 + np.exp(-n))
```

Rysunek 13: Funkcja sigmoidu

Warto jednak zauważyć, że z powodu limitu typu float przy większym wejściu (np. 42) funkcja ta zwróci nam wartość 1, co może powodować problemy przy obliczaniu dalszym logarytmu naturalnego z (1 - sigmoid), ponieważ  $\ln(0)$  jest nieokreślony. Przy danych z poprzedniego ćwiczenia, nie pojawi się ten problem z powodu wcześniejszej standaryzacji danych (dane mają małe wartości).

Zaimplementowałem klasę LogarithmicRegression, która posiada atrybuty prywatne wag oraz bias'u. Głowna metoda wywołująca uczenie modelu nazywa się logarithmicRegression i przyjmuje ona dane treningowe oraz testowe, współczynnik uczenia, oraz warunki zbieżnosci modelu (pewna maksymalna liczba iteracji i wystarczająco mała zmiana funkcji kosztu w danej iteracji i)

Rysunek 14: Główna metoda klasy LogarithmicRegression

W pierwszym kroku inicjalizuję wartości wag oraz bias'u poprzez wartości losowe. Następnie po przygotowanie wymiarów macierzy wartości y (wyniki przykładów) dokonuję optymalizacji wag i bias'u:

Rysunek 15: Metoda optymalizacji

Wagi zostają przesunięte o wartość gradientu wyliczanego dla całego zbioru danych zgodnie z wzorem  $w'=w-learning\_rate*gradient\_wag$ :

```
def __gradient_weights(self, weights: np.ndarray, x: np.ndarray, y:np.ndarray, bias:float) -> np.ndarray:
    return -np.dot(x.T, (y - sigmoid(np.dot(x, weights) + bias))) / x.shape[0] #calculate gradient of weights using whole training data
```

Rysunek 16: Gradient wag

Dla bias'u natomiast dane x wynoszą 1 więc możemy uprościć wyliczenie gradientu do:

```
def __gradient_bias(self, weights: np.ndarray, x: np.ndarray, y:np.ndarray, bias:float) -> np.ndarray:
    return np.sum(-(y - sigmoid(np.dot(x, weights) + bias))) / x.shape[0] #calculate gradient of bias using whole training data
```

Rysunek 17: Gradient bias'u

x.shape[0] oznacza ilość przykładów w macierzy danych treningowych. Następnie obliczony jest koszt po obliczeniu nowych wag i bias'u:

```
def __cross_entropy_loss(self, weights: np.ndarray, x: np.ndarray, p:np.ndarray, bias:float) -> np.ndarray:
| return np.sum(-y*np.log(sigmoid(np.dot(x, weights) + bias)) - (1 - y)*np.log(1 - sigmoid(np.dot(x, weights) + bias))) / x.shape[0] #calculate loss using whole training data
```

Rysunek 18: Wzór kosztu funkcji

Dla każdej iteracji obliczony zostaję także wynik, względem predykcji wyników dla danych testowych:

Sigmoid daje nam prawdopodobieństwo w przedziale (0, 1), więc wyniki należy zaokrąglić do pełnego 0, albo 1 (próg 0.5).

```
def predict(self, x_test: np.ndarray) -> np.ndarray:
    y_pred = sigmoid(np.dot(x_test, self._weights) + self._bias) #calculate sigmoid for input data
    #change posibility from sigmoid to 1 or 0
    y_pred(y_pred >= 0.5] = 1
    y_pred(y_pred < 0.5) = 0
    return y_pred</pre>
```

Rysunek 19: Metoda predykcji danych

Na koniec sprawdzany jest warunek zbieżności modelu - wystarczająco mała zmiana funkcji kosztu w danej iteracji i.

Wyniki optymalizacji oraz przebieg kosztów w trakcie iteracji są przedstawiane za pomocą wykresu oraz zwracane jako wynik metody logarithmicRegression.

### 2.2 Test modelu na bazie danych z ćwiczenia 1

Po wczytaniu danych zgodnie z przebiegiem ćwiczenia 1, należy jeszcze podzielić dane na dane uczące i testowe. Wykonałem to w sposób losowy, dla pewnej ilości danych uczących względem testowych (np. 70% danych treningowych, 30% testowych):

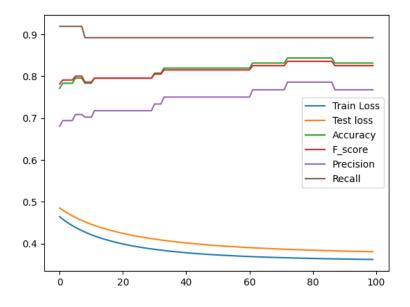
Rysunek 20: Funkcja dzieląca zbiór na dwa zbiory względem pewnego stosunku

Dla takich podzielonych danych oraz wartości współczynnika uczenia - 0.2, ilości iteracji - 200 oraz wartości progu małego spadku funkcji kosztu - 0.0001 uzyskujemy wyniki:

```
Weights: [[-0.11786781]
  0.65462996]
  0.43297219]
  0.25495492]
 [ 0.04797949]
 [-0.10275015]
 [ 0.18658021]
 [-0.28018111]
  0.51133107]
  0.407734731
  0.40899077]
 [ 1.09021618]
 [ 0.66263916]]
Bias: 0.38287959027390495
Train loss: 0.3619743755584501
Test loss: 0.3804651798847365
Scores
Accuracy: 0.8313253012048193
F_score: 0.825
Precision: 0.7674418604651163
Recall: 0.8918918918918919
```

Rysunek 21: Wyniki testu modelu

Przebieg iteracji przedstawiony jest na poniższym wykresie:



Rysunek 22: Przebieg nauczania modelu

### 2.3 Podsumowanie wyników

Jak widać na powyższym wykresie funkcja kosztu przy nauczaniu modelu jest w każdej iteracji coraz mniejsza (minimalizacja funkcji kosztu). A miary takie, jak dokładność, precyzja i średnia harmoniczna zwiększają się wraz z przebiegiem uczenia (model coraz lepiej przewiduje nieznane nowe dane).

Dokładność, która sprawdza stosunek poprawnie przewidywanych wyników do wszystkich prób testujących, może nie być najlepszym wskaźnikiem jakości dla tego zadania (rozpoznawanie chorób serca), ponieważ te wyniki nieodgadnięte mogą należeć do osób chorych, albo model źle wskazał na chore osoby, które są tak naprawdę zdrowe. Lepiej zwrócić uwagę na precyzję oraz recall, które zwracają uwagę w wyliczeniu na klasy odgadnięte poprawnie oraz błędnie. Miara f1 natomiast jest średnią harmoniczną recall'a oraz precyzji. (*Precision, recall i F1 – miary oceny klasyfikatora*, 2019)

Model utworzony w tym zadaniu osiąga wyniki ok. 76% poprawnych przewidzianych wyników pozytywnych (precision), natomiast ilość elementów poprawnie rozpoznanych przez model wynosi 89% (recall). Średnia harmoniczna (f\_score) wskazuje, że uśredniony wynik dla naszego modelu to 82% poprawnie rozpoznanych przykładów.

## 3 Ćwiczenie 3 - Model wielowarstwowy z propagacją wsteczną

Celem ćwiczenia było przygotowanie własnoręczne wielowarstwowego modelu sieci neuronowej wykorzystującego propagację wsteczną, a później przetestowanie działania wykorzystując dane przygotowane w ćwiczeniu 1. Do zadania wykorzystałem te same biblioteki co w Ćwiczeniu 2.

### 3.1 Implementacja modelu

```
class Neuron:
   weights: np.ndarray
   bias: float
   _err: np.ndarray
   def init_params(self, std_dev: float, weights_size: float) -> None:
       self.weights = np.random.normal(scale=std_dev, size=weights_size) # initialize
           weights
       self.bias = np.random.normal(scale=std_dev) #initialize bias
   def forward(self, x: np.ndarray) -> np.ndarray:
       return sigmoid(np.dot(x, self.weights) + self.bias)
   def backward(self, x: np.ndarray, err: np.ndarray, is_output: bool, curr_weights:
       np.ndarray = np.array([])) -> np.ndarray:
       if not is_output:
          err = err.T @ curr_weights
       self._err = err * sigmoid_der(np.dot(x, self.weights) + self.bias)
       return self._err
   def update(self, learning_rate: float, x: np.ndarray) -> None:
       self.weights = self.weights - learning_rate * np.dot(x.T, self._err)
       self.bias = self.bias - learning_rate * np.sum(self._err)
class Layer:
   _cache_x: np.ndarray
   neurons: list[Neuron]
   def __init__(self, neurons_amount: int):
       self.neurons = []
       for _ in range(neurons_amount):
           self.neurons.append(Neuron())
   def init_params(self, std_dev: float, weights_size: float) -> None:
       for neuron in self.neurons:
          neuron.init_params(std_dev, weights_size)
   def forward(self, x: np.ndarray) -> np.ndarray:
       self._cache_x = x
       return np.array([neuron.forward(x) for neuron in self.neurons]).T
   def backward(self, err: np.ndarray, is_output: bool, curr_weights: np.ndarray =
       np.array([])) -> np.ndarray:
       return np.array([neuron.backward(self._cache_x, err, is_output,
           curr_weights[neuron_index] if not is_output else None) for neuron_index, neuron
           in enumerate(self.neurons)])
   def get_weights(self) -> np.ndarray:
       return np.array([neuron.weights for neuron in self.neurons]).T
   def update(self, learning_rate: float) -> None:
```

```
for neuron in self.neurons:
          neuron.update(learning_rate, self._cache_x)
class MultilayerNetwork:
   _layers : list[Layer]
   _batch_size: int
   def __init__(self, hidden_layers_sizes: tuple):
       self._layers = []
       for layer_size in hidden_layers_sizes:
           self._layers.append(Layer(layer_size))
       # output layer
       self._layers.append(Layer(1))
   def __cross_entropy_loss(self, y, y_pred) -> np.ndarray:
       return np.sum(-y * np.log(y_pred) - (1 - y) * np.log(1 - y_pred), axis=1)
   def __cross_entropy_loss_der(self, y, y_pred) -> np.ndarray:
       return np.sum((1 - y) / (1 - y_pred) - y / y_pred, axis=1)
   def forward(self, x: np.ndarray) -> np.ndarray:
       for layer in self._layers:
          x = layer.forward(x)
       return x
   def backward(self, y_train: np.ndarray, y_pred: np.ndarray) -> None:
       err = self._layers[-1].backward(self.__cross_entropy_loss_der(y_train, y_pred),
           True) # calculate error on output layer
       curr_weights = self._layers[-1].get_weights()
       for layer in reversed(self._layers[:-1]):
          err = layer.backward(err, False, curr_weights)
          curr_weights = layer.get_weights()
   def predict(self, x: np.ndarray) -> np.ndarray:
       y_pred = self.forward(x)
       y_pred[y_pred >= 0.5] = 1
       y_pred[y_pred < 0.5] = 0
       return y_pred
   def optimize(self, x_train: np.ndarray, y_train: np.ndarray, x_test: np.ndarray,
       y_test: np.ndarray, batch_size: int, learning_rate: float,
                     max_iter: int, std_dev: float, verb = False) -> (list, list, list,
                         list, list):
       self._batch_size = batch_size
       # init helper lists
       losses = []
       losses_test = []
       accuracy = []
       precision = []
       f_score = []
       recalls = []
       # init weights and biases
       curr_size = x_train.shape[1]
```

```
for layer in self._layers:
   layer.init_params(std_dev, curr_size)
   curr_size = len(layer.neurons)
#fix shape of y data to match further calculations
if len(y_test.shape) == 1:
   y_test = y_test[np.newaxis].T
if len(y_train.shape) == 1:
   y_train = y_train[np.newaxis].T
# check if batch_size is not larger than size of training data
if batch_size > x_train.shape[0]:
   batch_size = x_train.shape[0]
for index in range(max_iter): #learn for max_iter
   # shuffle training data
   shuffle = np.random.permutation(x_train.shape[0])
   x_train_shuffled = x_train[shuffle]
   y_train_shuffled = y_train[shuffle]
   # for each batch perform learning
   for batch_start_index in range(0, x_train.shape[0], batch_size):
       x_train_batch =
           x_train_shuffled[batch_start_index:batch_start_index+batch_size]
       y_train_batch =
           y_train_shuffled[batch_start_index:batch_start_index+batch_size]
       y_pred = self.forward(x_train_batch)
       self.backward(y_train_batch, y_pred)
       for layer in self._layers:
          layer.update(learning_rate)
       new_train_batch_loss = np.array([])
       new_train_batch_loss = np.append(new_train_batch_loss,
           self.__cross_entropy_loss(y_train_batch, y_pred))
   new_train_loss = np.mean(new_train_batch_loss)
   test_pred = self.forward(x_test)
   new_test_loss = np.mean(self.__cross_entropy_loss(y_test, test_pred))
   #append to helper lists
   losses.append(new_train_loss)
   losses_test.append(new_test_loss)
   # predict test values as 0 or 1
   test_pred = self.predict(x_test)
   #calculate scores for each iteration
   accuracy.append(metrics.accuracy_score(y_test, test_pred))
   precision.append(metrics.precision_score(y_test, test_pred))
   f_score.append(metrics.f1_score(y_test, test_pred))
   recalls.append(metrics.recall_score(y_test, test_pred))
   if verb and index % 100 == 0:
       print("-----
                               ----- Interation " +
           str(index))
       print("Train loss on " + str(index) + " iteration: ", losses[index])
       print("Test loss on " + str(index) + " iteration: ", losses_test[index])
```

```
print("Accuracy on " + str(index) + " iteration: ", accuracy[index])
          print("Precision on " + str(index) + " iteration: ", precision[index])
          print("Recall on " + str(index) + " iteration: ", recalls[index])
          print("Fscore on " + str(index) + " iteration: ", f_score[index])
   print("Result of learning process for " + str(max_iter) + " iterations")
   print("----\n")
   print("Train loss: ", losses[-1])
   print("Test loss: ", losses_test[-1])
   print("----\n")
   print("Scores")
   print("Accuracy: ", accuracy[-1])
   print("Precision: ", precision[-1])
   print("F_score: ", f_score[-1])
   print("Recall: ", recalls[-1])
   return losses, losses_test, accuracy, f_score, recalls
def plot_learning(self, losses: list, losses_test: list, title: str, axs = None) ->
   None:
   if axs == None:
      plt.plot(np.arange(len(losses)), losses, label="Train Loss")
      plt.plot(np.arange(len(losses)), losses_test, label="Test loss")
      plt.plot(np.convolve(losses, np.ones(self._batch_size)/self._batch_size,
          mode='valid'), label="Train loss smooth") #rolling avarage to smooth line
      plt.title(title)
      plt.legend()
      plt.show()
   else:
      axs.plot(np.arange(len(losses)), losses, label="Train Loss")
      axs.plot(np.arange(len(losses)), losses_test, label="Test loss")
      axs.plot(np.convolve(losses, np.ones(self._batch_size)/self._batch_size,
          mode='valid'), label="Train loss smooth") #rolling avarage to smooth line
      axs.set_title(title)
      axs.legend()
```

Rozwiązanie składa się z trzech klas:

- Neuron klasa reprezentująca pojedynczy neuron w sieci, każdy neuron posiada własne wagi oraz bias, a także zapisuje błąd o jaki ma zmienić wartości wag w trakcie uczenia. Posiada cztery metody:
  - init\_params inicjalizuje wagi oraz bias neuronu w oparciu na parametr ilości wag oraz odchylenia standardowego przy losowaniu wag
  - forward wywołuje przejście w przód dla danego neuronu
  - backward wywołuje propagacje wstecz dla danego neuronu wyliczając wartość błędu dla danego przejścia w przód dla sieci
  - update aktualizuje wagi oraz bias neuronu
- Layer klasa reprezentująca warstwę ukrytą oraz wyjściową sieci. Posiada listę neuronów w owej warstwie oraz zapisuje wartości wejściowe dla tej warstwy. Posiada poza konstruktorem za pomocą którego wiemy ile jest neuronów w danej sieci, także 5 metod:
  - init params inicjalizuje dla każdego neuronu w warstwie jego wagi oraz bias'y.
  - forward zapisuje wartości wejściowe dla tej warstwy, a następnie wykonuje przejście w przód dla neuronów w wartwie
  - backward dla każdego neuronu w warstwie wykonuje propagacje wsteczną
  - get weights zwraca wagi dla każdego neuronu

- update aktualizuje wagi oraz bias dla każdego neuronu warstwy
- MultilayerNetwork klasa reprezentująca wielowarstwową sieć, posiada warstwy neuronów po których wykonywana jest propagacja wstecz oraz przejscie w przód po sieci:
  - Przy utworzeniu obiektu klasy, ustalany jest rozmiar sieci ukrytych oraz ich ilość w postaci krotki np. (2,3) daje nam 2 warstwy ukryte, gdzie pierwsza posiada 2 neurony druga 3
  - W sieci wykorzystywana jest entropia krzyżowa jako funkcja błędu, zdefiniowana została także jej pochodna potrzebna przy propagacji wstecz
  - Metoda forward wywołuje przejście w przód po sieci
  - Metoda backward wywołuje propagację wstecz, wylicza błąd dla wyniku przejścia w przód za pomocą pochodnej funkcji kosztu. Następnie oblicza błąd warstwy wyjściowej (tutaj nie jest potrzebna wiedza o wagach następnej warstwy ponieważ ta warstwa jest ostatnia). Po zapisaniu wag warstwy wyjściowej przechodząc od ostatniej warstwy ukrytej do pierwszej, wyliczane oraz zapisywane zostają błędy neuronów na kolejnych warstwach ukrytych. Błąd obliczany jest wykorzystując błąd wcześniej obliczony, owy błąd przemnażamy przez wagi następnej warstwy oraz przez pochodną funkcji aktywacji, aby cofnąć wcześniej wykonaną aktywację przy przejściu w przód
  - Metoda predict zwraca nam dane predykowane przez sieć
  - Metoda optimize dzieli dane treningowe na paczki o danych rozmiarze (batch\_size) (przy każdej iteracji procesu nauczania sieci permutujemy dane treningowe, aby polepszyć wyniki sieci) i przy każdej iteracji, przy każdej paczce wykonujemy przejście w przód po sieci a następnie wykonujemy propagacje wstecz dla wyliczonego wyniku przy przejściu w przód. Następnie aktualizujemy wagi i bias'y neuronów sieci i obliczamy oraz zapisujemy koszty, dla dalszej wizualizacji nauczania sieci.
  - Klasa posiada jeszcze metodę do wizualizacji procesu nauczania (plot\_learning)

Tak jak dla poprzedniego zadania funkcją aktywacji sieci jest funkcja sigmoidu.

```
def sigmoid(n):
    return 1 / (1 + np.exp(-n))

def sigmoid_der(n):
    return sigmoid(n) * (1 - sigmoid(n))
```

### 3.2 Badanie modelu na zbiorze heart disease

Dane zostały przygotowane tak samo jak w Ćwiczeniu 1 oraz 2. Jedyną różnicą jest przygotowanie zbioru bez standaryzacji danych (#4 n std result).

Następnie przygotowałem zmienne reprezentujące różne parametry sieci, które będą badane.

```
hidden1 = (4, 3)
hidden2 = (20, 10)
hidden3 = (100, 50)
#2. Różne wartości współczynnika uczenia
learning1 = 0.001
learning2 = 0.01
#3. Różne odchylenia standardowych przy inicializacji wag
std dev1 = 0.8
std_dev2 = 0.3
#5. Różne liczby warstw
hidden4 = (20,)
hidden5 = (20, 20)
hidden6 = (20, 20, 20)
max iter = 1000
verbose = False
options_title = ["hidden_layer " + str(hidden1), "hidden_layer " + str(hidden2), "hidden_layer " + str(hidden3),
           "learning " + str(learning1), "learning " + str(learning2),
"std_dev " + str(std_dev1), "std_dev " + str(std_dev2),
           "layer size " + str(hidden4), "layer size " + str(hidden5), "layer size " + str(hidden6),
           "stadarized data", "not standarized data"]
options = [[[hidden1, learning1, std_dev2], [hidden2, learning1, std_dev2], [hidden3, learning1, std_dev2],
            [hidden2, learning1, std_dev2], [hidden2, learning2, std_dev2],
            [hidden2, learning1, std_dev1], [hidden2, learning1, std_dev2],
            [hidden4, learning1, std_dev2], [hidden5, learning1, std_dev2], [hidden6, learning1, std_dev2]]
```

Rysunek 23: Przygotowanie zmiennych różnych parametrów

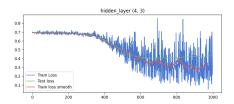
Dla czystego wyświetlania wyników ukrywam ostrzeżenia wyświetlane z powodu zbyt malej precyzji dla pierwszych iteracji nauczania sieci.

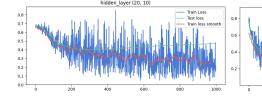
```
import warnings
warnings.filterwarnings('ignore') #hide warning for precision (first iterations have no
    precision and python gives a warning, to clear output hide it)
```

Dla poniższych testów paczkowanie wynosi 30, a testy przeprowadzone dla 1000 iteracji nauczania. Do zobrazowania kosztu treningu w formie spłaszczonej linii wykorzystuję średnią kroczącą(Rolling Averages: What They Are and How To Calculate Them, 2022)

Różne wymiarowości warstwy ukrytej (odchylenie 0.3, współczynnik nauczania 0.001):

	(4,3)	(20,10)	(100,50)
Dokładność	0.86	0.80	0.83
Precyzja	0.95	0.85	0.94
F score	0.85	0.81	0.83
Recall	0.77	0.77	0.73

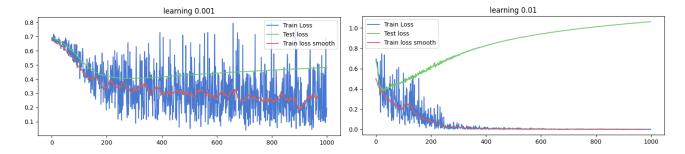




Rysunek 24: Różne wymiarowości warstwy ukrytej

Różne wartości współczynnika uczenia ((20,10), odchylenie 0.3):

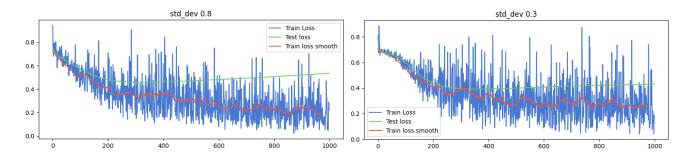
	0.001	0.01
Dokładność	0.82	0.83
Precyzja	0.89	0.92
F score	0.82	0.83
Recall	0.76	0.76



Rysunek 25: Różne wartości współczynnika uczenia

Różne odchylenia standardowych przy inicjalizacji wag ((20,10), współczynnik nauczania 0.001):

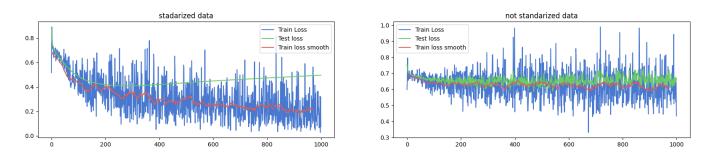
	0.8	0.3
Dokładność	0.78	0.86
Precyzja	0.83	0.95
F score	0.79	0.86
Recall	0.76	0.76



Rysunek 26: Różne odchylenia standardowych przy inicjalizacji wag

Dane znormalizowane i nieznormalizowane ((20,10), współczynnik nauczania 0.001, odchylenie 0.5):

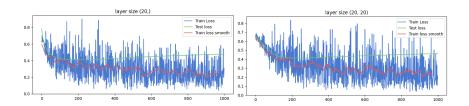
	Standaryzowane	Niestandaryzowane
Dokładność	0.80	0.70
Precyzja	0.91	0.63
F score	0.80	0.71
Recall	0.71	0.82

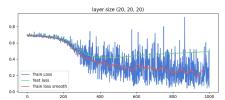


Rysunek 27: Dane znormalizowane i nieznormalizowane

Różne liczby warstw (współczynnik nauczania 0.001, odchylenie 0.3):

	(20,)	(20,20)	(20,20,20)
Dokładność	0.82	0.83	0.84
Precyzja	0.94	0.90	0.92
F score	0.81	0.83	0.84
Recall	0.71	0.78	0.78





Rysunek 28: Różne liczby warstw

### 3.3 Podsumowanie wyników

- Wymiary warstwy ukrytej mogą wpłynąć na wyniki sieci, w trakcie badania sieci widać, że gdy zwiększaliśmy ilości neuronów w warstwach model szybciej się uczył, ale łatwiej pojawiał się problem przeuczenia, dlatego też precyzja była gorsza dla sieci ze zbyt Dużą ilością neuronów niż przy tej ilości mniejszej
- Podobnie jak wymiary warstw to i współczynnik nauczania większy przyspiesza nam proces uczenia, ale tutaj także widzimy nagły wzrost kosztu testowego, co wskazuje, że model nie daje rady z uogólnieniem swojej wiedzy
- Gdy odchylenie standardowe przy inicjalizacji wag jest zmniejszane, spowalniamy proces uczenia, co może pomóc w uniknięciu przeuczenia, ale zbyt małe odchylenie może spowodować proces niedouczenia sieci
- Gdy dane są nieznormalizowane sieć nie daje rady uczyć się, widać to także po wynikach miar, gdzie dla danych niestandaryzowanych mamy je najsłabsze
- Zwiększenie ilości warstw pomogło ustabilizować koszt treningu, co przejawia się także w lepszych wynikach miar

Z powyższych testów najlepsze wyniki przejawia sieć (20, 10), współczynnik nauczania 0.001, odchylenie standardowe 0.3, gdzie precyzja wynosi 95%. Najgorsze zaś posiadają dane niestandaryzowane, które nie były w stanie się uczyć i wartość precyzji zatrzymała się na poziomie 63%.

### Literatura

Heart Disease Dataset. (1988, czerwiec). Retrieved from https://archive.ics.uci.edu/dataset/45/heart+disease

K najbliższych sąsiadów. (2022, czerwiec). Retrieved from https://pl.wikipedia.org/wiki/ K\_najbli%C5%BCszych\_s%C4%85siad%C3%B3w

Precision, recall i F1 - miary oceny klasyfikatora. (2019, listopad). Retrieved from https://ksopyla.com/data-science/precision-recall-f1-miary-oceny-klasyfikatora/

Rolling Averages: What They Are and How To Calculate Them. (2022, czerwiec). Retrieved from https://www.indeed.com/career-advice/career-development/what-is-rolling-average