

Sprawozdanie z Laboratorium nr 14 z AiBD

Tomasz Jamro Grupa nr 1 (czw. 8:30)

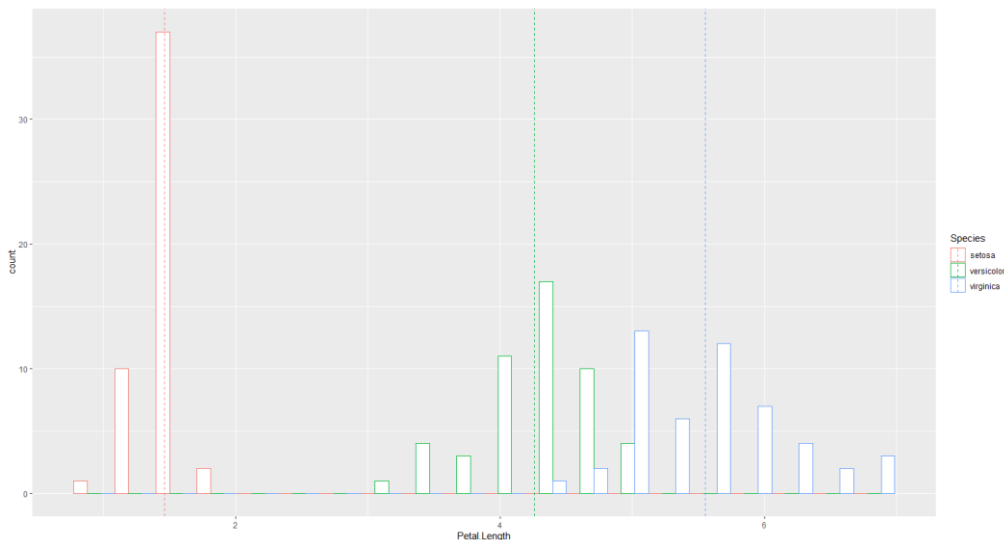
Zadanie 1

Po uruchomieniu pliku R terminal wyświetla 10 elementowy wektor dla podpunktu 1, wynik działania z podpunktu 2, funkcję head() wspomnianej w podpunkcie 3, oraz wynik funkcji aggregate z podpunktu 4. Zadania te nie posiadają wykresów, pokazano zdjęcia terminalu po uruchomieniu pliku.

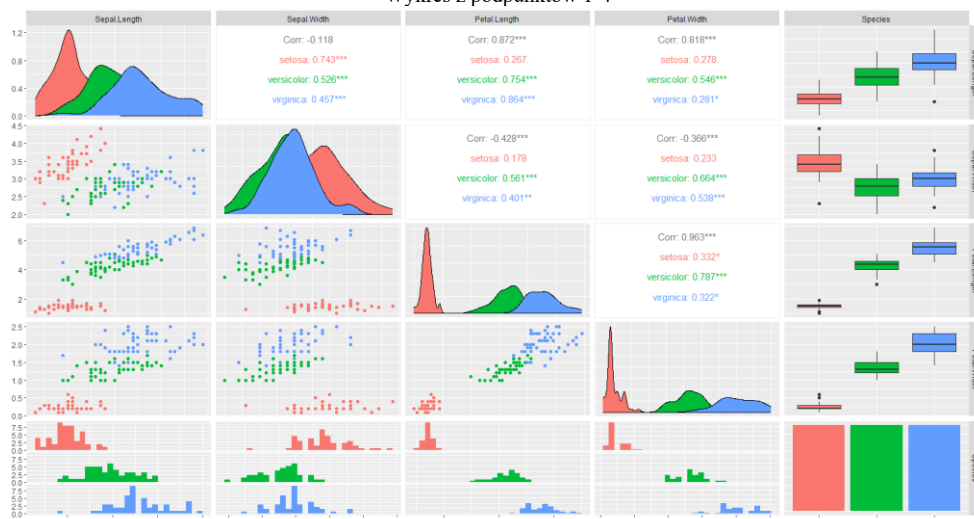
```
PROBLEMS OUTPUT DEBUG CONSOLE TERMINAL R INTERACTIVE
> source("e:\\Volumen\\lab14.R", encoding = "UTF-8")
[1] 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10
[1] 2.066735
Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.Width Species
1 5.1 3.5 1.4 0.2 setosa
2 4.9 3.0 1.4 0.2 setosa
3 4.7 3.2 1.3 0.2 setosa
4 4.6 3.1 1.5 0.2 setosa
5 5.0 3.6 1.4 0.2 setosa
6 5.4 3.9 1.7 0.4 setosa
Species Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.Width
1 setosa 5.006 3.428 1.462 0.246
2 versicolor 5.936 2.770 4.260 1.326
3 virginica 6.588 2.974 5.552 2.026
> Zad3_p1
> Zad3_p2
```

Zadanie 2

W przeciwieństwie do wprowadzającego zadania 1, wynikiem kodu miały być dwie figury zawierający wykresy. Pierwszy wykres odpowiada wykresowi z 3 kolumny i 5 rzędu funkcji ggpairs.



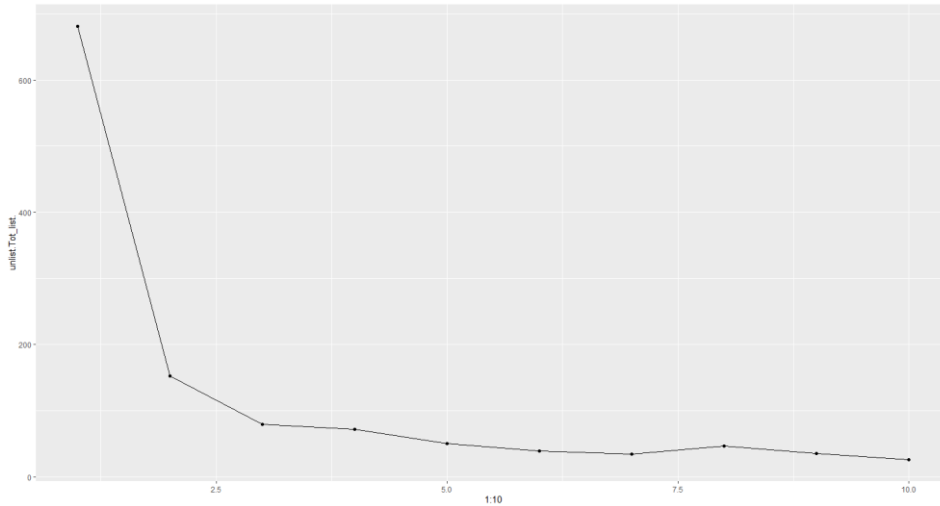
Wykres z podpunktów 1-4



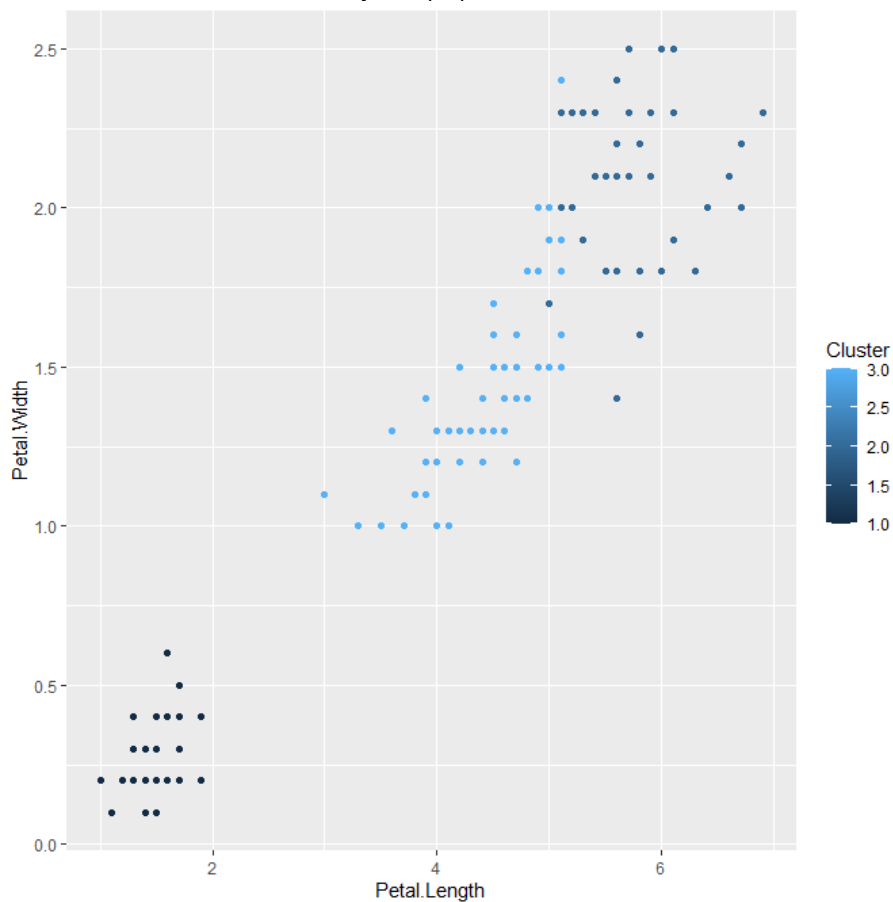
Wykresy z podpunktów 5-6

Zadanie 3

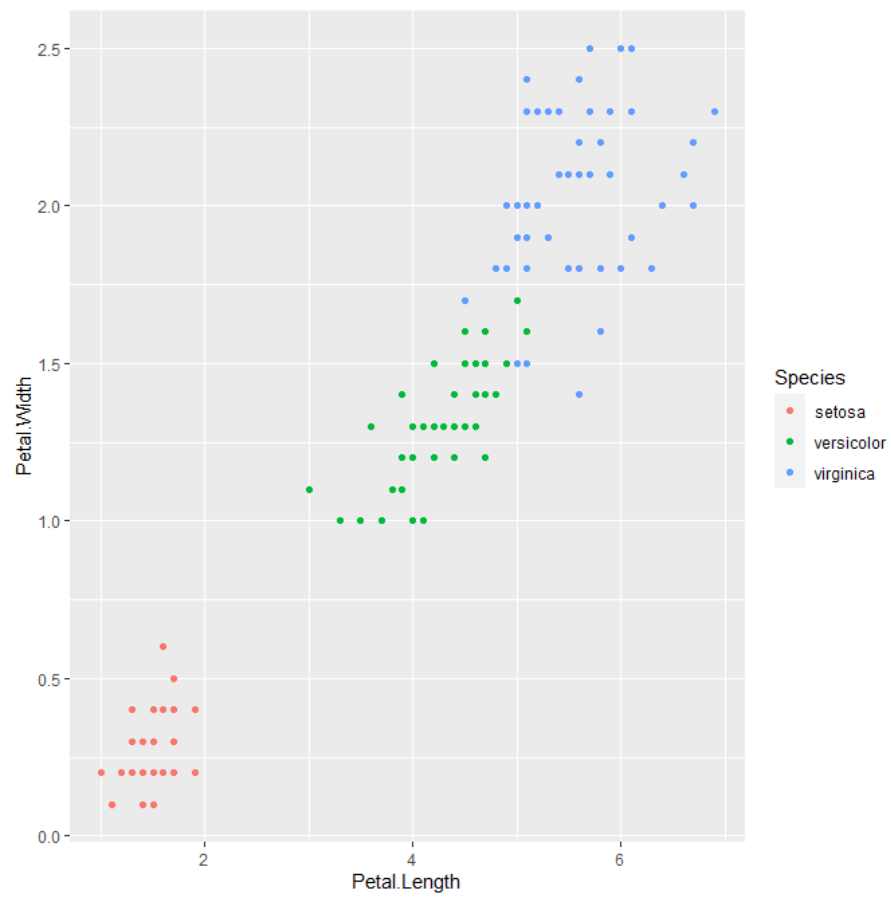
Zadanie polegało na wykonaniu 3 wykresów. Pierwszy z nich jest metodą nazwaną Elbow method. Gdy spadek wartości znacząco maleje, odpowiadająca mu wartość klastrow ma dużą szansę pokrycie się z rzeczywistą liczbą klastrow. W tym przypadku obiecująco wyglądającymi są numer 2 lub 3 klastrow. Pokrywa się to z rzeczywistą klasyfikacją irysów ze względu na gatunek. To podobieństwo zostaje ukazane na drugim i trzecim wykresie wygenerowanym w ramach tego zadania. Dodatkowo, punkty dla gatunków versilica i virginica znajdowały się blisko siebie obiecującego wyglądu pierwszego wykresu dla dwóch klastrow.



Wykres z podpunktów 1-6



Wykres z podpunktu 7



Wykres z podpunktu 8