#### Министерство науки и высшего образования Российской Федерации



Калужский филиал

федерального государственного бюджетного образовательного учреждения высшего образования

«Московский государственный технический университет имени Н.Э. Баумана (национальный исследовательский университет)» (КФ МГТУ им. Н.Э. Баумана)

# ФАКУЛЬТЕТ <u>ИУ-КФ «Информатика и управление»</u>

КАФЕДРА <u>ИУ4-КФ «Программное обеспечение ЭВМ, информационные</u> технологии»

# ЛАБОРАТОРНАЯ РАБОТА №3

# «Дискриминантный анализ»

ДИСЦИПЛИНА: «Методы машинного обучения»

Выполнил: студент гр. ИУК4-62Б	(Подпись)	(	Борисов Н.С. (Ф.И.О.)	)
Проверил:	(Подпись)	(	Кручинин И.И. (Ф.И.О.)	)
Дата сдачи (защиты):				
Результаты сдачи (защиты):				
- Балльная	и оценка:			
- Оценка:				

**Цель работы:** изучение основных процедур дискриминантного анализа: дискриминации и классификации, построение и определение количества дискриминантных функций и их разделительной способности, нахождение классифицирующих функций с использованием функций Фишера и расстояния Махаланобиса.

#### Задание:

- среднее значение переменных внутри классов, общее среднее;
- матрицу перекрестных произведений и ковариационную матрицу общего рассеяния;
- матрицу внутригрупповых квадратов и перекрестных произведений и корреляционную матрицу;
- матрицу межгрупповых квадратов и перекрестных произведений и корреляционную матрицу;
  - коэффициенты канонической дискриминантной функции;
  - коэффициенты классифицирующей функции Фишера;
- используя оценки априорных вероятностей принадлежности объектов к группам, определить расстояние Махаланобиса;
  - вычислить обобщенное расстояние Рао и его значимость.

### Листинг программы:

```
Out CTab<- function(model, group, type = "lda") {
   classified<- predict(model)$class</pre>
   t1 <- table(group, classified)</pre>
   Err S<- mean(group != classified)</pre>
   mahDist<- NA
   if (type == "lda") {
        mahDist<- dist(model$means %*% model$scaling)</pre>
   t2 <- table(group, update(model, CV = T)$class -> LDA.cv)
   Err CV<- mean(group != LDA.cv)</pre>
   Err_S.MahD<- c(Err_S, mahDist)</pre>
   Err CV.N<- c(Err CV, length(group))</pre>
   cbind(t1, Err S.MahD, t2, Err CV.N)
}
library (MASS)
library(klaR)
library(biotools)
Diseases <- read.table(file = "Diseases.txt", sep = ",", header =
TRUE, row.names = 1)
lda.all<- lda(FAC \sim ., data = Diseases[, -10])
Out CTab(lda.all, Diseases$FAC)
stepclass(FAC ~ ., data = Diseases[, -10], method = "lda")
lda.step<- lda(FAC ~ Hemog + Bi, data = Diseases[, -10])</pre>
ldaProfile<- rfe(Diseases[, 1:9], Diseases$FAC,</pre>
2:9,rfeControl = rfeControl(functions =
                                                 ldaFuncs, method =
"repeatedcv", repeats = 6))
Diseases$FAC<- as.factor(ifelse(Diseases$Class == 3, "C2", "C1"))</pre>
```

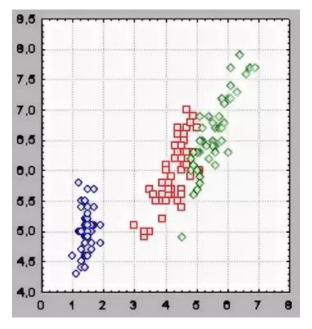
```
lda.full.pro<- train(Diseases[, 1:9], Diseases$FAC,data = Diseases,
    method = "lda",
    trControl = trainControl(method = "repeatedcv", repeats = 5,
    classProbs = TRUE), metric = "Accuracy")

lda.step.pro <- train(FAC ~ Al + Hemat, data = Diseases, method =
    "lda",
    trControl = trainControl(method = "repeatedcv", repeats = 5,
    classProbs = TRUE), metric = "Accuracy")

lda.rfe.pro <- train(FAC ~ Al + Hemog + Bi, data = Diseases, method
    = "lda",
    trControl = trainControl(method = "repeatedcv", repeats = 5,
    classProbs = TRUE), metric = "Accuracy")

plot(varImp(lda.full.pro))</pre>
```

## Результаты работы:



**Вывод:** в ходе выполнения лабораторной работы были изучены основные процедуры дискриминантного анализа: дискриминации и классификации, построение и определение количества дискриминантных функций и их разделительной способности, нахождение классифицирующих функций с использованием функций Фишера и расстояния Махаланобиса.