

Blatt1

Tobias

17.5.2021

```
#library('jpeg')
#Bild = jpeg::readJPEG(source = "Aufgabe1cut.JPG")
#knitr::include_graphics(Bild) #Funktioniert nicht
#plot(Bild)
```

Aufgabe 1.1

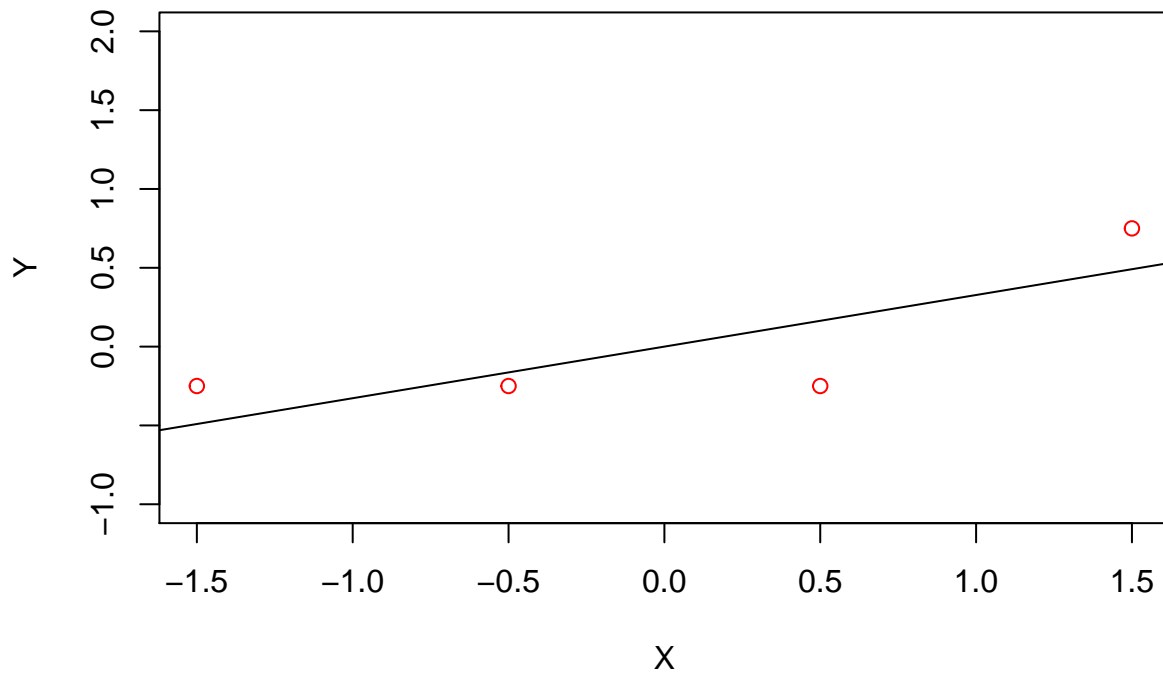
```
x = c(0,1,2,3)
y = c(1,1,1,2)
A = rbind(x,y) #gegebene Matrix A

X = x-mean(x)
Y = y-mean(y)
A_ = rbind(X,Y) #Mittelpunkt der Matrix A in den Ursprung verschoben

u = eigen(A_ %*% t(A_))
v = eigen(t(A_) %*% A_)
EV = u$vec #Eigenvektoren der Matrix
a_i = EV[,1] %*% A_ #Eigenvektor vom größten Eigenwert mal der verschobenen Matrix

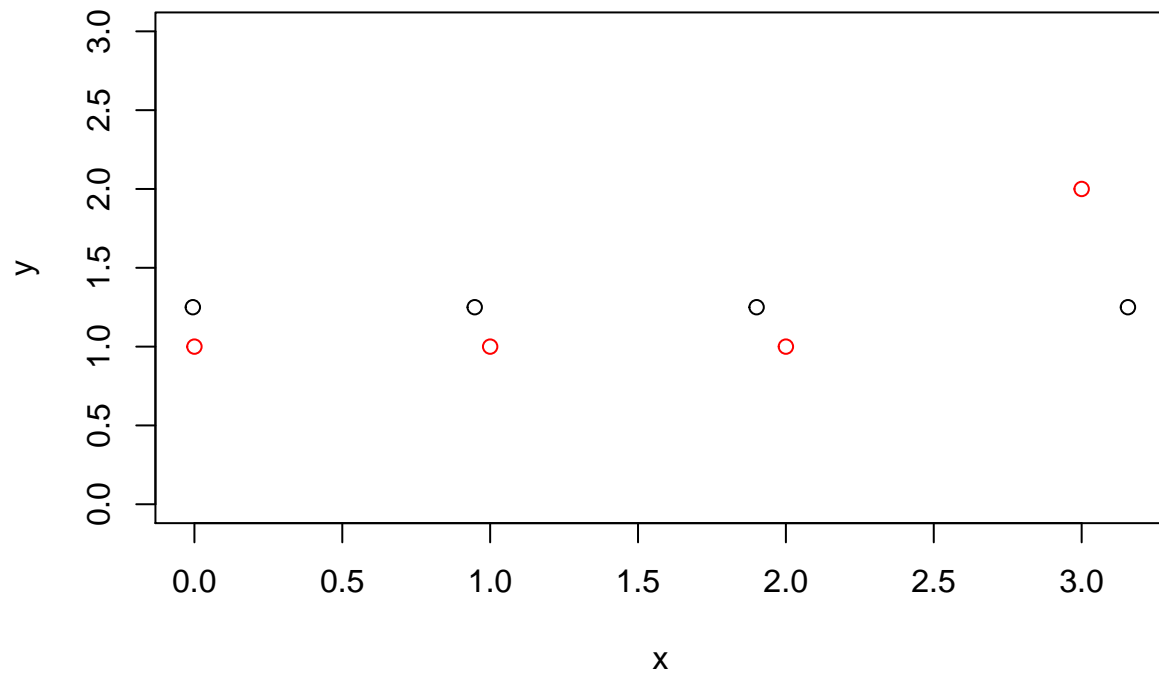
plot(X,Y,main = 'Zentrierte ursprungswerte mit Hauptachse',col = 2,ylim = c(-1,2))
lines(c(-2,2),(0.312/0.953)*c(-2,2)) # Achses des größten Eigenvektors
```

Zentrierte ursprungswerte mit Hauptachse



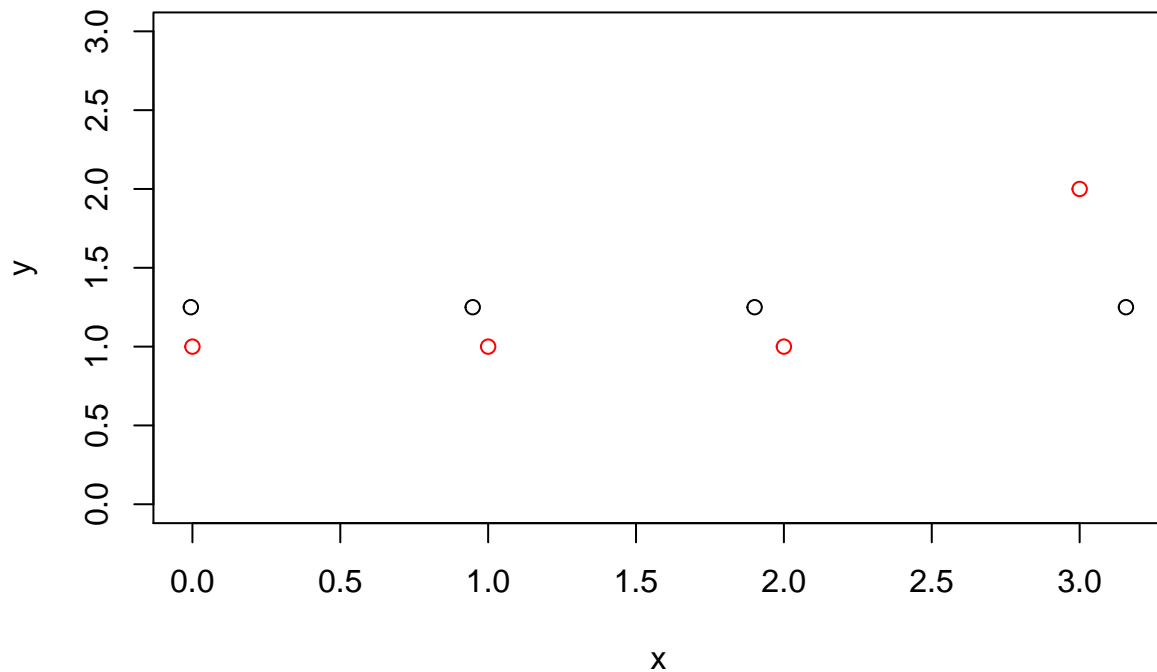
```
plot(-1*a_i+mean(x),c(mean(y),mean(y),mean(y),mean(y)),xlab = 'x',ylab = 'y',  
     main = 'Transformierte Werte und Ursprüngliche Werte', ylim = c(0,3))  
points(x,y,col = 2)
```

Transformierte Werte und Ursprüngliche Werte



```
pr = prcomp(t(A_)) #principal components analysis (prcomp()$rotation -> Eigenvektoren)
plot(pr$rotation[,1]*%A_+mean(x),c(mean(y),mean(y),mean(y),mean(y)),xlab = 'x',ylab = 'y'
     ,main = 'Transformierte Werte und Ursprüngliche Werte(prcomp)', ylim = c(0,3))
points(x,y,col = 2)
```

Transformierte Werte und Ursprüngliche Werte(prcomp)



Die selbstberechneten Werte stimmen mit den Werten aus der prcomp-Funktion überein. Es muss lediglich auf die Vorzeichen der Eigenvektoren geachtet werden.

Kontrolle -> nicht perfekt

```
x = c(1.2,1.9,2.5,4.4)
y = c(1.6,3.9,5.8,7.9)
A = rbind(x,y) #gegebene Matrix A
```

```
X = x-mean(x)
Y = y-mean(y)
A_ = rbind(X,Y)
```

```
u = eigen(A_ %*% t(A_)) # $values(Eigenwerte) $vector(Eigenvektoren)
v = eigen(t(A_) %*% A_)
a_i = u$vec[,1] %*% A_

print('Werte')
```

```
## [1] "Werte"
```

```
v$vec
```

```
##          [,1]      [,2]      [,3]      [,4]
## [1,]  0.6636342  0.4212372  0.61818188  0.00000000
## [2,]  0.2067743 -0.2183956 -0.07315991  0.95089188
## [3,] -0.1724986 -0.7155422  0.67276150 -0.07507041
```

```

## [4,] -0.6979099  0.5127006  0.39986342  0.30028165
sqrt(rbind(c(u$values[1],0),c(0,u$values[2]),c(0,0),c(0,0)))

##           [,1]      [,2]
## [1,] 5.189613 0.0000000
## [2,] 0.000000 0.6228325
## [3,] 0.000000 0.0000000
## [4,] 0.000000 0.0000000

u$vec

##           [,1]      [,2]
## [1,] 0.4456629 -0.8952009
## [2,] 0.8952009  0.4456629

print('Probe')

## [1] "Probe"

v$vec %*% sqrt(rbind(c(u$values[1],0),c(0,u$values[2]),c(0,0),c(0,0))) %*% u$vec

##           [,1]      [,2]
## [1,]  1.7697302 -2.9661516
## [2,]  0.3564626 -1.0212416
## [3,] -0.7979156  0.6027691
## [4,] -1.3282771  3.3846240

print('svdPC')

## [1] "svdPC"

print('Werte')

## [1] "Werte"

(s <- svd(A_))

## $d
## [1] 5.1896127 0.6228325
##
## $u
##           [,1]      [,2]
## [1,] -0.4456629 -0.8952009
## [2,] -0.8952009  0.4456629
##
## $v
##           [,1]      [,2]
## [1,]  0.6636342 -0.4212372
## [2,]  0.2067743  0.2183956
## [3,] -0.1724986  0.7155422
## [4,] -0.6979099 -0.5127006

D = rbind(c(s$d[1],0),c(0,s$d[2])) # Als Matrix
print('Probe')

## [1] "Probe"

s$u %*% D %*% t(s$v)      # Funktioniert

##           [,1] [,2]           [,3] [,4]

```

```
## [1,] -1.3 -0.6 -5.551115e-17 1.9
## [2,] -3.2 -0.9 1.000000e+00 3.1

#d = t(s$u[,1]) %*% A_ # Größter Eigenvektor
#plot(d[1,]+mean(x),c(mean(y),mean(y),mean(y),mean(y)))
```

Aufgabe 1.2

a) Es werden zufällig k Punkte in die Messung eingefügt.

Die Abstände zwischen den Punkten und allen Messwerten wird ermittelt. Die Messwerten werden den Punkten zugeordnet. Berechnung des Mittelpunktes der zugeordneten Messwerte. Verschiebung der k Punkte in die jeweiligen Mittelwerte. Beginne von vorne bis Abbruchsbedingung erfüllt ist.

```
library(ggplot2)
library(datasets)
data(iris)
```

b)

c) Da es sich um 3 Irisklassen handelt sollten auch bei k -means 3 Klassen gewählt werden. Da die Lage der eingefügten k Punkte zufällig ist, kann es zu unterschiedlichen Ergebnissen zwischen mehreren durchlaufen kommen.

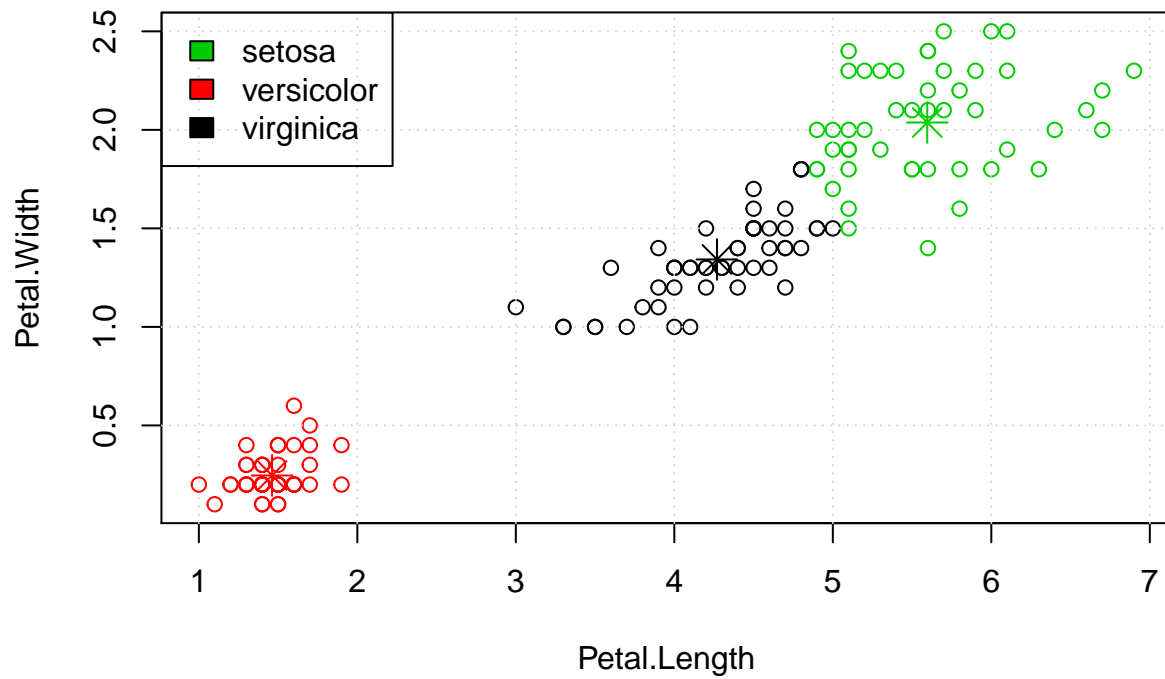
```
data = t(rbind(iris$Petal.Length,iris$Petal.Width))
colnames(data) <- c("Petal.Length", "Petal.Width")

kmeans = kmeans(data,centers = 3,nstart = 20,iter.max = 50)
```

Darstellung mit `plot()`

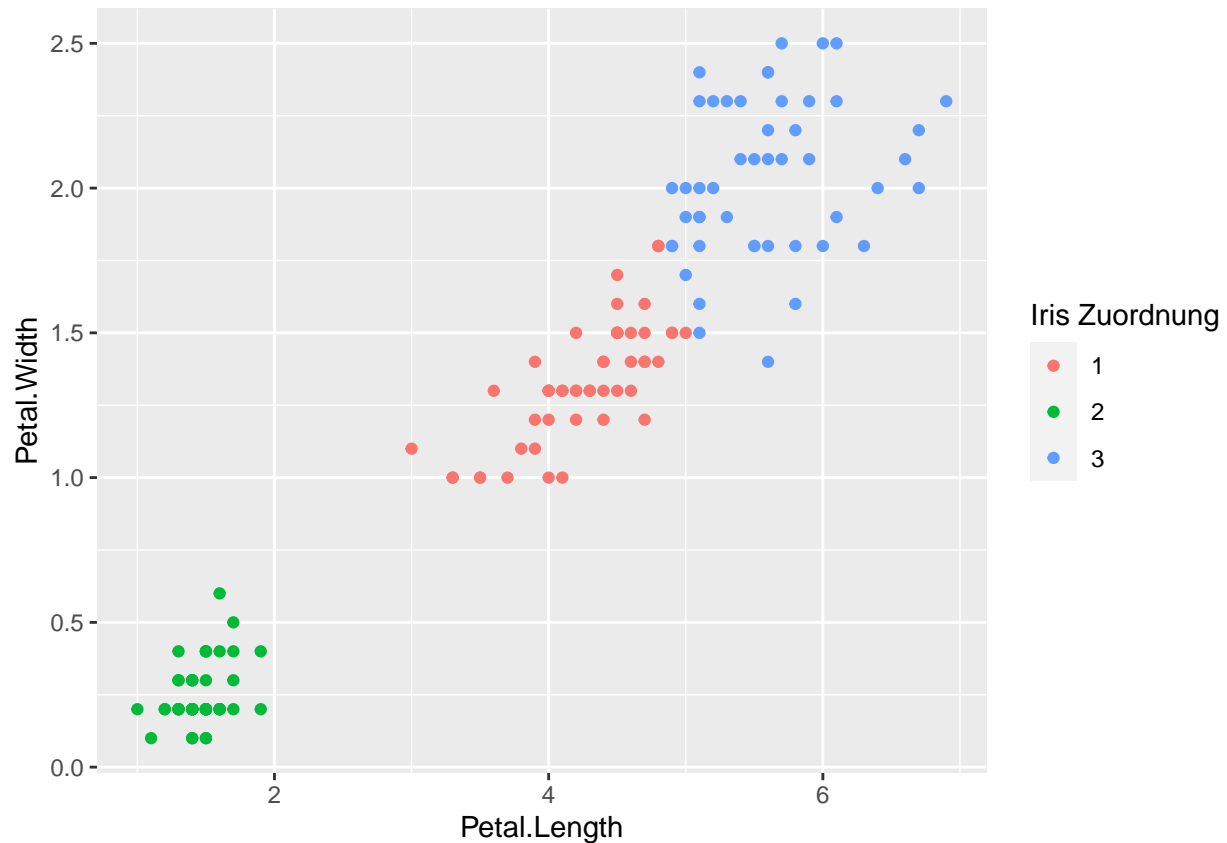
```
plot(data,col = kmeans$cluster,main = "k-Means-Clustering auf dem Iris-Datensatz",
      xlab = "Petal.Length", ylab = "Petal.Width")
grid()
legend("topleft", c("setosa","versicolor","virginica"), fill=c("3","2","1"))
points(kmeans$centers,col = 1:3,pch = 8,cex = 2)
```

k-Means-Clustering auf dem Iris-Datensatz



Darstellung mit ggplot()

```
df = data.frame(data, grup = (kmeans$cluster))
ggplot(df, aes(Petal.Length, Petal.Width, colour = factor(kmeans$cluster))) +
  geom_point() +
  labs(colour = "Iris Zuordnung")
```



Aufgabe 1.3

a) Es wird eine Epsilonumgebung und die minimale Anzahl der Punkte angegeben, welche sich in der Epsilonumgebung befinden müssen, damit es sich um einen Kernpunkt handelt. Befinden sich weniger Punkte in der Umgebung, handelt es sich um einen Randpunkt. Sollten keine Punkte in der Umgebung sein, ist es ein Rauschpunkt.

```
library(dbSCAN)

xunif = runif(100,min = 0,max = 10)
yunif = runif(100,min = 0,max = 10)
unif = data.frame(t(rbind(xunif,yunif)))

xnrm = rnorm(100,mean = 5,sd = 1.5)
ynrm = rnorm(100,mean = 5,sd = 1.5)
norm = data.frame(t(rbind(xnrm,ynrm)))

dbunif = function(dist,minPts){
  dbunif = dbSCAN(dist,1,minPts = minPts) #dist=Verteilung(unif,norm),epsilon=1,minPunkte in Epsilon für
  rausp = which(dbunif$cluster %in% 0)

  plot(dist,col = dbunif$cluster+1)
  points(dist[rausp,],pch = 8,cex = 2)
  grid()
}
```

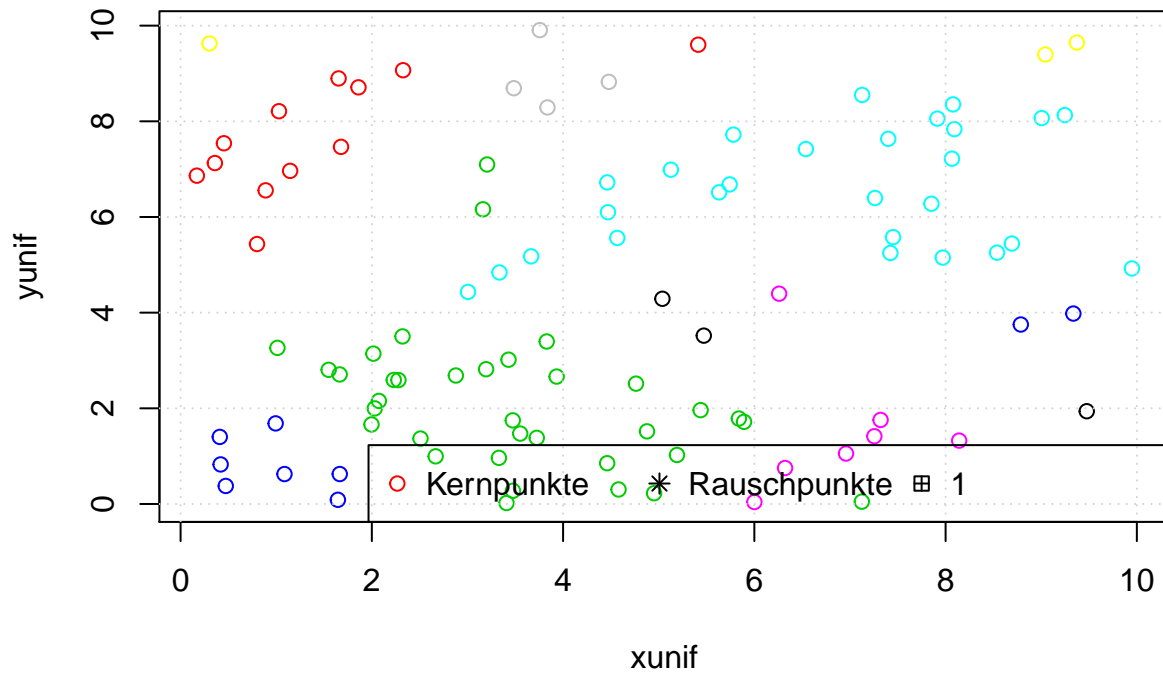


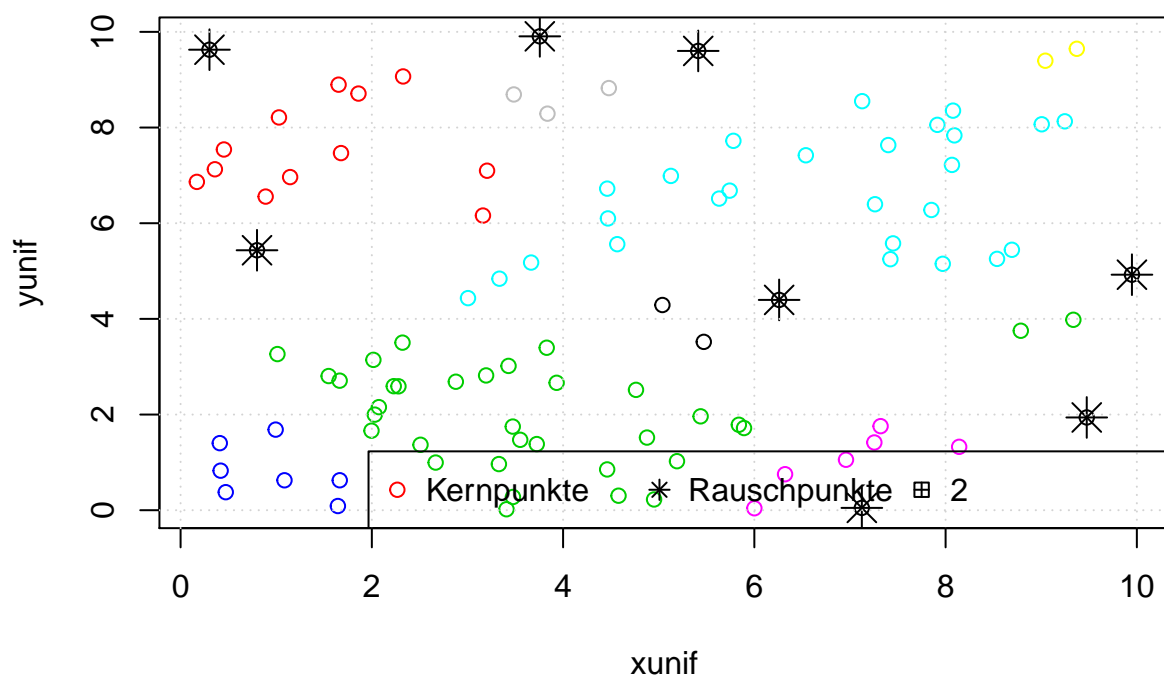
```

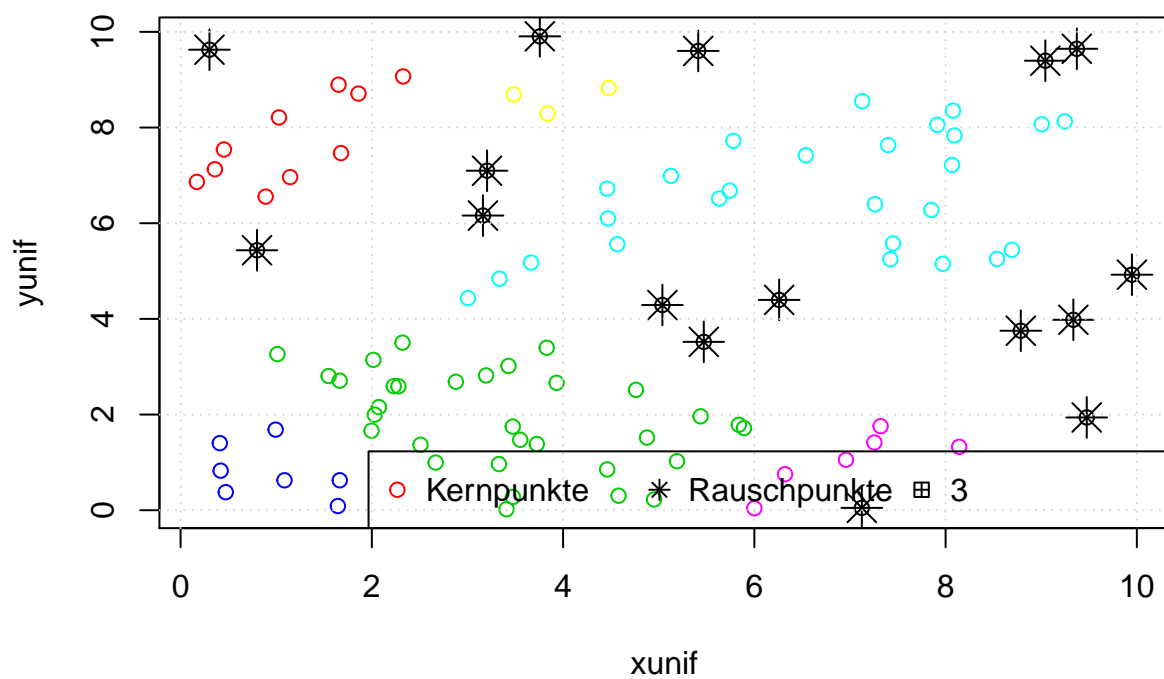
legend("bottomright", c("Kernpunkte","Rauschpunkte",minPts),
      pch = c(1,8,12),horiz = TRUE,col = c(2,1,1))
}

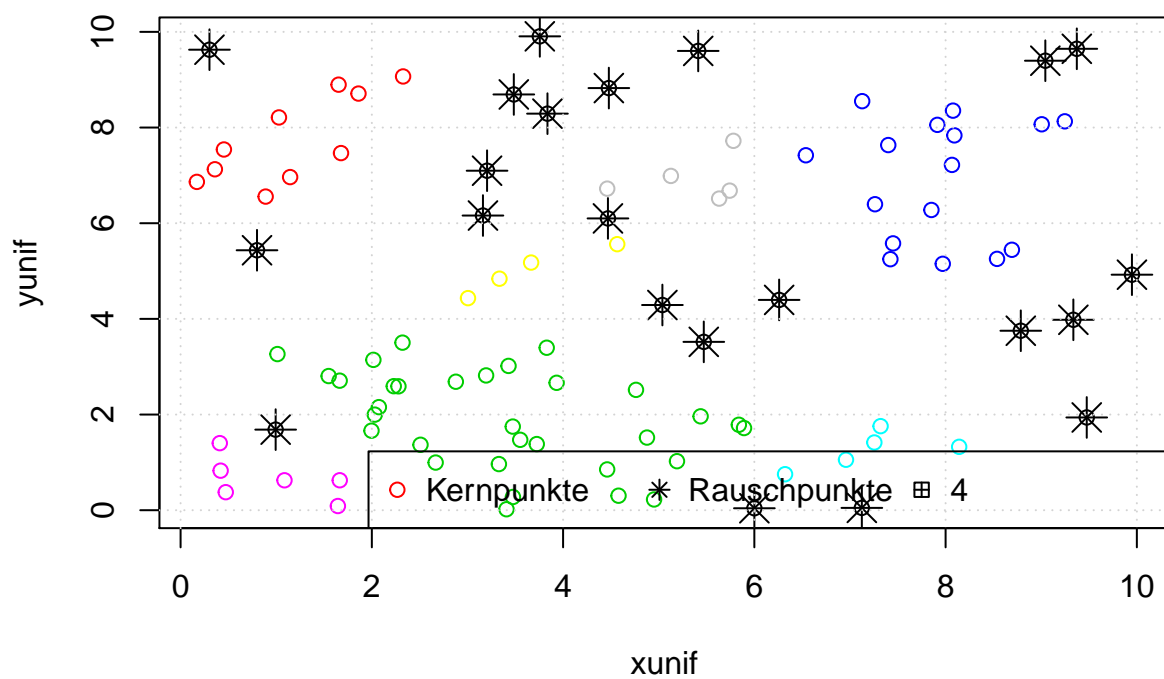
for (i in c(1:10)) {
  dbunif(unif,i)
  i=i+1
}

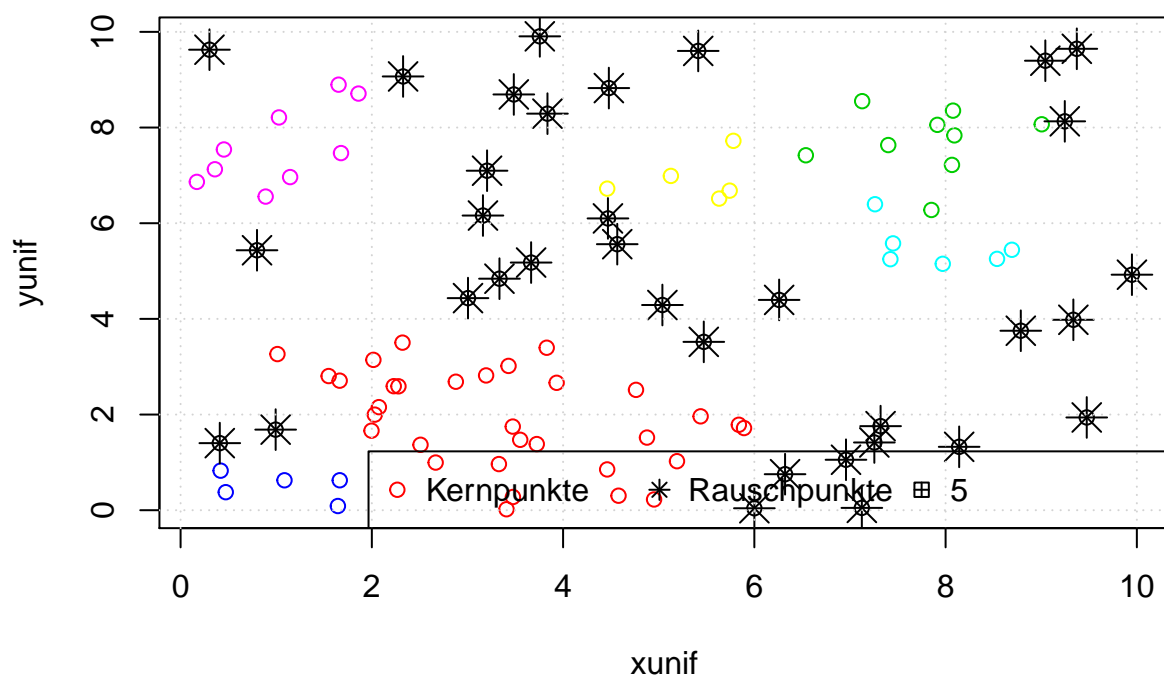
```

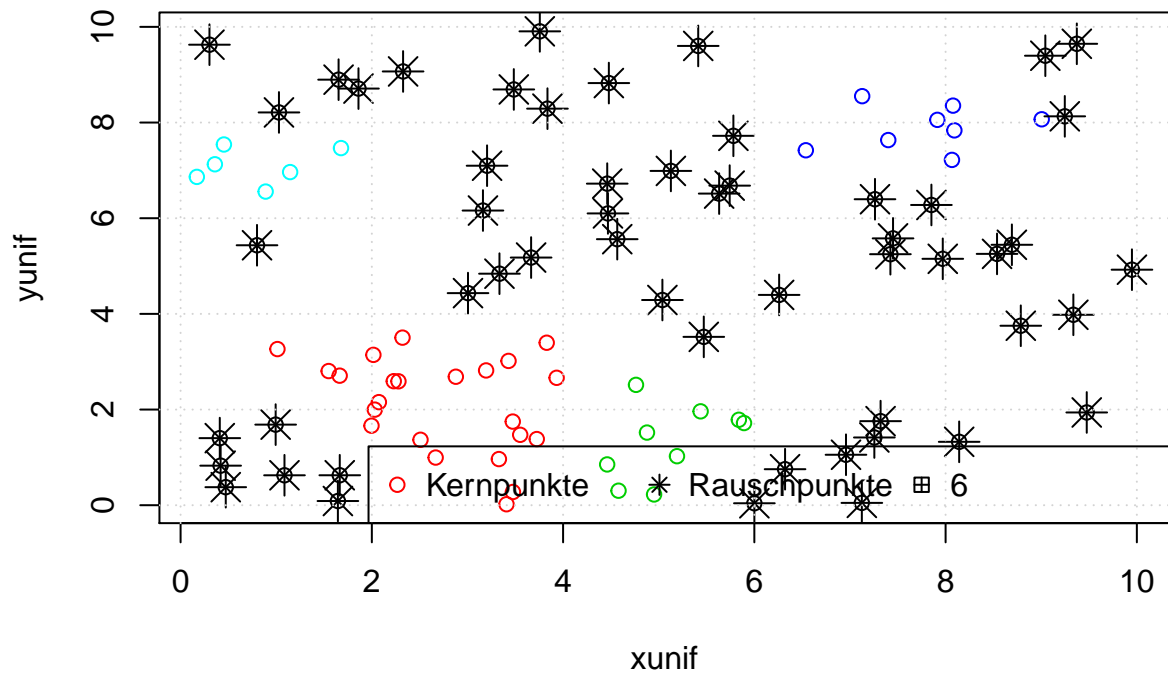


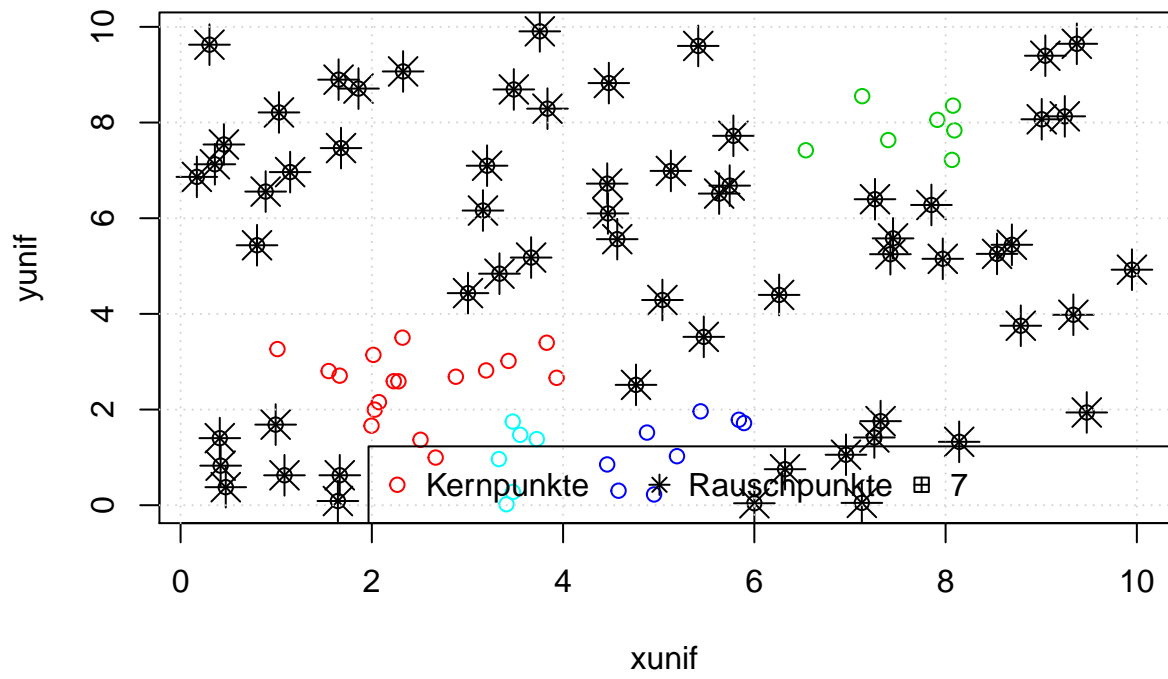


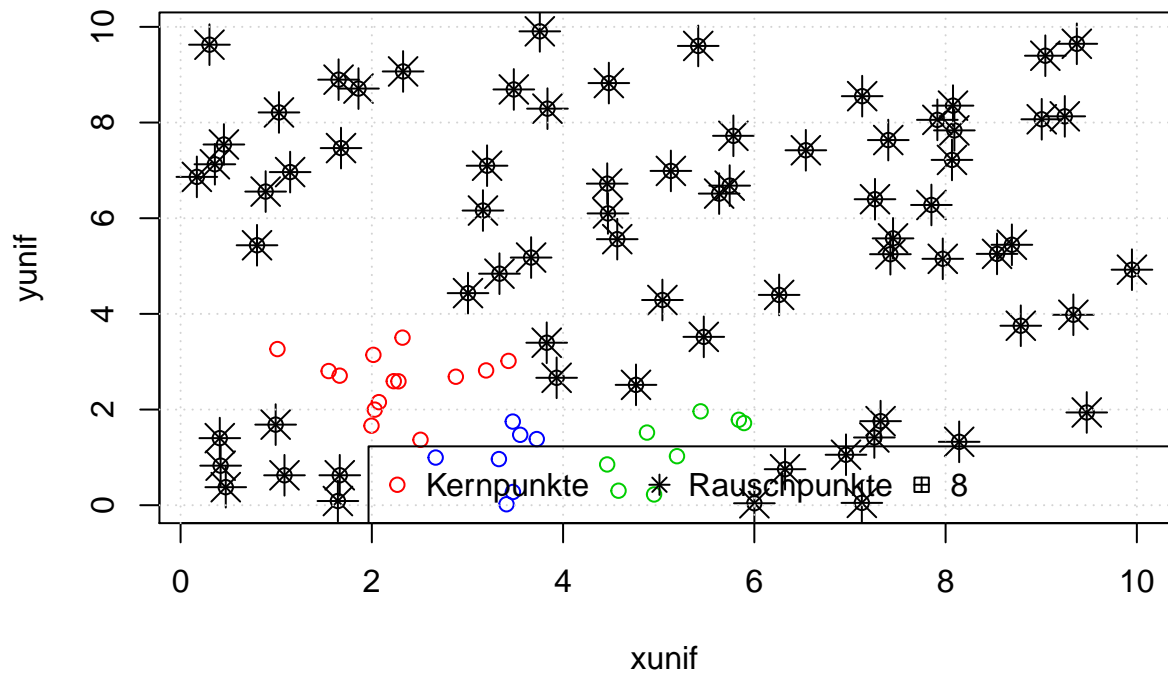


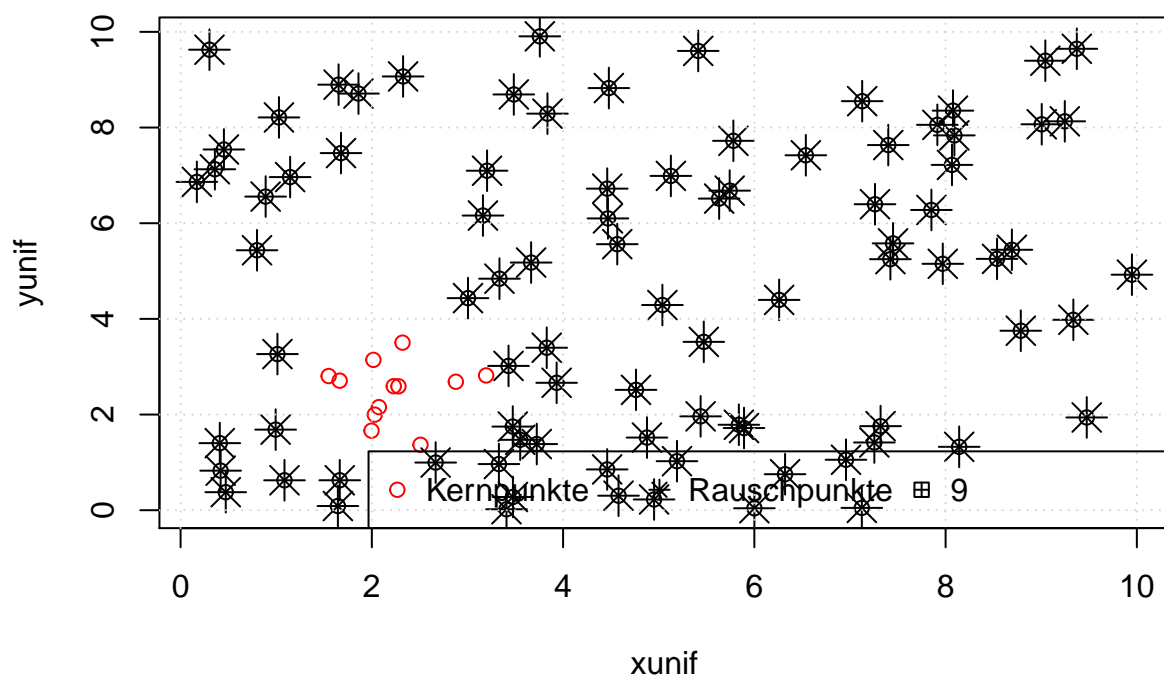


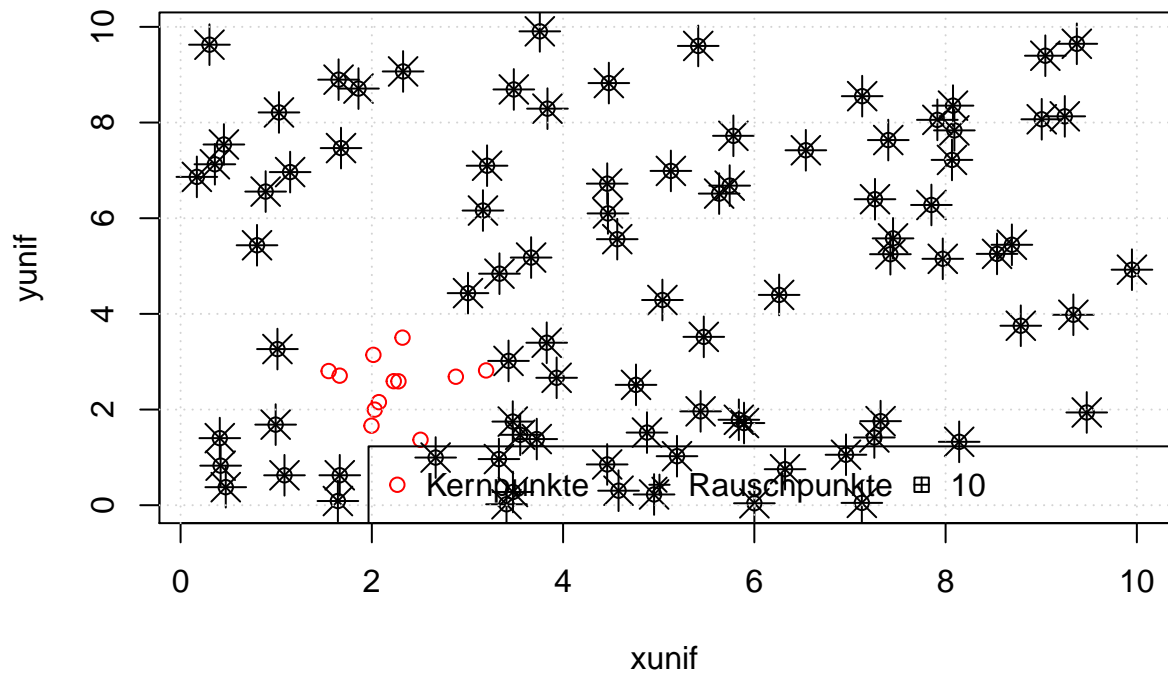




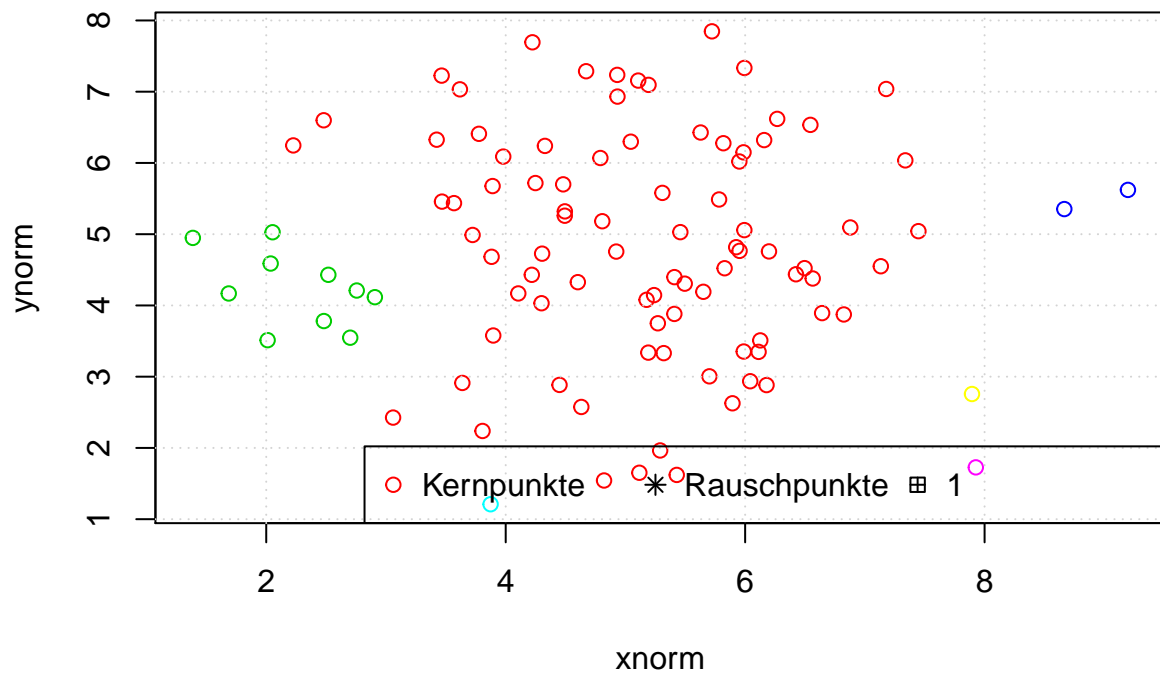


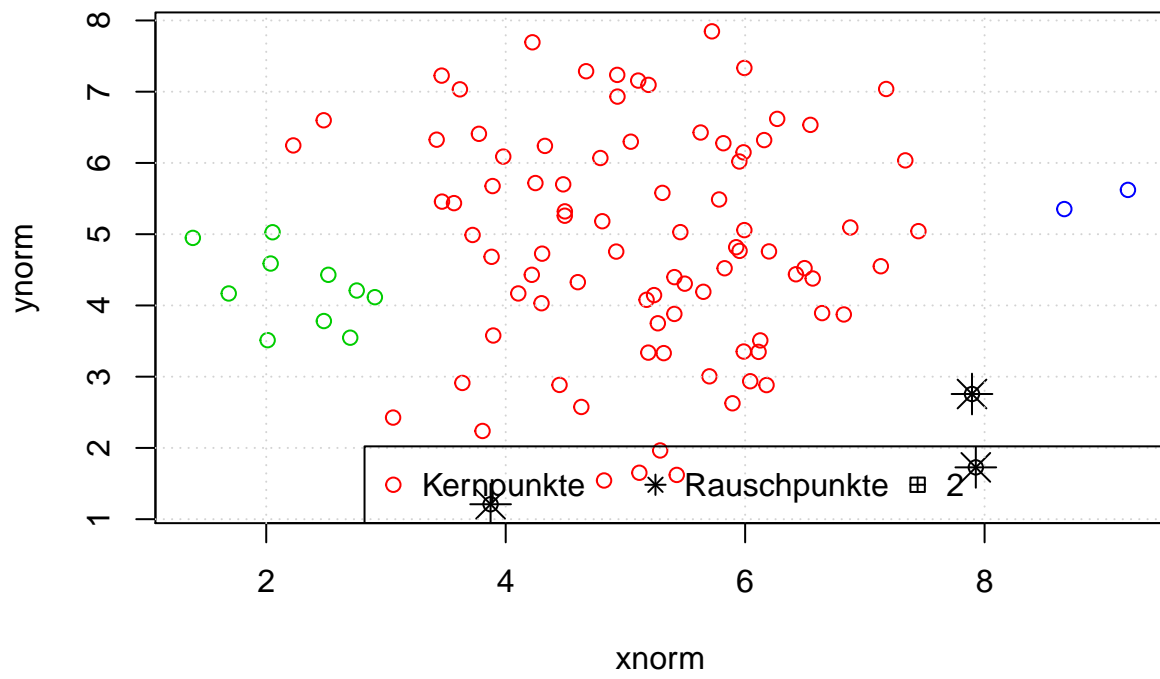


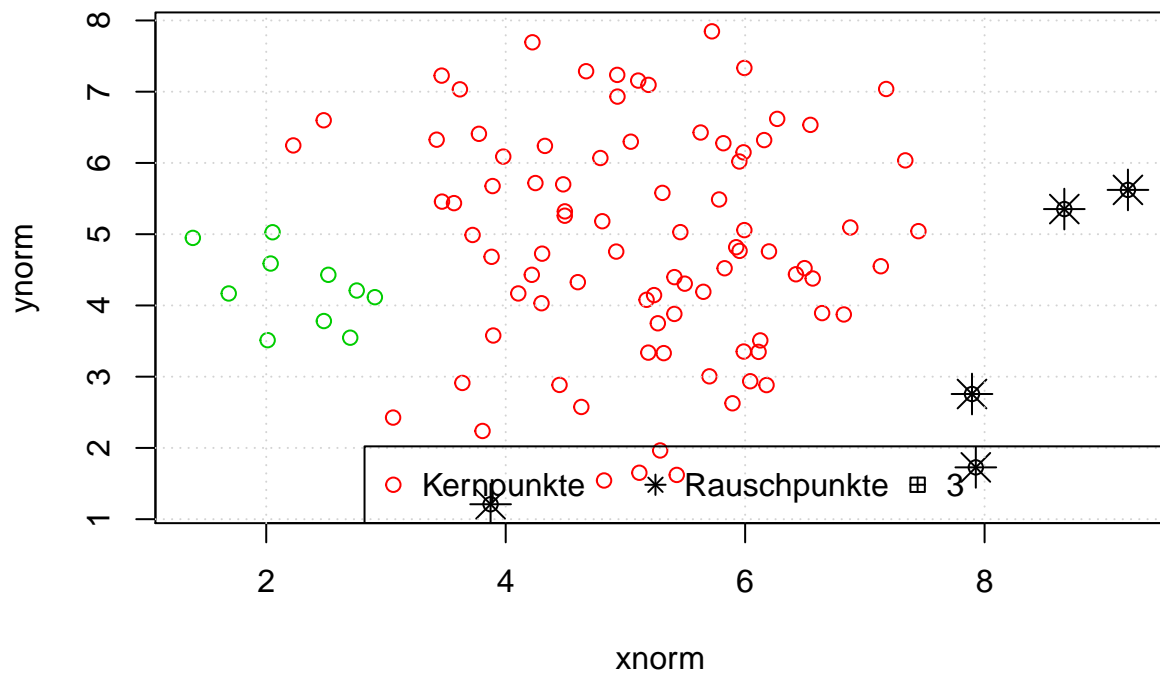


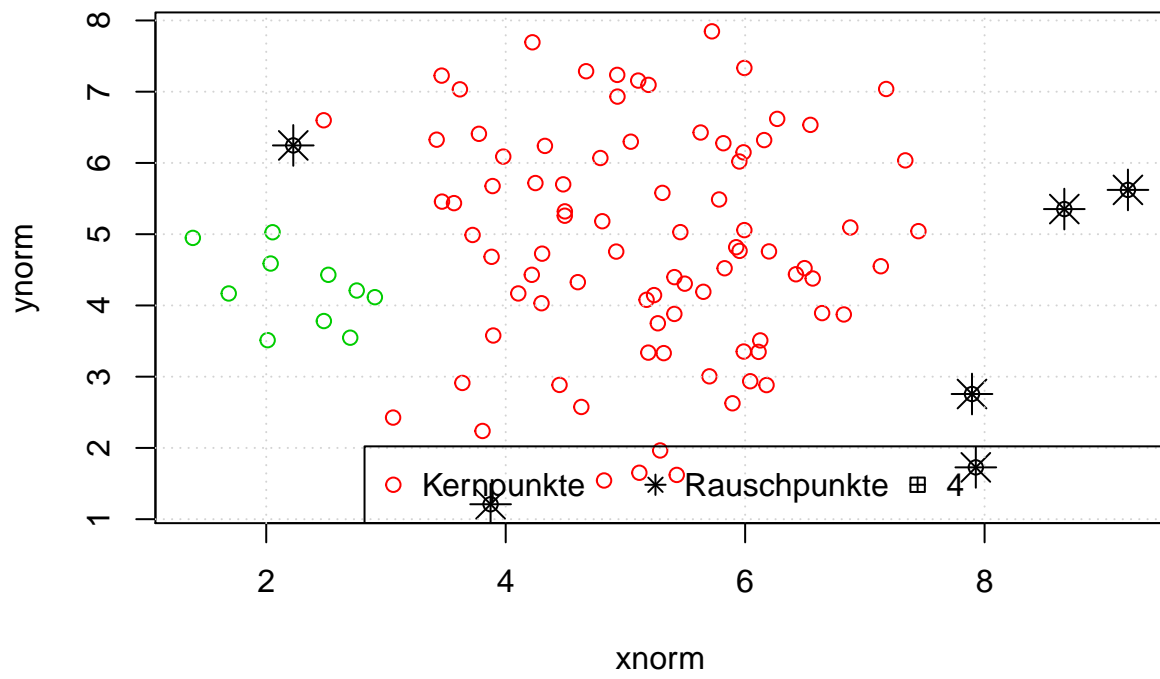


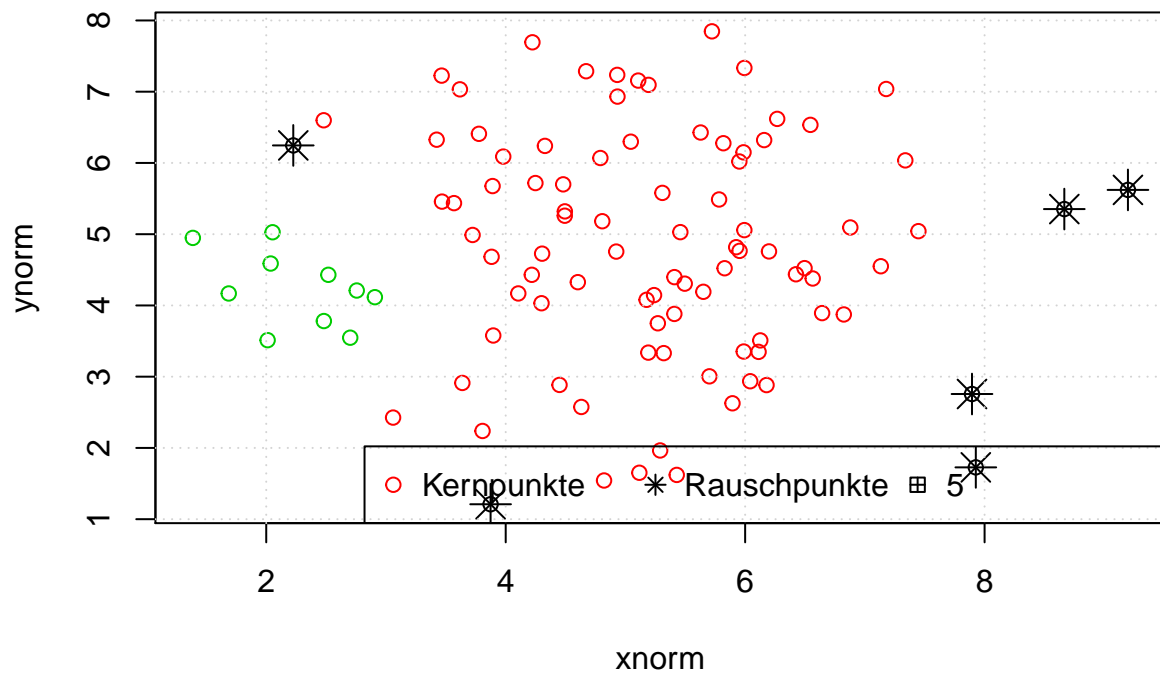
```
for (i in c(1:10)) {
  dbunif(norm,i)
  i=i+1
}
```

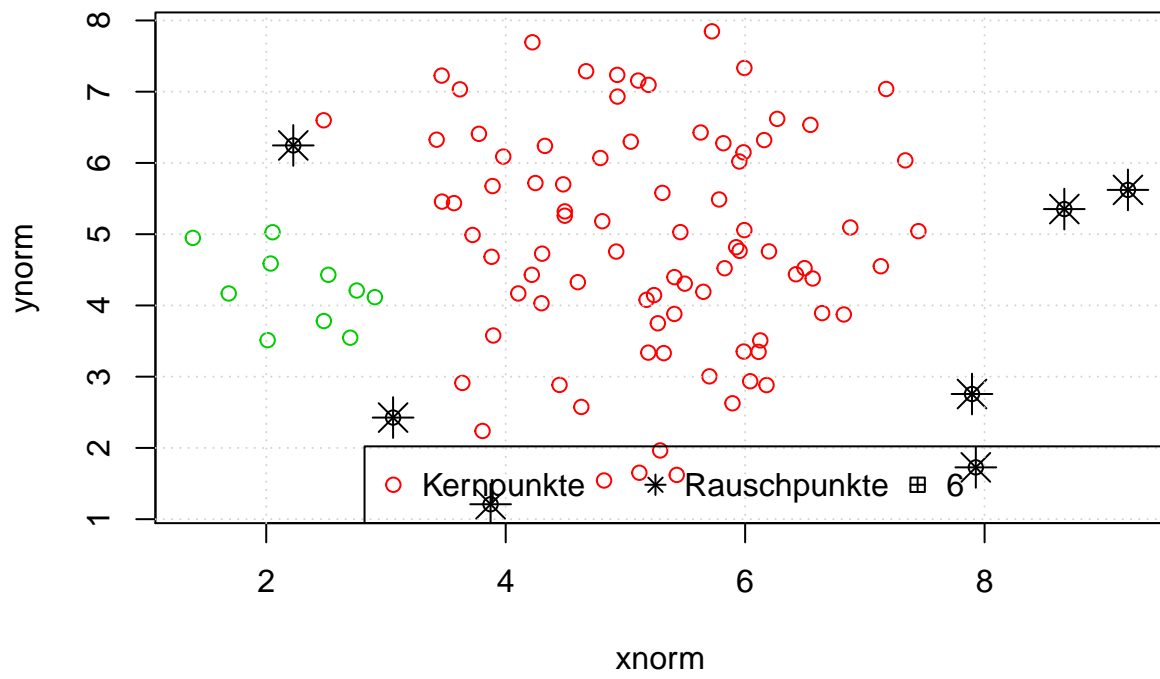


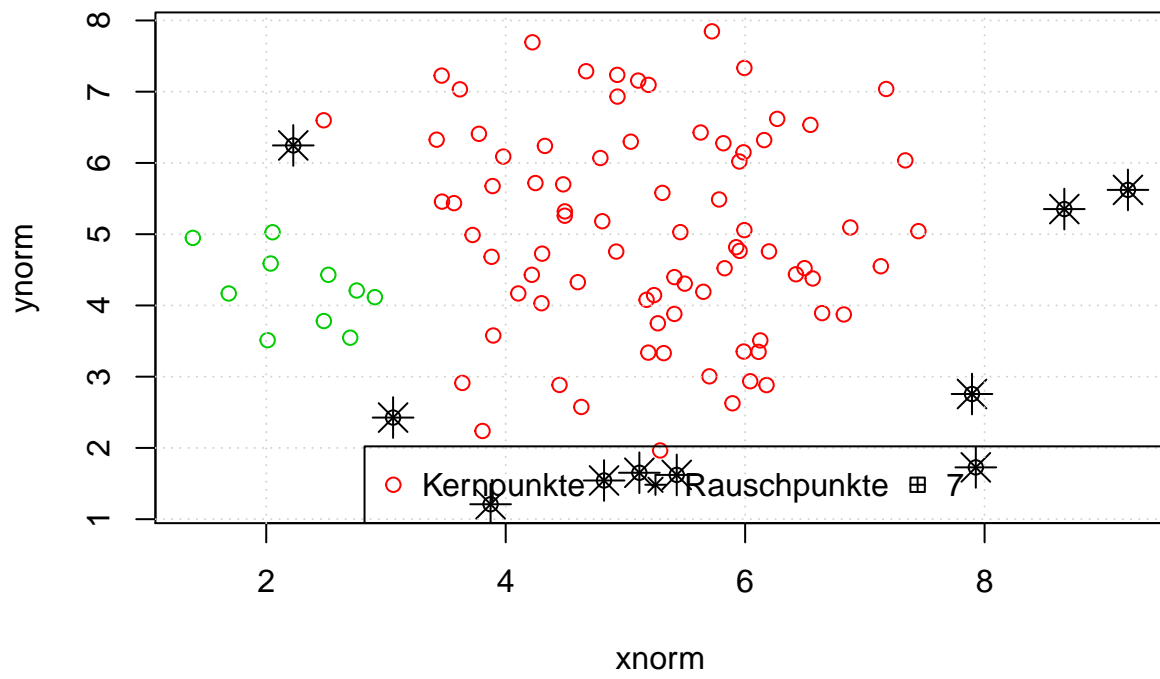


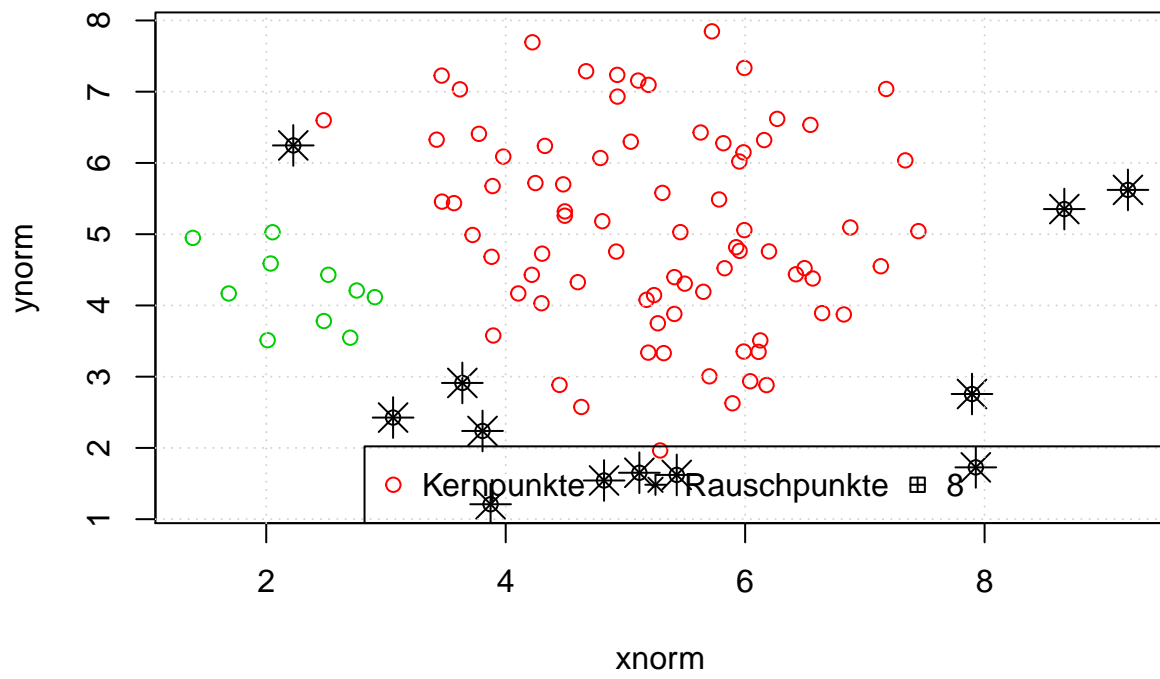


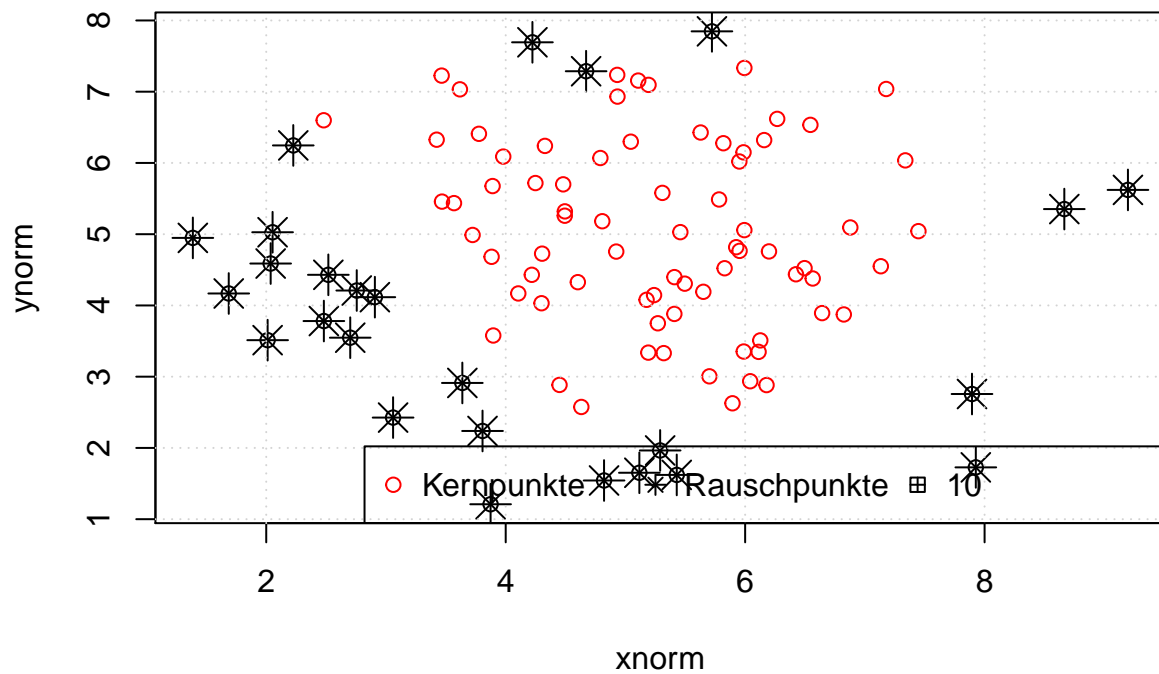












Es ist deutlich zu erkennen, dass die Anzahl der Rauschpunkte mit steigendem minPts Wert steigt. Da die Punkte, welche genügend nahe Nachbarn in der Epsilonumgebung besitzen, mit steigendem minPts Wert sinkt, war das auch zu erwarten.