实验四: 判别分析

沈雨萱 3180104691

目录

1	实验概况	-
2	实验结果	-

1 实验概况

- 一. 实验目的与要求:通过本试验项目,使学生理解并掌握如下内容(1)处理判别分析的基本步骤;(2)熟悉各类判别方法;
- 二. 实验内容 1. 利用第五章的数据和上机指导五,熟悉 R 在判别分析中的应用(请动手操作); 2. 采用"肝胆病患者检查数据"(见附件)。这是一组医院病人的资料,基本包括了四变量分别为: 总胆红素 (umol/L),白蛋白 (g/L),碱性磷酸酶,谷丙转氨酶和医生诊断结果,希望通过这组数据(学习样本)建立判别肝、胆疾病的判别函数,并应用于"体检数据"中,根据体检资料(见附件)分析是否有得肝胆疾病的可能性;

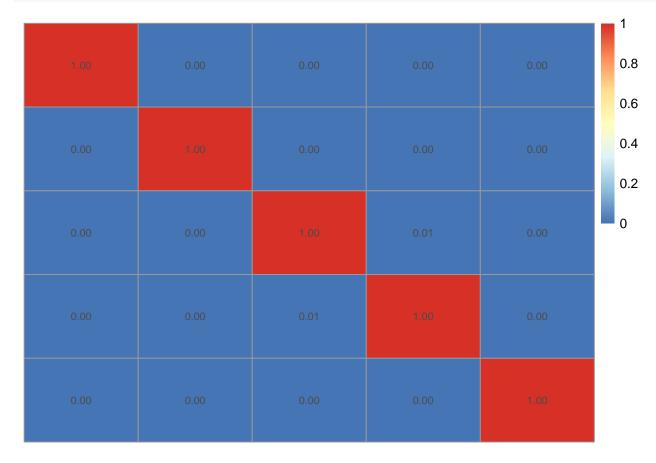
2 实验结果

a. 均值的显著性检验

```
data <- read.csv(" 肝胆病患者检查数据.csv",encoding = "UTF-8",na.strings=c(""," ","NA"))
d1=data %>% filter(group==1)
d1m=d1[1:nrow(d1),2:5]
d2=data %>% filter(group==2)
d2m=d2[1:nrow(d2),2:5]
d3=data %>% filter(group==3)
d3m=d3[1:nrow(d3),2:5]
d4=data %>% filter(group==4)
d4m=d4[1:nrow(d4),2:5]
```

2 实验结果 2

```
d5=data %>% filter(group==5)
d5m=d5[1:nrow(d5),2:5]
dlist <- list(d1m,d2m,d3m,d4m,d5m)
a <- matrix(0,5,5)
for (i in 1:5){
   for (j in 1:5){
      a[i,j] = HotellingsT2(dlist[[i]],dlist[[j]])$p.value
   }
}
pheatmap(a,cluster_rows = FALSE, cluster_cols = FALSE, display_numbers = TRUE)</pre>
```



可以看到 5 中疾病类型组间均值存在显著性差异

b. 建立判别函数

```
datar <- data[,2:6]
attach(datar)
lda(group~BIL+Alb+ALP+ALT, datar)</pre>
```

Call:

2 实验结果 3

```
## lda(group ~ BIL + Alb + ALP + ALT, data = datar)
##
## Prior probabilities of groups:
            1
                       2
                                                         5
##
## 0.31395349 0.04360465 0.17151163 0.09883721 0.37209302
##
## Group means:
                              ALP
                                         ALT
##
           BIL
                    Alb
## 1 88.96111 33.05463 139.00926 310.74074
## 2 155.84667 34.84000 192.13333 1303.60000
## 3 19.15593 42.70339 77.64407
                                   31.77966
## 4 23.54412 39.04706 109.41176
                                   47.67647
## 5
    14.05234 47.69375 60.10938
                                    23,28906
##
## Coefficients of linear discriminants:
##
                LD1
                              LD2
                                            LD3
                                                          LD4
## BIL -0.002624856 -0.0014151382 0.0169912889 -0.006453130
## Alb 0.158422305 -0.1181964481 0.0033508644 -0.099499017
## ALP -0.005435544 0.0001076113 -0.0121008443 -0.017931771
## ALT -0.002135831 -0.0028019445 -0.0007891008 0.001607685
##
## Proportion of trace:
      LD1
             LD2
                    LD3
                           LD4
##
## 0.8617 0.1300 0.0071 0.0011
c. 利用判别函数做判别
lda.sol <- lda(group~BIL+Alb+ALP+ALT, datar)</pre>
results <- predict(lda.sol, datar)
table(datar$group, results$class)
##
##
         1
             2
                 3
     1 88
             7
                         4
##
                 8
                     1
        7
             8
                 0
                     0
##
     2
                         0
         5
             0 12
                    0 42
##
     3
        10
                     3
                         8
##
     4
             0
                13
##
                     0 128
```

可以看到对疾病类型 3,4(慢胆,急胆)的预测效果不佳,对疾病类型 1,2,5的效果尚可

2 实验结果 4

c. 根据判别函数去分析体检数据

```
datatj <- read.csv(" 体检资料.csv",encoding = "UTF-8",na.strings=c(""," ","NA"))

tj_1 <- datatj[,c(16,18,20,22)]

colnames(tj_1) <- c('ALT','BIL','ALP','Alb')

results <- predict(lda.sol, tj_1)

table(results$class)
```

```
##
```

```
## 1 2 3 4 5
## 0 0 3 0 219
```

根据所建立的判别函数确定体检对象大多为正常,有少数可能有慢胆。