Załadowanie bibliotek

```
In [1]: import pandas as pd
        import numpy as np
        import seaborn as sns
        %matplotlib inline
        from matplotlib import pyplot as plt

        #Ustalenie stylu wykresów jako ggplot
        # plt.style.use('ggplot')
        from sklearn import preprocessing
        from sklearn import tree
        import sklearn.metrics as metrics
        from sklearn.model_selection import train_test_split
        import pydotplus
        from IPython.display import Image
```

Wczytanie danych

```
In [2]: # Ustalenie ścieżki do datasetu
        filename_mushrooms = './agaricus-lepiota.csv'

        # Wczytanie datasetu jako dataframe
        mushrooms_dataframe = pd.read_csv(filename_mushrooms, sep=";")

        # Wyświetlenie dataframe
        display(mushrooms_dataframe)
```

Zbiór danych ma 8124 wiersze i 23 kolumny (pierwsza kolumna to atrybut decyzyjny, a pozostałe 22 kolumny to atrybuty warunkowe). W celu dalszego zbadania datasetu i weryfikacji typów danych kategorycznych w każdej kolumnie, wypisano unikalne wartości każdej kolumny. Sprawdzono również, czy zbiór danych zawiera brakujące wartości lub niepotrzebne kolumny.

```
In [3]: print("Liczba różnych wartości atrybutów wraz z ich wartościami dla każdej kolumny:")
        for x in mushrooms_dataframe.columns:
            x_unique = mushrooms_dataframe[x].unique()
            print("{:>25}: {:>2} {}".format(x, x_unique.shape[0], x_unique))
```

```
Liczba różnych wartości atrybutów wraz z ich wartościami dla każdej kolumny:
                 classes:  2 ['p' 'e']
               cap-shape:  6 ['x' 'b' 's' 'f' 'k' 'c']
             cap-surface:  4 ['s' 'y' 'f' 'g']
               cap-color: 10 ['n' 'y' 'w' 'g' 'e' 'p' 'b' 'u' 'c' 'r']
```

```
                 bruises:  2 ['t' 'f']
                    odor:  9 ['p' 'a' 'l' 'n' 'f' 'c' 'y' 's' 'm']
          gill-attachment:  2 ['f' 'a']
             gill-spacing:  2 ['c' 'w']
                gill-size:  2 ['n' 'b']
               gill-color: 12 ['k' 'n' 'g' 'p' 'w' 'h' 'u' 'e' 'b' 'r' 'y' 'o']
              stalk-shape:  2 ['e' 't']
               stalk-root:  5 ['e' 'c' 'b' 'r' '?']
 stalk-surface-above-ring:  4 ['s' 'f' 'k' 'y']
 stalk-surface-below-ring:  4 ['s' 'f' 'y' 'k']
   stalk-color-above-ring:  9 ['w' 'g' 'p' 'n' 'b' 'e' 'o' 'c' 'y']
   stalk-color-below-ring:  9 ['w' 'p' 'g' 'b' 'n' 'e' 'y' 'o' 'c']
                veil-type:  1 ['p']
               veil-color:  4 ['w' 'n' 'o' 'y']
              ring-number:  3 ['o' 't' 'n']
                ring-type:  5 ['p' 'e' 'l' 'f' 'n']
        spore-print-color:  9 ['k' 'n' 'u' 'h' 'w' 'r' 'o' 'y' 'b']
               population:  6 ['s' 'n' 'a' 'v' 'y' 'c']
                  habitat:  7 ['u' 'g' 'm' 'd' 'p' 'w' 'l']
```

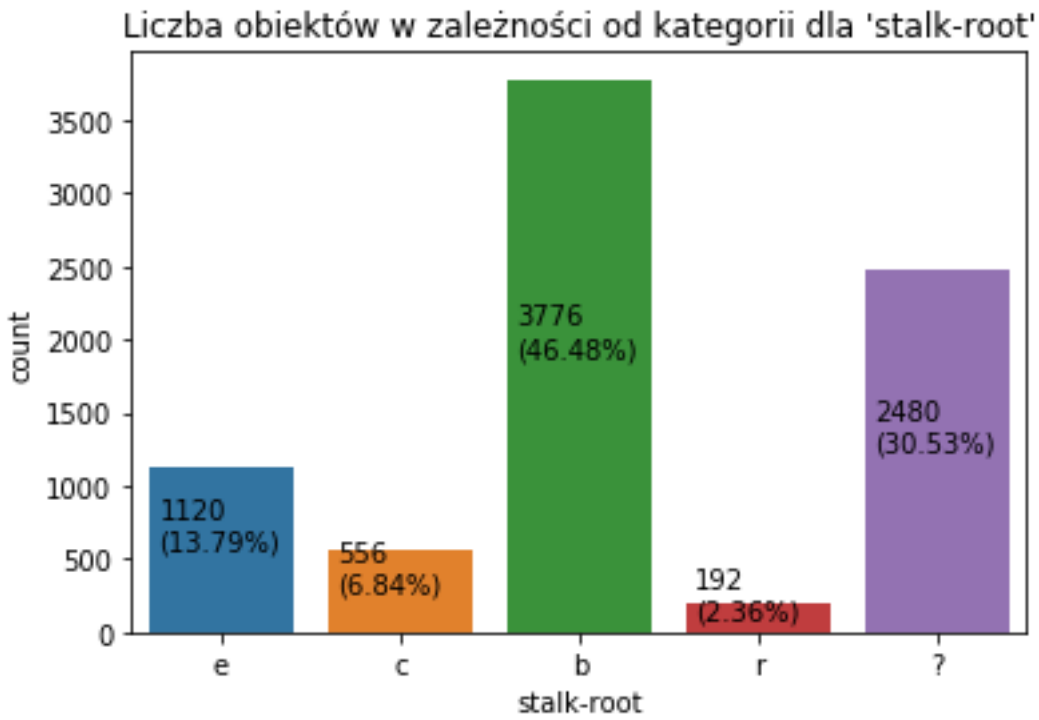
Zauważono, że spośród 22 atrybutów warunkowych, jedynie ‘veil-type’ zawiera tylko jedną wartość “p”. Zatem atrybut ten nie zapewnia żadnej wartości dodanej do klasyfikatora. Podjęto decyzję o usunięciu tej kolumny - utworzono generyczny kod usuwający wszystkie kolumny zawierające jedną wartość.

```
In [4]: print("Rozmiar mushrooms_dataframe przed usunięciem: ",mushrooms_dataframe.shape)

        # Usunięcie kolumn zawierających jedną wartośc
        for col in mushrooms_dataframe.columns.values:
            col_unique = mushrooms_dataframe[col].unique()
            if len(col_unique) == 1:
                print("Usunięto kolumnę '{}',która zawiera tylko jedną wartość: {}".format(col, col_unique[0]))
                mushrooms_dataframe = mushrooms_dataframe.drop(col, 1)

        print("Rozmiar mushrooms_dataframe po usunięciu: ",mushrooms_dataframe.shape)
```

```
Rozmiar mushrooms_dataframe przed usunięciem:  (8124, 23)
Usunięto kolumnę 'veil-type',która zawiera tylko jedną wartość: p
Rozmiar mushrooms_dataframe po usunięciu:  (8124, 22)
```

Stwierdzono również, że kolumna ‘stalk-root’ zawiera brakujące wartości. Zbadano udział brakujących wartości w zbiorze - utworzono generyczny kod badający udziały brakujących wartości.

```
In [5]: for x in mushrooms_dataframe.columns:
            x_unique = mushrooms_dataframe[x].unique()
            if '?' in x_unique:
                column = mushrooms_dataframe[x]
                column_count = column.count()
                column_value_count = column.value_counts()

                print("Liczba obiektów w zależności od kategorii i ich udział procentowy dla klasy '{}':\n".format(x))
                stat = column_value_count.to_frame()
                stat['percent'] = 100. * column_value_count / column_count
                print(stat)

                fig = plt.figure()
                fig.patch.set_facecolor('xkcd:white')
                ax = sns.countplot(x=x, data=mushrooms_dataframe)
                ax.set_title("Liczba obiektów w zależności od kategorii dla '{}'".format(x))

        #         for p in ax.patches:
        #             height = p.get_height()
        #             ax.text(p.get_x()+0.25, height+ 3, 'n=%.0f'%(height))

                for p in ax.patches:
                    ax.annotate('{:.0f}\n({:.2f}%)'.format(p.get_height(),
                                                           100. * p.get_height() / column_count),
                                                           (p.get_x()+0.05, p.get_height()//2))
                plt.show()

Liczba obiektów w zależności od kategorii i ich udział procentowy dla klasy 'stalk-root':

   stalk-root    percent
b        3776  46.479567
?        2480  30.526834
e        1120  13.786312
c         556   6.843919
r         192   2.363368
```



Możliwe działania do podjęcia w pzypadku występowania brakujących danych to m.in. usunięcie kolumn lub wierszy zawierających brakujące dane, wypełninie brakujących wartości inną wartościa np. z poprzedniej lub następnej komórki. Stwierdzono, że udzial procentowy brakujących wartości ('?') dla atrybutu 'stalk-root' wynosi ponad 30,5%. Podjeto decyzję sporządzeniu dwóch wersji zbioru danych: z usuniętymi wierszami oraz z usuniętymi kolumnami zawierającymi brakujące wartości.

Utworzono generyczny kod oczyszczający zbiór danych z wierszy zawierających brakujące wartości:

```
In [6]: # Wykonanie kopii danych
        mushrooms_dataframe_dropped_rows = mushrooms_dataframe.copy(deep=True)

        # Usunięcie wierszy
        for x in mushrooms_dataframe_dropped_rows.columns:
            to_delete_count = mushrooms_dataframe_dropped_rows[mushrooms_dataframe_dropped_rows[x] == '?'].shape[0]
            if to_delete_count > 0:
                mushrooms_dataframe_dropped_rows = mushrooms_dataframe_dropped_rows[mushrooms_dataframe_dropped_rows[x] != '?']
                print("W kolumnie '{}' usunięto {} wierszy zawierających brakujące wartości.".format(x, to_delete_count))
```

```
        print("mushrooms_dataframe_dropped_rows: ",mushrooms_dataframe_dropped_rows.shape)

        print("\n Podział atrybutu decyzyjnego:")
        print(mushrooms_dataframe_dropped_rows['classes'].value_counts())
```

```
W kolumnie 'stalk-root' usunięto 2480 wierszy zawierających brakujące wartości.
mushrooms_dataframe_dropped_rows:  (5644, 22)

 Podział atrybutu decyzyjnego:
e    3488
p    2156
Name: classes, dtype: int64
```

Utworzono generyczny kod oczyszczający zbiór danych z kolumn zawierających brakujące wartości powyżej zadanego progu procentowego (25%):

```
In [7]: # Próg procentowy usuwania kolumn z brakującymi wartościami
        drop_percentage = 0.25

        # Wykonanie kopii danych
        mushrooms_dataframe_dropped_cols = mushrooms_dataframe.copy(deep=True)

        # Zastąpienie znaku ? wartością nan
        for col in mushrooms_dataframe_dropped_cols:
            mushrooms_dataframe_dropped_cols.loc[mushrooms_dataframe_dropped_cols[col] == '?', col] = np.nan

        # Usunięcie kolumn
        for col in mushrooms_dataframe_dropped_cols.columns.values:
            no_rows = mushrooms_dataframe_dropped_cols[col].isnull().sum()
            percentage = no_rows / mushrooms_dataframe_dropped_cols.shape[0]
            if percentage >= drop_percentage:
                del mushrooms_dataframe_dropped_cols[col]
                print("Kolumna '{}' zawierająca {} brakujących wartości ({}% zbioru) została usunięta.".format(col, no_rows, percentage))

        print("mushrooms_dataframe_dropped_cols: ",mushrooms_dataframe_dropped_rows.shape)

        print("\n Podział atrybutu decyzyjnego:")
        print(mushrooms_dataframe_dropped_cols['classes'].value_counts())
```

```
Kolumna 'stalk-root' zawierająca 2480 brakujących wartości (0.3052683407188577% procent zbioru) została usunięta.
mushrooms_dataframe_dropped_cols:  (5644, 22)
```

```
 Podział atrybutu decyzyjnego:
e    4208
p    3916
Name: classes, dtype: int64
```

Przed przystąpieniem do budowy drzewa decyzyjnego należy zakodować wartości atrybutów (kolumn). Do zakodowania wartości kategorycznych użyta zostanie technika kodowania etykiet, która konwertuje każdą wartość w kolumnie na liczbę.

```
In [8]: print('Kodowanie danych z usuniętymi wierszami:')
        le_rows = preprocessing.LabelEncoder()
        for column in mushrooms_dataframe_dropped_rows.columns:
            mushrooms_dataframe_dropped_rows[column] = le_rows.fit_transform(mushrooms_dataframe_dropped_rows[column])

        print("Liczba różnych wartości atrybutów wraz z ich wartościami dla każdej kolumny po zakodowaniu:")
        for x in mushrooms_dataframe_dropped_rows.columns:
            x_unique = mushrooms_dataframe_dropped_rows[x].unique()
            print("{:>25}: {:>2} {}".format(x, x_unique.shape[0], x_unique))

        print('\n\nKodowanie danych z usuniętymi kolumnami:')
        le_cols = preprocessing.LabelEncoder()
        for column in mushrooms_dataframe_dropped_cols.columns:
            mushrooms_dataframe_dropped_cols[column] = le_cols.fit_transform(mushrooms_dataframe_dropped_cols[column])

        print("Liczba różnych wartości atrybutów wraz z ich wartościami dla każdej kolumny po zakodowaniu:")
        for x in mushrooms_dataframe_dropped_cols.columns:
            x_unique = mushrooms_dataframe_dropped_cols[x].unique()
            print("{:>25}: {:>2} {}".format(x, x_unique.shape[0], x_unique))
```

```
Kodowanie danych z usuniętymi wierszami:
Liczba różnych wartości atrybutów wraz z ich wartościami dla każdej kolumny po zakodowaniu:
                  classes:  2 [1 0]
                cap-shape:  6 [5 0 4 2 3 1]
              cap-surface:  4 [2 3 0 1]
                cap-color:  8 [4 7 6 3 2 5 0 1]
                  bruises:  2 [1 0]
                     odor:  7 [6 0 3 5 2 1 4]
           gill-attachment:  2 [1 0]
              gill-spacing:  2 [0 1]
                 gill-size:  2 [1 0]
                gill-color:  9 [2 3 0 4 7 1 6 5 8]
```

```
              stalk-shape:  2 [0 1]
               stalk-root:  4 [2 1 0 3]
 stalk-surface-above-ring:  4 [2 0 1 3]
 stalk-surface-below-ring:  4 [2 0 3 1]
   stalk-color-above-ring:  7 [5 2 4 3 0 1 6]
   stalk-color-below-ring:  7 [5 4 2 0 3 1 6]
              veil-color:  2 [0 1]
             ring-number:  3 [1 2 0]
               ring-type:  4 [3 0 1 2]
       spore-print-color:  6 [1 2 4 0 3 5]
              population:  6 [3 2 0 4 5 1]
                 habitat:  6 [5 1 3 0 4 2]


Kodowanie danych z usuniętymi kolumnami:
Liczba różnych wartości atrybutów wraz z ich wartościami dla każdej kolumny po zakodowaniu:
                 classes:  2 [1 0]
               cap-shape:  6 [5 0 4 2 3 1]
             cap-surface:  4 [2 3 0 1]
               cap-color: 10 [4 9 8 3 2 5 0 7 1 6]
                 bruises:  2 [1 0]
                    odor:  9 [6 0 3 5 2 1 8 7 4]
          gill-attachment:  2 [1 0]
             gill-spacing:  2 [0 1]
                gill-size:  2 [1 0]
               gill-color: 12 [ 4  5  2  7 10  3  9  1  0  8 11  6]
              stalk-shape:  2 [0 1]
 stalk-surface-above-ring:  4 [2 0 1 3]
 stalk-surface-below-ring:  4 [2 0 3 1]
   stalk-color-above-ring:  9 [7 3 6 4 0 2 5 1 8]
   stalk-color-below-ring:  9 [7 6 3 0 4 2 8 5 1]
              veil-color:  4 [2 0 1 3]
             ring-number:  3 [1 2 0]
               ring-type:  5 [4 0 2 1 3]
       spore-print-color:  9 [2 3 6 1 7 5 4 8 0]
              population:  6 [3 2 0 4 5 1]
                 habitat:  7 [5 1 3 0 4 6 2]
```

Mając zakodowane dane, należy dokonać ich podziału na atrybuty warunkowe (zmienna X_*) i decyzyjne (zmienna Y_*).

```
In [9]: X_dropped_rows = mushrooms_dataframe_dropped_rows.drop(['classes'], axis=1)
```

```
Y_dropped_rows = mushrooms_dataframe_dropped_rows['classes']

X_dropped_cols = mushrooms_dataframe_dropped_cols.drop(['classes'], axis=1)
Y_dropped_cols = mushrooms_dataframe_dropped_cols['classes']
```

Kolejnym podziałem, który należy wykonać, jest podział danych na część treningową i testową. Założono, że rozmiar części testowej będzie wynosił 33% wszystkich danych. W celu zachowania powtarzalności wyników parametr random_state ustawiono na wartość 30 (ustawienie innej wartości bedzie powodowało wygnerowanie innego podziału danych i innego drzewa decyzyjnego).

```
In [10]: random_state = 30

         X_train_dr, X_test_dr ,Y_train_dr, Y_test_dr = train_test_split(X_dropped_rows, Y_dropped_rows, test_size = 0.33, random_state=random_state)

         X_train_dc, X_test_dc ,Y_train_dc, Y_test_dc = train_test_split(X_dropped_cols, Y_dropped_cols, test_size = 0.33, random_state=random_state)
```

Utworzono funkcję sprawdzającą jakość klasyfikacji zbudowanego drzewa, funkcję budującą drzewo oraz funkcję sprawdzająca istotność atrybutu. Funkcji sprawdzająca jakość klasyfikacji zbudowanego drzewa, wypisuje wartości Accuracy, czyli współczynnik dokładności modelu do danych testowych, Precision - procent elementów będących istotnymi oraz Recall - procent istotnych elementów, które zostały wybrane.

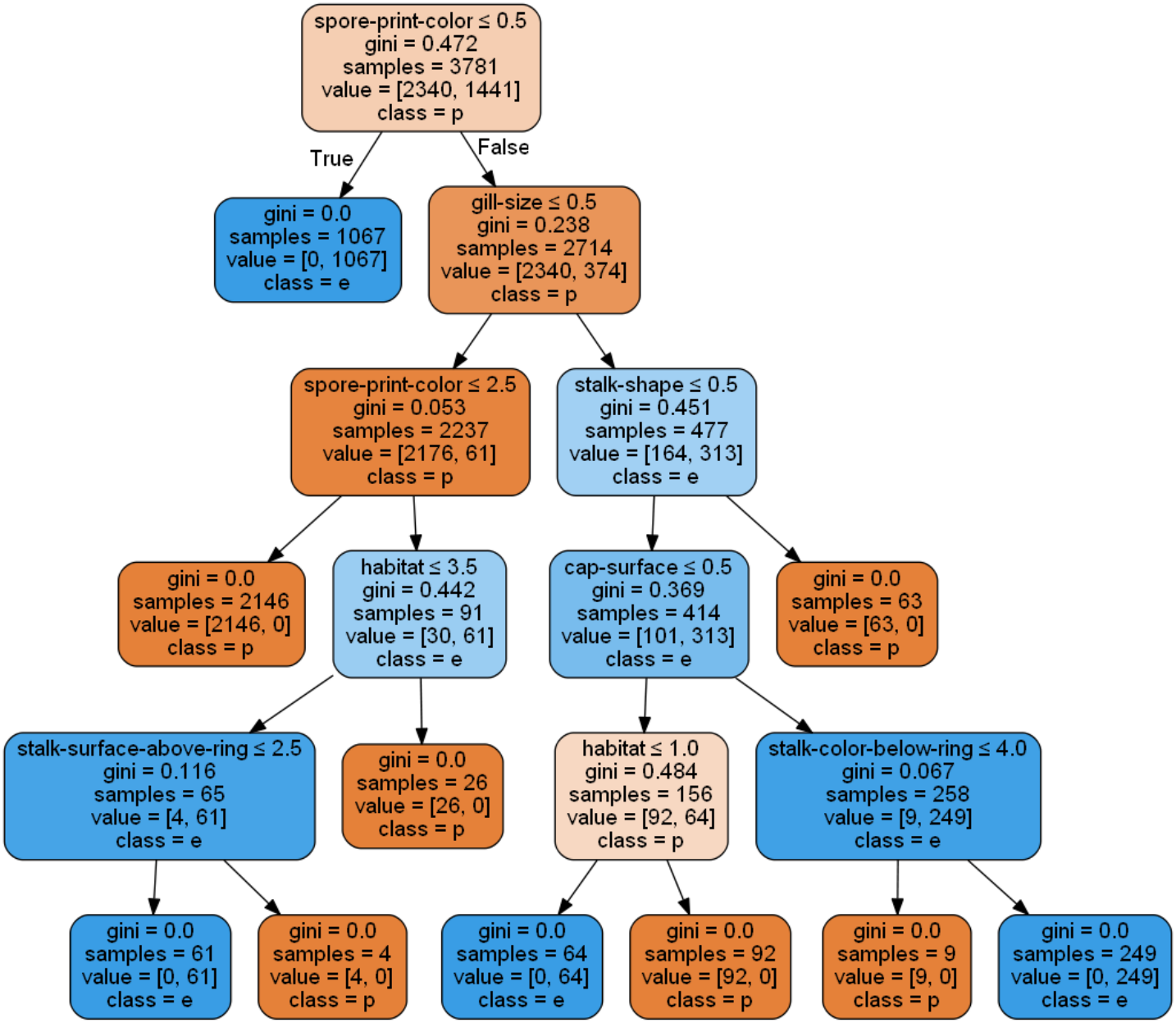
```
In [11]: def test_tree(clf, X_train, X_test, Y_train, Y_test, print_res=True):
             clf       = clf.fit(X_train, Y_train)
             score     = clf.score(X_test, Y_test)
             precision = metrics.precision_score(Y_test, clf.predict(X_test))
             recall    = metrics.recall_score(Y_test, clf.predict(X_test))
             res = (score, precision,recall)
             if print_res:
                 print("Accuracy = %f / Precision = %f / Recall = %f" % res)
             return res

         def build_tree(X, X_train, X_test, Y_train, Y_test, random_state, **kwargs):
             clf = tree.DecisionTreeClassifier(random_state=random_state, **kwargs)
             clf = clf.fit(X_train, Y_train)

             dot_data = tree.export_graphviz(clf, out_file=None,
                                             feature_names=X.columns,
                                             class_names=['p','e'],
                                             filled=True, rounded=True,
                                             special_characters=True)
             graph = pydotplus.graph_from_dot_data(dot_data)
             display(Image(graph.create_png()))

             test_tree(clf, X_train, X_test, Y_train, Y_test);
```

```
        return clf

    def attribute_importance(clf, X):
        attrs = X.columns.values
        attr_importance = clf.feature_importances_
        sorted_attr_importance = np.argsort(attr_importance)
        range_sorted_attr_importance = range(len(sorted_attr_importance))

        plt.figure(figsize=(8, 7))
        plt.barh(range_sorted_attr_importance, attr_importance[sorted_attr_importance])
        plt.yticks(range_sorted_attr_importance, attrs[sorted_attr_importance])
        plt.xlabel('Importance')
        plt.title('Attribute importances')
        plt.draw()
        plt.show()
```

W oparciu o przygotowane dane zbudowano drzewa decyzyjne.

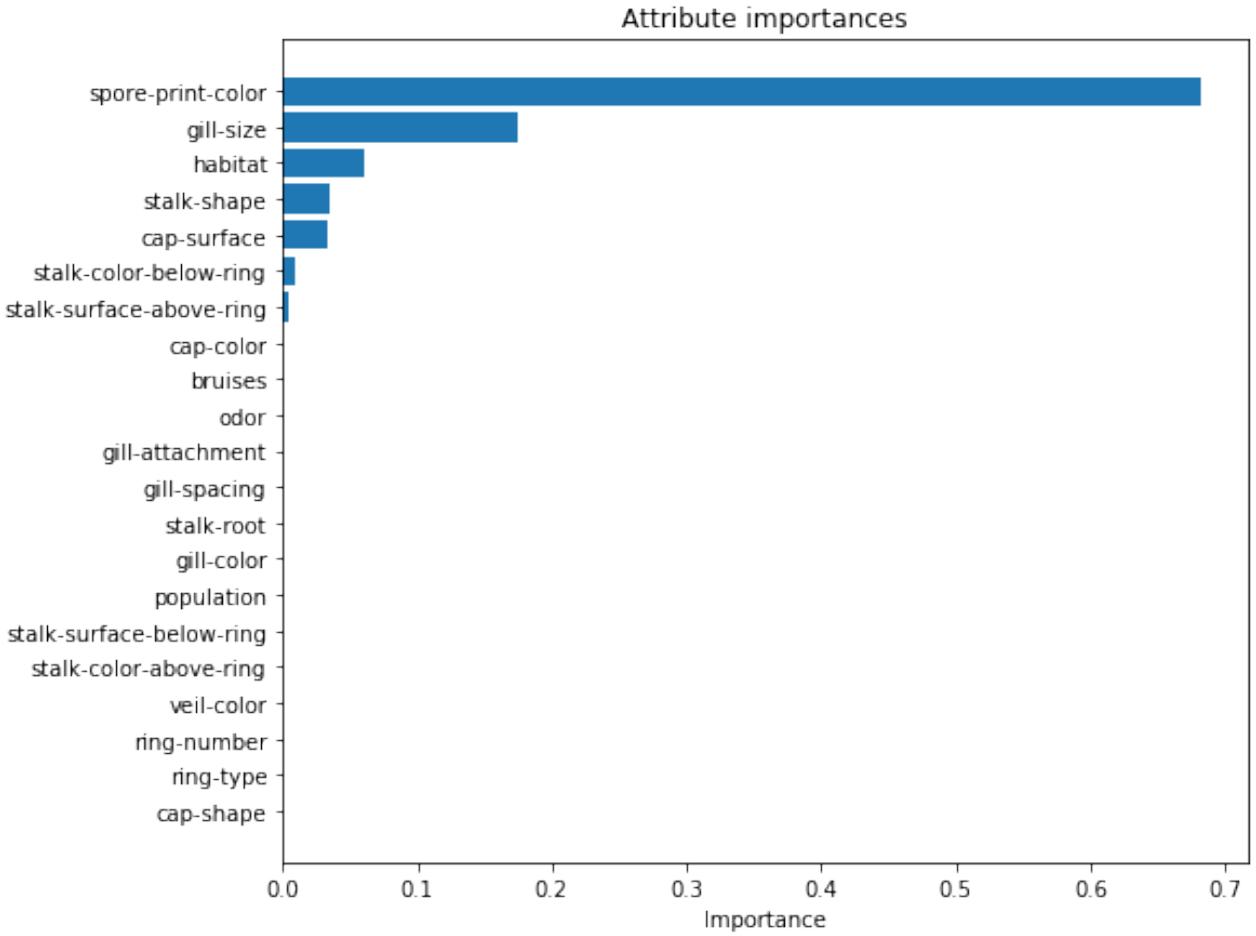
1. Dokonano klasyfikacji zbioru danych z usuniętymi wierszami, które zawierały braki danych:

```
In [12]: clf = build_tree(X_dropped_rows, X_train_dr, X_test_dr, Y_train_dr, Y_test_dr, random_state)
```



Accuracy = 1.000000 / Precision = 1.000000 / Recall = 1.000000

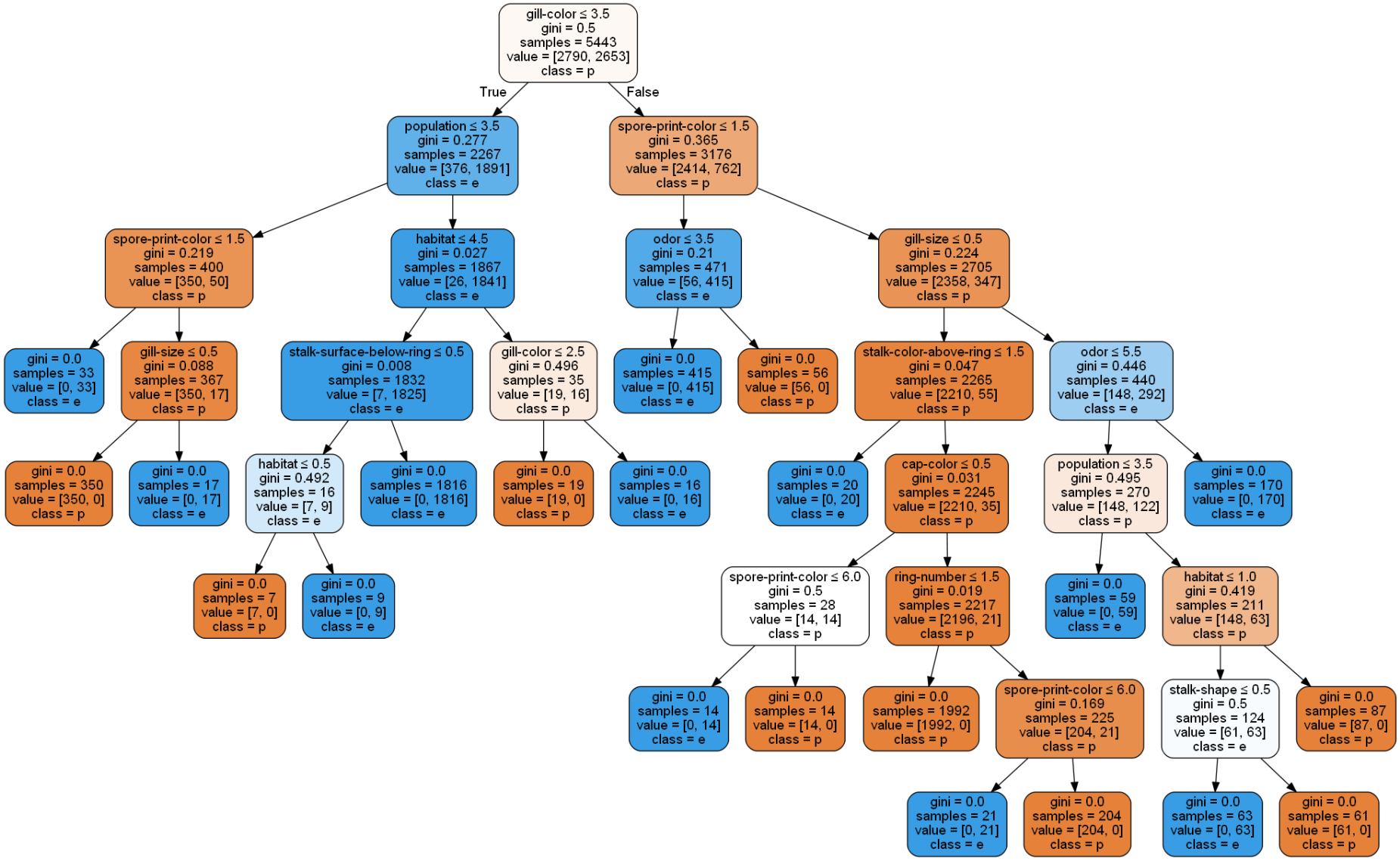
```
In [13]: attribute_importance(clf, X_dropped_rows)
```



Wygenerowane drzewo decyzyjne posiada głębokość wynoszącą 5. Ponadto zauważono, że najważnijszymi atrybutami są: spore-print-color oraz gill-size. Mniejsze znaczenie mają atrybuty: habitat, stalk-shape oraz cap-surface. Pozostałe atrybuty uznano za nieznaczące.

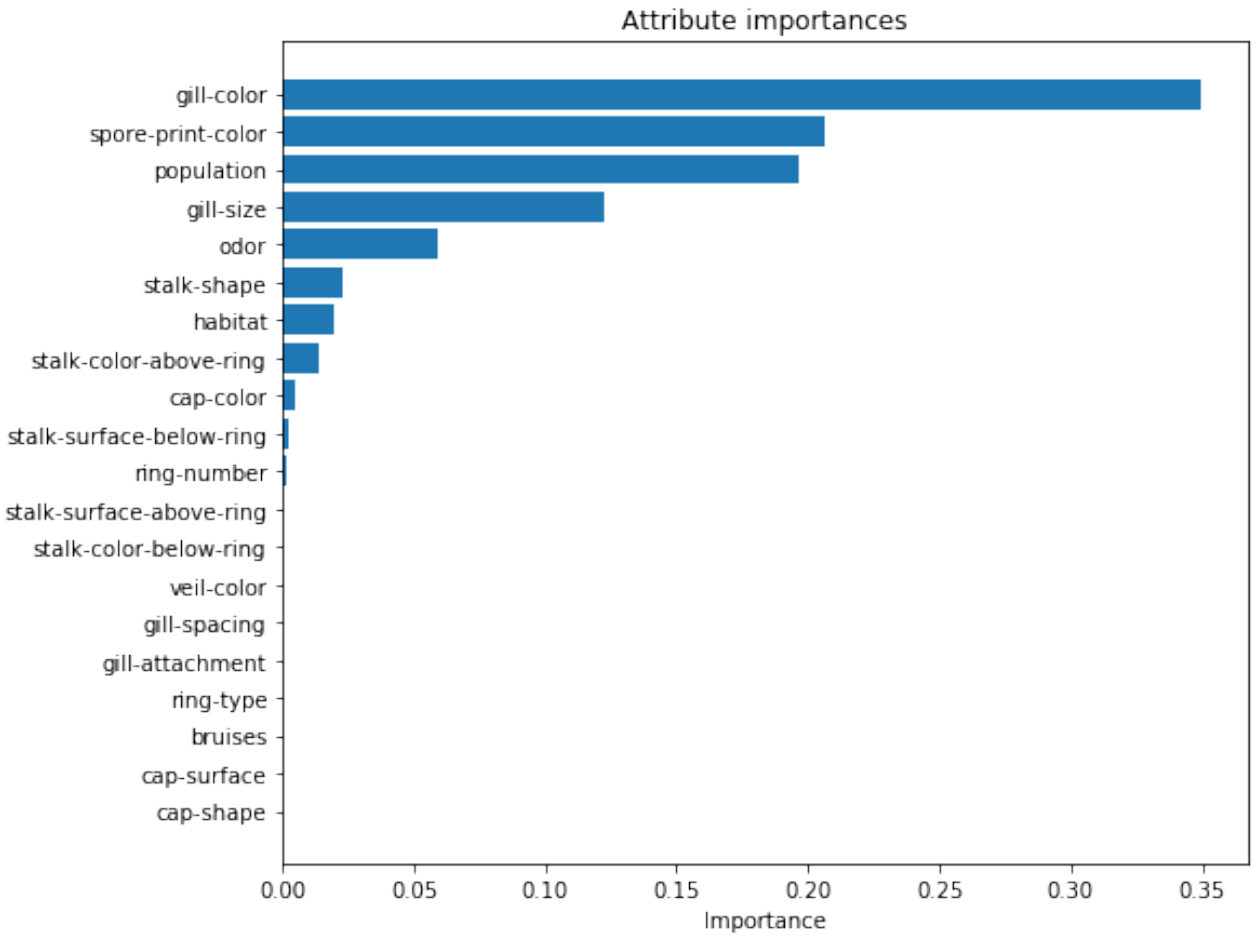
2. Dokonano klasyfikacji zbioru danych z usuniętymi kolumnami, które zawierały braki danych:

In [14]: clf = build_tree(X_dropped_cols, X_train_dc, X_test_dc ,Y_train_dc, Y_test_dc, random_state)



Accuracy = 1.000000 / Precision = 1.000000 / Recall = 1.000000

```
In [15]: attribute_importance(clf, X_dropped_cols)
```



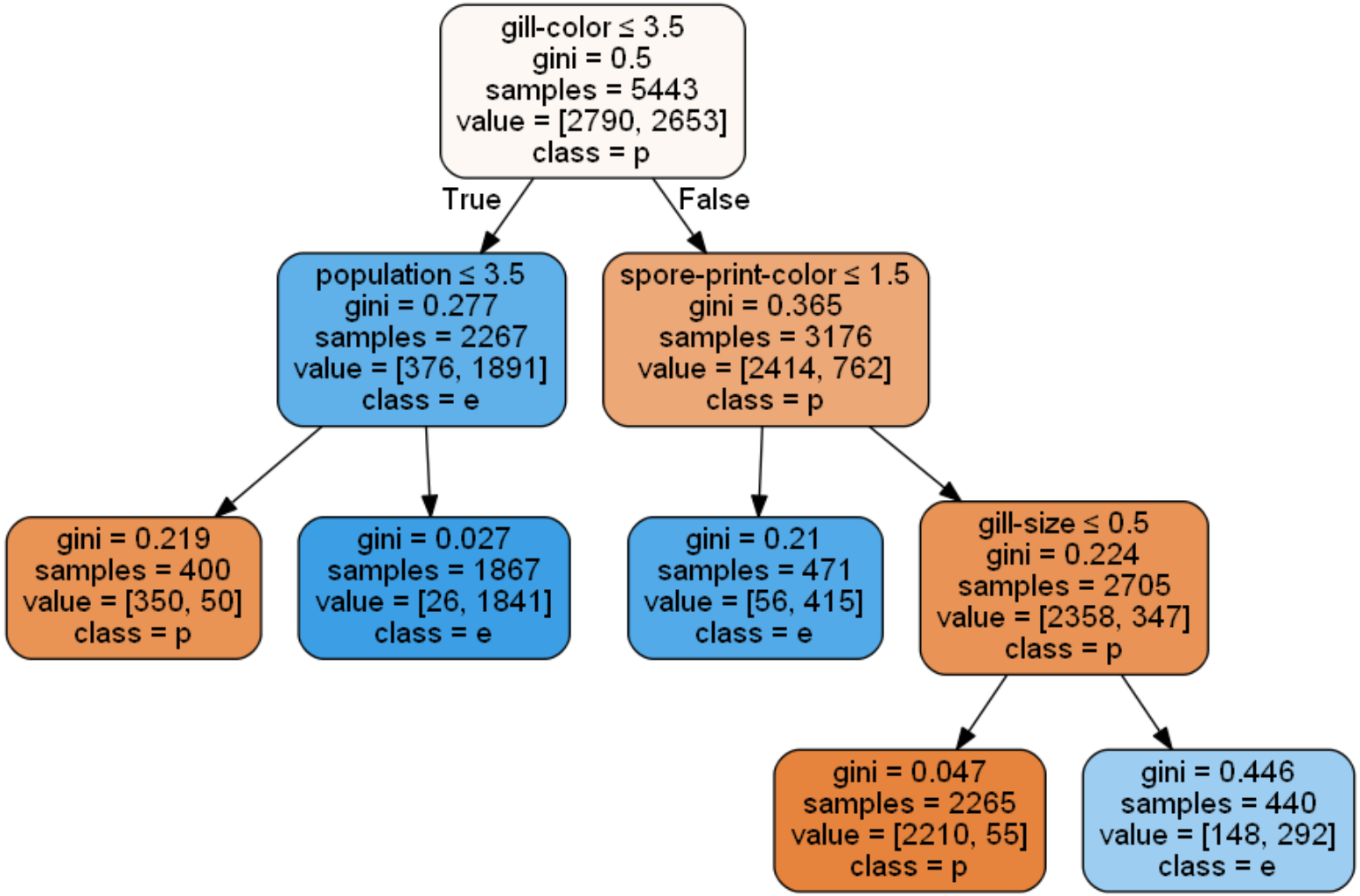
Zauważono, że drzewo wygenerowane przy użyciu danych z usuniętymi kolumnami jest bardziej rozbudowano niż drzewo wygenerowane przy użyciu danych z usuniętymi wierszami, ponieważ zostało ono skonstruowano przy użyciu zbioru o większej liczbie próbek. Wygenerowane drzewo decyzyjne posiada głębokość wynoszącą 7. Zauważono również, że najważnijszymi atrybutami są: gill-color, spore-print-color, population oraz gill-size. Mniejsze znaczenie mają atrybuty: odor, stalk-shape, habitat oraz stalk-color-above-ring. Pozostałe atrybuty uznano za nieznaczące.

Do kolejnych eksperymentów użyto z usuniętymi kolumnami, ponieważ założono że większy zbiór danych może lepiej odzwierciedlać problem klasyfikacji grzybów.

3. Dokonano klasyfikacji zbioru danych z usuniętymi kolumnami ze zmienionymi parametrami. Parametry dobierano tak, aby zmnijeszyć wielkość drzewa decyzyjnego,

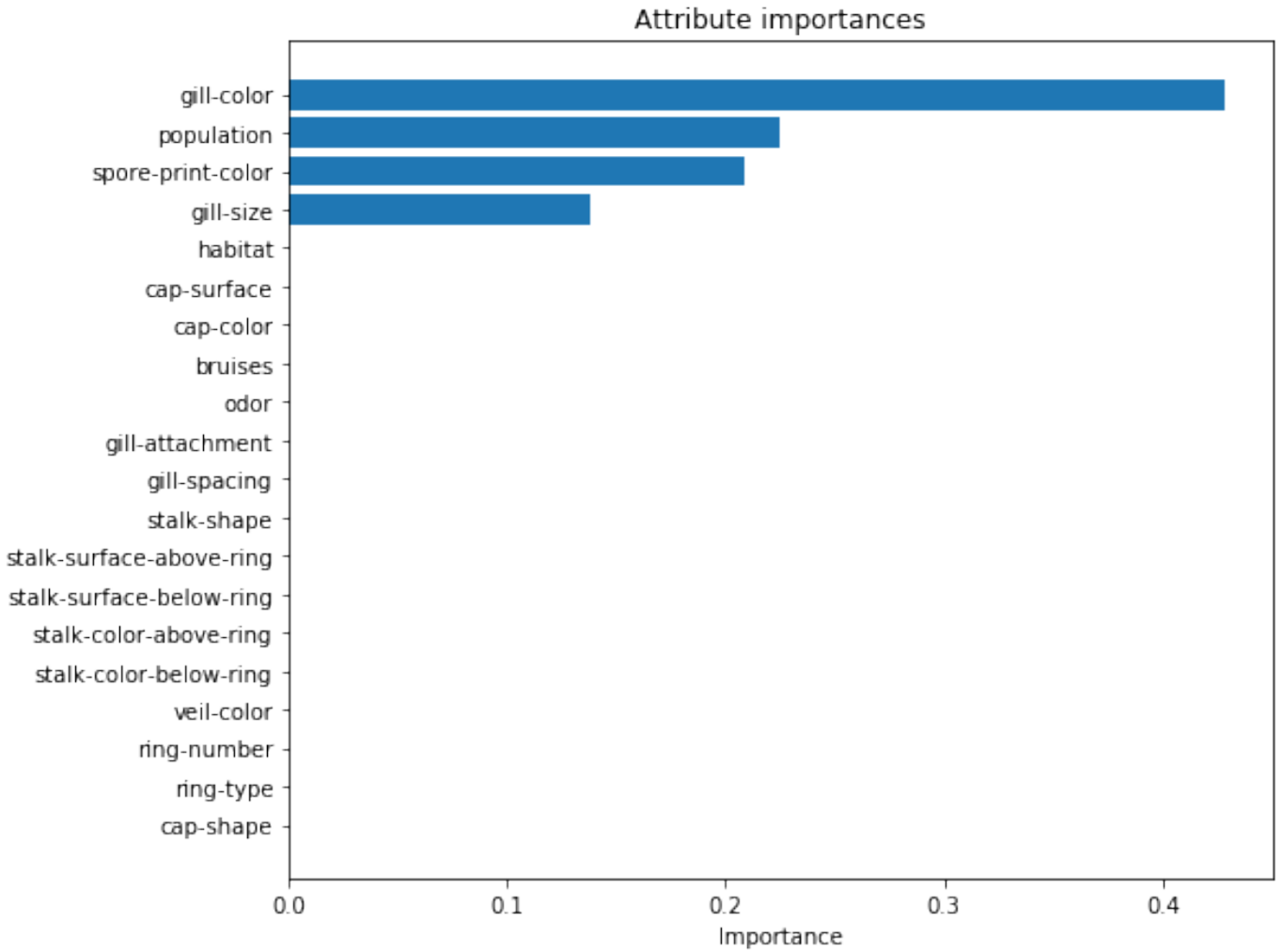
jednocześnie zachowując wysoką jakość klasyfikacji. Podczas ekspoerymentów zauważono, że w przypadku analizowanego zbioru dancych kryterium podziału nie ma istotnego wpływu na wygląd i jakość drzewa.

```
In [16]: clf = build_tree(X_dropped_cols, X_train_dc, X_test_dc ,Y_train_dc, Y_test_dc, random_state,
                          criterion="gini", max_depth=2, min_samples_split=200, min_samples_leaf=60, max_leaf_nodes=5)
```




```
Accuracy = 0.941440 / Precision = 0.919575 / Recall = 0.959620
```

```
In [17]: attribute_importance(clf, X_dropped_cols)
```



Ustalenie własnych parametrów drzewa decyzyjnego pozwoliło zmnijeszyć jego głębokość do 3, przy jednoczesnym zachowaniu dobrej jakości klasyfikacji. Współczynnik dokładności zmnijeszym się jedynie do około 94%, wartość Precission do około 91%, a Recall do około 95%. Zauważono również, że najważnijesze atrybutty, tj. gill-color, spore-print-color, population oraz gill-size zostały zachowane.