# 浙江工艺大学

数据挖掘实验



计算机科学与技术学院

## 决策树和朴素贝叶斯

### 一、实验目的

熟悉决策树构造以及剪枝的基本方法。

#### 二、实验内容

本实验数据集: breast\_cancer2。注意,该数据集与之前从 sklearn 中导入的 breast\_cancer 是两个不同的数据集。breast\_cancer2 包含 9 个属性,286 个样本,两个类别。第一列为类别标签,分别是乳腺癌复发(recurrence-events)和未复发(no-recurrence-events)。9 个属性的取值范围如下:

age: 10-19, 20-29, 30-39, 40-49, 50-59, 60-69, 70-79, 80-89, 90-99.

menopause: 1t40, ge40, premeno.

tumor-size: 0-4, 5-9, 10-14, 15-19, 20-24, 25-29, 30-34, 35-39, 40-44, 45-49, 50-54, 55-59.

inv-nodes: 0-2, 3-5, 6-8, 9-11, 12-14, 15-17, 18-20, 21-23, 24-26, 27-29, 30-32, 33-35, 36-39.

node-caps: yes, no.
deg-malig: 1, 2, 3.
breast: left, right.

breast-quad: left-up, left-low, right-up, right-low, central.

irradiat: yes, no.

#### 1. 数据集准备

- 1.1 从文件导入 breast\_cancer2 数据集:x=pd.read\_csv('D:/数据集/breast\_cancer2', header=None), 查看数据集基本信息、缺失情况、以及每个类别大小。
- 1.2 用实验 4 中的分层留出法 StrateSplit (20%测试集,设随机种子为 42) 把数据集划分为训练集(X\_train, y\_train)和测试集(X\_test,y\_test)。
- 1.3 实际上该数据集包含少量用"?"标记的缺失值,用 na 代替'?'后,重新查看训练集缺失情况,并用对应属性的众数替换缺失值,得到 X\_train\_fill。
- 1.4 对 X train fill 进行标准化(均值为 0,标准差为 1)得到 X train fill std。
- 1.5 对测试集做同样的预处理:用 na 代替'?',基于**训练集**各属性的众数对测试集进行缺失值填充得到 X\_test\_fill,以及基于**训练集**的均值和标准差对测试

集进行标准化得到 X\_test\_fill\_std。

- 1.6 把以上 2 个版本的训练和测试集的数据和标签拼接并保存分别保存到文件, 如 train=pd. concat([X\_train\_fill, y\_train], axis=1), train. to\_csv("train\_filled.csv")
- 1.7 **思考与分析**: 为什么要先分割然后对测试集用训练集同样方法(用训练集各个特征的众数以及均值和标准差)进行预处理,而不是对整个数据集预处理后进行分割?

#### 2. 决策树构造与测试

- 2.1 以基尼指数(gini-index)为属性划分标准用 X\_train\_fill 构建决策树,并 画出决策树。
- 2.2 用以上决策树得到测试集 X\_test\_fill 上的 F1。
- 2.3以信息增益(information gain)为划分标准,重复 2.1 和 2.2。比较结果是否有变化。
- 2. 4 以基尼指数(gini-index)为属性划分标准用  $X_{train}_{fill}_{std}$  构建决策树,用以上决策树得到测试集  $X_{test}_{fill}_{std}$  上的 F1,对比 2. 2 中结果讨论决策树对数据标准化是否敏感。

#### 3. 剪枝(选做)

- 3.1 通过以下两种方式进行简单预剪枝: a. 设置 min\_samples\_split(默认为 2, 一个中间节点被划分需要包含的最小样本数目,如果小于该值,则即便不纯也不再划分)。b. 设置 min\_impurity\_split(默认为 0, 一个中间节点的不纯程度低于该值就不再生长,即用最多类标记该叶子节点)。
- 3.2 画出剪枝后的决策树,对比剪枝前后的效果,讨论剪枝的用途。
- 3.3 用剪枝后的决策树对上面同一测试集标签进行预测并计算 F1,并分析什么时候剪枝会降低模型准确率。

#### 4. 朴素贝叶斯分类器以及拉普拉斯修正

- 4.1 从文件中导入划分以及处理好的 2 个版本的 breast\_cancer 2 的训练集和测试集,即填充但没有标准化的,以及填充且标准化的。
- 4.2 用未标准化版本,编程实现朴素贝叶斯分类(先建模再预测的模式),预测测试集结果并计算 F1。

- 4.3 进行拉普拉斯修正后,预测测试集结果并计算 F1, 比较两次结果,分析拉普拉斯修正的作用。
- 4.4 用标准化版本,重复1.2 实验内容,对比结果,讨论朴素贝叶斯是否对标准化敏感。

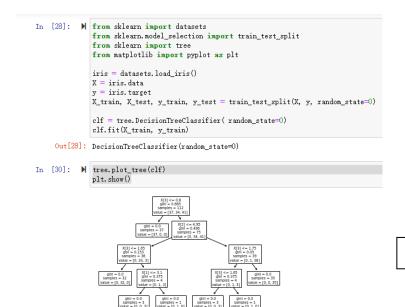
\_\_\_\_\_\_\_

#### 提示和参考信息:

大家可以参考课件上的决策树构造基本算法(ID3)编写以上决策树构造和剪枝函数。也可以调用 sklearn.tree.**DecisionTreeClassifier**进行决策树构建。调用该算法要注意: <u>DecisionTreeClassifier</u>为 CART 算法,默认处理连续型属性,如果给定数据包含类别型属性,需要转换; <u>DecisionTreeClassifier</u> 默认把所有属性预处理成二值属性后再构建决策树,即每个中间节点只有两个分支。

sklearn 中决策树分类 <u>DecisionTreeClassifier</u> 例子,包括决策树构建\画图\测试,注意各参数的作用和默认设置。

https://scikit-learn.org/stable/modules/tree.html 例子:



更多决策树可视化用: graphviz