

Indukcyjne metody analizy danych

Ćwiczenie 1

Klasyfikator oparty na twierdzeniu Bayesa przy naiwnym założeniu o wzajemnej niezależności atrybutów

Prowadzący: dr inż. Paweł Myszkowski

Student: Piotr Bielak, 218137

WT 17:05

Wrocław, 13 marca 2018r.

Spis treści

1	Wprowadzenie	3
1.1	Cel ćwiczenia	3
1.2	Klasyfikator Bayesowski	3
1.3	Dyskretyzacja	4
1.4	Krosvalidacja	4
1.5	Metryki	5
2	Eksperyment	6
2.1	Założenia	6
2.2	Wyniki dyskretyzacji	6
2.2.1	Zbiór danych - "Diabetes"	6
2.2.2	Zbiór danych - "Glass"	8
2.2.3	Zbiór danych - "Wine"	10
2.3	Wyniki krosvalidacji	12
2.3.1	Zbiór danych - "Diabetes"	12
2.3.2	Zbiór danych - "Glass"	15
2.3.3	Zbiór danych - "Wine"	18
3	Wnioski	21
4	Bibliografia	21

1 Wprowadzenie

1.1 Cel ćwiczenia

Celem ćwiczenia było poznanie tzw. naiwnego klasyfikatora Bayesa oraz zbadanie i ocena jego działania na 3 określonych zbiorach danych. W trakcie badań należało uwzględnić różne metody dyskretyzacji danych i krosvalidacji oraz zaobserwować wpływ tych parametrów na wartości zadanych metryk.

1.2 Klasyfikator Bayesowski

Typowym zagadnieniem w uczeniu maszynowym jest zadanie klasyfikacji. Należy ono do grupy tzw. **zadań uczenia nadzorowanego**, czyli zakłada istnienie zbioru danych, w którym każda instancja (wektor cech) jest oznaczona odpowiednią etykietą (*klasa*). Narzędzie, które jest uczone na takim zbiorze, a następnie używane do przyporządkowywania etykiet do nowych instancji, nazywa się **klasyfikatorem**. W tym ćwiczeniu użyty zostanie **naiwny klasyfikator Bayesowski** (ang. *Naive Bayes Classifier*). Jest on oparty o twierdzenie Bayesa:

$$P(Y|X) = \frac{P(X|Y)P(Y)}{P(X)}$$

gdzie:

X - wektor cech danej instancji,

Y - klasa.

Powyższy zapis odczytujemy jako prawdopodobieństwo przynależności instancji X do klasy Y. Ważne jest, że ten klasyfikator zakłada niezależność wszystkich atrybutów (cech), co w większości przypadków się nie sprawdza (stąd nazwa *naiwny*). Stąd w powyższym wzorze, człon $P(X|Y)$ można zastąpić iloczynem prawdopodobieństw:

$$P(X|Y) = \prod_{i=1}^n P(X_i|Y)$$

Problem jaki się tutaj pojawia, to sytuacja w której jedno z prawdopodobieństw $P(X_i|Y) = 0$, wtedy cały iloczyn się również wyzeruje. W celu przeciwdziałania temu, stosuje się tzw. wygładzanie danych – dla metody Laplace’a zwiększa się częstość występowania danego atrybutu. Klasa przypisywana przez klasyfikator dla danej instancji jest dobierana w taki sposób, aby prawdopodobieństwo $P(Y|X)$ przyjęło największą spośród możliwych wartości.

Można wyróżnić 2 główne typy klasyfikatorów Bayesowskich:

- **Gaussowski naiwny Bayes** – atrybuty przyjmują wartości ciągłe oraz zakłada się, że każdy atrybut posiada rozkład normalny;
- **wielomianowy naiwny Bayes** – atrybuty przyjmują wartości dyskretne; parametrami przyjętego tutaj rozkładu wielomianowego (prawdopodobieństwami) są wektory postaci $(P(X_1|Y_i), P(X_2|Y_i), \dots, P(X_n|Y_i))$ dla każdej klasy Y_i .

1.3 Dyskretyzacja

Często w różnych zbiorach danych atrybuty są zdefiniowane jako wartości ciągłe, co utrudnia pracę z nimi. Stosuje się zbieg dyskretyzacji, który jest określona jako funkcja: $f : R \rightarrow N$ (ew. w dziedzinę liczb całkowitych), która dla poszczególnych wartości atrybutów przypisuje im odpowiednie, dyskretne wartości.

Algorytm ten działa najczęściej w oparciu o tzw. kubelkowanie. Tworzona jest odpowiednia liczba kubelków (przedziałów wartości $[x_i, x_{i+1}), [x_{i+1}, x_{i+2}), \dots$). Następnie każda wartość danego atrybutu jest przypisywana do odpowiedniego przedziału. Po zakończeniu tej procedury, zamiast posługiwać się konkretną wartością atrybutu, zostają one zastąpione za pomocą np. numerów/etykiet kubelków.

W ćwiczeniu zostały wykorzystane następujące metody dyskretyzacji:

- **Equal-width binning** – zakłada się tutaj, że szerokość kubelka/przedziału jest stała, a parametrem który się ustawia jest liczba tych kubelków;

$$\text{binwidth} = \frac{x_{\max} - x_{\min}}{\#bins}$$

- **Equal-frequency binning** – szerokości kubelków mogą być różne, ale powinny być tak dobrane, aby w każdym z nich mieściło się mniej więcej po równo wartości atrybutów; parametrem tutaj również jest liczba kubelków;
- **CAIM (Class-Attribute Interdependence Maximization)** – w przeciwieństwie do poprzednich metod dyskretyzacji, które należą do grupy metod bez nadzoru, ta metoda pochodzi z grupy metod nadzorowanych (z nauczycielem); korzysta ona z całego zbioru danych (atrybuty wraz z klasami) i próbuje zmaksymalizować zależność między atrybutami danej klasy, przy jednoczesnej minimalizacji liczby etykiet ("kubelków"); dokładny opis działania tej metody został podany w [1].

1.4 Krosvalidacja

W celu lepszej oceny jakości działania (uczenia) klasyfikatora stosuje się krosvalidację (sprawdzian krzyżowy). Zakłada ona, że zbiór danych dzielimy na podzbiory: zbiór danych uczących i zbiór danych testowych/walidacyjnych. W ćwiczeniu zostały wykorzystane dwie metody:

- **K-Fold** – zbiór danych jest dzielony na K podzbiorów, z których każdy kolejno jest przyjmowany jako zbiór testowy, natomiast pozostałe służą do nauki modelu; metoda może być dość czasochłonna przy dużej wartości parametru K, jako że przeprowadzanych jest kolejno K przebiegów metody;
- **Stratified K-Fold** – metoda ta jest bardzo podobna do poprzedniej, jednak w przeciwieństwie do niej gwarantuje, że podczas podziałów podzbiorów, w każdym z nich zostanie zachowana proporcja instancji różnych klas, zgodnie z proporcją istniejącą w całym zbiorze danych.

1.5 Metryki

Jako miary (metryki) oceny jakości klasyfikatora zostały zastosowane następujące miary:

- **Accuracy** (dokładność) – stosunek liczby prawidłowo zaklasyfikowanych instancji do liczby wszystkich instancji,

$$Accuracy = \frac{TP + TN}{TP + FP + TN + FN}$$

- **Precision** (precyzja) – stosunek liczby prawidłowo zaklasyfikowanych pozytywnych instancji do liczby wszystkich instancji zaklasyfikowanych jako pozytywne,

$$Precision = \frac{TP}{TP + FP}$$

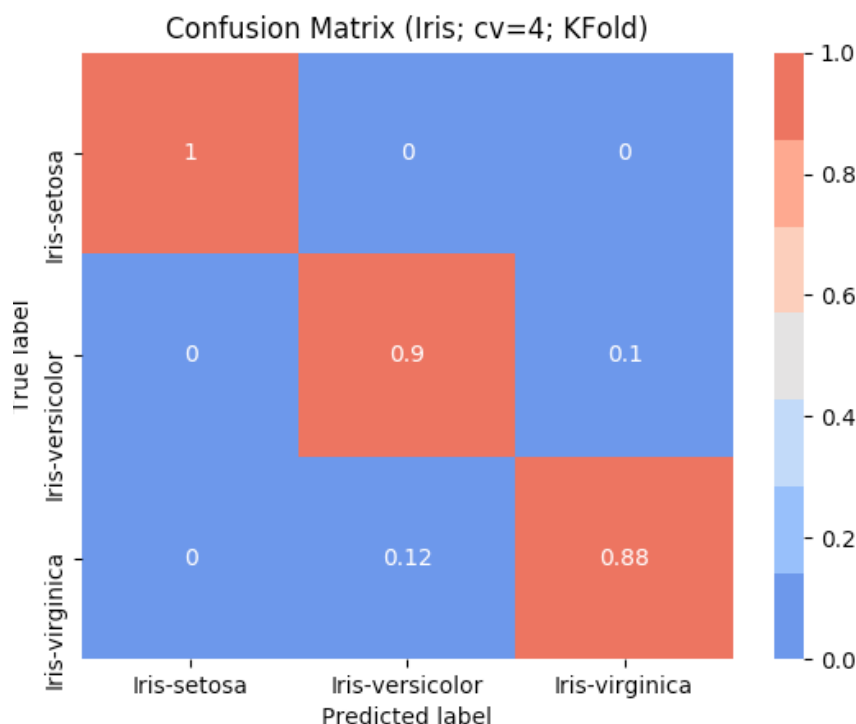
- **Recall** – stosunek liczby prawidłowo zaklasyfikowanych pozytywnych instancji do liczby wszystkich poprawnie zaklasyfikowanych,

$$Recall = \frac{TP}{TP + FN}$$

- **F1-Score** – ważona średnia wartości Precision oraz Recall; uwzględnia zarówno błędne pozytywne jak i błędne negatywne, dzięki czemu wnosi więcej informacji niż Accuracy,

$$F1 = \frac{Precision * Recall}{Precision + Recall} = \frac{2 * TP}{2 * TP + FP + FN}$$

- **Confusion Matrix** (macierz konfuzji) – jest to macierz, która prezentuje dla wszystkich dostępnych klas w danych zbiorze danych, jak często instancje zostały zaklasyfikowane jako poszczególne klasy; komórka i, j oznacza zatem, że instancja z klasy i została zaklasyfikowana jako j , stąd idealna macierz konfuzji powinna zawierać niezerowe wartości tylko na przekątnej (prawidłowa klasyfikacja); w kolejnym rozdziale, zaprezentowane macierze, zostały znormalizowane.



Rysunek 1: Przykładowa (znormalizowana) macierz konfuzji.

2 Eksperyment

2.1 Założenia

Podczas przeprowadzania eksperymentu należało pamiętać o następujących założeniach:

- sprawdzenie 3 zbiorów danych: **Diabetes**, **Glass** oraz **Wine**,
- zbadanie 3 metod dyskretyzacji (tutaj: **equal-width**, **equal-frequency** oraz **CAIM**) lub założenie, że dane mają **rozkład normalny**,
- zbadanie wpływu **paramteru krosvalidacji** dla zwykłej oraz **stratyfikowanej**,
- zbadanie i wyciągnięcie wniosków z dostępnych miar oceny jakości klasyfikatora (**accuracy**, **precision**, **recall**, **f1** oraz **confusion matrix**)

Szczegółowe wyniki (wykresy, tabelki) tego eksperymentu są przedstawione w kolejnych podrozdziałach.

2.2 Wyniki dyskretyzacji

Dla każdego zbioru danych zostały przedstawione rozkłady wartości atrybutów. Pierwszy zawsze przedstawia dane nieprzetworzone, natomiast 3 kolejne – dane po zastosowaniu wyżej wymienionych metod dyskretyzacji.

W celu wyznaczenia parametru określającego liczbę kubełków w metodach *equal-width* oraz *equal-frequency*, została zastosowana reguła **Freedmana-Diaconisa**:

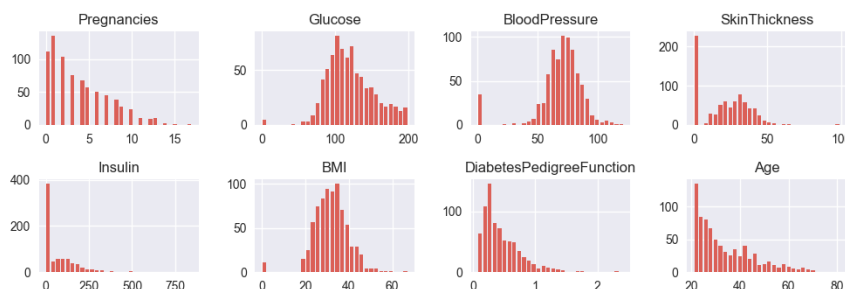
$$nb_bins = \frac{2 * IQR(data)}{\#data^{1/3}}$$

Stąd otrzymano następujące wartości (algorytm CAIM samodzielnie wyznacza liczbę kubełków):

- Zbiór **Diabetes** – 14 kubełków (CAIM – 2 kubełki),
- Zbiór **Glass** – 2 kubełków (CAIM – 6 kubełki),
- Zbiór **Wine** – 4 kubełków (CAIM – 3 kubełki),

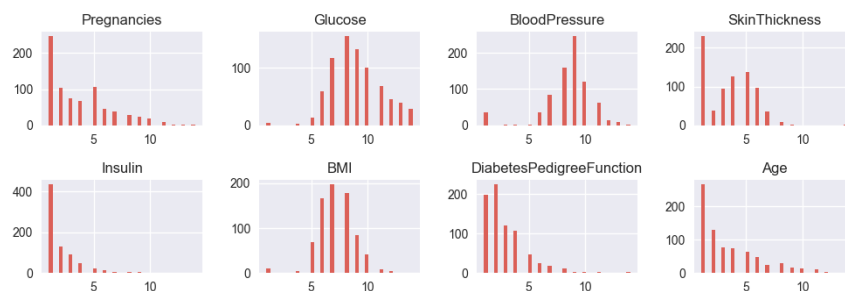
2.2.1 Zbiór danych - "Diabetes"

Zbiór składa się z 8 atrybutów: zarówno dyskretnych (np. wiek), jak i ciągłych. Rozkład wartości 4 z nich przypomina rozkład normalny (glukoza, ciśnienie, BMI oraz pedigree). Gaussowski naiwny klasyfikator powinien sobie w miarę dobrze poradzić z tymi danymi.



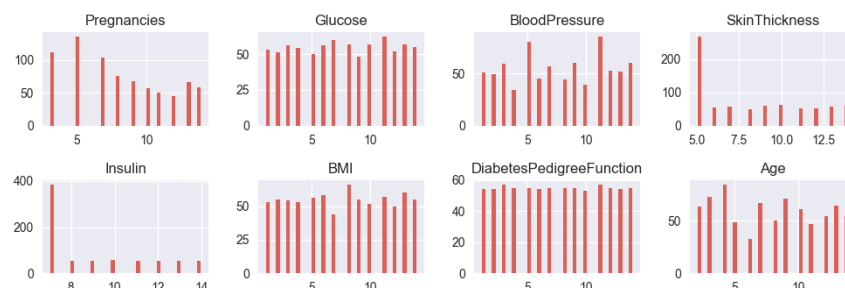
Rysunek 2: Rozkłady atrybutów zbioru "Diabetes" – brak dyskretyzacji.

Ze względu na dość dużą liczbę wyznaczonych kubeków rozkłady z dyskretyzacją **equal-width** mocno przypominają rozkłady danych nieprzetworzonych (mała utrata informacji).



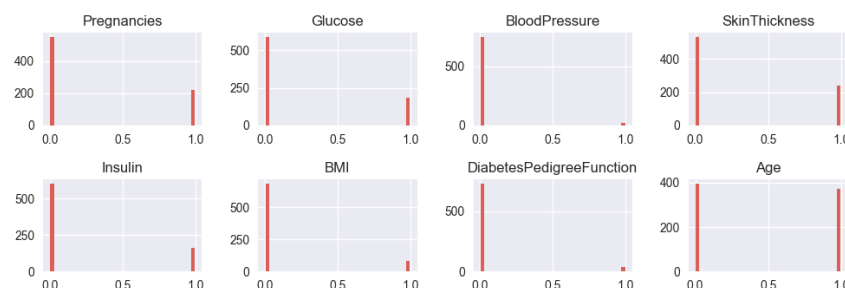
Rysunek 3: Rozkłady atrybutów zbioru "Diabetes" – dyskretyzacja "equal-width".

W przypadku metody **equal-frequency** widać, że nie wszystkie kubki są idealnie równoliczne, jednak większość zachowuje się w sposób oczekiwany (wyjątek: liczba ciąż).



Rysunek 4: Rozkłady atrybutów zbioru "Diabetes" – dyskretyzacja "equal-frequency".

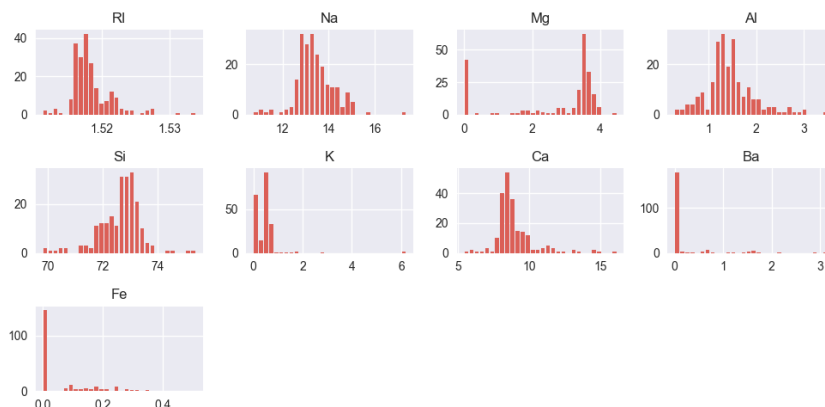
Metoda CAIM dobierając tylko 2 kubki utraciła sporo informacji, jednak nie oznacza to, że będzie otrzymywała gorsze wyniki. Zarówno dla ciśnienia krwi, jak i pedigree można zauważyć, że rozkład jest bardzo nieproporcjonalny i większość wartości atrybutów znalazła się w pierwszym kubku.



Rysunek 5: Rozkłady atrybutów zbioru "Diabetes" – dyskretyzacja "CAIM".

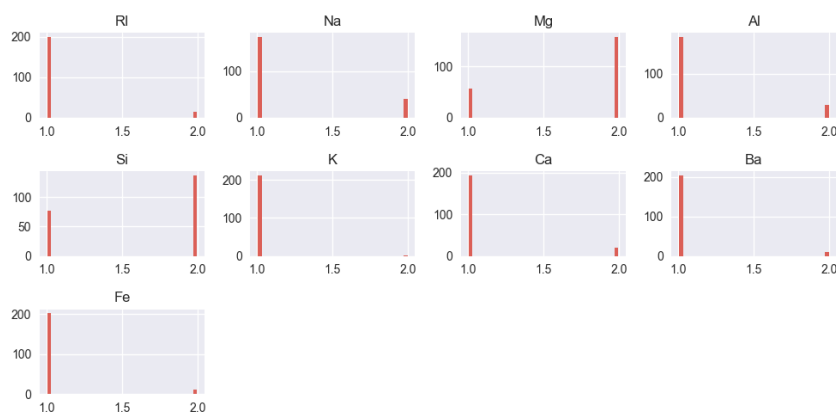
2.2.2 Zbiór danych - "Glass"

Zbiór ten zawiera 9 atrybutów określających skład chemiczny szkła (pierwiastki). Niemalże wszystkie, za wyjątkiem K (potasu), Ba (baru) oraz Fe (żelaza), posiadają rozkłady wartości zbliżone do rozkładu normalnego. Gaussowski klasyfikator powinien tutaj sprawdzić się najlepiej.



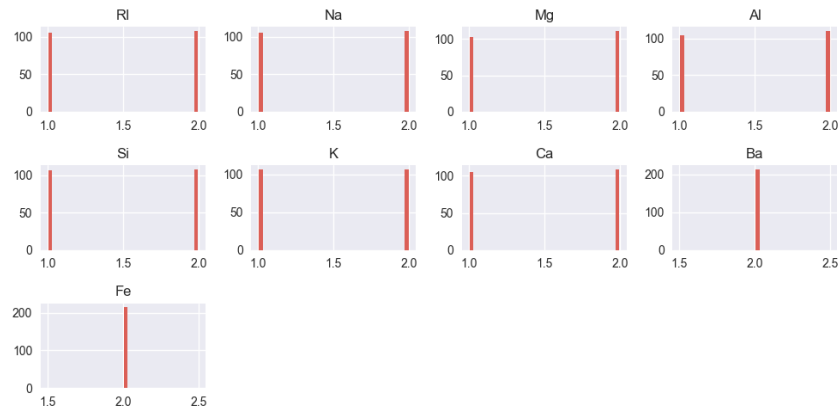
Rysunek 6: Rozkłady atrybutów zbioru "Glass" – brak dyskretyzacji.

Podobnie jak w przypadku CAIM w poprzednim zbiorze danych, tak tutaj również nastąpiła spora utrata informacji, po przyjęciu 2 kubelków. Dla niektórych atrybutów dyspropocja w wypełnieniu kubelków jest skrajna (K, Ba, Fe) i są to te same, których rozkład nie przypominał rozkładu normalnego.



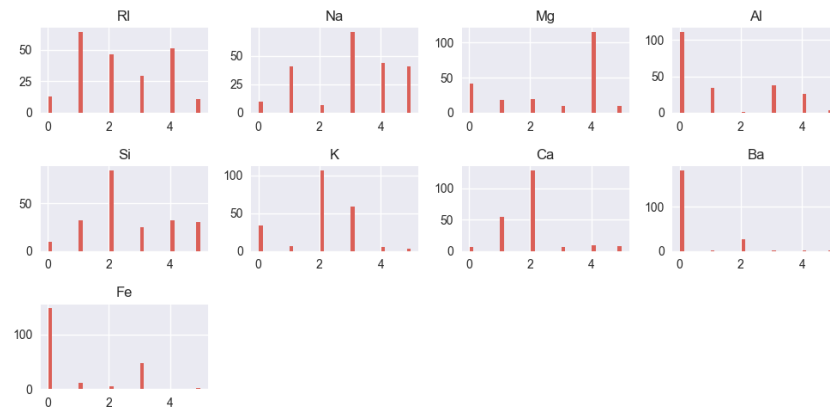
Rysunek 7: Rozkłady atrybutów zbioru "Glass" – dyskretyzacja "equal-width".

Metoda **equal-frequency** prawie idealnie rozłożyła wartości do dostępnych kubeków, jednak dla dwóch atrybutów (Ba, Fe) pojawiły się anomalie i wartości trafiły tylko do jednego kubka.



Rysunek 8: Rozkłady atrybutów zbioru "Glass" – dyskretyzacja "equal-frequency".

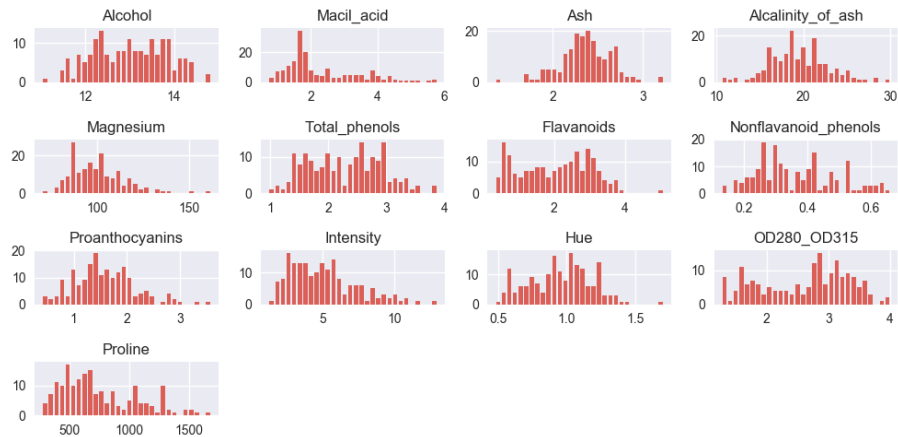
Algorytm CAIM poradził sobie tutaj znacznie lepiej. Dzieląc przedział wartości atrybutów na 6 kubeków, udało się zachować charakterystyki danych atrybutów (rozkładów atrybutów).



Rysunek 9: Rozkłady atrybutów zbioru "Glass" – dyskretyzacja "CAIM".

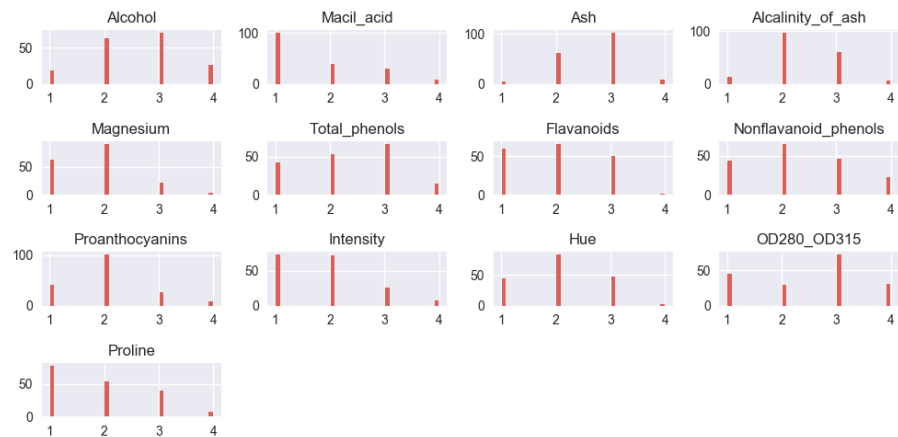
2.2.3 Zbiór danych - "Wine"

Zbiór ten składa się 13 atrybutów, które określają pewne parametry charakterystyczne dla win. Tylko kilka spośród nich posiada rozkład normalny, zatem ten zestaw idealnie nadaje się do dyskretyzacji i użycia wielomianowego klasyfikatora. Rozkłady większości atrybutów wydają się być zaszumione lub podążać za kilkoma rozkładami normalnymi.



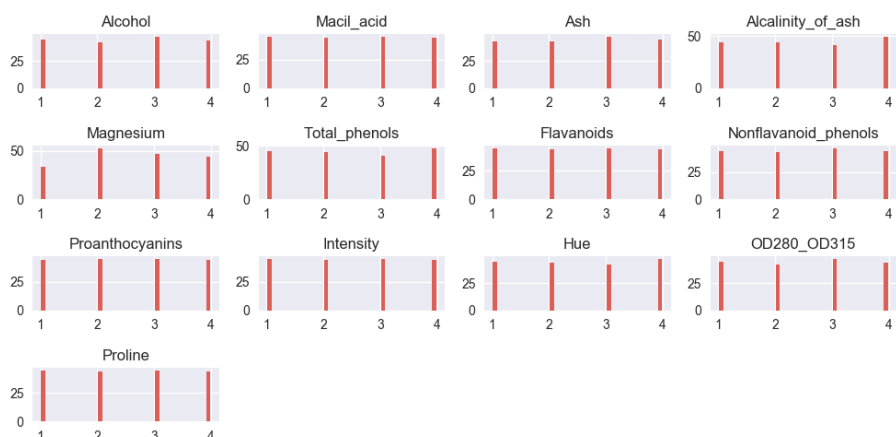
Rysunek 10: Rozkłady atrybutów zbioru "Wine" – brak dyskretyzacji.

Dyskretyzacja **equal-width** przy parametrze liczby kubeków równej 4, bardzo dobrze odzwierciedlają nieprzetworzone rozkłady, jednocześnie eliminując "szumy". Zatem ta metoda dobrze zgeneralizowała i wyodrębniła istotę poszczególnych rozkładów.



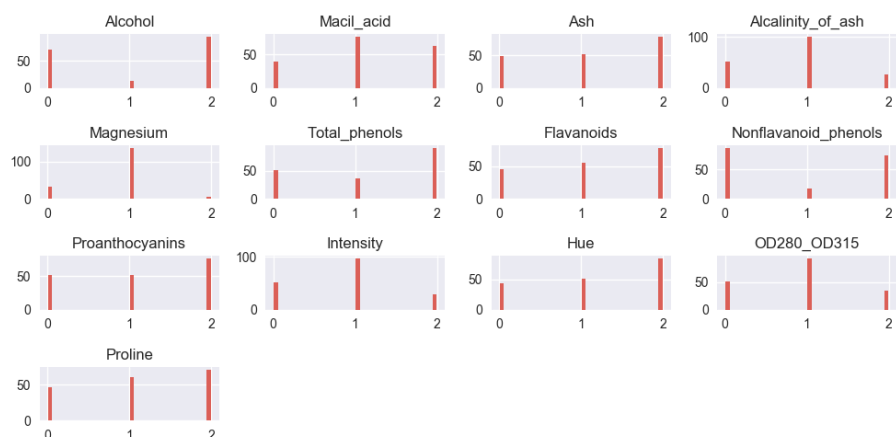
Rysunek 11: Rozkłady atrybutów zbioru "Wine" – dyskretyzacja "equal-width".

Metoda **equal-frequency** w tym wypadku dla każdego atrybutu równomiernie rozłożyła wartości. Nie było tak dużych rozbieżności jak w przypadku poprzednich zbiorów danych.



Rysunek 12: Rozkłady atrybutów zbioru "Wine" – dyskretyzacja "equal-frequency".

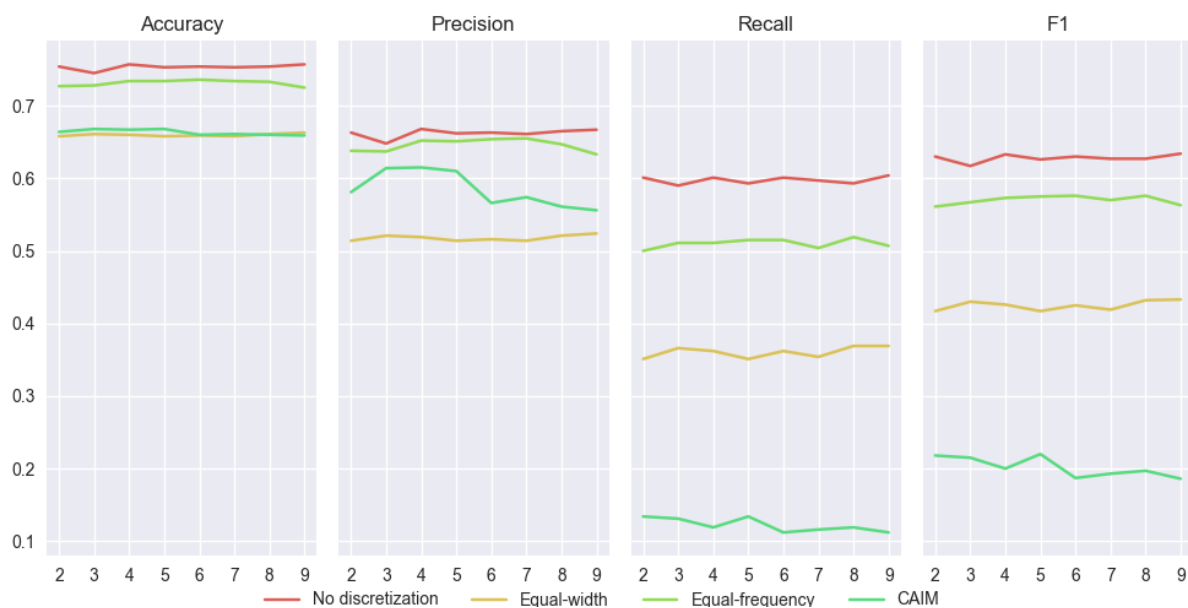
Dyskretyzacja **CAIM** używa w tym zbiorze danych tylko 3 kubeków. W części przypadków odbiegają od początkowych, nieprzetworzonych rozkładów – np. atrybut *Proline* więcej wartości ma przy mniejszych wartościach (skupione głównie wokół 500), natomiast CAIM dla pierwszego kubka posiada najmniej wartości.



Rysunek 13: Rozkłady atrybutów zbioru "Wine" – dyskretyzacja "CAIM".

2.3 Wyniki krowalidacji

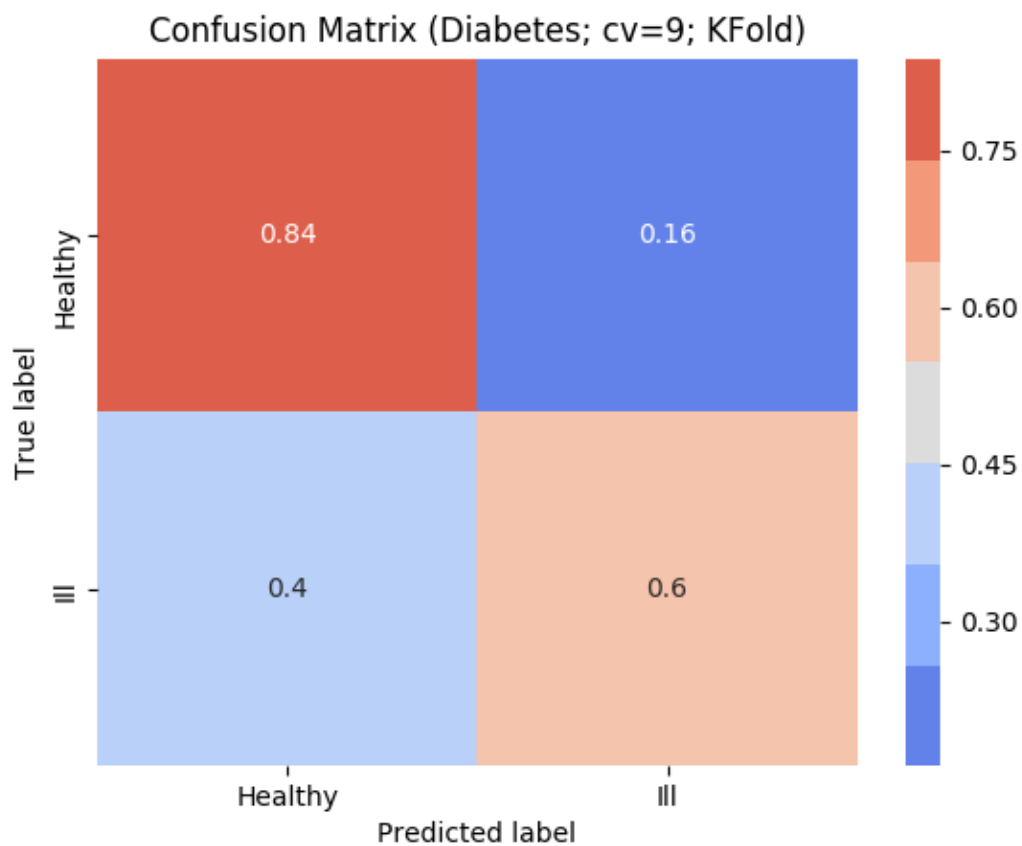
2.3.1 Zbiór danych – "Diabetes"



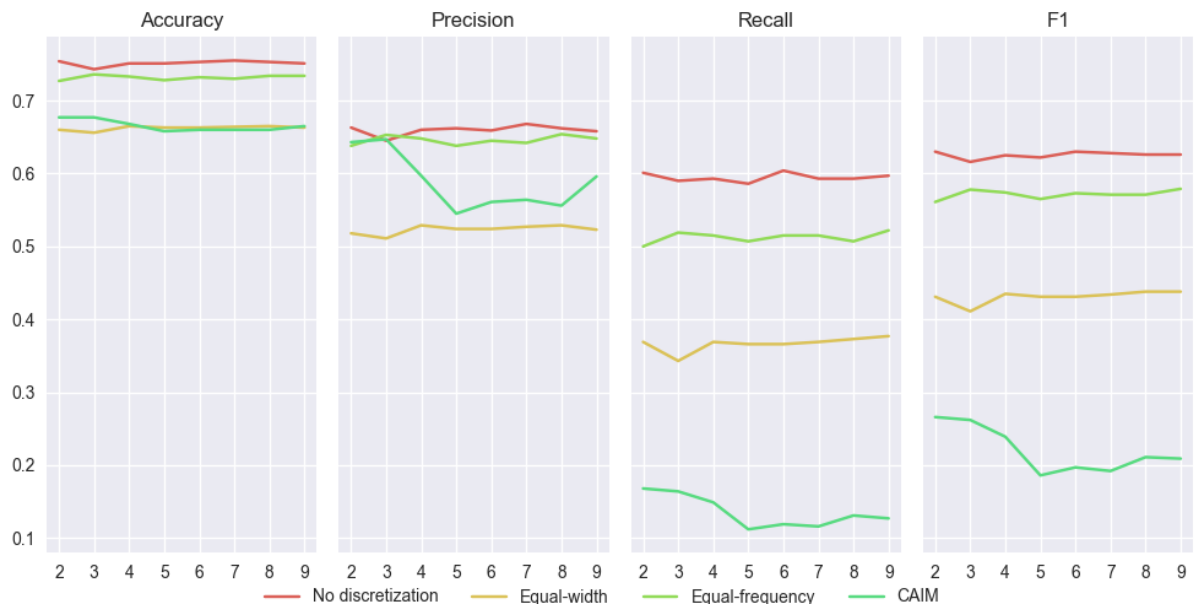
Rysunek 14: Wykresy wartości metryk dla zbioru "Diabetes" – krowalidacja zwykła.

Tabela 1: Wartości metryk dla zbioru "Diabetes" – krowalidacja zwykła.

Metoda dyskr.	Metryka	CV							
		2	3	4	5	6	7	8	9
<i>Brak</i>	Accuracy	0.754	0.745	0.757	0.753	0.754	0.753	0.754	0.757
	Precision	0.663	0.648	0.668	0.662	0.663	0.661	0.665	0.667
	Recall	0.601	0.59	0.601	0.593	0.601	0.597	0.593	0.604
	F1	0.63	0.617	0.633	0.626	0.63	0.627	0.627	0.634
<i>Equal-width</i>	Accuracy	0.658	0.661	0.66	0.658	0.659	0.658	0.661	0.663
	Precision	0.514	0.521	0.519	0.514	0.516	0.514	0.521	0.524
	Recall	0.351	0.366	0.362	0.351	0.362	0.354	0.369	0.369
	F1	0.417	0.43	0.426	0.417	0.425	0.419	0.432	0.433
<i>Equal-freq</i>	Accuracy	0.727	0.728	0.734	0.734	0.736	0.734	0.733	0.725
	Precision	0.638	0.637	0.652	0.651	0.654	0.655	0.647	0.633
	Recall	0.5	0.511	0.511	0.515	0.515	0.504	0.519	0.507
	F1	0.561	0.567	0.573	0.575	0.576	0.57	0.576	0.563
<i>CAIM</i>	Accuracy	0.664	0.668	0.667	0.668	0.66	0.661	0.66	0.659
	Precision	0.581	0.614	0.615	0.61	0.566	0.574	0.561	0.556
	Recall	0.134	0.131	0.119	0.134	0.112	0.116	0.119	0.112
	F1	0.218	0.215	0.2	0.22	0.187	0.193	0.197	0.186



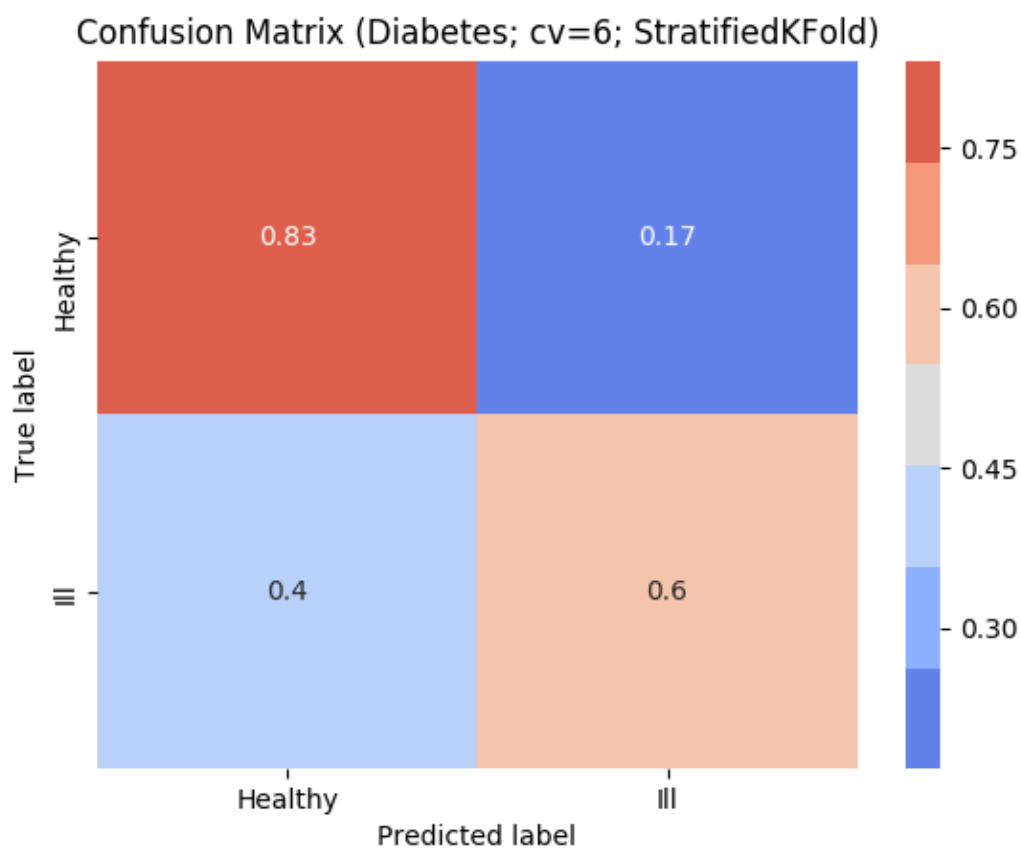
Rysunek 15: Macierz konfuzji dla najlepszej wartości F1 – krosvalidacja zwykła.



Rysunek 16: Wykresy wartości metryk dla zbioru "Diabetes" – krowalidacja stratyfikowana.

Tabela 2: Wartości metryk dla zbioru "Diabetes" – krowalidacja stratyfikowana.

Metoda dyskr.	Metryka	CV							
		2	3	4	5	6	7	8	9
<i>Brak</i>	Accuracy	0.754	0.743	0.751	0.751	0.753	0.755	0.753	0.751
	Precision	0.663	0.645	0.66	0.662	0.659	0.668	0.662	0.658
	Recall	0.601	0.59	0.593	0.586	0.604	0.593	0.593	0.597
	F1	0.63	0.616	0.625	0.622	0.63	0.628	0.626	0.626
<i>Equal-width</i>	Accuracy	0.66	0.656	0.665	0.663	0.663	0.664	0.665	0.663
	Precision	0.518	0.511	0.529	0.524	0.524	0.527	0.529	0.523
	Recall	0.369	0.343	0.369	0.366	0.366	0.369	0.373	0.377
	F1	0.431	0.411	0.435	0.431	0.431	0.434	0.438	0.438
<i>Equal-freq</i>	Accuracy	0.727	0.736	0.733	0.728	0.732	0.73	0.734	0.734
	Precision	0.638	0.653	0.648	0.638	0.645	0.642	0.654	0.648
	Recall	0.5	0.519	0.515	0.507	0.515	0.515	0.507	0.522
	F1	0.561	0.578	0.574	0.565	0.573	0.571	0.571	0.579
<i>CAIM</i>	Accuracy	0.677	0.677	0.668	0.658	0.66	0.66	0.66	0.665
	Precision	0.643	0.647	0.597	0.545	0.561	0.564	0.556	0.596
	Recall	0.168	0.164	0.149	0.112	0.119	0.116	0.131	0.127
	F1	0.266	0.262	0.239	0.186	0.197	0.192	0.211	0.209



Rysunek 17: Macierz konfuzji dla najlepszej wartości F1 – krowalidacja stratyfikowana.

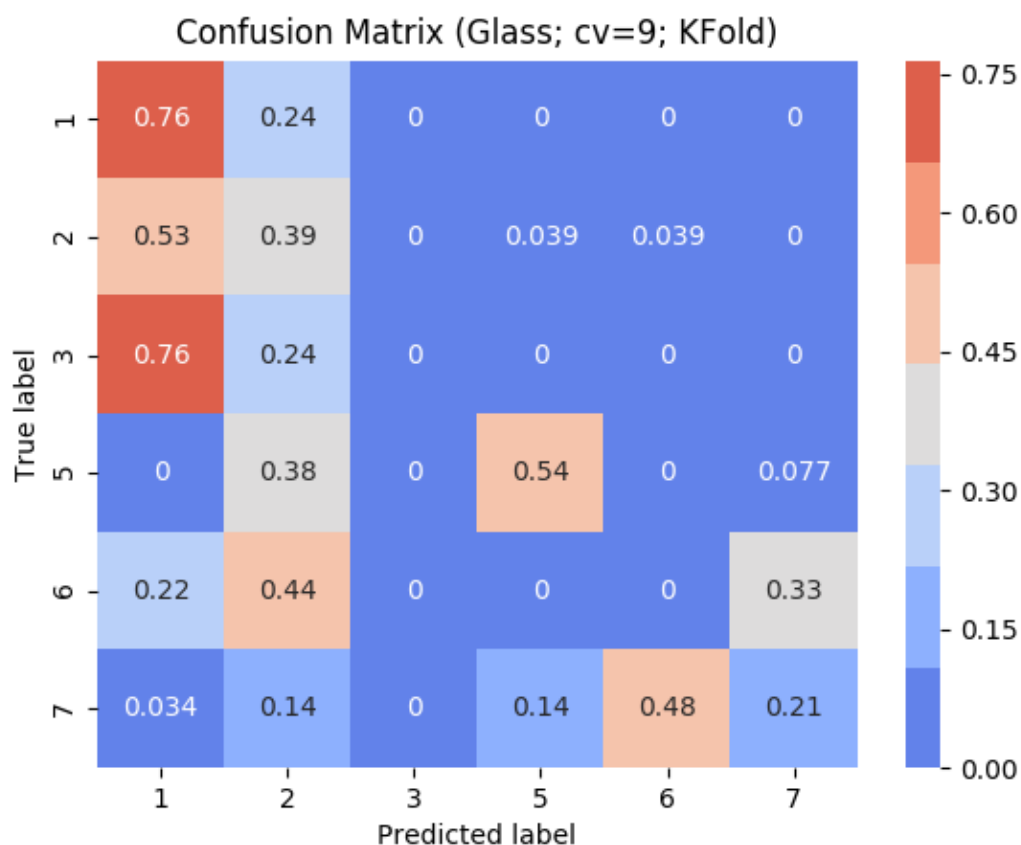
2.3.2 Zbiór danych – "Glass"



Rysunek 18: Wykresy wartości metryk dla zbioru "Glass" – krowalidacja zwykła.

Tabela 3: Wartości metryk dla zbioru "Glass" – krowalidacja zwykła.

Metoda dyskr.	Metryka	CV							
		2	3	4	5	6	7	8	9
<i>Brak</i>	Accuracy	0.093	0.234	0.136	0.201	0.121	0.28	0.173	0.257
	Precision	0.039	0.076	0.062	0.137	0.153	0.208	0.098	0.263
	Recall	0.044	0.11	0.067	0.139	0.124	0.208	0.086	0.207
	F1	0.041	0.09	0.064	0.125	0.133	0.188	0.086	0.214
<i>Equal-width</i>	Accuracy	0.173	0.014	0.089	0.084	0.019	0.037	0.056	0.023
	Precision	0.058	0.004	0.03	0.022	0.005	0.014	0.015	0.006
	Recall	0.081	0.007	0.045	0.039	0.009	0.019	0.026	0.011
	F1	0.067	0.005	0.036	0.028	0.006	0.016	0.019	0.008
<i>Equal-freq</i>	Accuracy	0.159	0.014	0.075	0.103	0.009	0.079	0.103	0.042
	Precision	0.054	0.004	0.023	0.026	0.003	0.027	0.027	0.011
	Recall	0.075	0.007	0.038	0.048	0.004	0.039	0.048	0.02
	F1	0.063	0.005	0.029	0.034	0.003	0.032	0.034	0.014
<i>CAIM</i>	Accuracy	0.215	0.047	0.257	0.285	0.248	0.383	0.439	0.449
	Precision	0.054	0.014	0.091	0.125	0.137	0.166	0.208	0.342
	Recall	0.101	0.022	0.126	0.17	0.218	0.206	0.223	0.316
	F1	0.071	0.017	0.106	0.142	0.162	0.179	0.207	0.308



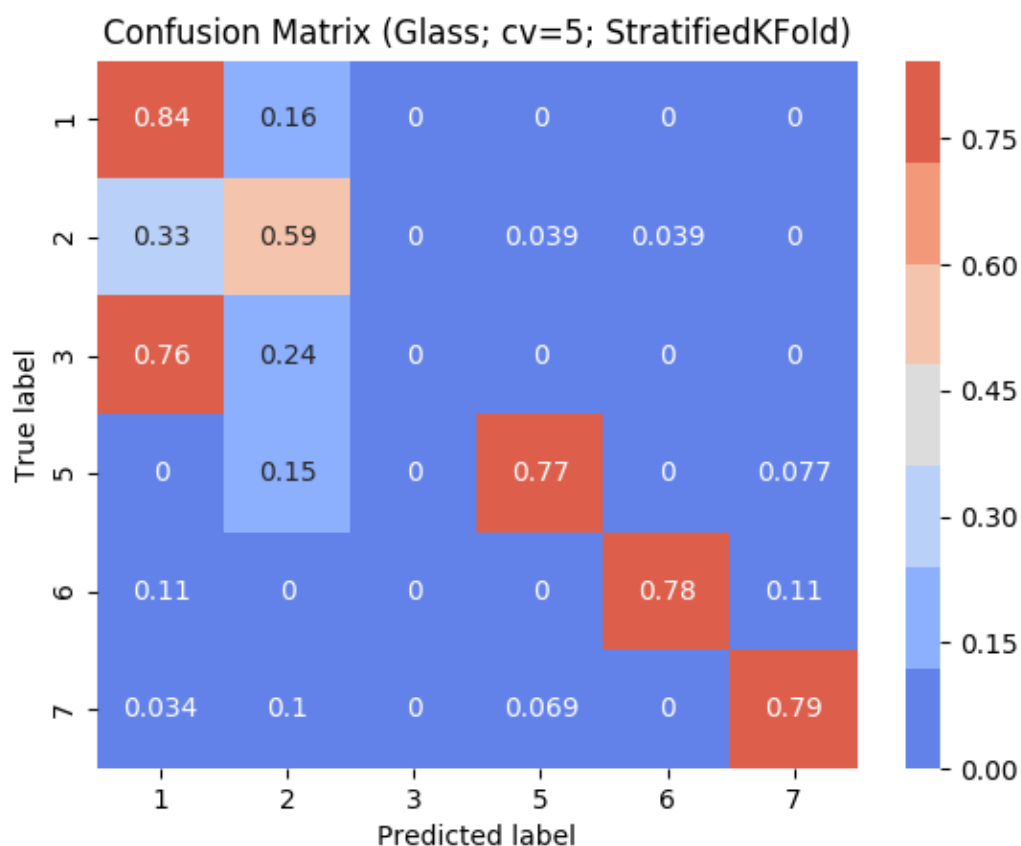
Rysunek 19: Macierz konfuzji dla najlepszej wartości F1 – krosvalidacja zwykła.



Rysunek 20: Wykresy wartości metryk dla zbioru "Glass" – krowalidacja stratyfikowana.

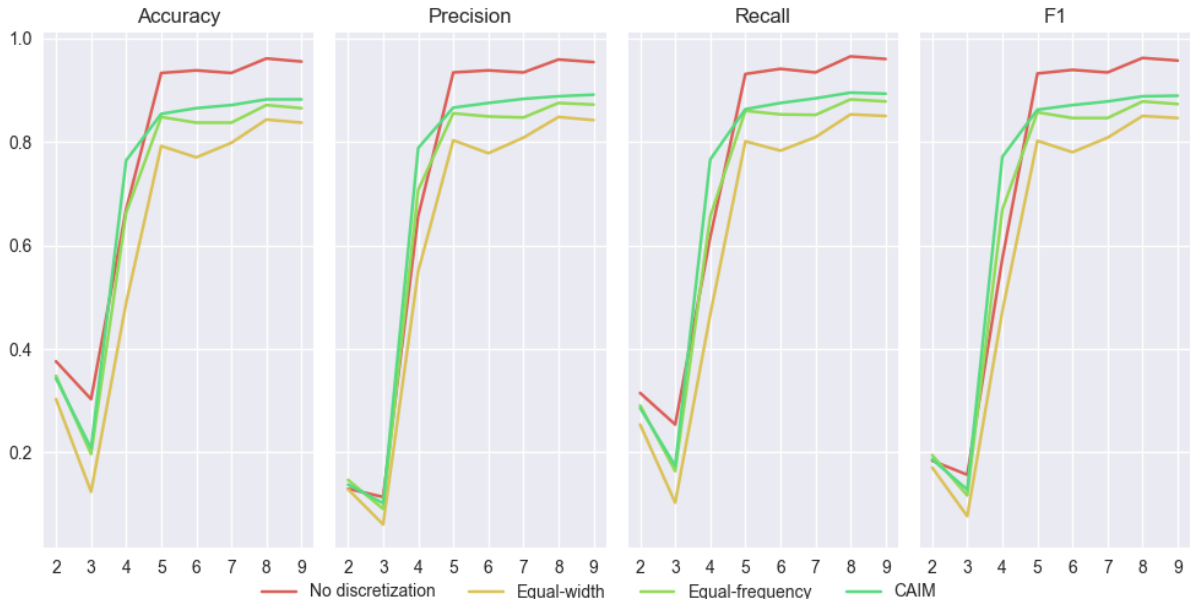
Tabela 4: Wartości metryk dla zbioru "Glass" – krowalidacja stratyfikowana.

Metoda dyskr.	Metryka	CV							
		2	3	4	5	6	7	8	9
<i>Brak</i>	Accuracy	0.364	0.374	0.397	0.332	0.416	0.393	0.421	0.444
	Precision	0.461	0.464	0.443	0.4	0.427	0.407	0.384	0.45
	Recall	0.379	0.474	0.465	0.418	0.438	0.452	0.437	0.499
	F1	0.386	0.439	0.426	0.388	0.415	0.416	0.392	0.454
<i>Equal-width</i>	Accuracy	0.36	0.36	0.364	0.35	0.364	0.364	0.374	0.369
	Precision	0.226	0.295	0.226	0.059	0.226	0.226	0.227	0.227
	Recall	0.172	0.176	0.178	0.164	0.178	0.178	0.19	0.184
	F1	0.099	0.143	0.109	0.087	0.109	0.109	0.129	0.12
<i>Equal-freq</i>	Accuracy	0.341	0.421	0.411	0.397	0.416	0.374	0.397	0.407
	Precision	0.12	0.146	0.145	0.139	0.146	0.131	0.139	0.142
	Recall	0.163	0.205	0.2	0.193	0.203	0.181	0.193	0.198
	F1	0.124	0.168	0.165	0.159	0.167	0.148	0.159	0.163
<i>CAIM</i>	Accuracy	0.664	0.673	0.673	0.673	0.664	0.654	0.664	0.668
	Precision	0.58	0.598	0.602	0.596	0.591	0.579	0.596	0.59
	Recall	0.593	0.619	0.608	0.629	0.625	0.599	0.607	0.614
	F1	0.581	0.604	0.599	0.607	0.602	0.584	0.597	0.598



Rysunek 21: Macierz konfuzji dla najlepszej wartości F1 – krowalidacja stratyfikowana.

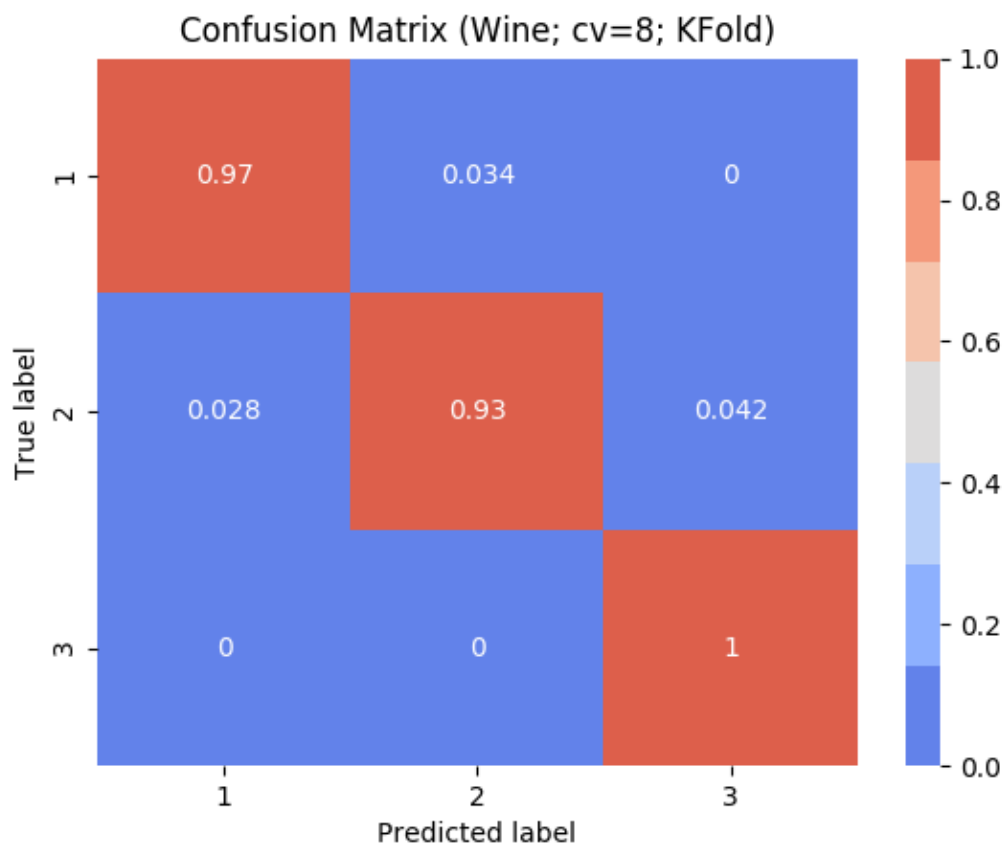
2.3.3 Zbiór danych – "Wine"



Rysunek 22: Wykresy wartości metryk dla zbioru "Wine" – krowalidacja zwykła.

Tabela 5: Wartości metryk dla zbioru "Wine" – krowalidacja zwykła.

Metoda dyskr.	Metryka	CV							
		2	3	4	5	6	7	8	9
<i>Brak</i>	Accuracy	0.376	0.303	0.669	0.933	0.938	0.933	0.961	0.955
	Precision	0.13	0.114	0.657	0.934	0.938	0.934	0.959	0.954
	Recall	0.315	0.254	0.616	0.931	0.941	0.934	0.965	0.96
	F1	0.184	0.157	0.574	0.932	0.939	0.934	0.962	0.957
<i>Equal-width</i>	Accuracy	0.303	0.124	0.489	0.792	0.77	0.798	0.843	0.837
	Precision	0.129	0.061	0.55	0.803	0.778	0.808	0.848	0.842
	Recall	0.254	0.103	0.467	0.801	0.783	0.809	0.853	0.85
	F1	0.171	0.077	0.473	0.802	0.78	0.808	0.85	0.846
<i>Equal-freq</i>	Accuracy	0.348	0.197	0.663	0.848	0.837	0.837	0.871	0.865
	Precision	0.147	0.091	0.707	0.855	0.849	0.847	0.875	0.872
	Recall	0.291	0.164	0.656	0.86	0.853	0.852	0.882	0.878
	F1	0.195	0.117	0.669	0.857	0.846	0.846	0.878	0.873
<i>CAIM</i>	Accuracy	0.343	0.208	0.764	0.854	0.865	0.871	0.882	0.882
	Precision	0.138	0.102	0.788	0.866	0.875	0.883	0.888	0.891
	Recall	0.286	0.174	0.766	0.863	0.875	0.884	0.895	0.893
	F1	0.187	0.128	0.771	0.862	0.871	0.878	0.888	0.889



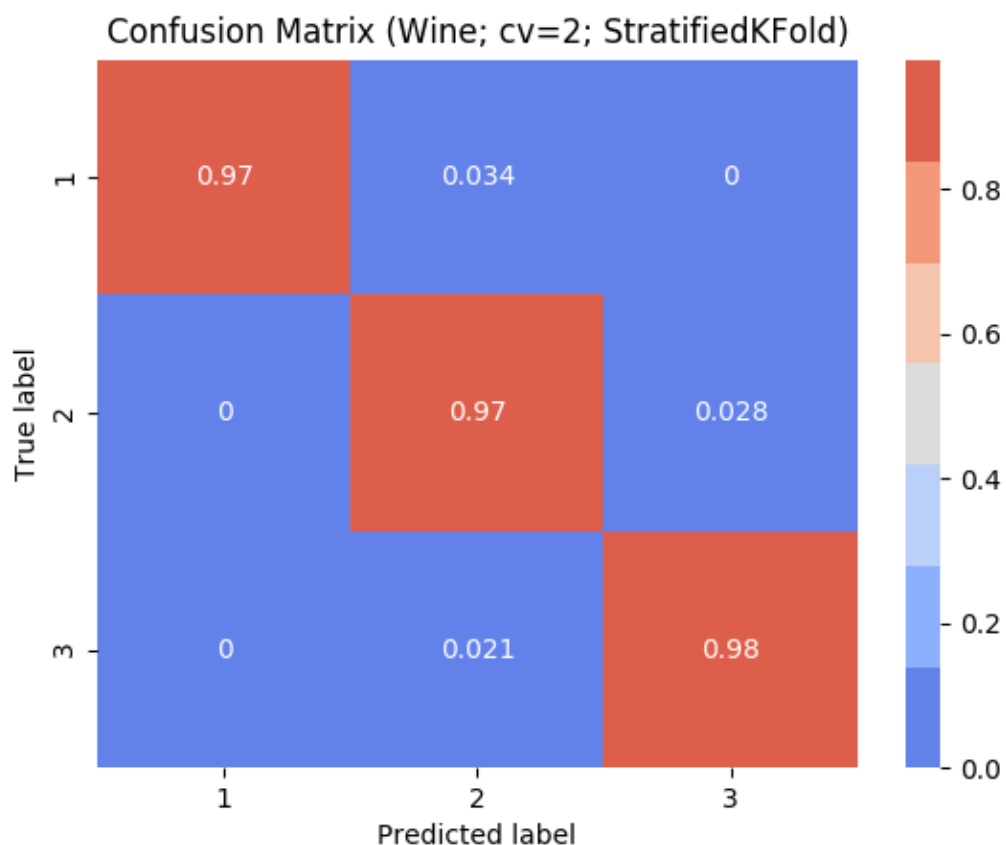
Rysunek 23: Macierz konfuzji dla najlepszej wartości F1 – krosvalidacja zwykła.



Rysunek 24: Wykresy wartości metryk dla zbioru "Wine" – krowalidacja stratyfikowana.

Tabela 6:

Metoda dyskr.	Metryka	CV							
		2	3	4	5	6	7	8	9
<i>Brak</i>	Accuracy	0.972	0.961	0.961	0.955	0.961	0.961	0.961	0.955
	Precision	0.973	0.961	0.959	0.954	0.96	0.959	0.959	0.954
	Recall	0.972	0.964	0.965	0.96	0.964	0.965	0.965	0.96
	F1	0.972	0.962	0.962	0.957	0.962	0.962	0.962	0.957
<i>Equal-width</i>	Accuracy	0.899	0.899	0.904	0.904	0.893	0.899	0.904	0.899
	Precision	0.902	0.903	0.908	0.908	0.897	0.902	0.907	0.902
	Recall	0.91	0.909	0.914	0.914	0.904	0.908	0.913	0.908
	F1	0.903	0.904	0.909	0.909	0.899	0.904	0.909	0.904
<i>Equal-freq</i>	Accuracy	0.893	0.888	0.91	0.899	0.904	0.91	0.916	0.916
	Precision	0.901	0.896	0.917	0.906	0.911	0.916	0.92	0.92
	Recall	0.905	0.898	0.921	0.908	0.915	0.92	0.924	0.924
	F1	0.9	0.894	0.915	0.904	0.91	0.915	0.92	0.92
<i>CAIM</i>	Accuracy	0.916	0.899	0.904	0.916	0.899	0.91	0.904	0.904
	Precision	0.924	0.908	0.911	0.922	0.906	0.915	0.91	0.91
	Recall	0.926	0.911	0.917	0.928	0.91	0.92	0.915	0.915
	F1	0.92	0.905	0.911	0.921	0.905	0.915	0.91	0.91



Rysunek 25: Macierz konfuzji dla najlepszej wartości F1 – krosvalidacja stratyfikowana.

3 Wnioski

-

4 Bibliografia