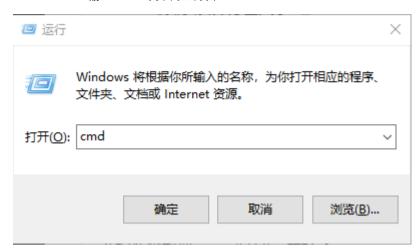
- 一 创建虚拟环境
- 1 Windows+R 输入 cmd 打开控制台



2 控制台输出 conda create --name 环境名称 python==3.8 创建环境 当弹出如下提示时,输入 y 表示确定安装

安装成功是显示如下界面

```
done
#
To activate this environment, use
#
$ conda activate myTest
#
To deactivate an active environment, use
#
$ conda deactivate
```

- 二 在虚拟环境中安装相关 Python 库
- 1 在控制台输入 activate 环境名称 进入虚拟环境



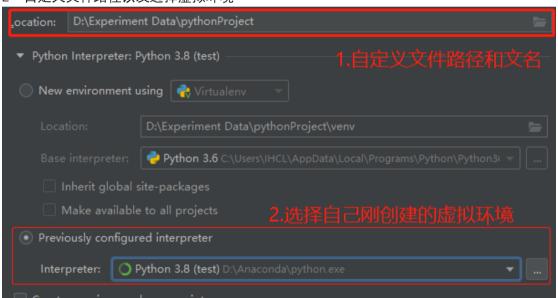
2 安装多标签学习库 pip install scikit-multilearn 安装 numpy 库 pip install numpy==1.19.0 安装 scipy 库 pip install scipy==1.6.2 安装 sklearn 库 conda install scikit-learn==0.24.2 安装 pandas 库 conda install pandas==1.2.4

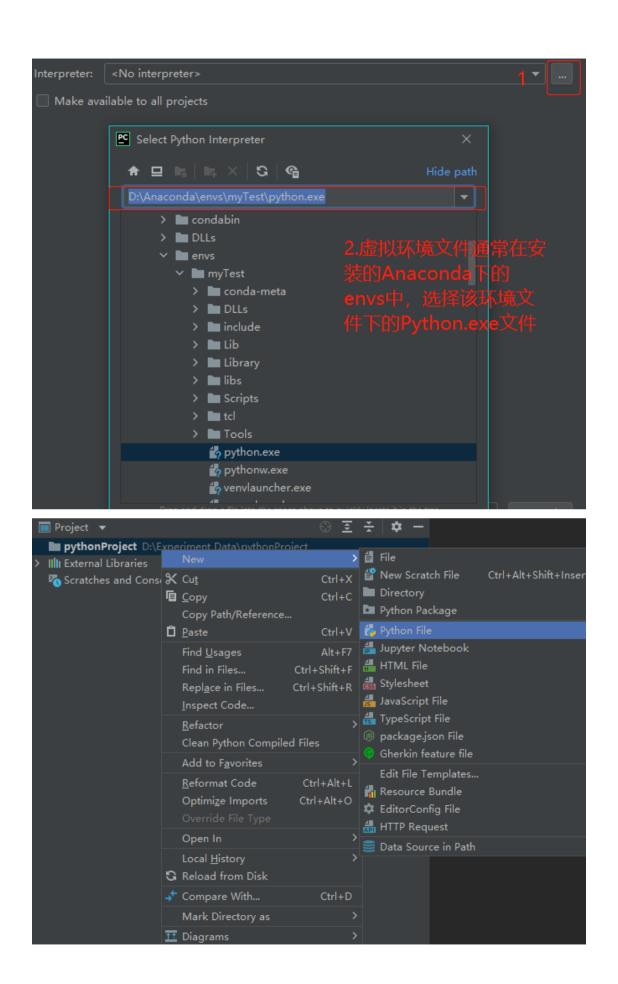
三 实验

1 打开 pycharm, New Project



2 自定义文件路径以及选择虚拟环境





3 数据是一份益生菌的数据集,数据集可以从这里 <u>multilabel datasets (sourceforge.net)</u>下载。数据样式如下图所示: 共有 117 列, 其中前 103 列是数据的 feature, 后 14 列是数据的 label (都是 0 或者 1)。

```
Att1 Att2 Att3 Att4 ... Class11 Class12 Class13 Class14
0 0.093700 0.139771 0.062774 0.007698 ... b'0' b'0' b'0' b'0'
1 -0.022711 -0.050504 -0.035691 -0.065434 ... b'0' b'1' b'1' b'1' b'0'
2 -0.090407 0.021198 0.208712 0.102752 ... b'0' b'1' b'1' b'1' b'0'
3 -0.085235 0.009540 -0.013228 0.094063 ... b'0' b'1' b'1' b'1' b'1'
4 -0.088765 -0.026743 0.002075 -0.043819 ... b'0' b'0' b'0' b'0' b'0'
```

加载数据集

import pandas
from scipy.io import arff

data, meta = scipy.io.arff.loadarff('yeast/yeast-train.arff') # 加载数据集
data = pandas.DataFrame(data) # 将数据集转换成 dataframe, 方便处理

对数据做处理

from sklearn.model_selection import train_test_split from sklearn.preprocessing import StandardScaler

X = data.iloc[:, 0:103].values # 取出训练数据
y = data.iloc[:, 103:117].values #取出标签
数据归一化
std = StandardScaler()
X = std.fit_transform(X)
划分训练集和测试集 比例为 4:1
trainx, testx, trainy, testy = train_test_split(X, y, test_size=0.2, random_state=0)
trainy = trainy.astype(np.float64)
testy = testy.astype(np.float64)

加载模型, 训练, 预测, 查看结果

print(data.head()) # 查看数据集的前五行

```
from skmultilearn.adapt import BRkNNaClassifier import sklearn.metrics as metrics

classifier = BRkNNaClassifier()
# train
classifier.fit(trainx, trainy)
# predict
predictions = classifier.predict(testx)
predictions = predictions.toarray()
# 以下值越小越好
print(metrics.hamming_loss(testy, predictions))
print(metrics.zero_one_loss(testy, predictions))
print(metrics.coverage_error(testy, predictions))
```

print(metrics.label_ranking_loss(testy, predictions))
该值越大越好
print(metrics.average_precision_score(testy, predictions))

实验结果:

- 0.20214285714285715
- 0.8233333333333334
- 11.67666666666666
- 0.4791242091242091
- 0.374719574691436

可以自行尝试通过调节分类器参数,提高各项指标。

任务 1: 使用下载的数据集, yeast-traint.arff 全部数据做训练集, 使用 yeast-test.arff 全部数据做测试集, 查看分类结果

任务 2: 尝试使用 <u>scikit-multilearn: Multi-Label Classification in Python — Multi-Label Classification for Python 下的不同多标签分类算法进行分类,对比不同算法性能</u>

任务 3: 尝试 dataset.csv 数据集,运行出结果。其中标签为 imageDiseaseCode commonTzPhz commonTzQxz commonTzYxz commonTzYixz commonTzTsz commonTzSrz commonTzXyz commonTzQyz commonTzTbz,思考如何标签和数据提取整合,然后输出结果