

دانشگاه صنعتی امیرکبیر (پلی تکنیک تهران) دانشکده مهندسی برق

گزارش کار تمرین عملی سوم مقدمه ای بر یادگیری ماشین

**Bayes** 

نگارش علی بابالو

استاد راهنما استاد ساناز سیدین

دى ماه 1401

# • اضافه کردن کتابخانه

در ابتدا پس از کتابخانه های همیشگی پانداز و نامپای از کتابخانه sklearn و sklearn با پارامتر های توزیع Gaussian, Bernoulli, Categorical را ایمپورت می کنیم. برای جدا کردن دیتاست به تست و ترین train\_test\_split را اضافه می کنیم همچنین برای محاسبه کراس ولیدیشن مورد و ترین accuracy\_score, cross\_val\_score

# • خواندن دیتاست

]:	Sample code number	Clump Thickness	Uniformity of Cell Size	Uniformity of Cell Shape	Marginal Adhesion	Single Epithelial Cell Size	Bare Nuclei	Bland Chromatin	Normal Nucleoli	Mitoses	Class
0	1000025	5	1	1	1	2	1	3	1	1	0
1	1002945	5	4	4	5	7	10	3	2	1	(
3	1015425	3	1	1	1	2	2	3	1	1	
	1016277	6	8	8	1	3	4	3	7	1	
4	1017023	4	1	1	3	2	1	3	1	1	(
678	776715	3	1	1	1	3	2	1	1	1	(
679	841769	2	1	1	1	2	1	1	1	1	(
680	888820	5	10	10	3	7	3	8	10	2	1
681	897471	4	8	6	4	3	4	10	6	1	1
682	897471	4	8	8	5	4	5	10	4	1	1
	rows × 11 column										
df_; y = df_;	<pre>x = df.iloc[:,1 df.Class x</pre>			rmity of Cell	Marginal	Single Epithelial Cell	Bare	Bland	i N	Normal ucleoli	
df_; y = df_;	x = df.iloc[:,1 df.Class x Clump Thickness	:-1]	f Cell Unifo Size 1						d N	Normal ucleoli	Mitoses
df_; y = df_;	<pre>c = df.iloc[:,1 df.Class c Clump Thickness</pre>	:-1]	Size	rmity of Cell Shape	Marginal Adhesion	Single Epithelial Cell Size	Bare Nuclei	Blanc Chromatir	i N N	ucleoli '	Mitose
df_: y = df_:	x = df.iloc[:,1 df.Class Clump Thickness 5	:-1]	Size 1	rmity of Cell Shape 1	Marginal Adhesion	Single Epithelial Cell Size 2	Bare Nuclei 1	Blanc Chromatir 3	1 N 1 N	ucleoli '	Mitose
df_: y = df_:	x = df.iloc[:,1 df.Class Clump Thickness 5 5 3	:-1]	1 4	rmity of Cell Shape 1 4	Marginal Adhesion 1 5	Single Epithelial Cell Size 2 7	Bare Nuclei 1	Blanc Chromatir 3	1 N N 3 3	ucleoli 1 2	Mitose
df_x y = df_x df_x	x = df.iloc[:,1 df.Class c Clump Thickness 5 5 6	:-1]	1 4 1	rmity of Cell Shape 1 4 1	Marginal Adhesion 1 5	Single Epithelial Cell Size 2 7 2	Bare Nuclei 1 10 2	Blanc Chromatir 3	1 N N 3 3 3	ucleoli 1 2	Mitose
df_x y = df_x 0 1 2	<pre>c = df.iloc[:,1 df.class c Clump Thickness 5 5 6 4</pre>	:-1]	1 4 1 8	rmity of Cell Shape 1 4 1 8	Marginal Adhesion  1  5  1	Single Epithelial Cell Size 2 7 2 3	Bare Nuclei 1 10 2	Blanc Chromatir	1 N N 3 3 3 3	ucleoli 1 2 1 7	Mitose
df_: y = df_:  0 1 2 3	x = df.iloc[:,1 df.Class c Clump Thickness 5 5 6 4	:-1]	1 4 1 8 1	rmity of Cell Shape 1 4 1 8	Marginal Adhesion  1  5  1  1  3	Single Epithelial Cell Size 2 7 2 3 3	Bare Nuclei	Blanc Chromatir 3 3 3 3	1 N N S S S S S S S S S S S S S S S S S	1 2 1 7 1	Mitose
df_3 y = df_3  0 1 2 3 4	x = df.iloc[:,1 df.class  Clump Thickness  5 5 4 4	:-1]	1 4 1 8 1	rmity of Cell Shape  1 4 1 8 1	Marginal Adhesion  1 5 1 1	Single Epithelial Cell Size 2 7 2 3 3 2	Bare Nuclei 1 10 2 4 1	Blanc Chromatir 3 3 3 3	1 N N N N N N N N N N N N N N N N N N N	1 2 1 7 1	Mitose:
df_3 y = df_3  0 1 2 3 4 678	Clump Thickness  5  6  4	:-1]	1 4 1 8 1 1	rmity of Cell Shape  1 4 1 8 1 1	Marginal Adhesion  1 5 1 1 3 1	Single Epithelial Cell Size  2  7  2  3  2 3	Bare Nuclei 1 10 2 4 4 1 1 2 2	Blanc Chromatir	1 N N N N N N N N N N N N N N N N N N N	1 2 1 7 1 1	Mitoses

```
In [5]: X_train, X_test, y_train, y_test = train_test_split(df_x, y, test_size=0.2, stratify=y)
X_train, X_val, y_train, y_val = train_test_split(X_train, y_train, test_size=0.15, stratify=y_train)
In [6]: X_train = X_train.reset_index(drop=True)
y_train = y_train.reset_index(drop=True)
             X_test = X_test.reset_index(drop=True)
y_test = y_test.reset_index(drop=True)
            X_val = X_val.reset_index(drop=True)
y_val = y_val.reset_index(drop=True)
In [7]: X_test
Out[7]:
                             Clump
                                               Uniformity of Cell
                                                                            Uniformity of Cell
Shape
                                                                                                                            Single Epithelial Cell
                                                                                                                                                             Bare
Nuclei
                                                                                                                                                                                                    Normal
Nucleoli Mitoses
                                                                                                                                                                             Chromatin
              0
              2
                  3
               132
               133
               134
               135
In [ ]:
```

بعد از خواندن دیتاست ستون اخر را بعنوان لیبل برمی داریم و باقی دیتاست جز داده آموزش و آموزش است. سپس با استفاده از تابع train\_test\_split دیتاست را به داده آموزش و ولیدیشن و تست تقسیم می کنیم و برای توزیع یکنواخت ار گیومنت stratify استفاده می کنیم.

#### Bernoulli Naive Bayes

## CategoricalNB

```
In [14]: clf_c = CategoricalNB()
    clf_c.fit(X_train, y_train)
    clf_c.score(X_val, y_val)
Out[14]: 0.975609756097561
In [15]: y_clfc_predicted = clf_c.predict(X_test)
print(f'Model accuracy score: {accuracy_score(y_clfc_predicted, y_test)}')
                 Model accuracy score: 0.9635036496350365
In [16]: plt.figure(figsize=(5,4))
    sns.set(font_scale=1.4) # for label size
    sns.heatmap(confusion_matrix(y_test, y_clfc_predicted), annot=True, annot_kws={"size": 16}) # font size
    sls.heatmap(confusion_matrix(y_test, y_clfc_predicted), annot=True, annot_kws={"size": 16}) # font size
                 {\tt confusion\_matrix}(y\_{\tt test},\ y\_{\tt clfc\_predicted})
                                                                                  - 80
                                   84
                                                              5
                   0
                                                                                  - 60
                                                                                   40
                                                                                   - 20
                                    0
                                                              1
Out[16]: array([[84, 5], [ 0, 48]], dtype=int64)
```

### **Gaussian Naive Bayes**

```
In [8]: gnb = GaussianNB()
    gnb.fit(X_train, y_train)
    gnb.score(X_val, y_val)
Out[8]: 0.975609756097561
In [9]: y_gnb_predicted = gnb.predict(X_test)
print(f'Model accuracy score: {accuracy_score(y_gnb_predicted, y_test)}')
        Model accuracy score: 0.948905109489051
{\tt confusion\_matrix}({\tt y\_test},\ {\tt y\_gnb\_predicted})
                                          80
                 82
         0
                                          60
                                         -40
                  0
                                         - 20
                  0
                               1
```

ســپس با فراخوانی توابع مربوطه داده را آموزش داده و آن را با متد score با داده های ولیدیشــن ولیدیشــن predic بر روی داده های تســت خروجی این الگوریتم را پیش بینی میکنیم ســپس با تابع accuracy\_score دقت الگوریتم را بر اسـاس مقایسـه مقدار پیشبینی شـده و مقدار میکنیم و با تابع میکنیم که نتایج در عکس ها مشـخص هســتند. ســپس با اســتفاده از تابع واقعی محاســبه میکنیم که نتایج در عکس در محاسـبه و با کتابخانه سـیبورن آن را نمایش میدهیم. این کار را برای توزیع های نرمال برنولی و کتگوریکال تکرار میکنیم که نتایح مشخص است.

### **Cross Validation**

```
In [22]: from sklearn.model_selection import cross_val_score

scores_gnb = cross_val_score(gnb, df_x, y, cv = 5, scoring='accuracy')
scores_clf_b = cross_val_score(clf_b, df_x, y, cv = 5, scoring='accuracy')
scores_clf_c = cross_val_score(clf_c, df_x, y, cv = 5, scoring='accuracy')

print('Cross-validation_Gaussian scores:{}'.format(scores_gnb))
print('Cross-validation_Bernoulli scores:{}'.format(scores_clf_b))
print('Cross-validation_Categorical scores:{}'.format(scores_clf_c))

Cross-validation_Gaussian scores:{}0.94160584 0.93430657 0.9708022 0.97058824 0.97794118]

Cross-validation_Bernoulli scores:{}0.4963504 0.64963504 0.65441176 0.6470582]
Cross-validation_Categorical scores:{}0.97080292 0.94890511 0.97810219 0.98529412 0.97794118}

In [23]: print('Average cross-validation_Gaussian score: {:.4f}'.format(scores_gnb.mean()))
print('Average cross-validation_Categorical score: {:.4f}'.format(scores_clf_b.mean()))
Average cross-validation_Gaussian score: 0.9590
Average cross-validation_Bernoulli score: 0.6501
Average cross-validation_Categorical score: 0.9722

In []:
```

برای کراسولیدیشن نیز از تابع cross\_val\_score استفاده می کنیم با cv=5 که نتایج دقت این مدل اموزش الگوریتم نیز مشاهده می شود. سپس میانگین تمام دقت های کلاس های مختلف را محاسبه می کنیم که میتوانید آن را مشاهده بکنید