به نام خدا

Mini project2 - ML

فاطمه صفایی: ۴۰۲۰۷۹۷۴

colab link:
https://colab.research.google.com/drive/1SHzrXtvL80wuDbpbubVzZ4MO74lPBJzu?usp=sharing

github: https://github.com/fatemehsafaee/ML-miniProjects

سوال۳:

ابتدا دیتاست دارو را از سایت مورد نظر دانلود و با استفاده از دستور gdown درون colab اپلود میکنیم. دیتاست شامل ۲۰۰ نمونه با ۵ ویژگی و یک ستون تارگت به نام Drug است. در این ستون در نهایت مشخص می شود که با توجه به علائم، هر نمونه در آخر چه دارویی دریافت می کند. کد زیر مشخص می کند که مساله، یک دسته بندی ۵ کلاسه است:

```
df3.groupby('Drug').size()
```

سپس داده ها را shuffle می کنیم.

الف: با استفاده از train_test_split ۱۵ درصد از داده ها را به بخش ارزیابی و مابقی را به بخش اموزش میدهیم. راه حل دیگری که برای تقسیم داده ها به این دو بخش می توان در نظر گرفت استفاده از k fold cross validation است.

```
from sklearn.model_selection import KFold

kf = KFold(n_splits=5, shuffle = True, random_state = 74)

for train, test in kf.split(X):

  X_train_fold, y_train_fold = X[train], y[train]
  X_test_fold, y_test_fold = X[test], y[test]

  print(X_train_fold.shape, X_test_fold.shape, y_train_fold.shape,
y_test_fold.shape)
```

با استفاده از این روش می توان هر بار بخشی از داده ها را که با دفعه قبلی متفائت است به بخش اموزش داد. در این صورت، مدل ما تقریبا تمام دیتاست را مشاهده میکند. دست اخر برای هر fold، یک بار مدل train و پیش بینی می شود. با استفاده از این روش می توان دقت بالاتر را بدست اورد.

پیش از اینکه از مدل درخت تصمیم استفاده کنیم، لازم است که مقادیر دیتاست را encode کنیم.

```
final_df3['BP'].unique()
```

این دستور مشخص میکند که مثلا در ستون BP، داده ها به صورت high و low و normal دسته بندی شده اند.

```
array(['HIGH', 'NORMAL', 'LOW'], dtype=object)
```

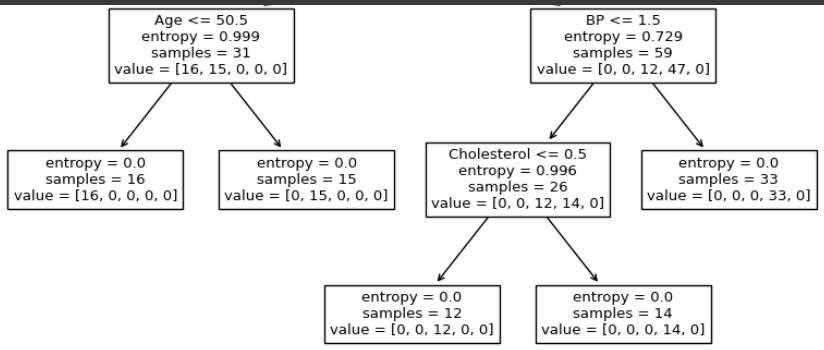
و مشخص است که مقادیر از نوع object هستند. بنابراین باید برنامه ای بنویسیم تا این مقادیر را به عدد تبدیل کند.

سپس باید مدل را تعریف کنیم. در این مرحله، تنها هایپر پارامتر criterion را به entropy تغییر می دهیم. یعنی بر اساس information gain بتواند node ها را قرار دهد. از متد score استفاده کردیم و دقت برابر با ۱۰۰ درصد است. این یعنی مدل ما توانسته در عمق ۴ و با ۱۱ گره، به خوبی دیتا ها را طبقه بندی کند.

با استفاده از کدی که در مرحله نوشته شده، یک تحلیل کلی از اینکه درخت تصمیم روی دیتاست چطور طبقه بندی انجام داده است ارائه شده است. در این قسمت، با استفاده از attribute ها، مقادیری مانند تعداد گره ها، ویژگی هر گره و یا ترشولدی که بر اساس آن split در هر گره اتفاق افتاده است استخراج شده اند.

در این تحلیل، پس از آنکه مشخص شد مدل چند گره دارد، باید عمق هر گره و اینکه آیا گره است یا برگ مشخص شود. در قسمت while، هدف این است که children سمت راست و چپ هر گره شناسایی شود. یعنی شماره گره هر کدام چند است و چه عمقی دارند. تمام این اطلاعات در ماتریس stack ذخیره می شود. سپس در هر iteration، اطلاعات هر گره بر اساس attribute هایی که در ابتدا استخراج کرده بودیم نمایش داده می شود.

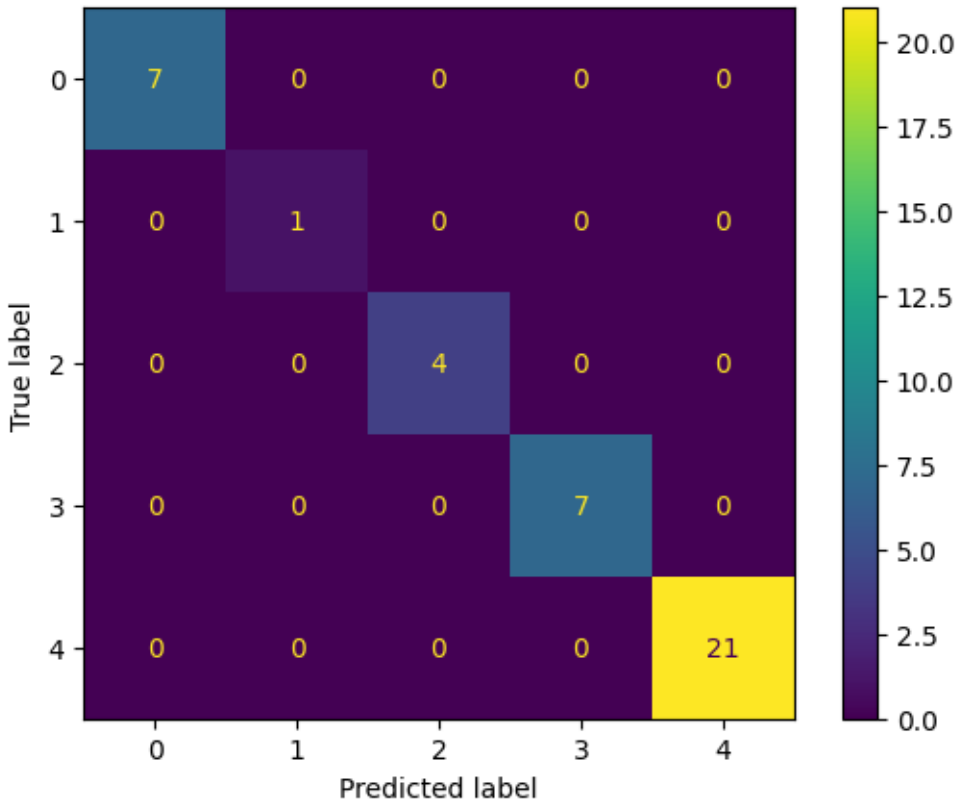
```
The binary tree structure has 11 nodes and has the following tree structure:

node=0 is a split node with value=[[16. 15. 12. 47. 70.]]: go to node 1 if X[:, 4] <= 14.828500270843506 else to node 10.
        node=1 is a split node with value=[[16. 15. 12. 47.  0.]]: go to node 2 if X[:, 2] <= 0.5 else to node 5.
                node=2 is a split node with value=[[16. 15.  0.  0.  0.]]: go to node 3 if X[:, 0] <= 50.5 else to node 4.
                        node=3 is a leaf node with value=[[16.  0.  0.  0.  0.]].
                        node=4 is a leaf node with value=[[ 0. 15.  0.  0.  0.]].
                node=5 is a split node with value=[[ 0.  0. 12. 47.  0.]]: go to node 6 if X[:, 2] <= 1.5 else to node 9.
                        node=6 is a split node with value=[[ 0.  0. 12. 14.  0.]]: go to node 7 if X[:, 3] <= 0.5 else to node 8.
                                node=7 is a leaf node with value=[[ 0.  0. 12.  0.  0.]].
                                node=8 is a leaf node with value=[[ 0.  0.  0. 14.  0.]].
                        node=9 is a leaf node with value=[[ 0.  0.  0. 33.  0.]].
        node=10 is a leaf node with value=[[ 0.  0.  0.  0. 70.]].
```



در این تحلیل داریم که هرگره، آیا یک split node است یا leaf node و دارای چه مقادیری از هر کلاس است. همچنین مشخص می شود که split بر اساس کدام ویژگی و با چه ترشولدی انجام شده است.

ب:

ماتریس در هم ریختگی برای مدل ما به صورت زیر است:



با توجه به این ماتریس نتیجه می شود که تمامی نمونه ها بدرسی کلاس بندی شده اند.

```
Accuracy : 1.0
Precision_micro : 1.0
Recall_micro : 1.0
F1 score_micro : 1.0
```

با ۴ شاخص ارزیابی، ماتریس در همریختگی را با داده های تست ارزیابی میکنم. مشاهده می شود که خطا وجود ندارد.

برای هرس کردن، از ۳ هایپر پارامتر استفاده شده است. دقت هر کدام نیز محاسبه شده است. مشاهده می شود که هایپر پارامتر max_features تاثیر زیادی روی دقت نهایی دارد. بطوری که اگر روی ۳ تنظیم شود می تواند دقت را ۳۰ درصد کاهش دهد.پارامتر هایی مانند عمق، مشخص می کنند که عمق درخت تا چه سطحی پایین بیاید. طبیعتا اگر این عمق از عمق واقعی

درخت کمتر باشد روی ارزشیابی نهایی تاثیر میگذارد چراکه باعث حذف شدن گره می شود. پارامتر ccp_alpha نیز مشخص میکند پیچیدگی مدل تا چه حد است. این عددی بین ۰ تا ۱ است و مقدار پیش فرض آن صفر است. یعنی درخت واقعی. اما هرچه به ۱ نزدیک میشود درخت کوتاهتر و ساده تر می شود. یکی از مزایای استفاده از این هایپر پارامتر ها، کاهش over fit شدن مدل است.

ج:

روش هایی مانند جنگل تصادفی و adaboost یک meta-estimator هستند. این روش ها تعداد زیادی از مدل های کلاسیفایر مانند درخت تصمیم را روی زیرمجموعه های مختلف دیتاست منطبق می کنند و در نهایت با میانگین گیری، دقت پیش بینی را بالا می برند. یعنی یک نمونه را به چند کلاسیفایر میدهیم و در نهایت از بین پیش بینی ها رای گیری می کنیم و بعد دیتا را به کلاسی که بیشترین رای را اورده نسبت می دهیم. الگوریتم جنگل تصادفی تنها برای کلاسیفایر درخت تصمیم است.

در این بخش از جنگل تصادفی استفاده شده است. کد این برنامه که در بخش 3-3 قابل مشاهده است مشخص میکند که استفاده از این روش با وجود اینکه عمق درخت ها را ماکزیموم ۲ گرفته (در حالت عادی ۴ است) دقتی مشابه حالتی که درخت تصمیم ما عمق ۳ داشت دارد.

سوال ۴:

دیتا ست را به شیوه ای که در سوال قبل هم گفته شد دانلود می کنیم. سپس از train test split برای اسپلیت کردن دیتا به دو بخش اموزش و تست استفاده می کنیم. قبل از اینکه از بیز برای کلاسیفای کردن استفاده کنیم، لازم است که data shuffling انجام دهیم. این کار را پیش از اسپلیت کردن انجام می دهیم. سپس داده ها را نرمالایز می کنیم. در این عملیات نباید از داده های آزمون استفاده شود، چراکه باعث نشت اطلاعات از داده های آزمون به مدل یادگیری می‌شود و مدل، تعمیم پذیری و عملکرد خوبی نخواهد داشت. بنابراین ابتدا scaler را روی داده های آموزش فیت کرده و سپس از آن برای مقیاس بندی داده آزمون استفاده می‌کنیم.

دیتاست بیماری قلبی در بردارنده ۱۴ ستون و ۱۰۲۵ داده است. ستون آخر با عنوان target بیانگر سالم یا بیمار بودن است (سالم=۰ و بیمار=۱). ۱۳ ستون دیگر فاکتور هایی مانند سن، جنسیت(زن=۰ و مرد=۱)، نوع درد قفسه سینه، فشارخون، کلسترول، قندخون و ... را نشان می‌دهد. همچنین تمام داده‌ها عددی هستند.

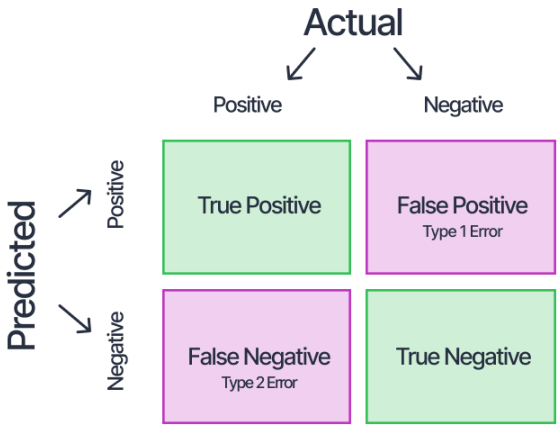
برای فهمیدن اینکه مقدار Null یا NaN داریم، از دستور df.isna() استفاده می‌شود که برای هر سلول از دیتافریم مقدار True (دارای مقدار خالی) یا False (دارای مقدار غیر خالی)را بر می‌گرداند. برای شناسایی تعداد مقادیر خالی در هر ستون دیتافریم از دستور زیر استفاده می کنیم:

```
df.isna().sum()
```

از مدل بیز برای کلاسیفای کردن داده ها استفاده می کنیم.

ماتریس درهم ریختگی، نتایج حاصل از تست مدل طبقه‌بند را بر اساس اطلاعات واقعی موجود، نمایش می‌دهد. بر اساس این مقادیر می‌توان معیارهای مختلف ارزیابی و اندازه‌گیری دقت را تعریف کرد.

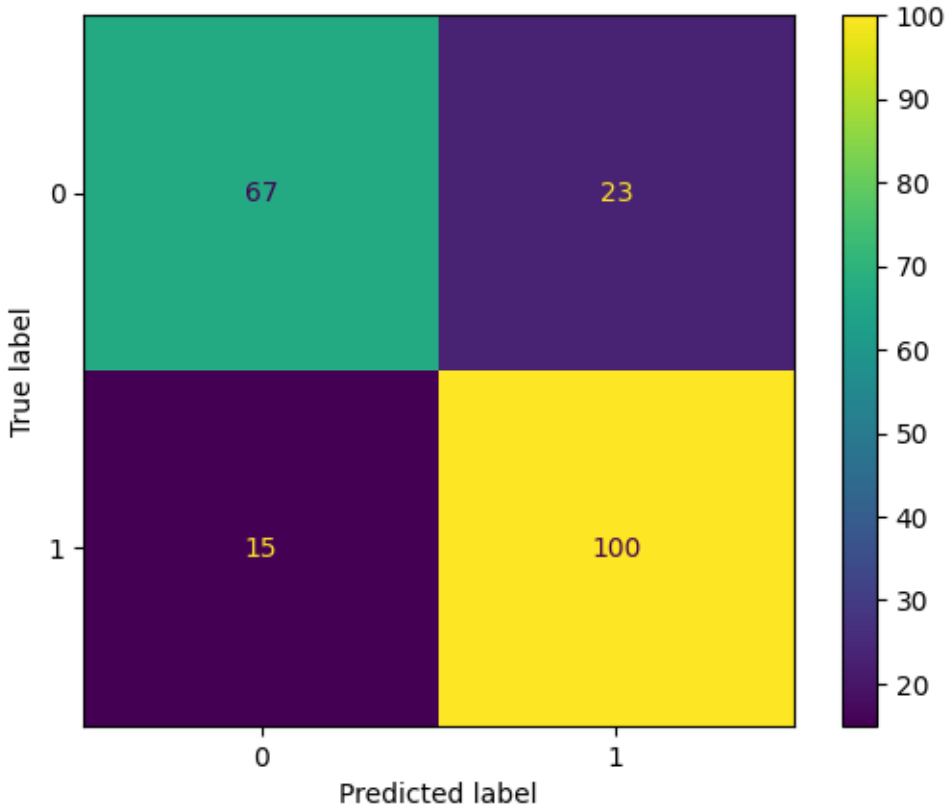
ماتریس در هم ریختگی به‌صورت زیر است:



- نمونه عضو کلاس مثبت باشد و عضو همین کلاس تشخیص داده شود)مثبت صحیح یا(True Positive
- نمونه عضو کلاس مثبت باشد و عضو کلاس منفی تشخیص داده شود)منفی کاذب یا(False Negative
- نمونه عضو کلاس منفی باشد و عضو همین کلاس تشخیص داده شود) منفی صحیح یا(True Negative
- نمونه عضو کلاس منفی باشد و عضو کلاس مثبت تشخیص داده شود) مثبت کاذب یا(False Positive

برای رسم ماتریس درهم ریختگی از کتابخانه sklearnاستفاده می‌شود. داده های واقعی و داده های پیش بینی شده را به confusion_matrix() می‌دهیم و نمایش ماتریس را بگونه ای تنظیم می کنیم تا ماتریس برای ارزیابی پیش بینی target ترسیم شود.

ماتریس در همریختگی مدل ما بصورت زیر است:



این ماتریس نشان می دهد که 67 مورد به درستی و 15 مورد به غلط، سالم تشخیص داده شده است. همچنین 100 مورد به درستی و 23 مورد به غلط بیمار تشخیص داده شده است.

معیار های قابل استخراج از ماتریس درهم ریختگی عبارتند از:

۱- معیار صحت: Accuracy = (TP+TN) / (TP+FN+FP+TN)

۲- معیار دقت: Precision = TP / (TP+FP)

۳- معیار حساسیت یا Recall: Recall =TP / (TP+FN)

۴- معیار F1 Score: $F1Score=2\times\frac{Precision\times Recall}{Precision+Recall}$

```python
# how to evaluate a confusion maatrix:

from sklearn.metrics import accuracy_score, precision_score, recall_score, f1_score

print('Accuracy :',accuracy_score(y_test,y_pred))
print('Precision :',precision_score(y_test,y_pred))
print('Recall :',recall_score(y_test,y_pred))
print('F1 score :',f1_score(y_test,y_pred))
```

```
Accuracy : 0.8146341463414634
Precision : 0.8130081300813008
Recall : 0.8695652173913043
F1 score : 0.8403361344537815
```

با استفاده از نتایج بدست امده، مدل معیار صحت عملکرد ۸۰ درصد دارد.

بررسی حالت Macro و Micro در sklearn

کتابخانه sklearn در معیار های ارزیابی نظیر معیار های precision_score, recall_score f1_score ., پارامتر averageرا به منظور تعیین نوع میانگین‌گیری روی داده ها در نظر گرفته است.

اگر average= ’micro‘ به این معناست که معیار مورد نظر بطور کلی با مقادیر مثبت واقعی، منفی کاذب و مثبت کاذب محاسبه می‌شود.

اگر ‘average= ’macro به این معناست که معیار مورد نظر برای هر بر چسب محاسبه می‌شود و میانگین بدون وزن پیدا در نظر گرفته می‌شود. در اینجا عدم تعادل برچسب ها نادیده گرفته می‌شود.

برای مقایسه هر دو رویکرد micro و macro معیار ها را با در نظر گرفتن پارامتر average مجددا محاسبه می‌کنیم:

```
# average = micro vs. average = macro:

print('Precision_micro :',precision_score(y_test,y_pred,average='micro'))
print('Precision_macro :',precision_score(y_test,y_pred,average='macro'))

print('Recall_micro :',recall_score(y_test,y_pred,average='micro'))
print('Recall_macro :',recall_score(y_test,y_pred,average='macro'))

print('F1 score_micro :',f1_score(y_test,y_pred,average='micro'))
print('F1 score_macro :',f1_score(y_test,y_pred,average='macro'))
```

```
Precision_micro : 0.8146341463414634
Precision_macro : 0.815040650406504
Recall_micro : 0.8146341463414634
Recall_macro : 0.8070048309178743
F1 score_micro : 0.8146341463414634
F1 score_macro : 0.8097029509478211
```

که مشاده می شود در هر دو حالت نتایج نزدیک به هم هستند.

در نهایت پنج داده بصورت تصادفی از بین داده های ازمون انتخاب شده و خروجی واقعی با پیش بینی شده وقایسه شده است:

```
ytests = []
ypreds = []
for i in range(5):
  # print(i)
  num = np.random.randint(0, X_test_scaled.shape[0])
  ytests.append(y_test[num])
  ypreds.append(y_pred[num])


print(ytests, ypreds)
```

```
[1, 0, 0, 1, 1] [1, 0, 0, 1, 0]
```