

R-PL3

Gabriel López, Sergio Sanz, Álvaro Zamorano

31 de octubre de 2019

1. Ejercicio realizado en clase.

Para obtener la **función de clasificación** mediante el algoritmo construcción de **árboles de decisión de Hunt** es necesario usar los paquetes **rpart** y **tree**. Estos paquetes hay que descargarlos desde la página de CRAN y para instalarlos hay que ejecutar el siguiente código:

```
> install.packages("./Paquetes/rpart_4.1-15.zip")
> install.packages("./Paquetes/tree_1.0-40.zip")
```

De esta forma, los paquete únicamente estarán instalados. Para poder usarlos es necesario cargarlos:

```
> library(rpart)
> library(tree)
```

- Con rpart obtendremos las particiones recursivas para la clasificación y los árboles de decisión.
- Con tree, los árboles de clasificación y regresión.

1.1. Función de clasificación.

Los datos a usar en este primer ejercicio se componen de 9 calificaciones de estudiantes compuestas por Teoría, Laboratorio, Prácticas y Calificación Global.

Para introducir estos datos en el algoritmo a usar es necesario tener un fichero `.txt` con el siguiente aspecto.

Suceso	Teoría	Lab	Prac	Calif
s1	A	A	B	Ap
s2	A	B	D	Ss
s3	D	D	C	Ss
s4	D	D	A	Ss
s5	B	C	B	Ss
s6	C	B	B	Ap
s7	B	B	A	Ap
s8	C	D	C	Ss
s9	B	A	C	Ss

Procedemos a leer dicho fichero .txt mediante el uso de la función *read.table*.

```
> calificaciones<-read.table("./Datos/Calificaciones.txt")
```

Para asegurarnos de que todo irá bien a la hora de realizar la clasificación, convertimos los datos leídos en un **dataframe**.

```
> muestra<-data.frame(calificaciones)
```

Nuestros datos ya se encuentran preparados para aplicarles la función **rpart**. Es importante destacar el uso de *minspl* ya que disponemos de una muestra con un número muy reducido de datos. Por otra parte, la función *rpart* usa como medida de impureza por defecto Gini.

```
> clasificacion<-rpart(Calif~,data=muestra,method="class",minspl=1)
> clasificacion
```

```
n= 9
```

```
node), split, n, loss, yval, (yprob)
      * denotes terminal node
```

```
1) root 9 3 Ss (0.3333333 0.6666667)
  2) Lab=A,B 5 2 Ap (0.6000000 0.4000000)
    4) Prac=A,B 3 0 Ap (1.0000000 0.0000000) *
    5) Prac=C,D 2 0 Ss (0.0000000 1.0000000) *
  3) Lab=C,D 4 0 Ss (0.0000000 1.0000000) *
```

Para mostrar el árbol de clasificación hacemos uso de una función que hemos definido, pero para poder usarla en primer lugar es necesario instalar el paquete **rpart.plot**.

```
> install.packages("./Paquetes/rpart.plot_3.0.8.zip")
> library(rpart.plot)
```

Dicha función es:

```
> source("Funciones/plotTree.R")
> plotTree

function(tree, ruta) {

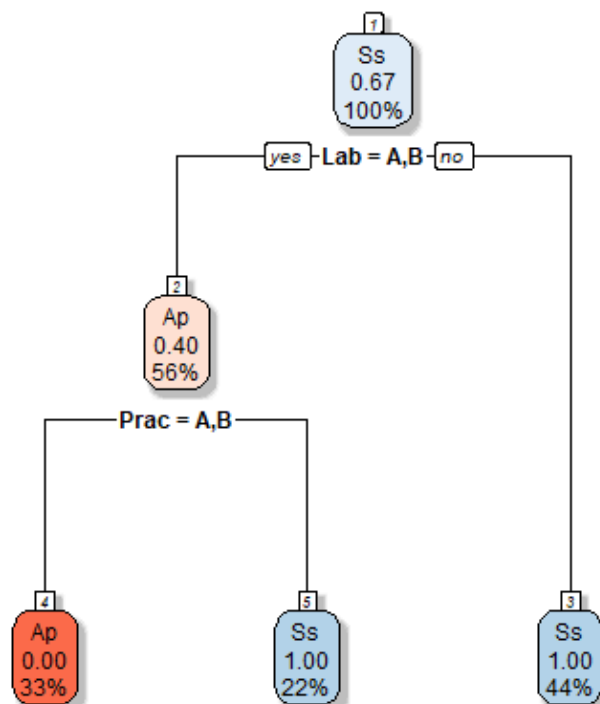
  png(paste("./tmp/",ruta,sep=""))

  rpart.plot(tree, box.palette="RdBu", shadow.col="gray", nn=TRUE)

  dev.off()
}
```

Procedemos a su ejecución.

```
> plotTree(clasificacion, "classTree.png")
```



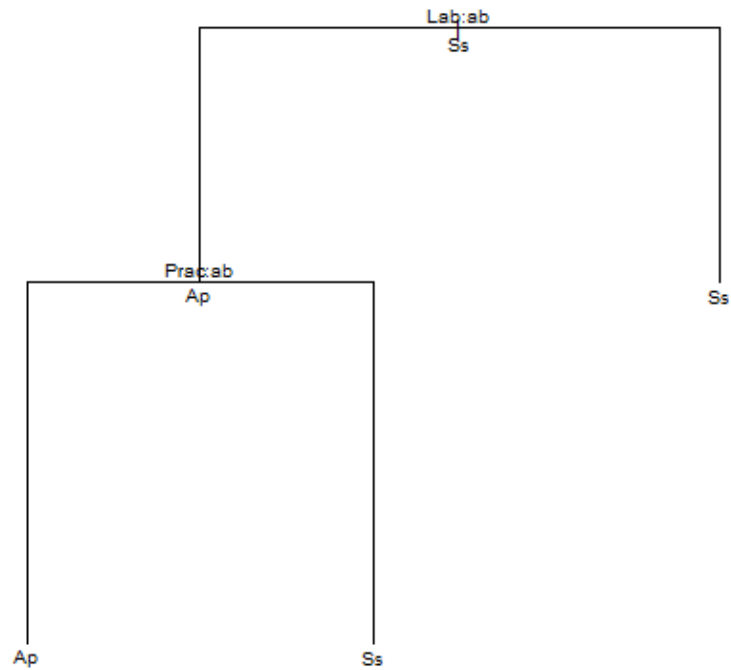
Por último, se aplica la función **tree** a nuestros datos, para que esta use la medida de impureza Gini lo indicamos en el parámetro split.

```
> clasificaciontree<-tree(Calif~.,data=muestra,mincut=1,minsize=2,split="gini")
> clasificaciontree
```

```
node), split, n, deviance, yval, (yprob)
* denotes terminal node
```

```
1) root 9 11.46 Ss ( 0.3333 0.6667 )
  2) Lab: A,B 5 6.73 Ap ( 0.6000 0.4000 )
    4) Prac: A,B 3 0.00 Ap ( 1.0000 0.0000 ) *
    5) Prac: C,D 2 0.00 Ss ( 0.0000 1.0000 ) *
  3) Lab: C,D 4 0.00 Ss ( 0.0000 1.0000 ) *
```

```
> source("../Funciones/plotT.R")
> plotT(clasificaciontree, "classT.png")
```



1.2. Análisis de regresión lineal.

En este caso trabajaremos con datos de planetas, en concreto su Radio y su Diámetro. Los planetas de los que se tienen los datos son: Mercurio, Venus, Tierra y Marte, y el .txt del que se leen dichos datos tiene el aspecto que sigue.

Planeta	Radio	Diámetro
Mercurio	2.4	5.4
Venus	6.1	5.2
Tierra	6.4	5.5
Marte	3.4	3.9

Al igual que anteriormente, es necesario leer dicho fichero y pasarlo a dataframe.

```

> planetas<-read.table("./Datos/Planetas.txt")
> muestraP<-data.frame(planetas)

```

El análisis de regresión se hace mediante el uso de la función **lm** contenida en el paquete stats. Cabe destacar que el primero de sus argumentos es de tipo *fórmula* donde una expresión de la forma $y \sim \text{model}$ se interpreta como una especificación de que la respuesta y está modelada por un predictor lineal especificado simbólicamente por model , es decir, en nuestro caso $\text{model}=x$ por lo que su ejecución queda como:

```
> regresionP<-lm(D~R,data=muestraP)
> regresionP
```

Call:

```
lm(formula = D ~ R, data = muestraP)
```

Coefficients:

(Intercept)	R
4.3624	0.1394

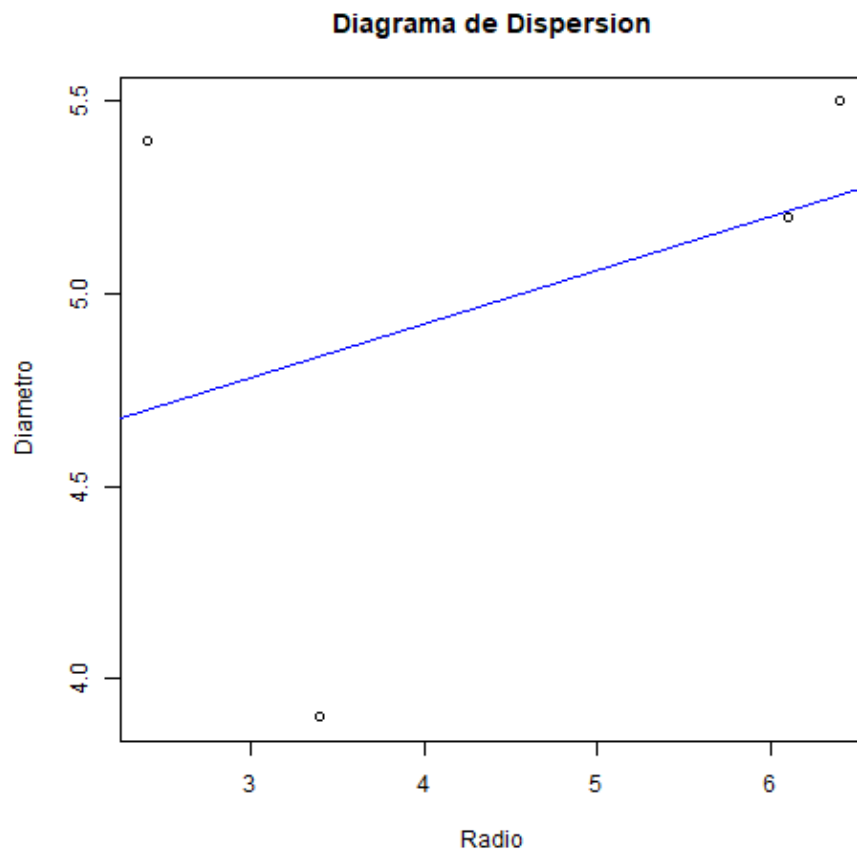
De acuerdo a la ecuación de una recta $y=a+b*x$, el primero de los coeficientes es el término independiente (a), y el segundo de ellos la b.

Para mostrar el gráfico de dispersión y la recta de ajuste es necesario hacer uso de varias librerías.

```
> library(foreign)
> library(ggplot2)
> library(psych)
```

Estas librerías se usan en funciones externas usadas para representar los gráficos requeridos.

```
> source("Funciones/plotDisp.R")
> plotDisp(planetas,regresionP,"Radio","Diametro","regPlanetas.png")
```



2. Segunda parte

2.1. Función de clasificación.

En este ejercicio usaremos datos correspondientes a ventas de coches, en concreto son 10 muestras compuestas por: TipoCarnet, NúmeroRuedas, NúmeroPasajeros y TipoVehículo.

Para introducir estos datos en el algoritmo a usar es necesario tener un fichero `.txt` con el siguiente aspecto.

Vehículo	TipoCarnet	NúmeroRuedas	NúmeroPasajeros	TipoVehículo
v1	B	4	5	Coche
v2	A	2	2	Moto
v3	N	2	1	Bicicleta
v4	B	6	4	Camión
v5	B	4	6	Coche
v6	B	4	4	Coche
v7	N	2	2	Bicicleta
v8	B	2	1	Moto
v9	B	6	2	Camión
v10	N	2	1	Bicicleta

Procedemos a leer dicho fichero como anteriormente y pasarlo a dataframe.

```
> vehiculos<-read.table("./Datos/Vehiculos.txt")
> muestraV<-data.frame(vehiculos)
```

Nuestros datos ya se encuentran preparados para aplicarles la función **rpart**. La clasificación a obtener será el tipo de vehículo al que pertenece cada uno de ellos.

```
> clasV<-rpart(TV~.,data=muestraV,method="class",minsplit=1)
> clasV
```

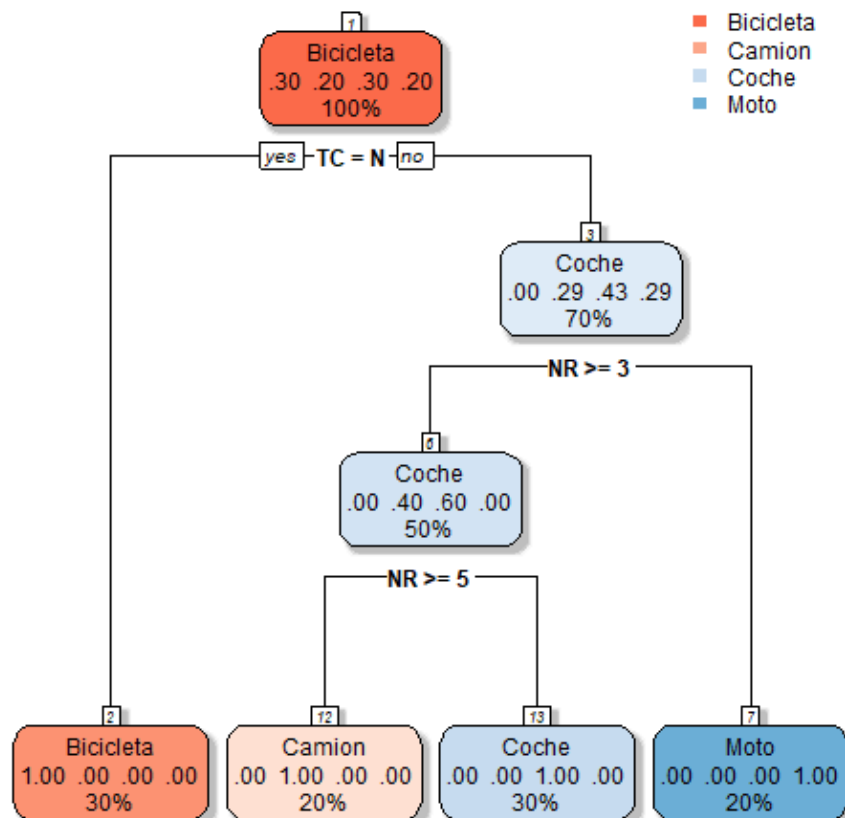
n= 10

```
node), split, n, loss, yval, (yprob)
      * denotes terminal node
```

```
1) root 10 7 Bicicleta (0.3000000 0.2000000 0.3000000 0.2000000)
  2) TC=N 3 0 Bicicleta (1.0000000 0.0000000 0.0000000 0.0000000) *
  3) TC=A,B 7 4 Coche (0.0000000 0.2857143 0.4285714 0.2857143)
    6) NR=>=3 5 2 Coche (0.0000000 0.4000000 0.6000000 0.0000000)
      12) NR>=5 2 0 Camion (0.0000000 1.0000000 0.0000000 0.0000000) *
      13) NR< 5 3 0 Coche (0.0000000 0.0000000 1.0000000 0.0000000) *
    7) NR< 3 2 0 Moto (0.0000000 0.0000000 0.0000000 1.0000000) *
```

Procedemos a mostrar el árbol de clasificación.

```
> plotTree(clasV, "classTreeV.png")
```



Por último, se aplica la función **tree** a nuestros datos.

```
> classTV<-tree(TV~.,data=muestraV,mincut=1,minsize=2,split="gini")
> classTV
```

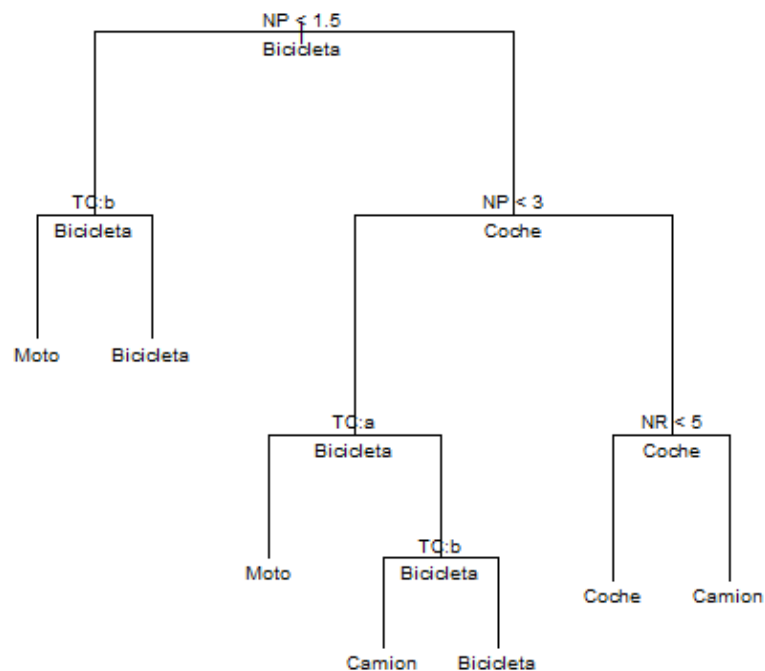
```
node), split, n, deviance, yval, (yprob)
* denotes terminal node
```

```

1) root 10 27.320 Bicicleta ( 0.3000 0.2000 0.3000 0.2000 )
  2) NP < 1.5 3 3.819 Bicicleta ( 0.6667 0.0000 0.0000 0.3333 )
    4) TC: B 1 0.000 Moto ( 0.0000 0.0000 0.0000 1.0000 ) *
    5) TC: N 2 0.000 Bicicleta ( 1.0000 0.0000 0.0000 0.0000 ) *
  3) NP > 1.5 7 17.880 Coche ( 0.1429 0.2857 0.4286 0.1429 )
    6) NP < 3 3 6.592 Bicicleta ( 0.3333 0.3333 0.0000 0.3333 )
      12) TC: A 1 0.000 Moto ( 0.0000 0.0000 0.0000 1.0000 ) *
      13) TC: B,N 2 2.773 Bicicleta ( 0.5000 0.5000 0.0000 0.0000 )
        26) TC: B 1 0.000 Camion ( 0.0000 1.0000 0.0000 0.0000 ) *
        27) TC: N 1 0.000 Bicicleta ( 1.0000 0.0000 0.0000 0.0000 ) *
    7) NP > 3 4 4.499 Coche ( 0.0000 0.2500 0.7500 0.0000 )
      14) NR < 5 3 0.000 Coche ( 0.0000 0.0000 1.0000 0.0000 ) *
      15) NR > 5 1 0.000 Camion ( 0.0000 1.0000 0.0000 0.0000 ) *
```



```
> plotT(classTV, "classTV.png")
```



2.2. Análisis de regresión lineal.

En este caso tenemos que hacer un análisis de regresión lineal para 4 muestras distintas compuestas por pares de datos.

Como en ocasiones anteriores, procedemos a leer dichas muestras y pasarlas a dataframe.

```
> pares<-read.table("./Datos/Pares.txt")
> muestraPS<-data.frame(pares)
```

El análisis de regresión se hace mediante el uso de la función **lm**. En este caso será necesario hacer cuatro análisis diferentes.

```
> (r1<-lm(V2~V1,data=muestraPS))
```

Call:

```
lm(formula = V2 ~ V1, data = muestraPS)
```

```

Coefficients:
(Intercept)          V1
      3.0001         0.5001

> (r2<-lm(V4~V3,data=muestraPS))

Call:
lm(formula = V4 ~ V3, data = muestraPS)

Coefficients:
(Intercept)          V3
      3.001         0.500

> (r3<-lm(V6~V5,data=muestraPS))

Call:
lm(formula = V6 ~ V5, data = muestraPS)

Coefficients:
(Intercept)          V5
      3.0025         0.4997

> (r4<-lm(V8~V7,data=muestraPS))

Call:
lm(formula = V8 ~ V7, data = muestraPS)

Coefficients:
(Intercept)          V7
      3.0017         0.4999

```

De acuerdo a la ecuación de una recta $y=a+b*x$, el primero de los coeficientes es el término independiente (a), y el segundo de ellos la b.

Mostraremos estos análisis en una misma figura mediante el uso de:

```

> source("Funciones/plotDisp2.R")
> plotDisp2

function(data, r1, r2, r3, r4, ruta) {

  png(paste("./tmp/",ruta,sep=""))

  par(mfrow = c(2, 2))

  plot(data[,1], data[,2], xlab="x", ylab="y", main="Muestra 1")
  abline(r1, col = "red")

  plot(data[,3], data[,4], xlab="x", ylab="y", main="Muestra 2")
  abline(r2, col = "blue")
}

```

```

plot(data[,5], data[,6], xlab="x", ylab="y", main="Muestra 3")
abline(r3, col = "green")

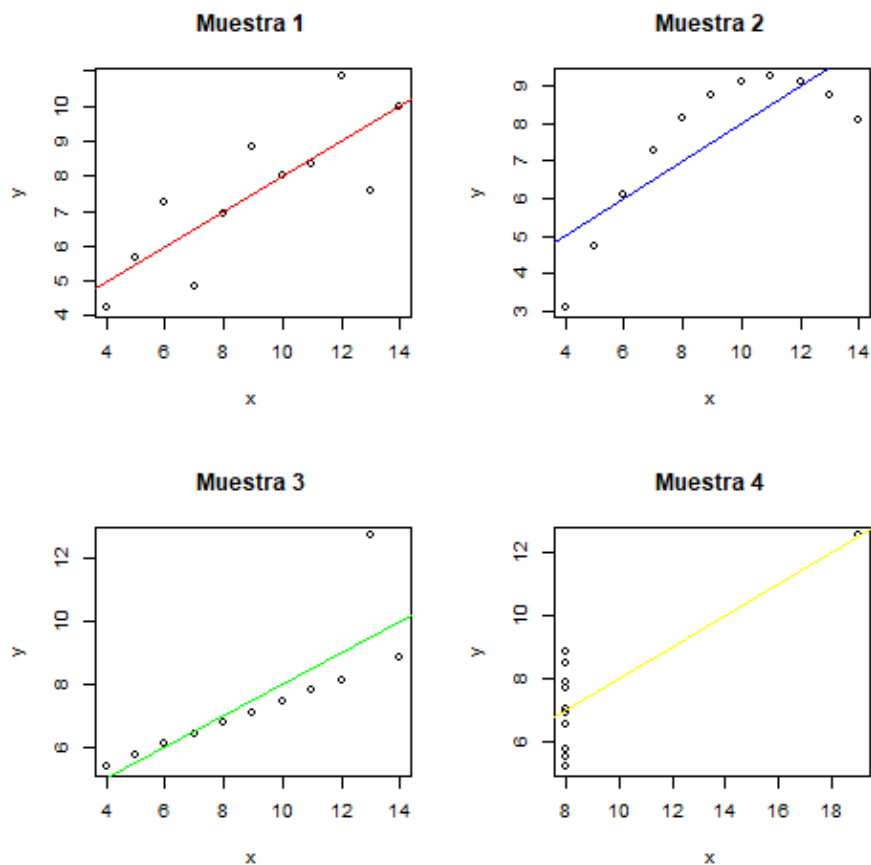
plot(data[,7], data[,8], xlab="x", ylab="y", main="Muestra 4")
abline(r4, col = "yellow")

dev.off()
}

```

Procedemos a su ejecución.

```
> plotDisp2(pares, r1, r2, r3, r4, "rPares.png")
```



2.3. Desarrollo por parte del alumno.

Para la parte de **clasificación** usaremos datos de *Setas*, las cuales clasificaremos en función de si son venenosas (p) o comestibles (e), es decir, los tipos de setas que encontramos en el archivo. Procedemos a leer dicho fichero como en prácticas anteriores haciendo uso de la librería `readr`.

```

> install.packages("readr")

--- Please select a CRAN mirror for use in this session ---

> library("readr")
> setas<-read.csv("./Datos/mushrooms.csv")

```

Los atributos que encontramos en este documento son:

- classes: edible=e, poisonous=p
- cap-shape: bell=b,conical=c,convex=x,flat=f, knobbed=k,sunken=s
- cap-surface: fibrous=f,grooves=g,scaly=y,smooth=s
- cap-color: brown=n, buff=b, cinnamon=c, gray=g, green=r, pink=p, purple=u, red=e, white=w, yellow=y
- bruises: bruises=t, no=f
- odor: almond=a, anise=l, creosote=c, fishy=y, foul=f, musty=m, none=n, pungent=p, spicy=s
- gill-attachment: attached=a, descending=d, free=f, notched=n
- gill-spacing: close=c, crowded=w, distant=d
- gill-size: broad=b, narrow=n
- gill-color: black=k, brown=n, buff=b, chocolate=h, gray=g, green=r, orange=o, pink=p, purple=u, red=e, white=w, yellow=y
- stalk-shape: enlarging=e, tapering=t
- stalk-root: bulbous=b, club=c, cup=u, equal=e, rhizomorphs=z, rooted=r, missing=?
- stalk-surface-above-ring: fibrous=f, scaly=y, silky=k, smooth=s
- stalk-surface-below-ring: fibrous=f, scaly=y, silky=k, smooth=s
- stalk-color-above-ring: brown=n, buff=b, cinnamon=c, gray=g, orange=o, pink=p, red=e, white=w, yellow=y
- stalk-color-below-ring: brown=n, buff=b, cinnamon=c, gray=g, orange=o, pink=p, red=e, white=w, yellow=y
- veil-type: partial=p, universal=u
- veil-color: brown=n, orange=o, white=w, yellow=y
- ring-number: none=n, one=o, two=t
- ring-type: cobwebby=c, evanescent=e, flaring=f, large=l, none=n, pendant=p, sheathing=s, zone=z
- spore-print-color: black=k, brown=n, buff=b, chocolate=h, green=r, orange=o, purple=u, white=w, yellow=y
- population: abundant=a, clustered=c, numerous=n, scattered=s, several=v, solitary=y

- habitat: grasses=g,leaves=l,meadows=m,paths=p,urban=u,waste=w,woods=d

```
> clasM<-rpart(class~.,data=setas,method="class")
> clasM
```

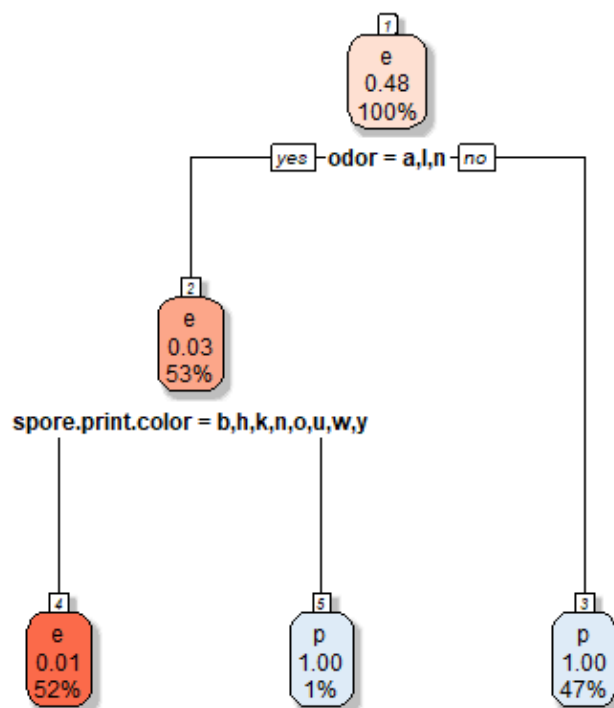
n= 8124

```
node), split, n, loss, yval, (yprob)
      * denotes terminal node
```

- 1) root 8124 3916 e (0.51797144 0.48202856)
- 2) odor=a,l,n 4328 120 e (0.97227357 0.02772643)
- 4) spore.print.color=b,h,k,n,o,u,w,y 4256 48 e (0.98872180 0.01127820) *
- 5) spore.print.color=r 72 0 p (0.00000000 1.00000000) *
- 3) odor=c,f,m,p,s,y 3796 0 p (0.00000000 1.00000000) *

Procedemos a mostrar el árbol de clasificación.

```
> plotTree(clasM, "classTreeM.png")
```



Función de clasificación obtenida:

- Si el olor no es anisado ni almendrado, se trata de una seta venenosa.
- En caso contrario, si su color no es verde, estamos ante una seta comestible, para el resto es venenosa.