

Wnioskowanie w warunkach niepewności

Projekt

Gabriel Lichacz

Spis treści

1.	Wstęp					
2.	Budowa sieci					
	2.1. Wstępna obróbka danych					
	2.2.	2. Dane ciągłe				
	2.3.	5				
	2.4.	7				
	2.5.	Testy o	dyskretyzacji	7		
3.	Wnioskowanie					
	3.1.	Prawde	opodobieństwa warunkowe	9		
		3.1.1.	Obliczone ręczenie	9		
		3.1.2.	Obliczone w R	10		
	3.2.	Rozkła	ady warunkowe	12		
4.	Pods	sumowa	nie	15		
5.	Spis ilustracji					
6.	Spis tabel					
7.	Kod źródłowy					

1. Wstęp

Dane dotyczą zaburzeń wątroby i pochodzą z BUPA Medical Research Ltd. Pięć pierwszych zmiennych to badania krwi, które uważa się za wrażliwe na zaburzenia wątroby, wynikające z nadmiernego spożywania alkoholu. Każdy wiersz danych to pojedyncza osoba płci męskiej. Zbiór nie zawiera informacji o tym czy dana osoba posiada dolegliwości wątroby. Zestaw danych posiada 345 wierszy oraz sześć kolumn danych.

Zmienne w zbiorze:

- [1] mcv wskaźnik średniej objętości krwinki czerwonej
- [2] alkphos fosfataza alkaliczna
- [3] sgpt aminotransferaza alaninowa
- [4] sgot aminotransferaza asparaginianowa
- [5] gammagt gamma-glutamylotranspeptydaza
- [6] drinks ilość napojów alkoholowych objętości pół pinty wypijanych dziennie
- [7] class pole z selektorem stworzonym przez badaczy BUPA do podziału danych na zbiory testowe

2. Budowa sieci

2.1. Wstępna obróbka danych

Dane po wczytaniu konwertuję dla pewności na typ numeric oraz usuwam kolumnę class. Nie wnosi ona nic do badanych danych a może wpłynąć negatywnie na model sieci.

^	mcv ‡	alkphos ‡	sgpt ‡	sgot ‡	gammagt ‡	drinks ‡
1	85	92	45	27	31	0.0
2	85	64	59	32	23	0.0
3	86	54	33	16	54	0.0
4	91	78	34	24	36	0.0
5	87	70	12	28	10	0.0
6	98	55	13	17	17	0.0
7	88	62	20	17	9	0.5
8	88	67	21	11	11	0.5
9	92	54	22	20	7	0.5
10	90	60	25	19	5	0.5

rys. 2-1 Dane

Przeprowadzam test Shapiro-Wilka na normalność rozkładu.

```
shapiro_t <- c()
for(i in 1:(length(dane)-1)){
   shapiro_t[i] <- shapiro.test(dane[,i])$p
}
shapiro_t</pre>
```

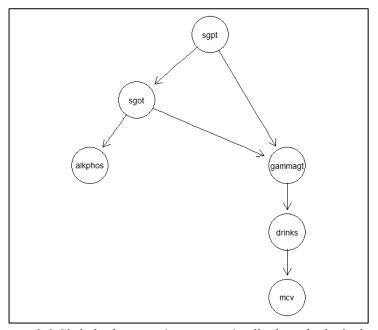
Kolumna	mcv	alkphos	sgpt	sgot	gammagt	drinks
Wartość p	3.340830e-06	3.604551e-07	2.579879e-23	1.402884e-19	6.480735e-25	1.686482e-18

tab. 1 Wartości p dla zmiennych

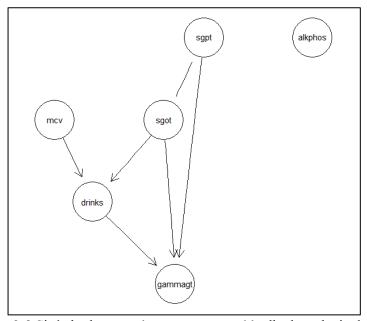
Obliczone wartości p są znacznie mniejsze niż $\alpha = 0.05$, co oznacza, że żadna ze zmiennych nie ma charakteryzuje się rozkładem normalnym. Dane należy zdyskredytować.

2.2. Dane ciągłe

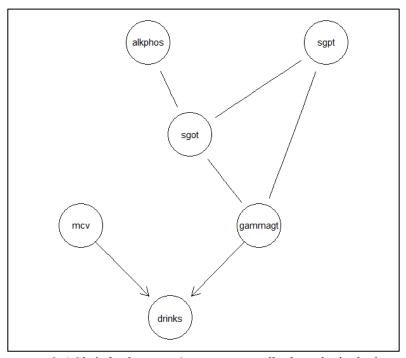
Modele zbudowane dla oryginalnych danych. Stworzone w celach poglądowych.



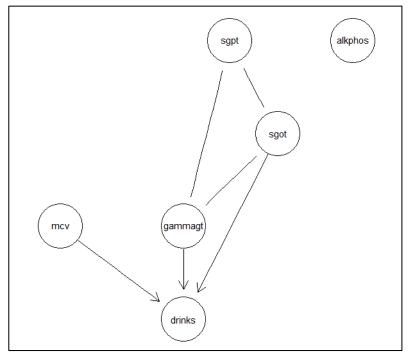
rys. 2-2 Sieć zbudowana algorytmem hc dla danych ciągłych



rys. 2-3 Sieć zbudowana algorytmem pc.stable dla danych ciągłych



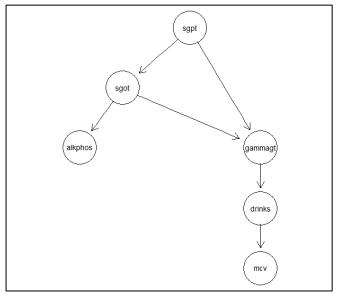
rys. 2-4 Sieć zbudowana algorytmem gs dla danych ciągłych



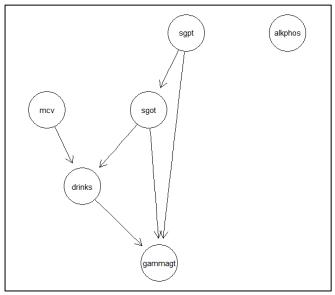
rys. 2-5 Sieć zbudowana algorytmem iamb dla danych ciągłych

2.3. Dane dyskretyzowane

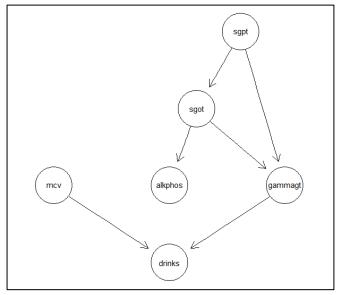
Sieci otrzymane po dyskretyzowaniu danych nie były zadowalające, przez co przebudowane zostały na wzór swoich odpowiedników dla danych ciągłych. W początkowej dyskretyzacji zmienne podzieliłem na odpowiednio 3, 3, 4, 5, 6, 7 przedziałów.



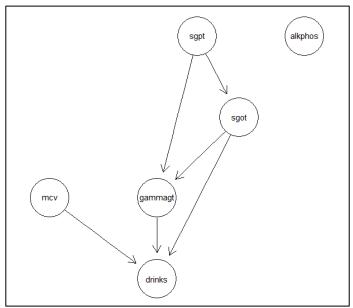
rys. 2-6 Sieć zbudowana algorytmem hc dla danych dyskretnych



rys. 2-7 Sieć zbudowana algorytmem pc.stable dla danych dyskretnych



rys. 2-8 Sieć zbudowana algorytmem gs dla danych dyskretnych



rys. 2-9 Sieć zbudowana algorytmem iamb dla danych dyskretnych

2.4. Score

Najlepszy wynik został otrzymany dla sieci zbudowanej algorytmem hc dla danych dyskretnych. Jest on najbliżej zera i wynosi -2071.689.

Nazwa algorytmu budującego sieć	Dane dyskretyzowane?	Score
la o	nie	-7766.483
hc	tak	-2071.689
	nie	graf częściowo skierowany
pc.stable	tak	-3898.508
	nie	graf częściowo skierowany
gs	tak	-2249.955
iomh	nie	graf częściowo skierowany
iamb	tak	-3450.4

tab. 2 Score dla zbudowanych sieci

2.5. Testy dyskretyzacji

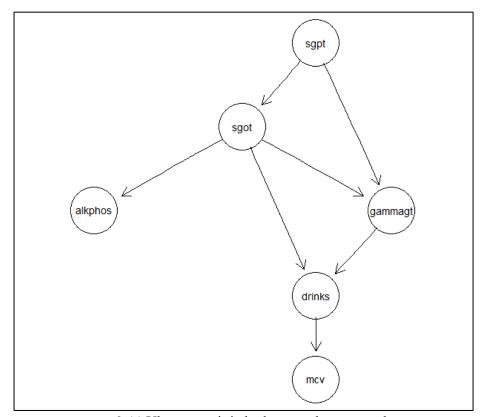
W celu osiągnięcia najlepszej oceny modelu przeprowadziłem testy na ile przedziałów należy podzielić każdą kolumnę danych. Do testów użyłem modelu sieci zbudowanej przy pomocy algorytmu hc.

Algorytm sumował ile wartości znajduje się w danym przedziale i liczył odległości między wartościami. Celem było znalezienie takiej liczby podziałów danych w kolumnie, by odległości były jak najmniejsze. Taki zabieg sprawiał, że dane były rozłożone równomiernie.

```
distance break no
       289
1
  test(max dist = 1000, a 2)
  distance break_no
       187
  test(max dist = 1000,
  distance break no
       325
  test(max dist = 1000, a 4)
  distance break no
       311
  test(max dist = 1000, a)
  distance break_no
1
       325
  test(max dist = 1000, a 6 = T)
  distance break_no
       327
```

rys. 2-10 Wynik funkcji sprawdzającej optymalną liczbę przedziałów

Najlepszym sposobem okazało się podzielenie wszystkich kolumn na 3 przedziały. **Score** nowej sieci wynosił **-1154.221**, co jest znaczącym polepszeniem w porównaniu do poprzedniego -2071.689. Algorytm musiał przeprowadzić 30 iteracji testów aby nauczyć się tej sieci



rys. 2-11 Ulepszona sieć zbudowana algorytmem hc

3. Wnioskowanie

3.1. Prawdopodobieństwa warunkowe

3.1.1. Obliczone ręczenie

Prawdopodobieństwo wystąpienia sgot znajdującego się w przedziale [5, 30.6667] pod warunkiem sgpt będącego w przedziale [4,54.3333] wynosi 90%.

$$P(sgot = [5, 30.6667] | sgpt = [4, 54.3333])$$

$$= \frac{P(sgot = [5, 30.6667] \cap sgpt = [4, 54.3333])}{P(sgpt = [4, 54.3333])} = \frac{\frac{283}{345}}{\frac{315}{345}} \approx \frac{0.82}{0.91} \approx 0.90$$

Prawdopodobieństwo wystąpienia sgot znajdującego się w przedziale [30.6667,56.3333] pod warunkiem sgpt będącego w przedziale [104.6667,155] wynosi 25%.

$$P(sgot = [30.6667, 56.3333] | sgpt = [104.6667, 155]) =$$

$$= \frac{P(sgot = [30.6667, 56.3333] \cap sgpt = [104.6667, 155])}{P(sgpt = [104.6667, 155])} =$$

$$= \frac{\frac{1}{345}}{\frac{4}{345}} \approx \frac{0.003}{0.012} \approx 0.25$$

Prawdopodobieństwo wystąpienia alkphos znajdującego się w przedziale [61.3333,99.6667] pod warunkiem sgot będącego w przedziale [5,30.6667] i sgpt będącego w przedziale [104.6667,155] wynosi 56%.

$$P(alkphos = [61.3333, 99.6667] \mid sgot = [5, 30.6667], sgpt = [4, 54.3333])$$

$$= \frac{P(alkphos = [61.3333, 99.6667] \cap sgot = [5, 30.6667] \cap sgpt = [4, 54.3333])}{P(sgot = [5, 30.6667] \cap sgpt = [4, 54.3333])} = \frac{\frac{158}{345}}{\frac{283}{245}} \approx \frac{0.46}{0.82} \approx 0.56$$

3.1.2. Obliczone w R

Jak widać funkcja w języku R zwróciła takie same wyniki jak przy obliczaniu prawdopodobieństw ręcznie.

```
sgot pod warunkiem sgpt = [4,54.3333]
sgot
      [5,30.6667] (30.6667,56.3333]
                                          (56.3333,82]
      0.898412698
                        0.095238095
                                           0.006349206
 sgot pod warunkiem sgpt = (54.3333,104.667]
sgot
      [5,30.6667] (30.6667,56.3333]
                                          (56.3333,82]
       0.11538462
                          0.84615385
                                            0.03846154
 sgot pod warunkiem sgpt = (104.667,155]
sgot
      [5,30.6667] (30.6667,56.3333]
                                          (56.3333,82]
             0.00
                                                   0.75
                                0.25
```

rys. 3-1 Prawdopodobieństwo sgot pod warunkiem sgpt

```
alkphos pod warunkiem sgot = [4,54.3333]
alkphos
     [23,61.3333] (61.3333,99.6667]
                                         (99.6667,138]
       0.36363636
                         0.56293706
                                            0.07342657
 alkphos pod warunkiem sgot = (54.3333,104.667)
alkphos
     [23,61.3333] (61.3333,99.6667]
                                         (99.6667,138]
                          0.6603774
                                             0.0754717
        0.2641509
 alkphos pod warunkiem sgot = (104.667,155]
alkphos
     [23,61.3333] (61.3333,99.6667]
                                         (99.6667,138]
        0.1666667
                          0.8333333
                                             0.0000000
```

rys. 3-2 Prawdopodobieństwo alkphos pod warunkiem sgot

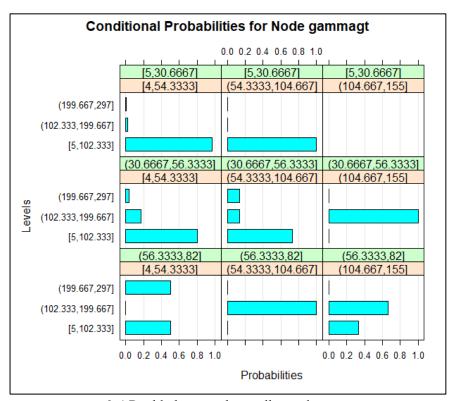
W przypadku prawdopodobieństwa wystąpienia gammagt pod warunkami sgpt i sgot wyniki prezentują się następująco:

```
gammagt pod warunkiem sgpt i sgot = [4,54.3333] [5,30.6667]
gammagt
      [5,102.333] (102.333,199.667]
                                       (199.667,297]
     0.971731449
                       0.021201413
                                         0.007067138
 gammagt pod warunkiem sgpt i sgot = [4,54.3333] (30.6667,56.3333]
      [5,102.333] (102.333,199.667]
                                       (199.667,297]
      0.80000000
                                          0.03333333
                        0.16666667
gammagt pod warunkiem sgpt i sgot = [4,54.3333] (56.3333,82]
gammagt
      [5,102.333] (102.333,199.667]
                                       (199.667,297]
             0.5
                                                 0.5
gammagt pod warunkiem sgpt i sgot = (54.3333,104.667] [5,30.6667]
gammagt
      [5,102.333] (102.333,199.667]
                                      (199.667,297]
gammagt pod warunkiem sgpt i sgot = (54.3333,104.667] (30.6667,56.3333]
gammagt
     [5,102.333] (102.333,199.667]
                                       (199.667,297]
                                           0.1363636
       0.7272727
                         0.1363636
gammagt pod warunkiem sgpt i sgot = (54.3333,104.667] (56.3333,82]
      [5,102.333] (102.333,199.667]
                                       (199.667,297]
gammagt pod warunkiem sgpt i sgot = (104.667,155] [5,30.6667]
      [5,102.333] (102.333,199.667]
                                       (199.667,297]
gammagt pod warunkiem sgpt i sgot = (104.667,155] (30.6667,56.3333]
                                       (199.667,297]
      [5,102.333] (102.333,199.667]
gammagt pod warunkiem sgpt i sgot = (104.667,155] (56.3333,82]
gammagt
      [5,102.333] (102.333,199.667]
                                       (199.667,297]
       0.0000000
```

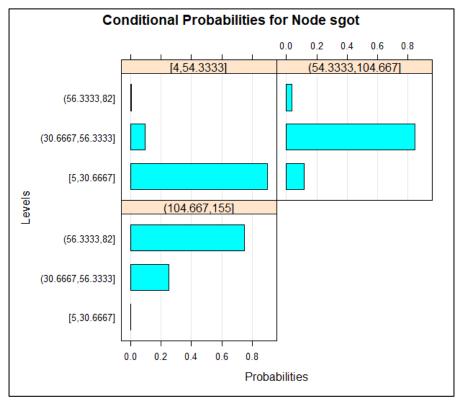
rys. 3-3 Prawdopodobieństwo gammagt pod warunkiem sgpt i sgot

3.2. Rozkłady warunkowe

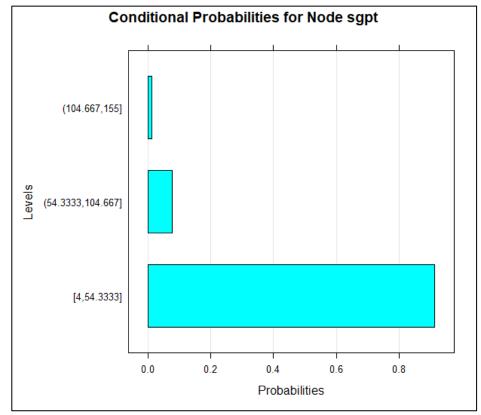
Prawdopodobieństwa można również zobrazować przy pomocy wykresów słupkowych.



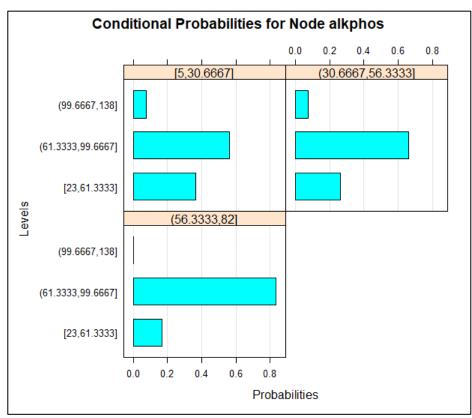
rys. 3-4 Rozkłady warunkowe dla węzła gammagt



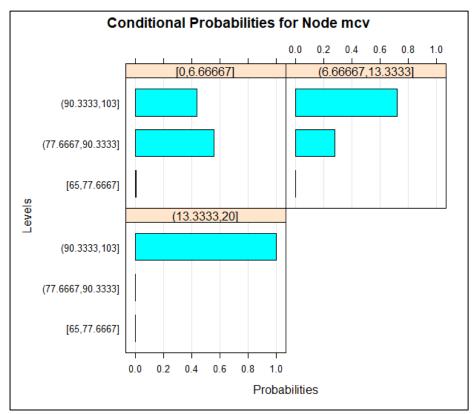
rys. 3-5 Rozkłady warunkowe dla węzła sgot



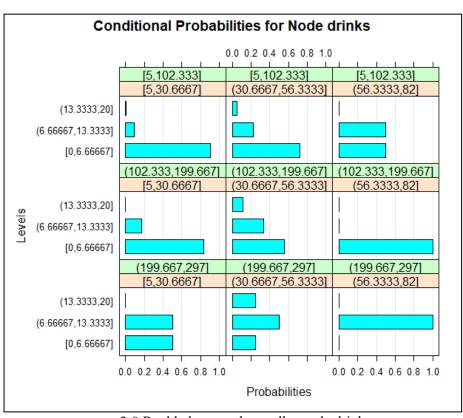
rys. 3-6 Rozkłady warunkowe dla węzła sgpt



rys. 3-7 Rozkłady warunkowe dla węzła alkphos



rys. 3-8 Rozkłady warunkowe dla węzła mcv



rys. 3-9 Rozkłady warunkowe dla węzła drinks

4. Podsumowanie

W przypadku wszystkich sprawdzanych modelów zmienna sgpt znajdowała się na samej górze i od niej zależały inne węzły. Zmienną najbardziej zależną od niej było sgot i gammagt. W większości przypadków alkphos znajdowało się poza modelem sieci lub uzależnione było od sgot. W tylko jednym przypadku gammagt wynikało z drinks – w każdym innym było odwrotnie. Podobna sytuacja dotyczy się zmiennych mcv i drinks. W co 3 modelu mcv było uzależnione od drinks – w reszcie odwrotnie.

5. Spis ilustracji

rys. 2-1 Dane	3
rys. 2-2 Sieć zbudowana algorytmem hc dla danych ciągłych	
rys. 2-3 Sieć zbudowana algorytmem pc.stable dla danych ciągłych	4
rys. 2-4 Sieć zbudowana algorytmem gs dla danych ciągłych	5
rys. 2-5 Sieć zbudowana algorytmem iamb dla danych ciągłych	5
rys. 2-6 Sieć zbudowana algorytmem hc dla danych dyskretnych	6
rys. 2-7 Sieć zbudowana algorytmem pc.stable dla danych dyskretnych	6
rys. 2-8 Sieć zbudowana algorytmem gs dla danych dyskretnych	6
rys. 2-9 Sieć zbudowana algorytmem iamb dla danych dyskretnych	7
rys. 2-10 Wynik funkcji sprawdzającej optymalną liczbę przedziałów	
rys. 2-11 Ulepszona sieć zbudowana algorytmem hc	8
rys. 3-7 Prawdopodobieństwo sgot pod warunkiem sgpt	10
rys. 3-8 Prawdopodobieństwo alkphos pod warunkiem sgot	10
rys. 3-9 Prawdopodobieństwo gammagt pod warunkiem sgpt i sgot	11
rys. 3-1 Rozkłady warunkowe dla węzła gammagt	12
rys. 3-2 Rozkłady warunkowe dla węzła sgot	12
rys. 3-3 Rozkłady warunkowe dla węzła sgpt	13
rys. 3-4 Rozkłady warunkowe dla węzła alkphos	13
rys. 3-5 Rozkłady warunkowe dla węzła mcv	14
rys. 3-6 Rozkłady warunkowe dla węzła drinks	14
6. Spis tabel	
tab. 1 Wartości p dla zmiennych	4
toh 2 Score dle zhudowenych sieci	7

7. Kod źródłowy

https://github.com/gabriellichacz/bayesian_network_liver