

Politechnika Warszawska

WYDZIAŁ ELEKTRONIKI  
I TECHNIK INFORMACYJNYCH



Instytut Informatyki  
Zakład Systemów Informatycznych

# Praca dyplomowa magisterska

na kierunku INFORMATYKA  
w specjalności Inżynieria Systemów Informatycznych

Meta-metody służące do poprawy jakości klasyfikacji

Konrad Ziaja  
nr albumu 272170

promotor  
dr inż. Łukasz Skonieczny

Warszawa 2017



Warszawa, XX lutego 2017

POLITECHNIKA WARSZAWSKA  
Wydział Elektroniki i Technik Informacyjnych

### OŚWIADCZENIE

Świadom odpowiedzialności prawnej oświadczam, że niniejsza praca dyplomowa magisterska pt. Meta-metody służące do poprawy jakości klasyfikacji:

- została napisana przeze mnie samodzielnie,
- nie narusza niczych praw autorskich,
- nie zawiera treści uzyskanych w sposób niezgodny z obowiązującymi przepisami.

Oświadczam, że przedłożona do obrony praca dyplomowa nie była wcześniej podstawą postępowania związanego z uzyskaniem dyplomu lub tytułu zawodowego w uczelni wyższej. Jestem świadom, że praca zawiera również rezultaty stanowiące własności intelektualne Politechniki Warszawskiej, które nie mogą być udostępniane innym osobom i instytucjom bez zgody Władz Wydziału Elektrycznego.

Oświadczam ponadto, że niniejsza wersja pracy jest identyczna z załączoną wersją elektroniczną.

Konrad Ziaja.....



# Spis treści

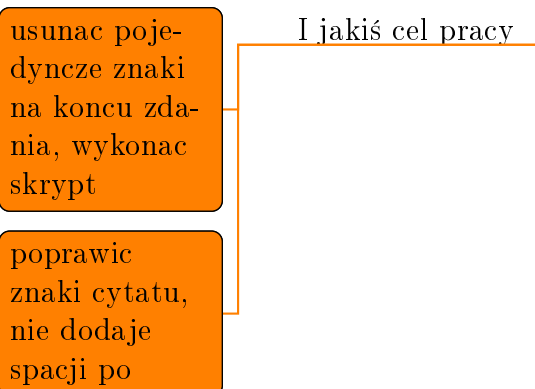
<b>1</b>	<b>Wstęp teoretyczny</b>	<b>3</b>
1.1	Klasyfikacja danych . . . . .	3
1.2	Wybrane algorytmy klasyfikacji danych . . . . .	4
1.2.1	Drzewo decyzyjne . . . . .	4
1.2.2	Naiwny klasyfikator bayesowski . . . . .	6
1.2.3	Klasyfikator k najbliższych sąsiadów (kNN) . . . . .	6
1.2.4	Las losowy . . . . .	7
1.2.5	Maszyna wektorów nośnych . . . . .	8
1.2.6	Zespół klasyfikatorów . . . . .	9
1.3	Meta-metody . . . . .	10
1.3.1	Bagging . . . . .	10
1.3.2	Boosting . . . . .	10
1.3.3	Stacking . . . . .	12
1.4	Wstępne przetwarzanie danych . . . . .	12
1.4.1	Brakujące wartości atrybutów . . . . .	12
1.4.2	Transformacja danych . . . . .	13
1.4.3	Dane kateryczne . . . . .	14
1.4.4	Redukcja ilości atrybutów . . . . .	16
1.5	Ocena poprawności klasyfikacji . . . . .	17
1.5.1	Miary jakości klasyfikacji danych . . . . .	17
1.5.2	Nadmierne dopasowanie i wariancja klasyfikatora . . . . .	20
1.5.3	Metody pomiaru jakości klasyfikacji danych . . . . .	23
<b>2</b>	<b>Klasyfikacja danych nie zrównoważonych</b>	<b>26</b>
2.1	Dane nie zrównoważone . . . . .	26
2.2	Równoważenie rozkładu klas w zbiorze danych . . . . .	27
2.2.1	Metody undersampling . . . . .	27
2.2.2	Metody oversampling . . . . .	28
2.2.3	Metody hybrydowe . . . . .	29

<b>3</b>	<b>Przeprowadzone badania</b>	<b>30</b>
3.1	Opis platformy i w jaki sposób realizacji badań . . . . .	30
3.1.1	Język python . . . . .	30
3.1.2	Biblioteka scikit-learn . . . . .	30
3.1.3	Biblioteka imbalanced-learn . . . . .	31
3.1.4	Pozostałe użyte biblioteki . . . . .	31
3.1.5	opisac co zaimplementowane? . . . . .	32
3.2	Opis danych użytych w badaniach . . . . .	32
3.3	Sposób mierzenia w sprawdzanie krzyżowym . . . . .	35
3.4	Ocena klasyfikatora w sprawdzanie krzyżowym k-krotnym. . .	35
3.4.1	Test sposobów oceny klasyfikatora . . . . .	35
3.5	Balansowanie niezerównoważonych zbiorów ze sprawdzaniem krzyżowym . . . . .	46
<b>4</b>	<b>Meta-metody</b>	<b>51</b>
4.1	Bagging . . . . .	51
4.1.1	Bagging z naiwnym klasyfikatorem bayesowskim . . . .	51
4.1.2	Bagging drzewa decyzyjne . . . . .	55
4.1.3	Bagging z klasyfikatorem kNN . . . . .	63
4.2	Boosting . . . . .	67
4.2.1	AdaBoost z naiwnym klasyfikatorem Bayesa . . . . .	67
4.2.2	AdaBoost z drzewem decyzyjnym . . . . .	69
4.2.3	Stacking . . . . .	72
4.2.4	Porównanie meta-metod . . . . .	74
4.2.5	Poprawa klasyfikacji danych mniejszościowych . . . .	79
4.2.6	Porównanie metod . . . . .	85
<b>5</b>	<b>Propozycja klasyfikatorów</b>	<b>87</b>
5.1	Klasyfikator ekspercki . . . . .	87
5.1.1	Testy . . . . .	89
5.2	Meta-klasyfikator . . . . .	89
5.2.1	Testy . . . . .	89
<b>6</b>	<b>Podsumowanie</b>	<b>90</b>
	<b>Bibliografia</b>	<b>91</b>

# Wstęp

napisac wstep może tutaj napisze o eksploracji danych oraz o klasyfikacji nadzorowanej i nienadzorowanej

# Cel pracy





# Rozdział 1

## Wstęp teoretyczny

### 1.1 Klasyfikacja danych

Klasyfikacja jest to proces przyporządkowania danych do jednej z predefiniowanych klas na podstawie atrybutów tych danych. Algorytm klasyfikacji na podstawie analizy danych trenujących, zawierających atrybuty oraz klasę, tworzy model klasyfikacyjny. Stworzony model klasyfikacyjny wykorzystywany jest do predykcji klasy (kategorii) nowych danych bez określonej klasy. Celem algorytmu budującego model, jest odnalezienie wzorców, w jaki sposób atrybuty obiektu wpływają na przynależność do danej klasy, tak, aby wiedza na temat analizowanych danych była możliwie ogólna oraz niezależna od próby.

Klasyfikacja danych jest procesem dwuetapowym:

- budowa modelu – proces ten polega na analizie obiektów z przyporządkowaną klasą oraz na budowie modelu opisującego predefiniowany zbiór klas danych,
- właściwa klasyfikacja – otrzymany model stosuje się do przydzielania klasy nowym obiektom.

Budowa modelu jest także procesem dwu-etapowym. Dzieli się ona na:

- uczenie – klasyfikator budowany jest w oparciu o dane treningowe,
- ocena jakości klasyfikacji – jakość klasyfikacji badana jest w oparciu o dane testowe.

W zależności od liczebności klas w zbiorze danych można wyróżnić:

- klasyfikację binarną – klasyfikator decyduje o przypisaniu obiektu do jednej z dwóch klas (np. czy człowiek jest zdrowy lub nie)

może coś pisać o uczeniu maszynowym i że klasyfikacja może być nadzorowana i nie?

zbadac rysunki i tabele, czasami pokazują się zbyt daleko od ich właściwego położenia

właściwa numeracja stron, lewy prawy, rozdziały od nieparzystych

- klasyfikację wieloklasową – obiektowi przypisuje się jedną z wielu predefiniowanych klas.

Do reprezentacji danych uczących, testowych oraz do klasyfikacji najczęściej stosuje się system informacyjny.

Zachmurzenie	Temp.	Temp. wody	Opady	Wiatr	Pływać	$h(x)$
słonecznie	32	25	brak	słaby	tak	tak
słonecznie	31	26	brak	umiarkowany	tak	nie
pochmurnie	22	15	brak	b. mocny	nie	nie
pochmurnie	20	18	brak	słaby	tak	tak
całkowite zachmurzenie	12	6	brak	umiarkowany	nie	nie
całkowite zachmurzenie	10	8	duże	słaby	nie	nie
pochmurnie	21	10	brak	mocny	nie	tak
słonecznie	25	17	brak	umiarkowany	tak	nie
pochmurnie	23	17	przelotne	umiarkowany	nie	tak

Tablica 1.1: Przykład danych treningowych składających się z 5 atrybutów oraz klasy decyzyjnej. W ostatniej kolumnie znajduje się wynik klasyfikacji. W pięciu przypadkach, klasyfikator poprawnie wskazał klasę.

## 1.2 Wybrane algorytmy klasyfikacji danych

### 1.2.1 Drzewo decyzyjne

Drzewo decyzyjne jest bardzo często wykorzystywane jako klasyfikator danych. Celem jest stworzenie modelu, który na podstawie danych wejściowych przewidzi poprawnie klasę. Drzewo jest acyklicznym spójnym grafem skierowanym. Korzeń (węzeł na poziomie 0) zawiera w sobie cały zbiór uczący. W każdym węźle przeprowadza się test na wartościach atrybutu, który dzieli zbiór na podzbiory. Z węzła wychodzi tyle gałęzi ile możliwych jest wyników testu z tego węzła. Pod każdym węzłem znajduje się kryterium podziału dokonywanego w danym węźle, które jest jednakowe dla wszystkich elementów zbioru. Ostatnim elementem drzewa decyzyjnego są liście, które zawierają etykiety, czyli przydział klasowy elementów z tego podzbioru. Drzewo buduje się w sposób rekurencyjny od korzenia do liścia z wykorzystaniem metody "dziel i zwyciężaj".

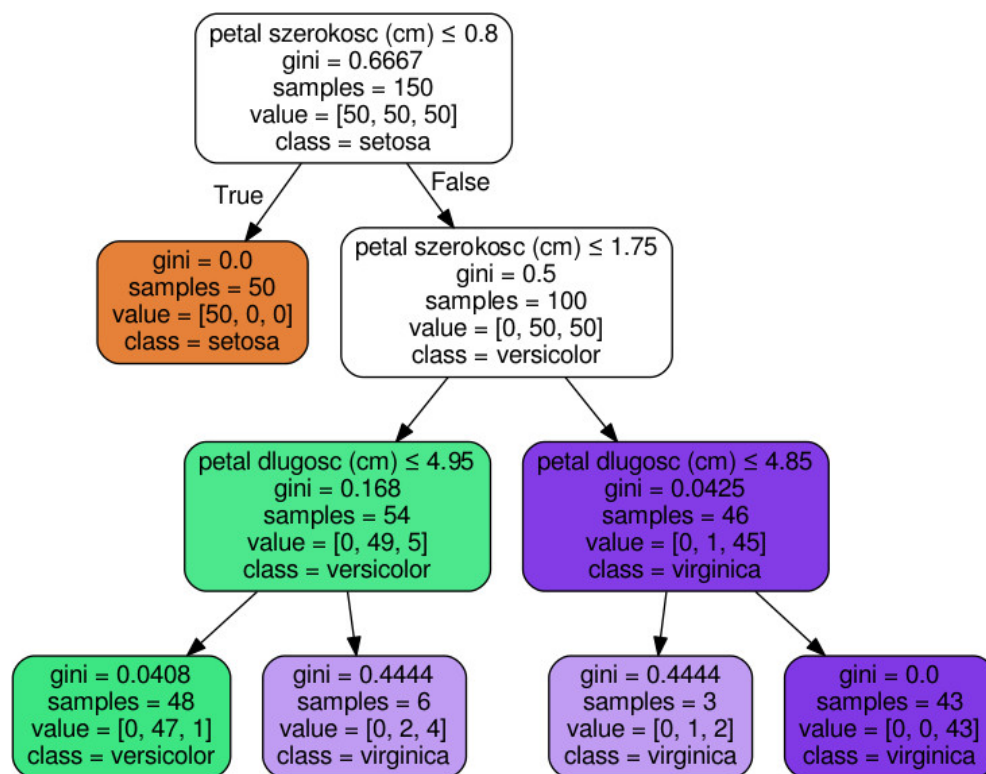
**Proces budowy drzewa:**

1. Stwórz korzeń zawierający cały zbiór uczący.
2. Jeśli wszystkie przykłady należą do tej samej klasy decyzyjnej, to węzeł staje się liściem z etykietą klasy.

3. Jeżeli nie, oblicz kryterium podziału wykorzystując np. entropię, które najlepiej dzieli zbiór treningowy.
4. Dla każdego testu stwórz gałąź i podziel odpowiednio podzbiory do nowych węzłów.
5. Wywołaj rekurencyjnie algorytm dla nowych węzłów.
6. Algorytm kończy się dla kryterium stopu.

Stosuje się różne kryterium stopu:

- wszystkie przykłady należą do tej samej klasy,
- brak możliwości dalszego podziału,
- zbiór pusty,
- osiągnięto zakładany cel, np.: maksymalna głębokość drzewa, maksymalna czystość klas w liściu, minimalny przyrost informacji po podziale.



Rysunek 1.1: Drzewo decyzyjne z maksymalną głębokością równą 3. Drzewo zbudowane dla danych *iris* – *data*, zawiera trzy klasy (gatunki) *setosa*, *versicolor* i *virginica* oraz cztery atrybuty długość i szerokość kwiata *petal* i *sepal*. Podział został dokonany ze współczynnikiem *gini*.

Jako kryterium podziału można stosować np. wskaźnik Giniego lub entropię. Często zdarza się, że zbudowane drzewa są zbyt duże i tworzy się nadmierne dopasowanie do danych. Wówczas należy ograniczyć wysokość drzewa. Istnieje kilka algorytmów drzew decyzyjnych takich jak: ID3, C4.5, CART, CHAID. Przykładowe drzewo decyzyjne znajduje się na rysunku 1.1.

### 1.2.2 Naiwny klasyfikator bayesowski

Naiwny klasyfikator bayesowski opiera się na twierdzeniu o prawdopodobieństwie warunkowym stworzonym przez Thomasa Bayesa. Jest to klasyfikator probabilistyczny, zwracający prawdopodobieństwo przynależności przykładu do danej kategorii. Liczba kategorii musi być skończona i zdefiniowana a priori. Zasada działania klasyfikator opiera się na twierdzeniu:

$$P(C_i|x) = \frac{P(x|C_i)P(C_i)}{P(x)}$$

gdzie:

- $x$  - przykład, dla którego nieznana jest klasa, jest to  $n$ -wymiarowy wektor, a  $n$  oznacza liczbę atrybutów,
- $P(C_i|x)$  - prawdopodobieństwo a posteriori, że przykład  $x$  należy do klasy  $C_i$ ,
- $P(x|C_i)$  - prawdopodobieństwo a priori, że przykład  $x$  należy do klasy  $C_i$ ,
- $P(C_i)$  - prawdopodobieństwo, że dowolny przykład należy do klasy  $C_i$
- $P(x)$  to prawdopodobieństwo a priori wystąpienia przykładu  $x$ .

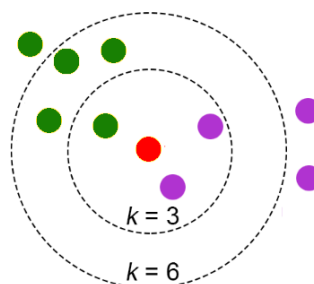
Działanie naiwnego klasyfikatora bayesowskiego oparte jest na założeniu, że atrybuty wewnątrz klasy są od siebie niezależne. Bardzo często to założenie nie jest spełnione, co rzutuje na wyniki osiągane przez ten klasyfikator oraz pokazuje genezę pochodzenia nazwy klasyfikatora.

### 1.2.3 Klasyfikator $k$ najbliższych sąsiadów (kNN)

Klasyfikator  $k$  najbliższych sąsiadów lub klasyfikator  $k$ -NN, (ang. *k nearest neighbours*) należy do grupy algorytmów leniwych (ang. *lazy learners*), które nie wymagają uczenia, a całe obliczenia wykonywane są w momencie pojawienia się wzorca testowego, czyli podczas klasyfikacji lub testowania.

Klasyfikacja nowego obiektu  $x$  odbywa się poprzez znalezienie  $k$  najbliższych sąsiadów w danych uczących  $X$  i nadaniu mu nowej klasy poprzez

głosowanie większościowe sąsiadów. Odległość pomiędzy sąsiadami można obliczyć np. takimi miarami jak: euklidesowa, Manhattan, Czebyszewa lub Minkowskiego.



Rysunek 1.2: Przykład klasyfikatora kNN. Klasyfikator ma przewidzieć klasę dla czerwonego punktu. Dla  $k=3$  wyszukuje trzech najbliższych sąsiadów, w tym przypadku nadałby klasę fioletową, natomiast dla  $k=6$  wyszukuje sześciu najbliższych sąsiadów i punktowi nadałby klasę zieloną.

Dobranie idealnej wartości parametru  $k$  ma bardzo duże znaczenie w jakości klasyfikacji. Dobrze dobrane  $k$  powinno być na tyle duże, aby minimalizować prawdopodobieństwo błędnych klasyfikacji, ale jednocześnie małe, aby  $k$  najbliższych sąsiadów było rzeczywiście bliskimi sąsiadami testowanej obserwacji [4].

#### 1.2.4 Las losowy

Las losowy (ang. *random forest*) lub losowe drzewa decyzyjne to klasyfikator złożony z drzew decyzyjnych. Algorytm trenujący działa według następującego schematu:

1. Wylosuj metodą bootstrap (losowanie ze zwracaniem)  $n$  elementów ze zbioru danych,
2. Zbuduj drzewo decyzyjne, w każdym węźle:
  - wylosuj  $d$  atrybutów,
  - dla wylosowanych atrybutów, dokonaj najlepszego podziału (np. używając entropii, lub współczynnika Ginięgo).
3. Powtórz punkt 1 i 2  $k$  razy (gdzie  $k$ , to liczba drzew).

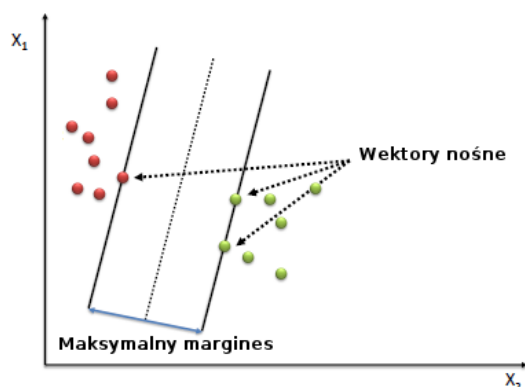
Każde drzewo klasyfikuje przykład, a ostateczna klasa nadawana jest poprzez głosowanie większościowe.

Jest to jeden z elementów bagging, może wspomnieć, albo dać w innym miejscu?

Zazwyczaj, im większa liczba drzew  $k$  tym lepsze wyniki można otrzymać. Zmieniając liczbę losowanych przykładów  $n$  do zbioru uczącego, można kontrolować wariancję błędu. Im  $n$  większe, tym las losowy ma większą tendencję do nadmiernego dopasowania. Zmniejszając liczbę losowanych obserwacji można zmniejszyć szansę na przeuczenie i podnieść jakość klasyfikacji. Zazwyczaj  $n$  równa się wielkości zbioru danych. Liczbę losowanych atrybutów  $d$ , zwykle przyjmuje się na poziomie  $d = \sqrt{m}$ , gdzie  $m$  to liczba wszystkich atrybutów.

### 1.2.5 Maszyna wektorów nośnych

Maszyna wektorów nośnych, SVM (ang. *support vector machine*) jest to nieprobabilistyczny, binarny, liniowy klasyfikator. Zbudowany model SVM, określa do której z dwóch klas należą dane wejściowe. Konstrukcja klasyfikatora opiera się na znalezieniu hiperpłaszczyzny w przestrzeni wielowymiarowej oddzielającej dwie klasy zbioru uczącego. Zadaniem algorytmu jest wybór tej z możliwie największym marginesem, tak aby odległość najbliższych punktów po obu stronach była największa. Oddzielająca hiperpłaszczyzna, opisana jest z wykorzystaniem wektora normalnego. Wektor ten jest liniową kombinacją najbliższych do hiperpłaszczyzny punktów. Jakość klasyfikacji zależy od szerokości granicy rozdzielającej klasy, im jest większa, tym błąd uogólnienia powinien być mniejszy. Modele z małym marginesem mogą wykazywać nadmierne dopasowanie. Klasyfikacja właściwa nowych przypadków, polega na określeniu po której stronie marginesu znajduje się nowy punkt i na tej podstawie wyznaczana jest klasa.



Rysunek 1.3: Przykład klasyfikatora SVM z maksymalnym marginesem oddzielającym dwie klasy

Istnieje modyfikacja podstawowego algorytmu, dla przypadku, gdy nie

istnieje hiperpłaszczyzna oddzielająca dwie klasy. Jest to maszyna wektorów nośnych o miękkim marginesie. Bierze ona pod uwagę możliwość występowania zaszumionych danych. Klasyfikator w procesie uczenia, szuka możliwie najlepszej hiperpłaszczyzny oddzielającej obie klasy. Stopień błędnej klasyfikacji mierzony jest poprzez zmienną rozluźniającą (ang. *slack variable*). Zmienną tą można traktować jako karę, dla danych znajdujących się po złej stronie granicy. Można ją kontrolować poprzez parametr  $C$ , który decyduje o szerokości rozdzielającego marginesu. Duża wartość parametru  $C$ , oznacza wysokie kary za błędną klasyfikację.

Jeżeli problem jest nieseparowalny liniowo, można zastosować tzw. trik jądra, który polega na zastąpieniu liniowego jądra, nieliniowym. Pozwala to na stworzenie klasyfikatora nieliniowego. Najczęściej stosuje się następujące jądra:

- wielomianowe (ang. *polynomial*)
- potencjalnych funkcji bazowych RBF (ang. *radial basis function*)
- sigmoidalne

### 1.2.6 Zespół klasyfikatorów

W celu poprawy jakości klasyfikacji, można zastosować zespół klasyfikatorów w celu przypisania kategorii nowemu przykładowi. Zespół taki może składać się z kilku klasyfikatorów o takich samych algorytmach lub różnych. Jeżeli są to takie same klasyfikatory, to każdy model uczony jest na innych danych. Dla każdego modelu, dane trenujące mogą być wyznaczane poprzez losowanie lub losowanie ze zwracaniem. Zwykle zbiór trenujący przyjmuje nie więcej niż  $2/3$  wszystkich elementów. Możliwe jest także, podzielenie zbioru trenującego na  $k+1$  (gdzie  $k$  to liczba klasyfikatorów) części i przekazanie każdemu klasyfikatorowi różnych  $k$  części jako zbiór trenujący. Innym sposobem jest modyfikacja przestrzeni atrybutów. Każdy z klasyfikatorów otrzymuje zbiór danych zawierający inne atrybuty.

Jeżeli są to różne algorytmy, to wszystkie modele można uczyć na takich samych danych.

Każdy klasyfikator otrzymuje nowy przykład i nadaje mu kategorię. Ostateczna kategoria wyznaczana jest poprzez:

- głosowanie większościowe (ang. *majority voting*) wybierana jest klasa najczęściej wskazywana przez modele,
- głosowanie ważone (ang. *weighted voting*) każdy klasyfikator ma przypisaną wagę lub zamiast predykcji klasy, zwraca prawdopodobieństwo

z jakim przewiduje daną klasę. Docelową klasą jest ta z największym prawdopodobieństwem.

## 1.3 Meta-metody

### 1.3.1 Bagging

Metoda bagging, znana także jako bootstrap aggregating to zespół klasyfikatorów, meta-algorytm pozwalający zmniejszyć wariancję oraz uniknąć nadmiernego dopasowania. Metoda ta została zaproponowana w 1994 przez Leo Breiman'a w celu podniesienia jakości klasyfikacji poprzez połączenie wielu klasyfikatorów tego samego typu, uczących się na losowym zbiorze danych. Zbiór uczący dla każdego klasyfikatora tworzy się poprzez losowanie ze zwracaniem z głównego zbioru danych. Losowanie wykonuje się z rozkładem jednostajnym. Nowo tworzony zbiór może być mniejszy lub takiej samej wielkości. Jeżeli zbiór danych jest duży i wygenerowany zbiór ma taką samą wielkość, można spodziewać się  $1 - \frac{1}{e}$  (około 63,2%) unikalnych próbek. Takie losowanie nosi nazwę próby bootstrap. Zazwyczaj łączy się wyniki wielu modeli tego samego typu. Mając zbiór uczący  $D$  o rozmiarze  $n$ , algorytm wygląda następująco:

1. Wygeneruj  $m$  nowych zbiorów treningowych  $D_i$ , o rozmiarze  $n'$ , poprzez losowanie ze zwracaniem ze zbioru  $D$ ,
2. Trenuj  $m$  klasyfikatorów w oparciu o wygenerowane zbiory treningowe  $D_i$ .

Nowa próbka klasyfikowana jest przez wszystkie modele, a ostateczna klasa nadawana jest poprzez głosowanie większościowe. W metodzie bagging bardzo ważny jest dobór odpowiedniego klasyfikatora oraz rozważenie czy ta metoda może podnieść dokładność klasyfikacji. Jeżeli klasyfikator jest niestabilny (np. mała zmiana w danych treningowych powoduje zmianę dokładności klasyfikatora) metoda bagging może znacząco podnieść jakość i dokładność klasyfikacji. Jeżeli jednak klasyfikator jest stabilny, stosowanie metody bagging może doprowadzić do zmniejszenia jakości klasyfikacji z powodu zmniejszenia ilości danych treningowych.

### 1.3.2 Boosting

W 1988 i 1989 roku Micheal Kearns oraz Leslie Valiant postawili pytanie czy można stworzyć zbiór słabych klasyfikatorów, w celu stworzenia



jednego silnego. Słaby klasyfikator to taki, który osiąga tylko minimalnie lepsze wyniki od losowania (zgadywania), natomiast dobry klasyfikator osiąga wyniki mocno skorelowane z rzeczywistą klasyfikacją. W 1996 roku Robert Schapire oraz Yoav Freund zaprezentowali algorytm AdaBoost. Istnieje dużo różnych algorytmów boostingu. Metoda boosting to zbiór klasyfikatorów, meta-algorytm, w którym w odróżnieniu od baggingu, słabe klasyfikatory budowane są sekwencyjnie. Większość algorytmów boostingu działa według następującego schematu:

1. Każdemu przykładowi ze zbioru początkowego przypisywana jest taka sama waga początkowa, zazwyczaj  $\frac{1}{n}$ .
2. Budowany jest nowy klasyfikator  $m$  w oparciu o zbiór z wagami.
3. Zbudowany klasyfikator dołączany jest do klasyfikatorów  $M$  z wagą odpowiadającą jego dokładności.
4. W zbiorze trenującym następuje aktualizacja wag. Przykładowi poprawnie sklasyfikowanym zmniejsza się wagę, natomiast błędnie sklasyfikowanym zwiększa się.
5. Punkt 2-4 powtarzany jest do momentu osiągnięcia liczby estymatorów  $m$  lub do osiągnięcia zakładanego błędu.

Takie podejście nazywane jest boosting by weighting, w procesie uczenia bierze udział cały zbiór. Istnieje także boosting by sampling, w którym zbiór jest ograniczony do  $n$  elementów, a zamiast wag, używa się prawdopodobieństwa. Zwiększając prawdopodobieństwo przykładów źle sklasyfikowanych, zwiększa się szansę na wylosowanie, a w konsekwencji na poprawną klasyfikację przez model. W klasyfikacji końcowej udział biorą wszystkie klasyfikatory, a ostateczna klasa nadawana jest poprzez głosowanie ważone.

Algorytm boosting, skupia się na przykładach błędnie sklasyfikowanych. Pozwala znacząco poprawić jakość klasyfikacji w przypadku użycia słabych klasyfikatorów (skuteczność klasyfikacji niedużo powyżej 50%). W przypadku klasyfikatorów osiągających lepsze wyniki, nie obserwuje się znaczącego przyrostu skuteczności. Boosting może wykazywać także, nadmierne dopasowanie do przykładów wielokrotnie źle sklasyfikowanych.

W 2008 roku Phillip Long (Google) oraz Rocco A. Servedio (Uniwersytet Columbia), podczas 25. Międzynarodowej Konferencji poświęconej systemom uczącym, opublikowali artykuł, w którym zasugerowali, że większość stosowanych współcześnie algorytmów opartych o boosting jest wadliwa. Stwierdzili, że algorytmy AdaBoost, LogiBoost mogą wykazywać słabą odporność na losowy szum klasyfikacyjny, a zastosowanie ich w realnym świecie jest wielce wątpliwe. W artykule przedstawiony został przykład, w którym stwierdzono,

że jeżeli część danych treningowych będzie miała źle oznaczone klasy, to algorytm nie będzie mógł poprawnie sklasyfikować tych danych. Skutkiem czego stworzenie modelu z dokładnością większą niż  $\frac{1}{2}$  będzie niemożliwe.

Istnieje dużo algorytmów korzystających z metody boosting. Najpopularniejsze z nich to AdaBoost, LPBoost, TotalBoost, BrownBoost, MadaBoost, LogitBoost.

### 1.3.3 Stacking

Metoda stacking (kontaminacja modeli) to połączenie kilku lub kilkunastu klasyfikatorów o różnych algorytmach. W pierwszym etapie, klasyfikatory trenowane są na tych samych danych. Następnie zbiór treningowy klasyfikowany jest przez te modele, a przewidziane klasy tworzą nowy zbiór uczący dla meta-klasyfikatora. Zbiór treningowy można utworzyć także, z połączenia danych wejściowych z predykowanymi klasami. Zamiast klas, jako dodatkowe wejście, można użyć prawdopodobieństwa danej klasy, o ile wszystkie klasyfikatory wspierają tę funkcję. Meta-klasyfikatorem może być każdy algorytm. Bardzo często do tego celu stosuje się regresję logistyczną lub sieć neuronową.

## 1.4 Wstępne przetwarzanie danych

### 1.4.1 Brakujące wartości atrybutów

Często występującym problemem jest niekompletność baz danych, brak kilku wartości różnych atrybutów. Brakujące wartości mogą być wynikiem błędu człowieka, aplikacji, programu pomiarowego, nie podania danych lub z innego powodu. Zazwyczaj brakujące dane oznaczone są pustymi polami, pytajnikiem lub w inny opisany sposób. Istnieje kilka sposobów na rozwiązanie tego problemu.

#### Usunięcie niekompletnych obserwacji

Najprostszym sposobem jest usunięcie wierszy lub kolumn, w których brakuje wartości. Przed usunięciem, należy przeanalizować dane, sprawdzić, które usunięcie będzie najbardziej korzystne (usunie najmniej danych). Może zaistnieć sytuacja, że zamiast usuwać dużą liczbę przykładów (wiersze), bardziej opłaca usunąć się atrybut (kolumnę), który ma dużo pustych komórek. Opisana metoda może również mieć niepożądane konsekwencje. Usuając niektóre obserwacje lub atrybuty, pozbywa się części informacji. Skutkiem tego zabiegu model predykcyjny może działać słabiej. Konsekwencją stoso-

wania tego sposobu jest brak możliwości predykcji niekompletnych przykładów.

## Imputacja danych

Innym pomysłem na rozwiązanie tego problemu jest imputacja danych. Brakujące dane można obliczyć lub wyznaczyć różnymi technikami na podstawie wartości pozostałych obserwacji. Jeżeli atrybut zawiera wartości ciągłe, brakujące elementy można zastąpić wartością średnią lub medianą całej kolumny. W przypadku wartości dyskretnych można uzupełnić je wartością występującą najczęściej. Stosując takie rozwiązanie można wprowadzić szum do danych. Rozwiązaniem dającym lepsze rezultaty, może być zastosowanie klasyfikatora lub regresji w celu imputacji danych.

### 1.4.2 Transformacja danych

Drzewo decyzyjne lub las losowy są jednymi z nielicznych algorytmów klasyfikacji, które nie wymagają skalowania danych. Atrybuty mogą mieć różne skale, jednostki i przedziały zmienności. Może to powodować dominację niektórych atrybutów nad innymi (np. w klasyfikatorze k-NN, podczas mierzenia odległości euklidesowej), a w konsekwencji do zafałszowania klasyfikacji. Ten problem można rozwiązać na kilka sposobów.

#### Skalowanie

Skalowanie polega na proporcjonalnym przekształceniu wartości atrybutów do nowego przedziału. Zazwyczaj jest to przedział  $[0,1]$ . Do przekształcenia wykorzystuje się następujący wzór:

$$x_i = p_{start} + (p_{stop} - p_{start}) \frac{x_i - x_{min}}{x_{max} - x_{min}}$$

gdzie:

- $x_i$  to nowa wartość atrybutu,
- $x_{max}$  i  $x_{min}$  to wartość maksymalna i minimalna atrybutu,
- $p_{start}$  i  $p_{stop}$  to granice przedziału docelowego.

#### Standaryzacja

Lepszym rozwiązaniem może być standaryzacja, z powodu uwarunkowania wielu algorytmów, które rozpoczynają klasyfikację od wag równych 0

lub bliskich 0. Wykorzystując standaryzację, dane są podobne do standardowego rozkładu normalnego, a średnie wartości atrybutów ustawiane są w zerze, co pozwala na łatwiejsze uczenie się wag. Zastosowanie standaryzacji czyni klasyfikator bardziej odpornym na przykłady poboczne (tzw. outliers) w przeciwieństwie do skalowania. Standaryzację wyraża się wzorem:

$$x_i^{STD} = \frac{x_i - \mu(x)}{\sigma(x)}$$

gdzie:

- $x_i^{STD}$  to nowa wartość atrybutu,
- $x_i$  to wartość początkowa,
- $\mu(x)$  to wartość średnia,
- $\sigma(x)$  to odchylenie standardowe.

### 1.4.3 Dane katerygoryczne

Bardzo często zdarza się, że bazy danych oprócz danych numerycznych, zawierają także dane katerygoryczne, zapisane w postaci łańcucha znaków. Wy różnia się dane katerygoryczne nominalne i porządkowe. Dane katerygoryczne nominalne zawierają cechy wzajemnie się wykluczające. Przykładem może być płeć człowieka, kolor skóry, oczu, kolor koszulki. Takich danych nie można posortować ani też porównać. Natomiast dane katerygoryczne porządkowe zawierają informacje jednoznacznie identyfikujące, które można uporządkować (np. rozmiar koszulki).

#### Mapowanie danych katerygorycznych

Aby mieć pewność, że algorytm klasyfikacji odpowiednio zinterpretuje dane katerygoryczne, należy je przekonwertować do wartości numerycznych. W poniższym przykładzie (1.2) kategoria płeć, kraj są przykładem danych katerygorycznych nominalnych, a wzrost jest atrybutem porządkowym. Należy pamiętać, aby w przypadku danych porządkowych, odpowiednio odwzorować zależności.

W procesie zmieniania wystarczy wykonać odpowiednie mapowanie. Atrybut płeć:

- mężczyzna -> 0
- kobieta -> 1

Atrybut kraj:

- Polska -> 0
- Niemcy -> 1

Atrybut wzrost:

- niski -> 0
- średni -> 1
- wysoki -> 2

Atrybut klasa:

- klasa1 -> 0
- klasa2 -> 1

ID	Płeć	Kraj	Wzrost	Wiek	Klasa
1	Mężczyzna	Polska	Niski	25	klasa 1
2	Mężczyzna	Polska	Wysoki	52	klasa 2
3	Kobieta	Polska	Średni	19	klasa 2
4	Kobieta	Niemcy	Niski	37	klasa 1

Tablica 1.2: Przykład z kategorycznymi danymi.

## Dane nominalne

Dane kategoryczne nominalne nie mogą zostać w takiej postaci. Dane te nie posiadają określonego porządku, ani nie można ich porównać. Zostawiając je w takiej formie algorytm mógłby porównać kobietę z mężczyzną. Wynik klasyfikacji mógłby być prawidłowy, ale niekoniecznie najlepszy.

Dla takich danych, należy stworzyć dodatkowe atrybuty o wartościach binarnych (nazwa tej metody w języku angielskim to *one hot encoding*). W przypadku atrybutu płeć, należy stworzyć dwie kolumny "mężczyzna" i "kobieta". Poniżej w tabeli 1.3 przedstawiono poprawnie zakodowane dane.

ID	M	K	Pol	Nie	Wzrost	Wiek	Klasa
1	1	0	1	0	0	25	0
2	1	0	1	0	2	52	1
3	0	1	1	0	1	19	1
4	0	1	0	1	0	37	0

Tablica 1.3: Przykład z kategoriowymi danymi po odpowiednim kodowaniu.

#### 1.4.4 Redukcja ilości atrybutów

Jednym ze sposobów uniknięcia nadmiernego dopasowania klasyfikatora do danych lub zmniejszenia jego złożoności jest redukcja atrybutów. Zdarza się, że niektóre atrybuty mają znikomy wpływ na kategorię przykładu, a mogą stanowić szum klasyfikacyjny. Atrybuty mniej ważne usuwa się, a zostawia się tylko te z największą ilością informacji, mających największy wpływ na klasyfikację. Usunięcie bezużytecznych atrybutów może zwiększyć skuteczność klasyfikacji. Kolejną możliwością jest redukcja wymiarów, czyli poszukiwanie wzorców danych, tak aby kilka atrybutów zgrupować w jeden. Poniżej przedstawiono kilka różnych algorytmów.

#### Sekwencyjna selekcja postępująca oraz sekwencyjna selekcja wsteczna

Sekwencyjna selekcja postępująca (ang. *sequential forward selection* (SFS)), algorytm zaczyna działanie od pustego zbioru atrybutów. W kolejnych iteracjach dodaje atrybut, który maksymalizuje wybraną funkcję (najczęściej jest to dokładność klasyfikacji). Innymi słowy, dodaje te atrybuty, które najbardziej podnoszą jakość klasyfikacji. Algorytm działa do momentu osiągnięcia zakładanej ilości atrybutów lub do pogorszenia skuteczności klasyfikacji. Algorytm ten posiada wadę, gdyż raz dodana cecha nie może już zostać usunięta. Może zdarzyć się taka sytuacja, że dodany już atrybut powoduje obniżenie jakości po dodaniu nowego atrybutu. Rozwiązaniem tego problemu jest algorytm SFFS (ang. *sequential floating forward selection*), który po dodaniu nowej cechy usuwa inny atrybut jeśli zwiększy to wartość funkcji. Sekwencyjna selekcja wsteczna (ang. *sequential backward selection* (SBS)), algorytm usuwa kolejne atrybuty powodujące najmniejszy spadek w jakości klasyfikatora (mające najmniejszy wpływ) do momentu osiągnięcia pożądanej ilości atrybutów. Istnieje także rozszerzenie tego algorytmu w postaci SFBS (ang. *sequential floating backward selection*). W tym algorytmie, po

usunięciu atrybutu, w kolejnym kroku sprawdza się, czy usunięte wcześniej już atrybuty, po ponownym dodaniu nie podniosą wartości wybranej funkcji. Przedstawione algorytmy są algorytmami zachłannymi i bardzo czasochłonnymi. W pesymistycznym przypadku, klasyfikator może być budowany  $\frac{p(p+1)}{2}$  razy.

## Analiza głównych składowych

Analiza głównych składowych PCA (ang. *principal component analysis*) jest to nienadzorowana liniowa transformacja, używana między innymi do redukcji wymiarów danych. Bardzo często stosuje się ją w statystyce oraz analizie danych. PCA identyfikuje wzorce w danych pomiędzy atrybutami. Algorytm szuka maksymalnych kierunków wariancji wielowymiarowych danych i następnie rzutuje je w nowej podprzestrzeni z mniejszą lub taką samą ilością atrybutów.

## 1.5 Ocena poprawności klasyfikacji

### 1.5.1 Miary jakości klasyfikacji danych

Jakość klasyfikacji można ocenić na podstawie kilku współczynników. Do ich obliczenia wykorzystuje się macierz pomyłek (tabela 1.4). Tworzona jest ona w oparciu o wynik klasyfikacji. Dla klasyfikacji binarnej macierz składa się z dwóch kolumn oraz dwóch wierszy. W wierszach znajdują się poprawne klasy decyzyjne, natomiast w kolumnach przewidziane przez klasyfikator. Zaklasyfikowane obiekty, umieszcza się w odpowiedniej grupie.

		Klasa predykowana	
		pozytywna	negatywna
Klasa rzeczywista	pozytywna	prawdziwie pozytywna (TP)	fałszywie negatywna (FN)
	negatywna	fałszywie pozytywna (FP)	prawdziwie negatywna (TN)

Tablica 1.4: Macierz pomyłek

Nazwy grup inspirowana była nazewnictwem medycznym. Dla dwóch klas wyróżnia się następujące grupy:

- prawdziwie pozytywna (ang. *true positive*), skrót TP: są to obiekty należące do klasy pozytywnej oraz zakwalifikowane przez klasyfikator jako pozytywne (trafienie, z ang. *hit*)

- fałszywie negatywna (ang. *false negative*), skrót FN: są to obiekty należące do klasy pozytywnej, ale zostały błędnie zakwalifikowane przez klasyfikator jako negatywne (błąd pominięcia, z ang. *miss*)
- fałszywie pozytywna (ang. *false positive*), skrót FP: są to obiekty należące do klasy negatywnej, błędnie uznane przez klasyfikator jako pozytywne (fałszywy alarm, ang. *false alarm*)
- prawdziwie negatywna (ang. *true negative*), skrót TN: są to obiekty należące do klasy negatywnej, i sklasyfikowane przez klasyfikator jako negatywne (poprawnie odrzucone, ang. *correct rejection*)

Ocenę jakości klasyfikacji przeprowadza się w oparciu o współczynniki wyliczane na podstawie macierzy pomyłek.

Podstawowym kryterium służącym do oceny klasyfikacji jest dokładność (ang. *accuracy*), jest to stosunek wszystkich poprawnie sklasyfikowanych przykładów klasy pozytywnej oraz negatywnej do wszystkich przykładów. Miara ta określa dokładność z jaką klasyfikator podaje poprawny wynik.

$$accuracy = \frac{TP + TN}{TP + FN + FP + TN}$$

Można wyróżnić także błąd klasyfikatora, obliczany na podstawie dokładności.

$$Error\ rate = 1 - accuracy$$

Trzecim wskaźnikiem oceny klasyfikacji jest TPR (ang. *true positive rate*), często określane jako czułość (ang. *sensitivity* lub *recall*). Jest to stosunek obiektów poprawnie sklasyfikowanych jako pozytywne z wszystkimi pozytywnymi przykładami. Wskaźnik ten pokazuje poprawność klasyfikowania obserwacji pozytywnych. Wykorzystując tę miarę w medycynie można określać skuteczność wykrywania osób chorych.

$$Sensitivity, Recall, TPR = \frac{TP}{TP + FN}$$

Kolejną miarą oceniającą klasyfikację jest TNR (ang. *true negative rate*), nazywana także specyficznością (ang. *specificity*). Wskazuje ona efektywność klasyfikowania przykładów negatywnych. Jest to stosunek poprawnie przydzielonych przykładów negatywnych do wszystkich negatywnych obserwacji. Z jej pomocą, można ocenić celność klasyfikacji osób zdrowych.

$$Specificity, TNR = \frac{TN}{TN + FP}$$



Wyróżnia się także współczynnik FPR (ang. *false positive rate*), jest to iloraz przykładów fałszywie pozytywnych i sumy przykładów prawdziwie negatywnych i fałszywie negatywnych.

$$FPR = \frac{FP}{TN + FP}$$

Istotnym wskaźnikiem jest także precyzja (ang. *precision*). Określa ona jaką część przykładów uznanych za pozytywne przez klasyfikator została poprawnie oznaczona. Precyzja wyrażana jest jako stosunek prawdziwie pozytywnych przypadków do wszystkich przykładów uznanych za pozytywne. W medycynie, pokazuje procentowo ile osób uznanych za chorych, jest rzeczywiście chora.

$$precision = \frac{TP}{TP + FP}$$

Wskaźnik dokładności oraz error rate nie sprawdzają się w przypadku, gdy dane są nie zrównoważone. Klasyfikator może osiągnąć wysoką dokładność np. 90% przy niskiej wykrywalności klasy mniejszościowej (baza *balancescale* zawiera 92% próbek klasy 0 oraz 8% klasy 1, większość klasyfikatorów osiąga dokładność na poziomie 92% przy zerowej wykrywalności klasy 1). Dlatego oceniając klasyfikator pracujący na nie zrównoważonych danych, należy obliczyć osobno współczynniki precyzji, czułości oraz specyficzności dla każdej kategorii danych. Jak wspomniano wcześniej, bardzo często polepszenie jakości klasyfikacji klasy mniejszościowej połączona jest z pogorszeniem rozpoznawalności klasy większościowej. Mając współczynnik czułości oraz specyficzności ciężko zdecydować, który klasyfikator jest lepszy. Kubat i Matwin zaproponowali połączenie obu tych współczynników, w postaci średniej geometrycznej czułości oraz specyficzności [1].

opis mierzenia w przypadku danych nie-zrównoważonych, o tych danych jest kolejny rozdział, czy ok?

$$G - mean = \sqrt{Sensitivity * Specificity}$$

Klasyfikator z wyższym G-mean, zapewnia lepszą rozpoznawalność obu klas, jednocześnie zachowując, aby dokładność w rozpoznawaniu obu klas była zbilansowana. Współczynnik ten jest niezależny od rozkładu klas w danych [2].

Ocenę klasyfikacji danych nie zrównoważonych można dokonać także przy pomocy F-measure. Jest to średnia harmoniczna precyzji oraz czułości. Współczynnik F-measure można obliczyć dla obu klas.  $\beta$  wykorzystywana jest do określenia zależności pomiędzy precyzją oraz czułością.

$$F - measure = \frac{(1 + \beta)^2 * precision * recall}{\beta^2 * precision + recall}$$

Zazwyczaj  $\beta = 1$ , wtedy:

$$F - measure = 2 * \frac{precision * recall}{precision + recall}$$

Podstawiając wzory pod precision oraz recall można otrzymać uproszczoną wersję miary  $F_1$ :

$$F_1 - measure = \frac{2 * TP}{2 * TP + FP + FN}$$

## Krzywa ROC

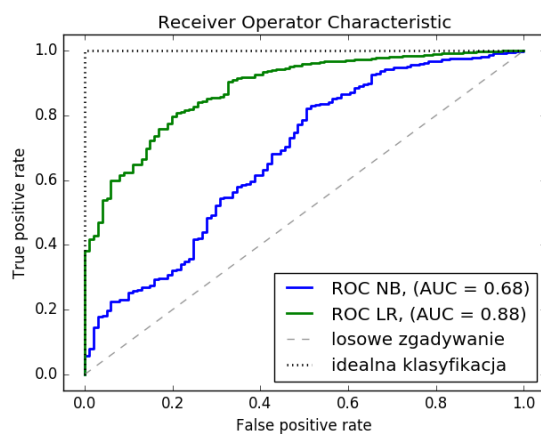
Dla klasyfikatorów, które mogą zwracać prawdopodobieństwo klas, można zbudować wykres wartości TPR oraz FPR, które tworzą tzw. krzywą ROC (ang. *receiver operator characteristic*). Wykorzystując tą krzywą można porównać modele. Klasyfikator jest lepszy od drugiego, jeżeli jego krzywa jest powyżej drugiej krzywej. Jeżeli krzywa ROC przebiega poniżej przekątnej, to klasyfikator ma gorszą skuteczność niż losowe zgadywanie. Na wykresie 1.4 przedstawiono porównanie naiwnego klasyfikatora bayesowskiego oraz regresji logistycznej, która osiągnęła zdecydowanie lepszy wynik w klasyfikacji. Na wykresie zaznaczono krzywą ROC idealnego klasyfikatora, przechodzi ona przez punkty (1,0) oraz (1,1).

W celu porównania klasyfikatorów można obliczyć pole powierzchni poniżej krzywej ROC, jest to tzw. AUC (ang. *area under curve*). Idealny klasyfikator osiąga wartość  $AUC = 1$ , natomiast losowe zgadywanie  $AUC = 0.5$ . Im wartość AUC jest wyższa, tym model jest skuteczniejszy.

### 1.5.2 Nadmierne dopasowanie i wariancja klasyfikatora

Jeżeli model uzyskuje zdecydowanie lepsze wyniki na danych treningowych niż na danych testowych, świadczy to o nadmiernym dopasowaniu (ang. *overfitting*) klasyfikatora do danych uczących. Nadmierne dopasowanie występuje wtedy, gdy model zamiast dobrze generalizować prawdziwe dane, dopasowuje się za bardzo do danych treningowych. Powodem tego zjawiska jest zazwyczaj zbyt duża liczba parametrów (zbyt duża złożoność) modelu w stosunku do rozmiaru danych uczących. Klasyfikator może mieć wysoką skuteczność dla danych treningowych, jednak dla nowych danych będzie generował gorsze wyniki. Rozwiązaniem tego problemu może być:

- zebranie większej ilości danych uczących,
- wprowadzanie kary (np. regularyzacja L1 lub L2) za zbyt dużą złożoność modelu,

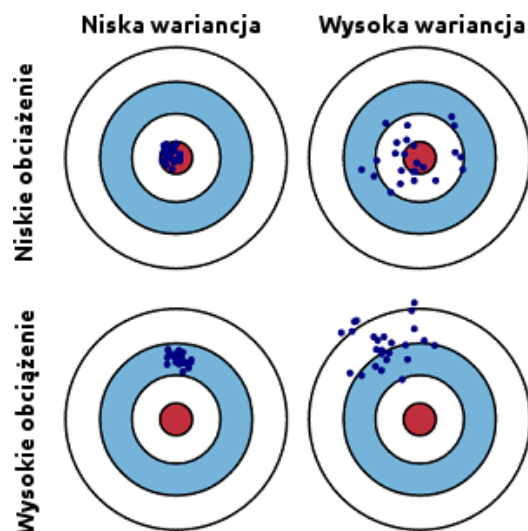


Rysunek 1.4: Przykład krzywej ROC, dla naiwnego klasyfikatora bayesowskiego oraz dla regresji logistycznej dla danych *abalone041629*.

- wybranie prostszego algorytmu z mniejszą ilością parametrów,
- zmniejszenie wymiaru danych (usunięcie niektórych atrybutów).

Klasyfikator z nadmiernym dopasowaniem posiada wysoką wariancję. Wariancja mierzy zmienność przewidywań modelu dla określonego zbioru testowego z wykorzystaniem różnych zbiorów uczących (lub podzbiorów). Wysoka wariancja świadczy o dużej zmienności przewidywań klas dla różnych danych treningowych i jest to niepożądane zjawisko. Mała wariancja to mało zmian, w miarę stabilne przewidywanie klas dla tych samych próbek. Model z wysoką wariancją wrażliwy jest na losowość i szum danych.

Klasyfikator może być także niedouczony, niedopasowany dostatecznie (ang. *underfitting*), co oznacza, że model nie jest zbyt skomplikowany, aby znaleźć odpowiednie wzorce danych. W wyniku czego, osiąga słabe wyniki. Miarą towarzyszącą niedopasowaniu jest obciążenie (ang. *bias*). Klasyfikator testuje się na próbce danych, wielokrotnie budując model na tym samym zbiorze danych uczących i mierzy się jak przewidywania klas różnią się od właściwych. Wysokie obciążenie oznacza niedotrenowanie oraz małą skuteczność klasyfikacji. Niskie obciążenie oznacza bardzo dobre przewidywania klas. Obciążenie to błąd systematyczny.



Rysunek 1.5: Obciążenie i wariancja na przykładzie tarczy strzeleckiej. Klasyfikator poprawnie przewiduje klasy jeśli niebieskie kropki trafiają w środek tarczy.

Idealny klasyfikator odnajduje wzorce w danych treningowych oraz dobrze je generalizuje, tak aby skutecznie klasyfikować nie widziane wcześniej próbki. Celem w klasyfikacji nadzorowanej, jest zbudowanie klasyfikatora z małym obciążeniem oraz niską wariancją. Niestety, zazwyczaj nie można osiągnąć obu celów. Modele parametryczne i liniowe często mają niskie obciążenie, a wysoką wariancję. Natomiast modele nieparametryczne i nieliniowe zazwyczaj mają duże obciążenie, ale niską wariancję. Obciążenie i wariancja są ze sobą połączone, zmniejszając jeden błąd, zwiększa się drugi. Tą zależność nazywa się przetargiem obciążenia i wariancji (ang. *bias-variance trade-off*). Zmieniając parametry klasyfikatorów można wpływać na balans pomiędzy tymi błędami:

- w algorytmie kNN, który często ma małe obciążenie i wysoką wariancję, zwiększając liczbę sąsiadów  $k$ , można zmniejszyć wariancję, ale równocześnie zwiększyć błąd obciążenia,
- w klasyfikatorze SVM, zwiększając karę, parametr  $C$  można zwiększyć obciążenie, a zmniejszyć wariancję.

Aby wychwycić nadmierne dopasowanie lub niedotrenowanie należy zbiór danych podzielić na zbiór uczący oraz na zbiór testowy. W ten sposób można sprawdzić z jaką skutecznością klasyfikator będzie pracował na nowych danych. Istnieją różne metody pomiarowe, które zostały opisane w podrozdziale 1.5.3.

### 1.5.3 Metody pomiaru jakości klasyfikacji danych

W celu prawidłowej oceny możliwości klasyfikatora zbiorów danych należy podzielić na zbiór uczący oraz na zbiór testowy. Taki podział stosuje się po to, aby sprawdzić czy zbudowany model działa dobrze dla danych, które nie były wykorzystane do jego budowy (nadmierne dopasowanie). Zwiększając zbiór testowy, zmniejsza się zbiór uczący i tym samym mniej informacji jest stosowanych do tworzenia modelu. Może to prowadzić do zaniżenia ogólnej oceny klasyfikatora. Jednocześnie mały zbiór testowy może być niewystarczający do prawidłowej oceny, która może być obarczona dużym błędem. Proces oceny należy rozpocząć od budowy modelu w oparciu o dane treningowe, a następnie wykonać klasyfikację testową wykorzystując do tego zbiór testowy. Następnie buduje się macierz pomyłek w oparciu o sklasyfikowane przypadki. Kolejnym krokiem jest obliczenie opisanych wcześniej współczynników (zob. podrozdział 1.5.1) w oparciu o tę macierz. Istnieją różne schematy postępowania, służące do oceny zbudowanego modelu.

#### Metoda z jednym zbiorem

Do budowy klasyfikatora wykorzystywany jest cały zbiór dostępnych danych. W procesie testowania, bierze udział także cały zbiór danych. Metoda ta, nie jest zbyt wartościowa i prowadzi do zawyżenia jakości klasyfikatora. W przypadku nowych danych, taki model osiągnie gorsze wyniki niż wskazywałyby na to obliczone współczynniki.

#### Metoda z wydzielonym zbiorem testowym (ang. *the holdout method*)

W tej metodzie, zbiór danych dzielony jest w sposób losowy na dwie części. Użytkownik dobiera rozmiar zbioru uczącego (np. 80%) oraz zbioru testowego (np. 20%). Wadą takiego rozwiązania, jest losowy rozkład klas w zbiorze testowym oraz zmniejszenie zbioru uczącego. Może to doprowadzić do sytuacji nadmiernego dopasowania (zawyżonych wyników) lub do niedoszacowania klasyfikatora. Ważne jest, aby nie używać ciągle tego samego zbioru testowego do wyboru modeli, ale dokonywać losowania przed każdą oceną. Ulepszeniem tej metody, może być równy rozkład klas w obu zbiorach, tak aby zostały zachowane proporcje z oryginalnego zbioru.

#### Sprawdzian krzyżowy z p przykładami (ang. *leave-p-out cross-validation*)

Sprawdzian krzyżowy z p przykładami wykorzystuje p obserwacji jako zbiór testowy, pozostałe elementy tworzą zbiór uczący. Cały proces jest po-

wtarzany do momentu stworzenia i przetestowania wszystkich możliwych kombinacji  $p$  przykładów ze zbioru  $n$ . Ten rodzaj metody wymaga uczenia i testowania klasyfikatora  $\binom{n}{p}$  razy, gdzie  $n$  to liczebność całego zbioru danych. W przypadku dużego zbioru danych oraz  $p > 1$ , obliczenia mogą być czasochłonne, a nawet ze względu na dużą liczbę kombinacji, obliczenie ich może być niemożliwe.

### Sprawdzian krzyżowy minus jeden element (ang. *leave-one-out cross-validation*)

Jest to specjalny przypadek sprawdzianu krzyżowego z  $p$  przykładami, dla  $p = 1$ . W tej metodzie zbiór testowy tworzy jeden element, pozostałe tworzą zbiór uczący. Testowanie klasyfikatora trwa do momentu użycia wszystkich obserwacji jako zbioru testowego. W przeciwieństwie do poprzedniej metody, ta jest wolna od czasochłonnych obliczeń, gdyż  $\binom{n}{1} = n$ , gdzie  $n$  to liczba wszystkich obserwacji. Zazwyczaj ta metoda wykorzystywana jest tylko do małych zbiorów danych.

### Sprawdzian krzyżowy k-krotny (ang. *k-fold cross-validation*)

Zbiór danych jest losowo dzielony na  $k$  równych podzbiorów. Następnie każdy z podzbiorów w kolejnych  $k$  iteracjach staje się kolejno zbiorem testowym, pozostałe zbiory tworzą zbiór uczący, na podstawie, którego buduje się model. Klasyfikacja i testowanie wykonywane są  $k$ -krotnie. Otrzymane wyniki łączy się i uśrednia w celu uzyskania jednego wyniku. Zaletą tej metody jest mały błąd estymacji oraz niższa wariancja błędu niż w przypadku metody minus jednego elementu. Zwykle stosuje się  $k=3..10$ , dla których koszt czasowy jest umiarkowany. Sprawdzian krzyżowy często wykorzystywany jest do badania modeli ze względu na możliwość przetestowania klasyfikatora na wszystkich danych.

$n = 1$	$n = 2$	$n = 3$	$n = 4$
1	1	1	1
2	2	2	2
3	3	3	3
4	4	4	4

Rysunek 1.6: Przykład sprawdzianu krzyżowego k-krotnego,  $k=4$ .

### Równomierny sprawdzian krzyżowy k-krotny (ang. *Stratified k-fold cross-validation*)

Jest to specjalny przypadek sprawdzianu krzyżowego k-krotnego. Podzbiory tworzone są z zachowaniem proporcji wszystkich klas. Każdy podzbiór powinien zawierać w przybliżeniu podobny procent obserwacji z każdej kategorii. Równomierny sprawdzian krzyżowy stosuje się zazwyczaj przy mniejszych zbiorach danych, zawierających klasy klasy mniejszościowe, stanowiące mniej niż 10% ogółu danych.

napisać o tym, że niektóre zbiory są multiklasowe, natomiast dane sprowadzone są do 2 klas

napisać o podejściu one vs all

## Rozdział 2

# Klasyfikacja danych niezrównoważonych

Większość istniejących algorytmów klasyfikacji, nastawiona jest na poprawną klasyfikację zbiorów o zrównoważonej liczebności wszystkich klas. Niestety, w rzeczywistych problemach, bardzo często zdarza się, że zbiory są mocno niezbilansowane. Istnieją dwie metody pozwalające zwiększyć skuteczność klasyfikacji danych mniejszościowych. W pierwszej metodzie modyfikuje się dane treningowe przed procesem uczenia. Dodaje się lub usuwa przykłady w celu zrównoważenia liczebnie obu klasy. W drugim podejściu wykorzystuje się zmodyfikowane algorytmy pod kątem niezrównoważonych zbiorów. W niniejszej pracy skupiono się wyłącznie na pierwszej metodzie, równoważeniu zbiorów.

### 2.1 Dane niezrównoważone

Dane są niezrównoważone (ang. *imbalanced data* jeśli klasy decyzyjne nie są przybliżeniu tak samo liczebne. Najmniejsza klasa, nazywana jest klasą mniejszościową (ang. *minority class*), natomiast klasa dominująca, lub pozostałe połączone klasy (można połączyć pozostałe klasy w jedną, doprowadzając do klasyfikacji binarnej, one vs all), nazywana jest klasą większościową (ang. *majority class*). W praktyce klasa mniejszościowa, zazwyczaj liczy około 10-20% wszystkich przykładów. Często zdarzają się jednak takie problemy, gdzie to zróżnicowanie jest większe np.:

- około 2% transakcji kartami kredytowymi w GOCARDLESS to oszustwa [3].

dodać przy-  
kłady danych  
mniejszości-  
owych

W przytoczonych przykładach ważniejsza jest klasa mniejszościowa i wykry-



cie jej stanowi priorytet. Niezrównoważenie klas w zbiorze danych stanowi problem w fazie uczenia i znacząco obniża jakość klasyfikacji. Ze względu na częstość występowania klasy dominującej, klasyfikator preferuje tę klasę, dążąc do optymalizacji i obniżenia błędu error rate (1.5.1) nie biorąc pod uwagę rozłożenia klas w zbiorze. Klasyfikator może osiągnąć wysoką skuteczność klasyfikacji np. 95% przy niskiej lub zerowej wykrywalności klasy mniejszościowej. Należy oczekiwać od klasyfikatora wysokiej skuteczności wykrywania klasy mniejszościowej, nawet kosztem pogorszenia rozpoznawania klasy większościowej. Przykłady z klasy zdominowanej można podzielić na cztery grupy. K. Napierała i J. Stefanowski wyróżnili przykłady[9]:

- safe - przykład bezpieczny, w jego sąsiedztwie zdecydowana większość obserwacji jest z tej samej klasy,
- borderline - graniczny, przykład niebezpieczny, w jego sąsiedztwie liczba przykładów z obu klas jest podobna
- outlier - poboczny, przykład niebezpieczny, w jego sąsiedztwie większość obserwacji jest z klasy przeciwnej, dominującej,
- rare - rzadki, przykład niebezpieczny, w jego sąsiedztwie występują tylko przykłady z klasy przeciwnej, większościowej.

## 2.2 Równoważenie rozkładu klas w zbiorze danych

W celu zrównoważenia rozkładu danych niebilansowanych wprowadzono różne metody usuwania przykładów klasy dominującej lub tworzenia sztucznych obserwacji klasy mniejszościowej. Poniżej zostaną omówione metody, które zostały użyte podczas badań.

### 2.2.1 Metody undersampling

Jest to cała rodzina różnych metod, które usuwają przykłady z klasy większościowej. **Losowe usuwanie** (ang. *random undersampling*), jak sama nazwa wskazuje, usuwa losowo przykłady z klasy dominującej. Rozwiązanie to ma niestety wadę. Jeśli usunie się zbyt dużo przykładów danego przypadku, można pozbawić klasyfikator bardzo ważnej informacji.

Lepszym rozwiązaniem jest świadome usuwanie przykładów spełniających określone kryteria. Taką metodą jest **undersampling z "Tomek links"**.

dodać obrazek  
danych safe  
border itd.

podać wy-  
kresy przy-  
kłady danych  
niezrównowa-  
żonych

Parę punktów Tomek link, definiuje się jako dwa punkty należące do różnych klas, z odległością równą  $d(E_i, E_j)$ , jeśli nie istnieje inny punkt  $E_l$ , taki, że  $d(E_i, E_l) < d(E_i, E_j)$  lub  $d(E_j, E_l) < d(E_i, E_j)$ . Punkty tworzące Tomek link to szum lub punkt graniczny. Po znalezieniu takich punktów, usuwa się przykład z klasy dominującej. Usunięcie takiej obserwacji, powoduje rozszerzenie granicy klasy mniejszościowej.

W metodzie ***Edited Nearest Neighbour*** (ENN) analizowane są przykłady klasy większościowej. Usuwany jest każdy niewiarygodny przykład, jeżeli z trzech sąsiadów, przynajmniej dwóch ma inną klasę.

Modyfikacją metody ENN, jest bardziej rygorystyczna reguła ***Neighbour Cleaning Rule*** (NCR). Usuwa ona zdecydowanie więcej przykładów z klasy większościowej. Usuwany jest każdy przykład dominującej klasy, jeżeli w jego sąsiedztwie znajdują się przynajmniej dwie obserwacje z klasy mniejszościowej. Dodatkowo, jeżeli w otoczeniu przykładu klasy zdominowanej, znajdują się dwa przykłady z klasy dominującej to te dwa przykłady również są usuwane.

## 2.2.2 Metody oversampling

Metodach z rodziny oversampling, generują nowe sztuczne obserwacje klasy mniejszościowej. Najprostszą metodą tworzenia nowych przykładów jest **losowe próbkowanie** (ang. *random oversampling*). Polega ona na kopiowaniu losowo wybranych przykładów z klasy mniejszościowej. Metoda ta, może doprowadzić do nadmiernego dopasowania, szczególnie w przypadku wielokrotnego skopiowania przykładów z szumu.

Lepszym wyborem może być metoda ***SMOTE*** (*Synthetic Minority Over-sampling Technique*), która generuje nowe sztuczne obserwacje. W metodzie tej, analizowanych jest  $k$  najbliższych sąsiadów obserwacji z klasy mniejszościowej. Następnie generowane są nowe sztuczne przykłady na losowo wybranych punktach z odcinków łączących analizowany przykład z sąsiadami. Ilość wygenerowanych próbek można zdefiniować, w zależności od potrzebnej liczby nowych obserwacji. SMOTE nie analizuje przykładów z drugiej klasy, co może prowadzić do większego wymieszania obu klas, a w konsekwencji do pogorszenia skuteczności klasyfikacji.

Rozwinięciem metody SMOTE jest algorytm ***ADASYN*** (*Adaptive Synthetic Sampling Approach for Imbalanced Learning*). Metoda ADASYN podobnie jak SMOTE, generuje nowe sztuczne obserwacje klasy mniejszościowej, jednak skupia się bardziej na przykładach trudniejszych w klasyfikacji. Algorytm SMOTE generuje taką samą liczbę nowych próbek dla każdego przykładu klasy zdominowanej. ADASYN wprowadzona różne wagi dla obserwacji klasy mniejszościowej, dzięki czemu można skuteczniej klasyfikować

trudniejsze przykłady.

### 2.2.3 Metody hybrydowe

W zrównoważeniu zbioru danych można połączyć metody oversampling oraz undersampling. Takimi połączonymi metodami jest **SMOTE z ENN** (SMOTENN) oraz **SMOTE z Tomek links** (SMOTETOMEK). Tworzenie nowych próbek odbywa się tak jak metodzie SMOTE, a następnie usuwane są przykłady klasy większościowej również zgodnie z algorytmem. Dodatkowo usuwane są sztuczne wygenerowane obserwacje, które za bardzo ingerują w przestrzeń klasy większościowej.

## Rozdział 3

# Przeprowadzone badania

### 3.1 Opis platformy i w jaki sposób realizacji badań

#### 3.1.1 Język python

Wszystkie badania i testy zostały napisane z wykorzystaniem języka python. Jest to język programowania interpretowany, wysokiego poziomu z dużą ilością dostępnych bibliotek. Python[10] posiada dynamiczne zarządzanie typami oraz automatyczne zarządzanie pamięcią. Wspiera kilka paradygmatów programowania, takich jak: obiektowy, imperatywny, funkcyjny i proceduralny. Został zaprojektowany z myślą o czytelności kodu oraz składnią pozwalającą napisać program z mniejszą ilością kodu niż w językach C++ lub Java. Implementacja języka python dostępna jest na wiele systemów operacyjnych. Często wykorzystywany jest jako język skryptowy. Python jest projektem typu Open Source.

W pracy wykorzystano język python w wersji 2.7.11. Język ten wybrano ze względu na łatwość pisania w nim kodu, szybką możliwość nauki oraz na szeroki wachlarz dostępnych bibliotek. Ważnym argumentem w wyborze były gotowe biblioteki z klasyfikatorami oraz do pracy z klasyfikacją danych. Dostępność bibliotek do wizualizacji dla tego języka, pozwoliła na przedstawienie wyników testów w formie graficznej. Napisane testy można w łatwy sposób rozbudować, zmodyfikować lub dodać nowe elementy.

#### 3.1.2 Biblioteka scikit-learn

Scikit-learn[11] to proste i wydajne narzędzie do analizy i eksploracji danych. Jest to biblioteka uczenia maszynowego dla języka python. Rozpo-

wszechnianie oparta jest na licencji BSD. W Scikt-learn zaimplementowane są (lub napisany jest kod obsługujący) różne algorytmy klasyfikacji, regresji, analizy skupień takie jak: maszyna wektorów nośnych, algorytmy najbliższego sąsiada, naiwny Bayes, drzewa decyzyjne, sieć neuronowa, zespoły klasyfikatorów. Z wykorzystaniem tej biblioteki można przygotować oraz przetworzyć odpowiednio dane. Możliwe jest także, ocenianie oraz wizualizacja wyników.

W testach użyto biblioteki scikit-learn w wersji 0.18.1. Wykorzystano z niej algorytmy klasyfikacji oraz wstępnego przetwarzania danych.

### **3.1.3 Biblioteka imbalanced-learn**

Biblioteka imbalanced-learn[12] zawiera zestaw narzędzi do wstępnego przetwarzania danych nie zrównoważonych. Posiada ona zaimplementowane różne metody under- oraz over-sampling do równoważenia zbiorów danych. W pracy wykorzystano te metody z biblioteki w wersji 0.2.1.

### **3.1.4 Pozostałe użyte biblioteki**

#### **Mlxtend**

Mlxtend (machine learning extensions)[13] jest to biblioteka zawierająca różne narzędzia do pracy z danymi. W badaniach wykorzystano z niej algorytm Stacking.

#### **Numpy**

Numpy to pakiet umożliwiający obliczenia naukowe. Szczególnym elementem jest możliwość wykonywania obliczeń na tablicach N-wymiarowych.

#### **Maptolib**

Maptolib to biblioteka pythona, która tworzy różnego rodzaju wykresy 2D oraz interaktywne na różnych platformach.

#### **Texttable**

Texttable to prosty moduł napisany w języku python, służący do produkcji prostych tabel ASCII. Został wykorzystany do prezentacji wyników w konsoli.

## Pylatex

Pylatex to biblioteka pythona, służąca do tworzenia i kompilacji plików LaTeX. W pracy została wykorzystana do zapisu wyników w badaniach w plikach .tex oraz .pdf.

### 3.1.5 opisac co zaimplementowane?

ze własna  
krosswalida-  
cja, ze własne  
miary, klasyfi-  
kator. itd

napisac o roznych F i o tym jak wyniki wyglada, pokazać test

inline

## 3.2 Opis danych użytych w badaniach

Do przeprowadzenia badań użyto 26 różnych prawdziwych zbiorów danych (tabela 3.1) pochodzących z repozytorium serwisu "The UCI Machine Learning Repository"[6]. Dane wybrano ze względu na różnorodność typów danych, ilości rekordów, atrybutów oraz zróżnicowanie rozkładu klas. Większość z danych była używana w publikacjach podobnych tematycznie[7][8].

Wszystkie dane zostały zapisane w skrypcie, w folderze *praca/data/files*, a opis szczegółowy danych znajduje się w folderze *praca/data/files/data\_descryption*. Do importu danych służą funkcje z pliku *praca/data/import\_data.py*. Do ogólnego importu danych z pliku, służy funkcja *importfile*, zaś wczytywanie danych użytych w projekcie odbywa się poprzez funkcje zaczynające się od *load\_*. Import danych z pliku odbywa się z wykorzystaniem funkcji z pakietu *numpy* *genfromtext* oraz *load\_txt*. Atrybuty posiadające dane katagoryczne zapisane w postaci łańcuchów znaków zostały zamienione na dane numeryczne. Cechy nominalne zostały zakodowane metodą *onehotencoding*. Dla danych zawierających więcej niż dwie klasy, klasa z najmniejszą liczebnością została wybrana jako klasa mniejszościowa, pozostałe klasy utworzyły klasę większościową. We wszystkich zbiorach danych, kategorie reprezentowane są w systemie binarnym. Pięć zbiorów danych posiadało brakujące wartości. Zostały one zastąpione wartościami środkowymi zbioru (medianą).

Nazwa danych	L. el.	Atrybuty	Rozkład klas	% kl. mn.	IR
abalone0_4	4177	8	4103/74	1.77	55.45
abalone041629	4177	8	3842/335	8.02	11.47
abalone16_29	4177	8	3916/261	6.25	15.0
balance_scale	625	4	576/49	7.84	11.76
breast_cancer	286	9	201/85	29.72	2.36
bupa	341	6	200/141	41.35	1.42
car	1728	6	1663/65	3.76	25.58
cmc	1473	9	1140/333	22.61	3.42
ecoli	336	7	301/35	10.42	8.6
german	1000	24	700/300	30.0	2.33
glass	214	9	197/17	7.94	11.59
haberman	306	3	225/81	26.47	2.78
heart_cleveland	303	13	268/35	11.55	7.66
hepatitis	155	19	123/32	20.65	3.84
horse_colic	368	22	232/136	36.96	1.71
ionosphere	351	34	225/126	35.9	1.79
new_thyroid	215	5	185/30	13.95	6.17
postoperative	90	8	66/24	26.67	2.75
seeds	210	7	140/70	33.33	2.0
solar_flare	1066	10	1023/43	4.03	23.79
transfusion	748	4	569/179	23.93	3.18
vehicle	846	18	647/199	23.52	3.25
vertebal	310	6	210/100	32.26	2.1
yeastME1	1484	8	1440/44	2.96	32.73
yeastME2	1484	8	1433/51	3.44	28.1
yeastME3	1484	8	1321/163	10.98	8.1

Tablica 3.1: Dane użyte w badaniach wraz z charakterystyką.

### Analiza klas mniejszościowych

Dane użyte w badaniach poddano analizie sąsiedztwa w celu określenia przynależności przykładów z klasy mniejszościowej do jednej z czterech grup. Analizę wykonano z wykorzystaniem algorytmu k najbliższych sąsiadów,  $k = 5$ . Do pomiaru odległości wykorzystano miarę Czebyszewa. Skrypt analizujący dane znajduje się w pliku: *analize\_db.py* Przykłady klasyfikowano do grup w zależności od ilości sąsiadów[9]:

- safe - jeżeli w sąsiedztwie znajdowało się przynajmniej 4 przykłady z tej samej klasy,
- border - jeżeli liczba przykładów z obu klas była podobna, tj. dla 2-3 przykłady z tej samej klasy,
- rare - jeżeli w sąsiedztwie był tylko jeden przykład z tej klasy,
- outlier - jeżeli wszyscy sąsiedzi należeli do innej klasy.

Wyniki analizy przedstawiono w tabeli 3.2.

	Safe [%]	Borderline [%]	Rare [%]	Outlier [%]
seeds	88.57	10.0	0.0	1.43
new_thyroid	73.33	10.0	6.67	10.0
vehicle	62.81	26.63	2.51	8.04
ionosphere	57.94	21.43	13.49	7.14
vertebal	56.0	33.0	2.0	9.0
yeastME3	50.92	32.52	10.43	6.13
yeastME1	36.36	52.27	0.0	11.36
ecoli	31.43	48.57	14.29	5.71
bupa	27.66	48.23	8.51	15.6
horse_colic	22.79	52.94	13.24	11.03
abalone0_4	37.84	32.43	18.92	10.81
german	9.0	51.33	14.67	25.0
breast_cancer	3.53	52.94	12.94	30.59
cmc	12.31	43.24	20.42	24.02
hepatitis	0.0	53.12	15.62	31.25
haberman	12.35	38.27	18.52	30.86
yeastME2	3.92	35.29	35.29	25.49
abalone041629	11.04	31.94	30.75	26.27
transfusion	13.41	36.31	21.79	28.49
car	1.54	33.85	35.38	29.23
glass	0.0	47.06	23.53	29.41
abalone16_29	3.45	31.8	34.1	30.65
solar_flare	4.65	16.28	46.51	32.56
heart_cleveland	0.0	5.71	48.57	45.71
balance_scale	0.0	22.45	30.61	46.94
postoperative	0.0	33.33	8.33	58.33

Tablica 3.2: Analiza przynależności przykładów z klasy mniejszościowej do grup. Dane posortowano w kolejności od najłatwiejszych w klasyfikacji do najtrudniejszych.



### 3.3 Sposób mierzenia w sprawdzanie krzyżowym

### 3.4 Ocena klasyfikatora w sprawdzanie krzyżowym k-krotnym.

W większości publikacji naukowych dotyczących klasyfikacji, ocena klasyfikatora mierzona jest z wykorzystaniem sprawdzianu krzyżowego (zwykle  $k=10$ ) oraz przedstawionych wcześniej miar. Jednakże, w tych publikacjach nie został opisany sposób obliczania współczynników w czasie sprawdzianu krzyżowego. Wykorzystanie różnych sposobów prowadzi do różnych wyników. Niektóre metody są mniej lub bardziej obciążone błędem. Różnice w wynikach, wynikające z przyjętej metody obliczeniowej, są szczególnie widoczne w sprawdzianie krzyżowym z losowym rozkładem danych oraz w klasyfikacji danych niezerównoważonych. Są dwie główne możliwości obliczania współczynników:

- obliczanie wartości współczynników dla każdej  $k$ -iteracji (klasyfikatora), a następnie obliczenie średniej z tych iteracji,
- stworzenie jednej wspólnej macierzy pomyłek dla każdej  $k$ -iteracji, a następnie obliczenie wskaźników.

W przypadku drugiego sposobu, poszczególne elementy macierzy pomyłek będą wynosić odpowiednio:

$$TP := \sum_{i=1}^k TP^{(i)}$$

$$FP := \sum_{i=1}^k FP^{(i)}$$

$$TN := \sum_{i=1}^k TN^{(i)}$$

$$FN := \sum_{i=1}^k FN^{(i)}$$

#### 3.4.1 Test sposobów oceny klasyfikatora

W celu wyboru najlepszego sposobu oceny klasyfikatora, z najmniejszym błędem oraz wariancją wykonano pięć porównujących testów dla różnych metod obliczania miar. Wszystkie testy miały takie same założenia oraz sposób

wykonania. Testy wykonano na wygenerowanych losowo danych dla różnej ilości przykładów pozytywnych (od 1% do 10%). Jakość klasyfikacji była oceniana dla równomiernego sprawdzianu krzyżowego oraz dla losowego. Symulacje odbyły się one w następujący sposób:

1. Wygeneruj zbiór 1500 losowych próbek z 2 atrybutami, 2 klasami o rozkładzie 4:1.
2. Wykonaj niezrównoważenie zbioru z ratio 0.1
3. Wybierz  $m = \lceil 1..10 \rceil * 10$  przykładów klasy mniejszościowej oraz 1000-m przykładów klasy dominującej.
  - (a) Wykonaj N iteracji:
    - i. Wymieszaj dane.
    - ii. Wykonaj sprawdzian krzyżowy k-krotny,  $k=10$ .
    - iii. Oblicz współczynniki dla obu metod.
  - (b) Oblicz odchylenie standardowe oraz średnie wartości współczynników.
4. Przedstaw wyniki odchylenia standardowego oraz średnie wartości współczynników dla różnego rozkładu klas.

Wykonanie testu N-krotnie (najlepiej  $n > 100000$ ) pozwala na obliczenie "prawdziwych" wartości miar oceny klasyfikacji. Powtórzenie sprawdzianu krzyżowego wielokrotnie pozwala na ocenę błędu oraz wariancji miar dla każdej metody. Przeprowadzenie testu dla danych zawierających tylko 1% obserwacji klasy mniejszościowej (przypadek ekstremalny, w zbiorze danych znajduje się wtedy tylko 10 takich przykładów) oznacza, że w niektórych iteracjach sprawdzianu krzyżowego nie będzie przykładów poprawnie sklasyfikowanych z tej klasy. Brak dobrze sklasyfikowanych przykładów klasy mniejszościowej może mieć także miejsce w losowym sprawdzianie krzyżowym. Wynika to z braku równomiernego rozkładu obu klas.

### Dokładność oraz błąd klasyfikatora

Dokładność klasyfikacji oraz błąd klasyfikatora, korzystając z metody pierwszej, będzie wynosić:

$$accuracy_{avg} := \frac{1}{k} \sum_{i=1}^k accuracy^{(i)}$$

a błąd klasyfikatora:

$$error\ rate_{avg} = 1 - accuracy_{avg}$$

Obliczając drugim sposobem, korzysta się z podstawowego wzoru z wykorzystaniem wspólnej macierzy pomyłek.

W przypadku dokładności oraz błędu klasyfikatora, niezależnie od przyjętej metodyki otrzymane wartości będą takie same, nieobciążone błędem.

### Czułość, specyficzność, FPR oraz precyzja

Czułość, specyficzność, FPR oraz precyzja w metodzie pierwszej oblicza się wg. wzorów:

$$Sensitivity_{avg}, Recall_{avg}, TPR_{avg} := \sum_{i=1}^k TPR_{avg}^{(i)}$$

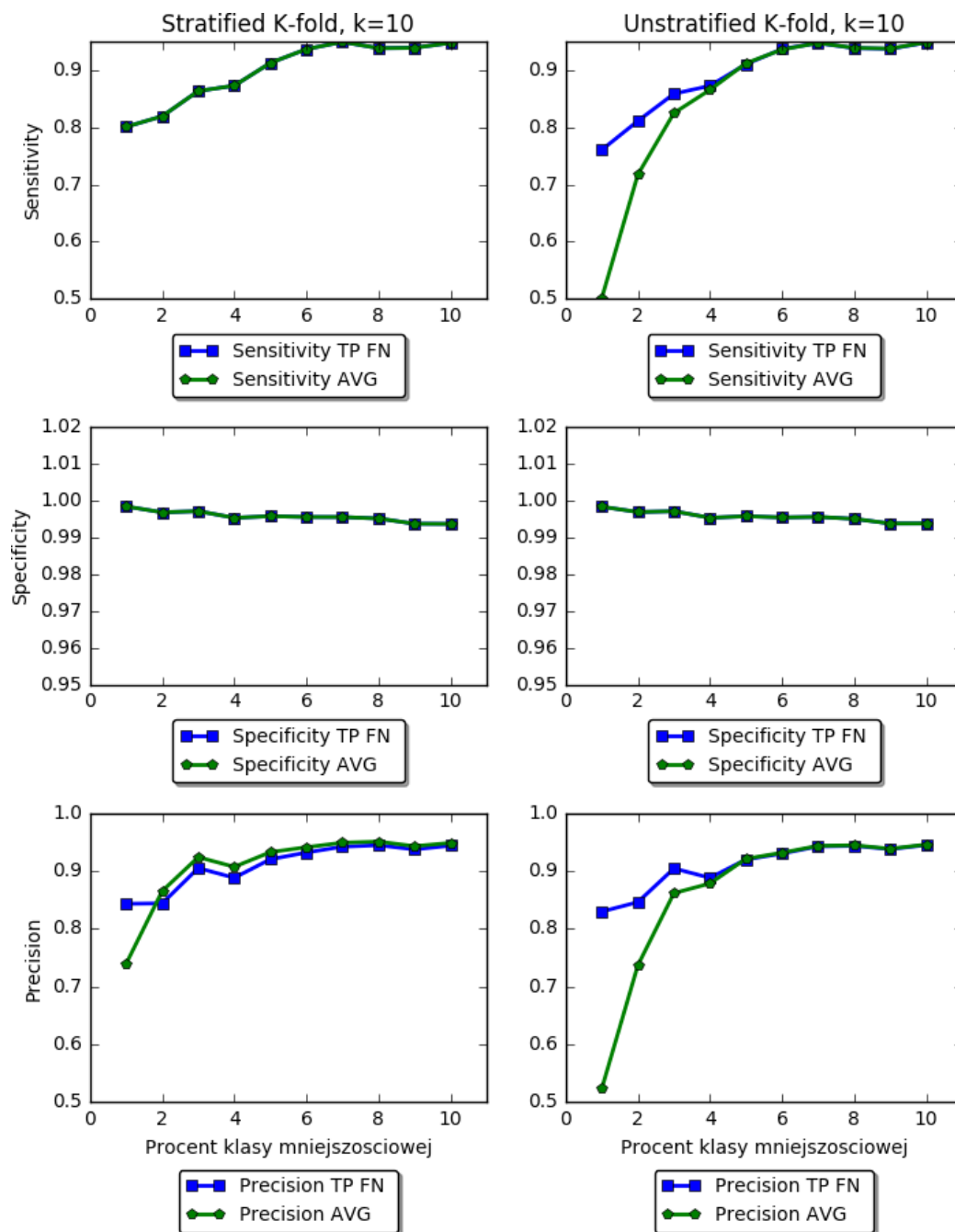
$$Specificity_{avg}, TNR_{avg} := \sum_{i=1}^k TNR_{avg}^{(i)}$$

$$FPR_{avg} := \sum_{i=1}^k FPR_{avg}^{(i)}$$

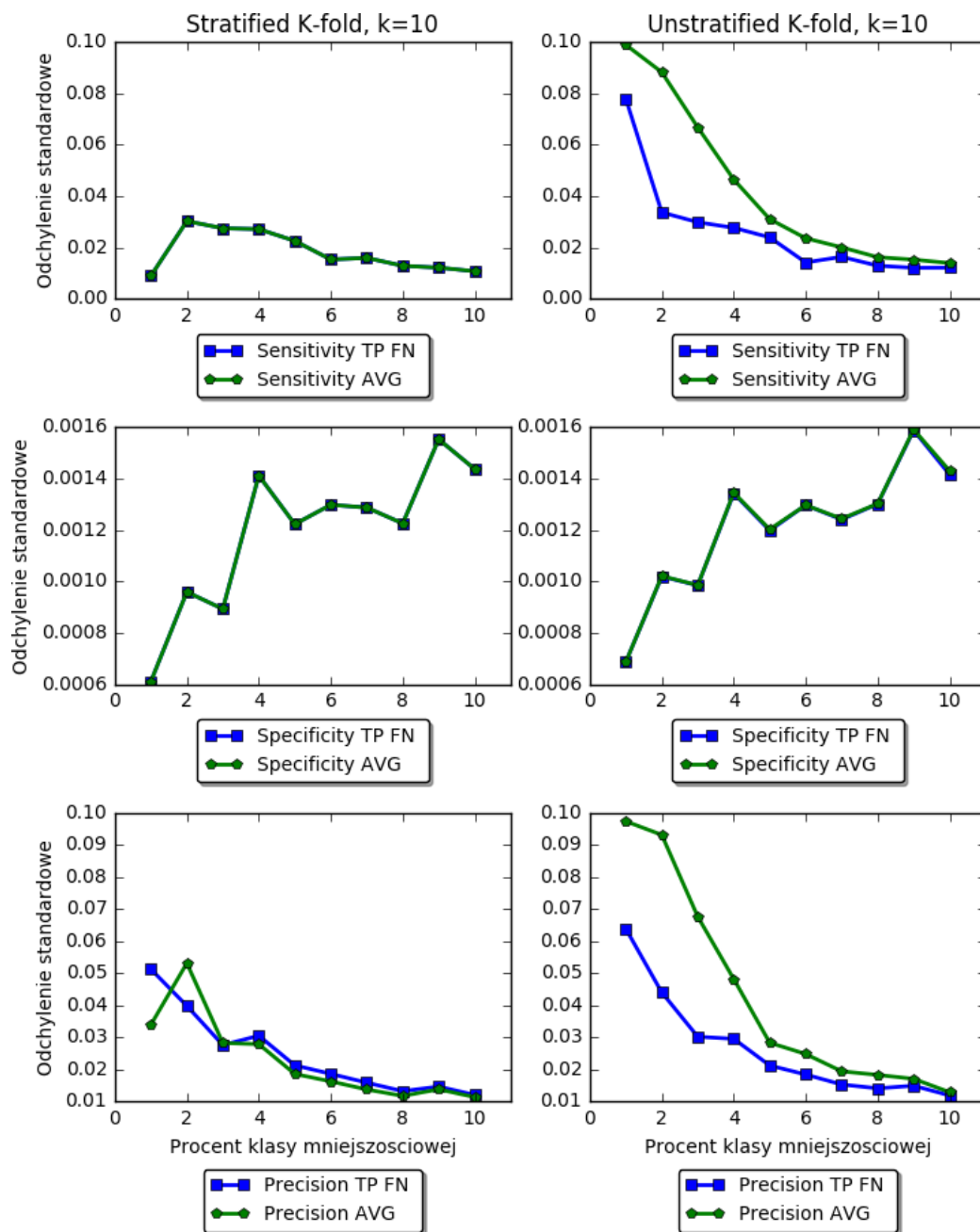
$$Precision_{avg} := \sum_{i=1}^k Precision_{avg}^{(i)}$$

W drugim sposobie korzysta się z wspólnej macierzy pomyłek oraz z podstawowych wzorów.

Testy wyżej wymienionych współczynników, zostały przeprowadzone z wykorzystaniem skryptu *test\_wsk.py*. Zauważono, że w przypadku równomiernego sprawdzianu krzyżowego, różnica w wynikach jest bardzo mała, poniżej 0.5%. Obie metody obarczone są małym błędem i wariancją. Natomiast w przypadku sprawdzianu krzyżowego z rozkładem losowym, metoda druga okazała się lepsza. Obliczona czułość oraz precyzja sposobem drugim, uzyskały wyniki z mniejszym błędem, bliższe wartości "prawdziwej". Natomiast specyficzność w obu metodach wyszła taka sama, ze względu na dużą liczbę przykładów z tej klasy. Sprawdzone, że w momencie odwrócenia liczebności klas, specyficzność posiada taką samą charakterystykę jak czułość. Różnice w wynikach obu sposobów zmniejszają się wraz ze wzrostem przykładów klasy większościowej. Zazwyczaj przy 10% zawartości danych klasy zdominowanej w zbiorze, wyniki są takie same.



Rysunek 3.1: Wykresy czułości, specyficzności oraz precyzji w zależności od wielkości klasy mniejszościowej dla równomiernego oraz losowego sprawdzianu krzyżowego ( $k=10$ ).



Rysunek 3.2: Odchylenie standardowe miar czułości, specyficzności oraz precyzji w zależności od wielkości klasy mniejszościowej dla równomiernego oraz losowego sprawdzianu krzyżowego ( $k=10$ ).

wstawić wy-  
kres i opisać

## Miara $F_1$

W niniejszej pracy oraz w wielu publikacjach miara F-measure obliczana jest dla  $\beta = 1$ , dlatego testy przeprowadzono tylko dla tej wartości. Miarę F, można obliczyć na trzy różne sposoby. Pierwszy polega na obliczeniu F dla każdego k klasyfikatora, a następnie uśrednienie wyników:

$$F_{avg} := \frac{1}{k} \sum_{i=1}^k F_1^{(i)}$$

Drugi sposób, to obliczenie średniej czułości i precyzji, a następnie miary F z podstawowego wzoru:

$$Pre_{avg} := \frac{1}{k} \sum_{i=1}^k Pre^{(i)}$$

$$Re_{avg} := \frac{1}{k} \sum_{i=1}^k Re^{(i)}$$

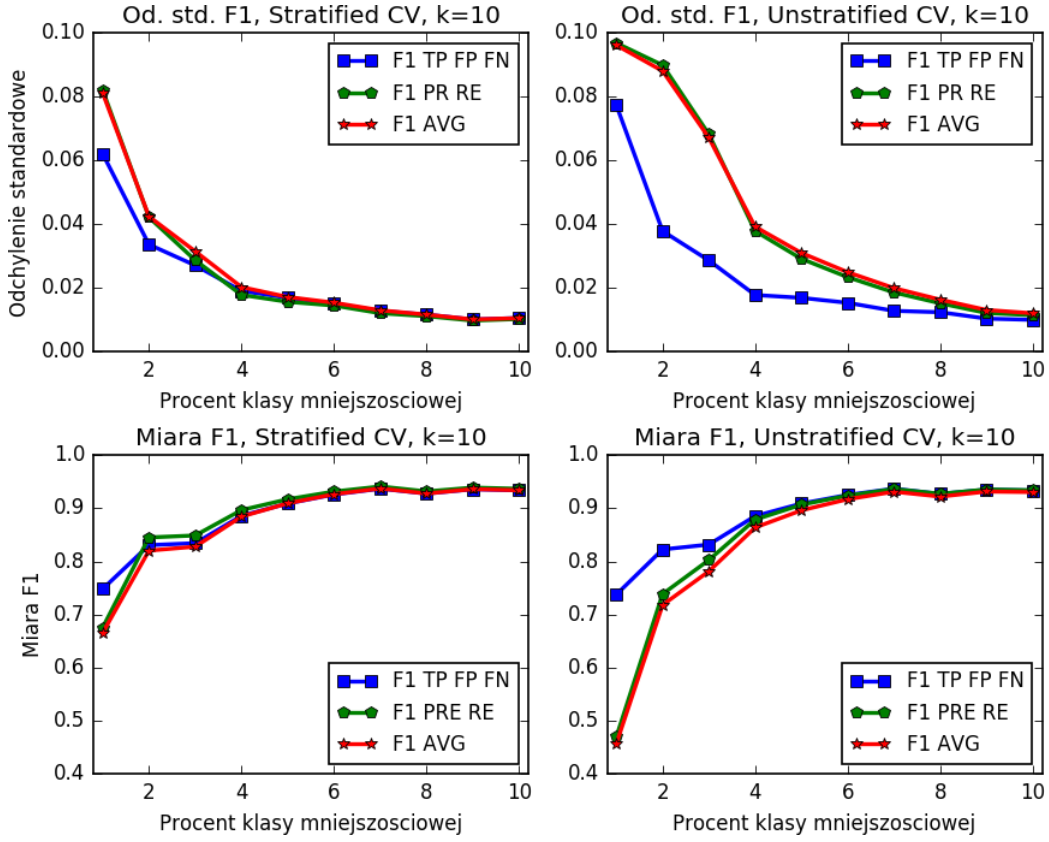
$$F_{pre,re} = 2 * \frac{Pre_{avg} * Re_{avg}}{Pre_{avg} + Re_{avg}}$$

Ostatnio sposób, to obliczenie współczynnika F ze wspólnej, końcowej macierzy pomyłek:

$$F_{tp,fp,fn} = \frac{2 * TP}{2 * TP + FP + FN}$$

Do powyższych wzorów można dodać jeszcze sposób odrzucający oceny klasyfikatorów, dla których precyzja lub czułość są niezdefiniowane. Ta metoda została odrzucona ze względu na zawyżanie końcowej oceny.

Skrypt testujący powyższe trzy sposoby znajduje się w pliku *test\_f1.py*. Analizując otrzymane wyniki (wykres 3.3), zauważono, że najbardziej powtarzalne wyniki otrzymano korzystając z wzoru  $F_{tp,fp,fn}$ . W przypadku obu sprawdzianów krzyżowych, metoda ta generowała najmniejszy błąd. Zauważono, że niezależnie od ilości danych nie zrównoważonych, otrzymane wyniki tą metodą różniły się nieznacznie, w przeciwieństwie do pozostałych sposobów. Podobnie jak w przypadku poprzednich miar, wraz ze wzrostem ilości danych nie zrównoważonych, uzyskiwane wyniki były prawie takie same, niezależnie od sposobu obliczania.



Rysunek 3.3: Wykres odchylenia standardowego miar F1 oraz średniej miar F1 w zależności od wielkości klasy mniejszościowej dla równomiernego oraz losowego sprawdzianu krzyżowego ( $k=10$ ).

### Miara G-mean

Miara G-mean może zostać obliczona również na trzy różne sposoby. Pierwszy z nich to średnia z wszystkich klasyfikatorów:

$$G - mean_{avg} := \frac{1}{k} \sum_{i=1}^k G - mean^{(i)}$$

W drugim sposobie należy najpierw obliczyć średnią wartość czułości oraz specyficzności, a końcowy wynik G-mean oblicza się z głównego wzoru:

$$G - mean_{Se,Sp} = \sqrt{Sensitivity_{avg} * Specificity_{avg}}$$

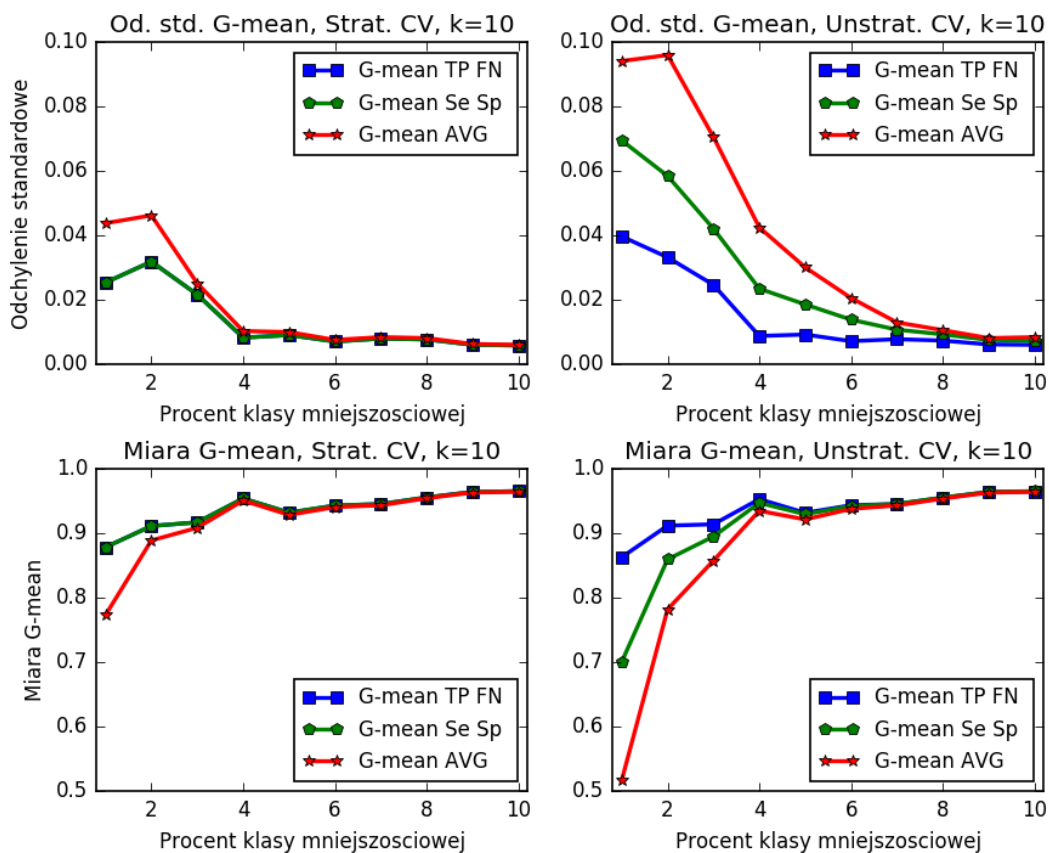
W ostatniej metodzie obliczania G-mean, za czułość oraz specyficzność, wstawia się właściwie wzory, a wartość oblicza się na podstawie zsumowanej ma-

cierzy pomyłek.

$$G - mean_{tp,fp,fn} = \sqrt{\frac{TP}{TP + FN} * \frac{TN}{TN + FP}}$$

Skrypt testujący powyższe wzory znajduje się w pliku *test\_g\_mean.py*. Analizując wyniki (wykres 3.4) równomiernego sprawdzianu krzyżowego, zaobserwowano, że wyniki  $G - mean_{tp,fp,fn}$  oraz  $G - mean_{se,sp}$  pokrywają się. Natomiast w zwykłym sprawdzianie krzyżowym, pomiarem najmniej obciążonym błędem był  $G - mean_{tp,fp,fn}$ . Z wykorzystaniem tego wzoru, dla różnej zawartości klasy mniejszościowej w zbiorze danych otrzymano wyniki różniące się jedynie o kilka procent pomiędzy sobą, podczas gdy wyniki pozostałych metod różniły się aż o 15%-30%. Jednocześnie ta metoda dawała najmniejszy błąd odchylenia standardowego. Zauważono także, że w przypadku zawartości minimum 6% klasy mniejszościowej w danych, otrzymywane wyniki różnią się nieznacznie (poniżej 1%).





Rysunek 3.4: Wykres odchylenia standardowego miar G-mean oraz średniej miar G-mean w zależności od wielkości klasy mniejszościowej dla równomiernego oraz losowego sprawdzianu krzyżowego ( $k=10$ ).

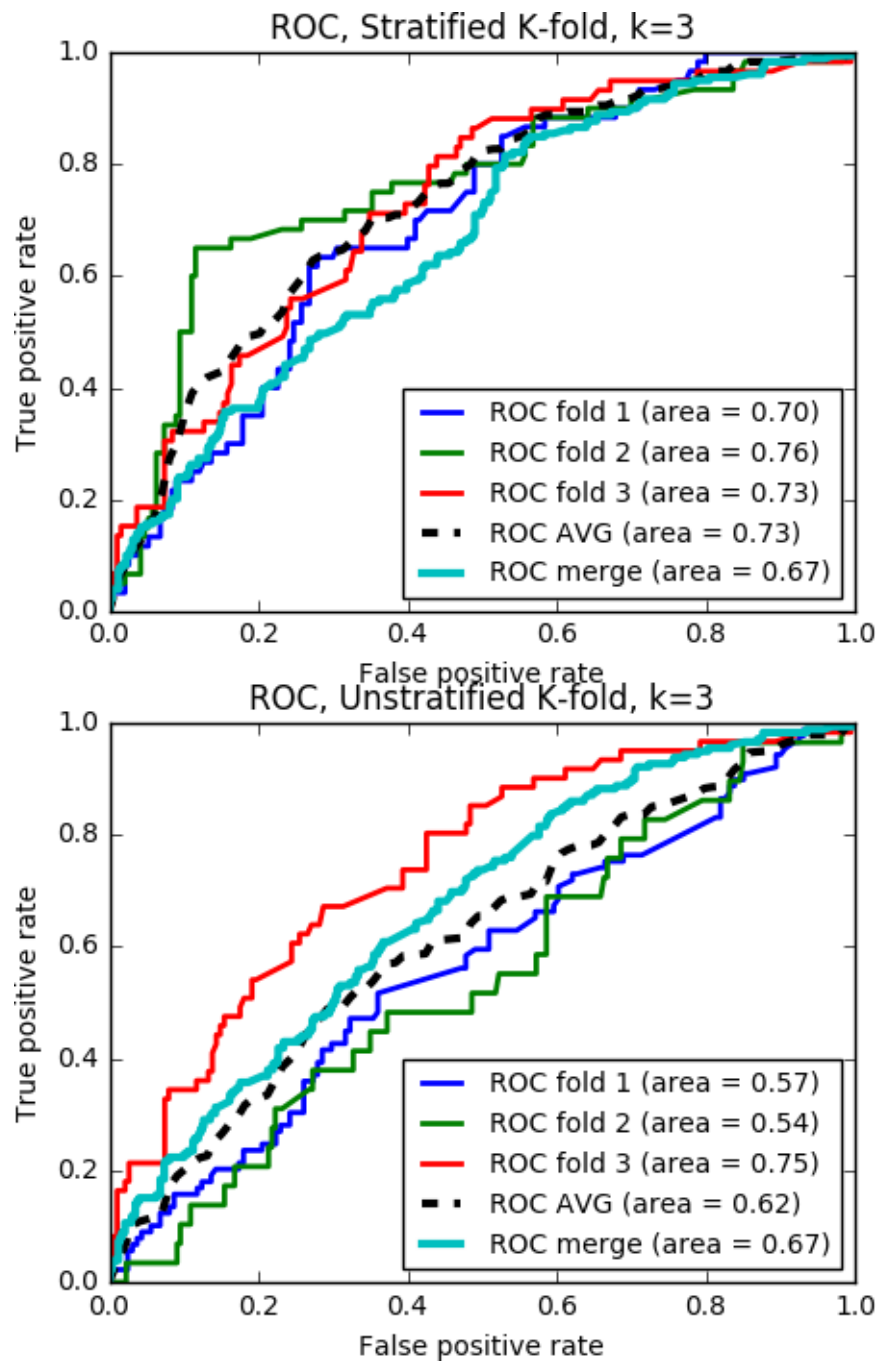
### Krzywa ROC i miara AUC

Wartość AUC w sprawdzianie krzyżowym można skonstruować na dwa sposoby. W pierwszej metodzie, konstruuje się krzywą ROC oraz oblicza się AUC dla każdego  $k$  klasyfikatora. Następnie oblicza się  $AUC_{AVG}$  poprzez obliczenie średniej:

$$AUC_{AVG} := \frac{1}{k} \sum_{i=1}^k AUC^{(i)}$$

W przypadku sprawdzianu krzyżowego z losowym rozkładem klas, może okazać się, że nie sklasyfikowano żadnego przykładu pozytywnego. Wtedy skonstruowanie krzywej ROC oraz obliczenie AUC będzie niemożliwe. W takich przypadkach podczas obliczania  $AUC_{AVG}$  można pominąć taki wynik.

Drugim sposobem jest połączenie prawdopodobieństwa przykładów testowych z każdej iteracji. Z połączonych obserwacji, konstruuje się jedną krzywą ROC i oblicza  $AUC_{merge}$ . Korzystając z tego sposobu, zakłada się, że klasyfikator ma dobrze skalibrowane określanie prawdopodobieństwa. Test obu metod zostały przeprowadzone z użyciem skryptu *test\_roc.py* i danych *transfusion*. Wygenerowane krzywe (wykres 3.5) ROC k klasyfikatorów różnią się od siebie kształtem oraz powierzchnią AUC. W obu sprawdzianach krzyżowych obliczona średnia  $ROC_{AVG}$  oraz  $AUC_{AVG}$  znajdują się pomiędzy wartościami otrzymanymi z klasyfikatorów cząstkowych (fold). Natomiast w sprawdzianie krzyżowym równomiernym wykres  $ROC_{merge}$  przez większość przebiegu znajduje się poniżej części składowych, a obliczona wartość  $AUC_{merge}$  jest niższa od AUC każdego klasyfikatora.



Rysunek 3.5: Wykresy krzywych ROC dla klasyfikatorów ze sprawdzianu krzyżowego równomiernego i normalnego wraz z obliczoną średnią  $ROC_{AVG}$  oraz  $ROC_{merge}$ .

## Podsumowanie

Analizując przeprowadzone testy, najlepsze wyniki osiągnęły miary obliczone metodami opartymi na zsumowanej macierzy pomyłek oraz na łączeniu wyników testów z każdej iteracji sprawdzianu krzyżowego. Obliczone w ten sposób współczynniki miały najbardziej stabilne wyniki, najmniejszy błąd oraz wariancję. Poniżej przedstawiono tabelę (3.3) z obliczonymi współczynnikami na różne sposoby. Mimo równomiernego rozkładu klas, klasyfikator w części numer 2 nie rozpoznał ani jednego przykładu pozytywnego. W efekcie czułość oraz precyzja musiały zostać ustawione na 0, skutkiem czego miara G-mean oraz F1 dla tej części wynoszą 0. Pochodną tego zdarzenia jest заниzenie wszystkich wartości średnich miar (oznaczonych w tabeli jako AVG). W dalszej części pracy, wszystkie miary w sprawdzianie krzyżowym, będą obliczane nad podstawie wspólnej macierzy pomyłek.

k-fold	Pos	Neg	TP	FP	FN	TN	Se	Sp	Pre	G-Mean	F <sub>1</sub>
1	3	97	2	0	1	97	0,67	1,00	1,00	0,82	0,80
2	3	97	0	0	3	97	0,00	1,00	0,00	0,00	0,00
3	3	97	3	4	1	93	0,75	0,96	0,43	0,85	0,55
AVG							0,47	0,99	0,48	0,55	0,45
tp,fp,tn							0,50	0,99	0,56	0,70	0,53
G <sub>Se,Sp</sub> = 0,68 F <sub>Pre,Re</sub> = 0,47											

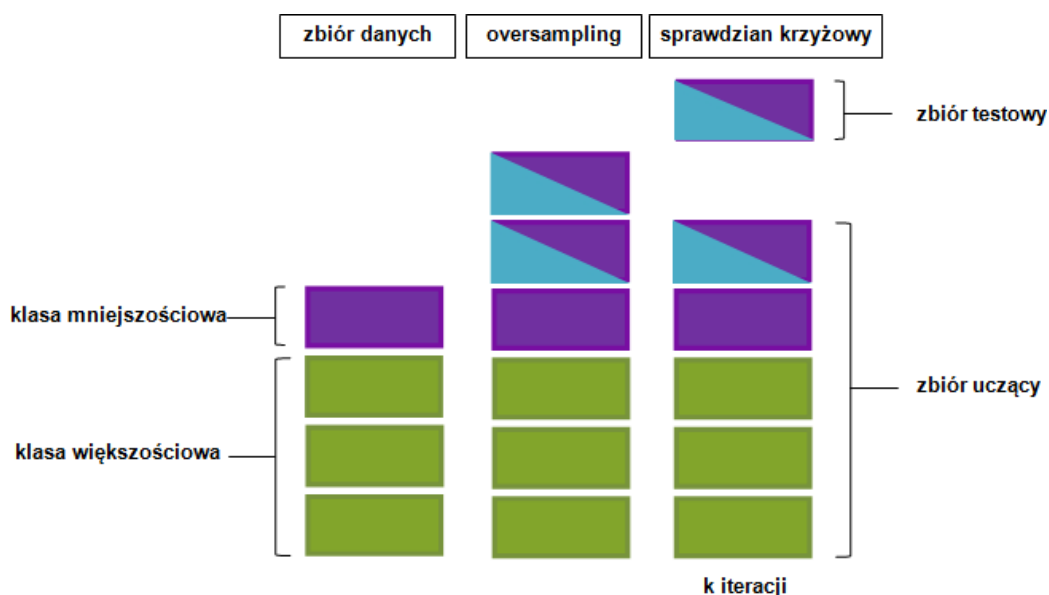
Tablica 3.3: Przykład obliczonych miar dla równomiernego sprawdzianu krzyżowego. Dla k=2, gdzie nie było pozytywnie sklasyfikowanych przykładów, wartości sensitivity, precision,  $F_1$  zostały ustawione na 0, aby uniknąć dzielenia przez zero. W wierszu oznaczonym jako "tp,fp,tn", wskaźniki zostały obliczone na podstawie wspólnej macierzy pomyłek.

dac odnosnik  
do rozdziału

## 3.5 Balansowanie niezerównoważonych zbiorów ze sprawdzianem krzyżowym

Balansowanie niezerównoważonych zbiorów danych wykonuje się w celu poprawy klasyfikacji klasy mniejszościowej. Istnieją różne techniki balansowania zbiorów (opisanych w rozdziale ), są to między innymi: usuwanie przykładów z klasy większościowej oraz dodawanie nowych obserwacji z klasy mniejszościowej. Oceniając klasyfikator z wykorzystaniem sprawdzianu krzyżowego, balansowanie zbiorów można wykonać przed sprawdzianem krzyżowym oraz w trakcie trwania sprawdzianu, każdorazowo po stworzeniu zbioru uczącego.

W przypadku generowania nowych obserwacji (oversampling), metoda pierwsza może prowadzić do nadmiernego dopasowania. Sprawdzenie krzyżowe  $k$ -krotny, dzieli główny zbiór danych na  $k$  części i buduje klasyfikator w oparciu o  $k - 1$  części. Następnie testuje go w oparciu o część numer  $k$ . Może wystąpić sytuacja, że ocena klasyfikatora będzie odbywała się w oparciu o sztuczne przykłady, które były wygenerowane na podstawie danych tworzących zbiór uczący. Takie zdarzenie wypacza cel wykonywania sprawdzianu krzyżowego, który polega na wykonywaniu uczenia i testowania na różnych danych. Wykonanie bilansowania przed sprawdzianem krzyżowym może prowadzić do nadmiernego dopasowania klasyfikatora oraz do zawyżenia oceny.



Rysunek 3.6: Przykład sprawdzianu krzyżowego z wykonanym oversamplingiem przed sprawdzianem. Sztucznie wygenerowane dane (niebiesko-fioletowy prostokąt) zostały użyte jako zbiór testowy.

Celem testu było sprawdzenie, z wykorzystaniem, której metody można otrzymać bardziej wiarygodne wyniki. Aby sprawdzić obie metody, każdy początkowy zbiór danych został podzielony na zbiór testowy (zawierający 80% wszystkich przykładów) oraz na zbiór walidacyjny (20%). Wykonano zbilansowany podział danych, tj. każdy zbiór zawierał proporcjonalnie takie same ilości obu klas. Zbiór walidacyjny został wydzielony w celu poddania dodatkowej ocenie każdego  $k$  klasyfikatora. Mając dodatkowy zbiór walidacyjny, który jest nieznanymi zbudowanemu modelowi, można sprawdzić w jakim stopniu poprawnie generalizuje dane uczące oraz porównać otrzy-

mane wyniki z wynikami sprawdzianu krzyżowego. Dla pierwszego sposobu, w kolejnym etapie, wygenerowano nowe sztuczne próbki klasy mniejszościowej z wykorzystaniem metody oversampling SMOTE, a następnie poddano ocenie klasyfikator z wykorzystaniem sprawdzianu krzyżowego oraz dodatkowego zbioru walidacyjnego w każdej iteracji. Natomiast w drugim sposobie, dodatkowe sztuczne próbki generowane były dopiero w momencie utworzenia  $k$  zbioru uczącego. Dodatkowa walidacja odbywała się tak samo jak w pierwszym sposobie. Badanie wykonano na prawdziwych danych (opisanych w tej pracy), z wykorzystaniem klasyfikatorów: drzewo decyzyjne, kNN, naiwny klasyfikator Bayesa oraz SVM. Przedstawiony niżej test znajduje się w pliku *cross\_val\_oversampling.py*. Ze względu na dużą objętość wyników, w pracy przedstawiono tylko dane dla drzewa decyzyjnego.

Analizując otrzymane wyniki (tabela 3.4 i 3.5) zauważono bardzo dobre wyniki klasyfikatora dla danych poddanych oversamplingowi przed sprawdzianem krzyżowym. Niestety, badając klasyfikator nieznanym dla niego zbiorem walidacyjnym otrzymane rezultaty były zdecydowanie gorsze. Porównując otrzymane wyniki ze sprawdzianu krzyżowego oraz z nieznanego klasyfikatorowi zbioru walidacyjnego, spostrzeżono znaczne zawyżanie wyników (dla miary G-mean, wyniki jest średnio wyższy o 0.20 oraz tak samo w stosunku do miary G-mean z metody drugiej). Świadczy to o nadmiernym dopasowaniu klasyfikatora do danych i o zawyżaniu wyników jakości klasyfikacji przez tą metodę. W drugiej metodzie, wyniki pomiarów pomiędzy sprawdzianem krzyżowym oraz zbiorem walidacyjnym nie różnią się tak bardzo. Dla miary G-mean w większości baz, otrzymane wyniki z sprawdzianu krzyżowego jest nieznacznie niższy od wyniku z zbioru walidacyjnego.

Wnioskiem wynikającym z powyższego badania jest konieczność stosowania oversamplingu danych w trakcie sprawdzianu krzyżowego, tak aby zbiór testowy nie zawierał sztucznie wygenerowanych próbek. Ocena klasyfikacji tą metodą, daje najbardziej wiarygodne wyniki.

	Decision Tree				Decision Tree TEST				$G - G_t$
	Sp	F1	G	AUC	Sp	F1	$G_t$	AUC	
abalone0_4	0.99	0.99	0.99	0.99	0.79	0.58	0.88	0.88	0.11
abalone041629	0.92	0.91	0.9	0.9	0.5	0.34	0.66	0.69	0.24
abalone16_29	0.93	0.92	0.92	0.92	0.51	0.34	0.68	0.71	0.24
balance_scale	0.92	0.9	0.9	0.9	0.04	0.04	0.19	0.47	0.71
breast_cancer	0.74	0.74	0.74	0.75	0.47	0.45	0.59	0.61	0.15
bupa	0.69	0.66	0.65	0.65	0.57	0.55	0.6	0.6	0.05
car	1.0	1.0	1.0	1.0	0.9	0.95	0.95	0.95	0.05
cmc	0.8	0.81	0.81	0.81	0.39	0.37	0.55	0.6	0.26
ecoli	0.93	0.93	0.92	0.93	0.81	0.62	0.86	0.86	0.06
german	0.74	0.75	0.75	0.75	0.44	0.44	0.58	0.59	0.17
glass	0.96	0.93	0.93	0.93	0.56	0.5	0.73	0.75	0.2
haberman	0.72	0.73	0.74	0.74	0.35	0.35	0.52	0.56	0.22
heart_cleveland	0.88	0.87	0.86	0.86	0.24	0.29	0.47	0.59	0.39
hepatitis	0.92	0.86	0.84	0.85	0.39	0.33	0.54	0.57	0.3
horse_colic	0.84	0.82	0.82	0.82	0.65	0.66	0.73	0.73	0.09
ionosphere	0.88	0.88	0.88	0.88	0.87	0.81	0.86	0.86	0.02
new_thyroid	0.96	0.96	0.96	0.96	1.0	0.95	0.99	0.99	-0.03
postoperative	0.68	0.7	0.71	0.71	0.33	0.34	0.51	0.56	0.2
seeds	0.97	0.96	0.96	0.96	0.62	0.7	0.76	0.77	0.2
solar_flare	0.96	0.96	0.96	0.97	0.13	0.19	0.36	0.63	0.6
transfusion	0.76	0.75	0.75	0.77	0.4	0.35	0.54	0.58	0.21
vehicle	0.89	0.92	0.92	0.92	0.72	0.76	0.83	0.83	0.09
vertebal	0.89	0.86	0.85	0.85	0.73	0.66	0.75	0.75	0.1
yeastME1	0.99	0.99	0.99	0.99	0.72	0.68	0.84	0.85	0.15
yeastME2	0.98	0.96	0.96	0.96	0.69	0.42	0.81	0.82	0.15
yeastME3	0.96	0.96	0.96	0.96	0.66	0.65	0.79	0.81	0.17

Tablica 3.4: Wyniki sprawdzianu krzyżowego (metoda pierwsza) drzewa decyzyjnego z oversampling SMOTE. Dane w kolumnach "Decision Tree TEST" to wyniki otrzymane na podstawie zbioru walidacyjnego. Ostatnia kolumna zawiera różnicę miar  $G$  ze sprawdzianu krzyżowego i zbioru walidacyjnego  $G - G_T$  (im bliżej zera tym lepiej).

	Decision Tree				Decision Tree TEST				$G - G_t$
	Sp	F1	G	AUC	Sp	F1	$G_t$	AUC	
abalone0_4	0.68	0.54	0.82	0.83	0.77	0.58	0.87	0.88	-0.05
abalone041629	0.42	0.31	0.61	0.65	0.45	0.32	0.63	0.67	-0.02
abalone16_29	0.39	0.27	0.59	0.64	0.52	0.34	0.68	0.71	-0.09
balance_scale	0.03	0.02	0.15	0.47	0.04	0.03	0.19	0.46	-0.04
breast_cancer	0.41	0.4	0.55	0.57	0.41	0.4	0.55	0.57	0.0
bupa	0.54	0.54	0.6	0.6	0.55	0.56	0.62	0.62	-0.02
car	0.98	0.98	0.99	0.99	0.91	0.95	0.95	0.95	0.04
cmc	0.38	0.36	0.55	0.59	0.39	0.37	0.56	0.61	-0.01
ecoli	0.54	0.53	0.71	0.74	0.62	0.58	0.76	0.78	-0.05
german	0.55	0.54	0.66	0.67	0.5	0.49	0.62	0.63	0.04
glass	0.14	0.16	0.37	0.54	0.56	0.56	0.73	0.76	-0.36
haberman	0.49	0.42	0.58	0.59	0.4	0.36	0.53	0.55	0.05
heart_cleveland	0.43	0.35	0.61	0.65	0.24	0.29	0.48	0.59	0.13
hepatitis	0.5	0.52	0.67	0.69	0.72	0.58	0.77	0.77	-0.1
horse_colic	0.78	0.77	0.82	0.82	0.65	0.66	0.73	0.73	0.09
ionosphere	0.82	0.81	0.85	0.85	0.85	0.81	0.85	0.85	0.0
new_thyroid	0.88	0.86	0.92	0.92	0.94	0.87	0.95	0.95	-0.03
postoperative	0.32	0.27	0.44	0.48	0.33	0.3	0.47	0.48	-0.03
seeds	0.95	0.91	0.94	0.94	0.62	0.68	0.75	0.76	0.19
solar_flare	0.21	0.2	0.45	0.62	0.13	0.18	0.36	0.63	0.09
transfusion	0.36	0.34	0.52	0.58	0.39	0.35	0.54	0.57	-0.02
vehicle	0.82	0.82	0.88	0.88	0.76	0.79	0.85	0.85	0.03
vertebal	0.66	0.68	0.75	0.76	0.63	0.63	0.72	0.73	0.03
yeastME1	0.63	0.59	0.79	0.81	0.72	0.69	0.84	0.86	-0.05
yeastME2	0.29	0.2	0.53	0.62	0.41	0.3	0.63	0.68	-0.1
yeastME3	0.81	0.77	0.88	0.89	0.68	0.68	0.81	0.82	0.07

Tablica 3.5: Wyniki sprawdzianu krzyżowego (metoda druga) drzewa decyzyjnego z oversampling SMOTE. Dane w kolumnach "Decision Tree TEST" to wyniki otrzymane na podstawie zbioru walidacyjnego. Ostatnia kolumna zawiera różnicę miar  $G$  ze sprawdzianu krzyżowego i zbioru walidacyjnego  $G - G_T$  (im bliżej zera tym lepiej).



# Rozdział 4

## Meta-metody

### 4.1 Bagging

Klasyfikator bagging to meta-klasyfikator, który trenuje  $n$  klasyfikatorów bazowych na losowych podzbiorach oryginalnego zbioru danych, a następnie poprzez głosowanie lub uśrednianie indywidualnych prognoz nadaje ostateczną klasę. W procesie tworzenia klasyfikatora bagging, należy wybrać klasyfikator bazowy oraz określić liczbę  $n$  tworzonych instancji tego klasyfikatora. Można także zdefiniować czy tworzone losowe podzbiory mają być tworzone próbą bootstrap, maksymalną liczebność podzbiorów oraz liczebność atrybutów. Zmieniając liczbę estymatorów, liczebność podzbiorów oraz atrybutów wpływa się na jakość klasyfikacji. Badania przeprowadzono z wykorzystaniem trzech różnych klasyfikatorów bazowych tj. z drzewem decyzyjnym, naiwnym klasyfikatorem bayesowskim oraz klasyfikatorem  $k$  najbliższych sąsiadów oraz dla różnych wartości przykładów oraz atrybutów. Każdy test został przeprowadzony z wykorzystaniem 5, 10, 15, 30, 50, 100 i 200 estymatorów. Wszystkie podzbiory zostały utworzone z wykorzystaniem próby bootstrap, zatem podzbiory z taką samą liczebnością jak zbiór główny będą różniły się od siebie próbkami.

#### 4.1.1 Bagging z naiwnym klasyfikatorem bayesowskim

Zbudowano klasyfikator bagging z naiwnym klasyfikatorem bazowym. Test ten znajduje się w pliku *bagging\_NB.py*. W pierwszym etapie wybrano standardowe ustawienia, czyli liczebność podzbiorów (*max\_samples*) oraz atrybutów (*max\_features*) była taka sama jak w zbiorze oryginalnym. W tabelach powyżej przedstawiono dokładność klasyfikacji (tabela 4.1) oraz specyficzność klasy mniejszościowej (tabela 4.2). W kolumnie drugiej znajdują się wyniki dla samego naiwnego klasyfikatora Bayesa, natomiast w kolejnych

kolumnach znajdują się wyniki meta-klasyfikatora bagging z różną ilością modeli bazowych (dla 5, 10, 15, 30, 50, 100, 200 klasyfikatorów). Analizując otrzymane wyniki, zauważono tylko minimalny wzrost (około 1%) poprawy klasyfikacji obu klas dla połowy zbiorów danych. Dla prawie wszystkich zbiorów danych, wartość miary G-mean zmieniła się minimalnie, poniżej błędu. Test został wykonany wielokrotnie, a otrzymywane wyniki różniły się w bardzo niewielkim stopniu.

Zbiór danych	NB	5	10	15	30	50	100	200
seeds	<b>0.9</b>	<b>0.9</b>	<b>0.9</b>	<b>0.9</b>	<b>0.9</b>	<b>0.9</b>	<b>0.9</b>	<b>0.9</b>
new_thyroid	0.96	0.96	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	0.96	0.96	0.96
vehicle	0.66	<b>0.67</b>	<b>0.67</b>	<b>0.67</b>	<b>0.67</b>	0.66	0.66	0.66
ionosphere	<b>0.87</b>	0.85	0.85	0.85	0.86	0.86	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>
vertebal	<b>0.78</b>	0.77	0.77	0.77	0.77	0.77	<b>0.78</b>	0.77
yeastME3	<b>0.27</b>	0.17	0.21	0.23	0.25	0.25	0.25	0.25
ecoli	0.78	0.77	0.79	<b>0.8</b>	0.79	0.79	0.78	0.79
bupa	0.54	0.53	<b>0.55</b>	0.54	<b>0.55</b>	<b>0.55</b>	0.54	0.54
horse_colic	<b>0.78</b>	0.76	0.77	0.77	0.77	0.77	<b>0.78</b>	0.77
german	<b>0.73</b>	<b>0.73</b>	<b>0.73</b>	<b>0.73</b>	0.72	0.72	0.72	0.72
breast_cancer	<b>0.72</b>	<b>0.72</b>	0.71	0.71	<b>0.72</b>	<b>0.72</b>	<b>0.72</b>	<b>0.72</b>
cmc	<b>0.68</b>	<b>0.68</b>	<b>0.68</b>	<b>0.68</b>	<b>0.68</b>	<b>0.68</b>	<b>0.68</b>	<b>0.68</b>
hepatitis	0.66	0.65	0.65	0.66	<b>0.68</b>	<b>0.68</b>	<b>0.68</b>	<b>0.68</b>
haberman	0.73	<b>0.74</b>	<b>0.74</b>	<b>0.74</b>	<b>0.74</b>	<b>0.74</b>	<b>0.74</b>	<b>0.74</b>
transfusion	<b>0.74</b>	<b>0.74</b>	<b>0.74</b>	<b>0.74</b>	<b>0.74</b>	<b>0.74</b>	<b>0.74</b>	<b>0.74</b>
car	0.89	<b>0.91</b>	0.9	0.9	0.9	0.9	0.9	0.9
glass	0.48	0.48	0.49	<b>0.53</b>	0.48	0.49	0.49	0.5
abalone16_29	0.68	0.68	0.68	<b>0.69</b>	0.68	0.68	0.68	0.68
solar_flare	<b>0.65</b>	0.62	0.61	0.63	0.62	0.62	0.62	0.63
heart_cleveland	<b>0.81</b>	0.8	<b>0.81</b>	0.8	<b>0.81</b>	<b>0.81</b>	0.8	0.8
balance_scale	<b>0.92</b>	<b>0.92</b>	<b>0.92</b>	<b>0.92</b>	<b>0.92</b>	<b>0.92</b>	<b>0.92</b>	<b>0.92</b>
postoperative	<b>0.67</b>	0.62	0.64	0.62	0.6	0.61	0.62	0.63

Tablica 4.1: Dokładność klasyfikatora bagging, dla  $max\_features = 1.0$  oraz  $max\_samples = 1.0$

Zbiór danych	NB	5	10	15	30	50	100	200
seeds	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>
new_thyroid	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>
vehicle	0.84	0.83	0.84	0.84	<b>0.85</b>	0.84	0.84	0.84
ionosphere	0.76	0.76	<b>0.77</b>	<b>0.77</b>	<b>0.77</b>	0.76	0.76	0.76
vertebal	<b>0.87</b>	0.86	0.86	0.86	0.86	0.86	<b>0.87</b>	0.86
yeastME3	<b>0.99</b>	<b>0.99</b>	<b>0.99</b>	<b>0.99</b>	<b>0.99</b>	<b>0.99</b>	<b>0.99</b>	<b>0.99</b>
ecoli	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>
bupa	0.74	0.75	<b>0.77</b>	<b>0.77</b>	0.74	0.75	0.75	0.74
horse_colic	<b>0.75</b>	<b>0.75</b>	0.74	<b>0.75</b>	<b>0.75</b>	0.74	0.74	0.73
german	0.62	0.6	0.6	0.6	0.63	0.63	<b>0.65</b>	<b>0.65</b>
breast_cancer	0.44	0.45	0.44	0.44	<b>0.46</b>	<b>0.46</b>	<b>0.46</b>	<b>0.46</b>
cmc	0.61	0.61	0.61	0.61	<b>0.62</b>	<b>0.62</b>	<b>0.62</b>	0.61
hepatitis	<b>0.78</b>	0.72	0.72	0.75	0.75	0.75	0.75	0.75
haberman	0.17	<b>0.2</b>	0.19	0.19	<b>0.2</b>	<b>0.2</b>	<b>0.2</b>	<b>0.2</b>
transfusion	0.2	<b>0.21</b>	<b>0.21</b>	<b>0.21</b>	<b>0.21</b>	<b>0.21</b>	<b>0.21</b>	<b>0.21</b>
car	<b>1.0</b>	<b>1.0</b>	<b>1.0</b>	<b>1.0</b>	<b>1.0</b>	<b>1.0</b>	<b>1.0</b>	<b>1.0</b>
glass	0.82	0.82	0.82	0.82	<b>0.88</b>	<b>0.88</b>	<b>0.88</b>	0.82
abalone16_29	0.58	<b>0.59</b>	0.58	0.58	0.58	0.58	0.58	0.58
solar_flare	<b>0.93</b>	<b>0.93</b>	<b>0.93</b>	<b>0.93</b>	<b>0.93</b>	<b>0.93</b>	<b>0.93</b>	<b>0.93</b>
heart_cleveland	<b>0.63</b>	0.57	0.6	0.57	0.6	0.57	0.57	0.57
balance_scale	<b>0.0</b>	<b>0.0</b>	<b>0.0</b>	<b>0.0</b>	<b>0.0</b>	<b>0.0</b>	<b>0.0</b>	<b>0.0</b>
postoperative	0.17	<b>0.21</b>	<b>0.21</b>	<b>0.21</b>	0.12	0.12	0.12	0.12

Tablica 4.2: Specyficzność klasy mniejszościowej, dla klasyfikatora bagging i parametrów:  $max\_features = 1.0$  oraz  $max\_samples = 1.0$ .

W kolejnym teście znajdującym się w pliku *gridsearch/bagging\_NB.py*, wykonano zachłanne obliczenia polegające na wyłonieniu najlepszych ustawień klasyfikatora maksymalizującego miarę  $F_1$  klasy mniejszościowej. W tym celu wykonano wyszukiwanie zachłanne najlepszych parametrów (liczby atrybutów oraz liczebności zbiorów) spośród  $max\_features = [0.4, 0.6, 0.7, 0.8, 0.9, 1.0]$  oraz  $max\_samples = [0.4, 0.6, 0.7, 0.8, 0.9, 1.0]$ . Wyszukanie wykonano dla n-klasyfikatorów ze zbioru  $[5, 10, 15, 30, 50, 100, 200]$  oraz dla każdego zbioru danych. Obliczona średnia wartość parametru  $max\_features$  wyniosła 0.72, a  $max\_samples$  0.68, zaś mediana dla obu wartości to 0.7.

Zbudowany meta-klasyfikator bagging z parametrami  $max\_features = 0.72$  i  $max\_samples = 0.68$  poradził sobie lepiej z klasyfikacją niż klasyfikator bagging z domyślnymi parametrami oraz zwykły klasyfikator. W przypadku 17 zbiorów danych osiągnął lepszą dokładność (tabela 4.3). Dokładność klasyfikacji wzrosła średnio o 2-3%, a w 3 zbiorach wzrost był zdecydowanie większy. Natomiast w 5 zbiorach danych, klasyfikator bagging uzyskał taką samą lub minimalnie gorszą dokładność. W zespołach liczących powyżej 10 klasyfikatorów wystąpił minimalny przyrost dokładności poniżej 1%. Prawie dla wszystkich danych, zwiększyła się czułość klasy większościowej, kosztem specyficzności (tabela 4.4) klasy mniejszościowej. Podobnie jak dla poprzedniego klasyfikatora, miara G-mean minimalnie spadła lub wzrosła w

stosunku do NKB.

Zbiór danych	NB	5	10	15	30	50	100	200
seeds	0.9	0.89	0.9	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>	0.9	0.9
new_thyroid	0.96	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>
vehicle	0.66	0.68	0.68	0.67	<b>0.69</b>	0.67	0.67	0.68
ionosphere	<b>0.87</b>	0.83	0.86	0.83	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>	0.86	0.86
vertebal	<b>0.78</b>	0.75	0.76	0.77	0.77	0.77	0.77	<b>0.78</b>
yeastME3	0.27	<b>0.34</b>	0.25	0.17	0.21	0.23	0.23	0.22
ecoli	0.78	0.83	0.8	0.8	0.81	0.83	<b>0.84</b>	0.83
bupa	0.54	0.57	0.57	<b>0.6</b>	<b>0.6</b>	0.59	0.59	<b>0.6</b>
horse_colic	0.78	0.73	0.76	0.73	0.76	0.77	0.78	<b>0.79</b>
german	<b>0.73</b>	0.66	0.66	0.68	0.7	0.72	0.72	<b>0.73</b>
breast_cancer	0.72	<b>0.73</b>	<b>0.73</b>	<b>0.73</b>	<b>0.73</b>	<b>0.73</b>	<b>0.73</b>	<b>0.73</b>
cmc	0.68	<b>0.72</b>	0.71	0.71	0.71	0.71	<b>0.72</b>	<b>0.72</b>
hepatitis	0.66	0.63	0.67	<b>0.68</b>	0.66	0.66	<b>0.68</b>	0.67
haberman	0.73	0.74	<b>0.75</b>	<b>0.75</b>	0.74	0.74	0.74	0.74
transfusion	0.74	0.76	0.75	0.75	0.75	<b>0.77</b>	<b>0.77</b>	<b>0.77</b>
car	0.89	<b>0.92</b>	0.9	0.9	0.9	0.9	0.9	0.9
glass	0.48	<b>0.76</b>	0.59	0.61	0.59	0.6	0.6	0.59
abalone16_29	0.68	0.8	<b>0.81</b>	0.8	0.79	0.79	0.79	0.79
solar_flare	<b>0.65</b>	0.6	0.53	0.52	0.64	0.58	0.53	0.58
heart_cleveland	0.81	0.78	0.8	0.81	0.82	0.82	<b>0.83</b>	0.82
balance_scale	<b>0.92</b>	<b>0.92</b>	<b>0.92</b>	<b>0.92</b>	<b>0.92</b>	<b>0.92</b>	<b>0.92</b>	<b>0.92</b>
postoperative	0.67	<b>0.69</b>	0.63	0.62	0.64	0.62	0.63	0.64

Tablica 4.3: Dokładność klasyfikatora bagging, dla  $max\_features = 0.72$  oraz  $max\_samples = 0.68$

Zbiór danych	NB	5	10	15	30	50	100	200
seeds	<b>0.91</b>	0.89	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>
new_thyroid	<b>0.87</b>	0.8	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>
vehicle	0.84	<b>0.85</b>	0.82	0.83	0.82	0.82	0.82	0.83
ionosphere	0.76	<b>0.83</b>	0.75	0.79	0.75	0.73	0.72	0.74
vertebal	<b>0.87</b>	0.81	0.83	0.86	0.86	0.86	0.84	0.86
yeastME3	<b>0.99</b>	<b>0.99</b>	<b>0.99</b>	<b>0.99</b>	<b>0.99</b>	<b>0.99</b>	<b>0.99</b>	<b>0.99</b>
ecoli	<b>0.94</b>	0.83	0.86	0.8	0.91	0.91	0.91	0.91
bupa	<b>0.74</b>	0.5	0.63	0.62	0.64	0.7	0.67	0.67
horse_colic	0.75	0.72	0.74	0.75	0.75	0.75	<b>0.76</b>	<b>0.76</b>
german	0.62	<b>0.73</b>	0.71	0.69	0.69	0.64	0.63	0.64
breast_cancer	<b>0.44</b>	0.39	<b>0.44</b>	<b>0.44</b>	<b>0.44</b>	<b>0.44</b>	0.42	0.42
cmc	<b>0.61</b>	0.51	0.53	0.5	0.52	0.5	0.48	0.5
hepatitis	0.78	<b>0.84</b>	0.75	0.75	0.72	0.72	0.75	0.75
haberman	0.17	0.1	<b>0.19</b>	0.16	0.17	0.16	0.14	0.14
transfusion	<b>0.2</b>	0.15	0.16	0.17	0.15	0.16	0.16	0.16
car	<b>1.0</b>	0.45	<b>1.0</b>	<b>1.0</b>	<b>1.0</b>	<b>1.0</b>	<b>1.0</b>	<b>1.0</b>
glass	<b>0.82</b>	0.59	0.76	0.71	0.71	0.71	0.76	0.76
abalone16_29	<b>0.58</b>	0.28	0.4	0.42	0.43	0.43	0.44	0.43
solar_flare	<b>0.93</b>	0.81	<b>0.93</b>	<b>0.93</b>	<b>0.93</b>	<b>0.93</b>	<b>0.93</b>	<b>0.93</b>
heart_cleveland	<b>0.63</b>	0.57	0.54	0.49	0.46	0.46	0.51	0.46
balance_scale	<b>0.0</b>	<b>0.0</b>	<b>0.0</b>	<b>0.0</b>	<b>0.0</b>	<b>0.0</b>	<b>0.0</b>	<b>0.0</b>
postoperative	<b>0.17</b>	<b>0.17</b>	0.12	0.12	<b>0.17</b>	0.12	0.08	0.12

Tablica 4.4: Specyficzność klasy mniejszościowej, dla klasyfikatora bagging i parametrów:  $max\_features = 0.72$  oraz  $max\_samples = 0.68$ .

### 4.1.2 Bagging drzewa decyzyjne

Do kolejnych testów z meta-klasyfikatorem bagging wybrano drzewo decyzyjne. Budując klasyfikator drzewa decyzyjnego można zdefiniować maksymalną głębokość drzewa. Również meta-klasyfikator bagging można zbudować z drzew o różnej maksymalnej głębokości. Do testów wybrano drzewo bez ograniczenia głębokości oraz drzewa z ograniczeniami do maksymalnie 3, 5, 7, 10, 15 i 20 poziomu. Meta-klasyfikator był budowany z 5, 10, 20 lub 50 klasyfikatorów. Dla porównania, w wynikach zamieszczono pojedyncze drzewo decyzyjne o różnej głębokości. Przeprowadzony test znajduje się w pliku *bagging\_tree.py*. Ze względu na dużą objętość tabel, dla bazy *seeds* i *new\_thyroid*, dokładność klasyfikacji i wykrywalność klas pozostała na takim samym poziomie niezależnie od głębokości drzewa i ilości klasyfikatorów. Natomiast w przypadku baz *vehicle*, *ionosphere*, *vertebal*, *yeastME3*, *solar\_flare* klasyfikator bagging zwiększył dokładność klasyfikacji średnio o 2-3%, czułość pozostała na niezmienionym poziomie, wzrosła natomiast specyficzność klasy mniejszościowej o 2-3% oraz miara G-mean. Należy zaznaczyć, że dokładność oraz pozostałe współczynniki rosły wraz ze zwiększeniem ilości klasyfikatorów. Powyżej 50 klasyfikatorów, przyrost był minimalny. Dokładność klasyfikatora bagging dla pozostałych baz została przedstawiona

w tabeli 4.5. Zwiększając liczbę estymatorów wzrastała także dokładność, zwykle 2-3% w stosunku do pojedynczego drzewa decyzyjnego. Zdecydowanie najlepsze wyniki w tej grupie oraz w reszcie baz zdanych, uzyskały klasyfikator z drzewem decyzyjnym z maksymalną głębokością równą 3. Wraz ze wzrostem dokładności, poprawiła się także czułość klasy większościowej, średnio o 2-10%. Największy przyrost czułości nastąpił w klasyfikаторze bagging składającym się z 50 klasyfikatorów. Oprócz zbioru *breast\_cancer*, w którym specyficzność klasy zdominowanej wzrosła o 5%, w pozostałych nastąpił wyraźny spadek rozpoznawalności klasy mniejszościowej. Zwiększając liczbę klasyfikatorów malał współczynnik specyficzności (tabela 4.6), a w przypadku bazy *glass* spadł do zera. Zauważono, że wzrost wykrywalności obu klas nastąpił w bazach zawierających dużą liczbę przykładów bezpiecznych. W bazach trudniejszych do klasyfikacji, z dużą liczbą przykładów rzadkich oraz odstających, dokładność klasyfikacji klasy dominującej wzrosła kosztem wykrywalności klasy mniejszościowej. W czterech bazach, *glass*, *abalone16\_29*, *heart\_cleveland*, *postoperative* wartość miary G-mean malała wraz ze zwiększeniem ilości klasyfikatorów, zaś w pozostałych bazach wzrastała. Dla baz *transfusion*, *balance\_scale* oraz *car* oprócz wzrostu jakości klasyfikacji klasy większościowej dla klasyfikatorów z drzewem decyzyjnym z maksymalną głębokością drzewa równą 3, nie stwierdzono różnic w pozostałych współczynnikach. W tabelach 4.5 i 4.6 w kolumnach znajdują się klasyfikatory z różną maksymalną głębokością drzewa, a znak '-' oznacza drzewo bez ograniczenia.

Zbiór danych	Liczba est.	-	3	5	7	10	15	20
breast_cancer	-	0.63	<b>0.73</b>	0.72	0.67	0.66	0.63	0.63
	5	0.68	<b>0.7</b>	<b>0.7</b>	0.67	0.67	0.68	0.68
	10	<b>0.71</b>	<b>0.71</b>	0.7	0.67	<b>0.71</b>	<b>0.71</b>	<b>0.71</b>
	20	0.71	0.71	0.72	0.71	<b>0.74</b>	0.71	0.71
	50	0.7	<b>0.72</b>	<b>0.72</b>	0.7	0.71	0.71	0.7
cmc	-	0.68	<b>0.78</b>	0.76	0.71	0.72	0.68	0.68
	5	0.71	<b>0.78</b>	0.77	0.76	0.73	0.71	0.71
	10	0.73	<b>0.77</b>	<b>0.77</b>	0.76	0.74	0.73	0.73
	20	0.74	<b>0.78</b>	0.77	0.77	0.75	0.74	0.74
	50	0.75	<b>0.78</b>	0.77	0.77	0.76	0.74	0.75
hepatitis	-	0.66	0.66	<b>0.68</b>	0.66	0.66	0.66	0.66
	5	0.68	<b>0.7</b>	0.68	0.68	0.68	0.68	0.68
	10	<b>0.75</b>	0.75	<b>0.77</b>	0.75	0.75	0.75	0.75
	20	<b>0.72</b>	0.7	<b>0.72</b>	<b>0.72</b>	<b>0.72</b>	<b>0.72</b>	<b>0.72</b>
	50	<b>0.7</b>	0.69	<b>0.7</b>	<b>0.7</b>	<b>0.7</b>	<b>0.7</b>	<b>0.7</b>
haberman	-	0.66	<b>0.75</b>	<b>0.75</b>	0.73	0.63	0.66	0.66
	5	0.66	<b>0.74</b>	0.73	0.69	0.67	0.66	0.66
	10	0.66	0.72	<b>0.74</b>	0.72	0.65	0.66	0.66
	20	0.66	0.73	<b>0.74</b>	0.68	0.67	0.66	0.66
	50	0.68	<b>0.74</b>	0.73	0.71	0.69	0.68	0.68
glass	-	0.7	<b>0.82</b>	0.75	0.69	0.7	0.7	0.7
	5	0.73	<b>0.86</b>	0.78	0.73	0.73	0.73	0.73
	10	0.84	<b>0.86</b>	0.83	0.84	0.84	0.84	0.84
	20	0.86	<b>0.89</b>	0.87	0.86	0.86	0.86	0.86
	50	0.86	<b>0.88</b>	0.87	0.86	0.86	0.86	0.86
abalone16_29	-	0.91	<b>0.94</b>	0.93	0.93	0.91	0.91	0.91
	5	0.93	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	0.93	0.93	0.93	0.93
	10	0.93	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	0.93	0.93	0.93	0.93
	20	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	0.93	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>
	50	0.93	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>
heart_cleveland	-	0.82	<b>0.86</b>	0.79	0.82	0.82	0.82	0.82
	5	0.84	<b>0.87</b>	0.84	0.84	0.84	0.84	0.84
	10	0.85	<b>0.86</b>	0.85	0.85	0.85	0.85	0.85
	20	0.84	<b>0.88</b>	0.85	0.84	0.84	0.84	0.84
	50	0.84	<b>0.87</b>	0.85	0.84	0.84	0.84	0.84
postoperative	-	0.67	<b>0.71</b>	0.7	0.69	0.7	0.67	0.67
	5	0.68	<b>0.72</b>	0.68	0.69	0.7	0.68	0.68
	10	0.7	<b>0.72</b>	0.7	0.69	0.7	0.7	0.7
	20	0.7	<b>0.71</b>	0.7	0.68	<b>0.71</b>	0.7	0.7
	50	0.66	<b>0.7</b>	0.69	0.67	0.64	0.66	0.66

Tablica 4.5: Dokładność klasyfikatora bagging drzewo decyzyjne dla parametrów:  $max\_features = 1$  oraz  $max\_samples = 1$ .

Zbiór danych	Liczba est.	-	3	5	7	10	15	20
breast_cancer	-	0.38	0.31	0.32	0.31	<b>0.4</b>	0.38	0.38
	5	<b>0.39</b>	0.33	0.36	0.34	0.38	<b>0.39</b>	<b>0.39</b>
	10	0.35	0.32	0.36	0.33	<b>0.38</b>	0.35	0.35
	20	0.38	0.31	0.36	0.36	<b>0.45</b>	0.38	0.38
	50	<b>0.4</b>	0.31	0.34	0.36	<b>0.4</b>	0.39	<b>0.4</b>
cmc	-	0.36	<b>0.39</b>	0.29	0.26	0.35	0.38	0.36
	5	<b>0.3</b>	0.13	0.2	0.23	0.29	0.29	<b>0.3</b>
	10	<b>0.27</b>	0.14	0.21	0.22	<b>0.27</b>	0.26	<b>0.27</b>
	20	<b>0.29</b>	0.25	0.23	0.26	0.28	<b>0.29</b>	<b>0.29</b>
	50	<b>0.32</b>	0.23	0.22	0.26	0.3	0.31	0.31
hepatitis	-	<b>0.59</b>	0.5	0.56	0.56	<b>0.59</b>	<b>0.59</b>	<b>0.59</b>
	5	<b>0.56</b>	0.53	0.53	<b>0.56</b>	<b>0.56</b>	<b>0.56</b>	<b>0.56</b>
	10	0.47	<b>0.53</b>	0.47	0.47	0.47	0.47	0.47
	20	0.5	0.5	<b>0.53</b>	0.5	0.5	0.5	0.5
	50	0.5	0.5	<b>0.53</b>	0.5	0.5	0.5	0.5
haberman	-	0.26	0.32	0.22	0.2	<b>0.33</b>	0.26	0.26
	5	0.31	0.32	<b>0.38</b>	0.32	0.31	0.31	0.31
	10	0.27	0.16	<b>0.36</b>	0.3	0.33	0.27	0.27
	20	0.28	0.25	<b>0.36</b>	0.3	0.33	0.3	0.28
	50	0.36	0.27	0.3	0.32	<b>0.37</b>	0.36	0.36
glass	-	<b>0.18</b>	0.12	0.12	0.12	<b>0.18</b>	<b>0.18</b>	<b>0.18</b>
	5	<b>0.24</b>	0.0	<b>0.24</b>	<b>0.24</b>	<b>0.24</b>	<b>0.24</b>	<b>0.24</b>
	10	0.12	0.0	<b>0.18</b>	0.12	0.12	0.12	0.12
	20	0.0	0.0	<b>0.06</b>	0.0	0.0	0.0	0.0
	50	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
abalone16_29	-	<b>0.31</b>	0.09	0.11	0.23	0.28	<b>0.31</b>	<b>0.31</b>
	5	<b>0.21</b>	0.07	0.12	0.14	0.2	<b>0.21</b>	<b>0.21</b>
	10	0.17	0.06	0.13	0.14	<b>0.2</b>	0.18	0.17
	20	0.18	0.09	0.12	0.13	<b>0.2</b>	<b>0.2</b>	0.19
	50	0.17	0.08	0.1	0.15	<b>0.18</b>	<b>0.18</b>	<b>0.18</b>
heart_cleveland	-	<b>0.17</b>	0.03	<b>0.17</b>	<b>0.17</b>	<b>0.17</b>	<b>0.17</b>	<b>0.17</b>
	5	<b>0.2</b>	0.06	0.06	0.17	0.17	<b>0.2</b>	<b>0.2</b>
	10	<b>0.11</b>	0.03	0.09	<b>0.11</b>	<b>0.11</b>	<b>0.11</b>	<b>0.11</b>
	20	<b>0.09</b>	0.03	0.06	<b>0.09</b>	<b>0.09</b>	<b>0.09</b>	<b>0.09</b>
	50	<b>0.06</b>	0.03	<b>0.06</b>	<b>0.06</b>	<b>0.06</b>	<b>0.06</b>	<b>0.06</b>
postoperative	-	0.17	0.08	0.12	<b>0.21</b>	0.17	0.17	0.17
	5	0.12	0.12	0.12	<b>0.17</b>	<b>0.17</b>	0.12	0.12
	10	<b>0.12</b>	<b>0.12</b>	0.08	0.08	<b>0.12</b>	<b>0.12</b>	<b>0.12</b>
	20	0.21	0.12	0.17	0.17	<b>0.25</b>	0.21	0.21
	50	<b>0.12</b>	0.04	<b>0.12</b>	<b>0.12</b>	<b>0.12</b>	<b>0.12</b>	<b>0.12</b>

Tablica 4.6: Specyficzność klasy mniejszościowej, dla klasyfikatora bagging z drzewem decyzyjnym, z ustawionymi parametrami:  $max\_features = 1$  oraz  $max\_samples = 1$ .

W kolejnym teście klasyfikatora bagging z drzewem decyzyjnym (plik *gridsearch/bagging\_tree.py*) obliczono najlepsze średnie ustawienia liczby atrybutów oraz liczby przykładów. Wyszukiwanie zachłanne wykonano dla parametrów  $max\_features = [0.4, 0.6, 0.7, 0.8, 0.9, 1.0]$  oraz  $max\_samples = [0.4, 0.6, 0.7, 0.8, 0.9, 1.0]$ . Test przeprowadzono dla maksymalnej głębokości drzewa równej  $[None, 3, 5, 7, 10, 20]$ , gdzie *none* to bez ograniczenia głębokości oraz dla liczby klasyfikatorów równej  $[5, 10, 15, 20, 50, 100]$ . Dla każdej klasyfikatora wyłanianio najlepsze ustawienia, a następnie obliczono wartości średnie. Średnia liczba atrybutów wyniosła 0.85, średnia liczba przykładów



0.74, natomiast mediana wyniosła odpowiednio 0.9 oraz 0.8. Ponad połowa klasyfikatorów, najlepszą klasyfikację osiągnęła z wszystkimi atrybutami, a 20% klasyfikatorów z wszystkimi przykładami. Kolejne obliczenia wykonano z parametrami  $max\_features = 0.9$  oraz  $max\_samples = 0.8$ . W tabeli 4.7 przedstawiono dokładność dla 6 zbiorów danych z największą liczbą przykładów bezpiecznych. Dokładność klasyfikacji poprawiła się głównie dla drzew z ograniczoną wysokością oraz z większą ilością klasyfikatorów. Podobnie jak poprzednio nastąpił wzrost specyficzności klasy mniejszościowej, miary F-1 klasy mniejszościowej (tabela 4.8) oraz miary G-mean. Natomiast wykrywalność klasy większościowej wzrosła minimalnie. W tabeli 4.9 przedstawiono dokładność dla pozostałych danych. Otrzymane wyniki różniły się w granicy błędu od wyników uzyskanych z domyślnymi parametrami. W stosunku do normalnego drzewa decyzyjnego, nastąpił kilku procentowy wzrost dokładności. Meta-klasyfikator bagging najlepsze wyniki osiągał z drzewem decyzyjnym z maksymalną głębokością równą trzy. Zwiększając ilość klasyfikatorów, rosła stopniowo dokładność. Uzyskano podobne wartości specyficzności klasy mniejszościowej (tabela 4.10) oraz pozostałych współczynników jak z domyślnymi ustawieniami baggingu.

Zbiór danych	Liczba est.	-	3	5	7	10	15	20
seeds	-	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>
	5	0.89	<b>0.9</b>	0.89	0.89	0.89	0.89	0.89
	10	<b>0.9</b>	<b>0.9</b>	<b>0.9</b>	<b>0.9</b>	<b>0.9</b>	<b>0.9</b>	<b>0.9</b>
	20	<b>0.9</b>	<b>0.9</b>	<b>0.9</b>	<b>0.9</b>	<b>0.9</b>	<b>0.9</b>	<b>0.9</b>
	50	<b>0.91</b>	0.9	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>
new_thyroid	-	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>
	5	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>
	10	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>
	20	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>
	50	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>
vehicle	-	0.93	0.9	0.93	0.94	<b>0.94</b>	0.93	0.93
	5	<b>0.95</b>	0.92	0.93	0.94	<b>0.95</b>	<b>0.95</b>	<b>0.95</b>
	10	<b>0.96</b>	0.93	<b>0.96</b>	<b>0.96</b>	<b>0.96</b>	<b>0.96</b>	<b>0.96</b>
	20	<b>0.96</b>	0.93	<b>0.96</b>	<b>0.96</b>	<b>0.96</b>	<b>0.96</b>	<b>0.96</b>
	50	<b>0.97</b>	0.94	0.95	0.96	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>
ionosphere	-	0.86	0.86	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>	0.86	0.86	0.86
	5	<b>0.9</b>	0.89	0.89	0.89	<b>0.9</b>	<b>0.9</b>	<b>0.9</b>
	10	<b>0.91</b>	0.9	0.9	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>
	20	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>
	50	0.91	0.91	0.91	<b>0.92</b>	0.91	0.91	0.91
vertebal	-	0.71	0.71	0.72	<b>0.73</b>	0.71	0.71	0.71
	5	0.71	<b>0.72</b>	0.71	0.71	0.71	0.71	0.71
	10	0.71	0.71	0.71	<b>0.72</b>	0.71	0.71	0.71
	20	0.71	0.71	<b>0.72</b>	<b>0.72</b>	<b>0.72</b>	0.71	0.71
	50	<b>0.73</b>	0.72	<b>0.73</b>	<b>0.73</b>	<b>0.73</b>	<b>0.73</b>	<b>0.73</b>
yeastME3	-	0.93	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	0.93	0.93	0.93
	5	0.94	<b>0.95</b>	<b>0.95</b>	0.94	0.94	0.94	0.94
	10	0.94	<b>0.95</b>	<b>0.95</b>	0.94	0.94	0.94	0.94
	20	0.94	<b>0.95</b>	0.94	0.94	<b>0.95</b>	0.94	0.94
	50	<b>0.95</b>	<b>0.95</b>	0.94	0.94	<b>0.95</b>	<b>0.95</b>	<b>0.95</b>

Tablica 4.7: Dokładność klasyfikatora bagging, dla  $max\_features = 0.9$  oraz  $max\_samples = 0.8$

Zbiór danych	Liczba est.	-	3	5	7	10	15	20
seeds	-	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>
	5	0.83	<b>0.85</b>	0.83	0.83	0.83	0.83	0.83
	10	<b>0.85</b>	<b>0.85</b>	<b>0.85</b>	<b>0.85</b>	<b>0.85</b>	<b>0.85</b>	<b>0.85</b>
	20	<b>0.85</b>	0.84	<b>0.85</b>	<b>0.85</b>	<b>0.85</b>	<b>0.85</b>	<b>0.85</b>
	50	<b>0.87</b>	0.86	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>
new_thyroid	-	<b>0.88</b>	<b>0.88</b>	<b>0.88</b>	<b>0.88</b>	<b>0.88</b>	<b>0.88</b>	<b>0.88</b>
	5	<b>0.9</b>	<b>0.9</b>	<b>0.9</b>	<b>0.9</b>	<b>0.9</b>	<b>0.9</b>	<b>0.9</b>
	10	<b>0.88</b>	<b>0.88</b>	<b>0.88</b>	<b>0.88</b>	<b>0.88</b>	<b>0.88</b>	<b>0.88</b>
	20	<b>0.88</b>	<b>0.88</b>	<b>0.88</b>	<b>0.88</b>	<b>0.88</b>	<b>0.88</b>	<b>0.88</b>
	50	<b>0.9</b>	0.88	<b>0.9</b>	<b>0.9</b>	<b>0.9</b>	<b>0.9</b>	<b>0.9</b>
vehicle	-	0.86	0.81	0.84	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>	0.86	0.86
	5	<b>0.88</b>	0.82	0.85	0.87	<b>0.88</b>	<b>0.88</b>	<b>0.88</b>
	10	<b>0.91</b>	0.85	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>
	20	<b>0.92</b>	0.85	0.91	0.91	<b>0.92</b>	<b>0.92</b>	<b>0.92</b>
	50	<b>0.93</b>	0.87	0.89	0.92	<b>0.93</b>	<b>0.93</b>	<b>0.93</b>
ionosphere	-	0.81	0.79	<b>0.82</b>	<b>0.82</b>	0.81	0.81	0.81
	5	<b>0.86</b>	0.84	0.83	0.84	<b>0.86</b>	<b>0.86</b>	<b>0.86</b>
	10	0.86	0.85	0.85	<b>0.87</b>	0.86	0.86	0.86
	20	0.87	0.87	<b>0.88</b>	0.87	0.87	0.87	0.87
	50	0.87	0.87	<b>0.88</b>	<b>0.88</b>	0.87	0.87	0.87
vertebal	-	0.63	0.62	0.64	<b>0.66</b>	0.63	0.63	0.63
	5	0.62	<b>0.63</b>	0.62	0.62	0.62	0.62	0.62
	10	0.61	0.61	<b>0.62</b>	<b>0.62</b>	0.61	0.61	0.61
	20	0.62	0.62	<b>0.63</b>	<b>0.63</b>	<b>0.63</b>	0.62	0.62
	50	<b>0.65</b>	0.63	0.64	<b>0.65</b>	<b>0.65</b>	<b>0.65</b>	<b>0.65</b>
yeastME3	-	0.68	<b>0.74</b>	0.72	0.72	0.69	0.68	0.68
	5	0.75	<b>0.78</b>	0.76	0.74	0.74	0.75	0.75
	10	0.72	<b>0.76</b>	0.74	0.73	0.72	0.73	0.72
	20	0.73	<b>0.76</b>	0.73	0.74	0.74	<b>0.73</b>	0.73
	50	0.74	0.74	0.74	0.73	0.74	<b>0.75</b>	0.74

Tablica 4.8: Miara F-1 klasy mniejszościowej. Klasyfikator bagging drzewo decyzyjne z parametrami  $max\_features = 0.9$  oraz  $max\_samples = 0.8$ .

Zbiór danych	Liczba est.	-	3	5	7	10	15	20
breast_cancer	-	0.63	<b>0.73</b>	<b>0.73</b>	0.71	0.66	0.63	0.63
	5	0.65	<b>0.74</b>	0.7	0.69	0.67	0.66	0.65
	10	0.71	<b>0.74</b>	0.72	0.71	0.71	0.71	0.71
	20	0.67	<b>0.71</b>	<b>0.71</b>	0.69	0.68	0.68	0.67
	50	0.69	<b>0.73</b>	0.7	0.71	0.69	0.69	0.69
cmc	-	0.68	<b>0.78</b>	0.76	0.71	0.71	0.68	0.68
	5	0.72	<b>0.78</b>	0.77	0.75	0.74	0.72	0.72
	10	0.74	<b>0.78</b>	<b>0.78</b>	0.76	0.74	0.74	0.74
	20	0.75	<b>0.78</b>	0.77	0.77	0.75	0.74	0.75
	50	0.74	0.77	<b>0.78</b>	0.77	0.76	0.75	0.75
hepatitis	-	0.7	0.66	<b>0.72</b>	0.7	0.7	0.7	0.7
	5	0.64	<b>0.74</b>	0.65	0.64	0.64	0.64	0.64
	10	0.71	<b>0.72</b>	<b>0.72</b>	0.7	0.71	0.71	0.71
	20	0.72	0.72	<b>0.73</b>	0.72	0.72	0.72	0.72
	50	<b>0.7</b>	0.68	0.69	<b>0.7</b>	<b>0.7</b>	<b>0.7</b>	<b>0.7</b>
haberman	-	0.66	<b>0.75</b>	<b>0.75</b>	0.72	0.67	0.64	0.66
	5	0.68	<b>0.75</b>	0.73	0.71	0.68	0.68	0.68
	10	0.7	<b>0.75</b>	<b>0.75</b>	0.73	0.71	0.7	0.7
	20	0.68	<b>0.75</b>	<b>0.75</b>	0.69	0.67	0.68	0.68
	50	0.67	<b>0.75</b>	0.74	0.71	0.67	0.67	0.67
glass	-	0.75	<b>0.82</b>	0.76	0.74	0.75	0.75	0.75
	5	0.86	<b>0.9</b>	0.86	0.86	0.86	0.86	0.86
	10	0.87	<b>0.9</b>	0.86	0.87	0.87	0.87	0.87
	20	0.85	<b>0.88</b>	0.8	0.85	0.85	0.85	0.85
	50	0.86	<b>0.89</b>	0.84	0.86	0.86	0.86	0.86
abalone16_29	-	0.91	<b>0.94</b>	0.93	0.93	0.91	0.91	0.91
	5	0.93	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	0.93	0.93	0.93
	10	0.93	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	0.93
	20	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>
	50	0.93	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	0.93	0.93	0.93
heart_cleveland	-	0.8	<b>0.86</b>	0.8	0.8	0.8	0.8	0.8
	5	<b>0.85</b>	0.83	0.84	0.84	<b>0.85</b>	<b>0.85</b>	<b>0.85</b>
	10	<b>0.86</b>	0.85	0.84	<b>0.86</b>	<b>0.86</b>	<b>0.86</b>	<b>0.86</b>
	20	0.86	<b>0.87</b>	0.85	0.86	0.86	0.86	0.86
	50	0.84	<b>0.87</b>	0.85	0.84	0.84	0.84	0.84
postoperative	-	0.66	<b>0.73</b>	0.7	0.68	0.63	0.66	0.66
	5	0.64	<b>0.68</b>	0.62	0.64	0.64	0.64	0.64
	10	<b>0.67</b>	<b>0.67</b>	0.63	0.66	<b>0.67</b>	<b>0.67</b>	<b>0.67</b>
	20	0.64	<b>0.68</b>	0.66	0.64	0.64	0.64	0.64
	50	0.63	<b>0.68</b>	0.66	0.66	0.64	0.63	0.63

Tablica 4.9: Dokładność klasyfikatora bagging drzewo decyzyjne, dla  $max\_features = 0.9$  oraz  $max\_samples = 0.8$

Zbiór danych	Liczba est.	-	3	5	7	10	15	20
breast_cancer	-	<b>0.39</b>	0.31	0.34	0.32	<b>0.39</b>	<b>0.39</b>	<b>0.39</b>
	5	<b>0.38</b>	0.34	0.29	0.33	<b>0.38</b>	<b>0.38</b>	<b>0.38</b>
	10	<b>0.39</b>	<b>0.39</b>	0.32	0.35	<b>0.39</b>	<b>0.39</b>	<b>0.39</b>
	20	0.36	0.34	0.34	0.36	<b>0.38</b>	<b>0.38</b>	0.36
	50	<b>0.41</b>	0.32	0.32	0.35	0.4	<b>0.41</b>	<b>0.41</b>
cmc	-	0.36	<b>0.39</b>	0.29	0.26	0.33	<b>0.39</b>	0.36
	5	0.31	0.23	0.2	0.24	<b>0.32</b>	0.31	<b>0.32</b>
	10	0.28	0.15	0.2	0.22	<b>0.29</b>	<b>0.29</b>	0.28
	20	<b>0.3</b>	0.15	0.21	0.26	0.29	<b>0.3</b>	<b>0.3</b>
	50	<b>0.31</b>	0.19	0.23	0.24	0.28	0.3	0.3
hepatitis	-	<b>0.56</b>	0.5	0.53	0.53	<b>0.56</b>	<b>0.56</b>	<b>0.56</b>
	5	0.5	0.47	<b>0.53</b>	0.5	0.5	0.5	0.5
	10	0.47	0.5	<b>0.53</b>	0.47	0.47	0.47	0.47
	20	<b>0.59</b>	0.53	<b>0.59</b>	<b>0.59</b>	<b>0.59</b>	<b>0.59</b>	<b>0.59</b>
	50	<b>0.53</b>	0.5	0.5	<b>0.53</b>	<b>0.53</b>	<b>0.53</b>	<b>0.53</b>
haberman	-	0.28	<b>0.32</b>	0.22	0.2	0.28	0.31	0.28
	5	0.26	0.23	<b>0.32</b>	0.23	0.23	0.26	0.26
	10	0.25	0.23	0.25	<b>0.26</b>	0.2	0.25	0.25
	20	<b>0.3</b>	0.23	0.23	0.26	0.27	<b>0.3</b>	<b>0.3</b>
	50	<b>0.31</b>	0.27	0.3	0.26	0.28	<b>0.31</b>	<b>0.31</b>
glass	-	<b>0.24</b>	0.12	0.12	0.12	<b>0.24</b>	<b>0.24</b>	<b>0.24</b>
	5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
	10	<b>0.06</b>	0.0	<b>0.06</b>	<b>0.06</b>	<b>0.06</b>	<b>0.06</b>	<b>0.06</b>
	20	<b>0.06</b>	<b>0.06</b>	<b>0.06</b>	<b>0.06</b>	<b>0.06</b>	<b>0.06</b>	<b>0.06</b>
	50	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
abalone16_29	-	<b>0.33</b>	0.09	0.11	0.24	0.29	<b>0.33</b>	<b>0.33</b>
	5	<b>0.24</b>	0.08	0.09	0.18	0.21	<b>0.24</b>	<b>0.24</b>
	10	0.18	0.07	0.1	0.15	<b>0.23</b>	0.18	0.18
	20	<b>0.18</b>	0.07	0.09	0.11	<b>0.18</b>	<b>0.18</b>	<b>0.18</b>
	50	0.17	0.08	0.08	0.13	0.16	<b>0.18</b>	0.17
heart_cleveland	-	<b>0.17</b>	0.03	<b>0.17</b>	<b>0.17</b>	<b>0.17</b>	<b>0.17</b>	<b>0.17</b>
	5	<b>0.17</b>	0.11	0.09	0.11	<b>0.17</b>	<b>0.17</b>	<b>0.17</b>
	10	0.06	0.0	<b>0.11</b>	0.06	0.06	0.06	0.06
	20	0.06	0.0	<b>0.11</b>	0.09	0.06	0.06	0.06
	50	<b>0.09</b>	0.03	<b>0.09</b>	<b>0.09</b>	<b>0.09</b>	<b>0.09</b>	<b>0.09</b>
postoperative	-	<b>0.25</b>	0.08	0.08	0.17	<b>0.25</b>	<b>0.25</b>	<b>0.25</b>
	5	<b>0.12</b>	0.04	0.04	0.08	<b>0.12</b>	<b>0.12</b>	<b>0.12</b>
	10	<b>0.12</b>	0.0	0.08	0.08	<b>0.12</b>	<b>0.12</b>	<b>0.12</b>
	20	<b>0.08</b>	0.04	0.04	<b>0.08</b>	<b>0.08</b>	<b>0.08</b>	<b>0.08</b>
	50	<b>0.08</b>	0.04	0.04	<b>0.08</b>	<b>0.08</b>	<b>0.08</b>	<b>0.08</b>

Tablica 4.10: Specyficzność klasy mniejszościowej dla klasyfikatora bagging z drzewem decyzyjnym z ustawieniami  $max\_features = 0.9$  oraz  $max\_samples = 0.8$ .

### 4.1.3 Bagging z klasyfikatorem kNN

Ostatnim klasyfikatorem przetestowanym w metodzie bagging był klasyfikator k najbliższych sąsiadów. W podstawowym ustawieniu, klasyfikator kNN analizuje pięciu sąsiadów. W niniejszym teście postanowiono przetestować meta-klasyfikator bagging z klasyfikatorem kNN dla 1, 2, 3, 5 oraz 7 sąsiadów. Tak samo jak poprzednio, klasyfikatory bagging były budowane z 5, 10, 20 oraz 50 klasyfikatorów. Test ten przeprowadzono z pliku *bagging\_knn.py*. W pierwszym etapie budowano modele bagging z wszystkimi atrybutami oraz

z maksymalną liczebnością zbiorów. Wyniki dokładności klasyfikacji zostały przedstawione w tabeli 4.11. Metoda bagging nie poprawiła jakości klasyfikacji. Dla pojedynczego klasyfikatora kNN czy też grupy klasyfikatorów bagging wyniki są podobne i mieszczą się w granicy błędu. Specyficzność klasy mniejszościowej (tabela 4.12) również nie zwiększyła się, pozostała na takim samym poziomie niezależnie od liczby klasyfikatorów składowych. Zmieniając liczbę analizowanych sąsiadów można wpływać na czułość i specyficzność klas. Dla większej liczby sąsiadów np. 5 i 7, rosła skuteczność klasyfikacji oraz czułość klasy większościowej, jednocześnie spadała specyficzność klasy mniejszościowej. Klasyfikator kNN z  $k$  większym od 10, nie wykrywał już przykładów klasy zdominowanej. Dla mniejszej liczby sąsiadów (2 i 3) specyficzność była większa. Największą skuteczność w klasyfikacji przykładów z klasy mniejszościowej osiągnięto przy analizowaniu tylko 1 sąsiada. Niestety, spadła wtedy czułość, a precyzja klasy mniejszościowej była niska (duża liczba błędnie zakwalifikowanych przykładów do klasy mniejszościowej).

W celu określenia najlepszej liczby atrybutów oraz wielkości zbiorów, podobnie jak poprzednio wykonano wyszukiwanie zachłanne. Obliczenia przeprowadzono dla meta-klasyfikatora składającego się z 5, 10, 15, 20, 50 i 100 klasyfikatorów kNN z 1, 2, 3 i 5 sąsiadami. Najlepszą liczbę atrybutów szukano spośród  $[0.4, 0.6, 0.7, 0.8, 0.9, 1.0]$ , a liczbę przykładów z  $[0.4, 0.6, 0.7, 0.8, 0.9, 1.0]$ . Dla każdego meta-klasyfikatora i zbioru danych wyłaniano najlepsze ustawienia. Przeprowadzony test znajduje się w pliku *gridsearch/bagging\_knn.py*. Mediana liczby atrybutów wyniosła 1, a liczby przykładów 0.8. Natomiast średnia liczba atrybutów to 0.9, a średnia liczba przykładów to 0.78.

Badanie meta-klasyfikatora bagging z kNN powtórzono dla powyższych ustawień. Otrzymane wyniki były bardzo podobne jak podczas testu z ustawieniami domyślnymi, dokładność i jakość klasyfikacji nie zwiększyła się. Także w tym teście, zwiększenie liczby klasyfikatorów nie wpłynęło na poprawę wyników. Z powyższych powodów odstąpiono od prezentacji tych wyników.

Zbiór danych	Liczba est.	1	2	3	5	7
breast_cancer	-	0.63	<b>0.68</b>	0.63	0.65	0.65
	5	0.59	0.59	0.57	0.6	<b>0.63</b>
	10	0.63	0.62	0.6	<b>0.64</b>	<b>0.64</b>
	20	0.63	0.62	0.64	0.64	<b>0.65</b>
	50	0.64	0.63	0.63	0.64	<b>0.65</b>
cmc	-	0.71	<b>0.76</b>	0.73	0.74	0.74
	5	0.72	0.74	0.73	<b>0.75</b>	<b>0.75</b>
	10	0.72	0.74	0.74	0.75	<b>0.76</b>
	20	0.71	0.74	0.74	0.75	<b>0.76</b>
	50	0.72	0.73	0.74	0.75	<b>0.76</b>
hepatitis	-	0.65	<b>0.77</b>	0.7	0.7	0.74
	5	0.63	0.71	0.69	0.71	<b>0.74</b>
	10	0.67	0.69	0.71	0.72	<b>0.74</b>
	20	0.68	0.7	0.7	0.72	<b>0.74</b>
	50	0.65	0.7	0.71	0.74	<b>0.75</b>
haberman	-	0.71	<b>0.72</b>	0.68	0.69	0.71
	5	0.69	0.7	<b>0.72</b>	<b>0.72</b>	<b>0.72</b>
	10	0.71	<b>0.72</b>	0.7	0.7	<b>0.72</b>
	20	<b>0.71</b>	<b>0.71</b>	0.7	0.69	<b>0.71</b>
	50	0.71	0.69	0.69	0.69	<b>0.72</b>
glass	-	0.78	0.88	0.84	0.88	<b>0.89</b>
	5	0.79	0.85	0.87	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>
	10	0.79	0.82	0.86	<b>0.9</b>	<b>0.9</b>
	20	0.79	0.8	0.84	0.87	<b>0.89</b>
	50	0.78	0.84	0.85	0.87	<b>0.89</b>
abalone16_29	-	0.92	0.93	0.93	0.93	<b>0.94</b>
	5	0.92	<b>0.93</b>	<b>0.93</b>	<b>0.93</b>	<b>0.93</b>
	10	0.92	<b>0.93</b>	<b>0.93</b>	<b>0.93</b>	<b>0.93</b>
	20	0.92	0.93	0.93	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>
	50	0.92	0.93	0.93	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>
heart_cleveland	-	0.83	<b>0.88</b>	0.87	<b>0.88</b>	<b>0.88</b>
	5	0.83	0.86	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>
	10	0.85	0.86	<b>0.88</b>	0.87	<b>0.88</b>
	20	0.84	0.87	<b>0.88</b>	<b>0.88</b>	<b>0.88</b>
	50	0.83	0.86	0.87	<b>0.88</b>	<b>0.88</b>
postoperative	-	0.63	<b>0.71</b>	0.67	0.7	0.69
	5	0.64	0.7	0.67	0.69	<b>0.72</b>
	10	0.68	0.67	0.68	<b>0.71</b>	<b>0.71</b>
	20	0.64	0.67	0.68	0.7	<b>0.71</b>
	50	0.66	0.68	0.67	<b>0.71</b>	0.7

Tablica 4.11: Dokładność klasyfikatora bagging z kNN, dla  $max\_features = 1.0$  oraz  $max\_samples = 1.0$

Zbiór danych	Liczba est.	1	2	3	5	7
breast_cancer	-	<b>0.36</b>	0.08	0.28	0.2	0.18
	5	<b>0.33</b>	0.22	0.2	0.15	0.16
	10	<b>0.33</b>	0.27	0.25	0.19	0.16
	20	<b>0.33</b>	0.29	0.26	0.19	0.18
	50	<b>0.36</b>	0.25	0.22	0.14	0.14
cmc	-	<b>0.38</b>	0.17	0.29	0.28	0.24
	5	<b>0.35</b>	0.28	0.3	0.28	0.25
	10	<b>0.31</b>	0.29	0.29	0.27	0.24
	20	<b>0.32</b>	0.3	0.29	0.26	0.24
	50	<b>0.32</b>	0.29	0.28	0.27	0.25
hepatitis	-	<b>0.22</b>	0.03	0.16	0.06	0.0
	5	<b>0.19</b>	0.09	0.12	0.03	0.06
	10	<b>0.22</b>	0.12	0.09	0.09	0.03
	20	<b>0.22</b>	0.12	0.09	0.09	0.03
	50	<b>0.22</b>	0.12	0.09	0.06	0.0
haberman	-	<b>0.33</b>	0.1	0.32	0.25	0.22
	5	0.32	<b>0.35</b>	<b>0.35</b>	0.26	0.27
	10	<b>0.31</b>	0.26	<b>0.31</b>	0.23	0.27
	20	0.31	<b>0.32</b>	0.31	0.2	0.21
	50	<b>0.33</b>	0.3	0.3	0.22	0.23
glass	-	<b>0.29</b>	0.18	0.24	0.18	0.12
	5	<b>0.35</b>	0.24	0.29	0.18	0.0
	10	<b>0.29</b>	0.24	0.24	0.18	0.12
	20	<b>0.29</b>	0.18	0.24	0.18	0.12
	50	<b>0.29</b>	0.18	0.24	0.12	0.12
abalone16_29	-	<b>0.23</b>	0.08	0.18	0.13	0.1
	5	<b>0.23</b>	0.15	0.16	0.15	0.11
	10	<b>0.18</b>	0.14	0.15	0.1	0.09
	20	<b>0.2</b>	0.17	0.16	0.11	0.09
	50	<b>0.22</b>	0.18	0.16	0.11	0.09
heart_cleveland	-	<b>0.14</b>	0.0	0.0	0.0	0.0
	5	<b>0.11</b>	0.06	0.09	0.0	0.0
	10	<b>0.11</b>	0.09	0.06	0.0	0.0
	20	<b>0.14</b>	0.11	0.0	0.0	0.0
	50	<b>0.14</b>	0.03	0.0	0.0	0.0
postoperative	-	<b>0.21</b>	0.0	0.08	0.04	0.04
	5	<b>0.25</b>	0.12	0.04	0.04	0.0
	10	<b>0.12</b>	0.04	0.0	0.04	0.0
	20	<b>0.12</b>	0.0	0.0	0.04	0.0
	50	<b>0.17</b>	0.0	0.0	0.04	0.04

Tablica 4.12: Specyficzność klasy mniejszościowej dla klasyfikatora bagging z kNN i ustawieniami  $max\_features = 1.0$  oraz  $max\_samples = 1.0$ .



## 4.2 Boosting

Do przetestowania metody boosting wybrano algorytm AdaBoost autorstwa Yoava Freunda i Roberta Schapire w zmodyfikowanej wersji znanej jako AdaBoost-SAMME.R. Algorytm wielokrotnie trenuje słabe klasyfikatory na tym samym zbiorze danych, w kolejnych iteracjach zwiększając wagę przykładów źle sklasyfikowanych. Zatem wybrany klasyfikator bazowy musi umożliwiać nadawanie prawdopodobieństwa lub wag przykładom. Jako klasyfikator bazowy, wybrano drzewo decyzyjne oraz naiwny klasyfikator bayesowski. W klasyfikatorze kNN nie można nadawać wag przykładom, dlatego zrezygnowano z niego w badaniu. Budując klasyfikator AdaBoost należy wybrać liczbę iteracji (klasyfikatorów).

### 4.2.1 AdaBoost z naiwnym klasyfikatorem Bayesa

Test klasyfikatora AdaBoost wykonano w pliku *adaboost\_NB.py*. Badanie przeprowadzono dla 5, 10, 15, 30, 50, 100 i 200 klasyfikatorów hierarchicznych. Zbudowany klasyfikator był stabilny, otrzymywane wyniki były powtarzalne. Zaobserwowano wzrost dokładności klasyfikacji (tabela 4.13) w połowie zbiorów danych dla 5, 10 i 15 klasyfikatorów. Dokładności klasyfikacji zwiększyła się średnio o 5%, dla bazy glass dokładność wzrosła dwa razy a, dla yeastME3 trzy razy. Niestety w pozostałych zbiorach zwiększył się błąd klasyfikacji. Zwiększenie liczby klasyfikatorów (powyżej 15) nie przełożyło się na poprawę wyników, a w większości przypadków dokładność klasyfikacji zmalała. W 16 bazach odnotowany wyraźny spadek specyficzności (tabela 4.14) (rozpoznawalności) klasy mniejszościowej, a w pozostałych 6 zbiorach wystąpił kilkukrotny wzrost wykrywania klasy zdominowanej. Trzy z sześciu baz zawierały dużą liczbę obserwacji odstających. Potwierdzeniem wszystkich obserwacji są wyniki miary G-mean (tabela 4.15). Zazwyczaj wraz ze wzrostem wykrywalności jednej klasy, spada jakość klasyfikacji drugiej klasy. W AdaBoost z NKB zwiększyła się dokładność klasyfikacji klasy dominującej, kosztem klasy zdominowanej. Tylko w 6 zbiorach wystąpił wzrost miary G-mean, a aż w 16 przypadkach osiągnięto gorsze wyniki niż w podstawowej wersji algorytmu NKB.

Zbiór danych	NB	5	10	15	30	50	100	200
seeds	0.9	0.69	0.84	0.9	0.89	0.87	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>
new_thyroid	0.96	0.76	0.94	<b>0.97</b>	0.96	<b>0.97</b>	0.94	0.94
vehicle	0.66	0.6	0.71	0.64	0.81	0.86	<b>0.87</b>	0.83
ionosphere	<b>0.87</b>	0.78	0.72	0.69	0.79	0.79	0.83	0.79
vertebal	<b>0.78</b>	0.73	0.75	0.68	0.67	0.6	0.72	0.72
yeastME3	0.27	0.47	<b>0.87</b>	0.46	0.75	0.84	0.84	0.84
ecoli	0.78	0.72	0.89	0.69	0.81	<b>0.9</b>	0.89	0.85
bupa	0.54	0.53	0.53	0.58	<b>0.6</b>	0.56	0.55	0.58
horse_colic	<b>0.78</b>	0.65	0.54	0.55	0.58	0.66	0.69	0.67
german	<b>0.73</b>	<b>0.73</b>	0.57	<b>0.73</b>	0.57	0.57	0.57	0.57
breast_cancer	<b>0.72</b>	0.63	0.36	0.53	0.35	0.35	0.35	0.35
cmc	0.68	0.66	<b>0.73</b>	0.67	0.63	0.63	0.63	0.63
hepatitis	0.66	0.63	0.46	<b>0.7</b>	0.61	0.55	0.45	0.6
haberman	<b>0.73</b>	0.67	0.55	0.48	0.6	0.67	0.69	0.72
transfusion	<b>0.74</b>	0.56	0.73	0.49	0.41	0.73	0.56	0.58
car	0.89	<b>0.95</b>	0.9	0.9	0.91	0.91	0.91	0.91
glass	0.48	<b>0.91</b>	0.78	0.66	0.74	0.79	0.87	0.88
abalone16_29	<b>0.68</b>	0.62	0.55	0.62	0.55	0.55	0.55	0.55
solar_flare	<b>0.65</b>	<b>0.65</b>	0.32	<b>0.65</b>	0.32	0.32	0.32	0.32
heart_cleveland	0.81	0.76	0.82	<b>0.88</b>	0.74	0.8	0.8	0.8
balance_scale	<b>0.92</b>	<b>0.92</b>	<b>0.92</b>	<b>0.92</b>	<b>0.92</b>	<b>0.92</b>	<b>0.92</b>	<b>0.92</b>
postoperative	<b>0.67</b>	0.57	0.63	0.58	0.66	0.54	0.59	0.59

Tablica 4.13: Dokładność klasyfikatora AdaBoost z naiwnym klasyfikatorem Bayesa.

Zbiór danych	NB	5	10	15	30	50	100	200
seeds	<b>0.91</b>	0.66	0.64	0.8	0.76	0.81	0.89	0.9
new_thyroid	0.87	0.9	0.67	0.83	0.77	<b>0.93</b>	0.6	0.6
vehicle	<b>0.84</b>	0.78	0.56	0.72	0.56	0.46	0.64	0.78
ionosphere	<b>0.76</b>	0.7	0.6	0.7	0.64	0.64	0.74	0.49
vertebal	0.87	0.8	0.61	0.59	0.79	0.79	<b>0.9</b>	0.82
yeastME3	<b>0.99</b>	0.88	0.29	0.66	0.52	0.49	0.49	0.49
ecoli	<b>0.94</b>	0.6	0.31	0.51	0.46	0.37	0.49	0.49
bupa	<b>0.74</b>	0.43	0.6	0.31	0.21	0.27	0.34	0.4
horse_colic	<b>0.75</b>	0.43	0.62	0.51	0.36	0.2	0.3	0.33
german	<b>0.62</b>	<b>0.62</b>	0.32	<b>0.62</b>	0.32	0.32	0.32	0.32
breast_cancer	0.44	0.49	<b>0.73</b>	0.66	<b>0.73</b>	0.71	0.71	0.71
cmc	<b>0.61</b>	0.5	0.03	0.5	0.28	0.28	0.28	0.28
hepatitis	<b>0.78</b>	0.47	0.44	0.56	0.12	0.38	0.25	0.16
haberman	0.17	0.23	0.35	<b>0.62</b>	0.3	0.22	0.26	0.23
transfusion	0.2	0.48	0.3	0.5	<b>0.58</b>	0.31	0.54	0.52
car	<b>1.0</b>	0.52	<b>1.0</b>	0.42	0.69	0.69	0.69	0.69
glass	<b>0.82</b>	0.0	0.18	0.18	0.0	0.12	0.06	0.06
abalone16_29	0.58	<b>0.61</b>	0.31	<b>0.61</b>	0.31	0.31	0.31	0.31
solar_flare	<b>0.93</b>	0.91	0.26	0.91	0.26	0.26	0.26	0.26
heart_cleveland	<b>0.63</b>	0.29	0.17	0.03	0.2	0.14	0.14	0.14
balance_scale	<b>0.0</b>	<b>0.0</b>	<b>0.0</b>	<b>0.0</b>	<b>0.0</b>	<b>0.0</b>	<b>0.0</b>	<b>0.0</b>
postoperative	0.17	<b>0.46</b>	0.25	0.33	0.29	0.42	0.42	0.42

Tablica 4.14: Specyficzność klasyfikatora AdaBoost z NKB.

Zbiór danych	NB	5	10	15	30	50	100	200
seeds	<b>0.91</b>	0.68	0.78	0.88	0.85	0.86	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>
new_thyroid	0.92	0.82	0.81	0.91	0.87	<b>0.96</b>	0.77	0.77
vehicle	0.72	0.65	0.65	0.67	0.7	0.67	0.78	<b>0.81</b>
ionosphere	<b>0.84</b>	0.76	0.68	0.69	0.75	0.75	0.81	0.68
vertebal	<b>0.8</b>	0.74	0.7	0.65	0.69	0.63	0.75	0.74
yeastME3	0.42	0.61	0.52	0.53	0.64	<b>0.66</b>	<b>0.66</b>	<b>0.66</b>
ecoli	<b>0.85</b>	0.66	0.55	0.6	0.62	0.6	0.67	0.66
bupa	<b>0.55</b>	0.51	0.53	0.49	0.42	0.45	0.49	0.54
horse_colic	<b>0.77</b>	0.58	0.55	0.54	0.51	0.43	0.53	0.54
german	<b>0.69</b>	<b>0.69</b>	0.46	<b>0.69</b>	0.46	0.46	0.46	0.46
breast_cancer	<b>0.6</b>	0.58	0.39	0.56	0.37	0.37	0.37	0.37
cmc	<b>0.65</b>	0.59	0.18	0.6	0.45	0.45	0.45	0.45
hepatitis	<b>0.7</b>	0.56	0.45	0.65	0.3	0.47	0.35	0.33
haberman	0.4	0.44	0.46	<b>0.52</b>	0.46	0.43	0.47	0.46
transfusion	0.43	0.53	0.51	0.49	0.45	0.52	0.55	<b>0.56</b>
car	0.94	0.71	<b>0.95</b>	0.62	0.8	0.8	0.8	0.8
glass	<b>0.61</b>	0.0	0.38	0.35	0.0	0.32	0.24	0.24
abalone16_29	<b>0.63</b>	0.61	0.42	0.61	0.42	0.42	0.42	0.42
solar_flare	<b>0.77</b>	0.76	0.29	0.76	0.29	0.29	0.29	0.29
heart_cleveland	<b>0.72</b>	0.48	0.39	0.17	0.4	0.36	0.36	0.36
balance_scale	<b>0.0</b>	<b>0.0</b>	<b>0.0</b>	<b>0.0</b>	<b>0.0</b>	<b>0.0</b>	<b>0.0</b>	<b>0.0</b>
postoperative	0.38	<b>0.53</b>	0.44	0.47	0.48	0.5	0.52	0.52

Tablica 4.15: Miara G-mean dla AdaBoost z NKB

## 4.2.2 AdaBoost z drzewem decyzyjnym

Meta-klasyfikator AdaBoost z drzewem decyzyjnym przetestowano dla 5, 10, 20 i 50 klasyfikatorów. Użyto drzewo decyzyjne bez ograniczenia głębokości oraz drzewa ograniczona głębokością do 3, 5, 7, 10, 15, 20 poziomu. Przeprowadzony test znajduje się w pliku *adaboost\_tree.py*. Badanie przeprowadzono dla wszystkich danych. Klasyfikator AdaBoost nie poprawił wyników (utrzymały się na tym samym poziomie) zbiorów *seeds* i *vehicle* oraz poprawił tylko nieznacznie dokładność w zbiorach *vertebal*, *yeastME3*, *bupa*, *horse\_colic*, *solar\_flare*, *balance\_scale*. Wyniki pozostałych danych zostały zaprezentowane w tabelach. W kolumnach umieszczono wyniki dla AdaBoost z różną ilością klasyfikatorów (pauza oznacza pojedyncze drzewo decyzyjne), natomiast w wierszach znajduje się informacja o głębokości drzewa (pauza oznacza drzewo bez ograniczonej głębokości). W tabeli 4.16 znajdują się wyniki większości zbiorów danych. Meta-klasyfikator poprawił wyniki każdego zbioru przynajmniej minimalnie, a większości baz o kilka procent. Najlepsze wyniki osiągnął dla bazowych drzew decyzyjnych z głębokością 1 i 3 oraz dla większej ilości klasyfikatorów tj. 50 i 100. Rozpoznawalność klasy mniejszościowej (tabela specyficzności 4.17) również wzrosła o kilka procent, a klasyfikatory oparte o drzewa o głębokości 3 i 5 generowały zazwyczaj najlepsze wyniki.

Zbiór danych	Głębokość drzewa	-	5	10	20	50	100
vehicle	-	<b>0.95</b>	<b>0.95</b>	<b>0.95</b>	<b>0.95</b>	<b>0.95</b>	<b>0.95</b>
	1	0.76	0.89	0.93	0.96	0.97	<b>0.98</b>
	3	0.9	0.94	0.94	0.96	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>
	5	0.93	0.95	0.95	0.96	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>
ionosphere	-	<b>0.88</b>	0.86	0.86	0.86	0.86	0.86
	1	0.79	0.88	0.87	<b>0.91</b>	0.89	<b>0.91</b>
	3	0.86	0.85	0.87	0.89	0.9	<b>0.92</b>
	5	0.87	0.88	0.89	0.91	<b>0.93</b>	<b>0.93</b>
ecoli	-	<b>0.88</b>	<b>0.88</b>	<b>0.88</b>	<b>0.88</b>	<b>0.88</b>	<b>0.88</b>
	1	0.78	<b>0.89</b>	<b>0.89</b>	0.88	0.85	0.87
	3	0.86	0.89	0.89	0.89	<b>0.9</b>	0.89
	5	0.88	0.88	0.88	<b>0.89</b>	0.88	0.88
german	-	<b>0.69</b>	<b>0.69</b>	<b>0.69</b>	<b>0.69</b>	<b>0.69</b>	<b>0.69</b>
	1	0.7	0.73	0.74	0.74	<b>0.76</b>	0.75
	3	0.74	0.74	<b>0.75</b>	0.74	0.73	0.73
	5	<b>0.74</b>	0.71	0.71	0.71	0.71	<b>0.74</b>
breast_cancer	-	0.63	0.69	0.69	<b>0.71</b>	0.69	0.69
	1	0.7	0.71	0.71	<b>0.72</b>	0.71	0.71
	3	<b>0.73</b>	0.7	0.71	0.69	0.66	0.65
	5	<b>0.73</b>	0.68	0.69	0.71	<b>0.73</b>	0.71
cmc	-	0.69	0.72	0.72	0.72	<b>0.73</b>	<b>0.73</b>
	1	0.77	0.77	<b>0.78</b>	0.76	0.77	0.76
	3	<b>0.78</b>	0.77	0.75	0.74	0.73	0.72
	5	<b>0.76</b>	0.74	0.71	0.72	0.72	0.72
hepatitis	-	0.66	<b>0.71</b>	<b>0.71</b>	<b>0.71</b>	<b>0.71</b>	<b>0.71</b>
	1	0.63	0.75	<b>0.77</b>	0.74	0.75	<b>0.77</b>
	3	0.66	0.78	0.79	0.81	<b>0.83</b>	<b>0.83</b>
	5	0.68	0.74	0.74	<b>0.77</b>	<b>0.77</b>	0.75
haberman	-	0.62	<b>0.66</b>	0.63	0.63	0.63	0.64
	1	0.74	<b>0.75</b>	<b>0.75</b>	0.73	0.72	0.7
	3	<b>0.75</b>	0.72	0.7	0.67	0.64	0.64
	5	<b>0.75</b>	0.69	0.68	0.68	0.69	0.68
transfusion	-	0.68	0.68	<b>0.69</b>	0.68	<b>0.69</b>	<b>0.69</b>
	1	<b>0.76</b>	<b>0.76</b>	<b>0.76</b>	<b>0.76</b>	<b>0.76</b>	0.74
	3	0.68	<b>0.74</b>	0.71	0.69	0.69	0.69
	5	0.67	0.69	<b>0.7</b>	0.69	<b>0.7</b>	<b>0.7</b>
car	-	<b>0.67</b>	<b>0.67</b>	<b>0.67</b>	<b>0.67</b>	<b>0.67</b>	<b>0.67</b>
	1	0.75	0.82	0.88	<b>0.93</b>	0.83	0.83
	3	0.69	0.81	<b>0.95</b>	0.88	0.9	0.88
	5	0.67	<b>0.98</b>	0.86	0.94	0.86	0.86
glass	-	0.69	<b>0.75</b>	<b>0.75</b>	<b>0.75</b>	<b>0.75</b>	<b>0.75</b>
	1	<b>0.92</b>	0.79	0.87	0.86	0.83	0.82
	3	0.82	0.79	0.8	0.81	0.83	<b>0.85</b>
	5	0.75	<b>0.8</b>	0.79	0.79	<b>0.8</b>	<b>0.8</b>
abalone16_29	-	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>	<b>0.91</b>
	1	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>
	3	<b>0.94</b>	0.93	0.93	0.92	0.92	0.92
	5	<b>0.93</b>	0.92	0.92	0.92	<b>0.93</b>	<b>0.93</b>
heart_cleveland	-	<b>0.82</b>	0.8	0.8	0.8	0.8	0.8
	1	<b>0.88</b>	0.86	0.85	0.84	0.83	0.84
	3	<b>0.86</b>	0.78	0.82	0.83	0.85	0.84
	5	0.81	0.82	<b>0.85</b>	0.84	0.84	0.84
postoperative	-	0.61	0.62	0.62	0.61	<b>0.63</b>	0.61
	1	<b>0.72</b>	0.69	0.69	0.68	0.67	0.67
	3	<b>0.71</b>	0.58	0.6	0.58	0.61	0.64
	5	<b>0.67</b>	0.59	0.59	0.59	0.66	0.64

Tablica 4.16: Dokładność klasyfikatora AdaBoost z drzewem decyzyjnym.

Zbiór danych	Głębokość drzewa	-	5	10	20	50	100
vehicle	-	<b>0.9</b>	0.88	0.88	0.88	0.88	0.88
	1	0.0	0.66	0.82	0.91	0.94	<b>0.95</b>
	3	0.93	0.86	0.87	0.92	0.93	<b>0.95</b>
	5	0.85	0.87	0.89	0.92	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>
ionosphere	-	<b>0.84</b>	0.81	0.81	0.81	0.81	0.81
	1	0.49	<b>0.82</b>	0.76	0.8	0.79	0.81
	3	0.75	0.78	0.75	0.79	0.79	<b>0.81</b>
	5	0.79	0.79	0.82	0.82	<b>0.85</b>	<b>0.85</b>
ecoli	-	<b>0.69</b>	0.6	0.6	0.6	0.6	0.6
	1	<b>0.63</b>	0.6	0.51	0.4	0.43	0.43
	3	0.49	0.54	0.6	0.51	<b>0.63</b>	0.6
	5	<b>0.63</b>	0.54	0.54	0.54	0.51	0.49
german	-	<b>0.48</b>	0.46	0.46	0.46	0.46	0.46
	1	0.0	0.42	0.42	0.45	<b>0.51</b>	0.5
	3	0.42	0.51	<b>0.54</b>	0.52	0.52	0.51
	5	0.4	0.46	<b>0.47</b>	<b>0.47</b>	0.45	0.45
breast_cancer	-	<b>0.4</b>	0.38	0.33	0.33	0.31	0.29
	1	<b>0.44</b>	0.41	0.35	0.38	0.39	0.38
	3	0.31	0.38	0.4	<b>0.44</b>	0.41	0.36
	5	0.33	0.36	0.35	<b>0.41</b>	0.4	0.35
cmc	-	<b>0.37</b>	0.33	0.33	0.32	0.31	0.31
	1	0.0	0.08	0.19	0.21	0.21	<b>0.22</b>
	3	<b>0.39</b>	0.32	0.3	0.3	0.36	0.35
	5	0.29	0.34	0.31	0.34	<b>0.35</b>	0.33
hepatitis	-	<b>0.56</b>	<b>0.56</b>	<b>0.56</b>	<b>0.56</b>	<b>0.56</b>	<b>0.56</b>
	1	0.53	0.41	<b>0.56</b>	0.47	0.53	<b>0.56</b>
	3	0.5	0.5	0.56	0.56	0.62	<b>0.66</b>
	5	0.56	0.56	0.56	<b>0.62</b>	0.56	0.56
haberman	-	0.31	0.25	0.42	0.42	0.42	<b>0.46</b>
	1	0.0	0.23	<b>0.25</b>	0.2	0.22	<b>0.25</b>
	3	0.32	0.32	0.22	0.37	0.42	<b>0.44</b>
	5	0.22	0.33	0.36	<b>0.37</b>	0.28	0.31
transfusion	-	0.29	0.27	<b>0.32</b>	0.3	0.28	0.28
	1	0.0	0.39	<b>0.4</b>	<b>0.4</b>	<b>0.4</b>	0.36
	3	0.45	<b>0.46</b>	0.36	0.29	0.3	0.28
	5	<b>0.36</b>	0.32	0.3	0.31	0.32	0.3
car	-	<b>0.46</b>	<b>0.46</b>	<b>0.46</b>	<b>0.46</b>	<b>0.46</b>	<b>0.46</b>
	1	0.32	0.46	0.49	<b>0.54</b>	0.51	0.49
	3	0.32	0.52	<b>0.68</b>	0.58	0.65	0.6
	5	0.46	<b>0.6</b>	0.57	0.55	0.58	<b>0.6</b>
glass	-	<b>0.24</b>	0.18	0.18	0.18	0.18	0.18
	1	0.0	<b>0.24</b>	<b>0.24</b>	0.12	0.06	0.18
	3	0.12	0.06	0.06	<b>0.24</b>	0.18	0.18
	5	0.12	0.12	0.18	<b>0.24</b>	<b>0.24</b>	0.18
abalone16_29	-	<b>0.33</b>	0.31	0.31	0.31	0.31	0.31
	1	0.0	0.03	0.11	0.16	0.18	<b>0.2</b>
	3	0.09	0.21	<b>0.26</b>	0.24	0.24	0.22
	5	0.11	<b>0.25</b>	0.22	0.23	0.2	0.15
heart_cleveland	-	<b>0.2</b>	0.17	0.17	0.17	0.17	0.17
	1	0.0	0.17	0.17	<b>0.2</b>	0.17	<b>0.2</b>
	3	0.03	<b>0.09</b>	0.03	0.0	0.06	0.0
	5	<b>0.2</b>	0.06	0.09	0.03	0.03	0.03
postoperative	-	<b>0.17</b>	0.12	<b>0.17</b>	0.12	0.12	0.12
	1	0.0	<b>0.12</b>	0.08	0.08	<b>0.12</b>	<b>0.12</b>
	3	0.08	0.17	0.17	<b>0.21</b>	<b>0.21</b>	0.17
	5	0.08	<b>0.25</b>	0.12	0.17	0.17	0.17

Tablica 4.17: Specyficzność klasyfikatora AdaBoost z drzewem decyzyjnym.

### 4.2.3 Stacking

Do zbudowania meta-klasyfikatora stacking wykorzystano klasyfikator kNN, drzewo decyzyjne oraz naiwny klasyfikator bayesa. Wszystkie klasyfikatory bazowe były tworzone z ustawieniami domyślnymi, czyli klasyfikator kNN analizował 5 sąsiadów, a drzewo decyzyjne było bez ograniczenia głębokości. Końcowym meta-klasyfikatorem była wielowarstwowa sieć neuronowa. W badaniach jako końcowy meta-klasyfikator wykorzystywano regresję logistyczną, pojedynczą sieć neuronową oraz wielowarstwowa sieć neuronową. Najlepsze wyniki uzyskano z wielowarstwową siecią neuronową i to z nią zaprezentowano wynik działania meta-klasyfikatora. Każdy klasyfikator bazowy trenowany był osobno, a następnie na otrzymanych wynikach trenowana była sieć neuronowa. Klasyfikację danych rozpoczynają klasyfikatory bazowe, a o końcowej klasie decyduje meta-klasyfikator. W drugiej wersji meta-klasyfikatora, modele bazowe zamiast propozycji klas, generują prawdopodobieństwo klas, a następnie dane te wykorzystywane są jako wejście dla głównego klasyfikatora. Skrypt testowy znajduje się w pliku *stacking<sub>emp</sub>.py*. W tabeli 4.18 przedstawiono dokładność klasyfikatora stacking. ŚTKóżnacza wersję z klasami jako atrybuty wejścia dla meta-klasyfikatora, natomiast ŚTK PROBA"to wersja z prawdopodobieństwem klas. Dla porównaniaMeta-klasyfikator stacking tylko w 4 przypadkach osiągnął równe wartości jak klasyfikatory bazowy. W pozostałych bazach, osiągał zazwyczaj lepszą dokładność niż najgorszy klasyfikator, ale niższą niż najlepszy. W 7 bazach zwiększył rozpoznawalność klasy mniejszościowej (tabela 4.19), a w pozostałych osiągnął wartości lepsze niż najgorszy klasyfikator. Potwierdzeniem powyższego są wyniki miary G-mean (tabela 4.20). Dla porównania, w ostatniej tabeli zamieszczono wyniki głosowania większościowego (te same trzy klasyfikatory bazowe). Lepszą dokładność osiągnięto głosując, natomiast klasyfikator stacking lepiej rozpoznawał klasę mniejszościową.

dobrym pomysłem może być ze robić stabilne wyniki, można go użyć do różnych baz jako uniwersalny, albo zastoso-

	KNN	TREE	NB	STK	STK PROBA	VOTING
seeds	<b>0.92</b>	0.9	0.9	0.9	0.9	<b>0.92</b>
new_thyroid	0.96	<b>0.97</b>	0.96	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>
vehicle	0.92	<b>0.94</b>	0.66	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>
ionosphere	0.82	0.89	0.87	0.89	0.89	<b>0.92</b>
vertebal	0.74	0.72	<b>0.78</b>	0.72	0.72	0.74
yeastME3	<b>0.95</b>	0.93	0.27	0.93	0.93	0.94
ecoli	0.89	0.88	0.78	0.88	<b>0.9</b>	<b>0.9</b>
bupa	<b>0.68</b>	0.64	0.54	0.64	0.64	0.67
horse_colic	0.71	<b>0.81</b>	0.78	<b>0.81</b>	<b>0.81</b>	0.8
german	0.69	0.68	<b>0.73</b>	0.68	0.68	<b>0.73</b>
breast_cancer	0.65	0.63	<b>0.72</b>	0.63	0.62	0.69
cmc	<b>0.74</b>	0.68	0.68	0.68	0.68	0.73
hepatitis	0.7	0.66	0.66	0.66	0.66	<b>0.71</b>
haberman	0.69	0.68	<b>0.73</b>	0.68	0.68	0.68
transfusion	0.68	0.69	<b>0.74</b>	0.69	0.69	<b>0.74</b>
car	<b>0.92</b>	0.67	0.89	0.89	0.9	0.89
glass	<b>0.88</b>	0.68	0.48	0.68	0.68	0.82
abalone16_29	<b>0.93</b>	0.91	0.68	0.91	0.91	0.92
solar_flare	<b>0.95</b>	0.94	0.65	0.94	0.92	0.94
heart_cleveland	<b>0.88</b>	0.81	0.81	0.81	0.81	0.86
balance_scale	<b>0.92</b>	0.85	<b>0.92</b>	0.85	0.85	<b>0.92</b>
postoperative	0.7	0.64	0.67	0.64	0.62	<b>0.71</b>

Tablica 4.18: Dokładność klasyfikatora stacking.

	KNN	TREE	NB	STK	STK PROBA	VOTING
seeds	<b>0.91</b>	0.84	<b>0.91</b>	0.84	0.84	0.9
new_thyroid	0.73	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>	0.8
vehicle	0.84	0.9	0.84	0.9	0.9	<b>0.95</b>
ionosphere	0.55	<b>0.87</b>	0.76	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>	0.79
vertebal	0.79	0.77	<b>0.87</b>	0.77	0.77	0.81
yeastME3	0.68	0.72	<b>0.99</b>	0.72	0.72	0.8
ecoli	0.54	0.63	<b>0.94</b>	0.63	0.63	0.77
bupa	0.48	0.57	<b>0.74</b>	0.57	0.57	0.61
horse_colic	0.54	<b>0.77</b>	0.75	<b>0.77</b>	<b>0.77</b>	0.74
german	0.32	0.49	<b>0.62</b>	0.49	0.49	0.46
breast_cancer	0.2	0.4	<b>0.44</b>	0.4	0.4	0.31
cmc	0.28	0.36	<b>0.61</b>	0.36	0.38	0.36
hepatitis	0.06	0.62	<b>0.78</b>	0.62	0.62	0.56
haberman	0.25	<b>0.3</b>	0.17	<b>0.3</b>	<b>0.3</b>	0.17
transfusion	<b>0.31</b>	0.3	0.2	0.3	<b>0.31</b>	0.26
car	0.43	0.46	<b>1.0</b>	0.46	0.46	0.48
glass	0.18	0.24	<b>0.82</b>	0.24	0.24	0.24
abalone16_29	0.13	0.33	<b>0.58</b>	0.33	0.33	0.27
solar_flare	0.05	0.09	<b>0.93</b>	0.14	0.12	0.14
heart_cleveland	0.0	0.23	<b>0.63</b>	0.23	0.23	0.17
balance_scale	0.0	<b>0.02</b>	0.0	<b>0.02</b>	<b>0.02</b>	0.0
postoperative	0.04	0.17	0.17	0.17	<b>0.21</b>	0.12

Tablica 4.19: Specyficzność klasy mniejszościowej klasyfikatora stacking.

	KNN	TREE	NB	STK	STK PROBA	VOTING
seeds	<b>0.92</b>	0.88	0.91	0.88	0.88	0.91
new_thyroid	0.86	<b>0.92</b>	<b>0.92</b>	<b>0.92</b>	<b>0.92</b>	0.89
vehicle	0.89	0.93	0.72	0.93	0.93	<b>0.94</b>
ionosphere	0.73	<b>0.88</b>	0.84	<b>0.88</b>	<b>0.88</b>	<b>0.88</b>
vertebal	0.75	0.73	<b>0.8</b>	0.73	0.73	0.76
yeastME3	0.82	0.83	0.42	0.83	0.83	<b>0.87</b>
ecoli	0.71	0.76	<b>0.85</b>	0.76	0.76	0.84
bupa	0.63	0.63	0.55	0.63	0.63	<b>0.66</b>
horse_colic	0.67	<b>0.8</b>	0.77	<b>0.8</b>	<b>0.8</b>	0.79
german	0.52	0.61	<b>0.69</b>	0.61	0.61	0.63
breast_cancer	0.41	0.54	<b>0.6</b>	0.54	0.54	0.51
cmc	0.49	0.53	<b>0.65</b>	0.53	0.54	0.55
hepatitis	0.23	0.65	<b>0.7</b>	0.65	0.65	0.65
haberman	0.46	<b>0.49</b>	0.4	<b>0.49</b>	<b>0.49</b>	0.39
transfusion	<b>0.5</b>	0.49	0.43	0.49	<b>0.5</b>	0.48
car	0.63	0.56	<b>0.94</b>	0.65	0.65	0.66
glass	0.41	0.41	<b>0.61</b>	0.41	0.41	0.45
abalone16_29	0.35	0.56	<b>0.63</b>	0.56	0.56	0.51
solar_flare	0.21	0.3	<b>0.77</b>	0.37	0.33	0.37
heart_cleveland	0.0	0.45	<b>0.72</b>	0.45	0.45	0.4
balance_scale	0.0	<b>0.14</b>	0.0	<b>0.14</b>	<b>0.14</b>	0.0
postoperative	0.2	0.37	0.38	0.37	<b>0.4</b>	0.34

Tablica 4.20: G-mean klasyfikatora stacking.

#### 4.2.4 Porównanie meta-metod

W ostatnim etapie testów meta-metod wykonano zbiorcze porównanie meta-klasyfikatorów. Do porównania wybrano bagging z naiwnym klasyfikatorem Bayesa (bag NB), bagging z drzewem decyzyjnym (Bag Tree), bagging z klasyfikatorem kNN (Bag kNN), AdaBoost z naiwnym klasyfikatorem Bayesa (AB NB), AdaBoost z drzewem decyzyjnym (AB TREE), las losowy (RF) oraz stacking z naiwnym klasyfikatorem Bayesa, drzewem decyzyjnym i klasyfikatorem kNN. Pierwszy test wykonano dla 50 klasyfikatorów (iteracji) oraz użyto klasyfikatorów z ustawieniami domyślnymi. Otrzymane wyniki dokładności (tabela 4.21). Zdecydowanie najczęściej najlepszą dokładność osiągał las losowy. Klasyfikator bagging kNN osiągnął wysoką dokładność w zbiorach zawierających dużo przykładów rzadkich i odstających. Wysoka skuteczność obu klasyfikatorów odbiła się na niskiej wykrywalności klasy mniejszościowej (tabela specyficzności 4.22) przez las losowy i prawie zerowej w przypadku klasyfikatora bagging kNN. Najlepszą wykrywalność klasy mniejszościowej oraz obu klas (miara G-mean tabela 4.23) osiągnął klasyfikator bagging z naiwnym klasyfikatorem bayesa. Większość otrzymanych wyników różniła się tylko o kilka procent. Zdarzało się, jednak że jeden klasyfikator osiągał zdecydowanie gorsze wyniki dla niektórych baz, np. bagging NB miał słabą skuteczność klasyfikacji dla baz: *vehicle*, *yeastME3*, *glass*, a AdaBoost NB



dla baz *breast\_cancer* i *solar\_flare*.

Zbiór danych	Bag NB	Bag TREE	Bag kNN	AB NB	AB Tree	RF	Stacking
seeds	0.9	0.9	<b>0.92</b>	0.87	0.91	0.9	0.9
new_thyroid	0.96	<b>0.97</b>	0.96	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>
vehicle	0.67	0.96	0.93	0.86	0.94	<b>0.97</b>	0.94
ionosphere	0.87	0.9	0.81	0.79	0.86	<b>0.93</b>	0.89
vertebal	<b>0.77</b>	0.72	0.73	0.6	0.73	0.72	0.72
yeastME3	0.24	0.94	<b>0.95</b>	0.84	0.92	<b>0.95</b>	0.93
ecoli	0.8	0.88	0.89	0.9	0.88	<b>0.92</b>	0.88
bupa	0.57	0.7	0.68	0.56	0.64	<b>0.72</b>	0.65
horse_colic	0.77	0.85	0.73	0.66	0.8	<b>0.86</b>	0.81
german	0.71	0.76	0.69	0.57	0.68	<b>0.77</b>	0.68
breast_cancer	0.72	0.67	0.65	0.35	<b>0.73</b>	0.71	0.65
cmc	0.68	0.74	0.75	0.63	0.73	<b>0.76</b>	0.69
hepatitis	0.68	0.72	0.71	0.55	0.66	<b>0.83</b>	0.65
haberman	<b>0.74</b>	0.66	0.69	0.67	0.63	0.7	0.67
transfusion	<b>0.74</b>	0.69	0.72	0.73	0.69	0.7	0.68
car	0.9	0.68	<b>0.94</b>	0.91	0.67	0.92	0.89
glass	0.53	0.88	0.87	0.79	0.75	<b>0.89</b>	0.71
abalone16_29	0.68	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	0.55	0.91	<b>0.94</b>	0.91
solar_flare	0.63	0.93	<b>0.95</b>	0.32	0.94	0.94	0.93
heart_cleveland	0.81	0.84	<b>0.88</b>	0.8	0.79	0.87	0.81
balance_scale	<b>0.92</b>	0.87	<b>0.92</b>	<b>0.92</b>	0.85	0.89	0.85
postoperative	0.66	0.66	<b>0.71</b>	0.54	0.6	0.68	0.64

Tablica 4.21: Dokładność meta-klasyfikatorów.

Zbiór danych	Bag NB	Bag TREE	Bag kNN	AB NB	AB Tree	RF	Stacking
seeds	<b>0.91</b>	0.84	<b>0.91</b>	0.81	0.87	0.84	0.84
new_thyroid	0.87	0.87	0.73	<b>0.93</b>	0.87	0.87	0.87
vehicle	0.84	0.92	0.86	0.46	0.88	<b>0.94</b>	0.88
ionosphere	0.76	0.83	0.5	0.64	0.82	0.84	<b>0.87</b>
vertebal	<b>0.86</b>	0.77	0.78	0.79	0.77	0.75	0.78
yeastME3	<b>0.99</b>	0.72	0.68	0.49	0.71	0.7	0.71
ecoli	<b>0.94</b>	0.54	0.57	0.37	0.6	0.54	0.63
bupa	<b>0.72</b>	0.48	0.48	0.27	0.57	0.52	0.59
horse_colic	0.74	0.76	0.57	0.2	0.76	0.76	<b>0.78</b>
german	<b>0.68</b>	0.47	0.29	0.32	0.48	0.4	0.44
breast_cancer	0.44	0.4	0.15	<b>0.71</b>	0.39	0.33	0.42
cmc	<b>0.61</b>	0.29	0.26	0.28	0.31	0.29	0.38
hepatitis	<b>0.75</b>	0.53	0.0	0.38	0.56	0.59	0.56
haberman	0.21	0.31	0.25	0.22	<b>0.43</b>	0.27	0.28
transfusion	0.21	<b>0.31</b>	0.27	<b>0.31</b>	0.28	<b>0.31</b>	0.3
car	<b>1.0</b>	0.46	0.45	0.69	0.46	0.46	0.46
glass	<b>0.76</b>	0.0	0.12	0.12	0.18	0.06	0.18
abalone16_29	<b>0.57</b>	0.17	0.1	0.31	0.31	0.1	0.31
solar_flare	<b>0.93</b>	0.14	0.05	0.26	0.07	0.16	0.16
heart_cleveland	<b>0.57</b>	0.09	0.0	0.14	0.14	0.03	0.11
balance_scale	0.0	0.0	0.0	0.0	<b>0.04</b>	0.0	0.02
postoperative	0.17	0.12	0.0	<b>0.42</b>	0.17	0.04	0.17

Tablica 4.22: Specyficzność klasy mniejszościowej dla meta-klasyfikatorów.

Zbiór danych	Bag NB	Bag TREE	Bag kNN	AB NB	AB Tree	RF	Stacking
seeds	0.91	0.88	<b>0.92</b>	0.86	0.9	0.88	0.88
new_thyroid	0.92	0.92	0.86	<b>0.96</b>	0.92	0.93	0.92
vehicle	0.72	0.95	0.9	0.67	0.92	<b>0.96</b>	0.92
ionosphere	0.84	0.88	0.7	0.75	0.85	<b>0.9</b>	0.88
vertebal	<b>0.79</b>	0.73	0.74	0.63	0.74	0.72	0.73
yeastME3	0.38	<b>0.83</b>	0.82	0.66	0.82	<b>0.83</b>	0.82
ecoli	<b>0.86</b>	0.71	0.73	0.6	0.74	0.72	0.76
bupa	0.58	0.64	0.63	0.45	0.63	<b>0.67</b>	0.64
horse_colic	0.76	0.83	0.68	0.43	0.79	<b>0.84</b>	0.8
german	<b>0.7</b>	0.64	0.5	0.46	0.61	0.61	0.59
breast_cancer	<b>0.6</b>	0.56	0.36	0.37	0.58	0.54	0.56
cmc	<b>0.65</b>	0.5	0.48	0.45	0.52	0.51	0.54
hepatitis	0.71	0.64	0.0	0.47	0.62	<b>0.73</b>	0.62
haberman	0.44	0.49	0.46	<b>0.43</b>	<b>0.55</b>	0.48	0.48
transfusion	0.43	0.5	0.48	<b>0.52</b>	0.48	0.51	0.49
car	<b>0.94</b>	0.56	0.65	0.8	0.56	0.66	0.65
glass	<b>0.62</b>	0.0	0.33	0.32	0.38	0.24	0.37
abalone16_29	<b>0.63</b>	0.41	0.31	0.42	0.54	0.31	0.55
solar_flare	<b>0.76</b>	0.37	0.21	0.29	0.26	0.4	0.4
heart_cleveland	<b>0.69</b>	0.28	0.0	0.36	0.35	0.17	0.32
balance_scale	0.0	0.0	0.0	0.0	<b>0.19</b>	0.0	0.14
postoperative	0.37	0.33	0.0	<b>0.5</b>	0.36	0.19	0.37

Tablica 4.23: G-mean meta-klasyfikatorów.

Drugi test porównujący wykonano dla 100 klasyfikatorów bazowych oraz ograniczono głębokość drzewa do 3 poziomu. Ponownie najlepszym klasyfikatorem pod względem dokładności (tabela 4.24) okazał się las losowy, a klasyfikator bagging NB najlepiej wykrywał klasę mniejszościową (tabela 4.25). Zwiększenie ilości klasyfikatorów tylko w niektórych przypadkach pozwoliło na zwiększenie skuteczności klasyfikacji, większość klasyfikatorów osiągnęła podobno poziom skuteczności. Zwiększając liczbę klasyfikatorów w meta-klasyfikatorze bagging NB, uzyskano dużo lepszą wykrywalność klasy mniejszościowej w bazie *vehicle*. Jednak zwiększona liczba klasyfikatorów wpłynęła negatywnie na specyficzność klasy mniejszościowej dla bazy *new\_thyroid*. Zmieniając ustawienia klasyfikatora można poprawić jakość klasyfikacji dla niektórych zbiorów danych, a pogorszyć dla innych. Aby uzyskać możliwe najlepszą klasyfikację, należy dla każdego zbioru osobno dobierać klasyfikator i ustawienia. Najbardziej stabilne wyniki (dokładność klasyfikacji oraz specyficzność klasy mniejszościowej) niezależnie od zbioru danych, zazwyczaj minimalnie gorsze od najlepszego klasyfikatora otrzymano z meta-klasyfikatora stacking. Jest to najbardziej uniwersalny klasyfikator.

Zbiór danych	Bag NB	Bag TREE	Bag kNN	AB NB	AB Tree	RF	Stacking
seeds	0.9	0.91	<b>0.94</b>	0.91	0.91	0.91	0.91
new_thyroid	0.96	<b>0.97</b>	0.96	0.94	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>
vehicle	0.66	<b>0.97</b>	0.92	0.87	0.94	<b>0.97</b>	0.95
ionosphere	0.87	0.9	0.82	0.83	0.86	<b>0.92</b>	0.88
vertebal	<b>0.78</b>	0.72	0.73	0.72	0.72	0.72	0.72
yeastME3	0.24	0.94	<b>0.95</b>	0.84	0.93	<b>0.95</b>	0.93
ecoli	0.79	0.9	0.89	0.89	0.88	<b>0.91</b>	0.88
bupa	0.55	0.71	0.68	0.55	0.62	<b>0.72</b>	0.65
horse_colic	0.78	<b>0.86</b>	0.71	0.69	0.8	0.85	0.78
german	0.72	0.75	0.7	0.57	0.69	<b>0.77</b>	0.7
breast_cancer	0.72	0.69	0.66	0.35	0.7	<b>0.73</b>	0.64
cmc	0.68	0.74	0.75	0.63	0.73	<b>0.76</b>	0.69
hepatitis	0.67	0.72	0.7	0.45	0.68	<b>0.81</b>	0.7
haberman	<b>0.74</b>	0.69	0.69	0.69	0.64	0.72	0.65
transfusion	<b>0.74</b>	0.68	0.73	0.56	0.68	0.7	0.69
car	0.9	0.68	<b>0.94</b>	0.91	0.67	0.87	0.89
glass	0.51	<b>0.9</b>	0.87	0.87	0.68	0.88	0.68
abalone16_29	0.68	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	0.55	0.91	<b>0.94</b>	0.91
solar_flare	0.61	0.94	<b>0.95</b>	0.32	0.93	0.94	0.94
heart_cleveland	0.8	0.84	<b>0.88</b>	0.8	0.8	0.85	0.82
balance_scale	<b>0.92</b>	0.87	<b>0.92</b>	<b>0.92</b>	0.85	0.89	0.85
postoperative	0.63	0.67	<b>0.68</b>	0.59	0.58	0.66	0.66

Tablica 4.24: Dokładność meta-klasyfikatorów dla testu nr 2.

Zbiór danych	Bag NB	Bag TREE	Bag kNN	AB NB	AB Tree	RF	Stacking
seeds	0.91	0.87	<b>0.96</b>	0.89	0.87	0.89	0.86
new_thyroid	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>	0.73	0.6	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>
vehicle	0.84	0.92	0.84	0.64	0.89	<b>0.94</b>	0.88
ionosphere	0.76	0.83	0.52	0.74	0.81	<b>0.86</b>	0.85
vertebal	0.87	0.76	0.76	<b>0.9</b>	0.78	0.75	0.76
yeastME3	<b>0.99</b>	0.71	0.68	0.49	0.72	0.69	0.69
ecoli	<b>0.94</b>	0.63	0.54	0.49	0.66	0.51	0.6
bupa	<b>0.74</b>	0.52	0.47	0.34	0.53	0.5	0.57
horse_colic	0.75	<b>0.76</b>	0.55	0.3	<b>0.76</b>	0.74	0.74
german	<b>0.68</b>	0.46	0.3	0.32	0.47	0.4	0.48
breast_cancer	0.44	0.39	0.19	<b>0.71</b>	0.34	0.39	0.38
cmc	<b>0.6</b>	0.29	0.27	0.28	0.32	0.27	0.39
hepatitis	<b>0.72</b>	0.5	0.03	0.25	0.59	0.53	0.59
haberman	0.19	0.31	0.23	0.26	<b>0.53</b>	0.3	0.28
transfusion	0.21	0.31	0.28	<b>0.54</b>	0.28	0.32	0.31
car	<b>1.0</b>	0.46	0.43	0.69	0.46	0.45	0.46
glass	<b>0.82</b>	0.0	0.12	0.06	0.18	0.06	0.18
abalone16_29	<b>0.58</b>	0.18	0.11	0.31	0.32	0.11	0.3
solar_flare	<b>0.93</b>	0.14	0.05	0.26	0.05	0.09	0.14
heart_cleveland	<b>0.57</b>	0.06	0.0	0.14	0.17	0.03	0.2
balance_scale	0.0	0.0	0.0	0.0	0.02	0.0	<b>0.04</b>
postoperative	0.17	0.12	0.0	<b>0.42</b>	0.17	0.08	0.17

Tablica 4.25: Specyficzność klasy mniejszościowej dla meta-klasyfikatorów w teście nr 2.

Zbiór danych	Bag NB	Bag TREE	Bag kNN	AB NB	AB Tree	RF	Stacking
seeds	0.91	0.9	<b>0.94</b>	0.91	0.9	0.91	0.9
new_thyroid	0.92	0.92	0.86	0.77	0.92	<b>0.93</b>	0.92
vehicle	0.72	0.95	0.9	0.78	0.92	<b>0.96</b>	0.92
ionosphere	0.84	0.88	0.72	0.81	0.85	<b>0.91</b>	0.87
vertebal	<b>0.8</b>	0.73	0.74	0.75	0.74	0.73	0.73
yeastME3	0.38	<b>0.83</b>	0.82	0.66	<b>0.83</b>	0.82	0.81
ecoli	<b>0.86</b>	0.76	0.71	0.67	0.77	0.7	0.74
bupa	0.55	<b>0.66</b>	0.62	0.49	0.61	<b>0.66</b>	0.63
horse_colic	0.77	<b>0.83</b>	0.67	0.53	0.79	0.82	0.77
german	<b>0.71</b>	0.63	0.51	0.46	0.61	0.61	0.61
breast_cancer	<b>0.6</b>	0.56	0.4	0.37	0.54	0.58	0.53
cmc	<b>0.65</b>	0.5	0.49	0.45	0.52	0.5	0.55
hepatitis	<b>0.69</b>	0.62	0.17	0.35	0.65	<b>0.69</b>	0.66
haberman	0.42	0.51	0.45	0.47	<b>0.6</b>	0.51	0.47
transfusion	0.43	0.5	0.5	<b>0.55</b>	0.48	0.52	0.5
car	<b>0.94</b>	0.56	0.64	0.8	0.56	0.63	0.65
glass	<b>0.63</b>	0.0	0.33	0.24	0.36	0.24	0.36
abalone16_29	<b>0.63</b>	0.42	0.33	0.42	0.55	0.33	0.53
solar_flare	<b>0.74</b>	0.37	0.21	0.29	0.21	0.3	0.37
heart_cleveland	<b>0.69</b>	0.23	0.0	0.36	0.39	0.17	0.42
balance_scale	0.0	0.0	0.0	0.0	0.14	0.0	<b>0.19</b>
postoperative	0.37	0.33	0.0	<b>0.52</b>	0.35	0.27	0.37

Tablica 4.26: G-mean meta-klasyfikatorów z badania nr 2.

#### 4.2.5 Poprawa klasyfikacji danych mniejszościowych

W ostatniej części badań meta-metod, przeprowadzono testy w kierunku poprawy wykrywalności klasy mniejszościowej. W tych badaniach, skupiono się wyłącznie na wpływie bilansowania zbiorów danych na klasyfikację z wykorzystaniem meta-metod. Do badań wybrano klasyfikatory:

- bagging z drzewem decyzyjnym z maksymalną głębokością 3 (Bag TREE),
- AdaBoost z drzewem decyzyjnym z maksymalną głębokością 3 (AB Tree),
- stacking CV z drzewem decyzyjnym, kNN i naiwnym klasyfikatorem Bayesa oraz siecią neuronową MLP jako meta-klasyfikator (Stacking).

Baginng i AdaBoost zostały przetestowane z 50 klasyfikatorami. Ze względu na to, że jest to badanie w celu poprawy wykrywania klasy mniejszościowej, w wynikach zostały zaprezentowane tylko miara specyficzności oraz G-mean. Testy przeprowadzono zgodnie z opisem z rozdziału 3.5. każdą klasyfikację powtórzono dziesięciokrotnie, a wyniki uśredniono. W sąsiednich kolumnach znajduje się meta-klasyfikator bez przetwarzania danych oraz z, wyniki zostały porównane, większe wartości zostały pogrubione.

## Oversampling metoda SMOTE

W pierwszym teście, wygenerowano sztucznie dane klasy mniejszościowej metodą SMOTE. Przeprowadzone badanie znajduje się w pliku *imbalancedtests/smote.py*. W przypadku metody bagging i stacking tylko w 3 zbiorach lepszy okazał się klasyfikator bez metody SMOTE (tabela specyficzności 4.31). Użycie metody SMOTE pozwoliło zwiększyć wykrywalność klasy mniejszościowej o kilka procent, aż do ponad 100%. Każdemu wzrostowi specyficzności tych klasyfikatorów, towarzyszył wzrost miary G-mean (tabela 4.32). Nieco gorzej z klasyfikacją poradził sobie model AdaBoost, w 14 na 22 zbiorach zanotowano wzrost. Najlepszym klasyfikatorem okazał się bagging z drzewem decyzyjnym i metodą SMOTE. Uzyskał on najlepszy wynik miary G-mean w 13 zbiorach. Prawie dla każdej bazy (20 z 22) zanotowano kilku procentowy spadek czułości klasy większościowej, tabeli z tymi wynikami nie zamieszczano w pracy.

Zbiór danych	Bag TREE	Bag TREE SMOTE	AB TREE	AB TREE SMOTE	Stacking	Stacking SMOTE
seeds	<b>0.86</b>	0.84	0.84	<b>0.86</b>	0.91	0.91
new_thyroid	<b>0.87</b>	0.81	<b>0.87</b>	0.86	<b>0.87</b>	0.84
vehicle	<b>0.92</b>	0.91	0.93	0.93	0.81	<b>0.85</b>
ionosphere	0.78	<b>0.82</b>	0.79	<b>0.83</b>	0.84	<b>0.87</b>
vertebal	0.75	<b>0.86</b>	0.72	<b>0.8</b>	0.75	<b>0.83</b>
yeastME3	0.77	<b>0.9</b>	0.63	<b>0.77</b>	0.77	<b>0.81</b>
ecoli	0.49	<b>0.81</b>	0.6	<b>0.67</b>	0.37	<b>0.83</b>
bupa	0.48	<b>0.58</b>	<b>0.56</b>	0.5	0.44	<b>0.57</b>
horse_colic	0.71	<b>0.76</b>	<b>0.76</b>	0.72	0.69	<b>0.71</b>
german	0.33	<b>0.61</b>	<b>0.52</b>	0.45	<b>0.41</b>	0.3
breast_cancer	0.29	<b>0.41</b>	<b>0.42</b>	0.35	0.33	<b>0.51</b>
cmc	0.25	<b>0.47</b>	<b>0.36</b>	0.34	<b>0.37</b>	0.29
hepatitis	0.47	<b>0.69</b>	0.59	<b>0.65</b>	0.44	<b>0.62</b>
haberman	0.28	<b>0.31</b>	<b>0.42</b>	0.39	0.14	<b>0.25</b>
transfusion	0.39	<b>0.62</b>	0.3	<b>0.33</b>	0.21	<b>0.45</b>
car	0.32	<b>0.67</b>	<b>0.65</b>	0.61	0.43	<b>0.59</b>
glass	0.0	<b>0.54</b>	0.24	<b>0.34</b>	0.0	<b>0.46</b>
abalone16_29	0.08	<b>0.77</b>	0.24	<b>0.3</b>	0.07	<b>0.59</b>
solar_flare	0.09	<b>0.72</b>	0.14	<b>0.21</b>	0.07	<b>0.53</b>
heart_cleveland	0.03	<b>0.41</b>	0.0	<b>0.08</b>	0.0	<b>0.24</b>
balance_scale	0.0	0.0	0.06	<b>0.09</b>	0.0	<b>0.18</b>
postoperative	0.04	<b>0.08</b>	0.17	<b>0.24</b>	0.0	<b>0.29</b>

Tablica 4.27: Specyficzność klasy mniejszościowej.

Zbiór danych	Bag TREE	Bag TREE SMOTE	AB TREE	AB TREE SMOTE	Stacking	Stacking SMOTE
seeds	<b>0.89</b>	0.88	0.88	<b>0.89</b>	0.92	0.92
new_thyroid	<b>0.92</b>	0.89	0.92	0.92	<b>0.92</b>	0.91
vehicle	<b>0.92</b>	0.9	<b>0.96</b>	0.95	0.88	<b>0.89</b>
ionosphere	0.86	<b>0.88</b>	0.87	<b>0.89</b>	0.89	<b>0.9</b>
vertebal	0.73	<b>0.78</b>	0.71	<b>0.75</b>	0.73	<b>0.76</b>
yeastME3	0.87	<b>0.92</b>	0.78	<b>0.86</b>	0.86	<b>0.88</b>
ecoli	0.67	<b>0.85</b>	0.75	<b>0.79</b>	0.59	<b>0.84</b>
bupa	0.66	<b>0.68</b>	<b>0.66</b>	0.61	0.59	<b>0.64</b>
horse_colic	0.81	<b>0.83</b>	<b>0.81</b>	0.79	0.81	<b>0.82</b>
german	0.56	<b>0.67</b>	<b>0.65</b>	0.61	<b>0.61</b>	0.51
breast_cancer	0.52	<b>0.59</b>	<b>0.57</b>	0.53	0.53	<b>0.61</b>
cmc	0.48	<b>0.59</b>	<b>0.55</b>	0.53	<b>0.58</b>	0.5
hepatitis	0.6	<b>0.68</b>	0.72	<b>0.73</b>	0.6	<b>0.66</b>
haberman	<b>0.51</b>	0.5	<b>0.55</b>	0.51	0.36	<b>0.46</b>
transfusion	0.59	<b>0.62</b>	<b>0.49</b>	0.47	0.44	<b>0.58</b>
car	0.48	<b>0.78</b>	<b>0.77</b>	0.73	0.63	<b>0.76</b>
glass	0.0	<b>0.57</b>	0.46	<b>0.52</b>	0.0	<b>0.6</b>
abalone16_29	0.28	<b>0.76</b>	0.48	<b>0.54</b>	0.27	<b>0.71</b>
solar_flare	0.3	<b>0.8</b>	0.37	<b>0.45</b>	0.26	<b>0.69</b>
heart_cleveland	0.17	<b>0.58</b>	0.0	<b>0.27</b>	0.0	<b>0.46</b>
balance_scale	0.0	0.0	0.24	<b>0.28</b>	0.0	<b>0.39</b>
postoperative	0.2	<b>0.26</b>	0.36	<b>0.41</b>	0.0	<b>0.44</b>

Tablica 4.28: Miara G-mean.

## Oversampling metodą ADASYN

Zbiór danych	Bag TREE	Bag TREE ADASYN	AB TREE	AB TREE ADASYN	Stacking	Stacking ADASYN
seeds	0.87	<b>0.93</b>	0.84	<b>0.91</b>	0.86	<b>0.96</b>
new_thyroid	<b>0.87</b>	0.86	<b>0.87</b>	0.83	<b>0.87</b>	0.84
vehicle	<b>0.94</b>	0.92	0.94	<b>0.96</b>	0.82	<b>0.85</b>
ionosphere	0.77	<b>0.83</b>	0.79	<b>0.82</b>	0.79	<b>0.85</b>
vertebal	0.73	<b>0.91</b>	0.77	<b>0.79</b>	0.77	<b>0.89</b>
yeastME3	0.77	<b>0.96</b>	0.63	<b>0.82</b>	0.71	<b>0.86</b>
ecoli	0.49	<b>0.94</b>	0.6	<b>0.76</b>	0.37	<b>0.86</b>
bupa	0.43	<b>0.62</b>	0.55	<b>0.58</b>	0.39	<b>0.54</b>
horse_colic	0.74	<b>0.75</b>	0.74	<b>0.79</b>	0.68	<b>0.74</b>
german	<b>0.33</b>	0.15	<b>0.51</b>	0.47	<b>0.37</b>	0.2
breast_cancer	0.33	<b>0.41</b>	0.41	<b>0.46</b>	0.25	<b>0.54</b>
cmc	0.25	<b>0.53</b>	0.36	<b>0.38</b>	0.14	<b>0.4</b>
hepatitis	0.53	<b>0.58</b>	0.59	<b>0.64</b>	0.34	<b>0.64</b>
haberman	0.27	<b>0.49</b>	0.42	<b>0.49</b>	0.01	<b>0.59</b>
transfusion	0.36	<b>0.59</b>	0.3	<b>0.4</b>	0.18	<b>0.59</b>
car	0.32	<b>0.78</b>	0.6	0.6	0.43	<b>0.58</b>
glass	0.0	<b>0.44</b>	0.18	<b>0.28</b>	0.12	<b>0.39</b>
abalone16_29	0.08	<b>0.81</b>	0.23	<b>0.35</b>	0.06	<b>0.49</b>
solar_flare	0.09	<b>0.84</b>	0.09	<b>0.23</b>	0.0	<b>0.59</b>
heart_cleveland	0.03	<b>0.45</b>	0.0	<b>0.11</b>	0.0	<b>0.4</b>
balance_scale	0.0	<b>0.18</b>	0.06	<b>0.33</b>	0.0	<b>0.41</b>
postoperative	0.04	<b>0.06</b>	0.17	<b>0.21</b>	0.12	<b>0.32</b>

Tablica 4.29: Specyficzność klasy mniejszościowej.

Zbiór danych	Bag TREE	Bag TREE ADASYN	AB TREE	AB TREE ADASYN	Stacking	Stacking ADASYN
seeds	<b>0.9</b>	0.88	0.89	<b>0.9</b>	<b>0.89</b>	0.88
new_thyroid	0.92	0.92	<b>0.92</b>	0.91	<b>0.92</b>	0.9
vehicle	<b>0.93</b>	0.91	0.96	<b>0.97</b>	0.88	<b>0.89</b>
ionosphere	0.86	<b>0.87</b>	0.87	<b>0.89</b>	0.86	<b>0.88</b>
vertebal	0.71	<b>0.79</b>	<b>0.73</b>	0.71	0.74	<b>0.77</b>
yeastME3	0.86	<b>0.93</b>	0.78	<b>0.88</b>	0.83	<b>0.88</b>
ecoli	0.68	<b>0.87</b>	0.75	<b>0.81</b>	0.59	<b>0.86</b>
bupa	0.62	<b>0.67</b>	0.64	<b>0.66</b>	0.59	0.59
horse_colic	0.83	0.83	0.81	<b>0.82</b>	0.8	<b>0.82</b>
german	<b>0.55</b>	0.37	<b>0.64</b>	0.62	<b>0.59</b>	0.41
breast_cancer	0.54	<b>0.58</b>	0.56	<b>0.59</b>	0.48	<b>0.63</b>
cmc	0.48	<b>0.64</b>	0.55	<b>0.56</b>	0.37	<b>0.59</b>
hepatitis	0.62	<b>0.63</b>	0.72	<b>0.73</b>	0.51	<b>0.69</b>
haberman	0.5	<b>0.62</b>	0.55	<b>0.59</b>	0.11	<b>0.61</b>
transfusion	0.56	<b>0.6</b>	0.49	<b>0.52</b>	0.42	<b>0.59</b>
car	0.48	<b>0.84</b>	0.74	<b>0.75</b>	0.63	<b>0.74</b>
glass	0.0	<b>0.52</b>	0.4	<b>0.47</b>	0.33	<b>0.53</b>
abalone16_29	0.28	<b>0.77</b>	0.48	<b>0.57</b>	0.24	<b>0.66</b>
solar_flare	0.3	<b>0.83</b>	0.3	<b>0.46</b>	0.0	<b>0.71</b>
heart_cleveland	0.17	<b>0.62</b>	0.0	<b>0.31</b>	0.0	<b>0.58</b>
balance_scale	0.0	<b>0.38</b>	0.24	<b>0.47</b>	0.0	<b>0.51</b>
postoperative	0.2	<b>0.23</b>	0.37	<b>0.4</b>	0.34	<b>0.4</b>

Tablica 4.30: Miara G-mean.

## Undersampling NCR

Zbiór danych	Bag TREE	Bag TREE ADASYN	AB TREE	AB TREE ADASYN	Stacking	Stacking ADASYN
seeds	0.84	<b>0.93</b>	0.84	<b>0.92</b>	0.9	<b>0.96</b>
new_thyroid	0.87	<b>0.93</b>	0.87	<b>0.88</b>	0.87	<b>0.95</b>
vehicle	0.9	<b>0.98</b>	0.93	<b>0.97</b>	0.85	<b>0.89</b>
ionosphere	0.79	<b>0.81</b>	0.8	<b>0.83</b>	0.84	<b>0.87</b>
vertebal	0.76	<b>0.93</b>	0.72	<b>0.89</b>	0.71	<b>0.92</b>
yeastME3	0.75	<b>0.85</b>	0.63	<b>0.82</b>	0.69	<b>0.79</b>
ecoli	0.51	<b>0.67</b>	0.6	<b>0.69</b>	0.54	<b>0.69</b>
bupa	0.43	<b>0.82</b>	0.56	<b>0.82</b>	0.41	<b>0.79</b>
horse_colic	0.73	<b>0.85</b>	0.71	<b>0.82</b>	0.7	<b>0.8</b>
german	0.34	<b>0.77</b>	0.52	<b>0.67</b>	0.42	<b>0.7</b>
breast_cancer	0.33	<b>0.64</b>	0.42	<b>0.63</b>	0.28	<b>0.63</b>
cmc	0.24	<b>0.43</b>	0.36	<b>0.58</b>	0.17	<b>0.51</b>
hepatitis	0.53	<b>0.66</b>	0.59	<b>0.7</b>	<b>0.44</b>	0.4
haberman	0.3	<b>0.5</b>	0.42	<b>0.68</b>	0.14	<b>0.45</b>
transfusion	0.36	<b>0.58</b>	0.3	<b>0.56</b>	0.27	<b>0.52</b>
car	0.32	0.32	<b>0.65</b>	0.63	0.43	<b>0.45</b>
glass	0.0	<b>0.01</b>	<b>0.29</b>	0.27	0.0	<b>0.06</b>
abalone16_29	0.08	<b>0.13</b>	0.24	<b>0.34</b>	0.06	<b>0.23</b>
solar_flare	0.09	<b>0.16</b>	0.12	<b>0.41</b>	0.0	<b>0.26</b>
heart_cleveland	0.0	<b>0.15</b>	0.03	<b>0.08</b>	0.0	<b>0.07</b>
balance_scale	0.0	0.0	0.06	<b>0.07</b>	0.0	0.0
postoperative	0.04	<b>0.23</b>	0.21	<b>0.5</b>	0.04	<b>0.23</b>

Tablica 4.31: Specyficzność klasy mniejszościowej.



Zbiór danych	Bag TREE	Bag TREE ADASYN	AB TREE	AB TREE ADASYN	Stacking	Stacking ADASYN
seeds	0.88	<b>0.9</b>	0.88	<b>0.89</b>	0.9	<b>0.92</b>
new_thyroid	0.92	<b>0.95</b>	0.92	<b>0.93</b>	0.92	<b>0.96</b>
vehicle	0.92	<b>0.93</b>	0.96	0.96	0.89	0.89
ionosphere	0.86	<b>0.88</b>	0.89	0.89	0.86	<b>0.9</b>
vertebal	0.73	<b>0.8</b>	0.71	<b>0.77</b>	0.71	<b>0.79</b>
yeastME3	0.85	<b>0.9</b>	0.78	<b>0.89</b>	0.82	<b>0.87</b>
ecoli	0.69	<b>0.73</b>	0.75	<b>0.76</b>	0.71	<b>0.79</b>
bupa	<b>0.62</b>	0.58	<b>0.67</b>	0.63	<b>0.58</b>	0.57
horse_colic	<b>0.82</b>	0.8	<b>0.79</b>	0.75	<b>0.82</b>	0.76
german	0.56	<b>0.71</b>	0.65	<b>0.66</b>	0.61	<b>0.69</b>
breast_cancer	0.54	<b>0.62</b>	0.57	<b>0.59</b>	0.5	<b>0.65</b>
cmc	0.47	<b>0.6</b>	0.55	<b>0.62</b>	0.41	<b>0.63</b>
hepatitis	0.65	<b>0.71</b>	0.72	<b>0.74</b>	<b>0.61</b>	0.58
haberman	0.52	<b>0.63</b>	0.55	<b>0.61</b>	0.36	<b>0.59</b>
transfusion	0.57	<b>0.63</b>	0.49	<b>0.58</b>	0.49	<b>0.58</b>
car	0.48	0.48	0.77	<b>0.79</b>	0.63	<b>0.64</b>
glass	0.0	<b>0.02</b>	<b>0.51</b>	0.47	0.0	<b>0.19</b>
abalone16_29	0.28	<b>0.36</b>	0.48	<b>0.57</b>	0.25	<b>0.47</b>
solar_flare	0.3	<b>0.39</b>	0.34	<b>0.61</b>	0.0	<b>0.5</b>
heart_cleveland	0.0	<b>0.38</b>	0.16	<b>0.27</b>	0.0	<b>0.23</b>
balance_scale	0.0	0.0	0.24	<b>0.26</b>	0.0	0.0
postoperative	0.2	<b>0.39</b>	0.39	<b>0.41</b>	0.2	<b>0.38</b>

Tablica 4.32: Miara G-mean.

## Oversampling SMOTE i undersampling metodą ENN

W tym teście znajdującym się w pliku *imbalancedtests/smoteenn.py* do równoważenia klas w zbiorach danych wybrano metodę SMOTEENN.

Zbiór danych	Bag TREE	Bag TREE SMOTEENN	AB TREE	AB TREE SMOTEENN	Stacking	Stacking SMOTEENN
seeds	<b>0.89</b>	0.82	<b>0.89</b>	0.83	<b>0.93</b>	0.88
new_thyroid	<b>0.87</b>	0.76	0.87	0.87	<b>0.93</b>	0.84
vehicle	<b>0.92</b>	0.83	<b>0.93</b>	0.81	<b>0.84</b>	0.72
ionosphere	<b>0.8</b>	0.74	<b>0.79</b>	0.72	<b>0.81</b>	0.74
vertebal	<b>0.75</b>	0.74	<b>0.74</b>	0.73	0.75	<b>0.78</b>
yeastME3	0.77	<b>0.9</b>	0.63	<b>0.77</b>	0.72	<b>0.82</b>
ecoli	0.49	<b>0.82</b>	0.57	<b>0.67</b>	0.57	<b>0.79</b>
bupa	<b>0.43</b>	0.32	<b>0.53</b>	0.27	<b>0.36</b>	0.33
horse_colic	<b>0.74</b>	0.66	<b>0.71</b>	0.55	<b>0.71</b>	0.58
german	<b>0.38</b>	0.01	<b>0.51</b>	0.07	<b>0.45</b>	0.04
breast_cancer	<b>0.31</b>	0.23	<b>0.42</b>	0.22	0.24	<b>0.27</b>
cmc	0.28	0.28	<b>0.36</b>	0.12	0.15	<b>0.18</b>
hepatitis	0.56	<b>0.61</b>	<b>0.59</b>	0.56	0.44	<b>0.52</b>
haberman	<b>0.31</b>	0.01	<b>0.42</b>	0.19	0.05	<b>0.09</b>
transfusion	<b>0.42</b>	0.0	<b>0.3</b>	0.18	<b>0.22</b>	0.18
car	0.32	<b>0.69</b>	<b>0.65</b>	0.61	0.43	<b>0.59</b>
glass	0.0	<b>0.53</b>	0.06	<b>0.32</b>	0.12	<b>0.45</b>
abalone16_29	0.08	<b>0.75</b>	0.24	<b>0.33</b>	0.09	<b>0.56</b>
solar_flare	0.09	<b>0.72</b>	0.12	<b>0.13</b>	0.0	<b>0.43</b>
heart_cleveland	0.03	<b>0.37</b>	0.03	<b>0.04</b>	0.03	<b>0.19</b>
balance_scale	0.0	0.0	<b>0.06</b>	0.02	0.0	<b>0.18</b>
postoperative	0.04	<b>0.06</b>	<b>0.21</b>	0.07	0.0	<b>0.08</b>

Tablica 4.33: Specyficzność klasy mniejszościowej.

Zbiór danych	Bag TREE	Bag TREE SMOTEENN	AB TREE	AB TREE SMOTEENN	Stacking	Stacking SMOTEENN
seeds	<b>0.91</b>	0.88	<b>0.91</b>	0.89	<b>0.92</b>	0.9
new_thyroid	<b>0.92</b>	0.86	0.92	0.92	<b>0.95</b>	0.91
vehicle	<b>0.92</b>	0.88	<b>0.96</b>	0.89	<b>0.89</b>	0.83
ionosphere	<b>0.87</b>	0.85	<b>0.87</b>	0.84	<b>0.87</b>	0.85
vertebal	0.72	<b>0.73</b>	0.72	<b>0.73</b>	0.73	<b>0.75</b>
yeastME3	0.86	<b>0.92</b>	0.78	<b>0.86</b>	0.84	<b>0.89</b>
ecoli	0.67	<b>0.86</b>	0.73	<b>0.78</b>	0.73	<b>0.83</b>
bupa	<b>0.63</b>	0.55	<b>0.64</b>	0.51	<b>0.56</b>	0.54
horse_colic	<b>0.82</b>	0.79	<b>0.79</b>	0.72	<b>0.81</b>	0.73
german	<b>0.59</b>	0.1	<b>0.64</b>	0.27	<b>0.63</b>	0.19
breast_cancer	<b>0.52</b>	0.46	<b>0.57</b>	0.45	0.47	<b>0.49</b>
cmc	<b>0.51</b>	0.49	<b>0.55</b>	0.34	0.38	<b>0.4</b>
hepatitis	0.67	<b>0.69</b>	<b>0.73</b>	0.7	0.61	<b>0.64</b>
haberman	<b>0.53</b>	0.1	<b>0.55</b>	0.42	0.22	<b>0.29</b>
transfusion	<b>0.61</b>	0.0	<b>0.5</b>	0.4	<b>0.44</b>	0.41
car	0.48	<b>0.79</b>	<b>0.77</b>	0.73	0.63	<b>0.75</b>
glass	0.0	<b>0.57</b>	0.23	<b>0.51</b>	0.33	<b>0.59</b>
abalone16_29	0.28	<b>0.76</b>	0.48	<b>0.56</b>	0.3	<b>0.7</b>
solar_flare	0.3	<b>0.8</b>	0.34	<b>0.36</b>	0.0	<b>0.63</b>
heart_cleveland	0.17	<b>0.56</b>	0.16	<b>0.17</b>	0.17	<b>0.41</b>
balance_scale	0.0	0.0	<b>0.24</b>	0.11	0.0	<b>0.4</b>
postoperative	0.2	<b>0.24</b>	<b>0.39</b>	0.25	0.0	<b>0.27</b>

Tablica 4.34: Miara G-mean.

## Oversampling SMOTE i undersampling metodą Tomek links

W tym teście znajdującym się w pliku *imbalancedtests/smoteenn.py* do równoważenia klas w zbiorach danych wybrano metodę SMOTEENN.

Zbiór danych	Bag TREE	Bag TREE SMOTET	AB TREE	AB TREE SMOTET	Stacking	Stacking SMOTET
seeds	0.84	<b>0.85</b>	<b>0.89</b>	0.87	<b>0.91</b>	0.9
new_thyroid	<b>0.87</b>	0.81	<b>0.87</b>	0.86	<b>0.93</b>	0.84
vehicle	0.91	0.91	<b>0.95</b>	0.89	<b>0.88</b>	0.83
ionosphere	0.78	<b>0.81</b>	0.81	<b>0.82</b>	<b>0.87</b>	0.86
vertebal	0.77	<b>0.86</b>	0.75	<b>0.8</b>	0.68	<b>0.81</b>
yeastME3	0.74	<b>0.9</b>	0.63	<b>0.76</b>	0.7	<b>0.82</b>
ecoli	0.51	<b>0.81</b>	0.51	<b>0.68</b>	0.43	<b>0.83</b>
bupa	0.43	<b>0.47</b>	<b>0.55</b>	0.48	0.5	0.5
horse_colic	0.74	<b>0.76</b>	<b>0.75</b>	0.73	0.67	<b>0.72</b>
german	<b>0.34</b>	0.33	<b>0.51</b>	0.43	<b>0.29</b>	0.1
breast_cancer	0.31	<b>0.38</b>	0.41	0.41	0.27	<b>0.4</b>
cmc	0.24	<b>0.47</b>	<b>0.36</b>	0.3	0.16	<b>0.29</b>
hepatitis	0.5	<b>0.68</b>	0.62	<b>0.63</b>	0.34	<b>0.62</b>
haberman	<b>0.31</b>	0.25	<b>0.42</b>	0.25	0.19	<b>0.21</b>
transfusion	0.37	<b>0.45</b>	0.3	<b>0.34</b>	0.08	<b>0.4</b>
car	0.32	<b>0.69</b>	<b>0.65</b>	0.61	0.43	<b>0.59</b>
glass	0.0	<b>0.53</b>	0.12	<b>0.31</b>	0.06	<b>0.45</b>
abalone16_29	0.08	<b>0.78</b>	0.24	<b>0.3</b>	0.1	<b>0.59</b>
solar_flare	0.12	<b>0.72</b>	0.12	<b>0.21</b>	0.05	<b>0.52</b>
heart_cleveland	0.06	<b>0.39</b>	0.0	<b>0.03</b>	0.0	<b>0.26</b>
balance_scale	0.0	0.0	0.06	<b>0.1</b>	0.0	<b>0.18</b>
postoperative	0.04	<b>0.09</b>	0.17	<b>0.25</b>	0.0	<b>0.33</b>

Tablica 4.35: Specyficzność klasy mniejszościowej.

Zbiór danych	Bag TREE	Bag TREE SMOTET	AB TREE	AB TREE SMOTET	Stacking	Stacking SMOTET
seeds	0.88	<b>0.89</b>	0.9	0.9	<b>0.92</b>	0.91
new_thyroid	<b>0.92</b>	0.9	0.92	0.92	<b>0.95</b>	0.91
vehicle	<b>0.91</b>	0.9	<b>0.97</b>	0.93	<b>0.9</b>	0.88
ionosphere	0.86	<b>0.88</b>	0.88	<b>0.89</b>	0.89	<b>0.9</b>
vertebal	0.75	<b>0.78</b>	0.72	<b>0.75</b>	0.71	<b>0.76</b>
yeastME3	0.85	<b>0.92</b>	0.78	<b>0.85</b>	0.82	<b>0.88</b>
ecoli	0.69	<b>0.85</b>	0.69	<b>0.79</b>	0.64	<b>0.85</b>
bupa	0.62	<b>0.63</b>	<b>0.65</b>	0.62	0.63	0.63
horse_colic	0.82	<b>0.83</b>	0.81	0.81	0.8	<b>0.82</b>
german	<b>0.56</b>	0.54	<b>0.64</b>	0.61	<b>0.52</b>	0.29
breast_cancer	0.52	<b>0.57</b>	0.56	<b>0.58</b>	0.5	<b>0.57</b>
cmc	0.47	<b>0.59</b>	<b>0.55</b>	0.5	0.39	<b>0.5</b>
hepatitis	0.64	<b>0.68</b>	0.73	0.73	0.52	<b>0.67</b>
haberman	<b>0.53</b>	0.47	<b>0.55</b>	0.44	0.42	<b>0.43</b>
transfusion	0.57	0.57	0.49	0.49	0.28	<b>0.55</b>
car	0.48	<b>0.79</b>	<b>0.77</b>	0.73	0.63	<b>0.76</b>
glass	0.0	<b>0.58</b>	0.33	<b>0.5</b>	0.23	<b>0.58</b>
abalone16_29	0.28	<b>0.76</b>	0.48	<b>0.54</b>	0.31	<b>0.71</b>
solar_flare	0.34	<b>0.79</b>	0.34	<b>0.45</b>	0.21	<b>0.69</b>
heart_cleveland	0.24	<b>0.57</b>	0.0	<b>0.12</b>	0.0	<b>0.47</b>
balance_scale	0.0	0.0	0.24	<b>0.3</b>	0.0	<b>0.39</b>
postoperative	0.2	<b>0.27</b>	0.35	<b>0.44</b>	0.0	<b>0.47</b>

Tablica 4.36: Miara G-mean.

## 4.2.6 Porównanie metod

Zbiór danych	SMOTE	ADASYN	NCR	SMOTEENN	SMOTETomek
seeds	0.84	<b>0.93</b>	<b>0.93</b>	0.84	0.84
new_thyroid	0.82	0.87	<b>0.9</b>	0.77	0.8
vehicle	0.91	0.9	<b>0.97</b>	0.82	0.9
ionosphere	0.84	<b>0.83</b>	0.82	0.73	0.81
vertebal	0.87	0.91	<b>0.93</b>	0.76	0.88
yeastME3	0.9	<b>0.97</b>	0.84	0.9	0.9
ecoli	0.8	<b>0.94</b>	0.66	0.83	0.81
bupa	0.59	0.62	<b>0.84</b>	0.3	0.51
horse_colic	0.75	0.76	<b>0.86</b>	0.65	0.76
german	0.59	0.18	<b>0.77</b>	0.01	0.33
breast_cancer	0.44	0.41	<b>0.68</b>	0.23	0.37
cmc	0.47	<b>0.55</b>	0.43	0.26	0.47
hepatitis	0.69	0.61	0.66	0.62	<b>0.69</b>
haberman	0.31	0.43	<b>0.51</b>	0.02	0.26
transfusion	0.62	<b>0.59</b>	0.58	0.0	0.57
car	0.69	<b>0.79</b>	0.32	0.69	0.66
glass	0.53	0.44	0.0	<b>0.53</b>	<b>0.53</b>
abalone16_29	0.77	<b>0.81</b>	0.13	0.75	0.78
solar_flare	0.72	<b>0.84</b>	0.12	0.72	0.72
heart_cleveland	0.43	<b>0.47</b>	0.14	0.37	0.4
balance_scale	0.0	<b>0.18</b>	0.0	0.0	0.0
postoperative	0.1	0.04	<b>0.19</b>	0.08	0.08

Tablica 4.37: Specyficzność klasy mniejszościowej.

Zbiór danych	SMOTE	ADASYN	NCR	SMOTEENN	SMOTETomek
seeds	0.88	0.88	<b>0.9</b>	0.88	0.88
new_thyroid	0.9	0.92	<b>0.94</b>	0.87	0.89
vehicle	0.9	0.9	<b>0.93</b>	0.87	0.9
ionosphere	0.89	0.87	<b>0.88</b>	0.85	<b>0.88</b>
vertebal	0.78	<b>0.79</b>	<b>0.79</b>	0.74	<b>0.79</b>
yeastME3	0.92	<b>0.93</b>	0.9	0.92	0.92
ecoli	0.85	<b>0.87</b>	0.72	0.86	0.86
bupa	0.7	<b>0.68</b>	0.59	0.53	0.66
horse_colic	0.83	<b>0.83</b>	0.81	0.79	<b>0.83</b>
german	0.67	0.41	<b>0.71</b>	0.07	0.54
breast_cancer	0.61	0.58	<b>0.63</b>	0.46	0.57
cmc	0.6	<b>0.64</b>	0.6	0.47	0.59
hepatitis	0.69	0.65	<b>0.71</b>	0.7	0.68
haberman	0.51	0.59	<b>0.64</b>	0.11	0.48
transfusion	0.62	0.6	<b>0.63</b>	0.0	0.62
car	0.79	<b>0.84</b>	0.48	0.79	0.78
glass	0.58	0.52	0.0	0.57	<b>0.58</b>
abalone16_29	0.76	<b>0.77</b>	0.36	0.76	<b>0.77</b>
solar_flare	0.8	<b>0.83</b>	0.34	0.8	0.8
heart_cleveland	0.6	<b>0.63</b>	0.37	0.56	0.58
balance_scale	0.0	<b>0.38</b>	0.0	0.0	0.0
postoperative	0.29	0.19	<b>0.34</b>	0.28	0.26

Tablica 4.38: Miara G-mean.

wielokrotne  
testy

porównać wy-  
niki ada, stac-  
king, boosting

## Rozdział 5

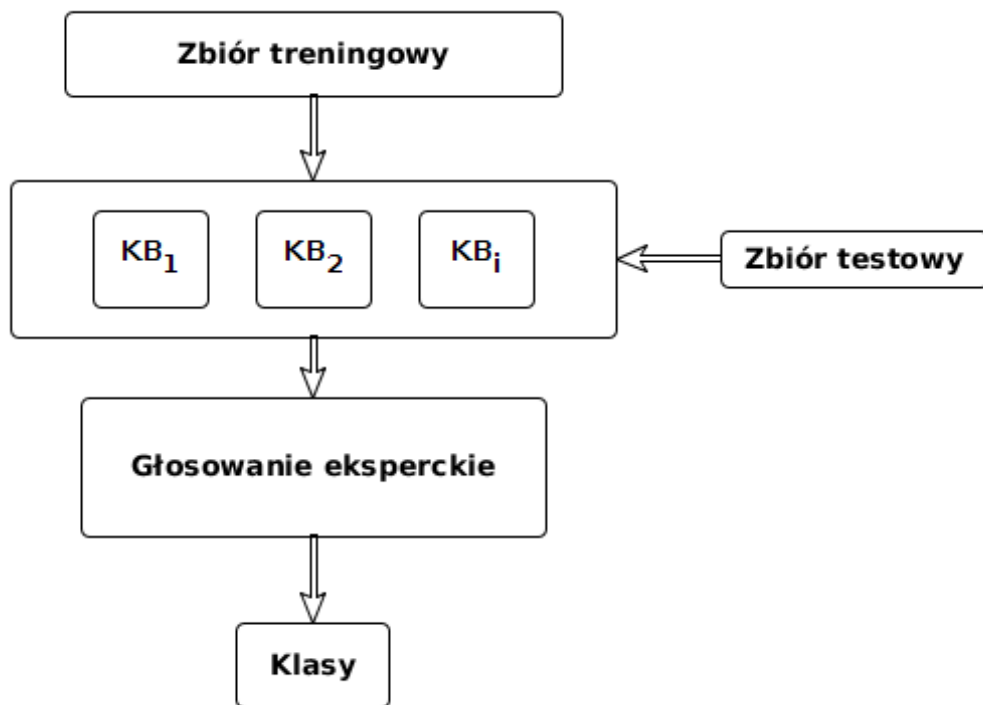
# Propozycja klasyfikatorów

### 5.1 Klasyfikator ekspercki

Klasyfikator ekspercki powstał na bazie doświadczeń z podstawowymi klasyfikatorami. W zależności o charakterystyki danych, osiągnięta skuteczność przez klasyfikatory może się różnić. Klasyfikator skutecznie rozpoznający klasy jednego zbioru, może miernie klasyfikować inny zbiór, podczas gdy użycie innego klasyfikatora na tym samym zbiorze danych może znacząco poprawić osiągnięte wyniki. Również użycie różnych algorytmów klasyfikacji, połączenie ich w komitet może zmniejszyć błąd klasyfikacji. Klasyfikator ekspercki został stworzony w celu zmniejszenia błędu klasyfikacji niezależnie od typu danych oraz nieznanymi danych.

Klasyfikator ekspercki to połączenie kilku klasyfikatorów bazowych (przynajmniej trzech). Każdy klasyfikator trenowany jest na zbiorze uczącym, a następnie oceniana jest jakość klasyfikacji każdego z osobna. Stworzono dwie wersje klasyfikatora, w pierwszej klasyfikator uczony i testowany jest na tym samym zbiorze danych, w drugiej oceniany jest z wykorzystaniem sprawdzianu krzyżowego (domyślnie  $k=3$ ). W kolejnym etapie, dla każdej klasy wyłaniany jest klasyfikator ekspert. Ekspert klasowy wybierany jest na podstawie najwyższego współczynnika dla danej klasy. Tworząc klasyfikator można wybrać na podstawie którego współczynnika precyzji, F1 czy G-mean będą wyłaniany eksperci. Domyślnie jest to współczynnik precyzji. Przy wyborze miary G-mean ekspert dla obu będzie taki sam. Jeżeli ocena odbywała się ze sprawdzianem krzyżowym, to modele bazowe tworzone są od nowa na całym zbiorze treningowym.

W procesie klasyfikacji właściwej nowych próbek, najpierw klasyfikowane są przez klasyfikatory bazowe. Końcowa klasa wyznaczana jest według algorytmu:

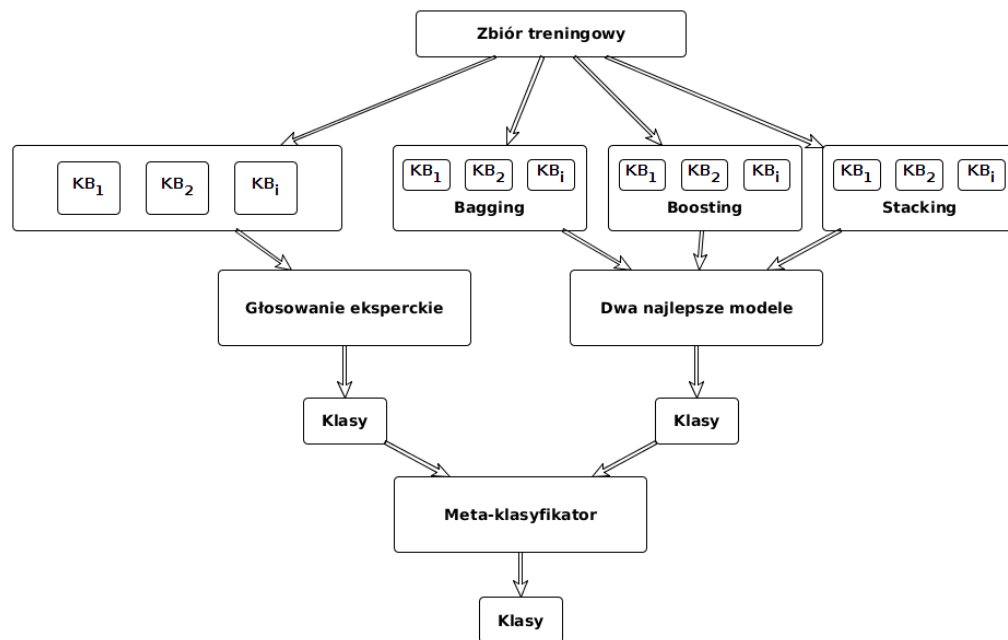


Rysunek 5.1: Schemat klasyfikatora eksperckiego.  $KB_1..KB_i$  to klasyfikatory bazowe.

1. Jeżeli występuje zgodność co do klasy pomiędzy klasyfikatorami to wybierana jest ta klasa.
2. Jeżeli tylko jeden ekspert wskaże swoją klasę to ostateczną klasą jest ta wskazana przez eksperta.
3. Jeżeli dwóch ekspertów wskażą swoje klasy, to wybierana jest klasa z większym prawdopodobieństwem wskazanym przez klasyfikator. W przypadku takich samych prawdopodobieństw, wybierana jest klasa wskazana przez klasyfikator z większym współczynnikiem G-mean.
4. Jeżeli żaden ekspert nie wskaże swojej klasy, to klasa wybierana jest poprzez głosowanie większościowe

### 5.1.1 Testy

## 5.2 Meta-klasyfikator



Rysunek 5.2: Projekt meta klasyfikatora

### 5.2.1 Testy

## Rozdział 6

## Podsumowanie



# Bibliografia

- [1] M. Kubat i S. Matwin. Addressing the curse of imbalanced training sets: one-side selection.
- [2] H. He i E. A. Garcia. Learning from imbalanced data. IEEE Transactions on Data and Knowledge Engineering, 2009.
- [3] N. Hockham: Machine learning with imbalanced data sets <https://www.youtube.com/watch?v=X9MZtvvQDR4>
- [4] C. M. Bishop. Neural Networks for Pattern Recognition. Claredon press. Oxford, 1995.
- [5] Long P, Servedio R. Random Classification Noise Defeats All Convex Potential Boosters
- [6] The UCI Machine Learning Repository, <https://archive.ics.uci.edu/ml/>
- [7] F. Hu, X. Liu, J. Dai i H. Yu. A Novel Algorithm for Imbalance Data Classification Based on Neighborhood Hypergraph
- [8] J. Stefanowski. Dealing with Data Difficulty Factors while Learning from Imbalanced Data.
- [9] K.Napierala, J.Stefanowski. Identification of Different Types of Minority Class Examples in Imbalanced Data. In: E. Corchado, V. Snasel, A.Abraham, M. Wozniak et al. (eds): Hybrid Artificial Intelligence Systems, Proc. 7th Int Conference HAIS 2012.
- [10] Python Software Foundation. <https://www.python.org/>
- [11] scikit-learn Machine Learning in Python. <http://scikit-learn.org/>
- [12] imbalanced-learn. <http://contrib.scikit-learn.org/imbalanced-learn/>
- [13] S. Raschka. Mlxtend (machine learning extensions), <https://github.com/rasbt/mlxtend>