



Министерство науки и высшего образования Российской Федерации
Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение
высшего образования
«Московский государственный технический университет имени Н.Э. Баумана
(национальный исследовательский университет)»
(МГТУ им. Н.Э. Баумана)

Курс «Технологии машинного обучения»

Отчет по лабораторной работе №5

«Ансамбли моделей машинного обучения.»

Выполнил:

ИУ5Ц-82Б

Гусев С.Р.

Преподаватель:

Гапанюк Ю.Е

Цель лабораторной работы

Изучение ансамблей моделей машинного обучения.

Задание

- 1. Выберите набор данных (датасет) для решения задачи классификации или регрессии.
- 2. В случае необходимости проведите удаление или заполнение пропусков и кодирование категориальных признаков.
- 3. С использованием метода **train_test_split** разделите выборку на обучающую и тестовую.
- 4. Обучите две ансамблевые модели. Оцените качество моделей с помощью одной из подходящих для задачи метрик. Сравните качество полученных моделей. # Ход выполнения работы

1) Набор данных для решения задачи классификации или регрессии

В качестве набора данных используется набор по исследованию качества белых вин

Датасет состоит из одного файла:

- wine.csv

Файл содержит следующие колонки:

- 1. **fixed acidity** — фиксированная кислотность
- 2. **volatile acidity** — летучая кислотность
- 3. **citric acid** — лимонная кислота
- 4. **residual sugar** — остаточный сахар
- 5. **chlorides** — хлориды
- 6. **free sulfur dioxide** — свободный диоксид серы
- 7. **total sulfur dioxide** — общая двуокись серы
- 8. **density** — плотность
- 9. **pH** — потенциал водорода
- 10. **sulphates** — сульфаты
- 11. **alcohol** — алкоголь
- 12. **quality** — качество алкоголя (выходной параметр)

Импортируем библиотеки

In [2]:

```
import os
import numpy as np
import pandas as pd
import seaborn as sns
import matplotlib.pyplot as plt
from sklearn.preprocessing import MinMaxScaler
from sklearn.linear_model import LinearRegression, LogisticRegression
from sklearn.model_selection import train_test_split
from sklearn.neighbors import KNeighborsRegressor, KNeighborsClassifier
from sklearn.metrics import accuracy_score, balanced_accuracy_score
from sklearn.metrics import precision_score, recall_score, f1_score, classification_report
from sklearn.metrics import confusion_matrix
from sklearn.metrics import plot_confusion_matrix
from sklearn.model_selection import GridSearchCV
from sklearn.metrics import mean_absolute_error, mean_squared_error, mean_squared_log_error, median_absolute_error, r2_score
from sklearn.metrics import roc_curve, roc_auc_score
from sklearn.svm import SVC, NuSVC, LinearSVC, OneClassSVM, SVR, NuSVR, LinearSVR
from sklearn.tree import DecisionTreeClassifier, DecisionTreeRegressor, export_graphviz
from sklearn.ensemble import RandomForestClassifier, RandomForestRegressor
from sklearn.ensemble import ExtraTreesClassifier, ExtraTreesRegressor
from sklearn.ensemble import GradientBoostingClassifier, GradientBoostingRegressor
from gmdhpy import gmdh
%matplotlib inline
sns.set(style="ticks")
```

```
-----
ModuleNotFoundError Traceback (most recent call last)
<ipython-input-2-209cfb6f2795> in <module>
    20 from sklearn.ensemble import ExtraTreesClassifier, ExtraTreesRegressor
    21 from sklearn.ensemble import GradientBoostingClassifier, GradientBoostingRegressor
--> 22 from gmdhpy import gmdh
    23 get_ipython().run_line_magic('matplotlib', 'inline')
    24 sns.set(style="ticks")

ModuleNotFoundError: No module named 'gmdhpy'
```

Отрисовка ROC-кривой

In [3]:

```
def draw_roc_curve(y_true, y_score, pos_label=1, average='micro'):
    fpr, tpr, thresholds = roc_curve(y_true, y_score,
                                     pos_label=pos_label)

    roc_auc_value = roc_auc_score(y_true, y_score, average=average)
    plt.figure()
    lw = 2
    plt.plot(fpr, tpr, color='darkorange',
             lw=lw, label='ROC curve (area = %0.2f)' % roc_auc_value)
    plt.plot([0, 1], [0, 1], color='navy', lw=lw, linestyle='--')
    plt.xlim([0.0, 1.0])
    plt.ylim([0.0, 1.05])
    plt.xlabel('False Positive Rate')
    plt.ylabel('True Positive Rate')
    plt.title('Receiver operating characteristic')
```

```
plt.legend(loc="lower right")
plt.show()
```

2) Разделение выборки на обучающую и тестовую

In [4]:

```
def split(filehandler, delimiter=',', row_limit=3500,
          output_name_template='wine%s.csv', output_path='.', keep_headers=True):
    import csv
    reader = csv.reader(filehandler, delimiter=delimiter)
    current_piece = 1
    current_out_path = os.path.join(
        output_path,
        output_name_template % current_piece
    )
    current_out_writer = csv.writer(open(current_out_path, 'w'), delimiter=delimiter)
    current_limit = row_limit
    if keep_headers:
        headers = next(reader)
        current_out_writer.writerow(headers)
    for i, row in enumerate(reader):
        if i + 1 > current_limit:
            current_piece += 1
            current_limit = row_limit * current_piece
            current_out_path = os.path.join(
                output_path,
                output_name_template % current_piece
            )
            current_out_writer = csv.writer(open(current_out_path, 'w'), delimiter=delimiter)
            if keep_headers:
                current_out_writer.writerow(headers)
            current_out_writer.writerow(row)
```

In [5]:

```
split(open('wine.csv', 'r'));
```

In [7]:

```
os.rename('win1.csv', 'wine_Train.csv')
os.rename('wine2.csv', 'wine_Test.csv')
```

In [9]:

```
# Обучающая выборка:
train = pd.read_csv('wine_Train.csv', sep=";")
# Тестовая выборка:
test = pd.read_csv('wine_Test.csv', sep=";")
```

Проверим правильность создания обучающей и тестовой выборок

In [10]:

```
train.head()
```

Out[10]:

	fixed acidity	volatile acidity	citric acid	residual sugar	chlorides	free sulfur dioxide	total sulfur dioxide	density	pH	sulphates	alcohol	quality
0	7.0	0.27	0.36	20.7	0.045	45.0	170.0	1.0010	3.00	0.45	8.8	6
1	6.3	0.30	0.34	1.6	0.049	14.0	132.0	0.9940	3.30	0.49	9.5	6
2	8.1	0.28	0.40	6.9	0.050	30.0	97.0	0.9951	3.26	0.44	10.1	6
3	7.2	0.23	0.32	8.5	0.058	47.0	186.0	0.9956	3.19	0.40	9.9	6
4	7.2	0.23	0.32	8.5	0.058	47.0	186.0	0.9956	3.19	0.40	9.9	6

In [11]:

```
test.head()
```

Out[11]:

	fixed acidity	volatile acidity	citric acid	residual sugar	chlorides	free sulfur dioxide	total sulfur dioxide	density	pH	sulphates	alcohol	quality
0	6.0	0.28	0.27	15.5	0.036	31.0	134.0	0.99408	3.19	0.44	13.0	7
1	6.7	0.24	0.36	8.4	0.042	42.0	123.0	0.99473	3.34	0.52	10.9	6
2	6.7	0.29	0.45	14.3	0.054	30.0	181.0	0.99869	3.14	0.57	9.1	5
3	6.9	0.33	0.31	4.2	0.040	21.0	93.0	0.98960	3.18	0.48	13.4	7
4	6.5	0.16	0.34	1.4	0.029	29.0	133.0	0.99108	3.33	0.64	11.5	7

3) Проведение разведочного анализа данных

In [12]:

```
train.shape, test.shape
```

Out[12]:

```
((3500, 12), (1398, 12))
```

Проверим, одинаковы ли типы данных в столбцах обучающего и тестового датасета

In [13]:

```
train.dtypes
```

Out[13]:


```
fixed acidity      float64
volatile acidity   float64
citric acid        float64
residual sugar     float64
chlorides          float64
free sulfur dioxide float64
total sulfur dioxide float64
density            float64
pH                float64
sulphates          float64
alcohol            float64
quality            int64
dtype: object
```

In [14]:

```
test.dtypes
```

Out[14]:

```
fixed acidity      float64
volatile acidity   float64
citric acid        float64
residual sugar     float64
chlorides          float64
free sulfur dioxide float64
total sulfur dioxide float64
density            float64
pH                float64
sulphates          float64
alcohol            float64
quality            int64
dtype: object
```

Полняем датасеты на наличие пустых значений:

In [15]:

```
train.isnull().sum()
```

Out[15]:

```
fixed acidity      0
volatile acidity   0
citric acid        0
residual sugar     0
chlorides          0
free sulfur dioxide 0
total sulfur dioxide 0
density            0
pH                0
sulphates          0
alcohol            0
quality            0
dtype: int64
```

In [16]:

```
test.isnull().sum()
```

Out[16]:

```
fixed acidity      0
volatile acidity   0
citric acid        0
residual sugar     0
chlorides          0
free sulfur dioxide 0
total sulfur dioxide 0
density            0
pH                0
sulphates          0
alcohol            0
quality            0
dtype: int64
```

Уникальные значения целевого признака

In [17]:

```
train['quality'].unique()
```

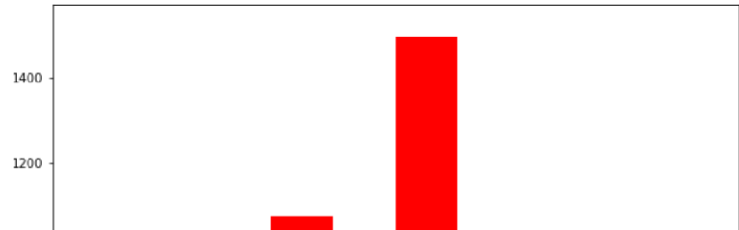
Out[17]:

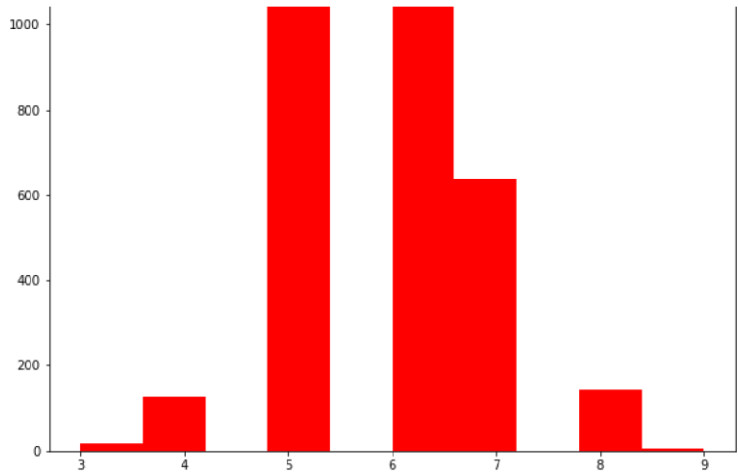
```
array([6, 5, 7, 8, 4, 3, 9], dtype=int64)
```

Рассмотрим распределение целевых значений в обучающей и тестовой выборках

In [18]:

```
fig, ax = plt.subplots(figsize=(10,10))
plt.hist(train['quality'], color="r")
plt.show()
```



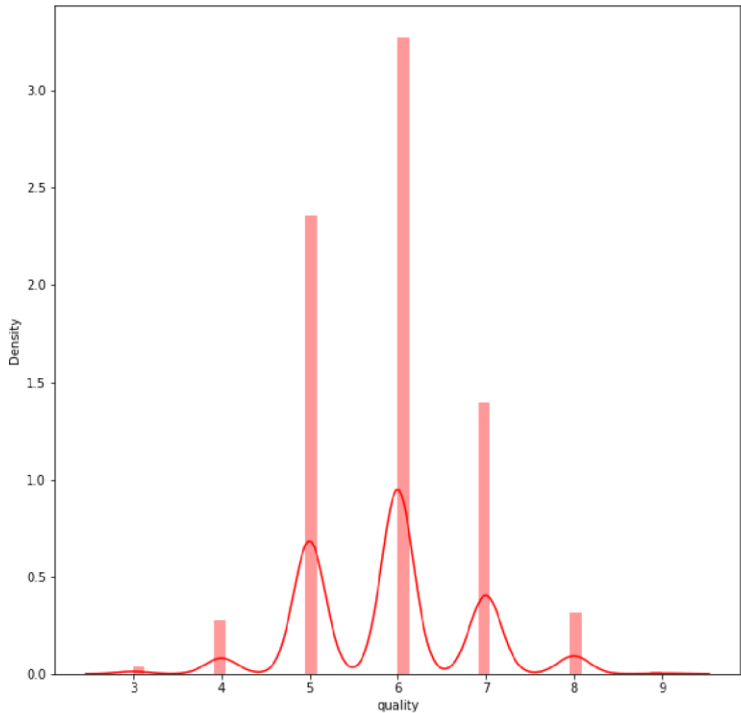


Оценим здесь же плотность вероятности распределения:

```
In [20]:
fig, ax = plt.subplots(figsize=(10,10))
sns.distplot(train['quality'], color="r")

C:\ProgramData\Anaconda3\lib\site-packages\seaborn\distributions.py:2551: FutureWarning: `distplot` is a deprecated function and will be removed in a future version. Please adapt your code to use either `displot` (a figure-level function with similar flexibility) or `histplot` (an axes-level function for histograms).
  warnings.warn(msg, FutureWarning)
```

```
Out[20]:
<AxesSubplot:xlabel='quality', ylabel='Density'>
```



Подсчитаем дисбаланс классов для обучающей выборки

```
In [21]:
#посчитаем дисбаланс классов
total = train.shape[0]
class_6, class_5, class_7, class_8, class_4, class_3, class_9 = train['quality'].value_counts()
print('Класс 3 составляет {}, \nкласс 4 составляет {}, \nкласс 5 составляет {}, \nкласс 6 составляет {}, \nкласс 7 составляет {}, \nкласс 8 составляет {}, \nкласс 9 составляет {}'.format(
    round(class_3 / total, 4)*100,
    round(class_4 / total, 4)*100,
    round(class_5 / total, 4)*100,
    round(class_6 / total, 4)*100,
    round(class_7 / total, 4)*100,
    round(class_8 / total, 4)*100,
    round(class_9 / total, 4)*100))
```

Класс 3 составляет 0.51%,
класс 4 составляет 3.5999999999999996%,
класс 5 составляет 30.7699999999999996%,
класс 6 составляет 42.69%,
класс 7 составляет 18.17%,
класс 8 составляет 4.1099999999999999%,
класс 9 составляет 0.13999999999999999%.

```
In [22]:
train['quality'].value_counts()
```

Out[22]:

6 4269

Name: quality, dtype: int64

Подсчитаем дисбаланс классов для тестовой выборки

In [23]:

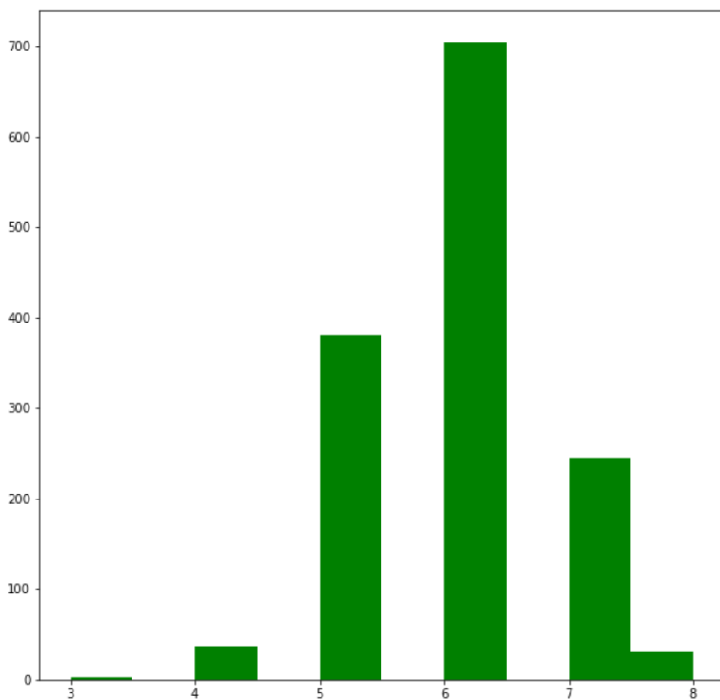
```
#посчитаем дисбаланс классов для тестовой выборки
total = test.shape[0]
class_6, class_5, class_7, class_8, class_4, class_3, class_9 = train['quality'].value_counts()
print('Класс 3 составляет {}%, \nкласс 4 составляет {}%, \nкласс 5 составляет {}%, \nкласс 6 составляет {}%, \nкласс 7 составляет {}%, \nкласс 8 сос
тавляет {}%, \nкласс 9 составляет {}%.'
      .format(round(class_3 / total, 4)*100,
              round(class_4 / total, 4)*100,
              round(class_5 / total, 4)*100,
              round(class_6 / total, 4)*100,
              round(class_7 / total, 4)*100,
              round(class_8 / total, 4)*100,
              round(class_9 / total, 4)*100))
```

```
Класс 3 составляет 1.29%,
класс 4 составляет 9.01%,
класс 5 составляет 77.03999999999999%,
класс 6 составляет 106.87%,
класс 7 составляет 45.49%,
класс 8 составляет 10.299999999999999%,
класс 9 составляет 0.36%.
```

Распределение классов в тестовой выборке

In [24]:

```
fig, ax = plt.subplots(figsize=(10,10))
plt.hist(test['quality'], color="g")
plt.show()
```



Оценим плотность вероятности распределения

In [25]:

```
fig, ax = plt.subplots(figsize=(10,10))
sns.distplot(test['quality'], color="y")
```

C:\ProgramData\Anaconda3\lib\site-packages\seaborn\distributions.py:2551: FutureWarning: `distplot` is a deprecated function and will be removed in a future version. Please adapt your code to use either `displot` (a figure-level function with similar flexibility) or `histplot` (an axes-level function for histograms).

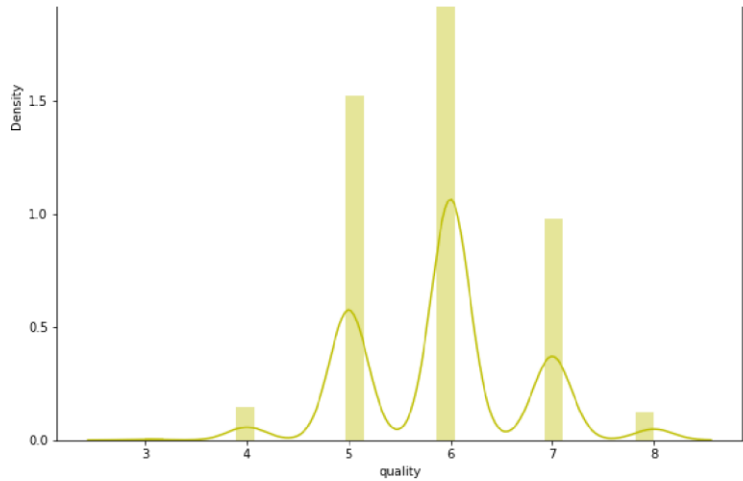
```
warnings.warn(msg, FutureWarning)
```

Out[25]:

<AxesSubplot:xlabel='quality', ylabel='Density'>



4	126
3	18
9	5



Выводы об оценке дисбаланса классов

Дисбаланс классов неравномерен к рамках обучающей и тестовой выборках по отдельности.

Количество уникальных значений целевого признака в тестовой выборке меньше. Это следствие дисбаланса распределения классов.

Было выявлено, что что для задачи классификации подходят не все классы (нам не подходят классы, которые встречаются < 10% раз).

Поэтому для задачи классификации у нас будет только **2** класса:

- оценка качества **6**;
- оценка качества **7**.

In [26]:

```
train.dtypes
```

Out[26]:

```
fixed acidity      float64
volatile acidity   float64
citric acid        float64
residual sugar     float64
chlorides          float64
free sulfur dioxide float64
total sulfur dioxide float64
density           float64
pH                float64
sulphates          float64
alcohol           float64
quality           int64
dtype: object
```

Кодирование признаков не требуется, поскольку все данные представлены в числовом виде. Для построения моделей будем использовать все признаки. Объединим обучающую и тестовую выборки для масштабирования данных. Для начала создадим вспомогательные колонки для дальнейшего разделения целого датасета

In [27]:

```
train['dataset'] = 'TRAIN'
test['dataset'] = 'TEST'
```

Выберем столбцы для объединения датасетов

In [28]:

```
#Колонки для объединения
join_cols = ['dataset', 'fixed acidity', 'volatile acidity', 'citric acid', 'residual sugar',
             'chlorides', 'free sulfur dioxide', 'total sulfur dioxide', 'density',
             'pH', 'sulphates', 'alcohol', 'quality']
```

In [29]:

```
data_all = pd.concat([train[join_cols], test[join_cols]])
```

Проверяем корректность объединения

In [30]:

```
assert data_all.shape[0] == train.shape[0]+test.shape[0]
```

In [31]:

```
data_all.head()
```

Out[31]:

	dataset	fixed acidity	volatile acidity	citric acid	residual sugar	chlorides	free sulfur dioxide	total sulfur dioxide	density	pH	sulphates	alcohol	quality
0	TRAIN	7.0	0.27	0.36	20.7	0.045	45.0	170.0	1.0010	3.00	0.45	8.8	6
1	TRAIN	6.3	0.30	0.34	1.6	0.049	14.0	132.0	0.9940	3.30	0.49	9.5	6
2	TRAIN	8.1	0.28	0.40	6.9	0.050	30.0	97.0	0.9951	3.26	0.44	10.1	6
3	TRAIN	7.2	0.23	0.32	8.5	0.058	47.0	186.0	0.9956	3.19	0.40	9.9	6
4	TRAIN	7.2	0.23	0.32	8.5	0.058	47.0	186.0	0.9956	3.19	0.40	9.9	6

Выберем столбцы для масштабирования

```
In [32]:

# Числовые колонки для масштабирования
scale_cols = ['fixed acidity', 'volatile acidity', 'citric acid', 'residual sugar',
              'chlorides', 'free sulfur dioxide', 'total sulfur dioxide', 'density',
              'pH', 'sulphates', 'alcohol']
```

```
In [33]:

sc1 = MinMaxScaler()
sc1_data = sc1.fit_transform(data_all[scale_cols])
```

Добавляем масштабированные данные в наш датасет

```
In [34]:

for i in range(len(scale_cols)):
    col = scale_cols[i]
    new_col_name = col + '_scaled'
    data_all[new_col_name] = sc1_data[:,i]
```

Проверяем корректность

```
In [35]:

data_all.head()
```

Out[35]:

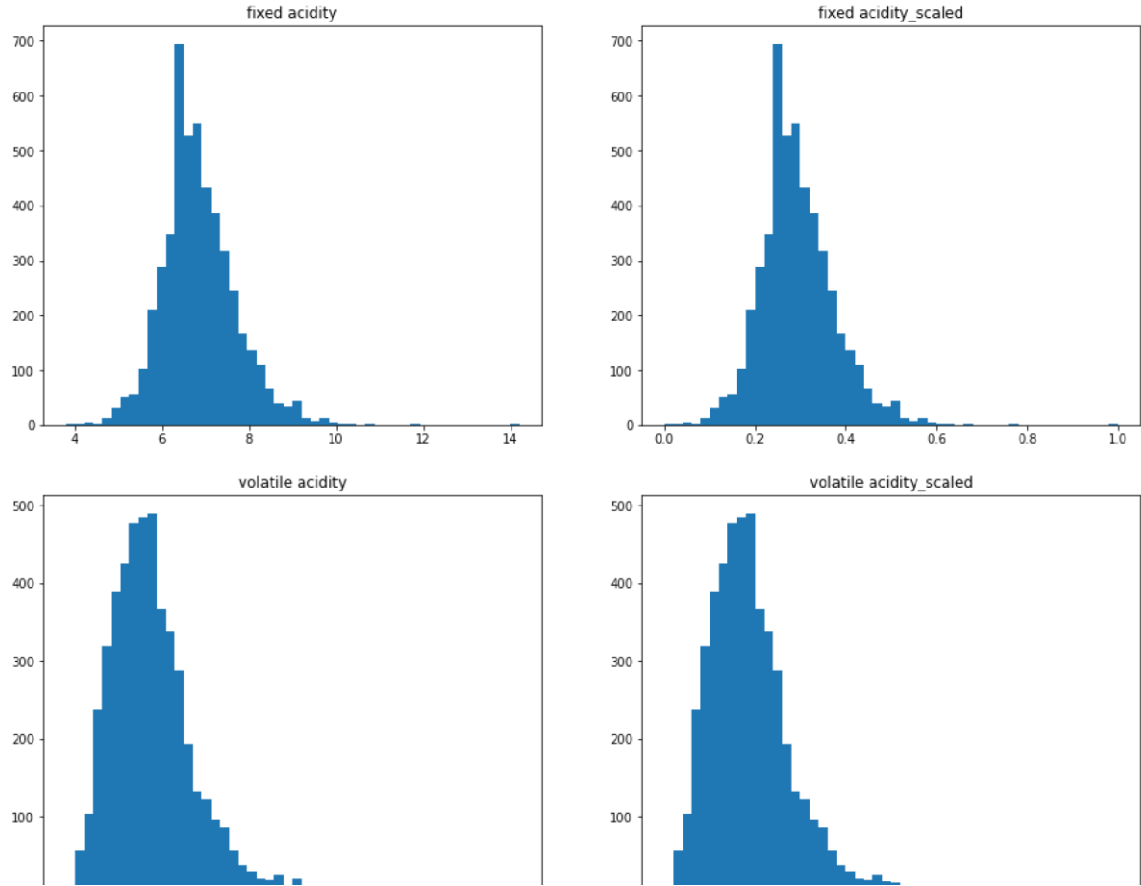
	dataset	fixed acidity	volatile acidity	citric acid	residual sugar	chlorides	free sulfur dioxide	total sulfur dioxide	density	pH	...	volatile acidity_scaled	citric acid_scaled	residual sugar_scaled	chlorides_scaled	free sulfur dioxide_scaled	total sulfur dioxide_scaled	density_scaled	pH_scaled
0	TRAIN	7.0	0.27	0.36	20.7	0.045	45.0	170.0	1.0010	3.00	...	0.186275	0.216867	0.308282	0.106825	0.149826	0.373550	0.267785	0.254545
1	TRAIN	6.3	0.30	0.34	1.6	0.049	14.0	132.0	0.9940	3.30	...	0.215686	0.204819	0.015337	0.118694	0.041812	0.285383	0.132832	0.527273
2	TRAIN	8.1	0.28	0.40	6.9	0.050	30.0	97.0	0.9951	3.26	...	0.196078	0.240964	0.096626	0.121662	0.097561	0.204176	0.154039	0.490909
3	TRAIN	7.2	0.23	0.32	8.5	0.058	47.0	186.0	0.9956	3.19	...	0.147059	0.192771	0.121166	0.145401	0.156794	0.410673	0.163678	0.427273
4	TRAIN	7.2	0.23	0.32	8.5	0.058	47.0	186.0	0.9956	3.19	...	0.147059	0.192771	0.121166	0.145401	0.156794	0.410673	0.163678	0.427273

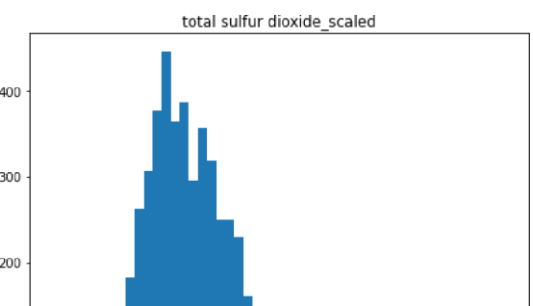
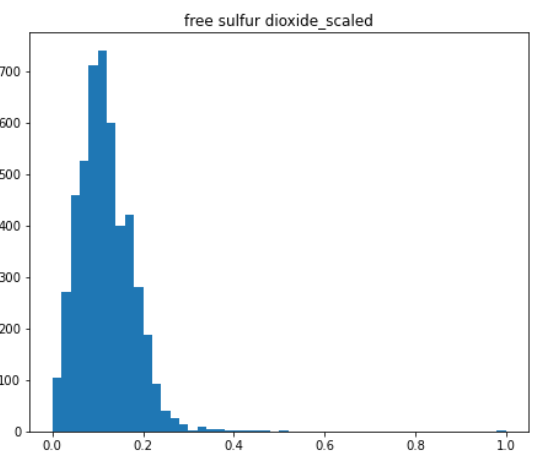
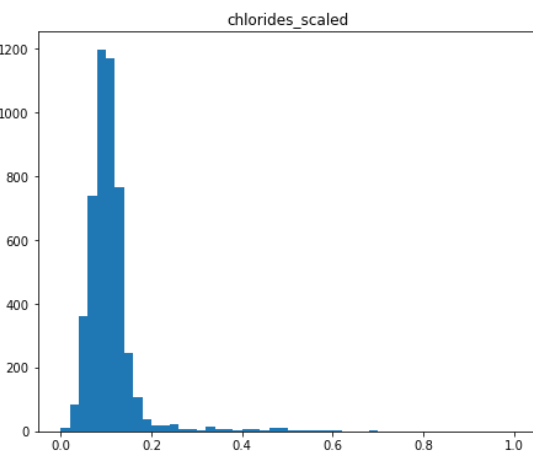
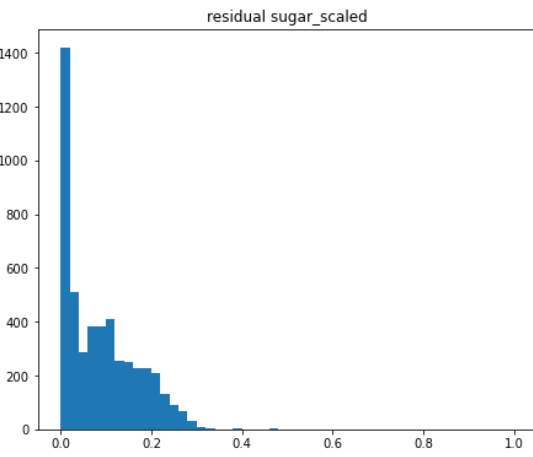
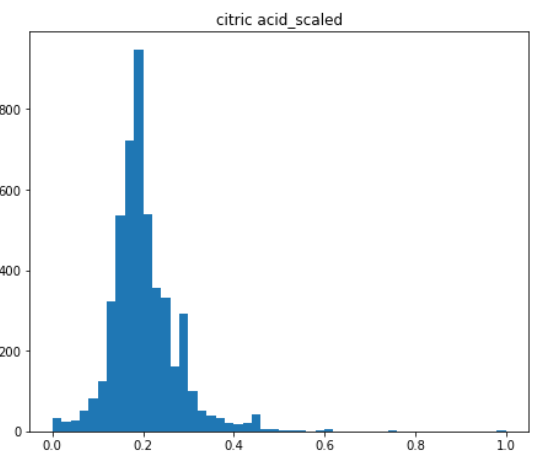
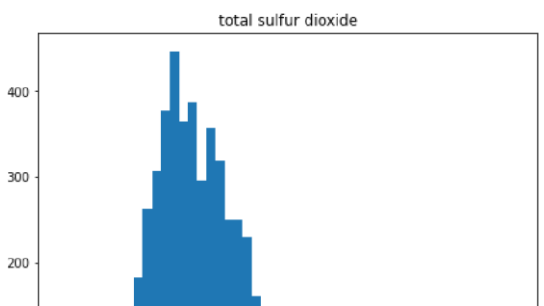
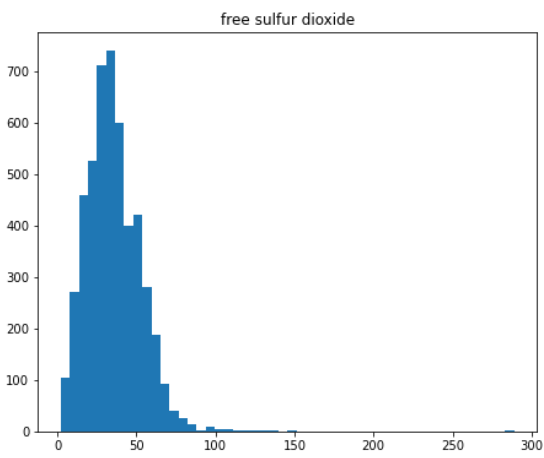
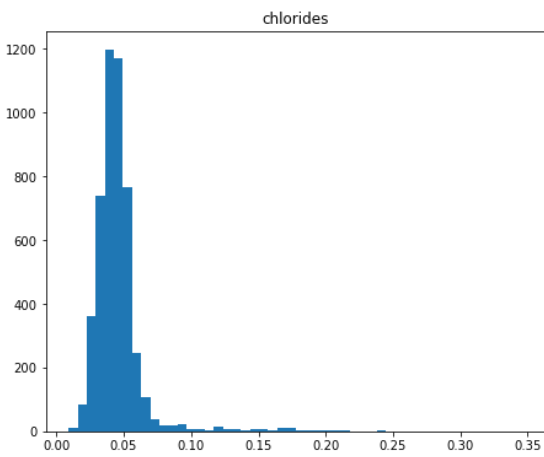
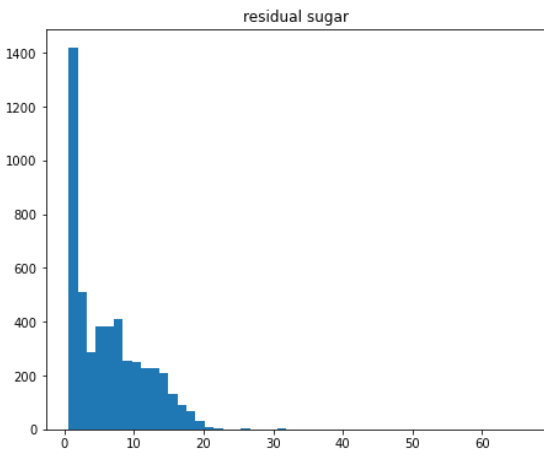
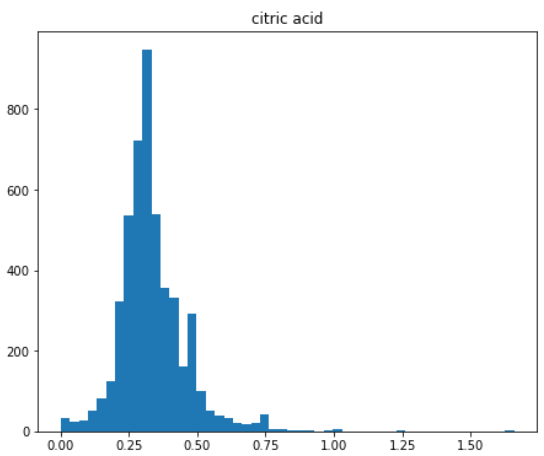
5 rows x 24 columns

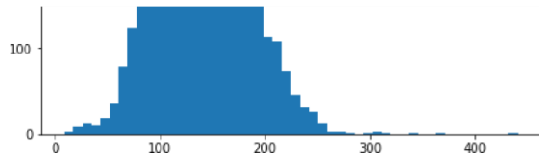
Посмотрим, повлияло ли масштабирование на распределение данных

```
In [36]:

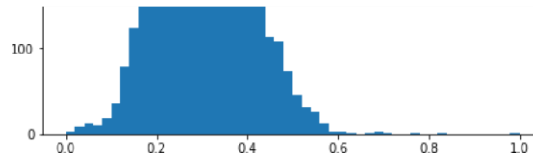
for col in scale_cols:
    col_scaled = col + '_scaled'
    fig, ax = plt.subplots(1, 2, figsize=(16,6))
    ax[0].hist(data_all[col], 50)
    ax[1].hist(data_all[col_scaled], 50)
    ax[0].title.set_text(col)
    ax[1].title.set_text(col_scaled)
    plt.show()
```



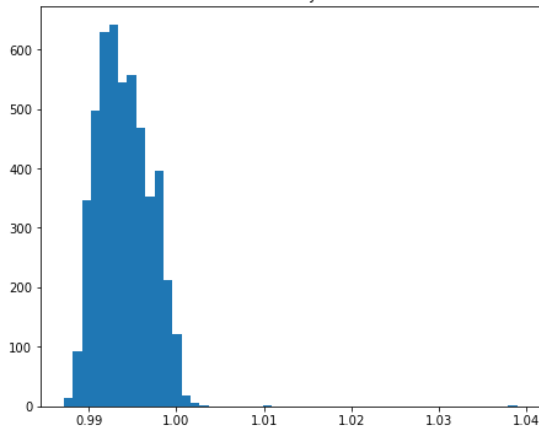




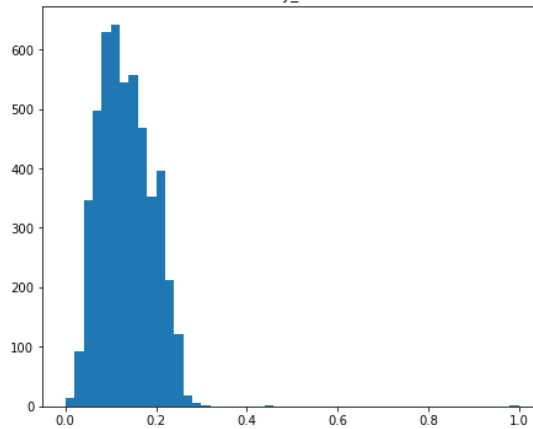
density



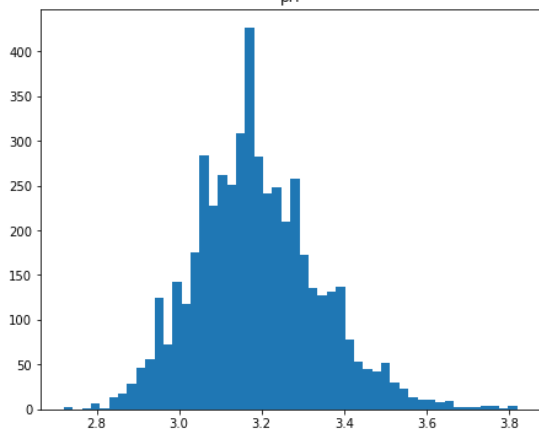
density_scaled



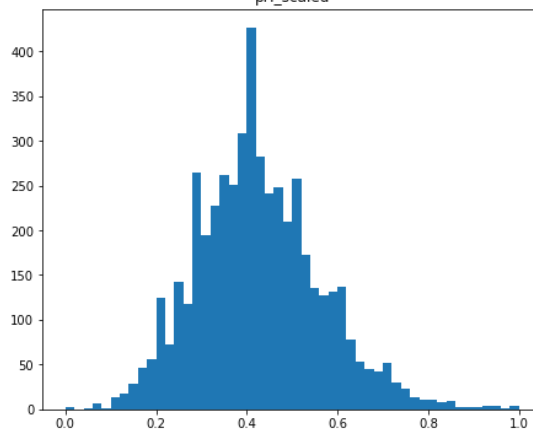
pH



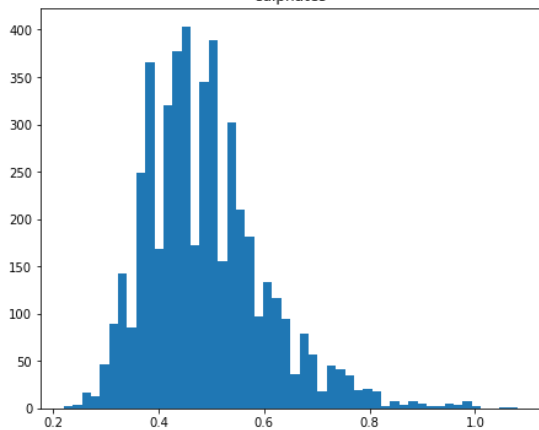
pH_scaled



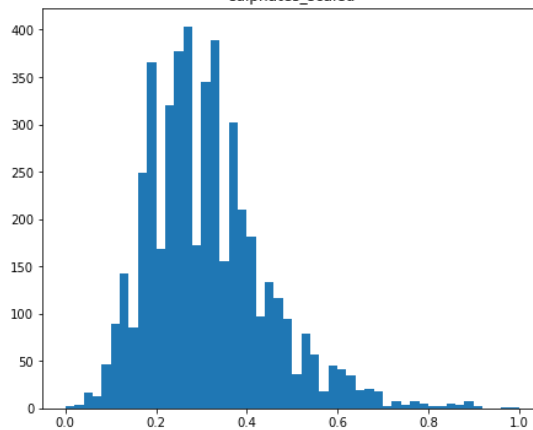
sulphates



sulphates_scaled



alcohol



alcohol_scaled

Масштабирование данных не повлияло на их распределение

Включим тестовую выборку в корреляционную матрицу

In [37]:

```
corr_cols_1 = scale_cols + ['quality']
```

```
corr_cols_1
```

Out[37]:

```
['fixed acidity',  
'volatile acidity',  
'citric acid',  
'residual sugar',  
'chlorides',  
'free sulfur dioxide',  
'total sulfur dioxide',  
'density',  
'pH',  
'sulphates',  
'alcohol',  
'quality']
```

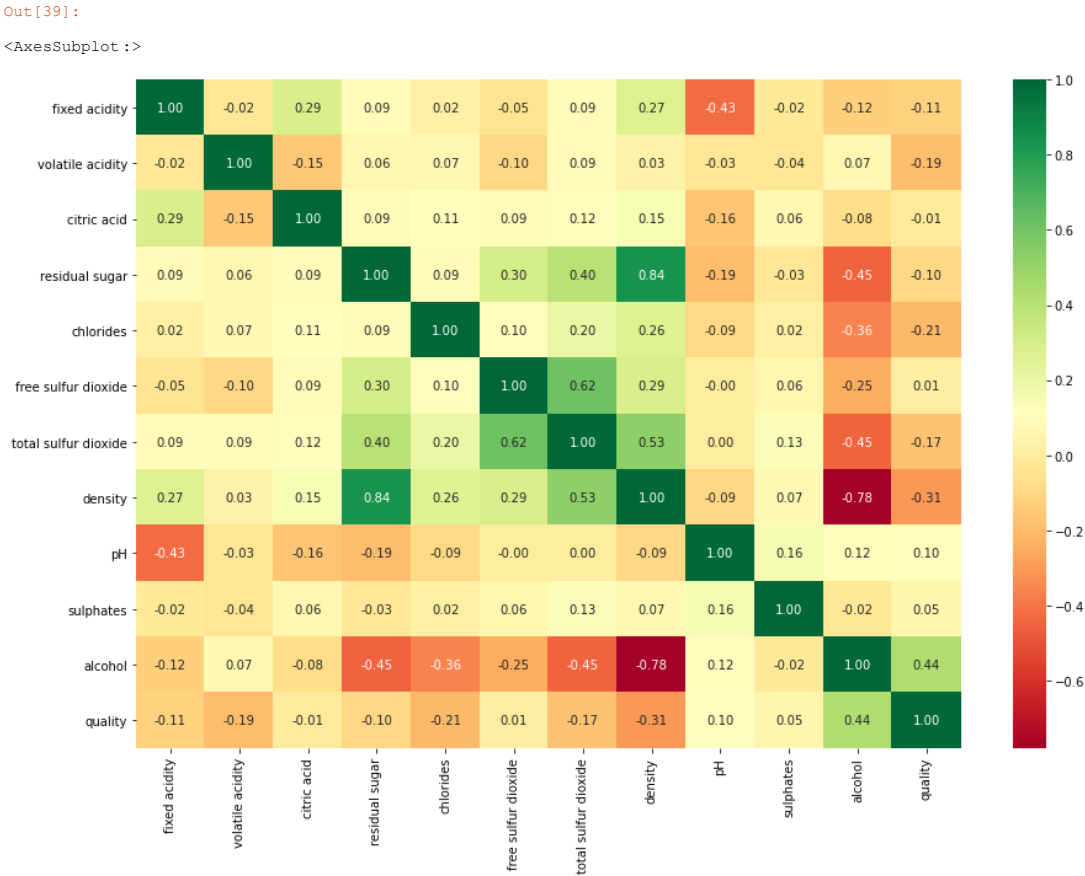
```
In [38]:  
  
scale_cols_postfix = [x+'_scaled' for x in scale_cols]  
corr_cols_2 = scale_cols_postfix + ['quality']  
corr_cols_2
```

Out[38]:

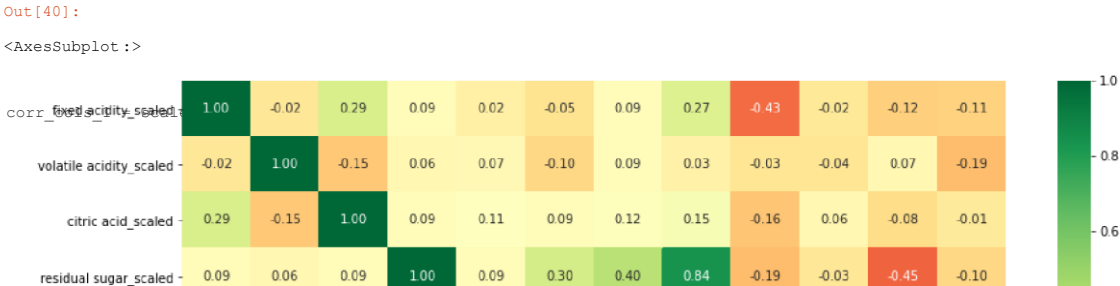
```
['fixed acidity_scaled',  
'volatile acidity_scaled',  
'citric acid_scaled',  
'residual sugar_scaled',  
'chlorides_scaled',  
'free sulfur dioxide_scaled',  
'total sulfur dioxide_scaled',  
'density_scaled',  
'pH_scaled',  
'sulphates_scaled',  
'alcohol_scaled',  
'quality']
```

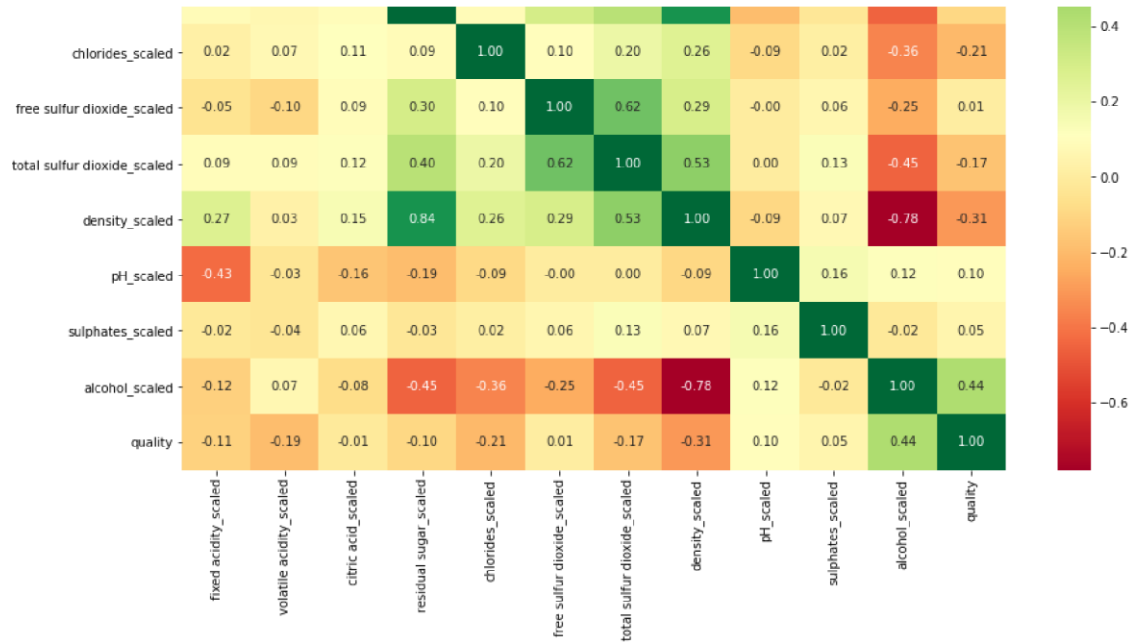
Построим корреляционную матрицу

```
In [39]:  
  
fig, ax = plt.subplots(figsize=(15,10))  
sns.heatmap(data_all[corr_cols_1].corr(), annot=True, fmt='.2f', cmap='RdYlGn')
```



```
In [40]:  
  
fig, ax = plt.subplots(figsize=(15,10))  
sns.heatmap(data_all[corr_cols_2].corr(), annot=True, fmt='.2f', cmap="RdYlGn")
```





Корреляционные матрицы для исходных и масштабированных данных полностью совпадают

Выводы о коррелирующих признаках

- 1. Коэффициенты корреляции в данном наборе низкие. Этот факт будет иметь непосредственное влияние на качество наших моделей (в сторону ухудшения, к сожалению).
- 2. Все представленные входные параметры влияют на качество алкоголя, так как они определяют его химический состав. С этой точки зрения для построения моделей мы можем использовать все 11 признаков. Однако, для улучшения качества моделей исключим признаки, которые могут быть зависимы друг от друга.
- 3. 'alcohol' и 'density' лучше всего коррелируют с целевым признаком, однако они очень сильно коррелируют друг с другом (0.78), что может означать зависимость между ними и плохо влиять на построение моделей. 'alcohol' лучше коррелирует с целквым признаком, поэтому оставим его, а 'density' уберем.
- 4. 'free sulfur' и 'total sulfur' довольно неплохо коррелируют друг с другом (0.62), что логично, так как общий дикосид серы является сумма связанной и свободной серы. У них прослеживается явная заивисимость. Уберем 'free sulfur' из признаков для построения модели.

Бинаризация данных

Так как наш целевой признак 'quality' включает в себя 7 значений, бинарная классификация невозможна.

Чтобы бинаризовать 7 различных значений целевого признака, мы вместо одного целевого столбца 'quality' создаем 7 столбцов (каждый столбец соответствует определенному значению выходного параметра 'quality').

Каждый из семи столбцов является бинарным, то есть принимает значение "1", когда вино имеет оценку качества, соответствующую столбцу, и "0" — во всех остальных случаях.

Все семь столбцов мы создали для наглядности и удобства. Как уже было сказано выше, для задачи классификации мы будем использовать только оценку "6" и "7".

```
In [41]:
qual = pd.concat([train['quality'], test['quality']])

In [42]:
def code_myoe(data, column):
    for i in data[column].unique():
        data[column + '=' + str(i)] = (data[column] == i).astype(int)

In [43]:
code_myoe(data_all, 'quality')
data_all.head()

Out[43]:
```

	dataset	fixed acidity	volatile acidity	citric acid	residual sugar	chlorides	free sulfur dioxide	total sulfur dioxide	density	pH	...	pH_scaled	sulphates_scaled	alcohol_scaled	quality=6	quality=5	quality=7	quality=8	quality=4	quality=3	quality=9
0	TRAIN	7.0	0.27	0.36	20.7	0.045	45.0	170.0	1.0010	3.00	...	0.254545	0.267442	0.129032	1	0	0	0	0	0	0
1	TRAIN	6.3	0.30	0.34	1.6	0.049	14.0	132.0	0.9940	3.30	...	0.527273	0.313953	0.241935	1	0	0	0	0	0	0
2	TRAIN	8.1	0.28	0.40	6.9	0.050	30.0	97.0	0.9951	3.26	...	0.490909	0.255814	0.338710	1	0	0	0	0	0	0
3	TRAIN	7.2	0.23	0.32	8.5	0.058	47.0	186.0	0.9956	3.19	...	0.427273	0.209302	0.306452	1	0	0	0	0	0	0
4	TRAIN	7.2	0.23	0.32	8.5	0.058	47.0	186.0	0.9956	3.19	...	0.427273	0.209302	0.306452	1	0	0	0	0	0	0

5 rows x 31 columns

```
In [44]:
data_all['quality'] = qual
```

4) Выбор метрик для последующей оценки качества моделей.

В качестве метрик для решения задачи классификации будем использовать:

- Метрика precision: $precision = \frac{TP}{TP+FP}$
- Метрика recall (полнота): $recall = \frac{TP}{TP+FN}$
- Метрика F₁-мера: $F_1 = 2 * \frac{precision * recall}{precision + recall}$, где β определяет вес точности в метрике.

- Метрика **ROC AUC**: $TPR = \frac{TP}{TP+FN}$ - **True Positive Rate**, откладывается по оси ординат. Совпадает с $recall$. $FPR = \frac{FP}{FP+TN}$ - **False Positive Rate**, откладывается по оси абсцисс. Показывает какую долю из объектов отрицательного класса алгоритм предсказал неверно.

Введем класс, который позволит сохранять метрики качества построенных моделей и реализует визуализацию метрик качества

In [45]:

```
class MetricLogger:

    def __init__(self):
        self.df = pd.DataFrame(
            {'metric': pd.Series([], dtype='str'),
             'alg': pd.Series([], dtype='str'),
             'value': pd.Series([], dtype='float')})

    def add(self, metric, alg, value):
        """
        Добавление значения
        """
        # Удаление значения если оно уже было ранее добавлено
        self.df.drop(self.df[(self.df['metric']==metric)&(self.df['alg']==alg)].index, inplace = True)
        # Добавление нового значения
        temp = [{'metric':metric, 'alg':alg, 'value':value}]
        self.df = self.df.append(temp, ignore_index=True)

    def get_data_for_metric(self, metric, ascending=True):
        """
        Формирование данных с фильтром по метрике
        """
        temp_data = self.df[self.df['metric']==metric]
        temp_data_2 = temp_data.sort_values(by='value', ascending=ascending)
        return temp_data_2['alg'].values, temp_data_2['value'].values

    def plot(self, str_header, metric, ascending=True, figsize=(5, 5)):
        """
        Вывод графика
        """
        array_labels, array_metric = self.get_data_for_metric(metric, ascending)
        fig, ax1 = plt.subplots(figsize=figsize)
        pos = np.arange(len(array_metric))
        rects = ax1.barh(pos, array_metric,
                        align='center',
                        height=0.5,
                        tick_label=array_labels)
        ax1.set_title(str_header)
        for a,b in zip(pos, array_metric):
            plt.text(0.5, a-0.05, str(round(b,3)), color='white')
        plt.show()
```

Формирование обучающей и тестовой выборок на основе исходного набора данных.

Выделим обучающую и тестовую выборки на основе масштабированных данных с помощью фильтра

In [46]:

```
train_data_all = data_all[data_all['dataset']=='TRAIN']
test_data_all = data_all[data_all['dataset']=='TEST']
train_data_all.shape, test_data_all.shape
```

Out[46]:

```
((3500, 31), (1398, 31))
```

Определим признаки для задачи классификации

In [47]:

```
# Признаки для задачи классификации
task_clas_cols = ['fixed acidity_scaled', 'volatile acidity_scaled', 'citric acid_scaled', 'residual sugar_scaled',
                  'chlorides_scaled', 'total sulfur dioxide_scaled',
                  'pH_scaled', 'sulphates_scaled', 'alcohol_scaled']
```

Определим выборки для задачи классификации

In [48]:

```
# Выборки для задачи классификации
clas_X_train = train_data_all[task_clas_cols]
clas_X_test = test_data_all[task_clas_cols]

clas_Y6_train = train_data_all['quality=6']
clas_Y6_test = test_data_all['quality=6']

clas_Y7_train = train_data_all['quality=7']
clas_Y7_test = test_data_all['quality=7']

clas_X_train.shape, clas_X_test.shape, clas_Y6_train.shape, clas_Y6_test.shape
```

Out[48]:

```
((3500, 9), (1398, 9), (3500,), (1398,))
```

Построение базового решения

Определим модель


```
In [49]:
clas_models = {'RF':RandomForestClassifier(),
               'GB':GradientBoostingClassifier()}
```

Сохранение метрик

```
In [50]:
clasMetricLogger = MetricLogger()
```

```
In [51]:
def clas_train_model7(model_name, model, clasMetricLogger):
    model.fit(clas_X_train, clas_Y7_train)
    Y_pred = model.predict(clas_X_test)
    precision = precision_score(clas_Y7_test.values, Y_pred)
    recall = recall_score(clas_Y7_test.values, Y_pred)
    f1 = f1_score(clas_Y7_test.values, Y_pred)
    roc_auc = roc_auc_score(clas_Y7_test.values, Y_pred)

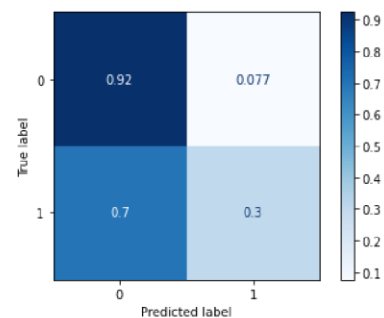
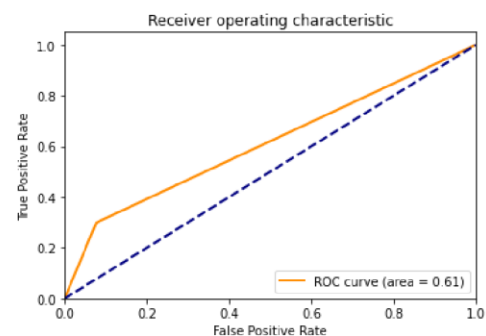
    clasMetricLogger.add('precision', model_name, precision)
    clasMetricLogger.add('recall', model_name, recall)
    clasMetricLogger.add('f1', model_name, f1)
    clasMetricLogger.add('roc_auc', model_name, roc_auc)

    print('*****')
    print(model)
    print('*****')
    draw_roc_curve(clas_Y7_test.values, Y_pred)

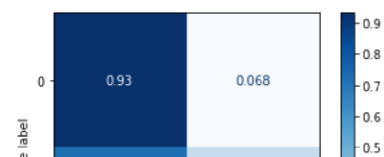
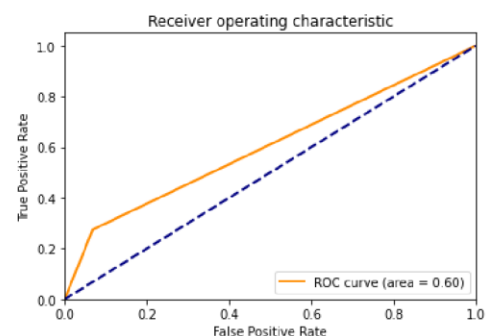
    plot_confusion_matrix(model, clas_X_test, clas_Y7_test.values,
                          display_labels=['0', '1'],
                          cmap=plt.cm.Blues, normalize='true')
    plt.show()
```

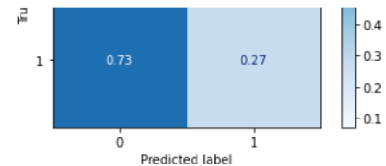
```
In [52]:
for model_name, model in clas_models.items():
    clas_train_model7(model_name, model, clasMetricLogger)
```

```
*****
RandomForestClassifier()
*****
```



```
*****
GradientBoostingClassifier()
*****
```





Формирование выводов о качестве построенных моделей на основе выбранных метрик

Метрики качества модели

In [53]:

```
clas_metrics = clasMetricLogger.df['metric'].unique()
clas_metrics
```

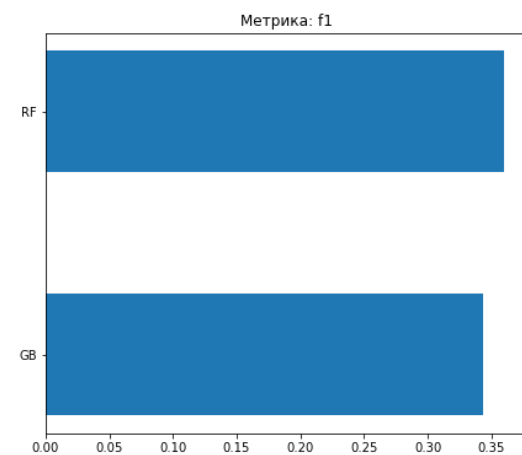
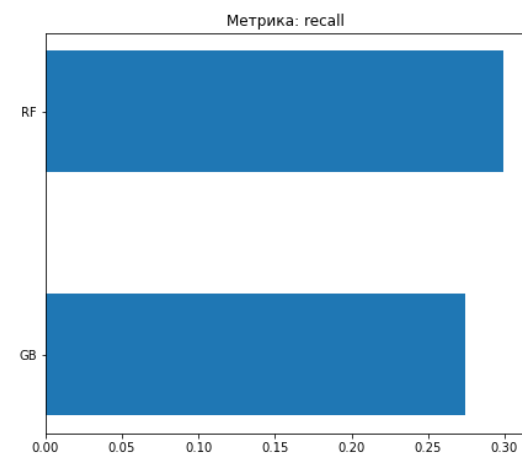
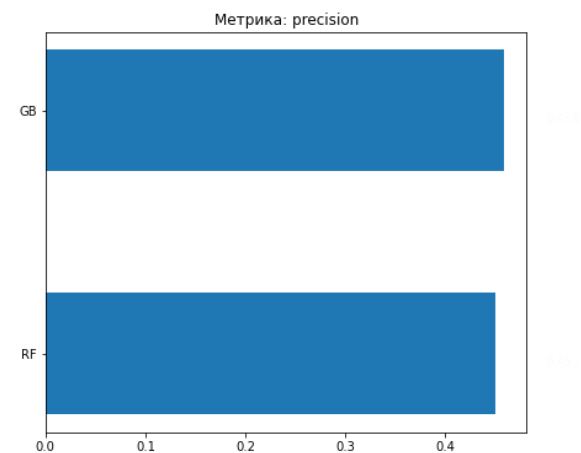
Out[53]:

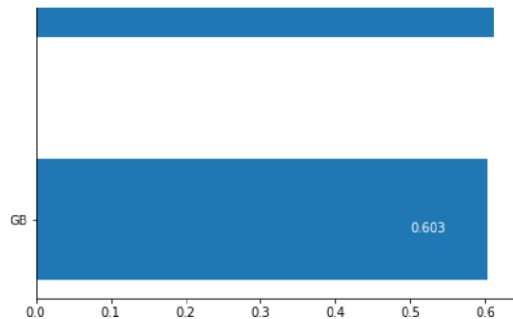
```
array(['precision', 'recall', 'f1', 'roc_auc'], dtype=object)
```

Графики метрик качества модели

In [54]:

```
for metric in clas_metrics:
    clasMetricLogger.plot('Метрика: ' + metric, metric, figsize=(7, 6))
```





Вывод

Градиент буста, данный метод оказался точнее всех случаев.

In []: