Лабораторная работа №3

Робертс Даниил Александрович

Москва 2022

1 Лабораторная работа №4. Линейные модели, SVM и деревья решений.

1.1 Задание

- Выберите набор данных (датасет) для решения задачи классификации или регрессии.
- В случае необходимости проведите удаление или заполнение пропусков и кодирование категориальных признаков.
- С использованием метода train_test_split разделите выборку на обучающую и тестовую.
- Обучите следующие модели:
 - одну из линейных моделей (линейную или полиномиальную регрессию при решении задачи регрессии, логистическую регрессию при решении задачи классификации);
 - SVM:
 - дерево решений.
- Оцените качество моделей с помощью двух подходящих для задачи метрик. Сравните качество полученных моделей.
- Постройте график, показывающий важность признаков в дереве решений.
- Визуализируйте дерево решений или выведите правила дерева решений в текстовом виде.

```
[1]: #Импорт библиотек:
     from sklearn import tree
     from IPython.display import Image
     import numpy as np
     import pandas as pd
     from graphviz import Source
     from IPython.display import display
     from IPython.display import SVG
     from sklearn.model_selection import train_test_split
     from sklearn.datasets import load_diabetes
     from sklearn.metrics import mean_absolute_error, r2_score
     from sklearn.linear_model import Lasso
     from sklearn.preprocessing import MinMaxScaler
     from sklearn.svm import SVR
     from sklearn.tree import DecisionTreeRegressor
     import seaborn as sns
     import matplotlib.pyplot as plt
     %matplotlib inline
     sns.set(style="ticks")
```

Данные доступны были взяты из стандартного набора данных библиотеки sklearn. Данные представляют из себя информацию о больных диабетом. Модель - регрессионная.

```
[2]: diab = load_diabetes()
     diab_df = pd.DataFrame(data = np.c_[diab['data'], diab['target']],
                             columns = diab['feature names'] + ['target'])
     diab_df.isnull().any().any()
[2]: False
     diab_df.describe()
[3]:
                                                                bp
                     age
                                   sex
                                                 bmi
                                                                              s1
           4.420000e+02 4.420000e+02 4.420000e+02 4.420000e+02 4.420000e+02
          -3.639623e-16 1.309912e-16 -8.013951e-16 1.289818e-16 -9.042540e-17
    mean
     std
           4.761905e-02 4.761905e-02 4.761905e-02 4.761905e-02 4.761905e-02
           -1.072256e-01 -4.464164e-02 -9.027530e-02 -1.123996e-01 -1.267807e-01
    min
     25%
           -3.729927e-02 -4.464164e-02 -3.422907e-02 -3.665645e-02 -3.424784e-02
           5.383060e-03 -4.464164e-02 -7.283766e-03 -5.670611e-03 -4.320866e-03
     50%
    75%
           3.807591e-02 5.068012e-02 3.124802e-02 3.564384e-02 2.835801e-02
    max
           1.107267e-01 5.068012e-02 1.705552e-01 1.320442e-01
                                                                   1.539137e-01
                      s2
                                   s3
                                                  s4
                                                                s5
                                                                              s6
           4.420000e+02 4.420000e+02 4.420000e+02 4.420000e+02 4.420000e+02
    count
           1.301121e-16 -4.563971e-16 3.863174e-16 -3.848103e-16 -3.398488e-16
    mean
           4.761905e-02 4.761905e-02 4.761905e-02 4.761905e-02 4.761905e-02
    std
           -1.156131e-01 -1.023071e-01 -7.639450e-02 -1.260974e-01 -1.377672e-01
    min
     25%
           -3.035840e-02 -3.511716e-02 -3.949338e-02 -3.324879e-02 -3.317903e-02
           -3.819065e-03 -6.584468e-03 -2.592262e-03 -1.947634e-03 -1.077698e-03
     50%
     75%
           2.984439e-02 2.931150e-02 3.430886e-02 3.243323e-02 2.791705e-02
           1.987880e-01 1.811791e-01 1.852344e-01 1.335990e-01 1.356118e-01
    max
                target
           442.000000
     count
    mean
            152.133484
     std
            77.093005
             25.000000
    min
    25%
            87.000000
     50%
           140.500000
    75%
           211.500000
           346.000000
    max
[4]: diab_X_train, diab_X_test, diab_y_train, diab_y_test = train_test_split(
         diab.data, diab.target, test_size=0.2, random_state=1)
```

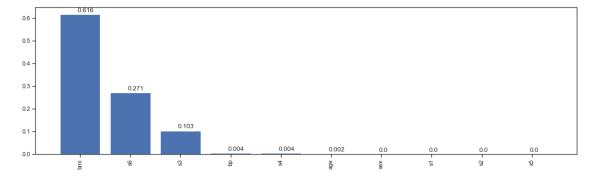
Линейная модель

```
[5]: reg = Lasso(alpha=0.3)
     res = reg.fit(diab_X_train, diab_y_train)
     res.coef_, res.intercept_
                            -29.04480455, 522.18766076, 185.22299625,
[5]: (array([
                0.
                                         , -142.29451879,
               -0.
                             -0.
                                                            Ο.
               430.33034168,
                             Ο.
                                         ]),
      151.85913333692827)
[6]: # Оценка качества модели
     r2_score(diab_y_test, res.predict(diab_X_test)),__
      →mean_absolute_error(diab_y_test, res.predict(diab_X_test))
[6]: (0.4224527596544878, 43.95088508641399)
     SVM
[7]: # Масштабирование данных
     sc = MinMaxScaler()
     sc_data = sc.fit_transform(diab.data)
     sc_data[0]
[7]: array([0.66666667, 1. , 0.58264463, 0.54929577, 0.29411765,
            0.25697211, 0.20779221, 0.28208745, 0.56221737, 0.43939394])
[8]: # Разделение на тестовую и обучающие выборки
     diab_X_train1, diab_X_test1, diab_y_train1, diab_y_test1 = train_test_split(
         sc_data, diab.target, test_size=0.5, random_state=1)
     svr = SVR(kernel='poly')
     svr.fit(diab_X_train1, diab_y_train1)
[8]: SVR(kernel='poly')
[9]: # Оценка качества модели
     r2_score(diab_y_test1, svr.predict(diab_X_test1)),__
      →mean_absolute_error(diab_v_test1, svr.predict(diab_X_test1))
[9]: (0.4092781221129439, 45.28303482270574)
     Дерево
[10]: dtr = DecisionTreeRegressor(max_depth=5, criterion='poisson')
     dtr.fit(diab_X_train, diab_y_train)
[10]: DecisionTreeRegressor(criterion='poisson', max_depth=5)
[11]: # Оценка качества модели
```

```
r2_score(diab_y_test, dtr.predict(diab_X_test)),⊔
→mean_absolute_error(diab_y_test, dtr.predict(diab_X_test))
```

[11]: (0.08654337289278313, 59.64016853932585)

```
[12]: from operator import itemgetter
      def draw_feature_importances(tree_model, X_dataset, figsize=(18,5)):
          Вывод важности признаков в виде графика
          # Сортировка значений важности признаков по убыванию
          list_to_sort = list(zip(X_dataset.columns.values, tree_model.
       →feature_importances_))
          sorted_list = sorted(list_to_sort, key=itemgetter(1), reverse = True)
          # Названия признаков
          labels = [x for x,_ in sorted_list]
          # Важности признаков
          data = [x for _,x in sorted_list]
          # Вывод графика
          fig, ax = plt.subplots(figsize=figsize)
          ind = np.arange(len(labels))
          plt.bar(ind, data)
          plt.xticks(ind, labels, rotation='vertical')
          # Вывод значений
          for a,b in zip(ind, data):
              plt.text(a-0.05, b+0.01, str(round(b,3)))
          plt.show()
          return labels, data
      draw_feature_importances(dtr, diab_df)
```



```
[12]: (['bmi', 's6', 's3', 'bp', 's4', 'age', 'sex', 's1', 's2', 's5'], [0.6156008779444537,
```

```
0.27144511500353596,
           0.10310974300456081,
           0.003970264146044439,
           0.00375064753766194,
           0.0021233523637430507,
           0.0,
           0.0,
           0.0,
           0.0])
[15]: from io import StringIO
         from sklearn.tree import export_graphviz
         import pydotplus
         def get_png_tree(tree_model_param, feature_names_param):
               dot_data = StringIO()
               export_graphviz(tree_model_param, out_file=dot_data,__
          →feature_names=feature_names_param,
                                       filled=True, rounded=True, special_characters=True)
               graph = pydotplus.graph_from_dot_data(dot_data.getvalue())
               return graph.create_png()
[16]: | Image(get_png_tree(dtr, diab_df[diab['feature_names']].columns), height='70%')
[16]:
                                                                           s3 ≤ -0.1
                                                                        poisson = 20.13
                                                                         samples = 353
                                                                        value = 153.377
                                                                                   False
                                                                      True
                                                                                   s6 \le 0.129
                                                                 poisson = 0.0
                                                                                poisson = 19.945
                                                                 samples =
                                                                                 samples = 352
                                                                  /alue = 341.0
                                                                                value = 152.844
                                                                                            s4 ≤ 0.101
poisson = 1.747
                                                                      bmi ≤ 0.101
                                                                    poisson = 19.594
                                                                     samples = 347
                                                                                              samples = 5
                                                                     value = 151.023
                                                                                              value = 279.2
                                               bmi ≤ 0.097
                                                                       s6 ≤ 0.061
                                                                                               s6 ≤ 0.134
                                                                                                             poisson = 0.0
                                             poisson = 18.864
                                                                     poisson = 2.119
                                                                                                             samples = 1
                                              samples = 337
                                                                      samples = 10
value = 274.5
                                                                                             samples = 4
value = 269.75
                                                                                                             value = 317.0
                                             value = 147.359
                                                               bp ≤ 0.091
                              bmi ≤ 0.095
                                                                                                              age ≤ 0.053
                                              poisson = 0.0
                                                                                              poisson = 0.0
                            poisson = 18.789
                                                             poisson = 1.555
                                                                                                             poisson = 0.586
                                               samples = 1
                                                                               samples = 1
                                                                                              samples = 1
value = 310.0
                                                             samples = 9
value = 267.667
                                                                                                             samples = 3
value = 256.333
                             samples = 336
                            value = 146.979
               poisson = 18.714
                                                                          poisson = 0.0
                                                                                                                  poisson = 0.0
                                  poisson = 0.0
                                                         poisson = 1.339
                                                                                                 poisson = 0.002
                samples = 335
                                  samples = 1
value = 274.0
                                                         samples = 8
value = 262.625
                                                                          samples = 1
value = 308.0
                                                                                                  samples = 2
value = 244.0
                                                                                                                  samples = 1
value = 281.0
                 value = 146.6
```