Dzień 3 - Analiza dyskryminacyjna

Spis treści

Analiza dyskryminacyjna

1

Analiza dyskryminacyjna

Wersja pdf

Analiza dyskryminacyjna (ang. discriminant analysis) – jej zadaniem jest rozstrzyganie, które zmienne niezależne (predyktory) w najlepszy sposób dzielą dany zbiór przypadków na występujące w naturalny sposób grupy, opisane jakościową zmienną zależną.

W metodzie tej możemy wyróżnić dwa główne etapy:

- etap uczenia / budowy modelu w którym znajdujemy reguły klasyfikacyjne w oparciu o tak zwany zbiór uczący (próbę statystyczną)
- etap klasyfikacji / wykorzystania modelu w którym dokonujemy klasyfikacji zasadniczego zbioru obiektów, których przynależność jest nam nieznana, w oparciu o znalezione charakterystyki klas.

Zostanie opisany model liniowy (użyjemy liniowej kombinacji predyktorów aby przewidzieć klasę obserwacji).

Załadujmy potrzebne biblioteki:

```
library(tidyverse)
library(caret)
```

Załadujmy ponownie ramkę iris i podzielmy ją na tzw. część treningową (uczącą) i testową.

```
data("iris")
set.seed(123)
training.samples <- createDataPartition(iris$Species,p = 0.8, list = FALSE)
train.data <- iris[training.samples, ]
test.data <- iris[-training.samples, ]</pre>
```

Wykonajmy normalizację danych:

```
preproc.param <- preProcess(train.data,method = c("center", "scale"))
train.transformed <- predict(preproc.param,train.data)
head(train.transformed)</pre>
```

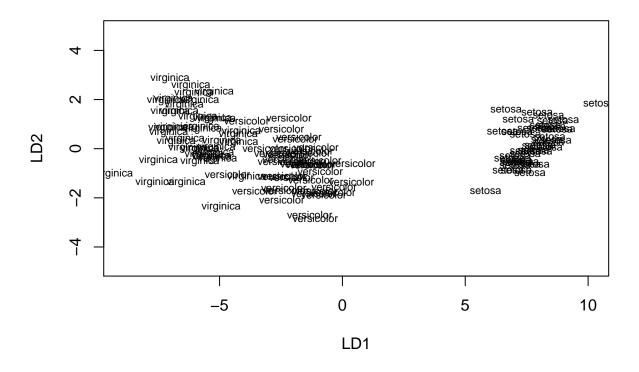
```
Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.Width Species
##
      -0.8344991 1.15462417
                                -1.328132 -1.311924 setosa
## 1
## 2
      -1.0673826 -0.07152539
                                -1.328132
                                            -1.311924 setosa
                                -1.384789
      -1.3002661 0.41893443
                                            -1.311924 setosa
## 4
      -1.4167078 0.17370452
                                -1.271475
                                            -1.311924 setosa
      -1.4167078 0.90939426
                                -1.328132
                                            -1.180732 setosa
      -0.9509409 0.90939426
                                            -1.311924 setosa
## 8
                                -1.271475
test.transformed <- predict(preproc.param,test.data)</pre>
head(test.transformed)
```

```
## Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.Width Species
## 5 -0.9509409 1.3998541 -1.328132 -1.311924 setosa
## 6 -0.4851739 2.1355438 -1.158162 -1.049539 setosa
```

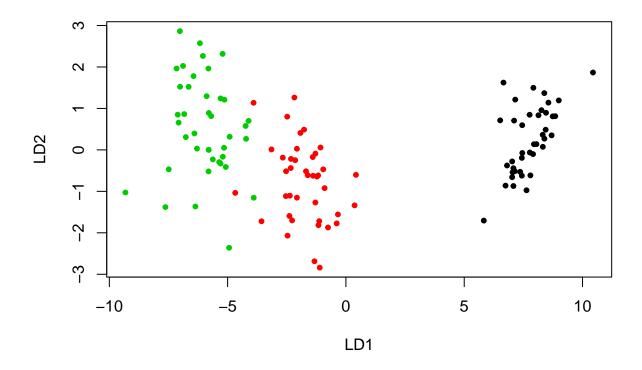
```
## 10
       -1.0673826
                    0.1737045
                                 -1.271475
                                             -1.443117 setosa
       -1.1838243
                                             -1.311924 setosa
## 12
                    0.9093943
                                 -1.214819
                                 -1.271475
## 16
       -0.1358487
                    3.3616934
                                             -1.049539 setosa
## 17
       -0.4851739
                    2.1355438
                                 -1.384789
                                             -1.049539 setosa
```

Algorytm liniowy na starcie szuka kierunków, które "maksymalizują" oddzielenie klas/grup. Następnie kierunki są zastosowane na danych testowych. Kierunki (zwane liniowymi dyskryminatorami) są liniową kombinacją predyktorów.

```
library(MASS)
model <- lda(Species~., data = train.transformed)</pre>
predictions <- predict(model,test.transformed)</pre>
mean(predictions$class==test.transformed$Species)
## [1] 1
model
## Call:
## lda(Species ~ ., data = train.transformed)
##
## Prior probabilities of groups:
##
       setosa versicolor virginica
   0.3333333 0.3333333 0.3333333
##
##
## Group means:
##
              Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.Width
## setosa
                -1.0120728
                             0.7867793
                                         -1.2927218 -1.2496079
## versicolor
                 0.1174121 -0.6478157
                                          0.2724253
                                                       0.1541511
## virginica
                 0.8946607 -0.1389636
                                          1.0202965
                                                       1.0954568
## Coefficients of linear discriminants:
##
                       LD1
## Sepal.Length 0.9108023 0.03183011
## Sepal.Width
                 0.6477657 0.89852536
## Petal.Length -4.0816032 -2.22724052
## Petal.Width -2.3128276 2.65441936
##
## Proportion of trace:
##
      LD1
             LD2
## 0.9905 0.0095
plot(model)
```



```
predictions <- predict(model,test.transformed)</pre>
names(predictions)
## [1] "class"
                   "posterior" "x"
head(predictions$class, 6)
## [1] setosa setosa setosa setosa setosa
## Levels: setosa versicolor virginica
head(predictions$posterior, 6)
##
      setosa
               versicolor
                             virginica
## 5
           1 5.718110e-24 5.016023e-46
           1 9.459855e-23 1.638348e-43
## 6
           1 7.615603e-20 2.693591e-41
## 10
           1 1.495465e-19 3.345580e-40
## 12
## 16
           1 7.132457e-30 1.009441e-52
## 17
           1 8.379340e-27 5.833391e-49
head(predictions$x, 3)
##
           LD1
## 5 8.495822 0.7032086
## 6 8.095995 1.6969837
## 10 7.667684 -0.8766525
lda.data <- cbind(train.transformed, predict(model)$x)</pre>
plot(predict(model)$x, pch=20, col=train.transformed$Species)
```



plot(predictions\$x, pch=20, col=predictions\$class)

