Komputerowe Wspomaganie Decyzji

Projekt

Temat:

“Odkrywanie konceptu jadalnego grzyba z użyciem algorytmu ID3.”

Wykonali:
Rafał Paprocki
Piotr Ryzak

1.Opis algorytmu ID3.

Drzewa decyzyjne są graficzną metodą wspomagania procesu decyzyjnego. Jest to jedna z najczęściej wykorzystywanych technik analizy danych. Drzewo składają się z korzenia oraz gałęzi prowadzących z korzenia do kolejnych wierzchołków. Wierzchołki, z których wychodzi co najmniej jedna krawędź, są nazywane węzłami, a pozostałe wierzchołki – liśćmi. W każdym węźle sprawdzany jest pewien warunek dotyczący danej obserwacji, i na jego podstawie wybierana jest jedną z gałęzi prowadząca do kolejnego wierzchołka.

Algorytm ID3 jest jednym z algorytmów operujących na drzewach decyzyjnych. Jego twórcą jest Ross Quinlan, a algorytm pochodzi z 1986r. Cechą charakterystyczną algorytmu jest wybór atrybutów dla których kolejno przeprowadzane są testy takie, aby końcowe drzewo było jak najprostsze i jak najefektywniejsze. Wybór atrybutów opiera się na liczeniu entropii, co pozwala obliczyć wybór, który z atrybutów da największy przyrost informacji. Takim atrybutem jest ten, który podzieli zbiór przykładów na jak najbardziej równe podzbiory.

Entropia w ramach teorii informacji jest definiowana jako średnia ilość informacji (liczba bitów), przypadająca na znak symbolizujący zajście zdarzenia z pewnego zbioru. Zdarzenia w tym zbiorze mają przypisane prawdopodobieństwa wystąpienia.
Wzór na entropię gdzie $p(i)$ to prawdopodobieństwo zajścia zdarzenia i :

$$H(x) = \sum_{i=}^{n} p(i)\, log(\tfrac{1}{p(i)}) = -\sum_{i=}^{n} p(i)\, log(\, p(i)\,)$$

Własności entropii:

- jest nieujemna
- jest maksymalna, gdy prawdopodobieństwa zajść zdarzeń są takie same
- jest równa 0, gdy stany systemu przyjmują wartości 0 albo 1
- własność superpozycji - gdy dwa systemy są niezależne to entropia sumy systemów równa się sumie entropii.

W bibliotece scikit-learn drzewa decyzyjne implementowane są przez klasę **DecisionTreeClassifier**. Jako wejście przyjmuje ona dwie matryce: matrycę X zawierająca treningowy zestaw próbek oraz matrycę Y zawierającą klasy etykiet dla treningowego zestawu próbek. Po wytrenowaniu klasyfikatora takim zestawem danych możemy użyć go do przewidywania klass etykiet dla danych, które podamy klasyfikatorowi.

2.Opis danych uczących.

Dane o grzybach pobieraliśmy ze strony
https://archive.ics.uci.edu/ml/datasets/mushroom?fbclid=IwAR2OrnzVLH1mFCnD8NRBZu_i_WMfnudmLR1LounuTPu9iq5kn_MnvJDkUXI
Dane te zawierają opis hipotetycznych próbek odpowiadającym dwudziestu trzem gatunkom blaszkowcy z rodziny Agaricus i Lepiota. Każdemu gatunkowi jest przypisana jedna z dwóch klas etykiet : trujący (poisonous) , jadalny (edible). Oryginalne dane zawierał jeszcze dwie etykiety nieklasyfikowany i nie zalecany pod kątem jadalności, ale zostały one przypisane do etykiety trujący.

Informacje o atrybutach:

1. cap-shape: bell=b,conical=c,convex=x,flat=f, knobbed=k,sunken=s
2. cap-surface: fibrous=f,grooves=g,scaly=y,smooth=s
3. cap-color: brown=n,buff=b,cinnamon=c,gray=g,green=r,
pink=p,purple=u,red=e,white=w,yellow=y
4. bruises?: bruises=t,no=f
5. odor: almond=a,anise=l,creosote=c,fishy=y,foul=f, musty=m,none=n,pungent=p,spicy=s
6. gill-attachment: attached=a,descending=d,free=f,notched=n
7. gill-spacing: close=c,crowded=w,distant=d
8. gill-size: broad=b,narrow=n
9. gill-color: black=k,brown=n,buff=b,chocolate=h,gray=g,
green=r,orange=o,pink=p,purple=u,red=e, white=w,yellow=y
10. stalk-shape: enlarging=e,tapering=t
11. stalk-root: bulbous=b,club=c,cup=u,equal=e, rhizomorphs=z,rooted=r,missing=?
12. stalk-surface-above-ring: fibrous=f,scaly=y,silky=k,smooth=s
13. stalk-surface-below-ring: fibrous=f,scaly=y,silky=k,smooth=s
14. stalk-color-above-ring: brown=n,buff=b,cinnamon=c,gray=g,orange=o,
pink=p,red=e,white=w,yellow=y
15. stalk-color-below-ring: brown=n,buff=b,cinnamon=c,gray=g,orange=o,
pink=p,red=e,white=w,yellow=y
16. veil-type: partial=p,universal=u
17. veil-color: brown=n,orange=o,white=w,yellow=y
18. ring-number: none=n,one=o,two=t
19. ring-type: cobwebby=c,evanescent=e,flaring=f,large=l,
none=n,pendant=p,sheathing=s,zone=z
20. spore-print-color: black=k,brown=n,buff=b,chocolate=h,green=r,
orange=o,purple=u,white=w,yellow=y
21. population: abundant=a,clustered=c,numerous=n, scattered=s,several=v,solitary=y
22. habitat: grasses=g,leaves=l,meadows=m,paths=p, urban=u,waste=w,woods=d

	target	1.cap-shape	2.cap-surface	3.cap-color	4.bruises	5.odor	6.gill-attachment	7.gill-spacing	8.gill-size	9.gill-color	10.stalk-shape	11.stalk-root	12.stalk-surface-above-ring
0	p	x	s	n	t	p	f	c	n	k	e	e	s
1	e	x	s	y	t	a	f	c	b	k	e	c	s
2	e	b	s	w	t	l	f	c	b	n	e	c	s
3	p	x	y	w	t	p	f	c	n	n	e	e	s
4	e	x	s	g	f	n	f	w	b	k	t	e	s

13.stalk-surface-below-ring	14.stalk-color-above-ring	15.stalk-color-below-ring	16.veil-type	17.veil-color	18.ring-number	19.ring-type	20.spore-print-color	21.population	22.habitat
s	w	w	p	w	o	p	k	s	u
s	w	w	p	w	o	p	n	n	g
s	w	w	p	w	o	p	n	n	m
s	w	w	p	w	o	p	k	s	u
s	w	w	p	w	o	e	n	a	g

Graficzne przedstawienie kilku pierwszych wierszy danych o grzybach

Dane te zawierają 8124 wiersze i 23 kolumny. Pierwsza kolumna stanowi opis czy grzyb jest jadalny(e) czy trujący(p). Pozostałe 22 kolumny to zestaw atrybutów opisujących grzyb. W danych tych występuje 2480 brakujących wartości atrybutów oznaczonych jako ‘?’, wszystkie te dane występują dla atrybutu #11.

Zastosowaliśmy dwa podejścia by je wyeliminować:

1. Wszystkie brakujące dane uzupełniliśmy najczęściej występującą wartością w atrybucie #11.
2. Usunęliśmy wszystkie wiersze zawierające brakujące dane.

3. Kod programu.

Najważniejsze funkcje programu:

a) pobieranie danych uczących

```
mushroom_data =
pd.read_csv('https://archive.ics.uci.edu/ml/machine-learning-databas
es/mushroom/agaricus-lepiota.data',
            names=colNames)
```

b) data preprocessing

```
#W naszych danych jedynie kolumna 11 zawiera brakujace
dane(wystepuje jako '?'), mozemy:
#1.Zastapic je najczesciej wystepujaca wartoscia w kolumnie 11
#2.Wyrzucic wszystkie wiersze z brakujacymi danymi
mushroom_data1 = mushroom_data.copy()
mushroom_data2 = mushroom_data.copy()
#najczesciej wystepujaca wartosc w kolumnie 11
mode_value = mushroom_data.mode().iloc[:,11]
#zastepujemy brakujace wartosci wartoscia najczesciej wystepujaca
mushroom_data1.replace("?", np.nan, inplace=True)
mushroom_data1.replace(np.nan, mode_value[0], inplace=True)
#drugie podejscie usuwamy wiersze zawierajace brakujace dane
mushroom_data2.replace("?", np.nan, inplace=True)
mushroom_data2.dropna(inplace=True)
#zamieniamy wartości tekstowe na liczbowe
mushroom_data1 = mushroom_data1.apply(lambda x: pd.factorize(x,
sort=True)[0])
mushroom_data2 = mushroom_data2.apply(lambda x: pd.factorize(x,
sort=True)[0])
#wydzielamy dane o jadalnosci od pozostalych
mushroom_x1 = mushroom_data1.iloc[:, 1:23]
mushroom_y1 = mushroom_data1.iloc[:, 0]
mushroom_x2 = mushroom_data2.iloc[:, 1:23]
mushroom_y2 = mushroom_data2.iloc[:, 0]
```

c) podział na dane trenujące i testowe.

```
from sklearn.model_selection import train_test_split

x_train1, x_test1, y_train1, y_test1 = \
   train_test_split(mushroom_x1, mushroom_y1, train_size=0.8,
random_state=67)
x_train2, x_test2, y_train2, y_test2 = \
   train_test_split(mushroom_x2, mushroom_y2, train_size=0.8,
random_state=67)
```

d) trenowanie modelu.

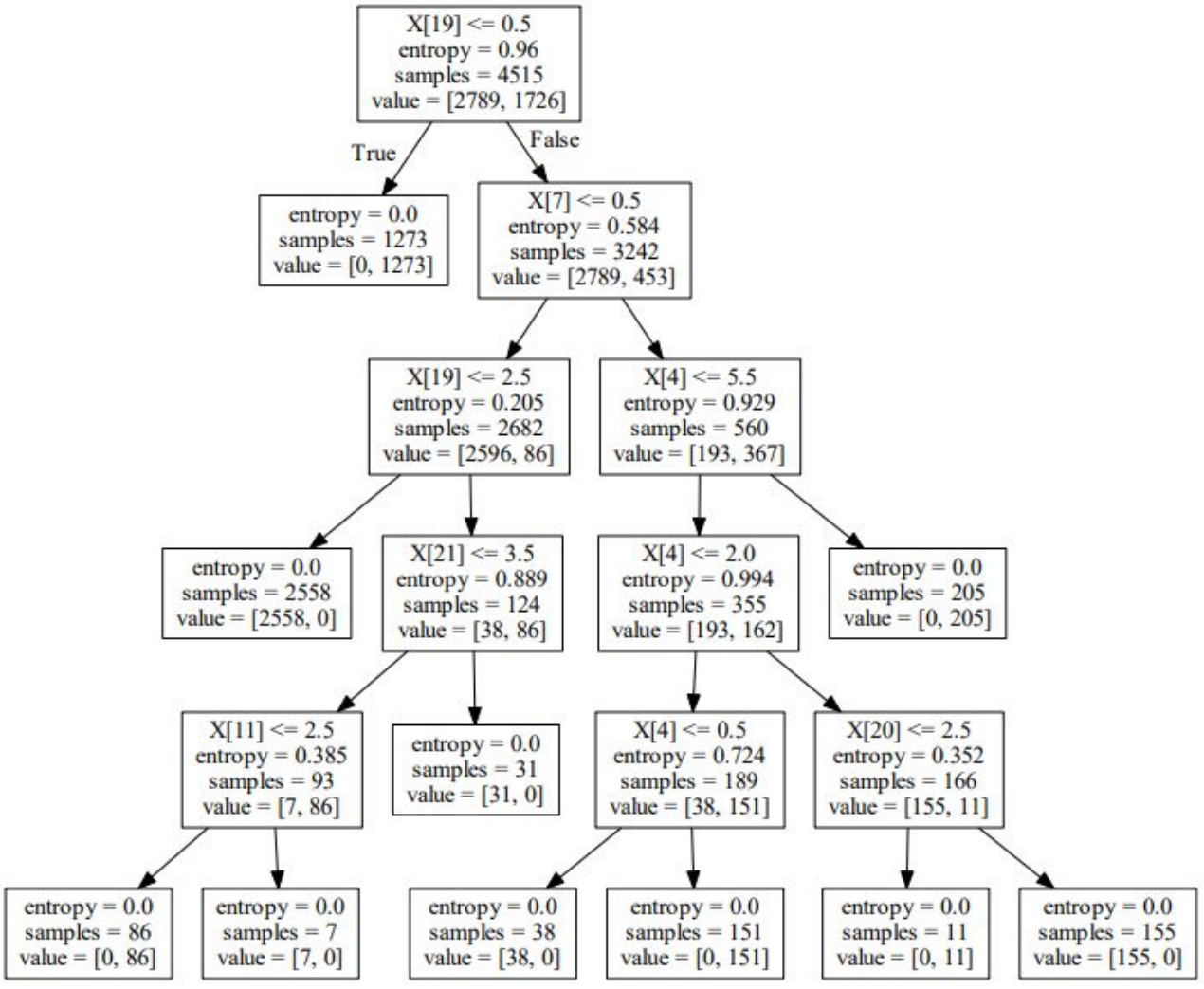
```
from sklearn import tree

filled_data_model = tree.DecisionTreeClassifier(criterion='entropy',
max_depth=12, random_state=37)
dropped_data_model =
tree.DecisionTreeClassifier(criterion='entropy', max_depth=12,
random_state=37)
filled_data_model.fit(x_train1, y_train1)
```

```
dropped_data_model.fit(x_train2, y_train2)
```

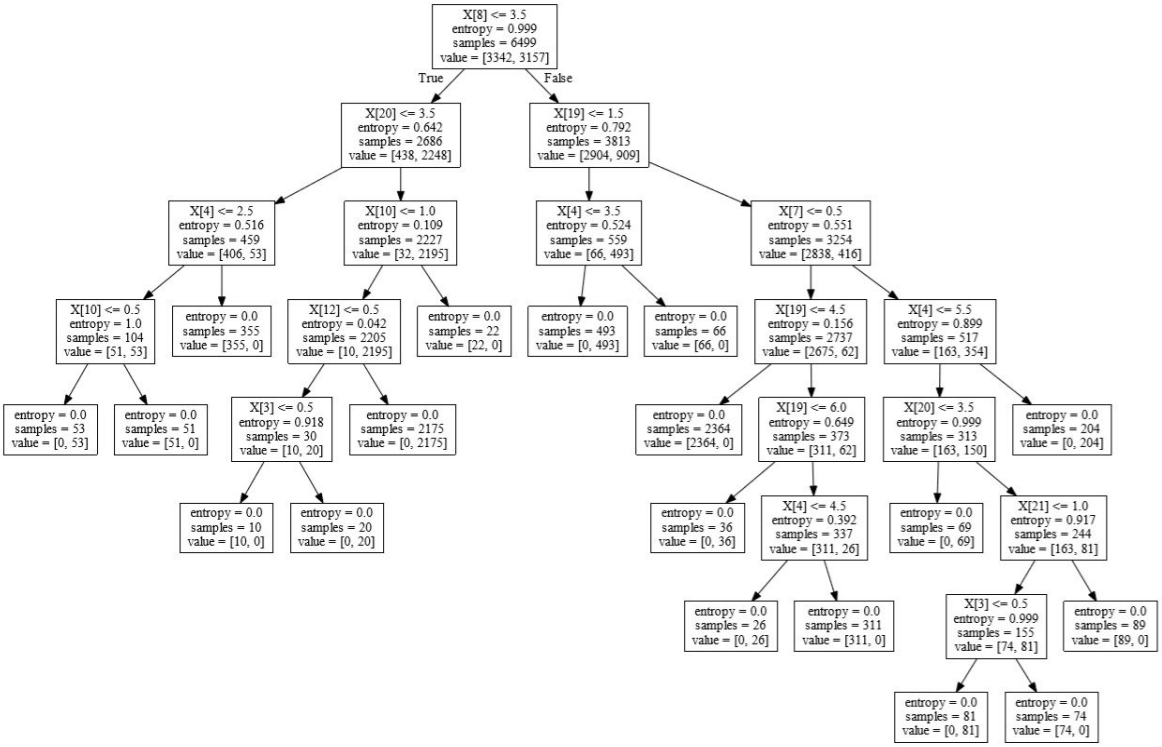
e) graficzna wizualizacja drzewa.

```
#wizualizacje drzew
import graphviz

tree_filled = tree.export_graphviz(filled_data_model, out_file=None)
filled_graph = graphviz.Source(tree_filled)
filled_graph.render("Filled data model")

tree_dropped = tree.export_graphviz(dropped_data_model, out_file=None)
dropped_graph = graphviz.Source(tree_dropped)
dropped_graph.render("Dropped data model")
```

Kompletny kod źródłowy można znaleźć pod linkiem: https://github.com/pmryzak/MushroomClassifier?fbclid=IwAR0VxRkYhfE5HXWF-gZ4CTE3GelAm64epnuGsdtn_Mq-YFxXXGrCIePzPDs.



Graficzna wizualizacja powstałego drzewa (podejście z usuwaniem wierszy z brakującymi danymi).



Graficzna wizualizacja powstałego drzewa (podejście z uzupełnianiem danych wartością najczęściej występującą.

4. Oceniania jakości uzyskanego drzewa.

Wyniki dla modelu, w których brakujące wartości zastąpiono najczęstszymi, po kolei dla: jego danych testowych, jego danych trenujących i danych testowych drugiego modelu.

```
In [38]: #wynik modelu danych uzupelnionych na swoich danych testowych
         filled_data_model.score(x_test1, y_test1)
```

```
Out[38]: 1.0
```

```
In [39]: #wynik modelu danych uzupelnionych na swoich danych treningowych
         filled_data_model.score(x_train1, y_train1)
```

```
Out[39]: 1.0
```

```
In [40]: #wynik modelu danych uzupelnionych na danych testowych drugiego modelu
         filled_data_model.score(x_test2, y_test2)
```

```
Out[40]: 0.8423383525243578
```

Wyniki dla modelu, w których wiersze z brakującymi wartościami zostały usunięte, po kolei dla: jego danych testowych, jego danych trenujących i danych testowych drugiego modelu.

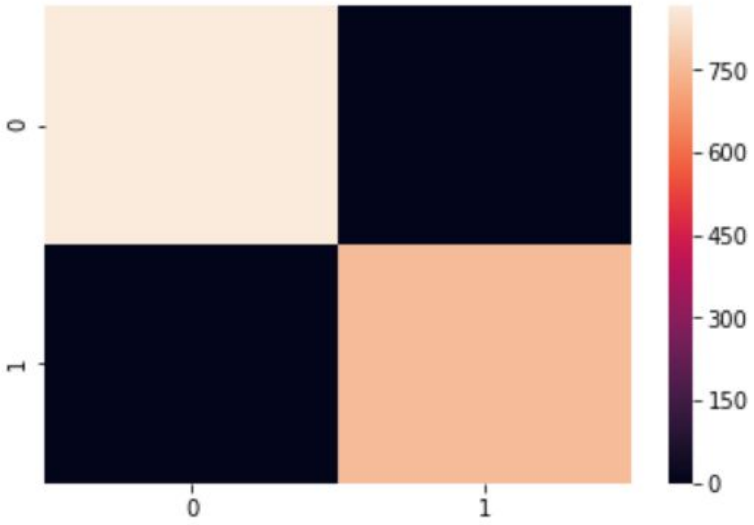
```
In [42]: #wynik modelu danych usunietych na swoich danych testowych
         dropped_data_model.score(x_test2, y_test2)
Out[42]: 1.0

In [43]: #wynik modelu danych usunietych na swoich danych treningowych
         dropped_data_model.score(x_train2, y_train2)
Out[43]: 1.0

In [44]: #wynik modelu danych usunietych na danych testowych drugiego modelu
         dropped_data_model.score(x_test1, y_test1)
Out[44]: 0.5655384615384615
```

Macierze konfuzji

a) dla pierwszego modelu (uzupełnianie danych)

```
In [17]: #Macierz konfuzji modelu o uzupelnionych danych
         from sklearn.metrics import confusion_matrix
         import seaborn as sn

         filled_data_predictions = filled_data_model.predict(x_test1)
         filled_data_cnf_matrix = confusion_matrix(y_test1, filled_data_predictions)
         #sn.heatmap(filled_data_cnf_matrix)
         filled_data_cnf_matrix

Out[17]: array([[866,   0],
                [  0, 759]], dtype=int64)
```

```
Out[26]: <matplotlib.axes._subplots.AxesSubplot at 0x1d11db15198>
```

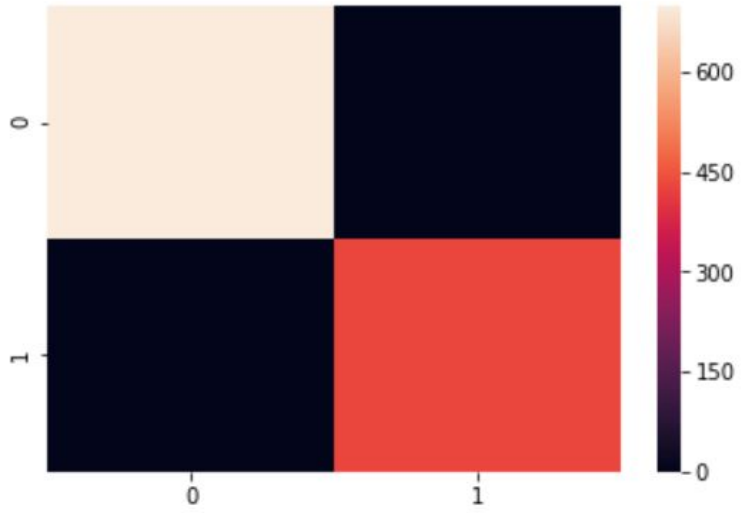


b) dla drugiego modelu (usuwanie wierszy danych)

```
In [19]:
#Macierz konfuzji modelu o usunietych danych
dropped_data_predictions = dropped_data_model.predict(x_test2)
dropped_data_cnf_matrix = confusion_matrix(y_test2, dropped_data_predictions)
#sn.heatmap(dropped_data_cnf_matrix)
dropped_data_cnf_matrix
```

```
Out[19]: array([[699,   0],
                [  0, 430]], dtype=int64)
```

```
Out[27]: <matplotlib.axes._subplots.AxesSubplot at 0x1d11db9e748>
```

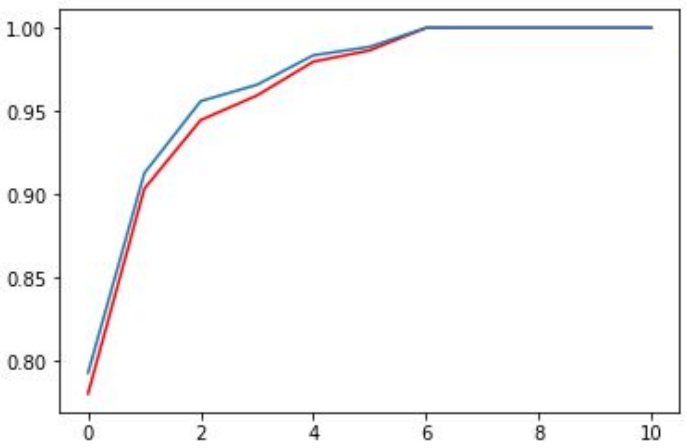


Obserwujemy, że przy maksymalnej głębokości drzewa = 12 obydwa modele uzyskują dla swoich danych testowych skuteczność 100%, przy czym stworzone drzewa różnią się od siebie. Obserwujemy też, że model, który miał uzupełniane dane ma dużo lepszą skuteczność na danych testujących drugiego modelu(dzięki temu, że miał więcej danych treningowych), niż model, z którego wyrzuciliśmy sporą ilość wierszy, tutaj ta skuteczność jest dużo gorsza na danych testowych pierwszego modelu.

Ostatecznie w tym przypadku lepsze jest podejście z uzupełnianiem brakujących danych.

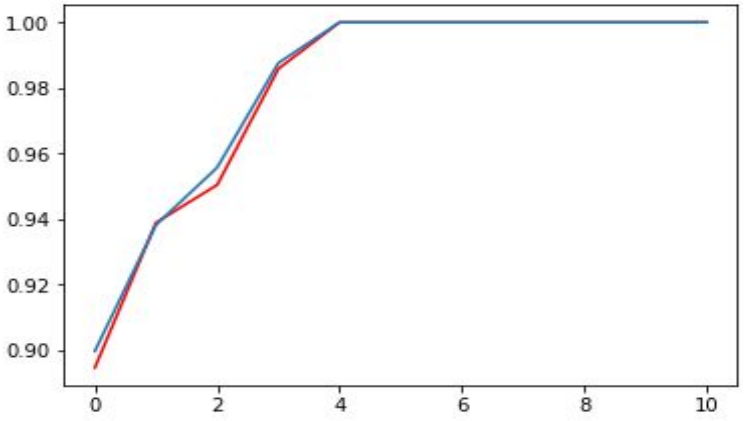
5. Analiza zależności wyników modelu od głębokości drzewa.

a) Zależność skuteczności predykcji modelu od głębokości drzewa dla modelu wytrenowanego na danych, w których brakujące wartości zastąpiono najczęściej występującymi przedstawia poniższy wykres.



Możemy zaobserwować że od głębokości drzewa równej 6 model posiada 100% skuteczność przewidywania na swoich danych testowych.

b) Zależność modelu od głębokości drzewa dla modelu wytrenowanego na danych w których usunięto wiersze z brakującymi wartościami.



Obserwujemy, że model już przy głębokości drzewa równej 4 osiąga skuteczność przewidywania blisko 100%.

W porównaniu do pierwszego podejścia jest to zdecydowanie mniejsza głębokość drzewa, spowodowane jest to prawdopodobnie mniejszą ilością danych trenujących przez co drzewo decyzyjne nie potrzebuje podejmować, aż tylu decyzji co w pierwszym podejściu.

6. Źródła

1. Link do Githuba: https://github.com/pmryzak/MushroomClassifier/blob/master/%5BKWD%20Projekt%5D%201.1%20Rafa%C5%82%20Paprocki%3B%201.2%20Piotr%20Ryzak.ipynb
2. Dane trenujące: https://archive.ics.uci.edu/ml/machine-learning-databases/mushroom/agaricus-lepiota.names?fbclid=IwAR1QDnL7ambup7_ubYPuYlF0p6pDV7Ie8z_P1bCPTDHbpa5retXD-vHSJBU
3. Informacje o drzewach decyzyjnych i algorytmie ID3: http://www.is.umk.pl/~duch/Wyklady/CIS/Prace%20zalicz/08-Bujak.pdf https://www.ii.pwr.edu.pl/~kwasnicka/tekstystudenckie/apw/id3.htm http://home.agh.edu.pl/~pmarynow/pliki/iwmet/drzewa.pdf