Suport Vector Regression Machine - SVRM

Comparando com outros modelos

Prof. Dr. Pedro Rafael D. Marinho

2023-07-24

Carregando bibliotecas necessárias

```
library(tidymodels)
```

```
-- Attaching packages --------------------------------------- tidymodels 1.1.0 --

v broom        1.0.5     v recipes      1.0.6
v dials        1.2.0     v rsample      1.1.1
v dplyr        1.1.2     v tibble       3.2.1
v ggplot2      3.4.2     v tidyr        1.3.0
v infer        1.0.4     v tune         1.1.1
v modeldata    1.1.0     v workflows    1.1.3
v parsnip      1.1.0     v workflowsets 1.0.1
v purrr        1.0.1     v yardstick    1.2.0

-- Conflicts ------------------------------------------ tidymodels_conflicts() --
x purrr::discard() masks scales::discard()
x dplyr::filter()  masks stats::filter()
x dplyr::lag()     masks stats::lag()
x recipes::step()  masks stats::step()
* Use tidymodels_prefer() to resolve common conflicts.
```

```
library(tidyverse)
```

```
-- Attaching core tidyverse packages ------------------------ tidyverse 2.0.0 --
v forcats   1.0.0     v readr     2.1.4
v lubridate 1.9.2     v stringr   1.5.0

-- Conflicts ------------------------------------------ tidyverse_conflicts() --
x readr::col_factor() masks scales::col_factor()
x purrr::discard()    masks scales::discard()
x dplyr::filter()     masks stats::filter()
x stringr::fixed()    masks recipes::fixed()
x dplyr::lag()        masks stats::lag()
x readr::spec()       masks yardstick::spec()
i Use the conflicted package (<http://conflicted.r-lib.org/>) to force all conflicts to become
```

```r
library(GGally)
```

```
Registered S3 method overwritten by 'GGally':
  method from
  +.gg   ggplot2
```

```r
library(skimr)

# Resolvendo possíveis conflitos entre o tidymodels e outras bibliotecas
tidymodels::tidymodels_prefer()
```

Importando a base de dados

Utilizando os dados de vinho vermelho , disponíveis aqui, faça uma pequena análise exploratória dos dados. No link do Kaggle você consegue uma explicação sobre o que significa cada uma das variáveis.

Os dados, no meu caso, estão no diretório `"../dados/winequality-red.csv"`. Você deverá alterar o *path* para o diretório encontra-se a base que deverá ser obtida no link acima.

```r
dados <- readr::read_csv(file = "../dados/winequality-red.csv")
```

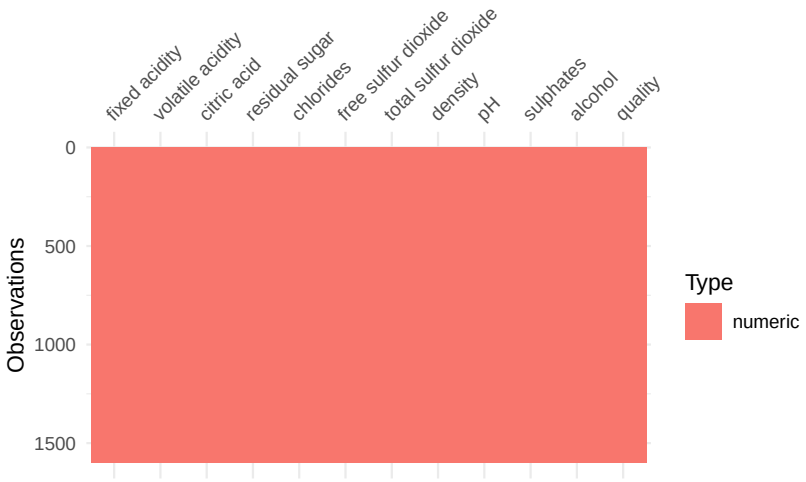
```
Rows: 1599 Columns: 12
-- Column specification --------------------------------------------------------
Delimiter: ","
dbl (12): fixed acidity, volatile acidity, citric acid, residual sugar, chlo...

i Use `spec()` to retrieve the full column specification for this data.
i Specify the column types or set `show_col_types = FALSE` to quiet this message.
```

Uma exploração rápida dos dados

É sempre importante olhar os dados antes de tentar modelar. Uma análise exploratória sempre será útil para identificarmos possíveis inconsistências.

```
visdat::vis_dat(dados)
```



O gráfico acima mostra que temos uma base de dados sem informações faltantes e todas as *features* presentes na base são numéricas. É uma situação confortável, haja vista que, aqui, não precisaremos nos preocupar com imputação de dados faltantes.

Um resumo dos dados poderá ser obtido utilizando a função `glimpse` do pacote **dplyr** que é carregado com a biblioteca **tidyverse** de R.

```
dados |>
  dplyr::glimpse()
```

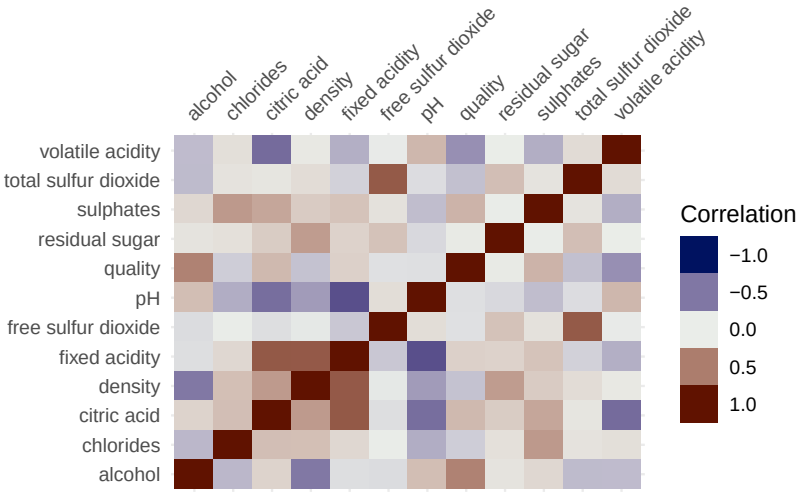
```
Rows: 1,599
Columns: 12
$ `fixed acidity`        <dbl> 7.4, 7.8, 7.8, 11.2, 7.4, 7.4, 7.9, 7.3, 7.8, 7~
$ `volatile acidity`     <dbl> 0.700, 0.880, 0.760, 0.280, 0.700, 0.660, 0.600~
$ `citric acid`          <dbl> 0.00, 0.00, 0.04, 0.56, 0.00, 0.00, 0.06, 0.00,~
$ `residual sugar`       <dbl> 1.9, 2.6, 2.3, 1.9, 1.9, 1.8, 1.6, 1.2, 2.0, 6.~
$ chlorides              <dbl> 0.076, 0.098, 0.092, 0.075, 0.076, 0.075, 0.069~
$ `free sulfur dioxide`  <dbl> 11, 25, 15, 17, 11, 13, 15, 15, 9, 17, 15, 17, ~
$ `total sulfur dioxide` <dbl> 34, 67, 54, 60, 34, 40, 59, 21, 18, 102, 65, 10~
$ density                <dbl> 0.9978, 0.9968, 0.9970, 0.9980, 0.9978, 0.9978,~
$ pH                     <dbl> 3.51, 3.20, 3.26, 3.16, 3.51, 3.51, 3.30, 3.39,~
$ sulphates              <dbl> 0.56, 0.68, 0.65, 0.58, 0.56, 0.56, 0.46, 0.47,~
$ alcohol                <dbl> 9.4, 9.8, 9.8, 9.8, 9.4, 9.4, 9.4, 10.0, 9.5, 1~
$ quality                <dbl> 5, 5, 5, 6, 5, 5, 5, 7, 7, 5, 5, 5, 5, 5, 5, 5,~
```

É possível todas as correlações entre todas as variáveis da base, com a função `data_vis_cor`. Um gráfico útil com as correlações poderá ser obtido usando a função `vis_cor`, conforme abaixo:

```
visdat::data_vis_cor(dados)
```

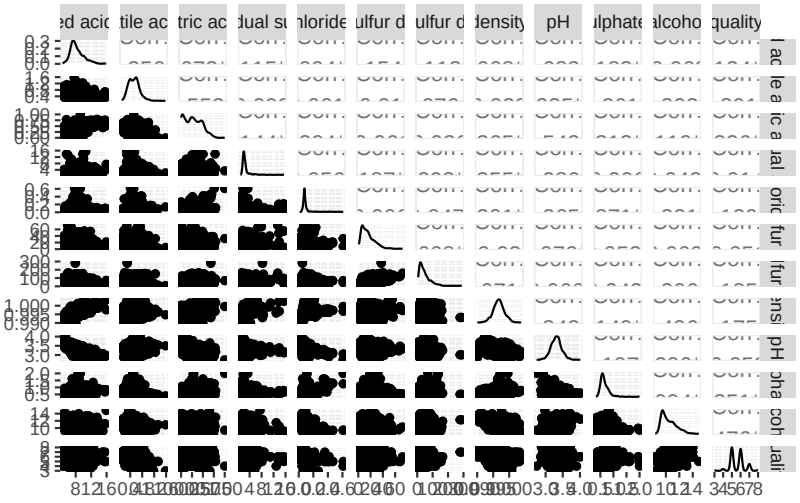
```
# A tibble: 144 x 3
   row_1         row_2                 value
   <chr>         <chr>                 <dbl>
 1 fixed acidity fixed acidity         1
 2 fixed acidity volatile acidity     -0.256
 3 fixed acidity citric acid           0.672
 4 fixed acidity residual sugar        0.115
 5 fixed acidity chlorides             0.0937
 6 fixed acidity free sulfur dioxide  -0.154
 7 fixed acidity total sulfur dioxide -0.113
 8 fixed acidity density               0.668
 9 fixed acidity pH                   -0.683
10 fixed acidity sulphates             0.183
# i 134 more rows
```

```
visdat::vis_cor(dados)
```



As bibliotecas **GGally** e **skimr** também possuem funções úteis que podem nos auxiliar no processo de exploração dos dados.

```
dados |>
  GGally::ggpairs()
```



```
dados |>
  skimr::skim()
```

Tabela 1: Data summary

Name	dados
Number of rows	1599
Number of columns	12
_____	
Column type frequency:	
numeric	12
_____	
Group variables	None

Variable type: numeric

skim_variable	n_missing	complete_rate	mean	sd	p0	p25	p50	p75	p100	hist
fixed acidity	0	1	8.32	1.74	4.60	7.10	7.90	9.20	15.90	
volatile acidity	0	1	0.53	0.18	0.12	0.39	0.52	0.64	1.58	
citric acid	0	1	0.27	0.19	0.00	0.09	0.26	0.42	1.00	
residual sugar	0	1	2.54	1.41	0.90	1.90	2.20	2.60	15.50	
chlorides	0	1	0.09	0.05	0.01	0.07	0.08	0.09	0.61	
free sulfur dioxide	0	1	15.87	10.46	1.00	7.00	14.00	21.00	72.00	
total sulfur dioxide	0	1	46.47	32.90	6.00	22.00	38.00	62.00	289.00	
density	0	1	1.00	0.00	0.99	1.00	1.00	1.00	1.00	
pH	0	1	3.31	0.15	2.74	3.21	3.31	3.40	4.01	
sulphates	0	1	0.66	0.17	0.33	0.55	0.62	0.73	2.00	
alcohol	0	1	10.42	1.07	8.40	9.50	10.20	11.10	14.90	
quality	0	1	5.64	0.81	3.00	5.00	6.00	6.00	8.00	

Construindo os workflows dos modelos

Iremos comparar os modelos de regressão linar utilizando *elastic net*, com o método kNN e *suport vector regression machine* - SVRM. Buscaremos pelo melhor modelo de cada uma das metodologias consideradas. Posteriormente iremos escolher o melhor modelo entre os melhores de cada uma das classes. A ideia é escolher o melhor modelo que consiga prever melhor a qualidade do vinho, i.e., prever a variável `quality`.

Partição dos dados

Como sabemos, precisamos dividir nossa base de dados em conjunto de treinamento, em que nesse conjunto iremos será realizado o procedimento de validação cruzada e uma base de dados de teste para a avaliação final dos nossos modelos. Deixaremos 80% para o treniamento do modelo e 20% para teste. Iremos estratificar nossa amostra usando a variável `quality`, variável que queremos estimar (*label*/rótulo).

```
divisao <- rsample::initial_split(dados, prop = 0.8, strata = "quality")
treinamento <- rsample::training(divisao)
teste <- rsample::testing(divisao)
```

Definindo os modelos

O código que segue faz a configuração realiza a configuração dos modelos que serão comparados. O código `tune::tune()` especifica que o respectivo parâmetro de sintonização será obtido no processo de validação cruzada, particularmente, um *grid search*.

```
modelo_elastic <-
  parsnip::linear_reg(penalty = tune::tune(), mixture = tune::tune()) |>
  parsnip::set_mode("regression") |>
  parsnip::set_engine("glmnet")

modelo_knn <-
```

```
  parsnip::nearest_neighbor(
    neighbors = tune::tune(),
    dist_power = tune::tune(),
    weight_func = "gaussian"
  ) |>
  parsnip::set_mode("regression") |>
  parsnip::set_engine("kknn")

modelo_svm <-
  parsnip::svm_rbf(
    cost = tune::tune(),
    rbf_sigma = tune::tune(),
    margin = tune::tune()
  ) |>
  parsnip::set_mode("regression") |>
  parsnip::set_engine("kernlab")
```