

朴素贝叶斯

课前准备

- 下载Anaconda软件,请点击这里进行下载。
- 复习条件概率, 联合概率, 事件独立性。
- 复习全概率公式与贝叶斯公式。

本节要点

- 朴素贝叶斯算法原理。
- 平滑系数的意义。
- 几种常用的朴素贝叶斯。

朴素贝叶斯算法

朴素贝叶斯算法是基于概率的分类算法,之所以称为"朴素",是因为其假设特征之间是独立的,该算法设计比较简单,实际上使用的就是全概率公式与贝叶斯公式。朴素贝叶斯算法在文本场景中效果非常好,例如垃圾邮件过滤,新闻分类,情感分析等。

实际案例

之前,我们已经介绍了全概率公式与贝叶斯公式,现在,我们将这两个公式应用于朴素贝叶斯算法中,实现分类任务。假设我们有如下的数据集:

序号	天气 (X ₁	上课距离 (X ₂)	学生成绩 (X ₃	课程类别 (X ₄)	上课情况 (Y)
1	晴	远	差	选修	逃课
2	晴	近	差	必修	上课
3	晴	近	好	必修	上课
4	阴	远	差	选修	逃课
5	阴	近	好	选修	上课
6	阴	近	好	必修	上课
7	雨	远	差	选修	逃课
8	雨	近	好	必修	上课
9	雨	近	差	必修	逃课
10	雨	远	好	选修	逃课
11	阴	近	差	选修	?
12	晴	远	好	选修	?

该数据集展示在不同的条件下,学生的上课与逃课情况。现在问题是,对于第11条记录,学生会上课还 是逃课?

算法原理

计算概率

之前我们提过,朴素贝叶斯是基于概率的分类算法,因此,想要预测未知样本X所属的类别,只需要计算X属于每个类别(y)的概率是多少,预测结果就是概率最大的那个类别。以上例来讲,就是比较:

$$P(y = 上课 \mid X)$$
 $P(y = 逃课 \mid X)$

哪个概率大。

贝叶斯转换

假设X含有n个特征(上面的示例中含有4个特征),即我们要计算:

$$P(y \mid x_1, \ldots, x_n)$$

然而,以上的概率我们并不容易求解,不过,根据贝叶斯公式:

$$P(B_i \mid A) = \frac{P(B_i A)}{P(A)} = \frac{P(AB_i)}{P(A)} = \frac{P(A|B_i)P(B_i)}{P(A)}$$

$$= \frac{P(A|B_i)P(B_i)}{\sum_{j=1}^n P(A|B_j)P(B_j)}$$

- A: 实验E的事件, P(A) > 0.
- B_1 , B_2 , ..., B_n : 样本空间S的一个划分, $P(B_i) > 0 (i=1, 2, \cdots, n)$ 。

我们可以进行如下的转换:

$$P(y \mid x_1, \ldots, x_n) = rac{P(y)P(x_1, \ldots x_n \mid y)}{P(x_1, \ldots, x_n)} \qquad \ldots (1)$$

特征独立



$$P(x_1, ..., x_n \mid y) = P(x_1 \mid y)P(x_2 \mid y)...P(x_n \mid y)$$

= $\prod_{i=1}^n P(x_i \mid y)$...(2)

因此, 将 (2) 式代入 (1) 式, 可得:

$$P(y \mid x_1, \dots, x_n) = rac{P(y) \prod_{i=1}^n P(x_i \mid y)}{P(x_1, \dots, x_n)}$$

类别判定

我们发现,无论是计算样本属于哪个类别的概率,分母部分都是不变的,因此,比较概率的大小,只需要比较分子部分就可以了。

$$P(y \mid x_1, \dots, x_n) \propto P(y) \prod_{i=1}^n P(x_i \mid y)$$

• 公: 正比于。

故算法最终预测的类别,就是能够使得分子部分最大的那个类别,即:

$$\hat{y} = rg \max_{y} P(y) \prod_{i=1}^{n} P(x_i \mid y)$$

从公式中,我们容易发现,若要预测样本的类别,只需要求解P(y)与 $P(x_i \mid y)$ 即可。而这两个概率,都可以从训练集中获取。

案例求解



$$P(y = \bot$$
课) $\prod_{i=1}^{n} P(x_i \mid y = \bot$ 课) $= P(y = \bot$ 课) $P(x_1 = \exists y \mid y = \bot$ 课) $P(x_2 = \exists y \mid y = \bot$ 课) $P(x_3 = \exists y \mid y = \bot$ 课) $P(x_4 = \exists x \mid y = \bot$ ") $P(x_4 = \exists x \mid y = \bot$ ") $P(x_4 = \exists x \mid y = \bot$ ") $P(x_4 = \exists x \mid y = \bot$ ") $P(x_4 = \exists x \mid y = \bot$ ") $P(y = \exists x \mid y = \bot$ ") $P(x_1 = \exists x \mid y = \bot$ ") $P(x_2 = \exists x \mid y = \bot$ ") $P(x_3 = \exists x \mid y = \bot$ ") $P(x_4 = \exists x \mid y = \bot$ ") $P(x_4 = \exists x \mid y = \bot$ ") $P(x_4 = \exists x \mid y = \bot$ ") $P(x_4 = \exists x \mid y = \bot$ ") $P(x_4 = \exists x \mid y = \bot$ ") $P(x_4 = \exists x \mid y = \bot$ ") $P(x_4 = \exists x \mid y = \bot$ ") $P(x_4 = \exists x \mid y = \bot$ ") $P(x_4 = \exists x \mid y = \bot$ ") $P(x_4 = \exists x \mid y = \bot$ ") $P(x_4 = \exists x \mid y = \bot$ ") $P(x_4 = \exists x \mid y = \bot$ ") $P(x_4 = \exists x \mid y = \bot$ ") $P(x_4 = \exists x \mid y = \bot$ ") $P(x_4 = \exists x \mid y = \bot$ ") $P(x_4 = \exists x \mid y = \bot$ ")

由此,我们可知,学生逃课的概率,大于上课的概率,因此,最终算法对样本11预测的结果类别为:逃课。



上述的概率之和不为1, 我们得出这样的结论还正确吗?

A 正确。

B 不正确。



平滑改进

当我们以同样的方式,试图计算样本12所属的类别时,会出现一点小问题。那就是:

$$P(x_i = 远 \mid y = 上课)$$

该概率的值为0。由于最终概率是使用各个概率的乘积计算的,因此,一旦有一个概率为0,即使其他的概率值较大,也一律会得到0值。这会严重影响预测的准确性,为了避免这种情况的发生,我们在计算概率时,采用平滑改进。



$$P(x_i \mid y) = rac{$$
类别 y 中 x_i 出现的次数 $+lpha$ 类别 y 的总数量 $+k*lpha$

- k: 特征 x_i 可能的取值数。
- α: 平滑系数。 (α ≥ 0)
 - \circ 当 $\alpha = 1$ 时,称为拉普拉斯平滑(Laplace smoothing)。
 - \circ 当lpha < 1时,称为Lidstone smoothing平滑。

算法优点

相对于其他算法, 朴素贝叶斯算法具有如下优势:

- 即使训练集数据较少,也能够实现预测,并且效果不错。
- 算法的训练速度非常快。

这是因为,算法假设特征之间是独立的,这意味着每个特征可以单独当成一维分布而进行评估,无需考虑与其他特征之间的关联性。反之,如果特征之间不独立,则为了获得较准确的数据分布,就需要更多的训练样本。假设训练集中的含有N个特征,每个特征需要M个样本来训练,则总共需要的样本数为各自样本之间的笛卡尔积,即 M^N ,这在N很大时,训练会非常缓慢,然而,如果特征之间独立,对于每个特征,就可以单独进行考虑,总共只需要N*M个样本就可以正常训练。



关于朴素贝叶斯算法,说法正确的是()【不定项】

- A 朴素贝叶斯算法是基于概率的分类算法。
- B 朴素贝叶斯算法之所以"朴素",是因为该算法前提假设各个特征是独立的。
- C朴素贝叶斯算法训练速度较快。
- D 朴素贝叶斯算法在较少的训练样本集上,也可能工作的很好。





常用朴素贝叶斯



在sklearn中,提供了若干种朴素贝叶斯的实现算法,不同的朴素贝叶斯算法,主要是对 $P(x_i \mid y)$ 的分布假设不同,进而采用不同的参数估计方式。实际上,通过之前的介绍,我们也应该能够发现,朴素贝叶斯算法,主要就是计算 $P(x_i \mid y)$,一旦 $P(x_i \mid y)$ 确定,最终属于每个类别的概率,自然也就迎刃而解了。

sklearn中提供的朴素贝叶斯为:

- 分类朴素贝叶斯
- 高斯朴素贝叶斯
- 伯努利朴素贝叶斯
- 多项式朴素贝叶斯
- 互补朴素贝叶斯

分类朴素贝叶斯

分类朴素贝叶斯适用于类别变量。对于特征i, $P(x_i \mid y)$ 计算如下:

$$P(x_i = t \mid y) = rac{N_{yit} + lpha}{N_y + lpha n_i}$$

• N_{yit} : 第i个特征中,属于类别y,类别值为t的样本个数。

• N_y : 属于类别y的所有样本个数。

α: 平滑系数。

• n_i : 第i个特征的类别取值数量。

```
import numpy as np
import pandas as pd

data = pd.read_csv("data.csv")
display(data)
```

```
1   .dataframe tbody tr th {
2     vertical-align: top;
3   }
4   .dataframe thead th {
6     text-align: right;
7   }
```



	天气	上课距离	学生成绩	课程类别	上课情况
0	晴	远	差	选修	逃课
1	晴	近	差	必修	上课
2	晴	近	好	必修	上课
3	阴	远	差	选修	逃课
4	阴	近	好	选修	上课
5	阴	近	好	必修	上课
6	ন্য	远	差	选修	逃课
7	ক্ষ	近	好	必修	上课
8	雨	近	差	必修	逃课
9	雨	远	好	选修	逃课
10	阴	近	差	选修	?
11	晴	远	好	选修	?

然而,目前数据的类型不是数值类型,我们需要进行数据转换(特征工程)。

```
from sklearn.preprocessing import OrdinalEncoder, LabelEncoder

X, y = data.iloc[:10, :-1], data.iloc[:10, -1]

oe = OrdinalEncoder()

X = oe.fit_transform(X)

print(X)

# 输出每个特征的类别信息。
print(oe.categories_)
```

```
1 [[0. 1. 1. 1.]
2
     [0. 0. 1. 0.]
     [0. 0. 0. 0.]
3
4
     [1. 1. 1. 1.]
5
     [1. 0. 0. 1.]
6
     [1. 0. 0. 0.]
7
     [2. 1. 1. 1.]
8
     [2. 0. 0. 0.]
9
   [2. 0. 1. 0.]
10
     [2. 1. 0. 1.]]
   [array(['晴', '阴', '雨'], dtype=object), array(['近', '远'], dtype=object),
    array(['好', '差'], dtype=object), array(['必修', '选修'], dtype=object)]
```

```
1 le = LabelEncoder()
2 y = le.fit_transform(y)
3 print(y)
4 # 输出标签的类别信息。
5 print(le.classes_)
```

```
1 [1 0 0 1 0 0 1 0 1 1]
2 ['上课''逃课']
```

```
from sklearn.naive_bayes import CategoricalNB
2
3
   cnb = CategoricalNB()
   cnb.fit(X, y)
4
5
   # 每个类别中,每个特征各个取值出现的次数。
6
   # 该值为列表类型,列表中元素形状依次为(类别数量,对应特征的类别取值数量)。
7
   print(cnb.category_count_)
8
   # 每个类别的样本数量。
9
   print(cnb.class_count_)
   # 每个类别的对数概率,如果想查看原始概率,需要使用指数还原。
10
   print(np.exp(cnb.class_log_prior_))
11
12 # 类别的标签值。
13
   print(cnb.classes_)
   # 计算P(x_i|y)的概率。
14
   print([np.exp(item) for item in cnb.feature_log_prob_])
15
16 # 特征的数量。
17 print(cnb.n_features_)
```

```
1
    [array([[2., 2., 1.],
 2
           [1., 1., 3.]]), array([[5., 0.],
 3
           [1., 4.]]), array([[4., 1.],
 4
           [1., 4.]]), array([[4., 1.],
 5
           [1., 4.]])]
 6
    [5. 5.]
 7
    [0.5 \ 0.5]
 8
    [0 1]
9
    [array([[0.375, 0.375, 0.25],
           [0.25, 0.25, 0.5]]), array([[0.85714286, 0.14285714],
10
           [0.28571429, 0.71428571]]), array([[0.71428571, 0.28571429],
11
           [0.28571429, 0.71428571]]), array([[0.71428571, 0.28571429],
12
           [0.28571429, 0.71428571]])]
13
14
   4
```

```
# 对最后两条记录进行预测。注意,测试集的数据需要与训练集
# 执行相同的转换。
test = data.iloc[10:, :-1]
test = oe.transform(test)
y_hat = cnb.predict(test)
print(y_hat)
pro = cnb.predict_proba(test)
print(pro)
```

```
1 [1 1]
2 [[0.41860465 0.58139535]
3 [0.23076923 0.76923077]]
```



```
1 | a = 0.008
2 | b = 0.0128
3 | c = a + b
4 | print(a / c, b / c)
```

1 0.38461538461538464 0.6153846153846154



我们自己计算的概率,与sklearn计算的概率不同,这是为什么呢?

- A 我们算错了。
- B sklearn算错了。
- C都没有错。
- D 都错了。



- 1 # alpha: 指定平滑系数,默认为1(拉普拉斯平滑)。
- cnb = CategoricalNB(alpha=0)
- 3 cnb.fit(X, y)
- 4 pro = cnb.predict_proba(test)
- 5 print(pro)
- 1 [[3.84615385e-01 6.15384615e-01]
- 2 [5.00000000e-11 1.00000000e+00]]
- D:\software\anaconda3\lib\site-packages\sklearn\naive_bayes.py:507: UserWarning: alpha too small will result in numeric errors, setting alpha = 1.0e-10
- 'setting alpha = %.1e' % _ALPHA_MIN)

高斯朴素贝叶斯

高斯朴素贝叶斯,适用于连续变量,其假定各个特征 x_i 在各个类别y下是服从正态分布的,即 $x_i \sim N(\mu_y, \sigma_y^2)$,算法内部使用正态分布的概率密度函数来计算概率 $P(x_i \mid y)$,如下:

$$P(x_i \mid y) = rac{1}{\sqrt{2\pi\sigma_y^2}} \mathrm{exp}igg(-rac{(x_i - \mu_y)^2}{2\sigma_y^2}igg)$$

- μ_y : 在类别为y的样本中,特征 x_i 的均值。
- σ_y : 在类别为y的样本中,特征 x_i 的标准差。
- 1 from sklearn.naive_bayes import GaussianNB
- 3
 - np.random.seed(0)



```
4 \mid X = \text{np.random.randint}(0, 10, \text{size}=(6, 2))
5
   y = np.array([0, 0, 0, 1, 1, 1])
   data = pd.DataFrame(np.concatenate([X, y.reshape(-1, 1)], axis=1), columns=["x1",
    "x2", "y"])
7
   display(data)
8
9
   gnb = GaussianNB()
10
   gnb.fit(X, y)
11 # 每个类别的先验概率。P(y)
12
   print("概率: ", gnb.class_prior_)
13
   # 每个类别样本的数量。
   print("样本数量: ", gnb.class_count_)
14
   # 每个类别的标签。
15
16 print("标签", gnb.classes_)
   # 每个特征在每个类别下的均值。
17
   print("均值: ", gnb.theta_)
18
19
   # 每个特征在每个类别下的方差。
   print("方差: ", gnb.sigma_)
20
21
22
   # 测试集
23
   X_{\text{test}} = \text{np.array}([[6, 3]])
24
   print("预测结果: ", gnb.predict(X_test))
   print("预测结果概率: ", gnb.predict_proba(X_test))
25
```

```
.dataframe tbody tr th {
1
2
       vertical-align: top;
3
   }
4
5
   .dataframe thead th {
       text-align: right;
6
7
   }
```

	x1	х2	у
0	5	0	0
1	3	3	0
2	7	9	0
3	3	5	-1
4	2	4	1
5	7	6	1

```
概率: [0.5 0.5]
1
2
  样本数量: [3.3.]
3
  标签 [0 1]
4
  均值: [[5.4.]
5
  [4. 5.]]
6
  方差: [[ 2.66666667 14.00000001]
7
   [ 4.66666667 0.66666667]]
8
  预测结果: [0]
  预测结果概率: [[0.87684687 0.12315313]]
```



伯努利朴素贝叶斯

设实验E只有两个可能的结果: A与 \bar{A} ,则称E为**伯努利试验**。

伯努利朴素贝叶斯,适用于离散变量,其假设各个特征 x_i 在各个类别y下是服从n重伯努利分布(二项分布)的,因为伯努利试验仅有两个结果,因此,算法会首先对特征值进行二值化处理(假设二值化的结果为1与0)。

 $P(x_i \mid y)$ 计算方式如下:

$$P(x_i \mid y) = P(x_i = 1 \mid y)x_i + (1 - P(x_i = 1 \mid y))(1 - x_i)$$

在训练集中,会进行如下的估计:

$$egin{aligned} P(x_i = 1 \mid y) &= rac{N_{yi} + lpha}{N_y + 2*lpha} \ P(x_i = 0 \mid y) &= 1 - P(x_i = 1 \mid y) \end{aligned}$$

- N_{yi} : 第i个特征中,属于类别y,数值为1的样本个数。
- N_y : 属于类别y的所有样本个数。
- α: 平滑系数。

因为在数据集中,只有两种取值(1与0),因此,对于给定的类别与特征,只需要计算 $P(x_i=1\mid y)$ 就可以了,而 $P(x_i=0\mid y)$ 的概率,用1减去 $P(x_i=1\mid y)$ 即可得出。

```
1 from sklearn.naive_bayes import BernoulliNB
2 np.random.seed(0)
4 X = np.random.randint(-5, 5, size=(6, 2))
5 y = np.array([0, 0, 0, 1, 1, 1])
6 data = pd.DataFrame(np.concatenate([X, y.reshape(-1, 1)], axis=1), columns=["x1", "x2", "y"])
7 display(data)

为泛互联网人才赋能
```



```
8
9
   bnb = BernoulliNB()
10
   bnb.fit(X, y)
11 # 每个特征在每个类别下发生(出现)的次数。因为伯努利分布只有两个值,
12 # 我们只需要计算出现的概率P(x=1|y),不出现的概率P(x=0|y)使用1减去P(x=1|y)即可。
13
  print("数值1出现次数: ", bnb.feature_count_)
14 # 每个类别样本所占的比重,即P(y)。注意,该值为概率取对数之后的结果,如果需要查看
  # 原有的概率,需要使用指数还原。
15
16 print("类别占比p(y): ", np.exp(bnb.class_log_prior_))
17
  # 每个类别下,每个特征(值为1)所占的比例(概率),即P(x|y)。注意,该值为概率
18 # 取对数之后的结果,如果需要查看原有的概率,需要使用指数还原。
19 print("特征概率: ", np.exp(bnb.feature_log_prob_))
```

```
1  .dataframe tbody tr th {
2    vertical-align: top;
3  }
4    .dataframe thead th {
6    text-align: right;
7  }
```

	x1	x2	у
0	0	-5	0
1	-2	-2	0
2	2	4	0
3	-2	0	1
4	-3	-1	1
5	2	1	1

```
1 数值1出现次数: [[1. 1.]
2 [1. 1.]]
3 类别占比p(y): [0.5 0.5]
4 特征概率: [[0.4 0.4]
5 [0.4 0.4]]
```

多项式朴素贝叶斯

多项式朴素贝叶斯,适用于离散变量,其假设各个特征 x_i 在各个类别y下是服从多项式分布的,故每个特征值不能是负数。

 $P(x_i \mid y)$ 计算如下:

$$P(x_i \mid y) = rac{N_{yi} + lpha}{N_y + lpha n}$$

- N_{ui} : 特征i在类别y的样本中发生 (出现) 的次数。
- N_y : 类别y的样本中,所有特征发生(出现)的次数。

n: 特征数量。α: 平滑系数。

```
from sklearn.naive_bayes import MultinomialNB
2
   np.random.seed(0)
3
   X = np.random.randint(0, 4, size=(6, 2))
   y = np.array([0, 0, 0, 1, 1, 1])
   data = pd.DataFrame(np.concatenate([X, y.reshape(-1, 1)], axis=1), columns=["x1",
   "x2", "y"])
7
   display(data)
8
   mnb = MultinomialNB()
9
10
   mnb.fit(X, y)
11 # 每个类别的样本数量。
12 print(mnb.class_count_)
   # 每个特征在每个类别下发生(出现)的次数。
14
   print(mnb.feature_count_)
   # 每个类别下,每个特征所占的比例(概率),即P(x|y)。注意,该值为概率
15
16 # 取对数之后的结果,如果需要查看原有的概率,需要使用指数还原。
17 print(np.exp(mnb.feature_log_prob_))
```

```
1   .dataframe tbody tr th {
2    vertical-align: top;
3  }
4    .dataframe thead th {
6    text-align: right;
7  }
```

	x1	х2	у
0	0	3	0
1	1	0	0
2	3	3	0
3	3	3	1
4	1	3	-1
5	1	2	1

```
1 [3. 3.]
2 [[4. 6.]
3 [5. 8.]]
4 [[0.41666667 0.58333333]
5 [0.4 0.6 ]]
```

互补朴素贝叶斯

互补朴素贝叶斯与多项式朴素贝叶斯类似,我们可以认为是对多项式朴素贝叶斯的一种改进。在互补朴素贝叶斯中,计算的不再是每个特征在对应类别中出现的概率,而是计算每个特征不在对应类别中出现的概率,这也正是互补朴素贝叶斯命名的由来。



$$egin{aligned} \hat{ heta}_{yi} &= rac{N_{ ilde{y}i} + lpha}{N_{ ilde{y}} + lpha n} \ w_{yi} &= log \hat{ heta}_{yi} \ w_{yi} &= rac{w_{yi}}{\sum_i w_{yi}} \end{aligned}$$

 $\hat{y} = rg \min_{y} \sum_{i} t_{i} w_{yi}$

• $N_{\tilde{y}i}$: 特征i在不属于类别y的样本中发生 (出现) 的次数。

• $N_{\tilde{y}}$: 不属于类别y的样本中,所有特征发生(出现)的次数。

• $\hat{\theta}_{yi}$: 特征i不在类别y中发生的概率。

n: 特征数量。α: 平滑系数。

• t_i: 样本中特征i的具体值(发生次数)。

互补朴素贝叶斯更适合于样本不均衡的数据集中。在文本分类的任务中, 互补朴素贝叶斯的表现往往优于多项式朴素贝叶斯。

```
from sklearn.naive_bayes import ComplementNB
2
 3
   np.random.seed(0)
   X = np.random.randint(0, 4, size=(6, 2))
   y = np.array([0, 0, 0, 1, 1, 1])
   data = pd.DataFrame(np.concatenate([X, y.reshape(-1, 1)], axis=1), columns=["x1",
   "x2", "y"])
   display(data)
8
9
   cnb = ComplementNB()
10 cnb.fit(X, y)
11 # 每个类别的样本数量。
12
   print(cnb.class_count_)
   # 每个特征在每个类别下发生(出现)的次数。
14 | print(cnb.feature_count_)
15 # 特征i不在指定类别中发生的概率(对数概率的相反数)。
16 print(cnb.feature_log_prob_)
```

```
dataframe tbody tr th {
   vertical-align: top;
}

dataframe thead th {
   text-align: right;
}
```

Ra	ik	eb	а
	Ŧ	课	Œ

	х1	x2	У
0	0	3	0
1	1	0	0
2	3	3	0
3	3	3	1
4	1	3	1
5	1	2	1

```
1 [3. 3.]
2 [[4. 6.]
3 [5. 8.]]
4 [[0.91629073 0.51082562]
5 [0.87546874 0.5389965 ]]
```

程序示例



如果对鸢尾花数据集进行分类,哪种朴素贝叶斯算法效果可能会更好?

- A 分类朴素贝叶斯
- B 高斯朴素贝叶斯
- C伯努利朴素贝叶斯
- D 多项式朴素贝叶斯
- E 互补朴素贝叶斯
- F 差不多



```
from sklearn.datasets import load_iris
2
    from sklearn.model_selection import train_test_split
3
   X, y = load_iris(return_X_y=True)
4
    X_train, X_test, y_train, y_test = train_test_split(X, y, test_size=0.25,
5
    random_state=0)
    models = [("分类朴素贝叶斯", CategoricalNB()),
6
7
            ("高斯朴素贝叶斯: ", GaussianNB()),
8
            ("伯努利朴素贝叶斯: ", BernoullinB()),
9
            ("多项式朴素贝叶斯: ", MultinomialNB()),
10
            ("互补朴素贝叶斯: ", ComplementNB())
11
    for name, m in models:
12
13
        m.fit(X_train, y_train)
14
        print(name, m.score(X_test, y_test))
```



- 1 分类朴素贝叶斯 0.8947368421052632
- 2 高斯朴素贝叶斯: 1.0
- 3 伯努利朴素贝叶斯: 0.23684210526315788
- 4 多项式朴素贝叶斯: 0.5789473684210527
- 互补朴素贝叶斯: 0.5789473684210527



拓展点

- 几种不同的数据分布。
 - 。 高斯分布 (正态分布)
 - n重伯努利分布 (二项分布)
 - 。 多项式分布
- 不同分布下,朴素贝叶斯的参数估计计算方式,可参考scikit-learn官方文档。

作业

- 1. 设盒子中有5个球,其中1个球内部含有中奖信息。现在5个人按顺序从盒子中拿1个球,请问是先拿球的中奖率高,还是后拿球的中奖率高?
- 2. 在我们获取概率时,获取的是概率的对数,而不是概率本身,为什么要这么设计呢?
- 3. 总结朴素贝叶斯在特征分布上的局限性。