Clase 7: Reducción de dimensiones

Agenda

- Explicación: Reducción de dimensiones
- Hands-On
- Break
- Cierre

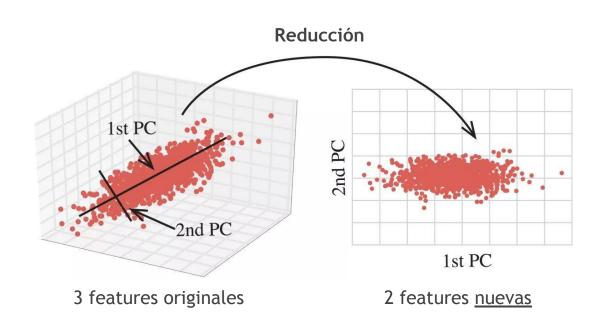
Reducción de dimensiones

Repaso:

Reducción de la dimensionalidad

- Clustering
- Reducción de dimensionalidad

Buscamos reducir la cantidad de features de un dataset, pero reteniendo la mayor cantidad de "información" posible.



¿Para qué sirve?

Reducir la cantidad de features en un dataset puede servir para:

- Reducir el input en un modelo de regresión o clasificación
- Compresión de archivos
- Visualización
- Detectar features relevantes en datasets
- Muchísimas mas cosas

¿Para qué sirve?

Reducir la cantidad de features en un dataset puede servir para:

- Reducir el input en un modelo de regresión o clasificación
- Compresión de archivos
- Visualización
- Detectar features relevantes en datasets
- Muchísimas mas cosas

¿Cómo se hace?

Algunos de los métodos de reducción de dimensionalidad son:

- PCA: Principal Component Analysis (usa SVD)
- MDS: Multidimensional scaling
- t-SNE: t-distributed Stochastic
 Neighbor Embedding
- Auto-Encoders (Se hace con Redes Neuronales)
- LDA: Linear Discriminant Analysis
 (si hay etiquetas de clases)

¿Para qué sirve?

Reducir la cantidad de features en un dataset puede servir para:

- Reducir el input en un modelo de regresión o clasificación
- Compresión de archivos
- Visualización
- Detectar features relevantes en datasets
- Muchísimas mas cosas

¿Cómo se hace?

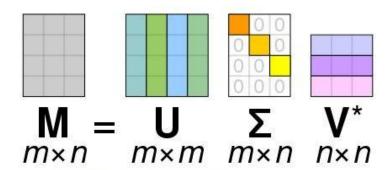
Algunos de los métodos de reducción de dimensionalidad son:

- PCA: Principal Component Analysis (usa SVD)
- MDS: Multidimensional scaling
- t-SNE: t-distributed Stochastic
 Neighbor Embedding
- Auto-Encoders (Se hace con Redes
- Negronales r Discriminant Analysis (si hay etiquetas de clases)

Aprendizaje No Supervisado
SVD (Singular Value
Decomposition)

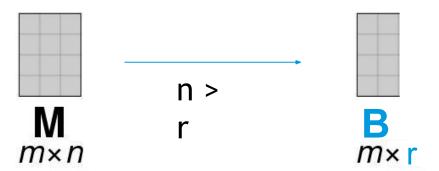
SVD · Definición

Es un método de álgebra lineal que nos permite representar cualquier matriz en términos de la multiplicación de otras 3 matrices.



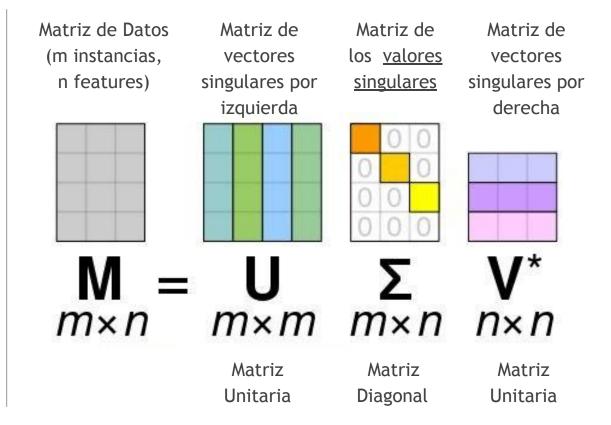
SVD · ¿Para qué sirve?

Para MUCHAS COSAS. Es parte del corazón de muchos algoritmos numéricos (solución sis. lineal, pseudoinversa, etc.). En este contexto vamos a usarlo para "reducir" adecuadamente la matriz M (pasar de tener muchos features a tener menos, pero que sean buenos).



SVD · Álgebra

Se puede demostrar que a toda matriz M la podemos escribir como:



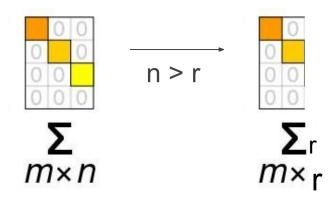
Aprendizaje No Supervisado

SVD truncado

Objetivo: queremos una nueva matriz B que reemplace a M, que tenga menos columnas (menos features).

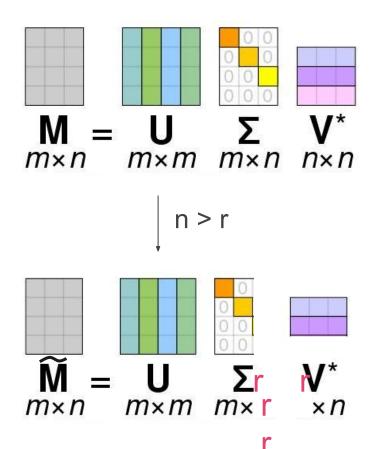


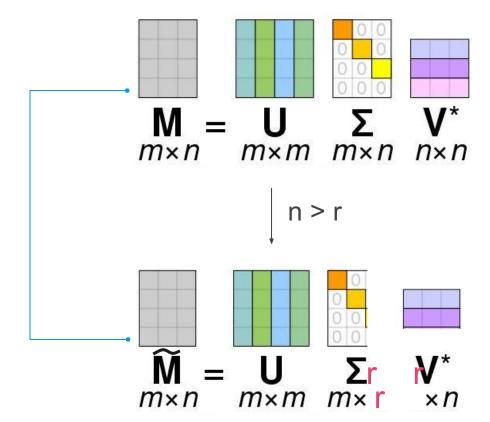
Idea de cómo lograrlo: si tomamos solo los r valores principales (elementos en la diagonal de Sigma) de valor más grande, podemos construir una matriz B que sea una "buena" reducción de M.



Matriz completa: es la M original, tiene toda la información.

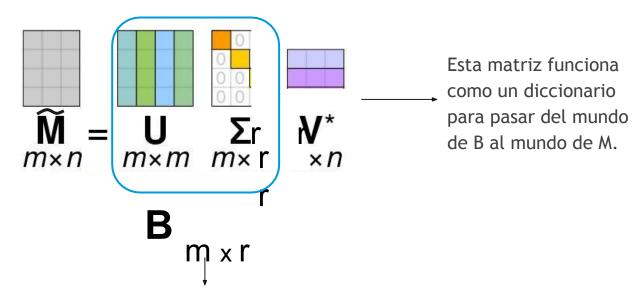
Matriz truncada: perdimos información. Pero si tomamos un valor de r adecuado, M moño es muy parecida a M. Construimos una matriz B mas chica que M, esta es la matriz con la que vamos a trabajar.





Parecidas

17



Matriz con la que vamos a trabajar en vez de M, tiene la misma información que M moño.

SVD · Hiperparámetro r

¿Cómo podríamos elegir el valor de r?

Una posibilidad es mirar la distancia entre M y M moño.

$$\left| \left| \mathsf{M} - \widetilde{\mathsf{M}} \right| \right|_F = \sqrt{\sum_{ij} (\mathsf{M}_{ij} - \widetilde{\mathsf{M}}_{ij})^2}$$

El método de SVD nos GARANTIZA que elegimos los mejores r vectores (combinaciones de features) para minimizar esta norma!

Full-Rank Dog





Rank 100 Dog

Rank 50 Dog









Rank 10 Dog

Rank 3 Dog

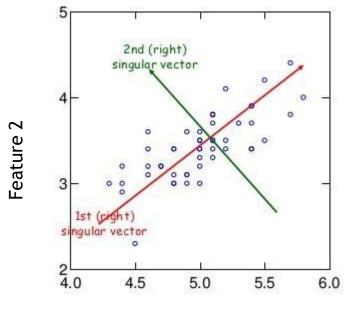




Aprendizaje No Supervisado

Representación gráfica SVD

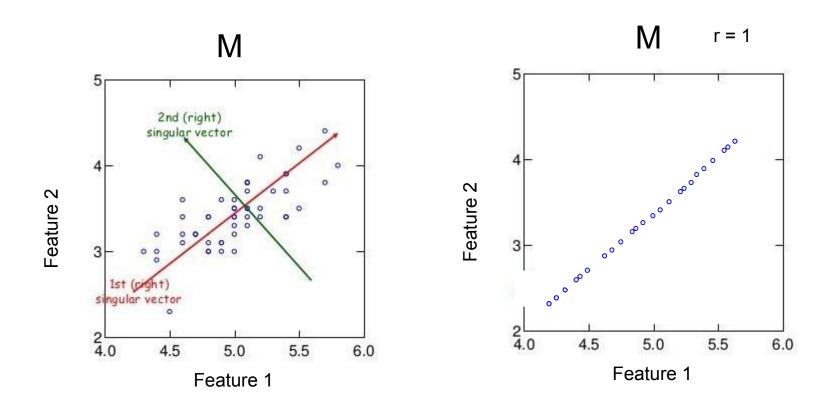
SVD · Representación gráfica



Feature 1

- El espacio original tiene 2 coordenadas,
 2 features. Esto sirve para definir la posición de todas las instancias del dataset (cada punto azul).
- SVD nos da dos nuevos vectores, el 1er y 2do vector singular. Si usamos ambos como coordenadas, podemos definir perfecto la posición de cada punto.
- Veamos qué pasa si ahora sólo usamos el primer vector singular para definir los puntos.

SVD · Representación gráfica





Aprendizaje No Supervisado

PCA (Principal Component Analysis)

"Por lo que vimos en clase y lo que vi en los videos, SVD y PCA parecen ser lo mismo..."

Anónimo



"Casi, pero no, no son lo mismo."

(otro) Anónimo



PCA

PCA · Definición

PCA es el método de reducción de dimensionalidad más utilizado.

¿Y PCA es muy distinto a usar un SVD truncado?



PCA

PCA · Definición

PCA y SVD truncado son casi iguales, solo que existe una diferencia:

PCA = Centrar datos + SVD truncado

PCA

PCA · Definición

PCA y SVD truncado son casi iguales, solo que existe una diferencia:

PCA = Centrar datos + SVD truncado



Debemos sustraer la media de cada columna de Features antes de aplicar SVD truncado. ¿Por qué PCA es tan relevante? ¿Por qué no se lo ve solo como un caso particular de SVD?



PCA

PCA · Importancia

- Matemáticamente, se puede llegar por otro camino (Matriz de covarianza)
- Tiene una interpretación muy intuitiva:

Componentes Direcciones de Principales máxima varianza

La primer componente principal está en la dirección donde los datos presentan varianza máxima.

La segunda componente principal está la segunda dirección en términos de la varianza, y así sucesivamente.



¿Cuándo uso PCA y cuándo SVD?



Comparación · PCA vs. SVD

Para muchos casos, el resultado de usar uno u otro método va a ser muy parecido. Dependiendo del problema, puede que restar la media y trabajar con la distancia de cada feature a la media en el dataset sea mejor (si no saben, lo más común es usar PCA).

		PCA SVD
Analogías	Numero de componentes Componentes principales	Rango R Vectores singulares por derecha
	Autovalores	Valores singulares
	Maximiza Varianza	Minimiza Distancia

• t-SNE (*T-distributed Stochastic Neighbor Embedding*) es un algoritmo diseñado para la visualización de conjuntos de datos de alta dimensionalidad.

 Si el número de dimensiones es muy alto, Scikit-Learn recomienda en su documentación utilizar un método de reducción de dimensionalidad previo (como PCA) para reducir el conjunto de datos a un número de dimensiones razonable (por ejemplo 50), lo que reducirá el ruido y aligerará la ejecución de t-SNE.

- t-SNE se ejecuta en dos pasos: en primer lugar construye una distribución de probabilidad sobre parejas de muestras en el espacio original, de forma tal que las muestras semejantes reciben alta probabilidad de ser escogidas, mientras que las muestras muy diferentes reciben baja probabilidad de ser escogidas.
- El concepto de "semejanza" se basa en la distancia entre puntos y densidad en las proximidades de un punto. Tal y como lo describen los autores:

La similaridad entre el punto x_j y el punto x_j es la probabilidad condicional de que x_i escogiese a x_j como su vecino si los vecinos fuesen escogidos proporcionalmente a su densidad de probabilidad bajo una curva gaussiana centrada en x_i .

- En segundo lugar, t-SNE lleva los puntos del espacio de alta dimensionalidad al espacio de baja dimensionalidad de forma aleatoria, define una distribución de probabilidad semejante a la vista en el espacio destino (el espacio de baja dimensionalidad), y minimiza la denominada divergencia Kullback-Leibler entre las dos distribuciones con respecto a las posiciones de los puntos en el mapa (la divergencia de Kullback-Leibler mide la similitud o diferencia entre dos funciones de distribución de probabilidad).
- Dicho con otras palabras: t-SNE intenta reproducir la distribución que existía en el espacio original en el espacio final.

Scikit-Learn implementa este algoritmo en sklearn.manifold.TSNE.

Esta clase incluye varios parámetros que definen el comportamiento del algoritmo:

- n_components (2 por defecto): Dimensiones del conjunto transformado.
- **perplexity** (30 por defecto): Según la documentación de Scikit-Learn, se recomienda un valor entre 5 y 50 (mayor cuanto mayor sea el dataset), aunque se indica que el algoritmo no es muy sensible a este valor.
- early_exaggeration (12 por defecto): Este parámetro controla la distancia entre bloques semejantes en el espacio final. La elección de este valor no es crítico.
- **learning_rate** (200 por defecto): Habitualmente en el rango (10-1000). Si es muy elevado, los datos transformados estarán formados por una conjunto de puntos equidistantes unos de otros. Si es muy bajo, los puntos se mostrarán comprimidos en una densa nube con algunos outliers.

- n_iter (1000 por defecto): Número máximo de iteraciones para la optimización. Debería ser, por lo menos, 250.
- metric: métrica para la medición de las distancias.
- method: algoritmo a usar para el cálculo del gradiente.

A pesar de los comentarios de Scikit-Learn sobre la poca sensibilidad del algoritmos a ciertos parámetros, lo cierto es que cambiar en una única unidad parámetros como perplexity, early_exaggeration o learning_rate da lugar a visualizaciones completamente diferentes.