Importancia de características

Aprendizaje Automático

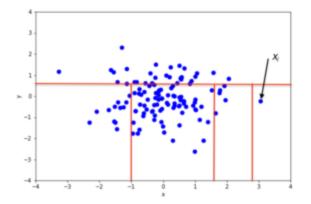
Juan David Martínez jdmartinev@eafit.edu.co

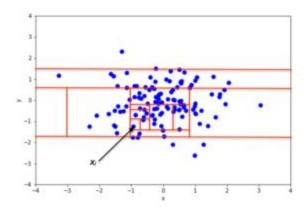
Agenda

- Isolation trees
- Isolation forests

Isolation trees

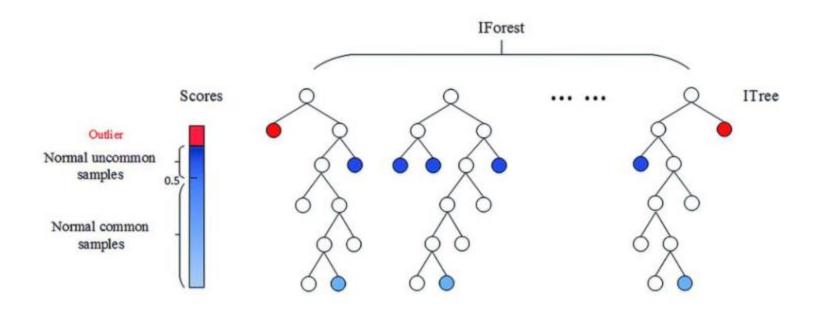
- Motivación:
 - Las anomalías generalmente son pocas muestras con características diferentes de las muestras "normales"
 - Podemos construir un árbol para aislar cada muestra
 - Las anomalías se agrupan cerca del nodo raíz
 - Las muestras normales se agrupan al final del árbol





Isolation forests

• La distancia promedio al nodo terminal se puede ver como un score de novedad de una muestra



Isolation forest

- Isolation tree: Dado con conjunto de muestras X de n muestras, este conjunto de datos se divide recursivamente seleccionando aleatoriamente una característica q con un valor de partición p, hasta que:
 - El árbol alcance una profundidad establecida
 - |X| = 1
 - Todas las instancias de X tienen el mismo valor
- **Definición:** Longitud de trayectoria
 - La longitud de trayectoria $h(x^{(i)})$ de una muestra $x^{(i)}$ se mide por el número de nodos que se atraviesan en un árbol desde el nodo raíz al nodo terminal en el que se encuentra la muestra i
 - $h(\pmb{x}^{(i)})$ se normaliza con la longitud de trayectoria promedio de $h(\pmb{x}^{(i)})$ dado n

$$c(n) = 2H(n-1) - (2(n-1))/n$$

 $H(i) = In(i) + 0.57721$ (constante de Euler)

Isolation forest

- **Definición:** score de novedad
 - El score de novedad s de una muestra $x^{(i)}$ se define como:

$$s(\mathbf{x}^{(i)}, n) = 2^{-\frac{E(h(\mathbf{x}^{(i)}))}{c(n)}}$$

- $E\left(h(x^{(i)})\right) \to c(n), s \to 0,5$
- $E\left(h(x^{(i)})\right) \to 0, s \to 1$
- $E\left(h(x^{(i)})\right) \to n-1, s \to 0$

Isolation forest

https://scikit-learn.org/stable/auto_examples/ensemble/plot_isolation_forest.html