

Dispensa di Machine Learning

Federico Luzzi
Christian Uccheddu

Indice

1 Dati	1
1.1 Data types(*)	2
1.2 Data exploration(*)	3
1.2.1 Definizioni	3
1.2.2 Visualization	6
1.3 Missing replacement(*)	7
1.4 Data Preprocessing(*)	8
1.4.1 Aggregation	9
1.4.2 Sampling	9
1.4.3 Dimensionality reduction	10
1.4.4 Variable transformation	13
2 Classification	14
2.1 Introduction (*)	14
2.2 Tecniche di classificazione	16
2.2.1 Decision Tree	17
2.2.2 Regressione Logistica Binomiale	19
2.2.3 Support Vector Machines	20
2.2.4 Multi-Layer Perceptron o Artificial Neural Network	24
2.2.5 Classificatori bayesiani	27
2.2.6 Naive bayes	29
2.2.7 Reti bayesiane	30
2.2.8 Tree-augmented Naive Bayes	31
2.2.9 Summary	32
2.3 Performance Evaluation (*)	32
2.3.1 Performance di un modello di classificazione	35
2.3.2 Accuratezza	35
2.3.3 Speed	36
2.3.4 Robustezza	36
2.3.5 Scalabilità	36
2.3.6 Interpretabilità	37
2.3.7 Holdout	37
2.4 Comparing Classifiers (*)	39
2.4.1 Intervallo di confidenza	40
2.4.2 Different test set	41
2.4.3 Same test set	43
2.5 Class Imbalance Problem (*)	44
2.6 Counting the cost (*)	47
2.6.1 Matrice di costo	47

2.6.2	Cumulative Gains	49
2.6.3	Lift Chart	51
2.6.4	Curva ROC	52
2.7	Feature Selection (*)	54
2.7.1	Filter	56
2.7.2	Regularization	58
2.7.3	Schema division	58
2.8	Classificazione NON binaria	60
2.8.1	One-Vs-All	60
3	Clustering	61
3.1	Introduzione(*)	61
3.1.1	Tipi di clustering	61
3.1.2	Differenti nozioni di cluster	63
3.1.3	Componenti di un'analisi di clustering	63
3.2	Proximity(*)	64
3.2.1	Introduzione	64
3.2.2	Misure della distanza	66
3.2.3	Altre misure di prossimità	67
3.3	Clustering Algorithms	69
3.3.1	Prototype Based	69
3.3.2	Clustering Gerarchico	77
3.3.3	Density-Based Clustering	79
3.3.4	Graph-based Clustering Algorithm	81
3.4	Clustering Evaluation(*)	85
3.4.1	Esterni o supervisionati(*)	86
3.4.2	Interni o non supervisionati(*)	87
3.4.3	Paradigma di validità(*)	89
3.4.4	Selezione del numero di cluster(*)	90
4	Association Analysis	92
4.1	Introduction (*)	92
4.2	Rule Extraction	95
4.2.1	Algoritmo apriori	97
4.3	Maximal/Closed Frequent Itemsets	98
4.3.1	Rule Generation	98
4.4	Rules Evaluation (*)	101
4.5	Simpson's Paradox	104

1 Dati

Gli ambiti più importanti nei quali vengono applicate tecniche di machine learning nella vita reale sono diversi, in particolare si usano in: finanza, sanità, agricoltura, e-commerce, social, chatbot, sensoristica (come i veicoli a guida autonoma).

Vista la grande mole di dati la necessità è quella di capire come trattare i dati. **L'obiettivo del Machine Learning è sviluppare metodologia per dare valore ai dati in funzione di una particolare domanda che ci stiamo facendo.**

Tipicamente le tecniche di machine learning si dividono nelle seguenti tre macro categorie:

- Apprendimento supervisionato o predittivo: qualcuno ha già catalogato ad esempio delle immagini o dei dati e noi prendendo questi modelli dovremmo essere in grado di predire.
- Apprendimento non supervisionato o descrittivo: ci sono delle funzioni obiettivo che vanno ottimizzate. Non usiamo etichette della singola istanza ma in qualche modo sappiamo dove arrivare.
- Apprendimento rinforzato: È quello più utile in questa epoca: funziona sui premi.

In questo corso ci concentreremo sui primi due tipi di apprendimento.

L' *apprendimento supervisionato* si divide a sua volta nelle seguenti due categorie:

- Classificazione: quando il problema consiste nel dividere in classi delle quantità discrete.
- Regressione: quando il problema consiste nel ricostruire una certa variabile date delle condizioni pregresse.

L' *apprendimento non supervisionato* si divide a sua volta in:

- Clustering: Quando il problema consiste nel ricostruire delle classi delle istanze che ci vengono consegnate, senza sapere nulla sulla storia pregressa.
- Associativa: Quando il problema consiste nel scoprire pattern che descrivono bene caratteristiche associate ad un certo fenomeno.

Per alcuni compiti la correlazione statistica va benissimo, in alcuni casi però essa è addirittura deleteria. Se infatti provassi a vedere la correlazione tra il numero di omicidi in america e il numero di fondi investiti sulla ricerca scientifica vedrei che statisticamente sono strettamente correlate. Questo è un no-sense ed è il classico esempio di *correlazione spuria*.

A confermare questa visione in cui il modello per una certa trattazione dati è fondamentale è il cosiddetto paradosso di Simpson.

Paradosso di Simpson: Se uso solo i dati senza modello non c'è alcun modo di scoprire la verità.

1.1 Data types(*)

Il primo passo fondamentale è sicuramente quello di prendere confidenza coi dati. E' fondamentale capire la natura intrinseca dei dati che abbiamo a disposizione per risolvere in modo efficace un problema, in particolare questi sono solitamente organizzati in strutture che chiamiamo **dataset**. Per le analisi con le tecniche di Machine Learning esse non sono altro che tabelle fatte da righe e da colonne.

Le colonne del dataset sono chiamate **Attributi**.

Le righe del dataset sono chiamate **Istanze**.

Ogni attributo è caratterizzato dal fatto di avere un *tipo*, la sua conoscenza è fondamentale perché ci permette di sapere le proprietà che questo possiede. In particolare gli attributi si dividono in due grandi gruppi:

- Categorici:
 - Nominali: ad esempio il colore degli occhi.
 - Ordinali: ad esempio possono essere i giudizi.
- Numerici:
 - Intervallo: ammettono operazioni di somma e sottrazione.
 - Ratio: possiamo applicare tutte le operazioni logico/matematiche.

ATTRIBUTE TYPE	DESCRIPTION	EXAMPLES	OPERATIONS
CATEGORICAL (QUALITATIVE)	NOMINAL	The values of a nominal attribute are just different names; i.e., nominal values provide only enough information to distinguish one object from another ($=, \neq$).	Area Code Churn State eye color gender
		mode entropy contingency	
		median	
		percentiles	
		rank correlation	
	ORDINAL	The values of an ordinal attribute provide enough information to order objects ($<, >$).	street numbers
			run tests
			sign tests
			mean
			standard deviation
NUMERIC (QUANTITATIVE)	INTERVAL	For interval attributes, the difference between values are meaningful, i.e., a unit of measurements exists (+, -).	calendar dates temperature in Celsius or Fahrenheit
			Pearson's correlation
			t and F tests
	RATIO	For ratio attributes, both differences and ratios are meaningful, (*, /).	Day Mins Eve Mins monetary quantities length electrical current
			geometric mean
			harmonic mean
			percentiles
			variation

Figura 1: Distinzione degli attributi con le relative proprietà in cui è presente almeno un esempio per ogni categoria.

Dall'alto al basso il livello gerarchico sale e le proprietà aumentano.

C'è un'ulteriore divisione che può essere fatta ed è quella in:

- Discreti (in cui la serie dei valori è finita o una infinità numerabile), che a loro volta si suddividono in:
 - Categorici
 - Numerici
 - Binari: sono i più particolari da trattare, e hanno una serie di proprietà strane.
- Continui, i cui valori sono numeri reali.

1.2 Data exploration(*)

E' utile sapere come esplorare i dati in modo intelligente usando tutti gli strumenti a disposizione. Di seguito un elenco degli strumenti statistici più utili che permettono di avere un'analisi completa dei dati.

1.2.1 Definizioni

Definizione 1.1. Si definisce **quantile** α il valore q_α che divide la popolazione in due parti proporzionali rispettivamente ad α e a $(1 - \alpha)$ e caratterizzate da valori rispettivamente minori e maggiori di q_α

Un quantile molto importante è il quantile di ordine $\frac{1}{2}$ e si chiama **mediana** che è quello che ha esattamente minori di lui metà dei dati.

Definizione 1.2. Si definisce **media** il seguente valore:

$$\text{mean} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n x_i$$

La media non è un buon modo di visualizzare i dati perché dice poco riguardo alla loro distribuzione. Siccome la media è basata su singole osservazioni è fortemente soggetta a variazioni quando si hanno valori fortemente discostati dalla distribuzione dei dati. Tali valori si chiamano *outlier* e sono particolarmente interessanti da trattare.

Per ovviare a questo problema si è soliti usare la **media trimmed** in cui si buttano via il valore più piccolo e il valore più grande.

Definizione 1.3. Si definisce **media trimmed** il seguente valore:

$$\text{mean}_{\text{trimmed}} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n x_i \quad x_i = x - \max x - \min x$$

Se si trova un grosso scostamento tra la media e la media trimmed probabilmente si ha la presenza di almeno un outlier.

Definizione 1.4. Si definisce **range** il seguente valore:

$$\text{range} = \max x - \min x$$

Esso serve a quantificare la dispersione dei dati, ovviamente questo valore può essere fuorviante qualora i valori siano concentrati in una stretta banda di valori. Per ovviare a questo problema si usa la varianza.

Definizione 1.5. Si definisce **varianza** il seguente valore:

$$\text{var} = \sigma^2 = \frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2$$

E' preferibile però usare la deviazione standard in quanto per come è definita risulta essere della stessa unità di misura dei dati.

Definizione 1.6. Si definisce **deviazione standard** il seguente valore:

$$\text{std} = \sigma = \sqrt{\sigma^2}$$

Essendo queste due grandezze definite a partire dalla media esse soffrono dello stesso problema: sono fortemente condizionate dagli outlier, con lo stesso metodo precedente si definiscono quindi altre due grandezze in grado di ovviare a questo problema.

Definizione 1.7. Si definisce **deviazione media assoluta** il seguente valore:

$$AAD = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n |x_i - \text{mean}|$$

Definizione 1.8. Si definisce **deviazione mediana assoluta** il seguente valore:

$$MAD = \text{mediana}(x_1 - \text{mean}, x_2 - \text{mean}, \dots, x_{n0} - \text{mean})$$

E' utile anche definire il range interquartile (IQR) sempre per ovviare alla presenza di outlier.

Definizione 1.9. Si definisce **Range InterQuartile** il seguente valore:

$$IQR = q_{75\%} - q_{25\%}$$

Ci sono anche diverse grandezze utili da definire nei casi in cui si ha a che fare con coppie di attributi, in tal caso:

Definizione 1.10. Si definisce **covarianza** il seguente valore:

$$\text{cov}(X, Y) = \frac{1}{m-1} \sum_{i=1}^m (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y})$$

Per come è costruita questa matrice è necessariamente quadrata, e il suo valore ij^{th} rappresenta la covarianza tra il valore i^{th} dell'attributo x e il valore j^{th} dell'attributo y.

Un'ulteriore misura dell'associazione tra le coppie di attributi quantitativi che non dipende dalla varianza di ciascun attributo è la seguente:

Definizione 1.11. Si definisce **correlazione di Pearson** il seguente valore:

$$\text{corr}(x, y) = \frac{\text{cov}(x, y)}{\sqrt{\text{var}(x)\text{var}(y)}}$$

Per come è definita si ha ovviamente che: $\text{cov}(x, y) \in [-1, 1]$.

E' molto utile visualizzare i dati quando bisogna lavorarci, questo fondamentalmente per due motivi:

- Ci permette di trovare pattern tra le variabili che valori puntuali non ci permetterebbero di trovare.
- Ci permette di visualizzare i risultati di una lavorazione fatta sui dati.

Di seguito proponiamo un rapido elenco dei grafici più utili e descriviamo le varie caratteristiche.

1.2.2 Visualization

Possono organizzare i dati in istogrammi caratterizzati dalla presenza di bin: essi indicano la larghezza in cui i dati sono organizzati. A seconda dell'ampiezza che uso posso ottenere due disegni molto diversi come mostrato in figura.

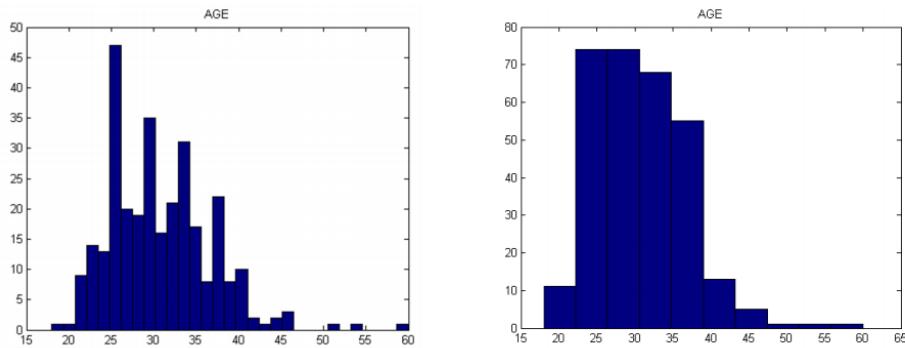


Figura 2: Differenza tra due istogrammi fatti sulla stessa distribuzione di dati ma con numero di bin diversi.

Si possono allo stesso modo creare istogrammi per dati qualitativi. La differenza rispetto agli istogrammi sui dati quantitativi è quella per cui ogni bin corrisponde ad una categoria diversa.

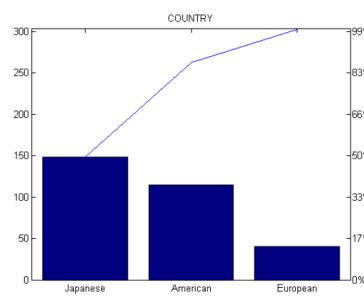


Figura 3: Iстограмма di dati qualitativi.

In questo caso la linea blu disegnata sopra è una linea cumulativa, ossia rappresenta dove si trova il livello sommando tutti i dati che man mano incontro, per come è costruita ovviamente dovrà finire sul valore 100%

Un altro modo di rappresentare i dati particolarmente utile è il **grafico Box and Whiskers** applicato solo ad attributi quantitativi. Rispetto agli histogrammi questo è decisamente più utilizzato perché permette di estrarre decisamente più informazioni. In particolare proponiamo un grafico in cui sono esplicitate le informazioni ottenibili:

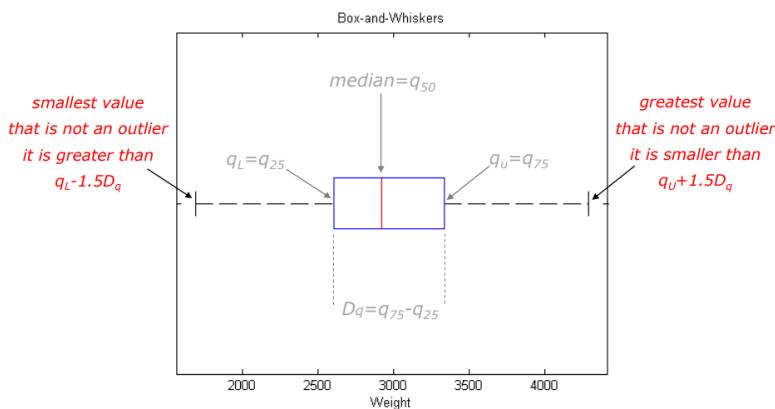


Figura 4: Informazioni ottenibili da un box plot.

1.3 Missing replacement(*)

E' il problema che si occupa di studiare come sostituire i valori mancanti di certi attributi in un dataset. Essendo un problema di così larga portata possiamo capire bene che una trattazione esaustiva riempirebbe le ore di un intero corso, tuttavia ne forniamo le basi per essere in grado di poter effettuare una analisi dati efficace.

Le motivazioni principali del perché un database presenta delle mancanze sono le seguenti:

- Tale valore non è stato possibile misurarlo.
- Non si conosce con esattezza tale valore.
- Si è verificato qualche errore durante la presa dati.
- Quel determinato attributo fino ad un certo punto dell'analisi non è mai stato considerato importante e quindi non è mai stato registrato.

Ci sono diversi metodi che ci permettono di riempire quel valore mancante, di seguito diamo una rapida trattazione dei più usati:

- **Record removal:** è il metodo più drastico e consiste nell'eliminare tutta l'istanza che contiene quel valore. Non viene usato frequentemente perché si rischia di perdere valori che possono essere fondamentali per l'analisi dati.
In particolare se la probabilità che un attributo abbia un valore nullo è: 0.01 se ho un record con 9 attributi allora la probabilità di non avere dati nulli diventa: $(0.99)^9$
- **Global constant:** consiste nel sostituire tutti i missing values con un valore costante chiamato *place holder*. Tale metodo non è molto efficiente perché un valore costante non può essere rappresentativo di una distribuzione.
- **Manual imputation:** consiste nel sostituire manualmente i missing values tramite delle osservazioni. Lo svantaggio è che è tremendamente svantaggioso dal punto di vista computazionale.
- **Moda replacement:** consiste nel rimpiazzare tutti i missing values con la moda di quel dato attributo, valgono le stesse considerazioni fatte per il metodo della global constant. Qualora gli attributi fossero continui si effettuerebbe la stessa cosa ma sostituendo la media.
- **Conditional mean replacement:** consiste nel rimpiazzare tutti i missing values con la media a condizione del fatto che sia presente un'ulteriore condizione posta su un secondo attributo. E' un po' più efficace degli altri elementi ma presenta anch'esso delle criticità.
- **Most probable:** consiste nell'eseguire una regressione sul nostro dataset utilizzando un altro attributo. In questo caso è possibile usare dei modelli di regressione anche molto complessi ed è possibile lavorare anche con dati qualitativi.

E' ora chiaro che il confine tra l'esplorazione dati e la modellizzazione degli stessi è molto sottile.

1.4 Data Preprocessing(*)

Il preprocessing è una fase dell'analisi dati che consiste nel **rendere i dati più fruibili per una analisi dati**.

1.4.1 Aggregation

L'aggregazione consiste nel combinare due o più record in un unico oggetto. Ci sono diversi vantaggi ottenibili nell'aggregare i dati, in particolare ne elenchiamo alcuni:

- Dataset più piccoli: durante un'analisi dati abbiamo bisogno di usare il minor quantitativo di memoria e di tempo, l'aggregazione in particolare diminuisce il tempo di esecuzione di un algoritmo.
- Cambiamento di scopo: ci permette di avere una visione più ampia dei dati qualora cambiassimo lo scopo della nostra analisi in corso d'opera.
- Varianza ridotta: gli attributi calcolati su record aggregati sono più stabili rispetto a quelli associati ai records nativi, questo per un effetto statistico.

1.4.2 Sampling

In molti casi avere una quantità enorme di dati può essere deleterio dal punto di vista computazionale, questo perché bisognerebbe usare algoritmi più semplificati in modo che la computazione possa essere svolta su un maggior numero di dati. Ciò che dobbiamo preferire è invece usare un algoritmo migliore su un dataset ridotto. Per questo entra in gioco il concetto di **campionamento**.

Il problema diventa quindi: *quando un campione è rappresentativo?*

Definizione 1.12. Un campione si dice **rappresentativo** quando ha approssimativamente le stesse proprietà del dataset di partenza.

Dobbiamo quindi trovare uno schema che ci permetta di scegliere *con grande probabilità* dei campioni rappresentativi. In questo caso il problema si riduce a trovare le appropriate:

- Dimensioni del campione.
- Tecniche di campionamento.

Esistono moltissime tecniche di campionamento ma di seguito mostriremo solo le più basilari:

- **Simple Random Sampling:** Ogni record del dataset ha la stessa probabilità di essere incluso nel campione. Tale record può essere rimosso o meno dal dataset di partenza. Quando i campioni sono molto

piccoli rispetto al dataset di partenza la rimozione o meno genera due campioni che sono molto simili.

Questo metodo fallisce quando il dataset consiste di attributi qualitativi in modo che i possibili valori che possono avere hanno frequenze fortemente diverse.

- **Stratified Sampling:** Vengono presi record in modo che all'interno del campione vengano rispettate le proporzioni tra gli attributi presenti nel dataset di partenza.

Una volta scelta la tecnica di campionamento dobbiamo occuparci di scegliere la grandezza del campione. Ovviamente tenere un campione di grande ampiezza aumenta la probabilità che un campione sia rappresentativo, di contro elimina la maggior parte dei vantaggi computazionali di avere un campionamento. Avere un campione troppo piccolo invece manda in controllo al rischio di eliminare pattern potenzialmente importanti o addirittura di mantenere pattern erronei. La giusta dimensione del campionamento va scelta in base al nostro dataset di riferimento effettuando delle prove.

1.4.3 Dimensionality reduction

In diversi casi capiterà di dover analizzare dataset caratterizzati da un gran numero di attributi. Diminuirne il numero porta a diversi vantaggi:

- Molti algoritmi lavorano meglio se la dimensionalità è minore.
- L'interpretabilità del modello implementato aumenta perché dipende da un numero minore di attributi.
- La rappresentazione grafica dei dati è facilitata.
- L'ammontare di tempo e memoria diminuisce drasticamente.

Contrariamente a ciò che ci si aspetterebbe *avere una dimensionalità maggiore dei dati non implica un aumento delle performance*. Mostriamo questo dato con il seguente grafico.

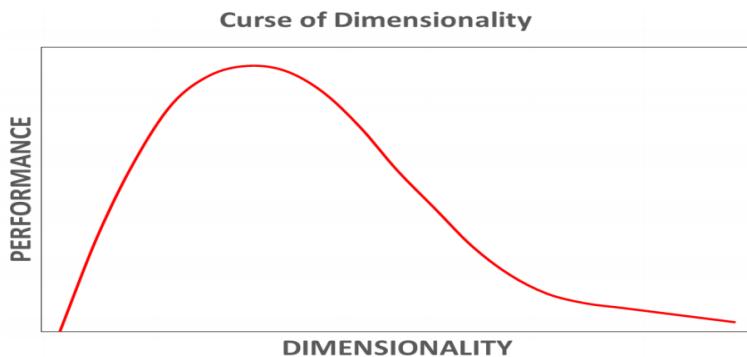


Figura 5: Andamento delle performance di un algoritmo in funzione della dimensionalità del dataset.

Molte delle tecniche usate per ridurre le dimensionalità sfruttano tecniche prese dall'algebra lineare per proiettare i dati da uno spazio dimensionale maggiore ad uno spazio dimensionale minore.

La **Principal Component Analysis (PCA)** trova nuovi attributi in modo che:

- Siano *combinazioni lineari* degli attributi di partenza.
- Siano *mutualmente ortogonali*.
- Catturino il *massimo ammontare di variabilità* nei dati.

In particolare la **Singular Value Decomposition (SVD)** è una tecnica di algebra lineare correlata alla PCA ed è largamente usata per ridurre la dimensionalità dei dataset.

Definizione 1.13. Si chiama **binarizzazione** la tecnica di trasformazione di attributi continui e categorici in uno o più attributi binari

Per farlo si associano k possibili valori a k valori interi nell'intervallo $[0, k-1]$. Successivamente si trasformano questi k interi in un numero binario, come è noto il numero di cifre necessarie per rappresentare un numero intero sono le seguenti:

$$s = \lceil \log_2 k \rceil$$

In questo caso è necessario introdurre un attributo binario per ogni attributo categorico con cui il dato può manifestarsi. Ovviamente si è più interessati ai casi in cui si manifesta il valore 1 perché indica la presenza di tale attributo.

Quando invece si ha a che fare con attributi durante un'analisi di classificazione o di associazione bisogna ricorrere alla tecnica di **discretizzazione**. Come facilmente intuibile la miglior discretizzazione dipende dal tipo di algoritmo che sto utilizzando. La discretizzazione può essere:

- **Supervisionata.**
- **Non-supervisionata.**

La *discretizzazione supervisionata* utilizza ulteriori informazioni (attributi di classe) per discretizzare gli attributi. Questa tecnica divide i punti in modo che qualche misura di *purità* sia massimizzata. La misura di purità più spesso applicata è l'**entropia**.

$$e_i = - \sum_{k=1}^K p_{ki} \log_2 p_{ki}$$

Per come è costruita si ha che:

- Se contiene solo record di una data classe $\Rightarrow e_i = 0$, massima purità.
- Se contiene egualmente spesso tutte le classi $\Rightarrow e_i = \max$, minima purità.

La discretizzazione supervisionata basata sull'entropia permette di trovare i punti di divisione degli attributi *continui* tali che l'entropia totale sia minimizzata.

Definizione 1.14. Si definisce entropia totale la seguente espressione:

$$E = \sum_{i=1}^n w_i e_i$$

In cui:

$$w_i = \frac{m_i}{m}$$

E le variabili sono così definite:

- n : numero di intervalli.
- m : numero di record.
- m_i : numero di record nell'intervallo i -esimo.

La *discretizzazione non-supervisionata* non utilizza alcuna informazione eccetto il valore dell'attributo continuo da discretizzare. Possono essere a loro volta divisi in due categorie:

- **equal width unsupervised discretization:** gli intervalli in cui viene discretizzati hanno tutti la stessa ampiezza

- **equal frequency unsupervised discretization:** gli intervalli in cui viene discretizzato hanno approssimativamente la stessa frequenza.

Può succedere però che gli attributi categorici abbiano troppi valori. Se gli attributi in questione sono ordinali allora si applicano le tecniche viste in precedenza, se invece sono nominali allora bisogna trovare un altro approccio. In questo caso possiamo infatti raggruppare i valori solo se il raggruppamento si traduce in un miglioramento nelle performance di classificazione o nel raggiungimento di qualche obiettivo del trattamento dati.

1.4.4 Variable transformation

Definizione 1.15. Una trasformazione di variabile sè una trasformazione che è applicata a tutti i valori di quella variabile.

Ci sono due tipi di trasformazione di variabile:

- **Funzioni semplici:** una semplice funzione matematica è applicata a tutti i valori di una variabile individualmente. Bisogna stare attenti all'ordine in cui vengono applicate e soprattutto a come si comporta la funzione per valori negativi e vicini allo 0.
- **Standardizzazione:** trasforma tutto il dataset in modo che acquisiscano una particolare proprietà.

$$Z = \frac{x - \mu}{\sigma}$$

E' molto importante perché il nuovo dataset viene trasformato in modo da avere $\mu = 0$ e $\sigma = 1$. In questo modo la somma di diversi attributi continui permette ad uno o a pochi attributi di prendere grandi valori e di dominare il nuovo attributo somma. E' molto utile quindi perché fa saltare immediatamente all'occhio la presenza di outlier.

In questo caso la media è sostituita dalla mediana, e la deviazione standard è sostituita dalla AAD che ricordiamo essere definita come:

$$\sigma_x = \frac{1}{m} \sum_{i=1}^m |x_i - \mu|$$

2 Classification

2.1 Introduction (*)

Entriamo un po' più nella componente di validazione nei modelli di classificazione supervisionata. La cosa più importante è **capire cosa stiamo facendo** in quanto quando si applicano algoritmi di machine learning è facile perdersi.

Nel solito dataset vogliamo determinare se un cliente abbandonerà o meno il nostro servizio, per farlo cerchiamo di utilizzare una particolare combinazione di attributi. Bisogna innanzitutto vedere di che tipo siano le variabili presenti nel nostro database.

Dobbiamo essere in grado sia di prevederlo che di capire **perché** qualcuno ha abbandonato. Svolgiamo questo compito con un modello di **classificazione**. Un modello di classificazione è un modello che sfrutta alcuni attributi del dataset (**attributi esplicativi**) per prevedere un valore di un altro attributo (**attributo di classe**).



Figura 6: processo di classificazione

Definizione 2.1. Le variabili in input si chiamano **variabili esplicative**.

Definizione 2.2. Le variabili in output si chiamano **variabili di classe**.

Definizione 2.3. Un **modello di classificazione** è qualcosa che risolve un problema di classificazione:

- **Modello descrittivo:** serve come strumento di spiegazione per distinguere tra oggetti di classi diverse
- **Modello predittivo:** predice la classe di un record sconosciuto, può essere visto come una scatola nera che assegna una label di una classe al record sconosciuto

Definizione 2.4. La tecnica di classificazione o **classificatore** è un approccio sistematico per costruire un modello di classificazione su un dataset.

Il classificatore segue il seguente processo:

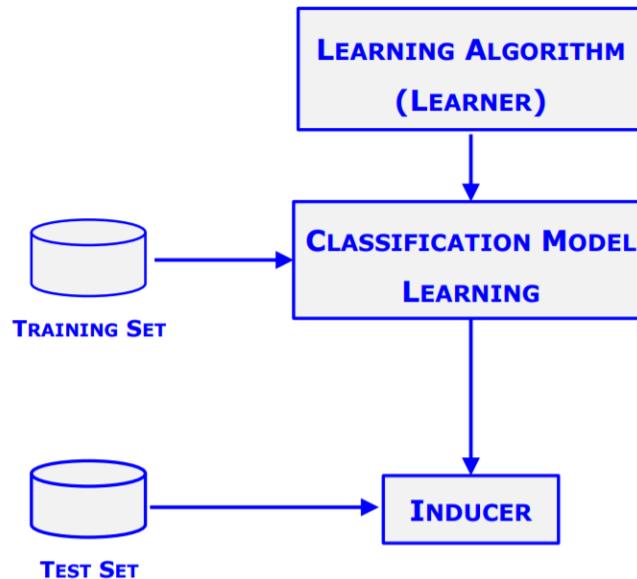


Figura 7: processo di creazione della classificazione

Definizione 2.5. Il **training set** consiste in dei record in cui tutti i valori degli attributi sono noti.

Definizione 2.6. Il **test set** consiste in dei record i cui valori dell'attributo di classe sono sconosciuti (o presunti tali).

Si utilizza quindi un algoritmo di learning (**Learner**) sul training set, passaggio definito come **Classification Model Learning**.

Definizione 2.7. L'output di questa operazione è un'istanza del modello di classificazione chiamato **Inducer**. All'inducer è chiesto di predire il valore della classe attributo per il test set.

La chiave di tutto è la scelta dell'algoritmo learner per l'apprendimento. Inoltre la scelta degli attributi esplicativi è fondamentale, infatti alcuni di essi possono essere solo ridondanti nel processo e generare solo rumore. Tramite l'analisi delle performance si possono valutare queste due scelte.

Bisogna valutare ora le performance del modello inducer. Uno dei modi per analizzare se è efficace è la **matrice di confusione**.

Nelle righe vi sono i veri valori delle classi, nelle colonne i valori predetti dall'inducer. Il numero di righe è uguale al numero di colonne e corrispondono al numero di classi da predire.

		INDUCER PREDICTION (IP)	
		-1	+1
ACTUAL CLASS (AC)	-1	TN	FP
	+1	FN	TP

Figura 8: modello di matrice di confusione

All'interno sono identificati i risultati dei test e sono così classificati:

- **TN - vero negativo:** num. di record dove AC=-1 che sono stati correttamente predetti IP=-1
- **FN - falso negativo:** num. di record dove AC=+1 che sono stati erroneamente predetti IP=-1
- **TP - vero positivo:** num. di record dove AC=+1 che sono stati correttamente predetti IP=+1
- **FP - falso positivo:** num. di record dove AC=-1 che sono stati erroneamente predetti IP=+1

Definizione 2.8. La misura più utilizzata come metrica di performance è l'**accuratezza**:

$$\text{accuracy} = \frac{\sum_{i=1}^n \text{diagonal}}{\sum_{i=1}^n \text{elements}} = \frac{\#\text{CorrPrediction}}{\#\text{Prediction}} = \frac{TN + TP}{TN + TP + FN + FP}$$

La misura complementare che troveremo indicata è quella degli elementi:

$$\text{error} = \frac{FN + FP}{TN + FN + FP + TP} = 1 - \text{accuracy}$$

2.2 Tecniche di classificazione

Una tecnica di classificazione è un modo sistematico di aggredire un dataset e costruire i modelli di classificazione, in particolare possiamo dividerle in 4 macro categorie:

- **Euristiche:** ispezionano il suo vicinato come (Decision Trees, Random Forest, Nearest Neighboor)

- **Regression Based:** usa la probabilità condizionata parametrica, es regressione logica
- **Separazione:** partiziona lo spazio degli attributi, fa riferimento alle Support Vector Machine e alle Artificial Neural Network
- **Probabilistici:** usano la formula di Bayes (Naive Bayes ecc...).

Forniremo una overview di tutte queste, non le tratteremo nel dettaglio, partiamo da quelli **Euristici**.

2.2.1 Decision Tree

I modelli decision tree sono modelli basati euristici.

Un **albero di decisione** ha innanzitutto una rappresentazione grafica precisa. Vi sono 2 elementi: nodi e archi. Il **nodo** rappresenta un sottosinsieme del dataset, gli **archi** sono usati per modellare gli output di modelli diversi di dataset.

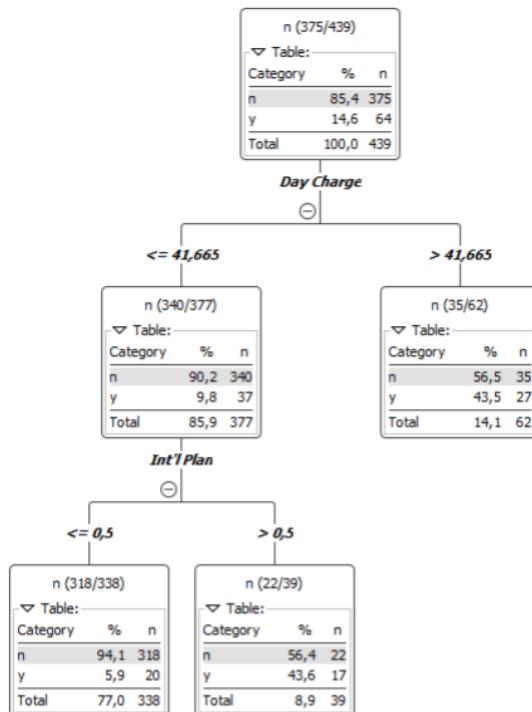


Figura 9: modello decision tree

I suoi ingredienti principali sono:

- **Root node** (nodo radice): non ha archi in ingresso ma può averne più di due in uscita
- **Internal nodes** (nodi interni): hanno un solo arco in ingresso e almeno due in uscita
- **Leaf** (nodi foglia o terminali): sono nodi interni senza archi in uscita e con esattamente un arco in ingresso.

Cerchiamo di capire come si forma questo albero: ad ogni nodo è associato un determinato schema.

Ogni record viene classificato partendo **dall'alto** (radice) fino **al basso** (nodi foglia).

Leggo il primo nodo (radice) abbiamo l'indicazione di un attributo: nell'esempio se 'day charge' sia $\leq 41,665$ o $>$ e dividere l'albero in due nodi. Se la risposta è vera allora mi muovo in un nodo altrimenti nell'altro. All'interno del nuovo nodo ho di nuovo la valutazione di una variabile, e proseguo così finché raggiungo un nodo foglia. Quando si arriva ad una foglia devo fornire una risposta, ovvero conto la classe più frequente e rispondo al chiamante con essa (es. churn = n).

Il decision tree può essere usato per attributi nominali, ordinali così come intervalli numerici e coefficienti.

Diverse misure possono essere usate per selezionare la politica di node splitting ottima: *entropia*, *indice di Gini* e il *classification error*. Esso comunque dipende anche dal tipo di attributo: *binario*, *nominale* e *continuo*.

E' un modello che risponde sempre *la classe più frequente* ed è un modello praticamente inutile quando ho delle classi particolarmente sbilanciate. Sono evidentemente test univariati, ciò che faccio è costruire iper parallelepipedi del nostro dataset. Vanno a definirsi delle rette per il cambio di classificazione: **decision boundary**.

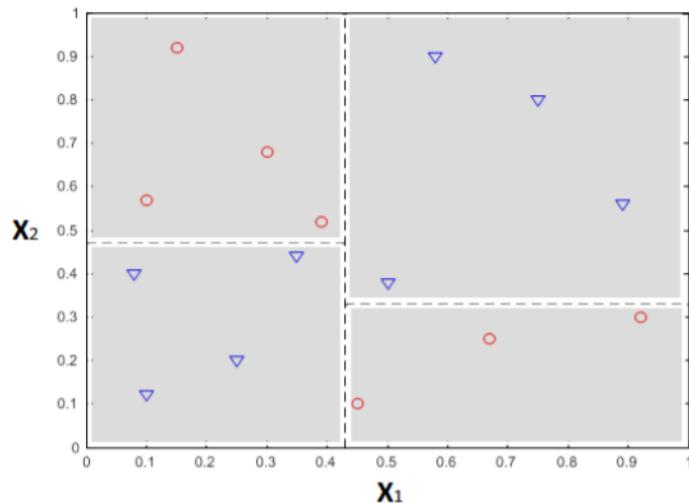


Figura 10: decision boundary

Il risultato di queste rette fa la differenza sulla capacità di evidenziare dove ci siano elementi di una certa classe, devo quindi imparare a posizionare questi iperpiani: **Voglio partizionare il mio spazio in iperpiani massimizzando l'accuratezza.**

Non c'è alcuna ragione per cui io non possa usare degli splitting multipli e non solo su binari, posso farlo anche su valori nominali.

Vi sono poi diversi modelli derivati dal decision tree, come il Random Forest.

Random forest: è un comitato di alberi di decisione. Sostanzialmente usa degli attributi che sono in generale sottoinsiemi degli attributi, ogni albero può avere un sottoinsieme differente di attributi. Ogni albero usa attributi in modo randomico. Ogni albero apprende a modo suo e il random forest in base a dei parametri (regione dello spazio) decide a quale albero ascoltare per la decisione.

2.2.2 Regressione Logistica Binomiale

La regressione logistica è un metodo di classificazione basato sulla regressione.

Assumiamo che la variabile di classe Y sia compresa tra $\{0, 1\}$, allora la regressione logistica binaria calcola a posteriori la probabilità che Y dia il valore dell'input ovvero le variabili esplicative. Servono per risolvere problemi di regressione binaria a diversi livelli. E' applicabile ad attributi continui e con certe accuratezze anche ad attributi nominali.

Si assume l'attributo di classe $Y = \{0, 1\}$, allora il classificatore a regressione logistica binomiale calcola a posteriori la probabilità che Y assuma il valore di un input esplicativo \underline{X} . Si calcola come segue:

$$P(Y = 0 | \underline{X} = \underline{x}) = \frac{1}{1 + \exp(\underline{w} \cdot \underline{x})}$$

$$P(Y = 1 | \underline{X} = \underline{x}) = \frac{\exp(\underline{w} \cdot \underline{x})}{1 + \exp(\underline{w} \cdot \underline{x})}$$

dove \underline{w} è chiamato il vettore parametro.

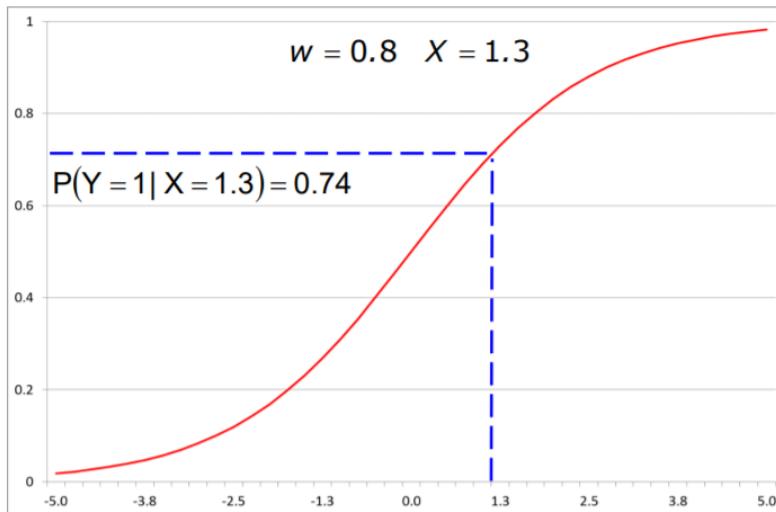


Figura 11: regressione logistica

In questo modo vengono portate le probabilità di appartenere ad una certa classe.

2.2.3 Support Vector Machines

La tecnica Support Vector Machines è un metodo di classificazione con separazione. Lo scopo è separare o "apprendere" classi che vogliamo classificare.

Consideriamo uno spazio bidimensionale in cui sono rappresentati m record dove due attributi continui vengono misurati: $D = \{(\underline{x}_1, y_1), \dots, (\underline{x}_m, y_m)\}$ dove $\underline{x}_i \in R^2$ e $y_i \in \{-1, +1\}$

L'idea è quella di tracciare una retta (se ho due sole classi) per cui definisco l'area di appartenenza di una o dell'altra classe.

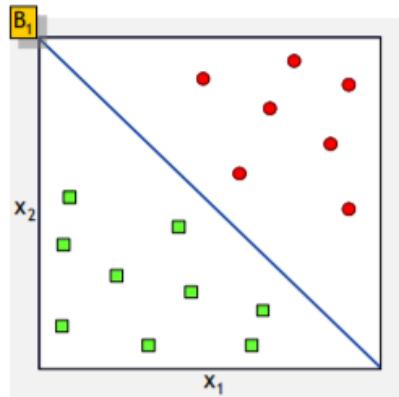


Figura 12: support vector machine - una possibile retta

La retta in questione è definita dalla seguente equazione:

$$\underline{w} \cdot \underline{x} + b = w_1x_1 + w_2x_2 + b = 0$$

per orientare la retta utilizziamo il vettore $\underline{w} = [w_1, w_2]$ oppure b . (\underline{w} fa ruotare, b fa traslare)

se la retta esiste allora l'insieme delle istanze è *linearmente separabile*.

Problema: vi sono più (anche infinite) rette utilizzabili per effettuare la separazione, quale devo scegliere? Perchè non basta trovare una retta che funziona, ma la retta migliore per quando si dovrà valutare dati nuovi. Si crea una sorta di area grigia nella quale non so dire esattamente quale delle due classi categorizzare (**Linear Decision Boundary**).

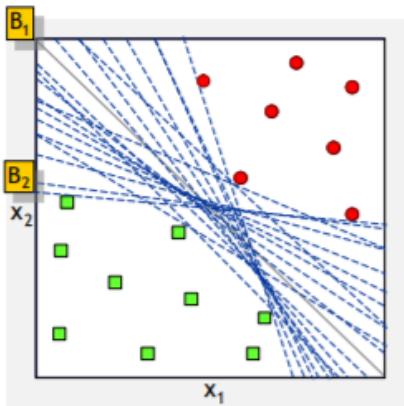


Figura 13: support vector machine - tante possibili rette

Devo sostanzialmente trovare una retta che **massimizza il margine di errore**, l'*optimal linear decision boundary*.

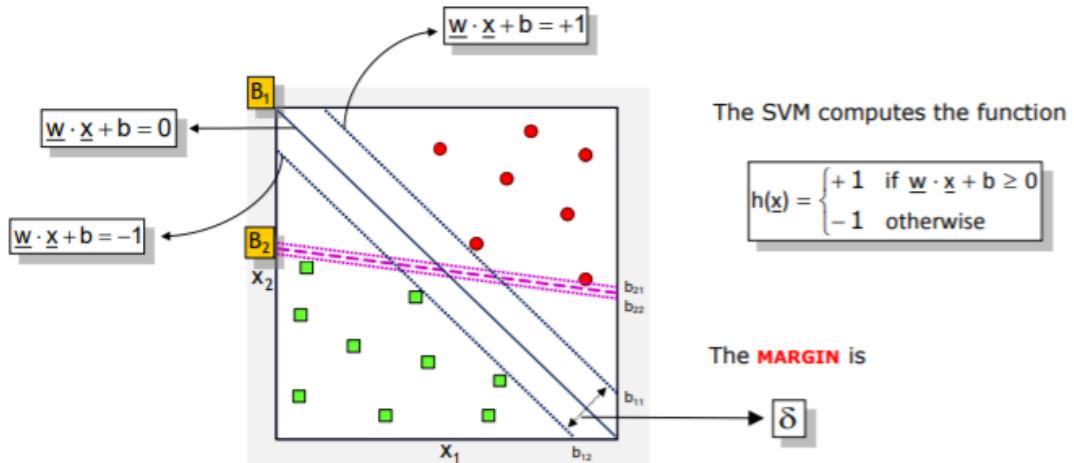


Figura 14: support vector machine - boundary

la retta B_1 è nettamente preferita rispetto alla retta B_2 in quanto ha un margine di supporto δ maggiore.

Naturalmente per n attributi bisogna trovare l'iperpiano ottimale per dividere un determinato insieme di istanze. Matematicamente parlando si cerca di massimizzare il margine $\delta = 1/|\underline{w}|^2$, la retta ha la seguente impostazione: $\underline{w} \cdot \underline{x} + b = 0$, le rette ai confini del margine sono fissate a $\underline{w} \cdot \underline{x} + b = 1$ e $\underline{w} \cdot \underline{x} + b = -1$.

L'argomento della retta è in 2 dimensioni, però dopo aver applicato la funzione $h(\underline{x})$ quella retta diventa un piano che va a -1 da un lato e a $+1$ dall'altro.

Il training di una **SVM Linear Hard-margin** formulando e risolvendo il seguente problema matematico:

$$\min_{\underline{w}, b} \frac{1}{2} \underline{w} \cdot \underline{w}^T$$

s.t.

$$y_i(\underline{w} \cdot \underline{x}_i + b) \geq 1 \quad \forall i = 1, \dots, m$$

È un problema di programmazione quadratica con vincoli lineari i quali devono essere risolti con tecniche numeriche speciali.

Per trovare la retta devo minimizzare l'inverso del margine δ bisogna imporvi dei vincoli per ogni attributo, se \underline{w} e \underline{x} sono *concordi in segno* (positivo o negativo) allora classifica perfettamente perchè il risultato è ≥ 1 . Garantiscono che tutti i casi del dataset siano classificati correttamente e tra tutti i casi che classificano correttamente scelgo quello che massimizza il margine.

Non risolveremo questa formula di ottimizzazione in modo diretto, ma la sua formulazione **duale**. In ogni caso questa formulazione funziona bene se il problema è linearmente separabile.

Nei casi **non** linearmente separabili, non esiste **mai** una retta in grado di separare correttamente le classi. In questi casi la formulazione precedente non ammette soluzione, perché per alcuni dati i vincoli non ammettono soluzione.

Si introduce allora la **Linear Soft-margin**:

$$\min_{\underline{w}, b, \epsilon} \frac{1}{2} \underline{w} \cdot \underline{w}^T + \Delta \sum_{i=1}^m \epsilon_i$$

s.t.

$$\forall_{i=1}^m : y_i (\underline{w} \cdot \underline{x}_i + b) \geq 1 - \epsilon$$

$$\forall_{i=1}^m : \epsilon \geq 0$$

le ϵ devono essere non negative (variabili di slack), se utilizzo questo parametro di una certa quantità per ammettere un errore allora esiste almeno una retta che risolve il problema di ottimizzazione. Ho sostanzialmente *rilassato* il problema di ottimizzazione, in particolare i vincoli. Graficamente parlando è come traslare degli elementi di una classe diversa dalla regione di appartenenza verso la regione della classe di quell'elemento.

NB: i vettori di supporto sono quelle osservazioni che sono sul bordo del margine

Problema: se la separazione deve avvenire con una funzione **non lineare**.

Soluzione: Si va a cercare una trasformazione che porti dallo spazio originale in uno spazio delle features in cui posso applicare una separazione lineare. Nel nuovo spazio sono in grado di separare il nuovo dataset in due diverse classi (vedi immagine che segue).

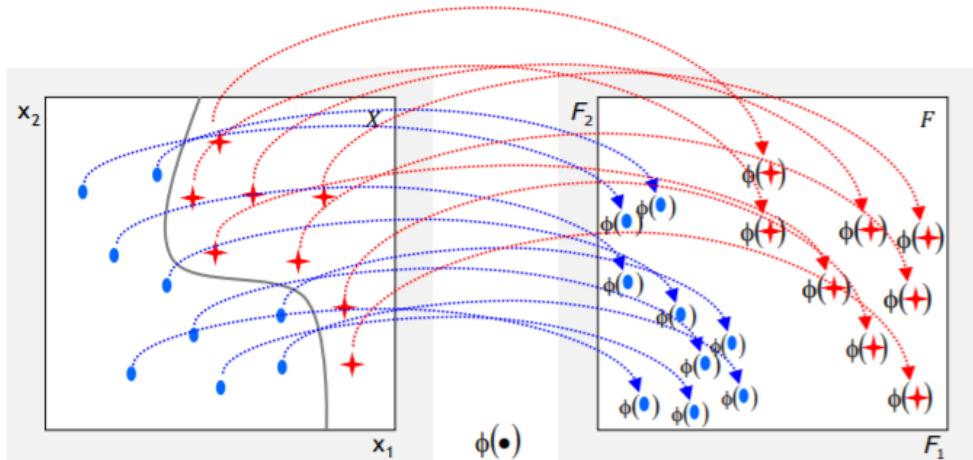


Figura 15: support vector machine - non lineare

In questo modo posso sfruttare tutta la metodologia precedente ma in uno spazio "controllato". Bisogna trovare però una trasformazione $\phi()$ che mappi X in F .

La nuova Linear Deision Boundary nello spazio delle feature F è definito dalla seguente equazione: $w \cdot \phi(x) + b = 0$.

Il modello diventa:

$$\min_{\underline{w}, b} \frac{1}{2} \underline{w} \cdot \underline{w}^T$$

s.t.

$$y_i (\underline{w} \cdot \phi(\underline{x}_i) + b) \geq 1 \quad \forall i = 1, \dots, m$$

per l'algoritmo di apprendimento utilizziamo sostanzialmente delle funzioni kernel: $K(\underline{u}, \underline{v}) = \phi(\underline{u}) \cdot \phi(\underline{v})$. Queste funzioni kernel sono delle funzioni di similarità calcolate nello spazio attributi originale di x e sono riferite alla funzione kernel.

2.2.4 Multi-Layer Perceptron o Artificial Neural Network

Il Multi-Layer Perceptron (MLP) è una tecnica di classificazione che si basa sulla separazione dello spazio degli attributi. Oggi si utilizzano molto per il deep learning.

Definizione 2.9. Un modello **MLP Multi-Layer Perceptron** consiste in neuroni artificiali che comunicano in modo unidirezionale, dall'input X alla variabile di classe (volendo ci possono essere più neuroni di output).

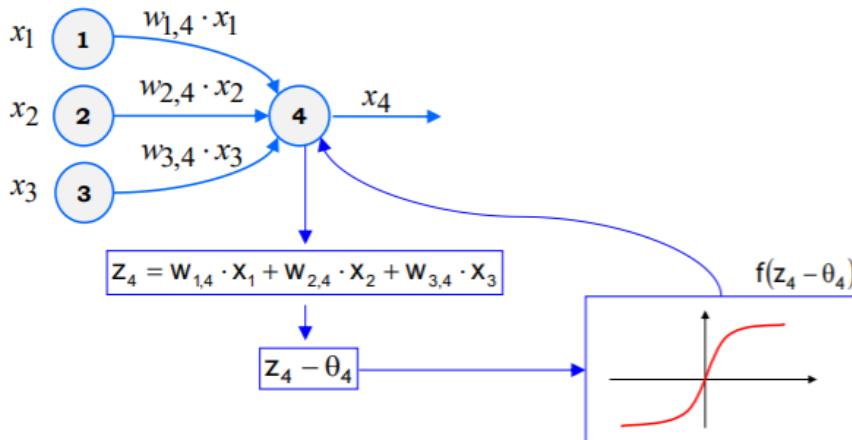


Figura 16: modello MLP

In figura vi sono 3 neuroni di parametri continui, viene aggiunto un quarto neurone che calcola una funzione. Ogni input nel neurone ha associato un peso w . Il neurone calcola una **combinazione lineare** tra gli input ed il peso dato ad esso, il j -esimo neurone calcola:

$$y_j = f\left(\sum_{i=1}^n w_{i,j} \cdot x_i - \theta_j\right)$$

Ad esempio il quarto neurone in figura: $z_4 = w_{1,4} \cdot x_1 + w_{2,4} \cdot x_2 + w_{3,4} \cdot x_3$. A questo calcolo viene posto una soglia threshold di valore θ applicato alla combinazione lineare. Successivamente il neurone risponde con un valore pari all'applicazione di una funzione di attivazione rispetto all'input meno il threshold, nel nostro caso $f(z_4 - \theta_4)$.

Definizione 2.10. In ciascun neurone viene quindi definita la **funzione di attivazione (o trasferimento)** che restituisce il valore che lui trasferirà ad un altro neurone o strato con cui comunica.

Storicamente le funzioni applicazione sono la tangente iperbolica e la funzione logistica (intervallo tra -1 e 1 e tra 0 e 1). Oggi vengono utilizzate delle funzioni non derivabili più complesse, come funzioni **RELU** (Rectify Linear Unit) che assumono valore 0 nel semiasse negativo e 1 nel semiasse positivo.

Vi sono 3 tipi di neuroni: di input, di output e nascosti:

- **input** sono collegati con le variabili esplicative e con *ciascun* nodo nascosto

- **nascosti** (o hidden) ricevono i segnali dai neuroni di input e il segnale viene propagato a quelli di output
- **output** sono associati alla variabile di classe e ricevono i segnali da visualizzare

Ogni neurone di input è connesso con ogni neurone di strato nascosto ed ogni nodo di strato nascosto comunica con il nodo di output, rete **fully-connected**. Ogni arco ha associato un peso e ogni nodo ha un valore di soglia θ_j e una funzione di attivazione.

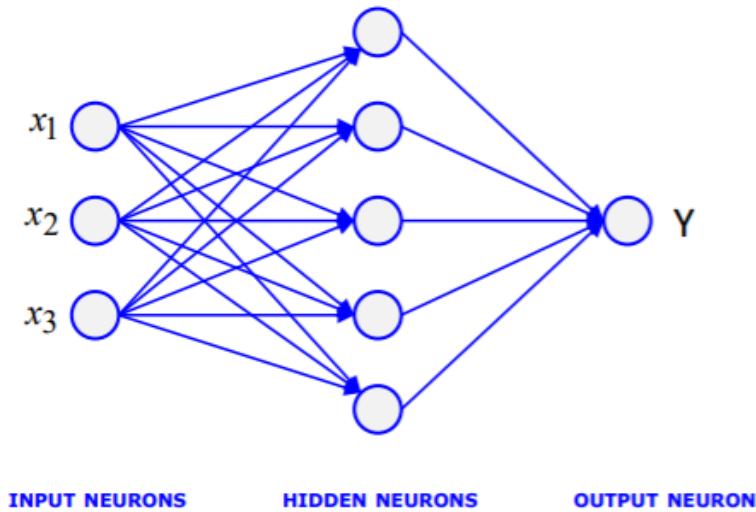


Figura 17: modello MLP semplice

Per la disposizione dell'architettura ho diverse scelte da fare: quanti neuroni usare, quanti nello strato nascosto, quanti strati nascosti usiamo, che funzione di attivazione, ecc.

Determinare l'architettura della nostra rete è fondamentale per avere buone performance. Posso pensare di aggiungere un **livello** di neuroni nascosti. Non vi sono vincoli rispetto a comunicare saltando livelli. **Non** si può però comunicare all'indietro, infatti queste reti sono chiamate **feed-forward neural network** (possono possedere fino a centinaia di strati nascosti).

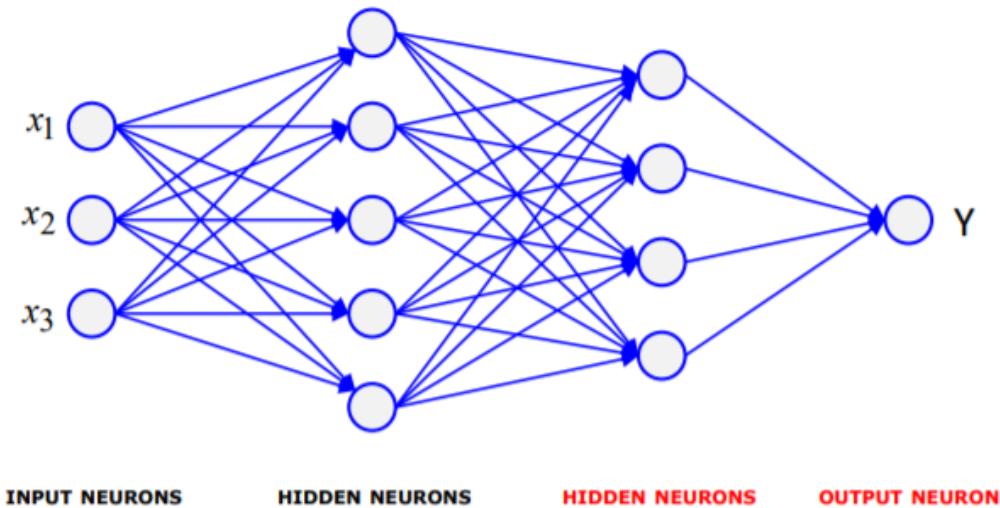


Figura 18: esempio MLP con 2 strati nascosti

Per migliorare l'apprendimento si può propagare le valutazioni fatte all'output per tutti i nodi risalendo fino all'input. Modificando i pesi degli archi. Questa cosa funziona bene e ha senso con le RELU.

Il problema MLP. non ha soluzione oggi, pertanto si procede in modo **empirico**, non è ancora possibile arrivare ad una soluzione ottima, non si riesce a capire se si ha raggiunto il massimo/minimo globale ma si cerca quella che dà risultati accettabili e migliori di altri. Numero di nodi, archi o livelli nascosti scelto in base all'esperienza.

NB: classificare non significa saper approssimare!! soprattutto per i modelli basati sulla separazione dello spazio delle feautures.

2.2.5 Classificatori bayesiani

I **classificatori probabilistici** calcolano la probabilità condizionata secondo il **teorema di Bayes** e cercano di capire il valore della classe attributo dalle altre variabili.

Definizione 2.11. La **formula di Bayes** calcola la probabilità che un evento accada dati altri eventi:

$$P(Y|\underline{X}) = \frac{P(\underline{X}|Y) \cdot P(Y)}{P(\underline{X})}$$

dove:

- $P(Y)$ è la probabilità della classe attributo

- $P(\underline{X}|Y)$ la verosimiglianza di un vettore di attributi data la classe attributo
- $P(\underline{X})$ probabilità dell'evidenza (nel senso di certezza)
- $P(Y|\underline{X})$ probabilità a posteriori della classe attributo dato il vettore di attributi esplicativi

vediamone un esempio, assumiamo di avere:

- Y variabile binaria di classe $\{-1, +1\}$
- \underline{X} variabile bianria esplicativa $\{\text{Male}, \text{Female}\}$

Assumiamo di avere le seguenti probabilità:

$$P(Y) = (0.3, 0.7) \quad P(\underline{X}|Y = -1) = (0.2, 0.8) \quad P(\underline{X}|Y = +1) = (0.9, 0.1)$$

Vogliamo classificare $\underline{X} = \text{Male}$ tramite la formula di Bayes:

$$P(Y = -1|\underline{X} = M) = \frac{P(\underline{X} = M|Y = -1) \cdot P(Y = -1)}{P(\underline{X} = M)} = \frac{0.06}{P(\underline{X} = M)}$$

$$P(Y = +1|\underline{X} = M) = \frac{P(\underline{X} = M|Y = +1) \cdot P(Y = +1)}{P(\underline{X} = M)} = \frac{0.63}{P(\underline{X} = M)}$$

In questo caso quindi la Y è più probabile che abbia valore $+1$ se $\underline{X} = \text{Male}$.

Assumiamo ora che il numero di variabili esplicative aumenti a n ed esse sono binarie, così come l'attributo di classe, allora avremo bisogno di conoscere i seguenti parametri:

$$\theta_{ki} = P(\underline{X} = x_k|Y = y_i) \quad k \in \{1, \dots, 2^n\}, y_i \in \{-1, +1\}$$

Quando il numero di variabili esplicative cresce, le devo binarizzare quindi avrò 2^n parametri:

n	1	2	3	10	20	30
# parametri	2	4	8	1,024	1,048,576	1,073,741,824

Per risolvere il problema si utilizzerà l'**assunto della condizione di indipendenza**.

2.2.6 Naive bayes

Definizione 2.12. Dati gli attributi X, Y, Z , diremo che X è **indipendente condizionatamente** da Y dato Z , se e solo se la probabilità di X è indipendente dal valore dell'attributo Y una volta che Z sia noto, formalmente:

$$\forall i, j, k P(X = x_i | Y = y_j, Z = z_k) = P(X = x_i | Z = z_k)$$

Se assumo questa espressione per le variabili utilizzate si riduce enormemente il numero di parametri da computare, il **Naive Bayes** assume indipendenza condizionale e ci permette di calcolare la probabilità a posteriori dell'attributo classe dati gli attributi esplicativi come segue:

$$P(X_1, \dots, X_n | Y) = \prod_{i=1}^n P(X_i | Y)$$

$$2 \cdot (2^n - 1) \rightarrow 2 \cdot n$$

Il **Classificatore Naive Bayes** calcola la probabilità a posteriori dell'attributo di classe come segue:

$$P(Y = y_k | X_1, \dots, X_n) = \frac{P(Y = y_k) \cdot \prod_{i=1}^n P(X_i | Y = y_k)}{\sum_j P(Y = y_j) \cdot \prod_{i=1}^n P(X_i | Y = y_j)}$$

Il record di variabili viene etichettato con il valore di classe che massimizza la probabilità a posteriori

$$\arg \max_{y_k} P(Y = y_k | X_1, \dots, X_n)$$

Naive Bayes fa parte dei modelli **grafico-probablistici**. Un intera famiglia di modelli di questo tipo: reti bayesiane dinamiche, ecc... non andremo nel dettaglio.

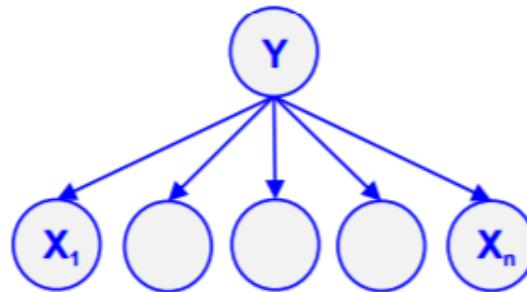


Figura 19: rete naive bayes

A fianco del risultato output comunque è bene fornire la probabilità con il quale si è ottenuto il risultato, in modo da dare una *misura di affidabilità*.

Il classificatore Naive bayes può essere applicato ad attributi categorici (nominali e ordinali), numerici (intervalli e tassi). Ogni attributo numerico è associato a una densità di probabilità condizionale di classe normale:

$$P(X_i = x_i | Y = y_k) = \frac{1}{\sigma_{ik}\sqrt{2\pi}} \exp\left(-\frac{(x_i - \mu_{ik})^2}{2\sigma_{ik}^2}\right)$$

i cui parametri sono:

$$\mu_{ik} = E[X_i | Y = y_k] \quad \sigma_{ik}^2 = E[(X_i - \mu_{ik})^2 | Y = y_k]$$

NB: solitamente si combinano attributi categorici (nominali e ordinali) con attributi numerici (intervalli e tassi).

Naive bayes si comporta generalmente bene ma richiede una enorme premessa per essere applicato correttamente, (**indipendenza condizionata**). Quindi è stata creata una versione più flessibile mantenendo la stessa capacità computazionale.

2.2.7 Reti bayesiane

Il classificatore Naive bayes viene generalizzato dalla **Rete bayesiana** che è meno forzata dall'assunzione di indipendenza condizionata ma sfrutta il concetto di **Sparsity**.

Un esempio di rete bayesiana è il seguente:

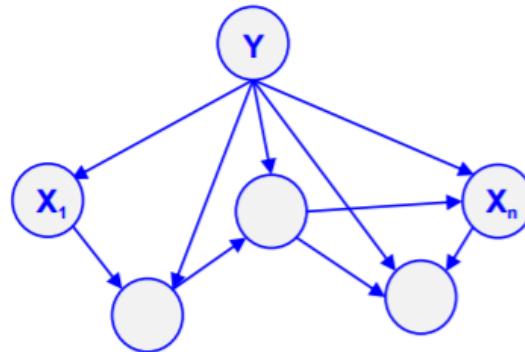


Figura 20: rete bayesiana generalizzata

Il nodo radice Y che corrisponde all'attributo di classe.

Gli attributi esplicativi sono associati con i nodi, ma non solo quelli con un arco in entrata dalla radice, attributi esplicativi possono puntare ad altri attributi esplicativi.

Nel grafo **non** vi possono essere **cicli** in quanto un nodo successivo non può essere causa di un nodo precedente. Per ogni nodo va specificata una tabella di probabilità condizionata rispetto al valore dei suoi genitori. In sostanza prendo in considerazione tutte le possibili configurazioni dei genitori e per ognuna do un output diverso.

In questo modello gli attributi esplicativi non sono più assunti come indipendenti dalla classe attributo.

Questo è un modello particolare di rete bayesiana che viene utilizzata per la classificazione. La cosa bella di questo modello è che anche con valori null si potrà comunque fare inferenza perché nativamente ha questa caratteristica.

Al contrario, nelle reti neurali **non** è possibile far computare un modello senza che io abbia tutti gli input.

2.2.8 Tree-augmented Naive Bayes

Vi sono diverse versioni di reti bayesiane, una di queste è il Tree-augmented Naive Bayes.

Definizione 2.13. **Tree-augmented Naive Bayes** oltre ad avere il nodo genitore Y può permettersi di avere un altro nodo genitore (sempre). Se io addestro la rete senza nodo di classe allora ho un albero, dopo inserendovi il nodo Y fa inferenza (nel caso in figura vedi nodo X_1).

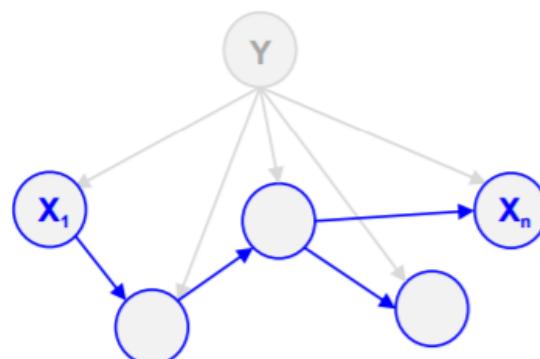


Figura 21: tree-augmented Naive bayes

È molto potente per la feature selection, ovvero per la ricerca delle feature più significative.

Ci sono altre modifiche possibili al Tree-augmente naive bayes, presenti il letteratura, come AODE, HNB, ecc...

2.2.9 Summary

Per capire come *nativamente* si differenziano i modelli di classificazione vedi tabella successiva.

	Explanatory Attribute			Class Attribute		
	Categorical			Numeric	Categorical	
	Nominal	Ordinal	Binary		Nominal	Binary
Decision Tree	X	X	X	X		X
Logistic Regression				X		X
SVM		X	X	X		X
MLP		X	X	X		X
NB	X	X	X	X	X	X

Figura 22: comparazione tra i principali modelli nativi

In ogni caso, è possibile **trasformare** attributi esplicativi e di classe nominali applicando tecniche di classificazione non assegnate per attributi nominali. Notare comunque che le tecniche di classificazione **non** sono l'opzione migliore quando bisogna predire un attributo **ordinale**.

2.3 Performance Evaluation (*)

La stima dell'accuratezza non è sufficiente per comprendere la confidenza di un modello, in particolare quando bisogna applicarlo a dati mai visti.

Bisogna rendersi conto del rischio di **overfitting** quindi magnificare alcuni risultati, e di **underfitting** ovvero non abbastanza accurati.

Vi sono due diversi tipi di errori:

- **training error**: numero di record del training set mal classificato
- **generalization error**: errori non visti precedentemente nei record (test set)

Un buon classificatore non deve fittare troppo bene il training set ma deve anche classificare accuratamente i record che non ha mai visto prima (test set).

Inoltre sempre avere attenzione sulla qualità dei dati, infatti considerare sempre il matra:

Garbage IN Garbage OUT

Definizione 2.14. Un modello di calssificazione che si allena su un training set troppo bene (basso training error) può avere un generalization error peggiore (stimato sul test set) rispetto ad un modello con alto training error, non va bene noi puntiamo a predire bene dati che non conosciamo. Si parla allora di **Overfitting del modello**.

Nella pratica: non devo adattare troppo il mio modello sui dati di training.

Noi puntiamo ad un modello che "sbaglia" (possibilmente poco) sia nel training set che nel test set in modo simile. Questa situazione significa che ho un modello che **non** ha overfittato.

Consideriamo il seguente esempio

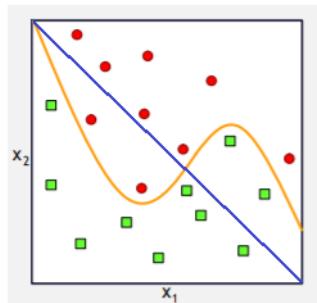


Figura 23: esempio di overfitting

- linea **blu**: modello con poco training error (non overfitting)
- linea **arancione**: modello con zero training error (overfitting)

Come si può notare il modello **arancione** si adatta troppo ai dati di training quindi c'è un forte rischio che non classifichi bene i dati di test. Al contrario il modello **blu** segue meglio la tendenza della distribuzione delle due classi di elementi.

Ora vediamo come si comportano i due modelli nel test set

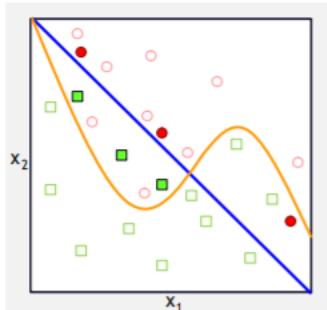


Figura 24: esempio di overfitting test

Ora si può notare come il modello **blu**: più alto training error e più basso generalization error) classifichi **più correttamente** rispetto al modello **arancione**: più basso training error e più alto generalization error).

Definizione 2.15. Il fenomeno contrario è l'**Underfitting**, in cui sia il training error che il generation error sono elevati. Accade quando performance del training e test sono simili e basse.

La complessità del modello scelto non è sufficiente per i dati che sto studiando. Non abbiamo utilizzato tutta la flessibilità che potevamo usare nella definizione del modello.

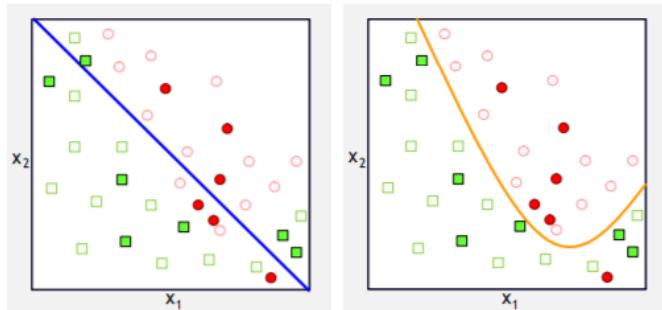


Figura 25: esempio di underfitting (sinistra)

Guardando agli esempi in figura, il modello **blu** classifica erroneamente 6 record, non è un buon modello. Invece, nel modello **arancione** fitta meglio il training ed risponde meglio anche al test (1 errore), in questo caso però bisogna stare attenti a non incappare in overfitting.

La **soluzione ottimale** la si evince da quello che succede nei dati di training e quello che succede nei dati di test.

È impossibile avere una misurazione certa sugli errori del modello, si può solo avere una stima.

2.3.1 Performance di un modello di classificazione

In una analisi di classificazione vogliamo sviluppare un modello che ci dia una migliore classificazione possibile. Viene valutata in termini di:

- Accuracy
- Speed
- Robustezza
- Scalabilità
- Interpretabilità (tema più dibattuto)

2.3.2 Accuratezza

L'accuratezza è una misura fondamentale perché:

- misura la capacità del modello nel dare classificazioni affidabili su nuovi record
- ci permette di selezionare l'istanza di modello che dà le migliori performance sui nuovi record

Consideriamo:

D_T training set con t records

D_{TS} test set con v records

$D = D_T \cup D_{TS}, D_T \cap D_{TS} = \emptyset, m = t + v$

Un buon indicatore è la percentuale di record di test (D_{TS}) che sono classificati correttamente.

Definiamo:

- y_i come il valore della variabile di classe dell'istanza $\underline{x}_i \in D_{TS}$
- $f(\underline{x}_i)$ valore della classe predetto per l'istanza $\underline{x}_i \in D_{TS}$ dal modello di classificazione

Consideriamo quindi la seguente funzione di loss:

$$L(y_i, f(\underline{x}_i)) = \begin{cases} 0 & se \quad y_i = f(\underline{x}_i) \\ 1 & se \quad y_i \neq f(\underline{x}_i) \end{cases}$$

l'**Accuratezza** viene calcolata in questo modo:

$$acc(D_{TS}) = 1 - \frac{1}{v} \sum_{i=1}^v L(y_i, f(\underline{x}_i))$$

in alcuni casi si preferisce l'**Errore** associato:

$$err(D_{TS}) = 1 - acc(D_{TS}) = \frac{1}{v} \sum_{i=1}^v L(y_i, f(\underline{x}_i))$$

2.3.3 Speed

Gli algoritmi di classificazione differiscono per:

- tempo di apprendimento
- spazio di memoria occupato

Oggi però si da meno importanza a queste caratteristiche in quanto vi sono diverse tecnologie e tecniche ottimizzare i tempi e lo spazio di memoria costa sempre meno (economicamente parlando).

Un algoritmo che impegna molto tempo e/o una grande quantità di memoria per l'addestramento, può essere trainato dopo un campionamento del dataset originale. In questi casi accettiamo di non sfruttare tutte le informazioni disponibili invece di trainare un tipo di modello che riteniamo assicurerà buone performance.

2.3.4 Robustezza

Definizione 2.16. Un modello/algoritmo può essere **robusto** o meno rispetto a:

- outliers: possono influenzare significativamente il modello
- missing data: problema centrale (i dati di base sono sporchi e soggetti a deperimento)
- variazione tra training set e test set: si parte dal presupposto che i dati di training siano simili e utili per quelli di test, se questa affermazione decade non è più robusto l'algoritmo

2.3.5 Scalabilità

Definizione 2.17. **Scalabilità** è la capacità di apprendere da enormi quantità di dati. Questa proprietà è intresecamente connessa alla speed.

Es. le reti bayesiane scalano molto male.

2.3.6 Interpretabilità

Definizione 2.18. Quando la classificazione è orientata dall'**Interpretabilità** di un problema per essere risolto e non ci si può limitare ad assicurare altri valori di accuratezza, è importante estrarre regole semplici e chiare per l'esperto di dominio del caso di studio.

L'interpretabilità è un problema enorme, perché noi umani non ragioniamo in termini quantitativi, ma qualitativi. Una spiegazione può essere la più dettagliata e precisa possibile ma se non intercetta il linguaggio e il contesto in cui vive il soggetto che voglio raggiungere, non raggiungo il mio obiettivo di far interpretare il mio lavoro.

2.3.7 Holdout

Definizione 2.19. L'**Holdout** è la partizione del dataset D in due sottinsiemi di training e test set attraverso un procedura di campionamento.

Best practice suggerisce 2/3 per il training set e 1/3 per il test set.

Se si hanno molti dati a disposizione non è necessario seguire questa proporzione si può aumentare sul training.

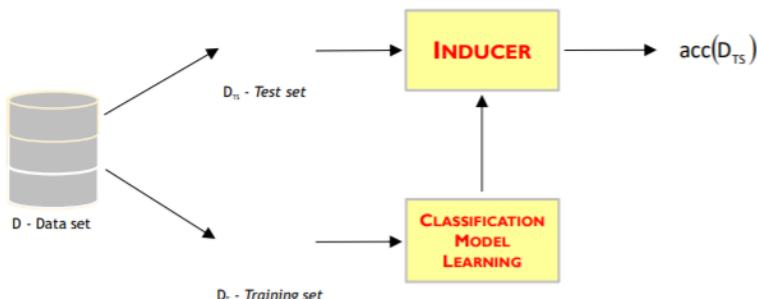


Figura 26: procedura di Holdout

La stima dell'accuratezza dipende dalla particolare scelta di divisione tra training e test set. Vi sono alcune tecniche per rendere più efficiente la divisione.

Definizione 2.20. Iterated Holdout consiste di ripetere iterativamente R volte il metodo di holdout per cui apprendo e stimo l'accuratezza.

Ad ogni iterazione r estraggo un campione random D_{Tr} di t records, e ottengo:

$$D_{TS_r} = D - D_{T_r}$$

Ripeto la porcedura R volte e l'accuratezza del classificatore è stimata dalla media dei valori di accuratezza campionati $acc(D_{TS_r})$ calcolati su ogni test set D_{TS_r} :

$$acc = \frac{1}{R} \sum_{r=1}^R acc(D_{TS_r})$$

Il numero di iterazioni R può essere scelto tramite specifiche tecniche statistiche.

L'iterated Holdout è chiaramente un metodo più robusto, le sue performance hanno un bias più piccolo rispetto al normale holdout. Comunque, non permette il controllo del numero di volte in cui un record è presente nel training e test set. Non ho la certezza di aver usato dei dati ottimi per la stima fatta. In alcuni casi si ricorre a uno schema più efficace, capace di ridurre l'impatto degli outlier.

Definizione 2.21. La tecnica di holdout detta **Cross-validation** garantisce che ciascun record di un dataset D sia incluso nel training set con lo stesso numero di volte e esattamente una volta nel test set.

Il dataset D viene partizionato in K sottoinsiemi disgiunti detti **fold**, esaustivi e con circa lo stesso numero di record:

$$D_1, D_2, \dots, D_K$$

Eseguiamo K iterazioni training-test. Alla k -esima iterazione avremo:

$$D_{T_k} = \{D_1, \dots, D_{k-1}, D_{k+1}, \dots, D_K\} \quad D_{TS_k} = D_k$$

L'insieme D_{T_k} è usato per il training mentre il D_k viene usato per il test della k -esima iterazione, in pratica ho più training set e un test set.

L'accuratezza viene stimata facendo la media delle K iterazioni:

$$acc = \frac{1}{K} \sum_{k=1}^K acc(D_k)$$

che offre una stima più efficace dell'accuratezza del classificatore.

Esistono diverse selezioni per il valore di K . I valori tipici sono $K = 3, 5, 10$ mentre un caso limite viene applicato quando i dati sono scarsi chiamato **Leave One Out Cross Validation (LOOCV)**. LOOCV è ottenuto

assumendo che ogni record è una partizione del dataset, così il valore di K equivale al numero di record del dataset D .

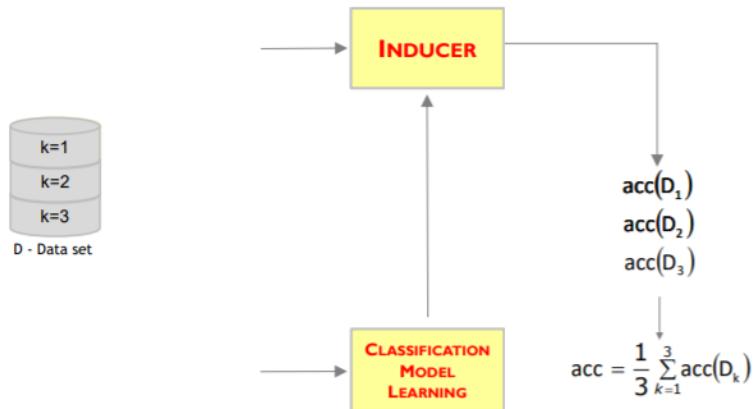


Figura 27: procedura di cross validation

Soltanamente ci chiediamo se ogni partizione del dataset contiene la *stessa proporzione* di valori possibili della classe attributo. Quando le proporzioni sono fortemente differenti si adottano specifiche tecniche di campionamento, es. **campionamento stratificato**.

Noi in generale ci fidiamo di più del **k-folds cross-validation** in quanto rispetto all'*iterated holdout* ho la certezza che i record non siano ripetuti.

2.4 Comparing Classifiers (*)

La comparazione tra due diversi *classificatori* non è semplice, perché dipende dai differenti modelli utilizzati e dalla distribuzione dei dati, nonché la quantità. L'accuracy ha diverso valore se ricavata da pochi record di dati. es.

- **Inducer A:** accuracy = 0.85 su un test set di 30 record
- **Inducer B:** accuracy = 0.75 su un test set di 5 000 record

Qual è il migliore?

L'accuracy **non** basta. Bisogna stimare l'intervallo di confidenza dell'accuracy per i due inducer e testare l'importanza statistica delle deviazioni osservate.

2.4.1 Intervallo di confidenza

Consideriamo il problema di predire il valore di una classe attributo da un test record come esperimento **binomiale**.

Dato un test set D_N contenente N record, consideriamo:

- **X**: numero di record correttamente predetti dall'inducer
- **p**: vera, ma non la conosciamo, accuratezza dell'inducer (probabilità di successo della distribuzione binomiale)

Modelliamo il problema con X distribuita secondo una binomiale con

- media = $N \cdot p$
- varianza = $N \cdot p \cdot (1 - p)$

Oggetto del nostro studio è l'**accuratezza empirica**:

$$acc = \frac{X}{N}$$

che è distribuita secondo una binomiale con $\mu = p$ e $\sigma^2 = \frac{p \cdot (1-p)}{N}$

Sebbene la distribuzione binomiale possa essere usata per stimare l'intervallo di confidenza per l'accuratezza, se la dimensione del test set è sufficientemente grande, è buona norma approssimarla in una **normale**. Così facendo l'intervallo di confidenza per l'**accuratezza empirica** è:

$$P\left(-Z_{1-\alpha/2} < \frac{acc - p}{\sqrt{p \cdot (1 - p/N)}} < Z_{1-\alpha/2}\right) = 1 - \alpha$$

Rimodellando la diseguaglianza ci porta al seguente intervallo di confidenza con confidenza $1 - \alpha$ per **p**, la sconosciuta accuratezza del modello di classificazione:

$$\left[acc + \frac{Z_{1-\frac{\alpha}{2}}^2}{2 \cdot N} - Z_{1-\frac{\alpha}{2}} \cdot \sqrt{\frac{acc}{N} - \frac{acc^2}{N} + \frac{Z_{1-\frac{\alpha}{2}}^2}{4 \cdot N^2}}, acc + \frac{Z_{1-\frac{\alpha}{2}}^2}{2 \cdot N} + Z_{1-\frac{\alpha}{2}} \cdot \sqrt{\frac{acc}{N} - \frac{acc^2}{N} + \frac{Z_{1-\frac{\alpha}{2}}^2}{4 \cdot N^2}} \right] / \left(1 + \frac{Z_{1-\frac{\alpha}{2}}^2}{N} \right)$$

nota: non chiede questa formula all'esame.

NB: se prendessi diversi test set indipendenti l'uno dall'altro è ovvio che vengono diversi intervalli di confidenza. Però in questi casi fissato α posso stabilire statisticamente quali intervalli sono più significativi di altri. Più riduco α più aumenta β ovvero il caso di errore in cui non rifiuto l'ipotesi nulla quando invece dovrei rifiutarla.

Dato un modello con $acc=0.8$ sul test set di 100 record, fissiamo l'intervallo di confidenza per l'accuratezza a 0.95%. L'andamento dell'intervallo è il seguente:

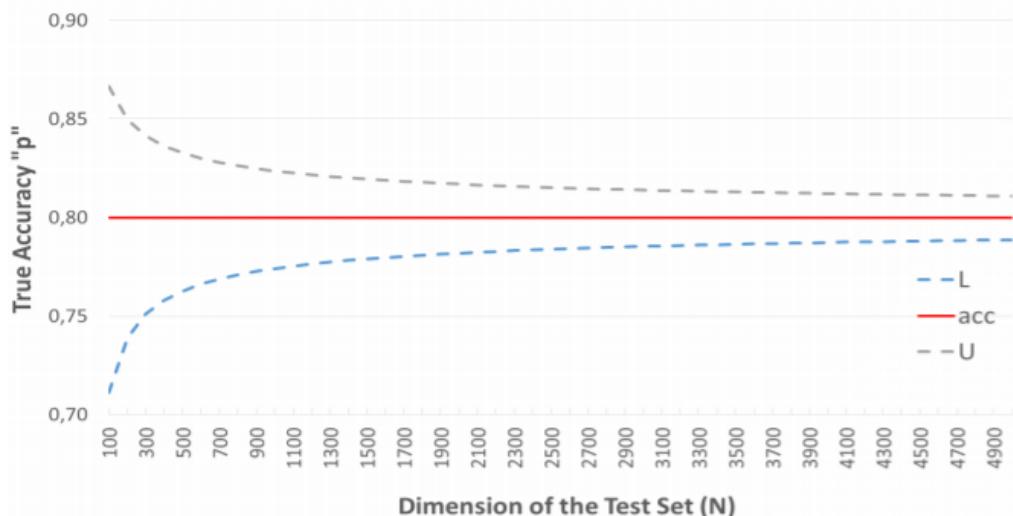


Figura 28: esempio andamento dell'intervallo di confidenza

2.4.2 Different test set

Supponiamo il caso in cui ho 2 modelli e vengono valutati per forza su due test set diversi (per tanti motivi può succedere):

- M_1 valutato su test set D_1 contenente n_1 record con tasso di errore e_1
- M_2 valutato su test set D_2 contenente n_2 record con tasso di errore e_2

I due test set devono essere assunti *independenti*. Il nostro obiettivo è testare se la **differenza** tra i due errori è statisticamente significativa.

Assumiamo che n_1 e n_2 siano sufficientemente grandi, allora i tassi di errore e_1 ed e_2 possono essere approssimati usando distribuzioni *normali*.

La differenza osservata è denotata come:

$$d = e_1 - e_2$$

sono distribuiti secondo una **normale** con

$$\mu = d_t \quad \sigma^2 = \sigma_d^2$$

La varianza di d può essere stimata come segue:

$$\sigma^2 \cong \hat{\sigma}_d^2 = \frac{e_1 \cdot (1 - e_1)}{n_1} + \frac{e_2 \cdot (1 - e_2)}{n_2}$$

L'intervallo di confidenza per la differenza d_t è:

$$(d - z_{1-\alpha/2} \cdot \hat{\sigma}_d, d + z_{1-\alpha/2} \cdot \hat{\sigma}_d)$$

Ci possono essere sostanzialmente 3 casi:

1.

$$0 \in (d - z_{1-\alpha/2} \cdot \hat{\sigma}_d, d + z_{1-\alpha/2} \cdot \hat{\sigma}_d)$$

allora concludiamo che la differenza osservata **non è statisticamente significativa** ad un livello α , i modelli non sono significativamente differenti

2.

$$d + z_{1-\alpha/2} \cdot \hat{\sigma}_d < 0$$

se il limite superiore della confidenza è negativo allora il modello M_1 è **migliore del modello M_2** a un livello $\alpha/2$

3.

$$d - z_{1-\alpha/2} \cdot \hat{\sigma}_d > 0$$

se il limite inferiore della confidenza è positivo allora il modello M_2 è **migliore del modello M_1** a un livello $\alpha/2$

Buona norma fare il test di ipotesi **solo** se prima mi faccio la domanda se sono o meno differenti, non continuare a condurre test a casaccio o a tappeto perchè altrimenti si rischia di raggiungere degli assurdi. Bisogna farsi la domanda e poi eseguire tutta la procedura sulla coppia di modelli, in quanto vi è un **problema dei confronti multipli** devo adattarli tutti allo stesso livello di α altrimenti non sono confrontabili le differenze.

2.4.3 Same test set

Nel caso in cui ho lo **stesso test set** posso svolgere un test più **potente** ovvero posso valutare il caso di errore di secondo tipo: affermo che la differenza tra i due classificatori non è significativa quando in realtà lo è (β).

Si confrontano M_1 ed M_2 usando il *k-fold cross validation*.

Ho il dataset D partizionato in K subset disgiunti con circa lo stesso numero di record.

$$D_1, D_2, \dots, D_K$$

Applichiamo le tecniche di classificazione per costruire i modelli M_1 e M_2 dalle $k - 1$ partizioni e li testiamo con la partizione rimanente. Il passaggio deve essere ripetuto K volte, ogni volta usando una differente partizione per il test set. Ottengo:

- M_{1k} **inducer** per il modello M_1 ottenuto alla k-esima iterazione con e_{1k} errore
- M_{2k} **inducer** per il modello M_2 ottenuto alla k-esima iterazione con e_{2k} errore

La differenza tra gli errori durante la k-esima iterazione è:

$$d_k = e_{1k} - e_{2k}$$

Per K sufficientemente grande, allora d_k è distribuito *normalmente* con:

$$\mu = d_t^{cv} \quad \sigma = \sigma^{cv}$$

dove la varianza osservata è stimata secondo la seguente formula:

$$\hat{\sigma}_{d^{cv}}^2 = \frac{\sum_{k=1}^K (d_k - \bar{d})^2}{K \cdot (K - 1)} \quad \bar{d} = \frac{1}{K} \sum_{k=1}^K d_k$$

Usiamo una distribuzione T di Student per calcolare l'intervallo di confidenza per il valore della vera media d_t^{cv}

$$\left(\hat{d} - t_{1-\frac{\alpha}{2}}^{K-1} \cdot \hat{\sigma}_{d^{cv}}, \hat{d} + t_{1-\frac{\alpha}{2}}^{K-1} \cdot \hat{\sigma}_{d^{cv}} \right)$$

dove

$$t_{1-\frac{\alpha}{2}}^{K-1}$$

è ottenuta dalla tavola di probabilità, il quantile associato alla confidenza $1 - \alpha$ e $K - 1$ gradi di libertà.

Ovviamente valgono **le stesse considerazioni** fatte precedentemente sull'intervallo di confidenza per la differenza tra due classificatori.

Se l'intervallo di confidenza contiene il valore 0, concludiamo che la differenza osservata *non è statisticamente significativa* al livello α (confidenza $1 - \alpha$).

2.5 Class Imbalance Problem (*)

Consideriamo di nuovo il dataset dei Churner. In particolare sappiamo che il 14.5% sono dei churner. Un modello di classificazione che etichetta i record come non churner avrà per forza un'alta accuracy in quanto è la classe più frequente nel dataset.

Definizione 2.22. Il modello più inutile è quello che risponde sempre con la classe più frequente, ovvero la **ZeroR Rule** (nel nostro caso la classe "no churner").

La misura di *Accuracy* tratta classi equamente importanti, non è adatta ad analizzare **dataset sbilanciati**, dove la classe più rara è considerata *più interessante* di quella più frequente. Per la classificazione binaria si distingue:

- la **classe positiva** ovvero la classe più rara (o meno frequente)
- la **classe negativa** ovvero la classe più frequente

Consideriamo la **matrice di confusione**.

		INDUCER PREDICTION (IP)	
		-1	+1
ACTUAL CLASS (AC)	-1	TN	FP
	+1	FN	TP

Figura 29: matrice di confusione binaria

Dalla matrice calcoliamo i seguenti indicatori:

TNR, specificità (*tasso veri negativi*):

frazione di record negativi correttamente predetti dal modello $TNR = \frac{TN}{TN+FP}$

TPR, sensitività (*tasso veri positivi*):

frazione dei record positivi correttamente predetti dal modello $TPR = \frac{TP}{TP+FN}$

FPR, tasso falsi positivi:

frazione dei record negativi predetti come classe positiva dal modello $FPR = \frac{FP}{TN+FP}$

FNR, tasso falsi negativi:

frazione dei record positivi predetti come classe negativa dal modello $TNR = \frac{FN}{TP+FN}$

Le metriche che si calcolano nella ricerca di una classe più importante delle altre sono la **Precision** e il **Recall**.

Definizione 2.23. La **Precision** determina la frazione di record che effettivamente si rivela essere positiva nel gruppo che il classificatore definisce come classe positiva.

$$p = \frac{TP}{TP + FP}$$

Si prende il punto di vista del classificatore. Valuto quanti di quelli positivi ha valutato come effettivamente positivi. Più *alta* è la precisione più è *basso* il numero di falsi positivi commessi.

Definizione 2.24. Il **Recall** misura la frazione di record positivi correttamente predetti dal modello di classificazione.

$$r = \frac{TP}{TP + FN}$$

In questo caso si prende il punto di vista della realtà. Al denominatore ho quelli effettivamente positivi, al numeratore ho quelli che il classificatore ritiene positivi. Un *alto* Recall significa *pochi* record positivi *erroneamente* classificati come classe negativa. Infatti, il Recall è equivalente al *TPR*.

In pratica: È la capacità del classificatore di richiamare i risultati positivi (quanti dei positivi è riuscito ad aspirare).

Vediamo un esempio sul problema del churn:

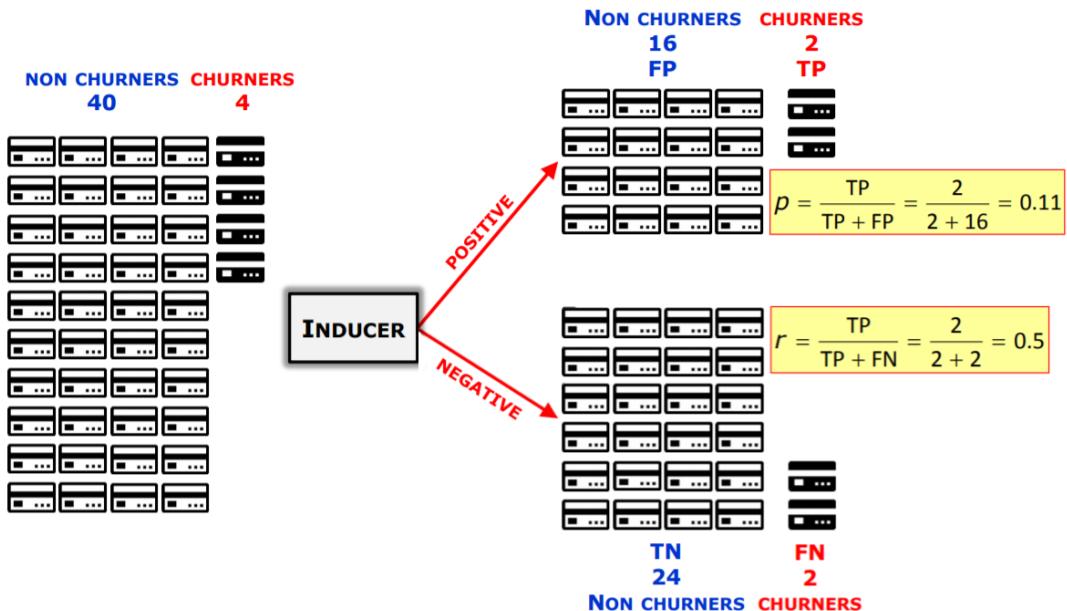


Figura 30: esempio calcolo precision e recall

Vi è un *legame molto stretto tra questi due indici*, posso avere una recall molto alta ma allora probabilmente avrò una precisione bassa. Oppure potrò puntare ad avere una precisione alta ma in quei casi probabilmente avrò una recall bassa.

NB queste due misure per convenzione sono calcolate sulla classe positiva (quella meno frequente) non è però detto che non vadano utilizzate su quella negativa. Inoltre *non* è sempre detto che queste quantità siano sempre calcolabili (possibile divisione 0/0).

Siccome queste due misure sono legate (pensa alla problema della coperta corta). Si utilizza una misura che le riassume.

Definizione 2.25. La F_1 **misura** misura la media armonica tra **Recall** e **Precision**.

$$F_1 = \frac{2 \cdot r \cdot p}{r + p}$$

Un alto valore di F_1 implica alti valori di recall e precision.

Esiste una generalizzazione sotto il nome di F_β **misure** per esaminare il tradeoff tra Precision e Recall:

$$F_\beta = \frac{(\beta^2 + 1) \cdot r \cdot p}{r + \beta^2 \cdot p}$$

- F_β con $\beta = 0$ è la Precisione

- F_β con $\beta = \infty$ è la Precisione

2.6 Counting the cost (*)

2.6.1 Matrice di costo

Se pensiamo al nostro problema del churner, l'azienda ha interesse ad evitare quello che si prevede, ovvero che il cliente se ne vada, in sostanza cerco di prevedere chi vuole andarsene e cerco di evitare che questa previsione sia effettiva applicando politiche di dissuasione. L'azienda può spendere un tot budget per invertire questo fenomeno, devo fare il meglio per identificare i possibili churner e attuare **solo** su di loro le politiche di dissuasione (se lo facessi per tutti i clienti non avrebbe senso per quanto riguarda i costi).

Bisogna convincere il proprio interlocutore che il modello da me sviluppato sia migliore rispetto al modello che storicamente hanno utilizzato. La misura più utilizzata per questo è l'accuracy legata alla matrice di confusione. In aggiunta, però, bisogna associarci la **matrice di costo**.

Definizione 2.26. La **Matrice di Costo** stabilisce in base a falsi positivi e negativi quanto costo (in soldi/lavoro) sostiene l'azienda per classificare un certo soggetto (es. come churner o non churner).

Il costo è così calcolato:

		PREDICTED CLASS	
		-1	+1
ACTUAL CLASS	-1	TN	FP
	+1	FN	TP

		PREDICTED CLASS	
		-1	+1
ACTUAL CLASS	-1	p	q
	+1	q	p

$$N = TP + FN + FP + TN$$

$$\text{ACCURACY} = (TP+TN)/N$$

$$\begin{aligned}
 \text{COST} &= p \cdot (TP+TN) + q \cdot (FN+FP) \\
 &= p \cdot (TP+TN) + q \cdot (N - TP - TN) \\
 &= q \cdot N - (q-p) \cdot (TP+TN) \\
 &= N \cdot [q - (q-p) \cdot \text{ACCURACY}]
 \end{aligned}$$

Figura 31: legame tra matrice di confusione (sn) e matrice di costo (dx)

$$Cost = C_{--} \cdot TN + C_{-+} \cdot FP + C_{+-} \cdot FN + C_{++} \cdot TP$$

NB se matrice di costo è simmetrica allora il costo corrisponde all'accuracy.

Per comprenderlo vediamo il seguente **esempio**. Confrontiamo le performance di accuracy e costo tra lo *Standard Mailout Procedure* (**SMP**), procedura già utilizzata per dissuadere i clienti, con il modello nuovo di classificazione **M** da noi costruito:

		PREDICTED CLASS	
		-1	+1
ACTUAL CLASS	-1	830	111
	+1	45	114
		ACCURACY = 0.858	

		PREDICTED CLASS	
		-1	+1
ACTUAL CLASS	-1	931	10
	+1	57	102
		ACCURACY = 0.939	

Figura 32: matrici di confusione: a sinistra SMP, a destra il modello M

Ora però bisogna associarci la **matrice di costo** per le rilevazioni e ne risulta:

		PREDICTED CLASS	
		-1	+1
ACTUAL CLASS	-1	0	1
	+1	100	-1
		COST = 4,497	

		PREDICTED CLASS	
		-1	+1
ACTUAL CLASS	-1	0	1
	+1	100	-1
		COST = 5,608	

Figura 33: matrice di costo churner

Come si può denotare nonostante il nostro modello abbia una misura di **accuracy** migliore, ha un **costo** (in termini di soldi) superiore rispetto al modello storicamente utilizzato dall'azienda. Pertanto, in questo caso, preferirà la vecchia procedura SMP piuttosto che la nostra soluzione.

È importante notare però che ci sono situazioni nelle quali perdere un cliente è più grave che perderne un altro. Devo capire se sto utilizzando la matrice dei costi vera oppure se è solo rappresentativa. Se essa non è certa posso ragionare in un altro modo.

2.6.2 Cumulative Gains

Supponiamo la nostra popolazione di 1.334 clienti di cui 500 sono possibili churners. Per esperienza accumulata sappiamo che il 15% dei clienti è un churner, quindi:

$$1334 * 0.15 = 200 \text{ chunner sul totale}$$

$$500 * 0.15 = 75 \text{ chunner sui potenziali churners}$$

Se consideriamo positiva la classe dei chunner e negativa quella dei non chunner e proviamo un campionamento casuale su di essi avremmo questo risultato:

	-1	+1		
RANDOM SAMPLING	-1 +1	709 125	425 75	→
				37.5%

$75/(125+75)$

Abbiamo sviluppato inoltre un modello di classificazione, che se applicato, identifica sui potenziali chunner il 60% di chi effettivamente se ne va:

$$200 * 0.6 = 120 \text{ chunners correttamente identificati}$$

	-1	+1		
CLASSIFICATION MODEL M	-1 +1	754 80	380 120	→
				60%

$120/(80+120)$

Pertanto possiamo affermare che il nostro modello sia molto meglio della *zeroRule*, ovvero il campionamento casuale.

Definizione 2.27. Per calcolare l'incremento di performance tra due modelli si utilizza il **Lift Factor**, si intende il rapporto tra il modello *M* rispetto al campionamento casuale:

$$Lift = \frac{\text{performace}(M)}{\text{performance}(\text{zeroRule})}$$

$$\text{Nel nostro caso: } 0.6/0.375 = 1.6$$

NB: considera che il nostro classificatore è bravo ad identificare i casi semplici ma rischia di sbagliare di molto in quelli complessi. Man mano che lo forzo a rispondere lui tenderà a rispondere in modo sempre più random.

Ora posso sfruttare il *Lift factor* per comprendere il livello di **profitabilità** una volta che si conoscono i costi coinvolti. Nel nostro caso bisogna avere un sottinsieme di customers che hanno *alta proporzione* di record positivi, *maggiori* rispetto al dataset di partenza.

1. **ordinare** gli output con probabilità di riconoscimento corretto **prob(y)** in ordine decrescente
2. **estrarre** un primo sottoinsieme (partendo dall'alto) e calcolo il *lift factor*, per forza di cose sarà alto
3. considerare allora un sottoinsieme più grande (sempre partendo dal primo valore) e calcolo il *lift factor*, ci aspettiamo un valore minore rispetto al precedente
4. **ripetere** il punto 3 finché si includono tutti i record

Nell'esempio in figura due passaggi del procedimento

Rank	RowID	Prob(y)	Churn
1	134	0.95	y
2	221	0.88	y
3	18,923	0.86	n
4	90,034	0.73	n
5	874,823	0.64	n
6	67	0.47	n
7	98,324	0.32	n
8	2,553	0.15	y
9	289	0.10	n
10	2,349	0.03	n

subset consisting of 3 records

2 records out of the 3 positive ones
are correctly identified

$$2/3 = 0.66 \text{ of positive records}$$

$$\text{Lift} = 0.66/0.3 = \mathbf{2.22}$$

Rank	RowID	Prob(y)	Churn
1	134	0.95	y
2	221	0.88	y
3	18,923	0.86	n
4	90,034	0.73	n
5	874,823	0.64	n
6	67	0.47	n
7	98,324	0.32	n
8	2,553	0.15	y
9	289	0.10	n
10	2,349	0.03	n

subset consisting of 5 records

2 records out of the 3 positive ones
are correctly identified

$$2/3 = 0.66 \text{ of positive records}$$

$$\text{Lift} = 0.66/0.5 = \mathbf{1.33}$$

Figura 34: calcolo **lift factor** primo sottoinsieme (sinistra) e secondo sottoinsieme (destra)

Definizione 2.28. I valori di Lift factor così calcolati vanno a formare la cosiddetta curva dei **Cumulative Gains**.

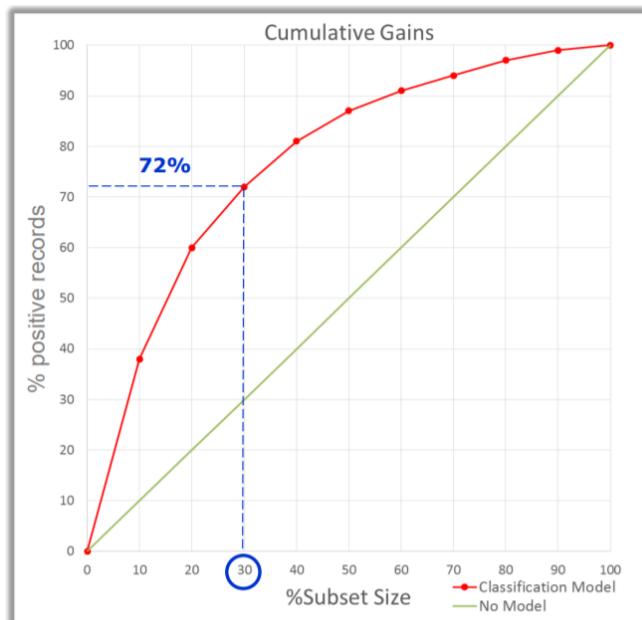


Figura 35: cumulative gains evidenziando un punto di alto valore aggiunto

NB: la retta verde calcola la cumulative gain per un modello che risponde in maniera *casuale*, sull'asse x è la *recall*, i positivi riconosciuti correttamente (ripetendo il test ad ogni step scelto)

2.6.3 Lift Chart

La curva *Cumulative Gains* può essere mappata direttamente nella **Lift Chart**.

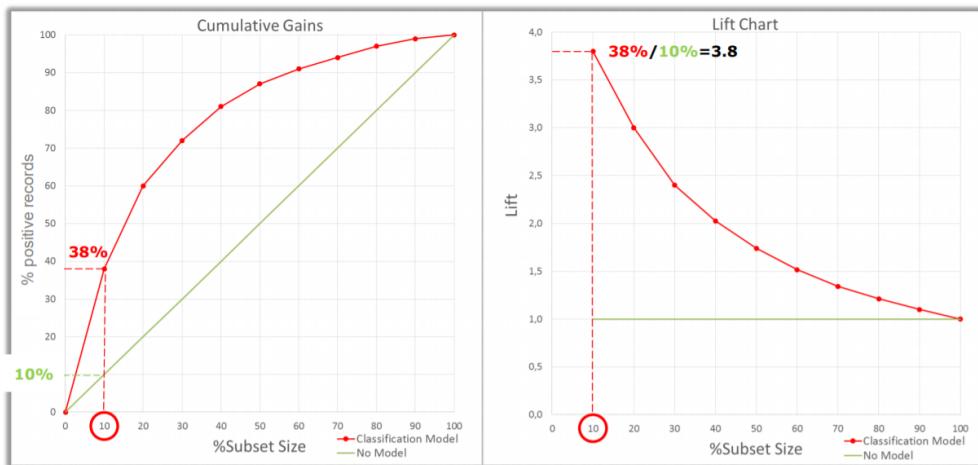


Figura 36: da cumulative gain a lift chart

Queste valutazioni ci fanno comprendere *quando* il nostro classificatore perde efficacia. Naturalmente più il campione è piccolo meglio funziona, in quanto uso record con **prob(y)** di riconoscimento corretto molto alta, bisogna comprendere però il punto di massima accuratezza in rapporto alla percentuale di istanze.

2.6.4 Curva ROC

Definizione 2.29. È chiamata **ROC** e sta per Receiver Operating Characteristic curve, ed è una tecnica grafica per la valutazione di modelli di classificazione.

Assomiglia molto alla cumulative gains ma sugli assi ho:

- **asse x** ho la percentuale dei record falsi positivi sopportabili (**FPR**)
- **asse y** ho la percentuale dei record veri positivi (**TPR**)

Entrambi i valori espressi in *percentuale sul totale*.

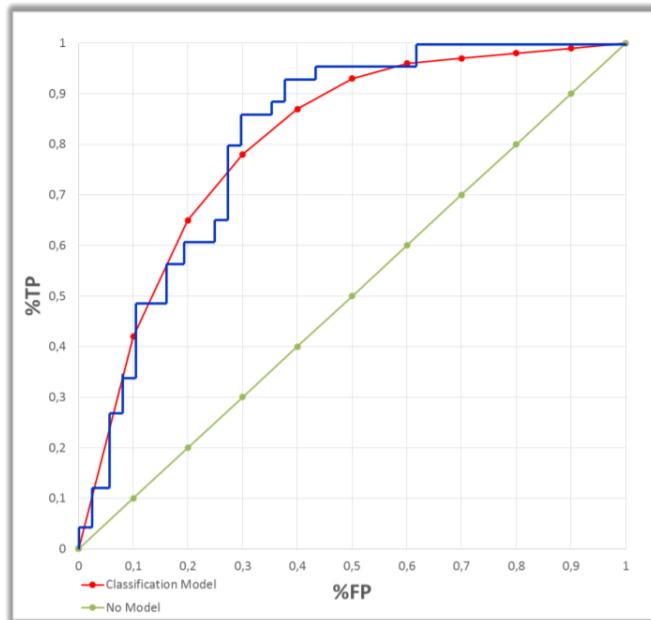


Figura 37: curva ROC

Nell'esempio in figura vengono utilizzati particolari sottoinsiemi di dati, questa dipendenza può essere ridotta applicando la Cross-validation. La curva ROC rappresenta la performance di un classificatore senza guardare la distribuzione della classe o il costo dell'errore.

Serve a confrontare diversi classificatori per cercare di comprendere dove un classificatore è più o meno efficace, esempio sotto:

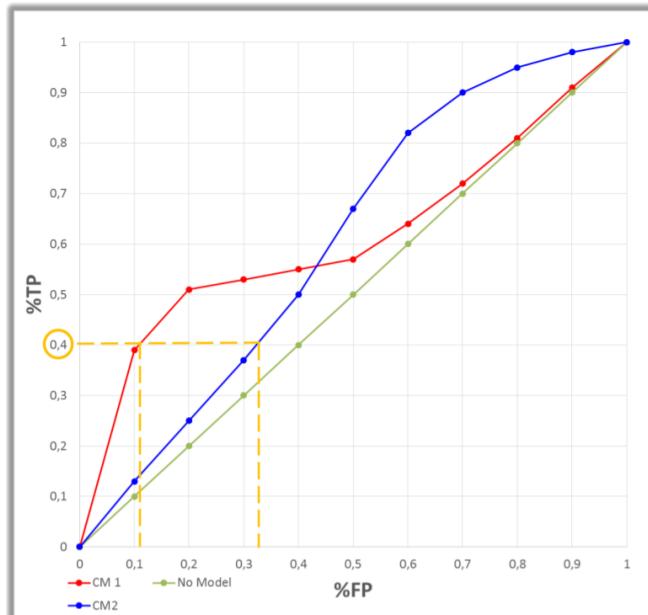


Figura 38: confronto ROC tra due modelli

Un modello è **preferibile** ad un altro se è disposto a sopportare un certo numero di falsi positivi e valuto quanto veri positivi ci sono.

2.7 Feature Selection (*)

Quasi sempre non ha senso utilizzare tutti gli attributi per generare il modello che si vuole sviluppare. Quindi si procede con la selezione delle feature. La **feature selection** è un compito importantissimo ed è legato già alla risoluzione del problema. Analizzare le relazioni tra le variabili in modo *preliminare* potrebbe già aiutare di molto nella ricerca della soluzione migliore al problema.

Definizione 2.30. Il processo di **feature selection** tenta di scoprire quali attributi sono:

- **ridondanti** ovvero quelli dei quali l'informazione è già contenuta in altri attributi, la rilevanza va sempre valutata in base ai dati a disposizione
- **irrilevanti** contengono informazioni non utili per risolvere il problema di data mining.

Vi sono diversi **approcci** per rilevare questi attributi:

- **Brute-force:** provo tutti i modelli per ogni combinazione di parametri usati nel modello di Classificazione. Ma la computazione di questi casi è troppo grossa, vi sono:

$$\sum_{n=1}^{10} \binom{10}{n}$$

possibili combinazioni

- **Embedded:** attributi scelto in base alla capacità del modello della classificazione
- **Filter:** attributi selezionati prima del classificatore in base a quelli che si ritengono più rilevanti e meno rilevanti (analisi di funzione obiettivo)
- **Wrapper:** gli attributi che si scelgono in base al modello di classificazione scelto, quelli che sono rilevanti per un modello non lo sono per un altro (dipende dall'ipotesi che ho fatto)

Politica Filter & Wrapper a confronto

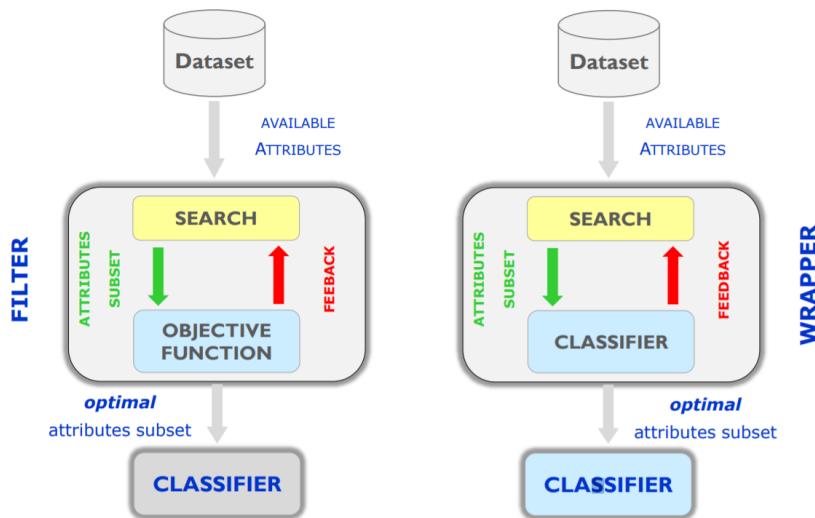


Figura 39: Filter - Wrapper, due differenti approcci per feature selection

NB non va bene fare feature selection su tutti i dati e poi trainare solo su un sottoinsieme!! altrimenti si hanno risultati non comparabili

2.7.1 Filter

Nel caso di attributi **Uni-variati**:

1. si sceglie una *misura di associazione* tra gli attributi candidato e quello di classe
2. si *ordinano* gli attributi in base alla misura di associazione
3. si *selezionano* le prime R migliori posizioni come attributi di input per il classificatore

Soltanente seguendo questa procedura si identificano correttamente gli *attributi irrilevanti*, però non funziona bene nella ricerca di *attributi ridondanti*.

Nel caso di attributi **Multi-variati**:

- identificano congiuntamente *attributi rilevanti* e *irrilevanti*
- un buon sottoinsieme di attributi deve contenere attributi fortemente associati con l'attributo di classe ma essere incorrelati tra di loro

Le tecniche più utilizzate sono:

Uni-Variate	Multi-Variate
Parametric	Correlation Feature Selection (CFS) Relief
t-test ANOVA Mutual Information	Blanket
Non Parametric	Mann-Whitney Kruskal-Wallis Permutation test

Figura 40: tecniche uni-multi variate per filtrare le features

	Advantages	Disadvantages
Uni-Variate	speed scalability independent on the classifier	ignore that attributes can be dependent ignore interactions with the classifier
Multi-Variate	model dependency between attributes independent on the classifier computational cost compares favorably to wrapper	slower than Uni-Variate techniques less scalable than Uni-Variate Techniques ignore interactions with the classifier

Figura 41: vantaggi e svantaggi tra tecniche uni-variate e multi-variate

Vantaggi per la feature selection sono:

- riduzione del costo di collezione di dati
- riduzione dei tempi di inferenza del classificatore relativo all'attributo di classe
- classificatore più interpretabile
- aumento dell'accuratezza

Motivazioni:

- evitare l'overfitting
- sviluppo di un miglior cost-effective classificatore
- migliorare la comprensione del processo di generazione dati

Flowchart da seguire:

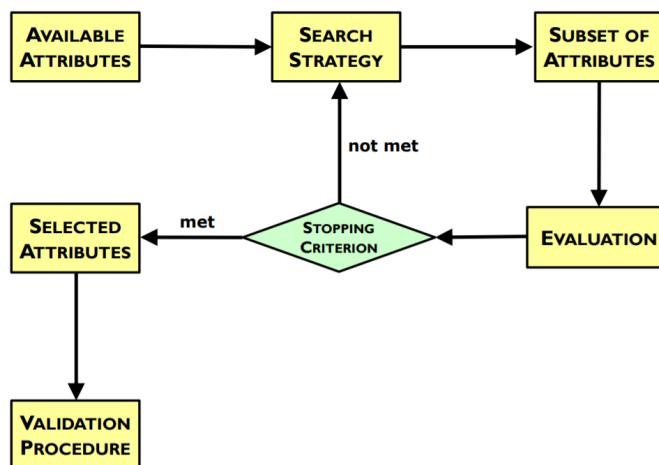


Figura 42: flowchart per la feature selection

È spesso possibile creare, dagli attributi originali, un nuovo insieme di attributi che cattura informazioni rilevanti nel dataset in modo più efficace. Inoltre il numero di nuovi attributi può essere più piccolo rispetto al numero di attributi originali.

Le metodologie per la creazione di nuovi attributi (features) sono:

- **feature extraction:** una ampia gamma di modelli possono essere applicati in domini specifici come per classificazione di immagini/segnali

- **mappare dati in un uovo spazio:** vedere gli attributi in modo normalizzato o secondo un'altra scala più facilmente trattabile (es. SVM) può migliorare di molto le performance
- **feature construction:** generare feature nuove più comode per un certo modello di classificatore rispetto a quelle originali attraverso trasformazioni, es. logaritmi di somme ecc.. (non è detto che i dati originali siano i più utili per la classificazione)

2.7.2 Regularization

Alcuni modelli di Machine Learning ammettono iper-parametri. Una rete neurale è dimostrato che architetturarla bene permette di approssimare qualsiasi problema. Non è però esente da overfitting anzi visto che non è sempre chiaro il funzionamento è più difficile valutarle. Voglio scegliere quella allocazione di parametri per ridurre il più possibile l'errore quadratico del modello, quindi l'iperparametro λ detto di regolarizzazione:

$$E(\mathbf{w}, \lambda) = \frac{1}{m} \sum_{i=1}^m (y_i - \hat{y}_i)^2 + \frac{\lambda}{2} \sum_{j=1}^K w_j^2$$

K : numero di parametri liberi (weights + thresholds) della rete neurale
 λ : parametro di regolamentazione

La prima parte della formula riguarda il fitting della funzione, la seconda parte è la flessibilità alla quale posso accedere.

NB: NON usare il training set per ottimizzare il parametro di regolarizzazione λ . Si andrebbe ad overfittare il modello. Se utilizzo il test set per ottimizzare il parametro lambda allora ho bruciato il dataset e devo rifare il modello, l'obiettivo è sempre quello di riconoscere dati mai visti, per questo si adottano schemi di divisione de dataset diversi.

2.7.3 Schema division

Lo schema di divisione del dataset ottimale potrebbe essere questo:



Figura 43: diversi schemi di divisione del dataset

- train dataset viene utilizzato per trainare il modello (sui parametri w)
- il parametro λ viene ottimizzato usando il validation set
- il test set viene usato per fornire una stima delle performance senza bias
- può essere fatto tramite holdout, iterated holdout e cross-validation

Quando uso i **Filter** per la feature selection solitamente si usa uno schema **Train/Test**

- relevanza e/o ridondanza sono stimate usando il Train set
- una volta selezionati gli attributi il Train set viene usato per allenare il classificatore
- le stime delle performance sono ottenute applicando il classificatore al Test set

Quando uso i **Wrappers** per la feature selection solitamente si usa uno schema **Train/Validation/Test**

- il Validation set viene usato per ottimizzare le performance quando uso diversi attributi per il modello (i wrapper)
- Selezionare sottoinsiemi ottimali di attributi è lo stesso che selezionare il valore ottimo del parametro regolarizzato λ
- una volta selezionati gli attributi, il Train set e il Validation set vengono uniti e usati per addestrare il classificatore (tipicamente lo stesso tipo di classificatore usato per la feature selection)
- le stime delle performance sono ottenute applicando il classificatore al Test set

2.8 Classificazione NON binaria

Nei problemi reali la classificazione avviene su più valori non solo binari.

Definizione 2.31. Un problema di classificazione **Non binaria** è un problema di classificazione che possono essere:

- **Multi-classe:** esattamente una classe si realizza
- **Multi-etichetta:** più di una classe può verificarsi

Vi possono essere anche problemi non di classe ma di **ranking** in cui i valori assunti dalla variabile di classe sono ordinati. Per la risoluzione di questi problemi solitamente si adotta una logica **One-Vs-All**.

2.8.1 One-Vs-All

L'idea è quella di trasformare un problema multi-classe in tanti attributi di classe binari.

In questa modalità si verifica se il set corrente verifica o meno ciascuna delle caratteristiche da valutare.

Ricorda che non sempre binarizzare è necessario, in particolare per quanto riguarda i naive bayes non serve, invece per un decision tree sì.

Nel **One-vs-all** creo un numero di *classificatori binari* diverso in base al numero di modalità dell'attributo di classe. Inoltre bisogna normalizzare poi gli output dei classificatori.

Nel modello *Multi-class* bisogna raccogliere i valori risultanti dai classificatori e fissare un threshold sopra il quale considero significativo il risultato (potenzialmente più di una classe supera il threshold).

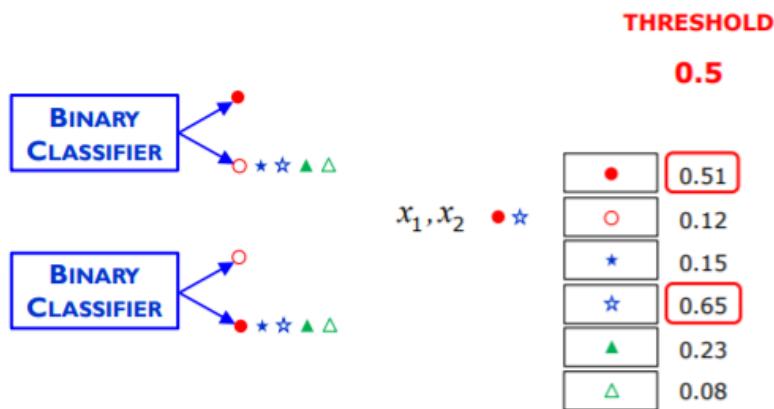


Figura 44: esempio di classificatori binari

3 Clustering

3.1 Introduzione(*)

L'analisi di cluster è usata per risolvere moltissimi problemi pratici. In particolare l'**analisi di cluster** tratta due diversi scopi generali:

- **Comprendere:** Le classi, o gruppi di oggetti che condividono caratteristiche, giocano un ruolo importante nella comprensione del mondo. Questo succede in biologia, in informatica e in economia.
- **Utilità:** Capacità di riassumere determinate caratteristiche di un oggetto con le caratteristiche del cluster a cui appartiene. L'obiettivo è *trovare i prototipi con le proprietà più rappresentative dei cluster*.

Possiamo dare ora una definizione un po' più completa di analisi di clustering.

Definizione 3.1. La **cluster analysis** raggruppa i dati basandosi sulle informazioni trovate nei dati che descrivono gli oggetti e le loro relazioni.

Gli obiettivi sono ora semplici da ridefinire:

- Gli oggetti all'interno di un gruppo devono essere simili gli uni con gli altri, allo stesso tempo diversi (o incorrelati) con gli oggetti di altri gruppi.
- La più grande *similarità* entro un gruppo deve corrispondere ad una grande *differenza* tra i gruppi.

Problema: Come faccio a stabilire quando e quanto degli oggetti sono simili? Non vi è un metodo per capirlo, tendenzialmente si utilizza una soluzione intermedia rispetto alle altre.

La definizione di cluster è **intrinsecamente imprecisa**, una migliore definizione dipende infatti dalla natura dei dati e dai risultati desiderati.

3.1.1 Tipi di clustering

Formare un insieme di cluster è chiamato in gergo tecnico *clustering*. Ci sono diversi tipi di analisi di clustering.

- Partitional vs Hierarchical
- Exclusive vs Overlapping vs Fuzzy

- Complete vs Partial.

Diamo ora una rapida definizione di tutte:

Definizione 3.2. Un clustering si dice **partizionale** se vi è una divisione del dataset in insiemi non sovrapposti tali che un elemento appartiene ad un solo insieme.

Definizione 3.3. Un clustering si dice **gerarchico** se ogni cluster può essere a sua volta suddiviso in sotto cluster, in questo caso il clustering è un insieme di cluster che sono organizzati come un albero.

Definizione 3.4. Un clustering si dice **esclusivo** se ogni oggetto è assegnato ad un singolo cluster.

Definizione 3.5. Un clustering si dice **sovrapponibile** se ogni oggetto può essere assegnato a più di un cluster.

Definizione 3.6. Un clustering si dice **fuzzy** se ogni oggetto può essere assegnato a più di un cluster contemporaneamente con un valore che tiene conto del peso che ha l'oggetto rispetto all'appartenenza ad un singolo cluster, la somma dei pesi deve essere necessariamente 1.

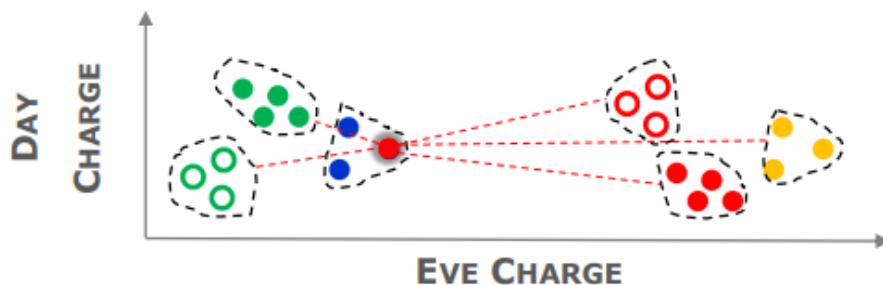


Figura 45: Custering con modello fuzzy

Definizione 3.7. Un clustering si dice **completo** se ogni oggetto è assegnato ad un cluster (non ci sono oggetti liberi).

Definizione 3.8. Un clustering si dice **parziale** se esiste almeno un oggetto che non è assegnato a nessun cluster, si usa perché potrebbero esserci degli outlier ed inserirli all'interno di un cluster potrebbe peggiorare in modo significativo la rappresentazione di un cluster.

3.1.2 Differenti nozioni di cluster

I cluster naturali sono cluster che si dicano esistano per davvero anche se questo è molto difficile che ciò accada. Per visualizzare le differenze tra i tipi diversi di dati sfruttiamo dati come punti a due dimensioni.

- **Well separated Cluster:** dato un cluster, ogni oggetto è più vicino ad ogni oggetto del cluster a cui appartiene piuttosto che a qualsiasi altro oggetto di ogni altro cluster. Un cluster così ben formato permette di avere separazioni molto nette, questo tipo di cosa succede però molto raramente in realtà.
- **Prototpe-based cluster** dato un cluster, ogni oggetto di quel cluster è più vicino al prototipo che definisce il cluster rispetto ad ogni prototipo di un altro cluster. Il prototipo è solitamente il *centroide* del cluster. Il *prototipo* di un cluster corrisponde all'individuo meglio rappresentato dal cluster (può essere anche fittizio). Cluster fatti in questo modo tendono ad essere globulari.
- **Density-based cluster** un cluster è una regione densa di oggetti che sono circostritti da una regione di bassa densità. Questi sono usati quando i cluster sono irregolari o intermittenti oppure quando c'è una grande presenza di rumore o di outlier.
- **Graph-based cluster** se i dati sono rappresentati da grafi, i nodi rappresentano oggetti e i collegamenti connettono gli oggetti. Allora ogni cluster è una componente connessa. La connessione può anche essere pesata e scelta in base ad una certa soglia. Questi cluster sono molto utilizzati in quanto c'è un sacco di ricerca già fatta.

3.1.3 Componenti di un'analisi di clustering

Per prima cosa avviene la *feature selection* che assicura la trattenuta degli attributi del dataset degni di significato. Successivamente avviene la fase di *feature extraction* che serve a produrre feature che potrebbero andare meglio per scoprire la struttura dei dati, questa pratica potrebbe tuttavia generare features di difficile comprensione. Bisognerebbe usare come feature ideali quelle che permettono di distinguere i pattern degli elementi che appartengono ai diversi cluster, immuni al rumore e facili da interpretare.

Il secondo passo è quello di *determinare la misura di prossimità e costruire la funzione di merito*. Una volta che abbiamo determinato una misura di prossimità il problema di clustering si traduce in un problema di ottimizzazione con una specifica funzione.

Bisogna ricordare sempre che diversi algoritmi di dati permettono di avere conclusioni anche totalmente diverse, questo è il motivo per cui in principio non bisogna prediligere alcun algoritmo ma confrontare i risultati ottenuti e trarne conclusioni.

3.2 Proximity(*)

La proximity è uno strumento fondamentale per valutare il funzionamento di un algoritmo di clustering. Questa influenza quindi in modo pesante la soluzione di un problema di clustering. Bisogna fare una scelta della misura con cui si approssima la similarità degli elementi appartenenti allo stesso cluster.

3.2.1 Introduzione

La analisi dei cluster affonda le sue radici nel concetto di cosa sia simile e cosa sia dissimile, quando cerchiamo di esprimere questo concetto in termini formali diventa abbastanza difficile. Questo avviene perché la similitudine dipende fortemente dal contesto analizzato.

In generale la similarità è nulla se i due oggetti sono totalmente differenti sotto la caratteristica che stiamo valutando ed è uguale a 1 se sono completamente uguali, è comune però trovare misure di similitudine che hanno come valori: $[0, \inf]$. Useremo il termine **proximity** per indicare sia la similarità che la dissimilarità.

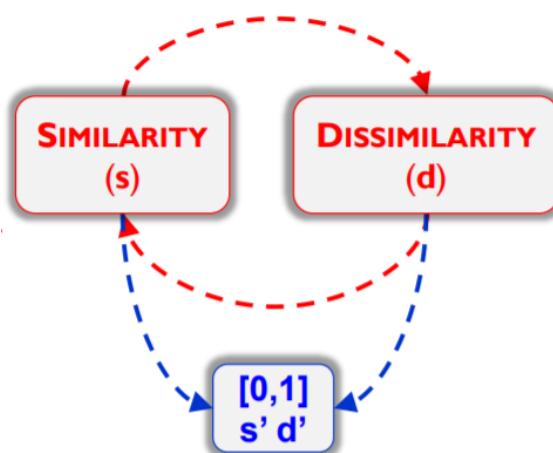


Figura 46: Relazione tra similarità e dissimilarità

Non c'è ortogonalità tra la scelta della misura e l'esito che otterrò. Nasce per questo motivo l'esigenza di poter passare da una misura all'altra, in

particolare per trasformare una misura di similarità dall'intervallo $[0, \inf]$ all'intervallo $[0, 1]$ si opera la seguente trasformazione:

$$s' = \frac{s - \min s}{\max s - \min s} \quad d' = \frac{d - \min d}{\max d - \min d}$$

Ci sono diversi problemi che nascono quando cambiamo l'intervallo in cui si trova il valore. Per farlo devo usare una trasformazione *non-lineare*. Posso usare però una cosa del genere:

$$d' = \frac{d}{1+d}$$

Con questa trasformazione grandi valori della dissimilarità d vengono compressi in valori vicini a 1. Il fatto di distorcere o meno le distanze dipende dal compito che voglio svolgere.

Ci sono diversi problemi che nascono quando trasformiamo una similarità in dissimilarità e viceversa. Per farlo devo usare una trasformazione *non-lineare*. Posso usare però una cosa del genere:

$$\text{se } s, d = [0, 1] \text{ allora } s = 1 - d$$

In generale si può usare qualsiasi funzione monotona decrescente per trasformare la similarità in dissimilarità.

Definizione 3.9. Si definisce prossimità tra due record come la funzione di prossimità tra i corrispondenti attributi dei due record.

Consideriamo in prima analisi la misura di prossimità tra due record aventi un solo attributo ed estendiamo successivamente questa analisi a record con più di un attributo.

ATTRIBUTE TYPE	DISSIMILARITY		SIMILARITY
	NOMINAL	ORDINAL	
CATEGORICAL (QUALITATIVE)	$d = \begin{cases} 0 & \text{if } x = y \\ 1 & \text{otherwise} \end{cases}$		$s = \begin{cases} 1 & \text{if } x = y \\ 0 & \text{otherwise} \end{cases}$
		$d = \frac{ x - y }{n - 1}$	$s = 1 - d$
NUMERIC (QUANTITATIVE)			$s = -d \quad s = \exp(-d)$
		$d = x - y $	$s = \frac{1}{1 + d}$
			$s = 1 - \frac{d - \min_d}{\max_d - \min_d}$

Figura 47: Tabella per misurare la prossimità di record con un solo attributo in funzione del tipo di attributo

Consideriamo due record riferiti al medesimo attributo nominale qualitativo, tutto ciò che possiamo dire è se i due record hanno lo stesso valore o meno. Per quanto riguarda gli attributi binari la dissimilarità esclude la similarità con valori 0 e 1.

Se ho attributi categorici ordinali assegno un valore intero agli stessi in base alla scala utilizzata e calcolo la dissimilarità come rapporto tra la differenza dei due record e la scala totale di valori di utilizzo. Naturalmente va notato che sto utilizzando una scala linerare, questa è ovviamente un'assunzione molto forte che però bisogna tenere in conto in quanto qualsiasi scala di valori scelta è fatta basandosi su assunzioni.

Come notiamo dalla tabella è molto più facile definire la prossimità tra due attributi numerici, essa è infatti definita come *la differenza in modulo tra i due valori*.

3.2.2 Misure della distanza

Quando ho degli attributi numerici posso definire altre misure di distanza nel seguente modo:

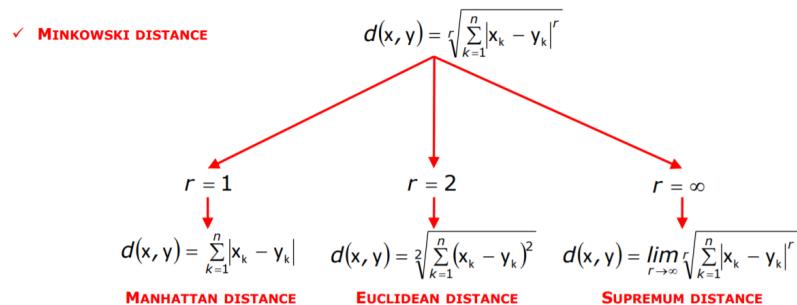


Figura 48: Misure di distanza a partire dalla distanza di Minkowski

Ricordiamo che le proprietà che una funzione deve soddisfare per essere definita distanza sono le seguenti: La misura deve essere

- Non negatività: $d(x, y) \geq 0 \quad \forall x, y \quad d(x, y) = 0 \quad if \quad x = y$
- Simmetria $d(x, y) = d(y, x) \quad \forall x, y$
- Disuguaglianza triangolare $d(x, z) \leq d(x, y) + d(y, z) \quad \forall x, y, z$

La similarità *non rispetta la disuguaglianza triangolare* ma solitamente verifica le proprietà di simmetria e non negatività.

Forniamo ora qualche esempio di misura di prossimità:

Definizione 3.10. Si definisce **Simple matching coefficient** la seguente espressione:

$$SMC(x, y) = \frac{\#maching_attributes}{\#attributes} = \frac{f_{11} + f_{00}}{f_{11} + f_{00} + f_{01} + f_{10}}$$

Questa è una misura che ha senso per attributi *simmetrici binari*, ossia per attributi che possono assumere solo i valori 0 o 1 in circa egual quantità. Questa misura è invece scomoda se non possiamo affermare se gli 0 siano veramente degli 0, per il valore 1 invece è chiaro. In questo caso si utilizza un'altra misura che è derivata da questa misura, ossia si usa l'assunzione per cui l'osservazione di un evento (identificata con 1), abbia peso maggiore della non osservazione di un evento (rappresentata con 0). Si definisce quindi il **coefficiente di Jaccard**

Definizione 3.11. Si definisce **Jaccard Coefficient** la seguente espressione:

$$J(x, y) = \frac{\#maching_attributes}{\#attributes_except00} = \frac{f_{11}}{f_{11} + f_{01} + f_{10}}$$

Questa è ovviamente una misura distorta rispetto agli 1 (infatti è un tipo di misura che va bene con attributi *asimmetrici*) che mi permette però di focalizzare la mia attenzione sulla presenza di questi ultimi. Definiamo quindi un nuovo indice:

Definizione 3.12. Si definisce **Extended Jaccard Coefficient** la seguente espressione:

$$EJ(x, y) = \frac{x \cdot y}{\|x\|^2 + \|y\|^2 - x \cdot y}$$

Questa misura è distorta per trattare dati sparsi, quindi tanti elementi in cui ho 0 e solo poche diverse da 0, questo si usa ad esempio nell'analisi del linguaggio naturale. Penso ad esempio ai tweet, una parola che c'è in una frase ha una rilevanza maggiore rispetto ad una parola non presente nella stessa frase.

3.2.3 Altre misure di prossimità

Esplicitiamo ulteriori misure di prossimità.

Definizione 3.13. Si definisce **cosine similarity**. la seguente espressione:

$$\cos(x, y) = \frac{x \cdot y}{\|x\| \cdot \|y\|}$$

Viene usata quando tutti gli attributi sono di natura numerica, e si ignorano i match di natura 00. Il vantaggio di questa misura rispetto a quella di Jaccard è che in grado di trattare anche attributi non binari. E' molto utile quindi per comparare record sparsi ed è molto usata in *Information Retrieval* dove i documenti (rappresentati come conteggi di vettori) devono essere comparati.

Definizione 3.14. Si definisce **Correlazione** la seguente espressione:

$$\text{corr}(x, y) = \frac{\text{cov}(x, y)}{\text{std}(x)\text{std}(y)}$$

Questa è la stessa correlazione di Pearson ma non legata alle variabili aleatorie.

Elenchiamo ora diverse problematiche legate alle misure di prossimità:

- Come si trattano attributi su scale di ampiezza diverse e/o correlati?

Per risolvere il primo problema faccio la seguente cosa: normalizzo i valori, se ciò non venisse fatto le distanze Euclidee tra i due valori risulterebbero totalmente distorte a favore del valore maggiore.

Quando gli attributi sono fortemente correlati invece il trucco sta nel fatto che la misura di similarità è molto simile al grado di correlazione tra questi attributi, in tal caso utilizziamo la distanza di Mahalanobis:

$$\text{Mahal}(x, y) = (x - y)\Sigma^{-1}(x - y)^T$$

Ovviamente questa è una distanza che va usata solo se tutti gli attributi sono numerici.

- Come si calcola la prossimità tra record composti da attributi di tipo diverso?

Per risolvere questo problema mi occupo di valutare tutte le misure di prossimità enunciate in precedenza stando coerenti col tipo di attributo trattato. Dopo averlo fatto uso una varibile indicatrice δ_k per ogni attributo k come segue:

δ_k vale:

- 0 se il k-esimo attributo è asimmetrico ed entrambi i valori hanno valore 0, o almeno uno dei record presenta un missing value
- 1 altrimenti.

Una volta definite queste allora la similarità si calcola come:

$$\text{similarity}(x, y) = \frac{\sum_{k=1}^n \delta_k s_k(x, y)}{\sum_{k=1}^n \delta_k}$$

- Come si tratta la prossimità quando gli attributi hanno diversa rilevanza, ossia quando gli attributi contribuiscono secondo pesi diversi all'analisi?

Per risolvere quest'ultimo problema procedo esattamente nel modo precedente assegnando però dei pesi, le formule risolutive diventano quindi:

$$\text{similarity}(x, y) = \frac{\sum_{k=1}^n w_k \delta_k s_k(x, y)}{\sum_{k=1}^n \delta_k}$$

Come è facilmente intuibile risulta molto complesso sostenere tutta questa specificità. Per farlo cerchiamo di ricondurci alla seguente scelta:

- Dati densi e continui: distanze metriche come quella euclidea sono buone rappresentazioni.
- Dati sparsi, binari asimmetrici: misure della distanza che ignorano i match 00 come cosine, Jaccard e Extended Jaccard.

3.3 Clustering Algorithms

Passiamo ora a parlare degli algoritmi di Clustering veri e propri:

3.3.1 Prototype Based

L'approccio ai *Prototype-Based Clustering* si basa sull'assunzione che ogni cluster possa essere ben rappresentato da un unico punto chiamato **prototipo**. Ogni oggetto è quindi collocato nel cluster del prototipo a cui è più vicino.

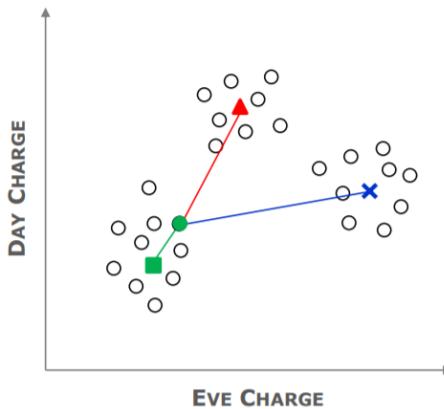


Figura 49: Esempio di prototype-based clustering

Esistono diversi tipi di algoritmi basati sul prototipo a seconda delle seguenti caratteristiche:

- Ogni oggetto deve appartenere ad un singolo cluster.
- Ogni record è nella condizione di appartenere a più di un cluster contemporaneamente.
- Il concetto di cluster è modellizzato con una distribuzione di tipo probabilistico.
- I cluster sono costretti ad avere relazioni fissate.

K-medie Partiamo ora della descrizione di uno dei primi algoritmi basati sul prototipo. In questo caso il prototipo prende il nome di *centroide*, questo valore solitamente è identificato dal vettore media dei valori degli attributi delle osservazioni di quel determinato cluster. Non siamo vincolati a ragionare in due dimensioni, il cluster generalmente è applicato ad oggetti in uno spazio continuo n-dimensionale.

Forniamo ora una descrizione schematica dell'algoritmo:

- Scegliere per $k = 0$ quali sono i centroidi facendo in modo che non si "pestino i piedi".
- **Ripetere:**
 - Formo k cluster in modo da assegnare ad ogni record il suo centroide più vicino. E' ovviamente un meccanismo esclusivo.
 - Calcolo il nuovo centroide per ogni cluster .

- **Finché** il centroide non cambia più.

Come notiamo va esplicitato il numero di cluster prima dell'esecuzione dell'algoritmo, valori di partenza differenti possono fornire risultati molto diversi. La scelta del numero di cluster è dunque un ambito da tenere fortemente in considerazione.

L'algoritmo delle K-medie non è vincolato ad utilizzare la distanza Euclidea ma possiamo utilizzare le diverse misure di prossimità utilizzate in precedenza. In particolare:

- **Manhattan:** in questo caso utilizziamo le mediane come centroidi, l'obiettivo è quindi *minimizzare la somma delle L_i distanze dei record rispetto al centroide del cluster a cui appartiene*.
- **Squared Euclidea:** in questo caso utilizziamo le medie come centroidi, l'obiettivo è quindi *minimizzare la somma delle L_i distanze dei record rispetto al centroide del cluster a cui appartiene*.
- **Cosine:** in questo caso utilizziamo le medie come centroidi, l'obiettivo è quindi *massimizzare la somma delle cosine similarity dei record rispetto al centroide del cluster a cui appartiene*.

Elenchiamo tutta una serie di problematiche relative all'utilizzo dell'algoritmo delle K-medie come algoritmo di clustering.

- *Scelta dei centroidi iniziali:* è una fase fondamentale e influenza in modo pesante le performance dell'algoritmo in generale. Se optiamo infatti per una scelta random dei centroidi iniziali possiamo avere cluster molto diversi. Vi sono diverse alternative per ovviare a questo problema quali il clustering gerarchico.
- *Complessità spaziale e temporale:* questi sono due punti a favore del K-medie. In particolare occupa pochissimo spazio in quanto vengono salvate solo le posizioni dei centroidi. Inoltre si tratta di un algoritmo abbastanza rapido in quanto è lineare rispetto al numero di istanze considerate.
- *Cluster vuoti:* bisogna tenere in considerazione che può capitare che un cluster sia vuoto per scelta sbagliata di centroidi iniziale (magari randomica).
- *Presenza di outlier:* Questi elementi creano grossi problemi nel calcolo della media delle osservazioni di un cluster. Risulta efficiente però nella ricerca di outlier in quanto verranno identificati come cluster di singleton. Risulta spesso utile rimuoverli.

Elenchiamo ora una serie di limiti riferiti alla ricerca dei cluster con l'algoritmo delle k-medie:

- Difficoltà a ricercare cluster di non forma sferica.

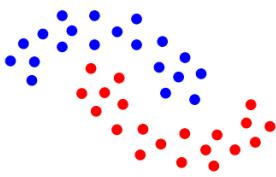


Figura 50: Cluster non sferico.

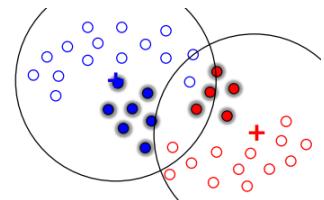


Figura 51: Cluster sferico.

- Difficoltà a trovare cluster con dimensioni diverse: questo problema nasce dal fatto che la distanza è fissata.

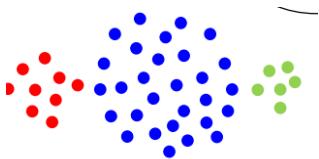


Figura 52: Distanza non fissata.

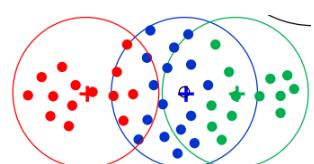


Figura 53: Distanza fissata.

- Difficoltà a identificare cluster di diversa densità: questo problema nasce dal fatto che i cluster possono avere dimensioni nettamente diverse.



Figura 54: Densità differenti.

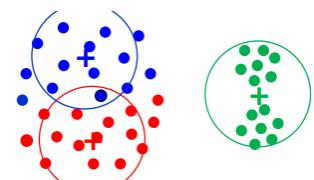


Figura 55: Densità simili.

Come possiamo notare queste tre problematiche ci portano a considerare cluster notevolmente differenti. Esiste un modo di risolvere parzialmente queste problematiche: *accettare un clustering che rompe i cluster naturali in un numero variabile di sottocluster*.

Forniamo un rapido elenco rùche riassume punti di forza e debolezze dell'algoritmo delle k-medie:

- Semplice e si applica a tanti tipi di dati.
- Abbastanza efficiente anche se vengono ripetute molte cose.
- Vi sono varianti più efficienti e meno problematiche come ad esempio l'algoritmo *bisecting k-means*.
- Non adatto a tutti i tipi di dati e non può gestire cluster non sferici, con size e densità diverse.
- Problemi con outliers.
- Strettamente legato al concetto di centroide. Vi sono delle varianti che utilizzano il *medoide* e che sono più efficienti.

Fuzzy C-means Se gli elementi sono distribuiti in gruppi ben separati il clustering è semplice e vengono messi in cluster disgiunti. In molti casi succede però che i record non possano essere partizionati in cluster ben separati, nasce quindi un'incertezza arbitraria nell'assegnare gli oggetti ad un particolare cluster. Questa problematica si riflette infatti sulla scelta dell'assegnazione degli elementi di frontiera al rispettivo cluster.

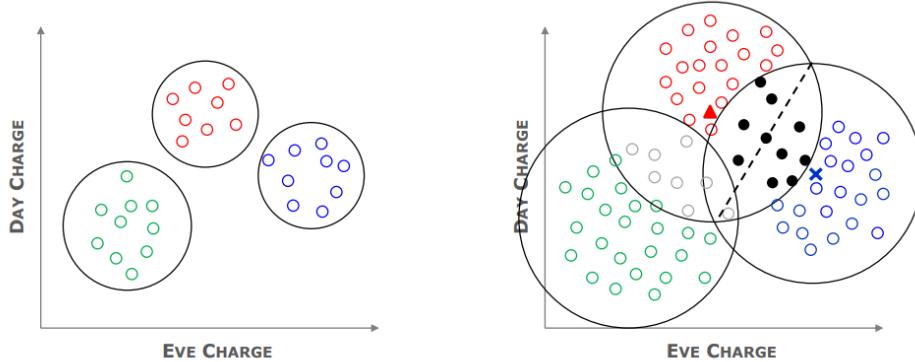


Figura 56: Differenza tra cluster ben separati e non ben separati.

Per ovviare al problema ogni osservazione viene considerata come appartenente ad ogni cluster ma con un peso diverso che indica il grado con cui un oggetto appartiene ad un cluster. In particolare w_{ij} è il *peso* con cui l' i -esimo oggetto appartiene al j -esimo cluster.

Assumiamo di avere un dataset di m oggetti/record, dove ogni oggetto è associato ad un numero dato di attributi continui.

Definizione 3.15. Si definisce **Fuzzy pseudo-partition** l'assegnazione dei valori dei pesi w_{ij} con i seguenti vincoli:

$$\sum_{j=1}^K w_{ij} = 1 \quad i = 1, 2, \dots, m$$

$$0 < \sum_{i=1}^K w_{ij} < m \quad j = 1, 2, \dots, K$$

Ovviamente per come sono definiti i cluster *non ammetto cluster a dimensione nulla*. Il Fuzzy C-means *produce dunque un clustering che risalta l'indicazione del grado per cui un oggetto appartiene ad ogni cluster*. Per come è definito ha gli stessi punti di forza e debolezze dell'algoritmo delle k-medie sebbene sia computazionalmente più pesante.

Modelli a mistura I modelli a mistura considerano i dati come insiemi di osservazioni da una mistura di diverse distribuzioni di probabilità. In sostanza si possono considerare le misture come distribuite secondo delle normali con uguale varianza ma medie diverse (curve di livello).

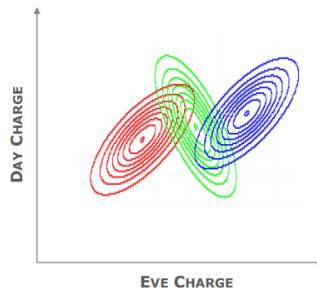


Figura 57: Curve di livello nei modelli a mistura.

Supponiamo di avere uno spazio a 3 componenti, il processo di generazione delle curve di livello è il seguente: Supponiamo spazio di 3 componenti, processo di generazione:

1. Seleziono una delle 3 componenti.
2. Estraggo un campione dalla componente selezionata.

3. Ripeto 1 e 2 m volte per ottenere il dataset

Definisco inoltre le seguenti grandezze:

- $p(\bar{x}|\Theta) = \sum_{j=1}^K w_j p(\bar{x}|\theta_j)$: probabilità associata all'oggetto x.
- w_j : probabilità della j-esima componente.
- $p(\bar{x}|\theta_j)$: probabilità di estrarre x dalla j-esima componente.
- θ_j : parametri associati a j.

Il processo consiste nel partire dai dati e ridurli nelle misture significative. Esiste un classe di algoritmi utilizzata per la risoluzione di questo problema che è l'**Expectation Maximization**. Si tratta di algoritmi che sono diversi in base alla loro applicazione.

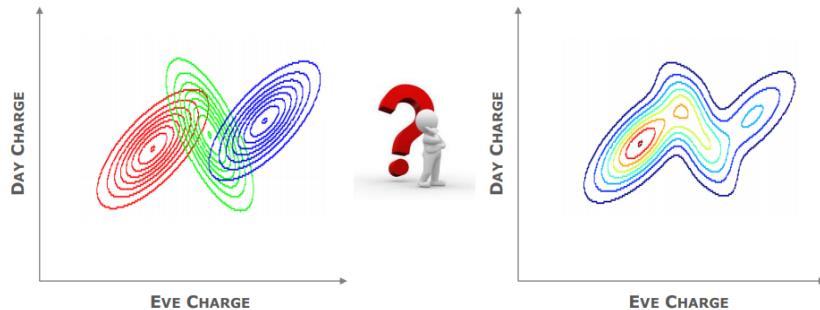


Figura 58: Risultato auspicabile.

Questa classe di algoritmi presenta però diversi svantaggi:

- L'apprendimento risulta essere molto lento.
- Non è pratico per i modelli con un gran numero di componenti.
- Non funziona bene quando i cluster contengono poche osservazioni.
- Non funziona bene quando gli oggetti sono co-lineari.

Questi algoritmi presentano però anche una serie di vantaggi non indifferente rispetto a quelli delle k-medie:

- Sono più generali rispetto alle k-medie e alle fuzzy perché usano distribuzioni di vario tipo, possono trovare cluster di diversa grandezza e di forma ellittica.
- Disciplina il metodo di eliminazione delle complessità associate ad alcuni tipi di dati.

Mappe di Kohonen o SOMs E' una struttura feedforward per algoritmi di clustering, in particolare viene imposta un'organizzazione topografica dei *neuroni* (centroidi). Durante il processo di training la SOM usa ogni oggetto per aggiornare il centroide più vicino e i centroidi che sono più vicini nell'ordinamento topografico. La differenza principale tra gli algoritmi precedenti è che i centroidi in questo caso *hanno una predeterminata relazione di ordinamento topografico*.

In particolare si ha che i centroidi che sono più vicini l'uno all'altro nella griglia sono più strettamente correlati rispetto ai centroidi che sono lontani.

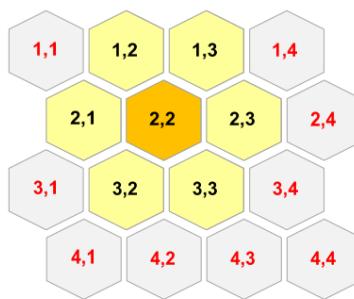


Figura 59: Giriglia di una SOM.

A causa di questo vincolo i centroidi di una griglia bidimensionale possono essere visti come giacenti su una *superficie bidimensionale che prova ad adattare i dati multidimensionali il meglio possibile*.

Riassumiamo ora i passaggi con cui una SOM crea i cluster:

1. *Inizializzazione*: seleziono i centroidi associaiti a ciascun neurone
2. *Competizione*: i neuroni competono tra loro per ottenere l'istanza. Ogni neurone fa un'offerta diversa per vincere quell'oggetto e la proposta è proporzionale alla distanza del neurone rispetto all'istanza considerata. Viene poi proclamato il vincitore e gli viene assegnata l'istanza (in base a una misura di performance).
3. *Collaborazione*: una volta che un neurone vince distribuisce il suo vantaggio ai vicini (processo di premi-punizioni) aggiustando i centroidi.
4. *Aggiornamento*: il centroide del vincitore e dei vicini vengono aggiornati usando l'istanza corrente.

Il punto di forza maggiore di questo algoritmo è l'*Interpretabilità*: i cluster che sono vicini sono più correlati tra loro rispetto ai cluster che non sono vicini. Questo aspetto facilita enormemente l'interpretazione e la visualizzazione dei cluster.

Questo algoritmo soffre però anche di alcune limitazioni abbastanza importanti:

- L'utente deve scegliere un gran numero di parametri quali: funzione di vicinato, tipo di griglia e numero di centroidi. Questa scelta influenza molto le performance.
- Non sempre un raggruppamento identifica un singolo cluster naturale (solitamente dopo viene applicato un k-medie sui centroidi trovati).
- Mancanza di una specifica funzione oggetto: questo rende molto difficile paragonare i risultati.
- *Non è garantita la convergenza.*

3.3.2 Clustering Gerarchico

Passiamo ora alla descrizione della seconda classe di algoritmi di clustering. In particolare un clustering gerarchico può essere:

- *Agglomerativo*: si considerano inizialmente tutti gli oggetti come cluster individuali, ad ogni step vengono unite le coppie di step più vicine. Un processo di questo tipo richiede la definizione di prossimità tra i cluster.
- *Divisivo*: parte da un cluster unico che include tutti gli oggetti e passo passo divide il cluster in cluster di singleton (oggetti individuali). Abbiamo bisogno di decidere quale cluster splittare ad ogni passo e come splittare.

Clustering gerarchico agglomerativo Concentriamo la nostra attenzione su questo tipo di clustering perché sono i più comuni. La soluzione che si ottiene è il *dendrogramma* del clustering effettuato. Il dendrogramma serve a visualizzare sia le relazioni tra i cluster e i sottocluster sia l'ordine in cui sono stati divisi o agglomerati i vari cluster. Questo tipo di algoritmo è computazionalmente molto pesante.

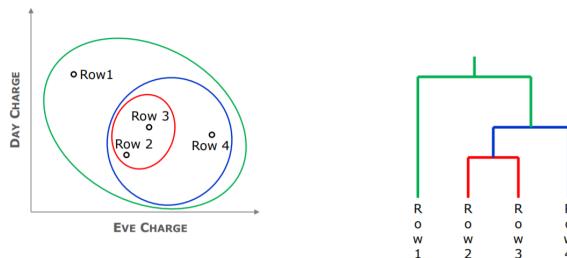


Figura 60: Clustering gerarchico sotto forma di deindrogramma

Diamo ora un rapido riassunto dei passaggi dell'algoritmo:

1. Calcolare la matrice di prossimità (se necessario).
2. **Ripeti:**
 - Unione di due cluster vicini.
 - Aggiorna la matrice di prossimità (o delle distanze) che riflette la prossimità tra il nuovo cluster e il cluster originale .
3. **Finché** rimane un solo cluster.

Si pone ora il problema di calcolare la prossimità tra due cluster . Ci sono in particolare tre modi:

- *Min or Single Linkage*: minore distanza tra tutte le possibili coppie di elementi presenti nei due cluster, per come è definita è ovviamente la soluzione più ottimista.
- *Max or Complete Linkage*: maggiore distanza tra tutte le possibili coppie di elementi presenti nei due cluster, è una soluzione più robusta o pessimista.
- *Group Average or Avarage Linkage*: media distanza tra tutte le possibili coppie di elementi presenti nei due cluster, è una soluzione abbastanza usata in quanto media le distanze.
- *metodo di Ward*: assume che i cluster siano rappresentati dai centroidi. Misura la prossimità tra due cluster come l'incremento della somma di scarti quadratici che risulta dalla fusione di due cluster.

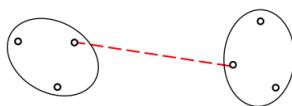


Figura 61: *Single*

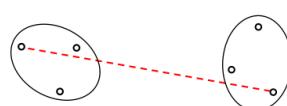


Figura 62: *Complete*

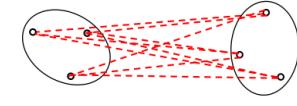


Figura 63: *Average*

Le caratteristiche chiave di questi algoritmi sono le seguenti:

- *Mancanza di una funzione globale di oggetto*: per questo motivo non può risolvere problemi di ottimizzazione globale.

- *Abilità di gestire cluster di diverse dimensioni:* può gestire cluster con dimensioni differenti, i cluster possono anche essere pesati o meno.
- *Le decisioni di unione sono definitive:* non si può tornare indietro rispetto alla decisione (approccio greedy).

Le problematiche più importanti sono invece:

- Computazionalmente molto pesante e richiede molto spazio.
- Decisioni di unione di cluster sono subottimali quindi creano rumore soprattutto per dati documentali.

3.3.3 Density-Based Clustering

Passiamo ora alla descrizione della classe di algoritmi basati sulla densità. In particolare le tecniche di clustering basate sulla densità si occupano di trovare *regioni con un'alta densità di oggetti circondati da regioni con una bassa densità di oggetti*. Passiamo ora a parlare di un algoritmo specifico, il *DBSCAN*.

DBSCAN E' un semplice ma efficace algoritmo density-based che mostra un gran numero di concetti fondamentali tipici dell'approccio density based. Ci sono diversi metodi per definire la densità, in particolare noi descriviamo il metodo center-based.

Definizione 3.16. Si definisce **densità** il numero di oggetti presenti all'interno di un raggio fissato (Eps) rispetto ad un oggetto.

Come facilmente intuibile la densità può variare fortemente al variare del raggio.

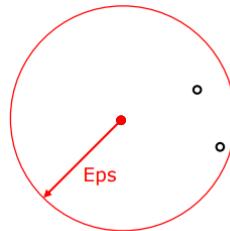


Figura 64: Densità rappresentata graficamente

Definita la densità in questo modo, i punti vengono classificati in tre tipologie diverse:

- *Core point*: stanno all'interno della regione ad elevata densità. In particolare un punto viene definito così se il numero di punti nel suo vicinato eccede un certo valore di soglia (*MinPts*) pre impostato dall'utente.
- *Border point* : un punto che include nel suo vicinato un core point, quindi lui si considera un vicino di core point.
- *Noise point*: non è né un core point né un border point.

Come negli altri casi presentiamo i passaggi dell'algoritmo in maniera schematica:

1. Etichettare tutti i core, border, noise point.
2. Eliminare i noise point.
3. Collegare con un ponte tutti i core point che sono all'interno dei rispettivi *Eps*.
4. Trasformare ogni gruppo di core point connessi in cluster separati.
5. Assegnare ciascun border point al cluster associato al core point più prossimo.

Come detto in precedenza la scelta dei parametri *MinPts* e *Eps* è fondamentale in quanto impatta fortemente sull'esecuzione di tutto l'algoritmo. Mostriamo ora invece quali sono le **differenze principali tra l'algoritmo DBSCAN e l'algoritmo K-means**:

- DBSCAN e K-Means assegnano gli oggetti ad un singolo cluster, l'algoritmo delle k-medie però assegna tutti gli oggetti mentre il DBSCAN può omettere il rumore.
- DBSCAN può trattare cluster di diverse dimensioni e forme e non è affatto da rumori o outliers.. K-medie hanno difficoltà con i cluster non globulari oppure di forme diverse. Entrambi gli algoritmi performano male quando i cluster hanno significative differenze di densità.
- L'algoritmo delle K-medie può essere usato per dato che hanno centroidi ben definiti come la media o la mediana. L'algoritmo DBSCAN invece richiede una definizione di densità che è basata sulla nozione tradizionale di distanza Euclidea.

- L'algoritmo delle K-medie può essere applicato a dati sparsi e a multi-dimensional come ad esempio i dati documentali. Il DBSCAN in questi casi invece non performa per niente bene in quanto la definizione di densità Euclidea non funziona bene per dati multi-dimensionali.
- DBSCAN non fa assunzioni riguardo la distribuzione dei dati. L'algoritmo delle K-medie invece è equivalente ad approccio statistico di clustering che assume che tutti i cluster vengono da una distribuzione Gaussiana sferica con diverse medie ma con la stessa matrice di covarianza.
- Entrambi gli algoritmi cercano di costruire cluster utilizzando tutti gli attributi, ciò implica che non cercano cluster che riguardano solo un sottoinsieme degli attributi.
- L'algoritmo delle K-medie può trovare cluster che non sono ben separati, l'algoritmo di cluster invece mette insieme quelli sovrapposti.
- L'algoritmo delle K-medie ha complessità $O(m)$ mentre il DBSCAN ha complessità $O(m^2)$ eccetto per i dati a poche dimensioni.
- DBSCAN produce lo stesso insieme di cluster dalla prima riproduzione mentre l'algoritmo delle k-medie tipicamente non lo fa quando i centroidi sono inizializzati casualmente.
- DBSCAN determina automaticamente il numero di cluster mentre nell'algoritmo delle k-medie esso deve essere specificato in principio come parametro.

Vi sono altri algoritmi di density-based che non tratteremo in questo momento quali: *grid-based clustering*, *subspace clustering*, *kernel density function*.

3.3.4 Graph-based Clustering Algorithm

Gli algoritmi di clustering gerarchico usano una visione dei dati basata sui *grafo*, in cui i dati sono rappresentati come *nodi* e la prossimità tra due istanze è rappresentata dal peso del *ponte* che c'è tra i rispettivi nodi. Sono stati esplorati algoritmi di clustering graph-based che esplorano diverse caratteristiche e proprietà dei grafi. Gli approcci chiave sono i seguenti:

- *Sparsificare il grafo di prossimità*: tagliare, rimuovere certi archi che non superano la verifica di una certa condizione. (Es. tutti gli archi che non superano una certa soglia, oppure un concetto di vicinato).

- *Definire una misura di similarità* tra due oggetti basati sul numero di oggetti vicini che condividono. Questo approccio aiuta a diminuire i problemi che nascono con cluster di dimensioni diverse e con densità diverse.
- *Definire oggetti core e costruire cluster attorno ad essi:* Necessita l'introduzione di grafo di prossimità density-based.
- *Utilizzare l'informazione nel grafo di prossimità* per fornire una maggiore valutazione per cui due cluster dovrebbero essere uniti.

	Row 1	Row 2	Row 3	Row 4	Row 5	Row 6	Row 7	Row 8	Row 9	Row 10
Row 1	0.3	0.8	0.2	0.1	0.2	0.9	0.2	0.1	0.1	
Row 2		0.2	0.4	0.1	0.9	0.4	0.4	0.6	0.2	
Row 3			0.1	0.2	0.1	0.8	0.1	0.1	0.1	
Row 4				0.7	0.5	0.2	0.9	0.5	0.9	
Row 5					0.1	0.1	0.8	0.3	0.9	
Row 6						0.2	0.2	0.3	0.1	
Row 7							0.1	0.1	0.1	
Row 8								0.3	0.8	
Row 9										0.4
Row 10										

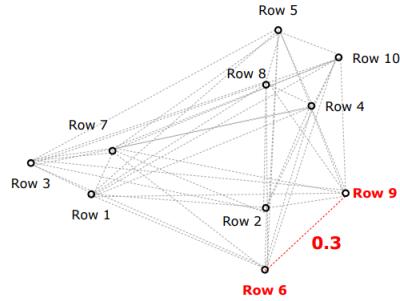


Figura 65: Correlazione tra matrice di prossimità e grafo di prossimità.

Come possiamo notare ogni oggetto a un certo livello di similarità con *ogni* altro oggetto, per la maggior parte del dataset gli oggetti sono molto più simili ad un basso numero di oggetti e molto poco simili ad un alto numero di oggetti. Un'operazione utile è quella di sparsificare il grafo/matrice di prossimità ossia di settare alcuni dei valori di prossimità molto bassi a 0. Il "molto bassi" viene identificato da un valore soglia. Questo serve a *rompere tutti i nodi che hanno una prossimità sotto una data soglia o a tenere solo i collegamenti ai k-nearest neighbours per ogni punto*

Definizione 3.17. Definiamo quindi il **K-Nearest Neighbor** il numero di valori di archi che prendo come vicinato per ogni riga della matrice.

Come facilmente intuibile ci sono diversi vantaggi nello sparsificare la matrice. In primo luogo *la riduzione della dimensione dei dati*, settare dei valori a 0 infatti implica la non considerazione di quei collegamenti nell'algoritmo. In secondo luogo *l'algoritmo di clustering potrebbe lavorare meglio*, questo perché la sparsificazione potrebbe eliminare degli outlier o quelli elementi che costituiscono soltanto del rumore. Un ultimo motivo altrettanto importante è che *si possono trovare anche partizioni interessanti di quel grafo*.

La sparsificazione deve essere vista come lo step preliminare prima dell'uso dell'algoritmo di clustering. *Raramente succede però che la sparsificazione splitti la matrice in componenti connesse ognuna corrispondente ad un dato cluster.* L'idea è quella di ripetere ciclicamente la sparsificazione fino ad ottenere dei grafi partizionati ben definiti. Sono stati sviluppati in letteratura diversi tipi di algoritmi di cluster graph-based e che rispondono a queste necessità.

Minimum spanning tree (MST) L'algoritmo inizia con l'albero di supporto o a costo minimo (minimum spanning tree) del grafo di prossimità e può essere visto come un'applicazione della sparsificazione per trovare i cluster. In particolare:

Definizione 3.18. Si definisce **albero di supporto a costo minimo** di un grafo un sottografo che rispetta le seguenti caratteristiche:

- Non ha cicli, o equivalentemente è un albero.
- Contiene tutti i nodi del grafo.
- Ha il minimo costo totale dei pesi associati ai suoi alberi di tutti i possibili spanning tree.

Quando parliamo di albero di supporto assumiamo che funzioni solo con le distanze o le dissimilarità.

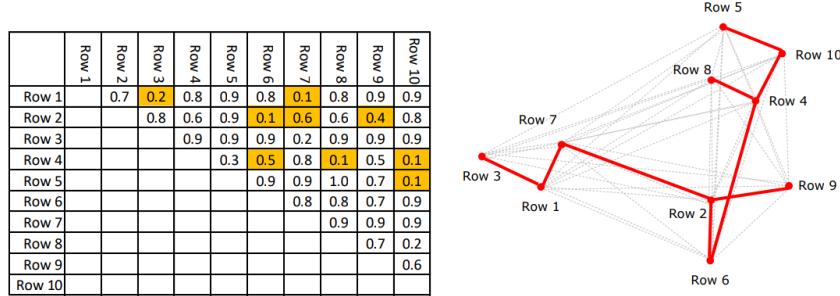


Figura 66: Albero di supporto con relativa matrice.

Esplicitiamo ora l'algoritmo di costruzione:

1. Calcolare il MST per grafo di dissimilarità.

2. Ripetere

- Creare un nuovo cluster per rompere il collegamento corrispondente alla più grande dissimilarità.
- **Finché** rimangono solo cluster singoli.

Opossum è un algoritmo disegnato appositamente per clusterizzare dati multidimensionali e sparsi come i dati documentali o tipo il cestino della spesa. Si basa sullo stesso principio, ossia sulla sparsificazione del grafo. L'algoritmo nello specifico è il seguente:

1. Calcola il grafo di similarità sparsificato.
2. Partiziona il grafo in k componenti distinte (cluster) usando METIS.

Come notiamo la misura di similarità deve essere appropriata rispetto al tipo di dati che stiamo trattando, come ad esempio la misura di Jaccard o quella del coseno. È un algoritmo molto veloce e semplice e tende a partizionare i dati in cluster di egual dimensione.

Chamaleon È un algoritmo di clustering agglomerativo che combina *un iniziale partizionamento dei dati*, con un ulteriore schema di clustering gerarchico che usa la nozione di *vicinanza e interconnettività*. L'idea chiave è che *due cluster devono essere uniti solo se il cluster risultante è simile ai cluster di partenza*. L'algoritmo in particolare si articola nei seguenti passaggi:

1. Costruire un grafo k-nearest neighbour.
2. Partizionare il grafo usando un algoritmo di partizionamento a multi-livelli.
3. Ripetere

- Unire i cluster che preservano maggiormente le simiglianze rispetto alla relativa vicinanza e interconnettività..
- **Finché** non possono essere uniti ulteriori cluster.

Questo algoritmo riesce a clusterizzare dati spaziale considerando anche il rumore e gli outlier, riesce inoltre a gestire anche cluster di diversa forma e di diversa densità. Questo algoritmo ha però problemi *quando il processo di partizionamento non subisce la creazione di sotto cluster*.

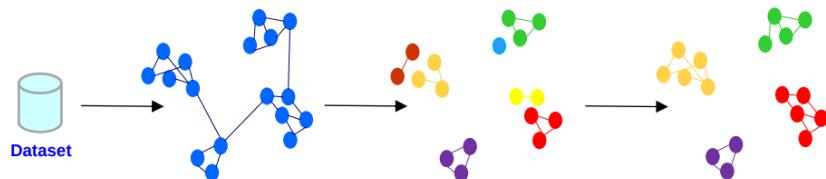


Figura 67: Schema di funzionamento dell'algoritmo Chamaleon.

3.4 Clustering Evaluation(*)

La trattazione è sempre la solita, abbiamo un problema di clustering da risolvere. Quando risolviamo un problema di questo tipo l'efficienza di un algoritmo di clustering viene valutata tramite:

- Similarità.
- Esclusività dei cluster o misure fuzzy di sovrapposizione.
- Se i cluster sono completi o parziali.

Decidiamo di impostare un piano sperimentale, selezioniamo quindi un certo numero di algoritmi di clustering e li proviamo per vedere quali funzionano meglio. Vorremmo avere quindi gli stessi metodi dei classificatori per capire quando un algoritmo di clustering possa essere considerato migliore di un altro. Purtroppo il concetto di clustering è molto più complesso visto che non conosciamo esattamente il risultato da ottenere. Le problematiche più grossi nella valutazione sono:

- Determinare la tendenza dei cluster (che non siano fatti a caso).
- Determinare il numero corretto di cluster (qualunque cosa significhi).

Abbiamo tre diversi tipi di indici che servono a validare i nostri cluster:

- *Esterni o supervisionati*: misurano l'estensione per cui la struttura di clustering trovata combaci con qualche struttura esterna (presupponendo di avere una vaga idea di come i dati dovrebbero organizzarsi).
- *Interni o non supervisionati*: misurano la bontà di una struttura di clustering senza tener conto di informazioni esterne. In particolare essi possono essere:
 - Misure di coesione: determinano la connessione tra elementi di un cluster
 - misure di separazione: quanto sono ben distinti i cluster.
- *Relativi*: comparano differenti algoritmi di clustering.

3.4.1 Esterini o supervisionati(*)

Supponiamo di avere un partizionamento $P = \{P_1, \dots, P_R\}$ di R insiemi disgiunti con m elementi.

Sia ora: $C = \{C_1, \dots, C_K\}$, la partizione ottenuta con un algoritmo di clustering in K cluster. Comparamo ora P con C per vedere quali siano i casi che si realizzano. Ci sono ovviamente quattro casi che possono verificarsi:

1. x e y appartengono allo stesso cluster di C e alla stessa categoria di P
2. x e y appartengono allo stesso cluster di C e a *diverse* categorie di P
3. x e y appartengono a *diversi* cluster di C e alla stessa categoria di P
4. x e y appartengono a *diversi* cluster di C e a *diverse* categorie di P

Ovviamente le coppie che possiamo formare sono:

$$M = \frac{m(m-1)}{2} = a + b + c + d$$

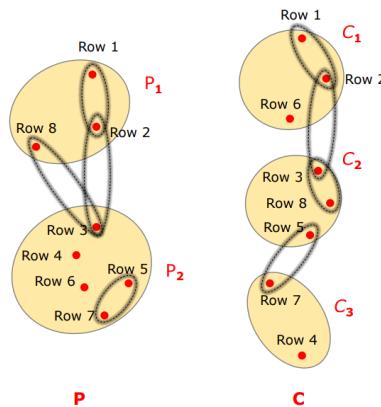


Figura 68: Partizionamenti C e P e formazione delle coppie.

Definisco diverse misure di similarità:

Definizione 3.19. Definisco **Rand** il seguente indice:

$$R = \frac{a + d}{M} \quad R \in [0, 1]$$

Definizione 3.20. Definisco **Jaccard** il seguente indice:

$$J = \frac{a}{a + b + c} \quad J \in [0, 1]$$

Definizione 3.21. Definisco **Fowlkes and Mallows** il seguente indice:

$$FM = \sqrt{\frac{a}{a+b} \times \frac{a}{a+c}} \quad FM \in [0, 1]$$

Definizione 3.22. Definisco **Γ statistics** il seguente indice:

$$R = \frac{M \times a - (a+b) \times (a+c)}{\sqrt{(a+b) \times (a+c) \times (M-a-b) \times (M-a-c)}} \quad \Gamma \in [-1, 1]$$

Per come sono definiti, più è grande il valore che assumono questi indici più sono simili C e P.

3.4.2 Interni o non supervisionati(*)

Diversi indici di interni di validità del partizionamento dei cluster si basano sulla *coesione* e sulla *separazione*. La nostra idea è quella quindi di ottenere un valore di coesione alto e un valore di separazione basso. In generale valutiamo la validità totale di un cluster fatto da un insieme di K cluster come la media pesata delle validità di ogni singolo cluster.

$$\text{overall_validity} = \sum_{i=1}^K w_i \cdot \text{validity}(C_i)$$

In cui la validità può essere la coesione, la separazione o una combinazione lineare di queste; i pesi invece variano in base alla misura di validità del clustering. Supponendo di avere dei cluster basati su grafi posso definire la coesione e la separazione in questo modo:

Definizione 3.23. Si definisce **coesione** la somma dei pesi dei punti nel grafo di prossimità che connettono i punti all'interno del cluster.

$$\text{cohesion}(C_i) = \sum_{x,y \in C_i} \text{proximity}(x,y) = \sum_{xy \in C_i} \text{similarity}(x,y)$$

Per questo motivo la coesione e la similarità sono massimizzate quando vengono minimizzate la dissimilarità/distanza.

Definizione 3.24. Si definisce **separazione** la somma dei pesi dei punti nel grafo di prossimità che connettono i punti di un cluster ai punti di un altro cluster.

$$\text{separation}(C_i, C_j) = \sum_{x \in C_i, y \in C_j} \text{proximity}(x,y) = \sum_{x \in C_i, y \in C_j} \text{similarity}(x,y)$$

Per gli algoritmi di clustering basati sui prototipi invece le definizioni cambiano un pochino:

Definizione 3.25. Si definisce **coesione** la somma delle prossimità rispetto al prototipo all'interno del cluster.

$$\text{cohesion}(C_i) = \sum_{x \in C_i} \text{proximity}(x, C_i) = \sum_{x \in C_i} \text{similarity}(x, C_i)$$

Definizione 3.26. Si definisce **separazione** la prossimità tra due prototipi di due cluster diversi.

$$\text{separation}(C_i, C_j) = \text{proximity}(C_i, C_j) = \text{similarity}(C_i, C_j)$$

E' molto difficile dare una definizione sempre uguale dei pesi da fornire ai vari cluster nel momento in cui voglio operare una misura di validità, per semplificare il problema facciamo riferimento alla seguente tabella.

CLUSTER MEASURE	CLUSTER WEIGHT	TYPE
$\text{cohesion}(C_i) = \sum_{x, y \in C_i} \text{proximity}(x, y)$	$\frac{1}{m_i}$	Graph-Based cohesion
$\text{cohesion}(C_i) = \sum_{x \in C_i} \text{proximity}(x, c_i)$	1	Prototype-Based cohesion
$\text{separation}(C_i) = \text{proximity}(c_i, c)$	m_i	Prototype-Based separation

Figura 69: Pesi da usare a seconda del tipo di algoritmo di clustering.

Durante questa trattazione ci siamo concentrati sulle misure di coesione e di separazione come valutazione totale di un gruppo di cluster, diverse di queste misure possono essere anche applicate per valutare i singoli cluster. Il nostro obiettivo è *ordinare i cluster secondo il loro specifico valore di validità*, in particolare un cluster con un alto valore di coesione deve essere considerato migliore rispetto ad un cluster con un basso valore di coesione. Se abbiamo cluster non molto coesi potrebbe risultare utile separarli in dei cluster più fortemente coesi. Allo stesso modo se due cluster sono relativamente coesi ma non troppo ben separati potrebbe essere utile provare ad unirli.

Risulta quindi utile valutare un oggetto all'interno del cluster secondo la misura in cui quell'oggetto contribuisce alla coesione o alla separazione. Graficamente si otterebbe che gli oggetti che si trovano più "all'interno" del cluster dovrebbero contribuire in modo maggiore alla coesione, mentre quelli più esterni avranno un contributo minore. Proprio per questo motivo si definisce l'indice di Silhouette che combina coesione e separazione per l'i-esimo oggetto all'interno del cluster.

Definizione 3.27. Si definisce **coefficiente di Silhouette** per l'i-esimo oggetto all'interno di un cluster la seguente espressione:

$$s_i = \frac{b_i - a_i}{\max(a_i, b_i)} \in [-1, +1]$$

Dove:

- a_i è la distanza media dell'oggetto i-esimo rispetto a tutti gli oggetti del cluster a cui appartiene.
- b_i è il minimo delle distanze medie dell'oggetto i-esimo da tutti gli oggetti degli altri cluster.

Valori negativi di questo coefficiente significano che la distanza media dei punti nello stesso cluster è maggiore della distanza media minima di quei punti rispetto ai punti di un altro cluster. Per come è definito vogliamo quindi che il coefficiente assuma *valori positivi* poiché il coefficiente assume il valore 1 quando $a_i = 0$.

Possiamo quindi calcolare il *Coefficiente medio di silhouette* semplicemente calcolando la media dei coefficienti dei punti di un dato cluster. Una misura totale della volontà di un clustering può quindi essere il coefficiente medio di silhouette calcolato su tutti i punti. Per quanto riguarda il clustering gerarchico non si usa il coefficiente di silhouette ma il **Cophenetic Correlation Coefficient**.

Questo coefficiente misura il grado di similarità tra la matrice di prossimità (P) e la matrice Cophenetic (Q) i cui elementi registrano il livello di prossimità tra coppie di osservazioni raggruppate all'interno dello stesso cluster. Il valore varia da $[-1, 1]$. Più il valore è vicino a 1 meglio l'algoritmo gerarchico si adatta ai nostri dati.

3.4.3 Paradigma di validità(*)

Sia gli indici interni che quelli esterni sono strettamente correlati ai metodi statistici, in particolare ai test di ipotesi. Il paradigma di validità è un processo schematico che ci porta a dire se ci sia struttura o meno nei nostri dati e si articola nel seguente modo:

Identificare la struttura e il tipo di validazione La struttura della nostra ricerca è basata sulla seguente ipotesi nulla: **Non c'è struttura nel dataset.**

Determinare un indice di validazione Cercare quale sia l'indice di validazione più appropriato per il nostro schema di clustering.

Definire un'ipotesi nulla di non struttura Il tipo di ipotesi che si va a fare dipende dal tipo di problema, può essere ad esempio :

- *Random Position* (i records si distribuiscono casualmente nello spazio n-dimensionale dei record). Viene usata per i dati razionali.
- *Random Graph* non mi interessa la posizione ma che ci sia una certa struttura di similarità. Viene usata per prossimità ordinali tra coppie di dati.
- *Random Label*: etichettare le osservazioni in modi differenti non cambia il tipo di coerenza che ottengo nel mio esperimento. Viene usata per tutti i tipi di dati.

Stabilire le fondamenta della distribuzione sotto l'ipotesi nulla Può essere operata un'analisi Monte Carlo e BootStrapping.

Calcolare gli indici Si calcolano tutti gli indici visti in precedenza.

Testare l'ipotesi nulla Si vuole arrivare ovviamente a rigettare l'ipotesi nulla. Questo rigetto non implica che ci sia necessariamente struttura nei dati ma implica che sicuramente non c'è non-struttura.

3.4.4 Selezione del numero di cluster(*)

Ha senso porsi il problema di scegliere il numero di clustering solo dopo che l'analisi precedente ci ha permesso di dedurre che è presente struttura adatta per un'analisi di clustering. In particolare si utilizzano i *criteri relativi* che sono criteri che si concentrano sul confronto dei diversi risultati generati dai diversi algoritmi di clustering oppure sui risultati diversi prodotti dallo stesso algoritmo di clustering ma con parametri di input differenti. Gli indici principali per calcolare il numero di cluster sono:

- *Calinski and Harabasz*: Il valore di K corrispondente al massimo è preso per essere l'ottimale numero di cluster.
- *Dunn*: Il valore di K corrispondente al massimo è preso per essere l'ottimale numero di cluster.

- *Devies-Bouldin*: Il valore di K corrispondente al minimo è preso per essere l'ottimale numero di cluster.

Gli indici per gli algoritmi di cluster basati sulle misture probabilistiche sono invece:

- *Akaike Information Criterion (AIC)*: Il valore di K corrispondente al minimo è preso per essere l'ottimale numero di cluster.
- *Minimum Description Length (MDL)*: Il valore di K corrispondente al minimo è preso per essere l'ottimale numero di cluster.
- *Bayesian Information Criterion (BIC)*: Il valore di K corrispondente al minimo è preso per essere l'ottimale numero di cluster.

Per un algoritmo di clustering che richiede come input un numero di cluster inserito dall'utente posso ottenere una sequenza di struttura di clustering iterando l'algoritmo di clustering r volte dove K spazia da K_{min} a K_{max} . Forniamo ora l'algoritmo che genera la sequenza delle strutture di clustering:

- Scegliere un algoritmo di clustering e un indice di validazione.
- **FOR** K_{min} to K_{max} :
 - **FOR** $i = 1$ to r :
 - * Lanciare l'algoritmo di clustering con k cluster e cambiare i parametri rispetto al lancio precedente.
 - * Calcolare il valore q dell'indice di validità e imporre $q(i) = q$
 - Scegliere il miglior valore q^* tra q_1, q_2, \dots, q_r .
 - Imporre $Q(K) = q^*$.

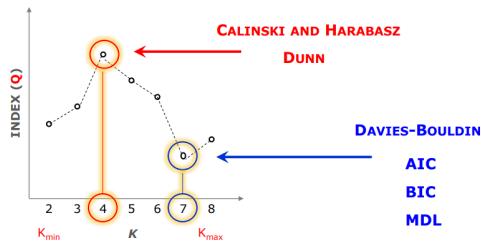


Figura 70: Scelta del numero di cluster a seconda dell'indice.

4 Association Analysis

4.1 Introduction (*)

L'analisi di associazione riporta al concetto di causalità di variabili: dati certi valori di attributi cosa posso dire del valore di un altro attributo?

Le regole associative permettono di prendere delle scelte molto operative in diversi ambiti, in particolare in quello che viene chiamato *market basket analysis*. Il problema del carrello tratta il posizionamento di prodotti in un negozio. Si sa che all'acquisto di un certo prodotto si tende a acquistare altri prodotti connessi, quindi si cercano queste associazioni basandosi sul carrello della spesa dei clienti (appunto market basket) per poi capire come impostare la disposizione sugli scaffali.

Obiettivo: identificare quali siano gli **item associati** per poter prendere delle decisioni. In sostanza si generano **Regole associative** formate da coppie di insiemi *antecedente* e *conseguente*.

es. {Beer} → {swiss cheese}

{antecedente} → {conseguente}

NB: non è una causalità ma un'associazione

L'analisi si basa sullo studio di due diversi dataset:

- Product set: contiene informazioni legate ai prodotti come il nome e il prezzo
- Transaction set: contiene informazioni legate agli acquisti dei clienti, ogni record corrisponde ai prodotti presenti nel carrello del cliente

Si organizza il dataset delle transazioni in formato binario, ovvero ogni colonna indica se in una data transazione un certo prodotto sia o meno presente.

Transaction ID	swiss cheese	cherry coke	bio coke	Peppers	scrambled egg	Pomegranate	strawberries
0	1	0	0	0	1	0	0
1	0	1	0	0	0	0	1
2	0	0	0	1	1	0	0
3	0	0	0	0	0	1	0
4	0	0	0	0	0	0	1
5	0	0	0	0	0	0	0
6	0	0	0	0	0	0	0

Figura 71: esempio: transaction set binarizzato

Consideriamo:

$I = \{i_1, i_2, \dots, i_d\}$ il set di tutti gli item nel market basket

$T = \{t_1, t_2, \dots, t_N\}$ l'insieme di tutte le transazioni

Definizione 4.1. Una collezione di zero o più item è chiamata **Itemset**.

Definizione 4.2. Se un itemset contiene k item è detto **K-Itemset**.

Definizione 4.3. L'itemset che non contiene alcun elemento è detto **empty set**.

Definizione 4.4. La **transaction width** è il numero di item presenti in una transazione

Una transazione t_j contiene l'itemset X , se X è un sottoinsieme di t_j .

Definizione 4.5. Il **Support count** è il numero di transazioni che contengono uno specifico itemset.

$$\sigma(X) = |\{t_i | X \subseteq t_i, t_i \in T\}|$$

Definizione 4.6. Una **regola di associazione** viene rappresentata come:

$$X \rightarrow Y$$

dove X e Y sono itemset disgiunti ($X \cap Y = \emptyset$).

Una regola viene valutata in termini di *supporto* e di *confidenza*.

Definizione 4.7. **Support** determina quanto spesso una regola sia applicabile dato un data set:

$$s\{x \rightarrow Y\} = \frac{\sigma(X \cup Y)}{N}$$

Definizione 4.8. **Confidence** determina quanto frequente Y è presente in una transazione che contiene X (si assume che l'universo sia rappresentato partendo da X):

$$c\{x \rightarrow Y\} = \frac{\sigma(X \cup Y)}{\sigma(X)}$$

Es.

$$X = \{\text{swisscheese, cheddar}\}, Y = \{\text{dietcoke}\}$$

Assumiamo che:

- $\sigma(x) = 8$ (support count)

- $N = 20$ (numero di transazioni)
- $\sigma(x, y) = 6$

Allora il support e la confidence della regola $X \rightarrow Y$ sono:

$$s\{X \rightarrow Y\} = \frac{\sigma(X \cup Y)}{N} = \frac{6}{20} = 0.3$$

$$c\{x \rightarrow Y\} = \frac{\sigma(X \cup Y)}{\sigma(X)} = \frac{6}{8} = 0.75$$

Perché utilizziamo il supporto:

- se troppo basso potrebbe esserci un'associazione casuale
- potrebbe non valere la pena seguire associazioni che si applicano in modo poco significativo dal punto di vista dei profitti

Il concetto di supporto è utilizzato per eliminare regole non desiderate e condivide interessanti proprietà che possono essere sfruttate per la ricerca di regole associative efficaci.

La confidenza è molto importante perché misura l'affidabilità dell'infereenza e:

- un'alta confidenza significa che Y sarà molto presente in transazioni con X
- si stima la probabilità condizionata di Y dato X

Definizione 4.9. Association Rule Mining Problem può essere formalmente definito come: dato un set di transazioni T , trovare tutte le regole con $support \geq minsup$ e $confidence \geq minconf$, dove $minsup$ e $minconf$ sono i threshold corrispondenti alle due misure.

Approccio a forza bruta di association rule non è molto praticabile in quanto i tempi di computazione aumentano in modo esponenziale:

$$R = 3^d - 2^{d+1} + 1.$$



Figura 72: numero di regole calcolate in base al numero di itemset

Una strategia comunemente adottata in molti algoritmi è quella di decomporre il problema in 2 grandi supertask:

- *Generazione dei frequenti itemset*: specifichiamo tutte e sole quelle regole per cui il supporto è maggiore del $minsup$, gli itemset generati sono chiamati **Frequent Itemset**
- *Generazione delle regole*: estriamo tutte le regole con alta confidenza (maggiore di $minconf$) dai Frequent Itemset trovati precedentemente, queste regole vengono chiamate **Strong Rules**

La complessità maggiore è richiesta dalla generazione dei Frequent Itemset.

4.2 Rule Extraction

Per comprendere l'inefficienza della generazione con l'approccio forza bruta pensiamo a questo esempio:

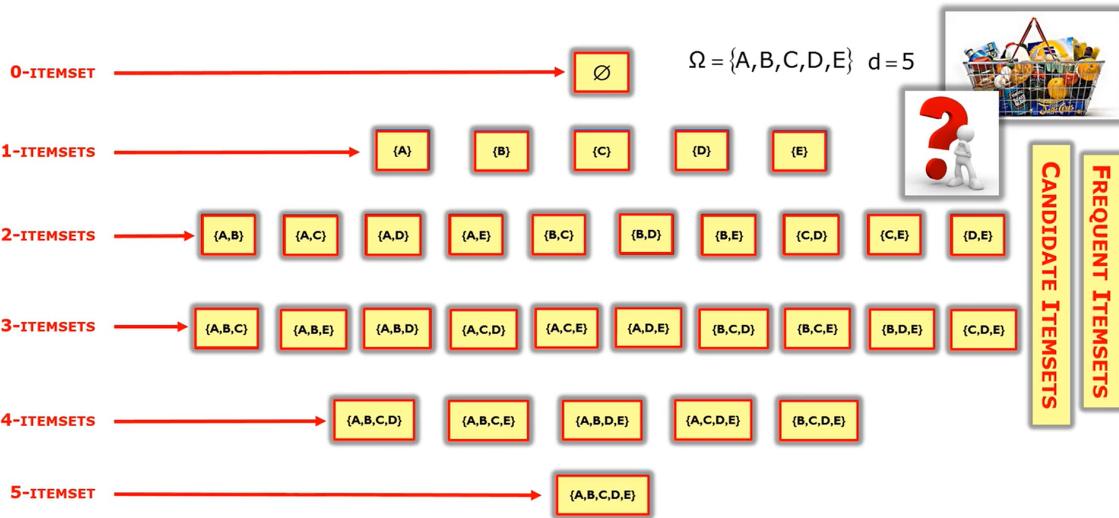


Figura 73: k-itemset brute-force

Definizione 4.10. Candidate Itemset: l'insieme di tutti gli itemset che possiamo formare. Avranno un numero di item diverso.

Nel nostro caso il numero di itemset candidato è: $M = 2^d - 1 = 2^5 - 1 = 31$

Come si può notare abbiamo un sistema a doppio cono che è tipica delle distribuzioni binomiali. Una volta che gli abbiamo considerati tutti ci interessano solo i più frequenti.

Se usassimo la forza bruta dovremmo calcolare per ogni itemset candidato il suo support count, e vedere se il suo supporto lo configura come un itemset frequente (molto dispendioso).

I confronti da effettuare sono nell'ordine di $O(NMw)$, dove:

- N = numero di transazioni
- M = numero di itemset candidato
- w = massima lunghezza delle transazioni

È decisamente troppo come numeri confronti contando che molti dei quali sono inutili o poco significativi.

Vi sono due approcci per ridurre il costo computazionale della generazione di itemset frequenti:

- ridurre il numero di candidati itemset (M). Il principio Apriori è un metodo per eliminare alcuni candidati itemset senza contare il support count.
- riduce il numero di confronti anziché controllare tutte le possibili combinazioni, lo si fa con strutture dati avanzate

Principio Apriori se un itemset è frequente, allora tutti i suoi sottointesi-
mi sono frequenti.

Quindi se una regola ha una frequenza bassa allora tutte le regole che preve-
dono come sottointesi la stessa non supereranno quella frequenza pertanto
è inutile considerarle. Si procede attraverso il **pruning** dell'albero delle se-
quenze per queste soluzioni, viene chiamato **support-based pruning** (vedi
immagine).

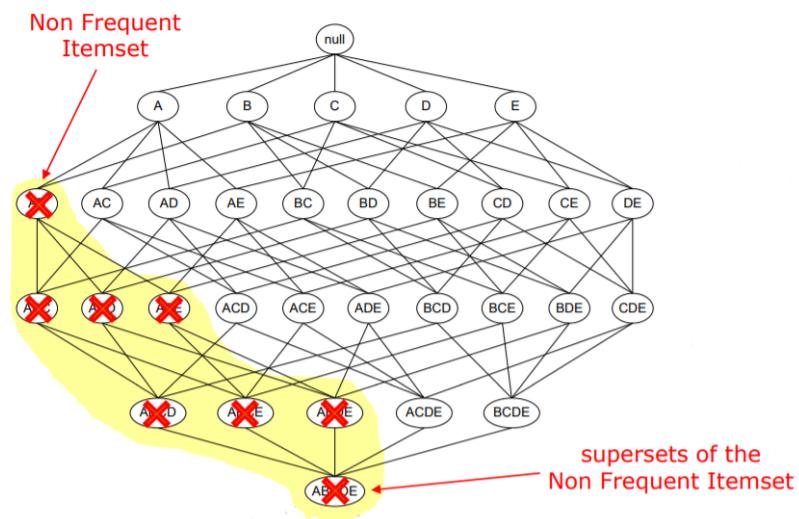


Figura 74: esempio di support-based pruning

4.2.1 Algoritmo apriori

Genera due operazioni:

- **Candidate Generation:** genera nuovi candidati k-itemset basati su (k-1)-itemset frequenti calcolati nella precedente iterazione
- **Candidate Pruning:** questa operazione elimina alcuni candidati k-
itemset usando la strategia del support-based pruning

La complessità computazionale soffre di 4 limiti:

- *Support threshold:* la soglia di supporto se troppo bassa non taglio
molto l'albero, però non deve essere neanche troppo elevata altrimenti
non considero associazioni rilevanti.
- *Numero di item (dimensionalità):* se il numero di item cresce, ci sarà
bisogno di più spazio in memoria per registrare il support count degli

item, inoltre bisogna considerare anche il costo dell'I/O per passare i dati.

- *Numero di transazioni*: l'algoritmo scorre più volte tutta la lista di transazioni, pertanto un numero alto di transazioni inficia sui tempi.
- *Average transaction width*: per dataset densi la lunghezza media delle transazioni tende ad essere grande. La massima lunghezza degli itemset frequenti tende ad aumentare quindi più sequenze candidato devono essere esaminate durante la generazione e support counting. In aggiunta aumenta il numero di archi traversi nell'albero durante il support counting.

4.3 Maximal/Closed Frequent Itemsets

4.3.1 Rule Generation

Ogni k -itemset frequente, Y può generare al limite $2^k - 2$ regole di associazione.

Una regola di associazione può essere estratta partizionando l'itemset Y in 2 sottoinsiemi non vuoti $\{X\}$ e $\{Y - X\}$, tale che $X \rightarrow Y - X$ soddisfa il threshold di confidenza.

NB: Tutte le regole generate da itemset frequenti sono esse stesse frequenti.

In pratica, il numero di itemset frequenti prodotti da transazioni possono essere molto grandi. È utile identificare itemset rappresentativi e piccoli con i quali derivare gli itemset grandi. Per questo si ragiona in due rappresentazioni:

1. Maximal Frequent Itemset
2. Closed Frequent Itemset

Definizione 4.11. Maximal Frequent Itemset è definito come un Itemset Frequente per il quale nessuno dei suoi soprainsiemi immediati sono frequenti.

Maximal Frequent Itemset: per ogni nodo si verifica il vincolo della frequenza e si definisce la frontiera dove un nodo non gode più di questa proprietà, corrisponde alla massima frontiera in cui mi posso spingere.

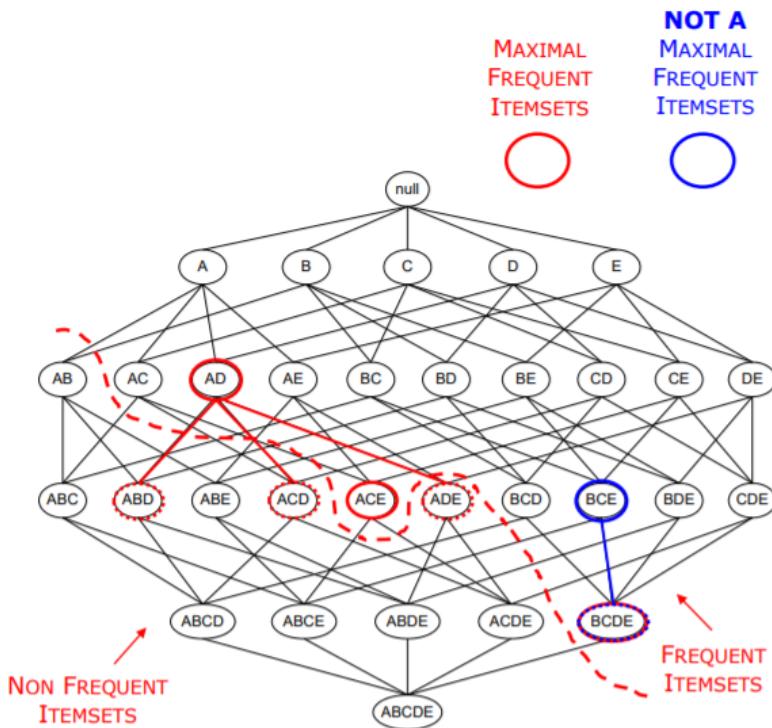


Figura 75: esempio di frontiera di maximal frequent itemset

Nella pratica: Un nodo è un Maximal Frequent Itemset se è frequente e se tutte le sue estensioni non sono frequenti.

- Fornisce una rappresentazione compatta dell'insieme di itemset che cerchiamo, la più piccola espressione in cui gli itemset sono derivabili
- Calcolato dal più piccolo insieme di itemset dal quale tutti gli itemset frequenti possono essere derivati
- È praticabile solo l'algoritmo efficiente usato esplicita la ricerca dei maximal frequent itemset senza numerare tutti i suoi sottoinsiemi

Per costruzione *però* non ci dice quanto è il supporto rispetto ai suoi sottoinsiemi. In alcuni casi potrebbe servire avere una minima rappresentazione degli itemset frequenti che preservano l'informazione sul supporto.

Definizione 4.12. Un itemset X è **Closed Frequent Itemset** se nessun immediato superinsieme ha esattamente lo stesso support count di X. In ogni caso il suo supporto deve essere $\geq \text{minsup}$.

Importante quando vi sono gruppi di prodotti venduti a blocco ignorando gli altri.

Es

TID	a1	a2	a3	a4	a5	b1	b2	b3	b4	b5	c1	c2	c3	c4	c5
1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
2	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
3	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
4	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0
5	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0
6	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0
7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1
8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1
9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1
10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1

Figura 76: esempio di gruppi closed frequent itemset

Come si può notare in figura ogni gruppo di variabili (Gruppo A, B e C) è perfettamente associato e non hanno bisogno di mostrare items collegati ad altri gruppi. Assumendo che il $minsup = 20\%$, il numero totale di itemset frequenti è: $3 \cdot (2^5 - 1) = 93$. In ogni caso vi sono solo 3 closed frequent itemset:

$$\begin{aligned} &\{a_1, a_2, a_3, a_4, a_5\} \\ &\{b_1, b_2, b_3, b_4, b_5\} \\ &\{c_1, c_2, c_3, c_4, c_5\} \end{aligned}$$

Questo tipo di itemset sono utili per rimuovere **regole di associazione ridondanti**.

Definizione 4.13. Una regola di associazione $X \rightarrow Y$ è **ridondante** se esiste un'altra regola $X' \rightarrow Y'$ che rispetta certe proprietà.

- $X \subseteq X'$
- $Y \subseteq Y'$
- $s(X \rightarrow Y) = s(X' \rightarrow Y')$
- $c(X \rightarrow Y) = c(X' \rightarrow Y')$

Mostriamo ora la gerarchia dei frequent itemset:

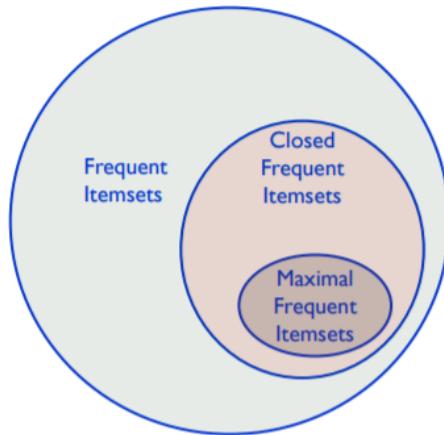


Figura 77: gerarchia dei frequent itemset

Come si può notare i Maximal Frequent Itemset sono inclusi nei Closed Frequent Itemset perchè nessun maximal può avere lo stesso support count del suo immediato superset.

4.4 Rules Evaluation (*)

Generati gli insiemi di pattern potenzialmente utili, bisogna ordinarli in base al loro livello di attrattività per il dominio di applicazione. La valutazione della qualità viene effettuata secondo due criteri:

- **Statistical arguments:** per patterns di items indipendenti e coperti da poche transazioni. Il problema è che *possono catturare relazioni spurious* nei dati, per evitare:
 - Objective Interestingness Measure: usare statistiche derivate dai dati per determinare quali pattern sono interessanti
 - Supporto, confidenza e correlazione
- **Subjective arguments:** un pattern è considerato non interessante a meno che riveli informazioni inaspettate riguardo ai dati e alla conoscenza: es. forte associazione tra acquisto di pannolini e birra. È difficile fare questo tipo di valutazioni, richiede una considerevole quantità di informazioni pregresse dagli esperti di domino.

Meglio cercare di applicare un approccio più *oggettivo* alla valutazione: data-driven, indipendente dal dominio in cui si richiede un minimo input dagli utenti (solo dei threshold) e calcolato basandosi sulle frequenze calcolate in una **Contingency Table**.

	B	not B	
A	f_{11}	f_{10}	f_{1+}
not A	f_{01}	f_{00}	f_{0+}
	f_{+1}	f_{+0}	N

Figura 78: contingency table

dove:

- f_{1+} = support count di A
- f_{+1} = support count di B
- N = numero di transazioni totali

Supponiamo che un direttore di un minimarket voglia analizzare la relazione tra le persone che bevono tè e persone che bevono caffè. La seguente contingency table è ottenuta considerando le transazioni disponibili:

	coffee	not coffee	
tea	150	50	200
not tea	650	150	800
	800	200	1,000

Figura 79: contingency table

Ora valutiamo l'associazione: tea → coffee

- $support = \frac{f_{11}}{N} = \frac{150}{1000} = 15\%$
- $confidence = \frac{f_{11}}{f_{1+}} = \frac{150}{200} = 75\%$

Ad una prima occhiata sembrerebbe che le persone che bevono tè tendono a bere anche caffè (vedi confidenza). Ma se notiamo le persone che bevono caffè, a prescindere dal tè sono l'80% ($\frac{800}{1000}$), mentre la frazione dei bevitori di tè che bevono caffè è solo il 75%.

Da questo ragionamento si può concludere che il fatto di bere tè non influisca sulle persone che bevono caffè. Infatti nonostante l'associazione abbia un alto livello di confidenza (75%) non si può ignorare il supporto dell'itemset conseguente (80%).

Pertanto, vengono definiti altri indici:

Definizione 4.14. Lift: tasso di confidenza rispetto al supporto del conseguente

$$Lift = \frac{c(A \rightarrow B)}{s(B)}$$

Definizione 4.15. Interest Factor: equivalente al *Lift* ma per attributi binari, è definito in questo modo:

$$I(A, B) = \frac{s(A, B)}{s(A)s(B)} = \frac{Nf_{11}}{f_{1+}f_{+1}}$$

I valori sono così classificati:

- = 1 se A e B sono indipendenti
- > 1 se A e B sono positivamente associati
- < 1 se A e B sono negativamente associati

Definizione 4.16. Analisi di correlazione (per attributi binari simmetrici): analizza la relazione tra coppie di attributi. Attributi continui possono essere analizzati con la correlazione di Pearson, la correlazione per attributi binari è misurata usando il ϕ -coefficient:

$$\phi = \frac{f_{11}f_{00} - f_{01}f_{10}}{\sqrt{f_{1+}f_{+1}f_{0+}f_{+0}}}$$

il valore varia da $[-1, +1]$. Se gli attributi sono statisticamente indipendenti il valore è 0.

Definizione 4.17. IS Measure (per attributi binari asimmetrici)

$$IS(A, B) = \sqrt{I(A, B)s(A, B)} = \frac{s(A, B)}{\sqrt{s(A)s(B)}}$$

Il suo valore è grande quanto l'*Interest Factor* e il supporto sono grandi.

Se A e B sono indipendenti:

$$IS(A, B) = \sqrt{s(A)s(B)}$$

ha lo stesso problema della correlazione, il valore può essere grande anche per associazioni incorrelate o negativamente correlate.

Vi sono altri tipi di misure per l'analisi delle relazioni tra coppie di variabili binarie.

Definizione 4.18. Misure Simmetriche

Una misura **M** è **Simmetrica** se: $M(A \rightarrow B) = M(B \rightarrow A)$
es. Interest Factor è simmetrico

Definizione 4.19. Misure Asimmetriche

Una misura **M** è **Asimmetrica** se: $M(A \rightarrow B) \neq M(B \rightarrow A)$
es. la Confidenza è asimmetrica

Di seguito gli indici più utilizzati:

Simmetrico	Asimmetrico
Correlazione (ϕ)	Gini index
Odds ratio	Mutual information
Kappa	Certainty factor
Interest (I)	Added value
Cosine (IS)	J-measure
Jaccard	Goodman-Kruskal
Collective strength	

È importante capire che ciascuna misura è adatta per analizzare un certo tipo di associazioni come basket market analysis o document analysis. In base al caso bisogna utilizzare gli indici migliori.

NB: sono stati presentati indici relativi a valutazioni per coppie di attributi binari, ma è possibile estendere l'analisi a più di due attributi usando tabelle delle frequenti in una Contingency Table multi-dimensionale. Gli indici come il Supporto Interest Factor e IS si prestano a ciò.

4.5 Simpson's Paradox

Consideriamo la seguente situazione:

un direttore di un mini-market racconta di una curiosa scoperta, legata agli item birra e hot dogs. Una società di consulenza da lui pagata per analizzare i suoi dati di vendita ha scoperto che i clienti che comprano birra sono meno tentati di acquistare hot dogs rispetto a quelli che non acquistano la birra. Il direttore però è convinto del contrario, lo sa per esperienza professionale che chi acquista birra tende ad acquistare hot dogs.

Come si può risolvere il paradosso?

Consideriamo la seguente tabella:

	hot dogs	NOT hot dogs	Total
beer	70	98	168
NOT beer	45	55	100
	115	153	

Figura 80: es. birra - hot dog

Consideriamo le seguenti regole con le relative confidenze:

- $\{\text{beer}\} \rightarrow \{\text{hot dogs}\}$ - confidence = 42%
- $\{\text{NOT beer}\} \rightarrow \{\text{hot dogs}\}$ - confidence = 45%

Possiamo inferire che i clienti che acquistano birra sono meno inclini (42%) ad acquistare hot dog rispetto a quelli che non acquistano birra (45%).

Analizziamo ora gli stessi dati ma categorizzando se il cliente è single o no:

		hot dogs	NOT hot dogs	Total
single	beer	30	10	40
	NOT beer	5	40	45
NOT single	beer	40	88	128
	NOT beer	40	15	55

Figura 81: es. cliente single: birra - hot dog

Pertanto posso derivare queste due coppie di regole:

- Single
 - $\{\text{beer}\} \rightarrow \{\text{hot dogs}\}$ - confidence = 75%
 - $\{\text{NOT beer}\} \rightarrow \{\text{hot dogs}\}$ - confidence = 11%
- NOT Single
 - $\{\text{beer}\} \rightarrow \{\text{hot dogs}\}$ - confidence = 31%
 - $\{\text{NOT beer}\} \rightarrow \{\text{hot dogs}\}$ - confidence = 73%

Da questi dati posso affermare che: i single che acquistano birra sono più inclini (75%) ad acquistare anche hot dog rispetto a quelli che non acquistano birra (11%).

Quindi sia l'azienda di consulenza che il direttore del mini-market avevano ragione soltanto che per comprenderlo bisognava categorizzare i clienti.

Paradosso di Simpson o Yule-Simpson effect, è un paradosso della probabilità e statistica, in cui una tendenza appare in diversi gruppi di dati ma sparisce o si inverte quando questi gruppi sono combinati.

Bisogna applicare una appropriata stratificazione dei dati per evitare la generazione di associazioni spurie risultati dal paradosso di Simpson.

Es. per i dati del market-basket, la catena di supermercati dovrebbe stratificarli secondo la location del negozio, mentre i dati sanitari da vari pazienti dovrebbero essere stratificati secondo fattori quali l'età o il genere.