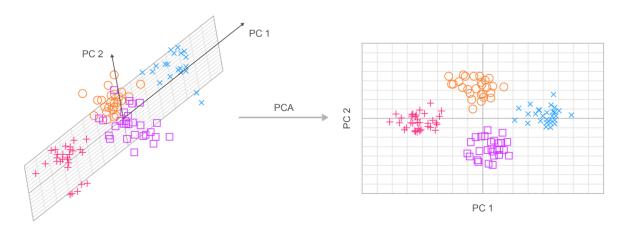


O PROBLEMA DA ALTA DIMENSIONALIDADE...

ANÁLISE PCA

O objetivo da análise é encontrar um meio de condensar a informação contida em várias variáveis originais em um conjunto menor de variáveis estatísticas (componentes) com uma perda mínima de informação (Adaptado Operdata - 2019)



https://medium.com/analytics-vidhya/understanding-principle-component-analysis-pca-step-by-step-e7a4bb4031d9

FEATURE SELECTION

Análise de Componentes Principais

> Mas e se temos características inúteis/ruins em nosso Dataset?

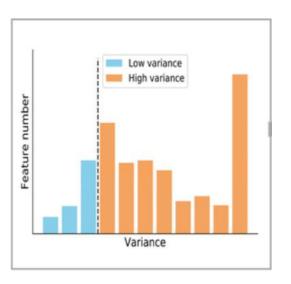


FEATURE SELECTION

- Métodos de Filtro (*filter methods*)
- Métodos Embutidos (embedded methods)
- Métodos Invólucros (*wrapper methods*)

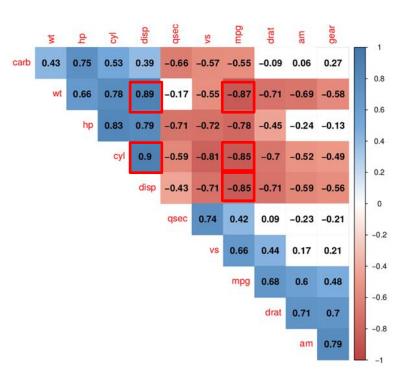
MÉTODOS DE **FILTRO**

Baixa Variâncica

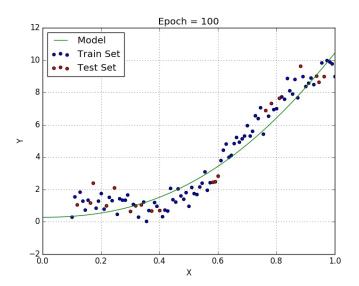


MÉTODOS DE **FILTRO**

Correlação de Pearson



MÉTODOS EMBUTIDOS



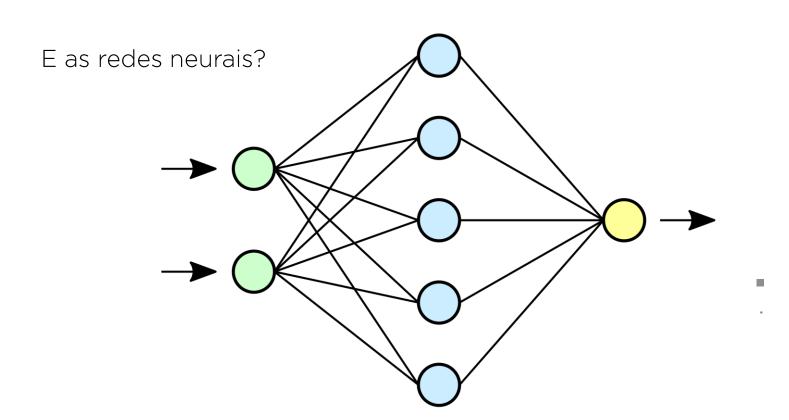
LASSO, Elastic Net, Ridge Regression



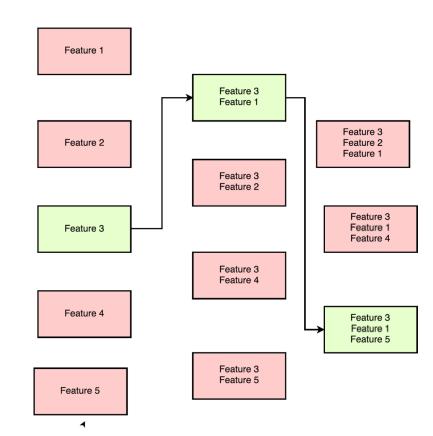




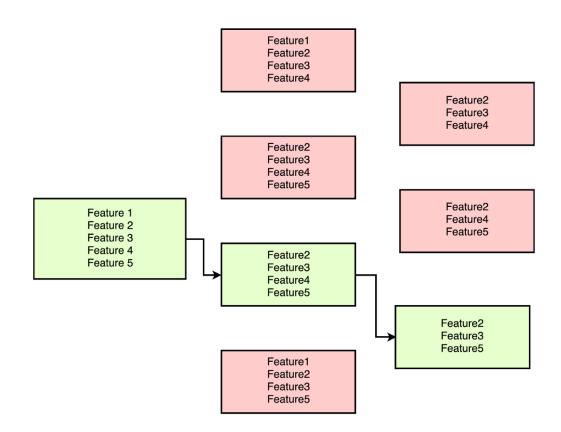
MÉTODOS **EMBUTIDOS**



MÉTODOS **WRAPPER** - Forward Selection



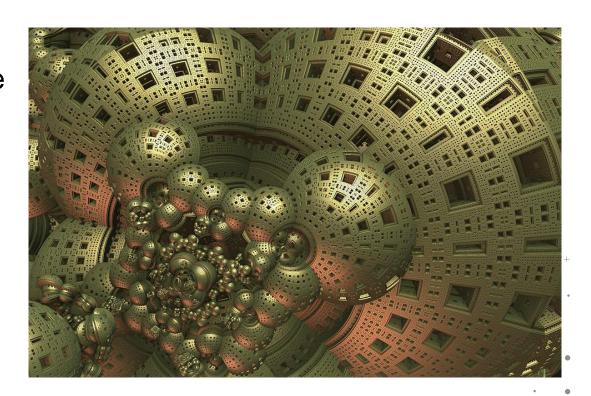
MÉTODOS **WRAPPER** – Backward Elimination



MÉTODOS WRAPPER - BUSCAS EXAUSTIVAS

Recursive Feature
Elimination e Exhaustive
Feature Selection

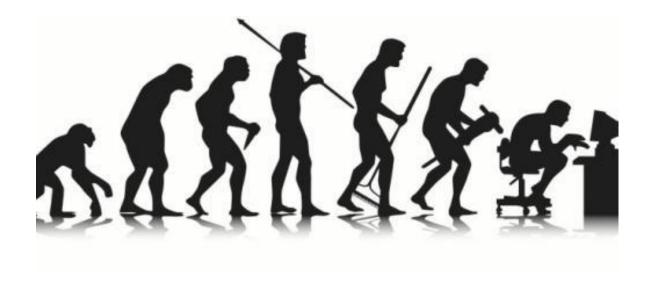
Para n features temos 2ⁿ combinações!

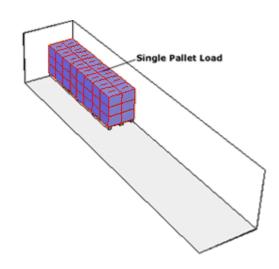


MÉTODOS **WRAPPER**

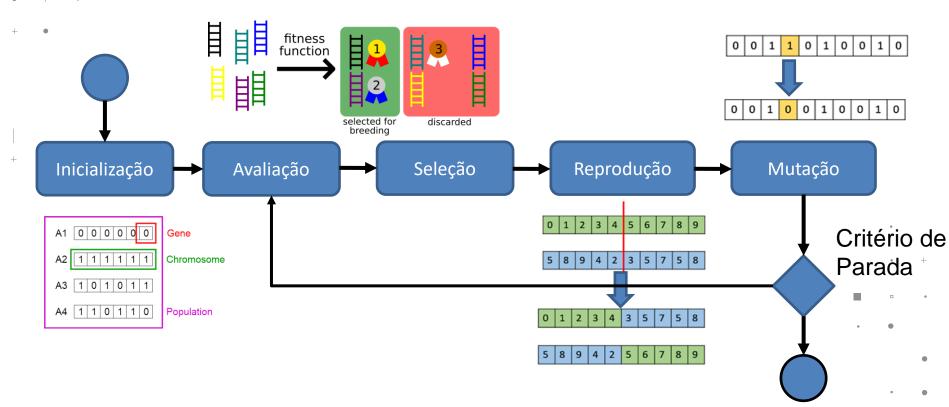
E agora?

Heurísticas!

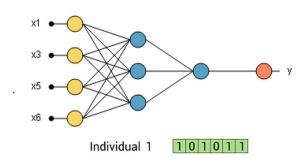


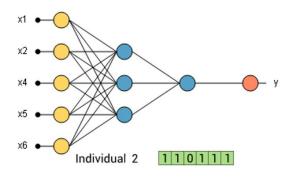


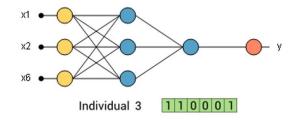


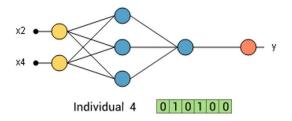


Codificação da Solução









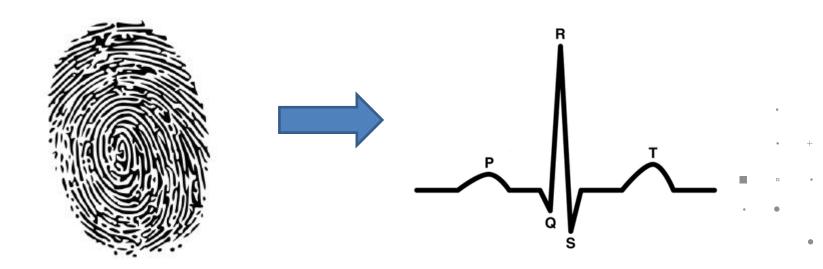
- Função de Avaliação:
 - Seleciona as características do cromossomo e faz validação cruzada (cross validation) e obtém a acurácia, usada como critério de avaliação do GA.

```
def calculate fitness(individual):
          np ind = np.asarray(individual)
          if np.sum(np ind) == 0:
              return (0.0,)
          else:
              feature idx = np.where(np ind==1)[0]
              x temp = X[:,feature idx]
          cv_set = np.repeat(-1.,x_temp.shape[0])
          skf = StratifiedKFold(n_splits = 5)
          for train index, test index in skf.split(x temp, y):
              X_train,X_test = x_temp[train_index],x_temp[test_index]
              y_train,y_test = y[train_index],y[test_index]
              if X train.shape[0] != y train.shape[0]:
                  raise Exception()
              classifier.fit(X train,y train)
              predicted_y = classifier.predict(X_test)
              cv set[test index] = predicted y
          acc = accuracy score(y, cv set)
          return (acc,)
```

ALGORITMOS **GENÉTICOS - CASE I**

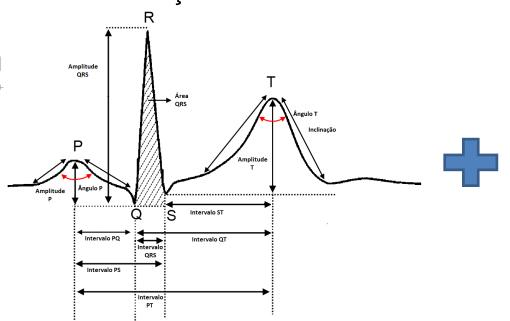
• SELEÇÃO DE **FEATURES COM GA** - CASE I

> Problema: Biometria utilizando batimentos cardíacos:



SELEÇÃO DE **FEATURES COM GA** - CASE I

Extração de Características:



- Características do domino do tempo
- Transformada Discreta Cosseno
- Transformada de Fourier
- Função de Autocorrelação
- Modelo Autoregressivo
- Codificação Linear Preditiva
- Transformada Pulso Ativo
- Representação Linear por partes
- Polinômios de Hermite
- Coecientes Mel-cepstrais
- Transformada Wavelet
 - Métodos de estimativa da Dimensão Fractal
- Decomposição do Modo Empírico

754 características extraídas

• SELEÇÃO DE **FEATURES COM GA** - CASE I

- Conjunto de Dados:
 - > PTB ECG Database;
 - 290 pessoas distintas (logo 290 classes);
 - > 754 características extraídas;
 - A quantidade de gravações por pessoa varia de 2 a 20, aproximadamente 2000 amostras.

• SELEÇÃO DE **FEATURES COM GA** - CASE I

- Resultados:
 - Acurácia de 97,93% no conjunto de teste, redução de 754 características para 31 após o término da execução;
 - Classificador Optimum-Path Forest utilizado na função fitness;
 - Artigo publicado em: https://ieeexplore.ieee.org/document/7966216

OBRIGADO



Copyright © 2022 | Professor Msc. Felipe Teodoro

Todos os direitos reservados. Reprodução ou divulgação total ou parcial deste documento, é expressamente proibido sem consentimento formal, por escrito, do professor/autor.



#