Práctica 3.b: Algoritmos Genéticos para el Problema de la Selección de Características
AGG
AGE

Gustavo Rivas Gervilla DNI: 75570417F
gustavofox92@correo.ugr.es
5º Doble Grado en Ing. Informática y Matemáticas
Grupo 3

Índice

1 Descripción/formulación del problema abordado

Lo que intentamos hacer con nuestros algoritmos es encontrar un conjunto de características de unos datos que nos permitan realizar una clasificación suficientemente buena de nuevos datos que nos lleguen con las mismas características.

Hay un problema muy habitual en la vida real y es la de clasificar una serie de elementos en distintas categorías en función de información sobre ellos, esta tarea puede ser realizada por personas o, lo que es más eficiente, por un ordenador. Para realizar tal clasificación es habitual que se recojan multitud de datos sobre los distintos elementos que se quieren clasificar, de modo que en base a esta información podamos decidir si el elemento es de una categoría o de otra. Pensemos por ejemplo en clasificar fruta en base a si se desecha o no. Podemos pensar en recoger datos sobre el tamaño de esa fruta, su color, su textura o su dureza y en base a estas mediciones una máquina debería clasificar la fruta en buena o mala.

El problema está en que normalmente no se conoce tan bien el campo de estudio como para saber a ciencia cierta qué datos recoger, qué datos serán más relevantes a la hora de clasificar elementos de una determinada población. Entonces lo que se hace es recoger gran cantidad de información sobre los elementos para al menos intentar que no haya carencias en la información, esto por supuesto conlleva tanto el coste de adquirir esa información (no sabemos cómo de caro es realizar una determinada medición) como el coste computacional de procesar toda esa información. Entonces lo que nos gustaría es averiguar qué información, de entre toda la que hemos obtenido, es la verdaderamente relevante para la clasificación que queremos realizar.

Entonces partiendo de un conjunto de datos de aprendizaje, valores de características de distintos elementos, queremos ver con qué subconjunto de características podemos hacer una buena clasificación de esos elementos, así si tenemos que cada dato viene dado por una lista de n características $[f_1, f_2, ..., f_n]$ queremos obtener un subconjunto de esas características, de modo que teniendo sólo la información $[f_{s1}, ..., f_{sm}]$, se haga una buena clasificación del conjunto de datos de aprendizaje, del que conocemos por supuesto la clasificación perfecta de dichos datos. Y esperamos que con esa misma información se clasifiquen lo mejor posible nuevos elementos de fuera de la muestra de aprendizaje.

2 Descripción de la aplicación de los algoritmos empleados al problema

Dado que estamos ante un problema de selección las soluciones se representarán como vectores binarios de booleanos de tamaño el número de características a elegir, indicando si una característica se considera o no, así tendremos claramente un espacio de búsqueda de 2^n, siendo n el número de características a elegir que también lo podemos ver como el tamaño del problema abordado.

Entonces para evaluar como de buena es una determinada solución hacemos lo siguiente:

```
tomamos de cada dato de entrenamiento las caracteristicas seleccionada por la solucion.

for cada dato de entrenamiento:
        clasificador_dato = construir clasificador 3NN con el resto de datos
        ver si clasificador_dato clasifica correctamente a ese dato

return porcentaje de aciertos
```

Nuestros algoritmos irán explorando, según su mecanismo, el espacio de soluciones empleando la función anterior para tomar decisiones sobre qué movimientos se realizan en dicho espacio de búsqueda. Para poder generar las soluciones vecinas a una dada empleamos el operador de Flip, el cual funciona del siguiente modo:

```
def flip(sol, idx):
        cambiar el valor de la pos. idx de la sol por su negado
```

Cuando finalice su proceso de búsqueda los algoritmos nos devolverán la solución que ellos han elegido (junto con el score dentro de la muestra de entrenamiento calculada como hemos dicho antes). Entonces una vez tenemos la solución nos queda por evaluar cómo de bien se clasifican los datos empleando un clasificador 3NN construido sólo con aquellas características seleccionadas por nuestra solución:

```
claficador = construir clasificador con los datos de entrenamiento solo con las
    caracterisiticas seleccionadas por nuestra solucion
return el porcentaje de acierto de este clasificador etiquetando los datos de test de los
     que consideramos solo las caracteristicas seleccionadas por la solucion
```

A cada algoritmo le daremos solamente los datos de entrenamiento separados en características y etiquetas pera que con la estragia de búsqueda que implemente nos devuelva la mejor solución posible para él, luego la evaluación de la solución final la haremos fuera del algoritmo con los datos de test (en la sección 8 explicaremos cómo hemos generado las particiones). Para aquellos algoritmos que empleando algún tipo de aleatoriedad en sus decisiones inicilizaremos la semilla aleatoria antes de la ejecución de dicho algoritmo.

Para generar las soluciones aleatorias lo que hacemos al inicio de cada algoritmo es:

```
p_inicial = vector[30][num_caracteristicas]

for cada p in p_inicial:
        p = vector de num_caracteristicas valores booleanos aleatorios
```

El mecanismo de selección que utilizamos es el de torneo binario que consiste en lo siguiente:

```
for 30 o 2 veces(segun estemos en AGG o AGE):
        padre1 = individuo aleatorio de la poblacion actual
```

```
        padre2 = individuo aleatorio de la poblacion actual
        seleccionamos el mejor entre padre1 y padre2 segun su score
        almacenamos el elegido en un vector de padres elegidos
```

El operador de cruce que emplearemos es el HUX ya que como se dijo en clase funciona mejor que el que se explica en las transparencias y funciona así:

```
def cruce(padre1, padre2):
        creamos dos nuevos individuos hijo1 e hijo2
        copiamos en los hijos aquellos genes que son iguales en ambos padres

        for gen in los genes que difieren en los padres:
                hijo1[gen] = valor booelano aleatorio
                hijo2[gen] = not hijo1[gen]

        return los hijos
```

El operador de mutación es el *flip* que hemos usado para la generación de vecinos, al cuál le damos el individuo a mutar y el gen a cambiar de valor.

3 Descripción en pseudocódigo de los algoritmos

3.1 AGG (AGG.py)

```
padres = poblacion inicial de 30 individuos aleatoria
ordenamos los padres de peor a mejor segun score
n_evals += 30

while n_evals < max_evals:
        #seleccion
        padres_seleccionados = seleccionamos 30 padres por torneo binario (con repeticion
            )

        #cruce
        cruzamos las primeras n_cruces parejas de padres_seleccionados y metemos el
            resultado en hijos

        aniadimos a hijos copias de los padres que no se han cruzado

        n_evals += 2*n_cruces

        #mutacion
        seleccionamos n_mutaciones hijos aleatoriamente para mutar (con repeticion)
        seleccionamos n_mutaciones genes a mutar (con repeticion)

        for cada par (hijo,gen) seleccionado:
                modificamos el gen de ese hijo por su complementario

        n_evals += n_mutaciones

        #remplazamiento
        if mejor_hijo es peor que mejor_padre:
                peor_hijo = mejor_padre

        padres = hijos
        ordenamos padres

return mejor padre de la poblacion actual
```

3.2 AGE (AGE.py)

```
umbral = 2 * n_caracteristicas / 1000 #para mutacion

padres = poblacion inicial de 30 individuos aleatoria
ordenamos los padres de peor a mejor segun score
n_evals += 30

while n_evals < max_evals:
        #seleccion
        padre1 = padre elegido por torneo binario
        padre2 = padre elegido por torneo binario

        #cruce
        hijo1, hijo2 = resultado de cruzar los dos padres

        n_evals += 2
        #mutacion
        if num aleatorio en el [0,1] <= umbral:
                mutamos un gen aleatorio de uno de los dos hijos elegido aleatoriamente
                n_evals++

        #remplazamiento
        if mejor hijo es mejor que el penultimo padre:
                antepenultimo padre = mejor hijo

                if el otro hijo mejor que el peor padre:
                        peor padre = el otro hijo
        elif mejor hijo mejor que peor padre:
                peor padre = mejor hijo

        ordenamos los padres

return mejor padre en la poblacion actual
```

4 Breve descripción del algoritmo de comparación

Para el algoritmo de comparación, SFS, lo que hacemos es lo que vamos a reflejar en el siguiente pseudocódigo, la principal diferencia es que no tenemos la función usual flip sino que hemos hecho una función especial para poder realizar una función vectorizada en Python (aunque no produce ninguna mejora en tiempo a la versión que tendríamos si simplemente tuviésemos un for que recorriese las características que quedan por añadir hasta encontra la de mayor ganancia), esta función crea una nueva solución poniendo a True una componente de la solución que le pasamos y nos da su porcentaje de clasificación, como hacemos en el resto de algoritmos. Dicho esto pasamos al pseudocódigo:

```
sol = un array binario con todo False #conjunto vacio de caracteristicas

while tengamos ganancia and queden caracteristicas por aniadir:
        calcular el score de cada caracteristica por aniadir al agregarla al conjunto
            actual
        tomar la caracteristica que de mejor score en el calculo anterior

        if el score aniadiendola es mejor que el de el conjunto mejor al que habia:
                se agrega dicha caracteristica al conjunto
                quitamos esa caracteristica de el conjunto de caracteristicas por aniadir
        else:
                no tenemos ganancia y acabamos el bucle

return el conjunto de caracteristicas al que hemos llegado
```

5 Procedimiento considerado para desarrollar la práctica

5.1 Desarrollo

El código usado en prácticas lo he implementado yo a partir de las explicaciones dadas tanto en clase de prácticas como de teoría sobre los distintos algoritmos, siendo de mucha utilidad las indicaciones del gruión de práctias y del seminario.

La parte que no ha sido implementada por mí es la correspondiente a la evaluación de las soluciones, es decir, tanto el KNN como los mecanismos de evaluación de las soluciones. Para ello he usado el código desarrollado por **Alejandro García Montoro** el cuál ha implementado tanto el clasificador KNN como los mecanismos para obtener el score de las soluciones dentro (con LOO) y fuera de la muestra con PyCUDA que permite insertar código CUDA en código Python. Con lo cual los tiempos de ejecución bajan considerablemente con respecto a los tiempos de la práctica anterior ya que el cuello de botella de los algoritmos, que es la evaluación de las soluciones con LOO, se ejecuta en la tarjeta gráfica, siendo mucho más rápidos los cálculos.

5.2 Manual de usuario

Los algoritmos han sido implementados en Python 3.5.1 para su ejecución son necesarios tener instalados los módulos compatibles con esta versión de Python siguientes:

- numpy (v 1.8.2) **sudo apt-get install python-numpy**
- scikit **sudo apt-get install python-scikits-learn**
- jinja2
- pycuda
- El resto de módulos empleados suelen venir con las distribuciones básicas de Python (random, sys y time).

Cada uno de los algoritmos están implementados en distintos ficheros de los que podemos ver su contenido en el **LEEME** que se nos pide que incluyamos con el código. Los experimentos han sido ejecutados usando el fichero main al que le pasamos por argumentos el nombre del algoritmo a usar: 3NN, SFS, AGG o AGE. La semilla se establece dentro del fichero al inicio de la ejecución del algoritmo para cada una de las particiones. Esto lo hemos hecho así para poder cortar la obtención de datos cuando sea necesaria y poder retomar los experimento desde la partición por las que nos quedáramos, así no se desajusta la semilla con la que hacemos los experimentos al retomar.

Entonces para ejecutar por ejemplo los experimentos para el AGG lo que haremos es *python mainCUDA.py AGG* y se ejecutará el algoritmo sobre todas las particiones de datos que tenemos.

En el directorio **make_partitions32b** tenemos tanto los archivos arff como los códigos necesarios para elaborar las particiones que serán utilizadas por nuestros algoritmos. Esto no es necesario para ejecutar los programas puesto que en el directorio **partitions32b** tenemos almacenadas todas las particiones construidas. No obstante si se quisiera replicar el procedimiento de desarrollo de particiones lo que haríamos sería: eliminar los archivos con extensión .npy del directorio **make_partitions32b** (para tener seguridad de que no se corrompan dichos archivos), ejecutar el loader con la instrucción **python loader.py**

y a continuación elaborar las particiones con **python partition_maker.py** (dentro de este directorio que es donde se encuentran ambos códigos). Esto generará diversos archivos de extensión .npy con nombres que empiezan por arr, wdbc o libras (según la base) seguida de un número y la palabra test o training.

Estos archivos deberán reemplazar a aquellos que se encuentran en el directorio **partitions32b** y ya podremos ejecutar los algoritmos con dichas particiones desde el main.

6 Experimentos y análisis de resultados

6.1 Descripción de los casos del problema empleados y de los valores de los parámetros

Estás prácticas han sido implementadas en Python 3.5.1 y ejecutadas sobre un ordenador son S.O. Arch Linux, de 12GB de RAM y procesador Intel Core i7 930 2.80GHz y tarjeta gráfica NVIDIA GeForce GTX 780. Este ordenador pertenece a Alejandro Garcia Montoro ya que tuve problemas al intentar usar los drivers oficiales de Nvidia en Ubuntu (necesarios para ejecutar código CUDA) y me ha permitido lanzar mis códigos en su ordenador mediante conexión ssh.

Hemos empleado tres bases de datos distintas, a continuación mencionamos sus tamaños ya pueden ser interesantes para el posterior análisis de resultados:

- **wdbc**: Tenemos **569** muestras con **30** características cada una procedentes de imágenes digitalizadas de una masa de mama. Estas muestras se clasifican en **2** clases distintas.
- **libras**: Aquí tenemos **360** muestras de **90** características cada una, éstas muestras son datos de distintos movimientos de la mano que se clasifican en **15** clases distintas.
- **arritmia**: Los datos de este conjunto son mediciones para determinar la presencia de arritmia cardiaca o no. Tenemos **386** muestras con **278** caracterísitcas cada una, a clasificar en **5** grupos en base al tipo de arritmia que indican los datos de la muestra.

Lo que hemos hecho con los datos ha sido un preprocesado, en primer lugar todos los datos han sido codificados como flotantes (las etiquetas de wdbc eran cadenas de texto y las hemos cambiado por los valores 0 y 1), también hemos puesto la etiqueta en la última columna de la tabla de datos. Es importante señalar que para poder emplear el KNN implementado en pyCUDA que hemos mencionado antes hemos tenido que codificar los distintos datos de las particiones en 32 bits ya que así es como estaba configurado el clasificador y CUDA no hace correctamente el casting de 64b a 32b.

También hemos normalizado cada una de las columnas de datos (sin contar la de etiquetas) de modo que los valores quedaran en el intervalo [0,1] mediantes la fórmula:

$$x_j^N = \frac{x_j - Min_j}{Max_j - Min_j}$$ (siendo Max_j y Min_j el máximo y mínimo valor de los datos para la característica j-ésima de las muestras).

El código empleado para este formateo de los datos está en el fichero **loader.py** que se adjunta en la entrega. Como podemos ver para realizar la normalización de los datos hemos usado una utilidad del módulo scikit-learn antes mencionado que se llama MinMaxScaler. Y para futuros usos de estos datos normalizados, y con el objetivo de no tener que realizar tales operaciones cada ocasión que queramos usarlos, hemos almacenado los arrays de numpy donde hemos almacenado los datos en sendos ficheros con extensión .npy usando la función **numpy.save**. Estos ficheros son: **data_wdbc.npy**, **data_libras.npy** y **data_arrhythmia.npy**.

A continuación hemos elaborado las distintas particiones sobre estos datos que serán utilizadas en los experimentos, para ello hemos elaborado el código recogido en el fichero **partition_maker.npy** donde simplemente tomamos una muestra aleatoria de los índices de los arrays antes generados, teniendo en cuenta que la cantidad de muestras de cada una de las clases en las que se clasifican los datos sea lo

más equilibrida posible entre la partición de test y su correspondiente partición de training. La semilla usada para la generación de dichas particiones, y que podemos ver en el fichero mencionado, ha sido la **12345678**. Nuevamente hemos almacenado cada una de dichas particiones en ficheros .npy, los cuáles están en la carpeta **partitions32b**.

Los parámetros empleados en cada uno de los algoritmos son los que se indican en el guión de prácticas. Para cada una de las ejecuciones de lo algoritmos inicializamos la semilla aleatoria a **12345678** nuevamente, esto lo podemos ver en el fichero **mainCUDA.py**.

6.2 Resultados

Adjuntamos también las tablas en un fichero por si no se leen correctamente en el pdf.

Tabla 1: 3NN

	Wdbc				Movement_Libras				Arrhythmia			
	%_clas_in	%_clas_out	%_red	T	%_clas_in	%_clas_out	%_red	T	%_clas_in	%_clas_out	%_red	T
Partición 1-1	96,14	96,13	0,00	0,00	75,56	76,11	0,00	0,00	65,46	64,06	0,00	0,00
Partición 1-2	96,83	95,79	0,00	0,00	67,78	70,56	0,00	0,00	59,38	62,37	0,00	0,00
Partición 2-1	95,44	96,47	0,00	0,00	70,00	67,78	0,00	0,00	62,89	62,50	0,00	0,00
Partición 2-2	96,13	96,49	0,00	0,00	74,44	72,78	0,00	0,00	63,02	64,43	0,00	0,00
Partición 3-1	93,68	97,18	0,00	0,00	70,56	73,33	0,00	0,00	60,82	65,10	0,00	0,00
Partición 3-2	97,54	95,44	0,00	0,00	70,00	72,22	0,00	0,00	61,98	64,95	0,00	0,00
Partición 4-1	96,14	95,42	0,00	0,00	72,22	72,22	0,00	0,00	60,82	64,58	0,00	0,00
Partición 4-2	98,24	95,44	0,00	0,00	70,00	74,44	0,00	0,00	64,58	62,37	0,00	0,00
Partición 5-1	96,14	95,42	0,00	0,00	71,11	78,33	0,00	0,00	67,01	63,02	0,00	0,00
Partición 5-2	97,89	95,44	0,00	0,00	71,67	73,33	0,00	0,00	63,54	62,37	0,00	0,00
Media	96,42	95,92	0,00	0,00	71,33	73,11	0,00	0,00	62,95	63,58	0,00	0,00

Tabla 2: SFS

	Wdbc				Movement_Libras				Arrhythmia			
	%_clas_in	%_clas_out	%_red	T	%_clas_in	%_clas_out	%_red	T	%_clas_in	%_clas_out	%_red	T
Partición 1-1	95,44	95,42	83,33	0,24	78,89	72,22	90,00	1,04	79,90	68,23	97,12	3,00
Partición 1-2	97,54	92,98	90,00	0,15	74,44	60,00	93,33	0,69	74,48	70,10	98,56	1,51
Partición 2-1	97,19	97,54	86,67	0,20	77,22	66,11	88,89	1,16	84,54	71,35	97,12	3,00
Partición 2-2	97,54	95,79	90,00	0,15	76,11	65,56	91,11	0,92	72,92	69,59	99,28	0,85
Partición 3-1	96,49	95,77	83,33	0,24	78,33	73,89	90,00	1,04	77,32	69,79	97,48	2,62
Partición 3-2	97,89	95,09	86,67	0,20	76,11	75,00	91,11	0,92	85,94	74,23	96,04	4,27
Partición 4-1	95,09	91,55	93,33	0,11	76,11	67,22	91,11	0,92	79,90	67,19	96,04	4,24
Partición 4-2	98,24	94,04	76,67	0,33	70,56	65,56	93,33	0,69	83,33	78,87	96,76	3,41
Partición 5-1	96,84	97,18	86,67	0,20	68,33	62,78	93,33	0,70	84,02	69,79	96,04	4,26
Partición 5-2	98,24	94,04	83,33	0,24	74,44	66,11	92,22	0,81	83,85	73,71	96,04	4,25
Media	97,05	94,94	86,00	0,21	75,05	67,45	91,44	0,89	80,62	71,29	97,05	3,14

Tabla 3: AGG

	Wdbc				Movement_Libras				Arrhythmia			
	%_clas_in	%_clas_out	%_red	T	%_clas_in	%_clas_out	%_red	T	%_clas_in	%_clas_out	%_red	T
Partición 1-1	97,54	96,83	33,33	40,28	80,00	77,78	37,78	50,25	75,77	66,15	21,22	160,57
Partición 1-2	98,24	94,74	40,00	37,62	77,22	70,00	47,78	45,31	74,48	64,95	12,59	219,25
Partición 2-1	98,25	95,77	26,67	41,89	78,33	66,67	38,89	48,90	77,32	60,94	28,06	149,95
Partición 2-2	98,59	95,09	60,00	32,82	81,11	72,22	42,22	48,72	73,96	68,04	22,66	194,06
Partición 3-1	96,84	98,59	33,33	39,79	78,33	71,67	34,44	51,50	73,20	65,10	21,94	158,43
Partición 3-2	98,94	95,09	23,33	42,68	77,22	72,78	36,66	51,00	72,40	63,92	16,55	212,03
Partición 4-1	97,89	96,13	23,33	42,34	79,44	71,11	45,56	46,56	76,29	68,23	29,14	148,91
Partición 4-2	98,94	94,74	33,33	40,28	77,78	74,44	56,67	40,84	74,48	63,40	13,67	213,18
Partición 5-1	98,25	95,07	26,67	40,89	77,78	76,11	46,67	46,05	73,20	66,67	24,82	155,78
Partición 5-2	99,3	95,44	13,33	45,53	80,00	73,89	47,78	46,12	75,00	64,43	29,14	175,24
Media	98,28	95,75	31,33	40,41	78,72	72,67	43,45	47,53	74,61	65,18	21,98	178,74

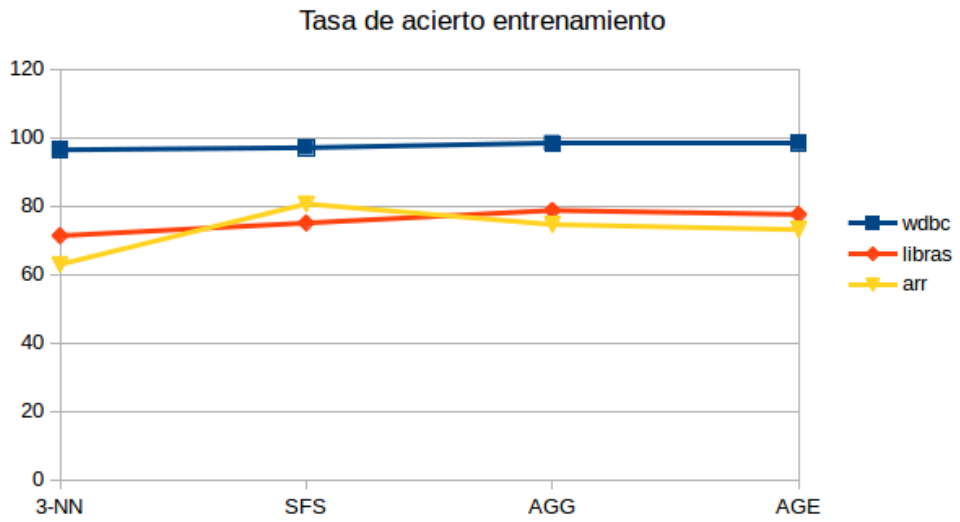
Tabla 4: AGE

	Wdbc				Movement_Libras				Arrhythmia			
	%_clas_in	%_clas_out	%_red	T	%_clas_in	%_clas_out	%_red	T	%_clas_in	%_clas_out	%_red	T
Partición 1-1	97,54	95,77	33,33	40,67	77,78	77,78	47,78	46,70	73,71	65,10	44,24	121,34
Partición 1-2	98,94	95,09	43,33	37,67	71,67	70,00	58,89	40,06	72,40	64,43	45,68	136,04
Partición 2-1	97,89	95,42	36,67	39,50	75,00	72,22	45,56	46,84	73,71	67,71	48,20	114,87
Partición 2-2	97,89	95,09	46,67	36,65	79,44	72,22	44,44	48,10	69,79	69,07	42,81	147,29
Partición 3-1	97,19	98,24	40,00	38,47	79,44	73,89	50,00	44,68	72,68	67,19	50,00	110,92
Partición 3-2	98,94	95,09	43,33	34,62	77,78	72,22	43,33	49,39	71,88	65,98	47,84	131,44
Partición 4-1	98,25	96,48	33,33	40,26	80,00	72,78	51,11	44,61	74,23	68,23	46,76	116,54
Partición 4-2	99,3	95,44	33,33	39,54	77,78	72,78	48,89	45,81	73,96	68,56	50,00	122,93
Partición 5-1	98,6	94,37	50,00	35,63	76,11	80,00	54,44	42,89	75,77	61,98	49,64	111,32
Partición 5-2	99,3	95,44	26,67	42,06	80,56	73,33	47,78	46,40	72,92	64,43	50,36	120,45
Media	98,38	95,64	38,67	38,51	77,56	73,72	49,22	45,55	73,11	66,27	47,55	123,31

Tabla 5: Resultados Totales

	Wdbc				Movement_Libras				Arrhythmia			
	%_clas_in	%_clas_out	%_red	T	%_clas_in	%_clas_out	%_red	T	%_clas_in	%_clas_out	%_red	T
3-NN	96,417	95,922	0	0	71,334	73,11	0	0	62,95	63,575	0	0
SFS	97,05	94,94	86	0,206	75,054	67,445	91,443	0,889	80,62	71,285	97,048	3,141
AGG	98,28	95,75	31,33	40,41	78,72	72,67	43,45	47,53	74,61	65,18	21,98	178,74
AGE	98,384	95,643	38,666	38,507	77,556	73,722	49,222	45,548	73,105	66,268	47,553	123,314

6.3 Análisis de resultados



Como podemos ver la tasa de acierto sobre Wdbc es la más elevada con respecto a las otras bases, además las tasas de acierto de todos lo algoritmos sobre esta base son muy parecidas, esto se debe a que, como dijo el profesor, esta base de datos es muy pequeña, es decir, el espacio de búsqueda es muy pequeño (2^{30}) y hay muy poca tasa de mejora entre una solución y otra.

Las tasas de acierto tanto para arritmia como para libras no difieren más que aproximadamente un 5% para cada algoritmo. Es importante señalar cómo la tasa de acierto de los algoritmos usados en mejor que la tasa que da el 3NN original, es decir, usando todos los datos de la muestra. Con lo cual aquí se pone de manifiesto cómo el hecho de reducir el número de características a considerar no merma la correcta clasificación de los datos, al menos dentro de la muestra, ya veremos qué sucede fuera. De hecho reduciendo el número de características no sólo reducimos el cómputo necesario sino también el posible ruido que pueden tener algunos datos.

Es curioso ver cómo el algoritmo greedy produce los mejores resultados en la base de datos con un espacio de búsqueda mayor, de hecho produce mejores resultados en esa base de datos que en la de libras que tiene un espacio menor (es el único que lo hace), probablemente por la naturaleza de los datos, es decir, cómo de distintas sean las muestras que componen las distintas clases entre sí. En mi opinión el hecho de que el SFS produzca mejores resultados que la mayoría en el espacio de búsqueda más grande se debe a que al fin y al cabo el greedy en cada momento va construyendo la mejor solución que puede mientras que en cambio el resto de métodos depende más de cómo de buena sea la exploración que realicen.

En cambio sí podemos ver cómo para el espacio más reducido de libras (también se ve en wdbc) sí que los algoritmos que hacen una búsqueda más extensa en el terreno, los genéticos, dan resultados mejores que SFS ya que exploran más soluciones y por lo tanto tienen mayor posibilidad de encontrar una mejor.

Si ahora comparamos los dos algoritmos genéticos vemos como el AGG da mejores resultados en libras y en arritmia. En wdbc es el AGE el que obtiene un mejor resultado aunque con una diferencia más pequeña que la que tienen los dos algoritmos en las otras BBDD; ya hemos dicho que esta base de datos es muy pequeña y que hay poca variación de una solución a otra.

Vamos a ver unos datos que pueden ser interesantes para la comparación de ambos algoritmos y que han sido calculados de forma aproximada ya que sí bien para AGE siempre se realiza el mismo número de cruces y mutaciones por iteración y en consecuencia el mismo número de evaluaciones de la función objetivo, en AGE la mutación se da con una cierta probabilidad con lo que las cifras que hemos calculado son aproximadas:

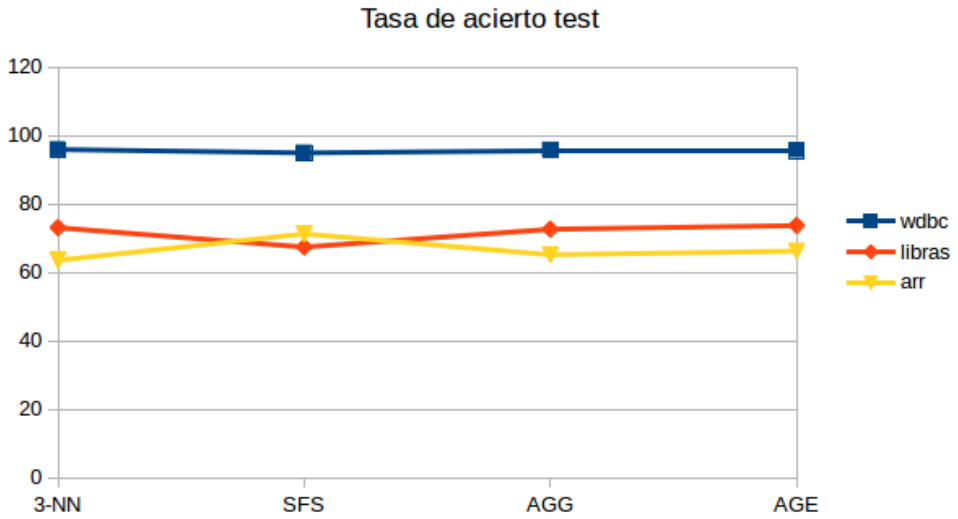
Tabla 6: Datos algoritmos genéticos

	Wdbc					Movement_Libras					Arrhythmia				
	n_iters	cruces/iter	mutaciones/iter	n_cruces	n_mutaciones	n_iters	cruces/iter	mutaciones/iter	n_cruces	n_mutaciones	n_iters	cruces/iter	mutaciones/iter	n_cruces	n_mutaciones
AGG	651	22	1	14322	651	599	22	3	13178	1797	483	22	9	10626	4347
AGE	7267	2	0.06	14534	436	6867	2	0.18	13734	1236	5871	2	0.55	11742	3228

Ambos algoritmos se comportan de un modo muy similar ya que su tasa de acierto no difiera más que un 1% que en el caso de la BBDD con un número mayor de muestras por partición, que es la wdbc, son sólo 3 aciertos más uno que otro con lo cuál no parece que a nivel de acierto dentro de la muestra haya un claro vencedor, al menos para los casos estudiados.

Ahora bien a la luz de los datos recogidos en la tabla anterior sí que podemos hacer un breve análisis del comportamiento de los dos algoritmos: como vemos el número total de cruces es más elevado en el AGE que el AGG, el cuál realiza un mayor número de mutaciones. Pensemos en cómo afecta esto a la diversificación: por el número de características que tenemos tenemos que por cada iteración del algoritmo se realizan como mucho 9 mutaciones que se reparte entre todos los individuos de la población, con lo cual la etapa de mutación introduce realmente poca diversidad en nuestra población.

Ahora bien, cuando estamos en un cruce dependemos mucho de las soluciones que se crucen ya que según compartan más o menos genes estas soluciones "mutarán" más o menos, entonces en un principio la mayor diversificación la dan los cruces, pero en cuanto a comenzamos a realizar remplazamientos por elitismo la población tiende a ser más parecida o al menos eso sería lo normal si hay unas características bastante más informativas que las otras. Con lo cual creo que finalmente son las mutaciones las que aportan mayor capacidad de diversificación a los genéticos y por los datos anteriores es el AGG el que más diversificación presenta. Pero como ya hemos dicho a la luz de los resultados no nos podemos decantar por un algoritmo u otro pues las diferencias pueden deberse simplemente a la componente aleatoria de los algoritmos.



Veamos ahora cómo se comportan los algoritmos con respecto a la clasificación que producen sus características seleccionadas para los datos fuera de la muestra de entrenamiento. Lo primero que señalamos es que en la amplia mayoría de los casos la tasa de acierto es mayor dentro de la muestra que fuera, pero hay algunos casos donde es al revés. Esto se debe a que es probable que haya muestras de entrenamiento de una clase más cercanas a otra muestra pese a no pertenecer a la clase de dicha muestra. Con lo cual se puede dar el caso de que la "votación" sea mala en la muestra y en cambio la muestra fuera la distribución de puntos sea más favorable a una correcta clasificación de los datos. Por lo tanto no tiene que extrañarnos demasiado esto. Quizás si usásemos un 1NN sí que sería más probable que la muestra más cercana a otra perteneciera a la misma clase que ella (decimos la más cercana y no que en el 1NN hubiésemos obtenido una tasa de acierto del 100% dentro de la muestra puesto que usamos para evitar esto el Leave One Out).

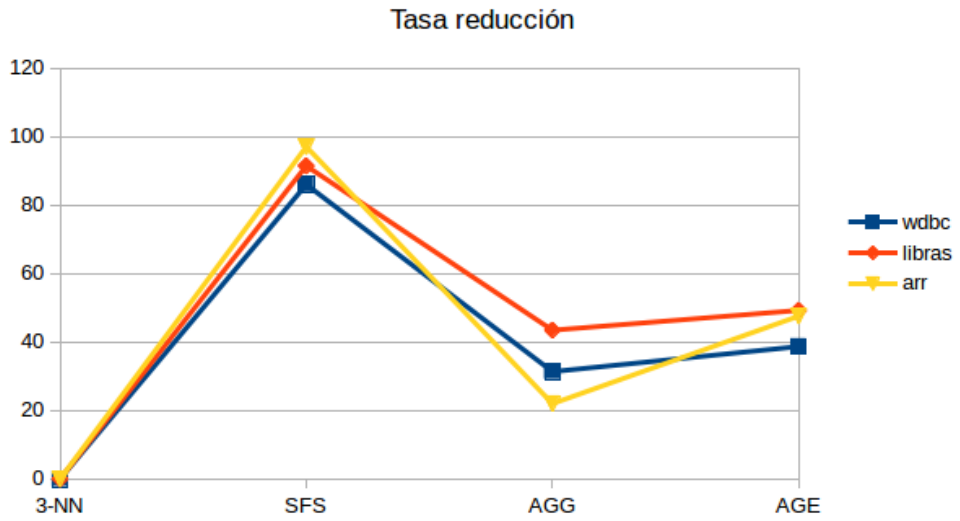
Nuevamente el comportamiento para Wdbc es muy similar para todos los algoritmos, lo que era esperable por el razonamiento que hemos dado antes. Lo que sí podemos ver es cómo en esta ocasión el 3NN está en los primeros puestos para las bases de datos de wdbc y libras además de que hay otros algoritmos que también cambian de posición. Esto nos informa de dos cosas: la primera es del eterno problema que hay en el aprendizaje automático y es la capacidad de generalización, el no poder asegurar que si una solución es buena dentro de la muestra de entrenamiento vaya a ser fuera. En segundo lugar vemos cómo lo algoritmos son fuertemente dependientes de los datos, el ruido o simplemente los datos tomados afectan al rendimiento de las soluciones encontradas.

El hecho de que el 3NN con toda la información no mejore a todos los algoritmos puede venir de que no sólo haya características irrelevantes sino que, como hemos señalado anteriormente, haya datos cuya medición haya sido errónea y que simplemente lo que nos estén haciendo sea empeorar el resultado.

Nuevamente entre los dos algoritmos genéticos tenemos una diferencia mínima de rendimiento, observamos como en el resto de prácticas anteriores que el SFS tiene un mejor comportamiento en la base de datos con un espacio de búsqueda mayor probablemente debido a la dependencia de la exploración que tienen los otros dos algoritmos.

Esperaba encontrar un peor rendimiento del AGE frente al AGG ya que como he dicho tiene menor

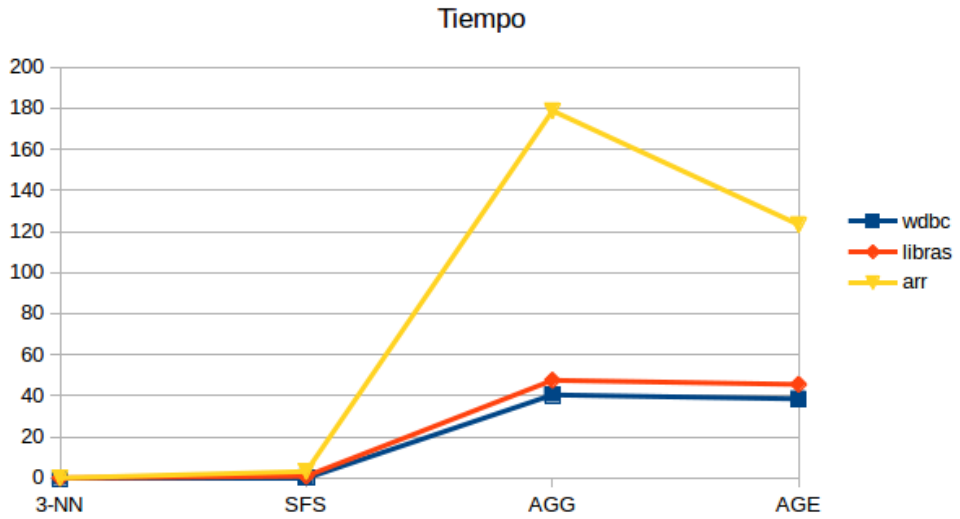
capacidad de diversificación pero justamente ocurre lo contrario, ahora bien la diferencia de rendimientos es mínima así que no puedo sacar ninguna conclusión al respecto.



Evidentemente la tasa de reducción para el 3NN es 0 pues tomamos todas las características al no tener otro criterio. Ahora el que produce mayor reducción es el greedy lo que es lógico por la forma en la que trabaja, agregando progresivamente propiedades hasta no encontrar mejora ninguna.

Lo que observo es que el AGG me ha dado unas tasas de reducción muy bajas sobre todo en arritmia, a priori no hay ninguna razón para ello. El algoritmo parece funcionar correctamente y al fin y al cabo las soluciones que se obtienen son semi-aleatorias. Nosotros no hemos añadido como criterio para la elección de soluciones es su score, no tenemos en cuenta el elegir soluciones con tasas de reducción pequeñas, con lo cuál puede ocurrir cualquier cosa. Aunque realmente sorprende que en este caso se den tasas de reducción tan pequeñas.

AGE también produce unas tasas de reducción bajas pero como hemos dicho no hay ninguna razón concreta para justificar este hecho.



Evidentemente el 3NN tarda 0 segundo puesto que su tiempo de búsqueda de solución es 0 pues simplemente devuelve un solución con todos los valores a True, es decir, escoge todas las características sin tener ningún criterio. Y observamos también que todos los algoritmos si los analizamos individualmente tardan más cuanto mayor es el espacio de búsqueda (ahora el LOO no tiene tanto impacto y con lo cual el número de muestras por partición no resulta tan decisivo como sí ocurría en la primera práctica cuando se tardaba más en libras que en arritmia para algunos algoritmos).

El siguiente algoritmo que menos tarda es el SFS ya que hará en media un menor número de evaluaciones de la función objetivo además de no tener que hacer operaciones adicionales como el cruce o la mutación.

Y ahora veamos los dos algoritmos genéticos que hemos programado: tenemos que en las bases de datos de wdbc y libras se obtienen unos tiempos similares, en cambio en la base de datos de arritmia el AGG tarda en media unos 5o segundos más. Intentemos explicar este hecho, ya que el número de evaluaciones de la función objetivo es el mismo para ambos objetivos y una sola evaluación no influye en el tiempo de ejecución descartamos este hecho como factor diferenciador.

Veamos la cantidad de números aleatorios que generan cada uno de los algoritmos por ejecución:

$n\_aleatorios_{AGG} = 4 * n\_cruces + 2 * n\_mutaciones = 10626 * 4 + 4347 * 2 = 51198$

$n\_aleatorios_{AGE} = 4 * n\_cruces + 2 * n\_mutaciones + random\_para\_mutar\_por\_iteracion = 11742 * 4 + 3228 * 2 + 5871 = 59295$

como podemos ver el AGE genera más número aleatorios con lo que este no es el motivo del mayor tiempo de ejecución del AGG.

Dado que ambos tienen el mismo operador de cruce y mutación el único factor que me parece relevante es la gestión de memoria ya que tenemos que copiar más hijos por iteración, copiar los padres no mutados al vector de hijos y ordenamos tanto los padres como los hijos a lo largo de la iteración, en el AGG estamos ordenando un vector de 30 hijos mientras que en el AGE ordenamos solamente dos hijos. El hecho de que esta diferencia de tiempos sea más acusada en arritmia se deberá a que las soluciones son más grande y

con lo cual moverlas en memoria ha de ser más costoso haciendo esta operación más crítica.

7 Bibliografía

- Documentación del módulo scikit-learn: http://scikit-learn.org/stable/documentation.html
- Documentación de Numpy: http://docs.scipy.org/doc/