



2019-03-21

Nankai-Baidu
Joint Laboratory



Parallel and Distributed
Software Technology Lab





- Matlab Code Bonte's Simplified Fixed Hessian Newton Method.
发现的问题:

Bonte's Fixed Hessian need all entries non-positive.

Bonte's SFH 在基因数据{0, 1}的情况下满足:

$X^T X$ 的每一个元素非负

把 X 归一化到 $[-1, +1]$ 区间的话, 算法有可能出错。

可能的解决办法: **不归一化**, 或者归一化到 $[0, 1]$ 区间。

- Bonte's SFH 求函数极值, Matlab code 显示不正确,
查看理论, 该方法的使用场景受限。

Nankai-Baidu
Joint Laboratory

Parallel and Distributed
Software Technology Lab





- Bonte's SFH 求函数极值, Matlab code 显示不正确, 查看理论, 该方法的使用场景受限。
- Lemma 4 Let $A \in \mathbb{R}^{n \times n}$ be a symmetric matrix with all entries non-positive, and let B be the diagonal matrix with diagonal entries $AB_{k,k} = \sum_{i=1}^n A_{k,i}$ for $k = 1, \dots, n$, then $A \geq B$. where " \geq " denotes the Loewner ordering.
- Next Move: Matlab 或者 Python 继续测试 Bonte's SFH 多项式替代激活函数 测试其他梯度下降法 ...