2.3 Hiper Parametrização por Algoritmo Genético

Em especial, o objetivo da seção é abordar os temas relacionados à implementação do algoritmo genético e a escolha dos parâmetros de seleção. Maiores detalhes sobre a construção e validação de modelos de priori, verossimilhança e naive bayes que também estão compreendidos nas atividades do algoritmo genético serão introduzidos nas seções 2.4 a 2.6.

Algoritmos genéticos são amplamente utilizados na literatura como método para otimização de classificadores. Li & Liu (2019), Khotimah, Miswanto & Suprajitno (2020), Govindarajan (2013), Adnan & Husain (2012) e Ernawati & Yulia (2018) são alguns exemplos de autores que combinam Algoritmo Genético e Naive Bayes como método para otimização de tarefas de classificação.

Neste trabalho foi gerada uma população de 300 classificadores e o comportamento do valor da acurácia e as características genômicas ao longo das gerações foram observadas. Foi definido como genoma para cada um dos indivíduos da população os parâmetros do classificador bayesiano (a serem detalhados nas subseções 2.3.1 a 2.3.5).

A função fitness para um indivíduo é definida como o valor da acurácia ao quadrado de acordo com a função abaixo:

$$fitness(ind_i) = accuracy(ind_i)^2$$
 (1)

No qual ind_i representa um classificador bayesiano candidato. A probabilidade de ind_i ser selecionado para replicação é então definida de acordo com a seguinte expressão:

$$selection \ probability(ind_{i}) = \frac{fitness(ind_{i})}{\sum\limits_{j=0}^{n} fitness \ (ind_{j})}$$
(2)

Com uma taxa constante de mutação em 10%, observamos como a presença dos alelos evoluíram ao longo de 10 gerações de classificadores para os seguintes parâmetros:

Classifier

Descrição do parâmetro: Classifier é um parâmetro categórico que determina qual equação deve ser usada para a classificação dos documentos de patentes.

Se valor do parâmetro classifier igual a 'nb' (naive Bayes), então temos que $p(c \mid d)$ é calculado de acordo com a expressão:

$$p(c \mid d) = p(c \mid ipc) * p(d \mid c)$$
 (3)

No qual $p(c \mid d)$ representa a probabilidade de uma área científica c dado um documento d (a posteriori), $p(c \mid ipc)$ é a probabilidade de área científica c dado código IPC (a priori) e $p(d \mid c)$ é a probabilidade de um documento dado uma área científica (verossimilhança).

Se classifier igual a priori, temos que $p(c \mid d)$ é calculado de acordo com a expressão:

$$p(c \mid d) \approx p(c \mid ipc)$$
 (4)

Nesse caso, a equação 1 é simplificada e o produto entre a priori e verossimilhança para cálculo da a posteriori é aproximado ao cálculo da a priori.

Se classifier igual a likelihood, então temos que $p(c \mid d)$ é calculado de acordo com a expressão:

$$p(c \mid d) \approx p(d \mid c) \tag{5}$$

Nesse caso, a equação 1 foi simplificada e o produto entre a priori e verossimilhança para cálculo da a posteriori foi aproximado ao cálculo da verossimilhança.

Justificativa para o parâmetro: modelos ensemble em aprendizado de máquina, na medida que harmonizam os resultados de uma classificação, tendem a apresentarem resultados superiores aos resultados obtidos pelos classificadores isoladamente Zhang & Ma (2012). O parâmetro classifier visa constatar se a multiplicação entre a priori e a verossimilhança é superior à inferência quando considerada somente o valor da priori ou somente o valor da verossimilhança como resultado da classificação.

A figura abaixo representa a evolução da presença do parâmetro classifier ao longo das gerações:

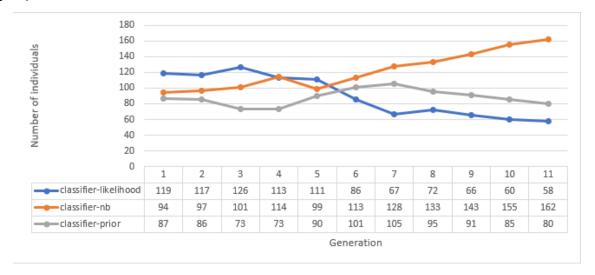


Figura 3: Evolução da presença do parâmetro classifier ao longo das gerações.

Observe na Figura 3 através da curva em laranja que, se comparado aos classificadores a priori e likelihood isoladamente, o classificador naive bayes se tornou predominante na população de classificadores ao longo das gerações, o que nos revela a tendência de que os classifier Naive Bayes são melhores ajustados para a tarefa de classificação. O valor de classifier para o melhor indivíduo encontrado na população foi nb, considerado como melhor valor para o parâmetro.

IPC Digits

O código IPC (https://www.wipo.int/classifications/ipc/en/) é um identificador numérico para uma área tecnológica. Para este estudo, consideramos dividir os códigos IPCs nos primeiros 1 dígito (classificação mais generalizada), 2 dígitos e 4 dígitos (classificação mais especializada).

A probabilidade a priori $p(c \mid ipc)$ é definida como a probabilidade de uma patente pertencer a uma área científica dado uma subdivisão do código ipc. O parâmetro IPC Digits determina em quantos dígitos é necessário subdividir o código IPC para o cálculo da tabela a priori.

Justificativa para o parâmetro: na medida que o código ipc é subdividido, a classificação tecnológica de uma patente é mais especializada. O objetivo do parâmetro IPC Digits é

encontrar em qual especialização do código IPC o classificador a priori é mais discriminante para classificar a área científica de uma patente.

A figura abaixo representa a evolução da presença do parâmetro IPC Digits ao longo das gerações:

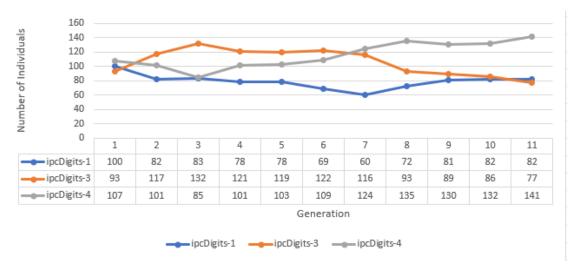


Figura 4: Evolução da presença do parâmetro IPC Digits ao longo das gerações.

Observe pela curva em cinza que a subdivisão do código IPC nos 4 dígitos tornou-se alelo predominante na população ao longo das gerações. O valor de IPC Digits para o melhor indivíduo encontrado na população foi de 4, considerado como melhor valor para o parâmetro.

Likelihood Amplification

O parâmetro likelihood amplification (la) é uma constante que eleva o valor da verossimilhança na inferência por método bayesiano tal que:

$$p(c \mid d) = p(d \mid c)^{la} * p(c \mid ipc)$$
 (6)

No qual $p(c \mid d)$ representa a probabilidade de uma área científica c dado um documento (a posteriori), $p(c \mid ipc)$ é a probabilidade de área científica c dado código IPC (a priori) e $p(d \mid c)$ é a probabilidade de um documento dado uma área científica (verossimilhança) e la é o parâmetro likelihood amplification.

Justificativa para o parâmetro: A probabilidade de um documento 'd' pertencer a uma área científica 'c' é calculada de acordo com inferência bayesiana apresentada na equação 3 do parâmetro classifier. Mas suponha que o valor de $p(c \mid ipc)$ é muito alto para uma área científica c. Para que o classificador bayesiano seja capaz de inferir corretamente uma instância não pertencente a classe científica c, é necessário que o valor da verossimilhança $p(d \mid c)$ seja suficientemente grande para inverter a suposição a priori. O parâmetro 'la' é um expoente que ajusta o peso da verossimilhança na classificação.

A figura abaixo representa a evolução da presença do parâmetro likelihood amplification ao longo das gerações:



Figura 5: Evolução da presença do parâmetro Likelihood Amplification ao longo das gerações.

Observe na curva em azul presente na figura 5, que para o gene likelihood amplification, encontramos que os melhores valores encontrados tendem para números inferiores a 1. O valor de la para o melhor indivíduo encontrado na população foi de 0.4 considerado como valor para o constante.

Corte dos tokens

Na literatura de NPL o termo token é utilizado para definir uma fração de uma palavra ou texto numa divisão dos termos em sequências de palavras ou n-gramas. O parâmetro corte

dos tokens é uma constante que define o limite inferior que um token deve atingir na expressão abaixo para ser considerado durante a seleção das melhores features do classificador verossimilhança:

getWeight (token
$$p$$
, c) $\geq (\sum_{i=0}^{n} \text{getWeight (token } p, c_i)) / \text{ct}$ (7)

No qual a função getWeight (token p, c) retorna o peso de um token p em uma área da ciência c, e ct representa a constante de corte dos tokens. Se o peso de um token em uma área científica c for maior que a somatória dos pesos desse mesmo token nas outras áreas científicas dividido por uma constante ct, o token torna-se uma feature do modelo. Caso contrário, ele é descartado.

O algoritmo 1 mostra a implementação em pseudocódigo da função de seleção de features chamada *selectFectures* que recebe como entrada o abstract de uma patente (Patent Abstract), uma lista de áreas da ciência e uma matriz que diz qual o peso de um token dado uma área da ciência (n-grams) de 3 colunas (Área da ciência, token e peso do token na área da ciência).

Algoritmo 1: Seleção das melhores features de um abstract de patente

```
\begin{aligned} \textbf{function } \textit{selectFeatures} \text{ (patent-abstract, Glänzel classification, n-grams) } \textbf{returns} \text{ features} \\ & \text{tokens} \leftarrow \text{tokenizer(patent-abstract)} \\ & \textbf{for each science field } (fi) \textbf{ in } \text{ Glänzel classification} \\ & \textbf{for each token } (p_n) \textbf{in tokens} \\ & \textbf{if (getWeight (token } p_n, \text{ science field)}) \geq \\ & (\sum_{i=0}^n \text{getWeight (token } p_n, \text{ science field i))/ct)} \\ & \textbf{then features} \leftarrow \text{token } p_n \end{aligned}
```

Justificativa para o parâmetro: a seleção das melhores features para tarefas de classificação é amplamente utilizada em aprendizado de máquina (Manning, Raghavan & Schütze, 2008). O objetivo é remover tokens pouco discriminantes, como stopwords, da equação de classificação. Quanto menor for o valor de corte dos tokens, maior o número de palavras consideradas para a computação da verossimilhança. Por outro lado, quanto maior for o corte dos tokens, apenas jargões ou tokens que representem expressões técnicas serão

consideradas. O objetivo é encontrar um valor de corte que não seja tão restritivo a ponto de excluir todos os tokens da equação, mas que também não seja tão abrangente a ponto de permitir a computação de todos os tokens observados.

Não houve convergência de um único valor para a constante de corte dos tokens na população. O valor de corte dos tokens para o melhor indivíduo encontrado na população foi de 3.0 considerado como melhor parâmetro.

Alisamento das Classes

Alisamento das classes é um parâmetro booleano que indica se inferências com frequência 0 devem receber uma constante maior que 0 para evitar que seja impossível inferir elementos dessa classe no cálculo de probabilidade a posteriori.

Retome a equação (3): $p(c \mid d) = p(c \mid ipc) * p(d \mid c)$.

Se $p(c \mid ipc) = 0$ ou $p(d \mid c) = 0$, o valor $p(c \mid d)$ será 0 independentemente do valor de $p(d \mid c)$ ou $p(c \mid ipc)$.

Justificativa para o parâmetro: Para atributos que não ocorram dada uma classe científica, a equação a posteriori atribui o valor de zero. Na literatura são recomendados diversos métodos de smoothing entre eles o de Laplace Peng, F., Schuurmans, D., & Wang, S. (2004) que foi utilizado neste trabalho como hiperparâmetro. Um processo complementar consiste no incremento da amostra com a finalidade de evitar ou diminuir o número de classes com frequência zero. Este procedimento segue os resultados mostrados em Dominique & Van Pottelsberghe de la Potterie(2002).

A figura abaixo representa a evolução da presença do parâmetro alisamento das classes ao longo das gerações:

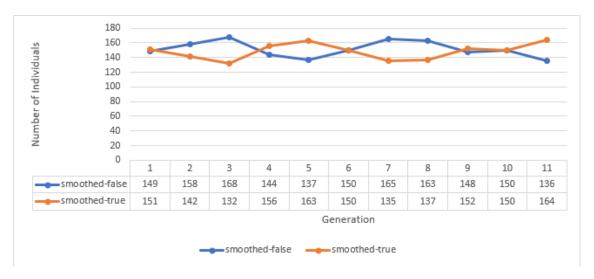


Figura 6: Evolução da presença do parâmetro Alisamento das Classes ao longo das gerações.

A presença dos genes de alisamento das classes flutuou ao longo das gerações. Isso ocorre, pois o alisamento das classes de frequência zero não exerceu influência no valor da acurácia dos indivíduos. Por conta da metodologia de anotação automática de patentes que permite um grande volume da amostra de treino, as chances de haver classes não observadas na amostra de treino é minimizada. O indivíduo de melhor fitness variou para o valor de alisamento das classes.