K-Nearest Neighbors(K 近邻算法)

KNN 是一种无参分类器(non-parametric classifier) 对于每一个新需要分类的数据点,执行一下几步操作:

- 选择最接近待分类点中的 K 个已经分类的点, 用 Euclidean distance() 集合距离作为评判标准
- · 在 K 个点中数每一个类型中在这 K 个点的占有数量
- 新的分类点属于这 K 个点中最多的类型

由于K的不同取值、结果可能有所不同

- 选取较小的 K 值会导致决策边界不稳定
- · 较大的 K 值更适合分类, 因为它可以平滑决策边界
- 可以做一个错误率与 K 值相关的图像, 来选择合适的 K 值

其他计算距离的算法

- Manhattan Distance: $d(x,y) = \sum_{i=1}^{n} |x_i y_i|$
- Hamming Distance:找不同相加,如果 x_i 和 y_i 不相同,距离就加 1,否则 m 0,是一种算分类变量之间距离的办法(分类的 coding 没有实际距离含义)
- Minkowski Distance: 曼哈顿距离的扩展 $D(x,y)=\left(\sum_{i=1}^n |x_i-y_i|^p\right)^{\frac{1}{p}}\!\!,\!\lim_{p\to\infty}$

SVM(Support Vector Machine, 支持向量机)

是一种用于回归和分类的线性模型,产生分割数据的线或者超平面,最基本的 SVM 是为了找到 把数据分割成两个类型的线.

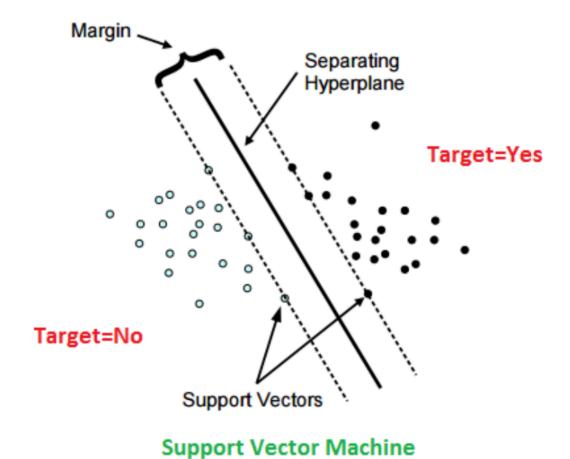


Figure 1: 超平面(hyperplane),余量(margin)的概念
Support Vector 是最接近超平面的数据点, 也是定义了 margin 的数据

Support Vector 是最接近超半面的数据点, 也是定义了 margin 的数据点, 在 SVM 算法 中, 要尽量最大化 margin

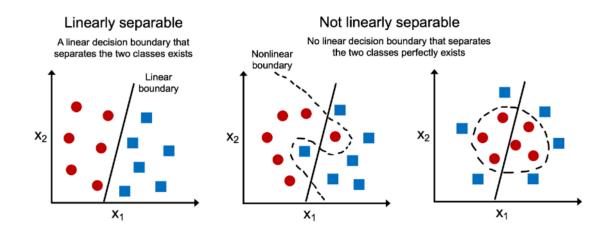


Figure 2: 不一定是能够很好的用直线分割

SVM 可以分为:

- · 线性可分割 SVM
- 非线性 SVM

线性 SVM (见 svm.md)

关键:最大化余量(只用关注 SVM)

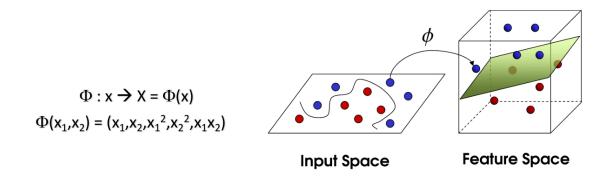


Figure 3: 对于非线性情况,可以想办法映射成线性的特征,常常会增加 维度之类的,这样可以找到可以分割的超平面

Kernel function

$$K(\boldsymbol{x}, \boldsymbol{y}) = \Phi(x) \cdot \Phi(y)$$

x,y:n 维度输入

Φ:把 n 维输入映射到m维度的函数 $(m \gg n)$

·代表向量点乘

但直接映射之后再计算内积可能计算量特别大,要用"Kernel-trick",可以避免显式的映射.

Polynomial:
$$K(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = (\mathbf{x}.\mathbf{y} + 1)^p$$

Gaussian radial basis function: $K(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = e^{-\|\mathbf{x} - \mathbf{y}\|^2/2\sigma^2}$

Neural net: $K(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = \tanh(k \mathbf{x}.\mathbf{y} - \delta)$

Figure 4: 常用的用于特征提取的核

多类型(Multi-class)SVM

要把多分类问题分解成多个二分类问题

Multi-class classification

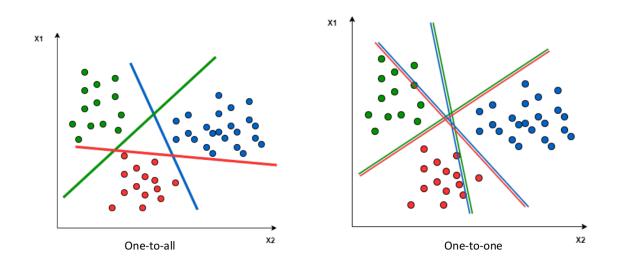


Figure 5: 一遍要吗划分一种类型和其他类型的整体分解,要吗两两划分组合

Decision Tree(决策树)

- 非叶结点(internal nodes)代表数据集的一种特征
- 分支(branches)代表决定规则(decision rules)
- 叶节点(leaf nodes) 代表输出结果(outcome)

Pruning:剪枝,移除不想要的部分

Decision Principle

• 建树用的是(CART, Classification and Regression Tree algorithm)

算法过程

asm.md

ASM 算法

怎么选择用于建立下一个子节点的最佳属性呢?

• Information Gain:信息增益是衡量数据集在根据某个属性进行划分后熵的变化量。它表示一个属性为分类提供了多少信息,信息增益越大,说明这个属性越适合用来划分数据集,

决策树算法总是优先选择信息增益最大的属性作为分裂节点.

 $IG = 原始数据的熵 - \sum$ 基于这个划分后个子集样本的加权平均熵

 $E(s) = -P(yes) \log_2 P(yes) - P(no) \log_2 P(no)$ 交叉熵,P 是指占据的比例

• Gini Index: 倾向于选择基尼系数低的特征(类型更加集中).

$$GI = 1 - \sum_{j} P_j^2$$

 P_i :类别j的样本比例

选择根据这个属性分裂后,各个子树加权求和最小的结果,把这个结果作为分裂节点.