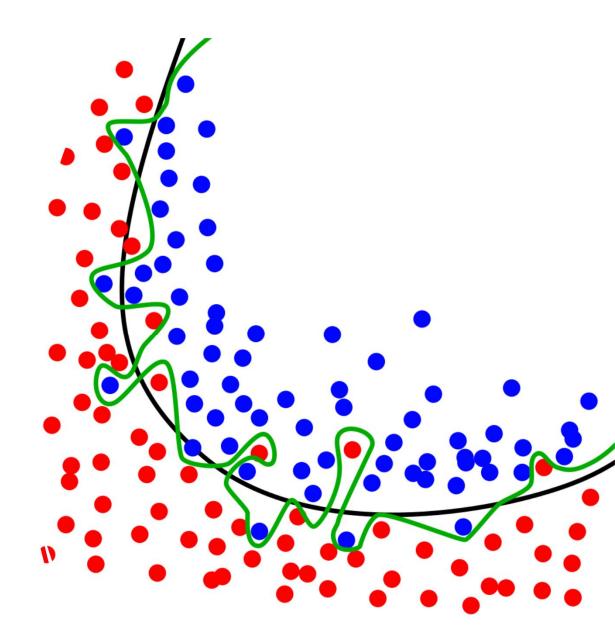
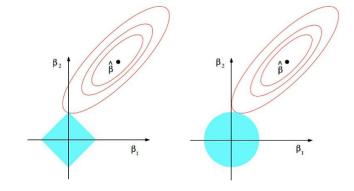
Regularização

- Técnicas para minimizar Super Ajuste em ML
- Técnicas Específicas para RNA/DL



Regularização

- Prevenir overfitting em ML em geral
- Um "termo" de regularização é adicionado à medida que os pesos são aprendidos
- O termo L1 é a soma dos pesos
- O termo L2 é a soma do quadrado dos pesos



Xiaoli C. [CC BY-SA 4.0 (https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0)]





Qual é a diferença?

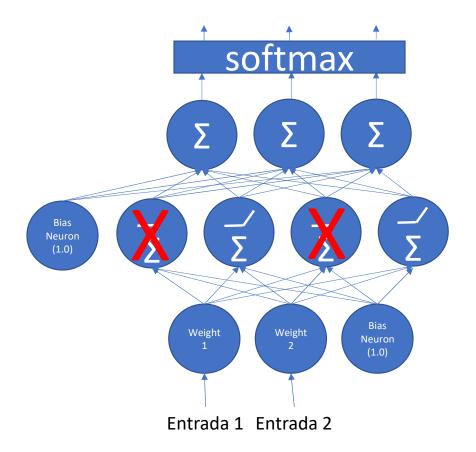
- L1: soma dos pesos
 - Executa a seleção de atributos atributos inteiros vão para 0
 - Computacionalmente ineficiente
 - Saída esparsa
- L2: soma do quadrado dos pesos
 - Todos os atributos permanecem, são apenas ponderados
 - Computacionalmente eficiente
 - Saída densa

Por que você iria usar L1?

- A seleção de atributos pode reduzir a dimensionalidade
 - De 100 atributos, talvez apenas 10 acabem com coeficientes diferentes de zero!
 - A dispersão resultante pode compensar sua ineficiência computacional
- Mas, se você acha que todos os seus recursos são importantes, L2 é provavelmente uma escolha melhor.

Dropout

- Remove aleatoriamente neurônios e suas conexões
- Normalmente tem uma performance melhor, pois funciona como se fossem vários modelos
- É um hiper parâmetro







Early stopping

```
Train on 768 samples
Epoch 1/150
Epoch 2/150
Epoch 3/150
Epoch 4/150
Epoch 5/150
Epoch 6/150
Epoch 7/150
Epoch 8/150
Epoch 9/150
Epoch 10/150
```





Data Augmentation

- Gerar mais dados de treino
- Aplicados especialmente com imagens:
 - Girar
 - Inverter
 - Alterar tamanho



