

Greedy-Hill Climber e Aprendizagem de BNC's

Ana Matoso 89787

Mª Catarina Carreira 89824

Mariana Henrique 89830

Implementação

As classes apresentadas abaixo implementam a interface Serializable.

Amostrad: A classe Amostrad foi implementada como uma lista ligada de nós que representam cada paciente. Esta classe contém funções que são pedidas no enunciado do projeto (add, length, element, domain, count). No entanto, para além destas, definimos ainda algumas funções auxiliares, como a função paciente que corresponde à inicialização de um paciente com os seus respetivos parâmetros e a função countp que recebe um paciente, um vetor de variáveis e um vetor de valores e nos permite obter o número de ocorrências desses valores para essas variáveis percorrendo todos os pacientes da amostra.

Grafo: Na classe Grafo, tal como na Amostrad, foram definidas as funções pedidas no enunciado (*Grafo, addEdge, removeEdge, invertedge, connected, parents, MDL, MDLdelta*). Considerámos ainda pertinente, definir as seguintes funções auxiliares: *distlist* (retorna as várias combinações possíveis com os domínios do input), *infomut* (definida usando a definição de informação mútua condicional), theta (retorna o número de elementos que existem no atributo teta), *EdgeList* (retorna a lista de arestas de um grafo) e *edgeQ* (permite-nos saber se existe uma aresta entre dois vértices). **Nota**: Relativamente à primeira entrega, realizamos uma alteração na função *addEdge*, retirando o "Throws Exception" que aparecia quando se formava um grafo cíclico. Assim sendo, quando se verifica que o grafo é cíclico, não é feita uma exception e o grafo mantém-se inalterado.

GrafoOti: A classe GrafoOti é uma extensão da classe Grafo, sendo uma das alterações realizadas relativamente à 1ª entrega. Nesta classe estão definidas funções como *infomutlist* (que retorna a lista das informações mútuas), *MDLdelta1*, *MDL1*, que são versões otimizadas das funções *MDLdelta* e *MDL*, definidas na classe Grafo. Esta otimização, permite-nos diminuir o número de vezes que a informação mútua de cada variável é calculada. Para além destas, definiu-se ainda a *copygraph* (faz uma cópia do grafo) e a *aprende* (utilizada para a implementação do algoritmo de Greedy-Hill Climber).

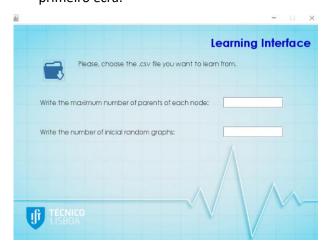
BN: Na classe BN (Redes Bayesianas) foram definidas, mais uma vez, as funções pedidas no enunciado, ou seja, a função *BN* e a função *prob*. Foram ainda definidas funções com o intuito de auxiliar a função *prob* no cálculo da probabilidade de um vetor: *posdistlist* (retorna a posição

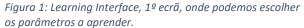


na distlist de cada valor), *probcancro* (calcula o valor da probabilidade de um paciente ter uma determinada doença) e a *distlist*, anteriormente definida na classe Grafo.

Interfaces

A Learning Interface recebe um ficheiro .csv que contém a amostra e aprende uma rede de Bayes usando o algoritmo de Greedy-Hill Clymber. O processo de aprendizagem é realizado recorrendo às amostras fornecidas pelos docentes. Para verificar o funcionamento do processo de aprendizagem, retirou-se um conjunto de dados das amostras fornecidas. Esta aplicação é composta por dois ecrãs. O primeiro (Figura 1) permite-nos escolher um ficheiro carregando no botão em forma de pasta no canto superior esquerdo e introduzir o número máximo de pais de cada nó e o número inicial de grafos aleatórios. Assim que selecionamos o ficheiro, aparece um botão "LEARN" que nos permite realizar o processo de aprendizagem com os dados escolhidos. O segundo ecrã (Figura 2) permite-nos receber a informação de que o processo de aprendizagem foi concluído e, posteriormente, gravar a Rede de Bayes aprendida ou cancelar, retornando ao primeiro ecrã.





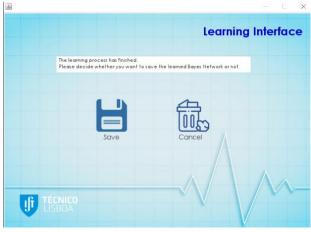


Figura 2: Learning Interface, 2º ecrã, onde podemos escolher gravar a Rede de Bayes aprendida, ou cancelar a aprendizagem.

Nota: Para ser possível guardar o ficheiro da rede de Bayes aprendida obtido com a amostra da thyroid é necessário abrir a interface 'Ll' pela command line com a seguinte instrução: Java - Xss5m -jar filepath.jar

A **Medical Interface** é constituída por 3 ecrãs e tem como objetivo calcular a probabilidade que um paciente tem, dado determinados parâmetros medidos, de ter uma determinada doença. O primeiro ecrã, na Figura 3, permite-nos escolher e ler a Rede de Bayes aprendida na Learning Interface. Carregando na seta do lado direito, passamos para o segundo ecrã (Figura 4), onde podemos escrever os parâmetros do paciente em análise.



Nota: Para facilitar a utilização por parte de um médico, este não tem de fazer o upload da rede aprendida, apenas escolher a doença que quer prever. No entanto, para que tudo funcione, o utilizador da Learning Interface tem de guardar a Rede de Bayes aprendida na pasta onde se encontra a aplicação e com o nome do ficheiro excel respetivo sem a extensão .csv.

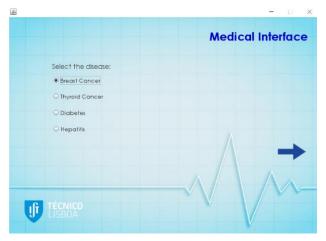


Figura 3: Medical Interface, 1º ecrã, onde podemos escolher a doença que queremos testar.

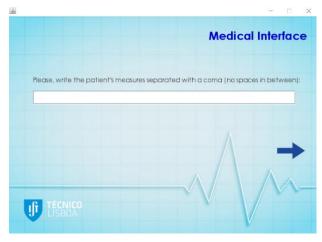


Figura 4: Medical Interface, 2º ecrã, onde se pode inserir os parâmetros do paciente em análise.

Procedendo de igual forma, passamos para o último ecrã (Figura 5) onde podemos observar o diagnóstico do paciente em análise. É de notar que apresentamos a probabilidade de o indivíduo ter a doença escolhida no primeiro ecrã, e fazemos referência ao facto de probabilidades próximas de 50% serem inconclusivas.



Figura 5: Medical Interface, 3º ecrã, onde podemos observar o diagnóstico do paciente.

Comentários

É importante referir que dentro do código realizámos prints dos sucessivos MDLs e em todas as amostras verificou-se que o MDL tende para um determinado valor. Por este motivo, achamos que a partir de um determinado número de grafos se torna insignificante aumentar o número dos mesmos. Para além disso, utilizamos o método Leave one out para testar a eficácia do algoritmo para 25% da amostra de "diabetes", concluindo que o diagnóstico estava correto em cerca de 80% das vezes.