



Pós-Graduação em Ciência da Computação

# “SOM para dados relacionais baseados em múltiplas tabelas de dissimilaridade”

Por

**Anderson Berg dos Santos Dantas**

Dissertação de Mestrado



Universidade Federal de Pernambuco  
posgraduacao@cin.ufpe.br  
[www.cin.ufpe.br/~posgraduacao](http://www.cin.ufpe.br/~posgraduacao)

RECIFE, 2012



Universidade Federal de Pernambuco  
Centro de Informática  
Pós-graduação em Ciência da Computação

Anderson Berg dos Santos Dantas

## **“SOM para dados relacionais baseados em múltiplas tabelas de dissimilaridade”**

*Trabalho apresentado ao Programa de Pós-graduação em  
Ciência da Computação do Centro de Informática da Univer-  
sidade Federal de Pernambuco como requisito parcial para  
obtenção do grau de Mestre em Ciência da Computação.*

Orientador: *Francisco de Assis Tenório de Carvalho*

RECIFE, 2012



# Agradecimentos

...

# Resumo

# Abstract

# Sumário

|                                                                                      |             |
|--------------------------------------------------------------------------------------|-------------|
| <b>Lista de Figuras</b>                                                              | <b>viii</b> |
| <b>Lista de Tabelas</b>                                                              | <b>ix</b>   |
| <b>1 Mapas auto-organizáveis</b>                                                     | <b>1</b>    |
| <b>2 SOM para dados relacionais baseados em múltiplas tabelas de dissimilaridade</b> | <b>2</b>    |
| 2.1 O algoritmo . . . . .                                                            | 2           |
| 2.1.1 Etapa de representação: determinação dos melhores protótipos .                 | 4           |
| 2.1.2 Etapa de ponderação: definição dos melhores vetores de pesos .                 | 4           |
| 2.1.3 Etapa de afetação: definição da melhor partição . . . . .                      | 5           |
| 2.1.4 O algoritmo . . . . .                                                          | 6           |
| <b>3 Resultados</b>                                                                  | <b>8</b>    |
| 3.1 Base de dados Íris . . . . .                                                     | 8           |
| 3.2 Base de dados E.coli . . . . .                                                   | 9           |
| 3.3 Base de dados Thyroid . . . . .                                                  | 9           |
| 3.4 Base de dados Wine . . . . .                                                     | 9           |

# Lista de Figuras



# Lista de Tabelas

|      |                                                                                                                                      |    |
|------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----|
| 3.1  | Base de dados Íris: índices $CR$ , $F - measure$ , e $OERC$ . . . . .                                                                | 8  |
| 3.2  | Base Íris: Matrizes relevantes ( $T_{max} = 16$ ) . . . . .                                                                          | 8  |
| 3.3  | Base Íris: matriz de confusão do algoritmo AB-SOM para múltiplas tabelas de dissimilaridade ( $T_{max} = 6$ ) . . . . .              | 9  |
| 3.4  | Base Íris: Matriz de pesos final do algoritmo AB-SOM para múltiplas tabelas de dissimilaridade ( $T_{max} = 6$ ) . . . . .           | 10 |
| 3.5  | Base E.coli: índices $CR$ , $F - measure$ , e $OERC$ . . . . .                                                                       | 10 |
| 3.6  | Base E.coli: Matrizes relevantes ( $T_{max} = 4$ ) . . . . .                                                                         | 11 |
| 3.7  | Base E.coli: matriz de confusão do algoritmo AB-SOM global para múltiplas tabelas de dissimilaridade ( $T_{max} = 10$ ) . . . . .    | 11 |
| 3.8  | Base E.coli: Matriz de pesos final do algoritmo AB-SOM global para múltiplas tabelas de dissimilaridade ( $T_{max} = 10$ ) . . . . . | 11 |
| 3.9  | Base de dados Thyroid: índices $CR$ , $F - measure$ e $OERC$ . . . . .                                                               | 12 |
| 3.10 | Base de dados Thyroid: Matrizes ( $T_{max} = 4$ ) . . . . .                                                                          | 12 |
| 3.11 | Base de dados Wine: índices $CR$ , $F - measure$ e $OERC$ . . . . .                                                                  | 12 |
| 3.12 | Base de dados Wine: Matrizes relevantes $T_{max} = 4$ . . . . .                                                                      | 13 |

# Mapas auto-organizáveis

Os mapas auto-organizáveis fazem parte do grupo de modelos de aprendizado não-supervisionado. O objetivo destes modelos é encontrar uma estrutura lógica entre os dados fornecidos. Não existe uma resposta esperada nem uma ação determinada que deva ser realizada. Mapas auto-organizáveis foram introduzidos por T. Kohonen em 1981. Os primeiros modelos foram projetados para tratar dados de grandes dimensões. Para realizar esse processamento, a metodologia de visualização topológica é projetada para particionar os dados em agrupamentos (*clusters*) que exibem alguma similaridade.

A característica mais importante dos mapas auto-organizáveis é a possibilidade de comparar agrupamentos. Cada observação é afetada a um agrupamento e cada agrupamento é projetado em um nó do mapa. Observações semelhantes são projetadas no mesmo nó. A dissimilaridade entre as observações projetadas aumenta com a distância que separa os nós.

Classificadores não-supervisionados e mapas auto-organizáveis são classes de métodos que buscam agrupar dados semelhantes. A maioria das aplicações que usam mapas auto-organizáveis são classificadores.

Kohonen projetou um algoritmo auto-organizável que projeta dados em grandes dimensionalidades em um espaço discreto de baixa dimensionalidade. Este espaço é composto de um grafo não-orientado que tem, geralmente 1, 2 ou 3 dimensões, este grafo é denominado mapa. O mapa é formado por neurônios interconectados, as conexões entre os neurônios são as arestas do grafo. A estrutura de grafo permite a definição de uma distância inteira  $\delta$  no conjunto  $C$  de neurônios. Para cada par de neurônios  $(c, r)$  do mapa,  $\delta(c, r)$  é o tamanho do caminho mais curto em  $C$  entre  $c$  e  $r$ . Para qualquer neurônio  $c$ , a distância permite a definição da vizinhança de  $c$  de ordem  $d$ ,

$$V_c(d) = \{r \in C, \delta(c, r) \leq d\}. \quad (1.1)$$

# 2

## SOM para dados relacionais baseados em múltiplas tabelas de dissimilaridade

### 2.1 Introdução

Neste capítulo introduzimos um mapa auto-organizável por lote para dados relacionais baseados em múltiplas matrizes de dissimilaridade. O objetivo do modelo apresentado é mapear objetos levando em conta suas descrições relacionais dadas por múltiplas matrizes de dissimilaridade. O modelo aqui proposto é um algoritmo iterativo composto por três etapas, são elas: representação, ponderação e afetação. É importante notar que por ser um algoritmo por lote, todo o conjunto de dados é apresentado ao mapa antes que quaisquer alterações sejam realizadas.

O algoritmo SOM por lote para dados relacionais baseados em múltiplas tabelas de dissimilaridade deriva do SOM original por lote (REFERÊNCIA) e do algoritmo de agrupamento para dados relacionais (REFERÊNCIA). Esta abordagem utiliza diferentes pesos para as matrizes de dissimilaridade, com o objetivo de ponderar a relevância de cada matriz na formação dos agrupamentos. Os pesos mudam a cada iteração do algoritmo, portanto não são definidos absolutamente, além disso, são diferentes de um agrupamento para outro. O cálculo dos vetores de pesos neste algoritmo foi inspirado pela abordagem utilizada para calcular pesos para cada variável em cada agrupamento no algoritmo de agrupamento dinâmico baseado em distâncias adaptativas (REFERÊNCIA).

## 2.2 O algoritmo

Seja  $E = \{e_1, \dots, e_n\}$  o conjunto de  $n$  objetos e  $p$  matrizes de dissimilaridade  $\mathbf{D}_j = [d_j(e_i, e_l)]$  ( $j = 1, \dots, p$ ), onde  $d_j(e_i, e_l)$  denota a dissimilaridade entre dois objetos  $e_i$  e  $e_l$  ( $i, l = 1, \dots, n$ ) na matriz de dissimilaridade  $\mathbf{D}_j$ .

Uma característica importante do modelo introduzido é que este assume que o protótipo  $G_k$  do agrupamento  $C_k$  é um subconjunto de cardinalidade fixa  $1 \leq q \ll n$  do conjunto  $E$  (por questão de simplicidade, geralmente  $q = 1$ ), isto é,  $G_k \in E^{(q)} = \{A \subset E : |A| = q\}$ .

O algoritmo busca minimizar uma função objetivo dada por:

$$J = \sum_{e_i \in E} \sum_{l=1}^c K^T(\delta(\chi(e_i), l)) D_{\lambda_l}(e_i, G_l) \quad (2.1)$$

onde  $D_{\lambda_l}$  é a dissimilaridade global entre um objeto  $e_i \in P_l$  e o protótipo do agrupamento  $G_l \in E^{(q)}$ , parametrizada pelo vetor de pesos  $\lambda_l = (\lambda_{l1}, \dots, \lambda_{lp})$  das matrizes de dissimilaridade  $\mathbf{D}_j$  no agrupamento  $P_l$  ( $l = 1, \dots, c$ ).

De acordo com a função de alocação, existem diferentes algoritmos SOM por lote. Neste trabalho consideramos funções de alocação com pesos para cada matriz de dissimilaridade, sendo estes pesos estimados localmente ou globalmente.

Através da função de alocação com pesos estimados localmente, é possível comparar agrupamentos e seus protótipos usando diferentes medidas associadas a cada agrupamento que muda a cada iteração, isto é, a distância não é determinada absolutamente e é diferente de um agrupamento para outro.

A função de alocação parametrizada pelo vetor de pesos  $\lambda_l = (\lambda_{l1}, \dots, \lambda_{lp})$ , onde  $\lambda_{lj} > 0$  e  $\prod_{j=1}^p \lambda_{lj} = 1$  e associada ao agrupamento  $P_l$  ( $l = 1, \dots, c$ ) é definida pela seguinte expressão:

$$D_{\lambda_l}(e_i, G_l) = \sum_{j=1}^p \lambda_{lj} D_j(e_i, G_l) = \sum_{j=1}^p \lambda_{lj} \sum_{e \in G_l} d_j(e_i, e) \quad (2.2)$$

onde  $D_j(e_i, G_l) = \sum_{e \in G_l} d_j(e_i, e)$  representa a dissimilaridade local entre um exemplo  $e_i \in P_l$  e o protótipo do agrupamento  $G_l \in E^{(q)}$  na matriz  $\mathbf{D}_j$  ( $j = 1, \dots, p$ ).

O princípio da função de alocação definida por um vetor de pesos estimado globalmente para todos os agrupamentos é que há uma distância para comparar os agrupamentos e seus protótipos, distância esta que muda a cada iteração, mas é a mesma para todos os agrupamentos.

A função de alocação parametrizada pelo vetor de pesos  $\lambda_l = (\lambda_1, \dots, \lambda_p)$  ( $l = 1, \dots, c$ ), onde  $\lambda_j > 0$  and  $\prod_{j=1}^p \lambda_j = 1$ , é expressa da seguinte forma:

$$D_{\lambda}(e_i, G_l) = \sum_{j=1}^p \lambda_j D_j(e_i, G_l) = \sum_{j=1}^p \lambda_j \sum_{e \in G_l} d_j(e_i, e) \quad (2.3)$$

onde  $D_j(e_i, G_l)$ , novamente representa a dissimilaridade local entre um exemplo  $e_i \in P_l$  e o protótipo do agrupamento  $G_l \in E^{(q)}$  na matriz  $\mathbf{D}_j$  ( $j = 1, \dots, p$ ).

Quando  $T$  é fixo, a minimização da função  $J$  é realizada iterativamente em três etapas: representação, ponderação e afetação.

### 2.2.1 Etapa de representação: determinação dos melhores protótipos

Na etapa de representação, a partição  $P^{(t-1)} = (P_1^{(t-1)}, \dots, P_c^{(t-1)})$  e os vetores de pesos  $\lambda_l^{(t-1)}$  ( $l = 1, \dots, c$ ) são fixos. A função objetivo  $J$  é minimizada de acordo com os protótipos.

**Proposição 2.2.1.** *O protótipo é atualizado de acordo com a função de alocação usada:*

1. Se a função de alocação é definida pela equação 2.2, calcule o protótipo  $G_l^{(t)} = G^* \in E^{(q)}$  do agrupamento  $P_l^{(t-1)}$  ( $l = 1, \dots, c$ ) segundo a expressão:

$$G^* = \operatorname{argmin}_{G \in E^{(q)}} \sum_{e_i \in E} K^T(\delta(\chi^{(t-1)}(e_i), l)) \sum_{j=1}^p \lambda_{lj}^{(t-1)} \sum_{e \in G} d_j(e_i, e) \quad (2.4)$$

2. Se a função de alocação é definida pela equação 2.3, calcule o protótipo  $G_l^{(t)} = G^* \in E^{(q)}$  do agrupamento  $P_l^{(t-1)}$  ( $l = 1, \dots, c$ ) de acordo com a equação seguinte:

$$G^* = \operatorname{argmin}_{G \in E^{(q)}} \sum_{e_i \in E} K^T(\delta(\chi^{(t-1)}(e_i), l)) \sum_{j=1}^p \lambda_j^{(t-1)} \sum_{e \in G} d_j(e_i, e) \quad (2.5)$$

### 2.2.2 Etapa de ponderação: definição dos melhores vetores de pesos

Durante a etapa de ponderação, a partição  $P^{(t-1)} = (P_1^{(t-1)}, \dots, P_c^{(t-1)})$  e os protótipos  $G_l^{(t)} \in E^{(q)}$  ( $l = 1, \dots, c$ ) são mantidos fixos. A função objetivo  $J$  é minimizada de acordo com os vetores de pesos.

**Proposição 2.2.2.** Os vetores de pesos são atualizados de acordo com a função de alocação utilizada:

1. Se a função de alocação é definida pela equação 2.2, os vetores de pesos  $\lambda_l^{(t)} = (\lambda_{l1}^{(t)}, \dots, \lambda_{lp}^{(t)})$  ( $l = 1, \dots, c$ ), com  $\lambda_{lj}^{(t)} > 0$  e  $\prod_{j=1}^p \lambda_{lj}^{(t)} = 1$ , têm seus pesos  $\lambda_{lj}^{(t)}$  ( $j = 1, \dots, p$ ) calculados de acordo com a equação:

$$\lambda_{lj}^{(t)} = \frac{\left\{ \prod_{h=1}^p \left[ \sum_{e_i \in E} K^T(\delta(\chi^{(t-1)}(e_i), l)) \sum_{e \in G_l^{(t)}} d_h(e_i, e) \right] \right\}^{\frac{1}{p}}}{\left[ \sum_{e_i \in E} K^T(\delta(\chi^{(t-1)}(e_i), l)) \sum_{e \in G_l^{(t)}} d_j(e_i, e) \right]} \quad (2.6)$$

2. Se a função de alocação é definida pela equação 2.3, o vetor de pesos  $\lambda^{(t)} = (\lambda_1^{(t)}, \dots, \lambda_p^{(t)})$ , com  $\lambda_j^{(t)} > 0$  e  $\prod_{j=1}^p \lambda_j^{(t)} = 1$ , tem seus pesos  $\lambda_j^{(t)}$  ( $j = 1, \dots, p$ ) calculados segundo a equação:

$$\lambda_j^{(t)} = \frac{\left\{ \prod_{h=1}^p \left[ \sum_{r=1}^c \left( \sum_{e_i \in E} K^T(\delta(\chi^{(t-1)}(e_i), l)) \sum_{e \in G_l^{(t)}} d_h(e_i, e) \right) \right] \right\}^{\frac{1}{p}}}{\sum_{r=1}^c \left[ \sum_{e_i \in E} K^T(\delta(\chi^{(t-1)}(e_i), l)) \sum_{e \in G_l^{(t)}} d_j(e_i, e) \right]} \quad (2.7)$$

### 2.2.3 Etapa de afetação: definição da melhor partição

Durante a etapa de afetação os protótipos  $G_l^{(t)} \in E^{(q)}$  ( $l = 1, \dots, c$ ) e os vetores de pesos  $\lambda_l^{(t-1)}$  ( $l = 1, \dots, c$ ) são mantidos fixos. A função objetivo  $J$  é minimizada de acordo com a função de afetação.

**Proposição 2.2.3.** Cada exemplo  $e_i \in E$  é alocado ao neurônio mais próximo de acordo com a função de alocação utilizada:

1. Se a função de alocação é definida pela equação (2.2), alocar o exemplo  $e_i \in E$  no agrupamento  $C_m$  segundo a equação:

$$m = (\chi^{(t)}(e_i))^{(t)} = \operatorname{argmin}_{1 \leq r \leq c} \sum_{l=1}^c K^T(\delta(r, l)) \sum_{j=1}^p \lambda_{lj}^{(t)} \sum_{e \in G_l^{(t)}} d_j(e_i, e) \quad (2.8)$$

2. Se a função de alocação é definida pela equação (2.3), alocar o exemplo  $e_i \in E$  no agrupamento  $C_m$  segundo a expressão:

$$m = (\chi^{(t)}(e_i))^{(t)} = \operatorname{argmin}_{1 \leq r \leq c} \sum_{l=1}^c K^T(\delta(r, l)) \sum_{j=1}^p \lambda_j^{(t)} \sum_{e \in G_l^{(t)}} d_j(e_i, e) \quad (2.9)$$

### 2.2.4 O algoritmo

O algoritmo SOM em lote para dados relacionais baseados em múltiplas matrizes de dissimilaridade pode ser resumido como segue:

1. Inicialização

Fixe o número  $c$  de agrupamentos;

Fixe a cardinalidade  $1 \leq q \ll n$  dos protótipos  $G_l$  ( $l = 1, \dots, c$ );

Fixe  $\delta$ ; Fixe a função kernel  $K$

Fixe o número de iterações  $N_{iter}$

Fixe  $T_{min}, T_{max}$ ; Determine  $T \leftarrow T_{max}$ ; Determine  $t \leftarrow 0$ ;

Selecione aleatoriamente  $c$  protótipos distintos  $G_l^{(0)} \in E^{(q)}$  ( $l = 1, \dots, c$ );

Determine  $\lambda_l^{(0)} = (1, \dots, 1)$  ( $l = 1, \dots, c$ );

Determine o mapa  $L(c, \mathbf{G}^0)$ , onde  $\mathbf{G}^0 = (G_1^{(0)}, \dots, G_c^{(0)})$

Aloque cada objeto  $e_i$  ao protótipo mais próximo para obter a partição  $P^{(0)} = (P_1^{(0)}, \dots, P_c^{(0)})$  de acordo com as equações (2.8) e (2.9)

2. Etapa de representação: cálculo dos melhores protótipos.

Determine  $t = t + 1$ ;

Calcule  $T = T_{max} \left( \frac{T_{min}}{T_{max}} \right)^{\frac{t}{N_{iter}-1}}$

A partição  $P^{(t-1)} = (P_1^{(t-1)}, \dots, P_c^{(t-1)})$  e  $\lambda_l^{(t-1)}$  ( $l = 1, \dots, c$ ) são mantidos fixos.

Calcule o protótipo  $G_l^{(t)} = G^* \in E^{(q)}$  do agrupamento  $P_l^{(t-1)}$  ( $l = 1, \dots, c$ ) de acordo com as equações (2.4) e (2.5)

3. Etapa de ponderação: cálculo dos melhores pesos.

A partição  $P^{(t-1)} = (P_1^{(t-1)}, \dots, P_c^{(t-1)})$  e os protótipos  $G_l^{(t)} \in E^{(q)}$  ( $l = 1, \dots, c$ ) são mantidos fixos.

Calcule os vetores de pesos  $\lambda_l$  ( $l = 1, \dots, c$ ) de acordo com as equações (2.6) e (2.7)

4) Etapa de afetação: definição da melhor partição.

Os protótipos  $G_l^{(t)} \in E^{(q)}$  ( $l = 1, \dots, c$ ) e  $\lambda_l^{(t)}$  ( $l = 1, \dots, c$ ) são mantidos fixos

$$P^{(t)} \leftarrow P^{(t-1)}$$

para  $i = 1$  até  $n$  faça

encontre o agrupamento  $C_{m^*}^{(t)}$  ao qual  $e_i$  pertence

encontre o agrupamento vencedor  $C_m^{(t)}$  segundo as equações (2.8) e (2.9)

se  $m^* \neq m$

$$C_m^{(t)} \leftarrow C_m^{(t)} \cup \{e_i\}$$

$$C_{m^*}^{(t)} \leftarrow C_{m^*}^{(t)} \setminus \{e_i\}$$

4) *Critério de parada.*

Se  $T = T_{min}$  (ou se  $t = N_{iter} - 1$ ) então PARE; senão vá para 2 (Etapa de representação).



# 3

## Resultados

### 3.1 Base de dados Íris

**Tabela 3.1** Base de dados Íris: índices  $CR$ ,  $F - measure$ , e  $OERC$

| Índices       | $T_{max}$ | B-SOM  | AB-SOM | global AB-SOM |
|---------------|-----------|--------|--------|---------------|
| $CR$          | 6         | 0.4017 | 0.4847 | 0.4599        |
|               | 7         | 0.3999 | 0.5067 | 0.5157        |
|               | 9         | 0.3979 | 0.3978 | 0.4913        |
|               | 16        | 0.3958 | 0.4653 | 0.3889        |
| $F - measure$ | 6         | 0.4931 | 0.5785 | 0.5501        |
|               | 7         | 0.5229 | 0.6071 | 0.5575        |
|               | 9         | 0.5394 | 0.5383 | 0.5490        |
|               | 16        | 0.5340 | 0.5742 | 0.5250        |
| $OERC$        | 6         | 2.67%  | 4.00%  | 4.67%         |
|               | 7         | 2.67%  | 4.67%  | 4.00%         |
|               | 9         | 4.67%  | 3.33%  | 5.49%         |
|               | 16        | 2.00%  | 4.67%  | 3.33%         |

**Tabela 3.2** Base Íris: Matrizes relevantes ( $T_{max} = 16$ )

| Modelo        | Matriz mais importante | Matriz menos importante |
|---------------|------------------------|-------------------------|
| AB-SOM        | 3-Petal length         | 1-Sepal length          |
| global AB-SOM | 3-Petal length         | 2-Sepal width           |

**Tabela 3.3** Base Íris: matriz de confusão do algoritmo AB-SOM para múltiplas tabelas de dissimilaridade ( $T_{max} = 6$ )

| Agrupamentos | Classes       |                    |                  |
|--------------|---------------|--------------------|------------------|
|              | 1-Iris setosa | 2-Iris versicolour | 3-Iris virginica |
| 0,0          | 0             | 16                 | 0                |
| 0,1          | 0             | 12                 | 0                |
| 0,2          | 0             | 1                  | 10               |
| 0,3          | 0             | 4                  | 0                |
| 0,4          | 0             | 0                  | 12               |
| 0,5          | 0             | 0                  | 3                |
| 0,6          | 0             | 0                  | 0                |
| 0,7          | 38            | 0                  | 0                |
| 1,0          | 0             | 2                  | 10               |
| 1,1          | 0             | 9                  | 0                |
| 1,2          | 0             | 3                  | 0                |
| 1,3          | 0             | 0                  | 6                |
| 1,4          | 0             | 0                  | 4                |
| 1,5          | 0             | 3                  | 3                |
| 1,6          | 0             | 0                  | 2                |
| 1,7          | 12            | 0                  | 0                |

### 3.2 Base de dados E.coli

### 3.3 Base de dados Thyroid

### 3.4 Base de dados Wine

**Tabela 3.4** Base Íris: Matriz de pesos final do algoritmo AB-SOM para múltiplas tabelas de dissimilaridade ( $T_{max} = 6$ )

| Agrupamentos | Matriz         |                |                |                |
|--------------|----------------|----------------|----------------|----------------|
|              | 1-Sepal length | 2-Sepal width  | 3-Petal length | 4-Petal width  |
| 0,0          | 0.5878         | 0.5075         | <b>2.1617</b>  | <b>1.5507</b>  |
| 0,1          | 0.1438         | 0.7925         | <b>1.5381</b>  | <b>5.7034</b>  |
| 0,2          | 0.1193         | <b>47.9332</b> | 0.5631         | 0.3104         |
| 0,3          | 0.7568         | 0.9139         | <b>1.7698</b>  | 0.8169         |
| 0,4          | 0.3581         | 0.3508         | <b>3.3944</b>  | <b>2.3451</b>  |
| 0,5          | <b>1.7980</b>  | 0.2266         | <b>2.7677</b>  | 0.8866         |
| 0,6          | <b>1.0037</b>  | 0.3404         | <b>1.6919</b>  | <b>1.7297</b>  |
| 0,7          | 0.2591         | 0.0672         | <b>5.2699</b>  | <b>10.8944</b> |
| 1,0          | 0.4403         | 0.3797         | <b>4.1288</b>  | <b>1.4484</b>  |
| 1,1          | 0.2676         | 0.2180         | <b>4.7063</b>  | <b>3.6428</b>  |
| 1,2          | 0.1780         | <b>2.1141</b>  | <b>1.1214</b>  | <b>2.3694</b>  |
| 1,3          | <b>1.7573</b>  | 0.0686         | <b>3.2489</b>  | <b>2.5531</b>  |
| 1,4          | 0.3215         | 0.1939         | <b>4.4941</b>  | <b>3.5684</b>  |
| 1,5          | <b>1.4477</b>  | 0.1896         | <b>1.0308</b>  | <b>3.5350</b>  |
| 1,6          | <b>2.0289</b>  | 0.7747         | 0.6483         | 0.9812         |
| 1,7          | 0.4077         | 0.1109         | <b>5.3766</b>  | <b>4.1132</b>  |

**Tabela 3.5** Base E.coli: índices  $CR$ ,  $F - measure$ , e  $OERC$ 

| Índices       | $T_{max}$ | B-SOM  | AB-SOM | global AB-SOM |
|---------------|-----------|--------|--------|---------------|
| $CR$          | 4         | 0.3035 | 0.3213 | 0.2739        |
|               | 4.5       | 0.3462 | 0.2899 | 0.3165        |
|               | 6         | 0.3264 | 0.2867 | 0.3555        |
|               | 10        | 0.3303 | 0.2998 | 0.2925        |
| $F - measure$ | 4         | 0.4473 | 0.4629 | 0.4082        |
|               | 4.5       | 0.5486 | 0.4153 | 0.4680        |
|               | 6         | 0.4631 | 0.4036 | 0.5265        |
|               | 10        | 0.5187 | 0.4385 | 0.4460        |
| $OERC$        | 4         | 21.43% | 17.56% | 24.40%        |
|               | 4.5       | 16.37% | 25.30% | 20.54%        |
|               | 6         | 16.37% | 24.11% | 14.88%        |
|               | 10        | 15.77% | 24.70% | 24.40%        |

**Tabela 3.6** Base E.coli: Matrizes relevantes ( $T_{max} = 4$ )

| Modelo        | Matriz mais importante | Matriz menos importante |
|---------------|------------------------|-------------------------|
| AB-SOM        | 5                      | 3                       |
| global AB-SOM | 4                      | 3                       |

**Tabela 3.7** Base E.coli: matriz de confusão do algoritmo AB-SOM global para múltiplas tabelas de dissimilaridade ( $T_{max} = 10$ )

| Agrupamentos | Classes |    |   |   |    |    |   |   |
|--------------|---------|----|---|---|----|----|---|---|
|              | 1       | 2  | 3 | 4 | 5  | 6  | 7 | 8 |
| 0,0          | 0       | 18 | 0 | 0 | 16 | 1  | 0 | 0 |
| 0,1          | 0       | 10 | 0 | 1 | 24 | 0  | 0 | 0 |
| 0,2          | 0       | 6  | 1 | 0 | 17 | 1  | 0 | 0 |
| 0,3          | 6       | 0  | 0 | 0 | 1  | 4  | 0 | 0 |
| 0,4          | 22      | 0  | 0 | 0 | 2  | 0  | 0 | 0 |
| 1,0          | 1       | 1  | 0 | 1 | 6  | 5  | 5 | 2 |
| 1,1          | 0       | 0  | 0 | 0 | 10 | 0  | 0 | 0 |
| 1,2          | 10      | 0  | 0 | 0 | 0  | 1  | 0 | 0 |
| 1,3          | 15      | 0  | 0 | 0 | 0  | 1  | 0 | 0 |
| 1,4          | 22      | 0  | 0 | 0 | 0  | 0  | 0 | 0 |
| 2,0          | 2       | 0  | 1 | 0 | 0  | 29 | 0 | 9 |
| 2,1          | 0       | 0  | 0 | 0 | 0  | 10 | 0 | 9 |
| 2,2          | 6       | 0  | 0 | 0 | 1  | 0  | 0 | 0 |
| 2,3          | 25      | 0  | 0 | 0 | 0  | 0  | 0 | 0 |
| 2,4          | 34      | 0  | 0 | 0 | 0  | 0  | 0 | 0 |

**Tabela 3.8** Base E.coli: Matriz de pesos final do algoritmo AB-SOM global para múltiplas tabelas de dissimilaridade ( $T_{max} = 10$ )

| Matriz |        |        |               |               |
|--------|--------|--------|---------------|---------------|
| 1      | 2      | 3      | 4             | 5             |
| 0.7636 | 0.7101 | 0.4876 | <b>2.1144</b> | <b>1.7887</b> |

**Tabela 3.9** Base de dados Thyroid: índices  $CR$ ,  $F - measure$  e  $OERC$ 

| Índices       | $T_{max}$ | B-SOM  | AB-SOM | AB-SOM global |
|---------------|-----------|--------|--------|---------------|
| $CR$          | 4         | 0.3662 | 0.4539 | 0.5700        |
|               | 5         | 0.3642 | 0.3689 | 0.3604        |
|               | 6         | 0.2618 | 0.3183 | 0.5882        |
|               | 10        | 0.3784 | 0.3660 | 0.3654        |
| $F - measure$ | 4         | 0.4961 | 0.5841 | 0.5978        |
|               | 5         | 0.4870 | 0.4788 | 0.4678        |
|               | 6         | 0.4019 | 0.4850 | 0.6401        |
|               | 10        | 0.5023 | 0.5048 | 0.4885        |
| $OERC$        | 4         | 9.77%  | 3.25%  | 4.65%         |
|               | 5         | 9.30%  | 5.58%  | 4.19%         |
|               | 6         | 11.16% | 4.19%  | 7.44%         |
|               | 10        | 9.30%  | 3.72%  | 5.12%         |

**Tabela 3.10** Base de dados Thyroid: Matrizes ( $T_{max} = 4$ )

| Modelo        | Matriz mais importante               | Matriz menos importante |
|---------------|--------------------------------------|-------------------------|
| AB-SOM        | 4-TSH                                | 1-T3-resin uptake test  |
| global AB-SOM | 5-maximal absolute difference in TSH | 1-T3-resin uptake test  |

**Tabela 3.11** Base de dados Wine: índices  $CR$ ,  $F - measure$  e  $OERC$ 

| Índices       | $T_{max}$ | B-SOM  | AB-SOM | global AB-SOM |
|---------------|-----------|--------|--------|---------------|
| $CR$          | 4         | 0.2775 | 0.3560 | 0.3498        |
|               | 5         | 0.2857 | 0.3449 | 0.3248        |
|               | 6         | 0.2967 | 0.3589 | 0.3489        |
|               | 10        | 0.2940 | 0.3773 | 0.3339        |
| $F - measure$ | 4         | 0.4163 | 0.4897 | 0.4737        |
|               | 5         | 0.4286 | 0.4735 | 0.4357        |
|               | 6         | 0.4343 | 0.5245 | 0.4801        |
|               | 10        | 0.4427 | 0.5332 | 0.4637        |
| $OERC$        | 4         | 26.40% | 7.30%  | 2.25%         |
|               | 5         | 26.97% | 3.37%  | 4.49%         |
|               | 6         | 26.97% | 4.49%  | 5.06%         |
|               | 10        | 26.97% | 6.17%  | 6.74%         |

**Tabela 3.12** Base de dados Wine: Matrizes relevantes  $T_{max} = 4$ 

| Modelo        | Matriz mais importante | Matriz menos importante |
|---------------|------------------------|-------------------------|
| AB-SOM        | 2                      | 3                       |
| global AB-SOM | 7                      | 3                       |