



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>3</b>
2.1 O algoritmo . . . . .	3
2.1.1 Etapa de representação: determinação dos melhores protótipos . . . . .	4
<b>3 Resultados</b>	<b>6</b>
3.1 Base de dados Íris . . . . .	6
3.2 Base de dados E.coli . . . . .	7
3.3 Base de dados Thyroid . . . . .	7
<b>Bibliography</b>	<b>11</b>
<b>Appendices</b>	<b>11</b>

# Lista de Figuras



# Lista de Tabelas

3.1	Base de dados Íris: índices $CR$ , $F - measure$ , e $OERC$ . . . . .	6
3.2	Base Íris: Matrizes ( $T_{max} = 16$ ) . . . . .	6
3.3	Base Íris: matriz de confusão do algoritmo AB-SOM para múltiplas tabelas de dissimilaridade ( $T_{max} = 6$ ) . . . . .	7
3.4	Base Íris: Matriz de pesos final do algoritmo AB-SOM para múltiplas tabelas de dissimilaridade ( $T_{max} = 6$ ) . . . . .	8
3.5	Base E.coli: índices $CR$ , $F - measure$ , e $OERC$ . . . . .	8
3.6	Base E.coli: Matrizes ( $T_{max} = 4$ ) . . . . .	9
3.7	Base E.coli: matriz de confusão do algoritmo AB-SOM global para múltiplas tabelas de dissimilaridade ( $T_{max} = 10$ ) . . . . .	9
3.8	Base E.coli: Matriz de pesos final do algoritmo AB-SOM global para múltiplas tabelas de dissimilaridade ( $T_{max} = 10$ ) . . . . .	9
3.9	Base de dados Thyroid: índices $CR$ , $F - measure$ e $OERC$ . . . . .	10
3.10	Base de dados Thyroid: Matrizes ( $T_{max} = 4$ ) . . . . .	10

# 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  $d$ ,

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

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

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.

### 2.1 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  $\lambda_l = \lambda = (\lambda_1, \dots, \lambda_p)$  ( $l = 1, \dots, c$ ), 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.

### 2.1.1 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 2.1.1.** *O protótipo é atualizado de acordo com a função de alocação usada:*

1. Se a função de alocação for dada 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:

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

# 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 ( $T_{max} = 16$ )

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

**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 ( $T_{max} = 4$ )

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

# Appendices