

Contents

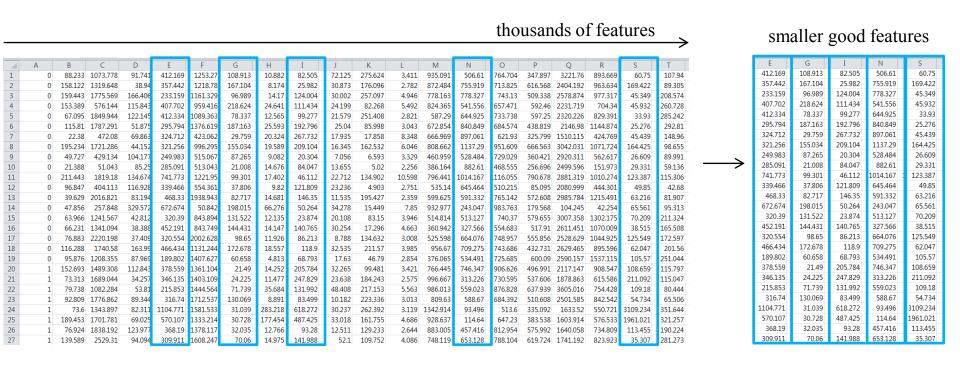
- Feature selection
- How to evaluate
- How to select
- Simple FS algorithm

Summary

Building prediction model styles feather / parameterfinal Prepare Feature Parameter Selection model dataset tuning K-fold cross validation **KNN SVM RF** Essemble, xgBoost Model stacking . . .

- Classification 작업을 위한 전처리(preprocessing) 과정중의 하나
- 대상 dataset에 많은 수의 feature 가 포함되어 있는경우
 - Noise 가 포함되어 있을 수 있고
 - 중복된 feature 들이 있을 수 있다
- Feature selection 의 목표
 - Noise 와 중복을 제거하고
 - Classification accuracy 를 높여줄 수 있는 feature 들을 선별 한다.

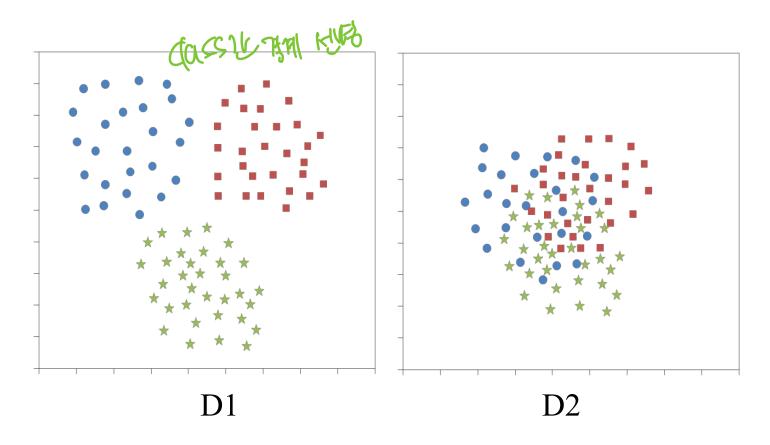
 Finding a feature subset that has the most discriminative information from the original feature space



- Objectives
 - To reduce dimensionality and remove noise
 - To improve mining performance
 - speed of learning
 - predictive accuracy
 - simplicity and comprehensibility of mined results

- 선별한 feature 자체가 의미 있는 경우도 있다.
 - Gene selection for microarray data

- 어떤 feature 가 좋은 feature 인가
 - Class 간 경계가 clear 할수록 classification accuracy 가 높을 것이다.



- 주어진 데이터셋으로 부터 항상 최고의 성능을 얻을 수 있는 feature selection 방법은?
 - 모든 feature 의 조합을 테스트
 - Greed search

ध्र feature रहा ध्रहारा नेशान X

- Feature 수가 20개일 때 모든 조합의 개수는?
 2²⁰ = 1,048,576
- greed search는 현실적으로 사용가능 하지 않음
- Feature selection 이 필요한 이유

- ▶ Dataset 에 포함된 각 feature 들을 어떻게 평가할 것인가
 - o Feature evaluation function 이용
 - o f(a) > f(b) 이면 a 가 b 보다 classification 에 유리함을 의미
 - 현재 수많은 evaluation function 이 발표 되었다.
 - FSDD, MRMR, Relief, RFS, CBFS,
 feathe ほれ もよ

Feature evaluation Feature selection

- 1. Filter Methods Univariate
 - Consider one feature's contribution to the class at a time,
 - e.g. Information gain, chi-square
 - Advantages
 - Computationally efficient and parallelable
 - Disadvantages
 - May select low quality feature subsets

Feature들 간의 interaction 을 반영하지 못하기 때문에 성능이 좋지 않다

- 1. Filter methods Multivariate
 - Consider the contribution of a set of features to the class variable, e.g.
 - CFS (correlation feature selection) [M Hall, 2000]
 - -(FCBF 🗗 ast correlation-based filter) [Lei Yu, etc. 2003]
 - Advantages:
 - Computationally efficient
 - Select higher-quality feature subsets than univariate filters
 - Disadvantages:
 - Not optimized for a given classifier

- 2. Wrapper methods 🚜 क्यादना ५६ क्यान प्राप्त प्र प्राप्त प्र प्राप्त प्र प्राप्त प्राप्त
 - Select a feature subset by building classifiers e.g.
 - LASSO (least absolute shrinkage and selection operator) [R Tibshirani, 1996]
 - SVM-RFE (SVM with recursive feature elimination) [I Guyon, etc. 2002]
 - RF-RFE (random forest with recursive feature elimination) [R Uriarte, etc. 2006]
 - RRF (regularized random forest) [H Deng, etc. 2012]
 - Advantages:
 - Select high-quality feature subsets for a particular classifier
 - Disadvantages:
 - RFE methods are relatively computationally expensive.

- 3. embedded method
 - Feature 평가 + 모델 구축이 통합되어 있음
 - Example Random Forest

How to select

- 방법1. 모든 feature 를 평가한 뒤에 평가점수가 높은 상위 n 개의 feature 를 선택한다. (with filter method)
- 방법2. Forward Search. (with wrapper method)
 - 평가 점수가 제일 높은 feature x 를 선택 집합에 넣는다.
 - o x 와 나머지 feature 들과의 조합 중 평가점수가 x 보다 가장 높아지게 하는 feature y 를 찾아서 선택 집합에 넣는다.
- 방법3. Backward elimination. (with wrapper method)
 - 일단 모든 feature 들을 선택 집합에 넣은 후 안 좋은 feature 들을 하나하나 제거해 가는 방법

- R packages for feature selection
 - FSelector
 - varSeIRF
 - caret

FSelector 는 자바가 설치되고, 환경변수에 경로가 등록되어 있어야 함

- Filter method
 - chi.squared
 - linear.correlation
 - rank.correlation
 - information.gain
 - gain.ratio
 - symmetrical.uncertainty
 - oneR
 - random.forest.importance
 - relief
 - cfs

Filter method

Filter method

```
> data(iris)
> weights <- relief(Species~., iris,
                   neighbours.count = 5, sample.size = 20)
> print(weights)
            attr_importance
Sepal.Length
               0.1409722
Sepal.Width
                0.1566667
Petal.Length
                0.3333051
Petal.Width
                  0.3456250
> # choose best 2 features
> subset <- cutoff.k(weights, 2)</pre>
> subset
[1] "Petal.Width" "Petal.Length"
> fsIris = cbind(iris[,subset], iris[,5])
> head(fsIris)
 Petal.Width Petal.Length iris[, 5]
                      1.4
         0.2
                           setosa
         0.2
                      1.4 setosa
3
         0.2
                      1.3
                          setosa
                      1.5 setosa
         0.2
5
                      1.4 setosa
         0.2
                      1.7 setosa
         0.4
```

Forward Search

```
library(FSelector)
data(iris)
library(e1071)
evaluator <- function(subset) {</pre>
  #5-fold cross validation
  k <- 5
  splits <- runif(nrow(iris))</pre>
  results = sapply(1:k, function(i) {
    test.idx <- (splits >= (i - 1) / k) & (splits < i / k)
    train.idx <- !test.idx</pre>
    test <- iris[test.idx, subset]</pre>
    train <- iris[train.idx, subset]</pre>
    model <- svm(train, iris$Species[train.idx])</pre>
    pred <- predict(model, test)</pre>
    acc = mean(pred==iris$Species[test.idx])
    return (acc)
  })
  print(subset)
  print(mean(results))
  return (mean (results))
subset <- forward.search(names(iris)[-5], evaluator)</pre>
```

```
> subset <- forward.search(names(iris)[-5], evaluator)</pre>
[1] "Sepal.Length"
Γ17 0.7211232
[1] "Sepal.Width"
[1] 0.5051381
[1] "Petal.Length"
[1] 0.9418952
[1] "Petal.Width"
Γ11 0.9596759
[1] "Sepal.Length" "Petal.Width"
Γ17 0.9608791
[1] "Sepal.Width" "Petal.Width"
[1] 0.9534606
[1] "Petal.Length" "Petal.Width"
[1] 0.9595357
[1] "Sepal.Length" "Sepal.Width" "Petal.Width"
[1] 0.9475613
[1] "Sepal.Length" "Petal.Length" "Petal.Width"
[1] 0.9583364
```

Backward Elimination

```
library(FSelector)
data(iris)
library (e1071)
evaluator <- function(subset) {</pre>
  #5-fold cross validation
  k < -5
  splits <- runif(nrow(iris))</pre>
  results = sapply(1:k, function(i) {
    test.idx <- (splits >= (i - 1) / k) & (splits < i / k)
    train.idx <- !test.idx</pre>
    test <- iris[test.idx, subset]</pre>
    train <- iris[train.idx, subset]</pre>
    model <- svm(train, iris$Species[train.idx])</pre>
    pred <- predict(model, test)</pre>
    acc = mean(pred==iris$Species[test.idx])
    return (acc)
  })
  print(subset)
  print(mean(results))
  return (mean (results))
subset <- backward.search(names(iris)[-5], evaluator)</pre>
```

```
> subset <- backward.search(names(iris)[-5], evaluator)
[1] "Sepal.Length" "Sepal.Width" "Petal.Length" "Petal.Width"
[1] 0.9614951
[1] "Sepal.Width" "Petal.Length" "Petal.Width"
[1] 0.9434332
[1] "Sepal.Length" "Petal.Length" "Petal.Width"
[1] 0.9495012
[1] "Sepal.Length" "Sepal.Width" "Petal.Width"
[1] 0.9410104
[1] "Sepal.Length" "Sepal.Width" "Petal.Length"
[1] 0.9261937
```

Note.

- Feature selection 의 현실적 적용 (뜻시)에
 - 1) Filter method 로 개별 feature 평가 후 best n 을 찾는다
 - 2) forward, backward search 를 적용해 본다.
 - 3) Filter method 로 feature 수를 100개 미만으로 줄인 후 k 개로 구성된 feature 조합에 대해서 평가해 본다.
 - 4) 앞에서 시도한 방법중 가장 높은 성능을 보이는 feature 조합을 선 택한다

[실습]

- mlbench 에 포함된 PimaIndiansDiabetes2 데이터셋에 대해 가장 높은 성능을 보이는 feature 의 조합을 찾아 보시오
 - 분류 알고리즘은 random forest 만 테스트
 - 가급적 많은 feature selection 을 테스트한다.