

INSTITUTO SUPERIOR TÉCNICO

Algoritmos e Modelação Computacional Licenciatura de Bolonha Engenharia Biomédica 2º Periodo 2021-2022 30 de Janeiro de 2022

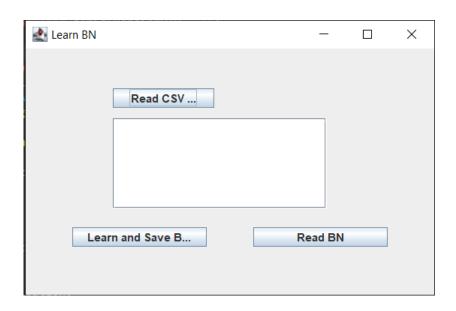
Relatório de entrega do Projeto

Alexandre Lumier, 92974. Tiago Bolaños, 90927. Inês Marques, 99674. Carolina Machado, 99694.

Aplicações

Foram criadas duas aplicações: uma para aprender a rede de bayes correspondente à amostra fornecida e guardá-la no computador, e outra para, utilizando a rede de bayes guardada na aplicação anterior, classificar um vetor dado.

1ª Aplicação:

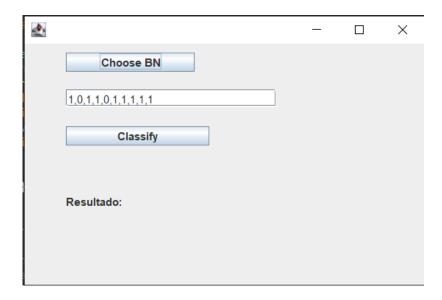


Tem um botão *read CSV* no qual se seleciona um ficheiro CSV que vai ser analisado, este deve conter a classe na última variável.

Um botão *Learn and Save BN* na qual se escolhe onde guardar o ficheiro da BN, este deve ser guardado como .bin e no final mostra na caixa de texto *Saved Successfully*.

Um botão *Read BN* que para além de ler o ficheiro BN analisa cada vetor utilizando a BN e retorna na caixa de texto a porcentagem de vetores corretamente classificados.

2ª Aplicação:



Esta aplicação inclui um botão onde se pode escolher o ficheiro .bin onde foi guardada a BN aprendida.

Uma caixa de texto onde se pode introduzir o vetor a analisar separado por vírgula, a aplicação automaticamente ajusta o vetor para ter o tamanho adequado, caso seja pequeno adicionando zeros nas outras posições, caso seja demasiado grande, contando apenas os primeiros índices. Um botão *classify* para classificar o vetor introduzido, o resultado aparecendo em baixo a classe mais provável.

Para testar as redes de bayes geradas foi ainda criado um método *Leave one out* que gera uma rede de bayes com a amostra excluindo um vetor, de seguida classifica esse vetor e verifica se a classe obtida era efetivamente a classe da amostra. Isto é iterado ao longo de toda a amostra de modo a obter uma percentagem de vetores bem classificados, uma vez que algumas amostras levavam mais de 1 minuto a gerara rede de Bayes o método Leave One Out inclui um inteiro que indica como discriminar a amostra, isto é, de quantos em quantos vetores a analisar pois algumas amostras levaria cerca de 1h ou em alguns casos, várias horas a analisar tudo.

Resultados



Resultado leave one out "Hepatitis": 83%

Tempo: 2s

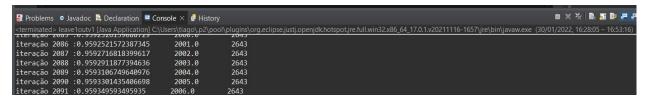


Resultado leave one out "Tiroide", incremento 30: 91%

Tempo:16min 6s



Resultado leave one out "Soybean", incremento 1:91% Tempo:5 min 26s



Resultado leave one out "Tyroide", incremento 1:95%

Tempo: 24 min 9s



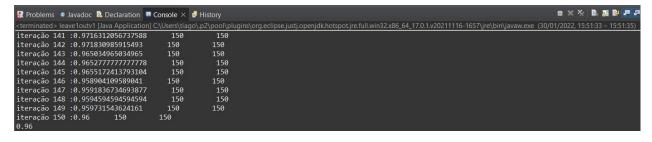
Resultado leave one out "bcancer", incremento 1: 73%

Tempo: 15 s



Resultado leave one out "diabetes", incremento 1:76%

Tempo: 21 s



Resultado leave one out "íris", incremento 1: 96%

Tempo: 2s

Classes

Amostra

A amostra foi implementada como uma ArrayList cujos elementos (cada linha da amostra) são arrays de inteiros, sendo que a classe apenas possui um atributo, *list* que corresponde a ArrayList. Foi escolhida a ArrayList em vez de um vetor de inteiros pois o tamanho do vetor teria de ser dinâmico.

A função *add* consiste apenas em adicionar um vetor de inteiros, à ArrayList, enquanto que a função *element* devolve o array que se encontra na posição pedida na ArrayList. O método *domain* recorre a um ciclo que percorrendo toda a amostra e retorna o domínio da posição que recebe. Na função *count* foi implementada recorrendo a dois ciclos, percorrendo a amostra toda e as posições desejadas para cada elemento desta. Foi também definido um método *domainV*, não pedido no enunciado, que retorna um vetor com os domínios de cada variável dos elementos da amostra, de forma a melhorar o tempo de execução de outros métodos. Foram implementadas a função auxiliar *lixo* e a função *clean*, que tem como objetivo retirar da amostra todos os elementos das variáveis que têm domínio 1 e retorna a nova amostra.

Foi adicionado o método remove, que retira o elemento da amostra na posição dada, que foi usado para o teste Leave One Out.

Grafo

A classe *grafoo* foi implementada contendo 2 atributos, um inteiro *dim* que guarda a dimensão da matriz e um vetor de vetores double *ma* que guarda a matriz de adjacência do grafo e os seus pesos.

Possui também os sequintes métodos:

- Método construtor grafoo que recebe um inteiro n e cria um grafo com uma dimensão n e uma matriz ma com um vetor de vetores n por n vazia.
- Método add_edge que recebe dois inteiros m e n e um double p e adiciona à matriz ma na posição mn e na posição nm, pois o grafo não têm direção, o peso p guardando assim a aresta entre m e n com o valor p.
- Os métodos findMaxVertex, printMaximumSpanningTree e maximumSpanningTree que foram adaptados do seguinte site, https://www.geeksforgeeks.org/prims-minimum-spanning-tree-mst-greedy-algo-5/e que implementa o algoritmo de prim para obter a max spanning tree.
- O método amostrado que recebe como argumento uma Amostra amostra e acrescenta as arestas com os pesos calculados a partir da amostra usando a fórmula:

$$I_T(X;Y) = \sum_{x,y} Pr_T(x,y) \log \left(\frac{Pr_T(x,y)}{Pr_T(y)Pr_T(x)} \right)$$

Para isso utiliza a função auxiliar **pesagem**, que calcula o peso individual de cada aresta e adiciona-o à matriz **ma** usando a função **add_edge**.

Floresta

A classe *Floresta* foi implementada contendo 3 atributos, *nodes*, um inteiro que guarda o número de nós que a floresta tem; *LP*, um vetor de inteiros que guarda o valor do pai do nó correspondente ao índice no vetor; *LW*, um vetor de doubles que indica o peso da ligação do nó correspondente ao índice com o seu pai.

Possui também os seguintes métodos:

- Método construtor *Floresta*, que recebe um inteiro n e cria uma floresta com n nós, uma lista vazia de LW, e uma lista LP preenchida com -1.
- Método set_parent, recebe dois inteiros n e m e torna m o pai de n, trocando o seu valor em LP.
- Método set_weigth, recebe um inteiro n e um double p e torna o peso de n p.
- Método weigth que recebe um inteiro n e devolve o valor do peso do nó n da lista LW.
- Método parent que recebe um inteiro n e devolve pai do nó com índice n da lista LP.
- Método *parentQ* que recebe um inteiro o e devolve se o nó o têm pai, verificando, com a função parent(), se o pai desse nó é -1, que foi o valor definido para nós sem pai.
- Método treeQ que verifica se a floresta é uma árvore verificando se há mais que uma raiz, isto é, um nó sem pai (pai=-1).

Redes Bayesianas

As redes de Bayes, **BN**, foram definidas com 4 atributos, uma **Floresta**, uma ArrayList de doubles **theta** e os inteiros **vectorSize** e **classSize**.

A função **BN** é um método construtor que gera uma rede de Bayes utilizando a estrutura de uma árvore previamente construída e com as distribuições DFO's amortizadas com pseudo-contagens S. Assim a função recebe como argumentos uma árvore, uma amostra e um double S que será o valor do coeficiente de pseudo contagem.

O método **BN** funciona em dois passos, onde no primeiro passo criou-se um ciclo *for* no qual será criado uma arraylist de matrizes, na qual cada matriz terá como dimensão o domínio dos nós (pais x filhos). Uma vez criadas essas matrizes, cada posição nas matrizes é preenchida com o valor do theta calculado para esse conjunto pai-filho usando a segunda fórmula do ponto 2.4 do enunciado.

$$\Theta_{i|w_i}(d_i) = \frac{|T_{d_i,w_i}| + S}{|T_{w_i}| + S \times |D_i|}.$$

Depois, foi usado no segundo passo um ciclo *for* para criar uma matriz cuja a dimensão é o domínio dos (filhos x 1), e vai preencher cada posição da matriz calculando os thetas da classe com base na primeira fórmula descrita no ponto 2.4 do enunciado.

$$\Theta_{i|w_i}(d_i) = \frac{|T_{d_i,w_i}|}{|T_{w_i}|}$$

Esta segunda lista será adicionada a arraylist criada no primeiro passo, e esse conjunto de matrizes será então a rede de bayes criada pela função **BN**.

Nessa classe também foi implementada a função **prob**, que recebe um como argumento um vetor e retorna a probabilidade desse vetor na rede de Bayes construída pela **BN**, com base na fórmula do ponto 2.4.1 do enunciado.

$$\Pr(ec{V} = (x_1, \dots, x_n, x_{n+1})) = \prod_{i=1}^{n+1} \Pr(X_i = d_i | \Pi_i = (d_{i,1} \dots d_{i,k_i}))$$