Introduction to ML

Marini Mattia

3^o semestre 3^o anno

Indice

1 Gradient descent

Per valutare la qualità di un modello, si usa una funzione di costo che misura la differenza fra i valori previsti e quelli reali. L'obiettivo è minimizzare questa funzione di costo.

Definizione 1: *Funzione di loss*

Una *funzione di loss* è una funzione che misura la differenza tra i valori previsti e quelli reali.

Ad esempio, per un modello di classificazione lineare, la funzione di loss può essere il numero di punti che stanno dalla parte sbagliata del piano

$$\text{loss}\,(w,b) = \sum_{i=1}^{n} 1\left[y_i\,(w\cdot x_i + b) < 0\right]$$

l'obiettivo è minimizzare questa funzione ma spesso è molto difficile (NP-hard in fact). Spesso quindi si cerca un'approssimazione, cercando i minimi locali in funzioi che limitano la funzione di loss dall'alto:

Definizione 2: *Funzione di loss surrogata*

Una *funzione di loss surrogata* è una funzione che approssima la funzione di loss, limitandola dall'alto.

Di seguito le seguenti funzioni di loss più comuni:

0-1 loss	$\ell_{0/1}(y,y') = \mathbf{1}\left[y\,y' \le 0\right]$
hinge loss	$\ell_{\text{hinge}}(y,y') = \max\left(0,\ 1 - y\,y'\right)$
exponential loss	$\ell_{\exp}(y,y') = \exp\left(-y\,y'\right)$
square loss	$\ell_{\text{sq}}(y,y') = (y-y')^2$

Per trovare il minimo di una funzione di loss surrogata posso usare il *gradient descent*, cercando di "scivolare" verso il minimo andando "in discesa" verso ogni asse singolarmente. Ad esempio utilizzando la loss function esponenziale

$$\text{loss}\,(w,b) = \sum_{i=1}^{n} \exp\left(y_i\,(w\cdot x_i + b)\right)$$

in particolare se cerco di modificare un peso alla volta considerando la loss function in una sola delle sue k dimensioni, ho che:

$$\begin{aligned} w_j &= w_j - \eta \frac{d}{dw_j}\,\text{loss}\,(w,b) \\ &= w_j - \eta \sum_{i=1}^{n} -y_i x_{ij} \exp\left(-y_i(w\cdot x_i + b)\right) \end{aligned}$$

dunque abbiamo ottenuto la formula per aggiornare ciascun peso:

$$w_j = w_j + \eta \sum_{i=1}^{n} y_i x_{ij} \exp\left(-y_i(w\cdot x_i + b)\right)$$

il che equivale a considerare ciascun punto nel training set e aggiornare il peso j-esimo come segue:

$$w_j = w_j + \eta y_i x_{ij} \exp\left(-y_i(w \cdot x_i + b)\right) \quad \forall i \in [0, \ldots, n]$$

Algoritmo 1: *Gradient descent*

Input: Learning rates $\eta = [\eta_1, \ldots \eta_n]$, loss function L, # of iterations K
Output: Weights $w = [w_1, \ldots, w_k]$

`gradient_descent(`X, Y, L, η`):`
- $w^{(0)} = [0, \ldots, 0]$; ▷ `Dati come input in alternativa`
- **for** $k \in [0, \ldots, K]$ **do**
  - $g^{(k)} = \nabla_{w^{(k)}} L$; ▷ `shift for each direction`
  - $w^{(k)} = w^{(k-1)} - \eta^{(k)} g^{(k)}$; ▷ `move in direction of gradient`
- **return** $w^{(k)}$

Nota che $w^{(k)}$ indica i pesi relativi alla k-esima iterazione, ossia dopo essere stati migliorati k volte. Similmente $g^{(k)}$ è il vettore contentente le derivate parziali (ossia considerate una direzione alla volta) della loss function nel punto ottenuto dopo k iterazioni:

$$\nabla_{w^{(k)}} L = \left[\frac{\partial L}{\partial w_1^{(k)}} \quad \frac{\partial L}{\partial w_2^{(k)}} \quad \cdots \quad \frac{\partial L}{\partial w_N^{(k)}} \right]$$

dove L è la *funzione di loss*

2 Unsupervised learning - riduzione dimensione

L'idea generale è quella di "appirattire" i punti nell'asse parallela all'asse con varianza massima, così da ridurre al massimo la perdita di informazione

Formalmente si prende un versore w che parte da un punto c. Un versore significa un vettore con norma 1, ossia

$$|w| = 1 \Leftrightarrow w^T w = 1$$

dopodichè si condierano tutte le proiezioni dei punti x_i su questo versore, ossia

$$t_i = (x_i - c)^T w$$

2.0.1 Media e varianza

La media serve per il calcolo della varianza, la quale è il criterio secondo cui eseguiamo la riduzione di dimensione:

$$\begin{aligned} \mathbf{E}[t] &= \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{n} t_i = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{n} (x_i - c)^\top w \\ &= \bar{x}^\top w - c^\top w \end{aligned}$$

dove

$$\bar{x} = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} x_i$$

La varianza indica quanto i valori sono sparsi l'ungo l'asse identificato dal versore w:

$$\begin{aligned}
\mathbf{Var}[t] &= \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}(t_i - E[t])^2 \\
&= \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}\left[x_i^\top w - c^\top w - \bar{x}^\top w + c^\top w\right]^2 \\
&= \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}\left[(x_i - \bar{x})^\top w\right]^2 \\
&= \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}\left(\bar{x}_i^\top w\right)^2 \\
&= \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} w^\top \bar{x}_i \bar{x}_i^\top w \\
&= w^\top \left[\frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} \bar{x}_i \bar{x}_i^\top\right] w \\
&= w^\top \left[\frac{1}{n}\bar{X}\bar{X}^\top\right] w \\
&= w^\top C w
\end{aligned}$$

dove

$$t_i = (x_i - c)^T w \qquad \bar{X} = [\bar{x_1}, \ldots, \bar{x_n}] \qquad \bar{x_i} = (x_i - \bar{x})$$

e in particolare, C è della *matrice della covarianza*

Dunque abbiamo ottenuto che la varianza è data da:

$$\mathbf{Var}[t] = w^\top C w$$

dove C è la matrice della covarianza, definita come:

$$C = \begin{bmatrix} x_1x_1 & \ldots & x_1x_n \\ x_2x_1 & & x_2x_n \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ x_nx_1 & \ldots & x_nx_n \end{bmatrix}$$

2.0.2 Autovalori e autovettori

Teorema 1: *Condizioni soluzione a sistema*

Dato un sistema lineare nella forma $Ax = 0$, allora questo presenta soluzioni diverse da 0 se e solo se

$$\det(A) = 0$$

Definizione 3: *Autovettore e autovalore*

Data una matrice A quadrata di dimensione $n \times n$ allora x si dice un suo autovettore *relativo al valore* λ se vale che

$$Ax = \lambda x$$

In particolare, per trovare autovettori e autovalori posso risolvere la seguente:

$$\det(A - \lambda I) = 0$$

questo perchè:

$$\begin{aligned} Av &= \lambda v \\ Av - \lambda v &= 0 \\ (A - \lambda I)\, v &= 0 \end{aligned}$$

la quale ha soluzioni non nulle se e solo se $\det(A - \lambda I) = 0$

Teorema 2: *Numero autovettori*

Data una matrice quadrata di dimensione $n \times n$, allora questa ha al massimo n autovettori linearmente indipendenti.

Teorema 3: *Numero autovettori in matrice simmetrica*

Data una matrice simmetrica quadrata di dimensione $n \times n$, allora questa ha esattamente n autovettori linearmente indipendenti.

2.0.2 Decomposizione di matrici

Data una matrice $A \in \mathbb{R}^{m \times m}$ simmetrica

- Allora esiste $U = [\mathbf{u}_1, \ldots, \mathbf{u}_m] \in \mathbb{R}^{m \times m}$ and $\boldsymbol{\lambda} = (\lambda_1, \ldots, \lambda_m)^\top \in \mathbb{R}^m$ tale per cui:
$$A = U \Lambda U^\top$$
  - $U \in \mathbb{R}^{n \times n}$ una matrice che ha per colonne gli *autovettori*
  - $\Lambda \in \mathbb{R}^{n \times n}$ una matrice che ha sulla diagonale *gli autovalori* ordinati
  - $U^\top U = U U^\top = I$
- O in alternativa
$$A = \sum_{j=1}^{m} \lambda_j \mathbf{u}_j \mathbf{u}_j^\top$$
  - u_j autovettore
  - λ_j il corrispondente autovalore
- Nota che gli *autovalori* vengono presi in ordine $\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \cdots \geq \lambda_m$

2.0.3 Obiettivo

L'obbiettivo del nostro problema è trovare un sistema di riferimento in cui i il primo asse sia parallelo alla direzione con varianza massima, formalmente:

$$w_i = \text{argmax}\left\{w^\top C w : \ w^\top w = 1, \quad w \perp w_j \quad \forall j : 1 \leq j \leq i <\right\}$$

si può dimostrare che le la soluzione a questo problema di massimizzazione è dato dagli *autovettori* di C. In particolare, la i-esima componente principale è data dall'i-esimo autovettore di C. Per trovare gli autovettori di C ho due metodi:

Eigenvalue decomposition : data $A \in \mathbb{R}^{m\times m}$ *simmetrica* allora esiste

- $U = [u_1, \ldots, u_m] \in \mathbb{R}^{m\times m}$
- $\lambda = [\lambda_1, \ldots \lambda_m]$

tale per cui

$$A = U\Lambda U^\top$$

dove

$$\Lambda = \begin{bmatrix} \lambda_1 & & \\ & \ddots & \\ & & \lambda_m \end{bmatrix}$$

SVN (Singular Value Decomposition) : data $A \in \mathbb{R}^{m\times n}$, allora esistono:

- $U = [u_1, \ldots, u_m] \in \mathbb{R}^{m\times k}$
- $s = [s_1, \ldots, s_n] \in \mathbb{R}^k$

tali per cui

$$A = USV^\top$$

dove

$$\Lambda = \begin{bmatrix} s_1 & & \\ & \ddots & \\ & & s_m \end{bmatrix}$$

2.0.4 Equivalenza metodi:

Dato il fatto che $C = \frac{1}{n}\bar{X}\bar{X}^\top$, allora posso

- Chiamare $U, \lambda = \text{eig}\,(C)$
- Chiamare $U, s, V = \text{SVN}\left(\bar{X}\right)$ e calcolare

$$\lambda = \left[\frac{\lambda_1^2}{n}, \ldots, \frac{\lambda_n^2}{n}\right]$$

L'equivalenza dei due metodi è data dal fatto che:

$$C = \frac{1}{n}\bar{X}\bar{X}^\top = \frac{1}{n}USV\,(USV)^\top = \frac{1}{n}\,(USV)\left(V^\top S^\top U^\top\right) = \frac{1}{n}US^2U^\top$$

quindi

$$C = \frac{1}{n}US^2U^\top$$

2.0.5 Pseudocodice

Algoritmo 2: *PCA with eigenvalue decomposition*

Input: Data points $X = [x_1, \ldots, x_n]$
Output: Principal components $U = [u_1, \ldots, u_m], \lambda = [\lambda_1, \ldots, \lambda_m]$

`pca_eigen(`X`):`

▷ `Centring points`
$\bar{X} = X - \frac{1}{n} X 1_n 1_n^\top$;

▷ `Compute covariance matrix`
$C = \frac{1}{n} \bar{X} \bar{X}^\top$;

▷ `Eigenvalue decomposition`
$U, \lambda =$ `eig(`C`)`;

return U, λ;

dove 1_n è un vettore *colonna* di dimensione n con tutti gli elementi uguali a 1.

Algoritmo 3: *PCA with SVD*

Input: Data points $X = [x_1, \ldots, x_n]$
Output: Principal components $U = [u_1, \ldots, u_k], \lambda = [\lambda_1, \ldots, \lambda_n]$

`pca_svd(`X`):`

▷ `Centring points`
$\bar{X} = X - \frac{1}{n} X 1_n 1_n^\top$;

▷ `SVN decomposition`
$U, s, V =$ `svd(`$\bar{X}$`)`;

▷ `Computing` λ
$\lambda = \left(\frac{s_1^2}{n}, \ldots, \frac{s_k^2}{n} \right)$;

return U, λ;

dove 1_n è un vettore *colonna* di dimensione n con tutti gli elementi uguali a 1.

Nota che per ridurre le dimensioni dei valori di un qualsiasi campione è sufficiente trovare la sua proiezione sulle componenti principali. Ricordando che la proiezione di b su a è data da $a \cdot b = a^\top b$, possiamo generalizzare al nostro caso.

Dato $\hat{W} = [w_1, \ldots, w_k]$ contente le componenti principali e $\bar{X}\,[x_1, \ldots, x_n]$ contenente i campioni da proiettare, allora

$$T = \hat{W}^\top \bar{X}$$

T ha *come colonne* le proiezioni dei campioni sulle componenti principali

2.0.6 Trovare di quanto ridurre

Al fine di trovare un numero di dimensioni oppurtuno per cui si vuole effettura la riduzione è possibile stimare la quantità di informazione persa con le sguenti formule:

$$\frac{\sum_{j=1}^{k} \lambda_j}{\sum_{j=1}^{m} C_{jj}}$$

Eigenvalue decomposition

$$\frac{\sum_{j=1}^{k} s_j^2}{\sum_{ij} \bar{X}_{ji}^2}$$

Singular value decomposition

queste due formule stimano la percentuale di informazione che viene ritenuta dopo aver ridotto la dimensione a k.

3 Clustering

3.1 k-means

- Dati dei punti $X = [x_1, \ldots, x_n] \in \mathbb{R}^{d \times n}$
- Impostato un numero di *cluster* k
- Partiziona i punti in k cluster minimizzando la *variazione* totale

$$\min_{\mathcal{C}_1,\ldots,\mathcal{C}_k} \sum_{j=1}^{k} V(\mathcal{C}_j)$$

- La variazione all'interno di un cluster $\mathcal{C}_j$ è definita come

$$V(\mathcal{C}_j) = \sum_{i \in \mathcal{C}_j} \|x_i - \mu_j\|^2$$

- Il centroide è solitamente dato dal "centro di massa" fra i punti:

$$\mu_j = \frac{1}{|\mathcal{C}_j|} \sum_{i \in \mathcal{C}_j} x_i$$

3.1.1 Pseudocodice

Algoritmo 4: *k-means*

```
k_clustering(X):
    ▷ Initialization strategy to get initial cluster centroids
      μ_1, ..., μ_k
    while clusters change do
        for x_i ∈ X do
            Assign x_i to the closest centroid, i.e.
            C_j = {i ∈ {1, ..., n} : j = arg min_ℓ ‖x_i − μ_ℓ‖}
        Compute new cluster centroids μ_1, ..., μ_k;
    return C_1, ..., C_k;
```

3.1.2 Note

- Algoritmo termina sempre, ma potrebbe finire in *minimo locale*, non globale. La *loss function* non è convessa
- Risultati variano molto in base a come si scelgono i cluster iniziali. I metodi più comuni sono:
  - Random points (not examples) in the space
  - Randomly pick examples
  - Points least similar to any existing center (furthest centers heuristic)
  - Try out multiple starting points
  - Initialize with the results of another clustering method
- Complessità ad ogni iterazione:
  - $O(kn)$ per assegnare ognuno degli n punti ad un cluster k
  - $O(n)$ computazione centroidi
- Talvolta la distanza euclidea è poco adeguata, vedi sezione 5.1
- L'assunzione di base sulla distribuzione dei dati è che questi siano disposti in maniera "sferica" (generizzabile a più dimensioni)

3.2 EM-clustering

L'EM assume che i dati provengano da una **miscela di distribuzioni gaussiane** (invece di cluster sferici come K-means). Ogni cluster è rappresentato da una gaussiana che può avere forma ellittica, permettendo di catturare cluster con forme più complesse.

- A differenza del K-means (assegnazione *hard*), qui un punto può appartenere a più cluster con probabilità diverse
- Ad esempio un punto può avere probabilità $p(\text{rosso}) = 0.8$ e $p(\text{blu}) = 0.2$

L'algoritmo alterna tra due passi principali:

- Per ogni punto x_i, calcola la *probabilità* $p(\theta_c|x_i)$ che appartenga a ciascun cluster c
- Ricalcola i parametri θ_c di ogni cluster (centro μ_c e matrice di covarianza Σ_c) usando le probabilità calcolate nel passo precedente
- Ogni punto contribuisce al nuovo centro in modo *pesato* secondo la sua probabilità di appartenenza

L'algoritmo continua ad alternare i due passi fino a convergenza:

$$\text{E-step:} \quad p(\theta_c|x_i) = \frac{p(x_i|\theta_c)p(\theta_c)}{\sum_{j=1}^{K} p(x_i|\theta_j)p(\theta_j)} \tag{1}$$

$$\text{M-step:} \quad \theta_c^{(\text{new})} = \arg\max_{\theta_c} \sum_{i=1}^{N} p(\theta_c|x_i) \log p(x_i|\theta_c) \tag{2}$$

L'algoritmo garantisce che la likelihood dei dati aumenti ad ogni iterazione (anche se può convergere a un ottimo locale).

Nota: $p\left(x_i \mid \theta_c\right)$ è la funzione gaussiana valutata in x_i. La generalizzazione della gaussiana in d dimensioni è:

$$\mathcal{N}[x; \mu, \Sigma] = \frac{1}{(2\pi)^{d/2}\sqrt{\det(\Sigma)}} \exp\left[-\frac{1}{2}(x-\mu)^T\Sigma^{-1}(x-\mu)\right]$$

dove Σ è la *matrice di covarianza* che descrive la forma dell'ellisse del cluster e μ è la *media*

3.3 Specteal clustering

Lo spectral clustering può aiutare nel momento in cui i dati non sono distribuiti in maniera gaussiana o circolare. L'algoritmo funziona così:

- Costruzione grafo secondo qualche criterio
- Partizione del grafo minimizzando il peso del taglio, ossia

  $$\operatorname{cut}(A, B) = \sum_{x \in A, y \in B} w(x, y)$$

  più nello specifico, si cerca di minimizzare il taglio normalizzato:

  $$\operatorname{Ncut}(A, B) = \frac{\operatorname{cut}(A, B)}{\operatorname{vol}(A)} + \frac{\operatorname{cut}(A, B)}{\operatorname{vol}(B)}$$

  nota che il taglio va *normalizzato* per evitare che il taglio sia influenzato dalla dimensione dei cluster, evitando tagli in cui ho 99 nodi da una parte e 1 dall'altra

Il problema può essere generalizzato ad un problema di autovalori

3.4 Clustering gerarchico

L'idea del clustering gerarchico è di procedere in maniera *agglomerativa* e *bottom-up*, aggregando gruppi simili

- Ogni elemento ξ è inizialmente un cluster
- Unisco gruppi secondo qualche criterio
- Termino quando rimane un singolo cluster

La struttura gerarchica ottenuta è detta *dendogramma*

Ciò che caratterizza un algoritmo è proprio come si definisce la distanza fra clusters. Ci sono molte opzioni quali: closest pair, farest pair, average among all distances, etc

3.4.1 Pseudocodice

Formalmente, per risolvere il problema decsritto in eq. (2), è necessario procedere come segue:

$$N_c = \sum_{i=0}^{k} p\left(x \mid \theta_c\right)$$

$$\Sigma_c = \frac{1}{N_c} + \sum_{i=1}^{n} p\left(\theta_c \mid x_i\right) \cdot \bar{x_i}\bar{x_i}^\top$$

$$\pi_c = p\left(\theta_c\right) = \frac{N_c}{n}$$

Algoritmo 5: *EM-clustering*

Input: Data points $X = [x_1, \ldots, x_n] \in \mathbb{R}^{d \times n}$, number of clusters K
Output: K clusters with parameters $\theta_c = (\mu_c, \Sigma_c, \pi_c)$

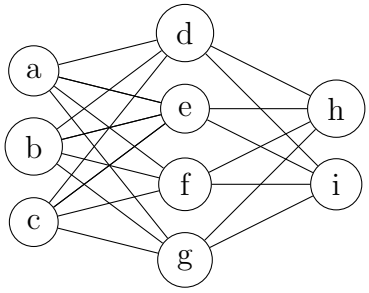
`em_clustering`(X, K)`:`

- ▷ `Inizializzo` π
- **for** $c \in K$ **do**
  - $\pi_i = \frac{1}{k}$
- **while** *clusters change* **do**
  - ▷ `E-step: calcolo le probabilità di appartenenza`
  - **for** $c \in K$ **do**
    - $\gamma_{iC} = p\left(\theta_c, \xi\right) = \dfrac{p(x_i|\theta_c)p(\theta_c)}{\sum_{j=1}^{K} p(x_i|\theta_j)p(\theta_j)}$;
  - ▷ `M-step: aggiorno gaussian parameters`
  - **for** $c \in K$ **do**
    - $N_c = \sum_{i=0}^{k} p\left(x \mid \theta_c\right)$;
    - $\Sigma_c = \dfrac{1}{N_c} + \sum_{i=1}^{n} p\left(\theta_c \mid x_i\right) \cdot \bar{x_i}\bar{x_i}^{\top}$;
    - $\pi_c = p\left(\theta_c\right) = \dfrac{N_c}{n}$;

3.4.2 Vantaggi rispetto a k-means

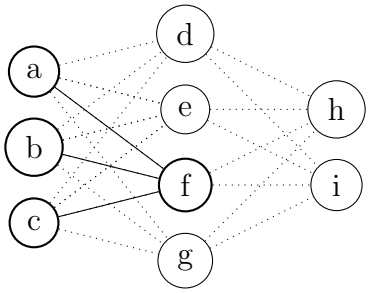
1. *Cluster ellittici*: Può gestire cluster con forme allungate, non solo circolari
2. *Clustering soft*: Fornisce probabilità di appartenenza invece di assegnazioni rigide
3. *Maggiore flessibilità*: La matrice di covarianza permette di catturare correlazioni tra le features

4 Reti neurali



4.1 Calcolo output predetto

Data una rete neurale con L layers, l'idea è che ogni nodo ha un'attivazione, ogni edge un peso. Per calcolare l'attivazione di un nodo t devo fare una "somma pesata" di tutti i nodi ai quali è collegato t.



in questo caso:

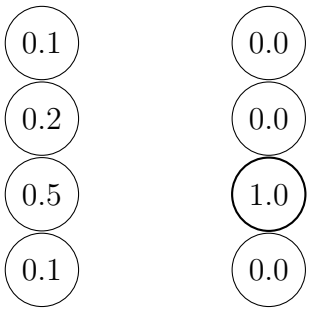
$$\text{Attizazione di } f \ = h(z_f = z_a + w_{af} + z_b + w_{bf} + z_c + w_{cf} + b_f)$$

dove b_f è il bias di f e h è la funzione di attivazione. In termini generali:

$$z_t = \sum_{i \in \mathcal{N}(t)} w_{it} z_i + b_t$$

4.1.1 Classicifazione: softmax + cross-entropy

Una volta calcolate le attivazioni dell'ultimo layer per confrontarle con il risultato atteso (y) posso procedere come segue. Supponendo di avere



scores/logits (l) label (y)

Softmax : la funzione *softmax* è definita come:

$$\text{softmax}\,(l) = S\,(l) = \frac{\exp\,(l_i)}{\sum_{j=1}^{k} \exp\,(l_j)}$$

intuitivamente:

- Applica esponenziale a ogni score z_i per enfatizzare gli outliers
- Normalizza il vettore l rendendolo una distribuzione di probabilità

questo equivale a creare il vettore:

$$S(l) = \left[\frac{e^{l_1}}{\sum_j e^{l_j}}, \ldots, \frac{e^{l_m}}{\sum_j e^{l_j}} \right]$$

Cross-entropy loss : la *cross-entropy* è definita come:

$$\text{cross-entropy}(l, y) = \mathcal{L}(l, y) = \sum_k y_k \log(S(l_k))$$

In termini vettoriali, dato l il vettore degli score e y ossia la label che indica il risultato atteso, allora la *cross-entropy* è definita come:

$$\mathcal{L}(l, y) = S(l)^\top y$$

Esempio : nel nostro caso:

$$S(l) = S([0.1, 0.2, 0.5, 0.1]) = \frac{1}{\sum_j e^j} \left[e^{0.1}, e^{0.2}, e^{0.5}, e^{0.1} \right]$$

calcolo la sommatoria:

$$\sum_i e^{l_i} = e^{0.1} + e^{0.2} + e^{0.5} + e^{0.1} \approx 3.2$$

dunque

$$S(l) = \frac{1}{3.2} [1.1, 1.2, 1.6, 1.1] \approx [0.34, 0.38, 0.5, 0.34]$$

4.1.2 Regressione: softmax + cross-entropy

Se il vettore l degli scores deve dare origine ad una regressione di n valori allora posso calcolare la distanza dal valore atteso $\hat{y}$ con la loss quadratica:

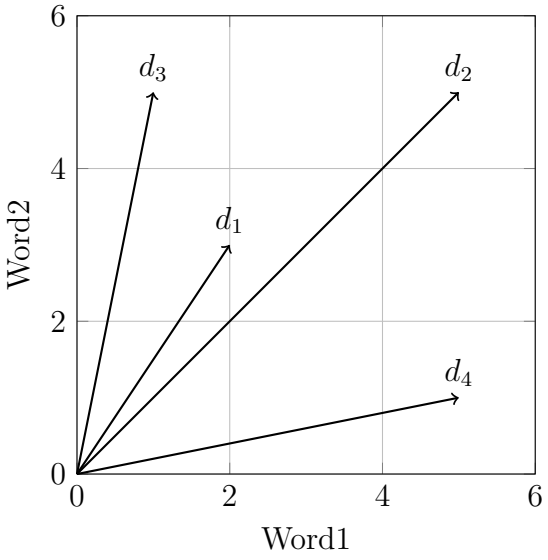
$$\mathcal{L}(l, \hat{y}) = \frac{1}{2} \sum_{i=1}^{n} (l_i - \hat{y}_i)^2$$

nota che questa loos function è relativa *al singolo input* x_i

5 Miscellanea nozioni

5.1 Cosine distance

In alcuni casi la distanza euclidea non è adeguata per valutare quanto due vettori sono simili. Ad esempio, se classificassimo documenti sulla base delle parole contenute e avessimo:



in questo caso d_1 e d_2 sono molto distanti mentre dal punto di vista logico risultano molto simili. Per questo è più efficiente la *cosine similarity*

$$\text{sim}\,(x, y) = \frac{x}{||x||} \cdot \frac{y}{||y||}$$

nota come $\text{sim}\,(x, y) \in [0, 1]$. Similmente:

$$\text{d}\,(\text{x}, \text{y}) = 1 - \text{sim}\,(x, y)$$