

POLITECHNIKA WROCŁAWSKA

WYDZIAŁ ELEKTRONIKI

KIERUNEK: INFORMATYKA

SPECJALNOŚĆ: SYSTEMY INFORMATYKI W MEDYCYNIE

PRACA DYPLOMOWA

MAGISTERSKA

Analiza porównawcza wybranych metod
selekcji cech w zadaniu klasyfikacji danych
niezbalansowanych.

Comparative analysis of feature selection
techniques in imbalanced data classification
problems.

AUTOR:

Maciej Hajduk

PROWADZĄCY PRACĘ:

dr inż. Paweł Trajdos, K02W04D03

Spis treści

1	Wstęp	6
1.1	Wprowadzenie	6
2	Analiza problemu	9
2.1	Przegląd literatury	9
2.2	Cel selekcji cech	10
2.3	Podstawowy podział	11
2.3.1	Metody rankingowe	11
2.3.2	Metody opakowane	12
2.3.3	Metody wbudowane	12
2.4	Selekcja cech a ekstrakcja	12
2.5	Problem niezrównoważonego rozkładu klas	13
2.6	Metody klasyfikacji danych niezbalansowanych	14
2.6.1	Metody na poziomie danych	15
2.6.2	Metody na poziomie algorytmów	15
2.6.3	Podejścia hybrydowe	16
2.7	Metody oparte o selekcję cech	16
2.7.1	Correlation coefficient	17
2.7.2	Chi-square	18
2.7.3	Information Gain	19
2.7.4	Relief i ReliefF	20
2.7.5	ANOVA	21
3	Założenia i plan eksperymentu	24
3.1	Generowanie wyników	24
3.2	Ocena działania algorytmów	25
3.3	Generowanie zbioru treningowego i testowego	26
3.4	Zbiory danych	27
3.4.1	Credit Card Fraud Detection	27
3.4.2	Health Insurance Cross Sell	28
3.4.3	Mushroom Classification	28
3.4.4	Zbiór 'Custom'	29
3.4.5	Pozostałe zbiory danych	30
3.5	Przygotowanie danych	30
3.5.1	Przygotowanie zbioru CCFD	31
3.5.2	Przygotowanie zbioru HICS	31
3.5.3	Przygotowanie zbioru Mushroom	31
3.5.4	Przygotowanie zbioru Custom	31
3.5.5	Przygotowanie pozostałych zbiorów	32
3.6	Eksperymenty	32

4	Wyniki	35
4.1	Badanie optymalnej ilości cech	35
4.1.1	Kombinacja wszystkich metod i każdej możliwej liczby cech	35
4.1.2	Badanie liczby cech dla której wyniki odpowiadają wynikom klasyfikacji na pełnym zbiorze	39
4.1.3	Porównanie metod w ramach ustalonej ilości cech	41
4.2	Badanie różnic wydajnościowych	44
5	Wnioski	46
5.1	Podsumowanie	46
5.2	Praktyczne zastosowanie eksperymentów	47
5.3	Dalsze możliwości rozwoju	47
6	Bibliografia	49
	Zawartość płyty CD	55

Spis rysunków

2.1	Trzy główne podejścia do problemu selekcji cech - metody rankingowe (a), opakowane (b) oraz wbudowane (c).	11
2.2	Przykład niezrównoważonego rozkładu klas.	14
2.3	Interpretacje współczynnika korelacji dla różnych zbiorów danych.	18
2.4	Wybór elementów <i>near hit</i> oraz <i>near miss</i> w każdej iteracji działania algorytmu.	21
3.1	Graficzna reprezentacja działania algorytmu KNN - przydzielenie badanej instancji do jednej z dwóch klas na podstawie jej sąsiadów. Obiekt może zostać oetykietowany inaczej w zależności od parametrów, w tym przypadku promienia obszaru.	24
3.2	Graficzna reprezentacja działania algorytmu walidacji krzyżowej.	26
3.3	Dystrybucja klas i danych dla zbioru Credit Card Fraud Detection.	27
3.4	Dystrybucja klas i danych dla zbioru Health Insurance Cross Sell.	28
3.5	Dystrybucja klas i danych dla zbioru Mushroom.	29
3.6	Dystrybucja klas i danych dla zbioru Custom.	29
3.7	Dystrybucja wartości dla cech <i>Time</i> oraz <i>Amount</i>	31
3.8	Fragment pliku w formacie .csv zawierającego rezultaty przeprowadzanych eksperymentów.	32
4.1	Wyniki F1 Score, jakie udało się uzyskać dla poszczególnych metod i zbiorów.	36
4.2	Procentowa liczba cech, dla której każda metoda uzyskała najlepszy wynik.	36
4.3	Uśrednione rangi F1 Score i liczby cech dla wszystkich zbiorów, dla poszczególnych metod.	37
4.4	Macierz prezentująca wyniki testu Wilcoxona objaśniające różnice statystyczne pomiędzy najlepszymi wynikami wszystkich metod.	37
4.5	Procentowa liczba cech wymagana do spełniania hipotezy zerowej testu Wilcoxona dla części zbiorów danych (stopień niezbalansowania pomiędzy 1:1.5 a 1:9).	40
4.6	Porównanie wyników F1 Score dla części zbiorów danych (stopień niezbalansowania pomiędzy 1:1.5 a 1:9) - 20% i 60% cech.	41
4.7	Porównanie wyników F1 Score dla części zbiorów danych (stopień niezbalansowania pomiędzy 1:20 a 1:100) - 20% i 60% cech.	42
4.8	Porównanie wyników F1 Score dla zbiorów <i>CCFD</i> , <i>Mushroom</i> oraz <i>Custom</i> - 20%, 40%, 60% i 80% cech.	42
4.9	Macierz prezentująca wyniki testu Wilcoxona objaśniające różnice statystyczne pomiędzy metodami z różną liczbą cech.	43

Spis tablic

4.1	Porównanie średniej ilości wybranych cech oraz uśrednionego wyniku F1 Score dla każdej z metod, dla części zbiorów (stopień niezbalansowania pomiędzy 1:1.5 a 1:9).	38
4.2	Porównanie średniej ilości wybranych cech oraz uśrednionego wyniku F1 Score dla każdej z metod, najobszerniejsze zbiory danych.	38
4.3	Porównanie średniej ilości wybranych cech oraz uśrednionego wyniku F1 Score i zbalansowanej dokładności dla każdej z metod, wszystkie zbiory danych. . . .	39

1 Wstęp

1.1 Wprowadzenie

Celem pracy było porównanie różnych metod selekcji cech w problemie trenowania algorytmów uczenia maszynowego na danych niebalansowanych. W jej ramach, przedstawione i opisane zostały popularne obecnie metody selekcji oraz przeprowadzone zostały eksperymenty dla przykładowych zbiorów danych, zarówno rzeczywistych jak i syntetycznych, celem których było stworzenie rankingu algorytmów. Autor sprawdził, jak właściwie przeprowadzona selekcja wpływa na jakość wyników dostarczanych przez program klasyfikujący dane i jak przytoczone przez niego metody radzą sobie z danymi, w których występuje znaczna przewaga liczebności jednej klasy. Aspekt inżynierski polegał na implementacji zaproponowanych w pracy eksperymentów, co pozwoliło na kompleksowe porównanie algorytmów.

The purpose of this paper was to compare different feature selection methods in the problem of training machine learning algorithms on imbalanced datasets. As part of it, currently popular selection methods were presented and described, and experiments were conducted for example datasets - both real and synthetic, with the goal of which was to create a ranking of algorithms. The author of the paper examined how properly performed selection affects the quality of results provided by a data classification program and how methods cited by him deal with data in which one class is significantly imbalanced. The engineering aspect consisted in the implementation of the experiments proposed in the paper, which allowed for a comprehensive comparison of algorithms.

Praca swoim zakresem objęła porównanie popularnych metod selekcji cech w ramach kilku wybranych zbiorów danych. Napisana w jej ramach biblioteka pozwoliła na stworzenie eksperymentów kompleksowo porównujących wyniki różnych algorytmów testowanych na kilkuset zestawach danych. Dane te posłużyć mogą do wyboru najodpowiedniejszej metody we wszelkich problemach klasyfikacyjnych, w których elementy wykazują szczególną nadreprezentację jednej bądź kilku klas. Zamieszczone w pracy podsumowanie zawiera wyniki przeprowadzonych przez autora badań.

Praca składa się z czterech rozdziałów:

Rozdział pierwszy: Omówienie analizy wybranego problemu, przedstawienie motywacji podjęcia tego tematu oraz przegląd literatury. Opisano w nim podstawowe metody selekcji cech i wyjaśnienie różnicy pomiędzy selekcją oraz ekstrakcją cech. Zawarto opis szczegółowej charakterystyki zagadnienia i problemu jakim jest niezrównoważony rozkład klas w algorytmie uczenia maszynowego. W rozdziale zamieszczono szczegółowy opis poszczególnych, wykorzystanych później metod selekcji, wraz z ich matematyczną interpretacją.

Rozdział drugi: Założenia i plan eksperymentu. W rozdziale drugim zawarto informacje zwią-

zane z inżynierskim aspektem pracy, czyli projekt systemu, szczegółowy plan poszczególnych eksperymentów i opis zbiorów danych, jakie użycie podczas doświadczeń. Swoim zakresem rozdział objął krótki opis użytych przez autora bibliotek oraz wykorzystywanych funkcji.

Rozdział trzeci: Podsumowanie uzyskanych wyników. W rozdziale zawarto rezultaty eksperymentów oraz testów opisanych w rozdziale drugim. Zamieszczone table i wykresy pozwalają na czytelną interpretację danych.

Rozdział czwarty: W czwartym rozdziale zawarto interpretację wyników oraz konfrontację ich z hipotezą postawioną na początku pracy. Wyjaśniono potencjalne zastosowanie przeprowadzonych w ramach pracy eksperymentów. Przedstawiono możliwości rozwoju projektu.

Udało się zrealizować wszystkie postawione cele.

2 Analiza problemu

Uczenie maszynowe to bardzo dynamicznie rozwijająca się gałąź informatyki. Niezwykły rozwój wynika z zapotrzebowania na wykrywanie prawidłowości, na uogólnianie oraz precyzowanie danych. Takie możliwości pozwoliły na znalezienia zastosowania dla algorytmów sztucznej inteligencji w wielu różnych branżach - począwszy od medycyny, poprzez finanse, produkcję i przemysł rozrywkowy. Tak duży przekrój różnych zastosowań wymaga ciągłego ulepszania istniejących już wzorców oraz tworzenia nowych, lepszych i bardziej efektywnych algorytmów. W większości praktycznych problemów klasyfikacji obiektów, autor operuje na dużej liczbie cech. Warto jednak pamiętać, że w tym przypadku *wiele* - nie oznacza lepszych rezultatów. Należy przytoczyć pojęcie „*przekleństwa wielowymiarowości*” [1]. Oznacza ono, że większy wymiar wymaga od programisty znacznie większej liczby danych, dodatkowo wraz ze wzrostem liczby cech wykładniczo rośnie liczba możliwych wariantów dopasowań, co znacznie zwiększa złożoność obliczeniową algorytmów.

Aby uniknąć problemów generowanych przez zbyt dużą liczbę atrybutów, a jednocześnie wykorzystać te, które zapewniają jak najlepszą separowalność klas, zazwyczaj pierwszym krokiem w zadaniu klasyfikacji jest selekcja lub ekstrakcja najodpowiedniejszych cech [2].

2.1 Przegląd literatury

Zarówno sam problem selekcji cech jak i sposoby radzenia sobie z nierównomiernym rozkładem klas to - szczególnie w ostatnich latach - często poruszany problem, co skutkuje dużym przekrojem prac, również w ujęciu czysto dziedzinowym - jak wykorzystanie konkretnych algorytmów dla bardzo konkretnych zastosowań.

Wstępną analizę problemu przedstawili Garba Abdulrauf Sharifai, i Zurinahni Zainol w pracy *Feature Selection for High-Dimensional and Imbalanced Biomedical Data Based on Robust Correlation Based Redundancy and Binary Grasshopper Optimization Algorithm* [3]. Autorzy opisali w niej problem niezbalansowania danych i podejścia do niego, bazujące na istniejących metodach doboru cech. Skupili się szczególnie na zaproponowanej przez siebie metodzie mającej łączyć różne metody filtrujące. Jest to dobre wprowadzenie do zadania selekcji cech i problemu radreprezentacji klas, a przytoczone metody są szczegółowo opisane co pozwala na dogłębne zrozumienie tematu. W podobnej pracy *Feature selection for high-dimensional imbalanced data*, twórcy - Liuzhi Yin, Yong Ge, Keli Xiao, Xuehua Wang i Xiaojun Quan przyjrzeni się wpływowi, jaki na udaną selekcję ma zbiór danych [4]. Postanowili przeprowadzić szereg eksperymentów, w szczególności dzieląc duże klasy na stosunkowo mniejsze pseudo-klasy i sztucznie generując ich etykiety. Na podstawie swoich badań zaprezentowali nową metodę selekcji opartą na tak zwanej *odległości Helingera*. Testy autorów pracy badają skuteczność tej metody na tle znanych już metod redukcji atrybutów. Twórcy pracy *A Survey on Evolutionary Computation Approaches to Feature Selection* zajęli się przeglądem znanych metod tworząc dokument podsumowujący każdą

z nich, z jej wadami oraz zaletami. Punktem, na jakim szczególnie skupili swoją uwagę są nowoczesne techniki oparte o algorytmy ewolucyjne. Artykuł zawiera kompleksowy przegląd prac naukowych dotyczących tematu oraz a przytoczone badania pozwalają na dobranie odpowiedniej metody do zadanego zadania [5]. W 2014 roku Deepika Tiwari opisała w artykule *Handling Class Imbalance Problem Using Feature Selection* działanie kulku algorytmów wyboru cech dla niezerównoważonych zbiorów danych [6]. W swoich eksperymentach skupiła się na uzyskaniu jak najlepszych wyników, co uzyskała modyfikując popularny algorytm RELIEFF, aby rozwiązać problem nierównowagi klas. W 2008 roku Chen Xuwen i Michael Wasikowski zaproponowali w swojej pracy *Combating the Small Sample Class Imbalance Problem Using Feature Selection* porównanie różnych algorytmów stworzonych pierwotnie na potrzeby zadań klasyfikacji tekstu [7]. Na uwagę zasługuje przytoczona przez autorów metoda nazwana FAST, która jest ich zdaniem doskonałą metodą redukcji cech, zwłaszcza w przypadku zbiorów o niewielkiej ich liczbie. Mark A. Hall porusza temat selekcji cech w swojej książce *Correlation-based Feature Selection for Machine Learning*, badając wartość zestawu cech na podstawie korelacji pomiędzy nimi. Autor przeprowadził szereg eksperymentów i porównał wymyśloną przez siebie metodę opartą o współczynnik korelacji z metodami powszechnie stosowanymi, starając się między innymi wyodrębnić problemy, dla których jego algorytm jest najbardziej skuteczny [2]. Analiza *COLL Challenge 2000* przeprowadzona przez Elkana Charlesa wykazała, że zwykłe algorytmy selekcji cech nie były wystarczająco dobre do zadania klasyfikacji danych niezbalansowanych [8]. Stwierdził on, że na etapie selekcji należy rozważyć interakcję między różnymi cechami, a największą wadą, jaką znalazł w przypadku większości stosowanych metod selekcji cech, jest fakt, że nie rozważają one wysoce skorelowanych cech. Isabelle Guyon i André Elisseeff przeprowadzili solidną analizę teoretyczną w pracy *An Introduction of Variable and Feature Selection*. Wykazali w niej, że same nieistotne cechy mogą być przydatne w połączeniu z innymi cechami, a połączenie dwóch silnie skorelowanych cech może być lepsze niż każda z nich niezależnie [9].

Warto zwrócić uwagę na to, że niewiele jest prac naukowych badających skuteczność selekcji cech w zadaniu klasyfikacji danych niezbalansowanych. W szczególności, większość twórców skupia się na uzyskaniu jak najlepszych wyników, implementując w tworzone przez siebie algorytmy inne metody radzenia sobie z niezbalansowaniem, takie jak *oversampling* albo *boosting*. Autorzy artykułów posługują się w badaniach niewielką ilością specjalnie przystosowanych zbiorów, co nie pozwala na obiektywne i kompleksowe porównanie różnych metod. Motywacją tej pracy było uzupełnienie istniejących w aktualnym stanie wiedzy luk. W ramach testów zbadane zostały przytoczone w analizie literatury algorytmy, a duża liczba zróżnicowanych zbiorów danych pozwoliła na otrzymanie rzeczywistych wyników.

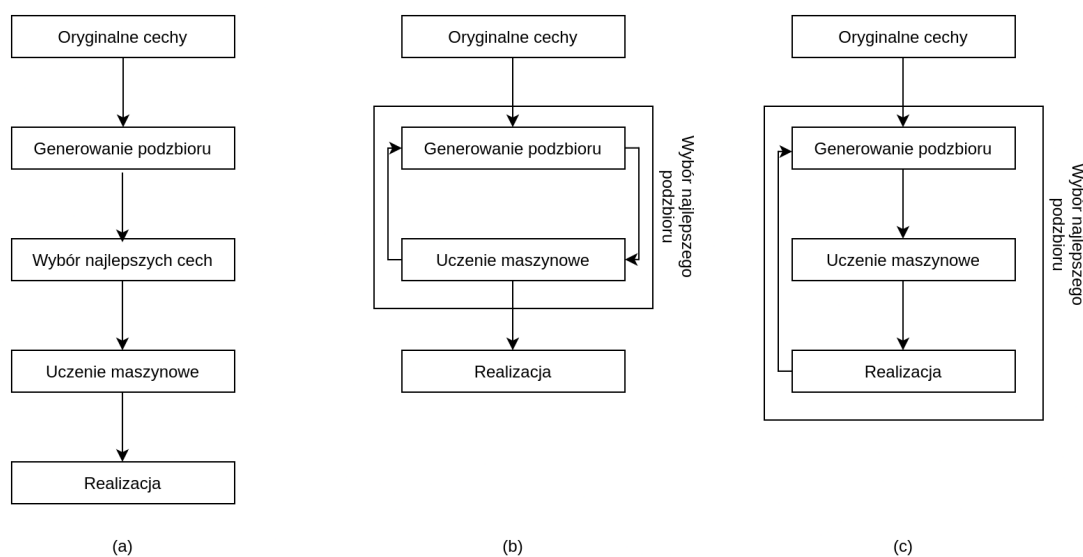
2.2 Cel selekcji cech

Selekcja cech polega na identyfikacji tych elementów puli atrybutów, które uznawane są za najlepsze deskryptory rozważanych kategorii. Zaletą selekcji jest możliwość zbadania tych deskryptorów, które są istotne z punktu widzenia danego zadania klasyfikacji, czyli jednocześnie zrozumienia różnic między analizowanymi kategoriami. Wybór najbardziej istotnych atrybutów

badanych obiektów przekłada się bezpośrednio na poprawne działanie klasyfikatora [hallmark]. Dyspozycja coraz większymi bazami danych zmusza do optymalizacji procesu. Gwałtownie rosnąca liczba cech stanowi poważny problem - powoduje nie tylko wydłużenie procesu uczenia oraz wzrost złożoności klasyfikatora, ale niesie ze sobą także ryzyko spadku prawdopodobieństwa poprawnej klasyfikacji. Związane jest to z tak zwanym “przekleństwem wymiarowości” [10]. Zjawisko to zachodzi zazwyczaj, gdy liczba cech znacznie przewyższa liczebność samego zbioru danych. Zadaniem selekcji jest również lepsze zrozumienie problemu oraz zmniejszenie kosztów archiwizacji przyszłych danych. W kolejnych rozdziałach opisane zostaną trzy główne metody tworzenia algorytmów selekcji: metody rankingowe - zwane filtrami, metody opakowane oraz metody wbudowane [11]. Dla każdej z wymienionych metod zostanie określona idea, oraz przedstawione zostaną algorytmy reprezentujące daną metodologię [2][9][10].

2.3 Podstawowy podział

W rozdziałach 2.3.1 - 2.3.3 opisane zostały trzy główne metody tworzenia algorytmów selekcji. Podział ten i działanie każdej z metod obrazuje rysunek 2.1.



Rysunek 2.1: Trzy główne podejścia do problemu selekcji cech - metody rankingowe (a), opakowane (b) oraz wbudowane (c).

2.3.1 Metody rankingowe

Najprostsze podejście do problemu selekcji cech reprezentowane jest poprzez metody rankingowe, nazywane też filtrami [11]. Jak sama nazwa wskazuje, do zadania selekcji przy pomocy metod rankingowych należy podejść wyróżniając w zbiorze cech następujące grupy: cechy istotne, nieistotne i redundantne. Istotne - to takie, które odróżniają od siebie klasy, nieistotne

nie niosą informacji dla problemu klasyfikacji, a cechy redundantne to atrybuty których role z powodzeniem mogą przejąć inne cechy. Metody rankingowe polegają więc na znalezieniu pewnej miary pozwalającej stworzyć ranking cech, a następnie wybrać najlepsze, a odrzucić najgorsze atrybuty. Metody rankingowe zazwyczaj są najszybsze i - co istotne - nie zależą one od używanej metody analizy danych [4, 17]. Ich istotną wadą stanowi brak możliwości uwzględnienia zależności pomiędzy cechami [6]. Kolejne opisane typy metod selekcji tej wady nie posiadają. Podejście rankingowe do selekcji cech zostało zobrazowane na rysunku 2.1, w podpunkcie (a). Istnieje wiele popularnych filtrów, wśród których wyróżnić można najbardziej popularne - *chi-kwadrat*, *ANOVA* oraz *RELIEF* [6].

2.3.2 Metody opakowane

Podstawowymi i najpopularniejszymi metodami selekcji cech są metody opakowane, tak zwane wrappery [11]. W przeciwieństwie do metod rankingowych, w których algorytm selekcji i klasyfikator pozostają niezależne, w algorytmach opakowanych, ocena atrybutów dokonuje się przy użyciu konkretnego modelu. To właśnie efektywność samego klasyfikatora służy za miarę skuteczności metody. Zaletą metody jest jej uniwersalność i dokładność, natomiast wadą - wysoka złożoność obliczeniowa [11]. Dla efektywności tych algorytmów istotny jest sposób ustalania podzbioru cech [4, 17]. Wśród wielu sposobów wyszukiwania właściwego podzbioru, wyróżnić można najprostszy - przeszukanie całego zbioru podzbiorów. Jest to jednak rozwiązanie bardzo kosztowne. Wobec tego typowymi strategiami są: przeszukiwanie w przód, przeszukiwanie wstecz oraz tworzenie indywidualnego rankingu [6]. Popularnym algorytmem implementującym metodę opakowaną jest *RFE - Rekurencyjna eliminacja cech* [11]. Podejście opakowane do selekcji cech zostało zobrazowane na rysunku 2.1, w podpunkcie (b).

2.3.3 Metody wbudowane

Metody wbudowane zawierają się w algorytmie klasyfikacji i to na etapie tworzenia modelu przypisuje się poszczególnym cechom wagi lub przeprowadza się ich eliminację. Do algorytmów klasyfikacji z wbudowaną metodą selekcji zaliczyć można popularne *LASSO* i *RIDGE* [5][12][13]. W literaturze natknąć się też można na podpięcie do tej kategorii metody wektorów nośnych (*SVM*) czy też analizy składowych głównych (*PCA*) [5]. Zaletą tych metod jest ich szybkość, ponieważ użycie ich nie wiąże się z dodatkowymi operacjami na zbiorze [11][5][13]. Podejście wbudowane do selekcji cech zostało zobrazowane na rysunku 2.1, w podpunkcie (c).

2.4 Selekcja cech a ekstrakcja

Selekcja cech ma na celu wybranie pewnych atrybutów opisujących dane pod kątem tego, czy nadają się one do dalszego wykorzystania w klasyfikacji, przy jednoczesnym odrzuceniu innych danych [14]. Zawsze rozważana jest ona w kontekście kolejnych zadań i nie można oceniać jej

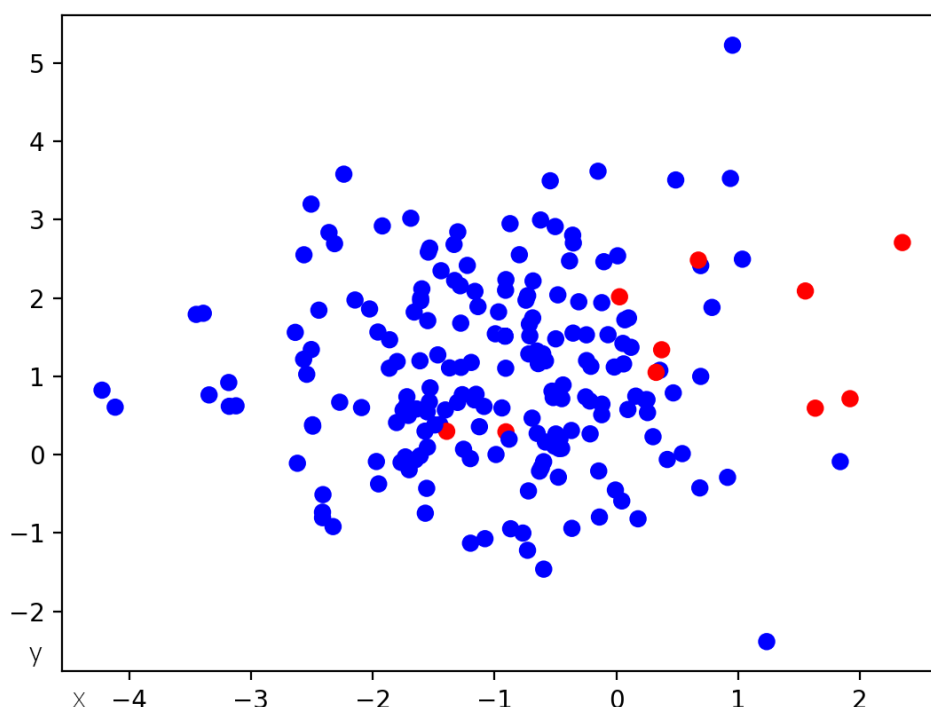
skuteczności w oderwaniu od wyników metody klasyfikacji wykorzystującej wybrane cechy. W większości przypadków budowany jest złożony model, który może zawierać jeden lub więcej algorytmów selekcji i co najmniej jeden klasyfikator.

Ekstrakcja cech natomiast polega na utworzeniu nowego zestawu atrybutów poprzez liniową lub nieliniową kombinację oryginalnych danych. W przeciwieństwie do selekcji, gdzie celem jest zawsze uzyskanie podzbioru wszystkich atrybutów, wykorzystanie ekstrakcji wiąże się z wymiarem przestrzennym mniejszym, równym lub nawet większym od wymiaru przestrzeni startowej [15][14]. Poprzez proces ekstrakcji, część początkowych cech zostaje utracona. Z tego powodu nie ekstrakcja, a selekcja cech jest obecnie najpowszechniejszą strategią służącą przygotowaniu reprezentacji analizowanych danych [15].

2.5 Problem nie zrównoważonego rozkładu klas

Wśród wielu dobrze zbadanych i szeroko wykorzystywanych rozwiązań bazujących na uczeniu maszynowym, najbardziej obiecującymi są te, mające ratować ludzkie życie. Złożone choroby, które trudno jest wykryć w ich początkowych stadiach, stanowią poważne dla niego zagrożenie. Postęp w dziedzinie sztucznej inteligencji i metodach statystycznych stworzył nowe możliwości klasyfikacji i diagnozy najbardziej śmiertelnych chorób, takich jak rak, choroba Alzheimera, cukrzyca itp [3]. Z przypadkami takimi wiąże się jednak problem nie zrównoważonej dystrybucji klas [16].

Niezrównoważony rozkład ma miejsce, gdy co najmniej jedna z klas jest niewystarczająco reprezentowana i przytłoczona przez inne klasy. Algorytmy klasyfikacji często nie radzą sobie z nie zrównoważonymi danymi, co stwarza wiele przeszkód w uczeniu się algorytmów i przedstawia liczne konsekwencje dla rzeczywistych zastosowań. Problem objawia się niedocenianiem przykładów klas mniejszościowych i powoduje niedokładne wyniki klasyfikacji w stosunku do przykładów klas większościowych. Klasyfikacja nie zrównoważonego zbioru danych staje się trudniejsza przy ograniczonej liczbie próbek i ogromnej liczbie cech. Przykład takiej sytuacji zaobserwować można na rysunku 2.2. Ilustracja przedstawia 200 elementów z których tylko 5% należy do klasy mniejszościowej - czerwonej.



Rysunek 2.2: Przykład nie zrównoważonego rozkładu klas.

Sytuacja przedstawiona na grafice jest dla algorytmu niewygodna, ponieważ większość tradycyjnych algorytmów uczenia maszynowego trenowana na podobnym zbiorze, obciążona zostanie w stosunku do klasy bardziej licznej [17]. Jednocześnie, zazwyczaj lepsze zrozumienie klas mniej licznych jest istotniejsze z punktu widzenia problemu w ujęciu biznesowym [16]. Problemem jest również określenie jakości wyników algorytmu. Jakość klasyfikacji - czyli dokładność, używana jako metryka ewaluacji może być w takim przypadku niewystarczająca, gdyż nawet model o skuteczności 95% - co jest na ogół wartością bardzo dobrą - mógłby w tym przypadku nie rozpoznawać żadnego elementu klasy mniejszościowej [17].

2.6 Metody klasyfikacji danych niezbalansowanych

Problem nierównoważnego rozkładu przyciąga w ostatnim czasie zainteresowanie dużej części społeczności zajmującej się uczeniem maszynowym i eksploracją danych, zarówno ze środowisk akademickich jak i w przemyśle, co znajduje odbicie w dużej liczbie startupów opierających swoje produkty i usługi na rozwiązaniach *machine-learningowych*. W ciągu kilkunastu ostatnich lat wyklarowały się trzy główne podejścia do uczenia modeli na danych niezbalansowanych [18][19][20][21]. Są to metody na poziomie danych, metody na poziomie algorytmów oraz metody hybrydowe.

2.6.1 Metody na poziomie danych

Metody na poziomie danych (Data-level methods), modyfikują dostępne instancje problemu w celu jego zbalansowania. Można je dalej podzielić na podgrupy: metody próbkowania danych (data-sampling) i metody wyboru cech (feature selection methods) [22]. Metody nadpróbkowania i podpróbkowania stanowią dwie podgrupy metod próbkowania danych, w których próbkowanie danych z danego zbioru danych odbywa się losowo lub z wykorzystaniem innego, określonego algorytmu. W procesie oversamplingu (nadpróbkowania) do danego zbioru danych dodawane są instancje klasy mniejszościowej (poprzez replikację), gdzie replikacja odbywa się losowo lub z wykorzystaniem algorytmów takich jak ADASYN [21]. W procesie undersamplingu (podpróbkowania) natomiast, większość wystąpień klasy zostanie usuniętych z danego zbioru danych, a usuwanie odbywa się w dużej mierze losowo. SMOTE (Synthetic Minority Over-Sampling), to technika próbkowania polegająca na sztucznym ponownym próbkowaniu zbioru danych. Końcowym jej wynikiem jest zbiór danych o zrównoważonym rozkładzie [19]. Chociaż metoda ta może skutkować znacznie lepszymi wynikami w porównaniu z oryginalnym zestawem danych, istnieją poważne problemy związane z jej wykorzystaniem [1]. Po pobraniu zbyt małej liczby próbek wydajność klasyfikatora może ulec pogorszeniu z powodu potencjalnej utraty przydatnych przykładów klasy większościowej. Podobnie dodatkowe przypadki szkoleniowe wprowadzone przez nadmierne próbkowanie mogą zwiększyć złożoność obliczeniową klasyfikatora. W najgorszym przypadku dokładne kopie przykładów po nadmiernym próbkowaniu mogą prowadzić do nadmiernego dopasowania klasyfikatora [22]. Chociaż metody selekcji cech są powszechnie stosowane w celu poprawy wyników klasyfikacji, mogą one również pomóc w wyborze najbardziej wpływowych cech w celu wygenerowania unikalnej wiedzy w ramach klasyfikacji. Zmniejsza to niekorzystny wpływ nierównowagi klas na wyniki klasyfikacji [22].

2.6.2 Metody na poziomie algorytmów

Metody na poziomie algorytmów (Algorithm-level methods), modyfikują istniejące algorytmy uczenia maszynowego. Można je podzielić na metody wrażliwe na koszty (cost-sensitive methods) i metody zintegrowane [22]. Pierwsza z nich opiera się na zasadzie przypisywania większej wagi instancjom w przypadku błędnej klasyfikacji. Na przykład fałszywie negatywnym przewidywaniom można przypisać wyższy koszt niż fałszywie dodatnim. Metody zintegrowane mogą być również stosowane jako metody wrażliwe na koszty, w przypadku których wynikiem klasyfikacji jest pewna kombinacja wielu klasyfikatorów zbudowanych na zbiorze danych [22]. Dwa powszechne typy metod uczenia zintegrowanego to Bagging i Boosting [23]. Bagging minimalizuje wariancję, generując kilka zestawów uczących z danego zestawu danych i generując klasyfikator dla każdego zestawu uczącego, a następnie łącząc ich modele w celu ostatecznej klasyfikacji. Algorytmy wykorzystujące Boosting, podobne do algorytmu *AdaBoost*, tworzą serię klasyfikatorów, wszystkie stosowane do tego samego zestawu danych [24]. *AdaBoost* wybiera tylko te cechy, o których wiadomo, że poprawiają moc predykcyjną modelu, zmniejszając wymiarowość i potencjalnie poprawiając czas wykonania, ponieważ nieistotne cechy nie muszą być obliczane. Na

początku algorytm nadaje wszystkim próbkom równe wagi i prawdopodobieństwa wylosowania w kolejnej iteracji. Po każdej iteracji prawdopodobieństwa są aktualizowane. Próbka, która została poprawnie sklasyfikowana, ma mniejsze prawdopodobieństwo, że zostanie wylosowana w następnej iteracji, a błędnie sklasyfikowana próbka ma większe prawdopodobieństwo. W rezultacie klasyfikator w dalszej części serii tworzy zestaw treningowy składający się z trudnych do sklasyfikowania próbek. Metody uczenia jednoklasowego (OOC) - czyli mającego na celu identyfikację obiektu jednej, określonej klasy, poprzez uczenie się przede wszystkim ze zbioru zawierającego tylko obiekty tej klasy, mają na celu zwalczenie problemu overfittingu. Występuje on przypadku większości klasyfikatorów uczących się na niezrównoważonych danych. Osiągnięte jest to poprzez podejście do tego problemu z punktu widzenia uczenia nienadzorowanego [25][26][27]. Algorytmy jednoklasowe są konstruowane w taki sposób, aby rozpoznawać próbki z danej klasy i odrzucać próbki z innych klas.

2.6.3 Podejścia hybrydowe

Metody hybrydowe mają na celu rozwiązanie znanych problemów spowodowanych metodami próbkowania danych, metodami wyboru cech, metodami wrażliwymi na koszty i podstawowymi algorytmami uczenia się (takimi jak Naive Bayes [28]). W niektórych przypadkach podgrupy metod na poziomie danych lub podgrupy metod na poziomie algorytmu można łączyć jako ogólną metodę rozwiązywania problemu niezbalansowania klas. Na przykład popularny klasyfikator losowego lasu (Random Forest) jest wersją oryginalnego algorytmu losowego lasu decyzyjnego (Random Decision Forest) i jest zintegrowany z algorytmem uczenia się, który dodatkowo implementuje Bagging [29].

2.7 Metody oparte o selekcję cech

Pojęcie przekleństwo wymiarowości mówi, że jeśli wiele cech jest zaszumionych, koszt użycia klasyfikatora może być bardzo wysoki, a wydajność może być poważnie zaniżona [1]. Ponieważ problemowi z nierównowagą klas często towarzyszy problem dużej wymiarowości zbioru danych, zastosowanie technik selekcji cech jest koniecznym działaniem [1]. Pomysłowe techniki próbkowania i metody algorytmiczne mogą nie wystarczyć do walki z wysokowymiarowymi problemami nierównowagi klas.

Van der Putten i van Someren przeanalizowali zbiory danych z CoIL Challenge 2000 i stwierdzili, że wybór cech był bardziej istotny dla dobrych wyników niż wybór algorytmu klasyfikacji i najbardziej pomógł w walce z problemem nadmiernego dopasowania [30]. Forman odnotował podobną obserwację dotyczącą wysoce niezrównoważonych problemów klasyfikacji tekstu i stwierdził, że „żaden stopień sprytnej indukcji nie może zrekompensować braku sygnału predykcyjnego w przestrzeni wejściowej” [31][32][33]. Badania te pokazują, że w wielowymiarowych zbiorach danych, sam dobór cech może zwalczyć problem nierównowagi klas.

W ostatnich latach, radzenie sobie z niezrównoważonymi zbiorami danych za pomocą selekcji

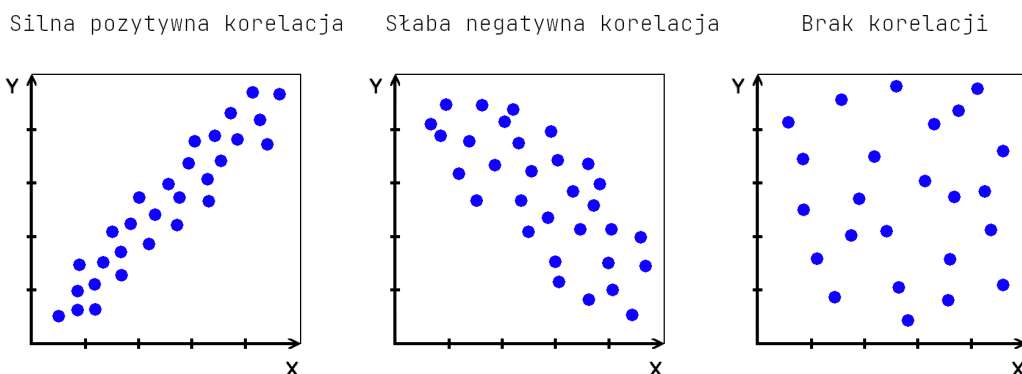
cech stało się popularne wśród społeczności zajmujących się eksploracją danych i uczeniem maszynowym [8]. Wspomniane wcześniej techniki koncentrują się na próbkowaniu danych uczących w celu przewyciężenia niezerównoważonego rozkładu klas. Metoda redukcji cech, taka jak selekcja cech, przyjmuje inne podejście do przewyciężenia problemu. Ogólna koncepcja polega na uzyskaniu podzbioru cech, które optymalnie korygują dysproporcje między klasami w zbiorze danych i wybierają najlepsze cechy, które reprezentują obie klasy.

Przedstawione w rozdziałach 2.7.1 - 2.7.5 algorytmy należą do tradycyjnych, szeroko używanych metod selekcji cech [34]. Omówione strategie należą do tak zwanych filtrów, czyli metod rankingowych. Jest to najbardziej naturalne podejście do rozpatrywanego tematu, gdyż opisane algorytmy nie są zależne od wbudowanego klasyfikatora. Pozwala to również na ich kompleksowe i obiektywne porównanie.

2.7.1 Correlation coefficient

Korelacja to miara liniowej zależności pomiędzy dwoma zmiennymi losowymi. Jest to więc po- niekąd miara tego, jak silnie jedna zmienna zależy od drugiej. Jest to zazwyczaj bardzo użyteczna właściwość - w przypadku dwóch, silnie skorelowanych zmiennych, posiadając informacje o jednej zmiennej można przewidzieć wartości drugiej. W przypadku liniowych modeli uczenia maszynowego, częstym celem będzie znalezienie elementów silnie skorelowanych ze zmienną losową opisującą przynależność do klasy. Jednocześnie, dwie silnie skorelowane ze sobą zmienne dostarczają też redundantnych informacji. Zasadniczo można dokonać poprawnego sklasyfikowania z pomocą tylko jednego z tych atrybutów. Usunięcie drugiego może wręcz pomóc w zmniejszeniu wymiarowości i zbędnego szumu [32].

Współczynnik korelacji Pearsona to algorytm, który określa poziom zbieżności liniowej pomiędzy zmiennymi. Wynikiem tej metody są wartości od -1 do 1. Bezwzględna wartość współczynnika określa siłę zależności liniowej - wartości bliższe 1 wskazują na silniejszy związek [35]. Znak współczynnika wskazuje kierunek zależności: znak dodatni wskazuje, że dwie zmienne rosną lub maleją względem siebie (pod względem korelacji), a znak ujemny wskazuje, że jedna zmienna rośnie, a druga maleje [34]. Interpretacje wyników korelacji na przykładowych zbiorach danych zostały przedstawione na rysunku 2.3.



Rysunek 2.3: Interpretacje współczynnika korelacji dla różnych zbiorów danych.

Ogólna postać współczynnika przedstawiona została w równaniu 2.1:

$$r = \frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y})}{\sqrt{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2} \sqrt{\sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2}}, \quad (2.1)$$

gdzie:

- n jest liczebnością próbki
- x_i oraz y_i są indywidualnymi próbkami indeksowanymi po i
- $\bar{x} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n x_i$ - jest średnią arytmetyczną (podobnie dla \bar{y}).

Współczynnik korelacji Pearsona można wykorzystać do oceny związku między więcej niż dwiema zmiennymi obliczając macierz relacji między każdą parą zmiennych w zbiorze danych. Rezultatem jest symetryczna macierz zwana macierzą korelacji.

2.7.2 Chi-square

Chi-square (chi-kwadrat lub χ^2) jest testem statystycznym mierzącym niezależność cechy od etykiety klasy. Mierzy on zależność między zmiennymi stochastycznymi, więc użycie tej metody "usuwa" cechy, które z największym prawdopodobieństwem są niezależne od klasy, a zatem nie mają znaczenia dla klasyfikacji. Metoda polega na obliczeniu metryki χ^2 pomiędzy wartością docelową a cechą i wyborze zmiennej o maksymalnym wyniku testu [35].

Ogólna postać testu została przedstawiona w równaniu 2.2:

$$\chi^2 = \sum_{i=1}^n \left(\frac{O_i - E_i}{E_i} \right)^2, \quad (2.2)$$

gdzie:

- O_i jest wartością mierzoną

- E_i jest wartością oczekiwaną
- n jest liczbą pomiarów.

Forman zauważył, że ten test może zachowywać się nieprawidłowo, gdy spodziewana jest niewielka liczba cech. Jest to dość powszechne w przypadku niezrównoważonych zbiorów danych [32]. Chociaż test chi-kwadrat zadowalająco uogólnia dane dyskretne, nie radzi sobie dobrze się podczas testowania danych ciągłych [6].

2.7.3 Information Gain

Entropia warunkowa to entropia po podziale zbioru przy pomocy danego atrybutu [6]. Dla danego atrybutu a , entropia warunkowa wyraża się wzorem 2.3:

$$Ent(S|a) = \sum_{j=1}^p \frac{n_{s_j}}{n} Ent(S_j), \quad (2.3)$$

gdzie:

- p to liczba wartości atrybutu a
- S_j to zbiór przykładów z wartością atrybutu v_j
- n_{s_j} to liczebność zbioru S_j
- $Ent(S_j)$ to entropia zbioru S_j , wyrażona wzorem 2.4:

$$Ent(S) = - \sum_{i=1}^k p_i \log_2 p_i, \quad (2.4)$$

gdzie:

- p_i to prawdopodobieństwo przynależności do klasy i – tej
- S to zbiór przykładów
- k liczba klas.

Im mniejsza wartość entropii warunkowej, tym większa jednorodność podziału [32]. Information Gain mierzy różnicę między entropią etykiet klas a entropią warunkową etykiet klas dla danej cechy [6]. Metoda ta ocenia przyrost informacji przy użyciu atrybutu. Dla danego atrybutu a :

$$IG(S, a) = Ent(S) - Ent(S|a) \quad (2.5)$$

Podobnie jak test chi-kwadrat, metoda *Information Gain* dobrze uogólnia atrybuty dyskretne, ale nie radzi sobie atrybutami z danymi ciągłymi. Ponadto preferuje atrybuty o dużej liczbie wartości i może prowadzić do przeuczenia [32]. Problemy te rozwiązuje zmodyfikowana wersja algorytmu - *Gain Ratio*, który korzysta z tak zwanej *wartości wewnętrznej*, która koryguje obciążenie poprzez dostarczenie danych o wielkości zbioru.

2.7.4 Relief i ReliefF

Grupa algorytmów *Relief* jest jednym z najskuteczniejszych przedstawicieli opracowanych dotychczas metod filtrujących [6]. Większość metod filtrowania opracowanych w celach eksploracji danych i uczenia maszynowego zakłada warunkową niezależność atrybutów. Algorytmy Relief są bardzo pod tym względem rewolucyjne, ponieważ nie zakładają, że atrybuty są od siebie niezależne. Te algorytmy są zależne od kontekstu. Kiedy istnieje silny związek między atrybutami, jakość atrybutów może być poprawnie oszacowana, co sprawia, że algorytm ten jest jednym z najbardziej efektywnych algorytmów przetwarzania wstępnego [6].

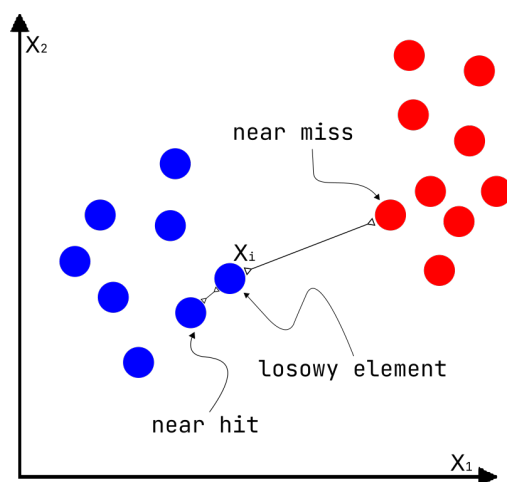
Podstawową ideą algorytmów Relief jest oszacowanie jakości cech na podstawie tego, jak dobrze cecha może rozróżniać instancje, które są blisko siebie. Relief oblicza punktację dla każdej cechy, którą można następnie zastosować do selekcji cech. Punktację opiera się na wyliczeniu różnic wartości cechy między parami najbliższych sąsiadów. Jeśli różnica wartości cechy zostanie zaobserwowana w sąsiedniej parze instancji z tą samą klasą, wynik funkcji maleje. Jeżeli natomiast różnica wartości cechy zostanie zaobserwowana w sąsiedniej parze instancji z różnymi wartościami klas, wynik funkcji rośnie [36]. Algorytm został pierwotnie zaprojektowany do zastosowania w problemach klasyfikacji binarnej. Relief zainspirował rodzinę algorytmów wyboru cech - RBA (Relief Based Algorithms), w tym algorytm ReliefF [36]. Jest on dodatkowo przystosowany do działania w problemach wieloklasowych lub zbiorach z niekompletnymi danymi.

Metoda na wejściu przyjmuje wektor wartości cechy i klasy. Algorytm będzie powtarzany m razy i rozpoczyna się z tablicą wag W o długości równej ilości cech, wypełnioną zerami. Podczas każdej iteracji, algorytm rozpatruje wektor cech X należący do losowej instancji i wektory cech instancji najbliższe X (według odległości euklidesowej) z każdej cechy. Najbliższa instancja tej samej klasy nazywana jest *prawie trafioną* (*near hit*), natomiast najbliższa instancja innej klasy - *prawie spudłowaną* (*near miss*). Wektor wag aktualizowany jest według wzoru 2.6:

$$W_i = W_i - (x_i - nearHit_i)^2 + (x_i - nearMiss_i)^2, \quad (2.6)$$

gdzie:

- W_i to i – ty element wektora wag W
- x_i to i – ty element wektora X
- $nearHit_i$ to i – ty element wektora *near hit*
- $nearMiss_i$ to i – ty element wektora *near miss*.



Rysunek 2.4: Wybór elementów *near hit* oraz *near miss* w każdej iteracji działania algorytmu.

Waga danej cechy maleje, jeżeli różni się ona od tej cechy w pobliskich instancjach tej samej klasy bardziej, niż pobliskie instancje innych klas, a wzrasta w przeciwnym przypadku. Po m iteracjach, każdy element wektora W jest dzielony przez m . Tworzy on wtedy ranking cech [36].

Zaletą metod RBA jest to, że nie są zależne od heurystyki, działają w czasie wielomianowym niskiego rzędu, są odporne na zakłócenia, a także nadają się do danych binarnych lub ciągłych [37][38].

2.7.5 ANOVA

ANOVA pochodzi od angielskiego “analysis of variance,” czyli analiza wariancji. Jest to metoda, która wyjaśnia, z jakim prawdopodobieństwem wyodrębnione czynniki mogą być powodem różnic między obserwowanymi średnimi grupowymi. Algorytm polega na porównaniu wariancji międzygrupowej do wariancji wewnątrzgrupowej. ANOVA to jeden z algorytmów statystyki F (F-test) - od nazwiska twórcy, Ronalda Fishera [39].

Analizę wariancji można podzielić na trzy grupy analiz:

- **jednoczynnikowa analiza wariancji** - wpływ jednego czynnika międzygrupowego na zmienną zależną
- **wieloczynnikowa analiza wariancji** - wpływ kilku czynników międzygrupowych na zmienną zależną
- **analiza wariancji dla czynników wewnątrzgrupowych** - wpływ czynnika wewnątrzgrupowego na zmienną zależną, tzw. “powtarzane pomiary”

Analiza wariancji to stosunek wariancji, obliczona pomiędzy badanymi grupami a średnią wariancją, zaobserwowaną wewnątrz grup. Analiza ta jest metodą statystyczną pozwalającą na podział zaobserwowanej wariancji wyników na oddzielne części. Analizowana jest wariancja przypadająca na każdy z analizowanych czynników jak również wariancja błędów. Idealna sytuacja ma

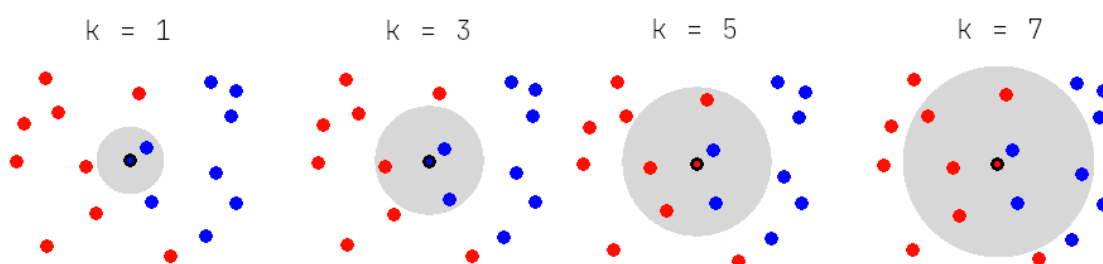
miejsce wtedy, gdy wariancja międzygrupowa jest duża, natomiast wariancja wewnątrzgrupowa - mała [39][40].

3 Założenia i plan eksperymentu

Obiektywne porównanie przytoczonych algorytmów cech wymaga przeprowadzenia szeregu eksperymentów porównujących skuteczność popularnych metod selekcji cech. Praca swoim zakresem objęła eksperymenty przeprowadzone na kilkuset wybranych zbiorach danych. Użyto zarówno zbiorów rzeczywistych - to znaczy zebranych w ramach rzeczywistych pomiarów jak i syntetycznych - wygenerowanych przez algorytm. Bazy danych, użyte w ramach badań implikują skupienie na problemach dwuklasowych. Hipoteza, z którą twórca konfrontuje wyniki eksperymentów, to założenie że wszystkie, badane metody selekcji poradzą sobie podobnie z postawionym zadaniem, a poza względami wydajnościowymi, nie ma znaczenia funkcja, która zostanie użyta. Technologia, w jakiej zostaną przeprowadzone doświadczenie to język Python w wersji 3.8 oraz biblioteki `scikit-learn` (<https://scikit-learn.org>), `numpy` (<https://numpy.org>) i `pandas` (<https://pandas.pydata.org/>)

3.1 Generowanie wyników

Wybrane przez autora metody selekcji cech należą do grupy tak zwanych filtrów. Tworzą one ranking cech, przydatny do zdefiniowania atrybutów, które będą używane przez algorytm w celu przeprowadzenia klasyfikacji. W celu prawidłowego porównania badanych algorytmów należy sprawdzić ich wyniki w połączeniu z całym procesem klasyfikowania. Zdecydowano się na klasyfikator KNN - K Najbliższych Sąsiadów. W metodzie tej, badany obiekt przydzielany jest do klasy, do której należy większość z jego sąsiadów [39][41].



Rysunek 3.1: Graficzna reprezentacja działania algorytmu KNN - przydzielenie badanej instancji do jednej z dwóch klas na podstawie jej sąsiadów. Obiekt może zostać oetykietowany inaczej w zależności od parametrów, w tym przypadku promienia obszaru.

Algorytm przyjmuje zbiór danych uczących zawierający elementy, z których każda ma przypisaną klasę oraz wektor cech. Dany jest element C z przypisanym wektorem cech $X_1 \dots X_n$ dla którego prognoza odbywa się w następujący sposób:

1. Porównanie wartości cech dla elementu C z wartościami cech dla każdego elementu w zbiorze uczącym.

2. Wybór k (ustalona z góry liczba) najbliższych do C elementów zbioru uczącego.
3. Uśrednienie wartości klasy dla wybranych elementów, w wyniku czego uzyskiwana jest prognoza.

3.2 Ocena działania algorytmów

Określenie jakości działania algorytmu stanowi w badanych przypadkach problem. Dokładność (accuracy) używana jako metryka ewaluacji może być w takim niewystarczająca, gdyż nawet model o skuteczności 95% - co jest na ogół wartością bardzo dobrą - w przypadku rozkładu 5/95 mógłby nie rozpoznawać żadnego elementu klasy mniejszościowej. Metrykami, które dostarczą bardziej wartościowe dane są:

- Macierz konfuzji: tabela pokazująca prognozy prawidłowe i nieprawidłowe z podziałem na klasyfikacje pozytywne i negatywne.
- Precyzja: liczba prawdziwie pozytywnych wyników podzielona przez wszystkie pozytywne przewidywania. Precyzja jest również nazywana pozytywną wartością predykcijną. Jest miarą dokładności klasyfikatora. Niska precyzja wskazuje na dużą liczbę fałszywych wyników.
- Czułość: liczba prawdziwie pozytywnych wyników podzielona przez liczbę dodatnich wartości w danych testowych. Jest miarą kompletności klasyfikatora. Niska czułość wskazuje na dużą liczbę fałszywie negatywnych wyników.
- F1 Score: średnia harmoniczna precyzji i czułości, wyrażona wzorem 3.1:

$$F1Score = \frac{2 * (Recall * Precision)}{Recall + Precision}. \quad (3.1)$$

Na podstawie macierzy konfuzji została obliczona także krzywa ROC (ang. Receiver Operating Characteristic), która opisuje zależność między czułością (sensitivity), a dokładnością (specificity) modelu. Czułość i dokładność będą wyznaczone kolejno przy pomocy wzorów:

$$TPR = \frac{TP}{TP + FN}, \quad (3.2)$$

gdzie TP to liczba wyników *True Positive*, a FN to liczba wyników *False Negative* w macierzy konfuzji.

$$FPR = \frac{FP}{TN + FP}, \quad (3.3)$$

gdzie FP to liczba wyników *False Positive*, a TN to liczba wyników *True Negative* w macierzy konfuzji.

Z pomocą tych wartości wyliczona zostanie również tak zwana dokładność zbalansowana (balanced accuracy). Normalizuje ona prawdziwie pozytywne i prawdziwie negatywne prognozy odpowiednio przez liczbę próbek dodatnich i ujemnych i dzieli ich sumę przez dwa:

$$bACC = \frac{TPR + TNR}{2}, \quad (3.4)$$

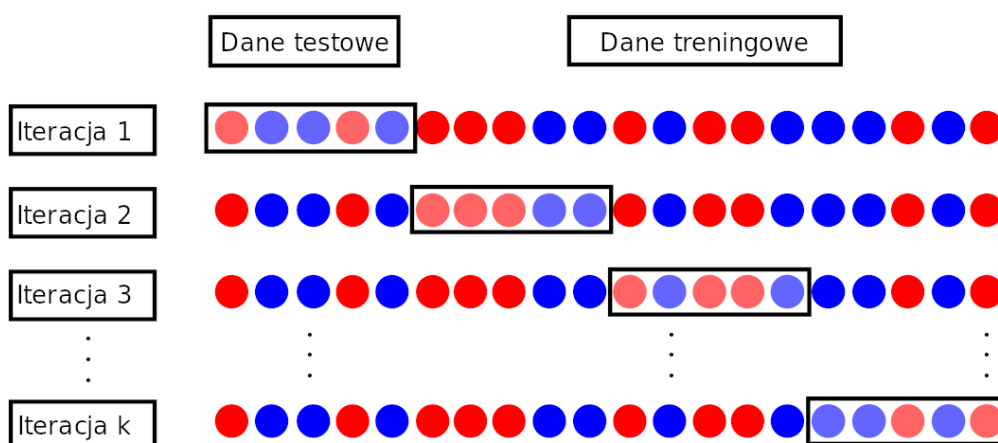
gdzie TNR oznacza *True Negative Rate* i jest równe $1 - FPR$.

Pod uwagę wzięty został również ranking cech wygenerowany przez poszczególne metody na poszczególnych zbiorach. W celu określenia, która z testowanych metod daje najlepsze wyniki klasyfikacji wykorzystany zostanie test statystyczny - test Wilcoxa [42]. Do jego wykonania użyto wartości dokładności uzyskanych dla każdej z badanych metod.

3.3 Generowanie zbioru treningowego i testowego

W początkowym etapie uczenia maszynowego, programista dysponuje jedynie spójnym zbiorem danych. Jednym z kluczowych kroków w procesie jest podział zbioru na podzbiory: treningowy i testowy. Jest to konieczne w celu wydzielenia fragmentów, na których klasyfikator będzie się uczył i tych, na których nastąpi testowanie wyuczonego już klasyfikatora. Pominięcie tego kroku może skutkować błędnymi, wysokimi wynikami dokładności (accuracy). Istnieje kilka metod podziału zbioru. Najprostszym możliwym podejściem jest losowy podział zbioru na dwie części z zachowaniem proporcji ilościowej. Pozwala to na uzyskanie dwóch podzbiorów, lecz istnieje przy tym ryzyko, że losowość dokonała się w sposób, który wykaże błędną, zawyżoną dokładność. Rozwiązaniem tego problemu jest wielokrotny podział. Metodą, która zapewnia wielokrotny, sprawiedliwy podział, eliminujący prawdopodobieństwo występowania tych samych próbek w różnych zbiorach uczących jest *K-Fold Cross-Validation*, czyli tak zwana *walidacja krzyżowa* [43].

W algorytmie walidacji krzyżowej, zbiór dzielony jest losowo na k równych podzbiorów. Następnie kolejno każdy z nich używa się jako zbiór testowy, a połączoną resztę - jako zbiór uczący. Finalnie, rezultaty uśrednia się w celu uzyskania jednorodnego wyniku.



Rysunek 3.2: Graficzna reprezentacja działania algorytmu walidacji krzyżowej.

W ramach przeprowadzonych eksperymentów posłużono się funkcją *KFold* z biblioteki *scikit-learn* [44]. Podobnie jak inne funkcje z tej biblioteki, umożliwia ona zadeklarowanie ziarna losowości, co zapewnia możliwość powtórzenia uzyskanych w ten sposób wyników.

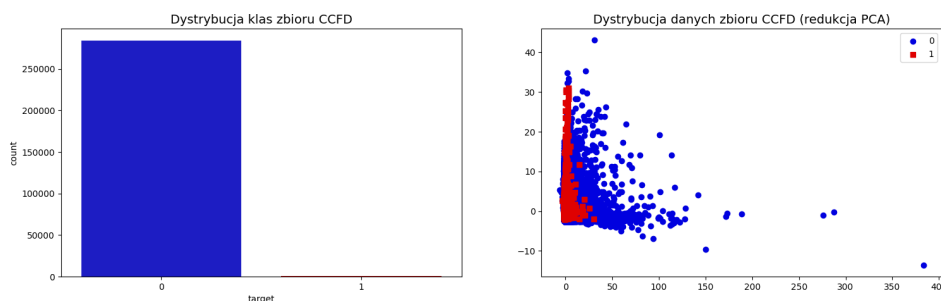
3.4 Zbiory danych

W ramach przeprowadzonych doświadczeń posłużono się 115 zbiorami danych. Wszystkie charakteryzowały się wysokim niezbalansowaniem i wykazywały nadreprezentację jednej bądź wielu cech. Rozdziały 3.4.1 - 3.4.4 zawierają szczegółowy opis dużych, starannie przygotowanych w ramach pracy zbiorów z różnych dziedzin nauki. Rozdział 3.4.5 skrótowo opisuje pozostałe zbiory danych, uzyskane za pośrednictwem platformy *KEEL*.

3.4.1 Credit Card Fraud Detection

Zbiór danych zawiera informacje o transakcjach dokonanych kartami kredytowymi we wrześniu 2013 roku, przez europejskich posiadaczy kart. Dataset składa się z zapisów transakcji, które miały miejsce w ciągu dwóch dni, w których miały miejsce 492 oszustwa z 284 807 wszystkich operacji. Zbiór jest wysoce niezbalansowany, a klasa pozytywna (oszustwa) stanowi 0,172% wszystkich transakcji [45].

Elementy zbioru składają się tylko z danych liczbowych, które są wynikiem transformacji PCA. Jest to podyktowane względami poufności - twórcy nie są w stanie dostarczyć oryginalnych wartości ani dodatkowych informacji o danych. Cechy V_1, V_2, \dots, V_{28} są głównymi składnikami uzyskanymi za pomocą analizy składowych głównych, jedynymi cechami, które nie zostały przekształcone są "Time" i "Amount." Wartość "Time" zawiera sekundy, które upłynęły między każdą transakcją a pierwszą transakcją w zbiorze danych. Funkcja "Amount" to kwota transakcji. Cecha "Class" jest zmienną odpowiedzi i przyjmuje wartość 1 w przypadku oszustwa i 0 w innym przypadku. Dystrybucja klas oraz danych została ukazana na rysunku 3.3. W celu ukazania dystrybucji danych na dwuwymiarowym wykresie, zastosowano ekstrakcję cech metodą 2-PCA.



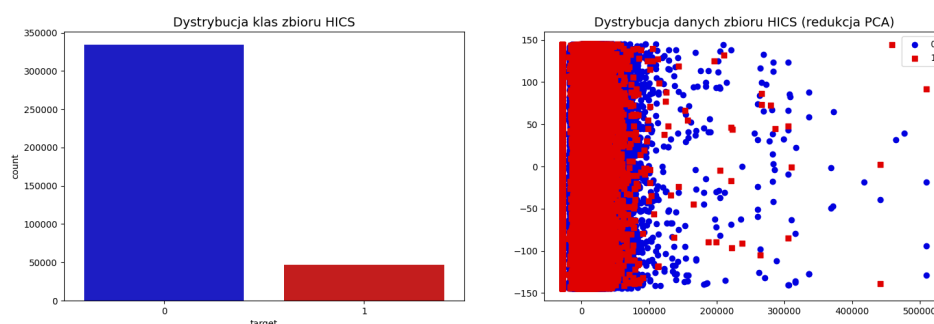
Rysunek 3.3: Dystrybucja klas i danych dla zbioru Credit Card Fraud Detection.

Zbiór został pozyskany za pośrednictwem platformy Kaggle (<https://www.kaggle.com/>).

3.4.2 Health Insurance Cross Sell

Zbiór został pierwotnie stworzony w ramach konkursu. Celem wyzwania było przewidywanie prawdopodobieństwa, że klienci firmy ubezpieczeniowej będą zainteresowani ubezpieczeniem komunikacyjnym oferowanym przez firmę [46]. Każdy wiersz odpowiada określonemu posiadaczowi polisy, a kolumny opisują ich cechy. Zmienna docelowa jest tu dogodnie nazywana wynikiem (*result*) i wskazuje, czy ubezpieczający będzie zainteresowany zakupem polisy.

Zbiór danych został dobrze udokumentowany przez twórców. Każdy klient został opisany dwunastoma cechami i są to: płeć (*gender*), wiek (*age*), posiadanie prawa jazdy (*driving_license*), region zamieszkania klienta (*region_code*), informacja o poprzednim ubezpieczeniu (*previously_insured*), wiek pojazdu (*vehicle_age*), informacja o uszkodzeniach pojazdu (*vehicle_damage*), koszty ubezpieczenia (*annual_premium*), kanał kontaktu z klientem (*policy_sales_channel*) i czas jaki klient jest związany z firmą (*vintage*). Dane o płci, wieku samochodu i uszkodzeniach pojazdu są danymi tekstowymi. Dystrybucja klas oraz danych została ukazana na rysunku 3.4. W celu ukazania dystrybucji danych na dwuwymiarowym wykresie, zastosowano ekstrakcję cech metodą 2-PCA.



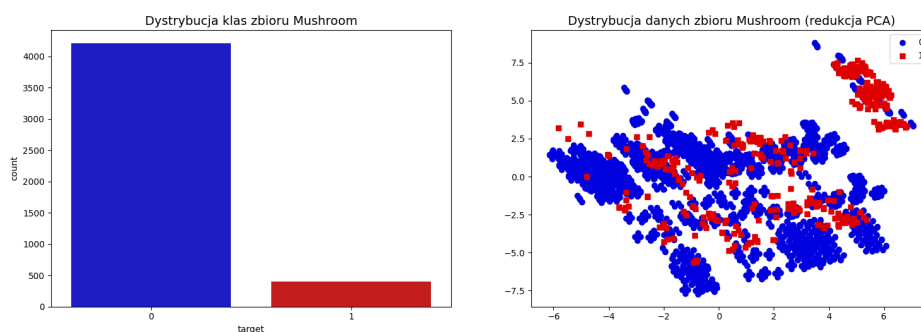
Rysunek 3.4: Dystrybucja klas i danych dla zbioru Health Insurance Cross Sell.

Zbiór został pozyskany za pośrednictwem platformy Kaggle (<https://www.kaggle.com/>).

3.4.3 Mushroom Classification

Zestaw danych zawiera opisy próbek różnych gatunków grzybów, zaczerpnięte z The Audubon Society Field Guide to North American Mushrooms (1981) [47]. Każdy gatunek jest określony jako zdecydowanie jadalny, zdecydowanie trujący lub o nieznanym jadalności (niezalecany). Ta ostatnia klasa została połączona z klasą trującą. Przewodnik jasno stwierdza, że nie ma prostej zasady określania jadalności grzyba co powinno uniemożliwić skuteczną klasyfikację. Każdy gatunek grzyba opisany jest za pomocą 23 cech, wśród których znajdują się cechy takie jak rozmiar i kształt kapelusza, rozmiar blaszek i przerw pomiędzy nimi, kolor, wysokość, typ pierścienia wokół pnia itd. Wszystkie cechy opisane są zmiennymi tekstowymi. Sam zbiór nie wykazuje cech niezbalansowania. Został odpowiednio dostosowany do celów eksperymentu, zostało to opisane w rozdziale 3.5.3.

Dystrybucja klas oraz danych została ukazana na rysunku 3.5. W celu ukazania dystrybucji danych na dwuwymiarowym wykresie, zastosowano ekstrakcję cech metodą 2-PCA.

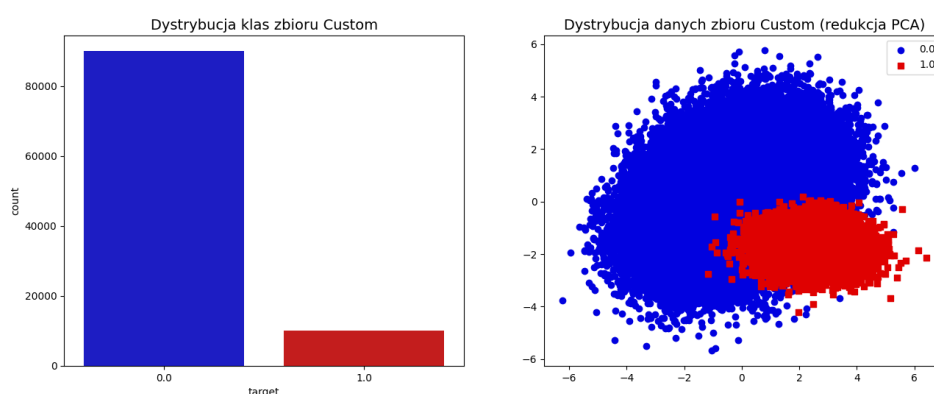


Rysunek 3.5: Dystrybucja klas i danych dla zbioru Mushroom.

Zbiór został pozyskany za pośrednictwem platformy Kaggle (<https://www.kaggle.com/>).

3.4.4 Zbiór 'Custom'

Zbiór custom został wygenerowany sztucznie z pomocą funkcji *make_classification* biblioteki *scikit-learn* [48]. Pozwoliło to na dobranie parametrów w taki sposób, aby zbiór odpowiadał jak najlepiej założeniom projektowym. Dataset składa się 100000 elementów. Kolumna *target* wskazuje na przypasowanie elementu do jednej z dwóch klas. Zbiór jest niezbalansowany, jedynie 10% elementów należy do klasy pozytywnej. Każdy element opisany jest za pomocą 20 cech, z czego trzy z nich są najbardziej informatywne, a jedna jest zupełnie zbędna. Zbiór nie zawiera pustych danych. Dystrybucja klas oraz danych została ukazana na rysunku 3.6. W celu ukazania dystrybucji danych na dwuwymiarowym wykresie, zastosowano ekstrakcję cech metodą 2-PCA.



Rysunek 3.6: Dystrybucja klas i danych dla zbioru Custom.

3.4.5 Pozostałe zbiory danych

W celu poprawnego i obiektywnego porównania wszystkich metod selekcji wykonano eksperymenty na dodatkowych 111 zbiorach udostępnionych przez platformę KEEL [49]. W tym celu stworzono program automatycznie importujący i przygotowujący zbiór do wykorzystania przez testowane algorytmy. Każdy ze zbiorów posiada pewne cechy wspólne - wszystkie one zostały stworzone w podobnym formacie, zawierają w większości cechy opisane numerycznie i jedynie dwie klasy - opisane za pomocą etykiet *“positive”* oraz *“negative.”* Ponadto, klasą mniejszościową jest zawsze klasa *“positive.”*

3.5 Przygotowanie danych

Modele predykcyjne wymagają zazwyczaj danych wysokiej jakości. Wstępne przetwarzanie i czyszczenie danych to ważne zadania, które należy wykonać, zanim zestaw danych będzie mógł zostać użyty do uczenia modelu. Nieprzetworzone dane są zwykle zaszumione i mogą zawierać błędne wartości lub luki. Modelowanie przy użyciu tego typu danych może dawać mylące wyniki. Szczególnie na takie zagrożenia narażone są dane rzeczywiste i zbiory zbierane z różnych źródeł. Typowe problemy z jakością danych to:

- Niekompletność: dane nie mają atrybutów lub zawierają brakujące wartości.
- Zakłócenia: dane zawierają błędne rekordy lub elementy odstające.
- niespójność: dane zawierają rekordy powodujące niezgodności.

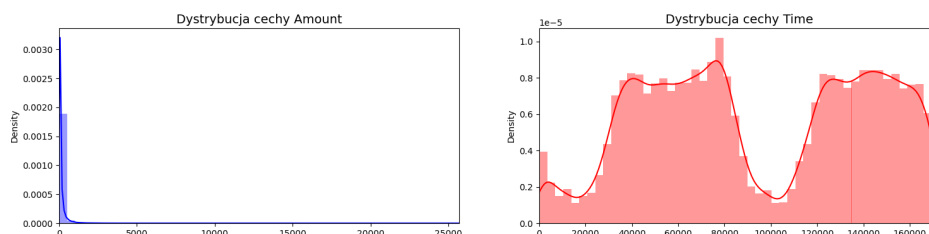
W celu odpowiedniego, wstępnego przetworzenia danych, do każdego zbioru należy podejść indywidualnie. Są jednak metody, które pozwalają poradzić sobie z większością napotkanych problemów. Do popularnych metod radzenia sobie z problemami wynikającymi ze źle przygotowanymi bazami danych należą:

- Uzupelnienie brakujących wartości
- Likwidowanie wartości odstających (ang. outliers).
- Standaryzacja poprzez normalizację lub dyskretyzację.
- Redukcja wymiarów poprzez selekcję i ekstrakcję cech.
- Równoważenie danych poprzez usuwanie przypadków klas większościowych lub nadpróbkowanie klas mniejszościowych.
- Transformacja zmiennych (np. liniowa).
- Dodawanie nowych zmiennych w celu zwiększenia liczby cech (np. iloczynów istniejących zmiennych).
- Podział danych na dane treningowe i dane testowe.

Zbiory użyte w ramach eksperymentów należało w większości poddać wstępnej obróbce. Rozdziały 3.5.1 - 3.5.5 opisują działania podjęte w celu poprawienia jakości danych.

3.5.1 Przygotowanie zbioru CCFD

W zbiorze *Credit Card Fraud Detection* nie występują puste wartości. Większość cech została wcześniej poddana transformacji metodą PCA czego efektem ubocznym jest ich wyskalowanie, które konieczne jest w przypadku użycia tej metody. Cechami wyróżniającymi się są „Time” oraz „Amount”. Dystrybucja wartości dla tych cech ukazana jest na wykresach 3.7.



Rysunek 3.7: Dystrybucja wartości dla cech *Time* oraz *Amount*.

Wartości te należało przeskalować, aby nie odstawały od innych danych. Użyto w tym celu metody *RobustScaler* z biblioteki *scikit-learn* [50].

3.5.2 Przygotowanie zbioru HICS

W zbiorze *Health Insurance Cross Sell* nie występują puste wartości. Większość cech to cechy binarne, które nie potrzebują obróbki. Jak wspomniano w rozdziale 3.4.2, dane o płci, uszkodzeniach pojazdu i wieku samochodu są danymi tekstowymi. Kolumna *gender* przyjmuje wartości *Male* oraz *Female*, natomiast kolumna *vehicle_damage* - *yes* oraz *no*. Wartości te zostały przepisane na dane binarne: „0” i „1.” Kolumna opisująca wiek pojazdu posiada 3 możliwe wartości tekstowe, które zostały przepisane na wartości liczbowe: „0,” „1” i „2.”

3.5.3 Przygotowanie zbioru Mushroom

Zbiór *Mushroom* był początkowo zbiorem zbalansowanym. W celu niezbalansowania go, usunięto 90% elementów zakwalifikowanych jako grzyby trujące (zostawiając co dziesiąty element oznaczony klasą ‘p’). Ponadto, wszystkie cechy zbioru opisane zostały etykietami słownymi. Stworzyło to konieczność przepisania wszystkich elementów zbioru na etykiety numeryczne. Posłużono się w tym celu funkcją *LabelEncoder* ze zbioru *scikit-learn* [51]. Metoda ta enkoduje każdy element listy wartością pomiędzy 0 a $n-1$ gdzie n to liczba wariantów cechy.

3.5.4 Przygotowanie zbioru Custom

Ponieważ zbiór *Custom* został wygenerowany sztucznie, wszystkie parametry zostały dobrane tak, by nie zachodziła potrzeba jego ponownej obróbki.

3.5.5 Przygotowanie pozostałych zbiorów

Zbiory z bazy danych *KEEL* zostały przez twórców przygotowane do testów, bez konieczności uprzedniego przygotowywania danych. Z pośród 111 zbiorów, istniało kilka, zawierających cechy w formacie tekstowym. Funkcja przygotowująca sprawdza każdy zbiór pod kątem takich przypadków i w razie potrzeby podmienia takie atrybuty na dane numeryczne. Użyta została w tym celu metoda *LabelEncoder* z biblioteki *scikit-learn* [51]. Preprocessing pozostałych zbiorów ograniczył się do podmiany wartości “*positive*” oraz “*negative*” na wartości “1” i “0” na etapie parsowania zbioru.

3.6 Eksperymenty

W celu wykonania analizy, przy pomocy bibliotek *scikit-learn* oraz *pandas*, zaimplementowano metody opisane w rozdziałach 2.7.1 - 2.7.5. Algorytmy *ANOVA*, χ^2 oraz *Information Gain* mają gotową implementację w bibliotece *scikit-learn* - kolejno funkcje *f_classif* [52], *chi2* [53] i *mutual_info_classif* [54]. Zostały one wykorzystane w ramach funkcji *SelectKBest*, umożliwiającej zdefiniowanie metody selekcji cech oraz docelowej ilości atrybutów. Algorytm *Relieff* wdrożony został przy użyciu biblioteki *scikit-feature* [55][56]. Metoda *Correlation Coefficient* zrealizowana została przy użyciu funkcji *corr* z pakietu *pandas*, zwracającej korelację Pearsona pomiędzy parami wszystkich kolumn danego zbioru [57]. Obie funkcje dostosowano tak, by odpowiadały swoim działaniem pozostałym trzem metodom. Eksperymenty zostały powtórzone kilka razy z różnymi ustawieniami w celu ustalenia optymalnej liczby cech dla każdego zbioru.

W celu ułatwienia sprawnego i obiektywnego porównania wszystkich metod, w ramach pracy stworzono bibliotekę zawierającą funkcje przygotowujące dane, dzielące zbiór na podzbiory (walidacja krzyżowa), przeprowadzające klasyfikacje oraz wyliczające i prezentujące wyniki eksperymentów. Rezultatem każdego doświadczenia jest plik w formacie *.csv*. Plik ten zawiera nazwę zbioru użytego do klasyfikacji, nazwę metody selekcji, sumaryczną liczbę cech oraz liczbę cech po przeprowadzonej selekcji, dokładność, zbalansowaną dokładność, precyzję, czułość, wynik testu *F1 Score*, wartość *FPR*, *TPR* i *TNR*, macierz konfuzji i cechy wybrane w ramach selekcji w 6 wariantach - przed selekcją i dla każdej użytej metody.

dataset	method	num_of_feat	num_of_elems	accuracy	balanced_acc	precision	recall	f1_score	tpr_fpr_tnr
ecoli-0_vs_1.dat	NO SELECTION	7	228	0.9645454545454546	0.9741379310344827	1.0	0.9482758620689654	0.9734513274356283	(0.9482758620689654,
ecoli-0_vs_1.dat	ANOVA	3	228	0.9727272727272727	0.9768512807861519	0.9944855944855943	0.9647218453188683	0.9793388429752065	(0.9647218453188683,
ecoli-0_vs_1.dat	RELIEF	3	228	0.9709090909090909	0.9785809906291834	1.0	0.9571619812583667	0.9781121751029992	(0.9571619812583667,
ecoli-0_vs_1.dat	INFORMATION GAIN	3	228	0.9681818181818181	0.9766666666666667	1.0	0.9533333333333334	0.9761092150178648	(0.9533333333333334,
ecoli-0_vs_1.dat	CHI SQUARE	3	228	0.9709090909090909	0.9747954442662718	0.993886993886993	0.9633649932157394	0.977961632866887	(0.9633649932157394,
ecoli-0_vs_1.dat	CORRELATION COEF	3	228	0.9727272727272727	0.9768512807861519	0.9944855944855943	0.9647218453188683	0.9793388429752065	(0.9647218453188683,
ecoli1.dat	NO SELECTION	7	336	0.8849047619047619	0.8540028529970728	0.6727272727272727	0.8018575851393189	0.731638418079096	(0.8018575851393189,
ecoli1.dat	ANOVA	3	336	0.8482142857142858	0.785252708617284	0.6675324675324675	0.6692788333333334	0.6684085201504668	(0.6692788333333334,
ecoli1.dat	RELIEF	3	336	0.8402142857142858	0.785252708617284	0.6675324675324675	0.6692788333333334	0.6684085201504668	(0.6692788333333334,
ecoli1.dat	INFORMATION GAIN	3	336	0.8898809523809523	0.8661451958384333	0.6545454545454545	0.8289473684210527	0.7314949201741655	(0.8289473684210527,
ecoli1.dat	CHI SQUARE	3	336	0.8517857142857143	0.7889964555555556	0.7116833116833117	0.6658685636837283	0.6875784108715182	(0.6658685636837283,

Rysunek 3.8: Fragment pliku w formacie *.csv* zawierającego rezultaty przeprowadzanych eksperymentów.

W czasie pracy wykorzystana została pięciokrotnie powtórzona metoda dwukrotnej walidacji krzyżowej. W ramach wszystkich zbiorów danych przeprowadzony został eksperyment badający skuteczność klasyfikacji bez wykonywania wcześniejszej selekcji cech oraz biorący pod uwagę różną liczbę cech w procesie klasyfikacji.

Liczba cech użyta do eksperymentów została wybrana z pomocą testu Wilcozona w taki sposób, aby klasyfikacja zbiorów bez użycia selekcji cech i po jej użyciu dawała rezultaty bez zmian statystycznie istotnych.

Łącznie przeprowadzono około 6900 eksperymentów, po $115 \times$ liczba cech zbioru dla każdej opisanej metody selekcji cech. Eksperymenty zawierają każdą permutację z zadanych zagadnień:

- Porównanie wyników dla każdego z 115 zbiorów danych.
- Porównanie wyników dla każdej z 5 metod selekcji.
- Porównanie wyników dla danych nie poddanych selekcji cech.
- Porównanie wyników każdej ilości liczby cech w ramach każdej metody.

Pliki źródłowe zawierające kod biblioteki, która została napisana do wygenerowania wyników znajduje się w załączonym do pracy katalogu *src*. Bazy danych, na których przeprowadzane były doświadczenia zostały również zamieszczone i znajdują się w folderze *data*. Rezultaty eksperymentów opisane zostały w rozdziale 4 - Wyniki.

4 Wyniki

Eksperymenty zostały przeprowadzone zgodnie z zaplanowanym schematem. Dla każdej testowanej metody obliczono dokładność zbalansowaną, precyzję, czułość oraz wynik testu *F1 score*. Dane te policzono **przyjmując jako elementy pozytywne macierzy konfuzji instancje klas mniej licznych**. Dalsza część rozdziału zawiera wykresy oraz tabele porównujące testowane metody.

4.1 Badanie optymalnej ilości cech

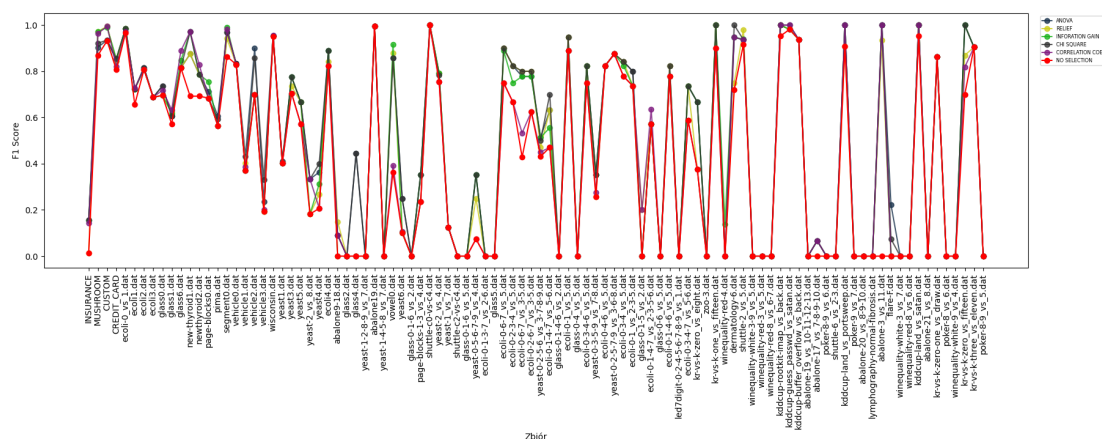
Pierwszym krokiem jaki należało podjąć było określenie właściwej ilości cech dla badanych algorytmów i zbiorów. Zdecydowano się na przeprowadzenie badań w trzech kierunkach:

- Zbadanie każdej kombinacji liczby cech dla każdej metody.
- Zbadanie, dla jakiej liczby cech metoda jest w stanie uzyskać wynik klasyfikacji podobny do wyniku uzyskanego przeprowadzając klasyfikację na pełnym zbiorze.
- Zbadanie, jak poszczególne metody radzą sobie w ramach takiej samej, uprzednio wybranej liczby cech.

Szczegóły dotyczące doświadczeń oraz rezultaty zostały opisane w rozdziałach 4.1.1 - 4.1.3. Pełny zestaw wygenerowanych wyników został załączony do pracy i znajduje się w katalogu *results*. Foldery *f1_best*, *f1_wilcoxon* oraz *percent* reprezentują kolejne trzy przedstawione powyżej kierunki badań. Katalog *classic* zawiera wyniki klasyfikacji przeprowadzonej dla trzech i pięciu naistotniejszych cech według każdej metody selekcji - średniej liczby cech po podwyższeniu której obserwowano brak poprawy lub pogorszenie jakości klasyfikacji. W katalogu *f1_closest* znajduje wariacja drugiego, opisanego powyżej doświadczenia, w którym zamiast wyniku testu Wilcoxonona, jako metrykę użyto *F1 Score*. Pliki dostarczone zostały w formacie csv. Pierwszy rząd zawiera opis poszczególnych kolumn, pozostałe - wyniki eksperymentów.

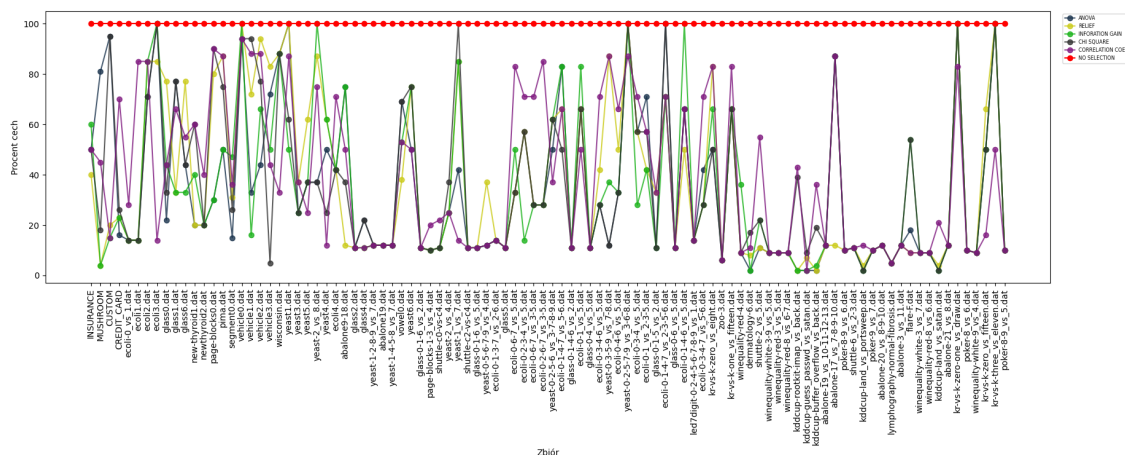
4.1.1 Kombinacja wszystkich metod i każdej możliwej liczby cech

Celem tego eksperymentu było sprawdzenie, jak każda z badanych metod może poprawić wyniki klasyfikacji. W ramach tego etapu przygotowano program, który dla każdego zbioru i dla każdej metody porównuje wyniki klasyfikacji dla każdej możliwej ilości cech, a po porównaniu wszystkich możliwości, program zapisuje doświadczenie z najlepszym wynikiem. Kryterium obranym przy porównywaniu wyników było *F1 Score*. Wyniki, jakie zostało się uzyskać dla każdego zbioru przedstawione zostały na rysunku 4.1. Jak można zaobserwować - selekcja cech poprawiała wyniki klasyfikacji w przypadku praktycznie każdego zbioru.



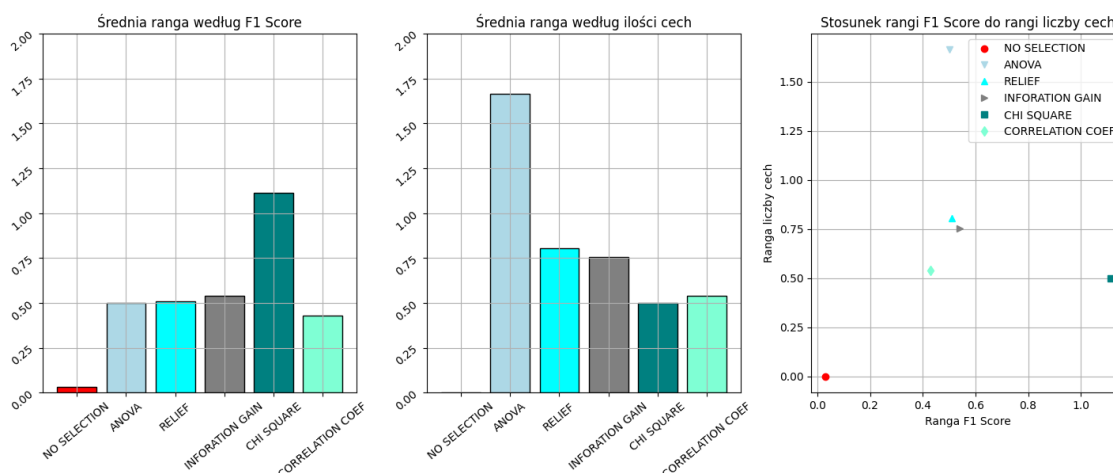
Rysunek 4.1: Wyniki F1 Score, jakie udało się uzyskać dla poszczególnych metod i zbiorów.

Wykres 4.2 prezentuje procentową liczbę cech w stosunku do liczby wszystkich cech, jaką postużyła się dana metoda w celu wyekstrahowania najbardziej optymalnych według niej atrybutów. Rysunek zawiera porównanie dla wszystkich badanych zbiorów.



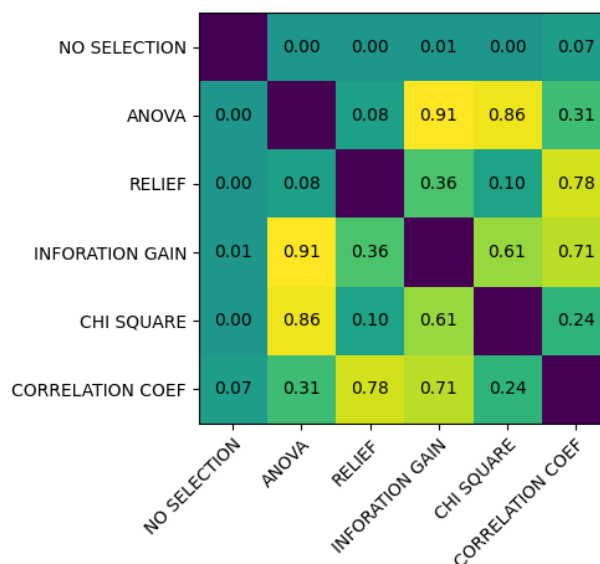
Rysunek 4.2: Procentowa liczba cech, dla której każda metoda uzyskała najlepszy wynik.

Ponieważ w przypadku tego eksperymentu każdej metodzie selekcji pozwolono wybrać najoptymalniejszą według niej liczbę cech i najlepsze według niej cechy, a także wszystkie metody trenowano na tych samych zbiorach, można pokusić się o porównanie ich uśrednionych wyników. Wykres 4.3 przedstawia uśrednione rangi dla wyników *F1 Score* oraz liczby cech, dla każdej metody i dla wszystkich 115 zbiorów. Rangi zostały przydzielone na podstawie każdego doświadczenia, bazując na tym, jak dobrze na danym polu poszło metodzie na tle innych metod. Najlepsza metoda została oznaczona rangą '5,' metoda najgorsza - '0.' W przypadku badania liczby cech, za najlepszy wynik uznano ten z najmniejszą ich ilością. W przypadku, gdy dwie metody miały ten sam wynik, otrzymywały tę samą rangę. Kolorem czerwonym oznaczono rezultat uzyskany dla klasyfikacji bez użycia żadnych metod redukcji atrybutów.



Rysunek 4.3: Uśrednione rangi F1 Score i liczby cech dla wszystkich zbiorów, dla poszczególnych metod.

Aby móc określić, która z badanych metod radzi sobie najlepiej, koniecznym krokiem było porównanie wyników tych metod z pomocą testu statystycznego, w celu określenia, czy pomiędzy rezultatami eksperymentów dla różnych metod występują istotne różnice statystyczne. Testem statystycznym użytym w badaniu był test Wilcoxona. Macierz prezentująca wyniki tego testu została przedstawiona na rysunku 4.4. Metryką użytą do sprawdzenia różnic statystycznych zostało *F1 Score*, natomiast metryką objaśniającą różnice statystyczne zostało *pvalue*.



Rysunek 4.4: Macierz prezentująca wyniki testu Wilcoxona objaśniające różnice statystyczne pomiędzy najlepszymi wynikami wszystkich metod.

Rysunek 4.4 potwierdza to, co można było przypuszczać już analizując rysunki 4.1 oraz 4.3 -

metody selekcji cech pozwalają na uzyskanie statystycznie podobnych wyników, a duże różnice istnieją jedynie pomiędzy wynikami klasyfikacji z użyciem dowolnej z metod a wynikami klasyfikacji bez redukcji cech. Wyniki testu Wilcozona dla poszczególnych metod wskazują, że rezultaty uzyskane przez te metody nie wykazują znacznych różnic statystycznych, żaden z wyników nie uzyskuje zwyczajowej wartości 0.05 uznawanej za próg, po którym można uznać, że rezultaty eksperymentów pochodzą z różnych rozkładów. Z tego powodu, nie można z całą pewnością stwierdzić, która metoda daje najlepsze wyniki.

Tabela 4.1 zawiera porównanie średniej ilości cech w procentach oraz średni wyniki F1 Score dla każdej metody, dla części badanych zbiorów (stopień niezbalansowania pomiędzy 1:1.5 a 1:9). Czcionką pogrubioną zaznaczono na tabeli wartości skrajne liczby cech.

Tablica 4.1: Porównanie średniej ilości wybranych cech oraz uśrednionego wyniku F1 Score dla każdej z metod, dla części zbiorów (stopień niezbalansowania pomiędzy 1:1.5 a 1:9).

Nazwa Metody	Średnia liczba cech	Uśredniony wynik F1 Score
Anova	49.3%	0.739
ReliefF	63.3%	0.705
Information Gain	47.8%	0.711
Chi Square	56.6%	0.732
Correlation Coefficient	67.5%	0.680

Badanie powtórzone dla wyników uzyskanych na czterech, największych zbiorach, opisanych w rozdziałach 3.4.1 - 3.4.4. Zbiory te posiadały znacznie większą liczbę atrybutów, a większy ich wymiar pozwala przypuszczać, że metody mogły lepiej dostosować się do danych. Wyniki tego badania prezentuje tabela 4.2.

Tablica 4.2: Porównanie średniej ilości wybranych cech oraz uśrednionego wyniku F1 Score dla każdej z metod, najobszerniejsze zbiory danych.

Nazwa Metody	Średnia liczba cech	Uśredniony wynik F1 Score
Anova	60.8%	0.709
ReliefF	21.9%	0.705
Information Gain	25.7%	0.742
Chi Square	47.4%	0.716
Correlation Coefficient	45.1%	0.730

Z danych, przedstawionych w tabelach 4.1 oraz 4.2 wynika, że w celu uzyskania podobnych wyników etykietowania metody potrzebowały średnio różnej ilości cech. Różnice te sięgają nawet czterdziestu punktów procentowych. Może to oznaczać, że to nie jakość klasyfikacji a liczba cech potrzeba do osiągnięcia jej zadowalającego poziomu powinna być wyznacznikiem przy doborze odpowiedniej metody selekcji.

Tabela 4.3 prezentuje podobne badanie, tym razem z użyciem wszystkich zbiorów danych. Przy zastosowaniu większej, reprezentatywnej ilości zbiorów, dane dotyczące liczby cech dla różnych metod nie odbiegają od siebie znacznie. Oznacza to, że i pod tym względem nie da się wskazać metody najlepszej - co potwierdza zakładaną początkowo hipotezę.

Tablica 4.3: Porównanie średniej ilości wybranych cech oraz uśrednionego wyniku F1 Score i zbalansowanej dokładności dla każdej z metod, wszystkie zbiory danych.

Nazwa Metody	Średnia liczba cech	Uśredniony wynik F1 Score
Anova	34.3%	0.497
ReliefF	36.4%	0.472
Information Gain	34.4%	0.481
Chi Square	36.3%	0.498
Correlation Coefficient	39.5%	0.432

Ponadto okazało się, że w 93% przypadków (459 / 490 wyników), selekcja cech pozwoliła uzyskać lepsze wyniki klasyfikacji. W 71% przypadków (351 / 490 wyników), zaledwie połowa oryginalnych cech pozwoliła uzyskać wynik klasyfikacji lepszy od tego, który uzyskał algorytm na pełnym zbiorze. Co zaskakujące, w przypadku aż 218 eksperymentów - czyli dla 44% wyników, rezultat lepszy od bazowego uzyskano wykorzystując zaledwie jedną cechę.

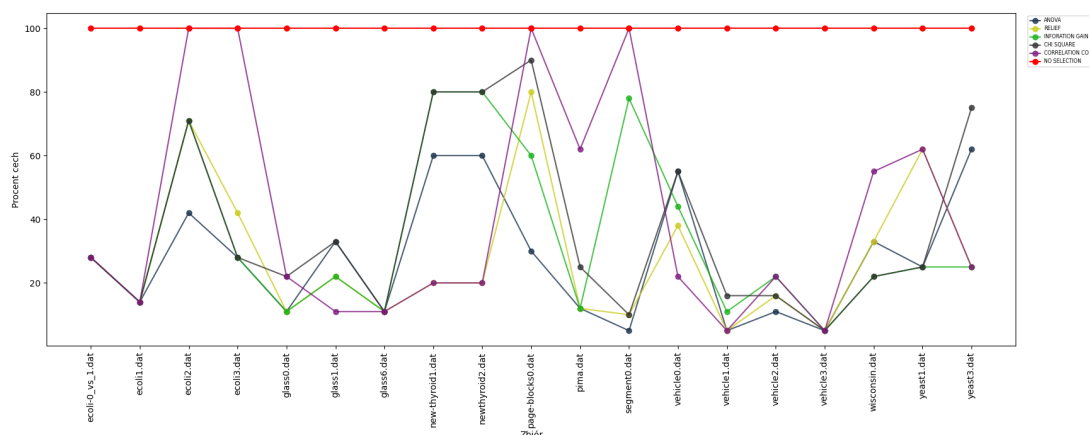
4.1.2 Badanie liczby cech dla której wyniki odpowiadają wynikom klasyfikacji na pełnym zbiorze

Celem tego badania było sprawdzenie, jaka liczba cech jest potrzebna poszczególnym metodom, aby wyniki klasyfikacji odpowiadały rezultatom eksperymentów bez przeprowadzonej redukcji atrybutów. Ma to znaczenie szczególnie wtedy, gdy od selekcji cech oczekuje się przede wszystkim zmniejszenia wymiaru wyjściowego zbioru w celu obniżenia kosztów jego archiwizacji i przetwarzania. Metryką na podstawie której badano, czy istnieje pomiędzy takimi wynikami statystycznie istotna zmiana było *F1 Score*. Badanie polegało na stworzeniu ośmiu różnych podzbiorów każdego oryginalnego zbioru i przeprowadzeniu selekcji cech oraz klasyfikacji na każdym z nich. Korzystając z wyników, zbadano z pomocą testu Wilcoxa różnice statystyczne pomiędzy rezultatami klasyfikacji bez selekcji cech i dla każdej z metod. Przyjęto standardowe

pvalue wynoszące 0.05 jako wystarczające, by uznać takie wyniki za podobne - szczególnie, że test przeprowadzany był z założeniem, że elementy pozytywne macierzy konfuzji to instancje klas mniej licznych, co powoduje, że nawet jedna instancja sklasyfikowana błędnie może znacząco wpłynąć na wynik testu. Program napisany w ramach tego etapu bada wszystkie permutacje liczby cech, począwszy od jednej cechy i zapisuje rezultat dla minimalnej liczby cech, dla której klasyfikacja osiąga rezultat porównywalny z założonym celem. Algorytm programu wygląda następująco:

1. Generowanie 8 podzbiorów oryginalnego zbioru. Każdy zawiera wszystkie cechy oryginału ale różną się elementami.
2. Przeprowadzenie klasyfikacji bez redukcji atrybutów, osobno dla każdego zbioru, zapisanie każdego wyniku w tablicy.
3. Stworzenie pętli iterującej od $i = 1$ do X , gdzie X to liczba cech zbioru, kolejno dla każdej metody.
4. Przeprowadzenie selekcji cech dla każdego podzbioru i liczby cech ustawionej na i oraz wygenerowanie wyników klasyfikacji.
5. Przeprowadzenie testu Wilconxona pomiędzy wygenerowanymi wynikami a wynikami zapisanymi w tablicy.
6. Jeżeli warunek $pvalue > 0.05$ jest spełniony - przerwanie pętli i zapisanie wyniku, w przeciwnym wypadku kontynuacja obliczeń.

Doświadczenie pozwoliło sprawdzić, jaka liczba cech jest wymagana, aby pomiędzy zbiorem stworzonym przez redukcję atrybutów a zbiorem oryginalnym nie było istotnych różnic statystycznych. Drugim celem eksperymentu było badanie stabilności metod. Rysunek 4.5 prezentuje, jaki procent cech był wymagany, aby wynik klasyfikacji zbioru przed selekcją nie odbiegał statystycznie od tego po selekcji. Wykres prezentuje wyniki dla części zbiorów danych (stopień niezbalansowania pomiędzy 1:1.5 a 1:9).

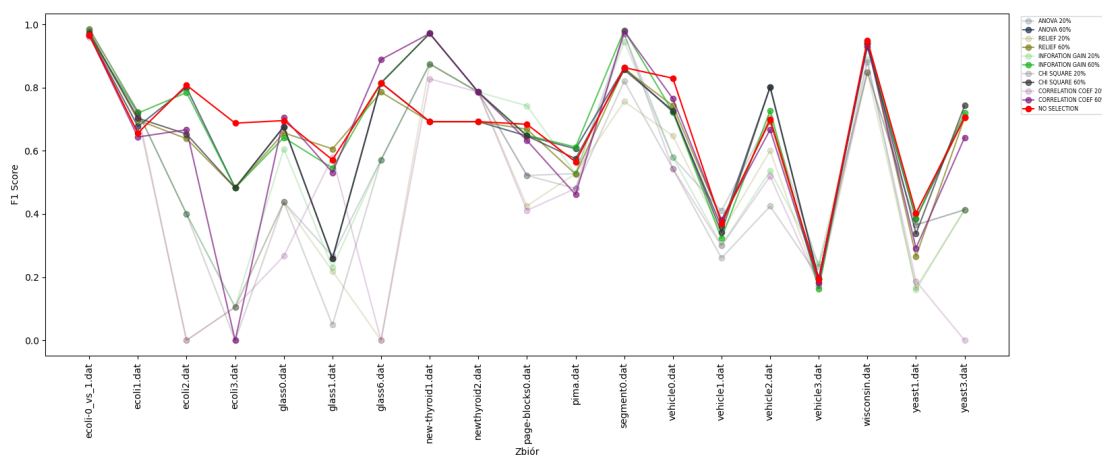


Rysunek 4.5: Procentowa liczba cech wymagana do spełniania hipotezy zerowej testu Wilconxona dla części zbiorów danych (stopień niezbalansowania pomiędzy 1:1.5 a 1:9).

Z badania wynika, że zastosowanie selekcji cech pozwala uzyskać istotnie mniejszy wymiar zbioru przy jednoczesnym zachowaniu podobnej jakości klasyfikacji. Nie istnieje jednak jedna optymalna metoda, w ramach jednego zbioru należy przetestować kilka różnych algorytmów selekcji cech i wybrać ten, który najlepiej interpretuje dane.

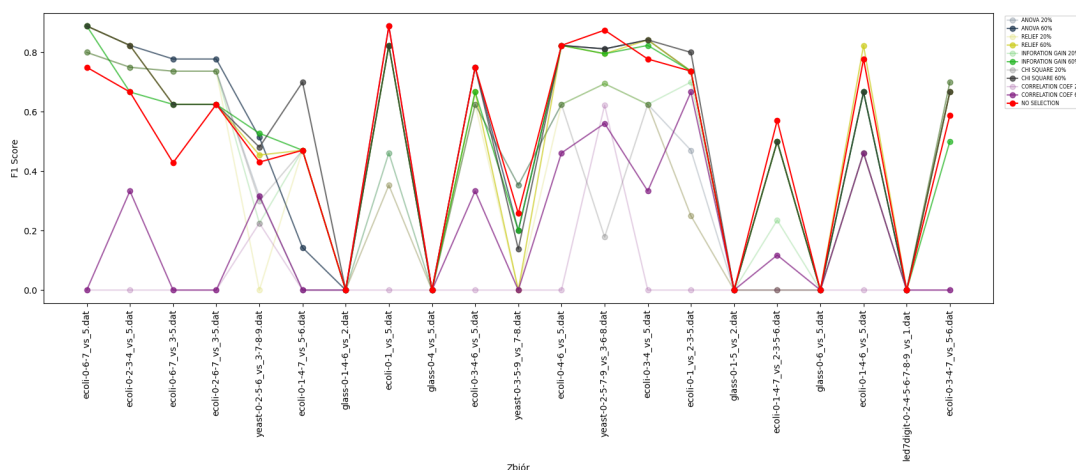
4.1.3 Porównanie metod w ramach ustalonej ilości cech

Dla obiektywnego porównania algorytmów, zdecydowano się na wybór pięciu wartości liczby cech w dla każdej metody i każdego zbioru. Program napisany w ramach eksperymentu przeprowadza test dla 20%, 40%, 60%, 80% i 100% liczby cech. Pozwoliło to na sprawdzenie, jak poszczególne algorytmy radzą sobie mając do dyspozycji stałą, określoną liczbę cech. Badanie pokazało, że nie zawsze większa liczba cech daje lepsze rezultaty, a podstawowy na to wpływ ma sam zbiór danych. Wyniki *F1 Score* dla poszczególnych metod (rezultaty dla 20% i 60% cech) i części zbiorów danych (stopień niezbalansowania pomiędzy 1:1.5 a 1:9) przedstawione zostały na wykresie 4.6. W ramach eksperymentu wykonano również próbę klasyfikacji dla danych niepodlegających wcześniej selekcji cech. Linia czerwoną na wykresie oznaczono wyniki testu *F1* dla klasyfikacji bez uprzedniej selekcji cech.



Rysunek 4.6: Porównanie wyników *F1 Score* dla części zbiorów danych (stopień niezbalansowania pomiędzy 1:1.5 a 1:9) - 20% i 60% cech.

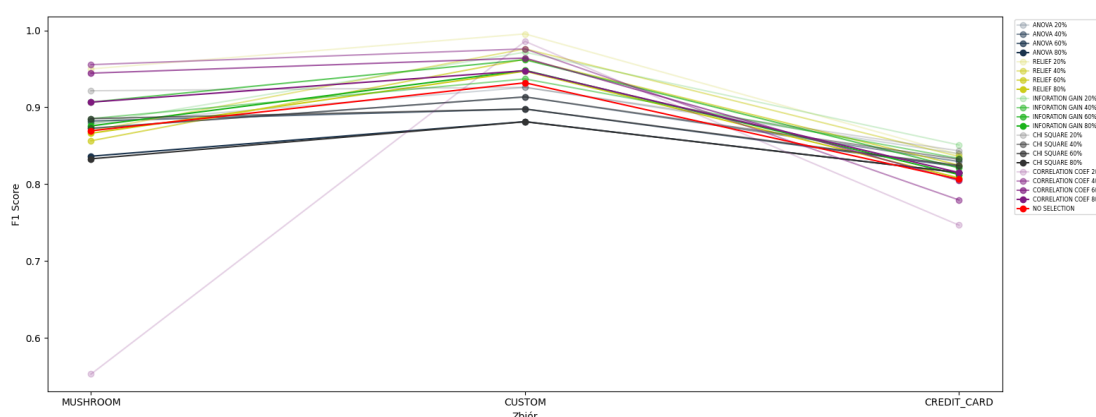
Rezultaty podobnego eksperymentu, dla zbiorów o stopniu niezbalansowania wynoszącym od 1:20 do 1:100 przedstawiono na wykresie 4.7.



Rysunek 4.7: Porównanie wyników F1 Score dla części zbiorów danych (stopień niebalansowania pomiędzy 1:20 a 1:100) - 20% i 60% cech.

Jak widać, w przypadku tak mocno niebalansowanych zbiorów, mała liczba cech często nie pozwala na poprawną klasyfikację danych mniejszościowych - co tłumaczy duża ilość wyników równych zero, szczególnie dla przypadku dwudziestoprocentowego. Wyraźnie słabiej radzi sobie w tym przypadku również algorytm *Correlation Coefficient*, czego nie zaobserwowano na poprzednim wykresie.

Ponownie, badania powtórzone dla największych zbiorów danych - *CCFD*, *Mushroom* oraz *Custom*. Ponieważ posiadają one znaczną liczbę atrybutów oraz znacznie większy wymiar, istnieje możliwość, że metody selekcji cech lepiej dostosują się do danych. Wykres 4.8 zawiera porównanie wyników testu F1 Score dla tych zbiorów, z uwzględnieniem pozostałych eksperymentów (40% i 80% cech).

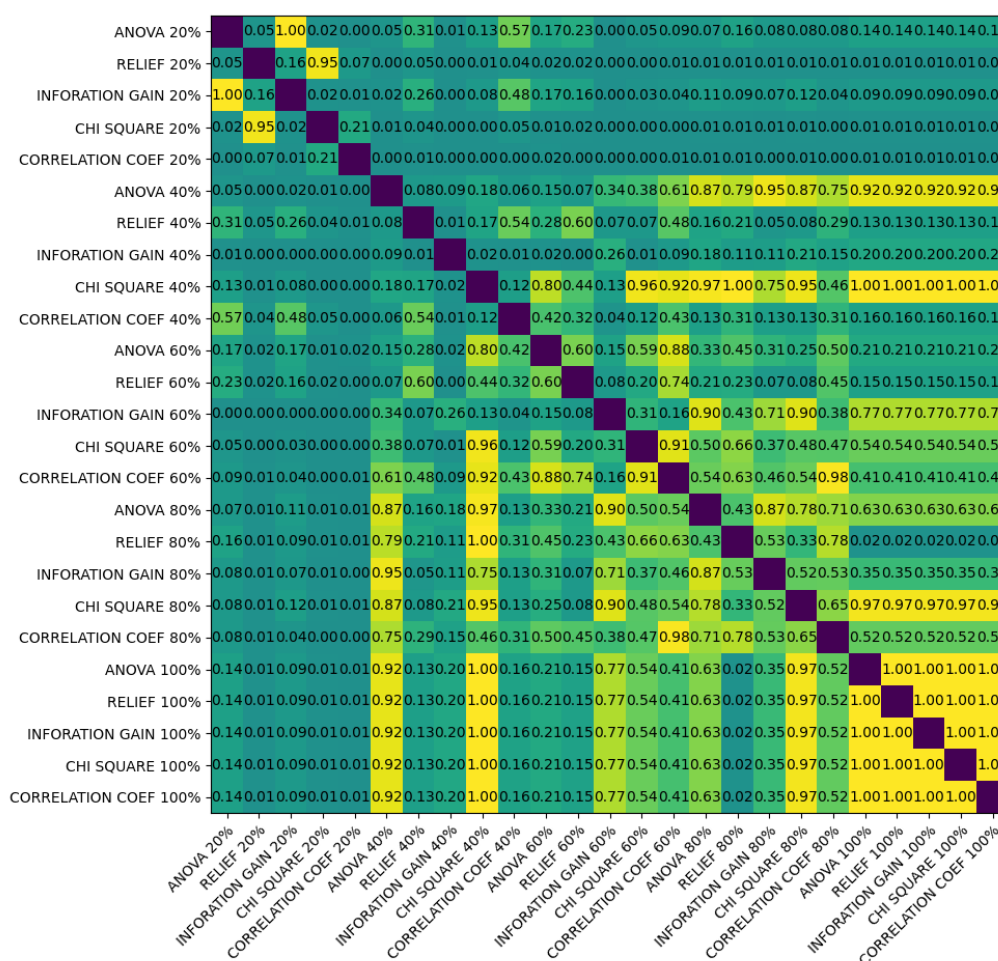


Rysunek 4.8: Porównanie wyników F1 Score dla zbiorów *CCFD*, *Mushroom* oraz *Custom* - 20%, 40%, 60% i 80% cech.

Selekcja cech praktycznie w każdym przypadku pozwoliła uzyskać lepsze rezultaty klasyfikacji.

Ponownie wyróżniającą się metodą jest *Correlation Coefficient*, jednak słabe wyniki uzyskuje on tylko w przypadku niewielkiej liczby cech, w zestawie *Custom* natomiast, radzi sobie najlepiej, co jest prawdopodobnie podyktowane silnie skorelowanymi instancjami klas mniejszościowych w tym zbiorze.

Aby potwierdzić lub obalić hipotezę postawioną na początku pracy, postanowiono przeprowadzić test statystyczny - test Wilcoxon, dla wygenerowanych danych. Rysunek 4.9 prezentuje macierz prezentującą te wyniki. Pokazuje ona prawdopodobieństwo, że rezultaty uzyskane dla każdej pary eksperymentów pochodzą z tej samej dystrybucji. Poszczególne komórki zawierają wynik *pvalue*, wartość mniejsza niż 0.05 potwierdza hipotezę o statystycznej różnicy otrzymanych rezultatów.



Rysunek 4.9: Macierz prezentująca wyniki testu Wilcoxon objaśniające różnice statystyczne pomiędzy metodami z różną liczbą cech.

Obserwując wykres, można generalizować, że różnice statystyczne pomiędzy metodami maleją wraz ze wzrostem liczby cech. Użycie już 40% cech odrzuca hipotezę o niezależnych dystrybucjach, potwierdzając niejako, że każda z użytych metod skutkuje podobnymi wynikami. Ponadto, rezultaty przedstawione na rysunkach 4.6 - 4.8 dowodzą, że 20% to zazwyczaj liczba zbyt mała

liczba cech do uzyskania stabilnych, dobrych wyników klasyfikacji. Wyniki eksperymentu świadczą za hipotezą postawioną na początku pracy.

4.2 Badanie różnic wydajnościowych

Podczas doświadczeń badano czas, jaki potrzebny jest poszczególnym eksperymentom na ukończenie obliczeń. Każdą z opisanych metod uruchomiono kilkukrotnie na kilku zbiorach, a jako parametr określający liczbę cech podano całkowitą liczbę cech w każdym zbiorze. Wyniki tych eksperymentów prezentuje tabela:

Interesującą może być informacja, że pod względem wydajności metody nie różnią się ze sobą znacząco - z jednym wyjątkiem. Metoda *ReliefF* okazała się nawet kilkukrotnie wolniejsza od konkurentów. Ma to swoje uzasadnienie w algorytmie tej metody - najbardziej obciążającym elementem programu jest konieczność stworzenia macierzy odległości typu *manhattan* dla każdej cechy i każdej instancji, a następnie przeiterowania się po każdym elemencie tej macierzy. Jest to znacznie bardziej kosztowne od wykonania kilku obliczeń na danych - jak to ma miejsce w pozostałych metodach. Różnica przeczy nieco hipotezie, która zakładała mniejsze różnice na tym polu. Zgadza się też to ze złożonościami obliczeniowymi, które obliczli naukowcy dla tych metod: wszystkie metody posiadają złożoność obliczeniową rzędu $O(n)$, poza *ReliefF*, który posiada złożoność $O(n^2 * a)$, gdzie n jest liczbą instancji, natomiast a - liczbą cech [58].

5 Wnioski

Przeprowadzone eksperymenty częściowo potwierdzają założoną hipotezę. Przy odpowiednio dobranej liczbie cech wszystkie metody poradziły sobie dobrze z powierzonym zadaniem, a żaden algorytm nie odbiegał znacznie od pozostałych. Świadczy to o tym, że selekcja cech jest ważnym krokiem w procesie zadania klasyfikacji. Kolejne rozdziały prezentują interpretację wyników uzyskanych w rozdziale 4, a także opisują praktyczne zastosowanie przeprowadzonych eksperymentów i dalsze możliwości rozwoju projektu.

5.1 Podsumowanie

Eksperyment 4.1.1 pokazał, że redukcja atrybutów może mieć bardzo pozytywny wpływ na wyniki klasyfikacji danych. Wśród rezultatów, w przypadku niektórych zbiorów zaobserwować można nawet stuprocentową poprawę jakości klasyfikacji dla danych mniejszościowych, a sama selekcja cech pozwoliła poprawić wyniki klasyfikacji w 95% przypadków. Nie mniej istotnym aspektem jest liczba cech, jaka konieczna była do uzyskania takich wyników. W 44% przypadków, eksperyment wykazał wynik klasyfikacji taki sam lub lepszy już po użyciu jednej cechy. Pokazuje to, że istnieje możliwość zmniejszenia wymiarowości istniejących baz danych, co przekłada się bezpośrednio na krótszy czas klasyfikacji oraz mniejszą ilość miejsca zajmowanego na dyskach. Jest to jeden z najważniejszych wniosków płynących z tej pracy. Warto zwrócić uwagę na to, że doświadczenie opisane w tym rozdziale pokazuje tak naprawdę najlepsze wyniki uzyskane przez każdą z metod dla każdego zbioru, a wyniki opisane w rozdziale 4.1.2 obrazują, że nawet niewielka zmiana w zbiorze może zmienić działanie algorytmu redukcji cech. Poprzestawanie na samej selekcji cech nie przyniesie tak dobrych rezultatów jakościowych jak połączenie jej z innymi metodami, co - jak zostało to opisane w przeglądzie literatury - jest bardzo popularną praktyką wśród autorów podobnych prac. W przypadku danych niezbalansowanych to nie poprawa jakości a zmniejszenie wymiaru jest prawdziwą wartością dodaną, pozwalającą na jednoczesne zarządzanie znacznie większymi bazami danych oraz na łatwiejsze ich magazynowanie.

Pokazuje to w szczególności właśnie eksperyment opisany w akapicie 4.1.2. Selekcja cech jest bardzo dobrym sposobem redukcji wymiarowości bez szkody dla istotnych danych. Doświadczenia przeprowadzone w ramach tego eksperymentu obrazują, że z użyciem ułamka początkowej ilości cech jest możliwe wygenerowanie znacznie mniejszego zbioru, nieróżniącego się statystycznie od pierwowzoru.

Doświadczenia opisane w rozdziale 4.1.3 również dotyczą hipotezy postawionej na początku pracy. Eksperymenty te bezpośrednio porównują każdą z badanych metod, uruchomioną dla takiej samej liczby cech w ramach każdego zbioru. Algorytmy radziły sobie bardzo różnie, nie zawsze przy tym wynikiem ich działania było podniesienie jakości klasyfikacji. Nie da się też w łatwy sposób uogólnić działania poszczególnych metod, a nawet poszczególnych metod z poszczególną ilością cech. Wiele znaleźć można przykładów, w których mała liczba cech danej metody obniżyła wynik F1 Score tego badania do poziomu najniższego ze wszystkich ekspery-

mentów, aby za chwilę, przy następnym zbiorze, doświadczenie z tymi samymi parametrami odniosło duży sukces. Ważnym wnioskiem, wynikającym ze z tego eksperymentu jest opisany już przez autorów innych, wymienionych w przeglądzie literatury fakt, że wśród popularnych metod - nie tylko selekcji cech, nie da się w łatwy sposób wybrać lepszych oraz gorszych algorytmów. Do każdego zbioru danych należy podejść indywidualnie, i to w sporej części wiedza dziedzinowa - dotycząca wartości w zbiorze, pozwoli na wybór najlepszych narzędzi do pracy, co za tym idzie - uzyskanie najlepszych wyników. Badania skupiające się głównie nad zbiorami niebalansowanymi jeszcze bardziej podkreślają ten fakt.

Warto mieć na uwadze, że selekcja cech nie zawsze ma pozytywny wpływ na jakość klasyfikacji, gdyż cechy czasem pozornie tylko nieistotne mogą mieć znaczenie dla poprawnego sklasyfikowania elementów. Pokazują to dobrze przykłady zobrazowane na rysunku 4.7. Niektóre algorytmy, mimo że zauważająco polepszyły wydajność kategoryzacji to przyczyniły się też do spadku dokładności. Ważne jest odpowiednie dobranie metody i liczby cech - odpowiednio dobrany do problemu algorytm redukcji nie tylko nie wpłynie negatywnie na jakość klasyfikacji, ale może również - szczególnie w przypadku zbiorów zawierających dużą liczbę elementów i klas - wpływać pozytywnie na czas działania algorytmu.

Analiza wszystkich doświadczeń uwidacznia jeszcze jeden fakt, zaprezentowany na przykład na rysunkach 4.1, 4.7 i 4.8. Selekcja cech dobrze sobie radzi w przypadku dużych zbiorów danych, nawet jeżeli posiadają barzo wysoki stopień niebalansowania (dla przykładu, w zbiorze *CCFD*, klasa mniejszościowa zajmowała zaledwie 0,172% całego zbioru, ale zbiór posiada 284807 elementów) oraz w przypadku małych zbiorów z niewielkim stopniem niebalansowania. Jednakże, dla zbiorów o małym wymiarze (większość zbiorów z platformy *KEEL* zawierała poniżej 2000 elementów) i wysokim stopniu niebalansowania (1:100 - 1:400) nie należy oczekiwać dobrych wyników klasyfikacji, jeżeli to selekcja cech była głównym punktem przygotowania zbiorów.

Podsumowując, podczas stosowania algorytmów uczenia maszynowego, należy pamiętać, że selekcja cech jest jedynie jednym z wielu dostępnych narzędzi i nie należy traktować jej jako złotego środka. Pozwala jednak, szczególnie dla dużych zbiorów danych na wybór cech istotnych z punktu widzenia klasyfikacji co może przysłużyć się nie tylko problemowi wydajności współczesnych komputerów ale również optymalizacji baz danych, które mogą dzięki temu przechowywać jedynie dane ważne dla rozpatrywanego problemu.

5.2 Praktyczne zastosowanie eksperymentów

Wykonane przez autora eksperymenty

5.3 Dalsze możliwości rozwoju

6 Bibliografia

- [1] G. Weiss and F. Provost, "Learning when training data are costly: The effect of class distribution on tree induction," *J. Artif. Intell. Res. (JAIR)*, vol. 19, pp. 315–354, Jul. 2003, doi: 10.1613/jair.1199.
- [2] M. Hall, "Correlation-based feature selection for machine learning," *Department of Computer Science*, vol. 19, Jun. 2000.
- [3] G. Abdulrauf Sharifai and Z. Zainol, "Feature selection for high-dimensional and imbalanced biomedical data based on robust correlation based redundancy and binary grasshopper optimization algorithm," *Genes*, vol. 11, no. 7, 2020, doi: 10.3390/genes11070717.
- [4] L. Yin, Y. Ge, K. Xiao, X. Wang, and X. Quan, "Feature selection for high-dimensional imbalanced data," *Neurocomputing*, vol. 105, pp. 3–11, 2013, doi: <https://doi.org/10.1016/j.neucom.2012.04.039>.
- [5] B. Xue, M. Zhang, W. N. Browne, and X. Yao, "A survey on evolutionary computation approaches to feature selection," *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, vol. 20, no. 4, pp. 606–626, 2016, doi: 10.1109/TEVC.2015.2504420.
- [6] D. Tiwari, "Handling class imbalance problem using feature selection," Apr. 2014.
- [7] M. Wasikowski and X. Chen, "Combating the small sample class imbalance problem using feature selection," *IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering*, vol. 22, pp. 1388–1400, 2010.
- [8] C. Elkan, "Magical thinking in data mining: Lessons from CoLL challenge 2000," *Proceedings of the Seventh ACM SIGKDD International Conference on Knowledge Discovery and Data Mining*, Jul. 2001, doi: 10.1145/502512.502576.
- [9] I. Guyon and A. Elisseeff, "An introduction of variable and feature selection," *J. Machine Learning Research Special Issue on Variable and Feature Selection*, vol. 3, pp. 1157–1182, Jan. 2003, doi: 10.1162/153244303322753616.
- [10] P. Ziemba, "Redukcja wymiarowości i selekcja cech w zadaniach klasyfikacji i regresji z wykorzystaniem uczenia maszynowego," *Zeszyty Naukowe Uniwersytetu Szczecińskiego. Studia Informatica*, pp. 221–236, 2012.
- [11] G. Chandrashekar and F. Sahin, "A survey on feature selection methods," *Comput. Electr. Eng.*, vol. 40, no. 1, pp. 16–28, Jan. 2014, doi: 10.1016/j.compeleceng.2013.11.024.
- [12] J. M. Pereira, M. Basto, and A. F. da Silva, "The logistic lasso and ridge regression in predicting corporate failure," *Procedia Economics and Finance*, vol. 39, pp. 634–641, 2016, doi: [https://doi.org/10.1016/S2212-5671\(16\)30310-0](https://doi.org/10.1016/S2212-5671(16)30310-0).

- [13] L. E. Melkumova and S. Ya. Shatskikh, "Comparing ridge and LASSO estimators for data analysis," *Procedia Engineering*, vol. 201, pp. 746–755, 2017, doi: <https://doi.org/10.1016/j.proeng.2017.09.615>.
- [14] H. Motoda and H. Liu, "Feature selection, extraction and construction," *Communication of IICM (Institute of Information and Computing Machinery, Taiwan)*, vol. 5, pp. 67–72, Jan. 2002.
- [15] A. Sophian, G. Y. Tian, D. Taylor, and J. Rudlin, "A feature extraction technique based on principal component analysis for pulsed eddy current NDT," *NDT & E International*, vol. 36, no. 1, pp. 37–41, 2003, doi: [https://doi.org/10.1016/S0963-8695\(02\)00069-5](https://doi.org/10.1016/S0963-8695(02)00069-5).
- [16] L. Mena and J. Gonzalez, "Machine learning for imbalanced datasets: Application in medical diagnostic." in *FLAIRS 2006 - Proceedings of the Nineteenth International Florida Artificial Intelligence Research Society Conference*, Jan. 2006, vol. 2006, pp. 574–579.
- [17] D. A. N. S. Silva, L. C. Souza, and G. H. M. B. Motta, "An instance selection method for large datasets based on markov geometric diffusion," *Data & Knowledge Engineering*, vol. 101, pp. 24–41, 2016, doi: <https://doi.org/10.1016/j.datak.2015.11.002>.
- [18] H. Han, W.-Y. Wang, and B.-H. Mao, "Borderline-SMOTE: A new over-sampling method in imbalanced data sets learning," in *Advances in intelligent computing*, 2005, pp. 878–887.
- [19] N. Chawla, K. Bowyer, L. Hall, and W. Kegelmeyer, "SMOTE: Synthetic minority over-sampling technique," *J. Artif. Intell. Res. (JAIR)*, vol. 16, pp. 321–357, Jun. 2002, doi: [10.1613/jair.953](https://doi.org/10.1613/jair.953).
- [20] S.-J. Yen and Y.-S. Lee, "Cluster-based under-sampling approaches for imbalanced data distributions," *Expert Systems with Applications*, vol. 36, pp. 5718–5727, Jan. 2006, doi: [10.1016/j.eswa.2008.06.108](https://doi.org/10.1016/j.eswa.2008.06.108).
- [21] H. He, Y. Bai, E. Garcia, and S. Li, "ADASYN: Adaptive synthetic sampling approach for imbalanced learning," in *Proceedings of the International Joint Conference on Neural Networks*, Jul. 2008, pp. 1322–1328, doi: [10.1109/IJCNN.2008.4633969](https://doi.org/10.1109/IJCNN.2008.4633969).
- [22] J. L. Leevy, T. M. Khoshgoftaar, R. A. Bauder, and N. Seliya, "A survey on addressing high-class imbalance in big data," *Journal of Big Data*, vol. 5, no. 1, p. 42, Nov. 2018, doi: [10.1186/s40537-018-0151-6](https://doi.org/10.1186/s40537-018-0151-6).
- [23] J. R. Quinlan, "Bagging, boosting, and C4.5," in *In proceedings of the thirteenth national conference on artificial intelligence*, 1996, pp. 725–730.
- [24] T. Chengsheng, L. Huacheng, and X. Bing, "AdaBoost typical algorithm and its application research," *MATEC Web of Conferences*, vol. 139, p. 00222, Jan. 2017, doi: [10.1051/matec-conf/201713900222](https://doi.org/10.1051/matec-conf/201713900222).

- [25] K. Hempstalk, E. Frank, and I. Witten, "One-class classification by combining density and class probability estimation," Sep. 2008, doi: 10.1007/978-3-540-87479-9_51.
- [26] H. J. Shin, D.-H. Eom, and S.-S. Kim, "One-class support vector machines—an application in machine fault detection and classification," *Computers & Industrial Engineering*, vol. 48, no. 2, pp. 395–408, 2005, doi: <https://doi.org/10.1016/j.cie.2005.01.009>.
- [27] S. Ertekin, J. Huang, L. Bottou, and C. Giles, "Learning on the border: Active learning in imbalanced data classification," in *International Conference on Information and Knowledge Management, Proceedings*, Jan. 2007, pp. 127–136, doi: 10.1145/1321440.1321461.
- [28] M. Langarizadeh and F. Moghbeli, "Applying naive bayesian networks to disease prediction: A systematic review," *Acta Informatica Medica*, vol. 24, p. 364, Oct. 2016, doi: 10.5455/aim.2016.24.364-369.
- [29] M. Bader-El-Den, E. Teitei, and T. Perry, "Biased random forest for dealing with the class imbalance problem," *IEEE Transactions on Neural Networks and Learning Systems*, vol. PP, pp. 1–10, Nov. 2018, doi: 10.1109/TNNLS.2018.2878400.
- [30] P. van der Putten and M. van Someren, "A bias-variance analysis of a real world learning problem: The CoIL challenge 2000," *Machine Learning*, vol. 57, no. 1, pp. 177–195, Oct. 2004, doi: 10.1023/B:MACH.0000035476.95130.99.
- [31] D. Mladenić and M. Grobelnik, "Feature selection for unbalanced class distribution and naive bayes." Jan. 1999, pp. 258–267.
- [32] G. Forman, "An extensive empirical study of feature selection metrics for text classification," *J. Mach. Learn. Res.*, vol. 3, no. null, pp. 1289–1305, Mar. 2003.
- [33] Z. Zheng, X. Wu, and R. Srihari, "Feature selection for text categorization on imbalanced data," *SIGKDD Explor. Newsl.*, vol. 6, no. 1, pp. 80–89, Jun. 2004, doi: 10.1145/1007730.1007741.
- [34] I. Jamali, M. Bazmara, and S. Jafari, "Feature selection in imbalance data sets," *International Journal of Computer Science Issues*, vol. 9, p. 42, May 2013.
- [35] J. Biesiada and W. Duch, "Feature selection for high-dimensional data — a pearson redundancy based filter," in *Computer recognition systems 2*, 2007, pp. 242–249.
- [36] I. Kononenko, E. Šimec, and M. Robnik-Sikonja, "Overcoming the myopia of inductive learning algorithms with RELIEFF," *Applied Intelligence*, vol. 7, pp. 39–55, Jan. 1997, doi: 10.1023/A:1008280620621.
- [37] R. J. Urbanowicz, M. Meeker, W. La Cava, R. S. Olson, and J. H. Moore, "Relief-based feature selection: Introduction and review," *Journal of Biomedical Informatics*, vol. 85, pp. 189–203, 2018, doi: <https://doi.org/10.1016/j.jbi.2018.07.014>.

- [38] K. Kira and L. A. Rendell, "A practical approach to feature selection," in *Machine learning proceedings 1992*, D. Sleeman and P. Edwards, Eds. San Francisco (CA): Morgan Kaufmann, 1992, pp. 249–256.
- [39] M. Kumar, N. Rath, A. Swain, and S. Rath, "Feature selection and classification of micro-array data using MapReduce based ANOVA and k-nearest neighbor," *Procedia Computer Science*, vol. 54, pp. 301–310, Dec. 2015, doi: 10.1016/j.procs.2015.06.035.
- [40] M. G. Larson, "Analysis of variance," pp. 115–121, Jun. 2008, doi: <https://doi.org/10.1161/CIRCULATIONAHA.107.654335>.
- [41] G. Guo, H. Wang, D. Bell, Y. Bi, and K. Greer, "KNN model-based approach in classification," in *On the move to meaningful internet systems 2003: CoopIS, DOA, and ODBASE*, 2003, pp. 986–996.
- [42] F. Nahm, "Nonparametric statistical tests for the continuous data: The basic concept and the practical use," *Korean Journal of Anesthesiology*, vol. 69, p. 8, Feb. 2016, doi: 10.4097/kjae.2016.69.1.8.
- [43] Y. Jung, "Multiple predicting k-fold cross-validation for model selection," *Journal of Nonparametric Statistics*, vol. 30, no. 1, pp. 197–215, 2018, doi: 10.1080/10485252.2017.1404598.
- [44] "Sklearn model_selection KFold," *scikit*. [Online]. Available: https://scikit-learn.org/stable/modules/generated/sklearn.model_selection.KFold.html.
- [45] M. L. G.-. ULB, "Credit card fraud detection," *Kaggle*. Mar. 2018, [Online]. Available: <https://www.kaggle.com/mlg-ulb/creditcardfraud>.
- [46] A. Kumar, "Health insurance cross sell prediction," *Kaggle*. Sep. 2020, [Online]. Available: <https://www.kaggle.com/anmolkumar/health-insurance-cross-sell-prediction>.
- [47] U. M. Learning, "Mushroom classification," *Kaggle*. Dec. 2016, [Online]. Available: <https://www.kaggle.com/uciml/mushroom-classification>.
- [48] "Sklearn datasets make_classification," *scikit*. [Online]. Available: https://scikit-learn.org/stable/modules/generated/sklearn.datasets.make_classification.html.
- [49] "KEEL: Software tool. Evolutionary algorithms for data mining," *SCI2S*. [Online]. Available: <https://sci2s.ugr.es/keel/imbalanced.php>.
- [50] "Sklearn preprocessing RobustScaler," *scikit*. [Online]. Available: <https://scikit-learn.org/stable/modules/generated/sklearn.preprocessing.RobustScaler.html>.
- [51] "Sklearn preprocessing LabelEncoder," *scikit*. [Online]. Available: <https://scikit-learn.org/stable/modules/generated/sklearn.preprocessing.LabelEncoder.html>.
- [52] "Sklearn feature_selection f_classif," *scikit*. [Online]. Available: https://scikit-learn.org/stable/modules/generated/sklearn.feature_selection.f_classif.html.

- [53] “Sklearn feature_selection chi2,” *scikit*. [Online]. Available: https://scikit-learn.org/stable/modules/generated/sklearn.feature_selection.chi2.html.
- [54] “Sklearn feature_selection mutual_info_classif,” *scikit*. [Online]. Available: https://scikit-learn.org/stable/modules/generated/sklearn.feature_selection.mutual_info_classif.html.
- [55] J. Li *et al.*, “Feature selection: A data perspective,” *ACM Computing Surveys (CSUR)*, vol. 50, no. 6, p. 94, 2018.
- [56] Jundongl, “Jundongl/scikit-feature,” *GitHub - Scykit-feature*. [Online]. Available: <https://github.com/jundongl/scikit-feature>.
- [57] “Python: Pandas DataFrame.corr(),” *pandas*. Apr. 2020, [Online]. Available: <https://pandas.pydata.org/pandas-docs/stable/reference/api/pandas.DataFrame.corr.html>.
- [58] L. C. W. Urbanowicz RJ Meeker M, “Relief-based feature selection: Introduction and review. J biomed inform,” *ACM Computing Surveys (CSUR)*, pp. 189–203, 2018.

Zawartość płyty CD

Do pracy dołączono płytę CD o następującej zawartości:

- kody źródłowy biblioteki, programu eksperymentalnego i programów generujących wykresy znajdujące się w folderze /src
- otwartoźródłowe dane użyte do trenowania sieci neuronowych w katalogu /data
- katalog /docs zawierający kod źródłowy tej pracy
- katalog /results zawierający pliki wynikowe przeprowadzanych eksperymentów
- plik w formacie pdf zawierający tę pracę