ΠΡΟΓΡΑΜΜΑ ΜΕΤΑΠΤΥΧΙΑΚΩΝ ΣΠΟΥΔΩΝ ΣΤΗΝ ΤΕΧΝΗΤΗ ΝΟΗΜΟΣΥΝΗ

Στατιστική Μάθηση-Υπολογιστική Νοημοσύνη

Σουράνης Παναγιώτης ΑΕΜ:17

Το παρακάτω κείμενο είναι μια σύντομη αναφορά της εφαρμογής του αλγορίθμου SVM στο Dataset Breast cancer το οποίο πάρθηκε από την ιστοσελίδα:

https://archive.ics.uci.edu/ml/datasets/Breast+Cancer+Wisconsin+(Diagnostic)

Περιγραφή Dataset:

Στο παρακάτω σύνολο δεδομένων μας δίνονται τα χαρακτηριστικά τα οποία συλλέχθηκαν μέσω μίας παρακέντησης με λεπτή βελόνη στην μάζα του μαστού.

Τα χαρακτηριστικά τα οποία αναφέρονται είναι για παράδειγμα (Η περίμετρος της μάζας, η ομαλότητα (smoothness), η υφή , η συμμετρία και λοιπά).

Η διάγνωση η οποία προέκυψε αναφέρεται σε καλοήθη (Benign) και κακοήθη (Malignant) μάζες του μαστού.

Στόχος μας λοιπόν είναι ο αλγόριθμος να προβλέπει όσο καλύτερα γίνεται αν η μάζα του μαστού είναι καλοήθης ή κακοήθης.

Ανάλυση Dataset:

Ας αρχίσουμε λοιπόν πρώτα με την ανάλυση των χαρακτηριστικών του συνόλου δεδομένων που μας δόθηκε

	id	diagnosis	radius_mean	texture_mean	perimeter_mean	area_mean	smoothness_mean	compactness_mean
0	842302	М	17.99	10.38	122.80	1001.0	0.11840	0.27760
1	842517	M	20.57	17.77	132.90	1326.0	0.08474	0.07864
2	84300903	M	19.69	21.25	130.00	1203.0	0.10960	0.15990
3	84348301	M	11.42	20.38	77.58	386.1	0.14250	0.28390
4	84358402	M	20.29	14.34	135.10	1297.0	0.10030	0.13280



concavity_mean	points_mean	 texture_worst	perimeter_worst	area_worst	smoothness_worst	compactness_worst	concavity_worst	points_worst
0.3001	0.14710	 17.33	184.60	2019.0	0.1622	0.6656	0.7119	0.2654
0.0869	0.07017	 23.41	158.80	1956.0	0.1238	0.1866	0.2416	0.1860
0.1974	0.12790	 25.53	152.50	1709.0	0.1444	0.4245	0.4504	0.2430
0.2414	0.10520	 26.50	98.87	567.7	0.2098	0.8663	0.6869	0.2575
0.1980	0.10430	 16.67	152.20	1575.0	0.1374	0.2050	0.4000	0.1625

symmetry_worst	fractal_dimension_worst	Unnamed: 32
0.4601	0.11890	NaN
0.2750	0.08902	NaN
0.3613	0.08758	NaN
0.6638	0.17300	NaN
0.2364	0.07678	NaN

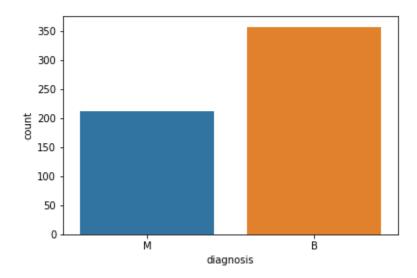


Αυτή είναι μια γενική εικόνα των χαρακτηριστικών. Μπορούμε να παρατηρήσουμε εξ' αρχής ότι έχουμε μια κατηγορία χαρακτηριστικών η οποία είναι κενή και δεν μας δίνει κάποια ιδιαίτερη πληροφορία, αυτή είναι η "Unnamed 32" οπότε πρέπει να αφαιρεθεί από το dataset.

Επίσης η στήλη η κλάση Ιd δεν μπορεί να μας παρέχει κάποια χρήσιμη πληροφορία η οποία θα συνεισφέρει στην διάγνωση οπότε και αυτή θα πρέπει να αφαιρεθεί.

Ας δούμε λοιπόν στην συνέχεια την κλάση της διάγνωσης "diagnosis"

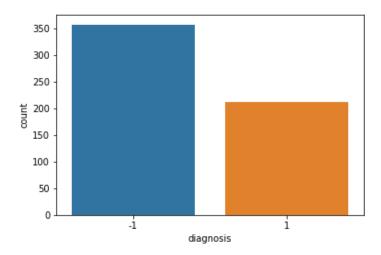
Number of Benign: 357 Number of Malignant: 212



Σχήμα 1.1

Παρατηρούμε λοιπόν ότι στα δεδομένα μας το 37.25% των μαζών ήταν κακοήθεις και το 62.75% καλοήθεις.

Επειδή τα δεδομένα μας δεν είναι αριθμητικά αλλα είναι κατηγορικά θα πρέπει να τα μετατρέψουμε σε binary προκειμένου στην συνέχεια να εφαρμόσουμε τον αλγόριθμο SVM.

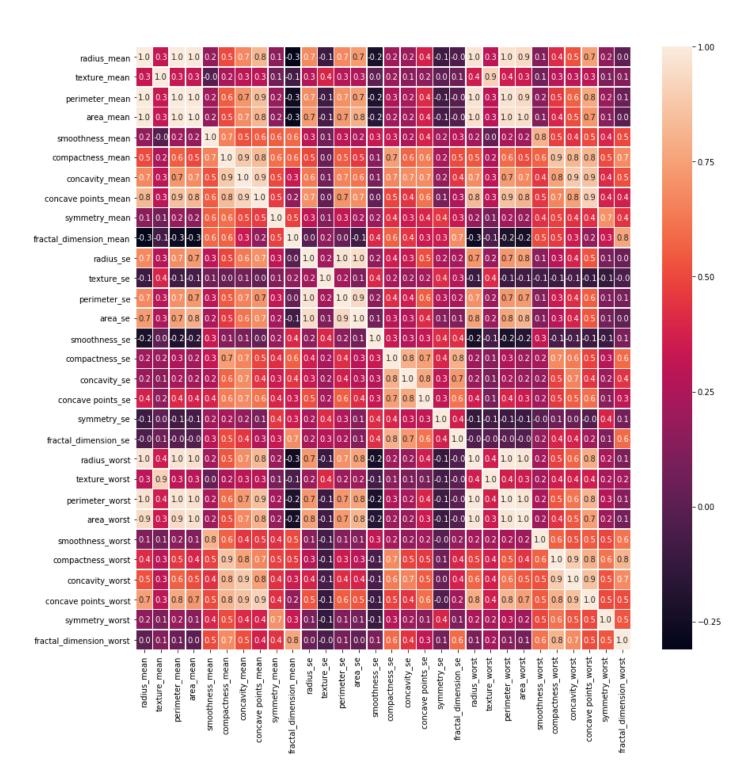


Σχήμα 1.2

Η κλάση -1 λοιπόν αναφέρεται τώρα στην κλάση Benign και η κλάση +1 στην κλάση Malignant.

Ας δημιουργήσουμε λοιπόν στην συνέχεια έναν πίνακα Συσχέτισης (Correlation Matrix) για να παρατηρήσουμε την συσχέτιση μεταξύ των χαρακτηριστικών.

Σχήμα 1.3



Όπως βλέπουμε υπάρχουν αρκετά χαρακτηριστικά όπως για παράδειγμα (perimeter worst, area mean) ή (perimeter worst, area worst) και λοιπά τα οποία έχουν μεγάλη συσχέτιση μεταξύ τους οπότε μας παρέχουν την ίδια πληροφορία και για αυτό πρέπει να επιλέξουμε ποια θα κρατήσουμε και ποια θα απαλειφθούν.

Πρωτού όμως προχωρήσουμε παρακάτω θα πρέπει να υλοποιήσουμε ένα normalization η αλλιώς standardization διότι έχουμε χαρακτηριστικά για τα οποία οι τιμές τους διαφέρουν πολύ.

Για την κανονικοποιήση χρησιμοποιήθηκε η κανονική κατανομή N(0,1).

(X-μ)/σ όπου μ η μέση τιμή και σ η διακύμανση standart deviation

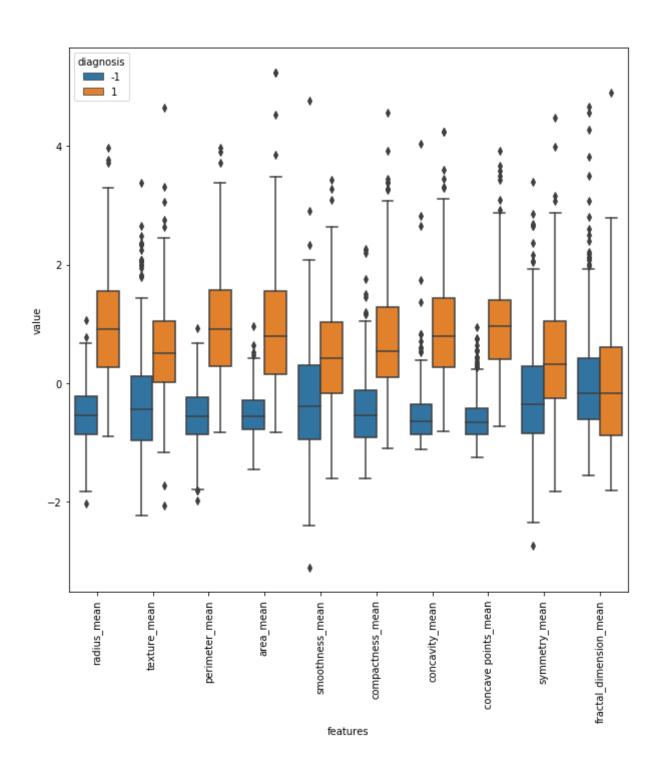
Θα μπορούσε επίσης να χρησιμοποιηθεί και η μέθοδος min – max

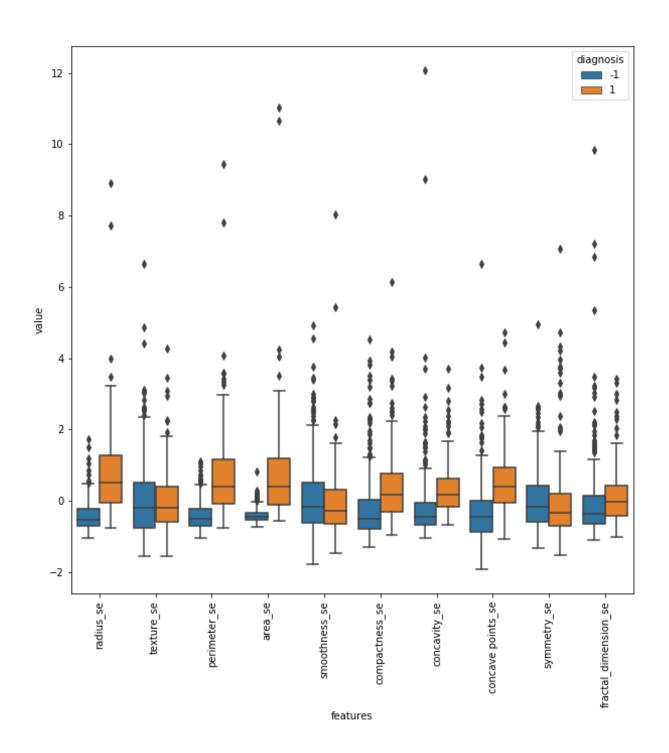
Στην συνέχεια παρουσιάζουμε μερικά θηκογράμματα τα οποία είναι ενας βολικός τρόπος γραφικής αναπαράστασης μιας μεταβλητής,ως προς πέντε βασικές παραμέτρους οι οποίες συνοψίζουν την κατανομή της.

Αυτές είναι

- Ελάχιστη τιμή (min)
- 1° τεταρτημόριο (Q1)
- Διάμεσος (Q2)
- 3° τεταρτημόριο (Q3)
- Μέγιστη τιμή (max)

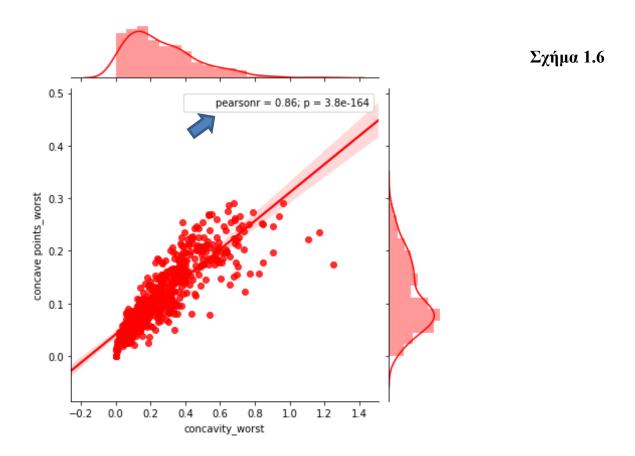
Επίσης τα θηκογράμματα μας αναπαριστούν που βρίσκεται το 50% των τιμών και ακόμη μας παρουσιάζουν τις ακραίες τιμές που βρέθηκαν.





Αυτό που θα μπορούσαμε επίσης να κάνουμε είναι να σχεδιάσουμε ένα κοινό διάγραμμα το οποίο θα μας δίνει μια οπτικοποίηση για τα αποτελέσματα που μας έδωσε ο πίνακας συσχέτισης για τα την συσχέτιση μεταξύ 2 χαρακτηριστικών.

Ας πάρουμε για παράδειγμα τις μεταβλητές (concavity worst και concave points worst) οι οποίες όπως είδαμε από τον πίνακα έχουν συντελεστή συσχέτισης 0.9



Όπως βλέπουμε ο συντελεστής συσχέτισης Pearson είναι κοντά στην μονάδα που οδηγεί στο συμπέρασμα ότι αυτές οι δύο μεταβλητές έχουν απόλυτη γραμμική συσχέτιση.

Αφού είδαμε λοιπόν ότι πολλές μεταβλητές συσχετίζονται μεταξύ τους τώρα αυτό που μένει είναι να κρατήσουμε αυτές που είναι σημαντικότερες και κατέχουν δηλαδη την περισσότερη πληροφορία σχετικά με την διάγνωση.

Υπάρχουν αρκετόι τρόποι για να γίνει αυτό αλλα αυτοι που θα σχολιαστούν είναι οι RFE (Recusrive Feature Selection) και PCA (Principal Component Analysis)

Τι είναι όμως οι RFE και PCA?

PCA

Η μέθοδος PCA (Ανάλυση Κύριων Συνιστωσών), αποτελεί μία γραμμική μέθοδο συμπίεσης Δεδομένων η οποία συνίσταται από τον επαναπροσδιορισμό των συντεταγμένων ενός συνόλου δεδομένων σε ένα άλλο σύστημα συντεταγμένων το οποίο θα είναι καταλληλότερο στην επικείμενη ανάλυση δεδομένων. Αυτές οι νέες συντεταγμένες είναι το αποτέλεσμα ενός γραμμικού συνδυασμού προερχόμενου από τις αρχικές μεταβλητές και εκπροσωπούνται σε ορθογώνιο άξονα, ενώ τα επικείμενα σημεία διατηρούν μια φθίνουσα σειρά όσο αφορά στη τιμή της διακύμανσής τους. Για το λόγο αυτό, το πρώτο κύριο συστατικό (principal component) διατηρεί περισσότερες πληροφορίες δεδομένων σε σύγκρίση με το δεύτερο το οποίο δεν διατηρεί πληροφορίες οι οποίες έχουν εισέλθει νωρίτερα (στο πρώτο συστατικό). Τα principan components δεν συσχετίζονται.Η συνολική ποσότητα των principal components είναι ίση με τη ποσότητα των αρχικών μεταβλητών και παρουσιάζει τις ίδιες πληροφορίες στατιστικής. Εντούτοις, η συγκεκριμένη μέθοδος επιτρέπει την μείωση του συνόλου των μεταβλητών,καθώς τα πρώτα συστατικά (principal componets) διατηρούν περισσότερο από το 90% των στατιστικών δεδομένων από τα αρχικά δεδομένα.

Πηγή
 https://eclass.uoa.gr/modules/document/file.php/DI367/%CE%A5%CE%BB%CE%B9%CE%BA%CF%8C/PCA_method.pdf

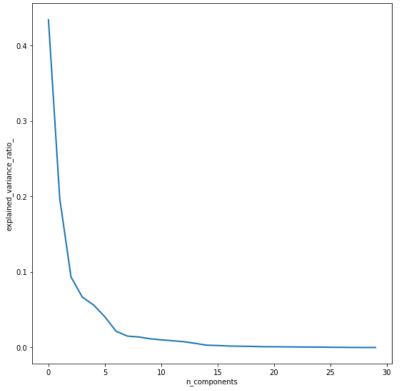
RFE (Recursive Feature Elimination)

Η μέθοδος RFE όπως μας αναφέρει και ο τίτλος της αυτό που κάνει είναι να εξαλείφει χαρακτηριστικά βάσει ενός μοντέλου και με τα υπολοιπόμενα χαρακτηριστικά να υπολογίζει την ακρίβεια του μοντέλου.

Η μέθοδος RFE έχει την ικανότητα να εντοπίζει τα χαρακτηριστικά (attributes) με την περισσότερη συνεισφορά στην πρόβλεψη της κλάσης στόχου.

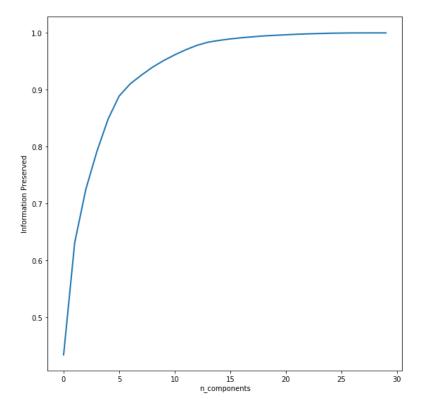
Πηγή
 https://medium.com/@aneesha/recursive-feature-elimination-with-scikit-learn-3a2cbdf23fb7

Ας δούμε λοιπόν μια προσομοίωση κατά πόσο με την μέθοδος PCA μειώνεται η πληροφορία που έχει component όσο αυξάνουμε το πλήθος τους.



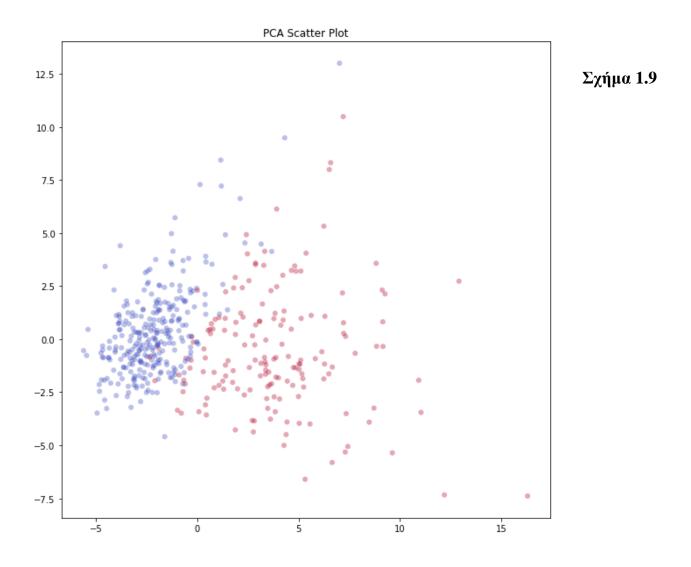
Σχήμα 1.7

Παρ'όλα αυτά το μέγεθος της πληροφορίας που διατηρείται όπως φάινεται και στο κάτω σχήμα αυξάνεται όσο αυξάνεται το πλήθος των components που κρατάμε



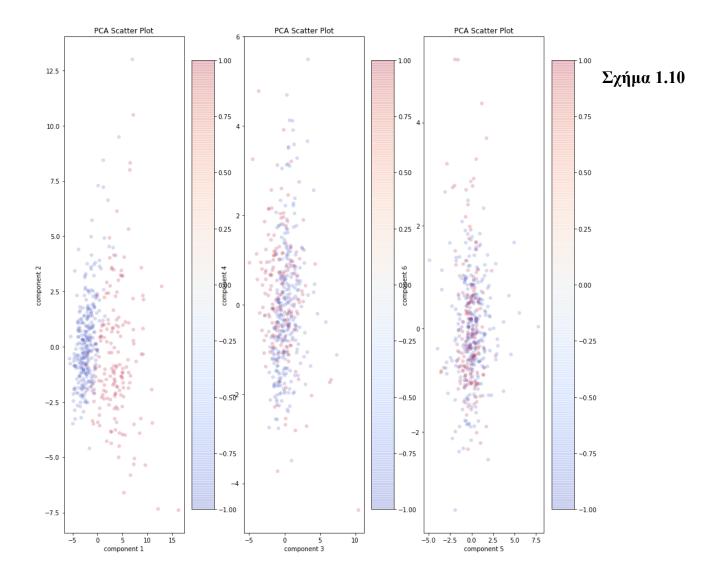
Σχήμα 1.8

Ας δούμε μια εικόνα του PCA για τα πρώτα 2 χαρακτηριστικά.



Οι μπλέ κουκίδες αναφέρονται στο πρώτο χαρακτηριστικό το οποίο κράτησε το PCA και οι κόκκινες στο δεύτερο.

Ας δούμε όμως συγκεντρωτικά και για μερικά από τα υπόλοιπα χαρακτηριστικά.



Αναλυτικά οι διακυμάνσεις για το κάθε χαρακηριστικό είναι:

		PCA	Explained	Variance	Ratio
Component	1			0.4	134308
Component	2			0.1	L97401
Component	3			0.0	993518
Component	4			0.0	966777
Component	5			0.0	956425
Component	6			0.0	940716
Component	7			0.0	21493

Το άθροισμα τους μας δίνει : 0.9106363829667495 . Άρα έχουμε στη διάθεση μας το 91% της αρχικής πληροφορίας.

Αφου πραγματοποιήσαμε λοιπόν και την διαδικασία PCA ήρθε η ώρα να προχωρήσουμε στην εκπαίδευση του μοντέλου μας με τον αλγόριθμο SVM.

Οι πυρήνες Kernels που χρησιμοποίηθηκαν είναι (Linear Kernel , Gaussian Kernel (RBF) , Polynomial Kernel)

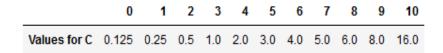
Ακόμη έγινε αναζήτηση σε πλέγμα (Grid Search) προκειμένου να βρεθεί η καλύτερη παράμετρος C.

ΣΗΜΕΙΩΣΗ!

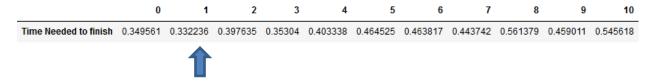
Να αναφέρουμε επίσης ότι εγινε αναζήτηση και για τις μεταβλητές sigma για την περίπτωση του Gaussian Kernel και degree of polynomial στην περίπτωση του πολυωνυμικού αλλα κρατήθηκαν μόνο οι βέλτιστες για να κάνουμε αναζήτηση στην συνέχεια για την τιμή του C.

Linear Kernel (After PCA)

Οι τιμές C στις οποίες έγινε αναζήτηση ήταν:



Οι χρόνοι που χρειάστηκαν για να εκτελεστεί για καθένα από τα C ο αλγόριθμος SVM ήταν:



Βλέπουμε ότι ο γρηγορότερος αλγόριθμος για να ολοκληρωθεί ήτανε ο δεύτερος που αντιστοιχούσε στην τιμή του C=0.25

Precision, Recall, F1

Πρίν προχωρήσουμε ας αναφέρουμε πως μετρούνται τα Precision, Recall, F1 Score

Έχουμε λοιπόν

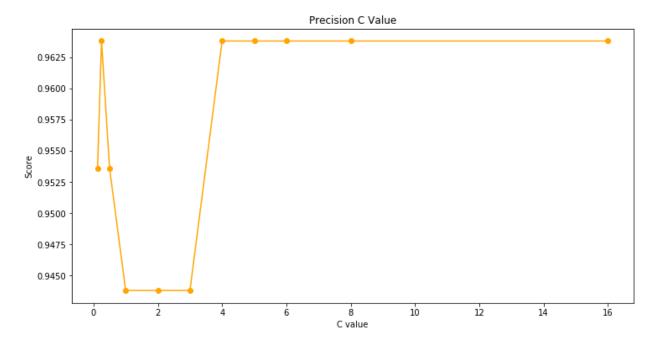
- True positive = correctly identified
- False positive = incorrectly identified
- True negative = correctly rejected
- False negative = incorrectly rejected

Precision=TP/(TP+FP)

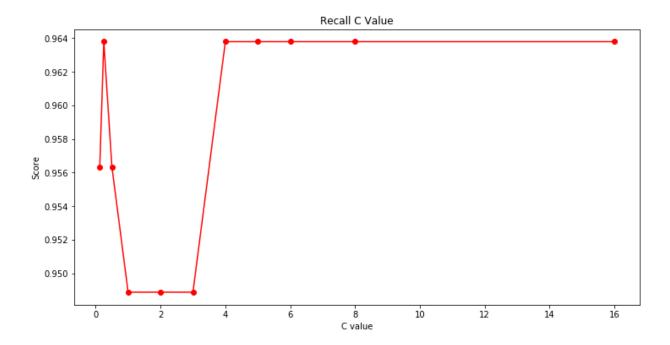
Recall=TP/(TP+FN)

F1 Score=2*Precision*Recall/(Precision+Recall) η αλλιώς θα μπορούσαμε να πούμε ότι είναι ο αρμονικός μέσος μεταξύ του Precision και του Recall.

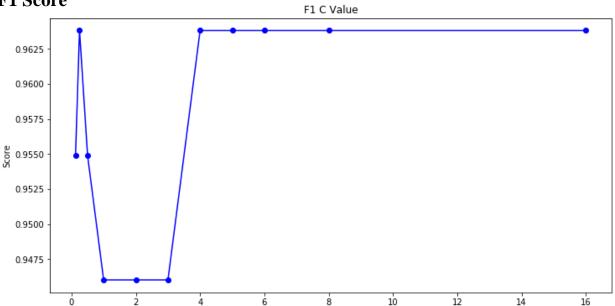
Precision



Recall







Η καλύτερη τιμή βρέθηκε για την τιμή του C=0.25.Ας δούμε λοιπόν ένα αναλυτικό classification report για την παραπάνω τιμή

C value

support	f1-score	recall	precision	
67	0.97	0.97	0.97	-1.0
47	0.96	0.96	0.96	1.0
114	0.96	0.96	0.96	avg / total

Επίσης τα support vectors που χρειάστηκαν ήταν

45 support vectors out of 455 points

Gaussian Kernel (RBF)

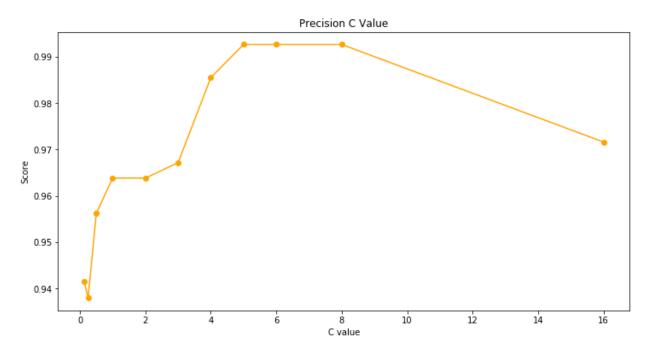
Θα χρησιμοποιήσουμε για αρχή την τιμή για το $\mathbf{sigma} = \mathbf{3}$ (variance)

Οι τιμές για την αναζήτηση σε πλέγμα παραμένουν οι ίδιες.

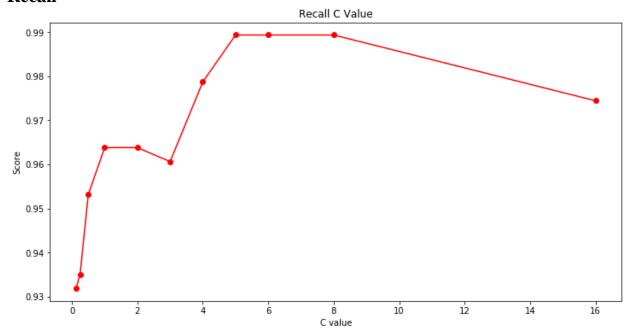
Ας δούμε τους χρόνους που χρειάστηκαν για να ολοκληρωθούν οι αλγόριθμοι

Ο γρηγορότερος όπως φαίνεται ήταν ο 5^{og} που αντιστοιχούσε για την τιμή του C=2 Ας δούμε τώρα τις μετρικές

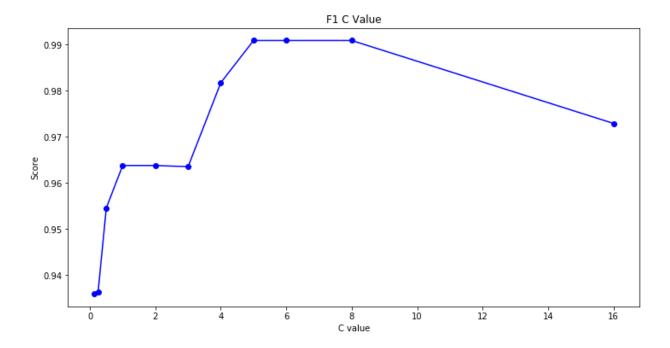
Precision



Recall



F1 Score



Οι καλύτερες επιδόσεις που βρέθηκαν αντιστοιχούσαν για την τιμή C=5

Classification Report.

support	f1-score	recall	precision	
67	0.99	1.00	0.99	-1.0
47	0.99	0.98	1.00	1.0
114	0.99	0.99	0.99	avg / total

Τα support vectors που χρειάστηκαν ήταν:

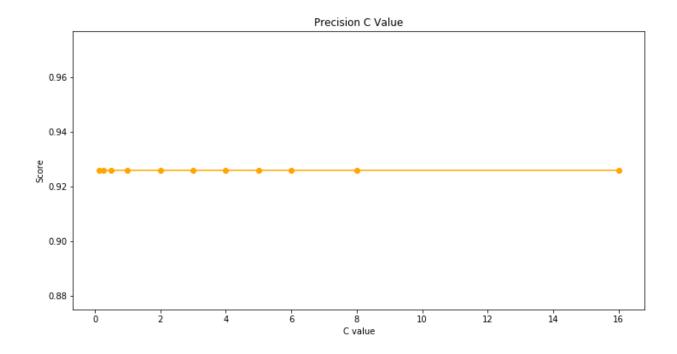
102 support vectors out of 455 points

Polynomial Kernel (degree of polynomial P=3)

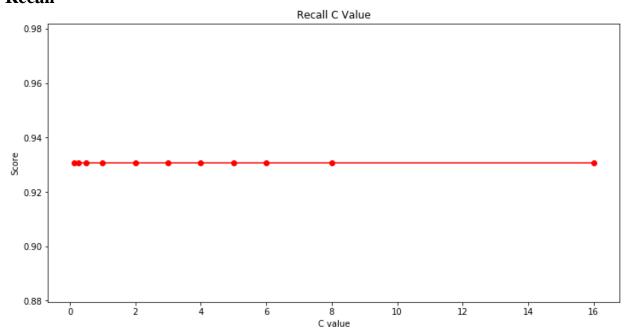
Οι χρόνοι που χρειάστηκαν για να εκτελεστεί για καθένα από τα C ο αλγόριθμος SVM ήταν



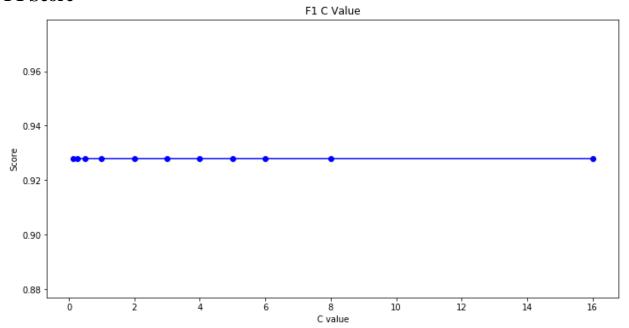
Precision







F1 Score



Οι καλύτερες επιδόσεις βρέθηκαν για την τιμή του C=0.125

Classification Report.

support	f1-score	recall	precision	
67	0.94	0.93	0.95	-1.0
47	0.92	0.94	0.90	1.0
114	0.93	0.93	0.93	avg / total

Τα support vectors που χρειάστηκαν ήταν:

49 support vectors out of 455 points

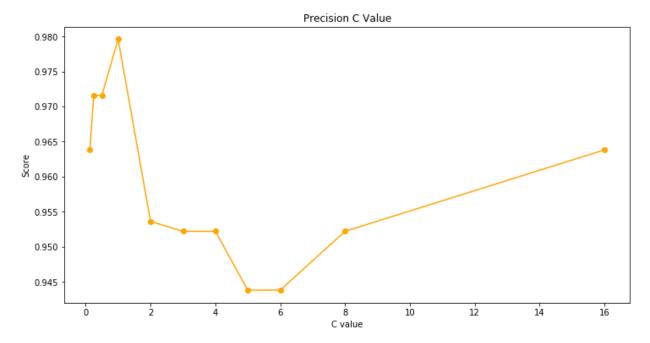
Ας δούμε τέλος τι θα συνέβαινε αν δεν είχαμε εφαρμόσει την διαδικασία PCA

Linear Kernel

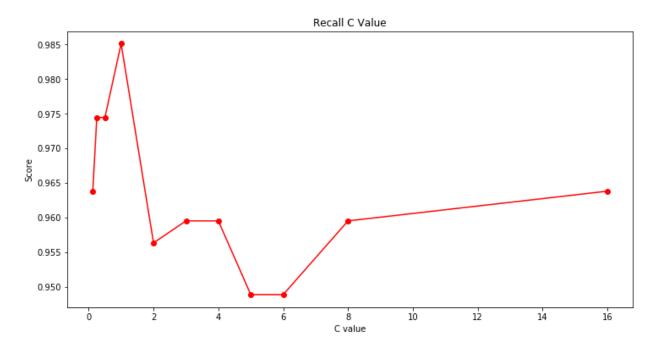




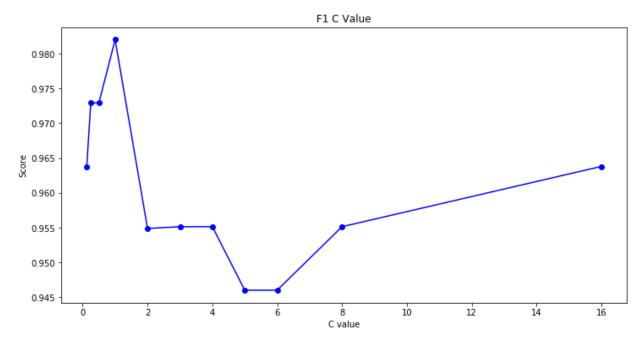
Precision



Recall



F1 Score

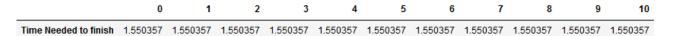


Η μεγαλύτερη τιμή που βρέθηκε αντιστοιχούσε στην τιμή του C=1

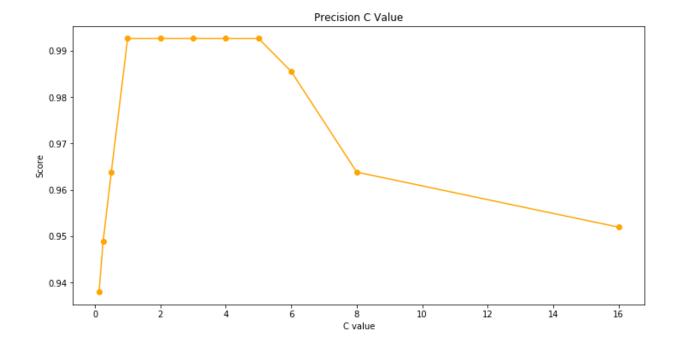
Classification Report.

support	f1-score	recall	precision	
67	0.98	0.97	1.00	-1.0
47	0.98	1.00	0.96	1.0
114	0.98	0.98	0.98	avg / total

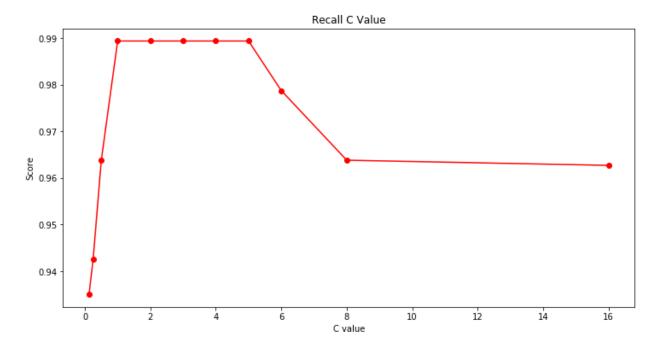
$\underline{Gaussian\ Kernel}\ (RBF\ ,\ sigma=3)$



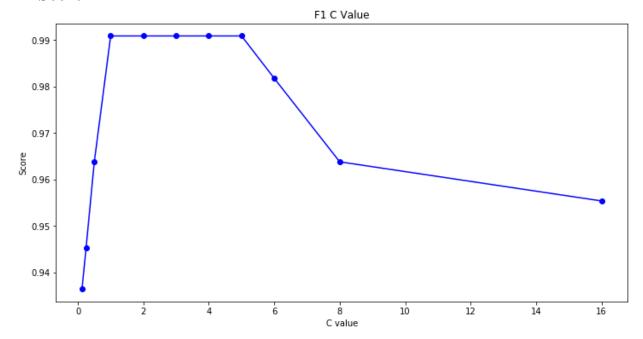
Precision



Recall



F1 Score



Οι καλύτερες επιδόσεις βρέθηκαν για την τιμή του C=1

Classification Report.

support	f1-score	recall	precision	
67	0.99	1.00	0.99	-1.0
47	0.99	0.98	1.00	1.0
114	0.99	0.99	0.99	avg / total

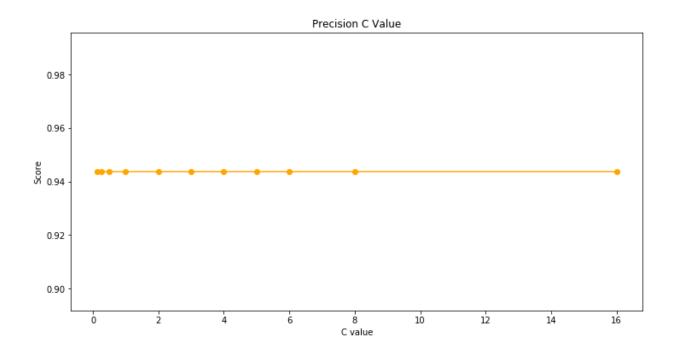
133 support vectors out of 455 points

Polynomial Kernel (degree of polynomial P=3)

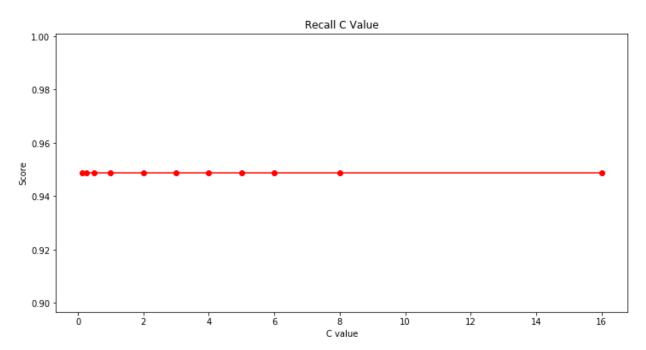
 Time Needed to finish
 0.57518
 0.558276
 0.555224
 0.584635
 0.53251
 0.53251
 0.535821
 0.53512
 0.585132
 0.554258
 0.524061
 0.574897
 0.572772



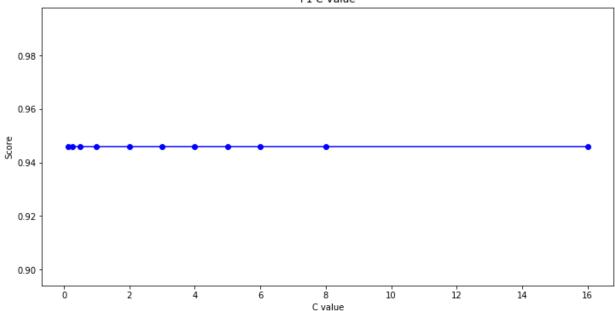
Precision



Recall







Οι μεγαλύτερες επιδόσεις βρέθηκαν για την τιμή του C=0.125

Classification Report.

support	f1-score	recall	precision	
67	0.95	0.94	0.97	-1.0
47	0.94	0.96	0.92	1.0
114	0.95	0.95	0.95	avg / total

64 support vectors out of 455 points

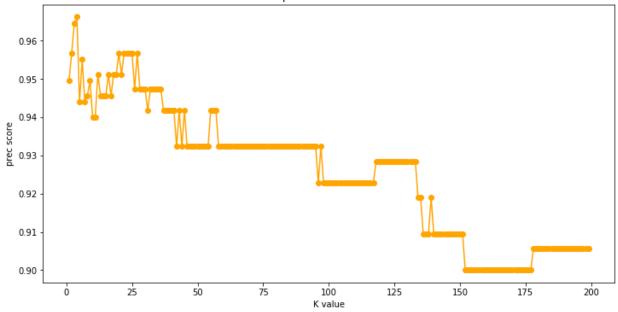
> Σύγκριση με τους Αλγορίθμους Nearest Neighbor και Nearest Class Centroid

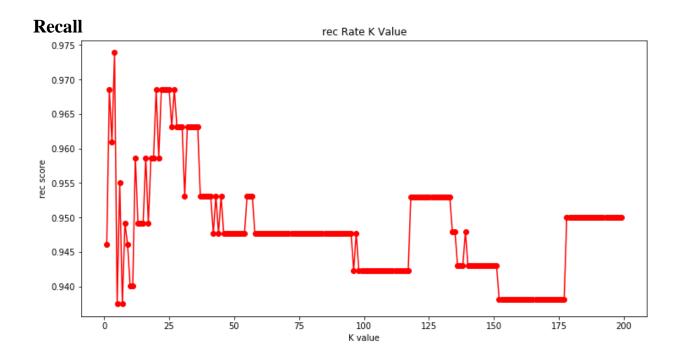
Nearest Neighbor (K=200, distance="uniform", p=2)

Τα αποτελέσματα τα οποία βρέθηκαν μετα την εφαρμογή του αλγορίθμου **K Nearest Neighbor (KNN)** ήταν:

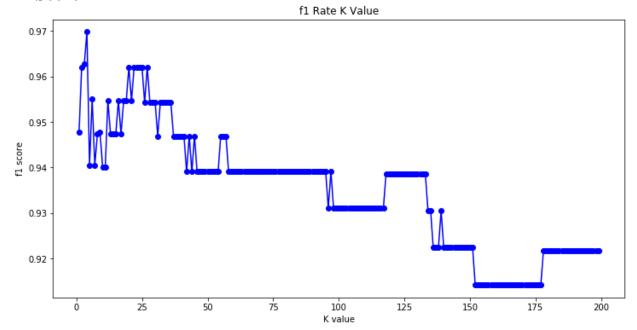
Precision







F1 Score



Τα αποτελέσματα τα οποία συγκεντρώθηκαν ήταν:

Best <u>Precision</u> **0.9661425576519916** για την τιμή του **K=4**

Best <u>Recall</u> 0.9738917306052856 για την τιμή του K=4

Best **F1 Score 0.9697802197802198** για την τιμή του **K=4**

!Παρατηρήσεις:

(Αν αντί του standartscaler εφαρμόζαμε minmaxscaler τότε τα αποτελέσματα που προέκυπταν ήταν)

Best <u>Precision</u> **0.9661425576519916** για την τιμή του K=1

Best \underline{Recall} 0.9738917306052856 για την τιμή του K=1

Best **F1 Score 0.9697802197802198** για την τιμή του K=1

Σε αυτήν την περίπτωση λοιπόν χρειάστηκε μόνο ενας πλησιέστερος γείτονας για να βρεί τα καλύτερα αποτελέσματα ο αλγόιθμος.

Nearest Class Centroid

Με την εφαρμογή του MinMaxScaler τα αποτελέσματα που βρέθηκαν ήταν:

support	f1-score	recall	precision	
90	0.94	0.93	0.94	-1
53	0.90	0.91	0.89	1
143	0.92	0.92	0.92	avg / total

Ενώ με την εφαρμογή του StandardScaler τα αποτελέσματα που βρέθηκαν ήταν

support	f1-score	recall	precision	
90	0.94	0.93	0.94	-1
53	0.90	0.91	0.89	1
143	0.92	0.92	0.92	avg / total

Παρατηρούμε ότι βρήκαμε ακριβώς τα ίδια αποτελέσματα.

> Συγκρίσεις

Ας συγκεντρώσουμε λοιπόν τώρα όλα τα αποτελέσματα για να αποφανθούμε ποιος ητανε τελικά ο ακριβέστερος αλγόριθμος.

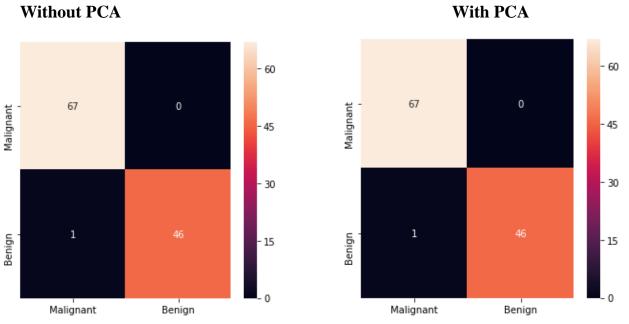
Είδαμε ότι στην περίπτωση του SVM τα καλύτερα αποτελέσματα βρέθηκαν στην περίπτωση του Gaussian Kernel (With and without pca)

Συγκεκριμένα: (Without PCA sigma=3, C=1)		precision	recall	f1-score	support
 Best Precision: 0.9926470588235294. Best Recall: 0.9893617021276595 	-1.0 1.0	0.99 1.00	1.00 0.98	0.99 0.99	67 47
3. Best F1 Score: 0.9909199522102747	vg / total	0.99	0.99	0.99	114
Ακόμη: (With PCA sigma=3, C=5)		precision	recall	f1-score	support
1. Best Precision: 0.9926470588235294	-1.0	0.99	1.00	0.99	67
1. 2001110000000011	1.0	1.00	0.98	0.99	47
a	vg / total	0.99	0.99	0.99	114

Best Recall: 0.9893617021276595
 Best F1 Score: 0.9909199522102747

Ακόμη παραθέτουμε τους confussion matrix οι οποίοι προέκυψαν μετα την εκτέλεση του SVM

Σχήμα 1.11



Άρα πράγματι ο αλγόριθμος SVM είναι σε θέση να κατηγοριοποιεί με precision 99% την κλάση Benign και με ακρίβεια 100% την κλάση Malignant.

Στην περίπτωση του Nearest Neighbor τα καλύτερα αποτελέσματα βρέθηκαν για την περίπτωση **K=4** δηλαδή για 4 πλησιέστερους γείτονες και οι αποδόσεις ήτανε

- 1. Precision = 0.9661425576519916
- 2. Recall = 0.9738917306052856
- 3. F1 Score = 0.9697802197802198

Τέλος στην περίπτωση του Nearest Class Centroid τα αποτελέσματα ήτανε χαμηλότερα και από τους 2 αλγορίθμους της τάξης του:

- 1. Precision = 92%
- 2. Recall = 92%
- 3. F1 Score = 92%