Exercicios 1 e 2 de Redes Neurais Artificiais

Ramon Gomes Durães de Oliveira | 2019720188

Agosto de 2019

Nota: O exercício foi feito utilizando Jupyter Notebook, entretanto percebi que ao exportar para PDF o arquivo ficou enorme (não tem como esconder código e há muito espaço em branco quando não cabe algum gráfico. Farei os próximos exercícios no R Sweave ou R Markdown para diminuir o tamanho!

Problema 1 - a) Dados linearmente separáveis

```
In [1]: rm(list=ls())
    library("mlbench")
    library("caret")
    library("e1071")

Loading required package: lattice
    Loading required package: ggplot2
    Registered S3 methods overwritten by 'ggplot2':
        method from
        [.quosures rlang
        c.quosures rlang
        print.quosures rlang
```

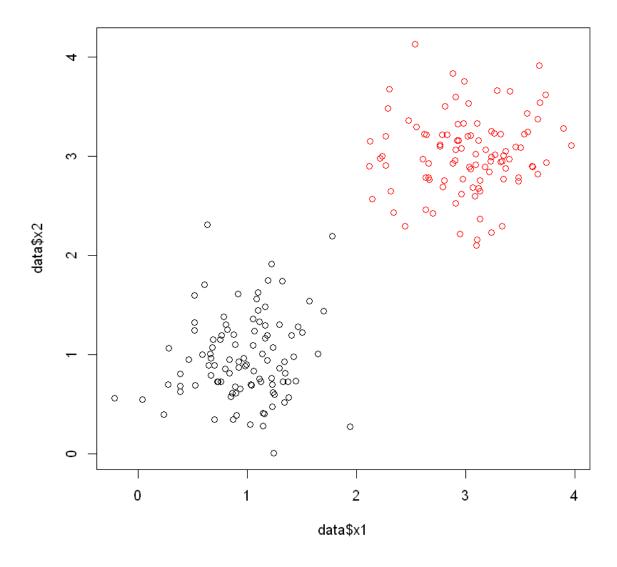
Gerando a base de dados

Serão gerados 100 pontos para duas classes de dados bidimensionais linearmente separáveis utilizando a distribuição normal:

x1	x2	class
0.9140179	1.6153671	0
1.2329000	0.4751506	0
1.0636019	1.2390148	0
1.1831255	1.1937495	0
1.2373763	0.6219856	0
1.2202838	1.9121248	0

Visualizando:

In [3]: plot(data\$x1, data\$x2, col=data\$class + 1)



Implementação do Perceptron

Foi implementada uma função de treinamento de um perceptron simples, que toma como entradas:

- data: os dados de entrada no formato de matriz do R na qual o número de linhas é o número de observações. A coluna de 1's ou -1's (a bias unit) já deve ter sido adicionada aos dados e a classe (y) está na última coluna;
- · eta: a taxa de aprendizado;
- tol: a tolerância de erro (uma das condições de parada);
- nepochs: o número de épocas de treinamento (caso o erro não fique menor que tol);
- shuffle_data (opcional): se verdadeiro (T) embaralha os dados antes de treinar.

A função inicializa um vetor de pesos aleatório W e, para cada observação x_i , calcula a saída \hat{y}_i e a compara com a saída real y_i . Se a classe prevista for diferente da real, o vetor de pesos é atualizado seguindo a regra:

$$W = W + \eta * e_i * x_i$$

O erro é acumulado para cada época e comparado com tol. A função então retorna os pesos ajustados W e o erro acumulado a cada época de treinamento.

```
In [4]: | train perceptron <- function(data,</pre>
                                         tol,
                                         nepochs,
                                         shuffle data = T){
         # This function assumes the bias term has already
         # been added if necessary and the classes of each
         # observation are in the last column of the input data.
             nrows <- dim(data)[1]</pre>
             ndims < -dim(data)[2] - 1
             error_vec <- matrix(0, nrow=1, ncol=nepochs)</pre>
             # Randomly initializes weight vector
             W <- as.matrix(runif(ndims, -1, 1), nrow=ndims, ncol=1)</pre>
             for (epoch in 1:nepochs){
                  # Shuffles data
                  if(shuffle data){
                      data_seq <- data[sample(nrows),]</pre>
                  } else {
                      data seq <- data
                  }
                  # Loops over data
                  for(row in 1:nrows){
                      xi <- t(data seq[row,1:ndims])</pre>
                      yi <- data_seq[row, ndims+1]</pre>
                      # Calculates yhat
                      yhat <- 1.0 * as.numeric(xi %*% W >= 0 )
                      # Compares with true y
                      error <- as.vector(yi - yhat)</pre>
                        cat(sprintf("%i %i %i\n", yi, yhat, error))
                      # Adjusts weight vector
                      dw <- t(eta * error * xi)</pre>
                      W \leftarrow W + dw
                      # Accumulates error
                      error_vec[epoch] <- error_vec[epoch] + abs(error)</pre>
                  }
                  # Stopping criteria: error smaller than tolerance
                  if (error vec[epoch] < tol){</pre>
                      print("Stopping due to error smaller than tol.")
                      break
                  }
             return(list("weights" = W, "errors" = error_vec))
         }
```

Aplicando nos dados gerados

Utilizando os parâmetros mostrados no código abaixo, um perceptron foi treinado para os dados gerados. Os pesos e o erro por época de treinamento também são mostrados abaixo

[1] "Stopping due to error smaller than tol."

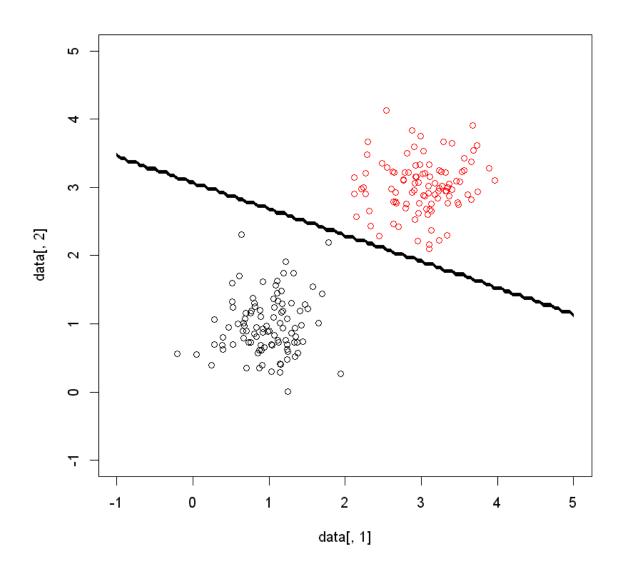
\$weights

- **-1** 0.28778089
- **x1** 0.03612347
- **x2** 0.09383918

\$errors

101 38 14 6 2 3 0 0 0 0

Avaliando a saída do perceptron num grid de pontos, pode-se plotar a superfície de separação gerada:



Percebe-se que esta é uma das infinitas retas que separam os dados gerados, mas não é a de margem máxima.

Para avaliar o perceptron em novas entradas e analisar os resultados da classificação, foi criada a função **evaluate_perceptron** que recebe como entrada:

- perceptron: um perceptron treinado, do qual os pesos são extraídos;
- data: os novos dados nos quais o perceptron será avaliado, no mesmo formato anterior;

A saída desta função é:

- \hat{y} : o vetor de classes preditas para cada observação de entrada;
- error: o erro percentual de classificação
- confusionMatrix: a matriz de confução (e métricas como sensibilidade e especificidade da classificação).

```
In [9]: | evaluate_perceptron <- function(perceptron, data){</pre>
             nrows <- dim(data)[1]</pre>
             ndims < -dim(data)[2] - 1
             yhat_vec <- matrix(ncol= 1, nrow = nrows)</pre>
             W <- as.matrix(perceptron$weights)</pre>
             # Loops over data
             for(row in 1:nrows){
                  xi <- t(data[row,1:ndims])</pre>
                  yi <- data[row, ndims+1]</pre>
                  # Calculates yhat
                  yhat vec[row] <- 1.0 * (xi %*% W >= 0)
             }
             confMat <- confusionMatrix(as.factor(yhat_vec), as.factor(data[,ncol(data)</pre>
         ]))
             error <- 100 * sum(yhat_vec != data[,ndims+1]) / nrows
             return(list("yhat" = yhat vec,
                           "error" = error,
                           "confusionMatrix" = confMat))
         }
```

Aplicando esta função nos dados gerados, obtem-se:

```
In [10]: results <- evaluate_perceptron(perceptron, data_aug)</pre>
         results$confusionMatrix
         Confusion Matrix and Statistics
                   Reference
         Prediction
                    0
                  0 100
                          0
                  1
                      0 100
                        Accuracy : 1
                          95% CI: (0.9817, 1)
             No Information Rate: 0.5
             P-Value [Acc > NIR] : < 2.2e-16
                           Kappa: 1
          Mcnemar's Test P-Value : NA
                     Sensitivity: 1.0
                     Specificity: 1.0
                  Pos Pred Value : 1.0
                  Neg Pred Value : 1.0
                      Prevalence: 0.5
                  Detection Rate: 0.5
            Detection Prevalence: 0.5
               Balanced Accuracy: 1.0
                'Positive' Class: 0
```

Para este problema hipotético, todas as métricas de classificação são perfeitas!

Problema 1 - b) Breast Cancer

Abaixo é carregada a base de dados Breast Cancer do pacote mlbench. A tarefa é separar cânceres de mama benignos dos malignos.

```
In [11]: data(BreastCancer)
head(BreastCancer)
```

ld	Cl.thickness	Cell.size	Cell.shape	Marg.adhesion	Epith.c.size	Bare.nuclei	Bl.cromatin
1000025	5	1	1	1	2	1	3
1002945	5	4	4	5	7	10	3
1015425	3	1	1	1	2	2	3
1016277	6	8	8	1	3	4	3
1017023	4	1	1	3	2	1	3
1017122	8	10	10	8	7	10	9
4							•

Abaixo os dados são preparados para classificação:

- A coluna "ID" é removida;
- · A coluna -1 (bias unit) é adicionada;
- As classes são codificadas de forma que "malign" torna-se a classe positiva (1) e benign 0.

```
In [12]: # Removing Id and Class
    bc <- BreastCancer[,!names(BreastCancer) %in% c("Id", "Class")]
    # Defining benign as 0 as malign as 1
    class <- 1 * (BreastCancer$Class == "benign")
    # Adding -1 column and numeric class
    bc <- cbind(-1, bc, class)
    # Removing NA
    bc <- bc[complete.cases(bc), ]
    # Converting to numeric matrix
    bc <- data.matrix(bc)
    head(bc)

# 1.0 * (BreastCancer$Class == "benign")</pre>
```

-1	Cl.thickness	Cell.size	Cell.shape	Marg.adhesion	Epith.c.size	Bare.nuclei	Bl.cromatin	Norn
-1	5	1	1	1	2	1	3	
-1	5	4	4	5	7	10	3	
-1	3	1	1	1	2	2	3	
-1	6	8	8	1	3	4	3	
-1	4	1	1	3	2	1	3	
-1	8	10	10	8	7	10	9	
4								•

Aplicando o treinamento do perceptron utilizando os parâmetros do código abaixo, obtemos:

```
In [101]:
           tol <- 0.0001
           eta <- 0.001
           nepochs <- 30
           shuffle data <- T
           bc_perceptron <- train_perceptron(data = bc,</pre>
                                          eta = eta,
                                          tol = tol,
                                          nepochs = nepochs,
                                          shuffle_data = shuffle_data)
           bc perceptron
```

\$weights

```
-1 -1.021738879
   Cl.thickness -0.058421924
       Cell.size
               -0.001106742
     Cell.shape -0.031576689
 Marg.adhesion -0.048860668
    Epith.c.size -0.009378182
    Bare.nuclei -0.040717107
    Bl.cromatin -0.041798865
Normal.nucleoli -0.013210643
       Mitoses -0.082633144
$errors
290 148 96 69 60 46 36 32 30 34 ... 24 26 24 26 24 22 19 22 26 27
```

Para avaliar o perceptron treinado nos dados e analisar as métricas de classificação, utilizamos a funçao "evaluate perceptron".

```
In [102]:
          bc_results <- evaluate_perceptron(bc_perceptron, data.matrix(bc[,1:ncol(bc)]))</pre>
           bc results$error
           2.48901903367496
```

O erro de classificação obtido foi de 2,49% para toda a base de dados. Abaixo estão a matriz de confusão e as demais métricas:

```
In [103]: bc results$confusionMatrix
          Confusion Matrix and Statistics
                    Reference
          Prediction
                       0
                   0 233 11
                       6 433
                         Accuracy : 0.9751
                           95% CI: (0.9604, 0.9854)
              No Information Rate: 0.6501
              P-Value [Acc > NIR] : <2e-16
                            Kappa: 0.9456
           Mcnemar's Test P-Value : 0.332
                      Sensitivity: 0.9749
                      Specificity: 0.9752
                   Pos Pred Value: 0.9549
                   Neg Pred Value: 0.9863
                       Prevalence: 0.3499
                   Detection Rate: 0.3411
             Detection Prevalence: 0.3572
                Balanced Accuracy: 0.9751
                 'Positive' Class : 0
```

Destaca-se as seguintes métricas:

- Acurácia : 0.9751. Indica o percentual de acerto da classificação.
- Sensibilidade: 0.9749. Indica a capacidade do classificador de classificar como doentes pacientes efetivamente doentes. No caso, acertar o diagnóstico de pacientes que de fato têm um câncer de mama maligno.
- Especificidade: 0.9752. Neste caso, esta métrica indica a capacidade do teste de classificar como nãodoentes (no caso, com câncer de mama benigno) os pacientes de fato têm um câncer benigno.

Percebe-se, também pela matriz de confusão mostrada acima, que o classificador errou um total de 17 observações: 11 falsos negativos e 6 falsos positivos.

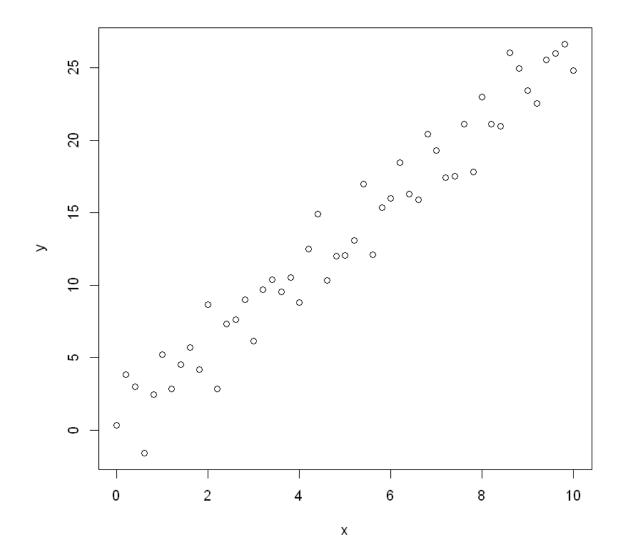
Problema 2 - a) Dados lineares com ruído gaussiano

```
In [104]: rm(list=ls())
```

Gerando os dados

Para gerar os dados, serão utilizados os parâmetros abaixo:

```
In [105]: x <- seq(0,10,0.2)
    a <- 2.5
    b <- 1
    sd <- 2
    y <- a * x + b + rnorm(length(x), sd = sd)
    plot(x, y)</pre>
```



Implementação do Adaline

Como no caso do Perceptron, foi implementada uma função de treinamento para o Adaline. Por ser extremamente similar à função de treinamento do Perceptron, ela não será detalhada. Destaca-se somente a utilização da função identidade como ativação do neurônio, que culmina no cálculo de \hat{y} seguindo a equação:

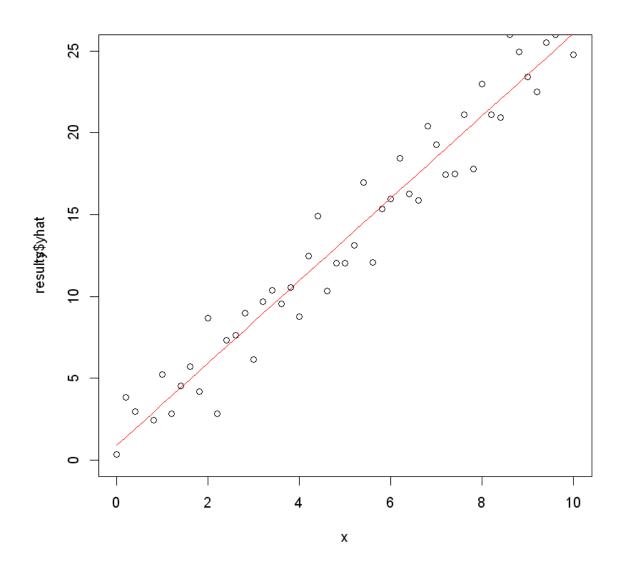
$$\hat{y} = \sum w_i x_i$$

```
In [106]: train adaline <- function(data,</pre>
                                        tol,
                                        nepochs,
                                        shuffle data = T){
           # This function assumes the bias term has already
           # been added if necessary and the classes of each
           # observation are in the last column of the input data.
                nrows <- dim(data)[1]</pre>
                ndims <- dim(data)[2]-1</pre>
                error_vec <- matrix(0, nrow=1, ncol=nepochs)</pre>
                # Randomly initializes weight vector
                W <- as.matrix(runif(ndims, -1, 1), nrow=ndims, ncol=1)</pre>
                for (epoch in 1:nepochs){
                    # Shuffles data
                    if(shuffle data){
                        data_seq <- data[sample(nrows),]</pre>
                    } else {
                        data seq <- data
                    }
                    # Loops over data
                    for(row in 1:nrows){
                        xi <- t(data seq[row,1:ndims])</pre>
                        yi <- data_seq[row, ndims+1]</pre>
                        # Calculates yhat
                        yhat <- xi %*% W
                        # Compares with true y
                        error <- as.vector(yi - yhat)</pre>
                           cat(sprintf("%i %i %i\n", yi, yhat, error))
                        # Adjusts weight vector
                        dw <- t(eta * error * xi)</pre>
                        W \leftarrow W + dw
                        # Accumulates error
                        error_vec[epoch] <- error_vec[epoch] + abs(error)</pre>
                    }
                    # Stopping criteria: error smaller than tolerance
                    if (error vec[epoch] < tol){</pre>
                        print("Stopping due to error smaller than tol.")
                        break
                    }
                return(list("weights" = W, "errors" = error_vec))
           }
```

Para avaliar o adaline em novas entradas e analisar os resultados da regressão, foi criada a função evaluate_adaline, que também é similar à evaluate_perceptron mas retorna o erro quadrático médio ao invés das métricas de classificação.

```
In [107]: evaluate adaline <- function(adaline, data){</pre>
           # This function assumes the bias term has already
           # been added if necessary and the classes of each
           # observation are in the last column of the input data.
               nrows <- dim(data)[1]</pre>
               ndims < -dim(data)[2] -1
               # Randomly initializes weight vector
               W <- adaline$weights
               yhat_vec <- matrix(nrow=nrow(data))</pre>
               # Loops over data
               for(row in 1:nrows){
                   xi <- t(data[row, 1:ndims])</pre>
                   # Calculates yhat
                   yhat_vec[row] <- xi %*% W</pre>
               }
               mse = mean((yhat vec - data[,ndims+1])^2)
               return(list("yhat" = yhat_vec, "mse" = mse))
           }
```

Aplicando as funções de treinamento e avaliação nos dados gerados, obtém-se a seguinte reta:



E o ero quadrático médio:

```
In [109]: results$mse
```

2.98749403909389

Comparando o erro quadrático médio e a variância do ruído com o aumento do número de pontos

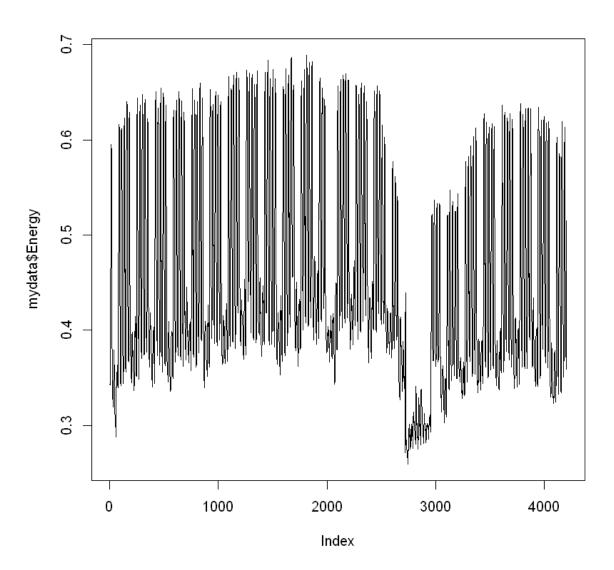
```
In [113]: a <- 2.5
           b <- 1
           sd <- 2
           length_vec <- as.vector(c(10, 50, 100, 500, 1000, 5000))</pre>
           1 <- length(length vec)</pre>
           mse vec <- matrix(0, nrow = 1, ncol = 1)</pre>
           for (i in 1:1) {
                x <- seq(0,10,length=length vec[i])</pre>
                y \leftarrow a * x + b + rnorm(length(x), sd = sd)
                adaline_exp = train_adaline(data=data.matrix(cbind(1, x, y)),
                          eta = 0.001,
                          tol = 0.0001,
                          nepochs = 20)
                results exp <- evaluate adaline(adaline exp, cbind(1,x,y))
                mse vec[i] <- results exp$mse</pre>
           }
In [114]:
           df <- data.frame("Length" = as.integer(length_vec), "Error" = as.vector(mse_ve</pre>
           c))
           t(df)
            Length 10.000000 50.000000 100.000000 500.000000 1000.000000 5000.000000
             Error 4.214544
                             2.316156
                                         4.174968
                                                    4.053985
                                                                 3.929347
                                                                             3.954323
```

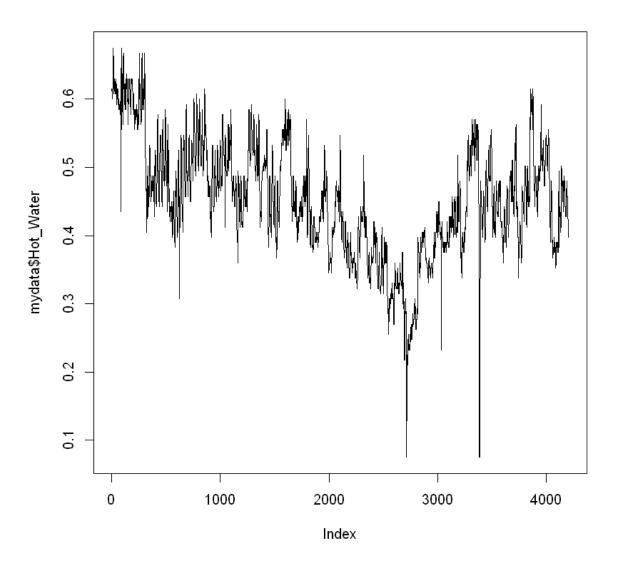
Percebe-se que o erro quadrático médio se aproxima muito, e mais consistentemente, da variância do ruído com o aumento do número de pontos! No caso com mais pontos (5.000) o erro quadrático médio foi 3.95 enquanto a variância do ruído é de $sd^2=2^2=4$.

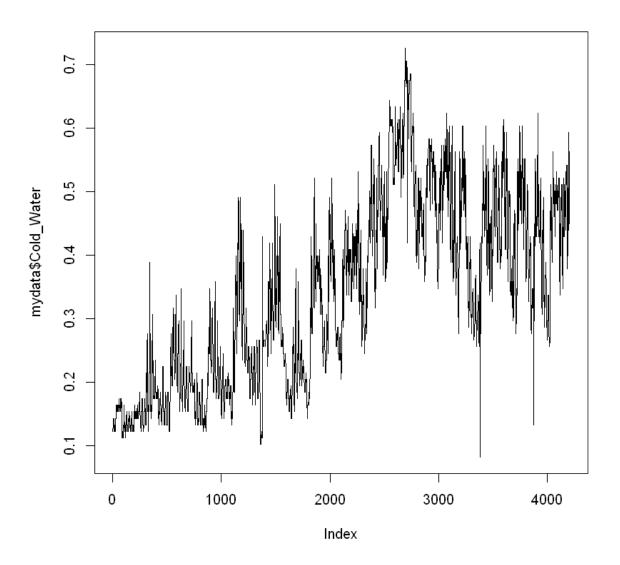
Exercicio 2 - b) Building

Carregando e visualizando os dados fornecidos (base de dados Building):

```
In [115]: # Training data
          # 14 coded inputs :
          # MONTH DAY YEAR HOUR TEMP HUMID SOLAR WIND WBE WBCW WBHW
          # 3 outputs (Consumption of):
          # Electrical Energy Hot Water Cold Water
          # bool_in=0
          # real_in=14
          # bool out=0
          # real_out=3
          # training_examples=2104
          # validation_examples=1052
          # test_examples=1052
          mydata = read.csv("BUILDING1paraR.DT", sep=" ")
          plot(mydata$Energy,type="l")
          plot(mydata$Hot_Water,type="1")
          plot(mydata$Cold_Water,type="1")
```







In [116]:	6]: head(mydata)														
	V1	V2	V3	V4	V5	V6	V 7	V8	V9	V10	V11	V12	V13	V14	Eı
	1	0	0	0	0	0	0	0.833333	-0.826087	1	0.819	0.736	0.00943396	0.272143	0.34
	1	0	0	0	0	0	0	0.750000	-0.739130	1	0.807	0.748	0.00943396	0.283571	0.34
	1	0	0	0	0	0	0	0.666667	-0.652174	1	0.797	0.776	0.00943396	0.275714	0.34
	1	0	0	0	0	0	0	0.583333	-0.565217	1	0.790	0.788	0.00952830	0.217143	0.34
	1	0	0	0	0	0	0	0.500000	-0.478261	1	0.789	0.796	0.00952830	0.202857	0.34
	1	0	0	0	0	0	0	0.416667	-0.391304	1	0.785	0.808	0.00990566	0.138214	0.3
	4														•

Percebe-se que há 14 variáveis de entrada e 3 saídas. Elas serão separadas para serem preditas individualmente e a coluna de 1's (bias unit) será adicionada.

```
In [117]: # Removing Output variables
building_data <- mydata[,!names(mydata) %in% c("Energy", "Hot_Water", "Cold_Water")]
# Adding 1 column and numeric class
building_data <- cbind(1, building_data)
# Converting to numeric matrix
building_data <- data.matrix(building_data)
head(building_data)</pre>
```

1	V1	V2	V3	V4	V5	V6	V7	V8	V9	V10	V11	V12	V13	V14
1	1	0	0	0	0	0	0	0.833333	-0.826087	1	0.819	0.736	0.00943396	0.272143
1	1	0	0	0	0	0	0	0.750000	-0.739130	1	0.807	0.748	0.00943396	0.283571
1	1	0	0	0	0	0	0	0.666667	-0.652174	1	0.797	0.776	0.00943396	0.275714
1	1	0	0	0	0	0	0	0.583333	-0.565217	1	0.790	0.788	0.00952830	0.217143
1	1	0	0	0	0	0	0	0.500000	-0.478261	1	0.789	0.796	0.00952830	0.202857
1	1	0	0	0	0	0	0	0.416667	-0.391304	1	0.785	0.808	0.00990566	0.138214

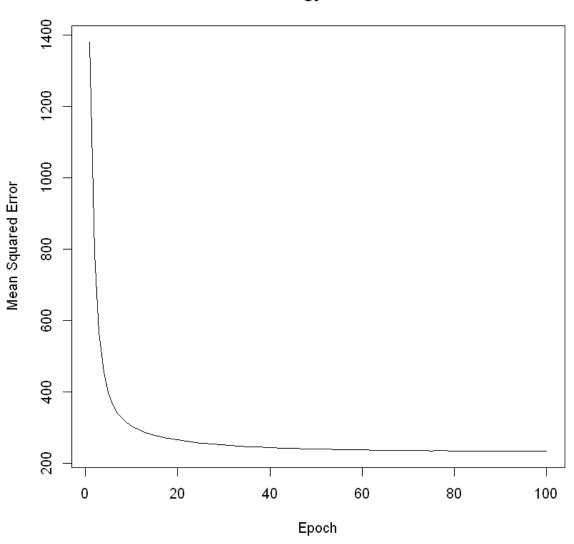
Treinando e Avaliando:

Abaixo estão os parâmetros de treinamento e resultados para cada uma das saídas. Os gráficos mostram o erro em cada época e a função aproximada. Para melhor visualização, apenas um trecho da predição foi plotado pois há muitos pontos na base de dados.

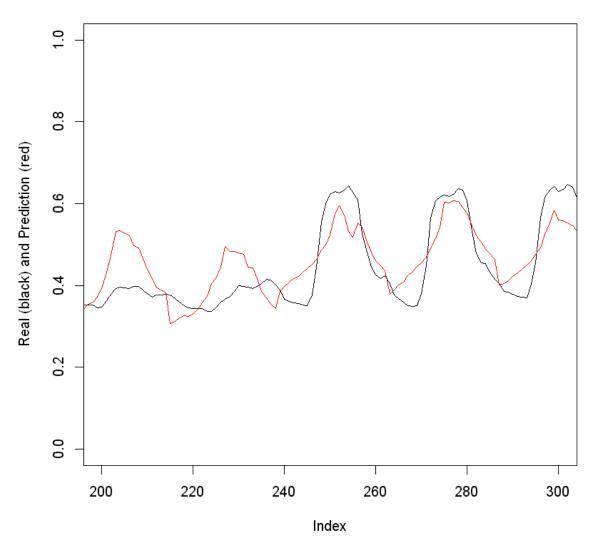
1) Energy

```
In [118]:
          building energy <- cbind(building data, mydata$Energy)</pre>
          nepochs = 100
          adaline_energy = train_adaline(data=data.matrix(building_energy),
                        eta = 0.001,
                        tol = 0.0001,
                        nepochs = nepochs)
          results energy <- evaluate adaline(adaline energy, building energy)
          plot(1:nepochs, adaline_energy$errors, 'l', main="Energy Error", xlab="Epoch",
          ylab="Mean Squared Error")
          xlimplot=c(200,300)
          ylimplot=c(0,1)
          plot(mydata$Energy, type='l', xlim=xlimplot, ylim=ylimplot, ylab="")
          par(new=T)
          plot(results_energy$yhat, col="red", type='l', xlim=xlimplot, ylim=ylimplot, m
          ain="Energy", ylab="Real (black) and Prediction (red)")
```

Energy Error





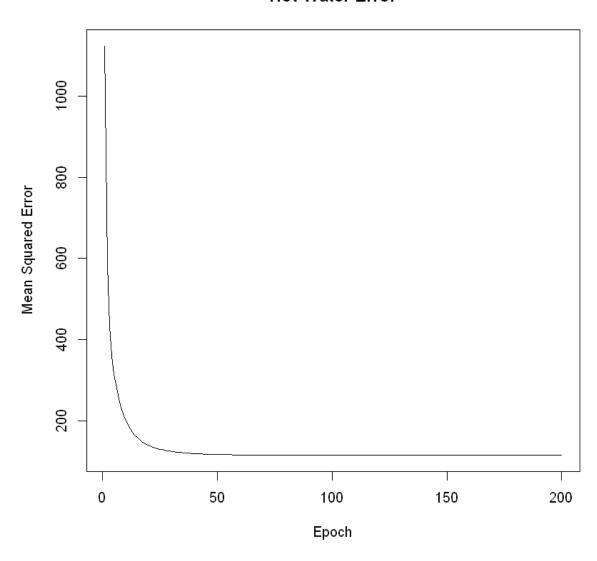


Erro quadrático médio obtido:

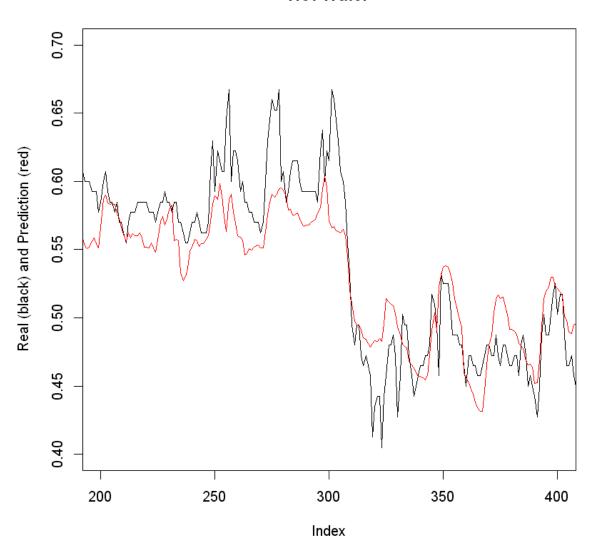
2) Hot Water

```
In [120]:
          building hot <- cbind(building data, mydata$Hot Water)</pre>
           nepochs = 200
           adaline_hot = train_adaline(data=data.matrix(building_hot),
                        eta = 0.002,
                        tol = 0.0001,
                        nepochs = nepochs)
           results_hot <- evaluate_adaline(adaline_hot, building_hot)</pre>
           plot(1:nepochs, adaline_hot$errors, 'l', main="Hot Water Error", xlab="Epoch",
          ylab="Mean Squared Error")
          xlimplot=c(200,400)
          ylimplot=c(0.4,0.7)
           plot(mydata$Hot_Water, type='l', xlim=xlimplot, ylim=ylimplot, ylab="")
          par(new=T)
          plot(results_hot$yhat, col="red", type='l', xlim=xlimplot, ylim=ylimplot, main
           ="Hot Water", ylab="Real (black) and Prediction (red)")
```

Hot Water Error



Hot Water

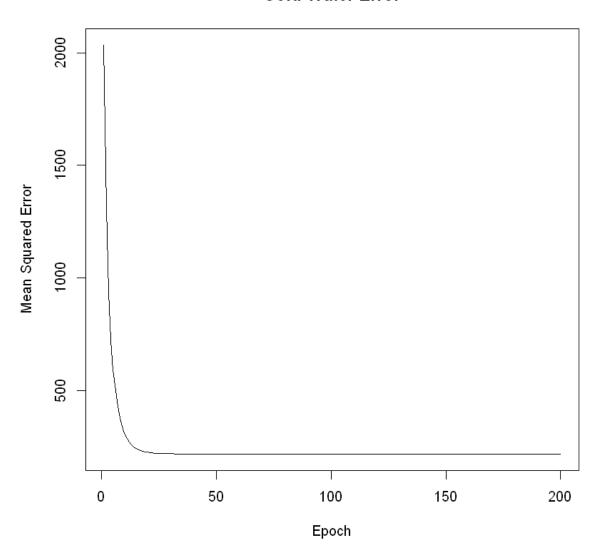


Erro quadrático médio obtido:

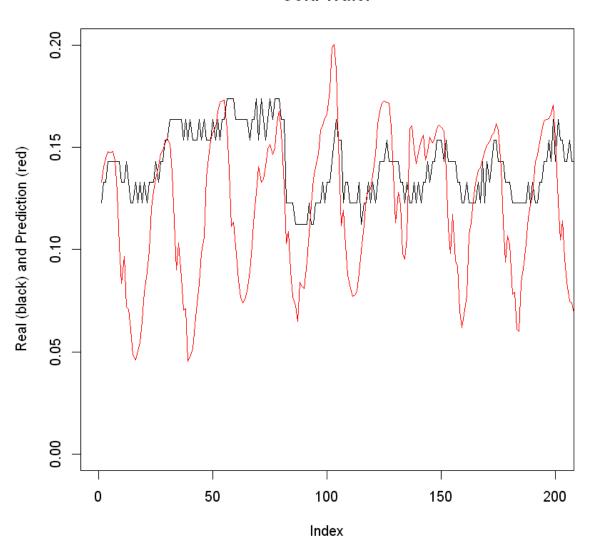
3) Cold Water

```
In [124]:
          building cold <- cbind(building data, mydata$Cold Water)</pre>
           nepochs = 200
           adaline_cold <- train_adaline(data=data.matrix(building_cold),</pre>
                        eta = 0.001,
                        tol = 0.00001,
                        nepochs = nepochs)
           plot(1:nepochs, adaline_cold$errors, 'l', main="Cold Water Error", xlab="Epoc
           h", ylab="Mean Squared Error")
           results cold <- evaluate adaline(adaline cold, building cold)</pre>
           xlimplot=c(0,200)
           ylimplot=c(0,0.2)
           plot(mydata$Cold_Water, type='l', xlim=xlimplot, ylim=ylimplot, ylab="")
           par(new=T)
           plot(results_cold$yhat, col="red", type='l', xlim=xlimplot, ylim=ylimplot, mai
           n="Cold Water", ylab="Real (black) and Prediction (red)")
```

Cold Water Error







Erro quadrático médio obtido:

In [125]: results_cold\$mse

0.00401872241466919