



Centro Stampa

ATTENZIONE QUESTI APPUNTI SONO OPERA DI STUDENTI , NON SONO STATI VISIONATI DAL DOCENTE. IL NOME DEL PROFESSORE SERVE SOLO PER IDENTIFICARE IL CORSO.

N° 4394

**INTELLIGENZA ARTIFICIALE IN MEDICINA
TEORIA ESERCIZI TEMI ESAME 2021-22
DI BENVENUTO MARTINA**

DOMANDE ESAMI IAM

- Descrivere le caratteristiche del metodo k-means (16 settembre 2020)

Il k-means è un metodo di clusterizzazione di tipo non gerarchico. richiede di decidere k, ovvero il numero di cluster, a priori. Questa limitazione si supera facendo prove di tipo diverso con diversi valori di k e andando a scegliere il valore di k con i criteri di variabilità all'interno dei cluster e distanza tra i cluster. Si divide nei seguenti passaggi:

- Inizializzare i centroidi dei k cluster, in cui si hanno due possibilità, ovvero prendere k elementi random dal TRS o dataset e assegnarli come centroidi iniziali dei k cluster oppure dividere in modo random gli elementi nei k cluster e calcolare il centroide.
- Riassegnare tutti gli elementi al cluster in funzione della loro distanza dal centroide.
- Ricalcolo nuovamente dei centroidi e iterativamente e vengono effettuati spostamenti, calcolo delle distanze e centroidi fino a quando non si raggiunge la condizione di stop, ovvero quando non ci sono più spostamenti tra gli elementi.

Il problema del k-means risiede appunto nella scelta a priori di k. Eventuali soluzioni potrebbero essere:

- la scelta di un valore di k e poi provare con vari valori attorno a quello scelto e vedere cosa succede.
- Un altro metodo, che è anche implementato in un algoritmo chiamato ISODATA, è quello di applicare il k-means e fare un'analisi in cui se si trova un cluster con una variabilità molto più alta degli altri o di una soglia che ci si è posti, allora il cluster andrebbe separato (si aumenta il valore di k di 1), oppure se si ottengono due cluster in cui i centroidi sono molto simili tra di loro, allora questi si aggregano e il numero di k diminuisce di 1.

L'obiettivo di tale metodo, come tutti i metodi di clusterizzazione, è dividere il Data Set in cluster che presentano variabilità intra-cluster più piccola possibile e distanza inter-cluster più alta possibile.

- Descrivere i passi del metodo k-means (16 settembre 2020)

Il k-means è un metodo di clusterizzazione di tipo non gerarchico. richiede di decidere k, ovvero il numero di cluster, a priori. Questa limitazione si supera facendo prove di tipo diverso con diversi valori di k e andando a scegliere il valore di k con i criteri che già conosciamo: variabilità all'interno dei cluster e distanza tra cluster.

I passi del metodo sono i seguenti:

- Definizione di k
- Inizializzare i centroidi dei k cluster, in cui si hanno due possibilità, ovvero prendere k elementi random dal TRS o dataset e assegnarli come centroidi iniziali dei k cluster oppure dividere in modo random gli elementi nei k cluster e calcolare il centroide.
- Riassegnazione di tutti gli elementi al cluster in funzione della loro distanza dal centroide
- Ricalcolo nuovamente dei centroidi; iterativamente vengono effettuati spostamenti, calcolo delle distanze e centroidi fino a quando non si raggiunge la condizione di stop, ovvero quando non ci sono più spostamenti tra gli elementi.

Il problema del k-means risiede appunto nella scelta a priori di k. Eventuali soluzioni potrebbero essere:

- la scelta di un valore di k e poi provare con vari valori attorno a quello scelto e vedere cosa succede.
- Un altro metodo, che è anche implementato in un algoritmo chiamato ISODATA, è quello di applicare il k-means e fare un'analisi in cui se si trova un cluster con una variabilità molto più alta degli altri o di

una soglia che ci si è posti, allora il cluster andrebbe separato (si aumenta il valore di k di 1), oppure se si ottengono due cluster in cui i centroidi sono molto simili tra di loro, allora questi si aggregano e il numero di k diminuisce di 1.

- Descrivere ISODATA

L'ISODATA è un algoritmo che implementa un metodo per risolvere il problema fondamentale del k -means, ovvero la scelta a priori di k . Si divide nei seguenti passaggi:

1. Esegue il k -means con un certo valore di k
2. Divide i cluster che hanno una variabilità intracluster alta, dunque nella successiva iterazione k aumenta di 1
3. Unisce i cluster che sono sufficientemente vicini, cioè le distanze tra i centroidi sono piccole, dunque nella successiva iterazione, k diminuisce di 1.
4. Se sui cluster non devono essere più applicate modifiche allora si ha lo stop dell'algoritmo, altrimenti si riparte da 1.

Ci sono una serie di parametri da definire:

- Numero minimo di elementi intracluster da definire
- Bisogna avere un numero desiderato di cluster
- Variabilità massima al di sopra della quale si va a fare lo split (divisione dei cluster)
- Quale è la distanza minima al di sotto della quale si attua il merge (Unione dei cluster)
- Numero di cluster che possono essere uniti in uno step dell'ISODATA.

- Descrivere le caratteristiche di un classificatore costruito tramite logica fuzzy (16 settembre 2020)

La logica fuzzy è una logica molto rigorosa che è in grado di descrivere quella che viene chiamata fuzziness, ovvero delle situazioni dai contorni sf

umati. È uno strumento molto utile per la costruzione di indicatori e per aggregare dati e variabili di tipo diverso. Si basa sull'idea che tutte le cose ammettono gradi di appartenenza a insiemi diversi.

La logica fuzzy ragiona attraverso l'utilizzo delle Membership function MFs che assumono valori che variano tra 0 e 1:

- Grado di appartenenza 0 significa "non appartenenza"
- Grado di appartenenza 1 significa "appartenenza piena"

Le MF possono essere costruite in vari modi, ovvero random view, likelyhood view, similarity view e possono essere o trapezoidali o triangolari (il grado di appartenenza 1 è associato ad un solo valore della variabile).

Una volta stabilite le MF è possibile creare le regole del classificatore. Tali regole seguono la forma IF antecedenti THEN conseguenti. È possibile avere più antecedenti e più conseguenti. Gli antecedenti sono legate tra di solo da operatori quali and, or e not. I conseguenti in genere si attivano tutti con lo stesso grado e tale operazione è l'implicazione che può essere di tipo clipping o scaling. In un classificatore fuzzy sono presenti più regole, e quindi più conseguenti che si uniscono mediante l'aggregazione. L'ultimo passo di un classificatore fuzzy è il processo di defuzzificazione che in genere si esegue mediante centroide (centro di massa). Dopo la defuzzificazione per passare dal valore defazzificato alla classe si impone la soglia

(se le classis ono 2) per cui il valore al di sotto della soglia appartiene alla classe 1 (ad esempio) e se è maggiore alla classe 2.

- **Confrontare le caratteristiche delle reti neurali Multi layer Perceptron con quelle delle reti SOM (16 settembre 2020)**

Entrambe sono reti neurali, ma la prima può essere di tipo supervisionato o no (quindi utili per classificazione), la seconda è non supervisionata (utili per clustering). La differenza a livello dell'algoritmo di apprendimento risiede nel fatto che per quanto riguarda il Multi layer Perceptron si basa sul **back propagation**, ovvero mentre l'informazione si propaga dal layer di input a quello di output, l'apprendimento e quindi l'errore si propaga al contrario, mentre per le reti SOM abbiamo 3 step di apprendimento:

- Competizione
- Cooperazione, ovvero individuazione del vicinato.
- Synaptic adaptation, ovvero modifica dei pesi: quelli del vicinato del vincitore vengono modificati in modo ridotto.

A livello di struttura, le multi layer presentano hidden layer mentre le SOM presentano una disposizione spaziale dei neuroni in genere 2D, ovvero uguale ad una matrice $n \times n$, dove $n \times n$ è il numero totale dei neuroni di output, e ogni neurone di output è connesso a ciascun input. Le differenze a livello di neuroni è che la multi layer presenta un neurone che esegue una combinazione lineare tra pesi ed ingressi e presentano una funzione di attivazione; le som invece effettuano il calcolo delle distanze tra i pesi e gli ingressi.

- Descrivere i parametri del metodo Ant Colony Optimization

- **Descrivere le caratteristiche del metodo RBF (Radial Basis Functions) (16 settembre 2020)**

Hanno la particolarità di non essere reti neurali pensate per fare classificazione ma per fare interpolazione. Le NN-RBF sono delle reti neurali supervisionate pensate per fare fitting di curve di piani. In questo caso l'apprendimento equivale a trovare una superficie in uno spazio multidimensionale che fa il fitting dei dati di training.

Per quanto riguarda la struttura:

- è formato da 1 layer di input in cui non ci sono pesi associati agli archi che collegano il layer di input con il layer nascosto.
- Il layer nascosto ha tanti neuroni a cui sono associati delle funzioni chiamate radial basis functions (spesso gaussiana)
- I pesi sono associati agli archi che collegano i neuroni del layer nascosto con i neuroni del layer di output

La trasformazione tra lo spazio di input e quello del layer nascosto è di tipo non lineare, mentre la trasformazione tra lo spazio nascosto e lo spazio di output è di tipo lineare.