

## 3 Farklı Filtre Modeli Öznitelik Seçme Algoritmalarının Kombine Edilerek İyileştirilmesi

**Abdulkadir Gümüşçü<sup>1</sup>, İbrahim Berkay Aydilek<sup>2</sup> - Ramazan Taşaltın<sup>3</sup>**

<sup>1,3</sup>Harran Üniversitesi, Mühendislik Fakültesi, Elektrik-Elektronik Mühendisliği Bölümü, Şanlıurfa.

<sup>2</sup>Harran Üniversitesi, Mühendislik Fakültesi, Bilişim Sistemleri Mühendisliği Bölümü, Şanlıurfa

e-posta: agumuscu@harran.edu.tr

### Özet

Günümüzde mikro-dizilim verileri hastalık teşhisinde kullanılmaya başlanmıştır. Mikro-dizilim verilerinin sahip olduğu yüksek p ve düşük n parametreleri, makina öğrenme algoritmalarının sınıflandırma başarı oranını olumsuz yönde etkilemektedir. Bu sebeple mikro-dizilim veri setlerinin modellenmesinde öznitelik seçme önemli bir işlem adımı olarak karşımıza çıkmaktadır. Bu çalışmada 3 farklı filtre modeli öznitelik seçme algoritması 7 farklı veri setine uygulanacak ve sonuçlar birleştirilerek öznitelik seçme işlemi gerçekleştirilecektir. Elde edilen sonuçlar k-NN makina öğrenme algoritmasında, 10-katlamalı çapraz doğrulama metodu ile doğrulanarak test edilmiştir. Önerilen metod ile elde edilen sınıflandırma başarı oranları, 3 farklı filtre modeli öznitelik seçme algoritmalarının tek tek uygulanması ile elde edilen başarı oranları ile kıyaslanmıştır. Bu kıyaslamaya ek olarak filtrelerin uygulanma süreleri de kıyaslanmıştır.

## Improvement of Filter Model Feature Selection By Combining 3 Different Filter Model Feature Selection

### Abstract

Nowadays, microarray data is an important contribution to the diagnosis of illness. High p and low n parameters that have micro-array data, affect the machine learning algorithms classification success rate negatively. For this reason feature selection is a pre-processing technique with great importance in microarray classification. In this study 3 different feature selection algorithms applied to 7 different datasets and results will be achieved by combining feature selection process. The results are tested with k-fold cross validation by using k-nearest neighbor (k-NN) method. Classification success rate that obtained by the proposed method is compared with obtained by the filter modelled feature selection method individually. In addition, processing times are compared.

© Afyon Kocatepe Üniversitesi

### 1. Giriş

Günümüzde mikro-dizilim verileri hastalık teşhisine önemli katkılar sağlamaktadır. Mikro-dizilim verilerini, makina öğrenme algoritmaları ile anlamlandırmak örnek sayısının azlığı ve gen sayısının fazlalığından ötürü çok zordur. Bu açıdan bakıldığından gen analizinde öznitelik seçme algoritmaları çok önemli bir işlem adımıdır.

Literatürde öznitelik seçme algoritmaları filtre modelli, sarmal modelli ve gömülü olmak üzere üç ana başlıkta ele alınmaktadır (Saeys ve ark. 2007). Filtre modelli öznitelik seçme algoritmaları

istatistiksel varsayımlar kullanılarak niteliklerin sonucu ulaşmaya katkısını hesaplayarak nitelikleri puanlar ve eşikleme yaparak öznitelikleri seçer. Filtre modelli öznitelik seçme algoritmaları sınıflandırma algoritmalarından bağımsız çalışırlar. Filtre modelli öznitelik seçme algoritmalarının avantajları hızlı ve sınıflandırma algoritmalarından bağımsızlık şeklinde özetlenebilir (Saeys ve ark. 2007). En çok kullanılan filtre modelli öznitelik seçme algoritmaları Korelasyon-bazlı öznitelik seçme(CFS) (Hall,1999), bilgi kazancı (Quinlan,1986), ortak bilgi (Battiti,1994), Ki-kare (Liu ve Setiono 1994), ReliefF (Robnik-Sikonjave

Kononenko 2003), ve F-skor (Duda ve ark. 2001) şeklinde sıralanmaktadır. Sarmal modelli öz nitelik seçme algoritmaları ise sınıflandırma başarı oranını yükseltme amacıyla oluşturulan nitelik gruplarını sınıflandırma algoritmasında deneyerek en ideal öz nitelikleri bulma metodlarıdır. Sarmal modelli öz nitelik seçme algoritmalarının başarı oranının yüksek olmasının yanında özellikle nitelik sayısı büyük olan veri setlerinde işlem süresi çok uzamaktadır (Kohavi ve John 1997). Sıralı İleri Seçme (SFS) (Kittler,1978), Sıralı Geri Eleme (SBE) (Kittler,1978) ve Genetik algoritma (Holland,1975) kullanılan başlıca sarmal modelli öz nitelik seçme algoritmalarıdır. Gömülü modelli öz nitelik algoritmaları ise sınıflandırma algoritmasına dahil olan öz nitelik seçme metodlarındandır. Bu algoritmalar zaten sınıflandırma yaparken öz nitelik seçmek zorundadır. Bu modele ID3 (Quinlan,1986), C4.5 (Quinlan,1993) karar ağaçları örnek verilebilir. Bu çalışmada mikro-dizilik veri setlerine tek bir filtre modelli öz nitelik seçme algoritması uygulamak yerine başarı oranını iyileştirecek 3 farklı filtre modelli öz nitelik seçme algoritmasının birleştirilerek uygulanması önerilecektir. Önerilen yöntem ile mikro-dizilik veri setinde sarmal modelli öz nitelik seçme algoritmasına göre daha hızlı, tek bir filtre modelli öz nitelik seçme algoritmasına göre daha başarılı bir öz nitelik seçme işlemi yapılabilecektir.

Önerilen yöntemin başarı oranı ve işlem süresi bilgi kazancı filtre modelli öz nitelik seçme, genetik algoritma sarmal modelli öz nitelik seçme algoritmaları ile kıyaslanmıştır.

Bu çalışmada <http://www.gems-system.org> (Statnikov ve ark. 2005) sitesinden indirilen mikro-dizilik veri setleri kullanılmıştır.

## **2. Materyal ve Metot**

Önerilen yönteme 3 farklı filtre modelli öz nitelik seçme algoritması kullanılmıştır. Bunlar Ki-Kare, ReliefF, F-Skor olarak sıralanmaktadır.

### **2.1.Ki-Kare**

Ki-kare istatistik temelli olup öz nitelik seçme işlemlerinde yaygın şekilde kullanılmaktadır. Bu metot bulundukları sınıfı göre tüm niteliklerin Ki-

kare’sini hesaplayarak tek tek değerlendirir (Liu ve Setiono 1994).

### **2.2.ReliefF**

ReliefF, Relief istatistiksel modelinin geliştirilmiş versiyonudur. Relief metodу, veri setinden bir örnek ele alarak ilgili örneğin, kendi sınıflarındaki diğer örneklerle yakınlığını ve farklı sınıflarla olan uzaklıguna bağlı bir model oluşturarak öz nitelik seçme işlemini gerçekleştirmektedir (Bolón-Canedo ve ark. 2014).

### **2.3.F-Skor**

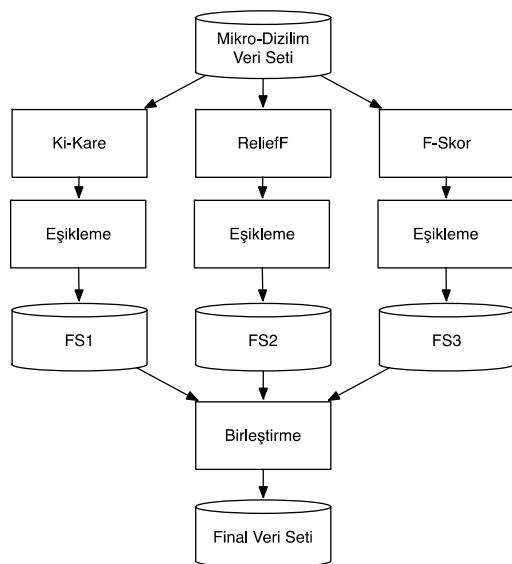
Fisher-skor filtresi her niteliğin diğer niteliklerden farkını hesaplayan bir filtre modelidir. Dolayısıyla diğer niteliklerden farklı fazla olan nitelik sınıflandırma algoritmaları için daha önemlidir. Bundan dolayı Fisher-skor filtresinin sonucunda yüksek değere sahip nitelikler daha ilişkili niteliklerdir (Duda ve ark.. 2001).

### **2.4.k-NN Sınıflandırma**

k-NN sınıflandırma algoritması birçok alanda sıkılıkla kullanılan metodların başında gelmektedir (Cover ve Hart 1967). k-NN sınıflandırmasının önemli avantajları basitliği ve kullanım kolaylığı yanında büyük veri setlerinde sağladığı kararlılık da kullanımını yaygınlaşdırmıştır.

k-NN sınıflandırma algoritması uygulanırken eğitim verisindeki örnekler düzleme yerleştirilerek sınıfları ile ilişkilendirilir. Kurulan düzleme test için kullanılacak örnekler düzleme yerleştirilir. k değeri kadar test verisinin en yakın komşularına bakılarak test verisinin sınıfı belirlenir. Test verisinin sınıfı, komşu örnekler en çok hangi sınıfı ait ise ilgili sınıfı ait olduğu tahmin edilir. Bu çalışmasında k değeri 1 olarak seçilip, komşuluk uzaklık hesabı öklid uzaklığa göre hesaplanmıştır.

### 3. Önerilen Yöntem



**Şekil 1.** Önerilen Yöntemin İşlem Adımları

Şekil 1'de gösterildiği gibi mikro-dizilim veri setleri öncelikle 3 farklıfiltre modeli öz nitelik seçme algoritmalarına tabii tutulmaktadır. Eşikleme yapılarak seçilen öz nitelik kümeleri FS1, FS2 ve FS3 şeklinde adlandırılmıştır.

FS1, FS2 ve FS3 öz nitelik veri setleri birleştirilerek FS4 oluşturulmaktadır. FS4 oluşturulurken formül (1)'deki kriter gözönünde bulundurulmuştur.

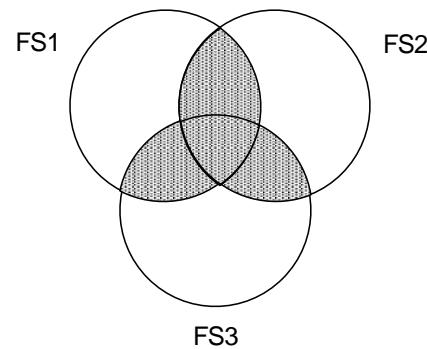
$$FS4 = (FS1 \cap FS2) \cup (FS1 \cap FS3) \cup (FS2 \cap FS3) \quad (1)$$

Bir niteliğin FS4 öz nitelik veri setine dahil olabilmesi için FS1, FS2 ve FS3 öz nitelik veri setlerinden en az ikisinde bulunması gerekmektedir. Şekil 2'de bu kriter özetlenmiştir.

**Tablo 1.** Önerilen yöntemin işlem sürelerinin karşılaştırılması

Veri Seti	Ki-Kare	ReliefF	F-Skor	Bilgi Kazancı	Genetik Algoritma	Önerilen Yöntem
11_Tumors	<b>3.54</b>	6.45	12.60	11.23	2795.30	25.12
Brain_Tumor1	<b>1.32</b>	1.56	2.72	2.56	8428.9	5.51
Brain_Tumor2	<b>1.74</b>	2.17	2.98	2.67	17778.0	6.36
Leukemia1	1.13	<b>0.97</b>	1.96	1.74	11775.0	3.87
Leukemia2	1.91	<b>1.86</b>	3.99	3.06	2946.40	7.05
SRBCT	0.72	<b>0.70</b>	1.19	0.93	1921.70	2.09
Prostate_Tumor	1.77	<b>1.40</b>	5.38	4.21	122.94	7.89

Tablo 1'de de görüldüğü üzere önerilen yöntem



**Şekil 2.** FS4 öz nitelik veri setine seçilme kriteri

Birleştirme adımından sonra seçilen FS4 öz nitelik veri seti k-NN sınıflandırma algoritması ile test edilmektedir. Sınıflandırma başarı oranları hesaplanırken 10-katlamalı doğrulama yapılmaktadır.

### 4. Tartışma ve Sonuç

Bu çalışmada mikro-dizilim verilerine uygulanan filtre modelli öz nitelik seçme algoritması tek bir istatistiksel model ile değil 3 farklı model ile kombine edilerek sarmal modelli öz nitelik seçme algoritmalarına göre daha hızlı, tek bir filtre modelli öz nitelik seçme algoritmasına göre daha başarılı bir yöntem önerilmiştir. Tablo 1'de önerilen yöntem ile Ki-kare, ReliefF, F-Skor filtre modelli öz nitelik seçme algoritmaları ve Genetik algoritma sarmal modelli öz nitelik seçme yöntemi işlem süreleri açısından karşılaştırılmıştır.

mikro-dizilim veri setlerinde genetik algoritma

sarmal modeli öz nitelik seçme yönteminden daha hızlı çalışmaktadır. Filtre modeli öz nitelik seçme algoritmalarında ise 11\_Tumors, Brain\_Tumor1 ve Brain\_Tumor2 veri setlerinde Ki-Kare, Leukemia1, Leukemia2, SRBCT ve Prostate\_Tumor veri setlerinde ise ReliefFfiltre modeli öz nitelik seçme algoritmaları daha hızlı sonuç vermiştir.

Önerilen yöntem işlem süresi açısından filtre modeli öz nitelik seçme algoritmalarına göre yavaş, Tablo 2. Önerilen yöntemin sınıflandırma başarı oranı karşılaştırılması

fakat sarmal modeli öz nitelik seçme algoritmalarına göre hızlı olarak değerlendirilebilir. Tablo 2'de ise önerilen yöntem sınıflandırma başarı oranına göre karşılaştırılmıştır. Önerilen yöntem, Ki-Kare, ReliefF, F-Skor ve Bilgi Kazancı olmak üzere 4 farklı filtre modeli öz nitelik seçme algoritması ve Genetik algoritma sarmal modeli öz nitelik seçme yöntemi ile karşılaştırılmıştır.

Veri Seti	Ki-Kare	ReliefF	F-Skor	Bilgi Kazancı	Genetik Algoritma	Önerilen Yöntem
11_Tumors	89.08%	86.88%	83.91%	83.33%	83.33%	<b>89.66%</b>
Brain_Tumor1	81.11%	85.56%	87.78%	88.89%	<b>92.22%</b>	87.78%
Brain_Tumor2	72.00%	74.00%	72.00%	78.00%	<b>80.00%</b>	78.00%
Leukemia1	94.44%	94.44%	94.44%	93.06%	<b>97.22%</b>	94.44%
Leukemia2	<b>95.83%</b>	<b>95.83%</b>	93.06%	91.67%	<b>95.83%</b>	<b>95.83%</b>
SRBCT	<b>100.00%</b>	<b>100.00%</b>	<b>100.00%</b>	98.80%	96.39%	<b>100.00%</b>
Prostate_Tumor	81.37%	81.37%	79.41%	89.22%	<b>91.18%</b>	82.35%

Tablo 2'deki sonuçlara göre önerilen yöntem 11\_Tumors, Leukemia2 ve SRBCT veri setlerinde Genetik algoritma sarmal modelinden daha yüksek sınıflandırma başarı oranına sahiptir. Belirtilen veri setlerinde önerilen yöntem hem işlem süresi hem de sınıflandırma başarı oranı kategorilerinde iyileştirme sağlamıştır.

## Teşekkür

Bu çalışma Harran Üniversitesi Bilimsel Araştırma Komisyonu (15101) tarafından maddi olarak desteklenmektedir. Desteklerinden ötürü Harran Üniversitesi Bilimsel Araştırma Komisyonu'na teşekkür ederiz.

## Kaynaklar

- Battiti R., 1994. Using Mutual Information For Selecting Features In Supervised Neural Net Learning, IEEE Transactions On Neural Networks 5:537–550.
- Bolón-Canedo V., Sánchez-Marono N., Alonso-Betanzos A., Benítez J.M., Herrera F. 2014. A Review Of Microarray Datasets And Applied Feature Selection Methods Information Sciences 282:111–135
- Cover T. , Hart P., 1967. Nearest Neighbor Pattern Classification, IEEE Transactions On Information Theory 13:21–27.
- Duda R.O., Hart P.E., And Stork D.G., 2001. Pattern Classification, John Wiley & Sons, New York.
- Hall,M., 1999. Correlation-Based Feature Selection For Machine Learning. Phd Thesis., Department Of

- Computer Science, Waikato University, New Zealand.
- Holland J., 1975. Adaptation In Natural And Artificial Systems. University Of Michigan Press, Ann Arbor.
- Kittler,J. 1978. Pattern Recognition And Signal Processing, Chapter Feature Set Search Algorithms Sijthoff And Noordhoff, Alphen Aan Den Rijn, Netherlands, Pp. 41–60.
- Kohavi R., John G.H., 1997. Wrappers For Feature Subset Selection, Artificial Intelligence 97:273–324.
- Liu H., Setiono R., 1995. Chi2: Feature Selection And Discretization Of Numeric Attributes. In: Proceedings Of The IEEE 7th International Conference On Tools With Artificial Intelligence 338-391.
- Robnik-Sikonja M., Kononenko I., 2003. Theoretical And Empirical Analysis Of ReliefF And ReliefF Mach. Learn. 53:23–69.
- Quinlan J.R., 1986. Induction Of Decision Trees, Machine Learning 1:81–106.
- Quinlan, J. R., 1993. C4. 5: Programs For Machine Learning, Machine Learning 16: 235-240.
- Saeys Y., Inza I., Larrañaga P., 2007. A Review Of Feature Selection Techniques In Bioinformatics. Bioinformatics 19: 2507–2517.
- Statnikov A., Tsamardinos I., Dosbayev Y., Aliferis C.F., 2005. Gems: A System For Automated Cancer Diagnosis And Biomarker Discovery From Microarray Gene Expression Data, International Journal Of Medical Informatics, 74:491-503.