Ensemble Learning: Bayesian Model Averaging

Fabio Cimmino

Università degli Studi di Milano-Bicocca

Anno Accademico 2017-2018

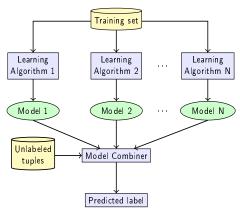


Relatore: Prof.ssa Vincenzina Messina Co-Relatore: Dott.ssa Elisabetta Fersini



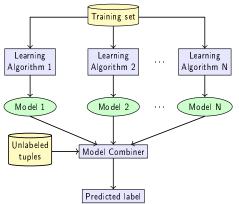
Ensemble Learning

L'Ensemble Learning consiste in metodi d'insieme che usano modelli multipli per ottenere una miglior prestazione predittiva rispetto ai singoli modelli



Ensemble Learning

L'Ensemble Learning consiste in metodi d'insieme che usano modelli multipli per ottenere una miglior prestazione predittiva rispetto ai singoli modelli

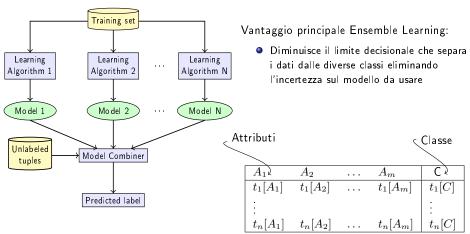


Vantaggio principale Ensemble Learning:

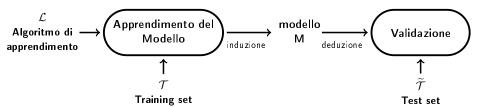
 Diminuisce il limite decisionale che separa i dati dalle diverse classi eliminando l'incertezza sul modello da usare

Ensemble Learning

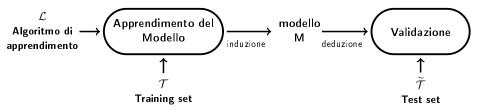
L'Ensemble Learning consiste in metodi d'insieme che usano modelli multipli per ottenere una miglior prestazione predittiva rispetto ai singoli modelli



Validazione del modello e performance

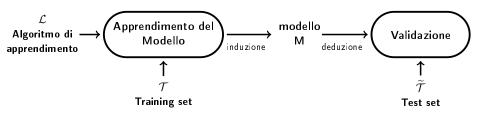


Validazione del modello e performance



		Actua	l class		
		Cat Non-cat			
Predicted	Cat	5 True Positives	2 False Positives		
Predicte class	Non-cat	3 False Negatives	17 True Negatives		

Validazione del modello e performance



		Actual class				
		Cat Non-cat				
Predicted class	Cat	5 True Positives	2 False Positives			
	Non-cat	3 False Negatives	17 True Negatives			

 $Accuracy = \frac{True\ Positive + True\ Negative}{\sum Total\ Population}$

$$Precision = \frac{True\ Positive}{True\ Positive + False\ Positive}$$

$$Recall = \frac{True \; Positive}{True \; Positive + False \; Negative}$$

$$F\ measure = \frac{2 \cdot precision \cdot recall}{precision + recall}$$

- Bagging
- Boosting
- Stacking
- Random Forests

- Bagging
- Boosting
- Stacking
- Random Forests

Limitazioni:

 Non vengono considerate le capacità di generalizzazione dei modelli

- Bagging
- Boosting
- Stacking
- Random Forests

Limitazioni:

- Non vengono considerate le capacità di generalizzazione dei modelli
- Modelli indipendenti e ugualmente affidabili

- Bagging
- Boosting
- Stacking
- Random Forests

Limitazioni:

- Non vengono considerate le capacità di generalizzazione dei modelli
- Modelli indipendenti e ugualmente affidabili
- Securato La ricerca dell'insieme più accurato ha un costo

 $l^*(r) \equiv$ classe finale assegnata ad un record del dataset $D \equiv$ dataset $S \equiv$ possibile insieme di modelli $S \subseteq C$

$$\begin{split} l^*(r) &= \arg\max P(l(r)\mid S, D) = \sum_{i \in S} P(l(r)\mid i, D) P(i\mid D) \\ &= \sum_{i \in S} P(l(r)\mid i, D) P(D\mid i) P(i) \\ &= \sum_{i \in S} \frac{P(l(r)\mid i, D) P(D\mid i)}{P(D\mid i)} \end{split}$$

 $l^*(r)\equiv$ classe finale assegnata ad un record del dataset $D\equiv$ dataset $S\equiv$ possibile insieme di modelli $S\subseteq C$

$$\begin{split} l^*(r) &= \arg \max P(l(r) \mid S, D) = \sum_{i \in S} P(l(r) \mid i, D) P(i \mid D) \\ &= \sum_{i \in S} P(l(r) \mid i, D) P(D \mid i) P(i) \\ &= \sum_{i \in S} \boxed{P(l(r) \mid i, D) \quad P(D \mid i)} \end{split}$$

ullet Probabilità marginale di l(r) -

 $l^*(r) \equiv$ classe finale assegnata ad un record del dataset $D \equiv$ dataset

$$S\equiv$$
 possibile insieme di modelli $S\subseteq C$

$$\begin{split} l^*(r) &= \arg\max P(l(r)\mid S, D) = \sum_{i \in S} P(l(r)\mid i, D) P(i\mid D) \\ &= \sum_{i \in S} P(l(r)\mid i, D) P(D\mid i) P(i) \\ &= \sum_{i \in S} \frac{P(l(r)\mid i, D) P(D\mid i)}{\int} \end{split}$$

- ullet Probabilità marginale di l(r)
- ullet Capacità di generalizzazione del modello i



 $l^*(r)\equiv$ classe finale assegnata ad un record del dataset $D\equiv$ dataset $S\equiv$ possibile insieme di modelli $S\subseteq C$

$$\begin{split} l^*(r) &= \arg \max P(l(r) \mid S, D) = \sum_{i \in S} P(l(r) \mid i, D) P(i \mid D) \\ &= \sum_{i \in S} P(l(r) \mid i, D) P(D \mid i) P(i) \\ &= \sum_{i \in S} \frac{P(l(r) \mid i, D) \quad P(D \mid i)}{\uparrow} \end{split}$$

- ullet Probabilità marginale di l(r)
- ullet Capacità di generalizzazione del modello i

 $P(D \mid i) \approx \text{F-measure del training set}$

Contributo r_i^s di ogni modello i appartenente ad un determinato insieme $S\subseteq C$:

$$r_i^s = \frac{\sum_{j \in \{S \setminus i\}} \sum_{q \in \{0,1\}} P(i=1 \mid j=q) P(j=q)}{\sum_{j \in \{S \setminus i\}} \sum_{q \in \{0,1\}} P(i=0 \mid j=q) P(j=q)}$$

Contributo r_i^s di ogni modello i appartenente ad un determinato insieme $S\subseteq C$:

$$r_i^s = \frac{\sum_{j \in \{S \setminus i\}} \sum_{q \in \{0,1\}} P(i=1 \mid j=q) P(j=q)}{\sum_{j \in \{S \setminus i\}} \sum_{q \in \{0,1\}} P(i=0 \mid j=q) P(j=q)}$$

$$\begin{array}{c} \text{composizione ottimale} \\ \text{con } \textit{backward elimination} \end{array} \colon \frac{ACC(S)}{|S|} \geq \frac{ACC(S \setminus x)}{|S-1|} \\ \end{array}$$

Contributo r_i^s di ogni modello i appartenente ad un determinato insieme $S \subseteq C$:

$$r_i^s = \frac{\sum_{j \in \{S \setminus i\}} \sum_{q \in \{0,1\}} P(i=1 \mid j=q) P(j=q)}{\sum_{j \in \{S \setminus i\}} \sum_{q \in \{0,1\}} P(i=0 \mid j=q) P(j=q)}$$

$$\begin{array}{c} \text{composizione ottimale} \\ \text{con backward elimination} \\ \vdots \\ \frac{ACC(S)}{|S|} \geq \frac{ACC(S \setminus x)}{|S-1|} \\ \end{array}$$

$$\sum_{p=1}^{N} rac{N!}{p!(N-p)!}$$
 possibili soluzioni

- N modelli totali
- Insieme ottimale composto da p modelli

Contributo r_i^s di ogni modello i appartenente ad un determinato insieme $S \subseteq C$:

$$r_i^s = \frac{\sum_{j \in \{S \setminus i\}} \sum_{q \in \{0,1\}} P(i=1 \mid j=q) P(j=q)}{\sum_{j \in \{S \setminus i\}} \sum_{q \in \{0,1\}} P(i=0 \mid j=q) P(j=q)}$$

$$\begin{array}{c} \text{composizione ottimale} \\ \text{con backward elimination} \\ \vdots \\ \frac{ACC(S)}{|S|} \geq \frac{ACC(S \setminus x)}{|S-1|} \\ \end{array}$$

 $\sum_{p=1}^{N} \frac{N!}{p!(N-p)!} \text{ possibili soluzioni}$

N-1 potenziali modelli candidati

- N modelli totali
- Insieme ottimale composto da p modelli

Algoritmi ed insiemi di modelli utilizzati

Algoritmi di apprendimento:

- K-Nearest Neighbors
- Decision Tree
- Multilayer Perceptron

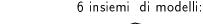
- Naive Bayes
- Support Vector Machines

Algoritmi ed insiemi di modelli utilizzati

Algoritmi di apprendimento:

- K-Nearest Neighbors
- Decision Tree
- Multilayer Perceptron

- Naive Bayes
- Support Vector Machines



5 omogenei

1 eterogeneo5 modelli prodotti dai 5 algoritmi

- 10 modelli di K-Nearest Neighbors
- 10 modelli di Decision Tree
- 10 modelli di Multilayer Perceptron
- 3 modelli di Naive Bayes
- 40 modelli di Support Vector Machines

Dataset

Dataset	# lstanze	# Attributi	# Classi
ann eal	898	39	5
autos	205	26	6
audiology	226	70	2
balance-scale	625	5	3
breast-cancer	286	10	2
breast-w	699	10	2
colic	368	23	2
credit-rating	690	16	2
german-credit	1000	21	2
pima-diabetes	768	9	2
glass	214	10	6
heart-c	303	14	2
h eart-h	294	14	5
heart-statlog	270	14	2
hepatitis	155	20	2
hypothyroid	3772	30	4

Dataset	# lstanze	# Attributi	# Class
ionosphere	351	35	2
iris	150	5	3
kr-vs-kp	3196	37	2
lab or	57	17	2
lymph	148	19	4
mushroom	8124	23	2
prim ary-tum or	339	18	9
segment	2310	20	7
sick	3772	30	2
sonar	208	61	2
soybean	683	36	19
vehicle	846	19	4
vote	435	17	2
vowel	990	13	11
Z00	101	18	7

Risultati Insieme Omogeneo Multilayer Perceptron

Dataset	Boosting	Bagging	Stacking	R and om Forest	Democratic	Bayesian
anne al	0.8363	0.9822	0.7617	0.9933	0.9933	0.9933
autos	0.4488	0.6976	0.3268	0.8341	0.7938	0.7986
a ud io logy	0.4646	0.7655	0.2522	0.7699	0.8401	0.8314
bal ance-scale	0.7272	0.8288	0.4576	0.8048	0.9247	0.9152
bre ast-cancer	0.7028	0.6783	0.7028	0.6923	0.7452	0.7384
bre ast-w	0.9485	0.9557	0.6552	0.9614	0.9642	0.9685
colic	0.8125	0.8533	0.6404	0.8614	0.8559	0.8478
credit-rating	0.8464	0.8507	0.5505	0.8507	0.8696	0.8696
german-credit	0.695	0.744	0.70	0.725	0.7710	0.7690
pim a-dia betes	0.7435	0.7461	0.651	0.7383	0.7683	0.7722
glass	0.4486	0.6963	0.3551	0.729	0.7190	0.7100
heart-c	0.8218	0.8218	0.5446	0.8152	0.8483	0.8548
heart-h	0.7789	0.7857	0.6395	0.7789	0.8575	0.8508
heart-statlog	0.8	0.7926	0.5556	0.7815	0.8407	0.8407
hepatitis	0.8258	0.8452	0.7935	0.8258	0.8396	0.8329
hypothyroid	0.9321	0.9955	0.9229	0.991	0.9510	0.9531
io nosphe re	0.9088	0.9088	0.641	0.9288	0.9317	0.9203
iris	0.9533	0.94	0.3333	0.9533	0.9800	0.9800
kr-vs-kp	0.9384	0.9912	0.5222	0.9881	0.9950	0.9947
labor	0.8772	0.8596	0.6491	0.8772	0.8967	0.9333
lymph	0.7432	0.7838	0.5473	0.8108	0.8519	0.8519
mushroom	0.962	1	0.518	1_	1	1
primary-tumor	0.2891	0.4513	0.2478	0.4248	0.4840	0.4721
seg ment	0.2857	0.9697	0.1429	0.9766	0.9680	0.9684
sick	0.9719	0.9849	0.9388	0.9838	0.9751	0.9761
sonar	0.7163	0.774	0.5337	0.8077	0.8374	0.8326
soybe an	0.2796	0.8682	0.1318	0.9165	0.9458	0.9487
ve h ic le	0.3995	0.727	0.2565	0.7707	0.8583	0.8570
vote	0.954	0.9586	0.6138	0.9586	0.9609	0.9679
vo we	0.1737	0.8576	0.909	0.9606	0.9636	0.9677
Z00	0.604	0.4257	0.4059	0.8911	0.9618	0.9618

Risultati Insieme Omogeneo Multilayer Perceptron

Il 45% delle volte il Bayesian Model Averaging risulta la tecnica migliore con l'insieme omogeneo Multilayer Perceptron

	Dataset	Boosting	Bagging	Stacking	R and om Forest	Democratic	Bayesian
	anne al	0.8363	0.9822	0.7617	0.9933	0.9933	0.9933
	autos	0.4488	0.6976	0.3268	0.8341	0.7938	0.7986
	a ud io logy	0.4646	0.7655	0.2522	0.7699	0.8401	0.8314
	bal ance-scale	0.7272	0.8288	0.4576	0.8048	0.9247	0.9152
	bre ast-cancer	0.7028	0.6783	0.7028	0.6923	0.7452	0.7384
	bre ast- w	0.9485	0.9557	0.6552	0.9614	0.9642	0.9685
	colic	0.8125	0.8533	0.6404	0.8614	0.8559	0.8478
	credit-rating	0.8464	0.8507	0.5505	0.8507	0.8696	0.8696
	german-credit	0.695	0.744	0.70	0.725	0.7710	0.7690
	pim a-dia betes	0.7435	0.7461	0.651	0.7383	0.7683	0.7722
	glass	0.4486	0.6963	0.3551	0.729	0.7190	0.7100
	he art-c	0.8218	0.8218	0.5446	0.8152	0.8483	0.8548
	he art-h	0.7789	0.7857	0.6395	0.7789	0.8575	0.8508
	he art-statlog	0.8	0.7926	0.5556	0.7815	0.8407	0.8407
	hepatitis	0.8258	0.8452	0.7935	0.8258	0.8396	0.8329
	hypothyroid	0.9321	0.9955	0.9229	0.991	0.9510	0.9531
	io nosphe re	0.9088	0.9088	0.641	0.9288	0.9317	0.9203
	iris	0.9533	0.94	0.3333	0.9533	0.9800	0.9800
_	kr-vs-kp	0.9384	0.9912	0.5222	0.9881	0.9950	0.9947
n	labor	0.8772	0.8596	0.6491	0.8772	0.8967	0.9333
	lymph	0.7432	0.7838	0.5473	0.8108	0.8519	0.8519
	mushroom	0.962	1	0.518	1_	1	1
	primary-tumor	0.2891	0.4513	0.2478	0.4248	0.4840	0.4721
	seg ment	0.2857	0.9697	0.1429	0.9766	0.9680	0.9684
	sic k	0.9719	0.9849	0.9388	0.9838	0.9751	0.9761
	sonar	0.7163	0.774	0.5337	0.8077	0.8374	0.8326
	soybe an	0.2796	0.8682	0.1318	0.9165	0.9458	0.9487
	ve h ic le	0.3995	0.727	0.2565	0.7707	0.8583	0.8570
	vote	0.954	0.9586	0.6138	0.9586	0.9609	0.9679
	vo we l	0.1737	0.8576	0.909	0.9606	0.9636	0.9677
	Z00	0.604	0.4257	0.4059	0.8911	0.9618	0.9618

Risultati Insieme Eterogeneo

Dataset	Boosting	Bagging	Stacking	RandomForest	Democratic	Bayesian
anne al	0.8363	0.9822	0.7617	0.9933	0.9922	0.9922
autos	0.4488	0.6976	0.3268	0.8341	0.8181	0.8529
a ud io logy	0.4646	0.7655	0.2522	0.7699	0.8449	0.8225
bal ance-scale	0.7272	0.8288	0.4576	0.8048	0.9087	0.9024
bre ast-cancer	0.7028	0.6783	0.7028	0.6923	0.7590	0.7558
bre ast-w	0.9485	0.9557	0.6552	0.9614	0.9699	0.9714
colic	0.8125	0.8533	0.6404	0.8614	0.8559	0.8586
credit-rating	0.8464	0.8507	0.5505	0.8507	0.8638	0.8638
german-credit	0.695	0.744	0.70	0.725	0.7690	0.7640
pim a-dia betes	0.7435	0.7461	0.651	0.7383	0.7800	0.7800
glass	0.4486	0.6963	0.3551	0.729	0.7201	0.7472
heart-c	0.8218	0.8218	0.5446	0.8152	0.8347	0.8415
he art-h	0.7789	0.7857	0.6395	0.7789	0.8540	0.8506
he art-statlog	0.80	0.7926	0.5556	0.7815	0.8556	0.8593
hepatitis	0.8258	0.8452	0.7935	0.8258	0.8508	0.8638
hypothyroid	0.9321	0.9955	0.9229	0.991	0.9690	0.9960
io nosphe re	0.9088	0.9088	0.641	0.9288	0.9517	0.9460
iris	0.9533	0.94	0.3333	0.9533	0.9800	0.9800
kr-vs-kp	0.9384	0.9912	0.5222	0.9881	0.9947	0.9956
labor	0.8772	0.8596	0.6491	0.8772	0.9333	0.9333
lymph	0.7432	0.7838	0.5473	0.8108	0.8710	0.8581
mushroom	0.962	1_	0.518	1	1	1
primary-tumor	0.2891	0.4513	0.2478	0.4248	0.4807	0.4837
seg ment	0.2857	0.9697	0.1429	0.9766	0.9801	0.9805
sick	0.9719	0.9849	0.9388	0.9838	0.9812	0.9852
sonar	0.7163	0.774	0.5337	0.8077	0.8702	0.8657
soybe an	0.2796	0.8682	0.1318	0.9165	0.9458	0.9473
ve h ic le	0.3995	0.727	0.2565	0.7707	0.8217	0.8264
vote	0.954	0.9586	0.6138	0.9586	0.9701	0.9678
vo we	0.1737	0.8576	0.909	0.9606	0.9707	0.9929
Z00	0.604	0.4257	0.4059	0.8911	0.9718	0.9809

Risultati Insieme Eterogeneo

Il 65% delle volte il Bayesian Model Averaging risulta la tecnica migliore con l'insieme eterogeneo

Dataset	Boosting	Bagging	Stacking	R and om Forest	Democratic	Bayesian
anne al	0.8363	0.9822	0.7617	0.9933	0.9922	0.9922
autos	0.4488	0.6976	0.3268	0.8341	0.8181	0.8529
a udio logy	0.4646	0.7655	0.2522	0.7699	0.8449	0.8225
balance-scale	0.7272	0.8288	0.4576	0.8048	0.9087	0.9024
breast-cancer	0.7028	0.6783	0.7028	0.6923	0.7590	0.7558
bre ast-w	0.9485	0.9557	0.6552	0.9614	0.9699	0.9714
co lic	0.8125	0.8533	0.6404	0.8614	0.8559	0.8586
credit-rating	0.8464	0.8507	0.5505	0.8507	0.8638	0.8638
german-credit	0.695	0.744	0.70	0.725	0.7690	0.7640
pim a-dia betes	0.7435	0.7461	0.651	0.7383	0.7800	0.7800
glass	0.4486	0.6963	0.3551	0.729	0.7201	0.7472
heart-c	0.8218	0.8218	0.5446	0.8152	0.8347	0.8415
he art-h	0.7789	0.7857	0.6395	0.7789	0.8540	0.8506
heart-statlog	0.80	0.7926	0.5556	0.7815	0.8556	0.8593
hepatitis	0.8258	0.8452	0.7935	0.8258	0.8508	0.8638
hypothyroid	0.9321	0.9955	0.9229	0.991	0.9690	0.9960
io nosphe re	0.9088	0.9088	0.641	0.9288	0.9517	0.9460
iris	0.9533	0.94	0.3333	0.9533	0.9800	0.9800
kr-vs-kp	0.9384	0.9912	0.5222	0.9881	0.9947	0.9956
labor	0.8772	0.8596	0.6491	0.8772	0.9333	0.9333
lymph	0.7432	0.7838	0.5473	0.8108	0.8710	0.8581
mushroom	0.962	1_	0.518	1	1	1
primary-tumor	0.2891	0.4513	0.2478	0.4248	0.4807	0.4837
seg ment	0.2857	0.9697	0.1429	0.9766	0.9801	0.9805
sick	0.9719	0.9849	0.9388	0.9838	0.9812	0.9852
sonar	0.7163	0.774	0.5337	0.8077	0.8702	0.8657
soybe an	0.2796	0.8682	0.1318	0.9165	0.9458	0.9473
ve h ic le	0.3995	0.727	0.2565	0.7707	0.8217	0.8264
vote	0.954	0.9586	0.6138	0.9586	0.9701	0.9678
vo we l	0.1737	0.8576	0.909	0.9606	0.9707	0.9929
Z00	0.604	0.4257	0.4059	0.8911	0.9718	0.9809

Il successo di un sistema d'insieme si basa direttamente sulla diversità degli algoritmi di apprendimento che compongono l'insieme

Il successo di un sistema d'insieme si basa direttamente sulla diversità degli algoritmi di apprendimento che compongono l'insieme

Sviluppi futuri:

Sviluppo di una strategia di forward selection

Il successo di un sistema d'insieme si basa direttamente sulla diversità degli algoritmi di apprendimento che compongono l'insieme

Sviluppi futuri:

- Sviluppo di una strategia di forward selection
- Parallelizzazione del Bayesian Model Averaging

Il successo di un sistema d'insieme si basa direttamente sulla diversità degli algoritmi di apprendimento che compongono l'insieme

Sviluppi futuri:

- Sviluppo di una strategia di forward selection
- Parallelizzazione del Bayesian Model Averaging
- Sviluppo di una struttura di multi-task learning