

Bagging · Random Forest · Boosting

Techniques ensemblistes pour l'analyse prédictive

Ricco RAKOTOMALALA

Université Lumière Lyon 2



Principe des techniques ensemblistes

Faire coopérer plusieurs modèles. Procédure de vote simple ou pondéré lors du classement.

(1)

Construire différents types de modèles (ex. arbre, classifieur linéaire, etc.) sur les mêmes données

(2)

Construire des modèles de même nature (même algorithme d'apprentissage) sur différentes versions des données



Il faut que les modèles **se complètent** pour tirer bénéfice de la coopération. S'ils classent tous exactement de la même manière, le gain (par rapport aux modèles individuels) est nul !

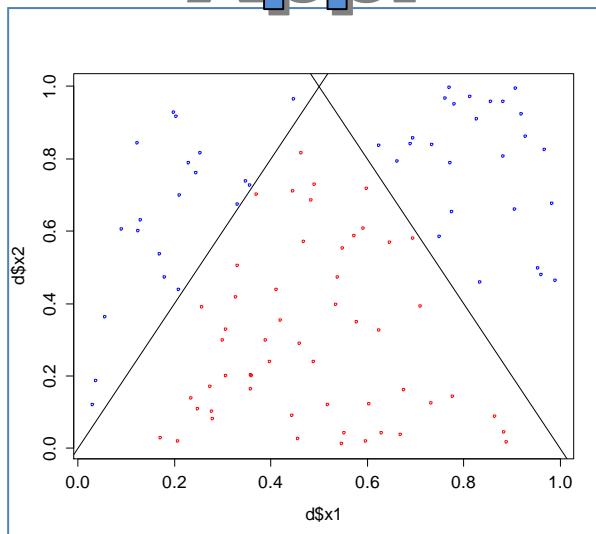


On se place exclusivement dans le cadre du classement dans ce support.

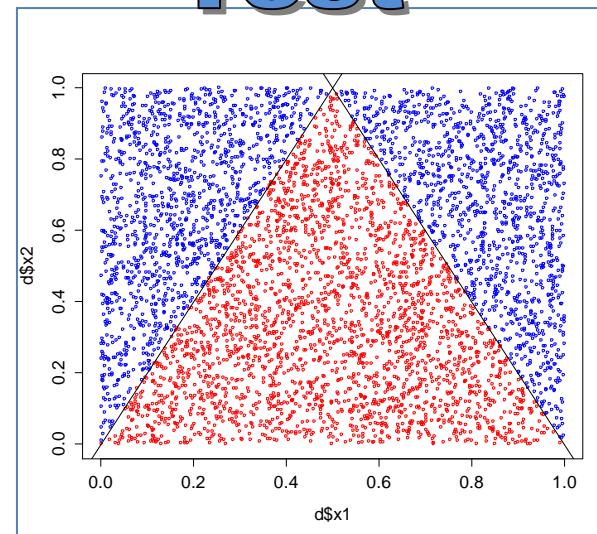
Données

Données artificielles générées pour illustrer notre propos: $n_{app} = 100$ individus pour l'apprentissage, $n_{test} = 5000$ pour l'évaluation ; $p = 10$ variables prédictives, dont 2 sont pertinentes (x_1 et x_2) ; problème à 2 classes ; absence de bruit sur la classe.

App.



Test



$Y = \text{« bleu »}$

si (1) $x_2 > 2 * x_1$ pour $x_1 < 0.5$

ou (2) $x_2 > (2 - 2 * x_1)$ pour $x_1 \geq 0.5$

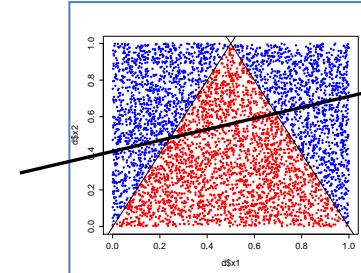
« rouge » autrement



Composantes de l'erreur (1)

Biais

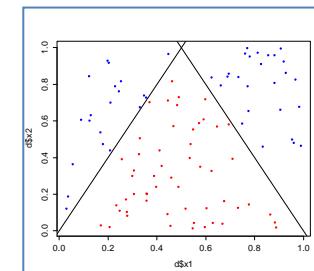
Traduit l'incapacité du modèle à traduire le concept (la « vraie » fonction) reliant Y aux X.



Un classifieur linéaire ne peut pas fonctionner ici.
Impossible de trouver une droite permettant de séparer les points bleus des rouges.

Variance

Sensibilité (variabilité par rapport) aux fluctuations d'échantillonnage.



Le faible effectif de l'échantillon d'apprentissage ne permet pas de trouver avec exactitude les « bonnes » frontières.

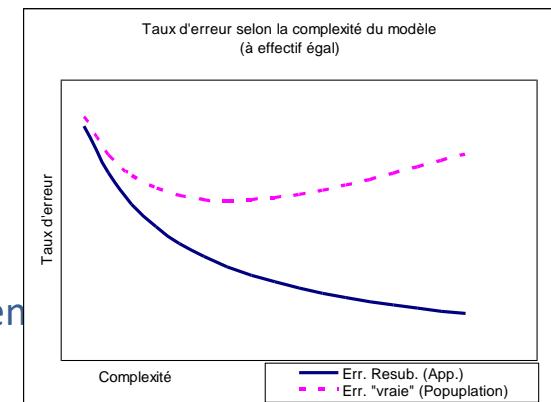


Composantes de l'erreur (2)

Quelques schémas simples.

Les modèles « simples » (ex. linéaires, peu de paramètres à estimer) présentent un biais fort, mais une faible variance

Les modèles « complexes » (ex. nombreux paramètres à estimer) présentent un biais faible, mais une forte variance



Sans oublier le rôle perturbateur que peuvent avoir les variables qui n'ont aucun rapport avec le problème étudié (cf. malédiction de la dimensionnalité)



PLAN

1. Arbres de décision
2. Bagging
3. Random Forest
4. Boosting
5. Logiciels - Outils
6. Bilan
7. Références bibliographiques



Arbres de décision

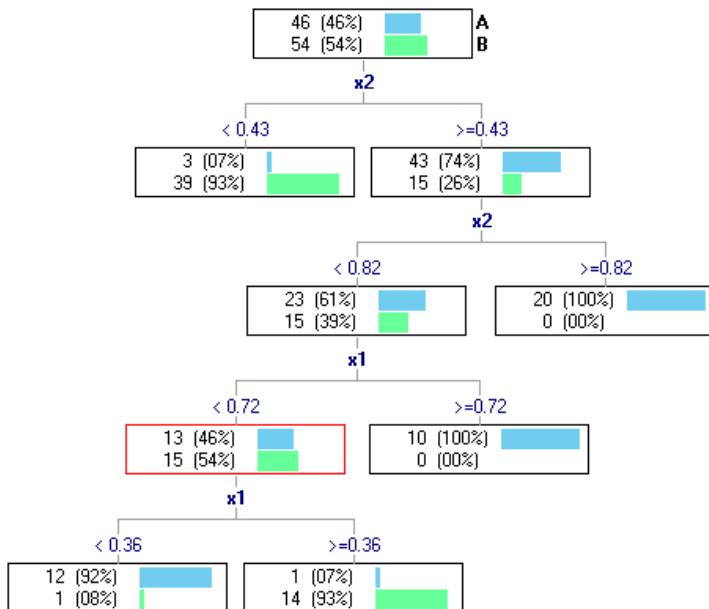
A l'origine étaient les arbres de décision



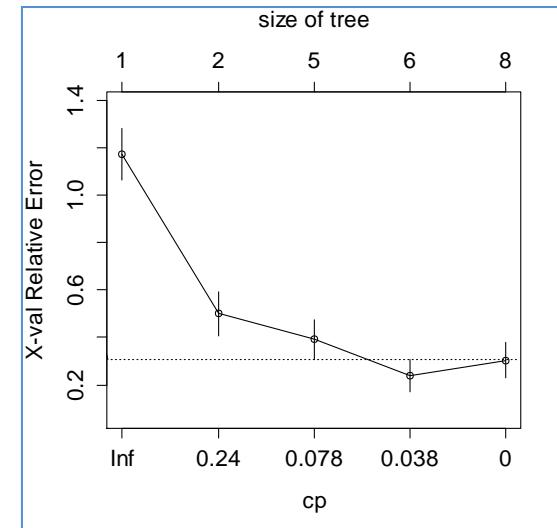
Arbre de décision (construction)

Algorithme récursif de découpage de l'espace de représentation.
Découpage forcément parallèle aux axes. Modèle linéaire par morceaux, non-linéaire au final.

Cf. [Introduction aux arbres de décision](#).



Arbre profond : biais faible, variance forte
Arbre court : biais fort, variance faible



Un des enjeux de la construction des arbres est de détecter la profondeur « optimale » correspondant au meilleur arbitrage entre biais et variance (cf. le paramètre **cp** dans rpart de R par ex. – Tutoriel [package rpart](#).)



Arbre de décision (frontières induites)

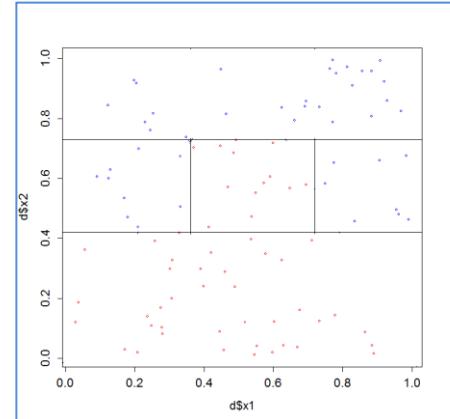
```
library(rpart)
```

```
arbre <- rpart(y ~ ., data = d.train)
print(arbre)
```

n = 100

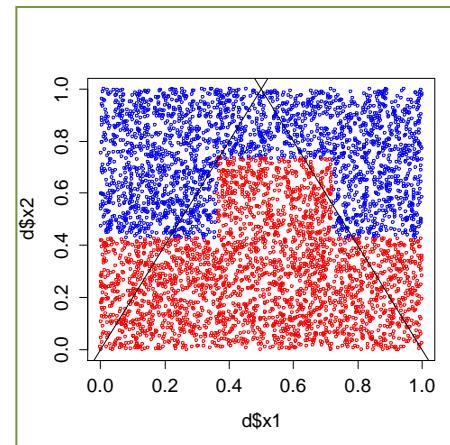
```
node), split, n, loss, yval, (yprob)
 * denotes terminal node
```

```
1) root 100 46 2 (0.46000000 0.54000000)
2) x2>=0.4271354 58 15 1 (0.74137931 0.25862069)
  4) x2>=0.733562 27 1 1 (0.96296296 0.03703704) *
  5) x2< 0.733562 31 14 1 (0.54838710 0.45161290)
 10) x1>=0.7221232 8 0 1 (1.00000000 0.00000000) *
 11) x1< 0.7221232 23 9 2 (0.39130435 0.60869565)
   22) x1< 0.3639227 10 1 1 (0.90000000 0.10000000) *
   23) x1>=0.3639227 13 0 2 (0.00000000 1.00000000) *
  3) x2< 0.4271354 42 3 2 (0.07142857 0.92857143) *
```



TRAIN

(5 feuilles dans l'arbre
= 5 zones sont
définies)



TEST

$\epsilon = 0.1632$

- La modélisation est contrainte par le nombre d'observations disponibles dans TRAIN
- Si on tente de forcer les segmentations, des « mauvaises » variables peuvent s'insérer.

```
arbre.p <- rpart(y ~ ., data = d.train,
control=list(cp=0,minsplit=2,minbucket=1))
print(arbre.p)
```

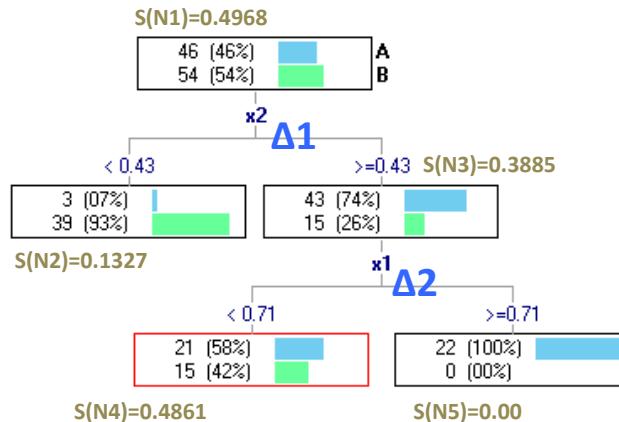


```
1) root 100 46 2 (0.46000000 0.54000000)
2) x2>=0.4271354 58 15 1 (0.74137931 0.25862069)
  4) x2>=0.733562 27 1 1 (0.96296296 0.03703704)
   8) x4>=0.1231597 26 0 1 (1.00000000 0.00000000) *
   9) x4< 0.1231597 1 0 2 (0.00000000 1.00000000) *
  5) x2< 0.733562 31 14 1 (0.54838710 0.45161290)
 10) x1>=0.7221232 8 0 1 (1.00000000 0.00000000) *
 11) x1< 0.7221232 23 9 2 (0.39130435 0.60869565)
   22) x1< 0.3639227 10 1 1 (0.90000000 0.10000000)
    44) x4>=0.02095698 9 0 1 (1.00000000 0.00000000) *
    45) x4< 0.02095698 1 0 2 (0.00000000 1.00000000) *
   23) x1>=0.3639227 13 0 2 (0.00000000 1.00000000) *
  3) x2< 0.4271354 42 3 2 (0.07142857 0.92857143)
  6) x1< 0.1139017 3 0 1 (1.00000000 0.00000000) *
  7) x1>=0.1139017 39 0 2 (0.00000000 1.00000000) *
```



Arbre de décision

(décomposition du gain d'information)



Indice de Gini

$$S(\text{noeud}) = \sum_{k=1}^K p_k(1-p_k)$$

Indice de concentration

Mesure d'impureté

Entropie quadratique

Variance pour variable qualitative

$$SCT = S(N1) = \frac{46}{100}\left(1 - \frac{46}{100}\right) + \frac{54}{100}\left(1 - \frac{54}{100}\right) = 0.4968$$

$$\begin{aligned} SCR &= \frac{40}{100} \times S(N_2) + \frac{36}{100} \times S(N_4) + \frac{22}{100} \times S(N_5) \\ &= \frac{40}{100} \times 0.1327 + \frac{36}{100} \times 0.4861 + \frac{22}{100} \times 0.00 = 0.2307 \end{aligned}$$

→ Information (variance) expliquée par le modèle

$$SCE = SCT - SCR = 0.4968 - 0.2307 = 0.2661$$

→ Elle peut être décomposée selon les segmentations dans l'arbre

$$\left. \begin{aligned} \Delta 1 &= \frac{42+58}{100} \left\{ S(N1) - \left[\frac{42}{100} \times S(N2) + \frac{58}{100} \times S(N3) \right] \right\} = 0.2187 \\ \Delta 2 &= \frac{36+22}{100} \left\{ S(N3) - \left[\frac{36}{58} \times S(N4) + \frac{22}{58} \times S(N5) \right] \right\} = 0.0474 \end{aligned} \right\} SCE = \Delta 1 + \Delta 2$$

Le gain Δ induit par chaque segmentation peut être replacé dans le contexte de la qualité globale du modèle SCE. L'importance diminue à mesure qu'on s'éloigne de la racine (parce que le poids du sommet est faible).



Bilan sur les arbres de décision

Avantages :

- connaissances « intelligibles » -- validation d'expert (si arbre pas trop grand)
- traduction directe de l'arbre vers une base de règles
- sélection automatique des variables pertinentes, robuste face aux variables redondantes
- non paramétrique
- traitement indifférencié des différents types de variables prédictives
- robuste face aux données aberrantes, solutions pour les données manquantes
- rapidité et capacité à traiter des très grandes bases
- enrichir l'interprétation des règles à l'aide des variables non sélectionnées
- possibilité pour le praticien d'intervenir dans la construction de l'arbre

Inconvénients :

- problème de stabilité sur les petites bases de données (feuilles à très petits effectifs)
- recherche « pas-à-pas » : difficulté à trouver certaines interactions (ex. xor)
- peu adapté au « scoring »
- **performances moins bonnes en général** par rapport aux autres méthodes (en réalité, performances fortement dépendantes de la taille de la base d'apprentissage)



Bagging

Bootstrap Aggregating (Breiman, 1996)



Bagging - Algorithme

Idée : Faire coopérer (voter) B arbres construits sur des échantillons bootstrap. B est un paramètre de l'algorithme.

Entrée : B nombre de modèles, ALGO algorithme d'apprentissage, Ω un ensemble de données de taille n avec y cible à K modalités, X avec p prédicteurs.

MODELES = {}

Pour $b = 1$ à B Faire

Tirage **avec remise** d'un échantillon de taille $n \rightarrow \Omega_b$

Construire un modèle M_b sur Ω_b avec ALGO

Ajouter M_b dans MODELES

Fin Pour

Pour un individu i^* à classer,

Appliquer chaque modèle M_b de MODELES $\rightarrow \hat{y}_b(i^*)$

Prédiction bagging $\rightarrow \hat{y}_{bag}(i^*) = \arg \max_k \left[\sum_{b=1}^B I(\hat{y}_b(i^*) = y_k) \right]$

\rightarrow Ce qui correspond à un vote à la majorité simple



Bagging - Pourquoi ça marche ?

Intérêt de la coopération. Faire coopérer des modèles n'a d'intérêt que si les modèles ne classent pas tous de la même manière (si le vote est systématiquement unanime, autant n'avoir qu'un seul modèle).

Biais et variance. Biais bagging = biais du modèle sous-jacent. Bagging réduit avant tout la variance. Il faut donc que les modèles sous-jacents aient un biais faible, capturant la complexité des relations entre y et les X .

Apprenants faibles. Bagging ne sait pas tirer parti des apprenants faibles (weak classifier – cf. boosting). Il faut que les modèles sous-jacents soient de bonne qualité.

Sur-apprentissage (overfitting). Augmenter B n'aboutit pas au sur-apprentissage. En pratique, une centaine suffit, mais on peut l'ajuster à l'étude.

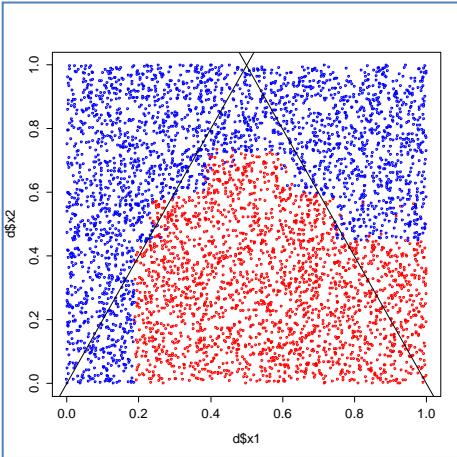
Arbres de décision. Bagging peut s'appliquer à tout type de modèle. Mais les arbres sont particulièrement avantageux parce qu'on peut réduire le biais individuel en créant des arbres profonds (non élagués), la variance (individuelle de chaque arbre) est alors compensée par le mécanisme de coopération en classement.



Bagging

Application à nos données

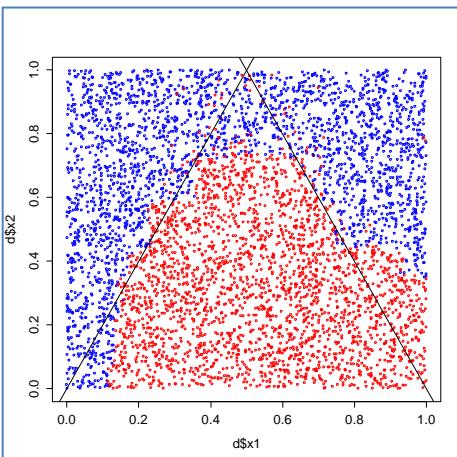
La librairie « `adabag` » pour R propose le bagging pour les arbres de décision (s'appuie sur `rpart` comme algorithme individuel).



#100 arbres générés par bagging

```
model.bagging <- bagging(y ~ ., data = d.train,  
mfinal=100)
```

$$\varepsilon = 0.156$$



```
model.bagging.2 <- bagging(y ~ ., data = d.train,  
mfinal=100,control=list(cp=0,minsplit=2,minbucket=1))
```

$$\varepsilon = 0.1224$$

En créant des arbres individuels plus profonds (moins biaisés), on améliore la qualité de la prédiction du bagging.

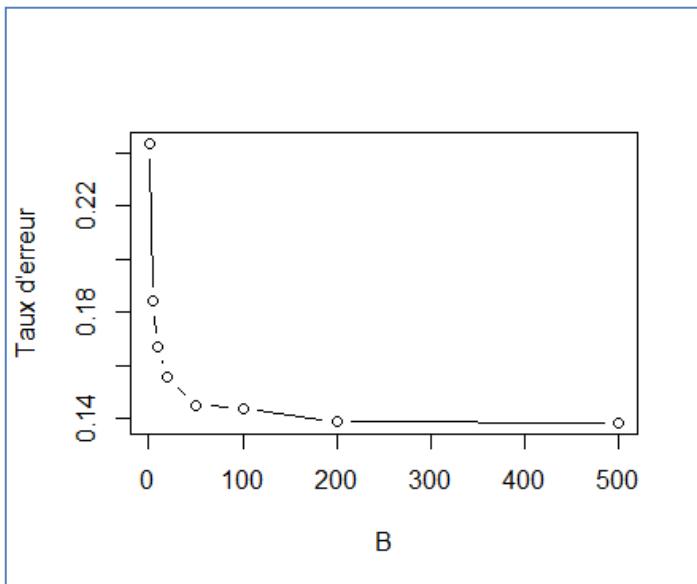


Bagging

et nombre de réplications B

Impact de l'évolution du nombre de réplications B sur la qualité du modèle.

```
#bagging et nombre de réplications
B <- c(1,5,10,20,50,100,200,500)
#une session pour un nombre d'arbres égal à b
une_session <- function(b){
  model.bagging <- bagging(y ~ ., data = d.train, mfinal=b)
  p.bagging <- predict(model.bagging,newdata=d.test)
  return(erreur(d.test$y,p.bagging$class))
}
#mesurer l'erreur en répétant l'opération 20 fois
errors <- replicate(20,sapply(B,une_session))
m.errors <- apply(errors,1,mean)
plot(B,m.errors,xlab="B",ylab="Taux d'erreur",type="b")
```



Au-delà d'un certain nombre de réplications, il n'y a plus d'améliorations notables. Mais il n'y a pas de dégradation non plus (pas d'overfitting).



Bagging et Scoring

Solution 1

Solution 2

Mieux en général, d'autant plus que le nombre de réplications B est faible. La solution peut s'appliquer avantageusement au classement.

Dans le scoring $Y \in \{+, -\}$, on a besoin d'une estimation viable de la quantité $P(Y = + / X)$.

On peut utiliser la fréquence des votes pour estimer cette probabilité a posteriori.

$$\hat{P}(Y = + / X) = \frac{\sum_{b=1}^B I(\hat{y}_b = +)}{B}$$

Si le modèle individuel M_b peut fournir une estimation de la probabilité d'appartenance aux classes P_b , on peut alors les sommer puis normaliser à 1.

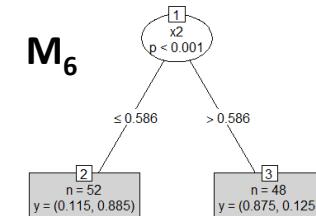
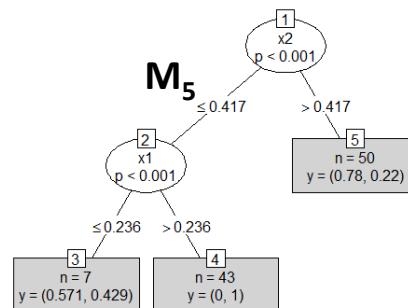
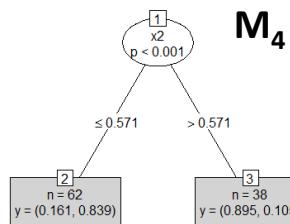
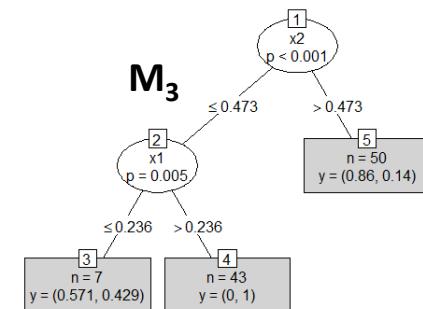
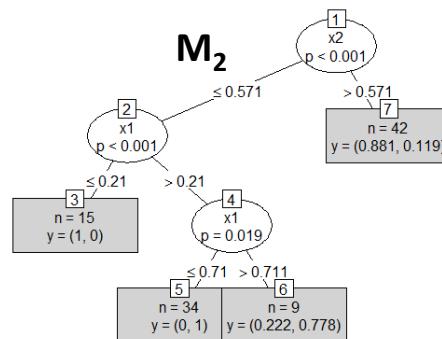
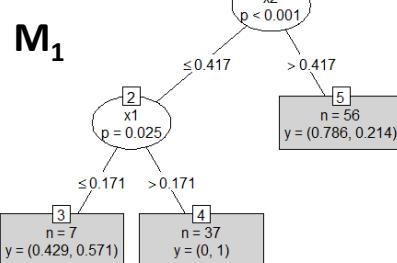
$$\hat{P}(Y = + / X) = \frac{\sum_{b=1}^B \hat{P}_b(Y = + / X)}{B}$$



Bagging

Importance des variables (1)

On a une multitude d'arbres, on n'a plus un modèle « lisible » directement. L'interprétation du modèle prédictif devient difficile.



On ne peut pas inspecter chaque arbre pour distinguer les variables qui jouent un rôle, et dans quelle mesure elles jouent un rôle.



Bagging

Importance des variables (2)

Exploiter la mesure d'importance de la segmentation dans l'arbre. Voir [diapo](#).

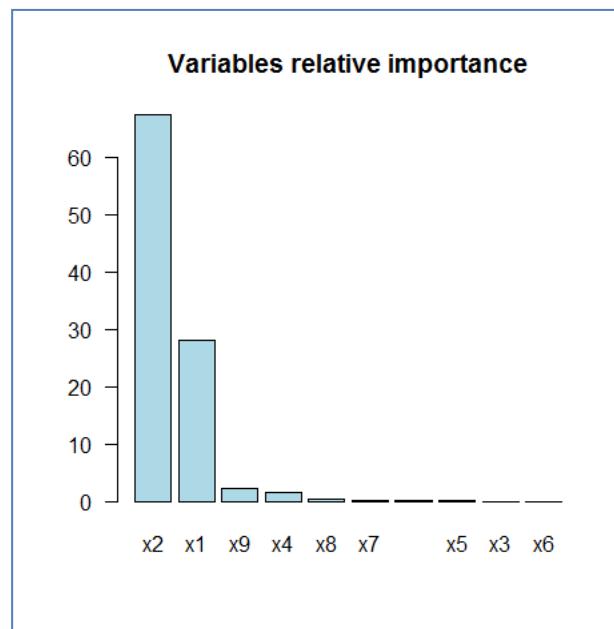
Idée

Additionner les contributions des variables dans les arbres pour lesquels elles apparaissent.

Remarque : Certains packages normalisent à 100 (soit la variable la plus importante, soit la somme des contributions).

Exemple

Exemple pour nos données où l'on « sait » que X2 et X1 sont pertinentes, X3 à 10 en revanche n'en aucun impact dans la séparabilité des classes.



```
#importance des variables  
#library(adabag)  
importanceplot(model.bagging)
```



Bagging

Estimation de l'erreur OOB

Idée

Pour l'arbre M_b , certains individus sont tirés plusieurs fois, d'autres ne sont pas inclus dans l'échantillon bootstrap ($\approx 36.8\%$).

Appliquer l'arbre M_b sur ces individus pour obtenir une prédiction.

i	M_1	M_2	M_3	M_4	M_5	\hat{Y}	Y	ERR
1	.	+	.	+	-	+	+	0
2	.	.	.	-	-	-	-	0
3	+	.	-	-	-	-	+	1
4	.	+	+	.	.	+	+	0
5	+	-	-	.	.	-	+	1
6	+	+	-	1
7	-	.	.	-	.	-	-	0
8	-	+	.	.	+	+	+	0
9	.	.	+	.	.	+	+	0
10	+	.	.	+	.	+	-	1
...								



Prédiction OOB par vote à la majorité des modèles (dans la ligne).

$$ERR_{OOB} = \text{Proportion}(ERR)$$

Err_{OOB} est une estimation viable de l'erreur en prédiction du modèle bagging.

« . » signifie que l'individu a été utilisé pour la construction de l'arbre M_b

« + » ou « - » est la prédiction de l'arbre M_b pour l'individu « i » qui est OOB



Bagging

Notion de marge

Pour un individu $Y(i)=y_{k^*}$

$$m(\omega) = \frac{\sum_{b=1}^B I(\hat{y}_b(i) = k^*)}{B} - \max_{k \neq k^*} \left[\frac{\sum_{b=1}^B I(\hat{y}_b(i) = k)}{B} \right]$$

La marge peut être négative c.-à-d.
l'individu est mal classé.

Augmenter la marge signifie obtenir une décision plus tranchée (plus sûre, plus stable) pour le classement. Plus stable = moindre variance.

Les techniques ensemblistes contribuent à améliorer (agrandir) la marge.



Random Forest

Les forêts aléatoires (Breiman, 2001)



Random Forest

Constat de départ

Bagging est, de manière générale, dominé par le boosting (cf. plus loin). C'est apparemment très difficile à vivre pour Breiman (qui avait entre-temps développé ARCING pour contrer boosting et l'idée d'un vote pondéré en classement). Il développe en 2001 Random Forest qui s'avère aussi bon en général que le boosting.

Idée

Pour que le bagging soit efficace, il faut :

1. Que les arbres soient individuellement performants
2. De grande profondeur (biais faible) – Taille min. des feuilles = 1
3. Et surtout, très fortement différents les uns des autres pour qu'elles puissent se compléter. Notion de « **décorrélation** » des arbres.

Comment ?

Introduire une perturbation « aléatoire » dans la construction des arbres, en jouant sur le mécanisme de sélection de variable de segmentation sur les nœuds.



Random Forest - Algorithme

Entrée : B nombre de modèles, ALGO algorithme d'apprentissage d'arbre, Ω un ensemble de données de taille n avec y cible à K modalités, X avec p prédicteurs, m nombre de variables à traiter sur chaque nœud avec, par défaut, $m = \sqrt{p}$

MODELES = {}

Pour $b = 1$ à B Faire

Tirage **avec remise** d'un échantillon de taille $n \rightarrow \Omega_b$

Construire un arbre M_b sur Ω_b avec ALGO

Pour chaque segmentation :

Choisir m variables **au hasard** parmi p

Segmenter avec la meilleure variable parmi m

Ajouter M_b dans MODELES

Fin Pour

Pour un individu i^* à classer,

Appliquer chaque modèle M_b de MODELES $\rightarrow \hat{y}_b(i^*)$

Prédiction Random Forest $\rightarrow \hat{y}_{rf}(i^*) = \arg \max_k \left[\sum_{b=1}^B I(\hat{y}_b(i^*) = y_k) \right]$

→ Ce qui correspond à un vote à la majorité simple



Random Forest en pratique

La librairie « `randomForest` » pour R.

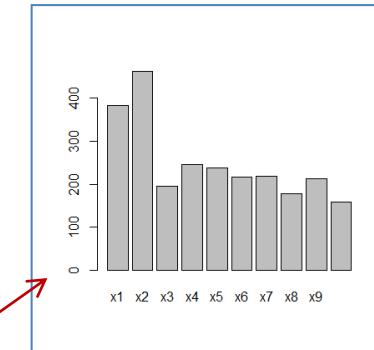
```
#random forest - B = 200 arbres
```

```
library(randomForest)
```

```
model.rf <- randomForest(y ~ ., data = d.train, ntree = 200)
```

```
#liste des variables utilisées
```

```
barplot(varUsed(model.rf),names.arg=paste("x",1:10,sep=""))
```



Une variable peut apparaître plusieurs fois dans un arbre.

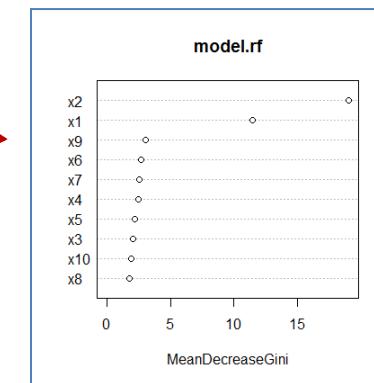
```
#importance des variables
```

```
varImpPlot(model.rf)
```

```
#matrice de confusion OOB
```

```
print(mc <- model.rf$confusion)
```

1	2	class.error
1	38	0.1739130
2	7	0.1296296



Une autre piste basée sur les OOB existe pour estimer l'importance.

```
#taux d'erreur OOB
```

```
print((mc[2,1]+mc[1,2])/sum(mc[1:2,1:2])) # (7+8)/100 = 0.15
```

```
#prédiction sur échantillon test
```

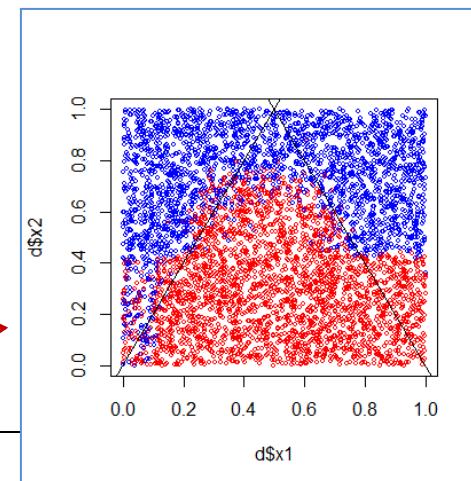
```
p.rf <- predict(model.rf,newdata = d.test,type="class")
```

```
#taux d'erreur
```

```
print(erreur(d.test$y,p.rf)) # 0.149
```

```
#représentation des frontières dans (x1,x2)
```

```
nuage(d.test,p.rf)
```



Random Forest

Détail sur les arbres

#accès à un arbre individuel (ex. 4e)

```
print(getTree(model.rf,k=4))
```

- L'arbre a 15 feuilles.
- La variable de segmentation à la racine est x1
- Une variable peut apparaître plusieurs fois (par ex. x2, x6, etc.)
- Des variables non pertinentes peuvent être intégrées (par ex. x7, x8, x3, x5, x6, etc.)

left	daughter	right	daughter	split	var	split	point	status	prediction
1		2		3	1	0.7333904		1	0
2		4		5	7	0.5242057		1	0
3		6		7	8	0.6437400		1	0
4		8		9	3	0.3753580		1	0
5		10		11	7	0.7430234		1	0
6		12		13	5	0.8513703		1	0
7		0		0	0	0.0000000	-1		1*
8		14		15	1	0.1846170		1	0
9		16		17	6	0.4151308		1	0
10		0		0	0	0.0000000	-1		2*
11		18		19	6	0.4038910		1	0
12		0		0	0	0.0000000	-1		1*
13		0		0	0	0.0000000	-1		2*
14		0		0	0	0.0000000	-1		1*
15		0		0	0	0.0000000	-1		2*
16		20		21	10	0.4015341		1	0
17		22		23	10	0.1524530		1	0
18		24		25	2	0.6465817		1	0
19		26		27	2	0.6180417		1	0
20		28		29	3	0.9030539		1	0
21		0		0	0	0.0000000	-1		2*
22		0		0	0	0.0000000	-1		2*
23		0		0	0	0.0000000	-1		1*
24		0		0	0	0.0000000	-1		2*
25		0		0	0	0.0000000	-1		1*
26		0		0	0	0.0000000	-1		2*
27		0		0	0	0.0000000	-1		1*
28		0		0	0	0.0000000	-1		1*
29		0		0	0	0.0000000	-1		2*

Random Forest - Bilan

Avantages

- Bonnes performances en prédiction
- Paramétrage simple (**B** et **m**)
- Pas de problème d'overfitting (on peut augmenter B)
- Mesure de l'importance des variables
- Evaluation de l'erreur intégrée (OOB)
- Possibilité de programmation parallèle

Inconvénients

- Problème si nombre de variables pertinentes très faibles, dans l'absolu et relativement au nombre total de variables
- Déploiement d'un tel modèle reste compliqué. Cf. format PMML pour [IRIS](#).

Parce que les arbres individuels risquent de ne pas être performants.

Surtout si on doit l'implémenter soi-même dans le système d'information.



Boosting

Freund & Schapire - ADABOOST (1996)



Boosting

Idées

Toujours apprendre sur différentes versions des données.

Mais mieux diriger l'apprentissage en se focalisant sur les individus mal classés à l'étape précédente.

Apprenants faibles (weak learner). Modèle qui fait juste un peu mieux que le hasard.

Boosting. Combiner des weak learner de manière appropriée permet de produire une modèle performant, nettement meilleur que chaque modèle pris individuellement.

Pondération des individus. A l'étape $(b+1)$, l'idée est de donner une pondération plus élevée aux individus mal classés par M_b . La construction des modèles est séquentielle.

Pondération des modèles. Système de vote pondéré (selon la performance) en classement.

Biais et variance. En orientation l'apprentissage à chaque étape, boosting agit sur le biais ; en les combinant, il agit sur la variance.

Sur-apprentissage (overfitting). Augmenter B n'aboutit pas au sur-apprentissage (cf. [bilan](#)).

Arbres de décision. Boosting peut s'appliquer à tout type de modèle. Mais les arbres sont avantageux parce qu'on peut moduler les propriétés du modèle (plus ou moins de profondeur – ex.

Adaboost.M1

Adaptive boosting

Un algorithme avant tout définir pour les problèmes binaires $Y = \{+, -\}$ mais qui peut s'appliquer aux problèmes multi-classes sous certaines restrictions.

Entrée : B nombre de modèles, ALGO algorithme d'apprentissage, Ω un ensemble de données de taille n avec y cible à K modalités, X avec p prédicteurs.

MODELES = {}

Les individus sont uniformément pondérés $\omega_i^1 = 1/n$

Pour $b = 1$ à B Faire

Construire un modèle M_b sur $\Omega(\omega^b)$ avec ALGO (ω^b pondération à l'étape b)

Ajouter M_b dans MODELES

Calculer le taux d'erreur pondéré pour M_b : $\varepsilon_b = \sum_{i=1}^n \omega_i^b \times I(y_i \neq \hat{y}_i)$

Si $\varepsilon_b > 0.5$ ou $\varepsilon_b = 0$, arrêt de l'algorithme

Sinon

Calculer $\alpha_b = \ln \frac{1-\varepsilon_b}{\varepsilon_b}$

Les poids sont remis à jour $\omega_i^{b+1} = \omega_i^b \times \exp[\alpha_b \cdot I(y_i \neq \hat{y}_i)]$

Et normalisés pour que la somme fasse 1

Fin Pour

Remarque : Si $(\varepsilon_b > 0.5)$, on passe à des poids négatifs, d'où l'arrêt. Cette condition, naturelle dans un cadre binaire ($K = 2$), devient très restrictive en multi-classes ($K > 2$). L'apprenant doit faire largement mieux que « weak ».



Adaptive boosting

Pour un individu i^* à classer,

Appliquer chaque modèle M_b de MODELES $\rightarrow \hat{y}_b(i^*)$

Prédiction boosting $\rightarrow \hat{y}_{M1}(i^*) = \arg \max_k \left[\sum_{b=1}^B \alpha_b \cdot I(\hat{y}_b(i^*) = y_k) \right]$

\rightarrow Ce qui correspond à un vote pondéré

Remarque : Plus le modèle est performant (ε_b petit), plus son poids sera élevé (α_b grand), plus il pèsera dans le processus de décision.

La condition ($\varepsilon_b < 0.5$) pour pouvoir poursuivre est très (trop) restrictive quand ($K > 2$). Comment dépasser cela ?

1.

Décomposer la modélisation en un ensemble de problèmes binaires :

- Stratégie 1 contre les autres, il y a **K** apprentissages à effectuer
→ en prédiction, on choisit la conclusion qui a le score le plus élevé
- Stratégie 1 contre 1, il y a **K(K-1)/2** apprentissages à effectuer
→ en prédiction, on choisit la classe qui présente le plus de victoires

2.

SAMME

(Zhu & al., 2009)

Modifier le calcul de α

$$\alpha_b = \ln \frac{1 - \varepsilon_b}{\varepsilon_b} + \ln(K - 1)$$

Ce qui a pour effet d'alléger la contrainte

$$\varepsilon_b < 1 - \frac{1}{K}$$

Vraie généralisation.
Lorsque $K = 2$, on retrouve ADABOOST.M1.



D'autres approches existent, mais elles sont peu diffusées, peu présentes dans les logiciels.



Boosting en pratique

La librairie « [adabag](#) » pour R.

```
library(adabag)
```

```
#boosting avec 100 arbres
```

```
model.boosting <- boosting(y ~ ., data = d.train, mfinal=100)
```

```
#importance des variables :
```

```
#somme des contributions des variables dans chaque arbre
```

```
#pondérée par l'importance de l'arbre  $\alpha_b$ 
```

```
importanceplot(model.boosting)
```

```
#prédiction sur échantillon test
```

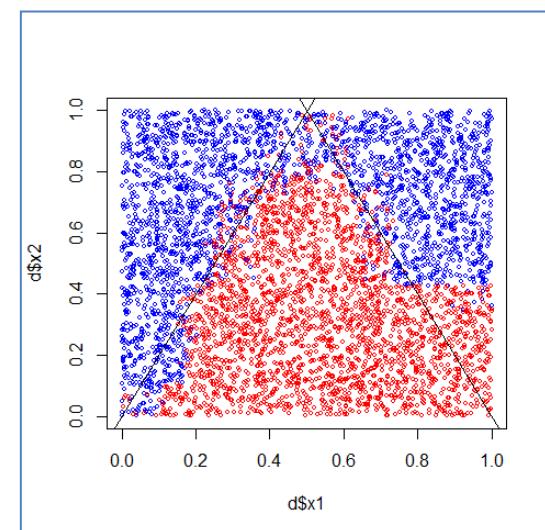
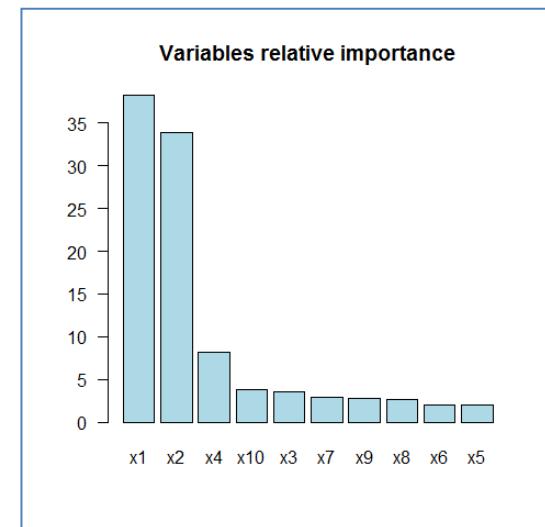
```
p.boosting <- predict(model.boosting,newdata=d.test)
```

```
#taux d'erreur
```

```
print(erreur(d.test$y,p.boosting$class)) # 0.1242
```

```
#frontières dans le plan
```

```
nuage(d.test,factor(p.boosting$class))
```

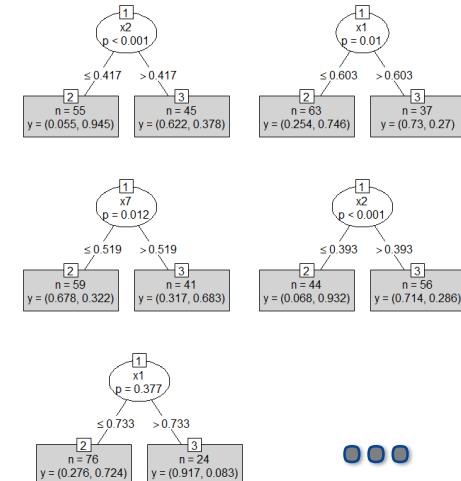


Boosting

Decision Stump

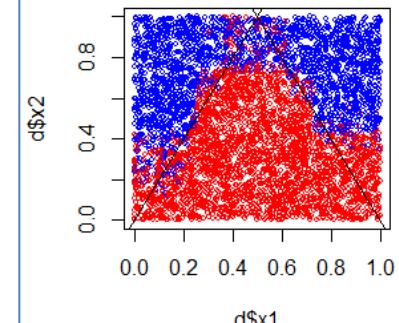
Boosting agit sur le biais. On peut se limiter à des modèles très simples comme les « decision stump » (arbre à une seule segmentation) qui ont un fort biais mais une très faible variance.

```
library(adabag)  
  
#paramètres de construction de l'arbre  
parametres = list(cp=0,maxdepth=1,minbucket=1)  
  
#boosting avec 100 decision stump  
stump.boosting <- boosting(y ~ ., data = d.train,  
                           mfinal=100, control=parametres)
```



- (1) On ne tient pas compte des interactions dans le modèle de base, pourtant le boosting améliore les performances parce ce que les variables apparaissent tour à tour dans les différents arbres, et qu'avec les seuils de découpage différents, il induit une sorte de frontière « floue ».
- (2) Avec un arbre à 2 niveaux, on tiendrait compte des interactions d'ordre 2 entre les variables. Etc. Mais ce moindre biais peut faire perdre en variance.
- (3) Si tous les descripteurs sont binaires, boosting decision stump correspond à une combinaison linéaire des indicatrices

$$\varepsilon = 0.1398$$

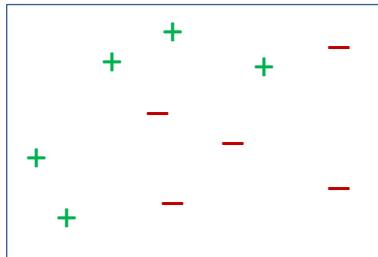


Boosting

Decision Stump (suite)

Un exemple didactique (Shapire & Freund, 2012)

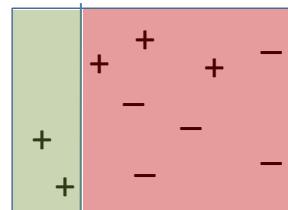
Cf. Cheng Li "A gentle introduction to gradient boosting"



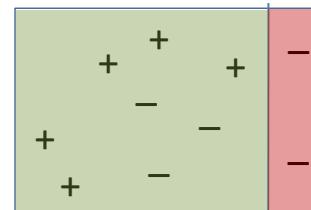
Un arbre à un niveau ne saura pas discerner parfaitement les "+" des "-"

Mais une combinaison de 3 arbres à un niveau saura le faire !!!

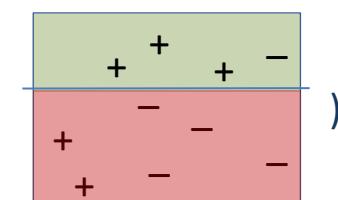
$$H = \text{signe}(0.42 x)$$



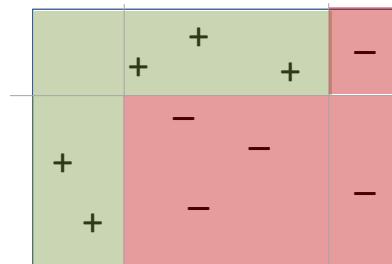
$$+ 0.65 x$$



$$+ 0.92 x$$



La combinaison produit un modèle qui, lui, sait discerner parfaitement les classes



Boosting - Bilan

Avantages

- Bonnes performances en prédiction
- Paramétrage simple (**B**)
- Importance des variables
- Joue sur le biais et la variance
- Ne nécessite pas des grands arbres
- On peut jouer sur la profondeur pour tenir compte des interactions (nombre de « splits » - ex. decision stump).

Inconvénients

- Pas de parallélisation possible
- Problème si M_b trop simple : underfitting
- Problème si M_b trop complexe : overfitting
- Problème si points aberrants ou bruités, poids exagérés
- Déploiement d'un tel modèle reste compliqué.

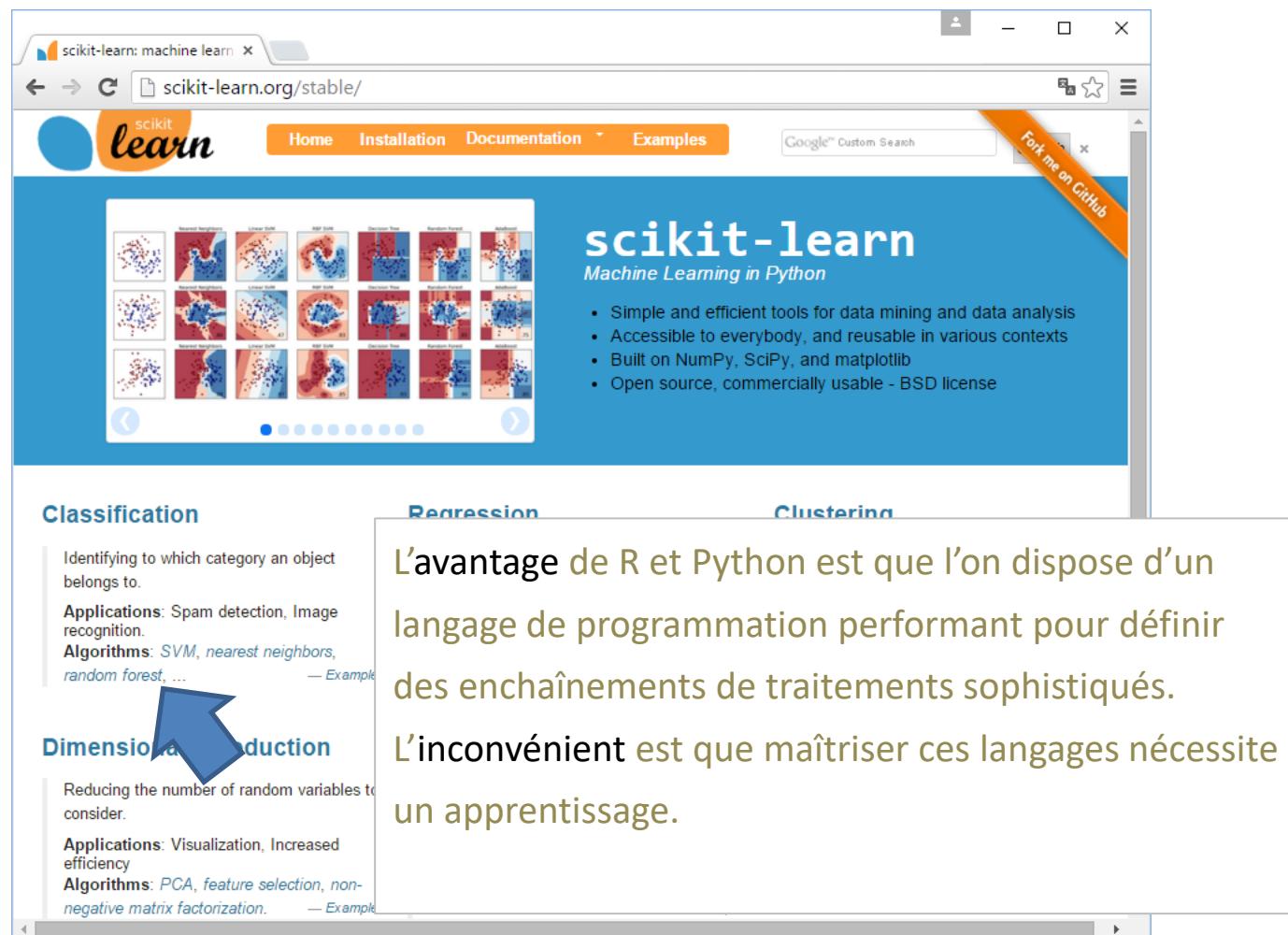


Logiciels



R et Python

R et Python intègrent des packages performants pour les méthodes ensemblistes. R avec « randomForest », « adabag », etc. (vu dans ce support) ; Python avec le module « scikit-learn ».



The screenshot shows the official scikit-learn documentation page at scikit-learn.org/stable/. The page features a navigation bar with Home, Installation, Documentation, Examples, and a Google Custom Search bar. A prominent orange banner on the right says "Fork me on GitHub". The main content area displays a grid of 18 small plots illustrating different machine learning models like Nearest Neighbors, Linear SVM, KNN, Decision Tree, Random Forest, and Adaboost. Below this is a large blue section with the title "scikit-learn" and subtitle "Machine Learning in Python". It lists four key features: Simple and efficient tools for data mining and data analysis, Accessible to everybody, and reusable in various contexts, Built on NumPy, SciPy, and matplotlib, and Open source, commercially usable - BSD license. At the bottom, there are three tabs: Classification, Regression, and Clustering, each with a brief description and examples. A blue arrow points from the "Classification" tab to the "Clustering" tab, which contains the following text:

L'avantage de R et Python est que l'on dispose d'un langage de programmation performant pour définir des enchaînements de traitements sophistiqués.

L'inconvénient est que maîtriser ces langages nécessite un apprentissage.



Dans Tanagra, les méthodes ensemblistes peuvent être combinées avec tout type de modèle de base (ici arbre de type C4.5).

La combinaison BAGGING + RND TREE correspond au Random Forest.

The screenshot shows the Tanagra 1.4.50 software interface. The title bar reads "TANAGRA 1.4.50 - [Cross-validation 1]". The menu bar includes File, Diagram, Component, Window, and Help. The toolbar has icons for New, Open, Save, Print, and Exit. The left pane, titled "Analysis", shows a tree structure for a dataset named "tanA431.txt". The tree includes nodes for "Define status 1", "Supervised Learning 1 (C4.5)", "Bagging 1 (C4.5)", "Boosting 1 (C4.5)", and "Bagging 2 (Rnd Tree)". Under "Supervised Learning 1 (C4.5)", there are four "Cross-validation" nodes labeled 1 through 4. The right pane displays the "Overall cross-validation error rate" as 0.2724. Below this, a "Values prediction" section shows a 2x2 matrix of recall and 1-Precision values for "positive" and "negative" classes. A "Confusion matrix" table follows, with columns for "Value", "Recall", "1-Precision", "positive", "negative", and "Sum". The table contains the following data:

Value	Recall	1-Precision	positive	negative	Sum
positive	0.5887	0.3858	156	109	265
negative	0.8020	0.2154	98	397	495
Sum			254	506	760

Below the confusion matrix, computation details are provided: "Computation time : 407 ms." and "Created at 19/11/2015 15:11:23". The bottom pane contains a grid of components categorized by type: Data visualization, Statistics, Nonparametric statistics, Instance selection, Feature construction. Under "Statistics", the "Regression" tab is selected, showing components like "Spv learning", "Meta-spv learning", "Arcing [Arc-x4]", "Bagging", "Boosting", "Cost Sensitive Bagging", "Cost Sensitive Learning", and "MultiCost".

Tutoriel Tanagra, « [Random Forests](#) », mars 2008.

Tutoriel Tanagra, « [Analyse discriminante PLS – Etude comparative](#) », mai 2008, page 19.

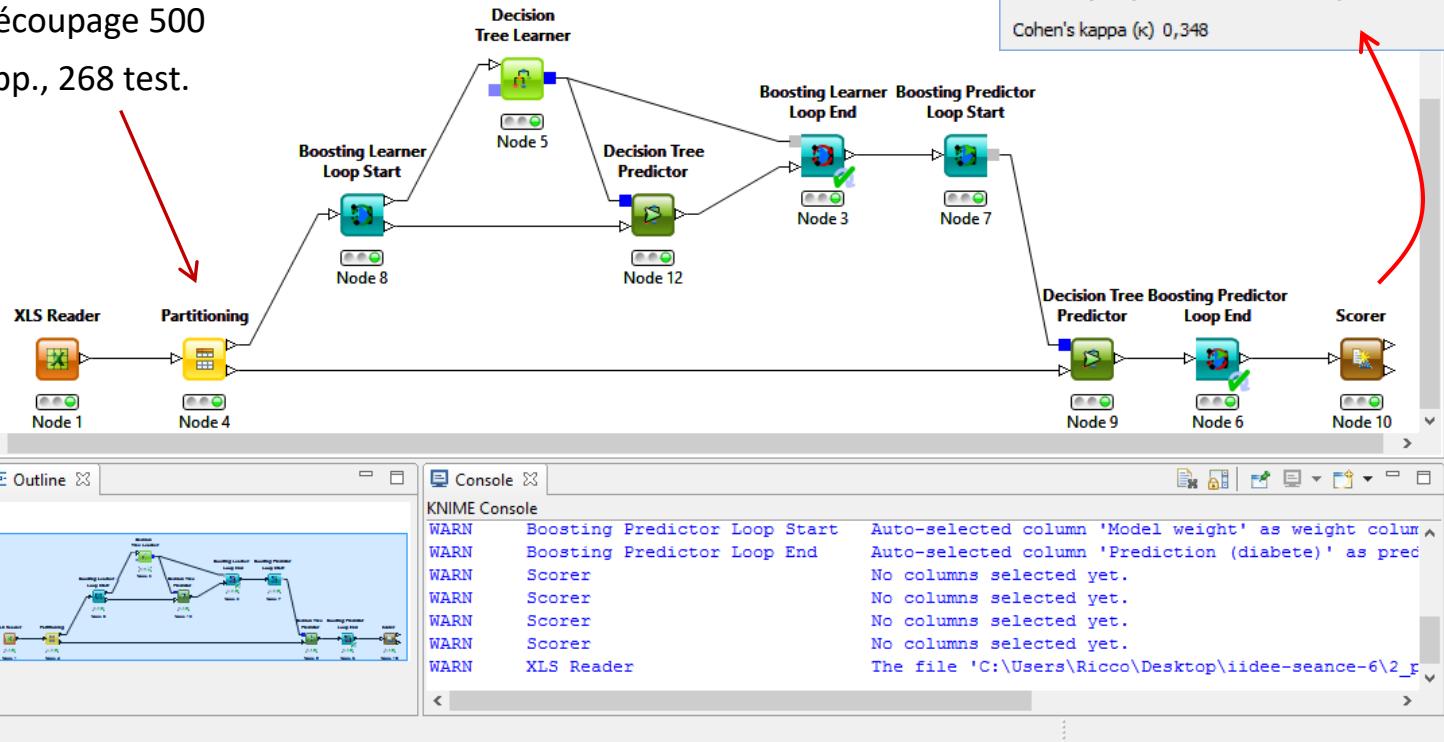
Knime, etc.

Matrice de confusion sur
les 268 obs.

Confusion Matrix ...		
File Hilite		
diabète \ P...	positive	negative
positive	56	50
negative	31	131

Correct classified: 187 Wrong classified: 81
Accuracy: 69,776 % Error: 30,224 %
Cohen's kappa (κ) 0,348

Fichier PIMA,
découpage 500
app., 268 test.



L'enchaînement semble complexe mais, à bien y regarder, nous distinguons les principales étapes.



Bilan



Bagging, Random Forest, Boosting

Les méthodes ensemblistes qui appliquent répétitivement une méthode d'apprentissage sur des versions différentes des données (ré-échantillonnage, repondération) sont maintenant bien connues, les gains en performances sont reconnues.

Le seul véritable frein est le manque de lisibilité du méta-modèle, malgré l'indicateur « importance des variables », qui empêche une interprétation sophistiquée des relations de causes à effet, nécessaire dans certains domaines.



Références



Articles de référence

Breiman L., « Bagging Predictors », Machine Learning, 26, p. 123-140, 1996.

Breiman L., « Random Forests », Machine Learning, 45, p. 5-32, 2001.

Freund Y., Schapire R., « Experiments with the new boosting algorithm », International Conference on Machine Learning, p. 148-156, 1996.

Hastie T., Tibshirani R., Friedman J., « [The elements of Statistical Learning](#) - Data Mining, Inference and Prediction », Springer, 2009.

Zhu J., Zou H., Rosset S., Hastie T., « Multi-class AdaBoost », Statistics and Its Interface, 2, p. 349-360, 2009.

