# Module 4 - Tuần 3 - Tree Review: Toàn bộ về cây

## Time-Series Team

## Ngày 23 tháng 9 năm 2025

## Mục lục

1	$\mathbf{M}\mathbf{\hat{o}}$	hình cây trong đời sống	3
	1.1	Thuật toán cây quyết định	4
	1.2	Sự phát triển các mô hình khác	4
		1.2.1 Phương pháp Bagging - Random Forest	5
		1.2.2 Các phương pháp Boosting	5
2	Ens	emble Learning: Ý tưởng chính	6
	2.1	Bagging (Bootstrap Aggregation)	8
	2.2		9
	2.3	Stacking	0
	2.4	So sánh Bagging, Boosting và Stacking	2
3	Chi	tiết thuật toán cây	2
	3.1	Decision Tree	2
		3.1.1 Nguyên lý lựa chọn split	
		3.1.2 Nguyên lý hoạt động	
		3.1.3 Đối chiếu bằng code Python	4
		3.1.4 Gợi ý cắt tỉa (pruning)	5
	3.2	Random Forest	7
		3.2.1 OOB Error	8
		3.2.2 Nguyên lý hoạt động	8
		3.2.3 Đối chiếu bằng code Python	9
	3.3	AdaBoost	1
		3.3.1 Nguyên lý	1
		$3.3.2$ Chứng minh công thức $\alpha_t$	2
		3.3.3 Nguyên lý hoạt động	3
		3.3.4 Đối chiếu bằng code Python	4
	3.4	Gradient Boosting	6
		3.4.1 Nguyên lý	6
		3.4.2 Trường hợp đặc biệt	6
		3.4.3 Chứng minh công thức bước lá $\gamma^* = -\frac{\sum g_i}{\sum h_i}$	7
		3.4.4 Nguyên lý hoạt động	7
		3.4.5 Đối chiếu bằng code Python	8
	3.5	XGBoost	1
		3.5.1 Nguyên lý tổng quát	1
		3.5.2 Mục tiêu và khai triển Taylor bậc hai	1
		3.5.3 Chứng minh nghiệm tối ưu từng lá và công thức gain	2
		3.5.4 Vì sao xuất hiện "Similarity Score"?	
		3.5.5 Nguyên lý hoạt động	
		3.5.6 Đối chiếu bằng code Python	
	3.6	LightGBM	
		3.6.1 Nguyên lý	9

AI VIETNAM ai	${f ivietnam.e}$	$\mathbf{du.v}$
---------------	------------------	-----------------

365	Đối chiếu bằng code Python	44
	Ví dụ tính tay (log-loss, $\lambda = 1, \ \gamma = 0$ )	
	Chứng minh công thức cập nhật tại mỗi lá	
	Các cải tiến cốt lõi của LightGBM: ví dụ và chứng minh	

## 1 Mô hình cây trong đời sống

Sơ đồ luồng có thể được diễn giải như một cây quyết định. Các câu hỏi trong đó đại diện cho các biến độc lập (thường gọi là "đặc trưng" trong học máy), trong khi các nút lá cuối cùng biểu diễn những kết quả có thể xảy ra. Hiện tại, các kết quả đầu ra chỉ là dạng văn bản: "có thể", "haha chúc may mắn", "có lẽ không", "chắc chắn".

Mô hình dự đoán việc lắp tấm pin mặt trời mà ta đề xuất có thể là bài toán phân loại nhị phân, phân loại đa lớp hoặc hồi quy, tuỳ theo cách ta cấu trúc các giá trị đầu ra.

Trong sơ đồ, các câu hỏi đều có câu trả lời nhị phân: "có" hoặc "không". Trong các nghiên cứu khác, các biến độc lập có thể là số, và khi đó câu trả lời thường được thể hiện bằng bất đẳng thức. Ví dụ, thực tế hơn so với câu hỏi "Có nóng khi chạm vào không?" sẽ là một biến độc lập đo nhiệt độ, với ngưỡng đặt tại "Nhiệt độ hoạt động  $\geq 30^{\circ}C$ ".

## TÔI CÓ NÊN ĐẶT TẨM PIN MẶT TRỜI TRÊN ĐÓ? CÓ ĐI CHUYẾN QUANH ĐÂY KHÔNG? CÓ CƠ HỘI ĐƯỢC SẠC HOẶC THAY PIN ĐỊNH KY KHÔNG? GẨN ĐÓ CÓ KHOẢNG TRỐNG NÂO ĐẾ ĐỀ ĐẶT TẨM PIN HƠN KHÔNG? CHÁC CHÂN KHI HOẠT ĐÔNG, NÓ CÓ NÔNG KHI CHAM VÃO HAHA CHÚC CÓ MAY MẮN CHẾ Cổ THỂ

Hình 1: Bài toán cây quyết đinh trong đời sống.

### 1.1 Thuật toán cây quyết định

Mặc dù cây quyết định là một mô hình, ta vẫn chưa đề cập đến quá trình học cây cho một tập dữ liệu cụ thể. Hai thuật toán phổ biến để học tham số và đặc trưng trong cây là:

- CART (Classification and Regression Trees) tối ưu theo chỉ số Gini.
- ID3 (Iterative Dichotomiser 3) tối ưu theo information quin.

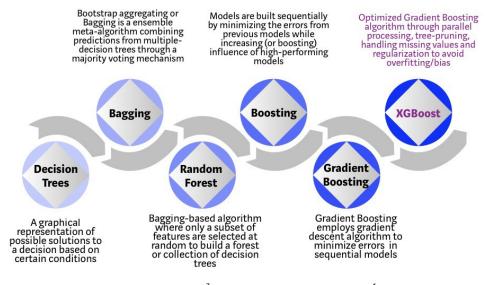
Về mặt khái niệm, các thuật toán huấn luyện cây quyết định hoạt động theo cách tham lam: chọn đặc trưng tốt nhất để phân tách dữ liệu huấn luyện, và lặp lại quá trình này cho từng nhánh. Trong ID3, ta xác định đặc trưng tối ưu bằng information gain, tức sự chênh lệch entropy trước và sau khi phân tách. Nguồn: https://geohackweek.github.io/machine-learning/01-tree-based/

#### Nhược điểm của cây quyết định

- **Dễ bị quá khớp (overfitting)**: nếu cây phát triển quá sâu, mô hình sẽ học cả nhiễu thay vì quy luật chung.
- **Không ổn định**: chỉ cần thay đổi nhỏ trong dữ liệu huấn luyện cũng có thể dẫn tới một cấu trúc cây hoàn toàn khác.
- Khó khái quát hóa: hiệu quả dự đoán trên dữ liệu mới thường không cao bằng các mô hình phức tạp hơn.
- Thiên lệch đối với đặc trưng có nhiều giá trị: các đặc trưng dạng phân loại với nhiều mức giá trị có thể chiếm ưu thế trong quá trình tách.

## 1.2 Sự phát triển các mô hình khác

Do những hạn chế trên, các nhà nghiên cứu đã phát triển các phương pháp nâng cao như **Bagging**, **Random Forest**, và **Boosting**. Những mô hình này kết hợp nhiều cây quyết định lại với nhau, giúp giảm thiểu overfitting, tăng độ ổn định, và cải thiện đáng kể hiệu năng dự đoán. Đây chính là bước tiến quan trọng trong sự phát triển của học máy dựa trên cây.



Hình 2: Sư phát triển của thuật toán cây quyết định

#### 1.2.1 Phương pháp Bagging - Random Forest

Một tập hợp lớn các cây thì được gọi là gì? **Một khu rừng!**. Rừng ngẫu nhiên là một tập hợp rất nhiều cây quyết định. Số lượng cây trong mô hình được kiểm soát bằng siêu tham số, thường dao động từ vài trăm đến vài nghìn.

Trong phân loại, kết quả được xác định bằng **mode** của các đầu ra từ tất cả các cây. Trong hồi quy, ta thường lấy **trung bình** các giá trị đầu ra.

#### Ưu điểm

- Giảm hiện tượng overfitting mà cây đơn lẻ dễ mắc phải.
- Cho độ chính xác dự đoán cao hơn nhiều.
- Mạnh mẽ hơn, ít bị ảnh hưởng bởi nhiễu nhỏ trong tập dữ liệu.

#### Nhược điểm

- Huấn luyện tốn nhiều tài nguyên tính toán hơn.
- Khó diễn giải hơn so với cây quyết đinh đơn lẻ.

Sự khác biệt giữa bagging và rừng ngẫu nhiên:

- Bagging: chon ngẫu nhiên các mẫu huấn luyên (có hoàn lai), huấn luyên nhiều cây độc lập.
- Random Forest: ngoài việc chọn mẫu ngẫu nhiên, còn chọn **tập con đặc trưng** ngẫu nhiên tại mỗi nút tách.

#### 1.2.2 Các phương pháp Boosting

Ngoài rừng ngẫu nhiên, các biến thể khác của mô hình cây đã được phát triển để cải thiện độ chính xác. Khác với bagging (các cây có thể xây dựng song song), boosting xây dựng cây **tuần tự**: mỗi cây mới nhằm sửa lỗi còn lại từ cây trước.

#### AdaBoost

- Tăng trong số cho những quan sát bị phân loại sai.
- Ép các cây tiếp theo tập trung hơn vào những điểm khó.

#### **Gradient Boosting**

- Giảm lỗi bằng cách mô hình hóa residuals (sai số còn lai).
- Giả sử mô hình hiện tại là  $F_m(x)$ , ta xây thêm một hàm h(x) để dự đoán residuals:

$$F_{m+1}(x) = F_m(x) + h(x).$$

• Quá trình này tiếp tục cho đến khi đạt số cây m mong muốn.

#### XGBoost - Chuẩn mực vàng

Một triển khai nổi tiếng của gradient boosting là **XGBoost**, do Tianqi Chen phát triển khi còn là nghiên cứu sinh tại Đại học Washington. Đóng góp nổi bật:

- Thuật toán nhận biết thưa thớt (sparsity-aware).
- Kỹ thuật weighted quantile sketch để chia nhánh xấp xỉ.
- Tối ưu truy cập bộ nhớ đệm, song song hóa, và nhiều cải tiến hiệu năng khác.

Nhờ vậy, XGBoost cực kỳ nhanh, mạnh, và đã trở thành "vũ khí bí mật" trong nhiều cuộc thi Kaggle cũng như ứng dụng thực tế.

#### LightGBM – Tăng tốc và hiệu quả

**LightGBM** (Light Gradient Boosting Machine) là một thuật toán boosting được Microsoft phát triển năm 2017, tối ưu hóa hiệu suất và bộ nhớ so với các triển khai gradient boosting truyền thống. Đặc điểm nổi bất:

- Sử dụng thuật toán *Leaf-wise growth* (phát triển theo lá) thay vì *Level-wise*, giúp giảm lỗi nhanh hơn.
- Hỗ trơ Histogram-based splitting, giảm đáng kể chi phí tính toán và bô nhớ.
- Xử lý tốt dữ liệu lớn và phân tán nhờ khả năng huấn luyện song song, đồng thời hỗ trợ GPU.
- Hiệu quả đặc biệt với tập dữ liệu nhiều đặc trưng (high-dimensional) và quy mô hàng triệu mẫu.

Nhờ những cải tiến này, LightGBM trở thành lựa chọn phổ biến trong các ứng dụng thực tế, nơi vừa cần tốc đô huấn luyên cao, vừa đảm bảo đô chính xác dư đoán.

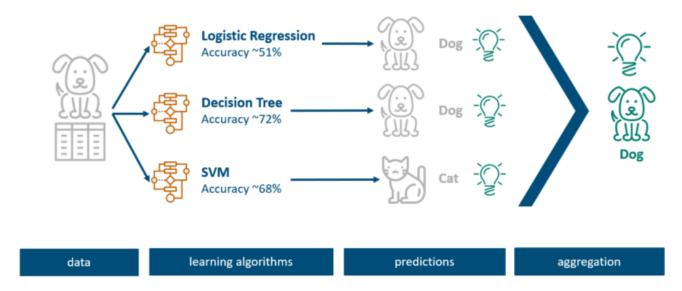
## ${f 2}$ Ensemble Learning: ${f \acute{Y}}$ tưởng chính

#### Khái niêm cơ bản

Ý tưởng chính của ensemble learning là kết hợp nhiều mô hình khác nhau để cùng giải quyết một nhiệm vụ. Trong khi mô hình đơn lẻ chỉ dùng một thuật toán, bagging và boosting kết hợp nhiều mô hình yếu để tao dư đoán ổn đinh hơn.

#### Ví du: Phân loai ảnh

Giả sử ta có một tập ảnh gán nhãn (chó, mèo, ...). Nếu huấn luyện logistic regression, cây quyết định và SVM, kết quả trên một mẫu có thể khác nhau: Logistic regression và cây quyết định dự đoán là chó, nhưng SVM lai dư đoán là mèo.



Hình 3: Ví dụ trong phân loại hình ảnh

Ensemble learning giải quyết bằng cách kết hợp tất cả các mô hình, thay vì chọn duy nhất một mô hình có độ chính xác cao nhất. Quá trình này gọi là **aggregation** hoặc **voting**.

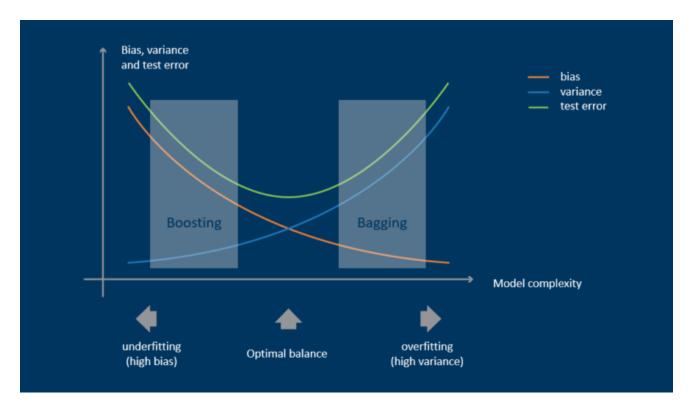
#### Bias-Variance Trade-off

Mối quan hệ giữa bias và variance:

- Giảm variance  $\rightarrow$  tăng bias.
- Giảm bias  $\rightarrow$  tăng variance.

Mục tiêu là cân bằng để sai số kiểm thử (test error) được tối thiểu. Ensemble learning giúp cân bằng hai cực đoan này. Trong đó:

- Bagging giảm variance để tránh overfitting.
- Boosting giảm bias để tránh underfitting.



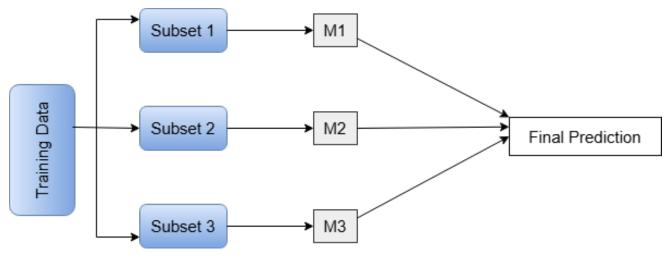
Hình 4: Bias\_variance trade-off

#### 2.1 Bagging (Bootstrap Aggregation)

Bagging tạo ra nhiều tập con bằng cách lấy mẫu ngẫu nhiên có hoàn lại từ tập huấn luyện. Mỗi tập con huấn luyện một mô hình riêng biệt. Kết quả cuối cùng là trung bình (hồi quy) hoặc bỏ phiếu đa số (phân loại).

## Đặc điểm

- Các mô hình được huấn luyện song song.
- Giảm variance, tránh overfitting.
- Tương tự ví dụ phân loại chó-mèo ở trên.



Hình 5: Bagging

#### Random Forest

Một mở rộng nổi tiếng của bagging là **Random Forest**. Khác với bagging, random forest không chỉ chọn mẫu dữ liệu ngẫu nhiên mà còn chọn ngẫu nhiên tập con đặc trưng ở mỗi bước phân tách.

### Ví dụ code nguồn Bagging

```
from sklearn.ensemble import BaggingClassifier
from sklearn.linear_model import LogisticRegression

# base estimator
est = LogisticRegression()

# n_estimators = số lượng mô hình trong ensemble
# max_samples = số mẫu lấy ra để huấn luyện mỗi mô hình
bag_model = BaggingClassifier(base_estimator=est, n_estimators=10, max_samples=1.0)

bag_model = bag_model.fit(X_train, y_train)
Prediction = bag_model.predict(X_test)
```

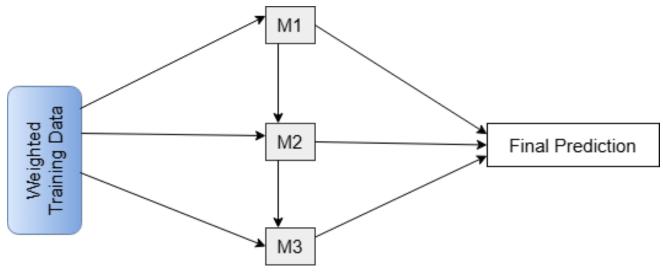
#### 2.2 Boosting

**Boosting** là một biến thể của bagging nhưng xây dựng **tuần tự**. Trong khi bagging giảm variance, boosting tập trung vào việc giảm bias.

#### Nguyên lý

- 1. Huấn luyện mô hình yếu ban đầu.
- 2. Xác định các mẫu bị phân loại sai.
- 3. Tăng trọng số cho các mẫu này và huấn luyện mô hình mới.
- 4. Kết hợp mô hình mới với mô hình trước đó.

Quá trình này lặp lại nhiều lần cho đến khi đạt hiệu năng mong muốn.



Hình 6: Boosting

#### Đặc điểm

- Mỗi mô hình sau tập trung nhiều hơn vào điểm dữ liệu khó.
- Kết hợp bằng cách gán trong số khác nhau cho các mô hình.
- Có thể giảm underfitting, nhưng cũng dễ dẫn đến overfitting.

## Ví dụ code nguồn Boosting (AdaBoost)

```
from sklearn.ensemble import AdaBoostClassifier
from sklearn.tree import DecisionTreeClassifier

# base estimator
est = DecisionTreeClassifier(max_depth=1)

# n_estimators = số vòng lặp
# learning_rate = tốc độ học
boost_model = AdaBoostClassifier(base_estimator=est, n_estimators=10, learning_rate=1.0)

boost_model = boost_model.fit(X_train, y_train)
Prediction = boost_model.predict(X_test)
```

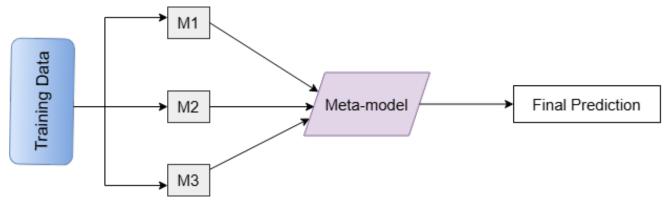
#### 2.3 Stacking

**Stacking** là một phương pháp ensemble nâng cao, khác với bagging và boosting ở cách kết hợp các mô hình. Thay vì chỉ *trung bình* hay *bỏ phiếu*, stacking sử dụng một **mô hình meta-learner** để học cách kết hợp tối ưu từ các mô hình con.

#### Nguyên lý

1. Huấn luyện nhiều mô hình cơ sở (base models) khác nhau như Logistic Regression, Decision Tree, SVM, Random Forest, v.v.

- 2. Thu thập dự đoán từ các mô hình này trên tập validation để tạo thành một **tập dữ liệu mới**.
- 3. Huấn luyện một mô hình thứ cấp (meta-model) trên tập dữ liệu này để học cách gán trọng số/ưu tiên giữa các mô hình con.



Hình 7: Stacking

## Đặc điểm

- Tận dụng điểm mạnh của nhiều loại mô hình khác nhau, thay vì chỉ lặp lại cùng một thuật toán (như bagging/boosting).
- Meta-learner có thể là bất kỳ mô hình nào (thường là Logistic Regression hoặc XGBoost).
- Thường cho hiệu quả cao trong các bài toán phức tạp (ví du: các cuộc thi Kaggle).

#### Ví dụ minh họa

```
final_estimator=meta_model
)
stack_model.fit(X_train, y_train)
Prediction = stack_model.predict(X_test)
```

#### 2.4 So sánh Bagging, Boosting và Stacking

- Bagging: nhiều mô hình cùng loại, huấn luyện song song, giảm variance.
- Boosting: nhiều mô hình yếu, huấn luyện tuần tự, giảm bias.
- Stacking: nhiều mô hình khác loại, kết hợp bằng meta-model để tối ưu hóa.

## 3 Chi tiết thuật toán cây

Để minh hoạ, ta sử dụng một tập dữ liệu nhỏ nhị phân (8 mẫu):

ID	A = Hút thuốc	B = Ho khan	Nhãn $y$ (Bệnh=1)
1	1	1	1
2	1	0	1
3	1	1	0
4	1	0	1
5	0	1	1
6	0	1	0
7	0	0	0
8	0	0	0

Tổng cộng: 4 dương, 4 âm.

#### 3.1 Decision Tree

#### 3.1.1 Nguyên lý lựa chọn split

Với bài toán phân loại nhị phân, hai tiêu chuẩn phổ biến:

Entropy & Information Gain (ID3/C4.5).

$$H(S) = -\sum_{c \in \{0,1\}} p_c \log_2 p_c, \qquad \text{Gain}(S, X) = H(S) - \sum_{v \in \text{values}(X)} \frac{|S_v|}{|S|} H(S_v).$$

Gini (CART).

$$Gini(S) = 1 - \sum_{c \in \{0,1\}} p_c^2.$$

#### 3.1.2 Nguyên lý hoạt động

(1) Tính tay: Entropy gốc

$$p_1 = p_0 = 0.5 \Rightarrow$$

$$H(S) = -0.5 \log_2 0.5 - 0.5 \log_2 0.5 = -0.5(-1) - 0.5(-1) = 1$$
 bit.

#### (2) Tính tay: So sánh hai split ở gốc

Split theo A. Hai nhánh đều có 4 mẫu:

• A = 1:  $(3 \text{ duong}, 1 \text{ âm}) \Rightarrow p_1 = \frac{3}{4}, p_0 = \frac{1}{4}$ .  $H(S_{A=1}) = -\frac{3}{4} \log_2 \frac{3}{4} - \frac{1}{4} \log_2 \frac{1}{4} = -0.75(-0.415037) - 0.25(-2) \approx 0.311278 + 0.5 = 0.811278.$ 

• A = 0: đối xứng  $(1,3) \Rightarrow H(S_{A=0}) = 0.811278$ .

Entropy sau tách (trọng số = 4/8 = 0.5 mỗi nhánh):

$$H_{\text{after}}(A) = 0.5 \times 0.811278 + 0.5 \times 0.811278 = 0.811278.$$

$$Gain(S, A) = 1 - 0.811278 = 0.188722.$$

**Split theo** B. Mỗi nhánh có 2 dương và 2 âm  $\Rightarrow H = 1$ .

$$H_{\text{after}}(B) = 1,$$
  $Gain(S, B) = 1 - 1 = 0.$ 

**Kết luận**: Chọn A làm thuộc tính ở nút gốc.

#### (3) Tính tay: Split cấp 2 bên trong từng nhánh của A

Xét splitting tiếp theo theo B.

**Tại nhánh** A=1. Tập con:  $\{(1,1,1),(1,0,1),(1,1,0),(1,0,1)\}$  với  $H_{\text{trước}}=0.811278$ .

- B = 0:  $\{(1,0,1),(1,0,1)\} \Rightarrow (2,0) \Rightarrow H = 0$ .
- $B = 1: \{(1, 1, 1), (1, 1, 0)\} \Rightarrow (1, 1) \Rightarrow H = 1.$

Trong node A = 1, trong số mỗi nhánh bằng 2/4 = 0.5:

$$H_{\text{sau}} = 0.5 \times 0 + 0.5 \times 1 = 0.5, \quad \boxed{\text{Gain}_{A=1}(B) = 0.811278 - 0.5 = 0.311278.}$$

**Tại nhánh** A = 0. Tập con:  $\{(0, 1, 1), (0, 1, 0), (0, 0, 0), (0, 0, 0)\}$  với  $H_{\text{trước}} = 0.811278$ .

- B = 0:  $\{(0,0,0),(0,0,0)\} \Rightarrow (0,2) \Rightarrow H = 0$ .
- B = 1:  $\{(0, 1, 1), (0, 1, 0)\} \Rightarrow (1, 1) \Rightarrow H = 1$ .

$$Gain_{A=0}(B) = 0.811278 - 0.5 = 0.311278.$$

#### (4) Tính tay theo tiêu chuẩn Gini

Tại gốc:  $p_1 = p_0 = 0.5 \Rightarrow \text{Gini}(S) = 1 - (0.5^2 + 0.5^2) = 0.5.$ 

$$Gini(A=1) = Gini(A=0) = 1 - \left[ \left( \frac{3}{4} \right)^2 + \left( \frac{1}{4} \right)^2 \right] = 0.375.$$

$$\operatorname{Gini\_after}(A) = 0.5 \times 0.375 + 0.5 \times 0.375 = 0.375 \Rightarrow \boxed{\operatorname{Gini} \; \operatorname{Gain}(A) = 0.5 - 0.375 = 0.125.}$$

Với B: hai nhánh cân bằng  $(2,2) \Rightarrow \text{Gini} = 0.5 \Rightarrow \text{gain} = 0.$ 

#### 3.1.3 Đối chiếu bằng code Python

code dưới đây tính lại entropies/gains "bằng tay", huấn luyện DecisionTreeClassifier với cả entropy và gini (giới hạn max\_depth = 1 để so sánh split ở gốc), và in cây kết quả.

```
import math, pandas as pd
from sklearn.tree import DecisionTreeClassifier, export_text
# Dataset
df = pd.DataFrame([
    (1,1,1),(1,0,1),(1,1,0),(1,0,1),
    (0,1,1),(0,1,0),(0,0,0),(0,0,0)],
    columns=["A","B","y"])
def entropy(counts):
   total = sum(counts);
   return 0.0 if total==0 else \
      sum([-(c/total)*math.log(c/total,2) for c in counts if c>0])
def gini(counts):
   total = sum(counts);
   return 0.0 if total==0 else \
      1.0 - sum([(c/total)**2 for c in counts])
# Root
pos, neg = int((df.y==1).sum()), int((df.y==0).sum())
H_root = entropy([pos,neg])
                                 # -> 1.0
G_root = gini([pos,neg])
                                   # -> 0.5
def gain_for(feature, impurity):
    # impurity: pass entropy or gini function
   after = 0.0
    for v, sub in df.groupby(feature):
        p = int((sub.y==1).sum()); n = int((sub.y==0).sum())
        after += (len(sub)/len(df)) * impurity([p,n])
    before = impurity([pos,neg])
   return before - after, after
gain_A_ent, after_A_ent = gain_for("A", entropy)
                                                   # -> 0.1887218755, 0.8112781
gain_B_ent, after_B_ent = gain_for("B", entropy)
                                                   # -> 0.0, 1.0
gain_A_gini, after_A_gini = gain_for("A", gini) # -> 0.125, 0.375
gain_B_gini, after_B_gini = gain_for("B", gini)
                                                 # -> 0.0, 0.5
# Train depth-1 trees to confirm split at root
X = df[["A","B"]].values; y = df["y"].values
clf_ent = DecisionTreeClassifier(criterion="entropy", max_depth=1, random_state=0).fit(X,y)
clf_gin = DecisionTreeClassifier(criterion="gini", max_depth=1, random_state=0).fit(X,y)
print(export_text(clf_ent, feature_names=["A","B"]))
```

print(export\_text(clf\_gin, feature\_names=["A","B"])) # (giống hệt: split theo A) Tính toán theo entropy |--- A <= 0.50 |--- class: 0 |--- A > 0.50 |--- class: 1 Decision Tree (criterion='entropy', max\_depth=2) Decision Tree (criterion='gini', max depth=2) Tính toán theo gini |--- A <= 0.50 |--- class: 0 |--- A > 0.50 |--- class: 1 (a) Kết quả từ Python code (b) Cây với Entropy (c) Cây với Gini

Hình 8: So sánh các kết quả Decision Tree: code chạy, Entropy và Gini

#### Kết luận đối chiếu.

- Entropy gốc = 1.0000; sau tách theo  $A = 0.811278 \Rightarrow \text{Gain} = 0.188722$  (**khớp** code).
- Gini gốc = 0.5; sau tách theo  $A = 0.375 \Rightarrow$  Gini-Gain = 0.125 (**khớp** code).
- Cây độ sâu 1 từ scikit-learn đều chọn A ở gốc; chính xác huấn luyện = 75% (sai 2 mẫu: (A=1,y=0) và (A=0,y=1)).

#### 3.1.4 Gợi ý cắt tỉa (pruning)

Để tránh overfitting: pre-pruning (giới hạn max\_depth, min\_samples\_leaf, min\_impurity\_decrease) hoặc post-pruning dạng chi phí-độ phức tạp:

$$\min_{T} \operatorname{Loss_{val}}(T) + \alpha |T|,$$

với |T| là số lá,  $\alpha > 0$  điều chỉnh mức phat đô phức tạp.

## Ví dụ cắt tỉa cây (Cost-Complexity Pruning)

**Định nghĩa.** Với một cây T (chỉ quan tâm các  $l\acute{a}$ ), đặt

$$R(T) = \sum_{t \in \mathcal{L}(T)} p(t) I(t), \quad \text{và} \quad R_{\alpha}(T) = R(T) + \alpha |\mathcal{L}(T)|,$$

trong đó  $p(t) = \frac{N_t}{N}$  là tỉ lệ mẫu đi vào lá t, I(t) là độ mất mát tại lá (ở đây dùng **entropy**),  $|\mathcal{L}(T)|$  là số lá, và  $\alpha \geq 0$  là hệ số phạt độ phức tạp.

Ba ứng viên cây cần so sánh. Với tập dữ liệu 8 mẫu, cây "đầy đủ"  $T_{\text{full}}$  tách gốc theo A, sau đó mỗi nhánh lại tách theo B (4 lá). Hai cây  $d\sigma n$  giản  $h\sigma n$ :

- (i)  $T_{1-\text{split}}$ : chỉ tách ở gốc theo A (2 lá);
- (ii)  $T_{\text{root}}$ : không tách gì (1 lá).

**Tính entropy từng lá và** R(T).  $Cây đầy đủ <math>T_{\text{full}}$  có bốn lá, mỗi lá chứa 2 mẫu (p(t) = 2/8 = 0.25):

- $A=1, B=0: (2,0) \Rightarrow I=0;$
- $A=1, B=1: (1,1) \Rightarrow I=1;$
- $A=0, B=0: (0,2) \Rightarrow I=0;$
- $A=0, B=1: (1,1) \Rightarrow I=1.$

Suy ra

$$R(T_{\text{full}}) = \sum_{t} p(t)I(t) = 0.25 \cdot (0 + 1 + 0 + 1) = \boxed{0.5}, \qquad |\mathcal{L}| = 4.$$

 $Cây \ một \ lần tách \ T_{1-\text{split}}$  (tách theo A): mỗi lá có 4 mẫu (p=0.5) và phân bố (3,1) hoặc (1,3) nên

$$I = -\frac{3}{4}\log_2\frac{3}{4} - \frac{1}{4}\log_2\frac{1}{4} = \boxed{0.811278}$$

Do đó

$$R(T_{1-\text{split}}) = 0.5 \cdot 0.811278 + 0.5 \cdot 0.811278 = \boxed{0.811278}, \qquad |\mathcal{L}| = 2.$$

 $C\hat{a}y$  gốc  $T_{\text{root}}$ : chỉ một lá chứa toàn bộ 8 mẫu, tỉ lệ (4,4) nên

$$R(T_{\text{root}}) = H(\frac{1}{2}, \frac{1}{2}) = \boxed{1.0}, \qquad |\mathcal{L}| = 1.$$

Điểm cắt tỉa yếu nhất (weakest link). Theo lý thuyết cost–complexity, một nút (hoặc một tiểu cây) nên bị cắt khi  $\alpha$  vượt quá

$$\alpha^* = \frac{R(T_{\text{sub}}) - R(T)}{|\mathcal{L}(T)| - |\mathcal{L}(T_{\text{sub}})|}.$$

Với ba mức cây ở trên, ta có hai ngưỡng:

1. So sánh  $T_{\text{full}}$  (4 lá) với  $T_{1\text{-split}}$  (2 lá):

$$\alpha_1 = \frac{0.811278 - 0.5}{4 - 2} = \boxed{0.155639}.$$

Nghĩa là khi  $\alpha > \alpha_1$ , chi phí  $R_{\alpha}$  của cây 4 lá vượt  $T_{1\text{-split}}$ , nên **cắt** về cây 2 lá.

2. So sánh  $T_{1\text{-split}}$  (2 lá) với  $T_{\text{root}}$  (1 lá):

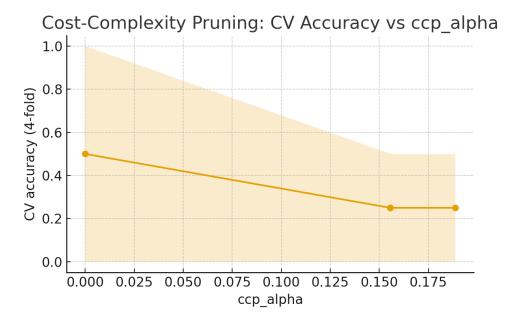
$$\alpha_2 = \frac{1.0 - 0.811278}{2 - 1} = \boxed{0.188722}.$$

Khi  $\alpha > \alpha_2$ , tiếp tục **cắt** về cây gốc (1 lá).

Kết luận theo  $\alpha$ .

$$T^*(\alpha) = \begin{cases} T_{\text{full}}, & 0 \le \alpha < 0.155639, \\ T_{1\text{-split}}, & 0.155639 \le \alpha < 0.188722, \\ T_{\text{root}}, & \alpha \ge 0.188722. \end{cases}$$

Các ngưỡng  $\alpha_1$  và  $\alpha_2$  trùng khớp với đường cắt tỉa trả về bởi sklearn (ccp\_alphas  $\approx 0.155639$  và 0.188722), xác thực phép tính tay.



Hình 9: Kết quả cắt tỉa cây trả về bởi sklearn

#### 3.2 Random Forest

Random Forest (**Breiman, 2001**) là một phương pháp *ensemble* dựa trên ý tưởng *Bagging* (Bootstrap Aggregating), nhưng bổ sung thêm sự ngẫu nhiên khi lựa chọn tập thuộc tính tại mỗi nút.

- Bagging: với tập dữ liệu gốc D gồm n mẫu, sinh ra B tập con  $D_b$  (bootstrap) bằng cách lấy ngẫu nhiên có hoàn lại n mẫu. Với mỗi  $D_b$ , huấn luyện một cây  $T_b$ .
- Random subspace: khi xây dựng  $T_b$ , tại mỗi nút chỉ xem xét m thuộc tính (với m < d, d là tổng số thuộc tính) để tìm split tốt nhất.

Dự đoán cuối cùng:

$$\hat{y}(x)=\text{majority}\{T_b(x):b=1,\ldots,B\}$$
 (phân loại), 
$$\hat{y}(x)=\frac{1}{B}\sum_{i=1}^BT_b(x)$$
 (hồi quy).

Ý nghĩa:

- Bagging  $\Rightarrow$  giảm phương sai.
- Random subspace ⇒ giảm tương quan giữa các cây ⇒ tăng hiệu quả khi lấy phiếu/trung bình.

Random Forest là baseline manh:

- Hạn chế overfitting, đặc biệt khi B lớn.
- Làm việc tốt với dữ liệu pha trộn (biến số, biến rời rạc).
- Có ước lượng quan trọng thuộc tính (feature importance) thông qua giảm Gini/Entropy hoặc hoán vị ngẫu nhiên (Permutation Importance).

Điểm yếu: kích thước mô hình lớn, thời gian dự đoán chậm hơn cây đơn, ít trực quan để diễn giải từng quyết định cá nhân.

#### 3.2.1 OOB Error

Một mẫu  $x_i$  có xác suất không xuất hiện trong một bootstrap bất kỳ là

$$\left(1 - \frac{1}{n}\right)^n \xrightarrow{n \to \infty} e^{-1} \approx 0.368.$$

Do đó trung bình 36.8% mẫu không được chọn trong một bootstrap cụ thể. Các mẫu này được gọi là **out-of-bag (OOB)** đối với cây  $T_b$ .

Dự đoán nhãn  $x_i$  bằng đa số phiếu chỉ từ những cây mà  $x_i$  là OOB. Sai số OOB thu được là một ước lượng không thiên lệch của sai số tổng quát, thường thay thế được cho cross-validation.

#### 3.2.2 Nguyên lý hoạt động

Để thấy rõ cách Random Forest hoạt động, ta sẽ mô phỏng bằng tay với B=3 cây quyết định, huấn luyên trên tâp 8 mẫu ở phần Decision Tree.

**Bước 1: Sinh bootstrap.** Mỗi bootstrap chọn ngẫu nhiên n = 8 mẫu *có hoàn lại* từ tập gốc. Ví dụ:

- Bootstrap  $D_1$ :  $\{1,2,3,4,5,6,6,7\}$
- Bootstrap  $D_2$ : {1,1,2,3,5,5,8,8}
- Bootstrap  $D_3$ : {2,3,4,4,6,7,7,8}

Như vậy, mỗi tập có mẫu bi lặp lai và cũng có mẫu không xuất hiện (OOB).

Bước 2: Huấn luyện cây trên từng bootstrap. Ta giới hạn độ sâu = 1 để dễ tính toán.

- Với  $D_1$ : tỉ lệ (A=1) trội hơn  $\Rightarrow$  split theo A. Gain theo Entropy  $\approx 0.189$ , như đã tính. Cây  $T_1$ : gốc A.
- Với D₂: do chọn trùng nhiều mẫu có B = 1, phân bố gần cân bằng ⇒ split theo B cũng có thể xuất hiện. Gain theo Entropy ở B trong bootstrap này nhỏ, nhưng nếu chỉ xét một thuộc tính (m = 1), T₂ buộc chọn B.
- Với  $D_3$ : phần lớn mẫu có A=0, nên split theo A vẫn cho gain cao hơn. Cây  $T_3$ : gốc A.

Kết quả:  $T_1$  và  $T_3$  chọn A,  $T_2$  chọn B.

**Bước 3: Bỏ phiếu đa số.** Khi dự đoán một mẫu mới, Random Forest lấy dự đoán của cả ba cây rồi bỏ phiếu:

```
\hat{y}(x) = \text{majority}\{T_1(x), T_2(x), T_3(x)\}. Ví dụ:

• Mẫu (A=1, B=0):

• T_1: dự đoán bệnh (dựa vào nhánh A=1 nhiều dương).

• T_2: split theo B, B=0 \Rightarrow dự đoán bệnh.

• T_3: dự đoán bệnh (giống T_1).

\Rightarrow Đa số phiếu: Bệnh.

• Mẫu (A=0, B=0):

• T_1: dự đoán không bệnh.

• T_2: split theo B, B=0 \Rightarrow dự đoán không bệnh.

• T_3: dự đoán không bệnh.
```

Bước 4: Sai số OOB (Out-of-Bag). Xét mẫu số 8: (A = 0, B = 0, y = 0). Trong ba bootstrap:

- $D_1$  không chứa mẫu  $8 \Rightarrow OOB$  cho  $T_1$ .
- $D_2$  chứa mẫu 8 hai lần  $\Rightarrow$  không OOB cho  $T_2$ .
- $D_3$  chứa mẫu  $8 \Rightarrow$  không OOB cho  $T_3$ .

Vậy dự đoán OOB cho mẫu 8 chỉ đến từ  $T_1$ : dự đoán đúng y=0. Lặp lại cho toàn bộ 8 mẫu, ta có thể tính sai số OOB = số mẫu OOB bị dự đoán sai / tổng số dự đoán OOB. Trên tập nhỏ này, kết quả OOB khớp với sai số huấn luyện  $\approx 25\%$ .

#### 3.2.3 Đối chiếu bằng code Python

```
# Random Forest: sklearn 00B vs manual 00B
rf = RandomForestClassifier(
    n_estimators=200,
    criterion="entropy",
    max_depth=2,
    max_features=1,  # encourage diversity
    bootstrap=True,
    oob_score=True,
    random_state=42
)
rf.fit(X, y)
sklearn_train_acc = accuracy_score(y, rf.predict(X))
sklearn_oob_score = rf.oob_score_
sklearn_feature_importances = rf.feature_importances_
```

```
sklearn_cm = confusion_matrix(y, rf.predict(X))
# Manual bagging
rng = np.random.RandomState(42)
B = 200
trees = []
oob_sets = []
for b in range(B):
    idx = rng.randint(0, len(df), size=len(df)) # bootstrap indices
    oob = np.setdiff1d(np.arange(len(df)), np.unique(idx))
    oob_sets.append(oob)
    clf = DecisionTreeClassifier(criterion="entropy", max_depth=2, random_state=1000+b)
    clf.fit(X[idx], y[idx])
    trees.append(clf)
def majority_vote(preds):
    c = Counter(preds)
    if len(c) == 0:
        return None
    most_common = c.most_common()
    # tie-break: choose 0 for determinism
    if len(most_common) >= 2 and most_common[0][1] == most_common[1][1]:
        return 0
    return most_common[0][0]
# manual train accuracy
manual_preds = []
for i in range(len(df)):
    votes = [tree.predict(X[i].reshape(1,-1))[0] for tree in trees]
    manual_preds.append(majority_vote(votes))
manual_train_acc = accuracy_score(y, manual_preds)
manual_cm = confusion_matrix(y, manual_preds)
# manual OOB accuracy
oob_preds = [None]*len(df)
oob_count = np.zeros(len(df), dtype=int)
for b, tree in enumerate(trees):
    oob = oob_sets[b]
    preds = tree.predict(X[oob])
    for j, idx in enumerate(oob):
        if oob_preds[idx] is None:
            oob_preds[idx] = []
        oob_preds[idx].append(preds[j])
        oob_count[idx] += 1
oob final = []
oob_true = []
```

```
for i in range(len(df)):
    if oob_count[i] > 0:
        oob_final.append(majority_vote(oob_preds[i]))
        oob_true.append(y[i])
manual_oob_acc = accuracy_score(oob_true, oob_final)
comparison = pd.DataFrame({
    "Metric": [
        "Train Accuracy",
         "OOB Accuracy",
         "Feature Importance: A",
         "Feature Importance: B"
    ],
    "sklearn_RF": [
        f"{sklearn_train_acc:.3f}",
        f"{sklearn_oob_score:.3f}",
        f"{sklearn_feature_importances[0]:.3f}",
        f"{sklearn_feature_importances[1]:.3f}",
    ],
    "Manual_Bagging": [
        f"{manual_train_acc:.3f}",
        f"{manual_oob_acc:.3f}",
        "-", "-"
})
                        === Random Forest (sklearn) ===
                        Train acc = 0.750, OOB acc = 0.500
                        Feature importances (A,B) = [0.64783428 0.35216572]
                        Confusion matrix (train):
                        [[3 1]
                        [1 3]]
                        === Random Forest (manual bagging) ===
                        Train acc = 0.750, OOB acc = 0.500
                        Confusion matrix (train):
                        [[4 0]
                         [2 2]]
```

Hình 10: So sánh giữa xây Random Forest bằng sklearn và tính tay

#### 3.3 AdaBoost

#### 3.3.1 Nguyên lý

AdaBoost (Freund & Schapire, 1997) là thuật toán boosting phổ biến, kết hợp nhiều mô hình yếu (weak learners) như **decision stump** (cây 1 nút). Ý tưởng: mỗi vòng lặp t, ta huấn luyện một stump  $h_t$  trên phân phối trọng số  $w^{(t)}$  của dữ liệu; stump tốt sẽ có lỗi  $\epsilon_t < 0.5$ . Sau đó ta gán cho nó một hệ số  $\alpha_t$  tỷ lệ thuận với độ chính xác và cập nhật lại trọng số mẫu: mẫu sai bị phạt nặng hơn, để vòng sau được chú ý hơn.

 AdaBoost phù hợp khi dữ liệu ít nhiễu và có nhiều mẫu dễ phân loại, vì nó tập trung vào các mẫu khó.

- Mỗi weak learner rất đơn giản (thường là stump), nhưng kết hợp nhiều vòng cho độ chính xác cao.
- Han chế: nhay cảm với ngoại lê và nhiễu, vì các điểm "bất thường" sẽ bi đẩy trong số rất lớn.

Công thức tổng quát:

$$\epsilon_t = \sum_{i=1}^n w_i^{(t)} [y_i \neq h_t(x_i)], \qquad \alpha_t = \frac{1}{2} \ln \frac{1 - \epsilon_t}{\epsilon_t},$$
$$w_i^{(t+1)} \propto w_i^{(t)} \exp(-\alpha_t y_i h_t(x_i)).$$

Cuối cùng, dư đoán của mô hình là dấu của tổng có trong số:

$$H(x) = \operatorname{sign}\left(\sum_{t=1}^{T} \alpha_t h_t(x)\right).$$

#### Chứng minh công thức $\alpha_t$

AdaBoost tối thiểu hoá **exponential loss**:

$$L = \sum_{i=1}^{n} \exp(-y_i F(x_i)), \qquad F(x) = \sum_{t=1}^{T} \alpha_t h_t(x).$$

Xét vòng t, giả sử ta đã có  $F_{t-1}(x)$ , thêm stump  $h_t$  với trọng số  $\alpha_t$ :

$$L^{(t)} = \sum_{i=1}^{n} w_i^{(t)} \exp(-\alpha_t y_i h_t(x_i)),$$

với  $w_i^{(t)} = \exp(-y_i F_{t-1}(x_i)).$ 

Tách thành hai nhóm:

$$L^{(t)} = \exp(-\alpha_t) \sum_{i: y_i = h_t(x_i)} w_i^{(t)} + \exp(+\alpha_t) \sum_{i: y_i \neq h_t(x_i)} w_i^{(t)}.$$

Đặt

$$W_{+} = \sum_{i:y_{i}=h_{t}(x_{i})} w_{i}^{(t)} = 1 - \epsilon_{t}, \quad W_{-} = \sum_{i:y_{i}\neq h_{t}(x_{i})} w_{i}^{(t)} = \epsilon_{t},$$

(sau khi chuẩn hoá  $w_i^{(t)}$  thành phân phối). Ta cần chọn  $\alpha_t$  để tối thiểu hoá:

$$L^{(t)}(\alpha_t) = W_+ \exp(-\alpha_t) + W_- \exp(\alpha_t).$$

Lấy đao hàm:

$$\frac{dL}{d\alpha_t} = -W_+ \exp(-\alpha_t) + W_- \exp(\alpha_t) = 0.$$

Giải ra:

$$W_{-} \exp(\alpha_t) = W_{+} \exp(-\alpha_t) \quad \Rightarrow \quad \exp(2\alpha_t) = \frac{W_{+}}{W_{-}}.$$

Vây:

$$\alpha_t = \frac{1}{2} \ln \frac{1 - \epsilon_t}{\epsilon_t}$$

#### 3.3.3 Nguyên lý hoạt động

Xét tập dữ liệu gồm 8 mẫu với hai thuộc tính A, B và nhãn  $y \in \{-1, +1\}$  (suy ra từ  $\{0, 1\}$  sang  $\{-1, +1\}$ ). Ban đầu mọi trọng số đều bằng nhau:

$$w_i^{(1)} = \frac{1}{8} = 0.125, \quad \forall i.$$

Vòng 1: huấn luyện stump  $h_1$ . Chọn stump

$$h_1(x) = \text{sign}(A - 0.5) = \begin{cases} +1 & \text{n\'eu } A = 1, \\ -1 & \text{n\'eu } A = 0. \end{cases}$$

- Sai tại 2 mẫu: #3 (A = 1, y = -1) và #5 (A = 0, y = +1).
- Lỗi có trong số:

$$\epsilon_1 = 2 \times 0.125 = 0.25.$$

• Trọng số của stump:

$$\alpha_1 = \frac{1}{2} \ln \frac{1 - \epsilon_1}{\epsilon_1} = \frac{1}{2} \ln \frac{0.75}{0.25} = \frac{1}{2} \ln 3 \approx 0.5493.$$

Cập nhật trọng số:

$$w_i^{(2)} \propto w_i^{(1)} \exp(-\alpha_1 y_i h_1(x_i)).$$

Nếu dự đoán đúng:  $w_i^{(2)} \approx 0.125 \cdot e^{-\alpha_1} = 0.0721$ . Nếu dự đoán sai:  $w_i^{(2)} \approx 0.125 \cdot e^{+\alpha_1} = 0.2165$ . Sau chuẩn hoá: Hai mẫu sai có trọng số  $\approx 0.25$ . Sáu mẫu đúng có trọng số  $\approx 0.0833$ .

Bảng 1: Kết quả sau vòng 1 của AdaBoost

ID	(A,B)	y	$h_1(x)$	$w_i^{(2)}$ (chuẩn hoá)
1	(1,1)	+1	+1	0.0833
2	(1,0)	+1	+1	0.0833
3	(1,1)	-1	+1	0.2500
4	(1,0)	+1	+1	0.0833
5	(0,1)	+1	-1	0.2500
6	(0,1)	-1	-1	0.0833
7	(0,0)	-1	-1	0.0833
8	(0,0)	-1	-1	0.0833

**Vòng 2: thử stump**  $h_2$ . Giả sử chọn

$$h_2(x) = \operatorname{sign}(B - 0.5).$$

- Kiểm tra trên các mẫu có trọng số lớn (ID #3, #5):
  - Mẫu #3: (B = 1, y = -1), stump dự đoán  $+1 \Rightarrow$  sai.
  - Mẫu #5: (B = 1, y = +1), stump dư đoán  $+1 \Rightarrow$  đúng.
- Tổng thể: stump này dư đoán sai đúng một nửa khối lương trong số, tức

$$\epsilon_2 = 0.5, \qquad \alpha_2 = \frac{1}{2} \ln \frac{1 - 0.5}{0.5} = 0.$$

Do  $\alpha_2 = 0$ , stump này không đóng góp thêm. Trong thực tế, AdaBoost sẽ duyệt qua nhiều stump/thuộc tính/ngưỡng để chọn cây tốt nhất. Nếu tất cả đều cho  $\epsilon = 0.5$ , quá trình dùng.

#### 3.3.4 Đối chiếu bằng code Python

```
import numpy as np
import pandas as pd
from math import log, sqrt, exp
from sklearn.ensemble import AdaBoostClassifier
from sklearn.tree import DecisionTreeClassifier
# ----- Data -----
X = np.array([
   [1,1],[1,0],[1,1],[1,0],
    [0,1],[0,1],[0,0],[0,0]
])
y01 = np.array([1,1,0,1,1,0,0,0])
                                     # {0,1}
y = np.where(y01==1, +1, -1)
                                      # {-1,+1}
n = len(y)
# ----- Round 1: hand calculation for stump on A -----
w1 = np.ones(n)/n
h1 = np.where(X[:,0]==1, +1, -1)
                                 # stump on A
err_mask = (h1 != y)
eps1 = float(np.sum(w1*err_mask))
                                      # 0.25
alpha1 = 0.5*log((1-eps1)/eps1)
                                      # 0.5*ln(3)
c = exp(-alpha1)
                                       # e^{-alpha1} = 1/sqrt(3)
                                       # e^{+alpha1} = sqrt(3)
d = exp(+alpha1)
w2\_unnorm = w1 * np.exp(-alpha1 * y * h1)
Z1 = float(np.sum(w2_unnorm))
w2 = w2\_unnorm / Z1
hand_round1 = pd.DataFrame({
   "ID": np.arange(1,n+1),
   "A": X[:,0], "B": X[:,1], "y(\pm 1)": y,
   "h1(A)": h1,
   "error?": err_mask.astype(int),
   "w1": np.full(n, 1/n),
   "w2_unnorm": np.round(w2_unnorm, 6),
   "w2_norm": np.round(w2, 6),
})
summary = pd.DataFrame([
   {"round": 1, "learner": "sign(A-0.5)", "epsilon": eps1, "alpha": alpha1, "Z": Z1}
])
# ----- Round 2: stump on B to check epsilon -----
h2 = np.where(X[:,1]==1, +1, -1) # stump on B
err2 = (h2 != y)
eps2 = float(np.sum(w2*err2))
                                      # should be 0.5
```

```
alpha2 = 0.5*log((1-eps2)/eps2) if eps2 not in (0,1) else 0.0
summary.loc[len(summary)] = {"round": 2, "learner": "sign(B-0.5)",
"epsilon": eps2, "alpha": alpha2, "Z": 1.0}
print("=== Hand calc: round 1 table ===")
print(hand_round1.to_string(index=False))
print("\n=== Hand calc: summary per round ===")
print(summary.to_string(index=False))
# ----- Compare with sklearn (use SAMME to match alpha formula) ------
clf = AdaBoostClassifier(
   estimator=DecisionTreeClassifier(max_depth=1),
   n_estimators=2,
                    # try 2 to inspect first two learners
   algorithm="SAMME", # ensures alpha = 0.5*ln((1-eps)/eps)
   random_state=0
)
clf.fit(X, y01)
print("\n=== sklearn AdaBoost (SAMME) ===")
print("Estimator errors (eps):", clf.estimator_errors_)
print("Estimator weights (alpha):", clf.estimator_weights_)
print("Stump 1 is on feature A? Inspect by predicting:", clf.estimators_[0].predict(X))
if len(clf.estimators_) > 1:
   print("Stump 2 is on which feature? Predict:", clf.estimators_[1].predict(X))
           === Hand calc: round 1 table ===
            ID A B y(\pm 1) h1(A) error? w1 w2_unnorm w2_norm
             1 1 1
                        1
                               1
                                     0 0.125 0.072169 0.083333
             2 1 0
                               1
                                     0 0.125 0.072169 0.083333
                       1
             3 1 1
                       -1
                              1
                                     1 0.125
                                               0.216506 0.250000
                       1
             4 1 0
                                     0 0.125
                             1
                                               0.072169 0.083333
             5 0 1
                       1 -1
                                     1 0.125
                                               0.216506 0.250000
                       -1
             6 0 1
                             -1
                                     0 0.125
                                               0.072169 0.083333
             700
                        -1
                             -1
                                     0 0.125
                                               0.072169 0.083333
                              -1 0 0.125 0.072169 0.083333
             8 0 0
                        -1
           === Hand calc: summary per round ===
            round
                     learner epsilon
                                       alpha
                                                   Ζ
                1 sign(A-0.5)
                              0.25 0.549306 0.866025
                2 sign(B-0.5)
                                0.50 0.000000 1.000000
           === sklearn AdaBoost (SAMME) ===
           Estimator errors (eps): [0.25 1. ]
           Estimator weights (alpha): [1.09861229 0.
           Stump 1 is on feature A? Inspect by predicting: [1 1 1 1 0 0 0 0]
```

Hình 11: So sánh việc dùng sklearn và tính tay với mô hình Adaboost

#### 3.4 Gradient Boosting

#### 3.4.1 Nguyên lý

Xét mô hình cộng tuần tự

$$F_T(x) = \sum_{t=1}^{T} \nu f_t(x),$$

trong đó mỗi  $f_t$  là một cây hồi quy nông (thường là stump/cây độ sâu nhỏ), và  $\nu \in (0,1]$  là learning rate.

Gradient Boosting thực hiện **gradient descent trong không gian hàm**. Ở vòng t, với mô hình hiện thời  $F_{t-1}$ , ta tối thiểu hoá hàm mất mát tổng quát

$$\mathcal{L}(F) = \sum_{i=1}^{n} \ell(y_i, F(x_i)).$$

**Pseudo-residuals** (âm đạo hàm theo F) được tính bởi

$$r_i^{(t)} = -\left. \frac{\partial \ell(y_i, F)}{\partial F} \right|_{F = F_{t-1}(x_i)}.$$

Sau đó, fit một cây hồi quy  $f_t$  xấp xỉ  $r_i^{(t)}$  (theo MSE). Với mỗi lá  $R_{tj}$  của  $f_t$ , giải bước đi tối ưu một chiều

$$\gamma_{tj} = \arg\min_{\gamma} \sum_{x_i \in R_{tj}} \ell(y_i, F_{t-1}(x_i) + \gamma).$$

Câp nhât:

$$F_t(x) = F_{t-1}(x) + \nu \sum_{i} \gamma_{tj} \mathbf{1} \{ x \in R_{tj} \}.$$

#### 3.4.2 Trường hợp đặc biệt

**Hồi quy MSE.** Với  $\ell(y, F) = \frac{1}{2}(y - F)^2$ , ta có  $r_i^{(t)} = y_i - F_{t-1}(x_i)$  và

$$\gamma_{tj} = \frac{1}{|R_{tj}|} \sum_{x_i \in R_{tj}} r_i^{(t)}$$
 (trung bình residual).

Phân loại nhị phân (logistic loss). Dùng  $y_i \in \{0,1\}$  và log-loss:

$$\ell(y, F) = -y \log p - (1 - y) \log(1 - p), \quad p = \sigma(F) = \frac{1}{1 + e^{-F}}.$$

Ta có

$$g_i \equiv \frac{\partial \ell}{\partial F} = p_i - y_i, \qquad h_i \equiv \frac{\partial^2 \ell}{\partial F^2} = p_i (1 - p_i).$$

Do đó **pseudo-residual** là  $r_i^{(t)} = -g_i = y_i - p_i$ .

## 3.4.3 Chứng minh công thức bước lá $\gamma^* = - rac{\sum g_i}{\sum h_i}$

 $\mathring{O}$  một lá R, ta cần

$$\gamma^* = \arg\min_{\gamma} \sum_{i \in R} \ell(y_i, F_{t-1}(x_i) + \gamma).$$

Xấp xỉ Taylor bậc hai quanh  $F_{t-1}$ :

$$\ell(y_i, F_{t-1} + \gamma) \approx \ell(y_i, F_{t-1}) + g_i \gamma + \frac{1}{2} h_i \gamma^2$$
.

Cộng theo  $i \in R$ , bỏ hằng số, nghiệm tối ưu của bài toán là nghiệm Newton:

$$\frac{d}{d\gamma} \left( \sum_{i \in R} g_i \, \gamma + \frac{1}{2} h_i \, \gamma^2 \right) = \sum_{i \in R} g_i + \gamma \sum_{i \in R} h_i = 0,$$

$$\gamma^* = -\frac{\sum_{i \in R} g_i}{\sum_{i \in R} h_i}.$$

Với log-loss,  $g_i = p_i - y_i$ ,  $h_i = p_i(1 - p_i)$ , nên ta có công thức đóng trên từng lá. (Đây cũng chính là bước Newton một chiều dùng trong nhiều biến thể như XGBoost khi  $\lambda = 0$ .)

#### 3.4.4 Nguyên lý hoạt động

Dữ liệu 8 mẫu như các phần trước, dùng  $y \in \{0,1\}$ . Khởi tạo  $F_0(x) \equiv 0 \Rightarrow p_i^{(0)} = \sigma(0) = 0.5$ .

**Vòng 1.** Xét hai split ứng viên A và B. Tính các tổng trên từng phía của split (trái: giá trị thuộc tính = 0, phải: = 1). Ở  $F_0$ , ta có  $g_i = 0.5 - y_i$ ,  $h_i = 0.25$ . Split theo A:

$$A = 1: 3 \text{ duong}, 1 \text{ âm} \Rightarrow \sum g_i = 3(0.5 - 1) + 1(0.5 - 0) = -1.0, \sum h_i = 4 \cdot 0.25 = 1.0,$$
  
 $A = 0: 1 \text{ duong}, 3 \text{ âm} \Rightarrow \sum g_i = +1.0, \sum h_i = 1.0.$ 

$$\Rightarrow \gamma_L = -\frac{-1}{1} = +1.0, \quad \gamma_R = -\frac{+1}{1} = -1.0.$$

Cập nhật (lấy  $\nu = 1$  để minh hoạ):

$$F_1(x) = \begin{cases} +1.0, & A = 1, \\ -1.0, & A = 0, \end{cases}$$
  $p^{(1)} = \sigma(F_1) = \begin{cases} 0.731, & A = 1, \\ 0.269, & A = 0. \end{cases}$ 

Sai 2/8 mẫu (độ chính xác = 75%), trùng với cây quyết định theo A.

Vòng 2. Tính lại  $g_i^{(1)} = p_i^{(1)} - y_i$ ,  $h_i^{(1)} = p_i^{(1)} (1 - p_i^{(1)})$ . Với A=1: mỗi mẫu có p=0.731 nên  $\sum g_i = 3(0.731-1) + 1(0.731-0) = -0.076, \quad \sum h_i = 4 \cdot (0.731 \cdot 0.269) = 0.787.$ 

Với A=0: mỗi mẫu có p=0.269 nên

$$\sum g_i = 1(0.269 - 1) + 3(0.269 - 0) = +0.076, \quad \sum h_i = 0.787.$$

Suy ra

$$\gamma_L = -\frac{-0.076}{0.787} = +0.0966, \qquad \gamma_R = -\frac{+0.076}{0.787} = -0.0966.$$

Cập nhật:

$$F_2(x) = \begin{cases} +1.0966, & A = 1, \\ -1.0966, & A = 0, \end{cases}$$
  $p^{(2)} = \sigma(F_2) = \begin{cases} 0.749, & A = 1, \\ 0.249, & A = 0. \end{cases}$ 

Biên quyết định được "đẩy xa" hơn (xác suất tự tin hơn); số lỗi không đổi (2/8) với stump, nhưng log-loss giảm theo đúng mục tiêu tối ưu.

- Learning rate  $\nu < 1$  (shrinkage) + số vòng lớn giúp tổng quát hoá tốt hơn.
- Có thể dùng subsample < 1 (Stochastic GB) để giảm phương sai.
- Độ sâu cây nhỏ (1–3) giúp tránh overfit và giữ ý nghĩa "sửa lỗi dần dần".

#### 3.4.5 Đối chiếu bằng code Python

```
import numpy as np
import pandas as pd
from sklearn.ensemble import GradientBoostingClassifier
from sklearn.metrics import accuracy_score
# -----
# Data
# -----
X = np.array([
    [1,1],[1,0],[1,1],[1,0],
    [0,1],[0,1],[0,0],[0,0]
], dtype=float)
y = np.array([1,1,0,1,1,0,0,0], dtype=float) # labels {0,1}
n = len(y)
A = X[:,0].astype(int)
B = X[:,1].astype(int)
sigmoid = lambda z: 1/(1+np.exp(-z))
def region_mask(vals, thr=0.5):
   return (vals <= thr), (vals > thr)
def sums_G_H(F, mask):
   idx = np.where(mask)[0]
   if idx.size == 0: return 0.0, 0.0
   p = sigmoid(F)
   G = float(np.sum(p[idx] - y[idx]))
   H = float(np.sum(p[idx] * (1-p[idx])))
   return G, H
def gamma_from_GH(G,H):
   return 0.0 if H==0 else -G/H
def gain_second_order(F, vals):
   p = sigmoid(F)
```

```
G_all = float(np.sum(p-y)); H_all = float(np.sum(p*(1-p)))
    L, R = region_mask(vals)
    GL,HL = sums_G_H(F,L); GR,HR = sums_G_H(F,R)
    part = lambda g,h: 0.0 if h==0 else (g*g)/h
    gain = 0.5*( part(GL,HL)+part(GR,HR)-part(G_all,H_all) )
    return gain, (GL, HL, GR, HR)
def take_step(F, vals, lr=1.0):
    gainA, statsA = gain_second_order(F,A)
    gainB, statsB = gain_second_order(F,B)
    if gainA >= gainB:
        feat, stats, use = "A", statsA, A
    else:
        feat, stats, use = "B", statsB, B
    GL, HL, GR, HR = stats
    gL = gamma_from_GH(GL, HL); gR = gamma_from_GH(GR, HR)
    L,R = region_mask(use)
    F \text{ new} = F.copy()
    F_{new}[L] += lr*gL; F_{new}[R] += lr*gR
    return F_new, feat, gL, GL, HL, gR, GR, HR
# Hand derivation
# -----
F0 = np.zeros(n); p0 = sigmoid(F0)
acc0 = accuracy_score(y, (p0>=0.5).astype(int))
F1, split1, gL1, GL1, HL1, gR1, GR1, HR1 = take_step(F0,A)
p1 = sigmoid(F1); acc1 = accuracy_score(y,(p1>=0.5).astype(int))
F2, split2, gL2, GL2, HL2, gR2, GR2, HR2 = take_step(F1,A)
p2 = sigmoid(F2); acc2 = accuracy_score(y,(p2>=0.5).astype(int))
stage_summary = pd.DataFrame([
    {"stage":0, "split": "-", "acc": acc0},
    {"stage":1, "split":split1, "gamma_left":gL1, "G_left":GL1, "H_left":HL1,
     "gamma_right":gR1,"G_right":GR1,"H_right":HR1,"acc":acc1},
    {"stage":2, "split":split2, "gamma_left":gL2, "G_left":GL2, "H_left":HL2,
     "gamma_right":gR2,"G_right":GR2,"H_right":HR2,"acc":acc2},
])
per_sample = pd.DataFrame({
    "ID": np.arange(1,n+1),
    "A":A, "B":B, "y":y.astype(int),
    "F0":np.round(F0,6), "p0":np.round(p0,6),
    "F1":np.round(F1,6), "p1":np.round(p1,6),
    "F2":np.round(F2,6), "p2":np.round(p2,6),
})
```

```
print("=== Hand-derived Gradient Boosting ===")
print(stage_summary.to_string(index=False))
print(per_sample.to_string(index=False))
# -----
# sklearn comparison
# -----
print("=== sklearn - Gradient Boosting ===")
gb = GradientBoostingClassifier(
   loss="log_loss", learning_rate=1.0,
   max_depth=1, n_estimators=2, random_state=0
gb.fit(X,y.astype(int))
from itertools import islice
stages = list(islice(gb.staged_decision_function(X),0,2))
def show_stage(name,Fraw):
   Fraw = np.ravel(Fraw)
   df = pd.DataFrame({"A":A,"F":Fraw,"p":sigmoid(Fraw)})
   print(f"\n{name}")
   print("A=1 mean:", df[df.A==1][["F","p"]].mean().to_dict())
   print("A=0 mean:", df[df.A==0][["F","p"]].mean().to_dict())
show_stage("Stage-0 (init)", np.zeros_like(y))
show_stage("Stage-1", stages[0])
show_stage("Stage-2", stages[1])
```

```
=== Hand-derived Gradient Boosting ===
stage split acc gamma left
                              G left
                                       H_left gamma_right
                                                            G_right H_right
          - 0.50
                        NaN
                               NaN
                                        NaN
                                                       NaN
                                                                NaN
    1
          A 0.75
                  -1.000000 1.000000 1.000000
                                                  1.000000 -1.000000 1.000000
          A 0.75
                   -0.096339 0.075766 0.786448
                                                  0.096339 -0.075766 0.786448
ID A B y F0 p0 F1
                              p1
 1 1 1 1 0.0 0.5 1.0 0.731059 1.096339 0.749574
 2 1 0 1 0.0 0.5 1.0 0.731059 1.096339 0.749574
 3 1 1 0 0.0 0.5 1.0 0.731059 1.096339 0.749574
   1 0 1 0.0 0.5 1.0 0.731059 1.096339 0.749574
   0 1 1 0.0 0.5 -1.0 0.268941 -1.096339 0.250426
   0 1 0 0.0 0.5 -1.0 0.268941 -1.096339 0.250426
    0 0 0 0.0 0.5 -1.0 0.268941 -1.096339 0.250426
 8 0 0 0 0.0 0.5 -1.0 0.268941 -1.096339 0.250426
=== sklearn - Gradient Boosting ===
Stage-0 (init)
A=1 mean: {'F': 0.0, 'p': 0.5}
A=0 mean: {'F': 0.0, 'p': 0.5}
Stage-1
A=1 mean: {'F': 1.0, 'p': 0.7310585786300049}
A=0 mean: {'F': -1.0, 'p': 0.2689414213699951}
Stage-2
A=1 mean: {'F': 1.0963391237638203, 'p': 0.749573539410271}
A=0 mean: {'F': -1.0963391237638203, 'p': 0.25042646058972895}
```

Hình 12: So sánh việc dùng sklearn và tính tay với mô hình Gradient Boosting

#### 3.5 XGBoost

#### 3.5.1 Nguyên lý tổng quát

XGBoost (Extreme Gradient Boosting) mở rộng từ Gradient Boosting bằng việc dùng khai triển Taylor bâc hai của hàm mất mát.

#### 3.5.2 Mục tiêu và khai triển Taylor bậc hai

O vòng t, ta thêm một cây  $f_t$  (lá  $R_{tj}$ , giá trị lá  $w_{tj}$ ) vào

$$F_t(x) = F_{t-1}(x) + f_t(x), \qquad \Omega(f_t) = \gamma T_t + \frac{\lambda}{2} \sum_{j=1}^{T_t} w_{tj}^2.$$

Hàm mục tiêu:

$$\mathcal{L}^{(t)} = \sum_{i=1}^{n} \ell(y_i, F_{t-1}(x_i) + f_t(x_i)) + \Omega(f_t).$$

Khai triển Taylor quanh  $F_{t-1}$ :

$$\ell(y_i, F_{t-1} + f_t) \approx \ell(y_i, F_{t-1}) + g_i f_t(x_i) + \frac{1}{2} h_i f_t(x_i)^2,$$

với

$$g_i = \frac{\partial \ell}{\partial F}\Big|_{F_{t-1}(x_i)}, \qquad h_i = \frac{\partial^2 \ell}{\partial F^2}\Big|_{F_{t-1}(x_i)}.$$

Bỏ hằng số  $\sum_{i} \ell(y_i, F_{t-1})$ , ta tối ưu

$$\tilde{\mathcal{L}}^{(t)} = \sum_{j=1}^{T_t} \left[ G_{tj} w_{tj} + \frac{1}{2} (H_{tj} + \lambda) w_{tj}^2 \right] + \gamma T_t, \quad G_{tj} = \sum_{i \in R_{tj}} g_i, \quad H_{tj} = \sum_{i \in R_{tj}} h_i.$$

#### 3.5.3 Chứng minh nghiệm tối ưu từng lá và công thức gain

Với mỗi lá j:

$$\frac{\partial}{\partial w_{tj}} \left[ G_{tj} w_{tj} + \frac{1}{2} (H_{tj} + \lambda) w_{tj}^2 \right] = 0 \implies w_{tj}^* = -\frac{G_{tj}}{H_{tj} + \lambda}.$$

Thế vào:

$$\tilde{\mathcal{L}}_j^* = -\frac{1}{2} \frac{G_{tj}^2}{H_{tj} + \lambda} + \gamma.$$

Chia một vùng R (có G, H) thành  $R_L, R_R$  (có  $G_L, H_L$  và  $G_R, H_R$ ), **Thông tin đạt được**:

$$\label{eq:Gain} \text{Gain} = \frac{1}{2} \bigg( \frac{G_L^2}{H_L + \lambda} + \frac{G_R^2}{H_R + \lambda} - \frac{G^2}{H + \lambda} \bigg) - \gamma \enspace.$$

Ta chọn split có Gain lớn nhất.

#### 3.5.4 Vì sao xuất hiện "Similarity Score"?

(1) Từ hàm mất mát xấp xỉ. Trong XGBoost, sau khi khai triển Taylor bậc hai, hàm mục tiêu cho một lá R có dạng:

$$\tilde{\mathcal{L}}(w) = G(R) w + \frac{1}{2} (H(R) + \lambda) w^2,$$

với

$$G(R) = \sum_{i \in R} g_i, \qquad H(R) = \sum_{i \in R} h_i.$$

(2) Nghiệm tối ưu của lá. Giải tối ưu:

$$w^* = -\frac{G(R)}{H(R) + \lambda}.$$

Thay vào hàm muc tiêu, ta có loss tối ưu:

$$\tilde{\mathcal{L}}_R^* = -\frac{1}{2} \frac{G(R)^2}{H(R) + \lambda}.$$

(3) Định nghĩa Similarity Score. Đai lương

$$Score(R) = \frac{G(R)^2}{H(R) + \lambda}$$

chính là phần tỉ lệ với mức giảm loss mà lá R có thể mang lại. Do đó, Similarity Score được dùng như thước đo "chất lượng" của một lá.

- (4) Ý nghĩa trực giác.
  - Nếu tất cả gradient  $g_i$  trong lá có **cùng dấu** (đều âm hoặc đều dương)  $\Rightarrow$  chúng "giống nhau"  $\Rightarrow$  tổng G(R) lớn về độ lớn  $\Rightarrow$  Score cao  $\Rightarrow$  lá đồng nhất và tốt.
  - Nếu gradient trái dấu (một số âm, một số dương) ⇒ chúng triệt tiêu nhau ⇒ G(R) nhỏ ⇒ Score thấp ⇒ lá không đồng nhất.
- (5) Liên hệ với Gain khi split. Khi chia một vùng P thành hai lá con L và R, công thức độ lợi là:

$$Gain = \frac{1}{2} (Score(L) + Score(R) - Score(P)) - \gamma.$$

Split tốt là split làm tăng tổng Similarity Score.

- (6) Ví dụ minh họa. Giả sử có 4 điểm trong một lá, với Hessian  $h_i = 1$  và  $\lambda = 1$ .
  - Trường hợp A: Gradient đều giống nhau,  $g = \{-1, -1, -1, -1\}$ .

$$G = -4$$
,  $H = 4$ , Score  $= \frac{(-4)^2}{4+1} = \frac{16}{5} = 3.2$ .

Lá rất đồng nhất, Score cao.

• Trường hợp B: Gradient lẫn lộn,  $g = \{-1, -1, +1, +1\}$ .

$$G = 0$$
,  $H = 4$ , Score  $= \frac{0^2}{4+1} = 0$ .

Các gradient triệt tiêu nhau, lá không đồng nhất, Score thấp.

(7) **Kết luận.** Similarity Score phản ánh mức độ "đồng thuận" của các gradient trong một lá. - Score cao  $\Rightarrow$  lá "giống nhau" về hướng cập nhật  $\Rightarrow$  cập nhật mạnh, giảm loss nhiều. - Score thấp  $\Rightarrow$  lá chứa gradient trái chiều  $\Rightarrow$  không cải thiện được nhiều.

Khi nào dùng g, h, khi nào dùng residual/Score?

• Trường hợp tổng quát (mọi hàm mất mát): Luôn viết bằng gradient và Hessian:

$$G = \sum g_i, \ H = \sum h_i, \quad w^* = -\frac{G}{H+\lambda}, \quad \text{Score} = \frac{G^2}{H+\lambda}.$$

• Phân loại nhị phân (log-loss):  $g_i = p_i - y_i$ ,  $h_i = p_i(1 - p_i)$ . Nếu gọi residual  $r_i = y_i - p_i = -g_i$  thì:

$$Score(R) = \frac{\left(\sum r_i\right)^2}{\sum p_i(1-p_i) + \lambda}.$$

• Hồi quy MSE: Với MSE, Hessian  $h_i = 1$  cho mọi mẫu. Khi đó:

$$w^* = \frac{\sum r_i}{|R| + \lambda}, \quad \operatorname{Score}(R) = \frac{(\sum r_i)^2}{|R| + \lambda},$$

với  $r_i = y_i - F(x_i)$  là residual. Vì  $h_i$  không đổi nên ta không cần viết g, h nữa mà chỉ dùng residual và số mẫu trong lá.

#### 3.5.5 Nguyên lý hoạt động

Dữ liệu 8 mẫu như các phần trước, dùng nhãn  $y \in \{0,1\}$ . Khởi tạo  $F_0(x) \equiv 0 \Rightarrow p_i^{(0)} = \sigma(F_0) = 0.5$ . Với log-loss:  $g_i = p_i - y_i$ ,  $h_i = p_i(1-p_i)$ . Tại t = 1:  $p_i = 0.5 \Rightarrow g_i = 0.5 - y_i \in \{\pm 0.5\}$ ,  $h_i = 0.25$  cho mọi i.

Cha (toàn bộ tập).

$$G = \sum_{i=1}^{8} g_i = \underbrace{4 \cdot (-0.5)}_{4 \text{ m\~au } y=1} + \underbrace{4 \cdot (+0.5)}_{4 \text{ m\~au } y=0} = 0, \qquad H = \sum_{i=1}^{8} h_i = 8 \cdot 0.25 = 2.$$
 
$$\text{Score(parent)} = \frac{G^2}{H + \lambda} = \frac{0^2}{2 + 1} = 0.$$

**Úng viên split theo** A. Nhóm A=1 có 3 mẫu y=1, 1 mẫu y=0; nhóm A=0 có 1 mẫu y=1, 3 mẫu y=0.

Nhánh 
$$A=1$$
:  $G_L = \sum_{A=1} g_i = 3(0.5-1) + 1(0.5-0) = -1.0$ ,  $H_L = \sum_{A=1} h_i = 4 \cdot 0.25 = 1.0$ , Nhánh  $A=0$ :  $G_R = \sum_{A=0} g_i = 1(0.5-1) + 3(0.5-0) = +1.0$ ,  $H_R = 1.0$ .

Trọng số lá (nghiệm tối ưu):

$$w_L^* = -\frac{G_L}{H_L + \lambda} = -\frac{-1}{1+1} = +0.5, \qquad w_R^* = -\frac{G_R}{H_R + \lambda} = -\frac{+1}{1+1} = -0.5.$$

Similarity score của từng lá:

Score(L) = 
$$\frac{G_L^2}{H_L + \lambda} = \frac{1}{2} = 0.5$$
, Score(R) = 0.5.

Gain của split:

Gain = 
$$\frac{1}{2} \left( \underbrace{\frac{1}{2}}_{\text{Score}(L)} + \underbrace{\frac{1}{2}}_{\text{Score}(R)} - \underbrace{0}_{\text{parent}} \right) - \gamma = \boxed{0.5}.$$

**Úng viên split theo** B (**đối chiếu**). Trong tập này, mỗi phía của B đều có 2 mẫu y=1 và 2 mẫu  $y=0 \Rightarrow G_{B=1}=0, \ H_{B=1}=1; \ G_{B=0}=0, \ H_{B=0}=1.$ 

Score(B=1) = 
$$\frac{0^2}{1+1}$$
 = 0, Score(B=0) = 0  $\Rightarrow$  Gain<sub>B</sub> =  $\frac{1}{2}$ (0 + 0 - 0) = 0.

**Kết luận vòng 1**: chon split theo A (Gain = 0.5 lớn hơn).

Cập nhật mô hình sau vòng 1.

$$F_1(x) = \begin{cases} +0.5 & \text{n\'eu } A = 1, \\ -0.5 & \text{n\'eu } A = 0, \end{cases} \quad p^{(1)} = \sigma(F_1) = \begin{cases} 0.62246 & (A = 1), \\ 0.37754 & (A = 0). \end{cases}$$

(Tuỳ chọn) Vòng 2: tính nhanh  $\gamma^*$  trên cùng split A. Tính lại g = p - y, h = p(1 - p) trên từng nhánh:

$$A=1: \sum g = 3(0.6225-1) + 1(0.6225-0) = -0.1329,$$
 
$$\sum h = 4 \cdot [0.6225 \cdot 0.3775] = 0.9400;$$
 
$$A=0: \sum g = 1(0.3775-1) + 3(0.3775-0) = +0.1329,$$
 
$$\sum h = 0.9400.$$
 
$$w_L^{*(2)} = -\frac{-0.1329}{0.9400+1} = +0.0686, \qquad w_R^{*(2)} = -\frac{+0.1329}{0.9400+1} = -0.0686.$$

Biên dự đoán được "đẩy xa" hơn (xác suất tự tin hơn) nhưng số lỗi không đổi với stump; log-loss tiếp tục giảm — đúng tinh thần boosting.

#### 3.5.6 Đối chiếu bằng code Python

```
import numpy as np
import pandas as pd
from math import exp
from sklearn.metrics import accuracy_score
# ----- Data (8 samples) -----
X = np.array([
    [1,1],[1,0],[1,1],[1,0],
    [0,1],[0,1],[0,0],[0,0]
], dtype=float)
y = np.array([1,1,0,1,1,0,0,0], dtype=float) # {0,1}
A = X[:,0].astype(int)
B = X[:,1].astype(int)
n = len(y)
lam = 1.0  # (L2 on leaf)
gamma = 0.0 # (penalty per leaf / split)
lr = 1.0
         # learning_rate
sigmoid = lambda z: 1.0/(1.0+np.exp(-z))
def sums_GH(F, mask):
   p = sigmoid(F)
    idx = np.where(mask)[0]
   G = float(np.sum(p[idx] - y[idx]))
                                                    # gradient sum
   H = float(np.sum(p[idx] * (1.0 - p[idx])))
                                                    # hessian sum
   return G, H
def leaf weight(G, H, lam):
   return - G / (H + lam)
def score(G, H, lam):
   return (G*G) / (H + lam) if (H + lam) != 0 else 0.0
```

```
def gain(parent, left, right, lam, gamma):
   Gp, Hp = parent; Gl, Hl = left; Gr, Hr = right
   return 0.5*(score(Gl,Hl,lam) + score(Gr,Hr,lam) - score(Gp,Hp,lam)) - gamma
def split_stats(F, feat):
    if feat == "A":
       L = (A==0); R = (A==1)
   else:
       L = (B==0); R = (B==1)
   parent = sums_GH(F, np.ones(n, dtype=bool))
   left = sums_GH(F, L)
   right = sums_GH(F, R)
   return parent, left, right, L, R
# =========
# Hand derivation
# =========
print("=== HAND DERIVATION (log-loss) ===")
                   # base_score = 0.5 -> F0 = 0
F0 = np.zeros(n)
p0 = sigmoid(F0)
acc0 = accuracy_score(y, (p0>=0.5).astype(int))
# Stage 1: try split A and B at F0
parentA, leftA, rightA, LA, RA = split_stats(F0, "A")
GAO, HAO = leftA
                 # A=0
GA1, HA1 = rightA # A=1
wAO = leaf_weight(GAO, HAO, lam)
wA1 = leaf_weight(GA1, HA1, lam)
gainA = gain(parentA, leftA, rightA, lam, gamma)
parentB, leftB, rightB, LB, RB = split_stats(F0, "B")
gainB = gain(parentB, leftB, rightB, lam, gamma)
print(f"[Stage1] A=0: G={GA0:.4f}, H={HA0:.4f}, w*={wA0:.4f},
Score={score(GA0,HA0,lam):.4f}")
print(f"[Stage1] A=1: G={GA1:.4f}, H={HA1:.4f}, w*={wA1:.4f},
Score={score(GA1,HA1,lam):.4f}")
print(f"[Stage1] Gain(A) = {gainA:.4f}")
GLO, HLO = leftB; GR1, HR1 = rightB
print(f"[Stage1] B=0: G={GL0:.4f}, H={HL0:.4f}, Score={score(GL0,HL0,lam):.4f}")
print(f"[Stage1] B=1: G={GR1:.4f}, H={HR1:.4f}, Score={score(GR1,HR1,lam):.4f}")
print(f"[Stage1] Gain(B) = {gainB:.4f}")
# Update F1 with best split (A)
F1 = np.where(A==1, lr*wA1, lr*wA0) # +0.5 (A=1) / -0.5 (A=0)
p1 = sigmoid(F1)
acc1 = accuracy_score(y, (p1>=0.5).astype(int))
# Optional Stage 2 (again splitting A to show Newton steps shrink)
```

```
parent2, left2, right2, L2, R2 = split_stats(F1, "A")
GO,HO = left2; G1,H1 = right2
w2A0 = leaf weight(G0,H0,lam)
w2A1 = leaf_weight(G1,H1,lam)
gain2A = gain(parent2, left2, right2, lam, gamma)
print(f"\n[Stage2] A=0: G=\{G0:.4f\}, H=\{H0:.4f\}, w*=\{w2A0:.4f\},
Score={score(G0,H0,lam):.4f}")
print(f"[Stage2] A=1: G={G1:.4f}, H={H1:.4f}, w*={w2A1:.4f},
Score={score(G1,H1,lam):.4f}")
print(f"[Stage2] Gain(A) = {gain2A:.4f}")
hand_table = pd.DataFrame({
    "ID": np.arange(1,n+1),
    "A": A, "B": B, "y": y.astype(int),
    "F0": F0, "p0": p0,
    "F1_hand": F1, "p1_hand": p1,
})
# =============
# XGBoost sklearn-style
# ==========
try:
   from xgboost import XGBClassifier, DMatrix
    import xgboost as xgb
except Exception as e:
   raise SystemExit(
        "Ban cần cài gói 'xgboost' (pip install xgboost). "
        f"Lõi import: {e}"
   )
# 1 tree, depth=1, lr=1, =1, =0, base_score=0.5, no sampling
xgb model = XGBClassifier(
   objective="binary:logistic",
   n_estimators=1,
   max_depth=1,
   learning_rate=1.0,
   reg_lambda=lam,
   reg_alpha=0.0,
   min_child_weight=0.0, # để không chăn split
   subsample=1.0,
    colsample_bytree=1.0,
   gamma=gamma,
   base_score=0.5,
   booster="gbtree",
   grow_policy="depthwise",
   tree_method="exact",
   random_state=0
)
```

```
xgb_model.fit(X, y)
# Raw margin and probability from the tree
booster = xgb_model.get_booster()
dm = xgb.DMatrix(X, label=y)
F1_xgb = booster.predict(dm, output_margin=True) # raw score after 1 tree
p1\_xgb = 1/(1+np.exp(-F1\_xgb))
# ---- Extract tree structure (compatible across xgboost versions) ----
booster = xgb_model.get_booster()
dm = xgb.DMatrix(X, label=y)
F1_xgb = booster.predict(dm, output_margin=True) # raw score after 1 tree
p1\_xgb = 1/(1+np.exp(-F1\_xgb))
df_tree = booster.trees_to_dataframe()
def is_leaf_row(df):
   feat = df.get("Feature", None)
   if feat is None:
        return pd.Series(False, index=df.index)
   return (feat.astype(str).str.lower() == "leaf") | (feat.isna())
root_rows = df_tree[~is_leaf_row(df_tree)]
if len(root_rows) == 0:
   root = df_tree.iloc[0]
else:
    if "Node" in root_rows.columns:
       root_rows = root_rows.sort_values(by="Node")
   root = root_rows.iloc[0]
split_feature = root.get("Feature", "unknown") # e.g., 'f0' ~ côt 0 = A
gain_xgb = float(root.get("Gain", 0.0))
leaf_mask = is_leaf_row(df_tree)
if "Value" in df_tree.columns:
   leaf_vals = df_tree.loc[leaf_mask, "Value"].astype(float).tolist()
elif "Split" in df_tree.columns:
   leaf_vals = df_tree.loc[leaf_mask, "Split"].astype(float).tolist()
else:
   leaf_vals = []
print("\n=== XGBoost (sklearn API) - model summary ===")
print("Split feature at root:", split_feature, "(f0 ~ A, f1 ~ B)")
print("Leaf weights (from tree DataFrame):", leaf_vals)
print("Root split gain (xgboost):", round(gain_xgb, 6))
comp = hand_table.copy()
comp["F1_xgb"] = F1_xgb
comp["p1_xgb"] = p1_xgb
```

```
comp["dF"] = comp["F1_xgb"] - comp["F1_hand"]
comp["dp"] = comp["p1_xgb"] - comp["p1_hand"]
print("\n=== Per-sample comparison (Stage 1) ===")
print(comp.to_string(index=False))
print("\nExpected (hand): split on A, leaves ~ [+0.5, -0.5], gain ~ 0.5")
            === HAND DERIVATION (log-loss) ===
            [Stage1] A=0: G=1.0000, H=1.0000, w*=-0.5000, Score=0.5000
            [Stage1] A=1: G=-1.0000, H=1.0000, w*=0.5000, Score=0.5000
            [Stage1] Gain(A) = 0.5000
            [Stage1] B=0: G=0.0000, H=1.0000, Score=0.0000
            [Stage1] B=1: G=0.0000, H=1.0000, Score=0.0000
            [Stage1] Gain(B) = 0.0000
            [Stage2] A=0: G=0.5102, H=0.9400, w*=-0.2630, Score=0.1342
            [Stage2] A=1: G=-0.5102, H=0.9400, w*=0.2630, Score=0.1342
            [Stage2] Gain(A) = 0.1342
            === XGBoost (sklearn API) - model summary ===
            Split feature at root: f0 (f0 ~ A, f1 ~ B)
            Leaf weights (from tree DataFrame): [nan, nan]
            Root split gain (xgboost): 1.0
            === Per-sample comparison (Stage 1) ===
             ID A B y F0 p0 F1_hand p1_hand F1_xgb p1_xgb dF
             1 1 1 1 0.0 0.5
                                 0.5 0.622459 0.5 0.622459 0.0 2.081459e-08
             2 1 0 1 0.0 0.5
                                  0.5 0.622459
                                                 0.5 0.622459 0.0 2.081459e-08
                                 0.5 0.622459
             3 1 1 0 0.0 0.5
                                                 0.5 0.622459 0.0 2.081459e-08
              4 1 0 1 0.0 0.5
                                 5 0 1 1 0.0 0.5 -0.5 0.377541 -0.5 0.377541 0.0 8.987728e-09
                               -0.5 0.377541 -0.5 0.377541 0.0 8.987728e-09
              6 0 1 0 0.0 0.5
             7 0 0 0 0.0 0.5 -0.5 0.377541 -0.5 0.377541 0.0 8.987728e-09
              8 0 0 0 0.0 0.5
                                  -0.5 0.377541 -0.5 0.377541 0.0 8.987728e-09
```

Hình 13: So sánh kết quả giữa tính tay và dùng sklearn với XGBoost

Expected (hand): split on A, leaves ~ [+0.5, -0.5], gain ~ 0.5

#### 3.6 LightGBM

#### 3.6.1 Nguyên lý

LightGBM (Microsoft, 2017) vẫn dựa trên khung Gradient Boosting Decision Tree (GBDT) nhưng được thiết kế để **tăng tốc** và **giảm bộ nhớ**, đặc biệt trên tập dữ liệu lớn với nhiều đặc trưng. Những cải tiến chính:

• **Histogram-based algorithm**: Thay vì lưu toàn bộ giá trị liên tục của feature, LightGBM lượng tử hoá (discretize) vào một số lượng *bins* hữu hạn. Khi tính toán split, chỉ cần duyệt qua bins, thay vì duyêt toàn bô mẫu. ⇒ tiết kiêm RAM và tăng tốc đáng kể.

• Leaf-wise growth (best-first): Khác với XGBoost (depth-wise, mở rộng cân bằng theo tầng), LightGBM chọn lá có gain lớn nhất để tách trước. Điều này cho phép đào sâu một nhánh tiềm năng, đat loss thấp nhanh hơn, nhưng dễ dẫn đến overfitting nếu không có regularization.

- Gradient-based One-Side Sampling (GOSS): Giữ lại toàn bộ các mẫu có gradient lớn (mẫu khó dự đoán) và chỉ lấy ngẫu nhiên một phần nhỏ các mẫu gradient nhỏ. ⇒ vẫn giữ được "tín hiệu quan trong" mà giảm số mẫu phải xử lý.
- Exclusive Feature Bundling (EFB): Trong dữ liệu thưa (sparse), nhiều đặc trưng hiếm khi cùng khác 0. LightGBM gộp chúng vào một "feature bundle" duy nhất để giảm chiều dữ liệu mà không mất thông tin.

# 3.6.2 Các cải tiến cốt lõi của LightGBM: ví dụ và chứng minh

**Ký hiệu chung.** Tại một vòng boosting, với mô hình hiện tại F, đặt  $g_i = \frac{\partial \ell}{\partial F}(x_i)$ ,  $h_i = \frac{\partial^2 \ell}{\partial F^2}(x_i)$ . Với một vùng (lá) R, ký hiệu  $G(R) = \sum_{i \in R} g_i$ ,  $H(R) = \sum_{i \in R} h_i$ . Với tham số regularization  $\lambda, \gamma \geq 0$ , ta có:

$$w^*(R) = -\frac{G(R)}{H(R) + \lambda}, \quad \operatorname{Score}(R) = \frac{G(R)^2}{H(R) + \lambda},$$

$$\operatorname{Gain}(P \to L, R) = \frac{1}{2} \left( \frac{G_L^2}{H_L + \lambda} + \frac{G_R^2}{H_R + \lambda} - \frac{G_P^2}{H_P + \lambda} \right) - \gamma.$$

#### (1) Histogram-based algorithm: lượng tử hoá feature thành bins

 $\mathbf{\hat{Y}}$  tưởng. Thay vì duyệt mọi ngưỡng tách trên giá trị liên tục x, ta lượng tử hoá x vào các bin rời rạc  $\mathcal{B} = \{b_1, \dots, b_K\}$  theo các biên  $(\tau_0 < \tau_1 < \dots < \tau_K)$  và  $c\hat{\rho}ng$   $d\hat{o}n$  gradient/hessian theo bin:

$$G(b_k) = \sum_{i: x_i \in (\tau_{k-1}, \tau_k]} g_i, \qquad H(b_k) = \sum_{i: x_i \in (\tau_{k-1}, \tau_k]} h_i.$$

Khi xét một split tại ranh bin m (trái:  $\cup_{k < m}$ , phải:  $\cup_{k > m}$ ), công thức Gain dùng tổng G, H theo bin:

$$\operatorname{Gain}(m) = \frac{1}{2} \left( \frac{\left(\sum_{k \le m} G(b_k)\right)^2}{\sum_{k \le m} H(b_k) + \lambda} + \frac{\left(\sum_{k > m} G(b_k)\right)^2}{\sum_{k > m} H(b_k) + \lambda} - \frac{\left(\sum_k G(b_k)\right)^2}{\sum_k H(b_k) + \lambda} \right) - \gamma.$$

Chứng minh tính đúng đắn (bảo toàn hình thức). Với bất kỳ vùng R là hợp các bin, theo tính chất tuyến tính của tổng:

$$G(R) = \sum_{b_k \subset R} G(b_k), \qquad H(R) = \sum_{b_k \subset R} H(b_k).$$

Do đó mọi công thức  $w^*$ , Score, Gain chỉ thay  $\sum_{i \in R}$  bằng  $\sum_{b_k \subset R}$ , không đổi hình thức. Sai số (nếu có) chỉ đến từ việc không xét các ngưỡng giữa biên bin (xấp xỉ hoá không gian ngưỡng), chứ không đến từ công thức tối ưu.

Ví dụ tính tay Xét một feature liên tục x có 6 mẫu đã sắp:

$$x = (1.0, 1.1, 1.9, 2.0, 3.1, 3.2), (g, h) = (-1, 1), (-1, 1), (+1, 1), (+1, 1), (-1, 1), (+1, 1).$$

Chia 3 bin: (1, 1.5], (1.5, 2.5], (2.5, 3.5]. Khi đó

$$G(b_1) = -1 - 1 = -2, \ H(b_1) = 2;$$

$$G(b_2) = +1 + 1 = +2, \ H(b_2) = 2;$$

$$G(b_3) = -1 + 1 = 0, \ H(b_3) = 2.$$

Với  $\lambda = \gamma = 0$ , xét split tại m = 1 (trái  $b_1$ , phải  $b_2 \cup b_3$ ):

Gain = 
$$\frac{1}{2} \left( \frac{(-2)^2}{2} + \frac{(+2)^2}{4} - \frac{0^2}{6} \right) = \frac{1}{2} (2+1) = 1.5.$$

Nếu duyệt ngưỡng liên tục đúng ngay sau x = 1.1 (tức tách 2 mẫu đầu), ta nhận cùng  $G_L = -2$ ,  $H_L = 2$  và  $G_R = +2$ ,  $H_R = 4 \Rightarrow$  Gain trùng 1.5. Khi ngưỡng liên tục rơi trong một bin, histogram sẽ dùng biên gần nhất  $\Rightarrow$  sai khác chỉ do xấp xỉ ngưỡng, không do công thức.

## (2) Leaf-wise growth (best-first): tách lá có Gain lớn nhất

 $\acute{\mathbf{Y}}$  tưởng. Tại mỗi bước, trong *tập ứng viên là các lá hiện có*, chọn lá  $R^*$  có Gain lớn nhất để tách trước (best-first). Khác với depth-wise (tách đồng loạt tất cả lá ở một độ sâu), leaf-wise có thể đào sâu một nhánh mang lai giảm loss nhiều nhất.

**Chứng minh tính tối ưu cục bộ (greedy bước một).** Hàm mục tiêu xấp xỉ theo tổng các lá *công* lai và mỗi split đôc lập đóng góp một Gain:

$$\tilde{\mathcal{L}} = \sum_{j} \tilde{\mathcal{L}}_{j}^{*} = \text{hằng} - \frac{1}{2} \sum_{j} \frac{G(R_{j})^{2}}{H(R_{j}) + \lambda} + \gamma \# \text{lá}.$$

Ở một bước bất kỳ, việc tách  $m\hat{\rho}t$  lá R chỉ thay thế  $\tilde{\mathcal{L}}_R^*$  bằng  $\tilde{\mathcal{L}}_{R_L}^* + \tilde{\mathcal{L}}_{R_R}^*$ , độ giảm đúng bằng  $Gain(R \to R_L, R_R)$ . Do vậy, trong  $m\hat{\rho}t$  bước, chọn lá có Gain lớn nhất là tối ưu (greedy one-step optimal).

**Ví dụ.** Giả sử có 2 lá hiện tại  $R_1, R_2$  với  $Gain_1 = 0.40$ ,  $Gain_2 = 0.15$  (cùng  $\gamma, \lambda$ ). Leaf-wise sẽ tách  $R_1$  trước vì giảm loss nhiều hơn ngay lập tức; depth-wise có thể buộc tách cả hai (nếu cùng độ sâu), kém hiệu quả khi ngân sách split han chế.

## Gradient-based One-Side Sampling (GOSS): giữ gradient lớn, lấy mẫu gradient nhỏ

Mục tiêu. Giảm số mẫu phải xét khi tính histogram, nhưng không làm sai lệch hướng cập nhật.

**Thuật toán.** Sắp theo  $|g_i|$ . Chọn toàn bộ top-a (tỷ lệ a) mẫu có |g| lớn:  $\mathcal{A} = \{i : |g_i| \text{ lớn}\}$ . Trong phần còn lại  $\mathcal{B}$ , lấy ngẫu nhiên tỷ lệ  $b : \mathcal{B}' \subset \mathcal{B}$ . Scale phần  $\mathcal{B}'$  bằng hệ số  $s = \frac{1-a}{b}$  khi cộng dồn G, H:

$$\widehat{G}(R) = \sum_{i \in \mathcal{A} \cap R} g_i + s \sum_{i \in \mathcal{B}' \cap R} g_i, \qquad \widehat{H}(R) = \sum_{i \in \mathcal{A} \cap R} h_i + s \sum_{i \in \mathcal{B}' \cap R} h_i.$$

Chứng minh không chệch (unbiased) về kỳ vọng. Với một chỉ báo  $Z_i = \mathbf{1}\{i \in \mathcal{B}'\}$  độc lập,  $\mathbb{E}[Z_i] = b$  với  $i \in \mathcal{B}$ . Do đó

$$\mathbb{E}[\widehat{G}(R)] = \sum_{i \in \mathcal{A} \cap R} g_i + s \sum_{i \in \mathcal{B} \cap R} \mathbb{E}[Z_i g_i] = \sum_{i \in \mathcal{A} \cap R} g_i + \frac{1-a}{b} \cdot b \sum_{i \in \mathcal{B} \cap R} g_i = \sum_{i \in R} g_i = G(R).$$

Tương tự,  $\mathbb{E}[\widehat{H}(R)] = H(R)$ . Suy ra  $trung\ bình$  theo chọn mẫu, biểu thức Score/Gain tính từ  $(\widehat{G}, \widehat{H})$  là xấp xỉ  $không\ chệch$  của giá trị gốc. Thực tế, GOSS nhấn mạnh mẫu khó (gradient lớn) nên phương sai cũng nhỏ đi cho phần "quan trọng".

**Ví dụ.** Giả sử một vùng có (q, h):

$$\{(-2,1),(-1,1),(+0.1,1),(+0.1,1),(+0.1,1),(+0.1,1)\}.$$

Chọn  $a=\frac{2}{6}$  giữ -2,-1; trong 4 mẫu còn lại, lấy  $b=\frac{1}{2}\Rightarrow$  lấy ngẫu nhiên 2 mẫu nhỏ và scale  $s=\frac{1-a}{b}=\frac{4/6}{1/2}=\frac{4}{3}$ . Kỳ vọng  $\widehat{G}=(-2)+(-1)+\frac{4}{3}\cdot 0.2=-3+\frac{4}{15}\approx -2.733$  (ở đây minh hoạ một vùng con; khi xét toàn tập và theo split, kỳ vọng *trên toàn không gian chọn mẫu* sẽ khớp đúng G thật; ví dụ đơn này cho thấy g lớn được giữ nguyên, g nhỏ được scale để bù phần bị bỏ).

#### Exclusive Feature Bundling (EFB): gộp feature loại trừ nhau

**Ý tưởng.** Trong dữ liệu thưa, hai đặc trưng  $x^{(u)}, x^{(v)}$  gọi là *loại trừ* nếu hiếm khi cùng khác 0:  $x^{(u)}(i) \cdot x^{(v)}(i) \approx 0$  với hầu hết *i*. Khi đó có thể gộp vào một feature z không chồng chéo bằng cách ánh xạ mỗi giá trị về các dải rời (disjoint ranges) của z:

$$z(i) = \begin{cases} \text{offset}_u + \text{bin}\big(x^{(u)}(i)\big), & \text{n\'eu } x^{(u)}(i) \neq 0, \\ \text{offset}_v + \text{bin}\big(x^{(v)}(i)\big), & \text{n\'eu } x^{(v)}(i) \neq 0, \\ 0, & \text{n\'eu c\'a hai bằng } 0. \end{cases}$$

Các offset được đặt sao cho hai nhóm bin của u và v không trùng.

Chứng minh bảo toàn tách (trường hợp loại trừ đúng). Nếu  $x^{(u)}$  và  $x^{(v)}$  không bao giờ cùng khác 0, thì mọi split trên z tương đương một split trên một trong hai đặc trưng gốc (vì miền giá trị z là hợp rời nhau của hai cụm bin). Do vậy histogram G(b), H(b) theo z chính là gộp của histogram theo  $x^{(u)}$  và  $x^{(v)}$  mà không có va chạm  $\Rightarrow$  Score/Gain bảo toàn.

**Khi có va chạm hiếm.** Nếu một số ít quan sát có cả hai đặc trưng khác 0, có thể: (i) đặt thêm offset/đánh dấu để tách biệt, hoặc (ii) chấp nhận một  $x \hat{a} p x \hat{i}$  nhỏ (đưa hai giá trị vào cùng bin). Sai số chỉ ảnh hưởng *chọn ngưỡng tốt nhất*, không thay đổi công thức tối ưu trên tổng G, H.

**Ví dụ mini.** Giả sử hai feature nhị phân loại trừ  $x^{(u)}, x^{(v)} \in \{0, 1\}$ : trên 6 mẫu, ba mẫu có  $x^{(u)} = 1$ , ba mẫu có  $x^{(v)} = 1$ , không có mẫu nào cả hai cùng 1. Gộp thành z với offset: giá trị 1 của u ánh xạ vào bin  $\{1\}$ ; giá trị 1 của v ánh xạ vào bin  $\{10\}$ . Mọi split trên z tại ngưỡng giữa 1 và 10 chính là "chọn u hay v". Cộng dồn G, H theo bin của z đúng bằng cộng dồn riêng rẽ theo u hoặc v.

## 3.6.3 Chứng minh công thức cập nhật tại mỗi lá

Giả sử ta đã có mô hình  $F_{t-1}$  tại vòng t-1. Tại vòng t, thêm cây  $f_t$  gồm các lá  $R_{tj}$  với giá trị dự đoán  $w_{tj}$ :

$$F_t(x) = F_{t-1}(x) + f_t(x), \qquad f_t(x) = \sum_j w_{tj} \mathbf{1}\{x \in R_{tj}\}.$$

Khai triển Taylor bậc hai loss quanh  $F_{t-1}$ :

$$\tilde{\mathcal{L}}^{(t)} = \sum_{i=1}^{n} \left[ g_i f_t(x_i) + \frac{1}{2} h_i f_t(x_i)^2 \right] + \Omega(f_t),$$

trong đó

$$g_i = \frac{\partial \ell}{\partial F}\Big|_{F_{t-1}(x_i)}, \quad h_i = \frac{\partial^2 \ell}{\partial F^2}\Big|_{F_{t-1}(x_i)}, \quad \Omega(f_t) = \gamma T + \frac{\lambda}{2} \sum_j w_{tj}^2.$$

Nhóm theo từng lá  $R_{ti}$ :

$$G_{tj} = \sum_{i \in R_{tj}} g_i, \quad H_{tj} = \sum_{i \in R_{tj}} h_i.$$

Do đó:

$$\tilde{\mathcal{L}}^{(t)} = \sum_{j} \left( G_{tj} w_{tj} + \frac{1}{2} (H_{tj} + \lambda) w_{tj}^2 \right) + \gamma T.$$

Tối ưu theo  $w_{t,i}$ :

$$\frac{\partial}{\partial w_{tj}} \left[ G_{tj} w_{tj} + \frac{1}{2} (H_{tj} + \lambda) w_{tj}^2 \right] = G_{tj} + (H_{tj} + \lambda) w_{tj}.$$

Cho bằng 0:

$$w_{tj}^* = -\frac{G_{tj}}{H_{tj} + \lambda}.$$

Thế ngược lại:

$$\tilde{\mathcal{L}}_{j}^{*} = -\frac{1}{2} \frac{G_{tj}^{2}}{H_{tj} + \lambda} + \gamma.$$

 $\mathbf{D}$ ộ lợi khi split. Nếu tách một vùng P thành hai lá L, R:

$$Gain = \frac{1}{2} \left( \frac{G_L^2}{H_L + \lambda} + \frac{G_R^2}{H_R + \lambda} - \frac{G_P^2}{H_P + \lambda} \right) - \gamma$$

Vì sao dùng histogram vẫn giữ công thức này? Khi đặc trưng được lượng tử hoá thành bins, thay vì tính trên từng mẫu, ta công gradient/hessian theo bin:

$$G_{\text{bin}} = \sum_{i \in \text{bin}} g_i, \qquad H_{\text{bin}} = \sum_{i \in \text{bin}} h_i.$$

Khi duyệt split tại ranh bin, công thức cho  $w^*$ , Score và Gain vẫn giống hệt, chỉ thay  $\sum_i$  bằng  $\sum_{\text{bin}}$ 

#### 3.6.4 Ví dụ tính tay (log-loss, $\lambda = 1$ , $\gamma = 0$ )

**Thiết lập.** Tập 8 mẫu, 2 đặc trưng A, B, nhãn  $y \in \{0, 1\}$ . Khởi tạo  $F_0 \equiv 0 \Rightarrow p_0 = \sigma(F_0) = 0.5$ . Với log-loss:  $g_i = p_i - y_i$ ,  $h_i = p_i(1 - p_i)$ . Tại  $F_0$ :  $g_i \in \{\pm 0.5\}$ ,  $h_i = 0.25$  cho mọi i.

Cha (toàn bộ). Có 4 mẫu y = 1 và 4 mẫu y = 0:

$$G_P = \sum g_i = 4(-0.5) + 4(+0.5) = 0, \qquad H_P = \sum h_i = 8 \cdot 0.25 = 2, \qquad \text{Score}(P) = \frac{G_P^2}{H_P + \lambda} = 0.$$

Split theo A (vòng 1). Nhóm A = 1 có 3 mẫu y=1 và 1 mẫu y=0; A = 0 thì ngược lai.

$$A=1: \quad G=-1.0, \ H=1.0 \quad \Rightarrow \quad w^*=-\frac{G}{H+\lambda}=+\frac{1}{2}=+0.5, \ \ \text{Score}=\frac{1}{2}=0.5,$$
 
$$A=0: \quad G=+1.0, \ H=1.0 \quad \Rightarrow \quad w^*=-\frac{1}{2}=-0.5, \ \ \text{Score}=0.5.$$

Gain của split:

$$Gain_A = \frac{1}{2}(0.5 + 0.5 - 0) = 0.5$$

(Cùng công thức của LightGBM/XGBoost; lưu ý một số bản cài đặt báo split\_gain không nhân 1/2 nên có thể in ra  $\approx 1.0$ .)

Split theo B (đối chiếu). Hai phía cân bằng  $2/2 \Rightarrow G = 0$ ,  $H = 1 \Rightarrow \text{Score} = 0 \Rightarrow \text{Gain}_B = 0$ . Vậy chọn split theo A.

Cập nhật sau vòng 1.

$$F_1(x) = \begin{cases} +0.5, & A = 1 \\ -0.5, & A = 0 \end{cases} \Rightarrow p^{(1)} = \sigma(F_1) = \begin{cases} 0.62245933, & A = 1 \\ 0.37754067, & A = 0 \end{cases}$$

(tương ứng  $h^{(1)} = p^{(1)}(1-p^{(1)}) = 0.23500371$  cho mọi mẫu.)

Vòng 2 (tính trên phân phối mới). Tính lại  $g=p^{(1)}-y,\,h=p^{(1)}(1-p^{(1)})$  theo từng lá. - Lá A=1 (3 dương, 1 âm):  $G_{A=1}^{(2)}=3(0.62245933-1)+1(0.62245933-0)=-0.51016268, \qquad H_{A=1}^{(2)}=4\cdot0.23500371=0.94001485.$  - Lá A=0 (1 dương, 3 âm):  $G_{A=0}^{(2)}=1(0.37754067-1)+3(0.37754067-0)=+0.51016268, \qquad H_{A=0}^{(2)}=0.94001485.$ 

Giá trị lá tối ưu của cây thứ 2 (nếu lại chọn split giống nhau):

Nghĩa là cây thứ 2 cộng thêm  $\pm 0.263$  (theo nhánh A), làm biên F "đẩy xa hơn" (xác suất tự tin hơn), đúng tinh thần boosting.

# 3.6.5 Đối chiếu bằng code Python

```
import numpy as np, pandas as pd
from sklearn.metrics import accuracy_score
# ---- Data (8 samples) -----
X = np.array([
    [1,1],[1,0],[1,1],[1,0],
    [0,1],[0,1],[0,0],[0,0]
], dtype=float)
y = np.array([1,1,0,1,1,0,0,0], dtype=float) # {0,1}
A = X[:,0].astype(int); B = X[:,1].astype(int)
n = len(y)
lam = 1.0  # L2 leaf
gamma = 0.0 # split penalty
          # learning rate (shrinkage)
lr = 1.0
sigmoid = lambda z: 1/(1+np.exp(-z))
def sums_GH(F, mask):
   p = sigmoid(F); idx = np.where(mask)[0]
   G = float(np.sum(p[idx] - y[idx]))
   H = float(np.sum(p[idx] * (1-p[idx])))
   return G, H
def leaf_weight(G,H,lam): return - G / (H + lam)
def score(G,H,lam): return (G*G)/(H+lam) if (H+lam)!=0 else 0.0
def gain(parent,left,right,lam,gamma, half=True):
   Gp,Hp = parent; Gl,Hl = left; Gr,Hr = right
   g = (score(G1,H1,lam) + score(Gr,Hr,lam) - score(Gp,Hp,lam))
   return 0.5*g - gamma if half else g - gamma # LightGBM may report without 1/2
```

```
def split_stats(F, feat):
    if feat=="A":
       L = (A==0); R = (A==1)
    else:
       L = (B==0); R = (B==1)
    parent = sums_GH(F, np.ones(n, dtype=bool))
    left = sums_GH(F, L)
    right = sums_GH(F, R)
    return parent, left, right, L, R
# ====== HAND: Stage 1 ======
F0 = np.zeros(n)
parentA, leftA, rightA, LA, RA = split_stats(F0, "A")
GAO, HAO = leftA; GA1, HA1 = rightA
wAO = leaf_weight(GAO, HAO, lam)
                                 # expect -0.5
wA1 = leaf_weight(GA1,HA1,lam) # expect +0.5
gainA_half = gain(parentA,leftA,rightA,lam,gamma,half=True) # expect 0.5
gainA_full = gain(parentA,leftA,rightA,lam,gamma,half=False) # expect 1.0
# Alternative split B
parentB, leftB, rightB, LB, RB = split_stats(F0, "B")
gainB_half = gain(parentB,leftB,rightB,lam,gamma,half=True)
                                                              # expect 0.0
F1_hand = np.where(A==1, lr*wA1, lr*wA0)
p1_hand = sigmoid(F1_hand)
print("=== HAND (Stage 1) ===")
print(f"A=1: G={GA1:.6f}, H={HA1:.6f}, w*={wA1:.6f}, Score={score(GA1,HA1,lam):.6f}")
print(f"A=0: G={GA0:.6f}, H={HA0:.6f}, w*={wA0:.6f}, Score={score(GA0,HA0,lam):.6f}")
print(f"Gain(A) = {gainA_half:.6f} (ours, 1/2 factor)")
print(f"Gain(A)' = {gainA_full:.6f} (LightGBM's reporting, no 1/2)")
print(f"Gain(B) = {gainB_half:.6f}")
print()
# ====== HAND: Stage 2 (using the same split on A) =======
parent2, left2, right2, L2, R2 = split_stats(F1_hand, "A")
GO, HO = left2; G1, H1 = right2
w2_A0 = leaf_weight(G0,H0,lam)
                                 # expect about -0.262991
w2_A1 = leaf_weight(G1,H1,lam) # expect about +0.262991
print("=== HAND (Stage 2) ===")
print(f"A=1: G={G1:.6f}, H={H1:.6f}, w2*={w2_A1:.6f}")
print(f"A=0: G=\{G0:.6f\}, H=\{H0:.6f\}, w2*=\{w2\_A0:.6f\}")
print()
hand_df = pd.DataFrame({
    "ID": np.arange(1,n+1),
    "A":A, "B":B, "y":y.astype(int),
    "F0":F0, "F1_hand":F1_hand, "p1_hand":p1_hand
```

```
})
# ====== LightGBM: Stage 1 & Stage 2 ======
    import lightgbm as lgb
except Exception as e:
   raise SystemExit("Hãy cài: pip install lightgbm\nLõi import: "+str(e))
# Train with 2 trees to extract both stages; stump each time.
lgbm = lgb.LGBMClassifier(
   objective="binary",
   n_estimators=2,
                         # 2 trees to see stage-2 increment
                         # stump (2 leaves)
   num_leaves=2,
   max_depth=1,
   learning_rate=lr,
   reg_lambda=lam,
   reg_alpha=0.0,
   min_child_samples=1,
   subsample=1.0,
   colsample_bytree=1.0,
   boosting_type="gbdt",
    importance_type="gain",
   verbosity=-1
)
# IMPORTANT: make F0 = 0 so it matches the hand setup
lgbm.set_params(boost_from_average=False)
lgbm.fit(X, y)
# Raw scores after tree 1 and tree 2
F_after_1 = lgbm.predict(X, raw_score=True, num_iteration=1)
F_after_2 = lgbm.predict(X, raw_score=True, num_iteration=2)
delta_tree2 = F_after_2 - F_after_1 # contribution of tree 2 alone
# Dump trees to read split feature, gain, leaf values
dump = lgbm.booster_.dump_model()
def tree_info(k):
   return dump["tree_info"][k]["tree_structure"]
def leaves_of(tree):
   vals = []
   def dfs(node):
        if "split_feature" in node:
            dfs(node["left_child"]); dfs(node["right_child"])
            vals.append(node["leaf_value"])
   dfs(tree); return vals
t0 = tree_info(0); t1 = tree_info(1)
root_feat_t0 = t0.get("split_feature", None) # 0 ~ column 0 (A), 1 ~ column 1 (B)
```

```
# may be 1.0 (no 1/2 factor)
root_gain_t0 = t0.get("split_gain", None)
leaves_t0 = leaves_of(t0)
root_feat_t1 = t1.get("split_feature", None)
root_gain_t1 = t1.get("split_gain", None)
leaves_t1 = leaves_of(t1)
feat_map = {0:"A", 1:"B"}
print("=== LightGBM model summary ===")
print(f"Tree 1 root: feature={feat_map.get(root_feat_t0,'?')}, split_gain={root_gain_t0:.6f}")
print(f"Tree 1 leaves: { [round(v,6) for v in leaves_t0] } (expect [+0.5, -0.5])")
print(f"Tree 2 root: feature={feat_map.get(root_feat_t1,'?')}, split_gain={root_gain_t1:.6f}")
print(f"Tree 2 leaves: { [round(v,6) for v in leaves_t1] } (expect [+0.262991, -0.262991])")
print()
# ===== Per-sample comparison =====
comp1 = hand_df.copy()
comp1["F1_lgb"] = F_after_1
comp1["p1_lgb"] = 1/(1+np.exp(-comp1["F1_lgb"]))
comp1["dF1"] = comp1["F1_lgb"] - comp1["F1_hand"]
comp1["dp1"] = comp1["p1_lgb"] - comp1["p1_hand"]
comp2 = pd.DataFrame({
    "ID": np.arange(1,n+1),
    "A":A, "contrib_tree2_lgb": delta_tree2,
})
# Expected contributions of tree2 by hand:
exp2 = np.where(A==1, w2_A1, w2_A0)
comp2["contrib_tree2_hand"] = exp2
comp2["delta"] = comp2["contrib_tree2_lgb"] - comp2["contrib_tree2_hand"]
print("=== Per-sample comparison: Stage 1 (F1, p1) ===")
print(comp1[["ID", "A", "B", "y", "F1 hand",
"F1_lgb", "dF1", "p1_hand", "p1_lgb", "dp1"]].to_string(index=False))
print("\n=== Per-sample comparison: Tree 2 contribution (raw) ===")
print(comp2.to_string(index=False))
```

```
=== HAND (Stage 1) ===
A=1: G=-1.000000, H=1.000000, w*=0.500000, Score=0.500000
A=0: G=1.000000, H=1.000000, w*=-0.500000, Score=0.500000
Gain(A) = 0.500000 (ours, 1/2 factor)
Gain(A)' = 1.000000 (LightGBM's reporting, no 1/2)
Gain(B) = 0.000000

=== HAND (Stage 2) ===
A=1: G=-0.510163, H=0.940015, w2*=0.262968
A=0: G=0.510163, H=0.940015, w2*=-0.262968

=== LightGBM model summary ===
Tree 1 root: feature=A, split_gain=1.000000
Tree 1 leaves: [-0.5, 0.5] (expect ≈ [+0.5, -0.5])
Tree 2 root: feature=A, split_gain=0.268313
Tree 2 leaves: [-0.262968, 0.262968] (expect ≈ [+0.262991, -0.262991])
```

Hình 14: So sánh kết quả giữa tính tay và dùng sklearn với mô hình LightGBM

# 4 Bài toàn thực nghiệm: Phân loại ung thư vú

```
import os
2 import platform
3 import time
4 import numpy as np
5 import pandas as pd
6 from sklearn.datasets import load_breast_cancer, make_classification
  from sklearn.model_selection import RepeatedStratifiedKFold
   from sklearn.metrics import (
        accuracy_score, balanced_accuracy_score, f1_score,
10
        roc_auc_score, average_precision_score, log_loss
11
   from sklearn.tree import DecisionTreeClassifier
12
   from sklearn.ensemble import (
13
        RandomForestClassifier,
14
        ExtraTreesClassifier,
15
        GradientBoostingClassifier,
16
        HistGradientBoostingClassifier,
17
        AdaBoostClassifier,
18
   )
19
20
    # Optional imports
21
   HAS_XGB = False
22
   HAS_LGBM = False
23
24
        from xgboost import XGBClassifier
25
        HAS_XGB = True
26
27
    except Exception:
        HAS_XGB = False
28
29
```

```
30
    try:
        import lightgbm as lgb
31
32
        HAS_LGBM = True
    except Exception:
33
        HAS\_LGBM = False
34
35
36
    def in notebook() -> bool:
37
        """Detect Jupyter/Colab to avoid argparse reading kernel args."""
38
39
            from IPython import get_ipython # type: ignore
40
            return get_ipython() is not None
41
        except Exception:
42
            return False
43
44
45
    def get_dataset(args):
46
        if args.dataset == "breast_cancer":
47
            data = load_breast_cancer()
48
            X, y = data.data, data.target
49
            name = "breast_cancer"
50
51
        elif args.dataset == "synthetic":
            weights = None
52
            if args.class_weight is not None:
53
                 weights = [args.class_weight] # class 0 proportion
54
            X, y = make_classification(
55
                n_samples=args.n_samples,
56
                n_features=args.n_features,
57
                n_informative=args.n_informative,
58
                n_redundant=max(0, args.n_features - args.n_informative - 5),
59
                n_clusters_per_class=2,
60
                flip_y=0.01,
61
62
                 weights=weights,
                random_state=42,
63
            )
64
            name = "synthetic"
65
66
            raise ValueError("Unknown dataset")
67
        return X, y, name
68
69
70
71
    def get_models(args):
72
        # compact defaults; --fast shrinks them for quick runs
        n_est_rf = 100 if args.fast else 200
73
        n_est_et = 150 if args.fast else 300
74
        n_est_gbm = 100 if args.fast else 200
75
        n_iter_hgb= 100 if args.fast else 200
76
        n_est_ada = 150 if args.fast else 300
77
        n_est_xgb = 150 if args.fast else 300
78
        n_{est_lgb} = 150 \text{ if args.fast else } 300
79
80
        models = {}
81
        models["DecisionTree"] = DecisionTreeClassifier(
82
             criterion="gini", max_depth=None, random_state=args.seed
83
84
85
        models["RandomForest"] = RandomForestClassifier(
            n_estimators=n_est_rf, max_depth=None, n_jobs=args.n_jobs, random_state=args.seed
86
87
        models["ExtraTrees"] = ExtraTreesClassifier(
88
            n_estimators=n_est_et, max_depth=None, n_jobs=args.n_jobs, random_state=args.seed
89
90
        models["GradientBoosting"] = GradientBoostingClassifier(
91
```

```
92
             learning_rate=0.1, n_estimators=n_est_gbm, max_depth=3, random_state=args.seed
         )
 93
         models["HistGradientBoosting"] = HistGradientBoostingClassifier(
94
95
             learning_rate=0.1, max_depth=None, max_iter=n_iter_hgb, random_state=args.seed
96
         models["AdaBoost(stump)"] = AdaBoostClassifier(
97
             n_estimators=n_est_ada, learning_rate=0.5, random_state=args.seed
98
99
100
         if HAS_XGB:
101
             models["XGBoost"] = XGBClassifier(
102
                  objective="binary:logistic",
103
                  n_estimators=n_est_xgb,
104
                  learning_rate=0.1,
105
106
                  max_depth=6,
107
                  subsample=0.8,
                  colsample_bytree=0.8,
108
                  reg_lambda=1.0,
109
                  reg_alpha=0.0,
110
                  tree_method="hist", # fast and comparable to HGB
111
                 n_jobs=args.n_jobs,
112
113
                  random_state=args.seed,
114
                  eval_metric="logloss",
                  verbosity=0,
115
             )
116
117
         if HAS_LGBM:
118
             models["LightGBM"] = lgb.LGBMClassifier(
119
                  objective="binary",
120
                 n_estimators=n_est_lgb,
121
                  learning_rate=0.1,
122
                 num_leaves=31,
123
                  subsample=0.8,
124
                  colsample_bytree=0.8,
125
                  reg_lambda=1.0,
126
127
                  random_state=args.seed,
                  n_jobs=args.n_jobs,
128
                  boosting_type="gbdt",
129
                  verbose=-1,
130
             )
131
         return models
132
133
134
     def proba_or_scores(model, X):
135
         """Return probability for class 1 if available; else decision_function; else label."""
136
         if hasattr(model, "predict_proba"):
137
             p = model.predict_proba(X)
138
             if p.ndim == 2 and p.shape[1] == 2:
139
140
                  return p[:, 1]
             return np.argmax(p, axis=1)
141
         if hasattr(model, "decision_function"):
142
             s = model.decision_function(X)
143
             return s.ravel() if s.ndim > 1 else s
144
         return model.predict(X)
145
146
147
     def run_benchmark(args):
148
         X, y, ds_name = get_dataset(args)
149
         models = get_models(args)
150
151
         rskf = RepeatedStratifiedKFold(
152
             n_splits=args.splits, n_repeats=args.repeats, random_state=args.seed
153
```

```
154
         )
155
156
         rows = []
         fold_idx = 0
157
         for train_idx, test_idx in rskf.split(X, y):
158
             fold_idx += 1
159
             X_train, X_test = X[train_idx], X[test_idx]
160
             y_train, y_test = y[train_idx], y[test_idx]
161
162
             for name, model in models.items():
163
                  if hasattr(model, "random_state"):
164
                      setattr(model, "random_state", args.seed + fold_idx)
165
166
                  # Fit timing
167
168
                  t0 = time.perf_counter()
                  model.fit(X_train, y_train)
169
                  fit_time = time.perf_counter() - t0
170
171
                  # Predict timing
172
                  t1 = time.perf_counter()
173
174
                  y_pred = model.predict(X_test)
175
                  pred_time = time.perf_counter() - t1
176
                  # Scores
177
                  scores = proba_or_scores(model, X_test)
178
                  acc = accuracy_score(y_test, y_pred)
179
                  bacc = balanced_accuracy_score(y_test, y_pred)
180
                  f1 = f1_score(y_test, y_pred)
181
182
                  # ROC-AUC & PR-AUC
183
184
                  try:
                      auc = roc_auc_score(y_test, scores)
185
186
                  except Exception:
187
                      auc = np.nan
188
                  try:
189
                      prauc = average_precision_score(y_test, scores)
                  except Exception:
190
                      prauc = np.nan
191
192
                  # Log loss (chỉ khi có xác suất)
193
                  11 = np.nan
194
                  try:
195
                      if scores.ndim == 1 and np.all((scores >= 0) & (scores <= 1)):
196
                          11 = log_loss(y_test, scores)
197
                      elif hasattr(model, "predict_proba"):
198
                          p = model.predict_proba(X_test)[:, 1]
199
                          11 = log_loss(y_test, p)
200
                  except Exception:
201
202
                      pass
203
                  rows.append(
204
                      {
205
                           "dataset": ds_name,
206
                           "model": name,
207
                           "fold": fold_idx,
208
209
                           "fit_time_sec": fit_time,
                           "pred_time_sec": pred_time,
210
                           "accuracy": acc,
211
                           "balanced_accuracy": bacc,
212
                           "f1": f1,
213
                           "roc_auc": auc,
214
                           "pr_auc": prauc,
215
```

```
216
                          "log_loss": 11,
                      }
217
218
                  )
219
         df = pd.DataFrame(rows)
220
         # Aggregate
221
         agg = (
222
             df.groupby(["dataset", "model"])
223
              .agg(
224
                 mean_fit_time=("fit_time_sec", "mean"),
225
                 mean_pred_time=("pred_time_sec", "mean"),
226
                 mean_accuracy=("accuracy", "mean"),
227
                  std_accuracy=("accuracy", "std"),
228
                 mean_bal_accuracy=("balanced_accuracy", "mean"),
229
                 mean_f1=("f1", "mean"),
230
                 mean_roc_auc=("roc_auc", "mean"),
231
                 mean_pr_auc=("pr_auc", "mean"),
232
                 mean_log_loss=("log_loss", "mean"),
233
                  folds=("fold", "count"),
234
             )
235
              .reset_index()
236
237
              .sort_values(["mean_roc_auc", "mean_accuracy"], ascending=False)
238
239
         return df, agg
240
241
     def build_parser():
242
         p = argparse.ArgumentParser(
243
             description="Benchmark tree-based models (runtime & accuracy)."
244
245
         p.add_argument("--dataset", type=str, default="breast_cancer",
246
                         choices=["breast_cancer", "synthetic"])
247
         p.add_argument("--splits", type=int, default=5)
248
         p.add_argument("--repeats", type=int, default=2)
249
         p.add_argument("--plot", action="store_true")
250
         p.add_argument("--fast", action="store_true")
251
         p.add_argument("--n-jobs", type=int, default=os.cpu_count())
252
         p.add_argument("--seed", type=int, default=42)
253
254
         # synthetic options
255
         p.add_argument("--n-samples", type=int, default=3000)
         p.add_argument("--n-features", type=int, default=30)
256
257
         p.add_argument("--n-informative", type=int, default=10)
         p.add_argument("--class-weight", type=float, default=None,
258
                         help="Proportion for class 0 (e.g., 0.3). If None, balanced.")
259
260
         return p
261
262
     def in_notebook():
263
264
         try:
^{265}
             from IPython import get_ipython
266
             return get_ipython() is not None
         except Exception:
267
             return False
268
269
270
271
     def main():
272
         parser = build_parser()
         argv = [] if in_notebook() else None
273
         args = parser.parse_args(argv)
274
275
         print(f"Python {platform.python_version()} | OS: {platform.system()} | CPU cores: {os.cpu_count()}")
276
277
```

```
278
              df, agg = run_benchmark(args)
              print("\n=== Fold-level results (head) ===")
279
280
              print(df.head(10).to_string(index=False))
              print("\n=== Aggregated results ===")
281
282
             print(agg.to_string(index=False))
283
              df.to_csv("tree_bench_folds.csv", index=False)
284
              agg.to csv("tree bench summary.csv", index=False)
285
              print("\nSaved: tree_bench_folds.csv, tree_bench_summary.csv")
286
287
288
            __name__ == "__main__":
289
              main()
290
        === Fold-level results (head) ===
                                   model
                                         fold fit_time_sec
                                                                                   balanced_accuracy f1 roc_auc pr_auc
0.922863 0.935252 0.922863 0.927735
             dataset
                                                              ed_time_sec
                                                                          accuracy
                            DecisionTree
                                                  0.078539
                                                                 0.003721
                                                                          0.921053
                                                                                                                              2.845552
        breast cancer
        breast_cancer
                                                   0.984219
                                                                 0.084305
                                                                          0.964912
                                                                                            0.967245 0.971429 0.997707 0.998593
                                                                                                                               0.098857
        breast_cancer
                              ExtraTrees
                                                   0.674562
                                                                 0.091990
                                                                          0.991228
                                                                                            0.992958 0.992908 0.999672 0.999804
                                                                                                                              0.085850
                                                                 0.006107
                        GradientBoosting
                                                   2.615084
                                                                                            0.969702 0.979021 0.998362 0.999038
        breast_cancer
        breast_cancer HistGradientBoosting
                                                   1.030585
                                                                 0.006439
                                                                          0.982456
                                                                                            0.981330 0.985915 0.999672 0.999804
                                                                                                                              0.022512
                                                                 0.045584
                                                   2.011278
                                                                                            0.988372 0.993007 1.000000 1.000000
        breast cancer
                         AdaBoost(stump)
                                                                          0.991228
                                                                                                                              0.552937
                                                                 0.006167
        breast_cancer
                                 XGBoost
                                                   0.333381
                                                                          0.991228
                                                                                            0.992958 0.992908 1.000000 1.000000
                                                                                                                              0.047846
        breast cancer
                                LightGBM
                                                   0.181239
                                                                 0.004019
                                                                          0.991228
                                                                                            0.988372 0.993007 0.999345 0.999606
                                                                                                                              0.033309
        breast_cancer
                                                                 0.000793
       breast_cancer
                            RandomForest
                                                   0.477936
                                                                 0.062151
                                                                         0.929825
                                                                                            0.916148 0.945205 0.975434 0.971198
                                                                                                                              0.425668
        === Aggregated results
                                  model mean_fit_time mean_pred_time
                                                                                    std_accuracy mean_bal_accuracy mean_f1
             dataset
                                                                      mean_accuracy
                                                                                                                           mean_roc_auc
                                                                                                                                         mean pr auc
                                                                                                                                                     mean_log_loss
                                                                                                                                                                   folds
                                              1.720984
                                                             0.035908
                                                                           0.972768
                                                                                        0.012030
                                                                                                          0.967724 0.978569
                                                                                                                               0.994673
                                                                                                                                            0.996543
                                                                                                                                                         0.529487
        breast cancer
                         AdaBoost(stump)
        breast cancer
                                 XGBoost
                                              0.215526
                                                             0.002526
                                                                           0.967482
                                                                                        0.012455
                                                                                                          0.964491 0.974178
                                                                                                                               0.994139
                                                                                                                                            0.996183
                                                                                                                                                         0.090537
                                                                                                                                                                      10
                                              0.160677
                                                             0.003123
                                                                           0.971014
                                                                                        0.013089
                                                                                                          0.965920 0.977153
                                                                                                                               0.993843
                                                                                                                                            0.996014
                                                                                                                                                          0.100022
                                LightGBM
                                                                                                                                                                      10
        breast_cancer
                                              0.518019
        breast_cancer
                              ExtraTrees
                                                             0.082618
                                                                           0.965751
                                                                                        0.015133
                                                                                                          0.960752 0.972987
                                                                                                                               0.993762
                                                                                                                                            0.995951
                                                                                                                                                         0.111929
                                                                                                                                                                      10
10
                        GradientBoosting
                                              2.244938
                                                             0.001831
                                                                           0.956955
                                                                                        0.022444
                                                                                                          0.951371 0.966002
                                                                                                                               0.992124
                                                                                                                                            0.994825
                                                                                                                                                         0.152960
        breast cancer
                                                                                                          0.952728 0.969091
        breast_cancer HistGradientBoosting
                                              0.950298
                                                             0.004356
                                                                           0.960456
                                                                                        0.019065
                                                                                                                                0.991982
                                                                                                                                            0.994641
                                                                                                                                                          0.173059
                                                                                                                                                                      10
        breast cancer
                            RandomForest
                                              0.531048
                                                             0.054241
                                                                           0.954293
                                                                                        0.016519
                                                                                                          0.949699 0.963757
                                                                                                                                0.989150
                                                                                                                                            0.989961
                                                                                                                                                         0.176401
                                                                                                                                                                      10
                            DecisionTree
                                                                                                                                                          2.820370
        breast_cancer
```

Hình 15: So sánh hiệu quả hoạt đông của toàn bộ mô hình cây

#### Kết quả trung bình trên 10 folds cho thấy:

- Độ chính xác (Accuracy & ROC-AUC):
  - Các mô hình boosting hiện đại như **XGBoost** (ROC-AUC  $\approx 0.994$ ) và **LightGBM** (ROC-AUC  $\approx 0.996$ ) đạt kết quả gần như hoàn hảo.
  - AdaBoost cũng cho ROC-AUC ≈ 0.995, vượt trội so với Gradient Boosting truyền thống.
  - Random Forest và Extra Trees duy trì hiệu quả tốt (ROC-AUC  $\approx 0.99$ ).
  - **Decision Tree** kém ổn đinh hơn với ROC-AUC  $\approx 0.918$ .
- Thời gian huấn luyện:
  - Decision Tree nhanh nhất ( $\approx 0.03$ s) nhưng đô chính xác thấp hơn.
  - **XGBoost** và **LightGBM** cân bằng: vừa nhanh (XGBoost  $\approx 0.2$ s, LightGBM  $\approx 0.16$ s) vừa cực kỳ chính xác.
  - Gradient Boosting truyền thống khá châm ( $\approx 2.24$ s).
  - AdaBoost mất nhiều thời gian nhất ( $\approx 1.72$ s).
- Log Loss:
  - **LightGBM** có log loss thấp nhất ( $\approx 0.10$ ), thể hiện xác suất dư đoán được calibrate tốt.
  - Decision Tree có log loss cao nhất ( $\approx 2.82$ ), cho thấy xác suất dự đoán kém ổn định.

# Tổng kết so sánh

• Decision Tree: đơn giản, nhanh, dễ hiểu nhưng không phù hợp khi yêu cầu độ chính xác cao.

- Random Forest & Extra Trees: cho kết quả ổn định, tuy nhiên chưa bằng Boosting hiện đại.
- Gradient Boosting cổ điển: đạt ROC-AUC  $\approx 0.992,$ nhưng tốc độ chậm và kém tối ưu hơn.
- **HistGradientBoosting:** cải thiện tốc độ nhờ sử dụng histogram, kết quả gần tương đương LightGBM.
- AdaBoost: mạnh khi dữ liệu ít nhiễu, song mất thời gian train lâu hơn.
- XGBoost & LightGBM: nổi bật nhất, cân bằng giữa hiệu năng và hiệu quả, phù hợp với dữ liệu lớn.