# Aprendizado de Máquinas Comparando Preditores

Douglas Rodrigues

Universidade Federal Fluminense

#### Comparando Preditores

- Muitas vezes desejamos saber qual método de construção do preditor performa melhor nos nossos dados.
- Para realizar uma comparação junto, é necessário que todos os métodos tenham utilizado os mesmos parâmetros de pré-treinamento.
- Queremos remover qualquer dependência do desempenho do preditor em relação à amostra selecionada. Para isso, utilizamos métodos de re-amostragem, como k-fold repetido.
- Após o treinamento, utilizamos o comando resamples() para comparar os resultados.

- Vamos utilizar o banco de dados spam.
- Vamos comparar 4 tipos de treinamento:
  - **1 glm**: Modelos Lineares Generalizados.
  - **3** symLinear: Support Vector Machine com Kernel Linear.
  - **10 Part**: Árvores de Particionamento e Regressão Recursivas.
  - knn: k-vizinhos próximos.

• Vamos utilizar repeated k-folds, com 3 repetições para k = 10.

```
> ctrl <- trainControl(method="repeatedcv", number=10, repeats=3)</pre>
```

• Para evitar dependência das amostras treino/teste, vamos fixar set.seed(100) antes de cada treinamento.

```
#glm
> {set.seed(100)
> t0 = Sys.time()
> model_glm <- train(type~., data=spam, method="glm",
trControl=ctrl)
> glm_time<-Sys.time()-t0}
•</pre>
```

.

Vamos utilizar alguns comandos que nos auxiliam a comparar os classificadores.

• O comando resamples() armazena os dados dos testes, e verifica se os modelos gerados são comparáveis e se utilizam a mesma configuração de trainControl().

```
> results <- resamples(list(GLM=model_glm, SVM=model_svm,
RPART=model_rpart, KNN=model_knn))
```

- Vamos obter um resumo do resultado dos testes.
  - > summary(results) Obs: o Coeficiente de Concordância Kappa de Cohen pode ser definido como uma medida de associação usada para descrever e testar o grau de concordância na classificação. É muito importante, principalmente quando há grande discrepância na proporção de diferentes classes na amostra (80% vs 20%, por exemplo).

#### Tempos de Processamento

- Método 1
  - > results\$timings
  - > barplot(results\$timings\$Everything,
    names.arg=rownames(results\$timings))
- Método 2
  - > glm\_time
  - > svm\_time
  - > rpart\_time
  - > knn\_time

Ajustamos o parâmetro dos gráficos.

- Boxplot comparativo da accuracy e kappa.
  - > bwplot(results, scales=scales)
- Densidade da accuracy.
  - > densityplot(results, scales=scales, pch = "|", auto.key=TRUE)
- Comportamento de cada fold.
  - > parallelplot(results)

• Comparando comportamento de cada fold em diferentes testes.

```
> xyplot(results, models=c("GLM", "SVM"))
> xyplot(results, models=c("KNN", "RPART"))
```

 Calcular diferença de accuracy/kappa entre modelos, e realizar testes de hipótese para as diferenças.

```
> diffs <- diff(results)
#Resumo e p-valor
> summary(diffs)
```