Simplified Decision Tree Induction with Multi-objective Symbiotic Evolution

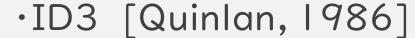
Otani Laboratory Takuya Mitarai

決定木と代表的手法

→ 決定木・・・木構造を用いた解釈可能な分類・回帰モデル

分岐条件が明示的



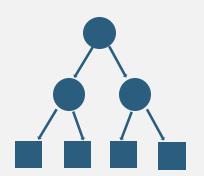


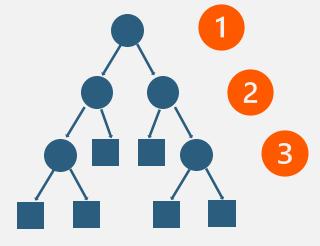
·C4.5[Quinlan, 1993]

· · · 貪欲法

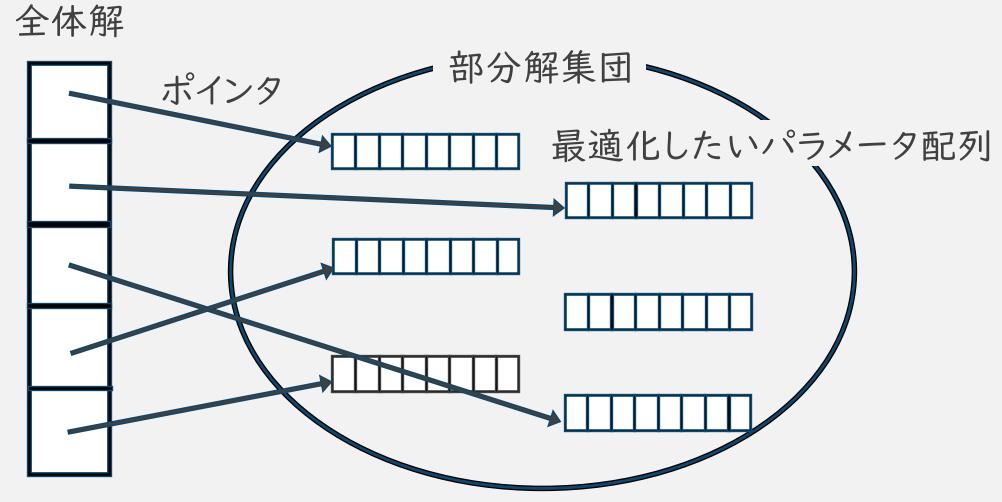


- メノード数が膨大になり、過学習を起こしやすい
 - →共生進化を使った決定木生成手法





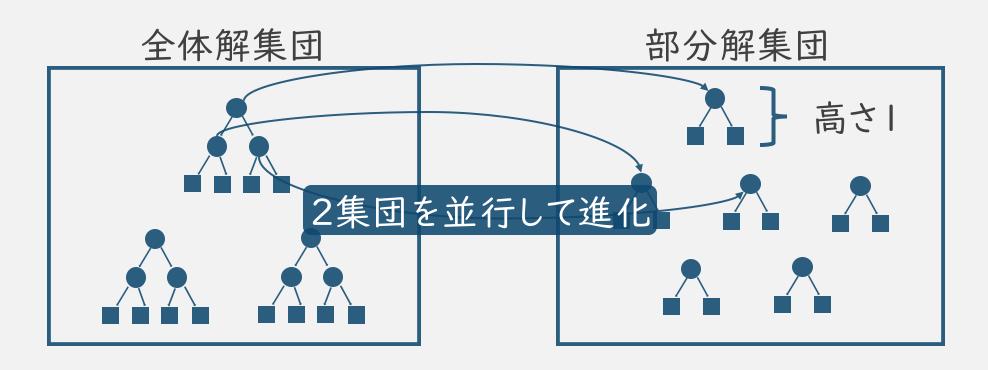
共生進化 ・・・分割統治法に基づく遺伝的アルゴリズム



一般的な遺伝的アルゴリズムよりも探索性能が高い

共生進化による簡素な決定木生成手法

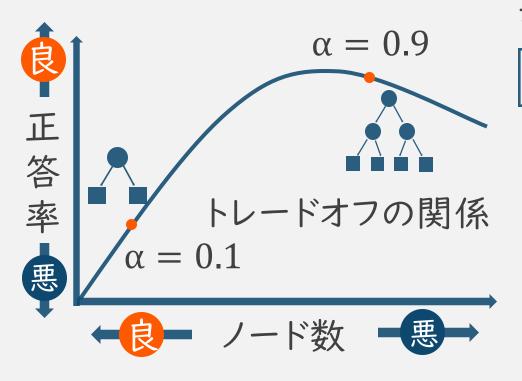
→ SESAT[大谷, 2004]



○ノード数を抑えた上で高い正答率を持つ決定木を生成可能

SESATの評価関数

ノード数と正答率の関係



正答率とノード数に関する多目的最適化問題 共生進化は単目的最適化アルゴリズム

$$Fit(X) = 正答率×(1-\alpha×エントロピー)×100$$

正答率と<u>エントロピ</u>の重み付き積 (ノード数)

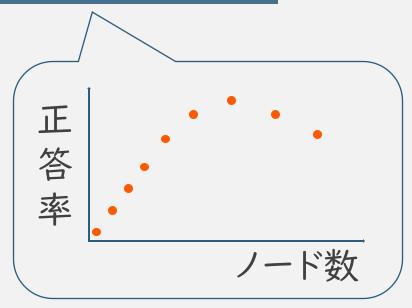
- メ 重みαのパラメータ調整の手間
- ★ |回の探索で|つの決定木のみ

研究の目的



1 多目的共生進化NSSEを提案

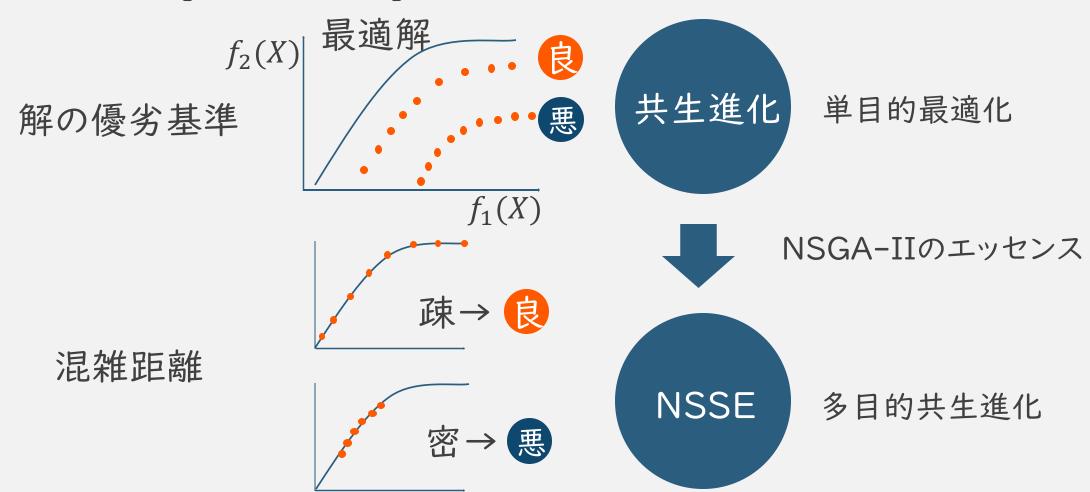




2 NSSESAT(Non-dominated Sorting Symbiotic Evolution for Simple and Accurate Trees)を提案

1 多目的共生進化NSSE

→ NSGA-II[Deb, 2000]···多目的遺伝的アルゴリズム

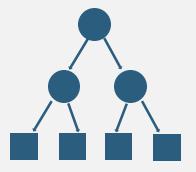


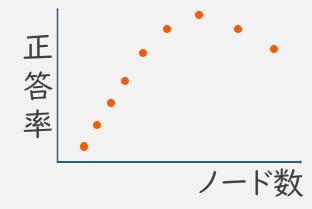
2 NSSESAT<評価関数>

NSSE

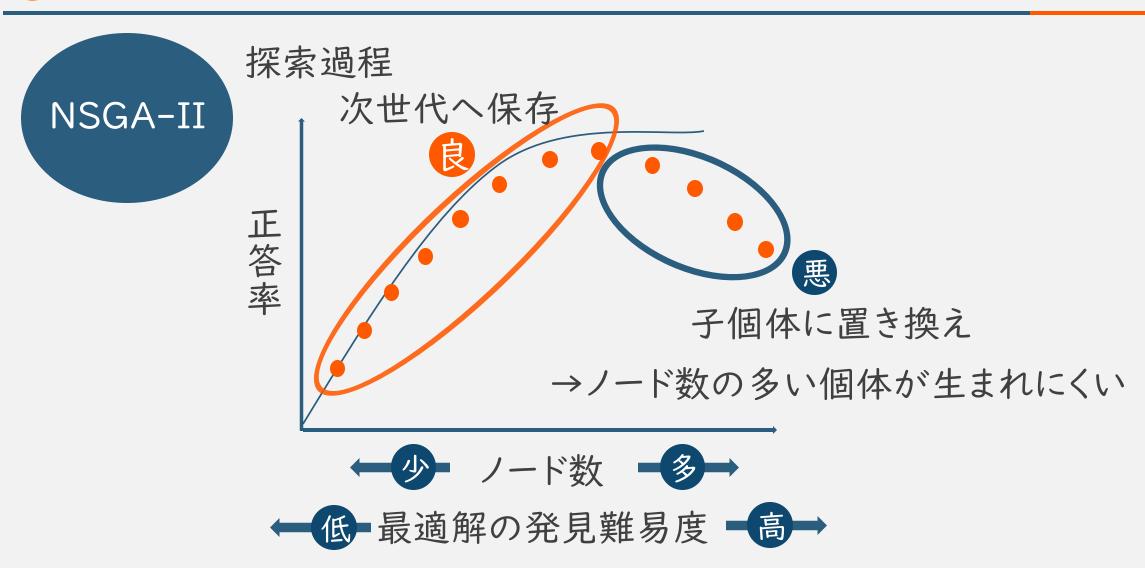
解の優劣基準と混雑距離に基づく評価関数

NSSSAAT





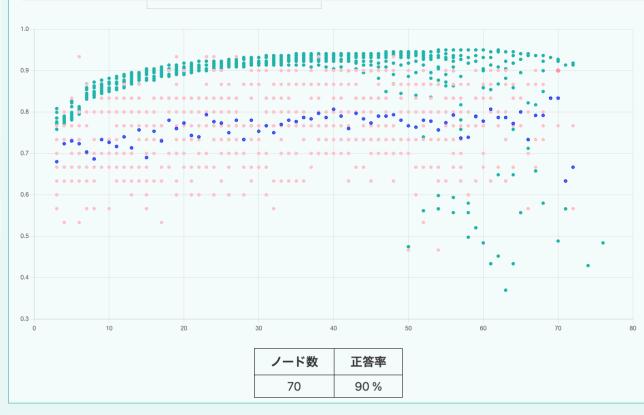
2 NSSESAT<次世代への保存>

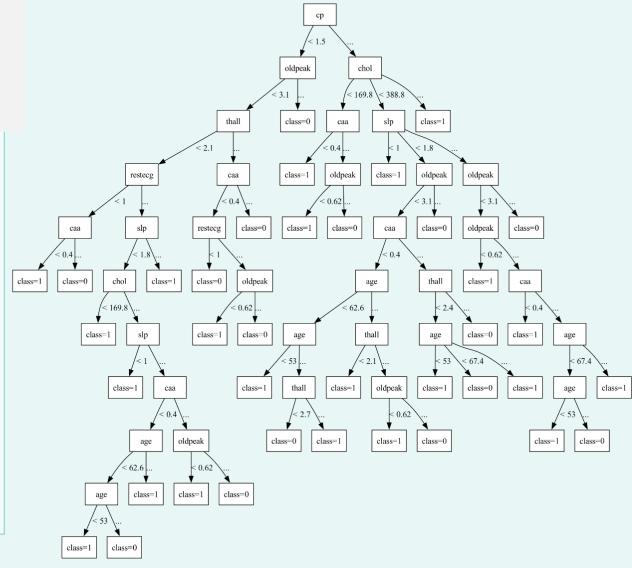


2 NSSESAT<次世代への保存>

探索過程 **NSSESAT** 良 次世代へ保存 正答率 →集団の多様性を向上 悪 子個体に置き換え ノード数 最適解の発見難易度一難一

どれほど汎化性能があるか確かめたり、 決定木の概形を確認しながら、 モデル選択できるシステム





評価実験1

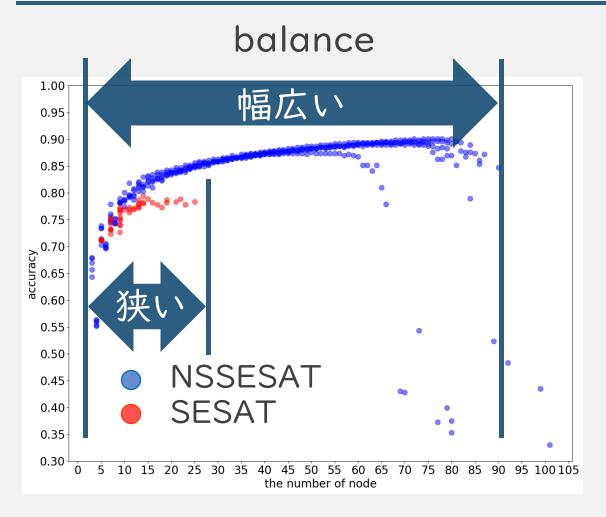
→ NSSESATとSESATとの比較

UCI機械学習リポジトリのデータセット

balance・・・天秤が左か右に傾くか釣り合うか分類する3値問題
heart・・・心臓発作の確率が高いかどうか分類する2値問題

- ・SESATでは| 1種類の重み α を使って,各5回実行
- ・ノード数と訓練事例に対する正答率に関する散布図を表示

実験結果I



heart 1.00 0.95 0.90 0.85 0.80 0.75 0.70 0.65 0.60 狭い 0.55 0.50 0.45 0.40 0.35 0.30 70 65 the number of node

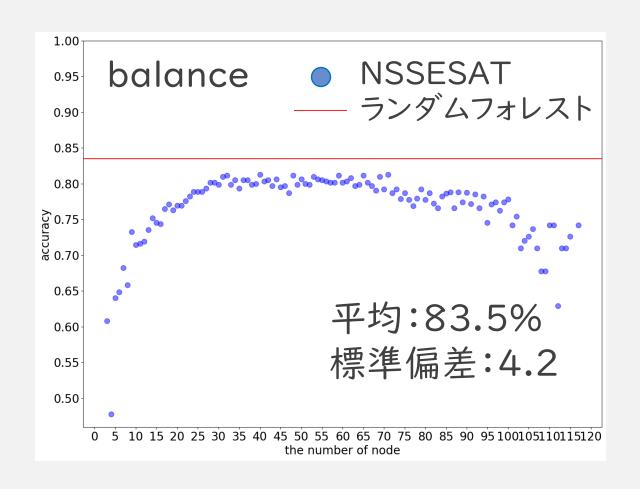
SESAT ≤ NSSESAT

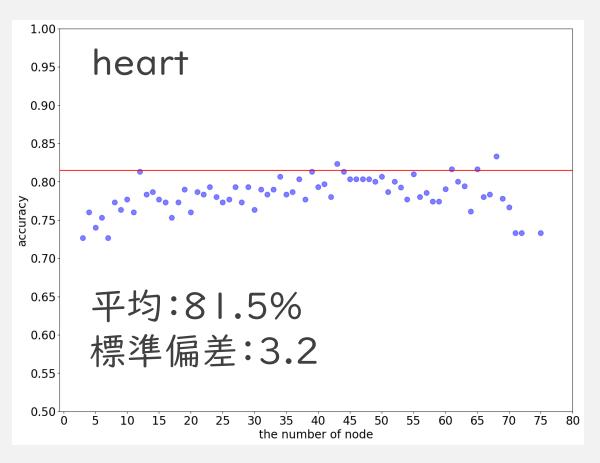
SESAT ≤ NSSESAT

解釈可能でない

- +
- NSSESATと既存の機械学習手法との比較
- ・ランダムフォレスト, RBFカーネルSVM
- ・既存の機械学習手法ではネストした交差検証を行う
- ・IO-fold交差検証を行い,正答率の平均値をプロット
- ・評価実験 | と同じデータセットを用いる

実験結果2 vs ランダムフォレスト

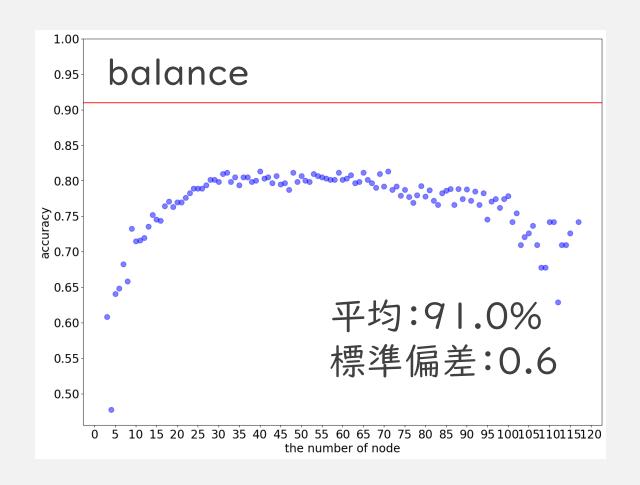


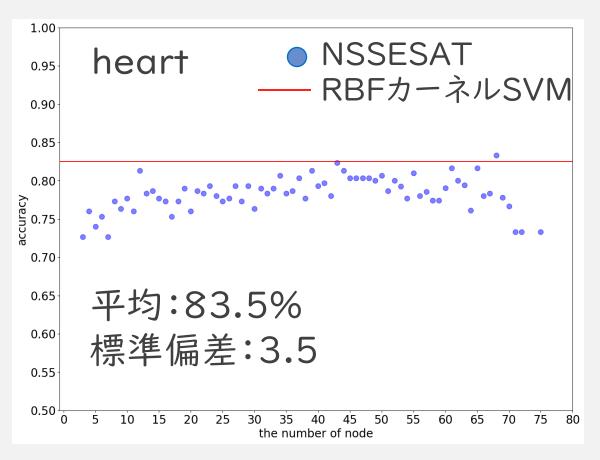


NSSESAT ≤ ランダムフォレスト

NSSESAT ≈ ランダムフォレスト

実験結果2 vs RBFカーネルSVM





NSSESAT ≤ RBFカーネルSVM

NSSESAT ≈ RBFカーネルSVM

考察

→ ノード数と正答率に関する最適な決定木を一度に列挙可能

→ 一部の問題に対して,既存の機械学習手法と同等の性能を持つ

解釈可能な分類モデルを生成したい



既存手法と同等の正答率を維持したい