Documentazione della Pipeline Tabellare xai_tab

June 27, 2025

1. Contesto

Per analizzare il fenomeno del *Disagreement Problem* è stato scelto il dataset *Breast-Cancer Wisconsin*, un dataset tabellare di 569 campioni e 30 caratteristiche numeriche, e due modelli MLP identici nell'architettura ma differenziati solo da diversi *seed* di inizializzazione. L'obiettivo è capire quanto le mappe di importanza delle feature, generate con *Integrated Gradients*, divergano tra i due modelli.

2. Tecnologie e librerie

La pipeline è stata implementata in Python 3.10 all'interno di un ambiente conda (xai) con:

- PyTorch per la definizione e il caricamento delle reti MLP;
- scikit-learn per il preprocessing dei dati (standardizzazione e divisione in train/test);
- Libreria Captum per la generazione delle spiegazioni Integrated Gradients;
- NumPy per la gestione dei calcoli numerici su matrici;
- Matplotlib per produrre le visualizzazioni (grafici a barre).

3. Flusso di lavoro

Il processo si articola in tre fasi: training dei modelli, generazione delle spiegazioni, calcolo delle metriche di disaccordo.

3.1 Training dei modelli (train.py)

Per prima cosa è stato caricato il dataset con load_breast_cancer(), applicato una standardizzazione (ogni feature riportata a media zero e varianza uno) e suddiviso i dati in training e test con split 80%/20%, mantenendo stabile la proporzione delle classi tramite stratify=y e fissando la riproducibilità con random_state=0. Poi è stato definito una rete MLP a due layer nascosti da 16 neuroni ciascuno ed è stato ripetuto l'addestramento due volte, modificando soltanto il seed (0 e 1) per generare due modelli leggermente differenti pur mantenendo la stessa struttura. Ognuno di questi modelli è quindi salvato nei file models/mlp_seed0.pt e models/mlp_seed1.pt.

3.2 Generazione delle spiegazioni (compare_tabular.py)

Nella fase successiva sono state caricate le feature di test, convertendole in tensori PyTorch (strutture dati multidimensionali che permettono di rappresentare un insieme di dati in maniera compatta ed efficiente), e importato i modelli precedentemente salvati, portandoli in modalità eval() per disattivare eventuali comportamenti di training come il dropout (processo di impostazione casuale di alcuni nodi a output zero durante il processo di addestramento).

Baseline Per i metodi di attribution path-integral come Integrated Gradients, occorre un base-line, ovvero un punto di riferimento da cui partire l'integrazione. In questo caso viene definito un vettore di zeri di dimensione pari al numero di feature (30):

baseline =
$$torch.zeros(1,30)$$
.

Questa scelta equivale ad un campione "neutro" a cui tutte le feature contribuiscono per zero alla previsione.

Passi di integrazione (n_steps) Poiché l'Integrated Gradients calcola l'integrale del gradiente lungo il percorso dal baseline al campione x, tale integrale viene approssimato come somma di Riemann in m sotto-intervalli. Ogni passo di integrazione corrisponde al calcolo del gradiente in un punto intermedio:

$$x^{(k)} = x' + \frac{k}{m}(x - x'), \quad k = 1, \dots, m,$$

dove x' è la baseline e $m=\mathtt{n_steps}$. Maggiore è m, più fedele è l'approssimazione e più "stabile" risulta la spiegazione, ma il costo computazionale cresce proporzionalmente. In questo caso è stato scelto m=50.

Calcolo delle attributions Per ciascun modello si crea un oggetto IntegratedGradients (model) e si invoca:

attr = ig.attribute(X_test, baselines=baseline, n_steps=50)

Il risultato è un tensore PyTorch di forma $(n_samples, 30)$, che poi convertiamo in NumPy (array unidimensionale) per le successive elaborazioni.

3.3 Calcolo delle metriche di disaccordo (metrics.py)

Sono state implementate quattro metriche:

• Feature Disagreement, che misura la frazione di feature principali (k = 8) non in comune tra le top-k di ciascun vettore;

$$1 - \frac{|\operatorname{Top}_k(\vec{a}) \cap \operatorname{Top}_k(\vec{b})|}{k}.$$

- Sign Disagreement, che estende la metrica precedente penalizzando anche le differenze di segno sulle feature condivise;
- Euclidean, la distanza L₂ tra i vettori normalizzati a norma 1 (considerando segno e intensità);

$$\|\frac{\vec{a}}{\|\vec{a}\|} - \frac{\vec{b}}{\|\vec{b}\|}\|_2.$$

• Euclidean-abs, distanza L_2 tra i moduli dei vettori normalizzati $(|\vec{a}| \in |\vec{b}|)$, ignorando dunque il segno.

Ogni metrica è calcolata riga-per-riga su tutti i campioni di test e quindi sintetizzata in media \pm deviazione standard.

4. Risultati globali

Eseguendo:

```
python src/train.py --seeds 0 1
python src/compare_tabular.py
```

si ottengono:

```
\begin{aligned} \text{FeatureDisagreement} &= 0.294 \pm 0.126, \\ \text{SignDisagreement} &= 0.297 \pm 0.125, \\ \text{Euclidean} &= 0.432 \pm 0.127, \\ \text{Euclidean-abs} &= 0.374 \pm 0.089. \end{aligned}
```

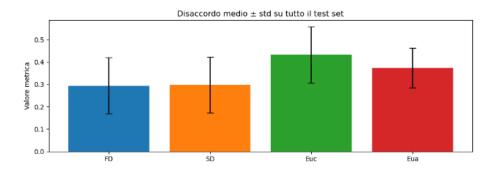


Figure 1: Bar-plot delle metriche di disaccordo medie \pm std sul test set.

Il bar-plot sintetizza le quattro metriche di disaccordo su tutto il test set:

- Feature Disagreement (FD): con media ≈ 0.29 e deviazione standard ≈ 0.13, indica che in media il 71% delle top-8 feature è condiviso tra i due modelli, con alcuni casi in cui il disaccordo supera il 40%.
- Sign Disagreement (SD): media ≈ 0.30, segnala che non solo cambiano le feature selezionate, ma in quasi un terzo dei casi si inverte anche il segno dell'attribuzione, ossia il "verso" dell'influenza.
- Euclidean: distanza L_2 media ≈ 0.43 , con std ≈ 0.13 , mostra una divergenza complessiva moderata nei vettori normalizzati di attributi.
- Euclidean-abs: media ≈ 0.37 , dimostra che buona parte della differenza è dovuta all'intensità delle importanze, ma che il segno amplifica ulteriormente il disaccordo complessivo.

Questa sintesi conferma che, sebbene i due modelli abbiano prestazioni quasi identiche sul test set, le spiegazioni feature-attribution possono variare in modo consistente.

5. Case study su campione 0

Nella seconda parte della figura 2, vengono mostrate le explanation per il campione 0. I valori delle metriche per questo singolo esempio sono:

$$FD_0 = 0.25$$
, $SD_0 = 0.25$, $Euc_0 = 0.39$, $Eua_0 = 0.39$.

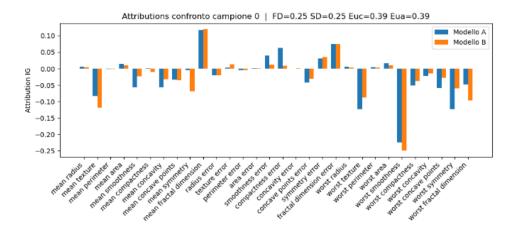


Figure 2: Confronto delle attribuzioni IG per il campione 0.

Cosa mostrano le barre

Ogni coppia di barre (blu + arancio) corrisponde a una feature del dataset Breast-Cancer (sull'asse orizzontale). L'altezza di ciascuna barra è il valore di attribuzione:

- positivo → feature che "spinge" la rete verso la classe positiva (maligno);
- negativo \rightarrow feature che "spinge" verso la classe negativa (benigno).

Confrontando Modello A vs. Modello B si evidenzia dove e quanto i due modelli differiscono nell'attribuire importanza.