Data Science and Big Data

Cesar Augusto Taconeli

13 de novembro, 2018

Modelos baseados em árvores

- Modelos baseados em árvores (tree based models) são alternativas não paramétricas a técnicas de regressão e classificação;
- Baseiam-se em partições dos dados em subgrupos disjuntos, usando os valores das covariáveis;
- As partições configuram um conjunto de regras que são representadas, graficamente, por um diagrama denominado árvore;
- Em cada uma das partições produzidas, um modelo simples para a resposta (como uma média, ou uma proporção) deve ser ajustado usando os respectivos dados.

Árvores de classificação e regressão (*Classification And Regression Trees - CART*)

• Proposta por Breiman e colaboradores, em 1984.

 Permitem modelar variáveis respostas numéricas (regressão) ou categóricas (classificação) em função de covariáveis;

 Configuram alternativas a diversos métodos de regressão e classificação, baseando-se em um conjunto mínimo de pressupostos;

Árvores de classificação e regressão (*Classification And Regression Trees - CART*)

 As covariáveis podem ser categóricas, dicotômicas, discretas ou contínuas...

• Árvores de classificação e regressão são usadas em diversos algoritmos de machine learning como *boosting*, *bagging*, *random forests*...

Árvores de classificação e regressão (Iris dataset - Ronald Fisher)

 Como primeira ilustração, vamos considerar os dados sobre dimensões (comprimento e largura) de pétalas e sépalas de 150 flores, 50 de cada uma das seguintes espécies: setosa, versicolor e virginica.

 O objetivo é usar as quatro dimensões das flores para obter uma regra de classificação para as espécies;

 Os slides na sequência ilustram o resultado da aplicação de uma árvore de classificação.

 A base de dados iris foi introduzida pelo estatístico e biólogo inglês Ronald Fisher como motivação para a técnica multivariada de análise discriminante linear:

- Os dados consistem de 50 amostras de três espécies de iris (setosa, versicolor e virgínica);
- Quatro medidas foram tomadas em cada flor: comprimento e largura da pétala e comprimento e largura da sépala;
- O objetivo da análise é produzir um modelo que seja capaz de classificar a espécie de iris segundo as dimensões da flor.



Figura 1: Espécies de iris.

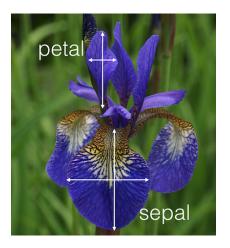


Figura 2: Variáveis usadas para classificação.

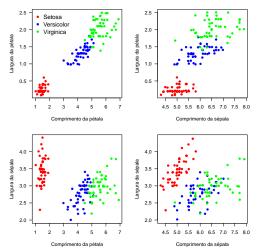


Figura 3: Gráficos para os dados de classificação de espécies de flores

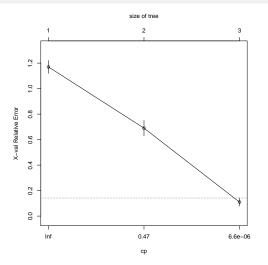


Figura 4: Gráfico de custo complexidade

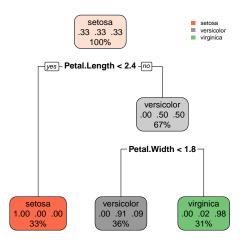


Figura 5: Árvore de classificação

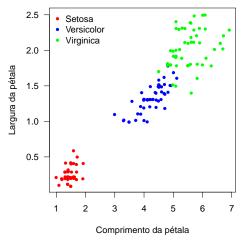


Figura 6: Largura vs comprimento das pétalas

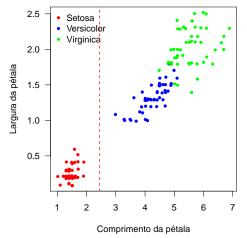


Figura 7: Partição 1

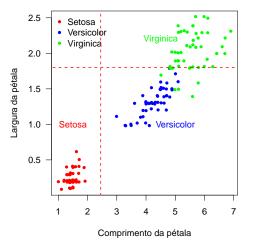


Figura 8: Partição 2 e classificação final

Tabela 1: Resultado da classificação

Class/Real	Setosa	Versicolor	Virginica
Setosa	50	0	0
Versicolor	0	49	5
Virginica	0	1	45

- Seja y a variável resposta e $\mathbf{x} = (x_1, x_2, ..., x_p)$ o vetor de covariáveis. Considere n observações de y e \mathbf{x} .
- O método CART inicia com a partição da amostra original em duas, segundo alguma regra do tipo

$$x_k \leq c \mid x_k > c$$

para alguma covariável x_k numérica e c algum valor amostrado de x_k , ou

$$x_k \in A \mid x_k \notin A$$
,

para uma variável x_k categórica e A uma particular categoria (ou um subconjunto de categorias) de x_k .

- Exemplos de partição:
 - * Idade \leq 30 anos *vs* idade > 30 anos;
 - * Renda per capita ≤ 2 s.m. vs renda per capita > 2 s.m;
 - * Sexo masculino vs sexo feminino:
 - * Estado civil solteiro vs estado civil casado, viúvo ou divorciado;
 - * Estado civil **solteiro ou divorciado** *vs* estado civil **casado ou viúvo**...

- Uma vez efetuada uma partição, temos o espaço das covariáveis (e, consequentemente, os dados) divididos em duas regiões, R₁ e R₂.
- A variável responsável pela partição e o "ponto de corte" são determinados de forma a compor duas regiões R₁ e R₂ tais que:
 - Dentro de cada região os indivíduos sejam homogêneos quanto à resposta;
 - Indivíduos de regiões diferentes sejam heterogêneos;

 Na sequência, o processo de partição é repetido em R₁ e em R₂, novamente buscando, em cada região, a variável e respectivo ponto de corte que proporcionem melhor ajuste.

• O processo é repetido em R_1 e R_2 , e assim sucessivamente nas subamostras formadas. Ao final, teremos M regiões delimitadas no espaço das covariáveis, que denotaremos por $R_1, R_2, ..., R_M$.

 O resultado da aplicação do método CART pode ser representado por um diagrama contendo as partições e os grupos constituídos (nós), que denominamos árvore.

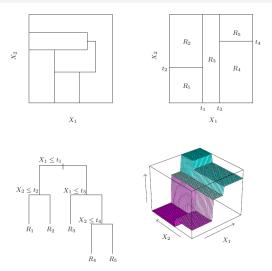


Figura 9: Ilustração - partições e árvores de regressão

Árvores de regressão - Seleção das partições

 Para árvores de regressão, é usual considerar a soma de quadrados de resíduos como critério de minimização para a partição das amostras (nós):

$$SQR = \sum_{i=1}^{n} (y_i - \hat{f}_m(x_i))^2,$$
 (1)

em que $\hat{f}_m(\mathbf{x}_i)$ é a predição para o nó m em que a observação i é alocada $(m \in \{1,2,...,M\})$.

Árvores de regressão - Seleção das partições

• No caso de árvores de regressão, consideramos:

$$\hat{f}_m(\mathbf{x}_i) = \frac{1}{n_m} \sum_{i \in m} y_i, \tag{2}$$

em que n_m é o número de observações em m.

 Assim, a predição é definida pela média dos valores de y para as observações alocadas ao nó m.

Árvores de regressão - Seleção das partições

 Suponha a partição de um nó (O) em dois novos nós (L e R) segundo uma particular regra (variável e ponto de corte). A avaliação da partição se baseia na redução da soma de quadrados de resíduos:

$$\Delta SQR = SQR_O - \left(\frac{n_L}{n_O}SQR_L + \frac{n_R}{n_O}SQR_R\right),\tag{3}$$

sendo n_O , n_L e n_R os números de observações nos respectivos nós.

- ullet A partição que produzir maior valor para ΔSQR deve ser executada.
- A regra de partição é aplicada sucessivamente aos nós originados até atingir algum critério de parada (número mínimo de observações por nó ou nos nós a serem partidos, número máximo de níveis na árvore...).

Árvores de regressão - O processo de poda

- Após obtida uma grande árvore, inicia-se o processo de poda, em que as partições são sucessivamente desfeitas até voltar à amostra original.
- O processo de poda baseia-se na seguinte função de custo-complexidade:

$$R_{\alpha}(T) = R(T) + \alpha |T|, \tag{4}$$

em que T representa uma árvore, |T| o número de nós finais (complexidade) e R(T) a soma de quadrados de resíduos da árvore:

$$R(T) = \sum_{m=1}^{M} \frac{n_m}{n} SQR_m. \tag{5}$$

Árvores de regressão - O processo de poda

• O parâmetro α na função de custo-complexidade controla a complexidade do modelo.

• Para diferentes valores de α tem-se árvores de diferentes tamanhos que minimizam $R_{\alpha}(T)$.

• Tomando $\alpha=0$ tem-se como solução a maior árvore possível (sem qualquer poda), uma vez que não se penaliza sua complexidade.

Árvores de regressão - O processo de poda

• Para $\alpha \to \infty$ tem-se penalização máxima para a complexidade e a solução é simplesmente a amostra original.

• Variando α a partir de zero tem-se uma sequência de árvores aninhadas, cada uma ótima para seu particular tamanho (número de nós finais).

• É usual representar a função de custo-complexidade por meio de uma curva (versus α e ou |T|).

• Uma vez definida a sequência de árvores aninhadas, deve-se identificar, nessa sequência, a árvore ótima (ou seja, a melhor escolha para α).

 Nesta etapa, é comum utilizar validação cruzada. Uma breve descrição da seleção por validação cruzada é descrita na sequência.

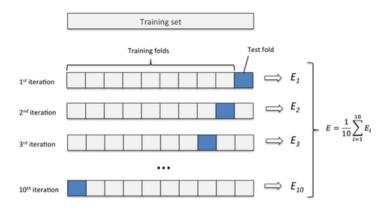


Figura 10: Ilustração - validação cruzada (10 fold)

• Passo 1: Identificação de uma sequência de valores α_1 , α_2 , ..., α_k para α , cada qual indicando uma das árvores na sequência aninhada que minimiza a função de custo-complexidade;

- Passo 2: Dividir a base de dados em s grupos de tamanho (aproximado) s/n: $G_1, G_2, ..., G_s$;
- **Passo 3:** Ajustar o modelo à base completa, exceto pelas observações em G_1 , o qual denotamos T_1 ;

- Passo 4: Calcular a predição para cada observação i em G_j , sob cada modelo T_i , j = 1, 2, ..., k;
- Passo 5: Calcular a soma de quadrados dos erros de predição para o conjunto de observações em G_i :

$$\sum_{i \in G_j} (y_i - \hat{f}_{(j)}(\mathbf{x}_i))^2, \tag{6}$$

em que $\hat{f}_{(j)}(\cdot)$ denota a predição sob o modelo ajustado sem as observações em G_i .

• Passo 6: Os passos 3, 4 e 5 são repetidos para cada um dos demais grupos G_j. Ao término, para cada árvore T₁, T₂, ..., T_k tem-se a respectiva soma de quadrados de predição obtida por validação cruzada:

$$SQVC = \sum_{j} \sum_{i \in G_{j}} (y_{i} - \hat{f}_{(j)}(\mathbf{x}_{i}))^{2}.$$
 (7)

- Seleciona-se então a árvore que produz menor valor de SQVC.
- Na prática, usa-se a regra do erro padrão, em que se seleciona a menor árvore tal que seu SQVC não exceda o SQVC mínimo por mais de um erro padrão de SQVC (estimado também na validação cruzada).

Árvores de classificação e regressão - pontos fortes

• Facilmente (e fartamente!) interpretáveis;

• Predições obtidas de maneira bastante simples;

• Fácil identificação das variáveis mais associadas à resposta;

Árvores de classificação e regressão - pontos fortes

• Lida naturalmente com dados missing;

• Permitem acomodar interações de elevada ordem entre as variáveis;

• Implementados em diversos softwares, de maneira bastante eficiente.

Árvores de classificação e regressão - pontos fracos

• Árvores de classificação e regressão têm elevada variância, sendo instáveis frente a perturbações moderadas nos dados;

 Devido à instabilidade, usar uma árvore como modelo preditivo apresenta, em geral, baixa acurácia.

 A capacidade preditiva é aumentada de maneira significativa usando métodos baseados em múltiplas árvores.

Árvores de classificação

- Árvores de classificação se aplicam quando a variável resposta é categórica (binária ou politômica);
- O algoritmo de árvores de classificação é semelhante ao de árvores de regressão, com algumas modificações
- A diferença mais importante é a troca da soma de quadrados dos resíduos por alguma medida de heterogeneidade mais apropriada para dados categóricos.
- Dentre as alternativas, temos os critérios de Gini e da informação, conforme apresentados na sequência.

- Vamos considerar um problema de classificação em que a resposta tenha r categorias, denotadas por 1, 2, ..., r.
- Considere uma amostra (ou um nó) e $p_1, p_2, ..., p_r$ as proporções com que cada categoria é observada.
- A medida de informação (ou entropia) é definida por:

$$Inf = -2 \times \sum_{l=1}^{r} p_l \ln(p_l)$$
 (8)

A medida de Gini é definida por:

$$Gini = 1 - \sum_{l=1}^{r} p_{l}^{2}.$$
 (9)

• Para o caso de duas categorias, em que as proporções de casos em cada uma delas são p e 1-p, as medidas de Informação e de Gini ficam dadas por:

$$Inf = -p \ln(p) - (1-p) \ln(1-p) \tag{10}$$

$$Gini = 1 - p^2 - (1 - p)^2 = 2p(1 - p). \tag{11}$$

 A Figura 1 apresenta o comportamento das medidas de informação e Gini para o caso de duas categorias.

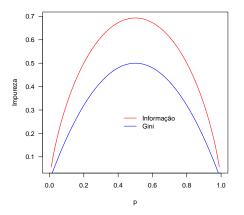


Figura 11: Comparação dos critérios de informação e de Gini para r=2 grupos

- Como pode ser observado na Figura 11, as duas medidas são minimizadas quando os indivíduos da amostra pertencem a um mesmo grupo $(p \to 1 \text{ ou } p \to 0)$;
- Adicionalmente, as medidas de Gini e de informação são maximizadas quando as proporções são iguais nas r categorias da resposta $(p_1 = p_2 = ... = p_r)$.
- Suponha a partição de um nó (O) em dois novos nós (L e R) segundo uma particular regra (variável e ponto de corte). A avaliação da partição se baseia na redução da medida de impureza:

$$\Delta H = H_O - \left(\frac{n_L}{n_O} H_L + \frac{n_R}{n_O} H_R\right),\tag{12}$$

em que H denota, genericamente, a medida de informação, de Gini ou qualquer outra medida de impureza.

 O ajuste da árvore de classificação segue os mesmos passos de uma árvore de regressão, com o ajuste de uma grande árvore, poda e seleção da árvore por validação cruzada.

 Em árvores de classificação é comum classificar as observações pela categoria mais frequente no nó ao qual ela é alocada;

• Assim, para um problema de classificação binária, a predição é dada pela categoria k tal que $p_k > 0.5$, $k \in \{1, 2\}$.

- As predições podem ser obtidas usando critérios alternativos, baseados nas proporções de indivíduos de cada categoria compondo o nó;
- Diferentes custos de má classificação podem ser especificados, de maneira a identificar uma regra de classificação que minimize os custos de má-classificação.
- A título de ilustração, podemos considerar, para um problema de classificação binária, em que:

$$c(1|2)=5\times c(2|1),$$

sendo c(1|2) o custo de classificar como categoria 1 um indivíduo da categoria 2, que é cinco vezes o custo de classificar como categoria 2 um indivíduo da categoria 1.

 A performance preditiva de árvores de classificação pode ser avaliada através de indicadores como acurácia, sensibilidade e especificidade, conforme estudamos antes:

 A separação da base original em duas (base de ajuste e de validação) é bastante recomendável para avaliar a performance do modelos em dados externos.

Conditional inference trees

 HOTHORN, Torsten; HORNIK, Kurt; ZEILEIS, Achim. Unbiased recursive partitioning: A conditional inference framework. Journal of Computational and Graphical statistics, v. 15, n. 3, p. 651-674, 2006.

Implementação nos pacotes party e partykit.

 Metodologia flexível, aplicável na análise de respostas contínuas, discretas, ordinais, censuradas, multivariadas...

- Duas limitações recorrentes para métodos de partição recursiva (particularmente CART):
 - Os modelos (árvores) não se baseiam na significância estatística das covariáveis. Não há distrinção entre partições significativas e não significativas;
 - Viés de partição: variáveis que proporcionam maior número de partições (como variáveis contínuas) tendem a ser "favorecidas", na execução de partição, em relação àquelas que proporcionam menor número de partições (por exemplo, covariáveis dicotômicas).
- Conditional inference trees baseiam-se na significância estatística das covariáveis e não apresentam viés de partição.

 Assim como o algoritmo CART, o algoritmo ctree consiste na execução de partições binárias baseadas nos valores das covariáveis e partição do espaço das covariáveis em regiões (hiper) retangulares;

 O algoritmo ctree pode ser descrito, em linhas gerais, da seguinte forma:

Considerando todos os elementos da amostra, Teste a hipótese nula global de independência entre a variável resposta e as variáveis explicativas.

 Se a hipótese nula não é rejeitada (para um nível de significância estabelecido), o processo é encerrado. Caso contrário, a variável com associação mais forte (menor p-valor) é selecionada para partição:

 Nesta etapa, algum procedimento pode ser aplicado para controlar o nível de significância global, devido aos múltiplos testes (como o fator de correção de Bonferroni);

Para a variável selecionada no passo 2, verifique qual a partição ótima (buscando um ponto de corte, para covariáveis numéricas, ou algum arranjo de categorias, para covariáveis categoricas) e execute-a;

Repita os passos 1-2 recursivamente, até que a hipótese nula global de independência não seja rejeitada.

 A metodologia cobre diversos testes largamente aplicados para avaliar associação entre as variáveis, dentre os quais os testes de Spearman, Wilcoxon, Kruskal-Wallis, Logrank, teste de associação linear para variáveis ordinais...

 A significância da associação entre as variáveis é avaliada usando aleatorização (permutação).

 Diferentemente do CART, conditional inference trees n\u00e3o utilizam poda, mas apenas um crit\u00e9rio de parada estabelecido pelo n\u00edvel de signific\u00e1ncia global considerado.