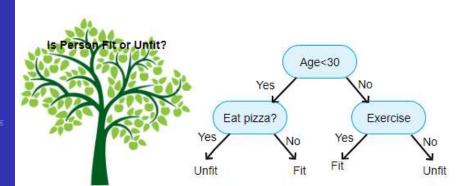


Arbres de décision

Al for bio

Trees







Arbres de décision

Al for bio

- Une structure de données utilisée comme modèle pour la classification [Quinlan]
- Méthode récursive basée sur l'approche "diviser-pour-régner" pour créer des sous-groupes (plus) purs (un sous-groupe est pur lorsque tous les éléments du sous-groupe appartiennent à la même classe)
- Construction du plus petit arbre de décision possible
 - Nœud = Test sur un attribut
 - Une branche pour chaque valeur d'un attribut
 - Les feuilles désignent la classe de l'objet à classer
- Taux d'erreur : proportion des instances qui n'appartiennent pas à la classe majoritaire de la branche
- Problèmes :
 - Choix de l'attribut?
 - Terminaison?



Arbres de décision : Généralités

Al for bio

Trees Généralités

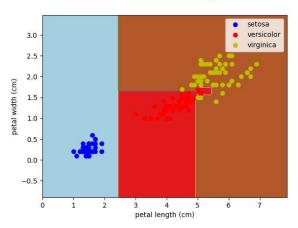
- Un arbre de décision est un classifieur simple et graphique :
 - Lisibilité
 - Rapidité d'apprentissage et d'exécution
- But :
 - Répartir une population d'individus en groupes homogènes selon un ensemble de variables discriminantes en fonction d'un objectif connu
 - ⇒ Apprentissage supervisé
 - Prédire les valeurs prises par la variable à prédire (objectif, variable cible, variable d'intérêt, attribut classe, variable de sortie) à partir d'un ensemble de descripteurs (variables prédictives, variables discriminantes)
 - ⇒ régression (variable cible continue)
 - ⇒ classification (variable cible discrète)





Al for bio

Decision surface of a decision tree using paired features



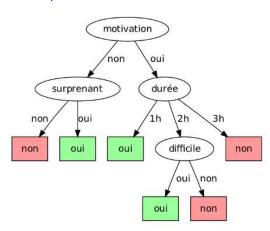
Les décisions correspondent à des découpages des données en rectangles



Al for bio

Exemple d'arbre de décision pour la question

« Cette présentation est-elle intéressante? »







Exemple simple: «jouer au tennis?»

Al for bio

- Un ensemble de jours (un jour = un exemple)
- Chaque jour caractérisé par un numéro et ses conditions météorologiques (ciel, température, humidité de l'air, force du vent)
- Attribut cible : «jouer au tennis?» Valeurs possibles : oui et non (classification binaire)

1	Ensoleillé	Chaude	Elevée	Faible	Non
2	Ensoleillé	Chaude	Elevée	Fort	Non
3	Couvert	Chaude	Elevée	Faible	Oui



Algorithmes

Al for bio

Les deux algorithmes les plus connus et les plus utilisés sont :

- CART (Classification And Regression Trees [BFOS84])
- C5 (version la plus récente après ID3 et C4.5 [Qui93]).

[BFOS84] L. Breiman, J. H. Friedman, R. A. Olshen, and C. J. Stone. Classification and regression trees. Technical report, Wadsworth International, Monterey, CA, 1984.

[Qui93] J. R. Quinlan. C4.5: Programs for Machine Learning. Morgan Kaufmann, San Mateo, CA, 1993.





Exemple - jeu de données

Al for bio
J-P Comet
Introduction Trees Généralités Algorithmes Régression Classification Extensions Conclusion

Numéro	Ensoleillement	Temp. (°F)	Humidité (%)	Vent	Jouer
1	soleil	75	70	oui	oui
2	soleil	80	90	oui	non
3	soleil	85	85	non	non
4	soleil	72	95	non	non
5	soleil	69	70	non	oui
6	couvert	72	90	oui	oui
7	couvert	83	78	non	oui
8	couvert	64	65	oui	oui
9	couvert	81	75	non	oui
10	pluie	71	80	oui	non
11	pluie	65	70	oui	non
12	pluie	75	80	non	oui
13	pluie	68	80	non	oui
14	pluie	70	96	non	oui



Exemple - jeu de données

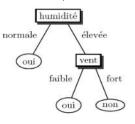
Al for bio

ntroduction
Frees
Généralités
Algorithmes
Régression
Classification
Extensions
Conclusion
Clustering

Conclusion
Clustering
NN
Bayes

Bayes SVM NN

Numéro	Ensoleillement	Temp. (°F)	Humidité (%)	Vent	Jouer
1	soleil	75	70	oui	oui
2	soleil	80	90	oui	non
3	soleil	85	85	non	non
4	soleil	72	95	non	non
5	soleil	69	70	non	oui
6	couvert	72	90	oui	oui
7	couvert	83	78	non	oui
8	couvert	64	65	oui	oui
9	couvert	81	75	non	oui
10	pluie	71	80	oui	non
11	pluie	65	70	oui	non
12	pluie	75	80	non	oui
13	pluie	68	80	non	oui
14	pluie	70	96	non	oui



Un exemple d'arbre de décision sur le jeu de données « jouer au tennis? ».



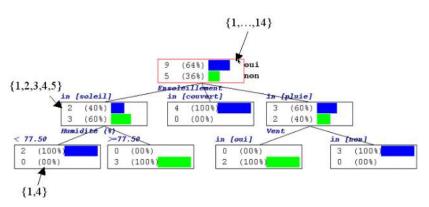
CÔTE D'AZUR

Exemple simple

Al for bio

Trees
Généralités
Algorithmes
Régression
Classification
Extensions
Conclusion

Clustering kNN Bayes SVM NN Evaluation



- Sur les sommets : La distribution de la variable à prédire
- Le premier sommet est segmenté à l'aide de la variable Ensoleillement : 3 sous-groupes ont été produits.
- Le premier groupe comporte 5 observations :
 2 correspondent à Jouer = Oui et 3 correspondent à Jouer = Non
- L'arbre peut être traduit en base de règles sans perte d'informations
- Exemple : si ensoleillement = soleil et humidité < 77,5% alors jouer = Oui



Exemple simple

Al for bio

J-P Com

Trees
Généralités
Algorithmes
Régression
Classification
Extensions
Conclusion

kNN Baves

IN Evaluation Data Mining

- Une fois l'arbre de décision construit, on pourra classer une nouvelle donnée pour savoir si on joue ou non ce jour-là
- Onnée dont la classe est « oui » : positive
- Donnée dont la classe est « non » : négative
- Les classes peuvent correspondre à n'importe quoi : rouge, vert, grand, petit, ...
- ⇒ Définir adéquatement ce que l'on entend par positif et négatif



CÔTE D'AZUR

Les Arbres de Décision

Al for bio

T Comet

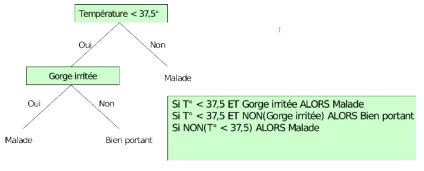
rees
iénéralités
ilgorithmes
iégression
ilassification
ixtensions
conclusion

NN ayes

NN Evaluation Data Mining Project Un arbre de décision est une représentation graphique d'une procédure de classification

• Un arbre de décision peut être traduit sous forme de règles de décision

Exemple :





Les Arbres de Décision

Al for bio

-P Comet

ntroductic
Trees
Généralités
Algorithmes
Régression
Classification
Extensions
Conclusion

Clusterin kNN

SVM NN Evaluatio

NN Evaluation Data Mining Project • Un arbre de décision est un arbre au sens informatique du terme.

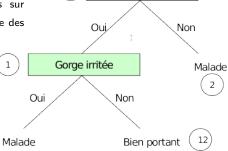
• Chaque nœud interne teste un attribut

11

- Chaque branche correspond à une valeur d'un attribut
- Chaque nœud feuille est une classe

Les nœuds de l'arbre sont repérés par des positions qui sont des mots sur $\{1,...,p\}$, où p est l'arité maximale des nœuds.

On note ε le mot vide.



Température < 37,5°





Les Arbres de Décision

Al for bio

-P Come

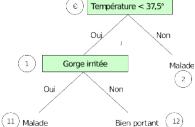
Introduction
Trees
Généralités
Algorithmes
Régression
Classification
Extensions
Conclusion

Clusteri kNN Bayes SVM NN

Evaluation
Data Mining
Project

	Gorge irritée	Gorge non irritée	
T° < 37,5	(6 S, 37 M)	(91 S, 1 M)	
T° ≥ 37,5	(2 S, 21 M)	(1 S, 41 M)	

M : malade S : Bien portant



$$N(11) = 43$$
 $N(S/11) = 6$
Malade $N(M/11) = 37$
 $P(S/11) = N(S/11)/N(11) = 6/43$
 $P(M/11) = N(M/11)/N(11) = 37/43$



Les Arbres de Décision

Al for bio

J-P Come

roduction

Frees Généralités Algorithmes Régression Classification Extensions Conclusion

lustering

ayes VM

IN Evaluation Data Mining Comment générer automatiquement un arbre à partir de données ?

Notations:

- S : échantillon
- $\{1, ..., c\}$: ensemble de classes
- t : arbre de décision
- p : position dans l'arbre
- N(p): cardinal de l'ensemble des exemples associé à p
- N(k/p): cardinal de l'ensemble des exemples associé à p et de classe k
- P(k/p) = N(k/p)/N(p): proportion d'éléments de classe k à la position p



CÔTE D'AZUR

Construction d'un arbre de décision

Al for bio

-P Comet

rees énéralités Igorithmes égression

Conclusion Clustering

Bayes SVM

Evaluation
Data Mining

Il existe essentiellement deux familles d'algorithmes :

- les arbres de Quinlan et
- les arbres CART

Lorsque tous les attributs sont discrets avec peu de valeurs différentes

```
1: ArbreDecision(T)
2:
        si "condition d'arret"
3:
             retourner feuille(T)
4:
             choisir le "meilleur" attribut i entre 1 et m
5:
6:
             pour chaque valeur v de l'attribut i
                 T[v] = \{(x, y) \text{ de } T \text{ tels que } x_i = v\}
7:
                 t[v] = ArbreDecision(T[v])
8:
9:
             fin pour
             retourner noeud(i, {v -> t[v]})
10:
11:
        fin si
```

Constructeur pour des attributs à valeurs discrètes

noeud(i, {v -> t[v]}) désigne le constructeur d'un nœud qui teste
 l'attribut i et possède un descendant t[v] pour chaque valeur v possible.



Construction d'un arbre de décision

Al for bio

- Condition d'arrêt influe sur
 - la profondeur
 - la précision du prédicteur produit.

Par exemple, la condition $|T| = 1 \Rightarrow$ arbres très précis sur l'ensemble d'entraînement (prédiction exacte) MAIS arbres très profonds (longs à calculer)

- \rightarrow risque sur-apprentissage
- Meilleur attribut : il s'agit d'évaluer localement quel attribut apporte « le plus d'information » (ou encore « est le plus corrélé ») au résultat à prédire.
- Lorsque l'attribut x_i est à valeurs réelles, on adapte l'algorithme ci-dessus en choisissant une valeur de partage (split value) v et en effectuant le test $x_i \le v$. On notera « noeud(i,v,t< ,t>) » le constructeur associé. En particulier, si tous les attributs sont réels, l'arbre de décision obtenu est binaire.





Régression

Al for bio

1: Regresser(x, t) si t = feuille(Tf) 2: 3: retourner la moyenne des y de Tf 4: sinon si t = noeud(i, v, t_left, t_right) 5: si x[i] <= v 6: retourner Regresser(x, t_left) 7: sinon, x[i] > v8: retourner Regresser(x, t_right) 9: sinon, $t = noeud(i, \{v \rightarrow t[v]\})$ 10: retourner Regresser(x, t[x[i]]) 11: fin si

> Régression basée sur un arbre de décision Certains attributs catégoriels, d'autres continus



Construction d'un arbre de décision

Al for bio

Lorsque tous les attributs sont à valeur dans ${\mathbb R}$

```
ArbreDecision(T)
1:
2:
       si "condition d'arret"
3:
         retourner feuille(T)
4:
       sinon
          choisir le "meilleur" attribut i entre 1 et m
5:
          choisir une bonne valeur s_i pour l'attribut i
6:
7:
            T_{<} = \{(x, y) \text{ de } T \text{ tels que } x_i \leq s_i\}
7:
            T_{>}^{-} = {(x, y) de T tels que x_i > s_i}
8:
            t_{<} = ArbreDecision(T_{<})
8 ':
            t_{>} = ArbreDecision(T_{>})
9:
         fin pour
10:
         retourner noeud(i,s_i,v,t_<,t_>)
11:
       fin si
```



◆□▶◆□▶◆臺▶◆臺▶ 臺 釣魚◎ 58/227

CÔTE D'AZUE D'AZUR

Régression : Choix de l'attribut de partage (1)

Al for bio

• CART utilise la variance pour choisir le meilleur attribut de partage (1.5)

Critères d'homogénéité

du nœud
$$k$$
:
$$D_k = \frac{1}{|k|} \sum_{i \in k} (y_i - \overline{y_k})^2$$

des nœuds
$$k_G$$
 et k_D :
$$\frac{|k_G|}{|n|} \sum_{i \in k_G} (y_i - \overline{y_{k_G}})^2 + \frac{|k_D|}{|n|} \sum_{i \in k_D} (y_i - \overline{y_{k_D}})^2$$

- Un attribut i produit une partition $T = \bigcup_{v_i} T_{v_i}$, chaque sous-ensemble avant sa propre variance $V(T_{V_i})$.
- l'homogénéité attendue après un branchement sur l'attribut $i: H_i$ (pour une instance (x, y) tirée uniformément au hasard dans T) est alors

$$H_i = \sum_{v_i} rac{|T_{v_i}|}{|T|} \left(V(T_{v_i})
ight)$$

- l'attribut i* qui minimise cette valeur est alors considéré (heuristiquement) comme le meilleur choix possible.
- ce choix de minimiser la variance n'est pas seulement heuristique : il est également intrinsèquement lié à la minimisation de l'erreur quadratique de prédiction



Régression: Choix de l'attribut de partage (2)

Al for bio

- Hypothèse du ML : les instances (x_i, y_i) sont tirées indépendamment selon une même loi de probabilité P inconnue.
- On peut alors voir les $(x, y) \in T$ comme les réalisations i.i.d. de variables aléatoires X et Y (éventuellement corrélées).
- De même, les $y \in Y_f$ sont des réalisations i.i.d. d'une certaine variable aléatoire Y_f , qui n'est autre que Y conditionnée par les événements $\{X_i \le v\}$ ou $\{X_i > v\}$ testés le long de la branche menant à f.
- Dans ce contexte, \overline{y} est un estimateur de $E(Y_f)$ et l'erreur quadratique commise en prédisant \overline{v} pour une nouvelle instance de Y_f s'écrit

$$E(Y_f - \overline{y})^2 = E(Y_f - E(Y_f) + E(Y_f) - \overline{y})^2$$

$$= E(\overline{y} - E(Y_f))^2 + 2(\overline{y} - E(Y_f))E(Y_f - E(Y_f)) + E(Y_f - E(Y_f))^2$$

$$= (\overline{y} - E(Y_f))^2 + E(Y_f - E(Y_f))^2$$

 $(\overline{v} \text{ et } E(Y_f) \text{ sont ici constantes})$

- $E(Y_f E(Y_f))^2$: variance σ^2 de Y_f dont $\overline{\sigma^2}$ est un estimateur.
- Minimiser $\overline{\sigma}$ pour la feuille f vise donc à minimiser ce second terme, mais également le premier. En effet, \overline{y} étant une moyenne empirique $\overline{y} = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^k Y_f(i)$, on a $E_T(\overline{y}) = E(Y_f)$ et $V_T(\overline{y}) = \frac{1}{k} \sigma^2$.

L'inégalité de Markov (pour
$$Z$$
 p.p. positive, $\forall a > 0, \mathbb{P}(Z \geqslant a) \leqslant \frac{\mathbb{E}(Z)}{a}$)
$$P_T[(\overline{y} - E(Y_f))^2 > x] < \frac{\sigma^2}{kx}$$

 \Rightarrow réduire σ a pour effet de concentrer la distribution de $(y - E(Y_f))$ en 0.



Classification

Al for bio

1: Classifier(x, t) 2: si t = feuille(Tf) 3: retourner la classe majoritaire de Tf 4: sinon si t = noeud(i, v, t_left, t_right) si x[i] <= v 5: 6: retourner Classifier(x, t_left) 7: sinon, x[i] > v8: retourner Classifier(x, t_right) 9: sinon, $t = noeud(i, \{v \rightarrow t[v]\})$ 10: retourner Classifier(x, t[x[i]]) 11: fin si

> Classification basée sur un arbre de décision Certains attributs catégoriels, d'autres continus



Rappel sur la variance

Al for bio

Algorithme: Régression

- Cov(X, Y) = E[(X E[X])(Y E[Y])] Var(X) = Cov(X, X)
- $Var(aX + bY) = a^2 Var(X) + b^2 Var(Y) + 2abCov(X, Y)$
- Ici :

$$V_{T}(\overline{y}) = Var\left(\frac{1}{k}\sum_{i=1}^{k} Y_{f}(i)\right)$$

$$= \frac{1}{k^{2}}Var\left(\sum_{i=1}^{k} Y_{f}(i)\right)$$

$$= \frac{1}{k^{2}}\sum_{i=1}^{k} Var\left(Y_{f}(i)\right)$$

$$= \frac{1}{k}\sigma^{2}$$



CÔTE D'AZUE D'AZUR

Classification : Mesurer l'homogénéité des feuilles

Al for bio

Classification

Mesurer le l'homogénéité ≡ mesurer le désordre

- ullet Soient $p_1,...,p_C$ les fréquences relatives des classes 1,...,C dans T_f , et c^* la classe la plus fréquente.
- Taux d'erreur : $e(T_f) := 1 p_{c^*}$ Il s'agit du taux d'erreurs de classification sur l'ensemble d'entraînement.
- Critère de Gini : $e(T_f) = \sum_c p_c (1-p_c)$ Il s'agit du taux d'erreur sur l'ensemble d'entraînement d'un algorithme randomisé qui retournerait la classe c avec probabilité p_c (au lieu de toujours retourner la classe c^*). C'est la mesure d'erreur utilisée dans CART.
- Entropie : $e(T_f) = -\sum_c p_c log(p_c)$ Il s'agit d'un estimateur de l'entropie de la classe d'une instance de T_f tirée uniformément au hasard. C'est la mesure d'erreur utilisée dans les arbres ID3 et C4.5.



Classification : Choix de l'attribut de partage

Al for bio

• La mesure d'erreur est utilisée pour choisir le meilleur attribut de partage : si un attribut i partitionne T en $T = \bigcup_{v_i} T_{v_i}$, chaque ensemble T_{v_i} a sa propre erreur $e(T_{v_i})$ et l'erreur attendue après un branchement sur cet attribut (pour un élément tiré uniformément au hasard de T) est

$$e_i = \sum_{v_i} \frac{|T_{v_i}|}{|T|} e(T_{v_i}).$$

L'attribut qui minimise cette erreur est (heuristiquement) considéré comme le meilleur choix possible.





Entropie : Une mesure de l'incertitude

Al for bio

• Entropie : mesure de l'incertitude d'un événement en fonction de la connaissance que nous avons.

- Le soleil se lève tous les jours : on est donc certain qu'il se lèvera demain.
- Croiser un chat noir : Cela m'est déjà arrivé plusieurs fois, mais rien ne garantit que cela arrive aujourd'hui.
- ⇒ Pour lever cette incertitude, je dois récupérer une certaine quantité d'information...



- un téléphone pour contacter le gardien
- pendant un 1 mois, prévision météo du
- le micro du gardien casse (il entend, mais ne peut pas répondre)
- sa réponse : oui/non en utilisant le signal lumineux de son phare : verte (Oui), rouge (non).
- Combien de questions au minimum allez-vous poser au gardien du phare pour lever l'incertitude sur la météo du jour?



Classification: Entropie (ID3, C4.5)

Al for bio

Classification

.the values (locations Entropy of soup) sampled entirely from within the soup bowl

High Entropy

.the values (locations of soup) unpredictable... almost uniformly sampled throughout our dining room









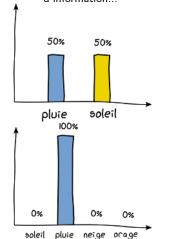
CÔTE D'AZUR

Entropie : Une mesure de l'incertitude

Al for bio

Classification

- Entropie : mesure de l'incertitude d'un événement en fonction de la connaissance que nous avons.
- Le soleil se lève tous les jours : on est donc certain qu'il se lèvera demain.
- Croiser un chat noir : Cela m'est déjà arrivé plusieurs fois, mais rien ne garantit que cela arrive aujourd'hui.
- ⇒ Pour lever cette incertitude, je dois récupérer une certaine quantité d'information...



Est-ce qu'il va pleuvoir aujourd'hui? le phare vous a envoyé 1 bit de donnée L'incertitude de 1 chance sur 2 a été divisée par 2.

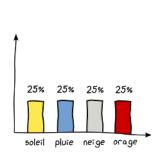
Aucune question le phare vous a envoyé 0 bit de donnée l'incertitude est nulle.

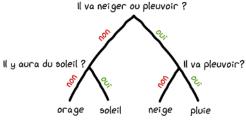


Entropie : Une mesure de l'incertitude

Al for bio

- Entropie : mesure de l'incertitude d'un événement en fonction de la connaissance que nous avons.
- Le soleil se lève tous les jours : on est donc certain qu'il se lèvera demain.
- Croiser un chat noir : Cela m'est déjà arrivé plusieurs fois, mais rien ne garantit que cela arrive aujourd'hui.
- ⇒ Pour lever cette incertitude, je dois récupérer une certaine quantité d'information...





le phare vous a envoyé 2 bit de donnée

l'incertitude de 1 chance sur 4 a été divisée

vert-vert (11) = pluie vert-rouge (10) = neige rouge-vert (01) = soleil

rouge-rouge (00) = orage





Classification: Entropie (ID3, C4.5)

Al for bio

- Interprétation :
 - quantité d'information délivrée par une source d'information
 - Pour un récepteur, plus la source émet d'informations différentes, plus l'entropie (ou incertitude sur ce que la source émet) est grande.
 - si la source envoie toujours le même symbole a, alors son entropie est nulle, c'est-à-dire minimale.
 - le récepteur peut prédire que le prochain symbole sera un a.
 - si la source envoie a la moitié du temps et b l'autre moitié, le récepteur est incertain de la prochaine lettre à recevoir. L'entropie de la source est alors non-nulle (positive) et représente l'incertitude qui règne sur l'information émanant de la source.
 - L'entropie indique alors la quantité d'information nécessaire pour que le récepteur puisse déterminer sans ambiguïté ce que la source a transmis.
 - plus la source est redondante, moins elle contient d'information. En l'absence de contraintes particulières, l'entropie est maximale pour une source dont tous les symboles sont équiprobables.
 - ⇒ Dans notre cas : nombre minimum de bits nécessaires pour coder la classe d'un élément quelconque



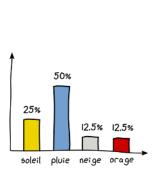


Entropie : Une mesure de l'incertitude

Al for bio

Classification

- Entropie : mesure de l'incertitude d'un événement en fonction de la connaissance que nous avons.
- Le soleil se lève tous les jours : on est donc certain qu'il se lèvera demain.
- Croiser un chat noir : Cela m'est déjà arrivé plusieurs fois, mais rien ne garantit que cela arrive aujourd'hui.
- ⇒ Pour lever cette incertitude, je dois récupérer une certaine quantité d'information...





le phare vous a envoyé 1,2 ou 3 bit de données l'incertitude de 1 chance sur 4 a été divisée par 4. vert (1) = pluie rouge-vert (01) = soleil rouge-rouge-vert (001) = neige rouge-rouge (000) = orage

CÔTE D'AZUE D'AZUR

Classification: Entropie (ID3, C4.5)

Al for bio

Classification

- Combien d'information me porte un message?
 - « Le ciel est bleu », « la terre est ronde » pas d'information en termes de quantité : information nulle
 - La quantité d'information est liée à l'effet surprise : plus un événement est improbable, plus le fait de recevoir une information le concernant nous apporte de l'information
 - Lancer d'une pièce de monnaie et un dé à six cotés. Quelqu'un nous dit le résultat. Quelle information est plus précieuse?
- Difficulté pour « deviner » le résultat



Classification : Entropie $H(X) = -\sum P(x_i)log(x_i)$

Al for bio

• Considérons un ensemble X d'exemples dont une proportion p^+ sont positifs et une proportion p^- sont négatifs. $(p^+ + p^- = 1)$. L'entropie de X est :

$$H(X) = -(p^+)log_2(p^+) - (p^-)log_2(p^-)$$

- Remarques (deux proportions)
 - 0 < H(X) < 1
 - Si $p^+ = 0$ ou $p^- = 0$, alors H(X) = 0
 - Si $p^+ = p^- = 0.5$, alors H(X) = 1 (entropie maximale): autant de positifs que de négatifs
- Cas général (N proportions) Pour un attribut classe prenant N valeurs distinctes; $p_i(i \in \{1, N\})$, la proportion d'exemples dont la valeur de cet attribut est i dans l'ensemble d'exemples X, L'entropie de l'ensemble d'exemples X est :

$$H(X) = -(p_1 log_2 p_1 + p_2 log_2 p_2 + ... + p_N log_2 p_N)$$





Implémentation: ID3 (Iterative Dichotomiser 3)

Al for bio

- ullet l'algorithme ID3 commence par la racine. Ensuite pour le nœud S en train d'être testé :
 - Calculer le gain d'information pour chaque attribut pas encore utilisé.
 - Choisir l'attribut a de gain d'information maximal,
 - Créer un test (décision) sur cet attribut dans le nœud S et générer les sous-nœuds $S_1, ... S_k$ correspondant à la partition sur l'attribut choisi
 - Récurrence sur les nœuds qui viennent d'être crées.
- Sortie de la récursivité :
 - Tous les éléments de S sont dans la même classe (H(S) = 0) : Sdevient une feuille.
 - Plus d'attributs non utilisés : nœud feuille sur le classe majoritaire,
 - $S = \emptyset$: nœud feuille sur le classe majoritaire du parent (ce cas est nécessaire pour le classement de nouveaux échantillons).





Implémentation: ID3 (Iterative Dichotomiser 3)

Al for bio

Classification

• On suppose que la variable cible a *m* valeurs distinctes (les étiquettes de classe). Pour un nœud S (interne ou feuille) on calcule son entropie par rapport à la cible comme suit :

- Partitionner S sur les valeurs de la cible en m groupes : $C_1, ..., C_m$
- Calculer p_i , i = 1...m, la probabilité qu'un élément de S se retrouve dans C_i ($p_i \equiv |C_i|/|S|$ où $|C_i|$ est la taille du groupe C_i)
- $H(S) = -\sum_{i} p_{i} \log(p_{i})$ est l'entropie de S.
- \bullet H(S) mesure l'écart de la distribution de la variable cible par rapport à la distribution uniforme:
 - H(S) = 0 si S est homogène : toutes les probabilités pi sont égales à 0, sauf une qui est égale à 1
 - H(S) = max si toutes les probabilités p_i sont égales (tous les groupes C_i ont la même taille : $p_1 = ... = p_n = 1/m$).
- Pour calculer le gain d'information dans un nœud interne S sur l'attribut
 - Partitionner S sur les valeurs de l'attribut a en k sous-groupes : $S_1, ..., S_k$ (k est le nombre de valeurs distinctes de l'attribut a),
 - p_i : la probabilité qu'un élément de S appartient à S_i $(p_i \equiv |S_i|/|S|)$
 - Calculer $GI(S, a) = H(S) \sum_{i=1}^{k} p_i H(S_i)$ le gain d'information sur





exemple

Al for bio

Classification

Exemple [Quinlan, 86]

Attributs	Pif	Temp	Humid	Vent	
Valeurs possibles	soleil,couvert,pluie	chaud,bon,frais	normale,haute	vrai,faux	

N°	Pif	Temp	Humid	Vent	Golf ←
1	soleil	chaud	haute	faux	NePasJouer
2	soleil	chaud	haute	vrai	NePasJouer
3	couvert	chaud	haute	faux	Jouer
4	pluie	bon	haute	faux	Jouer
5	pluie	frais	normale	faux	Jouer
6	pluie	frais	normale	vrai	NePasJouer
7	couvert	frais	normale	vrai	Jouer
8	soleil	bon	haute	faux	NePasJouer
9	soleil	frais	normale	faux	Jouer
10	pluie	bon	normale	faux	Jouer
11	soleil	bon	normale	vrai	Jouer
12	couvert	bon	haute	vrai	Jouer
13	couvert	chaud	normale	faux	Jouer
14	pluie	bon	haute	vrai	NePasJouer

la classe

↓□▶ ◆□▶ ◆□▶ ◆□▶ ■ 990 71/227



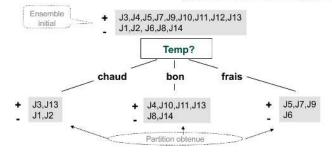
exemple

Al for bio

Développement de l'arbres de décision : exemple

Si on choisit l'attribut « Temp » pour le nœud racine

PIT	Temp	Humia	vent	COIL
soleil	chaud	haute	faux	NePasJoue
soleil	chaud	haute	vrai	NePasJoue
couvert	chaud	haute	faux	Jouer
pluie	bon	haute	faux	Jouer
pluie	frais	normale	faux	Jouer
pluie	frais	normale	vrai	NePasJoue
couvert	frais	normale	vrai	Jouer
soleil	bon	haute	faux	NePasjoue
soleil	frais	normale	faux	Jouer
pluie	bon	normale	faux	Jouer
soleil	bon	normale	vrai	Jouer
couvert	bon	haute	vrai	Jouer
couvert	chaud	normale	faux	Jouer
pluie	bon	haute	vrai	NePasJoue
	soleil soleil couvert pluie pluie pluie couvert soleil soleil pluie couvert couvert	soleil chaud soleil chaud couvert chaud pluic bon pluic frais pluic frais soleil bon soleil frais pluic bon soleil bon couvert bon couvert chaud	soleil chaud haute soleil chaud haute pluie bon haute pluie frais normale couvert frais normale soleil bon soleil soleil bon soleil bon soleil bon couvert bon couvert chaud haute solevert chaud normale couvert chaud normale normale normale normale normale soleil bon normale normale couvert chaud normale	soleil chaud haute faux soleil chaud haute vrai couvert chaud haute plue frais normale faux plue frais normale faux ouvert frais normale soleil bon normale faux plue bon soleil frais normale faux plue bon soleil frais normale faux pour frais normale faux plue bon normale faux couvert bon haute vrai couvert chaud normale faux faux faux faux faux faux faux faux





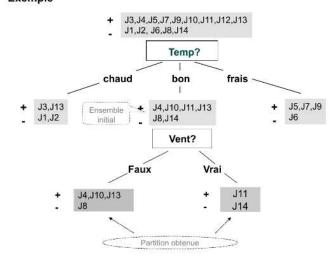


Al for bio

D'AZUR

exemple

Développement de l'arbre à partir d'un noeud pendant (feuille) Exemple



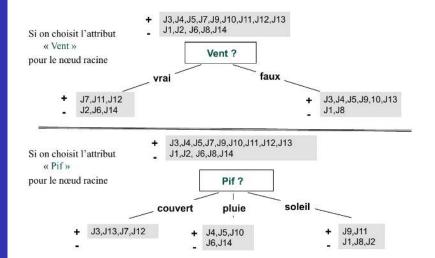


exemple

Al for bio

Classification

Induction d'arbres de décision : sélection de l'attribut





exemple

Al for bio

Classification

3- Exemple

• Entropie de l'ensemble initial d'exemples

$$I(p,n) = -9/14 \log_2(9/14) - 5/14 \log_2(5/14)$$

• Entropie des sous-arbres associés au test sur

$$-p_1 = 4 n_1 = 0$$
: $I(p_1, n_1) = 0$

$$-p_2 = 2 \quad n_2 = 3 : \quad I(p_2, n_2) = 0.971$$

$$-p_3 = 3$$
 $n_3 = 2$: $I(p_3, n_3) = 0.971$

• Entropie des sous-arbres associés au test sur

$$-p_1 = 2 n_1 = 2$$
: $I(p_1, n_1) = 1$

$$-p_2 = 4 n_2 = 2$$
: $I(p_2, n_2) = 0.918$

$$-p_3 = 3$$
 $n_3 = 1$: $I(p_3, n_3) = 0.811$

exemple

Al for bio

- $I(S) = -9/14 \log_2(9/14) 5/14 \log_2(5/14)$ • Entropie de l'arbre associé au test sur Pif?
 - $E(Pif) = 4/14 I(p_1,n_1) + 5/14 I(p_2,n_2) + 5/14 I(p_3,n_3)$ Gain(Pif) = 0.940 - 0.694 = 0.246 bits
 - Gain(Temp) = 0.029 bits

Pour les exemples initiaux

- Gain(Humid) = 0.151 bits
- Gain(Vent) = 0.048 bits
- Choix de l'attribut Pif pour le premier test





CÔTE D'AZUR

CART: Breiman et al. [BF84]

Al for bio

Arbres de classification et régression

- Les principales différences sont les suivantes :
 - CART pose seulement de questions-test binaires (arbres binaires).
 - Fonctionne aussi pour des attributs aux valeurs continues.
 - CART cherche tous les attributs et tous les seuils pour trouver celui qui donne la meilleure homogénéité du découpage.
- Quand un nœud interne S est coupé sur l'attribut i, seuil a_i , il donne naissance à deux descendants :
 - Sous-nœud gauche S_g ($p_g \equiv |S_g|/|S|$) qui contient tous les éléments qui ont les valeurs de l'attribut $v_i \leq a_i$
 - Sous-nœud droit S_d ($p_d \equiv |S_d|/|S|$) qui contient tous les éléments qui ont les valeurs de l'attribut $v_i > a_i$.
- Soit I(S) une mesure de l'impureté de S par rapport à la classe cible. CART étudie le changement de l'impureté par rapport au seuil et pour tous les attributs :
 - $E[I(S_{gd})] = p_g I(S_g) + p_d I(S_d)$ ou E[.] est l'opérateur ésperance
 - $\Delta I(S) = I(S) E[I(S_{gd})] = I(S) p_g I(S_g) p_d I(S_d)$



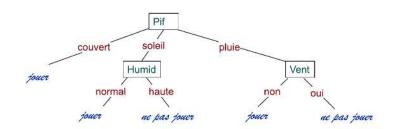


exemple

Al for bio

Classification

Arbre final obtenu :





CÔTE D'AZUE D'AZUR

CART : Le problème d'optimisation

Al for bio

Classification

Le problème d'optimisation est le suivant :

$$\underset{j;a_{i}}{\operatorname{argmax}} \Delta I(S)$$

CART choisit donc (i, a_i) qui maximise la décroissance de l'impureté du nœud par rapport à la cible.

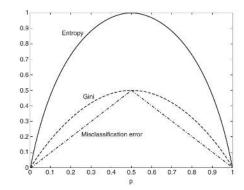
- En classification la mesure de l'impureté utilisée est l'index (ou impureté) de Gini qui est la vraisemblance qu'un élément du nœud soit incorrectement étiquetté par un tirage aléatoire qui respecte la loi statistique de la cible estimée dans le nœud.
- L'impureté (ou l'index de Gini $I_G(S)$) pour un nœud S est calculée comme
 - Partitionner S sur les valeurs de la cible en n groupes : $C_1, ..., C_n$
 - Calculer p_i : probabilité estimée qu'un élément de S se retrouve dans $C_i (p_i \equiv |C_i|/|S|),$
 - $I_G(S) = \sum_{i=1}^m p_i (1 p_i) = \sum_{i=1}^m (p_i p_i^2) = 1 \sum_{i=1}^m p_i^2$, $I_G(S) = \sum_{i \neq j}^m p_i p_j$ index de Gini,

 - $I_G(S) = 0$ si S est homogène (tous les éléments sont dans la même classe, donc impureté du groupe nulle).
- Toujours en classification on peut utiliser d'autres types de mesures d'impureté :
 - $H(s) = -\sum_{i} p_{i} \log(p_{i})$ (entropie),
 - $E(s) = 1 \max_i p_i$ (erreur de classification)



CART : Le problème d'optimisation

Al for bio



Pour un problème de régression on optimise le résidu quadratique moven : minimise la variance movenne des groupes.

$$\underset{j;a_j}{\operatorname{argmin}} p_g \operatorname{Var}(S_g) + p_d \operatorname{Var}(S_d)$$





Al for bio

Bagging

Le « bagging », acronyme pour « bootstrap aggregating », est un méta-algorithme qui combine deux techniques

- Bootstrapping: un bootstrap d'un ensemble T est l'ensemble obtenu en tirant |T| fois des éléments de T uniformément au hasard et avec remise. Le bootstrapping d'un ensemble d'entraînement T produit un nouvel ensemble T_0 qui présente en moyenne $1 - e^{-1} \equiv 63\%$ instances uniques différentes de T quand |T| >> 1.
- Aggrégation : on produit plusieurs bootstraps $T_1, ..., T_m$, chaque bootstrap T_i étant utilisé pour entraı̂ner un prédicteur t_i (penser ici à un arbre de régression, mais la technique s'applique à n'importe quelle famille de prédicteurs). Étant donnée une instance (x, y), on fait régresser chaque arbre, ce qui nous donne un ensemble de valeurs $y_1, ..., y_m$ prédites. Celles-ci sont alors aggrégées en calculant leur moyenne $\overline{y} = \frac{1}{m} \sum_{i} y_{i}$.



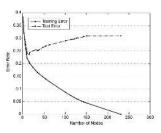
Extension des arbres de décision

Al for bio

Plusieurs limitations:

- le problème d'optimisation global est NP-complet [6] pour de nombreux critères d'optimalité, conduisant à l'emploi d'heuristiques:
- la procédure d'apprentissage est statique : ils ne sont pas prévus pour apprendre de manière incrémentale de nouvelles instances qui viendraient s'ajouter à l'ensemble d'entraînement :
- ils sont sensibles au bruit et ont une forte tendance à sur-apprendre les données, i.e. à apprendre à la fois les relations entre les données et le bruit présent dans l'ensemble d'apprentissage.

Solutions:



- l'élaguage
- « bagger » les arbres plutôt que de les utiliser comme prédicteurs individuels, un contexte dans lequel le sur-apprentissage et la sous-optimalité dû aux heuristiques posent moins de problèmes.





Bagging

Al for bio

Le bagging corrige plusieurs défauts des arbres de décision :

- leur instabilité (de petites modifications dans l'ensemble d'apprentissage peuvent entraîner des arbres très différents) et
- leur tendance à surapprendre.

La contrepartie à payer est une perte de lisibilité :

- les prédictions d'une forêt d'arbres « baggés » ne sont plus le fruit d'un raisonnement, mais
- un consensus de raisonnements potentiellement très différents.

L'analyse théorique du bagging demeure incomplète à ce jour : plusieurs arguments aident à comprendre son impact et suggèrent des conditions dans lesquelles il améliore les prédictions, mais l'élaboration d'un modèle dans lequel cet impact est compris et mesurable reste un sujet de recherche.



Random Forests

Al for bio

J-P Come

Introductio
Trees
Généralités
Algorithmes
Régression
Classification
Extensions
Conclusion
Clustering
kNN
Bayes
SVM

Proposées en 2002 par Leo Breiman et Adele Cutler, les forêts aléatoires (Random Forests) modifient l'algorithme pour que les arbres construits soient adaptés au bagging. Les principales modifications sont les suivantes :

- Échantillonage des attributs : à la ligne 5 de l'algorithme, au lieu de choisir l'attribut i dans l'ensemble $A = \{1, ..., m\}$, on tire uniformément au hasard un sous-ensemble $A' \subset A$ de taille $m' \leq m$ (pour la régression, les auteurs suggèrent $m' \equiv m/3$) dont on choisira le meilleur attribut.
 - L'objectif de cette opération est de décorréler les arbres produits, la corrélation entre les prédicteurs réduisant les gains potentiels en précision dus au bagging.
- Critère d'arrêt : les arbres construits sont aussi profonds que possible, *i.e.* le critère d'arrêt est une condition forte $(|T_f| < 10, |Y_f| = 1, ...)$, dans les limites d'un temps de calcul raisonnable. Ainsi, un prédicteur apprendra toutes les relations entre les données à sa portée, le sur-apprentissage et la sensibilité au bruit qui en résultent étant compensés par le bagging.





Arbre de décision : Conclusion

Al for bio

-P Comet

Trees Généralités Algorithme Régression Classificati

Extensions
Conclusion
Clusterin

Bayes SVM

Evaluation
Data Minin

- Méthodes non paramétrique pour classification + régression
- Données catégorielles + données numériques
- avantages :
 - simples à comprendre et à visualiser.
 - peu de préparation des données (normalisation, etc.).
 - Le coût d'utilisation des arbres est logarithmique.
 - a capables de traiter des problèmes multi-classes.
 - **6** White box : le résultat facile à conceptualiser / visualiser.
- Désavantages :
 - Sur-apprentissage: arbres parfois trop complexes ⇒ mauvaise généralisation. Choisir des bonnes valeurs pour max_depth et min_samples_leaf
 - ② Arbres parfois déséquilibrés (⇒ temps de parcours plus logarithmique). Ajuster la base de données en amont pour éviter qu'une classe domine largement les autres (en termes de nombre d'exemples d'apprentissage).

CÔTE D'AZUR

Random Forests

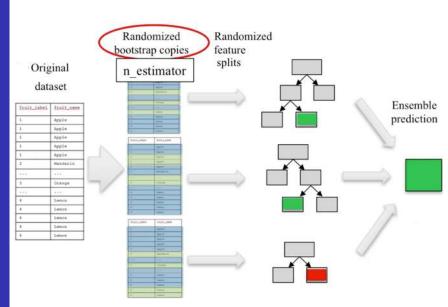
Al for bio

J-P Comet

Introduction
Trees
Généralités
Algorithmes
Régression
Classification

Extensions
Conclusion
Clustering
NN

SVM NN Evaluation Data Mini



CÔTE D'AZUR

Under and Overfitting

Al for bio

J-P Co

ntroduction

enéralités algorithmes dégression lassification extensions conclusion

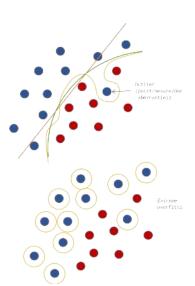
Bayes SVM

NN Evaluation Data Mining Project Factors

- Main: model complexity/flexibility (also degrees of freedom)
- Second : tune model parameters to optimize performances on learning set
- Illustration
 - Linear : not enough flexible ⇒ underfitting Consequences :
 - Not that good on learning set
 - Similar performances on new data
 - Quadratic : true model
 - Higher-order polynomial : too flexible ⇒ overfitting

Consequences:

- Good on leaning set
- Not that good on new data
- Conclusions
 - Find a complexity trade-off
 - Do not rely on performances on (full) learning set



◆□▶◆□▶◆臺▶◆臺▶ 臺 ◆9<**○** 79/227