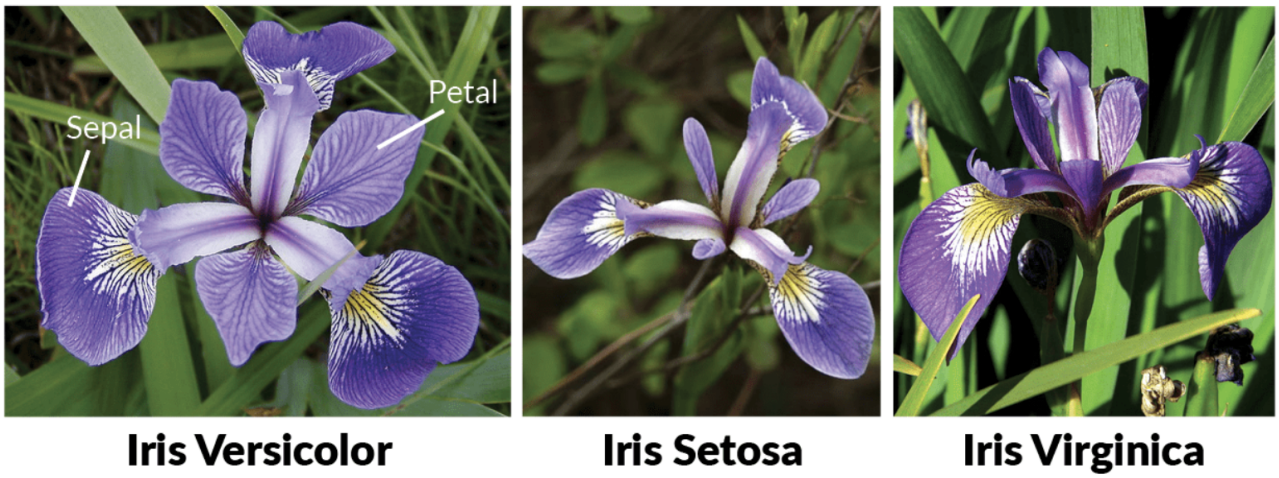
Classification automatique sous R

TP – École thématique Big Data Speech 2018

Pour débuter ce TP nous allons utilisé une base de données très populaire pour expérimenter les outils de classification automatique, il s'agit de la base de données Iris de Fisher.

Afin de comprendre ce que représente ce jeu de données, il est conseillé de lire la page Wikipédia suivant : https://fr.wikipedia.org/wiki/Iris_de_Fisher



Environnement R Studio
R Studio est un IDE (Environnement de Développement Intégré) pour R. R Studio n'est pas nécessaire pour utiliser R, mais rend son utilisation bien plus agréable et efficace.

Au cours de l'école d'été, R-studio est accessible via un navigateur à l'URL suivant: r.sb-roscoff.fr <http://r.sb-roscoff.fr> (utilisation des comptes stage pour s'identifier).

Chargement des données

```
# Lecture des données iris, récupérées directement sur le web
iris <- read.csv(url("http://archive.ics.uci.edu/ml/machine-learning-databases/iris/iris.data"),
                 header = FALSE)
```

→ Cette commande lit un fichier de type .csv (Comma Separated Value) qui peut être lu à partir d'un disque dur, mais aussi directement à partir d'internet

```
# Affiche les premières lignes
head(iris)
```

→ on remarque que les noms de colonnes ne sont pas explicites

Change le nom des colonnes
```
names(iris) <- c("Sepal.Length", "Sepal.Width", "Petal.Length",
"Petal.Width", "Species")
```

Vérifions le résultat
```
head(iris)
```

#Affichage de toutes les données :
```
iris
```

Mieux connaître les données : outils de visualisation
```
library(ggvis)
```
→ on charge la bibliothèse ggvis qui offre des outils de visualisation

```
iris %>% ggvis(~Sepal.Length, ~Sepal.Width, fill = ~Species) %>%
layer_points()
```

→ Notez l'utilisation de %>% qui fonctionne comme le pipe | sous linux
→ Que nous dit la figure ?

Après avoir analysé le lien entre caractères des sépales et espèce d'iris, concentrons sur les pétales :
```
iris %>% ggvis(~Petal.Length, ~Petal.Width, fill = ~Species) %>%
layer_points()
```

→ Que nous dit la figure ?

Pour mieux comprendre les données, il est souvent utile d'analyser les corrélations existantes entre les valeurs des différents caractéristiques (=colonnes).

R offre une commande pour cela :
Corrélation entre `Petal.Length` and `Petal.Width` sur l'ensemble des données
```
cor(iris$Petal.Length, iris$Petal.Width)
```

Nous pouvons aussi procéder par espèce :
Récupère les valeurs des étiquettes (levels) de la base`iris`
```
x=levels(iris$Species)
```

Affiche la matrice de corrélation de l'espèce Setosa
```
print(x[1])
cor(iris[iris$Species==x[1],1:4])
```

→ faites de même pour l'espèce Versicolor, puis l'espèce Virginica
→ que pouvez-vous en déduire ?

Testez ces commandes pour connaître la répartition des étiquettes d'espèces dans les données :

Division of `Species`
```
table(iris$Species)
```

Percentual division of `Species`
```
round(prop.table(table(iris$Species)) * 100, digits = 1)
```

Découpage des données : nous souhaitons découper les données en 2 : 2/3 des données pour l'apprentissage automatique, 1/3 pour le test.

#Initialisation du générateur de nombres aléatoires
```
set.seed(1234)
```

Pour que le découpage ne soit pas biaisé par l'ordre de stockage des informations (par exemple, regardez la valeur de l'étiquette en fonction du numéro de ligne), nous allons utiliser la commande sample :
```
ind <- sample(2, nrow(iris), replace=TRUE, prob=c(0.67, 0.33))
```

→ cette commande affecte la valeur 1 ou la valeur 2 dans le tableau ind pour chaque ligne existant dans iris. La probabilité que la valeur 1 soit affectée est de 0,67 (et donc 0,33 pour la valeur 2)

#À partir de ind et de iris, nous pouvons construire notre corpus d'apprentissage :
```
iris.training <- iris[ind==1, 1:4]
```

→ construisez le corpus iris.test :
```
iris.test <- iris[??????????]
```

Regardez le contenu de iris.training et iris.test

→ vous remarquerez que les étiquettes (=espèces) ne sont pas dans les corpus créés. Il nous faut maintenant les gérer dans deux tableaux (=vecteurs) dédiés.

Construis les étiquettes d'apprentissage `iris`
```
iris.trainLabels <- iris[ind==1,5]
```

Affiche le résultat
```
print(iris.trainLabels)
```

→ Construisez les étiquettes de test et affichez-les

Apprentissage automatique et prédiction (utilisation de l'algorithme des k plus proche voisins) :
Construit le modèle et l'applique sur le test
```
iris_pred <- knn(train = iris.training, test = iris.test, cl =
iris.trainLabels, k=3)
```

Lire les résultats `iris_pred`
```
iris_pred
```

Évaluation du modèle
Nous allons d'abord construire un tableau qui contient, pour chaque échantillon du test, son étiquette prédite par le modèle, et son étiquette réelle

Put `iris.testLabels` in a data frame

```
irisTestLabels <- data.frame(iris.testLabels)

# Merge `iris_pred` and `iris.testLabels`
merge <- data.frame(iris_pred, iris.testLabels)

# Specify column names for `merge`
names(merge) <- c("Predicted Species", "Observed Species")

# Inspect `merge`
merge
```

→ à partir de là, il est possible de faire de visualiser les différences

Pour aller plus loin dans l'analyse, nous pouvons utiliser des outils dédiés, par exemple CrossTable qui affiche la matrice de confusion

```
library(gmodels)
CrossTable(x = iris.testLabels, y = iris_pred, prop.chisq=FALSE)
```

→ Analysez ces résultats

Appliquez ce que vous venez de voir sur les données 'parole' extraites par Nicolas Audibert et disponibles sur le site de l'école d'été (contactez un intervenant pour plus d'informations)