Exercice5

November 4, 2023

[291]:
```
import os
import numpy as np
import pandas as pd
import seaborn as sns
import matplotlib.pyplot as plt
import xgboost as xgb

from sklearn.tree import DecisionTreeClassifier, plot_tree
from sklearn.ensemble import RandomForestClassifier
from sklearn.ensemble import BaggingClassifier
from sklearn.ensemble import GradientBoostingClassifier

from sklearn.model_selection import GridSearchCV

from sklearn.metrics import accuracy_score # pour voir l'efficacité globale du␣
 ↪modèle
from sklearn.metrics import recall_score # pour voir le poids des Faux negatifs
from sklearn.metrics import precision_score # pour voir le poids des faux␣
 ↪positifs
from sklearn.metrics import f1_score # rapport de la moyenne géométrique au␣
 ↪carré et de la moyenne aritmétique entre le recall et la précision
from sklearn.metrics import confusion_matrix



from sklearn.decomposition import PCA
from sklearn.discriminant_analysis import LinearDiscriminantAnalysis as LDA
from sklearn.decomposition import SparsePCA

from sklearn.preprocessing import StandardScaler

path = '/home/ibotcazou/Bureau/Master_data_science/DATAS_M2/
 ↪Apprentissage_Statistique_Panloup/TP2/donnees_en_point_csv'

os.listdir(path)
```

[291]:
```
['cancer_ytest.csv',
 'cancer_ytrain.csv',
```

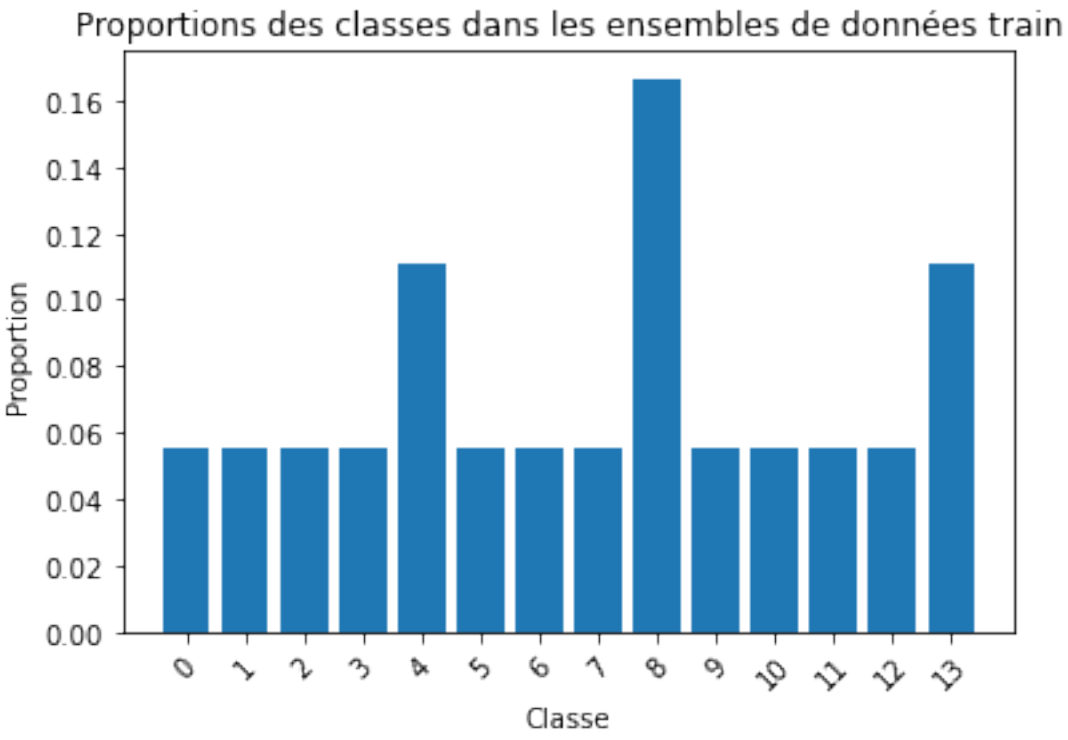
```
 'cancer_xtest.csv',
 'cancer_xtrain.csv']
```

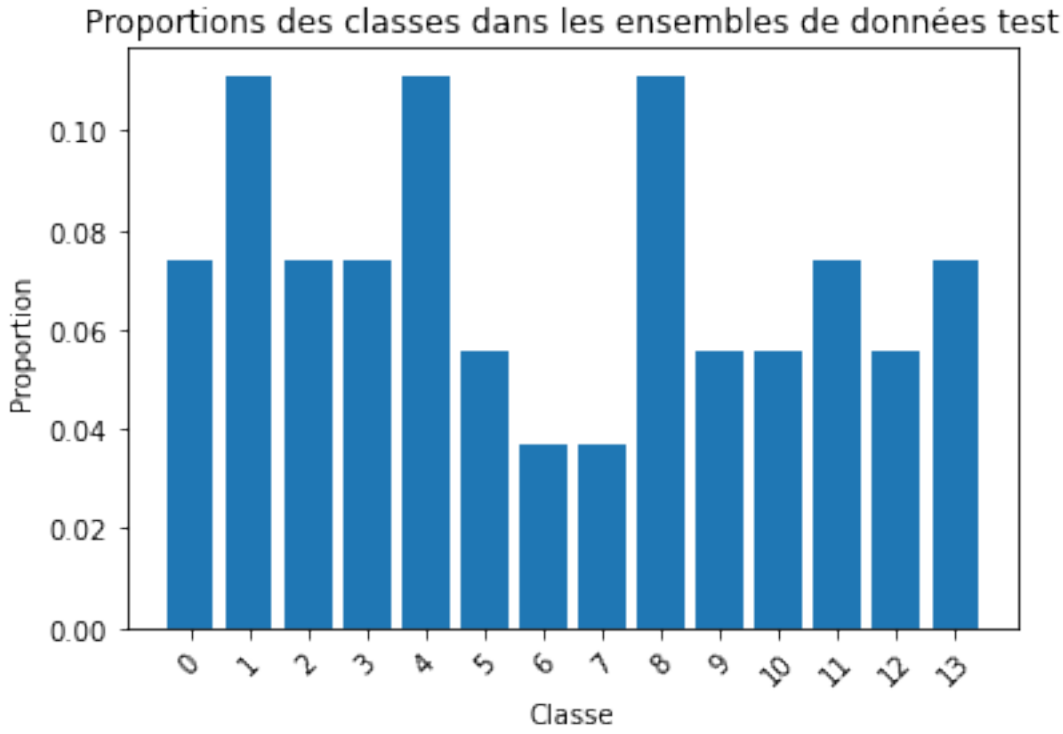
[292]:
```
cancer_ytest = pd.read_csv(os.path.join(path,'cancer_ytest.csv'), sep=',')
cancer_ytrain = pd.read_csv(os.path.join(path,'cancer_ytrain.csv'), sep=',')
cancer_xtest = pd.read_csv(os.path.join(path,'cancer_xtest.csv'), sep=',')
cancer_xtrain = pd.read_csv(os.path.join(path,'cancer_xtrain.csv'), sep=',')
```

1 Première approche :

1.1 Équilibrage des groupes :

[3]:
```
ytr = cancer_ytrain.value_counts()/len(cancer_ytrain)
yts = cancer_ytest.value_counts()/len(cancer_ytest)

indextr = [i[0] for i in ytr.index]
plt.bar(indextr,ytr.values)
plt.title('Proportions des classes dans les ensembles de données train')
plt.xlabel('Classe')
plt.ylabel('Proportion')
plt.xticks(range(len(indextr)), np.sort(indextr), rotation=45) # Ajouter plus␣
 ↪de ticks sur l'axe des x
plt.show()

indexts = [i[0] for i in yts.index]
plt.bar(indexts,yts.values)
plt.title('Proportions des classes dans les ensembles de données test')
plt.xlabel('Classe')
plt.ylabel('Proportion')
plt.xticks(range(len(indexts)), np.sort(indexts), rotation=45)
plt.show()
```


Proportions des classes dans les ensembles de données train
Proportion
0.00
0.02
0.04
0.06
0.08
0.10
0.12
0.14
0.16
0 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13
Classe


Proportions des classes dans les ensembles de données test
Proportion
0.00
0.02
0.04
0.06
0.08
0.10
0 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13
Classe

Les groupe ne semblent pas équilibrés à la perfection, nous allons utiliser en plus de l'accuracy score le F1-score comme métrique afin d'évaluer la performance de nos modèles. En effet il est plus riche que la précision simple, car il prend en compte à la fois la précision et le rappel.

Explications:

Precision : $\mathrm{P} = \dfrac{TP}{TP + FP}$

Recall : $\mathrm{R} = \dfrac{TP}{TP + FN}$

F1_score : $\mathrm{F1} = 2 \times \dfrac{P \times R}{P + R}$

1.2 Fonctions utiles :

[293]:
```
#Fonctions utiles à l'évaluation d'un modèle

def evaluation(model,xtrain,xtest,ytrain,ytest,average = 'weighted', tree =␣
 ↪True, display=True):
    # Faire des prédictions
    predictions1 = model.predict(xtrain)
    predictions2 = model.predict(xtest)

    # Évaluer globale
    accuracy1 = accuracy_score(ytrain, predictions1)
    accuracy2 = accuracy_score(ytest, predictions2)

    print("evaluation globale train :", accuracy1)
    print("evaluation globale test:", accuracy2)

    # precision du modèle

    precision1 = precision_score(ytrain, predictions1, average=average)
    precision2 = precision_score(ytest, predictions2, average=average)

    print("precision train :", precision1)
    print("precision test :", precision2)

    # Recall du modèle

    recall1 = recall_score(ytrain, predictions1, average=average)
    recall2 = recall_score(ytest, predictions2, average=average)

    print("recall train :", recall1)
    print("recall test:", recall2)

    # F1 score du modèle
```

```
    f1_1 = f1_score(ytrain, predictions1, average=average)
    f1_2 = f1_score(ytest, predictions2, average=average)

    print("f1 score train :", f1_1)
    print("f1 score test:", f1_2)

    if display:
        # Calcul de la matrice de confusion
        conf_matrix = confusion_matrix(ytest, predictions2)

        # Création de la heatmap avec Seaborn
        plt.figure(figsize=(10, 7))
        sns.heatmap(conf_matrix, annot=True, fmt='g',cmap='Blues') #fmt='g'␣
↪sert à éviter l'affichage scientifique des nombres
        #plt.colormaps() pour avoir d'autres couleurs de cmap
        plt.xlabel('Prédictions')
        plt.ylabel('Valeurs Réelles')
        plt.title('Matrice de Confusion pour les valeurs tests')
        plt.show()

    if tree:
        # Affichage de l'arbre
        plt.figure(figsize=(20,10))
        plot_tree(model, filled=True) #filled=True colorant les noeuds pour␣
↪indiquer la majorité de la classe.
        plt.title("Schéma de l'arbre")
        plt.show()

def features(model,xtrain,ytrain, display1=True,display2=True):

    features_names = xtrain.columns
    features_importantes = model.feature_importances_
    index = features_importantes.argsort()[::-1]

    if display1:
        if len(features_importantes[features_importantes!=0])<=60:#Au dessus de␣
↪60 c'est illisible
            y = np.sort(features_importantes[features_importantes!=0])[::-1]
            ind = index[:len(y)]
            plt.bar(range(len(y)),y)
            plt.xticks(range(len(ind)), ind, rotation='vertical') # Définir les␣
↪étiquettes pour l'axe des x
            plt.tight_layout() # Ajuster le layout pour éviter le chevauchement␣
↪des étiquettes
        else:
            y = features_importantes[features_importantes!=0]
            ind = index[:len(y)]
```

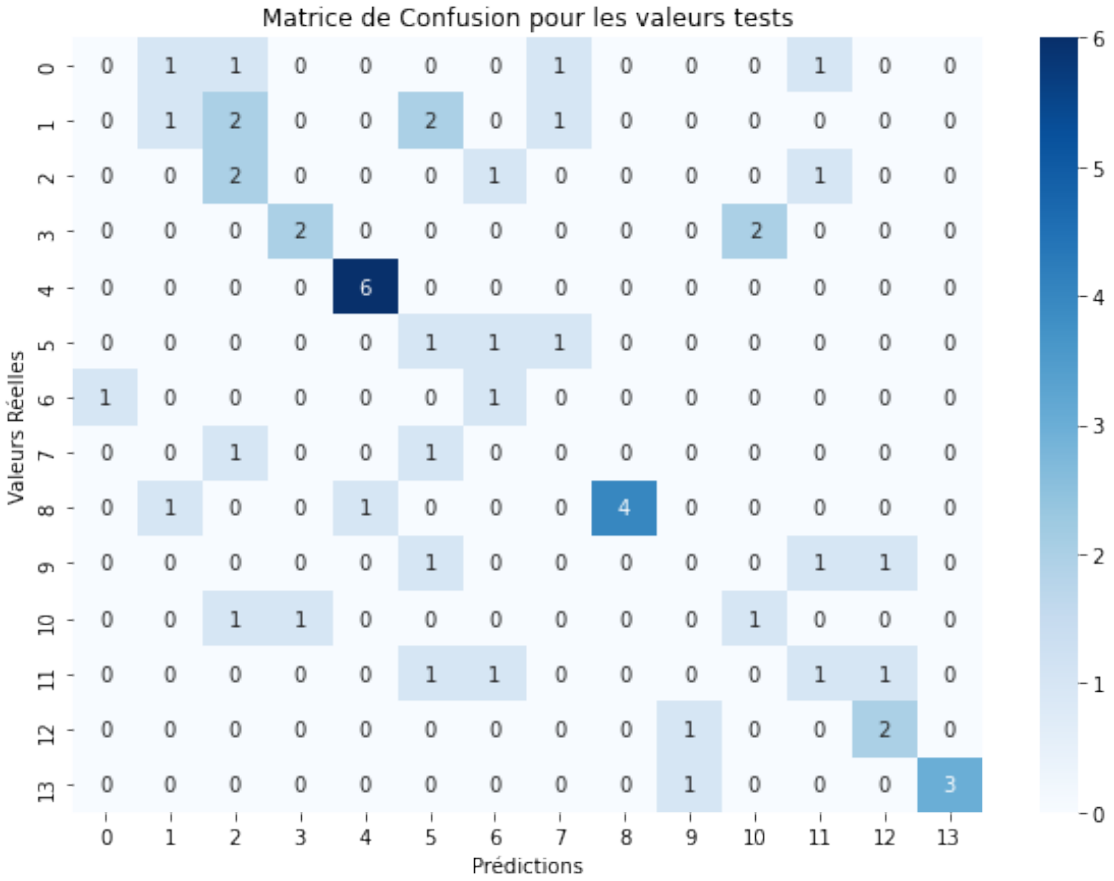
```
            plt.bar(ind,y)


        plt.title(f"Importances des variables dans le {model}")
        plt.xlabel("Feature")
        plt.ylabel("Importance")
        plt.show()


    if display2:
        #Scatter plot des deux variables le plus importantes dans la␣
 ↪discrimination
        f1 = features_names[index[0]]
        f2 = features_names[index[1]]

        plt.figure(figsize=(10, 6))
        scatter = plt.scatter(xtrain[f1], xtrain[f2], c=(ytrain.values+1))
        plt.title(f'Scatter Plot des variables les plus importantes {f1} et␣
 ↪{f2}')
        plt.xlabel(f"feature {f1}")
        plt.ylabel(f"feature {f2}")

        classes = np.unique(ytrain)
        labels = ['Classe ' + str(cls) for cls in classes]
        plt.legend(handles=scatter.legend_elements()[0], labels=labels)

        plt.show()
```

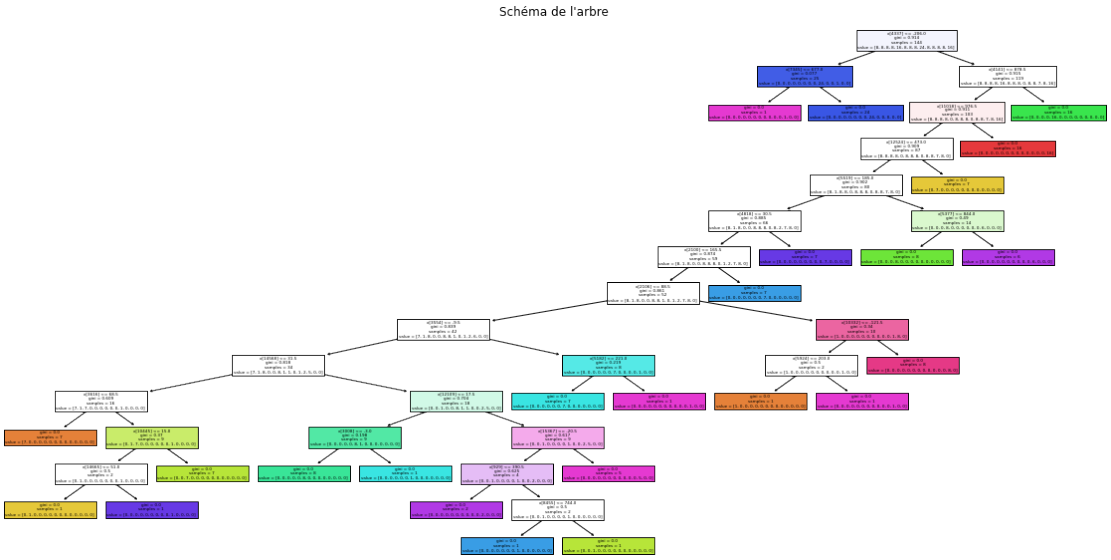
2 Basic decisional Tree :

[294]:
```
# Créer le modèle DecisionTreeClassifier
clf = DecisionTreeClassifier()

# Entraîner le modèle
clf.fit(cancer_xtrain, cancer_ytrain)

evaluation(clf,cancer_xtrain,cancer_xtest,cancer_ytrain,cancer_ytest,tree =␣
 ↪True, display=True)
```

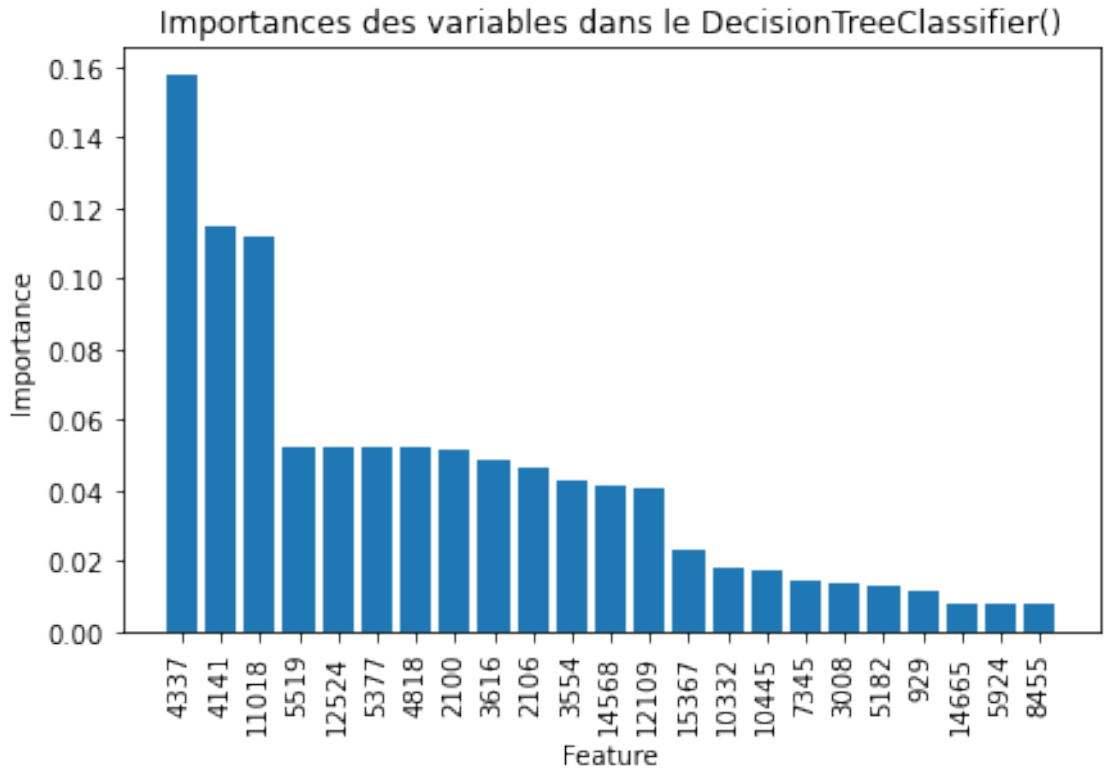
```
evaluation globale train : 1.0
evaluation globale test: 0.4444444444444444
precision train : 1.0
precision test : 0.4713403880070547
```

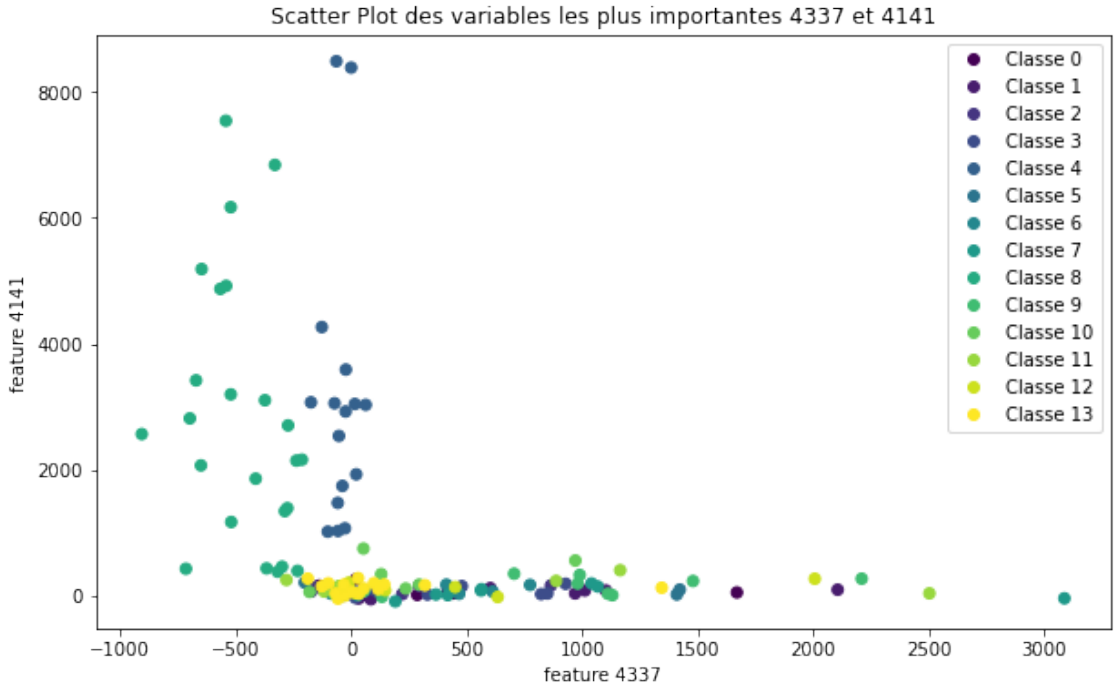
```
recall train : 1.0
recall test: 0.4444444444444444
f1 score train : 1.0
f1 score test: 0.4423749090415757
```





[295]:
```
features(clf,cancer_xtrain,cancer_ytrain)
```





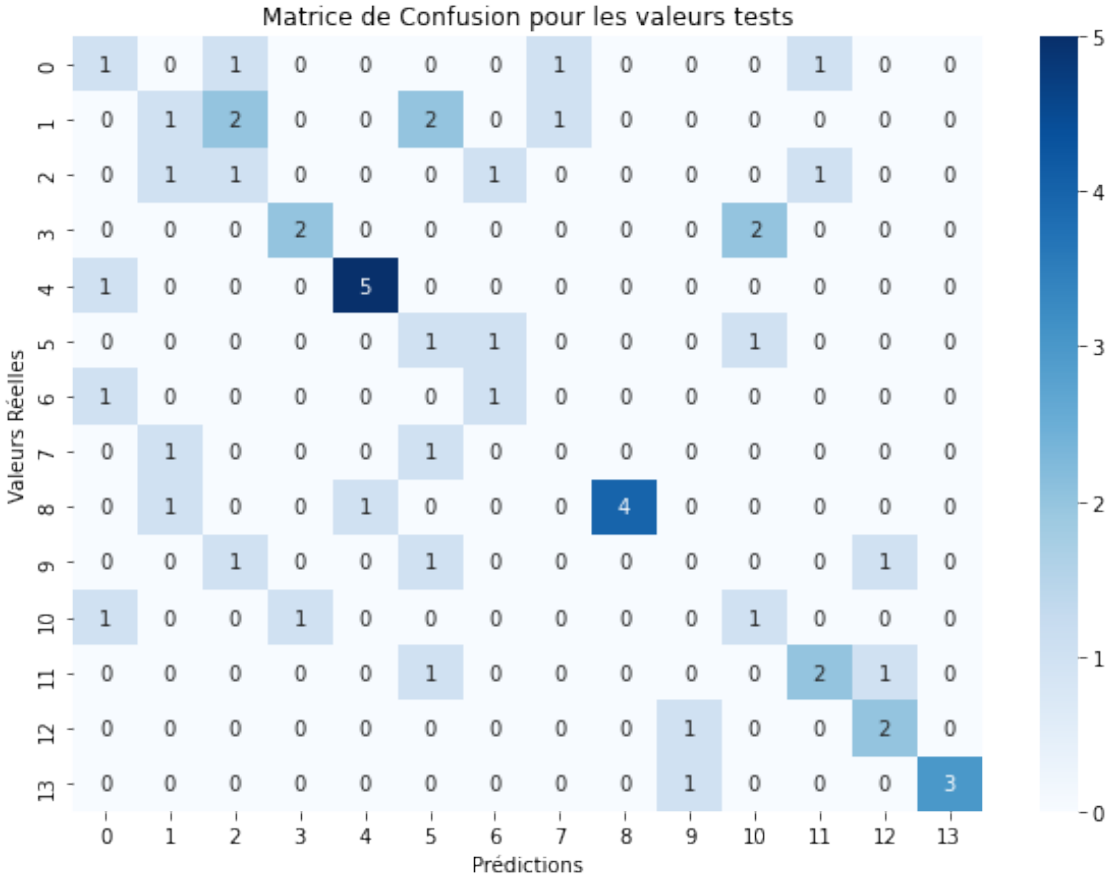
3 Grid_Search CV

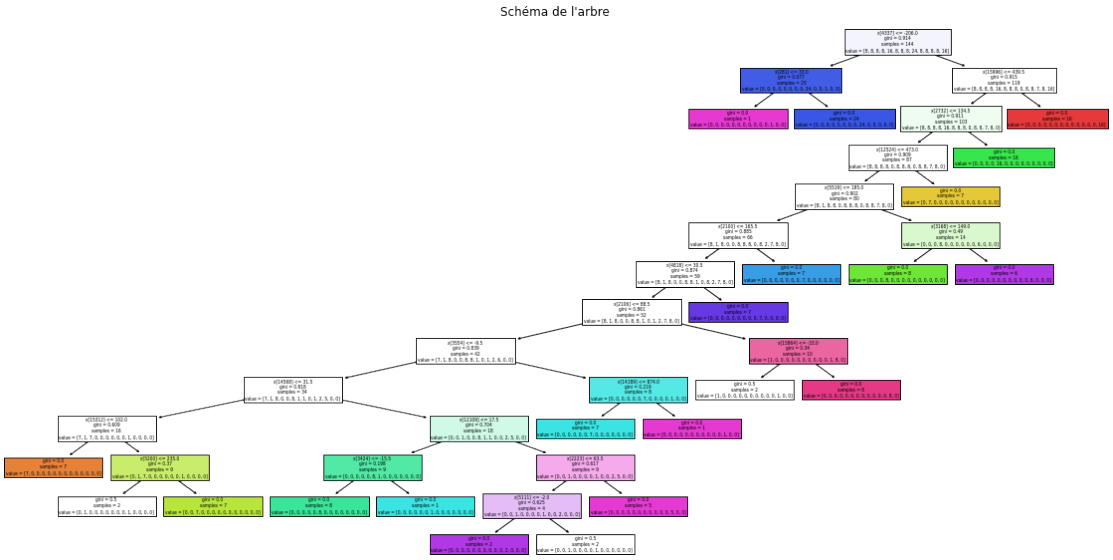
[296]:
```
clf = DecisionTreeClassifier()

#dico avec les paramètres
param = { 'max_depth': [10, 20, 30, 40],
    'min_samples_split': [2, 4, 6, 8],
    'criterion': ['gini', 'entropy'],
    'ccp_alpha': [0.0, 0.01, 0.02, 0.03] }

grid = GridSearchCV(clf,param,cv=5,scoring='f1_weighted', n_jobs=-1)#,verbose=2)

# n_jobs is used for parallemization , while verbose help you track the progres␣
 ↪and duration of the process

grid.fit(cancer_xtrain,cancer_ytrain)

best_clf = grid.best_estimator_
```

[297]:
```
print("best_params = ",grid.best_params_,"\n\n")
evaluation(best_clf,cancer_xtrain,cancer_xtest,cancer_ytrain,cancer_ytest,tree␣
 ↪= True, display=True)
```

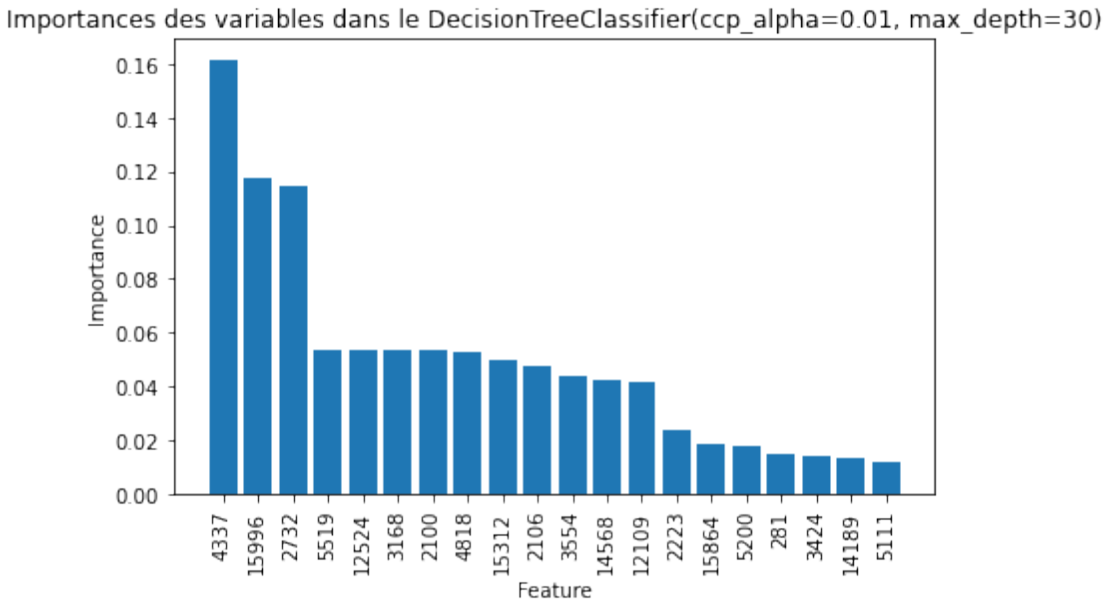
```
best_params =  {'ccp_alpha': 0.01, 'criterion': 'gini', 'max_depth': 30,
```

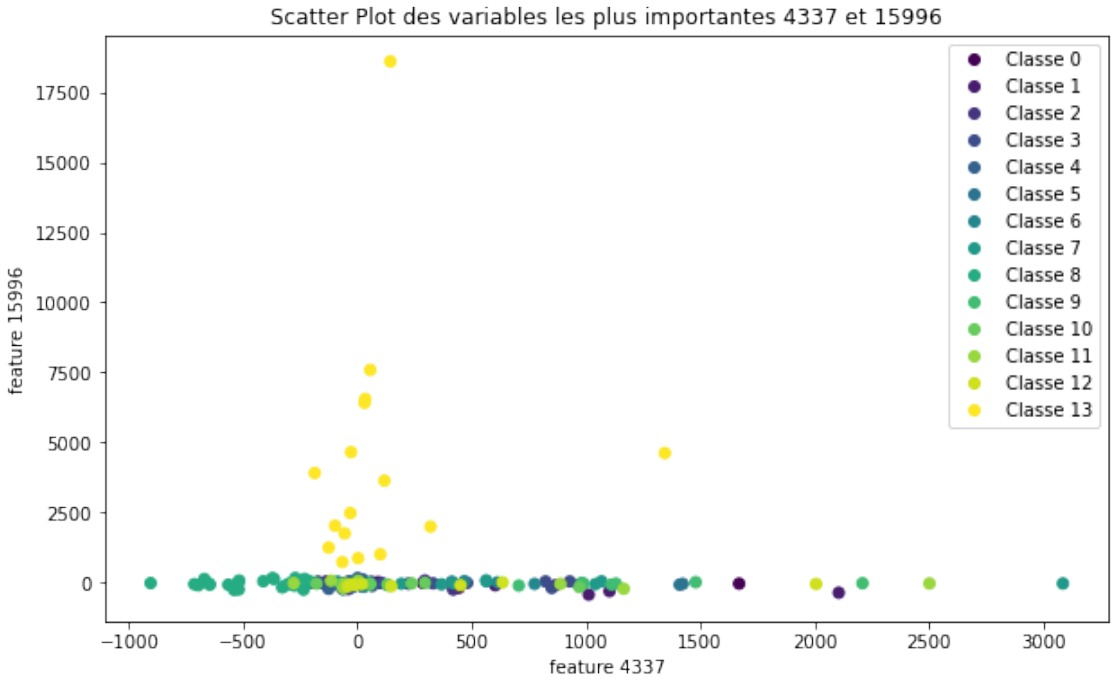
```
'min_samples_split': 2}


evaluation globale train : 0.9791666666666666
evaluation globale test: 0.4444444444444444
precision train : 0.9814814814814814
precision test : 0.48858024691358026
recall train : 0.9791666666666666
recall test: 0.4444444444444444
f1 score train : 0.9790849673202615
f1 score test: 0.45631981187536746
```





[298]:
```
features(best_clf,cancer_xtrain,cancer_ytrain)
```



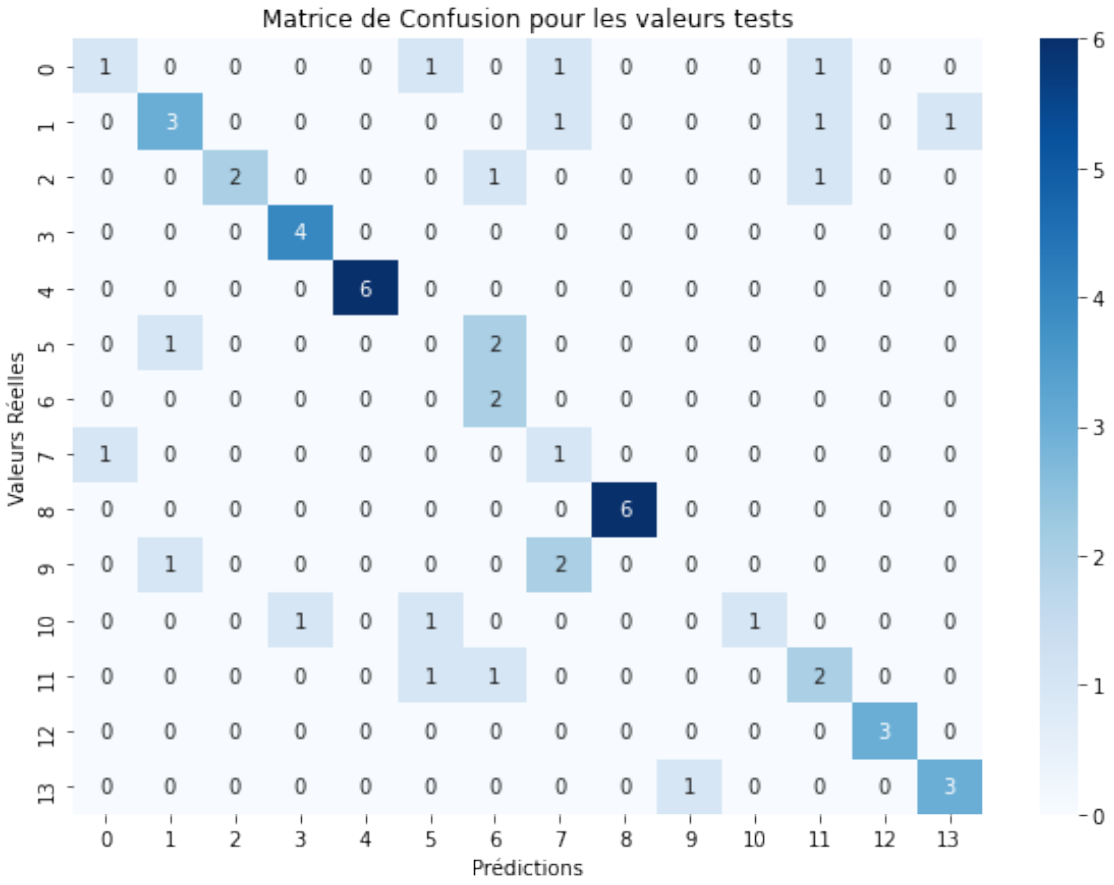


Les scores sur l'échantillon test avec la méthode Grid search cv ne sont pas bons. Nous allons donc proposer d'autres axes de recherche tels que du Bootstrap avec du bagging, de la random forest ou encore du boosting.

4 Bagging

[299]:
```
bagging_clf = BaggingClassifier(estimator=DecisionTreeClassifier(),n_estimators␣
↪= 100, max_features=0.8)

# Entraînement du modèle
bagging_clf.fit(cancer_xtrain,cancer_ytrain.values.ravel())

evaluation(bagging_clf,cancer_xtrain,cancer_xtest,cancer_ytrain,cancer_ytest,tree␣
↪= False, display=True)
```

```
evaluation globale train : 1.0
evaluation globale test: 0.6296296296296297
precision train : 1.0
precision test : 0.6753086419753087
recall train : 1.0
recall test: 0.6296296296296297
f1 score train : 1.0
f1 score test: 0.6236572069905404
```



- L'argument max_features=0.8 nous permet de choisir aléatoirement 80% des variables à l'initialisation de chaque arbre dans le bootstrap. Cela ressemble à de la Random Forest car il y a une part d'aléatoire dans le choix des variables. Ce qui différencie de la Random Forest est que le choix est fixé au début de chaque arbre et non à chaque noeud de chaque arbre comme le fait la Random Forest.
- Le Bagging ne nous permet pas d'obtenir de meilleurs résultats. Nous soupçonnons qu'il y a une très forte corrélation entre certaines variables et aussi un nombre important de variables non explicatives.

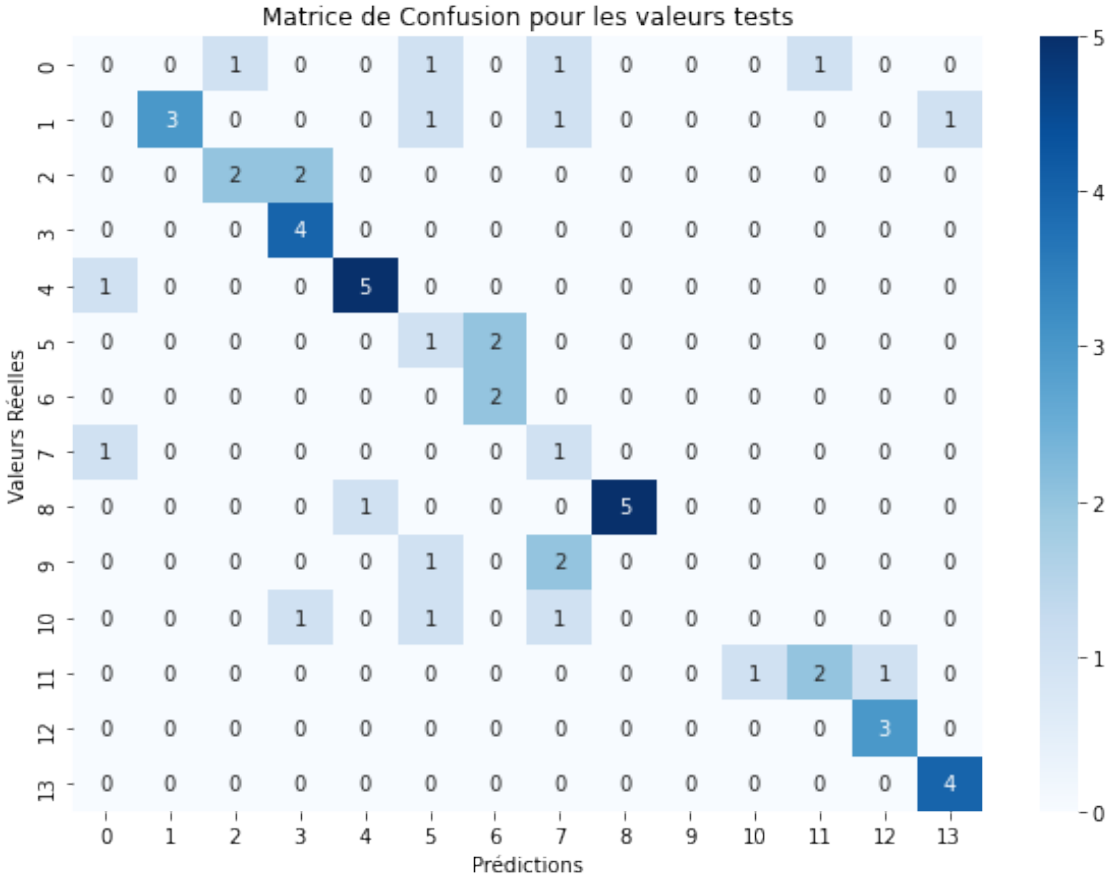
5 Random Forest

5.1 Approche sans grid_cv

[301]:
```
# Créer et entraîner le modèle Random Forest
clf_rf = RandomForestClassifier()
clf_rf.fit(cancer_xtrain, cancer_ytrain.values.ravel())

evaluation(clf_rf,cancer_xtrain,cancer_xtest,cancer_ytrain,cancer_ytest,tree =␣
↪False, display=True)
```

```
evaluation globale train : 1.0
evaluation globale test: 0.5925925925925926
precision train : 1.0
precision test : 0.592636684303351
recall train : 1.0
recall test: 0.5925925925925926
f1 score train : 1.0
f1 score test: 0.5675070813959702
```

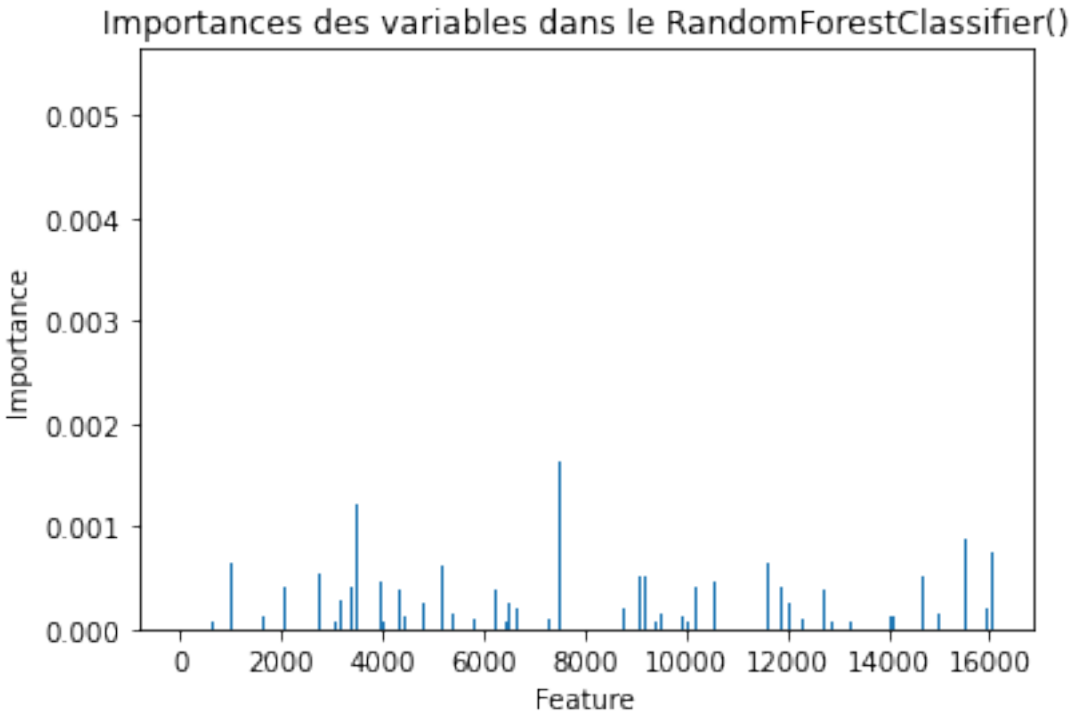
```
/home/ibotcazou/.local/lib/python3.10/site-
packages/sklearn/metrics/_classification.py:1469: UndefinedMetricWarning:
Precision is ill-defined and being set to 0.0 in labels with no predicted
samples. Use `zero_division` parameter to control this behavior.
  _warn_prf(average, modifier, msg_start, len(result))
```

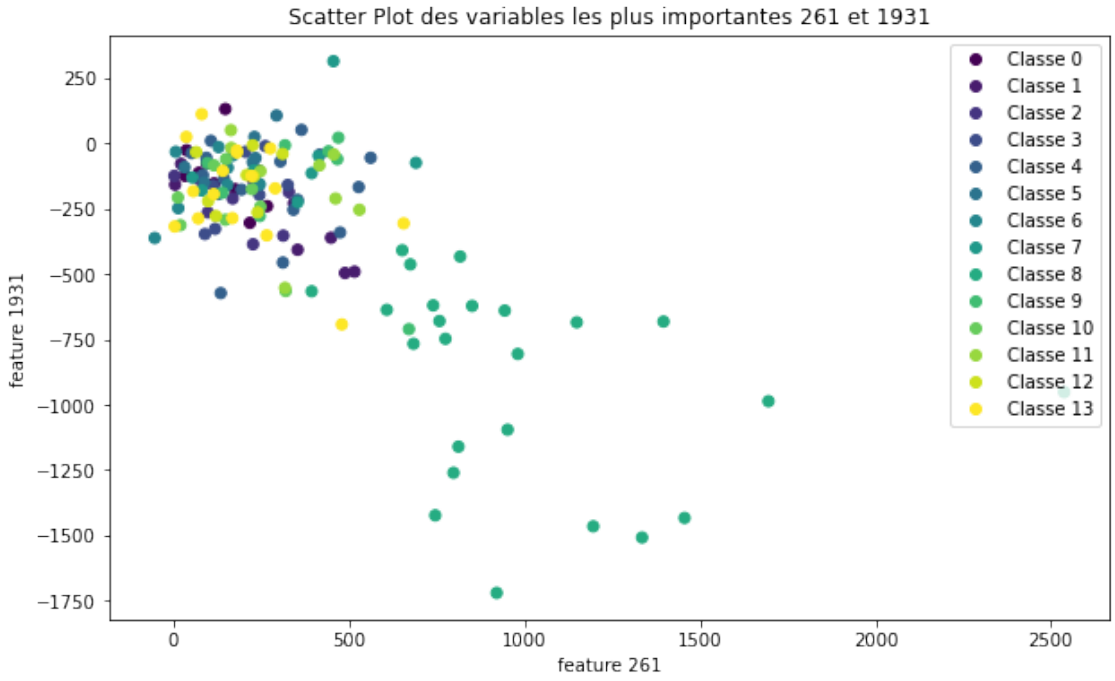


[302]:
```
print(clf_rf.get_params())
```

```
{'bootstrap': True, 'ccp_alpha': 0.0, 'class_weight': None, 'criterion': 'gini',
'max_depth': None, 'max_features': 'sqrt', 'max_leaf_nodes': None,
'max_samples': None, 'min_impurity_decrease': 0.0, 'min_samples_leaf': 1,
'min_samples_split': 2, 'min_weight_fraction_leaf': 0.0, 'n_estimators': 100,
'n_jobs': None, 'oob_score': False, 'random_state': None, 'verbose': 0,
'warm_start': False}
```

[303]:
```
features(clf_rf,cancer_xtrain,cancer_ytrain)
```





5.2 Grid search CV

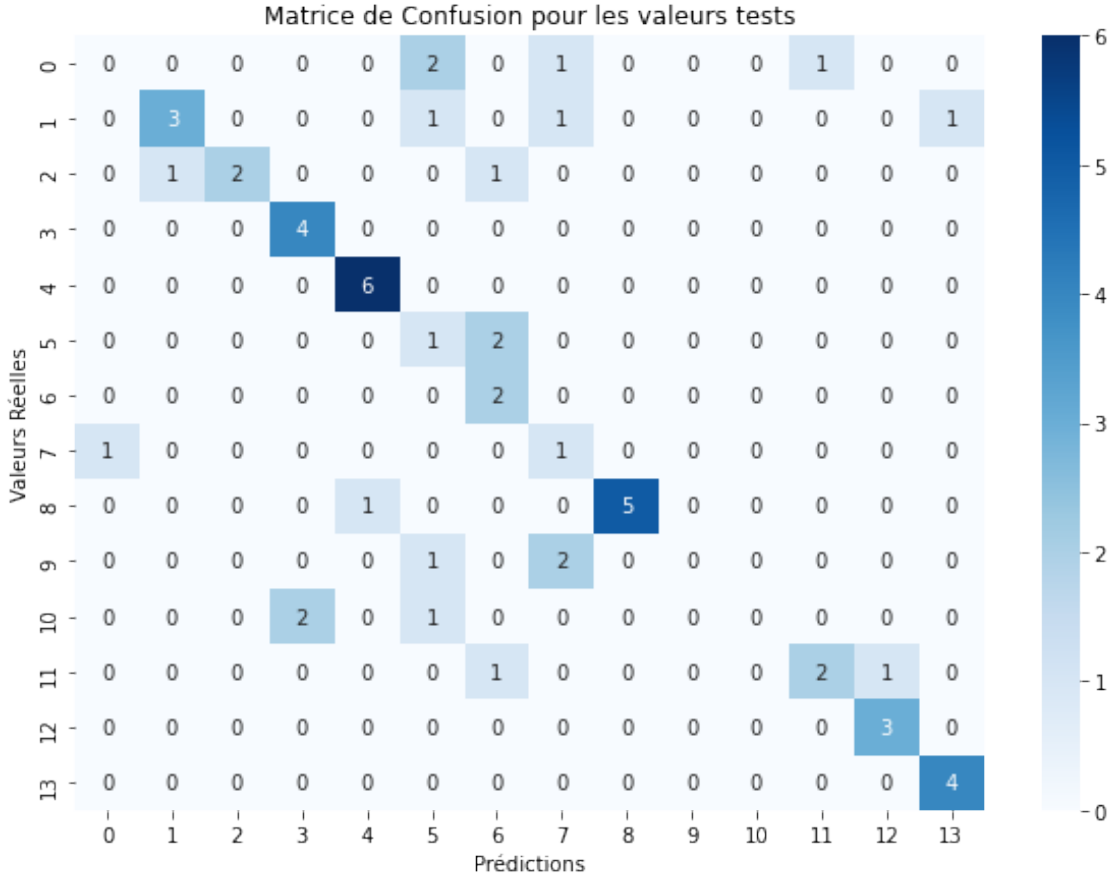
[304]:
```
# Définir la grille de paramètres à tester
param_grid = {
    'n_estimators': [100, 200, 300],
    'max_depth': [10, 20, 30, None],
    'min_samples_split': [2, 5, 10],
    'min_samples_leaf': [1, 2, 4]
}

clf_rf = RandomForestClassifier()

# Création du modèle GridSearchCV
grid_search = GridSearchCV(estimator=clf_rf, param_grid=param_grid, cv=5,␣
 ↪n_jobs=-1)#, verbose=2)
grid_search.fit(cancer_xtrain, cancer_ytrain.values.ravel())

# Meilleur modèle
clf_rf_best= grid_search.best_estimator_
```

[305]:
```
evaluation(clf_rf_best,cancer_xtrain,cancer_xtest,cancer_ytrain.values.
 ↪ravel(),cancer_ytest.values.ravel(),tree = False, display=True)
```

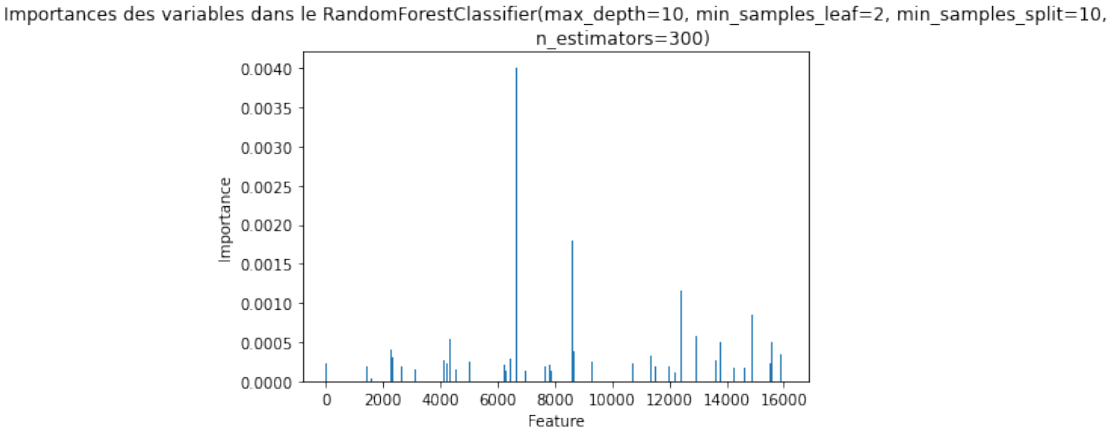
```
evaluation globale train : 0.9930555555555556
evaluation globale test: 0.6111111111111112
```

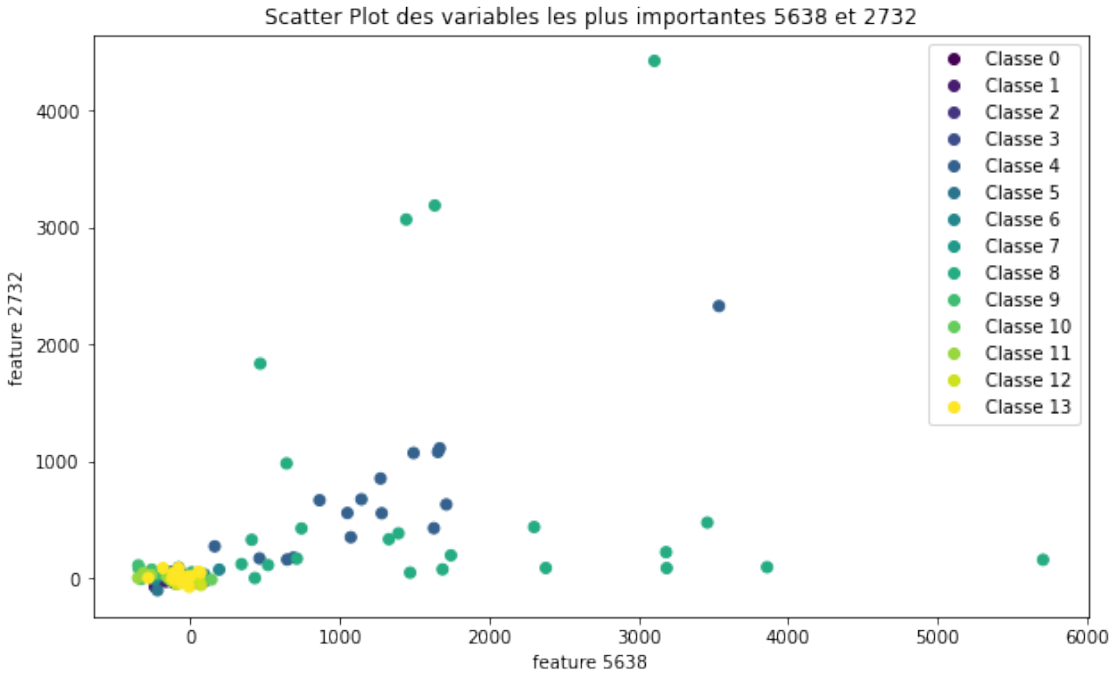
```
precision train : 0.9938271604938271
precision test : 0.5924603174603175
recall train : 0.9930555555555556
recall test: 0.6111111111111112
f1 score train : 0.9930283224400872
f1 score test: 0.5761197650086538
```

```
/home/ibotcazou/.local/lib/python3.10/site-
packages/sklearn/metrics/_classification.py:1469: UndefinedMetricWarning:
Precision is ill-defined and being set to 0.0 in labels with no predicted
samples. Use `zero_division` parameter to control this behavior.
  _warn_prf(average, modifier, msg_start, len(result))
```



[306]:
```
features(clf_rf_best,cancer_xtrain,cancer_ytrain)
print(clf_rf_best.get_params())
```





{'bootstrap': True, 'ccp_alpha': 0.0, 'class_weight': None, 'criterion': 'gini', 'max_depth': 10, 'max_features': 'sqrt', 'max_leaf_nodes': None, 'max_samples': None, 'min_impurity_decrease': 0.0, 'min_samples_leaf': 2, 'min_samples_split': 10, 'min_weight_fraction_leaf': 0.0, 'n_estimators': 300, 'n_jobs': None, 'oob_score': False, 'random_state': None, 'verbose': 0, 'warm_start': False}

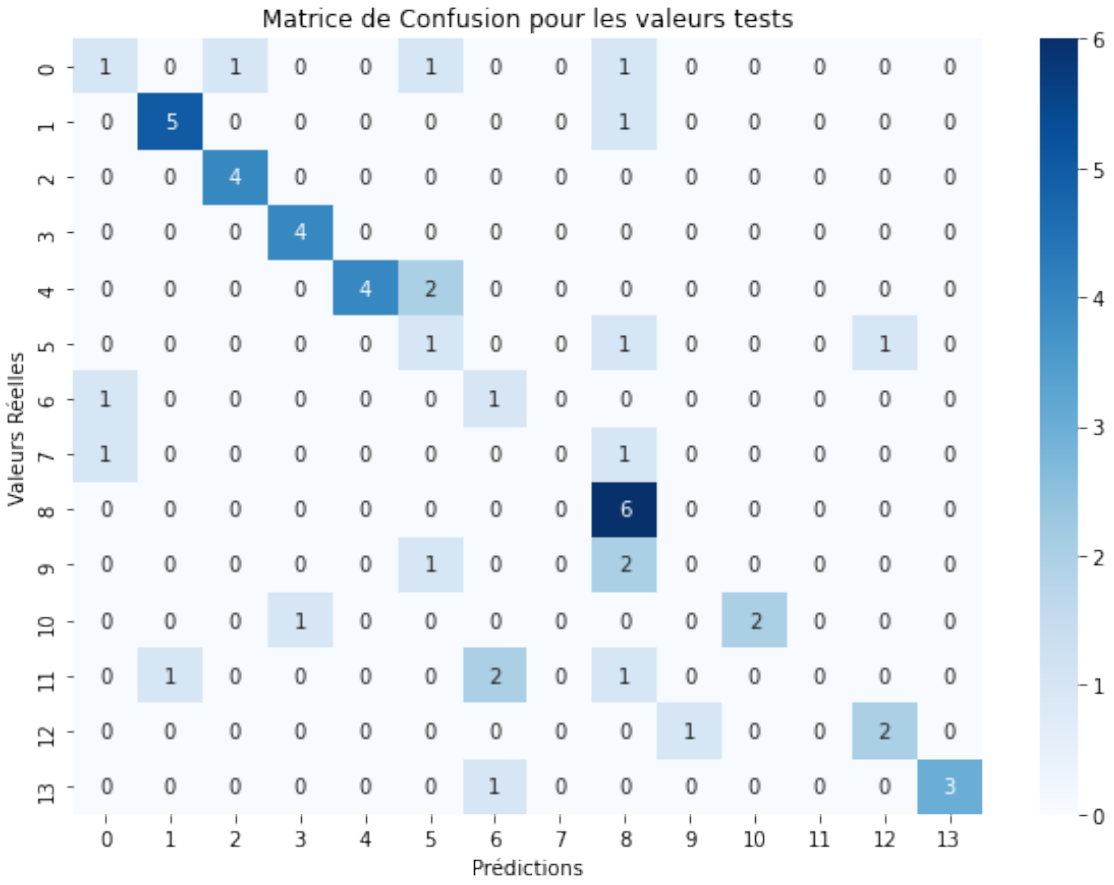
6 Gradient Boosting

[308]:
```
# Création du modèle Gradient Boosting
clf_gb = GradientBoostingClassifier()
clf_gb.fit(cancer_xtrain,cancer_ytrain.values.ravel())
```

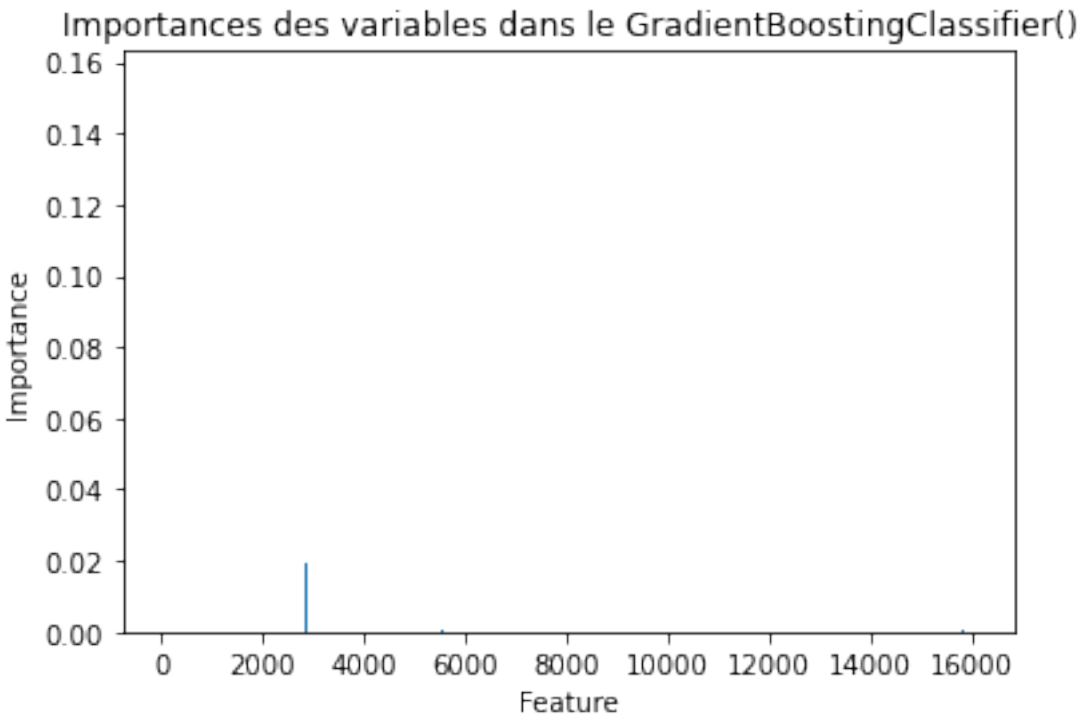
[308]:
```
GradientBoostingClassifier()
```

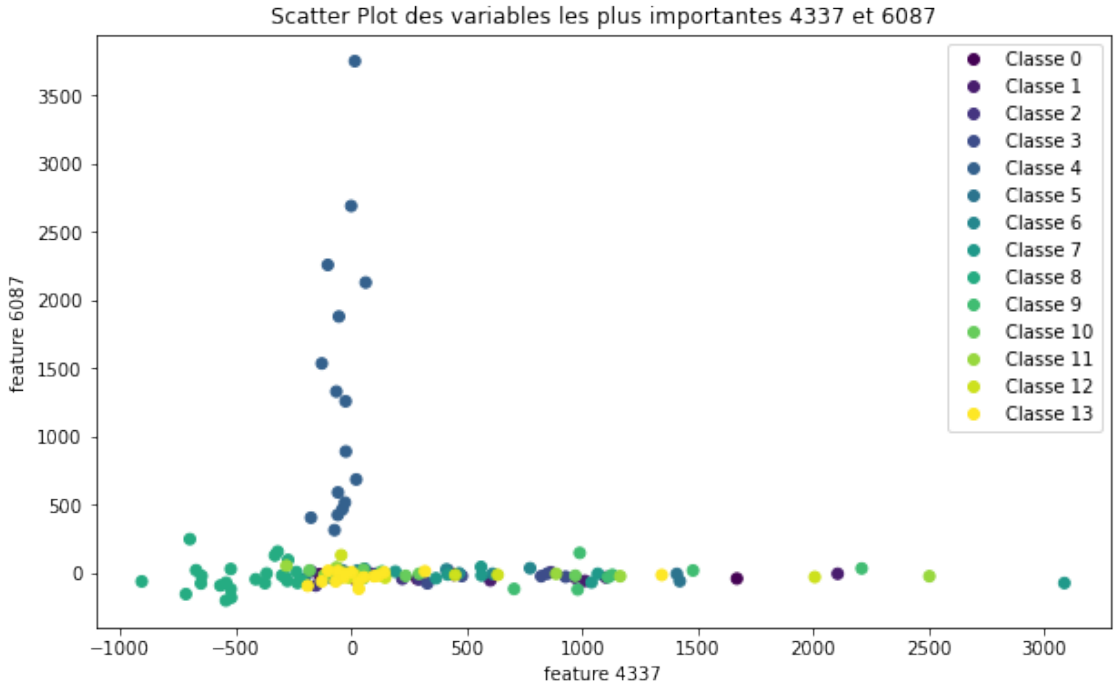
[312]:
```
# Affichage des paramètres du modèle
print("Paramètres du modèle Gradient Boosting :\n", clf_gb.get_params(),"\n")

evaluation(clf_gb,cancer_xtrain,cancer_xtest,cancer_ytrain.values.
 ↪ravel(),cancer_ytest.values.ravel(),tree = False, display=True)
```

```
Paramètres du modèle Gradient Boosting :
 {'ccp_alpha': 0.0, 'criterion': 'friedman_mse', 'init': None, 'learning_rate':
0.1, 'loss': 'log_loss', 'max_depth': 3, 'max_features': None, 'max_leaf_nodes':
None, 'min_impurity_decrease': 0.0, 'min_samples_leaf': 1, 'min_samples_split':
2, 'min_weight_fraction_leaf': 0.0, 'n_estimators': 100, 'n_iter_no_change':
None, 'random_state': None, 'subsample': 1.0, 'tol': 0.0001,
'validation_fraction': 0.1, 'verbose': 0, 'warm_start': False}

evaluation globale train : 1.0
evaluation globale test: 0.6111111111111112
precision train : 1.0
precision test : 0.585232668566002
recall train : 1.0
recall test: 0.6111111111111112
f1 score train : 1.0
f1 score test: 0.5757162969151273

/home/ibotcazou/.local/lib/python3.10/site-
packages/sklearn/metrics/_classification.py:1469: UndefinedMetricWarning:
Precision is ill-defined and being set to 0.0 in labels with no predicted
samples. Use `zero_division` parameter to control this behavior.
  _warn_prf(average, modifier, msg_start, len(result))
```



[314]:
```
features(clf_gb,cancer_xtrain,cancer_ytrain)
```


Importances des variables dans le GradientBoostingClassifier()
Importance
Feature
0.16
0.14
0.12
0.10
0.08
0.06
0.04
0.02
0.00
0
2000
4000
6000
8000
10000
12000
14000
16000


Scatter Plot des variables les plus importantes 4337 et 6087
feature 6087
feature 4337
Classe 0
Classe 1
Classe 2
Classe 3
Classe 4
Classe 5
Classe 6
Classe 7
Classe 8
Classe 9
Classe 10
Classe 11
Classe 12
Classe 13
3500
3000
2500
2000
1500
1000
500
0
−1000
−500
0
500
1000
1500
2000
2500
3000

6.1 Bilan

Dans cette première partie, nous avons des difficultés à trouver un bon modèle de machine learning en rapport avec les arbres de décisions pour les données fournies initialement. Nous pourrions normaliser les données et nous allons devoir modifier celles-ci à l'aide de méthodes de réduction de dimensions type ACP, LDA, Sparce ACP...

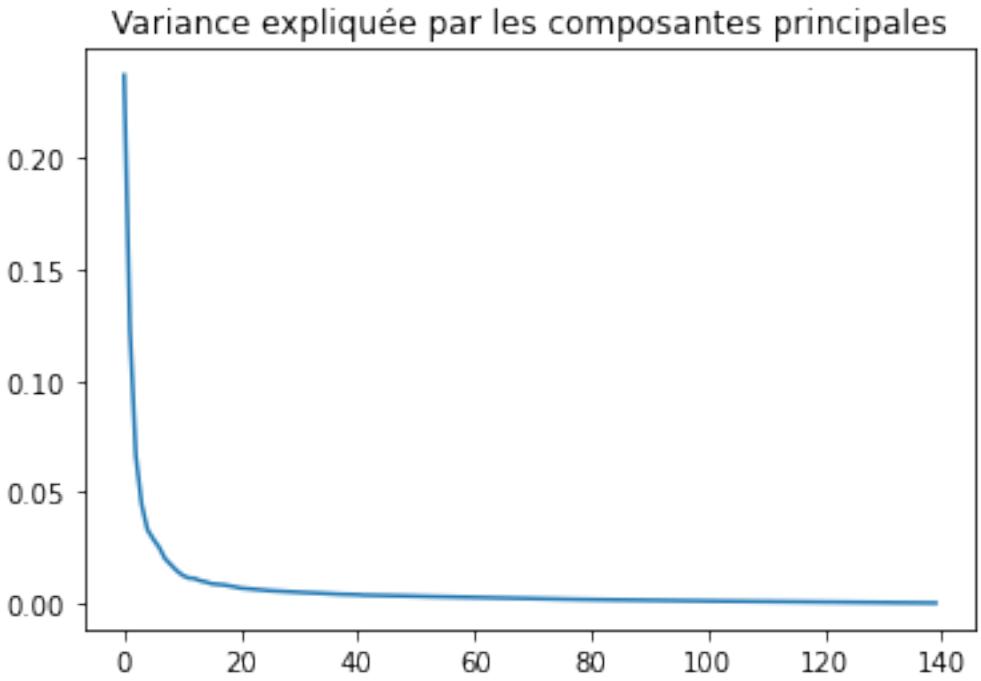
7 Traitement des données et modèles.

7.1 Normalisation + ACP + Random Forest

[315]:
```
scaler = StandardScaler()
scaler.fit(cancer_xtrain)

X_train = scaler.transform(cancer_xtrain) #Pour normaliser
X_test = scaler.transform(cancer_xtest)


pca = PCA(n_components=140)
pca.fit(X_train)
```

[315]:
```
PCA(n_components=140)
```

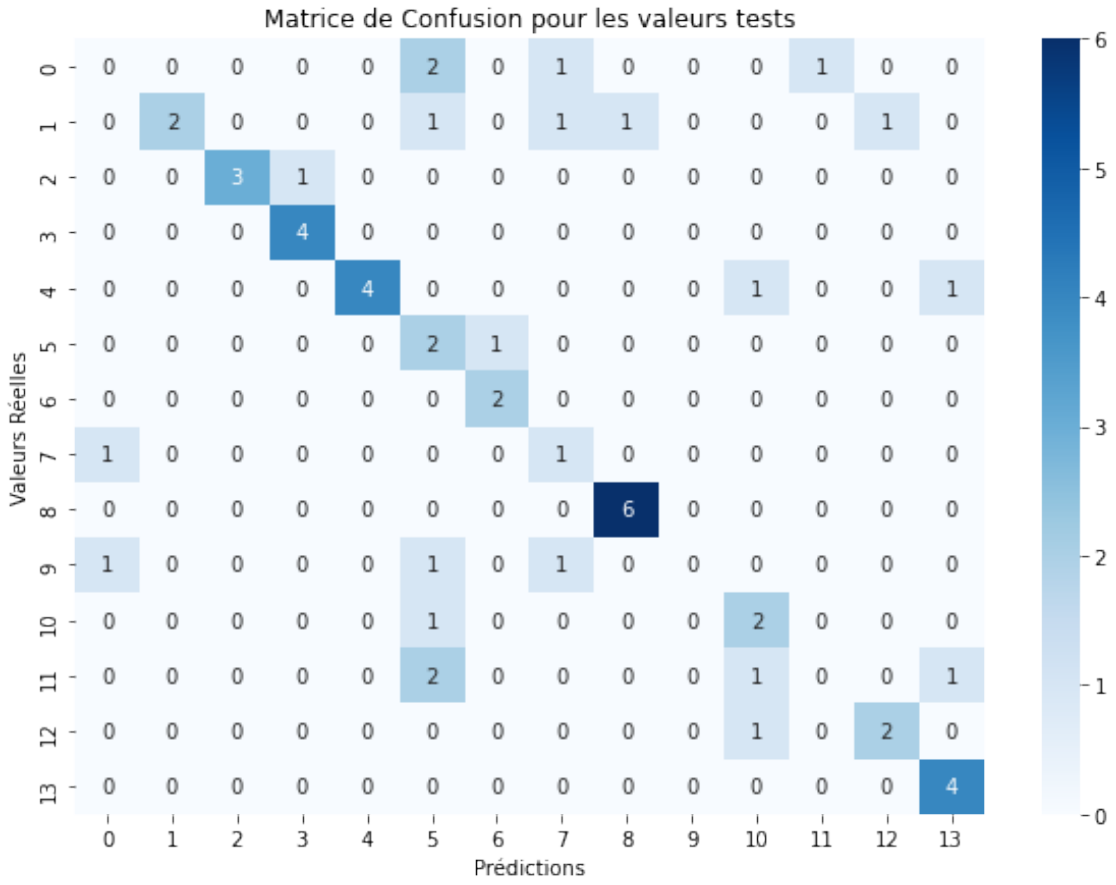
[316]:
```
plt.plot(pca.explained_variance_ratio_)
plt.title("Variance expliquée par les composantes principales")
plt.show()
```



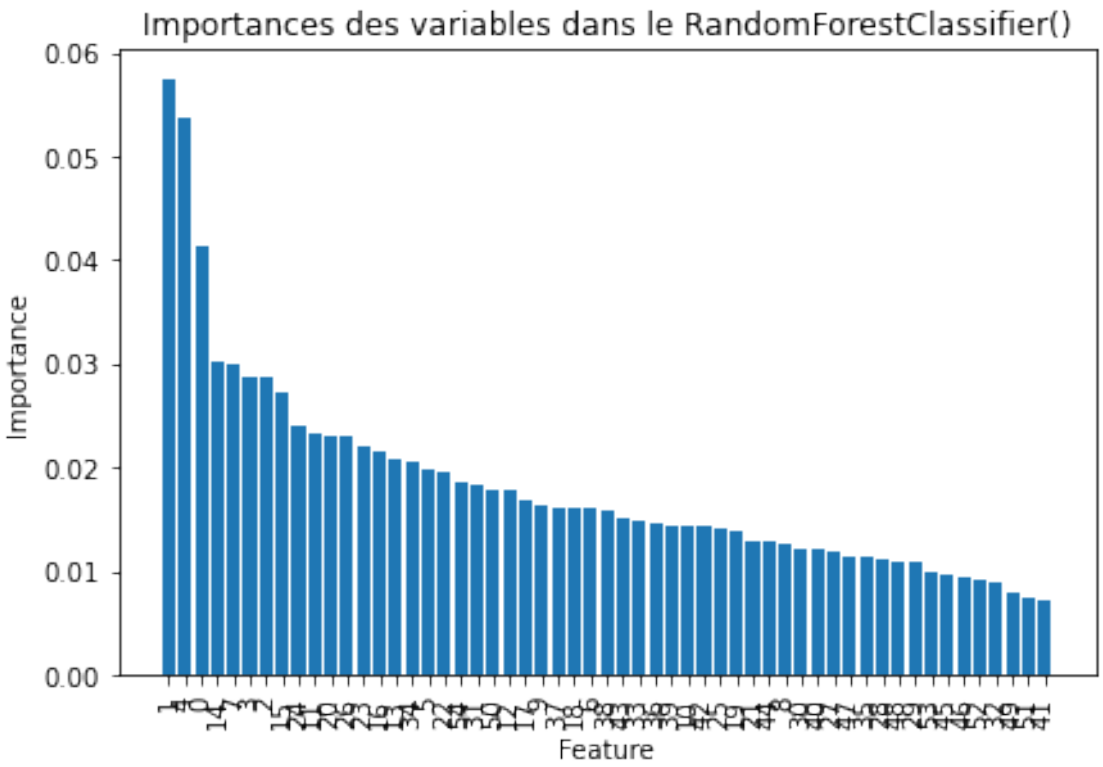
[317]:
```
pca = PCA(n_components=55) #Correspond à 95% de variance expliquée
pca.fit(X_train)

X_train_pca = pca.transform(X_train)
X_test_pca = pca.transform(X_test)

# Créer et entraîner le modèle Random Forest
clf_rf = RandomForestClassifier()
clf_rf.fit(X_train_pca, cancer_ytrain.values.ravel())

evaluation(clf_rf,X_train_pca,X_test_pca,cancer_ytrain,cancer_ytest,tree =␣
 ↪False, display=True)
```

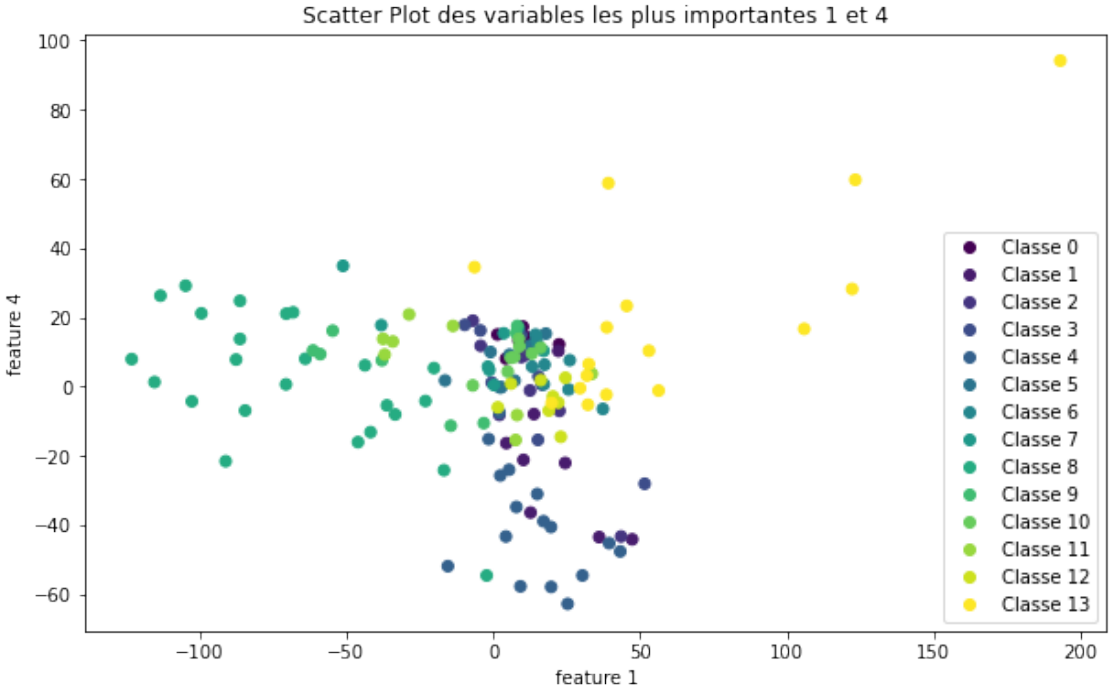
```
evaluation globale train : 1.0
evaluation globale test: 0.5925925925925926
precision train : 1.0
precision test : 0.6057319223985891
recall train : 1.0
recall test: 0.5925925925925926
f1 score train : 1.0
f1 score test: 0.5609121331343554
```

```
/home/ibotcazou/.local/lib/python3.10/site-
packages/sklearn/metrics/_classification.py:1469: UndefinedMetricWarning:
Precision is ill-defined and being set to 0.0 in labels with no predicted
samples. Use `zero_division` parameter to control this behavior.
  _warn_prf(average, modifier, msg_start, len(result))
```



[318]:
```
features(clf_rf,pd.DataFrame(X_train_pca),cancer_ytrain)
```


Importances des variables dans le RandomForestClassifier()
Importance
Feature
0.06
0.05
0.04
0.03
0.02
0.01
0.00


Scatter Plot des variables les plus importantes 1 et 4
feature 4
feature 1
Classe 0
Classe 1
Classe 2
Classe 3
Classe 4
Classe 5
Classe 6
Classe 7
Classe 8
Classe 9
Classe 10
Classe 11
Classe 12
Classe 13

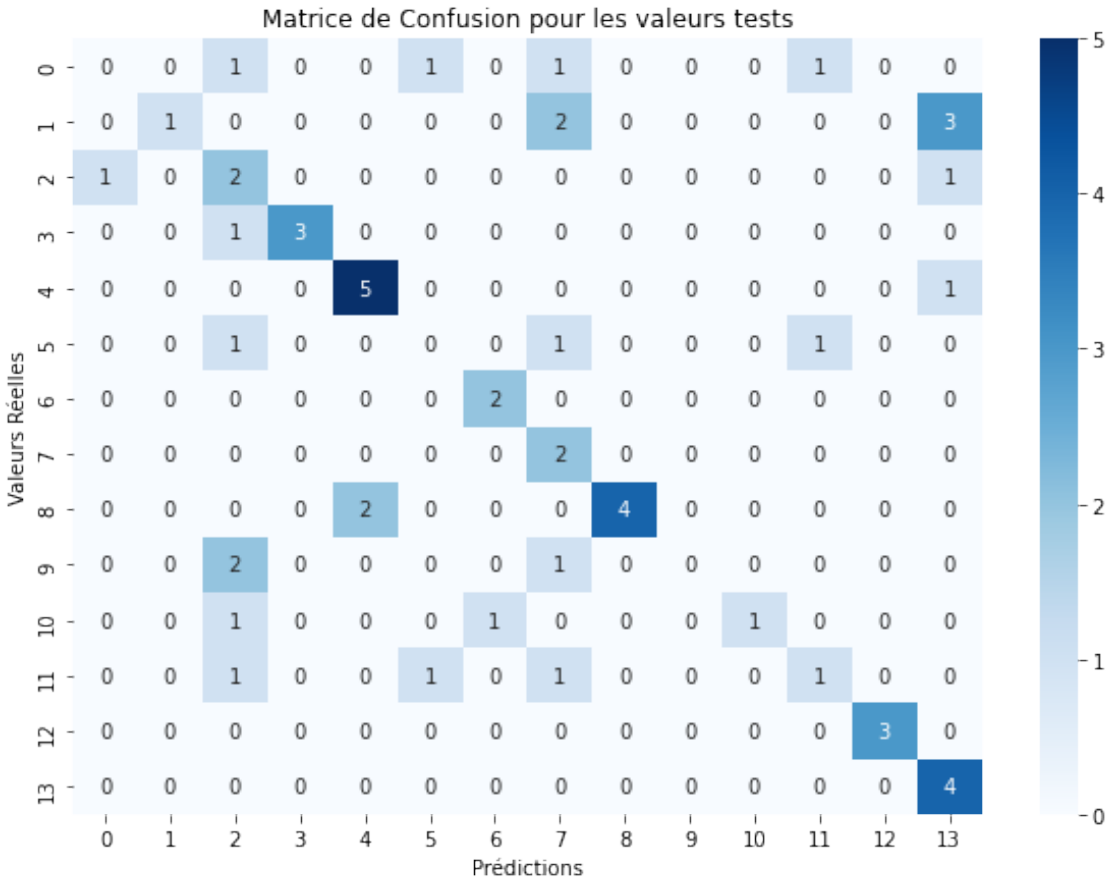
7.2 Normalisation + LDA + Random Forest

[216]:
```
# Réduction de dimension avec LDA
lda = LDA(n_components=10)
X_train_lda = lda.fit_transform(X_train, cancer_ytrain.values.ravel())
X_test_lda = lda.transform(X_test)
```

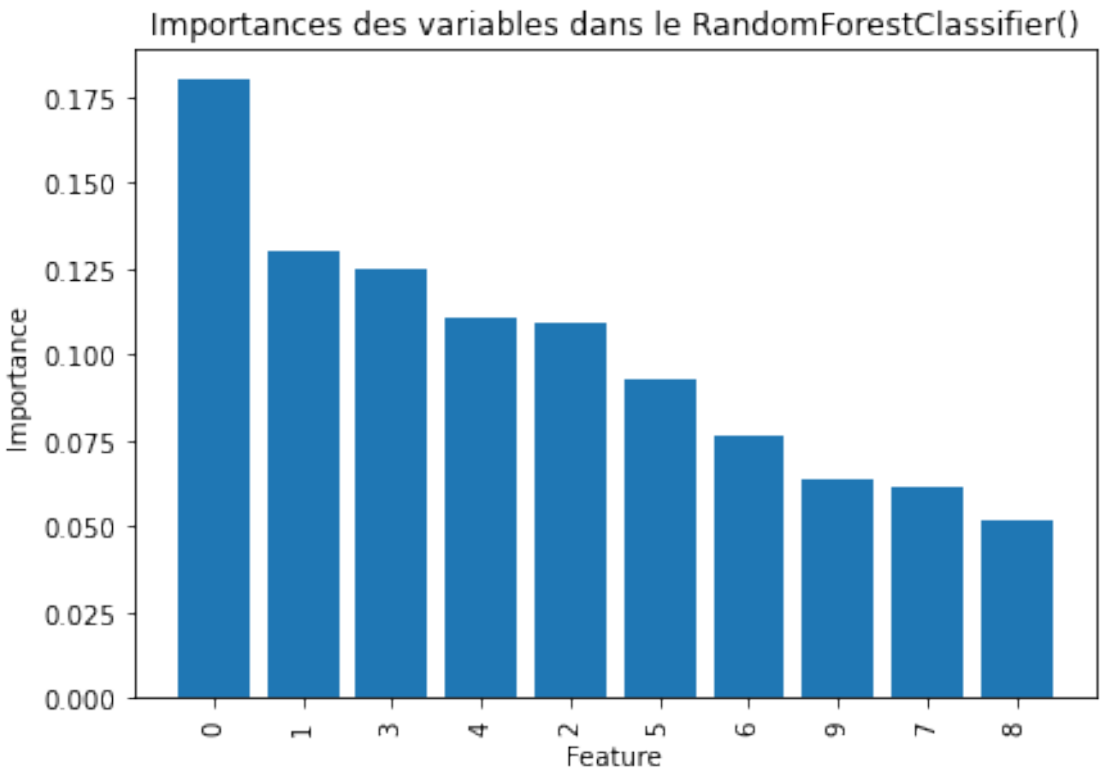
[217]:
```
# Créer et entraîner le modèle Random Forest

clf_rf = RandomForestClassifier()
clf_rf.fit(X_train_lda, cancer_ytrain.values.ravel())

evaluation(clf_rf,X_train_lda,X_test_lda,cancer_ytrain,cancer_ytest,tree =␣
 ↪False, display=True)
```

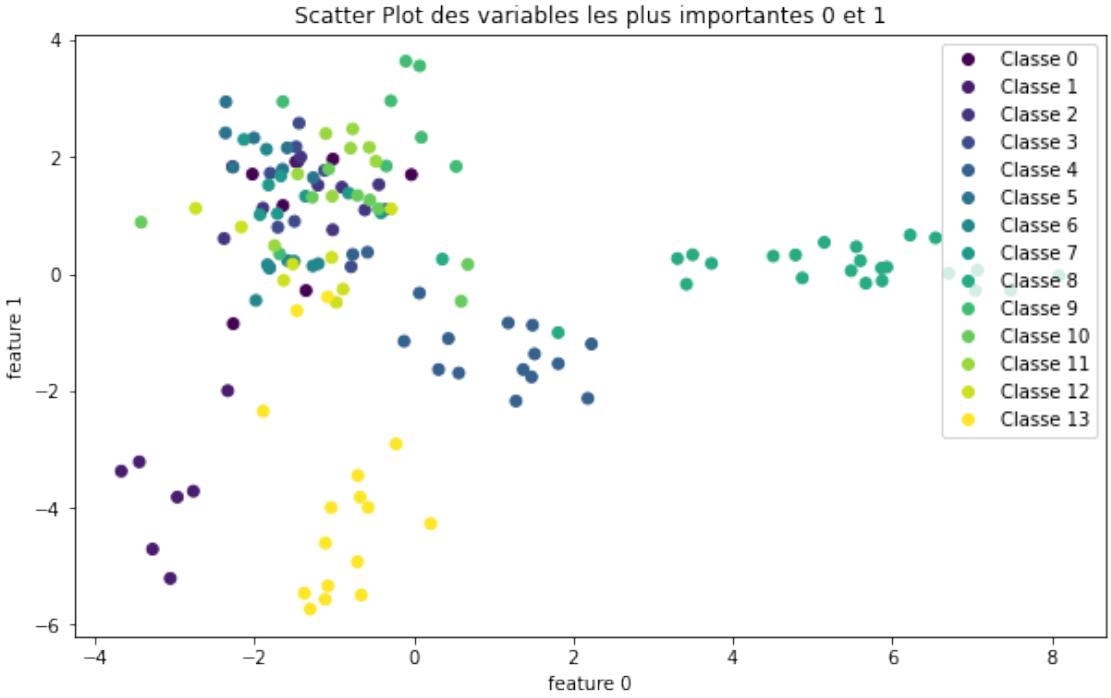
```
evaluation globale train : 1.0
evaluation globale test: 0.5185185185185185
precision train : 1.0
precision test : 0.5947971781305114
recall train : 1.0
recall test: 0.5185185185185185
f1 score train : 1.0
f1 score test: 0.48691493691493687
```

```
/home/ibotcazou/.local/lib/python3.10/site-
packages/sklearn/metrics/_classification.py:1469: UndefinedMetricWarning:
Precision is ill-defined and being set to 0.0 in labels with no predicted
samples. Use `zero_division` parameter to control this behavior.
  _warn_prf(average, modifier, msg_start, len(result))
```



[218]:
```
features(clf_rf,pd.DataFrame(X_train_lda),cancer_ytrain)
```


Importances des variables dans le RandomForestClassifier()
Importance
0.175
0.150
0.125
0.100
0.075
0.050
0.025
0.000
0
1
3
4
2
5
6
9
7
8
Feature

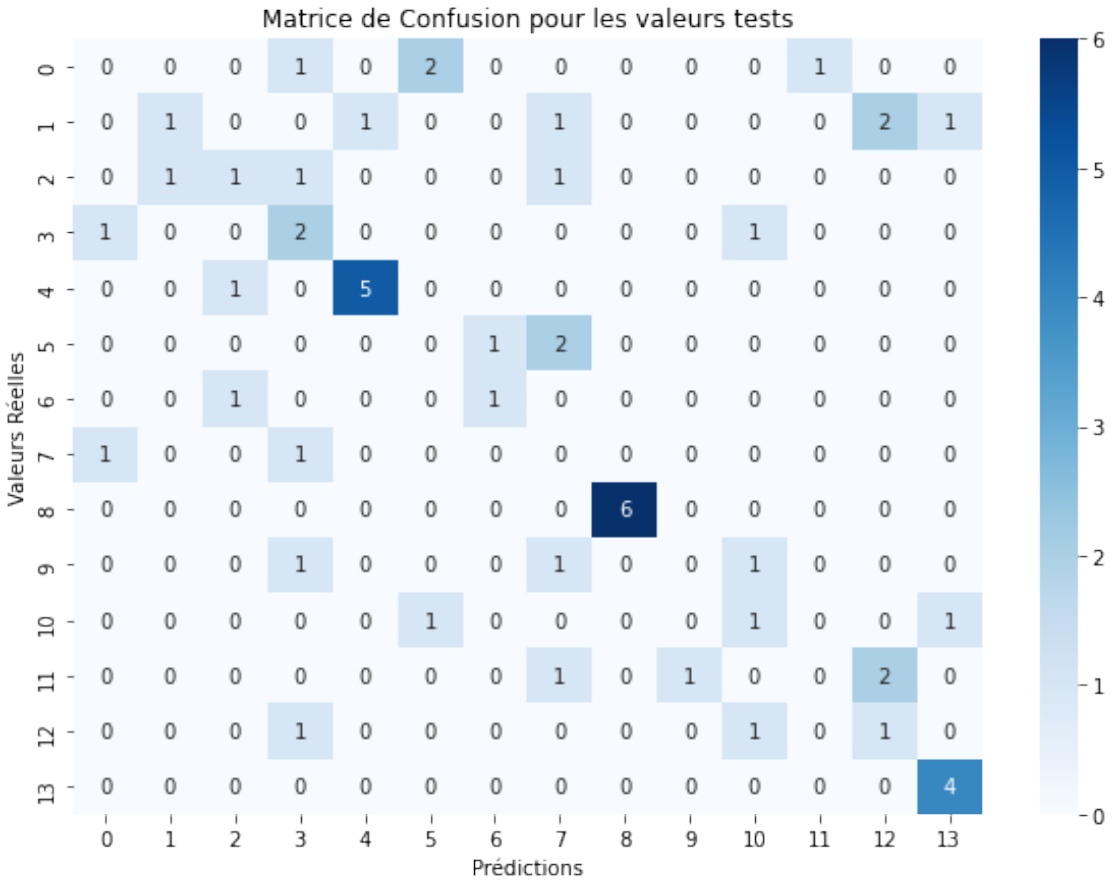

Scatter Plot des variables les plus importantes 0 et 1
feature 1
feature 0
Classe 0
Classe 1
Classe 2
Classe 3
Classe 4
Classe 5
Classe 6
Classe 7
Classe 8
Classe 9
Classe 10
Classe 11
Classe 12
Classe 13

7.3 Normalisation + ACP Sparse+ Random Forest

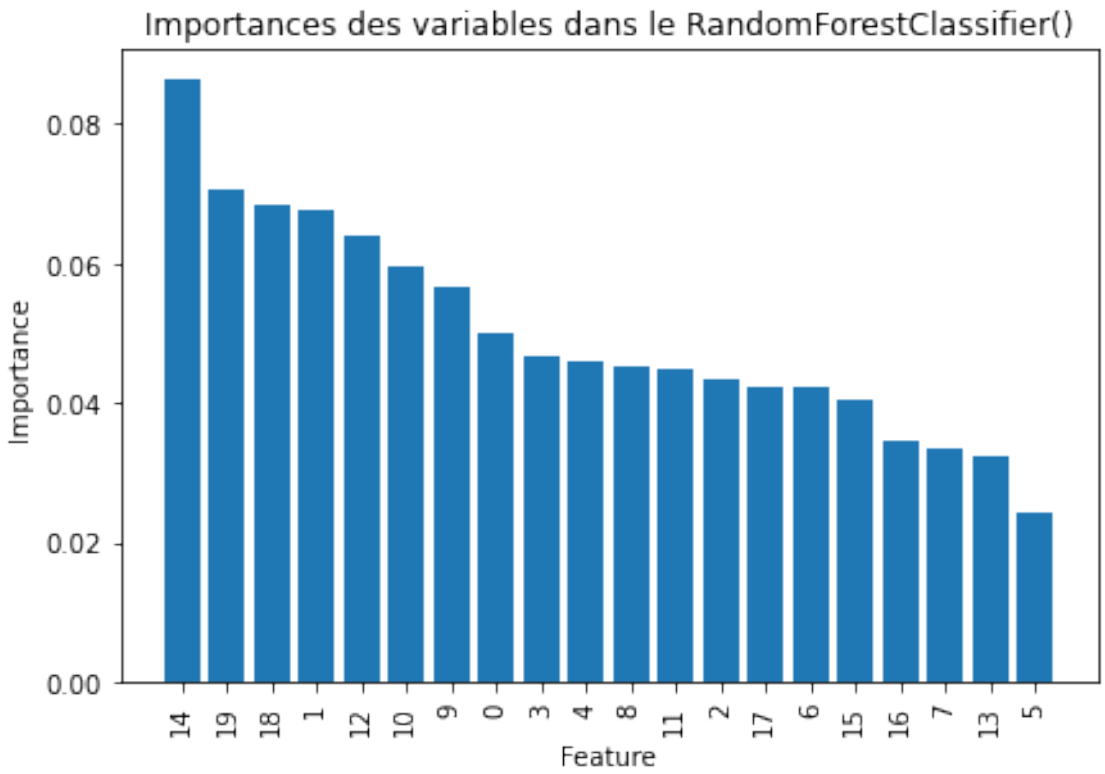
[ ]:
```
# Initialisation de SparsePCA avec nombre de composants désirés

sparse_pca = SparsePCA(n_components=20,n_jobs=-1)
# alpha contrôle le degré de parcimonie
#détermine à quel point les composantes principales seront constituées de zéros.

X_train_spca = sparse_pca.fit_transform(X_train,verbose=2)
X_test_spca = sparse_pca.transform(X_test)
```

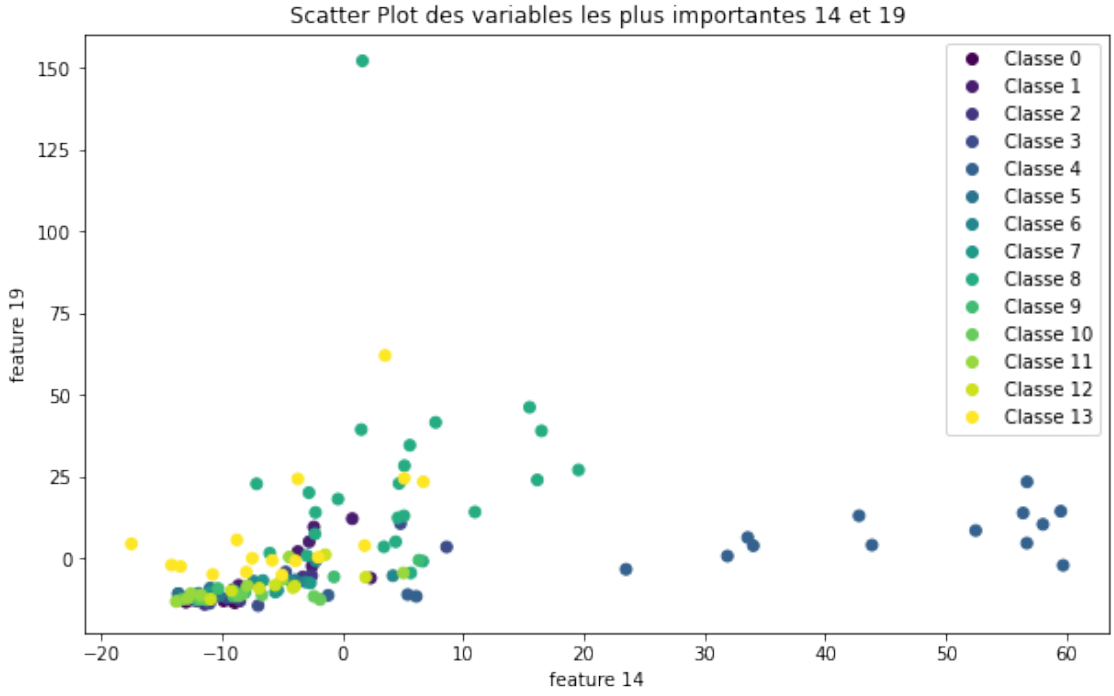
[227]:
```
clf_rf.fit(X_train_spca, cancer_ytrain.values.ravel())

evaluation(clf_rf,X_train_spca,X_test_spca,cancer_ytrain,cancer_ytest,tree =␣
↪False, display=True)
```

```
evaluation globale train : 1.0
evaluation globale test: 0.4074074074074074
precision train : 1.0
precision test : 0.39801587301587305
recall train : 1.0
recall test: 0.4074074074074074
f1 score train : 1.0
f1 score test: 0.38712121212121214
```



[229]:
```
features(clf_rf,pd.DataFrame(X_train_spca),cancer_ytrain)
```


Importances des variables dans le RandomForestClassifier()
Importance
0.00
0.02
0.04
0.06
0.08
14
19
18
1
12
10
9
0
3
4
8
11
2
17
6
15
16
7
13
5
Feature

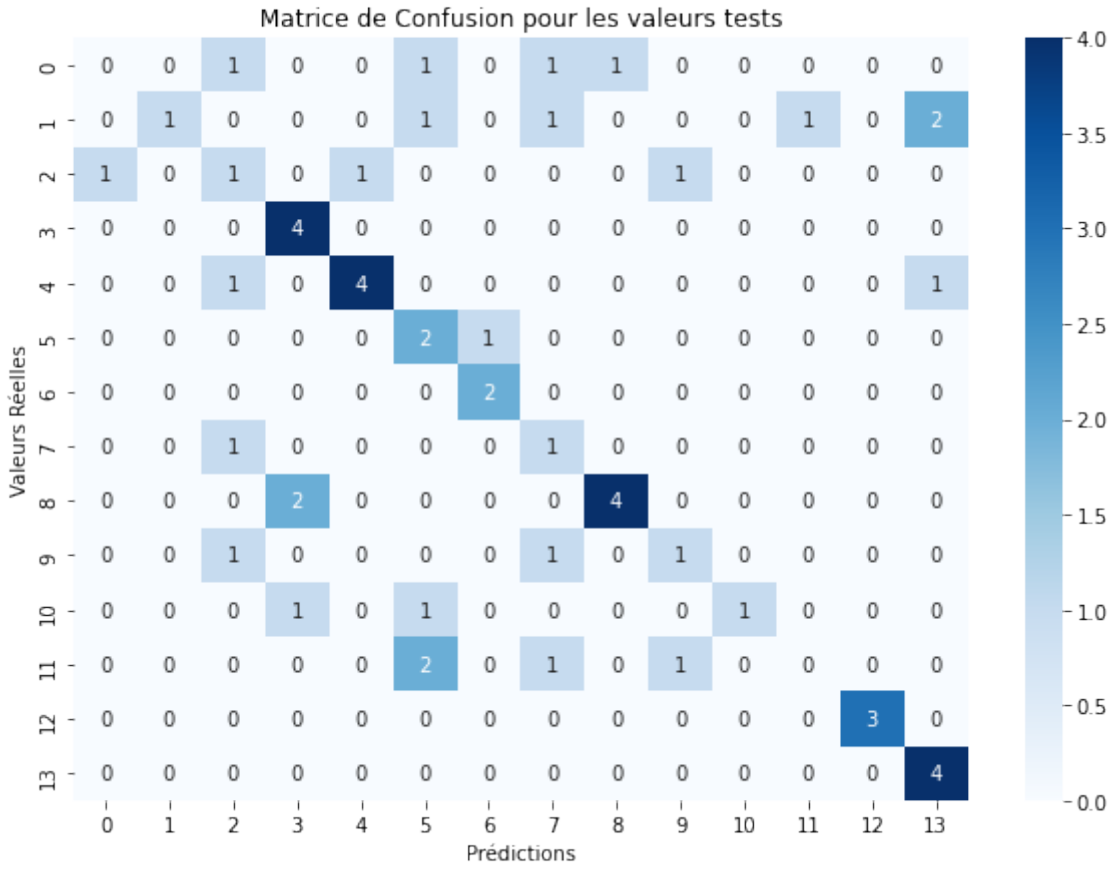

Scatter Plot des variables les plus importantes 14 et 19
feature 19
feature 14
Classe 0
Classe 1
Classe 2
Classe 3
Classe 4
Classe 5
Classe 6
Classe 7
Classe 8
Classe 9
Classe 10
Classe 11
Classe 12
Classe 13

7.4 Normalisation + ACP + Xgboost

[270]:
```
# Convertir les ensembles de données en structures de données DMatrix␣
 ↪spécifiques à XGBoost
dtrain = xgb.DMatrix(X_train_pca, label=cancer_ytrain.values.ravel())
dtest = xgb.DMatrix(X_test_pca, label=cancer_ytest.values.ravel())

# Spécifier les paramètres du modèle
params = {
    'max_depth': 10,
    'eta': 0.3,
    'objective': 'multi:softmax',  # Changez pour 'binary:logistic' si c'est␣
 ↪une classification binaire
    'num_class': 14,  # Mettez le nombre réel de classes si différent
    'eval_metric': 'mlogloss',  # Changez pour 'logloss' si c'est une␣
 ↪classification binaire
}

# Entraîner le modèle
num_rounds = 100
bst = xgb.train(params, dtrain, num_rounds)
```

[271]:
```
evaluation(bst,dtrain,dtest,cancer_ytrain,cancer_ytest,tree = False,␣
 ↪display=True)
```

```
evaluation globale train : 1.0
evaluation globale test: 0.5185185185185185
precision train : 1.0
precision test : 0.5659611992945326
recall train : 1.0
recall test: 0.5185185185185185
f1 score train : 1.0
f1 score test: 0.48185292074180963
```



7.5 Bilan Partie 2 :

Les résultats ne sont pas meilleurs avec les nouvelles approches. Les modèles d'apprentissage comme les arbres ne sont peut-être pas les plus adaptés à ce genre de problème. Une expérience personnelle non développée ici montre aussi que les modèles type K_PPV n'est pas non plus une solution. Une implémentation avec des réseaux de neurones multicouches pourrait peut-être nous donner des résultats plus satisfaisants.