Classification Supervisée

Julien JACQUES

26/09/2018

Les data

En classification supervisée, on cherche à **expliquer et prédire une variable catégorielle** à C modalités, que l'on notera par simplicité $1, \ldots, C$ (mais qui n'ont rien de quantitatif!) correspondant donc à C groupes/classes :

$$Y = (y_1, ..., y_n)^t$$
 où $y_i \in \{1, ..., C\}$

à partir de p variables explicatives, que l'on supposera quantitatives :

$$X = \begin{pmatrix} x_{11} & x_{12} & \dots & x_{1p} \\ x_{21} & x_{22} & \dots & x_{2p} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ x_{n1} & x_{n2} & \dots & x_{np} \end{pmatrix}$$

Pour cela, on dispose d'un échantillon d'apprentissage sur lequel Y est observé : (X, Y)

Il faut alors construire une **règle de classement** r qui permette de prédire la classe de toute nouvelle observation x^* :

$$r: x^* \in \mathbb{R}^p \longrightarrow y^* \in \{1, \dots, C\}$$

Les méthodes

Il existe de nombreuses méthodes de classification supervisée :

- k plus proches voisins
- analyse (factorielle) discriminante
- régression logistique
- arbres de décision
- forêts aléatoires (random forest)
- réseaux de neuronnes
- SVM
- PLS-DA

Nous verrons ici la méthode des *k* **plus proches voisins**, les arbres de décision et les forêts aléatoires

Evaluation de la qualité de prédiction

Pour comparer des méthodes ou choisir des hyper-paramètres, nous devrons être capable d'évaluer la qualité de la régle de classement.

- piège à éviter : ne jamais évaluer une méthode sur les données qui ont servies à estimer ses paramètres. Sinon, cela favorisera nécessairement les méthodes les plus complexes, qui pourront alors faire du sur-apprentissage.
- il faut donc évaluer les méthodes sur un échantillon de données indépendantes. Pour cela plusieurs alternatives

Evaluation de la qualité de prédiction

Pour évaluer une règle de classement nous pouvons :

- séparer l'échantillon total en une partie apprentissage pour estimer le modèle et une partie test pour l'évaluer (typiquement 2/3 - 1/3)
- lorsqu'on ne dispose pas d'assez de données pour faire cela, on peut réaliser de la validation croisée

Validation croisée Leave One Out :

- chaque donnée est tour à tour extraite de l'échantillon d'apprentissage et prédite par le modèle estimé sans cette donnée,
- on évalue alors la qualité de la prédiction,
- et on boucle sur l'ensemble des données de sorte que chacune ait servi une fois de test. L'indicateur final peut-être alors le nombre moyen de bon classements :

$$CV = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{n} 1 I_{\hat{y}_{(i)} = y_i}$$

où $\hat{y}_{(i)}$ est la prédiction de la classe du *i*ème individu obtenue sans utiliser cet individu pour estimer les paramètres du modèle.

Validation croisée K-fold :

- l'échantillon total est découpé en K parties,
- ▶ chaque partie sert tour à tour de test, le modèle étant estimé sur les K-1 autres parties,
- ▶ à chaque étape on compte le nombre de bonnes classification,
- le nombre moyen de bon classements est finalement obtenu en sommant l'ensemble des bonnes classifications divisé par la taille d'échantillon.

Classification binaire

Notations:

- ▶ $y_i \in \{0,1\}$,
 - ▶ les $y_i = 1$ sont dits *positifs*,
 - les $y_i = 0$ sont dits *négatifs*
- $\hat{y}_i = 1$ alors que $y_i = 1$: vrai positif
- $\hat{y}_i = 1$ alors que $y_i = 0$: faux positif
- $\hat{y}_i = 0$ alors que $y_i = 0$: vrai négatif
- $\hat{y}_i = 0$ alors que $y_i = 1$: faux négatif

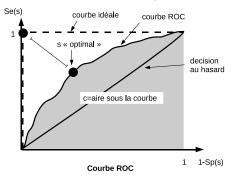
Indicateurs:

- précision : nb de vrais positifs / nb de prédictions positives
- ▶ rappel, sensibilité : nb de vrais positifs / nb de positives
- spécificité : nb de vrais négatifs / nb de négatifs
- F-mesure

$$F_1 = 2 \frac{\text{precision} \times \text{rappel}}{\text{precision} + \text{rappel}}$$

Classification binaire

La courbe ROC représente la "sensibilité" (Se, taux de vrais positifs) en fonction de "1-spécificités" (1-Sp, taux de faux positifs) :



une courbe représente pour un modèle l'évolution de (1-Sp,Se) quand on change le seuil s de probabilité au dessus duquel on décide de prédire $\hat{y}=1$.

Un indicateur synthétique souvent utilisé est l'aire sous la courbe ROC (AUC) qui doit être le plus proche possible de 1

Classification binaire

Sous R, le package **ROCR** permet de calculer tous ces indicateurs, qui sont résumés et complétés ci-dessous :

		True condition				
	Total population	Condition positive	Condition negative	$= \frac{\frac{\text{Prevalence}}{\Sigma \text{ Total population}}}{\frac{\Sigma \text{ Total population}}{\frac{\Sigma \text{ Total population}}{\Sigma \text{ Total populatio$	Σ True pos	uracy (ACC) = itive + Σ True negative otal population
Predicted condition	Predicted condition positive	True positive	False positive, Type I error	Positive predictive value (PPV), Precision = Σ True positive Σ Predicted condition positive	False discovery rate (FDR) = Σ False positive Σ Predicted condition positive	
	Predicted condition negative	False negative, Type II error	True negative	$\frac{\text{False omission rate (FOR)} = }{\Sigma \text{ False negative}} \\ \overline{\Sigma \text{ Predicted condition negative}}$	$\frac{\text{Negative predictive value (NPV)} = }{\Sigma \text{ True negative}} \\ \Sigma \text{ Predicted condition negative}$	
		True positive rate (TPR), Recall, Sensitivity, probability of detection, Power = $\frac{\Sigma}{\Sigma}$ Condition positive False negative rate (FNR), Miss rate	False positive rate (FPR), Fall-out, probability of false alarm = Σ False positive = Σ Condition negative Specificity (SPC), Selectivity, True negative rate (TNR)	Positive likelihood ratio (LR+) = TPR FPR Negative likelihood ratio (LR-) = FNR FNR	Diagnostic odds ratio (DOR) = LR+	F ₁ score = 2 · Precision · Recall Precision + Recall
		$= \frac{\Sigma \text{ False negative}}{\Sigma \text{ Condition positive}}$	$= \frac{\Sigma \text{ True negative}}{\Sigma \text{ Condition negative}}$	TNR		

Figure 1: source Wikipedia

Cas des hyper-paramètres

Dans le cas des méthodes comportants des hyper-paramètres (k de kNN, nombre d'arbres d'une forêt aléatoire, etc...), il faut pour pouvoir se comparer honnétement avec des méthodes ne comportant pas d'hyper-paramètres (régression logistique...), choisir ces hyper-paramètres sur l'échantillon d'apprentissage.

On découpe alors l'échantillon initial en 3 :

- apprentissage
- test
- validation

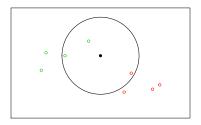
k plus proches voisins

k plus proches voisins

La méthode des k plus proches voisins (kNN pour k nearest neighbour) est très simple :

- pour un nouvel x*, il suffit de rechercher les k voisins les plus proches, au sens d'une certaine distance (euclidienne par exemple)
- ightharpoonup on compte le nombre n_c de ces voisins appartenant à la classe c
- on estime alors la probabilité que y=c par :

$$p(Y^*=c)=\frac{n_c}{k}$$



k plus proches voisins

Remarques:

- ▶ le choix de *k* se fera par validation croisée
- plus n est grand, plus on peut se permettre de prendre un k grand
- cette méthode est très simple à mettre en oeuvre mais pas toujours des plus efficaces. En particulier en grande dimension, où l'espace est généralement vide (les voisins sont tous très éloignés), cette méthode n'est que peu efficace.

kNN sous R

Chargeons le package class et les données iris, dont on va extraire un échantillon test :

```
library(class)

## Warning: package 'class' was built under R version 3.5.2

data(iris)
test_label=sample(1:150,50)
x_app=iris[-test_label,1:4]
x_test=iris[test_label,1:4]
y_app=iris[-test_label,5]
y test=iris[test_label,5]
```

kNN sous R

Nous allons prédire les labels de l'échantillon test à l'aide de la méthode des kNN pour différente valeur de k (de 1 à 20), et calculer le taux de bons classements

```
tbc=NULL
for (k in 1:20){
  res=knn(x_app,x_test,y_app,k=k)
  tbc[k] =mean(res==y_test)
plot(1:20,tbc,ylim=c(0,1),xlab='k',ylab='taux de bons classement
```

lci la tâche est facile, le classement est très bon quelque soit la valeur de k.