Despliegue de un modelo de Machine Learning en Azure aplicado a un conjunto de datos de predicción de cáncer (maligno o benigno)

María Fernanda Plaza Giraldo Claudia Yaneth Valencia Morales

Trabajo final

Data Streaming y Servicios en la nube

Especialización en Analítica y Ciencia de Datos

Profesor Reyson Mauricio Diaz González

Universidad de Antioquia
Facultad de Ingeniería
Departamento académico de Ingeniería de Sistemas
Medellín, Colombia

Despliegue de un modelo de Machine Learning en Azure aplicado a un conjunto de datos de predicción de cáncer (maligno o benigno)

Para la implementación del modelo de machine learning se utilizó un conjunto de datos que contiene características de unas muestras de células humanas extraídas de pacientes que se creía que estaban en riesgo de desarrollar cáncer. Este modelo se entrenó con un RandomForestClassifier y la clase a predecir sería maligno o benigno.

Ciclo MLOps:

1. Creación y estructura del proyecto

Se creó un grupo de recursos (Workspace en Azure), el cual es un agrupador de componentes en un espacio de trabajo de azure ML y está compuesto por:

- Aplication Insights: genera las métricas de desempeño de los modelos de machine learning
- Key Vault: es una bodega que almacena las credenciales
- Storage account: es un repositorio para almacenar los conjuntos de datos y los recursos utilizados para los modelos de machine learning
- Machine Learning: genera los flujos de machine learning
- Container registry: es un repositorio para guardar imágenes de los modelos

En las figuras que se muestran a continuación están los pasos que se hicieron para la creación y la estructura del proyecto

Figura 1: Creación del grupo de recursos

Figura 2: Espacio de trabajo de Machine Learning

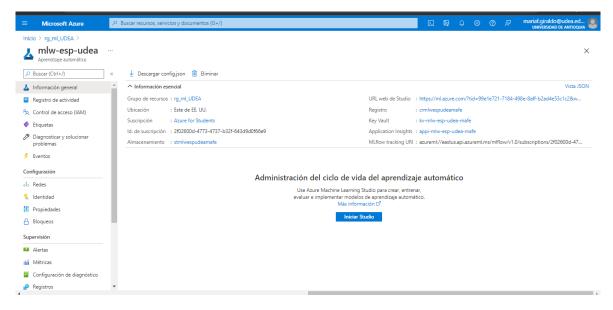


Figura 3: Creación de los ambientes de trabajo

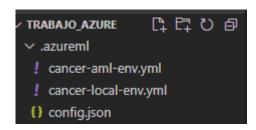


Figura 4: Configuración de los ambientes de trabajo

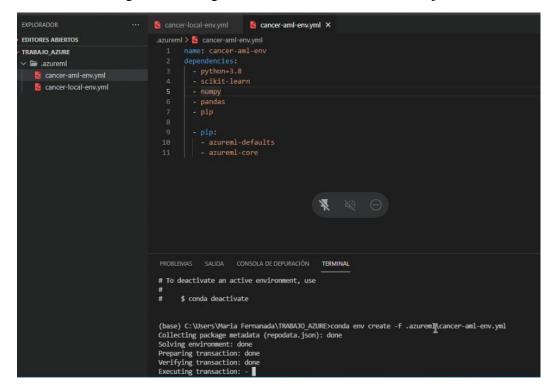


Figura 5: estructura del modelo

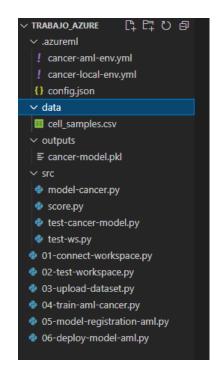
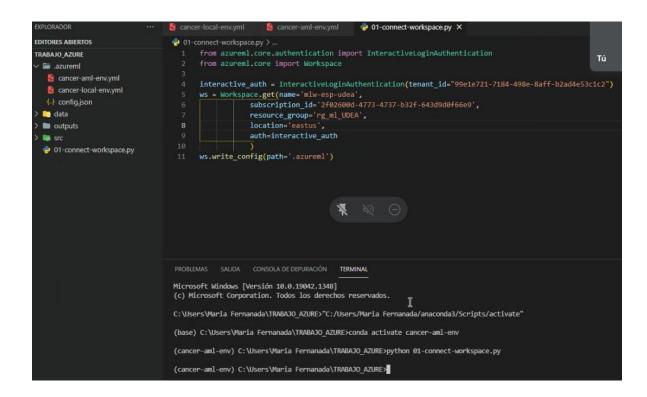


Figura 6. Conexión al workspace



Todo lo anterior se hizo con el objetivo de generar el espacio de trabajo y la conexión entre el ambiente de trabajo local a través de Visual Studio Code (VSC) y la plataforma de Azure

2. Entrenamiento y pruebas del modelo

Se entrena el modelo en el ambiente local y se guarda en el archivo cancer-model.pkl. Este entrenamiento da una predicción del 95,9% como se muestra en la *figura 7 y 8*.

Figura 7: entrenamiento del modelo local

```
Ф
                                                model-cancer.py X  score.py
                                                                                             05-model-registration-aml.py
                                                                                                                                   06-deploy-model-aml.py
       > EDITORES ABIERTOS
                                                  25 #Estandarizar los datos
26 scaler = StandardScaler().fit(x_train) # esta linea extrae la media y la desviacion estandar de las columnas de
27 x_train = scaler.transform(x_train) # esta linea resta la media y divide por la desviacion estandar cada colu
            ancer-aml-env.yml
            ancer-local-env.yml
                                                   29 x_test - scaler.transform(x_test)
         v 🦱 data
           cell_samples.csv
                                                    34 clf = RandomForestClassifier(n_estimators=700)
                                                        clf.fit(x_train,y_train) # entrenamiento
           model-cancer.py
            score.py
                                                        y_pred=clf.predict(x_test) # prediccion
            test-cancer-model.py
           e test-ws.py
           02-test-workspace.py
           03-upload-dataset.py
           04-train-aml-cancer.py
                                                        #Register
with open('./outputs/cancer-model.pkl', 'wb') as model_pkl:
    pickle.dump(clf, model_pkl)
           05-model-registration-aml.py
           06-deploy-model-aml.py
```

Figura 8: resultados del entrenamiento del modelo local

```
ancer-aml-env.yml
                                                                                                01-connect-workspace.py
                                                                                                                                  model-cancer.py X
> EDITORES ABIERTOS
                                         src > 👰 model-cancer.py > ..
                                           1 import pandas as pd
2 import numpy as np
                        日日の日
V TRABAJO AZURE
     ancer-aml-env.yml
     ancer-local-env.yml
                                                from sklearn.metrics import accuracy_score
from sklearn.ensemble import RandomForestClassifier
     ( config.json
  v 🛅 data
    cell_samples.csv
 outputs
                                                 if __name__ == "__main__":
    df = pd.read_csv("data\cell_samples.csv")
     Cancer-model.pkl
  ∨ 🖛 src
     model-cancer.py
    01-connect-workspace.pv
                                                     X = feature_df.values
                                                                                        ¾ Ø ⊖
                                                     #Lo mapearemos a 0 para benigno y 1 para maligno
Y = df['Class'].replace(4,1).replace(2,0)
                                          PROBLEMAS SALIDA CONSOLA DE DEPURACIÓN TERMINAL
                                           File "C:\Users\Maria Fernanada\anaconda3\envs\cancer-aml-env\lib\site-packages\pandas\io\parsers\base_p
                                           _open_handles
self.handles = get_handle(
                                            \label{likelihood} File "C:\Users\Maria Fernanada\anaconda3\envs\cancer-aml-env\lib\site-packages\pandas\io\common.py", linealle = open(
                                          FileNotFoundError: [Errno 2] No such file or directory: 'data\cell_samples.csv'
                                         (cancer-aml-env) C:\Users\Maria Fernanada\TRABAJO_AZURE>python src\model-cancer.py 0.9590c43274853801
                                          (cancer-aml-env) C:\Users\Maria Fernanada\TRABAJO_AZUREx
```

Posteriormente, se realizaron los experimentos del modelo y esto se evidencia en las figuras que se nombran a continuación:

Figura 9: ejecutando el experimento desde VSC a Azure

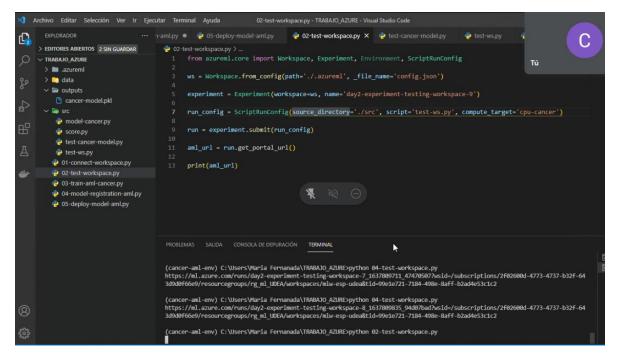
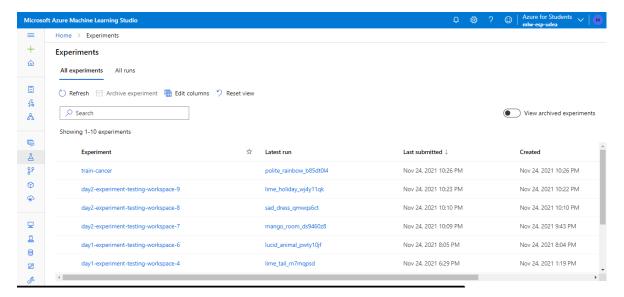


Figura 10: experimentos del modelo en la nube



Home > Experiments > day2-experiment-testing-workspace-9 day2-experiment-testing-workspace-9 ŵ ■ Add chart 🖰 Refresh ធ Edit columns ⊗ Cancel 📋 Delete | Current view: default ∨ Save view ∨ Ø Edit view 🖻 Share view ● Include child runs ● View only my runs ▼ All filters × Clear all 容 ▶ Running: 0 Completed: 1 S Failed: 0 Canceled: 0 Queued: 0 Other: 0 ı Z Duration E 21.500 21.000 Д 20.500 20.000 $\frac{22.23.12.312}{Nov.24.23.12.312}$ 튙20.500 맻 ^{₹2;23;}12,3135 25:23:12.3125 ^{\$2:23:12:313} ^{22:23:}12.314 0 **\$** Run created time ● Show only selected rows (1 selected ⊗) 무 Page Size: 25 ∨ 1 Display name Submitted time ↓ Duration Submitted by Compute target Run type lime_holiday_wj4y11qk ✓ Completed Nov 24, 2021 10:23 PM 21s MARIA FERNANDA ... Ø

Figura 11: resultados del experimento en la nube

Luego, en la *figura 12* se muestra el dataset subido a Azure

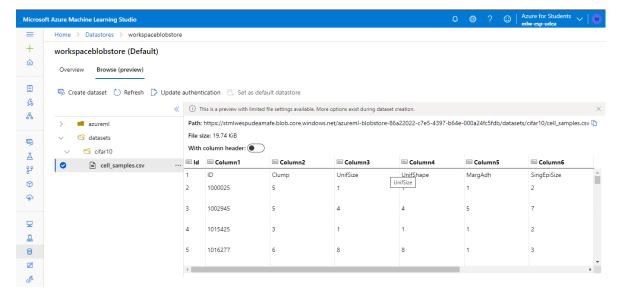


Figura 12: Datos cargados a Azure

3. Registro del modelo

Ahora se procede a realizar el registro del modelo con el nombre de model-cancerfinalfinal

Figura 13: registrando el modelo desde VSC

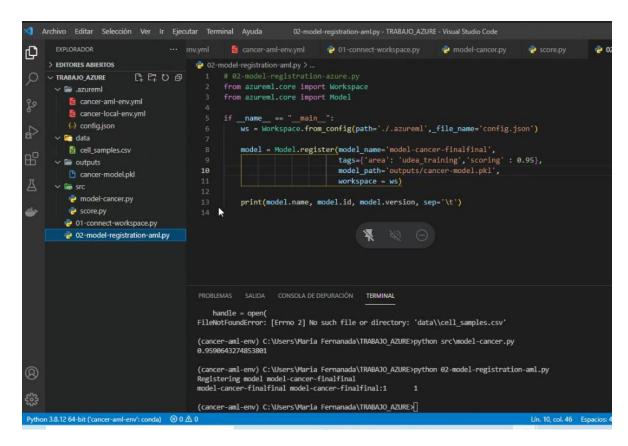
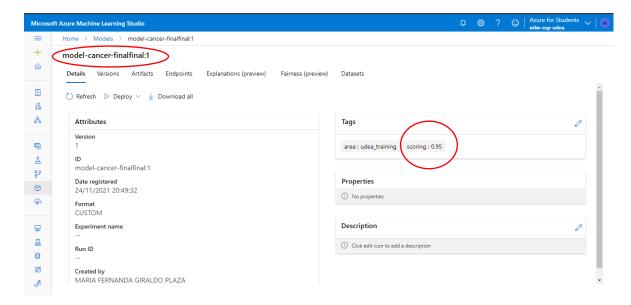


Figura 14: registro del modelo



4. Despliegue

Se despliega el modelo creado llamado cancer-model.py y este proceso se indica en las siguientes figuras

03-deploy-model-aml.py > TRABAJO_AZURE ∨ 📻 .azureml from azureml.core.webservice import AciWebservice ancer-aml-env.yml ws = Workspace.from_config(path='./.azureml',_file_name='config.json')
model = Model(ws,name='model-cancer-finalfinal')
env = Environment.from_conda_specification(name='sklearn-aml-env',file_path='./.azureml/cance'
inference_config = InferenceConfig(entry_script='./src/score.py", environment=env)
deployment_config = AciWebservice.deploy_configuration(cpu_cores = 1, memory_gb = 1)
aci_service = Model.deploy(workspace=ws,name='cancer-model',models=[model],inference_config=indical_service.wait_for_deployment(show_output=True)
print(aci_service.state) ancer-local-env.yml (-) config.json v 🤭 data cell_samples.csv 🕒 cancer-model.pkl src model-cancer.pv e score.py 01-connect-workspace.py **¾** ₩ ⊖ 02-model-registration-aml.py 🤣 03-deploy-model-aml.py PROBLEMAS SALIDA CONSOLA DE DEPURACIÓN TERMINAL

2021-11-24 20:50:57-05:00 Use the environment.
2021-11-24 20:50:57-05:00 Use the existing image.
2021-11-24 20:50:57-05:00 Generating deployment configuration.
2021-11-24 20:50:57-05-05 Submitting deployment compute.
2021-11-24 20:57:01-05:00 Checking the status of deployment cancer-model..
2021-11-24 20:58:48-05:00 Checking the status of inference endpoint cancer-model.

Lín. 12, col. 51 Espacios

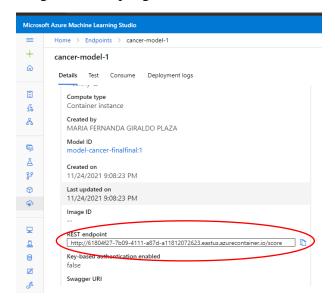
Figura 15: desplegando el modelo desde VSC

Figura 16: despliegue del modelo en la nube

ACI service creation operation finished, operation "Succeeded" Healthy

(cancer-aml-env) C:\Users\Waria Fernanada\TRABAJO_AZURE>

2021-11-24 20:56:56-05:00 Registering the environment.



Después de desplegar este modelo en la nube se genera el siguiente web service (Endpoint):

http://61804f27-7b09-4111-a87d-a11812072623.eastus.azurecontainer.io/score

Este endpoint se prueba en postman con los siguientes datos:

```
{
    "data":
        [
        [10,7,7,3,8,7,4,3]
        ]
}
```

Finalmente, con la información suministrada anteriormente se llega a la siguiente prueba en postman; como se muestra en la *figura17*.

Figura 17: prueba en postman

