L2 MI - Mini Projet :
Challenge GaiaSavers - Groupe ECOLO
Membres: Alan Adamiak, Antoine Barbannaud, Arthur Clot, Mathis Dupont, Minh Kha Nguyen, Clémence Sebe
URL du challenge: https://codalab.lri.fr/competitions/623
Repo GitHub du projet: https://github.com/MathisDupont/ECOLO1
Score on Codalab: 0.74
URL Video: https://www.youtube.com/watch?v=y-A7SNy4kwQ

Contexte et description du problème et du plan du rapport :

Nous avons choisi de participer au challenge “GaiaSavers”. Ce challenge consiste en la reconnaissance et la classification de sept différents types de planctons :
(*les chaetognatha, copepoda, euphausiids, fish larvae, limacina, medusae*)
L'écologie est une des priorités du 21ème siècle. Nous pensons que ce challenge est intéressant car il peut fortement aider les biologistes dans leurs recherches. En effet, à partir d’une simple image de plancton, grâce au programme que nous avons d'améliorer, le biologiste peut savoir instantanément de quel type il s’agit!
Pour améliorer notre programme, nous avons à notre disposition un dataset contenant 10752 images de planctons caractérisées par 203 features ainsi qu’un label pour chacune d’entre elles. La métrique utilisé dans ce challenge est *balanced_accuracy.* Cela englobe plus de cas que l’*accuracy* (qui signifie le taux de succès), car nous prenons également en compte que dans le dataset, il n’y a pas forcément le même nombre pour chaque plancton.

Nous nous sommes divisés en trois binômes pour réaliser ce challenge organisé comme tel :

- Le premier binôme (Alan Adamiak et Arthur Clot)
  devait faire du PREPROCESSING. C'est à dire faire un tri dans les données pour garder seulement les images et les caractéristiques les plus pertinentes.

- Le deuxième binôme (Antoine Barbannaud et Minh Kha Nguyen)
  s’occupait de la partie MODELING. C’est le corps du projet, où l’on entraîne et fait apprendre au programme à classer les images dans les différentes catégories.

- Enfin, le troisième binôme (Mathis Dupont et Clémence Sebe)
  s’occupait de la VISUALISATION, ou plus exactement d’interpréter les résultats de l’apprentissage et des scores obtenus sous formes de graphiques.

Il est à noter que les idées originales principales qui sont présentées dans ce rapport incluent:

- l’utilisation presque systématique de la cross validation,
- l’utilisation du PCA associée à SelectKbest.
- la comparaison de RandomForest avec d’autre modèles en vue de son utilisation dans notre classifier ainsi que des tests pour optimiser ses paramètres internes.
- éditer les fonctions fit et predict de MonsterClassifier pour pouvoir l'utiliser sans bugs.
- un tour d’horizon de la bibliothèque scikit pour une meilleure visualisation.

Déroulement des phases du projet:

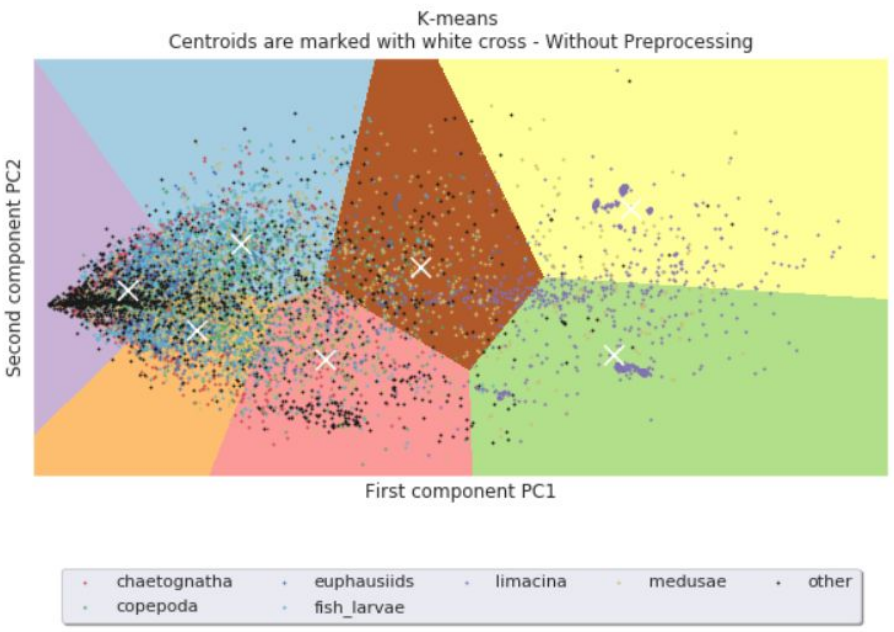
Avant de s'intéresser au preprocessing et au modeling, nous avons visualisé nos données à l'aide de l'algorithme de K-means

Les k-moyennes:

Chacune des images est représentée par un point, et est disposée sur l'écran par rapport à ses caractéristiques. Afin de les représenter en 2D, nous avons utilisé l'algorithme du PCA qui nous permet de réduire nos 203 dimensions aux 2 dimensions qui caractérisent le mieux nos planctons.
L'idée est de créer des clusters qui englobent le maximum de données ayant des similitudes. L'idée de cette visualisation est d'obtenir 7 clusters qui correspondent aux 7 différents planctons (caractérisé chacun par une couleur).
Cependant, nous avons testé notre fonction pour voir si notre conjecture était bonne. Il s'est avéré qu'elle était fausse, cela est surement dû au fait que la caractérisation des planctons est très simplifiée. Ainsi, il est très difficile de bien classer ces planctons.

Référence [4]

Figure 1



1. Preprocessing:

Le preprocessing consiste à préparer les données pour le classifieur, c'est-à-dire à trier, sélectionner et modifier les données afin de permettre au classifieur d'être plus efficace.

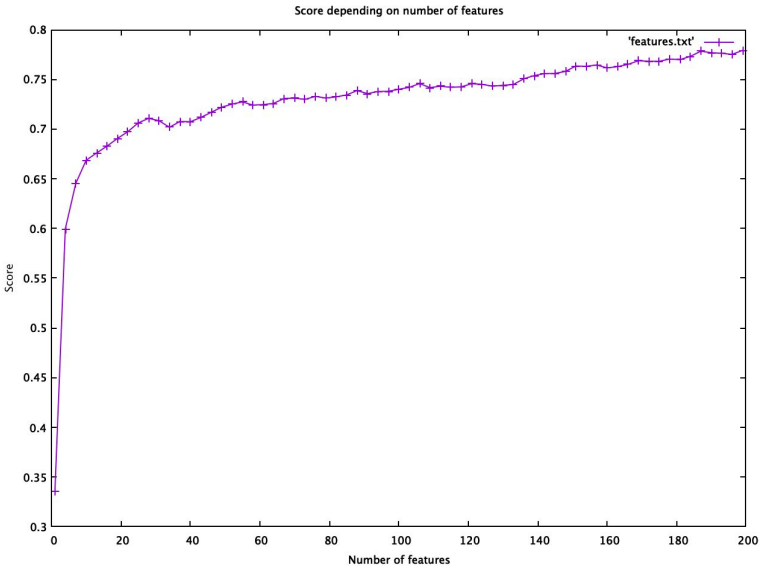
Notre algorithme commence par calculer le meilleur nombre de features pour notre modèle.
Pour trouver ce nombre, nous avons décidé de réaliser une cross validation pour chaque nombre de features.
De plus, après observations, nous choisissons d'utiliser le cross validation score au lieu du score de l'ensemble d'entraînement car il est identique pour chaque valeur au dessus de 66 :

(1) Cross validation score en fonction du nombre de features

Ce graphique est généré à partir des données de la liste features_scores et de l'outils gnuplot.

On remarque bien une augmentation du score en fonction du nombre de features, on a donc choisi d'utiliser 184 dimensions, ce qui nous permet d'avoir le meilleur compromis entre rapidité et efficacité.

Figure 2



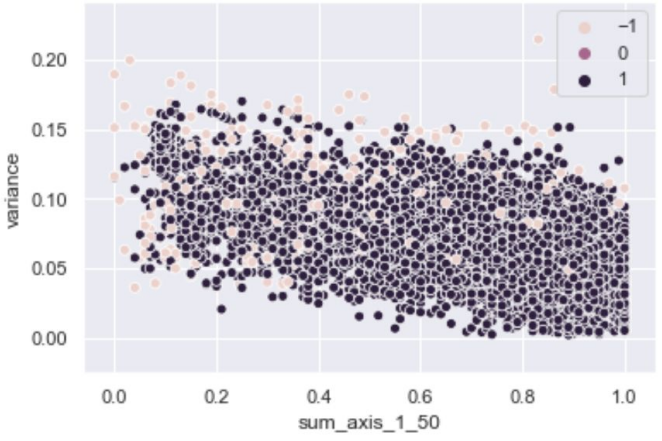
Nous décidons donc de réduire le dataset à ce nombre de features (en gardant les plus importantes) grâce à la fonction 'SelectKBest'.
C'est par ailleurs en se documentant sur les les différentes fonctions de réductions de features que Nous avons choisi SelectKbest car cela semble être une fonction parfaitement dédiée à cette utilisation précise.

Ensuite, l'algorithme doit détecter les outliers dans les données :

(2) Détection des outliers (en rose)

Ce graphique est généré grâce à la bibliothèque seaborn.
On peut donc voir les données (les points) représentées sur deux dimensions, avec en rose celles qui ont été détecté comme outliers.
Ces outliers sont principalement les points isolés du reste des données ce qui semble confirmer qu'ils sont détectés conformément à nos attentes.

Figure 3



Nous effectuons l'opération grâce à la méthode IsolationForest, car c'est une fonction très simple à utiliser avec un fonctionnement similaire à 'SelectKBest' et 'PCA'.
Effectivement, après l'avoir comparé à d'autre méthodes de même type et nous l'avons jugé meilleure.

Nous avons testé de supprimer ou non les outliers détectés, l'idée de base étant de les supprimer car ils représentent du bruit, en recréant des datasets sans eux. Cependant, nous avons pu observer que la classification perdait en précision si nous les supprimions, d'où la résolution de les garder.

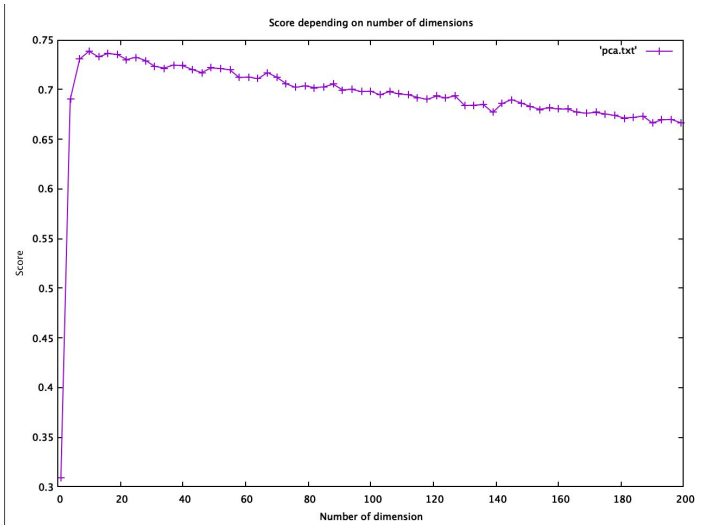
L'algorithme calcule enfin le meilleur nombre de dimensions de la même façon que pour les features, puis d'utiliser l'algorithme de Principal Component Analysis (PCA) en faisant varier le nombre de dimension pour réduire au mieux la dimension tout en gardant une efficacité maximale (en complément de Select K Best) :

(3) Cross validation score en fonction du nombre de dimension

Ce graphique est généré à partir des données de la liste pca_scores et de l'outils gnuplot.

On remarque qu'à partir de 10 dimensions, le score commence à baisser. Cela est sûrement dû à de l'overfitting du model.

Figure 4



Dans nos recherches, nous n'avons pas trouvé de fonctions plus performantes que cette fonction PCA (qui était déjà fournie).

La classe peut être trouvé ici : https://github.com/MathisDupont/ECOLO1/blob/master/starting_kit/preprocess.py

Les tests peuvent être trouvés ici: https://github.com/MathisDupont/ECOLO1/blob/master/starting_kit/README_preprocessing.ipynb

2. Modélisation:

Le but de l'étape de la modélisation est de déterminer quel modèle utiliser pour obtenir les meilleurs scores lors de l'entraînement, tout en minimisant l'over et l'underfitting. Pour ce faire, nous avons utilisé la documentation de Scikit pour voir les modèles disponibles ainsi que leurs paramètres. Nous avons retenu les 6 qui nous paraissaient les plus à même de répondre à nos attentes:

DecisionTreeClassifier; *KNeighborsClassifier;* *ExtraTreesClassifier;*
RandomForestClassifier; *AdaBoostClassifier;* *QuadraticDiscriminantAnalysis*

Plusieurs méthodes permettent de tester la performance d'une classification, comme les arbres de décision, les matrices de confusions ou encore la visualisation de l'erreur pour chaque modèle.

Vous pouvez voir ci-dessous 4 figures qui correspondent aux arbres de décisions générés par différents modèles:

Figure 5

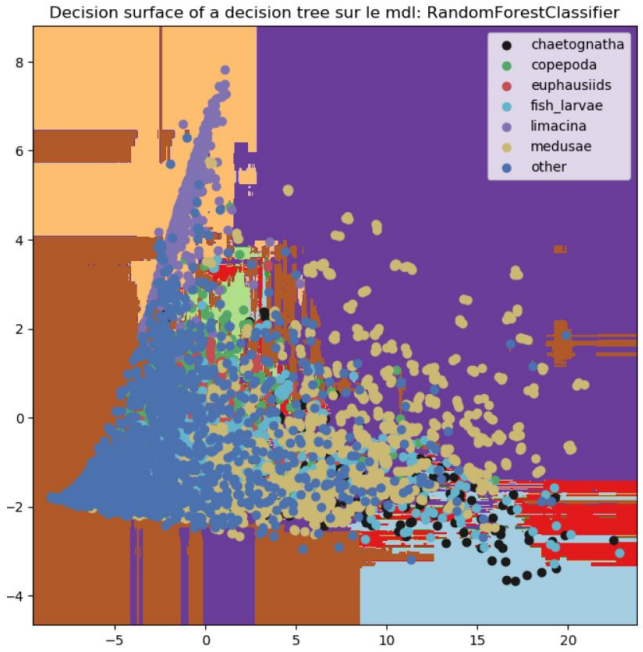


Figure 6

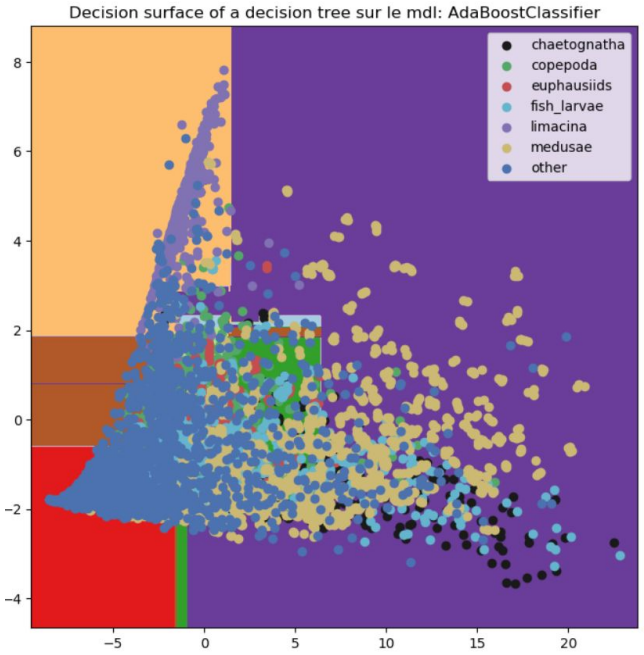


Figure 7

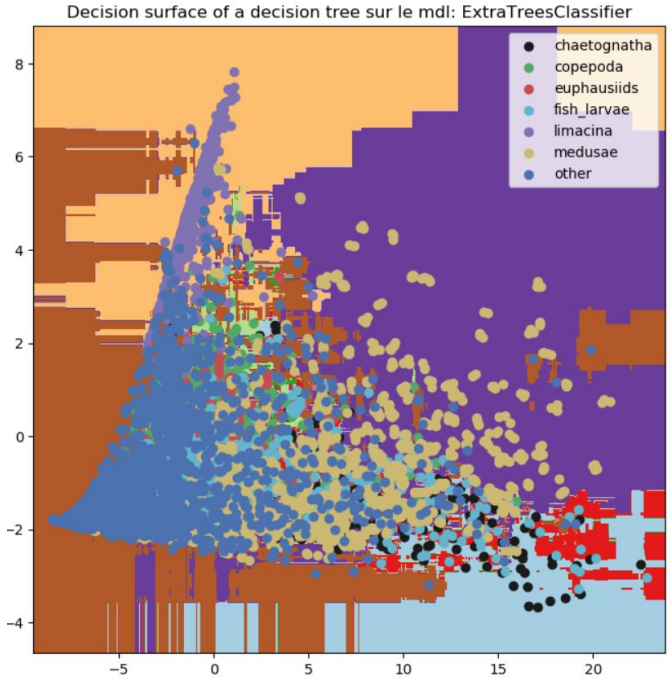
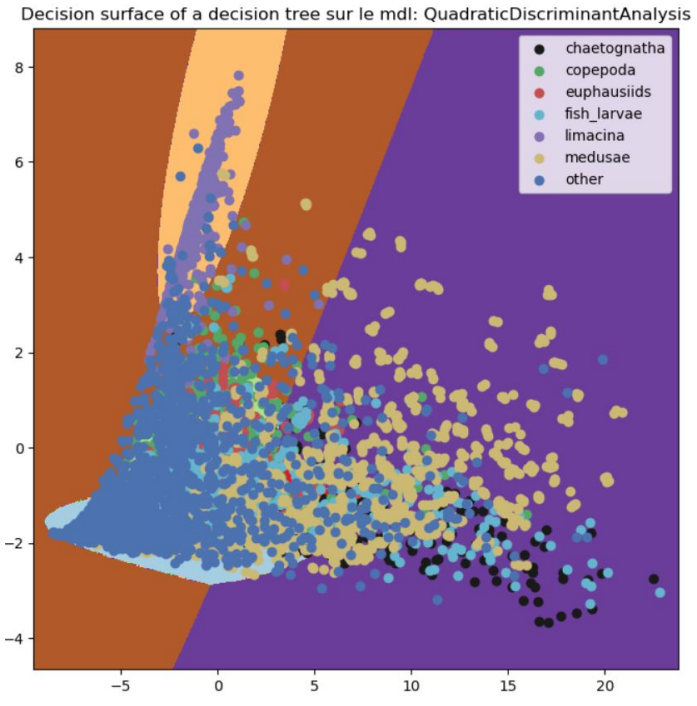


Figure 8



Référence [2]

On peut voir une grande différence entre les figures 5,7 et les figures 6,8. En effet, le nombre de délimitation en dit long sur la qualité de la classification. Chaque délimitation correspond à la réponse à une question. Ainsi, plus il y a de séparation plus l'arbre est profond et cela permet ainsi de peaufiner la classification.
On peut donc conjecturer que *RandomForestClassifier* et *ExtraTreesClassifier* sont des bons modèles.

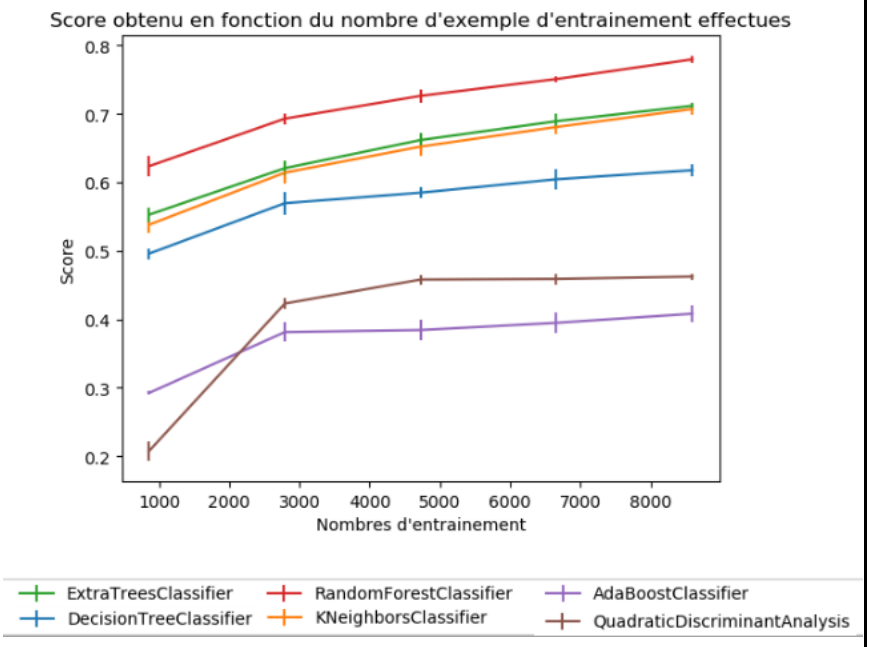
Nous avons ensuite représenté, avec des barres d'erreurs, le score obtenu en fonction du nombre de données d'entraînement:

<u>Score et erreur</u>:

Ce graphique permet de visualiser le score (pourcentage de planctons bien classé) obtenue par rapport au nombre de données utilisées, pour chaque modèle d'entraînement. On remarque logiquement que le courbe est croissante. Plus le nombre de données est élevé, meilleur est le score.
Pour obtenir chaque score, on a lancé 5 fois l'algorithme et calculé la moyenne des valeurs obtenues. Sur ces 5 valeurs, on calcule également l'écart type afin de regarder si les valeurs sont dispersées ou non, ce qui nous donne les barres d'erreurs. Plus la barre est petite, plus l'écart entre chaque valeurs est faible.

Référence [8]

Figure 9



On peut voir grâce à ce graphique que *RandomForestClassifier*, *ExtraTreesClassifier* et *KNeighoorsClassifer* sont les 3 meilleurs modèles, avec une démarcation de *RandomForestClassifier*.

On a déjà notre petite idée sur le choix du modèle! Cependant, pour être rigoureux il faut utiliser la méthode de test d'algorithme proposé dans le README. Or le code fourni permettait de tester un algorithme à la fois. Nous avons donc rassemblé les opérations nécessaires sous une fonction bestModel qui lance automatiquement tous les entraînements des modèles et renvoie chaque score de cross-validation :

Scores obtenus par les tests

Ce tableau (généré par la fonction principale “bestModel”) retourne les score des modèles de 6 modèles (colonne Model).
En effet, on cherche à atteindre un score (colonne Cross-Validation) proche de 1.
Le score métrique (colonne Metric) est donné avec un intervalle de confiance à 95%.

Figure 10

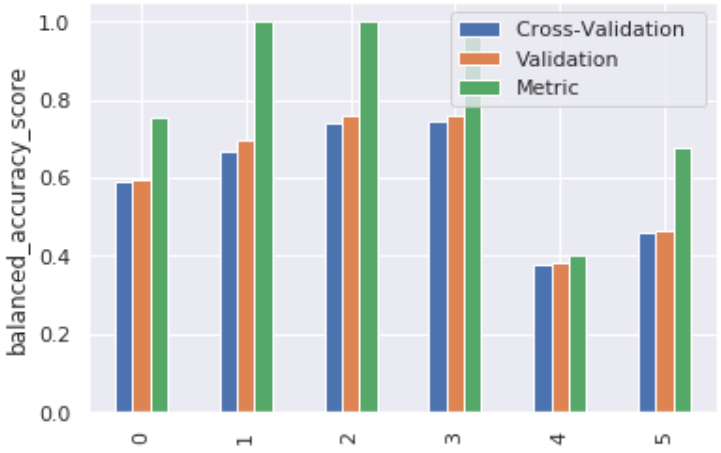
	Model	Cross-Validation	Metric
0	Decision Tree	0.615608	0.726749
1	Nearest Neighbor	0.708810	0.999814
2	ExtraTreesClassifier	0.711914	0.999814
3	RandomForestClassifier	0.779545	0.999814
4	AdaBoost	0.404023	0.426990
5	QDA	0.460282	0.606585

Après l'exécution de tests sur ces 6 modèles, notre conjecture se solidifie, RandomForestClassifier est en bonne position pour gagner! : Nous avons obtenue une score d’environ 0.78 pour celui-ci alors que les autres descendaient jusqu’aux 0.40 (AdaBoost).
On peut également représenter ces résultats sous forme de graphique:

On se situe dans le cas d’un Cross-Validation. Il est important d’utiliser le métrique “Balanced accuracy score” car celui-ci nous permet de classifier les résultats avec un intervalle de 85%.

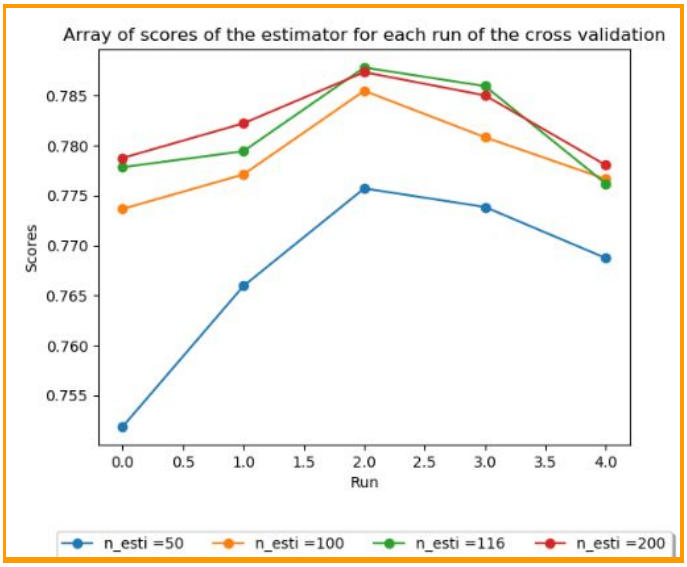
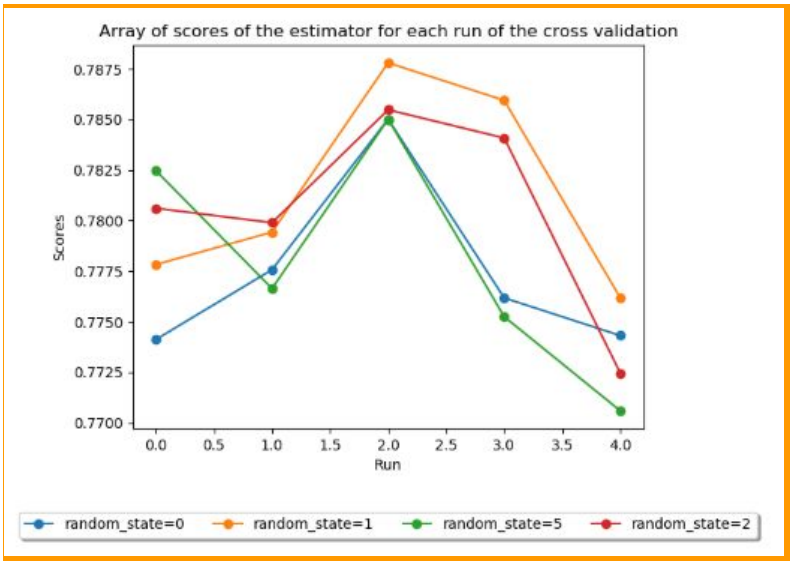
- Cross-validation: précision des prédictions en appliquant plusieurs modèles sur un même dataset.
- Metric : Balanced accuracy score
- Validation: précision du modèle sur le dataset de validation. C’est donc la performance qui apparait sur Codalab.

Figure 11



0: DecisionTreeClassifier
1: KNeighborsClassifier
2: ExtraTreesClassifier
3: RandomForestClassifier
4: AdaBoostClassifier
5: QuadraticDiscriminantAnalysis

Nous avons ensuite comparé les résultats obtenus avec différents paramètres de RandomForestClassifier pour trouver les plus optimaux et les plus performants et ainsi obtenir le meilleur score.

Sur ce graphique, nous avons fait varier le paramètre n_estimators (le nombre d'arbre) et en avons conclu que 116 était un bon nombre.	**Figure 12** 
Puis, nous avons choisi de faire varier le paramètre random_state et avons conclu que lorsque random_state est égal à 1, on obtient le meilleurs résultat.	**Figure 13** 

Nous avons fini par créer une classe model.py sous le modèle de MonsterClassifier, nous permettant de fusionner modeling et preprocessing.

Néanmoins nous avons observé une variation des scores lors de la création de la classe: nous avions obtenu un score de 0.74 avant l'implémentation du preprocessing, tandis que nous avons eu 0.66 après. C'est pour cette raison que nous avons été contraints de faire sans le préprocessing.

La classe modeling peut être trouvé ici: https://github.com/MathisDupont/ECOLO1/blob/master/starting_kit/model.py

Les tests effectués pour trouver le modèle convenable peuvent être trouvés ici : https://github.com/MathisDupont/ECOLO1/blob/master/starting_kit/README_model.ipynb

Un squelette de la classe visualistion peut être trouvé dans le : https://github.com/MathisDupont/ECOLO1/blob/master/starting_kit/README_visualizaton.ipynb

Conclusion:

Le meilleur modèle est donc RandomForestClassifier, avec les meilleurs paramètres: (“n_estimator=116”, “random_state=1”).

Ce projet nous a permis d’améliorer un programme, de l’étudier afin qu’il réponde au mieux au problème de départ. Nous sommes arrivé à de bons résultats (0.74) ce qui prouve que ce programme tri bien environ 80% des planctons, ce qui est une bonne nouvelle! Le biologiste peut être content 😃.

RESULTS

#	User	Entries	Date of Last Entry	Prediction score ▲	Duration ▲	Detailed Results
1	greenforce	9	05/02/20	0.7681 (1)	0.00 (1)	View
2	OCEAN	10	04/18/20	0.7595 (2)	0.00 (1)	View
3	ECOLO1	8	04/04/20	0.7419 (3)	0.00 (1)	View
4	PLANKTON	5	03/21/20	0.7402 (4)	0.00 (1)	View
5	guyon	5	04/24/20	0.7157 (5)	0.00 (1)	View
6	pavao	3	10/14/19	0.5474 (6)	0.00 (1)	View
7	gaiasavers	2	10/12/19	0.5474 (6)	0.00 (1)	View
8	xporters	2	10/08/19	0.5259 (7)	0.00 (1)	View

Ce challenge nous a également appris à travailler en groupe. Un travail de groupe permet de se partager les tâches, de confronter nos différentes idées et par conséquent d'être plus efficace et de s’entraider (trouver des solutions plus rapidement). De plus, nous avons appris à mieux nous connaître et à créer de nouveaux liens et mettre en avant les compétences de chacun.

PS: Chèr(e)s 2001 qui lisez ce rapport, choisissez notre challenge! Il sera un départ, ou un arc en plus, à votre bagage en Intelligence artificielle! Il vous incite à utiliser votre meilleur ami : Internet, afin de s’entraîner à adapter quelques algorithmes, parmis des milliards disponible, à votre propre code. C’est également un challenge qui a un but essentielle pour notre planète! Venez étudier la biodiversité avec nous!

Bonus :

Table 1: Statistics of the data

APRÈS preprocessing :

Dataset	Nombre d'exemples	Nombre de features	"Sparsity"	Variables catégorielles ?	Données manquantes	Nombre d'exemples par classe
Training	10336	174	0	0	0	1536
Validation	3584	174	0	0	0	512
Test	3584	174	0	0	0	512

Table 2: Preliminary results

Method	Decision Tree	Nearest Neighbor	ExtraTreesClassifier	RandomForestClassifier	Adaboost	QuadraticDiscriminantAnalysis
Training	0.753020	1.0	1.0	1.0	0.403165	0.678190
CV	0.591784	0.667238	0.741573	0.744043	0.376270	0.459521
Validation	0.596788	0.696252	0.760496	0.761059	0.381516	0.464638

Code commenté :

- Code pour le PREPROCESSING :

```
from numpy import np
from sklearn.base import BaseEstimator
from data_manager import DataManager
from sklearn.ensemble import RandomForestClassifier
from sklearn.ensemble import IsolationForest
from sklearn.decomposition import PCA
from sklearn.feature_selection import SelectKBest
from sklearn.feature_selection import chi2
from libscores import get_metric
import matplotlib.pyplot as plt
import seaborn as sns

class Preprocessor (BaseEstimator)
  Fonction __init__ ()
    Initialise les variables best_features_nb et best_dim_nb aux meilleures valeurs trouvées
    Initialise le skbest et pca
    Initialise 2 tableaux (features_scores, pca_scores) pour stocker les scores des fonction en fonction du nombre de features ou de
dimensions, ainsi que les outliers

  Fonction fit (X, y)
    Fit les données X et y au PCA
    Fit les données X et y au skbest
    Retourne une instance de Preprocessor avec PCA et skbest fitté

  Fonction fit_transform (X, y)
    Fit les données avec le PCA et skbest et retourne les données X transformées par ceux-ci

  Fonction transform (X, y)
    Retourne les données X transformées par le PCA et skbest

  Fonction find_best_params (speed)
    Créer un tableau score vide pour contenir les resultats
    Pour i de 1 à 200 avec un pas de speed
      Créer un classifier M en utilisant la meilleure methode trouvées par l'equipe modeling
      Créer une instance de SelectKBest avec i features et fit les données X_train et Y_train à celle-ci
      Réduit à i features choisi par SelectKBest à X_train
      Pour j de 1 à 200 avec un pas de speed
        Duplique M dans tmpM
        Créer une instance de PCA avec j dimensions et fit les données X_train et Y_train à celle-ci
        Réduit à j dimensions les données X_train
        Fit X_train et Y_train à tmpM
        Stock le cross validation score dans la case [i, j] du tableau de résultats
      Modifie les variables best_features_nb et best_dim_nb avec les coordonnées du meilleur résultat du tableau score

  Fonction find_best_features ()
    Pour i de 1 à 200 avec un pas de 1
      Créer un classifier M en utilisant la meilleure methode trouvées par l'équipe modeling
      Créer une instance de SelectKBest avec i features et fit les données X_train et Y_train à celle-ci
      Réduit à i features les données X_train
      Fit X_train et Y_train à M
      Stock le cross validation score dans la case i du tableau features_scores
    Change la valeur de best_features_nb avec la coordonnée de la meilleure case de features_scores

  Fonction detect_outliers (X)
    Créer un classifier clf en utilisant IsolationForest
    Fit les données X à clf
    Retourne la prédiction de clf (un tableau contenant 1 si la donnée n'est pas un outlier, -1 sinon)

  Fonction removeOutliers (data)
```

```
    Détecte les outliers de data avec la fonction detect_outliers
    Retourne une nouvelle version de data sans les outliers détectés

  Fonction find_best_pca ()
    Pour i de 1 à 200 avec un pas de 1
      Créer un classifier M en utilisant la meilleure methode trouvées par l'équipe modeling
      Créer une instance de PCA avec i dimensions et fit les données X_train et Y_train à celle-ci
      Réduit à i dimensions les données X_train
      Fit X_train et Y_train à M
      Stock le cross validation score dans la case i du tableau pca_scores
    Change la valeur de best_dim_nb avec la coordonnée de la meilleure case de pca_scores

  Fonction apply_parameters ()
    Créer une instance de SelectKBest avec best_features_nb features et fit les données X_train et Y_train à celle-ci
    Réduit à best_features_nb features les données X_train, X_valid et X_test
    Retire les outliers des ensembles X_train et Y_train
    Créer une instance de PCA avec best_dim_nb features et fit les données X_train et Y_train à celle-ci
    Réduit à best_dim_nb dimensions les données X_train, X_valid et X_test

  Fonction preprocess ()
    Cherche le meilleur nombre de features avec la fonction find_best_features
    Cherche le meilleur nombre de dimensions avec la fonction find_best_pca
    Applique ces paramètres avec la fonction apply_parameters

(PSEUDO CODE SUPPRIMé)
```

- Code pour la MODELING : chercher le meilleur modèle

```
X_train = D.data['X_train']
Y_train = D.data['Y_train']

def bestModel(model_name, model_list):

    from libscores import get_metric

    name=[]
    cvScore=[]
    tPerf=[]

    #We iterate over all the models and use the code provided in the original README
    for i in np.arange(len(model_list)) :


        M = model(model_list[i])
        if not(M.is_trained):
            M.fit(X_train, Y_train)
            #print('training')
        trained_model_name = model_dir + data_name

        Y_hat_train = M.predict(D.data['X_train'])
        Y_hat_valid = M.predict(D.data['X_valid'])
        Y_hat_test = M.predict(D.data['X_test'])

        M.save(trained_model_name)
        result_name = result_dir + data_name
        from data_io import write
        write(result_name + '_train.predict', Y_hat_train)
        write(result_name + '_valid.predict', Y_hat_valid)
        write(result_name + '_test.predict', Y_hat_test)
        !ls $result_name*
        metric_name, scoring_function = get_metric()
        from sklearn.metrics import make_scorer
        from sklearn.model_selection import cross_val_score
        scores = cross_val_score(M, X_train, Y_train, cv=5, scoring=make_scorer(scoring_function))
        print('\nCV score (95 perc. CI): %0.2f (+/- %0.2f)' % (scores.mean(), scores.std() * 2))

        #res.append([model_name[i], scores.mean(), '   metric = %5.4f' % scoring_function(Y_train, Y_hat_train)])
        print('Training score for the', metric_name, 'metric = %5.4f' % scoring_function(Y_train, Y_hat_train))
        name.append(model_name[i])
        cvScore.append(scores.mean())
        tPerf.append(scoring_function(Y_train, Y_hat_train))

    return name,cvScore,tPerf
```

- Code pour la VISUALISATION des données en ayant réduit le nombre d'images à 5000 avec l'algorithme des k-means:

from time import time import numpy as np import matplotlib.pyplot as plt from sklearn import metrics from sklearn.cluster import KMeans from sklearn.datasets import load_digits from sklearn.decomposition import PCA from sklearn.preprocessing import scale	la librairie matplotlib.pyplot sert à tracer les courbes et schémas. Scikit-Learn est une librairie englobant les méthodes permettant de faire de l'apprentissage automatique
	//Partie traitement des données:
X_train = D.data['X_train'] Y_train = D.data['Y_train']	// on prend dans nos données les tableaux qui nous intéressent (X_train et Y_train)
data = scale(X_train[0:5000])	//Nous réduisons nos données à seulement 5000 images pour ne pas avoir trop d'images et obtenir un graphique plus clair

n_samples, n_features = data.shape
 	
n_digits = len(np.unique(Y_train[0:5000]))
labels = Y_train[:,0]
	//n_samples = aux nombres d'images et n_features = nombre de features
	//n_digits = nombre de labels
	//labels = labels de chaque image

print("n_digits: %d, \t n_samples %d, \t n_features %d" % (n_digits, n_samples, n_features))	
#Visualize the results on PCA-reduced data reduced_data = PCA(n_components=2).fit_transform(data)	//on utilise la méthode du PCA pour réduire le nombres de dimensions et passé de 203 features à 2 features. Nous savons représenter sur un graphique les données en 2D
kmeans = KMeans(init='k-means++', n_clusters=n_digits, n_init=10)	//On initialise l'algorithme des k-moyennes avec les caractéristiques de nos données (nombre de clusters est égale aux nombres de labels) et le nombre de fois que l'algorithme va tourner
kmeans.fit(reduced_data)	//Puis on entraîne l'algorithme avec nos données
# Step size of the mesh. Decrease to increase the quality of the VQ. h = .02	//point dans le maillage [x_min, x_max]*[y_min, y_max]
	//Partie affichage :
x_min, x_max = reduced_data[:,0].min() - 1, reduced_data[:, 0].max() + 1 y_min, y_max = reduced_data[:,1].min() - 1, reduced_data[:, 1].max() + 1 xx, yy = np.meshgrid(np.arange(x_min, x_max, h), np.arange(y_min, y_max,h))	
Z = kmeans.predict(np.c_[xx.ravel(),yy.ravel()]) *# Put the result into a color plot*	//Obtenir chaque étiquette pour chaque point du maillage
Z = Z.reshape(xx.shape)	//On crée un tableau pour nos couleurs de clusters (chaque cluster a une couleur)

ax[1].imshow(Z,interpolation='nearest', extent=(xx.min(), xx.max(), yy.min(), yy.max()), cmap=plt.cm.Paired, aspect='auto', origin='lower')
 	
ax[1].plot(reduced_data[:, 0], reduced_data[:, 1], 'k.', markersize=2)
 	
# Plot the centroids as a white X 	
centroids = kmeans.cluster_centers_
 	
ax[1].scatter(centroids[:, 0], centroids[:, 1], marker='x', s=169, linewidths=3, color='w', zorder=10)
 	
ax[1].set_title('K-means with reduced data \n' 'Centroids are marked with white cross')
ax[1].set_xlim(x_min, x_max)
ax[1].set_ylim(y_min, y_max)
ax[1].set_xticks(())
ax[1].set_yticks(())
	//Afficher “l’arrière plan” qui représente les différents clusters
	
	//Afficher nos données (différents planctons)
	
	//On affiche les centres des clusters
	//on extrait de nos données kmeans celles relatives au centres
	//On affiche les centres
	
	//On donne un titre
	
	https://scikit-learn.org/stable/auto_examples/cluster/plot_kmeans_digits.html

Références:

[1] Scikit-Learn. 2007-2020
https://scikit-learn.org/stable/
[2] Scikit-Learn: Plot the decision surface of a decision tree on the iris dataset. 2007-2020
https://scikit-learn.org/0.15/auto_examples/tree/plot_iris.html
[3] Scikit-Learn: Decision Tree Regression. 2007-2020
https://scikit-learn.org/stable/auto_examples/tree/plot_tree_regression.html#sphx-glr-auto-examples-tree-plot-tree-regression-py
[4] Scikit-Learn: A demo of K-Means clustering on the handwritten digits data. 2007-2020
https://scikit-learn.org/stable/auto_examples/cluster/plot_kmeans_digits.html
[5] Scikit-Learn: Cross-validation: evaluating estimator performance. 2007-2020
https://scikit-learn.org/stable/modules/cross_validation.html
[6] Scikit-Learn: Supervised learning. 2007-2020
https://scikit-learn.org/stable/supervised_learning.html#supervised-learning
[7] Scikit-Learn : sklearn.tree.DecisionTreeClassifier. 2007-2020
https://scikit-learn.org/stable/modules/generated/sklearn.tree.DecisionTreeClassifier.html?highlight=randomforest
[8] Scikit-Learn: Learning Curve. 2007-2020
https://scikit-learn.org/stable/modules/generated/sklearn.model_selection.learning_curve.html
[9] README.ipynb donné dans le starking kit du challenge. Team GaiaSavers. 2020
https://github.com/MathisDupont/ECOLO1/blob/master/starting_kit/README.ipynb
[10] Cours de L2 “Introduction à l’apprentissage automatique”. Aurélien Decelle. 2019
[11] GitHub: Exemple de proposal
https://github.com/zhengying-liu/info232/blob/master/TP5/proposal_template.pdf
[12] GoogleDocs : Exemple de proposal
https://docs.google.com/viewer?a=v&pid=sites&srcid=Y2hhbGVhcm4ub3JnfHNhY2xheXxneDozZWY1NGIxNzM0YjVlNWFk
[12] TP de Mini-Projet. 2020
https://github.com/zhengying-liu/info232
[14] Cours de L2 “Mini Projet”. Isabelle Guyon. 2020
https://sites.google.com/a/chalearn.org/saclay/home