1 Premières classifications

Le but de ce notebook est de faire des premières classifications. Pour cela nous utilisons le jeu de données IRIS qui est très connu dans la communauté.

Dans un premier temps, nous présentons une première classification pour apprendre à utiliser un classifieur et à prédire une valeur. Les jeux de données d'apprentissage et de de test sont présentés par la suite. Nous présentons ensuite différentes mesures pour évaluer un modèle.

Etant donné qu'il n'est pas possible d'avoir un classifieur universel (NO FREE LUNCH THEOREM), nous verrons comment utiliser différents classifieurs et comment rechercher les meilleurs paramètres d'un classifieur. Enfin nous verrons comment sauvegarder et ré-utiliser un modèle appris.

In [1]:

```
#Sickit learn met régulièrement à jour des versions et
#indique des futurs warnings.
#ces deux lignes permettent de ne pas les afficher.
import warnings
warnings.filterwarnings("ignore", category=FutureWarning)
```

1.1 Le jeu de données IRIS

Nous considérons par la suite le jeu de données des IRIS

In [2]:

```
1
     import pandas as pd
     import numpy as np
2
     #https://archive.ics.uci.edu/ml/machine-learning-databases
3
     4
     names = ['SepalLengthCm', 'SepalWidthCm',
5
             'PetalLengthCm', 'PetalWidthCm',
6
             'Species']
7
8
     df = pd.read csv(url, names=names)
9
     # 5 premières lignes du fichier
10
     display(df.head())
11
```

	SepalLengthCm	SepalWidthCm	PetalLengthCm	PetalWidthCm	Spec
0	5.1	3.5	1.4	0.2	set
1	4.9	3.0	1.4	0.2	set
2	4.7	3.2	1.3	0.2	set
3	4.6	3.1	1.5	0.2	set
4	5.0	3.6	1.4	0.2	set

1.2 Toute première classification

```
, YY ) où XX correspond aux variables prédictives et YY le résultat d'une observation, i.e. la variable à prédire. En se basant sur un jeu d'apprentissage, un algorithme de classification supervisée cherche une fonction mathématique FF qui permet de transformer (au mieux) XX vers YY , i.e. F(X) \approx YF(X) \approx Y
```

La classification supervisée considère les données sous la forme (XX

Convention: les variables prédictives sont celles associées aux objets, généralement stockées sous la forme d'une matrice aussi, par convention, elles sont souvent notées en majuscule (notation d'une matrice). Les variables à prédire sont généralement stockées dans un vecteur et sont souvent notées avec une lettre majuscle (notation d'un vecteur).

Autrement il est tout à fait possible d'utiliser des noms de variables significatives comme data, target.

In [3]:

```
1    array = df.values #necessité de convertir le dataframe en
2    #X matrice - utilisation du X majuscule
3    X = array[:,0:4]
4    #y vecteur - utilisation du y minuscule
5    y = array[:,4]
```

Dans scikit-learn, pour apprendre un modèle, un estimateur est créé en appelant sa méthode fit(X, y).

Dans l'exemple qui suit nous utilisons un classifieur naïve Bayes (https://scikit-learn.org/stable/modules/naive_bayes.html) (https://scikit-learn.org/stable/modules/naive_bayes.html)).

```
In [4]:
```

```
import sklearn
from sklearn.naive_bayes import GaussianNB

clf = GaussianNB()

clf.fit(X, y)
  # la ligne affichée dans le Out indique les hyperparamètre.
#du classifieur s'ils existent
```

Out[4]:

```
GaussianNB(priors=None, var smoothing=1e-09)
```

La ligne affichée dans le Out indique les hyperparamètres du classifieur s'ils existent. Il est également possible de les obtenir à l'aide de :

```
In [5]:
```

```
1 clf.get_params()
```

Out[5]:

```
{'priors': None, 'var smoothing': 1e-09}
```

Il est alors possible de prédire une valeur non lue à l'aide de la méthode *predict*. Par exemple, nous savons que les valeurs du 5ième IRIS sont 5.0, 3.6, 1.4, 0.2 et qu'il appartient à la classe Iris-setosa.

In [6]:

```
La prédiction du modèle pour [ 5.0, 3.6, 1.4, 0.2] est ['Iris-setosa']
```

Test de la prédiction sur les données d'apprentissage.

In [7]:

```
result = clf.predict(X)
      print (result)
['Iris-setosa' 'Iris-setosa' 'Iris-setosa' 'Iris-set
osa' 'Iris-setosa'
 'Iris-setosa' 'Iris-setosa' 'Iris-setosa' 'Iris-set
osa' 'Iris-setosa'
 'Iris-setosa' 'Iris-setosa' 'Iris-set
osa' 'Iris-setosa'
 'Iris-versicolor' 'Iris-versicolor' 'Iris-virginica
' 'Iris-versicolor'
 'Iris-versicolor' 'Iris-versicolor' 'Iris-versicolo
r' 'Iris-versicolor'
 'Iris-virginica' 'Iris-versicolor' 'Iris-versicolor
' 'Iris-versicolor'
 'Iris-versicolor' 'Iris-versicolor' 'Iris-versicolo
r' 'Iris-virginica'
 'Iris-versicolor' 'Iris-versicolor' 'Iris-versicolo
r' 'Iris-versicolor'
 'Iris-versicolor' 'Iris-versicolor' 'Iris-virginica
' 'Iris-virginica'
```

```
'Iris-virginica'
                   'Iris-virginica' 'Iris-virginica'
'Iris-virginica'
 'Iris-versicolor'
                    'Iris-virginica' 'Iris-virginica'
'Iris-virginica'
 'Iris-virginica'
                   'Iris-virginica' 'Iris-virginica'
'Iris-virginica'
 'Iris-virginica'
                   'Iris-virginica' 'Iris-virginica'
'Iris-virginica'
                   'Iris-versicolor' 'Iris-virginica'
 'Iris-virginica'
'Iris-virginica'
 'Iris-virginica'
                   'Iris-virginica' 'Iris-virginica'
'Iris-virginica'
                   'Iris-virginica' 'Iris-virginica'
 'Iris-virginica'
'Iris-virginica'
                   'Iris-virginica' 'Iris-virginica'
 'Iris-virginica'
'Iris-versicolor'
 'Iris-virginica'
                   'Iris-virginica' 'Iris-virginica'
'Iris-virginica'
                   'Iris-virginica' 'Iris-virginica'
 'Iris-virginica'
'Iris-virginica'
 'Iris-virginica'
                   'Iris-virginica' 'Iris-virginica'
'Iris-virginica'
 'Iris-virginica'
                   'Iris-virginica' 'Iris-virginica'
'Tric wirdinida'1
```

Une première évaluation de la qualité de la prédiction peut se faire avec le calcul de l'accuracy (pourcentage de prédictions correctes).

In [8]:

```
from sklearn.metrics import accuracy_score

print ('accuracy: ',accuracy_score(result, y))

from sklearn.metrics import accuracy_score

print ('accuracy: ',accuracy_score(result, y))
```

accuracy: 0.96

Comme nous pouvons le constater, même sur le jeu d'apprentissage il y a des erreurs dans le modèle appris. Pour connaître les objets mal classés :

```
In [9]:
```

```
1
      y = np.asarray(y)
      #misclassified = np.where(y test != clf.predict(X test))
 2
 3
      misclassified = np.where(y != clf.predict(X))
 4
 5
6
      print('Les objets mal classés sont :')
7
8
      i=0
   ▼ for i in misclassified:
9
          #print('\n','o',i," ",df.iloc[i,:]," ",y[i])
10
          print('\n',df.iloc[i,:]['Species'])
11
          #print('\n',df.iloc[i,:]," ",y[i])
12
          print ('\n')
13
14
   ▼ for i in misclassified:
15
          print ('\n', i, 'classé en ', clf.predict(X)[i], '\n')
16
          print ('\n')
17
```

```
Les objets mal classés sont :
```

```
52
        Iris-versicolor
70
       Iris-versicolor
77
       Iris-versicolor
       Iris-virginica
106
        Iris-virginica
119
        Iris-virginica
133
Name: Species, dtype: object
```

```
[ 52 70 77 106 119 133] classé en ['Iris-virgini
ca' 'Iris-virginica' 'Iris-virginica' 'Iris-versicol
or'
 'Iris-versicolor' 'Iris-versicolor']
```

1.3 Jeu d'apprentissage et de test

In [10]:

```
1
     import pandas as pd
2
     #https://archive.ics.uci.edu/ml/machine-learning-databases
3
     names = ['SepalLengthCm', 'SepalWidthCm',
4
             'PetalLengthCm', 'PetalWidthCm',
5
6
             'Species'l
7
8
     df = pd.read csv(url, names=names)
9
10
     array = df.values
11
     X = array[:, 0:4]
12
     y = array[:, 4]
13
```

En classification, il est indispensable de créer un jeu d'apprentissage sur lequel un modèle est appris et un jeu de test pour évaluer le modèle. La fonction *train_test_split* permet de décomposer le jeu de données en 2 groupes : les données pour l'apprentissage et les données pour les tests.

Le paramètre *train_size* indique la taille du jeu d'apprentissage qui sera utilisé. le paramètre *random_state* spécifie un entier germe du nombre aléatoire pour le tirage. S'il n'est pas spécifié sickit learn utilise un générateur de nombre aléatoire à partir de np.random.

Depuis la version 0.21 il est également nécessaire de préciser la taille du jeu de test_size. De manière classique ce nombre est égal à la différence entre la taille du jeu de données - le test_size (1-test_size). Via cette fonctionnalité sickit learn permet de faire de l'échantillonage sur le jeu d'apprentissage.

Dans notre exemple nous prenons 30% du jeu de données comme jeu de test.

In [11]:

```
from sklearn.model selection import train test split
 1
 2
      validation size=0.3 #30% du jeu de données pour le test
 3
 4
 5
      testsize= 1-validation size
 6
      seed=30
 7
      X train, X test, y train, y test=train test split(X,
8
9
                                                         train size=
10
                                                         random state
                                                         test size=te
11
12
```

L'apprentissage du modèle se fait comme précédemment

In [12]:

```
clf = GaussianNB()
clf.fit(X_train, y_train)
```

Out[12]:

GaussianNB(priors=None, var_smoothing=1e-09)

De même pour la prédiction

In [13]:

```
from sklearn.metrics import accuracy_score
result = clf.predict(X_test)
print('\n accuracy :', accuracy_score(result, y_test),'\n'
```

accuracy: 0.9428571428571428

Le problème essentiel de cette approche est que le modèle est appris sur un seul jeu de données et qu'en fonction de la sélection les résultats peuvent être très différents. La bonne solution consiste à utiliser la **cross validation**. Dans notre cas, nous allons utiliser une 10-fold cross validation pour évaluer la qualité. Le jeu de données sera découpé en 10 partie, entrainé sur 9, testé sur 1 et cela sera répété pour toutes les combinaisons du découpage.

```
In [14]:
```

```
from sklearn.model_selection import KFold
from sklearn.model_selection import cross_val_score
seed=7
k_fold = KFold(n_splits=10, shuffle=True, random_state=seed)
```

In [15]:

```
1
      clf = GaussianNB()
 2
 3
      scoring = 'accuracy'
      score = cross_val_score(clf, X, y, cv=k_fold, scoring=scor)
4
5
6
   ▼ print('Les différentes accuracy pour les 10 évaluations son
7
            score, '\n')
      print ('Accuracy moyenne : ',score.mean(),
 8
              ' standard deviation', score.std())
 9
10
```

L'écart type (standard deviation) est très important car il montre les grandes variations qui peuvent exister par rapport aux jeux de données.

1.4 Plus loin sur l'évaluation d'un modèle

L'accuracy (nombre d'objets correctement classés) est la métrique la plus simple pour comprendre le résultat de la classification mais ne tient pas du tout compte de la distribution des données et ne permet pas d'indiquer les erreurs. Par exemple avec des classes très déséquilibrées (1 vs 99), nous pouvons avoir un modèle avec une accuracy de 99% mais lorsque qu'un objet de la classe intervient nous ne pouvons pas le retrouver.

Par la suite, par simplification, nous reprenons une classification réalisée sans cross validation mais le principe est évidemment le même avec cross validation. Nous introduisons la matrice de correlation et les différentes mesures : precision, rappel et F1-score.

In [16]:

```
1
     import pandas as pd
 2
     from sklearn.model selection import train test split
     from sklearn.metrics import accuracy score
 3
 4
     names = ['SepalLengthCm', 'SepalWidthCm',
5
              'PetalLengthCm', 'PetalWidthCm', 'Species']
6
     df = pd.read csv(url, names=names)
7
     array = df.values
8
9
     X = array[:, 0:4]
10
     y = array[:, 4]
11
     validation size=0.3 #30% du jeu de données pour le test
12
13
14
     testsize= 1-validation size
15
     seed=30
     X train, X test, y train, y test=train test split(X, y,
16
17
                                                   train size=
18
                                                   random state
19
                                                   test size=te
20
     clf = GaussianNB()
21
     clf.fit(X train, y train)
     result = clf.predict(X test)
22
23
24
     print('\n accuracy:',accuracy score(result, y test),'\n')
```

accuracy: 0.9428571428571428

La matrice de confusion permet de connaître les objets bien ou mal classés. Il suffit d'utiliser la fonction *confusion_matrix*.

```
In [17]:
```

```
from sklearn.metrics import confusion_matrix

conf = confusion_matrix(y_test, result)
print ('\n matrice de confusion \n',conf)

from sklearn.metrics import confusion_matrix
```

```
matrice de confusion
[[34 0 0]
[ 0 33 5]
[ 0 1 32]]
```

Il est possible d'obtenir plus d'information : *precision*, *recall* et *f1-measure* à l'aide de *classification_report*.

In [18]:

```
from sklearn.metrics import classification_report
conf = confusion_matrix(y_test, result)
print ('\n matrice de confusion \n',conf)
print ('\n',classification_report(y_test, result))
```

```
matrice de confusion
[[34 0 0]
[ 0 33 5]
[ 0 1 32]]
```

	precision	recall	f1-score	su
pport				
Iris-setosa 34	1.00	1.00	1.00	
Iris-versicolor 38	0.97	0.87	0.92	
Iris-virginica 33	0.86	0.97	0.91	
micro avg	0.94	0.94	0.94	
macro avg 105	0.95	0.95	0.94	
weighted avg 105	0.95	0.94	0.94	

Rappel:

Considérons une matrice de confusion dans un cas binaire. Par exemple présence de SPAM ou non dans des mails.

N =	PREDIT	PREDIT
115	NON	OUI
REEL	60	10
NON		
REEL	5	40
OUI		

N =	PREDIT	PREDIT
115	NON	OUI
REEL	60	10
NON		
REEL	5	40
OUI		

La matrice nous permet de voir qu'il y a deux classes prédites (OUI ou NON). Le classifieur fait un total de 115 prédictions. Sur ces 115 cas, le classifieur a prédit OUI 50 fois et NON 65 fois. En fait 45 documents sont des SPAMS et 70 ne le sont pas.

TP (True positive) : il s'agit des objets qui étaient prédits OUI (il s'agit de SPAM) et qui sont effectivement des SPAM.

TN (True negative) : il s'agit des objets qui étaient prédits NON (il ne s'agit pas de SPAM) et qui effectivement ne sont pas des SPAM.

FP (False positive) : il s'agit des objets qui étaient prédits comme SPAM mais qui en fait n'étaient pas des SPAM.

FN (False negative) : il s'agit des objets qui étaient prédits comme non SPAM qui en fait s'avèrent être des SPAM.

Dans la matrice ci-dessous ces éléments sont reportés :

N =	PREDIT	PREDIT	
115	NON	OUI	
REEL	TN = 60	FP = 10	70
NON			
REEL	FN = 5	TP = 40	45
OUI			
	65	50	

$$N =$$
 PREDIT PREDIT

115 NON OUI

REEL $TN = 60$ $FP = 10$ 70

NON

REEL $FN = 5$ $TP = 40$ 45

OUI

65 50

L'accuracy correspond au pourcentage de prédiction correcte. Elle est définie par

$$\frac{TP + TN}{TN + FP + FN + TP} = \frac{40 + 60}{60 + 10 + 5 + 40} = 0.86.$$

$$\frac{TP + TN}{TN + FP + FN + TP} = \frac{40 + 60}{60 + 10 + 5 + 40} = 0.86.$$

Le recall (ou sensitivity ou True Positive Rate ou rappel) correspond au nombre d' objets pertinents retrouvés par rapport aux nombres d'objets pertinents du jeu de données. Dans notre cas, pour tous les OUI présents combien de fois le OUI a t'il été prédit?

$$recall = \frac{Nombre \ de \ SPAM \ correctement \ reconnus}{Nombre \ total \ de \ SPAM \ dans \ le \ jeu \ de \ données} = \frac{TP}{FN + TP} = \frac{40}{40 + 5}$$

$$recall = \frac{Nombre \ de \ SPAM \ correctement \ reconnus}{Nombre \ total \ de \ SPAM \ dans \ le \ jeu \ de \ données} = \frac{TP}{FN + TP} = \frac{40}{40 + 5} = 0.88.$$

La precision correspond à la proportion d'objets pertinents parmi les objets sélectionné. Tous les objets retournés non pertinents constituent du bruit.

$$precision = \frac{Nombre \ de \ SPAM \ correctement \ reconnus}{Nombre \ de \ fois \ où \ un \ objet \ a \ été \ prédit \ SPAM} = \frac{TP}{TP + FP} = \frac{4}{40}$$

$$precision = \frac{Nombre \ de \ SPAM \ correctement \ reconnus}{Nombre \ de \ fois \ où \ un \ objet \ a \ été \ prédit \ SPAM} = \frac{TP}{TP + FP} = \frac{40}{40 + 10} = 0.8.$$

Le **f1-score** (ou f-measure) est la moyenne harmonique du rappel et de la précision.
$$f1 - score = 2 \times \frac{precision \times recall}{precision + recall} = 2 \times \frac{0.8 \times 0.88}{0.8 + 0.88}.$$

$$f1 - score = 2 \times \frac{precision \times recall}{precision + recall} = 2 \times \frac{0.8 \times 0.88}{0.8 + 0.88}.$$

Dans le cas d'une classification multiclasse, à partir de la matrice de confusion, la precision est calculée, pour une colonne ii, par :

$$precision_i = \frac{M_{ii}}{\sum_j M_{ji}}$$
 $precision_i = \frac{M_{ii}}{\sum_j M_{ji}}$

et le recall par :

$$recall_i = rac{M_{ii}}{\sum_j M_{ij}}$$
 $recall_i = rac{M_{ii}}{\sum_j M_{ij}}$

Pour la matrice de confusion suivante :

classification_report retourne le résultat suivant :

	precision	recall	f1 - scool	re support
Iris – setosa	1.00	1.00	1.00	34
Iris – versicolor	0.97	0.87	0.92	38
Iris – virginica	0.86	0.97	0.91	33
avg/total	0.95	0.94	0.94	105
	precision	recall	fl – $score$	support
Iris – setosa	1.00	1.00	1.00	34
Iris – versicolor	0.97	0.87	0.92	38
Iris – virginica	0.86	0.97	0.91	33
avg/total	0.95	0.94	0.94	105

La precision d'Iris-versicolor est obtenue par :

$$precision_i = \frac{M_{ii}}{\sum_i M_{ji}} = \frac{33}{33+1} = 0.97.$$

$$precision_i = \frac{M_{ii}}{\sum_i M_{ii}} = \frac{33}{33+1} = 0.97.$$

Le rappel d'Iris-versicolor est obtenue par :

$$recall_i = \frac{M_{ii}}{\sum_j M_{ij}} = \frac{33}{33 + 5} = 0.87.$$

$$recall_i = \frac{M_{ii}}{\sum_i M_{ij}} = \frac{33}{33+5} = 0.87.$$

La precision d'Iris-virginica est obtenue par :

$$precision_i = \frac{M_{ii}}{\sum_i M_{ji}} = \frac{32}{32 + 5} = 0.86.$$

$$precision_i = \frac{M_{ii}}{\sum_j M_{ji}} = \frac{32}{32 + 5} = 0.86.$$

Le rappel d'Iris-versicolor est obtenue par :

$$recall_i = \frac{M_{ii}}{\sum_i M_{ij}} = \frac{32}{32+1} = 0.96.$$

$$recall_i = \frac{M_{ii}}{\sum_i M_{ii}} = \frac{32}{32+1} = 0.96.$$

Pour connaître les objets mal classés :

In [19]:

```
misclassified = np.where(y != clf.predict(X))
 1
 2
 3
      print('Les objets mal classés sont :')
 4
 5
      i=0
 6
   ▼ for i in misclassified:
 7
          print('\n',df.iloc[i,:]['Species'])
8
          print ('\n')
9
   ▼ for i in misclassified:
10
          print ('\n', i, 'classé en ', clf.predict(X)[i], '\n')
11
12
```

Les objets mal classés sont :

```
52 Iris-versicolor
56 Iris-versicolor
70 Iris-versicolor
77 Iris-versicolor
83 Iris-versicolor
106 Iris-virginica
119 Iris-virginica
Name: Species, dtype: object
```

```
[ 52 56 70 77 83 106 119] classé en ['Iris-vir ginica' 'Iris-virginica' 'Iris-virginica' 'Iris-virginica' 'Iris-virginica' 'Iris-virginica' 'Iris-versicolor' 'Iris-versicolor' 'I
```

Pour afficher, avec seaborn, la matrice de confusion.

In [20]:

```
1
      import seaborn as sns
 2
      import matplotlib.pyplot as plt
 3
      labels = ['Iris-setosa', 'Iris-versicolor','Iris-virginica
 4
 5
      fig, ax = plt.subplots(1, 1, figsize=(10, 6))
 6
      hm = sns.heatmap(conf,
 7
                                         # Axes où afficher
                        ax=ax,
8
                        xticklabels=labels, #labels sur les x
9
                        yticklabels=labels, #labels sur les colon
                        cmap="YlGnBu", # Couleur
10
11
                                       # Si True, toutes les cel
                        square=True,
12
                                        #ont le même aspect carré
13
                                        # Pour afficher les valeu.
                        annot=True
14
15
   fig.suptitle('GaussianNB\nAccuracy:{0:.3f}'.format(accuracy)
16
                    fontsize=12,
17
                    fontweight='bold')
18
      plt.show()
```

<Figure size 1000x600 with 2 Axes>

Les métriques peuvent être appelées indépendamment. Par exemple from sklearn.metrics import precision_score print("Precision score: {} ".format(precision_score(y_true,y_pred))) ou à l'aide de la fonction precision_recall_fscore_support

In [21]:

```
from sklearn.metrics import precision_recall_fscore_support

precision, recall, fscore, support = score(y_test, result)

print('precision: {}'.format(precision))

print('recall: {}'.format(recall))

print('fscore: {}'.format(fscore))

print('support: {}'.format(support))
```

```
precision: [1. 0.97058824 0.86486486] recall: [1. 0.86842105 0.96969697] fscore: [1. 0.91666667 0.91428571] support: [34 38 33]
```

Remarque : il existe, bien entendu, d'autres mesures pour évaluer un classifieur. Par exemple, la sensiblité, la spécificité, l'air sous la courbe roc (AUC), l'indice de Gini (voir cours).

1.5 Utiliser plusieurs classifiers

Comme l'indique le NO FREE LUNCH THEOREM il n'existe pas un classifieur universel et en fonction des données il est souvent nécessaire d'en évaluer plusieurs pour retenir le plus efficace. Le principe est similaire au précédent, il suffit de les mettre dans une structure et de boucler dessus.

In [22]:

```
1
      #preparation des données
 2
      import pandas as pd
 3
      from sklearn.model selection import train test split
      from sklearn.metrics import accuracy score
 4
      url = "https://archive.ics.uci.edu/ml/machine-learning-data
 5
      names = ['SepalLengthCm', 'SepalWidthCm', 'PetalLengthCm',
6
 7
      df = pd.read csv(url, names=names)
      array = df.values
 8
      X = array[:,0:4]
9
10
      y = array[:, 4]
11
12
      validation size=0.3 #30% du jeu de données pour le test
13
      testsize= 1-validation size
14
      seed=30
15
      X train, X test, y train, y test = train test split(X, y,
16
17
```

Dans l'exemple, nous utilison LogisticRegression, DecisionTree, KNeighbors, GaussianNB et SVM.

Les paramètres utilisés pour chacune des approches sont ceux par défaut. Pour chaque approche nous faisons une cross validation de 10.

In [23]:

```
from sklearn.linear model import LogisticRegression
 1
 2
      from sklearn.tree import DecisionTreeClassifier
      from sklearn.neighbors import KNeighborsClassifier
 3
      from sklearn.naive bayes import GaussianNB
 4
      from sklearn.svm import SVC
 5
 6
 7
      seed = 7
      scoring = 'accuracy'
 8
9
      models = []
      models.append(('LR', LogisticRegression(solver='lbfgs')))
10
      models.append(('KNN', KNeighborsClassifier()))
11
12
      models.append(('CART', DecisionTreeClassifier()))
      models.append(('NB', GaussianNB()))
13
14
      models.append(('SVM', SVC(gamma='auto')))
15
16
```

In [24]:

```
from sklearn.metrics import confusion matrix
 1
      from sklearn.metrics import classification report
 2
 3
      from sklearn.model selection import KFold
 4
      from sklearn.model selection import cross val score
5
      import time
6
      results = []
7
      names = []
8
      for name, model in models:
9
          kfold = KFold(n splits=10, random state=seed)
          start time = time.time()
10
          cv results = cross val score(model, X, y, cv=kfold, sco
11
          #pour avoir les paramètres utilisés dans le modèle enl
12
13
          #print (model.get params())
          print ("Time pour", name, " ", time.time() - start_time)
14
15
          results.append(cv results)
          names.append(name)
16
          msg = "%s: %f (%f)" % (name, cv results.mean(), cv_rest
17
18
          print(msg)
```

```
Time pour LR 0.1513993740081787
LR: 0.900000 (0.116428)
Time pour KNN 0.01901412010192871
KNN: 0.933333 (0.084327)
Time pour CART 0.01136636734008789
CART: 0.946667 (0.065320)
Time pour NB 0.018451929092407227
NB: 0.946667 (0.058119)
Time pour SVM 0.012649774551391602
SVM: 0.953333 (0.052068)
```

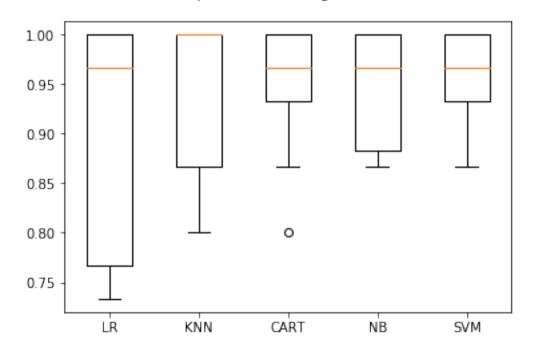
In [25]:

```
fig = plt.figure()
fig.suptitle('Comparaison des algorithmes')
ax = fig.add_subplot(111)
plt.boxplot(results)
ax.set_xticklabels(names)
```

Out[25]:

```
[Text(0, 0, 'LR'),
  Text(0, 0, 'KNN'),
  Text(0, 0, 'CART'),
  Text(0, 0, 'NB'),
  Text(0, 0, 'SVM')]
```

Comparaison des algorithmes



Comme SVM donne des meilleurs résultats, nous pouvons l'utiliser comme modèle de prédiction.

```
In [26]:
```

```
from sklearn.metrics import accuracy score
 1
      from sklearn.metrics import confusion matrix
2
3
      from sklearn.metrics import classification report
      clf = SVC(gamma='auto')
      clf.fit(X train, y train)
5
      result = clf.predict(X test)
6
7
8
      print('\n accuracy: ', accuracy_score(result, y_test),'\n'
9
10
      conf = confusion matrix(y test, result)
      print ('\n matrice de confusion \n',conf)
11
      print ('\n',classification report(y test, result))
12
```

accuracy: 0.9619047619047619

```
matrice de confusion
[[34 0 0]
[ 0 34 4]
[ 0 0 33]]
```

		precision	recall	f1-score	su
pport					
34	Iris-setosa	1.00	1.00	1.00	
Iris- 38	-versicolor	1.00	0.89	0.94	
Iris 33	s-virginica	0.89	1.00	0.94	
105	micro avg	0.96	0.96	0.96	
105	macro avg	0.96	0.96	0.96	
w∈ 105	eighted avg	0.97	0.96	0.96	

1.6 Les hyperparamètres

Dans l'approche précédente nous avons pris les valeurs par défaut pour les différents classifieurs. Cependant en fonction des paramètres du classifieur les résultats peuvent être complétement différents (choix du noyeau SVM, nombre de K dans KNeighbors, etc.). Sikit learn permet de pouvoir faire une recherche exhaustive (grid search) pour trouver les paramètres les plus pertinents pour un classifieur.

In [27]:

```
#preparation des données
 1
      import pandas as pd
 2
 3
      from sklearn.model selection import train test split
      from sklearn.metrics import accuracy score
 4
5
      url = "https://archive.ics.uci.edu/ml/machine-learning-data
      names = ['SepalLengthCm', 'SepalWidthCm', 'PetalLengthCm',
 6
7
      df = pd.read csv(url, names=names)
8
      array = df.values
 9
      X = array[:, 0:4]
10
      y = array[:, 4]
11
12
      validation size=0.3 #30% du jeu de données pour le test
13
14
      testsize= 1-validation size
15
      seed=30
      X train, X test, y train, y test = train test split(X, y,
16
17
                                                             train :
18
                                                             random
19
                                                             test s
20
21
```

Considérons un arbre de décision. Les principaux paramètres sont le critère pour découper (gini ou entropy), la profondeur maximale de l'arbre, et le nombre d'échantillons par feuille. Il faut, dans un premier temps, initialiser les variables à tester dans un dictionnaire.

Le test de toutes les valeurs se fait à l'aide de la fonction *GridSearchCV*. Ele prend commme paramètre le classifieur, le dictionnaire ds paramètre, le type de scoring, le nombre de crossvalidation.

Quelques paramètres souvent utilisés :

- n_jobs: (par défaut 1) nombre de coeurs à utiliser pour effectuer les calculs, dépend du cpu. Si la machine possède plusieurs coeurs, il est possible d'indiquer de tous les utiliser en mettant n_jobs=-1
- verbose : affichage du déroulement des calculs, 0 = silent.
- random_state : si le classifieur utilisé utilise de l'aléatoire, random_state permet de fixer le générateur pour reproduire les résultats.

Un grid search est long à obtenir dans la mesure où il faut essayer l'ensemble des cas. La possibilité de répartir sur plusieurs processeur permet de faire gagner beaucoup de temps.

In [28]:

```
from sklearn.tree import DecisionTreeClassifier
 1
      from sklearn.model selection import GridSearchCV
 2
 3
 4
      grid param = {
           'max depth': [1,2,3,4,5,6,7,8,9,10],
 5
           'criterion': ['gini', 'entropy'],
 6
           'min samples leaf': [1,2,3,4,5,6,7,8,9,10]
 7
8
      }
9
10
11
     gd sr = GridSearchCV(estimator=DecisionTreeClassifier(),
12
                            param grid=grid param,
13
                            scoring='accuracy',
14
                            cv=5,
15
                            n jobs=-1,
16
                           iid=True,
17
                           return train score=True)
18
19
      gd sr.fit(X train, y train)
20
21
```

Out[28]:

```
GridSearchCV(cv=5, error score='raise-deprecating',
       estimator=DecisionTreeClassifier(class weight
=None, criterion='gini', max_depth=None,
            max features=None, max leaf nodes=None,
            min impurity decrease=0.0, min impurity
split=None,
            min samples leaf=1, min samples split=2,
            min weight fraction leaf=0.0, presort=Fa
lse, random state=None,
            splitter='best'),
       fit params=None, iid=True, n jobs=-1,
       param grid={'max depth': [1, 2, 3, 4, 5, 6, 7
, 8, 9, 10], 'criterion': ['gini', 'entropy'], 'min_
samples leaf': [1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10]},
       pre dispatch='2*n jobs', refit=True, return t
rain score=True,
       scoring='accuracy', verbose=0)
```

Pour connaître les meilleures conditions :

```
In [29]:
```

```
print ('meilleur score ',gd_sr.best_score_,'\n')
print ('meilleurs paramètres', gd_sr.best_params_,'\n')
print ('meilleur estimateur',gd_sr.best_estimator_,'\n')
```

Avec KNeighborsClassifier()

In [30]:

```
from sklearn.neighbors import KNeighborsClassifier
 1
      grid param = {
 2
 3
          'n neighbors': list(range(1,15)),
          'metric': ['minkowski','euclidean','manhattan']
 4
 5
      }
 6
 7
      gd sr = GridSearchCV(estimator=KNeighborsClassifier(),
8
                            param grid=grid param,
9
                            scoring='accuracy',
                            cv=5,
10
11
                            n jobs=-1,
12
                           iid=True,
13
                           return train score=True)
14
15
      gd sr.fit(X train, y train)
16
17
      print ('meilleur score ',qd sr.best score ,'\n')
      print ('meilleurs paramètres', gd sr.best params ,'\n')
18
      print ('meilleur estimateur', gd sr.best estimator , '\n')
19
20
```

Avec SVM

In [31]:

```
from sklearn.svm import SVC
 1
      grid param = {
 2
          'C': [0.001, 0.01, 0.1, 1, 10],
 3
          'gamma': [0.001, 0.01, 0.1, 1],
 4
          'kernel': ['linear','rbf']}
 5
 6
 7

    gd sr = GridSearchCV(estimator=SVC(),
8
                            param grid=grid param,
9
                            scoring='accuracy',
10
                            cv=5,
11
                            n jobs=1,
12
                            iid=True,
13
                           return train score=True)
14
15
      gd sr.fit(X train, y train)
16
17
      print ('meilleur score ',qd sr.best score ,'\n')
      print ('meilleurs paramètres', gd sr.best params ,'\n')
18
      print ('meilleur estimateur', gd sr.best estimator ,'\n')
19
20
```

```
meilleur score 1.0
meilleurs paramètres {'C': 1, 'gamma': 0.001, 'kerne
l': 'linear'}
meilleur estimateur SVC(C=1, cache_size=200, class_w
eight=None, coef0=0.0,
   decision_function_shape='ovr', degree=3, gamma=0.0
01, kernel='linear',
   max_iter=-1, probability=False, random_state=None,
shrinking=True,
   tol=0.001, verbose=False)
```

Pour voir l'ensemble des évaluations effectuées par GridSearchCV :

In [32]:

```
# convertion en DataFrame
results = pd.DataFrame(gd_sr.cv_results_)
# Affichage des 5 premières lignes
display(results.head())
```

	mean_fit_time	mean_score_time	mean_test_score	mean_train_score
0	0.000950	0.000479	0.444444	0.452069
1	0.000517	0.000292	0.444444	0.452069
2	0.000436	0.000277	0.444444	0.452069
3	0.000468	0.000308	0.44444	0.452069
4	0.000377	0.000345	0.44444	0.452069

5 rows × 23 columns

L'avantage de GridSearchCV est qu'il va parcourir toutes les conditions et retourner celles qui sont les meilleures pour la ou les mesures de scoring recherchée (dans notre cas nous avons privilégié l'accuracy). Cela est très pratique mais est malheureusement impossible dans certains cas car beaucoup trop long à mettre en place. Une solution possible est d'utiliser *RandomizedSearchCV* qui parcourt de manière aléatoire l'espace de recherche. Il suffit dans ce cas de spécifier des tirages aléatoires pour les valeurs possibles des paramètres et de préciser le nombre d'itérations voulues. Le second usage de *RandomizedSearchCV* est, lorsque l'on n'a pas une très bonne idée de ce que cela peut donner ou des paramètres à utiliser de faire appel à lui pour avoir des valeurs qui peuvent être significatives et de faire suivre à partir de ces valeurs une recherche via *GridSearchCV*.

In [33]:

```
1
      from sklearn.tree import DecisionTreeClassifier
      from sklearn.model selection import RandomizedSearchCV
 2
      from scipy.stats import randint
 3
 4
 5
      rand param = {
          'max depth': randint(1, 20),
 6
          'criterion': ['gini', 'entropy'],
7
          'min samples leaf': randint(1, 20)
 8
9
      }
10
11
12
      rand sr = RandomizedSearchCV(estimator=DecisionTreeClassif
13
                                     param distributions = rand par
14
                                     random state=1,
15
                                     n iter=20,
16
                                     cv=3,
17
                                     n jobs=-1,
                                     scoring='accuracy',
18
19
                                     iid=True,
                                     return train score=True)
20
21
      rand_sr.fit(X_train, y train)
22
23
      print ('meilleur score ',rand sr.best score ,'\n')
24
      print ('meilleurs paramètres', rand sr.best params ,'\n')
25
      print ('meilleur estimateur', rand sr.best estimator , '\n')
26
27
      # convertion en DataFrame
28
29
      results = pd.DataFrame(rand sr.cv results )
      # Affichage des 5 premières lignes
30
31
      display(results.head())
32
```

```
33
```

splitter='best')

	mean_fit_time	mean_score_time	mean_test_score	mean_train_score
0	0.000518	0.000348	0.733333	0.733136
1	0.000512	0.000590	0.733333	0.733136
2	0.000421	0.000315	0.955556	1.000000
3	0.000503	0.000392	0.733333	0.733136
4	0.000288	0.000228	0.955556	1.000000

1.7 Gridsearch et plusieurs classifieurs

Il est tout à fait possible d'utiliser Gridsearch avec plusieurs classifieurs. Il suffit pour cela d'initaliser les classifiers dans un biblitothèse et faire de même pour les paramètres.

In [34]:

```
1
 2
      from sklearn.tree import DecisionTreeClassifier
      from sklearn.neighbors import KNeighborsClassifier
 3
      from sklearn.svm import SVC
 4
 5
 6
   classifiers = {
 7
          'KNeighborsClassifier': KNeighborsClassifier(),
          'DecisionTreeClassifier': DecisionTreeClassifier(),
8
          'SVC': SVC()
 9
10
      }
11
      params = {'KNeighborsClassifier' : [{'n neighbors': list(range)}
12
          {'metric': ['minkowski', 'euclidean', 'manhattan']}],
13
                  'DecisionTreeClassifier': [{'max depth': [1,2,3
14
          {'criterion': ['gini', 'entropy']},
15
          {'min samples leaf': [1,2,3,4,5,6,7,8,9,10]}],
16
17
              'SVC':[{'C': [0.001, 0.01, 0.1, 1, 10],
          'gamma': [0.001, 0.01, 0.1, 1],
18
          'kernel': ['linear','rbf']}]
19
20
21
```

In [35]:

```
1
      class Result:
 2
           def init (self,name, score, parameters):
 3
               self.name = name
 4
               self.score = score
 5
               self.parameters = parameters
 6
           def repr (self):
 7
               return repr((self.name, self.score, self.paramete:
 8
 9
      results = []
10
   for key, value in classifiers.items():
11
12
          gd sr = GridSearchCV(estimator=value,
13
                            param_grid=params[key],
14
                            scoring='accuracy',
15
                            cv=5,
16
                            n jobs=1,
17
                            iid=True)
```

```
gd sr.fit(X train, y train)
18
          result=Result(key,gd sr.best score ,gd sr.best estimate
19
20
           results.append(result)
21
22
23
24
      results=sorted(results, key=lambda result: result.score, re
25
26
      print ('Le meilleur resultat : \n')
    print ('Classifier : ',results[0].name,
27
28
              ' score %0.2f' %results[0].score,
29
               avec ',results[0].parameters,'\n')
30
31
      print ('Tous les résultats : \n')
    ▼ for result in results:
32
          print ('Classifier : ', result.name,
33
                  ' score %0.2f' %result.score,
34
35
                  ' avec ',result.parameters,'\n')
36
37
Le meilleur resultat :
```

```
Classifier: KNeighborsClassifier score 1.00 avec
KNeighborsClassifier(algorithm='auto', leaf size=30,
metric='minkowski',
           metric params=None, n jobs=None, n neighb
ors=1, p=2,
           weights='uniform')
```

Tous les résultats :

```
Classifier: KNeighborsClassifier score 1.00 avec
KNeighborsClassifier(algorithm='auto', leaf size=30,
metric='minkowski',
          metric params=None, n jobs=None, n neighb
ors=1, p=2,
           weights='uniform')
```

```
size=200, class weight=None, coef0=0.0,
 decision function shape='ovr', degree=3, gamma=0.0
01, kernel='linear',
  max iter=-1, probability=False, random state=None,
shrinking=True,
  tol=0.001, verbose=False)
```

Classifier: SVC score 1.00 avec SVC(C=1, cache

Classifier: DecisionTreeClassifier score 0.98 av

1.8 Les pipelines

Il peut arriver que différentes combinaisons de pré-traitements puissent être utilisées. Par exemple il est possible d'utiliser du changement d'échelle, du PCA (projection sur un nombre différent de dimensions), de faire du remplacement de valeurs manquantes ...

L'objectif du pipeline est de pouvoir regrouper l'ensemble de ces prétraitements et de pouvoir les faire suivre par le classifier. Le principe consiste à d'abord mettre la chaîne de pré-traitement, d'ensuite mettre le classifier et d'utiliser directement le pipeline.

Attention les pipelines sont très importants lorsque l'on sauvegarde un modèle. En effet comme ils prennent en compte les pré-traitements tout est sauvegardé. Cela veut dire que dans le cas de nouvelles données à évaluer avec un modèle lors de la prédiction les données seront automatiquement transformées. (Voir partie utiliser de nouvelles données plus bas).

L'exemple suivant illustre un pipeline où un standard scaling est réalisé puis un PCA et enfin un DecisionTree est appliqué.

In [36]:

```
from sklearn.model selection import train test split
 1
 2
      from sklearn.preprocessing import StandardScaler
      from sklearn.decomposition import PCA
 3
 4
      from sklearn.pipeline import Pipeline
      from sklearn.tree import DecisionTreeClassifier
5
 6
7
      from sklearn.preprocessing import LabelEncoder
8
9
      import pandas as pd
      from sklearn.model selection import train test split
10
      from sklearn.metrics import accuracy score
11
```

```
12
      url = "https://archive.ics.uci.edu/ml/machine-learning-date
      names = ['SepalLengthCm', 'SepalWidthCm',
13
                'PetalLengthCm', 'PetalWidthCm', 'Species']
14
15
      df = pd.read csv(url, names=names)
16
17
      #transformation de Species en float pour StantardScaler
18
      class label encoder = LabelEncoder()
      df['Species']=class label encoder.fit transform(df['Species']
19
20
21
22
      array = df.values
23
      X = array[:, 0:4]
24
      y = array[:, 4]
25
26
27
      print ('Création du pipeline \n')
      pipeline = Pipeline([('scl', StandardScaler()),
28
29
                           ('pca', PCA(n_components=2)),
                           ('clf', DecisionTreeClassifier(random :
30
31
      validation size=0.3 #30% du jeu de données pour le test
32
33
      testsize= 1-validation size
34
35
      seed=30
36
      X train, X test, y train, y test=train test split(X, y,
37
                                                        train size=
38
                                                        random state
                                                        test size=te
39
40
41
42
      pipeline.fit(X train, y train)
43
      result = pipeline.predict(X test)
44
45
      print('\n accuracy:',accuracy score(result, y test),'\n')
46
```

Création du pipeline

```
accuracy: 0.9142857142857143
```

Il est possible d'utiliser GridSearch pour chercher les meilleures valeurs dans un prétraitement.

```
In [37]:
      from sklearn.model selection import GridSearchCV
 1
      print ('Création du pipeline \n')
 2
      pipeline = Pipeline([('pca', PCA()),
 3
 4
                           ('clf', DecisionTreeClassifier(random :
 5
 6
      grid param = {
 7
           'pca n components': [2,3]
 8
      }
 9
10
11
    gd sr = GridSearchCV(pipeline,
12
                            param grid=grid param,
                            scoring='accuracy',
13
14
                            cv=5,
15
                            n jobs=1,
16
                            iid=True,
17
                           return train score=True)
18
19
      gd sr.fit(X train, y train)
20
21
      print ('meilleur score ', gd sr.best score ,'\n')
      print ('meilleurs paramètres', gd sr.best params ,'\n')
22
      print ('meilleur estimateur', gd sr.best estimator ,'\n')
23
Création du pipeline
meilleur score 0.95555555555556
meilleurs paramètres { 'pca n components': 2}
meilleur estimateur Pipeline(memory=None,
     steps=[('pca', PCA(copy=True, iterated power='a
```

Ou bien de faire les deux en même temps.

```
In [38]:
      import pandas as pd
 1
      from sklearn.model selection import train test split
 2
      from sklearn.metrics import accuracy score
 3
      url = "https://archive.ics.uci.edu/ml/machine-learning-data
 4
    names = ['SepalLengthCm', 'SepalWidthCm',
 5
                'PetalLengthCm', 'PetalWidthCm', 'Species']
 6
      df = pd.read csv(url, names=names)
 7
 8
 9
      #transformation de Species en float pour StantardScaler
      class label encoder = LabelEncoder()
10
      df['Species']=class label encoder.fit transform(df['Species']
11
12
13
14
      array = df.values
15
      X = array[:, 0:4]
16
      y = array[:, 4]
17
18
    pipeline = Pipeline([('pca', PCA()),
19
                           ('clf', DecisionTreeClassifier())])
20
21
22
      grid param = [{'pca n components': [2,3]},
23
                       {'clf': [DecisionTreeClassifier()],
24
                        'clf _max_depth': [1,2,3,4,5,6,7,8,9,10],
25
                        'clf__criterion': ['gini', 'entropy'],
26
                        'clf__min_samples_leaf': [1,2,3,4,5,6,7,8
27
28
                       }]
29
30
31
      gd sr = GridSearchCV(estimator=pipeline,
32
33
                            param grid=grid param,
                            scoring='accuracy',
34
35
                            cv=5,
                            n jobs=-1,
36
37
                           iid=True,
38
                           return train score=True)
39
40
      gd sr.fit(X train, y train)
      print ('meilleur score ',gd sr.best score ,'\n')
41
      print ('meilleurs paramètres', gd sr.best params ,'\n')
42
      print ('meilleur estimateur', gd sr.best estimator ,'\n')
43
```

1.9 Sauvegarder le modèle appris

Une fois un modèle appris il est possible de le sauvegarder pour pouvoir lui appliquer d'autres données à prédire. Deux librairies existent : **pickle** et **joblib**.

Pickle est la librairie Python standard pour sérialiser-désérialiser des objets. standard Python tool for object (de)serialization. Joblib propose également de sérialiser-désérialiser des objets lorsque ceux-ci sont très volumineux.

Le choix des deux dépend des usages.

In [39]:

```
#preparation des données
 1
      import pandas as pd
 2
      from sklearn.model selection import train test split
 3
      from sklearn.metrics import accuracy score
 4
      from sklearn.naive bayes import GaussianNB
 5
 6
      url = "https://archive.ics.uci.edu/ml/machine-learning-data
      names = ['SepalLengthCm', 'SepalWidthCm',
 7
                'PetalLengthCm', 'PetalWidthCm', 'Species']
8
9
      df = pd.read csv(url, names=names)
      array = df.values
10
11
      X = array[:, 0:4]
12
      y = array[:, 4]
13
14
      validation size=0.3 #30% du jeu de données pour le test
15
16
      testsize= 1-validation size
17
      seed=30
18
   X train, X test, y train, y test=train test split(X,
19
                                                        У,
20
                                                        train size=
21
                                                        random state
22
                                                        test size=te
23
24
      clf = GaussianNB()
25
      clf.fit(X train, y train)
```

Out[39]:

26

GaussianNB(priors=None, var_smoothing=1e-09)

pickle

Pour sérialiser et sauvegarder le modèle appris :

In [40]:

```
import pickle
filename = 'pkl_modelNB.sav'
pickle.dump(clf, open(filename, 'wb'))
```

Pour utiliser le modèle sauvegardé :

In [41]:

```
1
      from sklearn.metrics import accuracy score
      from sklearn.metrics import confusion matrix
 2
      from sklearn.metrics import classification report
 3
 4
5
      clf loaded = pickle.load(open(filename, 'rb'))
      print ('Modèle chargé',clf loaded,'\n')
6
7
      result = clf loaded.predict(X test)
8
9
      print('\n accuracy:\n')
      print (accuracy score(result, y test),'\n')
10
11
12
      conf = confusion matrix(y test, result)
13
      print ('\n matrice de confusion \n',conf)
      print ('\n',classification report(y test, result))
14
15
      result = clf loaded.predict([[ 5.0, 3.6, 1.4, 0.2]])
16
   ▼ print ('\nLa prédiction du modèle pour [ 5.0, 3.6,
17
18
             result)
```

Modèle chargé GaussianNB(priors=None, var_smoothing= 1e-09)

accuracy:

0.9428571428571428

```
matrice de confusion
[[34 0 0]
[ 0 33 5]
[ 0 1 32]]
```

		precision	recall	f1-score	su
pport	t				
34	Iris-setosa	1.00	1.00	1.00	
Iris- 38	-versicolor	0.97	0.87	0.92	
Iris 33	s-virginica	0.86	0.97	0.91	
105	micro avg	0.94	0.94	0.94	
105	macro avg	0.95	0.95	0.94	

```
weighted avg 0.95 0.94 0.94
105
```

```
La prédiction du modèle pour [ 5.0, 3.6, 1.4, 0.2 ] est ['Iris-setosa']
```

joblib

Pour sérialiser et sauvegarder le modèle appris :

In [42]:

```
from sklearn.externals import joblib
filename = 'job_modelNB.sav'
joblib.dump(clf, filename)
```

Out[42]:

```
['job_modelNB.sav']
```

Pour utiliser le modèle sauvegardé :

In [43]:

```
1
      from sklearn.metrics import accuracy score
      from sklearn.metrics import confusion matrix
 2
      from sklearn.metrics import classification report
 3
 4
 5
      clf loaded = joblib.load(filename)
 6
      print (clf loaded)
 7
      #result = clf loaded.score(X test, y test)
      #print(result)
8
9
      result = clf loaded.predict(X test)
10
11
12
      print('\n accuracy:\n')
13
      print (accuracy score(result, y test),'\n')
14
15
```

```
GaussianNB(priors=None, var_smoothing=1e-09)
accuracy:
0.9428571428571428
```

1.10 Utiliser de nouvelles données

A partir d'un modèle sauvegardé, il est donc possible d'appliquer la fonction predict pour connaître la prédiction du modèle.

Dans le cas de nouvelles données il faut faire attention car des pré-traitements ont sans doute été effectués avec les données initiales (changement d'échelle, normalisation, etc) et une matrice a été obtenue pour apprendre un modèle.

Il est impératif que les nouvelles données suivent le même traitement. Nous présentons par la suite un exemple d'utilisation à l'aide des données IRIS. Cette foisci nous utilisons iris qui est disponible directement dans scikit learn.

In [44]:

```
from sklearn import svm
 1
 2
      from sklearn import datasets
 3
      from sklearn import preprocessing
      from sklearn.metrics import accuracy score
 4
 5
      from sklearn.model selection import train test split
 6
      from sklearn.metrics import accuracy score
 7
      import pickle
      from sklearn.linear model import SGDClassifier
8
9
      from sklearn.pipeline import Pipeline
      from sklearn.feature extraction.text import TfidfTransforme
10
      from sklearn.metrics import accuracy score, confusion matr
11
12
      from time import time
      from sklearn.metrics import classification report
13
14
15
```

Lecture de la base iris et utilisation de SVM comme classifieur

In [45]:

```
1   clf = svm.SVC(gamma='scale')
2   iris = datasets.load_iris()
3
```

Dans un premier temps nous ajoutons du bruit dans la base iris en mettant pour trois colonnes des valeurs supérieures à 1000. L'objectif ici est de montrer que les valeurs sont trop différentes pour obtenir de bons résultats de classification. Nous avons vu (Ingénierie des données) que SVM était très sensible à la standardisation.

In [46]:

```
for i in range (len(iris.data)):
    for j in range (0,2):
        val = iris.data[i][j]
        value = val*1000
        iris.data[i][j]=value
```

Définition de X et de y

```
In [47]:
```

In [48]:

```
validation size=0.3 #30% du jeu de données pour le test
1
2
3
     testsize= 1-validation size
     seed=30
4
5
  X train, X test, y train, y test=train test split(X,
6
                                                        У,
7
                                                        train size=
8
                                                        random state
9
                                                        test size=te
```

Fonction de comptage pour voir combien d'instances sont mal classés après la classification.

In [49]:

```
1
      def cpt mal classes(y test,result):
 2
          nb=0
 3
          for i in range(len(y test)):
 4
              if y test[i] != result [i]:
5
                   nb=nb+1
6
          return nb
7
   def print nb classes (taille,nb):
8
          print ("Taille des données",
9
             taille,
10
             " mal classés",nb)
11
```

Première classification avec SVM. L'objectif ici est de montrer que SVM est très sensible à la standardisation. Il suffit de regarder l'accuracy pour s'en convaincre.

In [50]:

```
1
      clf.fit(X train, y train)
 2
 3
      from sklearn.metrics import accuracy score
 4
5
      result = clf.predict(X test)
      nb=cpt mal classes(y test,result)
6
      taille=len(y test)
7
      print_nb_classes (len(y_test),nb)
8
      print('\n accuracy :', accuracy score(result, y test),'\n'
9
10
```

```
Taille des données 105 mal classés 46 accuracy: 0.5619047619047619
```

Par la suite nous allons donc utiliser MinMaxScaler () pour standardiser les données.

Nous sauvegardons également le jeu de test (X_save=X_test.copy()). L'objectif est de sauvegarder le modèle pour évaluer en le rechargeant si le nombre d'instances bien classées est le même que celui qui a été prédit lors de l'apprentissage.

In [51]:

Standadisation des données et sauvegarde du jeu de test avant le passage par la standardisation. La standardisation a été faite car les valeurs du jeu de données ne permettait pas de pouvoir utiliser le classifieur directement. En sauvegardant le jeu avant la standardisation nous simulons le fait que nous arrivons avec un nouveau jeu de données d'iris.

In [52]:

```
scaler = preprocessing.MinMaxScaler()
X_train = scaler.fit_transform(X_train)
X_save=X_test.copy()
X_test = scaler.fit_transform(X_test)
```

In [53]:

```
clf.fit(X_train, y_train)

result = clf.predict(X_test)

nb=cpt_mal_classes(y_test,result)

taille=len(y_test)

print_nb_classes (len(y_test),nb)

print('\n accuracy :', accuracy_score(result, y_test),'\n'
```

```
Taille des données 105 mal classés 5 accuracy: 0.9523809523809523
```

Sauvegarde du modèle appris

In [54]:

```
print("\nSauvegarde du modèle")
filename = 'firstmodel.pkl'
pickle.dump(clf, open(filename, 'wb'))
```

Sauvegarde du modèle

Ouverture du modèle pour le tester. Ici nous reprenons le jeu de test qui n'a pas eu l'étape de standardisation comme nouvelles données, i.e. nous avons de nouveaux IRIS. Si le modèle est bien appris le nombre d'objets mal classés devrait être le même.

In [55]:

```
print ("Chargement du modèle \n")
1
     filename = 'firstmodel.pkl'
2
3
     clf loaded = pickle.load(open(filename, 'rb'))
4
5
     result=clf loaded.predict(X save)
6
     nb=cpt mal_classes(y_test,result)
7
     taille=len(y_test)
8
     print nb classes (len(y test),nb)
9
```

Chargement du modèle

Taille des données 105 mal classés 72

Nous pouvons constater qu'il y a plus d'objets mal classés. Comme nous avons fait une standardisation dans les étapes précédentes celle là n'a pas pu être faite pour les nouvelles données. La standardisation doit donc être faite pour les nouvelles données mais elle nécessite de pouvoir récupérer les anciennes valeurs pour tout standardiser.

Les pipelines sont donc utiles pour pouvoir tout sauvegarder (l'étape de standardisation et l'application du modèle).

In [56]:

```
pipeline = Pipeline([('vect', preprocessing.MinMaxScaler()
 1
                       ('clf', svm.SVC(gamma='scale')),
 2
 3
                      ])
 4
 5
 6
 7
8
      X=iris.data
9
      y=iris.target
10
11
12
    X train, X test, y train, y test=train test split(X,
13
14
                                                        train size=
15
                                                        random state
                                                        test size=te
16
17
18
      X save=X test.copy()
19
20
      pipeline.fit(X train, y train)
21
22
      result = pipeline.predict(X test)
23
24
      nb=cpt mal classes(y test,result)
      taille=len(y test)
25
      print nb classes (len(y_test),nb)
26
      print('\n accuracy:',accuracy score(result, y test),'\n')
27
28
29
      print("\nSauvegarde du pipeline ")
30
      filename = 'avecscaler.pkl'
31
32
      pickle.dump(pipeline, open(filename, 'wb'))
```

Taille des données 105 mal classés 5 accuracy: 0.9523809523809523

Sauvegarde du pipeline

In [57]:

```
print ("Chargement du modèle \n")
 1
      filename = 'avecscaler.pkl'
 2
 3
      clf loaded = pickle.load(open(filename, 'rb'))
 4
      result=clf_loaded.predict(X_save)
 5
      nb=cpt_mal_classes(y_test,result)
 6
      taille=len(y_test)
 7
      print_nb_classes (len(y_test),nb)
8
 9
10
```

Chargement du modèle

Taille des données 105 mal classés 5

REMARQUE TRES IMPORTANTE:

Attention, si vous testez ce modèle sauvegardé sous ce notebook il fonctionnera. Si, par exemple, vous ouvrez un fichier à part et lancer le code précédent cela fonctionnera, sans doute, encore* * mais

Imaginer que l'on réalise un traitement particulier, via une fonction f () dans nos données, qui soit appelée dans le pipeline :

pipeline = Pipeline([('vect', f()),

Si maintenant vous utilisez dans votre autre notebook ou dans un programme extérieur votre modèle. Alors qu'il fonctionnait bien dans votre notebook précédent, vous verrez afficher un message d'erreur du type : *Can't get attribute 'f'* En fait, pickle sauvegarde une référence à la fonction f. Dans le premier cas, votre notebook initial cette fonction a été définie et donc pickle va pouvoir exécuter le code de cette fonction. Dans l'autre notebook, il va rechercher le code à exécuter et donc ... il ne le trouvera pas.

Il est possible d'utiliser *Drill* qui se comporte exactement de la même manière que *pickle* mais qui lui sauvegarde aussi la fonction. Alors la solution est-elle d'utiliser *Drill*? C'est tout à fait déconseillé. Bien sûr pour votre modèle avec votre fonction il n'y aura pas de problèmes mais souvent on va utiliser des modèles définis par quelqu'un d'autre et pour des raisons de sécurités évidentes (on ne sait pas ce que fait la fonction cachée !!!) ... on évite cette approche. La solution consiste tout simplement à sauvegarder le modèle et les fonctions nécessaires pour son fonctionnement et de faire un import de celles-ci là où le modèle est utilisé.

Une notebook spécifique sera bientôt mis à votre disposition sur ce point.

* * le code fonctionne car dans votre autre notebook il y a de grandes chances que vous importiez des fonctions de scikitlearn et que les traitements réalisés sur nos lris sont réalisées via des fonctions très classiques (noramlisation).

Premières classifications

Le but de ce notebook est de faire des premières classifications. Pour cela nous utilisons le jeu de données IRIS qui est très connu dans la communauté.

Dans un premier temps, nous présentons une première classification pour apprendre à utiliser un classifieur et à prédire une valeur. Les jeux de données d'apprentissage et de de test sont présentés par la suite. Nous présentons ensuite différentes mesures pour évaluer un modèle.

Etant donné qu'il n'est pas possible d'avoir un classifieur universel (NO FREE LUNCH THEOREM), nous verrons comment utiliser différents classifieurs et comment rechercher les meilleurs paramètres d'un classifieur. Enfin nous verrons comment sauvegarder et ré-utiliser un modèle appris.

In [1]:

Le jeu de données IRIS

Nous considérons par la suite le jeu de données des IRIS

In [2]:

	SepalLengthCm	SepalWidthCm	PetalLengthCm	PetalWidthCm	Spec
0	5.1	3.5	1.4	0.2	set
1	4.9	3.0	1.4	0.2	set
2	4.7	3.2	1.3	0.2	set
3	4.6	3.1	1.5	0.2	set
4	5.0	3.6	1.4	0.2	set

Toute première classification

```
, Y ) où X correspond aux variables prédictives et Y le résultat d'une observation, i.e. la variable à prédire. En se basant sur un jeu d'apprentissage, un algorithme de classification supervisée cherche une fonction mathématique F qui permet de transformer (au mieux) X vers Y , i.e. F(X) \approx Y
```

La classification supervisée considère les données sous la forme (X

Convention: les variables prédictives sont celles associées aux objets, généralement stockées sous la forme d'une matrice aussi, par convention, elles sont souvent notées en majuscule (notation d'une matrice). Les variables à prédire sont généralement stockées dans un vecteur et sont souvent notées avec une lettre majuscle (notation d'un vecteur).

Autrement il est tout à fait possible d'utiliser des noms de variables significatives comme data, target.

```
In [3]:
```

Dans scikit-learn, pour apprendre un modèle, un estimateur est créé en appelant sa méthode *fit(X, y)*.

Dans l'exemple qui suit nous utilisons un classifieur naïve Bayes (https://scikit-learn.org/stable/modules/naive_bayes.html) (https://scikit-learn.org/stable/modules/naive_bayes.html)).

```
In [4]:
```

```
Out[4]:
```

GaussianNB(priors=None, var_smoothing=1e-09)

La ligne affichée dans le Out indique les hyperparamètres du classifieur s'ils existent. Il est également possible de les obtenir à l'aide de :

```
In [5]:
```

```
Out[5]:
```

```
{'priors': None, 'var smoothing': 1e-09}
```

Il est alors possible de prédire une valeur non lue à l'aide de la méthode *predict*. Par exemple, nous savons que les valeurs du 5ième IRIS sont 5.0, 3.6, 1.4, 0.2 et qu'il appartient à la classe Iris-setosa.

In [6]:

```
La prédiction du modèle pour [ 5.0, 3.6, 1.4, 0.2 ] est ['Iris-setosa']
```

Test de la prédiction sur les données d'apprentissage.

In [7]:

```
['Iris-setosa' 'Iris-setosa' 'Iris-set
osa' 'Iris-setosa'
 'Iris-setosa' 'Iris-setosa' 'Iris-set
osa' 'Iris-setosa'
 'Iris-setosa' 'Iris-setosa' 'Iris-set
osa' 'Iris-setosa'
 'Iris-setosa' 'Iris-setosa' 'Iris-setosa' 'Iris-set
osa' 'Iris-setosa'
 'Iris-setosa' 'Iris-setosa' 'Iris-setosa' 'Iris-set
osa' 'Iris-setosa'
 'Iris-setosa' 'Iris-setosa' 'Iris-set
osa' 'Iris-setosa'
 'Iris-setosa' 'Iris-setosa' 'Iris-setosa' 'Iris-set
osa' 'Iris-setosa'
 'Iris-setosa' 'Iris-setosa' 'Iris-setosa' 'Iris-set
osa' 'Iris-setosa'
 'Iris-setosa' 'Iris-setosa' 'Iris-set
osa' 'Iris-setosa'
 Iris-setosa' 'Iris-setosa' 'Iris-set
```

Une première évaluation de la qualité de la prédiction peut se faire avec le calcul de l'accuracy (pourcentage de prédictions correctes).

```
In [8]:
accuracy: 0.96
```

Comme nous pouvons le constater, même sur le jeu d'apprentissage il y a des erreurs dans le modèle appris. Pour connaître les objets mal classés :

```
In [9]:
Les objets mal classés sont :
```

```
52
        Iris-versicolor
       Iris-versicolor
70
       Iris-versicolor
77
        Iris-virginica
106
        Iris-virginica
119
        Iris-virginica
133
Name: Species, dtype: object
       70 77 106 119 1331 classé en
                                       ['Iris-virgini
ca' 'Iris-virginica' 'Iris-virginica' 'Iris-versicol
or'
 'Iris-versicolor' 'Iris-versicolor']
```

Jeu d'apprentissage et de test

```
In [10]:
```

En classification, il est indispensable de créer un jeu d'apprentissage sur lequel un modèle est appris et un jeu de test pour évaluer le modèle. La fonction *train_test_split* permet de décomposer le jeu de données en 2 groupes : les données pour l'apprentissage et les données pour les tests.

Le paramètre *train_size* indique la taille du jeu d'apprentissage qui sera utilisé. le paramètre *random_state* spécifie un entier germe du nombre aléatoire pour le tirage. S'il n'est pas spécifié sickit learn utilise un générateur de nombre aléatoire à partir de np.random.

Depuis la version 0.21 il est également nécessaire de préciser la taille du jeu de test_size. De manière classique ce nombre est égal à la différence entre la taille du jeu de données - le test_size (1-test_size). Via cette fonctionnalité sickit learn permet de faire de l'échantillonage sur le jeu d'apprentissage.

Dans notre exemple nous prenons 30% du jeu de données comme jeu de test.

```
In [11]:
```

L'apprentissage du modèle se fait comme précédemment

```
In [12]:
```

```
Out[12]:
```

GaussianNB(priors=None, var_smoothing=1e-09)

De même pour la prédiction

```
In [13]:
```

accuracy: 0.9428571428571428

Le problème essentiel de cette approche est que le modèle est appris sur un seul jeu de données et qu'en fonction de la sélection les résultats peuvent être très différents. La bonne solution consiste à utiliser la **cross validation**. Dans notre cas, nous allons utiliser une 10-fold cross validation pour évaluer la qualité. Le jeu de données sera découpé en 10 partie, entrainé sur 9, testé sur 1 et cela sera répété pour toutes les combinaisons du découpage.

```
In [14]:
```

```
In [15]:
```

L'écart type (standard deviation) est très important car il montre les grandes variations qui peuvent exister par rapport aux jeux de données.

Plus loin sur l'évaluation d'un modèle

L'accuracy (nombre d'objets correctement classés) est la métrique la plus simple pour comprendre le résultat de la classification mais ne tient pas du tout compte de la distribution des données et ne permet pas d'indiquer les erreurs. Par exemple avec des classes très déséquilibrées (1 vs 99), nous pouvons avoir un modèle avec une accuracy de 99% mais lorsque qu'un objet de la classe intervient nous ne pouvons pas le retrouver.

Par la suite, par simplification, nous reprenons une classification réalisée sans cross validation mais le principe est évidemment le même avec cross validation. Nous introduisons la matrice de correlation et les différentes mesures : precision, rappel et F1-score.

```
In [16]:
```

```
accuracy: 0.9428571428571428
```

La matrice de confusion permet de connaître les objets bien ou mal classés. Il suffit d'utiliser la fonction *confusion_matrix*.

```
In [17]:
```

```
matrice de confusion
[[34 0 0]
[ 0 33 5]
[ 0 1 32]]
```

Il est possible d'obtenir plus d'information : *precision*, *recall* et *f1-measure* à l'aide de *classification_report*.

```
In [18]:
```

matrice de confusion [[34 0 0] [0 33 5] [0 1 32]]

1		precision	recall	f1-score	su
pport					
Ir 34	ris-setosa	1.00	1.00	1.00	
Iris-versicolor 38		0.97	0.87	0.92	
Iris-	virginica	0.86	0.97	0.91	
105	micro avg	0.94	0.94	0.94	
105	macro avg	0.95	0.95	0.94	

Rappel:

Considérons une matrice de confusion dans un cas binaire. Par exemple présence de SPAM ou non dans des mails.

N =	PREDIT	PREDIT
115	NON	OUI
REEL	60	10
NON		
REEL	5	40
OUI		

La matrice nous permet de voir qu'il y a deux classes prédites (OUI ou NON). Le classifieur fait un total de 115 prédictions. Sur ces 115 cas, le classifieur a prédit OUI 50 fois et NON 65 fois. En fait 45 documents sont des SPAMS et 70 ne le sont pas.

TP (True positive) : il s'agit des objets qui étaient prédits OUI (il s'agit de SPAM) et qui sont effectivement des SPAM.

TN (True negative) : il s'agit des objets qui étaient prédits NON (il ne s'agit pas de SPAM) et qui effectivement ne sont pas des SPAM.

FP (False positive) : il s'agit des objets qui étaient prédits comme SPAM mais qui en fait n'étaient pas des SPAM.

FN (False negative) : il s'agit des objets qui étaient prédits comme non SPAM qui en fait s'avèrent être des SPAM.

Dans la matrice ci-dessous ces éléments sont reportés :

$$N =$$
 PREDIT PREDIT
115 NON OUI
REEL $TN = 60$ $FP = 10$ 70
NON
REEL $FN = 5$ $TP = 40$ 45
OUI
65 50

L'accuracy correspond au pourcentage de prédiction correcte. Elle est définie par

$$\frac{TP + TN}{TN + FP + FN + TP} = \frac{40 + 60}{60 + 10 + 5 + 40} = 0.86.$$

Le **recall** (ou sensitivity ou True Positive Rate ou rappel) correspond au nombre d' objets pertinents retrouvés par rapport aux nombres d'objets pertinents du jeu de données. Dans notre cas, pour tous les OUI présents combien de fois le OUI a t'il été prédit ?

$$recall = \frac{Nombre\ de\ SPAM\ correctement\ reconnus}{Nombre\ total\ de\ SPAM\ dans\ le\ jeu\ de\ données} = \frac{TP}{FN+TP} = \frac{40}{40+5} = 0.88.$$

La **precision** correspond à la proportion d'objets pertinents parmi les objets sélectionné. Tous les objets retournés non pertinents constituent du bruit.

$$precision = \frac{Nombre\ de\ SPAM\ correctement\ reconnus}{Nombre\ de\ fois\ où\ un\ objet\ a\ été\ prédit\ SPAM} = \frac{TP}{TP+FP} = \frac{40}{40+10} = 0.8.$$

Le f1-score (ou f-measure) est la moyenne harmonique du rappel et de la précision.

$$f1 - score = 2 \times \frac{precision \times recall}{precision + recall} = 2 \times \frac{0.8 \times 0.88}{0.8 + 0.88}.$$

Dans le cas d'une classification multiclasse, à partir de la matrice de confusion, la precision est calculée, pour une colonne *i* , par :

$$precision_i = \frac{M_{ii}}{\sum_i M_{ii}}$$

et le recall par :

$$recall_i = \frac{M_{ii}}{\sum_{j} M_{ij}}$$

Pour la matrice de confusion suivante :

classification_report retourne le résultat suivant :

	precision	recall	fl – $score$	support
Iris – setosa	1.00	1.00	1.00	34
Iris – versicolor	0.97	0.87	0.92	38
Iris – virginica	0.86	0.97	0.91	33
avg/total	0.95	0.94	0.94	105

La precision d'Iris-versicolor est obtenue par :

$$precision_i = \frac{M_{ii}}{\sum_i M_{ii}} = \frac{33}{33+1} = 0.97.$$

Le rappel d'Iris-versicolor est obtenue par :

$$recall_i = \frac{M_{ii}}{\sum_j M_{ij}} = \frac{33}{33+5} = 0.87.$$

La precision d'Iris-virginica est obtenue par :

$$precision_i = \frac{M_{ii}}{\sum_j M_{ji}} = \frac{32}{32+5} = 0.86.$$

Le rappel d'Iris-versicolor est obtenue par :

$$recall_i = \frac{M_{ii}}{\sum_i M_{ii}} = \frac{32}{32+1} = 0.96.$$

Pour connaître les objets mal classés :

In [19]:

```
Les objets mal classés sont :
```

```
52 Iris-versicolor
56 Iris-versicolor
70 Iris-versicolor
77 Iris-versicolor
83 Iris-versicolor
106 Iris-virginica
119 Iris-virginica
Name: Species, dtype: object
```

```
[ 52 56 70 77 83 106 119] classé en ['Iris-vir ginica' 'Iris-virginica' 'I
```

Pour afficher, avec seaborn, la matrice de confusion.

In [20]:

```
<Figure size 1000x600 with 2 Axes>
```

Les métriques peuvent être appelées indépendamment. Par exemple from sklearn.metrics import precision_score print("Precision score: {} ".format(precision_score(y_true,y_pred))) ou à l'aide de la fonction precision_recall_fscore_support

```
In [21]:
```

Remarque : il existe, bien entendu, d'autres mesures pour évaluer un classifieur. Par exemple, la sensiblité, la spécificité, l'air sous la courbe roc (AUC), l'indice de Gini (voir cours).

Utiliser plusieurs classifiers

Comme l'indique le NO FREE LUNCH THEOREM il n'existe pas un classifieur universel et en fonction des données il est souvent nécessaire d'en évaluer plusieurs pour retenir le plus efficace. Le principe est similaire au précédent, il suffit de les mettre dans une structure et de boucler dessus.

```
In [22]:
```

Dans l'exemple, nous utilison LogisticRegression, DecisionTree, KNeighbors, GaussianNB et SVM.

Les paramètres utilisés pour chacune des approches sont ceux par défaut. Pour chaque approche nous faisons une cross validation de 10.

```
In [23]:
```

In [24]:

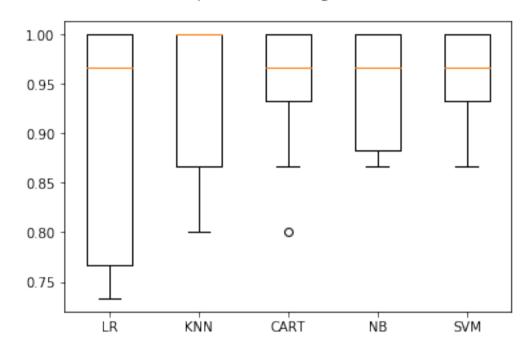
Time pour LR 0.1513993740081787
LR: 0.900000 (0.116428)
Time pour KNN 0.01901412010192871
KNN: 0.933333 (0.084327)
Time pour CART 0.01136636734008789
CART: 0.946667 (0.065320)
Time pour NB 0.018451929092407227
NB: 0.946667 (0.058119)
Time pour SVM 0.012649774551391602
SVM: 0.953333 (0.052068)

```
In [25]:
```

Out[25]:

```
[Text(0, 0, 'LR'),
  Text(0, 0, 'KNN'),
  Text(0, 0, 'CART'),
  Text(0, 0, 'NB'),
  Text(0, 0, 'SVM')]
```

Comparaison des algorithmes



Comme SVM donne des meilleurs résultats, nous pouvons l'utiliser comme modèle de prédiction.

```
In [26]:
```

```
accuracy: 0.9619047619047619
```

```
matrice de confusion
[[34 0 0]
[ 0 34 4]
[ 0 0 33]]
```

	precision	recall	f1-score	su
pport				
Iris-setosa 34	1.00	1.00	1.00	
Iris-versicolor 38	1.00	0.89	0.94	
Iris-virginica 33	0.89	1.00	0.94	

Les hyperparamètres

Dans l'approche précédente nous avons pris les valeurs par défaut pour les différents classifieurs. Cependant en fonction des paramètres du classifieur les résultats peuvent être complétement différents (choix du noyeau SVM, nombre de K dans KNeighbors, etc.). Sikit learn permet de pouvoir faire une recherche exhaustive (grid search) pour trouver les paramètres les plus pertinents pour un classifieur.

```
In [27]:
```

Considérons un arbre de décision. Les principaux paramètres sont le critère pour découper (gini ou entropy), la profondeur maximale de l'arbre, et le nombre d'échantillons par feuille. Il faut, dans un premier temps, initialiser les variables à tester dans un dictionnaire.

Le test de toutes les valeurs se fait à l'aide de la fonction *GridSearchCV*. Ele prend commme paramètre le classifieur, le dictionnaire ds paramètre, le type de scoring, le nombre de crossvalidation.

Quelques paramètres souvent utilisés :

- n_jobs: (par défaut 1) nombre de coeurs à utiliser pour effectuer les calculs, dépend du cpu. Si la machine possède plusieurs coeurs, il est possible d'indiquer de tous les utiliser en mettant n_jobs=-1
- *verbose* : affichage du déroulement des calculs, 0 = silent.
- random_state : si le classifieur utilisé utilise de l'aléatoire, random_state permet de fixer le générateur pour reproduire les résultats.

Un grid search est long à obtenir dans la mesure où il faut essayer l'ensemble des cas. La possibilité de répartir sur plusieurs processeur permet de faire gagner beaucoup de temps.

```
In [28]:
```

```
Out[28]:
```

```
GridSearchCV(cv=5, error score='raise-deprecating',
       estimator=DecisionTreeClassifier(class weight
=None, criterion='gini', max depth=None,
            max features=None, max leaf nodes=None,
            min impurity decrease=0.0, min impurity
split=None,
            min samples leaf=1, min samples split=2,
            min weight fraction leaf=0.0, presort=Fa
lse, random state=None,
            splitter='best'),
       fit params=None, iid=True, n_jobs=-1,
       param_grid={'max_depth': [1, 2, 3, 4, 5, 6, 7
, 8, 9, 10], 'criterion': ['gini', 'entropy'], 'min_
samples_leaf': [1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10]},
       pre dispatch='2*n jobs', refit=True, return t
rain score=True,
       scoring='accuracy', verbose=0)
```

Pour connaître les meilleures conditions :

```
In [29]:
```

Avec KNeighborsClassifier()

```
In [30]:
```

Avec SVM

```
In [31]:
```

```
meilleur score 1.0

meilleurs paramètres {'C': 1, 'gamma': 0.001, 'kerne
l': 'linear'}

meilleur estimateur SVC(C=1, cache_size=200, class_w
eight=None, coef0=0.0,
   decision_function_shape='ovr', degree=3, gamma=0.0
01, kernel='linear',
   max_iter=-1, probability=False, random_state=None,
shrinking=True,
   tol=0.001, verbose=False)
```

Pour voir l'ensemble des évaluations effectuées par GridSearchCV :

	mean_fit_time	mean_score_time	mean_test_score	mean_train_score
0	0.000950	0.000479	0.444444	0.452069
1	0.000517	0.000292	0.444444	0.452069
2	0.000436	0.000277	0.444444	0.452069
3	0.000468	0.000308	0.444444	0.452069
4	0.000377	0.000345	0.44444	0.452069

 $5 \text{ rows} \times 23 \text{ columns}$

L'avantage de GridSearchCV est qu'il va parcourir toutes les conditions et retourner celles qui sont les meilleures pour la ou les mesures de scoring recherchée (dans notre cas nous avons privilégié l'accuracy). Cela est très pratique mais est malheureusement impossible dans certains cas car beaucoup trop long à mettre en place. Une solution possible est d'utiliser *RandomizedSearchCV* qui parcourt de manière aléatoire l'espace de recherche. Il suffit dans ce cas de spécifier des tirages aléatoires pour les valeurs possibles des paramètres et de préciser le nombre d'itérations voulues. Le second usage de *RandomizedSearchCV* est, lorsque l'on n'a pas une très bonne idée de ce que cela peut donner ou des paramètres à utiliser de faire appel à lui pour avoir des valeurs qui peuvent être significatives et de faire suivre à partir de ces valeurs une recherche via *GridSearchCV*.

```
In [33]:
```

mean_fit_time mean_score_time mean_test_score mean_train_score param_criterion

Gridsearch et plusieurs classifieurs

Il est tout à fait possible d'utiliser Gridsearch avec plusieurs classifieurs. Il suffit pour cela d'initaliser les classifiers dans un biblitothèse et faire de même pour les paramètres.

```
In [35]:
Le meilleur resultat :
Classifier: KNeighborsClassifier score 1.00 avec
KNeighborsClassifier(algorithm='auto', leaf size=30,
metric='minkowski',
          metric_params=None, n_jobs=None, n_neighb
ors=1, p=2,
           weights='uniform')
Tous les résultats :
Classifier: KNeighborsClassifier score 1.00 avec
KNeighborsClassifier(algorithm='auto', leaf size=30,
metric='minkowski',
           metric params=None, n jobs=None, n neighb
ors=1, p=2,
           weights='uniform')
Classifier: SVC score 1.00 avec SVC(C=1, cache_
```

Les pipelines

In [34]:

Il peut arriver que différentes combinaisons de pré-traitements puissent être utilisées. Par exemple il est possible d'utiliser du changement d'échelle, du PCA (projection sur un nombre différent de dimensions), de faire du remplacement de valeurs manquantes ...

L'objectif du pipeline est de pouvoir regrouper l'ensemble de ces prétraitements et de pouvoir les faire suivre par le classifier. Le principe consiste à d'abord mettre la chaîne de pré-traitement, d'ensuite mettre le classifier et d'utiliser directement le pipeline.

Attention les pipelines sont très importants lorsque l'on sauvegarde un modèle. En effet comme ils prennent en compte les pré-traitements tout est sauvegardé. Cela veut dire que dans le cas de nouvelles données à évaluer avec un modèle lors de la prédiction les données seront automatiquement transformées. (Voir partie utiliser de nouvelles données plus bas).

L'exemple suivant illustre un pipeline où un standard scaling est réalisé puis un PCA et enfin un DecisionTree est appliqué.

In [36]:

Création du pipeline

accuracy: 0.9142857142857143

Il est possible d'utiliser GridSearch pour chercher les meilleures valeurs dans un prétraitement.

```
In [37]:
```

```
Création du pipeline
meilleur score 0.95555555555556
meilleurs paramètres { 'pca n components': 2}
meilleur estimateur Pipeline(memory=None,
     steps=[('pca', PCA(copy=True, iterated power='a
uto', n components=2, random state=None,
  svd solver='auto', tol=0.0, whiten=False)), ('clf'
, DecisionTreeClassifier(class weight=None, criterio
n='gini', max depth=None,
            max features=None, max leaf nodes=None,
            min impurity decrease=0.0, min impurity
split=None,
            min samples leaf=1, min samples split=2,
            min weight fraction leaf=0.0, presort=Fa
lse, random state=42,
            splitter='best'))])
```

Ou bien de faire les deux en même temps.

```
meilleur score
                0.95555555555556
meilleurs paramètres {'pca__n_components': 2}
meilleur estimateur Pipeline(memory=None,
     steps=[('pca', PCA(copy=True, iterated power='a
uto', n components=2, random state=None,
  svd solver='auto', tol=0.0, whiten=False)), ('clf'
, DecisionTreeClassifier(class weight=None, criterio
n='gini', max depth=None,
            max features=None, max leaf nodes=None,
            min impurity decrease=0.0, min impurity
split=None,
            min samples leaf=1, min samples split=2,
            min weight fraction leaf=0.0, presort=Fa
lse, random state=None,
            splitter='best'))])
```

Sauvegarder le modèle appris

Une fois un modèle appris il est possible de le sauvegarder pour pouvoir lui appliquer d'autres données à prédire. Deux librairies existent : **pickle** et **joblib**.

Pickle est la librairie Python standard pour sérialiser-désérialiser des objets. standard Python tool for object (de)serialization. Joblib propose également de sérialiser-désérialiser des objets lorsque ceux-ci sont très volumineux.

Le choix des deux dépend des usages.

```
In [39]:
```

In [38]:

```
Out[39]:
```

GaussianNB(priors=None, var_smoothing=1e-09)

pickle

Pour sérialiser et sauvegarder le modèle appris :

```
In [40]:
Pour utiliser le modèle sauvegardé :
In [41]:
Modèle chargé GaussianNB(priors=None, var smoothing=
1e-09)
 accuracy:
0.9428571428571428
matrice de confusion
 [[34 0 0]
 [ 0 33 5]
 [ 0 1 32]]
                  precision
                               recall f1-score
                                                  su
pport
    Iris-setosa 1.00
                              1.00
                                         1.00
```

joblib

34

Pour sérialiser et sauvegarder le modèle appris :

```
In [42]:
```

```
Out[42]:
['job_modelNB.sav']
```

+--:------

Pour utiliser le modèle sauvegardé :

```
GaussianNB(priors=None, var_smoothing=1e-09)
accuracy:
0.9428571428571428
```

In [43]:

Utiliser de nouvelles données

A partir d'un modèle sauvegardé, il est donc possible d'appliquer la fonction predict pour connaître la prédiction du modèle.

Dans le cas de nouvelles données il faut faire attention car des pré-traitements ont sans doute été effectués avec les données initiales (changement d'échelle, normalisation, etc) et une matrice a été obtenue pour apprendre un modèle.

Il est impératif que les nouvelles données suivent le même traitement. Nous présentons par la suite un exemple d'utilisation à l'aide des données IRIS. Cette foisci nous utilisons iris qui est disponible directement dans scikit learn.

```
In [44]:
```

Lecture de la base iris et utilisation de SVM comme classifieur

```
In [45]:
```

Dans un premier temps nous ajoutons du bruit dans la base iris en mettant pour trois colonnes des valeurs supérieures à 1000. L'objectif ici est de montrer que les valeurs sont trop différentes pour obtenir de bons résultats de classification. Nous avons vu (Ingénierie des données) que SVM était très sensible à la standardisation.

```
In [46]:
```

Définition de X et de y

```
In [48]:
```

Fonction de comptage pour voir combien d'instances sont mal classés après la classification.

```
In [49]:
```

In [47]:

Première classification avec SVM. L'objectif ici est de montrer que SVM est très sensible à la standardisation. Il suffit de regarder l'accuracy pour s'en convaincre.

```
In [50]:
```

```
Taille des données 105 mal classés 46
```

```
accuracy : 0.5619047619047619
```

Par la suite nous allons donc utiliser MinMaxScaler () pour standardiser les données.

Nous sauvegardons également le jeu de test (X_save=X_test.copy()). L'objectif est de sauvegarder le modèle pour évaluer en le rechargeant si le nombre d'instances bien classées est le même que celui qui a été prédit lors de l'apprentissage.

```
In [51]:
```

Standadisation des données et sauvegarde du jeu de test avant le passage par la standardisation. La standardisation a été faite car les valeurs du jeu de données ne permettait pas de pouvoir utiliser le classifieur directement. En sauvegardant le jeu avant la standardisation nous simulons le fait que nous arrivons avec un nouveau jeu de données d'iris.

```
In [52]:
```

```
In [53]:
```

Taille des données 105 mal classés 5

accuracy: 0.9523809523809523

Sauvegarde du modèle appris

```
In [54]:
```

Sauvegarde du modèle

Ouverture du modèle pour le tester. Ici nous reprenons le jeu de test qui n'a pas eu l'étape de standardisation comme nouvelles données, i.e. nous avons de nouveaux IRIS. Si le modèle est bien appris le nombre d'objets mal classés devrait être le même.

In [55]:

Chargement du modèle

Taille des données 105 mal classés 72

Nous pouvons constater qu'il y a plus d'objets mal classés. Comme nous avons fait une standardisation dans les étapes précédentes celle là n'a pas pu être faite pour les nouvelles données. La standardisation doit donc être faite pour les nouvelles données mais elle nécessite de pouvoir récupérer les anciennes valeurs pour tout standardiser.

Les pipelines sont donc utiles pour pouvoir tout sauvegarder (l'étape de standardisation et l'application du modèle).

```
In [56]:
```

Taille des données 105 mal classés 5

accuracy: 0.9523809523809523

Sauvegarde du pipeline

In [57]:

Chargement du modèle

Taille des données 105 mal classés 5

REMARQUE TRES IMPORTANTE:

Attention, si vous testez ce modèle sauvegardé sous ce notebook il fonctionnera. Si, par exemple, vous ouvrez un fichier à part et lancer le code précédent cela fonctionnera, sans doute, encore * mais

Imaginer que l'on réalise un traitement particulier, via une fonction f () dans nos données, qui soit appelée dans le pipeline :

pipeline = Pipeline([('vect', f()),

Si maintenant vous utilisez dans votre autre notebook ou dans un programme extérieur votre modèle. Alors qu'il fonctionnait bien dans votre notebook précédent, vous verrez afficher un message d'erreur du type : *Can't get attribute 'f'* En fait, pickle sauvegarde une référence à la fonction f. Dans le premier cas, votre notebook initial cette fonction a été définie et donc pickle va pouvoir exécuter le code de cette fonction. Dans l'autre notebook, il va rechercher le code à exécuter et donc ... il ne le trouvera pas.

Il est possible d'utiliser *Drill* qui se comporte exactement de la même manière que *pickle* mais qui lui sauvegarde aussi la fonction. Alors la solution est-elle d'utiliser *Drill*? C'est tout à fait déconseillé. Bien sûr pour votre modèle avec votre fonction il n'y aura pas de problèmes mais souvent on va utiliser des modèles définis par quelqu'un d'autre et pour des raisons de sécurités évidentes (on ne sait pas ce que fait la fonction cachée !!!) ... on évite cette approche. La solution consiste tout simplement à sauvegarder le modèle et les fonctions nécessaires pour son fonctionnement et de faire un import de celles-ci là où le modèle est utilisé.

Une notebook spécifique sera bientôt mis à votre disposition sur ce point.

* le code fonctionne car dans votre autre notebook il y a de grandes chances que vous importiez des fonctions de scikitlearn et que les traitements réalisés sur nos Iris sont via des fonctions très classiques.