CSI 4506 Introduction à l'intelligence artificielle Devoir 2: apprentissage automatique

### Identification

Nom: Youssef Chouay Numéro d'étudiant : 300162426

# Exploration des données

```
import pandas as pd
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
import seaborn as sns
```

1. Charger le jeu de données et fournir un résumé de sa structure :

Décrivez les attributs (colonnes), leurs types de données et la variable cible.

```
dataset = pd.read_csv("https://raw.githubusercontent.com/turcotte/csi4106-f24/
refs/heads/main/assignments-data/a2/diabetes_prediction_dataset.csv")
print(dataset.dtypes)
print(dataset.head())
```

```
gender
                     object
age
                     float64
hypertension
                     int64
heart disease
                      int64
                     object
smoking history
bmi
                     float64
HbA1c level
                     float64
blood glucose level
                     int64
diabetes
                      int64
dtype: object
  gender age hypertension heart_disease smoking_history
                                                          bmi \
0 Female 80.0
                         0
                                      1
                                                 never 25.19
1 Female 54.0
                         0
                                       0
                                                No Info 27.32
                         0
                                     0
  Male 28.0
                                                never 27.32
3 Female 36.0
                         0
                                      0
                                                current 23.45
  Male 76.0
                         1
                                                current 20.14
  HbA1c_level blood_glucose_level diabetes
0
          6.6
                             140
                                        0
1
          6.6
                             80
2
          5.7
                                        0
                             158
3
          5.0
                             155
                                        0
4
          4.8
                             155
```

On remarque que le jeu de données contient 9 colonnes, dont 8 sont des attributs et 1 est la variable cible. Les attributs sont majoritairement de type numérique (age, bmi, HbAlc level,

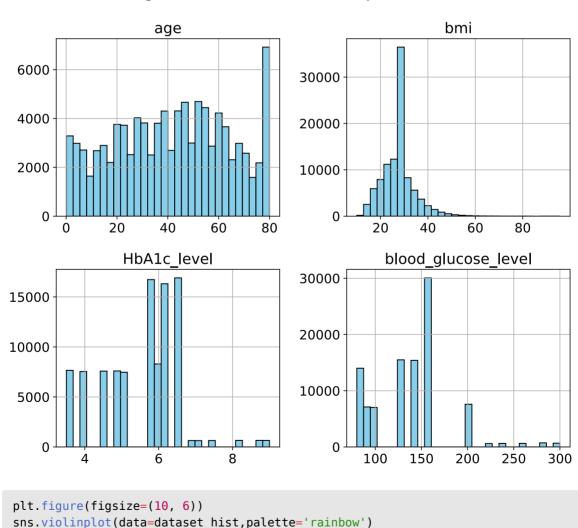
blood\_glucose\_level) ou binaire (hypertension, heart\_disease), avec quelques variables de type catégorique (gender, smoking\_history). La variable cible diabetes est de type binaire (0 ou 1).

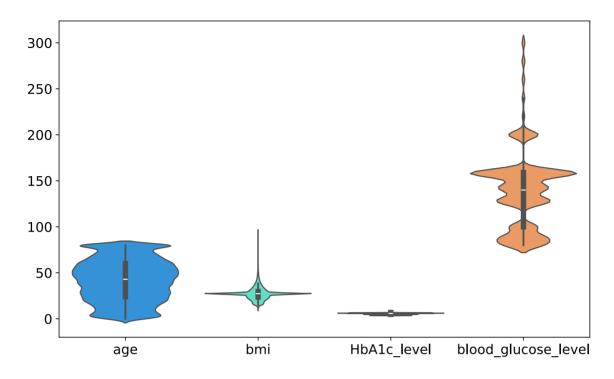
#### 2. Analyse de la distribution des attributs :

Examinez la distribution de chaque attribut à l'aide de visualisations appropriées telles que des histogrammes et des boxplots. Discutez des informations obtenues, y compris la présence de valeurs aberrantes.

```
dataset_hist = dataset[['age', 'bmi', 'HbA1c_level', 'blood_glucose_level']]
dataset_hist.hist(bins=30, color='skyblue', edgecolor='black', figsize=(10, 8))
plt.suptitle('Histogrammes des valeurs numériques (non binaires)', fontsize=16)
plt.show()
```

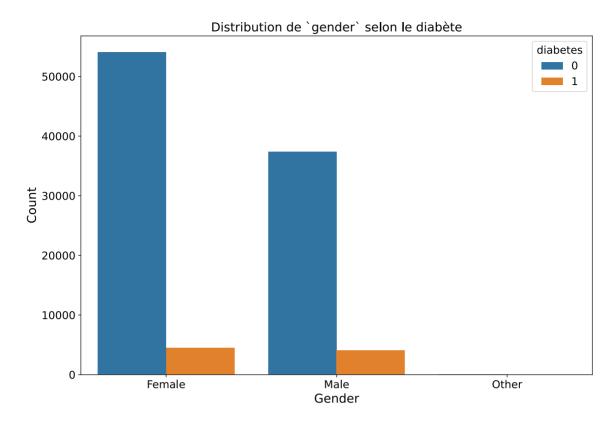
### Histogrammes des valeurs numériques (non binaires)

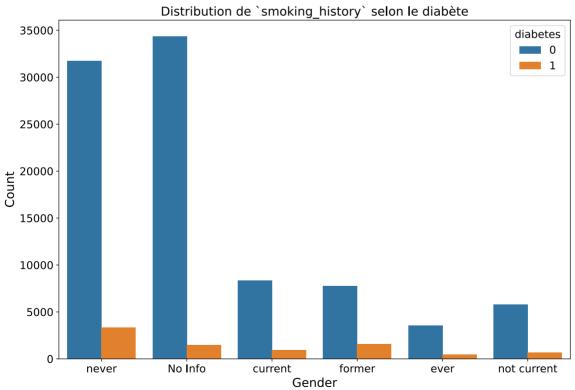




```
plt.figure(figsize=(12, 8))
sns.countplot(x='gender', hue='diabetes', data=dataset)
plt.title('Distribution de `gender` selon le diabète')
plt.xlabel('Gender')
plt.ylabel('Count')
plt.show()

plt.figure(figsize=(12, 8))
sns.countplot(x='smoking_history', hue='diabetes', data=dataset)
plt.title('Distribution de `smoking_history` selon le diabète')
plt.xlabel('Gender')
plt.ylabel('Count')
plt.show()
```





```
def detect_outliers(df):
    outliers = pd.DataFrame(columns=df.columns)
    outlier_columns = []
    for column in df.columns:
        01 = df[column].quantile(0.25)
        03 = df[column].quantile(0.75)
        IQR = Q3 - Q1
        lower_bound = Q1 - 1.5 * IQR
        upper_bound = Q3 + 1.5 * IQR
        outliers_in_column = df[(df[column] < lower_bound) | (df[column] > upper_bound)].copy()
        outliers_in_column['Outlier_Column'] = column
        outliers = pd.concat([outliers, outliers_in_column])
        return outliers
```

```
import warnings
warnings.simplefilter(action='ignore', category=FutureWarning)
outliers = detect_outliers(dataset_hist)
# outliers = outliers.drop_duplicates()
print("Nombre de valeurs aberrantes detectées :", len(outliers))
print("Pourcentage de valeurs aberrantes par rapport au dataset :",
len(outliers) / len(numeric_dataset) * 100)
outliers_by_column = outliers['Outlier_Column'].value_counts()
print("Nombre de valeurs aberrantes par colonne :")
for column, count in outliers_by_column.items():
    print(f"{column} : {count}")
```

```
Nombre de valeurs aberrantes detectées : 10439
Pourcentage de valeurs aberrantes par rapport au dataset : 10.439
Nombre de valeurs aberrantes par colonne :
bmi : 7086
blood_glucose_level : 2038
HbA1c_level : 1315
```

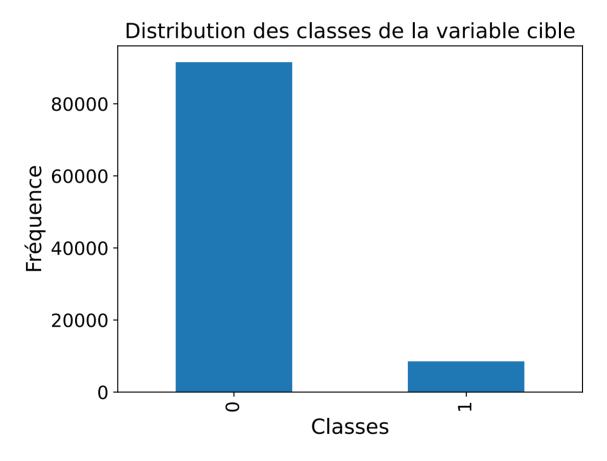
On remarque que les attributs age et bmi sont distribués de manière relativement normale, avec quelques valeurs aberrantes. Les attributs hypertension et heart\_disease sont binaires, donc leur distribution est plus simple. Les attributs HbA1c\_level et blood\_glucose\_level sont distribués de manière plus complexe, avec des valeurs aberrantes et une distribution asymétrique. Les attributs gender et smoking\_history sont catégoriques, donc leur distribution est également simple. Les valeurs aberrantes en général sont vraiment presentes (~ 10% des données) et peuvent affecter la performance du modèle.

#### 3. Distribution de la variable cible :

Analysez la distribution de la variable cible pour identifier les déséquilibres de classes. Utilisez des diagrammes en barres pour visualiser les fréquences des classes.

```
distribution = dataset['diabetes'].value_counts()
print(distribution)
distribution.plot(kind='bar')
plt.title('Distribution des classes de la variable cible')
plt.xlabel('Classes')
plt.ylabel('Fréquence')
plt.show()
```

```
diabetes
0 91500
1 8500
Name: count, dtype: int64
```



On remarque une disparité entre les classes de la variable cible diabetes, avec une majorité de patients non diabétiques (classe 0) par rapport aux patients diabétiques (classe 1). Ce déséquilibre de classes peut affecter la performance du modèle, comme aussi, il pourrait refleter un biais dans les données qui provient de la vraie distribution des patients diabétiques dans la population.

#### 4. Fractionnement des données :

Divisez le jeu de données en ensembles d'entraînement (80 %) et de test (20 %) en utilisant la méthode du holdout.

Assurez-vous que ce fractionnement intervient avant tout prétraitement afin d'éviter les fuites de données.

```
from sklearn.model_selection import train_test_split
train_set, test_set = train_test_split(dataset, test_size=0.2, random_state=42)
print(f"Training set size: {len(train_set)}")
print(f"Testing set size: {len(test_set)}")
```

```
Training set size: 80000
Testing set size: 20000
```

#### Prétraitement des données

5. Encodage des variables catégoriques :

Encodez les variables catégoriques. Justifiez la méthode choisie.

```
from sklearn.preprocessing import LabelEncoder
from sklearn.preprocessing import OneHotEncoder
label encoder = LabelEncoder()
# Encodage pour le jeu d'entraînement
train_set['gender'] = label_encoder.fit_transform(train_set['gender'])
# Encodage pour le jeu de test
test set['gender'] = label encoder.transform(test set['gender'])
onehot encoder = OneHotEncoder(sparse output=False)
# Encodage pour le jeu d'entraînement
smoking history encoded
onehot encoder.fit transform(train set[['smoking history']])
smoking history encoded df = pd.DataFrame(smoking history encoded,
columns=onehot_encoder.get_feature_names_out(['smoking_history']))
                         pd.concat([train set.reset index(drop=True),
train set
                =
smoking history encoded df.reset index(drop=True)], axis=1)
train_set.drop('smoking_history', axis=1, inplace=True)
# Encodage pour le jeu de test
smoking history encoded
onehot encoder.transform(test set[['smoking history']])
smoking_history_encoded_df = pd.DataFrame(smoking_history_encoded,
columns=onehot encoder.get feature names out(['smoking history']))
                         pd.concat([test set.reset index(drop=True),
test set
smoking history encoded df.reset index(drop=True)], axis=1)
test_set.drop('smoking_history', axis=1, inplace=True)
```

Pour l'encodage des variables categoriques, j'ai choisi d'utiliser l'encodage one-hot pour la variable smoking\_history, car il est plus adapté pour les variables catégoriques avec plus de deux catégories. Cela permet de transformer les variables catégoriques en plusieurs variables binaires, ce qui facilite l'entrainement du modèle. Quant à la variable gender, j'ai choisi d'utiliser un encodage binaire (0 ou 1) car elle contient seulement deux catégories.

### 6. Normalisation/Standardisation des attributs numériques :

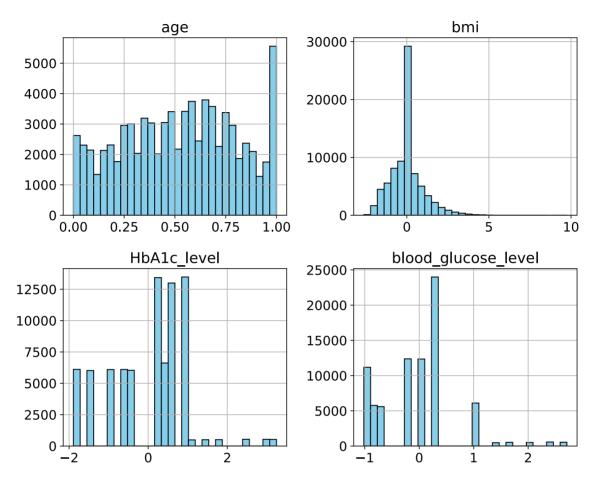
Normalisez ou standardisez les attributs numériques si nécessaire. Décrivez la technique utilisée (par exemple, le scaling Min-Max, StandardScaler) et expliquez pourquoi elle est appropriée pour ce jeu de données.

Assurez-vous que cette technique est appliquée uniquement aux données d'entraînement, avec la même transformation appliquée ensuite aux données de test sans nouvel ajustement.

```
# Linear scaling for `age`
from sklearn.preprocessing import MinMaxScaler
scaler = MinMaxScaler()
train_set['age'] = scaler.fit_transform(train_set[['age']])
test set['age'] = scaler.transform(test set[['age']])
# Standard scaling for `bmi`
from sklearn.preprocessing import StandardScaler
scaler = StandardScaler()
train set['bmi'] = scaler.fit transform(train set[['bmi']])
test set['bmi'] = scaler.transform(test set[['bmi']])
# Standard scaling for `HbA1c level`
scaler = StandardScaler()
train set['HbA1c level'] = scaler.fit transform(train set[['HbA1c level']])
test set['HbA1c level'] = scaler.transform(test set[['HbA1c level']])
# Robust scaling for `blood_glucose_level`
from sklearn.preprocessing import RobustScaler
scaler = RobustScaler()
train set['blood glucose level']
scaler.fit_transform(train_set[['blood_glucose_level']])
test set['blood glucose level']
scaler.transform(test_set[['blood_glucose_level']])
```

```
train_set_hist = train_set[['age', 'bmi', 'HbAlc_level', 'blood_glucose_level']]
train_set_hist.hist(bins=30, color='skyblue', edgecolor='black', figsize=(10,
8))
plt.suptitle('Histogrammes Après Standardisation', fontsize=16)
plt.show()
```

### Histogrammes Après Standardisation



Pour normaliser les attributs numériques, j'ai utilisé le scaling Min-Max pour la variable age, cette technique est appropriée pour cette variable car elle est plutôt distribuée de manière équivalente. Pour les variables bmi et HbA1c\_level, j'ai utilisé le StandardScaler, car ces variables sont distribuées de manière plus normale. Pour la variable blood\_glucose\_level, j'ai utilisé le RobustScaler, car elle contient plus de valeurs aberrantes.

# Développement et évaluation des modèles

#### 7. Développement des modèles :

Implémentez les modèles d'apprentissage automatique abordés en classe : arbres de décision, K-Nearest Neighbors (KNN) et régression logistique. Utilisez les paramètres par défaut de scikit-learn comme base pour entraîner chaque modèle.

```
from sklearn.tree import DecisionTreeClassifier
from sklearn.neighbors import KNeighborsClassifier
from sklearn.linear_model import LogisticRegression
```

```
from sklearn.metrics import accuracy_score, precision_score, recall_score,
fl_score
# Séparation des variables explicatives et de la variable cible
X_train = train_set.drop('diabetes', axis=1)
y_train = train_set['diabetes']
X_test = test_set.drop('diabetes', axis=1)
y_test = test_set['diabetes']

# Decision Tree
dt_model = DecisionTreeClassifier(random_state=42)
# K-Nearest Neighbors
knn_model = KNeighborsClassifier()
# Logistic Regression
lr_model = LogisticRegression(max_iter=1000, random_state=42)
```

#### 8. Évaluation des modèles :

Utilisez la validation croisée pour évaluer chaque modèle, en justifiant votre choix du nombre de plis.

Évaluez les modèles à l'aide de métriques telles que la précision, le rappel et le score F1.

```
from sklearn.model_selection import cross_val_predict
from sklearn.metrics import precision_score, recall_score, f1_score
models = [dt_model, knn_model, lr_model]
model_names = ['Arbre de Décision', 'K-Nearest Neighbors', 'Régression
Logistique']
for model in models:
    y_pred = cross_val_predict(model, X_train, y_train, cv=5)
    accuracy = accuracy_score(y_train, y_pred)
    precision = precision_score(y_train, y_pred)
    recall = recall_score(y_train, y_pred)
    f1 = f1_score(y_train, y_pred)
    print(f"Model: {model_names[models.index(model)]}")
    print(f"| Métriques:")
    print(f"| Précision: {accuracy}")
    print(f"| Exactitude: {precision}")
    print(f"| Rappel: {recall}")
    print(f"| F1 Score: {f1}")
```

# Optimisation des hyperparamètres

#### 9. Exploration et évaluation des performances :

Étudiez l'impact de la variation des valeurs des hyperparamètres sur les performances de chaque modèle.

- Concentrez-vous sur les hyperparamètres pertinents suivants pour chaque modèle :
  - ▶ DecisionTreeClassifier : criterion et max depth.
  - ▶ LogisticRegression : penalty, max\_iter, et tol.
  - ► KNeighborsClassifier: n\_neighbors et weights.
- Employez une stratégie de recherche en grille ou utilisez les méthodes intégrées de scikit-learn pour évaluer exhaustivement toutes les combinaisons des valeurs d'hyperparamètres. La validation croisée doit être utilisée pour évaluer chaque combinaison.
- Quantifiez les performances de chaque configuration d'hyperparamètres en utilisant des métriques telles que la précision, le rappel et le score F1.
- Affichez les résultats dans un format tabulaire ou graphique (par exemple, graphiques en ligne, diagrammes en barres) pour démontrer efficacement l'influence des variations des hyperparamètres sur les performances du modèle.
- Spécifiez les valeurs par défaut de chaque hyperparamètre testé.
- Analysez les résultats et offrez des perspectives sur les configurations d'hyperparamètres ayant obtenu les meilleures performances pour chaque modèle.

```
from sklearn.model_selection import GridSearchCV
from sklearn.metrics import make_scorer
# Modèles
models = {
    'DecisionTree': DecisionTreeClassifier(),
    'LogisticRegression': LogisticRegression(),
    'KNeighbors': KNeighborsClassifier()
}
# Hyperparamètres à tester
param_grid = {
```

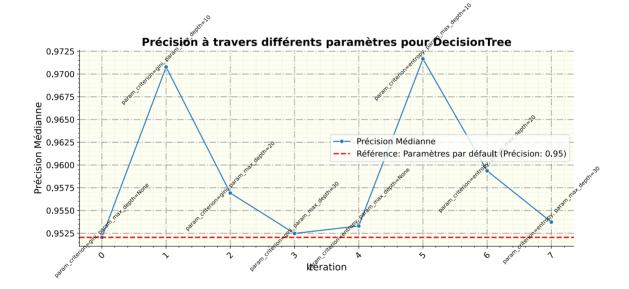
```
'DecisionTree': {
        'criterion': ['gini', 'entropy'], # Par défaut: gini
        'max_depth': [None, 10, 20, 30] # Par défaut: None
    },
    'LogisticRegression': {
        'max_iter': [100, 200],  # Par défaut: l2
'tol': [10 4 1
                                       # Par défaut: 100
        'tol': [1e-4, 1e-3, 1e-2]
                                         # Par défaut: 1e-4
   },
    'KNeighbors': {
        'n neighbors': [3, 5, 7],
                                  # Par défaut: 5
        'weights': ['uniform', 'distance'] # Par défaut: uniform
   }
}
# Définir les métriques de performance
    'precision': make scorer(precision score, average='weighted'),
    'recall': make scorer(recall score, average='weighted'),
    'f1': make_scorer(f1_score, average='weighted')
}
```

```
%matplotlib inline
import matplotlib inline
matplotlib inline.backend inline.set matplotlib formats('svg')
default_params = {
    'DecisionTree': {
        'criterion': 'gini',
        'max depth': None
    },
    'LogisticRegression': {
        'penalty': 'l2',
        'max_iter': 100,
        'tol': 1e-4
    },
    'KNeighbors': {
        'n_neighbors': 5,
        'weights': 'uniform'
   }
}
def display_performance(grid_search, model_name):
    # 1. Convert grid search results into a DataFrame
    results df = pd.DataFrame(grid search.cv results )
    # 2. Find the row corresponding to the default parameters
    default params row = results df[
        results_df['params'] == default_params[model_name]
```

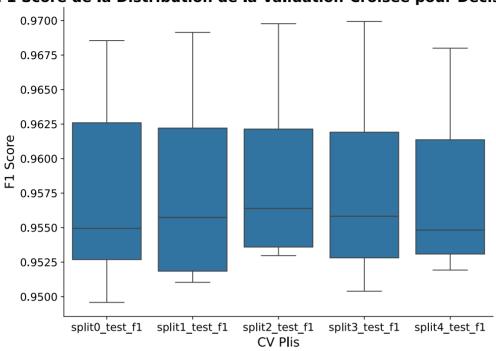
```
l.index[0]
   # 3. Extract the performance of the default parameters
   baseline_score = results_df.loc[default_params_row, 'mean_test_precision']
   # 4. Create a line plot for mean precision across different parameter settings
   plt.figure(figsize=(12, 6))
   if 'mean test precision' in results df.columns:
                           sns.lineplot(data=results df,
                                                           x=results df.index,
y='mean test precision', marker='o', label='Précision Médianne')
        for idx, row in results df.iterrows():
               param_string = ', '.join([f"{param}={row[param]}" for param in
results_df.columns if param.startswith('param_')])
          # plt.text(idx, row['mean test precision'], param string, fontsize=8,
ha='center', va='center', rotation=45)
                plt.annotate(param string, (idx, row['mean test precision']),
textcoords="offset points", xytext=(0,10), ha='center', fontsize=8, va='center',
rotation=45)
         plt.axhline(baseline score, color='red', linestyle='--', linewidth=2,
label=f'Référence: Paramètres par défault (Précision: {baseline score:.2f})')
      plt.title(f'Précision à travers différents paramètres pour {model name}',
fontsize=16, fontweight='bold')
        plt.xlabel('Itération', fontsize=14)
        plt.ylabel('Précision Médianne', fontsize=14)
        plt.xticks(rotation=45, fontsize=12)
        plt.yticks(fontsize=12)
        plt.minorticks on()
        plt.grid(True, which='minor', color='beige', alpha=0.8, ls='-', lw=1)
                    plt.grid(True, which='major', color='gray', alpha=0.6,
linestyle='dashdot', lw=1.5)
       # Background color
       plt.gca().set facecolor('#FEFFF4')
        plt.gca().spines['top'].set visible(False)
        plt.gca().spines['right'].set_visible(False)
        plt.legend(fontsize=12)
       plt.tight layout()
       plt.show()
       print(f"Pas de moyenne pour {model name}.")
   # 5. Create a boxplot for F1 score distribution across splits
```

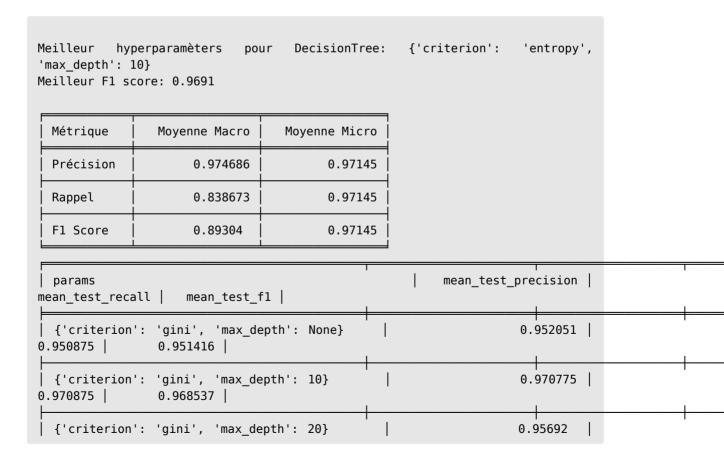
```
score columns = [col for col in results df.columns if 'split' in col and
'test f1' in coll
   if score_columns:
                  results melted = results df.melt(value vars=score columns,
var_name='Split', value_name='F1 Score')
        plt.figure(figsize=(8, 6))
       sns.boxplot(x='Split', y='F1 Score', data=results_melted)
        plt.title(f'F1 Score de la Distribution de la Validation-Croisée pour
{model name}', fontsize=16, fontweight='bold')
        plt.xlabel('CV Plis', fontsize=14)
        plt.ylabel('F1 Score', fontsize=14)
        plt.xticks(fontsize=12)
       plt.yticks(fontsize=12)
       plt.gca().spines['top'].set visible(False)
       plt.gca().spines['right'].set visible(False)
       plt.tight layout()
       plt.show()
   else:
       print(f"Pas de validation croisée pour {model name}.")
```

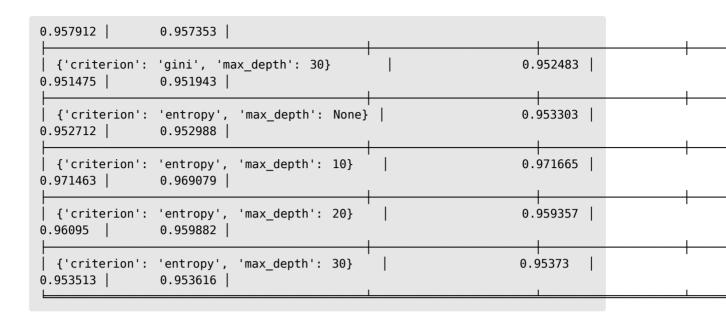
```
from tabulate import tabulate
from sklearn.metrics import precision score, recall score, f1 score
def display results(grid search, model name):
   best params = grid search.best params
   best score = grid search.best score
   print(f"\nMeilleur hyperparamèters pour {model name}: {best params}")
   print(f"Meilleur F1 score: {best_score:.4f}\n")
   y_pred = cross_val_predict(grid_search.best_estimator_, X_train, y_train,
cv=5)
   macro_precision = precision_score(y_train, y_pred, average='macro')
   macro_recall = recall_score(y_train, y_pred, average='macro')
   macro f1 = f1 score(y train, y pred, average='macro')
   micro_precision = precision_score(y_train, y_pred, average='micro')
   micro_recall = recall_score(y_train, y_pred, average='micro')
   micro_f1 = f1_score(y_train, y_pred, average='micro')
   comparison_df = pd.DataFrame({
      'Métrique': ['Précision', 'Rappel', 'F1 Score'],
      'Moyenne Macro': [macro_precision, macro_recall, macro_f1],
      'Moyenne Micro': [micro precision, micro recall, micro f1]
   })
       print(tabulate(comparison df, headers='keys', tablefmt='fancy grid',
showindex=False))
```

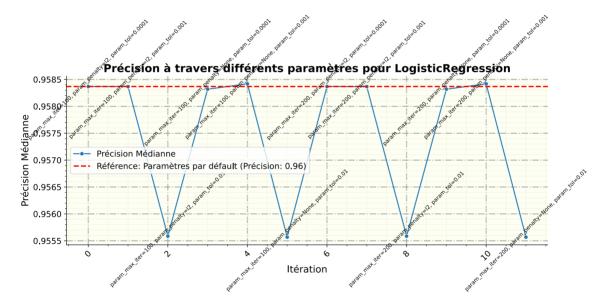


### F1 Score de la Distribution de la Validation-Croisée pour DecisionTree

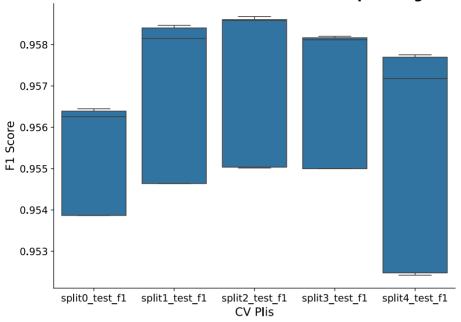








## F1 Score de la Distribution de la Validation-Croisée pour LogisticRegression



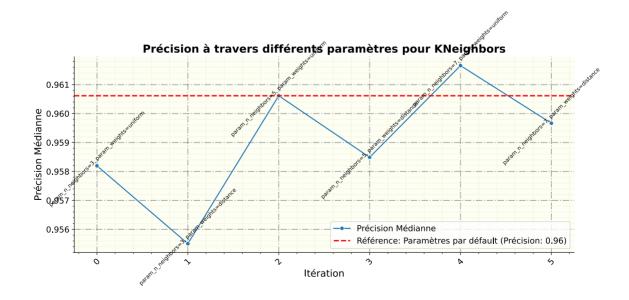
Meilleur hyperparamèters pour LogisticRegression: {'max\_iter': 100, 'penalty': None, 'tol': 0.001}

Meilleur F1 score: 0.9579

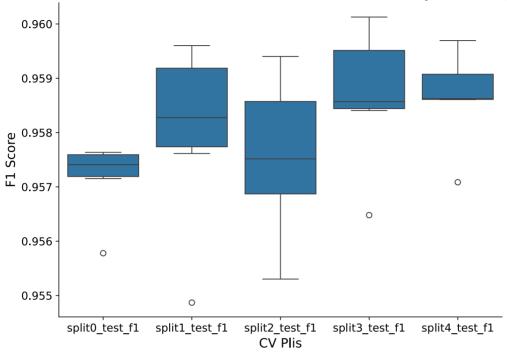
Métrique	Moyenne Macro	Moyenne Micro	
Précision	0.917273	0.960688	
	0.812289	0.960688	
Rappel 	0.012209	0.90000	
F1 Score	0.855574	0.960688	

params   mean_test_recall   mean_test_f1	mean_test_precision
{'max_iter': 100, 'penalty': 'l2', 'tol': 0.0001}   0.960625   0.957727	0.958369
{'max_iter': 100, 'penalty': 'l2', 'tol': 0.001}   0.960638   0.957786	0.958367
{'max_iter': 100, 'penalty': 'l2', 'tol': 0.01}   0.958	0.955587

{'max_iter': 100, 'penalty': None, 'tol': 0.0001}   0.960588   0.957704	0.958319
{'max_iter': 100, 'penalty': None, 'tol': 0.001}   0.960688   0.957862	0.958419
{'max_iter': 100, 'penalty': None, 'tol': 0.01}   0.957988   0.954192	0.955568
{'max_iter': 200, 'penalty': 'l2', 'tol': 0.0001}   0.960625   0.957727	0.958369
{'max_iter': 200, 'penalty': 'l2', 'tol': 0.001}   0.960638   0.957786	0.958367
{'max_iter': 200, 'penalty': 'l2', 'tol': 0.01}   0.958	0.955587
{'max_iter': 200, 'penalty': None, 'tol': 0.0001}   0.960588   0.957704	0.958319
{'max_iter': 200, 'penalty': None, 'tol': 0.001}   0.960688   0.957862	0.958419
{'max_iter': 200, 'penalty': None, 'tol': 0.01}   0.957988   0.954192	0.955568



## F1 Score de la Distribution de la Validation-Croisée pour KNeighbors



Meilleur hyperparamèters pour KNeighbors: {'n\_neighbors': 5, 'weights': 'uniform'}
Meilleur F1 score: 0.9590

Métrique	Moyenne Macro	Moyenne Micro
Précision	0.934782	0.96225
Rappel	0.807733	0.96225
F1 Score	0.858117	0.96225

```
{'n neighbors': 5, 'weights': 'uniform'}
                                                   0.960616
                                                                    0.96225
      0.959024
{'n_neighbors': 5, 'weights': 'distance'} |
                                                  0.958489
                                                                   0.960737
      0.957944
{'n neighbors': 7, 'weights': 'uniform'}
                                                  0.961657
                                                                   0.962663
      0.959016
{'n neighbors': 7, 'weights': 'distance'}
                                                  0.959666
                                                                   0.961475
      0.958213
```

# Analyse des résultats

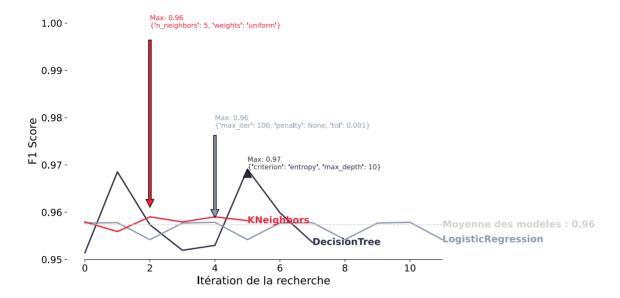
#### 10. Comparaison des modèles :

Comparez les résultats obtenus pour chaque modèle.

```
def plot model performance(grid searches):
   fig, ax = plt.subplots(figsize=(12, 6))
   colors = ["#2B2F42", "#8D99AE", "#EF233C"]
   labels = ['DecisionTree', 'LogisticRegression', 'KNeighbors']
   all_f1_scores = []
   for i, model_name in enumerate(labels):
        results df = pd.DataFrame(grid searches[model name].cv results )
       f1_scores = results_df['mean_test_f1']
        all_f1_scores.append(f1_scores)
                 ax.plot(range(len(f1 scores)), f1 scores, label=model name,
color=colors[i], linewidth=2)
       ax.text(
          len(f1_scores) - 1, f1_scores.iloc[-1], model_name, color=colors[i],
fontweight="bold", verticalalignment="center", horizontalalignment="left",
       max_index = f1_scores.idxmax()
       max_f1_score = f1_scores[max_index]
       max_params = results_df['params'].iloc[max_index]
       # Annotate the point of the maximum F1 score
       ax.annotate(f"Max: {max_f1_score:.2f}\n{max_params}",
                    xy=(max index, max f1 score),
                    xytext=(max_index, max_f1_score + 0.02 * i),
```

```
arrowprops=dict(facecolor=colors[i], shrink=0.05),
                    fontsize=10, color=colors[i])
   # Calculate the baseline: the average F1 score across all models
     flattened f1 scores = [score for f1 list in all f1 scores for score in
f1_list]
   baseline = sum(flattened f1 scores) / len(flattened f1 scores)
   # Plot the baseline (average F1 score)
   ax.plot(
         [0, max(len(pd.DataFrame(grid searches[model].cv results)) for model
in labels) - 1],
       [baseline, baseline],
       label="Average Baseline",
       color="lightgray",
       linestyle="--",
       linewidth=1,
   )
   # Plot the baseline text
   ax.text(
         max(len(pd.DataFrame(grid searches[model].cv results )) for model in
labels) - 1, baseline,
               f"Moyenne des modèles : {baseline:.2f}", color="lightgray",
fontweight="bold", horizontalalignment="left", verticalalignment="center",
   ax.set_ylim(0.95, 1.0)
   ax.spines["right"].set visible(False)
   ax.spines["left"].set visible(False)
   ax.spines["top"].set_visible(False)
   ax.yaxis.set ticks position("left")
   ax.xaxis.set_ticks_position("bottom")
                                             ax.spines["bottom"].set bounds(0,
max(len(pd.DataFrame(grid_searches[model].cv_results_)) for model in labels) -
1)
   ax.set xlabel("Itération de la recherche")
   ax.set ylabel("F1 Score")
   plt.tight_layout()
   plt.savefig("model performance.png", dpi=300)
   plt.show()
```

```
plot_model_performance(grid_searches)
```



Discutez des différences observées dans les performances des modèles et fournissez des explications potentielles. Considérez des aspects tels que la complexité des modèles, le déséquilibre des données, le surapprentissage et l'impact du réglage des paramètres sur les résultats globaux.

• Fournissez des recommandations sur le(s) modèle(s) à choisir pour cette tâche et justifiez vos choix en fonction des résultats de l'analyse.

Tout les modèles ont eu des performances relativement bonnes, les variations sont au 0.001 près, mais on remarque que le modèle arbre de décision a obtenu les meilleures résultats en général. Cela est peut être dû à la nature de la tâche, qui est de prédire une variable binaire, et l'arbre de décision est un modèle simple et efficace pour ce type de tâche. Cependant, il est important de noter que le déséquilibre des classes dans les données a aussi affecté la performance des modèles, en prenant en compte ces aspects, le modèle arbre de décision prends un avantage considérable par rapport aux autres modèles (le F1 score des deux autres modèles est aux alentours de 85% où celui de l'arbre de décision est à ~89%). Lors de l'analyse, on remarque aussi que l'optimisation des hyperparamètres a amélioré significativement les performances des modèles, en particulier pour l'arbre de décision, cela est peut-être dû à la nature du modèle, qui peut être plus sensible aux hyperparamètres. Malgré tout, il est important de noter que les performances des autres modèles ce sont aussi améliorées, nous donnant des résultats competitifs. Mais pour notre tâche, en prenant en compte le déséquilibre des classes et l'optimisation des hyperparamètres, le modèle arbre de décision est le plus recommandé (avec ces hyperparamètres: {'criterion': 'entropy', 'max\_depth': 10}).

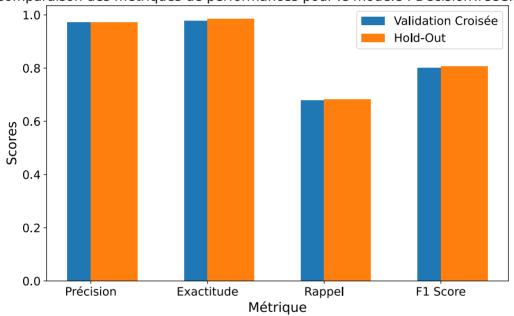
Entraînez le(s) modèle(s) recommandé(s) en utilisant les valeurs optimales des paramètres identifiés lors de l'optimisation des paramètres. Appliquez ensuite le modèle entraîné aux données de test. Documentez vos observations de manière détaillée. Évaluez spécifiquement si les résultats dérivés de la validation croisée sont cohérents avec ceux obtenus sur le jeu de test.

```
def evaluate model(model, X train, y train, X test, y test):
 # Cross-Validation Metrics
 y pred cv = cross_val_predict(model, X_train, y_train, cv=5)
 cv_accuracy = accuracy_score(y_train, y_pred_cv)
 cv precision = precision score(y train, y pred cv)
 cv recall = recall_score(y_train, y_pred_cv)
 cv f1 = f1 score(y train, y pred cv)
 # Hold-Out Testing Metrics
 model.fit(X train, y train)
 y pred test = model.predict(X test)
 test_accuracy = accuracy_score(y_test, y_pred_test)
 test precision = precision score(y test, y pred test)
 test recall = recall score(y test, y pred test)
 test_f1 = f1_score(y_test, y_pred_test)
 # Create a DataFrame to compare metrics
 metrics comparison = pd.DataFrame({
   'Métrique': ['Précision', 'Exactitude', 'Rappel', 'F1 Score'],
   'Validation Croisée': [cv accuracy, cv precision, cv recall, cv f1],
   'Hold-Out': [test_accuracy, test_precision, test_recall, test_f1]
 })
 print(f"Modèle : {model.__class__.__name__}")
 print(tabulate(metrics_comparison, headers='keys', tablefmt='fancy_grid',
showindex=False))
 metrics = ['Précision', 'Exactitude', 'Rappel', 'F1 Score']
 cross_val_scores = metrics_comparison['Validation Croisée']
 hold_out_scores = metrics_comparison['Hold-Out']
 x = range(len(metrics))
 plt.figure(figsize=(10, 6))
   plt.bar(x, cross_val_scores, width=0.4, label='Validation Croisée',
align='center')
 plt.bar(x, hold_out_scores, width=0.4, label='Hold-Out', align='edge')
 plt.xlabel('Métrique')
 plt.ylabel('Scores')
  plt.title(f'Comparaison des métriques de performances pour le modèle :
{model. class . name }')
 plt.xticks(x, metrics)
 plt.legend()
 plt.show()
```

```
model = DecisionTreeClassifier(criterion='entropy', max_depth=10)
evaluate_model(model, X_train, y_train, X_test, y_test)
```

Modèle : Decis	sionTreeClassifier	
Métrique	Validation Croisée	Hold-Out
Précision	0.97145	0.972
Exactitude	0.978353	0.985618
Rappel	0.67874	0.682084
F1 Score	0.80146	0.806228



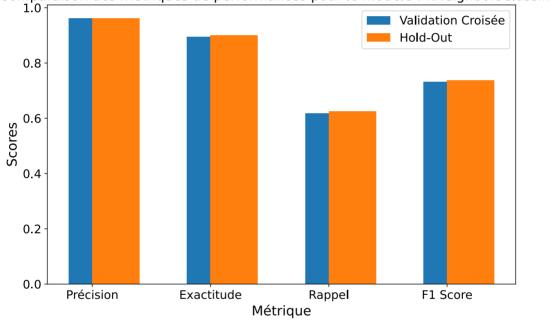


Après entrainement du modèle arbre de décision avec les hyperparamètres optimisés, on obtient des résultats très similaires à ceux obtenus lors de la validation croisée, ce qui est un bon signe. Cela indique que le modèle généralise bien sur les nouvelles données, et que les hyperparamètres choisis sont bien adaptés pour cette tâche. Le modèle est donc bien ajusté et est prêt à être utilisé. Pour s'assurer de notre choix, on peut aussi comparer les performances du modèle arbre de décision avec les autres modèles sur les données de test, pour voir si le modèle est effectivement le meilleur choix pour cette tâche.

```
models = [KNeighborsClassifier(n_neighbors=7, weights='distance'),
LogisticRegression(max_iter=100, penalty='l2', tol=0.0001)]
for model in models:
    evaluate_model(model, X_train, y_train, X_test, y_test)
```

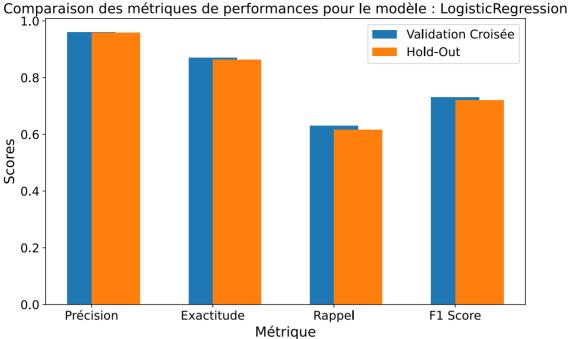
Modèle : KNeig	phborsClassifier	
Métrique	Validation Croisée	Hold-Out
Précision	0.961475	0.9621
Exactitude	0.895691	0.899832
Rappel	0.618227	0.625878
F1 Score	0.731533	0.73826





Modèle : LogisticRegression

Métrique	Validation Croisée	Hold-Out
Précision	0.960625	0.959
Exactitude	0.869972	0.863934
Rappel	0.630448	0.617096
F1 Score	0.731091	0.719945



Après vérification, notre choix était bel et bien le plus optimal pour notre tâche.

## Ressources & Références

- 1. Making Plots in Jupyter Notebook Beautiful & More Meaningful
- 2. Improving Matplotlib Notebook Inline Rendering
- 3. Making Plots Pretty Practical Data Science
- 4. Understanding GridSearchCV
- 5. Google's Machine Learning Crash Course: Numerical Data and Normalization
- 6. Categorical Encoding Methods in Python