# Conseils pour le TP Mushrooms\_RF



A n'utiliser que si vous êtes bloqué.

Vous apprendrez mieux si vous n'utilisez pas ces conseils, mais cherchez par vous même.

Utiliser la méthode pandas read\_csv.
Utiliser la méthode pandas display pour afficher le dataframe.
Utiliser la méthode value\_count() pour compter les champignons toxiques.

Regarder le paramètre sparse\_output et la méthode get\_feature\_names\_out() du modèle OneHotEncoder

https://scikit-

<u>learn.org/stable/modules/generated/sklearn.preprocessing.OneHotEncoder.html#sklearn.preprocessing.OneHotEncoder</u>

Le dataframe peut être crée en utilisant le constructeur pd.DataFrame() et les bons arguments

https://pandas.pydata.org/docs/reference/api/pandas.DataFrame.html

Appliquer sample(frac=1) pour mélanger le dataframe

Fonction scikit-learn train\_test\_split.

Bien faire attention à ne passe en paramètre que les colonnes pertinentes. Utiliser un display dans un boucle pour afficher les 4 ensembles de données

Voir exemple avec DecisionTreeClassifier.

Voir exemple. Générer un fichier graphwiz dot, puis le convertir en png et l'afficher. Pour améliorer la lisibilité, renseigner les paramètres feature\_names et class\_names dans la fonction export\_graphwiz.

Utiliser predict sur les données dev, et la fonction accuracy\_score.

Voir l'exemple avec RandomForestClassifier.

Tirer 3 nombres au hasard entre 0 et le nombre d'arbres - 1 (fonction python randInt). Utiliser Graphwiz dans une boucle.

Idem 2.3

Pour trouver les meilleurs paramètres, vous pouvez utiliser GridSearchCV. <a href="https://scikit-">https://scikit-</a>

learn.org/stable/modules/generated/sklearn.model\_selection.GridSearchCV.html

Voir documentation GridSearch. La précision est comme pour les modèle précédents.

Utilier la propriété feature\_importances\_ du meilleur estimateur.

Voir exemple.