

utils.py contient des fonctions d'aides

```
In [1]: %load_ext autoreload
        %autoreload 2

import numpy as np
import utils
import tme5
```

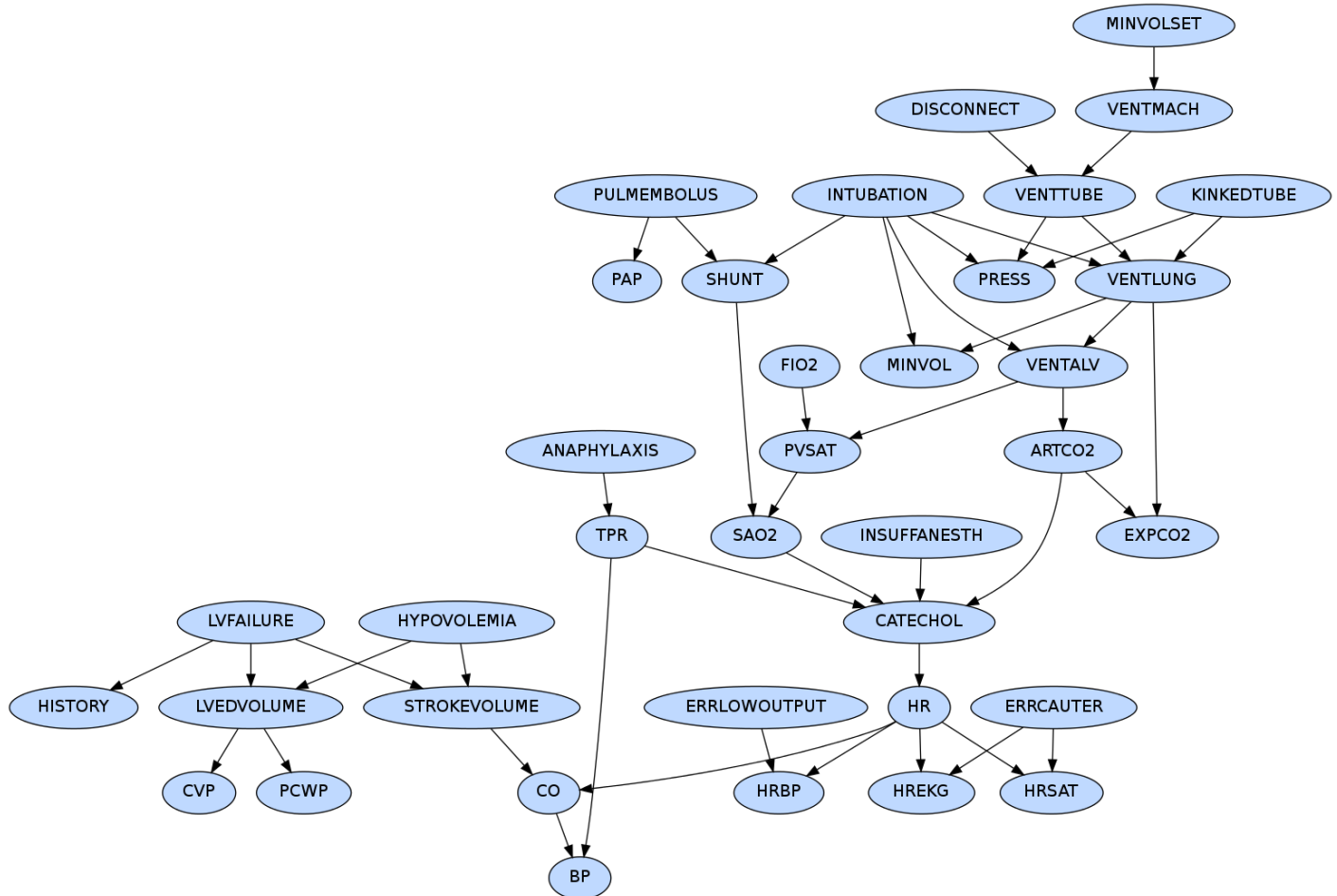
MAPSI semaine 5 : Indépendances conditionnelles et réseaux bayésiens

Exercice : Indépendances conditionnelles et réseaux bayésiens

Dans ce TME, l'objectif est d'apprendre des réseaux bayésiens à partir de bases de données. Hormis la base asia, un exemple jouet relativement petit qui vous permettra de mettre au point les différents algorithmes du TME, les autres bases correspondront à des distributions de probabilité de tailles moins raisonnables :

nom de la base	provenance	nombre d'événements élémentaires
asia	BN repository	256
alarm	BN repository	10^{16}
adult	UCI machine learning repository	10^{12}
car	UCI machine learning repository	6912
agaricus-lepiota	UCI machine learning repository	10^{16}

Apprendre un réseau bayésien consiste à apprendre sa structure graphique ainsi que les paramètres de ses distributions de probabilité conditionnelles. Pour réaliser la deuxième tâche, il suffit d'estimer les paramètres de chaque distribution conditionnelle par maximum de vraisemblance, comme vous l'avez fait dans le TME 3. Ici, nous nous focaliserons donc plutôt sur l'apprentissage de structure. Celle-ci reflétant des indépendances conditionnelles entre variables aléatoires, vous devrez exploiter des tests d'indépendance du χ^2 afin d'obtenir des structures graphiques les moins denses possibles (en termes de nombres d'arcs). Ainsi, alarm représente une distribution jointe de plus de 10^{16} événements élémentaires mais, quand cette distribution est décomposée grâce au graphe ci-dessous (les noeuds représentant les variables aléatoires), elle peut être décrite (sans perte d'informations) à l'aide de seulement 752 paramètres. Comme nous l'avons vu en cours, cette représentation permet également d'effectuer très rapidement des calculs probabilistes.



1. Lecture des données

Dans le code ci-dessous, la fonction `read_csv(name : str) -> (str np.array, int np.2D-array, Dict[string,int] np.array)` vous permettra de lire les données des bases sur lesquelles vous allez travailler, et de les organiser sous une forme adéquate. Par exemple, une base de données est un fichier de la forme :

```
X_0,X_1,X_2,X_3
haut,gauche,petit,bas
bas,droite,grand,gauche
bas,gauche,moyen,bas
```

Dans cette base, nous avons 4 variables aléatoires nommées `X_0`, `X_1`, `X_2`, et `X_3`, et 3 enregistrements qui représentent des instanciations (observées) de ces 4 variables. Ainsi, `X_0` a pour valeurs haut, bas et bas, `X_1` a pour valeurs gauche, droite, gauche, etc.

La fonction `read_csv` prend en argument le nom d'un fichier CSV contenant une base de données et renvoie un triplet composé de :

- 1 tableau numpy de strings contenant les noms des variables aléatoires. Par exemple, pour la base ci-dessus, ce tableau correspond à:

```
n.array(['X_0', 'X_1', 'X_2', 'X_3'])
```

- un tableau numpy 2D contenant les données du fichier CSV encodées sous forme numérique (les valeurs des variables aléatoires sont transformées en nombres entiers): chaque ligne de ce tableau représente les intanciations d'une variable aléatoire et chaque colonne représente un enregistrement de la base de données, c'est-à-dire une instanciatio/observation de toutes les variables aléatoires. Pour la base ci-dessus, nous obtiendrions le tableau ci-dessous (la signification des nombres est indiquée dans le dictionnaire précisé plus bas):

```
np.array ( [ [0, 1, 1], # instanciations de la variable X_0
             [0, 1, 0], # instanciations de la variable X_1
             [0, 1, 2], # instanciations de la variable X_2
             [0, 1, 0]] ) # instanciations de la variable X_3
```

Ainsi, les valeurs observées de la première variable aléatoire X_0 correspondent à la première ligne du tableau (0, 1 et 1). La première colonne correspond à une observation de toutes les variables ($X_0=0, X_1=0, X_2=0, X_3=0$). C'est essentiellement sur ce tableau numpy que vous travaillerez dans ce TME.

- un tableau numpy de dictionnaires faisant la correspondance, pour chaque variable aléatoire, entre l'encodage numérique du tableau 2D ci-dessus et les données du fichier CSV (le 1er dictionnaire correspond à la variable de la 1ère colonne du CSV, le 2ème dictionnaire à celle de la 2ème colonne, etc.). Ainsi, le dictionnaire est égal à :

```
np.array( [ {'haut': 0, 'bas': 1},           # encodage variable X_0
            {'gauche': 0, 'droite': 1},      # encodage variable X_1
            {'petit': 0, 'grand': 1, 'moyen': 2 }, # encodage variable X_2
            {'bas': 0, 'gauche': 1} ] )      # encodage variable X_3
```

On peut ainsi reconstituer le CSV d'origine. Par exemple, la première colonne du tableau 2D ci-dessus, qui est égale à 0,0,0,0 correspond à haut,gauche,petit,bas: "haut" correspondant au 0 de la première variable aléatoire, "gauche" correspondant au 0 de la 2ème variable, etc.

Nous lisons le fichier [res/tme5_asia.csv](#) à l'aide de la fonction `read_csv` ci-dessous: la dernière instruction, `names, data, dico = read_csv ("tme5_asia.csv")`, vous permettra de récupérer, séparément, les trois champs du triplet renvoyé par la fonction `read_csv`.

```
In [2]: # names : tableau contenant les noms des variables aléatoires
# data  : tableau 2D contenant les instanciations des variables aléatoires
# dico  : tableau de dictionnaires contenant la correspondance (valeur de variable -> nombre)

names, data, dico = utils.read_csv ( "res/tme5_asia.csv" )
print(f"{names=}")
print(f"{data=}")
print(f"{dico=}")
```

```
names=array(['visit_to_Asia?', 'smoking?', 'tuberculosis?', 'lung_cancer?',
            'bronchitis?', 'tuberculos_or_cancer?', 'dyspnoea?',
            'positive_Xray?'], dtype='<U21')
data=array([[0, 0, 0, ..., 0, 0, 0],
            [0, 1, 1, ..., 1, 0, 1],
            [0, 0, 0, ..., 0, 0, 0],
            ...,
            [0, 1, 1, ..., 1, 1, 1],
            [0, 0, 1, ..., 1, 0, 0],
            [0, 1, 1, ..., 1, 1, 1]])
dico=array([{'true': 0, 'false': 1}, {'false': 0, 'true': 1},
            {'true': 0, 'false': 1}, {'false': 0, 'true': 1},
            {'false': 0, 'true': 1}, {'false': 0, 'true': 1},
            {'false': 0, 'true': 1}, {'false': 0, 'true': 1}], dtype=object)
```

Nous présenterons les calculs avec une base minimale.

```
In [3]: names, data, dico = utils.read_csv ( "res/tme5_mini.csv" )
print(f"{names=}")
print(f"{data=}")
print(f"{dico=}")

names=array(['X_0', 'X_1', 'X_2', 'X_3'], dtype='<U6')
data=array([[0, 1, 1],
            [0, 1, 0],
            [0, 1, 2],
            [0, 1, 0]])
dico=array([{'haut': 0, 'bas': 1}, {'gauche': 0, 'droite': 1},
            {'petit': 0, 'grand': 1, 'moyen': 2}, {'bas': 0, 'gauche': 1}],
            dtype=object)
```

2. Statistique du χ^2 conditionnel

Soit deux variables aléatoires X et Y . Appelons N_{xy} , N_x et N_y , respectivement, le nombre d'occurrences du couple ($X = x, Y = y$) et des singletons $X = x$ et $Y = y$ dans la base de données. Alors, comme indiqué dans le cours 5, la statistique du χ^2 de X et Y est égale à :

$$\chi_{X,Y}^2 = \sum_x \sum_y \frac{\left(N_{xy} - \frac{N_x \times N_y}{N}\right)^2}{\frac{N_x \times N_y}{N}}$$

où $\{N\}$ représente le nombre de lignes de la base de données. Cette formule permet de tester l'indépendance entre les deux variables $\{X\}$ et $\{Y\}$. On peut aisément généraliser celle-ci pour tester des indépendances conditionnellement à un ensemble de variables $\{Z\}$:

$$\chi^2_{X,Y|Z} = \sum_x \sum_y \sum_z \frac{\left(N_{xyz} - \frac{N_{xz} \times N_{yz}}{N_z} \right)^2}{\frac{N_{xz} \times N_{yz}}{N_z}}$$

où N_{xyz} , N_{xz} , N_{yz} et N_z représentent, respectivement, le nombre d'occurrences du triplet $(X = x, Y = y, Z = z)$, des couples $(X = x, Z = z)$ et $(Y = y, Z = z)$, et du singleton $Z = z$. Ainsi, si Z est un ensemble de 3 variables aléatoires (A, B, C) , les valeurs z seront des triplets (a, b, c) .

Afin de vous aider à calculer ces χ^2 , vous pourrez utiliser la fonction `utils.create_contingency_table`. Celle-ci prend en argument le tableau 2D numpy `data` et le tableau de dictionnaires `dico` retournés à la fin de la question 1, ainsi que l'index `x` d'une variable aléatoire (0 = 1ère variable aléatoire (celle de la 1ère ligne de `data`), 1 = 2ème variable, etc.), l'index `y` d'une autre variable et une liste `z` d'index d'autres variables aléatoires. Elle renvoie un tableau de couples $\{N_z, T_{X,Y,z}\}$, pour tous les $z \in Z$, où:

- N_z représente le nombre d'occurrences de $\{Z = z\}$ dans la base de données. Par exemple, si la base de données est la suivante :

```
X_0,X_1,X_2,X_3
haut,gauche,petit,bas
bas,droite,grand,gauche
bas,gauche,moyen,bas
```

nous avons vu plus haut que le tableau `data` est égal à :

```
data = np.array ( [ [0, 1, 1],    # instanciatiions de la variable X_0
                   [0, 1, 0],    # instanciatiions de la variable X_1
                   [0, 1, 2],    # instanciatiions de la variable X_2
                   [0, 1, 0]] )  # instanciatiions de la variable X_3
```

L'application de `create_contingency_table(data, dico, 0, 2, [3])` renverra le tableau:

In [4]:

```
resultat=utils.create_contingency_table( data, dico, 0, 2, [3] )
print(f"{resultat =}")

resultat =array([[2, array([[1., 0., 0.],
                          [0., 0., 1.]])], (1, array([[0., 0., 0.],
                          [0., 1., 0.]]) ) ], dtype=object)
```

Soit le résultat suivant :

		X2		
X3	X0	0	1	2
0	0	1.0000	0.0000	0.0000
	1	0.0000	0.0000	1.0000
1	0	0.0000	0.0000	0.0000
	1	0.0000	1.0000	0.0000

En effet le paramètre `[3]` indique que Z est constitué uniquement de la quatrième variable de la base, autrement dit X_3 . La dernière ligne du tableau `data` indique les instanciatiions de X_3 et l'on peut observer que la valeur 0 apparaît 2 fois et la valeur 1 apparaît une fois. On a donc $N\{Z=0\} = 2$ et $N\{Z=1\} = 1$. On peut observer que les valeurs de $N\{\mathbf{Z}\}$ sont bien les premiers éléments des couples de 'resultat'. Lorsque $\mathbf{Z} = \emptyset$, 'resultat' est un tableau avec un seul couple dont le premier élément correspond précisément à N , le nombre d'enregistrements de la base de données.

- $T_{X,Y,z}$ est un tableau 2D contenant le nombre d'occurrences N_{xyz} des couples $(X = x, Y = y)$ lorsque $Z = z$. La première dimension de ce tableau (les lignes) correspondent aux différentes valeurs de X et la deuxième (les colonnes) à celles de $\{Y\}$.

Ainsi, le tableau en droite de `resultat` est obtenu de la manière suivante: ce tableau correspond à des occurrences de (X, Y) lorsque $\mathbf{Z} = 0$. on commence donc par extraire de `data` le sous-tableau correspondant à la première et à la troisième colonne (les colonnes où $X_3=0$) et on ne retient que les lignes correspondant à X_0 et X_2 (cf. les paramètres 0 et 2 passés en arguments de `create_contingency_table`). On obtient donc le sous-tableau:

```
np.array ( [ [0, 1], # instanciatiions de la variable X_0
            [0, 2]] ) # instanciatiions de la variable X_2
```

Ce tableau nous indique que, lorsque $X_3 = 0$, les couples $(X_0 = 0, X_2 = 0)$ et $(X_0 = 1, X_2 = 2)$ apparaissent une seule fois et ce sont les seuls couples qui apparaissent dans la base de données. C'est précisément ce que représente le tableau en haut à droite de `resultat`

En utilisant la structure retournée par la fonction `create_contingency_table`, écrivez une fonction `sufficient_statistics` qui prend les mêmes arguments que la fonction `utils.create_contingency_table` et qui renvoie

- la valeur de $\chi^2_{X,Y|\mathbf{Z}}$. Vous pourrez tirer profit du fait que $N_{xz} = \sum_y N_{xyz}$ et $N_{yz} = \sum_x N_{xyz}$, ce qui revient à faire des sommes sur chaque ligne ou chaque colonne des tableaux $T_{X,Y,\mathbf{Z}}$.

Attention : il peut arriver que certains N_z soient égaux à 0. Dans ce cas, vous ne tiendrez pas compte des N_{xyz} , N_{xz} et N_{yz} correspondants dans la formule de $\chi^2_{X,Y|\mathbf{Z}}$ (car vous feriez des divisions par 0, ce qui est mal).

- le degré de liberté de votre statistique qui est égale à

$$(|X| - 1) \times (|Y| - 1) \times |\{\mathbf{z} : N_{\mathbf{z}} \neq 0\}|$$

In [5]:

```
names, data, dico = utils.read_csv ( "res/tme5_asia.csv" )

print(f"{tme5.sufficient_statistics ( data, dico, 1,2,[3    ])=}")
print(f"{tme5.sufficient_statistics ( data, dico, 0,1,[2,3  ])=}")
print(f"{tme5.sufficient_statistics ( data, dico, 1,3,[2    ])=}")
print(f"{tme5.sufficient_statistics ( data, dico, 5,2,[1,3,6]=}")
print(f"{tme5.sufficient_statistics ( data, dico, 0,7,[4,5  ])=}")
print(f"{tme5.sufficient_statistics ( data, dico, 2,3,[5    ])=}")

tme5.sufficient_statistics ( data, dico, 1,2,[3    ])=(3.9466591186668296, 2)
tme5.sufficient_statistics ( data, dico, 0,1,[2,3  ])=(16.355207462350094, 3)
tme5.sufficient_statistics ( data, dico, 1,3,[2    ])=(81.8074493481403, 2)
tme5.sufficient_statistics ( data, dico, 5,2,[1,3,6]=)(1897.0, 8)
tme5.sufficient_statistics ( data, dico, 0,7,[4,5  ])=(3.22232377609497, 4)
tme5.sufficient_statistics ( data, dico, 2,3,[5    ])=(130.0, 2)
```

4. Test d'indépendance

En cours, nous avons vu que, pour un risque α donné, si la statistique $\chi^2_{X,Y|\mathbf{Z}}$ est inférieure au seuil critique c_α de la loi du χ^2 à DoF degrés de liberté, alors X et Y sont considérés comme indépendants conditionnellement à \mathbf{Z} ($X \perp\!\!\!\perp Y|\mathbf{Z}$). On peut reformuler cette propriété de la manière suivante :

$$\text{p-value}(\chi^2_{X,Y|\mathbf{Z}}) \geq \alpha \iff X \perp\!\!\!\perp Y|\mathbf{Z}$$

La p-value d'un nombre x est l'intégrale de la fonction de densité de la loi du χ^2 de x à $+\infty$ (autrement dit, c'est la surface de la partie grisée sur votre table du χ^2 à partir de l'abscisse x . On a donc $\text{p-value}(c_\alpha) = \alpha$. En statistiques, on considère qu'elle n'a du sens que si les valeurs du tableau de contingence sont toutes supérieures ou égales à 5 (autrement dit, un test d'indépendance du χ^2 n'est "valide" que si toutes les valeurs du tableau de contingence sont supérieures ou égales à 5). En informatique, on allège souvent cette règle en considérant que le test est valide dès lors que la valeur moyenne des cases est supérieure ou égale à 5. Cet allègement permet de tester la validité du test sans réaliser celui-ci : si le nombre de lignes du CSV est supérieure ou égale à $d_{min} = 5 \times |X| \times |Y| \times |\mathbf{Z}|$, le test est considéré comme valide.

Ecrivez une fonction `indep_score(int np.2D-array, Dict{str,int} np.array, int, int, List[int]) -> (float,int)` qui, étant donné les mêmes paramètres que ceux de la question précédente, vous renvoie un couple contenant la p-value correspondant à $\chi^2_{X,Y|\mathbf{Z}}$ ainsi que le nombre de degrés de liberté de cette statistique. Vous testerez au préalable si `len (data[0])`, le nombre de lignes/enregistrements de votre CSV, est supérieur ou non à d_{min} ; si c'est inférieur, vous renverrez le couple `(-1,1)`, qui représente une indépendance. Vous pourrez vous aider de la fonction `scipy.stats.chi2.sf (x, DoF)` qui renvoie la p-value (x) pour une loi à DoF degrés de liberté.

```
import scipy.stats as stats
stats.chi2.sf ( x, DoF )
```

```
In [6]: names, data, dico = utils.read_csv ( "res/tme5_asia.csv" )

print(f"{tme5.indep_score(data,dico,1,3,[])=}")
print(f"{tme5.indep_score(data,dico,1,7,[])=}")
print(f"{tme5.indep_score(data,dico,0,1,[2,3])=}")
print(f"{tme5.indep_score(data,dico,1,2,[3,4])=}")

tme5.indep_score(data,dico,1,3,[])=2.385201769381993e-19
tme5.indep_score(data,dico,1,7,[])=1.1256278497870963e-10
tme5.indep_score(data,dico,0,1,[2,3])=0.0009588282365754292
tme5.indep_score(data,dico,1,2,[3,4])=0.4752661978937994
```

5. Meilleur candidat pour être un parent

Ecrivez une fonction `best_candidate(int np.2D-array x Dict{str, int} np.array , int , List[int], float)` → `List[int]` qui, étant donné les tableaux `data` et `dico` calculés à la question 1, l'index d'une variable aléatoire X , la liste d'index d'un ensemble de variables aléatoires Z et un risque α , détermine la variable Y (en fait, l'index de sa colonne dans le CSV), parmi toutes celles à gauche de X dans le fichier CSV, qui est la plus dépendante de X conditionnellement à Z , autrement dit, celle qui a la plus petite p-value. Si cette p-value est supérieure à α , cela veut dire que $\chi^2_{X,Y|Z}$ est inférieur à c_α et donc que Y est jugée indépendante de X conditionnellement à Z .

Votre fonction renverra une liste vide si Y est indépendante de X conditionnellement à Z , sinon elle renverra une liste contenant Y . Vous pourrez tester votre fonction avec $\alpha = 0.05$:

```
In [7]: print(f"{tme5.best_candidate(data,dico,1,[],0.05)=}")
print(f"{tme5.best_candidate(data,dico,4,[],0.05)=}")
print(f"{tme5.best_candidate(data,dico,4,[1],0.05)=}")
print(f"{tme5.best_candidate(data,dico,5,[],0.05)=}")
print(f"{tme5.best_candidate(data,dico,5,[6],0.05)=}")
print(f"{tme5.best_candidate(data,dico,5,[6,7],0.05)=}")

tme5.best_candidate(data,dico,1,[],0.05)=[]
tme5.best_candidate(data,dico,4,[],0.05)=[1]
tme5.best_candidate(data,dico,4,[1],0.05)=[]
tme5.best_candidate(data,dico,5,[],0.05)=[3]
tme5.best_candidate(data,dico,5,[6],0.05)=[3]
tme5.best_candidate(data,dico,5,[6,7],0.05)=[2]
```

6. Création des parents d'un noeud

Ecrivez une fonction `create_parents(data, dico, x, alpha)` qui, étant donné une variable aléatoire x et un niveau de risque α , retourne la liste z de ses parents dans le réseau bayésien. L'algorithme est le suivant : partez de $z = \text{l'ensemble vide}$, puis tant que `best_candidate(x, z, alpha)` vous renvoie une liste non vide $[y]$, ajoutez y à z . Lorsque vous sortirez de cette boucle, toutes les autres variables seront indépendantes de x conditionnellement à z .

L'algorithme qui consiste à appliquer, pour chaque noeud/variable aléatoire, votre fonction `create_parents` correspond, en grande partie, à l'article suivant :

Gregory F. Cooper and Edward Herskovits (1992) "A Bayesian method for the induction of probabilistic networks from data", *Machine Learning*, Vol. 9, n°4, pp. 309-347.

```
In [8]: print(f"{tme5.create_parents(data,dico,1,0.05)=}")
print(f"{tme5.create_parents(data,dico,4,0.05)=}")
print(f"{tme5.create_parents(data,dico,5,0.05)=}")
print(f"{tme5.create_parents(data,dico,6,0.05)=}")

tme5.create_parents(data,dico,1,0.05)=[]
tme5.create_parents(data,dico,4,0.05)=[1]
tme5.create_parents(data,dico,5,0.05)=[3, 2]
tme5.create_parents(data,dico,6,0.05)=[4, 5]
```

7. Apprentissage de la structure d'un réseau bayésien

Ecrivez une fonction `learn_BN_structure(data, dico, alpha)` qui renvoie un tableau contenant, pour chaque noeud, la liste de ses parents. Ainsi, si votre fonction vous renvoie le tableau ci-dessous,

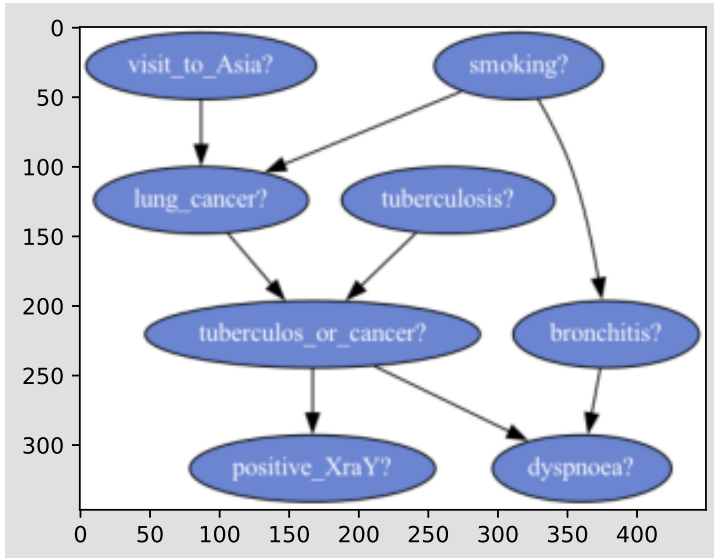
```
array( [ [], [], [], [1, 0], [1], [3, 2], [4, 5], [5] ] )
```

le noeud correspondant aux 2 premières colonnes du CSV n'ont pas de parents, le noeud de la 3ème colonne a pour parent celui de la 1ère colonne, etc.

Pour visualiser plus aisément votre structure, utilisez la fonction **display_BN** ci-dessous. Celle-ci prend en paramètres :

1. le tableau des noms des variables aléatoires déterminé à la question 1
2. la structure que vous avez calculée avec votre fonction **learn_BN_structure**
3. un nom que vous voulez donner à votre réseau
4. un style pour afficher les noeuds

```
In [9]: bn_struct = tme5.learn_BN_structure ( data, dico, 0.05 )
        utils.display_BN ( names, bn_struct, "asia")
```



8. Fin de l'apprentissage et calcul probabiliste (Partie optionnelle)

Comme précisé au début du TME, apprendre un réseau bayésien consiste à déterminer sa structure graphique et estimer ses paramètres. Vous avez réalisé la première partie. La deuxième, plus simple, peut se faire par maximum de vraisemblance pour chaque table de probabilité des noeuds conditionnellement à leurs parents, comme dans le TME 3. Utilisez la fonction **learn_parameters** ci-dessous pour effectuer cette tâche. Cette fonction prend en paramètres la structure graphique que vous avez apprise ainsi que le nom du fichier CSV que vous avez utilisé pour votre apprentissage. Elle renvoie un réseau bayésien à la [aGrUM](#). Pour pouvoir utiliser aGrUM, reportez-vous à la [question 7 du TME 2].

```
In [10]: bn = utils.learn_parameters ( bn_struct, "res/tme5_asia.csv" )
```

Vous pouvez maintenant réaliser des calculs probabilistes :

- affichage de la taille du réseau bayésien

```
# création du réseau bayésien à la aGrUM
bn = learn_parameters ( bn_struct, ficname )
```

```
# affichage de sa taille
print(bn)
```

- affichage de la table de probabilité conditionnelle d'un noeud du réseau déterminé par son nom (1ère ligne du CSV):

```
# récupération de la 'conditional probability table' (CPT) et affichage de cette table
gnb.showPotential( bn.cpt ( 'bronchitis?' ) )
```

- affichage graphique d'une distribution de probabilité marginale

```
# affichage de la marginale
gnb.showPosterior( bn, evs={}, target='bronchitis?' )
```

- calcul d'une distribution marginale a posteriori : $P(\text{bronchitis?} \mid \text{smoking?} = \text{true}, \text{tuberculosis?} = \text{false})$


```
gnb.showPosterior ( bn, evs={'smoking?': 'true', 'tuberculosis?' : 'false' },
target='bronchitis?' ))
```

In [11]:

```
import pyAgrum as gum
import pyAgrum.lib.notebook as gnb

print(bn)

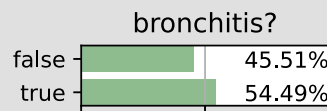
gnb.showPotential( bn.cpt ( 'bronchitis?' ) )
```

BN(nodes: 8, arcs: 8, domainSize: 256, dim: 38)

	bronchitis?	
smoking?	false	true
false	0.6181	0.3819
true	0.2917	0.7083

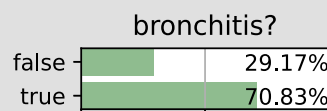
In [12]:

```
gnb.showPosterior ( bn, evs={}, target='bronchitis?' )
```



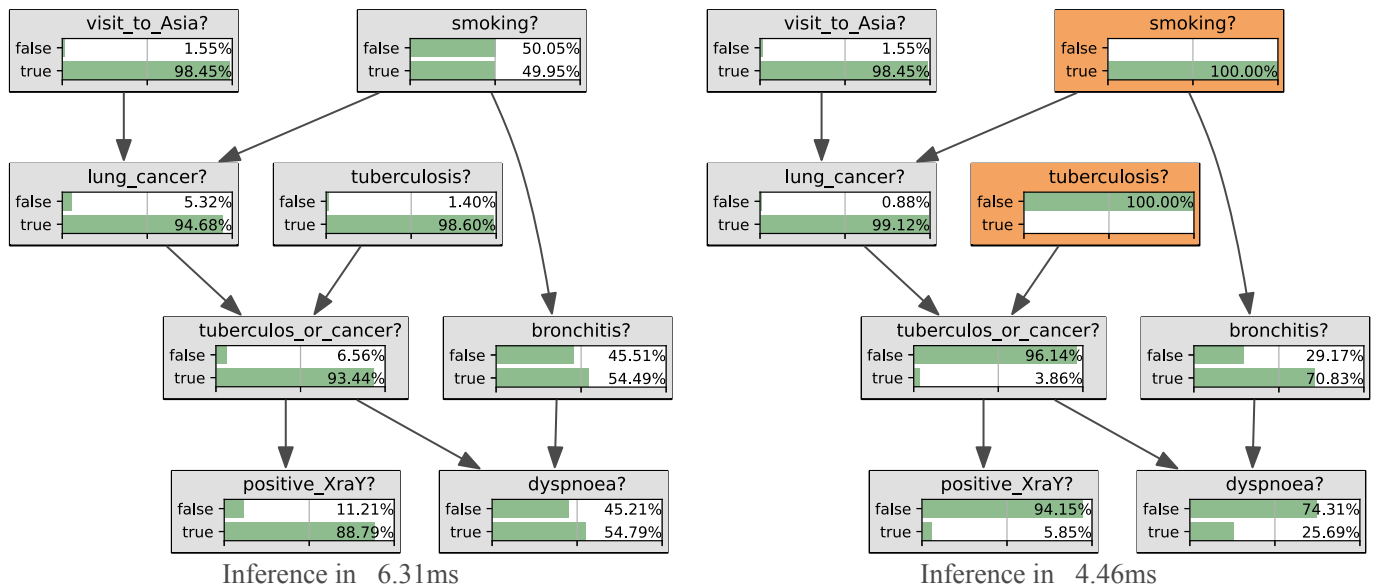
In [13]:

```
gnb.showPosterior ( bn, evs={'smoking?': 'true', 'tuberculosis?' : 'false' }, target='bronchitis?' )
```



In [14]:

```
gnb.sideBySide(gnb.getInference(bn), gnb.getInference(bn, evs={'smoking?': 'true', 'tuberculosis?' : 'false' })))
```



9. (Bonus) Autres bases de données

Vous pouvez appliquer vos algorithmes sur des bases un peu plus conséquentes qu'asia:

nom de la base	provenance	nombre d'evenements elementaires
asia	BN repository	256
alarm	BN repository	10^{16}
adult	UCI machine learning repository	10^{12}

nom de la base	provenance	nombre d'evenements elementaires
car	UCI machine learning repository	6912
agaricus-lepiota	UCI machine learning repository	10^{16}