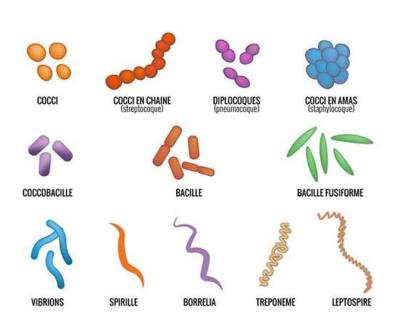
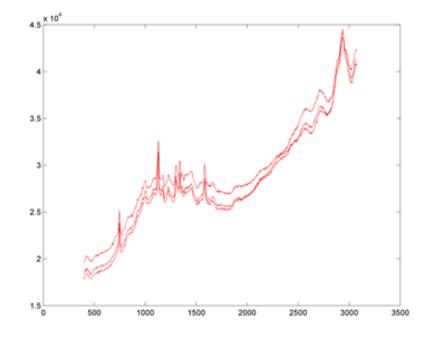
Data Challenge UE Fouille de Données – M2 SSD

20/01/2020

Objectif

• <u>Identification bactérienne et spectroscopie</u>: reconnaitre l'espèce d'une souche bactérienne à partir d'un spectre (RAMAN).



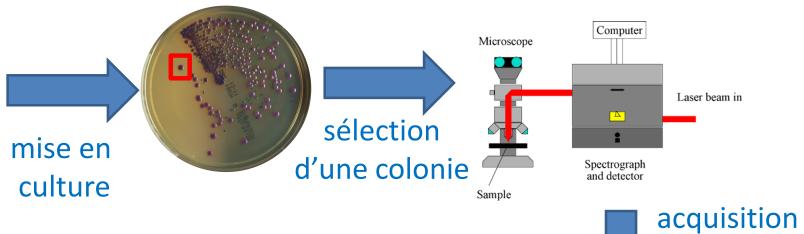


Comment ça marche?











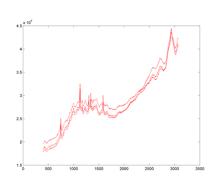






algorithme de classification





d'un spectre

Apprentissage :

- 346 souches bactériennes (les individus) provenant de 42 espèces bactériennes (les classes)
- 9 spectres acquis par souche → 3114 spectres

• Test:

- 133 nouvelles souches
- − 9 spectres acquis par souche → 1197 spectres

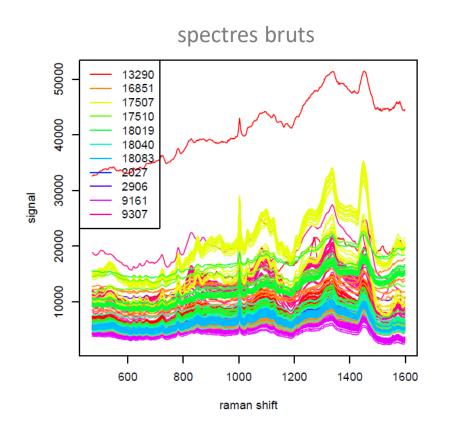
Apprentissage :

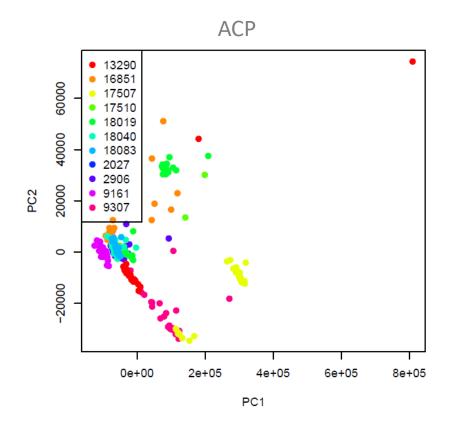
- Fichier spectra-train.csv: 3114 lignes x 627 colonnes
- Fichier meta-train.csv: 3115 lignes x 2 colonnes
 - Colonne no1: espèces (dans {sp_1, ..., sp_42})
 - Colonne no2: souche (entre 1 et 346)

• Test:

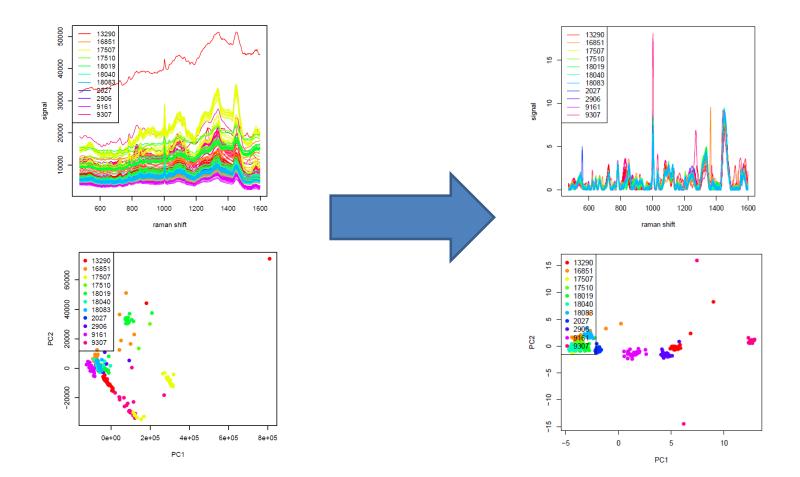
- Fichier spectra-test.csv: 1197 x 627 colonnes
- Fichier meta-test.csv: 1198 lignes x 1 colonne
 - Colonne no1 : souche (entre 1 et 133)

• Illustration : 1 espèce, plusieurs souches





Données disponibles = spectres pré-traités



Objectif

 Objectif : prédire l'espèce de chacune des 133 souches de test

→ NB: 9 spectres par souche, mais 1 prédiction par souche

→ Critère de performance = taux de bonne classification (accuracy)

Remarques

- Questions ouvertes
 - Pré-traitement des spectres ?
 - Gestion des réplicats au sein d'une même souche ?
 - Algorithme de classification à considérer ?
 - Données « fonctionnelles » ?

— ...

 Attention aux outliers et au déséquilibre entre les classes...

Evaluation

- A rendre pour 18h (par email):
 - prédictions sur jeu de test
 - Fichier texte de 133 lignes.
 - Ligne #i = prédiction de la souche #i (dans {sp_1, ..., sp_42})
 - rapport d'analyse
 - 5 pages maxi

- Critères d'évaluation
 - 1) performance
 - 2) clarté du rapport
 - 3) créativité et exhaustivité