École Nationale Des Sciences Appliquées
Agadir

Rapport d'Analyse Des Données

Analyse de Classification

Élève :
Salma Elaissari

Enseignant :
Prof.BrahimEl Asri

Filière:
FID

14 avril 2024

Table des matières

1 Introduction

La classification est l'une des tâches fondamentales en analyse de données et en apprentissage automatique. Elle consiste à regrouper des éléments similaires dans des catégories ou des classes distinctes en fonction de leurs caractéristiques ou de leurs attributs. L'objectif principal de la classification est de prédire l'appartenance d'un nouvel élément à une classe donnée, en se basant sur les caractéristiques observées dans les données d'entraînement.

1.1 Importance de la classification

L'importance de la classification réside dans sa capacité à fournir des informations utiles et exploitables à partir de données brutes. Voici quelques-unes des raisons pour lesquelles la classification est largement utilisée en analyse de données :

— **Organisation des données** : La classification permet de structurer et d'organiser des ensembles de données complexes en regroupant des éléments similaires dans des catégories distinctes.

— **Prédiction et reconnaissance** : En identifiant des modèles dans les données, la classification permet de prédire ou de reconnaître des éléments inconnus et de prendre des décisions éclairées sur leur classification.

— **Segmentation de marché** : Dans le domaine du marketing, la classification est utilisée pour segmenter les clients en groupes homogènes afin de mieux cibler les offres et les campagnes publicitaires.

En résumé, la classification joue un rôle crucial dans l'analyse de données en permettant d'extraire des informations significatives à partir de données complexes, ce qui facilite la prise de décisions éclairées dans de nombreux domaines d'application.

1.2 Introduction aux méthodes de classification hiérarchique et de k-means

Les méthodes de classification hiérarchique et de k-means sont deux techniques fondamentales largement utilisées dans divers domaines tels que la science des données,la finance, le marketing, etc., pour extraire des informations significatives à partir de données brutes.

La classification hiérarchique est une approche qui divise progressivement les données en clusters plus petits, formant ainsi une structure arborescente ou dendrogramme. Cette méthode peut être divisée en deux approches principales : la classification hiérarchique agglomérative et la classification hiérarchique divisive. La première commence par considérer chaque point de données comme un cluster séparé et fusionne ensuite progressivement les clusters les plus proches, tandis que la seconde commence par considérer tous les points de données comme un seul cluster et divise ensuite récursivement le cluster en clusters plus petits.

D'autre part, l'algorithme k-means est une méthode itérative de partitionnement de données en k clusters, où k est un nombre prédéfini. Cet algorithme commence par initialiser aléatoirement les centroïdes des clusters, puis il alterne entre deux étapes : attribution

des points de données au cluster dont le centroïde est le plus proche et mise à jour des centroïdes en calculant les moyennes des points de données dans chaque cluster. Ce processus est répété jusqu'à ce qu'une convergence soit atteinte, c'est-à-dire que les centroïdes ne changent pas de manière significative entre les itérations successives.

La classification hiérarchique est souvent préférée lorsque la structure hiérarchique des clusters est importante et que le nombre de clusters n'est pas prédéfini, tandis que k-means est plus adapté lorsque le nombre de clusters est connu à l'avance et que les clusters sont globulaires et bien séparés.

1.3 Objectifs du rapport

L'objectif principal de ce rapport est de présenter en détail le projet de développement d'un programme de classification utilisant les méthodes de classification hiérarchique (CAH) et de k-means en Python. Les objectifs spécifiques sont les suivants :

- Démontrer l'utilisation des fonctionnalités interactives de l'interface utilisateur pour faciliter l'analyse et la visualisation des données.
- Expliquer le choix des graphiques et des visualisations utilisés pour représenter les résultats de la classification, en mettant en évidence leur pertinence et leur utilité.

1.4 Description du projet

Le projet consiste à développer un programme de classification en Python, offrant aux utilisateurs une interface conviviale pour l'analyse de données à l'aide des méthodes de CAH et de k-means. Voici une description détaillée du projet :

- **Fonctionnalités du programme** : Le programme permet aux utilisateurs de charger des ensembles de données à partir de fichiers Excel, d'appliquer les algorithmes de classification (CAH et k-means) et d'explorer les résultats à travers des visualisations interactives.
- **Interface utilisateur intuitive** : L'interface utilisateur offre une expérience conviviale, permettant aux utilisateurs de paramétrer les algorithmes, d'interagir avec les données et de visualiser les résultats de manière intuitive.
- **Documentation du code** : Le rapport fournira une documentation complète du code source du programme, expliquant chaque fonction, classe et module utilisé, ainsi que leur contribution à la fonctionnalité globale du programme.
- **Exemples d'utilisation** : Le rapport présentera des exemples d'utilisation du programme avec différents ensembles de données, démontrant les capacités d'analyse et de visualisation offertes par les méthodes de CAH et de k-means.
- **Analyse des résultats** : En plus de présenter les fonctionnalités du programme, le rapport analysera les résultats obtenus avec différents ensembles de données, mettant en évidence les avantages et les limitations des méthodes de classification utilisées.

2 Méthodes de Classification

2.1 Explication détaillée de la CAH :

2.1.1 Principe de fonctionnement

La classification hiérarchique est une méthode de classification itérative qui permet de regrouper des individus en différentes classes selon un critère de ressemblance défini au préalable. Cette méthode est représentée par un dendrogramme, qui montre les différents niveaux de regroupement des individus.

La classification est ascendante car elle part des observations individuelles, et elle est hiérarchique car elle produit des classes ou groupes de plus en plus vastes, incluant des sous-groupes en leur sein. En découpant cet arbre à une certaine hauteur choisie, on produira la partition désirée.

Le critère de ressemblance, utilisé dans la classification hiérarchique, est calculé en se basant sur les mesures de distance ou de similarité entre les individus. Ces mesures peuvent varier en fonction du type de données et du contexte de l'analyse. Voici quelques exemples de calcul de critères de ressemblance couramment utilisés :

— **Distance euclidienne :** Pour des données numériques continues, la distance euclidienne entre deux individus i et j peut être calculée comme suit :

$$d_{ij} = \sqrt{\sum_{k=1}^{n}(x_{ik} - x_{jk})^2}$$

où x_{ik} et x_{jk} sont les valeurs des variables pour les individus i et j respectivement, et n est le nombre de variables.

Le coefficient de corrélation est une mesure statistique qui exprime à quel point deux ensembles de données sont liés linéairement les uns aux autres. Pour calculer le coefficient de corrélation, nous utilisons généralement le coefficient de corrélation de Pearson, qui est largement utilisé pour les données numériques continues. Voici comment il est calculé :

— **Calcul des moyennes** : Calculer les moyennes des ensembles de données X et Y, notées respectivement par $\bar{x}$ et $\bar{y}$:

$$\bar{x} = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} x_i$$

$$\bar{y} = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} y_i$$

— **Calcul des écarts-types** : Calculer les écarts-types des ensembles de données X et Y, notés respectivement par s_x et s_y :

$$s_x = \sqrt{\frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}(x_i - \bar{x})^2}$$

$$s_y = \sqrt{\frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}(y_i - \bar{y})^2}$$

— **Calcul de la covariance** : Calculer la covariance entre les ensembles de données X et Y, notée $\text{cov}(X, Y)$:

$$\text{cov}(X, Y) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{n} (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y})$$

— **Calcul du coefficient de corrélation de Pearson** : Utiliser la formule suivante pour calculer le coefficient de corrélation r :

$$r = \frac{\text{cov}(X, Y)}{s_x s_y}$$

Le coefficient de corrélation de Pearson varie entre -1 et 1. Un coefficient de 1 indique une corrélation linéaire positive parfaite, -1 indique une corrélation linéaire négative parfaite, et 0 indique l'absence de corrélation linéaire entre les ensembles de données.

Matrice de distance

Choix d'une mesure de distance : Sélectionnez une mesure de distance appropriée en fonction de la nature de vos données. Les mesures de distance couramment utilisées incluent :

— **Distance euclidienne**
— **Distance de Manhattan** (ou distance en "city block")

Calcul des distances entre les paires d'observations : Pour chaque paire d'observations i et j dans votre ensemble de données, calculez la distance selon la mesure choisie. Par exemple, si vous utilisez la distance euclidienne entre deux observations $\mathbf{x}_i$ et $\mathbf{x}_j$ dans un espace n-dimensionnel, la formule est :

Vous répétez le calcul de distance euclidienne pour toutes les paires d'observations pour construire la matrice de distance.

Construction de la matrice de distance : Une fois que vous avez calculé les distances entre toutes les paires d'observations, vous les stockez dans une matrice. Cette matrice est appelée matrice de distance et a la forme d'une matrice carrée $n \times n$, où n est le nombre d'observations dans votre ensemble de données. Chaque élément de la matrice représente la distance entre deux observations.

Construction de l'arbre de clustering :

Ensuite, un algorithme de clustering est appliqué pour regrouper les individus en clusters en fonction de leurs similarités mesurées par la matrice de distance. L'algorithme de clustering le plus couramment utilisé pour la création de dendrogrammes est l'algorithme de clustering hiérarchique.

Construction du dendrogramme :

Le dendrogramme est construit en utilisant l'arbre de clustering résultant. Chaque individu est représenté par une feuille dans le dendrogramme, et les branches de l'arbre indiquent les regroupements successifs des individus en clusters. La longueur des branches représente la distance entre les individus ou les clusters. Plus la distance est grande, moins les individus sont similaires.

Interprétation du dendrogramme :

Le dendrogramme peut être interprété en coupant les branches à différentes hauteurs pour former des clusters. En coupant le dendrogramme à différentes hauteurs, vous

pouvez obtenir différents niveaux de granularité dans le regroupement des individus. Le choix de la hauteur de coupe dépend souvent du contexte de l'analyse et des objectifs spécifiques de regroupement des données.

En résumé, le dendrogramme est une représentation graphique qui permet de visualiser les relations de regroupement entre les individus dans un ensemble de données, en utilisant une approche hiérarchique basée sur la distance entre les individus.

2.1.2 Avantages de la CAH :

La CAH présente plusieurs avantages par rapport à d'autres méthodes de classification :

- **Flexibilité dans le choix du type de dissimilarité :** La CAH permet le choix d'un type de dissimilarité adapté au sujet d'étude et à la nature des données. Cette flexibilité permet d'appliquer la CAH à différents types de données et contextes.
- **Visualisation de la progression du regroupement :** La CAH produit un dendrogramme qui permet de visualiser la progression du regroupement des données. Cette visualisation facilite la détermination d'un nombre approprié de classes dans lesquelles les données peuvent être regroupées.
- **Adaptabilité à différents types de données :** La CAH peut être appliquée à différents types de données, telles que les données quantitatives ou qualitatives, et peut être adaptée à des contextes spécifiques, tels que le marketing, les médias ou l'économie.
- **Représentation hiérarchique :** La CAH produit une représentation hiérarchique des données, ce qui permet d'identifier différents niveaux de granularité dans la classification. Cette représentation hiérarchique peut être utile pour identifier des sous-groupes au sein de groupes plus larges ou pour identifier des clusters à différents niveaux de similarité.
- **Choix de la méthode d'agrégation :** La CAH permet le choix de la méthode d'agrégation, qui peut être adaptée au contexte spécifique des données et aux objectifs de l'analyse. Le choix de la méthode d'agrégation peut avoir un impact sur les résultats de l'analyse et l'interprétation des données.

2.1.3 Inconvénients de la CAH :

La Classification Ascendante Hiérarchique (CAH) présente plusieurs avantages par rapport à d'autres méthodes de classification, mais elle présente également certains inconvénients :

- **Choix de la mesure de dissimilarité :** Bien que la CAH permette le choix d'une mesure de dissimilarité, ce choix peut être subjectif et peut affecter les résultats. D'autres méthodes de classification, telles que k-means, ne nécessitent pas le choix d'une mesure de dissimilarité.
- **Sensibilité aux valeurs aberrantes :** La CAH est sensible aux valeurs aberrantes, ce qui peut affecter significativement les résultats. D'autres méthodes de classification, telles que k-medoids, sont plus robustes aux valeurs aberrantes.

— **Complexité computationnelle :** La CAH peut être coûteuse en termes de calcul, surtout pour de grands ensembles de données. D'autres méthodes de classification, comme k-means, sont généralement plus rapides et plus évolutives.

— **Difficulté à choisir le nombre de clusters :** La CAH ne fournit pas de moyen clair de déterminer le nombre optimal de clusters. D'autres méthodes de classification, telles que la méthode du coude ou la méthode du silhouette, peuvent aider à déterminer le nombre optimal de clusters.

— **Absence d'interprétation probabiliste :** La CAH ne fournit pas d'interprétation probabiliste des clusters, ce qui peut limiter son utilité dans certaines applications. D'autres méthodes de classification, comme les modèles de mélange gaussien, fournissent une interprétation probabiliste des clusters.

— **Limitation aux structures hiérarchiques :** La CAH est limitée aux structures hiérarchiques, ce qui peut ne pas être approprié pour tous les ensembles de données. D'autres méthodes de classification, comme k-means, n'imposent pas une structure hiérarchique aux données.

2.1.4 Réalisation de CAH sur Python :

```
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
import pandas as pd
from scipy.cluster import hierarchy

class HierarchicalClustering:
    def __init__(self, k):
        self.k = k

    def fit(self, data):
        self.data = data
        n = len(data)
        distances = np.zeros((n, n))

        # Calculate pairwise distances
        for i in range(n):
            for j in range(n):
                distances[i, j] = self.euclidean_distance(data[i], data[j])

        # Initialize clusters
        clusters = [[i] for i in range(n)]

        # Hierarchical clustering algorithm
        while len(clusters) > self.k:
            min_dist = np.inf
            for i in range(len(clusters)):
                for j in range(i + 1, len(clusters)):
                    cluster1 = clusters[i]
                    cluster2 = clusters[j]
                    avg_dist = 0
                    count = 0
                    for idx1 in cluster1:
                        for idx2 in cluster2:
```

```
                            if not np.isnan(distances[idx1, idx2]):
                                avg_dist += distances[idx1, idx2]
                                count += 1
                    if count > 0:
                        avg_dist /= count
                        if avg_dist < min_dist:
                            min_dist = avg_dist
                            merge_index = (i, j)
            i, j = merge_index
            new_cluster = clusters[i] + clusters[j]
            clusters[i] = new_cluster
            clusters.pop(j)

        self.labels_ = np.zeros(n)
        for i, cluster in enumerate(clusters):
            for idx in cluster:
                self.labels_[idx] = i

    def euclidean_distance(self, x1, x2):
        x1 = np.array(x1, dtype=np.float64)  # Convert x1 to numpy array of numbers
        x2 = np.array(x2, dtype=np.float64)  # Convert x2 to numpy array of numbers
        if np.any(np.isnan(x1)) or np.any(np.isnan(x2)):
            return np.nan
        return np.sqrt(np.sum((x1 - x2) ** 2))

# Fonction pour importer les donn es depuis un fichier Excel
def import_data_from_excel(file_path):
    data = pd.read_excel(file_path)
    # V rifier si la premi re ligne ou la premi re colonne contient des valeurs non num riques
    first_row_is_str = any(isinstance(val, str) for val in data.iloc[0])
    first_column_is_str = isinstance(data.iloc[:, 0].values[0], str)
    if first_row_is_str or first_column_is_str:
        data = data.iloc[1:, 1:]  # Exclure la premi re ligne et la premi re colonne si elles contiennent des valeurs non num riques
    return data

# Fonction am lior e pour visualiser le dendrogramme
def plot_dendrogram(data):
    Z = hierarchy.linkage(data, method='ward')
    plt.figure(figsize=(10, 5))
    dn = hierarchy.dendrogram(Z)
    plt.title("Dendrogram")
    plt.xlabel("Data Points")
    plt.ylabel("Distance")
    plt.show()file_path = "data.xlsx"  # Path to the Excel file
data = import_data_from_excel(file_path)
clustering_algorithm = HierarchicalClustering(k=3)  # Initialize the hierarchical clustering algorithm
clustering_algorithm.fit(data.values)  # Fit the data
labels = clustering_algorithm.labels_  # Get the cluster labels
print(labels)  # Print the cluster labels
```

```
83 plot_dendrogram(data.values)  # Visualize the dendrogram
```

Listing 1 – python script1

2.1.5 Principes et Fonctionnement du code :

Ce code Python utilise plusieurs packages pour effectuer différentes tâches. Voici le rôle de chaque package utilisé :

numpy (np) : NumPy est une bibliothèque Python utilisée pour effectuer des calculs numériques. Dans ce code, NumPy est utilisé pour manipuler des tableaux et effectuer des calculs matriciels, tels que le calcul des distances euclidiennes entre les points de données. **matplotlib.pyplot (plt)** : Matplotlib est une bibliothèque de visualisation en Python. Ici, le sous-module pyplot de Matplotlib est utilisé pour créer des graphiques, notamment pour afficher le dendrogramme généré par le clustering hiérarchique.
pandas (pd) : Pandas est une bibliothèque Python utilisée pour la manipulation et l'analyse des données. Dans ce code, Pandas est utilisé pour importer les données à partir d'un fichier Excel et les manipuler sous forme de DataFrame, ce qui facilite le travail avec les données tabulaires.
scipy.cluster.hierarchy : Ce sous-module de SciPy contient des fonctions pour effectuer le clustering hiérarchique. Il est utilisé ici pour effectuer le clustering hiérarchique et générer le dendrogramme.
Ces packages sont essentiels pour effectuer différentes étapes du processus de clustering hiérarchique, notamment la manipulation des données, le calcul des distances et la visualisation des résultats.

La classe HierarchicalClustering implémente l'algorithme de clustering hiérarchique. Voici le rôle et le fonctionnement détaillé de chaque méthode de cette classe :
init(self, k) : Cette méthode est le constructeur de la classe. Elle initialise un objet de la classe HierarchicalClustering avec un paramètre k qui représente le nombre de clusters souhaités.
fit(self, data) : Cette méthode prend en entrée les données à clusteriser et applique l'algorithme de clustering hiérarchique. Voici son fonctionnement :
self.data = data : Stocke les données dans l'objet.
n = len(data) : Calcule le nombre de points de données.
distances = np.zeros((n, n)) : Initialise une matrice de distances pour stocker les distances euclidiennes entre chaque paire de points de données.
Calcule les distances euclidiennes entre chaque paire de points de données à l'aide de la méthode euclidean distance.
Initialise les clusters en tant que listes de points individuels.
Applique l'algorithme de clustering hiérarchique : Tant que le nombre de clusters est supérieur à k, fusionne les clusters les plus proches en termes de distance moyenne. Met à jour les distances entre les clusters fusionnés. Répète le processus jusqu'à ce que le nombre de clusters atteigne k.
Affecte des étiquettes de cluster à chaque point de données en fonction des clusters

formés.

euclidean distance(self, x1, x2) : Cette méthode calcule la distance euclidienne entre deux points de données. Voici son fonctionnement :

Convertit les points x1 et x2 en tableaux NumPy de nombres flottants. Vérifie si l'un des points contient des valeurs NaN. Calcule et retourne la distance euclidienne entre les deux points. En résumé, la classe HierarchicalClustering encapsule l'algorithme de clustering hiérarchique, permettant de créer des clusters à partir de données et d'attribuer des étiquettes de cluster à chaque point de données en fonction de leur proximité.

import-data-from-excel(file-path) : Cette fonction importe les données à partir d'un fichier Excel. Voici son fonctionnement :

data = pd.read-excel(file-path) : Utilise la fonction readexcel de la bibliothèque Pandas pour lire les données à partir du fichier Excel spécifié par file-path.

Check if the first row or the first column contains non-numeric values : Vérifie si la première ligne ou la première colonne contient des valeurs non numériques. Cela est fait en vérifiant si au moins un des éléments de la première ligne est de type str et si le premier élément de la première colonne est de type str.

Exclude the first row and the first column if they contain non-numeric values : Si la première ligne ou la première colonne contient des valeurs non numériques, les exclut du DataFrame en utilisant iloc[1 :, 1 :].

Return data : Renvoie le DataFrame contenant les données, avec les ajustements effectués si nécessaire.

Cette fonction est utile pour importer des données tabulaires à partir d'un fichier Excel tout en gérant les cas où les premières lignes ou colonnes peuvent contenir des en-têtes ou des valeurs non numériques

2.2 Explication détaillée de la méthode kmeans :

2.2.1 Principe de fonctionnement :

K-means est un algorithme de clustering populaire qui vise à partitionner un ensemble de données en K clusters distincts et non chevauchants. L'algorithme affecte itérativement chaque point de données au centroïde le plus proche, puis met à jour les centroïdes en fonction de la moyenne des points de données assignés à chaque cluster. L'algorithme fonctionne comme suit :

- **1-Initialisation** :
  - K centroïdes sont initialisés de manière aléatoire à partir de l'ensemble de données.
- **2-Affectation** :
  - Chaque point de données est assigné au centroïde le plus proche en fonction d'une distance choisie, telle que la distance euclidienne et la distance de Manhattan. A noter : Soit un espace n-dimensionnel, la distance entre deux points

p et q est comme suit :

$$\text{Distance euclidienne}(p, q) = \sqrt{\sum_{i=1}^{n}(p_i - q_i)^2}$$

$$\text{Distance de Manhattan(City Block)}(p, q) = \sqrt{\sum_{i=1}^{n}|p_i - q_i|}$$

— Assignation de l'observation : L'observation est assignée au cluster dont le centroid est le plus proche, en fonction de la distance calculée.

3-Mise à jour :

- Les centroïdes sont mis à jour en calculant la moyenne de tous les points de données assignés à chaque cluster.

4-Itération :

- Les étapes 2 et 3 sont répétées jusqu'à convergence, c'est-à-dire lorsque les centroïdes ne changent plus significativement ou qu'un nombre maximal d'itérations est atteint.

L'algorithme K-Means est sensible au choix initial des centroids et peut converger vers un optimum local. Pour atténuer cet effet, des techniques telles que l'initialisation K-Means++ peuvent être utilisées pour initialiser les centroids de manière plus intelligente. De plus, le choix du nombre de clusters k est souvent déterminé en utilisant des méthodes.

2.2.2 Avantages de K-means :

K-means est un algorithme de clustering qui présente plusieurs avantages qui en font un choix populaire pour l'analyse de données et les tâches d'apprentissage automatique.

— **Facilité d'utilisation :** K-means est un algorithme simple et facile à mettre en œuvre qui ne nécessite pas de calculs mathématiques complexes ou de compétences en programmation avancées.

— **Scalabilité :** K-means peut traiter de grands ensembles de données avec des milliers de points de données et de caractéristiques, ce qui le rend adapté aux applications de big data.

— **Efficacité :** K-means est un algorithme rapide qui peut converger rapidement vers une solution, même pour de grands ensembles de données.

— **Interprétabilité :** K-means produit des résultats facilement interprétables sous forme de clusters qui peuvent être visualisés et analysés pour obtenir des informations sur les données.

— **Flexibilité :** K-means peut être utilisé avec différents types de données, y compris numériques, catégorielles et binaires.

— **Robustesse :** K-means est robuste aux valeurs aberrantes et au bruit dans les données, ce qui peut améliorer la qualité des clusters.

— **Adaptabilité :** K-means peut être adapté à différents critères d'optimisation, tels que la minimisation de la somme des erreurs au carré ou la maximisation du score silhouette.

2.2.3 Inconvénients de K-means :

Les inconvénients de l'algorithme de clustering K-means comprennent :

- **Sensibilité aux Conditions Initiales :** K-means est sensible au placement initial des centroids, ce qui peut conduire à différentes affectations de clusters et résultats en fonction de la sélection aléatoire initiale des centroids.
- **Nécessité de Pré-définir le Nombre de Clusters (K) :**Une des limitations de K-means est que l'utilisateur doit spécifier le nombre de clusters au préalable, ce qui peut être difficile à déterminer avec précision en pratique.
- **Absence de Développement d'un Ensemble de Clusters Optimal :** K-means ne fournit pas intrinsèquement un ensemble optimal de clusters et nécessite que l'utilisateur pré-définisse le nombre de clusters, ce qui peut ne pas toujours correspondre à la structure sous-jacente des données.
- **Incohérence des Résultats :** K-means peut produire des résultats variables entre différentes exécutions de l'algorithme en raison de l'initialisation aléatoire des centroids, ce qui entraîne une incohérence dans les résultats du clustering.
- **Hypothèse de Clusters Sphériques :** K-means suppose que les clusters sont sphériques et isotropes, ce qui peut ne pas être vrai pour tous les types de distributions de données, limitant son applicabilité dans certaines situations.
- **Difficulté dans le Choix du Nombre de Clusters :** Sélectionner le nombre optimal de clusters (K) dans K-means peut être difficile, car cela nécessite une réflexion attentive et peut ne pas toujours avoir de solution simple.

Ces inconvénients mettent en lumière certaines des limitations et des défis associés à l'algorithme de clustering K-means, soulignant l'importance de comprendre ses contraintes et de considérer des méthodes de clustering alternatives lorsque c'est nécessaire.

2.2.4 Réalisation de la méthode kmeans sur Python :

```
import pandas as pd
import numpy as np
from sklearn.decomposition import PCA
from sklearn.preprocessing import StandardScaler
from sklearn.metrics import silhouette_score
import plotly.graph_objs as go
import plotly.express as px

class KMeansClustering:
    def __init__(self, k=3, distance_metric='euclidean', random_state=None):
        self.k = k
        self.distance_metric = distance_metric
        self.centroids = None
        self.random_state = random_state

    def calculate_distance(self, data_point, centroids):
        if self.distance_metric == 'euclidean':
            return np.sqrt(np.sum((centroids - data_point) ** 2, axis=1))
        elif self.distance_metric == 'city_block':
```

```
            return np.sum(np.abs(centroids - data_point), axis=1)
        else:
            raise ValueError("Invalid distance metric. Supported metrics are 'euclidean' and 'city_block'.")

    def fit(self, X, max_iterations=200):
        np.random.seed(self.random_state)  # Set the random seed

        # Initialize centroids randomly
        self.centroids = X[np.random.choice(X.shape[0], self.k, replace=False)]

        inertia_values = []

        for _ in range(max_iterations):
            # Assign each data point to the nearest centroid
            distances = np.vstack([self.calculate_distance(data_point, self.centroids) for data_point in X])
            cluster_assignment = np.argmin(distances, axis=1)

            # Update centroids
            new_centroids = np.array([X[cluster_assignment == i].mean(axis=0) for i in range(self.k)])

            # Calculate inertia
            inertia = np.sum((X - new_centroids[cluster_assignment]) ** 2)
            inertia_values.append(inertia)

            # Check convergence
            if np.allclose(self.centroids, new_centroids):
                break

            self.centroids = new_centroids

        # Calculate silhouette score
        labels = np.argmin(distances, axis=1)
        silhouette_avg = silhouette_score(X, labels)

        return cluster_assignment, self.centroids, inertia_values, silhouette_avg

def main():
    # Load data from Excel file
    file_path = "your_excel_file.xlsx"
    data = pd.read_excel(file_path)

    X = data.values
    X = X[:, 2:]  # Adjust this according to your data

    scaler = StandardScaler()
    X_scaled = scaler.fit_transform(X)

    k = 3  # You can set the number of clusters here

    kmeans = KMeansClustering(k=k, distance_metric='euclidean', random_state=42)
```

```
    labels, centroids, _, _ = kmeans.fit(X_scaled)

    # Use PCA for visualization if needed
    pca = PCA(n_components=2)
    X_reduced = pca.fit_transform(X_scaled)

    # Plot clustering result
    df = pd.DataFrame(X_reduced, columns=['Component 1', 'Component 2'])
    df['Cluster'] = labels.astype(str)  # Convert labels to string for coloring purposes

    fig = px.scatter(df, x='Component 1', y='Component 2', color='Cluster',
                     title='Clustering Result', hover_name=df.index)
    fig.add_trace(go.Scatter(
        x=centroids[:, 0],
        y=centroids[:, 1],
        mode='markers',
        marker=dict(size=10, color='black', symbol='star'),
        name='Centroids'
    ))
    fig.show()

if __name__ == "__main__":
    main()
```

Listing 2 – python script1

2.2.5 Principes et Fonctionnement du code :

pandas (pd) :Pandas est une bibliothèque Python qui fournit des structures de données et des outils d'analyse de données faciles à utiliser. La structure de données principale de pandas est le DataFrame, qui est une structure de données tabulaire bidimensionnelle avec des étiquettes d'axe (lignes et colonnes). Les fonctionnalités de pandas incluent le chargement de données depuis diverses sources, la manipulation et la transformation des données, ainsi que l'analyse exploratoire des données.

numpy (np) :NumPy est une bibliothèque Python pour le calcul numérique qui prend en charge les tableaux multidimensionnels et les fonctions mathématiques pour les manipuler. NumPy fournit des outils efficaces pour effectuer des opérations mathématiques et statistiques sur les tableaux, ce qui en fait une bibliothèque fondamentale pour la science des données et l'apprentissage automatique.

sklearn.decomposition.PCA :PCA (Principal Component Analysis) est une technique de réduction de dimensionnalité largement utilisée pour compresser les données en conservant les principales caractéristiques. L'objet PCA de scikit-learn permet d'effectuer une analyse en composantes principales sur les données pour projeter les observations dans un espace de dimension inférieure.

sklearn.preprocessing.StandardScaler :StandardScaler de scikit-learn est une méthode de prétraitement qui standardise les fonctionnalités en supprimant la moyenne et en mettant à l'échelle jusqu'à la variance unitaire. Cela permet de normaliser les caractéristiques des données, ce qui est souvent nécessaire pour de nombreux algorithmes d'apprentissage automatique qui supposent que les données sont centrées et ont des variances similaires.

sklearn.metrics.silhouette-score : La silhouette est une mesure de la cohésion et de la séparation des clusters dans un ensemble de données. silhouette-score de scikit-learn calcule la silhouette moyenne sur toutes les observations, fournissant ainsi une indication de la qualité du clustering.

plotly.graph-objs (go) : Plotly est une bibliothèque graphique interactive qui permet de créer des graphiques et des visualisations de données hautement personnalisables. plotly.graph-objs fournit une interface basée sur des objets pour créer des graphiques, permettant un contrôle précis sur les paramètres de visualisation tels que les axes, les couleurs et les annotations.

plotly.express (px) : Plotly Express est une interface de haut niveau pour créer des visualisations de données avec Plotly. Il offre une syntaxe simple pour créer rapidement des graphiques interactifs tels que des diagrammes à barres, des diagrammes circulaires, des nuages de points et bien d'autres, avec une prise en charge automatique de la mise en forme et de la configuration des graphiques.

Classe `KMeansClustering` : La classe `KMeansClustering` représente l'algorithme de clustering K-means. Elle possède les méthodes suivantes :

- `__init__` : Initialise la classe avec les paramètres tels que le nombre de clusters, la métrique de distance, etc.
- `calculate_distance` : Calcule la distance entre un point de données donné et tous les centroids actuels.
- `fit` : Exécute l'algorithme K-means pour ajuster les centroids aux données fournies.

Fonction `plot_result` : La fonction `plot_result` génère un graphique interactif de la visualisation des résultats de clustering. Elle prend en entrée les données réduites en dimensionnalité, les affectations de cluster et les centroids finaux.

Fonction `run_clustering` : La fonction `run_clustering` exécute le processus complet de clustering K-means sur les données fournies. Elle prend en entrée les données, le nombre de clusters, la métrique de distance à utiliser et un indicateur pour indiquer si une PCA doit être utilisée.

Fonction `plot_convergence` : La fonction `plot_convergence` génère un graphique interactif montrant la convergence de l'algorithme K-means au fil des itérations. Elle prend en entrée les valeurs d'inertie à chaque itération.

Fonction `plot_silhouette_score` : La fonction `plot_silhouette_score` génère un graphique interactif montrant l'évolution du score de silhouette en fonction du nombre de clusters. Elle prend en entrée les valeurs de score de silhouette pour différents nombres de clusters.

3 La classification selon kmeans et classification hiérarchique :

3.1 Code total sur python :

```python
import streamlit as st
import pandas as pd
import numpy as np
from sklearn.decomposition import PCA
from sklearn.preprocessing import StandardScaler
from sklearn.metrics import silhouette_score
import plotly.graph_objs as go
import plotly.express as px
import matplotlib.pyplot as plt  # Added import for matplotlib
from scipy.cluster import hierarchy
import base64
import requests

# Set background image
background_image_url = "https://img.freepik.com/free-vector/ai-technology-brain-background-vector-digital-transformation-concept_53876-117820.jpg?w=900&t=st=1713012632~exp=1713013232~hmac=05da65e2d9e6da77202ded9006cfecb86c0c11fbc70346fb0532307b18d8ac3f"

def get_base64_of_bin_file(url):
    data = requests.get(url).content
    return base64.b64encode(data).decode()

def set_png_as_page_bg(png_file):
    bin_str = get_base64_of_bin_file(png_file)
    st.markdown(
        f'<style>'
        f'.stApp {{'
        f'background-image: url("{bin_str}");'
        f'background-size: cover;'
        f'}}'
        f'</style>',
        unsafe_allow_html=True
    )

set_png_as_page_bg(background_image_url)

class KMeansClustering:
    def __init__(self, k=3, distance_metric='euclidean', random_state=None):
        self.k = k
        self.distance_metric = distance_metric
        self.centroids = None
        self.random_state = random_state

    def calculate_distance(self, data_point, centroids):
        if self.distance_metric == 'euclidean':
            return np.sqrt(np.sum((centroids - data_point) ** 2, axis=1))
        elif self.distance_metric == 'city_block':
            return np.sum(np.abs(centroids - data_point), axis=1)
```

```
        else:
            raise ValueError("Invalid distance metric. Supported metrics are 'euclidean' and 'city_block'.")

    def fit(self, X, max_iterations=200):
        np.random.seed(self.random_state)  # Set the random seed

        # Initialize centroids randomly
        self.centroids = X[np.random.choice(X.shape[0], self.k, replace=False)]

        inertia_values = []

        for _ in range(max_iterations):
            # Assign each data point to the nearest centroid
            distances = np.vstack([self.calculate_distance(data_point, self.centroids) for data_point in X])
            cluster_assignment = np.argmin(distances, axis=1)

            # Update centroids
            new_centroids = np.array([X[cluster_assignment == i].mean(axis=0) for i in range(self.k)])

            # Calculate inertia
            inertia = np.sum((X - new_centroids[cluster_assignment]) ** 2)
            inertia_values.append(inertia)

            # Check convergence
            if np.allclose(self.centroids, new_centroids):
                break

            self.centroids = new_centroids

        # Calculate silhouette score
        labels = np.argmin(distances, axis=1)
        silhouette_avg = silhouette_score(X, labels)

        return cluster_assignment, self.centroids, inertia_values, silhouette_avg

class HierarchicalClustering:
    def __init__(self, k):
        self.k = k

    def fit(self, data):
        self.data = data
        n = len(data)
        distances = np.zeros((n, n))

        # Calculate pairwise distances
        for i in range(n):
            for j in range(n):
                distances[i, j] = self.euclidean_distance(data[i], data[j])

        # Initialize clusters
```

```
        clusters = [[i] for i in range(n)]

        # Hierarchical clustering algorithm
        while len(clusters) > self.k:
            min_dist = np.inf
            for i in range(len(clusters)):
                for j in range(i + 1, len(clusters)):
                    cluster1 = clusters[i]
                    cluster2 = clusters[j]
                    avg_dist = 0
                    count = 0
                    for idx1 in cluster1:
                        for idx2 in cluster2:
                            if not np.isnan(distances[idx1, idx2]):
                                avg_dist += distances[idx1, idx2]
                                count += 1
                    if count > 0:
                        avg_dist /= count
                        if avg_dist < min_dist:
                            min_dist = avg_dist
                            merge_index = (i, j)
            i, j = merge_index
            new_cluster = clusters[i] + clusters[j]
            clusters[i] = new_cluster
            clusters.pop(j)

        self.labels_ = np.zeros(n)
        for i, cluster in enumerate(clusters):
            for idx in cluster:
                self.labels_[idx] = i

    def euclidean_distance(self, x1, x2):
        x1 = np.array(x1, dtype=np.float64)  # Convert x1 to numpy array of numbers
        x2 = np.array(x2, dtype=np.float64)  # Convert x2 to numpy array of numbers
        if np.any(np.isnan(x1)) or np.any(np.isnan(x2)):
            return np.nan
        return np.sqrt(np.sum((x1 - x2) ** 2))

def plot_dendrogram(data):
    Z = hierarchy.linkage(data, method='ward')
    plt.figure(figsize=(10, 5))
    dn = hierarchy.dendrogram(Z)
    plt.title("Dendrogram")
    plt.xlabel("Data Points")
    plt.ylabel("Distance")
    st.pyplot(plt.gcf())  # Pass the current figure as an argument to st.pyplot()

def plot_result(X_reduced, labels, centroids):
    if X_reduced.shape[1] == 2:
        df = pd.DataFrame(X_reduced, columns=['Component 1', 'Component 2'])
    else:
        df = pd.DataFrame(X_reduced[:, :2], columns=['Component 1', 'Component 2'])
```

```
    df['Cluster'] = labels.astype(str)  # Convert labels to string for coloring purposes

    fig = px.scatter(df, x='Component 1', y='Component 2', color='Cluster',
                     title='Clustering Result', hover_name=df.index)
    fig.add_trace(go.Scatter(
        x=centroids[:, 0],
        y=centroids[:, 1],
        mode='markers',
        marker=dict(size=10, color='black', symbol='star'),
        name='Centroids'
    ))
    return fig

def plot_convergence(inertia_values):
    fig = go.Figure()
    fig.add_trace(go.Scatter(
        x=list(range(1, len(inertia_values) + 1)),
        y=inertia_values,
        mode='lines+markers',
        marker=dict(color='blue'),
        name='Inertia'
    ))
    fig.update_layout(
        title='Convergence Plot',
        xaxis=dict(title='Iteration'),
        yaxis=dict(title='Inertia'),
        hovermode='closest'
    )
    return fig

def plot_silhouette_score(silhouette_values):
    fig = go.Figure()
    fig.add_trace(go.Scatter(
        x=list(range(2, 12)),
        y=silhouette_values,
        mode='lines+markers',
        marker=dict(color='green'),
        name='Silhouette Score'
    ))
    fig.update_layout(
        title='Silhouette Score',
        xaxis=dict(title='Number of Clusters (K)'),
        yaxis=dict(title='Silhouette Score'),
        hovermode='closest'
    )
    return fig

def main():
    st.title("Clustering")

    selected = st.radio("Select Option", ["Home", "KMeans Clustering", "Hierarchical Clustering"])

    if selected == "KMeans Clustering":
        st.title("KMeans Clustering")
```

```python
    uploaded_file = st.file_uploader("Upload Excel file", type=["xlsx", "xls"])
    if uploaded_file is not None:
        data = pd.read_excel(uploaded_file, index_col=0)
        st.write("Data imported successfully!")

        X = data.values
        X = X[:, 2:]  # Adjust this according to your data

        scaler = StandardScaler()
        X_scaled = scaler.fit_transform(X)

        k = st.sidebar.slider("Number of Clusters (K)", min_value=2, max_value=10, value=3)
        distance_metric = st.sidebar.radio("Distance Metric", ["Euclidean", "City Block"], index=0)
        distance_metric = 'euclidean' if distance_metric == 'Euclidean' else 'city_block'

        use_pca = st.sidebar.checkbox("Use PCA")

        labels, centroids, inertia_values, silhouette_avg = None, None, None, None  # Initialize variables

        if st.sidebar.button("Cluster"):
            kmeans = KMeansClustering(k=k, distance_metric=distance_metric, random_state=42)
            labels, centroids, inertia_values, silhouette_avg = kmeans.fit(X_scaled)

            st.success(f"Convergence achieved in {len(inertia_values)} iterations.")
            st.write(f"Number of clusters: {k}")
            st.write(f"Number of data points: {len(X)}")
            st.write(f"Number of features: {X.shape[1]}")
            st.write(f"Silhouette Score: {silhouette_avg:.4f}")


        plot_choice = st.sidebar.selectbox("Select Plot", ["Clustering Result", "Convergence Plot", "Silhouette Score"])

        if plot_choice == "Clustering Result" and labels is not None:
            fig = plot_result(X_scaled, labels, centroids)
            st.plotly_chart(fig, use_container_width=True)
        elif plot_choice == "Convergence Plot" and inertia_values is not None:
            fig = plot_convergence(inertia_values)
            st.plotly_chart(fig, use_container_width=True)
        elif plot_choice == "Silhouette Score" and silhouette_avg is not None:
            silhouette_values = []
            for k in range(2, 12):
                kmeans = KMeansClustering(k=k, random_state=42)
                _, _, _, silhouette_avg = kmeans.fit(X_scaled)
                silhouette_values.append(silhouette_avg)
            fig = plot_silhouette_score(silhouette_values)
```

```
                st.plotly_chart(fig, use_container_width=True)

    elif selected == "Hierarchical Clustering":
        st.title("Hierarchical Clustering")
        uploaded_file = st.file_uploader("Upload Excel File", type=["xlsx", "xls"])
        if uploaded_file is not None:
            data = pd.read_excel(uploaded_file, index_col=0)
            clustering_algorithm = HierarchicalClustering(k=3)  # Initialize the clustering algorithm
            clustering_algorithm.fit(data.values)  # Fit the data
            labels = clustering_algorithm.labels_  # Get the cluster labels
            st.write(labels)  # Display the cluster labels
            plot_dendrogram(data.values)  # Visualize the dendrogram

if __name__ == "__main__":
    st.set_option('deprecation.showPyplotGlobalUse', False)  # Disable the warning about st.pyplot() usage
    main()
```

Listing 3 – python script1

3.2 Description du programme :

Mon programme est une application de clustering avec une interface utilisateur conviviale, construite avec Streamlit. Voici une description de ses principales fonctionnalités :

1. **Chargement des données :** Les utilisateurs peuvent charger leurs données à partir de fichiers Excel en utilisant l'interface de téléchargement de fichiers.
2. **K-means Clustering :** L'application permet aux utilisateurs d'effectuer le clustering K-means sur leurs données chargées. Ils peuvent spécifier le nombre de clusters (K) et la distance métrique (euclidienne ou de bloc de ville). Une fois les paramètres sélectionnés, les utilisateurs peuvent lancer le clustering et visualiser les résultats.
3. **Visualisation des résultats :** Les utilisateurs peuvent choisir parmi plusieurs types de visualisations pour explorer les résultats du clustering. Les options incluent un graphique de dispersion des données avec les clusters colorés et les centroids, un graphique de convergence montrant l'évolution de l'inertie au fil des itérations, et un graphique de score de silhouette pour évaluer la qualité du clustering.
4. **Interprétation des résultats :** L'application fournit des informations sur le nombre de clusters, la convergence du clustering, et le score de silhouette pour évaluer la qualité des clusters obtenus.

En utilisant cette application, les utilisateurs peuvent facilement explorer leurs données, identifier des structures de clustering, et prendre des décisions basées sur les insights générés par les méthodes de clustering K-means et CAH.

3.3 Principes et Fonctionnement du code :

Les packages utilisés dans le code Python pour l'application de clustering sont les suivants :

- streamlit : Streamlit est un framework pour créer des applications web interactives en Python. L'importation de `streamlit` vous permet d'utiliser les fonctionnalités de Streamlit pour développer des applications web conviviales et interactives avec facilité.
- pandas : Bibliothèque pour la manipulation et l'analyse de données tabulaires.
- numpy : Bibliothèque pour le calcul numérique avancé.
- from sklearn.decomposition import PCA : Ce package fournit des fonctionnalités pour effectuer une Analyse en Composantes Principales (PCA), une technique utilisée pour réduire la dimensionnalité des données.
- from sklearn.preprocessing import StandardScaler : Ce package offre des outils pour la mise à l'échelle des caractéristiques, ce qui est souvent nécessaire avant d'appliquer des méthodes de clustering ou d'apprentissage automatique.
- from sklearn.metrics import silhouette-score : Ce package fournit une fonction pour calculer le score de silhouette, une métrique utilisée pour évaluer la qualité des clusters obtenus à partir de méthodes de clustering.
- plotly.graph-objs as go : Plotly est une bibliothèque de visualisation interactive qui offre des fonctionnalités pour créer des graphiques interactifs. L'importation de `plotly.graph-objs as go` vous permet d'accéder à la classe `go`, qui contient des objets graphiques utilisés pour créer des visualisations à l'aide de Plotly
- plotly.express as px : Plotly Express est une interface haut niveau de Plotly qui permet de créer facilement des graphiques expressifs et des tableaux de bord interactifs. L'importation de `plotly.express as px` vous permet d'utiliser cette interface pour créer des visualisations de données de manière plus concise et intuitive.
- matplotlib.pyplot as plt : Matplotlib est une bibliothèque de traçage graphique en Python qui offre une grande variété de fonctionnalités pour créer des graphiques statiques. L'importation de `matplotlib.pyplot as plt` vous permet d'utiliser les fonctions de traçage de Matplotlib pour créer des graphiques dans votre application
- from scipy.cluster import hierarchy : SciPy est une bibliothèque Python pour les calculs scientifiques qui inclut des modules pour l'optimisation, l'algèbre linéaire, l'intégration, l'interpolation, la transformation de Fourier, le traitement du signal et bien d'autres encore. L'importation de `from scipy.cluster import hierarchy` vous permet d'accéder aux fonctionnalités de clustering hiérarchique disponibles dans le module `hierarchy` de SciPy.
- base64 : Bibliothèque pour l'encodage et le décodage de données en base64.
- requests : Bibliothèque pour l'envoi de requêtes HTTP en Python.

Ces packages sont utilisés pour différentes fonctionnalités de l'application de clustering, telles que le chargement des données, la manipulation et l'analyse des données, la création de visualisations, le clustering et l'évaluation des modèles.

3.4 Interface et utilisation du programme :

Sélection de l'option : Lorsque vous ouvrez l'application, vous êtes invité à sélectionner une option parmi celles disponibles, telles que "KMeans Clustering" ou "Hierarchical Clustering".

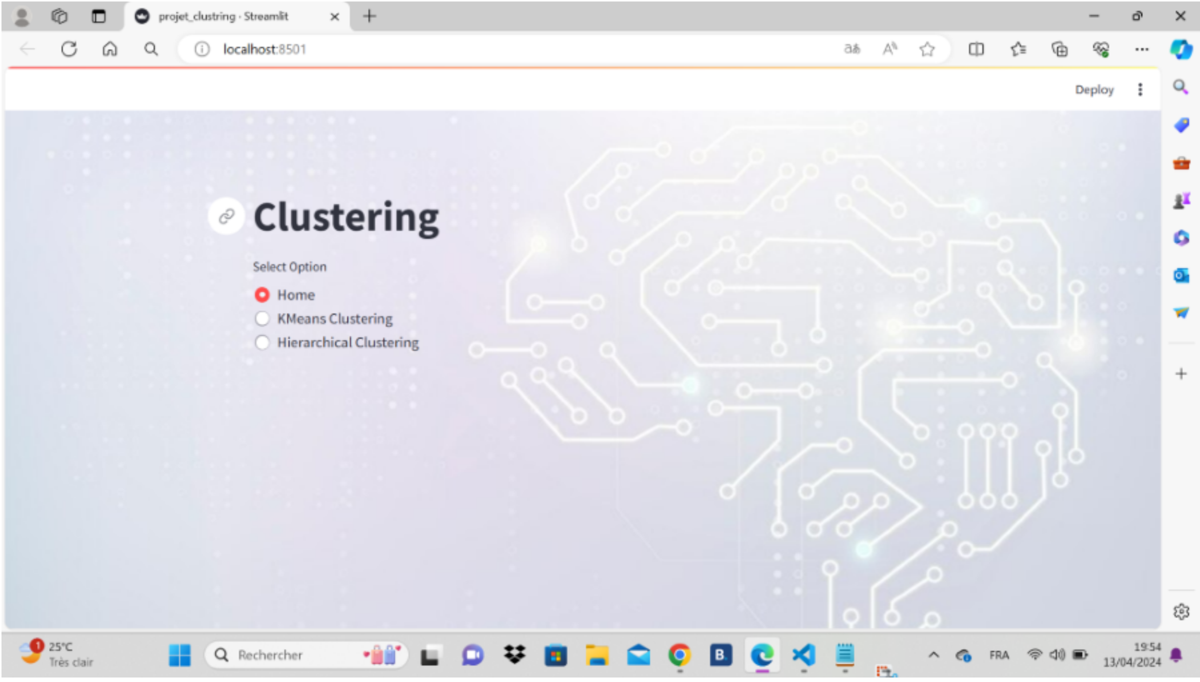

FIGURE 1 – étape 1

Chargement des données : Si vous choisissez l'option "KMeans Clustering", vous pouvez charger vos données en utilisant le bouton "Upload Excel file".

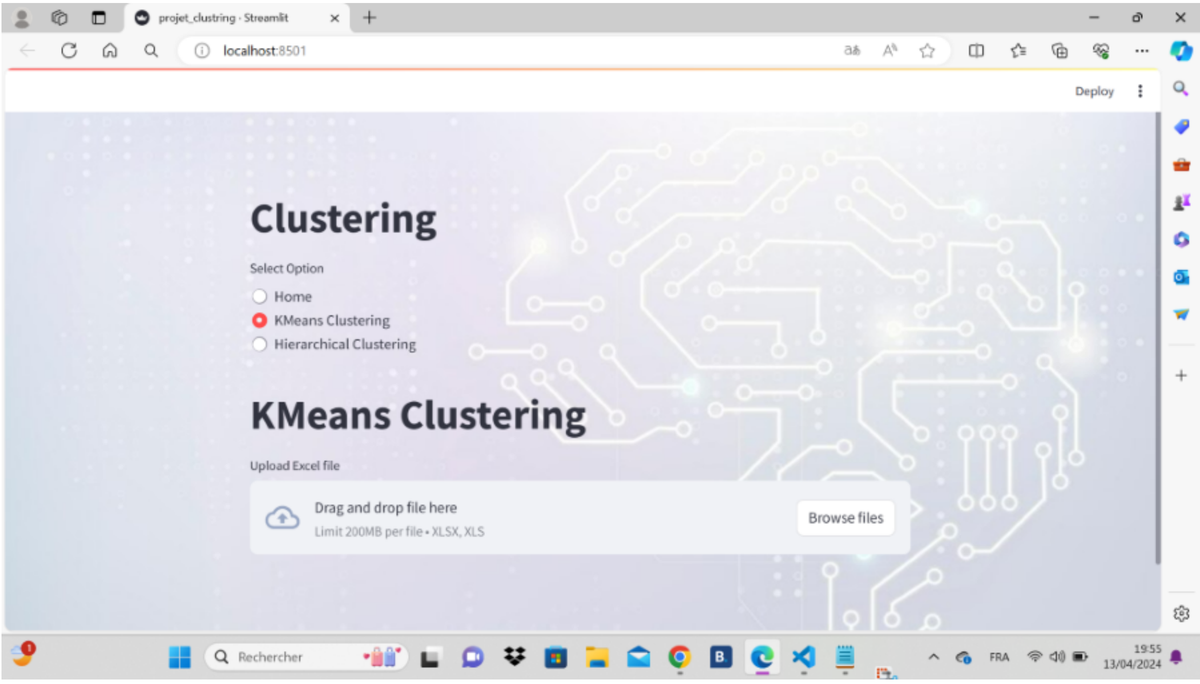

FIGURE 2 – étape 2

Vous pouvez télécharger un fichier Excel contenant vos données pour l'analyse

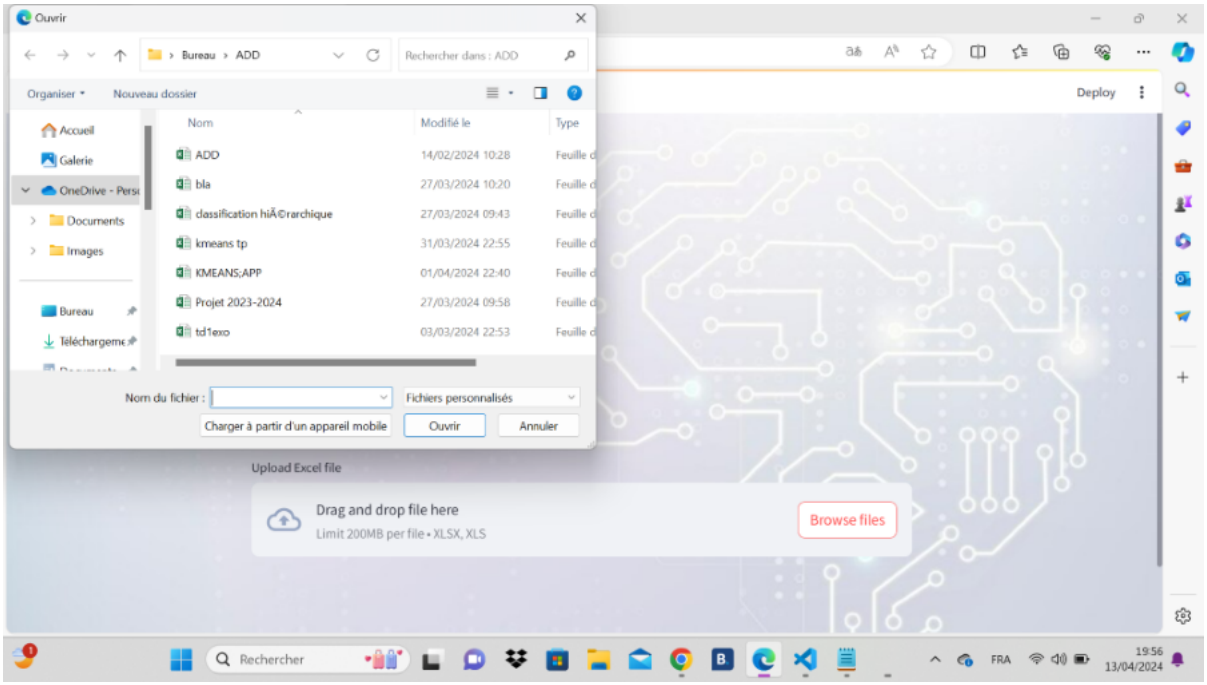

FIGURE 3 – étape 3

Une fois les données chargées, vous pouvez effectuer : Choix de la méthode de prétraitement : Vous avez la possibilité de spécifier la méthode de prétraitement des données. Par exemple, vous pouvez choisir d'appliquer une Analyse en Composantes Principales (ACP) pour réduire la dimensionnalité des données avant d'appliquer les méthodes de clustering.

Spécification des distances : Pour l'option "KMeans Clustering", vous pouvez spécifier la distance métrique à utiliser pour mesurer la similarité entre les points de données. Les distances les plus couramment utilisées sont la distance euclidienne et la distance de Manhattan.

Choix du nombre de clusters (k) : Vous pouvez spécifier le nombre de clusters (k) que vous souhaitez obtenir à partir de l'ensemble de données. Ce choix peut être basé sur des connaissances préalables du domaine, des analyses exploratoires des données ou des méthodes d'évaluation automatique du nombre optimal de clusters.

3 La classification selon kmeans et classification hiérarchique :

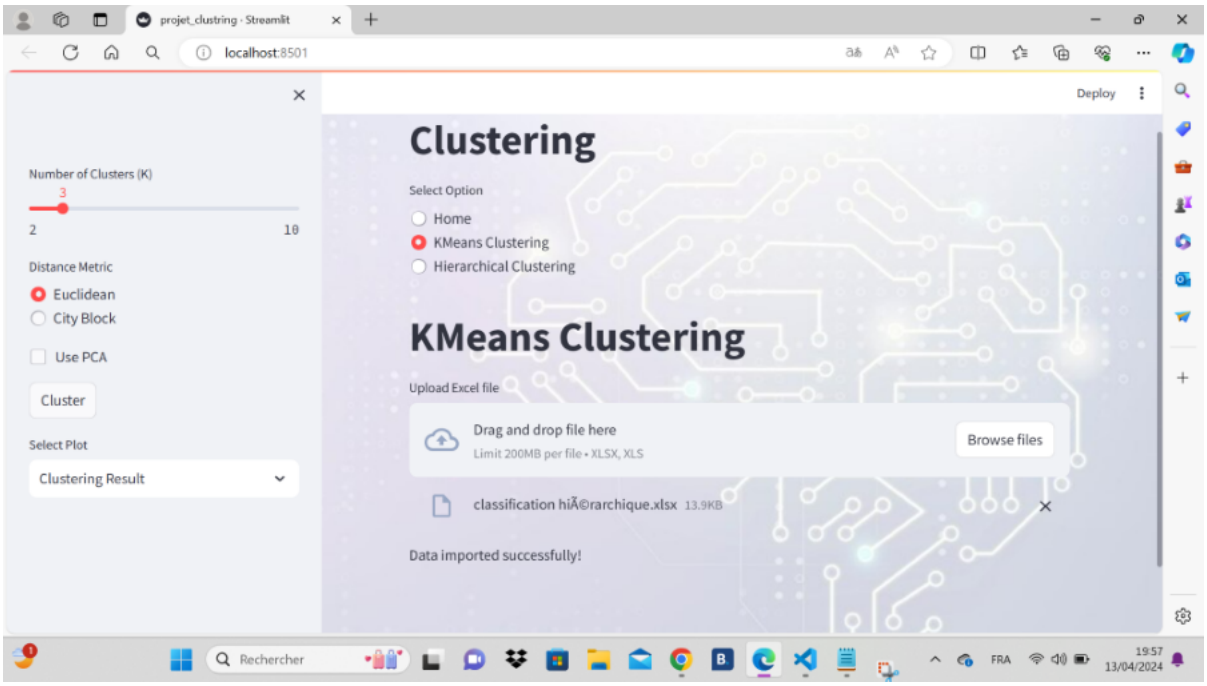

FIGURE 4 – étape 4

Sélection du type de plot : Une fois que le clustering est terminé et que les résultats sont prêts à être visualisés, vous pouvez choisir le type de plot que vous souhaitez afficher.

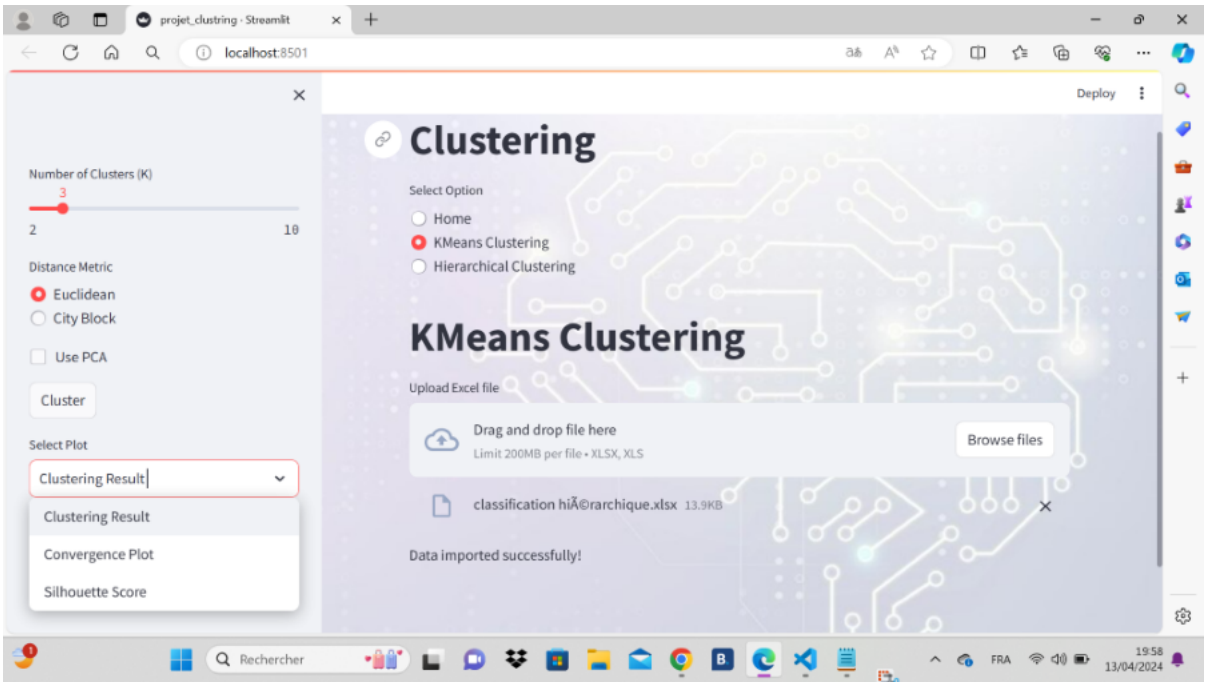

FIGURE 5 – étape 5

Si vous choisissez l'option "Clustering Result", vous obtiendrez un plot qui représente les résultats du clustering.

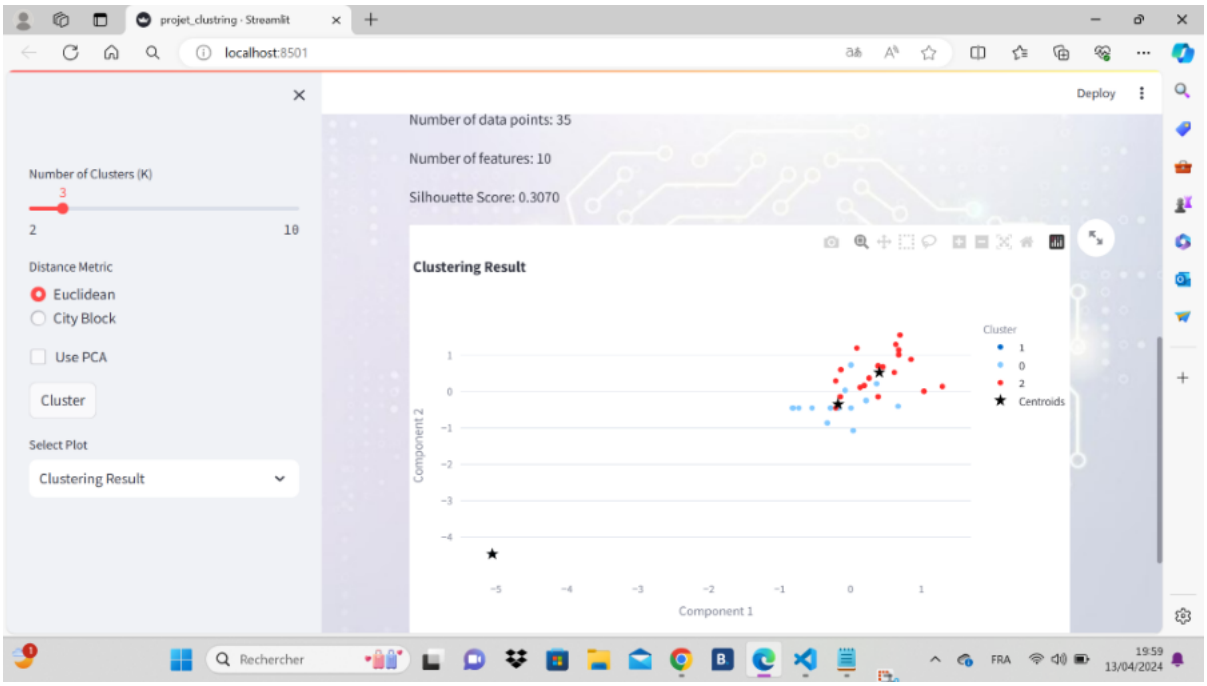

FIGURE 6 – étape 6

Si vous choisissez l'option "Convergence Plot", vous obtiendrez un graphique qui représente la convergence de clustering, dans lequelle l'inertie évolue au fil des itérations.

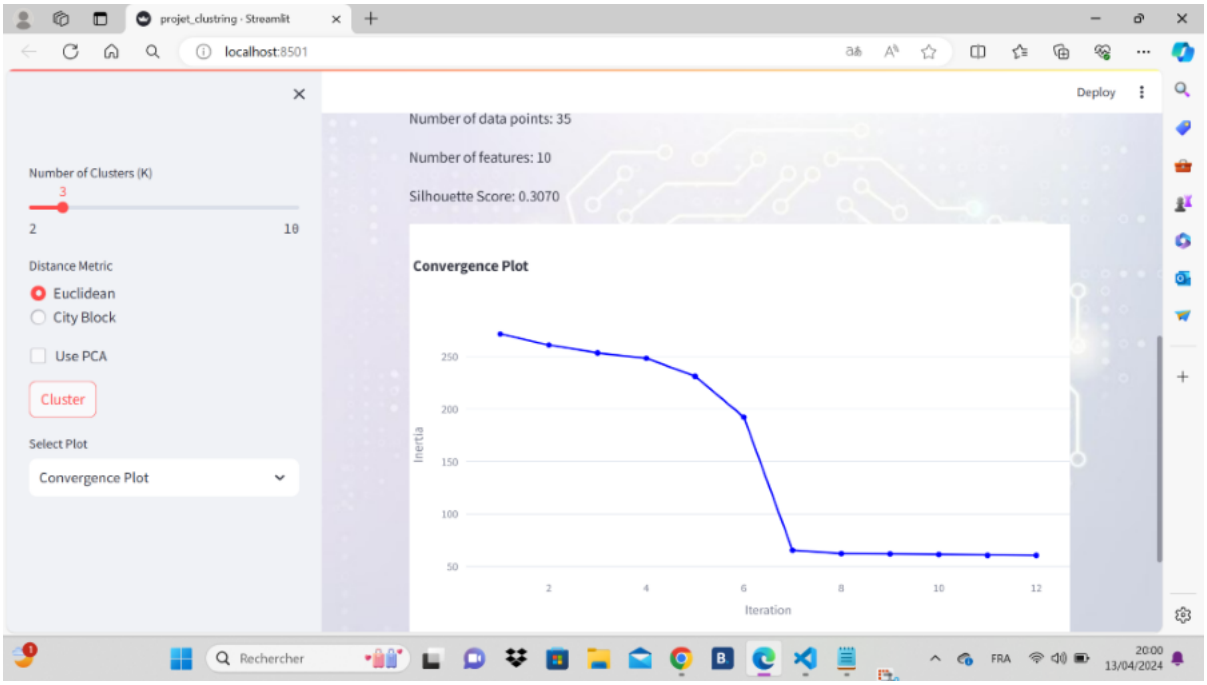

FIGURE 7 – étape 7

Si vous choisissez l'option "Silhouette Score", vous obtiendrez un graphique qui représente l'évaluation de la qualité du clustering à l'aide du score de silhouette.

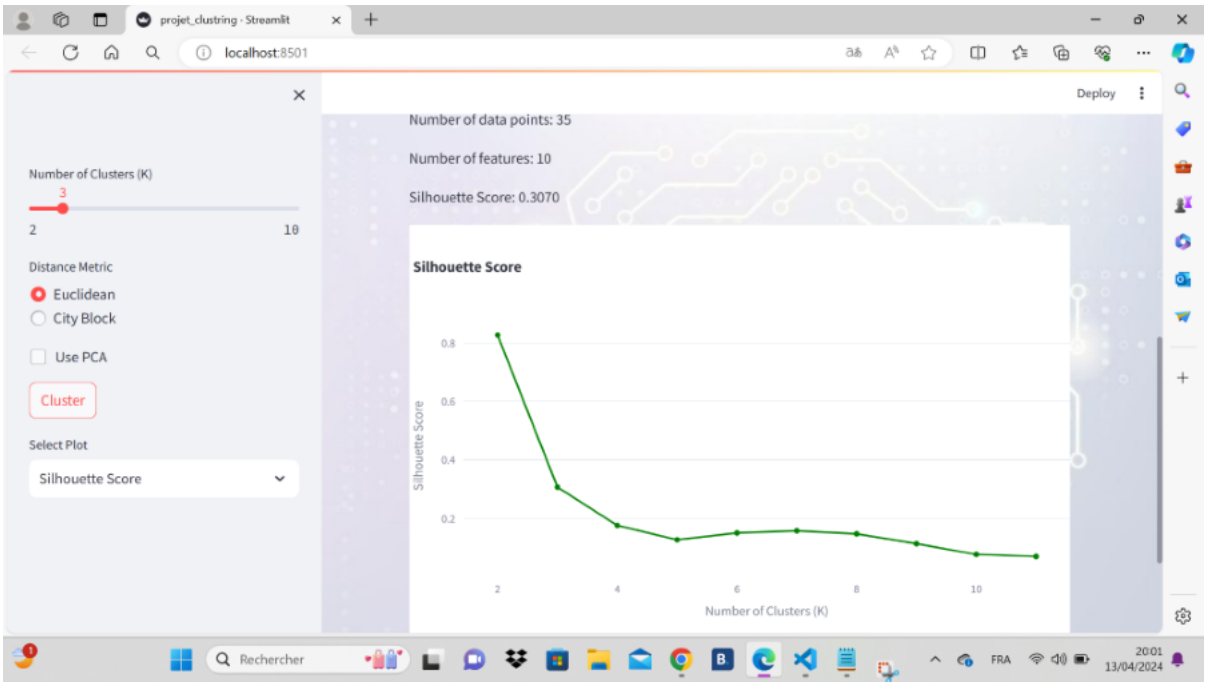

FIGURE 8 – étape 8

Si vous choisissez l'option "Hierarchical Clustring", vous pouvez charger vos données en utilisant le bouton "Upload Excel file"

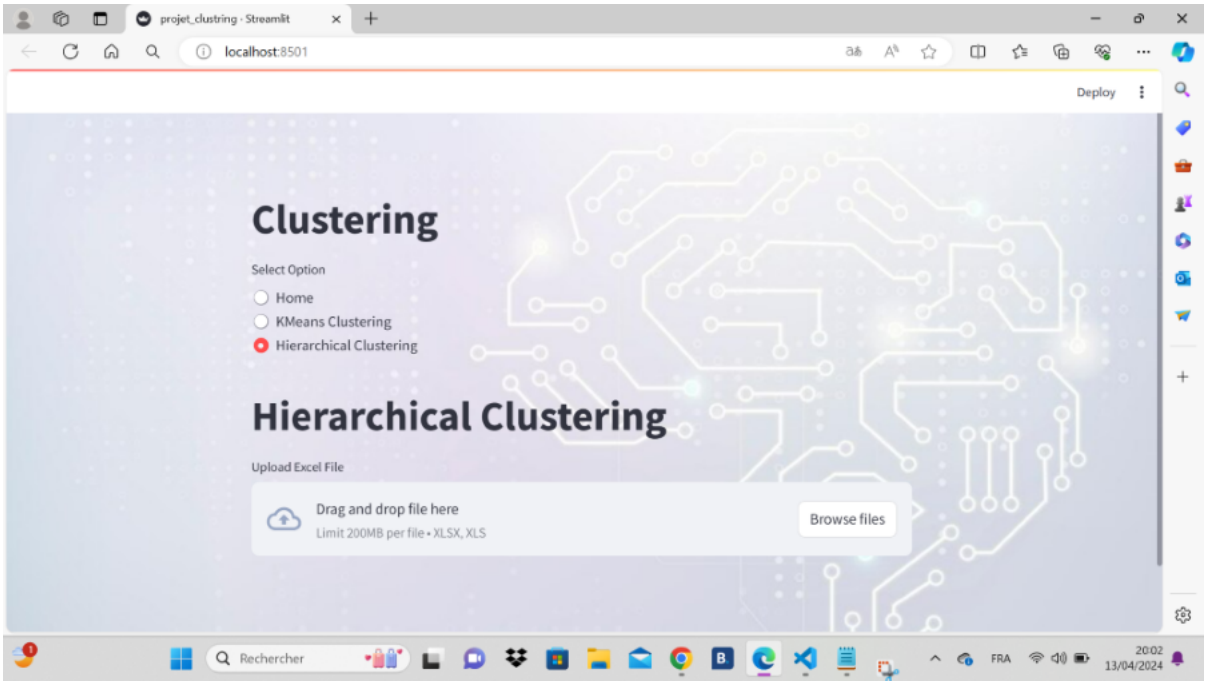

FIGURE 9 – étape 9

Après l'exécution du clustering, vous pouvez visualiser le dendrogramme résultant pour explorer la structure hiérarchique des clusters. Vous pouvez couper le dendrogramme à différentes hauteurs pour obtenir différents niveaux de granularité dans les clusters.

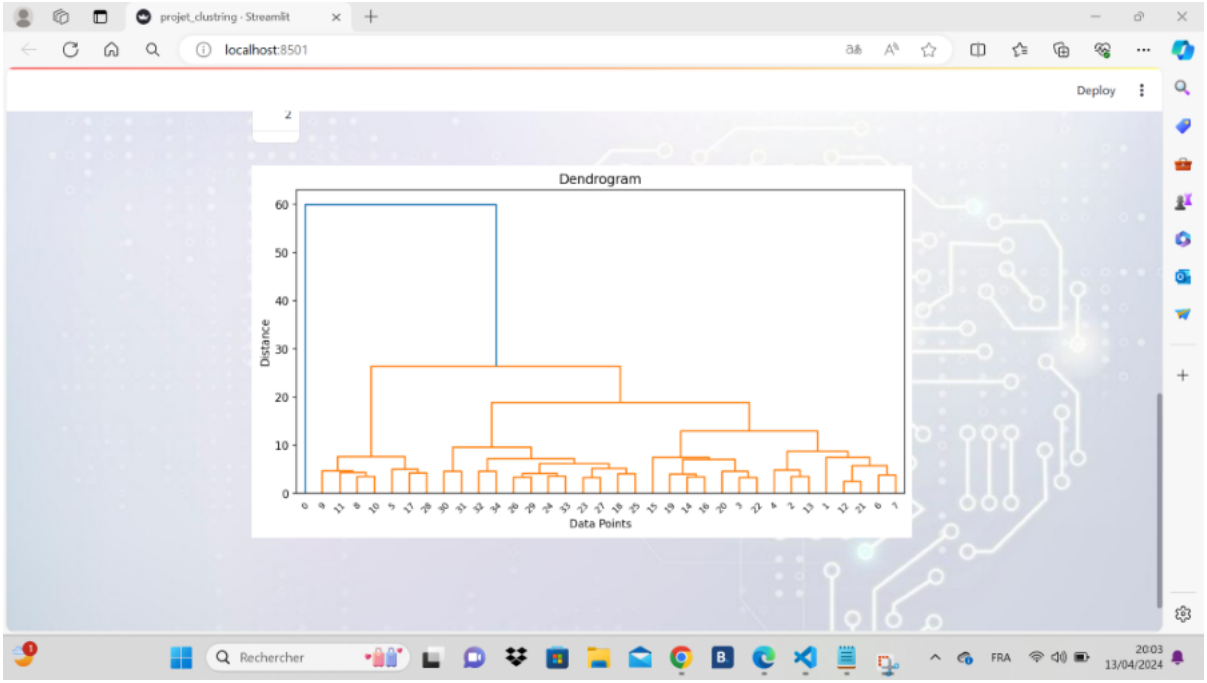

FIGURE 10 – étape 10

4 Conclusion :

Dans ce rapport, nous avons exploré les concepts de base de l'apprentissage non supervisé, en mettant l'accent sur la classification hiérarchique agglomérative (CAH) et l'algorithme K-Means. Nous avons abordé le prétraitement des données, les étapes de ces algorithmes, les mesures d'évaluation , ainsi que la visualisation des résultats à l'aide de dendrogrammes, ou les plots tel que convergence plot, clustring result. Cette exploration nous a permis de mieux comprendre l'application pratique de ces techniques dans l'analyse de données. Voici le lien vers mon référentiel GitHub où vous trouverez mon projet : **GitHub :**`https://github.com/sasoosaa`