TP4 : Clustering de données

Le but de ce TP est de créer une fonction Python capable de détecter des clusters de données homogènes dans un ensemble de données, puis d'analyser un jeu de données réelles.

A) K-Moyennes :

1. Écrivez en python l'algorithme des K-Moyennes sous la forme d'une fonction. Vous trouverez une description de l'algorithme dans le cours ou sur internet. La fonction prend en entrée deux paramètres : la matrice des données et le nombre de clusters que l'on souhaite. Testez sur les données Iris ou sur des données que vous générez. Comparez avec la fonction Kmeans de sklearn.

In [39]:
```
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
from sklearn import datasets, metrics
from sklearn.metrics.pairwise import euclidean_distances

iris = datasets.load_iris()
X = iris.data
Y = iris.target
```

In [40]:
```
import random

def dist(x,y):
    return [[ np.sqrt(np.sum((xi-yi)**2)) for yi in y] for xi in x]

def K_Moyennes(X, K):
    try:
        k_centroids = random.choices(X, k=K)
        cluster_labels = []
        while True:
            # distance = euclidean_distances(X, k_centroids)
            distance = dist(X, k_centroids)
            cluster_labels = [np.argmin(dist) for dist in distance]
            distance_matrix = [ [ x for i, x in enumerate(X) if cluster_labels[i] == k ] for k in range(K) ]

            for X_K in distance_matrix:
                if not X_K :
                    raise Exception("\nError")

            new_k_centroids = [ np.mean( a = X_K, axis = 0 )  for X_K in distance_matrix ]

            if np.array_equal(new_k_centroids, k_centroids):
                break
            else :
                k_centroids = new_k_centroids
        return cluster_labels
    except:
        return K_Moyennes(X, K)

K_Moyennes(X, 3)
```

Out[40]:
```
[0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 0,
 1,
 2,
 1,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 1,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 2,
 1,
 2,
 1,
 1,
 1,
 1,
 2,
 1,
 1,
 1,
 1,
 1,
 1,
 2,
 2,
 1,
 1,
 1,
 1,
 2,
 1,
 2,
 1,
 2,
 1,
 1,
 2,
 2,
 1,
 1,
 1,
 1,
 1,
 2,
 1,
 1,
 1,
 1,
 2,
 1,
 1,
 1,
 2,
 1,
 1,
 1,
 2,
 1,
 1,
 2]
```

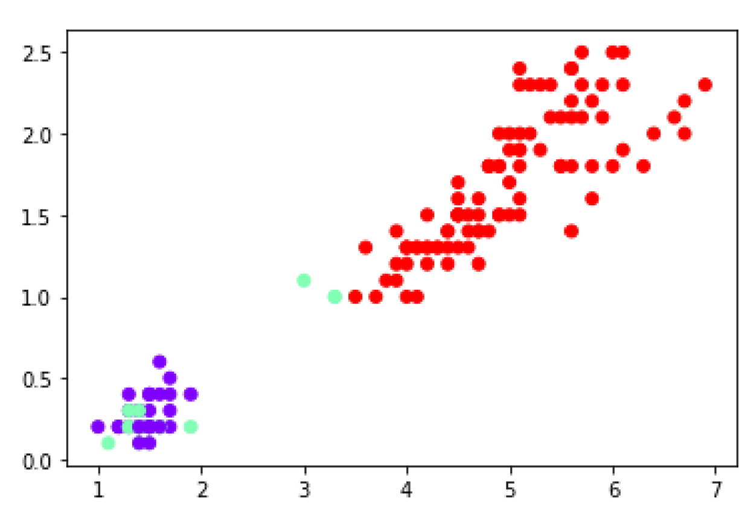
In [41]:
```
from sklearn.cluster import KMeans
kmeans = KMeans(n_clusters=3)
kmeans.fit_predict(X)
```

Out[41]:
```
array([0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0,
       0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0,
       0, 0, 0, 0, 0, 0, 1, 1, 2, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1,
       1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 2, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1,
       1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 2, 1, 2, 2, 2, 2, 1, 2, 2, 2,
       2, 2, 2, 1, 1, 2, 2, 2, 2, 1, 2, 1, 2, 1, 2, 2, 1, 1, 2, 2, 2, 2,
       2, 1, 2, 2, 2, 2, 1, 2, 2, 2, 1, 2, 2, 2, 1, 2, 2, 1])
```

2. Expérimenter l'instabilité due à l'initialisation : les centres des clusters étant choisis au hasard lors de l'initialisation, le résultat obtenu peut varier d'une exécution à l'autre. Vérifiez que c'est le cas.

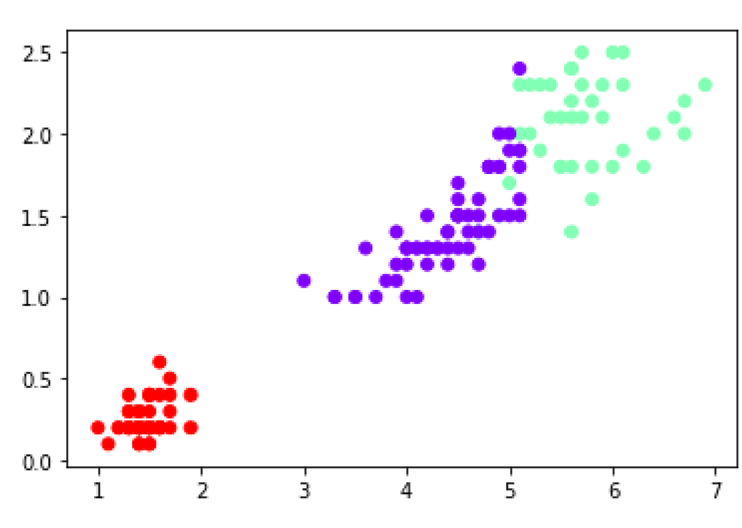
In [42]:
```
plt.scatter(X[:,2],X[:,3], c=K_Moyennes(X, 3), cmap='rainbow')
```

Out[42]: <matplotlib.collections.PathCollection at 0x1ad04eaf888>



In [44]:
```
plt.scatter(X[:,2],X[:,3], c=K_Moyennes(X, 3), cmap='rainbow')
```

Out[44]: <matplotlib.collections.PathCollection at 0x1ad04f7c348>



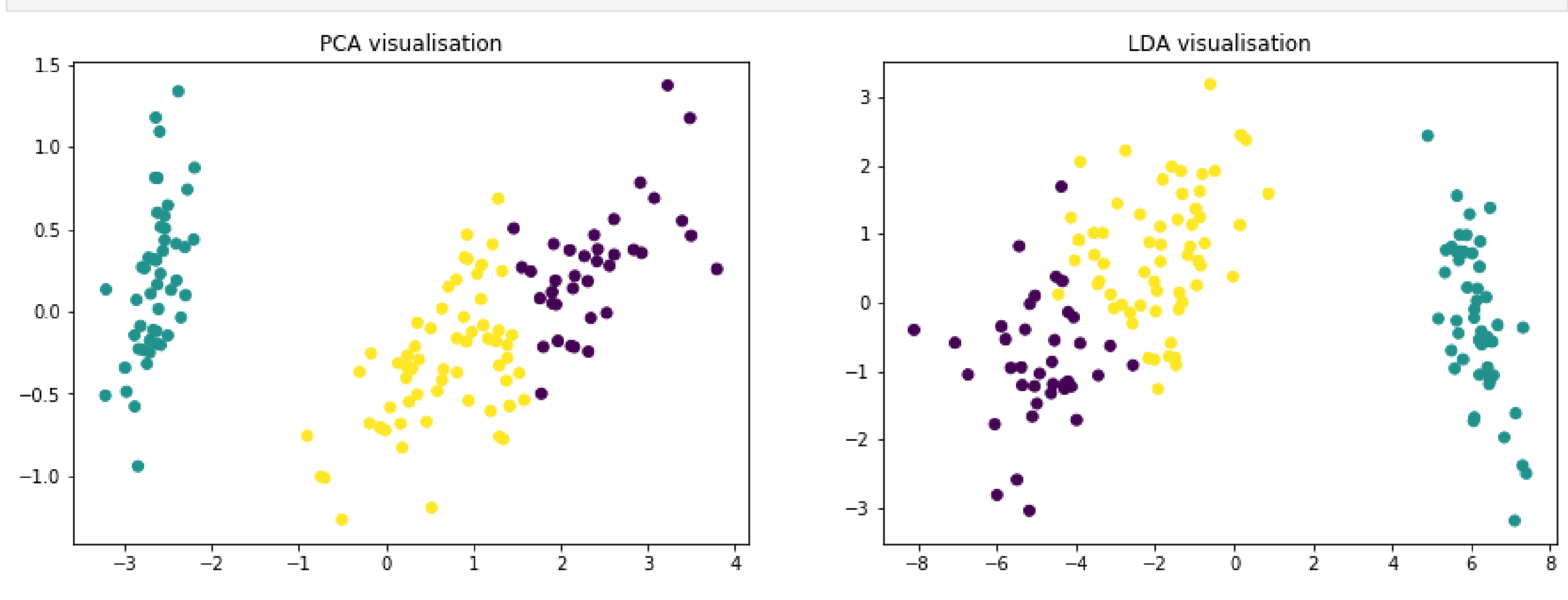
3. Utiliser l'indice de Silhouette (qui est dans le package sklearn) pour stabiliser les résultats et sélectionner automatiquement le nombre de groupes. Pour ce faire, créez un script qui applique K-moyenne sur les données pour différents nombres de clusters allant de 2 à 10, 10 fois pour chaque nombre de clusters (soit 90 fois en tout) et qui renvoie la solution ayant le meilleur score de Silhouette.

In [47]:
```
from tqdm import tqdm
scores = []
for k in tqdm(range(2,11)):

    for i in range(10):
        cluster_labels = K_Moyennes(X, k)
        scores.append( metrics.silhouette_score(X, cluster_labels) )

print('\n Le meilleur score de Silhouette pour 90 iteration est : ', np.max(scores), "Avec k = ", int(np.arg
```

```
100%|████████████████████████████████████████████████████████████| 9/9 [00:11<00:00,
  1.26s/it]
 Le meilleur score de Silhouette pour 90 iteration est :  0.6810461692117459 Avec k =  2
```

4. Utiliser une ACP (fonction PCA de sklearn) pour vérifier visuellement la cohérence des groupes obtenus. Vérifier aussi visuellement la séparabilité et la compacité de ces groupes à l'aide d'une ADL (fonction LinearDiscriminantAnalysis de sklearn).

In [48]:
```
from sklearn.decomposition import PCA
from sklearn.discriminant_analysis import LinearDiscriminantAnalysis as LDA

fig, (ax1, ax2) = plt.subplots(1, 2)
fig.set_size_inches(15, 5)

cluster_labels = K_Moyennes(X, 3)

PCA = PCA(n_components=2)
dataPCA = PCA.fit_transform(X)

plt.subplot(1, 2, 1)
plt.scatter(dataPCA[:,0], dataPCA[:,1], c=cluster_labels)
plt.title('PCA visualisation')


LDA = LDA(n_components=2)
dataLDA = LDA.fit(X, cluster_labels).transform(X)

plt.subplot(1, 2, 2)
plt.title('LDA visualisation')
plt.scatter(dataLDA[:, 0], dataLDA[:, 1], c=cluster_labels, cmap='viridis')

plt.show()
```



Quelle est la différence entre les deux méthodes ?

Le LDA et le PCA sont des techniques de transformation linéaire: le LDA est un supervisé tandis que le PCA non supervisé - le PCA ignore les étiquettes de classe. Nous pouvons imaginer l'ACP comme une technique qui trouve les directions de la variance maximale. (L'ACP a tendance à entraîner de meilleurs résultats de classification dans une tâche de reconnaissance d'image si le nombre d'échantillons pour une classe donnée était relativement faible.) Contrairement à PCA, LDA tente de trouver un sous-espace de fonctionnalités qui maximise la séparabilité des classes. LDA fait des hypothèses sur les classes normalement distribuées et les covariances de classe égales.

B) Analyse des données « choix projet » :

Les données choixprojetstab.csv contiennent des données anonymisées de voeux faits par les étudiant·e·s du master 2 pour des projets à réaliser en binômes. Chaque étudiant·e a fait des voeux sur les differents projets en leur donnant une mention très bien, bien ou jamais. Les projets non mentionnés peuvent être considérés comme « moyens » et on peut dire que très bien = 3, bien = 2, moyens = 1, jamais = 0. L'objectif est de former des clusters d'étudiant·e·s ayant faits des choix similaires. </P>

---

1. Utilisez le package csv (ou l'importation de variable de Spyder) pour lire le fichier et remplir deux variables : la liste des codes « C » représentant les étudiant (première colonne) et la matrice « M » des données (tout sauf la première ligne et la première colonne). La matrice M doit être de type array du package numpy. Faites attentions à ce que les valeurs dans M soient bien numériques (1, 2, 3) et non textuelle ('1', '2', '3'). Vous pouvez utiliser la méthode astype de numpy en cas de besoin.

In [51]:
```
import csv
import numpy as np
with open('choixprojetstab.csv', newline='', encoding='utf-8') as csv_file:
    csv_reader = csv.reader(csv_file, delimiter=';')
    rows = np.asarray([row for row in csv_reader])
    C = np.array( rows[1:,0] )
    M = np.array( rows[1:,1:] ).astype(int)

    # print(C)
    print(M.shape,"\n", M)
```

```
(71, 80)
 [[1 1 1 ... 1 1 3]
 [1 1 1 ... 1 1 1]
 [0 0 0 ... 1 0 0]
 ...
 [1 1 1 ... 1 0 2]
 [1 1 0 ... 1 1 1]
 [1 1 1 ... 0 1 1]]
```

In [55]:
```
import pandas as pd

df = pd.read_csv('choixprojetstab.csv', delimiter=';', encoding='utf-8')
df.head()
```

Out[55]:

	étudiant·e	ga.vTZVmBFaC.	ga/mLSm4ai/6g	ga04b5zeP48qY	ga1ohIKbe4v9Y	ga2f3zAu/j5w6	ga2tObQKD38MQ	ga5EltwHBOBQU
0	bl/.vSDYCGrSs	1	1	1	1	1	3	1
1	bl/1NiMubceBs	1	1	1	1	1	3	1
2	bl/dvgMTLVSvk	0	0	0	0	1	1	0
3	bl1NWhKcNADF2	1	1	1	1	1	1	1
4	bl1ao5B7htJfQ	1	1	0	1	0	0	0

5 rows × 81 columns

2. Dans sklearn.cluster il existe différents algorithmes de clustering. Testez les différents algorithmes du package et proposez le meilleur clustering possible des données selon l'indice Silhouette.

In [58]:
```
import numpy as np
from sklearn import cluster
from sklearn import metrics,mixture

# 'très bien' = 3, 'bien' = 2, 'moyens' = 1, 'jamais' = 0

# ============
# Create cluster objects
# ============
two_means = cluster.MiniBatchKMeans(n_clusters= 4)
affinity_propagation = cluster.AffinityPropagation(damping=.9, preference=-200)
birch = cluster.Birch(n_clusters= 4)
gmm = mixture.GaussianMixture( n_components= 2, covariance_type='full')
kmeans = cluster.KMeans(n_clusters=4)

clustering_algorithms = (
        ('Kmeans' , kmeans),
        ('MiniBatchKMeans', two_means),
        ('AffinityPropagation', affinity_propagation),
        ('Birch', birch),
        ('GaussianMixture', gmm)
    )

for name, algorithm in clustering_algorithms:

    cluster_labels = algorithm.fit_predict(M)

    score = metrics.silhouette_score(M, cluster_labels)

    print("> silhouette_score = ", score, "\t with :  "+name)
```

```
> silhouette_score =  0.29958429496509337        with :  Kmeans
> silhouette_score =  0.29958429496509337        with :  MiniBatchKMeans
C:\ProgramData\Anaconda3\lib\site-packages\sklearn\cluster\_affinity_propagation.py:152: FutureWarning: 'ran
dom_state' has been introduced in 0.23. It will be set to None starting from 0.25 which means that results w
ill differ at every function call. Set 'random_state' to None to silence this warning, or to 0 to keep the b
ehavior of versions <0.23.
  FutureWarning)
> silhouette_score =  0.24603465972457622        with :  AffinityPropagation
> silhouette_score =  0.2905635020378965         with :  Birch
> silhouette_score =  0.1840557144219895         with :  GaussianMixture
```

Links

- E-mail : zakaria.abbou199434@gmail.com
- GitHub : github.com/ZakariaAABBOU
- Linkedin : linkedin.com/in/zakaria-aabbou/