

1 Objectif

Déploiement des modèles prédictifs avec R.

L'industrialisation est l'étape ultime du data mining. Dans le cadre prédictif, l'objectif est de classer un individu à partir de sa description. Pour les établissement de crédit par exemple, la question posée est la suivante : connaissant l'âge, le revenu, la situation matrimoniale d'un client, est-ce qu'il s'avère risqué de lui prêter de l'argent ? C'est ainsi que sur certains sites web, à partir des informations signalétiques saisies dans des formulaires, on nous fournit un accord de principe (ou un refus) pour un emprunt que nous sollicitons.

L'industrialisation repose sur la possibilité de sauvegarder, de diffuser et d'exploiter le classifieur élaboré lors de la phase d'apprentissage. On parle de déploiement. Schématiquement, nous distinguerons 3 grandes étapes dans le processus data mining :

1. **Construction du modèle prédictif à partir des données disponibles.** Cette phase de modélisation comprend la préparation des données, la recherche du meilleur classifieur, son évaluation. Le data mining y consacre l'essentiel de son temps, ce travail doit être rentabilisé.
2. **Déploiement du modèle.** Une fois que nous avons mis en évidence un classifieur satisfaisant, il doit être sauvegardé dans un fichier (en tous les cas sur un support non volatile), puis diffusé pour l'implantation dans les autres services de l'entreprise. **Seul le modèle est diffusé.** Les données qui ont servi à son élaboration n'ont pas à l'être. C'est d'autant plus vrai que, souvent, nous nous appuyons sur de gros volumes de données pour construire des modèles efficaces.
3. **Mise en œuvre du modèle pour le classement de nouveaux individus.** Une fois le modèle implanté dans un nouvel environnement, il est réellement utilisé pour classer les individus à partir de leur description. C'est la phase d'industrialisation.

L'intégration (le déploiement) des modèles dans les systèmes d'information est donc une étape très importante¹. Une stratégie très simple, largement utilisée encore de nos jours, consiste à les transcrire manuellement via un langage de programmation quelconque (C++, Java, etc.) dans le nouvel environnement. Mais, elle n'est pas tenable à long terme. L'accélération de l'usage du data mining dans les entreprises, la multiplication des modèles et la nécessité de les mettre à jour régulièrement imposent une automatisation de la phase de déploiement.

Ces dernières années, la norme [PMML](#) tend à (*tente de*) s'imposer. Elle est soutenue par un groupe très actif qui propose une description normalisée des modèles. Très séduisante a priori, un standard accepté par tous est un gage d'universalité, cette solution n'est pas sans poser de problèmes : (a) il faut déjà que les outils de data mining sachent produire les fichiers respectant la norme qui, par ailleurs, évolue dans le temps (<http://www.dmg.org/v4-o/GeneralStructure.html>) ; (b) il faut ensuite que les systèmes d'information, en plus de savoir manipuler les données, sachent interpréter correctement les modèles codés en PMML pour pouvoir les appliquer. Sur le site du « Data Mining group », nous disposons de la liste des logiciels qui savent gérer ces deux aspects. Les acteurs et les méthodes couvertes sont finalement peu nombreux (<http://www.dmg.org/products.html>).

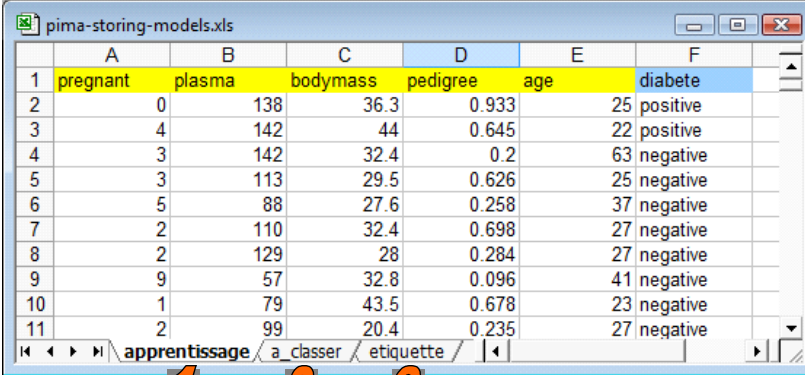
¹ <http://www.kdnuggets.com/polls/2009/deployment-data-mining-models.htm>

Entre ces deux extrêmes (écriture de programmes vs. PMML), certains logiciels proposent des solutions ad hoc pour l'industrialisation des modèles. Dans ce tutoriel, nous en présentons une pour R. Elle repose sur la possibilité de sauvegarder des modèles dans des fichiers binaires via le [package filehash](http://cran.r-project.org/web/packages/filehash/index.html) (<http://cran.r-project.org/web/packages/filehash/index.html>). Certes, nous aurons encore besoin du logiciel R dans la phase d'industrialisation (pour le classement de nouveaux individus), mais plusieurs aspects militent en faveur de cette stratégie : R est librement accessible et utilisable dans quelque contexte que ce soit ; il fonctionne indifféremment sous Windows, sous Linux et sous MacOS (<http://www.r-project.org/>); nous pouvons le piloter en mode batch c.-à-d. tout programme peut faire appel à R en sous main, lui faire exécuter une tâche, et récupérer les résultats.

Nous écrivons trois programmes distincts pour différencier les étapes. Le premier construit les modèles à partir des données d'apprentissage et les stocke dans un fichier binaire. Le second charge les modèles et les utilise pour classer les individus non étiquetés d'un second ensemble de données. Les prédictions sont sauveées dans un fichier CSV. Enfin, le troisième charge les prédictions et la vraie classe d'appartenance conservée dans un troisième fichier, il construit les matrices de confusion et calcule les taux d'erreur. Les méthodes de data mining utilisés sont : les arbres de décision (rpart) ; la régression logistique (glm) ; l'analyse discriminante linéaire (lda) ; et l'analyse discriminante sur facteurs de l'ACP (princomp + lda). Avec ce dernier cas, on montre que la stratégie reste opérationnelle même lorsque la prédiction nécessite un enchaînement d'opérations complexes.

2 Données

Nous regroupons les données dans un classeur Excel « pima-storing-models.xls » (<http://eric.univ-lyon2.fr/~ricco/tanagra/fichiers/pima-model-deployment.zip>). Nous disposons de 3 feuilles : (1) les données d'apprentissage étiquetées (apprentissage) ; (2) les observations à classer (a_classer), pour lesquelles nous disposons uniquement des valeurs des variables prédictives ; (3) les étiquettes des individus de la feuille précédente (étiquette).



	A	B	C	D	E	F
1	pregnant	plasma	bodymass	pedigree	age	diabete
2	0	138	36.3	0.933	25	positive
3	4	142	44	0.645	22	positive
4	3	142	32.4	0.2	63	negative
5	3	113	29.5	0.626	25	negative
6	5	88	27.6	0.258	37	negative
7	2	110	32.4	0.698	27	negative
8	2	129	28	0.284	27	negative
9	9	57	32.8	0.096	41	negative
10	1	79	43.5	0.678	23	negative
11	2	99	20.4	0.235	27	negative

1 2 3

3 Construction et stockage des modèles prédictifs

La première étape consiste à construire les modèles prédictifs à partir des données d'apprentissage. Nous les stockons par la suite dans un fichier externe en utilisant les fonctionnalités du package « filehash » que nous avons longuement présenté par ailleurs (<http://tutoriels-data-mining.blogspot.com/2010/06/traitement-des-tres-grands-fichiers.html>).

```
#vider la mémoire
rm (list=ls())
#charger les données
library(xlsReadWrite)
setwd("D:/DataMining/Databases_for_mining/dataset_for_soft_dev_and_comparison/idt-spad")
pima.train <- read.xls(file="pima-storing-models.xls",colNames=T,sheet="apprentissage")

#induction d'un arbre de décision avec rpart
library(rpart)
tree.unpruned <- rpart(diabete ~ ., data = pima.train)
#post-élagage
tree.final <- prune(tree.unpruned,cp=0.04)
#impression de l'arbre de décision
print(tree.final)

#initialisation de la régression logistique avec uniquement la constante
logreg.initial <- glm(diabete ~ 1, data = pima.train, family = binomial)
#sélection de variables – recherche forward avec stepAIC
library(MASS)
logreg.final <- stepAIC(logreg.initial,
  scope=list(lower="~1",upper="~age+pedigree+pregnant+bodymass+plasma"),trace=T,direction="forward")
#impression du modèle définitif
print(logreg.final)

#fsélection forward pour l'analyse discriminante
library(klaR)
selection.var <- greedy.wilks(diabete ~ ., data = pima.train, niveau = 0.01)
#analyse discriminante avec les variables sélectionnées
lda.final <- lda(selection.var$formula, data = pima.train)
#impression du modèle définitif
print(lda.final)

#ACP sur les variables prédictives
pca <- princomp(~age+pedigree+pregnant+bodymass+plasma, data = pima.train, cor = T, scores = T)
#analyse discriminante sur les deux premiers facteurs de l'ACP
scores <- as.data.frame(pca$scores)
lda.pca <- lda(pima.train$diabete ~ scores$Comp.1 + scores$Comp.2)
#impression du modèle
print(lda.pca)

#suppression de la version précédente du fichier de stockage (si nécessaire)
file.remove("models.db")
#stockage des modèles prédictifs (et intermédiaires comme l'ACP) dans « models.db »
library(filehash)
dumpObjects(tree.final,dbName="models.db")
dumpObjects(logreg.final,dbName="models.db")
dumpObjects(lda.final,dbName="models.db")
dumpObjects(pca,dbName="models.db")
dumpObjects(lda.pca,dbName="models.db")
```

Les données étiquetées de la première feuille du classeur sont chargées avec l'instruction `read.xls(.)` [package `xlsReadWrite`]. 4 techniques prédictives sont implémentées dans ce didacticiel.

3.1 Arbre de décision

Nous utilisons `rpart()` [package `rpart`] pour générer l'arbre de décision maximal, `prune()` se charge du post élagage. Nous le montrons pas ici, nous avons utilisé la fonction `plotcp()` pour détecter la valeur adéquate du paramètre « cp ». Nous obtenons un arbre impliquant seulement 2 des 5 variables prédictives.

```
R Console
> library(rpart)
> tree.unpruned <- rpart(diabete ~ ., data = pima.train)
> #specifying the right size of the tree by post-pruning
> #plotcp(tree.unpruned)
> tree.final <- prune(tree.unpruned,cp=0.04)
> #printing the decision tree
> print(tree.final)
n= 568

node), split, n, loss, yval, (yprob)
 * denotes terminal node

1) root 568 196 negative (0.6549296 0.3450704)
 2) plasma< 130.5 385 79 negative (0.7948052 0.2051948) *
 3) plasma>=130.5 183 66 positive (0.3606557 0.6393443)
   6) bodymass< 29.95 47 16 negative (0.6595745 0.3404255) *
   7) bodymass>=29.95 136 35 positive (0.2573529 0.7426471) *
```

3.2 Régression logistique

Pour la régression logistique, nous utilisons la commande `stepAIC()` [package `MASS`] pour détecter automatiquement les variables pertinentes. Le premier appel à `glm()` sert à initialiser la procédure de recherche. Toutes les variables prédictives ont finalement été retenues.

```
R Console
> #print the final model
> print(logreg.final)

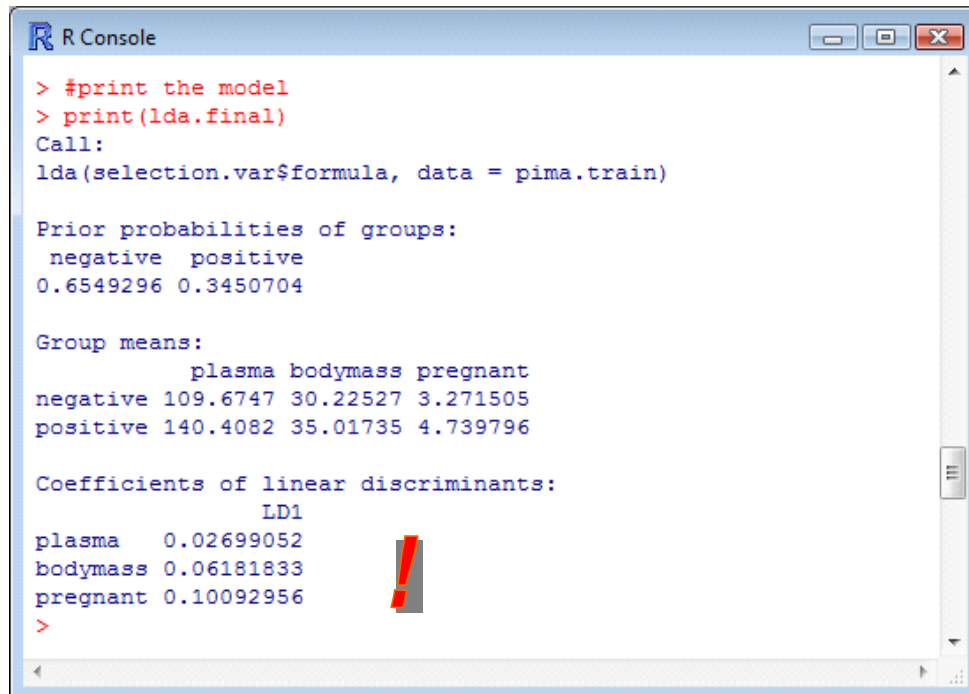
Call: glm(formula = diabete ~ plasma + bodymass + pregnant + pedigree + age, $

Coefficients:
(Intercept)      plasma      bodymass      pregnant      pedigree
-8.57688      0.03038      0.08675      0.09283      0.72996
      age
      0.01774

Degrees of Freedom: 567 Total (i.e. Null); 562 Residual
Null Deviance: 732
Residual Deviance: 550.8      AIC: 562.8
```

3.3 Analyse discriminante

Nous utilisons tout d'abord la commande `greedy.wilks()` [package *klaR*] pour détecter les variables prédictives pertinentes, puis `lda()` pour réaliser l'analyse discriminante sur les variables sélectionnées.



```
R Console
> #print the model
> print(lda.final)
Call:
lda(selection.var$formula, data = pima.train)

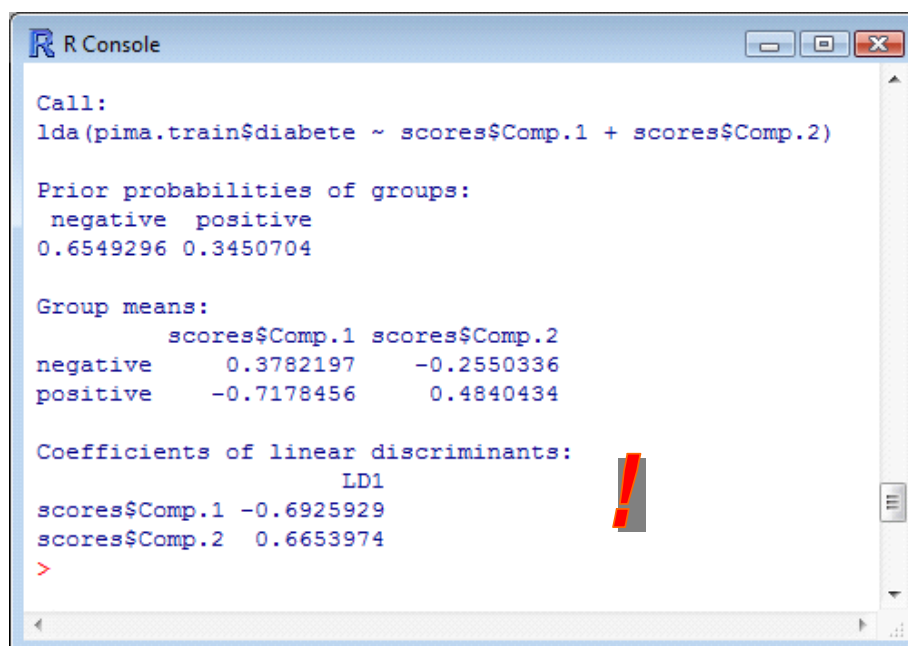
Prior probabilities of groups:
  negative  positive
0.6549296  0.3450704

Group means:
      plasma bodymass pregnant
negative 109.6747 30.22527 3.271505
positive 140.4082 35.01735 4.739796

Coefficients of linear discriminants:
          LD1
plasma    0.02699052
bodymass  0.06181833
pregnant  0.10092956
>
```

3.4 Analyse discriminante sur facteurs de l'ACP

Nous procédons en deux temps. L'analyse en composantes principales `princomp()` projette les individus dans un nouvel espace de représentation. Nous utilisons les deux premiers facteurs comme variables prédictives dans l'analyse discriminante `lda()` subséquente.



```
R Console
Call:
lda(pima.train$diabete ~ scores$Comp.1 + scores$Comp.2)

Prior probabilities of groups:
  negative  positive
0.6549296  0.3450704

Group means:
      scores$Comp.1 scores$Comp.2
negative    0.3782197   -0.2550336
positive   -0.7178456    0.4840434

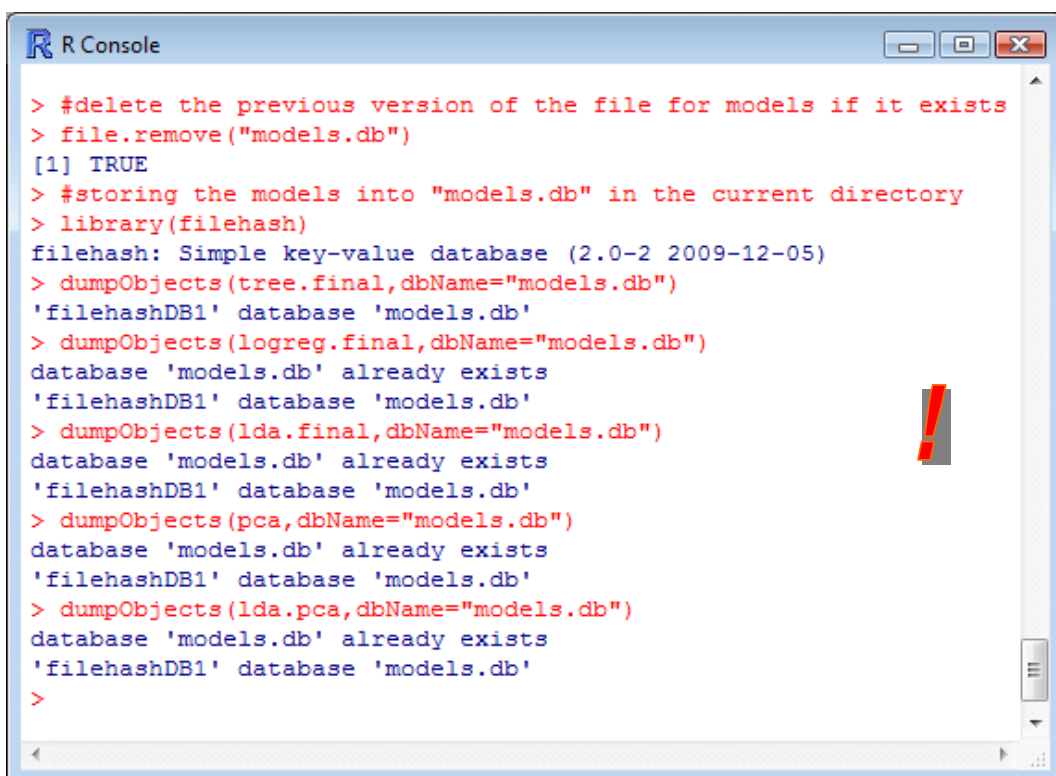
Coefficients of linear discriminants:
          LD1
scores$Comp.1 -0.6925929
scores$Comp.2  0.6653974
>
```

Nous avons présenté cette approche dans un de nos tutoriels. C'est une manière, entre autres, de traiter le problème des prédicteurs fortement corrélés (<http://tutoriels-data-mining.blogspot.com/2008/03/analyse-discriminante-sur-axes.html>).

3.5 Stockage des modèles

Tous les modèles sont stockés dans le seul fichier «models.db» à l'aide de la fonction `dumpObjects()` [*package filehash*]. Ils peuvent donc co-exister. Nous les distinguerons à l'aide de leur identifiant lors du chargement ultérieur.

Concernant l'analyse discriminante sur facteurs, nous devons à la fois sauver l'objet «pca» correspondant au résultat de l'ACP, et «lda.pca» correspondant à l'analyse discriminante sur les 2 premiers facteurs. Tous deux seront nécessaires lors de la prédiction sur de nouveaux individus.



```
> #delete the previous version of the file for models if it exists
> file.remove("models.db")
[1] TRUE
> #storing the models into "models.db" in the current directory
> library(filehash)
filehash: Simple key-value database (2.0-2 2009-12-05)
> dumpObjects(tree.final, dbName="models.db")
'filehashDB1' database 'models.db'
> dumpObjects(logreg.final, dbName="models.db")
database 'models.db' already exists
'filehashDB1' database 'models.db'
> dumpObjects(lda.final, dbName="models.db")
database 'models.db' already exists
'filehashDB1' database 'models.db'
> dumpObjects(pca, dbName="models.db")
database 'models.db' already exists
'filehashDB1' database 'models.db'
> dumpObjects(lda.pca, dbName="models.db")
database 'models.db' already exists
'filehashDB1' database 'models.db'
>
```

Le fichier «models.db» peut être copié sur n'importe quel support et distribué à quiconque veut exploiter les modèles pour classer de nouveaux individus. C'est ce que nous ferons dans la section suivante.

4 Classement de nouveaux individus

Deux préalables sont nécessaires pour que l'on puisse appliquer les modèles sur un fichier d'observations non étiquetées: (1) l'utilisateur doit disposer du logiciel R sur sa machine, avec les packages adéquats, qu'importe le système d'exploitation; (2) les noms des variables du fichier décrivant les individus à classer doivent correspondre à ceux de l'échantillon d'apprentissage.

4.1 Déploiement avec R sous Windows

```
#vider la mémoire
rm (list=ls())

#charger les données de la seconde feuille du classeur Excel
library(xlsReadWrite)
setwd("D:/DataMining/Databases_for_mining/dataset_for_soft_dev_and_comparison/idt-spad")
pima.unlabeled <- read.xls(file="pima-storing-models.xls",colNames=T,sheet="a_classer")

#connexion à la base contenant les modèles
library(filehash)
db.models <- dbInit("models.db")
#rattacher la base à un environnement
env.models <- db2env(db.models)
#lister les modèles disponibles pour vérification
print(ls(env.models))

#charger les packages adéquats – correspondants aux modèles à manipuler
library(rpart)
library(MASS)

#classer les individus non étiquetés – en utilisant chaque modèle
pred.tree <- predict(env.models$tree.final,newdata=pima.unlabeled,type="class")
pred.logreg <- as.factor(ifelse(predict(env.models$logreg.final, newdata=pima.unlabeled,type="response")>0.5,
"positive", "negative"))
pred.lda <- predict(env.models$lda.final,newdata=pima.unlabeled)$class
#attention, prédiction en deux temps pour l'analyse discriminante sur facteurs
#calcul des coordonnées factorielles (sur les axes de l'ACP)
scores.pca <- predict(env.models$pca,newdata=pima.unlabeled)
scores <- as.data.frame(scores.pca)
#prédiction de l'analyse discriminante à partir de ces coordonnées factorielles
pred.lda.pca <- predict(env.models$lda.pca,newdata=pima.unlabeled)$class

#créer un data frame pour les prédictions
predictions <- data.frame(pred.tree,pred.logreg,pred.lda,pred.lda.pca)
print(summary(predictions))

#stockage des prédictions dans un fichier CSV
file.remove("predictions.txt")
write.table(predictions,file="predictions.txt",dec=".",sep="\t",row.names=F,quote=F)
```

Reprenons les principaux résultats :

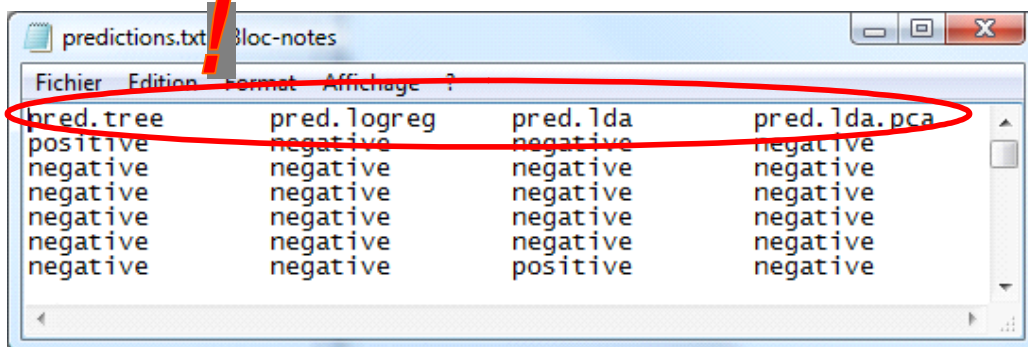
- 5 objets utilisables pour la prédiction sont disponibles dans le fichier « models.db ».

```
R Console
> library(filehash)
filehash: Simple key-value database (2.0-2 2009-12-05)
> #retrieve the models stored into the database
> db.models <- dbInit("models.db")
> #attach the database to an environment
> env.models <- db2env(db.models)
> #printing the available models
> print(ls(env.models))
[1] "lda.final"      "lda.pca"        "logreg.final"   "pca"            "tree.final"
```

- L'application des modèles sur l'échantillon non étiqueté a correctement fonctionné. Les prédictions ont bien été stockées dans le fichier « predictions.txt ».

```
R Console
> print(summary(predictions))
  pred.tree  pred.logreg  pred.lda  pred.lda.pca
negative:150 negative:143 negative:141 negative:139
positive: 50 positive: 57 positive: 59 positive: 61
>
> #store the predictions into a file
> file.remove("predictions.txt")
[1] TRUE
> write.table(predictions,file="predictions.txt",dec=".",sep="\t",row.names=F,$
```

- Un coup d'œil rapide au fichier montre les 4 colonnes générées.



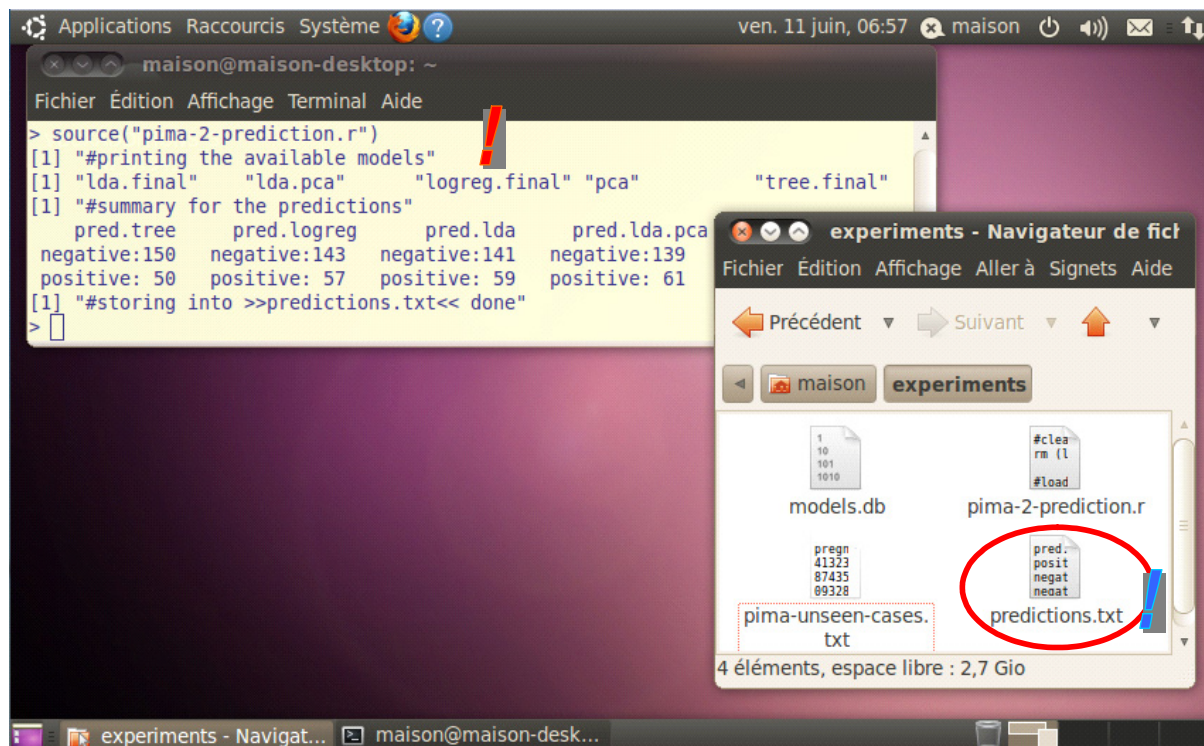
```
predictions.txt
Fichier  Edition  Format  Affichage  ?
pred.tree  pred.logreg  pred.lda  pred.lda.pca
positive   negative    negative  negative
negative   negative    negative  negative
negative   negative    negative  negative
negative   negative    negative  negative
negative   negative    negative  negative
negative   negative    positive  negative
```

4.2 Déploiement avec R sous Linux

Le fichier « models.db » généré avec R sous Windows peut être exploité sous d'autres systèmes d'exploitation (pourvu que R y soit présent), en respectant exactement le même canevas. Cette caractéristique élargit considérablement la portée du dispositif.

Dans ce qui suit, nous montrons les résultats sous Linux (Ubuntu). Petite concession quand même, le package xlsReadWrite n'est pas accessible, nous avons donc transformé la seconde feuille du classeur Excel en fichier CSV. Cela ne change rien fondamentalement.

Au final, le fichier « prédictions.txt » est correctement généré.



5 Évaluation des prédictions

Cette partie n'est pas indispensable. A titre de curiosité, puisque nous disposons par ailleurs des vraies étiquettes du second ensemble de données dans la troisième feuille de notre classeur Excel, il serait intéressant de voir comment se comportent les prédictions des différents modèles. C'est aussi une manière de vérifier la crédibilité du dispositif. Si les individus sont classés n'importe comment, la sauvegarde des modèles peut être remise en cause.

#vider la mémoire

```
rm(list=ls())
```

#fonction pour la matrice de confusion et le taux d'erreur

```
error_rate <- function(y,ypred){
  mc <- table(y,ypred)
  error <- (mc[1,2]+mc[2,1])/sum(mc)
  print(mc)
  print(error)
}
```

#charger les étiquettes des observations dans la 3^{ème} feuille du classeur Excel

```
library(xlsReadWrite)
setwd("D:/DataMining/Databases_for_mining/dataset_for_soft_dev_and_comparison/idt-spad")
pima.labeled <- read.xls(file="pima-storing-models",colNames=T,sheet="etiquette")
```

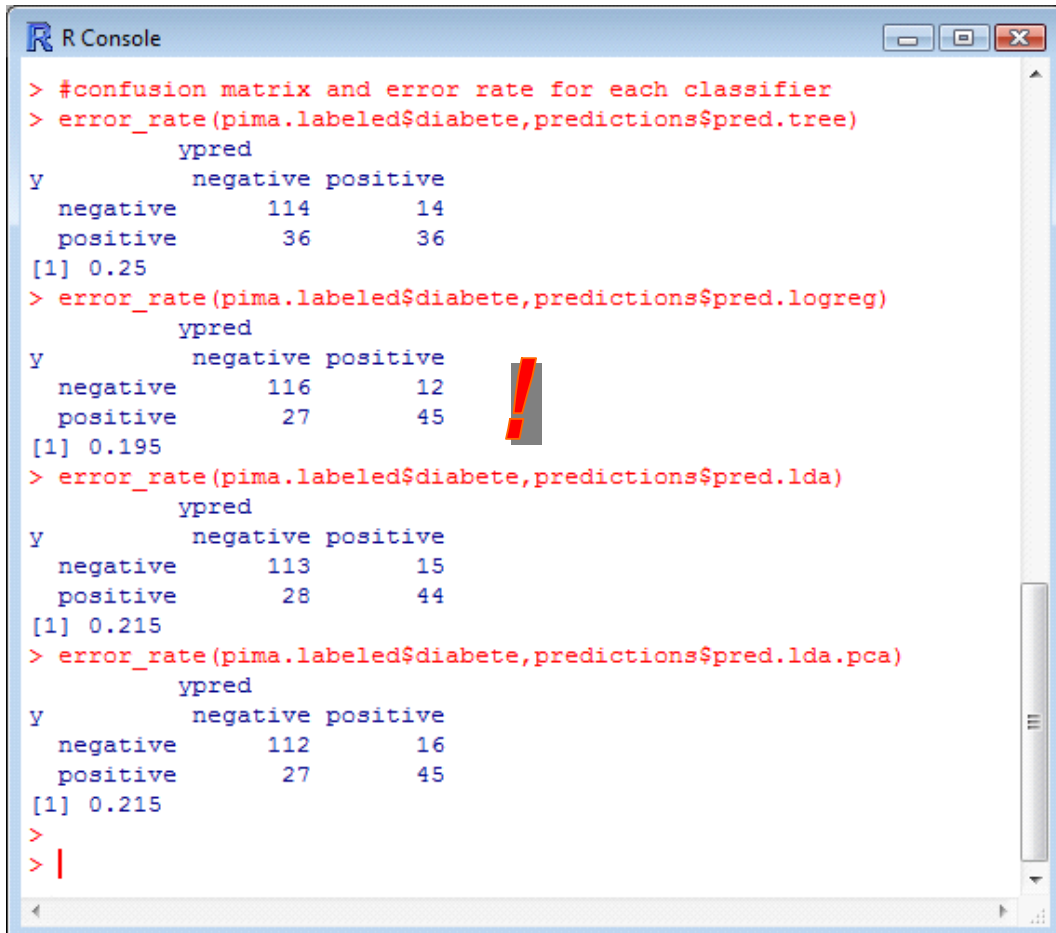
#charger les prédictions des modèles

```
predictions <- read.table("predictions.txt",header=T,dec=".",sep="\t")
```

#matrice de confusion et taux d'erreur pour chaque prédiction

```
error_rate(pima.labeled$diabete,predictions$pred.tree)
error_rate(pima.labeled$diabete,predictions$pred.logreg)
error_rate(pima.labeled$diabete,predictions$pred.lda)
error_rate(pima.labeled$diabete,predictions$pred.lda.pca)
```

La régression logistique se révèle être la meilleure en prédiction ; l'arbre de décision, sur ce fichier en tous les cas, est le moins performant.



```
R Console
> #confusion matrix and error rate for each classifier
> error_rate(pima.labeled$diabete,predictions$pred.tree)
      ypred
y      negative positive
negative 114      14
positive 36      36
[1] 0.25
> error_rate(pima.labeled$diabete,predictions$pred.logreg)
      ypred
y      negative positive
negative 116      12
positive 27      45
[1] 0.195
> error_rate(pima.labeled$diabete,predictions$pred.lda)
      ypred
y      negative positive
negative 113      15
positive 28      44
[1] 0.215
> error_rate(pima.labeled$diabete,predictions$pred.lda.pca)
      ypred
y      negative positive
negative 112      16
positive 27      45
[1] 0.215
>
> |
```

6 Conclusion

Dans ce didacticiel, nous montrons qu'il est facile de déployer les modèles prédictifs élaborés sous le logiciel R. Certes, le fichier à diffuser est au format binaire, seul R sait le lire. Cette limitation ne peut être ignorée. Mais, en contrepartie, R est gratuit, il peut fonctionner sous différents systèmes d'exploitation – nous avons ainsi montré qu'un fichier de modèles élaboré sous Windows est exploitable sous Linux – et nous pouvons le piloter en mode batch. Bref, la solution proposée est une alternative crédible aux stratégies adoptées par les autres logiciels.