ABC for alpha-stable models

Clémence Chevrier, Félix de Champs, Enzo Lounes, Zakaria Bouliaire

Simulation and Monte Carlo Methods
ENSAE Paris

30 April, 2024

Table des matières

Distributions alpha-stables et génération

Les distributions alpha-stables permettent de modéliser des phénomènes avec des queues de distributions lourdes, avec variance infinie et asymétrie.

Paramètres de la distribution alpha-stable univariée :

$\alpha \in]0,2]$: décroissance de la queue
$\beta \in]-1,1]$: degré et signe de l'asymétrie
$\gamma > 0$: facteur multiplicatif
$\delta \in \mathbb{R}$: l'origine

Aperçu d'une distribution alpha-stable

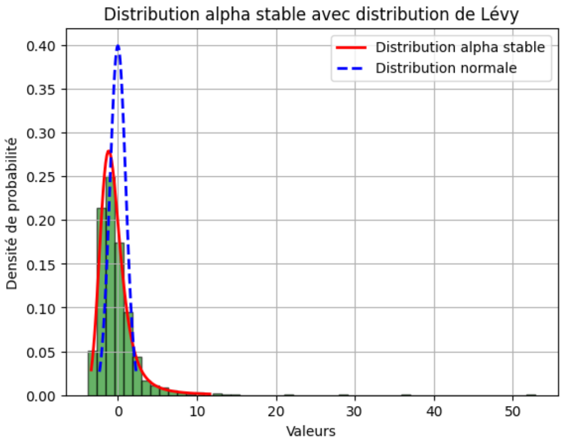


Figure 1: Aperçu d'une distribution alpha-stable. (alpha=1.5, beta=1, gamma=1, delta=0)

Génération

On simule $W \sim Exp(1)$

On simule $U \sim \mathcal{U}[-\pi/2, \pi/2]$

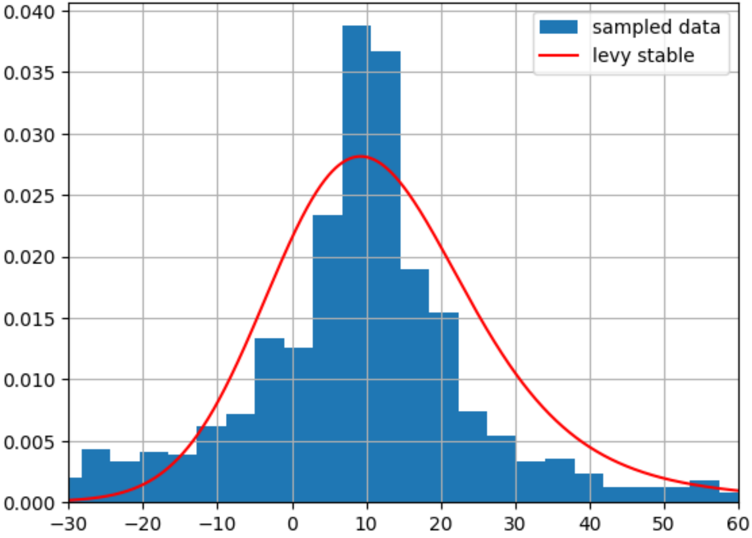
On calcule ceci :

$$\bar{y} = \begin{cases} S_{\alpha,\beta} \dfrac{\sin\alpha\left(u + B_{\alpha,\beta}\right)}{(\cos u)^{1/\alpha}} \left[\dfrac{\cos\left(u - \alpha\left(u + B_{\alpha,\beta}\right)\right)}{w}\right]^{\frac{1-\alpha}{\alpha}} & \text{if } \alpha \neq 1 \\ \dfrac{2}{\pi}\left[\left(\dfrac{\pi}{2} + \beta u\right)\tan u - \beta \ln \dfrac{\frac{\pi}{2} w_i \cos u}{\frac{\pi}{2} + \beta u}\right] & \text{if } \alpha = 1, \end{cases}$$

with $S_{\alpha,\beta} = \left(1 + \beta^2 \tan^2\left(\frac{\pi\alpha}{2}\right)\right)^{1/(2\alpha)}$ and $B_{\alpha,\beta} = \frac{1}{\alpha}\arctan\left(\beta\tan\left(\frac{\pi\alpha}{2}\right)\right)$.

Finalement, on applique la transformation $y = \gamma\bar{y} + \delta$

Génération : résultats



Estimation avec les méthodes de Monte Carlo et RQMC

Monte Carlo

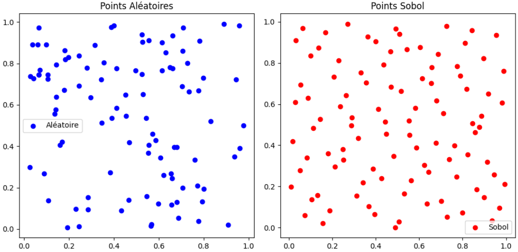
```
def monte_carlo_estimate_manual(f, size, params, u, w):
    y = univ_alpha_stable_sampler(params,u,w,size)
    return np.mean(f(y))
```

Random Quasi Monte Carlo (RQMC)

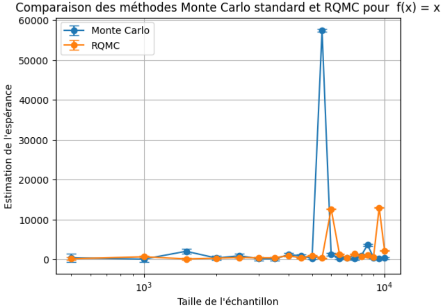
La génération de nombres aléatoires est remplacée par une séquence déterministe de points comme la séquence quasi-aléatoire de Sobol.

```
def rqmc_estimate_manual(f, size, params, u, w):
    d = 1  # Dimension de la séquence
    points = sobol_sequence(n, d)
    u = np.arccos(2 * points - 1) - np.pi/2  # Transformation pour obtenir u entre -pi/2 et pi/2
    w = -np.log(1 - points)  # Transformation pour obtenir w selon une distribution exponentielle
    y = univ_alpha_stable_sampler(params,u,w,size)
    return np.mean(f(y))
```

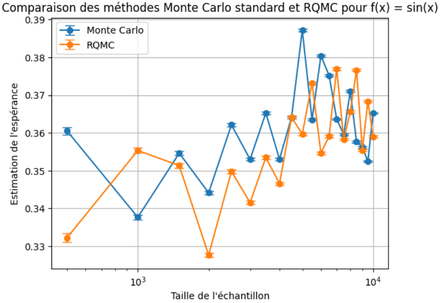
Séquence de Sobol



Comparaison RQMC et Monte Carlo Standard



Comparaison pour f(x) = x



Comparaison pour f(x) = sin(x)

Comparaison RQMC et Monte Carlo Standard

Les deux méthodes convergent vers une valeur similaire, ce qui est attendu avec la loi des grands nombres

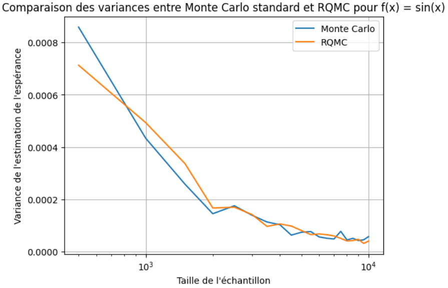
La convergence avec RQMC semble être plus rapide

Comparaison RQMC et Monte Carlo Standard

La MSE est plus faible pour RQMC

```
MSE Monte Carlo pour f(x) = exp(-x²): 0.03075766222756377
MSE RQMC pour f(x) = exp(-x²): 0.02952922162463651
```

La variance de l'estimation de l'espérance par la méthode RQMC est généralement plus faible que celle du Monte Carlo standard



1. Introduction
2. RQMC et Monte Carlo Standard
3. Méthodes
   - ABC-rejection
   - MCMC-ABC
   - SMC sampler PRC-ABC algorithm (Peters et al., 2009)

ABC-rejection : principe

Un algorithme d'ABC-rejection est une méthode d'inférence bayésienne approximative utilisée lorsque l'on peut simuler, pour des données, la distribution $p(y|\theta)$ mais qu'on ne peut calculer la vraisemblance.

Ici, chercher à calculer la vraisemblance revient à déterminer une estimation des paramètres de la loi stable.

ABC-rejection : prérequis

Utilisation de prior_sample : Cette fonction génère un échantillon à partir de la distribution a priori des paramètres du modèle alpha-stable.

Définition des paramètres : Les paramètres α, β, γ et δ sont définis à partir des conseils de l'article conseillé dans le cadre du projet.

Génération des données observées : les données observées y sont générées à partir de la distribution alpha-stable en utilisant la fonction levy_stable.rvs.

Définition de distance_S : Cette fonction calcule la distance entre les statistiques résumées des données observées et des données simulées via y_barre définie plus tôt.

ABC-rejection : l'algorithme

Nombre de samples : Une boucle for est utilisée pour effectuer l'inférence bayésienne approximative sur N = 100 000 itérations.

Générations à chaque sample : Un échantillon de paramètres theta est généré à partir de prior_sample. Puis on génère un échantillon x à partir de la fonction tranformation et des theta générés.

Acceptation de theta: Si la distance calculée via distance_S est inférieure à un certain seuil, on accepte le paramètre θ, qu'on ajoute ensuite ou non à la liste des paramètres acceptés.

ABC-rejection : présentation des résultats

Nous pouvons présenter les paramètres retenus sous la forme d'un boxplot

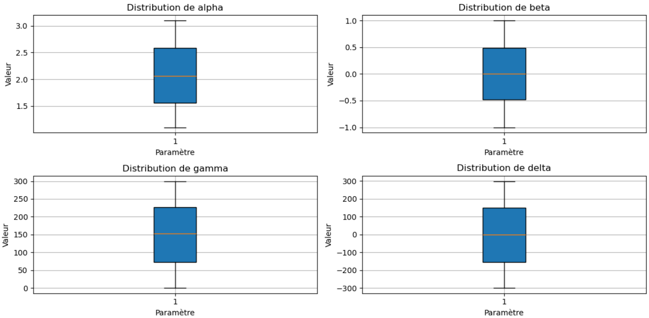


Figure 2: Boxplot des paramètres alpha; beta; gamma; delta

MCMC-ABC (Marjoram, 2003)

Pseudo-code

On simule $\theta^* \sim q(.|\theta_n)$.

On simule $x^* = ((x^*)_1, ..., (x^*)_T)$ selon $p(.|\theta^*)$.

Si $x^* = y$ on accepte $(\theta_{n+1}, x_{n+1}) = (\theta^*, x^*)$ avec la probabilité $h = min(1, \frac{\pi(\theta^*)q(\theta_n|\theta^*)}{\pi(\theta_n)q(\theta^*|\theta_n)})$

Sinon $(\theta_{n+1}, x_{n+1}) = (\theta_n, x_n)$

MCMC-ABC (Cao, Zhang, Zhou, 2024)

Pseudo-code

On simule $\theta^* \sim q(.|\theta_n)$.

On simule $x^* = ((x^*)_1, ..., (x^*)_T)$ selon $p(.|\theta^*)$.

On accepte si $(\theta_{n+1}, x_{n+1}) = (\theta^*, x^*)$ avec la probabilité $h = min(1, \frac{\pi(\theta^*)q(\theta_n|\theta^*)K_\epsilon(\Delta(x^*,y))}{\pi(\theta_n)q(\theta^*|\theta_n)K_\epsilon(\Delta(x_n,y))})$

Sinon $(\theta_{n+1}, x_{n+1}) = (\theta_n, x_n)$

MCMC-ABC

Remarques

En pratique, il est difficile d'obtenir $x^* = y$ donc pour l'algorithme de Majoram, on pose $h = min(1, \frac{\pi(\theta^*)q(\theta_n|\theta^*)}{\pi(\theta_n)q(\theta^*|\theta_n)}\mathbb{1}(|x^* - y| < \epsilon))$ avec $\lim \epsilon = 0$

Si le proposal q est symétrique (par exemple : un noyau gaussien) , $q(\theta_n|\theta^*) = q(\theta^*|\theta_n)$ et $h = min(1, \frac{\pi(\theta^*)}{\pi(\theta_n)}\mathbb{1}(|x^* - y| < \epsilon))$

on choisit K_ϵ tel que $S(y) \sim \mathbb{N}(S(x), \epsilon^2\hat{\Sigma})$ où $\hat{\Sigma}$ est un estimateur de $cov(S(x)|\theta^*)$

MCMC-ABC

Statistiques

En pratique, utiliser S(x) et S(y) au lieu de x et y où S est une statistique permet de réduire la dimension des calculs sur les data. On choisit la statistique suivante:

$$\widehat{v}_\alpha = \frac{\widehat{q}_{0.95}(\cdot) - \widehat{q}_{0.05}(\cdot)}{\widehat{q}_{0.75}(\cdot) - \widehat{q}_{0.25}(\cdot)}, \qquad \widehat{v}_\beta = \frac{\widehat{q}_{0.95}(\cdot) + \widehat{q}_{0.05}(\cdot) - 2\widehat{q}_{0.5}(\cdot)}{\widehat{q}_{0.95}(\cdot) - \widehat{q}_{0.05}(\cdot)} \quad \text{and} \quad \widehat{v}_\gamma = \frac{\widehat{q}_{0.75}(\cdot) - \widehat{q}_{0.25}(\cdot)}{\gamma},$$

Figure 3: Statistiques 1

MCMC-ABC

Résultats

Pour N=100 000 itérations (50 000 burnin) et $\lim \epsilon = 0$:

Taux d'acceptation : 0.16589

Estimateurs:

$\hat{\alpha} = 1.8258098218173866$

$\hat{\beta} = 0.015778623900827 06$

$\hat{\gamma} = 9.440643649507724$

$\hat{\delta} = 11.846692420476382$

Root Mean Square Error : 32.96045408144649

MCMC-ABC

Résultats

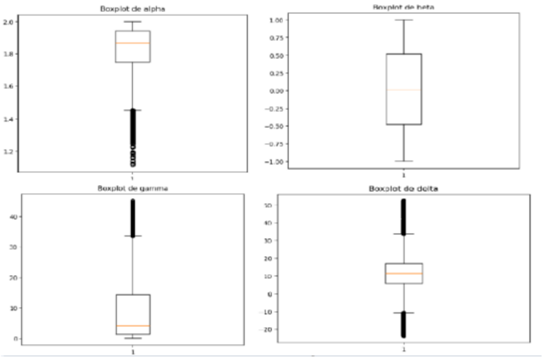


Figure 4: Boxplot des paramètres

SMC sampler PRC-ABC algorithm (Peters et al., 2009)

Initialization: Set t = 1 and specify tolerance schedule $\epsilon_1, \ldots, \epsilon_T$.
For $i = 1, ..., N$, sample $\theta_1^{(i)} \sim \pi(\theta)$, and set weights
$W_1(\theta_1^{(i)}) = \pi_{LF,1}(\theta_1^{(i)}|y)/\pi(\theta_1^{(i)})$.

Resample: Resample N particles with respect to $W_t^{(i)}(\theta_t^{(i)})$ and set $W_t^{(i)}(\theta_t^{(i)}) = \frac{1}{N}$, i = 1,...,N.

SMC sampler PRC-ABC algorithm (Peters et al., 2009) (suite)

Mutation and correction: Set $t = t + 1$ and i = 1: (a) Sample $\theta_t^{(i)} \sim M_t(\theta_t)$ and set weight for $\theta_t^{(i)}$ to $W_t^{(i)}(\theta_t^{(i)}) = \frac{\pi_{LF,t}(\theta_t^{(i)}|y)}{M_t(\theta_t^{(i)})}$

(b) With probability $1 - p^{(i)} = 1 - min(1, W_t^{(i)}(\theta_t^{(i)})/c_t)$, reject $\theta_t^{(i)}$ and go to (a).

(c) Otherwise, accept $\theta_t^{(i)}$ and set $W_t^{(i)}(\theta_t^{(i)}) = \frac{W_t^{(i)}(\theta_t^{(i)})}{p^{(i)}}$.

(d) Increment $i = i + 1$ .If iN, go to (a).

(e) If t $<$ T then go to Resample.

Remarques sur l'implémenation

Définition du noyau K (par exemple le calcule de $\hat{\Sigma}$)

Approximation de l'espérance avec une seule valeur (P=1).

$$E_{\pi(x|\theta)}[K_\epsilon(y-x)] \approx 1/P \sum_{p=1}^{P} K_\epsilon(y-x^p)$$

Valeurs extrêmes.

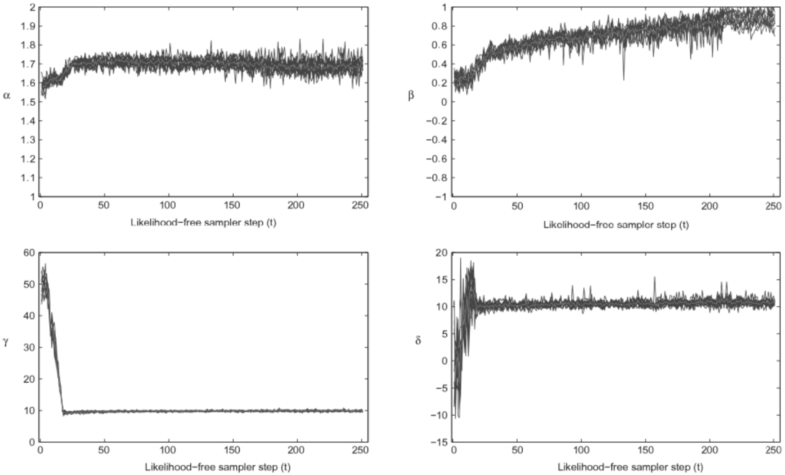


Figure 4: Résultats du SMC sampler

Bibliographie

Likelihood-free Bayesian inference for alpha-stable models, G.W. Peters, S.A. Sisson, Y. Fan, 2012

Markov chain Monte Carlo without likelihoods, P. Marjoram, J. Molitor, V. Plagnol, S. Tavare, (2003)

Sisson, S.A., Fan, Y., 2010. Likelihood-free Markov chain Monte Carlo. In: Brooks, S.P., Gelman, A., Jones, G., Meng, X.L. (Eds.), Handbook of Markov Chain Monte Carlo. Chapman and Hall/CRC.

Peters, G.W., Fan, Y., Sisson, S.A., 2009. On sequential Monte Carlo, partial rejection control and approximate Bayesian computation. Tech. Rep. UNSW.

Wikipedia contributors. "Approximate Bayesian computation." Wikipedia, The Free Encyclopedia. Wikipedia, The Free Encyclopedia, 26 Apr. 2024. Web. 29 Apr. 2024.

Lien Github

Lien vers notre github :

`https://github.com/ClemenceCVR/Projet-Monte-Carlo`