

SY09 Printemps 2016

TP 2

Classification automatique

Exercice 1. Visualisation des données

L'objectif de cet exercice est de visualiser les données qui seront étudiées dans la suite de ce TD. Pour ce faire, on pourra utiliser l'analyse en composantes principales (ACP) étudiée dans le TD précédent, ainsi que l'analyse factorielle d'un tableau de distances (AFTD), présentée en cours. On considérera trois jeux de données : les **Iris** de Fisher, les données **Crabs**, et un jeu de données **Mutations** de dissimilarités entre espèces (voir la figure 1 pour un descriptif des données).

On rappelle que l'AFTD peut être vue comme un équivalent de l'ACP pour des données se présentant sous la forme d'un tableau $n \times n$ de dissimilarités δ_{ij} entre n individus ($i, j \in \{1, \dots, n\}$) : elle calcule une représentation multidimensionnelle de ces individus (dont le tableau de dissimilarités ne donne qu'une description implicite) dans un espace euclidien de dimension $p \leq n$. Cette représentation est exacte lorsque les dissimilarités sont des distances euclidiennes.

Après sélection d'un certain nombre de variables, la qualité de la représentation peut être évaluée numériquement par un critère similaire au pourcentage d'inertie de l'ACP, ou graphiquement au moyen d'un *diagramme de Shepard* : sur ce graphique, la distance $d_{ij} = d(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j)$ entre les représentations de \mathbf{x}_i et \mathbf{x}_j déterminées par l'AFTD est représentée en fonction de la dissimilarité initiale δ_{ij} , pour chaque couple d'individus $(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j)$.

Sous R, l'AFTD peut être effectuée au moyen de la commande `cmdscale`, et les distances nécessaires au tracé du diagramme de Shepard sont obtenues par la fonction `Shepard` (bibliothèque `MASS`).

1. Charger les données **Iris** :

```
> data(iris)
```

Afficher les données dans le premier plan factoriel, tout d'abord sans tenir compte de l'espèce. Que constatez-vous ? Combien de groupes de points le jeu de données semble-t-il comporter ? Afficher ensuite les données en ajoutant l'information d'espèce (par exemple via la couleur ou le symbole des points affichés). Que constatez-vous ? À quoi peut-on s'attendre si l'on recherche une partition des données ?
2. Charger le jeu de données **Crabs** à partir du fichier `crabs2.csv` disponible sur le site de l'UV.

```
> crabs2 <- read.csv("crabs2.csv", header=T)
```

Afficher les données dans le premier plan factoriel, tout d'abord sans tenir compte de l'espèce ou du sexe des crabes. Combien de groupes de points apparaissent ? Afficher ensuite les données en tenant compte des informations d'espèce et de sexe. Que constatez-vous ?
3. Charger les données de **Mutations** à partir du fichier `mutations2.csv` et déclarer les données comme tableau de dissimilarités ; on utilisera la commande suivante :

```
> mut <- read.csv("mutations2.csv", header=T, row.names=1)
> mut <- as.dist(mut, diag=T, upper=T)
```

Calculer une représentation euclidienne des données en $d = 2$ variables par AFTD, et l'afficher ; calculer la qualité de la représentation, et afficher le diagramme de Shepard. Que peut-on dire ? Recommencer avec un nombre de variables d de représentation allant de 3 à 5. Interpréter les résultats.

Remarques : on pourra utiliser la fonction `text` pour afficher des chaînes de caractère à des coordonnées spécifiées dans une matrice. La fonction `interaction` permettra de fusionner deux variables qualitatives (`factors`) pour n'en former plus qu'une.

```

+-----+
|      MUTATION DISTANCES AMONG 20 SPECIES (FITCH AND MARGOLIASH)      |
|                                                                           |
|      The source of this data is a paper by Fitch and Margoliash       |
|      in Science(1967). For a more recent reference see Scientific      |
|      American (1972?).                                                 |
|      Every species has a protein molecule, Cytochrome c, which varies |
|      from species to species but has a similar function for all. It   |
|      consists of a long chain of amino acids. There are only a few     |
|      acids, but different molecules are obtained by varying the      |
|      acids in each position in the chain. The number of positions     |
|      with different acids measures distance between two species.      |
|      these distances are given in the data below.                     |
|      For example, the amino acids in Cytochrome c for two species look |
|      like this:                                                         |
|      Moth      XXVPLY .....SEXI                                       |
|      Screwfly  XXVPLY .....LSEI                                       |
|      where the whole chain is 110 in length, and the letters represent |
|      particular amino acids. Each difference contributes to mutation   |
|      distance according to the minimum number of nucleotides that would |
|      need to be changed to convert one into the other.                |
|      Fitch & Margoliash used these data to construct a phylogenetic   |
|      tree.                                                              |
|      Ref: Science, v. 155, 279-284.                                    |
+-----+

```

Man	0																			
Monkey	01	0																		
Dog	13	12	0																	
Horse	17	16	10	0																
Donkey	16	15	08	01	0															
Pig	13	12	04	05	04	0														
Rabbit	12	11	06	11	10	06	0													
Kangaroo	12	13	07	11	12	07	07	0												
Pekin Duck	17	16	12	16	15	13	10	14	0											
Pigeon	16	15	12	16	15	13	08	14	03	0										
Chicken	18	17	14	16	15	13	11	15	03	04	0									
King Penguin	18	17	14	17	16	14	11	13	03	04	02	0								
Snapping Turtle	19	18	13	16	15	13	11	14	07	08	08	08	0							
Rattlesnake	20	21	30	32	31	30	25	30	24	24	28	28	30	0						
Tuna	31	32	29	27	26	25	26	27	27	27	26	27	27	38	0					
Screwworm Fly	33	32	24	24	25	26	23	26	26	26	26	28	30	40	34	0				
Moth	36	35	28	33	32	31	29	31	30	30	31	30	33	41	41	16	0			
Bakers Mould	63	62	64	64	64	64	62	66	59	59	61	62	65	61	72	58	59	0		
Bread Yeast	56	57	61	60	59	59	59	58	62	62	62	61	64	61	66	63	60	57	0	
Skin Fungus	66	65	66	68	67	67	67	68	66	66	66	65	67	69	69	65	61	61	41	0

FIGURE 1 – Description du jeu de données de Mutations

Exercice 2. Classification hiérarchique

1. En utilisant la fonction `hclust`, effectuer la classification hiérarchique ascendante (avec les différents critères d'agrégation disponibles) des données de `Mutations`. Commenter et comparer les résultats obtenus, en vous appuyant sur la représentation obtenue par AFTD.
2. Effectuer la classification hiérarchique ascendante des données `Iris`, après calcul des distances associées (on utilisera la fonction `dist` pour ce faire). Commenter les résultats obtenus, en vous appuyant sur votre connaissance de ce jeu de données.
3. Effectuer la classification hiérarchique descendante des données `Iris`, au moyen de la fonction `diana` (bibliothèque `cluster`). Comparer aux résultats obtenus au moyen de la CAH.

Remarque importante : dans les anciennes versions de R, il faut élever les distances au carré avant d'effectuer une CAH via la fonction `hclust` avec le critère de Ward (lorsque celui-ci a un sens : tableau de distances euclidiennes). Dans les versions les plus récentes, il existe deux critères : `ward.D` et `ward.D2` ; on choisira le second (`ward.D2`), qui seul implémente le critère de Ward.

Exercice 3. Méthode des centres mobiles

Le but de cet exercice est de tester les performances de l'algorithme des centres mobiles sur les trois jeux de données réelles considérés : `Iris`, `Crabs` et `Mutations`.

Données `Iris`

1. Tenter une partition en $K \in \{2, 3, 4\}$ classes avec la fonction `kmeans` ; visualiser et commenter.
2. On cherche à présent à étudier la stabilité du résultat de la partition. Effectuer plusieurs classifications des données en $K = 3$ classes. Observer les résultats, en termes de partition et d'inertie intra-classes. Ces résultats sont-ils toujours les mêmes ? Commenter et interpréter.
3. On cherche à déterminer le nombre de classes optimal.
 - (a) Effectuer $N = 100$ classifications en prenant $K = 2$ classes ; puis à nouveau $N = 100$ classifications en $K = 3$ classes, $K = 4$ classes, ... jusqu'à $K = 10$ classes. On constitue ainsi neuf échantillons iid I_2, \dots, I_{10} contenant chacun $N = 100$ valeurs d'inertie intra-classe, que l'on pourra stocker dans un tableau de taille 100×9 .
 - (b) Pour chaque valeur de K , calculer l'inertie intra-classe minimale $\hat{I}_K = \min_{i=1, \dots, 100} I_{K i}$. Représenter la variation d'inertie minimale en fonction de K (on inclura l'inertie totale, que l'on peut assimiler à l'inertie intra-classe pour $K = 1$).

Proposer un nombre de classes à partir de ces informations, en utilisant la méthode du coude.

4. Comparer les résultats de la partition obtenue par les centres mobiles avec la partition réelle des iris en trois groupes.

Données `Crabs`

1. Effectuer plusieurs classifications en $K = 2$ classes des données `Crabs` chargées précédemment. Les résultats obtenus sont-ils toujours les mêmes ? À quoi correspondent-ils ?
2. Effectuer une classification en $K = 4$ classes des données. Comparer à la partition réelle suivant l'espèce et le sexe. Que peut-on conclure ?

Données `Mutations`

On calculera tout d'abord une représentation des données `mutations` dans un espace de dimension $d = 5$, sur laquelle on pourra utiliser la fonction `kmeans`.

1. Effectuer plusieurs classifications de cette représentation en $K = 3$ classes au moyen de l'algorithme des centres mobiles. On pourra représenter les résultats obtenus dans le premier plan factoriel de l'AFTD.
2. Étudier la stabilité du résultat de la partition. Commenter et interpréter.