Traitement des données de grande taille avec M

Eric Marcon

Florence Puech

6 janvier 2024

Résumé

Ce document teste l'impact de l'approximation de la position des points sur la précision de M et le temps de calcul. Dans un deuxième temps, les besoins en temps et en mémoire du calcul exact avec le package dbmss sont évalués.

1 Motivation

Ce document montre comment utiliser le package dbmss (Marcon et al., 2015) pour calculer la fonction M (Marcon and Puech, 2010) et teste l'impact de l'approximation du calcul proposée par Tidu et al. (2023).

La première section fournit le code nécessaire à la création de données. Des jeux de points de grande taille (de l'ordre de 100000 points) complètement aléatoires ou concentrés sont tirés. L'approximation de leur position consiste à les rassembler au centre des cases d'une grille, selon l'approche de Tidu et al. (2023) qui les positionnent au centre des unités administratives dans lesquelles ils se trouvent.

La deuxième section détaille l'utilisation de dbmss pour calculer la fonction M et son intervalle de confiance à partir d'un tableau donnant la position et les caractéristiques des points ou bien une matrice de distance entre eux.

La troisième section teste l'impact de l'approximation des points.

Enfin, la quatrième section mesure la performance de *dbmss* en fonction de la taille du jeu de points.

2 Données

2.1 Tirage des points

Un jeu de points est tiré par un processus binomial dans une fenêtre carrée de côté 1. La majorité des points constitue les « contrôles » et une partie constitue

les « cas », dont la structure spatiale est étudiée. Le poids des points est tiré dans une loi gamma dont les paramètre de forme et d'échelle sont libres.

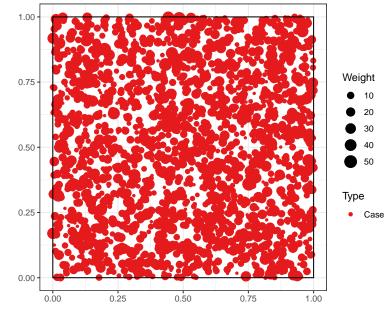
Les paramètres sont :

- le nombre de points,
- la proportion de contrôles,
- la forme et l'échelle de la loi gamma.

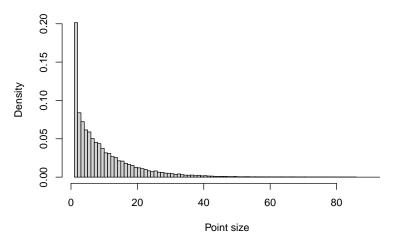
```
par_points_nb <- 40000
par_case_ratio <- 1/20
par_size_gamma_shape <- 0.95
par_size_gamma_scale <- 10</pre>
```

La fonction X_csr() permet de tirer un semis de points selon les paramètres. L'argument points_nb qui fixe le nombre de points peut être modifé; les autres paramètres ont leur valeur fixée plus haut.

```
library("tidyverse")
library("spatstat")
library("dbmss")
X_csr <- function(</pre>
    points_nb,
    case_ratio = par_case_ratio,
    size_gamma_shape = par_size_gamma_shape,
size_gamma_scale = par_size_gamma_scale) {
  points_nb %>%
    runifpoint() %>%
    as.wmppp() ->
  cases_nb <- round(points_nb * case_ratio)</pre>
  controls_nb <- points_nb - cases_nb
  c(rep("Control", controls_nb), rep("Case", cases_nb)) %>%
    as.factor() ->
    X$marks$PointType
  rgamma(
    X$n,
    shape = size_gamma_shape,
     scale = size_gamma_scale
  ) %>%
    ceiling() ->
    X$marks$PointWeight
  Х
# Example
X <- X_csr(par_points_nb)</pre>
# Map the cases
autoplot(X[X$marks$PointType == "Case"])
```



```
# Point size distribution
hist(
   X$marks$PointWeight,
   breaks = unique(X$marks$PointWeight),
   main = "",
        xlab = "Point size"
)
```



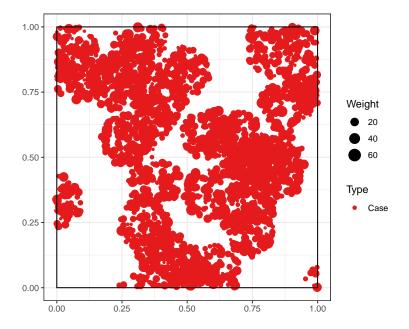
La fonction $X_{matern}()$ permet de tirer un semis de points dont les cas sont concentrés par un processus de Matérn. Les paramètres sont :

- scale: leur rayon.

```
# Expected number of clusters
par_kappa <- 20
# Cluster radius
par_scale <- 0.1
```

Le code de la fonction est le suivant :

```
X_matern <- function(</pre>
    points_nb,
     case_ratio = par_case_ratio,
    kappa = par_kappa,
scale = par_scale,
    size_gamma_shape = par_size_gamma_shape,
size_gamma_scale = par_size_gamma_scale) {
  cases_nb <- round(points_nb * case_ratio)</pre>
  controls_nb <- points_nb - cases_nb
  # CSR controls
  controls_nb %>%
    runifpoint() %>%
    superimpose(
      # Matern cases
      rMatClust(
        kappa = kappa,
scale = scale,
        mu = cases_nb / kappa
    ) %>%
    as.wmppp() ->
  # Update the number of cases
cases_nb <- X$n - controls_nb
  X$marks$PointType
  rgamma(
    X$n,
    shape = size_gamma_shape,
scale = size_gamma_scale
  ) %>%
    ceiling() ->
    X$marks$PointWeight
 Х
# Example
X <- X_matern(par_points_nb)</pre>
# Map the cases
autoplot(X[X$marks$PointType == "Case"])
```



2.2 Grille

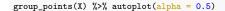
La fenêtre est découpée en une grille dont le nombre de cellules est partitions au carré.

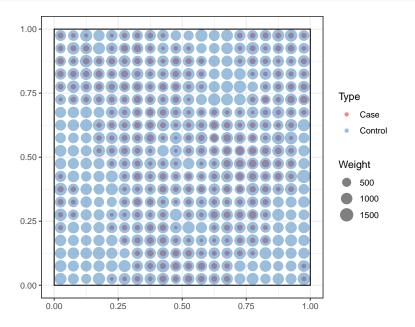
```
par_partitions <- 20
```

La fonction group_points() rassemble au centre de chaque cellule de la grille tous les points qu'elle contient pour mimer l'approximation habituelle de la position des points d'une unité administrative par la position de son centre.

```
# Group points into cells
group_points <- function(X, partitions = par_partitions) {
X %/%
with(tibble(
    x,
    y,
    PointType = marks$PointType,
    PointWeight = marks$PointWeight)
) %/%
mutate(
    x_cell = ceiling(x * partitions) / partitions - 1 / 2 / partitions,
    y_cell = ceiling(y * partitions) / partitions - 1 / 2 / partitions)
) %/%
group_by(PointType, x_cell, y_cell) %/%
summarise(n = n(), PointWeight = sum(PointWeight)) %/%
rename(x = x_cell, y = y_cell) %/%
as.wmppp(window = X$window, unitname = X$window$units)
}</pre>
```

La position approximative est présentée sur la carte suivante. Chaque cellule ne contient plus qu'un seul point de chaque type dont le poids est la somme de ceux des points individuels.





3 Calcul de M

Les distances auxquelles la fonction M est calculées sont choisies dans ${\tt r}.$

```
r <- c((0:9) / 100, (2:10) / 20)
```

3.1 Données nécessaires

Dans le package *dbmss*, la fonction s'applique à un jeu de points, objet de classe wmppp, ou à une matrice de distance, objet de classe Dtable.

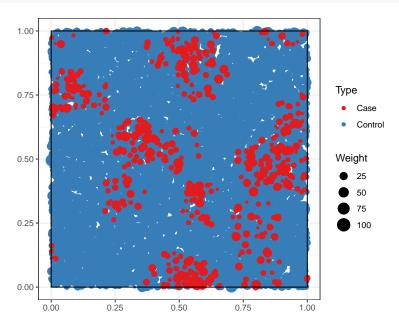
Nous partons d'un tableau (data.frame) contenant les colonnes x, y, PointType et PointWeight.

```
# Draw 10000 points and make a dataframe
X_matern(points_nb = 1E4) %>%
  with(data.frame(x, y, marks)) ->
  {\tt points\_df}
head(points_df)
                         y PointWeight PointType
## 1 0.89231474 0.1307877
                                         Control
## 2 0.04432755 0.7844362
                                         Control
## 3 0.78102343 0.7502537
                                         Control
## 4 0.72095334 0.8236009
                                         Control
## 5 0.95409741 0.2098661
## 6 0.86374118 0.3331368
                                         Control
```

3.2 Jeu de points

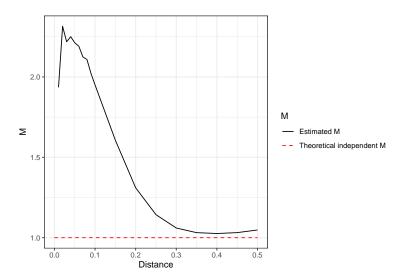
La fonction wmppp() permet de créer le jeu de points à partir du tableau. La fenêtre est créée automatiquement si elle n'est pas précisée. Ici, c'est un carré de côté 1.

```
library("dbmss")
X <- wmppp(points_df, window = square(1))
autoplot(X)</pre>
```

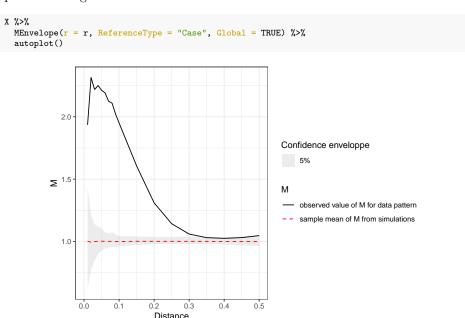


La fonction Mhat() permet d'estimer la fonction.

```
X %>%
Mhat(r = r, ReferenceType = "Case") %>%
autoplot()
```



La fonction Menvelope() permet de calculer l'intervalle de confiance de la valeur de la fonction sous l'hypothèse nulle de localisation aléatoire des points. L'intervalle de confiance global (Duranton and Overman, 2005) est calculé en précisant l'argument Global = TRUE.



3.3 Matrice de distances

La fonction as.Dtable() permet de créer un objet Dtable.

```
d_matrix <- as.Dtable(points_df)</pre>
```

Il peut aussi être crée à partir d'une matrice de distances obtenue autrement, contenant par exemple des distances non euclidiennes (temps de transport, distance routière...).

```
# A Dtable containing two points
Dmatrix <- matrix(c(0, 1, 1, 0), nrow = 2)
PointType <- c("Type1", "Type2")
PointWeight <- c(2, 3)
Dtable(Dmatrix, PointType, PointWeight)
## $Dmatrix</pre>
```

```
## $Dmatrix
## [,1] [,2]
## [1,] 0 1
## [2,] 1 0
##
## $n
## [1] 2
##
## $marks
## $marks$PointType
## [1] Type1 Type2
## Levels: Type1 Type2
##
## $marks$PointWeight
## [1] 2 3
##
##
##
## attr(,"class")
## [1] "Dtable"
```

autoplot()

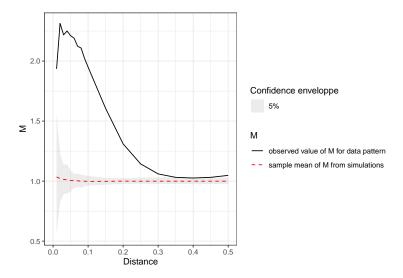
Les fonctions Mhat() et MEnvelope() sont les mêmes que pour les jeux de points.

```
identical(
   Mhat(X, r = r, ReferenceType = "Case", NeighborType = "Control"),
   Mhat(d_matrix, r = r, ReferenceType = "Case", NeighborType = "Control")
)

## [1] TRUE

d_matrix %>%
```

MEnvelope(r = r, ReferenceType = "Case", Global = TRUE) %>%



3.4 Performance

Le calcul des distances est extrêmement rapide dans la fonction Mhat() : la matrice le fait économiser, mais le traitement complet à partir d'une matrice est finalement plus long.

```
library("microbenchmark")
  mb <- microbenchmark(
     Mhat(X, r = r, ReferenceType = "Case", NeighborType = "Control"),
Mhat(d_matrix, r = r, ReferenceType = "Case", NeighborType = "Control"),
      times = 4L
)
## Unit: milliseconds
##
     Mhat(X, r = r, ReferenceType = "Case", NeighborType = "Control")
Mhat(d_matrix, r = r, ReferenceType = "Case", NeighborType = "Control")
##
##
     min lq mean median uq
30.52310 31.83602 33.76816 34.23081 35.70031
##
##
     76.45157 80.19508 83.45134 85.06751 86.70759
##
            max neval
     36.08792
##
     87.21876
```

4 Tests

La fonction X_{to_M} calcule la fonction M et renvoie le vecteur de ses valeurs pour chaque distance. Elle est utile pour mesurer les temps d'exécution.

Le nombre de répétition des tests est fixé par simulations_n.

```
simulations_n <- 10
```

L'effet de l'approximation de la localisation est testé d'abord sur un jeu de points agrégé, similaire aux données réelles de Tidu et al. (2023). Dans un deuxième temps, le cas d'un jeu de points non structuré est traité.

4.1 Matérn

X_matern_list contient simulations_n tirages du jeu de points.

```
# Simulate X
X_matern_list <- replicate(
    simulations_n,
    expr = X_matern(par_points_nb),
    simplify = FALSE
)</pre>
```

Pour évaluer l'effet de l'approximation de la position, le calcul exact et le calcul sur les points de la grille sont effectués sur chaque jeu de points.

```
library("pbapply")
# Compute M
system.time(M_matern_original <- pbsapply(X_matern_list, FUN = X_to_M))

## user system elapsed
## 12.963  0.127  4.901

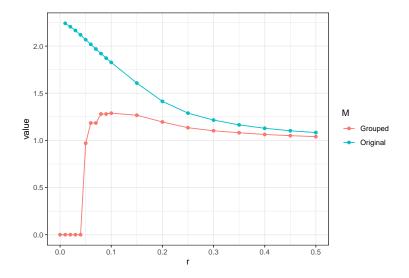
# Group points and compute M
X_matern_grouped_list <- lapply(
X_matern_list,
FUN = group_points,
partitions = par_partitions
)
# Compute M
system.time(M_matern_grouped <- sapply(X_matern_grouped_list, FUN = X_to_M))

## user system elapsed
## 0.049  0.004  0.039</pre>
```

Le calcul approximé est très rapide parce qu'il réduit le nombre de points au double du nombre de cellules.

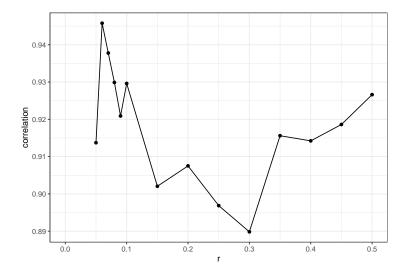
Les valeurs moyennes sont présentées ci-dessous.

```
tibble(
    r,
    Original = rowMeans(M_matern_original),
    Grouped = rowMeans(M_matern_grouped)
) %>%
    pivot_longer(
        cols = !r,
        names_to = "M",
        values_to = "value"
) %>%
    ggplot(aes(x = r, y = value, color = M)) +
    geom_line() +
    geom_point()
```



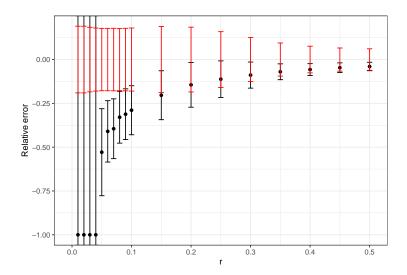
La corrélation entre les valeurs de M calculées par chaque méthode est calculée à chaque distance.

```
# Correlation
M_cor <- function(r_value, M_original, M_grouped) {
    r_index <- which(r == r_value)
    # Return
    c(
        # Distance
        r_value,
        # Correlation
        cor(M_original[r_index,], M_grouped[r_index,])
)
}
sapply(
    r,
    FUN = M_cor,
    M_original = M_matern_original,
    M_grouped = M_matern_grouped
) %>%
    t() %>%
    as_tibble() %>%
    rename(r = V1, correlation = V2) %>%
    ggplot(ase(x = r, y = correlation)) +
        geom_point() +
        geom_line()
```



La corrélation est très élevée dès que la distance prise en compte dépasse la maille de la grille. Les valeurs sont ensuite comparées.

```
# Compare values
M_bias <- function(r_value, M_original, M_grouped) {</pre>
  r_index <- which(r == r_value)
  # Return
  с(
    # Distance
    r_value,
# Relative error
    mean((M_grouped[r_index, ] - M_original[r_index, ]) / M_original[r_index, ]),
    # Standardised error sd
    sd(M_grouped[r_index, ] - M_original[r_index, ]) / mean(M_grouped[r_index, ]),
    # Coefficient of variation
    sd(M_original[r_index, ] / mean(M_original[r_index, ]))
  )
}
sapply(
  r,
FUN = M_bias,
M_original = M_matern_original,
  M_grouped = M_matern_grouped
) %>%
  t() %>%
  as_tibble() %>%
  rename(r = V1, 'Relative error' = V2, 'Error CV' = V3, 'M CV' = V4) %>% ggplot() +
    geom_point(aes(x = r, y = `Relative error`)) +
    geom_errorbar(
      aes(
        ymin = 'Relative error' - 'Error CV',
ymax = 'Relative error' + 'Error CV'
    geom_errorbar(aes(x = r, ymin = -`M CV`, ymax = `M CV`), col = "red")
```



La figure montre, en rouge, la variabilité de la valeur de M (son coefficient de variation) au cours des simulations. Par définition, la valeur moyenne est sans erreur. L'erreur relative (à la valeur exacte de M) moyenne est présentée en noir, avec son écart-type normalisé par la valeur exacte de M.

Bien que les corrélations soient très grandes, l'erreur relative dépasse 25% jusqu'à 2 fois la taille de la maille.

4.2 CSR

X_csr_list contient simulations_n tirages du jeu de points.

```
# Simulate X
X_csr_list <- replicate(
    simulations_n,
    expr = X_csr(par_points_nb),
    simplify = FALSE
)</pre>
```

Le calcul exact et le calcul sur les points de la grille sont effectués sur chaque jeu de points.

```
# Compute M
system.time(M_csr_original <- pbsapply(X_csr_list, FUN = X_to_M))

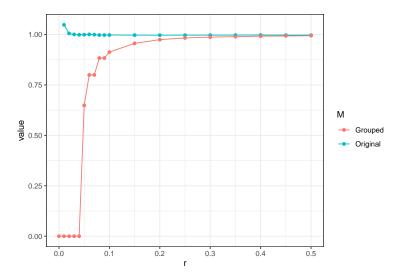
## user system elapsed
## 12.034    0.155    4.537

# Group points and compute M
X_csr_grouped_list <- lapply(
    X_csr_list,
    FUN = group_points,
    partitions = par_partitions
)
# Compute M
system.time(M_csr_grouped <- sapply(X_csr_grouped_list, FUN = X_to_M))</pre>
```

```
## user system elapsed
## 0.071 0.005 0.053
```

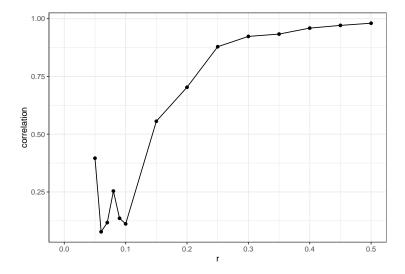
Les valeurs moyennes sont présentées ci-dessous.

```
tibble(
    r,
    Original = rowMeans(M_csr_original),
    Grouped = rowMeans(M_csr_grouped)
) %>%
    pivot_longer(
        cols = !r,
        names_to = "M",
        values_to = "value"
) %>%
    ggplot(aes(x = r, y = value, color = M)) +
    geom_line() +
    geom_point()
```

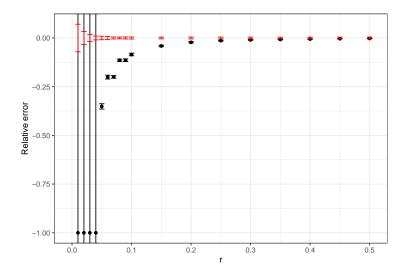


La corrélation entre les valeurs de M calculées par chaque méthode est calculée à chaque distance.

```
# Correlation
sapply(
    r,
    FUN = M_cor,
    M_original = M_csr_original,
    M_grouped = M_csr_grouped
) %>%
    t() %>%
    as_tibble() %>%
    rename(r = V1, correlation = V2) %>%
    ggplot(aes(x = r, y = correlation)) +
        geom_point() +
        geom_line()
```



En absence de structure spatiale, les corrélations sont bien plus faibles. Les valeurs sont comparées.



La valeur moyenne de M est 1 à toutes les distances par construction : les cas et les contrôles sont complètement aléatoires.

Les barres rouges représentent l'écart-type empirique de la valeur de M, calculé à partir des simulations. Les points noirs montrent l'erreur apportée par l'approximation, mesurée par l'écart moyen entre les valeurs de M calculées avec ou sans approximation. Les barres d'erreur sont l'écart-type de cette différence.

L'approximation sous-estime systématiquement M. L'erreur est maximale jusqu'à la taille de la grille : tous les points d'une même cellule sont placés artificiellement en son centre. Elle chute brutalement au-delà de ce seuil mais reste importante jusqu'à 4 fois la taille de la grille.

L'approximation de doit pas être utilisée pour étudier les interactions à courte distance.

Le test sur les corrélations effectué ici est beaucoup plus sévère que dans Tidu et al. (2023): les points n'ont aucune structure, donc M permet de détecter les petites variations aléatoires des différents tirages. En présence d'une structure spatiale, les valeurs de M sont nettement mieux corrélées, mais dans tous les cas l'erreur d'estimation est grande.

5 Performance de M

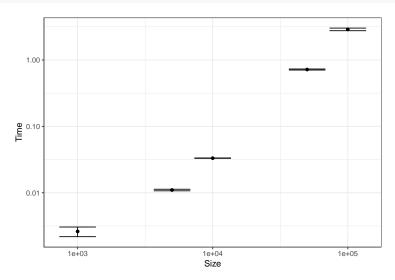
5.1 Temps de calcul

Le temps de calcul nécessaire au calcul exact est évalué pour une gamme de nombres de points précisée dans X_sizes.

```
X_sizes <- c(1000, 5000, 10000, 50000, 100000)
```

La fonction $test_time()$ permet de mesurer le temps d'exécution d'une évaluation de la fonction M.

```
library("microbenchmark")
test_time <- function(points_nb) {</pre>
 X <- X_csr(points_nb)
 microbenchmark(X_to_M(X), times = 4L) %>%
    pull("time")
X_sizes %>%
 sapply(FUN = test_time) %>%
  as_tibble() %>%
 pivot_longer(cols = everything()) %>%
rename(Size = name) %>%
  group_by(Size) %>%
  summarise(Time = mean(value) / 1E9, sd = sd(value) / 1E9) %>%
  mutate(
    Size = as.double(
      plyr::mapvalues(
        .$Size,
from = paste0("V", seq_along(X_sizes)),
to = X_sizes
 )
) -> M_time
M_time %>%
  ggplot(aes(x = Size, y = Time)) +
    geom_point() +
    geom_errorbar(aes(ymin = Time - sd, ymax = Time + sd)) +
    scale_x_log10() +
    scale_y_log10()
```



Le temps de calcul est lié à la taille du jeu de points par une loi puissance.

```
# Model
M_time %>%
mutate(logTime = log(Time), logSize = log(Size)) ->
M_time_log
M_time_lm <- lm(logTime ~ logSize, data = M_time_log)
summary(M_time_lm)</pre>
```

Call:

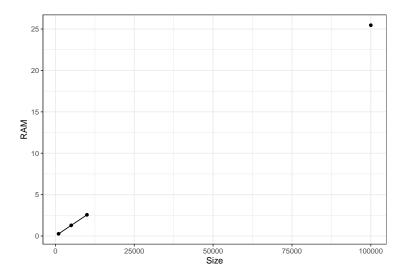
```
## lm(formula = logTime ~ logSize, data = M_time_log)
## Residuals:
##
                              3
## 0.56954 -0.51217 -0.49184 0.06349 0.37098
##
## Coefficients:
               Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
##
                             1.4757 -11.74 0.00133
0.1547 10.11 0.00206
## (Intercept) -17.3276
## logSize
                  1.5650
##
## (Intercept) **
## logSize
## ---
## Signif. codes:
## 0 '***' 0.001 '**' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
\ensuremath{\mbox{\#\#}} Residual standard error: 0.5687 on 3 degrees of freedom
## Multiple R-squared: 0.9715, Adjusted R-squared: 0.962
## F-statistic: 102.3 on 1 and 3 DF, p-value: 0.002059
```

Le temps de calcul augmente moins vite que le carré du nombre de points. Il peut être estimé très précisément ($R^2 = 0.97$) par la relation $t = t_0(n/n_o)^p$ où t est le temps estimé pour n points connaissant le temps t_0 (ex. : 2.89) pour n_0 points (ex. : 100000) et p la relation de puissance (1.57).

5.2 Mémoire

La mémoire utilisée est évaluée pour les mêmes tailles de données.

```
# RAM
library("profmem")
test_ram <-function(points_nb) {
    X <- X_csr(points_nb)
    profmem(X_to_M(X)) %>%
        pull("bytes") %>%
        sum()
}
sapply(X_sizes, FUN = test_ram) %>%
    tibble(Size = X_sizes, RAM = . / 2^20) ->
    M_ram
M_ram %>%
    ggplot(aes(x = Size, y = RAM)) +
    geom_point() +
    geom_line()
```



La mémoire nécessaire (en Mo) augmente linéairement avec le nombre de points et n'est jamais critique pour des tailles de jeux de points traitables dans des temps raisonnables.

```
lm(RAM ~ Size, data = M_ram) %>% summary()
## Call:
## lm(formula = RAM ~ Size, data = M_ram)
##
## Residuals:
##
                        2
   -6.138e-04 -2.093e-05 6.973e-04 -6.254e-05
##
## Coefficients:
                Estimate Std. Error t value
## (Intercept) 1.561e-02 4.029e-04
## Size
               2.545e-04 8.008e-09 31775.07
               Pr(>|t|)
## (Intercept) 0.000666 ***
                9.9e-10 ***
## Size
## ---
## Signif. codes:
## 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
## Residual standard error: 0.0006585 on 2 degrees of freedom
    (1 observation deleted due to missingness)
ultiple R-squared: 1, Adjusted R-squared:
## Multiple R-squared:
## F-statistic: 1.01e+09 on 1 and 2 DF, p-value: 9.904e-10
```

La mémoire utilisée par les objets $\tt Dtable$ pour le calcul de M à partir d'une matrice de distance est bien supérieure : c'est celle d'une matrice numérique, de l'ordre de 8 octets fois le nombre de points au carré, soit 800 Mo pour 10000 points seulement.

6 Conclusion

Le temps de calcul de M est de l'ordre de 6 secondes pour un jeu de 100 000 points sur un ordinateur portable (processeur Intel i7-1360P 2.20 GHz), et nécessite 25 Mo de RAM. Le calcul d'un intervalle de confiance à partir de 1000 simulations prend donc moins de deux heures.

Pour un jeu de cinq millions de points, le temps de calcul attendu est $6\times50^{1.8}=6860$ secondes, près de deux heures. 1000 simulations nécessiteraient alors environ trois mois.

Le calcul des distances est parallélisé : un serveur de calcul augmente drastiquement la performance.

Le calcul exact se justifie donc pleinement pour des données de l'ordre de 10^5 points : quelques heures suffisent à calculer des intervalles de confiance.

Au-delà, l'approximation de la localisation permet de ramener la taille du jeu de points à celle du nombre de localisations retenues. Le prix à payer est l'absence d'information à l'échelle des unités géographiques élémentaires (les cellules de la grille ici), et une erreur relative importante. Si les valeurs de M sont utilisées comme covariables dans un modèle (par exemple pour expliquer la croissance des points), alors cette imprécision est acceptable parce que la corrélation entre leur valeur exacte et leur valeur approximée est élevée, dès que les points présentent une structure spatiale.

Références

- Duranton, G. and H. G. Overman (2005). Testing for localisation using microgeographic data. *Review of Economic Studies* 72(4), 1077–1106.
- Marcon, E. and F. Puech (2010). Measures of the geographic concentration of industries: Improving distance-based methods. *Journal of Economic Geography* 10(5), 745–762.
- Marcon, E., S. Traissac, F. Puech, and G. Lang (2015). Tools to characterize point patterns: dbmss for R. Journal of Statistical Software 67(3), 1–15.
- Tidu, A., F. Guy, and S. Usai (2023, November). Measuring Spatial Dispersion: An Experimental Test on the M-Index. Geographical Analysis, gean.12381.