

Exercice 1

■< HEAD

===== On centre tout d'abord la matrice X à l'aide de la matrice de centrage Q8, ça nous servira plus tard :

```
X = Q8 %*% X
```

On calcule la matrice des distances euclidiennes D2 :

```
D2 = as.matrix(dist(X))
D2 = D2^2
```

D2

```
##      1      2      3      4      5      6      7      8
## 1  0.00 37.25 67.25  1.00  1.00 55.25  1.25 58.25
## 2 37.25  0.00  4.50 48.25 31.25  2.50 36.50  2.50
## 3 67.25  4.50  0.00 81.25 58.25  1.00 65.00  1.00
## 4  1.00 48.25 81.25  0.00  2.00 67.25  1.25 72.25
## 5  1.00 31.25 58.25  2.00  0.00 46.25  0.25 51.25
## 6 55.25  2.50  1.00 67.25 46.25  0.00 52.00  2.00
## 7  1.25 36.50 65.00  1.25  0.25 52.00  0.00 58.00
## 8 58.25  2.50  1.00 72.25 51.25  2.00 58.00  0.00
```

Après avoir obtenu cette précieuse matrice, on peut calculer la matrice des produits scalaires de 2 façons :

```
W = X %*% t(X)
```

Mais normalement, on n'aurait pas accès à X directement, il faut la déduire de la matrice des distances euclidiennes :

```
W = (-1/2)*Q8 %*% D2 %*% Q8
```

Il reste à vérifier que W soit semi définie-positive, pour savoir si la matrice des distances était bien euclidienne :

```
L = eigen(W)$values
L
```

```
## [1]  1.114606e+02  1.758189e+00  1.100935e-14 -3.346521e-16 -9.500733e-16
## [6] -1.069879e-15 -1.845951e-15 -6.005347e-15
```

W est bien semi définie-positive, on va juste arrondir à zero les valeurs négatives très petites, et diagonaliser L :

```

L[L<0] = 0
L = diag(L)
L

##           [,1]      [,2]          [,3] [,4] [,5] [,6] [,7] [,8]
## [1,] 111.4606 0.000000 0.000000e+00    0    0    0    0    0
## [2,]  0.0000 1.758189 0.000000e+00    0    0    0    0    0
## [3,]  0.0000 0.000000 1.100935e-14    0    0    0    0    0
## [4,]  0.0000 0.000000 0.000000e+00    0    0    0    0    0
## [5,]  0.0000 0.000000 0.000000e+00    0    0    0    0    0
## [6,]  0.0000 0.000000 0.000000e+00    0    0    0    0    0
## [7,]  0.0000 0.000000 0.000000e+00    0    0    0    0    0
## [8,]  0.0000 0.000000 0.000000e+00    0    0    0    0    0

```

Matrice des vecteurs propres :

```

V = eigen(W)$vectors

■■■■> a03dc5d6e1e9ed556e90299424c3c7fad9660aca

```

```

1. distX = as.matrix(X)
   distX = distX ^2

```

```

2. Méthode 1
   XC = scale(X, scale=T)
   W = XC\%*\%t(XC)

```

```

Méthode 2
   QN = diag(nrow(X)) - matrix(1, nrow(X), nrow(X))/nrow(X)
   W = -1/2*QN\%*\%distX\%*\%QN

```

3. Pour vérifier si elle est définie semi-positive, il suffit de vérifier que les valeurs propres de W sont positives.

```

4. L = eigen(W)$values
   L = diag(nrow(X))*L

```

```

   V = eigen(W)$vectors

```

```

5. C = V\%*\%sqrt(L)
   pas oublier de retirer les NaN

```

```

plot(C)
idem à biplot(princomp(X))

```

Exercice 2

```
m = as.vector(mutation)
b = cmdscale(mutation, 2, T)
c = as.vector(dist(b$points))
plot(b,c) problème mais on est pas loin
qualité à calculer avec les valeurs propres b[,1]$eigen etc... / sum
```

on refait de même avec `cmdscale(mutation, 3, T)` jusqu'à 5

Exercice 3

```
library(cluster) clusplot
```

Iris

Question 1 - Différents nombres de partition

Premièrement, nous remarquons que les partitions n'ont pas toutes le même nombre d'éléments. Ensuite, elle varie suivant le nombre de partitions. En effet, nous pourrions penser qu'entre eux 3 et 4 partitions, l'ajout d'une partition subdiviserait une partition déjà existante. Comme le montre les graphes ci dessous cela n'est pas le cas. En effet les 3 partitions de droit pour $K=4$ ne sont pas pas contenus dans entièrement 2 partitions de $K=3$. Toutes les partitions sont redéfinies à chaque fois que nous augmentons le nombre. Nous savons qu'il existe 3 espèces distinctes d'Iris représentées la représentation avec $K=3$ représente assez fidèlement les 3 espèces.

Question 2 - Stabilité des partitions

De plus, même pour un même K , dans notre cas $k=3$, les partitions peuvent changer. Ici, nous avons deux cas différents avec des inerties de classes de 143 ou 78.9. Cela est du au choix aléatoire des centres au début de l'algorithme, nous tombons parfois sur un minima local. Cela une partition correspond à la classification selon les espèces il s'agit de celle avec le minimum d'inertie intra-classes

Question 3 - Nombre de partitions optimales

```
$test <- matrix(0, 9, 100)$
$for(j in 1:9){
  for(i in 1:100){
    test[j, i] = kmeans(iris, j+1)$tot.withinss
  }
}$
apply(test, 1, min)
```

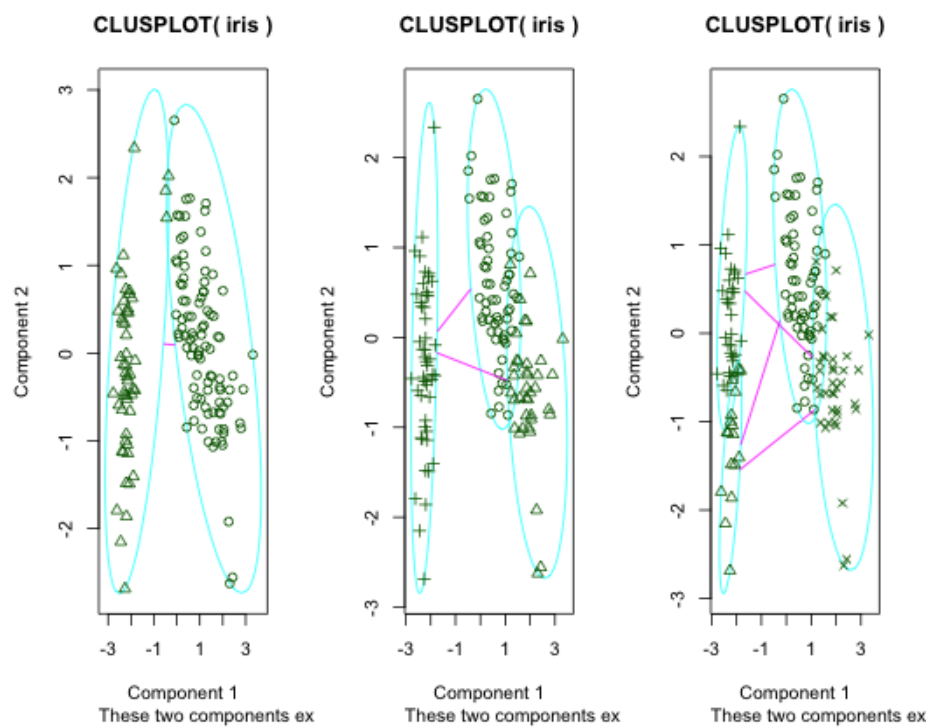


FIGURE 1 – Visualisation de kmeans avec 2, 3 et 4 partitions

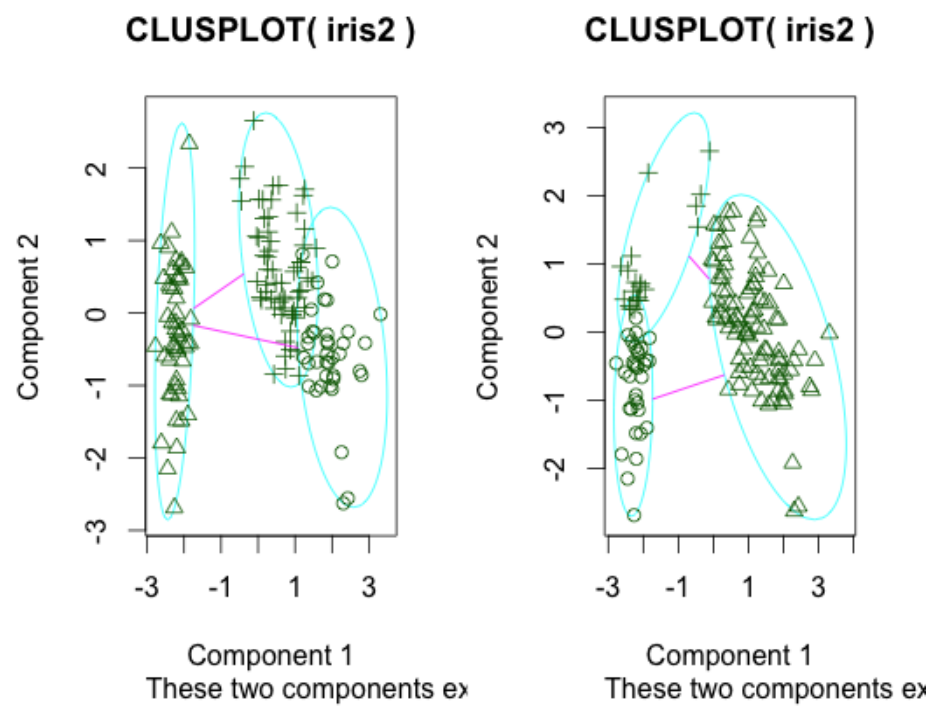


FIGURE 2 – Visualisation des 2 différentes partitions avec respectivement 78.85 et 142.75 de d'inertie intra-classes

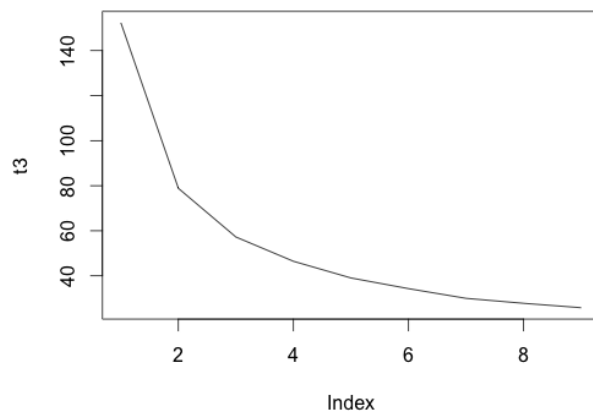


FIGURE 3 – Minimum centre d’inertie suivant le nombre de partition

La solution optimale semble être en 3 classes. Pourtant celle-ci n’est pas flagrante avec le tableau des minimums des inerties. La méthode du coude ne fonctionne pas très bien, elle ne fait pas apparaître de coude. Le minimum d’inertie de fait que diminuer en fonction du nombre de classes. Une solution serait de pénaliser un grand nombre de classes par le nombre d’individus présents dans la classe.

Question 4 - Partitions réelles

La première espèce (*setosa*) est bien différenciée suivant la méthode des centre mobiles alors que les espèces *versicolor* et *virginica* se chevauchent il est alors plus difficile pour l’algorithme de les différencier efficacement.

Crabs

Selon le graphe ci dessous, le nombre optimal de partition est 3. Le coude est bien visible pour les crabs. Cela est en contradiction avec la classification selon l’espèce et le sexe qui donne 4 classes différentes.

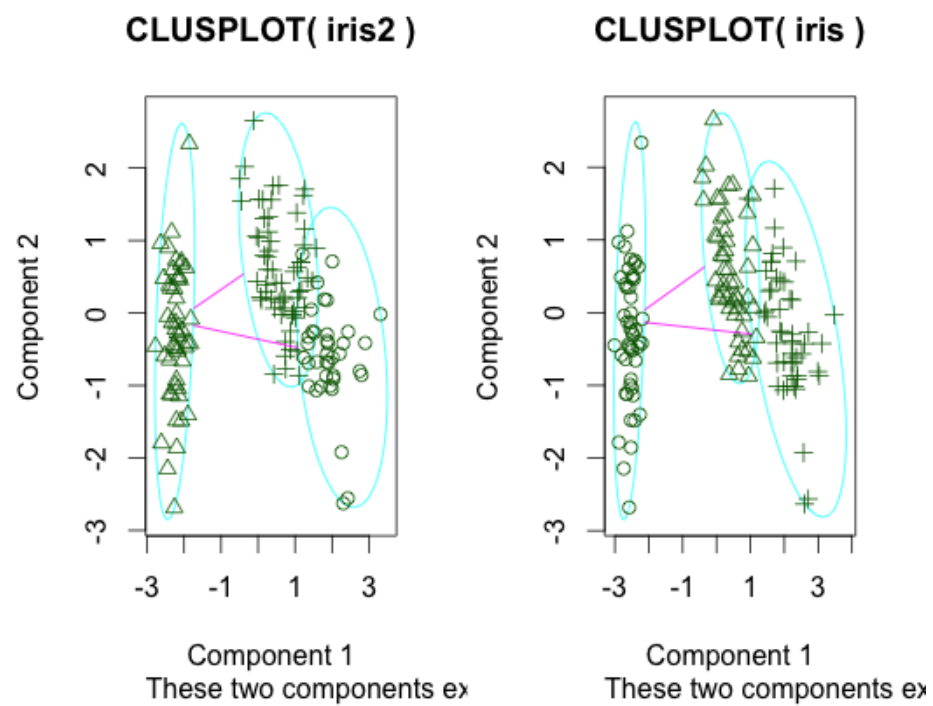


FIGURE 4 – Comparaison entre classement réelles des espèces à droite et avec la méthode des centre mobiles

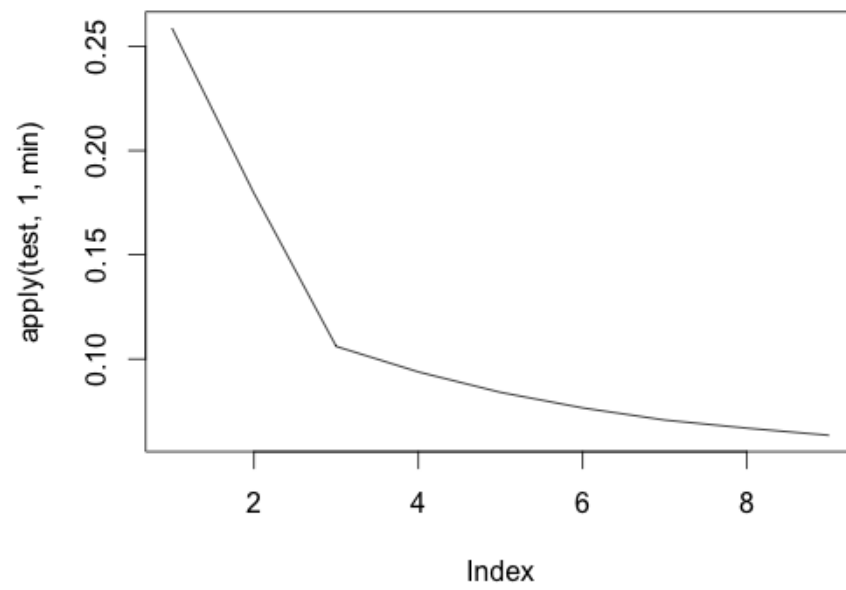
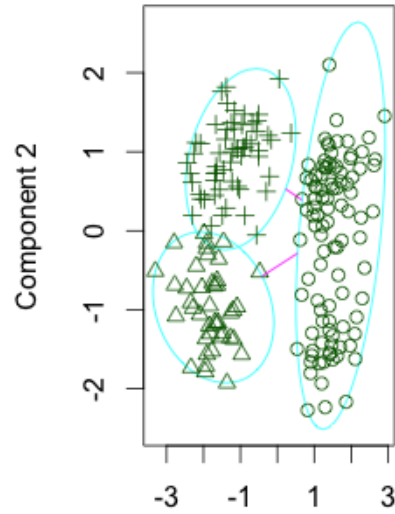


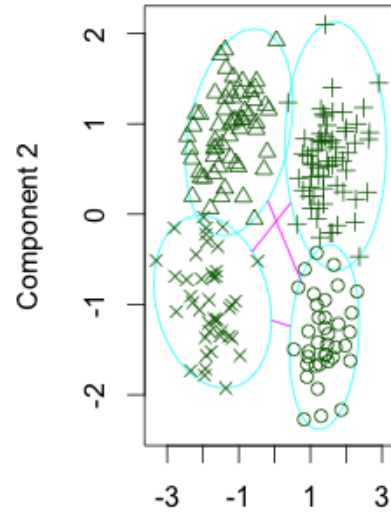
FIGURE 5 – Méthode du cou pour déterminer le nombre optimal de partitions

CLUSPLOT(crabsquant)



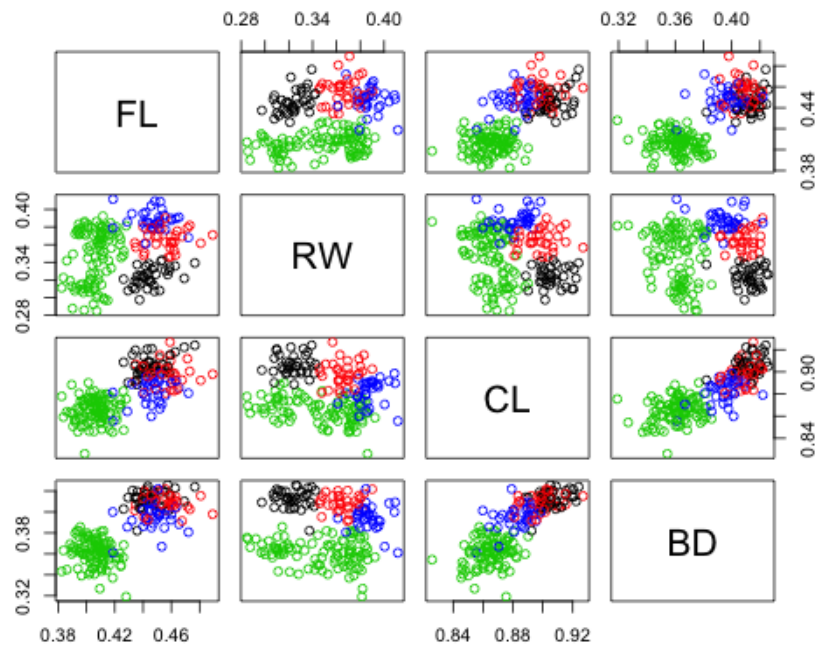
Component 1
These two components ex

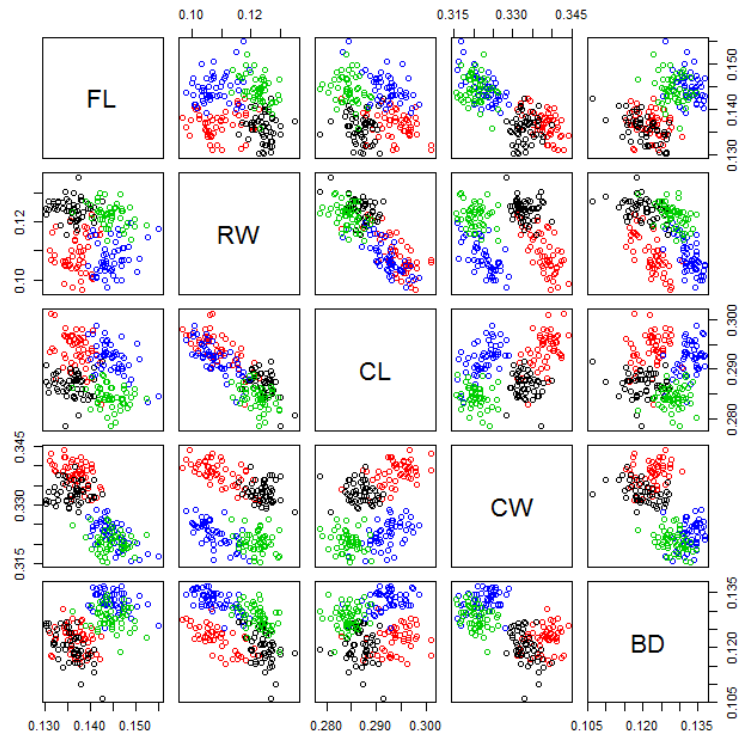
CLUSPLOT(crabsquant)



Component 1
These two components ex

J'ai donc effectué les 2 classifications avec 3 et 4 partitions.





Nous voyons qu'il y a quelques heures quant au classement selon les espèces et le sexe mais cela reste satisfaisant dans l'ensemble.

Nous retrouvons les mêmes classes avec la partitions des centre mobiles ou suivant la classification suivant l'espèce et le sexe. Cela montre bien que les autres variables permettent de déterminer l'espèce et le sexe d'un crabe.

Mutations

```
res = kmeans(mutations2, 2)
plot(cmdscale(mutations), col=res$cluster)
```

Avec 3 vert au milieu des noirs

4 cluster seulement un point dans le dernier

tableau de contingence pour comparer les partitions `table(res$cluster, res2$cluster)`

```
##< HEAD =====
##> a03dc5d6e1e9ed556e90299424c3c7fad9660aca
```