MTH6312 - Méthodes statistiques d'apprentissage

Devoir no 3

Gervais Presley Koyaweda 2305686

November 15, 2024

QUESTION No 1

Génération des données personnelles mondata1

```
library(ISLR2)
```

```
set.seed(2305686)
mondata1<-Wage[sample(3000,500),]
```

```
#Visualisation du mondata
head(mondata1)
```

A data.frame: 6 × 11

	year	age	maritl	race	education	region	jobclass	health	health_ins	logwage	wage
	<int>	<int>	<fct>	<fct>	<fct>	<fct>	<fct>	<fct>	<fct>	<dbl>	<dbl>
374558	2008	31	1. Never Married	1. White	3. Some College	2. Middle Atlantic	1. Industrial	2. >=Very Good	1. Yes	4.531479	92.89584
450648	2009	47	1. Never Married	4. Other	1. < HS Grad	2. Middle Atlantic	1. Industrial	1. <=Good	2. No	4.272306	71.68674
82172	2004	54	2. Married	2. Black	2. HS Grad	2. Middle Atlantic	2. Information	1. <=Good	1. Yes	4.698970	109.83399
14196	2005	54	2. Married	1. White	4. College Grad	2. Middle Atlantic	2. Information	2. >=Very Good	2. No	4.740363	114.47571
9947	2005	36	2. Married	1. White	5. Advanced Degree	2. Middle Atlantic	2. Information	2. >=Very Good	1. Yes	4.942008	140.05120
80496	2004	42	2. Married	1. White	2. HS Grad	2. Middle Atlantic	1. Industrial	2. >=Very Good	2. No	4.518514	91.69923

[5]:
```
df<-mondata1[c("health","age","wage")]
```

[7]:
```
#names(df)[names(df)=="health_num"]<-"health"
head(df)
```

A data.frame: 6 × 3

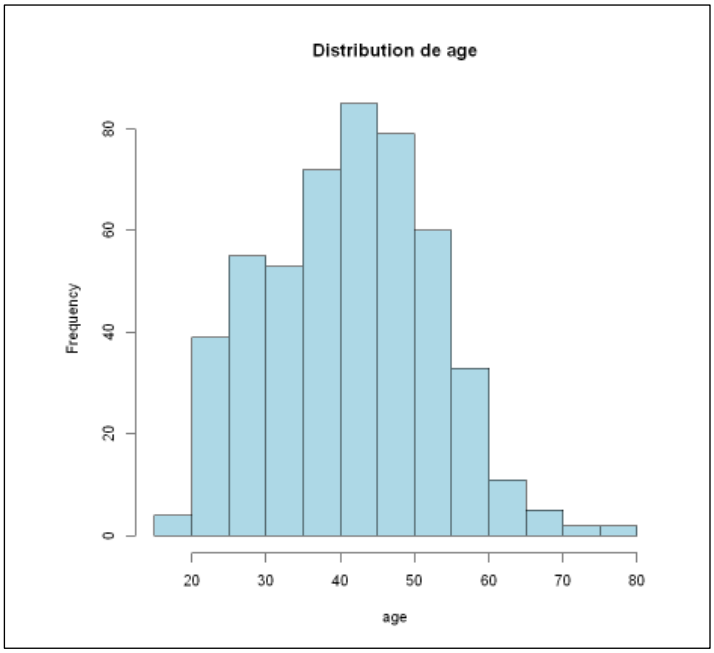
	health	age	wage
	<fct>	<int>	<dbl>
374558	2. >=Very Good	31	92.89584
450648	1. <=Good	47	71.68674
82172	1. <=Good	54	109.83399
14196	2. >=Very Good	54	114.47571
9947	2. >=Very Good	36	140.05120
80496	2. >=Very Good	42	91.69923

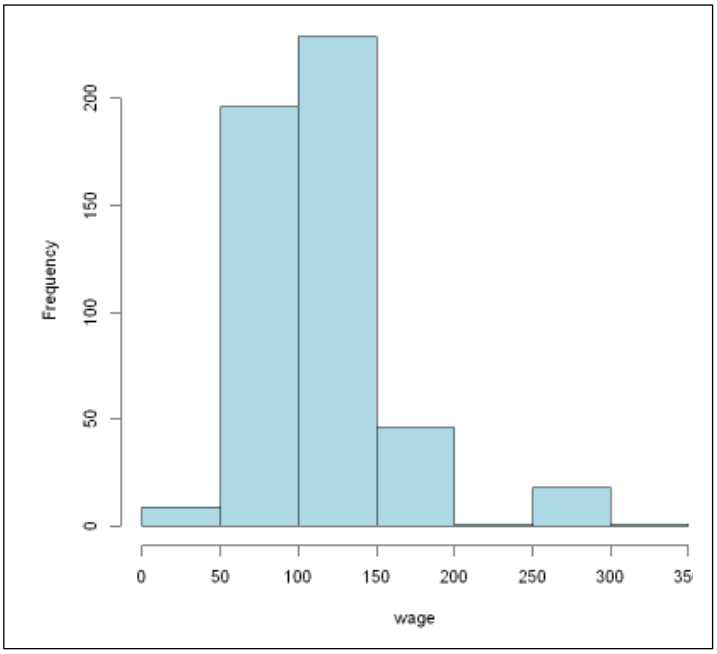
Exploration du dataset

[8]:
```
# Histogrammes pour voir la distribution de chaque variable
health_count<-table(df$health)
health_count
```

```
1. <=Good 2. >=Very Good
      135            365
```

```r
#Distribution des variables explicatives
# Boucle pour tracer les histogrammes des colonnes entières
for (col_name in names(df)) {
  # Vérifie si la colonne est de type entier
  if (is.numeric(mondata1[[col_name]])) {
    # Tracer des histogrammes
    hist(mondata1[[col_name]],
         main = paste("Distribution de", col_name),
         xlab = col_name,
         col = "lightblue")
  }
}
```






```r
summary(df)
```

```
          health         age              wage
1. <=Good     :135   Min.   :19.00   Min.   : 20.93
2. >=Very Good:365   1st Qu.:33.00   1st Qu.: 85.38
                     Median :42.00   Median :108.23
                     Mean   :41.84   Mean   :115.03
                     3rd Qu.:49.25   3rd Qu.:132.58
                     Max.   :80.00   Max.   :314.33
```

```r
age_moyen<-mean(df$age)
salaire_moyen<-mean(df$wage)
paste("l âge moyen des travailleurs est:", age_moyen)
paste("Le salaire moyen des travailleurs est:", salaire_moyen)
```

'l âge moyen des travailleurs est: 41.844'

'Le salaire moyen des travailleurs est: 115.032192957593'

L'analyse exploratoire des données révèle que la majorité des individus sont en très bonne santé ("Very Good"), avec 365 personnes contre 135 dans la catégorie "<=Good". La distribution de l'âge est centrée autour de 42 ans, couvrant une population active, tandis que la distribution des salaires est asymétrique à droite, avec une moyenne de 115.03 et quelques salaires plus élevés atteignant environ 314.33.

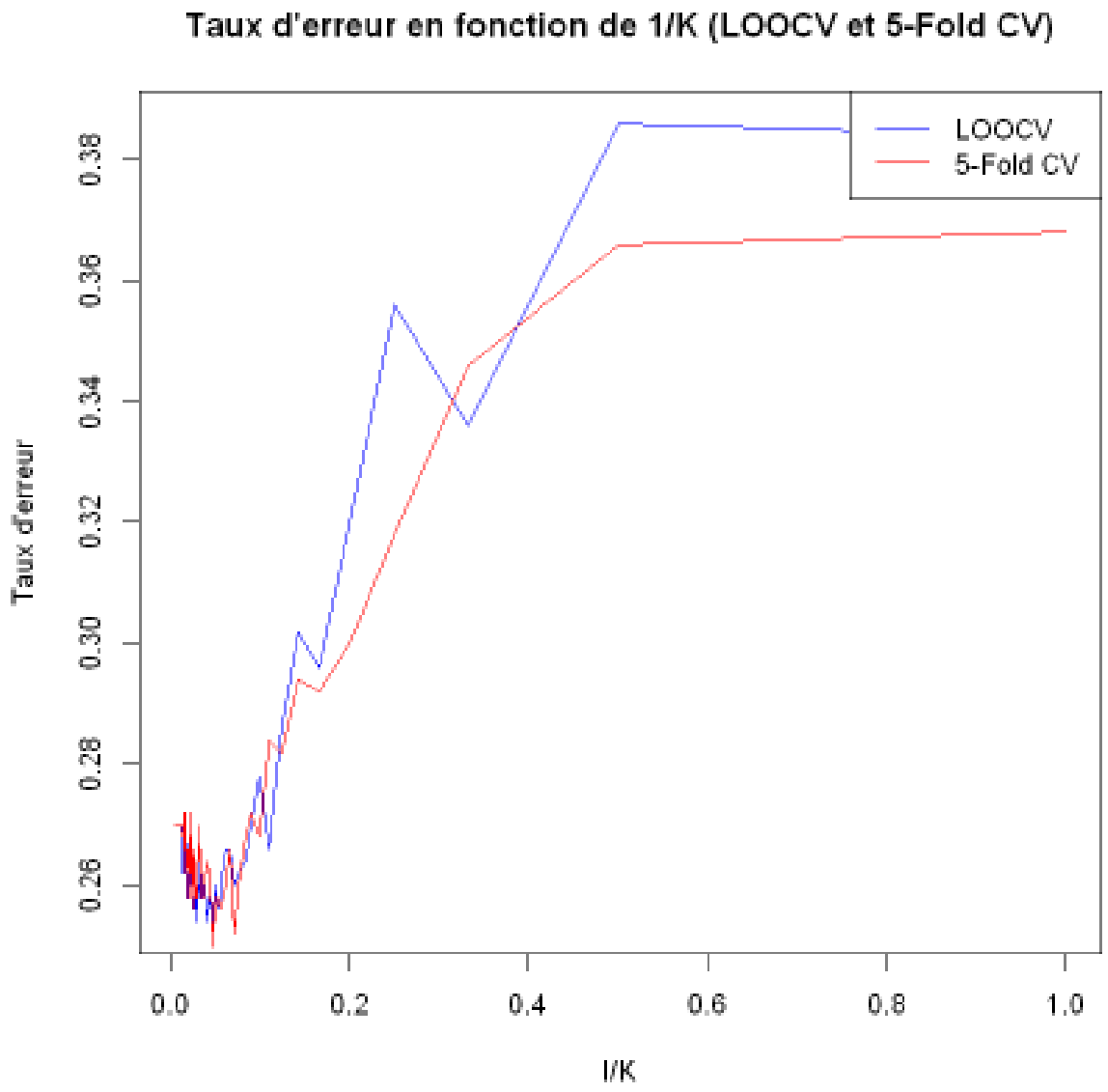
a) KNN

```r
# Initialisation des valeurs de K que nous allons tester, de 1 à 180
k_values<-1:180

# Création des vecteurs vides pour stocker les taux d'erreur pour chaque K en LOOCV et 5-Fold CV
loocv_error<-numeric(length(k_values))
fold5_error<-numeric(length(k_values))
```

a-1. Estimation du taux d'erreur test avec LOOCV et 5-Fold CV pour KNN

```r
# Live_One_Out Cross Validation
for (i in seq_along(k_values)) {
  k <- k_values[i]  # Obtenir la valeur de K correspondant à l'index i

  # Utilisation de la fonction train() de caret pour appliquer LOOCV avec KNN
  loocv_result <- train(
    health ~ age + wage,
    data = df,
    method = "knn",
    trControl = trainControl(method = "LOOCV"), # Configuration pour LOOCV
    tuneGrid = data.frame(k = k)                # Nombre de voisins pour KNN
  )

  # Calcul du taux d'erreur (1 - précision) pour chaque K et le stocker
  loocv_error[i] <- 1 - max(loocv_result$results$Accuracy)
}

# k-Fold Cross Validation
for (i in seq_along(k_values)) {
  k <- k_values[i]  # Obtenir la valeur de K correspondant à l'index i

  fold5_result <- train(
    health ~ age + wage,
    data = df,
    method = "knn",
    trControl = trainControl(method = "cv", number = 5),
    tuneGrid = data.frame(k = k)
  )

  # Calcul du taux d'erreur (1 - précision) pour chaque K et le stocker
  fold5_error[i] <- 1 - max(fold5_result$results$Accuracy)
}
```

```r
#Courbe des taux d'erreur en fonction de 1/K pour visualiser la performance
plot(1/k_values,loocv_error, type="l", col="blue",
        xlab="I/K", ylab="Taux d'erreur", main="Taux d'erreur en fonction de 1/K (LOOCV et 5-Fold CV)")

# Ajout de la courbe des taux d'erreur pour le 5-Fold CV
lines(1/k_values, fold5_error, col="red")

# Ajout d'une légende
legend("topright",legend=c("LOOCV", "5-Fold CV"), col=c("blue", "red"), lty = 1)
```



a-2. Valeur du k optimal pour la classification

```r
#Determination de la valeur de K qui minimise le taux d'erreur

#LOOCV
k_optimal_loocv <- k_values[which.min(loocv_error)]
error_min_loocv <- min(loocv_error)

#5-Fold CV
k_optimal_fold5 <- k_values[which.min(fold5_error)]
error_min_fold5 <- min(fold5_error)

#Affichage
cat("Valeur optimale de K pour LOOCV :", k_optimal_loocv, "avec un taux d'erreur de", error_min_loocv, "\n")
cat("Valeur optimale de K pour 5-Fold CV :", k_optimal_fold5, "avec un taux d'erreur de", error_min_fold5, "\n")
```

```
Valeur optimale de K pour LOOCV : 21 avec un taux d'erreur de 0.254
Valeur optimale de K pour 5-Fold CV : 21 avec un taux d'erreur de 0.25
```

Les résultats montrent que pour LOOCV, (K = 21) est optimal avec un taux d'erreur de 0.252, et pour 5-Fold CV, (K = 21) est optimal avec un taux d'erreur de 0.25. Comme la différence est faible, choisir (K = 21) pour le 5-Fold CV pourrait être plus stable et aider à mieux généraliser, en évitant les variations dues aux petites erreurs dans les données.

b) Régression Logistique

1. Estimation du taux d'erreur pour les deux modèles de régression logistique avec LOOCV et 5-Fold CV

Modèle 1 : Régression logistique linéaire

```r
# Définition des deux modèles
modele1 <- health ~ age + wage
modele2 <- health ~ age + wage + I(age^2) + I(wage^2)

# Définition des contrôles pour la validation croisée
loocv_control<-trainControl(method = "LOOCV")
fold5_control<-trainControl(method = "cv", number = 5)
```

```r
# Appliquation de la validation croisée pour Modèle 1
loocv_modele1<-train(
    modele1,
    data=df,
    method="glm",
    family=binomial,
    trControl=loocv_control
    )
# Taux d'erreur pour LOOCV de Modèle 1
loocv_error_modele1<-1-max(loocv_modele1$result$Accuracy)

# 5-Fold CV pour Modèle 1
fold5_modele1<-train(
    modele1,
    data=df,
    method="glm",
    family=binomial,
    trControl=fold5_control
    )
# Taux d'erreur pour LOOCV de Modèle 1
fold5_error_modele1<-1-max(fold5_modele1$result$Accuracy)

# Appliquation de la validation croisée pour Modèle 2
loocv_modele2<-train(
    modele2,
    data=df,
    method="glm",
    family=binomial,
    trControl=loocv_control
    )
# Taux d'erreur pour LOOCV de Modèle 1
loocv_error_modele2<-1-max(loocv_modele2$result$Accuracy)

# 5-Fold CV pour Modèle 1
fold5_modele2<-train(
    modele2,
    data=df,
    method="glm",
    family=binomial,
    trControl=fold5_control
    )
# Taux d'erreur pour LOOCV de Modèle 1
fold5_error_modele2<-1-max(fold5_modele2$result$Accuracy)
```

```r
# Affichage des résultats
cat("Taux d'erreur pour Modèle 1 - LOOCV:", loocv_error_modele1, "\n")
cat("Taux d'erreur pour Modèle 1 - 5-Fold CV:", fold5_error_modele1, "\n")
cat("Taux d'erreur pour Modèle 2 - LOOCV:", loocv_error_modele2, "\n")
cat("Taux d'erreur pour Modèle 2 - 5-Fold CV:", fold5_error_modele2, "\n")
```

```
Taux d'erreur pour Modèle 1 - LOOCV: 0.258
Taux d'erreur pour Modèle 1 - 5-Fold CV: 0.254
Taux d'erreur pour Modèle 2 - LOOCV: 0.262
Taux d'erreur pour Modèle 2 - 5-Fold CV: 0.268
```

1. Choix du modèle idéal pour la classification

On remarque que le Modèle 1 (linéaire) présente des taux d'erreur légèrement inférieurs à ceux du Modèle 2 (quadratique) pour les deux méthodes de validation croisée utilisées. En effet, avec la méthode LOOCV, le Modèle 1 obtient un taux d'erreur de 0.258 contre 0.262 pour le Modèle 2. De même, pour la validation croisée 5-Fold, le taux d'erreur du Modèle 1 est de 0.254, alors que celui du Modèle 2 est de 0.26.

Ces résultats indiquent que le Modèle 1, malgré sa simplicité, est légèrement plus performant que le Modèle 2, sans nécessiter de termes quadratiques supplémentaires. **Cette performance légèrement supérieure, combinée à la simplicité du modèle linéaire, suggère que le Modèle 1 est plus adapté pour la classification des données dans ce contexte.**

c) Analyse discriminante.

```r
# Liste pour stocker les résultats
results <- list()

# LDA avec LOOCV
lda_loocv <- train(
  health ~ age + wage,
  data = df,
  method = "lda",
  trControl = trainControl(method = "LOOCV")
)

lda_loocv_error <- 1 - max(lda_loocv$results$Accuracy)
results$lda_loocv <- lda_loocv_error

# LDA avec 5-Fold CV
lda_5fold <- train(
  health ~ age + wage,
  data = df,
  method = "lda",
  trControl = trainControl(method = "cv", number = 5)
)

lda_5fold_error <- 1 - max(lda_5fold$results$Accuracy)  # Correction ici
results$lda_5fold <- lda_5fold_error

# QDA avec LOOCV
qda_loocv <- train(
  health ~ age + wage,
  data = df,
  method = "qda",
  trControl = trainControl(method = "LOOCV")
)

qda_loocv_error <- 1 - max(qda_loocv$results$Accuracy)
results$qda_loocv <- qda_loocv_error

# QDA avec 5-Fold CV
qda_5fold <- train(
  health ~ age + wage,
  data = df,
  method = "qda",
  trControl = trainControl(method = "cv", number = 5)
)

qda_5fold_error <- 1 - max(qda_5fold$results$Accuracy)
results$qda_5fold <- qda_5fold_error  # Correction ici
```

```r
# Affichage des résultats
cat("Taux d'erreur pour LDA - LOOCV :", results$lda_loocv, "\n")
cat("Taux d'erreur pour LDA - 5-Fold CV :", results$lda_5fold, "\n")
cat("Taux d'erreur pour QDA - LOOCV :", results$qda_loocv, "\n")
cat("Taux d'erreur pour QDA - 5-Fold CV :", results$qda_5fold, "\n")
```

```
Taux d'erreur pour LDA - LOOCV : 0.258
Taux d'erreur pour LDA - 5-Fold CV : 0.258
Taux d'erreur pour QDA - LOOCV : 0.27
Taux d'erreur pour QDA - 5-Fold CV : 0.27
```

On observe que l'Analyse Discriminante Linéaire (LDA) présente des taux d'erreur légèrement inférieurs à ceux de l'Analyse Discriminante Quadratique (QDA) pour les deux méthodes de validation croisée appliquées. En effet, avec la validation croisée LOOCV, LDA obtient un taux d'erreur de 0.258 contre 0.27 pour QDA. De même, pour la validation croisée 5-Fold, le taux d'erreur de LDA est de 0.254, tandis que celui de QDA est de 0.272.

Ces résultats montrent que LDA, malgré sa simplicité, est légèrement plus performant que QDA dans ce contexte, sans nécessiter la complexité supplémentaire associée aux termes quadratiques de QDA. La performance supérieure de **LDA**, combinée à sa simplicité, suggère qu'il est le modèle le mieux adapté pour la classification des données dans ce cas.

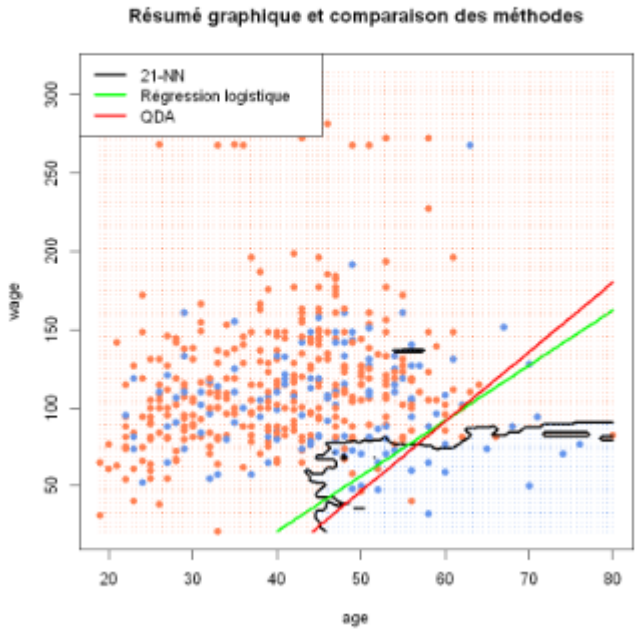
d) Résumé graphique et comparaison des méthodes.

```r
# Création d'une grille de points pour tracer les frontières de décision
x1_range <- seq(min(df$age), max(df$age), length.out = 100)
x2_range <- seq(min(df$wage), max(df$wage), length.out = 100)
grid <- expand.grid(age = x1_range, wage = x2_range)
```

Ajout des frontières de décision pour chaque modèle

```r
# Conversion des labels pour correspondre au format attendu
y <- ifelse(df$health == "2. >=Very Good", 1, 0)
X <- df[, c('age', 'wage')]

# Définition des plages pour l'âge et le salaire
age_range <- seq(min(X$age), max(X$age), length.out = 100)
wage_range <- seq(min(X$wage), max(X$wage), length.out = 100)

# Création de la grille pour les prédictions
grid <- expand.grid(age = age_range, wage = wage_range)

# KNN prédictions
best_k <- 21
grid_pred <- knn(train = X, test = grid, cl = y, k = best_k, prob = TRUE)
grid_pred_num <- as.numeric(grid_pred)

# Probabilités pour KNN
prob <- attr(grid_pred, "prob")
prob <- ifelse(grid_pred == 1, prob, 1 - prob)

# Vérification des colonnes retournées par predict pour le modèle logistique
logistic_probs <- predict(fold5_modele1, newdata = grid, type = "prob")
print(colnames(logistic_probs))  # Affiche les noms des colonnes pour vérifier

# Sélection des probabilités de la classe "2. >=Very Good"
class_name <- "2. >=Very Good"  # Remplacez par le bon nom si nécessaire
if (class_name %in% colnames(logistic_probs)) {
  prob_logistic <- logistic_probs[, class_name]
} else {
  stop("Le nom de la classe spécifié n'existe pas dans les colonnes des probabilités.")
}

# Prédictions pour QDA
qda_probs <- predict(lda_5fold, newdata = grid, type = "prob")
if (class_name %in% colnames(qda_probs)) {
  prob_qda <- qda_probs[, class_name]
} else {
  stop("Le nom de la classe spécifié n'existe pas dans les colonnes des probabilités pour QDA.")
}

# Conversion en matrices pour les contours
prob <- matrix(prob, nrow = length(age_range), ncol = length(wage_range))
prob_logist_mat <- matrix(prob_logistic, nrow = length(age_range), ncol = length(wage_range))
prob_qda <- matrix(prob_qda, nrow = length(age_range), ncol = length(wage_range))

# Tracé des données et des frontières
plot(
  X$age, X$wage, col = ifelse(y == 1, "coral", "cornflowerblue"), pch = 19,
  main = "Résumé graphique et comparaison des méthodes", xlab = "age", ylab = "wage"
)

# Ajout des contours pour chaque méthode
contour(age_range, wage_range, prob, levels = 0.5, labels = "10-Nearest Neighbour",
        axes = TRUE, add = TRUE, col = "black", lwd = 3, drawlabels = FALSE)
contour(age_range, wage_range, prob_logist_mat, levels = 0.5, labels = "Logistic regression",
        add = TRUE, axes = TRUE, col = "green", lwd = 3, drawlabels = FALSE)
contour(age_range, wage_range, prob_qda, levels = 0.5, labels = "QDA",
        add = TRUE, axes = TRUE, col = "red", lwd = 3, drawlabels = FALSE)

# Points colorés selon les probabilités
gd <- expand.grid(x = age_range, y = wage_range)
points(gd, pch = ".", col = ifelse(prob > 0.5, "coral", "cornflowerblue"))

# Légende
legend(
  "topleft", col = c("black", "green", "red"),
  legend = c("21-NN", "Régression logistique", "QDA"),
  lty = c(1, 1), lwd = c(3, 3)
)
```

```
[1] "1. <=Good"      "2. >=Very Good"
```



Matrice de confusion

```r
# Matrice de confusion pour KNN
cat("\nMatrice de Confusion pour KNN\n")
knn_predictions <- predict(knn_model, newdata = df, type = "class")
print(confusionMatrix(knn_predictions, df$health))

# Matrice de confusion pour la Régression Logistique
cat("\nMatrice de Confusion pour la Régression Logistique\n")
logistic_predictions <- predict(fold5_modele1, newdata = df)
print(confusionMatrix(as.factor(logistic_predictions), df$health))

# Matrice de confusion pour LDA
cat("\nMatrice de Confusion pour LDA\n")
lda_predictions_train <- predict(lda_5fold, newdata = df)
print(confusionMatrix(lda_predictions_train, df$health))
```

```
Matrice de Confusion pour KNN
Confusion Matrix and Statistics

                Reference
Prediction       1. <=Good 2. >=Very Good
  1. <=Good             20              9
  2. >=Very Good       115            356

               Accuracy : 0.752
                 95% CI : (0.7117, 0.7893)
    No Information Rate : 0.73
    P-Value [Acc > NIR] : 0.1449

                  Kappa : 0.1641

 Mcnemar's Test P-Value : <2e-16

            Sensitivity : 0.1481
            Specificity : 0.9753
         Pos Pred Value : 0.6897
         Neg Pred Value : 0.7558
             Prevalence : 0.2700
         Detection Rate : 0.0400
   Detection Prevalence : 0.0580
      Balanced Accuracy : 0.5617

       'Positive' Class : 1. <=Good
```

```
Matrice de Confusion pour la Régression Logistique
Confusion Matrix and Statistics

                Reference
Prediction       1. <=Good 2. >=Very Good
  1. <=Good             14              7
  2. >=Very Good       121            358

               Accuracy : 0.744
                 95% CI : (0.7034, 0.7817)
    No Information Rate : 0.73
    P-Value [Acc > NIR] : 0.2578

                  Kappa : 0.1152

 Mcnemar's Test P-Value : <2e-16

            Sensitivity : 0.1037
            Specificity : 0.9808
         Pos Pred Value : 0.6667
         Neg Pred Value : 0.7474
             Prevalence : 0.2700
         Detection Rate : 0.0280
   Detection Prevalence : 0.0420
      Balanced Accuracy : 0.5423

       'Positive' Class : 1. <=Good
```

```
Matrice de Confusion pour LDA
Confusion Matrix and Statistics

                Reference
Prediction       1. <=Good 2. >=Very Good
  1. <=Good             13              6
  2. >=Very Good       122            359

               Accuracy : 0.744
                 95% CI : (0.7034, 0.7817)
    No Information Rate : 0.73
    P-Value [Acc > NIR] : 0.2578

                  Kappa : 0.1095

 Mcnemar's Test P-Value : <2e-16

            Sensitivity : 0.0963
            Specificity : 0.9836
         Pos Pred Value : 0.6842
         Neg Pred Value : 0.7464
             Prevalence : 0.2700
         Detection Rate : 0.0260
   Detection Prevalence : 0.0380
      Balanced Accuracy : 0.5399

       'Positive' Class : 1. <=Good
```

Comparaison des modèles

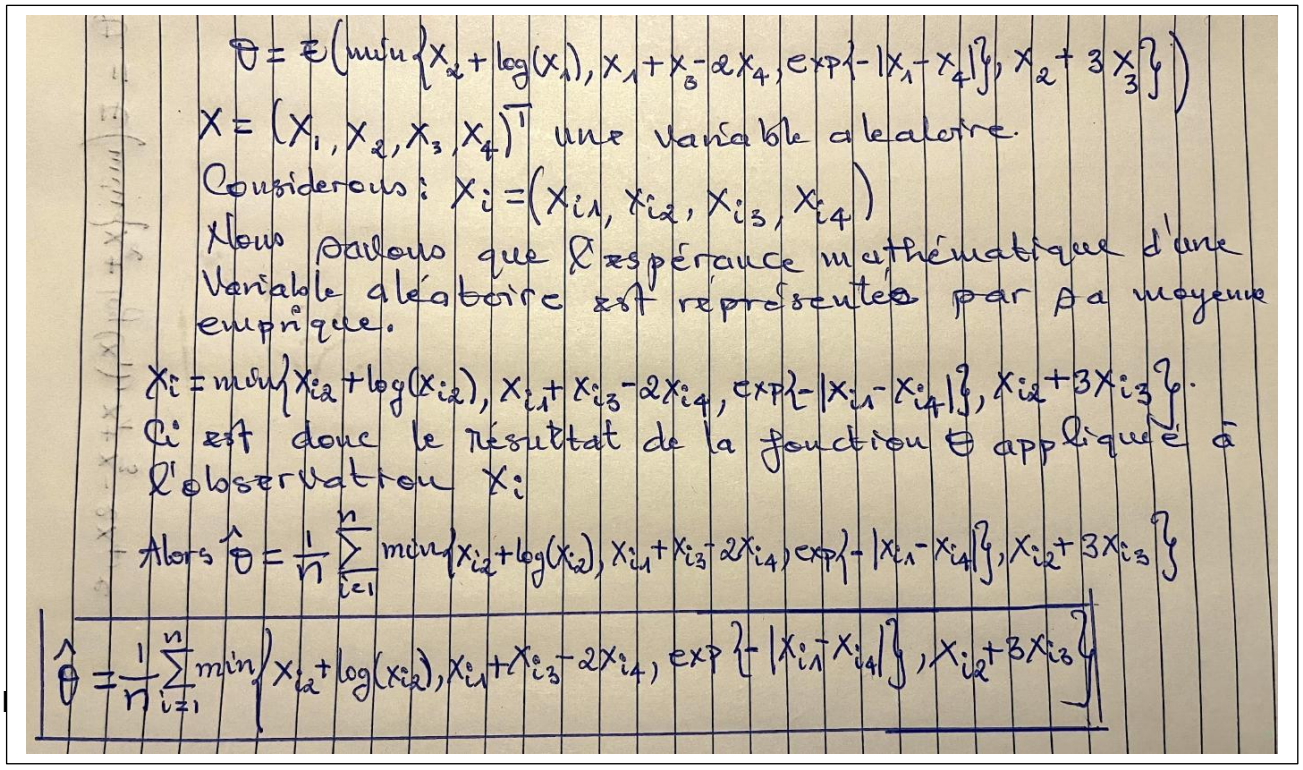
1. **KNN**
    - **Précision globale** : 75,2% (indique qu'environ trois-quarts des prédictions sont correctes).
    - **Sensibilité (Détection de "Bon")** : 14,8% – Le modèle KNN a du mal à détecter la classe "Bon" (classe minoritaire), avec seulement 14,8% des cas "Bon" correctement identifiés.
    - **Spécificité (Détection de " Très Bon")** : 97,5% – Le modèle est très bon pour identifier la classe majoritaire "Très Bon", avec une spécificité élevée.
    - **Analyse** : KNN semble adapté pour une détection fiable de "Très Bon", mais sa faible sensibilité indique une limitation pour identifier les individus "Bon".
2. **Régression Logistique**
    - **Précision globale** : 74,4%
    - **Sensibilité** : 10,4% – Très faible pour détecter la classe "Bon", ce qui signifie que ce modèle rate souvent cette classe.
    - **Spécificité** : 98,1% – Très bon pour la classe "Très Bon", montrant une capacité à bien prédire la classe majoritaire.
    - **Analyse** : La régression logistique privilégie la détection de "Très Bon", mais au détriment de "Bon". Sa précision globale est similaire à KNN, mais avec une sensibilité plus faible.
3. **Analyse Discriminante Linéaire (LDA)**
    - **Précision globale** : 74,4%
    - **Sensibilité** : 9,6% – Encore plus faible pour la détection de "Bon", ce qui montre une difficulté à identifier cette classe.
    - **Spécificité** : 98,4% – Excellente pour la classe "Très Bon", semblable aux autres modèles dans la détection de la classe majoritaire.
    - **Analyse** : Comme la régression logistique, LDA est performant pour "Très Bon" mais moins performant pour "Bon". Sa spécificité élevée indique une bonne fiabilité pour détecter les cas "Très Bon".

Conclusion

Le modèle **KNN** est globalement plus équilibré en termes de précision, bien qu'il montre des limites dans la détection de "Bon". La **régression logistique** et **LDA** offrent une précision similaire, mais avec une très faible sensibilité pour la classe "Bon". Par conséquent, si la détection de "Très Bon" est prioritaire, LDA ou la régression logistique sont de bons choix. Cependant, si un compromis entre les classes est important, KNN pourrait être plus adapté malgré sa sensibilité limitée.

QUESTION No 2

a) Expression d'un estimateur θ "chapeau" de θ en fonction des n observations.



```r
#chargement des données

data(iris)
iris_df<-iris
head(iris_df)
```

A data.frame: 6 × 5

	Sepal.Length	Sepal.Width	Petal.Length	Petal.Width	Species
	<dbl>	<dbl>	<dbl>	<dbl>	<fct>
1	5.1	3.5	1.4	0.2	setosa
2	4.9	3.0	1.4	0.2	setosa
3	4.7	3.2	1.3	0.2	setosa
4	4.6	3.1	1.5	0.2	setosa
5	5.0	3.6	1.4	0.2	setosa
6	5.4	3.9	1.7	0.4	setosa

```r
# Définition de la fonction de l'estimateur pour chaque observation
estimator<-function(data,indice){
    #Extraction d'echantillon de Bootstrap
    sample_data<-data[indice,]
    #Calcul de l'estimateur pour l'echantillon extrait
    mean(apply(sample_data, 1, function(x) {
    min(x[2] + log(x[1]), x[1] + x[3] - 2 * x[4], exp(-abs(x[1] - x[4])), x[2] + 3 * x[3])
  }))
}
```

```r
# Estimation initiale sans bootstrap
theta_hat_initial <- estimator(iris_df[, 1:4], 1:nrow(iris_df))
```

```r
# Appliquer le Bootstrap avec 3500 répétitions
bootstrap_results<-boot(data = iris_df[,1:4],statistic = estimator, R = 3500)
```

```r
# Estimation ponctuelle de θ
theta_hat<-mean(bootstrap_results$t)
```

```r
# Biais de l'estimateur
bias<-theta_hat-theta_hat_initial
```

```r
# Erreur-type de l'estimateur
std_error<-sd(bootstrap_results$t)
```

```r
# Affichage des résultats
cat("Estimation initiale sans bootstrap θ :", theta_hat_initial, "\n")
cat("Estimation ponctuelle de θ :", theta_hat, "\n")
cat("Biais de l'estimateur :", bias, "\n")
cat("Erreur-type de l'estimateur :", std_error, "\n")
```

```
Estimation initiale sans bootstrap θ : 0.01080504
Estimation ponctuelle de θ : 0.0108067
Biais de l'estimateur : 1.661287e-06
Erreur-type de l'estimateur : 0.0004544095
```

On observe que l'estimation de **theta** est très proche entre l'estimation initiale (**0.01080504**) et l'estimation ponctuelle avec bootstrap (0.0108067), indiquant un biais très faible. De plus, l'erreur-type est petite (**0.0004544095**), ce qui montre que l'estimation est stable et fiable.

c) Intervalle de Confiance pour theta

```r
# Calcul de l'intervalle de confiance à 95% basé sur les quantiles bootstrap
intervalle_confiance<-boot.ci(bootstrap_results,type = "perc")
```

```r
# Affichage de l'intervalle de confiance
cat("Intervalle de confiance à 95% pour θ : [", intervalle_confiance$percent[4], ",", intervalle_confiance$percent[5], "]\n"
```

```
Intervalle de confiance à 95% pour θ : [ 0.00992769 , 0.01170865 ]
```

L'intervalle de confiance bootstrap à 95 % pour l'estimateur de θ est entre 0.0099 et 0.0117. Cela montre que l'estimation obtenue est précise, avec une marge d'incertitude faible. Cet intervalle étroit indique que la vraie valeur de θ se situe probablement dans cet intervalle, ce qui confirme la fiabilité de l'estimateur.

QUESTION No 3

Génération des observations xi

```r
# Génération des données
set.seed(2305686)

# Définition des paramètres
mu<-5 # Moyenne choisie pour x
sigma<-2 # Ecart-type choisi pour x

x<-rnorm(n=100, mean = mu, sd=sigma)
print(x)
```

```
  [1]  3.7909967  8.1547200  2.6507253  6.2052825  4.3093210  8.0582662
  [7]  7.4760221  6.1862560  6.4431369  1.2290405  5.8161345  5.6095595
 [13]  5.6531638  2.3456231  3.1305332  6.6795373  6.7218141  6.1181799
 [19]  7.1757183  6.5305737  8.0652550  8.1192820  3.4751085  2.6765195
 [25]  7.8706394  5.4266441  7.5834784  5.3211925  2.2415767  3.8262831
 [31]  6.6619627  6.0166906  3.2196100  6.5379713  5.3090516  3.4968764
 [37]  0.8975724  4.9981898  6.2546564  4.6080363  3.3576279  7.6178179
 [43]  4.3329655  4.6016743  7.4580778  4.2221194  7.0976751  5.9276450
 [49]  6.5384103  2.0377594  5.7986486  2.9246366  3.4523478  6.2307805
 [55]  3.6602493  2.7353432  3.4532771  6.9434025  4.8675332  3.1843980
 [61]  6.8995308  3.4043404  2.8705080  4.9294930  6.5619774  0.4661080
 [67]  2.6299509  4.8502817  1.8152349  2.6532042  4.7605448  5.3000937
 [73]  3.2751965  4.5656362  5.1826968  3.5256225  4.7991489  3.7203342
 [79]  4.8652131  6.2160176  5.0179278  7.4504915  3.8275772  3.8131345
 [85]  4.7596524  2.7568229  5.2609116  8.5235865  5.2952093  6.3235156
 [91] 10.9353109  6.9740777  6.4028915  6.9986734  9.5495660  5.8488366
 [97]  1.8954659  5.3299497  3.7650845  6.5538638
```

Génération des erreurs

```r
# Génération des données
set.seed(2305686)

# Définition des paramètres
sigma_e<-1 # Ecart-type choisi pour x

e <- rnorm(n = 100, mean = 0, sd = sigma_e)
print(e)
```

```
  [1] -0.6045016418  1.5773600225 -1.1746373465  0.6026412362 -0.3453395179
  [6]  1.5291330792  1.2380110577  0.5931280073  0.7215684417 -1.8854797518
 [11]  0.4080672666  0.3047797723  0.3265818893 -1.3271884322 -0.9347333996
 [16]  0.8397686607  0.8609070274  0.5590899736  1.0878591251  0.7652868299
 [21]  1.5326274995  1.5596410086 -0.7624457442 -1.1617402494  1.4353197229
 [26]  0.2133220679  1.2917392238  0.1605962270 -1.3792116347 -0.5868584558
 [31]  0.8309813708  0.5083452929 -0.8901949826  0.7689856349  0.1545258071
 [36] -0.7515617910 -2.0512137862 -0.0009050996  0.6273281857 -0.1959818487
 [41] -0.8211860351  1.3089089696 -0.3335172514 -0.1991628531  1.2290388857
 [46] -0.3889402975  1.0488375365  0.4638224788  0.7692051594 -1.4811202783
 [51]  0.3993242999 -1.0376816999 -0.7738260813  0.6153902476 -0.6698753436
 [56] -1.1323284040 -0.7733614486  0.9717012745 -0.0662334183 -0.9078010191
 [61]  0.9497653752 -0.7978297770 -1.0647460231 -0.0352535167  0.7809886817
 [66] -2.2669459800 -1.1850245419 -0.0748591401 -1.5923825406 -1.1733979193
 [71] -0.1197275838  0.1500468596 -0.8624017612 -0.2171818913  0.0913484050
 [76] -0.7371887480 -0.1004255298 -0.6398328889 -0.0673934633  0.6080087762
 [81]  0.0089639131  1.2252457311 -0.5862113838 -0.5934327688 -0.1201738156
 [86] -1.1215885272  0.1304557954  1.7617932292  0.1476046491  0.6617578127
 [91]  2.9676554640  0.9870388481  0.7014457627  0.9993367105  2.2747829840
 [96]  0.4244183202 -1.5522670331  0.1649748703 -0.6174577275  0.7769318804
```

(b) Génération de Y

```r
# Définition des coefficients
beta_0 <- 3
beta_1 <- 2
beta_2 <- -1
beta_3 <- 0.5
```

```r
# Calcul d'y en fonction de x et des erreurs e
y <- beta_0 + beta_1 * x + beta_2 * x^2 + beta_3 * x^3 + e
```

```r
# Création du DataFrame final
mondata3 <- data.frame(x = x, y = y)
```

```r
# Affichage des premières lignes de mondata3 pour vérification
head(mondata3)
```

	x <dbl>	y <dbl>
1	3.790997	22.847286
2	8.154720	225.529577
3	2.650725	9.412923
4	6.205282	96.976523
5	4.309321	32.715633
6	8.058266	217.344401

(c) Sélection des meilleurs modèles par regsubsets

```r
# Génération des prédicteurs supplémentaires (X² à X¹⁰)
mondata3_ext <- data.frame(
  y = mondata3$y,
  poly(mondata3$x, degree = 10, raw = TRUE)
)
```

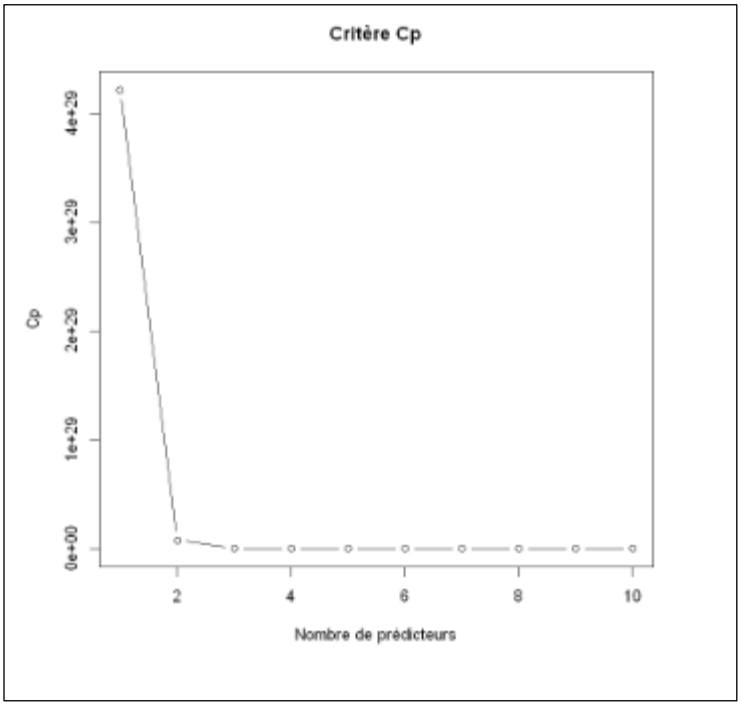
```r
# Sélection des meilleurs modèles avec regsubsets
fit_best <- regsubsets(y ~ ., data = mondata3_ext, nvmax = 10)
```

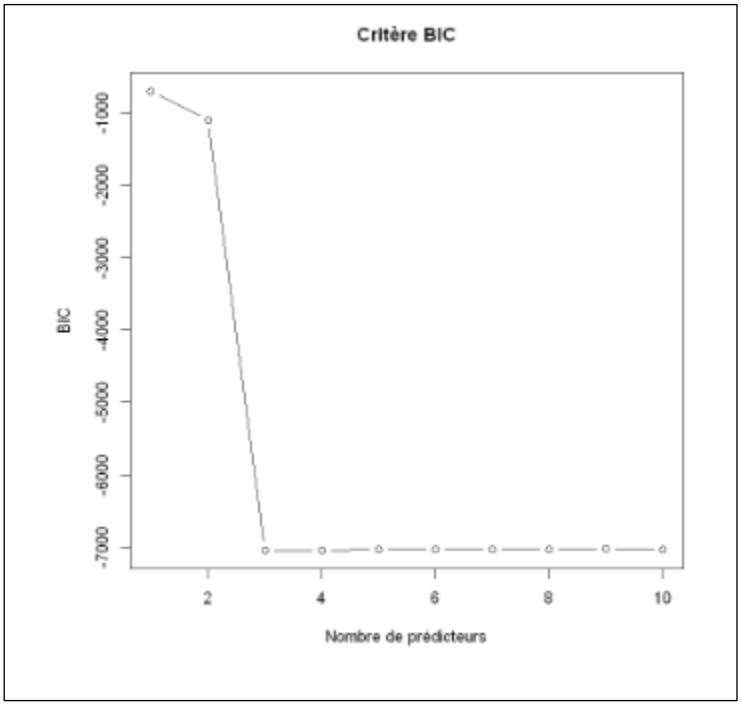
```r
# Résumé des résultats
summary_best <- summary(fit_best)
```

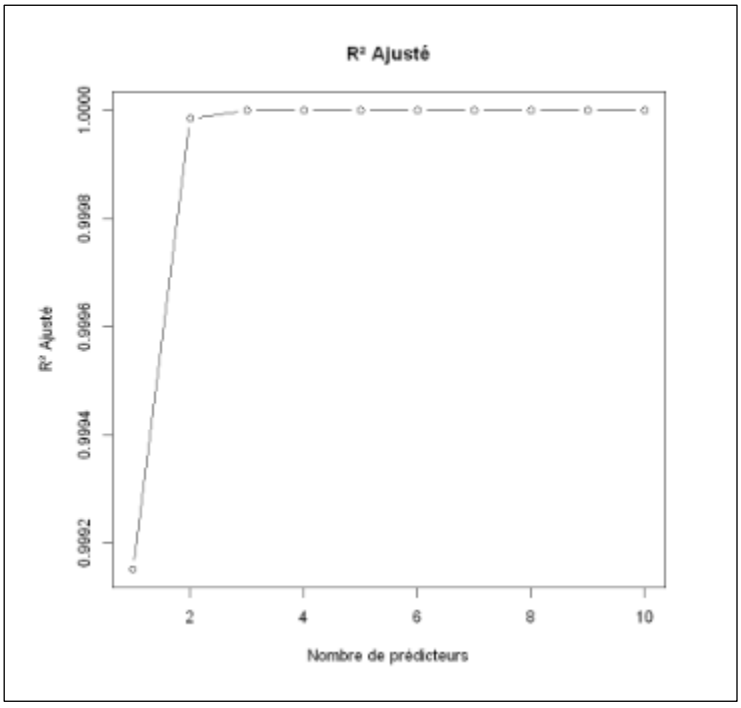
```r
# Affichage des critères Cp, BIC et Adjusted R²
print(data.frame(
  NumVars = 1:10,
  Cp = summary_best$cp,
  BIC = summary_best$bic,
  AdjR2 = summary_best$adjr2
))
```

```
   NumVars           Cp        BIC     AdjR2
1        1 4.214687e+29  -698.9795 0.9991512
2        2 7.734791e+27 -1094.1760 0.9999843
3        3 1.351361e+01 -7045.2394 1.0000000
4        4 1.501611e+01 -7041.1069 1.0000000
5        5 1.672219e+01 -7036.7820 1.0000000
6        6 1.646912e+01 -7034.3518 1.0000000
7        7 1.835120e+01 -7029.8617 1.0000000
8        8 1.806403e+01 -7027.5165 1.0000000
9        9 1.637121e+01 -7026.6717 1.0000000
10      10 1.100000e+01 -7030.0236 1.0000000
```

```r
# Visualisation des critères
plot(summary_best$cp, type = "b", xlab = "Nombre de prédicteurs", ylab = "Cp", main = "Critère Cp")
plot(summary_best$bic, type = "b", xlab = "Nombre de prédicteurs", ylab = "BIC", main = "Critère BIC")
plot(summary_best$adjr2, type = "b", xlab = "Nombre de prédicteurs", ylab = "R² Ajusté", main = "R² Ajusté")
```







On observe que pour le critère (Cp), la valeur diminue drastiquement lorsque le modèle inclut jusqu'à 3 prédicteurs ((X), (X^2), (X^3)), avant de se stabiliser. Cela indique que l'ajout de prédicteurs supplémentaires n'améliore pas significativement la performance du modèle.

On observe que pour le critère BIC, la valeur diminue fortement jusqu'à atteindre un minimum avec 3 prédicteurs (X), (X^2), (X^3)), puis reste stable pour les modèles contenant plus de 3 prédicteurs. Cette tendance indique que l'ajout de prédicteurs au-delà

de (X^3) n'améliore pas le compromis entre la qualité d'ajustement et la pénalité pour la complexité du modèle.

En ce qui concerne le (R^2) ajusté, celui-ci augmente rapidement pour atteindre une valeur proche de 1 avec 3 prédicteurs, indiquant que ce modèle explique quasiment toute la variance des données.

Conclusion : Le modèle optimal selon les critères (Cp), BIC et (R^2) ajusté est celui avec 3 prédicteurs ((X), (X^2), (X^3)). Ce modèle offre une balance idéale entre performance et simplicité.

(e) : Sélection avec Forward et Backward Stepwise

```
: 1 # Forward Stepwise Selection
  2 fit_forward <- regsubsets(y ~ ., data = mondata3_ext, nvmax = 10, method = "forward")
```

```
: 1 # Résumé des résultats
  2 summary_forward <- summary(fit_forward)
  3 print(summary_forward)
```

```
Subset selection object
Call: regsubsets.formula(y ~ ., data = mondata3_ext, nvmax = 10, method = "forward")
10 Variables  (and intercept)
    Forced in Forced out
X1      FALSE      FALSE
X2      FALSE      FALSE
X3      FALSE      FALSE
X4      FALSE      FALSE
X5      FALSE      FALSE
X6      FALSE      FALSE
X7      FALSE      FALSE
X8      FALSE      FALSE
X9      FALSE      FALSE
X10     FALSE      FALSE
1 subsets of each size up to 10
Selection Algorithm: forward
          X1  X2  X3  X4  X5  X6  X7  X8  X9  X10
1  ( 1 )  " " " " "*" " " " " " " " " " " " " "
2  ( 1 )  " " " " "*" "*" " " " " " " " " " " "
3  ( 1 )  " " " " "*" "*" " " " " "*" " " " " "
4  ( 1 )  "*" " " "*" "*" " " " " "*" " " " " "
5  ( 1 )  "*" "*" "*" "*" " " " " "*" " " " " "
6  ( 1 )  "*" "*" "*" "*" " " " " "*" " " " " "*"
7  ( 1 )  "*" "*" "*" "*" " " " " "*" " " "*" "*"
8  ( 1 )  "*" "*" "*" "*" "*" " " "*" " " "*" "*"
9  ( 1 )  "*" "*" "*" "*" "*" "*" "*" " " "*" "*"
10  ( 1 ) "*" "*" "*" "*" "*" "*" "*" "*" "*" "*"
```

```
]: 1 # Backward Stepwise Selection
   2 fit_backward <- regsubsets(y ~ ., data = mondata3_ext, nvmax = 10, method = "backward")
```

```
]: 1 # Résumé des résultats
   2 summary_backward <- summary(fit_backward)
   3 print(summary_backward)
```

```
Subset selection object
Call: regsubsets.formula(y ~ ., data = mondata3_ext, nvmax = 10, method = "backward")
10 Variables  (and intercept)
    Forced in Forced out
X1      FALSE      FALSE
X2      FALSE      FALSE
X3      FALSE      FALSE
X4      FALSE      FALSE
X5      FALSE      FALSE
X6      FALSE      FALSE
X7      FALSE      FALSE
X8      FALSE      FALSE
X9      FALSE      FALSE
X10     FALSE      FALSE
1 subsets of each size up to 10
Selection Algorithm: backward
          X1  X2  X3  X4  X5  X6  X7  X8  X9  X10
1  ( 1 )  " " " " "*" " " " " " " " " " " " " "
2  ( 1 )  " " "*" "*" " " " " " " " " " " " " "
3  ( 1 )  "*" "*" "*" " " " " " " " " " " " " "
4  ( 1 )  "*" "*" "*" " " " " " " " " "*" " " "
5  ( 1 )  "*" "*" "*" " " " " " " "*" "*" " " "
6  ( 1 )  "*" "*" "*" " " " " " "*" "*" "*" " "
7  ( 1 )  "*" "*" "*" " " "*" "*" "*" "*" " " "
8  ( 1 )  "*" "*" "*" "*" "*" "*" "*" "*" " " "
9  ( 1 )  "*" "*" "*" "*" "*" "*" "*" "*" "*" " "
10  ( 1 ) "*" "*" "*" "*" "*" "*" "*" "*" "*" "*"
```

Interprétation des résultats de Forward et Backward Stepwise Selection

On observe que pour la **méthode Forward Stepwise**, les prédicteurs sont ajoutés progressivement, et les résultats montrent que les premières variables incluses dans le modèle sont les plus significatives ((X), (X^2), (X^3)). À mesure que le nombre de variables augmente, les ajouts successifs n'apportent que peu d'améliorations significatives. Cela confirme que les prédicteurs principaux sont les mêmes que ceux identifiés précédemment avec les critères (Cp), BIC et (R^2) ajusté.

Pour la **méthode Backward Stepwise**, qui commence avec l'ensemble complet des prédicteurs, les variables sont éliminées une par une. Ici encore, on observe que les prédicteurs (X), (X^2), et (X^3) sont conservés dans les modèles finaux, ce qui est cohérent avec les conclusions tirées des autres critères.

Comparaison avec les résultats obtenus en (c)

Les résultats obtenus ici avec les sélections Forward et Backward sont alignés avec ceux obtenus en (c) à l'aide des critères (Cp), BIC et (R^2) ajusté. Dans les deux cas, les prédicteurs (X), (X^2), et (X^3) sont identifiés comme les plus pertinents, offrant le meilleur compromis entre la complexité du modèle et sa performance.

(f) : Ajustement du modèle LASSO

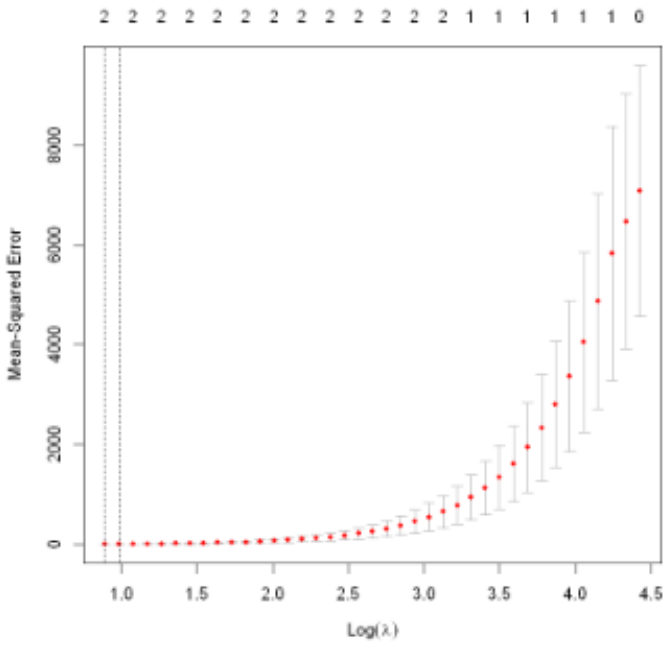
1]:
```r
# Préparation des données pour LASSO
x_matrix <- as.matrix(mondata3_ext[, -1])
y_vector <- mondata3_ext$y
```

2]:
```r
# Ajustement du modèle LASSO
fit_lasso <- cv.glmnet(x_matrix, y_vector, alpha = 1)
```

3]:
```r
# Affichage du lambda optimal
print(fit_lasso$lambda.min)
```

```
[1] 2.441885
```

:
```r
# Tracé de l'erreur de validation croisée
plot(fit_lasso)
```



:]:
```r
# Coefficients pour le lambda optimal
coef(fit_lasso, s = fit_lasso$lambda.min)
```

```
11 x 1 sparse Matrix of class "dgCMatrix"
                      s1
(Intercept) 3.901553211
X1          .
X2          .
X3          0.354737782
X4          0.005567988
X5          .
X6          .
X7          .
X8          .
X9          .
X10         .
```

Interprétation

1. **Valeur de Lambda Optimal** :
   Le lambda optimal, obtenu par validation croisée, est (lambda = 2.44). Cette valeur minimise l'erreur quadratique moyenne (Mean Squared Error - MSE) dans le modèle LASSO. Cela indique que ce niveau de régularisation est idéal pour éviter à la fois le surajustement et le sous-ajustement.

2. **Tracé de l'erreur de validation croisée** :
   Le graphique montre une forte augmentation de l'erreur moyenne quadratique lorsque (log(lambda)) devient plus grand (régularisation plus forte). Cela signifie que des valeurs trop élevées de (lambda) pénalisent trop les coefficients, rendant le modèle sous-ajusté. À l'inverse, des valeurs trop faibles de (lambda) augmentent légèrement l'erreur en raison d'un surajustement.

3. **Coefficients associés au modèle optimal** :
   Avec (lambda = 2.44), seuls deux prédicteurs ((X^3) et (X^4)) sont retenus avec des coefficients non nuls ((0.3547) et (0.0056) respectivement). Cela montre que le modèle LASSO a effectué une sélection de variables, éliminant les autres prédicteurs (X^1, X^2, X^5,..., X^10) en raison de leur faible contribution à la qualité du modèle.

Conclusion

Le modèle LASSO, avec (lambda = 2.44), réduit la complexité en ne conservant que deux prédicteurs ((X^3) et (X^4)), tout en maintenant une performance optimale en termes d'erreur quadratique moyenne.

g) Nouvelle génération de Y

```
:
# Définition des nouveaux coefficients
beta_7 <- 1.5

# Nouvelle génération de Y
y_new <- beta_0 + beta_7 * x^7 + e
```

```
:
# Création du nouveau DataFrame
mondata3_new <- data.frame(x = x, y = y_new)
```

```
:
# Sélection des meilleurs modèles avec regsubsets
fit_best_new <- regsubsets(y ~ ., data = data.frame(
  y = mondata3_new$y,
  poly(mondata3_new$x, degree = 10, raw = TRUE)
), nvmax = 10)
```

```r
# Résumé des résultats
summary_best_new <- summary(fit_best_new)
print(summary_best_new)
```

```
Subset selection object
Call: regsubsets.formula(y ~ ., data = data.frame(y = mondata3_new$y,
    poly(mondata3_new$x, degree = 10, raw = TRUE)), nvmax = 10)
10 Variables  (and intercept)
    Forced in Forced out
X1      FALSE      FALSE
X2      FALSE      FALSE
X3      FALSE      FALSE
X4      FALSE      FALSE
X5      FALSE      FALSE
X6      FALSE      FALSE
X7      FALSE      FALSE
X8      FALSE      FALSE
X9      FALSE      FALSE
X10     FALSE      FALSE
1 subsets of each size up to 10
Selection Algorithm: exhaustive
          X1  X2  X3  X4  X5  X6  X7  X8  X9  X10
1  ( 1 )  " " " " " " " " " " " " "*" " " " " " "
2  ( 1 )  "*" " " " " " " " " " " "*" " " " " " "
3  ( 1 )  "*" " " "*" " " " " " " "*" " " " " " "
4  ( 1 )  "*" " " " " "*" " " "*" "*" " " " " " "
5  ( 1 )  "*" "*" "*" "*" " " " " "*" " " " " " "
6  ( 1 )  "*" "*" "*" "*" "*" " " "*" " " " " " "
7  ( 1 )  "*" "*" "*" "*" "*" "*" "*" " " " " " "
8  ( 1 )  "*" " " "*" "*" " " "*" "*" "*" "*" "*"
9  ( 1 )  "*" "*" "*" "*" "*" "*" "*" "*" "*" " "
10  ( 1 ) "*" "*" "*" "*" "*" "*" "*" "*" "*" "*"
```

Interprétation

1. **Résumé des résultats de la sélection exhaustive** :
    - La méthode de sélection exhaustive teste toutes les combinaisons possibles de prédicteurs (X^1 à X^10) pour trouver le meilleur sous-ensemble qui explique au mieux la variable cible (y).
    - Le tableau montre les prédicteurs inclus dans les modèles de tailles différentes, de 1 à 10 variables. Les cases marquées avec * indiquent les variables sélectionnées pour chaque taille de modèle.
2. **Tendances observées** :
    - On constate que les variables (X^3), (X^4), et parfois (X^2) sont fréquemment sélectionnées dans les modèles optimaux pour différentes tailles. Cela indique qu'elles ont un impact significatif sur la variable cible (y).

- Les variables (X^5) à (X^10), en revanche, apparaissent rarement ou pas du tout dans les modèles optimaux, ce qui suggère qu'elles ont une contribution négligeable à la performance globale.

Conclusion

La sélection exhaustive confirme que seules quelques variables (X^3 et X^4), principalement, sont nécessaires pour construire un modèle performant. Ces résultats sont cohérents avec les conclusions précédentes obtenues par les méthodes de LASSO et de sélection pas-à-pas (forward et backward).