



**Disponible sur :**

- <https://shiny.migale.inrae.fr/app/ShinySBM>
- <https://forgemia.inra.fr/theodore.vanrenterghem/shinySbm>

**Application pour des données de réseaux :**

- **Nœuds** (individus)
- **Arêtes** (relations)

**Les réseaux sont :**

- des **structures omniprésentes**
- des données souvent **complexes à récolter**
- **difficiles** à lire et à **interpréter**

Figure 1 : Réseau d'espèces d'arbres connectées entre elles par le nombre d'espèces de champignons en commun

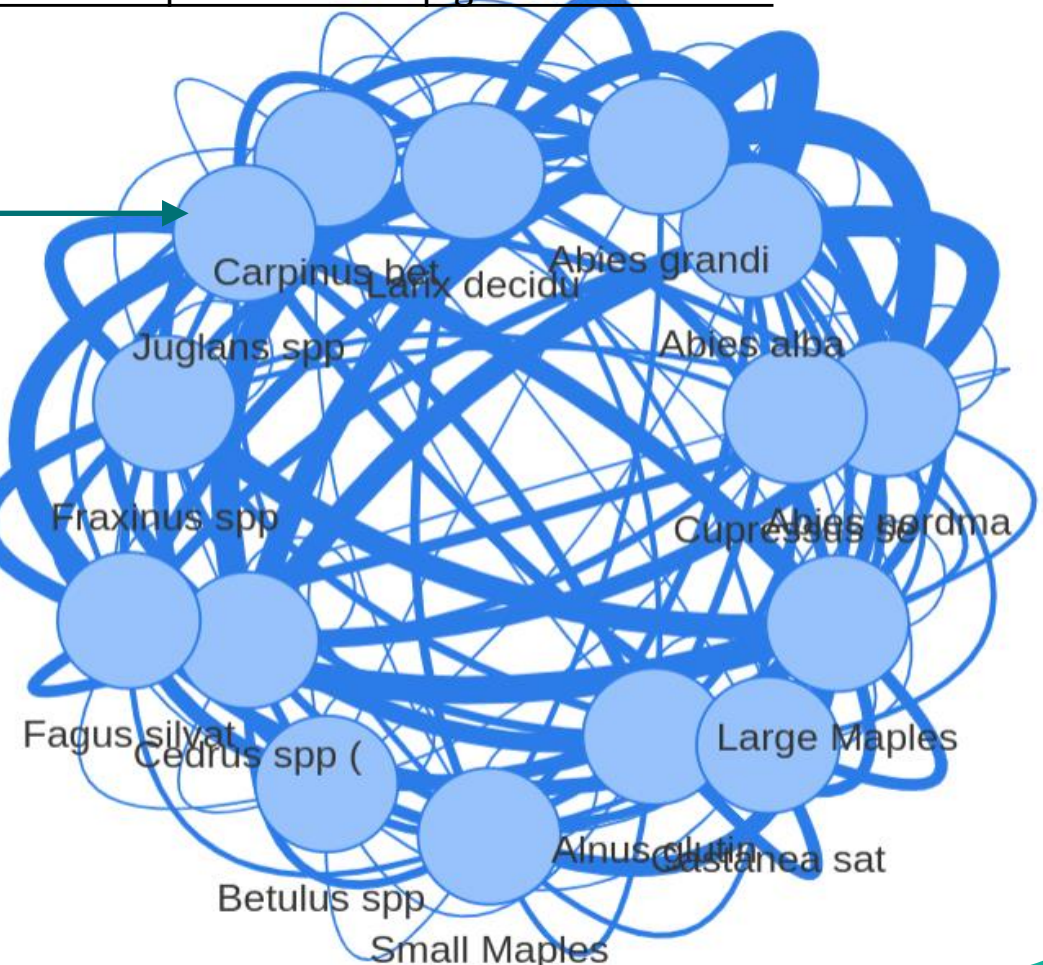


Figure 2 : Réseau d'amis dans un réseau social

Data dimension : 403 rows x 2 columns

rn	V1	V2
1	Aaran	Armelle
2	Aaran	Eric
3	Aaran	Hugo
4	Aaran	Jacques
5	Aaran	Jay
6	Aaran	Michele
7	Aaran	Misae
8	Aaran	Therese
9	Aaran	Zaho
10	Albert	Armelle
---		
394	Yvonne	Aaran
395	Yvonne	Azmar
396	Yvonne	Clara
397	Yvonne	Mohammed
398	Yvonne	Sebastien
399	Yvonne	Wren
400	Zaho	Armelle
401	Zaho	Izumi
402	Zaho	Rye
403	Zaho	Sylvain

## Disponible sur :

- <https://shiny.migale.inrae.fr/app/ShinySBM>
- <https://forgemia.inra.fr/theodore.vanrenterghem/shinySbm>

## Deux formats :

- Liste d'arêtes
- Matrice d'adjacence

## Réseau d'amis :

- **Liste d'arêtes**
- **Binaire** (connexion ou non)
- **Unipartite** : Les nœuds peuvent tous se connecter entre eux

Figure 2 : Réseau d'amis dans un réseau social

Data dimension : 403 rows x 2 columns

rn	V1	V2
1	Aaran	Armelle
2	Aaran	Eric
3	Aaran	Hugo
4	Aaran	Jacques
5	Aaran	Jay
6	Aaran	Michele
7	Aaran	Misae
8	Aaran	Therese
9	Aaran	Zaho
10	Albert	Armelle
---		
394	Yvonne	Aaran
395	Yvonne	Azmar
396	Yvonne	Clara
397	Yvonne	Mohammed
398	Yvonne	Sebastien
399	Yvonne	Wren
400	Zaho	Armelle
401	Zaho	Izumi
402	Zaho	Rye
403	Zaho	Sylvain

Disponible sur :

- <https://shiny.migale.inrae.fr/app/ShinySBM>
- <https://forgemia.inra.fr/theodore.vanrenterghem/shinySbm>

Deux formats :

- Liste d'arêtes
- Matrice d'adjacence

Réseau d'amis :

- Liste d'arêtes
- Binaire (connexion ou non)
- Unipartite : Les nœuds peuvent tous se connecter entre eux

Réseau Arbres/Champignons :

- Matrice d'adjacence
- Comptage (nombre de connexions observées)
- Bipartite : Deux types de nœuds, connexion entre types différents

Figure 3 : Réseau d'espèces arbres et de champignons connectés par co-présences

Data dimension : 154 rows x 51 columns

rn	Abies ...	Abies ...	Abies ...	Large ...
Amhip...	0	0	0	0
Apiogn...	0	0	0	1
Apiogn...	0	0	0	0
Armill...	0	1	0	1
Armill...	1	1	1	1
Armill...	1	1	0	1
Armill...	1	1	1	0
Astero...	0	0	0	0
Biscog...	0	0	0	0
Bjerka...	0	0	0	0
---				
Tramet...	0	0	0	0
Trunca...	0	0	0	0
Valsa ...	0	0	0	0
Valsa ...	0	0	1	0
Valsa ...	0	0	0	0
Valsa ...	0	0	0	0
Ventur...	0	0	0	0
Ventur...	0	0	0	0
Vertic...	0	0	0	1
Zythio...	0	0	0	0

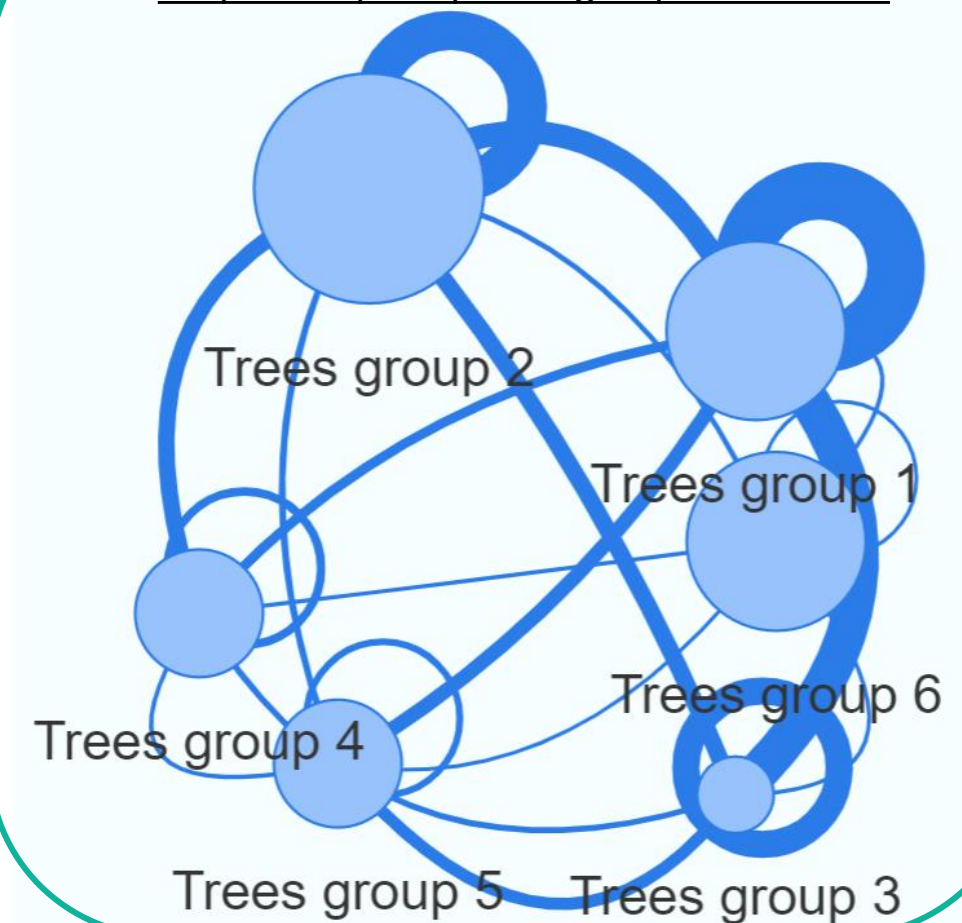
Le modèle à blocs stochastiques :

- **Groupe** les nœuds par **profils de connexion similaire**
- **Structure** le réseau par **blocs/groupes**
- **Simplifie** l'interprétation

Disponible sur :

- <https://shiny.migale.inrae.fr/app/ShinySBM>
- <https://forgemia.inra.fr/theodore.vanrenterghem/shinySbm>

Figure 4 : Réseau d'arbres (de la figure 1) :  
Graphe simplifié par les groupes d'un SBM





Le modèle à blocs stochastiques :

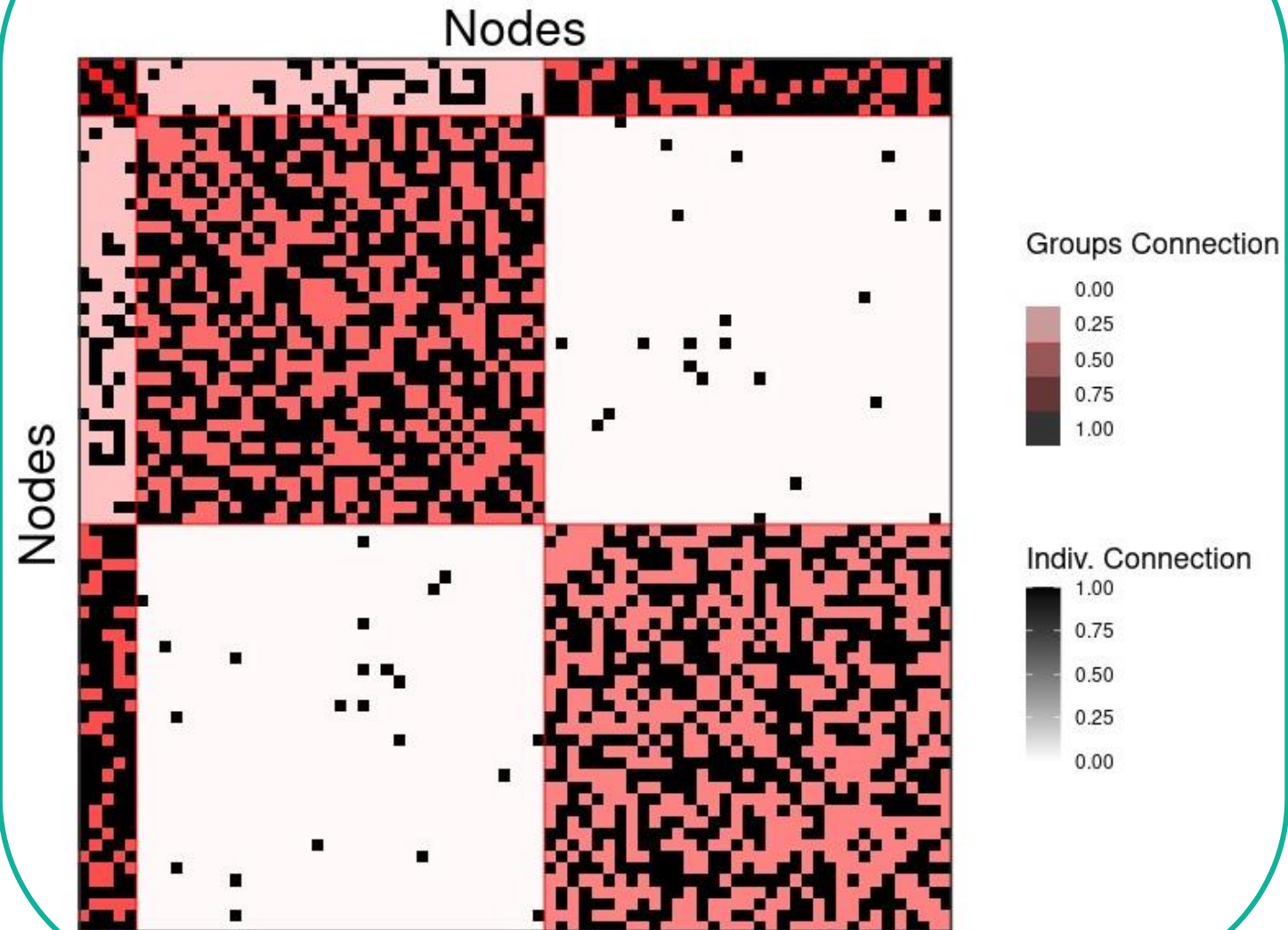
- **Groupe** les nœuds par **profils de connexion similaire**
- **Structure** le réseau par **blocs/groupe**s
- **Simplifie** l'interprétation

Modèle très flexible, il permet la détection de :

- **Sous-communauté**
- **Strates** dans le réseau (emboîtement)
- **Individus généralistes/centraux**
- **Individus spécialistes**

Figure 5 : Matrice de réseau organisée :

Illustration de sous-communautés et de strates au sein d'un réseau



Le modèle à blocs stochastiques :

- **Groupe** les nœuds par **profils de connexion similaire**
- **Structure** le réseau par **blocs/groupes**
- **Simplifie** l'interprétation

Modèle **très flexible**, il permet la détection de :

- **Sous-communauté**
- **Strates** dans le réseau (emboîtement)
- **Individus généralistes/centraux**
- **Individus spécialistes**

Modèle **statistique à variable latente** :

- **Pas d'a priori** sur les groupes
- Information produite **vraisemblable**
- Les blocs contiennent des nœuds **significativement proches**
- Modèle génératif

Figure 6 : Matrice de réseau organisée :  
Illustration d'individus généralistes et spécialistes



Fonctionnalité de base :

- Liste d'arêtes → matrice d'adjacences
- Application de **modèles SBM**
- **Sélection** nombre de **groupes**
- **Visualisation** de graphes et matrices **simplifiés/organisés**

Extraction :

- des **visuels** sous forme **d'images**
- des **groupes prédits** sous formes de **tableaux** de données
- de **rapport** de modélisation **automatique** (pdf ou html)

Figure 7 : Réseau d'arbres (de la figure 1) :  
Exemple de groupes prédits à extraire

	Nodes_names	Groups
1	Abies alba	Group_Trees_3
2	Abies grandis	Group_Trees_3
3	Abies nordmanniana	Group_Trees_3
4	Large Maples (Acer platanoides, Acer pseudoplatanus)	Group_Trees_2
5	Small Maples (Acer campestre, Acer monspessulanum, Acer negundo, Acer opalus)	Group_Trees_4
6	Alnus glutinosa	Group_Trees_4
7	Betulus spp (Betula pendula, Betula pubescens)	Group_Trees_4
8	Carpinus betulus	Group_Trees_4
9	Castanea sativa	Group_Trees_2
10	Cedrus spp (Cedrus atlantica, Cedrus libani)	Group_Trees_3
11	Cupressus sempervirens	Group_Trees_4
12	Fagus silvatica	Group_Trees_2
13	Fraxinus spp (Fraxinus angustifolia, Fraxinus excelsior)	Group_Trees_2
14	Juglans spp (Juglans nigra, Juglans regia)	Group_Trees_2
15	Larix decidua	Group_Trees_3

Fonctionnalité de base :

- Liste d'arêtes → matrice d'adjacences
- Application de **modèles SBM**
- **Sélection** nombre de **groupes**
- **Visualisation** de graphes et matrices simplifiés/organisés

Extraction :

- des **visuels** sous forme **d'images**
- des **groupes prédits** sous formes de **tableaux** de données
- de **rapport** de modélisation **automatique** (pdf ou html)

Aide à l'utilisation du package **{sbm}** de R :

- L'application tourne grâce à **{sbm}**
- Les **lignes de codes** permettant son **exploration** sont affichées dans l'application

Figure 8 : Réseau arbres/champignon (de la figure 3) : Exemple rapport automatique

Table 2: Proportion des groupes en lignes

Fungus_1	Fungus_2	Fungus_3	Fungus_4
0.03	0.06	0.32	0.59

Ici par exemple 59% des Fungus sont dans le groupe Fungus\_4.

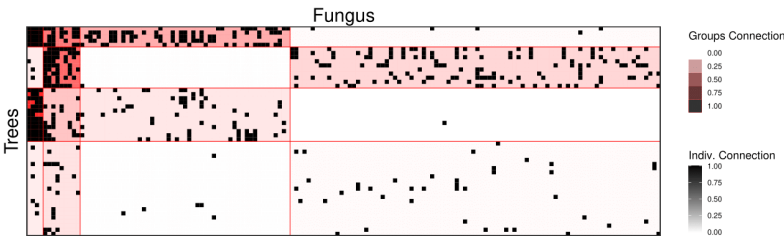
Table 3: Table de connectivité

	Trees_1	Trees_2	Trees_3	Trees_4
Fungus_1	0.97	0.08	0.84	0.07
Fungus_2	0.52	0.58	0.23	0.11
Fungus_3	0.32	0.00	0.10	0.01
Fungus_4	0.02	0.15	0.00	0.02

Les valeurs dans ce tableau sont les paramètres de connectivité du model sbm (Bernoulli).

Par exemple, si l'on prend un noeud A dans le groupe Fungus\_1 en lignes et un noeud B dans le groupe Trees\_2 en colonnes. Alors le noeud A à une probabilité 0.08 d'être connecté au noeud B. Le modèle sélectionné possède une entropie (Indice globale de certitude d'appartenance aux groupes attribués) de 17.47 .

Visualisation du SBM



À noter que sur cette image, colonnes et lignes sont inversées.

Références

1. Chiquet J, Donnet S, Barbillon P (2023). sbm: Stochastic Blockmodels. R package version 0.4.5, <https://CRAN.R-project.org/package=sbm>.
2. Vanrenterghem T, Julie A (2023). ShinySBM: A shiny application for Stochastic Blockmodels. R package on gitlab, <https://forgenia.inra.fr/theodore.vanrenterghem/shinySbm>.
3. We are grateful to the INRAE MIGALE bioinformatics facility (MIGALE, INRAE, 2020. Migale bioinformatics Facility, doi: 10.15454/1.5572390655343293E12) for providing help and/or computing and/or storage resources.





## Résumé :

- **Application** pour des données de **réseaux**
- **Public : novices** en R ou personnes souhaitant **apprendre** à utiliser le package **{sbm}**
- Application et **analyse** des résultats de modèles à blocs stochastiques et **visualisation** de réseaux
- **Extractions** des **groupes**, visuels et **rapports automatiques**

## Accessible :

- **Serveur Migale** : <https://shiny.migale.inrae.fr/app/ShinySBM>
- **Registre** : <https://forgemia.inra.fr/theodore.vanrenterghem/shinySbm>
- **Sur R** : `remotes::install_github("Jo-Theo/shinySbm")`
- **Image docker** : `docker pull registry.forgemia.inra.fr/theodore.vanrenterghem/shinysbm:latest`



## Résumé :

- **Application** pour des données de **réseaux**
- **Public : novices** en R ou personnes souhaitant **apprendre** à utiliser le package **{sbm}**
- Application et **analyse** des résultats de modèles à blocs stochastiques et **visualisation** de réseaux
- **Extractions** des **groupes**, visuels et **rapports automatiques**

## Accessible :

- **Serveur Migale** : <https://shiny.migale.inrae.fr/app/ShinySBM>
- **Registre** : <https://forgemia.inra.fr/theodore.vanrenterghem/shinySbm>
- **Sur R** : `remotes::install_github("Jo-Theo/shinySbm")`
- **Image docker** : `docker pull registry.forgemia.inra.fr/theodore.vanrenterghem/shinysbm:latest`

## Références / Remerciements :

- Chiquet J, Donnet S, Barbillon P (2023). sbm: Stochastic Blockmodels. R package version 0.4.5, <https://CRAN.R-project.org/package=sbm>.
- Nous remercions le centre de bioinformatique MIGALE de l'INRAE (MIGALE, INRAE, 2020. Migale bioinformatics Facility, doi : 10.15454/1.5572390655343293E12) pour avoir fourni de l'aide et/ou des ressources de calcul et/ou de stockage.

**Merci pour votre attention !**