SY19 - TD/TP 3

Réseaux de neurones : Optimisation de l'architecture

Automne 2013

Exercice I

Considérons le réseau de neurones de la Figure 1. Il possède deux entrées, un neurone caché et un neurone de sortie. Chaque neurone est supposé être un neurone de McCulloch-Pitts.

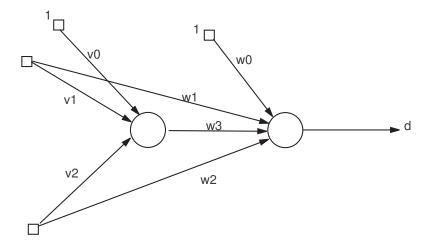


FIGURE 1 – Structure du réseau

Calculer les frontières de décision obtenues avec les poids suivants : $v_0 = -1.5$, $v_1 = 1$, $v_2 = 1$, $w_0 = -0.5$, $w_1 = 1$, $w_2 = 1$ et $w_3 = -2$. Représenter les régions de décision obtenues et montrer que ce réseau peut répondre au problème XOR.

Exercice II

Problématique

Le but de ce TP est la mise en œuvre d'un algorithme basé sur les réseaux de neurones pour la classification.

Travail Préliminaire

p1 <- 0.25

p2 < -0.25

p3 <- 0.25

p4 <- 0.25

n <- 200

```
s1 < c(1,2)
s2 < -c(2,1)
s3 < c(1.5,2)
s4 < c(1,1)
s <- rbind(s1,s2,s3,s4)
m1 < -c(4,6)
m2 < -c(6,1)
m3 < -c(-4,-4)
m4 < -c(0,0)
m \leftarrow rbind(m1, m2, m3, m4)
c \leftarrow sample(c(1,2,3,4),size=n,prob=c(p1,p2,p3,p4),replace=TRUE)
x<- cbind(rnorm(n,m[c,1],s[c,1]),rnorm(n,m[c,2],s[c,2]))
couleur <- rep("red",n)</pre>
couleur[c==2]<-"blue"</pre>
couleur[c==3]<-"green"</pre>
couleur[c==4]<-"yellow"</pre>
plot(x,col=couleur)
# Frontiere de Bayes
len < -50
xp < -seq(min(x[,1]), max(x[,1]), length=len)
yp < -seq(min(x[,2]), max(x[,2]), length=len)
grille<-expand.grid(z1=xp,z2=yp)</pre>
Z<-p1*dnorm(grille[,1],m[1,1],s[1,1])*dnorm(grille[,2],m[1,2],s[1,2])
Z<-cbind(Z,p2*dnorm(grille[,1],m[2,1],s[2,1])*dnorm(grille[,2],m[2,2],s[2,2]))
Z<-cbind(Z,p3*dnorm(grille[,1],m[3,1],s[3,1])*dnorm(grille[,2],m[3,2],s[3,2]))
Z<-cbind(Z,p4*dnorm(grille[,1],m[4,1],s[4,1])*dnorm(grille[,2],m[4,2],s[4,2]))
zp < -Z[,4] - pmax(Z[,3],Z[,2], Z[,1])
contour(xp,yp,matrix(zp,len),add=TRUE,levels=0,drawlabels=FALSE)
zp < -Z[,1] - pmax(Z[,2], Z[,3],Z[,4])
contour(xp,yp,matrix(zp,len),add=TRUE,levels=0,drawlabels=FALSE)
zp \leftarrow Z[,2] - pmax(Z[,1], Z[,3],Z[,4])
contour(xp,yp,matrix(zp,len),add=TRUE,levels=0,drawlabels=FALSE)
```


Question 1.

1. Quelles sont les 4 lois utilisées pour générer les observations de l'ensemble d'apprentissage

appartenant à 4 places?

- 2. Donner la règle de Bayes qui permet de répondre à un problème de classification à c classes.
- 3. Développer la règle de Bayes pour arriver à la solution donnée dans le code ci-dessus. Vous montrez surtout comment on pourra décomposer la densité de la loi normale multidimensionnelle en un produit de deux lois monodimensionnelles.

Réseaux de neurones sur des données simulées

Sous R, la fonction nnet de la librairie nnet permet de calculer les poids optimaux d'un perceptron à une couche cachée selon la technique de retro-propagation de l'erreur. La syntaxe simplifiée de la procédure nnet sous R est la suivante :

```
model <- nnet(x,T,size=3,decay=10,maxit=500,softmax=TRUE)</pre>
```

Les paramètres qui nous intéressent sont :

On peut utiliser la fonction predict pour appliquer le réseau de neurones à de nouvelles données et obtenir les probabilités a posteriori d'appartenance aux classes. Par exemple, si grille est un ensemble de points de taille $d \times p$ dont on veut avoir les classes :

> predict(model,grille) retourne une matrice de taille $d \times c$ dont les colonnes contiennent des probabilités d'appartenance aux classes pour chaque point de grille.

Pour pouvoir appliquer un réseau de neurones sur les données décrites précédemment, on peut utiliser les commandes suivantes :

- 1. Dessiner les frontières de décision obtenues avec un réseau de neurones sur les données générées précédemment.
- 2. Visualiser l'estimation des poids (à l'aide d'une figure par exemple).
- 3. Lancer plusieurs fois la procédure nnet. Obtenez-vous les mêmes résultats à chaque fois pour l'estimation des poids et des frontières de décision?
- 4. Comment pouvez-vous expliquer ce phénomène?

Dans les parties suivantes, il faut utiliser la commande set.seed pour initialiser le générateur aléatoire de R à la même valeur avant de lancer la procédure nnet :

```
set.seed(1)
T <- class.ind(couleur)
model<-nnet(x,T,size=1,decay=0,softmax=TRUE,maxit=500)</pre>
```

Question 3. On désire voir l'influence du nombre de neurones dans la couche cachée. Pour cela, pour decay = 0, faire varier size de 1 à 10 (nombre de neurones dans la couche cachée).

- 1. Commenter le nombre de "poids" à estimer en fonction de size, du nombre de neurones dans la couche d'entrée, et du nombre de neurones dans la couche de sortie.
- 2. Afficher les frontières de décision (dans le rapport vous le montrez seulement pour 4 valeurs de size). Dessiner la probabilité d'erreur empirique en fonction de size. Que constatez-vous sur la forme des frontières et sur le nombre de points mal-classés quand size augmente?
- 3. Relancer la procédure sur un nouveau jeu de données (générer de la même manière que le précédent) en faisant varier size de 1 à 10. Dessiner la probabilité d'erreur en fonction de size.

Question 4. On désire voir l'influence du paramètre de régularisation.

- 1. Pour size = 5, comparer l'estimation des poids et des frontières pour decay=0.001, 0.01, 0.1, 1, 10, 100 (montrer des figures et des commentaires associées).
- 2. Que pouvez-vous dire de la valeur des poids optimaux quand decay augmente? (utiliser la fonction boxplot de R pour le dessin de la boîte à moustaches).
- 3. Comment expliquez-vous ce phénomène et comment cela se traduit-il sur la forme des frontières?

Classification des données de crabes

Le data. frame crabs de la librairie nnet contient des données réelles, recueilles par le biologiste Mahon (1974) à partir de mesures effectuées sur 200 crabes de la variété Leptograpsus et Variegatus sur la côte ouest de l'Australie. Les crabes sont des mâles ou des femelles qui sont bleus ou oranges. Pour chaque crabe, 5 mesures ont été effectuées :

- la longueur de la carapace (variable CL)
- la largeur de la carapace (variable CW)
- la taille du lobe frontal (variable FL)
- la largeur de l'arrière du crabe (variable RW)
- l'épaisseur du corps (variable BD)

On souhaite construire une règle de classification pour prédire le sexe ou bien la couleur d'un crabe à partir de deux mesures seulement : par exemple FL et RW. Vous pouvez représenter les crabes en coordonnées logarithmique selon leur sexe ou leur couleur à l'aide des commandes suivantes :

Question 5. Prédire le sexe des crabes à partir de FL et RW.

- 1. En prenant size = 6 et decay = 0.001, et en utilisant la méthode de validation croisée (5 fold), donner une estimation de la probabilité d'erreur du réseau de neurones associé. Comparer avec la méthode LDA.
- 2. Dessiner les frontières de décision en mettant sur la figure les données d'apprentissage.

Question 6. Prédire la couleur des crabes à partir de FL et RW.

- 1. En prenant size = 5 et decay = 0.001, et en utilisant la méthode de validation croisée (5 fold), donner une estimation de la probabilité d'erreur du réseau de neurones associé. Comparer avec la méthode LDA.
- 2. Dessiner les frontières de décision en mettant sur la figure les données d'apprentissage.