

Partial least squaresとは

# ケモメトリックスで最も良く用いられる Partial least squares (PLS)

- PLSとは

- 日本語では、部分的最小二乗回帰（ぶぶんてきさいしょうじじょうかいき、略称: PLS回帰）と呼ばれる。偏最小二乗回帰または部分最小二乗回帰とも呼ばれる。

“<https://ja.wikipedia.org/wiki/部分的最小二乗回帰>”より改変

- PLSにはいくつかの種類がある

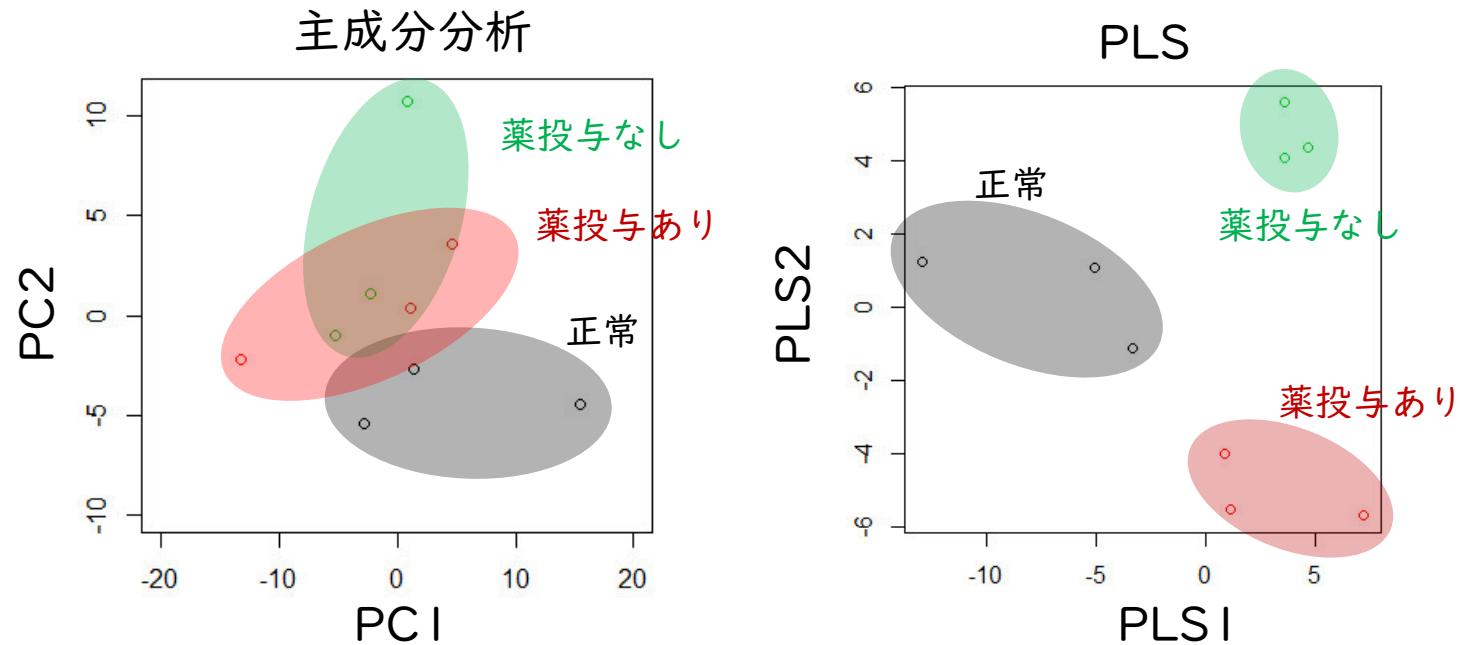
- 回帰分析で用いられるPLS回帰
- 判別分析で用いられるPLS-DA(Discriminant Analysis)

# PLSの代表的な論文

- Herman Woldによって社会科学分野でPLSが提案
  - Wold, H. (1975). “Soft Modelling by Latent Variables: The Non-Linear Iterative Partial Least Squares (NIPALS) Approach.” *Perspectives in Probability and Statistics: Papers in Honour of M. S. Bartlett*. Academic Press, London, 117-142. [引用数1041(2023.10時点)]
- Svante Woldが化学分野、特に近赤外スペクトル(NIRS)データに適用し、ケモメトリックスが広く知られるようになった
  - Wold, S; Sjostrom, M.; Eriksson, L. (2001). “PLS-regression: a basic tool of chemometrics” . *Chemometrics and Intelligent Laboratory Systems*. 58 (2): 109-130. [引用数10038 (2023.10時点)]
- 生物分野、特にメタボロミクスで広く用いられる
  - Max Bylesjö, Mattias Rantalainen, Olivier Cloarec, Jeremy K Nicholson, Elaine Holmes, Johan Trygg (2006). “OPLS discriminant analysis: combining the strengths of PLS - DA and SIMCA classification” , *Journal of Chemometrics*. 20(8-10): 341-351. [引用数1419(2023.10時点)]

# 主成分分析とPLSの解析例

高脂血症ウサギの肝臓のメタボローム解析  
3群比較：Wild type、高脂血症ウサギ、薬剤投与後の高脂血症ウサギ

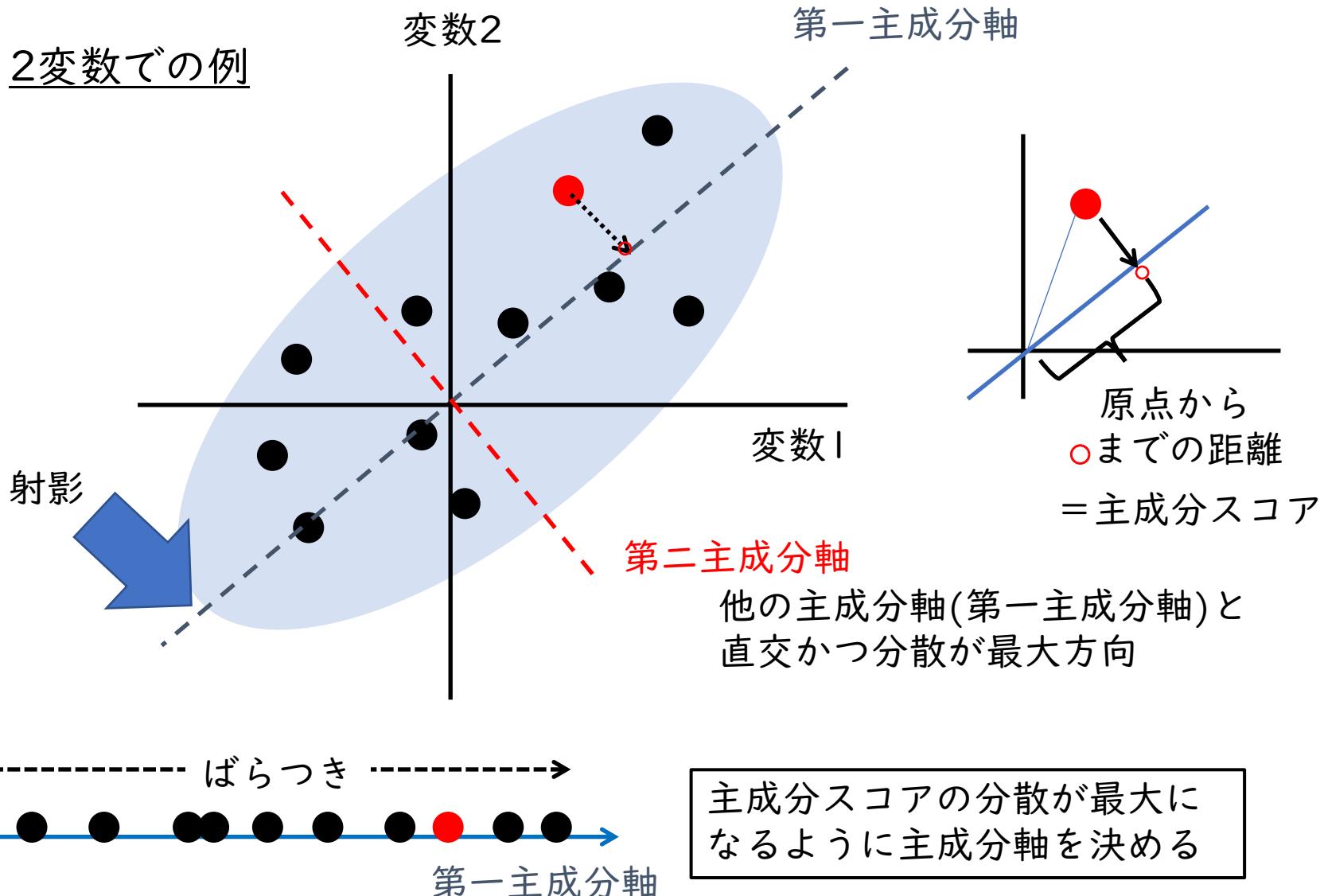


主成分分析の結果、主成分スコアで群間の差が表れなかったとき、  
PLSが用いられることが多い

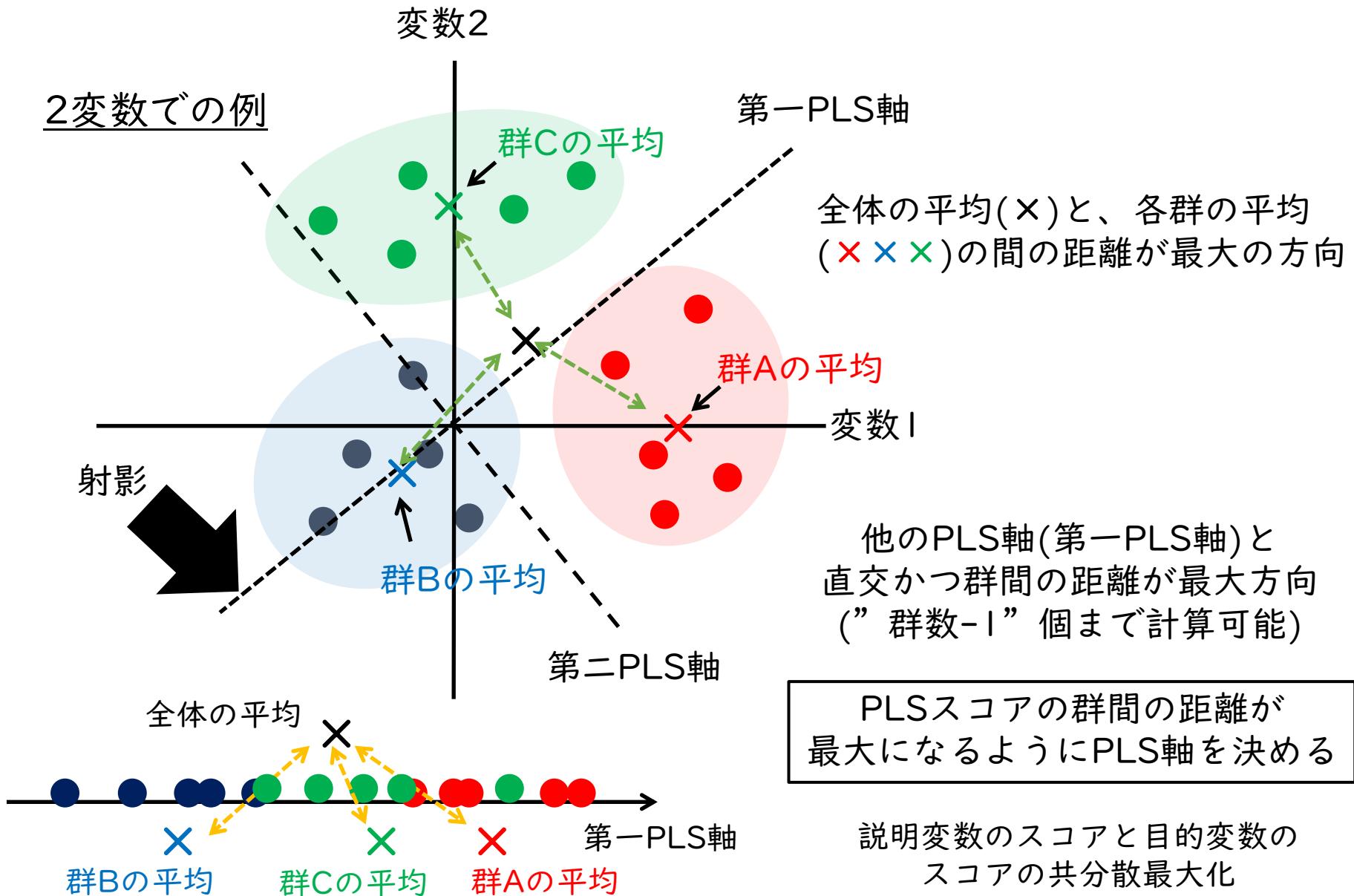
Ooga T, Sato H, Nagashima A, Sasaki K, Tomita M, Soga T, Ohashi Y., "Metabolomic anatomy of an animal model revealing homeostatic imbalances in dyslipidaemia." , Mol Biosyst. 2011 Apr;7(4):1217-23.

# 主成分分析は、群情報を利用しない方法

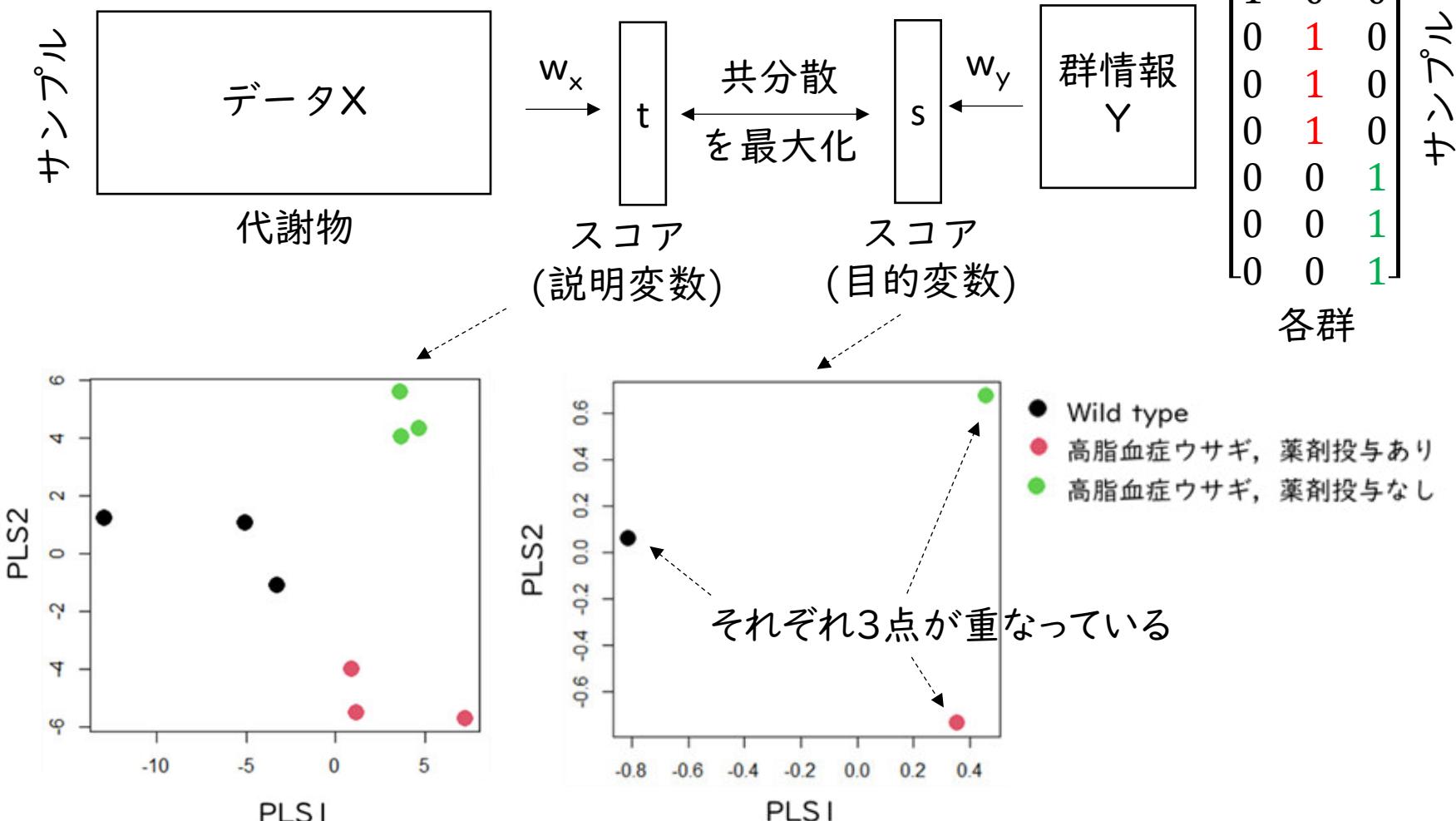
2変数での例



# Partial Least Squares (PLS)は、群情報を利用した方法



# PLSには2つのスコアが存在する



説明変数のスコア、目的変数のスコアいずれも同様の位置(左、右上、右下)に配置されており、傾向が一致していることが確認できる。

# データの準備

- CSVファイルの読み込み(実行済み)

```
file <- "C:/R/mouse_data_original.csv"  
X0 <- read.csv(file, skip=1) # 1行目をスキップ
```

- データの準備

```
X <- X0[,-1] # 1列目の群情報の文字列を除く  
class <- c(1,1,1,1,1,1,2,2,2,2,2) # 群情報  
X <- t(X) # データの転置
```

- 目的変数の準備

```
Y0 <- factor(class)  
Y <- model.matrix(~ Y0 + 0)
```

# Partial least squares (I)

- PLSスコア(第1成分)

```
library(loadings) # 読み込み済みの場合は不要
```

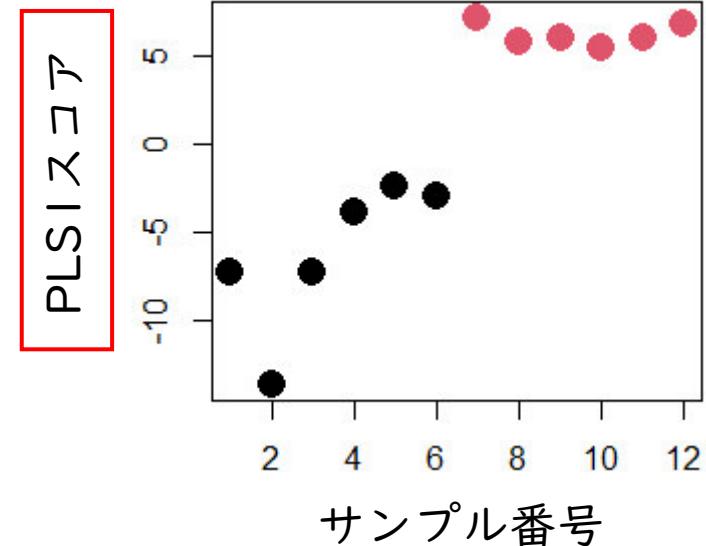
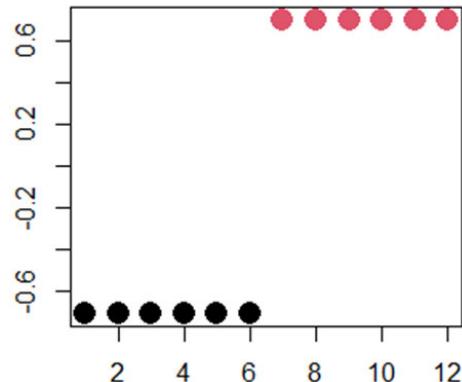
```
pls <- pls_svd(X,Y)
```

```
score <- pls$T[,1] # PLS1 スコア
```

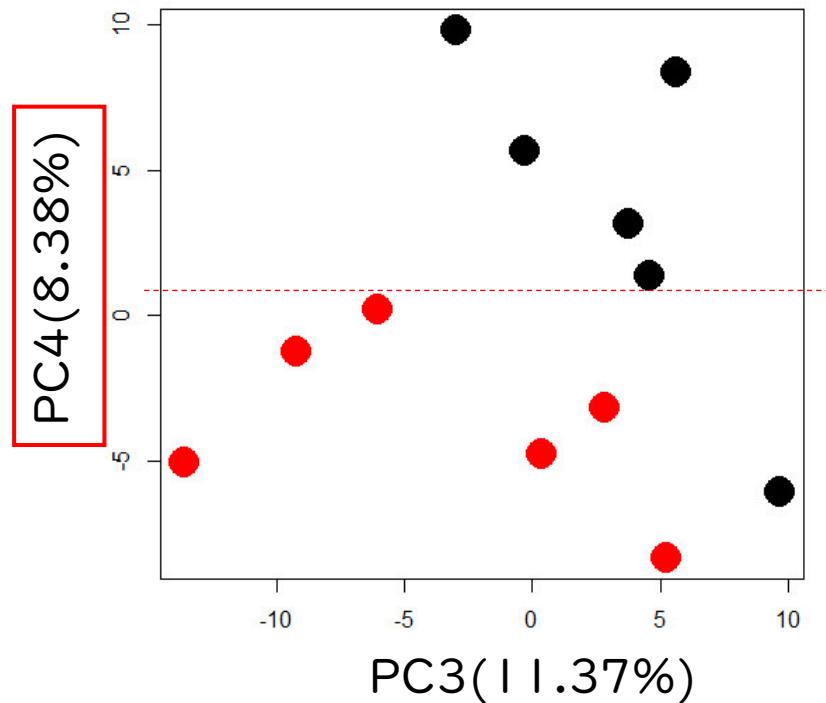
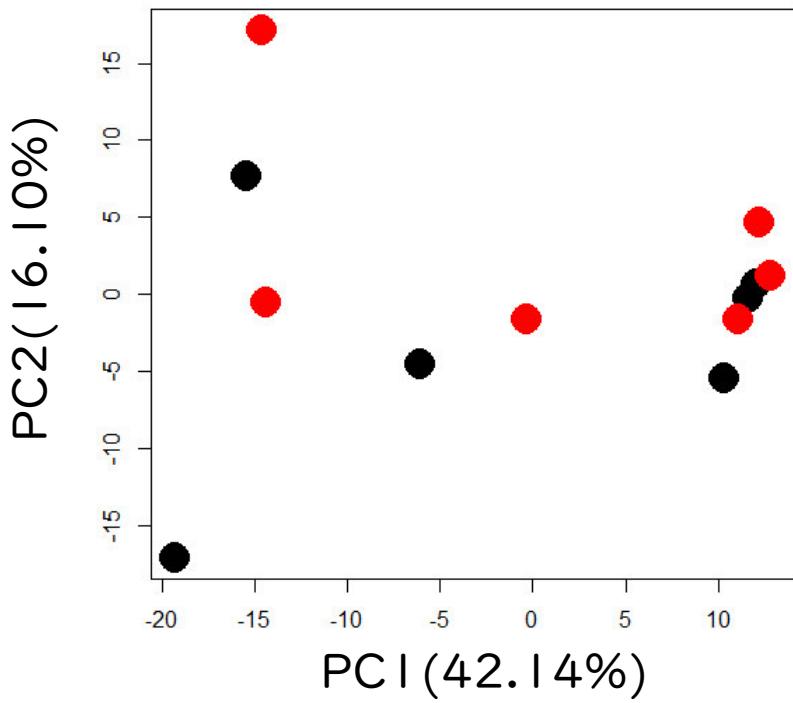
```
plot(score)
```

```
scoreY <- pls$U[,1] # PLS1 スコア
```

```
plot(scoreY)
```



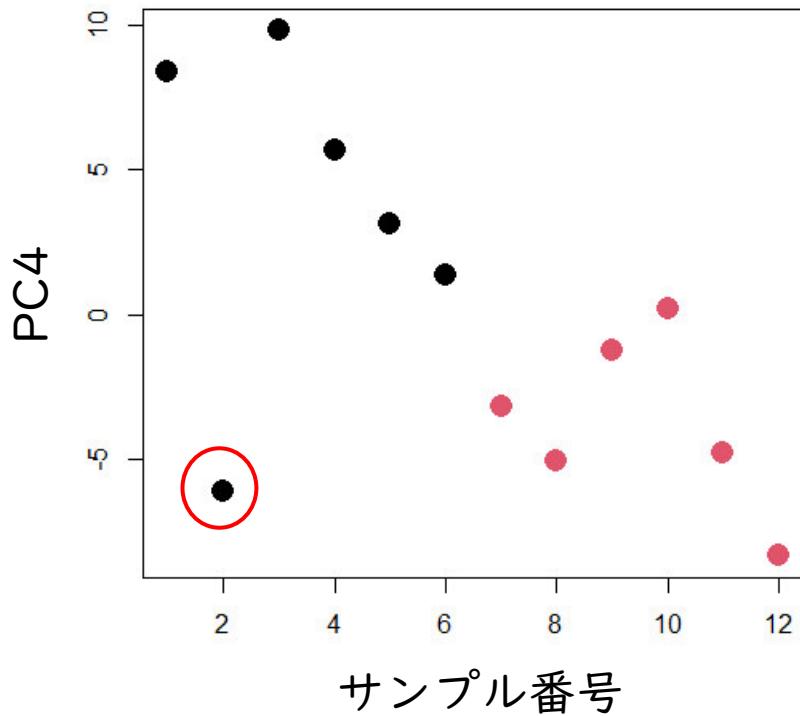
# 主成分分析の結果



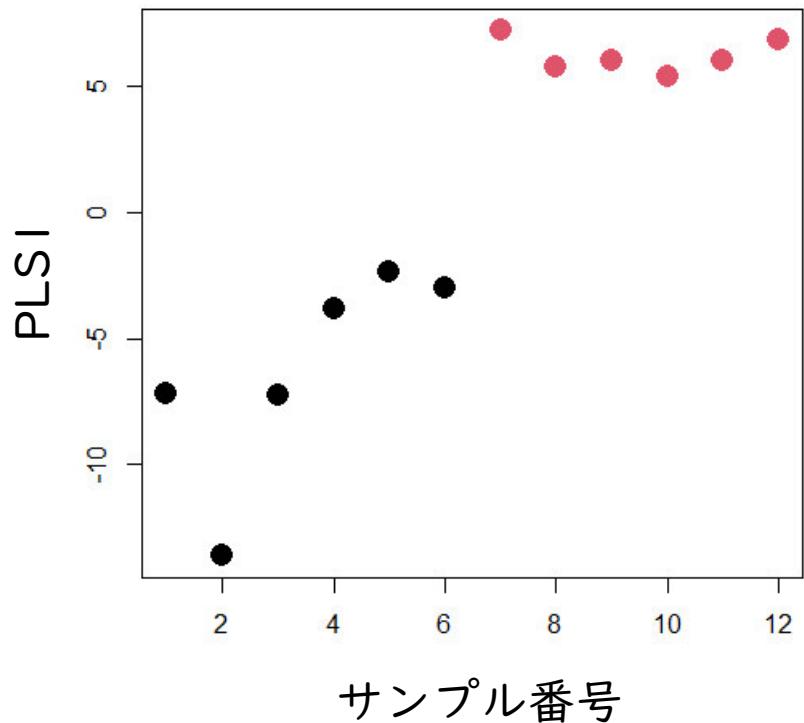
PC4で群間差がある程度確認できているので、  
PCAの結果を利用する場合はPC4に着目して解析を進める  
ただし、完全な群間差は確認できない

# 主成分分析とPLSの比較

主成分分析



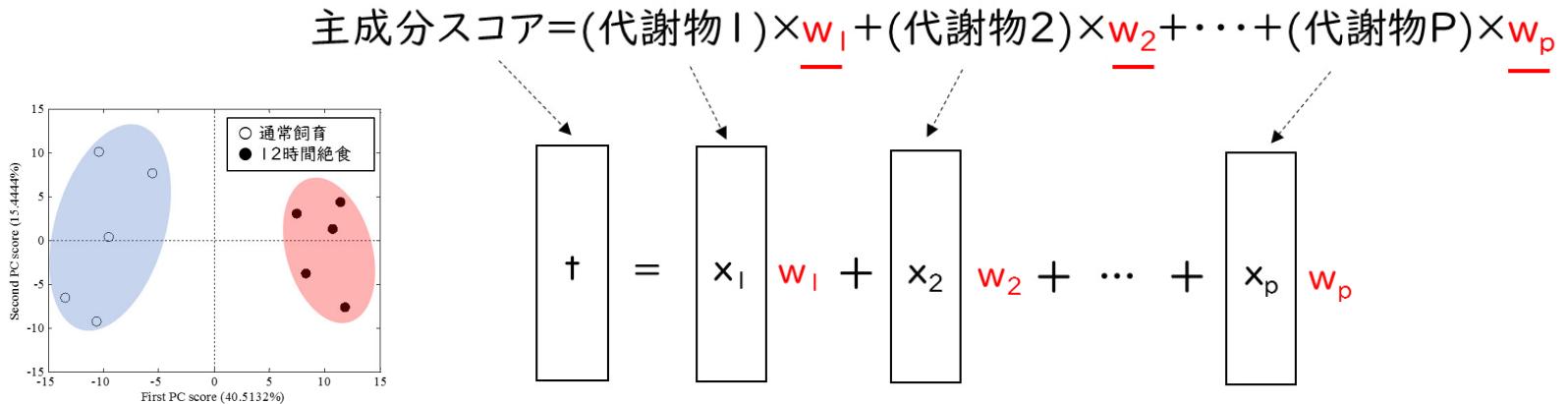
PLS



PLSIスコアで完全な群間差が確認できる

# 主成分負荷量の復習

- 主成分係数による重要な変数の選び方
  - 主成分係数  $w$  は、各変数に対する重要度を示す重みであり、主成分係数  $w$  が大きい変数が重要な変数となる

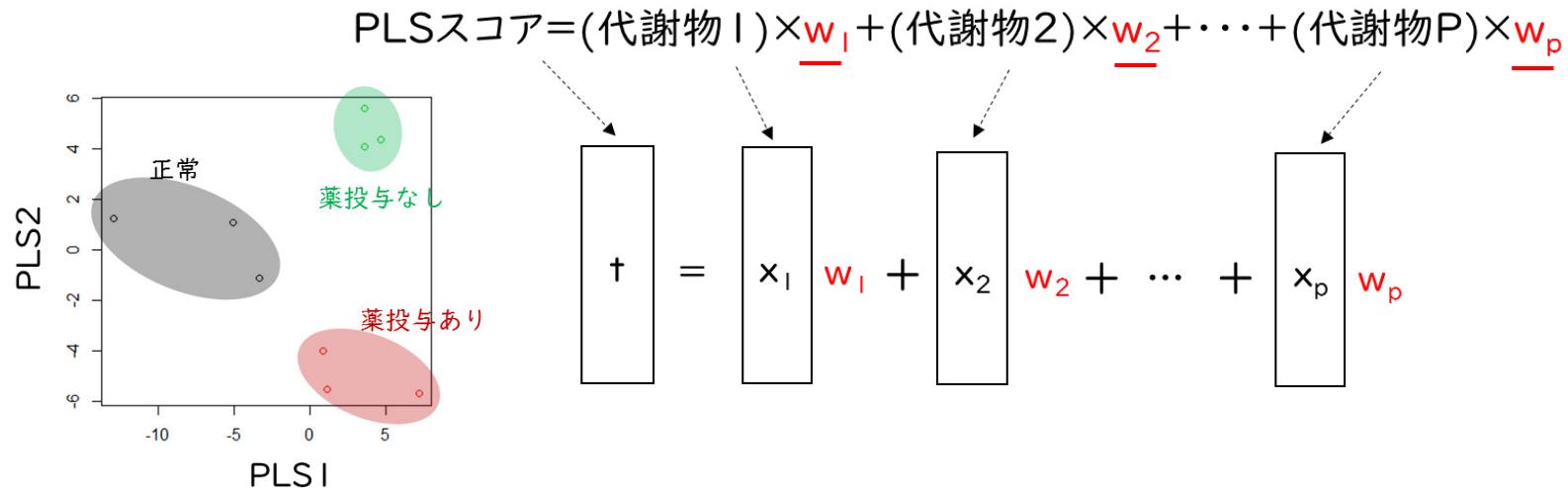


係数  $w_2$  の値が大きければ、第 1 (主) 成分と、2 番目の変数との関連が高い

- 主成分係数  $w$  は、「主成分スコアと各変数との相関係数」で定義される **主成分負荷量と比例する**
- **主成分負荷量** の大きい変数を選ぶことで、主成分係数に比べ、統計的な基準(相関係数の値)で重要な変数を選ぶことが出来る

# PLS負荷量の場合

- PLS係数による重要な変数の選び方
  - PLS係数wは、各変数に対する重要度を示す重みであり、PLS係数wが大きい変数が重要な変数となる



## [R] PLS係数wの値が大きい上位10物質

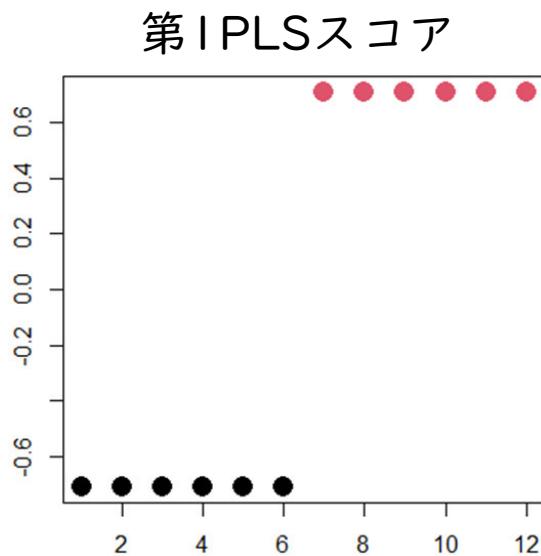
- 正に大きい10物質 `sort(pls$P[,1],decreasing=TRUE)[1:10]`
- 負に大きい10物質 `sort(pls$P[,1])[-1:10]`

変数の順番を調べるときは、`sort`の代わりに`order`を使用する

# PLS係数の値が大きい2つの変数を確認

```
plot(X[,115], col=class, cex=2, pch=16)
```

pls\$P[115,1]



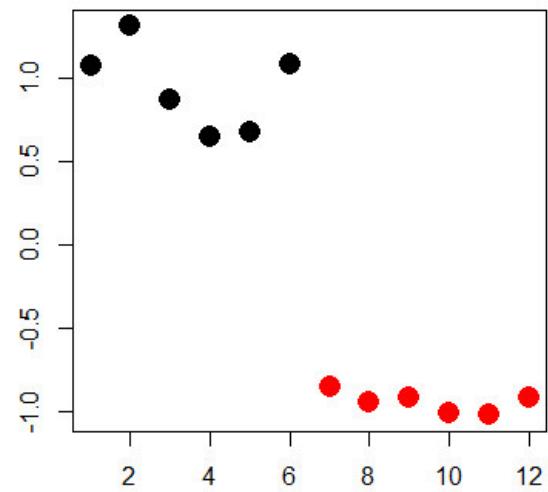
PLS係数の値  
-0.1517  
(負に最大)

PLS係数の値  
0.0969  
(正に最大)

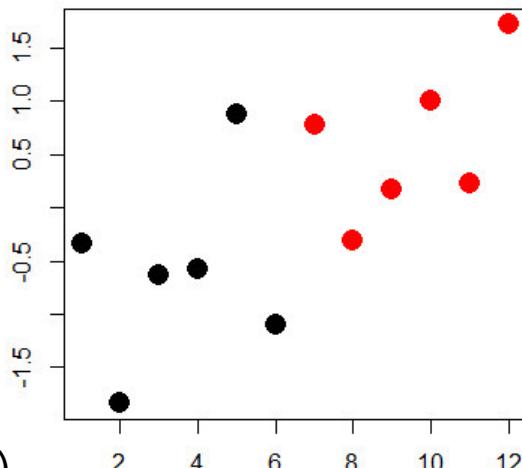
pls\$P[401,1]

```
plot(X[,401], col=class, cex=2, pch=16)
```

348.2/3288

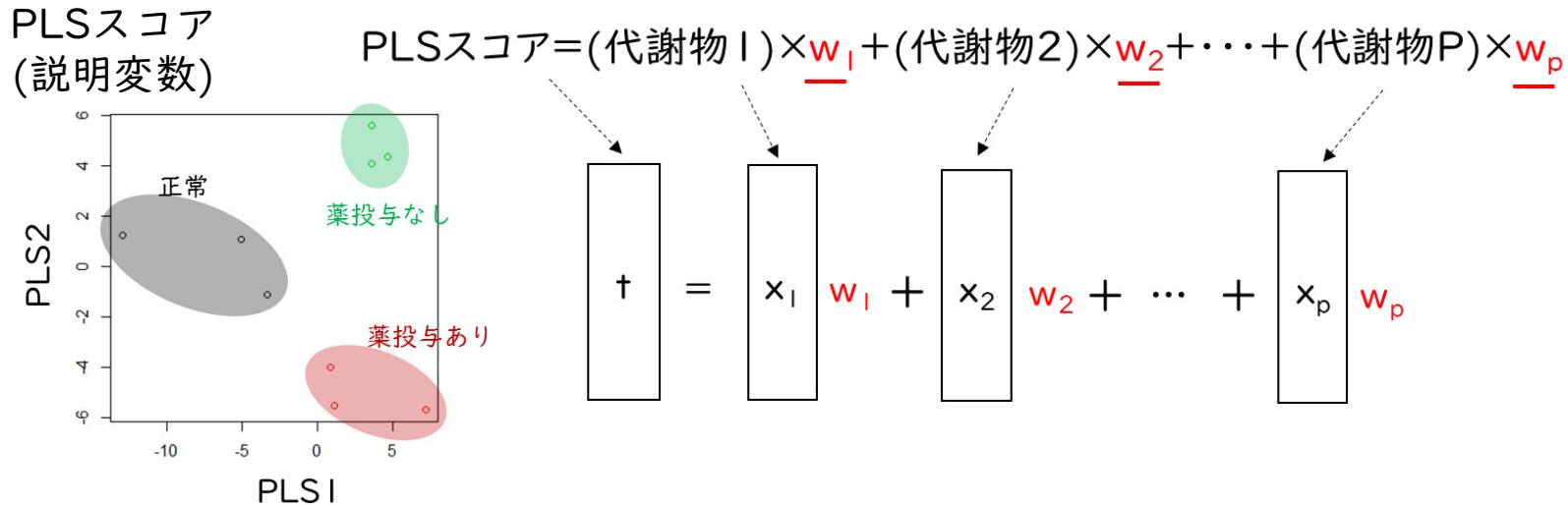


594.2/3395



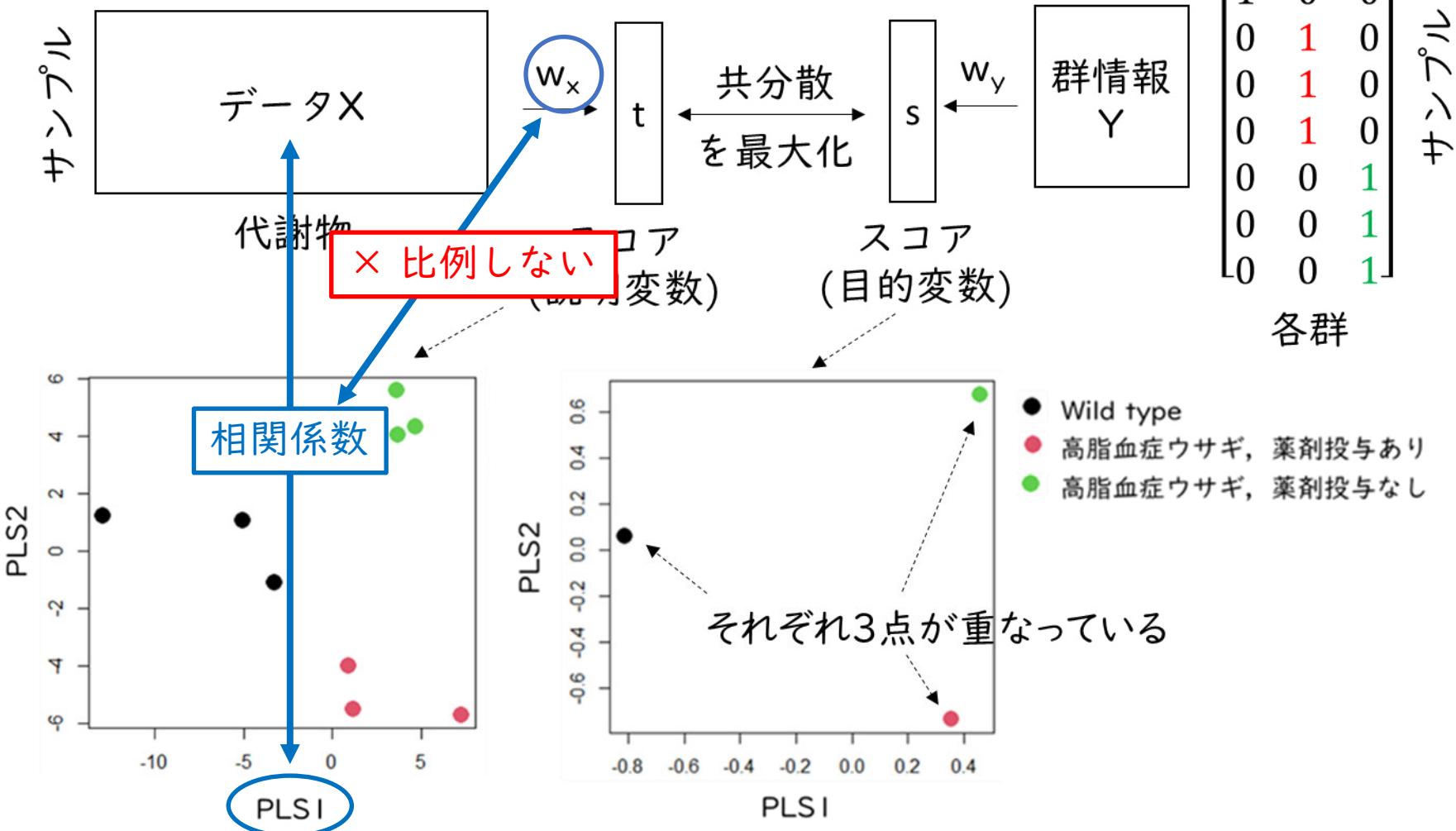
# PLS負荷量の場合

- PLS係数による重要な変数の選び方
  - PLS係数 $w$ は、各変数に対する重要度を示す重みであり、PLS係数 $w$ が大きい変数が重要な変数となる



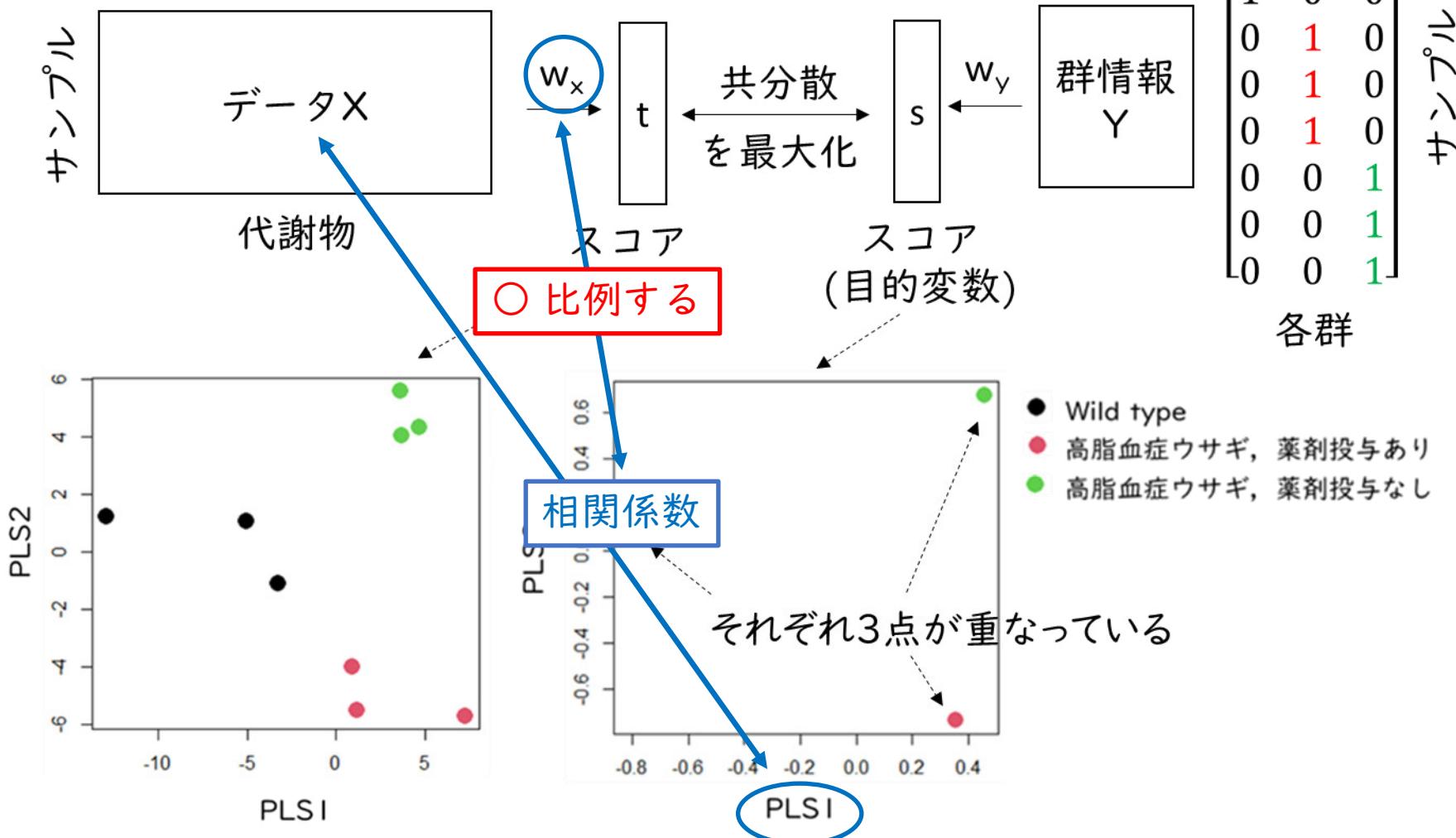
- PLS係数 $w$ は、PLSスコア(説明変数)と各変数との相関係数に比例しない
- このままでは、主成分負荷量のように統計的な基準(相関係数の値)で重要な変数を選ぶことが出来ない

# PLS係数とPLS負荷量(Ⅰ)



説明変数のスコア、目的変数のスコアいずれも同様の位置(左、右上、右下)に配置されており、傾向が一致していることが確認できる。

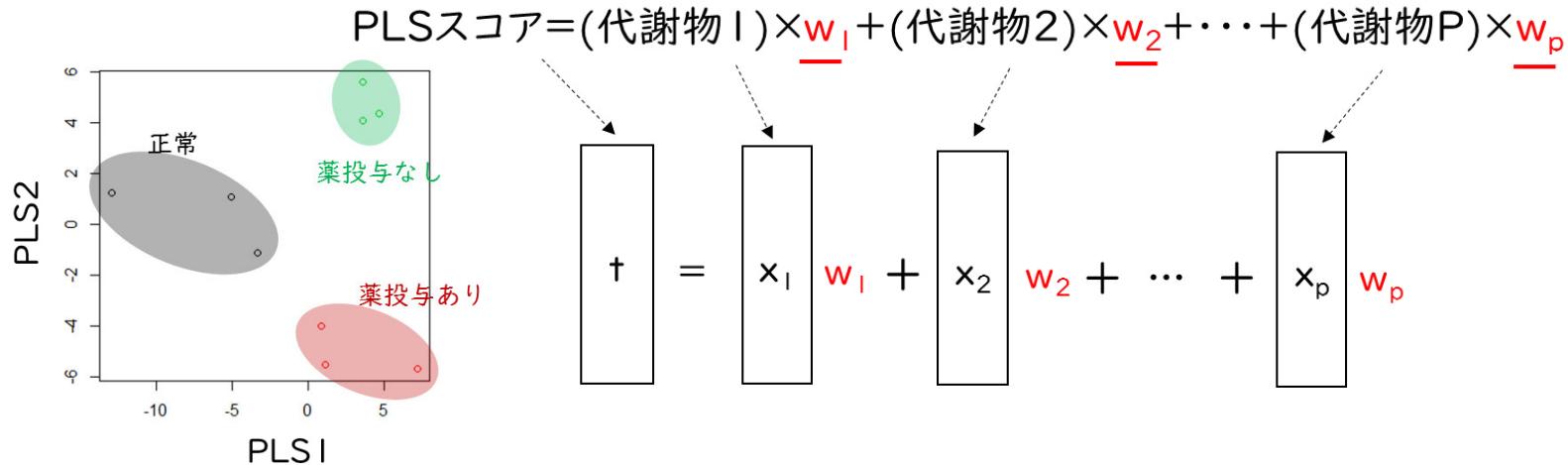
# PLS係数とPLS負荷量(2)



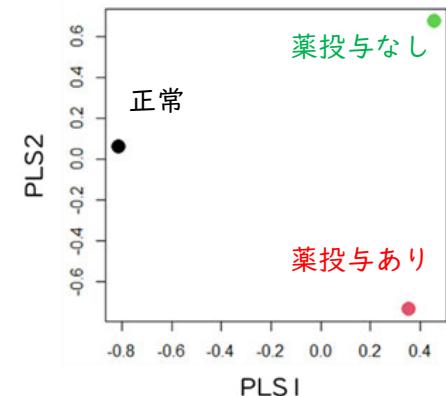
説明変数のスコア、目的変数のスコアいずれも同様の位置(左、右上、右下)に配置されており、傾向が一致していることが確認できる。

# PLS負荷量の場合

- PLS係数による重要な変数の選び方
  - PLS係数  $w$  は、各変数に対する重要度を示す重みであり、PLS係数  $w$  が大きい変数が重要な変数となる



- PLS係数  $w$  は、目的変数のPLSスコアと各変数との相関係数と比例する
- PLS負荷量を「目的変数のPLSスコアと各変数との相関係数と定義」し、その値が大きい変数を選ぶことで、統計的な基準(相関係数の値)で重要な変数を選ぶことが出来る



# Partial least squares(2)

- PLS負荷量とp-value(PLS1)

```
pls <- pls_loading(pls)
PLS_loading <- pls$loading$R
p_PLS <- pls$loading$p.value
```

- PLS負荷量の出力

```
PLS1_loading <- PLS_loading[,1]
p_PLS1 <- p_PLS [,1]
PLS1 <- cbind(PLS1_loading, p_PLS1)
rownames(PLS1) <- X0[,1]
write.csv(PLS1, file= "C:/R/loading_PLS1.csv")
```

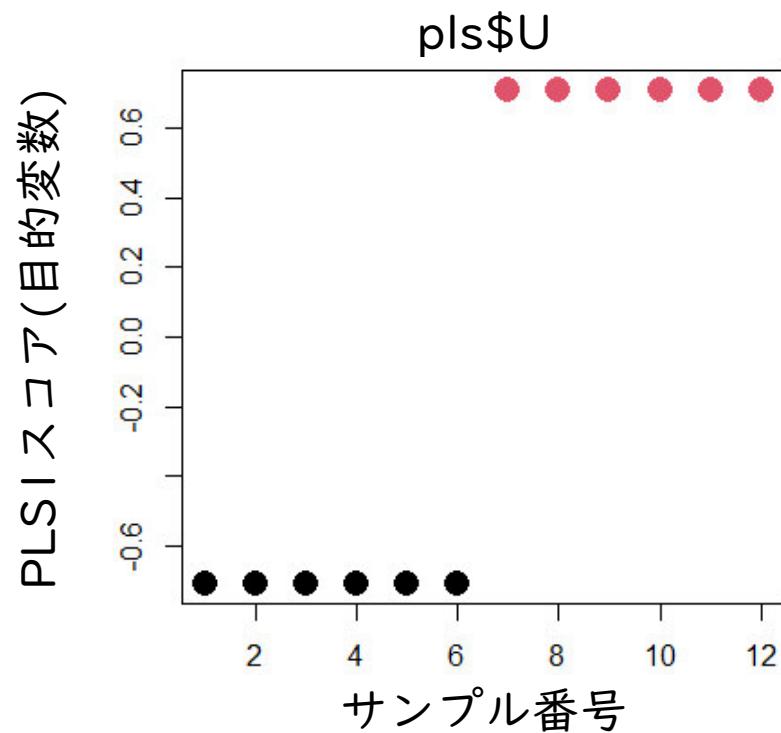
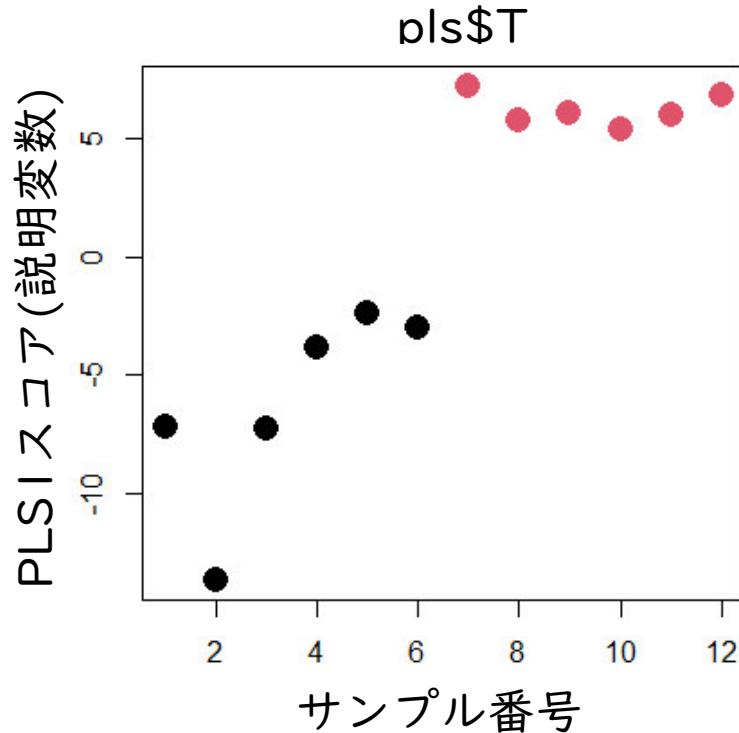
変数名

	A	B	C
	loading	p	
1			
2	348.2/3288	-0.98358206	9.14E-09
3	491.2/3398	-0.979846428	2.53E-08
4	301.2/3389	-0.979721181	2.61E-08
5	300.2/3392	-0.976861564	5.02E-08

PLS負荷量

p-value

# PLSI の説明変数と目的変数のスコア



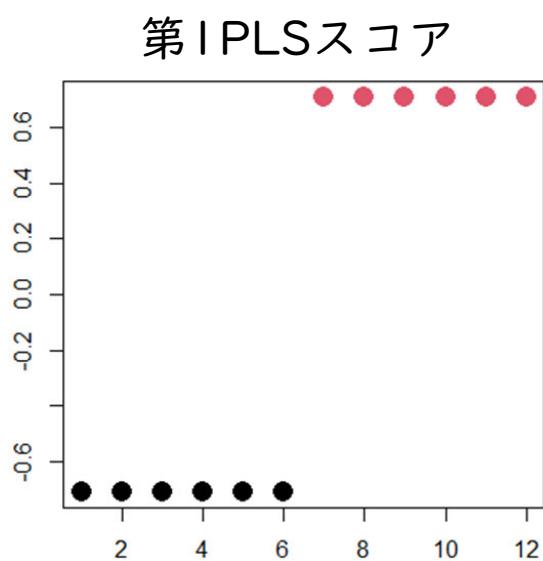
PLSIでいずれも群間差が確認されているが、

PLS負荷量の値は右図のPLSIスコア(目的変数)との相関係数であることに注意

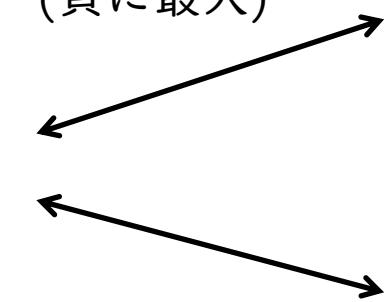
# PLS負荷量の値が大きい2つの変数

```
plot(X[,115],col=class, cex=2, pch=16)
```

pls\$loading\$R[115,1]



PLS負荷量の値  
-0.9836  
(負に最大)

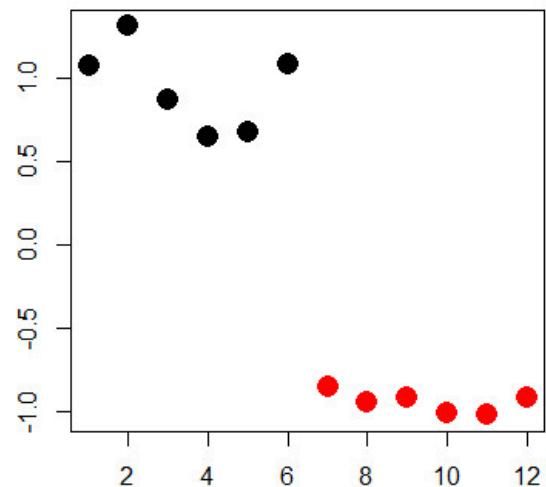


PLS負荷量の値  
0.6283  
(正に最大)

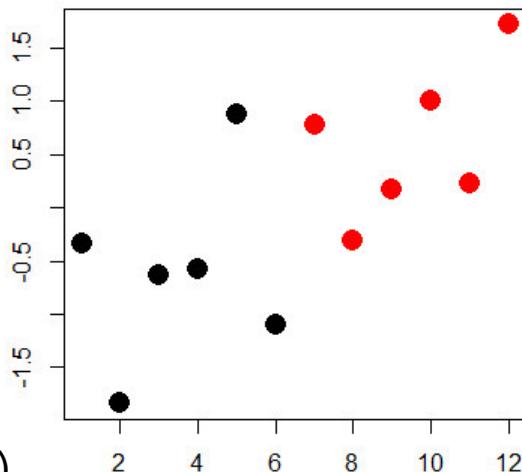
pls\$loading\$R[401,1]

```
plot(X[,401],col=class, cex=2, pch=16)
```

348.2/3288



594.2/3395



# PLSとPLS-DAの違い

- PLS 本セミナーで紹介してきたPLS

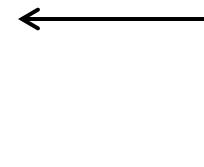
$$\frac{1}{(n-1)^2} \mathbf{X}' \mathbf{Y} \mathbf{Y}' \mathbf{X} \mathbf{w} = \lambda \mathbf{w}$$

スコア  $\mathbf{t} = \mathbf{X} \mathbf{w}$

- スコアの直交化

$$\mathbf{X} = \mathbf{X} - \mathbf{t} \mathbf{p}'$$

ただし  $\mathbf{p} = \frac{\mathbf{X}' \mathbf{t}}{\mathbf{t}' \mathbf{t}}$  PLS-DA



PLSとスコアの直交化の操作を繰り返し計算して得られるスコアを用いて、可視化や判別分析を行うのがPLS-DA

本セミナーでは、最も単純なPLSとPLS-DAを区別して説明して来たが、PLS-DAをPLSと呼ぶことが多い

## [再掲] データの準備

- CSVファイルの読み込み(実行済み)

```
file <- "C:/R/mouse_data_original.csv"  
X0 <- read.csv(file, skip=1) # 1行目をスキップ
```

- データの準備

```
X <- X0[,-1] # 1列目の群情報の文字列を除く  
class <- c(1,1,1,1,1,1,2,2,2,2,2) # 群情報  
X <- t(X) # データの転置
```

- 目的変数の準備

```
Y0 <- factor(class)  
Y <- model.matrix(~ Y0 + 0)
```

# PLS-DAの計算(Ⅰ)

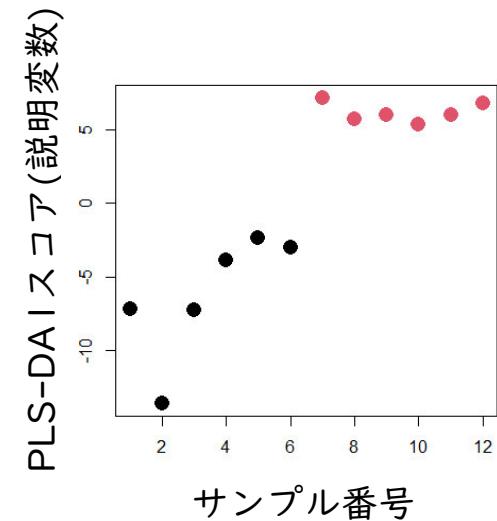
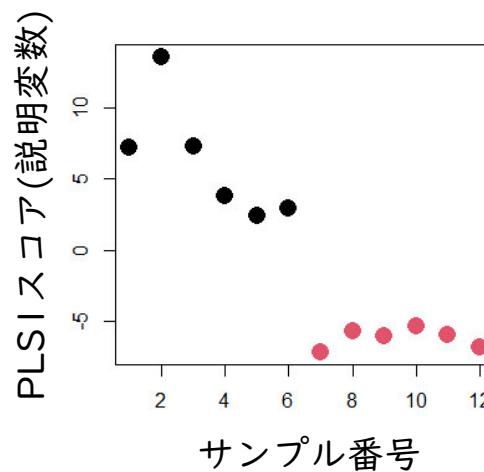
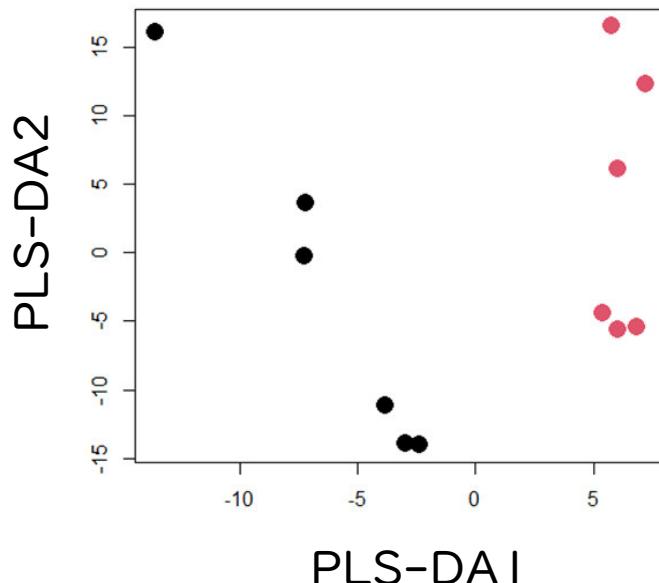
- PLS-DAスコアの計算

```
library(loadings) # 読み込み済みの場合は不要
```

```
plsda <- pls_da(X,Y,2)
```

```
score <- plsda$T # PLS-DAスコア(第1、第2)
```

```
plot(score, col=class, pch=16, cex=2)
```



PLSとPLS-DAの第1成分のスコアは一致  
(正負が逆でも意味は同じ)

# PLS-DAのための各種パッケージ

- chemometricsパッケージ

```
library(chemometrics)
```

```
plsda1 <- pls2_nipals(X, Y, a=2, scale=TRUE)
```

- plsパッケージ

```
library(pls)
```

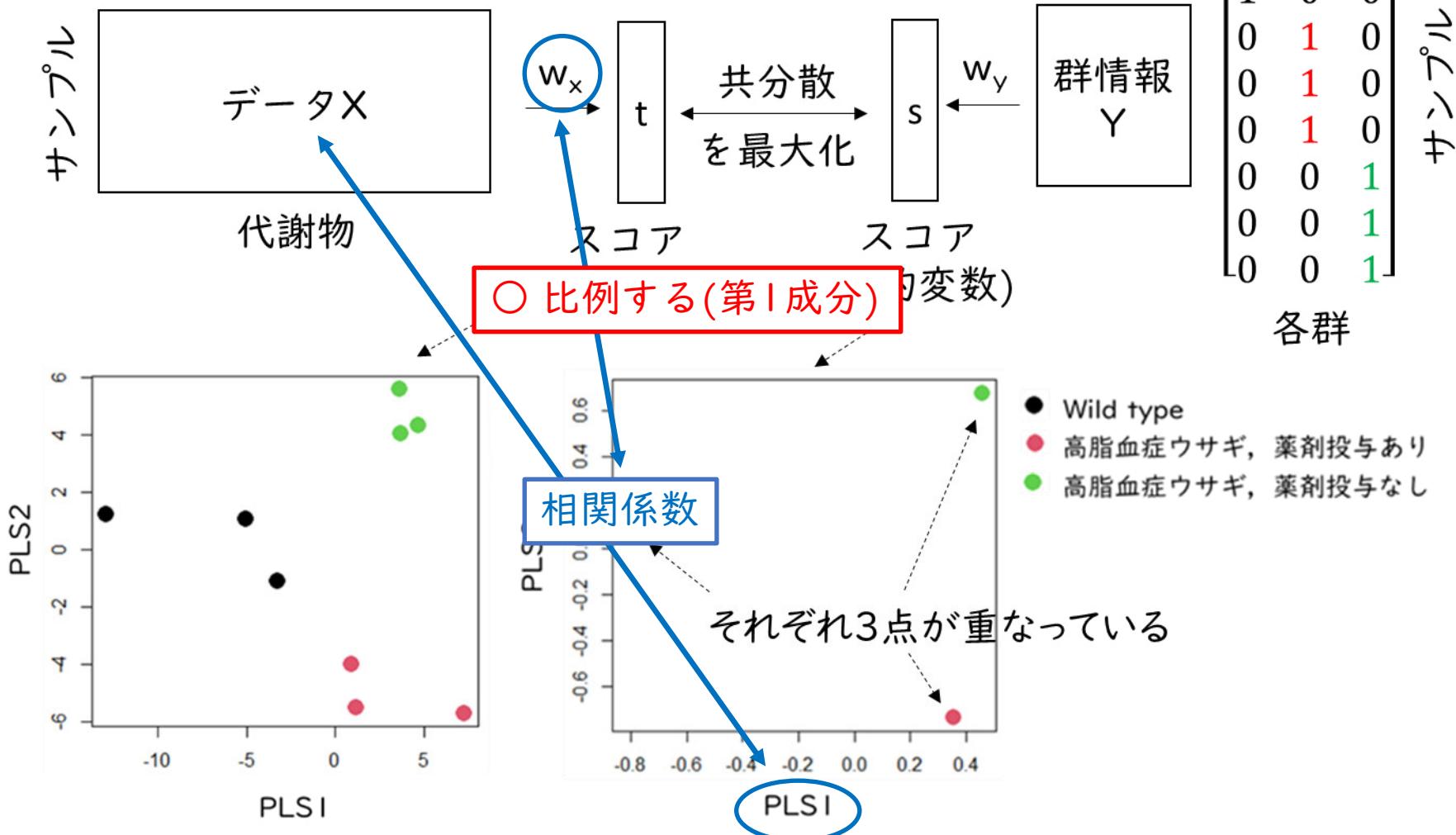
```
plsda2 <- cppls(Y~X, 2, data=data.frame(X=X, Y=Y),  
                  scale=TRUE)
```

- mixOmicsパッケージ

```
library(mixOmics)
```

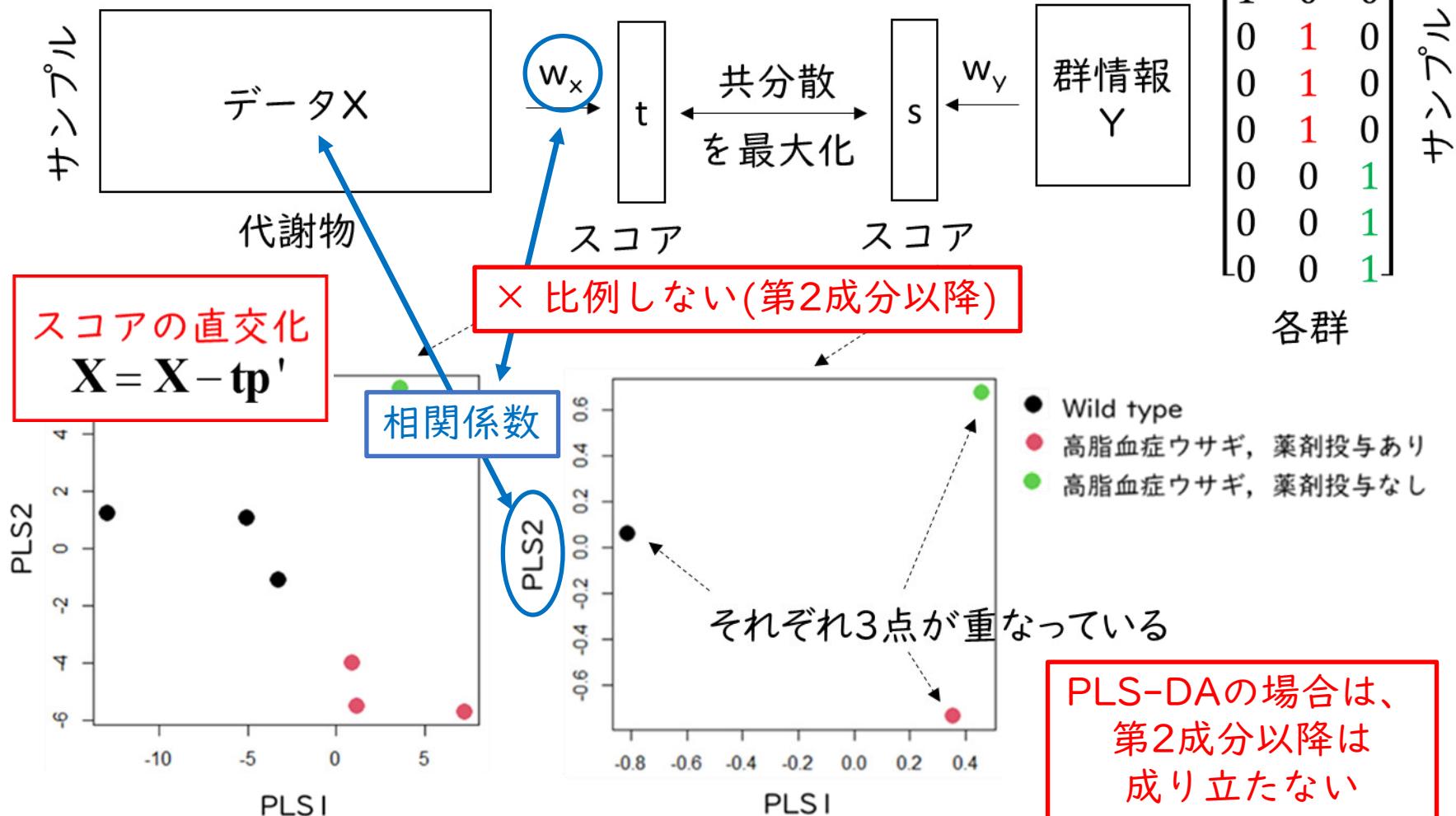
```
plsda3 <- plsda(X, Y0) # デフォルトでscale=TRUE
```

# PLS-DA係数(1)



説明変数のスコア、目的変数のスコアいずれも同様の位置(左、右上、右下)に配置されており、傾向が一致していることが確認できる。

## PLS-DA係数(2)



説明変数のスコア、目的変数のスコアいずれも同様の位置(左、右上、右下)に配置されており、傾向が一致していることが確認できる。

# PLS-DAにおけるローディング

- PLS 本セミナーで紹介してきたPLS

$$\frac{1}{(n-1)^2} \mathbf{X}' \mathbf{Y} \mathbf{Y}' \mathbf{X} \mathbf{w} = \lambda \mathbf{w}$$

スコア  $\mathbf{t} = \mathbf{X} \mathbf{w}$

- スコアの直交化

$$\mathbf{X} = \mathbf{X} - \mathbf{t} \mathbf{p}'$$

ただし

$$\mathbf{p} = \frac{\mathbf{X}' \mathbf{t}}{\mathbf{t}' \mathbf{t}}$$

繰り返し

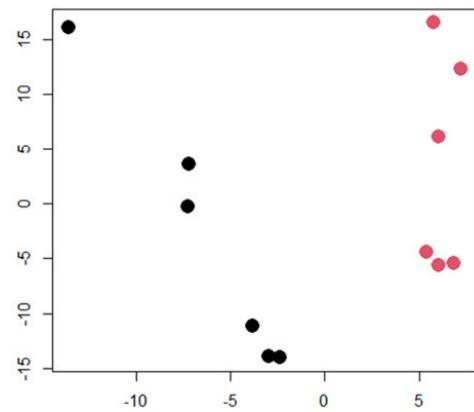
PLS-DA  
ローディング

PLSとスコアの直交化の操作を繰り返し計算して得られるスコアを用いて、可視化や判別分析を行うのがPLS-DA

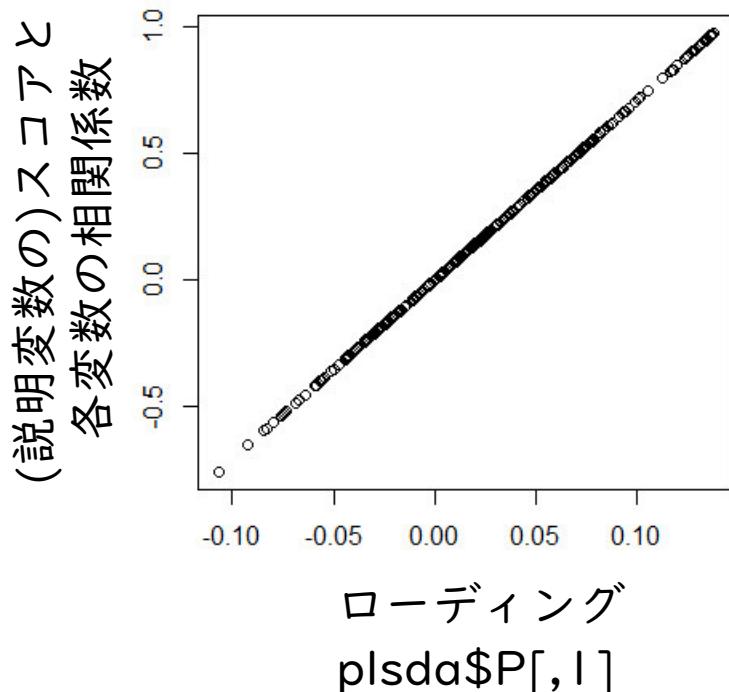
# PLS-DAのローディングとは

PLS-DAのローディングは、**目的変数のスコア**と各代謝物の相関係数ではなく、**説明変数のスコア**と各代謝物の相関係数に比例する値( $p$ )が用いられる

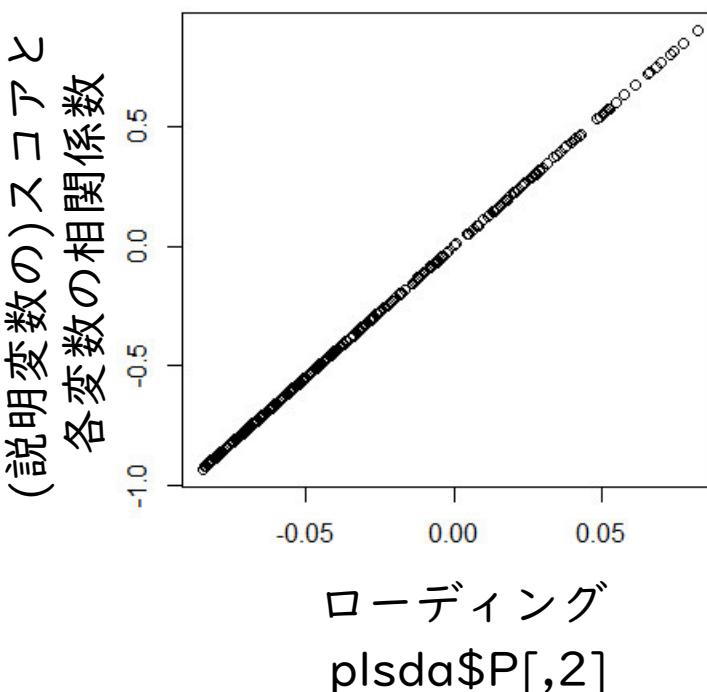
PLS-DAスコア(説明変数)



第1PLS-DA



第2PLS-DA



# PLS-DA負荷量の性質

- PLS-DA負荷量
  - PLS-DAローディングとしてベクトル $p$ を利用するよりも、PLS-DAスコアと各代謝物の相関係数をPLS-DA負荷量として定義する、と考えた方が理解しやすい
- PLS-DA負荷量に変換

$$R = P \times \sqrt{\frac{1}{N} t' t}$$

主成分分析やPLSと同様に、PLS-DA負荷量に変換することにより、相関係数として利用可能

## [実習] PLS-DA負荷量

- PLS-DA負荷量とp-value(PLS-DA I)

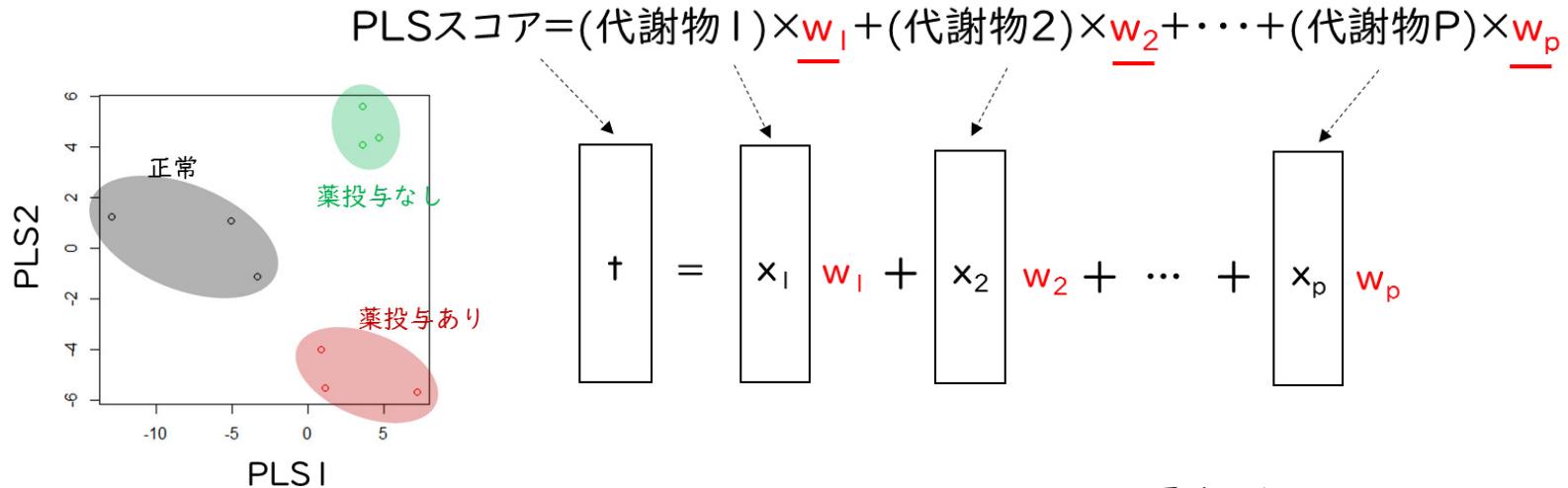
```
plsda <- plsda_loading(plsda)
PLSDA_loading <- plsda$loading$R
p_PLSDA <- plsda$loading$p.value
```

- PLS負荷量の出力

```
PLSDAI_loading <- PLSDA_loading[, I]
p_PLSDAI <- p_PLSDA [, I]
PLSDAI <- cbind(PLSDAI_loading, p_PLSDAI)
rownames(PLSDAI) <- X0[, I]
write.csv(PLSDAI, file= "C:/R/loading_PLSDAI.csv")
```

# PLS負荷量とPLS-DA負荷量の違い

- [再掲] PLS係数による重要な変数の選び方
  - PLS係数 $w$ は、各変数に対する重要度を示す重みであり、PLS係数 $w$ が大きい変数が重要な変数となる



PLS-DAの $p$ は、PLSの $w$ とは異なり、  
上式のような関係にはならない

$p$ は、PLS-DAスコアと各代謝物の相関係数に比例することから、  
 $p$ の値が大きな代謝物は、PLS-DAスコアに似た傾向を示す代謝物となる

# PLSとPLS-DAの比較

## • PLS

- PLSスコア・PLS係数・PLS負荷量は、(群数-1)個までしか計算することが出来ない
- PLS係数、PLS負荷量を利用する
  - PLS係数は、目的変数のスコアと各変数との相関係数に比例
  - PLS負荷量を相関係数で定義することができる

## PLS-DA

- PLS-DAスコアは、より多くの数計算することが出来る
  - (サンプルサイズもしくは変数の数-1)個まで
- 第2成分以降のPLS-DA係数は利用できない
  - PLS-DA係数は、目的変数のスコアと各変数との相関係数に比例せず、PLSと同様に理解することは出来ない
- PLS-DAローディング、PLS-DA負荷量を利用する
  - PLS-DAのローディングは、説明変数のスコアと各変数との相関係数に比例し、PLS-DA負荷量は相関係数として定義できる