

Régression en grande dimension

Laurent Rouvière

2022-03-18

Table des matières

Présentation	1
1 Introduction à la grande dimension	2
1.1 Fléau de la dimension pour les plus proches voisins	2
1.2 Influence de la dimension dans le modèle linéaire	4
1.3 Exercices	6
2 Régression sur composantes	8
2.1 Sélection de variables	9
2.2 Régression sur composantes principales (méthodo)	13
2.3 Régression PLS : méthode	19
2.4 Comparaison : PCR vs PLS.	22
3 Régressions pénalisées (ou sous contraintes)	24
3.1 Ridge et lasso avec glmnet	25
3.2 Reconstruction d'un signal	30
3.3 Régression logistique pénalisée	38
3.4 Exercices	41
4 Modèle additif	44
4.1 Pseudo backfitting	44
4.2 Modèle GAM	46
4.3 Régression logistique additive	53

Présentation

Ce tutoriel présente quelques exercices d'application du cours **Modèle linéaire en grande dimension**. On pourra trouver

- les supports de cours associés à ce tutoriel ainsi que les données utilisées à l'adresse suivante https://lrouviere.github.io/stat_grand_dim/ ;
- le tutoriel sans les corrections à l'url https://lrouviere.github.io/TUTO_GRANDE_DIM/
- le tutoriel avec les corrigés (à certains moment) à l'url https://lrouviere.github.io/TUTO_GRANDE_DIM/correction.

Il est recommandé d'utiliser **mozilla firefox** pour lire le tutoriel.

Des connaissances de base en R et en statistique (modèles de régression) sont nécessaires. Le tutoriel se structure en 4 parties :

- **Fléau de la dimension** : identification du problème de la dimension pour le problème de régression ;

- Régression sur composantes : présentation des algorithmes **PCR** et **PLS** ;
- Régressions pénalisées : régularisation à l'aide de pénalités de type **Ridge/Lasso**
- Modèle additif : conservation de la structure additive du modèle linéaire mais modélisation non paramétrique des composantes.

1 Introduction à la grande dimension

Nous proposons ici d'illustrer le problème de la grande dimension en régression. On commencera par étudier, à l'aide de simulation, ce problème pour l'estimateurs des k plus proches voisins, puis pour les estimateurs des moindres carrés dans le modèle linéaire. Quelques exercices sont ensuite proposées pour calculer les vitesses de convergence de ces estimateurs dans des modèles simples.

1.1 Fléau de la dimension pour les plus proches voisins

La fonction suivante permet de générer un échantillon d'apprentissage et un échantillon test selon le modèle

$$Y = X_1^2 + \dots + X_p^2 + \varepsilon$$

où les X_j sont uniformes i.i.d de loi uniforme sur $[0, 1]$ et le bruit ε suit une loi $\mathcal{N}(0, 0.5^2)$.

```
simu <- function(napp=300,ntest=500,p=3,graine=1234){
  set.seed(graine)
  n <- napp+ntest
  X <- matrix(runif(n*p),ncol=p)
  Y <- apply(X^2,1,sum)+rnorm(n,sd=0.5)
  Yapp <- Y[1:napp]
  Ytest <- Y[-(1:napp)]
  Xapp <- data.frame(X[1:napp,])
  Xtest <- data.frame(X[-(1:napp),])
  return(list(Xapp=Xapp,Yapp=Yapp,Xtest=Xtest,Ytest=Ytest))
}
df <- simu(napp=300,ntest=500,p=3,graine=1234)
```

La fonction **knn.reg** du package **FNN** permet de construire des estimateurs des k plus proches voisins en régression. On peut par exemple faire du 3 plus proches voisins avec

```
library(FNN)
mod3ppv <- knn.reg(train=df$Xapp,y=df$Yapp,k=3)
```

Parmi toutes les sorties proposées par cette fonction on a notamment

```
mod3ppv$PRESS
[1] 98.98178
```

qui renvoie la somme des carrés des erreurs de prévision par validation croisée Leave-One-Out (LOO). On peut ainsi obtenir l'erreur quadratique moyenne par LOO

```
mod3ppv$PRESS/max(c(nrow(df$Xapp),1))
[1] 0.3299393
```

1. Construire la fonction **sel.k** qui admet en entrée :

- une grille de valeurs possibles de plus proches voisins (un vecteur).
- une matrice **Xapp** de dimension $n \times p$ qui contient les valeurs variables explicatives.

— un vecteur **Yapp** de dimension n qui contient les valeurs de la variable à expliquer
et qui renvoie en sortie la valeur de k dans la grille qui minimise l'erreur LOO présentée ci-dessus.

```
sel.k <- function(K_cand=seq(1,50,by=5),Xapp,Yapp){
  ind <- 1
  err <- rep(0,length(K_cand))
  for (k in K_cand){
    modkppv <- knn.reg(train=Xapp,y=Yapp,k=k)
    err[ind] <- modkppv$PRESS/max(c(nrow(Xapp),1))
    ind <- ind+1
  }
  return(K_cand[which.min(err)])
}
```

Une fois la fonction créée, on peut calculer l'erreur de l'estimateur sélectionné sur un échantillon test avec

```
k.opt <- sel.k(seq(1,50,by=5),df$Xapp,df$Yapp)
prev <- knn.reg(train=df$Xapp,y=df$Yapp,test=df$Xtest,k=k.opt)$pred
mean((prev-df$Ytest)^2)
[1] 0.283869
```

2. On souhaite comparer les erreurs des règles des k plus proches voisins en fonction de la dimension. On considère 4 dimensions collectées dans le vecteur DIM et la grille de valeurs de k suivantes :

```
DIM <- c(1,5,10,50)
K_cand <- seq(1,50,by=5)
```

Pour chaque valeur de dimension répéter $B = 100$ fois :

- simuler un échantillon d'apprentissage de taille 300 et test de taille 500
- calculer la valeur optimale de k dans **K_cand** grâce à **sel.k**
- calculer l'erreur de l'estimateur sélectionné sur un échantillon test.

On pourra stocker les résultats dans une matrice de dimension $B \times 4$.

```
B <- 100
mat.err <- matrix(0,ncol=length(DIM),nrow=B)
for (p in 1:length(DIM)){
  for (i in 1:B){
    df <- simu(napp=300,ntest=500,p=DIM[p],graine=1234*p+2*i)
    k.opt <- sel.k(K_cand,df$Xapp,df$Yapp)
    prev <- knn.reg(train=df$Xapp,y=df$Yapp,test=df$Xtest,k=k.opt)$pred
    mat.err[i,p] <- mean((prev-df$Ytest)^2)
  }
}
```

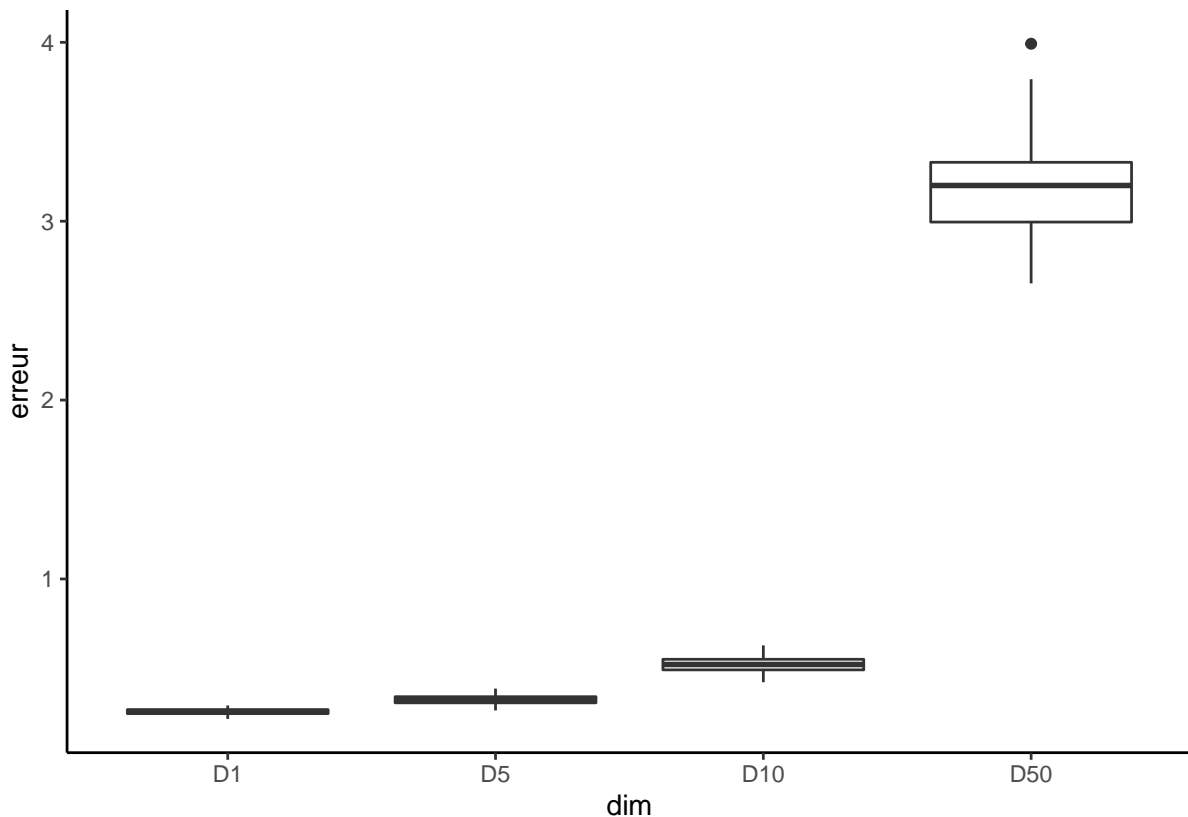
3. A l'aide d'indicateurs numériques et de boxplots, comparer la distribution des erreurs en fonction de la dimension.

```
df <- data.frame(mat.err)
nom.dim <- paste("D",DIM,sep="")
names(df) <- nom.dim
```

```
df %>% summarise_all(mean)
      D1      D5      D10     D50
1 0.258003 0.3243574 0.52247 3.191055
```

```
df %>% summarise_all(var)
      D1      D5      D10     D50
1 0.0002556399 0.0005417109 0.001857967 0.06749414
```

```
df1 <- pivot_longer(df,cols=everything(),names_to="dim",values_to="erreur")
df1 <- df1 %>% mutate(dim=fct_relevel(dim,nom.dim))
ggplot(df1)+aes(x=dim,y=erreur)+geom_boxplot()
```



4. Conclure

*Les estimateurs sont moins précis lorsque la dimension augmente. C'est le **fléau de la dimension**.*

1.2 Influence de la dimension dans le modèle linéaire

En vous basant sur l'exercice précédent, proposer une illustration qui peut mettre en évidence la précision d'estimation dans le modèle linéaire en fonction de la dimension. On pourra par exemple considérer le modèle linéaire suivant

$$Y = X_1 + 0X_2 + \dots + 0X_p + \varepsilon$$

et étudier la performance de l'estimateur MCO du coefficient de X_1 pour différentes valeurs de p . Par exemple avec p dans le vecteur

```
DIM <- c(0,50,100,200)
```

Les données pourront être générées avec la fonction suivante

```

n <- 250
p <- 1000
X <- matrix(runif(n*p),ncol=p)
simu.lin <- function(X,graine){
  set.seed(graine)
  Y <- X[,1]+rnorm(nrow(X),sd=0.5)
  df <- data.frame(Y,X)
  return(df)
}

```

On s'intéresse à la distribution de $\hat{\beta}_1$ en fonction de la dimension. Pour ce faire, on calcule un grand nombre d'estimateurs de β_1 pour différentes valeurs de p .

```

B <- 500
matbeta1 <- matrix(0,nrow=B,ncol=length(DIM))
for (i in 1:B){
  dftot <- simu.lin(X,i+1)
  for (p in 1:length(DIM)){
    dfp <- dftot[, (1:(2+DIM[p]))]
    mod <- lm(Y~.,data=dfp)
    matbeta1[i,p] <- coef(mod)[2]
  }
}

```

On met en forme les résultats

```

df <- data.frame(matbeta1)
nom.dim <- paste("D",DIM,sep="")
names(df) <- nom.dim

```

Puis on compare, pour chaque dimension considérée, les distributions de $\hat{\beta}_1$:

— en étudiant le biais et la variance

```

df %>% summarise_all(mean)
      D0      D50      D100      D200
1 0.992891 0.9960811 0.9959025 0.98173
df %>% summarise_all(var)
      D0      D50      D100      D200
1 0.01266578 0.016072 0.02023046 0.06939837

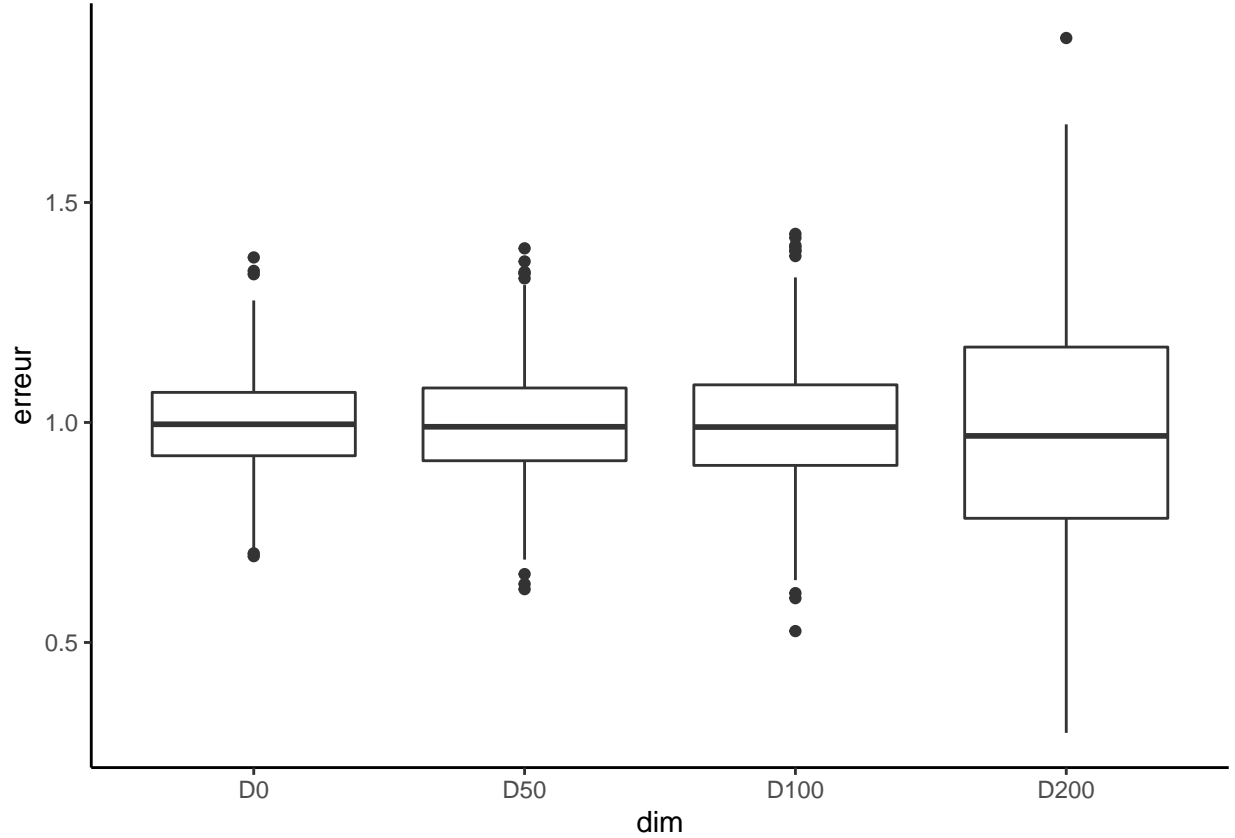
```

— en visualisant la distribution avec un boxplot

```

df1 <- gather(df,key="dim",value="erreur")
df1 <- df1 %>% mutate(dim=fct_relevel(dim,nom.dim))
ggplot(df1)+aes(x=dim,y=erreur)+geom_boxplot()+theme_classic()

```



On retrouve bien que la dimension impacte notamment la variance des estimateurs.

1.3 Exercices

Exercice 1.1 (Distances entre deux points). Cet exercice est fortement inspiré de [Giraud \(2015\)](#). Soit $X^{(1)} = (X_1^{(1)}, \dots, X_p^{(1)})$ et $X^{(2)} = (X_1^{(2)}, \dots, X_p^{(2)})$ deux variables aléatoires indépendantes de loi uniforme sur l'hypercube $[0, 1]^p$. Montrer que

$$\mathbf{E}[\|X^{(1)} - X^{(2)}\|^2] = \frac{p}{6} \quad \text{et} \quad \sigma[\|X^{(1)} - X^{(2)}\|^2] \approx 0.2\sqrt{p}.$$

Soit U et U' deux variables aléatoires indépendantes de loi uniforme sur $[0, 1]$. On a

$$\mathbf{E}[\|X^{(1)} - X^{(2)}\|^2] = \sum_{k=1}^p \mathbf{E}[(X_k^{(1)} - X_k^{(2)})^2] = p\mathbf{E}[(U - U')^2] = p(2\mathbf{E}[U^2] - 2\mathbf{E}[U]^2) = \frac{p}{6}$$

car $\mathbf{E}[U^2] = 1/3$ et $\mathbf{E}[U] = 1/2$. De même

$$\sigma[\|X^{(1)} - X^{(2)}\|^2] = \sqrt{\sum_{k=1}^p \mathbf{V}[(X_k^{(1)} - X_k^{(2)})^2]} = \sqrt{p\mathbf{V}[(U' - U)^2]} \approx 0.2\sqrt{p}$$

car

$$\mathbf{E}[(U' - U)^4] = \int_0^1 \int_0^1 (x - y)^4 dx dy = \frac{1}{15}$$

et donc $\mathbf{V}[(U' - U)^2] = 1/15 - 1/36 \approx 0.04$.

Exercice 1.2 (Vitesse de convergence pour l'estimateur à noyau). On considère le modèle de régression

$$Y_i = m(x_i) + \varepsilon_i, \quad i = 1, \dots, n$$

où $x_1, \dots, x_n \in \mathbb{R}^d$ sont déterministes et $\varepsilon_1, \dots, \varepsilon_n$ sont des variables i.i.d. d'espérance nulle et de variance $\sigma^2 < +\infty$. On désigne par $\|\cdot\|$ la norme Euclidienne dans \mathbb{R}^d . On définit l'estimateur localement constant de m en $x \in \mathbb{R}^d$ par :

$$\hat{m}(x) = \operatorname{argmin}_{a \in \mathbb{R}} \sum_{i=1}^n (Y_i - a)^2 K\left(\frac{\|x_i - x\|}{h}\right)$$

où $h > 0$ et pour $u \in \mathbb{R}$, $K(u) = \mathbf{1}_{[0,1]}(u)$. On suppose que $\sum_{i=1}^n K\left(\frac{\|x_i - x\|}{h}\right) > 0$.

1. Donner la forme explicite de $\hat{m}(x)$.

En annulant la dérivée par rapport à a , on obtient

$$\hat{m}(x) = \frac{\sum_{i=1}^n Y_i K\left(\frac{\|x_i - x\|}{h}\right)}{\sum_{i=1}^n K\left(\frac{\|x_i - x\|}{h}\right)}.$$

2. Montrer que

$$\mathbf{V}[\hat{m}(x)] = \frac{\sigma^2}{\sum_{i=1}^n K\left(\frac{\|x_i - x\|}{h}\right)}$$

et

$$\mathbf{E}[\hat{m}(x)] - m(x) = \frac{\sum_{i=1}^n (m(x_i) - m(x)) K\left(\frac{\|x_i - x\|}{h}\right)}{\sum_{i=1}^n K\left(\frac{\|x_i - x\|}{h}\right)}.$$

Ces propriétés se déduisent directement en remarquant que $\mathbf{V}[Y_i] = \sigma^2$ et $\mathbf{E}[Y_i] = m(x_i)$.

3. On suppose maintenant que m est Lipschitzienne de constante L , c'est-à-dire que $\forall (x_1, x_2) \in \mathbb{R}^d \times \mathbb{R}^d$

$$|m(x_1) - m(x_2)| \leq L\|x_1 - x_2\|.$$

Montrer que

$$|\text{biais}[\hat{m}(x)]| \leq Lh.$$

On a $|m(x_i) - m(x)| \leq L\|x_i - x\|$. Or

$$K\left(\frac{\|x_i - x\|}{h}\right)$$

est non nul si et seulement si $\|x_i - x\| \leq h$. Donc pour tout $i = 1, \dots, n$

$$L\|x_i - x\| K\left(\frac{\|x_i - x\|}{h}\right) \leq Lh K\left(\frac{\|x_i - x\|}{h}\right).$$

D'où le résultat.

4. On suppose de plus qu'il existe une constante C_1 telle que

$$C_1 \leq \frac{\sum_{i=1}^n \mathbf{1}_{B_h}(x_i - x)}{n \text{Vol}(B_h)},$$

où $B_h = \{u \in \mathbb{R}^d : \|u\| \leq h\}$ est la boule de rayon h dans \mathbb{R}^d et $\text{Vol}(A)$ désigne le volume d'un ensemble $A \subset \mathbb{R}^d$. Montrer que

$$\mathbf{V}[\hat{m}(x)] \leq \frac{C_2 \sigma^2}{nh^d},$$

où C_2 est une constante dépendant de C_1 et d à préciser.

On a

$$\mathbf{V}[\hat{m}(x)] = \frac{\sigma^2}{\sum_{i=1}^n K\left(\frac{\|x_i - x\|}{h}\right)} = \frac{\sigma^2}{\sum_{i=1}^n \mathbf{1}_{B_h}(x_i - x)}.$$

Or

$$\sum_{i=1}^n \mathbf{1}_{B_h}(x_i - x) \geq C_1 n \text{Vol}(B_h) \geq C_1 \gamma_d n h^d$$

où γ_d désigne le volume de la boule unité en dimension d . On a donc

$$\mathbf{V}[\hat{m}(x)] \leq \frac{\sigma^2}{C_1 \gamma_d n h^d}.$$

5. Dédurre des questions précédentes un majorant de l'erreur quadratique moyenne de $\hat{m}(x)$.

On déduit

$$\mathbf{E}[(\hat{m}(x) - m(x))^2] \leq L^2 h^2 + \frac{C_2 \sigma^2}{nh^d}.$$

6. Calculer h_{opt} la valeur de h qui minimise ce majorant. Que vaut ce majorant lorsque $h = h_{\text{opt}}$? Comment varie cette vitesse lorsque d augmente ? Interpréter.

Soit $M(h)$ le majorant. On a

$$M(h)' = 2hL^2 - \frac{C_2 \sigma^2 d}{n} h^{-d-1}.$$

La dérivée s'annule pour

$$h_{\text{opt}} = \frac{2L^2}{C_2 \sigma^2 d} n^{-\frac{1}{d+2}}.$$

Lorsque $h = h_{\text{opt}}$ l'erreur quadratique vérifie

$$\mathbf{E}[(\hat{m}(x) - m(x))^2] = \mathcal{O}\left(n^{-\frac{2}{d+2}}\right).$$

2 Régression sur composantes

Les performances des estimateurs classiques (MCO) des paramètres du modèle linéaire

$$Y = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \cdots + \beta_d X_d + \varepsilon$$

peuvent se dégrader lorsque la dimension d est grande ou en présence de dépendance linéaire entre les variables explicatives. Les régressions sur composantes consistent à trouver de nouvelles composantes $Z_k, j = k, \dots, q$ avec $q \leq p$ qui s'écrivent le plus souvent comme des combinaisons linéaires des X_j dans l'idée de diminuer le nombre de paramètres du modèle ou la dépendance entre les covariables. Il existe plusieurs façons de construire ces composantes, dans cette partie nous proposons :

- la **régression sous composantes principales (PCR)** : il s'agit de faire simplement une ACP sur la matrice des variables explicatives ;
- la **régression partial least square (PLS)** qui fait intervenir la variable cible dans la construction des composantes.

Nous commençons par un bref rappel sur la sélection de variables.

2.1 Sélection de variables

On considère le jeu de données `ozone.txt` où on cherche à expliquer la concentration maximale en ozone relevée sur une journée (variable `maxO3`) par d'autres variables essentiellement météorologiques.

```
ozone <- read.table("data/ozone.txt")
head(ozone)
```

	maxO3	T9	T12	T15	Ne9	Ne12	Ne15	Vx9	Vx12
20010601	87	15.6	18.5	18.4	4	4	8	0.6946	-1.7101
20010602	82	17.0	18.4	17.7	5	5	7	-4.3301	-4.0000
20010603	92	15.3	17.6	19.5	2	5	4	2.9544	1.8794
20010604	114	16.2	19.7	22.5	1	1	0	0.9848	0.3473
20010605	94	17.4	20.5	20.4	8	8	7	-0.5000	-2.9544
20010606	80	17.7	19.8	18.3	6	6	7	-5.6382	-5.0000

	Vx15	maxO3v	vent	pluie
20010601	-0.6946	84	Nord	Sec
20010602	-3.0000	87	Nord	Sec
20010603	0.5209	82	Est	Sec
20010604	-0.1736	92	Nord	Sec
20010605	-4.3301	114	Ouest	Sec
20010606	-6.0000	94	Ouest	Pluie

1. Ajuster un modèle linéaire avec `lm` et analyser la pertinence des variables explicatives dans le modèle.

```
lin.complet <- lm(maxO3~.,data=ozone)
summary(lin.complet)
```

Call:

```
lm(formula = maxO3 ~ ., data = ozone)
```

Residuals:

	Min	1Q	Median	3Q	Max
	-51.814	-8.695	-1.020	7.891	40.046

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	16.26536	15.94398	1.020	0.3102
T9	0.03917	1.16496	0.034	0.9732
T12	1.97257	1.47570	1.337	0.1844
T15	0.45031	1.18707	0.379	0.7053
Ne9	-2.10975	0.95985	-2.198	0.0303 *
Ne12	-0.60559	1.42634	-0.425	0.6721
Ne15	-0.01718	1.03589	-0.017	0.9868
Vx9	0.48261	0.98762	0.489	0.6262
Vx12	0.51379	1.24717	0.412	0.6813
Vx15	0.72662	0.95198	0.763	0.4471
maxO3v	0.34438	0.06699	5.141	1.42e-06 ***
ventNord	0.53956	6.69459	0.081	0.9359
ventOuest	5.53632	8.24792	0.671	0.5037
ventSud	5.42028	7.16180	0.757	0.4510
pluieSec	3.24713	3.48251	0.932	0.3534

```

Signif. codes:
0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 14.51 on 97 degrees of freedom
Multiple R-squared: 0.7686, Adjusted R-squared: 0.7352
F-statistic: 23.01 on 14 and 97 DF, p-value: ≤ 2.2e-16
anova(lin.complet)
Analysis of Variance Table

Response: maxO3

```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)	
T9	1	43138	43138	205.0160	< 2.2e-16	***
T12	1	11125	11125	52.8706	9.165e-11	***
T15	1	876	876	4.1619	0.0440614	*
Ne9	1	3244	3244	15.4170	0.0001613	***
Ne12	1	232	232	1.1035	0.2961089	
Ne15	1	5	5	0.0248	0.8752847	
Vx9	1	2217	2217	10.5355	0.0016079	**
Vx12	1	1	1	0.0049	0.9443039	
Vx15	1	67	67	0.3186	0.5737491	
maxO3v	1	6460	6460	30.6993	2.584e-07	***
vent	3	234	78	0.3709	0.7741473	
pluie	1	183	183	0.8694	0.3534399	
Residuals	97	20410	210			

```

---
Signif. codes:
0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```

Il semble que quelques variables ne sont pas nécessaires dans le modèle.

2. Expliquer les sorties de la commande

```

library(leaps)
mod.sel <- regsubsets(maxO3~.,data=ozone,nvmax=14)
summary(mod.sel)
Subset selection object
Call: regsubsets.formula(maxO3 ~ ., data = ozone, nvmax = 14)
14 Variables (and intercept)

```

	Forced in	Forced out
T9	FALSE	FALSE
T12	FALSE	FALSE
T15	FALSE	FALSE
Ne9	FALSE	FALSE
Ne12	FALSE	FALSE
Ne15	FALSE	FALSE
Vx9	FALSE	FALSE
Vx12	FALSE	FALSE
Vx15	FALSE	FALSE
maxO3v	FALSE	FALSE
ventNord	FALSE	FALSE
ventOuest	FALSE	FALSE
ventSud	FALSE	FALSE
pluieSec	FALSE	FALSE

```

1 subsets of each size up to 14
Selection Algorithm: exhaustive

```

```

      T9  T12 T15 Ne9 Ne12 Ne15 Vx9 Vx12 Vx15 max03v
1 ( 1 ) " " "*" " " " " " " " " " " " " " "
2 ( 1 ) " " "*" " " " " " " " " " " " " "*"
3 ( 1 ) " " "*" " " " " "*" " " " " " " " " "*"
4 ( 1 ) " " "*" " " " " "*" " " " " "*" " " " "*"
5 ( 1 ) " " "*" " " " " "*" " " " " "*" " " " "*"
6 ( 1 ) " " "*" " " " " "*" " " " " "*" " " " "*"
7 ( 1 ) " " "*" " " " " "*" " " " " "*" " " " "*"
8 ( 1 ) " " "*" " " " " "*" " " " " "*" " " " "*"
9 ( 1 ) " " "*" " " " " "*" "*" " " " " "*" " " " "*"
10 ( 1 ) " " "*" "*" "*" "*" " " " " " " "*" " " " "*"
11 ( 1 ) " " "*" "*" "*" "*" " " " " "*" "*" " " " " "*"
12 ( 1 ) " " "*" "*" "*" "*" " " " " "*" "*" " " " " "*"
13 ( 1 ) "*" "*" "*" "*" "*" " " " " "*" "*" " " " " "*"
14 ( 1 ) "*" "*" "*" "*" "*" "*" " " "*" "*" " " " " "*"

```

```

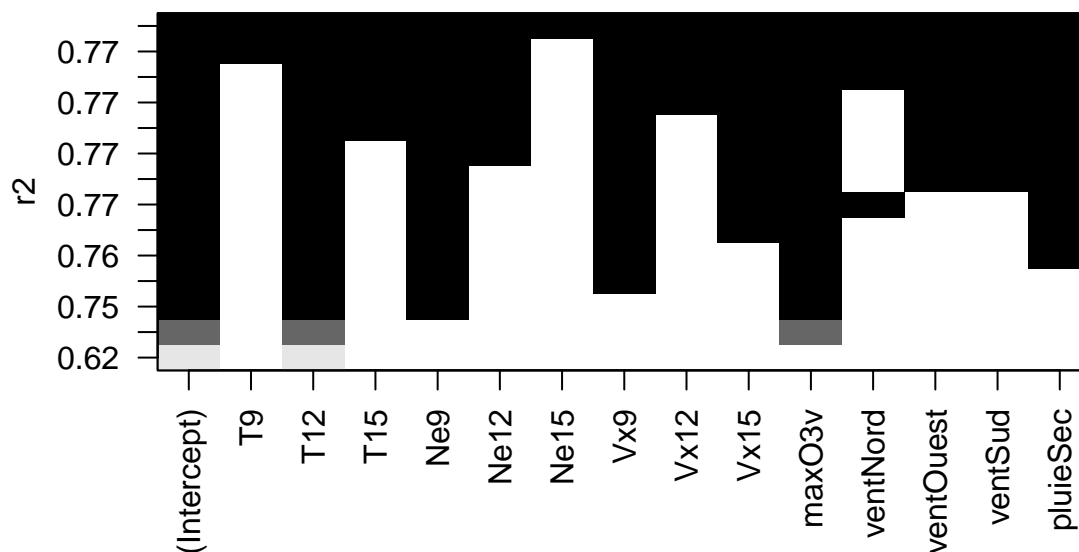
      ventNord ventOuest ventSud pluieSec
1 ( 1 ) " " " " " " " "
2 ( 1 ) " " " " " " " "
3 ( 1 ) " " " " " " " "
4 ( 1 ) " " " " " " " "
5 ( 1 ) " " " " " " "*"
6 ( 1 ) " " " " " " "*"
7 ( 1 ) "*" " " " " " " "*"
8 ( 1 ) " " "*" " " "*" "*"
9 ( 1 ) " " "*" " " "*" "*"
10 ( 1 ) " " "*" " " "*" "*"
11 ( 1 ) " " "*" " " "*" "*"
12 ( 1 ) "*" "*" " " "*" "*"
13 ( 1 ) "*" "*" " " "*" "*"
14 ( 1 ) "*" "*" " " "*" "*"

```

On obtient une table avec des étoiles qui permettent de visualiser les meilleurs modèles à 1,2,...,8 variables au sens du R^2 .

3. Sélectionner le meilleur modèle au sens du R^2 . Que remarquez-vous ?

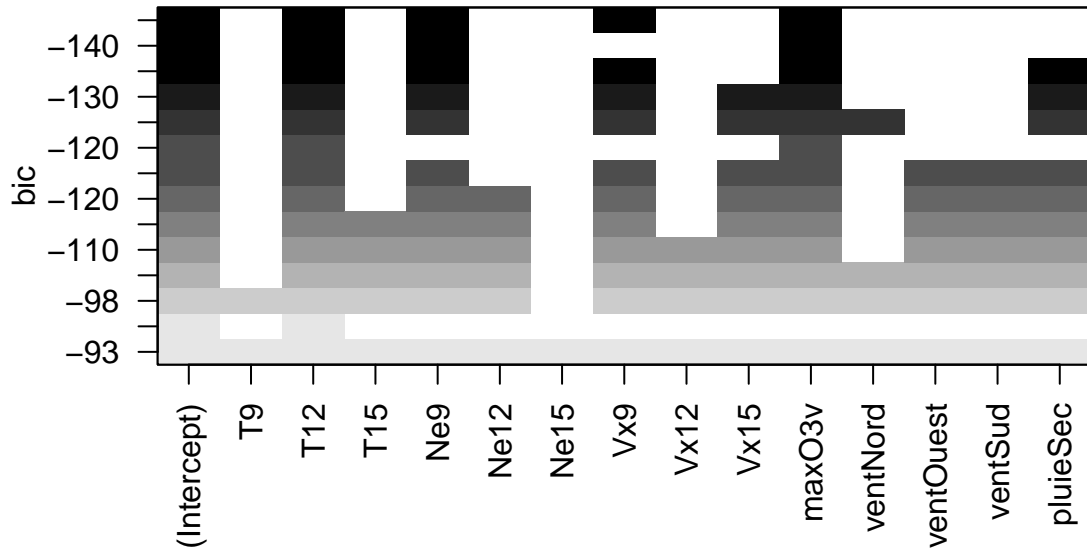
```
plot(mod.sel,scale="r2")
```



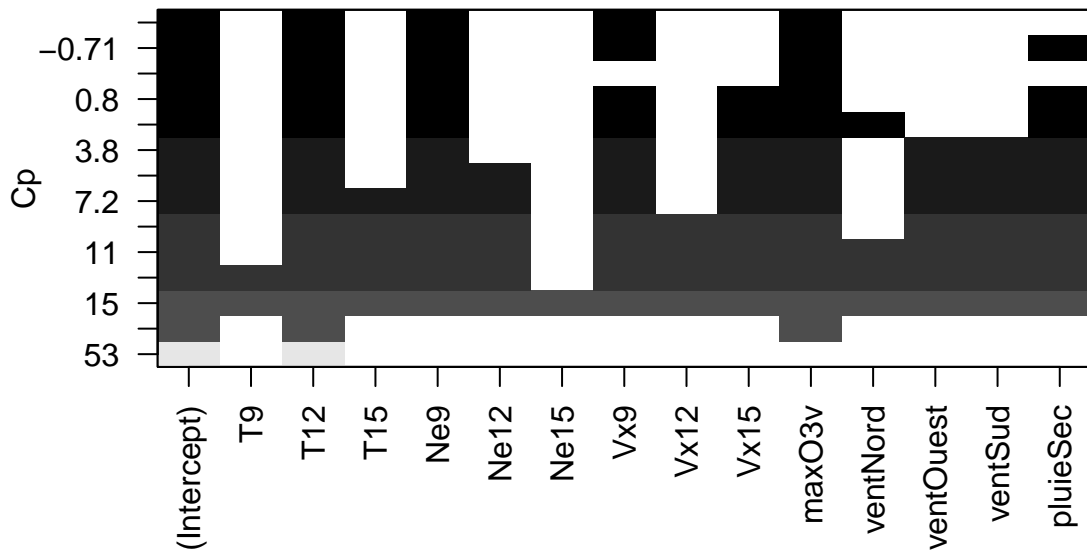
Le meilleur modèle est le modèle complet. C'est logique puisque le R^2 va toujours privilégier le modèle le plus complexe, c'est un critère d'ajustement.

4. Faire de même pour le C_p et le BIC. Que remarquez-vous pour les variables explicatives qualitatives ?

```
plot(mod.sel, scale="bic")
```



```
plot(mod.sel, scale="Cp")
```



Ces critères choisissent ici le même modèle, avec 4 variables. On remarque que les variables qualitatives ne sont pas réellement traitées comme des variables : une modalité est égale à une variable. Par conséquent, cette procédure ne permet pas vraiment de sélectionner des variables qualitatives.

5. Comparer cette méthode avec des modèles sélectionnées par la fonction `step` ou la fonction `bestglm` du package `bestglm`.

— La fonction `step` permet de faire de la sélection pas à pas. Par exemple, pour une procédure descendante avec le critère AIC on utilisera :

```
mod.step <- step(lin.complet,direction="backward",trace=0)
mod.step

Call:
lm(formula = maxO3 ~ T12 + Ne9 + Vx9 + maxO3v, data = ozone)

Coefficients:
(Intercept)      T12      Ne9      Vx9
    12.6313     2.7641    -2.5154     1.2929
    maxO3v
     0.3548
```

— La fonction `bestglm` permet quant à elle de faire des sélections exhaustive ou pas à pas, on peut l'utiliser pour tous les `glm`. Attention les variables qualitatives doivent être des facteurs et la variable à expliquer doit être positionnée en dernière colonne pour cette fonction.

```
ozone1 <- ozone %>% mutate(vent=as.factor(vent),pluie=as.factor(pluie)) %>%
  select(-maxO3,everything())
library(bestglm)
model.bglm <- bestglm(ozone1,IC="BIC")
model.bglm$BestModel %>% summary()

Call:
lm(formula = y ~ ., data = data.frame(Xy[, c(bestset[-1], FALSE),
  drop = FALSE], y = y))

Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max
-52.396  -8.377  -1.086   7.951  40.933

Coefficients:
              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  12.63131    11.00088   1.148  0.253443
T12           2.76409     0.47450   5.825 6.07e-08 ***
Ne9          -2.51540     0.67585  -3.722 0.000317 ***
Vx9           1.29286     0.60218   2.147 0.034055 *
maxO3v        0.35483     0.05789   6.130 1.50e-08 ***
---
Signif. codes:
  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 14 on 107 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.7622,    Adjusted R-squared:  0.7533
F-statistic: 85.75 on 4 and 107 DF,  p-value: ≤ 2.2e-16
```

2.2 Régression sur composantes principales (méthodo)

L'algorithme **PCP** est une méthode de réduction de dimension, elle consiste à faire un modèle linéaire **MCO** sur les premiers axes de l'**ACP**. On désigne par

- \mathbb{X} la matrice qui contient les valeurs des variables explicatives que l'on suppose centrée réduite.
- Z_1, \dots, Z_p les axes de l'ACP qui s'écrivent comme des combinaisons linéaires des variables explicatives : $Z_j = w_j^t X$.

L'algorithme **PCR** consiste à choisir un nombre de composantes m et à faire une régression MCO sur les m premiers axes de l'ACP :

$$Y = \alpha_0 + \alpha_1 Z_1 + \cdots + \alpha_m Z_m + \varepsilon.$$

Si on désigne par

- $x \in \mathbb{R}^d$ une nouvelle observation que l'on a centrée réduite également ;
- z_1, \dots, z_M les coordonnées de x dans la base définie par les m premiers axes de l'ACP ($z_j = w_j^t x$)

l'algorithme **PCR** reverra la prévision

$$\hat{m}_{\text{PCR}}(x) = \hat{\alpha}_0 + \hat{\alpha}_1 z_1 + \cdots + \hat{\alpha}_m z_m.$$

Cette prévision peut s'écrire également comme une combinaison linéaire des variables explicatives (centrées réduites ou non) :

$$\hat{m}_{\text{PCR}}(x) = \hat{\gamma}_0 + \hat{\gamma}_1 \tilde{x}_1 + \cdots + \hat{\gamma}_p \tilde{x}_p = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 x_1 + \cdots + \hat{\beta}_p x_p,$$

\tilde{x}_j désignant l'observation brute (non centrée réduite).

L'exercice suivant revient sur cet algorithme et notamment sur le lien entre ces différents paramètres.

Exercice 2.1 (Régression PCR avec R). On considère le jeu de données **Hitters** dans lequel on souhaite expliquer la variable **Salary** par les autres variables du jeu de données. Pour simplifier le problème, on supprime les individus qui possèdent des données manquantes (il ne faut pas faire ça normalement !).

```
library(ISLR)
Hitters <- na.omit(Hitters)
```

1. Parmi les variables explicatives, certaines sont qualitatives. Expliquer comment, à l'aide de la fonction **model.matrix** on peut utiliser ces variables dans un modèle linéaire. On appellera **X** la matrice des variables explicatives construites avec cette variable.

Comme pour le modèle linéaire, on utilise des contraintes identifiantes. Cela revient à prendre une modalité de référence et à coder les autres modalités par 0-1.

```
X <- model.matrix(Salary~.,data=Hitters)[-1]
```

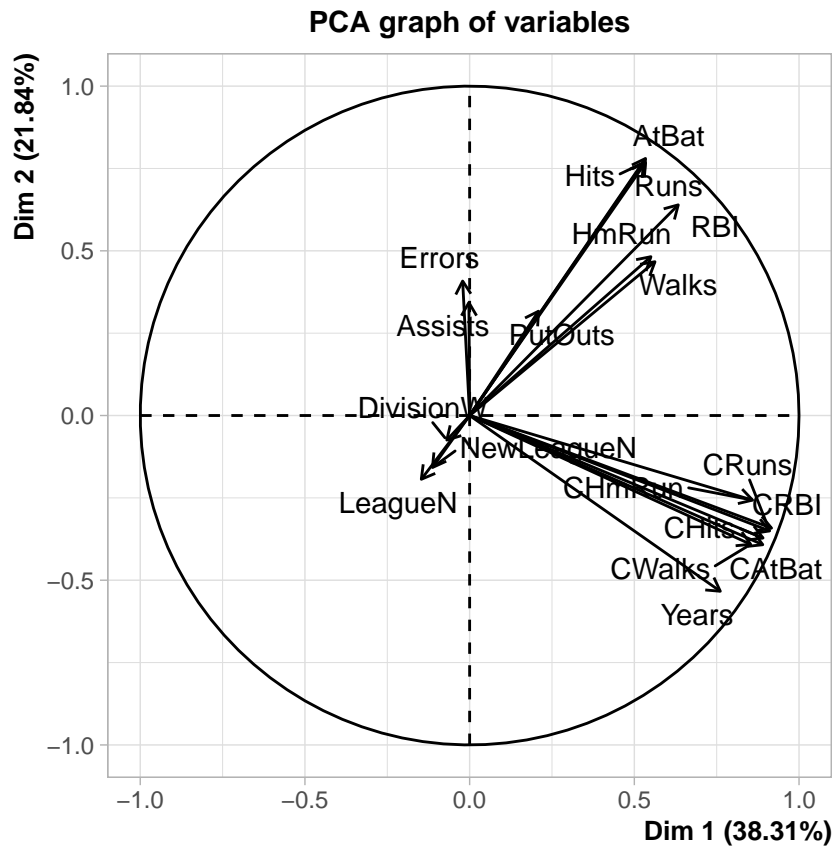
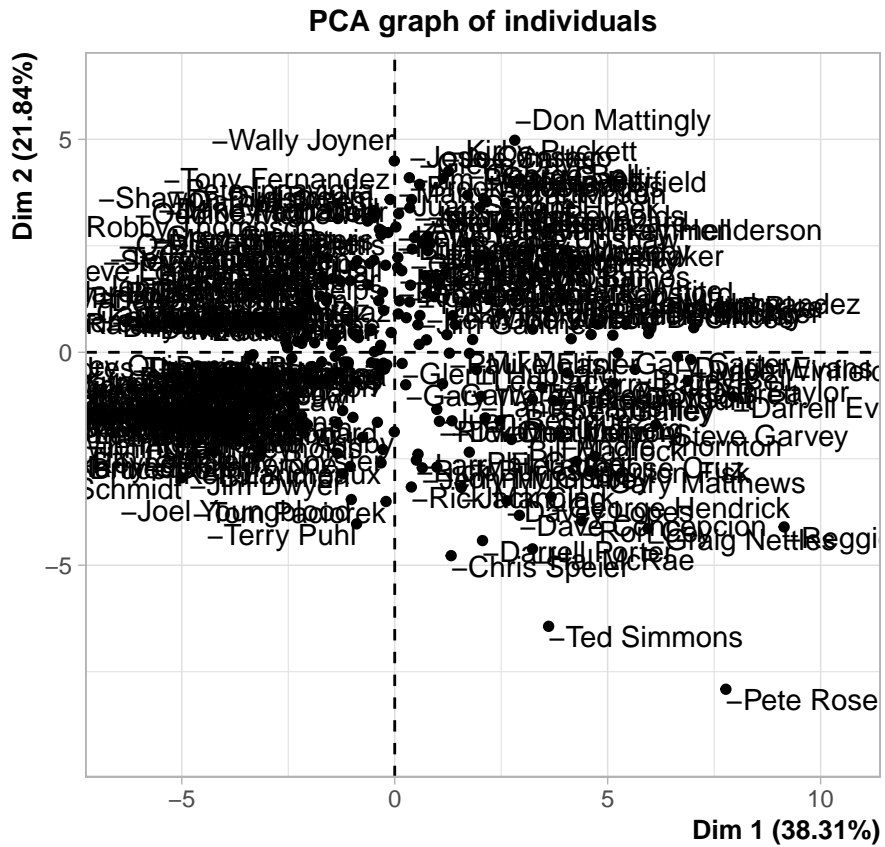
2. Calculer la matrice **Xcr** qui correspond à la matrice **X** centrée réduite. On pourra utiliser la fonction **scale**.

```
Xcr <- scale(X)
Xbar <- apply(X,2,mean)
stdX <- apply(X,2,sd)
```

3. A l'aide de la fonction **PCA** du package **FactoMineR**, effectuer l'ACP du tableau **Xcr** avec l'option **scale.unit=FALSE**.

*On utilise ici **scale.unit=FALSE** car les données sont déjà centrées-réduites. Ça nous permet de contrôler cette étape.*

```
library(FactoMineR)
acp.hit <- PCA(Xcr,scale.unit=FALSE,graph=TRUE)
```



4. Récupérer les coordonnées des individus sur les 5 premiers axes de l'ACP (variables Z dans le cours).

```
CC <- acp.hit$ind$coord
```

5. Effectuer la régression linéaire sur les 5 premières composantes principales et calculer les estimateurs des MCO ($\hat{\alpha}_k, k = 1, \dots, 5$ dans le cours).

```
donnees <- cbind.data.frame(CC, Salary=Hitters$Salary)
mod <- lm(Salary~., data=donnees)
alpha <- coef(mod)
alpha
(Intercept)      Dim.1      Dim.2      Dim.3      Dim.4
    535.92588    106.57139    21.64469    24.34057    37.05637
      Dim.5
   -58.52540
```

Remarque :

— On obtient ici les estimateurs des $\alpha, j = 1, \dots, 5$.

— on peut aussi tout faire “à la main” (sans utiliser **PCA**)

```
acp.main <- eigen(t(Xcr)%*%Xcr)
U <- acp.main$vectors
CC <- Xcr%*%(-U[,1:5])
D <- cbind.data.frame(CC, Salary=Hitters$Salary)
modS <- lm(Salary~., data=D)
coefS <- modS$coefficients
coef(modS)
(Intercept)      `1`      `2`      `3`      `4`
    535.92588    106.57139    21.64469    24.34057    37.05637
      `5`
   -58.52540
```

6. En déduire les estimateurs dans l'espace des données initiales pour les données centrées réduites, puis pour les données brutes. On pourra récupérer les vecteurs propres de l'ACP (w_k dans le cours) dans la sortie **svd** de la fonction **PCA**.

— Pour les données centrées-réduites, les coefficients s'obtiennent avec les formules vues en cours

$$\hat{\beta}_0 = \bar{Y} \quad \text{et} \quad \hat{\beta}_j = \sum_{k=1}^m \hat{\alpha}_k w_{kj}.$$

```
W <- acp.hit$svd$V
V <- t(W)
beta0.cr <- mean(Hitters$Salary)
beta.cr <- as.vector(alpha[2:6])%*%V
beta.cr
      [,1]      [,2]      [,3]      [,4]      [,5]      [,6]
[1,] 28.76604 30.44702 25.8445 33.00088 33.81997 35.08779
      [,7]      [,8]      [,9]     [,10]     [,11]     [,12]
[1,] 22.35103 29.01477 29.78584 30.00201 32.06912 31.11231
      [,13]     [,14]     [,15]     [,16]     [,17]     [,18]
[1,] 31.48735 19.439 -63.20387 17.36044 -5.523264 -6.044002
      [,19]
[1,] 21.74267
```


— Pour les données brutes, on utilise les formules :

$$\hat{\gamma}_0 = \hat{\beta}_0 - \sum_{j=1}^p \hat{\beta}_j \mu_j \quad \text{et} \quad \hat{\gamma}_j = \frac{\hat{\beta}_j}{\sigma_j}.$$

```
gamma0 <- beta0.cr-sum(beta.cr*Xbar/stdX)
gamma <- beta.cr/stdX
gamma0
[1] -58.32022
gamma
      [,1]      [,2]      [,3]      [,4]      [,5]      [,6]
[1,] 0.1952793 0.6747214 2.95126 1.292134 1.306662 1.615605
      [,7]      [,8]      [,9]     [,10]     [,11]
[1,] 4.662667 0.01268914 0.04595165 0.3649987 0.09682748
      [,12]     [,13]     [,14]     [,15]     [,16]
[1,] 0.09621344 0.119245 38.86728 -126.19 0.06201606
      [,17]     [,18]     [,19]
[1,] -0.03807032 -0.9148466 43.51629
```

7. Retrouver les estimateurs dans l'espace des données initiales pour les données centrées réduites à l'aide de la fonction `pcr` du package `pls`.

```
library(pls)
pcr.fit <- pcr(Salary~.,data=Hitters,scale=TRUE,ncomp=19)
coefficients(pcr.fit,ncomp=5)
, , 5 comps
```

	Salary
AtBat	28.766042
Hits	30.447021
HmRun	25.844498
Runs	33.000876
RBI	33.819966
Walks	35.087794
Years	22.351033
CAtBat	29.014768
CHits	29.785842
CHmRun	30.002014
CRuns	32.069124
CRBI	31.112315
CWalks	31.487349
LeagueN	19.438996
DivisionW	-63.203872
PutOuts	17.360440
Assists	-5.523264
Errors	-6.044002
NewLeagueN	21.742668

On remarque que la fonction **PCR** renvoie les coefficients par rapport aux variables initiales centrées réduites. Cela fait du sens car il est dans ce cas possible de comparer les valeurs des estimateurs pour tenter d'interpréter le modèle. C'est beaucoup plus difficile à faire avec les coefficients des axes de l'ACP ou des variables initiales. Il est également important de noter que, contrairement aux estimateurs MCO du modèle linéaire Gaussien, on n'a pas d'information précise sur la loi des estimateurs, il n'est donc pas possible (ou pas facile) de faire des tests ou de calculer des intervalles de confiance.

8. On considère les individus suivants

```
df.new <- Hitters[c(1,100,80),]
```

Calculer de 3 façons différentes les valeurs de salaire prédites par la régression sur 5 composantes principales.

— *Approche classique : on utilise `predict.pcr` :*

```
predict(pcr.fit,newdata=df.new,ncomp=5)
, , 5 comps
```

```
      Salary
-Alan Ashby  495.0068
-Hubie Brooks 577.9581
-George Bell  822.0296
```

— *On considère les valeurs centrées réduites et on utilise :*

$$\hat{m}_{PCR}(x) = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 x_1 + \cdots + \hat{\beta}_p x_p.$$

```
t(as.matrix(coefficients(pcr.fit,ncomp=5))) %*%
  t(as.matrix(Xcr[c(1,100,80),]))+mean(Hitters$Salary)
      -Alan Ashby -Hubie Brooks -George Bell
[1,]      495.0068      577.9581      822.0296
#ou
beta0.cr+beta.cr%*%t(as.matrix(Xcr[c(1,100,80),]))
      -Alan Ashby -Hubie Brooks -George Bell
[1,]      495.0068      577.9581      822.0296
```

— *On considère les données brutes et on utilise :*

$$\hat{m}_{PCR}(x) = \hat{\gamma} + \hat{\gamma}_1 \tilde{x}_1 + \cdots + \hat{\gamma}_p \tilde{x}_p.$$

```
gamma0+gamma %*% t(as.matrix(X[c(1,100,80),]))
      -Alan Ashby -Hubie Brooks -George Bell
[1,]      495.0068      577.9581      822.0296
```

Exercice 2.2 (Composantes PCR). On rappelle que les poids w_k des composantes principales s'obtiennent en résolvant le problème :

$$\max_{w \in \mathbb{R}^d} \mathbf{V}(\mathbb{X}w)$$

sous les contraintes $\|w\| = 1, w^t \mathbb{X}^t \mathbb{X} w_\ell = 0, \ell = 1, \dots, k-1$.

1. Montrer w_1 est un vecteur propre associé à la plus grande valeur propre de $\mathbb{X}^t \mathbb{X}$.

On écrit le Lagrangien

$$L(w, \lambda) = w^t \mathbb{X}^t \mathbb{X} w - \lambda(w^t w - 1).$$

et on le dérive par rapport à w :

$$\frac{\partial L}{\partial w}(w, \lambda) = 2\mathbb{X}^t \mathbb{X} w - 2\lambda w.$$

En annulant cette dérivée, on déduit que w_1 est un vecteur propre de $\mathbb{X}^t \mathbb{X}$. De plus, si w est vecteur propre unitaire de $\mathbb{X}^t \mathbb{X}$ associé à la valeur propre λ on a $\mathbf{V}(\mathbb{X}w) = \lambda$. On déduit que w_1 est un vecteur propre associé à la plus grande valeur propre de $\mathbb{X}^t \mathbb{X}$.

2. Calculer w_2 .

On écrit le Lagrangien

$$L(w, \lambda, \mu) = w^t \mathbb{X}^t \mathbb{X} w - \lambda(w^t w - 1) - \mu w^t \mathbb{X}^t \mathbb{X} w_1$$

et on calcule les dérivées partielles :

$$\frac{\partial L}{\partial w}(w, \lambda, \mu) = 2\mathbb{X}^t \mathbb{X} w - 2\lambda w - \mu \mathbb{X}^t \mathbb{X} w_1.$$

$$\frac{\partial L}{\partial \lambda}(w, \lambda, \mu) = w^t w - 1 \quad \text{et} \quad \frac{\partial L}{\partial \mu}(w, \lambda, \mu) = -w^t \mathbb{X}^t \mathbb{X} w_1.$$

En multipliant la première dérivée partielle par w_1^t et en utilisant le fait que W_1 est un vecteur propre de $\mathbb{X}^t \mathbb{X}$, on déduit que $\mu = 0$. Par conséquent, w_2 est un vecteur propre associé à la deuxième plus grande valeur propre de $\mathbb{X}^t \mathbb{X}$.

2.3 Régression PLS : méthode

La régression **PLS** propose de construire également de nouvelles composantes comme des combinaisons linéaires des variables explicatives. Comme pour l'algorithme **PCR**, les composantes sont calculées les unes après les autres et orthogonales entre elles. La principale différence est qu'on ne cherche pas les composantes qui maximisent la variabilité des observations projetées, mais les composantes qui maximisent la colinéarité avec la cible. L'algorithme est expliqué dans l'exercice suivant.

Exercice 2.3 (Calcul des composantes PLS). On reprend les notations du cours : \mathbb{Y} désigne le vecteur de la variable à expliquer et \mathbb{X} la matrice qui contient les observations des variables explicatives. On la suppose toujours centrée réduite.

1. On pose $\mathbb{Y}^{(1)} = \mathbb{Y}$ et $\mathbb{X}^{(1)} = \mathbb{X}$. On cherche $Z_1 = w_1^t X^{(1)}$ qui maximise

$$\langle \mathbb{X}^{(1)} w_1, \mathbb{Y}^{(1)} \rangle \quad \text{sous la contrainte} \quad \|w\|^2 = 1.$$

Cela revient à chercher la combinaison linéaire des colonnes de $\mathbb{X}^{(1)}$ la plus corrélée à $\mathbb{Y}^{(1)}$. Calculer cette première composante.

On écrit le lagrangien

$$L(x, \lambda) = \mathbb{Y}^{(1)t} \mathbb{X}^{(1)} w_1 - \frac{1}{2} \lambda (\|w_1\|^2 - 1)$$

En dérivant par rapport à w et λ on obtient les équations

$$\begin{cases} \mathbb{X}^{(1)t} \mathbb{Y}^{(1)} - \lambda w_1 = 0 \\ \|w_1\|^2 = 1 \end{cases}$$

La solution est donnée par

$$w_1 = \frac{\mathbb{X}^{(1)t} \mathbb{Y}^{(1)}}{\|\mathbb{X}^{(1)t} \mathbb{Y}^{(1)}\|}.$$

2. On pose $Z_1 = w_1^t X^{(1)}$ et $\mathbb{Z}_1 = \mathbb{X}^{(1)} w_1$. On considère le modèle de régression linéaire

$$Y^{(1)} = \alpha_0 + \alpha_1 Z_1 + \varepsilon.$$

Exprimer les estimateurs MCO de $\alpha = (\alpha_0, \alpha_1)$ en fonction de $\mathbb{Z}^{(1)}$ et $\mathbb{Y}^{(1)}$.

On déduit

$$\hat{\alpha}_0 = \bar{\mathbb{Y}}^{(1)} - \hat{\alpha}_1 \bar{\mathbb{Z}}_1 = \bar{\mathbb{Y}}^{(1)}$$

car $\bar{\mathbb{Z}}_1 = 0$ puisque $\mathbb{X}^{(1)}$ est centrée. Le second estimateur s'obtient par

$$\hat{\alpha}_1 = \frac{\langle \mathbb{Z}_1, \mathbb{Y}^{(1)} \rangle}{\langle \mathbb{Z}_1, \mathbb{Z}_1 \rangle}.$$

3. On passe maintenant à la deuxième composante. On cherche à expliquer la partie résiduelle

$$\mathbb{Y}^{(2)} = P_{\mathbb{Z}_1^\perp}(\mathbb{Y}^{(1)}) = \hat{\varepsilon}_1 = \mathbb{Y}^{(1)} - \hat{\mathbb{Y}}^{(1)}$$

par la “meilleure” combinaison linéaire orthogonale à Z_1 . On orthogonalise chaque $\tilde{\mathbb{X}}_j^{(1)}$ par rapport à \mathbb{Z}_1 :

$$\mathbb{X}_j^{(2)} = P_{\mathbb{Z}_1^\perp}(\mathbb{X}_j^{(1)}) = (\text{Id} - P_{\mathbb{Z}_1})(\mathbb{X}_j^{(1)}) = \mathbb{X}_j^{(1)} - \frac{\langle \mathbb{Z}_1, \mathbb{X}_j^{(1)} \rangle}{\langle \mathbb{Z}_1, \mathbb{Z}_1 \rangle} \mathbb{Z}_1.$$

et on déduit w_2 comme w_1 : $w_2 = \tilde{\mathbb{X}}^{(2)'} \mathbb{Y}^{(2)}$. On considère ensuite le modèle $Y^{(2)} = \alpha_2 Z_2 + \varepsilon$. Exprimer l'estimateur des MCO de α_2 en fonction de $\mathbb{Z}_2 = \mathbb{X}^{(2)} w_2$ et \mathbb{Y} .

On a

$$\hat{\alpha}_2 = \frac{\langle \mathbb{Z}_2, \mathbb{Y}^{(2)} \rangle}{\langle \mathbb{Z}_2, \mathbb{Z}_2 \rangle} = \frac{\langle \mathbb{Z}_2, \mathbb{Y} - \hat{\mathbb{Y}}^{(1)} \rangle}{\langle \mathbb{Z}_2, \mathbb{Z}_2 \rangle} = \frac{\langle \mathbb{Z}_2, \mathbb{Y} \rangle}{\langle \mathbb{Z}_2, \mathbb{Z}_2 \rangle}$$

car $\hat{\mathbb{Y}}^{(1)} = \hat{\alpha}_0 + \hat{\alpha}_1 \mathbb{Z}_1$ est orthogonal à \mathbb{Z}_2 .

Exercice 2.4 (Régression PLS sur R). On considère les mêmes données que précédemment.

1. A l'aide du vecteur \mathbb{Y} (*Salary*) et de la matrice des \mathbb{X} centrées réduites calculées dans l'exercice 2.1, calculer la première composante **PLS** \mathbb{Z}_1 .

```
Y <- as.vector(Hitters$Salary)
w1 <- t(Xcr)%*%Y
w1
      [,1]
AtBat    46659.1995
Hits     51848.3247
HmRun    40543.5500
Runs     49624.3823
RBI       53122.7240
Walks    52462.0450
Years    47354.8899
CAtBat   62185.5603
CHits    64877.3193
```

```

CHmRun      62043.1671
CRuns       66504.6198
CRBI        67011.4288
CWalks      57893.5821
LeagueN     -1688.0134
DivisionW   -22753.8726
PutOuts     35514.7030
Assists     3006.3756
Errors      -638.3256
NewLeagueN  -335.0136
Z1 <- Xcr%*%w1

```

2. En déduire le coefficient associé à cette première composante en considérant le modèle

$$Y = \alpha_1 Z_1 + \varepsilon.$$

```

df <- data.frame(Z1,Y)
mod1 <- lm(Y~Z1-1,data=df)
alpha1 <- coef(mod1)
alpha1
      Z1
0.0005367014

```

3. En déduire les coefficients en fonction des variables initiales (centrées réduites) de la régression PLS à une composante

$$Y = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \dots + \beta_p X_p + \varepsilon.$$

```

alpha1*w1
      [,1]
AtBat    25.0420570
Hits     27.8270677
HmRun    21.7597795
Runs     26.6334747
RBI      28.5110396
Walks    28.1564522
Years    25.4154350
CAtBat   33.3750764
CHits    34.8197471
CHmRun   33.2986538
CRuns    35.6931216
CRBI     35.9651267
CWalks   31.0715657
LeagueN  -0.9059591
DivisionW -12.2120349
PutOuts  19.0607903
Assists   1.6135259
Errors   -0.3425902
NewLeagueN -0.1798022

```

4. Retrouver ces coefficients en utilisant la fonction `pls`.

```

pls.fit <- pls(Salary~.,data=Hitters,scale=TRUE)
coefficients(pls.fit,ncomp = 1)

```

```
, , 1 comps
```

	Salary
AtBat	25.0420570
Hits	27.8270677
HmRun	21.7597795
Runs	26.6334747
RBI	28.5110396
Walks	28.1564522
Years	25.4154350
CAtBat	33.3750764
CHits	34.8197471
CHmRun	33.2986538
CRuns	35.6931216
CRBI	35.9651267
CWalks	31.0715657
LeagueN	-0.9059591
DivisionW	-12.2120349
PutOuts	19.0607903
Assists	1.6135259
Errors	-0.3425902
NewLeagueN	-0.1798022

2.4 Comparaison : PCR vs PLS.

1. Séparer le jeu de données (Hitters toujours) en un échantillon d'apprentissage de taille 200 et un échantillon test de taille 63.

```
set.seed(1234)
perm <- sample(nrow(Hitters))
dapp <- Hitters[perm[1:200],]
dtest <- Hitters[perm[201:nrow(Hitters)],]
```

2. Avec les données d'apprentissage uniquement construire les régressions PCR et PLS. On choisira les nombres de composantes par validation croisée.

```
choix.pcr <- pcr(Salary~.,data=dapp,validation="CV")
ncomp.pcr <- which.min(choix.pcr$validation$PRESS)
ncomp.pcr
[1] 4
```

```
choix.pls <- plsr(Salary~.,data=dapp,validation="CV")
ncomp.pls <- which.min(choix.pls$validation$PRESS)
ncomp.pls
[1] 3
```

3. Comparer les deux méthodes en utilisant l'échantillon de validation. On pourra également utiliser un modèle linéaire classique.

```
mod.lin <- lm(Salary~.,data=dapp)
```

```
prev <- data.frame(
  lin=predict(mod.lin,newdata=dtest),
```

```

    pcr=as.vector(predict(choix.pcr,newdata = dtest,ncomp=ncomp.pcr)),
    pls=as.vector(predict(choix.pls,newdata = dtest,ncomp=ncomp.pls)),
    obs=dtest$Salary
  )

```

```

prev %>% summarize_at(1:3,~(mean((.-obs)^2))) %>% sqrt()
      lin      pcr      pls
1 334.8819 348.3943 342.7771

```

4. Comparer ces méthodes à l'aide d'une validation croisée 10 blocs.

Attention il ne s'agit pas ici de sélectionner les nombres de composantes par validation croisée. On veut comparer :

- l'algorithme **PCR** qui sélectionne le nombre de composantes par validation croisée à
- l'algorithme **PLS** qui sélectionne le nombre de composantes par validation croisée.

On définit d'abord les 10 blocs pour la validation croisée :

```

set.seed(1234)
bloc <- sample(1:10,nrow(Hitters),replace=TRUE)
table(bloc)
bloc
  1  2  3  4  5  6  7  8  9 10
19 22 31 29 28 39 19 26 25 25

```

Puis on fait la validation croisée (en sélectionnant le nombre de composantes par validation croisée) à chaque étape :

```

set.seed(4321)
prev <- data.frame(matrix(0,nrow=nrow(Hitters),ncol=3))
names(prev) <- c("lin","PCR","PLS")
for (k in 1:10){
  # print(k)
  ind.test <- bloc==k
  dapp <- Hitters[!ind.test,]
  dtest <- Hitters[ind.test,]
  choix.pcr <- pcr(Salary~.,data=dapp,validation="CV")
  ncomp.pcr <- which.min(choix.pcr$validation$PRESS)
  choix.pls <- pls(Salary~.,data=dapp,validation="CV")
  ncomp.pls <- which.min(choix.pls$validation$PRESS)
  mod.lin <- lm(Salary~.,data=dapp)
  prev[ind.test,] <- data.frame(
    lin=predict(mod.lin,newdata=dtest),
    PCR=as.vector(predict(choix.pcr,newdata = dtest,ncomp=ncomp.pcr)),
    PLS=as.vector(predict(choix.pls,newdata = dtest,ncomp=ncomp.pls)))
}

```

```

prev %>% mutate(obs=Hitters$Salary) %>%
  summarize_at(1:3,~(mean((.-obs)^2))) %>% sqrt()
      lin      PCR      PLS
1 340.0631 343.8019 350.6712

```

On compare à un modèle qui prédit toujours la moyenne :

```

var(Hitters$Salary) %>% sqrt()
[1] 451.1187

```

On peut retenter l'analyse en considérant toutes les interactions d'ordre 2 :

```
set.seed(54321)
prev1 <- data.frame(matrix(0,nrow=nrow(Hitters),ncol=3))
names(prev1) <- c("lin","PCR","PLS")
for (k in 1:10){
  # print(k)
  ind.test <- bloc==k
  dapp <- Hitters[!ind.test,]
  dtest <- Hitters[ind.test,]
  choix.pcr <- pcr(Salary~.^2,data=dapp,validation="CV")
  ncomp.pcr <- which.min(choix.pcr$validation$PRESS)
  choix.pls <- pls(Salary~.^2,data=dapp,validation="CV")
  ncomp.pls <- which.min(choix.pls$validation$PRESS)
  mod.lin <- lm(Salary~.^2,data=dapp)
  prev1[ind.test,] <- data.frame(
    lin=predict(mod.lin,newdata=dtest),
    PCR=as.vector(predict(choix.pcr,newdata = dtest,ncomp=ncomp.pcr)),
    PLS=as.vector(predict(choix.pls,newdata = dtest,ncomp=ncomp.pls)))
}
```

On obtient les performances suivantes :

```
prev1 %>% mutate(obs=Hitters$Salary) %>%
  summarize_at(1:3,~(mean((.-obs)^2))) %>% sqrt()
      lin      PCR      PLS
1 1494.847 330.0474 349.1116
```

On mesure bien l'intérêt de réduire la dimension dans ce nouveau contexte.

3 Régressions pénalisées (ou sous contraintes)

Nous considérons toujours le modèle linéaire

$$Y = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \dots + \beta_d X_d + \varepsilon$$

Lorsque d est grand ou que les variables sont linéairement dépendantes, les estimateurs des moindres carrés peuvent être mis en défaut. Les méthodes pénalisées ou sous contraintes consistent alors à restreindre l'espace sur lequel on minimise ce critère. On va alors chercher le vecteur β qui minimise

$$\sum_{i=1}^n \left(y_i - \beta_0 - \sum_{j=1}^d x_{ij} \beta_j \right)^2 \quad \text{sous la contrainte} \quad \sum_{j=1}^d \beta_j^2 \leq t$$

ou de façon équivalente (dans le sens où il existe une équivalence entre t et λ)

$$\sum_{i=1}^n \left(y_i - \beta_0 - \sum_{j=1}^d x_{ij} \beta_j \right)^2 + \lambda \sum_{j=1}^d \beta_j^2.$$

Les estimateurs obtenus sont les estimateurs **ridge**. Les estimateurs **lasso** s'obtiennent en remplaçant la contrainte ou la pénalité par une norme 1 ($\sum_{j=1}^d |\beta_j|$). Nous présentons dans cette partie les étapes principales qui permettent de faire ce type de régression avec **R**. Le package le plus souvent utilisé est **glmnet**.

3.1 Ridge et lasso avec glmnet

On considère le jeu de données `ozone.txt` où on cherche à expliquer la concentration maximale en ozone relevée sur une journée (variable `maxO3`) par d'autres variables essentiellement météorologiques.

```
ozone <- read.table("data/ozone.txt")
head(ozone)
```

	maxO3	T9	T12	T15	Ne9	Ne12	Ne15	Vx9	Vx12
20010601	87	15.6	18.5	18.4	4	4	8	0.6946	-1.7101
20010602	82	17.0	18.4	17.7	5	5	7	-4.3301	-4.0000
20010603	92	15.3	17.6	19.5	2	5	4	2.9544	1.8794
20010604	114	16.2	19.7	22.5	1	1	0	0.9848	0.3473
20010605	94	17.4	20.5	20.4	8	8	7	-0.5000	-2.9544
20010606	80	17.7	19.8	18.3	6	6	7	-5.6382	-5.0000

	Vx15	maxO3v	vent	pluie
20010601	-0.6946	84	Nord	Sec
20010602	-3.0000	87	Nord	Sec
20010603	0.5209	82	Est	Sec
20010604	-0.1736	92	Nord	Sec
20010605	-4.3301	114	Ouest	Sec
20010606	-6.0000	94	Ouest	Pluie

Contrairement à la plupart des autres package **R** qui permettent de faire de l'apprentissage, le package `glmnet` n'autorise pas l'utilisation de formules : il faut spécifier explicitement la matrice des X et le vecteur des Y . On peut obtenir la matrice des X et notamment le codage des variables qualitatives avec la fonction `model.matrix` :

```
ozone.X <- model.matrix(maxO3~.,data=ozone)[-1]
ozone.Y <- ozone$maxO3
```

1. Charger le package `glmnet` et à l'aide de la fonction `glmnet` calculer les estimateurs **ridge** et **lasso**.

```
library(glmnet)
mod.R <- glmnet(ozone.X,ozone.Y,alpha=0)
mod.L <- glmnet(ozone.X,ozone.Y,alpha=1)
```

2. Analyser les sorties qui se trouvent dans les arguments `lambda` et `beta` de `glmnet`.

La fonction `glmnet` calcule tous les estimateurs pour une grille de valeurs de `lambda` spécifiée ici :

```
mod.R$lambda %>% head()
[1] 22007.27 20052.20 18270.82 16647.69 15168.76 13821.21
```

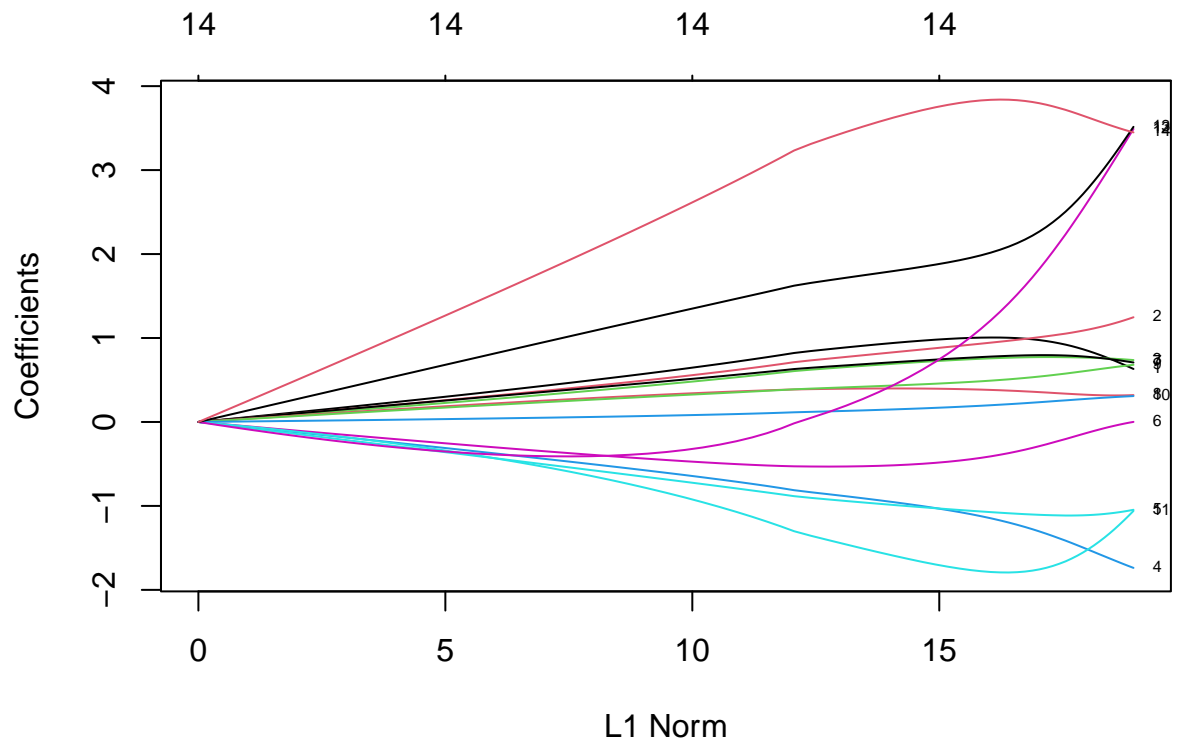
On peut récupérer les valeurs de `beta` associées à chaque valeur de la grille avec

```
mod.R$beta[,1]
```

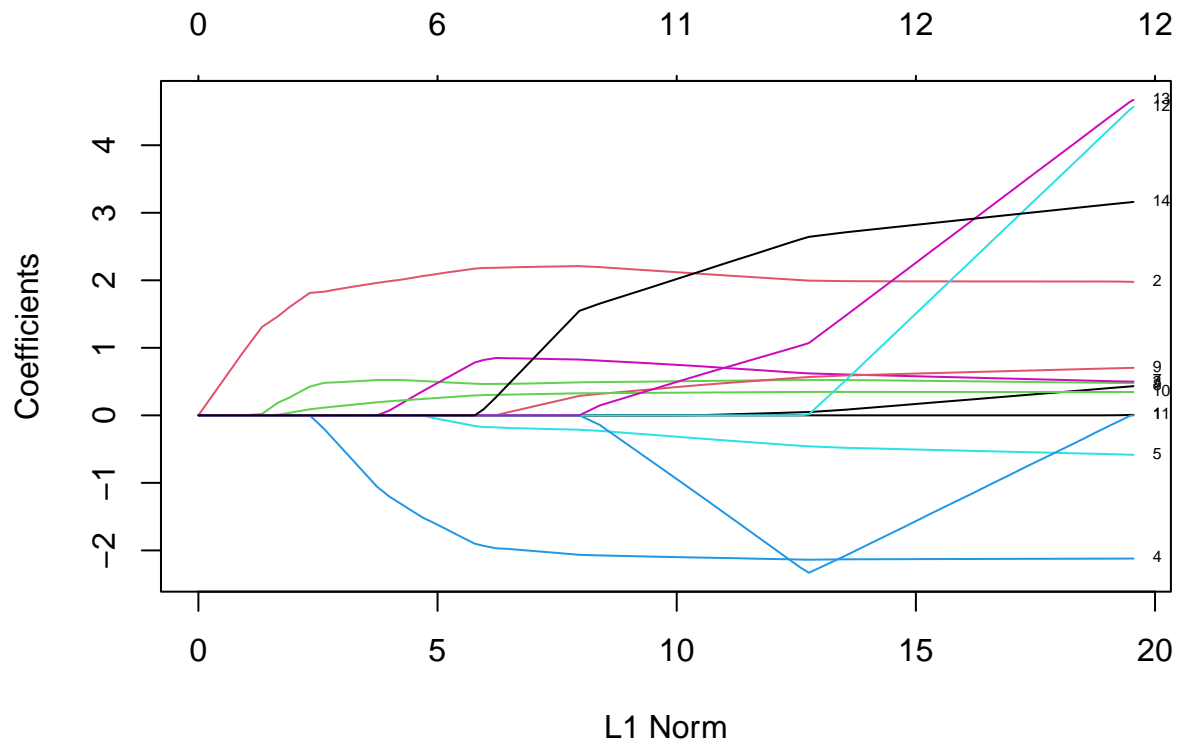
	T9	T12	T15	Ne9
	6.376767e-36	5.523924e-36	4.867402e-36	-6.821464e-36
	Ne12	Ne15	Vx9	Vx12
	-7.994984e-36	-5.839057e-36	5.706014e-36	4.387350e-36
	Vx15	maxO3v	ventNord	ventOuest
	3.970583e-36	6.892387e-37	-5.830507e-36	-1.022483e-35
	ventSud	pluieSec		
	1.519222e-35	2.772246e-35		

3. Visualiser les chemins de régularisation des estimateurs **ridge** et **lasso**. On pourra utiliser la fonction `plot`.

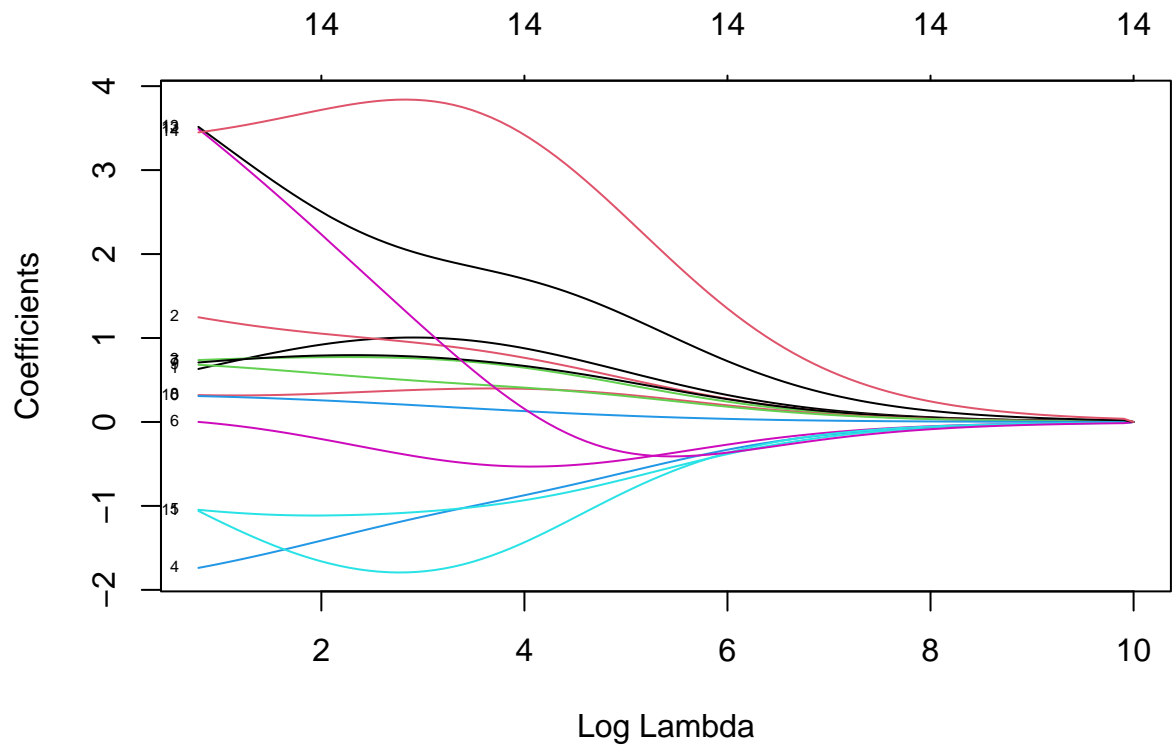
```
plot(mod.R, label=TRUE)
```



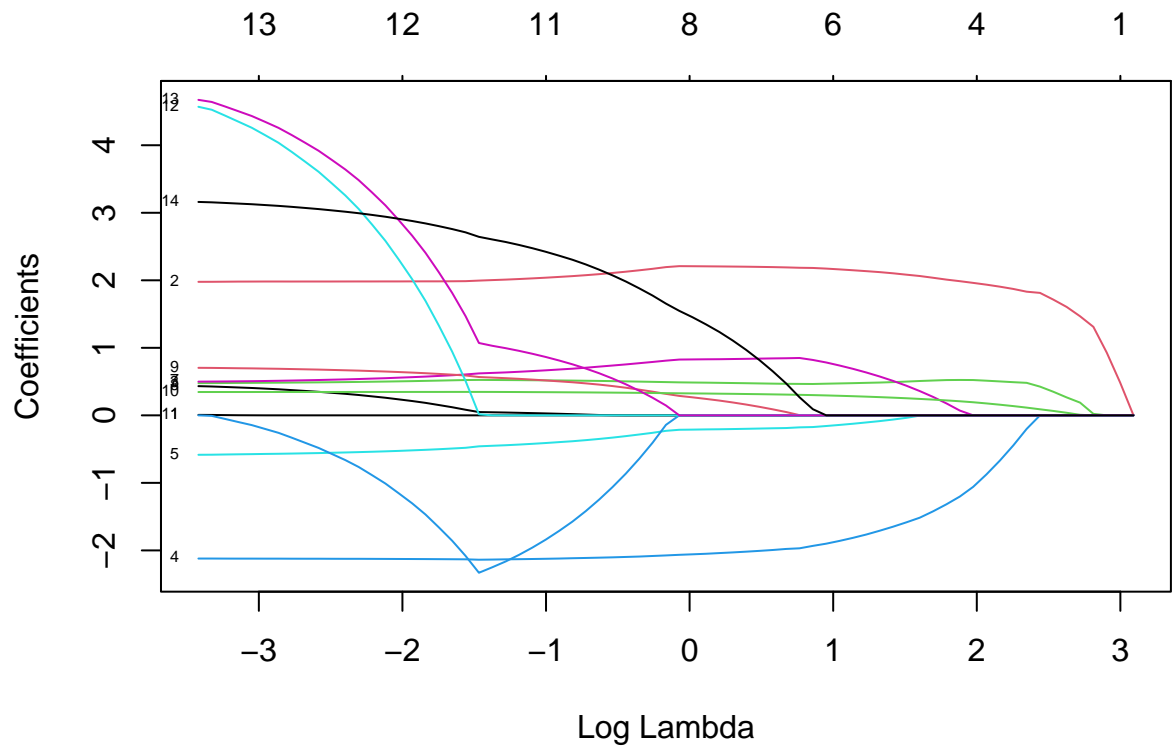
```
plot(mod.L, label=TRUE)
```



```
plot(mod.R,xvar="lambda",label=TRUE)
```



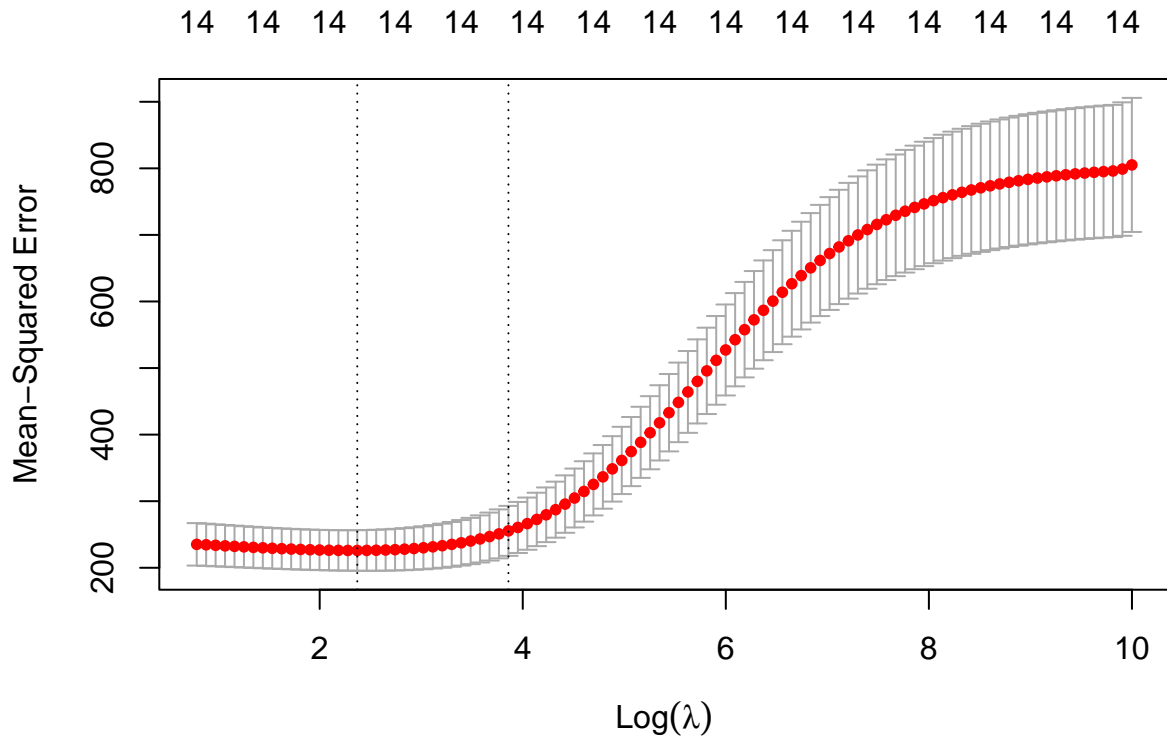
```
plot(mod.L,xvar="lambda",label=TRUE)
```



4. Sélectionner les paramètres de régularisation à l'aide de la fonction `cv.glmnet`. On pourra notamment faire un plot de l'objet et expliquer le graphe obtenu.

Commençons par **ridge** :

```
ridgeCV <- cv.glmnet(ozone.X, ozone.Y, alpha=0)
plot(ridgeCV)
```



On visualise les erreurs quadratiques calculées par validation croisée 10 blocs en fonction de *lambda* (échelle logarithmique). Deux traits verticaux sont représentés :

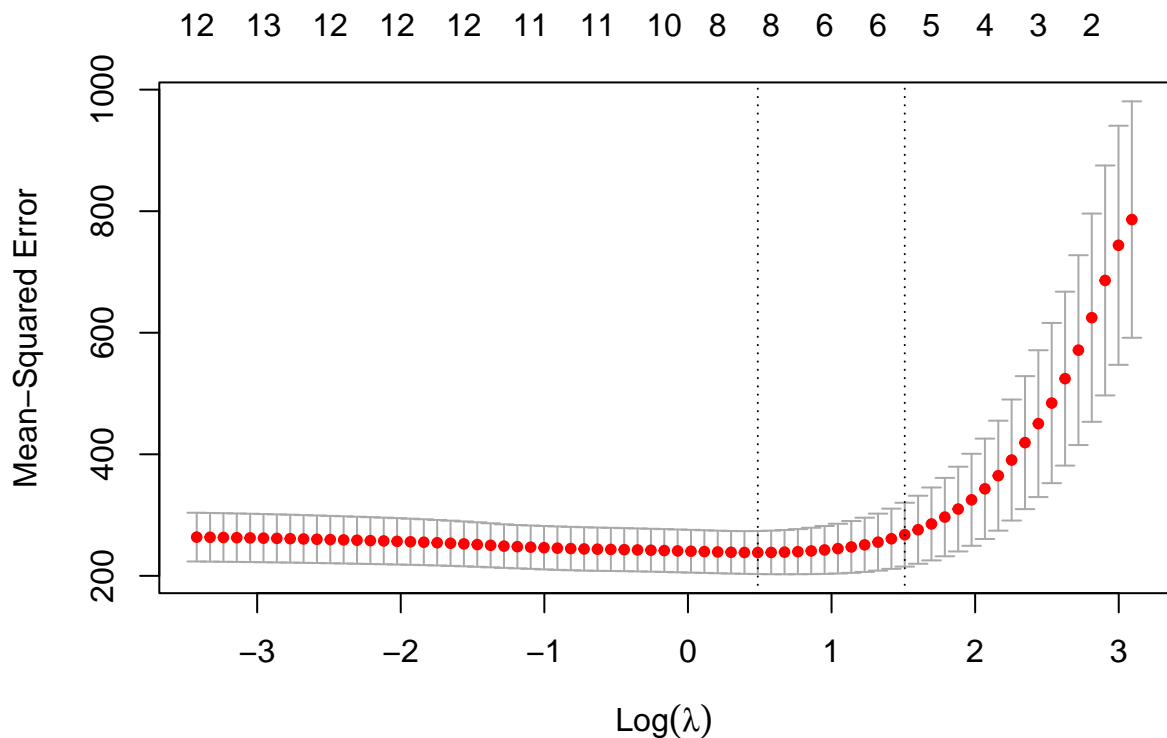
- celui de gauche correspond à la valeur de *lambda* qui minimise l'erreur quadratique ;
- celui de droite correspond à la plus grande valeur de *lambda* telle que l'erreur ne dépasse pas l'erreur minimale + 1 écart-type estimé de cette erreur.

D'un point de vu pratique, cela signifie que l'utilisateur peut choisir n'importe quelle valeur de *lambda* entre les deux traits verticaux. Si on veut diminuer la complexité du modèle on choisira la valeur de droite. On peut obtenir ces deux valeurs avec

```
ridgeCV$lambda.min
[1] 10.70126
ridgeCV$lambda.1se
[1] 47.41322
```

On peut faire de même pour le **lasso** :

```
lassoCV <- cv.glmnet(ozone.X, ozone.Y, alpha=1)
plot(lassoCV)
```



5. On souhaite prédire la variable cible pour de nouveaux individus, par exemple les 25ème et 50ème individus du jeu de données. Calculer les valeurs prédites pour ces deux individus.

Une première approche pourrait consister à réajuster le modèle sur toutes les données pour la valeur de *lambda* sélectionnée. Cette étape est en réalité déjà effectuée par la fonction *cv.glmnet*. Il suffit par conséquent d'appliquer la fonction *predict* à l'objet obtenu avec *cv.glmnet* en spécifiant la valeur de *lambda* souhaitée. Par exemple pour *ridge* :

```
predict(ridgeCV,newx = ozone.X[50:51,],s="lambda.min")
      lambda.min
20010723    90.34787
20010724    96.71932
predict(ridgeCV,newx = ozone.X[50:51,],s="lambda.1se")
      lambda.1se
20010723    93.33611
20010724    96.14918
```

On peut faire de même pour le *lasso* :

```
predict(lassoCV,newx = ozone.X[50:51,],s="lambda.min")
      lambda.min
20010723    87.19995
20010724    97.82825
predict(lassoCV,newx = ozone.X[50:51,],s="lambda.1se")
      lambda.1se
20010723    87.40631
20010724    95.85602
```

6. A l'aide d'une validation croisée, comparer les performances des estimateurs **MCO**, **ridge** et **lasso**. On pourra utiliser les données *ozone_complet.txt* qui contiennent plus d'individus et de variables.

```

ozone1 <- read.table("data/ozone_complet.txt", sep=";", na.omit())
ozone1.X <- model.matrix(maxO3~., data=ozone1)[-1]
ozone1.Y <- ozone1$maxO3

```

On crée une fonction qui calcule les erreurs quadratiques par validations croisée des 3 procédures d'estimation.

```

cv.ridge.lasso <- function(data, form){
  set.seed(1234)
  data.X <- model.matrix(form, data=data)[-1]
  data.Y <- data$maxO3
  blocs <- caret::createFolds(1:nrow(data), k=10)
  prev <- matrix(0, ncol=3, nrow=nrow(data)) %>% as.data.frame()
  names(prev) <- c("lin", "ridge", "lasso")
  for (k in 1:10){
    app <- data[-blocs[[k]],]
    test <- data[blocs[[k]],]
    app.X <- data.X[-blocs[[k]],]
    app.Y <- data.Y[-blocs[[k]]]
    test.X <- data.X[blocs[[k]],]
    test.Y <- data.Y[blocs[[k]]]
    ridge <- cv.glmnet(app.X, app.Y, alpha=0)
    lasso <- cv.glmnet(app.X, app.Y, alpha=1)
    lin <- lm(form, data=app)
    prev[blocs[[k]],] <- tibble(lin=predict(lin, newdata=test),
                               ridge=as.vector(predict(ridge, newx=test.X)),
                               lasso=as.vector(predict(lasso, newx=test.X)))
  }
  err <- prev %>% mutate(obs=data$maxO3) %>% summarise_at(1:3, ~mean((obs-. )^2))
  return(err)
}

```

```

cv.ridge.lasso(ozone1, form=formula(maxO3~.))
      lin      ridge      lasso
1 184.3755 192.4984 191.5436

```

On remarque que les approches régularisées n'apportent rien par rapport aux estimateurs MCO ici. Ceci peut s'expliquer par le fait que le nombre de variables n'est pas très important.

7. Refaire la question précédente en considérant toutes les interactions d'ordre 2.

```

cv.ridge.lasso(ozone1, form=formula(maxO3~.^2))
      lin      ridge      lasso
1 185.0517 168.7122 166.0982

```

Les méthodes régularisées permettent ici de diminuer les erreurs quadratiques de manière intéressante. Cela vient certainement du fait du nombre de variables explicatives qui est beaucoup plus important lorsqu'on prend en compte toutes les interactions d'ordre 2, nous en avons en effet 253 :

```

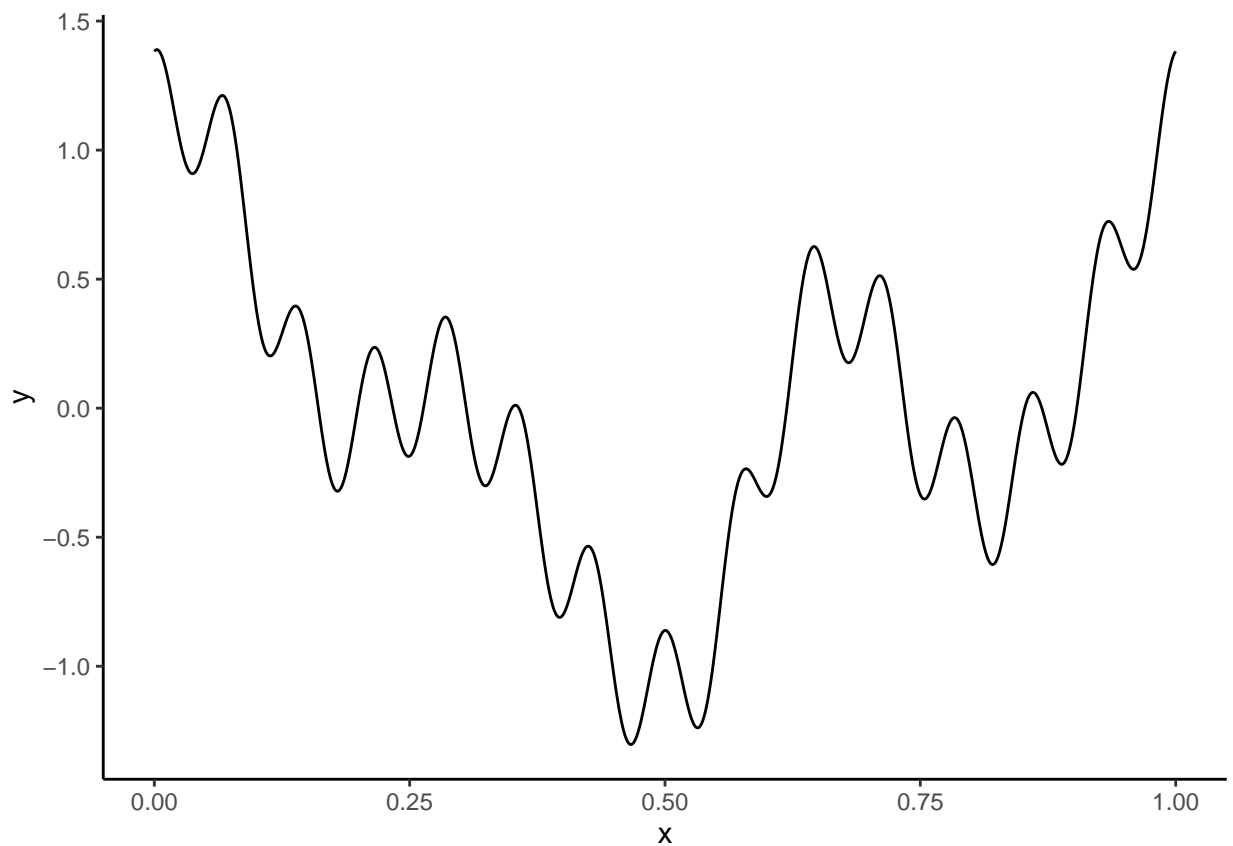
ozone2.X <- model.matrix(maxO3~.^2, data=ozone1)[-1]
dim(ozone2.X)
[1] 1366 253

```

3.2 Reconstruction d'un signal

Le fichier `signal.csv` contient un signal que l'on peut représenter par une fonction $m : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$. On le visualise

```
signal <- read_csv("data/signal.csv")
ggplot(signal)+aes(x=x,y=y)+geom_line()
```

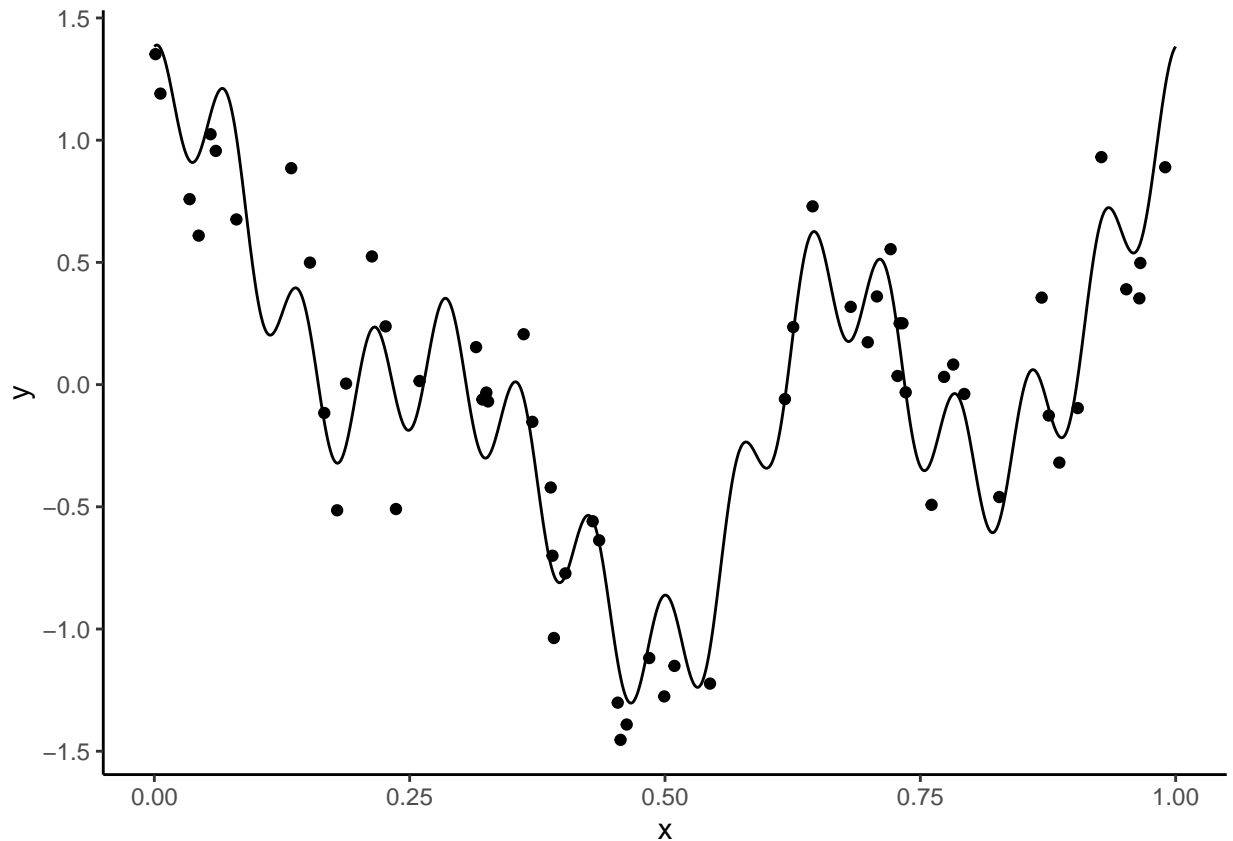


Plaçons nous dans le cas où on ne dispose que d'une version bruitée de ce signal. La courbe n'est pas observée mais on dispose d'un échantillon $(x_i, y_i), i = 1, \dots, n$ généré selon le modèle

$$y_i = m(x_i) + \varepsilon_i.$$

Le fichier `ech_signal.csv` contient $n = 60$ observations issues de ce modèle. On représente les données et la courbe

```
donnees <- read_csv("data/ech_signal.csv")
ggplot(signal)+aes(x=x,y=y)+geom_line()+
  geom_point(data=donnees,aes(x=X,y=Y))
```



Nous cherchons dans cette partie à reconstruire le signal à partir de l'échantillon. Bien entendu, vu la forme du signal, un modèle linéaire de la forme

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 x_i + \varepsilon_i$$

n'est pas approprié. De nombreuses approches en **traitement du signal** proposent d'utiliser une **base** ou **dictionnaire** représentée par une collection de fonctions $\{\psi_j(x)\}_{j=1,\dots,K}$ et de décomposer le signal dans cette base :

$$m(x) \approx \sum_{j=1}^K \beta_j \psi_j(x).$$

Pour un dictionnaire donné, on peut alors considérer un **modèle linéaire**

$$y_i = \sum_{j=1}^K \beta_j \psi_j(x_i) + \varepsilon_i. \quad (1)$$

Le problème est toujours d'estimer les paramètres β_j mais les variables sont maintenant définies par les éléments du dictionnaire. Il existe différents types de dictionnaire, dans cet exercice nous proposons de considérer la base de Fourier définie par

$$\psi_0(x) = 1, \quad \psi_{2j-1}(x) = \cos(2j\pi x) \quad \text{et} \quad \psi_{2j}(x) = \sin(2j\pi x), \quad j = 1, \dots, K.$$

1. Écrire une fonction **R** qui admet en entrée :

— une grille de valeurs de **x** (un vecteur)

— une valeur de K (un entier positif)

et qui renvoie en sortie une matrice qui contiennent les valeurs du dictionnaire pour chaque valeur de x. Cette matrice devra donc contenir 2K colonnes et le nombre de lignes sera égal à la longueur du vecteur x.

```
mat.dict <- function(K,x){  
  res <- matrix(0,nrow=length(x),ncol=2*K) %>% as_tibble()  
  for (j in 1:K){  
    res[,2*j-1] <- cos(2*j*pi*x)  
    res[,2*j] <- sin(2*j*pi*x)  
  }  
  return(res)  
}
```

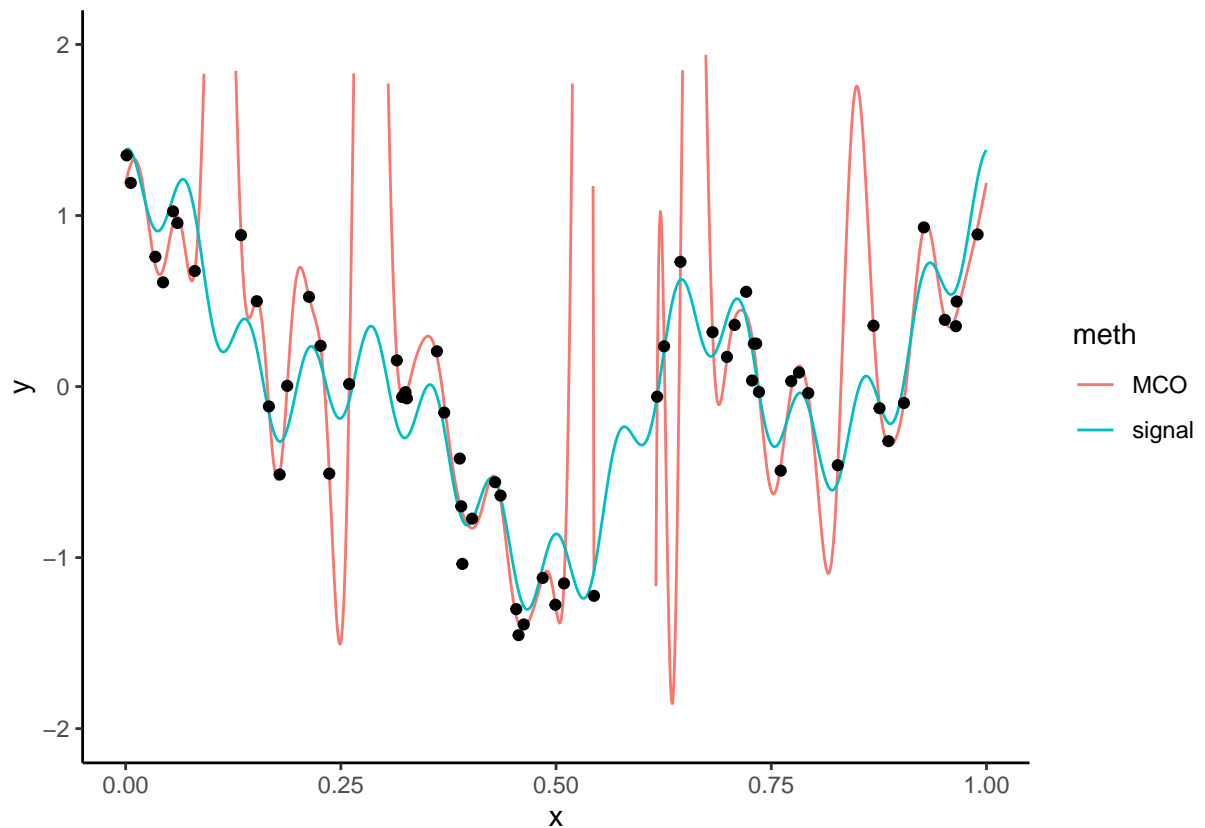
2. On fixe K=25. Calculer les estimateurs des moindres carrés du modèle (1).

Il suffit d'ajuster le modèle linéaire où les variables explicatives sont données par le dictionnaire :

```
D25 <- mat.dict(25,donnees$X) %>% mutate(Y=donnees$Y)  
mod.lin <- lm(Y~.,data=D25)
```

3. Représenter le signal estimé. Commenter le graphe.

```
S25 <- mat.dict(25,signal$x)  
prev.MCO <- predict(mod.lin,newdata = S25)  
signal1 <- signal %>% mutate(MCO=prev.MCO) %>% rename(signal=y)  
signal2 <- signal1 %>% pivot_longer(-x,names_to="meth",values_to="y")  
ggplot(signal2)+aes(x=x,y=y)+geom_line(aes(color=meth))+  
  scale_y_continuous(limits = c(-2,2))+geom_point(data=donnees,aes(x=X,y=Y))
```

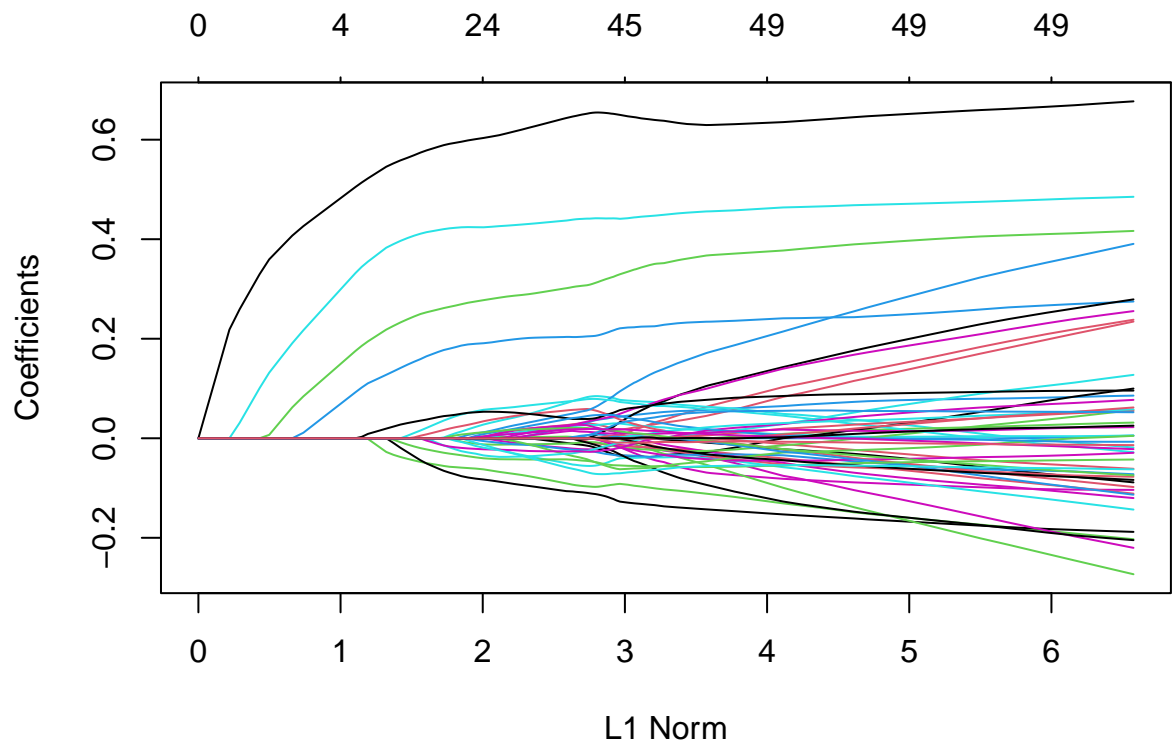


Le signal estimé a tendance à surajuster les données. Cela vient du fait que on estime 51 paramètres avec seulement 60 observations.

4. Calculer les estimateurs **lasso** et représenter le signal issu de ces estimateurs.

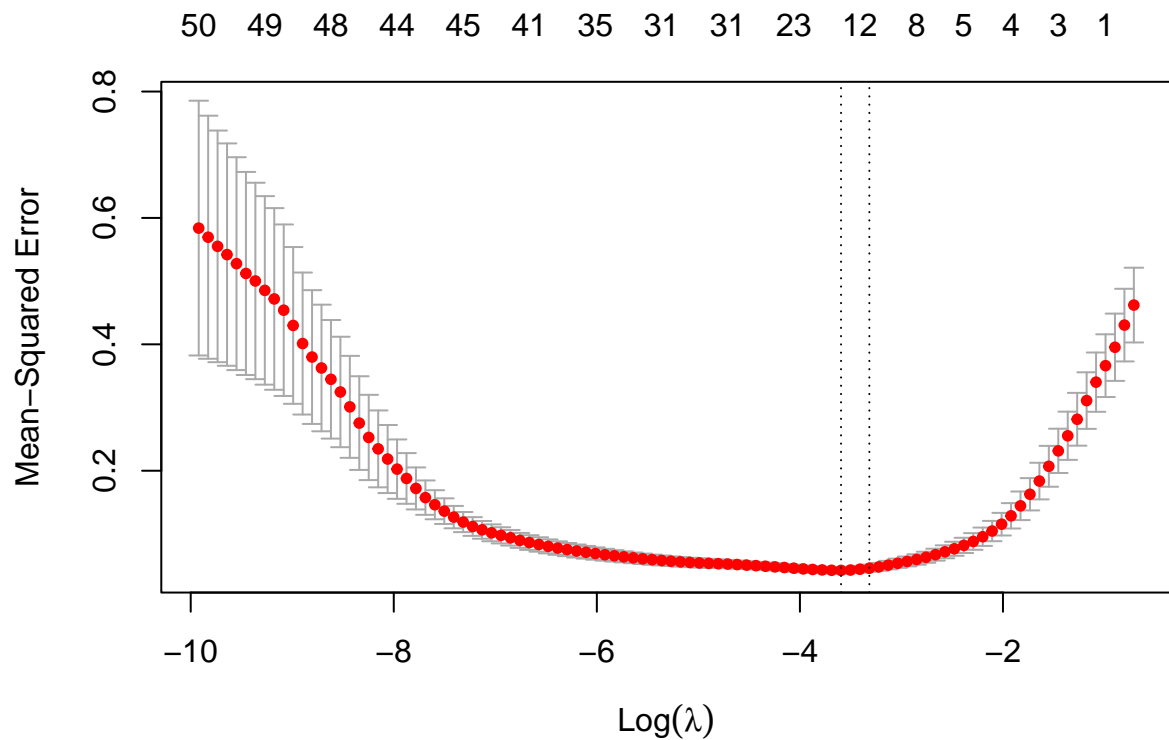
On regarde tout d'abord le *chemin de régularisation* des estimateurs **lasso**

```
X.25 <- model.matrix(Y~.,data=D25)[,-1]
lasso1 <- glmnet(X.25,D25$Y,alpha=1)
plot(lasso1)
```



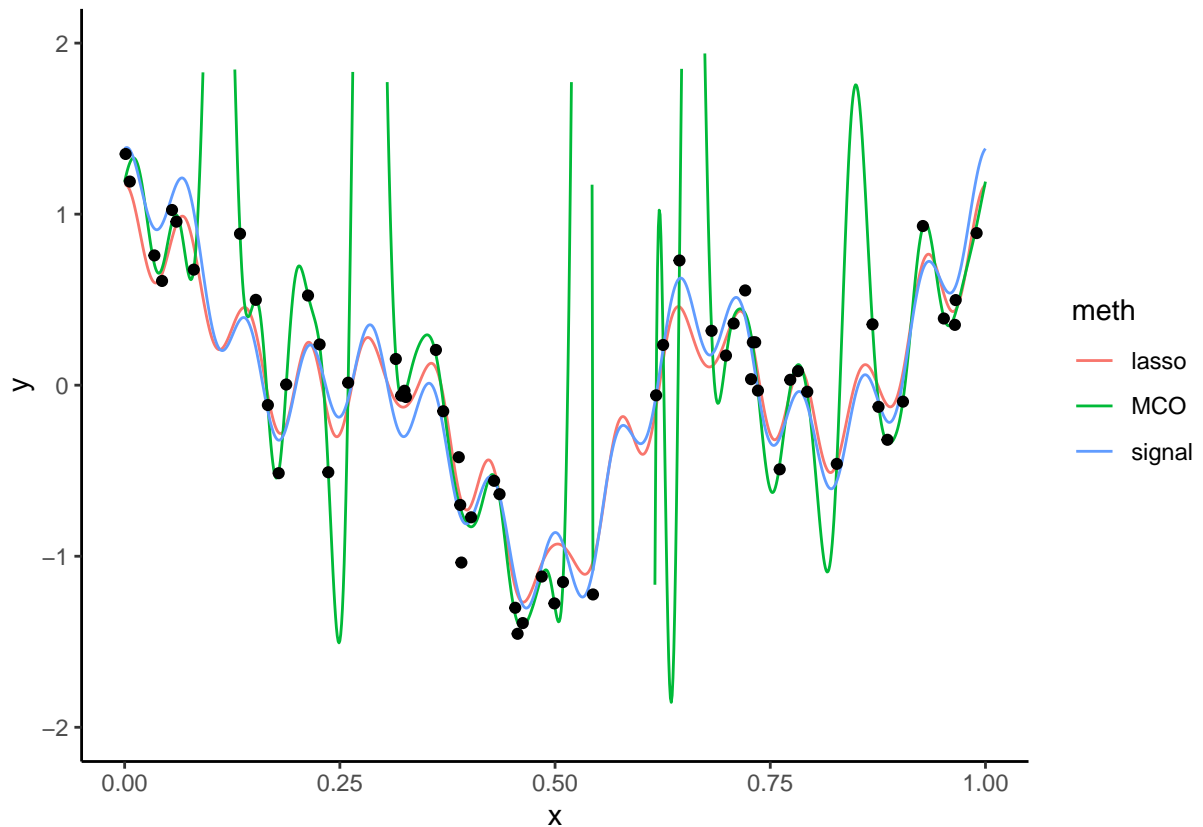
Il semble que quelques coefficients quittent la valeur 0 bien avant les autres. On effectue maintenant la validation croisée pour sélectionner le paramètre λ .

```
lasso.cv <- cv.glmnet(X.25, D25$Y, alpha=1)
plot(lasso.cv)
```



On calcule les prévisions et on trace le signal.

```
prev.lasso <- as.vector(predict(lasso.cv,newx=as.matrix(S25)))
signal1$lasso <- prev.lasso
signal2 <- signal1 %>% pivot_longer(-x,names_to="meth",values_to="y")
ggplot(signal2)+aes(x=x,y=y)+geom_line(aes(color=meth))+
  scale_y_continuous(limits = c(-2,2))+geom_point(data=donnees,aes(x=X,y=Y))
```



L'algorithme **lasso** a permis de corriger le problème de sur-apprentissage.

5. Identifier les coefficients lasso sélectionnés qui ne sont pas nuls.

```
v.sel <- which(coef(lasso.cv)!=0)
v.sel
[1] 1 2 4 5 6 8 21 28 30 36 37 38 40
```

6. Ajouter les signaux ajustés par les algorithmes PCR et PLS.

— On effectue la PCR :

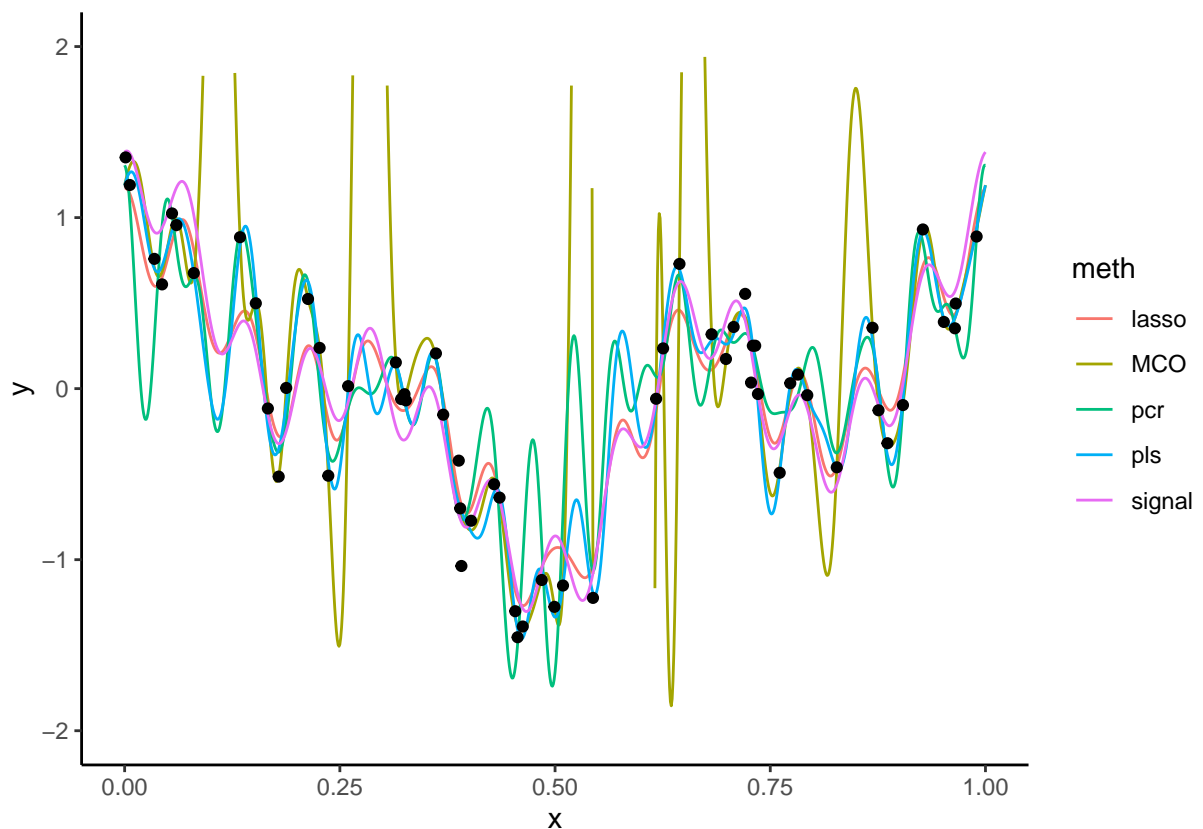
```
pcr.fit <- pcr(Y~.,data=D25,validation="CV")
ncomp.pcr <- which.min(pcr.fit$validation$PRESS)
ncomp.pcr
[1] 33
prev.pcr <- predict(pcr.fit,newdata=S25,ncomp=ncomp.pcr)
```

— Puis la PLS :

```
pls.fit <- plsr(Y~.,data=D25,validation="CV")
ncomp.pls <- which.min(pls.fit$validation$PRESS)
ncomp.pls
[1] 7
prev.pls <- predict(pls.fit,newdata=S25,ncomp=ncomp.pls)
```

— On trace les signaux :

```
signal1$pcr <- prev.pcr
signal1$pls <- prev.pls
signal2 <- signal1 %>% pivot_longer(~x,names_to="meth",values_to="y")
ggplot(signal2)+aes(x=x,y=y)+geom_line(aes(color=meth))+
  scale_y_continuous(limits = c(-2,2))+geom_point(data=donnees,aes(x=X,y=Y))
```



On peut également obtenir les erreurs quadratiques (puisque l'on connaît la vraie courbe)

```
signal1 %>% summarise_at(-(1:2),~mean((.-signal)^2)) %>%
  sort() %>% round(3)
# A tibble: 1 x 4
  lasso pls pcr MCO
<dbl> <dbl> <dbl> <dbl>
1 0.014 0.055 0.152 598.
```

3.3 Régression logistique pénalisée

On considère le jeu de données sur la détection d'images publicitaires disponible ici <https://archive.ics.uci.edu/ml/datasets/internet+advertisements>.

```
ad.data <- read.table("data/ad_data.txt",header=FALSE,sep=" ",dec=".",
                     na.strings = "?",strip.white = TRUE)
names(ad.data)[ncol(ad.data)] <- "Y"
ad.data$Y <- as.factor(ad.data$Y)
```

La variable à expliquer est

```
summary(ad.data$Y)
ad. nonad.
459    2820
```

Cette variable est binaire. On considère une régression logistique pour expliquer cette variable. Le nombre de variables explicatives étant important, comparer les algorithmes du maximum de vraisemblance aux algorithmes de type **ridge/lasso** en faisant une validation croisée 10 blocs. On pourra utiliser comme critère de comparaison l'erreur de classification, la courbe ROC et l'AUC. Il faudra également prendre des décisions pertinentes vis-à-vis des données manquantes...

On commence par regarder les données manquantes :

```
sum(is.na(ad.data))
[1] 2729
var.na <- apply(is.na(ad.data),2,any)
names(ad.data)[var.na]
[1] "V1" "V2" "V3" "V4"
ind.na <- apply(is.na(ad.data),1,any)
sum(ind.na)
[1] 920
```

On remarque que 920 individus ont au moins une donnée manquante alors que seules les 4 premières variables ont des données manquantes, on choisit donc de supprimer ces 4 variables.

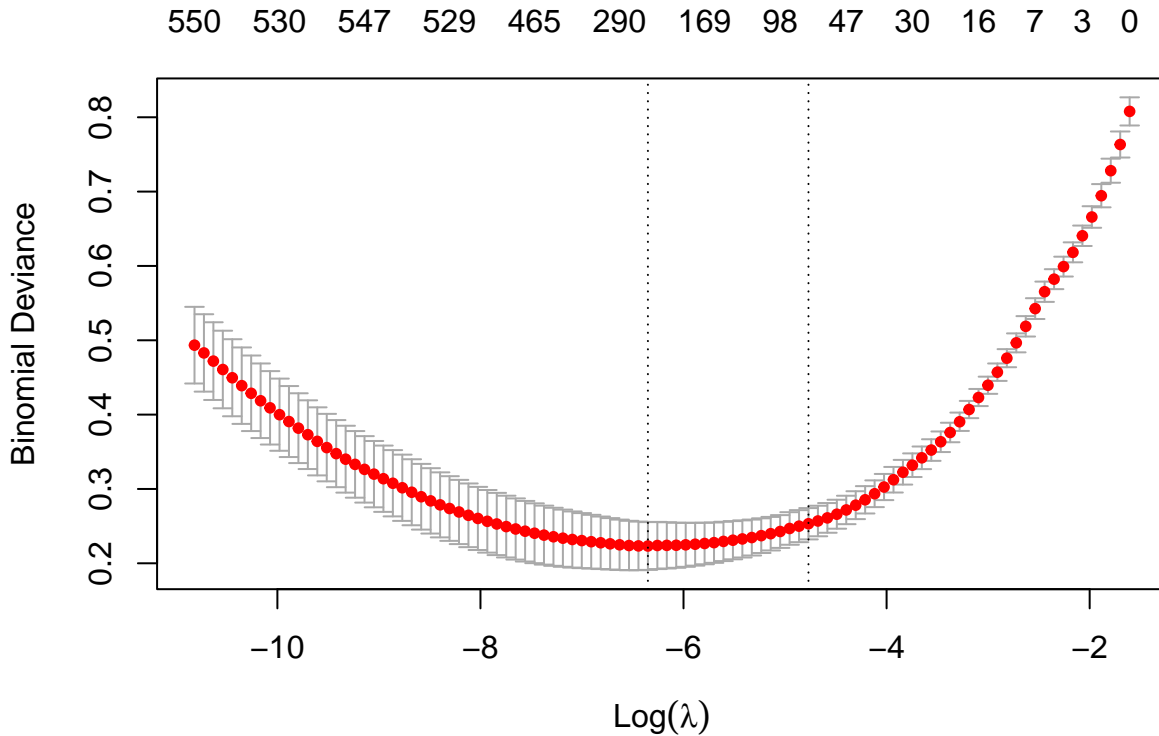
```
ad.data1 <- ad.data[,var.na==FALSE]
dim(ad.data1)
[1] 3279 1555
sum(is.na(ad.data1))
[1] 0
```

On construit les matrices des variables explicatives pour les méthodes lasso et ridge (glmnet veut les variables explicatives sous forme de matrices).

```
X.ad <- model.matrix(Y~.,data=ad.data1)[,-1]
Y.ad <- ad.data1$Y
```

Avant de faire la validation croisée, nous présentons juste comment faire l'algorithme lasso. Comme pour la régression, on utilise la fonction cv.glmnet, il faut juste ajouter l'argument family="binomial" :

```
set.seed(1234)
lasso.cv <- cv.glmnet(X.ad,Y.ad,family="binomial",alpha=1)
plot(lasso.cv)
```



Par défaut le critère utilisé pour la classification binaire est celui de la **dévi**ance. On peut utiliser d'autres critères comme l'**erreur de classification** ou l'**auc** en modifiant l'argument `type.measure`. On gardera la déviance dans la suite. On peut maintenant faire la validation croisée 10 blocs pour calculer les prévisions des 3 algorithmes.

```
set.seed(5678)
blocs <- caret::createFolds(1:nrow(ad.data1),k=10)
score <- matrix(0,ncol=3,nrow=nrow(ad.data1)) %>% as.data.frame()
names(score) <- c("MV","ridge","lasso")
for (k in 1:10){
  print(k)
  app <- ad.data1[~blocs[[k]],]
  test <- ad.data1[blocs[[k]],]
  app.X <- X.ad[~blocs[[k]],]
  app.Y <- Y.ad[~blocs[[k]]]
  test.X <- X.ad[blocs[[k]],]
  test.Y <- Y.ad[blocs[[k]]]
  ridge <- cv.glmnet(app.X,app.Y,family="binomial",alpha=0)
  lasso <- cv.glmnet(app.X,app.Y,family="binomial",alpha=1)
  MV <- glm(Y~.,data=app,family="binomial")
  score[blocs[[k]],] <- tibble(MV=predict(MV,newdata=test,type="response"),
    ridge=as.vector(predict(ridge,newx=test.X,type="response")),
    lasso=as.vector(predict(lasso,newx=test.X,type="response")))
}
```

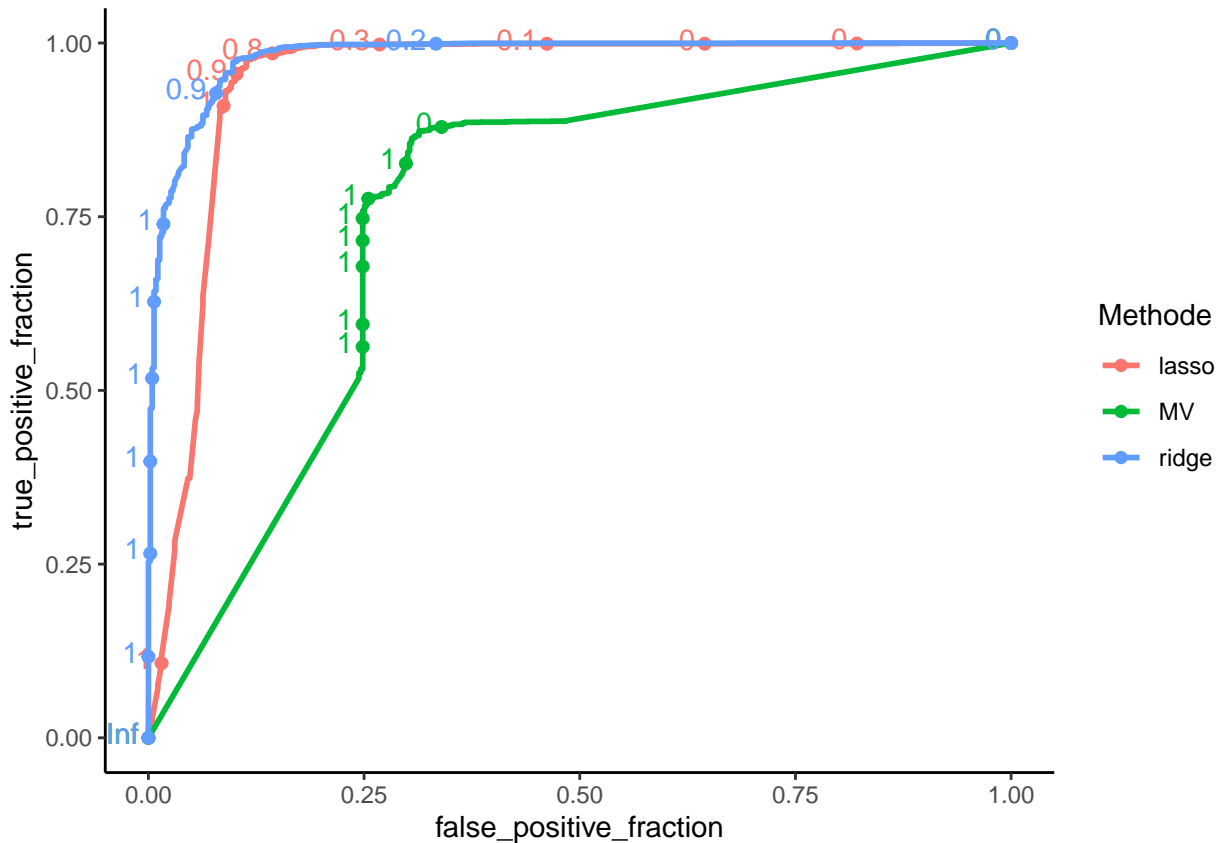
Le tibble `score` contient, pour chaque individu, les prévisions des probabilités a posteriori

$$\mathbf{P}(Y = \text{nonad.} | X = x_i), \quad i = 1, \dots, n.$$

On peut déduire de ce tableau les critères souhaités :

— les courbes ROC :

```
score1 <- score %>%
  mutate(obs=fct_recode(ad.data1$Y, "0"="ad.", "1"="nonad.")) %>%
  pivot_longer(-obs,names_to="Methode",values_to="score")
ggplot(score1)+aes(m=score,d=as.numeric(obs),color=Methode)+plotROC::geom_roc()
```



— les AUC :

```
score1 %>% group_by(Methode) %>%
  summarize(AUC=round(as.numeric(pROC::auc(obs,score)),3)) %>%
  arrange(desc(AUC))
# A tibble: 3 x 2
  Methode    AUC
  <chr>    <dbl>
1 ridge    0.981
2 lasso    0.945
3 MV       0.756
```

— les erreurs de classification :

```
score1 %>% mutate(prev=round(score),err=prev!=obs) %>%
  group_by(Methode) %>% summarize(Err_classif=round(mean(err),3)) %>%
  arrange(Err_classif)
# A tibble: 3 x 2
```


	Methode	Err_classif
	<chr>	<dbl>
1	lasso	0.03
2	ridge	0.03
3	MV	0.153

On remarque que les méthodes pénalisées sont nettement meilleures que l'approche classique par maximum de vraisemblance sur cet exemple.

3.4 Exercices

Exercice 3.1 (Estimateurs ridge pour le modèle linéaire). On considère le modèle de régression

$$Y_i = \beta_1 x_{i1} + \cdots + \beta_p x_{ip} + \varepsilon_i$$

où les ε_i sont i.i.d de loi $\mathcal{N}(0, \sigma^2)$. Pour $\lambda \geq 0$, on note $\hat{\beta}_R(\lambda)$ l'estimateur ridge défini par

$$\hat{\beta}_R(\lambda) = \underset{\beta}{\operatorname{argmin}} \sum_{i=1}^n \left(y_i - \sum_{j=1}^p x_{ij} \beta_j \right)^2 + \lambda \sum_{j=1}^p \beta_j^2.$$

1. Exprimer $\hat{\beta}_R(\lambda)$ en fonction de \mathbb{X} , \mathbb{Y} et λ .

Le critère à minimiser se réécrit

$$\mathcal{C}(\beta) = (\mathbb{Y} - \mathbb{X}\beta)^t (\mathbb{Y} - \mathbb{X}\beta) + \lambda \beta^t \beta.$$

L'estimateur ridge est donc solution de

$$-2\mathbb{X}^t \mathbb{Y} + 2\mathbb{X}^t \mathbb{X} \beta + 2\lambda \beta = 0,$$

d'où

$$\hat{\beta}_R(\lambda) = (\mathbb{X}^t \mathbb{X} + \lambda I)^{-1} \mathbb{X}^t \mathbb{Y}.$$

2. Étudier le biais et la variance de $\hat{\beta}_R(\lambda)$ en fonction de λ . On pourra également faire la comparaison avec l'estimateur des MCO.

Comme $\mathbb{Y} = \mathbb{X}\beta + \varepsilon$, on obtient

$$\begin{aligned} \mathbf{E}[\hat{\beta}_R(\lambda)] - \beta &= (\mathbb{X}^t \mathbb{X} + \lambda I)^{-1} \mathbb{X}^t \mathbb{X} \beta - \beta \\ &= [(\mathbb{X}^t \mathbb{X} + \lambda I)^{-1} (\mathbb{X}^t \mathbb{X} - (\mathbb{X}^t \mathbb{X} + \lambda I))] \beta \\ &= -\lambda (\mathbb{X}^t \mathbb{X} + \lambda I)^{-1} \beta. \end{aligned}$$

De même, on obtient pour la variance

$$\mathbf{V}(\hat{\beta}_R(\lambda)) = \sigma^2 (\mathbb{X}^t \mathbb{X} + \lambda I)^{-1} \mathbb{X}^t \mathbb{X} (\mathbb{X}^t \mathbb{X} + \lambda I)^{-1}.$$

La variance diminue lorsque λ augmente, mais on remarque une augmentation du biais par rapport à l'estimateur des moindres carrés (et réciproquement lorsque λ diminue).

3. On suppose que la matrice \mathbb{X} est orthogonale. Exprimer les estimateurs $\hat{\beta}_{R,j}(\lambda)$ en fonction des estimateurs des MCO $\hat{\beta}_j, j = 1, \dots, p$. Interpréter.

Si \mathbb{X} est orthogonale, alors

$$\hat{\beta}_R(\lambda) = \frac{1}{1 + \lambda} \mathbb{X}^t \mathbb{Y} = \frac{\hat{\beta}_{MCO}}{1 + \lambda}.$$

Exercice 3.2 (Estimateurs lasso dans le cas orthogonal). Cet exercice est inspiré de [Giraud \(2015\)](#). On rappelle qu'une fonction $F : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$ est convexe si $\forall x, y \in \mathbb{R}^n, \forall \lambda \in [0, 1]$ on a

$$F(\lambda x + (1 - \lambda)y) \leq \lambda F(x) + (1 - \lambda)F(y).$$

On définit la sous-différentielle d'une fonction convexe F par

$$\partial F(x) = \{w \in \mathbb{R}^n : F(y) \geq F(x) + \langle w, y - x \rangle \text{ pour tout } y \in \mathbb{R}^n\}.$$

On admettra que les minima d'une fonction convexe $F : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$ sont caractérisés par

$$x^* \in \operatorname{argmin}_{x \in \mathbb{R}^n} F(x) \iff 0 \in \partial F(x^*)$$

et que $\partial F(x) = \{\nabla F(x)\}$ lorsque F est différentiable en x .

1. Montrer que pour $x \in \mathbb{R}$

$$\partial|x| = \begin{cases} \operatorname{signe}(x) & \text{si } x \neq 0 \\ [-1; 1] & \text{sinon,} \end{cases}$$

où $\operatorname{signe}(x) = \mathbf{1}_{x>0} - \mathbf{1}_{x \leq 0}$.

$x \mapsto |x|$ est dérivable partout sauf en 0 donc $\partial|x| = \operatorname{signe}(x)1$ si $x \neq 0$. De plus, si $x = 0$

$$\partial|x| = \{w \in \mathbb{R} : |y| \geq \langle w, y \rangle \forall y \in \mathbb{R}\} = \{w \in \mathbb{R} : |y| \geq wy \forall y \in \mathbb{R}\} = [-1, 1].$$

2. Soit $x \in \mathbb{R}^n$.

- a. Montrer que

$$\partial\|x\|_1 = \{w \in \mathbb{R}^n : \langle w, x \rangle = \|x\|_1 \text{ et } \|w\|_\infty \leq 1\}.$$

On pourra utiliser que pour tout p, q tels que $1/p + 1/q = 1$ on a

$$\|x\|_p = \sup \{\langle w, x \rangle : \|w\|_q \leq 1\}.$$

On montre la double inclusion. Soit w tel que $\langle w, x \rangle = \|x\|_1$ et $\|w\|_\infty = 1$. On a $\forall y \in \mathbb{R}^n$:

$$\|y\|_1 \geq \langle w, y \rangle = \langle w, y - x + x \rangle = \|x\|_1 + \langle w, y - x \rangle.$$

Donc $w \in \partial\|x\|_1$. Inversement, soit $w \in \partial\|x\|_1$. Par définition

$$\partial\|x\|_1 = \{w \in \mathbb{R}^n : \|y\|_1 \geq \langle w, y - x \rangle + \|x\|_1 \forall y \in \mathbb{R}^n\}.$$

Pour $y = 0$ et $y = 2x$, on a donc

$$\|x\|_1 \leq \langle w, x \rangle \quad \text{et} \quad 2\|x\|_1 \geq \langle w, x \rangle + \|x\|_1$$

d'où $\|x\|_1 = \langle x, w \rangle = \sum_i w_i x_i$. De plus en posant $\tilde{w} = (0, \dots, 0, \operatorname{signe}(w_i), 0, \dots, 0)$ où la coordonnée non nulle correspond au $\max_i(|w_i|)$ on a $\|w\|_\infty = \langle w, \tilde{w} \rangle$ et $\|\tilde{w}\|_\infty = \|\tilde{w}\|_1 = 1$. De plus

$$\|\tilde{w}\|_1 \geq \|x\|_1 + \langle w, \tilde{w} - x \rangle = \|w\|_\infty \implies \|w\|_\infty \leq \|\tilde{w}\|_1 = 1.$$

- b. En déduire

$$\partial\|x\|_1 = \{w \in \mathbb{R}^n : w_j = \operatorname{signe}(x_j) \text{ si } x_j \neq 0, w_j \in [-1, 1] \text{ si } x_j = 0\}.$$

On a

$$\begin{aligned}\partial\|x\|_1 &= \{w \in \mathbb{R}^n : \langle w, x \rangle = \|x\|_1 \text{ et } \|w\|_\infty \leq 1\} \\ &= \{w \in \mathbb{R}^n : \sum_{i=1}^n (w_i x_i - |x_i|) = 0 \text{ et } \|w\|_\infty \leq 1\}.\end{aligned}$$

Or si $\|w\|_\infty \leq 1$ alors $w_i x_i - |x_i| \leq 0 \ \forall i = 1, \dots, n$. Donc

$$\begin{aligned}\partial\|x\|_1 &= \{w \in \mathbb{R}^n : (w_i x_i - |x_i|) = 0, i = 1, \dots, n \text{ et } \|w\|_\infty \leq 1\} \\ &= \{w \in \mathbb{R}^n : w_j = \text{signe}(x_j)1 \text{ si } x_j \neq 0, w_j \in [-1, 1] \text{ si } x_j = 0\}.\end{aligned}$$

3. Étant données n observations $(x_i, y_i), i = 1, \dots, n$ telles que $x_i \in \mathbb{R}^p$ et $y_i \in \mathbb{R}$ on rappelle que l'estimateur lasso $\hat{\beta}(\lambda)$ est construit en minimisant

$$\mathcal{L}(\beta) = \|Y - \mathbb{X}\beta\|_2^2 + \lambda\|\beta\|_1. \quad (2)$$

On admettra que la sous-différentielle $\partial\mathcal{L}(\beta)$ est donnée par

$$\partial\mathcal{L}(\beta) = \{-2\mathbb{X}^t(Y - \mathbb{X}\beta) + \lambda z : z \in \partial\|\beta\|_1\}.$$

Montrer que $\hat{\beta}(\lambda)$ vérifie

$$\mathbb{X}^t\mathbb{X}\hat{\beta}(\lambda) = \mathbb{X}^tY - \frac{\lambda}{2}\hat{z}$$

où $\hat{z} \in \mathbb{R}^p$ vérifie

$$\hat{z}_j \begin{cases} = \text{signe}(\hat{\beta}_j(\lambda)) & \text{si } \hat{\beta}_j(\lambda) \neq 0 \\ \in [-1; 1] & \text{sinon.} \end{cases}$$

D'après les indications, on a $0 \in \partial\mathcal{L}(\hat{\beta}(\lambda))$. Donc il existe $\hat{z} \in \partial\|\hat{\beta}(\lambda)\|_1$ tel que

$$-2\mathbb{X}^t(Y - \mathbb{X}\hat{\beta}(\lambda)) + \lambda\hat{z} = 0 \iff \mathbb{X}^t\mathbb{X}\hat{\beta}(\lambda) = \mathbb{X}^tY - \frac{\lambda}{2}\hat{z}.$$

4. On suppose maintenant que la matrice \mathbb{X} est orthogonale.

a. Montrer que

$$\text{signe}(\hat{\beta}_j(\lambda)) = \text{signe}(\mathbb{X}_j^tY) \quad \text{lorsque } \hat{\beta}_j(\lambda) \neq 0$$

et $\hat{\beta}_j(\lambda) = 0$ si et seulement si $|\mathbb{X}_j^tY| \leq \lambda/2$.

\mathbb{X} étant orthogonale, on a pour $\hat{\beta}_j(\lambda) \neq 0$

$$\hat{\beta}_j(\lambda) + \frac{\lambda}{2}\text{signe}(\hat{\beta}_j(\lambda)) = \hat{\beta}_j(\lambda) \left(1 + \frac{\lambda}{2|\hat{\beta}_j(\lambda)|}\right) = \mathbb{X}_j^tY,$$

donc $\hat{\beta}_j(\lambda)$ est du signe de \mathbb{X}_j^tY . De plus si $\hat{\beta}_j(\lambda) = 0$ alors $\mathbb{X}_j^tY = \frac{\lambda}{2}\hat{z}_j$ avec $\hat{z}_j \in [-1, 1]$. Donc

$$|\mathbb{X}_j^tY| = \left|\frac{\lambda}{2}\hat{z}_j\right| \leq \frac{\lambda}{2}.$$

A l'inverse si $|\mathbb{X}_j^tY| \leq \lambda/2$ et si $\hat{\beta}_j(\lambda) \neq 0$ alors

$$\left|\hat{\beta}_j(\lambda) \left(1 + \frac{\lambda}{2|\hat{\beta}_j(\lambda)|}\right)\right| = |\hat{\beta}_j(\lambda)| + \frac{\lambda}{2} = |\mathbb{X}_j^tY| \leq \frac{\lambda}{2}.$$

Donc $\hat{\beta}_j(\lambda) = 0$.

b. En déduire

$$\hat{\beta}_j(\lambda) = \mathbb{X}_j^t Y \left(1 - \frac{\lambda}{2|\mathbb{X}_j^t Y|} \right)_+, \quad j = 1, \dots, p$$

où $(x)_+ = \max(x, 0)$. Interpréter ce résultat.

On obtient donc

$$\hat{\beta}_j(\lambda) = \mathbb{X}_j^t Y - \frac{\lambda}{2} \frac{\mathbb{X}_j^t Y}{|\mathbb{X}_j^t Y|} = \mathbb{X}_j^t Y \left(1 - \frac{\lambda}{2|\mathbb{X}_j^t Y|} \right)$$

si $|\mathbb{X}_j^t Y| \geq \frac{\lambda}{2}$ et $\hat{\beta}_j(\lambda) = 0$ sinon. D'où

$$\hat{\beta}_j(\lambda) = \mathbb{X}_j^t Y \left(1 - \frac{\lambda}{2|\mathbb{X}_j^t Y|} \right)_+, \quad j = 1, \dots, d.$$

Exercice 3.3 (Unicité de l'estimateur lasso). Cet exercice est inspiré de [Giraud \(2015\)](#). Soit $\hat{\beta}^1(\lambda)$ et $\hat{\beta}^2(\lambda)$ deux solutions qui minimisent (2). Soit $\hat{\beta} = (\hat{\beta}^1(\lambda) + \hat{\beta}^2(\lambda))/2$.

1. Montrer que si $|\mathbb{X}\hat{\beta}^1(\lambda)| \neq |\mathbb{X}\hat{\beta}^2(\lambda)|$ alors

$$\|\mathbb{Y} - \mathbb{X}\hat{\beta}\|_2^2 + \lambda\|\hat{\beta}\|_1 < \frac{1}{2} \left(\|\mathbb{Y} - \mathbb{X}\hat{\beta}^1(\lambda)\|_2^2 + \lambda\|\hat{\beta}^1(\lambda)\|_1 + \|\mathbb{Y} - \mathbb{X}\hat{\beta}^2(\lambda)\|_2^2 + \lambda\|\hat{\beta}^2(\lambda)\|_1 \right).$$

On pourra utiliser la convexité (forte) de $x \mapsto \|x\|_2^2$.

On a

$$\begin{aligned} \|\mathbb{Y} - \mathbb{X}\hat{\beta}\|_2^2 + \lambda\|\hat{\beta}\|_1 &= \left\| \frac{1}{2}(\mathbb{Y} - \mathbb{X}\hat{\beta}^1(\lambda)) + \frac{1}{2}(\mathbb{Y} - \mathbb{X}\hat{\beta}^2(\lambda)) \right\|_2^2 + \lambda \left\| \frac{1}{2}(\hat{\beta}^1(\lambda) + \hat{\beta}^2(\lambda)) \right\|_1 \\ &< \frac{1}{2} \left\| \mathbb{Y} - \mathbb{X}\hat{\beta}^1(\lambda) \right\|_2^2 + \frac{1}{2} \left\| \mathbb{Y} - \mathbb{X}\hat{\beta}^2(\lambda) \right\|_2^2 + \frac{1}{2} \lambda \|\hat{\beta}^1(\lambda)\|_1 + \frac{1}{2} \lambda \|\hat{\beta}^2(\lambda)\|_1 \end{aligned}$$

en utilisant la stricte convexité de $x \mapsto \|x\|_2^2$ et l'inégalité triangulaire.

2. En déduire que $|\mathbb{X}\hat{\beta}^1(\lambda)| = |\mathbb{X}\hat{\beta}^2(\lambda)|$.

Donc si $|\mathbb{X}\hat{\beta}^1(\lambda)| \neq |\mathbb{X}\hat{\beta}^2(\lambda)|$ alors

$$\|\mathbb{Y} - \mathbb{X}\hat{\beta}\|_2^2 + \lambda\|\hat{\beta}\|_1 < \|\mathbb{Y} - \mathbb{X}\hat{\beta}^1(\lambda)\|_2^2 + \lambda\|\hat{\beta}^1(\lambda)\|_1$$

ce qui est impossible par définition de $\hat{\beta}^1(\lambda)$.

4 Modèle additif

Le modèle additif (modèle GAM) peut être vu comme un compromis entre une modélisation linéaire et non paramétrique de la fonction de régression. Il suppose que cette fonction s'écrit

$$m(x) = m(x_1, \dots, x_d) = \alpha + g_1(x_1) + \dots + g_d(x_d).$$

4.1 Pseudo backfitting

L'algorithme du backfitting est souvent utilisé pour estimer les composantes du modèle additif. Etant donné un échantillon $(x_i, y_i), i = 1, \dots, n$ on note $\bar{\mathbb{Y}}$ le vecteur des y_i et \mathbb{X}_k le vecteur contenant les observations de la variable k pour $k = 1, \dots, d$. L'algorithme se résume ainsi

1. Initialisation : $\hat{\alpha} = \bar{Y}$, $\hat{g}_k(x_k) = \bar{X}_k$.
2. Pour $k = 1, \dots, d$:
 - $Y^{(k)} = Y - \hat{\alpha} - \sum_{j \neq k} \hat{g}_j(X_j)$ (résidus partiels)
 - \hat{g}_k : lissage non paramétrique de $Y^{(k)}$ sur X_k .
3. Répéter l'étape précédente tant que les \hat{g}_k changent.

On propose dans cette partie d'utiliser cet algorithme pour estimer les paramètres du modèle linéaire en remplaçant le lissage non paramétrique par un estimateur MCO. On considère le modèle de régression linéaire

$$Y = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \beta_2 X_2 + \varepsilon$$

avec X_1 et X_2 de lois uniformes sur $[0, 1]$ et ε de loi $\mathcal{N}(0, 1)$ (ε est indépendante de $(X_1, X_2)'$).

1. Générer un échantillon (x_i, y_i) de taille $n = 300$ selon le modèle ci-dessus pour $\beta_0 = 1, \beta_1 = 3, \beta_2 = 5$.

```
set.seed(1234)
n <- 300
X1<-runif(n)
X2<-runif(n)
bruit<-rnorm(n)
Y<-1+3*X1+5*X2+bruit
donnees<-data.frame(Y,X1,X2)
```

2. Créer une fonction **R** qui admet en entrée un jeu de données et qui fournit en sortie les estimateurs par la méthode du backfitting.

```
pseudo_back <- function(df,eps=0.00001){
  mat.X <- model.matrix(Y~.,data=df)
  beta_i <- rep(0,ncol(mat.X))
  beta <- rep(1,ncol(mat.X))
  while (min(abs(beta_i-beta))>eps){
    beta_i <- beta
    for (k in 1:ncol(mat.X)){
      Yk <- Y-mat.X[,-k]%*%(beta[-k])
      dfk <- data.frame(Yk=Yk,Xk=mat.X[,k])
      beta[k]<-coef(lm(Yk~Xk-1,data=dfk))
    }
  }
  return(beta)
}
```

3. En déduire les estimateurs backfitting pour le problème considéré.

```
pseudo_back(donnees)
[1] 1.021341 2.864543 4.980367
```

4. Comparer aux estimateurs **MCO**.

```
lm(Y~.,data=donnees)

Call:
lm(formula = Y ~ ., data = donnees)
```

Coefficients:		
(Intercept)	X1	X2
1.021	2.865	4.981

On obtient les mêmes estimateurs.

4.2 Modèle GAM

On considère les données générées selon

```
n <- 1000
set.seed(1465)
X1 <- 2*runif(n)
X2 <- 2*runif(n)
bruit <- rnorm(n)
Y <- 2*X1+sin(8*pi*X2)+bruit
donnees<-data.frame(Y,X1,X2)
```

1. Écrire le modèle

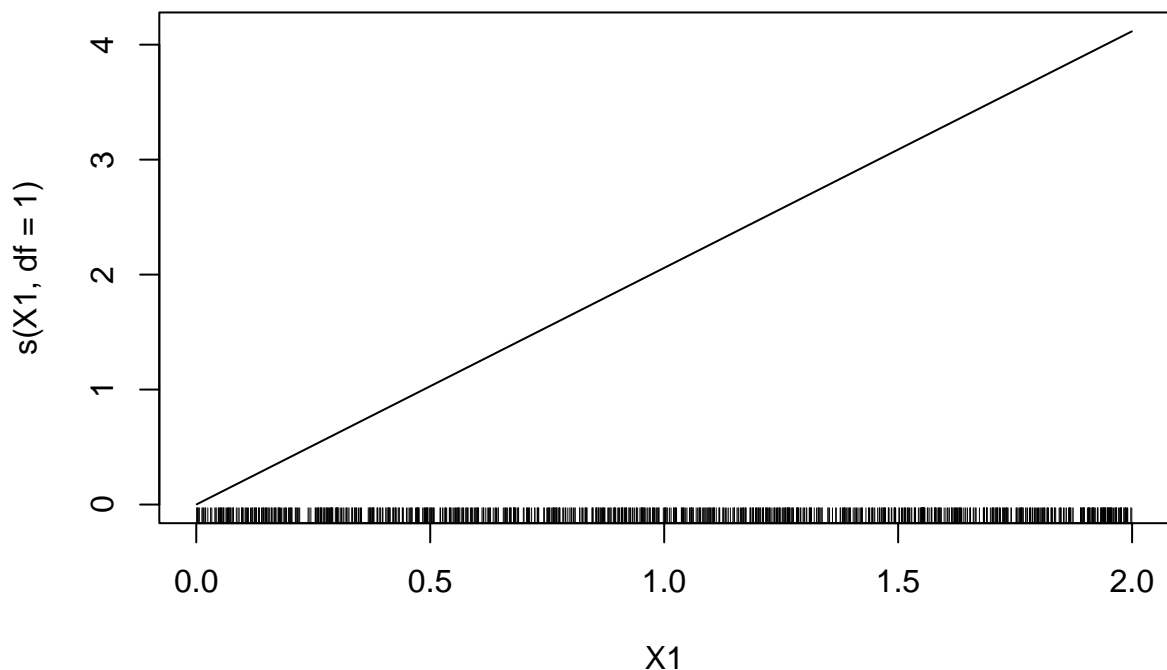
Il s'agit d'un modèle additif

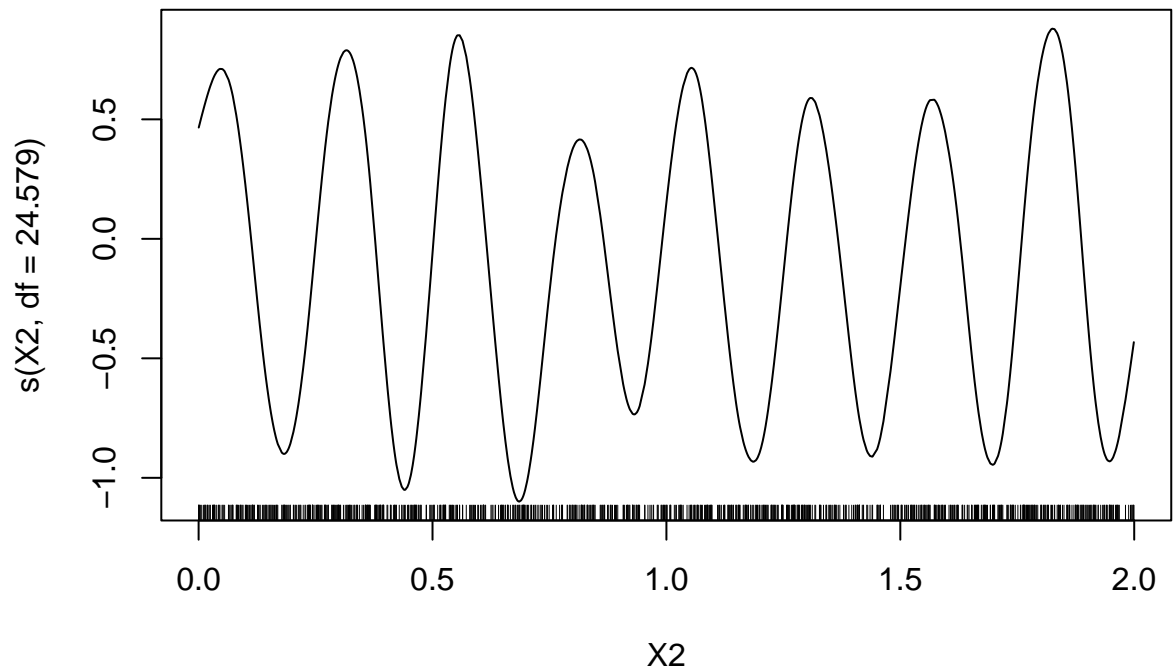
$$Y = 2X_1 + \sin(8\pi X_2) + \varepsilon$$

où X_1 et X_2 sont uniformes sur $[0, 1]$ et ε suit une $\mathcal{N}(0, 1)$.

2. A l'aide du package **gam** visualiser les estimateurs des composantes additives du modèle. On utilisera tout d'abord un lissage par **spline** avec 1 ddl pour la première composante et 24.579 ddl pour la seconde.

```
library(gam)
model1 <- gam(Y~s(X1,df=1)+s(X2,df=24.579)-1,data=donnees)
plot(model1)
```

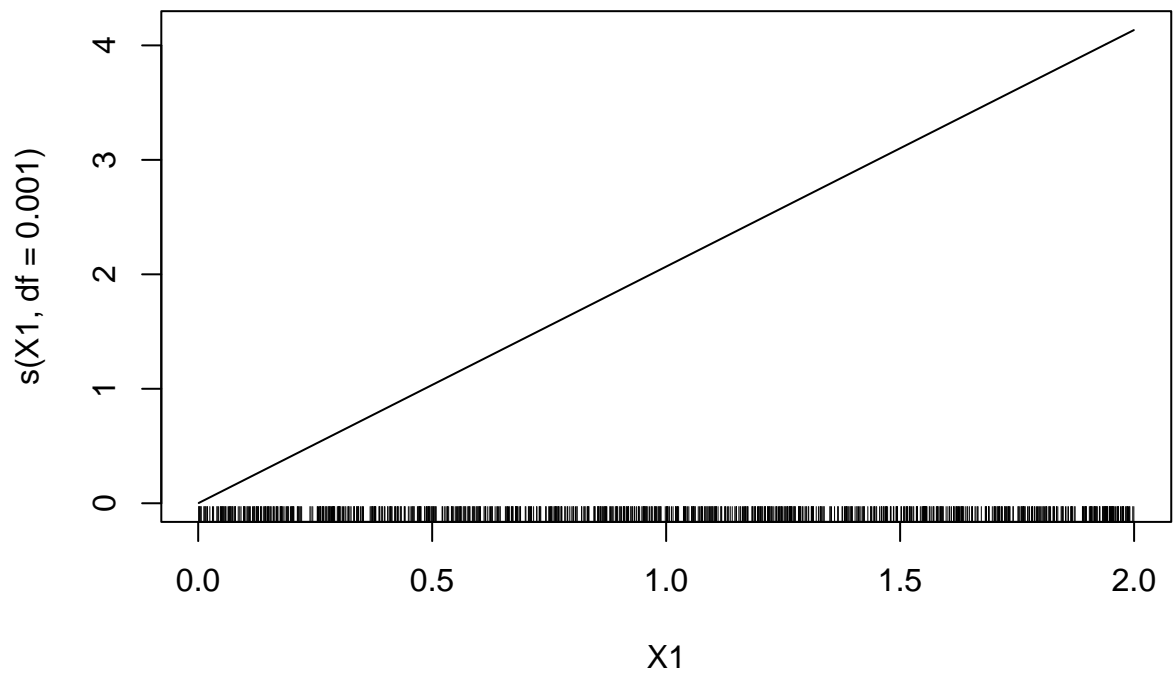


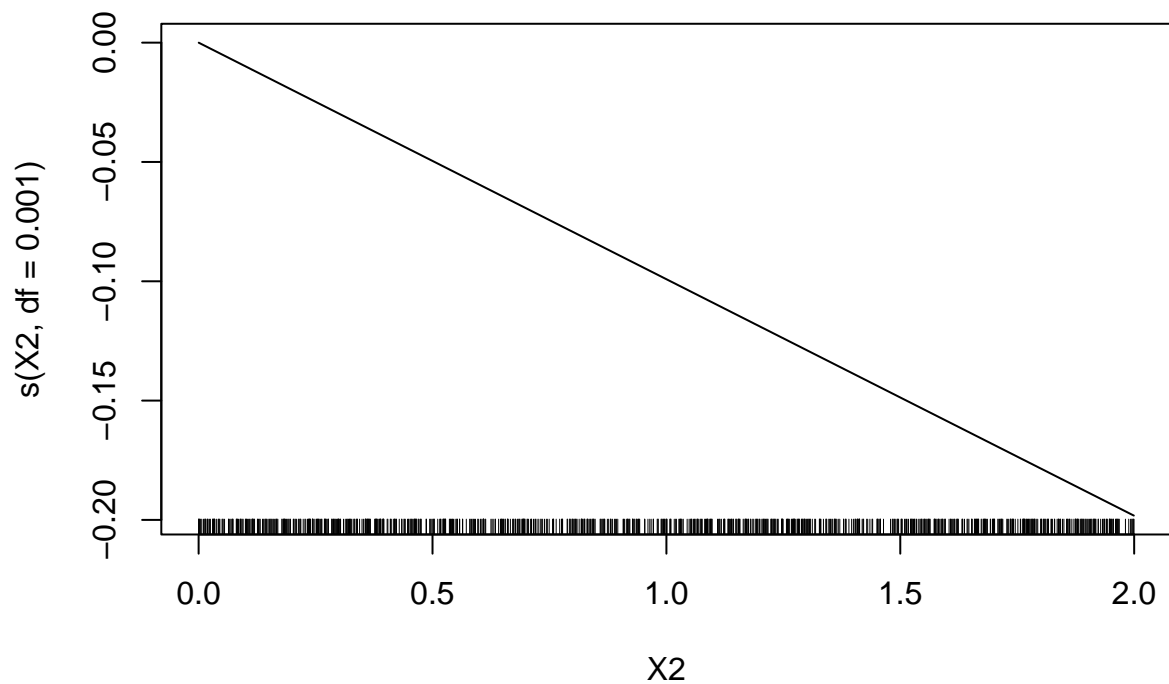


3. Faire varier les degrés de liberté, interpréter.

On prend d'abord peu de degrés de liberté.

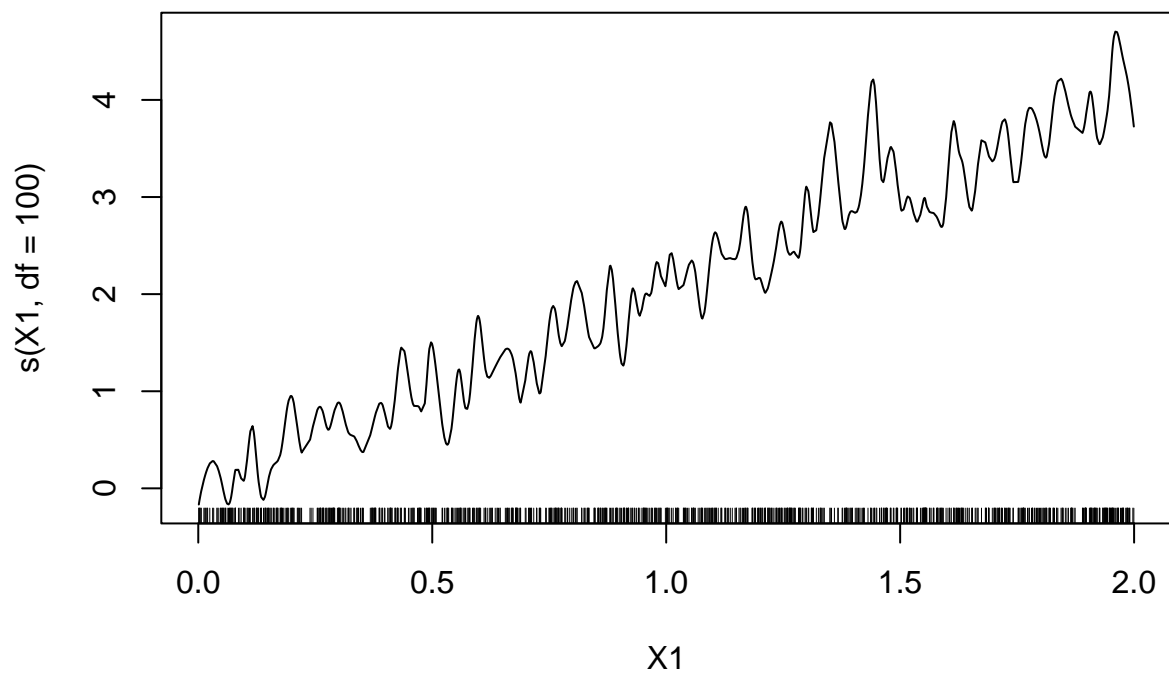
```
model2 <- gam(Y~s(X1,df=0.001)+s(X2,df=0.001)-1,data=donnees)
plot(model2)
```

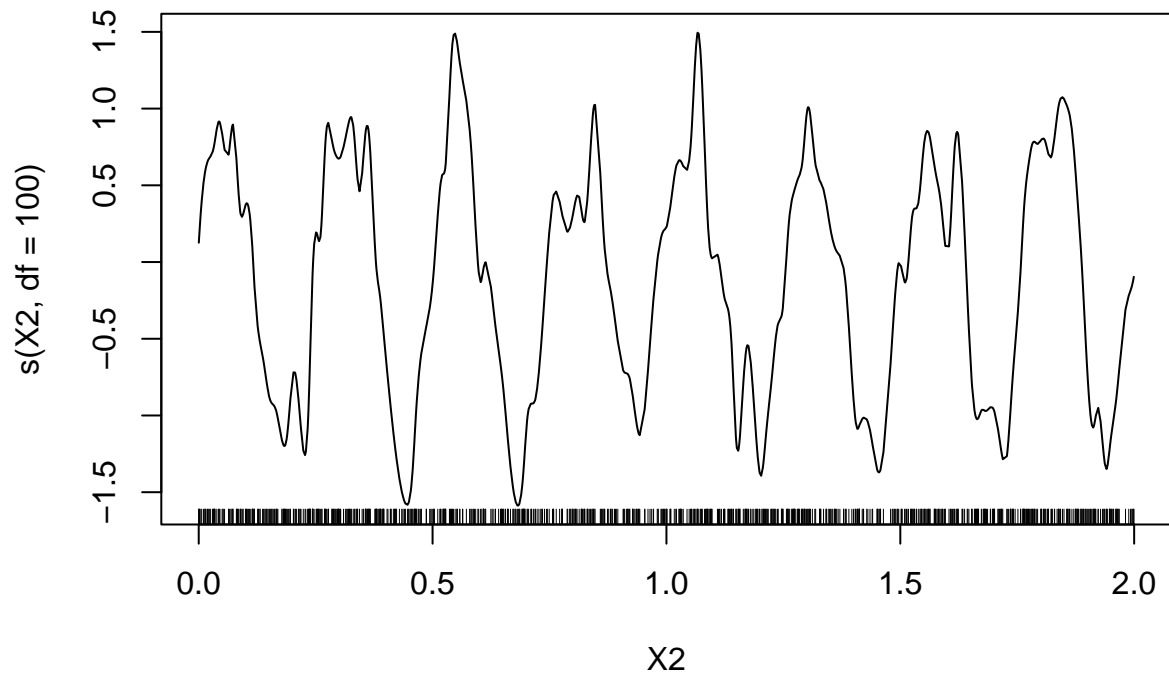




Le sinus n'est pas bien estimé. On prend maintenant un grand nombre de degrés de liberté.

```
model2 <- gam(Y~s(X1,df=100)+s(X2,df=100)-1,data=donnees)
plot(model2)
```

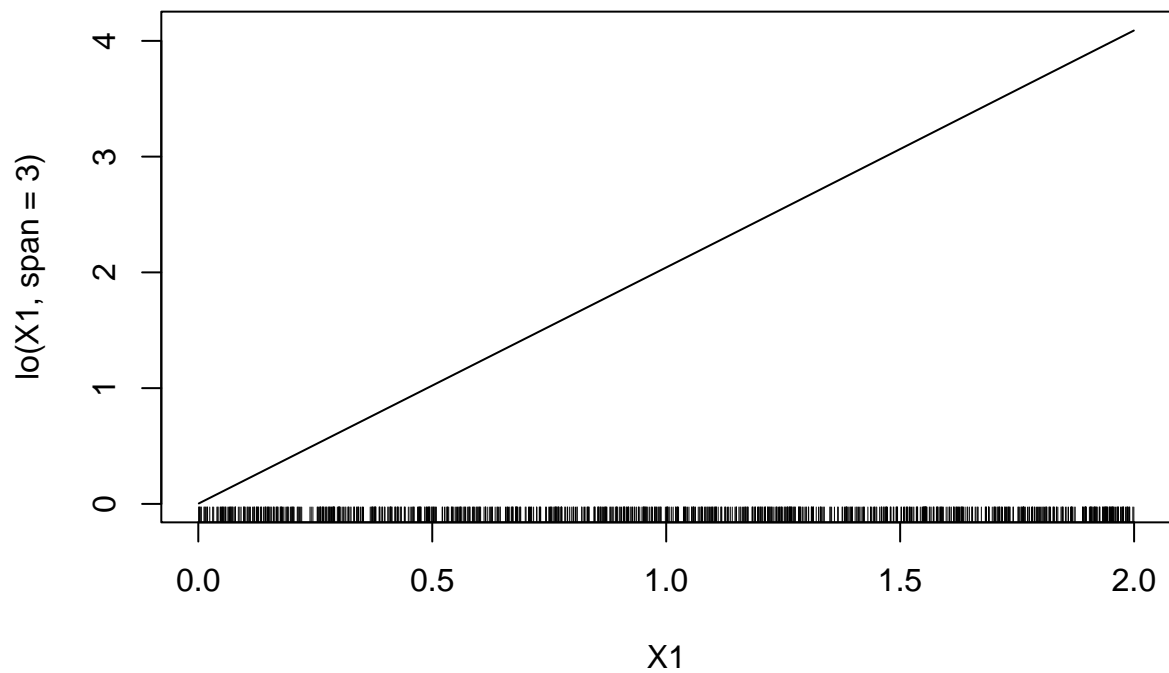


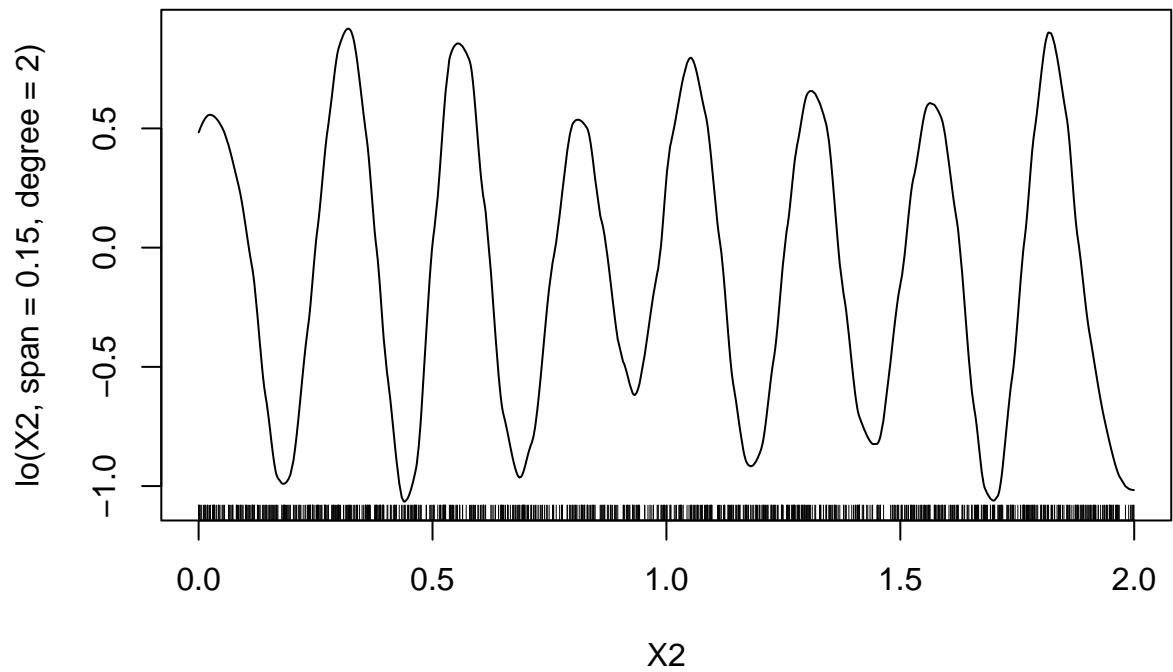


Le modèle est trop flexible, risque de sur-ajustement.

4. Faire le même travail avec le lisseur **loess**. On commencera avec **degree=2** et **span=0.15** puis on fera varier le paramètre **span**.

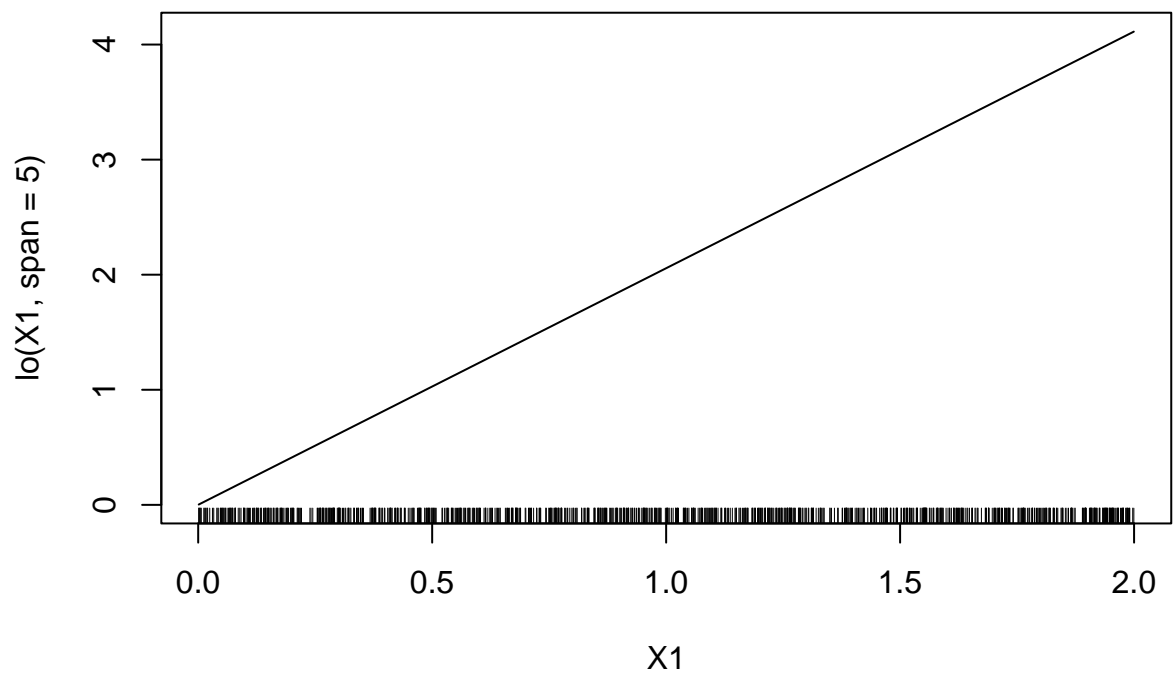
```
model4 <- gam(Y~lo(X1,span=3)+lo(X2,span=0.15,degree=2)-1,data=donnees)
plot(model4)
```

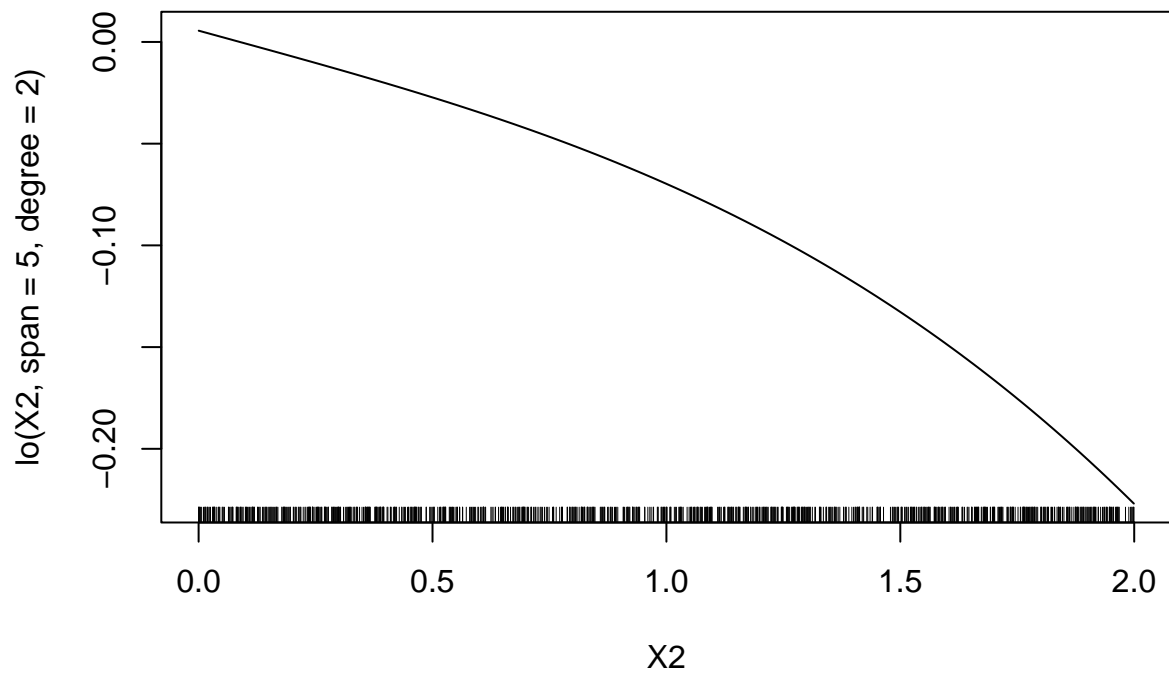




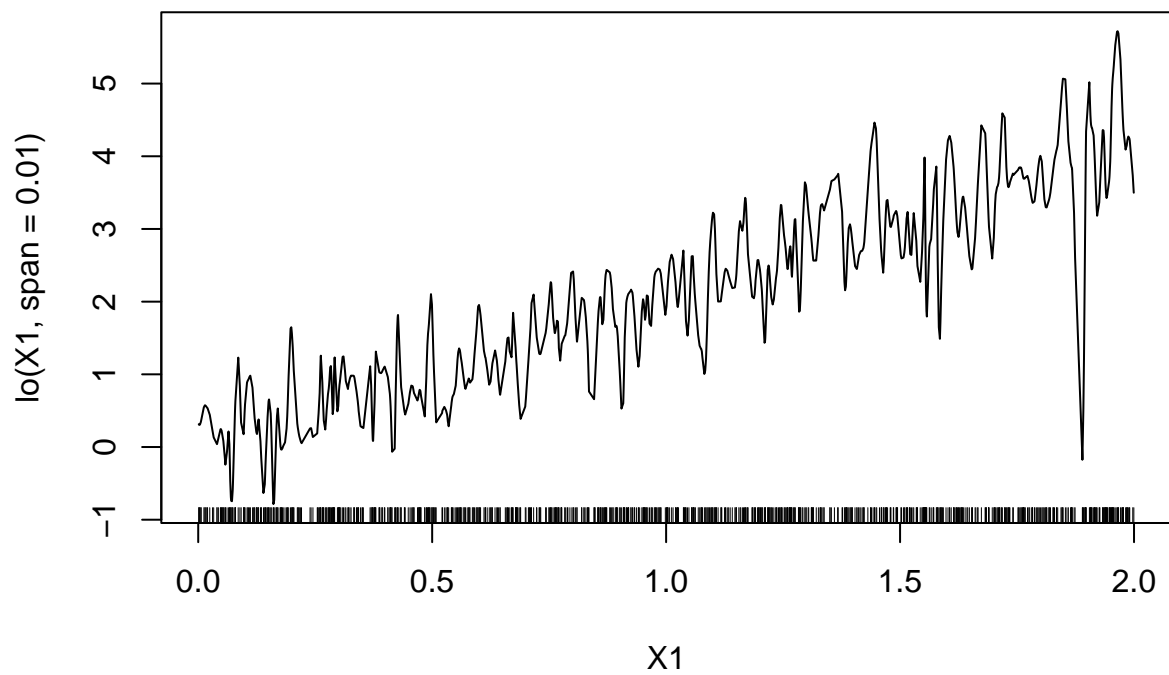
On fait varier *span* :

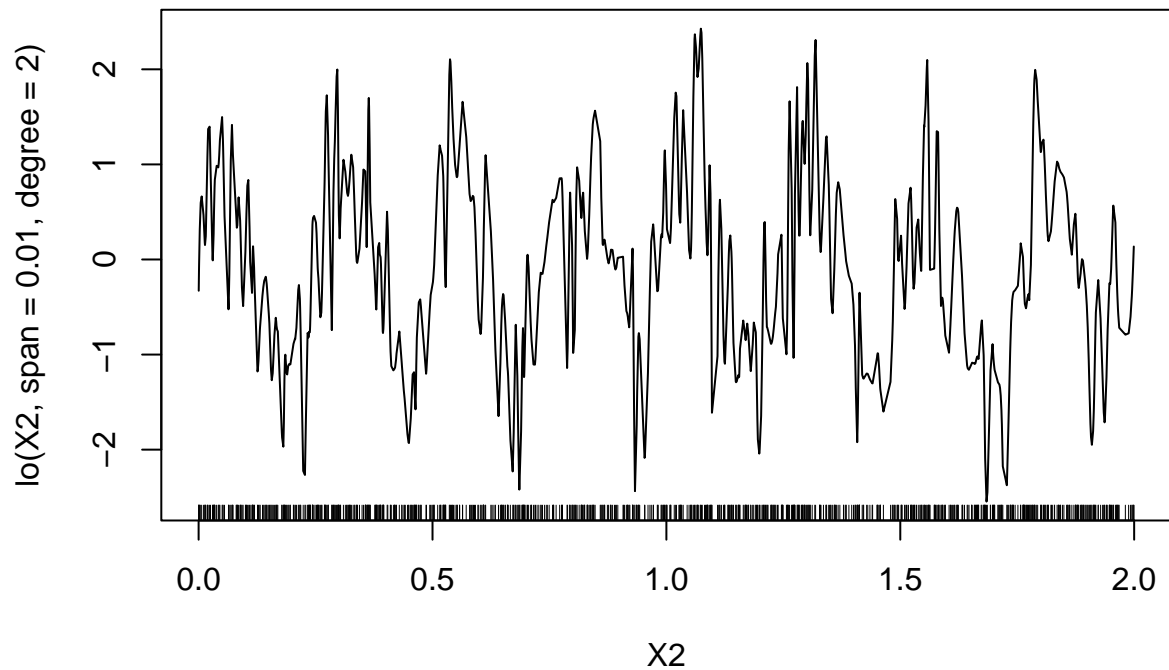
```
model15 <- gam(Y~lo(X1,span=5)+lo(X2,span=5,degree=2)-1,data=donnees)
plot(model15)
```





```
model6 <- gam(Y~lo(X1,span=0.01)+lo(X2,span=0.01,degree=2)-1,data=donnees)
plot(model6)
```

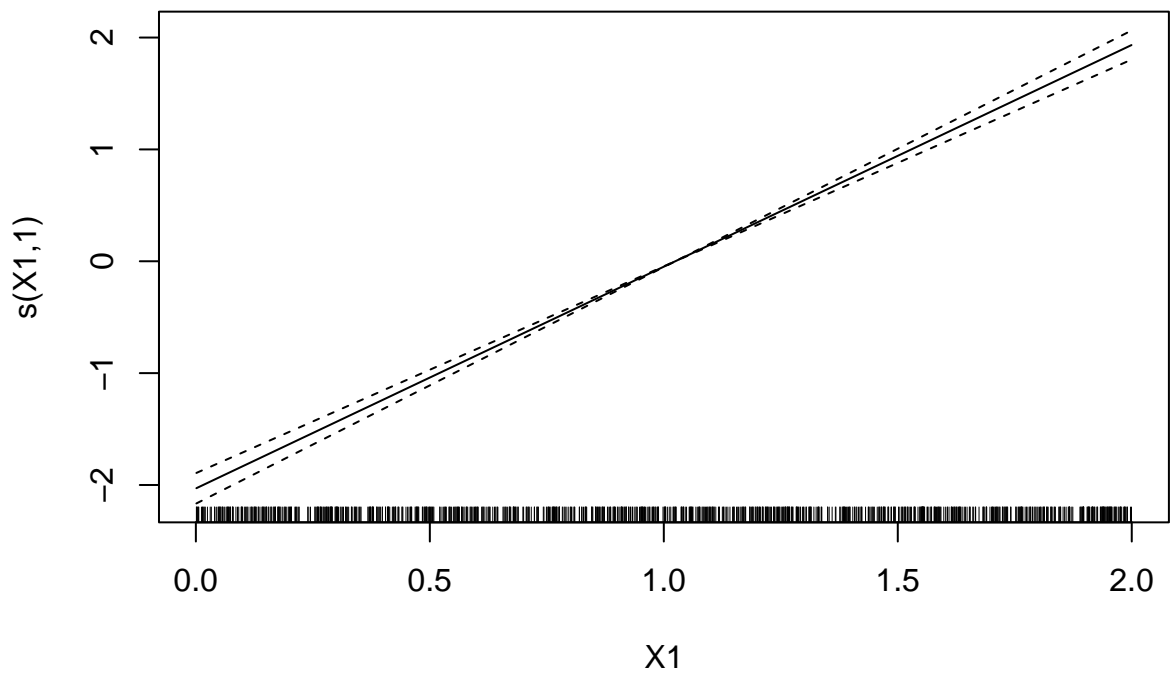


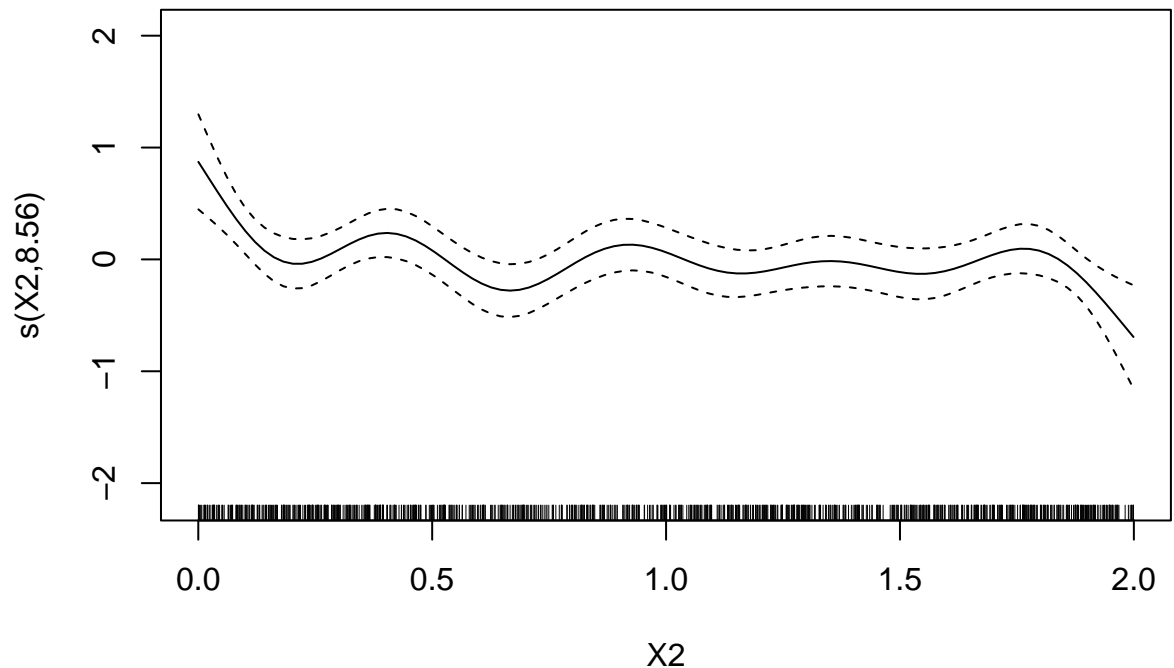


On a les mêmes remarques que pour les splines.

5. Estimer le degré de liberté avec la fonction `gam` du package `mgcv` (Il n'est pas nécessaire de charger le package pour éviter les conflits).

```
mod.mgcv <- mgcv::gam(Y~s(X1)+s(X2),data=donnees)
plot(mod.mgcv)
```





4.3 Régression logistique additive

On considère le jeu de données **panne.txt** qui recense des pannes de machine (**etat=1**) en fonction de leur âge et de leur marque.

1. Faire une régression logistique permettant d'expliquer la variable **etat** par la variable **age** uniquement. Critiquer le modèle.

```
panne <- read.table("data/panne.txt",header=TRUE)
mod1 <- glm(etat~age,data=panne,family=binomial)
summary(mod1)
```

Call:

```
glm(formula = etat ~ age, family = binomial, data = panne)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-1.253	-1.199	1.015	1.183	1.210

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	-0.10748	0.59864	-0.180	0.858
age	0.03141	0.09117	0.345	0.730

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

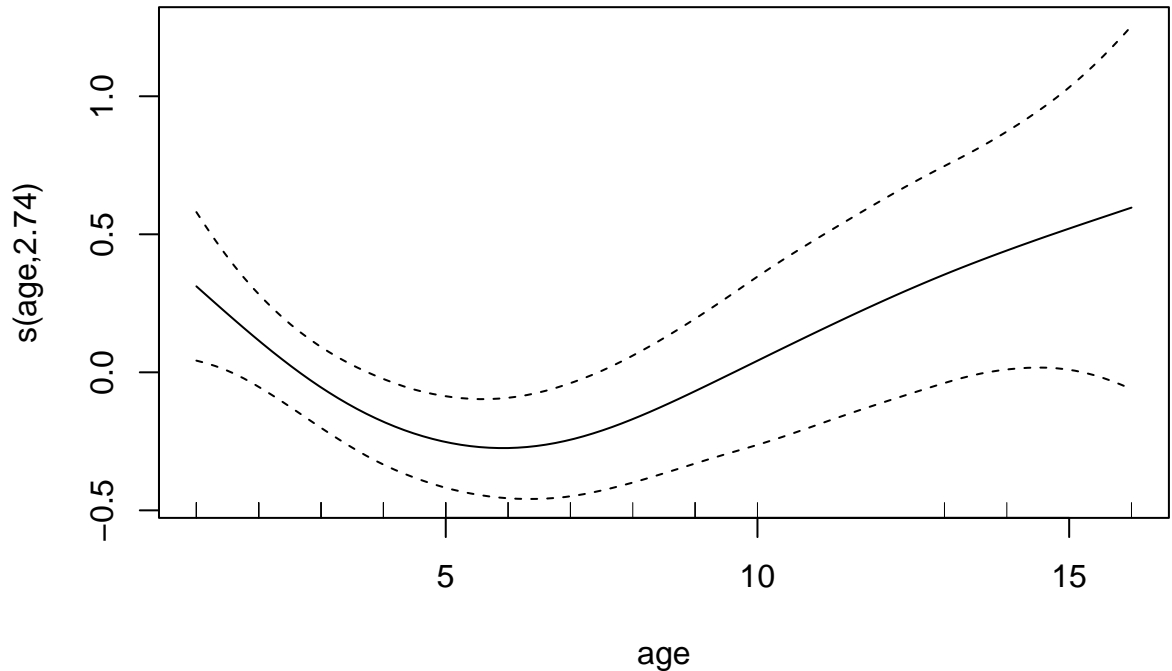
Null deviance: 45.717 on 32 degrees of freedom
 Residual deviance: 45.598 on 31 degrees of freedom
 AIC: 49.598

Number of Fisher Scoring iterations: 3

Le modèle n'est pas pertinent. On accepte la nullité du coefficient *age*, ce qui signifie que le modèle constant est meilleur que le modèle avec la variable *age*.

2. Ajuster un modèle additif, toujours avec uniquement la variable *age*.

```
mod.panne <- mgcv::gam(etat~s(age),data=panne)
plot(mod.panne)
```



3. En utilisant le modèle additif, proposer un nouveau modèle logistique plus pertinent.

Il semble que l'âge agisse de façon quadratique. Cela peut s'expliquer par le fait que les pannes interviennent souvent au début (phase de rodage) et à la fin (vieillessement de la machine).

```
mod2 <- glm(etat~age+I(age^2),data=panne,family=binomial)
summary(mod2)
```

Call:

```
glm(formula = etat ~ age + I(age^2), family = binomial, data = panne)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-1.54043	-0.74739	0.00033	0.64877	1.88091

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	4.18501	1.73860	2.407	0.01608 *
age	-2.03343	0.77401	-2.627	0.00861 **
I(age^2)	0.17601	0.07044	2.499	0.01247 *

Signif. codes:

0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

```
Null deviance: 45.717 on 32 degrees of freedom  
Residual deviance: 31.279 on 30 degrees of freedom  
AIC: 37.279
```

```
Number of Fisher Scoring iterations: 6
```

On remarque ici que l'âge devient "significatif" !

Références

Giraud, C. (2015). *Introduction to High-Dimensional Statistics*. CRC Press.