

# Statistique en grande dimension

L. Rouvière

*laurent.rouviere@univ-rennes2.fr*

SEPTEMBRE 2019

## Table des matières

<b>I</b>	<b>Introduction : le problème de la grande dimension</b>	<b>3</b>
<b>1</b>	<b>Quelques exemples</b>	<b>3</b>
<b>2</b>	<b>Grande dimension en régression</b>	<b>5</b>
2.1	Approche non paramétrique . . . . .	5
2.2	Approche paramétrique . . . . .	12
<b>3</b>	<b>Bibliographie</b>	<b>14</b>
<b>II</b>	<b>Réduction de la dimension</b>	<b>16</b>
<b>1</b>	<b>Sélections exhaustive et pas à pas</b>	<b>17</b>
<b>2</b>	<b>Régression sur composantes</b>	<b>19</b>
2.1	Régression sur composantes principales (PCR) . . . . .	20
2.1.1	Rappels ACP . . . . .	20
2.1.2	Retour à PCR . . . . .	24
2.2	Régression PLS . . . . .	26
2.3	Choix du nombre de composantes . . . . .	29
<b>3</b>	<b>Bibliographie</b>	<b>31</b>
<b>III</b>	<b>Approches régularisées</b>	<b>32</b>
<b>1</b>	<b>Régression ridge</b>	<b>33</b>
<b>2</b>	<b>Régression Lasso</b>	<b>35</b>
<b>3</b>	<b>Discrimination binaire</b>	<b>39</b>
<b>4</b>	<b>Bibliographie</b>	<b>40</b>

<b>IV</b>	<b>Clustering spectral</b>	<b>42</b>
<b>1</b>	<b>Apprentissage non supervisé - rappels</b>	<b>42</b>
1.1	Contexte - cadre mathématique . . . . .	42
1.2	Les classiques . . . . .	43
<b>2</b>	<b>Quelques notions sur les graphes</b>	<b>46</b>
2.1	Définitions - vocabulaire sur les graphes . . . . .	49
2.2	Statistiques descriptives sur les graphes . . . . .	52
2.2.1	Caractéristiques générales . . . . .	53
2.2.2	Importance des nœuds . . . . .	54
<b>3</b>	<b>Détection de communautés</b>	<b>55</b>
<b>4</b>	<b>Bibliographie</b>	<b>61</b>

## Présentation

- *Objectifs* : identifier le problème de la grande dimension et adapter les techniques traditionnelles à ce cadre.
- *Pré-requis* : théorie des probabilités, modélisation statistique, régression (linéaire et logistique). R, niveau avancé.
- *Enseignant* : Laurent Rouvière [laurent.rouviere@univ-rennes2.fr](mailto:laurent.rouviere@univ-rennes2.fr)
  - **Recherche** : statistique non paramétrique, apprentissage statistique
  - **Enseignements** : statistique et probabilités (Université, école d'ingénieur et de commerce, formation continue).
  - **Consulting** : energie, finance, marketing.

## Programme

- 24h : 15h *CM* + 9 *TP* + 0h *TD*.
- *Matériel* : slides + notebook R. Disponible à l'url : [https://lrouviere.github.io/stat\\_grand\\_dim/](https://lrouviere.github.io/stat_grand_dim/)
- 4 *parties* :
  1. **Introduction** : le problème de la grande dimension
  2. **Régression sur composantes et sélection de variables**
  3. **Approches régularisées**
  4. **Clustering et approches par graphes**

## Première partie

# Introduction : le problème de la grande dimension

### Quelques citations

[*Giraud, 2015*]

- Over the last twenty years (or so), the dramatic development of data acquisition technologies has enabled devices able to take **thousands (up to million) of measurements simultaneously**.
- Having access to such massive data sounds like a **blessing**.
- Indeed, **separating the useful information from the noise** is generally almost impossible in high dimensional settings.
- This issue is often referred as *the curse of dimensionality*.

[*Bühlmann and van de Geer, 2011*]

- High-dimensional data are nowadays **rule rather than exception** in areas like information technology, bioinformatics or astronomy...
- The word "high-dimensional" refers to the situation where the **number of unknown parameters** which are to be estimated is one or several orders of magnitude larger than the **number of samples in the data**.
- Classical statistical inference *cannot be used* for high dimensional problems.

### En résumé

- *Constat* : de plus en plus de données à disposition.

### Positif

**Beaucoup d'information** pour répondre au problème posé.

### Négatif

- Difficile de dissocier **l'information pertinente du bruit**.
- Modèle de plus en plus **complexe**  $\implies$  de plus en plus de **paramètres**  $\implies$  difficile de bien **estimer**.

## 1 Quelques exemples

### Détection de spam

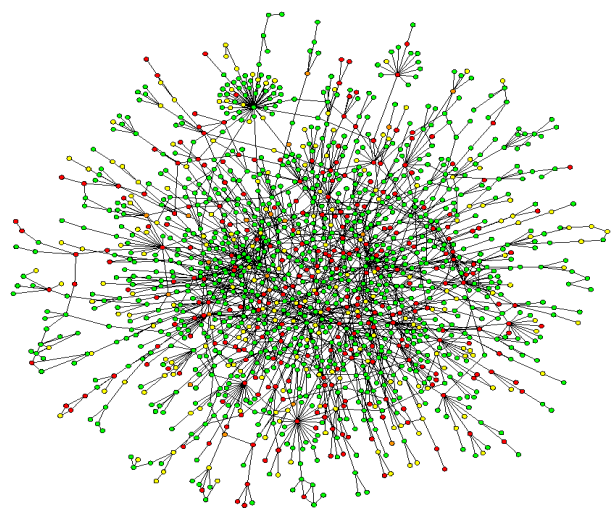
- Sur 4601 mails, on a pu identifier *1813 spams*.
- On a également mesuré sur chacun de ces mails la présence ou absence de *57 mots*.

```
> spam %>% select(c(1:8,58)) %>% head()
##   make address  all num3d  our over remove internet type
## 1 0.00    0.64 0.64    0 0.32 0.00    0.00    0.00 spam
## 2 0.21    0.28 0.50    0 0.14 0.28    0.21    0.07 spam
## 3 0.06    0.00 0.71    0 1.23 0.19    0.19    0.12 spam
## 4 0.00    0.00 0.00    0 0.63 0.00    0.31    0.63 spam
## 5 0.00    0.00 0.00    0 0.63 0.00    0.31    0.63 spam
## 6 0.00    0.00 0.00    0 1.85 0.00    0.00    1.85 spam
```

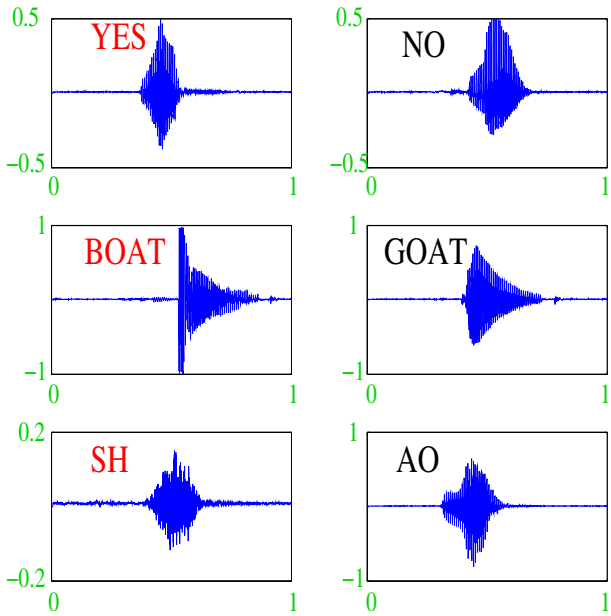
### Le problème

Expliquer **type** par  $p = 57$  variables.

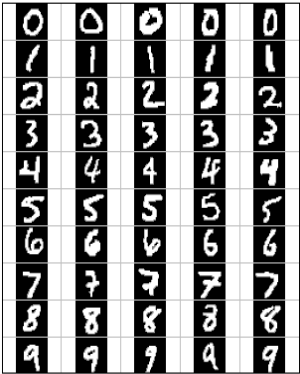
Réseaux



Données fonctionnelles



Images



## Quelques chiffres sur les capacités de stockage [Besse and Laurent, ]

Période	Mémoire	Ordre de grandeur
1940-70	Octet	$n = 30, p \leq 10$
1970	kO	$n = 500, p \leq 10$
1980	MO	Machine Learning
1990	GO	Data-Mining
2000	TO	$p > n$ , apprentissage statistique
2010	PO	$n$ explose, cloud, cluster...
2013	??	Big data
2017	??	Intelligence artificielle...

### Conclusion

Nécessité d'adapter les techniques traditionnelles à ces données volumineuses.

## 2 Grande dimension en régression

### Le problème de régression

— Les données :  $(x_1, y_1), \dots, (x_n, y_n)$  avec  $x_i \in \mathbb{R}^p$  et  $y_i \in \mathbb{R}$ .

— Le modèle

$$y_i = m(x_i) + \varepsilon_i \quad \text{avec} \quad \mathbf{E}[\varepsilon_i] = 0 \text{ et } \mathbf{V}[\varepsilon_i] = \sigma^2.$$

### Le problème

Estimer  $m : \mathbb{R}^p \rightarrow \mathbb{R}$ .

### Différentes approches

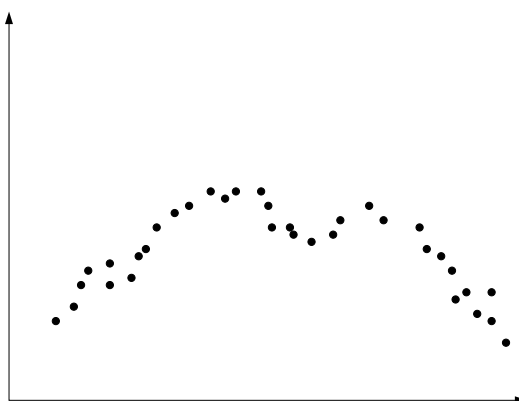
— Paramétrique : modèle linéaire et estimation par moindres carrés...

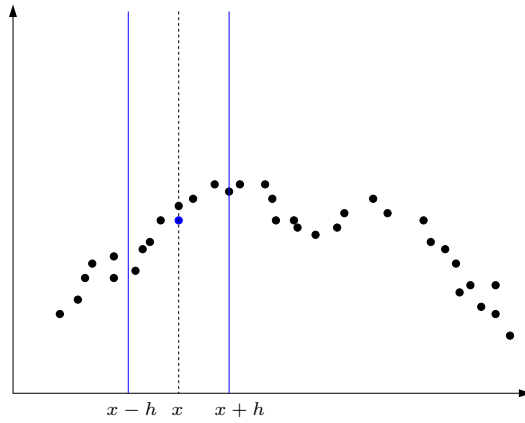
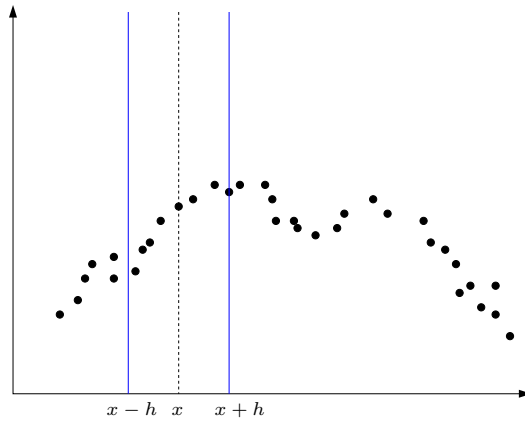
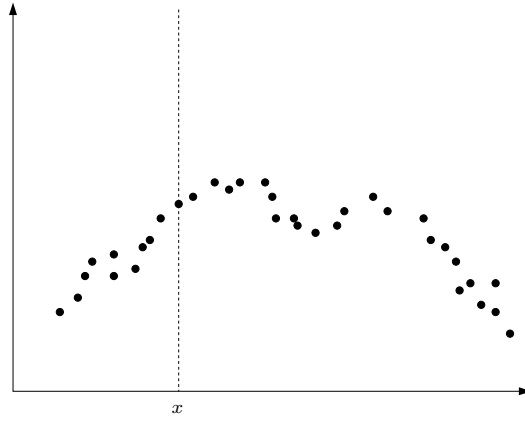
— Non paramétrique : noyau, plus proches voisins...

### 2.1 Approche non paramétrique

#### Estimateurs à noyau

— Non paramétriques : moyennes locales  $\hat{m}_n(x) = \sum_{i=1}^n W_{ni}(x) y_i$  où les poids  $W_{ni}(x)$  vont varier selon les algorithmes.





— L'estimateur s'écrit

$$\hat{m}_n(x) = \frac{\sum_{i=1}^n \mathbf{1}_{x-h \leq x_i \leq x+h} y_i}{\sum_{i=1}^n \mathbf{1}_{x-h \leq x_i \leq x+h}} = \frac{\sum_{i=1}^n \mathbf{1}_{\left|\frac{x_i-x}{h}\right| \leq 1} y_i}{\sum_{i=1}^n \mathbf{1}_{\left|\frac{x_i-x}{h}\right| \leq 1}}.$$

### Définition

Soit  $h > 0$  et  $K : \mathbb{R}^p \rightarrow \mathbb{R}^+$ . L'estimateur à noyau de *fenêtre*  $h$  et de *noyau*  $K$  est défini par

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

## Noyau et fenêtre

— Noyau usuel dans  $\mathbb{R}^p$  :

1. **Uniforme** :  $K(x) = \mathbf{1}_{\|x\| \leq 1}$  ;
2. **Gaussien** :  $K(x) = \exp(-\|x\|^2)$  ;
3. **Epanechnikov** :  $K(x) = \frac{3}{4}(1 - \|x\|^2)\mathbf{1}_{\|x\| \leq 1}$ .

— Le choix de  $h$  est *crucial* pour la qualité de l'estimation :

1.  **$h$  grand** : estimateur « constant », variance faible, biais fort ;
2.  **$h$  petit** : « interpolation », variance forte, biais faible.

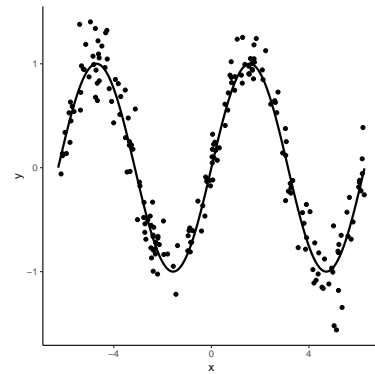
## Un exemple

— On génère un échantillon  $(X_i, Y_i), i = 1, \dots, n = 200$  selon

$$Y_i = \sin(X_i) + \varepsilon_i, \quad i = 1, \dots, n$$

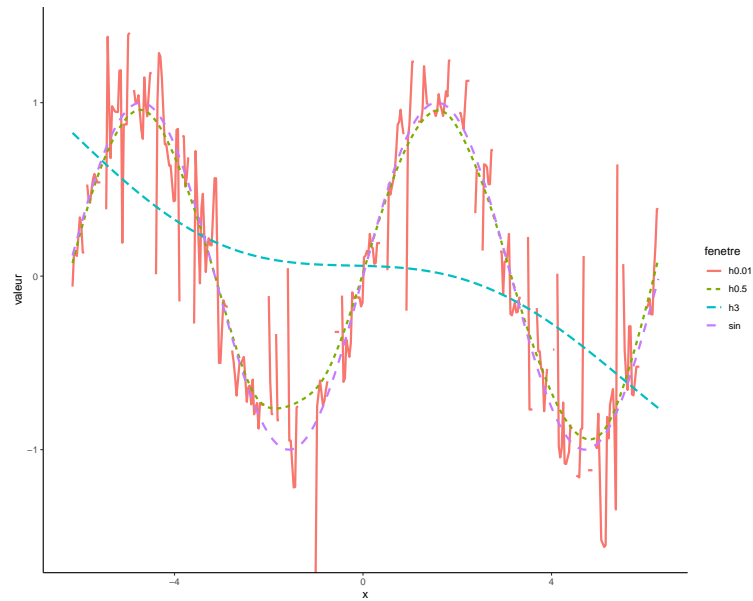
avec  $X_i$  uniformes sur  $[-2\pi, 2\pi]$ ,  $\varepsilon_i$  de loi gaussienne  $\mathcal{N}(0, 0.2^2)$ .

```
> n <- 200; set.seed(1234)
> X <- runif(n, -2*pi, 2*pi)
> eps <- rnorm(n, 0, 0.2)
> Y <- sin(X) + eps
> df <- data.frame(X=X, Y=Y)
> x <- seq(-2*pi, 2*pi, by=0.01)
> df1 <- data.frame(x=x, y=sin(x))
> ggplot(df1) + aes(x=x, y=y) +
+   geom_line(size=1) +
+   geom_point(data=df, aes(x=X, y=Y)) +
+   theme_classic()
```



## Tracé des estimateurs

```
> library("KernSmooth") #package a charger pour la fonction locpoly
> h1 <- 0.5; h2 <- 3; h3 <- 0.01
> fx1 <- locpoly(X, Y, bandwidth=h1)
> fx2 <- locpoly(X, Y, bandwidth=h2)
> fx3 <- locpoly(X, Y, bandwidth=h3)
> df2 <- data.frame(x=fx1$x, "h0.5"=fx1$y, "h3"=fx2$y, "h0.01"=fx3$y) %>%
+   mutate(sin=sin(x)) %>%
+   gather(key="fenetre", value="valeur", -x)
> ggplot(df2) + aes(x=x, y=valeur, color=fenetre, lty=fenetre) +
+   geom_line(size=1) + theme_classic()
```



## Algorithme de plus proches voisins

### Définition

Soit  $k \leq n$  un entier. L'estimateur des  $k$  plus proches voisins est défini par

$$\hat{m}_n(x) = \frac{1}{k} \sum_{i \in \text{kppv}(x)} y_i$$

où pour  $x \in \mathcal{X}$

$$\text{kppv}(x) = \{i : x_i \text{ fait partie des kppv de } x \text{ parmi } \{x_1, \dots, x_n\}\}.$$

### Remarque

Cette fois, c'est le paramètre  $k$  qui est **bleu** crucial pour la qualité de l'estimation :

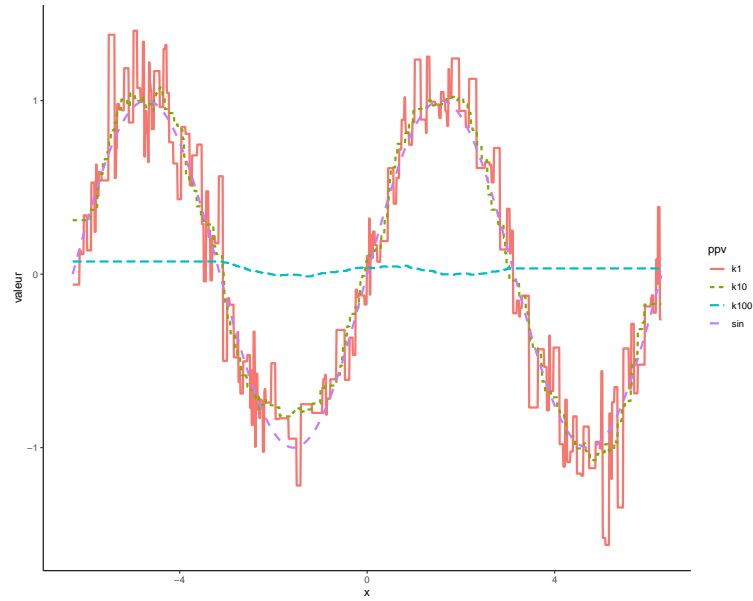
1.  $k$  **grand** : estimateur « constant », variance faible, biais fort ;
2.  $k$  **petit** : « sur-ajustement », variance forte, biais faible ;

## Exemple

— La fonction `knn.reg` du package **FNN** permet de construire des estimateurs de type  $k$  plus proches voisins.

```
> library(FNN)
> k1 <- 10; k2 <- 100; k3 <- 1
> fx1 <- knn.reg(train=X, test=as.matrix(x), y=Y, k=k1)
> fx2 <- knn.reg(train=X, test=as.matrix(x), y=Y, k=k2)
> fx3 <- knn.reg(train=X, test=as.matrix(x), y=Y, k=k3)
> df3 <- data.frame(x=x, "k10"=fx1$pred, "k100"=fx2$pred, "k1"=fx3$pred) %>%
+   mutate(sin=sin(x)) %>%
+   gather(key="ppv", value="valeur", -x)
> ggplot(df3)+aes(x=x, y=valeur, color=ppv, lty=ppv)+
+   geom_line(size=1)+theme_classic()
```





### Et que dit la théorie ?

- L'étude des propriétés des estimateurs peut s'effectuer en contrôlant le *risque quadratique*

$$\mathbf{E}\|\hat{m}_n - m\|^2 = \mathbf{E}\left\{\int (\hat{m}_n(x) - m(x))^2 \mu(dx)\right\}$$

qui se décompose en un terme de **biais** et de **variance**.

- Le contrôle du terme de biais nécessite des *hypothèses sur la régularité* de la fonction à estimer  $m$ .
- Nous donnons dans la suite des résultats pour les fonction *Lipschitziennes* :

$$|m(x) - m(z)| \leq C\|x - z\|, \quad \forall x, z \in \mathbb{R}^p.$$

### Théorème [Györfi et al., 2002]

- Pour l'estimateur à **noyau** de fenêtre  $h > 0$ , on a

$$\mathbf{E}\|\hat{m}_n - m\|^2 \leq C_1^2 h^2 + \frac{C_2}{nh^p}.$$

- Pour l'estimateur des **k ppv**, on a

$$\mathbf{E}\|\hat{m}_n - m\|^2 \leq \frac{C_3}{k} + C_4 \left(\frac{k}{n}\right)^{2/p}.$$

### Commentaire

- On retrouve bien **l'importance de  $h$  et  $k$**  dans les vitesses de convergence.
- On voit également que la **dimension  $p$  intervient** dans les vitesses de convergence.

### Corollaire

- La fenêtre et le nombre de ppv *optimaux* sont de l'ordre de

$$h^* = C_5 n^{-\frac{1}{p+2}} \quad \text{et} \quad k^* = C_6 n^{\frac{2}{p+2}}.$$

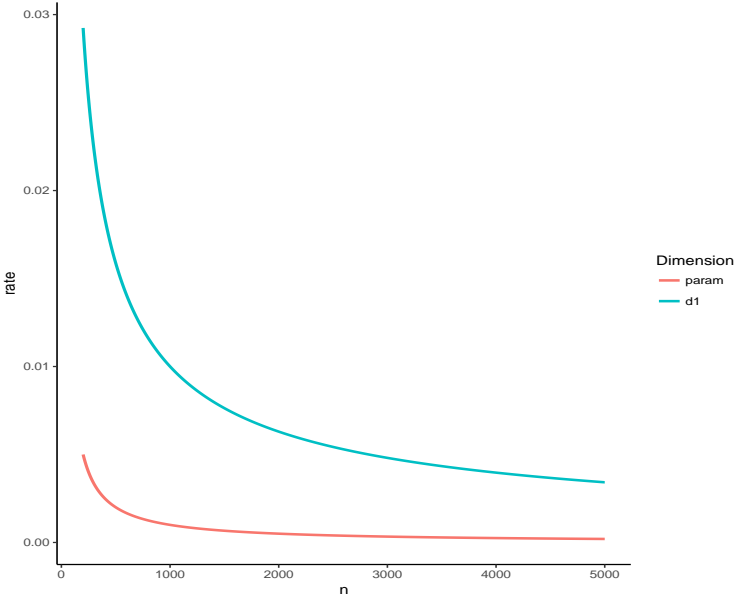
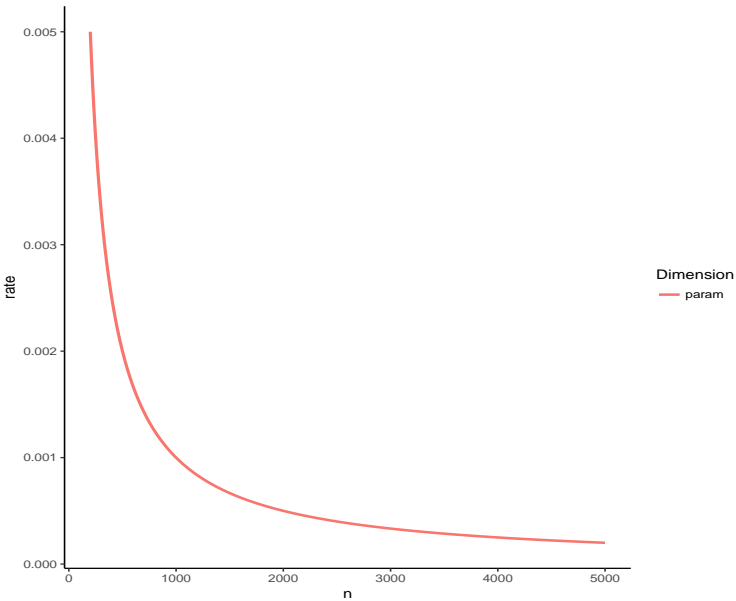
- Pour ces valeurs optimales, le *risque quadratique* vérifie

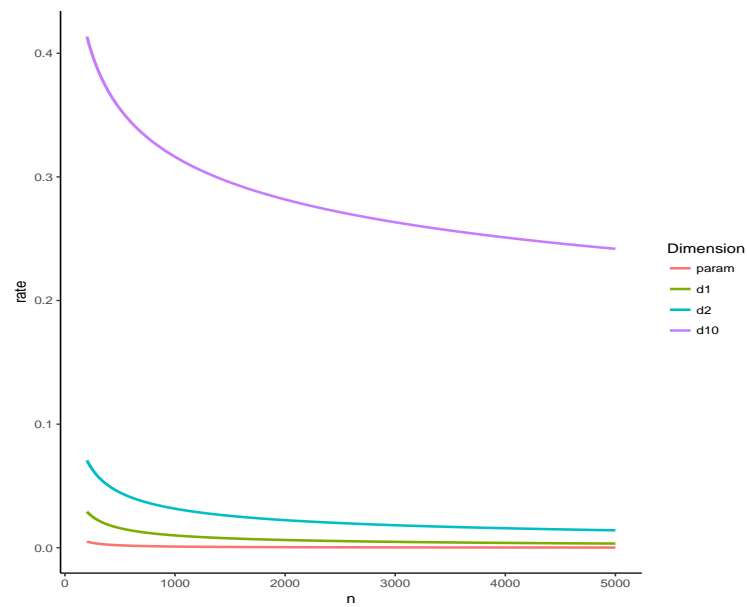
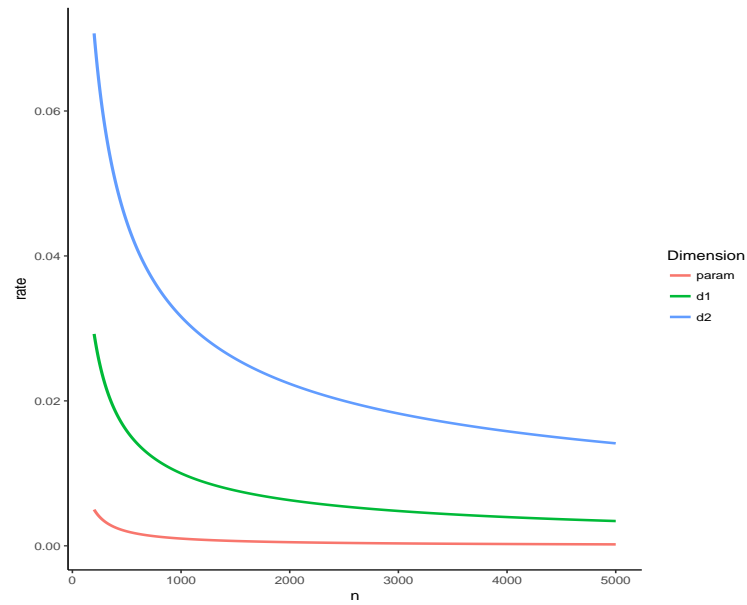
$$\mathbf{E}\|\hat{m}_n - m\|^2 \leq C_7 n^{-\frac{2}{p+2}}.$$

### Conséquence

- Lorsque  $p \nearrow$ , les estimateurs convergent **moins vite** et sont donc **moins précis**.
- C'est le **fléau de la dimension**.

Fléau de la dimension (Illustration)





### Pourquoi le fléau de la dimension ?

- Les estimateurs non paramétriques présentés sont basés sur des *moyennes locales*.
- On calcule des moyennes à partir d'observations *proches* du point où on veut estimer la fonction.
- Lorsque la dimension  $p$  augmente, la notion de proximité perd de son sens  $\implies$  difficile de trouver des *observations proches*.
- On dit que les *voisinages se vident*.

### Exemple [Giraud, 2015]

Soit  $X = (X_1, \dots, X_p)$  et  $Y = (Y_1, \dots, Y_p)$  2 vecteurs aléatoires indépendants de distribution uniforme sur  $[0, 1]^p$ , alors

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

## 2.2 Approche paramétrique

### Modèle linéaire

- Le modèle *linéaire* est le modèle **paramétrique** de référence.
- Ce modèle fait *l'hypothèse* que la fonction de régression  $m$  est linéaire en ses composantes :

$$y_i = m(x_i) + \varepsilon_i = \beta_1 x_{i1} + \dots + \beta_p x_{ip} + \varepsilon_i$$

avec  $\mathbf{E}[\varepsilon_i] = 0$  et  $\mathbf{V}[\varepsilon_i] = \sigma^2$ .

### Estimation

Estimer  $m$  revient à **estimer**  $\beta \in \mathbb{R}^p$  (dimension finie  $\implies$  **paramétrique**).

### Quelques propriétés

- L'approche *moindres carrés* consiste à minimiser

$$\sum_{i=1}^n \varepsilon_i^2 = \sum_{i=1}^n (y_i - \beta_1 x_{i1} + \dots + \beta_p x_{ip})^2$$

qui fournit l'estimateur des moindres carrés

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

- La fonction des régression  $m^*$  est alors estimée par

$$\hat{m}_n(x) = \hat{\beta}_1 x_1 + \dots + \hat{\beta}_p x_p.$$

### Propriété

Sous les *hypothèses du modèle linéaire*, on a

- $\mathbf{E}[\hat{\beta}] = \beta$  et  $\mathbf{V}[\hat{\beta}] = (\mathbb{X}^t \mathbb{X})^{-1} \sigma^2$ .
- On déduit (sous certains hypothèses supplémentaires sur le design)

$$\mathbf{E}[\|\hat{\beta} - \beta\|^2] = O\left(\frac{1}{n}\right) \quad \text{et} \quad \mathbf{E}[(\hat{m}_n(x) - m^*(x))^2] = O\left(\frac{1}{n}\right).$$

### Remarque

- On dit que l'estimateur des moindres carrés converge à la **vitesse paramétrique** ( $1/n$ ).
- Si on suppose de plus que les **erreurs**  $\varepsilon_i, i = 1 \dots, n$  sont **gaussiennes**, on déduit la **loi des estimateurs des moindres carrés** (qui nous permet d'obtenir des intervalles de confiance, des procédures de test...).
- Pour plus de précisions, on pourra se référer à [Grob, 2003, Cornillon et al., 2019].

### La dimension en régression linéaire

- La dimension  $p$  ne *semble* pas intervenir dans les résultats précédents !
- Elle est *bien présente* en réalité (cachée dans les "constantes").

### Exemple

- Sous le modèle linéaire, on a

$$\mathbf{E}[\|\hat{\beta} - \beta\|^2] = \text{Tr}((\mathbb{X}^t \mathbb{X})^{-1}) \sigma^2.$$

- Si on suppose de plus que  $\mathbb{X}$  est orthonormale, alors

$$\mathbf{E}[\|\hat{\beta} - \beta\|^2] = p \sigma^2.$$

### Conséquence

L'erreur d'estimation **augmente** avec la dimension !

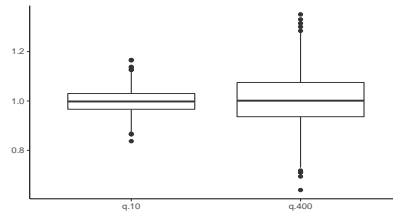
## Illustration

- On génère des données  $(x_i, y_i), i = 1, \dots, 500$  selon le modèle

$$Y = 1X_1 + 0X_2 + \dots + 0X_{q+1} + \varepsilon$$

où  $X_2, X_{q+1}, \dots, \varepsilon$  sont i.i.d. de loi  $\mathcal{N}(0, 1)$ .

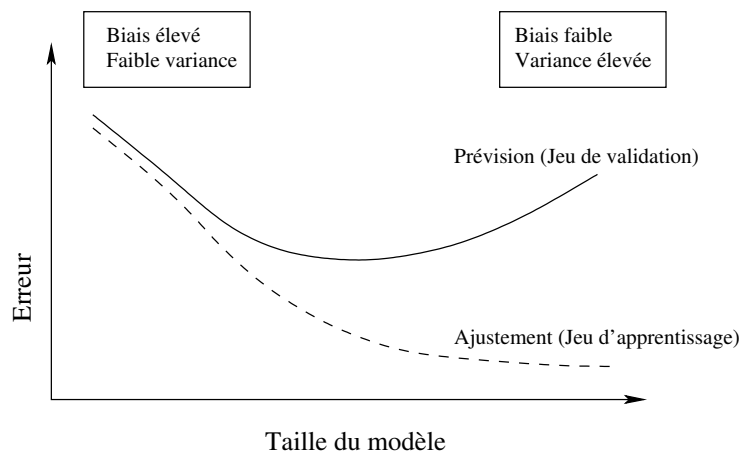
- On calcule l'estimateur de MCO de  $\beta_1$  sur 1000 répétitions. On trace les boxplot de ces estimateurs pour  $q = 10$  et  $q = 400$ .



## Conclusion

Plus de **variance** (donc **moins de précision**) lorsque le nombre de variables inutiles augmente.

## Taille de modèle



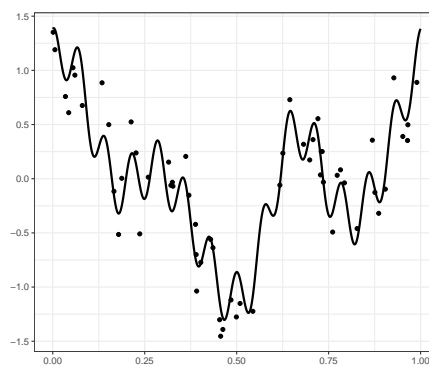
Idem erreur d'estimation (variance) / erreur d'approximation (biais).

## Autre exemple : régression fonctionnelle

- On souhaite reconstruire un *signal* à l'aide d'un *échantillon bruité* :

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

- L'échantillon et la vraie fonction se trouvent sur la figure ci-dessous.



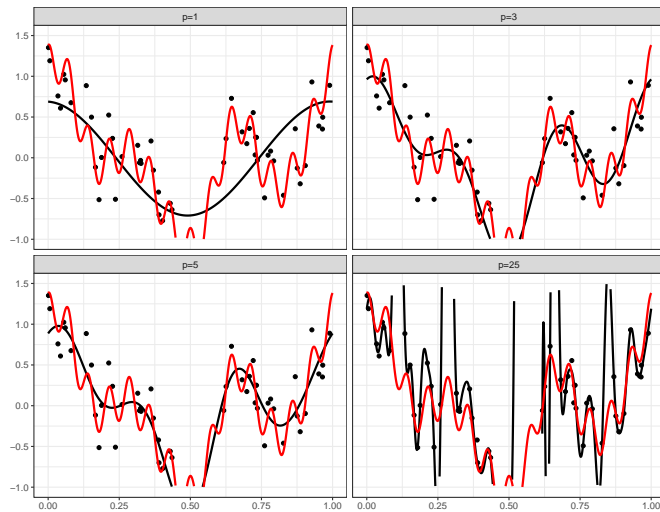
- La théorie du signal nous dit qu'une fonction (suffisamment) régulière peut être approchée dans le *domaine de Fourier*.
- Pour  $p$  assez grand, on a

$$m(x) = \alpha_0 + \sum_{j=1}^p (\beta_j \cos(2\pi jx) + \gamma_j \sin(2\pi jx)).$$

- On propose donc de considérer le *modèle linéaire de dimension  $2p + 1$*  :

$$y_i = \alpha_0 + \sum_{j=1}^p (\beta_j \cos(2\pi jx_i) + \gamma_j \sin(2\pi jx_i)) + \varepsilon_i.$$

### Résultats pour 4 valeurs de $p$



On *interpole* si  $p$  est trop grand.

### Conclusion

- En *grande dimension* les approches traditionnelles sont souvent **peu performantes**.
- Nécessité de les corriger.

### Comment ?

- Approches *machine learning* : trouver des modèles qui apprennent directement sur les données.
- Méthodes de *réduction de la dimension* : choix de variables ou de combinaisons de variables.
- Approches *régularisées* pour diminuer la variance...

## 3 Bibliographie

### Références

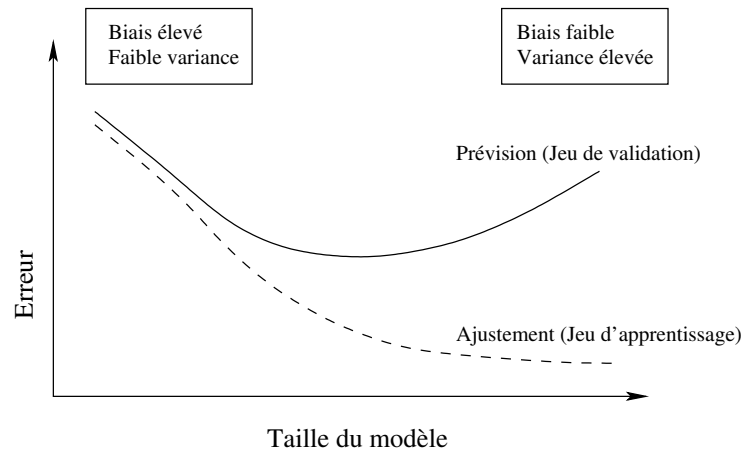
## Bibliol

- [Besse and Laurent, ] Besse, P. and Laurent, B. *Apprentissage Statistique modélisation, prévision, data mining*. INSA - Toulouse. [http://www.math.univ-toulouse.fr/~besse/pub/Appren\\_stat.pdf](http://www.math.univ-toulouse.fr/~besse/pub/Appren_stat.pdf).
- [Bühlmann and van de Geer, 2011] Bühlmann, P. and van de Geer, S. (2011). *Statistics for High-Dimensional Data : Methods, Theory and Applications*. Springer.
- [Cornillon et al., 2019] Cornillon, P., Hengartner, N., Matzner-Løber, E., and Rouvière, L. (2019). *Régression avec R*. EDP Sciences.
- [Giraud, 2015] Giraud, C. (2015). *Introduction to High-Dimensional Statistics*. CRC Press.
- [Grob, 2003] Grob, J. (2003). *Linear regression*. Springer.
- [Györfi et al., 2002] Györfi, L., Kohler, M., Krzyzak, A., and Harro, W. (2002). *A Distribution-Free Theory of Nonparametric Regression*. Springer.

## Deuxième partie

# Réduction de la dimension

### Rappels



Idem erreur d'estimation (variance) / erreur d'approximation (biais).

### Cadre

- $(X_1, Y_1), \dots, (X_n, Y_n)$  i.i.d. de même loi que  $(X, Y)$  à valeurs dans  $\mathbb{R}^p \times \mathcal{Y}$ ;
- Dans ce *chapitre*, on suppose que  $\mathcal{Y} = \mathbb{R}$  ou  $\{-1, 1\}$ ;

### Modèle linéaire et logistique

1. Si  $\mathcal{Y} = \mathbb{R}$ ,

$$m(x) = \mathbf{E}[Y|X = x] = \beta_0 + \beta_1 x_1 + \dots + \beta_d x_d = x^t \beta.$$

2. Si  $\mathcal{Y} = \{-1, 1\}$ ,

$$\text{logit } p(x) = \beta_0 + \beta_1 x_1 + \dots + \beta_d x_d = x^t \beta$$

où  $p(x) = \mathbf{P}(Y = 1|X = x)$ .

- Ces deux modèles font partie des *modèles de référence*.

### Limites

- Principalement 2 motifs d'insatisfaction :
  1. **Précision d'estimation** : les estimateurs des MCO pour la régression et du MV pour la logistique ont souvent un biais relativement faible mais une variance élevée (notamment lorsque le nombre de variables  $p$  est grand).
  2. **Interprétation** : lorsque le nombre de variables  $p$  est grand, on ne connaît pas les variables "importantes".

### Objectifs

- Avec l'augmentation du volume des données ces dernières années, ces deux inconvénients sont de plus en plus visibles.
- Nécessité de développer des procédures de sélection de sous-groupes de variables ou de combinaison de variables.



# 1 Sélections exhaustive et pas à pas

## Best subset selection

- $(X_1, Y_1), \dots, (X_n, Y_n)$  i.i.d. à valeurs dans  $\mathbb{R}^p \times \mathbb{R}$  ;
- $p$  variables explicatives  $\implies 2^p$  modèles concurrents.

## Approche exhaustive

1. Construire les  $2^p$  modèles ;
2. Choisir celui qui optimise un *critère* donné.

## Algorithme : best subset selection

1. Pour  $k = 0, \dots, p$  :
  - (a) Construire les  $\binom{p}{k}$  modèles linéaires à  $k$  variables ;
  - (b) Choisir parmi ces modèles celui qui a le plus grand  $R^2$ . ; On note  $\mathcal{M}_k$  le modèle sélectionné.
2. Choisir, parmi  $\mathcal{M}_0, \mathcal{M}_1, \dots, \mathcal{M}_p$ , le meilleur modèle au sens d'un *critère donné*.

## Exemples de critères (voir [Cornillon et al., 2019])

- **AIC** : Akaike Information Criterion

$$-2\mathcal{L}_n(\hat{\beta}) + 2p.$$

- **BIC** : Bayesian Information Criterion

$$-2\mathcal{L}_n(\hat{\beta}) + \log(n)p.$$

- $R^2$  ajusté :

$$R_a^2 = 1 - \frac{n-1}{n-p+1}(1-R^2) \quad \text{où} \quad R^2 = \frac{SSR}{SST} = \frac{\|\hat{\mathbf{Y}} - \bar{\mathbf{Y}}\mathbf{1}\|^2}{\|\mathbf{Y} - \bar{\mathbf{Y}}\mathbf{1}\|^2}.$$

- $C_p$  de Mallows :

$$C_p = \frac{1}{n} \left( \sum_{i=1}^n (Y_i - \hat{Y}_i)^2 + 2p\hat{\sigma}^2 \right).$$

## Ajustement complexité

- Ces critères sont constitués de deux parties :
  1. une qui mesure la *qualité d'ajustement* du modèle ;
  2. une autre qui mesure sa *complexité*.

## Exemple AIC

- $-2\mathcal{L}_n(\hat{\beta})$  mesure l'ajustement ;
- $2p$  mesure la complexité.

$\implies$  l'idée est de choisir un modèle de *complexité minimale* qui *ajuste bien* les données.

## Le coin R

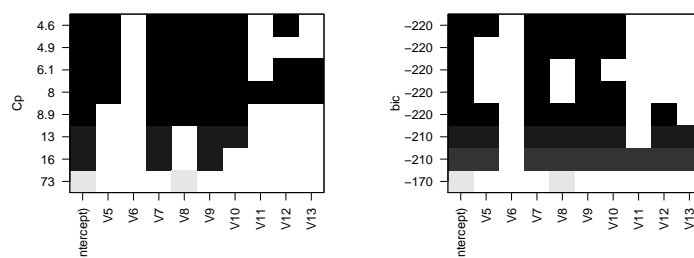
- La fonction `regsubsets` du package `leaps` permet d'utiliser cette *approche exhaustive*.

```

> library(mlbench)
> data(Ozone)
> library(leaps)
> reg.fit <- regsubsets(V4~V5+V6+V7+V8+V9+V10+V11+V12+V13,data=Ozone)
> summary(reg.fit)$outmat
##           V5 V6 V7 V8 V9 V10 V11 V12 V13
## 1  ( 1 ) " " " " " " " " " " " " " " " "
## 2  ( 1 ) " " " " " " " " " " " " " " " "
## 3  ( 1 ) " " " " " " " " " " " " " " " "
## 4  ( 1 ) " " " " " " " " " " " " " " " "
## 5  ( 1 ) " * " " " " " " " " " " " " " "
## 6  ( 1 ) " * " " " " " " " " " " " " " "
## 7  ( 1 ) " * " " " " " " " " " " " " " "
## 8  ( 1 ) " * " " " " " " " " " " " " " "

> plot(reg.fit,scale="Cp")
> plot(reg.fit,scale="bic")

```



## Conclusion

—  $C_p$  sélectionne :

$$Y = \beta_0 + \beta_1 V_5 + \beta_2 V_7 + \beta_3 V_8 + \beta_4 V_9 + \beta_5 V_{10} + \beta_6 V_{12} + \varepsilon.$$

— BIC sélectionne :

$$Y = \beta_0 + \beta_1 V_5 + \beta_2 V_7 + \beta_3 V_8 + \beta_4 V_9 + \beta_5 V_{10} + \varepsilon.$$

## Approche pas à pas (stepwise)

- L'avantage de l'approche exhaustive est qu'elle balaie tous les modèles.
- L'inconvénient est que le temps de calcul devient vite très important (résultat long au delà de  $p = 30$ ).
- Lorsque le nombre de variables est grand, on privilégie souvent les méthodes pas à pas qui consistent à construire les modèles de façon récursive, en ajoutant (ou supprimant) une variable explicative à chaque étape.

## Ascendant (forward)

1. Construire  $\mathcal{M}_0$  le modèle null (avec uniquement la constante);
2. Pour  $k = 0, \dots, p - 1$  :
  - (a) Construire les  $p - k$  modèles consistant à ajouter une variable dans  $\mathcal{M}_k$ ;
  - (b) Choisir, parmi ces  $p - k$  modèles, celui qui maximise le  $R^2 \rightarrow \mathcal{M}_{k+1}$ .
3. Choisir, parmi  $\mathcal{M}_0, \dots, \mathcal{M}_p$ , le meilleur modèle au sens d'un critère donné.

## Descendant (backward)

1. Construire  $\mathcal{M}_p$  le modèle complet (avec les  $p$  variables);
2. Pour  $k = p, \dots, 1$  :
  - (a) Construire les  $k$  modèles consistant à supprimer une variable dans  $\mathcal{M}_k$ ;
  - (b) Choisir, parmi ces  $k$  modèles, celui qui maximise le  $R^2 \rightarrow \mathcal{M}_{k-1}$ .
3. Choisir, parmi  $\mathcal{M}_0, \dots, \mathcal{M}_p$ , le meilleur modèle au sens d'un critère donné.

## Le coin R

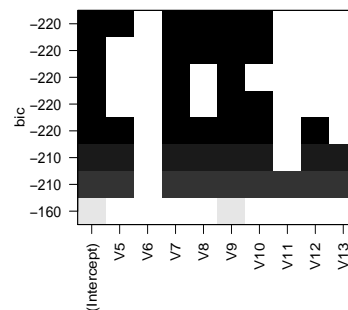
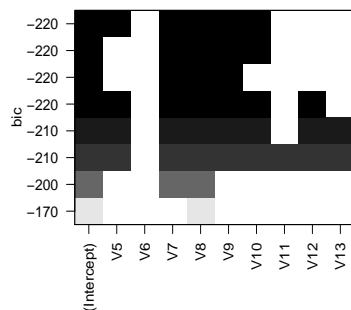
- Il suffit d'ajouter l'argument `method="forward"` ou `method="backward"` dans `regsubsets` pour utiliser ces procédures *pas à pas*.

```
> reg.fit.for <- regsubsets(V4~V5+V6+V7+V8+V9+V10+V11+V12+V13,  
+                           data=Ozone,method="forward")  
> reg.fit.back <- regsubsets(V4~V5+V6+V7+V8+V9+V10+V11+V12+V13,  
+                             data=Ozone,method="backward")
```

```
> summary(reg.fit.for)$outmat  
##      V5 V6 V7 V8 V9 V10 V11 V12 V13  
## 1 ( 1 ) " " " " " " " " " " " "  
## 2 ( 1 ) " " " " " " " " " " " "  
## 3 ( 1 ) " " " " " " " " " " " "  
## 4 ( 1 ) " " " " " " " " " " " "  
## 5 ( 1 ) " " " " " " " " " " " "  
## 6 ( 1 ) " " " " " " " " " " " "  
## 7 ( 1 ) " " " " " " " " " " " "  
## 8 ( 1 ) " " " " " " " " " " " "
```

```
> summary(reg.fit.back)$outmat  
##      V5 V6 V7 V8 V9 V10 V11 V12 V13  
## 1 ( 1 ) " " " " " " " " " " " "  
## 2 ( 1 ) " " " " " " " " " " " "  
## 3 ( 1 ) " " " " " " " " " " " "  
## 4 ( 1 ) " " " " " " " " " " " "  
## 5 ( 1 ) " " " " " " " " " " " "  
## 6 ( 1 ) " " " " " " " " " " " "  
## 7 ( 1 ) " " " " " " " " " " " "  
## 8 ( 1 ) " " " " " " " " " " " "
```

```
> plot(reg.fit.for,scale="bic")  
> plot(reg.fit.back,scale="bic")
```



### Remarque

Sur cet exemple, les deux algorithmes sélectionnent le même modèle (ce n'est **pas** forcément toujours le cas).

## Cas de la discrimination binaire

- Les approches *exhaustive* et *pas à pas* ont été présentées dans un cadre de **régression** ( $\mathcal{Y} = \mathbb{R}$ );
- Elles se *transposent* naturellement à la **discrimination binaire** ( $\mathcal{Y} = \{-1, 1\}$ ).
- Sur R, on pourra utiliser :
  - la fonction `bestglm` du package `bestglm` pour l'approche *exhaustive*.
  - la fonction `step` pour les procédures *pas à pas*.

## 2 Régression sur composantes

### Cadre

1. on cherche toujours à expliquer  $Y \in \mathbb{R}$  par  $X = (X_1, \dots, X_p) \in \mathbb{R}^p$ .
2. ***p* grand** et/ou **fortes corrélations** entre les  $X_j, j = 1, \dots, p$ .

### L'idée

- Réduire la dimension et atténuer l'influence de la corrélation en **ne considérant plus les variables initiales...**
- mais un nombre **restreint** de **combinaisons (linéaires) de variables**.

## La démarche

- Trouver un nombre (*petit*) de *combinaisons linéaires des variables initiales* :

$$Z_m = w_{1,m}X_1 + \dots + w_{p,m}X_p = w^t X.$$

- Effectuer la *régression linéaire* de  $Y$  sur les  $Z_m, m = 1, \dots, M$  :

$$Y = \alpha_0 + \alpha_1 Z_1 + \dots + \alpha_M Z_M + \varepsilon.$$

### Questions

1. Comment choisir les *combinaisons linéaires* ?
2. Comment choisir  $M$  ?

## 2.1 Régression sur composantes principales (PCR)

- L'*analyse en composantes principales* (**ACP**) fait partie des méthodes standards pour construire des combinaisons linéaires de variables quantitatives.
- L'approche consiste à définir des CL des variables qui *restituent "au mieux" l'information* d'un tableau de données.
- Outil de *statistique descriptive* (visualiser des données de "grande dimension" dans des espaces de petite dimension) mais aussi de *réduction de dimension*.

### 2.1.1 Rappels ACP

#### Notations

- Tableau des données

$$X = \begin{matrix} & X_1 & \dots & X_p \\ \begin{matrix} e_1 \\ \vdots \\ e_n \end{matrix} & \begin{pmatrix} x_{1,1} & \dots & x_{1,p} \\ \vdots & & \vdots \\ x_{n,1} & \dots & x_{n,p} \end{pmatrix} \end{matrix}$$

- $e_i = (x_{i,1}, \dots, x_{i,p})'$  l'individu  $i$  et  $X_j = (x_{1,j}, \dots, x_{n,j})'$  la variable  $j$ .
- $e_i \in \mathbb{R}^p$ , la représentation de l'ensemble des individus est un nuage de points dans  $\mathbb{R}^p$ , appelé *nuage des individus*,  $\mathcal{N}$ .
- $X_j \in \mathbb{R}^n$ , la représentation de l'ensemble des variables est un nuage de points dans  $\mathbb{R}^n$ , appelé *nuage des variables*,  $\mathcal{M}$ .

### Remarque

Si l'œil était capable de *visualiser dans  $\mathbb{R}^n$  et  $\mathbb{R}^p$* , il n'y aurait pas de problème...

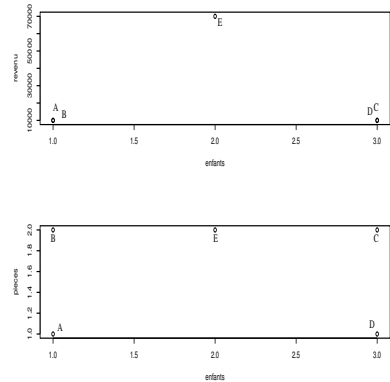
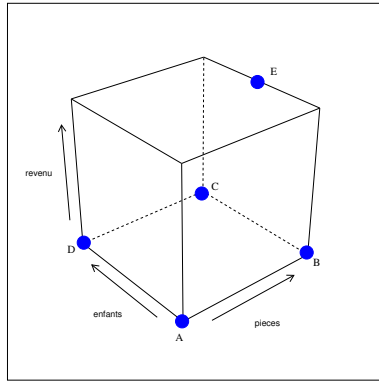
### Objectifs

Déterminer un *sous-espace de dimension réduite* qui soit "compréhensible" par l'œil sur lequel projeter le nuage.

### Un exemple "jouet"

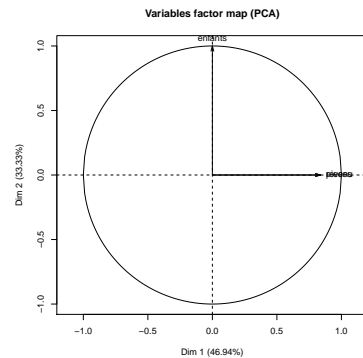
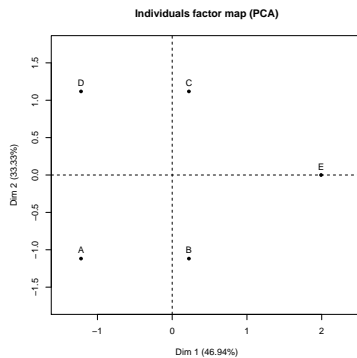
Ménage	Revenu	nb pièces	nb enfants
A	10 000	1	1
B	10 000	2	1
C	10 000	2	3
D	10 000	1	3
E	70 000	2	2

## Diverses représentations



## Fonction PCA

```
> library(FactoMineR)
> pes.pca <- PCA(df)
```



## Projection ACP

Le **plan de projection** est ici défini par  $\mathcal{P} = \text{vect}(X_1 + X_2, X_3)$ .

## Notations

On se place dans l'espace  $\mathbb{R}^p$  muni de la distance euclidienne :

- $\langle e_i, e_j \rangle = \sum_{k=1}^p x_{i,k} x_{j,k}$
- $\|e_i\|^2 = \sum_{k=1}^p e_{i,k}^2$
- $d(e_i, e_j)^2 = \sum_{k=1}^p (x_{i,k} - x_{j,k})^2 = \|e_i - e_j\|^2$

Centrage des données :

- Soit  $G = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n e_i = (\bar{X}_1, \dots, \bar{X}_p)'$  le centre de gravité du nuage des individus.
- Pour simplifier l'écriture de la méthode, on centre le nuage :

$$e_i^c = \begin{pmatrix} x_{i,1} - \bar{X}_1 \\ \vdots \\ x_{i,p} - \bar{X}_p \end{pmatrix} \quad \text{et} \quad \mathcal{N}^c = \{e_1^c, \dots, e_n^c\}.$$

## Idée

Chercher à **projeter** les observations dans un sous-espace  $\mathcal{F}$  visible à l'œil qui "restitue au mieux" l'**information** contenue dans le tableau.

## L'inertie

— On appelle *inertie totale* du nuage de points  $\mathcal{N}$

$$I(\mathcal{N}) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n d(e_i, G)^2 = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \|e_i - G\|^2 = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \|e_i^c\|^2 = I(\mathcal{N}^c).$$

— On appelle *inertie portée par un sous espace  $\mathcal{F}$*  du nuage de points  $\mathcal{N}$

$$I_{\mathcal{F}}(\mathcal{N}) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \|P_{\mathcal{F}}(e_i^c)\|^2,$$

où  $P_{\mathcal{F}}(\cdot)$  est la projection orthogonale sur  $\mathcal{F}$ .

Il est facile de voir que  $I_{\mathcal{F}}(\mathcal{N}) \leq I(\mathcal{N})$  : **projeter fait perdre de l'inertie**.

## Objectif

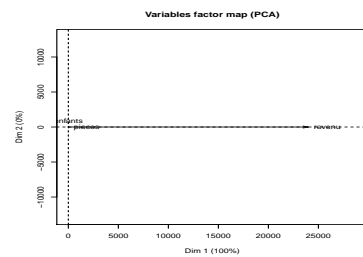
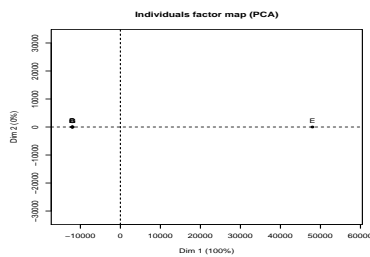
Trouver le sous espace  $\mathcal{F}$  qui **minimise cette perte d'inertie**, ou encore trouver le sous espace  $\mathcal{F}$  tel que

$$I_{\mathcal{F}}(\mathcal{N}) \text{ soit maximale.}$$

## Un "léger" problème

1. Les variables ne sont généralement *pas à la même échelle*.
2. L'inertie est donc généralement "portée" par un *sous groupe de variables*.
3. Sur l'exemple, la variable **revenu** porte à elle seule la quasi totalité de l'inertie...

```
> pes.pca1 <- PCA(df, scale.unit = FALSE)
```



## Centrage-réduction

Pour pallier à cette difficulté, on **réduit** les données initiales :

$$X = \begin{pmatrix} e_1 \\ \vdots \\ e_n \end{pmatrix} \begin{pmatrix} X_1 & \dots & X_p \\ \tilde{x}_{11} & \dots & \tilde{x}_{1p} \\ \vdots & \vdots & \vdots \\ \tilde{x}_{n1} & \dots & \tilde{x}_{np} \end{pmatrix} \text{ avec } \tilde{x}_{ij} = \frac{x_{ij} - \bar{X}_j}{\sigma_j} \text{ et } \sigma_j = \sigma(X_j).$$

Avec un léger abus, on note  $x_{ij} = \tilde{x}_{ij}$ .

## "Meilleur" sous-espace de dimension 1

Il s'agit de chercher une droite vectorielle  $\Delta_1$  dirigée par un *vecteur unitaire*  $u_1 \in \mathbb{R}^p$  telle que  $I_{\Delta_1}(\mathcal{N})$  soit *maximale*.

### Propriété

—  $I_{\Delta_1}(\mathcal{N}) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \langle e_i, u_1 \rangle^2 = \frac{1}{n} C_1' C_1$  où

$$C_1 = (\langle e_1, u_1 \rangle, \dots, \langle e_n, u_1 \rangle)' = X u_1.$$

### Le problème mathématique

Chercher  $u_1$  unitaire qui maximise  $I_{\Delta_1}(\mathcal{N})$  revient à résoudre le **problème d'optimisation** suivant :

$$\text{maximiser } \frac{1}{n} u_1' X' X u_1 \text{ sous la contrainte } \|u_1\| = 1.$$

### Propriété

Un vecteur propre unitaire  $u_1$  rendant l'inertie  $I_{\Delta_1}(\mathcal{N})$  maximale est un vecteur propre normé associé à la *plus grande valeur propre*  $\lambda_1$  de la matrice  $\Sigma = \frac{1}{n} X' X$ .

### Remarques

- La matrice d'inertie  $\Sigma = \frac{1}{n} X' X$  étant symétrique et définie positive, elle est diagonalisable et *toutes ses valeurs propres sont positives ou nulles*.
- $u_1$  est appelé *premier axe factoriel*.

## Exemple

- Sur l'exemple "jouet" on a :

```
> df1 <- as.matrix(df)
> n <- nrow(df1)
> Xbar <- apply(df1,2,mean)
> stdX <- sqrt(apply(df1,2,var)*(n-1)/n)
> dfc <- sweep(df1,2,Xbar,FUN="-")
> dfcr <- sweep(dfc,2,stdX,FUN="/")
> 1/nrow(dfcr)*t(dfcr)%*%dfcr
##          revenu    pieces enfants
## revenu  1.0000000  0.4082483      0
## pieces  0.4082483  1.0000000      0
## enfants 0.0000000  0.0000000      1
```

- Premier axe factoriel :

```
> XX <- 1/nrow(dfcr)*t(dfcr)%*%dfcr
> u1 <- eigen(XX)$vectors[,1]
> u1
## [1] 0.7071068 0.7071068 0.0000000
```

- Coordonnées sur le premier axe :

```
> dfcr %*%u1
##          [,1]
## A -1.2195788
## B  0.2237969
## C  0.2237969
## D -1.2195788
## E  1.9915638
```

- Que l'on retrouve dans les sorties de PCA :

```
> res.pca$ind$coord[,1]
##          A          B          C          D          E
## -1.2195788  0.2237969  0.2237969 -1.2195788  1.9915638
```

## Second axe

### Problème

Trouver une droite vectorielle  $\Delta_2$  dirigée par un **vecteur normé**  $u_2$  telle que

$$\begin{cases} I_{\Delta_2}(\mathcal{N}) = u_2' \Sigma u_2 \text{ maximale} \\ \|u_2\|^2 = u_2' u_2 = 1 \\ \langle u_2, u_1 \rangle = u_2' u_1 = 0 \end{cases}$$

### Solution

Un vecteur unitaire  $u_2$  solution du problème précédent est un vecteur propre normé associé à la *deuxième plus grande valeur propre*  $\lambda_2$  de la matrice  $\Sigma = \frac{1}{n} X' X$ .

### Question

Le plan  $\text{vect}(u_1, u_2)$  est-il le **meilleur sous espace de dimension 2** en terme de maximisation d'inertie projetée ?

### Réponse

**La réponse est oui !** On déduit ainsi qu'un sous-espace de dimension  $q < p$  qui maximise l'inertie projetée est donné par  $\text{vect}(u_1, \dots, u_q)$  où  $u_j$  est un vecteur normé associé à la  $j^{\text{ème}}$  plus grande valeur propre  $\lambda_j$  de  $\Sigma = \frac{1}{n} X' X$ .

**Conclusion :** chercher les axes factoriels revient à *diagonaliser*  $\Sigma = \frac{1}{n} X' X$ .

## ACP $\approx$ changement de base

Base canonique	Base $\{u_1, \dots, u_p\}$
$X = \begin{pmatrix} X_1 & \dots & X_p \\ x_{11} & \dots & x_{1p} \\ \vdots & \vdots & \vdots \\ x_{n1} & \dots & x_{np} \end{pmatrix}$	$X = \begin{pmatrix} C_1 & \dots & C_p \\ c_{11} & \dots & c_{1p} \\ \vdots & \vdots & \vdots \\ c_{n1} & \dots & c_{np} \end{pmatrix}$

### Propriété

1.  $C_j = X u_j = \sum_{k=1}^p u_{kj} X_k$
2.  $C_j$  centrée,  $V(C_j) = \frac{1}{n} \|C_j\|^2 = \lambda_j = I_{\Delta_j}(\mathcal{N})$  et  $\rho(C_j, C_k) = 0, k \neq j$ .

### Conclusion

L'ACP normée remplace les variables d'origines  $X_j$  par de nouvelles variables  $C_j$  appelées *composantes principales*, de variance maximale, non corrélées deux à deux et qui s'expriment comme combinaison linéaire des variables d'origine.

### 2.1.2 Retour à PCR

#### Étapes

1. Choisir un *nombre de composantes*  $M$ .
2. Calculer les *composantes principales*  $Z_1 = X u_1, \dots, Z_M = X u_M$ .
3. Calculer l'estimateur des *MCO* dans l'espace des *composantes principales*.

#### Remarque importante

- Comme l'ACP, méthode **non invariante par changement d'échelle**.
- Il est souvent préférable de **(centrer)-réduire** les données au préalable.
- Souvent fait par défaut par les logiciels.



## Algorithme PCR

1. Faire l'ACP du tableau  $\tilde{X}$  (centré/réduit)  $\Rightarrow u_1, \dots, u_M$  **axes factoriels** et  $Z_k = \sum_{j=1}^p u_{k,j} \tilde{X}_j, k = 1, \dots, M$  composantes principales.
2. Effectuer la régression de  $Y$  sur les  $Z_j$  :

$$Y = \theta_0 + \theta_1 Z_1 + \dots + \theta_M Z_M + \varepsilon$$

### Estimateurs MCO

$$\hat{\theta}_0 = \bar{Y} \quad \text{et} \quad \hat{\theta}_k = \frac{\langle Z_k, Y \rangle}{\|Z_k\|^2}.$$

## Prévision

- Nouvelle observation  $x \Rightarrow \tilde{x}$  sa version centrée réduite.
- Calcul des variables dans l'espace de l'ACP :

$$z_1 = u'_1 \tilde{x}, \dots, z_M = u'_M \tilde{x}.$$

- Valeur prédite :

$$\hat{y} = \hat{\theta}_0 + \hat{\theta}_1 z_1 + \dots + \hat{\theta}_M z_M.$$

### Problème

- Modèle **difficilement interprétable** puisque les covariables  $Z$  sont des CL des variables initiales.
- Idée : revenir dans l'**espace initial**.

## Le modèle dans l'espace initial

$$\begin{aligned} \hat{y} &= \hat{\theta}_0 + \hat{\theta}_1 z_1 + \dots + \hat{\theta}_M z_M \\ &= \hat{\theta}_0 + \hat{\theta}_1 u'_1 \tilde{x} + \dots + \hat{\theta}_M u'_M \tilde{x} \\ &= \hat{\theta}_0 + \hat{\theta}_1 (u_{1,1} \tilde{x}_1 + \dots + u_{1,p} \tilde{x}_p) \\ &\quad \vdots \\ &\quad + \hat{\theta}_M (u_{M,1} \tilde{x}_1 + \dots + u_{M,p} \tilde{x}_p) \\ &= \bar{y} + \hat{\theta}' v_1 \tilde{x}_1 + \dots + \hat{\theta}' v_p \tilde{x}_p \\ &= \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 x_1 + \dots + \hat{\beta}_p x_p \end{aligned}$$

avec

$$\hat{\beta}_0 = \bar{y} - \sum_{j=1}^p \hat{\theta}' v_j \frac{\bar{x}_j}{\sigma_{x_j}} \quad \text{et} \quad \hat{\beta}_j = \frac{\hat{\theta}' v_j}{\sigma_{x_j}}, j = 1, \dots, p.$$

### Remarque importante

Ce changement d'espace est *important à connaître* car c'est généralement dans l'**espace initial** que les logiciels renvoient les **coefficients**.

- Exemple : jeu de données **Hitters**

```
> library(ISLR)
> Hitters <- na.omit(Hitters)
> dim(Hitters)
## [1] 263 20
> names(Hitters)
## [1] "AtBat" "Hits" "HmRun" "Runs" "RBI"
## [6] "Walks" "Years" "CAtBat" "CHits" "CHmRun"
## [11] "CRuns" "CRBI" "CWalks" "League" "Division"
## [16] "PutOuts" "Assists" "Errors" "Salary" "NewLeague"
```

## Le problème

Expliquer *Salary* par les autres variables.

## La fonction *pcr*

- La fonction *pcr* du package **pls** permet d'effectuer la régression :

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

- On peut obtenir les *coefficients* pour  $M = 5$  (dans l'espace des variables initiales) avec :

```
> coefficients(pcr.fit,ncomp=5)
## , , 5 comps
##           Salary
## AtBat      28.766042
## Hits       30.447021
## HmRun       25.844498
## Runs       33.000876
```

## Attention

- Ces coefficients sont calculés pour les données **réduites** ;
- Il faut diviser par les **écart-types** si on veut les valeurs sur les **variables initiales** ( $\hat{\beta}_j$ ).

## Prédiction

- Comme d'habitude, la fonction *predict* permet de calculer des prévisions.
- Pour obtenir les *valeurs prédites (ou ajustées)* des 5 premiers individus, on utilise

```
> predict(pcr.fit,newdata=Hitters[1:5,],ncomp=5)
## , , 5 comps
##
##           Salary
## -Alan Ashby      495.0068
## -Alvin Davis     547.8896
## -Andre Dawson    1010.2236
## -Andres Galarrraga 409.8232
## -Alfredo Griffin 524.9053
```

## 2.2 Régression PLS

### Cadre

- Idem à PCR : objectif *Réduction de dimension*.
- On cherche toujours des CL  $Z_1, \dots, Z_M$  des variables explicatives.
- **Différence avec PCR** : les composantes PLS vont être construites en *maximisant le lien avec la variable à expliquer*  $Y$ .

## Quelques notations

- $Y$  variable à expliquer et  $X = (X_1, \dots, X_p)$  variables explicatives.
- $\mathbb{Y} = (y_1, \dots, y_n)$  et  $\mathbb{X}$  la matrice  $n \times p$  des variables explicatives.
- Comme pour PCR, les covariables *sont centrées réduites* en début d'analyse  $\implies \tilde{\mathbb{X}}$  la matrice  $\mathbb{X}$  centrée réduite.

## Première composante PLS

- On note  $\mathbb{Y}^{(1)} = \mathbb{Y}$  et  $\tilde{\mathbb{X}}^{(1)} = \tilde{\mathbb{X}}$
- Elle s'obtient en calculant les produits scalaires entre  $\mathbb{Y}^{(1)}$  et les  $\tilde{\mathbb{X}}_j^{(1)}$  :

$$w_{1,j} = \langle \mathbb{Y}^{(1)}, \tilde{\mathbb{X}}_j^{(1)} \rangle \quad \text{ou encore} \quad w_1 = (w_{1,1}, \dots, w_{1,p}) = \tilde{\mathbb{X}}^{(1)'} \mathbb{Y}^{(1)}.$$

- *Première composante PLS* :  $Z_1 = w_1' \tilde{X}^{(1)}$  et  $\mathbb{Z}_1 = \tilde{\mathbb{X}}^{(1)} w_1$ .
- *Régression MCO* de  $Y^{(1)}$  sur  $Z_1$  :  $Y^{(1)} = \alpha_0 + \alpha_1 Z_1 + \varepsilon$ . Estimateurs :

$$\hat{\alpha}_0 = \bar{\mathbb{Y}}^{(1)} \quad \text{et} \quad \hat{\alpha}_1 = \frac{\langle \mathbb{Z}_1, \mathbb{Y}^{(1)} \rangle}{\langle \mathbb{Z}_1, \mathbb{Z}_1 \rangle}.$$

## Modèle PLS à 1 composante

- Il s'obtient par

$$\hat{Y}^{(1)} = \hat{\alpha}_0 + \hat{\alpha}_1 Z_1.$$

- On peut l'exprimer en fonction des *variables centrées réduites* :

$$\hat{Y}^{(1)} = \hat{\alpha}_0 + \hat{\alpha}_1 w_{1,1} \tilde{X}_1 + \dots + \hat{\alpha}_1 w_{1,p} \tilde{X}_p.$$

## Interprétation géométrique

- La régression est une *projection* :  $\hat{\mathbb{Y}}^{(1)} = P_{\mathbb{Z}_1}(\mathbb{Y}^{(1)})$ .
- **Interprétation** :  $\hat{\mathbb{Y}}^{(1)}$  s'interprète comme la part de  $\mathbb{Y}^{(1)}$  expliquée par  $Z_1$ .
- La part non expliquée est le résidu

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

## L'idée

Expliquer la **partie résiduelle** par la "**meilleure**" **combinaison linéaire orthogonale** à  $Z_1$ .

## Calcul de la deuxième composante

1. On *orthogonalise* chaque  $\tilde{\mathbb{X}}_j^{(1)}$  par rapport à  $\mathbb{Z}_1$  :

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

2. Produits scalaires entre  $\mathbb{Y}^{(2)}$  et les  $\tilde{\mathbb{X}}_j^{(2)}$

$$w_{2,j} = \langle \mathbb{Y}^{(2)}, \tilde{\mathbb{X}}_j^{(2)} \rangle \quad \text{ou encore} \quad w_2 = (w_{2,1}, \dots, w_{2,p}) = \tilde{\mathbb{X}}^{(2)'} \mathbb{Y}^{(2)}.$$

3. *Deuxième composante PLS* :  $Z_2 = w_2' \tilde{X}^{(2)}$  et  $\mathbb{Z}_2 = \tilde{\mathbb{X}}^{(2)} w_2$ .
4. *Régression MCO* de  $Y^{(2)}$  sur  $Z_2$  :  $Y^{(2)} = \alpha_2 Z_2 + \varepsilon$ . Estimateur :

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

puisque  $\hat{\mathbb{Y}}^{(1)}$  est orthogonal à  $\mathbb{Z}_2$ .

## Modèle PLS à 2 composantes

- Il s'obtient par

$$\hat{Y}^{(2)} = \hat{\alpha}_0 + \hat{\alpha}_1 Z_1 + \hat{\alpha}_2 Z_2.$$

- Ici encore, ce modèle peut s'exprimer comme un modèle *linéaire* en fonction des **variables initiales**

$$\hat{Y}^{(2)} = \hat{\alpha}_0 + \hat{\beta}_1^{(2)} \tilde{X}_1 + \dots + \hat{\beta}_p^{(2)} \tilde{X}_p.$$

### Généralisation

On peut **itérer ce procédé  $p$  fois** pour obtenir l'algorithme **PLS**.

### L'algorithme PLS, voir [Hastie et al., 2009]

1. On pose  $\hat{\mathbb{Y}}^{(0)} = \bar{\mathbb{Y}}$  et  $\tilde{\mathbb{X}}_j^{(0)} = \tilde{\mathbb{X}}_j, j = 1, \dots, p$ .
2. Pour  $m = 1, \dots, p$  :
  - (a)  $\mathbb{Z}_m = \sum_{j=1}^p w_{m,j} \tilde{\mathbb{X}}_j^{(m-1)}$  avec  $w_{m,j} = \langle \tilde{\mathbb{X}}_j^{(m-1)}, \mathbb{Y} \rangle$ .
  - (b)  $\hat{\alpha}_m = \frac{\langle \mathbb{Z}_m, \mathbb{Y} \rangle}{\langle \mathbb{Z}_m, \mathbb{Z}_m \rangle}$ .
  - (c)  $\hat{\mathbb{Y}}^{(m)} = \hat{\mathbb{Y}}^{(m-1)} + \hat{\alpha}_m \mathbb{Z}_m$ .
  - (d) Orthogonaliser  $\tilde{\mathbb{X}}_j^{(m-1)}$  par rapport à  $\mathbb{Z}_m$  :

$$\tilde{\mathbb{X}}_j^{(m)} = \tilde{\mathbb{X}}_j^{(m-1)} - \frac{\langle \mathbb{Z}_m, \tilde{\mathbb{X}}_j^{(m-1)} \rangle}{\langle \mathbb{Z}_m, \mathbb{Z}_m \rangle} \mathbb{Z}_m.$$

3. *Sortie* : la suite de valeurs ajustées  $\{\hat{\mathbb{Y}}^{(m)}\}_1^p$ .

### Retour dans l'espace initial

- Le modèle à  $m$  composantes s'écrit en fonction des *composantes PLS* :

$$\hat{Y}^{(m)} = \bar{Y} + \hat{\alpha}_1 Z_1 + \dots + \hat{\alpha}_m Z_m$$

- On peut le réécrire comme une *combinaison linéaire des variables initiales* :

$$\hat{Y}^{(m)} = \hat{\beta}_0^{(m)} + \hat{\beta}_1^{(m)} \tilde{X}_1 + \dots + \hat{\beta}_p^{(m)} \tilde{X}_p.$$

- Ce sont généralement ces coefficients  $\hat{\beta}_j^{(m)}$  qui sont *renvoyés par les logiciels*.

### Le coin R

- La régression PLS s'effectue à l'aide de la fonction *pls* du package **pls**.

```
> pls.fit <- plsr(Salary~.,data=Hitters,scale=TRUE)
```

- On obtient les *coefficients PLS* pour la première composante avec

```
> coefficients(pls.fit,ncomp = 1)
## , , 1 comps
##
##           Salary
## AtBat      25.0420570
## Hits       27.8270677
## HmRun       21.7597795
## Runs       26.6334747
## RBI        28.5110396
```

## PCR vs PLS

- Les deux approches permettent de *réduire la dimension* en considérant une **nombre restreint de composantes**  $Z_1, \dots, Z_m$ .
- Dans les deux cas, ces composantes
  1. sont des **combinaisons linéaires** des variables  $X_1, \dots, X_p$ .
  2. sont **orthogonales**.
- La seule *différence* entre les deux approches se situe dans le processus de **construction des composantes**.

### Remarque

- PCR utilise **uniquement les  $X$**  pour construire les composantes.
- PLS utilise les  **$X$  et  $Y$** .
- Il est possible d'écrire le **problème d'optimisation** résolu par ces composantes.

### Propriété, voir [**Hastie et al., 2009**]

On note  $S$  la matrice de variance covariance de  $\tilde{X}$  :  $S = \tilde{X}'\tilde{X}$ .

- Pour **PCR**, la  $m^e$  composante principale  $w_m$  est solution du problème

$$\max_w \mathbf{V}(\tilde{X}w)$$

sous la contrainte  $\|w\| = 1, w'Sw_\ell = 0, \ell = 1, \dots, m-1$ .

- Pour **PLS**, la  $m^e$  composante  $w_m$  est solution du problème

$$\max_w \text{Corr}^2(\mathbb{Y}, \tilde{X}w) \mathbf{V}(\tilde{X}w)$$

sous la contrainte  $\|w\| = 1, w'Sw_\ell = 0, \ell = 1, \dots, m-1$ .

## Commentaires

- Les *composantes principales* se calculent en cherchant la direction de  $\mathbb{R}^p$  dans laquelle la **variabilité** (des  $X$ ) est maximale.
- Pour **PLS**, on cherche à maximiser également la variabilité des  $X$ , mais aussi la **direction la plus corrélée à  $Y$** .
- Selon [**Hastie et al., 2009**], la *variance* a souvent une place *plus importante que la corrélation* dans le critère  $\Rightarrow$  les deux approches sont souvent **proches**.

## 2.3 Choix du nombre de composantes

- PCR et PLS construisent des *composantes*  $Z_1, \dots, Z_p$ .
- Chaque composante s'écrit comme une *combinaison linéaire* des  $X_j, j = 1, \dots, p$ .
- Pour une valeur de  $m \leq p$ , on peut prédire selon

$$\hat{Y}^{(m)} = \hat{\alpha}_0 + \hat{\alpha}_1 Z_1 + \dots + \hat{\alpha}_m Z_m.$$

### Propriété

Si  $m = p$  alors **PCR et PLS sont équivalents au modèle linéaire classique** par MCO avec les  $p$  variables  $X_1, \dots, X_p$ .

### Conséquence

- Si  $m = p$  alors PCR et PLS ne sont d'**aucune utilité**.
- Il est donc **crucial** de choisir le **"bon" nombre de composantes**  $m \in \{1, \dots, p\}$ .

- Pour  $m \in \{1, \dots, p\}$  PCR et PLS fournissent une *algorithme de prévision*

$$\hat{f}_m(x) = \hat{\alpha}_0 + \hat{\alpha}_1 Z_1(x) + \dots + \hat{\alpha}_m Z_m(x).$$

- Les méthodes permettant de choisir  $m$  sont identiques aux *procédures de calibration en machine learning* :
  1. Choix d'un **risque** (erreur quadratique de prévision...)
  2. Choix d'un **algorithme pour calculer ce risque** (validation hold out, validation croisée, LOO...)
  3. Sélection du paramètre qui **minimise le risque** calculé.

### Exemple : validation croisée

- *Risque RMSEP* :  $\mathcal{R}(f) = \sqrt{\mathbf{E}[(Y - f(X))^2]}$ .
- *Algorithme* : validation croisée  $K$  blocs.

#### Choix du nombre de composantes

##### Entrées :

- les observations  $(x_1, y_1), \dots, (x_n, y_n)$  ;
- $\{\mathcal{I}_1, \dots, \mathcal{I}_K\}$  une partition de  $\{1, \dots, n\}$  en  $K$  blocs ;

Pour  $m = 1, \dots, p$   
 — Pour  $k = 1, \dots, K$  :

1. Construire la régression sur  $m$  composantes en utilisant l'ensemble des données privé du  $k^{\text{e}}$  bloc, c'est-à-dire  $\{(x_i, y_i) : i \in \{1, \dots, n\} \setminus \mathcal{I}_k\} \Rightarrow \hat{f}_k^{(m)}$ .
2. Calculer la valeur prédite par l'algorithme pour chaque observation du bloc  $k$  :  $\hat{f}_k^{(m)}(x_i), i \in \mathcal{I}_k$ .

**Retourner** : pour  $m = 1, \dots, p$

$$\hat{\mathcal{R}}(\hat{f}^{(m)}) = \frac{1}{n} \sum_{k=1}^K \sum_{i \in \mathcal{I}_k} \sqrt{(y_i - \hat{f}_k^{(m)}(x_i))^2}.$$

### Exemple : PCR

- Il suffit d'utiliser l'argument **validation="CV"**.

```
> set.seed(1234)
> pcr.val <- pcr(Salary~., data=Hitters, scale=TRUE, validation="CV")
> RMSEP(pcr.val)
##      (Intercept)  1 comps  2 comps  3 comps  4 comps  5 comps  6 comps
## CV           452    353.4    351.8    351.7    349.4    345.4    343.6
## adjCV        452    353.0    351.4    351.3    348.9    344.8    342.8
##      7 comps  8 comps  9 comps 10 comps 11 comps 12 comps 13 comps
## CV       343.6    345.3    347.0    349.3    349.4    351.5    355.2
## adjCV     342.9    344.4    346.1    348.1    348.0    350.1    353.8
##      14 comps 15 comps 16 comps 17 comps 18 comps 19 comps
## CV       349.4    348.5    339.6    338.7    337.2    339.5
## adjCV     347.6    346.8    337.9    336.9    335.4    337.5
```

### Conclusion

On choisira **18 composantes** pour PCR.

### Exemple : PLS

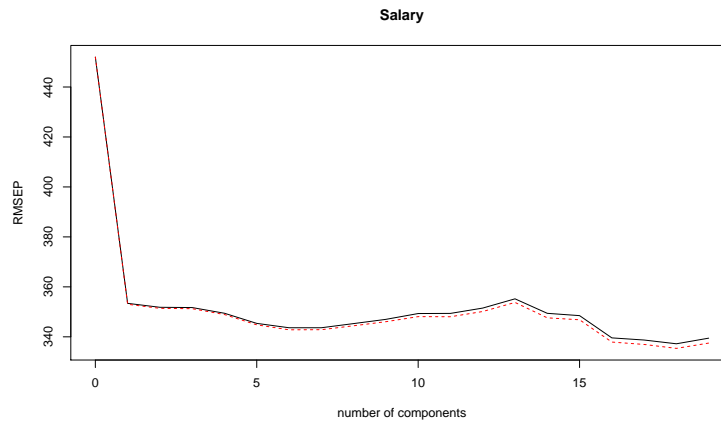
```
> set.seed(1234)
> pls.val <- pls(Salary~., data=Hitters, scale=TRUE, validation="CV")
> RMSEP(pls.val)
##      (Intercept)  1 comps  2 comps  3 comps  4 comps  5 comps  6 comps
## CV           452    348.5    345.6    345.7    345.1    348.4    349.0
## adjCV        452    348.1    344.8    344.7    344.1    346.7    346.9
##      7 comps  8 comps  9 comps 10 comps 11 comps 12 comps 13 comps
## CV       345.7    341.4    341.8    339.8    338.0    336.7    339.0
## adjCV     343.7    339.5    339.9    338.0    336.3    335.0    337.2
##      14 comps 15 comps 16 comps 17 comps 18 comps 19 comps
## CV       338.9    338.2    338.2    338.2    338.1    339.5
## adjCV     337.0    336.3    336.4    336.3    336.3    337.5
```

## Conclusion

On choisira **12 composantes** pour PLS.

— On peut également visualiser les *erreurs* en fonction du **nombre de composantes** avec `validationplot`.

```
> validationplot(pcr.val)
```



## Conclusion

— Deux techniques pour **réduire la dimension** :

1. sélection de variables.
2. régression sur composantes.

— A utiliser lorsque :

1.  $p$  est grand.
2. les  $X_j, j = 1, \dots, p$  sont "corrélés".

## 3 Bibliographie

### Références

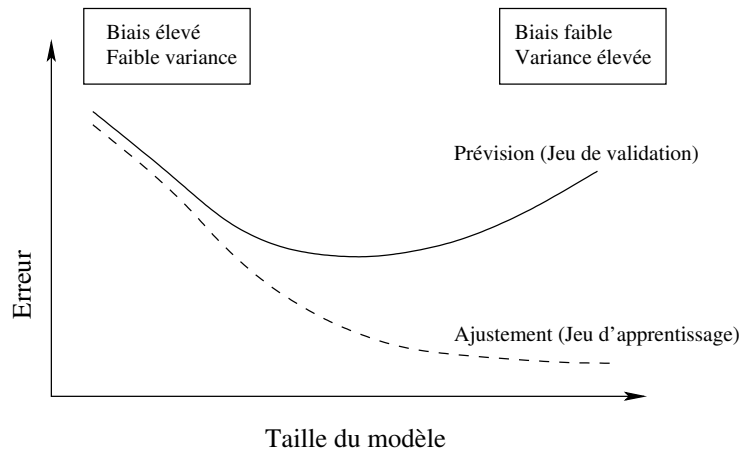
#### Biblio2

- [Cornillon et al., 2019] Cornillon, P., Hengartner, N., Matzner-Løber, E., and Rouvière, L. (2019). *Régression avec R*. EDP Sciences.
- [Hastie et al., 2009] Hastie, T., Tibshirani, R., and Friedman, J. (2009). *The Elements of Statistical Learning : Data Mining, Inference, and Prediction*. Springer, second edition.

## Troisième partie

# Approches régularisées

### Rappels



Idem erreur d'estimation (variance) / erreur d'approximation (biais).

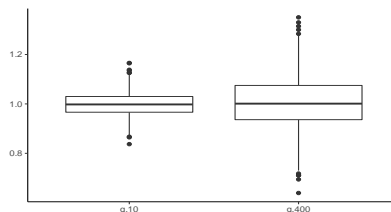
### Illustration

- On génère des données  $(x_i, y_i), i = 1, \dots, 500$  selon le modèle

$$Y = 1X_1 + 0X_2 + \dots + 0X_{q+1} + \varepsilon$$

où  $X_2, X_{q+1}, \dots, \varepsilon$  sont i.i.d. de loi  $\mathcal{N}(0, 1)$ .

- On calcule l'estimateur de MCO de  $\beta_1$  sur 1000 répétitions. On trace les boxplot de ces estimateurs pour  $q = 10$  et  $q = 400$ .



### Conclusion

Plus de **variance** (donc **moins de précision**) lorsque le nombre de variables inutiles augmente.

- Lorsque le nombre de variables  $d$  est grand, les estimateurs des moindres carrés du modèle linéaire

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

possèdent généralement une **grande variance**.

### Idée des méthodes pénalisées

- **Contraindre** la valeur des estimateurs des moindres carrés de manière à **réduire la variance** (quitte à **augmenter un peu le biais**).
- **Comment ?** En imposant une **contrainte** sur la valeur des estimateurs des moindres carrés :

$$\hat{\beta}^{pen} = \underset{\beta}{\operatorname{argmin}} \sum_{i=1}^n \left( y_i - \sum_{j=1}^d x_{ij} \beta_j \right)^2$$

sous la contrainte  $\|\beta\|_? \leq t$ .



## Questions

- Quelle *norme* utiliser pour la contrainte ?
- *Existence/unicité* des estimateurs ? *Solutions explicites* du problème d'optimisation ?
- Comment *choisir*  $t$  ?
  - $t$  petit  $\implies$  estimateurs **contraints** (proche de 0) ;
  - $t$  grand  $\implies$  estimateurs des **moindres carrés** (non pénalisés).

## Remarque/Rappel

- Cas similaire déjà vu pour LDA.
- *Modèle standard LDA* :  $\mathcal{L}(X|Y = k) = \mathcal{N}(\mu_k, \Sigma)$ .
- $\mu_k$  et  $\Sigma$  sont généralement estimés pour les *moyennes et matrice de covariance empiriques*.

## LDA régularisée

On **régularise** la matrice de covariance en **augmentant les valeurs de la diagonale**

$$(1 - \gamma)\hat{\Sigma} + \gamma\hat{\sigma}^2 I_p.$$

## 1 Régression ridge

- La *régression ridge* consiste à minimiser le critère des moindres carrés pénalisé par la norme 2 des coefficients.

### Définition

1. Les *estimateurs ridge*  $\hat{\beta}^R$  s'obtiennent en minimisant

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

2. ou de façon *équivalente*

$$\hat{\beta}^R = \underset{\beta}{\operatorname{argmin}} \left\{ \sum_{i=1}^n \left( y_i - \beta_0 - \sum_{j=1}^d x_{ij} \beta_j \right)^2 + \lambda \sum_{j=1}^d \beta_j^2 \right\}. \quad (2)$$

## Quelques remarques

- Les définitions (1) et (2) sont *équivalentes* dans le sens où pour tout  $t$  il existe un unique  $\lambda$  tels que les solutions aux deux problèmes d'optimisation *coïncident*.
- La *constante*  $\beta_0$  n'entre généralement *pas* dans la *pénalité*.
- L'estimateur *dépend* bien entendu du paramètre  $t$  (ou  $\lambda$ ) :  $\hat{\beta}^R = \hat{\beta}^R(t) = \hat{\beta}^R(\lambda)$ .
- Les variables explicatives sont le plus souvent *réduites* pour *éviter les problèmes d'échelle* dans la pénalité.

## Un exemple

- Chez des individus atteints du cancer de la prostate, on cherche à expliquer le *niveau d'un anticorps* par 8 variables cliniques.
- Les données ont été mesurées sur 100 individus et disponible à l'url <http://statweb.stanford.edu/~tibs/ElemStatLearn/>
- Il existe *plusieurs fonctions et packages* qui permettent de faire de la régression pénalisée sur R. Nous présentons ici `glmnet`.

## Préparation des données

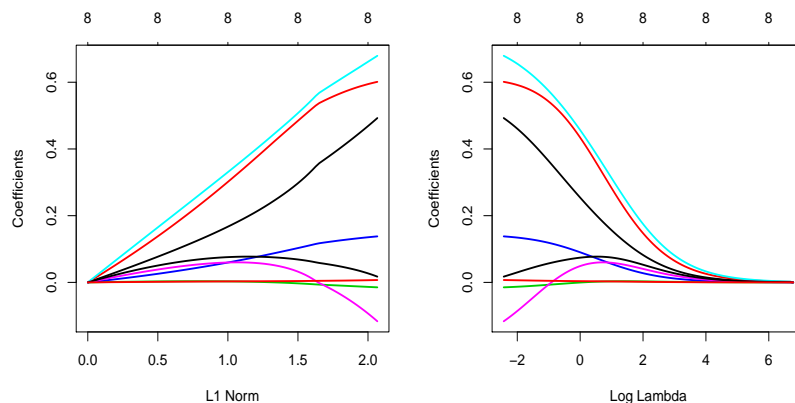
- *Importation*

```
> prostate.data <- read.table("prostate.data.txt") %>%
+   filter(train==TRUE) %>% select(-train)
> names(prostate.data)
## [1] "lcavol" "lweight" "age" "lbph" "svi" "lcp" "gleason"
## [8] "pgg45" "lpsa"
```
- `glmnet` n'accepte pas d'objet `formule`. Il faut spécifier la *matrice* des  $X$  et le *vecteur* des  $Y$  :

```
> prostate.X <- model.matrix(lpsa~.,data=prostate.data)[-1]
```

## Ridge avec glmnet

```
> library(glmnet)
> reg.ridge <- glmnet(prostate.X,prostate.data[,9],alpha=0)
> plot(reg.ridge,lwd=2)
> plot(reg.ridge,lwd=2,xvar="lambda")
```



## Propriétés des estimateurs ridge

### Propriétés

1. Lorsque les variables explicatives sont *centrée-réduites*, l'estimateur Ridge solution de (2) s'écrit

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

2. On déduit

$$\text{biais}(\hat{\beta}^R) = -\lambda(\mathbb{X}^t \mathbb{X} + \lambda \mathbb{I})^{-1} \beta$$

et

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

### Commentaires

- Si  $\lambda = 0$ , on retrouve le biais et la variance de l'estimateur des **MCO**.
- $\lambda \nearrow \implies \text{biais} \nearrow$  et variance  $\searrow$  et réciproquement lorsque  $\lambda \searrow$ .

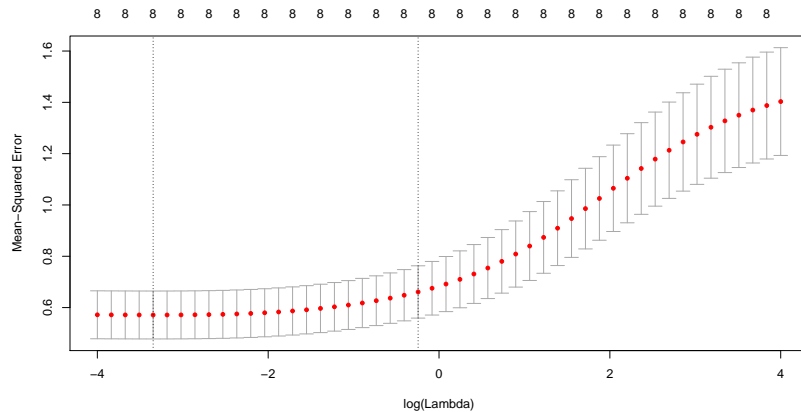
## Choix de $\lambda$

- Il est *crucial* : si  $\lambda \approx 0$  alors  $\hat{\beta}^R \approx \hat{\beta}^{MCO}$ , si  $\lambda$  "grand" alors  $\hat{\beta}^R \approx 0$ .
- Le choix de  $\lambda$  se fait le plus souvent de façon "classique" :
  1. **Estimation d'un critère** de choix de modèle pour toutes les valeurs de  $\lambda$ ;
  2. Choix du  $\lambda$  qui **minimise** le critère estimé.
- **Exemple** : la fonction **cv.glmnet** choisit la valeur de  $\lambda$  qui minimise *l'erreur quadratique moyenne*

$$\mathbf{E}[(Y - X^t \hat{\beta}^R(\lambda))^2]$$

estimée par *validation croisée*.

```
> set.seed(1234)
> reg.cvridge <- cv.glmnet(prostate.X,prostate.data[,9],alpha=0,
+                          lambda=exp(seq(-4,4,length=50)))
> bestlam <- reg.cvridge$lambda.min
> bestlam
## [1] 0.03519192
> plot(reg.cvridge)
```



## 2 Régression Lasso

- La *régression lasso* consiste à minimiser le critère des moindres carrés pénalisé par la norme 1 des coefficients.

**Définition [Tibshirani, 1996]**

1. Les *estimateurs lasso*  $\hat{\beta}^L$  s'obtiennent en minimisant

$$\sum_{i=1}^n \left( Y_i - \beta_0 - \sum_{j=1}^d X_{ij} \beta_j \right)^2 \quad \text{sous la contrainte} \quad \sum_{j=1}^d |\beta_j| \leq t \quad (3)$$

2. ou de façon *équivalente*

$$\hat{\beta}^L = \underset{\beta}{\operatorname{argmin}} \left\{ \sum_{i=1}^n \left( Y_i - \beta_0 - \sum_{j=1}^d X_{ij} \beta_j \right)^2 + \lambda \sum_{j=1}^d |\beta_j| \right\}. \quad (4)$$

## Comparaison Ridge-Lasso

— Dans le cas où la matrice  $\mathbb{X}$  est *orthonormée*, on a une *écriture explicite* pour les estimateurs ridge et lasso.

### Propriété

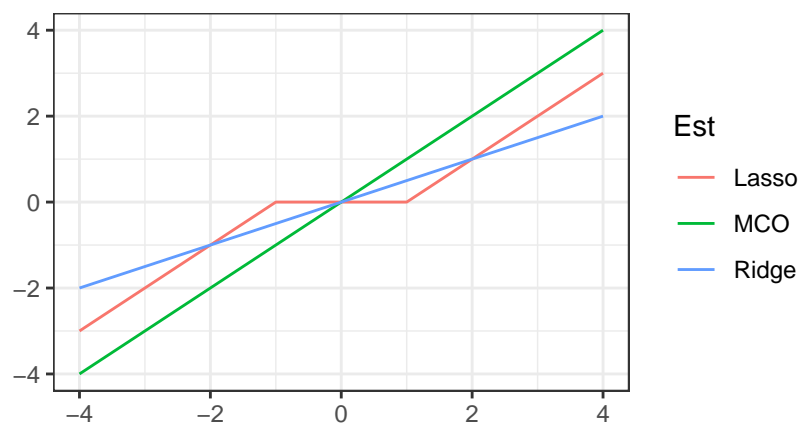
Si la matrice de design  $\mathbb{X}$  est orthonormée, alors

$$\hat{\beta}_j^R = \frac{\hat{\beta}_j}{1 + \lambda} \quad \text{et} \quad \hat{\beta}_j^L = \text{signe}(\hat{\beta}_j)(|\hat{\beta}_j| - \lambda)_+$$

où  $\hat{\beta}_j$  est l'estimateur MCO de  $\beta_j$ .

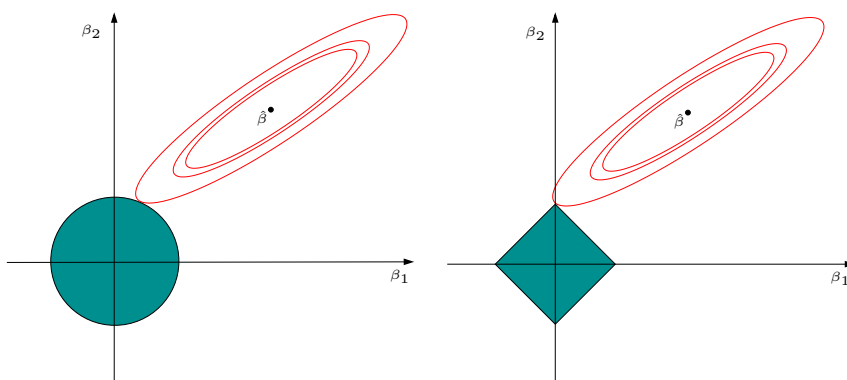
### Commentaires

- **Ridge** "diminue" l'estimateur MCO de façon **proportionnelle** ;
- **Lasso** *translate et tronque* l'estimateur MCO (lorsque ce dernier est petit).



### Conclusion

Le lasso va avoir tendance à "*mettre*" des coefficients à 0 et donc à faire de la *sélection de variables*.



### Remarque

Ces approches reviennent (d'une certaine façon) à *projeter l'estimateur des MCO* sur les boules unités associées à

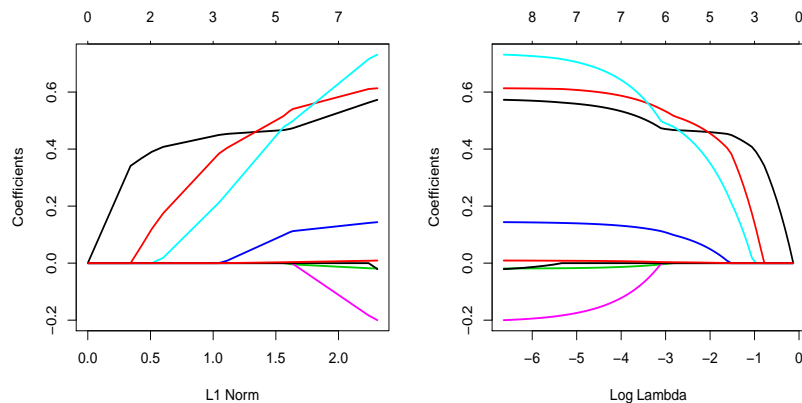
1. la norme 2 pour la régression *ridge* ;
2. la norme 1 pour le *lasso*.

## Quelques remarques

- Comme pour la régression ridge :
  - on préfère souvent *réduire la matrice de design* avant d'effectuer la régression lasso ;
  - Le choix de  $\lambda$  est *crucial* (il est le plus souvent sélectionné en minimisant un critère empirique).
  - $\lambda \nearrow \Rightarrow$  biais  $\nearrow$  et variance  $\searrow$  et réciproquement lorsque  $\lambda \searrow$ .
- **MAIS**, contrairement à ridge :  $\lambda \nearrow \Rightarrow$  le nombre de coefficients nuls augmente ([Bühlmann and van de Geer, 2011]).

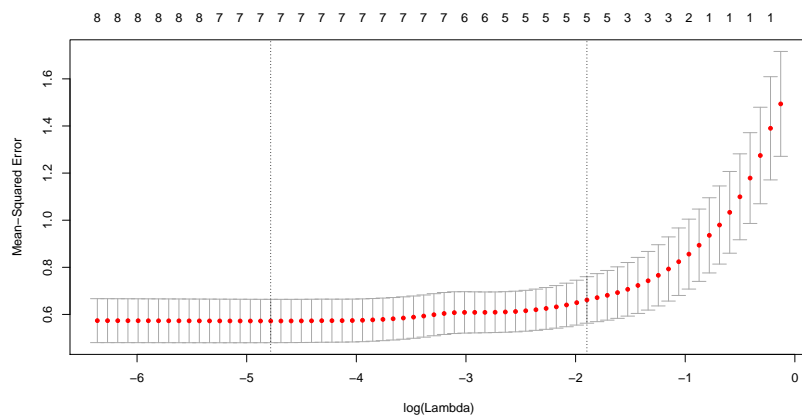
## Le coin R

```
> reg.lasso <- glmnet(prostate.X,prostate.data[,9],alpha=1)
> plot(reg.lasso,lwd=2)
> plot(reg.lasso,lwd=2,xvar="lambda")
```



## Sélection de $\lambda$

```
> set.seed(1234)
> reg.cvlasso <- cv.glmnet(prostate.X,prostate.data[,9],alpha=1)
> bestlam <- reg.cvlasso$lambda.min
> bestlam
## [1] 0.008389339
> plot(reg.cvlasso)
```



## Group Lasso

- Dans certaines applications, les variables *explicatives* appartiennent à des *groupes de variables* prédéfinis.
- Nécessité de "*shrinker*" ou *sélectionner* les variables *par groupe*.

### Exemple : variables qualitatives

- 2 variables explicatives qualitatives  $X_1$  et  $X_2$  et une variable explicative continue  $X_3$ .
- Le *modèle* s'écrit

$$Y = \beta_0 + \beta_1 \mathbf{1}_{X_1=A} + \beta_2 \mathbf{1}_{X_1=B} + \beta_3 \mathbf{1}_{X_1=C} \\ + \beta_4 \mathbf{1}_{X_2=D} + \beta_5 \mathbf{1}_{X_2=E} + \beta_6 \mathbf{1}_{X_2=F} + \beta_7 \mathbf{1}_{X_2=G} + \beta_8 X_3 + \varepsilon$$

muni des contraintes  $\beta_1 = \beta_4 = 0$ .

- 3 groupes :  $\mathbf{X}_1 = (\mathbf{1}_{X_1=B}, \mathbf{1}_{X_1=C})$ ,  $\mathbf{X}_2 = (\mathbf{1}_{X_2=E}, \mathbf{1}_{X_2=F}, \mathbf{1}_{X_2=G})$  et  $\mathbf{X}_3 = X_3$ .

### Définition

En présence de  $d$  variables réparties en  $L$  groupes  $\mathbf{X}_1, \dots, \mathbf{X}_L$  de cardinal  $d_1, \dots, d_L$ . On note  $\beta_\ell, \ell = 1, \dots, L$  le vecteur des coefficients associé au groupe  $\mathbf{X}_\ell$ . Les *estimateurs group-lasso* s'obtiennent en minimisant le critère

$$\sum_{i=1}^n \left( y_i - \beta_0 - \sum_{\ell=1}^L \mathbf{X}_{i\ell} \beta_\ell \right)^2 + \lambda \sum_{\ell=1}^L \sqrt{d_\ell} \|\beta_\ell\|_2$$

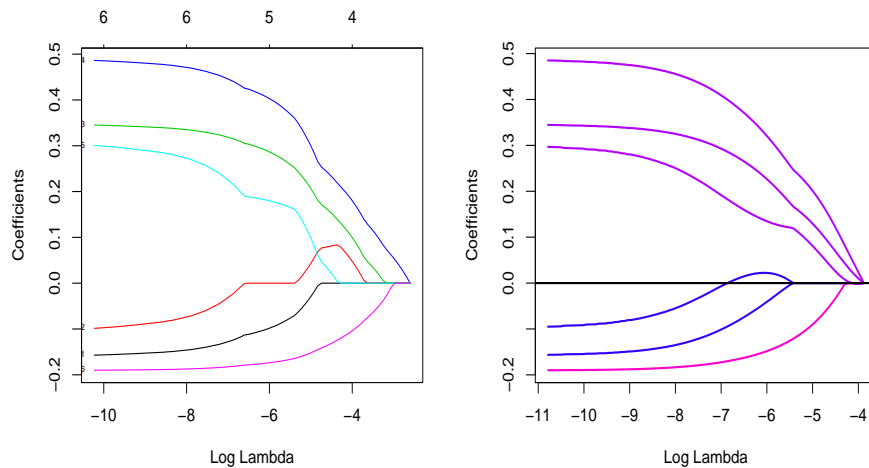
### Remarque

Puisque  $\|\beta_\ell\|_2 = 0$  ssi  $\beta_{\ell 1} = \dots = \beta_{\ell d_\ell} = 0$ , cette procédure encourage la **mise à zéro** des coefficients d'un **même groupe**.

## Le coin R

- La fonction **gglasso** du package **gglasso** permet de faire du *groupe lasso* sur R.

```
> summary(donnees)
##   X1      X2      X3      Y
## A:60  E:40  Min.   :0.009496  Min.   :-3.23315
## B:90  F:60  1st Qu.:0.237935  1st Qu.: -0.50404
## C:50  G:55  Median :0.485563  Median : 0.16759
##      H:45  Mean   :0.483286  Mean   : 0.09792
##      3rd Qu.:0.734949  3rd Qu.: 0.66918
##      Max.   :0.998741  Max.   : 3.04377
> D <- model.matrix(Y~.,data=donnees)[-1]
> model <- glmnet(D,Y,alpha=1)
> plot(model,label=TRUE,xvar="lambda")
> groupe <- c(1,1,2,2,2,3)
> library(gglasso)
> model1 <- gglasso(D,Y,group=groupe)
> plot(model1)
```



### Remarque

Les coefficients s'annulent par groupe lorsque  $\lambda$  augmente (graphe de droite).

## 3 Discrimination binaire

### Discrimination binaire

- Les méthodes *ridge* et *lasso* ont été présentées dans un cadre de régression linéaire.
- Ces techniques s'adaptent directement à la *régression logistique*  $\mathcal{Y} = \{-1, 1\}$ .
- Les *pénalités* sont *identiques*.
- **Seul changement** : le critère moindres carrés est remplacé par la déviance  $\implies$  ce qui revient à *minimiser l'opposé de la vraisemblance plus la pénalité*.

### Lasso et Ridge pour la logistique

#### Définition

On note  $\tilde{y}_i = (y_i + 1)/2$ .

- On appelle *estimateur ridge* en régression logistique l'estimateur

$$\hat{\beta}^R = \underset{\beta}{\operatorname{argmin}} \left\{ - \sum_{i=1}^n (\tilde{y}_i x_i^t \beta - \log(1 + \exp(x_i^t \beta))) + \lambda \sum_{j=1}^d \beta_j^2 \right\}.$$

- On appelle *estimateur lasso* en régression logistique l'estimateur

$$\hat{\beta}^L = \underset{\beta}{\operatorname{argmin}} \left\{ - \sum_{i=1}^n (\tilde{y}_i x_i^t \beta - \log(1 + \exp(x_i^t \beta))) + \lambda \sum_{j=1}^d |\beta_j| \right\}.$$

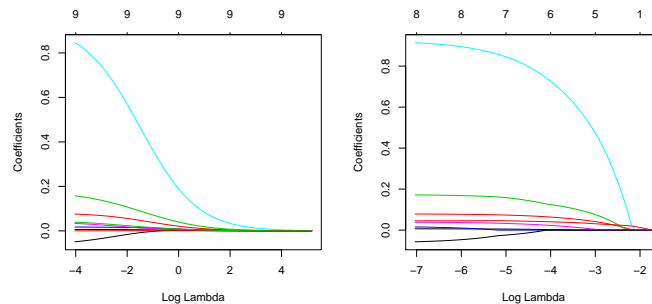
### Le coin R

- Pour faire du ridge ou lasso en logistique, il suffit d'ajouter l'argument **family=binomial** dans **glmnet**.
- *Tout reste identique* pour le reste (tracé du chemin des coefficients, choix du  $\lambda$ ...).
- *Exemple* : données **SAheart**

```
> head(SAheart)
##   sbp tobacco  ldl adiposity famhist typea obesity alcohol age chd
## 1 160   12.00 5.73   23.11 Present   49  25.30  97.20 52  1
## 2 144    0.01 4.41   28.61 Absent   55  28.87   2.06 63  1
## 3 118    0.08 3.48   32.28 Present  52  29.14   3.81 46  0
## 4 170    7.50 6.41   38.03 Present  51  31.99  24.26 58  1
## 5 134   13.60 3.50   27.78 Present  60  25.99  57.34 49  1
## 6 132    6.20 6.47   36.21 Present  62  30.77  14.14 45  0
```

— On obtient les *chemins de régularisation* **ridge** et **lasso** avec les commandes suivantes :

```
> SAheart.X <- model.matrix(chd~.,data=SAheart)
> log.ridge <- glmnet(SAheart.X,SAheart$chd,family="binomial",alpha=0)
> log.lasso <- glmnet(SAheart.X,SAheart$chd,family="binomial",alpha=1)
> plot(log.ridge,xvar="lambda")
> plot(log.lasso,xvar="lambda")
```



## Elastic net

— [Zou and Hastie, 2005] ont proposé de *combiner les approches ridge et lasso* en proposant une pénalité (appelée **elastic net**) de la forme

$$\lambda \sum_{j=1}^d (\alpha \beta_j^2 + (1 - \alpha) |\beta_j|)$$

où  $\alpha \in [0, 1]$ .

— Le paramètre  $\alpha$  définit le **compromis ridge/lasso** :

—  $\alpha = 0 \implies$  Lasso ;

—  $\alpha = 1 \implies$  Ridge ;

— Ce paramètre correspond (évidemment) à l'argument **alpha** de la fonction **glmnet**.

— *Avantage* : on a plus de flexibilité car la pénalité elastic net propose une gamme de modèles beaucoup plus large que lasso et ridge ;

— *Inconvénient* : en plus du  $\lambda$  il faut *aussi sélectionner le  $\alpha$*  !

## 4 Bibliographie

### Références

#### Biblio3

[Bühlmann and van de Geer, 2011] Bühlmann, P. and van de Geer, S. (2011). *Statistics for high-dimensional data*. Springer.

[Hastie et al., 2009] Hastie, T., Tibshirani, R., and Friedman, J. (2009). *The Elements of Statistical Learning : Data Mining, Inference, and Prediction*. Springer, second edition.



- [Tibshirani, 1996] Tibshirani, R. (1996). Regression shrinkage and selection via the lasso. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 58 :267–288.
- [Zou and Hastie, 2005] Zou, H. and Hastie, T. (2005). Regularization and variable selection via the elastic net. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 67 :301–320.

## Quatrième partie

# Clustering spectral

## 1 Apprentissage non supervisé - rappels

### 1.1 Contexte - cadre mathématique

#### Classification non supervisée

**Definition 1.1** (Classification). Action de *répartir en classes*, en catégories, des choses, des objets, ayant des caractères communs afin notamment d'en faciliter l'étude.

#### Exemples

- Astronomie : classification d'étoiles
- Médecine : diagnostic de maladies à partir d'observation cliniques
- Géographie : délimitation de zones homogènes
- Marketing : détermination de segments de marchés (groupes de consommateurs ayant les mêmes habitudes)
- Réseaux sociaux : extraction de communautés
- ...

#### Objectifs divers

- *Beaucoup de groupes* avec **peu d'individus** à l'intérieur (réduire  $n$ )
- *Peu de groupes* avec **beaucoup d'individus** à l'intérieur (extraire des profils que l'on interprète par la suite).

#### Remarque

Les algorithmes seront proches mais **pas calibrés de la même façon**.

#### Modélisation statistique

- $n$  observations  $X_1, \dots, X_n$  à valeurs dans  $\mathbb{R}^d$ .

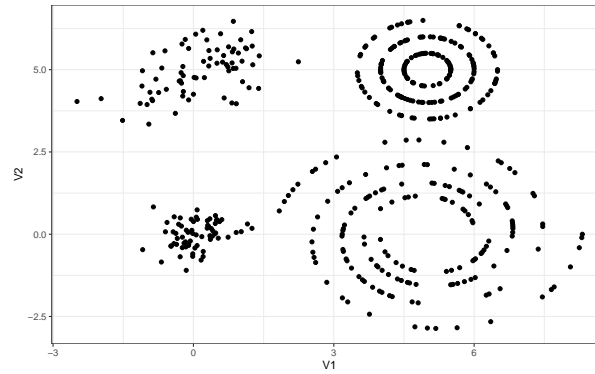
#### Le problème

Trouver une **partition** de  $\{X_1, \dots, X_n\}$  : on cherche donc  $\mathcal{C}_1, \dots, \mathcal{C}_K$  tels que

$$\bigcup_{k=1}^K \mathcal{C}_k = \{X_1, \dots, X_n\} \quad \text{et} \quad \mathcal{C}_k \cap \mathcal{C}_{k'} = \emptyset \quad \text{si} \quad k \neq k'.$$

Chaque élément de la partition  $\mathcal{C}_k$  est appelé **cluster**.

#### Un exemple jouet



## Différents problèmes

- Choix du *nombre de groupes*  $K$ .
- Choix de *distances* ou *similarités* entre **objets** mais aussi entre **groupes**.
- Pour  $K$  fixé, on veut minimiser

$$\mathcal{I}_{\text{intra}} = \frac{1}{n} \sum_{k=1}^K \sum_{i \in \mathcal{C}_k} d^2(x_i, \bar{x}_{\mathcal{C}_k}).$$

Impossible de minimiser sur toutes les partitions. Par exemple, pour  $n = 20$  et  $K = 4$  on a  $5.17e^{13}$  partitions possibles.

### Remarque importante

Souvent **beaucoup plus difficile** qu'un problème **supervisé** !

## Différentes familles d'algorithmes

- Algorithmes par *partitionnement* : recherche de points qui optimisent un critère donné  $\Rightarrow$  ***k*-means, *k*-médoids...**
- Algorithmes d'*agglomération* (ou division) : cluster construit de façon séquentielle en agglomérant les points les plus proches les uns des autres  $\Rightarrow$  **Classification Ascendante Hiérarchique**.
- Algorithmes par *densité* (géométrie) DBSCAN : les clusters correspondent à des zones de forte densité séparées par des zones de faible densité  $\Rightarrow$  **modèle de mélange, DBSCAN**.

## 1.2 Les classiques

### Les *k*-means

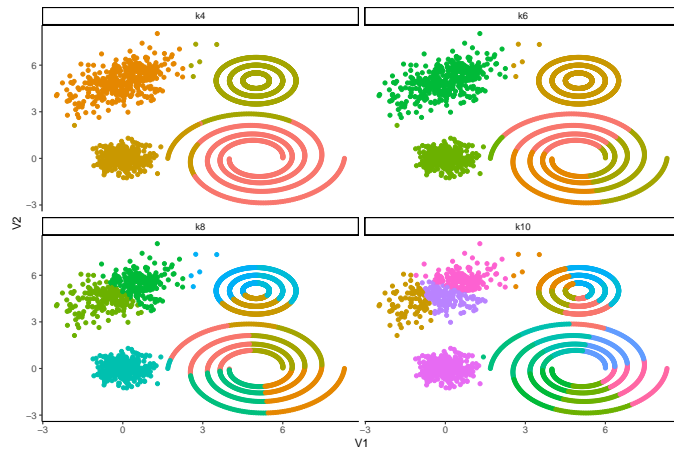
- Données :  $x_1, \dots, x_n$  à valeurs dans  $\mathbb{R}^d$  ;
- Nombre de groupes  $K$  *fixé* ;
- Soit  $\mathcal{C} = (\mathcal{C}_1, \dots, \mathcal{C}_K)$  une partition de  $\{1, \dots, n\}$ .
- Soit  $c = (c_1, \dots, c_K)$   $K$  représentants de chaque classe,  $c_k \in \mathbb{R}^d$ .

### Le critère des *k*-means

On cherche la partition  $\mathcal{C}$  et les représentants  $c$  qui **minimise le critère**

$$g(\mathcal{C}, c) = \sum_{k=1}^K \sum_{i \in \mathcal{C}_k} \|x_i - c_k\|^2.$$

- A l'heure actuelle, on ne sait *pas trouver la solution* de ce problème.
- Approche *réursive* pour trouver des **extrema locaux** : Lloyd ou Forgi, Mac Queen, Hartigan...



## Le coin R

```
> km1 <- kmeans(don1,centers=4,nstart=100)
> km2 <- kmeans(don1,centers=6,nstart=100)
> km3 <- kmeans(don1,centers=10,nstart=100)
> km4 <- kmeans(don1,centers=15,nstart=100)
```

## Principe de la CAH

### Objectif

Créer une **suite de partitions emboîtées** en partant de la partition la plus **fine** ( $n$  classes) jusqu'à obtenir **une seule classe**.

1. Calculer un tableau de *distances entre objets*, 1 partition  $n$  singletons.
2. *Agréger* les deux objets les plus proches.
3. Mettre à jour *la matrice de distances*.
4. Itérer jusqu'à avoir *un seul groupe*.

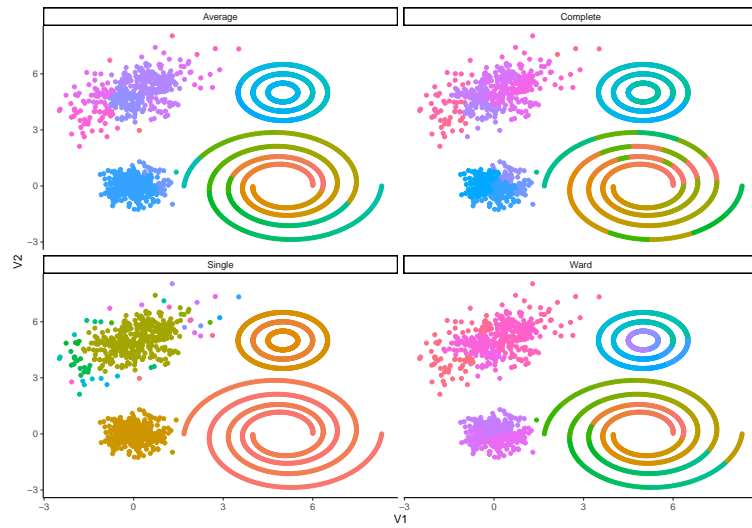
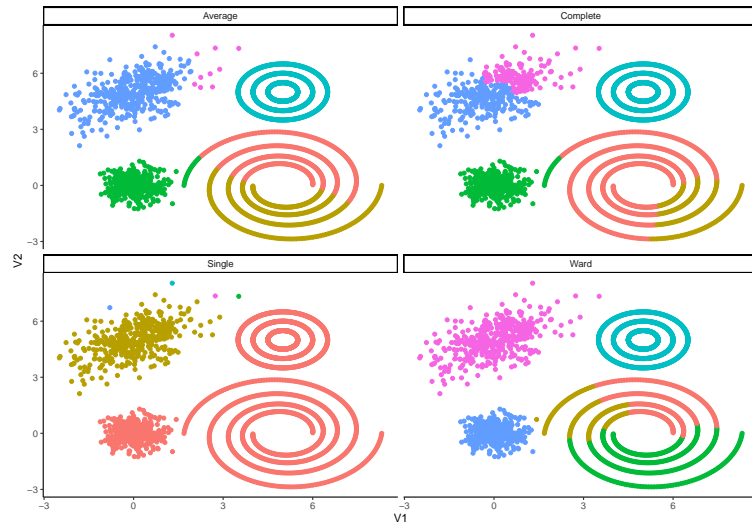
## Questions

- Choix de la *distance* ou de la *similarité* entre objets ;
- Choix de la méthode d'agrégation  $\implies$  single linkage, complete linkage, Ward...
- Choix du nombre de classes...
- Sur *R*, on peut utiliser **hclust** :

```
> Dist <- dist(don2)
> hc1 <- hclust(Dist,method="ward.D2");hc11 <- cutree(hc1,k=6)
> hc2 <- hclust(Dist,method="single");hc22 <- cutree(hc2,k=6)
> hc3 <- hclust(Dist,method="complete");hc33 <- cutree(hc3,k=6)
> hc4 <- hclust(Dist,method="average");hc44 <- cutree(hc4,k=6)
```

## CAH avec 6 groupes

## CAH avec 40 groupes



## Un bilan

- Complexité :  $O(n)$  pour le  $k$ -means,  $O(n^3)$  pour la CAH.
- Structure *sphérique* pour le  $k$ -means.
- Structure *hiérarchique* pour la CAH.

### CAH avec $n$ grand

- faire un  $k$ -means avec beaucoup de classes (par exemple 1000) ;
- faire la CAH sur les centres des classes calculés à l'étape précédente.
- Sur **R** on pourra utiliser la fonction **HCPC** du package *FactoMineR*.

### Le clustering spectral

- Approche basée sur la **décomposition spectrale du Laplacien d'un graphe**.
- Peut être utilisée pour **détecter des communautés sur des graphes** mais aussi pour faire de **clustering sur des données "classiques"**.

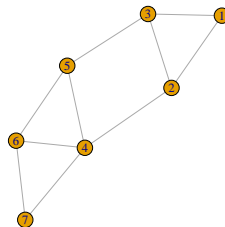
## 2 Quelques notions sur les graphes

- Le *graph mining* ou *fouille de graphes* correspond à la fouille de données spécifiques aux graphes.

### Graphe

Objet mathématique utilisé pour modéliser des **connexions ou interactions** entre **individus ou entités** :

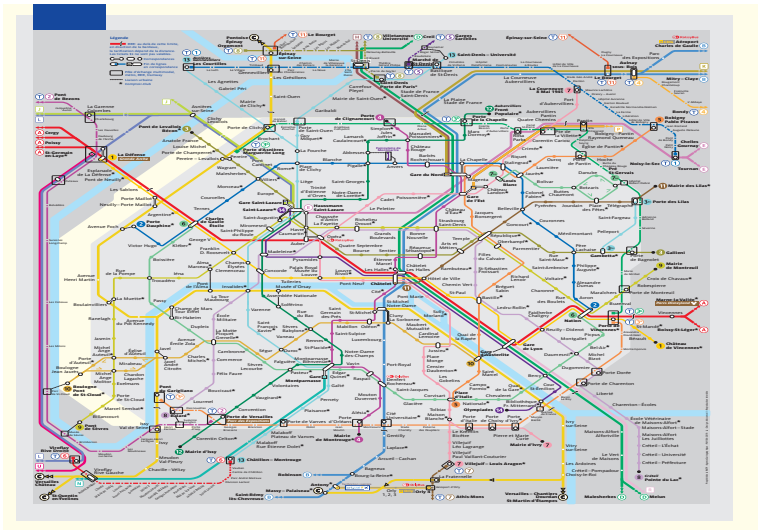
- les entités sont appelées *nœuds* ou *sommets* ;
- une relation entre deux entités est modélisée par une *arête*.



### Nombreuses applications

- *Réseaux routiers* entre villes, *réseaux aériens* entre aéroports...
- *Réseaux électriques* (cables reliant des prises)
- *Internet* (routeurs et ordinateurs connectés par ethernet ou wifi)
- *Réseaux d'amis Facebook*
- *Communication* : personnes avec qui on communique (téléphone par exemple)
- *World wide web* (les nœuds sont les pages internet et les arêtes sont les hyperliens)
- *Réseaux de régulation* entre gènes
- *Systèmes de recommandation*...

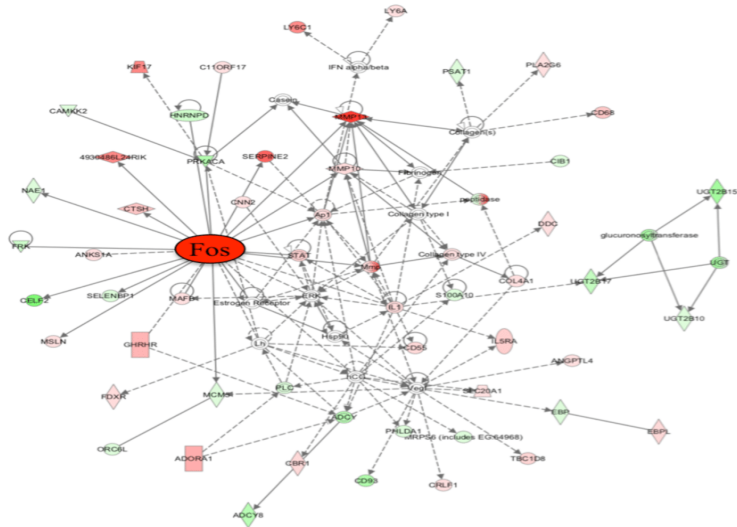
Métro parisien



Réseaux sociaux

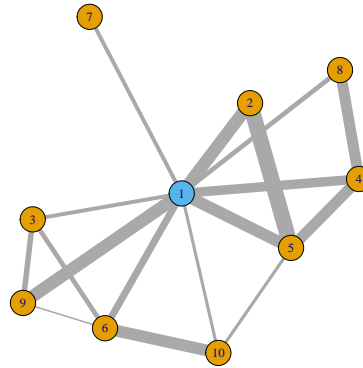


Réseaux moléculaires



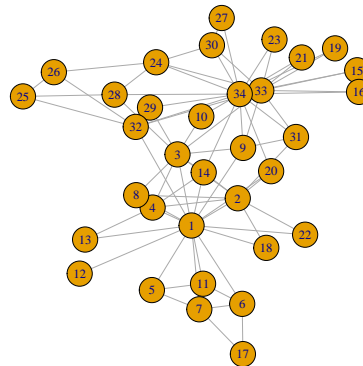
## Communications

- *Objectif* : visualiser les communications d'un individu sur une période donnée.

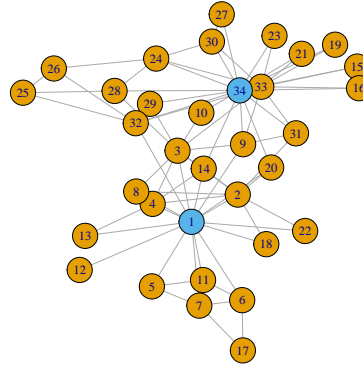


## Karate

- *Nœuds* : membres d'un club de karaté universitaire ;
- *Arêtes* : lien d'amitié calculé en fonction du nombre d'activités communes.







## Plusieurs problématiques

### Analyse exploratoire

Comprendre la **structure d'interaction** entre entités en analysant la topologie du graphe.

1. *Construction* d'un graphe : définition des **nœuds** et des **arêtes**.
2. *Visualisation* : comment représenter et dessiner un graphe ?
3. *Détection de communautés* : identifier des sous-groupes de nœuds très connectés.

### Inférence sur les graphes

1. Modèles de *graphes aléatoires*.
2. *Prédiction de connexions* pour des **nouveaux nœuds**.

## 2.1 Définitions - vocabulaire sur les graphes

### Dans cette partie

- On ne présente que les **caractéristiques des graphes** utiles pour présenter le **clustering spectral**.
- Pour plus de **précisions**, on pourra consulter :

<https://lrouviere.github.io/INP-HB/>

### Graphe

Un *graphe*  $G = (V, E)$  est composé :

- d'un ensemble  $V$  de *nœuds ou sommets* (vertices) qui représentent les individus ou entités qui interagissent entre eux,
- et d'un ensemble  $E$  d'*arêtes* (edges) qui indiquent la présence d'une **interaction** ou **connexion entre deux nœuds** :

$\{i, j\} \in E$  si il y a une arête entre  $i$  et  $j$  dans  $G$ .

## Définitions

- Le nombre de nœuds  $|V|$  est l'*ordre* du graphe. Le nombre d'arêtes  $|E|$  est la *taille* du graphe.
- Un graphe est *dirigé* (ou *orienté*) lorsque ses arêtes le sont. Il est *non dirigé* sinon.
- Les graphes peuvent être *binaires* (arête présente ou absente), ou *valués* (arêtes munies d'un poids positif).
- Un graphe est dit *simple* s'il n'y a pas de boucles :  $(i, i)$  n'est jamais une arête.
- Le graphe *complet* ou *clique* est le graphe (non dirigé) qui contient toutes les arêtes possibles entre les sommets ( $C_{|V|}^2$  arêtes).

## Question ?

Comment **stocker** un graphe ?

## Matrice d'adjacence

### Définition

La *matrice d'adjacence* d'un graphe  $G = (V, E)$  binaire est la matrice  $|V| \times |V|$  de terme général

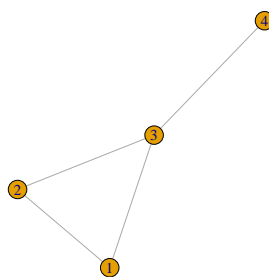
$$A_{ij} = \begin{cases} 1 & \text{si } \{i, j\} \in E \\ 0 & \text{sinon.} \end{cases}$$

### Remarques

- Graphe **non dirigé**  $\implies A$  symétrique.
- Graphe **simple**  $\implies A_{ii} = 0 \forall i$ .
- Graphe **valué**  $\implies A_{ij} = w_{ij} \in \mathbb{R}^+$ .

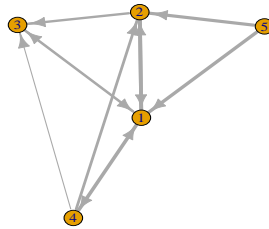
## Exemple : graphe non dirigé

```
> A
##      [,1] [,2] [,3] [,4]
## [1,]    0    1    1    0
## [2,]    1    0    1    0
## [3,]    1    1    0    1
## [4,]    0    0    1    0
> set.seed(1234)
> G <- graph_from_adjacency_matrix(A,
+                               mode='undirected')
> plot(G)
```



## Exemple : graphe dirigé

```
> A
##      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
## [1,]    0    4    3    2    0
## [2,]    4    0    3    0    0
## [3,]    1    0    0    0    0
## [4,]    4    3    1    0    0
## [5,]    4    4    0    0    0
> G <- graph_from_adjacency_matrix(A,
+   mode='directed',weighted = TRUE)
> E(G)$width <- E(G)$weight
> plot(G)
```



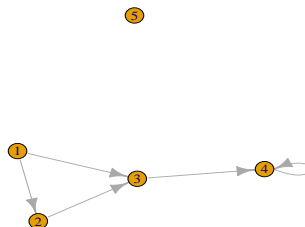
### Remarque

- Pas toujours efficace en terme de stockage :  $O(|V|^2)$ .
- Utiliser des matrices sparses si le graphe est très creux.

### Liste d'arêtes

- Il est souvent plus efficace de définir le graph en donnant une liste d'arêtes.
- Attention : penser à donner le nombre total de nœuds du graphe pour éviter d'oublier les nœuds isolés.

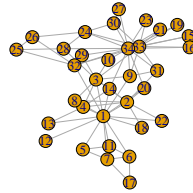
```
> G <- graph(edges=c(1,2,1,3,3,4,4,4,2,3),n=5)
> plot(G)
```



## Visualisation d'un graphe

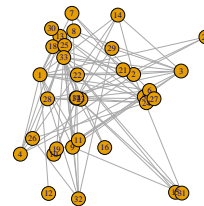
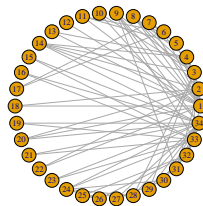
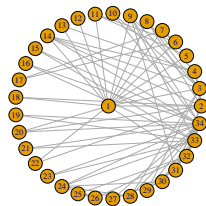
- *Etape importante* : elle permet de comprendre la **structure du graphe** : identification de nœuds importants, très connectés...
- *Différentes représentations* :
  1. en cercle, en étoile...
  2. selon différents algorithmes (voir [Bahoken et al., 2013])mais **attention** : certaines peuvent être **trompeuses** :

```
> plot(kar)
```



## Autre représentations

```
> plot(kar, layout=layout_as_star(kar))  
> plot(kar, layout=layout_circle(kar))  
> plot(kar, layout=layout_randomly(kar))
```



## Packages

- **R** : igraph, visNetwork, GGally.
- **Python** : NetworkX.

## 2.2 Statistiques descriptives sur les graphes

### Caractéristiques d'un graphe

- De *nombreux indicateurs* permettent de décrire un graphe.

### Objectifs

- Donner une **version résumée** du graphe.
- Décrire et comprendre les **interactions entre entités** :
  - transfert d'information entre deux sommets.
  - importance de certains sommets.
  - sous-structure particulière dans le graphe.
- **Comparer** deux graphes.
- **Comparer** un graphe avec un **modèle de graphe aléatoire**.

### 2.2.1 Caractéristiques générales

#### Distance - diamètre

- Un *chemin* entre  $i \in V$  et  $j \in V$  est une suite de nœuds et d'arêtes permettant de relier  $i$  et  $j$ .
- *Longueur d'un chemin* entre  $i$  et  $j$  : nombre d'arêtes qui composent ce chemin.
- *Distance*  $\ell_{ij}$  entre  $i$  et  $j$  : longueur du plus court chemin qui les relie. Si les deux nœuds ne sont pas connectés :  $\ell_{ij} = +\infty$ .
- *Diamètre d'un graphe* : plus grande distance entre deux nœuds (quantité définie uniquement pour les graphes connexes).

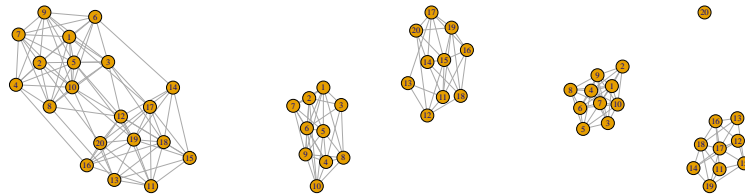
#### Transfert d'information

Un petit diamètre indique que l'information circule rapidement dans le graphe entier.

#### Connexité

- Une *composante connexe* est un sous-ensemble  $C = \{v_1, \dots, v_k\} \subset V$  tel que, pour tout  $v_i, v_j \in C$ , il existe un chemin dans  $G$  de  $v_i$  à  $v_j$ .
- Un nœud qui n'est connecté à aucun autre est dit *isolé*  $\implies$  il forme une composante connexe à lui tout seul.
- Un graphe est dit *connexe* s'il possède une unique composante connexe.

#### Exemple



#### Commentaires

- *Gauche* : graphe connexe.
- *Centre* : 2 composantes connexes.
- *Droite* : 3 composantes connexes, 1 nœud isolé.

#### Questions liées à la connexité

1. Plusieurs composantes connexes dans le graphe ?
  - présence de nœuds isolés (participant inactif) ?
  - 1 composante connexe = 1 groupe d'individus (ou 1 cluster) ?
2. Si non, est-ce "presque" le cas ?  $\implies$  Création de nouvelles composantes connexes en supprimant quelques nœuds ou arêtes.
3. Recherche de communautés dans les graphes connexes : groupes de sommets très connectés entre eux et peu connectés avec les autres groupes.

## Le coin R

La plupart des indicateurs s'obtiennent directement avec *R*

- Nombre de nœuds, d'arêtes, composantes connexes, diamètre, densité :

```
> vcount(kar)
## [1] 34
> ecount(kar)
## [1] 78
> count_components(kar)
## [1] 1
> diameter(kar)
## [1] 5
> edge_density(kar)
## [1] 0.1390374
```

- Nombre de triangles :

```
> head(count_triangles(kar))
## [1] 18 12 11 10 2 3
> length(triangles(kar))/3
## [1] 45
```

- Nombre de cliques de taille 3 à 5 :

```
> count_max_cliques(kar,min=3,max=5)
## [1] 25
```

### 2.2.2 Importance des nœuds

#### Objectif

- Identifier les nœuds centraux d'un réseau.
- Rechercher les nœuds influents, clés d'un réseau.

#### Comment ?

En définissant des *indicateurs de centralité* pour les nœuds d'un graphe.

#### Voisins, degré

- Les *voisins* de  $i \in V$  sont les nœuds  $j \in V$  tels que  $i, j \in E$ . On note

$$\mathcal{V}(i) = \{j \in V : \{i, j\} \in E\}.$$

#### Degré

- Le degré  $d_i$  d'un nœud  $i$  est le nombre de voisins de  $i$  :  $d = |\mathcal{V}(i)|$ .
- Calcul à partir de la matrice d'adjacence  $A$  :
  - Graphe non dirigé :  $d_i = \sum_{j, j \neq i} A_{ij}$ .
  - Graphe dirigé : degrés sortant et entrant

$$d_i^{\text{out}} = \sum_{j, j \neq i} A_{ij} \quad \text{et} \quad d_i^{\text{in}} = \sum_{j, j \neq i} A_{ji}.$$

#### Remarque

Notion la plus simple mais qui ne prend pas nécessairement en compte la structure du graphe.

## Remarques

Il existe d'autres indicateurs qui permettent de mesurer l'*importance des nœuds*, Notamment :

- Degré de centralité de proximité : identifier les nœuds qui se trouvent à une faible distance des autres ;
- Degré de centralité d'intermédiation : identifier les nœuds important en terme de transfert d'information.

## 3 Détection de communautés

### But

- Partitionner les nœuds du graphe en un nombre fini de groupes.
- Trouver des groupes de nœuds homogènes, des individus au comportement similaire.

### Idéal

- Beaucoup de connexions entre les nœuds d'une même communauté.
- Peu de connexions entre les nœuds de communautés différentes.

### Remarque

Thème très proche du *clustering*.

### Comment ?

Différentes méthodes pour détecter des communautés :

- techniques basées sur la modularité.
- *clustering spectral*.
- méthodes probabilistes (modèles SBM).
- ...

### Dans cette partie

nous nous focaliserons sur le *clustering spectral*.

- Cadre :  $G = (V, E)$  un graphe et on veut trouver une partition de  $V$  en clusters ou communautés.
- Approche basée sur la décomposition spectrale du Laplacien du graphe.
- Approche utilisée dans un cadre plus large :
  - Problème : clustering sur un jeu de données standards  $n \times p$  ;
  - L'approche peut être appliquée à une matrice de similarité.
- On pourra consulter [von Luxburg, 2017] dont cette partie est fortement inspirée.

### Notations

- $G = (V, E)$  un graphe non dirigé valué avec  $n = |V|$ .
- $w_{ij} \geq 0$  poids de l'arête entre  $i$  et  $j$  et  $W = (w_{ij})_{1 \leq i, j \leq n}$  la matrice d'adjacence.
- $d_i = \sum_{j \neq i} w_{ij}$  degré du nœud  $i$  et  $D = \text{diag}(d_i)_{1 \leq i \leq n}$  la matrice des degrés.

### Laplacien non normalisé

Le Laplacien non normalisé de  $G$  est la matrice  $n \times n$  définie par :

$$L = D - W.$$

## Quelques propriétés

Les deux propositions suivantes sont **fondamentales** pour l'algorithme de *clustering spectral*.

### Proposition 1

1. Pour tout vecteur  $f \in \mathbb{R}^n$  on a

$$f'Lf = \frac{1}{2} \sum_{1 \leq i, j \leq n} w_{ij} (f_i - f_j)^2.$$

2.  $L$  est symétrique et semi définie positive.  
3. La **plus petite valeur propre** de  $L$  est 0, le vecteur propre correspondant est  $\mathbf{1}_n$ .  
4.  $L$  a  $n$  valeurs propres non nulle  $0 = \lambda_1 \leq \lambda_2 \leq \dots \leq \lambda_n$ .

## Valeurs propre et nombre de compo. connexes

### Proposition 2

Soit  $G$  un graphe *non dirigé*. Alors

1. le **degrés de multiplicité**  $k$  de la valeur propre 0 de  $L$  est égal au **nombre de composantes connexes**  $A_1, \dots, A_k$  dans  $G$ .  
2. l'**espace propre** associé à la valeur propre **0** est engendré par les vecteurs d'indicatrices  $\mathbf{1}_{A_1}, \dots, \mathbf{1}_{A_k}$ .

### Conséquence importante

Le *spectre* de  $L$  permet d'identifier *ses composantes connexes*.

- *En pratique* : 1 communauté n'est pas forcément égale à une composante connexe.
- On peut par exemple vouloir *extraire des communautés* dans un graphe **à une composante connexe**.

### Idée

Considérer les  **$k$  plus petites valeurs propres** du Laplacien.

## Spectral clustering non normalisé

### Algorithme

**Entrées** : un graphe non dirigé  $G$ ,  $k$  le nombre de clusters.

1. Calculer le Laplacien non normalisé  $L$  de  $G$ .
2. Calculer les  $k$  *premiers vecteurs propres*  $u_1, \dots, u_k$  de  $G$ .
3. On note  $U$  la matrice  $n \times k$  qui contient les  $u_k$  et  $y_i$  la  $i^e$  ligne de  $U$ .
4. Faire un  $k$ -means avec les points  $y_i, i = 1, \dots, n \implies A_1, \dots, A_k$ .

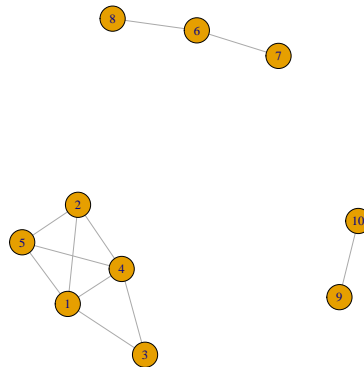
**Sortie** : clusters  $C_1, \dots, C_k$  avec

$$C_j = \{i | y_i \in A_j\}.$$



## Exemple

- On considère le graphe suivant à 3 composantes connexes.



- Calcul des valeurs propres du Laplacien :

```
> L <- laplacian_matrix(G,sparse=F)
> spec <- eigen(L)
> spec$values %>% round(3)
## [1] 5 5 4 3 2 2 1 0 0 0
```

- Extraction des vecteurs propres associés à la valeur propre 0 :

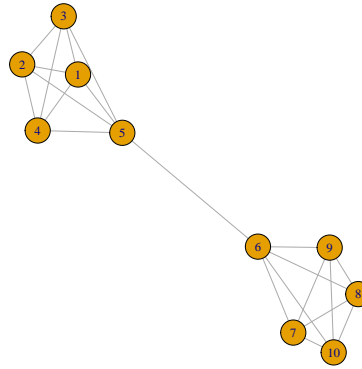
```
> U <- spec$vectors[,8:10]
> round(U,3)
##           [,1]      [,2]      [,3]
## [1,] -0.447    0.000    0.000
## [2,] -0.447    0.000    0.000
## [3,] -0.447    0.000    0.000
## [4,] -0.447    0.000    0.000
## [5,] -0.447    0.000    0.000
## [6,]  0.000   -0.577    0.000
## [7,]  0.000   -0.577    0.000
## [8,]  0.000   -0.577    0.000
## [9,]  0.000    0.000    0.707
## [10,] 0.000    0.000    0.707
```

## Remarque

- L'étape  $k$ -means n'est *pas nécessaire* lorsque le **graphe à exactement  $k$  composantes connexes** mais...
- ce n'est que très rarement le cas en pratique.
- Si  $G$  ne possède pas  $k$  composantes connexes alors  $U$  n'est pas composé que de 1 et de 0.
- On ne peut donc pas extraire directement les composantes à cette étape.
- Mais si il existe (presque)  $k$  composantes, alors les  $y_i \in \mathbb{R}^k$  risquent de se **rapprocher de cette configuration 0-1**.
- C'est pourquoi on fait un  $k$ -means en 4.

## Exemple

- On considère le graphe suivant à 1 composante connexe.



— mais dans lequel on a envie de faire 2 groupes!

— Calcul des valeurs propres du Laplacien :

```
> L <- laplacian_matrix(G1,sparse=F)
> spec <- eigen(L)
> spec$values %>% round(3)
## [1] 6.702 5.000 5.000 5.000 5.000 5.000 5.000 5.000 0.298 0.000
```

— Extraction des vecteurs propres associés aux deux plus petites valeurs propres :

```
> U <- spec$vectors[,9:10]
> round(U,3)
##           [,1]      [,2]
## [1,] -0.334 -0.316
## [2,] -0.334 -0.316
## [3,] -0.334 -0.316
## [4,] -0.334 -0.316
## [5,] -0.234 -0.316
## [6,]  0.234 -0.316
## [7,]  0.334 -0.316
## [8,]  0.334 -0.316
## [9,]  0.334 -0.316
## [10,] 0.334 -0.316
```

— Etape  $k$ -means pour obtenir les groupes :

```
> kmeans(U,2,nstart=100)$cluster
## [1] 1 1 1 1 1 2 2 2 2 2
```

— Il existe *plusieurs versions* d'algorithme de **clustering spectral**.

— Les plus utilisées s'appliquent à une *version normalisée du Laplacien*, par exemple :

$$L_{\text{norm}} = I - D^{-1/2} W D^{-1/2}.$$

— Les propriétés de  $L_{\text{norm}}$  sont *proches* de celles de  $L$ . On a par exemple la propriété suivante.

### Proposition 3

Soit  $G$  un graphe *non dirigé*. Alors

1. le **degrés de multiplicité**  $k$  de la valeur propre 0 de  $L_{\text{norm}}$  est égal au **nombre de composantes connexes**  $A_1, \dots, A_k$  dans  $G$ .
2. l'**espace propre** associé à la valeur propre 0 est engendré par les vecteurs d'indicatrices  $D^{1/2} \mathbf{1}_{A_1}, \dots, D^{1/2} \mathbf{1}_{A_k}$ .

### Clustering spectral normalisé

— On déduit de cette propriété *la version la plus courante* de **clustering spectral** du à [Ng et al., 2002].

## Algorithme

**Entrées** : un graphe non dirigé  $G$ ,  $k$  le nombre de clusters.

1. Calculer le Laplacien normalisé  $L_{\text{norm}}$  de  $G$ .
2. Calculer les  $k$  premiers vecteurs propres  $u_1, \dots, u_k$  de  $G$ . On note  $U$  la matrice  $n \times k$  qui les contient.
3. Calculer  $T$  en *normalisant les lignes* de  $U$  :  $t_{ij} = u_{ij} / (\sum_{\ell} u_{i\ell}^2)^{1/2}$ .
4. Faire un  $k$ -means avec les points  $y_i, i = 1, \dots, n$  (i<sup>e</sup> ligne de  $T$ )  $\Rightarrow A_1, \dots, A_k$ .

**Sortie** : clusters  $C_1, \dots, C_k$  avec

$$C_j = \{i | y_i \in A_j\}.$$

## Remarques

- Algorithme *quasi similaire* au clustering spectral **non normalisé**.
- Une étape de *normalisation* en plus.
- Cette étape se justifie par la *théorie de la perturbation* du spectre d'une matrice.
- On pourra consulter [von Luxburg, 2017] pour des justifications.

## Choix de $k$

- Comme souvent en *clustering*, cette algorithme nécessite de connaître le **nombre de groupes**.
- Utilisation de *connaissances métier* pour ce choix
- ou étude des *valeurs propres* du Laplacien.

## Généralisation

### Remarque importante

- L'algorithme **n'utilise pas** nécessairement la **structure du graphe**.
- Il est **entièrement basé sur la matrice (d'adjacence)  $W$**  des poids qui contient des arêtes.
- Cette matrice peut également être vue comme une **matrice de similarité**.

### Conséquence

- On peut donc *généraliser cet algorithme* à n'importe quel problème où on *possède une matrice de similarité*.
- *Exemple* : problème de **clustering standard** sur des données  $n \times p$  (il "suffit" de construire une matrice de similarité).

## Clustering spectral sur un tableau de données

- *Données* : tableau  $n \times p$   $n$  individus,  $p$  variables.
- *Problème* : classification non supervisée des  $n$  individus.
- *Méthodes classiques* :  $k$ -means, CAH...

### Alternative : clustering spectral

1. construire un **graphe de similarité** ;
2. lancer l'algorithme de **clustering spectral** sur **ce graphe** (ou plutôt sur sa **matrice de similarité**).

## Construction du graphe de similarités

- On peut utiliser les techniques standards :  $\varepsilon$ -neighborhood graph ou plus proches voisins (mutuels ou non).
- De façon plus générale, la matrice de similarités s'obtient souvent à partir d'un noyau  $K$  :

$$K : \mathbb{R}^p \times \mathbb{R}^p \rightarrow \mathbb{R} \\ (x, y) \mapsto \langle \Phi(x), \Phi(y) \rangle_{\mathcal{H}}$$

où  $\Phi : \mathbb{R}^p \rightarrow \mathcal{H}$  est une fonction qui plonge les observations dans un espace de Hilbert  $\mathcal{H}$  appelé *feature space*.

## Exemples de noyau

- Linéaire (vanilladot) :  $K(x, y) = \langle x, y \rangle$ .
- Gaussien (rfsdot) :  $K(x, y) = \exp(-\sigma \|x - y\|^2)$ .
- Polynomial (polydot) :  $K(x, y) = (\text{scale} \langle x, y \rangle + \text{offset})^{\text{degree}}$ .
- ...

## Références

On pourra trouver dans exemples de noyau dans [Karatzoglou et al., 2004].

## Matrice de similarités avec un noyau

- Etant données  $n$  observations  $x_i \in \mathbb{R}^p$
- La matrice de similarités  $W$  associée à un noyau  $K$  est la matrice  $n \times n$  dont le terme général vaut

$$w_{ij} = \begin{cases} K(x_i, x_j) & \text{si } i \neq j \\ 0 & \text{sinon} \end{cases}$$

## Clustering spectral

Le clustering spectral consiste à appliquer l'algorithme vu précédemment en calculant le Laplacien normalisé à partir de cette matrice de similarités (voir [Ng et al., 2002, Arias-Castro, 2011]).

## Clustering spectral sur des données $n \times p$

### Algorithme

Entrées : tableau de données  $x \times x$ ,  $K$  un noyau,  $k$  le nombre de clusters.

1. Calculer la matrice de similarités  $W$  sur les données avec le noyau  $K$ .
2. Calculer le Laplacien normalisé  $L_{\text{norm}}$  à partir de  $W$ .
3. Calculer les  $k$  premiers vecteurs propres  $u_1, \dots, u_k$  de  $G$ . On note  $U$  la matrice  $n \times k$  qui les contient.
4. Calculer  $T$  en normalisant les lignes de  $U$  :  $t_{ij} = u_{ij} / (\sum_{\ell} u_{i\ell}^2)^{1/2}$ .
5. Faire un  $k$ -means avec les points  $y_i, i = 1, \dots, n$  (i<sup>e</sup> ligne de  $T$ )  $\Rightarrow A_1, \dots, A_k$ .

Sortie : clusters  $C_1, \dots, C_k$  avec

$$C_j = \{i | y_i \in A_j\}.$$

## Le coin R

- La fonction `specc` du package `kernlab` permet de faire le clustering spectral.
- Exemple : données `spirals`

```

> library(kernlab)
> data(spirals)
> spirals1 <- data.frame(spirals)
> head(spirals1)
##           X1           X2
## 1  0.8123568 -0.98712687
## 2 -0.2675890 -0.32552004
## 3  0.3739746 -0.01293652
## 4  0.2576481  0.04130805
## 5 -0.8472613  0.32939461
## 6  0.4097649  0.03205686

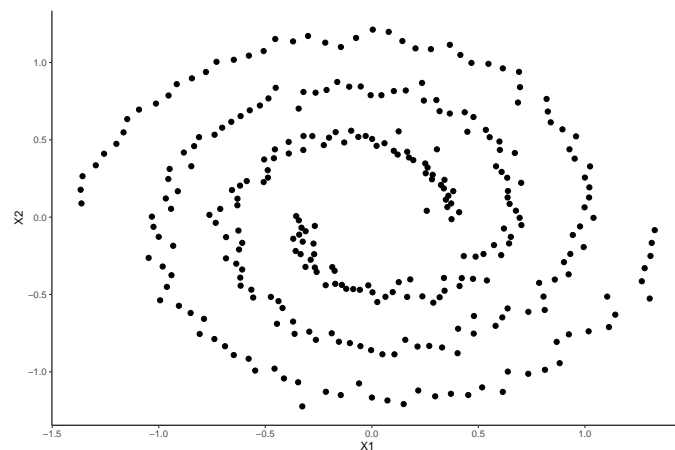
```

## Visualisation du nuage de points

```

> ggplot(spirals1)+aes(x=X1,y=X2)+geom_point()+theme_classic()

```

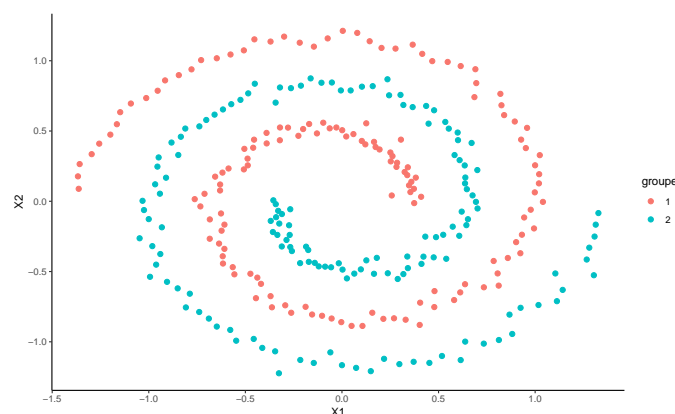


## Le clustering spectral

```

> groupe <- specc(spirals,centers=2,kernel="rbfdot")
> head(groupe)
## [1] 2 2 1 1 2 1
> spirals1 <- spirals1 %>% mutate(groupe=as.factor(groupe))
> ggplot(spirals1)+aes(x=X1,y=X2,color=groupe)+geom_point(size=2)+theme_classic()

```



## 4 Bibliographie

### Références

## Biblio4

- [Arias-Castro, 2011] Arias-Castro, E. (2011). Clustering based on pairwise distances when the data is of mixed dimensions. *IEEE Transaction on Information Theory*, 57(3) :1692–1706.
- [Bahoken et al., 2013] Bahoken, F., Beauguitte, L., and Lhomme, S. (2013). *La visualisation des réseaux. Principes, enjeux et perspectives*. halshs-00839905.
- [Blondel et al., 2008] Blondel, V. D., Guillaume, J., Lambiotte, R., and Lefebvre, E. (2008). Fast unfolding of communities in large networks. *Journal of Statistical Mechanics : Theory and Experiment*.
- [Daudin et al., 2008] Daudin, J.-J., Picard, F., and Robin, S. (2008). A mixture model for random graphs. *Statistics and computing*, 18 :173–183.
- [Fortunato, 2010] Fortunato, S. (2010). Community detection in graphs. *Physics report*, 486 :75–174.
- [Girvan and Newman, 2002] Girvan, M. and Newman, M. E. J. (2002). Community structure in social and biological networks. *Proc. Natl. Acad. Sci.*, pages 7821–7826.
- [Karatzoglou et al., 2004] Karatzoglou, A., Hornik, K., Smola, A., and Zeileis, A. (2004). kernlab – an s4 package for kernel methods in r. *Journal of Statistical Software*, 11(9).
- [Ng et al., 2002] Ng, A., Jordan, M., and Weiss, Y. (2002). On spectral clustering analysis. In *Advances in Neural Information Processing Systems (NIPS)*, volume 14, pages 849–856.
- [von Luxburg, 2017] von Luxburg, U. (2017). A tutorial on spectral clustering. *Statistics and computing*, 17 :395–416.