

ERPM — Avancement Wrapper Et Nouveaux Effets

Jérémie Chichignoud (CUB'iTECH)

11 novembre 2025

Table des matières

Objectifs (portée du document)	3
Travail réalisé	3
Travail restant et perspectives	4
Tableau de correspondance des effets	5
Explication effet par effet	7
1 Comptage de groupes par taille : <code>groups(from, to)</code>	7
2 Somme des puissances de tailles : <code>squared_sizes(from, to, pow)</code>	7
3 k-cliques sur la projection 1-mode : <code>cliques(k, normalized)</code>	8
4 Cliques géométriquement pondérées : <code>cliques_GW(λ)</code>	8
5 Somme des logs de factorielles décalées : <code>log_factorial_sizes</code>	10
6 Effet <code>cov_ingroup</code>	12
7 Effet <code>cov_fullmatch</code>	14
Annexe — ERGM, Metropolis–Hastings, vraisemblance et critères d’ajustement	16
A.1 Rappel : qu’est-ce qu’un ERGM ?	16
A.2 Log-vraisemblance, déviance, AIC et BIC	17

A.3	Sorties usuelles de <code>summary(ergm)</code>	18
A.4	Contraintes et mécanisme de proposition (MH) en biparti	18
A.5	Exemple minimal (R)	18
A.6	Schéma du processus d'estimation	19
A.7	Points d'attention	19

État d'avancement : wrapper `erpm` et statistiques/effets

Objectifs (portée du document)

L'objectif est de concevoir une fonction `erpm()` inspirée de la logique des modèles linéaires généralisés, capable d'estimer des effets statistiques définis sur des **partitions** plutôt que sur des graphes. La syntaxe cible est :

```
erpm(partition ~ effets + options)
```

La partie gauche représente la partition des acteurs en groupes, et la partie droite décrit les effets statistiques à calculer.

La fonction agit comme un **wrapper** autour du moteur `ergm()`. Elle transforme la partition en un **graphe biparti** (acteurs-groupes), sur lequel `ergm()` peut être appliqué directement. Cette traduction permet d'utiliser les outils et algorithmes d'ERGM tout en conservant une lecture centrée sur les groupes.

Un autre rôle clé de `erpm()` est d'assurer la **correspondance entre effets ERPM et ERGM**, selon trois situations :

1. **Effet direct** : déjà présent dans ERGM et utilisable tel quel ;
2. **Effet partiel** : partiellement couvert, nécessitant un traitement complémentaire (agrégation, normalisation, etc.) ;
3. **Effet spécifique** : absent d'ERGM, à créer avec `InitErgmTerm()` et une fonction C de changement (`change_stat`).

L'objectif final est que `erpm()` pilote l'ensemble du processus : de la définition de la partition à l'appel de `ergm()`, en passant par la préparation des effets, des contraintes et des propositions.

Travail réalisé

La structure principale de `erpm()` est **fonctionnelle et stable**. Elle gère correctement la conversion des entrées, le renommage des effets et l'appel au moteur `ergm()`.

- **Structure du wrapper** : prise en charge d'une partition et d'une formule d'effets ; construction de la matrice d'affiliation (acteurs \times groupes) ; création du **network** biparti ; ajout automatique des contraintes et propositions nécessaires (`InitErgmConstraint.bipart`, `InitErgmProposal.BiPart`) ; puis exécution de `ergm()`.
- **Traduction des effets** : les effets connus sont traduits vers leurs équivalents ERGM (par ex. `groups` \rightarrow `b2degrange`). Les effets dyadiques utilisent les opérateurs `Proj1` ou `B` selon le mode d'analyse.
- **Effets implémentés** : un effet spécifique, `squared_sizes`, est pleinement fonctionnel. Il dispose de sa fonction `InitErgmTerm()` et de son code C associé, basé sur les macros d'ERGM (`ergm_changestat_common.do_not_include_directly.h`, `ergm_changestat.h`, etc.).
- **Tests et validation** : les scripts `squared_sizes.R` et `test_groups.R` vérifient la cohérence du pipeline complet : création de partitions simples, conversion bipartie, appel à `erpm()`, et calcul des statistiques. Ces tests sont conçus comme des *selftests* autonomes.

Les résultats montrent que l'intégration avec `ergm()` fonctionne correctement et que la structure du wrapper est fiable.

Travail restant et perspectives

La prochaine étape est la **caractérisation complète des effets ERPM**. Chaque effet doit être identifié comme direct, partiel ou spécifique, et implémenté en conséquence, avec un test unitaire dédié.

- **Finalisation du wrapper** : améliorer la gestion des options `control.ergm`, définir des valeurs par défaut cohérentes, traiter les cas limites (groupes vides, partitions incomplètes), et renforcer la traduction automatique des effets directs `erpm` \rightarrow `ergm`.
- **Validation des effets et tests d'intégration** : ajouter un *selftest* autonome pour chaque nouvel effet, et construire des cas minimaux pour vérifier

la stabilité statistique (moyennes, variances, convergence).

- **Effets liés aux attributs dyadiques** : une partition ne comporte pas d'attributs dyadiques, mais il peut être utile de modéliser la probabilité d'appartenance à un groupe à partir d'informations dyadiques externes. Dans ce cas, une matrice d'attributs dyadiques peut être transmise en complément de la partition.
- **Documentation** : compléter les blocs `roxygen2` et rédiger une vignette “`erpm` en dix lignes” illustrant le flux complet : partition \rightarrow graphe biparti \rightarrow estimation \rightarrow résumé.

En résumé, `erpm()` est stable, bien intégré à `ergm()`, et prêt à accueillir progressivement de nouveaux effets ERPM.

Tableau de correspondance des effets

Effet ERPM	Correspondance ERGM	Alias/Terms ERGM	Calcul partiel (si partielle)	Si aucune : InitErgmTerm + C	Commentaire	Status
<code>groups(from,to)</code>	Directe	<code>b2degrange(from,to)</code>	—	—	Taille des groupes = degré (mode 2).	✓
<code>squared_sizes(from,to,pow)</code>	ErgmTerm	—	—	<code>InitErgmTerm.squared_sizes</code> <code>c_squared_sizes</code>	Somme des tailles des groupes (mode 2) élevées à la puissance <code>pow</code> .	✓
<code>cliques(clique_size,normalized)</code>	ErgmTerm	—	—	<code>InitErgmTerm.cliques</code> <code>c_cliques</code>	Compte, pour chaque groupe du mode 2, le nombre de k -cliques d'acteurs qu'il induit dans la projection 1-mode ; chaque groupe de taille n_g contribue $\binom{n_g}{k}$.	✓
<code>cliques_GW(lambda)</code>	ErgmTerm	—	—	<code>InitErgmTerm.cliques_GW</code> <code>c_cliques_GW</code>	À remplir	✓
<code>log_factorial_sizes</code>	ErgmTerm	—	—	<code>InitErgmTerm.log_factorial_sizes</code> <code>c_log_factorial_sizes</code>	À remplir	✓
<code>cov_ingroup(cov,size,category)</code>	ErgmTerm	—	—	<code>InitErgmTerm.cov_ingroup</code> <code>c_cov_ingroup</code>	À remplir	✓
<code>cov_match(cov)</code>	Directe via projection	<code>Proj1(~nodematch("cov"))</code>	—	—	Homophilie intra-groupe (projection mode 1).	✗
<code>cov_diff(cov)</code>	Directe via projection	<code>Proj1(~absdiff("cov"))</code>	—	—	Différences intra-groupe (paires).	✗

Effet ERPm	Correspondance ERGM	Alias/Terms ERGM	Calcul partiel (si partielle)	Si aucune : InitErgmTerm + C	Commentaire	Status
<code>dyadcov(X)</code>	Directe via projection	<code>Proj1(~edgecov(X))</code>	—	—	Effets dyadiques sur la projection. <i>Optionnel</i> : <code>B(form="nonzero")</code> si nécessaire.	✗
<code>cov_fullmatch(cov)</code>	Partielle	<code>Proj1</code> + comptage	Post-traitement : groupes 100% homogènes.	(<i>optionnel</i>) <code>InitErgmTerm.cov_fullmatch</code> <code>c_cov_fullmatch</code>	Post-hoc OK ; term C si nécessaire en MCMC.	✗
<code>inertia_longitudinal</code>	Pas encore évaluée	—	—	<code>InitErgmTerm.inertia</code> <code>c_inertia</code>	Effet temporel avec auxiliaires ($t-1$).	✗
<code>dyadcov_intragroup_sum</code>	Partielle	<code>Proj1(~edgecov)</code> + agrégations	Sommes/normalisations par groupe (R).	(<i>optionnel</i>) term dédié si requis	Pour métriques par groupe dans la vraisemblance.	✗
<code>range_attribute(attr)</code>	Partielle	<code>Proj1</code> + <code>absdiff</code> /résumés	Max-min par groupe (post-traitement).	(<i>optionnel</i>) term dédié	Contraintes d'hétérogénéité intra-groupe.	✗

Explication effet par effet

1 Comptage de groupes par taille : `groups(from, to)`

Définition.

Pour le biparti $A-G$ et $n_g = d(g)$ la taille du groupe g ,

$$\text{groups}(\text{from}, \text{to}) = \sum_{g \in G} \mathbf{1}\{n_g \in [\text{from}, \text{to})\},$$

Cela compte le nombre de groupes dont la taille appartient à l'intervalle $[\text{from}, \text{to})$ (borne inférieure incluse, supérieure exclue).

Correspondance ERGM.

`groups(from,to) → b2degrange(from=from, to=to)` sur le *mode 2*.

Appel dans `erpm()`.

```
1 # Tous les groupes de taille ≥1
2 erpm(partition ~ groups)
3
4 # Groupes de taille exactement 3 -> [3,4)
5 erpm(partition ~ groups(3))
6
7 # Intervalle explicite [2,5)
8 erpm(partition ~ groups(from = 2, to = 5))
```

2 Somme des puissances de tailles : `squared_sizes(from, to, pow)`

Définition.

Sur les nœuds groupes $g \in G$ de taille n_g ,

$$\text{squared_sizes}(\text{from}, \text{to}, \text{pow}) = \sum_{g \in G} \mathbf{1}\{n_g \in [\text{from}, \text{to})\} n_g^{\text{pow}},$$

Par défaut $\text{pow} = 2$. Le terme est vectorisable sur plusieurs intervalles et puissances.

Implémentation ERGM dédiée.

Terme spécifique `squared_sizes` côté `{ergm}`, calcul en « un-toggle » sur le mode 2 uniquement, avec entrées $[\text{from}, \text{to}, \text{pow}]$ et gestion de $[\text{from}, \text{to})$ ($\text{to} = \infty \Rightarrow$ remplacé par $n + 1$).

Appel dans `erpm()`.

```
1 # Somme des carrés pour tous les groupes (from=1, to=Inf, pow
  =2)
2 erpm(partition ~ squared_sizes)
3
4 # Somme des cubes pour tailles [2,5)
5 erpm(partition ~ squared_sizes(from = 2, to = 5, pow = 3))
6
7 # Vectorisation sur deux intervalles
8 erpm(partition ~ squared_sizes(from = c(1,4), to = c(4, Inf),
  pow = c(2,2)))
```

3 k-cliques sur la projection 1-mode : cliques(k, normalized)

Cliques d'acteurs via la projection 1-mode.

Pour une partition P , on construit le graphe biparti $A-G$ où A est l'ensemble des acteurs et G l'ensemble des groupes. Pour tout $g \in G$, on note $n_g = d(g)$ le degré (i.e. la taille) du groupe g . On note $N = \{n_g : g \in G\}$ l'ensemble des tailles de groupes.

La projection 1-mode sur A relie deux acteurs s'ils sont co-membres d'au moins un groupe. Le nombre total de k -cliques d'acteurs dans cette projection vaut :

$$\#k\text{-cliques} = \sum_{g \in G} \binom{n_g}{k},$$

où l'on adopte la **convention combinatoire étendue par zéro** :

$$\binom{n}{k} = \begin{cases} \frac{n!}{k!(n-k)!}, & \text{si } n \geq k \geq 0, \\ 0, & \text{sinon.} \end{cases}$$

Ainsi, les groupes de taille $n_g < k$ ne contribuent pas au comptage. S'il n'existe aucun groupe de taille au moins k , alors $\#k\text{-cliques} = 0$.

Exemple. Pour la partition $P = \{1, 1, 1, 1, 2, 2, 3\}$, les tailles de groupes sont $N = \{4, 2, 1\}$. On obtient :

$$\#2\text{-cliques} = \binom{4}{2} + \binom{2}{2} + \binom{1}{2} = 6 + 1 + 0 = 7,$$

$$\#4\text{-cliques} = \binom{4}{4} + \binom{2}{4} + \binom{1}{4} = 1 + 0 + 0 = 1,$$

Ainsi, l'ensemble des tailles de cliques présentes est $K = \{2, 4\}$.

Appel dans `erpm()`.

```
1 # k par défaut = 2, non normalisé
2 erpm(partition ~ cliques())
3
4 # k explicite
5 erpm(partition ~ cliques(k = 3))
6
7 # Forme abrégée
8 erpm(partition ~ cliques(4))
9
10 # Normalisation par C(N1, k)
11 erpm(partition ~ cliques(k = 2, normalized = TRUE))
```

4 Cliques géométriquement pondérées : cliques_GW(λ)

Définition combinatoire.

Pour une partition P et le graphe biparti $A-G$ associé, chaque groupe $g \in G$ de taille $n_g = d(g)$ génère, dans la projection 1-mode sur A , un ensemble de cliques d'acteurs :

$$c_k(P) = \sum_{g \in G} \binom{n_g}{k}, \quad k \geq 1,$$

Ces $c_k(P)$ comptent le nombre total de k -cliques d'acteurs issus de la coappartenance à un même groupe (voir [3](#)).

L'effet `cliques_GW(lambda)` combine ces contributions pour toutes les tailles $k \geq 1$

à l'aide d'une **série géométrique à décroissance contrôlée par λ** :

$$\begin{aligned} \text{cliques_GW}(\lambda) &= \sum_{k \geq 1} \left(-\frac{1}{\lambda}\right)^{k-1} c_k(P) \\ \text{avec } c_k(P) &= \sum_{g \in G} \binom{n_g}{k} \Rightarrow \sum_{k \geq 1} \left(-\frac{1}{\lambda}\right)^{k-1} \sum_{g \in G} \binom{n_g}{k} \\ (\text{sommes finies : } \#G < \infty, n_g < \infty) &\Rightarrow \sum_{g \in G} \sum_{k \geq 1} \left(-\frac{1}{\lambda}\right)^{k-1} \binom{n_g}{k} \\ (\text{convention } \binom{n}{k} &= 0 \text{ pour } k > n) \Rightarrow \sum_{g \in G} \sum_{k=1}^{n_g} \left(-\frac{1}{\lambda}\right)^{k-1} \binom{n_g}{k}, \end{aligned}$$

On introduit alors la contribution individuelle d'un groupe g :

$$S(n_g, \lambda) = \sum_{k=1}^{n_g} \left(-\frac{1}{\lambda}\right)^{k-1} \binom{n_g}{k},$$

La statistique globale s'écrit alors simplement :

$$\boxed{\text{cliques_GW}(\lambda) = \sum_{g \in G} S(n_g, \lambda),}$$

Expression de $S(n_g, \lambda)$ sous forme fermée.

On part de la définition combinatoire

$$S(n_g, \lambda) = \sum_{k=1}^{n_g} \left(-\frac{1}{\lambda}\right)^{k-1} \binom{n_g}{k},$$

et on cherche une expression explicite sous *forme fermée*. En posant $r = -1/\lambda$, on obtient :

$$S(n_g, \lambda) = \sum_{k=1}^{n_g} r^{k-1} \binom{n_g}{k},$$

On multiplie par r pour aligner les puissances :

$$r S(n_g, \lambda) = \sum_{k=1}^{n_g} r^k \binom{n_g}{k},$$

Puis on complète la somme par le terme $k = 0$ que l'on retranche aussitôt :

$$r S(n_g, \lambda) = \sum_{k=0}^{n_g} \binom{n_g}{k} r^k - \binom{n_g}{0} r^0 = \sum_{k=0}^{n_g} \binom{n_g}{k} r^k - 1,$$

On applique ensuite la **formule du binôme de Newton**, $(x + y)^n = \sum_{k=0}^n \binom{n}{k} x^k y^{n-k}$, avec $x = r$ et $y = 1$, d'où $(1 + r)^{n_g} = \sum_{k=0}^{n_g} \binom{n_g}{k} r^k$. On en déduit :

$$r S(n_g, \lambda) = (1 + r)^{n_g} - 1 \Rightarrow S(n_g, \lambda) = \frac{(1 + r)^{n_g} - 1}{r},$$

Enfin, la substitution $r = -1/\lambda$ conduit à la forme fermée recherchée :

$$\boxed{S(n_g, \lambda) = \lambda \left[1 - \left(\frac{\lambda-1}{\lambda} \right)^{n_g} \right]},$$

Par sommation sur tous les groupes $g \in G$, on obtient la statistique globale :

$$\text{cliques_GW}(\lambda) = \sum_{g \in G} S(n_g, \lambda) = \sum_{g \in G} \lambda \left[1 - \left(\frac{\lambda-1}{\lambda} \right)^{n_g} \right],$$

Interprétation.

Chaque groupe g de taille n_g contribue une valeur $S(n_g, \lambda)$ qui agrège l'ensemble de ses cliques potentielles, pondérées par la série géométrique $(-1/\lambda)^{k-1}$. Le terme est donc une *mesure continue de densité de coappartenance*, où λ agit comme un facteur de décroissance. L'effet **cliques_GW**(λ) quantifie, de manière lissée et graduelle, à quel point les acteurs appartiennent ensemble à des groupes communs.

Cas particuliers et limites.

- **Cas $\lambda = 1$** : Les poids deviennent $(-1)^{k-1}$. On obtient $S(n_g, 1) = \sum_{k=1}^{n_g} (-1)^{k-1} \binom{n_g}{k} = 1$. Chaque groupe non vide contribue exactement 1. L'effet `cliques_GW(1)` compte donc simplement le nombre total de groupes, indépendamment de leur taille.
- **Cas $\lambda \rightarrow \infty$** : $(1 - 1/\lambda)^{n_g} \approx 1 - n_g/\lambda$, d'où $S(n_g, \lambda) \approx n_g/\lambda$. Les grandes cliques deviennent négligeables : seule la composante linéaire ($k = 1$) subsiste. L'effet tend alors vers une mesure proportionnelle au nombre total d'acteurs.
- **Cas λ petit (proche de 1)** : Les poids $(-1/\lambda)^{k-1}$ décroissent lentement, les cliques de grande taille sont fortement prises en compte. Le terme devient sensible à la concentration d'acteurs dans des groupes volumineux.

Résumé interprétatif.

Régime de λ	Formule dominante	Interprétation intuitive
$\lambda = 1$	$S(n_g, 1) = 1$	Chaque groupe vaut 1 (compte des groupes)
$\lambda \rightarrow \infty$	$S(n_g, \lambda) \approx n_g/\lambda$	Poids linéaire des acteurs (1-cliques)
λ petit	Série complète sur k	Forte sensibilité aux cliques denses

Appel dans `erpm()`.

```

1 # Forme par défaut : lambda = 2
2 erpm(partition ~ cliques_GW)
3
4 # Lambda explicite
5 erpm(partition ~ cliques_GW(lambda = 3))
6
7 # Vectorisation (plusieurs décroissances)
8 erpm(partition ~ cliques_GW(lambda = c(1.5, 2, 4)))

```

1. Inexistant pour les partitions car les groupes y sont disjoints et indépendants.

Remarque.

L'effet `cliques_GW` est à la fois un *lissage analytique* du comptage discret des `cliques(k)` et une *pondération géométrique* contrôlant la profondeur des interactions denses. Il fournit un indicateur continu de la cohésion interne des groupes à travers leurs cliques d'acteurs.

5 Somme des logs de factorielles décalées : `log_factorial_sizes`

Définition combinatoire.

Pour une partition P de N acteurs en groupes $g \in G$, on note $n_g = |g|$ la taille (ou degré mode-2) de chaque groupe. L'effet `log_factorial_sizes` associe à chaque groupe le logarithme du *factoriel décalé* de sa taille :

$$S(P) = \sum_{g \in G} \log((n_g - 1)!) = \sum_{g \in G} \text{lgamma}(n_g),$$

La fonction $\text{lgamma}(n) = \log(\Gamma(n)) = \log((n-1)!)$ est la version continue du logarithme factoriel, numériquement stable et définie pour tout $n > 0$. Les groupes vides ($n_g = 0$) sont exclus ou traités par convention $f(0) = 0$.

Cette forme additive sur les groupes exprime une **mesure combinatoire interne** à chaque groupe, c'est-à-dire une quantité fondée sur le nombre de façons différentes d'organiser les membres *à l'intérieur* du groupe, sans tenir compte des relations entre groupes¹. Autrement dit, on ne considère pas combien il existe de groupes ni comment ils interagissent, mais uniquement combien de configurations distinctes un seul groupe peut avoir selon sa taille n_g .

Ici, la mesure associée à un groupe est $(n_g - 1)!$, le nombre d'**arrangements circulaires** possibles de ses n_g membres :

$$(n_g - 1)! \text{ ordres distincts sur un cercle.}$$

Un *arrangement circulaire* (ou *permutation circulaire*) désigne la manière de placer n objets différents autour d'un cercle, où les rotations sont considérées comme équivalentes :

- Sur une ligne, on compte $n!$ permutations distinctes.
- Sur un cercle, les n rotations d'une même disposition sont indiscernables, donc le nombre d'arrangements distincts est $n!/n = (n-1)!$.

Ainsi, $(n_g - 1)!$ représente le nombre de façons uniques de disposer les membres du groupe sur un cercle, modulo les rotations. Le logarithme de cette quantité, $\log((n_g - 1)!)$, mesure la complexité combinatoire interne du groupe.

La statistique globale de la partition s'interprète alors comme le *log-produit* de ces complexités internes :

$$S(P) = \log \left(\prod_{g \in G} (n_g - 1)! \right),$$

Elle résume la richesse combinatoire totale des organisations internes de tous les groupes.

Expression bipartie (ERPM → ERGM).

Dans la traduction ERPM, on associe au partitionnement un graphe biparti (A, G, E) où :

- A désigne l'ensemble des **acteurs** (ou éléments de la partition) ;
- G l'ensemble des **groupes** de la partition ;
- $E \subseteq A \times G$ l'ensemble des **liens d'appartenance**, chaque arête $(i, g) \in E$ indiquant que l'acteur i appartient au groupe g .

Le degré $d(g)$ d'un nœud $g \in G$ (nombre d'arêtes incidentes sur g) correspond exactement à la taille du groupe : $d(g) = n_g$.

La statistique se réécrit donc :

$$\text{log_factorial_sizes} = \sum_{g \in G} \lgamma(d(g)),$$

soit une *somme de fonctions du degré des nœuds du mode 2*. Chaque nœud-groupe contribue proportionnellement à la complexité combinatoire de ses liens d'appartenance.

Développement asymptotique.

En appliquant l'approximation de Stirling, $\log((n-1)!) \approx (n - \frac{1}{2}) \log n - n + \frac{1}{2} \log(2\pi)$, on obtient :

$$S(P) \approx \sum_{g \in G} \left[(n_g - \frac{1}{2}) \log n_g - n_g \right] + C,$$

Cette expression relie l'effet à la *distribution des tailles de groupes*. En posant $p_g = n_g/N$,

$$S(P) \approx N \sum_g p_g \log p_g + N \log N + C',$$

À somme N fixée, S augmente lorsque la distribution (p_g) devient plus inégale : il favorise les regroupements concentrés (faible entropie).

Interprétation.

- **Combinatoire interne** : chaque groupe contribue au log du nombre de permutations circulaires possibles de ses membres. La statistique globale quantifie la “complexité interne” moyenne des groupes de la partition.
- **Lien entropique** : en régime large (n_g grand), la dérivée locale $\partial S / \partial n_g \approx \log n_g$ augmente doucement avec la taille, d'où un effet de *préférence logarithmique* pour les grands groupes. Une estimation positive de son paramètre θ favorise donc des regroupements plus concentrés.
- **Comparaison avec d'autres effets** :

Effet	Formule	Croissance
squared_sizes	$\sum n_g^2$	quadratique ($\propto n^2$)
log_factorial_sizes	$\sum \lgamma(n_g)$	$n \log n$ (intermédiaire)
groups	$\sum 1_{n_g > 0}$	constante

Cas asymptotiques.

- **Tous les groupes singletons** : $n_g = 1 \Rightarrow S = 0$.
- **Un seul grand groupe** : $S = \log((N-1)!)$ maximal.
- **Partition équilibrée** : pour un nombre total de groupes K fixé et un nombre d'acteurs N constant, la valeur de $S = \sum_g \text{lgamma}(n_g)$ est **minimale lorsque les tailles des groupes sont aussi égales que possible**, c'est-à-dire $n_g \simeq N/K \forall g$.

En effet, la fonction $\text{lgamma}(n)$ est convexe en n , donc par l'inégalité de Jensen :

$$\frac{1}{K} \sum_g \text{lgamma}(n_g) \geq \text{lgamma}\left(\frac{1}{K} \sum_g n_g\right) = \text{lgamma}(N/K),$$

L'égalité (et donc le minimum de S) est atteinte uniquement lorsque tous les groupes ont la même taille.

Intuitivement, plus les tailles des groupes sont déséquilibrées, plus certaines valeurs n_g deviennent grandes, et comme $\text{lgamma}(n)$ croît non-linéairement ($\sim n \log n$), la somme totale S augmente. La partition la plus homogène minimise donc la “complexité combinatoire interne” globale.

Résumé analytique.

$$\text{log_factorial_sizes}(P) = \sum_{g \in G(P)} \text{lgamma}(|g|) \quad \text{où} \quad \text{lgamma}(n) = \log((n-1)!),$$

C'est une statistique additive sur les groupes, convexe en (n_g) , croissant plus lentement que n_g^2 , et reliée à la dispersion des tailles par approximation de Stirling. Elle n'a pas d'équivalent direct dans **ergm**, mais peut être implémentée comme un terme spécifique de type “somme de fonctions du degré (mode 2)”.

Remarque finale.

L'effet `log_factorial_sizes` introduit un contrôle logarithmique du déséquilibre des tailles de groupes. Son comportement se situe entre la linéarité de `groups` et la convexité forte de `squared_sizes`.

Appel dans `erpm()`.

```
1 erpm(partition ~ log_factorial_sizes)
```

6 Effet `cov_ingroup`

Cadre.

On partitionne des acteurs $A = \{1, \dots, N\}$ en groupes G . Le biparti associé est $B = (A, G, E)$. Chaque acteur i appartient à un unique groupe $g(i) \in G$. La taille d'un groupe g est $n_g = \deg_B(g) = |g|$.

Attribut et filtre de taille.

On fixe un attribut d'acteur $x = (x_i)_{i \in A}$: numérique (p.ex. âge, score) ou binaire issu d'une modalité catégorielle ciblée ($x_i = \mathbf{1}[c_i = \kappa]$). On choisit un ensemble de tailles admissibles $S \subset \mathbb{N}_{\geq 1}$ (p.ex. $S = \{k\}$, $S = \{a, \dots, b\}$, ou $S = \mathbb{N}_{\geq 1}$).

Définition.

La statistique `cov_ingroup` pondère la somme d'attributs intra-groupe par la taille du groupe, en ne gardant que les tailles dans S :

$$\begin{aligned} T(B; x, S) &= \sum_{i \in A} x_i n_{g(i)} \mathbf{1}[n_{g(i)} \in S] \\ &= \sum_{g \in G} \left(n_g \sum_{i \in g} x_i \right) \mathbf{1}[n_g \in S], \end{aligned}$$

Forme matricielle.

Soit $M \in \{0,1\}^{N \times |G|}$ la matrice d'incidence ($M_{ig} = 1 \iff i \in g$), $\mathbf{1}_N = (1, \dots, 1)^\top$, $n = M^\top \mathbf{1}_N \in \mathbb{N}^{|G|}$, $s = M^\top x \in \mathbb{R}^{|G|}$, et $w = (\mathbf{1}[n_g \in S])_{g \in G} \in \{0,1\}^{|G|}$. Alors

$$T(B; x, S) = (w \odot n)^\top s = (w \odot n)^\top M^\top x = x^\top M \text{Diag}(w \odot n) \mathbf{1}_{|G|},$$

Change-stat pour un déplacement $i : a \rightarrow b$.

Notons $X_g = \sum_{j \in g} x_j$. Avant le déplacement : tailles n_a, n_b et sommes X_a, X_b . Après : $n'_a = n_a - 1$, $X'_a = X_a - x_i$, $n'_b = n_b + 1$, $X'_b = X_b + x_i$. La variation vaut

$$\Delta T = [n'_b X'_b \mathbf{1}[n'_b \in S] - n_b X_b \mathbf{1}[n_b \in S]] + [n'_a X'_a \mathbf{1}[n'_a \in S] - n_a X_a \mathbf{1}[n_a \in S]],$$

Sans restriction de taille ($S = \mathbb{N}_{\geq 1}$),

$$\Delta T = (X_b - X_a) + (n_b - n_a + 2) x_i,$$

Exemple court.

$n_a = 3$, $X_a = 5$; $n_b = 2$, $X_b = 4$; $x_i = 2$.

- Sans filtre : $\Delta_b = (2+1)(4+2) - 2 \cdot 4 = 10$, $\Delta_a = (3-1)(5-2) - 3 \cdot 5 = -9$, donc $\Delta T = 1$.
- Avec $S = \{3, 4, \dots\}$: avant $T = 3 \cdot 5 = 15$ (seul a compte), après $T = 3 \cdot 6 = 18$ (seul b compte), donc $\Delta T = 3$.

Lecture.

Si x est binaire, $\sum_{i \in g} x_i$ est un décompte intra-groupe de la modalité ciblée et $n_g \sum_{i \in g} x_i$ mesure «taille \times effectif visé», restreint aux tailles S .

Cas limites et comportement.

- **Groupes vides.** Non définis dans un biparti valide ; la fonction les ignore.
- **Singletons.** Si $n_g = 1$, la contribution vaut $x_i \mathbf{1}[1 \in S]$ pour l'unique acteur $i \in g$.
- **Attributs manquants.** Les valeurs NA dans x sont propagées comme zéro pour éviter des contributions incohérentes ; elles doivent idéalement être nettoyées en amont.
- **Échelle de x .** Si x est numérique à forte variance, le terme peut dominer la log-vraisemblance ; il est souvent recommandé de centrer ou normaliser x .
- **Filtrage de tailles.** Si tous les $n_g \notin S$, la statistique vaut 0 ; c'est un cas limite normal mais à signaler (aucune contrainte informative).
- **Coût algorithmique.** La mise à jour locale se fait en $\mathcal{O}(1)$: seul le groupe affecté par un toggle est recalculé.
- **Dégénérescence.** Si x est quasi constant, la statistique est quasi linéaire et peut induire une estimation peu informative ; l'effet reste stable mais peu discriminant.

Exemple erpm() minimal.

```
1 # Partition simple
2 partition <- c(1,1, 2,2,2, 3,3,3, 4,4)
3
4 # Attributs: numérique et catégoriel
5 nodes <- data.frame(label = paste0("A", 1:10),
6                       age = c(20,30, 40,50,60, 10,10,10, 5,5),
7                       dept = c("A","B", "A","C","A", "A","A","B",
8                                "C","A"),
9                       stringsAsFactors = FALSE)
10
11 # Cas 1 : covariée numérique
12 erpm(partition ~ cov_ingroup("age", size = 2:3),
13       nodes = nodes)
14
15 # Cas 2 : covariée catégorielle avec filtrage
```

```

15 erpm(partition ~ cov_ingroup("dept", category = "A", size = 3)
16     , nodes = nodes)
17
18 # Vérification par summary sur le biparti sous-jacent
19 dry <- erpm(partition ~ cov_ingroup("age", size = 2:3),
20     eval_call = FALSE, nodes = nodes)
21 summary(dry[[2]], constraints = ~ bipart)

```

7 Effet cov_fullmatch

Cadre.

Acteurs $A = \{1, \dots, N\}$ partitionnés en groupes G . Biparti $B = (A, G, E)$. Taille du groupe $g : n_g = |g|$.

Attribut et filtre de tailles.

Attribut catégoriel $c = (c_i)_{i \in A}$ à valeurs dans un ensemble fini L (modalités). Filtre de tailles admissibles $S \subset \mathbb{N}_{\geq 1}$ ($S = \{k\}$, $S = \{a, \dots, b\}$, ou $S = \mathbb{N}_{\geq 1}$).

Définition.

Un groupe est *homogène* si tous ses membres partagent la même modalité. La statistique compte les groupes homogènes dont la taille est dans S :

$$T(B; c, S) = \sum_{g \in G} \mathbf{1}[n_g \in S] \mathbf{1}[\exists r \in L : n_{g,r} = n_g]$$

où $n_{g,r} = |\{i \in g : c_i = r\}|$. Variante ciblée (**category**= κ) :

$$T_\kappa(B; c, S) = \sum_{g \in G} \mathbf{1}[n_g \in S] \mathbf{1}[n_{g,\kappa} = n_g],$$

Cas des singletons : si $n_g = 1$ et c_i défini, le groupe compte.

Écriture par paires (projection mode 1).

Chaque groupe g induit une clique K_{n_g} entre ses membres. On a l'équivalence

$$\sum_{r \in L} \binom{n_{g,r}}{2} = \binom{n_g}{2} \iff \max_{r \in L} n_{g,r} = n_g,$$

c'est-à-dire « toutes les paires concordent sur c » \Leftrightarrow « unanimité dans g ».

Forme matricielle.

Matrice d'incidence $M \in \{0, 1\}^{N \times |G|}$, tailles $n = M^\top \mathbf{1}_N$. Pour chaque modalité r , vecteur indicateur $x^{(r)} \in \{0, 1\}^N$ et sommes par groupe $s^{(r)} = M^\top x^{(r)}$. Masque de tailles $w_g = \mathbf{1}[n_g \in S]$. Alors

$$T(B; c, S) = \sum_{g=1}^{|G|} w_g \mathbf{1}[\max_r s_g^{(r)} = n_g], \quad T_\kappa(B; c, S) = \sum_{g=1}^{|G|} w_g \mathbf{1}[s_g^{(\kappa)} = n_g],$$

Exemple minimal.

Soit trois groupes g_1, g_2, g_3 de tailles $(2, 3, 2)$ et une covariée catégorielle c :

$$g_1 = (A, A), \quad g_2 = (A, B, B), \quad g_3 = (B, B),$$

Alors

$$T(B; c, \{2, 3\}) = 2 \quad (\text{groupes } g_1 \text{ et } g_3), \quad T_A(B; c, \{2, 3\}) = 1 \quad (\text{seul } g_1),$$

Change-stat locale.

Un toggle (i, g) n'affecte que g . Avant : $F_g = \mathbf{1}[n_g \in S] \mathbf{1}[\exists r : n_{g,r} = n_g]$. Après le toggle : F'_g avec mise à jour de n_g et du n_{g,c_i} . Variation locale :

$$\Delta T = F'_g - F_g,$$

Version ciblée : $\Delta T = F_g^{(\kappa)'} - F_g^{(\kappa)}$ avec $F_g^{(\kappa)} = \mathbf{1}[n_g \in S] \mathbf{1}[n_{g,\kappa} = n_g]$.

Effets de bord et complexité.

- **Groupes vides ou hors plage.** Les groupes de taille 0 n'existent pas dans le biparti normalisé. Si $n_g \notin S$, le groupe ne contribue pas, même homogène.
- **Valeurs manquantes.** Toute valeur NA dans c invalide le test d'unanimité ; le terme `cov_fullmatch` arrête l'exécution avec un message explicite (fail-fast).
- **Catégorie absente.** Si une `category=` ciblée n'est pas observée, l'initialiseur signale une erreur d'entrée avant la simulation.
- **Coût algorithmique.** À chaque toggle, seule la structure du groupe g concerné est mise à jour : tailles n_g , effectif dominant $n_{g,r_{\max}}$, et état binaire F_g . L'actualisation est donc en $\mathcal{O}(1)$, ce qui rend l'effet compatible avec les grands réseaux bipartis.
- **Dégénérescence potentielle.** Si presque tous les groupes sont unanimement homogènes (ou tous hétérogènes), la statistique est quasi constante, entraînant des coefficients extrêmes ($\pm\infty$) — comportement normal pour des cas saturés.

Appel dans `erpm()`.

```
1 # Cas général : tous les groupes homogènes
2 erpm(partition ~ cov_fullmatch("dept"))
3
4 # Filtrage par taille
5 erpm(partition ~ cov_fullmatch("dept", size = 2:3))
6
7 # Variante ciblée : unanimité sur la modalité "A"
8 erpm(partition ~ cov_fullmatch("dept", category = "A", size =
  2:3))
```

Annexe — ERGM et Metropolis–Hastings

A.1 Rappel : qu’est-ce qu’un ERGM ?

Un modèle de graphe aléatoire exponentiel (ERGM, *Exponential Random Graph Model*) définit une loi de probabilité sur l’ensemble des graphes possibles y :

$$\Pr_{\theta}(Y = y) \propto \exp(\theta^{\top} g(y)),$$

où :

- $g(y)$ est le **vecteur de statistiques du graphe** : il regroupe des caractéristiques mesurées sur le réseau, par exemple le *nombre d’arêtes* (statistique dénombrable ou « brute ») et le *degré moyen* (statistique agrégée ou « moyenne »).
- θ est le **vecteur de paramètres du modèle** : chaque composante pondère la propension du réseau à présenter la structure correspondante (par ex. triangles, réciprocité).
- \Pr_{θ} désigne la **distribution de probabilité induite par θ** : c’est la loi selon laquelle un graphe est susceptible d’être généré.

Motivation.

On dispose d’un **graphe observé** y_{obs} (données empiriques). Ce graphe est fixe : on calcule ses statistiques $g(y_{\text{obs}})$ une fois pour toutes. L’objectif est de trouver θ tel que les graphes simulés depuis \Pr_{θ} aient, *en moyenne*, les mêmes statistiques que y_{obs} :

$$\mathbb{E}_{\theta}[g(Y)] \approx g(y_{\text{obs}}),$$

afin de reproduire les régularités structurelles du réseau (densité, distribution des degrés, triangles, homophilie, etc.).

Principe général.

L’estimation de θ se fait par deux boucles :

- **Boucle interne (MCMC–MH)** : pour un θ fixé, on échantillonne des graphes selon \Pr_{θ} à l’aide de **Metropolis–Hastings (MH)**. Concrètement :
 1. partir d’un graphe initial $y^{(0)}$;
 2. proposer une modification locale donnant un candidat y' (ajout/suppression d’une arête) ;
 3. calculer la variation de log-probabilité ² :

$$\Delta = \theta^{\top} [g(y') - g(y)],$$

4. accepter y' avec probabilité $\alpha = \min(1, \exp(\Delta) \times \frac{q(y \rightarrow y')}{q(y' \rightarrow y)})$, où q est la loi de proposition.

En répétant ces étapes, on obtient une chaîne de Markov dont la loi stationnaire est précisément \Pr_{θ} . L’échantillon $\{y^{(s)}\}$, constitué de plusieurs graphes simulés indépendamment (après burn-in et thinning), sert à approximer les moyennes des statistiques $g(y)$ sous la distribution \Pr_{θ} .

- **Boucle externe (mise à jour de θ)** : après simulation, on compare la moyenne simulée $\mathbb{E}_{\theta^{(t)}}[g(Y)]$ à $g(y_{\text{obs}})$ et on ajuste

$$\theta^{(t+1)} = \theta^{(t)} + \alpha \left(g(y_{\text{obs}}) - \frac{1}{S} \sum_{s=1}^S g(y^{(s)}) \right),$$

où α est un **pas d’apprentissage**. Un pas trop grand peut faire diverger l’algorithme ; trop petit, la convergence devient lente.

2. Pour deux graphes y et y' sous un même θ :

$$\frac{\Pr_{\theta}(Y = y')}{\Pr_{\theta}(Y = y)} = \exp\left\{ \theta^{\top} [g(y') - g(y)] \right\} = \exp(\Delta), \quad \Delta = \theta^{\top} [g(y') - g(y)],$$

Si $\Delta > 0$, y' est plus probable que y (toutes choses égales par ailleurs).

Lien avec les algorithmes de gradient.

La mise à jour de θ est analogue à une **montée de gradient** sur la log-vraisemblance

$$\log L(\theta) = \theta^\top g(y_{\text{obs}}) - \log Z(\theta),$$

car $g(y_{\text{obs}}) - \mathbb{E}_\theta[g(Y)]$ joue le rôle d'un **gradient stochastique**. Le pas α influence vitesse et stabilité de convergence. La fonction de vraisemblance peut être **non convexe** dans l'espace des graphes : la convergence dépend du point de départ et de la structure du réseau.

A.2 Log-vraisemblance, déviance, AIC et BIC

Constante de normalisation $Z(\theta)$.

Dans un ERGM, l'écriture exacte de la probabilité de tirage est :

$$\Pr_\theta(Y = y) = \frac{\exp\{\theta^\top g(y)\}}{Z(\theta)}, \quad Z(\theta) = \sum_{y' \in \mathcal{Y}} \exp\{\theta^\top g(y')\},$$

où \mathcal{Y} est l'ensemble de *tous* les graphes possibles sur le même jeu de nœuds. $Z(\theta)$ **assure la normalisation** (les probabilités somment à 1). Comme \mathcal{Y} est gigantesque, $Z(\theta)$ n'est pas calculable exactement ; on l'approxime par MCMC.

Log-vraisemblance.

Idée générale.

La **vraisemblance** $L(\theta)$ mesure, pour un θ donné, à quel point le modèle juge plausible le graphe observé y_{obs} :

$$L(\theta) = \Pr_\theta(Y = y_{\text{obs}}) = \frac{\exp\{\theta^\top g(y_{\text{obs}})\}}{Z(\theta)},$$

Maximiser $L(\theta)$ (ou son logarithme) revient à choisir les paramètres qui rendent y_{obs} le plus probable dans la famille des modèles.

Pourquoi travailler au log.

On utilise la **log-vraisemblance**

$$\ell(\theta) = \log L(\theta) = \theta^\top g(y_{\text{obs}}) - \log Z(\theta),$$

car (i) les produits de probabilités deviennent des *sommes* (plus stables numériquement), et (ii) le calcul des dérivées/gradients est direct.

Déviance et critères d'information.

La **déviance** d'un modèle est définie par

$$D = -2 \ell(\hat{\theta}),$$

où $\hat{\theta}$ est l'estimateur (par exemple le maximum de vraisemblance). Sous conditions régulières, les **rapports de vraisemblance** ont une loi asymptotique de type χ^2 , d'où le facteur -2 qui permet d'interpréter les *différences* de déviance dans des tests de comparaison de modèles.

Déviance et AIC/BIC (version unifiée).

Dans un ERGM, $D = -2 \ell(\hat{\theta})$ sert d'indicateur global d'ajustement : plus $\ell(\hat{\theta})$ est grand, plus D est petit. La déviance mesure toutefois l'ajustement *pur* : un modèle plus complexe a presque toujours une déviance plus faible. Pour **équilibrer ajustement et complexité**, on utilise les critères d'information AIC/BIC :

$$\text{AIC} = 2k - 2 \ell(\hat{\theta}), \quad \text{BIC} = k \log n - 2 \ell(\hat{\theta}),$$

où k est le nombre de paramètres et n une taille effective (en réseau, souvent proche du nombre de dyades potentielles). On compare des modèles ajustés sur les mêmes données et on retient en pratique celui dont l'AIC/BIC est **minimal** (meilleur compromis « fidélité/parcimonie »). AIC/BIC permettent en outre de comparer des modèles *non nécessairement emboîtés*, ce que ne permet pas un test basé uniquement sur la différence de déviance.

A.3 Sorties usuelles de `summary(ergm)`

- **Call** : l'appel exact (traçabilité, reproductibilité).
- **Coefficients** : estimés $\hat{\theta}_i$ (un par statistique), **erreur-type** (SE), **statistique** z ($z = \hat{\theta}_i / \text{SE}(\hat{\theta}_i)$) et **p-valeur bilatérale** pour $H_0 : \theta_i = 0$. Un grand $|z|$ suggère un effet éloigné de 0 au regard de l'incertitude.
- **MCMC %** : fraction (en %) de l'erreur-type due au *bruit Monte-Carlo*. *Interprétation et actions* : un MCMC% élevé indique que l'échantillon simulé est peu informatif (forte autocorrélation). **Burn-in** = nombre d'itérations initiales *jetées* avant d'enregistrer des échantillons (laisser la chaîne se stabiliser); **Thinning** = ne garder qu'une itération sur m pour **décorrélérer les échantillons** entre eux (réduire l'autocorrélation sérielle); **Taille d'échantillon** = nombre total d'états conservés pour estimer les moyennes. Si la chaîne *mélange mal*, il peut être nécessaire d'ajuster les contraintes ou le mécanisme de proposition.
- **Log-vraisemblance, déviance D , AIC, BIC** : indicateurs globaux (définitions ci-dessus). AIC/BIC plus petits \Rightarrow meilleur compromis.

A.4 Contraintes et mécanisme de proposition (MH) en biparti

Contraintes (restriction de l'espace d'état).

Les **contraintes** (par exemple `b1part`) restreignent l'espace des graphes explorés par MH aux configurations *valides* : en biparti, interdire les arêtes intra-mode, imposer certaines bornes de degrés, etc. Elles ne constituent pas un « assouplissement » : elles **excluent** simplement les états invalides et garantissent que chaque graphe visité respecte la structure voulue.

Mécanisme de proposition.

Le **mécanisme de proposition** (souvent appelé « proposal ») génère un candidat y' à partir de y (par exemple tirer une dyade admissible et toggler l'arête), en *respectant* les contraintes. Il définit la distribution $q(y \rightarrow y')$ qui intervient dans

le **ratio de Hastings**. Si q est asymétrique (par exemple plus de façons de détruire que de créer une structure), le terme $\frac{q(y' \rightarrow y)}{q(y \rightarrow y')}$ **corrige** cette asymétrie dans la probabilité d'acceptation.

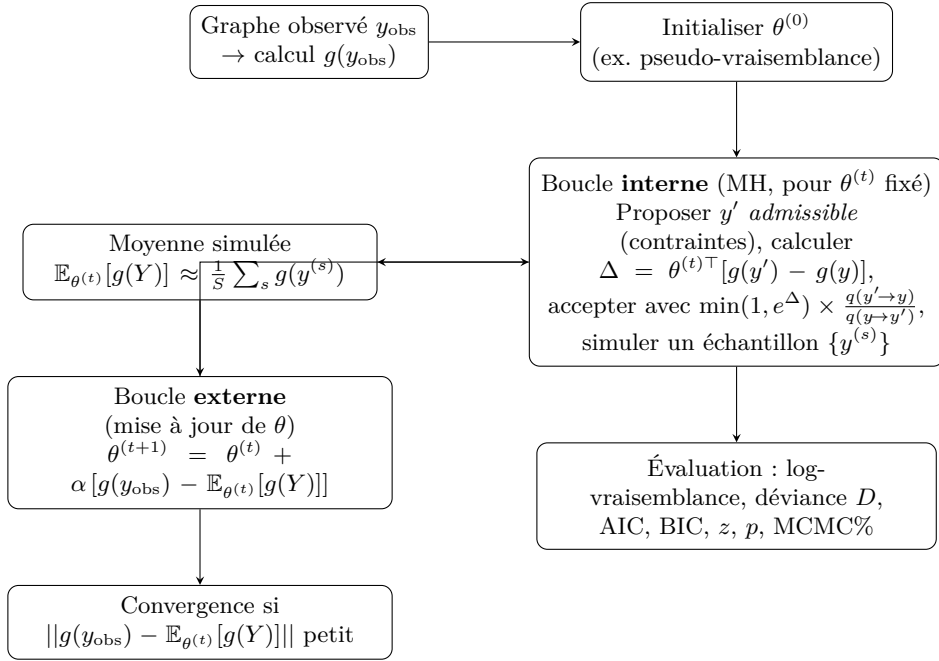
Pourquoi ces corrections sont indispensables.

Le couple « Δ du modèle » + « ratio de Hastings » assure la **réversibilité** (détail de balance) de la chaîne et garantit que la **loi stationnaire** visée est bien Pr_θ . Sans cette correction, la chaîne convergerait vers une distribution biaisée (dépendante du mécanisme de proposition) au lieu de la loi ERGM recherchée.

A.5 Exemple minimal (R)

```
1 library(ergm)
2 # Réseau biparti jouet : 4 acteurs -> 2 groupes
3 m <- matrix(c(1,0,
4               1,0,
5               0,1,
6               0,1), nrow=4, byrow=TRUE)
7 nw <- network::network(m, bipartite=2, directed=FALSE)
8
9 # Modèle 1 : densité (edges)
10 fit1 <- ergm(nw ~ edges)
11
12 # Modèle 2 : densité + distribution de degrés côté groupes (
13   mode 2)
14 fit2 <- ergm(nw ~ edges + b2degrange(from=2, to=3))
15
16 summary(fit1)
17 summary(fit2) # comparer log-vraisemblance, AIC, BIC, z, p-
18               values, MCMC%
```

A.6 Schéma du processus d'estimation



Deux boucles imbriquées : **interne** (MH : échantillonnage pour θ fixé) et **externe** (mise à jour de θ jusqu'à convergence).

A.7 Points d'attention

Choix de $g(y)$.

Les statistiques doivent refléter des mécanismes plausibles (densité, degrés, triangles, homophilie, effets d'attributs, etc.) sans surcharger le modèle : empiler trop de termes peut entraîner instabilités, colinéarités ou non-identifiabilité. Une approche progressive (noyau simple, diagnostics, puis complexification) est souvent utile.

Diagnostics MCMC.

Surveiller l'autocorrélation et la stabilité des moyennes simulées. Un **MCMC%** élevé signale une forte dépendance entre échantillons. Augmenter le **burn-in** (laisser la chaîne se stabiliser avant de collecter), appliquer du **thinning** (garder une itération sur m pour **décorrélérer les échantillons entre eux**), et/ou accroître la **taille d'échantillon**. Si le mélange reste faible, ajuster contraintes et mécanisme de proposition peut aider.

Comparaison de modèles.

AIC/BIC comparent des modèles ajustés sur les mêmes données en pénalisant la complexité. L'information est dans les **écarts** d'AIC/BIC (pas dans leur niveau absolu). Les conclusions gagnent à être croisées avec une **évaluation de type goodness-of-fit** : comparer, entre réseaux simulés et observé, des distributions de degrés, distances géodésiques, motifs triadiques, etc.