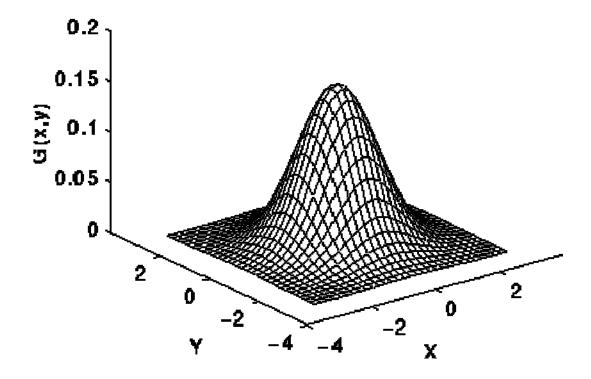




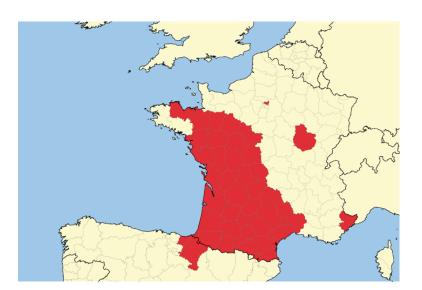


# Mclust:

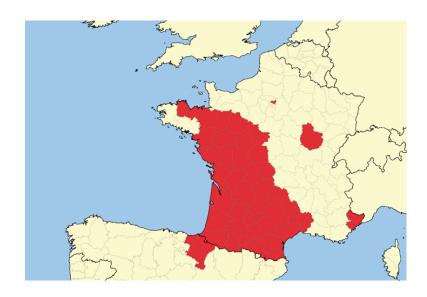
Déceler des groupes dans un jeu de données grâce aux mélanges gaussiens.











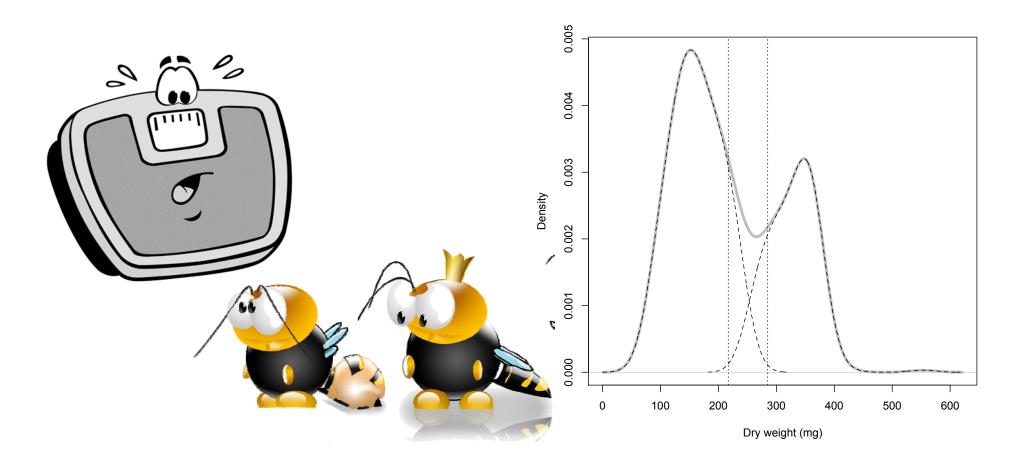


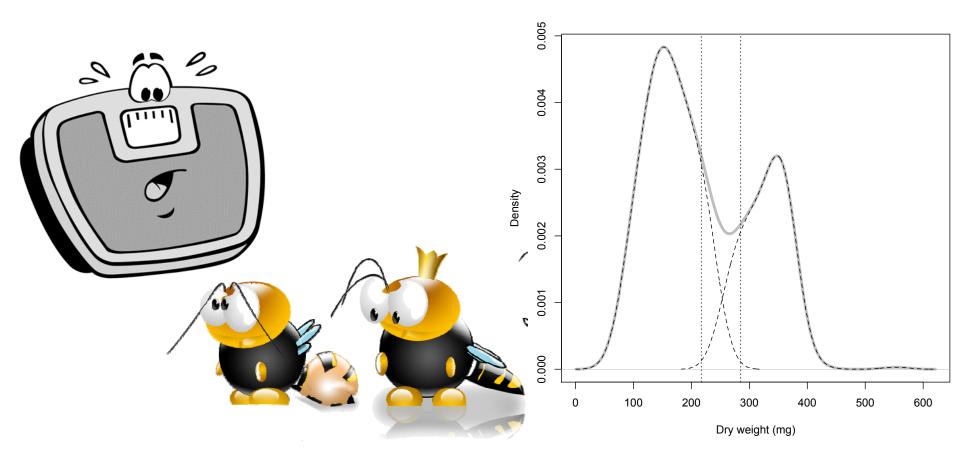








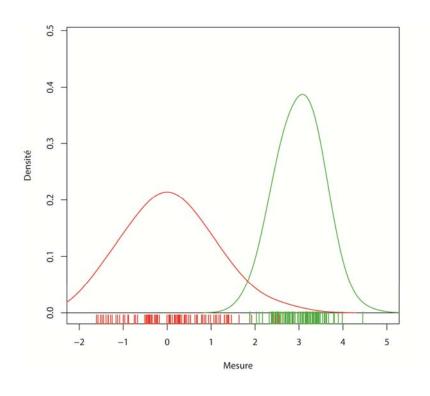




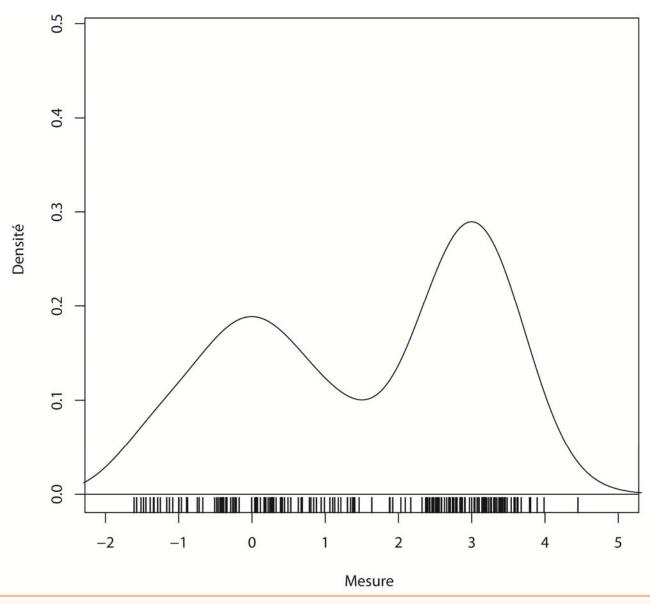
Méthodes de partition (« clustering »):

- classification hiérarchique (hclust)
- moyennes mobiles (kmeans)
- mélanges gaussiens (Mclust)

Ici, on a 2 groupes bien définis dans nos « mesures » ...



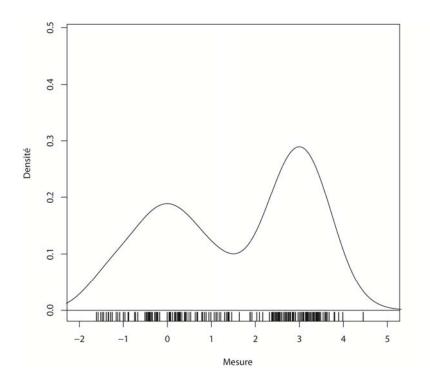
```
A<-rnorm(100,0,2)
B<-rnorm(100,3,0.5)
N<-c(A,B)
plot(N,xlim=c(-2,5),ylim=c(0,0.5),type="n")
abline(h=0);
rug(A,col=2);rug(B,col=3)
lines(density(A),col=2);
lines(density(B),col=3);</pre>
```



#### Fonction « Mclust »

En supposant que les groupes aient une variation suivant une distribution Normale :

```
library(mclust)
Mclust(N)->McN
> str(McN)
List of 11
 $ modelName
                  : chr "V"
 $ n
                  : int 200
  d
                  : num 1
 $ G
                  : int 2
                  : num [1:9, 1:2]
 $ BIC
 $ bic
                  : num -715
 $ loglik
                  : num - 344
                  :List of 4
 $ parameters
                  : num [1:200, 1:2]
 $ classification: num [1:200]
 $ uncertainty
                 : num [1:200]
```

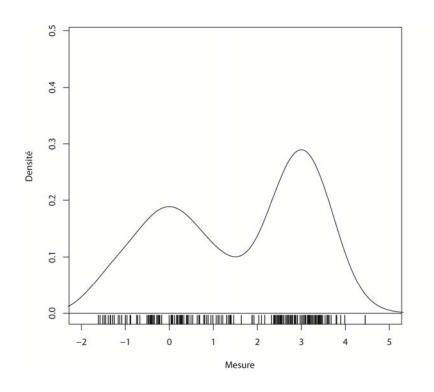


```
plot(N,xlim=c(-2,5),ylim=c(0,0.5),type="n")
abline(h=0)
rug(N)
lines(density(N))
```

Fonction « Mclust »

En supposant que les groupes aient une variation suivant une distribution Normale :

- Combien de groupes ?

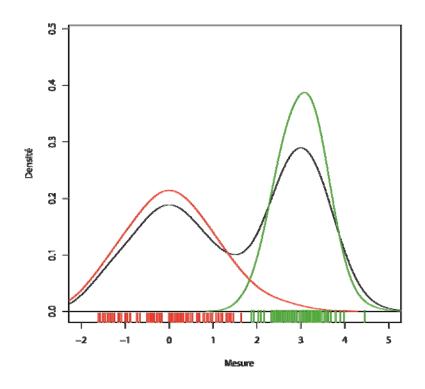


> McN\$G
[1] 2

Fonction « Mclust »

En supposant que les groupes aient une variation suivant une distribution Normale :

- Combien de groupes ?
- Classification des individus ?

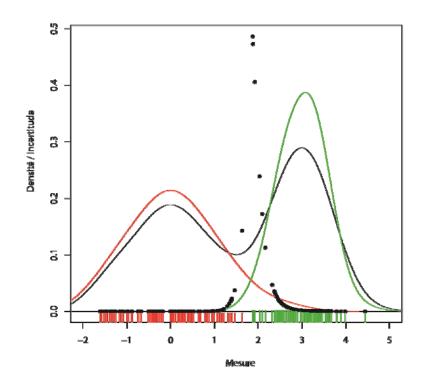


```
rug(N[which(McN$classification==1)],col=2)
rug(N[which(McN$classification==2)],col=3)
> classError(McN$class,gl(2,300))$errorRate
[1] 0.025
```

Fonction « Mclust »

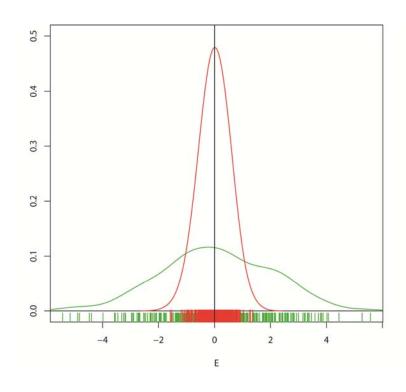
En supposant que les groupes aient une variation suivant une distribution Normale :

- Combien de groupes ?
- Classification des individus ?
- Degré d'incertitude d'attribution des individus aux groupes ?



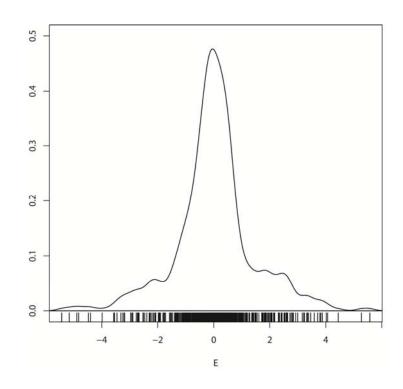
points(N,McN\$uncertainty,pch=20)

Différents groupes dont la moyenne est équivalente?



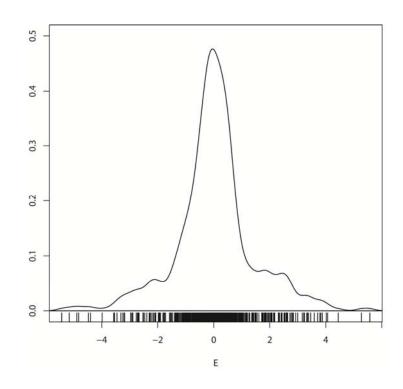
```
C<-rnorm(300,0,2)
D<-rnorm(300,0,0.5)
E<-c(C,D)
plot(E,ylim=c(0,0.5),type="n")
abline(h=0,v=0)
rug(C,col=3);rug(D,col=2)
lines(density(A),col=2);
lines(density(B),col=3);</pre>
```

Différents groupes dont la moyenne est équivalente?



Différents groupes dont la moyenne est équivalente?

- Les groupes sont détectés

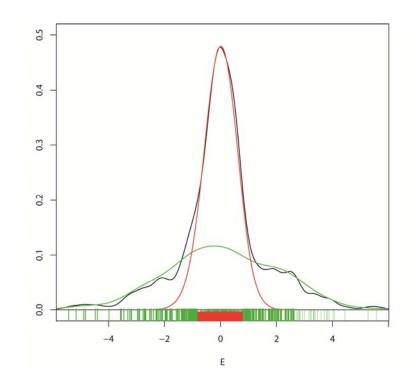


Mclust(E)->McE

> McE\$G
[1] 2

Différents groupes dont la moyenne est équivalente?

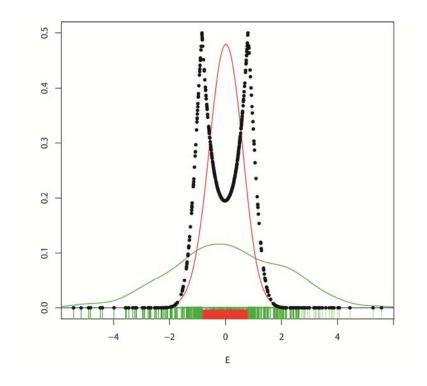
- Les groupes sont détectés
- Mais le taux de classification correcte est plus faible



```
rug(E[which(McE$classification==1)],col=2)
rug(E[which(McE$classification==2)],col=3)
> classError(McE$class,gl(2,300))$errorRate
[1] 0.21
```

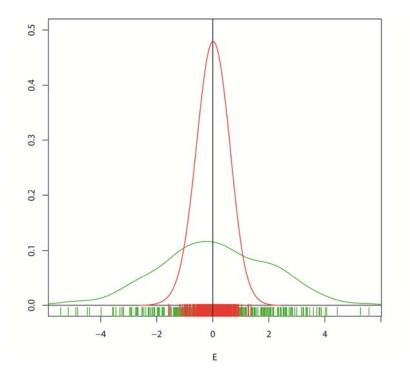
Différents groupes dont la moyenne est équivalente?

- Les groupes sont détectés
- Mais le taux de classification correcte est plus faible
- Et l'incertitude d'attribution plus forte

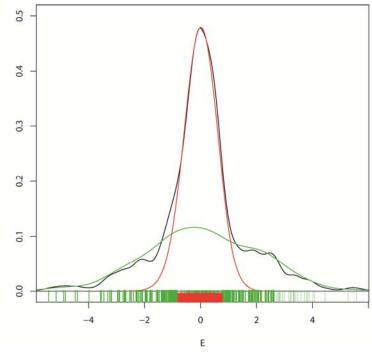


points(E, McE\$uncertainty, pch=20)

### Mais quand même!







Semin-R

Mclust : déceler des groupes par les mélanges gaussiens

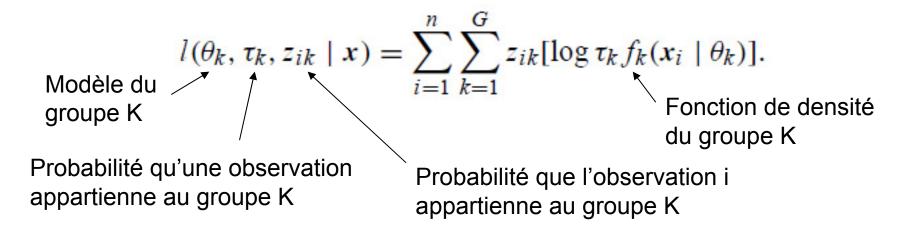
perrard@mnhn.fr

Mélanges gaussiens (Gaussian mixture models) :

Maximiser la vraisemblance d'une partition par une méthode de mélange ( = «mixture») : attribution à un groupe  $K \rightarrow$  une probabilité (  $T_k$ ) (méthode de « classification »  $\rightarrow$  valeurs discrètes)

Mélanges gaussiens (Gaussian mixture models) :

Maximiser la vraisemblance d'une partition par une méthode de mélange ( = «mixture») : attribution à un groupe  $K \rightarrow$  une probabilité (  $T_k$ ) (méthode de « classification »  $\rightarrow$  valeurs discrètes)



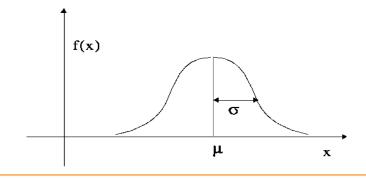
Mélanges gaussiens (Gaussian mixture models) :

$$l(\theta_k, \tau_k, z_{ik} \mid x) = \sum_{i=1}^n \sum_{k=1}^G z_{ik} [\log \tau_k f_k(x_i \mid \theta_k)].$$
 Fonction de densité du groupe K

Probabilité qu'une observation appartienne au groupe K

Probabilité que l'observation i appartienne au groupe K

Le modèle  $\theta$  est défini par la moyenne  $(\mu)$  et la variance  $(\sigma)$ 



Algorithme EM « Expectation-Maximization »

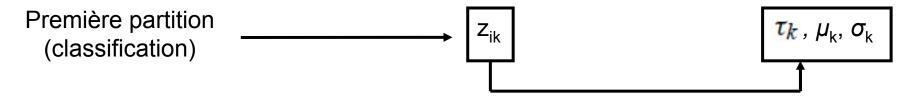
Optimisation du maximum de vraisemblance de la partition des données

$$\sum_{i=1}^n \sum_{k=1}^G z_{ik} [\log \tau_k f_k(\mathbf{x}_i \mid \theta_k)].$$

Algorithme EM « Expectation-Maximization »
Optimisation du maximum de vraisemblance de la partition des données

$$\sum_{i=1}^n \sum_{k=1}^G z_{ik} [\log \tau_k f_k(x_i \mid \theta_k)].$$

Algorithme EM « Expectation-Maximization »
Optimisation du maximum de vraisemblance de la partition des données

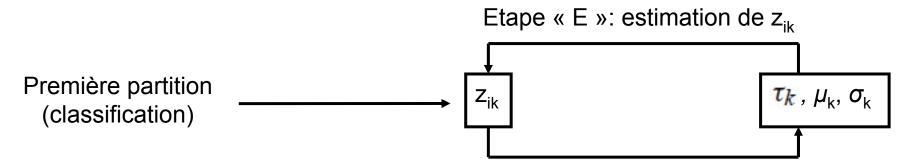


Etape « M »: calcul des paramètres maximisant la vraisemblance

$$\sum_{i=1}^n \sum_{k=1}^G z_{ik} [\log \tau_k f_k(\mathbf{x}_i \mid \theta_k)].$$

Algorithme EM « Expectation-Maximization »

Optimisation du maximum de vraisemblance de la partition des données



Etape « M »: calcul des paramètres maximisant la vraisemblance

$$\sum_{i=1}^{n} \sum_{k=1}^{G} z_{ik} [\log \tau_k f_k(x_i \mid \theta_k)].$$

Répété jusqu'à la convergence

Sélection du modèle par critère Bayesien (BIC ~ 2 log(Bayes factor) )

Sélection du modèle par critère Bayesien (BIC ~ 2 log(Bayes factor) )

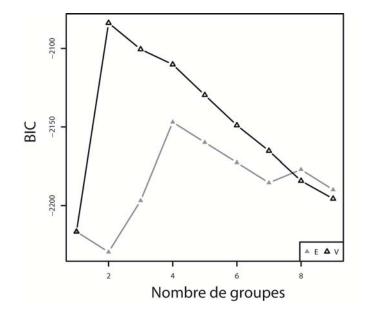
BIC = 2 loglik 
$$_{M}(x, \theta^{*}_{k}) - (\#_{params})M log(n)$$

Vraisemblance maximisée ← du mélange gaussien du modèle *M* 

Sélection du modèle par critère Bayesien (BIC ~ 2 log(Bayes factor) )

BIC 
$$\equiv$$
 2 loglik <sub>M</sub>(x,  $\theta^*_k$ ) - (# <sub>params</sub>)M log(n)

Vraisemblance maximisée ⁴ du mélange gaussien du modèle *M* 



Sélection du modèle M

Sélection du nombre de groupes

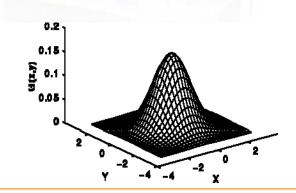
plot(McE) #Apparait après validation dans la barre des tâches du terminal.

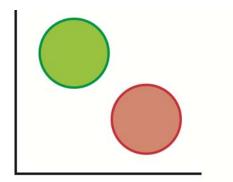
Mesure des ailes en morphométrie géométrique :

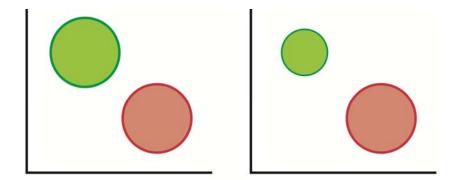
38 variables

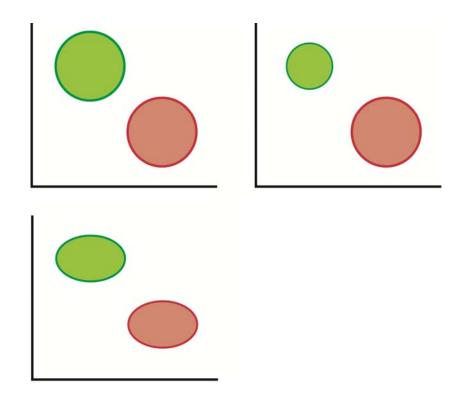
Mélanges gaussiens : Même principe qu'en uni-varié

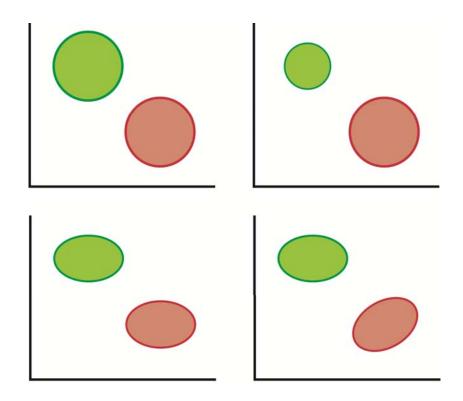
Seul les modèles  $\theta_k$  changent :  $\mu_k$  (scalaire)  $\rightarrow \mu_k$  (vecteur)  $\sigma_k \rightarrow \Sigma_k$  (Matrice de variances-covariances)

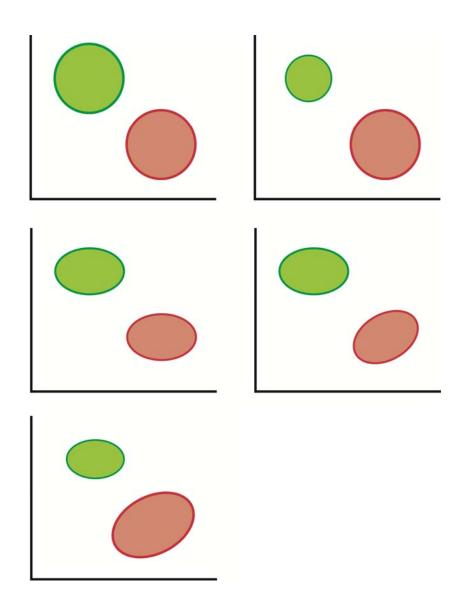


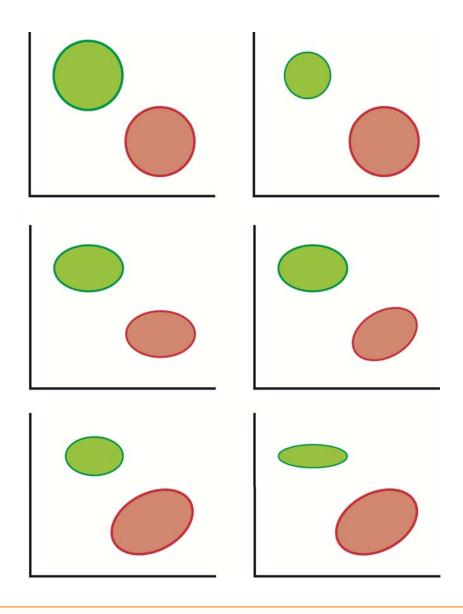


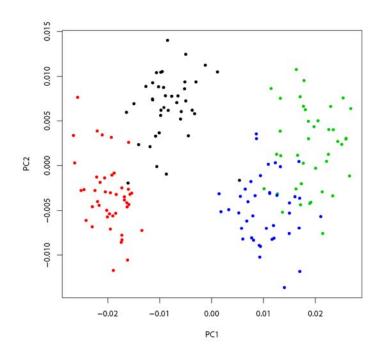






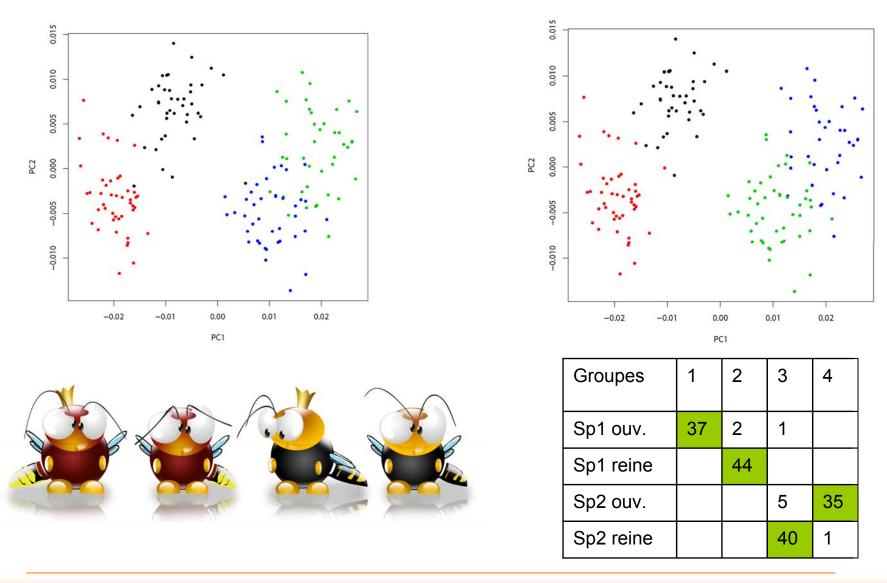








#### Correspond aux groupes biologiques (erreur de classification ~ 5%)



## Warnings et limites de la méthode

#### Nécessité de données de plein rang

```
Messages d'avis :
1: In summary.mclustBIC(Bic, data, G = G, modelNames = modelNames) :
  best model occurs at the min or max # of components considered
2: In Mclust(Vcaste2$scores) :
  optimal number of clusters occurs at min choice
```

Tailles des échantillons

Nombre de groupe maximal

Temps de calcul...

#### Autres fonctions de mclust

#### Partition hiérarchique:

- hc

#### Estimation de densité:

- densityMclust

#### Analyses discriminantes

- MclustDA(trainData, trainClass)
- cv.MclustDA(ObjMclustDA)
- predict.MclustDA(ObjMclustDA,otherdata)

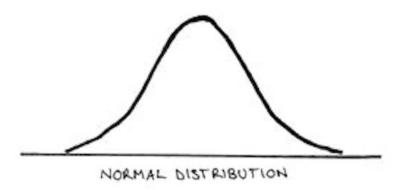
#### Plot

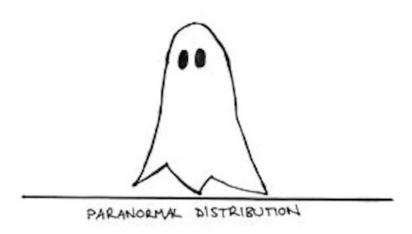
- mclust2Dplot / surfacePlot # plot pour données bivariées
- coordProj / MclustDR # plot pour données multivariées

#### Autres:

- classError (McObj\$classification,groups)

#### Merci de votre attention!





Banfield, J. D., & Raftery, A. E. 1993. Model-based Gaussian and non-Gaussian clustering. *Biometrics* **49**: 803–821. Fraley, C., & Raftery, A. E. 1998. How many clusters? Which clustering method? Answers via model-based cluster analysis. *The Computer Journal* **41**: 578–588.

Fraley, C., & Raftery, A. 2009. mclust: Model-based clustering/normal mixture modeling. R package version 3.