

Examen final

Durée 2h - Sans document
Mercredi 26 octobre 2022

Exercice 1 (4 pts)

Décrire et commenter les résultats obtenus à l'aide du code R ci-dessous. Les données considérées sont décrites en annexe.

```
> library(datasets)
> data(warpbreaks)
> model <- glm(breaks ~ wool + tension, warpbreaks ,
family = poisson(link = "log"))
> summary(model)
```

Call:

```
glm(formula = breaks ~ wool + tension, family =
poisson(link = "log"), data = warpbreaks)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-3.6871	-1.6503	-0.4269	1.1902	4.2616

Coefficients:

```
Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
```

(Intercept)	3.69196	0.04541	81.302	< 2e-16	***
woolB	-0.20599	0.05157	-3.994	6.49e-05	***
tensionM	-0.32132	0.06027	-5.332	9.73e-08	***
tensionH	-0.51849	0.06396	-8.107	5.21e-16	***

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

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)

Null deviance: 297.37 on 53 degrees of freedom

Residual deviance: 210.39 on 50 degrees of freedom

AIC: 493.06

Number of Fisher Scoring iterations: 4

Exercice 2 (6 pts)

Décrire et commenter les résultats obtenus à l'aide du code Python ci-dessous. Les données considérées sont décrites en annexe.

```
import pandas as pd
from sklearn.linear_model import LogisticRegression
data = pd.read_csv('/Users/jmm/TEACHING/2223/M2-GLM-HAX912X/EXAMENS/
    Breast-Cancer-Wisconsin.csv')
data.info()
<class 'pandas.core.frame.DataFrame'>
RangeIndex: 569 entries, 0 to 568
Data columns (total 33 columns):
#   Column                                Non-Null Count  Dtype
---  -
0   id                                     569 non-null    int64
1   diagnosis                             569 non-null    object
2   radius_mean                           569 non-null    float64
3   texture_mean                           569 non-null    float64
4   perimeter_mean                         569 non-null    float64
5   area_mean                              569 non-null    float64
6   smoothness_mean                        569 non-null    float64
7   compactness_mean                       569 non-null    float64
8   concavity_mean                         569 non-null    float64
9   concave points_mean                    569 non-null    float64
10  symmetry_mean                           569 non-null    float64
11  fractal_dimension_mean                  569 non-null    float64
12  radius_se                               569 non-null    float64
13  texture_se                              569 non-null    float64
14  perimeter_se                            569 non-null    float64
15  area_se                                 569 non-null    float64
16  smoothness_se                           569 non-null    float64
17  compactness_se                           569 non-null    float64
18  concavity_se                             569 non-null    float64
19  concave points_se                       569 non-null    float64
20  symmetry_se                              569 non-null    float64
21  fractal_dimension_se                    569 non-null    float64
22  radius_worst                            569 non-null    float64
23  texture_worst                           569 non-null    float64
24  perimeter_worst                         569 non-null    float64
25  area_worst                              569 non-null    float64
26  smoothness_worst                        569 non-null    float64
27  compactness_worst                       569 non-null    float64
28  concavity_worst                         569 non-null    float64
29  concave points_worst                    569 non-null    float64
30  symmetry_worst                           569 non-null    float64
31  fractal_dimension_worst                  569 non-null    float64
32  Unnamed: 32                             0 non-null      float64
dtypes: float64(31), int64(1), object(1)
memory usage: 146.8+ KB
```

```

y = data['diagnosis']
X = data.drop(['id', 'diagnosis', 'Unnamed: 32'], axis = 1)
X.head()

```

	radius_mean	texture_mean	...	symmetry_worst	fractal_dimension_worst
0	17.99	10.38	...	0.4601	0.11890
1	20.57	17.77	...	0.2750	0.08902
2	19.69	21.25	...	0.3613	0.08758
3	11.42	20.38	...	0.6638	0.17300
4	20.29	14.34	...	0.2364	0.07678

[5 rows x 30 columns]

```

x.shape
(569, 30)

```

```

model1 = LogisticRegression(penalty='l2', C=1.0, class_weight=None,
dual=False, fit_intercept=True, l1_ratio=None, solver='lbfgs',
max_iter=5000, tol=0.0001)
model1.fit(X,y)
print(model1.score(X,y))
0.9578207381370826

```

```

model2 = LogisticRegression(penalty='l2', C=100.0, class_weight=None,
dual=False, fit_intercept=True, l1_ratio=None, solver='lbfgs',
max_iter=5000, tol=0.0001)
model2.fit(X,y)
print(model2.score(X,y))
0.9789103690685413

```

```

from sklearn.model_selection import train_test_split
X_train,X_test,y_train,y_test = train_test_split(X,y,test_size=0.25)
X_test.shape
(143, 30)

```

```

from sklearn.model_selection import RepeatedKFold
from sklearn.model_selection import GridSearchCV
cv = RepeatedKFold(n_splits=5, n_repeats=10)
parameters = {'C':range(1,380,20)}
model3 = GridSearchCV(LogisticRegression(penalty='l2', class_weight=None,
dual=False, fit_intercept=True, l1_ratio=None, solver='lbfgs',
max_iter=5000, tol=0.0001),parameters,cv=cv,n_jobs=-1)
model3.fit(X_train, y_train)

```

```

print(model3.best_params_)
{'C': 161}
print(model3.score(X_test,y_test))
0.972027972027972

```

Exercice 3 (6 pts)

On considère n variables aléatoires indépendantes y_1, \dots, y_n telles que y_i est distribuée suivant une loi inverse gaussienne de paramètres (μ_i, σ^2) où $\mu_i > 0$ et $\sigma^2 > 0$.

Le terme inverse ne doit pas être mal interprété, la loi est inverse dans le sens suivant : la valeur du mouvement brownien à un temps fixé est de loi normale, à l'inverse, le temps en lequel le mouvement brownien avec une dérive positive atteint une valeur fixée est de loi inverse gaussienne. Nous avons

$$f(y_i; \mu_i, \sigma^2) = \frac{1}{\sqrt{2\pi y_i^3 \sigma}} \exp\left(-\frac{(y_i - \mu_i)^2}{2(\mu_i \sigma)^2 y_i}\right) \mathbf{1}_{y_i > 0}.$$

1 (2 pts) Montrer que la loi inverse gaussienne appartient à la famille exponentielle avec un paramètre de nuisance.

2 (2 pts) Calculer $\mathbb{E}(y_i)$ et $\mathbb{V}(y_i)$.

Pour tout $i = 1, \dots, n$, on suppose que $\log(\mu_i) = a + bx_i$ où $x_i \in \mathbb{R}$ est supposé connu, a et b sont des paramètres inconnus.

3 (2 pts) Montrer qu'il s'agit d'un modèle linéaire généralisé. La fonction de lien canonique a-t-elle été utilisée ?

Exercice 4 (4 pts - QCM - Bonne réponse +1 pt - Mauvaise réponse -0.5 pt)

1 (1 pt) Lors d'une régression linéaire, si le $R^2 = 1$, les points sont-ils alignés ?

- A) non
- B) oui
- C) pas obligatoirement

2 (1 pt) La droite des moindres carrés d'une régression simple passe par le point moyen

- A) toujours
- B) jamais
- C) parfois

3 (1 pt) L'ensemble des modèles log-linéaires graphiques par rapport à celui des modèles log-linéaires hiérarchiques est

- A) plus riche
- B) moins riche
- C) le même

4 (1 pt) Dans une régression linéaire multiple, on utilise le critère BIC pour

- A) prédire
- B) expliquer

Annexe

Breast cancer data (Données sur le cancer du sein)

About Dataset

Features are computed from a digitized image of a fine needle aspirate (FNA) of a breast mass. They describe characteristics of the cell nuclei present in the image. n the 3-dimensional space is that described in:

[K. P. Bennett and O. L. Mangasarian: "Robust Linear Programming Discrimination of Two Linearly Inseparable Sets", Optimization Methods and Software 1, 1992, 23-34].

Attribute Information:

- 1) ID number
- 2) Diagnosis (M = malignant, B = benign)

3-32)

Ten real-valued features are computed for each cell nucleus:

- a) radius (mean of distances from center to points on the perimeter)
- b) texture (standard deviation of gray-scale values)
- c) perimeter
- d) area
- e) smoothness (local variation in radius lengths)
- f) compactness ($\text{perimeter}^2 / \text{area} - 1.0$)
- g) concavity (severity of concave portions of the contour)
- h) concave points (number of concave portions of the contour)
- i) symmetry
- j) fractal dimension ("coastline approximation" - 1)

The mean, standard error and "worst" or largest (mean of the three largest values) of these features were computed for each image, resulting in 30 features. For instance, field 3 is Mean Radius, field 13 is Radius SE, field 23 is Worst Radius.

All feature values are recoded with four significant digits.

Missing attribute values: none

Class distribution: 357 benign, 212 malignant

Warp breaks per loom data (ruptures de chaîne par métier à tisser)

warpbreaks {datasets} R Documentation
The Number of Breaks in Yarn during Weaving

Description

This data set gives the number of warp breaks per loom, where a loom corresponds to a fixed length of yarn.

Usage

warpbreaks

Format

A data frame with 54 observations on 3 variables.

[,1] breaks numeric The number of breaks

[,2] wool factor The type of wool (A or B)

[,3] tension factor The level of tension (L, M, H)

There are measurements on 9 looms for each of the six types of warp (AL, AM, AH, BL, BM, BH).

Correction Examens

Fimol HAX 912X

26/10/2022

(1)

Exercice 1

Nous considérons un jeu de données contenant 54 individus et 3 variables. Nous cherchons à expliquer le nombre de casses de fil de laine dans le cadre de l'utilisation d'un métier à tisser. Les 2 variables explicatives sont qualitatives et correspondent au type de laine (2 modalités) et au niveau de tension du fil. Le plan d'expérience est équilibré à 9 observations par chaque croisement de modalités.

Pour expliquer le nombre de
 casses de fil de laine (variable y), on
 utilise une régression de Poisson
 avec le log comme fonction
 de lien. Nous supposons ainsi
 que

(2)

$$\log(E(y)) = \alpha + \beta_B \mathbb{1}_{\{K_1 = "B"\}}$$

$$+ \beta_{T,B} \mathbb{1}_{\{K_2 = "B"\}}$$

$$+ \beta_{T,H} \mathbb{1}_{\{K_2 = "H"\}}$$

où K_1 = type de laine

K_2 = niveau de Tension du fil

À partir des 54 observations, on obtient

$$\hat{\alpha} \# 3,69; \hat{\beta}_B \# -0,21, \hat{\beta}_{T,B} \# -0,32$$

$$\hat{\beta}_{T,H} \# -0,52$$

Les effets d'interaction, malheureusement, ne sont pas significatifs.

Exercice 2

(3)

Nous considérons ici un jeu de données contenant 569 individus et 30 variables. Il s'agit de construire un prédicteur de la présence de cellules cancéreuses en fonction de ces caractéristiques techniques et images. Dans le jeu de données 212 images sur 569 contiennent des cellules cancéreuses (cancer du sein).
Le premier modèle correspond à une régression logistique régularisée ridge avec un paramètre de régularisation C fixé à 1 (modèle 1).
Le deuxième modèle est aussi une régression logistique régularisée ridge avec $C = 100$ (modèle 2).

Deux pourcentages de bons classements sont donnés.

(4)

Ils nous évaluent l'erreur car ils sont calculés sur les mêmes données que celles ayant été utilisées pour ajuster les modèles 1 et 2.

On isole 25% des données à savoir 143 individus.

Sur les 426 données restantes, on effectue une régression logistique régularisée ridge pour laquelle le paramètre de régularisation est ajusté en utilisant une technique de validation croisée à 5 ensembles répétée 10 fois. On obtient $\hat{c} = 161$. Enfin, on calcule le taux de bon classement associé en multipliant correspondamment

l'échantillon de test précédemment (5) isolé. On obtient un classement qui a un temps estimé de tous classements de 97% environ.

Exercice 3

$$\Rightarrow f(y, \mu, \sigma^2) = \exp \left\{ -\frac{(y - \mu)^2}{2\mu^2 \sigma^2 y} - \frac{1}{2} \log(\sigma^2) \right\} \underbrace{\frac{1}{\sqrt{2\pi y^3}} \mathbb{1}_{\{y > 0\}} \sqrt{dy}}_{\text{mesure de référence } f(dy)}$$

$$f(y; \mu, \sigma^2) = \exp \left\{ -\frac{y^2 - 2\mu y + \mu^2}{2\mu^2 \sigma^2 y} - \frac{1}{2} \log(\sigma^2) \right\} f(dy)$$

$$f(y; \mu, \sigma^2) = \exp \left\{ -\frac{1}{\sigma^2} \left[\frac{y}{2\mu^2} - \frac{1}{\mu} \right] - \frac{1}{2\mu^2 \sigma^2} - \frac{1}{2} \log(\sigma^2) \right\} f(dy)$$

$$\phi = \sigma^2, \quad \theta = -\frac{1}{2\mu^2}, \quad h(\theta) = -\frac{1}{\mu} \quad f(dy)$$

$$\dot{\ell}(y, \sigma^2) = -\frac{1}{2y\sigma^2} - \frac{1}{2} \log(\sigma^2)$$

$$\mu^2 = -\frac{1}{2\theta} \Rightarrow \mu = \frac{1}{\sqrt{-2\theta}} \text{ it donc } h(\theta) = -\sqrt{2\theta}$$

Ainsi la loi inverse gamma appartient à la famille exponentielle avec un paramètre et nuisance.

2] D'après les propriétés des familles exponentielles, nous savons que

$$E(y) = b'(\theta) = - \frac{-2}{2\sqrt{-2\theta}} = \frac{1}{\sqrt{-2\theta}} = \mu$$

$$V(y) = \phi b''(\theta) = \sigma^2 \left[\frac{-(-2) \frac{1}{2\sqrt{-2\theta}}}{(-2\theta)} \right]$$

$$V(y) = \sigma^2 \left[\frac{1}{(-2\theta)^{3/2}} \right] = \sigma^2 \mu^3$$

3] $\log(\mu) = a + b\kappa$

$$\Rightarrow \mu = \exp(a + b\kappa)$$

$$\Rightarrow E(\mu) = \exp(a + b\kappa)$$

C'est bien un modèle linéaire généralisé.

$$\Theta = -\frac{1}{2\mu^2} = -\frac{1}{2} e^{-2a-2bk} \quad (7)$$

$$\neq a + bk$$

Ce n'est pas le lien commun qui a été utilisé.

Exercice 4

$$1) \quad C$$

$$2) \quad C$$

$$3) \quad B$$

$$4) \quad B$$