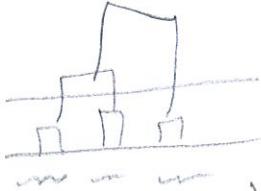


# TP classification: méthodologie

## Exercice 1

Matrice de données quantitatives  $X: (29, 9)$

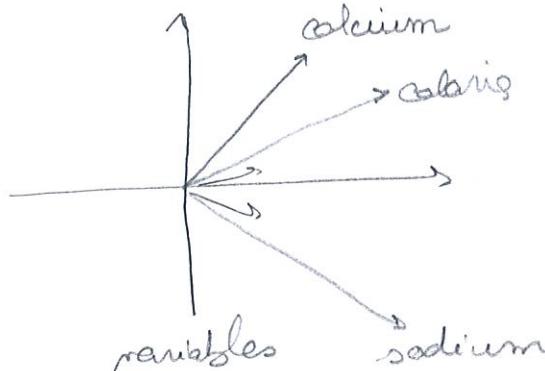
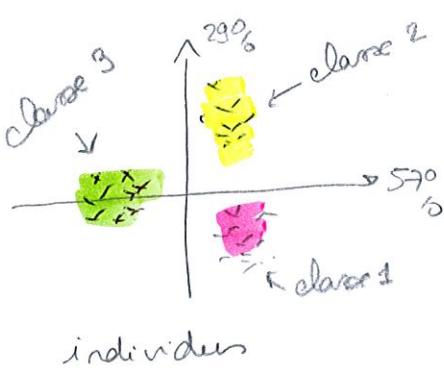
- 1) Calories, sodium et calcium ont des grandeurs très élevées  
 $\Rightarrow$  grande variabilité
- 2) On effectue une classification hiérarchique de Ward sur  $X$  et on visualise la partition en trois classes



$$\Rightarrow X_1 = \begin{array}{c|c|c} 1 & \dots & 9 \\ \hline 1 & \dots & 9 \\ m & & P_3 \\ \hline & & \left( \begin{array}{c} 1 \\ 2 \\ 3 \\ \vdots \end{array} \right) \end{array}$$

$$P_3 = (C_1 \ C_2 \ C_3)$$

- 3) Interprétation de la partition en 3 classes par l'ACP non marqué (i.e. ACP sur données centrées sur matrice de covariance)



Interpretation:

- seuls les variables de forte variance contribuent aux axes (par ACP non marqué).
- Les fromages projetés à droite (classes 1 et 2) ont des valeurs fortes en calories-calcium-sodium (fromage dur et fromage gras), à gauche faibles (fromage frais)

→ On ne peut interpréter les classes qui 'englobe' des variables de forte variance

Explication: lorsque l'on calcule la distance entre deux fromages sur les données brutes, on donne implicitement plus d'importance aux variables de forte variance.

	Calories	Sodium	Calcium	Lipides	retinol	
Exfo: Emmenthal	378	60	308,2	29,4	56,3	---
Fr. frais	80	41	146,3	3,5	50	
Ecart au card	$(378-80)^2$	$(60-41)^2$	$(308,2-146,3)^2$	$(29,4-3,5)^2$	$(56,3-50)^2$	---
	88804	361	26211	670	39,69	---

$$\text{distance}^2 = 88804 + 361 + 26211 + 670 + \dots$$

↗ ↘  
④ "lourd"

⇒ distance me retrouve que la ressemblance sur ces variables de forte variance.

⇒ On va regrouper les fromages dans des classes en fonction de ces variables uniquement

⇒ Centrer-redire les données pour donner le même poids à toutes les variables dans le calcul des distances.

## Exercice 2

3

Matrice de données quantitatives :  $Z \leftarrow X$  centreé - reduite.

$$z_{ij} = \frac{x_{ij} - \bar{x}_j}{s_j} \quad \text{and} \quad S_j = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_{ij} - \bar{x}_j)^2$$

$$X = \begin{bmatrix} x_1 \\ x_2 \\ \vdots \\ x_n \end{bmatrix} \Rightarrow Z = \begin{bmatrix} x_1 - \bar{x}_j \\ x_2 - \bar{x}_j \\ \vdots \\ x_n - \bar{x}_j \end{bmatrix}$$

moyenne = 0  
variance = 1

$$x_i \boxed{x_{ij}}$$

moyenne = 0  
variance = 1

1) Distance euclidienne normalisée par l'inverse de la variance.

$$d_M^2(x_i, x_{i'}) = \sum_{j=1}^p \frac{1}{S_j^2} (x_{ij} - x_{i'j})^2 \quad \text{avec } M = \begin{pmatrix} 1/S_1^2 & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & \ddots & & \vdots \\ \vdots & & \ddots & 1 \\ 0 & \cdots & 0 & 1/S_p^2 \end{pmatrix}$$

pondère les écarts  
par la variance de  $j$ .

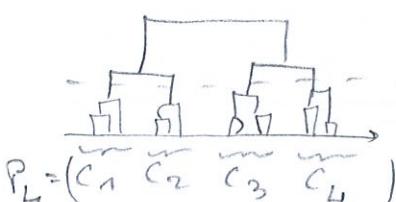
$$= \sum_{j=1}^m \left( \frac{x_{ij} - \bar{x}_j - (x_{i'j} - \bar{x}_j)}{S_j} \right)^2$$

$$= \sum_{j=1}^m (z_{ij} - z_{i'j})^2 \Rightarrow d^2(z_i, z_{i'})$$

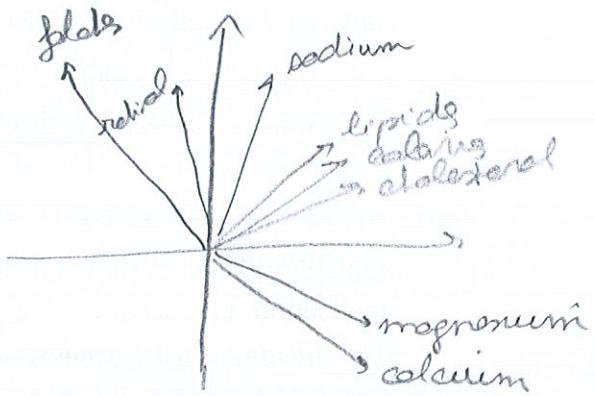
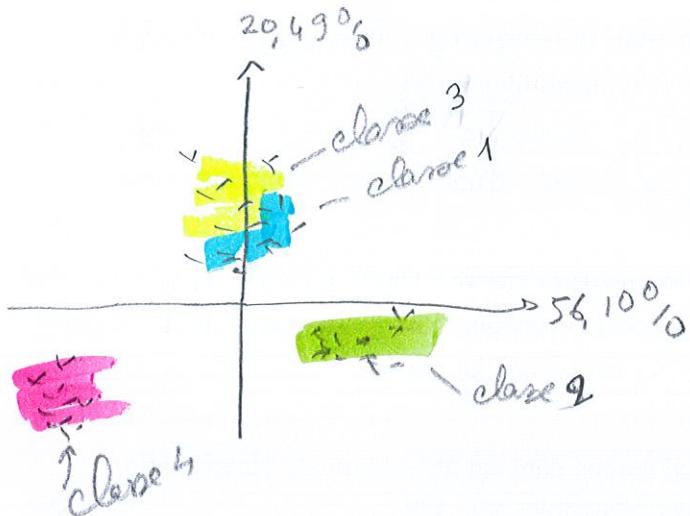
distance euclidienne simple.

$\Rightarrow$  C'est équivalent de calculer la distance euclidienne  
seule sur les données contrôlées. \* Exemple p1

2) Classification hiérarchique de Ward sur Z et on obtient la partition en 4 classes



3) Interprétation de la partition en 4 classes via  
l'ACP marmelé (i.e. ACP sur données centrées réduites  
sur matrice des corrélations) (4)



\* 2 dim  $\rightarrow$  76,59% de l'inertie expliquée + effet de la relation propre.

Toutes les variables jouent un rôle

$\hookrightarrow$  classe 1: peu gras et caloriques (fromages frais)

Classe 2: riches en magnésium et calcium (fromages durs)

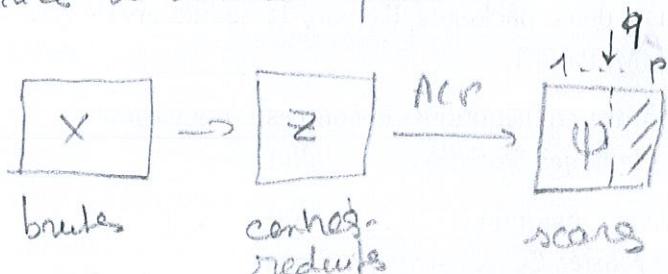
Classe 3: riches en protéines

$\Rightarrow$  Allez voir sur l'axe 3 ?

Classe 1:  $\oplus$  salés

		calories	sodium	calcium	lipides	protéines
(4) Exemple 1	Emmental	378	60	308	29	56
	Fromage frais, écart au camembert	80	41	146	3,5	50
Exemple 3	navarine	$(378-80)^2$	$(60-41)^2$	$(308-146)^2$	$(29-3,5)^2$	
		8468	1181	8260	66	

Matrice de données quantitatives:  $\Psi \leftarrow$  Scores de l'ACP de  $X$ .



1) On effectue une classification hiérarchique de Ward sur  $\Psi$  (en conservant toutes les composantes principales)

On effectue une classification hiérarchique de Ward sur 2

→ Même dendrogramme

→ Même indice

→ Même hiérarchie

2) On effectue une classification hiérarchique

de Ward sur les  $q$  premières colonnes de  $\Psi$  (

en conservant les  $q$  premières composantes principales)

→ Choix de  $q$ : 2 ou 3

→ On retrouve la même partition (à 1 individu près)

→ Stratégie de SPAD: l'on fait une ACP et "monte" la hiérarchie sur les  $q$  premières composantes.

) Outil d'

(+) de SPAD : l'interprétation des axes

```

-----TP Classification : méthodologie

#Attention : retirer les accents dans les noms de colonne !!
X<-read.table(file.choose(),sep="",header=TRUE,row.names=1)
dim(X)

-----Exercice 1-----

#Variance des variables
apply(X,2,var)

#Classification hiérarchique de Ward sur données brutes
d <- dist(X)
tree <- hclust(d^2,method="ward")
plot(tree)

P3 <- as.factor(cutree(tree,3))
levels(P3) <- paste("Classe",1:3)
X1 <- data.frame(X,P3=P3)

#Interprétation de la partition
require(FactoMineR)

#ACP non normée
pca1 <- PCA(X1,scale=FALSE,quali.sup=10,graph=FALSE)
pca1$eig

# Nuage des individus et des variables dans le premier plan factoriel
par(mfrow=c(1,2))
plot.PCA(pca1,axes=c(1,2),choix="ind",habillage=10,invisible="quali")
plot.PCA(pca1,axes=c(1,2),choix="var")

#distance entre Emmental et Fromage frais
X[c(13,16),]
(X[13,]-X[16,])^2

-----Exercice 2-----

#données centrees-reduire
n <- nrow(X)
Z<-scale(X,center=TRUE,scale=TRUE)*sqrt((n)/(n-1))

apply(Z,2,mean)
apply(Z,2,sd)*sqrt((n-1)/n)

# Classification sur données centrees-reduites:
d <- dist(Z)
tree <- hclust(d^2,method="ward")
plot(tree)

P4 <- as.factor(cutree(tree,4))
levels(P4)<-paste("Classe",1:4)
X2<-data.frame(X,P4=P4)

#ACP normée
pca2 <- PCA(X2,scale=TRUE,quali.sup=10,graph=FALSE)
pca2$eig

#distance normalisée par l'inverse des variances entre Emmental et Fromage frais
X[c(13,16),]
apply(X,2,var)
(X[13,]-X[16,])^2

par(mfrow=c(1,2))
plot.PCA(pca2,axes=c(1,2),choix="ind",habillage=10,invisible="quali")
plot.PCA(pca2,axes=c(1,2),choix="var")

plot.PCA(pca2,axes=c(1,3),choix="ind",habillage=10,invisible="quali")
plot.PCA(pca2,axes=c(1,3),choix="var")

-----Exercice 3-----

#ACP normée en conservant TOUTES les composantes principales
pca2 <- PCA(X,ncp=9,graph=FALSE)
Psi <- pca2$ind$coord #matrice des scores de l'ACP normée

#Ward sur données centrees-reduites
d <- dist(Z)
tree <- hclust(d,method="ward")

```