













# AC-345

Student 1

Signature :

- Placer votre carte étudiante sur la table en évidence.
- **Aucun document papier** n'est autorisé pendant la durée de l'examen.
- **Vous pouvez vous servir d'une calculatrice.**
- Cet examen contient des questions à choix multiples. Chaque question admet une unique réponse correcte. Le barème est le suivant:
  - 1 point si la réponse indiquée est juste,
  - 0 points s'il n'y a pas de réponse ou si plus d'une unique réponse est indiquée,
  - 0 points si la réponse indiquée est fausse.
- Utiliser un **stylo bleu ou noir** et effacer clairement avec **du fluide correcteur** si nécessaire.
- Si une question est mal formulée ou fautive, le professeur pourra décider de l'annuler.

Respectez les consignes suivantes   Observe this guidelines   Beachten Sie bitte die unten stehenden Richtlinien		
choisir une réponse   select an answer Antwort auswählen	ne PAS choisir une réponse   NOT select an answer NICHT Antwort auswählen	Corriger une réponse   Correct an answer Antwort korrigieren
  		 
ce qu'il ne faut <b>PAS</b> faire   what should <b>NOT</b> be done   was man <b>NICHT</b> tun sollte		
     		

## CATALOG

### Formules

Fonction de masse de probabilité pour une variable aléatoire  $X$  suivant une loi de Poisson où  $\lambda$  est à la fois la moyenne et la variance.

$$P(X = k) = \frac{\lambda^k e^{-\lambda}}{k!}$$

Estimateur de James-Stein : si l'on estime simultanément  $p \geq 3$  moyennes notées  $Y_i$  alors l'estimation suivante est plus précise que l'estimation par maximum de vraisemblance:

$$\hat{\mu}_i^{JS} = \left(1 - \frac{(p-2)}{\sum_{j=1}^p Y_j^2}\right) \cdot Y_i$$

Lien complet ("complete linkage"): distance entre les points les plus éloignés.

$$d(C_i, C_j) = \max_{\mathbf{x} \in C_i, \mathbf{y} \in C_j} d(\mathbf{x}, \mathbf{y})$$

Matrice de covariance sur les observations ("sample covariance matrix") : avec  $\mathbf{X}_c$  la matrice de données centrées et  $n$  le nombre d'observations

$$\hat{\Sigma} = \frac{1}{n-1} \mathbf{X}_c^T \mathbf{X}_c$$

## Questionnaire à choix multiples

Pour chaque question, cocher la case correspondant à la bonne réponse.

**Question [SCQ-01]** En statistiques multivariées, les matrices de covariance jouent un rôle fondamental pour capturer les relations entre variables aléatoires. Pour 2 variables, la matrice de covariance sera une matrice  $2 \times 2$ . Cependant, toutes les matrices  $2 \times 2$  ne sont pas des matrices de covariance valides. Laquelle de ces matrices  $2 \times 2$  n'est PAS une matrice de covariance valide ?

☒  $\begin{pmatrix} 1 & -2 \\ -2 & 1 \end{pmatrix}$

☐  $\begin{pmatrix} 2 & 0.5 \\ 0.5 & 3 \end{pmatrix}$

☐  $\begin{pmatrix} 4 & 3 \\ 3 & 9 \end{pmatrix}$

☐  $\begin{pmatrix} 1 & 0.8 \\ 0.8 & 1 \end{pmatrix}$

**Question [SCQ-02]** Soit  $\Sigma$  une matrice de covariance et  $\Sigma_{ij}$  son entrée à la colonne  $i$ , ligne  $j$ . Étant donné  $\Sigma_{12} = 4$ ,  $\Sigma_{11} = 16$  et  $\Sigma_{22} = 9$ , la corrélation  $\rho_{12}$  est :

☒  $\frac{1}{3}$

☐  $\frac{4}{25}$

☐  $\frac{1}{9}$

☐  $\frac{4}{144}$

**Question [SCQ-03]** En statistiques multivariées, nous travaillons avec la matrice de covariance des observations  $\Sigma$  calculée à partir d'un ensemble de données avec  $n$  observations pour  $p$  variables. Que se passe-t-il avec la matrice de covariance des observations lorsque  $p$  (nombre de variables) dépasse  $n$  (nombre d'observations) ?

☒ Elle devient singulière (non inversible) car  $\text{rang}(\Sigma) \leq n - 1 < n < p$

☐ Elle conserve son rang complet mais n'est plus positive définie (ce qui signifie que certaines valeurs propres deviennent négatives)

☐ Elle s'inverse pour donner une matrice de précision bien définie

☐ Elle se factorise en un produit de covariances de dimensions inférieures

**Question [SCQ-06]**  $\mathbf{I}_p$  est la matrice identité en  $p$  dimensions. Si  $\Sigma = \mathbf{I}_p$  pour une distribution normale  $p$ -dimensionnelle, les lignes de niveau de la distribution font apparaître :

☒ Une sphère  $p$ -dimensionnelle (hypersphère)

☐ Des ellipsoïdes orientés arbitrairement

☐ Une "boîte" bloc-diagonale

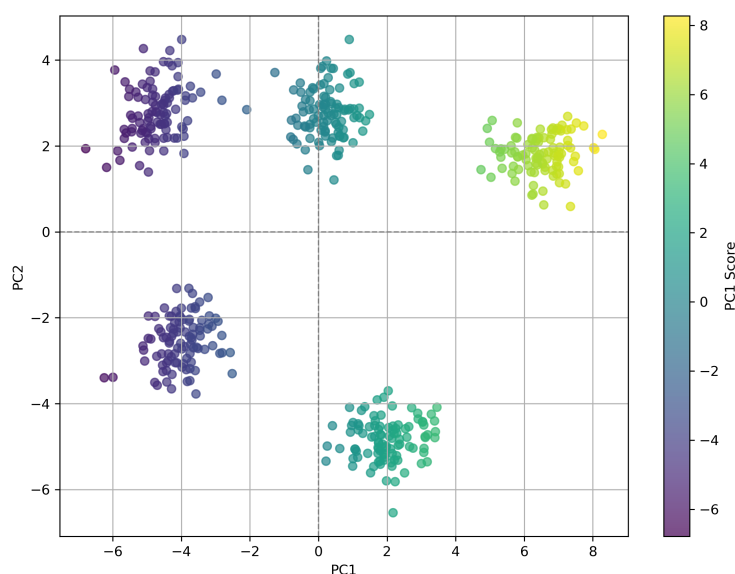
☐ Un point unique à la moyenne

## CATALOG

**Question [SCQ-07]** Étant donné la Décomposition en Valeurs Singulières d'une matrice de données  $\mathbf{X} = \mathbf{U} \mathbf{D} \mathbf{V}^T$ , quelle affirmation est vraie concernant les vecteurs singuliers droits  $\mathbf{V}$  ?

- ☒ Ce sont des vecteurs propres de  $\mathbf{X}^T \mathbf{X}$  (la matrice de covariance des variables)
- ☐ Ce sont des vecteurs propres de  $\mathbf{X} \mathbf{X}^T$
- ☐ Ce sont des vecteurs propres à la fois de  $\mathbf{X} \mathbf{X}^T$  et de  $\mathbf{X}^T \mathbf{X}$
- ☐ Ils diagonalisent  $\mathbf{X} \mathbf{X}^T$
- ☐ Ils sont égaux aux vecteurs singuliers gauches  $\mathbf{U}$

**Question [SCQ-09]** Un chercheur effectue une Analyse en Composantes Principales sur un ensemble de données contenant l'expression de plusieurs gènes à travers de nombreuses cellules. Le graphique des scores CP représente les cellules comme des points.

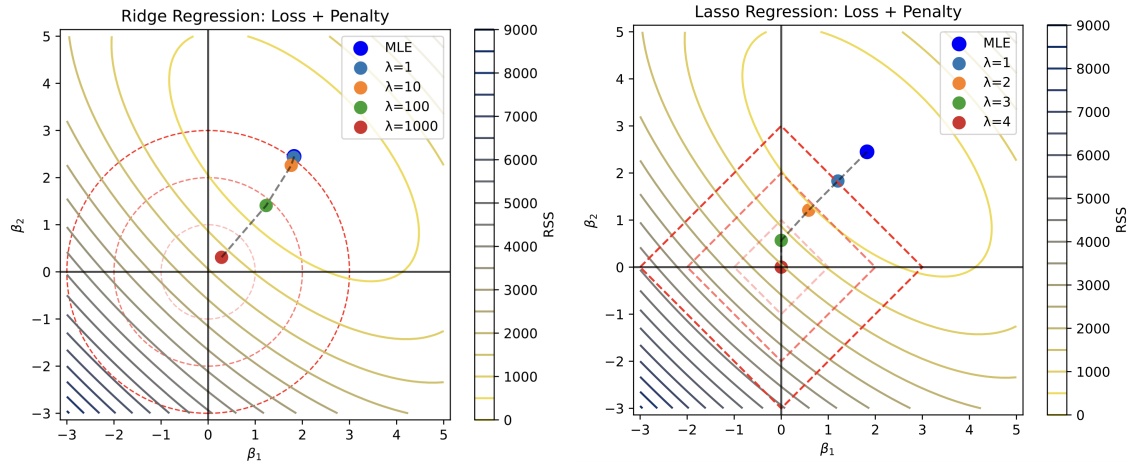


Dans ce graphique, le fait que les groupes soient serrés (les cellules semblent être regroupées étroitement au sein de chaque sous-groupe, et les différents groupes semblent bien séparés les uns des autres) indique :

- ☒ Que les groupes biologiques varient le long des axes principaux
- ☐ Que le bruit technique domine les premières composantes principales
- ☐ Que l'Analyse en Composantes Principales n'a pas réussi à réduire la dimensionnalité
- ☐ Que les gènes ont une expression identique dans toutes les cellules

## CATALOG

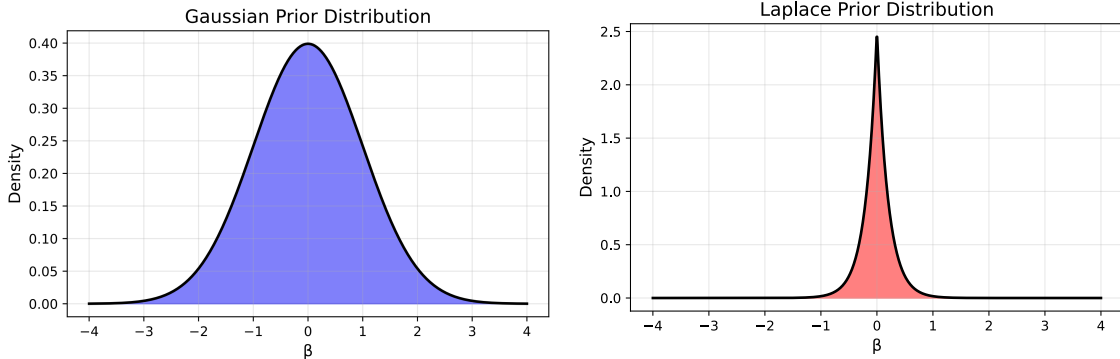
**Question [SCQ-13]** Les graphiques suivants montrent (en basses dimensions) l'une des propriétés qui caractérise la régularisation Lasso par rapport à la régularisation Ridge.



Quelle est cette propriété ?

- ☒ Lasso tend à renvoyer plus de coefficients égaux à zéro.
- ☐ Lasso produit toujours une Erreur Quadratique Moyenne plus faible que la pénalité Ridge.
- ☐ Lasso ne pénalise pas  $\beta_1$  et  $\beta_2$  via la valeur absolue, contrairement à ridge.
- ☐ Lasso utilise une prior gaussienne, contrairement à Ridge.

**Question [SCQ-14]** Dans le contexte de l'Estimation du Maximum A Posteriori, la densité de l'a priori de Laplace a un pic plus prononcé à zéro que l'a priori Gaussien.

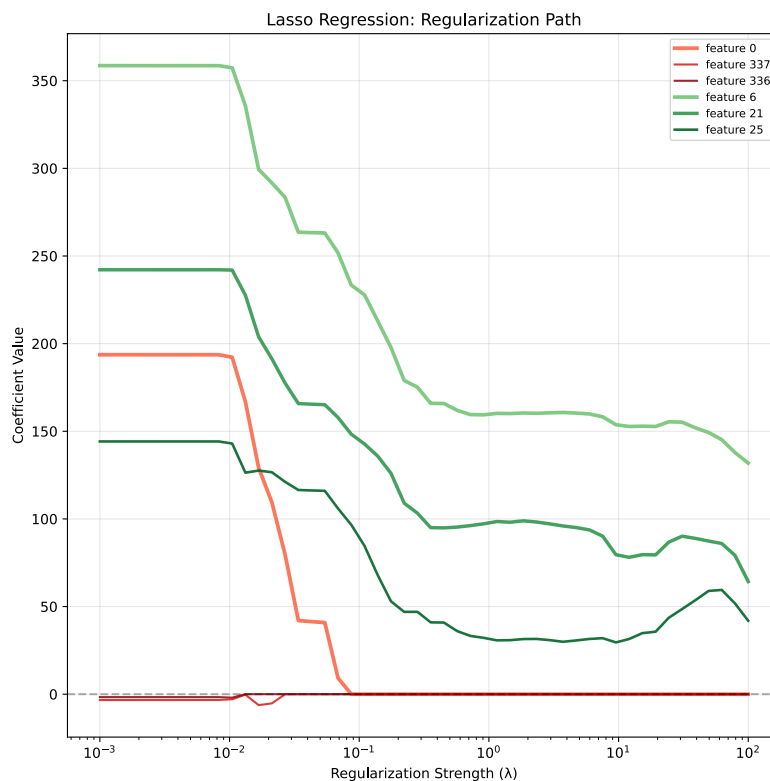


Cette caractéristique géométrique explique pourquoi :

- ☒ Une priori Laplacienne tend à produire moins de coefficients non nuls.
- ☐ Ridge produit des zéros exacts, pas Lasso
- ☐ Les deux produisent des coefficients d'une densité identique
- ☐ Les prédictions faites avec Lasso surpassent toujours celles faites avec Ridge

## CATALOG

**Question [SCQ-18]** Le chemin de régularisation Lasso montre que de nombreux coefficients atteignent zéro à différentes valeurs de  $\lambda$ .



Un coefficient qui atteint zéro très tôt (petit  $\lambda$ ) est probablement :

- ☒ Moins prédictif, facilement pénalisé jusqu'à disparaître
- ☐ Hautement prédictif, protégé par la pénalité
- ☐ Constant à travers les échantillons
- ☐ Parfaitement corrélé avec un autre coefficient

**Question [SCQ-19]** Étant donné des données  $d$ -dimensionnelles  $\{\mathbf{x}_i\}_{i=1}^N$ , vous exécutez une analyse en composantes principales et choisissez  $P$  composantes principales. Vous souhaitez essayer de reconstruire les points de données originaux en utilisant uniquement les informations capturées par les  $P$  composantes principales. Pour effectuer cette reconstruction, vous exprimez chaque point de données comme une combinaison linéaire des  $P$  composantes principales. Pouvez-vous toujours reconstruire n'importe quel point de données  $\mathbf{x}_i$  pour  $i \in \{1, \dots, N\}$  à partir des  $P$  composantes principales avec une erreur de reconstruction nulle ?

- ☐ Oui, si  $P < d$
- ☐ Oui, si  $P < N$
- ☒ Oui, si  $P = d$
- ☐ Non, il est impossible de reconstruire avec une erreur nulle.

# CATALOG

**Question [SCQ-21]** Vous prenez un échantillon de taille  $n$  dans une population de variance inconnue, et calculez la moyenne de cet échantillon  $\bar{x}$ . Quelle statistique de test et quelle distribution nulle devriez-vous utiliser pour tester  $H_0 : \mu = \mu_0$  ?

☐  $z = \frac{\bar{x} - \mu_0}{\sigma/\sqrt{n}}$  avec  $N(0, 1)$

☐  $t = \frac{\bar{x} - \mu_0}{s/\sqrt{n}}$  avec  $t(n)$

☒  $t = \frac{\bar{x} - \mu_0}{s/\sqrt{n}}$  avec  $t(n - 1)$

☐  $F = \frac{s^2}{\sigma^2}$  avec la distribution F

**Question [SCQ-22]** Dans une régression linéaire où nous visons à prédire les valeurs de  $Y$  basées sur le prédicteur  $X$ , la largeur d'un intervalle de confiance de la réponse moyenne pris à une valeur spécifique du prédicteur  $X = x_0$ , notée  $\hat{y}_0$ , dépend de plusieurs facteurs. Lequel des changements suivants ne conduirait PAS à un intervalle de confiance à 95% plus étroit pour la réponse moyenne à  $X = x_0$  ?

☐ Augmenter la taille de l'échantillon  $n$

☐ Réduire la variance d'erreur estimée  $\hat{\sigma}^2$

☐ Rapprocher  $x_0$  de la moyenne de l'échantillon  $\bar{x}$

☒ Diminuer la variabilité du prédicteur  $\sum (x_i - \bar{x})^2$

**Question [SCQ-23]** Une biologiste recueille des données d'expression génique de 50 cellules et veut déterminer si l'expression d'un gène particulier suit une distribution de Poisson. Après avoir ajusté un modèle de Poisson en utilisant l'Estimation du Maximum de Vraisemblance (EMV), elle trouve que l'EMV pour le paramètre de taux  $\lambda$  est 10,5. Laquelle des affirmations suivantes est correcte concernant cette estimation ?

☒ L'EMV de  $\lambda = 10,5$  représente la valeur qui maximise la probabilité d'observer les données données sous un modèle de Poisson

☐ L'EMV de  $\lambda = 10,5$  signifie qu'exactement 10,5 molécules sont exprimées dans chaque cellule

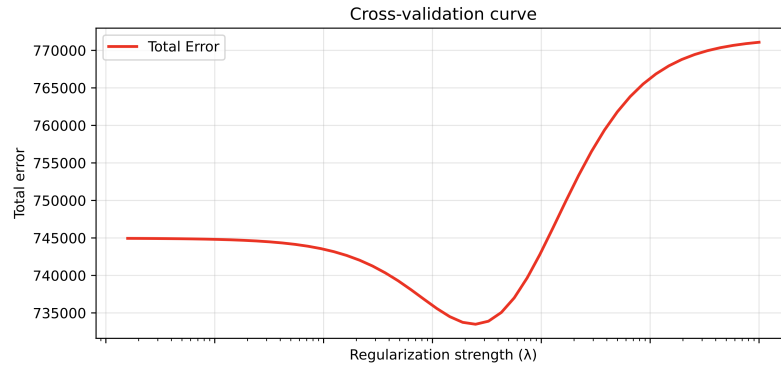
☐ L'EMV de  $\lambda = 10,5$  garantit que le gène suit une distribution de Poisson

☐ L'EMV de  $\lambda = 10,5$  signifie que la fonction de log-vraisemblance égale 10,5 à son maximum

☐ L'EMV de  $\lambda = 10,5$  indique que la variance des données d'expression doit être 10,5

## CATALOG

**Question [SCQ-17]** Une courbe de validation croisée montre l'erreur en fonction de la force de régularisation  $\lambda$  dans l'ensemble de validation, un ensemble différent de points de données que ceux utilisés pour entraîner le modèle. Une courbe typique de validation croisée a en forme de U :



Le côté gauche (petit  $\lambda$ ) correspond à :

- ☒ Surapprentissage—biais faible mais variance élevée
- ☐ Sous-apprentissage—biais élevé mais variance faible
- ☐ Le plateau d'erreur irréductible
- ☐ La règle d'un écart-type

**Question [SCQ-24]** Considérez un ensemble de données bivariées provenant d'une expérience biologique où les mesures de deux variables  $X$  et  $Y$  semblent suivre une distribution normale conjointe. Si l'information mutuelle  $I(X; Y)$  est calculée comme étant proche de zéro, laquelle des interprétations suivantes est correcte ?

- ☒ La distribution conjointe peut être bien approximée par le produit des marginales
- ☐ La variance de la variable  $X$  doit être approximativement égale à la variance de la variable  $Y$
- ☐ La distribution conditionnelle de  $Y$  sachant  $X = x$  a exactement la même variance quelle que soit la valeur de  $x$
- ☐ La relation entre  $X$  et  $Y$  doit être non linéaire et ne peut pas être détectée avec une analyse de corrélation

**Question [SCQ-25]** Un chercheur menant une étude génomique teste 5000 gènes pour voir si leur expression diffère significativement du contrôle et utilise la procédure de Benjamini-Hochberg pour contrôler le Taux de Fausse Découverte (FDR) à 0,10. Après avoir appliqué cette correction, 800 gènes sont déclarés significatifs. Laquelle des affirmations suivantes interprète correctement ces résultats ?

- ☒ Environ 80 des 800 résultats significatifs devraient être des faux positifs
- ☐ 10% de tous les 5000 gènes testés devraient être des faux positifs
- ☐ La probabilité qu'un résultat significatif individuel soit un faux positif est exactement 0,10
- ☐ Si la même expérience était répétée, exactement 800 gènes seraient à nouveau trouvés significatifs



## CATALOG

**Question [SCQ-26]** Un biologiste étudiant la relation entre la température ( $X$ , en  $^{\circ}\text{C}$ ) et le taux de réaction enzymatique ( $Y$ , en  $\mu\text{mol}/\text{min}$ ) obtient l'équation de régression suivante :  $\hat{Y} = 2,5 + 0,8X$  avec  $R^2 = 0,65$ . L'erreur standard du coefficient de pente est 0,2. Laquelle des affirmations suivantes est correcte concernant l'interprétation de ce modèle ?

- ☒ Pour chaque augmentation de  $1^{\circ}\text{C}$  de température, nous nous attendrions à une augmentation de 0,8  $\mu\text{mol}/\text{min}$  du taux de réaction enzymatique, en moyenne.
- ☐ Le modèle explique 80% de la variabilité des taux de réaction enzymatique.
- ☐ Si la température est de  $0^{\circ}\text{C}$ , le taux de réaction enzymatique sera exactement de 2,5  $\mu\text{mol}/\text{min}$ .
- ☐ La relation entre la température et le taux de réaction n'est pas statistiquement significative à  $\alpha = 0,05$ .
- ☐ À partir des données collectées, la moyenne d'échantillon du taux de réaction enzymatique est 2,5.

**Question [SCQ-28]** Lors de la comparaison de deux modèles de régression imbriqués à l'aide du test du rapport de vraisemblance (likelihood ratio test), quelle est l'interprétation correcte si le test donne une valeur  $p$  de 0,03 ?

- ☒ Il y a suffisamment de preuves pour rejeter l'hypothèse nulle selon laquelle les prédicteurs supplémentaires n'améliorent pas le modèle
- ☐ Le modèle plus simple modèle mieux aux données que le modèle plus complexe
- ☐ Il y a 3% de chances que le modèle plus simple soit correct
- ☐ Le modèle plus complexe explique 3% de variance de plus que le modèle plus simple
- ☐ Le modèle plus simple est préféré car il a moins de paramètres et est plus parcimonieux
- ☐ Il y a suffisamment de preuves pour rejeter l'affirmation comme quoi que le modèle le plus complexe fonctionne mieux que le modèle plus simple.

**Question [SCQ-16]** Dans le contexte de la régression Ridge, nous notons la force de régularisation  $\lambda$ . Si  $\lambda \rightarrow \infty$ , les coefficients ajustés  $\hat{\beta}_{\text{ridge}}$  tendent vers :

- ☒ Zéro pour tous les prédicteurs
- ☐ La solution de la méthode des Moindres Carrés
- ☐ Le vecteur propre associé à la plus grande valeur propre
- ☐ L'infini

**Question [SCQ-29]** Un chercheur applique la régression logistique et la régression de Poisson pour analyser différents ensembles de données biologiques. Laquelle des affirmations suivantes décrit correctement ces modèles dans le cadre des Modèles Linéaires Généralisés (GLM) ?

- ☒ Les deux modèles permettent de passer d'un espace de réponse borné à un espace linéaire non borné, mais la régression logistique est choisie pour les résultats binaires bornés entre 0 et 1, tandis que la régression de Poisson est choisie pour les comptages bornés à 0.
- ☐ La régression logistique et la régression de Poisson utilisent toutes deux la fonction de lien logarithmique, mais diffèrent par leurs distributions de composantes aléatoires (Bernoulli vs. Poisson).
- ☐ Le modèle de régression logistique utilise la fonction de lien logit et suppose que la variance est égale à la moyenne, tandis que la régression de Poisson utilise le lien logarithmique et suppose une variance constante.
- ☐ Dans la régression logistique, un coefficient  $\beta_1 = 0,5$  signifie que la probabilité du résultat augmente de 0,5 pour chaque augmentation d'une unité de  $X_1$ , tandis que dans la régression de Poisson, le même coefficient signifie que le comptage augmente de 0,5.

## CATALOG

**Question [SCQ-30]** Trois chercheurs modélisent le nombre de mutations par cellule comme un processus de Poisson avec le paramètre de taux  $\lambda$ . À partir de leurs données pilotes, chacun propose un taux fixe différent :

- (a) Dr. Adams :  $\lambda = 2$
- (b) Dr. Baxter :  $\lambda = 4$
- (c) Dr. Collins :  $\lambda = 6$

Ils observent ensuite une nouvelle cellule et comptent 3 mutations. Sur la base de ce nouveau point de données, quel modèle modèle le mieux les données ?

- ☐ Dr. Adams
- ☒ Dr. Baxter
- ☐ Dr. Collins

**Question [SCQ-31]** Un bioinformaticien estime simultanément les niveaux d'expression moyens ( $\log_2$ ) de 5 gènes. Chaque mesure a une variance connue  $\sigma^2 = 1,0$ . Les changements de  $\log_2$ -fold observés (par rapport au contrôle) sont :

- (a) Gène A : 3,10
- (b) Gène B : -1,75
- (c) Gène C : 2,42
- (d) Gène D : 0,87
- (e) Gène E : -0,39

Ces estimations ont été obtenues en utilisant l'approche standard de calcul de la moyenne d'échantillon. Cependant, le chercheur se souvient d'un article statistique des années 1960 montrant que cette méthode d'estimation est inadmissible lors de l'estimation simultanée de trois moyennes ou plus. L'article décrivait une approche alternative garantissant une erreur quadratique moyenne (Mean Squared Error - MSE) globale plus faible, mais le chercheur ne se souvient pas de la formule exacte. Lequel des ensembles d'estimations suivants améliorerait la MSE des estimations du chercheur ?

- ☐ [2, 72, -1, 53, 2, 12, 0, 76, -0, 34]
- ☐ [2, 30, -1, 30, 1, 80, 0, 65, -0, 29]
- ☒ [2, 62, -1, 48, 2, 05, 0, 74, -0, 33]
- ☐ [2, 75, -1, 35, 2, 18, 0, 87, -0, 20]

# CATALOG

**Question [SCQ-32]** Dans un espace de haute dimension, considérez 4 points dont on mesure les distances deux à deux. La matrice de distance entre ces points est :

	$a$	$b$	$c$	$d$
$a$	0,0	1,0	4,0	6,1
$b$	1,0	0,0	3,0	5,1
$c$	4,0	3,0	0,0	2,2
$d$	6,1	5,1	2,0	0,0

En utilisant le regroupement hiérarchique agglomératif avec la méthode du lien complet, quelle est la séquence correcte de regroupements successifs ?

- ☐ D'abord fusionner (a,b), puis ((a,b),c), puis (((a,b),c),d)
- ☒ D'abord fusionner (a,b), puis fusionner (c,d), puis fusionner ((a,b),(c,d))
- ☐ D'abord fusionner (c,d), puis ((c,d),b), puis (((c,d),b),a)
- ☐ D'abord fusionner (c,d), puis ((c,d),a), puis (((c,d),a),b)