

# Comparaison de structures de réseaux. Applications à des réseaux écologiques

Audition de candidature de thèse à l'EDMH

Louis Lacoste

Dirigé par Sophie Donnet et Pierre Barbillon, co-encadré par Julie Aubert

UMR MIA Paris-Saclay

23 mai 2024

- 1 Parcours
- 2 Sujet de thèse
- 3 Organisation de la thèse

# Parcours

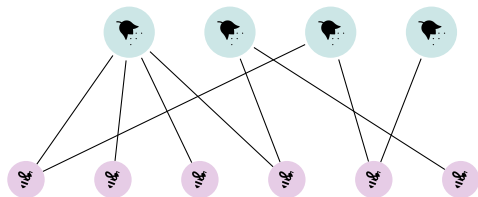
- 2018–2020, Classe Préparatoire BCPST
- 2020–2022, 1ère et 2ème année en formation Ingénieur AgroParisTech  
Cours optionnels suivis : statistiques spatiales, mathématiques pour la santé, ingénierie par la simulation informatique ...
- 2022–2023, Année de césure : stages
- 2023–2024, M2 Mathématiques pour les Sciences du Vivant, Université Paris-Saclay  
UC à choix 2<sup>e</sup> semestre : modèles à variables latentes, statistiques spatiales et méthodes de statistiques en grandes dimension

- 2022 Mai–Déc., Stage assistant ingénieur en Qualité chez Eurofins Food France.
- 2023 Janv.–Juillet, Détection de structures dans des collections de réseaux bipartites et écriture du package implémentant la méthode. Stage dans l'UMR MIA Paris-Saclay, supervisé par Pierre Barbillon.
- 2024 Avril–Sept., Détection de structures et clustering de réseaux écologiques.  
Stage dans l'UMR MIA Paris-Saclay, supervisé par Pierre Barbillon et Sophie Donnet.

# Sujet de thèse

# Contexte écologique

- Nombreux réseaux disponibles (« [Web of Life : Ecological Networks Database](#) », s. d.) pour interactions similaires. Par exemple, interactions proies-prédateurs, plantes-pollinisateurs ...
- Suivi biodiversité, analyse de robustesse et risque d'effondrement.



$$X = \begin{pmatrix} 1 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \end{pmatrix}$$

Figure 1 – Exemple d'un réseau plantes-pollinisateurs

Matrice d'adjacence associée

- En écologie microbienne réseaux permettent le suivi de la qualité des sols.

Détection de structure<sup>1</sup> pour un unique réseau bien connu avec par exemple :

- Modèles de *clustering* à variables latentes.
- *Embedding* par apprentissage profond.
- Et bien d'autres méthodes.

Mais des motivations pour proposer des méthodes adaptées aux collections de réseaux :

- Espèces différentes, rôles analogues.
- Transfert d'informations grands vers petits réseaux.
- Regrouper les réseaux selon leur similarité (*clustering* de réseaux).



## Axe 1 : Modèles à variables latentes pour une collection de réseaux bipartites

# Latent Block Model (LBM)

Proposé par Govaert et Nadif, 2005.

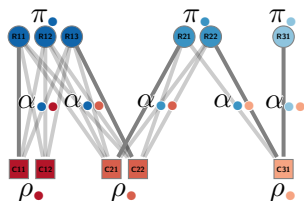


Figure 2 – Exemple de LBM<sup>2</sup>

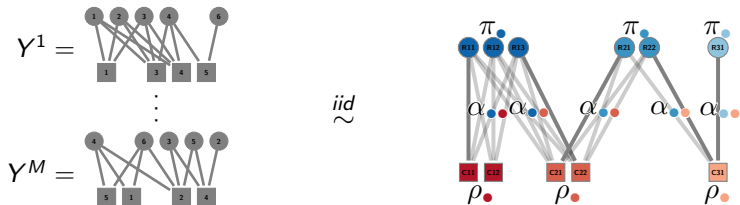
Pour

- $Q_1 = |\{\bullet, \bullet, \bullet\}|$  blocs fixés en ligne
- $Q_2 = |\{\bullet, \bullet, \bullet\}|$  blocs fixés en colonne

## Paramètres

- $\pi_{\bullet} = \mathbb{P}(Z_i = \bullet)$  en ligne et
- $\rho_{\bullet} = \mathbb{P}(W_j = \bullet)$  en colonne
- $\alpha_{\bullet, \bullet} = \mathbb{P}(X_{ij} = 1 | Z_i = \bullet, W_j = \bullet)$

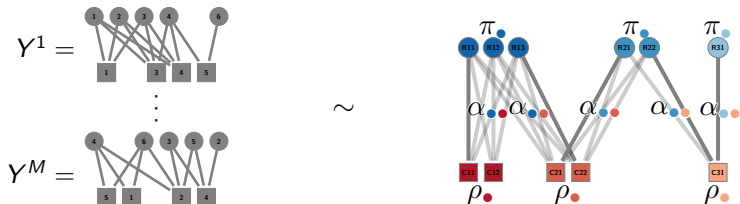
# Collections bipartites



## Modèle *iid-colBiSBM*

$$\forall m \in \llbracket 1, M \rrbracket, Y^m \sim LBM_{n_1^m, n_2^m}(\pi, \rho, \alpha)$$

# Collections bipartites



## Modèle $\pi\rho$ -colBiSBM

$$\forall m \in \llbracket 1, M \rrbracket, Y^m \sim LBM_{n_1^m, n_2^m}(\pi^m, \rho^m, \alpha)$$

- Écriture du modèle *colBiSBM*.
- Dérivation des formules d'inférence et d'un critère de sélection de modèle par vraisemblance pénalisée (choix du nombre de blocs).
- Implémentation des formules et du critère et développement algorithmique pour l'exploration de l'espace de paramètres.
- Développement d'une méthode de partitionnement d'une large collection de réseaux basée sur la maximisation d'un critère de sélection de modèle.
- Écriture du code et intégration au package<sup>3</sup> *colSBM*.

# Application du *clustering*, données plantes pollinisateurs

Voici des résultats du modèle *iid-colBiSBM* sur des données plantes-pollinisateurs (Doré et al., 2021 et Thébault et Fontaine, 2020)

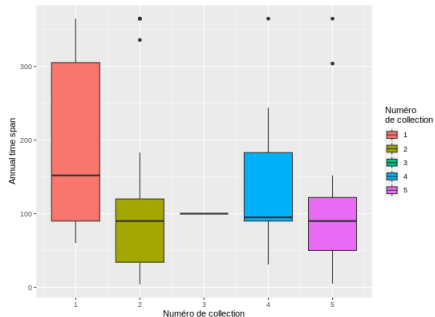
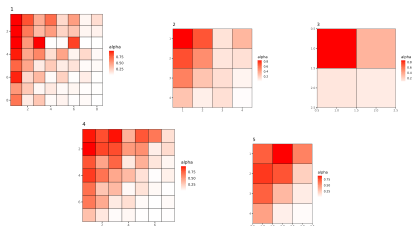


Figure 3 – Connectivités de la partition

N°de collection	1	2	3	4	5	Total
Nombre de réseaux	38	45	1	20	19	123

- Finaliser l'analyse sur données réelles commencée sur [Doré et al., 2021](#) ; [Thébault et Fontaine, 2020](#) avec les interprétations des écologues en vue d'une publication.
- Preuve d'identifiabilité du modèle ([Chabert-Liddell et al., 2024](#) ; [Celisse et al., 2012](#) ; [Keribin et al., 2015](#) ; [Brault & Mariadassou, 2015](#)).

Axe 2 : Embedding de nœuds par apprentissage profond pour comparaison des topologies de réseaux



# Graph Neural Networks et Variational AutoEncoder

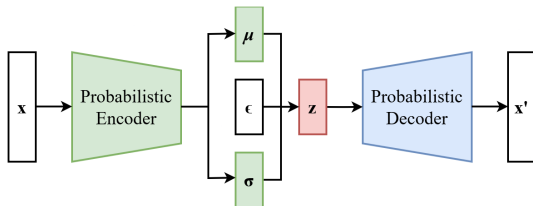


Figure 4 – Schéma d'« Auto-encodeur variationnel », 2024

## Problème des graphes pour les réseaux de neurones : **prise en compte des invariances par permutation**

- Utilisation des *Graph Convolutional Networks* résout ce problème. (Kipf & Welling, 2017)
- Utiliser des *Variational AutoEncoder* pour projeter les nœuds dans un espace latent. (Kingma & Welling, 2022 ; Kipf & Welling, 2016)
- Explorer le *Deep Latent Space Model*. (Yang et al., 2024)

# À développer pour la comparaison de réseaux

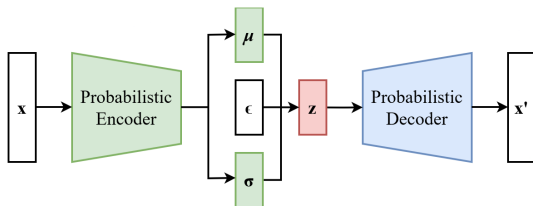


Figure 5 – Schéma d'« Auto-encodeur variationnel », 2024

- *Embedding* joint des nœuds des  $M$  réseaux à comparer sur un même espace latent. Puis comparaison des distributions ainsi obtenues.
- Encodeurs différents mais un décodeur commun pour comparer les représentations obtenues

### Axe 3 : Inférence jointe de réseaux

	$OTU_1$	...	$OTU_p$
Éch. 1	$X_{1,1}$	...	$X_{1,p} = 500$
$\vdots$	$\vdots$		$\vdots$
Éch. n	$X_{n,1} = 10$	...	$X_{n,p}$

Table 1 – Table d'OTU synthétique

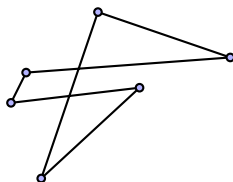


Figure 6 – Réseau de co-occurrence inféré

- Avènement des techniques de séquençage et donc disponibilité des OTU<sup>4</sup>
- Incertitude d'inférence disponible mais négligée par la suite, important pour les réseaux microbiens seulement inférés
- Détails et autres limites dans [Matchado et al., 2021](#)

# À développer pour l'inférence jointe de réseaux

- Avec  $M$  tableaux d'OTU, on peut supposer :

## Modèle hiérarchique

$$\forall m \in \llbracket 1, M \rrbracket, X_1^m, \dots, X_p^m \rightsquigarrow \mathcal{M}(Y^m)$$

$$Y^m \rightsquigarrow LBM(\pi, \rho, \alpha) \text{ ou } Y^m \rightsquigarrow DLSM(f_D, f_E)$$

- Réussir à mettre en évidence des bactéries aux rôles fonctionnels proches selon des conditions d'expériences différentes en tenant compte de l'incertitude d'inférence
- Formaliser une méthode pour déterminer si le changement d'unité taxonomique change la structure

# Organisation de la thèse

## Planning prévisionnel de la thèse

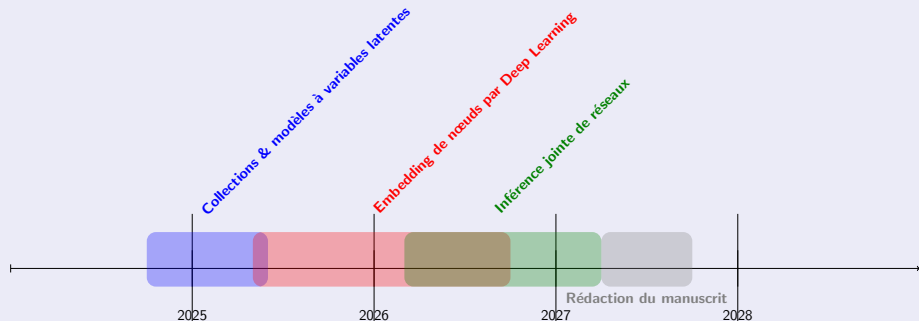


Figure 7 – Chronologie prévue

## Financement

L'INRAE, par le département MathNum accorde déjà 50% des financements de la thèse.

Merci pour votre attention.

# Bibliographie I

- Web of Life : Ecological Networks Database.* (s. d.). Récupérée juin 17, 2023, à partir de <https://www.web-of-life.es/map.php>
- Govaert, G., & Nadif, M. (2005). An EM Algorithm for the Block Mixture Model. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 27(4), 643-647.  
<https://doi.org/10.1109/TPAMI.2005.69>
- Doré, M., Fontaine, C., & Thébault, E. (2021). Relative effects of anthropogenic pressures, climate, and sampling design on the structure of pollination networks at the global scale. *Global Change Biology*, 27(6), 1266-1280. <https://doi.org/10.1111/gcb.15474>
- Thébault, E., & Fontaine, C. (2020, décembre 1). *A Database of Plant-Pollinator Networks* (Version 1). *Zenodo*.  
<https://doi.org/10.5281/zenodo.4300427>



- Chabert-Liddell, S.-C., Barbillon, P., & Donnet, S. (2024). Learning Common Structures in a Collection of Networks. An Application to Food Webs. *The Annals of Applied Statistics*, 18(2), 1213-1235.  
<https://doi.org/10.1214/23-AOAS1831>
- Celisse, A., Daudin, J.-J., & Pierre, L. (2012). Consistency of Maximum-Likelihood and Variational Estimators in the Stochastic Block Model. *Electronic Journal of Statistics*, 6, 1847-1899.  
<https://doi.org/10.1214/12-EJS729>
- Keribin, C., Brault, V., Celeux, G., & Govaert, G. (2015). Estimation and selection for the latent block model on categorical data. *Stat Comput*, 25(6), 1201-1216.  
<https://doi.org/10.1007/s11222-014-9472-2>

# Bibliographie III

- Brault, V., & Mariadassou, M. (2015). Co-clustering through Latent Bloc Model : a Review. *Journal de la société française de statistique*, 156(3), 120-139. Récupérée mai 15, 2024, à partir de [http://www.numdam.org/item/JSFS\\_2015\\_\\_156\\_3\\_120\\_0/](http://www.numdam.org/item/JSFS_2015__156_3_120_0/)
- Auto-encodeur variationnel. (2024, mars 13). In *Wikipédia*. Récupérée mai 21, 2024, à partir de [https://fr.wikipedia.org/w/index.php?title=Auto-encodeur\\_variationnel&oldid=213326719](https://fr.wikipedia.org/w/index.php?title=Auto-encodeur_variationnel&oldid=213326719)  
Page Version ID : 213326719.
- Kipf, T. N., & Welling, M. (2017, février 22). *Semi-Supervised Classification with Graph Convolutional Networks*. *arXiv* : 1609.02907 [cs, stat].  
<https://doi.org/10.48550/arXiv.1609.02907>

# Bibliographie IV

- Kingma, D. P., & Welling, M. (2022, décembre 10). *Auto-Encoding Variational Bayes*. arXiv : 1312.6114 [cs, stat].  
<https://doi.org/10.48550/arXiv.1312.6114>
- Kipf, T. N., & Welling, M. (2016, novembre 21). *Variational Graph Auto-Encoders*. arXiv : 1611.07308 [cs, stat].  
<https://doi.org/10.48550/arXiv.1611.07308>
- Yang, H., Kong, Q., & Mao, W. (2024). A Deep Latent Space Model for Graph Representation Learning. *Neurocomputing*, 576, 127342.  
<https://doi.org/10.1016/j.neucom.2024.127342>
- Matchado, M. S., Lauber, M., Reitmeier, S., Kacprowski, T., Baumbach, J., Haller, D., & List, M. (2021). Network Analysis Methods for Studying Microbial Communities : A Mini Review. *Computational and Structural Biotechnology Journal*, 19, 2687-2698. <https://doi.org/10.1016/j.csbj.2021.05.001>

# Annexes

# Modèles à variables latentes pour collection de réseaux bipartites

# Latent Block Model (LBM)

Proposé par Govaert et Nadif, 2005.

Pour

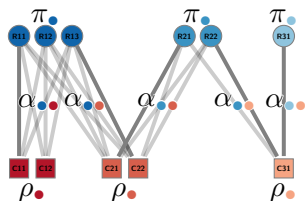


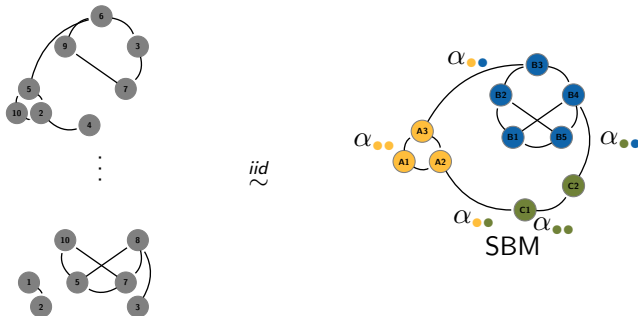
Figure 8 – Exemple de LBM<sup>5</sup>

- $Q_1 = |\{\bullet, \bullet, \bullet\}|$  blocs fixés en ligne
- $Q_2 = |\{\bullet, \bullet, \bullet\}|$  blocs fixés en colonne

## Paramètres

- $\pi_{\bullet} = \mathbb{P}(Z_i = \bullet)$  en ligne et  $\rho_{\bullet} = \mathbb{P}(W_j = \bullet)$  en colonne
- $\alpha_{\bullet, \bullet} = \mathbb{P}(X_{ij} = 1 | Z_i = \bullet, W_j = \bullet)$

Le modèle *colSBM* (Chabert-Liddell et al., 2023).

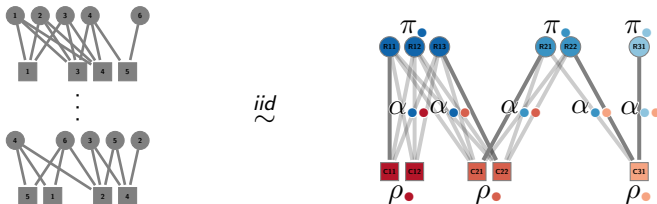


Pour  $Q = |\{\bullet, \bullet, \bullet\}|$  blocs fixés :

## Paramètres

- $\pi_{\bullet} = \mathbb{P}(Z_i = \bullet)$
- $\alpha_{\bullet, \bullet} = \mathbb{P}(X_{ij} = 1 | Z_i = \bullet, Z_j = \bullet)$

# Collections bipartites



Pour

- $Q_1 = |\{\bullet, \bullet, \bullet\}|$  blocs fixés en ligne
- $Q_2 = |\{\bullet, \bullet, \bullet\}|$  blocs fixés en colonne

## Paramètres

- $\pi_{\bullet} = \mathbb{P}(Z_i = \bullet)$  en ligne et  $\rho_{\bullet} = \mathbb{P}(W_j = \bullet)$  en colonne
- $\alpha_{\bullet, \bullet} = \mathbb{P}(X_{ij} = 1 | Z_i = \bullet, W_j = \bullet)$



# Différents modèles

## *iid-colBiSBM*

$\pi = (\pi_1, \dots, \pi_{Q_1})$  et  $\rho = (\rho_1, \dots, \rho_{Q_2})$ , tous les réseaux partagent les mêmes paramètres<sup>6</sup>

## $\pi\rho$ -colBiSBM

$\pi = ((\pi_1^m, \dots, \pi_{Q_1}^m))_{m=1, \dots, M}$  et  $\rho = ((\rho_1^m, \dots, \rho_{Q_2}^m))_{m=1, \dots, M}$   
avec  $\forall q, m \in \llbracket 1, Q_1 \rrbracket \times \llbracket 1, M \rrbracket, \pi_q^m \in [0, 1]$  et  $\forall r, m \in \llbracket 1, Q_2 \rrbracket \times \llbracket 1, M \rrbracket, \rho_r^m \in [0, 1]$

Et également deux autres modèles ( $\pi$ -colBiSBM et  $\rho$ -colBiSBM) où seulement une des deux dimensions est libre.

---

6. Dans tous les modèles la structure de connectivité est supposée identique au sein de la collection.

# Estimation des paramètres

Maximisation d'une borne inférieure de la log-vraisemblance des données observées.

$$\begin{aligned} \ell(\mathbf{X}; \theta) \geq & \sum_{m=1}^M \left( \sum_{i=1}^{n_1^m} \sum_{j=1}^{n_2^m} \sum_{q \in \mathcal{Q}_{1,m}} \sum_{r \in \mathcal{Q}_{2,m}} \tau_{i,q}^{1,m} \tau_{j,r}^{2,m} \log f(X_{ij}^m; \alpha_{qr}) \right. \\ & + \sum_{i=1}^{n_1^m} \sum_{q \in \mathcal{Q}_{1,m}} \tau_{i,q}^{1,m} \log \pi_q^m + \sum_{j=1}^{n_2^m} \sum_{r \in \mathcal{Q}_{2,m}} \tau_{j,r}^{2,m} \log \rho_r^m \\ & \left. - \sum_{i=1}^{n_1} \tau_{i,q}^{1,m} \log \tau_{i,q}^{1,m} - \sum_{j=1}^{n_2} \tau_{j,r}^{2,m} \log \tau_{j,r}^{2,m} \right) =: J(\tau; \theta) \end{aligned}$$

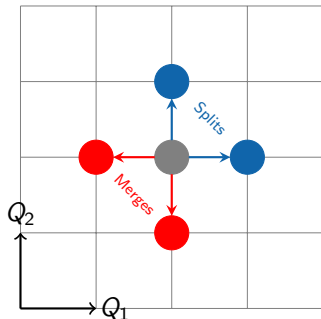
## Approximation variationnelle

$\tau_{i,q}^{1,m} = P(Z_i = q | X_{ij}^m)$  et  $\tau_{j,r}^{2,m} = P(W_j = r | X_{ij}^m)$  tels que  
 $P(Z_i = q, W_j = r | X_{ij}^m) = \tau_{i,q}^{1,m} \times \tau_{j,r}^{2,m}$

# Sélection de modèle : choix de $(Q_1, Q_2)$ - Approche gloutonne

Le VEM se fait à  $Q_1, Q_2$  fixés, il faut donc déterminer les “meilleures” coordonnées. Nous maximisons un BIC-L<sup>7</sup>.

Détermination d'un premier mode par approche *gloutonne*



## Exploration gloutonne

- Initialisation sur  $(1, 2)$  et  $(2, 1)$
- Exploration des 4 voisins et déplacement sur le meilleur des 4
- Arrêt après 2 étapes successives sans augmentation du BIC-L

7. *Bayesian Information Criterion - Like*, en adaptant les formules de [Chabert-Liddell et al., 2023](#)

# Sélection de modèle : choix de $(Q_1, Q_2)$ - Fenêtre glissante

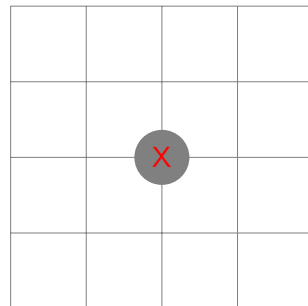
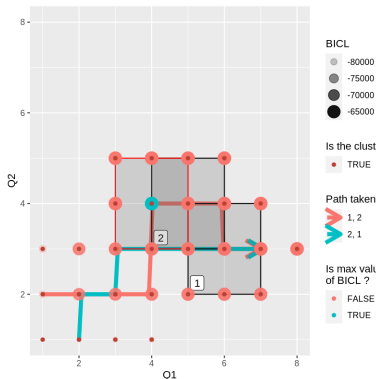


Figure 9 – Exemple de parcours de fenêtre glissante

# Sélection de modèle : choix de $(Q_1, Q_2)$ - Fenêtre glissante

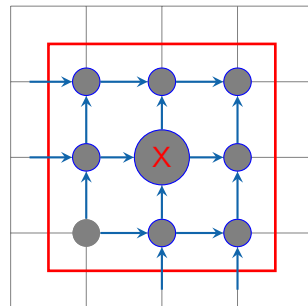
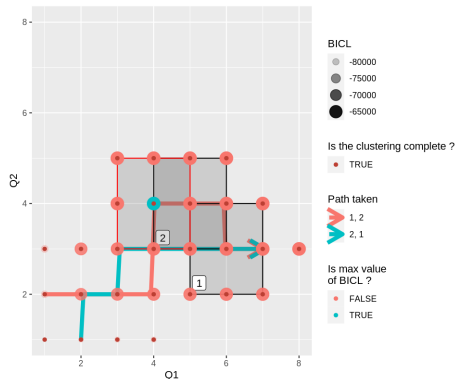


Figure 9 – Exemple de parcours de fenêtre glissante

# Sélection de modèle : choix de $(Q_1, Q_2)$ - Fenêtre glissante

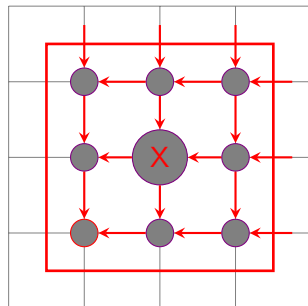
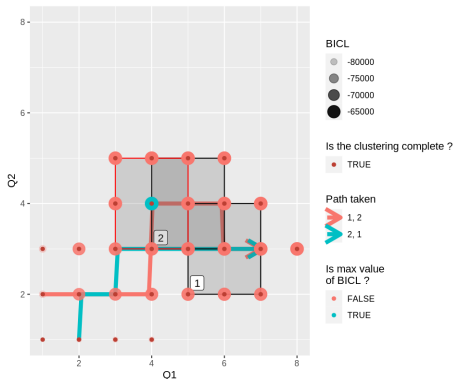
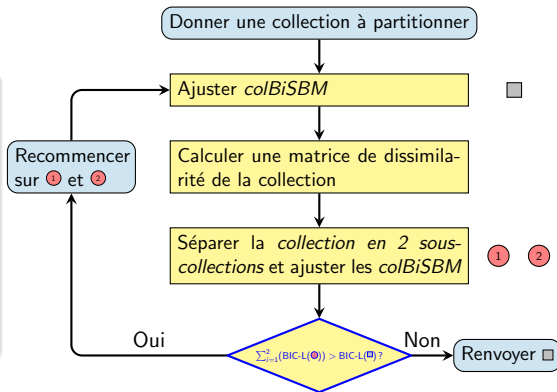


Figure 9 – Exemple de parcours de fenêtre glissante

# Clustering de réseaux

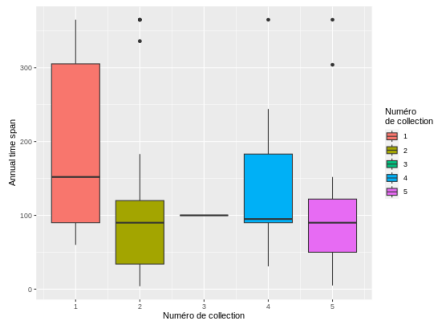
## Objectif

Déterminer une partition qui maximise la somme du BICL de ses sous-collections.



# Application, données plantes pollinisateurs

Voici des résultats du modèle *iid-colBiSBM* sur des données plantes-pollinisateurs (Doré et al., 2021 et Thébault et Fontaine, 2020)



N°de collection	1	2	3	4	5
Nombre de réseaux	38	45	1	20	19

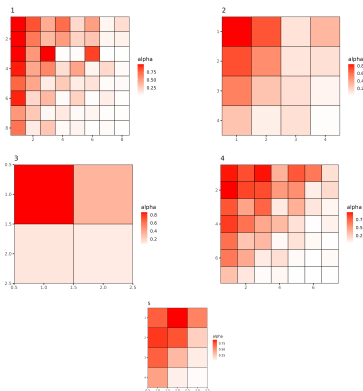



Figure 10 – Connectivités de la partition



- 4 modèles dont 3 qui ont une flexibilité sur au moins une des dimensions (adaptabilité aux données)
- Partitionner un ensemble de réseaux selon leurs structures
- Comparer les *clusterings* de réseaux obtenus entre données brutes et données corrigées (par exemple par la méthode *CoOPLBM*<sup>8</sup>)

Le package est disponible sur GitHub :

 <https://github.com/Chabert-Liddell/colSBM>

## Autres questions

# *Message passing et Graph Convolutional Network*

TODO Formule Fonction de perte possible

TODO

# Bibliographie des annexes I

- Govaert, G., & Nadif, M. (2005). An EM Algorithm for the Block Mixture Model. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 27(4), 643-647.  
<https://doi.org/10.1109/TPAMI.2005.69>
- Chabert-Liddell, S.-C., Barbillon, P., & Donnet, S. (2023, mars 27). *Learning Common Structures in a Collection of Networks. An Application to Food Webs*. arXiv : 2206.00560 [stat].  
<https://doi.org/10.48550/arXiv.2206.00560>
- Doré, M., Fontaine, C., & Thébault, E. (2021). Relative effects of anthropogenic pressures, climate, and sampling design on the structure of pollination networks at the global scale. *Global Change Biology*, 27(6), 1266-1280. <https://doi.org/10.1111/gcb.15474>
- Thébault, E., & Fontaine, C. (2020, décembre 1). *A Database of Plant-Pollinator Networks (Version 1)*. Zenodo.  
<https://doi.org/10.5281/zenodo.4300427>

Anakok, E., Barbillon, P., Fontaine, C., & Thebault, E. (2022, novembre 29). *Disentangling the structure of ecological bipartite networks from observation processes*. arXiv : 2211.16364 [stat]. Récupérée juin 14, 2023, à partir de <http://arxiv.org/abs/2211.16364>