Выбор функций потерь в задачах неотрицательного матричного разложения

## Рябенко Евгений Алексеевич, ВМК МГУ научный руководитель д.ф.-м.н., К.В. Воронцов

Семинар отдела прикладных проблем оптимизации ВЦ РАН • 18 июня 2014 г.

# Неотрицательное матричное разложение (NMF)

**Д**ано: матрица 
$$P \in \mathbb{R}^{m \times n}_+$$
, число  $r < \min(m, n)$ .

Найти: матрицы 
$$A \in \mathbb{R}^{m imes r}_+$$
,  $X \in \mathbb{R}^{r imes n}_+$  такие, что

$$P \approx AX \equiv Q.$$

Оптимизационная задача:

$$(A^*, X^*) = \operatorname*{argmin}_{A \geqslant 0, \ X \geqslant 0} D\left(P, AX\right).$$

Функция потерь:

$$D(P,Q) = \sum_{i=1}^{m} \sum_{j=1}^{n} d(p_{ij}, q_{ij}),$$
$$d(p,q) \ge 0,$$
$$d(p,q) = 0 \Leftrightarrow p = q.$$

### Примеры прикладных задач неотрицательного матричного разложения

Коллаборативная фильтрация

$$R_{iu} = \sum_{t} p_{it} q_{tu}$$

**дано**:  $R_{iu}$  — рейтинги товаров *i*, поставленные пользователем *u*;

**найти**:  $p_{it}$  — профиль интересов товара i;

 $q_{tu}$  — профиль интересов пользователя u.

Тематическое моделирование текстовых коллекций

$$f_{wd} = \sum_{t} \phi_{wt} \theta_{td}$$

**дано**:  $f_{wd}$  — частоты слов w в документах d; **найти**:  $\phi_{wt}$  — распределения слов w в темах t;  $\theta_{td}$  — распределения тем t в документах d.

О Анализ данных ДНК-микрочипов

$$I_{pk} = \sum_{g} a_{pg} c_{gk}$$

**дано**:  $I_{pk}$  — интенсивность флуоресценции *p*-й пробы на *k*-м чипе; **найти**:  $a_{pg}$  — коэффициент сродства *p*-й пробы *g*-му гену;  $c_{ak}$  — уровень экспрессии *g*-го гена на *k*-м чипе. Анализ данных ДНК-микрочипов

## Дивергенции

**Дивергенция** — неотрицательная сепарабельная функция потерь с единственным нулём:

$$D(P,Q) = \sum_{i=1}^{m} \sum_{j=1}^{n} d(p_{ij}, q_{ij}),$$
$$d(p,q) \ge 0,$$
$$d(p,q) = 0 \Leftrightarrow p = q.$$

Название	$d\left(p,q ight)$
норма $l_1$	$d_1\left(p,q\right) = \left p-q\right $
квадрат нормы Фробениуса	$d_F(p,q) = (p-q)^2$
дивергенция Кульбака-Лейблера	$d_{KL}\left(p,q\right) = p \ln \frac{p}{q} - p + q$
дивергенция Итакура-Саито	$d_{IS}\left(p,q\right) = \ln \frac{q}{p} + \frac{p}{q} - 1$
расстояние Хеллингера	$d_H(p,q) = \left(\sqrt{p} - \sqrt{q}\right)^2$
$\chi^2$ Пирсона	$d_P(p,q) = \frac{(p-q)^2}{q}$
$\chi^2$ Неймана	$d_N(p,q) = d_P(q,p) = \frac{(p-q)^2}{p}$

### $\alpha$ - и $\beta$ -дивергенции

 $\alpha$ -дивергенция [Amari, 1985]:

$$d_A^{\alpha}(p,q) = \begin{cases} \frac{1}{\alpha(\alpha-1)} \left( p^{\alpha} q^{1-\alpha} - \alpha p + (\alpha-1) q \right), & \alpha \neq 0, \ \alpha \neq 1, \\ p \ln \frac{p}{q} - p + q, & \alpha = 1, \\ q \ln \frac{q}{p} - q + p, & \alpha = 0. \end{cases}$$

Непрерывно соединяет хи-квадрат Пирсона, дивергенцию Кульбака-Лейблера, расстояние Хеллингера и хи-квадрат Неймана.

β-дивергенция [Minami, Eguchi, 2002]:

$$d_B^\beta\left(p,q\right) = \begin{cases} \frac{1}{\beta(\beta+1)} \left(p^{\beta+1} - q^{\beta+1} - (\beta+1) q^\beta\left(p-q\right)\right), & \beta \neq 0, \ \beta \neq -1, \\ p \ln \frac{p}{q} - p + q, & \beta = 0, \\ \ln \frac{q}{p} + \frac{p}{q} - 1, & \beta = -1. \end{cases}$$

Непрерывно соединяет дивергенцию Кульбака-Лейблера, дивергенцию Итакура-Саито и норму Фробениуса.

## АБ-дивергенция

АБ-дивергенция [Cichocki et al., 2011]:

$$d_{AB}^{(\alpha,\beta)}\left(p,q\right) = \begin{cases} \frac{1}{\alpha\beta} \left(\frac{\alpha}{\alpha+\beta}p^{\alpha+\beta} + \frac{\beta}{\alpha+\beta}q^{\alpha+\beta} - p^{\alpha}q^{\beta}\right), & \alpha, \beta, \alpha+\beta \neq 0, \\ \frac{1}{\alpha^{2}} \left(p^{\alpha} \ln \frac{p^{\alpha}}{q^{\alpha}} - p^{\alpha} + q^{\alpha}\right), & \alpha \neq 0, \beta = 0, \\ \frac{1}{\alpha^{2}} \left(\ln \frac{q^{\alpha}}{p^{\alpha}} + \left(\frac{q^{\alpha}}{p^{\alpha}}\right)^{-1} - 1\right), & \alpha = -\beta \neq 0, \\ \frac{1}{\beta^{2}} \left(q^{\beta} \ln \frac{q^{\beta}}{p^{\beta}} - q^{\beta} + p^{\beta}\right), & \alpha = 0, \beta \neq 0, \\ \frac{1}{2} \left(\ln p - \ln q\right)^{2}, & \alpha = \beta = 0. \end{cases}$$

Объединяет <br/>  $\alpha$ - и  $\beta$ -дивергенции, пересекающиеся в дивергенции Кульбака-Лейб<br/>лера.

Неотрицательное матричное разложение

Анализ данных ДНК-микрочипов

Список литературы

## АБ-дивергенция



 $\alpha$  регулирует разреженность модели [Minka, 2005],

 $\beta$ определяет соотношение между эффективностью и устойчивостью получаемых оценок [Basu et al., 1998, Jones et al., 1998].

## Выбор функции потерь

Различные функции потерь оптимальны для разных моделей шума.

Минимизация некоторых функций потерь эквивалентна максимизации правдоподобия в известных параметрических моделях:

Дивергенция	Модель шума	$p\left(P ight)$
Фробениуса	аддитивная гауссовская	$\prod N\left(p_{ij},\sigma^2\right)$
Кульбака-Лейблера	пуассоновская	$\prod_{ij}^{ij} P\left(p_{ij}\right)$
Итакура-Саито	мультипликативная гамма	$\prod_{ij}^{ij} G\left(p_{ij}, \alpha/q_{ij}\right)$

**Идея**: когда модель шума не задана, задачу выбора оптимальной функции потерь можно свести к выбору параметров в семействе АБ-дивергенций.

## Задача оптимизации гиперпараметров $\alpha$ и $\beta$

Пусть существует семейство плотностей  $p\left(P,\alpha,\beta\right)$ , задаваемое в следующем виде:

$$p(P, \alpha, \beta) = \frac{1}{Z(\alpha, \beta)} p_0(P, \alpha, \beta),$$

$$p_0(P, \alpha, \beta) = e^{-D_{AB}^{(\alpha, \beta)}(P, Q)},$$

$$Z(\alpha, \beta) = \int_X p_0(X, \alpha, \beta) \, dX.$$
(1)

Тогда оценка максимального правдоподобия для  $\alpha$  и  $\beta$  может быть найдена как

$$(\alpha^*, \beta^*) = \operatorname*{argmax}_{\alpha, \beta} \sum_{i,j} \ln p \left( p_{ij}, \alpha, \beta \right).$$

Проблема:  $Z(\alpha, \beta) - ?$ 

## Метод согласования вклада (score matching)

Поскольку нормировочный множитель  $Z(\alpha,\beta)$  неизвестен, вместо метода максимизации правдоподобия можно использовать метод согласования вклада [Hyvärinen, 2006, 2007].

Пусть  $p_T(x)$  — истинная плотность распределения данных,  $p(x, \theta)$  — модельное семейство плотностей.

ОМП (оценка максимума правдоподобия):

$$\theta^{*} = \underset{\theta}{\operatorname{argmin}} \int_{x} p_{T}(x) \ln \frac{p_{T}(x)}{p(x,\theta)} dx.$$

ОСВ (оценка согласования вклада):

$$\theta^{*} = \underset{\theta}{\operatorname{argmin}} \int_{x} p_{T}(x) \left\| \nabla_{x} \ln \frac{p_{T}(x)}{p(x,\theta)} \right\|^{2} dx.$$

 $\nabla_x \ln p(x,\theta) = \nabla_x \ln p_0(x,\theta) \Longrightarrow$ 

согласование вклада можно использовать, не зная  $Z(\alpha, \beta)$ . Более того, не обязательно даже, чтобы он существовал [Hyvärinen, 2008].

### Метод оптимизации гиперпараметров $\alpha$ и $\beta$

#### Теорема

В модели (1) ОСВ принимает следующий вид:  $(\alpha^*, \beta^*) = \underset{\alpha,\beta}{\operatorname{argmin}} J\left(P, \alpha, \beta\right),$   $J\left(P, \alpha, \beta\right) = \begin{cases} \frac{1}{\beta} \sum_{i,j} p_{ij}^{\alpha} \left(\frac{1}{2\beta} p_{ij}^{\alpha} \left(p_{ij}^{\beta} - q_{ij}^{\beta}\right)^2 - p_{ij}^{\beta} \left(\alpha + \beta + 1\right) + q_{ij}^{\beta} \left(\alpha + 1\right)\right), \\ \beta \neq 0, \\ \sum_{i,j} p_{ij}^{\alpha} \left(\ln \frac{q_{ij}}{p_{ij}} \left(\frac{p_{ij}^{\alpha}}{2} \ln \frac{q_{ij}}{p_{ij}} + \alpha + 1\right) - 1\right), \\ \beta = 0. \end{cases}$ 

Оптимальные значения  $\alpha$  и  $\beta$  предлагается находить, численно решая приведённую задачу минимизации.

Задача поиска неотрицательного матричного разложения при фиксированных  $\alpha$  и  $\beta$ 

Оптимизационная задача в общем виде:

$$(A^*, X^*) = \underset{A \geqslant 0, X \geqslant 0}{\operatorname{argmin}} D\left(P, AX\right).$$

 $D\left(P,AX
ight)$  не выпуклы по совокупности аргументов (A,X), поэтому используются блочно-покоординатные методы минимизации:

Вход: матрица P, ранг разложения r, гиперпараметры  $\alpha, \beta$ ; Выход: матрицы-множители A и X;

1 инициализация 
$$A^0 \ge 0, X^0 \ge 0;$$
  
2 для всех итераций  $t = 1, 2, ...$   
3  $X^t = f(P, A^{t-1}, X^{t-1});$   
4  $(A^t)^T = f(P^T, (X^t)^T, (A^{t-1})^T).$ 

В силу симметрии задачи для обновлений A и X можно использовать одну и ту же функцию.

## Мультипликативный алгоритм

**Идея**: выбрать шаги градиентного спуска так, чтобы обновления стали мультипликативными, тогда будет сохраняться неотрицательность элементов матриц [Lee, Seung, 1999, 2001].

$$\nabla_{X}]_{kj} = \frac{\partial D\left(P, AX\right)}{\partial x_{kj}} = \left[\nabla_{X}^{+}\right]_{kj} - \left[\nabla_{X}^{-}\right]_{kj},$$
$$\nu_{kj} = \frac{x_{kj}}{\left[\nabla_{X}^{+}\right]_{kj}},$$
$$x_{kj} \leftarrow x_{kj} - \frac{x_{kj}}{\left[\nabla_{X}^{+}\right]_{kj}} \left(\left[\nabla_{X}^{+}\right]_{kj} - \left[\nabla_{X}^{-}\right]_{kj}\right) =$$
$$= x_{kj} \frac{\left[\nabla_{X}^{-}\right]_{kj}}{\left[\nabla_{X}^{+}\right]_{kj}};$$

в матричном виде:

$$X \leftarrow X \otimes \nabla_X^- \oslash \nabla_X^+.$$

⊗ — поэлементное умножение матриц, ⊘ — поэлементное деление.

### Мультипликативный алгоритм для нормы Фробениуса

Оптимизационная задача для нормы Фробениуса:

$$(A^*, X^*) = \underset{A \ge 0, X \ge 0}{\operatorname{argmin}} D_F(P, AX).$$
(2)

Мультипликативный алгоритм для нормы Фробениуса [Lee, Seung, 1999]:

$$\nabla_{X} D_{F} = A^{T} A X - A^{T} P,$$
  

$$\nabla_{A} D_{F} = A X X^{T} - P X^{T};$$
  

$$X \leftarrow X \otimes \left(A^{T} P\right) \oslash \left(A^{T} A X\right),$$
  

$$A \leftarrow A \otimes \left(P X^{T}\right) \oslash \left(A X X^{T}\right).$$
  
(3)

Правая часть — глобальный минимум квадратичной функции, мажорирующей  $D_F$  на текущей итерации [Lee, Seung, 2001]. Следовательно, функционал  $D_F$  монотонно невозрастает.

### Сходимость мультипликативного алгоритма для нормы Фробениуса

Поскольку задача не является выпуклой, лучшее, что можно гарантировать — сходимость к стационарной точке, задаваемой условиями Каруша-Куна-Таккера:

$$X^* \ge 0, \quad A^* \ge 0,$$
  

$$\nabla_X D\left(P, A^* X^*\right) \ge 0, \quad \nabla_A D\left(P, A^* X^*\right) \ge 0,$$
  

$$X^* \otimes \nabla_X D\left(P, A^* X^*\right) = 0, \quad A^* \otimes \nabla_A D\left(P, A^* X^*\right) = 0.$$
(4)

**Проблема**: обновления (3) могут останавливаться в нестационарных точках вблизи нулей: если  $x_{kj} = 0$ , то он останется равным нулю, даже если  $[\nabla_X D_F]_{kj} < 0$ .

### arepsilon-модификация мультипликативного алгоритма для нормы Фробениуса

Можно отделять элементы A и X от нуля небольшой положительной константой  $\varepsilon$  [Gillis, Glineur, 2012, Hibi, Takashi, 2011]:

$$X \leftarrow \max\left(\varepsilon, X \otimes \left(A^{T} P\right) \oslash \left(A^{T} A X\right)\right), A \leftarrow \max\left(\varepsilon, A \otimes \left(P X^{T}\right) \oslash \left(A X X^{T}\right)\right).$$
(5)

В [Gillis, Glineur, 2012] показано, что в алгоритме с такими обновлениями  $D_F(P,AX)$  монотонно невозрастает, а любая предельная точка порождаемой последовательности  $(A^t,X^t)$  является стационарной точкой модифицированной задачи:

$$(A_{\varepsilon}^*, X_{\varepsilon}^*) = \underset{A \geqslant \varepsilon, X \geqslant \varepsilon}{\operatorname{argmin}} D_F(P, AX).$$
(6)

Утверждение о сходимости можно усилить.

#### Лемма

Мультипликативный алгоритм с обновлениями (5) сходится к стационарной точке отделённой от нуля задачи (6).

### ε-прореживание для нормы Фробениуса

Получив решение задачи (6), проредим его, обнулив элементы, равные  $\varepsilon$ :

$$X = X_{\varepsilon}^* \otimes [X_{\varepsilon}^* > \varepsilon],$$
  
$$A = A_{\varepsilon}^* \otimes [A_{\varepsilon}^* > \varepsilon].$$

В [Gillis, Glineur, 2012] показано, что для A и X условия стационарности (4) исходной задачи (2) выполняются с точностью до  $\mathcal{O}\left(\varepsilon\right):~\forall~i,k,j$ 

$$\left[ \begin{array}{l} a_{ik} = 0, \qquad [\nabla_A D_F]_{ik} \ge -\mathcal{O}\left(\varepsilon\right), \\ a_{ik} > 0, \qquad \left| [\nabla_A D_F]_{ik} \right| \le \mathcal{O}\left(\varepsilon\right), \\ \left[ \begin{array}{l} x_{kj} = 0, \qquad [\nabla_X D_F]_{kj} \ge -\mathcal{O}\left(\varepsilon\right), \\ x_{kj} > 0, \qquad \left| [\nabla_X D_F]_{kj} \right| \le \mathcal{O}\left(\varepsilon\right), \end{array} \right] \right]$$

Таким образом,  $\varepsilon$ -модификация мультипликативного алгоритма для нормы Фробениуса в сочетании с  $\varepsilon$ -прореживанием позволяют гарантированно получить решение, достаточно близкое к стационарной точке.

ω

## Сходимость для АБ-дивергенции

Оптимизационная задача для АБ-дивергенции:

$$(A^*, X^*) = \underset{A \geqslant 0, X \geqslant 0}{\operatorname{argmin}} D_{AB}^{(\alpha, \beta)}(P, AX).$$
(7)

Мультипликативный алгоритм для АБ-дивергенции [Cichocki et al., 2011]:

$$\begin{aligned} X \leftarrow X \otimes \left( \left( A^T \left( P^{[\alpha]} \otimes Q^{[\beta-1]} \right) \right) \oslash \left( A^T Q^{[\alpha+\beta-1]} \right) \right)^{[\omega(\alpha,\beta)]}, \\ A \leftarrow A \otimes \left( \left( \left( P^{[\alpha]} \otimes Q^{[\beta-1]} \right) X^T \right) \oslash \left( Q^{[\alpha+\beta-1]} X^T \right) \right)^{[\omega(\alpha,\beta)]}, \\ (\alpha,\beta) = \begin{cases} \frac{1}{1-\beta}, & \frac{\beta}{\alpha} < \frac{1}{\alpha} - 1, \\ \frac{1}{\alpha}, & \frac{\beta}{\alpha} \in \left[ \frac{1}{\alpha} - 1, \frac{1}{\alpha} \right], \\ \frac{1}{\alpha+\beta-1}, & \frac{\beta}{\alpha} > \frac{1}{\alpha}. \end{cases} \end{aligned}$$

 $Z^{[z]}$  — поэлементное возведение матрицы Z в степень z. При  $\alpha=\beta=1$  совпадает с мультипликативным алгоритмом для нормы Фробениуса.

В [Cichocki et al., 2011] показано, что в ходе обновлений функция потерь монотонно невозрастает. Однако, как и в предыдущем случае, обновления могут останавливаться в нестационарных точках вблизи нулей.

## ε-модификация мультипликативного алгоритма для АБ-дивергенции

Отделим A и X от нуля небольшой положительной константой  $\varepsilon$ :

$$X \leftarrow \max\left(\varepsilon, X \otimes \left(\left(A^{T}\left(P^{[\alpha]} \otimes Q^{[\beta-1]}\right)\right) \oslash \left(A^{T}Q^{[\alpha+\beta-1]}\right)\right)^{[\omega(\alpha,\beta)]}\right), \\ A \leftarrow \max\left(\varepsilon, A \otimes \left(\left(\left(P^{[\alpha]} \otimes Q^{[\beta-1]}\right)X^{T}\right) \oslash \left(Q^{[\alpha+\beta-1]}X^{T}\right)\right)^{[\omega(\alpha,\beta)]}\right).$$
(8)

#### Теорема

При любом  $\varepsilon > 0$  функция  $D_{AB}^{(\alpha,\beta)}(P,AX)$  монотонно невозрастает при обновлениях (8) для любого начального приближения  $A^0 \ge \varepsilon$ ,  $X^0 \ge \varepsilon$ .

#### Теорема

Алгоритм с обновлениями (8) для любого начального приближения  $A^0 \geqslant \varepsilon$ ,  $X^0 \geqslant \varepsilon$  сходится к стационарной точке отделённой от нуля задачи

$$(A_{\varepsilon}^{*}, X_{\varepsilon}^{*}) = \underset{A \geqslant \varepsilon, X \geqslant \varepsilon}{\operatorname{argmin}} D_{AB}^{(\alpha, \beta)}(P, AX).$$
(9)

## ∈-прореживание для АБ-дивергенции

Проредим решение задачи (9):

$$X = X_{\varepsilon}^* \otimes [X_{\varepsilon}^* > \varepsilon],$$
$$A = A_{\varepsilon}^* \otimes [A_{\varepsilon}^* > \varepsilon].$$

#### Теорема

Для матриц (A,X), полученных из  $(A^*_\varepsilon,X^*_\varepsilon)$   $\varepsilon$ -прореживанием, верно следующее:  $\forall\ i,k,j$ 

$$\begin{cases} \begin{bmatrix} a_{ik} = 0, & [\nabla_A D_{AB}]_{ik} \ge -\mathcal{O}(\varepsilon), \\ a_{ik} > 0, & \left| [\nabla_A D_{AB}]_{ik} \right| \le \mathcal{O}(\varepsilon), \\ \begin{bmatrix} x_{kj} = 0, & [\nabla_X D_{AB}]_{kj} \ge -\mathcal{O}(\varepsilon), \\ x_{kj} > 0, & \left| [\nabla_X D_{AB}]_{kj} \right| \le \mathcal{O}(\varepsilon), \end{cases} \end{cases}$$

то есть, в точке (A, X) условия стационарности исходной задачи (7) выполняются с точностью до  $\mathcal{O}(\varepsilon)$ .

### Результаты

- Для задачи неотрицательного матричного разложения предложен способ выбора оптимальной функции потерь в семействе АБ-дивергенций, основанный на методе согласования вклада.
- Предложен є-модифицированный мультипликативный алгоритм неотрицательного матричного разложения с АБ-дивергенцией. Показано, что:
  - в ходе его применения функция потерь монотонно невозрастает;
  - алгоритм глобально сходится к стационарной точке оптимизационной задачи, отделённой от нуля;
  - модификация решения, полученная  $\varepsilon$ -прореживанием, даёт точку, условия стационарности исходной задачи в которой выполняются с точностью до  $\mathcal{O}(\varepsilon)$ .

Анализ данных ДНК-микрочипов •••••••

## ДНК-микрочип

**ДНК-микрочип** — устройство, позволяющее оценивать экспрессию десятков тысяч генов одновременно.



Неотрицательное матричное разложение

Анализ данных ДНК-микрочипов

Список литературы

# Гибридизация

#### Помеченные фрагменты одноцепочечной ДНК наносятся на чип



Неотрицательное матричное разложение

Анализ данных ДНК-микрочипов

Список литературы

## Сканирование



### Получение оценок экспрессии



- Изображение со сканера оцифровывается, получается вектор значений интенсивности флуоресценции проб.
- Проводится предобработка интенсивностей:
  - фоновая поправка;
  - нормализация.
- Значения предобработанных интенсивностей всех проб каждого гена усредняются, давая оценку экспрессии.

### Распределения интенсивностей проб

Различия в физических свойствах проб вызывают систематические различия между интенсивностями флуоресценции:



## Шум

**Технические репликаты** — микрочипы, на которые был нанесён один и тот же образец:



Распределение шума имеет тяжёлые хвосты и не может быть оценено непосредственно — не существует экспериментов с известным сигналом.

### Модель, учитывающая степени сродства проб с геном

### Известные данные:

 $I_{pk}$  — интенсивность флуоресценции пробы p на микрочипе k; g(p) — номер гена, для которого проба p специфична (определён конструкцией микрочипа).

### Неизвестные параметры:

 $c_{gk}$  — концентрация РНК гена g на микрочипе k;  $a_p$  — коэффициент **сродства** (affinity) пробы p гену g(p).

$$I_{pk} \approx \hat{I}_{pk} = a_p c_{g(p)k}$$

Задача распадается на G независимых подзадач неотрицательного матричного разложения ранга 1.

В стандартных методах анализа микрочипов [Affymetrix, 2005, Irizarry et al., 2003, Li, Wong, 2001, Wu et al., 2004] используется именно такая модель, но коэффициенты сродства в ней не фиксированы, а определяются каждый раз по анализируемой выборке.

База данных GEO [Edgar et al., 2002] содержит информацию о нескольких тысячах ДНК-микрочипов Affymetrix Human Gene 1.0 ST. Идея: использовать эту информацию для настройки моделей.

## Результаты оценки качества модели как функции от $\alpha$ и $\beta$



Функционал метода согласования вклада

Функционал достигает минимума при  $\alpha = -0.5$ ,  $\beta = 0.75$ , что достаточно близко, но всё же отличается от случая  $\alpha = \beta = 0$ , соответствующего традиционной логнормальной модели шума.

# Результаты оценки качества модели как функции от $\alpha$ и $\beta$

Воспроизводимость коэффициентов сродства по двум подмножествам чипов:

$$rep_{a} = \frac{1}{G} \sum_{g=1}^{G} \frac{1}{P(g)} \sum_{p \in P(g)} \frac{\left|a_{pg}^{1} - a_{pg}^{2}\right|}{a_{pg}^{1} + a_{pg}^{2}}$$

Воспроизводимость оценок экспрессии:

$$rep_{c} = \frac{1}{G} \sum_{g=1}^{G} \frac{1}{K} \sum_{k=1}^{K} \frac{\left| c_{gk}^{1} - c_{gk}^{2} \right|}{c_{gk}^{1} + c_{gk}^{2}}.$$



Неотрицательное матричное разложение

Анализ данных ДНК-микрочипов

Список литературы

# Альтернативный сплайсинг

Альтернативный сплайсинг — экспрессия **части** гена. Пробы к отсутствующим частям не оценивают экспрессию:



Номер микрочипа

## Эффект альтернативного сплайсинга в модели

На остатках настроенной модели виден эффект альтернативного сплайсинга:



## Модель, учитывающая эффект альтернативного сплайсинга

**Идея**: после настройки модели рассчитаем относительную ошибку, пропорциональную концентрациям и обратно пропорциональную интенсивностям:

$$e_{pk} = \frac{\hat{I}_{pk} - I_{pk}}{I_{pk}} \cdot c_{g(p)k}.$$

Пусть  $e_{0.95} - 95\%$  выборочный квантиль  $e_{pk}$ ; создадим матрицу бинарных весов  $W \in \{0,1\}^{P \times K}$  с элементами  $w_{pk} = [e_{pk} < e_{0.95}].$ 

Веса легко встраиваются в обновления мультипликативного алгоритма:

$$X \leftarrow \max\left(\varepsilon, X \otimes \left(\left(A^T \left(P^{[\alpha]} \otimes Q^{[\beta-1]} \otimes W\right)\right) \otimes \left(A^T \left(Q^{[\alpha+\beta-1]} \otimes W\right)\right)\right)^{[\omega(\alpha,\beta)]}\right)$$

Будем повторять настройку модели и обновление весов несколько раз.

## <u>Результаты оц</u>енки качества модели как функции от lpha и eta



Функционал метода согла<br/>сования вклада достигает минимума при  $\alpha=-0.75, \ \ \beta=0.75.$ 

# Эффект кросс-гибридизации

Свечение пробы может быть вызвано генами, для которых она не специфична.

Проба 432:309	С	Т	G	С	С	А	С	А	Т	Т	G	С	Т	G	А	G	G	С	Т	С	А	G	А	G	С	
Ген GRIA1	 G	А	С	G	G	Т	G	Т	А	А	С	G	А	С	Т	С	С	G	А	G	Т	С	Т	С	G	
Ген GRIA3	 G	А	С	G	G	Т	G	Т	А	А	С	G	А	G	Т	С	С	G	А	G	Т	С	Т	С	G	
Ген SNRPN	 G	А	С	G	G	Т	G	Т	G	А	С	G	А	С	Т	С	С	Т	А	G	Т	С	С	А	С	
Ген DNAJC22	 G	А	С	G	G	Т	G	Т	А	Т	С	G	А	С	Т	С	С	А	С	С	С	А	G	А	Т	

Распределение среднего числа комплементарных генов:



# Модель, учитывающая эффект кросс-гибридизации

Рассмотрим факторизованную модель ранга G:

$$I_{pk} \approx \hat{I}_{pk} = \sum_{g=1}^{G} a_{pg} c_{gk}.$$

Используем информацию о сходстве последовательностей проб и генов: положим  $a_{pg} = 0$ , если  $n_{pg}$  — число совпадающих нуклеотидов в пробе p и гене g — меньше 20.

Сформируем матрицу бинарных весов  $W^A \in \{0,1\}^{P \times G}$  с элементами  $w_{pg}^A = [n_{pg} \geqslant 20].$ 

Веса встраиваются в обновления матрицы А:

$$A \leftarrow W^A \otimes \max\left(\varepsilon, A \otimes \left(\left(\left(P^{[\alpha]} \otimes Q^{[\beta-1]}\right) X^T\right) \oslash \left(Q^{[\alpha+\beta-1]} X^T\right)\right)^{[\omega(\alpha,\beta)]}\right).$$

### Неоднозначность разложения

NMF некорректно поставлена:

$$(A,X) \Leftrightarrow \left(AS, S^{-1}X\right),$$

где S — произвольная невырожденная матрица, сохраняющая неотрицательность компонент разложения.

В частности, неотрицательность сохраняется, если  $S \geqslant 0$  и  $S^{-1} \geqslant 0$ , т.е., S — обобщённая матрица перестановок  $\Longrightarrow$ 

Решение NMF находится с точностью до нормировки и перестановки

столбцов A и строк X.

Достаточное условия единственности разложения с точностью до нормировки и перестановок: одна из двух матриц A и X содержит диагональную подматрицу размера r [Donoho, Stodden, 2004, Laurberg et al., 2008].

В рассматриваемой модели выполняется.

Анализ данных ДНК-микрочипов

Список литературы

# Результаты оценки качества модели как функции от $\alpha$ и $\beta$



Функционал метода согла<br/>сования вклада достигает минимума при  $\alpha = -0.5, ~~\beta = 0.75.$ 

## Дополнительные критерии качества

Используем данные эксперимента [Affymetrix, 2007], в котором смеси двух образцов в известных пропорциях наносились на несколько чипов каждая:

№ смеси $j$	1	2	3	4	5	6	7	8	9
Число чипов $n_j$	3	3	3	3	9	3	3	3	3
Доля РНК мозга $p_j$	0	0.05	0.1	0.25	0.5	0.75	0.9	0.95	1
Доля РНК сердца $1-p_j$	1	0.95	0.9	0.75	0.5	0.25	0.1	0.05	0

Вариабельность оценок экспрессии между повторами экспериментов (средний квадрат чистых ошибок):

$$var_{mix} = \frac{1}{27G} \sum_{g=1}^{G} \sum_{j=1}^{9} \sum_{u=1}^{n_j} \left( c_{gu}^j - \bar{c}_g^j \right)^2.$$

Степень нелинейности оценок экспрессии (средний квадрат ошибок, обусловленных неадекватностью модели):

$$lin_{mix} = \frac{1}{9G} \sum_{g=1}^{G} \sum_{j=1}^{9} n_j \left( \hat{c}_g^j - \bar{c}_g^j \right)^2.$$

### Значения дополнительных критериев качества на полученных моделях

Модель	$var_{mix}$	$lin_{mix}$
RMA	386.6	189.4
Модель, учитывающая	160.4	114.1
коэффициенты сродства		
Модель, учитывающая	154.4	119.4
альтернативный сплай-		
синг		
Модель, учитывающая	168.0	117.4
кросс-гибридизацию		

RMА — наиболее популярный метод оценки экспрессии.

### Результаты

- Предложенный метод выбора оптимальной функции потерь в множестве АБ-дивергенций применён в задаче анализа экспрессии с помощью ДНК-микрочипов; получены оценки неизвестного распределения шума.
- Предложены следующие модели и методы их настройки:
  - модель, учитывающая постоянство коэффициентов сродства;
  - модель, учитывающая эффект альтернативного сплайсинга;
  - модель, учитывающая эффект кросс-гибридизации.

Каждая из настроенных моделей позволяет уменьшить вариабельность оценок экспрессии между повторами экспериментов на 56-60% и степень нелинейности оценок экспрессии — на 37-40%.

### Публикации

- Рябенко, Е. А. (2014). Мультипликативный метод неотрицательного матричного разложения с АБ-дивергенцией и его сходимость. Машинное обучение и анализ данных, 1(7), 800–816.
- Крайнова, Н. А., Хаустова, Н. А., Макеева, Д. С., Федотов, Н. Н., Гудим, Е. А., Рябенко, Е. А., Шкурников, М. Ю., Галатенко, В. В., Сахаров, Д. А., Мальцева, Д. В. (2013). Оценка потенциальных референсных генов для нормализации данных ПЦР-РВ в экспериментах с клетками линии HeLa. Биотехнология, 1, 42–50.
- Рябенко, Е. А. (2012). Настройка нелинейной модели данных экспериментов с экспрессионными ДНК-микрочипами. Математическая биология и биоинформатика, 7(2), 554–566.
- Sakharov, D. A., Maltseva, D. V, Riabenko, E. A., Shkurnikov, M. U., Northoff, H., Tonevitsky, A. G., Grigoriev, A. I. (2012). Passing the anaerobic threshold is associated with substantial changes in the gene expression profile in white blood cells. European journal of applied physiology, 112(3), 963–972.
- Riabenko, E., Kogadeeva, M., Gavrilyuk, K., Sokolov, E., Shanin, I., Tonevitsky, A. G. (2012). Comparing Affymetrix Human Gene 1.0 ST preprocessing methods on tissue mixture data. 6th International Conference on Bioinformatics and Biomedical Engineering (iCBBE) (pp. 631–634). Shanghai, China.
- Мальцева, Д. В., Рябенко, Е. А., Сизова, С. В., Яшин, Д. В., Хаустова, С. А., Шкурников, М. Ю. (2012). Влияние физической нагрузки на экспрессиют сенов HSPBP1, PGLYRP1 и HSPA1A в лейкоцитах человека. Бюллетень экспериментальной биологии и медицины, 153(6), 846-850.
- Riabenko, E. A., Tonevitsky, E. A., Tonevitsky, A. G., Grigoriev, A. I. (2011). Structural Peculiarities of Human Genes Which Expression Increases in Response to Stress. American Journal of Biomedical Sciences, 3(2), 90–94.
- Рябенко, Е. А., Когадеева, М. С. (2011). Нижняя граница числа комплементарных нуклеотидов при моделировании кросс-гибридизации. ММРО-15, г. Петрозаводск. (с. 540–542). МАКС Пресс.
- Когадеева, М. С., Рябенко, Е. А. (2011). Математическая модель данных микрочипов ДНК, учитывающая эффекты кросс-гибридизации и насыщения. ММРО-15, г. Петрозаводск. (с. 536–539). МАКС Пресс.

## Библиография I

- Affymetrix. (2005). Guide to Probe Logarithmic Intensity Error (PLIER) Estimation. Technical note. URL: http://media.affymetrix.com/support/technical/technotes/plier\_technote.pdf
- Affymetrix. (2007). Sample Data, Gene 1.0 ST Data Set. URL: http://www.affymetrix.com/support/technical/sample\_data/gene\_1\_0\_array\_data.affx (доступен после регистрации).
- Amari, S. (1985). Differential-Geometrical Methods in Statistics. Springer Verlag.
- Basu, A., Harris, I.R., Hjort, N., Jones, M. (1998). Robust and efficient estimation by minimising a density power divergence. Biometrika, 85, 549–559.
- Cichocki, A., Cruces, S., Amari, S. (2011). Generalized Alpha-Beta Divergences and Their Application to Robust Nonnegative Matrix Factorization. Entropy, 13(1), 134–170.
- Donoho, D., Stodden, V. (2004). When does non-negative matrix factorization give a correct decomposition into parts? In S. Thrun, L. K. Saul, B. Schölkopf (Eds.), Advances in Neural Information Processing Systems (pp. 1141–1148).
- Edgar, R., Domrachev, M., Lash, A. E. (2002). Gene Expression Omnibus: NCBI gene expression and hybridization array data repository. Nucleic Acids Research, 30(1), 207–210.
- Gillis, N., Glineur, F. (2012). Accelerated multiplicative updates and hierarchical ALS algorithms for nonnegative matrix factorization. Neural Computation, 24(4), 1085–105.
- Hibi, R., Takahashi, N. (2011). A modified multiplicative update algorithm for euclidean distance-based nonnegative matrix factorization and its global convergence. Neural Information Processing, 7063, 655-662.
- Hyvärinen, A. (2006). Estimation of non-normalized statistical models by score matching. Journal of Machine Learning Research, 6, 695–708.
- Hyvärinen, A. (2007). Some extensions of score matching. Computational Statistics & Data Analysis, 51(5), 2499–2512.
- Hyvärinen, A. (2008). Estimation theory and information geometry based on denoising. Proc. Workshop on Information Theory in Science and Engineering. Tampere, Finland.

### Библиография II

- Irizarry, R. A., Hobbs, B., Collin, F., Beazer-Barclay, Y. D., Antonellis, K. J., Scherf, U., Speed, T. P. (2003). Exploration, normalization, and summaries of high density oligonucleotide array probe level data. Biostatistics, 4(2), 249.
- Jones, M., Hjort, N., Harris, I.R., Basu, A. (1998). A comparison of related density-based minimum divergence estimators. Biometrika, 85, 865–873.
- Minami, M., Eguchi, S. (2002). Robust blind source separation by beta divergence. Neural Computation, 14(8), 1859–86.
- Laurberg, H., Christensen, M. G., Plumbley, M. D., Hansen, L. K., Jensen, S. H. (2008). Theorems on positive data: on the uniqueness of NMF. Computational Intelligence and Neuroscience, (2), 764206.
- Lee, D. D., Seung, S. H. (1999). Learning the parts of objects by non-negative matrix factorization. Nature, 401(6755), 788–791.
- Lee, D. D., Seung, S. H. (2001). Algorithms for non-negative matrix factorization. In Advances in Neural Information Processing Systems (pp. 556–562).
- Li, C., Wong, W. H. (2001). Model-based analysis of oligonucleotide arrays: expression index computation and outlier detection. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 98(1), 31-36.
- Minka, T. (2005). Divergence measures and message passing. Microsoft Research Cambridge, UK. http://research.microsoft.com/en-us/um/people/minka/papers/message-passing/minka-divergence.pdf
- Wu, Z., Irizarry, R. A., Gentleman, R., Martinez-Murillo, F., Spencer, F. (2004). A model-based background adjustment for oligonucleotide expression arrays. Journal of the American Statistical Association, 99(468), 909–917.