

PCR, PLS, LBD e Gradiente Coniugato

Barbarino Giovanni

Università di Pisa

8 aprile 2014

Problema ai Minimi Quadrati

- Least-Squares Problem:

$$\min_{x \in \mathbb{R}^n} \|Ax - y\|$$

- Proiezione su un sottospazio:

$$\min_{x \in \mathbb{R}^k} \|AVx - y\|$$

- Algoritmi Proposti:

- PCR (Principal Component Regression)
- PLS (Partial Least-Squares)
- LBD (Lanczon Bidiagonalization)
- CG (Conjugated Gradient)

Problema ai Minimi Quadrati

- Least-Squares Problem:

$$\min_{x \in \mathbb{R}^n} \|Ax - y\|$$

- Proiezione su un sottospazio:

$$\min_{x \in \mathbb{R}^k} \|AVx - y\|$$

- Algoritmi Proposti:
 - PCR (Principal Component Regression)
 - PLS (Partial Least-Squares)
 - LBD (Lanczon Bidiagonalization)
 - CG (Conjugated Gradient)

Problema ai Minimi Quadrati

- Least-Squares Problem:

$$\min_{x \in \mathbb{R}^n} \|Ax - y\|$$

- Proiezione su un sottospazio:

$$\min_{x \in \mathbb{R}^k} \|AVx - y\|$$

- Algoritmi Proposti:
 - PCR (Principal Component Regression)
 - PLS (Partial Least-Squares)
 - LBD (Lanczon Bidiagonalization)
 - CG (Conjugated Gradient)

PCR (TSVD)

Scomposizione SVD della matrice:

$$A = S \begin{pmatrix} \Sigma_r & 0 \\ 0 & 0 \end{pmatrix} Q^t, \quad \Sigma_r = \text{diag}(\sigma_1, \dots, \sigma_r), \quad \sigma_1 \geq \dots \geq \sigma_r > 0$$

PCR Solution and Residual

$$x_{pcr}^{(k)} = \sum_{i=1}^k \frac{s_i^t y}{\sigma_i} q_i,$$

$$R_k^2 = \left\| Ax_{pcr}^{(k)} - y \right\|^2 = \sum_{i=k+1}^m (s_i^t y)^2$$

La scomposizione SVD *non dipende da y*

PCR (TSVD)

Scomposizione SVD della matrice:

$$A = S \begin{pmatrix} \Sigma_r & 0 \\ 0 & 0 \end{pmatrix} Q^t, \quad \Sigma_r = \text{diag}(\sigma_1, \dots, \sigma_r), \quad \sigma_1 \geq \dots \geq \sigma_r > 0$$

PCR Solution and Residual

$$x_{pcr}^{(k)} = \sum_{i=1}^k \frac{s_i^t y}{\sigma_i} q_i,$$

$$R_k^2 = \left\| Ax_{pcr}^{(k)} - y \right\|^2 = \sum_{i=k+1}^m (s_i^t y)^2$$

La scomposizione SVD *non dipende da y*

PCR (TSVD)

Scomposizione SVD della matrice:

$$A = S \begin{pmatrix} \Sigma_r & 0 \\ 0 & 0 \end{pmatrix} Q^t, \quad \Sigma_r = \text{diag}(\sigma_1, \dots, \sigma_r), \quad \sigma_1 \geq \dots \geq \sigma_r > 0$$

PCR Solution and Residual

$$x_{pcr}^{(k)} = \sum_{i=1}^k \frac{s_i^t y}{\sigma_i} q_i,$$

$$R_k^2 = \left\| Ax_{pcr}^{(k)} - y \right\|^2 = \sum_{i=k+1}^m (s_i^t y)^2$$

La scomposizione SVD *non dipende da y*

PLS

Algoritmo PLS NIPALS

$$A_0 = A$$

for $i = 1, 2, \dots, k$ **do**

$$w_i = A_{i-1}^t y \quad w_i = w_i / \|w_i\|$$

$$t_i = A_{i-1} w_i \quad t_i = t_i / \|t_i\|$$

$$p_i = A_{i-1}^t t_i$$

$$A_i = A_{i-1} - t_i p_i^t$$

end for

Soluzione del PLS

$$x_{pls}^{(k)} = W_k (P_k^t W_k)^{-1} T_k^t y$$

La soluzione è ristretta al Sottospazio di Krylov $K_k(A^t A, A^t y)$

PLS

Algoritmo PLS NIPALS

$$A_0 = A$$

for $i = 1, 2, \dots, k$ **do**

$$w_i = A_{i-1}^t y \quad w_i = w_i / \|w_i\|$$

$$t_i = A_{i-1} w_i \quad t_i = t_i / \|t_i\|$$

$$p_i = A_{i-1}^t t_i$$

$$A_i = A_{i-1} - t_i p_i^t$$

end for

Soluzione del PLS

$$x_{pls}^{(k)} = W_k (P_k^t W_k)^{-1} T_k^t y$$

La soluzione è ristretta al Sottospazio di Krylov $K_k(A^t A, A^t y)$

LBD

Algoritmo LBD

$$v_1 = A^t y \quad v_1 = 1/\|v_1\|$$

$$u_1 = Av_1 \quad \alpha_1 = 1/\|u_1\| \quad u_1 = \alpha_1 u_1$$

for $i = 2, 3, \dots, k$ **do**

$$v_i = A^t u_{i-1} - \alpha_{i-1} v_{i-1} \quad \gamma_{i-1} = 1/\|v_i\| \quad v_i = \gamma_{i-1} v_i$$

$$u_i = Av_i - \gamma_{i-1} u_{i-1} \quad \alpha_i = 1/\|u_i\| \quad u_i = \alpha_i u_i$$

end for

Soluzione dell'LBD

$$x_{lbd}^{(k)} = V_k B_k^{-1} U_k^t y$$

La soluzione è ristretta al Sottospazio di Krylov $K_k(A^t A, A^t y)$

Nel passo iterativo, si perde la relazione con y

LBD

Algoritmo LBD

$$v_1 = A^t y \quad v_1 = 1/\|v_1\|$$

$$u_1 = Av_1 \quad \alpha_1 = 1/\|u_1\| \quad u_1 = \alpha_1 u_1$$

for $i = 2, 3, \dots, k$ **do**

$$v_i = A^t u_{i-1} - \alpha_{i-1} v_{i-1} \quad \gamma_{i-1} = 1/\|v_i\| \quad v_i = \gamma_{i-1} v_i$$

$$u_i = Av_i - \gamma_{i-1} u_{i-1} \quad \alpha_i = 1/\|u_i\| \quad u_i = \alpha_i u_i$$

end for

Soluzione dell'LBD

$$x_{lbd}^{(k)} = V_k B_k^{-1} U_k^t y$$

La soluzione è ristretta al Sottospazio di Krylov $K_k(A^t A, A^t y)$

Nel passo iterativo, si perde la relazione con y

LBD

Algoritmo LBD

$$v_1 = A^t y \quad v_1 = 1/\|v_1\|$$

$$u_1 = Av_1 \quad \alpha_1 = 1/\|u_1\| \quad u_1 = \alpha_1 u_1$$

for $i = 2, 3, \dots, k$ **do**

$$v_i = A^t u_{i-1} - \alpha_{i-1} v_{i-1} \quad \gamma_{i-1} = 1/\|v_i\| \quad v_i = \gamma_{i-1} v_i$$

$$u_i = Av_i - \gamma_{i-1} u_{i-1} \quad \alpha_i = 1/\|u_i\| \quad u_i = \alpha_i u_i$$

end for

Soluzione dell'LBD

$$x_{lbd}^{(k)} = V_k B_k^{-1} U_k^t y$$

La soluzione è ristretta al Sottospazio di Krylov $K_k(A^t A, A^t y)$

Nel passo iterativo, si perde la relazione con y

Gradiente Coniugato (CG)

Algoritmo del CG

$$x = 0 \quad r = v = y - Ax$$

while $\|r\| < \epsilon$ **do**

$$t = Av \quad \alpha = v^t r / v^t t \quad x = x + \alpha v$$

$$r = y - Ax \quad \beta = r^t t / v^t t \quad v = r - \beta v$$

end while

Soluzione del CG

Se applicato all'equazione normale $A^t Ax = A^t y$, dopo k passi ritorna la soluzione del problema ai minimi quadrati ristretto al Sottospazio di Krylov $K_k(A^t A, A^t y)$

Gli ultimi tre algoritmi coincidono algebricamente, quindi dobbiamo solo confrontarli numericamente

Gradiente Coniugato (CG)

Algoritmo del CG

$$x = 0 \quad r = v = y - Ax$$

while $\|r\| < \epsilon$ **do**

$$t = Av \quad \alpha = v^t r / v^t t \quad x = x + \alpha v$$

$$r = y - Ax \quad \beta = r^t t / v^t t \quad v = r - \beta v$$

end while

Soluzione del CG

Se applicato all'equazione normale $A^t Ax = A^t y$, dopo k passi ritorna la soluzione del problema ai minimi quadrati ristretto al Sottospazio di Krylov $K_k(A^t A, A^t y)$

Gli ultimi tre algoritmi coincidono algebricamente, quindi dobbiamo solo confrontarli numericamente

Gradiente Coniugato (CG)

Algoritmo del CG

$$x = 0 \quad r = v = y - Ax$$

while $\|r\| < \epsilon$ **do**

$$t = Av \quad \alpha = v^t r / v^t t \quad x = x + \alpha v$$

$$r = y - Ax \quad \beta = r^t t / v^t t \quad v = r - \beta v$$

end while

Soluzione del CG

Se applicato all'equazione normale $A^t Ax = A^t y$, dopo k passi ritorna la soluzione del problema ai minimi quadrati ristretto al Sottospazio di Krylov $K_k(A^t A, A^t y)$

Gli ultimi tre algoritmi coincidono algebricamente, quindi dobbiamo solo confrontarli numericamente

Esperimento di Stabilità

Testiamo la perdita di ortogonalità delle basi di PLS, LBD e
Gradiente Coniugato

Esperimento

Prese 50 matrici casuali 100 per 100 e 50 vettori noti casuali, generiamo con i tre metodi le basi ortogonali. Preso il primo vettore di base, riportiamo il suo prodotto con i primi 50 vettori di base generati.

Esperimento di Stabilità

Testiamo la perdita di ortogonalità delle basi di PLS, LBD e Gradiente Coniugato

Esperimento

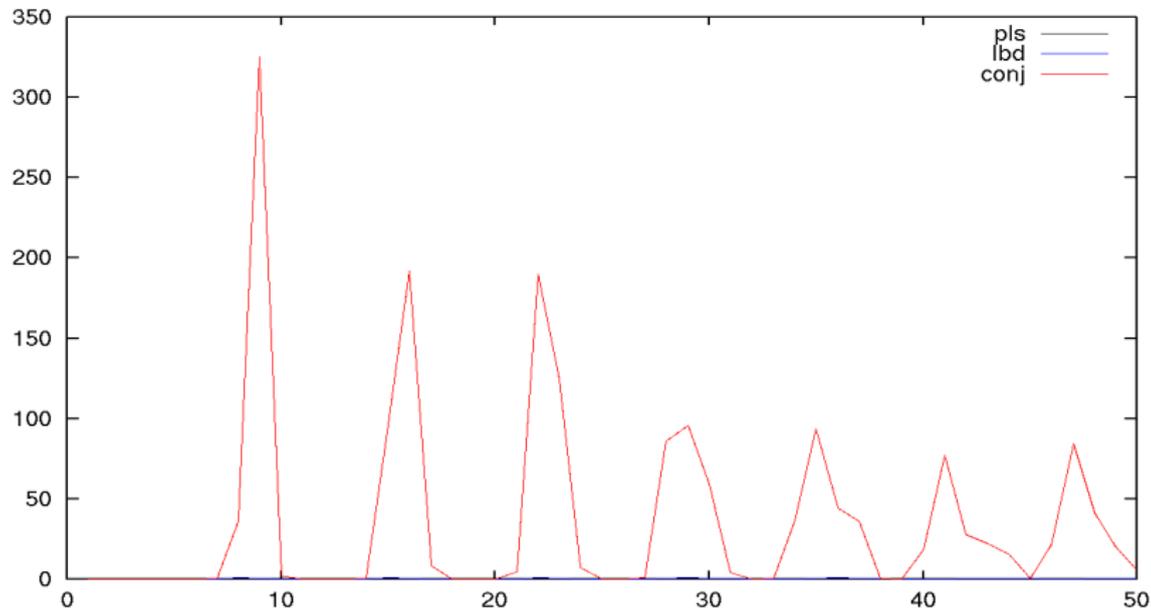
Prese 50 matrici casuali 100 per 100 e 50 vettori noti casuali, generiamo con i tre metodi le basi ortogonali. Preso il primo vettore di base, riportiamo il suo prodotto con i primi 50 vettori di base generati.

PLS: una scelta di stabilità

- I tre algoritmi assieme

PLS: una scelta di stabilità

- I tre algoritmi assieme

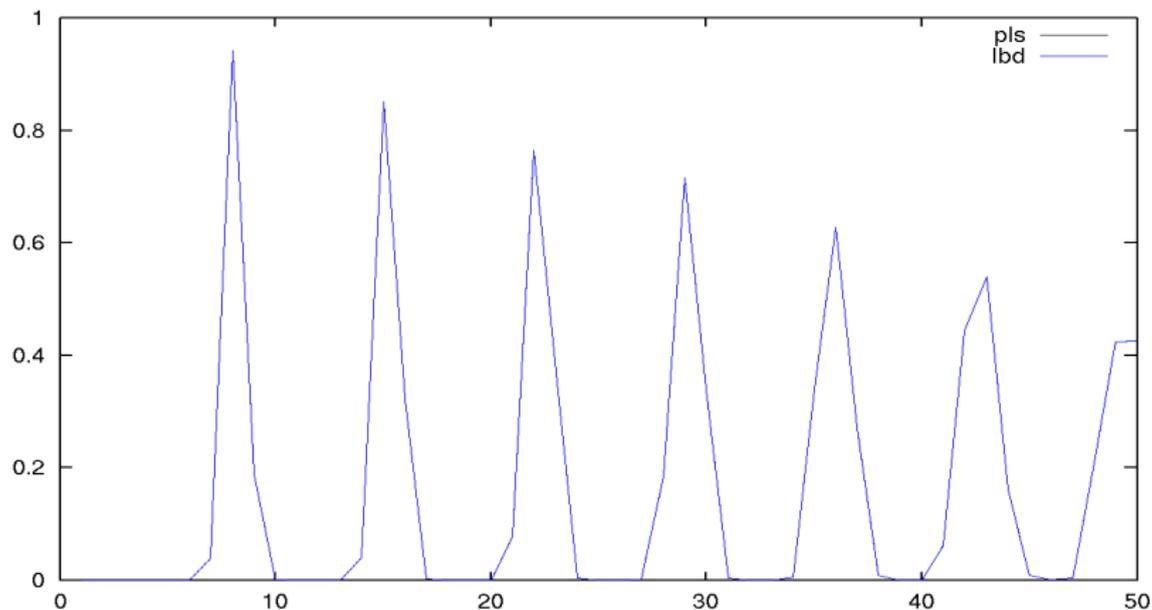


PLS: una scelta di stabilità

- PLS e LBD
- I tre algoritmi assieme

PLS: una scelta di stabilità

● PLS e LBD

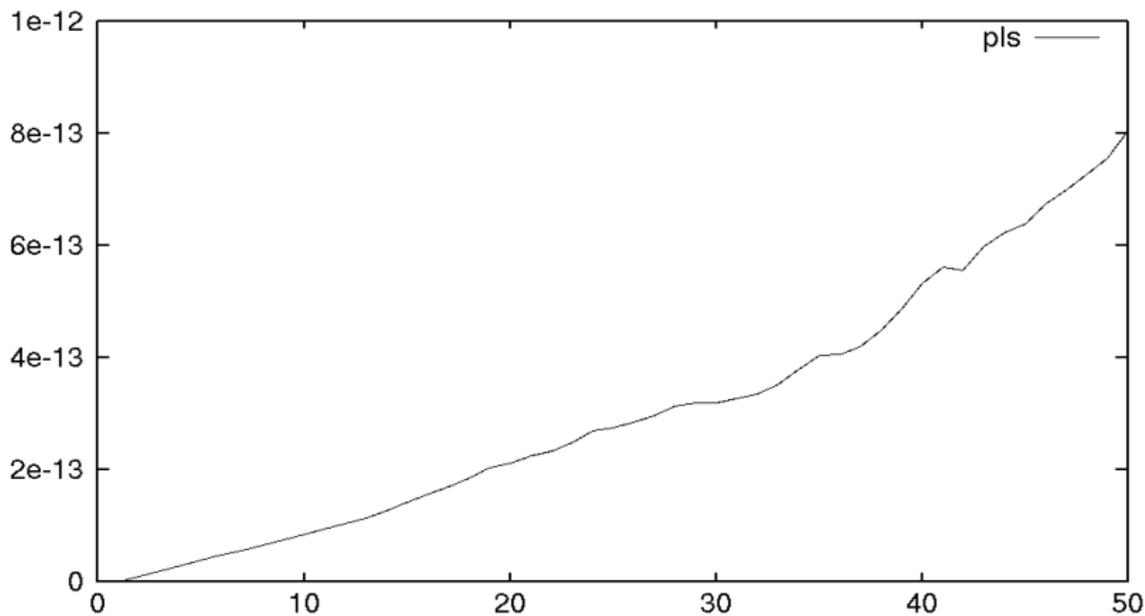


PLS: una scelta di stabilità

- PLS
- PLS e LBD
- I tre algoritmi assieme

PLS: una scelta di stabilità

● PLS

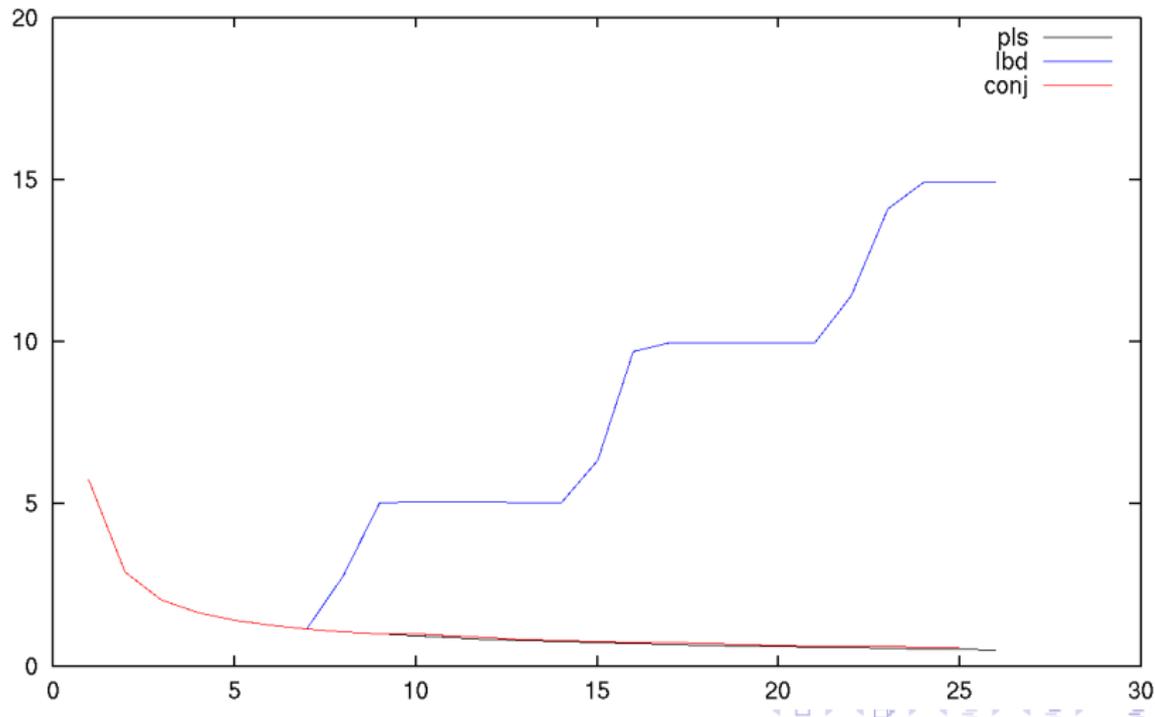


Il break nell'LBD

Questo influenza il residuo?

Il break nell'LBD

Questo influenza il residuo?



Riassunto delle proprietà

- il **PLS** è stabile, ma costoso poichè non mantiene la struttura
⇒ vantaggioso in casi di taglia moderata
- L'**LBD** mantiene la struttura, offre una scomposizione, ma soffre pesantemente il breakdown
⇒ vantaggioso in casi di matrice strutturata, e analisi dei primi valori
- Il **CG** mantiene la struttura, ma è mal condizionato
⇒ vantaggioso in casi di matrice strutturata di taglia grande

Riassunto delle proprietà

- il **PLS** è stabile, ma costoso poichè non mantiene la struttura
⇒ vantaggioso in casi di taglia moderata
- L'**LBD** mantiene la struttura, offre una scomposizione, ma soffre pesantemente il breakdown
⇒ vantaggioso in casi di matrice strutturata, e analisi dei primi valori
- Il **CG** mantiene la struttura, ma è mal condizionato
⇒ vantaggioso in casi di matrice strutturata di taglia grande

Riassunto delle proprietà

- il **PLS** è stabile, ma costoso poichè non mantiene la struttura
⇒ vantaggioso in casi di taglia moderata
- L'**LBD** mantiene la struttura, offre una scomposizione, ma soffre pesantemente il breakdown
⇒ vantaggioso in casi di matrice strutturata, e analisi dei primi valori
- Il **CG** mantiene la struttura, ma è mal condizionato
⇒ vantaggioso in casi di matrice strutturata di taglia grande

Riassunto delle proprietà

- il **PLS** è stabile, ma costoso poichè non mantiene la struttura
⇒ vantaggioso in casi di taglia moderata
- L'**LBD** mantiene la struttura, offre una scomposizione, ma soffre pesantemente il breakdown
⇒ vantaggioso in casi di matrice strutturata, e analisi dei primi valori
- Il **CG** mantiene la struttura, ma è mal condizionato
⇒ vantaggioso in casi di matrice strutturata di taglia grande

Per i confronti con il PCR, useremo il PLS

Utilità degli algoritmi

Problema

Se la matrice è quasi singolare, la soluzione ai minimi quadrati può avere norma elevata

Soluzione

Risolvere il problema ristretto a sottospazi di dimensione bassa

- un sottospazio di Krylov
- un sottospazio dato dall'SVD

Parametri Considerati

Consideriamo gli algoritmi PCR e PLS, confrontandone:

- Norma del Residuo
- Norma della Soluzione Approssimata

Utilità degli algoritmi

Problema

Se la matrice è quasi singolare, la soluzione ai minimi quadrati può avere norma elevata

Soluzione

Risolvere il problema ristretto a sottospazi di dimensione bassa

- un sottospazio di Krylov
- un sottospazio dato dall'SVD

Parametri Considerati

Consideriamo gli algoritmi PCR e PLS, confrontandone:

- Norma del Residuo
- Norma della Soluzione Approssimata

Utilità degli algoritmi

Problema

Se la matrice è quasi singolare, la soluzione ai minimi quadrati può avere norma elevata

Soluzione

Risolvere il problema ristretto a sottospazi di dimensione bassa

- un sottospazio di Krylov
- un sottospazio dato dall'SVD

Parametri Considerati

Consideriamo gli algoritmi PCR e PLS, confrontandone:

- Norma del Residuo
- Norma della Soluzione Approssimata

PCR Modificato (MPCR)

Residuo del PCR

$$R_k^2 = \sum_{i=k+1}^m (s_i^t y)^2$$

Questo risultato ci induce a formulare una modifica al PCR, per migliorare la riduzione del residuo:

PCR Modificato

Data τ una permutazione degli indici, in modo che $s_{\tau(1)}^t y \geq s_{\tau(2)}^t y \geq \dots s_{\tau(r)}^t y$, allora la soluzione diventa

$$x_{pcrm}^{(k)} = \sum_{i=1}^k \frac{s_{\tau(i)}^t y}{\sigma_{\tau(i)}} q_{\tau(i)}$$

Confrontiamo quindi PLS, PCR, MPCR

PCR Modificato (MPCR)

Residuo del PCR

$$R_k^2 = \sum_{i=k+1}^m (s_i^t y)^2$$

Questo risultato ci induce a formulare una modifica al PCR, per migliorare la riduzione del residuo:

PCR Modificato

Data τ una permutazione degli indici, in modo che $s_{\tau(1)}^t y \geq s_{\tau(2)}^t y \geq \dots s_{\tau(r)}^t y$, allora la soluzione diventa

$$x_{pcrm}^{(k)} = \sum_{i=1}^k \frac{s_{\tau(i)}^t y}{\sigma_{\tau(i)}} q_{\tau(i)}$$

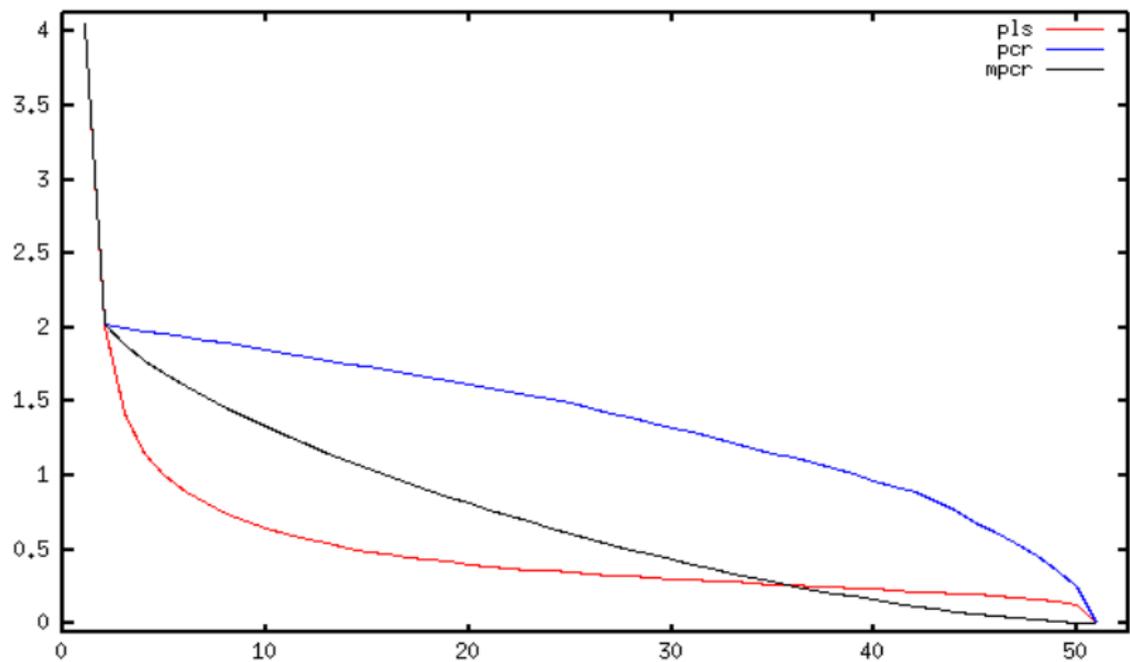
Confrontiamo quindi PLS, PCR, MPCR

Residuo al Caso Medio

- Con lo stesso esperimento di prima, calcoliamo il residuo..

Residuo al Caso Medio

- Con lo stesso esperimento di prima, calcoliamo il residuo..

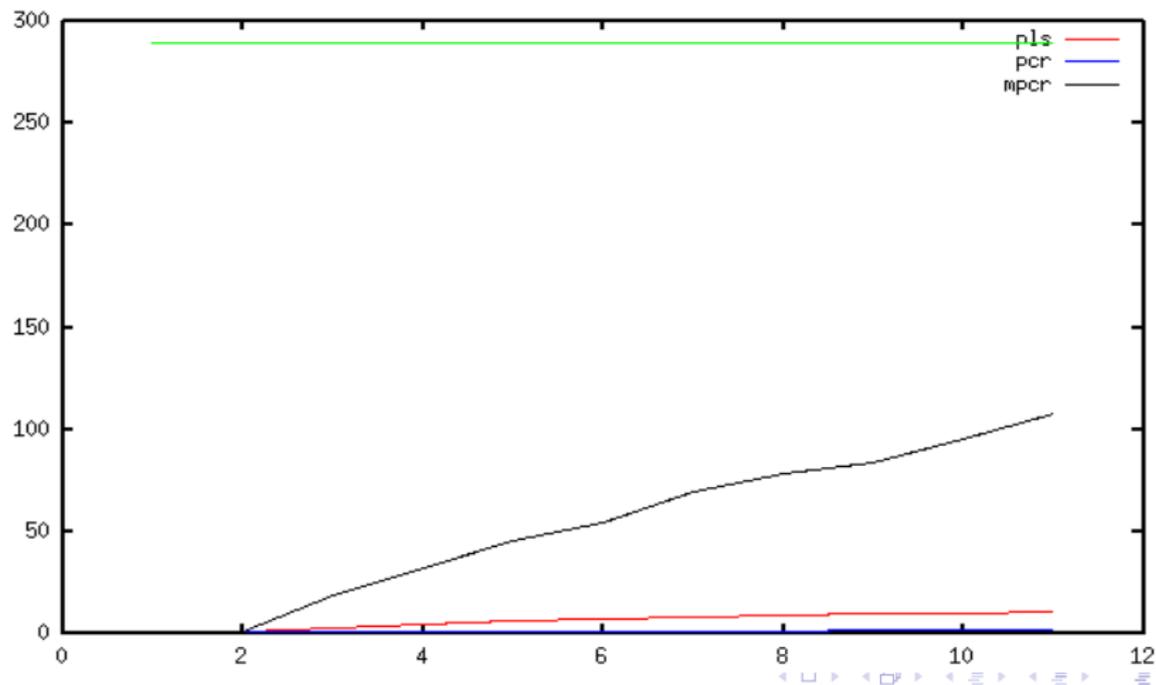


Residuo al Caso Medio

- .. e la norma della soluzione

Residuo al Caso Medio

- .. e la norma della soluzione



Esperimenti Effettuati

In media, il PLS riduce il residuo più velocemente dell'MPCR, e mantiene la norma della soluzione bassa

Questo non succede sempre, quindi proviamo a verificare alcuni casi

Esperimenti

Concentrandoci sui primi pochi passi, analizziamo:

- y uniforme
- y e A sbilanciati nello stesso modo
- y e A sbilanciati in maniera opposta
- y concentrato su poche componenti

Esperimenti Effettuati

In media, il PLS riduce il residuo più velocemente dell'MPCR, e mantiene la norma della soluzione bassa

Questo non succede sempre, quindi proviamo a verificare alcuni casi

Esperimenti

Concentrandoci sui primi pochi passi, analizziamo:

- y uniforme
- y e A sbilanciati nello stesso modo
- y e A sbilanciati in maniera opposta
- y concentrato su poche componenti

Esperimenti Effettuati

In media, il PLS riduce il residuo più velocemente dell'MPCR, e mantiene la norma della soluzione bassa

Questo non succede sempre, quindi proviamo a verificare alcuni casi

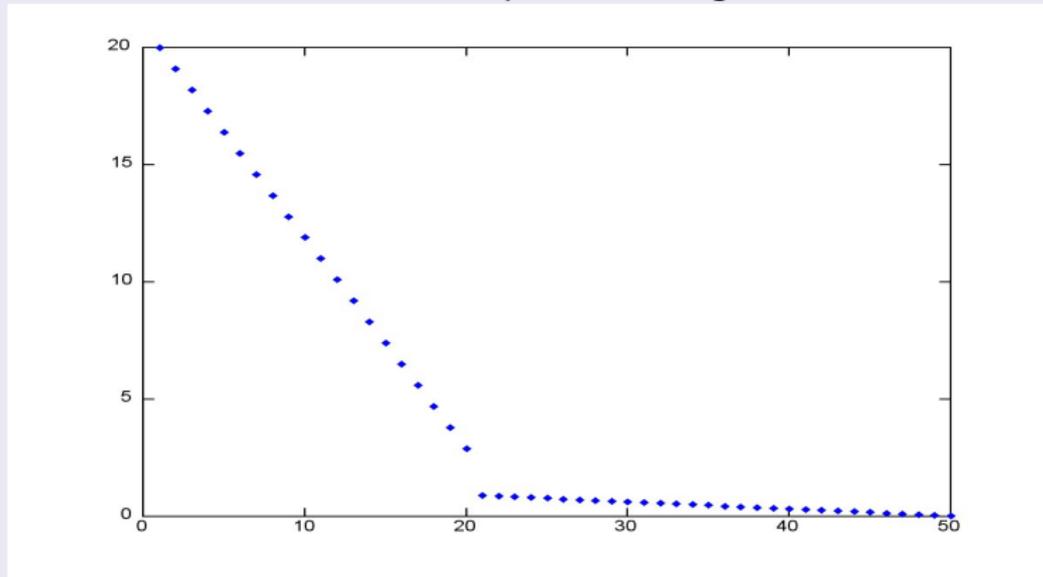
Esperimenti

Concentrandoci sui primi pochi passi, analizziamo:

- y uniforme
- y e A sbilanciati nello stesso modo
- y e A sbilanciati in maniera opposta
- y concentrato su poche componenti

y Uniforme

Scegliamo y con componenti uniformi, e prendiamo A diagonale, con elementi riportati di seguito:

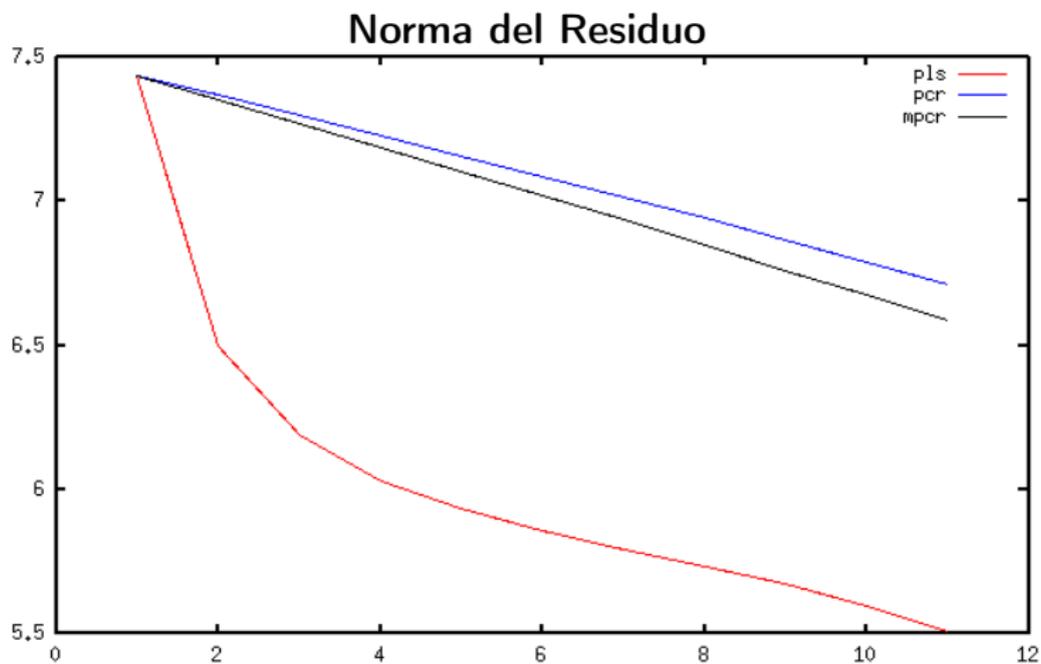


y Uniforme

- y uniforme a circa 1

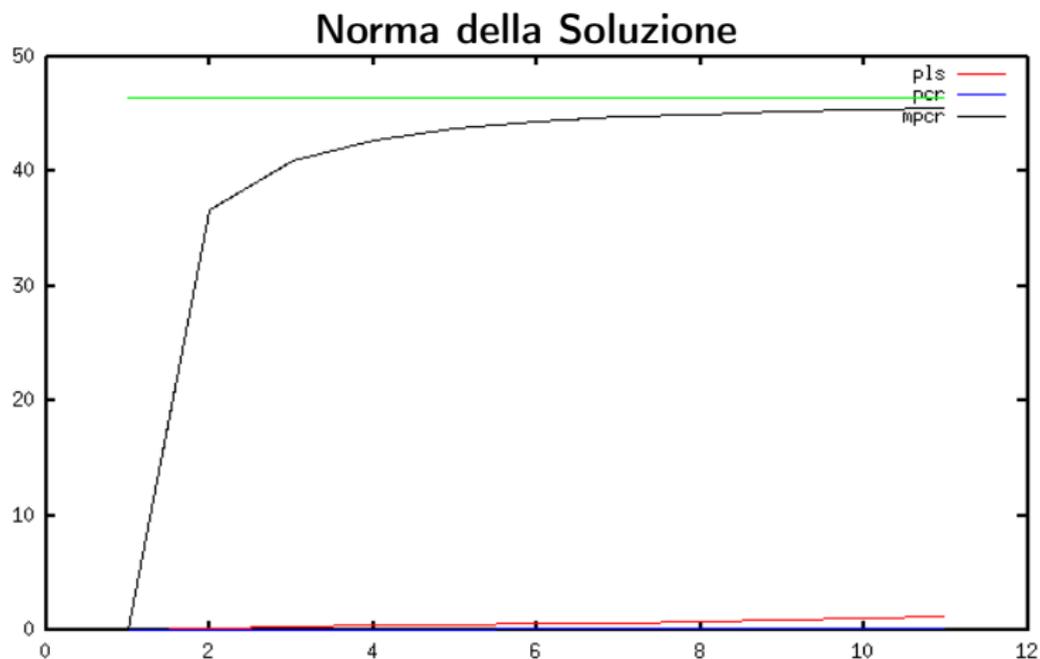
y Uniforme

- y uniforme a circa 1



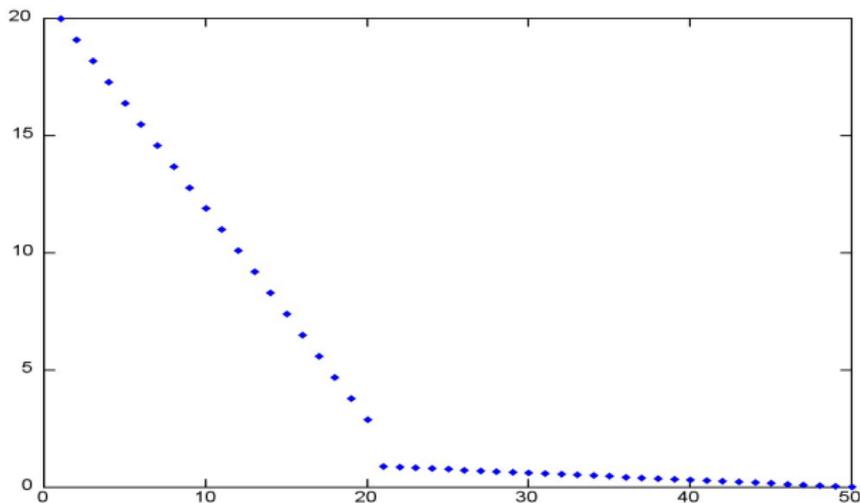
y Uniforme

- y uniforme a circa 1



y Concentrata

Preso A dell'esempio precedente, scegliamo y concentrata su poche componenti, corrispondenti a valori singolari alti, medi e bassi di A .

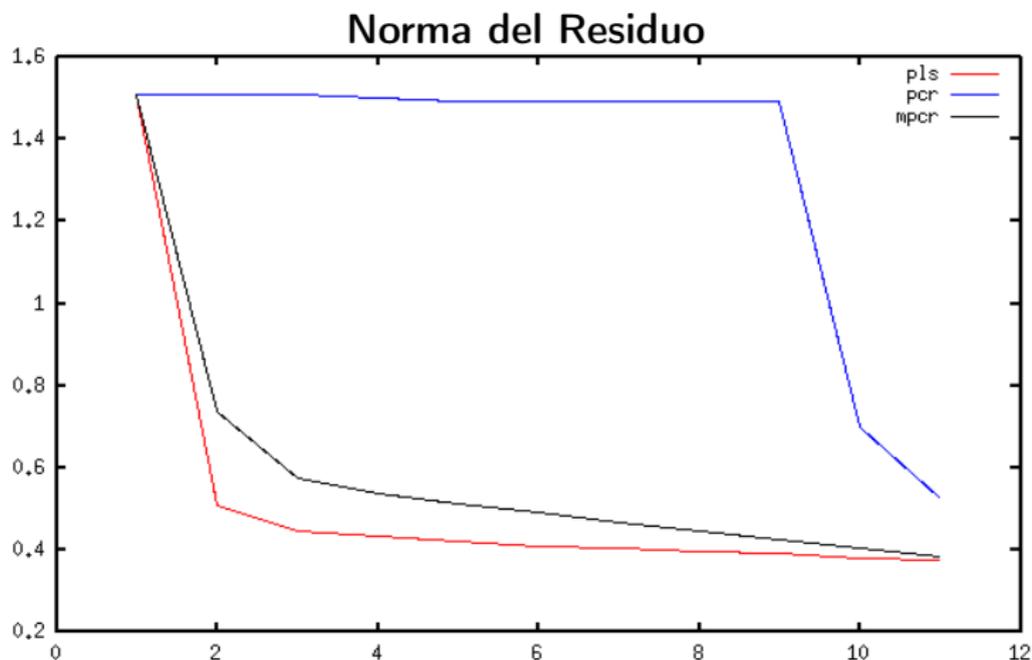


y Concentrata

- y concentrata sul terzo valore singolare

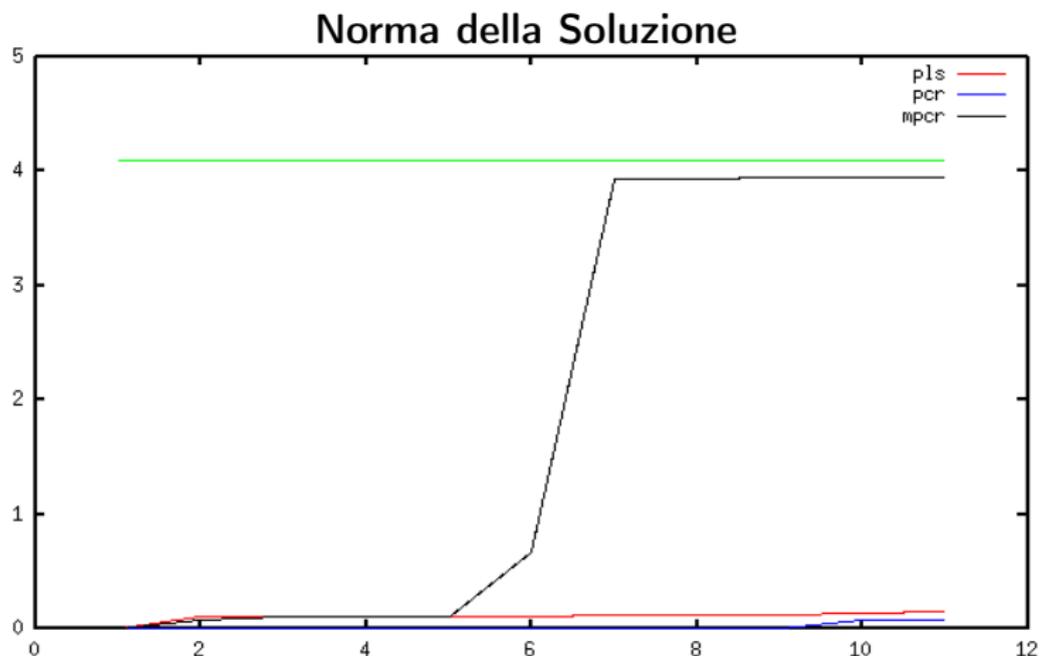
y Concentrata

- y concentrata sul terzo valore singolare



y Concentrata

- y concentrata sul terzo valore singolare

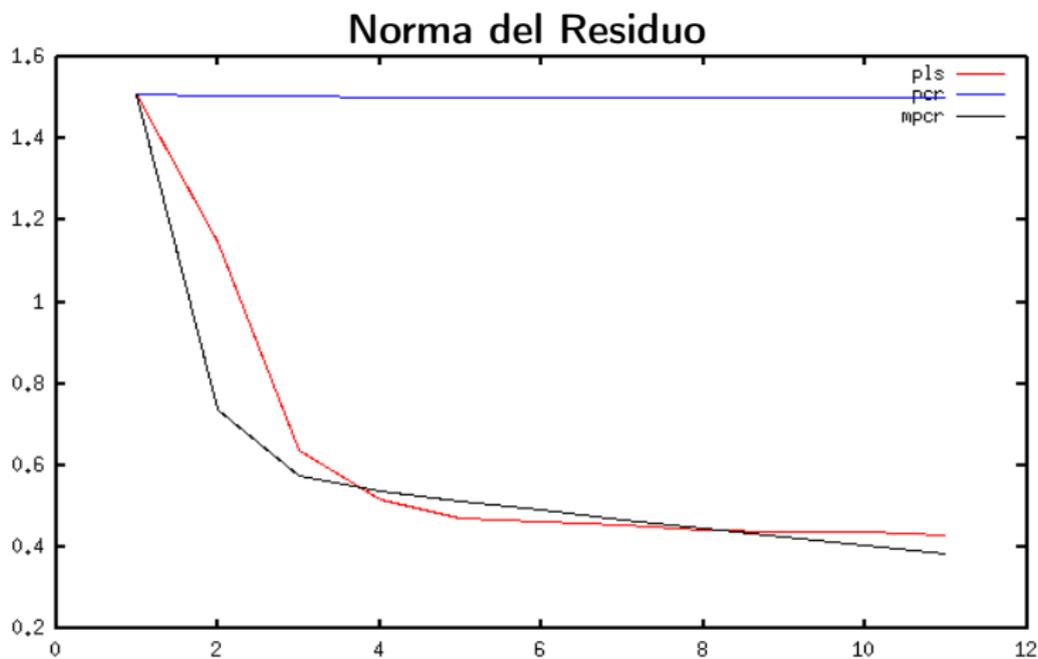


y Concentrata

- y concentrata sull'ottavo valore singolare

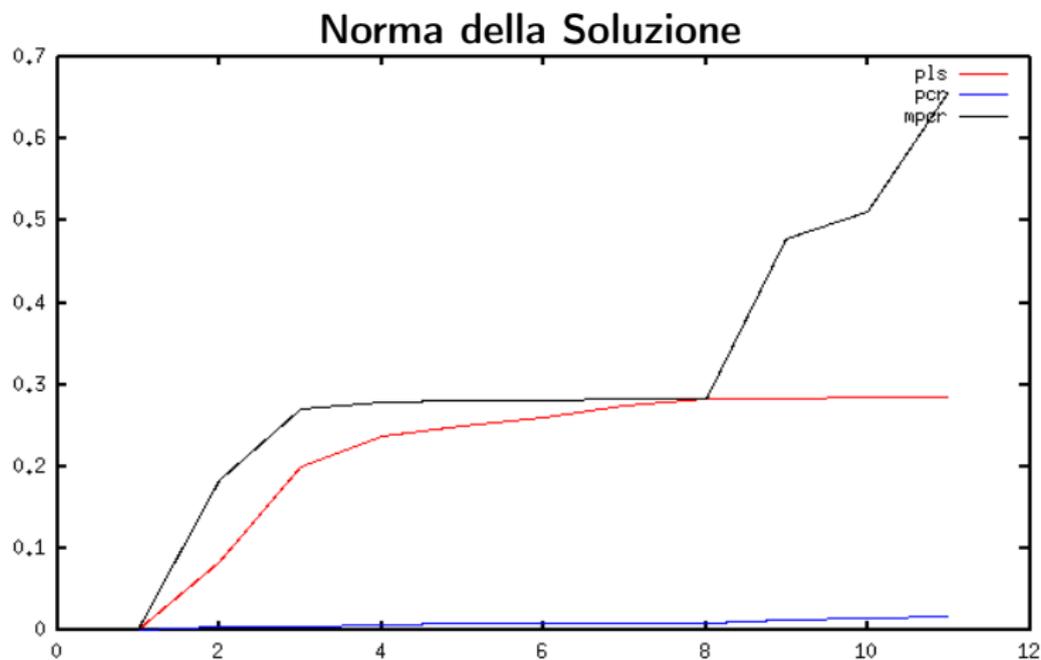
y Concentrata

- y concentrata sull'ottavo valore singolare



y Concentrata

- y concentrata sull'ottavo valore singolare

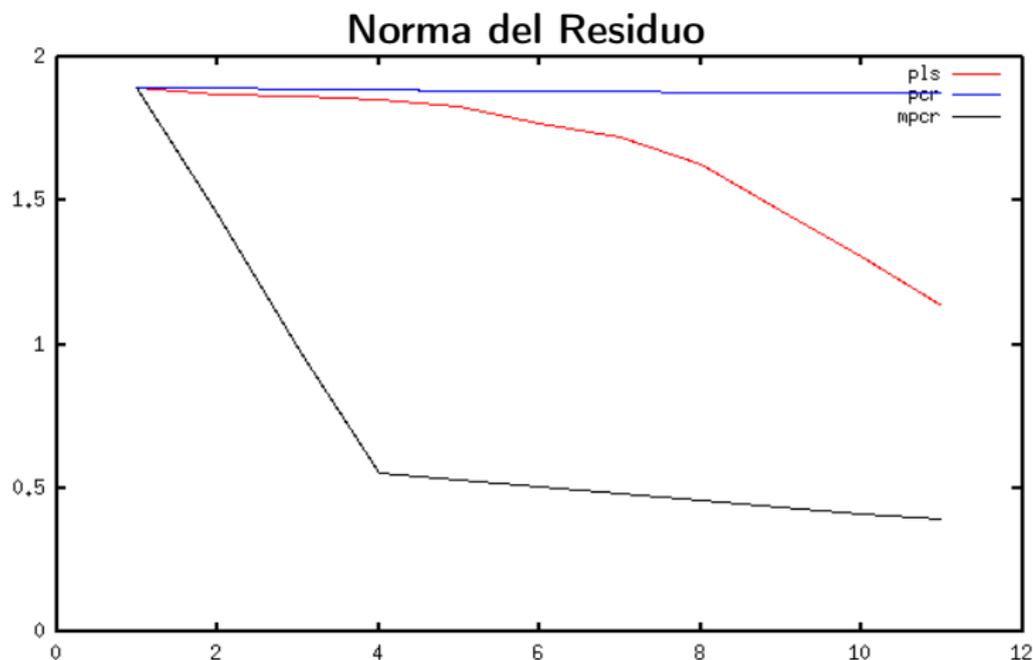


y Concentrata

- y concentrata sul ventottesimo valore singolare

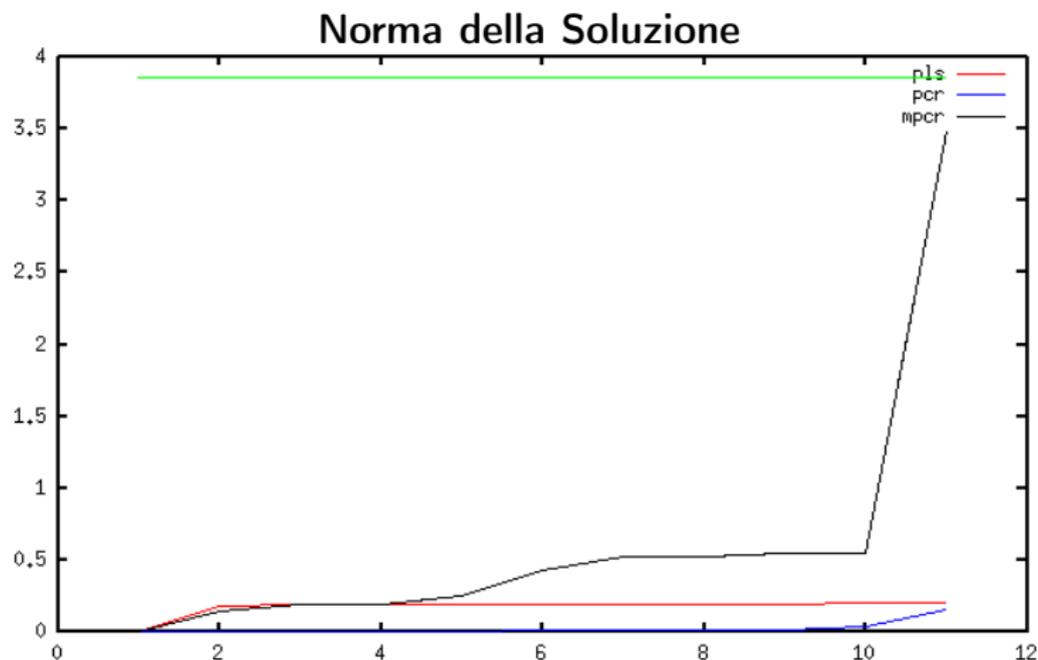
y Concentrata

- y concentrata sul ventottesimo valore singolare



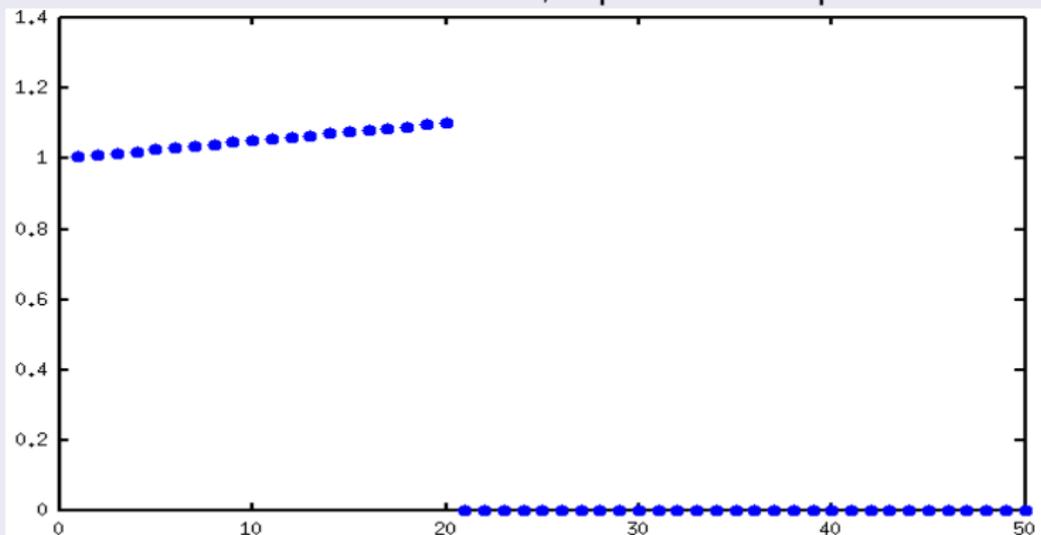
y Concentrata

- y concentrata sul ventottesimo valore singolare



A e y sbilanciate

A uniforme su 20 componenti, e le altre a 10^{-3} come mostrato sotto. y con elementi uguali a quelli di A, e poi al contrario: uniforme sulle ultime 30, e piccolo sulle prime.

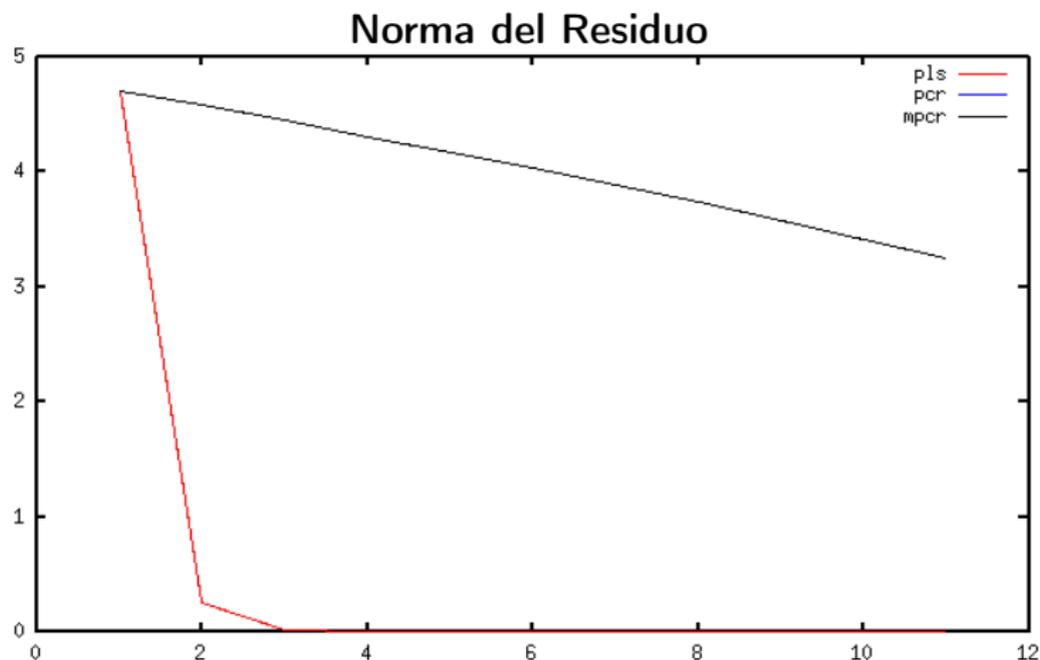


A e y sbilanciate

- y e A sbilanciate uguali

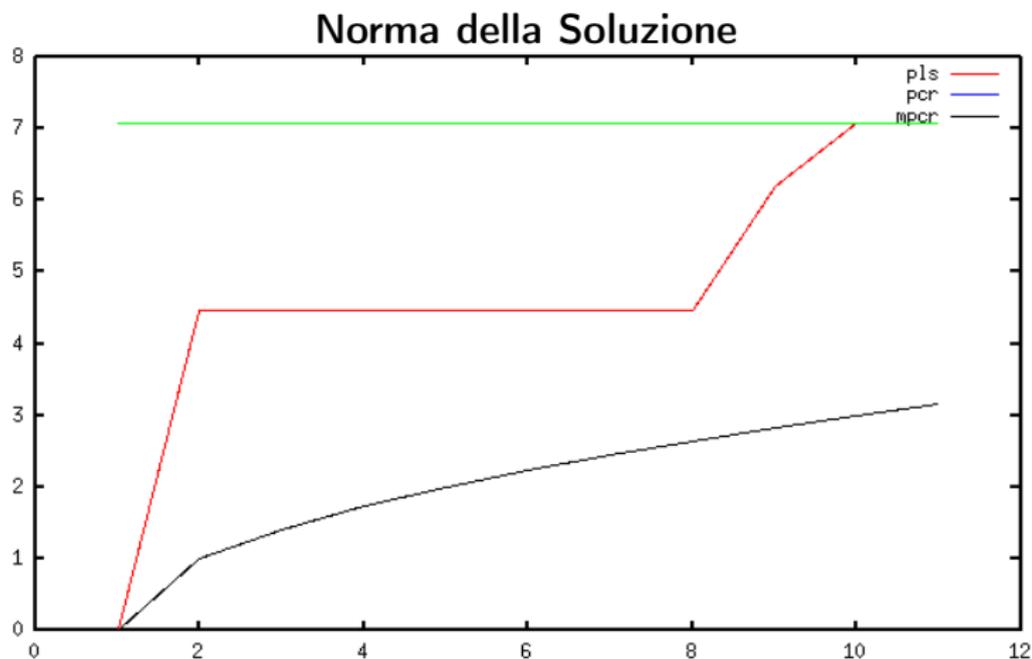
A e y sbilanciate

- y e A sbilanciate uguali



A e y sbilanciate

- y e A sbilanciate uguali

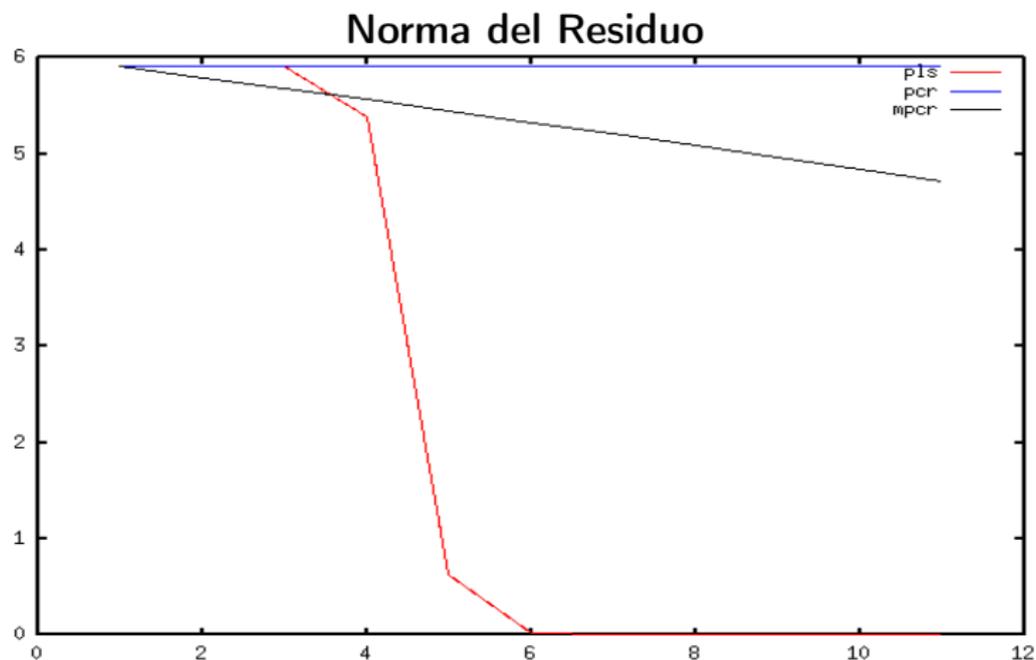


A e y sbilanciate

- y e A sbilanciate in maniera opposta

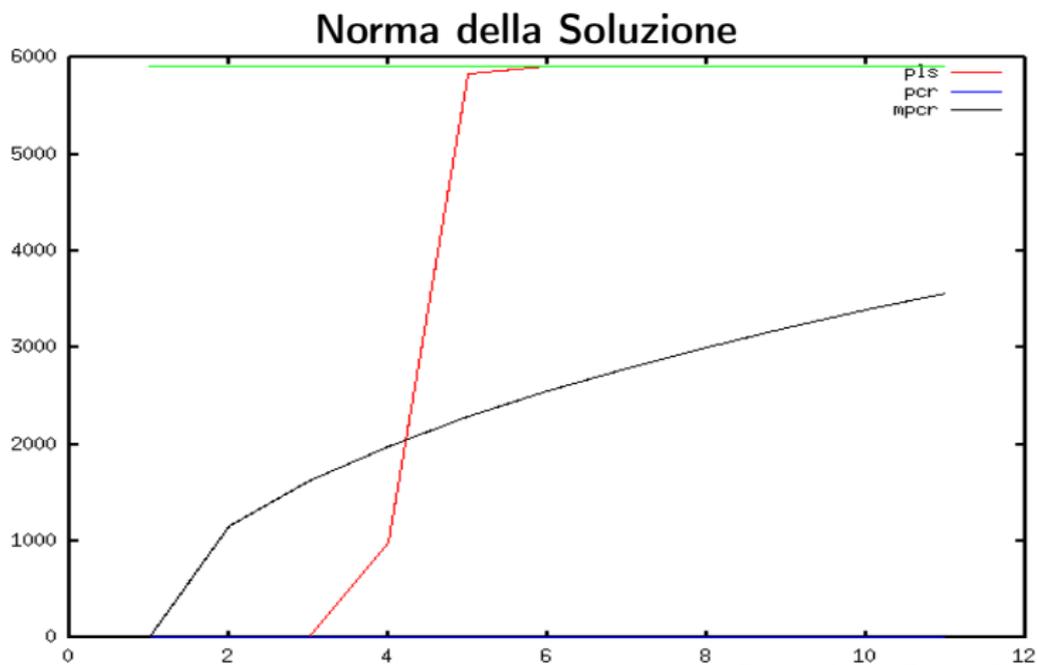
A e y sbilanciate

- y e A sbilanciate in maniera opposta



A e y sbilanciate

- y e A sbilanciate in maniera opposta



Conclusioni

- Il PLS è un algoritmo molto stabile, ma con un costo computazionale di $O(n^2)$ per passo, e il cui comportamento non è semplice da analizzare
- Il PLS batte il PCR al caso medio, sia in relazione al residuo che alla norma della soluzione generata
- Dato che un SVD costa $O(n^3)$ (Golub & Van Loab), il PLS batte il PCR anche in tempo
- Bisogna comunque usare il PLS con cura, poiché su particolari matrici non siamo in grado di predirne l'andamento

Conclusioni

- Il PLS è un algoritmo molto stabile, ma con un costo computazionale di $O(n^2)$ per passo, e il cui comportamento non è semplice da analizzare
- Il PLS batte il PCR al caso medio, sia in relazione al residuo che alla norma della soluzione generata
- Dato che un SVD costa $O(n^3)$ (Golub & Van Loab), il PLS batte il PCR anche in tempo
- Bisogna comunque usare il PLS con cura, poiché su particolari matrici non siamo in grado di predirne l'andamento

Conclusioni

- Il PLS è un algoritmo molto stabile, ma con un costo computazionale di $O(n^2)$ per passo, e il cui comportamento non è semplice da analizzare
- Il PLS batte il PCR al caso medio, sia in relazione al residuo che alla norma della soluzione generata
- Dato che un SVD costa $O(n^3)$ (Golub & Van Loab), il PLS batte il PCR anche in tempo
- Bisogna comunque usare il PLS con cura, poiché su particolari matrici non siamo in grado di predirne l'andamento

Conclusioni

- Il PLS è un algoritmo molto stabile, ma con un costo computazionale di $O(n^2)$ per passo, e il cui comportamento non è semplice da analizzare
- Il PLS batte il PCR al caso medio, sia in relazione al residuo che alla norma della soluzione generata
- Dato che un SVD costa $O(n^3)$ (Golub & Van Loab), il PLS batte il PCR anche in tempo
- Bisogna comunque usare il PLS con cura, poiché su particolari matrici non siamo in grado di predirne l'andamento

Conclusioni

- Il PLS è un algoritmo molto stabile, ma con un costo computazionale di $O(n^2)$ per passo, e il cui comportamento non è semplice da analizzare
- Il PLS batte il PCR al caso medio, sia in relazione al residuo che alla norma della soluzione generata
- Dato che un SVD costa $O(n^3)$ (Golub & Van Loab), il PLS batte il PCR anche in tempo
- Bisogna comunque usare il PLS con cura, poiché su particolari matrici non siamo in grado di predirne l'andamento

- Problema ai Minimi Quadrati - 2
- Algoritmi
 - Principal Component Regression - 3
 - Partial Least-Square - 4
 - Lanczos Bidiagonalization - 5
 - Conjugated Gradient - 6
 - Modified Principal Component Regression - 14
- Comparazione tra PLS, LBD e CG - 12
- Esperimenti con PLS e PCR - 16
 - Caso medio - 15
 - y uniforme - 17
 - y concentrato - 18
 - A e y sbilanciate - 19
- Conclusioni - 20