

Least Absolute Shrinkage And Selection Operator (LASSO)

Peter von Rohr

19 März 2018

Lineare Modell und Least Squares

- ▶ Als Ausgangspunkt haben wir das Lineare Modell und Least Squares

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\beta + \epsilon \quad (1)$$

$$\hat{\beta} = \operatorname{argmin}_{\beta} \|\mathbf{y} - \mathbf{X}\beta\|^2 \quad (2)$$

$$\hat{\beta} = (\mathbf{X}^T \mathbf{X})^{-1} \mathbf{X}^T \mathbf{y} \quad (3)$$

- ▶ Bedingung, dass $\hat{\beta}$ in Gleichung (3) berechenbar: \mathbf{X} muss vollen Spaltenrang haben, d.h. $p < n$ (mehr Beobachtungen als Parameter)

Genomische Selektion

- ▶ Paper: Meuwissen, Hayes und Goddard (2001) Prediction of Total Genetic Value Using Genome-Wide Dense Marker Maps. Genetics 157: 1819–1829 (April 2001). (abgekürzt als MHG2001)
- ▶ Simulationsstudie: effektive Populationsgrösse: $N_e = 100$, Genom: 10 Chromosomen, pro Chromosom: 100 QTL und 101 SNP $\rightarrow n = 100$, $p = 1010$ und somit $n \ll p$
- ▶ Aktuelle Populationen: Anzahl typisierte Tiere: $\approx 10^4$, Genom: 50k oder 150k
- ▶ **Achtung**: kein Overfitting! Auch wenn Anzahl typisierter Tiere $>$ Anzahl SNP, soll Least Squares nicht verwendet werden. Beispiel: Pläne von SEMEX 800000 Kühe zu typisieren. (Siehe auch: <https://de.wikipedia.org/wiki/Überanpassung>)

Lösungsansätze in MHG2001 (I): Stepwise

- ▶ Idee: Schrittweises Hinzufügen von SNP-Effekten als fixe erklärende Variablen zu einem Regressionsmodell.
- ▶ Im Paper wird das als **stepwise-approach** bezeichnet, besser wäre **stepwise-forward-approach**
- ▶ Problem: wie finde ich die “richtigen” SNPs? Anzahl möglicher Kombinationen: 2^p , wobei p : Anzahl SNPs
- ▶ Lösung in MHG2001: Likelihood Ratio Test mit Single-Marker Modell

Wie funktionieren Stepwise Ansätze

- ▶ Bisher: Zielgröße als lineare Funktion aller erklärender Variablen
- ▶ **Neu:** Nur erklärende Variablen mit “relevantem” Effekt auf Zielgröße berücksichtigen
- ▶ Suche nach dem **optimalen** Modells anstelle des kompletten Modells
- ▶ Forward:
 - ▶ Starte mit minimalen Modell
 - ▶ hinzufügen von neuen erklärenden Variablen bis gewähltes Kriterium optimiert
 - ▶ Mögliche Kriterien: C_p , AIC oder BIC
- ▶ Backward:
 - ▶ Starte mit vollem Modell
 - ▶ entfernen von erklärenden Variablen aus dem Modell
 - ▶ bis gewähltes Kriterium optimal

Lösungsansätze in MHG2001 (II): BLUP

- ▶ **BLUP** für SNP-allel Effekte (a -Werte) können berechnet werden.
- ▶ Wir weisen aber a-priori allen SNPs den gleichen Varianzanteil zu
- ▶ Bei totaler genetischer Varianz V_g ohne polygene Effekte erklärt jeder SNP fix die Varianz V_g/p
- ▶ Vorteil: nur ein Varianzparameter muss geschätzt werden
- ▶ Kaum realistische Annahme, dass alle SNP-Loci gleich wichtig sind
- ▶ Bei dichteren Markerkarten erhöht sich die Anzahl der Loci mit erklärendem Einfluss
- ▶ Kaum sinnvoll, da von fixer Anzahl von Gene im Genom ausgegangen wird
- ▶ Mit BLUP ist keine Auswahl der erklärenden Loci möglich

Lösungsansätze in MHG2001 (III): Bayes

- ▶ Bayes'sche Statistik basiert Parameterschätzung auf a posteriori Verteilungen
- ▶ A posteriori Verteilungen sind proportional zu der a priori Verteilung und der Likelihood
- ▶ A priori, d.h. vor der Beobachtung der Daten sind die Parameter, so zum Beispiel die durch einen SNP-Locus erklärten Varianzanteil, durch die a-priori Verteilung bestimmt.
- ▶ Im Gegensatz zu BLUP, erlaubt Dies eine Variabilität zwischen den Varianzanteilen der einzelnen SNP-Loci

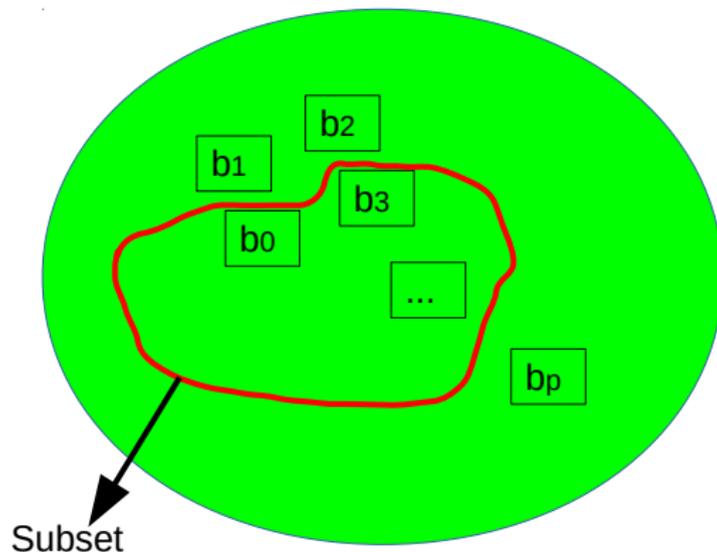
Lösungsansatz nicht in MHG2001: LASSO

- ▶ LASSO steht für Least Absolute Shrinkage and Selection Operator
- ▶ LASSO ist Teil einer grösseren Klasse von Methoden zur Selektion und Regularisierung von Parameterschätzungen in linearen Modellen
- ▶ Weshalb braucht es solche Methoden?
 - ▶ Falls $n \gg p$ funktioniert Least Squares gut, d.h. Parameterschätzungen sind unbiased und haben tiefe Varianz
 - ▶ Ist $n \approx p$ dann zeigen Least Square Schätzer erhöhte Variabilität und das Problem des Overfitting tritt auf
 - ▶ Ist $n < p$, dann können Least Squares Schätzer nicht berechnet werden.
- ▶ Positive Eigenschaften des Linearen Modells möchten wir trotzdem erhalten, somit suchen wir nach Alternativen zu Least Squares

Selektion und Regularisierung (I)

Drei mögliche Alternativen zu Least Squares sind

- ▶ **Subset Selection:** Identifikation einer Teilmenge der p Parameter. Lineares Modell wird mit dieser Teilmenge an Parametern angepasst

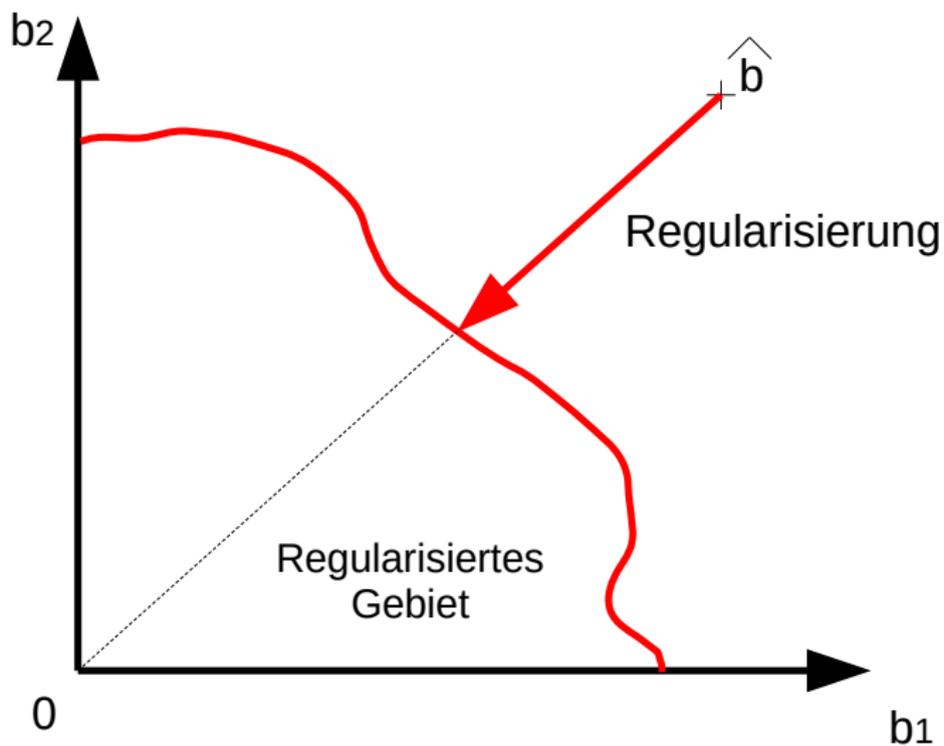


Selektion und Regularisierung (II)

Shrinkage:

- ▶ Alle p Parameter werden verwendet um Modell anzupassen
- ▶ Variabilität der geschätzten Parameter wird kontrolliert durch Schrumpfung (Shrinkage, wird auch als Regularisierung bezeichnet) der Parameterschätzungen zum Nullpunkt.
- ▶ Je nach verwendeter Art der Regularisierung, werden dadurch gewisse Parameterschätzwerten auf Null gesetzt.
- ▶ Dadurch wird Regularisierung und Parameterselektion kombiniert

Regularisierung



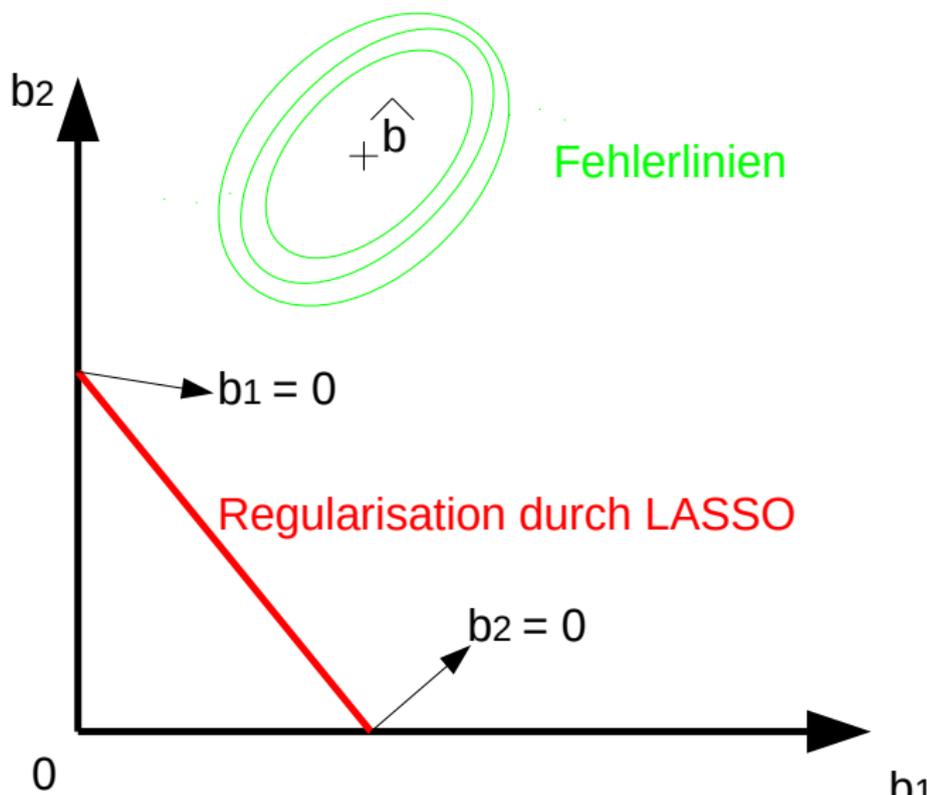
Selektion und Regularisierung (III)

Reduktion der Dimensionen:

- ▶ Projektion der p erklärenden Variablen in einen M -dimensionalen Unterraum, wobei $M < p$
- ▶ Projektion wird erreicht durch Berechnung von M linearen Kombinationen aus den p erklärenden Variablen
- ▶ Least Squares wird mit den M Projektionen gemacht
- ▶ Techniken sind: Principal Components Analysis (PCA), Faktoranalyse, ...
- ▶ Problem: Interpretation der Ergebnisse, da Linearkombinationen oft keine Bedeutung (Bsp genomische Selektion, was bedeuten lineare Kombinationen aus SNP-Effekten?)

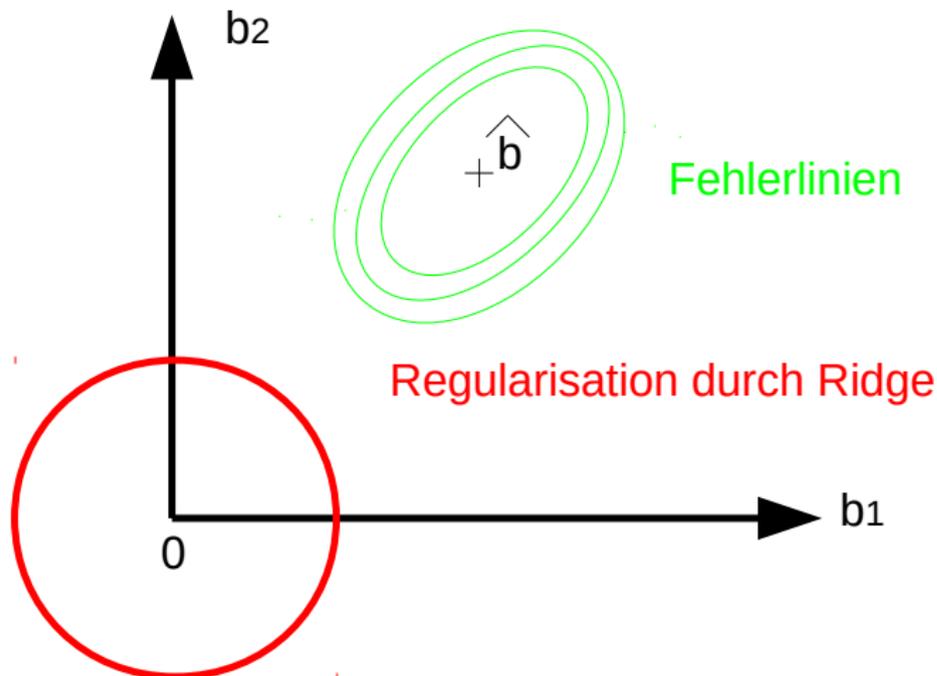
LASSO

- ▶ LASSO kombiniert Regularisierung und Parameterselektion durch geschickte Veränderung der Zielgröße aus Least Squares



Vergleich Ridge Regression

- ▶ Ridge Regression führt zu Regularisierung aber nicht zu Parameterselktion



Parameterschätzung

- ▶ Residual Sums of Squares:

$$RSS = \sum_{i=1}^n \left(y_i - \beta_0 - \sum_{j=1}^p \beta_j x_{ij} \right)^2$$

- ▶ Least Squares

$$\hat{\beta}_{LS} = \operatorname{argmin}_{\beta} \{RSS\}$$

- ▶ LASSO

$$\hat{\beta}_{LASSO} = \operatorname{argmin}_{\beta} \left\{ RSS + \lambda \sum_{j=1}^p |\beta_j| \right\}$$

- ▶ Ridge

$$\hat{\beta}_{Ridge} = \operatorname{argmin}_{\beta} \left\{ RSS + \lambda \sum_{j=1}^p \beta_j^2 \right\}$$