La Boîte à Outils TraMineR pour l'Analyse de Trajectoires

De la visualisation à la recherche de séquences types

Gilbert Ritschard

NCCR LIVES et Institut d'études démographiques et du parcours de vie
Université de Genève
http://mephisto.unige.ch

Ateliers Ouvertures du CEREQ
Marseille, 8 décembre 2011

Plan

TraMineR, c'est quoi?

- TraMineR: Trajectory Miner in R
- Boite à outils pour l'analyse de séquences.
  - Librement disponible sur le CRAN (Comprehensive R Archive Network) `http://cran.r-project.org/web/packages/TraMineR/`
  - Installation: `install.packages("TraMineR")`

TraMineR, c'est qui?

- Développé dans le cadre d'un projet de recherche FNS (Fonds national suisse de la recherche scientifique) 1/2007-1/2011
- sur la fouille de données séquentielles en sciences sociales
- Aujourd'hui, sous contrôle d'un comité scientifique:
  - Gilbert Ritschard (Statistique pour sciences sociales)
  - Alexis Gabadinho (Démographie)
  - Nicolas S. Müller (Sociologie, Système d'information)
  - Matthias Studer (Economie, Sociologie)
- ... développement se poursuit dans le cadre de l'IP 14 (module méthodologique) du PRN LIVES: Vulnérabilité, perspectives du parcours de vie.
  - Reto Bürgin (Statistique)
  - Emmanuel Rousseaux (Système d'information)

TraMineR, pourquoi?

- TraMineR a été conçu pour répondre à des questions de sciences sociales
- Les séquences (suites d'états ou d'événements) décrivent des trajectoires de vie
- Types de questions:
  - Les parcours de vie obéissent-ils à une norme sociale?
    - Quelles sont les types de trajectoires standards?
    - Quels écarts observe-t-on par rapport à ces normes?
  - Pourquoi certaines personnes suivent-elles des trajectoires plus chaotiques que d'autres?
  - Comment les trajectoires de vie sont-elles liées au sexe, à l'origine sociale et à d'autres facteurs?

Ce qu'offre TraMineR pour répondre à ces questions

- une séries de graphiques et de mesures descriptives des séquences individuelles
- des outils pour calculer les dissimilarités entre séquences qui ouvrent la porte à toute une série d'outils statistiques
  - Clustering et analyse en coordonnées principales (MDS)
  - Analyse de la dispersion de séquences (ANOVA et arbre de régression)
  - Identification de séquences représentatives (trajectoires types)
  - ...

Séquences catégorielles

Données séquentielles catégorielles

Suites ordonnées de symboles tels que lettres, signaux, protéines, états, événements, ...

- au cœur de divers domaines
  - fouille de texte (séquences de lettres, mots, expressions, ...)
  - biologie (séquences de protéines, ADN, ...)
  - monitoring de l'activation d'appareils (ON/OFF),
  - étude des comportements temporels d'acheteurs ou utilisateurs (web logs),
  - étude de carrières et parcours de vie

Séquences catégorielles

Données séquentielles catégorielles

Suites ordonnées de symboles tels que lettres, signaux, protéines, états, événements, ...

- au cœur de divers domaines
  - fouille de texte (séquences de lettres, mots, expressions, ...)
  - biologie (séquences de protéines, ADN, ...)
  - monitoring de l'activation d'appareils (ON/OFF),
  - étude des comportements temporels d'acheteurs ou utilisateurs (web logs),
  - étude de carrières et parcours de vie

Séquences d'états: exemples

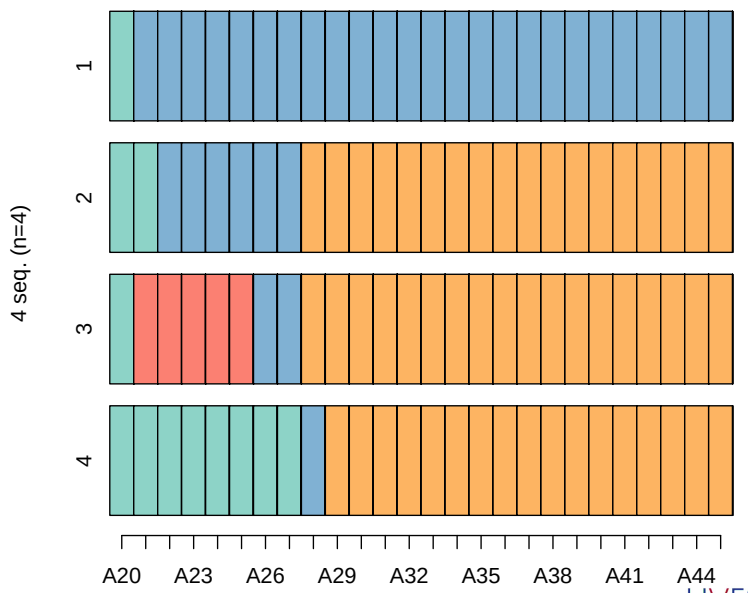
- Exemple de séquences cohabitationnelles (Données SHP)

  2P = avec 2 parents, U = avec partenaire, C = enfant, A = seul, ...

```
  Sequence
1 2P-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U
2 2P-2P-U-U-U-U-U-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC
3 2P-A-A-A-A-A-U-U-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC
4 2P-2P-2P-2P-2P-2P-2P-2P-U-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC
```

- Présentation compacte

```
  Sequence
1 (2P,1)-(U,25)
2 (2P,2)-(U,6)-(UC,18)
3 (2P,1)-(A,5)-(U,2)-(UC,18)
4 (2P,8)-(U,1)-(UC,17)
```



Séquences d'états: exemples

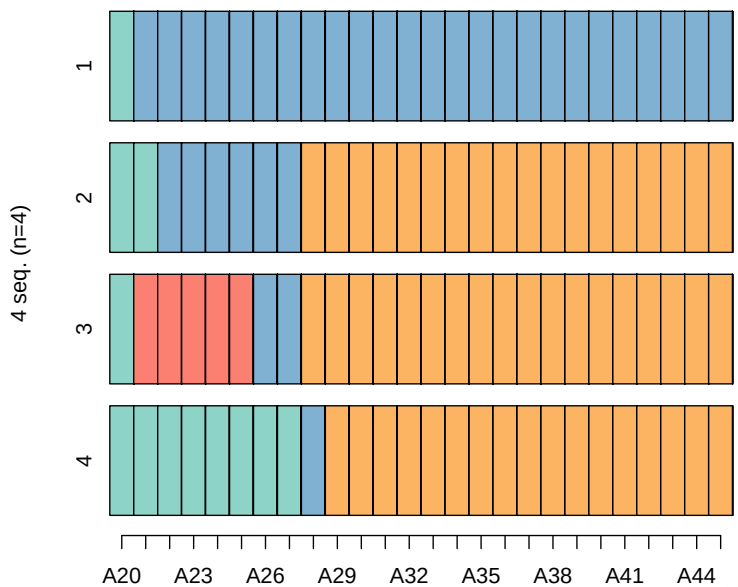
- Exemple de séquences cohabitationnelles (Données SHP)

  2P = avec 2 parents, U = avec partenaire, C = enfant, A = seul, ...

```
  Sequence
1 2P-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U-U
2 2P-2P-U-U-U-U-U-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC
3 2P-A-A-A-A-A-U-U-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC
4 2P-2P-2P-2P-2P-2P-2P-2P-U-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC-UC
```

- Présentation compacte

```
  Sequence
1 (2P,1)-(U,25)
2 (2P,2)-(U,6)-(UC,18)
3 (2P,1)-(A,5)-(U,2)-(UC,18)
4 (2P,8)-(U,1)-(UC,17)
```



Séquences d'événements

- Au lieu de s'intéresser aux états:
  2P-2P-U-U-U-UC-UC-UC-UC
- on peut s'intéresser aux événements datés:
  (Quitter parents, 22), (Mise en union, 22), (Naissance enfant, 25)
- Les deux premiers événements définissent la transition 2P→U

- C'est une représentation alternative de trajectoires qui nécessite d'autres outils que les séquences d'états.
- Leur visualisation est plus difficile (pas de durée)

- TraMineR propose aussi des solutions pour séquences d'événements (non discutées ici)

Séquences d'événements

- Au lieu de s'intéresser aux états:
  2P-2P-U-U-U-UC-UC-UC-UC
- on peut s'intéresser aux événements datés:
  (Quitter parents, 22), (Mise en union, 22), (Naissance enfant, 25)
- Les deux premiers événements définissent la transition 2P→U

- C'est une représentation alternative de trajectoires qui nécessite d'autres outils que les séquences d'états.
- Leur visualisation est plus difficile (pas de durée)

- TraMineR propose aussi des solutions pour séquences d'événements (non discutées ici)

Séquences d'événements

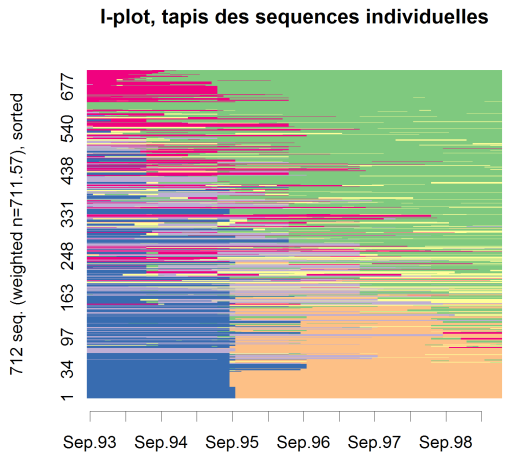
- Au lieu de s'intéresser aux états:
  2P-2P-U-U-U-UC-UC-UC-UC
- on peut s'intéresser aux événements datés:
  (Quitter parents, 22), (Mise en union, 22), (Naissance enfant, 25)
- Les deux premiers événements définissent la transition 2P→U

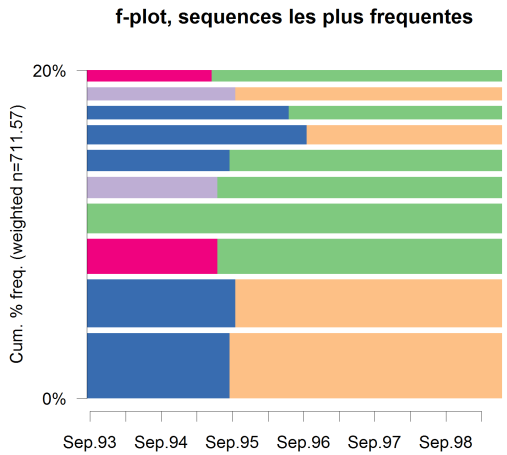
- C'est une représentation alternative de trajectoires qui nécessite d'autres outils que les séquences d'états.
- Leur visualisation est plus difficile (pas de durée)

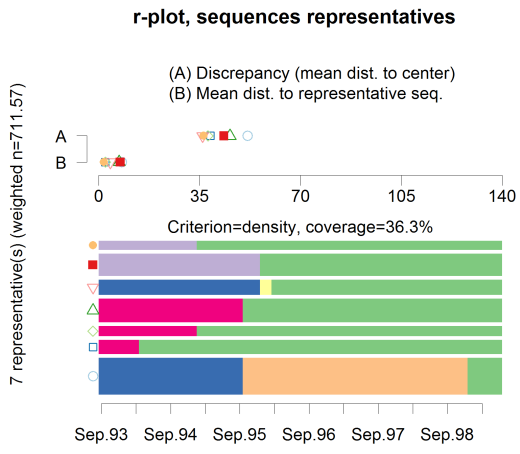
- TraMineR propose aussi des solutions pour séquences d'événements (non discutées ici)

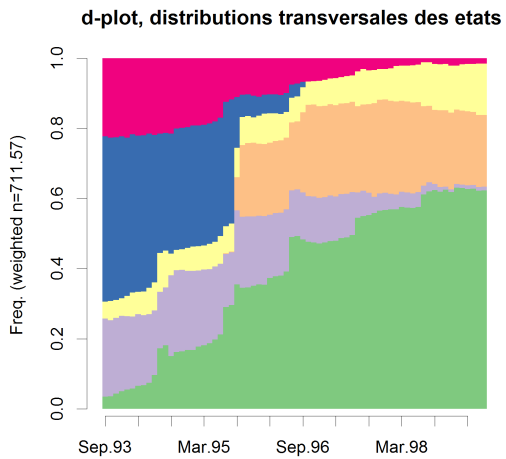
Présentations graphiques: Exemples

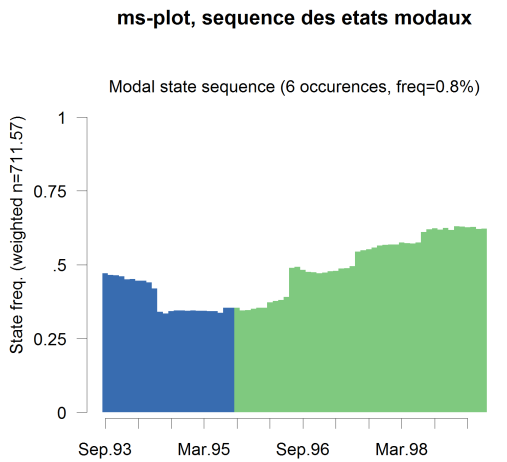
Séquences d'états, données McVicar and Anyadike-Danes (2002)

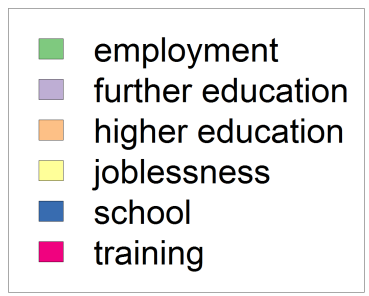






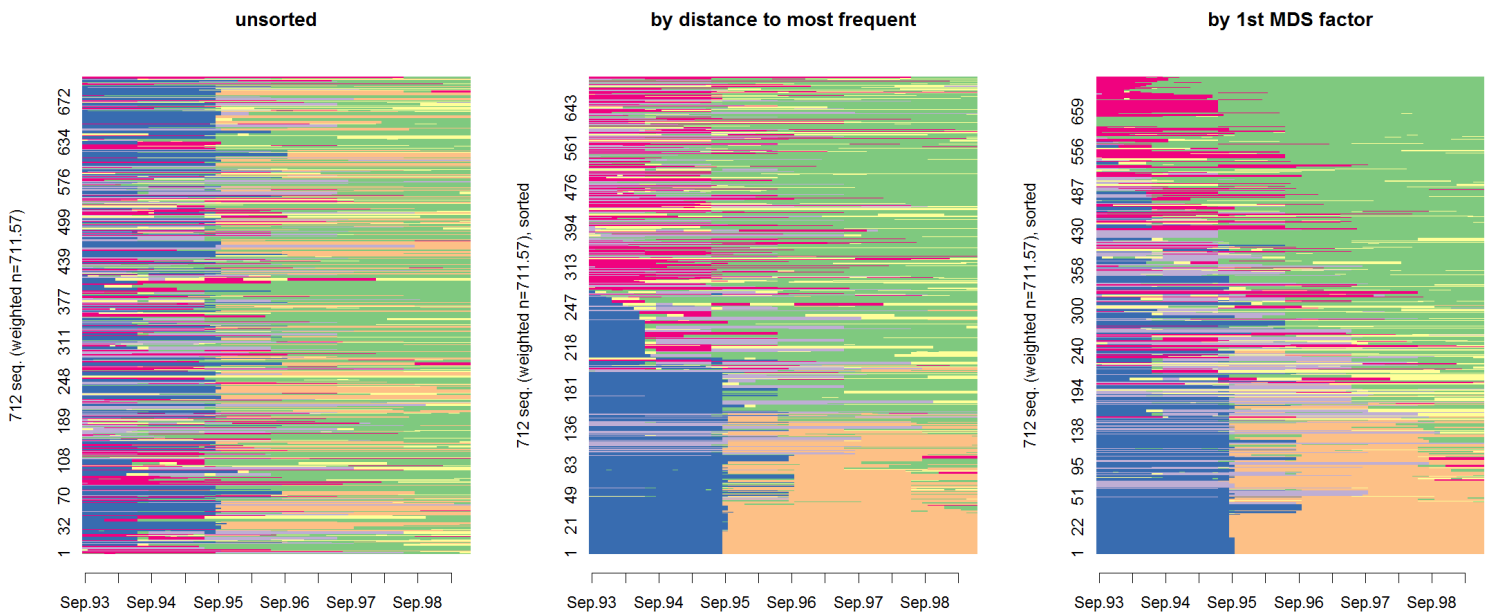






i-plot, et ordre des séquences

- Si grand nombre de séquences, ordonner pour améliorer la lisibilité



Aperçu des possibilités de TraMineR

Création d'une typologie par "Optimal matching"

- Charger TraMineR et créer un objet 'séquences d'états'

```
R> library(TraMineR)
R> data(mvad)
R> mvad.seq <- seqdef(mvad, 17:86, xtstep = 6)
```

- Calcul des dissimilarités OM entre paires de séquences avec un coût d'indel de 1 et des coûts de substitutions déduits des taux de transitions

```
R> mvad.om <- seqdist(mvad.seq, method = "OM", indel = 1, sm = "TRATE")
```

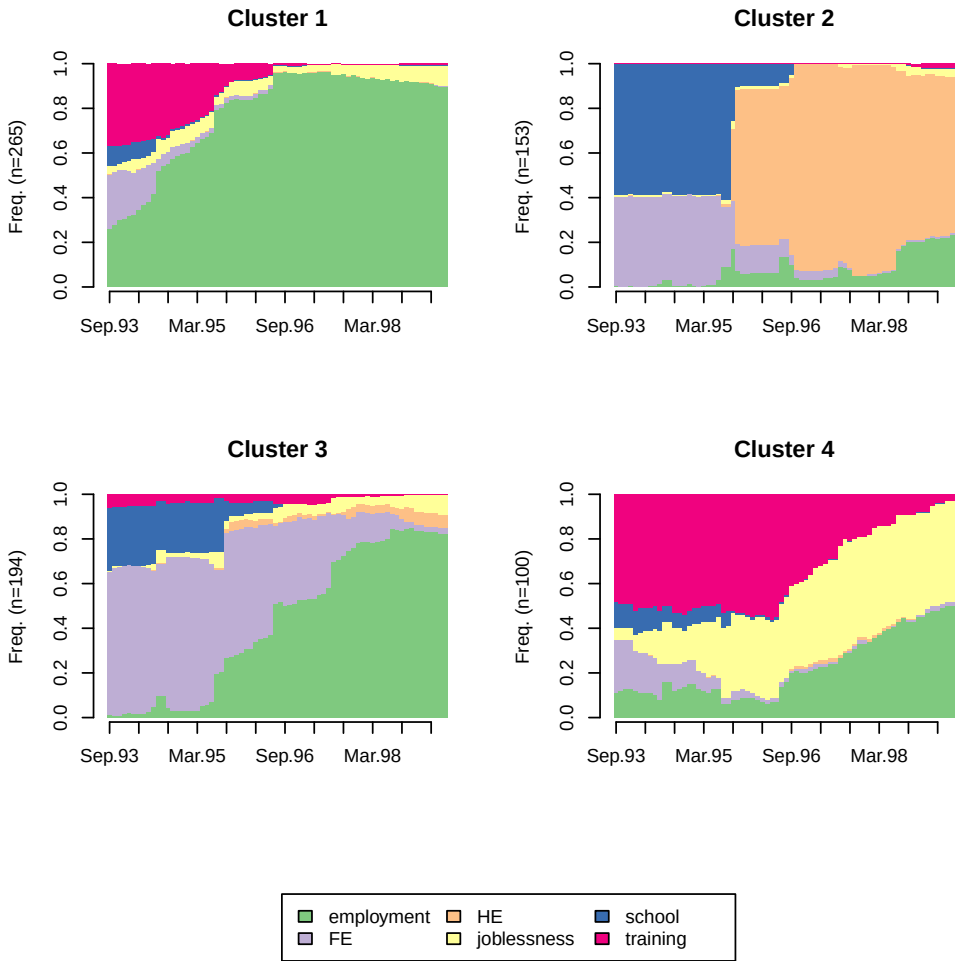
- Classification en 4 groupes par une procédure agglomérative avec critère de Ward

```
R> library(cluster)
R> clusterward <- agnes(mvad.om, diss = TRUE, method = "ward")
R> mvad.cl4 <- cutree(clusterward, k = 4)
R> cl4.lab <- factor(mvad.cl4, labels = paste("Cluster", 1:4))
```

Aperçu des possibilités de TraMineR (suite 1)

- Visualisation des classes: distributions transversales des états

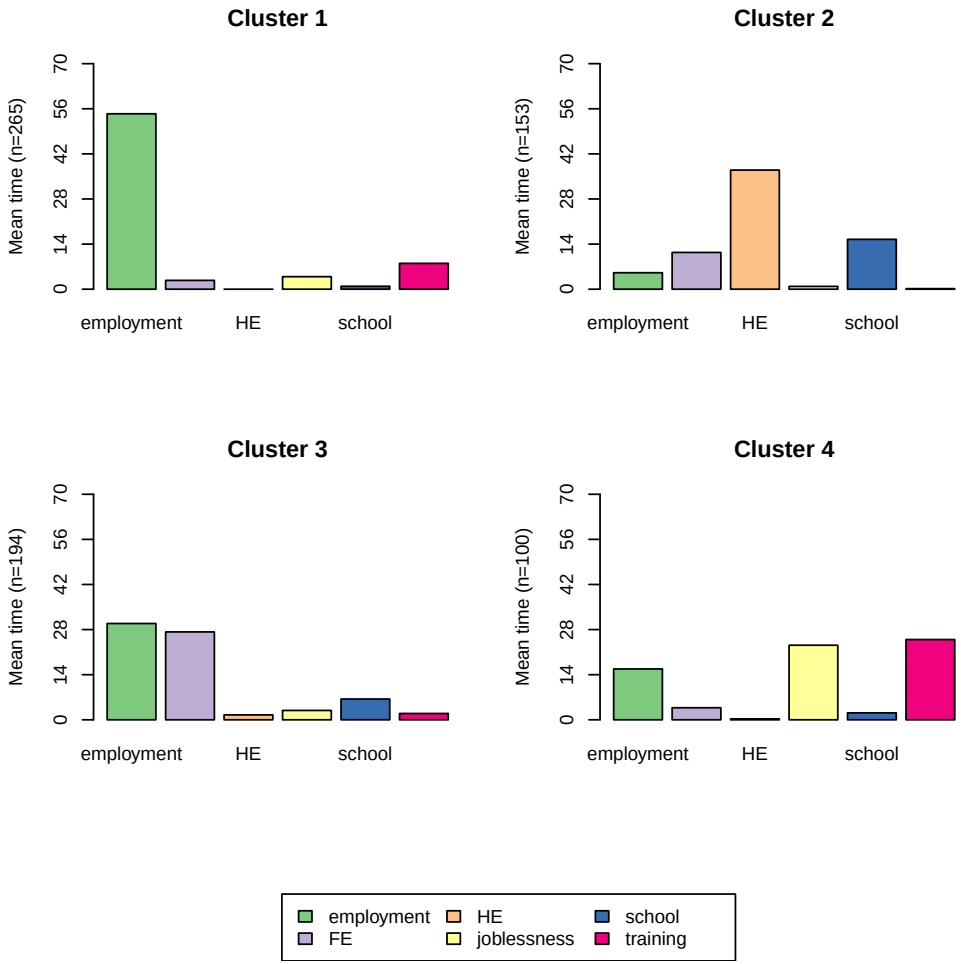
```
R> seqdplot(mvad.seq, group = cl4.lab, border = NA)
```



Aperçu des possibilités de TraMineR (suite 2)

- Temps moyen dans les états par classe

```
R> seqmtplot(mvad.seq, group = cl4.lab)
```



2 Mesures descriptives transversales et longitudinales

- Caractéristiques transversales versus longitudinales

Caractéristiques transversales versus longitudinales

- Distribution transversale à chaque position

id	t_1	t_2	t_3	$\cdots$
1	B	B	D	$\cdots$
2	A	B	C	$\cdots$
3	B	B	A	$\cdots$

- Distribution longitudinale de chaque trajectoire

id	t_1	t_2	t_3	$\cdots$
1	B	B	D	$\cdots$
2	A	B	C	$\cdots$
3	B	B	A	$\cdots$

Caractéristiques transversales versus longitudinales

- Distribution transversale à chaque position

id	t_1	t_2	t_3	$\cdots$
1	B	B	D	$\cdots$
2	A	B	C	$\cdots$
3	B	B	A	$\cdots$

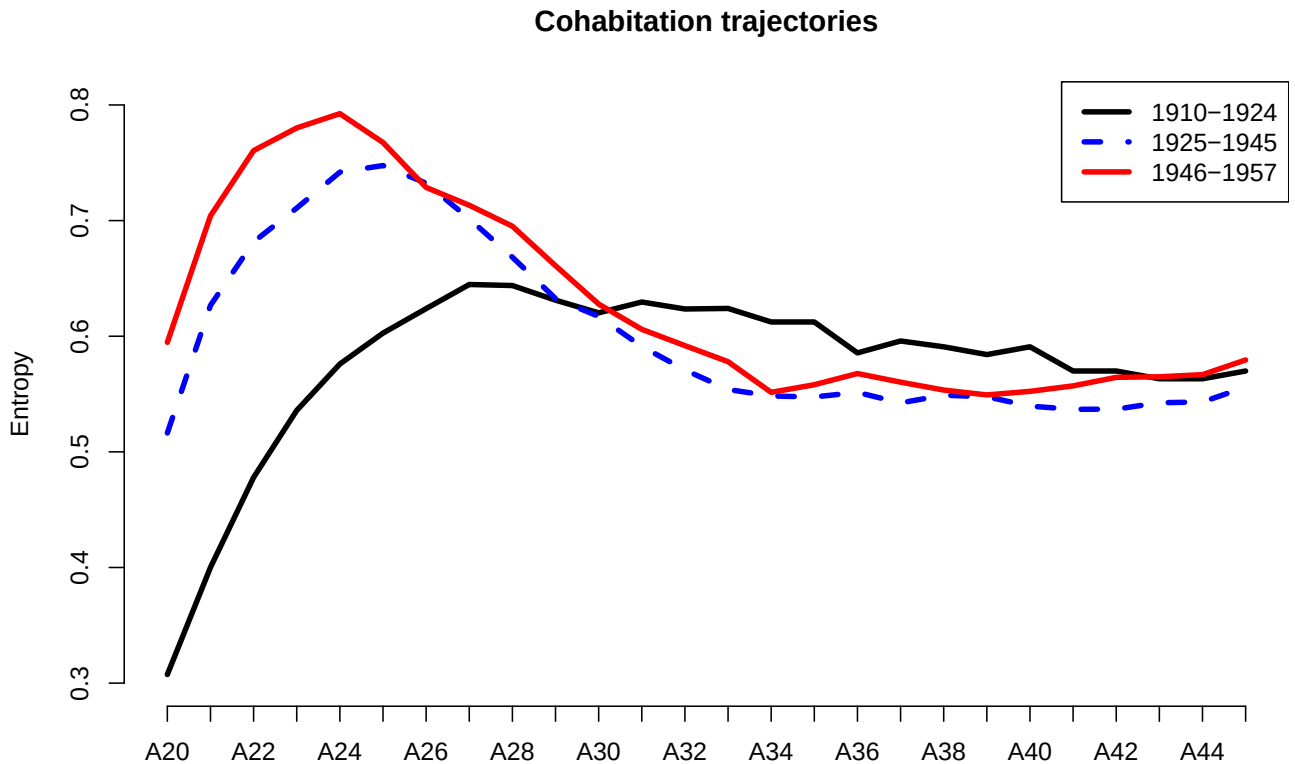
- Distribution longitudinale de chaque trajectoire

id	t_1	t_2	t_3	$\cdots$
1	B	B	D	$\cdots$
2	A	B	C	$\cdots$
3	B	B	A	$\cdots$

Séquences de caractéristiques transversales

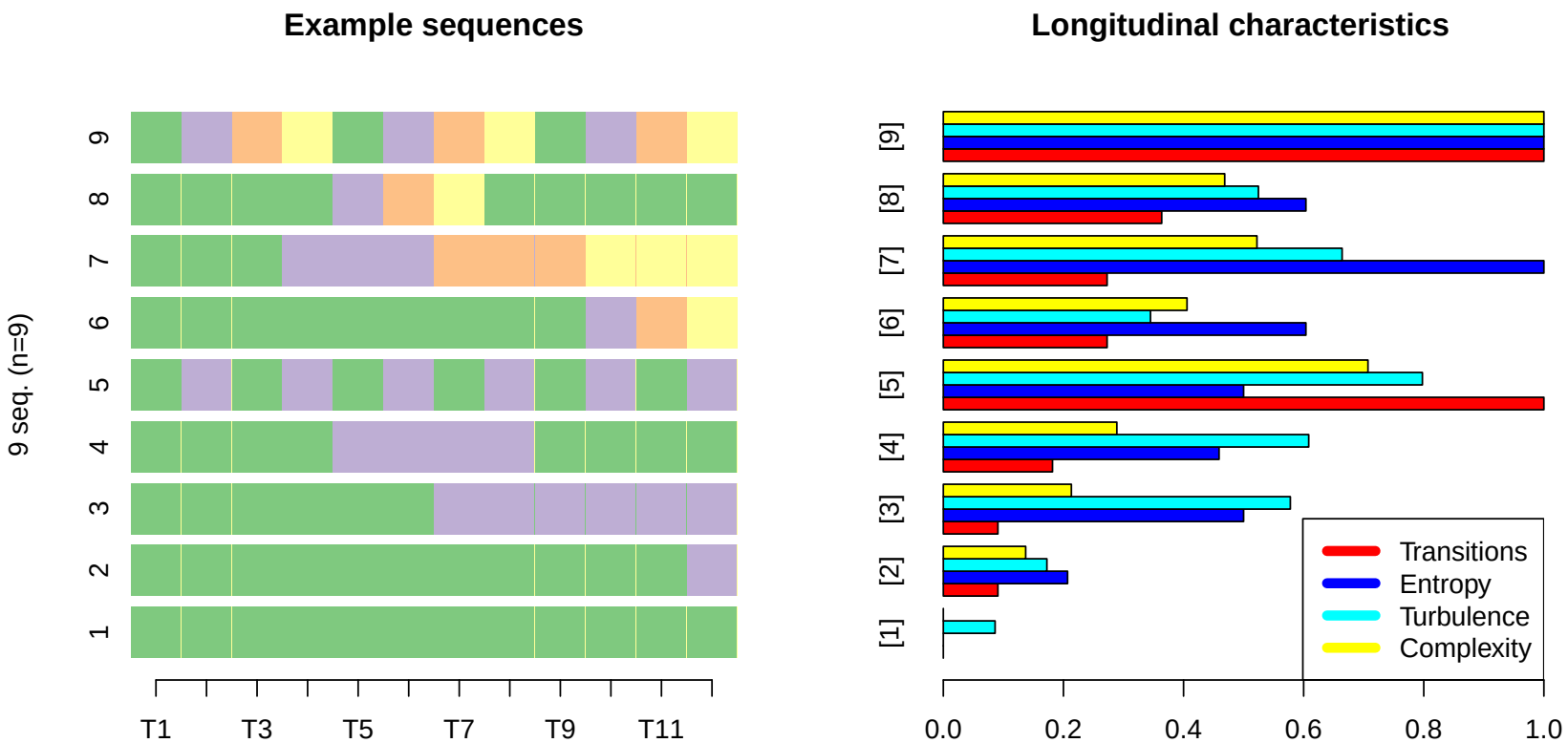
Evolution de l'entropie transversale par cohortes (Widmer and Ritschard, 2009)

Données de l'enquête biographique du Panel suisse des ménages (2002)
$n = 1503$, $a = 10$



Caractéristiques longitudinales individuelles: complexité

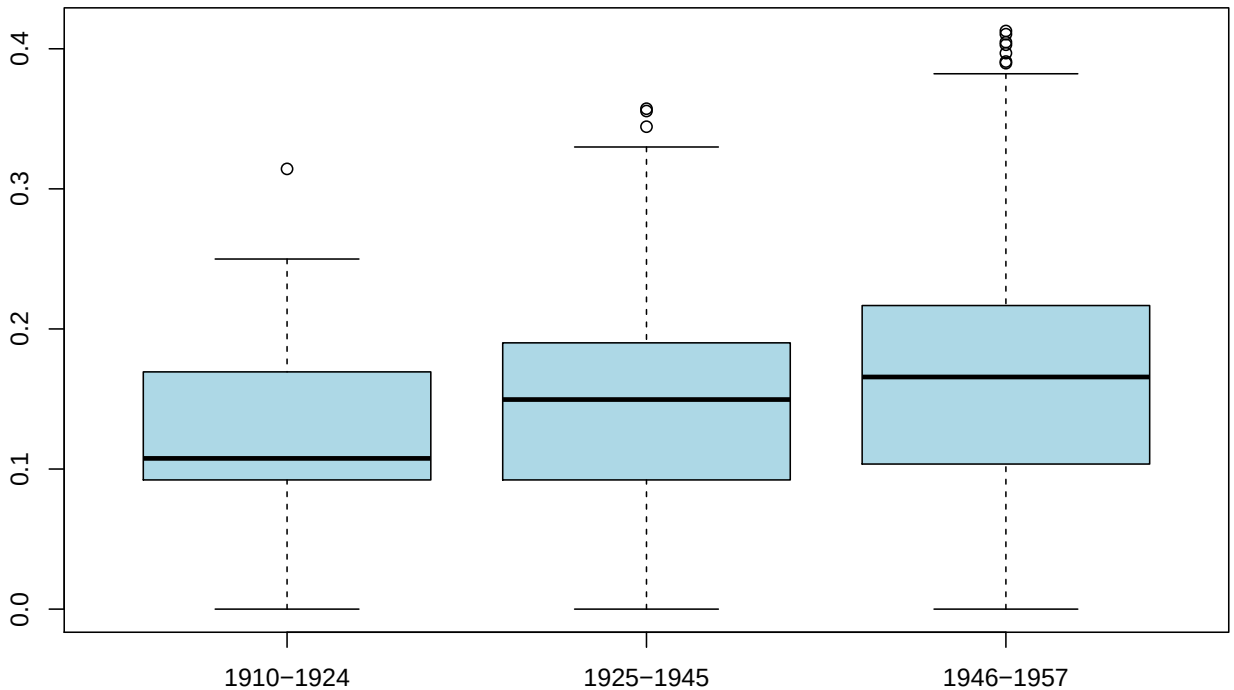
Séquences exemple ($\ell = 12$, $a = 4$) et valeur normalisée de mesures de complexité.



Distribution de la complexité

Complexité des trajectoires cohabitationnelles par cohortes

Données de l'enquête biographique du Panel suisse des ménages (2002)
$n = 1503$, $a = 10$



3 Analyses fondées sur les dissimilarités deux-à-deux
- Mesures de dissimilarités
- Classification non supervisée
- Séquences représentatives

Dissimilarités

Distance	Method	Position-wise	Additional arguments
Count of common attributes			
Simple Hamming	`HAM`	Yes	
Longest Common Prefix	`LCP`	Yes	
Longest Common Suffix	`RLCP`	Yes	
Longest Common Subsequence	`LCS`	No	
Edit distances			
Optimal Matching	`OM`	No	Insertion/deletion costs (`indel`) and substitution costs matrix (`sm`)
Hamming	`HAM`	Yes	substitution costs matrix (`sm`)
Dynamic Hamming	`DHD`	Yes	substitution costs matrix (`sm`)

Plusieurs autres mesures seront prochainement disponibles dans TraMineR

Dispersion de séquences

- A partir de la matrice des dissimilarités, on peut définir la dispersion d'un ensemble de séquences.
- Somme des carrés SC peut être exprimée en terme des distances deux-à-deux

$$SC = \sum_{i=1}^{n}(y_i - \bar{y})^2 = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}\sum_{j=i+1}^{n}(y_i - y_j)^2$$

$$= \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}\sum_{j=i+1}^{n} d_{e,ij}^2$$

- En remplaçant $d_{e,ij}^2$ par la dissimilarité OM, LCP, LCS ... (ou son carré), on obtient une pseudo SC.

Dispersion de séquences

- A partir de la matrice des dissimilarités, on peut définir la dispersion d'un ensemble de séquences.
- Somme des carrés SC peut être exprimée en terme des distances deux-à-deux

$$SC = \sum_{i=1}^{n}(y_i - \bar{y})^2 = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}\sum_{j=i+1}^{n}(y_i - y_j)^2$$

$$= \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}\sum_{j=i+1}^{n} d_{e,ij}^2$$

- En remplaçant $d_{e,ij}^2$ par la dissimilarité OM, LCP, LCS ... (ou son carré), on obtient une pseudo SC.

Analyses fondées sur dissimilarités

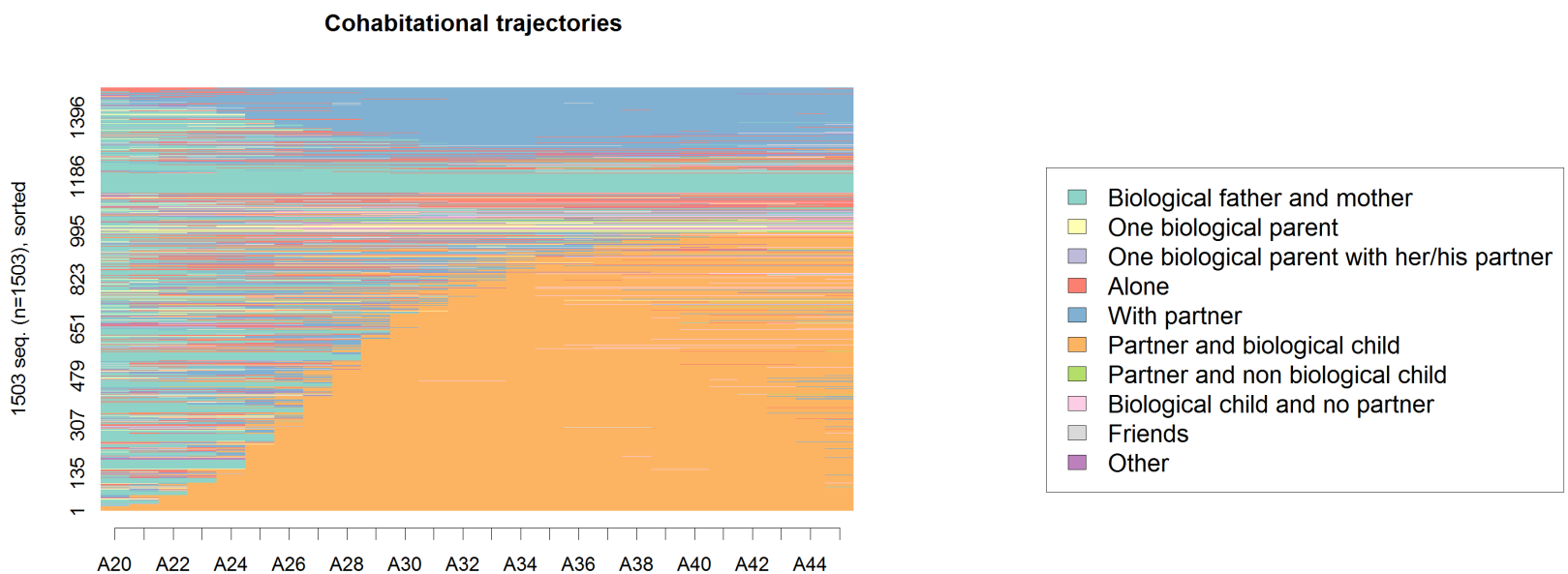
- Dès qu'on sait calculer des dissimilarités, on a accès
- à toute analyse fondée sur dissimilarités ou variance
  - Classification agglomérative, divisive, partitionnante, ... (Kaufman and Rousseeuw, 2005)
  - Cartes de Kohonen (Rousset and Giret, 2009)
  - Analyse en coordonnées principales (PCO, MDS) (Gower, 1966)
  - Séquences représentatives (Gabadinho et al., 2009b)
  - Analyse de variance (Studer et al., 2011)
  - Arbre de régression (Studer et al., 2011)

3 Analyses fondées sur les dissimilarités deux-à-deux

- Mesures de dissimilarités
- Classification non supervisée
- Séquences représentatives

Construction d'une typologie

- Pour illustrer, classification hiérarchique de Ward
- Données: Trajectoires cohabitationnelles en Suisse,
  - 1503 séquences tirées de l'enquête biographique 2002 du PMS
  - alphabet de 10 états
  - données annuelles, de 20 à 45 ans (longueur 26)



Classification à partir des dissimilarités

- Calculer la matrice des distances, par exemple avec TraMineR

```
om.coh <- seqdist(seqs.coh, method="OM", sm="TRATE", indel=1)
```

- `om.dist.coh` matrice 1503×1503 que l'on peut passer à tout algorithme acceptant une matrice de dissimilarités en entrée
- Dans R, on peut par exemple utiliser la librairie `cluster` (Maechler et al., 2005) qui propose notamment
  - `agnes()` méthode agglomérative
  - `diana()` méthode divisive
  - `pam()` partionnement autour de médoïdes
- Illustration: méthode agglomérative avec critère de Ward
- On utilise la fonction `agnes()`
  - `clw.coh <- agnes(om.coh, diss=T, method="ward")`
- et retenons la partition en 5 classes
  - `cutree(clw.coh, k=5)`

Classification à partir des dissimilarités

- Calculer la matrice des distances, par exemple avec TraMineR

```
om.coh <- seqdist(seqs.coh, method="OM", sm="TRATE", indel=1)
```

- `om.dist.coh` matrice 1503×1503 que l'on peut passer à tout algorithme acceptant une matrice de dissimilarités en entrée
- Dans R, on peut par exemple utiliser la librairie `cluster` (Maechler et al., 2005) qui propose notamment
  - `agnes()` méthode agglomérative
  - `diana()` méthode divisive
  - `pam()` partionnement autour de médoïdes
- Illustration: méthode agglomérative avec critère de Ward
- On utilise la fonction `agnes()`
  - `clw.coh <- agnes(om.coh, diss=T, method="ward")`
- et retenons la partition en 5 classes
  - `cutree(clw.coh, k=5)`

Classification à partir des dissimilarités

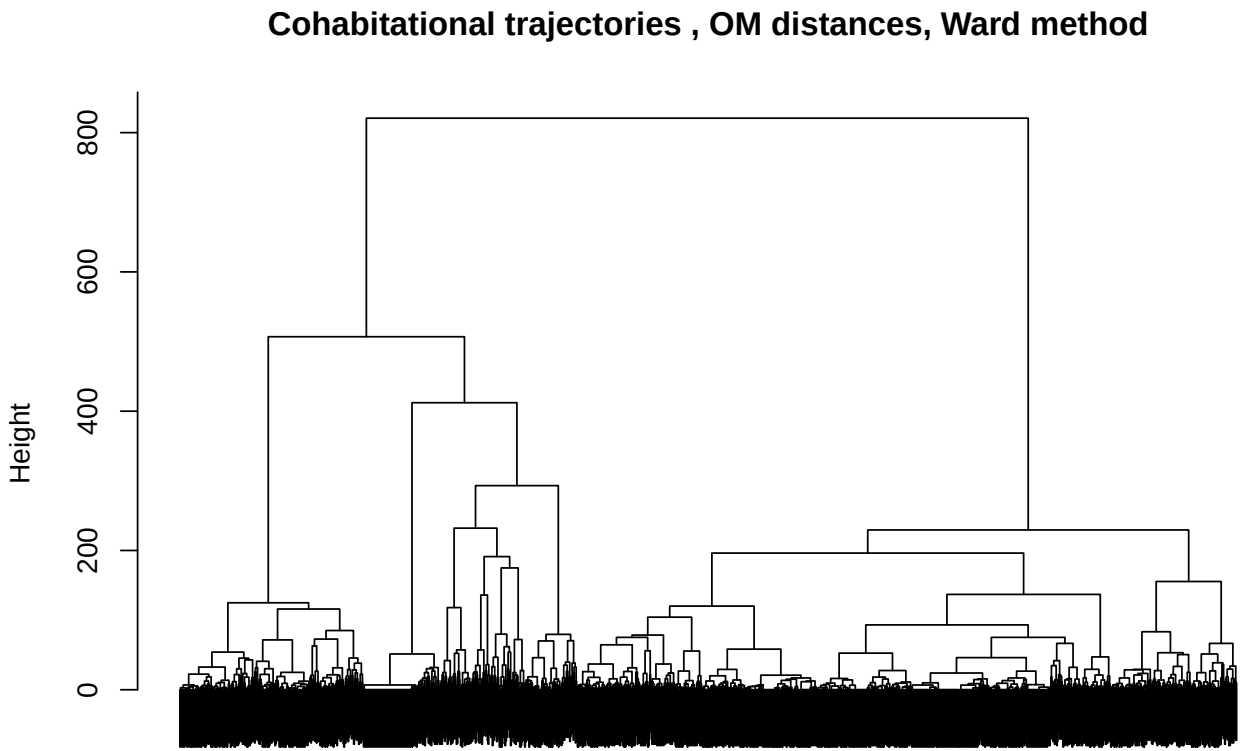
- Calculer la matrice des distances, par exemple avec TraMineR

```
om.coh <- seqdist(seqs.coh, method="OM", sm="TRATE", indel=1)
```

- `om.dist.coh` matrice 1503×1503 que l'on peut passer à tout algorithme acceptant une matrice de dissimilarités en entrée
- Dans R, on peut par exemple utiliser la librairie `cluster` (Maechler et al., 2005) qui propose notamment
  - `agnes()` méthode agglomérative
  - `diana()` méthode divisive
  - `pam()` partionnement autour de médoïdes
- Illustration: méthode agglomérative avec critère de Ward
- On utilise la fonction `agnes()`
  - `clw.coh <- agnes(om.coh, diss=T, method="ward")`
- et retenons la partition en 5 classes
  - `cutree(clw.coh, k=5)`

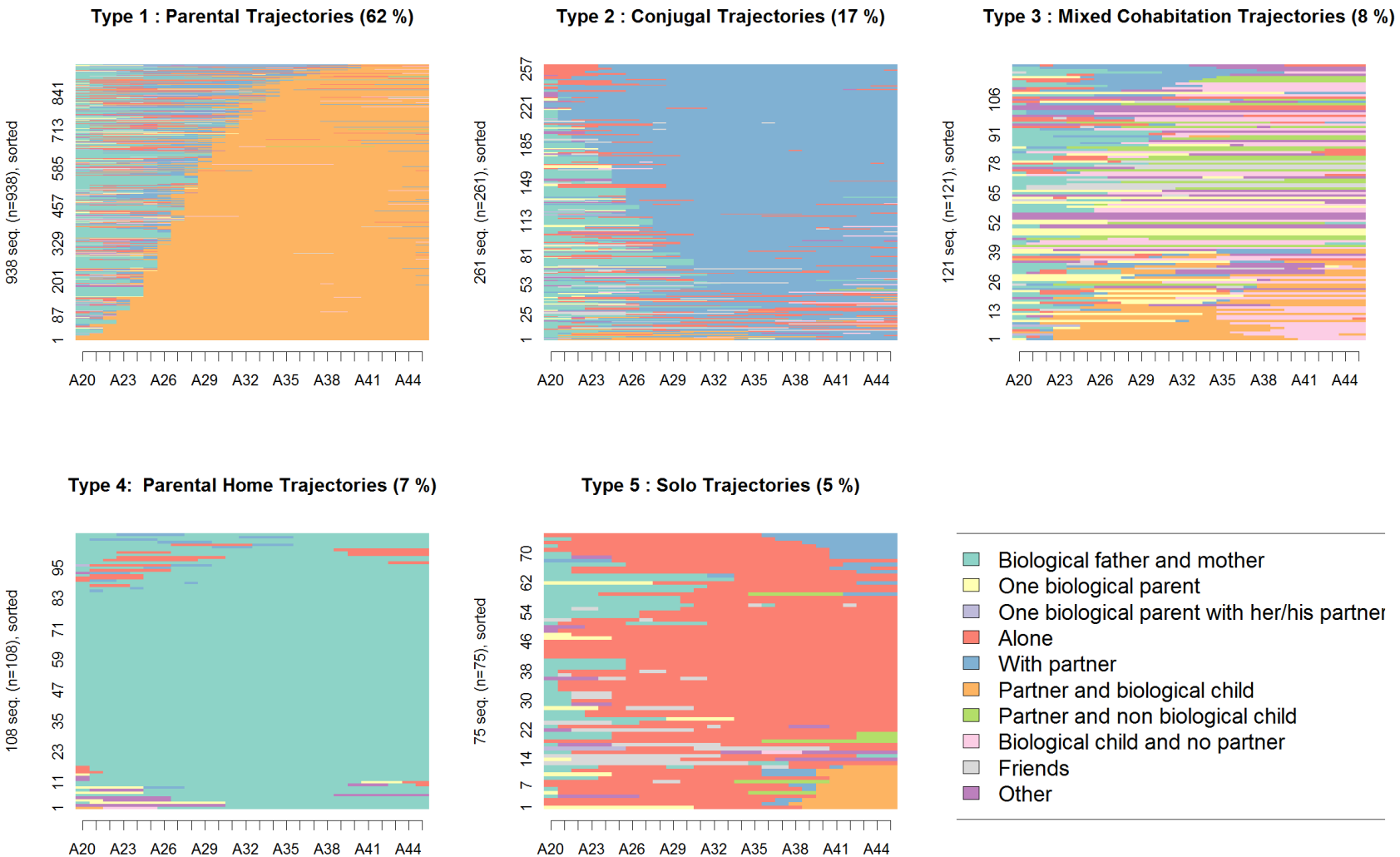
Classification hiérarchique, Ward

Dendrogramme



Typologie des trajectoires cohabitationnelles

i-plot, ordre selon MDS[1]



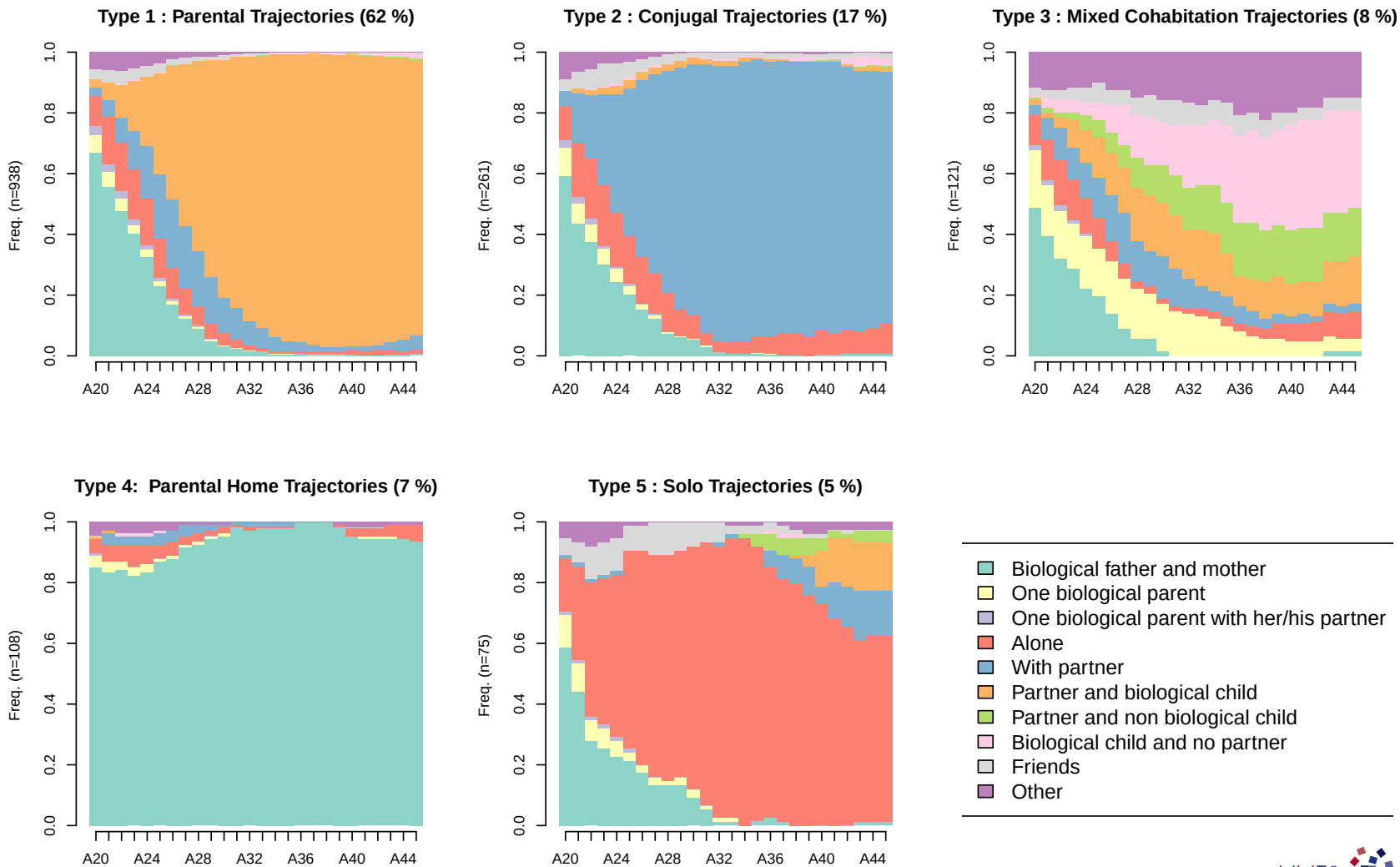
Typologie des trajectoires cohabitationnelles
Dispersions

- Dispersion (pseudo variance) $\frac{1}{2n^2} \sum_i \sum_j d(i,j)$

	Count	Percent	Discrepancy
Parental	938	62.4	7.819
Conjugal	261	17.4	8.209
Mixed	121	8.1	19.842
Parental Home	108	7.2	3.002
Solo	75	5.0	9.185
Total	1503	100.0	15.526

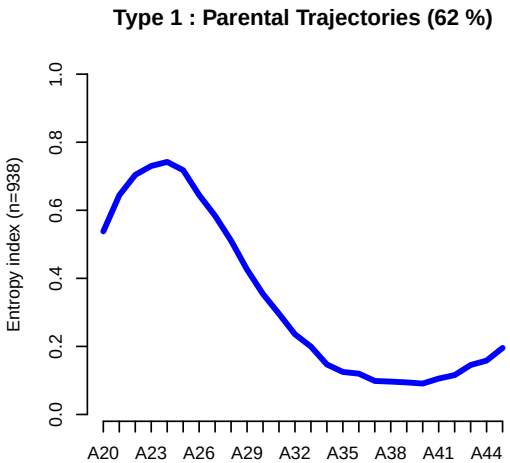
Typologie des trajectoires cohabitationnelles

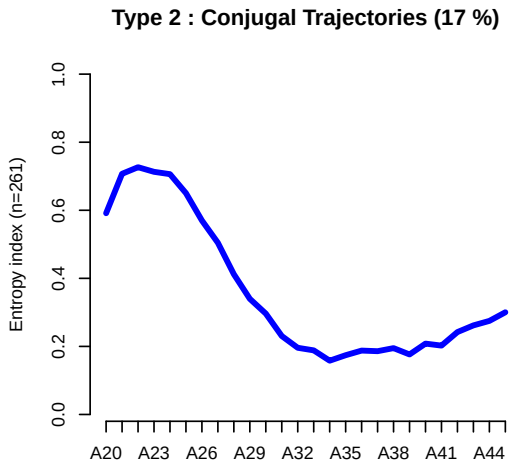
d-plot, distributions transversales

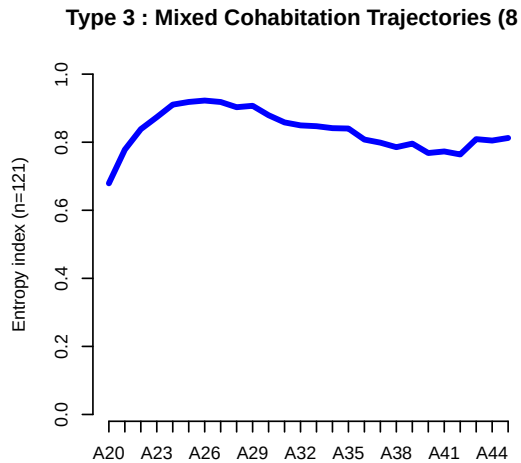


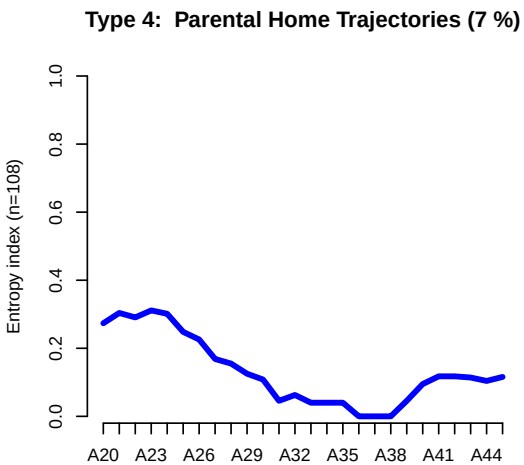
Typologie des trajectoires cohabitationnelles

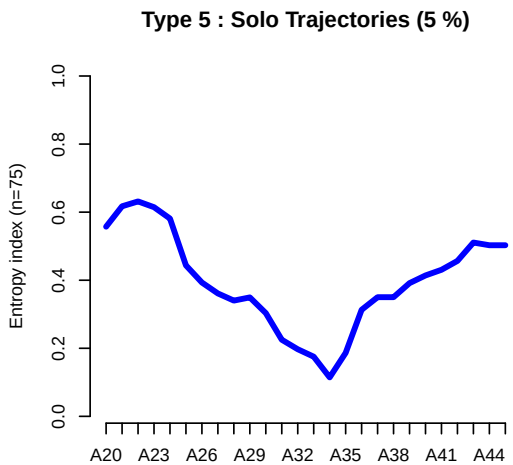
Ht-plot, entropies transversales





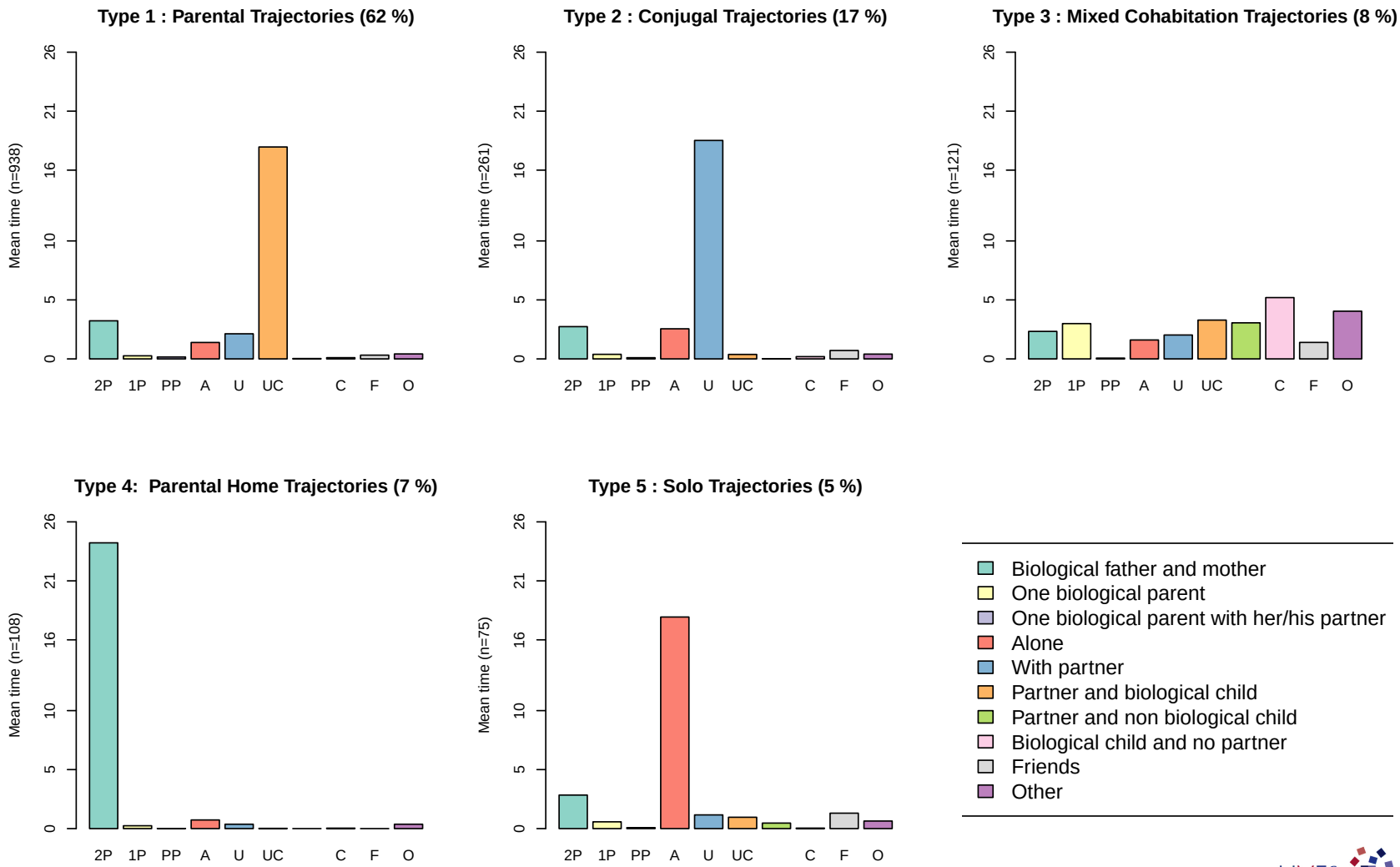




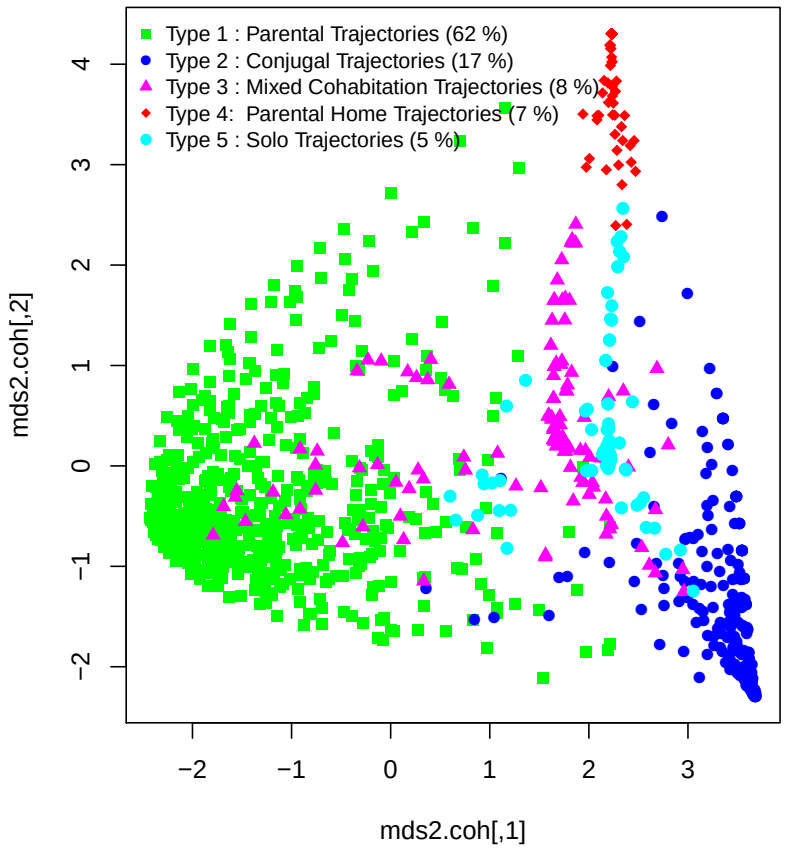


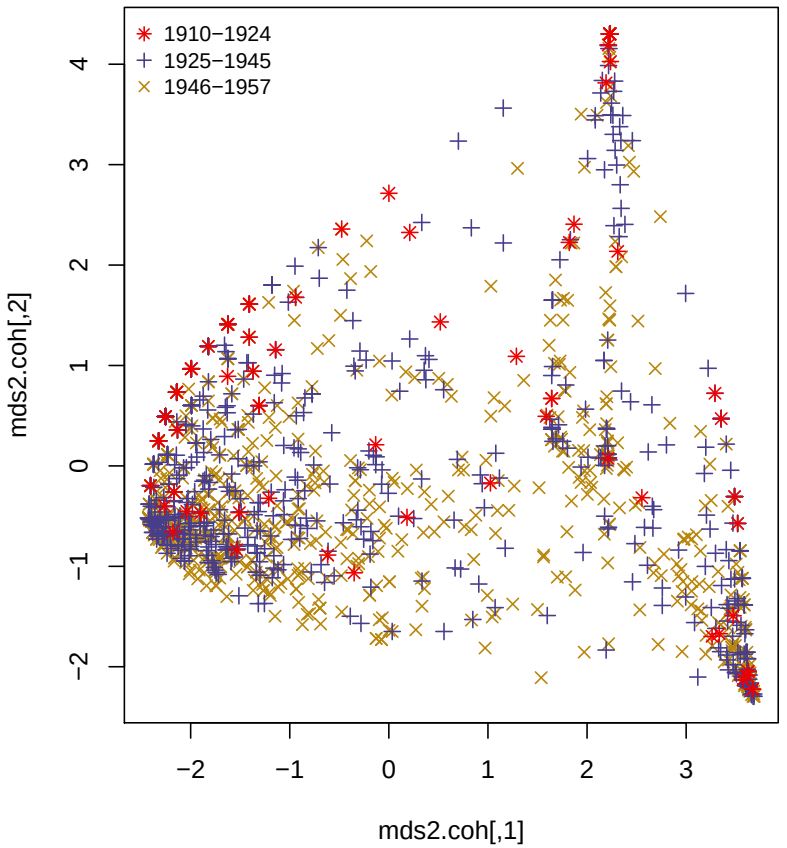
Typologie des trajectoires cohabitationnelles

mt-plot, temps moyen par état



MDS: Nuage de points





3 Analyses fondées sur les dissimilarités deux-à-deux

- Mesures de dissimilarités
- Classification non supervisée
- Séquences représentatives

Séquences représentatives

- Objectif: synthétiser un ensemble de séquences
- Trouver le plus petit ensemble de séquences
  - non redondantes
  - assurant une couverture donnée de l'ensemble
- Redondance et couverture définies en termes de voisinage
  - x et y redondant si $d(x, y) \leq \delta_{tsim}$
  - couverture: % de séquences dans le voisinage d'au moins une des séquences représentatives r

Séquences représentatives

- Objectif: synthétiser un ensemble de séquences
- Trouver le plus petit ensemble de séquences
  - non redondantes
  - assurant une couverture donnée de l'ensemble
- Redondance et couverture définies en termes de voisinage
  - x et y redondant si $d(x, y) \leq \delta_{tsim}$
  - couverture: % de séquences dans le voisinage d'au moins une des séquences représentatives r

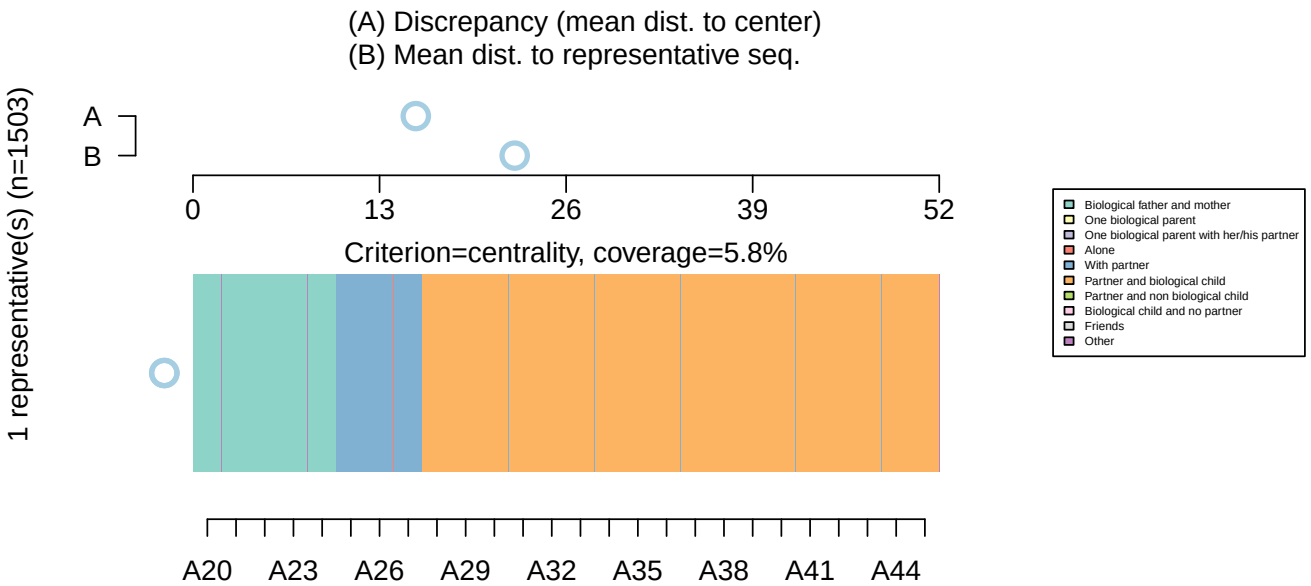
Séquences représentatives
Heuristique

1. Ordonner les séquences selon un critère de représentativité
   - densité nombre de séquences dans son voisinage
   - centralité somme des distances à toutes les autres séquences
   - autres: fréquence, moyenne des fréquences des états qui la composent, vraisemblance, ...
2. Supprimer la redondance
   - Calculer la couverture de celle qui a le meilleur score
   - Puis, pour les suivantes
     - supprimer si redondante avec représentants retenus
     - sinon, calculer couverture du nouvel ensemble de représentants
   - Arrêt lorsque la couverture voulue est atteinte.

Séquences représentatives: Exemple

Médoïde des trajectoires cohabitationnelles

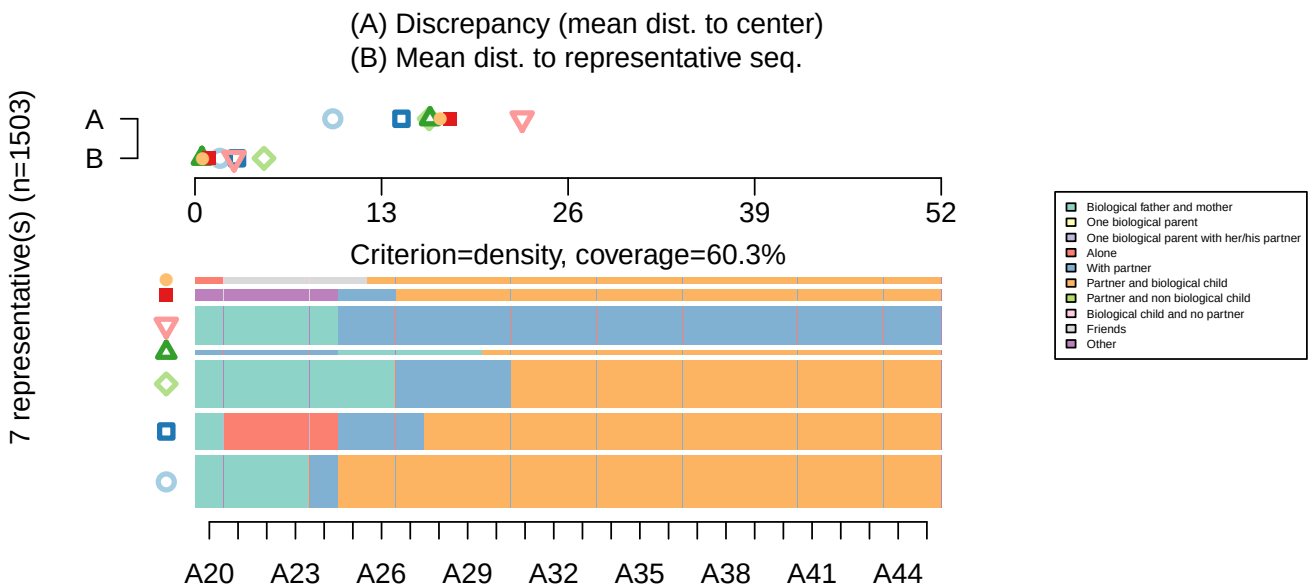
- Critère: centralité
- taille ensemble représentatif $= 1$



Séquences représentatives: Exemple densité

Trajectoires cohabitationnelles (tsim=.2, trep=.6)

- Critère: densité, diamètre voisinage = 20% de la distance maximale
- couverture minimale = 60%

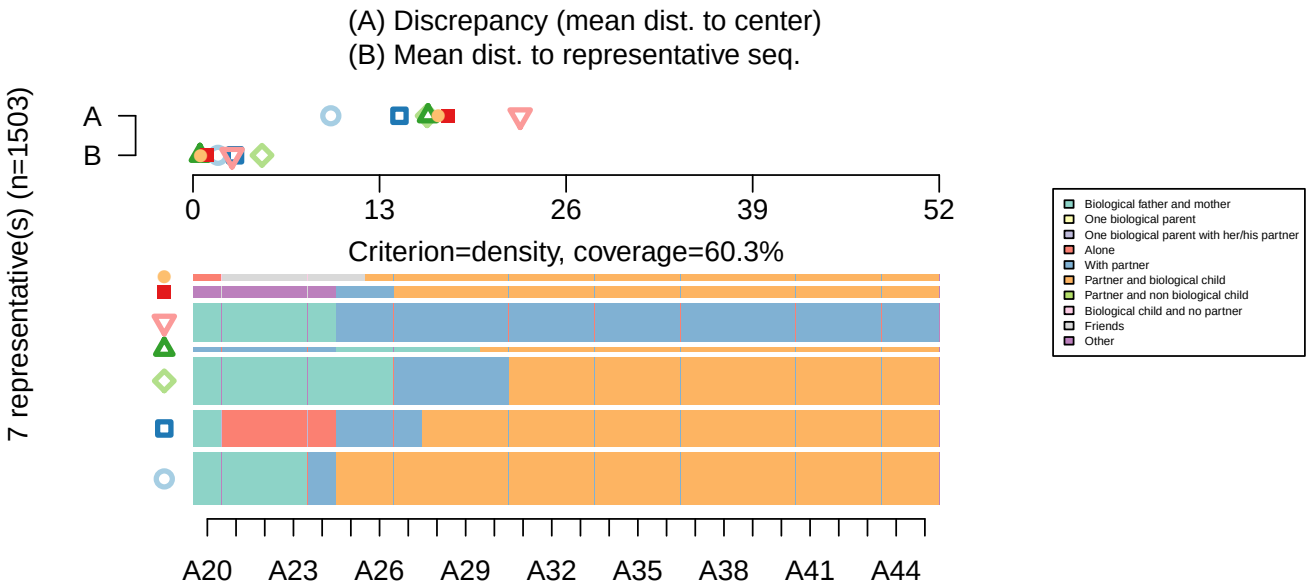


- Avec les séquences représentatives, on ne repère pas les petits groupes (Tanguy)

Séquences représentatives: Exemple densité

Trajectoires cohabitationnelles (tsim=.2, trep=.6)

- Critère: densité, diamètre voisinage = 20% de la distance maximale
- couverture minimale = 60%

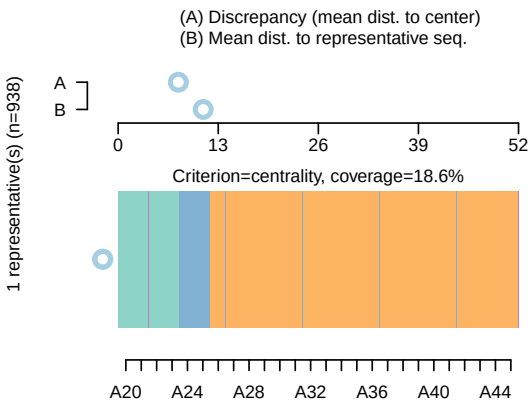


- Avec les séquences représentatives, on ne repère pas les petits groupes (Tanguy)

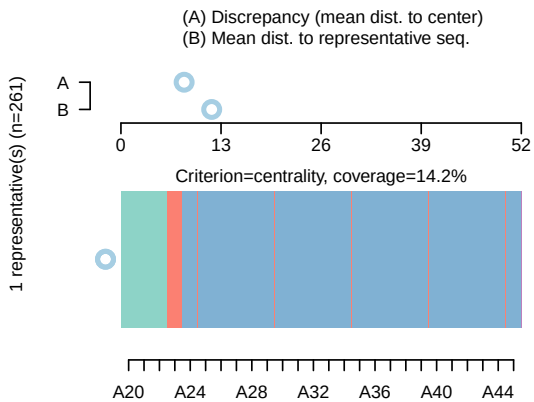
Séquences représentatives par classe

Médoïdes des trajectoires cohabitationnelles

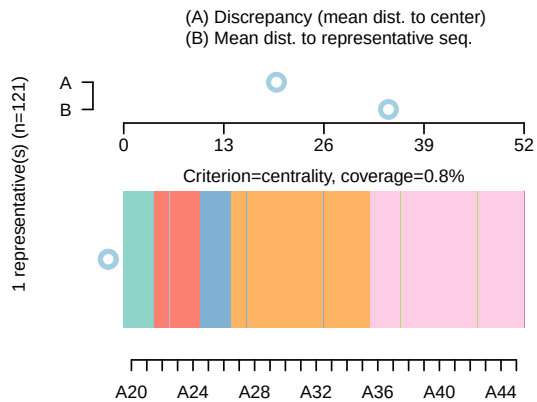
Type 1 : Parental Trajectories (62 %)



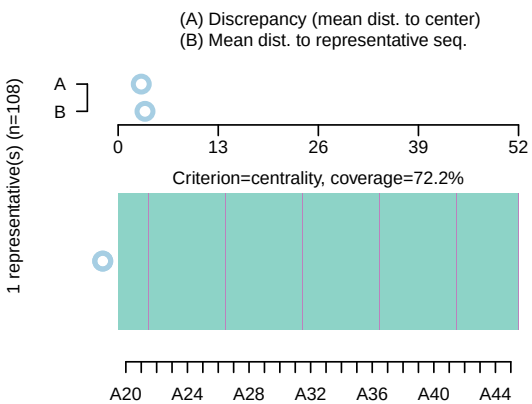
Type 2 : Conjugal Trajectories (17 %)



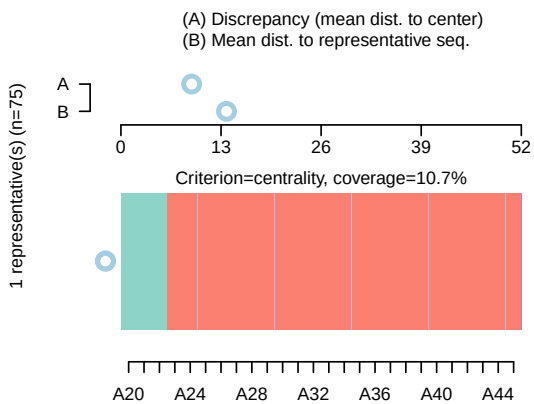
Type 3 : Mixed Cohabitation Trajectories (8 %)

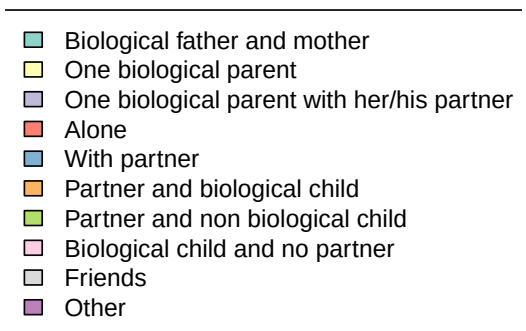


Type 4: Parental Home Trajectories (7 %)



Type 5 : Solo Trajectories (5 %)

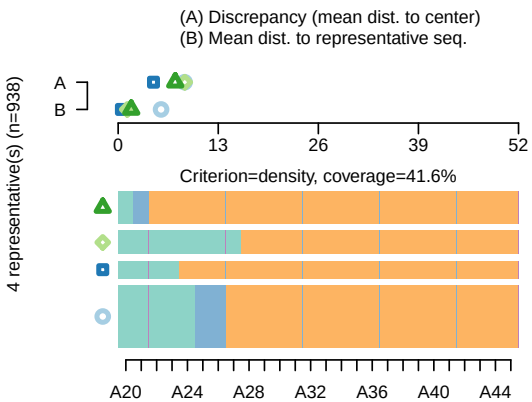




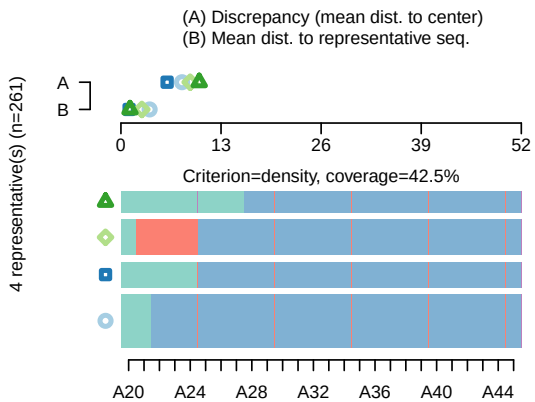
Séquences représentatives par classe

Trajectoires cohabitationnelles (tsim=.1, trep=.4)

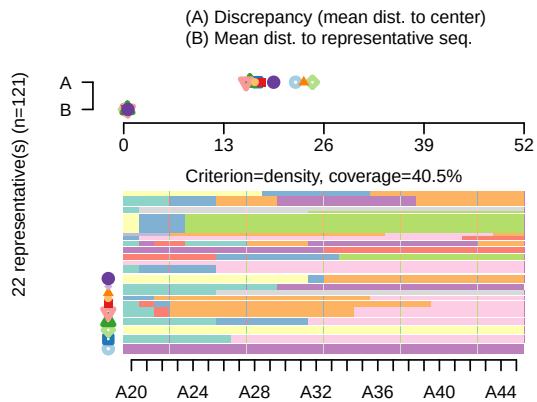
Type 1 : Parental Trajectories (62 %)



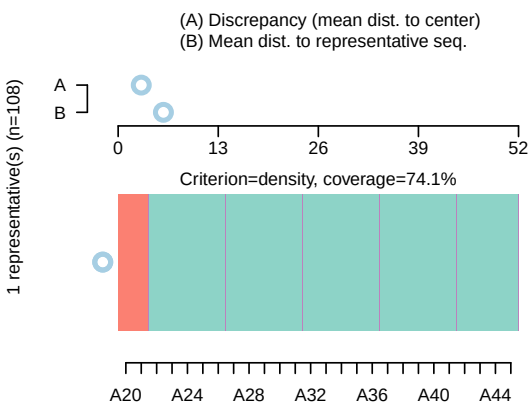
Type 2 : Conjugal Trajectories (17 %)



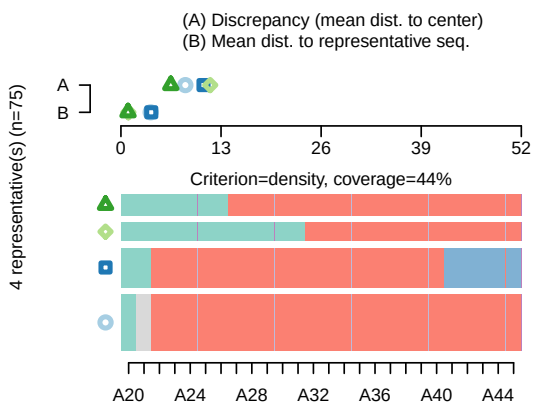
Type 3 : Mixed Cohabitation Trajectories (8 %)

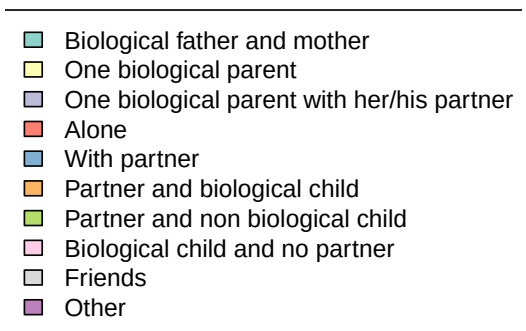


Type 4: Parental Home Trajectories (7 %)



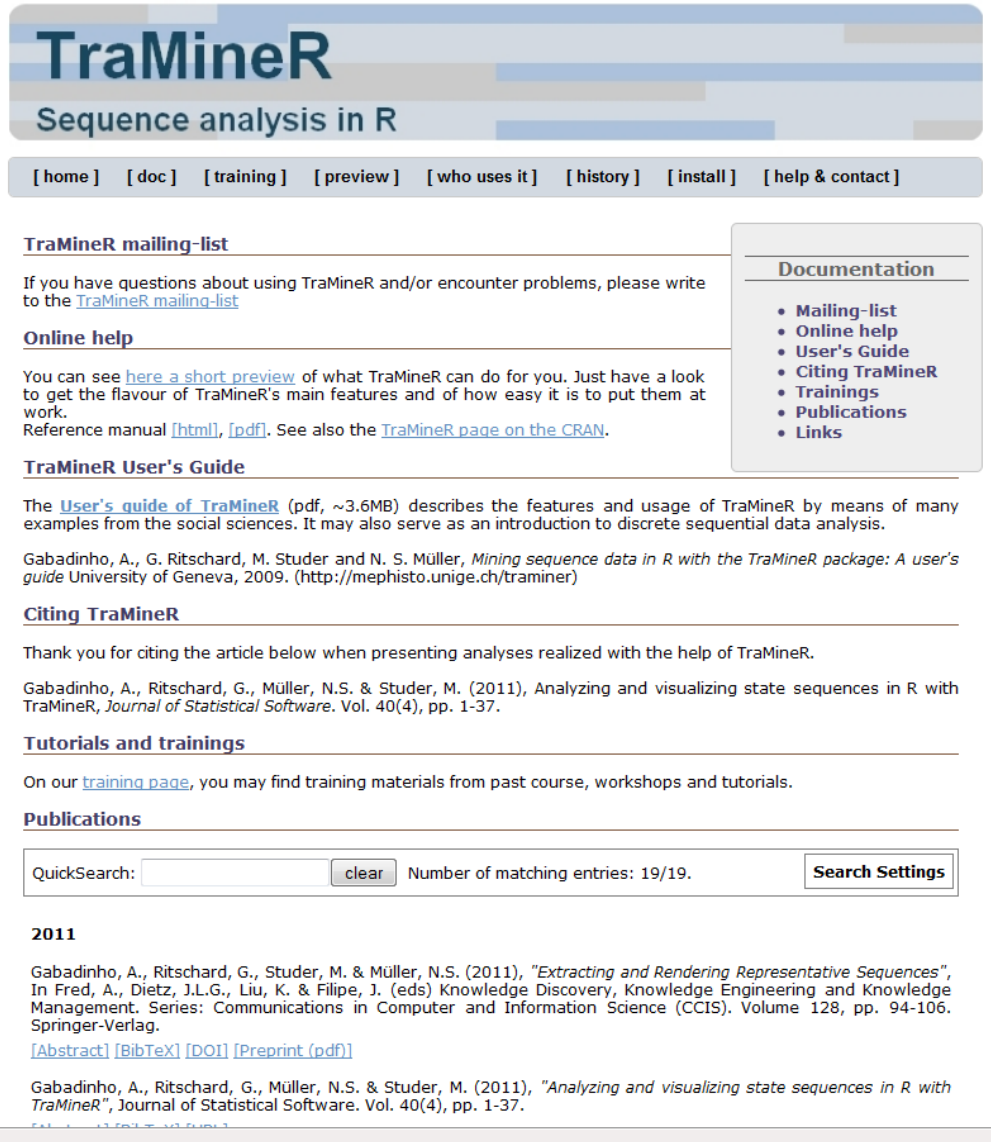
Type 5 : Solo Trajectories (5 %)





Documentation

- Le succès de TraMineR est largement dû à sa documentation.
- Site internet http://mephisto.unige.ch/traminer
  - dernières nouvelles
  - aperçu des possibilités
  - documentation:
    - manuel de l'utilisateur (env. 120 pages)
    - tutoriels
    - version en ligne (html) du manuel de référence
    - publications de l'équipe
    - publications d'utilisateurs de TraMineR
  - information sur les formations à TraMiner



TraMineR

Sequence analysis in R

[home] [doc] [training] [preview] [who uses it] [history] [install] [help & contact]

TraMineR mailing-list

If you have questions about using TraMineR and/or encounter problems, please write to the TraMineR mailing-list

Online help

You can see here a short preview of what TraMineR can do for you. Just have a look to get the flavour of TraMineR's main features and of how easy it is to put them at work.
Reference manual [html], [pdf]. See also the TraMineR page on the CRAN.

Documentation

- Mailing-list
- Online help
- User's Guide
- Citing TraMineR
- Trainings
- Publications
- Links

TraMineR User's Guide

The User's guide of TraMineR (pdf, ~3.6MB) describes the features and usage of TraMineR by means of many examples from the social sciences. It may also serve as an introduction to discrete sequential data analysis.

Gabadinho, A., G. Ritschard, M. Studer and N. S. Müller, *Mining sequence data in R with the TraMineR package: A user's guide* University of Geneva, 2009. (http://mephisto.unige.ch/traminer)

Citing TraMineR

Thank you for citing the article below when presenting analyses realized with the help of TraMineR.

Gabadinho, A., Ritschard, G., Müller, N.S. & Studer, M. (2011), Analyzing and visualizing state sequences in R with TraMineR, *Journal of Statistical Software*. Vol. 40(4), pp. 1-37.

Tutorials and trainings

On our training page, you may find training materials from past course, workshops and tutorials.

Publications

QuickSearch: clear Number of matching entries: 19/19. Search Settings

2011

Gabadinho, A., Ritschard, G., Studer, M. & Müller, N.S. (2011), *"Extracting and Rendering Representative Sequences"*, In Fred, A., Dietz, J.L.G., Liu, K. & Filipe, J. (eds) Knowledge Discovery, Knowledge Engineering and Knowledge Management. Series: Communications in Computer and Information Science (CCIS). Volume 128, pp. 94-106. Springer-Verlag.

[Abstract] [BibTeX] [DOI] [Preprint (pdf)]

Gabadinho, A., Ritschard, G., Müller, N.S. & Studer, M. (2011), *"Analyzing and visualizing state sequences in R with TraMineR"*, Journal of Statistical Software. Vol. 40(4), pp. 1-37.

Site R-forge et communauté d'utilisateurs

Nous avons également créé

- une liste de discussion
- un site sur R-forge (https://r-forge.r-project.org/projects/traminer/) pour
  - mettre à disposition la version de développement,
  - permettre aux utilisateurs de reporter des bugs,
  - et de proposer des fonctionnalités.

Conclusion 1: Sur l'analyse de séquences

- Analyser trajectoires jusqu'à 45 ans, => ignorer les générations récentes
- Année naissance la plus récente 1957 (2002 – 45)
- Problèmes:
  - Granularité: année, mois, jour, ...
  - Définition des états: faut-il distinguer {séparé, divorcé, veuf} ou considérer comme un seul état? travaux de Raffaella Piccaretta

Conclusion 1: Sur l'analyse de séquences

- Analyser trajectoires jusqu'à 45 ans, => ignorer les générations récentes
- Année naissance la plus récente 1957 (2002 – 45)
- Problèmes:
  - Granularité: année, mois, jour, ...
  - Définition des états: faut-il distinguer {séparé, divorcé, veuf} ou considérer comme un seul état? travaux de Raffaella Piccaretta

Conclusion 2: Données manquantes et pondérations

- Données manquantes dans les séquences: problème capital
- TraMineR permet des traitements différenciés pour les données manquant à droite, gauche et à l'intérieur de ls séquence
  - considérer comme un état propre
  - supprimer (glissement à gauche des états subséquents)
  - imputer, mais comment?
- Pondération des cas
  - Prise en compte dans le rendu des séquences (pondération des caractéristiques transversales)
  - Solutions également pour ANOVA et test de permutation
  - Pas pertinent pour calcul des dissimilarités et des caractéristiques longitudinales

Conclusion 2: Données manquantes et pondérations

- Données manquantes dans les séquences: problème capital
- TraMineR permet des traitements différenciés pour les données manquant à droite, gauche et à l'intérieur de ls séquence
  - considérer comme un état propre
  - supprimer (glissement à gauche des états subséquents)
  - imputer, mais comment?
- Pondération des cas
  - Prise en compte dans le rendu des séquences (pondération des caractéristiques transversales)
  - Solutions également pour ANOVA et test de permutation
  - Pas pertinent pour calcul des dissimilarités et des caractéristiques longitudinales

Conclusion 3: Extension de l'analyse

- Comme TraMineR est une librairie R, ses sorties peuvent facilement être combinées dans même script avec d'autres procédures R
- Nous avons vu: l'analyse en clusters, MDS, ...
- In Widmer and Ritschard (2009),
  - Relation entre trajectoires occupationnelles and cohabitationnelles par des régressions des entropies longitudinales de chacune d'entre-elles sur les types occupationnels and cohabitationnels en contrôlant pour les cohorte de naissance et le sexe.
  - Etude aussi de l'appartenance au type par des régressions logistiques.

Conclusion 3: Extension de l'analyse

- Comme TraMineR est une librairie R, ses sorties peuvent facilement être combinées dans même script avec d'autres procédures R
- Nous avons vu: l'analyse en clusters, MDS, ...
- In Widmer and Ritschard (2009),
  - Relation entre trajectoires occupationnelles and cohabitationnelles par des régressions des entropies longitudinales de chacune d'entre-elles sur les types occupationnels and cohabitationnels en contrôlant pour les cohorte de naissance et le sexe.
  - Etude aussi de l'appartenance au type par des régressions logistiques.

Conclusion 3: Extension de l'analyse

- Comme TraMineR est une librairie R, ses sorties peuvent facilement être combinées dans même script avec d'autres procédures R
- Nous avons vu: l'analyse en clusters, MDS, ...
- In Widmer and Ritschard (2009),
  - Relation entre trajectoires occupationnelles and cohabitationnelles par des régressions des entropies longitudinales de chacune d'entre-elles sur les types occupationnels and cohabitationnels en contrôlant pour les cohorte de naissance et le sexe.
  - Etude aussi de l'appartenance au type par des régressions logistiques.

Conclusion 4: Application à d'autre type de données

- Les techniques discutées pour les séquences
- ... s'appliquent à toutes données non mesurables caractérisées par leur dissimilarités deux-à-deux.
- Seul aspect propre aux séquences d'états: rendu visuel.

Conclusion 4: A propos de TraMineR

- TraMineR est un outil unique pour analyse de séquences discrètes
- Peut faire beaucoup plus que ce qui a été vu,
  - gestion de données séquentielles
  - conversion entre séquences d'événements et d'états
  - dissimilarité multi-canal pour séquences parallèles
  - analyse de dispersion, arbre de régression
  - séquences d'événements: sous-séquences fréquentes,
  - sous-séquences discriminantes
  - ...
- ... et, comme R, disponible gratuitement sur le CRAN
  http://cran.r-project.org
- Voir aussi la page web
  http://mephisto.unige.ch/traminer

Conclusion 4: A propos de TraMineR

- TraMineR est un outil unique pour analyse de séquences discrètes
- Peut faire beaucoup plus que ce qui a été vu,
  - gestion de données séquentielles
  - conversion entre séquences d'événements et d'états
  - dissimilarité multi-canal pour séquences parallèles
  - analyse de dispersion, arbre de régression
  - séquences d'événements: sous-séquences fréquentes,
  - sous-séquences discriminantes
  - ...
- ... et, comme R, disponible gratuitement sur le CRAN
  http://cran.r-project.org
- Voir aussi la page web
  http://mephisto.unige.ch/traminer

Merci!

References I

Gabadinho, A., G. Ritschard, N. S. Müller, and M. Studer (2011). Analyzing and visualizing state sequences in R with TraMineR. *Journal of Statistical Software 40*(4), 1–37.

Gabadinho, A., G. Ritschard, M. Studer, and N. S. Müller (2009a). Mining sequence data in R with the TraMineR package: A user's guide. Technical report, Department of Econometrics and Laboratory of Demography, University of Geneva, Geneva.

Gabadinho, A., G. Ritschard, M. Studer, and N. S. Müller (2009b). Summarizing sets of categorical sequences. In *International Conference on Knowledge Discovery and Information Retrieval, Madeira, 6-8 October, 2009*, pp. 62–69. INSTICC. (Received the Best Paper Award).

Gower, J. C. (1966). Some distance properties of latent root and vector methods used in multivariate analysis. *Biometrika 53*(3/4), 325–338.

Kaufman, L. and P. J. Rousseeuw (2005). *Finding Groups in Data*. Hoboken: John Wiley & Sons.

References II

Maechler, M., P. Rousseeuw, A. Struyf, and M. Hubert (2005). Package 'cluster': Cluster analysis basics and extensions. Reference manual, R-project, CRAN.

McVicar, D. and M. Anyadike-Danes (2002). Predicting successful and unsuccessful transitions from school to work using sequence methods. *Journal of the Royal Statistical Society A 165*(2), 317–334.

Ritschard, G., A. Gabadinho, N. S. Müller, and M. Studer (2008). Mining event histories: A social science perspective. *International Journal of Data Mining, Modelling and Management 1*(1), 68–90.

Rousset, P. and J.-F. Giret (2009). A longitudinal analysis of labour market data with SOM. In J. R. Rabuñal, J. Dorado, and A. Pazos (Eds.), *Encyclopedia of Artificial Intelligence*, pp. 1029–1035. IGI Global.

Studer, M., G. Ritschard, A. Gabadinho, and N. S. Müller (2011). Discrepancy analysis of state sequences. *Sociological Methods and Research 40*(3), 471–510.

Widmer, E. and G. Ritschard (2009). The de-standardization of the life course: Are men and women equal? *Advances in Life Course Research 14*(1-2), 28–39.