

# Webinaire R4MultiData

présents : 16 personnes

Présentation par Marion Brandolini-Bunlon et Alyssa Imbert

CATI/PEPI(\*porteur) : eMPrEInTE Les porteurs :

- Marion BRANDOLINI-BUNLON, CATI eMPrEInTE
- Alyssa IMBERT, CATI SysMics
- Virginie ROSSARD, CATI CODEX
- Sébastien THEIL, CATI BOOM
- Elise MAIGNE, CATI Bios4Biol
- Jean-Michel ROGER, UMR ITAP (réseau ChemHouse)

## Questions suite à la présentation :

- Vous pouvez partager l'URL du site web de comparaison ? (j'ai pas eu le temps de noter)

<https://r4multidata.pages-forge.inrae.fr/r4manalysis/>

- dans le cas où les paramètres étaient identiques, est-ce que vous avez regardé la valeur de la solution ? oui. dans le cadre des méthodes sans sparsité), les valeurs étaient identiques Dans le cas multibloc, les méthodes de déflation sont différentes

- Si j'ai bien compris le moment où on voit le plus de différence, c'est le 0.88, sur la deuxième composante : est-ce vraiment une différence importante ? Plus on va loin dans les composantes, plus ça se dégrade Plus il y a de composantes, plus il risque d'y avoir des différences.

Qu'est ce qui bloque pour compléter le benchmark ? on va recommencer en simulant des données (varier le bruit) pour tester les cas limites et jouer sur le tune

Pour l'instant, on était plutôt sur des méthodes de "factorisation", réduction de dimension, y-a-t-il une volonté d'aller vers d'autres méthodes envisagées ? non

Perspectives :

- on a fait des retours aux développeurs des packages Mixomics et RGCCA : très bon retour des porteurs, les bugs ont été transmis et pourront être mobilisés lors de formations
- publication des résultats

From:

<https://pepi2g.wiki.inrae.fr/> - pepi2g

Permanent link:

[https://pepi2g.wiki.inrae.fr/doku.php?id=reunions\\_mensuelles:cr\\_20260611&rev=1781181841](https://pepi2g.wiki.inrae.fr/doku.php?id=reunions_mensuelles:cr_20260611&rev=1781181841)

Last update: **2026/06/11 14:44**



