

# Cluster Analysis

Daniel Czarniewicz

## Descripción general

El objetivo general del análisis de clusters es formar grupos (**clusters**) de acuerdo a la algunas características de interés. El procedimiento general puede describirse de la siguiente forma:

- Se parte de la matriz de datos  $\mathbf{X}_{I \times J}$ , generalmente estandarizada.
- Se define alguna forma de medir similitudes entre los individuos (medida de distancia).
- Se crea la matriz  $\mathbf{D}_{I \times I}$  donde el elemento  $d_{ij}$  mide el grado de similitud entre los individuos  $i$  y  $j$ .
- Se definen algoritmos de clasificación.
- Se definen stopping rules.
- Se selecciona el número de grupos en función de las características consideradas.

El análisis de clusters forma parte de los llamados métodos de clasificación no supervisada.

La metodología también puede aplicarse por variables, en lugar de por observaciones. El objetivo en estos casos es detectar similitudes o jerarquías entre las variables para luego utilizar métodos de reducción de dimensionalidad.

## Medidas de distancia

La similitud entre objetos es una medida de correspondencia, asociación o parecido entre objetos que van a ser agrupados. La semejanza puede ser definida mediante una función  $s_{ij} : \mathbb{R}^J \rightarrow \mathbb{R}$ , donde  $s_{ij} = s_{ji} \ \forall i \forall j$ . Para que  $s_{ij}$  sea un índice de similitud debe cumplirse que  $s_{ij} \leq s_{ii} = s_{jj} \ \forall i \forall j$ , y, en general,  $0 \leq s_{ij} \leq 1$ .

Si  $s_{ij}$  es un índice de similaridad, entonces  $d_{ij} = 1 - s_{ij}$  es un índice de disimilaridad con:

- $0 \leq d_{ij} \leq 1$

- $d_{ij} = 0 \Leftrightarrow i = j$ , por lo tanto,  $d_{ii} = d_{jj} = 0 \quad \forall i \forall j$
- $d_{ij} = d_{ji}$  (propiedad de simetría).

Llamaremos **distancia (en el espacio métrico E)** a las disimilariades que satisfacen:

- i)  $d_{ij} > 0 \quad \forall (i, j) \in E \text{ con } i \neq j$
- ii)  $d_{ij} = 0 \Leftrightarrow i = j \quad \forall (i, j) \in E$
- iii)  $d_{ij} \leq d_{ik} + d_{kj} \quad \forall (i, k, j) \in E$  (desigualdad triangular)

## Algunas medidas de distancia comúnmente utilizadas

Para variables cuantitativas y siendo  $p$  el número de variables:

$$\text{Dist. Euclídea: } d_{ij}^2 = \sum_{k=1}^p (x_{ik} - x_{jk})^2$$

$$\text{Dist. Euclídea Reducida: } d_{ij}^2 = \sum_{k=1}^p \frac{(x_{ik} - x_{jk})^2}{s_k^2}$$

$$\text{Dist. Minkowski de orden } t: d_{ij}^2 = \sum_{k=1}^p \frac{|x_{ik} - x_{jk}|^t}{s_k^t}$$

$$\text{Dist. Mahalanobis: } d_{ij}^2 = (x_{ik} - x_{jk})' \Sigma^{-1} (x_{ik} - x_{jk})$$

## Variables cualitativas

Cuando en los datos se consideran varias variables cualitativas y cuantitativas, las distancias antes descritas no son buenas medidas de la disimilaridad entre los elementos muestrales. Para poder trabajar con ellas se construye el índice de similaridad global, a partir de los índices por variables. La similitud entre los elementos  $i$  y  $h$  en las  $j = 1; \dots, p$  variables se define como:

$$s_{ih} = \frac{\sum_{j=1}^p w_{jih} s_{jih}}{\sum_{j=1}^p w_{jih}}$$

donde  $s_{jih}$  es el índice de similaridad entre los elementos  $i$  y  $h$  en la variable  $j$ , y  $w_{jih}$  es el peso asignado a la variable  $j$ , pudiendo este ser incluso 1 o 0.

Los índices de similitud para cada tipo de variable se construyen de la siguiente forma:

- **Variables cualitativas:** puede construirse por bloque o para cada variable.
  - Cuando se realiza por variable la similitud será 1 en los casos en que ambas unidades posean o no el atributo, y 0 en caso de que una de ellas lo posea y la otra no.
  - Cuando se las trata de forma conjunta se construyen tablas de asociación contando los atributos presentes en:
    - \* ambos elementos:  $a$
    - \* en  $i$  y no en  $h$ :  $b$
    - \* en  $h$  y no en  $i$ :  $c$
    - \* en ningún elemento:  $d$

Luego la similitud puede construirse mediante:

- \* *Prop. de coincidencias:* se calcula como el número total de coincidencias sobre el número total de atributos.

$$s_{ij} = \frac{a + d}{n_a}$$

- \* *Prop. de apariciones:* proporción de veces donde el atributo aparece en ambas observaciones.

$$s_{ij} = \frac{a}{a + b + c}$$

- **Variables cuantitativas:**

$$s_{jih} = 1 - \frac{|x_{ij} - x_{hj}|}{rg(x_j)}$$

Una vez construidas las similaridades la distancia puede definirse como  $d_{ij} = 1 - s_{ij}$ , pero esta puede no cumplir la propiedad triangular. Para los casos en que la matriz sea semi definida positiva, dicha propiedad sí se cumplirá si se calcula la distancia como:

$$d_{ij} = \sqrt{2(1 - s_{ij})}$$

## Grupos

Existen distintos métodos a través de los cuales construir los grupos. Los mismos se clasifican según sean *divisivos* o *agregativos*, y según sean *jerárquicos* o *no jerárquicos*.

- **Métodos divisivos:** se parte de un solo grupo con  $I$  individuos y se particiona hasta obtener  $I$  grupos con 1 individuo cada uno.
- **Métodos agregativos:** se parte de  $I$  grupos con 1 individuo cada uno y se agregan hasta obtener 1 grupo con  $I$  individuos.
- **Métodos jerárquicos:** genera particiones solapadas. No permite la reasignación de unidades. Estrictamente, no genera grupos, sino la estructura de asociación en cadena que pueda existir entre los elementos. Dicha jerarquía puede utilizarse para conformar grupos.
- **Métodos no jerárquicos:** se predetermina la cantidad de grupos no solapados. Permite la reasignación de unidades.

### Métodos jerárquico-agregativos.

En los métodos jerárquico-agregativos se parte de  $I$  grupos con un individuo cada uno, los cuales se agregan hasta obtener 1 grupo con  $I$  individuos. En cada paso, los individuos o grupos más parecidos se unen para formar un nuevo grupo. Esto implica que los individuos agrupados en pasos anteriores no pueden cambiar de grupo (a esto nos referimos cuando hablamos de particiones no solapadas).

El primer paso es siempre igual y muy sencillo. Se parte de la matriz de datos  $\mathbf{X}_{I \times J}$ , y se construye la matriz de distancia  $\mathbf{D}_{I \times I}$  según la métrica seleccionada. Luego, las dos unidades más parecidas (es decir, la de menor distancia), se unen para formar un grupo.

El problema comienza con los pasos subsiguiente cuando deben unirse observaciones con grupos previamente formados, o grupos con grupos. La pregunta a la que se debe dar respuesta es ¿cuál es la distancia entre la observación  $k$ , y el grupo formado por las observaciones  $i$  y  $j$ ? (Análogamente uno podría preguntarse cuál es la distancia entre el grupo  $U_1$  y el grupo  $U_2$ , siendo estos dos grupos formados en pasos anteriores del algoritmo). Para definir estas distancias existen distintos criterios:

- **Single Linkage:**  $d_{(i,j),k} = \min\{d_{i,k}; d_{j,k}\}$
- **Complete Linkage:**  $d_{(i,j),k} = \max\{d_{i,k}; d_{j,k}\}$
- **Average Linkage:** la distancia entre dos grupos es el promedio entre las distancias entre pares de observaciones. Es sesgado hacia la formación de grupos con igual varianza.
- **Centroide:** define la distancia entre los grupos  $K$  y  $L$  como  $d_{(K,L)} = \|\bar{x}_K - \bar{x}_L\|^2$ . Tiene el beneficio de ser robusto a la presencia de outliers.

- **Ward:** la unión entre grupos se realiza de forma tal de minimizar la varianza interna.

$$\underbrace{\sum_{i=1}^I \sum_{j=1}^J (x_{ij} - \bar{x}_j)^2}_{T \text{ (Total variance)}} = \underbrace{\sum_{k=1}^K \sum_{i=1}^{n_k} \sum_{j=1}^J \left(x_{ij}^{(k)} - \bar{x}_j^{(k)}\right)^2}_{W \text{ (Within group variance)}} + \underbrace{\sum_{k=1}^K \sum_{j=1}^J n_k \left(\bar{x}_j^{(k)} - \bar{x}_j\right)^2}_{B \text{ (Between group variance)}}$$

Esto puede verse en términos de distancias realizando las sumas en  $J$ :

- $T$  es la suma de las distancias entre cada una de las  $i$  observaciones y el centroide de las observaciones, es decir:  $\sum_{i=1}^I \sum_{j=1}^J (x_{ij} - \bar{x}_j)^2 = \sum_{i=1}^I d_{(i,G)}^2$
- $W$  es la suma de las distancias entre cada una de las observaciones y el centroide del grupo  $k$ , es decir:  $\sum_{k=1}^K \sum_{i=1}^{n_k} \sum_{j=1}^J \left(x_{ij}^{(k)} - \bar{x}_j^{(k)}\right)^2 = \sum_{k=1}^K \sum_{i=1}^{n_k} d_{(i,G_k)}^2$
- $B$  es la suma de  $n_k$ -veces las distancias entre el centroide del grupo  $k$  y el centroide total de las observaciones, es decir:  $\sum_{k=1}^K \sum_{j=1}^J n_k \left(\bar{x}_j^{(k)} - \bar{x}_j\right)^2 = \sum_{k=1}^K n_k d_{(G_k,G)}^2$ .

El crecimiento de la inercia intraclase puede medirse mediante:

$$\Delta_{(K \cup L)} = \frac{n_K n_L}{n_K + n_L} d_{(G_K, G_L)}^2$$

El algoritmo de Ward es sesgado hacia la formación de grupos de igual tamaño.

### Características generales:

- Ward y Centroide tienden a formar grupos más esféricos. Son menos sensibles a la presencia de outliers.
- Complete Linkage tiende a producir grupos esféricos de diámetro muy parecidos.
- Single Linkage es más sensible a la presencia de outliers (los cuales generan un efecto cadena). El algoritmo tiende a separar a los outliers dejando grupos unitarios para el final.

### Métodos jerárquico-divisivos.

Trabaja en dirección opuesta a los métodos agregativos. Es decir, parten de 1 grupo con  $I$  observaciones y en cada paso dividen el grupo jerárquico del que parten buscando construir los grupos más disímiles.

## Stopping Rules

Un problema en el análisis de clusters mediante métodos jerárquicos consiste en poder determinar cuántos grupos deben formarse. Es decir, cuándo debe frenarse el algoritmo de unión y proceder a describirse los grupos hasta entonces formados. Para ayudar con esto se recurre a los siguiente indicadores:

- Inspección visual del dendrograma.
- $R^2$ : el índice se calcula a cada paso teniendo en cuenta la relación entre la varianza interna ( $W$ ) y la varianza total ( $T$ ):  $R^2 = 1 - \frac{W}{T}$ . Cuando se tienen  $I$  grupos de 1 individuo,  $R^2 = 1$ . Cuando se tiene un grupo de  $I$  individuos,  $R^2 = 0$ . Si al pasar de  $k + 1$  grupos a  $k$  grupos el aporte al  $R^2$  no es significativo, nos quedamos con  $k + 1$  grupos.

- *pseudo* –  $F$ :

$$F_{p(k-1); p(n-k)} = \frac{tr(B)/(k-1)}{tr(W)/(n-k)} = \frac{R^2/(k-1)}{(1-R^2)/(n-k)}$$

- Si  $F$  crece de forma monótona al crecer la cantidad de grupos  $k$ , entonces no se puede determinar una clara estructura de grupos.
- Si  $F$  decrece de forma monótona al crecer la cantidad de grupos  $k$ , entonces no se puede determinar una clara estructura de grupos, pero se puede decir que existe una estructura jerárquica.
- Si  $F$  presenta un máximo en  $k$  grupos, entonces la población presenta un número definido de grupos en dicho máximo.

- *pseudo* –  $t^2$ :

$$t^2 = \frac{tr(W_{G,L}) - [tr(W_G) + tr(W_L)]}{[tr(W_G) + tr(W_L)]/(n_G + n_L - 2)}$$

Si al pasar de  $k + 1$  a  $k$  grupos el índice presenta una caída muy grande, entonces nos quedamos con  $k + 1$  grupos. La idea es que el aumento de la heterogeneidad es demasiado grande y no conviene unir los grupos.

## Métodos no jerárquico.

Los métodos no jerárquicos son también conocidos como métodos de partición, dado que se basan en particionar los datos en una cantidad predeterminada de grupos,  $G$ . Una forma de trabajar este problema sería construir todos los posibles  $G$  grupos en los que las  $n$  observaciones podrían particionarse. El problema de esto es que la cantidad posible de grupos a estudiar es prohibitivamente grande incluso para valores moderados de  $n$ .

## k-medias

El algoritmo más utilizado para realizar dichas particiones es conocido como **k-medias**, y requiere de las siguientes cuatro etapas:

- Seleccionar  $G$  puntos como centros de los grupos.
- Calcular la distancia euclídea de cada observación a los centros de cada grupo, y asignar cada una de ellas al centro más próximo. Cada vez que una observación es asignada a un grupo, se recalcula el centro de dicho grupo.
- Definir un criterio de optimalidad y comprobar si reasignar uno a uno cada elemento de un grupo a otro mejora el criterio.
- Si no es posible mejorar el criterio, terminar el proceso.

El método es sensible a la elección de los centros iniciales. Siempre se recomienda realizar el procedimiento con varios sets de centros iniciales. Si los resultados cambian drásticamente entre un set y otro, o si el algoritmo demora mucho tiempo en converger, puede deberse a que no exista una estructura de grupos en los datos.

k-medias también puede utilizarse en conjunto con métodos jerárquicos de la siguiente forma. Luego de construir los clusters mediante algún método jerárquico, los centros de dicho grupos se utilizan como puntos iniciales para el algoritmo.

Un criterio de optimalidad u homogeneidad comúnmente utilizado es minimizar la *suma de cuadrados dentro de los grupos* (SCDG)<sup>1</sup>:

$$\min\{SCDG\} = \min \left\{ \sum_{g=1}^G \sum_{j=1}^p \sum_{i=n_g}^G (x_{ijg} - \bar{x}_{jg})^2 \right\} = \min \left\{ \sum_{g=1}^G \sum_{j=1}^p n_g s_{jg}^2 \right\}$$

donde  $x_{ijg}$  es el valor de la variable  $j$  en el elemento  $i$  del grupo  $g$ ,  $\bar{x}_{jg}$  es la media de dicha variable en dicho grupo,  $n_g$  es la cantidad de observaciones en el grupo  $g$ , y  $s_{jg}^2$  es la varianza muestral de la variable  $j$  en el grupo  $g$ .

Dado que encontrar la optimalidad de este criterio implicaría calcularlo para todas las posibles particiones de las  $n$  observaciones, se agrega la restricción de que en cada iteración del algoritmo, solo una observación sea reasignada. El algoritmo se implementa de la siguiente forma entonces:

- Partir de una asignación inicial.
- Comprobar si moviendo algún elemento se reduce  $\mathbf{W}$ .
- Si es posible, mover el elemento, recalcular las medias de los dos grupos afectados por el cambio, y volver al paso anterior. Si no es posible reducir  $\mathbf{W}$ , terminar.

---

<sup>1</sup>Este criterio equivale a minimizar la traza de la matriz de varianzas internas de los grupos,  $\mathbf{W}$ .

Este mismo algoritmo puede utilizarse tomando otro tipos de centros. Por ejemplo, k-medoides toma como centros iniciales a los individuos representativos de cada grupo. Por representativos nos referimos a los individuos que minimizan la disimiliaridad promedio a todos los objetos del cluster.

## **KNN**

## **Clusters basados en modelos**

## **Fuzzy sets**