实验五:层次聚类

Hierarchical Clustering

基本概念

• 定义: 聚类就是对大量未知标注的数据集,按数据的内在相似性将数据集划分为多个类别,使**类别内的数据相似度较大而类别间的数据相似度较小**。

• 对象: 观测数据或样本集合

• 核心概念: 相似度 (Similarity) /距离 (Distance)

• 场景: 图片检索: 图片内容相似度

图片分割: 图片像素 (颜色) 相似度

网页聚类: 文本内容相似度

社交网络聚类: (被) 关注人群, 喜好, 喜好内容

电商用户聚类:点击/加购/购买商品

相似性计算方法总结

• Pearson 相关系数: $\rho_{ij} = \frac{\sum\limits_{k=1}^{m} (x_{ki} - \overline{x}_i)(x_{kj} - \overline{x}_j)}{\sqrt{\sum\limits_{k=1}^{m} (x_{ki} - \overline{x}_i)^2} \sqrt{\sum\limits_{k=1}^{m} (x_{kj} - \overline{x}_j)^2} }$

• 余弦相似度 (Cosine similarity): $s_{ij} = \frac{\sum_{k=1}^{m} x_{ki} x_{kj}}{\sqrt{\sum_{k=1}^{m} x_{ki}^2} \sqrt{\sum_{k=1}^{m} x_{kj}^2}}$

越接近于 1,表示样本越相似;越接近于 0,表示样本越不相似。 用相似性度量时,相关系数越大样本越相似。

距离计算方法总结

样本集合为
$$X = [x_{ij}]_{m \times n}, \quad x_i = (x_{1i}, x_{2i}, \dots, x_{mi})^T, \quad x_j = (x_{1j}, x_{2j}, \dots, x_{mj})^T$$

• 闵可夫斯基距离 (Minkowski): $d_{ij} = \left(\sum_{k=1}^{m} |x_{ki} - x_{kj}|^p\right)^{\frac{1}{p}}$

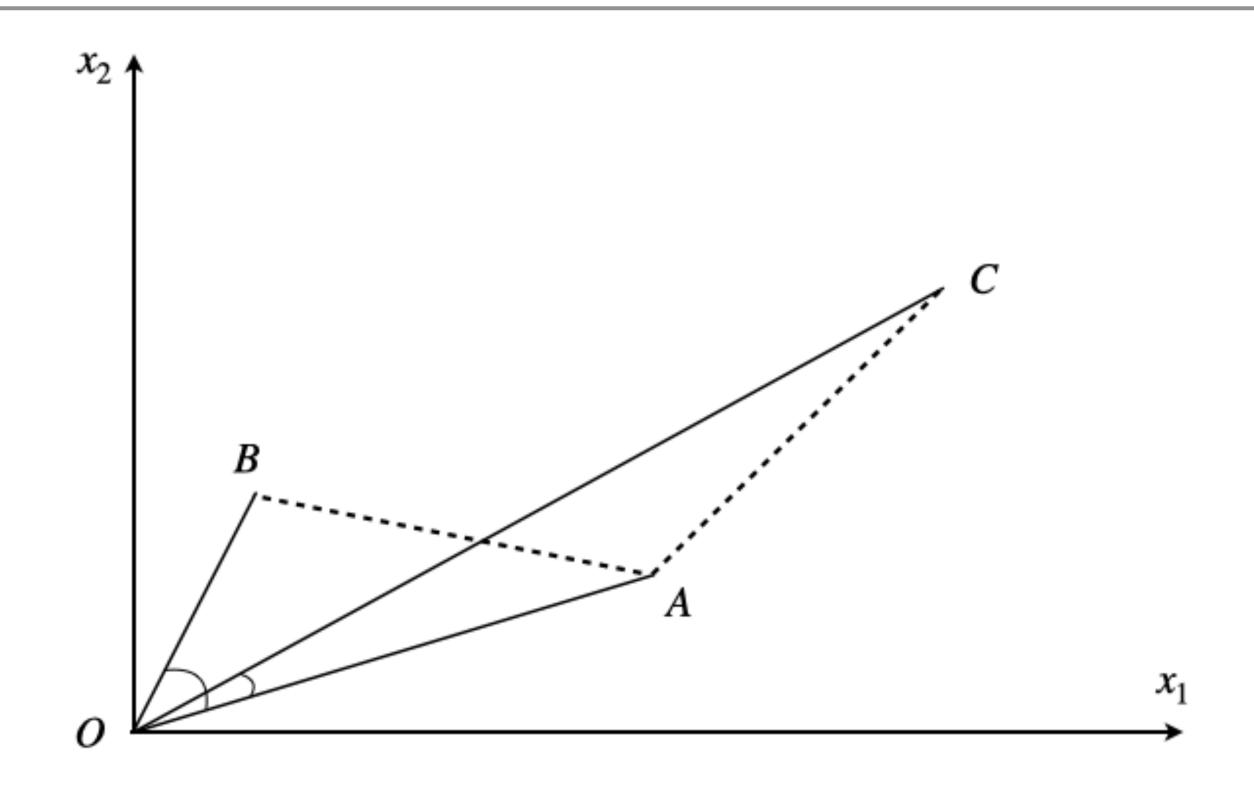
p=2,欧式距离;p=1,曼哈顿距离;p=∞,切比雪夫距离

• 马哈拉诺比斯距离 (Mahalanobis): $d_{ij} = \left[(x_i - x_j)^T S^{-1} (x_i - x_j) \right]^{\frac{1}{2}}$

X 的协方差矩阵记作 S。S 为单位矩阵时,即样本数据的各个分量互相独立且各个分量的方差为 1 时,马氏距离就是欧式距离。

用距离度量时,距离越大相似度越小,距离越小相似度越大。

距离与相关系数



如果从距离的角度看,A和B比A和C更相似;但是从相关系数的角度看,A和C比A和B更相似。所以进行聚类时,选择合适的距离或相似度非常重要!

层次聚类

层次聚类假设类别之间存在层次结构,将样本聚到层次化的类中。层次聚类属于硬聚类,因为每个样本只属于一个类别。

• 聚合聚类 (bottom-up)

采用自底向上的策略,开始将每个样本各自分到一个类;之后将相距最近的两类合并,建立一个新的类,重复操作直到满足停止条件;得到层次化的类别

• 分裂聚类 (top-down):

采用自顶向下的策略,开始将所有样本分到一个类;之后将已有类中相距最远的样本分到两个新的类,重复操作直到满足停止条件;得到层次化的类别

聚合聚类

输入:n个样本组成的样本集合及样本之间的距离;

输出:对样本集合的一个层次化聚类。

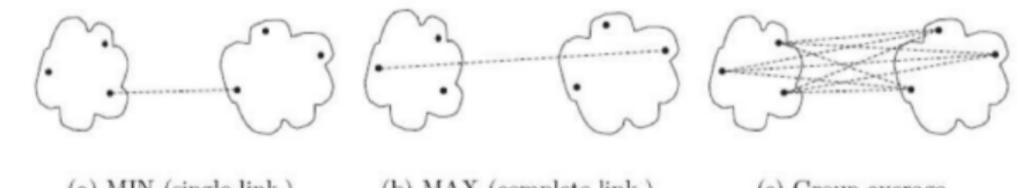
- ① 计算 n 个样本两两之间的<mark>欧式距离</mark> $\{d_{ij}\}$,记作矩阵 $D=[d_{ij}]_{n\times n}$
- ② 构造 n 个类,每个类只包含一个样本
- ③合并类间距离最小的两个类,其中最短距离为类间距离,构建一个新类
- ④ 计算新类与当前各类的距离。若<mark>类的个数为 1</mark>,终止计算,否则回到步骤3时间复杂度为 $O(n^3m)$,m 是样本的维数,n 是样本个数

聚合聚类

例:给定 5 个样本集合,样本之间的欧式距离由 $D = [d_{ij}]_{n \times n}$ 表示: $D = \begin{bmatrix} 0 & 7 & 2 & 9 & 3 \\ 7 & 0 & 5 & 4 & 6 \\ 2 & 5 & 0 & 8 & 1 \\ 9 & 4 & 8 & 0 & 5 \\ 3 & 6 & 1 & 5 & 0 \end{bmatrix}$ ② $D_{35} = D_{53} = 1$ 为最小,把 G_3 和 G_5 合并为一个新类 $G_6 = \{x_3, x_5\}$ $0 = \begin{bmatrix} 0 & 7 & 2 & 9 & 3 \\ 7 & 0 & 5 & 4 & 6 \\ 2 & 5 & 0 & 8 & 1 \\ 9 & 4 & 8 & 0 & 5 \\ 3 & 6 & 1 & 5 & 0 \end{bmatrix}$

- ③ 计算 G_6 与另 3 类之间的最短距离: $D_{61} = 2, D_{62} = 5, D_{64} = 5$ 其余两类之间距离是: $D_{12} = 7, D_{14} = 9, D_{24} = 4$ 由于 $D_{61} = 2$ 最小,所以将 G_1 和 G_6 合并成一个新类,记作 $G_7 = \{x_1, x_3, x_5\}$
- ④ 计算 G_7 与另 2 类之间的最短距离: $D_{72} = 5$, $D_{74} = 5$, 又有 $D_{24} = 4$, 将 G_2 和 G_4 合并成一个新 类,记作 $G_8 = \{x_2, x_4\}$
- ⑤ 将 G_7 和 G_8 合并成一个新类,记作 $G_9 = \{x_1, x_2, x_3, x_4, x_5\}$,即将全部样本聚成一类,聚类终止。

类与类之间的距离



- (a) MIN (single link.)
- (b) MAX (complete link.)
- (c) Group average.

类 G_p 与类 G_q 之间的距离 D(p,q),也称为连接,设类 G_p 包含 n_p 个样本,类 G_q 包含 n_q 个样本,连接有以下定义:

- 最短距离 / 单连接 (single linkage):类 G_p 的样本与 G_q 的样本之间的最短距离 $D_{pq}=min\{d_{ij}|x_i\in G_p,x_j\in G_q\}$
- 最长距离 / 全连接 (complete linkage): 类 G_p 的样本与 G_q 样本之间的最长距离 $D_{pq} = \max\{d_{ij} | x_i \in G_p, x_j \in G_q\}$
- 平均距离 (average linkage): 类 G_p 与 G_q 任意两个样本之间距离的平均值

$$D_{pq} = \frac{1}{n_p n_q} \sum_{x_i \in G_p} \sum_{x_j \in G_q} d_{ij}$$

实验要求

np.random.multivariate_normal(mean, cov, temp_num)

- 数据集: 生成 2000 个样例, 每个样例的前 3 列表示特征, 第 4 列表示标签
- 基本要求(4'): 绘制聚类前后样本分布情况
 - (1) 实现 single-linkage 层次聚类算法;
 - (2) 实现 complete-linkage 层次聚类算法。
- 中级要求(1'):实现 average-linkage 层次聚类算法,绘制样本分布图。
- 提高要求(1'): 对比上述三种算法, 给出结论。
- 拓展要求:通过变换聚类簇的个数,测试上述三种算法的性能,并给出分析。