# 聚类分析KMEANS

## 目录 CONTENTS

01 基本概念

02

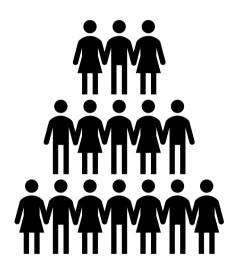
03 KMEANS算法

# 01

基本概念



### 聚类应用



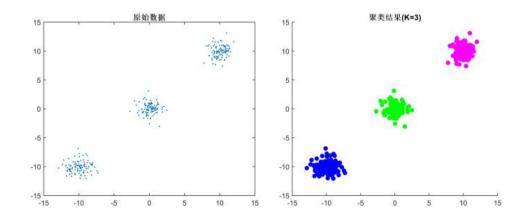






### 聚类概述

聚类是针对给定的样本,依据它们的特征的相似度或距离,将其归并到若干个"类"或"簇"的数据分析问题。一个类是给定样本集合的一个子集。



#### Wholesale customers data

Channel	Region	Fresh	Milk	Grocery	Frozen	Detergents_Paper	Delicassen
2	3	12669	9656	7561	214	2674	1338
2	3	7057	9810	9568	1762	3293	1776
2	3	6353	8808	7684	2405	3516	7844
1	3	13265	1196	4221	6404	507	1788
2	3	22615	5410	7198	3915	1777	5185
2	3	9413	8259	5126	666	1795	1451
2	3	12126	3199	6975	480	3140	545
2	3	7579	4956	9426	1669	3321	2566
1	3	5963	3648	6192	425	1716	750
2	3	6006	11093	18881	1159	7425	2098
2	3	3366	5403	12974	4400	5977	1744
2	3	13146	1124	4523	1420	549	497

- Wholesale的案例数据表明了其消费者对不同类别商品的年度消费金额;
- 目标是根据消费记录客户进行类别划分
- FRESH: annual spending (m.u.) on fresh products (Continuous);
- MILK: annual spending (m.u.) on milk products (Continuous);
- GROCERY: annual spending (m.u.) on grocery products (Continuous);
- FROZEN: annual spending (m.u.)on frozen products (Continuous);
- DETERGENTS\_PAPER: annual spending (m.u.) on detergents and paper products (Continuous);
- DELICATESSEN: annual spending (m.u.)on and delicatessen products (Continuous);
- CHANNEL: customers Channel Horeca (Hotel/Restaurant/Cafe) or Retail channel (Nominal);
- REGION: customers Region Lisnon, Oporto or Other (Nominal);

# 02

距离计算

### 闵可夫斯基距离

**定义**: 给定样本集合X , X是 m 维实数向量空间 $\mathbb{R}^m$ 中点的集合 , 其中 ,

$$(x_i,x_j\in X,x_i=(x_{1i},x_{2i},\cdots,x_{mi})^{\mathrm{T}},x_j=(x_{1j},x_{2j},\cdots,x_{mj})^{\mathrm{T}}$$

样本 $x_i$ ,  $x_i$ 的闵可夫斯基距离定义为:

$$d_{ij} = \left(\sum_{k=1}^m \left|x_{ki} - x_{kj}
ight|^p
ight)^{rac{1}{p}}$$
 闵可夫斯基距离越大相似度越小,距离越小相似度越大

当p = 2时称为欧式距离

$$d_{ij} = \left(\sum_{k=1}^m \left|x_{ki} - x_{kj}
ight|^2
ight)^{rac{1}{2}}$$

当p = 1时称为曼哈顿距离

$$d_{ij}=\sum_{k=1}^m \lvert x_{ki}-x_{kj} 
vert$$

### 马哈拉诺比斯距离

**马氏距离:**考虑各个特征之间的相关性并与各个特征的尺度无关。马氏距离越大相似度越小,距离越小相似度越大。

**定义:**给定一个样本集合X ,  $X=[x_{ij}]_{m\times n}$  , 其协方差矩阵记作S。样本 $x_i$ 和样本 $x_j$ 之间的马氏距离 $d_{ij}$ 定义为

$$d_{ij} = \left[\left(x_i - x_j
ight)^{ ext{T}} S^{-1} (x_i - x_j)
ight]^{rac{1}{2}}$$

其中

$$x_i = (x_{1i}, x_{2i}, \cdots, x_{mi})^{\mathrm{T}}, \quad x_j = (x_{1j}, x_{2j}, \cdots, x_{mj})^{\mathrm{T}}$$

当*S*为单位矩阵时,即样本数据的各个分量互相独立且各自分量的方差为1时,马氏距离就是欧式距离,所以马氏距离是欧式距离的推广。

## 11 相关系数

**相关系数**:样本之间的相似度使用相关系数来表示。相关系数的值越接近1,表示样本越相似;越接近0,表示样本越不相似。

定义: 样本 $x_i$ 和样本 $x_j$ 之间的相关系数

$$r_{ij} = rac{\sum_{k=1}^{m}(x_{ki} - ar{x}_i)(x_{kj} - ar{x}_j)}{\left[\sum_{k=1}^{m}\left(x_{ki} - ar{x}_i
ight)^2\sum_{k=1}^{m}\left(x_{kj} - ar{x}_j
ight)^2
ight]^{rac{1}{2}}}$$

**余弦距离:**样本之间的夹角余弦来表示。夹角余弦的值越接近1,表示样本越相似;越接近0,表示样本越不相似。

**定义**: 样本 $x_i$ 和样本 $x_j$ 之间夹角余弦

$$s_{ij} = rac{\sum_{k=1}^{m} x_{ki} x_{kj}}{\left[\sum_{k=1}^{m} x_{ki}^2 \sum_{k=1}^{m} x_{kj}^2
ight]^{rac{1}{2}}}$$

# 03

聚类算法

### K均值聚类的两步骤:

- 1. 选择k个类的中心,将样本逐个指派与其最近的中心类中,得到一个聚类结果
- 2. 更新每个类的样本均值,作为类的新的中心

重复以上步骤, 直到收敛为止。

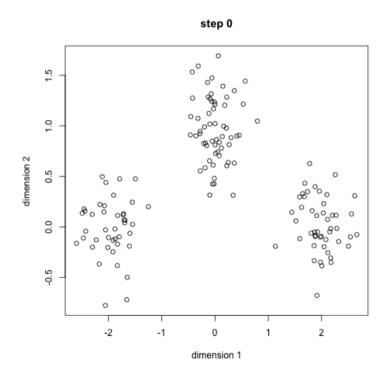
### 聚类算法

输入: n个样本的集合X

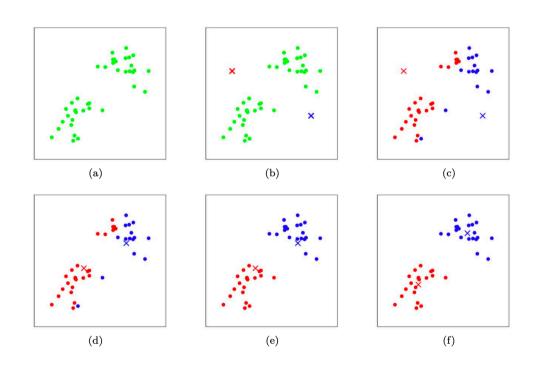
输出: 样本集合的聚类

- 1. 初始化。令 t = 0,随机选择 k 个样本点作为初始聚类中心 $\mathbf{m}^{(0)} = \left(\mathbf{m}_1^{(0)}, \mathbf{m}_2^{(0)}, ..., \mathbf{m}_k^{(0)}\right)$
- 2. 对样本进行聚类。对固定的类中心 $\mathbf{m}^{(t)} = \left(\mathbf{m}_{1}^{(t)}, \mathbf{m}_{2}^{(t)}, ..., \mathbf{m}_{l}^{(t)}, ..., \mathbf{m}_{k}^{(t)}\right)$ ,其中 $\mathbf{m}_{l}^{(t)}$ 为类中心,计算每个样本到类中心的距离,将每个样本指派到与其最近的中心的类中,构成聚类结果 $\mathbf{C}^{(t)}$
- 3. 计算新的类的中心。对聚类结果 $C^{(t)}$ ,计算当前各个类中的样本的均值,作为新的类中心  $m^{(t+1)} = \left(m_1^{(t+2)}, m_2^{(t+1)}, ..., m_l^{(t+1)}, ..., m_k^{(t+1)}\right),$
- 4. 如果迭代收敛或符合停止条件,输出聚类结果;否则,令t=t+1,返回步骤2

## 聚类算法动态演示



### 聚类过程



### 初 始 化

- (a) 原始数据集
- (b) 随机初始化聚类中心

### 样本聚类

- (c) 样本进行类别分配
- (d) 重新计算聚类中心
- (e) 重新进行样类别分配

### 聚类模型

(f) 两次迭代, 最终聚类结束, 形成两个类

### 优点:

- 1. 原理比较简单,实现也是很容易,收敛速度快。
- 2. 当结果簇是密集的,而簇与簇之间区别明显时,它的效果较好。
- 3. 主要需要调参的参数仅仅是簇数k。

#### 缺点:

- 1. K值需要预先给定,很多情况下K值的估计是非常困难的。
- 2. K-Means算法对初始选取的质心点是敏感的,不同的随机种子点得到的聚类结果完全不同,对结果影响很大。
- 3. 对噪音和异常点比较的敏感。用来检测异常值。
- 4. 采用迭代方法,**可能只能得到局部的最优解, 而无法得到全局的最优解**。