







Curso CICADA 2022

(slides prestadas del curso "Laboratorio de Datos" de la UBA)



UNIVERSIDAD DE LA REPUBLICA URUGUAY











¿Por qué estudiamos aprendizaje No-Supervisado?









¿Por qué estudiamos aprendizaje No-Supervisado?

Es más **fácil** <u>conseguir datos</u> y más **barato**, es más que nada data generada con una máquina (no hay que pagarle a alguien para identificar clases o chequear el output)









¿Por qué estudiamos aprendizaje No-Supervisado?

Es más **fácil** <u>conseguir datos</u> y más **barato**, es más que nada data generada con una máquina (no hay que pagarle a alguien para identificar clases o chequear el output)



(F) Acción/Crimen

detección de tópicos







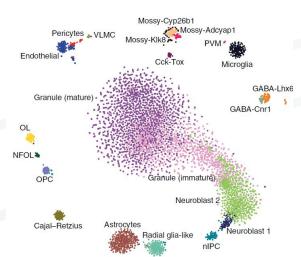
:::: Motivación

¿Por qué estudiamos aprendizaje No-Supervisado?

Es más **fácil** <u>conseguir datos</u> y más **barato**, es más que nada data generada con una máquina (no hay que pagarle a alguien para identificar clases o chequear el output)



detección de tópicos



Identificación tipos celulares









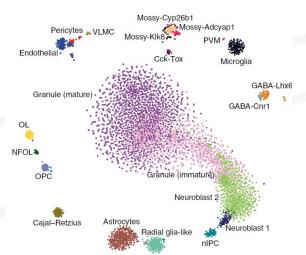
::::: Motivación

¿Por qué estudiamos aprendizaje No-Supervisado?

Es más **fácil** <u>conseguir datos</u> y más **barato**, es más que nada data generada con una máquina (no hay que pagarle a alguien para identificar clases o chequear el output)



detección de tópicos



Identificación tipos celulares



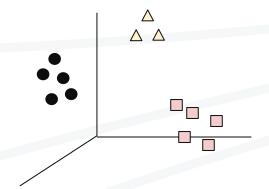
Recomendación/Publicidad







Encontrar **subgrupos** (clústers) en los datos

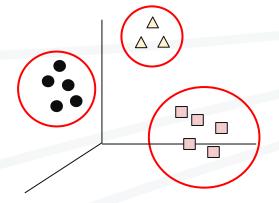








Encontrar **subgrupos** (clústers) en los datos

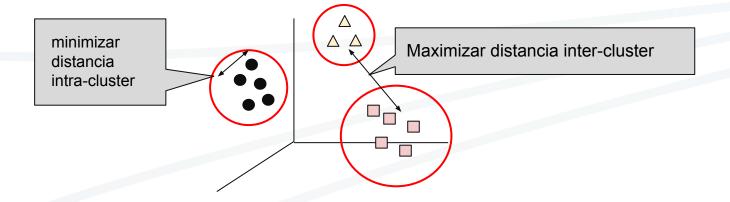








Encontrar **subgrupos** (clústers) en los datos

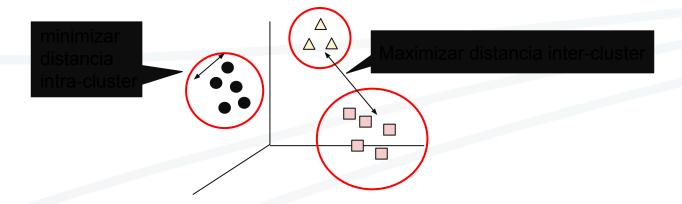








Encontrar **subgrupos** (clústers) en los datos



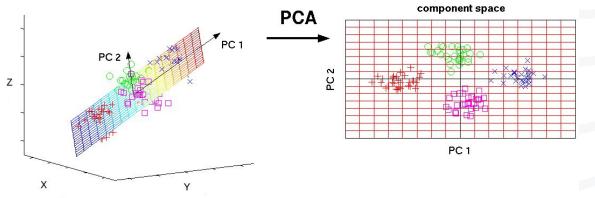
Observaciones dentro de un cluster **similares** Observaciones entre clusters **no similares**







original data space



Reducir dimensión maximizando la varianza

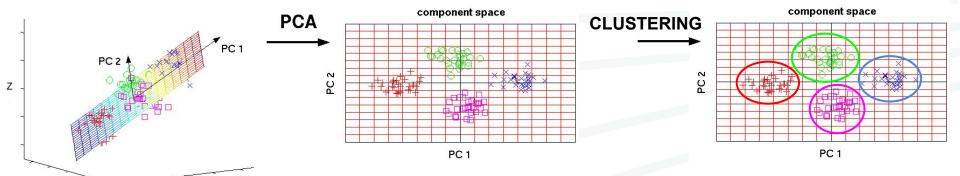






original data space

X



Reducir dimensión maximizando la varianza

Encontrar grupos homogéneos



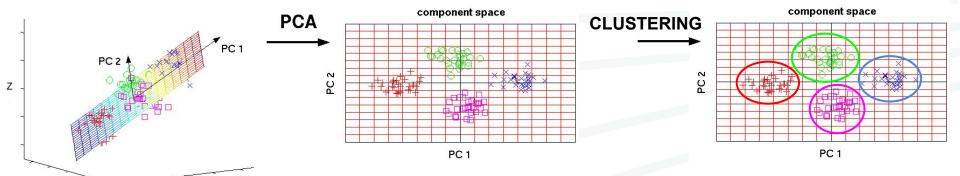






original data space

X



Reducir dimensión maximizando la varianza

Encontrar grupos homogéneos



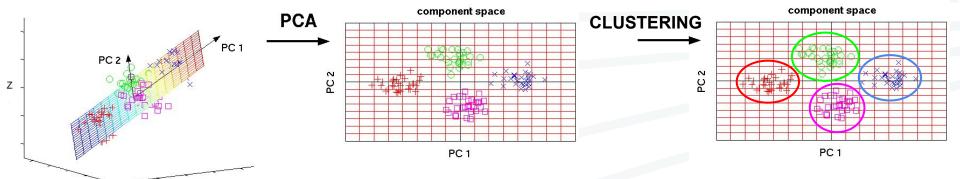






original data space

X



Reducir dimensión maximizando la varianza

Encontrar grupos homogéneos

Se puede encontrar grupos en el espacio de features original

Si son muchos -> podría ser costoso computacionalmente

-> podrían esconderse las características que mejor agrupan los datos



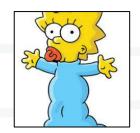
















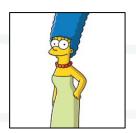


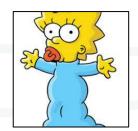




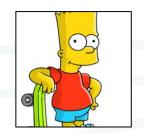






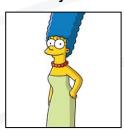


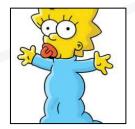




Mujeres







Hombres









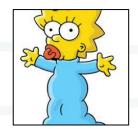




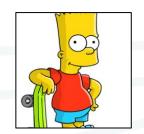






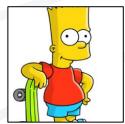


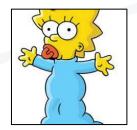




Niñes

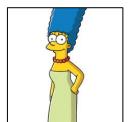






Adultos







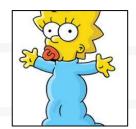




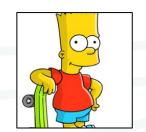




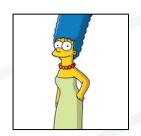




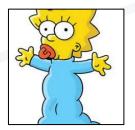




No van a la primaria







Van a la primaria







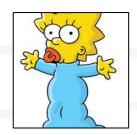




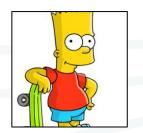












No hay una forma natural de agrupar los datos, el clustering es **subjetivo**, la mejor elección de grupos depende de qué le queremos preguntar a los datos

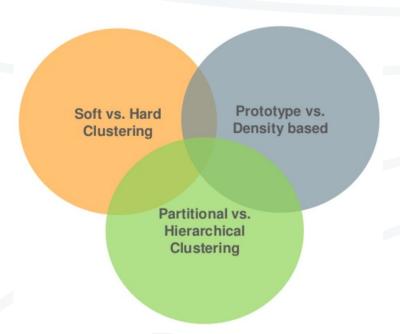






Clustering - estrategias

Hay muuuchos métodos de clusterización y distintos criterios de división



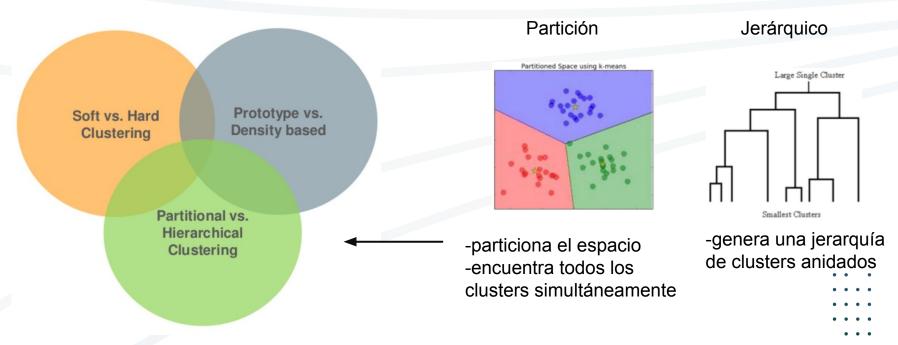






Clustering - estrategias

Hay muuuchos métodos de clusterización y distintos criterios de división

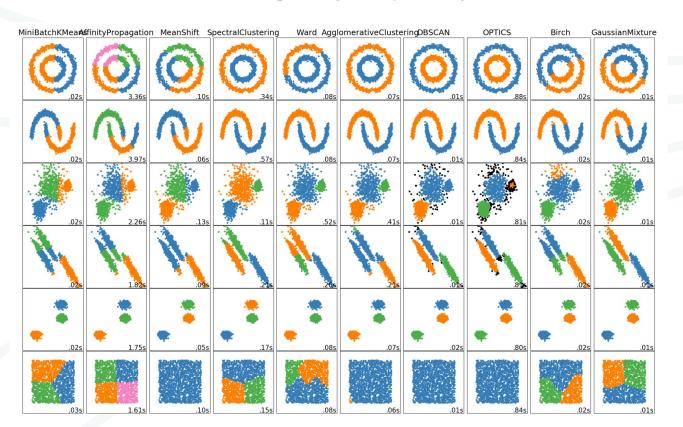








::::: Clustering - ejemplos y desafíos



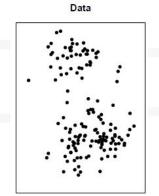








Damos el número de clusters **k** que queremos obtener













Damos el número de clusters **k** que queremos obtener



Data



Step 1

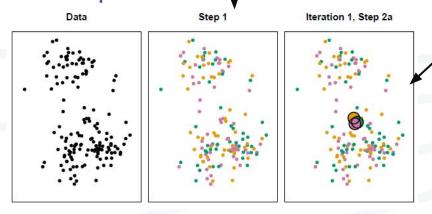








Damos el número de clusters **k** que queremos obtener



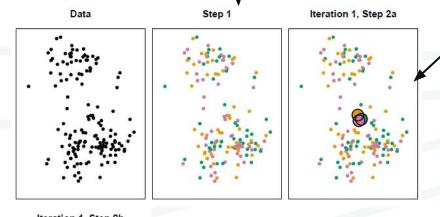
Computa los centroides (centros) de cada cluster como el promedio de las features de sus samples





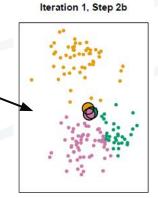


Damos el número de clusters **k** que queremos obtener



Computa los centroides (centros) de cada cluster como el promedio de las features de sus samples

le asigna a cada sample la etiqueta del cluster cuyo centroide es más cercano (distancia euclídea al cuadrado)



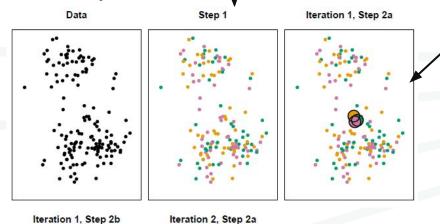






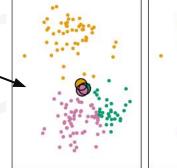


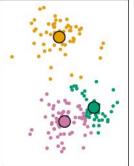
Damos el número de clusters **k** que queremos obtener



Computa los centroides (centros) de cada cluster como el promedio de las features de sus samples

le asigna a cada sample la etiqueta del cluster cuyo centroide es más cercano (distancia euclídea al cuadrado)



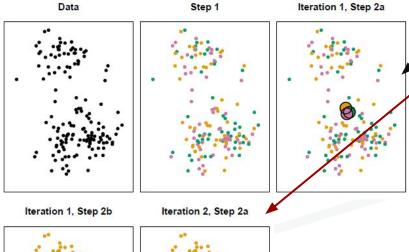






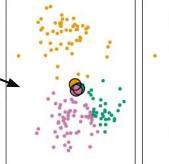


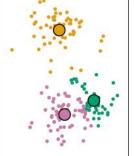
Damos el número de clusters **k** que queremos obtener



Computa los
centroides
(centros) de cada
cluster como el
promedio de las
features de sus
samples

le asigna a cada sample la etiqueta del cluster cuyo centroide es más cercano (distancia euclídea al cuadrado)











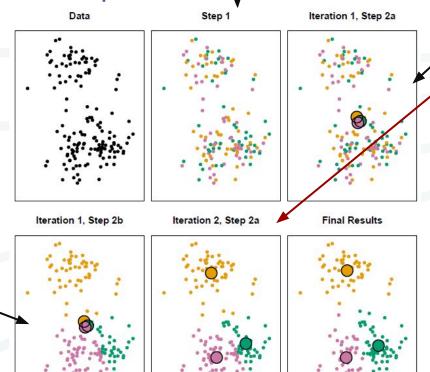
· · · K-means: Esquema

Damos el número de clusters **k** que queremos obtener

le asigna a cada sample la etiqueta del cluster cuyo centroide es más

cercano (distancia

euclídea al cuadrado)



Computa los
centroides
(centros) de cada
cluster como el
promedio de las
features de sus
samples





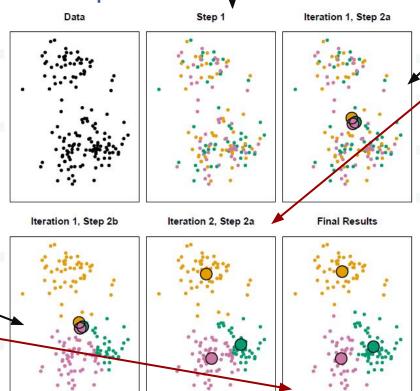


Damos el número de clusters **k** que queremos obtener

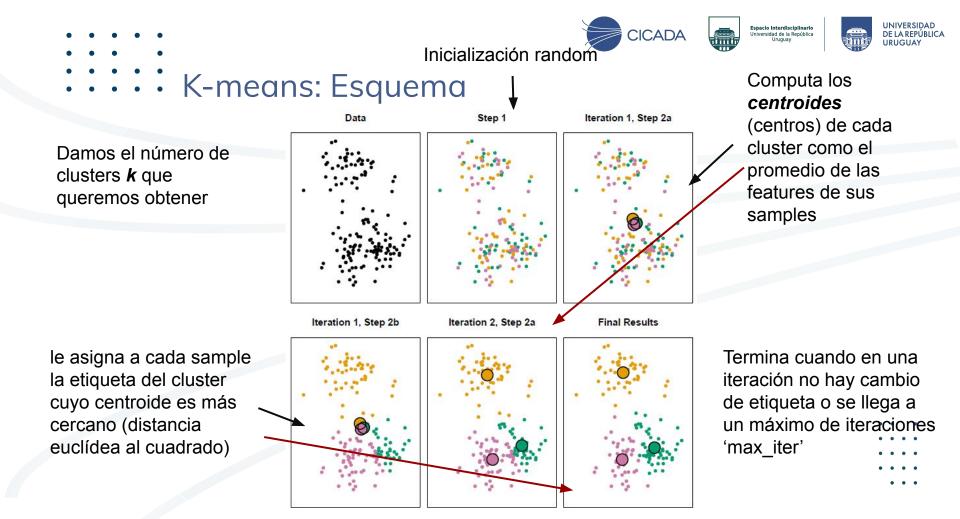
le asigna a cada sample la etiqueta del cluster cuyo centroide es más

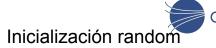
cercano (distancia

euclídea al cuadrado)



Computa los
centroides
(centros) de cada
cluster como el
promedio de las
features de sus
samples

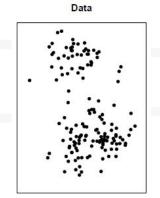








Damos el número de clusters **k** que queremos obtener



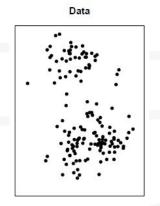








Damos el número de clusters **k** que queremos obtener



sklearn.cluster.KMeans

init='random'

init='k-means++'

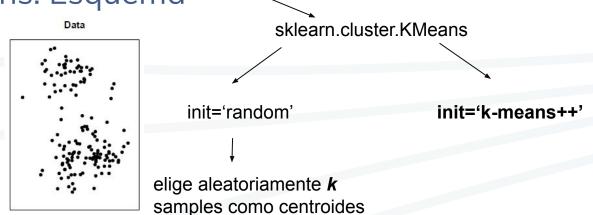








Damos el número de clusters **k** que queremos obtener



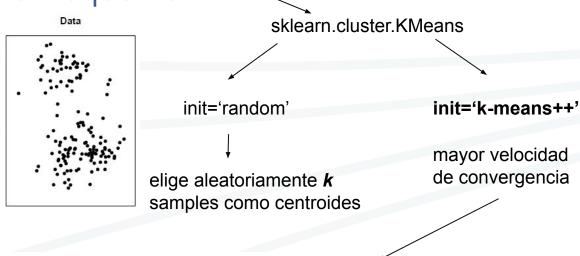








Damos el número de clusters **k** que queremos obtener



- 1. Selecciona aleatoriamente un dato y lo asigna como centroide
- 2. Para los otros datos x, calcula D(x), distancia entre x y el centro más cercano que ya ha sido seleccionado.
- 3. Escoge un nuevo punto al azar como nuevo centroide, utilizando una distribución de probabilidad ponderada donde un punto x es escogido con la probabilidad proporcional a $D(x)^2$.
- 4. Repite paso 2 y 3 hasta que se hayan seleccionado k centroides.







:::: K-means: Función objetivo

Buena clusterización es la que minimiza la varianza entre datos de un mismo cluster









Buena clusterización es la que minimiza la varianza entre datos de un mismo cluster

$$\underset{C_1,...,C_K}{\text{minimize}} \left\{ \sum_{k=1}^K \frac{1}{|C_k|} \sum_{i,i' \in C_k} \sum_{j=1}^p (x_{ij} - x_{i'j})^2 \right\}$$









:::: K-means: Función objetivo

Buena clusterización es la que minimiza la varianza entre datos de un mismo cluster

$$\underset{C_1,...,C_K}{\text{minimize}} \left\{ \sum_{k=1}^K \frac{1}{|C_k|} \sum_{i,i' \in C_k} \sum_{j=1}^p (x_{ij} - x_{i'j})^2 \right\}$$

distancia euclídea al cuadrado - lo más usual









Buena clusterización es la que minimiza la varianza entre datos de un mismo cluster

$$\underset{C_1,...,C_K}{\text{minimize}} \left\{ \sum_{k=1}^K \frac{1}{|C_k|} \sum_{i,i' \in C_k} \sum_{j=1}^p (x_{ij} - x_{i'j})^2 \right\}$$









:::: K-means: Función objetivo

Buena clusterización es la que minimiza la varianza entre datos de un mismo cluster

$$\underset{C_1,...,C_K}{\text{minimize}} \left\{ \sum_{k=1}^K \frac{1}{|C_k|} \sum_{i,i' \in C_k} \sum_{j=1}^p (x_{ij} - x_{i'j})^2 \right\}$$

Básicamente K-means es un algoritmo de optimización de esta función objetivo







:::: K-means: Función objetivo

Buena clusterización es la que minimiza la varianza entre datos de un mismo cluster

$$\underset{C_1,...,C_K}{\text{minimize}} \left\{ \sum_{k=1}^K \frac{1}{|C_k|} \sum_{i,i' \in C_k} \sum_{j=1}^p (x_{ij} - x_{i'j})^2 \right\}$$

Básicamente K-means es un algoritmo de optimización de esta función objetivo Depende de la inicialización -> **método no determinista**









Buena clusterización es la que minimiza la varianza entre datos de un mismo cluster

$$\underset{C_1,...,C_K}{\text{minimize}} \left\{ \sum_{k=1}^K \frac{1}{|C_k|} \sum_{i,i' \in C_k} \sum_{j=1}^p (x_{ij} - x_{i'j})^2 \right\}$$

Básicamente K-means es un algoritmo de optimización de esta función objetivo Depende de la inicialización -> modelo no determinista



distintas inicializaciones del mismo modelo con los mismos datos







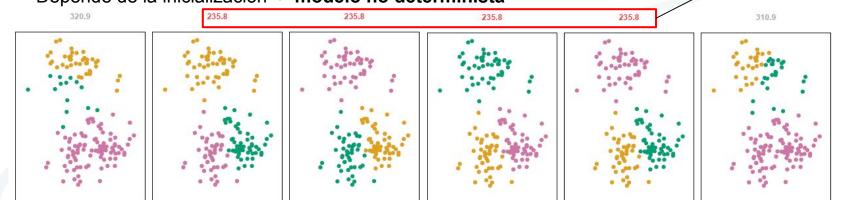
::::: K-means: Función objetivo

Buena clusterización es la que minimiza la varianza entre datos de un mismo cluster

SSE =
$$\min_{C_1,...,C_K} \left\{ \sum_{k=1}^K \frac{1}{|C_k|} \sum_{i,i' \in C_k} \sum_{j=1}^p (x_{ij} - x_{i'j})^2 \right\}$$

Elige alguna de estas 4 inicializaciones

Básicamente K-means es un algoritmo de optimización de esta función objetivo Depende de la inicialización -> modelo no determinista



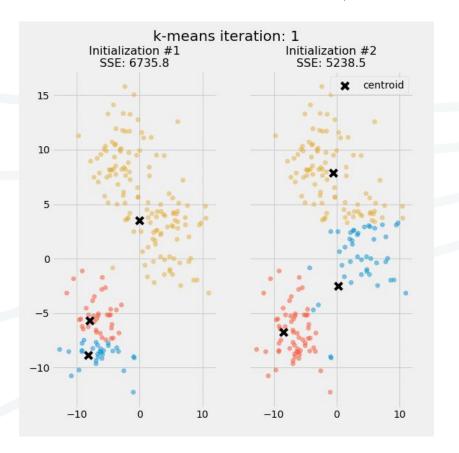
distintas inicializaciones del mismo modelo con los mismos datos 'n_init'

K-means en acción

















: : : : K-means: Función objetivo

Una solución posible es iterar muchas veces el algoritmo y quedarme con el clustering que minimiza el valor de la función objetivo.







K-means: Elección de k

No es trivial elegir **k** en la mayoría de los dataset reales. No hay algún método que funcione siempre.







K-means: Elección de k

No es trivial elegir **k** en la mayoría de los dataset reales. No hay algún método que funcione siempre.

"Método del codo"

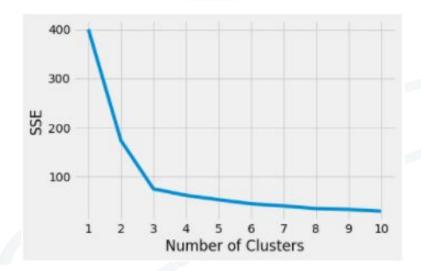






No es trivial elegir **k** en la mayoría de los dataset reales. No hay algún método que funcione siempre.

"Método del codo"



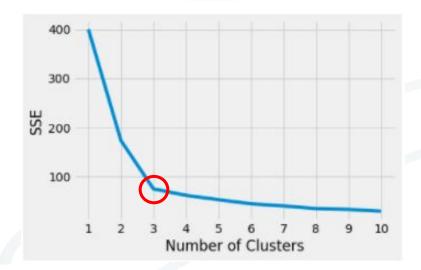






No es trivial elegir **k** en la mayoría de los dataset reales. No hay algún método que funcione siempre.

"Método del codo"

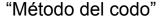




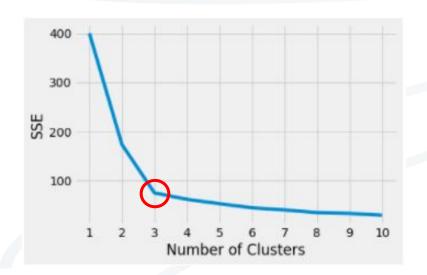




No es trivial elegir **k** en la mayoría de los dataset reales. No hay algún método que funcione siempre.







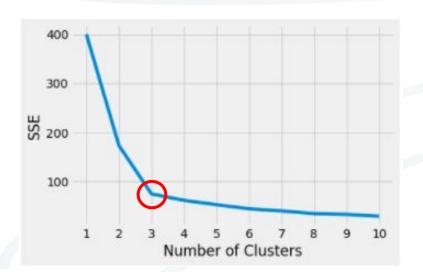






No es trivial elegir **k** en la mayoría de los dataset reales. No hay algún método que funcione siempre.

"Método del codo"



"coeficiente de Silhouette"

medida de cuán similar es un dado dato a los datos de su cluster en comparación a los datos del cluster más cercano

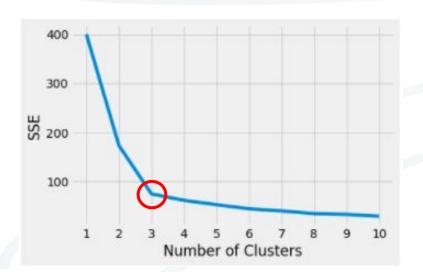






No es trivial elegir **k** en la mayoría de los dataset reales. No hay algún método que funcione siempre.

"Método del codo"



"coeficiente de Silhouette"

medida de cuán similar es un dado dato a los datos de su cluster en comparación a los datos del cluster más cercano

su valor va [-1,1]



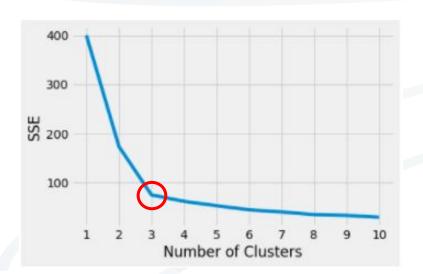






No es trivial elegir **k** en la mayoría de los dataset reales. No hay algún método que funcione siempre.

"Método del codo"



"coeficiente de Silhouette"

medida de cuán similar es un dado dato a los datos de su cluster en comparación a los datos del cluster más cercano

su valor va [-1,1]

1 indica que el dato está bien emparejado en su propio cluster y mal emparejado con los datos de otros clusters

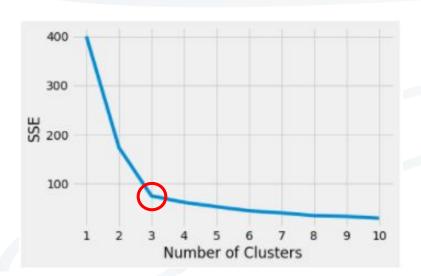






No es trivial elegir **k** en la mayoría de los dataset reales. No hay algún método que funcione siempre.

"Método del codo"



"coeficiente de Silhouette"

medida de cuán similar es un dado dato a los datos de su cluster en comparación a los datos del cluster más cercano

su valor va [-1,1]

1 indica que el dato está bien emparejado en su propio cluster y mal emparejado con los datos de otros clusters

$$s(i) = rac{b(i) - a(i)}{\max\{a(i), b(i)\}}$$
 , if $|C_i| > 1$ $a(i) = rac{1}{|C_i| - 1} \sum_{j \in C_i, i
eq j} d(i, j)$ $b(i) = \min_{k
eq i} rac{1}{|C_k|} \sum_{j \in C_i} d(i, j)$

$$a(i) = rac{1}{|C_i|-1} \sum_{j \in C_i, i
eq j} d(i,j)$$

$$d(i) = \min_{k
eq i} rac{1}{|C_k|} \sum_{j \in C_k} d(i,j)$$







K-means: Elección de k

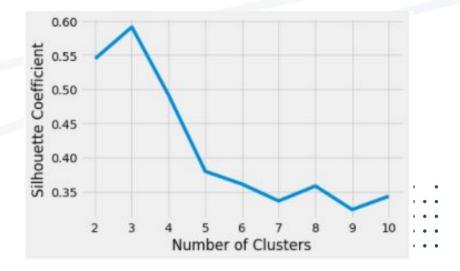
No es trivial elegir **k** en la mayoría de los dataset reales. No hay algún método que funcione siempre.

"Método del codo"



Number of Clusters

"coeficiente de Silhouette"



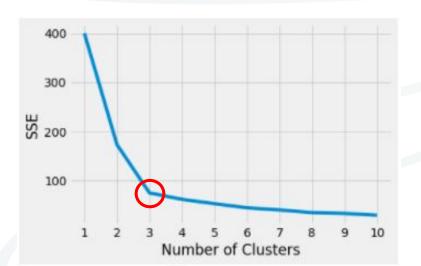






No es trivial elegir **k** en la mayoría de los dataset reales. No hay algún método que funcione siempre.

"Método del codo"



"coeficiente de Silhouette"





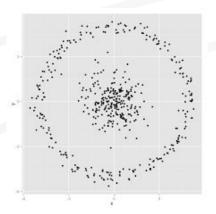


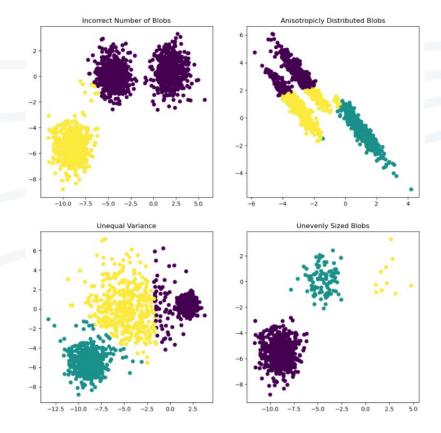




:::: K-means: Pros y Cons

- + Simple y Fácil de implementar
- + Orden del algoritmo es lineal
- Depende de la inicialización
- Tiende a caer en un mínimo local
- Sensible a outliers
- Los clusters tienen que tener forma esférica
- No se puede aplicar a datos categórica











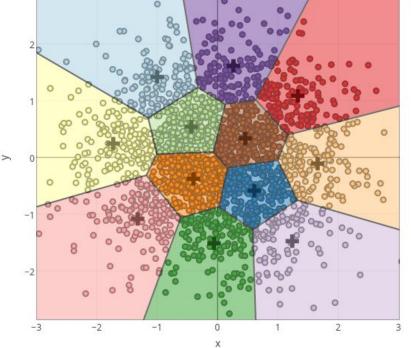


: K-means: Pros y Cons

Da un clustering de los datos aún si los datos no están "clusterizados"

Voronoi polygons and K- Means clustering











CICADA

CICADA

CICADA

CICADA

CICADA

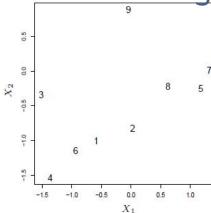








n samples **n** clusters



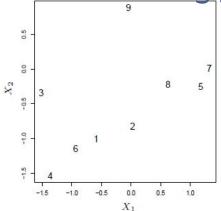








n samples **n** clusters



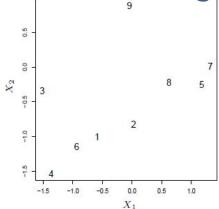
medida de distancia entre samples ('affinity'), usualmente la euclídea







n samples **n** clusters



medida de distancia entre samples ('affinity'), usualmente la euclídea

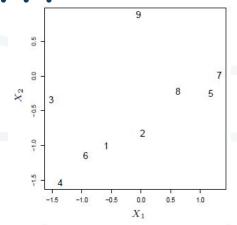
junto los dos cluster que están a menor distancia





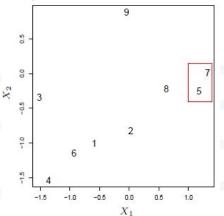


n samplesn clusters



medida de distancia entre samples ('affinity'), usualmente la euclídea

junto los dos cluster que están a menor distancia



n-1 clusters

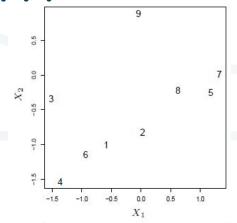






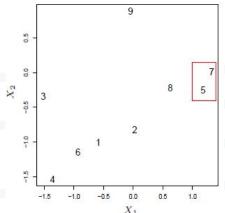


n samplesn clusters



medida de distancia entre samples ('affinity'), usualmente la euclídea

junto los dos cluster que están a menor distancia



n-1 clusters

distancia entre clusters de >=1 elementos ('linkage')

• • • •

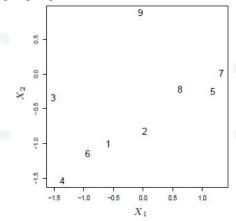
• • •





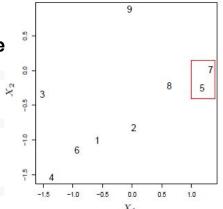






medida de distancia entre samples ('affinity'), usualmente la euclídea

junto los dos cluster que están a menor distancia



n-1 clusters

distancia entre clusters de >=1 elementos ('linkage')

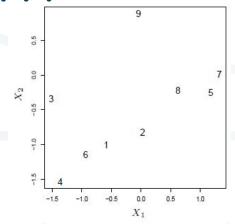
• • • •





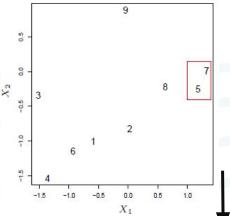




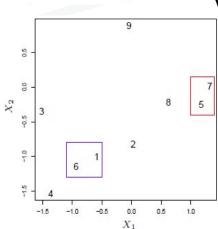


medida de distancia entre samples ('affinity'), usualmente la euclídea

junto los dos cluster que están a menor distancia



n-1 clusters



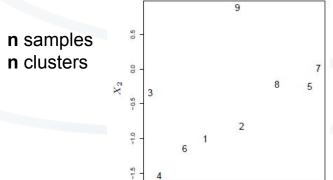
distancia entre clusters de >=1 elementos ('linkage')











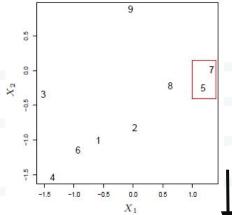
0.5

 X_1

1.0

medida de distancia entre samples ('affinity'), usualmente la euclídea

junto los dos cluster que están a menor distancia



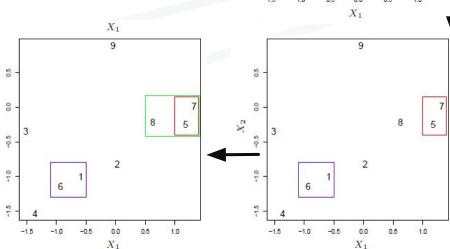
n-1 clusters

distancia

elementos ('linkage')

de >=1

entre clusters





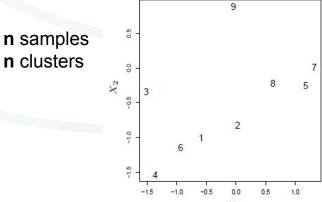


1.0

 X_1



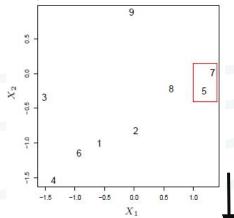
Clustering Jerárquico: Dendograma



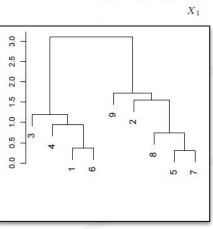
medida de distancia entre samples ('affinity'), usualmente la euclídea

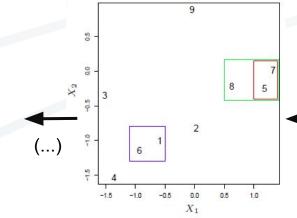
junto los dos cluster que están a menor distancia

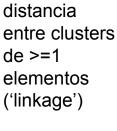
 X_1



n-1 clusters





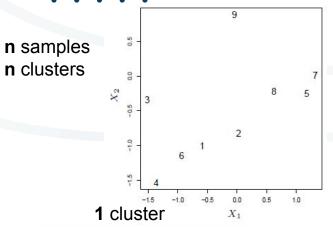








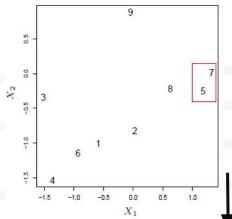




medida de distancia entre samples ('affinity'), usualmente la euclídea

junto los dos cluster que están a menor distancia

 X_1



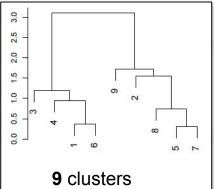
9

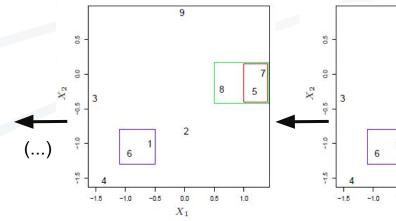
 X_1

8

1.0

n-1 clusters





distancia entre clusters de >=1 elementos ('linkage')







1.0

8

1.0

 X_1

9

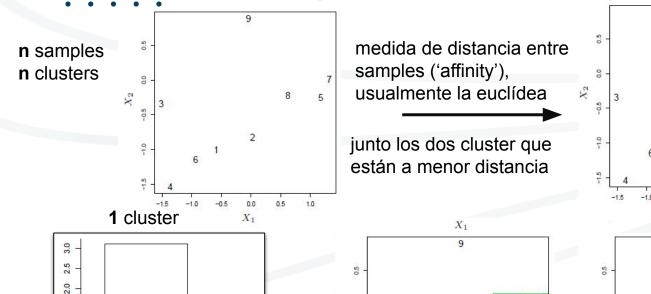
 X_1



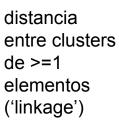
Clustering Jerárquico: Dendograma

1.0

 X_1













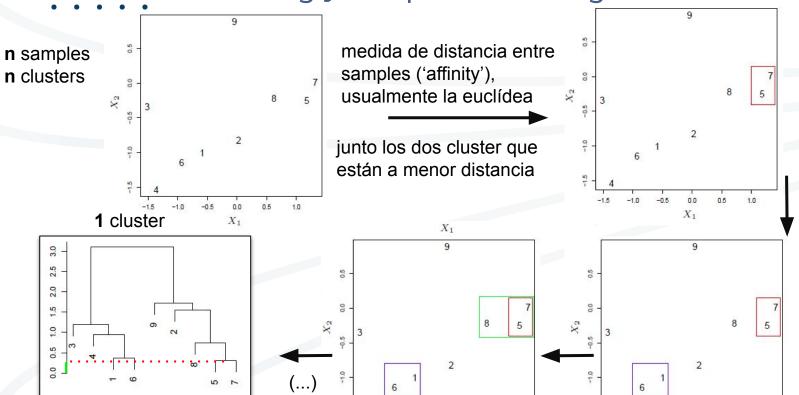


1.0

 X_1



Clustering Jerárquico: Dendograma



1.0

 X_1

9 clusters

n-1 clusters

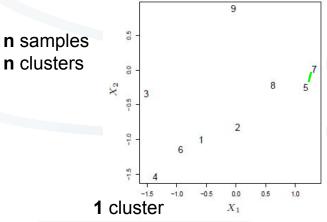
distancia entre clusters de >=1 elementos ('linkage')







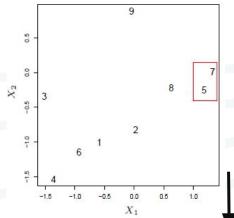




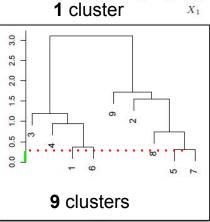
medida de distancia entre samples ('affinity'), usualmente la euclídea

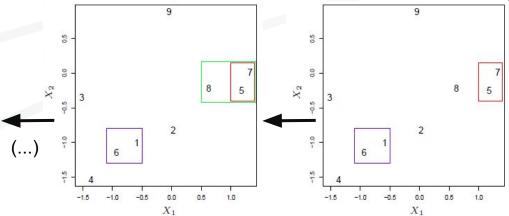
junto los dos cluster que están a menor distancia

 X_1



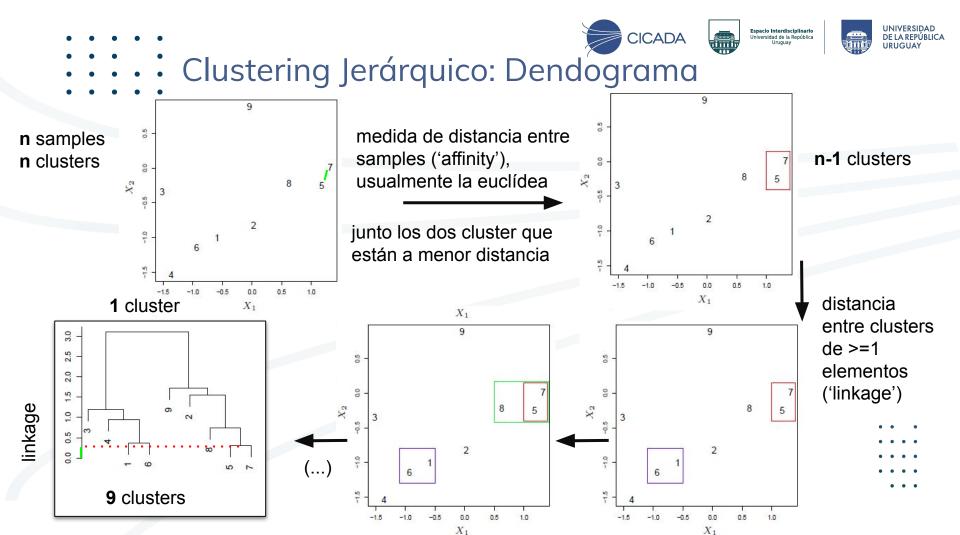
n-1 clusters





distancia entre clusters de >=1 elementos ('linkage')



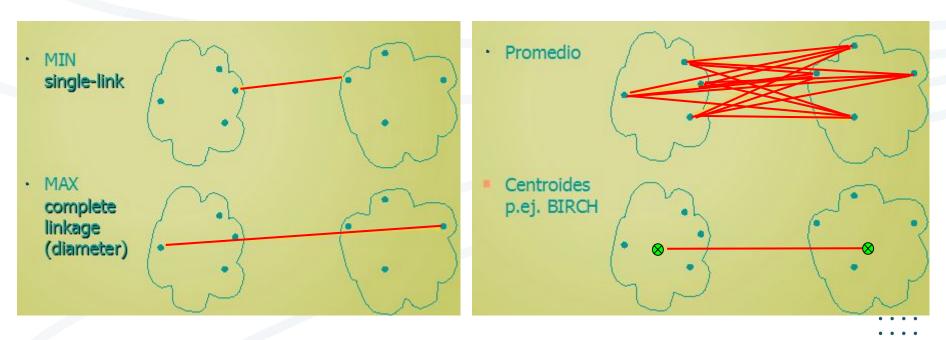








Clustering Jerárquico: Linkage

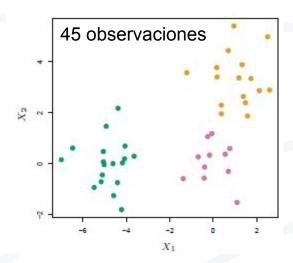


ward: minimiza la varianza del cluster que se va a mergear







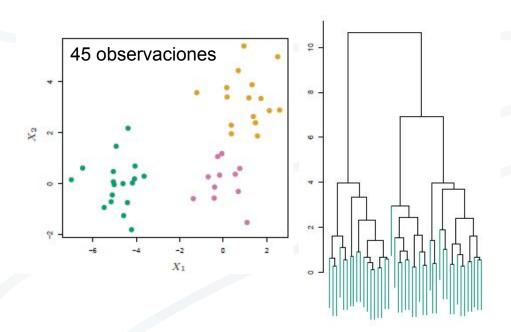








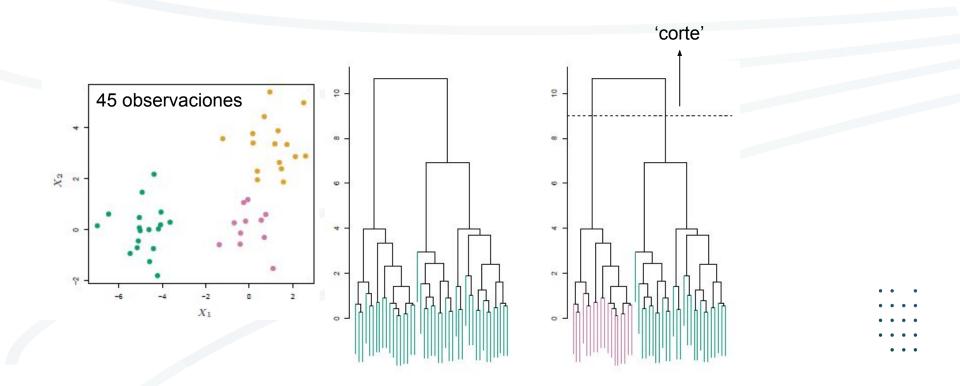








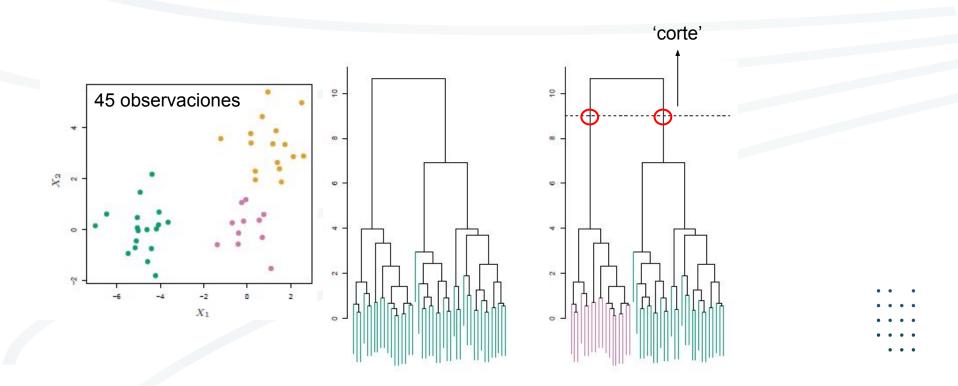








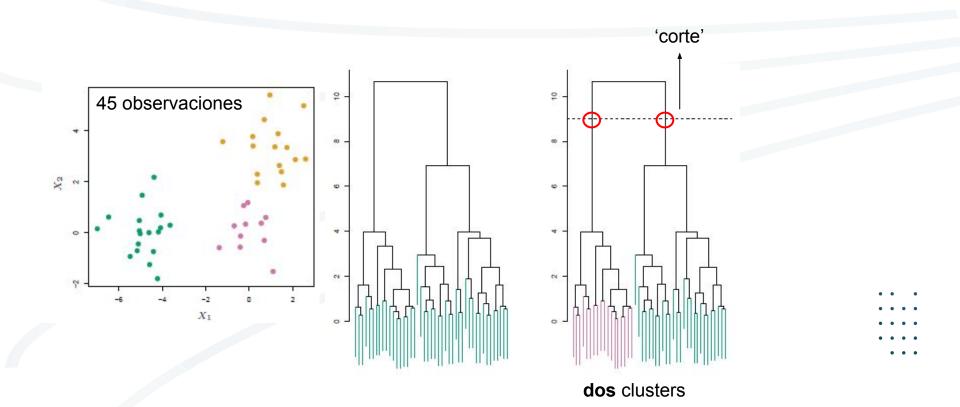








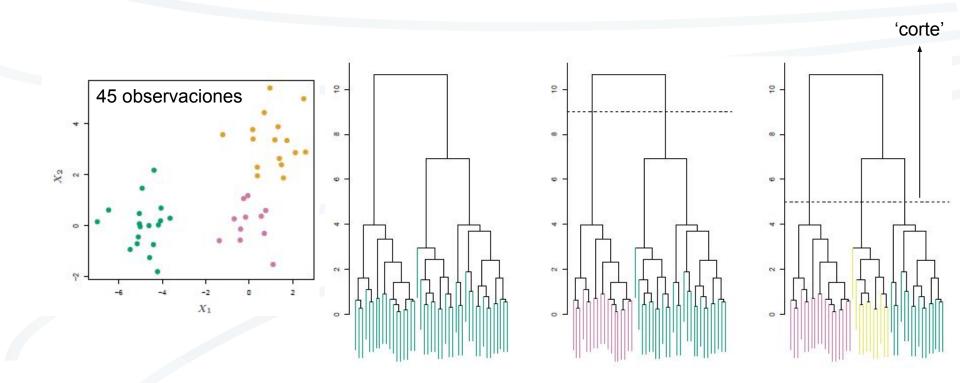








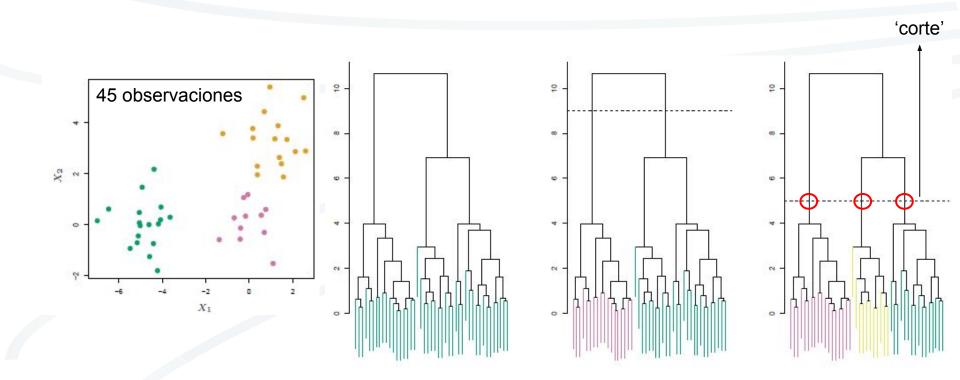








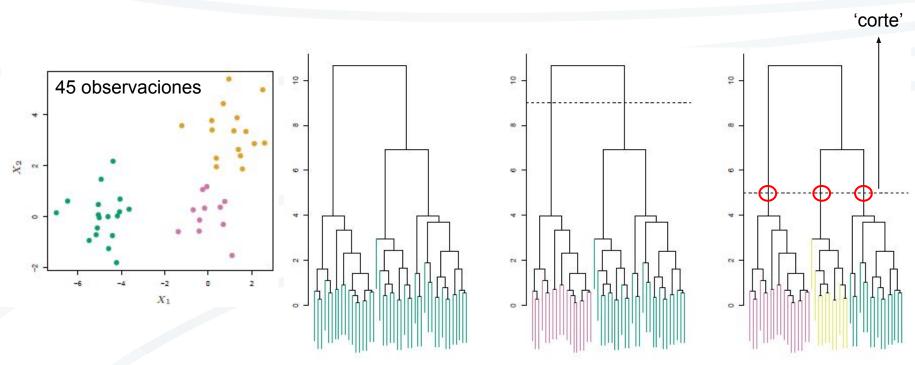










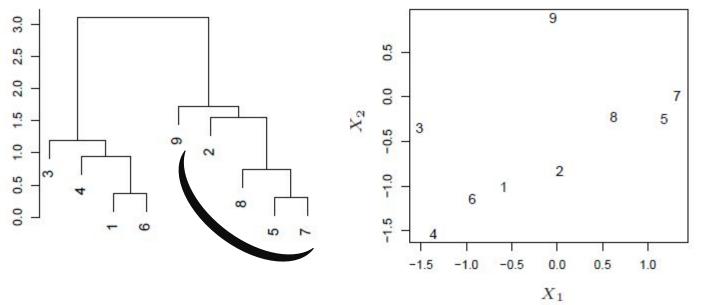


tres clusters









clusters que se obtienen cortando el dendograma a una dada altura estan anidados con los clusters que se obtienen al cortar el dendograma en una altura superior

Este puede ser un requisito fuerte para un dataset real donde no necesariamente la mejor clusterizacion de los datos en 3 grupos resulta de tomar la mejor clusterizacion de los datos en dos grupos y separarlos

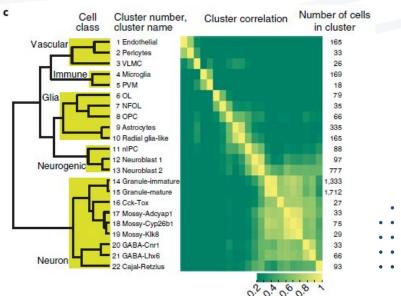






: : Clustering Jerárquico: Pros y Cons

- Pueden revelar detalles finos en la relación de los datos
- Proveen un dendograma interpretable
- Son determinísticos producen el mismo resultado si se corre
 - el mismo modelo con el mismo input
- Son computacionalmente costosos









:::: Consideraciones

Tanto K-means como clustering jerárquico asignan un cluster a cada sample, por lo que los clusters encontrados pueden distorsionarse fuertemente debido a la presencia de outliers que no pertenecen a algún determinado grupo -> modelos mixtos están pensados para lidiar con outliers

Los algoritmos de clusterización no suelen ser robustos ante permutaciones en los datos. Si computamos un set de k clusters en nuestros datos, removemos algunas muestras de forma aleatoria y volvemos a clusterizar los resultados pueden ser muy distintos

Los resultados de una clusterización no deberían ser vistos como una verdad absoluta si no que deberían dar un puntapie inicial al desarrollo de una hipótesis científica e investigación futura, preferentemente, en un dataset independiente









Realizar varias inicializaciones de los modelos cambiando los parámetros para ver las estructuras que emergen consistentemente

Testear la robustez del método aplicándolo sobre subsets aleatorios de los datos









sklearn.cluster.KMeans

```
class sklearn.cluster.KMeans(n_clusters=8, *, init='k-means++', n_init=10, max_iter=300, tol=0.0001,

precompute_distances='deprecated', verbose=0, random_state=None, copy_x=True, n_jobs='deprecated', algorithm='auto') [source]
```

EL parámetro es *n_clusters* con el cual indicamos al modelo el número de clusters que queremos obtener init - es el método de inicialización de los k centroids (random, k-means++)

n_init - cuantas veces queremos inicializar el modelo ya que no es determinista (output es el de menor SSE)

max_iter - el número máximo de iteraciones si es que no converge antes







::::: (sklearn) Clustering Jerárquico

sklearn.cluster.AgglomerativeClustering

 $class \ \, sklearn.cluster. Agglomerative Clustering (n_clusters=2, *, affinity='euclidean', memory=None, connectivity=None, compute_full_tree='auto', linkage='ward', distance_threshold=None, compute_distances=False) \\ [source]$

affinity - medida de disimilaridad de para el primer paso del algoritmo (distancia euclídea o basada en correlación)

linkage - medida de disimilaridad cuando un cluster tiene más de un elemento







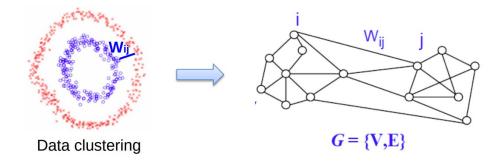


Similarity graph construction

Similarity Graphs: Model local neighborhood relations between data points

E.g. Gaussian kernel similarity function

$$W_{ij} = e^{\frac{\|x_i - x_j\|^2}{2\sigma^2}}$$
 Controls size of neighborhood









:::: Spectral clustering

Luego particionamos el grafo usando los valores y vectores propios de la matriz Laplaciana.