

ANALISI DEI CINQUE DATASETS

In questa parte del progetto ho analizzato cinque datasets contenenti dati reali di cartelle cliniche, calcolando il valore della gap statistic su tre diversi algoritmi: k-means con due, tre e quattro centroidi e metriche di distanza diverse, cluster gerarchico applicato con diversi metodi e distanze, dbscan passandogli diversi valori di eps e cambiando il numero minimo di punti, per poi confrontare ciascun valore e capire qual è il migliore.

Per l'ultimo caso ho preso spunto da questo articolo:

<https://doi.org/10.1023/A:1009745219419>

Ho deciso di utilizzare entrambe le funzioni per il calcolo della statistica gap: `index.Gap` e `clusGap`.

Per il clustering gerarchico e dbscan, `clusGap` non supporta questi algoritmi, quindi utilizzo solo `index.Gap`.

Per calcolare il k-means con la distanza Manhattan ho utilizzato la funzione `KMEANS_FUNCTION`, che in questo caso funziona solo con `index.Gap`

Quando utilizzo `clusGap`, applico la media dei risultati che essa produce, per ottenere così un solo risultato finale.

Per importare ciascun set di dati ho utilizzato la funzione `read.csv()` e ho notato che la maggior parte di loro contiene dei valori NaN (*Non un numero*), quindi ho deciso di utilizzare la funzione `na.omit` per rimuovere questi dati.

Primo set di dati: NEUROBLASTOMA

Il primo set di dati è composto da 169 righe e 12 colonne. Analizza i dati dei pazienti affetti da neuroblastoma, un tumore che ha origine nei tessuti nervosi, soprattutto nella cavità addominale e nei tessuti della ghiandola surrenale.

	<code>index.Gap</code>	<code>clusGap</code>
K-means con due centroidi e distanza Euclidea	0.3236445	0.2089862
K-means con due centroidi e distanza Manhattan	0.3376814	
K-means con tre centroidi e distanza Euclidea	0.2372976	0.1992339
K-means con tre centroidi	0.2717767	

e distanza Manhattan		
K-means con quattro centroidi e distanza Euclidea	0.1932953	0.1948551
K-means con quattro centroidi e distanza Manhattan	0.2014243	
Cluster gerarchico con metodo complete e distanza euclidea	-0.2063236	\
Cluster gerarchico con metodo complete e distanza manhattan	-0.2291615	\
Cluster gerarchico con metodo sigle e distanza euclidea	-0.4339513	\
Cluster gerarchico con metodo sigle e distanza manhattan	-0.4452318	\
Cluster gerarchico con metodo average e distanza euclidea	-0.4068472	\
Cluster gerarchico con metodo average e distanza manhattan	-0.4262724	\
Cluster gerarchico con metodo Ward e distanza euclidea	-0.2182547	\
Cluster gerarchico con metodo Ward e distanza manhattan	-0.2123512	\
DBSCAN	0.4283512	\
DBSCAN con $eps = \text{numero di righe}/2$	0.4255778	\
DBSCAN con eps uguale a quello precedente ma $minPts = eps + 1$	0.4215725	

Il valore migliore della gap statistic è **0.44** in DBSCAN.

Dataset contenente pazienti affetti da NEUROBLASTOMA							
Metodo	Cluster	Distanza	Nstart	Linkage	Eps	MinPoints	Valore Gap
DBSCAN	/	/	/	/	85	14	0.4255778
DBSCAN	/	/	/	/	85	86	0.4215725
DBSCAN	/	/	/	/	4.9	14	0.418907
K-Means	2	Manhattan	25	/	/	/	0.3376814
K-Means	2	Euclidean	25	/	/	/	0.3236445
K-Means	3	Manhattan	25	/	/	/	0.2717767
K-Means	3	Euclidean	25	/	/	/	0.2372976
K-Means	4	Manhattan	25	/	/	/	0.2014243
K-Means	4	Euclidean	25	/	/	/	0.1932953
Cluster gerarchico	2	Euclidean	/	Complete	/	/	-0.2063236
Cluster gerarchico	2	Manhattan	/	Ward	/	/	-0.2123512
Cluster gerarchico	2	Euclidean	/	Ward	/	/	-0.2182547
Cluster gerarchico	2	Manhattan	/	Complete	/	/	-0.2291615
Cluster gerarchico	2	Euclidean	/	Average	/	/	-0.4068472
Cluster gerarchico	2	Manhattan	/	Average	/	/	-0.4262724
Cluster gerarchico	2	Euclidean	/	Single	/	/	-0.4339513
Cluster gerarchico	2	Manhattan	/	Single	/	/	-0.4452318

Secondo set di dati: SEPSIS

Il secondo set di dati è composto da 1257 righe e 16 colonne. Analizza i pazienti affetti da sepsi, un'infezione generalizzata che può colpire uno o più organi e compromettere anche la loro funzionalità.

	index.Gap	clusGap
K-means con due centroidi e distanza Euclidea	0.327228	0.2097501
K-means con due centroidi e distanza Manhattan	0.3374389	
K-means con tre centroidi e distanza Euclidea	0.2586502	0.20394
K-means con tre centroidi e distanza Manhattan	0.266701	
K-means con quattro centroidi e distanza Euclidea	0.2115479	0.197116
K-means con quattro centroidi e distanza Manhattan	0.2192956	
Cluster gerarchico con metodo complete e distanza euclidea	2.209649	\
Cluster gerarchico con metodo complete e distanza manhattan	2.225656	\
Cluster gerarchico con metodo sigle e distanza euclidea	2.220826	\
Cluster gerarchico con metodo sigle e distanza manhattan	2.224055	\
Cluster gerarchico con metodo average e distanza euclidea	2.213402	\

Cluster gerarchico con metodo average e distanza manhattan	2.212292	\
Cluster gerarchico con metodo Ward e distanza euclidea	2.287899	\
Cluster gerarchico con metodo Ward e distanza manhattan	2.296092	\
DBSCAN	1.854507	\
DBSCAN con $eps = \text{numero di righe}/2$	1.856206	\
DBSCAN con eps uguale a quello precedente ma $minPts = eps + 1$	1.857256	

Il valore migliore della gap statistic è **2.30** nel cluster gerarchico utilizzando il metodo Ward e la distanza Manhattan.

Dataset contenente pazienti affetti da SEPSI							
Metodo	Cluster	Distanza	Nstart	Linkage	Eps	MinPoints	Valore Gap
Cluster gerarchico	2	Manhattan	/	Ward	/	/	2.296092
Cluster gerarchico	2	Euclidea	/	Ward	/	/	2.287899
Cluster gerarchico	2	Manhattan	/	Complete	/	/	2.225656
Cluster gerarchico	2	Manhattan	/	Single	/	/	2.224055
Cluster gerarchico	2	Euclidea	/	Single	/	/	2.220826
Cluster gerarchico	2	Euclidea	/	Average	/	/	2.213402
Cluster	2	Manhattan	/	Average	/	/	2.212292

gerarchico							
Cluster gerarchico	2	Euclidea	/	Complete	/	/	2.209649
DBSCAN	/	/	/	/	629	630	1.857256
DBSCAN	/	/	/	/	629	17	1.856206
DBSCAN	/	/	/	/	78	17	1.854507
K-Means	2	Manhattan	25	/	/	/	0.3374389
K-Means	2	Euclidea	25	/	/	/	0.327228
K-Means	3	Manhattan	25	/	/	/	0.266701
K-Means	3	Euclidea	25	/	/	/	0.2586502
K-Means	4	Manhattan	25	/	/	/	0.2192956
K-Means	4	Euclidea	25	/	/	/	0.2115479

Terzo set di dati: DEPRESSIONE E SCOMPENSO CARDIACO

Il terzo set di dati è composto da 425 righe e 16 colonne. Analizza i pazienti con depressione e insufficienza cardiaca. L'insufficienza cardiaca è una compromissione cronica della funzione cardiaca e la depressione, i disturbi d'ansia sono condizioni psichiatriche in questi pazienti ([10.1097/HRP.0000000000000162](#)).

	index.Gap	clusGap
K-means con due centroidi e distanza Euclidea	0.3260289	0.2118088
K-means con due centroidi e distanza Manhattan	0.3371491	
K-means con tre centroidi e distanza Euclidea	0.2195197	0.2014391
K-means con tre centroidi e distanza Manhattan	0.2785578	

K-means con quattro centroidi e distanza Euclidea	0.2359968	0.1905523
K-means con quattro centroidi e distanza Manhattan	Non può essere calcolata, distanza = 0	
Cluster gerarchico con metodo complete e distanza euclidea	0.4865334	\
Cluster gerarchico con metodo complete e distanza manhattan	0.6060147	\
Cluster gerarchico con metodo sigle e distanza euclidea	0.4622431	\
Cluster gerarchico con metodo sigle e distanza manhattan	0.4717816	\
Cluster gerarchico con metodo average e distanza euclidea	0.491041	\
Cluster gerarchico con metodo average e distanza manhattan	0.4685552	\
Cluster gerarchico con metodo Ward e distanza euclidea	0.6135533	\
Cluster gerarchico con metodo Ward e distanza manhattan	0.6232382	\
DBSCAN	5.95631	\
DBSCAN con $eps = \text{numero di righe}/2$	-0.1769808	\
DBSCAN con eps uguale a quello precedente ma $minPts = eps + 1$	3.738619	

Il valore migliore della gap statistic è **5.96** in DBSCAN.

Dataset contenente pazienti affetti da DEPRESSIONE e SCOMPENSO CARDIACO							
Metodo	Cluster	Distanza	Nstart	Linkage	Eps	MinPoints	Valore Gap
DBSCAN	/	/	/	/	60	17	5.95631
DBSCAN	/	/	/	/	70	17	3.738619
Cluster gerarchico	2	Manhattan	/	Ward	/	/	0.6232382
Cluster gerarchico	2	Euclidean	/	Ward	/	/	0.6135533
Cluster gerarchico	2	Manhattan	/	Complete	/	/	0.6060147
Cluster gerarchico	2	Euclidean	/	Average	/	/	0.491041
Cluster gerarchico	2	Euclidean	/	Complete	/	/	0.4865334
Cluster gerarchico	2	Manhattan	/	Single	/	/	0.4717816
Cluster gerarchico	2	Manhattan	/	Average	/	/	0.4685552
Cluster gerarchico	2	Euclidean	/	Single	/	/	0.4622431
K-Means	2	Manhattan	25	/	/	/	0.3371491
K-Means	2	Euclidean	25	/	/	/	0.3260289
K-Means	3	Manhattan	25	/	/	/	0.2785578
K-Means	4	Euclidean	25	/	/	/	0.2359968
K-Means	3	Euclidean	25	/	/	/	0.2195197
DBSCAN	/	/	/	/	213	17	-0.1769808
K-Means	4	Manhattan	25	/	/	/	Non può essere calcolata, distanza = 0

Quarto set di dati: ARRESTO CARDIACO

Il quarto set di dati è composto da 416 righe e 10 colonne. Analizza i pazienti con arresto cardiaco in Spagna.

	index.Gap	clusGap
K-means con due centroidi e distanza Euclidea	0.3261278	0.2090555
K-means con due centroidi e distanza Manhattan	0.3295978	
K-means con tre centroidi e distanza Euclidea	0.2365713	0.2007318
K-means con tre centroidi e distanza Manhattan	0.2648943	
K-means con quattro centroidi e distanza Euclidea	0.2044823	0.1943299
K-means con quattro centroidi e distanza Manhattan	0.2140072	
Cluster gerarchico con metodo complete e distanza euclidea	-0.1195936	\
Cluster gerarchico con metodo complete e distanza manhattan	-0.05987362	\
Cluster gerarchico con metodo sigle e distanza euclidea	-0.1616678	\
Cluster gerarchico con metodo sigle e distanza manhattan	-0.1382712	\
Cluster gerarchico con metodo average e distanza euclidea	-0.09111444	\
Cluster gerarchico con metodo average e	-0.1337553	\

distanza manhattan		
Cluster gerarchico con metodo Ward e distanza euclidea	-0.03565727	\
Cluster gerarchico con metodo Ward e distanza manhattan	-0.03598114	\
DBSCAN	1.048338	\
DBSCAN con $eps = \text{numero di righe}/2$	1.052062	\
DBSCAN con eps uguale a quello precedente ma $minPts = eps + 1$	1.054733	

Il valore migliore della gap statistic è **1.054** in DBSCAN con parametri modificati.

Dataset contenente pazienti affetti da ARRESTO CARDIACO							
Metodo	Cluster	Distanza	Nstart	Linkage	Eps	MinPoints	Valore Gap
DBSCAN	/	/	/	/	208	209	1.054733
DBSCAN	/	/	/	/	208	11	1.052062
DBSCAN	/	/	/	/	7.5	11	1.048338
K-Means	2	Manhattan	25	/	/	/	0.3295978
K-Means	2	Euclidea	25	/	/	/	0.3261278
K-Means	3	Manhattan	25	/	/	/	0.2648943
K-Means	3	Euclidea	25	/	/	/	0.2365713
K-Means	4	Manhattan	25	/	/	/	0.2140072
K-Means	4	Euclidea	25	/	/	/	0.2044823
Cluster gerarchico	2	Euclidea	/	Ward	/	/	-0.03565727
Cluster gerarchico	2	Manhattan	/	Ward	/	/	-0.03598114
Cluster	2	Manhattan	/	Complete	/	/	-0.05987362

gerarchico							
Cluster gerarchico	2	Euclidea	/	Average	/	/	-0.09111444
Cluster gerarchico	2	Euclidea	/	Complete	/	/	-0.1195936
Cluster gerarchico	2	Manhattan	/	Average	/	/	-0.1337553
Cluster gerarchico	2	Manhattan	/	Single	/	/	-0.1382712
Cluster gerarchico	2	Euclidea	/	Single	/	/	-0.1616678

Quinto set di dati: DIABETE DI TIPO 1

Il quinto set di dati è composto da 67 righe e 20 colonne. Analizza i pazienti affetti da diabete di tipo 1, una malattia in cui il livello di zucchero nel sangue è troppo alto perché il corpo non riesce a produrre un ormone chiamato insulina.

	index.Gap	clusGap
K-means con due centroidi e distanza Euclidea	0.3266966	0.2137857
K-means con due centroidi e distanza Manhattan	0.3450115	
K-means con tre centroidi e distanza Euclidea	0.2458823	0.2015388
K-means con tre centroidi e distanza Manhattan	0.2578782	
K-means con quattro centroidi e distanza Euclidea	0.2021218	0.1923128
K-means con quattro centroidi e distanza Manhattan	0.2110242	
Cluster gerarchico con metodo complete e distanza euclidea	0.9086383	\

Cluster gerarchico con metodo complete e distanza manhattan	0.8996735	\
Cluster gerarchico con metodo sigle e distanza euclidea	0.67492	\
Cluster gerarchico con metodo sigle e distanza manhattan	0.6512111	\
Cluster gerarchico con metodo average e distanza euclidea	0.6985328	\
Cluster gerarchico con metodo average e distanza manhattan	0.662888	\
Cluster gerarchico con metodo Ward e distanza euclidea	0.8926816	\
Cluster gerarchico con metodo Ward e distanza manhattan	0.9066049	\
DBSCAN	0.6442917	\
DBSCAN con $eps = \text{numero di righe}/2$	0.6384481	\
DBSCAN con eps uguale a quello precedente ma $minPts = eps + 1$	0.6496576	

Il valore migliore della gap statistic è **0.90** nel cluster gerarchico con metodo Ward e distanza euclidea.

Dataset contenente pazienti affetti da DIABETE di TIPO 1							
Metodo	Cluster	Distanza	Nstart	Linkage	Eps	MinPoints	Valore Gap
Cluster gerarchico	2	Euclidea	/	Complete	/	/	0.9086383
Cluster gerarchico	2	Manhattan	/	Ward	/	/	0.9066049

Cluster gerarchico	2	Manhattan	/	Complete	/	/	0.8996735
Cluster gerarchico	2	Euclidean	/	Ward	/	/	0.8926816
Cluster gerarchico	2	Euclidean	/	Average	/	/	0.6985328
Cluster gerarchico	2	Euclidean	/	Single	/	/	0.67492
Cluster gerarchico	2	Manhattan	/	Average	/	/	0.662888
Cluster gerarchico	2	Manhattan	/	Single	/	/	0.6512111
DBSCAN	/	/	/	/	34	35	0.6496576
DBSCAN	/	/	/	/	24	21	0.6442917
DBSCAN	/	/	/	/	34	21	0.6384481
K-Means	2	Manhattan	25	/	/	/	0.3450115
K-Means	2	Euclidean	25	/	/	/	0.3266966
K-Means	3	Manhattan	25	/	/	/	0.2578782
K-Means	3	Euclidean	25	/	/	/	0.2458823
K-Means	4	Manhattan	25	/	/	/	0.2110242
K-Means	4	Euclidean	25	/	/	/	0.2021218