智能软件开发 方向基础



第八章 聚类(clustering) --PART2. 聚类模型

张朝辉 2023.3~6



| 序号 | 内容 | | | | | |
|----|------------------------|--|--|--|--|--|
| 1 | 概述 | | | | | |
| 2 | 机器学习的基本概念 | | | | | |
| 3 | 模型的选择与性能评价 | | | | | |
| 4 | 数据的获取、探索与准备 | | | | | |
| 5 | 近邻模型分类、回归 | | | | | |
| 6 | 决策树模型分类、回归 | | | | | |
| 7 | 集成学习分类、回归 | | | | | |
| 8 | (朴素)贝叶斯模型分类 | | | | | |
| 9 | 聚典 | | | | | |
| 10 | 特征降维及低维可视化(PCA, t-SNE) | | | | | |
| 11 | 总复习 | | | | | |

主要内容

1. 动态聚类

K-均值聚类(K-Means Clustering)

学习向量量化(LVQ)

- 2. 密度聚类
- 3. 层次聚类
- 4. 高斯混合模型



河北區古大学软件学院 Software College of Hebei Normal University

动态聚类的三个要点:

- ① 选定某种距离度量作为样本间的相异性度量
- ②确定某个准则函数,用于评价聚类结果的质量
- ③给定初始划分方法,以迭代方式找出使<u>准则函数取</u>值最优的划分结果

动态聚类过程:

- 多次迭代,逐步调整类别划分,最终使准则最优。
- C-Means Clustering
- > Fuzzy C-Means Clustering
- > ...



K - Means Clustering 聚类问题描述

输入: 样本集 $D = \{x_1, ..., x_m\}, x_i = \begin{bmatrix} x_{i1} & \cdots & x_{id} \end{bmatrix}^T \in \mathbb{R}^d$ 要生成的簇的数目 K

输出: K个互不相交的簇 $C = \{C_l | l = 1, ..., K\}$



1. 聚类准则--"最小误差平方和"准则

将样本集 \mathbf{D} 划分成 \mathbf{k} 簇: $\mathbf{D} = \mathbf{C}_1 \cup \cdots \cup \mathbf{C}_k$

簇的数目k 样本数目m

其中 C_i ——第i簇, i = 1,...,k

$$\mu_i$$
 --第 i 簇的中心, $\mu_i = \frac{1}{|C_i|} \sum_{r \in C_i} x$

 $注: \{\mu_i, i=1,...,k\} --codebook$

$$\sum_{x \in C} \|x - \mu_i\|^2$$
 -- 簇内样本关于该簇中心的距离平方和

误差平方和目标函数 $E(\mu_1,...,\mu_k,C_1,...,C_k) = \sum_{i=1}^{\kappa} \sum_{x \in C} ||x - \mu_i||^2$



2. 算法实现

初始化方式

交叉迭代的动态更新

$$\left\{ \boldsymbol{\mu}_{i}^{(j)}, \quad \boldsymbol{i} = 1, ..., \boldsymbol{k} \right\}$$

$$\rightarrow \left\{ \boldsymbol{C}_{i}^{(j+1)}, \quad \boldsymbol{i} = 1, ..., \boldsymbol{k} \right\}$$

$$\rightarrow \left\{ \boldsymbol{\mu}_{i}^{(j+1)}, \quad \boldsymbol{i} = 1, ..., \boldsymbol{k} \right\}$$

算法终止条件



15:

end if

17: until 当前均值向量均未更新 输出: 簇划分 $C = \{C_1, C_2, \dots, C_k\}$

16: end for

河北解范太学软件学院

输入: 样本集 $D = \{x_1, x_2, \dots, x_m\};$

取米袋粉も

| | 衆央族数 k. | | | | | | | | |
|-------------|---|--|--|--|--|--|--|--|--|
| 过程 | ≥ 迭代终止条件 | | | | | | | | |
| 1: b | 以 D 中随机选择 k 个样本作为初始均值向量 $\{\mu_1, \mu_2, \dots, \mu_k\}$ | | | | | | | | |
| 2: r | 2: repeat | | | | | | | | |
| 3: | 3: $\diamondsuit C_i = \varnothing \ (1 \leqslant i \leqslant k)$ | | | | | | | | |
| 4: | for $j = 1, 2, \ldots, m$ do | | | | | | | | |
| 5: | 计算样本 x_j 与各均值向量 μ_i $(1 \leq i \leq k)$ 的距离: $d_{ji} = x_j - \mu_i _2$; | | | | | | | | |
| 6: | 根据距离最近的均值向量确定 x_j 的簇标记: $\lambda_j = \arg\min_{i \in \{1,2,,k\}} d_{ji}$; | | | | | | | | |
| 7: | 将样本 x_j 划入相应的簇: $C_{\lambda_j} = C_{\lambda_j} \bigcup \{x_j\}$; | | | | | | | | |
| 8: | end for | | | | | | | | |
| 9: | for $i = 1, 2, \dots, k$ do | | | | | | | | |
| 10: | 计算新均值向量: $\mu_i' = \frac{1}{ C_i } \sum_{m{x} \in C_i} m{x}$; | | | | | | | | |
| 11: | $\text{if } \mu_i' \neq \mu_i \text{ then }$ | | | | | | | | |
| 12: | 将当前均值向量 μ_i 更新为 μ_i' | | | | | | | | |
| 13: | else | | | | | | | | |
| 14: | 保持当前均值向量不变 | | | | | | | | |

> 初始化方式

> 交叉迭代的动态更新方式

A. 聚类中心的初始化

"代表点"选择

样本集D划分之前,先选择代表点作为初始聚类核心;

再基于最近距离法,产生各簇

聚类结果与初始代表点选择有关

几种"代表点"的选择方法:

- --经验选择
- -- "密度法"选择代表点
- --随机选择代表点



河北种范太学软件学院

Software College of Hebei Normal University

K-Means ++ 中更为有效的聚类中心初始化算法

- 1.聚类中心集合**M**的初始化: **M** ← Φ
- |2.在样本集**D**内随机选择1个样本初始化聚类中心 μ_1 :

$$M \leftarrow M \cup \{\mu_1\}$$

- 3. for i = 2, ..., K do
- 3.1 对于样本集D内不同于M内(i-1)个中心的每个样本x,

计算该样本关于M内(i-1)个中心的距离平方最小值,

记为 $\left[d\left(x,M\right)\right]^{2} = \min_{j=1,\dots,i-1} \left[d\left(x,\mu_{j}\right)\right]^{2}$

3.2 按照概率 $\frac{\left[d\left(x^{*},M\right)\right]^{2}}{\sum\left[d\left(x_{i},M\right)\right]^{2}}$ 随机选择一个样本 x^{*} ,将其

作为初选的第i个聚类中心 μ_i

- 3.3 $M \leftarrow M \cup \{\mu_i\}$
- 4.返回**M**

B. 簇的数目k的确定

通常要求事先给定"簇"数目k.

(a)一般根据领域先验知识确定:

若k未知,可按如下方法确定

(b)实验确定:

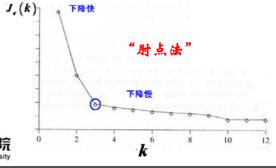
令k = 1, 2, 3,,分别进行聚类,得 $J_{e}(k)$,

绘制 $J_{e}(k)$ -k曲线图;

找出拐点,对应聚类

数目为最终类别数。

该方法并不 总是有效。





河北解范太学软件学院

C. 其它

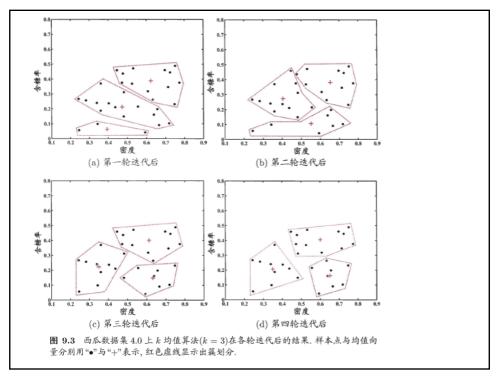
是否需要进行样本集的规范化预处理? --是

是否需要重复多次?

--从多个聚类结果中选择最好的那个

任意形状的聚类都可处理吗?--不





主要内容

- 1. 动态聚类
 - K-均值聚类(K-Means Clustering)

学习向量量化(LVQ)

- 2. 密度聚类
- 3. 层次聚类
- 4. 高斯混合模型



学习向量量化(Learning Vector Quantization, LVQ)

问题描述

输入: 样本集 $D = \{(x_1, y_1), ..., (x_m, y_m)\}$

要生成的原型向量数目q

其中 $\mathbf{x}_i = \begin{bmatrix} \mathbf{x}_{i1} & \cdots & \mathbf{x}_{id} \end{bmatrix}^T \in \mathbf{X} \subset \mathbf{R}^d$ $y_i \in Y$

输出:

(1)q个原型向量 $\{p_{l} | l = 1,...,q\}$, 每个原型向量代表一个聚类簇,簇的标记值 $t_i \in Y$

(2)基于学得的原型向量,对原始空间进行划分



河北解范太学软件学院

-阶段,基于有标签样本集的原型向量的

-找特征空间的代表点

注意:原型向量数目应 不低于标签值的数目

输入: 样本集 $D = \{(x_1, y_1), (x_2, y_2), \dots, (x_m, y_m)\};$ 原型向量个数 q, 各原型向量预设的类别标记 $\{t_1, t_2, \ldots, t_q\}$; 学习率 $\eta \in (0,1)$.

过程:

1: 初始化一组原型向量 $\{p_1, p_2, ..., p_q\}$

从样本集 D 随机选取样本 (x_i, y_i) ;

计算样本 x_i 与 p_i $(1 \le i \le q)$ 的距离: $d_{ii} = ||x_i - p_i||_2$;

找出与 x_i 距离最近的原型向量 p_{i^*} , $i^* = \arg\min_{i \in \{1,2,\ldots,q\}} d_{ji}$; if $y_j = t_{i^*}$ then

 $\boldsymbol{p}' = \boldsymbol{p}_{i^*} + \eta \cdot (\boldsymbol{x}_i - \boldsymbol{p}_{i^*})$ 7:

8: else $oldsymbol{p}' = oldsymbol{p}_{i^*} - \eta \cdot (oldsymbol{x}_j - oldsymbol{p}_{i^*})$

end if 10:

11: 将原型向量 p_i 更新为 p' 12: until 满足停止条件~

输出: 原型向量 $\{p_1, p_2, \ldots, p_q\}$

比如:最大迭代次数

$$\| \mathbf{p}' - \mathbf{x}_{j} \|_{2} = \| \mathbf{p}_{i*} + \eta (\mathbf{x}_{j} - \mathbf{p}_{i*}) - \mathbf{x}_{j} \|_{2}$$

$$= \| (1 - \eta) \mathbf{p}_{i*} - (1 - \eta) \mathbf{x}_{j} \|_{2}$$

$$= (1 - \eta) \| \mathbf{p}_{i*} - \mathbf{x}_{j} \|_{2} < \| \mathbf{p}_{i*} - \mathbf{x}_{j} \|_{2}$$

$$\vec{\mathbf{z}} \mathbf{p}_{i*} = \mathbf{y}_{i*} \mathbf{y} \mathbf{y} \mathbf{y}_{i*} \mathbf{y} \mathbf{y}_{i*} \mathbf{y} \mathbf{y}_{i*} \mathbf{y}_{i*}$$

第二阶段,基于原型向量的样本空间X的簇划分。

 $\mathbf{R}_{i} = \left\{ \mathbf{x} \in \mathbf{X} \mid \left\| \mathbf{x} - \mathbf{p}_{i} \right\|_{2} \leq \left\| \mathbf{x} - \mathbf{p}_{i'} \right\|_{2}, i' \neq i \right\}$

--Voronoi Tessellation(V图剖分)

q个原型向量 $\{p_{l} | l = 1,...,q\}$

若 p_{i*} 与 x_i 类别一致,则 p_{i*} 更新后为 $p'=p_{i*}+\eta(x_i-p_{i*})$

$m{X} = m{R}_1 igcup m{R}_2 igcup \cdots igcup m{R}_q$ 河北純花光学软件学院

 $\forall x \in X \subset \mathbf{R}^d$

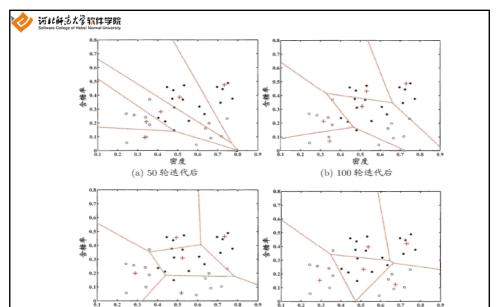


图 9.5 西瓜数据集 $4.0 \pm \text{LVQ}$ 算法 (q = 5) 在不同轮数迭代后的聚类结果. c_1 , c_2 类样本点与原型向量分别用" \bullet ", " \circ "与"+"表示, 红色虚线显示出聚类形成的 Voronoi 剖分.

(d) 400 轮铁代后

主要内容

1. 动态聚类

2. 密度聚类(DBSCAN)

(c) 200 轮迭代后

Density - Based Spatial Clustering of Applications with Noise

- 3. 层次聚类
- 4. 高斯混合模型



- DBSCAN 算法是一种基于高密度连通区域的、基于密度的聚类算法
- > 能够将具有足够高密度的区域划分为簇
- > 能够在具有噪声的数据中发现任意形状的簇
- ▶ 能够发现异常点



1. 有关概念[给定样本集 $D = \{x_1, \dots, x_m\}$]

[1]两个**全局邻域参数**(ε, MinPts) ε--邻域最大半径

MinPts--给定样本的 ε -**邻域**内最小样本数.

[2] *ε* – **邻域**

对于 $\forall x_j \in D$, x_j 的 ε - 邻域为 $N_{\varepsilon}(x_j) = \{x_i \in D \mid dist(x_i, x_j) \leq \varepsilon\}$

[3]核心对象(core object)

 $|N_{\varepsilon}(x_i)| \ge MinPts$,则称 x_i 为一个**核心对象**.

- [4]<mark>密度直达</mark>(directly density reacheable)
- $\exists x_j \in N_{\varepsilon}(x_i)$,并且 x_i 为一个核心对象,则称 x_j 为由 x_i 密度直达.

[5]**密度可达**(density – reacheable) 对于 x_i, x_j , 若存在样本序列 $p_1, p_2, ..., p_n$, 其中 $p_1 = x_i, p_n = x_j$, 且 p_{i+1} 由 p_i

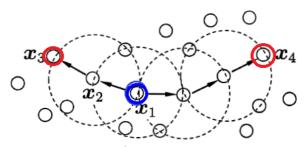
密度直达,则称 x_i 由 x_i 密度可达.

[6]**密度相连(density - connected)**

对于 x_i 与 x_i ,若存在样本 x_k ,使得 x_i 与 x_i 均由 x_k **密度可达**,则称 x_i 与 x_i

密度相连.

邻域参数 $(\varepsilon, MinPts)$, ε -邻域,**核心对象**,<mark>密度直达,密度可达</mark>,**密度相连**



DBSCAN 定义的基本概念 (MinPts=3): 虚线显示出 ϵ -邻域, x_1 是核心对 象, x_2 由 x_1 密度直达, x_3 由 x_1 密度可达, x_3 与 x_4 密度相连.

[7] **边界对象**(border object)

则称 x_i 为一个边界对象.

边界对象位于聚类簇的边界处,

[8]噪声对象(noise object)

核心对象、边界对象以外的其它样本.

[9]簇

由密度可达关系导出的最大密度相连样本集。

给定邻域参数 $(\varepsilon, MinPts)$, 簇 $C \subseteq D$ 为满足以下性质的非空样本 子集:

连接性(connectivity): $x_i, x_i \in C \Rightarrow x_i = x_i$ 密度相连.

最大性 $(maximality): x_i \in C$,并且 x_i 由 x_i 密度可达 $\Rightarrow x_i \in C$.



样本集D的主要组成

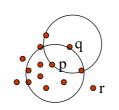
核心对象(聚类簇的种子点)

边界对象(可由核心对象密度可达的非核心对象)

、噪声对象(异常点,孤立点)

高密度区

低密度区



MinPts = 5 Eps = 1 cm



河北种范太学软件学院

Software College of Hebei Normal University

2. DBSCAN算法纲要

特点

- --无需指定聚类簇的数目;
- --只需输入两个全局参数(全局参数取值如何选?).

启发

- --识别样本集内的核心对象;
- --任选一个核心对象,作为一个聚类簇的种子点;
- --获取该种子点及其所有密度可达样本,构成一个 聚类簇.



- ▶ 遍历整个样本集D,确定核心对象、边界对象
- 、及噪声对象
- ▶将所有噪声对象标记为异常.
- 考查每个核心对象:核心对象彼此可密度直 达,则应划分至相同的聚类簇。
- 所有边界对象: 若它们是密度相连的,应划 分至与其核心对象一致的聚类簇内.



2. 算法描述

STEP1.识别给定样本集D的

所有核心对象. 得到核心对象集合 Ω

STEP2. 初始化聚类簇的数目 为0;初始化未被访问的样 本集为整个数据集D.

STEP3. 重复如下过程,生成 一系列聚类簇,直到核心对象 集合为空。

▶从核心对象集合中,任选1 核心对象,作为聚类簇的一 个种子点,找出其密度可达

的所有样本,构成1个聚类 簇.

▶ 更新核心对象集合; ▶ 更新未访问的样本集合

STEP4. 輸出所有聚类簇.

```
输入: 样本集 D = \{x_1, x_2, \dots, x_m\};
       邻域参数 (\epsilon, MinPts).
```

过程:

1: 初始化核心对象集合: Ω = Ø

2: for j = 1, 2, ..., m do

3: 确定样本 x_i 的 ϵ -邻域 $N_{\epsilon}(x_i)$;

if $|N_{\epsilon}(x_j)| \geqslant MinPts$ then 4.

将样本 x_i 加入核心对象集合: $\Omega = \Omega \cup \{x_i\}$ 5:

end if

7: end for

8: 初始化聚类簇数: k = 0

9: 初始化未访问样本集合: $\Gamma = D$

10: while $\Omega \neq \emptyset$ do

记录当前未访问样本集合 $\Gamma_{old} = \Gamma$; 11:

随机选取-一个核心对象 $o \in \Omega$, 初始化队列 $Q = \langle o \rangle$; 12:

 $\Gamma = \Gamma \setminus \{o\};$ 13:

更新来访问的样本集合

while $Q \neq \emptyset$ do 14:

15: 取出队列Q中的首个样本q;

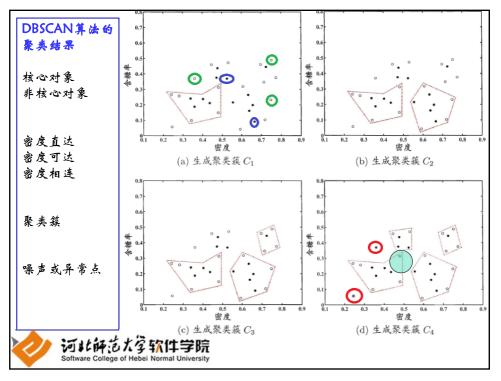
if $|N_{\epsilon}(q)| \ge MinPts$ then 16: $\diamondsuit \Delta = N_{\epsilon}(q) \cap \Gamma;$ 17:

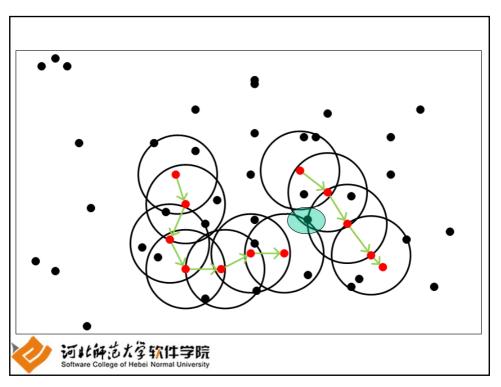
将 Δ 中的样本加入队列 Q; 18: 19: 更新来访问的样本集合

20: end if end while 21:

k = k + 1, 生成聚类紙 $C_k = \Gamma_{\text{old}} \setminus \Gamma$; 22: $\Omega = \Omega \setminus C_k$ 更新核心対象集合

23: 24: end while 输出: 簇划分 $C = \{C_1, C_2, \dots, C_k\}$

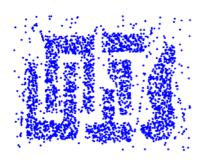




DBSCAN聚类算法的细节



DBSCAN运行效果好的时候



Original Points



Clusters

·对噪声不敏感

•可处理不同形状和大小的数据



如何适当选取EPS和MinPts

--基于k-距离

- ▶ 位于同一聚类簇的所有样本点,它们到其第k个最近邻的距离 应大致一样
- > 噪声点到其第k个最近邻的距离比较远
- ▶ 获取每个样本到其第k个最近邻的距离,从小到大升序排列 得到k-距离变化曲线图
- > 找到曲线的拐点(变化剧烈的位置)
- > 然后:

Eps即为变化剧烈位置对应的 K-距离.

MinPts取k



河北种范太学软件学院 Software College of Hebei Normal University

DBSCAN算法的优缺点

• 优点

基于密度定义,相对抗噪音; 能处理任意形状和大小的簇

· 缺点

密度分布不均匀、或密度变化较大的簇时,会有麻烦; 邻城半径小,数量多的小簇,核心点数量减小 邻城半径大,本不属于同一簇的样本会聚至相同簇

对于高维问题,密度定义是个比较麻烦的问题



主要内容

- 1. 聚类的引入
- 2. 动杰聚类
- 3. 密度聚类(density-based clustering) DBSCAN
- 4. 层次聚类
- hierarchical clustering
- 也称系统聚类、分级聚类

1.层次聚类的引入

(1)问题描述

数据集 $\mathbf{D} = \{\mathbf{x}_1, \dots, \mathbf{x}_m\} \Rightarrow$ 划分为合理的 \mathbf{k} 个聚类簇。

 $1 \le k \le m$



河北解范太学软件学院 Software College of Hebei Normal University

(2)层次聚类的实现方式

样本数据的递归聚类:聚类过程中逐级考察簇间的距离, 以此决定类别数,

合并式(聚合式)聚类(agglomerative clustering)

从聚类簇数目最多开始,**自底向上**,逐级**合并**距离最近的 两个聚类簇,聚类簇的数目逐渐减少,直至与预设的聚类簇 数目一致. 经常使用.

如: AGNES算法(AGglomerative NESting)

分裂式聚类(divisive clustering)

从聚类簇数目最少开始,**自顶向下**,逐级分裂每级中最松散 的聚类簇,聚类簇的数目逐级增加,直至与预设聚类簇数目 一致.

如: TSVQ,可用于码本(codebook)的生成

(3)层次聚类的几个关键问题

相似性(相异性)度量

聚类簇之间: 簇内样本之间

聚类簇合并 / 分裂停止的条件

距离阈值:

预设的聚类簇数目

计算复杂度

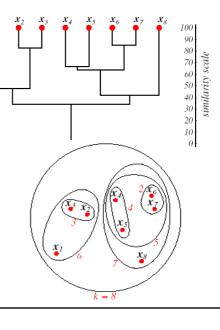
(4)聚合式系统聚类结果的表示

A.树状图(dendrogram),聚类树

可定量表示聚类簇间 的相似性(或相异性)

簇间相似性标尺随着 层数增加,逐渐减小。

B.维恩图(venn diagram), 集合图 只能**定性表示类间相似性**



2. 聚合式系统聚类算法

给定样本集 $D = \{x_1, \dots, x_m\}$,选定簇间距离度量 $d(C_i, C_i)$,

将样本D聚成k簇.

STEP1 初始化.

不同的距离度量, 可产生不同的聚类结果

A. 指定最终类别数k:

G每个样本自成1簇 $C_i \leftarrow \{x_i\}$ i = 1,...,m $q \leftarrow m$

STEP2 合并. 重复以下工作,直到q = k.

A. 寻找最相似(距离最小)的两簇 $C_i, C_i (i < j)$

$$d\left(C_{i},C_{j}\right) = \min_{\substack{\forall l,m \in \{1,\dots,q\}\\ j \in [l]}} d\left(C_{l},C_{m}\right)$$

B. 记录最小距离,合并两类 C_i , C_i : $q \leftarrow q-1$ STEP3 输出k个聚类簇.

AGNES算法描述

STEP1.初始化聚类簇

STEP2.初始化距离矩阵

STEP3.初始化聚类簇的数目

STEP4.逐级合并最相似的两 簇,直到满足规定的聚类簇 数目:

(1) 合并最相似的两簇; (2) 更新相关簇的序号;

(3) 更新相关距离矩阵;

(4) 更新簇的数目 STEP5.输出结果。

输入: 样本集 $D = \{x_1, x_2, \dots, x_m\};$ 聚类簇距离度量函数 d; 聚类簇数 k.

过程:

1: **for** j = 1, 2, ..., m **do** $2: \quad C_j = \{\boldsymbol{x}_j\}$ 3: end for

4: for i = 1, 2, ..., m do 5: **for** j = 1, 2, ..., m **do**

 $M(i,j) = d(C_i, C_j);$ M(j,i) = M(i,j)

end for 8: 9: end for

10: 设置当前聚类簇个数: q=m

11: while q > k do

找出距离最近的两个聚类簇 C_{i*} 和 C_{i*} ; 12: 合并 C_{i^*} 和 C_{j^*} : $C_{i^*} = C_{i^*} \bigcup C_{j^*}$; 13:

for $j = j^* + 1, j^* + 2, \dots, q$ do 14: 15: 将聚类簇 C_j 重编号为 C_{j-1}

end for 16: 删除距离矩阵 M 的第 j^* 行与第 j^* 列; 17: for j = 1, 2, ..., q - 1 do

 $M(i^*, j) = d(C_{i^*}, C_j);$ 19: $M(j, i^*) = M(i^*, j)$ 20: 21: end for

q = q - 123: end while 输出: 簇划分 $C = \{C_1, C_2, \dots, C_k\}$

3.聚类簇C_i,C_i之间的连接(linkage)

(1)最小距离

$$d_{\min}\left(\mathbf{C}_{i},\mathbf{C}_{j}\right) = \min_{\substack{x \in C_{i} \\ z \in C_{j}}} dist\left(x,z\right)$$

相应聚类算法就是"单链接"算法(single linkage 或 single - link)

采用该距离度量**聚类簇C_i,C_i之间**的相异程度,进行 聚类,就是产生最小生成树 (minimal spanning tree)

缺陷 链接效应,产生细长的聚类:

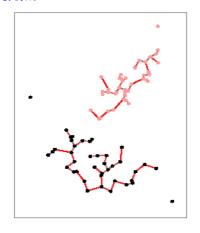
聚类结果对噪声或数据点波动敏感。

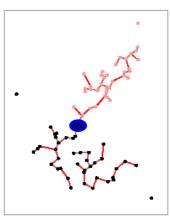


图. 二维高斯样本最小距离法层次聚类

左图 无干扰点

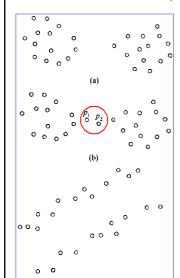
右图 有干扰点







最小距离法层次聚类(single linkage 或 single – link)

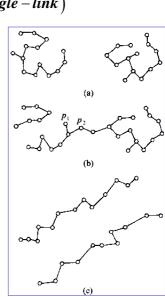


左图: 三种数据分布;

右图:

最近距离法的聚 类结果

注意: a,b的区别





(2)最大距离

$$d_{\max}\left(C_{i},C_{j}\right) = \max_{x \in C_{i},z \in C_{j}} dist(x,z)$$

最远邻算法

(the farthest-neighbor clustering algorithm)

全连接算法

(complete - linkage algorithm)

若 $d_{\text{max}}(C_i, C_j) \ge d_0$,则聚类过程结束。



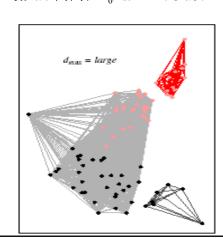
河北种范太学软件学院

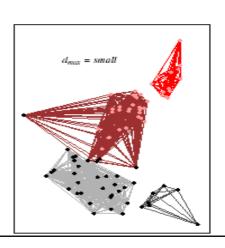
[防止两个密集点集通过某个路径聚为一簇的可能

特点 活合紧密、体积相近的类别划分

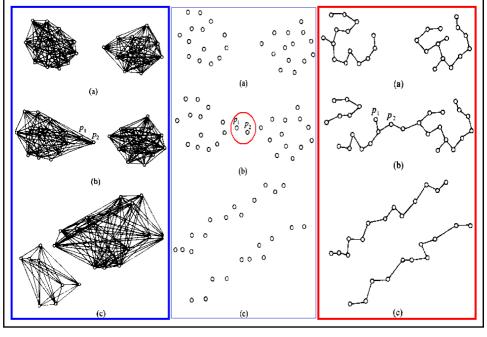
聚类结果对个别远离点敏感

最大距离阈值 d_0 越大,聚类簇的数目越小。





最大距离法与最小距离法聚类结果比较



(3)平均距离

$$d_{avg}\left(C_{i},C_{j}\right) = \frac{1}{\left|C_{i}\right|\left|C_{j}\right|} \sum_{x \in C_{i}} \sum_{z \in C_{j}} dist\left(x,z\right)$$

相应的聚类算法称为"均链接"算法 (average - link, average linkage).

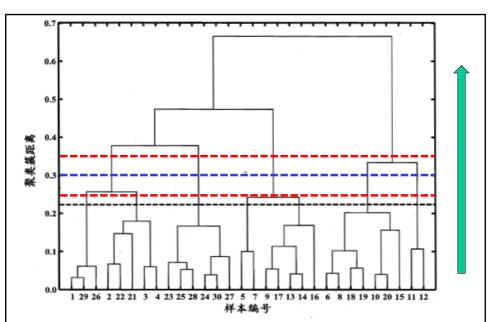
是关于前两种聚类算法的折中; 计算简单。



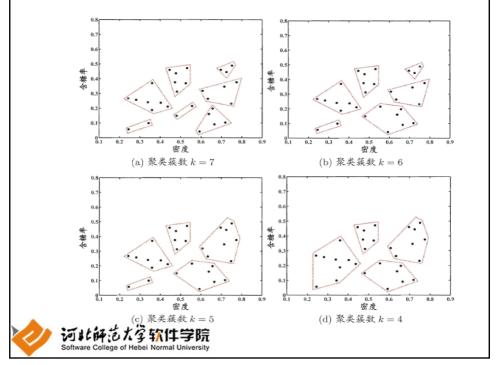
西瓜数据集4.0

| 编号 | 密度 | 含糖率 | 编号 | 密度 | 含糖率 | 编号 | 密度 | 含糖率 |
|-----|-------|-------|----|-------|-------|----|-------|-------|
| 1 | 0.697 | 0.460 | 11 | 0.245 | 0.057 | 21 | 0.748 | 0.232 |
| 2 | 0.774 | 0.376 | 12 | 0.343 | 0.099 | 22 | 0.714 | 0.346 |
| 3 . | 0.634 | 0.264 | 13 | 0.639 | 0.161 | 23 | 0.483 | 0.312 |
| 4 | 0.608 | 0.318 | 14 | 0.657 | 0.198 | 24 | 0.478 | 0.437 |
| 5 | 0.556 | 0.215 | 15 | 0.360 | 0.370 | 25 | 0.525 | 0.369 |
| 6 | 0.403 | 0.237 | 16 | 0.593 | 0.042 | 26 | 0.751 | 0.489 |
| 7 | 0.481 | 0.149 | 17 | 0.719 | 0.103 | 27 | 0.532 | 0.472 |
| 8 | 0.437 | 0.211 | 18 | 0.359 | 0.188 | 28 | 0.473 | 0.376 |
| 9 | 0.666 | 0.091 | 19 | 0.339 | 0.241 | 29 | 0.725 | 0.445 |
| 10 | 0.243 | 0.267 | 20 | 0.282 | 0.257 | 30 | 0.446 | 0.459 |





基于西瓜数据集4.0,采用聚合式层次聚类,得到的聚类树状图,簇之间的相异性度量采用最大距离法. 逐步提升分割层,聚类数目逐渐减小。



思考题

- 1. 什么是聚类? 什么是分类? 请给出二者的区别与联系.
- 2. 若采用不同模型对给定的数据集D进行划分.请给出不同聚类算法的实现步骤。
- (1) k-均值聚类(目标函数形式、参数意义)
- (2)层次聚类(如何计算样本点之间距离、集合之间距离)
- (3)DBSCAN聚类(几个术语、控制参数的意义)
- 3. 上述聚类模型的适用场合.

