

聚类分析

张敏

17/11/29





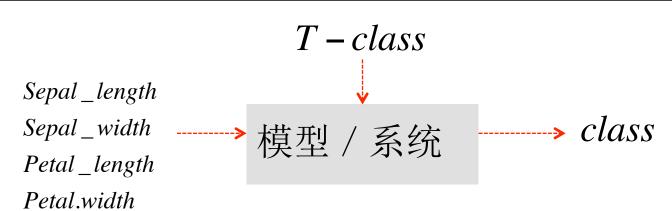
分类与聚类

分类:学习/训练过程

有监督,训练样本有明

确标签

Sepal.Length	Sepal.Width	Petal.Length	Petal.Width	T-class
5.1	3.5	1.4	0.2	setosa
4.9	3	1.4	0.2	setosa
7	3.2	4.7	1.4	versicolor
6.4	3.2	4.5	1.5	versicolor
6.3	3.3	6	2.5	virginica
5.8	2.7	5.1	1.9	virginica
6.5	3	5.8	2.2	?
6.2	2.9	4.3	1.3	?



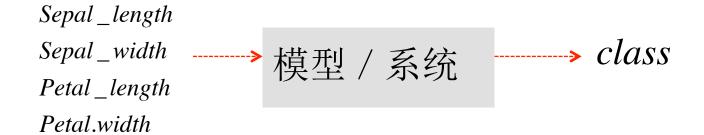


分类与聚类

聚类:学习/训练过程

无监督,样本无明确标签

Sepal.Length	Sepal.Width	Petal.Length	Petal.Width
5.1	3.5	1.4	0.2
4.9	3	1.4	0.2
7	3.2	4.7	1.4
6.4	3.2	4.5	1.5
6.3	3.3	6	2.5
5.8	2.7	5.1	1.9
6.5	3	5.8	2.2
6.2	2.9	4.3	1.3





聚类的概念

- 聚类是把各不相同的个体分割为有更多相似性的子集合的工作。
- > 聚类生成的子集合称为簇

聚类的要求

- > 生成的簇内部的任意两个对象之间具有较高的相似度
- 属于不同簇的两个对象间具有较高的相异度

聚类与分类的区别在于聚类不依赖于预先定义的类,没有预定义的类和样本——聚类是一种无监督的数据挖掘任务

聚类的概念

聚类通常作为其他数据挖掘或建模的前奏。

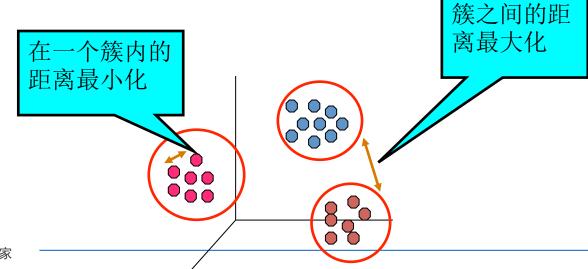
例如,聚类可以作为市场划分研究的第一步:

- 不是对 "客户对哪些促销反应最好"提出一个统一的适合所有人的标准
- 而是首先将客户划分为有相似购物习惯的人群,然后研究对每个人群用哪种促销最好。

聚类能够促进我们对数据的理解,刻画部分用户的特征

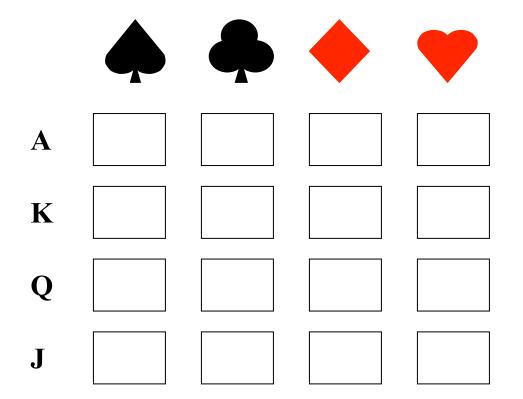
聚类的概念

- 仅根据在数据中发现的描述对象及其关系的信息,将数据对象分组。
- 与分类模型需要使用有类标记样本构成的训练数据不同,聚类模型可以建立在无类标记的数据上,是一种非监督的学习算法。
- 聚类的输入是一组未被标记的样本,聚类根据数据自身的距离或相似度将他们划分为若干组,划分的原则是组内样本最小化而组间(外部)距离最大化:



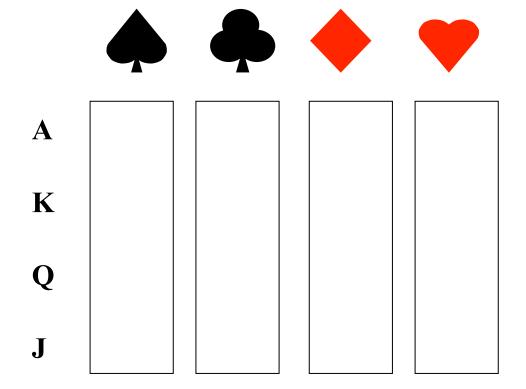


有16张牌如何将他们分组



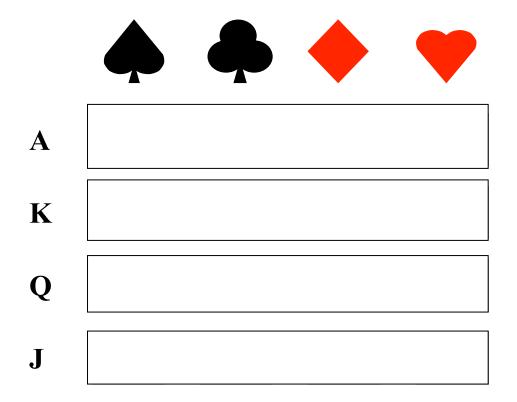
分成四组

- > 每组里花色相同
- > 组与组之间花色相异



分成两组

- > 每组里符号相同
- 组与组之间符号相异



聚类分析:物以类聚、人以群分

应用领域:

- > 客户价值分析
- > 文本分类
- ▶ 基因识别
- > 空间数据处理
- > 卫星图片分析

数据分析、统计学、机器学习、空间数据库技术、生物学和市场学也推动了聚类分析研究的进展

常用聚类算法

聚类算法种类繁多,且其中绝大多数可以用R实现。下面将选取普及性最广、最实用、最具有代表性的5中聚类算法进行介绍,其中包括:

- K-均值聚类(K-Means)
- K-中心点聚类(K-Medoids)
- > 密度聚类(Densit-based Spatial Clustering of Application with Noise, DBSCAN)
- ▶ 层次聚类(系谱聚类 Hierarchical Clustering, HC)
- ➤ 期望最大化聚类(Expectation Maximization, EM)

需要说明的是,这些算法本身无所谓优劣,而最终运用于数据的效果却存在好坏差异,这在很大程度上取决于数据使用者对于算法的选择是否得当。







距离

聚类分析是研究对样本或变量的聚类,在进行聚类时,可使用的方法有很多,而这些方法的选择往往与变量的类型是有关系的,由于数据的来源及测量方法的不同,变量大致可以分为两类:

- 1. 定量变量,也就是通常所说的连续变量。
- 2. 定性变量,这些量并非真有数量上的变化,而只有性质上的差异。这些量可以分为两种,一种是有序变量,另一种是名义变量。

连续型变量距离

典型的距离定义

距离	定义式	说明
绝对值距离	$d_{ij}(1) = \sum_{k=1}^{p} x_{ik} - x_{jk} $	绝对值距离是在一维空间下进行的距离计算
欧式距离	$d_{ij}(2) = \sqrt{\sum_{k=1}^{p} (x_{ik} - x_{jk})^2}$.	欧式距离是在二维空间下进行的距离计算
闵可夫斯基距离	$d_{ij}(q) = \left[\sum_{k=1}^{p} (x_{ik} - x_{jk})^q\right]^{1/q}, \ q > 0.$	闵可夫斯基距离是在 q 维空间下进行的距离计算
切比雪夫距离	$d_{ij}(\infty) = \max_{1 \leq k \leq p} x_{ik} - x_{jk} .$	切比雪夫距离是 q 取正无穷大时的闵可夫斯基距离, 即切比雪夫距离是在 + ∞维空间下进行的距离计算
Lance 距离	$d_{ij}(L) = \sum_{k=1}^{p} \frac{ x_{ik} - x_{jk} }{x_{ik} + x_{jk}}$	减弱极端值的影响能力
归一化距离	$d_{ij} = \sum_{k=1}^{p} \frac{ x_{ik} - x_{jk} }{\max(x_k) - \min(x_k)}$	自动消除不同变量间的纲量影响,其中每个变量 k 的 距离取值均是 [0,1]

相似系数

两个仅包含二元属性的对象之间的相似性度量也称相似系数

两个对象的比较导致四个:f00 = x取0并且y取0的属性个数;f01 = x取0并且y取1的属性个数;f10 = x取

1并且y取0的属性个数;f11 = x取1并且y取1的属性个数

简单匹配系数:SMC = 值匹配的属性个数/属性个数

= (f11 + f00) / (f01 + f10 + f11 + f00)

Jaccard(雅卡尔)系数: J = 匹配的个数 / 不涉及0-0匹配的属性个数

$$= (f11) / (f01 + f10 + f11)$$



相似系数

```
两个二元向量: x=(1,0,0,0,0,0,0,0,0,0)
           y = (0, 0, 0, 0, 0, 0, 1, 0, 0, 1)
f00 = 7 (x取0并且y取0的属性个数)
f01 = 2 (x取0并且y取1的属性个数)
f10 =1 (x取1并且y取0的属性个数)
f11 = 0 (x取1并且y取1的属性个数)
简单匹配系数:SMC= (f11 +f00) / (f01 + f10 + f11 + f00)
              = (0+7)/(2+1+0+7) = 0.7
Jaccard系数: J = (f11) / (f01 + f10 + f11)
           =0/2+1+0=0
```



相似系数

余弦相似系数(如计算两文档间相似系数):

$$cos(x1, x2) = (x1 \cdot x2) / ||x1|| ||x2||,$$

其中·表示向量的点积(内积), ||x||表示向量的范数。

例向量:x1 = (3,2,0,5,0,0,0,2,0,0)

$$x2 = (1,0,0,0,0,0,0,1,0,2)$$

则余弦相似系数为: $\cos(x_1, x_2) = 5/(6.481*2.245) = 0.3436$





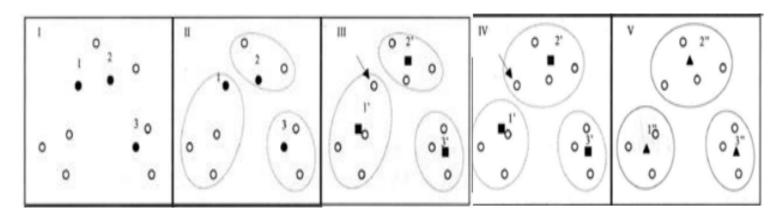
例:某餐饮公司欲通过客户消费记录寻找VIP客户,进行精准营销。

客户id	客单价
a	1
b	2
С	4
d	5



算法步骤

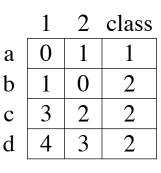
- 1. 随机选取K个样本作为类中心;
- 2. 计算各样本与各类中心的距离;
- 3. 将各样本归于最近的类中心点;
- 4. 求各类的样本的均值,作为新的类中心;
- 5. 判定: 若类中心不再发生变动或达到迭代次数,算法结束,否则回到第2步。

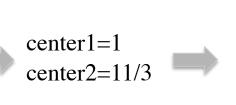




选定样本a和b为初始类中心,中心值分别为1、2

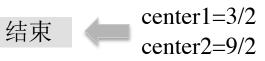
a	1
b	2
c	4
d	5

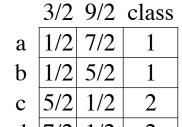


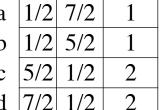


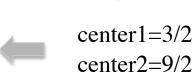
	1	11/3	class
a	0	8/3	1
b	1	5/3	1
c	3	1/3	2
d	4	4/3	2

- 1. 选中心
- 2. 求距离
- 3. 归类
- 4. 求新类中心
- 判定结束

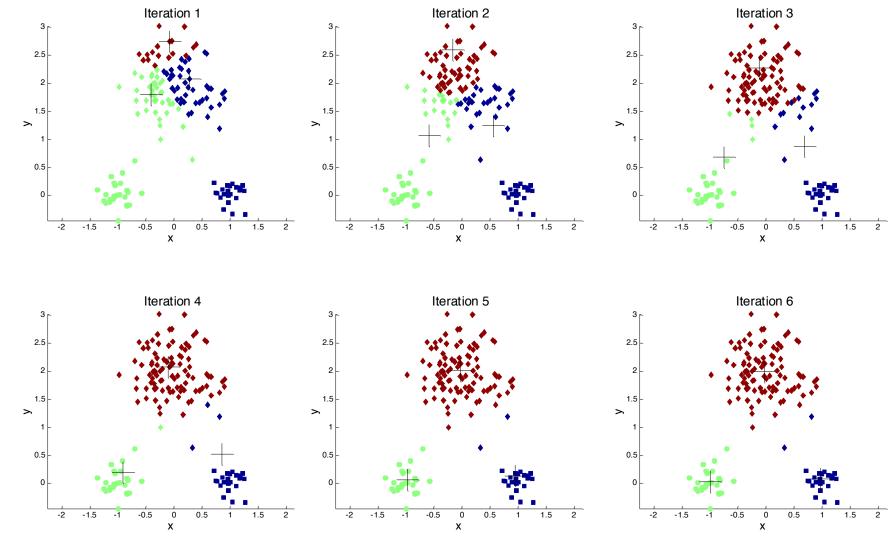






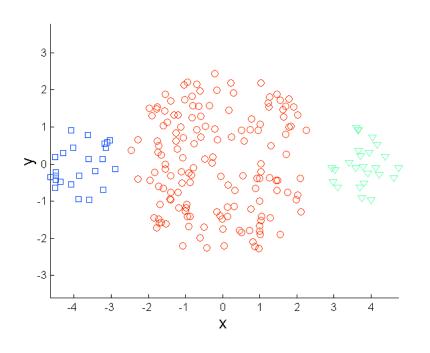


示例





思考:K-means聚类的特点是什么?



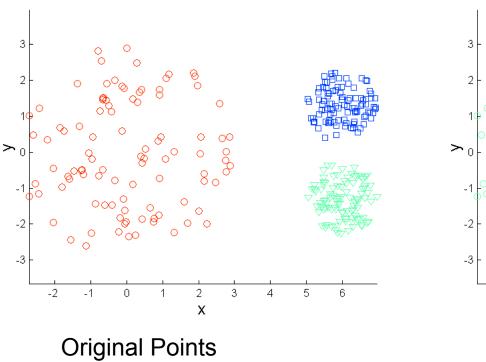
3 - 2 - 1 0 1 2 3 4 X

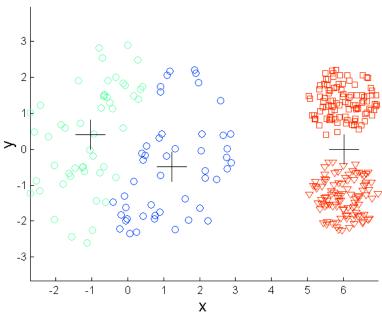
Original Points

K-means (3 Clusters)



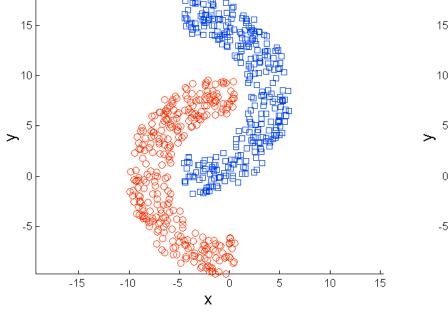
思考:K-means聚类的特点是什么?

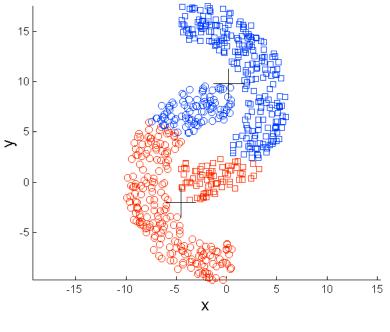




K-means (3 Clusters)

思考:K-means聚类的特点是什么?





适用于球状簇

Original Points

K-means (2 Clusters)



优缺点

优点:

- > 算法简单
- ▶ 适用于球形簇
- ➤ 二分k均值等变种算法运行良好,不受初始化问题的影响。

缺点:

- 不能处理非球形簇、不同尺寸和不同密度的簇
- > 对离群点、噪声敏感

练习:将平面上100个点聚为2类

> x坐标为1到100

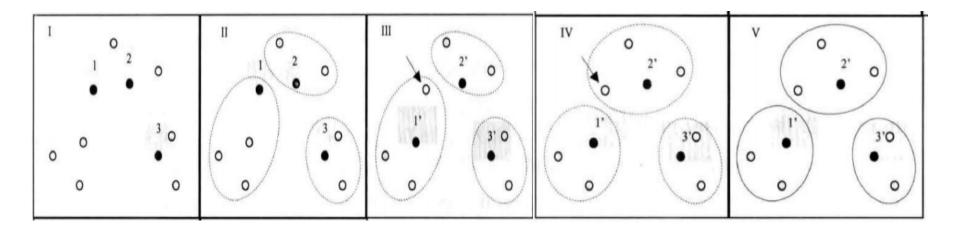
> y坐标为101到200





K-Medoids

- 1、随机选取K个样本作为类中心;
- 2、计算各样本与各类中心的距离;
- 3、将各样本归于最近的类中心点;
- 4、在各类别内选取到其余样本距离之和最小的样本作为新的类中心;
- 5、判定: 若类中心不再发生变动或达到迭代次数, 算法结束, 否则回到第2步。

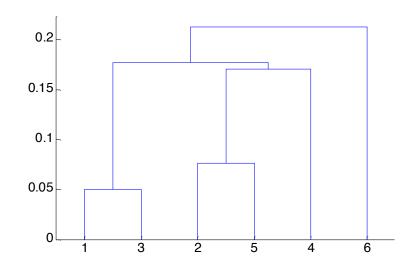


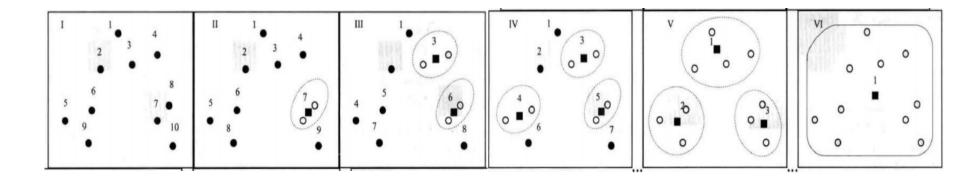




层次聚类(系谱聚类 Hierarchical Clustering, HC)

- ➤ 不需事先设定类别数k
- ▶ 每次迭代过程仅将距离最近的两个样本/簇聚为一类
- ▶ 得到k=n至k=1(n为待分类样本总数)个类别的聚类结果







层次聚类(系谱聚类 Hierarchical Clustering, HC)

优缺点

优点:

- 某些应用领域需要层次结构。如:系统发生树,基因芯片
- > 有些研究表明,这种算法能够产生较高质量的聚类

缺点:

- 计算量、存储量大
- 对噪声、高维数据敏感





算法简介

- 主要是依赖两个主要的参数来进行聚类的,即对象点的区域半径Eps和区域内点的个数的阈值MinPts
- ➤ DBSCAN算法通过查找数据聚类的,即对象点的区域半径Eps和区域内点的个数的阈值M集中任意一个点的距离在Eps区域来进行聚类,如果这个区域内的点数大于MinPts,则将这些点放在同一个簇中,形成新的一类。

基础概念

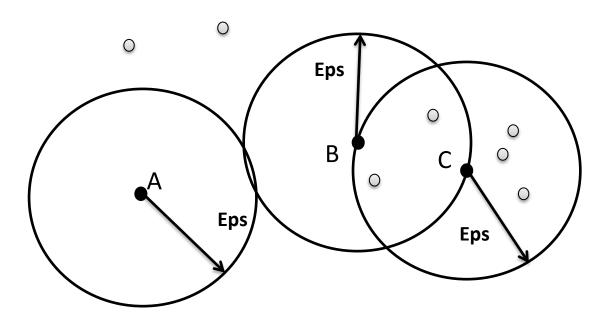
- 1. 点的Eps区域:以空间中任意一点p为圆心, Eps为半径的区域中的点的集合D。
- 2. 点的密度:集合D中点的个数即为点P的密度。
- 3. 阈值MinPts:在集合D中使点p成为核心点的限定值。
- 4. 核心点:如果点p的密度等于或者大于阈值MinPts,则P为核心点。
- 5. 边界点:如果点p不是核心点,但落在其他核心点的区域内,那么p点为边界点。
- 6. 噪声点:如果点p既不是核心点,也不是边界点,则p点为噪声点。
- 7. 密度直达:存在空间任意一点q在集合D中,且p是核心点,则称点q从点p密度直达。
- 8. 密度可达:空间存在点m在集合D中,如果 m到p 密度直达,且 m到q也是密度直达,那么点p从点q密度可达。

样本(对象点)的区域半径Eps和区域内点的个数的阈值MinPts

▶ 核心点:如果点p的密度等于或者大于阈值MinPts,则P为核心点。

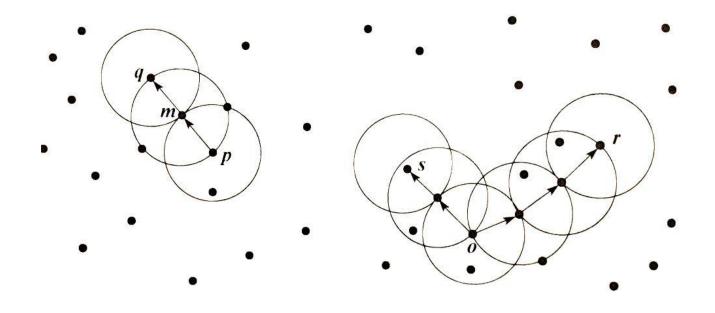
▶ 边界点:如果点p不是核心点,但落在其他核心点的区域内,那么p点为边界点。

噪声点:如果点p既不是核心点,也不是边界点,则p点为噪声点。



A为噪声点 B为边界点 C为核心点

DBSCAN算法原理直观图



1.密度直达:点q距核心点m距离小于等于eps,从m到q密度直达。不对称

2.密度可达:若从p到m密度直达,从m到q密度直达,则从p到q密度可达。不对称

3.密度相连:若从o到s密度可达,且从o到r密度可达的,所有o,r和s都是密度相连的。对称

算法步骤

- 1. 定义半径和MinPts
- 2. 从对象集合D中抽取未被访问过的样本点q
- 3. 检验该样本点是否为核心对象,如果是则进入下一步,否则返回上一步
- 4. 找出该样本点所有从该点密度可达的对象,构成聚类
- 5. 如果全部样本点都已被访问,则结束算法,否则返回第2步骤

优缺点

优点:

因为DBSCAN使用簇的基于密度的定义,因此它是相对抗噪声的,并且能够处理任意形状和大小的簇。

缺点:

- 当簇的密度变化太大时,DBSCAN就会有麻烦。
- ➢ 当近邻计算需要计算所有的点对近邻度时, DBSCAN可能是开销很大的。



Thank you!

泰迪科技:www.tipdm.com

热线电话:40068-40020

