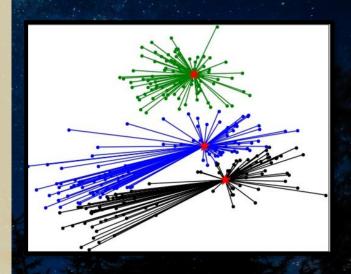


K-means

- El algoritmo K-means (K-medias) es un algoritmo partitivo.
- Uno de los más utilizados y más simples de implementar.
- Dado un conjunto de datos y K centroides: encontrar la posición de los centros que minimicen la suma de distancias.
- Cada centroide representa un *cluster*.
- Minimiza la suma de distancias cuadradas.



K-means – Algoritmo de Lloyd

Inicialización

Crear aleatoriamente k centros (dentro del dominio)

Iterar hasta converger (no cambian las asignaciones)

- Para cada patrón en el conjunto de datos: calcular la distancia a cada centroide asignar el patrón al cluster más cercano
- 2. Para cada *cluster*:

 mover el centroide al nuevo punto medio

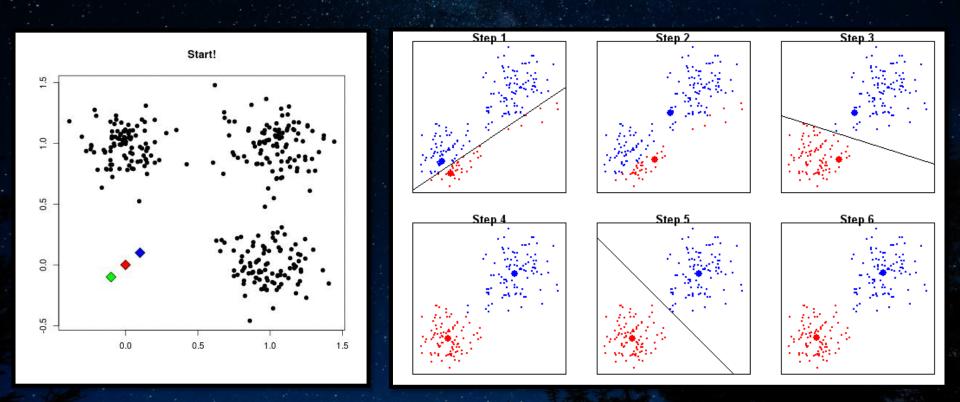
Etapa de asignación de cluster

Etapa de actualización del centroide

Para usar el algoritmo con un nuevo patrón:

- 1. Calcular la distancia del patrón a cada centroide.
- 2. Asignar el patrón al cluster con menor distancia

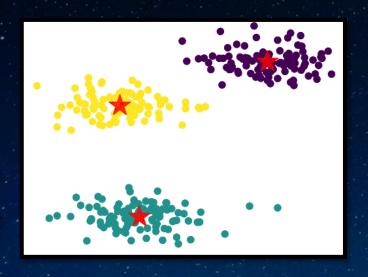
K-means

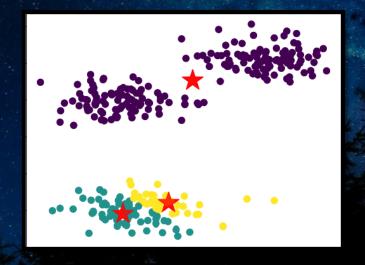


K-means – Mínimos locales

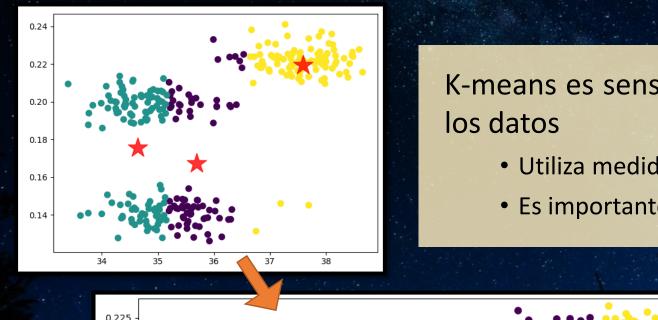
Cada paso del algoritmo de Lloyd decrementa la SSD

- No es una función convexa si K>2
- Mínimos locales
- Soluciones: kmeans++, varias iteraciones, etc.



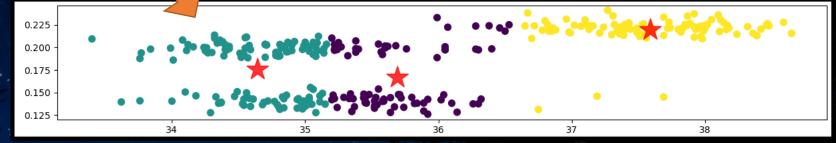


K-means – Normalización



K-means es sensible a la escala de

- · Utiliza medida de distancia
- Es importante normalizar

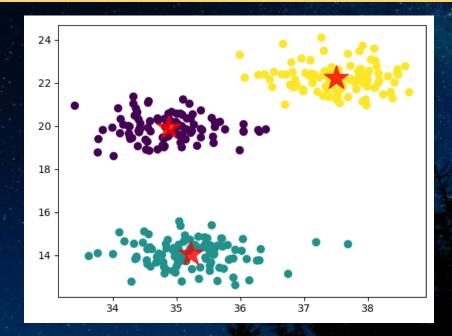


K-means en SciKit-Learn

```
from sklearn.cluster import Kmeans
Df = pd.read_csv('calabazas.csv')
                                                    Crea el modelo
                                                     con K clusters
K = 5
kmeans_model = KMeans(n_clusters=k)
                                                       Entrena el
kmeans.fit(Df)
                                                       modelo
                                                      Centroides
centers = kmeans.cluster_centers_
                                                       Etiquetar
kmeans labels = kmeans.predict(Df)
                                                     nuevos datos
```

K-means en SciKit-Learn

```
plt.scatter(data[:, 0], data[:, 1], c=kmeans_labels)
# visualizar centros
plt.scatter(centers[:, 0], centers[:, 1], marker='*', c='red')
```



Ejemplo. WHO_life_expectancy

```
from sklearn.preprocessing import MinMaxScaler
scaler = MinMaxScaler()
                                                          Normalizamos con Min-
                                                         Max (más interpretable)
data= scaler.fit transform(data)
k=2
                                                            Creamos 2 grupos
kmeans = KMeans(n clusters=k).fit(data)
centers = kmeans.cluster_centers_
                                                           Desnormalizamos los
                                                         centros y los guardamos
df2 = pd.DataFrame(scaler.inverse transform(centers), columns= columnas)
df2.to excel("centros paises2.xlsx")
```

Ejemplo. WHO_life_expectancy

```
from sklearn.preprocessing import MinMaxScaler
scaler = MinMaxScaler()
data= scaler.fit_transform(data)

k= 2
kmeans = KMeans(n_clusters=k).fit(data)
centers = kmeans.cluster_centers_

df2 = pd.DataFrame(scaler.inverse_transform(centers),
columns= columnas)
df2.to excel("centros paises2.xlsx")
```

Centro 1:

- Países con baja esperanza de vida.
- Poco consumo de alcohol.
- Gran población.

VARIABLE	Centro 1	Centro 2
Life expectancy	61,92	74,56
Adult Mortality	239,29	117,59
infant deaths	67,73	7,49
Alcohol	2,31	6,12
percentage expenditure	129,20	1.104,86
Hepatitis B	67,91	87,27
Measles	3.770,07	1.123,49
BMI	23,10	48,83
under-five deaths	94,01	8,75
Polio	71,66	92,04
Total expenditure	5,41	6,35
Diphtheria	72,35	92,56
HIV/AIDS	4,45	0,23
GDP	1.323,41	8.588,30
Population	22.020.898,75	9.405.495,89
thinness 1-19 years	7,89	2,69
thinness 5-9 years	8,05	2,67
Income composition of resources	0,48	0,74
Schooling	9,86	13,73
SOPORTE	685,00	964,00

Ejemplo. WHO_life_expectancy

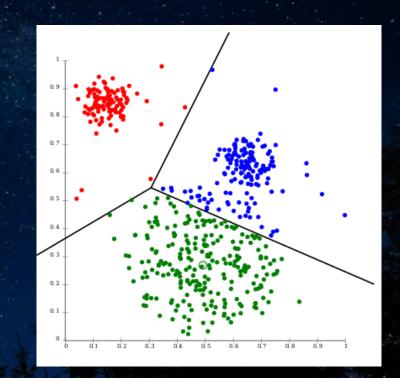
10 Clusters

VARIABLE	Centro 1	Centro 2	Centro 3	Centro 4	Centro 5	Centro 6	Centro 7	Centro 8	Centro 9	Centro 10
Life expectancy	61,87	77,80	59,81	72,46	75,48	66,00	68,77	66,65	72,45	51,57
Adult Mortality	211,23	98,89	248,47	128,42	111,60	116,64	164,39	197,38	136,32	442,79
infant deaths	45,21	2,67	78,35	7,94	18,62	1.268,82	24,49	44,88	24,02	38,83
Alcohol	1,07	10,27	2,86	3,57	6,88	2,26	1,76	3,07	4,46	4,75
percentage expenditure	70,84	2.438,23	163,04	311,83	1.507,03	41,48	185,37	267,86	418,87	173,79
Hepatitis B	79,40	91,17	28,13	92,56	15,28	30,27	66,63	77,39	93,96	79,23
Measles	1.636,76	475,86	3.920,45	494,18	2.675,83	43.188,55	3.359,44	1.662,96	4.860,15	2.946,43
BMI	18,44	57,53	23,40	52,12	44,96	15,45	44,44	36,33	18,70	23,31
under-five deaths	63,03	3,10	120,58	9,27	22,99	1.681,82	30,40	61,84	28,70	59,68
Polio	82,43	95,05	38,31	93,23	85,48	72,55	75,21	8,38	95,39	82,98
Total expenditure	5,23	7,27	5,11	6,11	5,78	4,36	4,97	5,75	5,45	6,76
Diphtheria	82,58	94,80	22,94	93,31	82,07	68,09	65,39	76,75	95,35	83,69
HIV/AIDS	1,72	0,11	4,33	0,25	0,33	0,25	0,52	2,18	0,49	18,78
GDP	733,24	17.706,72	1.644,12	3.230,19	10.439,17	900,01	1.949,52	2.225,40	4.058,43	1.674,57
Population	11.834.394,35	12.345.785,23	11.722.462,07	8.579.982,59	12.858.878,62	594.387.175,45	15.770.977,61	14.944.287,71	8.080.730,07	7.401.515,42
thinness 1-19 years	9,65	1,45	7,42	2,80	2,35	27,00	2,72	4,11	6,19	7,44
thinness 5-9 years	9,42	1,46	7,23	2,77	2,46	27,82	3,08	4,73	6,48	7,70
Income composition of resources	0,42	0,83	0,47	0,69	0,76	0,56	0,53	0,59	0,69	0,47
Schooling	9,09	15,47	9,48	12,64	13,94	10,41	10,97	10,88	12,74	10,16
SOPORTE	207	108	305	104	57	81	12	256	67	452

Los clusters permiten la eliminación de ruido en conjuntos con características similares.

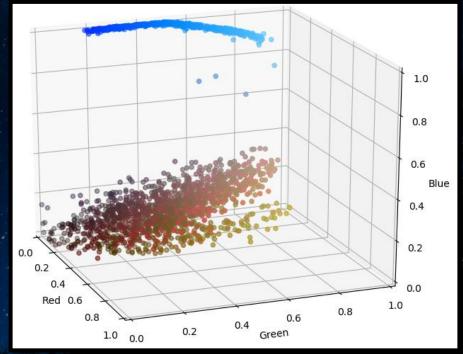
Esto podría utilizarse para reducir la cantidad de datos en un archivo (texto, imagen, audio).

La cuantización es una técnica de compresión con pérdida que consiste en agrupar un rango de valores en uno solo. De este modo, la codificación de los datos cambia, reduciendo el tamaño de almacenamiento.

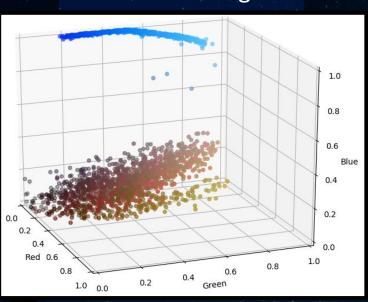


Supongamos una imagen RGB, y su distribución de píxeles. Cómo podemos reducir la cantidad de colores utilizando clustering?.

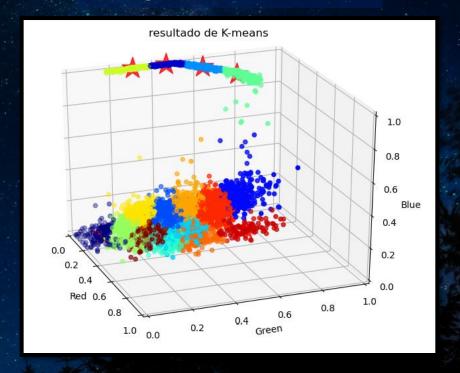




Distribución original



Asignación de clusters







720*480*24 bits= 1,012 Kb

720*480*4 bits= 168 Kb

Elección de K

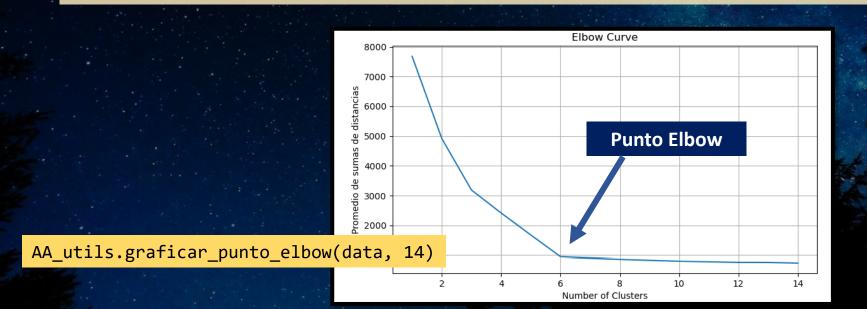
- El Error siempre decrece con K más grande
 - Peor caso: Error=0 si K= #ejemplos
- Algunas técnicas:
 - Punto Elbow
 - Silhouette
- La elección de K casi siempre es subjetiva.
 - ¡ No hay un K ideal!

Elección de K – Punto Elbow

Punto Elbow (punto codo).

Grafica el error del modelo para diferentes K.

El punto Elbow (si existe) se encuentra en el momento en que el error deja de bajar con la misma intensidad.

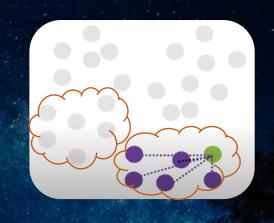


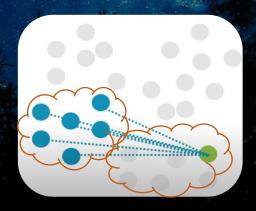
Elección de K – Índice Silhouette

Mide cohesión y separación:

 Cohesión a(x): distancia promedio de x a todos los elementos en el mismo cluster.

 Separación b(x): distancia promedio de x a todos los elementos en el cluster más cercano.





<u>Índice Silhouette</u>

Índice Silhouette para un punto x:

$$s(x) = \frac{b(x) - a(x)}{max(b(x), a(x))}$$

a(x) = distancia promedio intracluster

b(x) = distancia promedio intercluster

El valor de s(x) varía entre -1 y 1:

1 = Buen agrupamiento

0 = Indiferente

-1 = Mal agrupamiento

Índice Silhouette promedio

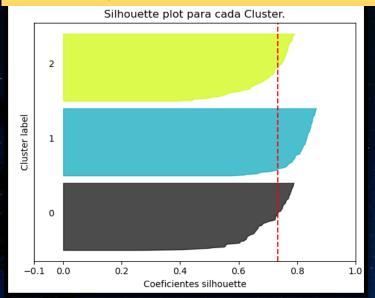
Índice Silhouette para todo el clustering:

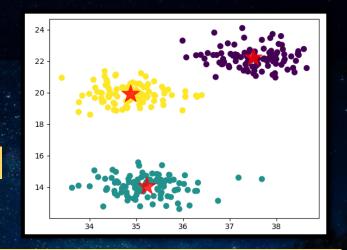
$$SC = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^{N} s(x_i)$$

El índice el mejor cuanto mayor sea el número (más cercano a 1)

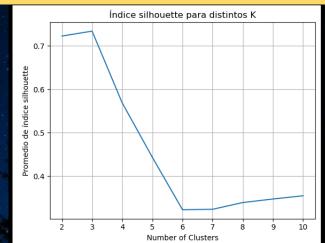
Índice Silhouette





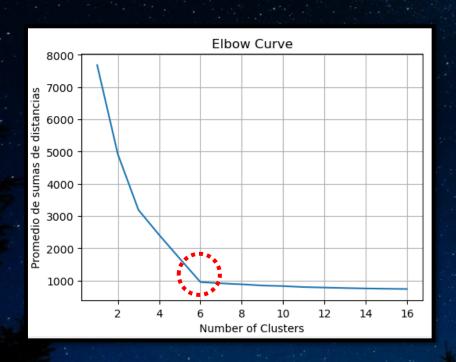


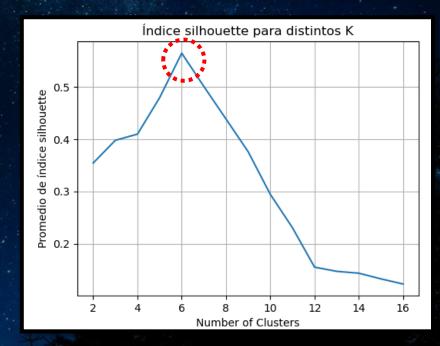
AA_utils.graficar_indice_silhouette(data, 10)



Ejemplo - clustering_10_dim.csv

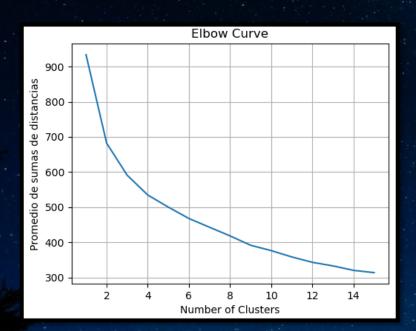
Vemos claramente que las curvas nos proponen elegir k=6.

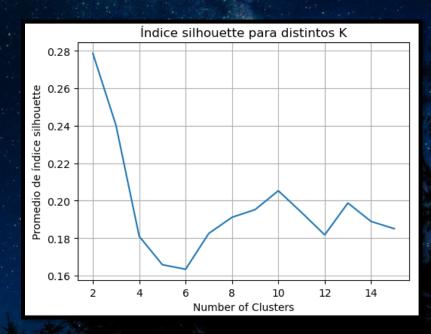




Ejemplo Países - WHO_life_expectancy.csv

No podemos obtener un valor de K "óptimo". Termina siendo una elección subjetiva.





K-medias. Resultados poco intuitivos

