Artigo 5: "Cluster Ensembles: A Survey of Approaches with Recent Extensions and Applications" (Boongoen & Iam-On, 2018)

1. Introdução

Os **ensembles de clusters** têm emergido como uma técnica poderosa para melhorar a robustez e a qualidade dos resultados de agrupamento. Em vez de confiar em um único algoritmo de clustering, os ensembles combinam múltiplas partições geradas por diferentes algoritmos ou configurações para produzir uma **partição consensual**. Essa abordagem é amplamente utilizada em diversas aplicações, como biologia computacional, mineração de dados e sistemas de recomendação.

Este artigo oferece uma revisão abrangente sobre os ensembles de clustering, abordando:

- 1. As principais estratégias para gerar partições.
- 2. Métodos de consenso para combinar partições.
- 3. Extensões recentes e aplicações práticas.

2. Objetivo do Estudo

O objetivo principal é fornecer uma visão detalhada das metodologias de ensembles de clustering, explorando:

- A eficácia das abordagens existentes.
- As limitações enfrentadas na prática.
- Extensões que lidam com novos desafios, como dados em larga escala, múltiplas visões e clusters sobrepostos.

3. Componentes dos Ensembles de Clustering

Os ensembles de clustering consistem em duas etapas principais: **geração de partições** e **funções de consenso**.

3.1 Geração de Partições

A diversidade das partições é essencial para o sucesso dos ensembles. As estratégias incluem:

1. Homogêneas:

- Múltiplas execuções do mesmo algoritmo (ex.: k-means) com inicializações ou parâmetros diferentes.
- Benefício: Simplicidade e alta compatibilidade.
- Limitação: Baixa diversidade nas partições.

2. Heterogêneas:

- Combinação de diferentes algoritmos de clustering (ex.: k-means, DBSCAN, hierárquico).
- Benefício: Alta diversidade.
- Limitação: Complexidade computacional.

3. Baseadas em Subespaços ou Amostragem:

- Aplicação de algoritmos em subconjuntos de dados ou atributos.
- Benefício: Reduz a dimensionalidade e aumenta a diversidade.
- Limitação: Pode negligenciar informações globais.

3.2 Funções de Consenso

As funções de consenso combinam as partições para produzir a solução final. Principais abordagens incluem:

1. Baseadas em Similaridade Pareada:

- Constroem uma **matriz de co-ocorrência** SS, onde S[i][j]S[i][j] representa a frequência de xix_i e xjx_j estarem no mesmo cluster em diferentes partições.
- Exemplo:
 - Partição 1: $\pi 1 = \{\{x1,x2\}, \{x3,x4\}\} \mid 1 = \{\{x_1, x_2\}, \{x_3, x_4\}\} \mid 1 = \{\{x_1, x_2\}, \{x_2, x_4\}\} \mid 1 = \{x_1, x_2\}, \{x_2, x_4\}, \{x_3, x_4\}\} \mid 1 = \{x_1, x_2\}, \{x_2, x_4\}, \{x_3, x_4\}\} \mid 1 = \{x_1, x_2\}, \{x_2, x_4\}\} \mid 1 =$
 - Partição 2: $\pi 2 = \{\{x_1, x_3\}, \{x_2, x_4\}\} \mid 2 = \{\{x_1, x_3\}, \{x_2, x_4\}\} \mid 2 = \{x_1, x_3\}, \{x_2, x_4\} \mid 2 = \{x_1, x_2\}, \{x_2, x_4\}, \{x_2,$
 - Matriz de Similaridade: S=[10.50.500.5100.50.5010.500.50.51]S = \
 begin{bmatrix} 1 & 0.5 & 0.5 & 0 \\ 0.5 & 1 & 0 & 0.5 \\ 0 & 0.5 & 0.5 & 1 \end{bmatrix}

2. Baseadas em Grafos:

- Representam partições como grafos ponderados, onde os vértices são objetos e as arestas representam similaridade.
- Métodos como corte mínimo identificam clusters.

3. Baseadas em Reagrupamento:

 Reagrupam os clusters de todas as partições em uma única solução usando algoritmos como k-means.

4. Desafios e Extensões

4.1 Desafios

- Diversidade e Qualidade:
 - Partições pouco diversificadas reduzem o benefício do ensemble.
- Complexidade Computacional:
 - A combinação de partições grandes exige métodos eficientes.
- Clusters Sobrepostos e Ruidosos:
 - Métodos tradicionais têm dificuldade em lidar com essas características.

4.2 Extensões Recentes

1. Dados de Múltiplas Visões:

- Aplicações em cenários onde diferentes fontes de dados descrevem os mesmos objetos (ex.: imagem e texto).
- Estratégia: Combinar partições geradas em cada visão separadamente.

2. Clusters Dinâmicos:

• Métodos que adaptam os ensembles em fluxos de dados dinâmicos.

3. Aplicações em Grande Escala:

• Uso de técnicas distribuídas e paralelas para lidar com conjuntos de dados massivos.

5. Aplicações Práticas

1. Biologia Computacional:

- Análise de expressão gênica em bioinformática.
- Descoberta de padrões em redes metabólicas.

2. Sistemas de Recomendação:

Personalização em e-commerce com base em perfis de usuários.

3. Análise de Imagens e Texto:

- Segmentação de imagens médicas.
- Agrupamento de documentos em grandes corpora.

6. Exemplo Prático

6.1 Cenário

Considere um conjunto de dados $X=\{x_1,x_2,x_3,x_4\}X=\{x_1,x_2,x_3,x_4\}$ e duas partições:

```
• \pi 1 = \{\{x1,x2\},\{x3,x4\}\} \neq 1 = \{\{\{x_1,x_2\},\{\{x_3,x_4\}\}\}\}
```

• $\pi 2 = \{\{x1,x3\},\{x2,x4\}\} \neq 2 = \{\{x_1,x_3\},\{x_2,x_4\}\} \}$

objetivo é combinar as partições usando uma **matriz de similaridade pareada** e gerar a partição consensual.

6.2 Implementação em Python

```
import numpy as np
from sklearn.cluster import KMeans
# Dados e partições
n = 4
partitions = \lceil
    [[0, 1], [2, 3]],
    [[0, 2], [1, 3]]
]
# Construir matriz de similaridade
S = np.zeros((n, n))
for partition in partitions:
    for cluster in partition:
        for i in cluster:
            for j in cluster:
                S[i, j] += 1
S /= len(partitions)
# Aplicar k-means na matriz de similaridade
kmeans = KMeans(n_clusters=2, random_state=0)
labels = kmeans.fit_predict(S)
print("Clusters finais:", labels)
```

```
6.3 Implementação em C
#include <stdio.h>
#define N 4
void update_similarity(double S[N][N], int partitions[][2], int size) {
    for (int i = 0; i < size; i++) {
        for (int j = 0; j < 2; j++) {
             for (int k = 0; k < 2; k++) {
                 S[partitions[i][j]][partitions[i][k]] += 1.0;
        }
    }
}
int main() {
    double S[N][N] = \{0\};
    int partitions[2][2] = \{\{0, 1\}, \{2, 3\}, \{0, 2\}, \{1, 3\}\};
    // Atualizar matriz de similaridade
    update_similarity(S, partitions, 2);
    // Normalizar matriz
    for (int i = 0; i < N; i++) {
        for (int j = 0; j < N; j++) {
             S[i][j] /= 2.0;
    }
    // Exibir matriz de similaridade
    printf("Matriz de Similaridade:\n");
    for (int i = 0; i < N; i++) {
        for (int j = 0; j < N; j++) {
    printf("%.2f ", S[i][j]);
        printf("\n");
    }
    return 0;
}
```

7. Conclusão

1. Benefícios dos Ensembles:

- Melhoram a robustez e a generalização das soluções de clustering.
- Lidam bem com variabilidade entre algoritmos ou configurações.

2. Limitações:

- Necessitam de diversidade nas partições para serem eficazes.
- Métodos eficientes são críticos em cenários com grandes volumes de dados.

3. **Perspectivas Futuras**:

- Explorar combinações híbridas (ex.: baseadas em similaridade pareada e grafos).
- Aplicações em clustering dinâmico e de múltiplas visões.