Clustering - Kmeans

Método Particional e Realocação

Ao contrário dos tradicionais *métodos hierárquicos*, em que os grupos não são revisitados depois de terem sidos construídos, os algortimos de realocação melhoraram gradualmente os grupos, resultando em clusters de melhor qualidade.

Basicamente, os algoritmos de particionamento e realocação, dividem os dados em vários subgrupos. Entretanto, a verificação de todos os possíveis subgrupos é computacionalmente inviável. Deste modo, foram desenvolvidas diferentes Heuríticas que executam a realocação de forma iterativa, re-atribuindo as observações entre os grupos.

Algoritmos K-means

Entre os algoritmos de agrupamento do tipo partição, o algoritmo k-means é destacadamente o mais importante. O algoritmo k-means é amplamente utilizado nas mais diversas aplicações. Na área de mineração de dados, por exemplo, entre inúmeros algoritmos, foi classificado como o segundo mais importante em data mining. O algoritmo k-means trata do problema de agrupamento segundo o critério de mínima soma de quadrados.

O algoritmo k-means é um método iterativo simples para particionar um conjunto de dados em um número de grupos especificado pelo usuário. Basicamente o algoritmo, em suas diversas formas, possui a seguinte estrutura de passos.

- 1. Seleção de ${\bf k}$ pontos para sementes iniciais dos centróides dos k grupos.
- 2. Cada observação é associada a um cluster, para o qual a dissimilaridade entre o objeto e o centro do cluster é menor que as demais.
- 3. Os centros dos clusters são recalculados, redefinindo cada um em função da média de todas as observações atríbuídas ao grupo.
- 4. retorna ao passo 2 até que os centros dos clusters se estabilizem.

Distância euclidiana

```
euclidean.distance<-function(x, y){
   resp<-sum((x-y)^2)
   resp
}</pre>
```

K mais próximo.

```
closest.k<-function(data, centroids){
    euclidean.dist<-c()
    for(i in 1:nrow(centroids)){
        euclidean.dist[i]<-euclidean.distance(data, centroids[i,])
    }
    which.min(euclidean.dist)
}</pre>
```

Funçao para execução do kmeans

```
k.means<-function(dataset, k=2){</pre>
  # cria uma lista para receber a resposta
    resp<-list()
    cat("Inicializando centroides...\n");
    index<-sample(1:nrow(dataset), k)</pre>
    # aplica os centrois no datset
    centroids<-dataset[index, ]</pre>
    clustering<-rep(0,nrow(dataset))</pre>
    stop.crit<-matrix(0, nrow=nrow(centroids), ncol=ncol(centroids))</pre>
    while(euclidean.distance(stop.crit, centroids) > 0){
        #organiza os objetos em clusters iniciais
        cat("Centroides escolhidos:\n")
        for(i in 1:k){
             cat("[",i,"] = ", as.double(centroids[i,]), "\n")
        for(i in 1:nrow(dataset)){
             clustering[i] <-closest.k(dataset[i,], centroids)</pre>
        stop.crit<-centroids
        resp$data<-dataset
        resp$centroids<-centroids
        resp$clustering<-clustering
        #atualiza centroide...
        for(i in 1:nrow(centroids)){
             centroids[i,]<-colMeans(dataset[which(clustering == i),])</pre>
    }
    resp
Plotar Kmeans
plot.kmeans<-function(resp){</pre>
    plot(resp$data)
    for(i in sort(unique(resp$clustering))){
        points(resp$data[which(resp$clustering==i),], col=(i+1), pch=19)
```

Após declarar as funções, importamos a base para realização do agrupamento.

points(resp\$centroids[i,], pch=8, col=(i+1))

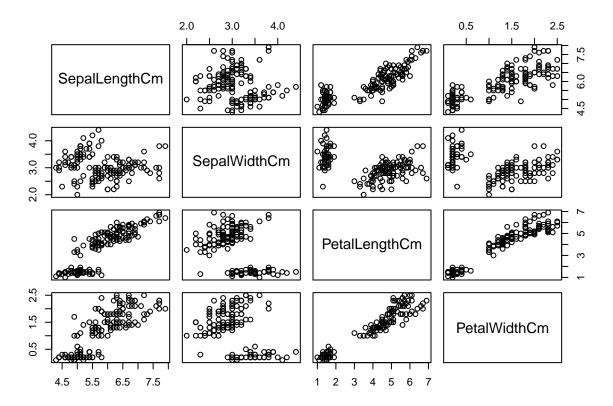
}

```
# read the dataset
iris <- read.csv('../data/Iris.csv')
# pegando somente as features do meu conjunto de dados, variável contínua
iris.features <- iris[,2:5]</pre>
```

```
# obtem os centroides do meu cluster com o agrupamento kmeans
cluster.kmeans <- k.means(iris.features, 3)</pre>
## Inicializando centroides...
## Centroides escolhidos:
## [1] = 4.93.11.50.1
## [ 2 ] = 4.8 3.4 1.6 0.2
## [ 3 ] = 6.2 2.2 4.5 1.5
## Centroides escolhidos:
## [ 1 ] = 4.826316 3.042105 1.478947 0.2315789
## [ 2 ] = 5.115625 3.6125 1.503125 0.278125
## [ 3 ] = 6.273737 2.875758 4.925253 1.681818
## Centroides escolhidos:
## [ 1 ] = 4.752 3.016 1.648 0.292
## [ 2 ] = 5.232143 3.667857 1.485714 0.2857143
## [ 3 ] = 6.301031 2.886598 4.958763 1.695876
## Centroides escolhidos:
## [ 1 ] = 4.752 2.964 1.732 0.324
## [ 2 ] = 5.224138 3.655172 1.482759 0.2827586
## [ 3 ] = 6.314583 2.895833 4.973958 1.703125
## Centroides escolhidos:
## [ 1 ] = 4.741667 2.954167 1.754167 0.3291667
## \begin{bmatrix} 2 \end{bmatrix} = 5.216667 3.64 1.473333 0.28
## [ 3 ] = 6.314583 2.895833 4.973958 1.703125
# cluster.means -> $data - $centroids - $clustering
print('classificação de cada atributo')
## [1] "classificação de cada atributo"
cluster.kmeans$clustering
    ## [141] 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3
# centroides dos minhas 3 classes de atributos
cluster.kmeans$centroids
     SepalLengthCm SepalWidthCm PetalLengthCm PetalWidthCm
## 38
         4.741667
                   2.954167
                               1.754167
                                         0.3291667
## 12
         5.216667
                    3.640000
                               1.473333
                                         0.2800000
## 69
         6.314583
                               4.973958
                   2.895833
                                         1.7031250
```

visulizando os primeiros resultados

```
# visualizando
plot.kmeans(cluster.kmeans)
```



kmeans Interativo

```
k.means.interativo<-function(dataset, k=2, sleep.time=1){</pre>
    resp<-list()
    cat("Inicializando centroides...\n");
    Sys.sleep(sleep.time)
    index<-sample(1:nrow(dataset), k)</pre>
    centroids<-dataset[index, ]</pre>
    clustering<-rep(0,nrow(dataset))</pre>
    stop.crit<-matrix(0, nrow=nrow(centroids), ncol=ncol(centroids))</pre>
    while(euclidean.distance(stop.crit, centroids) > 0){
        #organiza os objetos em clusters iniciais
        cat("Centroides escolhidos:\n")
        for(i in 1:k){
            cat("[",i,"] = ", as.double(centroids[i,]), "\n")
        for(i in 1:nrow(dataset)){
            clustering[i] <-closest.k(dataset[i,], centroids)</pre>
        stop.crit<-centroids
        resp$data<-dataset
        resp$centroids<-centroids
        resp$clustering<-clustering
```

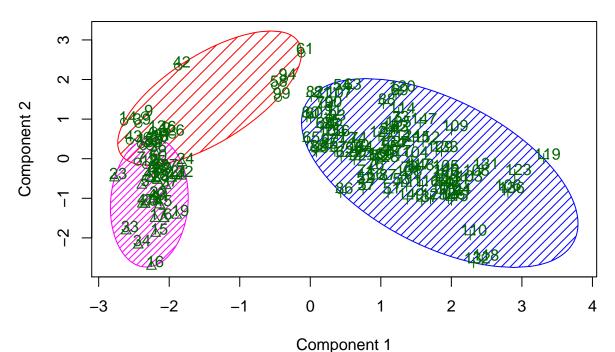
```
plot.kmeans(resp)
Sys.sleep(sleep.time)

#atualiza centroide...
for(i in 1:nrow(centroids)){
        centroids[i,]<-colMeans(dataset[which(clustering == i),])
    }
}
resp
}</pre>
```

visualizado com o clusplot com todos as 4 variáveis do grupo

```
library("cluster")
clusplot(cluster.kmeans$data, cluster.kmeans$clustering, color = TRUE, shade= TRUE, labels = 3, lines =
```

CLUSPLOT(cluster.kmeans\$data)

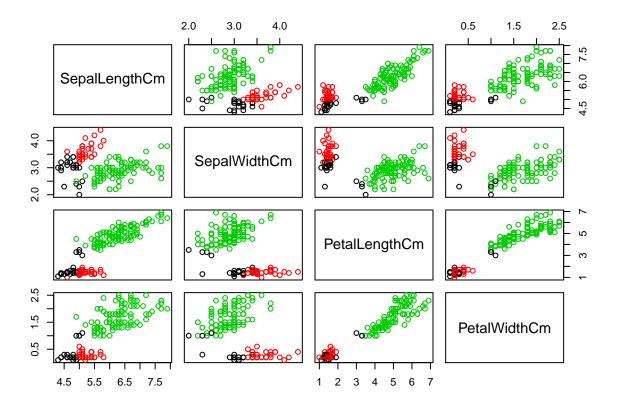


These two components explain 95.8 % of the point variability.

###

imprimindo todo o dataset com as variáveis separadas

with(iris, pairs(cluster.kmeans\$data, col=c(1:3)[cluster.kmeans\$clustering]))



Kmeans interativo

```
#
c.k.means <- k.means.interativo(iris.features, 3)

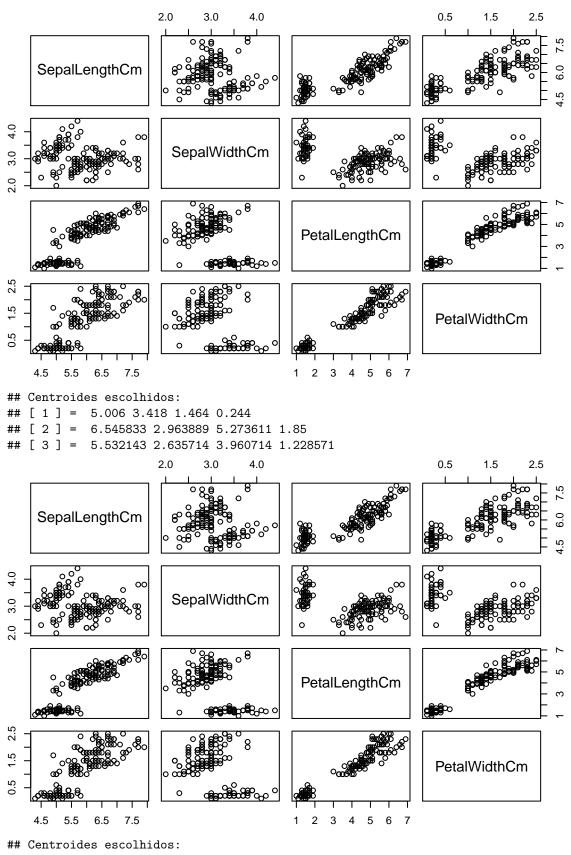
## Inicializando centroides...

## Centroides escolhidos:

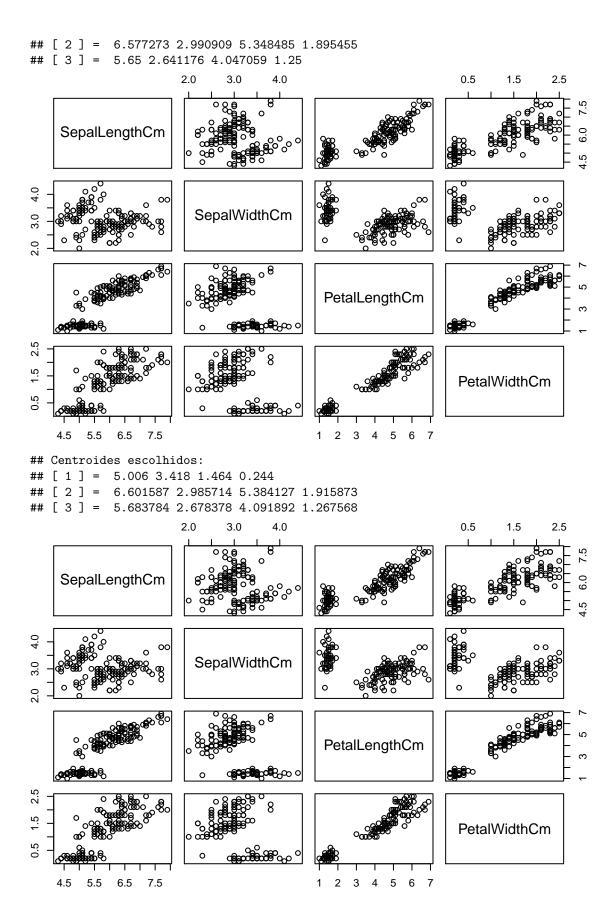
## [ 1 ] = 4.7 3.2 1.6 0.2

## [ 2 ] = 6.1 3 4.6 1.4

## [ 3 ] = 5.7 2.9 4.2 1.3</pre>
```



[1] = 5.006 3.418 1.464 0.244

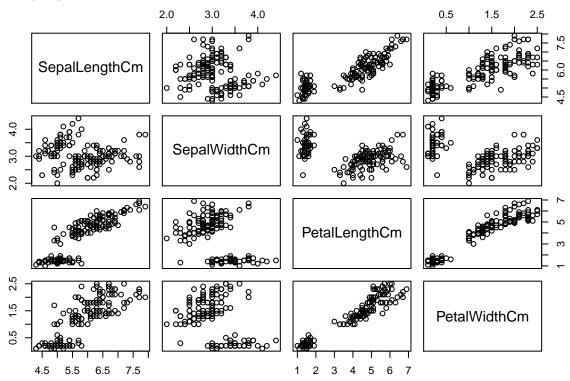


Centroides escolhidos:

[1] = 5.006 3.418 1.464 0.244

[2] = 6.632203 2.998305 5.430508 1.937288

[3] = 5.729268 2.690244 4.15122 1.3

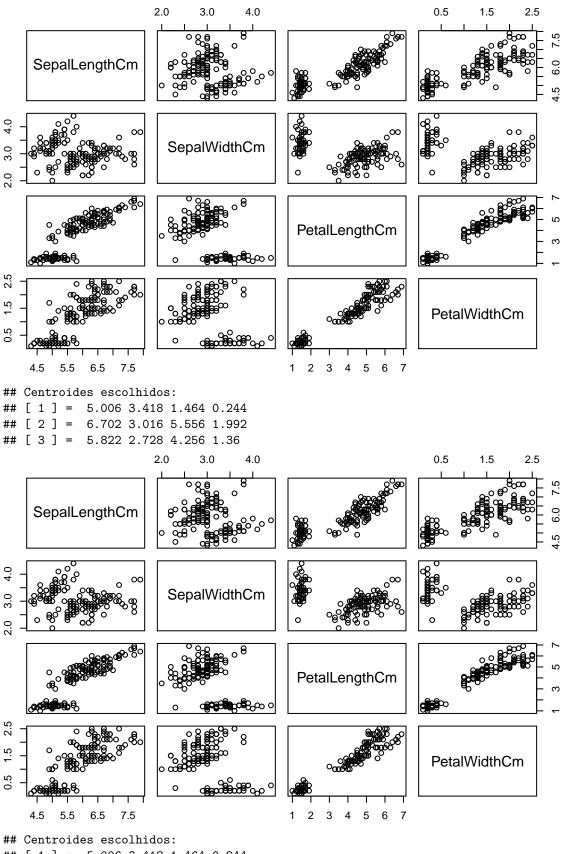


Centroides escolhidos:

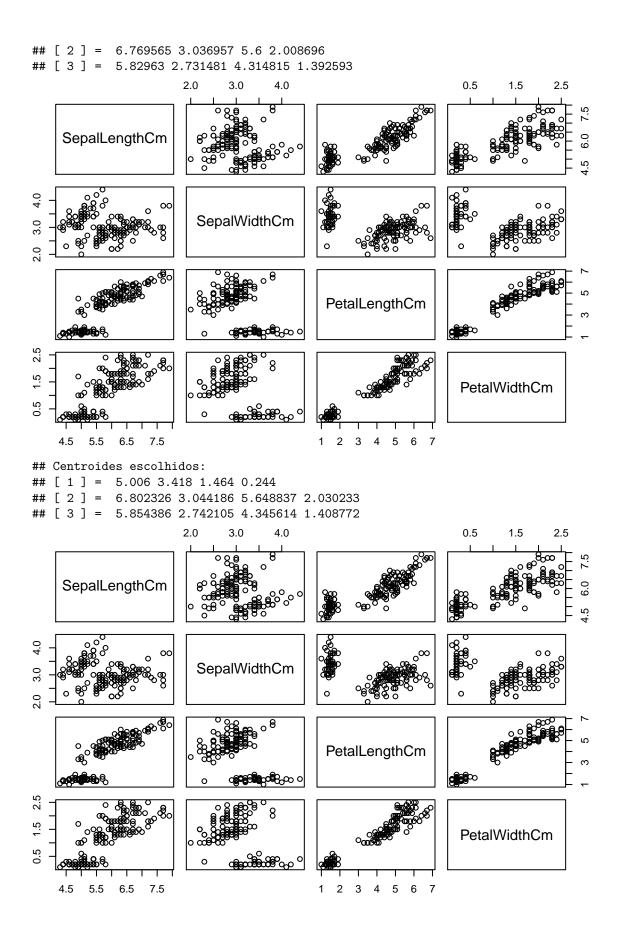
[1] = 5.006 3.418 1.464 0.244

[2] = 6.664815 3.007407 5.5 1.968519

[3] = 5.78913 2.713043 4.208696 1.332609



[1] = 5.006 3.418 1.464 0.244

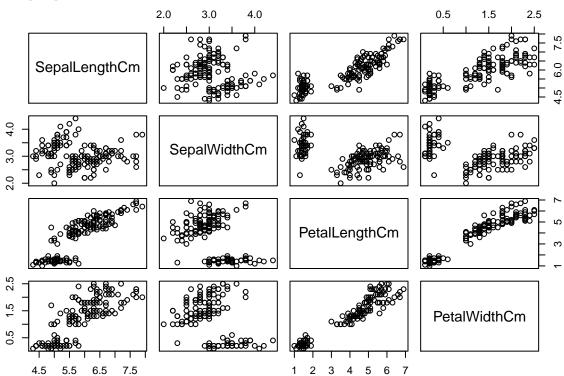


Centroides escolhidos:

[1] = 5.006 3.418 1.464 0.244

[2] = 6.8275 3.07 5.7 2.0625

[3] = 5.885 2.74 4.376667 1.418333



Centroides escolhidos:

[1] = 5.006 3.418 1.464 0.244

[2] = 6.853846 3.076923 5.715385 2.053846

[3] = 5.883607 2.740984 4.388525 1.434426

