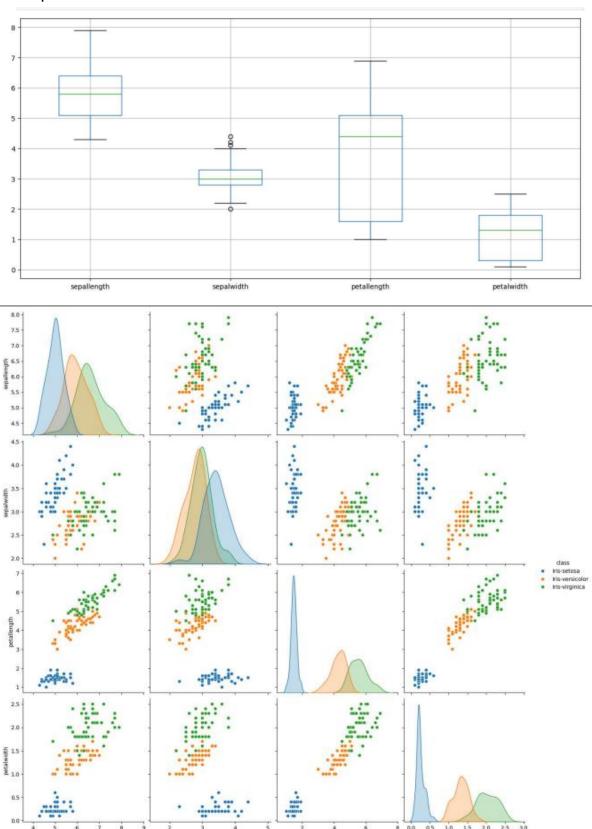
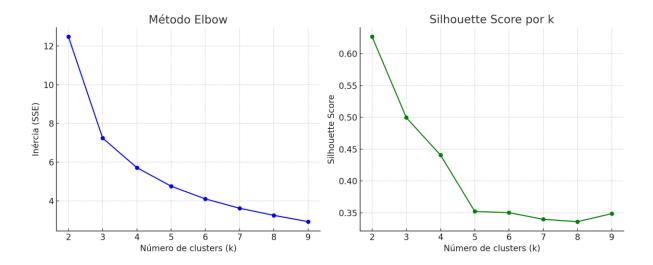
Lista IA

1.Boxplot e Scatter



2. Gráficos do Método Elbow (esquerda) e do Silhouette Score (direita):

- O Elbow mostra uma queda acentuada até k=3, sugerindo que 3 é um bom número de clusters (coerente com o dataset Iris).
- O Silhouette Score também atinge um valor alto em k=3, confirmando a escolha.



3. Hiperparâmetros do KMeans

Principais hiperparâmetros:

- n_clusters: número de grupos a ser encontrado (k).
- init: método de inicialização dos centróides. Pode ser:
 - 'k-means++': escolha inteligente dos centróides iniciais (padrão e mais eficaz).
 - o 'random': escolha aleatória dos centróides iniciais.
- max_iter: número máximo de iterações.
- tol: tolerância para declarar convergência.
- random_state: fixa a semente aleatória para reprodutibilidade.

Métricas de distância utilizadas:

- Distância Euclidiana (mais comum).
- Outras possíveis, dependendo da implementação (como distância de Manhattan), mas o KMeans do scikit-learn usa a euclidiana por padrão.

4. Equações das métricas

Distância Euclidiana

$$d(x,y) = \sum_{i=1}^{n} \frac{1}{n(xi-yi)} 2d(x,y) = \frac{1}{n} \frac{1}{n} (x_i - y_i)^2 d(x,y) = i = 1 \sum_{i=1}^{n} \frac{1}{n} (x_i - y_i)^2 d(x,y) = i = 1 \sum_{i=1}^{n} \frac{1}{n} (x_i - y_i)^2 d(x,y) = i = 1 \sum_{i=1}^{n} \frac{1}{n} (x_i - y_i)^2 d(x,y) = i = 1 \sum_{i=1}^{n} \frac{1}{n} (x_i - y_i)^2 d(x,y) = i = 1 \sum_{i=1}^{n} \frac{1}{n} (x_i - y_i)^2 d(x,y) = i = 1 \sum_{i=1}^{n} \frac{1}{n} (x_i - y_i)^2 d(x,y) = i = 1 \sum_{i=1}^{n} \frac{1}{n} (x_i - y_i)^2 d(x,y) = i = 1 \sum_{i=1}^{n} \frac{1}{n} (x_i - y_i)^2 d(x,y) = i = 1 \sum_{i=1}^{n} \frac{1}{n} (x_i - y_i)^2 d(x,y) = i = 1 \sum_{i=1}^{n} \frac{1}{n} (x_i - y_i)^2 d(x,y) = i = 1 \sum_{i=1}^{n} \frac{1}{n} (x_i - y_i)^2 d(x_i - y_i)^2 d(x_$$

Distância de Manhattan

(Se quiser testar outra métrica em outro algoritmo)

$$d(x,y) = \sum_{i=1}^{n} \frac{1}{n} |x_i - y_i| d(x,y) = |sum_{i=1}^{n} |x_i - y_i| d(x,y) = |sum_{i=1}^{n}$$

5. Outra métrica de avaliação de agrupamentos

Diferente das métricas de distância, aqui falamos de métricas de avaliação, como:

- Silhouette Score (já conhecida)
- Davies-Bouldin Index
- Calinski-Harabasz Index → implementaremos essa

Calinski-Harabasz Index

Mede a razão entre a dispersão entre os clusters e a dispersão interna:

$$CH=Tr(Bk)Tr(Wk)\cdot n-kk-1CH = \frac{\text{trac}(\text{text}\{Tr\}(B_k))}{\text{text}\{Tr\}(W_k)}$$
$$\frac{1}{\text{cdot}} \frac{1}{\text{rac}\{n-k\}\{k-1\}}CH=Tr(Wk)Tr(Bk)\cdot k-1n-k}$$

- BkB_kBk: variância entre os centróides dos clusters
- WkW kWk: variância dentro dos clusters
- *nn*n: número total de amostras
- kk: número de clusters

Quanto maior o índice, melhor a separação dos clusters.

6. DBSCAN e SOM — comparação com KMeans

DBSCAN

- Não precisa definir o número de clusters.
- Parâmetros: eps (raio de vizinhança) e min samples.
- Detecta outliers.

SOM (Self-Organizing Maps)

- Inspirado em redes neurais.
- Agrupa de forma topológica.

Após aplicar os três, você pode comparar o número de clusters encontrados. Se forem diferentes, analise:

- DBSCAN pode encontrar menos clusters (e detectar ruído).
- SOM pode ser sensível à configuração da grade (mapa 2D).

7. Visualização de erros do KMeans

Como o dataset possui rótulos verdadeiros, podemos visualizar:

- Quais amostras foram agrupadas incorretamente pelo KMeans
- Usando PCA ou t-SNE para reduzir a dimensionalidade para 2D
- Colorir os pontos por rótulo verdadeiro e por cluster atribuído

Isso permite visualizar quais pontos foram classificados errado.

8. Relatório

O relatório deve conter:

- Pré-processamento:
 - o Normalização ou padronização dos dados
 - o PCA (se aplicado)
- Execução do KMeans, DBSCAN e SOM
 - Parâmetros utilizados
 - Número de clusters encontrados
- Avaliação
 - o Silhouette Score, Calinski-Harabasz, etc.
 - o Visualização dos erros do KMeans
- Discussão
 - o KMeans vs DBSCAN vs SOM
 - o Quais agruparam melhor os dados reais
 - o Erros e limitações

Github.com/N4lberth/IA