

Universidad de Salamanca
Grado en Matemáticas

REVISIÓN DE MÉTODOS
MULTIVARIANTES
SUPERVISADOS Y NO SUPERVISADOS

Trabajo Fin de Grado



VNiVERSiDAD
D SALAMANCA

Alumno: Pedro Ángel Fraile Manzano

Tutoras: Ana Belén Nieto Librero y Nerea González García

Salamanca, Julio de 2023

Índice general

1	Métodos Supervisados	1
1.1	Redes Neuronales	1
1.1.1	Projection Pursuit Regression	2
1.1.2	Red Neuronal de 2 capas	3
2	Métodos no supervisados	5
2.1	Introducción	5
2.2	Análisis de Componentes Principales	5
2.2.1	Definición y cálculo de las Componentes	5
2.2.2	PCA en matrices de datos	8
2.2.3	Reducción de la dimensionalidad	9
2.3	Análisis de Clusters	12
2.3.1	Clustering Jerárquico	12
	Bibliografía	15

Capítulo 1

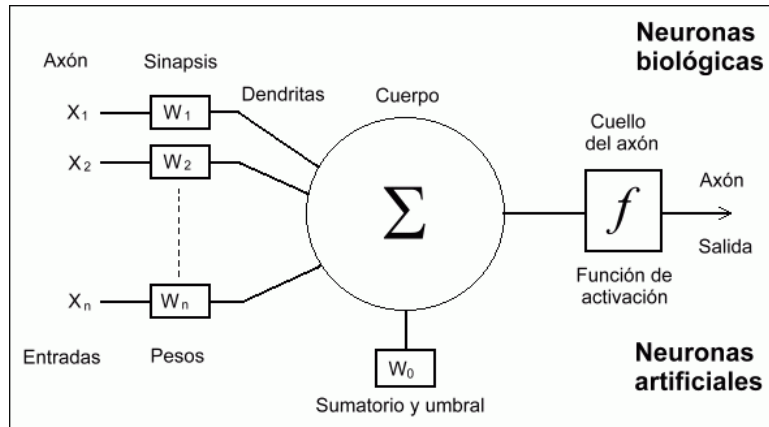
Métodos Supervisados

1.1. Redes Neuronales

Las redes neuronales artificiales, redes neuronales simplemente a partir de ahora, se basan en el funcionamiento básico de las neuronas biológicas. Este tipo de células recogen señales externas, las procesan y producen una respuesta en consecuencia.

En el caso de una neurona artificial, dados los valores de entrada de una observación, $\{x_i\}_{i=1}^p$, la neurona tiene asociada a cada uno de ellos un peso, $\{\omega_i\}_{i=1}^p$, y opcionalmente un sesgo b . Además la neurona tiene una función de activación $g(x)$.

Una vez recogidos los valores, se hace una suma ponderada de ellos $z = b + \sum_{i=1}^p \omega_i x_i$ y la neurona produce el valor $g(z)$.



Una vez calculada la salida de la neurona, esta puede conectarse a otra, sirviendo los datos de salida de la primera neurona como datos de entrada de la siguiente. De manera podemos tener capas de m neuronas para producir m salidas que sirvan como datos de entrada para la siguiente capa de neuronas.

Por último, puede haber capas al principio y al final para tareas como estandarizar, centrar los datos y deshacer dichas operaciones para producir una salida coherente.

La siguiente imagen es un esquema de una red neuronal con 7 capas de neuronas interconectadas donde la primera capa es de escalado y la última de desescalado. Se puede observar que se predicen las variables y_1, y_2, y_3 usando como entrada las variables x_1, x_2, x_3, x_4

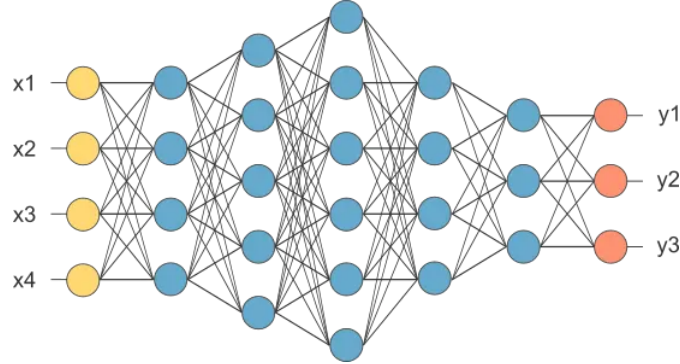


Figura 1.1: Imagen extraída directamente de www.neuraldesigner.com

Una vez explicado el concepto básico en el que se fundamentan las redes neuronales, se introducen los conceptos subyacentes a la misma.

1.1.1. Projection Pursuit Regression

Sean un vector aleatorio \mathbf{x} de longitud p , una variable objetivo Y y una familia de vectores de parámetros de longitud p , $\{\omega_m\}_{m=1}^M$. Entonces el modelo de Regresión por Búsqueda de Proyecciones (*PPR en inglés*) es de la forma :

$$f(\mathbf{x}) = \sum_{m=1}^M g_m(\omega_m^T \mathbf{x}) \quad (1.1)$$

En este modelo las funciones g_m no son especificadas y son estimaciones a lo largo de las direcciones de los vectores $\omega_m^T \mathbf{x}$. Según Hastie, Tibshirani y Friedman [4] para un M lo suficiente grande y utilizando las g_m apropiadas este modelo puede ayudar a la predicción de cualquier función continua real.

El uso de este modelo es complejo, debido a que hay una gran cantidad de parámetros de distintos tipos, obligando a utilizar distintos métodos de optimización. Asimismo, este tipo de modelos se utilizan solamente cuando se quiere predecir una variable, debido a su complejidad, que los hace difíciles de interpretar.

Sobre este modelo se sustentan las redes neuronales, la única modificación que se hace es que las g_m se suponen conocidas y constantes a lo largo del proceso de ajuste, modificando sólo los vectores ω_m .

1.1.2. Red Neuronal de 2 capas

En pos de la sencillez de los resultados, se detallará la de una red neuronal de dos capas. El resto de casos $m \geq 2$, el proceso es análogo. Añadir que la situación es aquella en la que se quiere predecir K variables objetivo a partir de observaciones de p variables.

La primera capa tiene los siguientes elementos:

- Como datos de entrada cada una de las observaciones \mathbf{x} de tamaño p e incluimos en cada uno el término inicial $x_0 = 1$ de tal manera que hay $p + 1$ datos de entrada.
- Un total de M unidades lo que provocará un conjunto $\{z_m\}$ de datos de salida.
- Cada unidad de las M tiene unos pesos α_m de dimensión $p + 1$, donde la primera componente α_{m0} se denomina **sesgo**.
- Una función de activación (*Que puede o no ser lineal*) $g^{(2)}$.

De esta manera, tenemos que los datos de salida de esta primera capa son de la forma:

$$z_m = g^{(2)}(\alpha_m^T \mathbf{x}) \quad (1.2)$$

De manera análoga tenemos una segunda capa de neuronas con los siguientes elementos:

- Como datos de entrada los M resultados de la capa anterior, z_m al que añadimos $z_0 = 1$ y denotaremos como el vector \mathbf{z} de longitud $M + 1$.
- Un total de K unidades lo que provocará un conjunto $\{t_k\}$ de datos de salida.
- Cada unidad de las K , tiene unos pesos β_m de dimensión $M + 1$ igual que en la anterior.
- Una función de activación (*Que puede o no ser lineal*) $g^{(2)}$ que puede ser la misma que en la anterior o no.

De esta manera, tenemos que los datos de salida de esta primera capa son de la forma:

$$t_k = g^{(2)}(\beta_k^T \mathbf{z}) = g^{(2)} \sum \quad (1.3)$$

Hay que destacar que los datos deben estar escalados, o pueden serlo mediante una capa que los escale per sé.

Capítulo 2

Métodos no supervisados

2.1. Introducción

2.2. Análisis de Componentes Principales

El análisis de componentes principales fue en primera instancia desarrollado a principios del siglo XX por el estadístico Pearson (1901). Fue una de las primeras técnicas de análisis multivariante. Como muchos otros métodos de este tipo no tuvo un verdadero desarrollo y expansión hasta que la capacidad de computación fue suficiente para manejar cantidades de datos considerables.

2.2.1. Definición y cálculo de las Componentes

Sea un vector aleatorio $\mathbf{x}^T = [X_1, \dots, X_p]$ con vector de medias μ y matriz de covarianzas Σ .

Definición 2.2.1. Las componentes principales son combinaciones lineales de las variables $X_1 \dots X_p$

$$\mathbf{z}_j = a_{1j}X_1 + \dots + a_{pj}X_p = \mathbf{a}_j^T \mathbf{x} \quad (2.1)$$

Donde \mathbf{a}_j es un vector de constantes y la variable \mathbf{z}_j cumple lo siguiente:

- Si $j = 1$ $Var(\mathbf{z}_1)$ es máxima restringido a $\mathbf{a}_1^T \mathbf{a}_1 = 1$
- Si $j > 1$ debe cumplir:
 - $Cov(\mathbf{z}_j, \mathbf{z}_i) = 0 \quad \forall i \neq j$
 - $\mathbf{a}_j^T \mathbf{a}_j = 1$
 - $Var(\mathbf{z}_j)$ es máxima.

De esta manera lo que se busca es una nueva base que reúna las direcciones de máxima variación

El cálculo de la primera componente principal se lleva a cabo con un proceso de optimización de la función $Var(\mathbf{z}_1)$ sujeto a la restricción de que $\mathbf{a}_1^T \mathbf{a}_1 = 1$.

Aplicando el método de los multiplicadores de Lagrange, dada una función $f(\mathbf{x}) = f(x_1, \dots, x_p)$ diferenciable con una restricción $g(\mathbf{x}) = g(x_1, \dots, x_p) = c$, existe una constante λ de manera que la ecuación:

$$\frac{\partial f}{\partial x_i} - \lambda \frac{\partial g}{\partial x_i} = 0 \quad i = 1, \dots, p \quad (2.2)$$

Tiene como solución los puntos estacionarios de $f(\mathbf{x})$. Además, si se define la función $L(\mathbf{x}) = f(\mathbf{x}) - \lambda[g(\mathbf{x}) - c]$ es posible simplificar la expresión anterior a:

$$\frac{\partial L}{\partial \mathbf{x}} = 0 \quad (2.3)$$

Para el caso de las componentes principales, la función objetivo es la varianza de la combinación lineal, es decir, $f(\mathbf{x}) = \mathbf{x}^T \Sigma \mathbf{x}$ y la restricción aplicada es $g(\mathbf{x}) = \mathbf{x}^T \mathbf{x} = 1$.

Tomando $\mathbf{x} = \mathbf{a}_1$ se puede establecer $L(\mathbf{a}_1) = \mathbf{a}_1^T \Sigma \mathbf{a}_1 - \lambda[\mathbf{a}_1^T \mathbf{a}_1 - 1]$. Que al derivarla se obtiene:

$$\begin{aligned} \frac{\partial L}{\partial \mathbf{a}_1} &= 2\Sigma \mathbf{a}_1 - 2\lambda \mathbf{a}_1 \\ &= 2(\Sigma - \lambda) \mathbf{a}_1 \end{aligned}$$

Igualando a 0 tenemos la siguiente ecuación:

$$(\Sigma - \lambda I) \mathbf{a}_1 = 0 \quad (2.4)$$

Para que \mathbf{a}_1 sea un vector no trivial, se elige λ de tal manera que $|\Sigma - \lambda I| = 0$, es decir, λ es un vector propio de la matriz de covarianzas, Σ . Al ser ésta una matriz semidefinido positiva y simétrica, los valores propios son reales y positivos. Por tanto, \mathbf{a}_1 es un vector propio de la matriz de covarianza.

La función a maximizar es $Var(\mathbf{z}_1) = Var(\mathbf{a}_1^T \mathbf{x}) = \mathbf{a}_1^T \Sigma \mathbf{a}_1 = \mathbf{a}_1^T \lambda \mathbf{a}_1$, y para maximizarla basta tomar $\lambda = \max\{\lambda_1 \dots \lambda_p\}$. reordenando si es necesario, se tiene que $\lambda = \lambda_1$

Una vez calculada la primera componente principal \mathbf{z}_1 , la segunda componente se calcula de manera análoga, maximizando $Var(\mathbf{z}_2) = Var(\mathbf{a}_2^T \mathbf{x})$ condicionada por $\mathbf{a}_2^T \mathbf{a}_2 = 1$. A esta restricción tenemos que añadir la restricción $Cov(\mathbf{z}_1, \mathbf{z}_2) = 0$

Proposición 2.2.1. La condición $Cov(\mathbf{z}_1, \mathbf{z}_2) = 0$ equivale a la condición $\mathbf{a}_2^T \mathbf{a}_1 = 0$.

Demostración. Utilizando que $\mathbf{z}_j = \mathbf{a}_j^T \mathbf{x} \quad \forall j$, se tiene entonces que :

$$\begin{aligned} Cov(\mathbf{z}_2, \mathbf{z}_1) &= Cov(\mathbf{a}_2^T \mathbf{x}, \mathbf{a}_1^T \mathbf{x}) \\ &= \mathbb{E}(\mathbf{a}_2^T (\mathbf{x} - \mu)(\mathbf{x} - \mu)^T \mathbf{a}_1) \\ &= \mathbf{a}_2^T \mathbb{E}((\mathbf{x} - \mu)(\mathbf{x} - \mu)^T) \mathbf{a}_1 \\ &= \mathbf{a}_2^T \Sigma \mathbf{a}_1 \\ &= \mathbf{a}_2^T \lambda_1 \mathbf{a}_1 \end{aligned}$$

De manera que, si $\mathbf{a}_2^T \lambda_1 \mathbf{a}_1 = 0 \Rightarrow \mathbf{a}_2^T \mathbf{a}_1 = 0$, luego son vectores ortogonales entre sí. \square

Observación: Esta proposición se puede extender de manera simple al caso de tener que calcular la i -ésima componente principal habiendo calculado las anteriores de las cuales se sepan los valores propios asociados.

Corolario 2.2.1. Las componentes principales son todas ortogonales entre sí.

Para $k = 2$, se dan dos restricciones, $\mathbf{a}_2^T \mathbf{a}_2 = 1$ y además $\mathbf{a}_1^T \mathbf{a}_2 = 0$. Para este caso existen λ, ϕ de manera que la función a maximizar es:

$$L(\mathbf{a}_2) = \mathbf{a}_2^T \Sigma \mathbf{a}_2 - \lambda[\mathbf{a}_2^T \mathbf{a}_2 - 1] - \phi(\mathbf{a}_1^T \mathbf{a}_2) \quad (2.5)$$

Que al ser derivado respecto \mathbf{a}_2 obtenemos:

$$2\Sigma \mathbf{a}_2 - 2\lambda \mathbf{a}_2 - \phi \mathbf{a}_1 = 0 \quad (2.6)$$

Que al multiplicar todo por \mathbf{a}_1^T resulta que $\phi = 0$. De esta manera, se obtiene en la ecuación lo mismo que en el cálculo de la primera.

Por tanto, $\lambda = \lambda_2$ que es el segundo valor propio más grande, y \mathbf{a}_2 es el vector propio de valor propio λ_2 .

Un proceso similar se puede seguir para calcular el resto de componentes principales.

Por ende, se obtiene que las componentes principales vienen dadas por los vectores propios de la matriz de covarianzas Σ . Además sabemos que $Var(\mathbf{a}_k^T \mathbf{x}) = \lambda_k$ donde λ_k es el k -ésimo valor propio más grande.

Sea ahora la matriz \mathbf{A} cuyas columnas son los \mathbf{a}_k . Entonces el vector \mathbf{z} que contiene a las componentes principales viene dado por la transformación:

$$\mathbf{z} = \mathbf{A}^T \mathbf{x} \quad (2.7)$$

Se deduce rápidamente que la matriz \mathbf{A} es ortonormal, de manera que $\mathbf{A}^T \mathbf{A} = \mathbf{I}$

2.2.2. PCA en matrices de datos

Sea \mathbf{x} el vector aleatorio de longitud p , tomando n observaciones de ese vector se obtienen $\mathbf{x}_1 \dots \mathbf{x}_n$. Esta recopilación de observaciones nos permite construir la matriz de datos \mathbf{X} cuyas filas son cada una de las observaciones. Esta matriz \mathbf{X} es de tamaño $n \times p$. Para este caso, las componentes principales se definen de manera análoga:

Definición 2.2.2. Dado un un vector aleatorio de longitud p del cual hemos extraído n observaciones se definen las componentes principales como:

$$\tilde{z}_{ij} = \mathbf{a}_j^T \mathbf{x}_i \quad (2.8)$$

Donde \mathbf{a}_j es un vector de constantes de longitud p que cumple lo siguiente:

- Si $j = 1$, entonces \mathbf{a}_1 maximiza la varianza de la muestra, es decir maximiza $\frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^n (\tilde{z}_{i1} - \bar{z}_1)^2$. Además debe cumplir que $\mathbf{a}_1^T \mathbf{a}_1 = 1$
- Si $j > 1$ debe cumplir:
 - Los vectores \mathbf{a}_j son ortogonales entre sí.
 - $\mathbf{a}_j^T \mathbf{a}_j = 1$
 - La varianza muestral es máxima.

Es decir el factor \tilde{z}_{ij} es la transformación de la observación j -ésima por la i -ésima componente principal.

Por tanto, el proceso que se detalla para un vector aleatorio \mathbf{x} con matriz de covarianzas Σ se puede extender a este caso en el conocemos la matriz de covarianzas muestrales \mathbf{S} .

Con el objetivo de hacer las demostraciones más sencillas y compactas tomaremos la matriz \mathbf{X} como la matriz centrada $\bar{\mathbf{X}}$, es decir:

$$\bar{x}_{ij} = x_{ij} - \bar{x}_j \quad (2.9)$$

Donde \bar{x}_j es la media muestral de la j -ésima variable. Esto hace que $\mathbf{S} = \frac{1}{n-1} \mathbf{X}^T \mathbf{X}$. Esto permite hablar de los valores y vectores propios de \mathbf{S} y de $\mathbf{X}^T \mathbf{X}$ indistintamente, ya que los vectores propios son los mismos y los valores propios son proporcionales.

2.2.3. Reducción de la dimensionalidad

Uno de los objetivos de las componentes principales es reducir la dimensionalidad de la matriz de datos de tamaño $n \times p$, \mathbf{X} . Esta matriz de datos se puede interpretar como un conjunto de puntos del espacio \mathbb{R}^p .

La intención final es buscar una proyección sobre una subvariedad de dimensión $m < p$ que reduzca la pérdida de información de la matriz y que brinde una mayor capacidad de interpretación de los datos, ya que en el caso de que $m = 2$ o $m = 3$ se podrán hacer representaciones gráficas de manera sencilla. En virtud de conseguir esto se deben definir los siguientes conceptos:

Definición 2.2.3. Dada una matriz $\mathbf{X} \in \mathbb{M}_{n \times p}(\mathbb{R})$ existe la descomposición en valores singulares (*SVD en inglés*):

$$\mathbf{X} = \mathbf{U}\Sigma\mathbf{V}^T \quad (2.10)$$

Donde:

- \mathbf{U} matriz ortogonal y de tamaño $n \times n$
- Σ matriz de tamaño $n \times p$ diagonal, cuyos elementos no nulos son los valores singulares $\sigma_1 \geq \dots \geq \sigma_r \geq 0$ que son los valores propios de la matriz $\mathbf{X}^T\mathbf{X}$ y $r = \text{rg}(\mathbf{X})$
- \mathbf{V} matriz ortogonal y de tamaño $p \times p$

Proposición 2.2.2. La matriz \mathbf{V} de tamaño $(p \times p)$ es la matriz que contiene los vectores para hacer la combinación lineal que definen las componentes principales.

Demostración. La matriz $\mathbf{X}^T\mathbf{X}$ es la matriz de covarianzas $(p \times p)$ por la descomposición en valores singulares tenemos que:

$$\begin{aligned} \mathbf{X}^T\mathbf{X} &= (\mathbf{U}\Sigma\mathbf{V}^T)^T(\mathbf{U}\Sigma\mathbf{V}^T) \\ &= \mathbf{V}\Sigma^T\mathbf{U}^T\mathbf{U}\Sigma\mathbf{V}^T \\ &= \mathbf{V}\Sigma^T\Sigma\mathbf{V}^T \end{aligned}$$

Donde la matriz $\Sigma^T\Sigma$ es una matriz diagonal de tamaño $p \times p$ cuyos elementos son los cuadrados de los valores singulares de \mathbf{X} , que son a su vez los valores propios de $\mathbf{X}^T\mathbf{X}$.

Añadiendo la condición de ortogonalidad de $\mathbf{V} \Rightarrow \mathbf{V}^{-1} = \mathbf{V}^T$ es fácil ver que la matriz \mathbf{V} es la matriz cuyas columnas son los vectores propios de $\mathbf{X}^T\mathbf{X}$ \square

Corolario 2.2.2. El cálculo de las componentes principales de la matriz de datos \mathbf{X} es equivalente a calcular la descomposición en valores singulares de la misma.

Definición 2.2.4. Sea $\mathbf{A} \in \mathbb{M}_{n \times p}(\mathbb{R})$ definimos la *norma de Frobenius* de la matriz \mathbf{A} como :

$$\|\mathbf{A}\|_F = (tr(\mathbf{A}^T \cdot \mathbf{A}))^{\frac{1}{2}} = \left(\sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^m a_{ij}^2 \right)^{\frac{1}{2}} \quad (2.11)$$

Proposición 2.2.3. La norma de Frobenius es invariante a transformaciones ortogonales

Demostración. Sea \mathbf{U} una matriz ortogonal, que cumple $\mathbf{U}^T \cdot \mathbf{U} = \mathbf{U} \cdot \mathbf{U}^T = \mathbf{I}$, sea una matriz cualquiera \mathbf{A} , entonces:

$$\begin{aligned} \|\mathbf{U} \cdot \mathbf{A}\|_F^2 &= tr((\mathbf{U}\mathbf{A})^T \cdot (\mathbf{U}\mathbf{A})) \\ &= tr((\mathbf{A}^T \mathbf{U}^T) \cdot \mathbf{U}\mathbf{A}) \\ &= tr(\mathbf{A}^T \mathbf{A}) \\ &= \|\mathbf{A}\|_F^2 \end{aligned} \quad \square$$

Se ha elegido la norma de frobenius se ha elegido por la siguiente propiedad.

Proposición 2.2.4. Dada una matriz de datos \mathbf{X} de tamaño $n \times p$ entonces

$$\|\mathbf{X}\|_F^2 = (n-1) \sum_{i=1}^p s_{ii}^2 \quad (2.12)$$

Donde las s_{ii}^2 son las varianzas muestrales.

Demostración. Debido a la centralidad impuesta a la matriz \mathbf{X} , sabemos que la matriz de covarianzas es $\mathbf{S} = \frac{1}{n-1} \mathbf{X}^T \mathbf{X}$ por tanto, se tiene que utilizar la definición de la norma:

$$\begin{aligned} \|\mathbf{X}\|_F^2 &= tr(\mathbf{X}^T \mathbf{X}) \\ &= (n-1) tr(\mathbf{S}) \\ &= (n-1) \sum_{i=1}^p s_{ii}^2 \end{aligned} \quad \square$$

Por tanto, la norma de Frobenius da una imagen del tamaño de la matriz de datos en función de la varianza total de los datos, lo que concuerda con la idea de buscar una matriz que aproxime la matriz de datos con la mínima pérdida de variación de los datos.

Definición 2.2.5. Se llama matriz reducida de orden $m \leq p$ de \mathbf{X} y se denota como \mathbf{X}_m , a la matriz $n \times p$ resultado de:

$$\mathbf{X}_m = \mathbf{U}_m \Sigma_m \mathbf{V}_m^T \quad (2.13)$$

Donde:

- \mathbf{U}_m matriz ortogonal de tamaño $n \times m$, resultado de tomar de \mathbf{U} únicamente la matriz las m primeras columnas.

- Σ_m matriz cuadrada de tamaño m diagonal con los m primeros valores singulares.
- \mathbf{V}_m matriz ortogonal de tamaño $p \times m$ obtenida al tomar las m primeras columnas de \mathbf{V} .

Teorema 2.2.1 (De Eckart-Young). Sea \mathbf{A} una matriz de coeficientes reales de tamaño $n \times p$ y rango r entonces se cumple que:

$$\|\mathbf{A} - \mathbf{B}\|_F \leq \|\mathbf{A} - \mathbf{A}_m\|_F \quad \forall \mathbf{B} / \text{rg}(\mathbf{B}) = m \leq r \quad (2.14)$$

Por tanto, la matriz reducida brinda la mejor aproximación de la matriz de datos teniendo un criterio de aproximación basado en la variación de los datos. En consecuencia se puede

Como conclusión, se puede definir un criterio para elegir el orden de la matriz reducida m . Se puede entonces definir la variación acumulada de la siguiente manera:

$$t_m = \frac{\sum_{i=1}^m \lambda_i}{\sum_{i=1}^p \lambda_i} \quad (2.15)$$

Donde los λ_i son los valores propios de la matriz $\mathbf{S} = \frac{1}{n-1} \mathbf{X}^T \mathbf{X}$.

Cuanto más cercana sea t_m a 1 manteniendo m lo más pequeña posible mejor por que implicaría que con pocas componentes principales podemos “explicar” la mayor parte de la variación de los datos. Según Jolliffe [5] entre un 0,8 y 0,9 es lo más habitual.

2.3. Análisis de Clusters

Sea el caso en el que hemos tomado n observaciones $\omega_1, \dots, \omega_n$, se denota como $\Omega = \{\omega_1, \dots, \omega_n\} = \{1, \dots, n\}$ para abreviar.

Crear una clasificación entre las observaciones de Ω es establecer una relación de equivalencia \mathcal{R} sobre Ω . De esta manera, podemos establecer que:

$$\Omega = \bigsqcup_{i=1}^m c_i \quad (2.16)$$

Donde c_i son las clases de equivalencia de la relación \mathcal{R} .

Definición 2.3.1. Se llama *clustering* a la partición que provoca la relación \mathcal{R} y se definen los *clusters* como las clases de equivalencia de dicha relación, $\{c_i\}$.

2.3.1. Clustering Jerárquico

En un proceso de clustering jerárquico el proceso crea una sucesión de clusterings sobre el mismo conjunto donde el clustering se obtiene agrupando clusters.

Para poder formalizar el clustering jerárquico debemos definir el concepto de *jerarquía indexada*

Definición 2.3.2. Una jerarquía indexada (C, α) sobre un conjunto Ω , es una colección de clusters $C \subset \mathcal{P}(\Omega)$ y un índice que cumplen:

- *Intersección.* Si $c, c' \in C$ entonces $c \cap c' \in \{c, c', \emptyset\}$. Es decir, dos clusters o están contenido el uno en el otro o son disjuntos.
- *Reunión* Cada cluster se puede caracterizar como la unión de los clusters que contiene. Es decir, $c \in C \Rightarrow c = \cup \{c'/c' \in C, \quad c' \subset c\}$
- El conjunto de todos los clusters es el conjunto total.

El índice es una aplicación $\alpha : C \rightarrow \mathbb{R}$ que cumple lo siguiente :

$$\alpha(i) = 0, \forall i \in \Omega \quad \alpha(c) \leq \alpha(c') \text{ si } c \subset c' \quad (2.17)$$

De esta manera, el índice es una forma de medir la diferencia dentro de un cluster.

Proposición 2.3.1. Para todo $x \geq 0$ la relación \mathcal{R}_x sobre Ω :

$$i \mathcal{R}_x j \quad \text{si} \quad i, j \in c \quad \text{siendo} \quad \alpha(c) \leq x \quad (2.18)$$

Es una relación de equivalencia.

Es decir, con esta relación se establece que dos elementos son “iguales” cuando hay un cluster de un nivel de heterogeneidad menor que un umbral que los contiene.

Definición 2.3.3. Un espacio ultramétrico es una pareja (Ω, u) donde Ω es un conjunto finito y u una función distancia sobre $\Omega \times \Omega$ que verifica para cada elemento de $i, j, k \in \Omega$

- $u(i, j) \geq u(i, i) = 0$
- $u(i, j) = u(j, i)$
- *Propiedad ultramétrica:* $u(i, j) \leq \sup\{u(i, k), u(j, k)\}$

Se puede ver que toda distancia ultramétrica cumple la desigualdad triangular. Por tanto, todo espacio ultramétrico es métrico. Cómo añadido, juntando los elementos próximos de Ω se mantiene la propiedad ultramétrica.

Teorema 2.3.1. Supongamos un clustering con m clusters de $\Omega = \bigsqcup_{i=1}^m c_i$ sobre el que se tiene una distancia ultramétrica u .

Tomando c_i, c_j los dos clusters más cercanos y uniéndolos podemos definir una nueva distancia u' sobre los $m - 1$ clusters nuevos.

Demostración. Sea $k \neq i, j$ por la propiedad ultramétrica se tiene que:

$$\begin{aligned} u(i, k) &\leq \sup\{u(i, j), u(j, k)\} = u(j, k) \\ u(j, k) &\leq \sup\{u(i, j), u(i, k)\} = u(i, k) \end{aligned} \quad (2.19)$$

En consecuencia, $u(i, k) = u(j, k)$ y por tanto, $u(c_k, c_i) = u(c_k, c_j)$. Definiendo de la distancia ultramétrica u' :

$$\begin{aligned} u'(c_k, c_i \cup c_j) &= u(c_k, c_i) = u(c_k, c_j) \quad k \neq i, j \\ u'(c_a, c_b) &= u(c_a, c_b) \quad a, b \neq i, j \end{aligned} \quad (2.20)$$

Con esta nueva distancia se cumple la propiedad ultramétrica. Para elementos c_a, c_b con $a, b \neq i, j$ es evidente, pues no hemos cambiado la definición de la distancia para esos clusters. Ahora sea el siguiente caso:

$$\begin{aligned} u'(c_a, c_i \cup c_j) &= u(c_a, c_i) \leq \sup\{u(c_a, c_b), u(c_b, c_i)\} = \\ &= \sup\{u'(c_a, c_b), u'(c_b, c_i \cup c_j)\} \end{aligned} \quad (2.21)$$

Por tanto, haciendo uniones entre los elementos más cercanos no modifica la estructura de espacio ultramétrico. □

Dado estos resultados se puede seguir el siguiente procedimiento para obtener una jerarquía indexada.

Algoritmo fundamental de clasificación

Dado un espacio ultramétrico (Ω, u) utilizando el teorema anterior se pueden ir juntando los clusters más próximos conservamos la distancia ultramétrica.

1. Se empieza con el clustering $\Omega = \{1\} \sqcup \dots \sqcup \{n\}$.
2. Calculamos todas las distancias $u(c_a, c_b)$ y unimos los clusters que más cercanos estén utilizando la misma distancia ultramétrica como en el teorema anterior.
3. Se considera la nueva partición

$$\Omega = \{1\} \sqcup \dots \sqcup \{i, j\} \sqcup \dots \sqcup \{n\} \quad (2.22)$$

Cada vez que se une c_i con c_j se define el índice $\alpha(c_i \cup c_j) = u(c_i, c_j)$.

Este procedimiento nos brinda una forma sencilla de dada una distancia ultramétrica construir una jerarquía indexada.

En el caso contrario en el que se disponga de una jerarquía indexada, se puede crear un espacio ultramétrico con la siguiente proposición.

Proposición 2.3.2. Dado un conjunto Ω finito sobre el que tenemos una jerarquía indexada (C, α) podemos establecer sobre Ω una estructura de espacio ultramétrico.

Demostración. Definiendo la distancia

$$u(i, j) = \alpha(c_{ij}) \quad (2.23)$$

Donde c_{ij} es el mínimo cluster que contiene a ambos i, j . Sean ahora los clusters mínimos que contienen a $\{i, k\}, \{j, k\}, c_{ik}, c_{jk}$ respectivamente, entonces:

$$c_{ik} \cap c_{jk} \neq \emptyset \quad (2.24)$$

□

Bibliografía

- [1] **Abdi, H., y Williams, L. J. (2010).** *Principal component analysis.* *Wiley Interdisciplinary Reviews: Computational Statistics* 2(4), 433–459.
- [2] **Chatfield,C y Collins A.J (1989).** *Introduction to multivariate analysis,* Chapman and Hall.
- [3] **Cuadras, C.M. (2014),** *Nuevos métodos de Análisis Multivariante,* CMC Editions, Barcelona.
- [4] **Hastie, T.,Tibshirani, R. y Friedman J. (2001),** *The Elements of Statistical Learning, Data Mining, Inference and Prediction* Springer
- [5] **Jolliffe I.T.(1986).** *Principal Component Analysis,* Springer-Verlag.