TP-Kmeans-DBSCAN

2023/2024

Contents

Clustering des données de vins (quantitatives)	1
Analyse descriptive des données	1
Présentation des données de vins	1
Statistiques descriptives	2
Classification avec l'algorithme des Kmeans	2
A K=3 fixé	2
Choix du nombre de classes	3
Classification avec l'algorithme DBSCAN	3
DBSCAN à paramètres fixés	3
Influence des paramètres de DBSCAN	4
Comparaison avec les Kmeans	4
Clustering sur données simulées	4
L'objectif de ce TP est d'illustrer les notions abordées dans le chapitre dédié aux algorithmes de clust ype Kmeans et DBSCAN. Les librairies R nécessaires pour ce TP :	ering de
<pre>dibrary(mclust) dibrary(cluster) dibrary(factoextra) dibrary(FactoMineR) dibrary(ppclust) dibrary(ggplot2) dibrary(corrplot) dibrary(gridExtra) dibrary(circlize) dibrary(viridis) dibrary(reshape2) dibrary(klaR)</pre>	
ibrary(dbscan)	
ibrary(seriation)	

Clustering des données de vins (quantitatives)

Analyse descriptive des données

Présentation des données de vins

Dans ce TP, on va utiliser le jeu de données wine disponible sur la page moodle du cours.

Ce jeu de données comprend des mesures physico-chimiques réalisées sur un échantillon de n=600 vins

(rouges et blancs) du Portugal. Ces mesures sont complétées par une évaluation sensorielle de la qualité par un ensemble d'experts. Chaque vin est décrit par les variables suivantes :

- Qualite: son évaluation sensorielle par les experts ("bad", "medium", "good"),
- Type: son type (1 pour un vin rouge, 0 pour un vin blanc),
- AcidVol: la teneur en acide volatile (en g/dm3 d'acide acétique),
- AcidCitr: la teneur en acide citrique (en g/dm3),
- SO2lbr : le dosage du dioxyde de soufre libre (en mg/dm3),
- SO2tot: le dosage du dioxyde de soufre total (en mg/dm3),
- Densite : la densité (en g/cm3),
- Alcool : le degré d'alcool (en % Vol.).

Question 1. Récupérez sur moodle le jeu de données wine.txt et chargez-le sous R.

```
wine <-read.table("wine.txt",header = T)</pre>
```

Vérifiez la nature des variables à l'aide de la fonction str(). Modifiez si nécessaire les variables qualitatives (à l'aide de factor()) et transformez les modalités "1" et "0" de la variable Type en "rouge" et "blanc" respectivement.

```
wine$Qualite <- factor(...,levels =...,ordered=...)
wine$Type <- factor(...,labels =...)</pre>
```

Statistiques descriptives

Question 2. Faites quelques statistiques descriptives pour faire connaissance avec le jeu de données, avec des choix adaptés à la nature des variables (on pourra utiliser barplot,pie,boxplot...). En particulier, étudiez les corrélations entre les variables quantitatives et faites une ACP.

```
# A completer
```

Question 3. Pour la suite, on va utiliser les variables quantitatives pour faire de la classification non supervisée des vins. Les variables *Qualite* et *Type* seront utilisées comme des variables extérieures pour comparer / croiser avec les classifications obtenues pour l'interprétation.

Pensez-vous qu'il est nécessaire de transformer les variables quantitatives dans l'objectif de clustering avec un algorithme des Kmeans ? Si oui, mettez en place cette transformation.

```
# A completer
```

Classification avec l'algorithme des Kmeans

A K=3 fixé

Question 4. A l'aide de la fonction kmeans(), faites une classification non supervisée en 3 classes des vins. Regardez les options disponibles dans la fonction kmeans().

```
help(kmeans)
reskmeans<-kmeans(....)</pre>
```

Question 5. Combien a-ton de vins par classe? Visualisez la classification obtenue dans les premiers plans de l'ACP (vous pouvez utiliser la fonction PCA() et fviz_pca_ind de la librairie FactoMineR et la fonction fviz_cluster de la librairie factoextra).

```
# A COMPLETER

fviz_cluster(...,data=...)
fviz_pca_ind(...,col.ind=as.factor(reskmeans$cluster),geom = ...,axes=...)
...
```

Question 6. La classification obtenue précédemment a-t-elle un lien avec le type de vins ? Avec la qualité du vin ? Vous pouvez vous aider de la fonction table(), la fonction adjustedRandIndex() de la librairie mclust, ...

```
# A COMPLETER
```

Choix du nombre de classes

Question 7. On s'intéresse dans cette section au choix du nombre de classes K en étudiant l'évolution de l'inertie intraclasse. En faisant varier K entre 2 et 15, calculez l'inertie intraclasse associée à chaque classification obtenue. Tracez l'évolution de l'inertie intraclasse en fonction du nombre de classes. Qu'en concluez-vous ?

Question 8. Reprendre la question du choix du nombre de classes en utilisant le critère silhouette (vous pouvez vous aider de la fonction silhouette () et la fonction daisy pour calculer les distances entre individus). Pour la classification sélectionnée, représentez les poids s(i) de chaque individu à l'aide de la fonction fviz_silhouette().

```
# A COMPLETER
Silhou<-NULL
for (k in 2:Kmax){
    aux<-silhouette(...)
    Silhou<-c(Silhou,mean(aux[,3]))
}

df<-data.frame(K=2:Kmax,Silhouette=Silhou)
ggplot(df,aes(x=K,y=Silhouette))+
    geom_point()+
    geom_line()+theme(legend.position = "bottom")

aux<-silhouette(reskmeanscl[,3], daisy(wine[,-c(1:2)]))
fviz_silhouette(aux)+theme(plot.title = element_text(size =9))</pre>
```

Classification avec l'algorithme DBSCAN

DBSCAN à paramètres fixés

Question 9. Dans un premier temps, utilisez l'algorithme DBSCAN avec les paramètres minPts= 7 et eps= 1 à l'aide de la fonction dbscan() de la librairie dbscan. Quels sont les effectifs par classe? Combien d'individus ne sont pas classés?

```
# A COMPLETER
minPts<-7
```

```
eps<-1
res.db <- dbscan(...)
table(...)

fviz_cluster(res.db, wine[,-c(1:2)], geom="point",ellipse="FALSE")+
    theme(legend.position="none")+
    xlab("")+ylab("")+ggtitle("Avec_DBSCAN")</pre>
```

Influence des paramètres de DBSCAN

Question 10. Pour étudier l'influence des paramètres minPts et eps, évaluez le nombre de classes obtenues et le nombre d'individus non classés pour différentes valeurs de ces paramètres.

```
minPts <- ...
eps <- ...
NBCluster <- matrix(0,nrow=length(minPts),ncol=length(eps))</pre>
NBNonCl <-matrix(0,nrow=length(minPts),ncol=length(eps))</pre>
for (i in 1:length(minPts)){
  for (j in 1:length(eps)){
    res<-dbscan(wine[,-c(1,2)], eps=eps[j], minPts=minPts[i])
    NBCluster[i,j] <- ...</pre>
    NBNonCl[i,j] <- ...</pre>
 }
}
df<-data.frame(eps=rep(eps,each=length(minPts)),</pre>
              minPts=as.factor(rep(minPts,length(eps))),
              NBCluster=c(NBCluster),
              NBNonCl=c(NBNonCl)*100/nrow(wine))
ggplot(df,aes(x=eps,y=NBCluster,col=minPts))+geom_point()+geom_line()
ggplot(df,aes(x=eps,y=NBNonCl,col=minPts))+geom_point()+geom_line()
```

Question 11. Pour une valeur de minPts=7, tracez le graphe de distance kNN afin de choisir le paramètre eps. Vous pouvez utiliser la fonction kNNdistplot(). Qu'en pensez-vous ?

```
# A COMPLETER
```

Comparaison avec les Kmeans

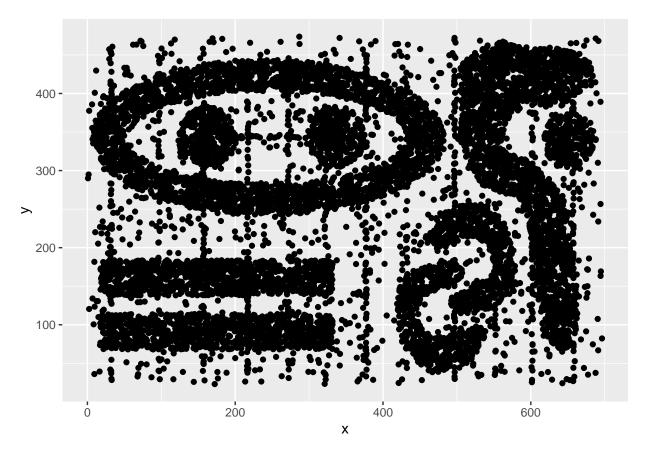
Question 12. A l'aide des questions précédentes, choisissez des paramètres pour obtenir un clustering à 4 classes. Comparez cette classification avec celle obtenue par les Kmeans pour le même nombre de classes.

```
# A COMPLETER
```

Clustering sur données simulées

Dans cette partie, on considère les données simulées "chameleon_ds7" disponibles dans la librairie seriation.

```
library(seriation)
data(Chameleon)
ggplot(chameleon_ds7,aes(x=x,y=y))+geom_point()
```



Question 13. Mettez en place une stratégie de classification de ces données par DBSCAN et par Kmeans. Comparez les résultats.

A COMPLETER