

Clustering

Estadística Multivariante

Sofía Almeida Bruno
Daniel Bolaños Martínez
José María Borrás Serrano
Fernando de la Hoz Moreno
Pedro Manuel Flores Crespo
María Victoria Granados Pozo

19 de enero de 2020

Clustering

- Objetivo: agrupar objetos similares.
- Dadas x_1, \dots, x_n medidas de p variables en n objetos considerados *heterogéneos*. El objetivo del análisis clúster es agrupar estos objetos en k clases *homogéneas*, donde k es también desconocido.

Clustering

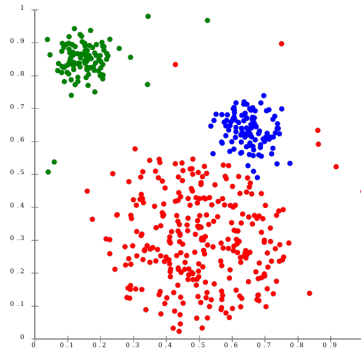


Figura: Ejemplo de *clustering*. [Chi11]

Ejemplos de *Clustering*

- Biología: determinación de especies.
- *Marketing*: descubrimiento de grupos de clientes.

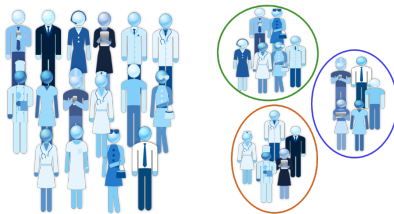


Figura: Ejemplo de *clustering*. [noa]

- Psicología: encontrar tipos de personalidad.
- Arqueología: datar objetos encontrados.
- Planificación urbana: identificar grupos de viviendas.

Clustering

Para realizar un análisis clúster hay que:

- Elegir una medida de similitud.
- Elegir un algoritmo para construir los grupos.
 - ▶ Particionamiento.
 - ▶ Jerárquicos.

Medidas de similitud

Medidas de similitud

Realizar un agrupamiento simple a partir de un conjunto complejo de datos requiere una medida de “similitud”.

Para elegir esta medida es necesario tomar consideraciones iniciales como:

- Naturaleza de las variables (discreta, continua, binaria).
- Escalas de las medidas (nominal, ordinal, intervalo).
- Conocimiento sobre el problema.

Los valores de las variables consideradas deberán ser normalizados.

Distancias de similitud para pares de ítems

La distancia estadística entre dos observaciones p -dimensionales $x^T = [x_1, \dots, x_p]$ e $y^T = [y_1, \dots, y_p]$ es:

$$d(x, y) = \sqrt{(x - y)^T A (x - y)}$$

Donde $A = S^{-1}$ y S contiene las varianzas y covarianzas de la muestra. S no es conocida antes de aplicar clustering, por lo que se suele usar la distancia euclídea:

$$d(x, y) = \sqrt{(x_1 - y_1)^2 + \dots + (x_p - y_p)^2} = \sqrt{(x - y)^T (x - y)}.$$

Otras medidas y coeficientes de similitud

- Métrica de Minkowski:

$$d(x, y) = \left[\sum_{i=1}^p |x_i - y_i|^m \right]^{1/m}$$

- Métrica de Canberra (variables no negativas):

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

- Coeficiente de Czekanowski (variables no negativas):

$$d(x, y) = 1 - \frac{2 \sum_{i=1}^p \min(x_i, y_i)}{\sum_{i=1}^p (x_i + y_i)}$$

Binarización de variables

Si los ítems no pueden ser representados por medidas p -dimensionales significativas, las parejas de ítems se suelen comparar según la presencia o ausencia de ciertas características.

Matemáticamente se consigue introduciendo una variable binaria, que toma el valor 1 si la característica está presente y el valor 0 si no.

Variables	1	2	3	4	5
Ítem i	1	0	0	1	1
Ítem k	1	1	0	1	0

Sea x_{ij} la puntuación de la j -ésima variable binaria en el i -ésimo ítem y x_{kj} la de la j -ésima en el k -ésimo ítem, con $j = 1, \dots, p$. Entonces:

$$(x_{ij} - x_{kj})^2 = \begin{cases} 0 & \text{si } x_{ij} = x_{kj} \\ 1 & \text{si } x_{ij} \neq x_{kj} \end{cases}$$

y $\sum_{j=1}^p (x_{ij} - x_{kj})^2$ proporciona una forma de contar el número de disparidades. Una distancia grande corresponde a muchas disparidades, es decir, ítems desemejantes.

En el Ejemplo anterior:

$$\sum_{j=1}^5 (x_{ij} - x_{kj})^2 = (1 - 1)^2 + (0 - 1)^2 + (0 - 0)^2 + (1 - 1)^2 + (1 - 0)^2 = 2.$$

Problemas de la distancia usada

La distancia usada valora por igual las parejas 1-1 y 0-0. En algunos casos no es cierto.

Existen diversos esquemas para definir los coeficientes de similitud. Organizando las frecuencias de las parejas que coinciden y las que no para los ítems i y k en forma de tabla de contingencia:

		Ítem k		
		1	0	Total
Ítem i	1	a	b	$a + b$
	0	c	d	$c + d$
Total		$a + c$	$b + d$	$p = a + b + c + d$

Cuadro: Coeficientes de similitud para ítems *clustering*.

Coeficiente	Fundamento
1 $\frac{a+d}{p}$	Las parejas 1-1 y 0-0 ponderan lo mismo.
2 $\frac{2(a+d)}{2(a+d)+b+c}$	Las parejas 1-1 y 0-0 ponderan el doble.
3 $\frac{a+d}{a+d+2(b+c)}$	Las parejas que no coinciden ponderan el doble.
4 $\frac{a}{p}$	No hay parejas 0-0 en el numerador.

Cuadro: Coeficientes de similitud para ítems *clustering*.

Coeficiente	Fundamento
5 $\frac{a}{a+b+c}$	No hay parejas 0-0 en el numerador ni el denominador (Las parejas 0-0 son irrelevantes).
6 $\frac{2a}{2a+b+c}$	No hay parejas 0-0 en el numerador ni el denominador. Las parejas 1-1 ponderan el doble.
7 $\frac{a}{a+2(b+c)}$	No hay parejas 0-0 en el numerador ni el denominador. Las parejas que no coinciden ponderan el doble.
8 $\frac{a}{b+c}$	Proporción de parejas que coinciden (excluyendo las 0-0) en relación a las parejas que no coinciden.

Ejemplo de cálculo de coeficientes de similitud

Veamos un ejemplo de cálculo de coeficientes de similitud.

Definiremos 5 individuos con diferentes características y 6 variables binarias $X_1, X_2, X_3, X_4, X_5, X_6$.

	Altura (in)	Peso (lb)	Color de ojos	Color de pelo	Mano predominante	Género
Individuo 1	68	140	Verde	Rubio	Derecha	Femenino
Individuo 2	73	185	Marrón	Moreno	Derecha	Masculino
Individuo 3	67	165	Azul	Rubio	Derecha	Masculino
Individuo 4	64	120	Marrón	Moreno	Derecha	Femenino
Individuo 5	76	210	Marrón	Moreno	Izquierda	Masculino

$$X_1 = \begin{cases} 1 & \text{si Altura} \geq 72 \\ 0 & \text{si Altura} < 72 \end{cases}$$

$$X_2 = \begin{cases} 1 & \text{si Peso} \geq 150 \\ 0 & \text{si Peso} < 150 \end{cases}$$

$$X_3 = \begin{cases} 1 & \text{si Ojos marrones} \\ 0 & \text{si otro color de ojos} \end{cases}$$

$$X_4 = \begin{cases} 1 & \text{si Pelo rubio} \\ 0 & \text{si otro color de pelo} \end{cases}$$

$$X_5 = \begin{cases} 1 & \text{si Diestro} \\ 0 & \text{si Zurdo} \end{cases}$$

$$X_6 = \begin{cases} 1 & \text{si Masculino} \\ 0 & \text{si Femenino} \end{cases}.$$

Las puntuaciones de los individuos 1 y 2 en las $p = 6$ variables binarias se muestran a continuación:

	X_1	X_2	X_3	X_4	X_5	X_6
Individuo 1	0	0	0	1	1	1
Individuo 2	1	1	1	0	1	0

El número de parejas que coinciden y las que no se indican a continuación en la tablas de contingencias:

		Individuo 2		Total
		1	0	
Individuo 1	1	1	2	3
	0	3	0	3
Total		4	2	6

Empleando el primer coeficiente de similitud de la tabla, calculamos:

$$\frac{a + d}{p} = \frac{1 + 0}{6} = \frac{1}{6}.$$

Calcularemos los demás números de similitud para cada pareja de individuos. Mostramos los resultados en la matriz simétrica 5 x 5.

		Individuo				
		1	2	3	4	5
Individuo	1	1				
	2	1/6	1			
	3	4/6	3/6	1		
	4	4/6	3/6	2/6	1	
	5	0	5/6	2/6	2/6	1

Los individuos 2 y 5 son los más similares mientras que los individuos 1 y 5 son los menos similares.

Construcción de similitudes a partir de distancias

Fijamos:

$$s_{ik} = \frac{1}{1 + d_{ik}},$$

donde $0 < s_{ik} \leq 1$ es la similitud entre los ítems i y k , entonces d_{ik} es la distancia correspondiente.

No siempre podemos construir distancias “verdaderas”, a partir de similitudes. Sólo si la matriz de similitudes es definida no negativa y la máxima similitud cumple $s_{ii} = 1$.

Entonces $d_{ik} = \sqrt{2(1 - s_{ik})}$, cumple las propiedades de una distancia.

Medidas de similitud para pares de variables

Para algunas aplicaciones, son las variables, en lugar de los ítems, las que deben ser agrupadas. Las medidas de similitud para variables suelen tomar la forma de coeficientes de correlaciones muestrales.

Cuando las variables son binarias, los datos se pueden organizar en una tabla de contingencia que tiene la siguiente forma:

		Variable k		Total
		1	0	
Variable i	1	a	b	$a + b$
	0	c	d	$c + d$
Total		$a + c$	$b + d$	$n = a + b + c + d$

La fórmula del coeficiente de correlación producto-momento aplicada a las variables binarias de la tabla de contingencia nos da:

$$r = \frac{ad - bc}{[(a + b)(c + d)(a + c)(b + d)]^{1/2}}.$$

Podemos tomar r como la medida de similitud entre las dos variables.

Se cumple la relación ($r^2 = \chi^2/n$) para evaluar la independencia de dos variables categóricas. Para un n fijo, una similitud (o correlación) grande es consistente con la presencia de dependencia.

Ejemplo idiomas

Medimos las similitudes de 11 lenguajes en base a los primeros 10 números naturales en cada idioma.

Inglés (E)	Noruego (N)	Danés (Da)	Holandés (Du)	Alemán (G)	Francés (Fr)	Español (Sp)	Italiano (I)	Polaco (P)	Húngaro (H)	Finés (Fi)
one	en	en	een	eins	un	uno	uno	jeden	egy	yksi
two	to	to	tweet	zwei	deux	dos	due	dwa	ketto	kaksi
three	tre	tre	drie	drei	trois	tres	tre	trzy	harom	kolme
four	fire	fire	vier	vier	quatre	cuatro	quattro	cztery	negy	nelja
five	fem	fem	vijf	funf	cinq	cinco	cinque	piec	ot	viisi
six	seks	seks	zes	sechs	six	seis	sei	szesc	hat	kuusi
seven	sju	syv	zeven	sieben	sept	siete	sette	siedem	het	seitseman
eight	atte	otte	acht	acht	huit	ocho	otto	osiem	nyolc	kahdeksan
nine	ni	ni	negen	neun	neuf	nueve	nove	dziewiec	kilenc	yhdeksan
ten	ti	ti	tien	zehn	dix	diez	dieci	dziesiec	tiz	kymmenen

Vemos que inglés, noruego, danés, holandés y alemán parecen formar un grupo. El francés, español, italiano y polaco forman otro, mientras que el húngaro y el finés no forman parte de ninguno.

[illegible]

Métodos de agrupamiento

Métodos de agrupamiento

Definición procedimiento de agrupación de una serie de vectores de acuerdo con un criterio (distancia o similitud).

Métodos de agrupamiento

Tipos

- Jerárquicos
- No jerárquicos o particionamiento

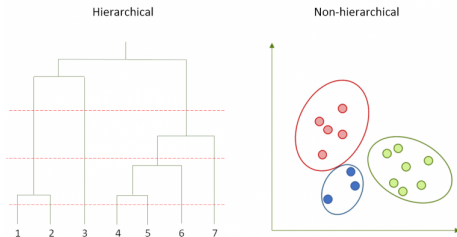


Figura: Comparación métodos jerárquico y no jerárquico.

Métodos de agrupamiento Jerárquicos

Métodos Jerárquicos

Definición método de análisis de grupos puntuales, que se basa en buscar una construcción de una jerarquía de grupos. Se minimizan las distancias y no es necesario conocer el número de grupos que se van a formar.

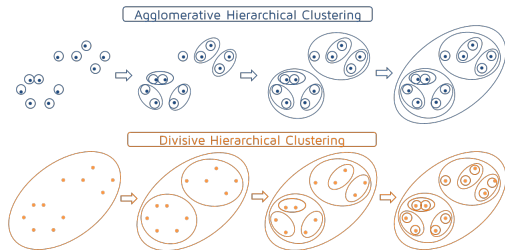


Figura: Comparación métodos aglomerativos y divisivos.

Comparación de técnicas aglomerativas y divisivas

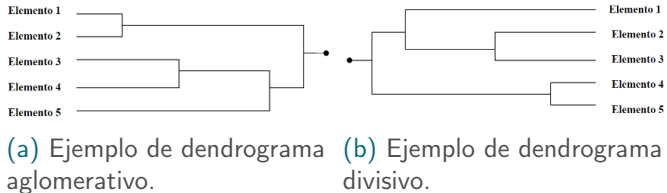


Figura: Comparación de dendrogramas aglomerativos y divisivo

Ejemplo *Single Link Method*

Distancia entre dos clústers

$$d(R, S) = \min\{d_{rs} : r \in R, s \in S\} \quad (1)$$

Ejemplo *Single Link Method*

Matriz de distancias

$$\mathcal{D} = [d_{rs}] = \begin{matrix} & \begin{matrix} 1 & 2 & 3 & 4 & 5 \end{matrix} \\ \begin{matrix} 1 \\ 2 \\ 3 \\ 4 \\ 5 \end{matrix} & \begin{bmatrix} 0 & 2 & 4 & 7 & 9 \\ 2 & 0 & 8 & 9 & 8 \\ 4 & 8 & 0 & 3 & 7 \\ 7 & 9 & 3 & 0 & 5 \\ 9 & 8 & 7 & 5 & 0 \end{bmatrix} \end{matrix}$$

Ejemplo *Single Link Method*

Matriz de distancias

$$\mathcal{D} = [d_{rs}] = \begin{matrix} & \begin{matrix} 1 & 2 & 3 & 4 & 5 \end{matrix} \\ \begin{matrix} 1 \\ 2 \\ 3 \\ 4 \\ 5 \end{matrix} & \begin{bmatrix} 0 & 2 & 4 & 7 & 9 \\ 2 & 0 & 8 & 9 & 8 \\ 4 & 8 & 0 & 3 & 7 \\ 7 & 9 & 3 & 0 & 5 \\ 9 & 8 & 7 & 5 & 0 \end{bmatrix} \end{matrix}$$

Tomamos los clúster 1 y 2 y formamos el nuevo clúster (12)

Ejemplo *Single Link Method*

Cálculo de las nuevas distancias

$$d_{(12)(3)} = \min\{d_{13}, d_{23}\} = \min\{4, 8\} = 4$$

$$d_{(12)(4)} = \min\{d_{14}, d_{24}\} = \min\{7, 9\} = 7$$

$$d_{(12)(5)} = \min\{d_{15}, d_{25}\} = \min\{9, 8\} = 8$$

Ejemplo *Single Link Method*

Matriz de distancias

$$\mathcal{D}_1 = \begin{array}{c} (12) \\ 3 \\ 4 \\ 5 \end{array} \begin{array}{c} (12) \quad 3 \quad 4 \quad 5 \\ \left[\begin{array}{cccc} 0 & 4 & 7 & 8 \\ 4 & 0 & \mathbf{3} & 7 \\ 7 & \mathbf{3} & 0 & 5 \\ 8 & 7 & 5 & 0 \end{array} \right] \end{array}$$

Tomamos los clúster 3 y 4 y formamos el nuevo clúster (34)

Ejemplo *Single Link Method*

Cálculo de las nuevas distancias

$$d_{(34)(12)} = \min\{d_{(3)(12)}, d_{(4)(12)}\} = \min\{4, 7\} = 4$$

$$d_{(34)(5)} = \min\{d_{(3)(5)}, d_{(4)(5)}\} = \min\{7, 5\} = 5$$

Ejemplo *Single Link Method*

Matriz de distancias

$$\mathcal{D}_2 = \begin{array}{c} \begin{array}{ccc} & (12) & (34) & 5 \\ \begin{array}{c} (12) \\ (34) \\ 5 \end{array} & \begin{bmatrix} 0 & \mathbf{4} & 8 \\ \mathbf{4} & 0 & 5 \\ 8 & 5 & 0 \end{bmatrix} \end{array}$$

Tomamos los clúster (12) y (34) y formamos el nuevo clúster (1234)

Ejemplo *Single Link Method*

Cálculo de la nueva distancia

$$d_{(12)(34)5} = \min\{d_{(12)(5)}, d_{(34)(5)}\} = \min\{8, 5\} = 5$$

Finalmente se obtiene el clúster (12345)

Ejemplo *Single Link Method*

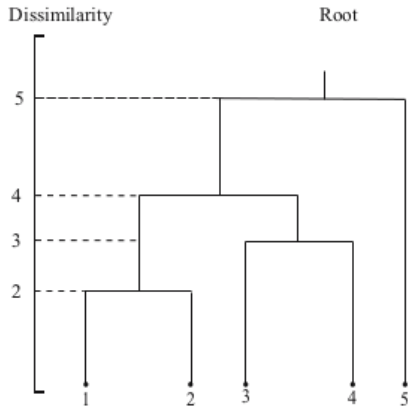
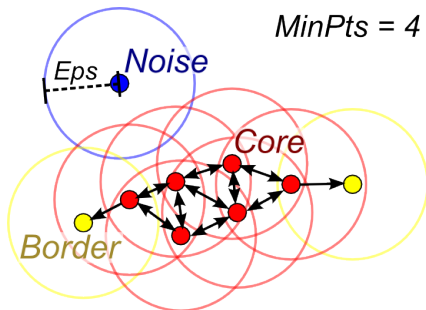


Figura: Dendrograma ejemplo *Single Link*.

DBSCAN

- Se basa en la densidad de las muestras para identificar los clústeres.
- Los clústeres pueden tener cualquier forma.
- Dos parámetros para definir este algoritmo son: **eps** y **min_samples**.



DBSCAN

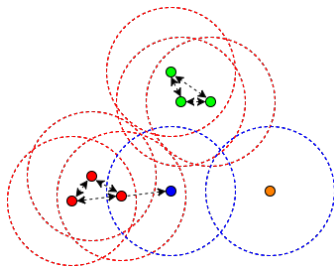
La técnica de agrupación DBSCAN clasifica los puntos como puntos núcleo, puntos (densamente-)alcanzables, o ruido de la siguiente forma:

- Un punto p pertenece al núcleo si al menos *min_samples* puntos están a una distancia ϵ de él y esos puntos son directamente alcanzables desde p .
- Un punto q es alcanzable desde p si existe una secuencia de puntos $p_1 \dots p_n$ donde $p_1 = p$ y $p_n = q$ y cada punto p_{i+1} es directamente alcanzable desde p_i .
- Un punto que no sea alcanzable desde cualquier otro se considera ruido.

DBSCAN

Un clúster generado por DBSCAN satisface dos propiedades:

- Todos los puntos de un mismo clúster están densamente conectados entre sí.
- Si un punto A es alcanzable desde cualquier otro punto B del clúster, entonces A también forma parte del clúster.



Mean Shift

Es una técnica de análisis de espacio de características no paramétrica para localizar los máximos de una función de densidad.

- Método iterativo que parte de una estimación inicial x .
- Define una función núcleo $K(x_i - x)$ que determina los pesos de los puntos cercanos para la reestimación media.

La media ponderada de la densidad en K es:

$$m(x) = \frac{\sum_{x_i \in N(x)} K(x_i - x)x_i}{\sum_{x_i \in N(x)} K(x_i - x)}$$

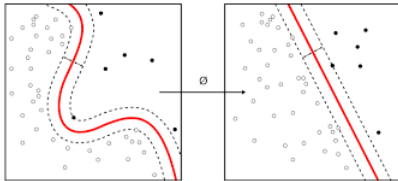
donde $N(x)$ es el vecindario de x , un conjunto de puntos donde $K(x_i) \neq 0$.

Mean Shift

La diferencia $m(x) - x$ se denomina Mean Shift.

El algoritmo establece $m(x) \rightarrow x$ y repite la estimación hasta que $m(x)$ converja.

No existe ninguna prueba de la convergencia del algoritmo en espacios de alta dimensión y el caso unidimensional tiene aplicaciones limitadas en el mundo real.



Mean Shift

Sea un conjunto de datos finito S embebido en el espacio euclídeo n -dimensional X . Sea K un núcleo plano con función característica:

$$K(x) = \begin{cases} 1 & \text{si } ||x|| \leq \lambda \\ 0 & \text{si } ||x|| > \lambda \end{cases}$$

En cada iteración del algoritmo, se establece $m(x) \rightarrow x$ para todo $s \in S$ a la vez.

En un conjunto pequeño, estimaremos la función de densidad como:

$$f(x) = \sum_i K(x - x_i) = \sum_i k \frac{||x - x_i||^2}{h^2}$$

donde x_i son las muestras de entrada y k la función núcleo y h es el *bandwidth*.

Mean Shift

Una vez calculado $f(x)$ buscamos sus máximos locales utilizando el ascenso de gradiente o alguna otra técnica de optimización.

En problemas con grandes dimensiones, se usa la técnica del reinicio de gradiente descendiente múltiple, la cual empieza desde un máximo local y_k y calcula su aproximación $f(x)$ avanzando en esa dirección.

Métodos de agrupamiento

Particionamiento

Particionamiento

- Objetivo: dividir los datos en grupos.
- No hay dependencia jerárquica entre soluciones.
- Se explora un número limitado de agrupaciones.
- Se busca maximizar la similitud en los clústeres.

K-medias

1. Entrada: $\mathbf{L} = \{\mathbf{x}_i, i = 1, 2, \dots, n\}$, K =número de clústeres.
2. Hacer uno de los siguientes:
 - ▶ Formar una asignación aleatoria inicial de los datos en los K clústeres y, para los K clústeres, calcular su centroide, $\bar{\mathbf{x}}_k, k = 1, 2, \dots, K$.
 - ▶ Pre-especificar los centroides de los K clústeres, $\bar{\mathbf{x}}_k, k = 1, 2, \dots, K$.
3. Calcular la distancia euclídea al cuadrado para cada dato al centroide de su clúster actual:

$$ESS = \sum_{k=1}^K \sum_{c(i)=k} (\mathbf{x}_i - \bar{\mathbf{x}}_k)^T (\mathbf{x}_i - \bar{\mathbf{x}}_k)$$

donde $\bar{\mathbf{x}}_k$ es el centroide del k -ésimo clúster y $c(i)$ es el clúster que contiene \mathbf{x}_i .

K-medias

4. Reasignamos cada dato al clúster con el centroide más cercano de tal manera que ESS se reduce en magnitud. Actualizamos los centroides de los clústeres después de la reasignación de los datos.
5. Repetimos los pasos 3 y 4 hasta que no se produzcan más reasignaciones.

K-medoides y PAM

1. Entrada: $\mathbf{D} = (d_{ij})$, K =número de clústeres.
2. Formar una asignación inicial en los K clústeres.
3. Localizar el medoide de cada clúster. El medoide del k -ésimo clúster esta definido como ese dato en el k -ésimo clúster que minimiza la disimilitud total a los otros datos dentro del clúster, $k = 1, 2, \dots, K$.

K-medoides y PAM

4a. K-medoides:

- Para el k -ésimo clúster, reasignamos el i_k -ésimo dato al clúster con su medoide más cercano para que la función objetivo,

$$ESS_{med} = \sum_{k=1}^K \sum_{c(i)=k} d_{ii_k}$$

sea reducida en magnitud, donde $c(i)$ es el clúster que contiene el i -ésimo dato.

- Repetir el paso 3 y el paso de reasignación hasta que no se produzcan mas reasignaciones.

K-medoides y PAM

4b. Particionamiento Alrededor de Medoides:

- Buscamos un dato no medoide tal que al intercambiarlo por otro medoide se produce una reducción en ESS_{med} , considerando el cambio que se produce en los clusters al cambiar de medoide (si hay varios medoides que cumplen esta condición, seleccionar el que mayor reducción produzca) y se produce el cambio.
- Repetir el proceso de intercambio hasta que no se produzca ninguna reducción del ESS_{med} .

Análisis difuso

A los datos se les asigna la probabilidad de pertenecer a cada uno de los clústeres. Notamos como u_{ik} la fuerza de pertenencia del i -ésimo dato al k -ésimo clúster.

Para que u_{ik} se comporte como una probabilidad se tiene que cumplir que $\sum_{k=1}^K u_{ik} = 1$ y $u_{ik} \geq 0$

Dada $D = d_{ij}$ matriz de proximidades, u_{ik} se encuentra minimizando, bajo las restricciones de no negatividad y unidad de la suma usando un algoritmo iterativo., la función objetivo

$$\sum_{k=1}^K \frac{\sum_i \sum_j u_{ik}^2 u_{jk}^2 d_{ij}}{2 \sum_l u_{lk}^2}$$

Número de clústeres

Número de clústeres

- En los algoritmos de *clustering*, uno de los problemas es determinar el número idóneo de clústeres k .
- Es un proceso ambiguo. Depende de las interpretaciones según la forma y la escala de de la distribución de los datos y la solución deseada.
- Como k decrece de n a 1, el valor de la distancia debería aumentar ya que tendría que ser mayor cuando dos clústeres distintos se agrupan en uno solo.

Número de clústeres-Método del codo

Consiste en dibujar la gráfica de las distancia a los centros de cada clúster en función del número de clústeres. Definimos:

$$SSE_k = \sum_{i=1}^{n_k} \| \mathbf{y}_i - \bar{\mathbf{y}}_k \|^2,$$

y para cada k dibujamos

$$D_k = \sum_{i=1}^k SSE_k.$$

Número de clústeres-Método del codo

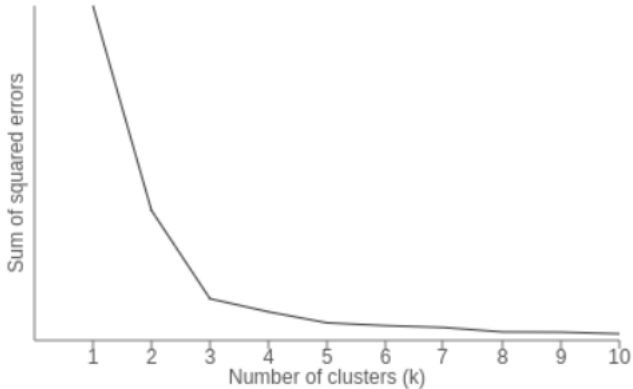


Figura: Ejemplo del método del codo.

Número de clústeres-Estadístico R^2

Para n clústeres la suma total de las distancias al cuadrado es $T = \sum_{i=1}^n \|\mathbf{y}_i - \bar{\mathbf{y}}\|^2$. Así, para k clústeres definimos R^2 como

$$R_k^2 = \frac{T - \sum_k SSE_k}{T}.$$

Para n clústeres $SSE_k = 0$ por lo que $R^2 = 1$. Una gran disminución en R_k^2 representaría un agrupamiento diferente.

También podríamos tener en cuenta el cambio en R^2 al unir los clústeres R y S como $SR^2 = R_k^2 - R_{k-1}^2$. El estadístico SR^2 representa, en función de T , la proporción de $SSE_t - (SSE_r + SSE_s)$ donde los clústeres C_R y C_S se han unido para formar el clúster C_T . Cuanto mayor sea el índice mayor será la pérdida de homogeneidad.

Número de clústeres-Varianza agrupada

Para un solo clúster

$$s^2 = \sum_{i=1}^n \|\mathbf{y}_i - \bar{\mathbf{y}}\|^2 / p(n - 1).$$

Para el clúster C_k

$$s^2 = \sum_{i=1}^{n_k} \|\mathbf{y}_i - \bar{\mathbf{y}}_k\|^2 / p(n_k - 1).$$

Valores grandes de la varianza agrupada indica que los clústeres no son homogéneos. Por lo tanto, si tiende a cero para algún $k < n$ indica la formación de un clúster homogéneo.

Número de clústeres-Pseudo estadísticos

El pseudo estadístico F se define como

$$F_k^* = \frac{(T - \sum_k SSE_k)/(k - 1)}{\sum_k SSE_k/(n - k)}.$$

El pseudo estadístico t^2 se define como

$$\text{pseudo } t^2 = \frac{[SSE_t - (SSE_r + SSE_s)](n_R + n_S - 2)}{SSE_r + SSE_s}.$$

Número de clústeres-*Silhouette method*

Definimos el índice:

$$s(i) = \frac{b(i) - a(i)}{\max\{b(i), a(i)\}}, \quad \forall i = 1, \dots, n$$

donde

$$a(i) = \frac{1}{|C_i| - 1} \sum_{j \in C_i, j \neq i} d(i, j)$$

y

$$b(i) = \min_{k \neq i} \frac{1}{|C_k|} \sum_{j \in C_k} d(i, j).$$

Se escoge el k que maximice el valor medio de $s(i)$.

Número de clústeres-*Silhouette method*

k	Silhouette coeff.
2	0.7049787496083262
3	0.5882004012129721
4	0.6505186632729437
5	0.5745566973301872
6	0.43902711183132426

Cuadro: Ejemplo *silhouette method*.

Vemos que se obtienen los mejores resultados con 2 o 4 clústeres.

Número de clústeres-*Gap method*

El k elegido será aquel que maximice el valor de:

$$Gap(k) = E_n^* \{\log(W_k)\} - \log(W_k).$$

En la fórmula anterior E_n^* denota la media de una muestra de tamaño n y

$$W_k = \sum_{R=1}^k \frac{1}{2n_R} \sum_{ij \in C_R} d(i, j).$$

Número de clústeres-*Gap method*

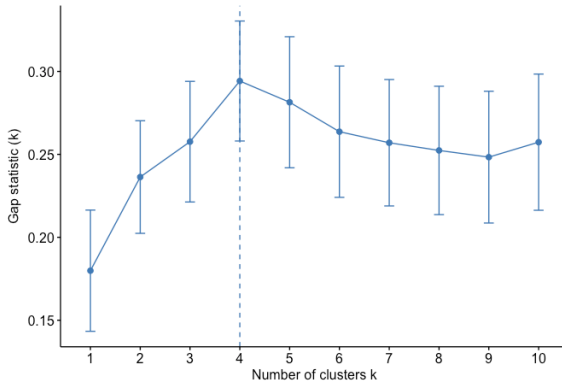


Figura: Ejemplo del método de la brecha.

Caso Práctico: Clustering en Python

Flor de Iris

Estudiaremos el conjunto de datos iris de **Fisher**.

Contiene 50 muestras de cada una de tres especies de flor **Iris**. Para cada muestra, se recogen las medidas de: largo y ancho del sépalo y y largo y ancho del pétalo, en centímetros.



Figura: Iris Setosa.



Figura: Iris virginica.



Figura: Iris versicolor.

Métricas utilizadas

Se utilizarán las siguientes métricas para medir la bondad de los algoritmos:

- **Calinski-Harabaz:** Nos indica si estamos usando un buen número de clústeres para un algoritmo en concreto. El número óptimo de clústeres tendrá la solución con el valor de Calinski-Harabasz más alto.
- **Silhouette:** Cuanto mayor sea su valor, más similar será un objeto respecto a su grupo y más diferente a los de otros clúster. Toma valores entre -1 y +1. Si el valor es cercano a 1, la configuración de los clúster es apropiada, si no, habrá más o menos clústeres de los necesarios.

Tabla comparativa de los algoritmos

Las mejores configuraciones son las que hayan obtenido un mayor valor del coeficiente de Silhouette.

Nombre	Nº clústeres	CH	SH	Tiempo (s)	Clústeres
K-Means	3	359.845074	0.504769	0.016456	0: 61 (40.67 %) 1: 50 (33.33 %) 2: 39 (26.00 %)
DBSCAN	4	94.991819	0.306404	0.002353	0: 45 (30.00 %) 1: 39 (26.00 %) -1: 36 (24.00 %) 2: 30 (20.00 %)
AggCluster	3	349.254185	0.504800	0.019058	0: 67 (44.67 %) 1: 50 (33.33 %) 2: 33 (22.00 %)
MeanShift	3	290.470683	0.476961	0.289073	0: 81 (54.00 %) 1: 50 (33.33 %) 2: 19 (12.67 %)

Gráficas

Para cada algoritmo, se mostrarán algunas gráficas que nos ayudarán a comprender como funciona el agrupamiento para el caso de estudio.

Las gráficas utilizadas serán **Scatter Matrix**, **Heatmap**, **KPlot** y **BoxPlot** que mostrarán la matriz de dispersión de las muestras, mapa de calor de los centroides para cada variable y distribución de las muestras según cada variable.

Para el caso del algoritmo **Agglomerative Clustering** mostraremos como se forman los distintos clústers a partir del Dendrograma generado.

K-Means

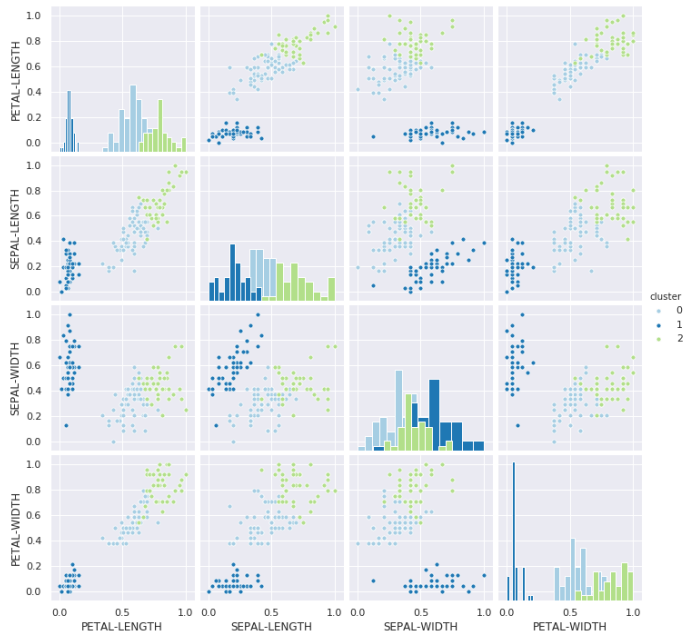
Para el algoritmo K-Means se ha utilizado el siguiente código en python y se ha obtenido la siguiente agrupación de las muestras:

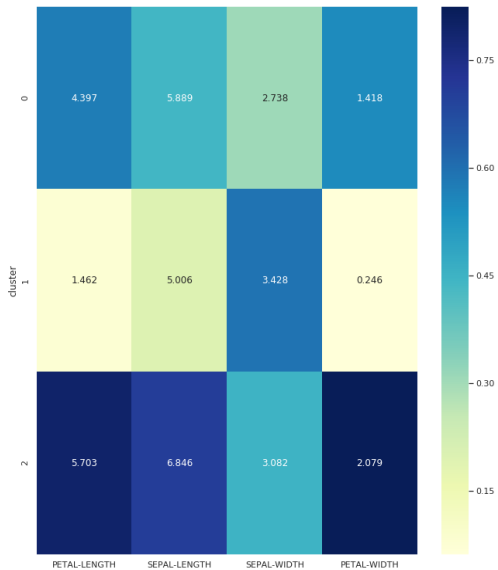
```
KMeans(init='k-means++', n_clusters=3,  
        n_init=5, random_state=12345)
```

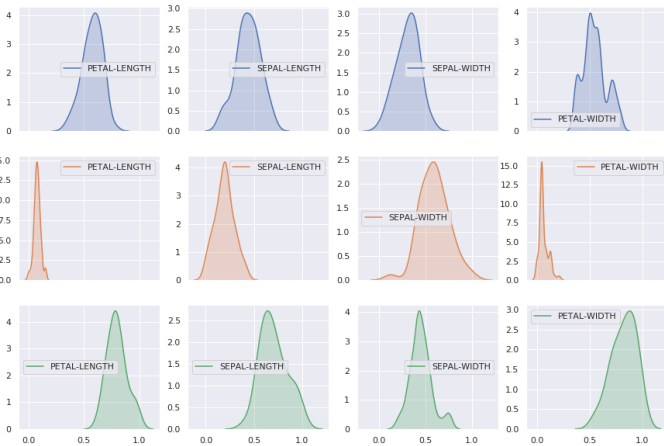
```
cluster 0: 61 (40.67%)
```

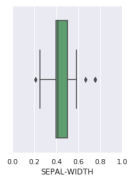
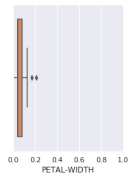
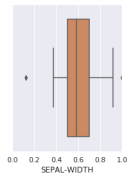
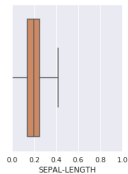
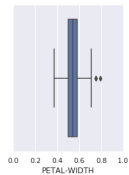
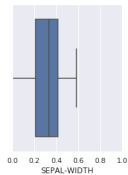
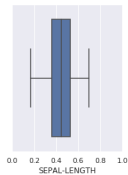
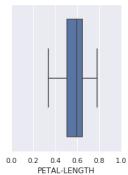
```
cluster 1: 50 (33.33%)
```

```
cluster 2: 39 (26.00%)
```







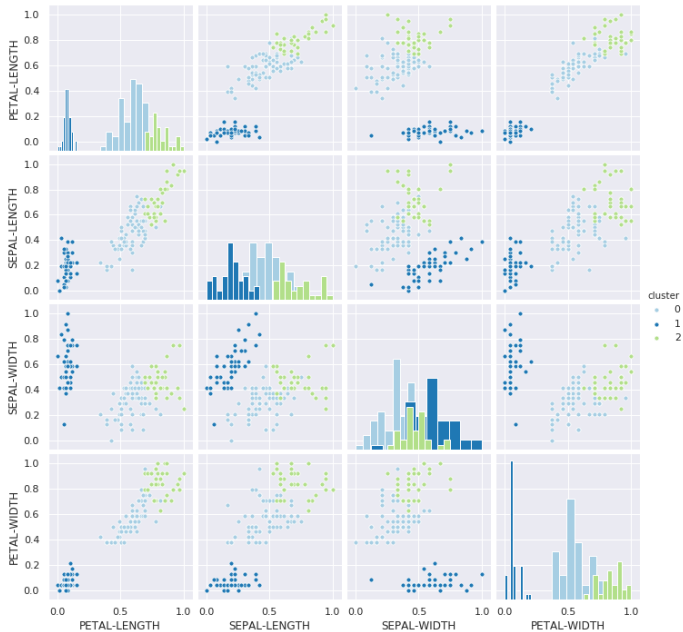


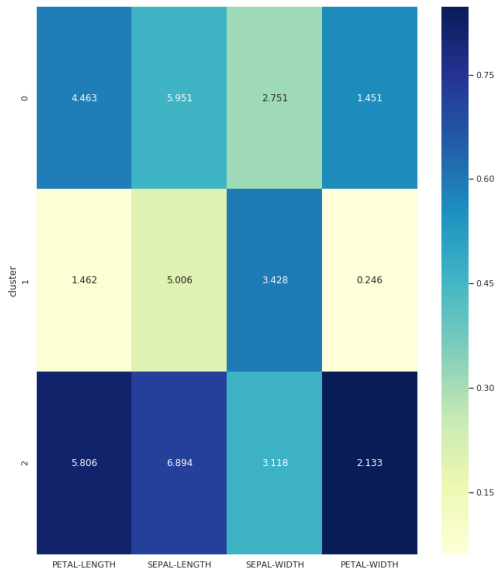
Agrupamiento Jerárquico

Para el algoritmo Aglomerativo Jerárquico, se ha utilizado el siguiente código en python y se ha obtenido la siguiente agrupación de las muestras:

```
AgglomerativeClustering(n_clusters=3,  
                        linkage="ward", affinity='euclidean')
```

```
cluster 0: 67 (44.67%)  
cluster 1: 50 (33.33%)  
cluster 2: 33 (22.00%)
```

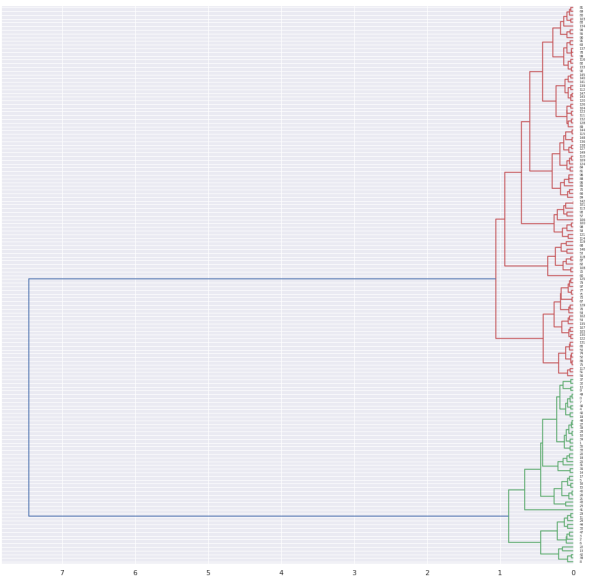




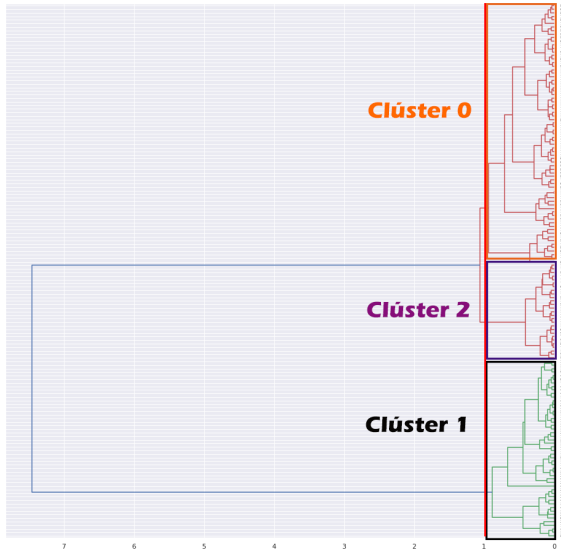
Dendrogramas

Un **dendrograma** es un diagrama de árbol que muestra los grupos que se forman al crear clústers de observaciones en cada paso y sus niveles de similitud.

La decisión acerca de la agrupación final también se conoce como cortar el dendrograma. Cortar el dendrograma es similar a trazar una línea a lo largo del dendrograma para especificar la agrupación final.



0: 67 (44.67 %), 1: 50 (33.33 %), 2: 33 (22.00 %)

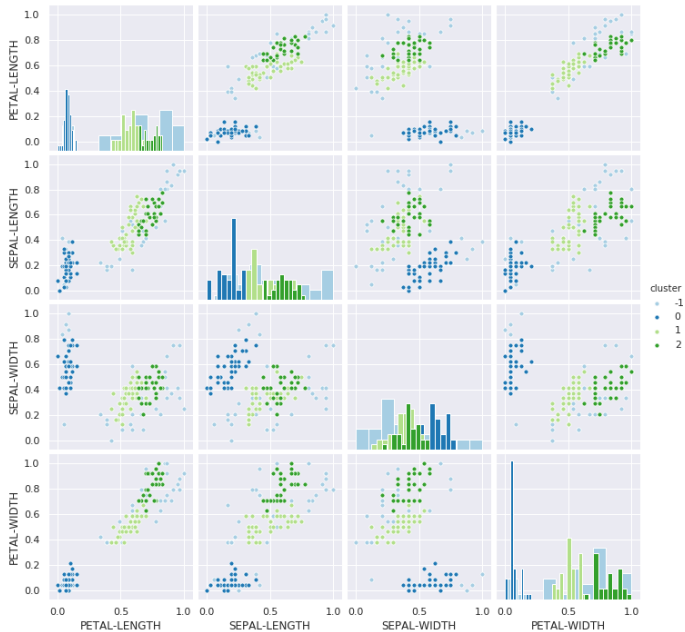


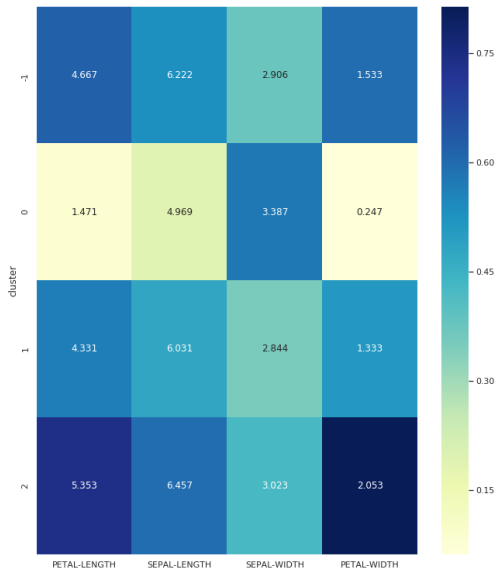
DBSCAN

Para DBSCAN, se ha utilizado el siguiente código en python y se ha obtenido la siguiente agrupación de las muestras, donde el clúster -1 representa las muestras formadas por ruido:

```
DBSCAN(eps=0.12, min_samples=5)
```

```
cluster 0: 45 (30.00%)  
cluster 1: 39 (26.00%)  
ruido -1: 36 (24.00%)  
cluster 2: 30 (20.00%)
```





Mean Shift

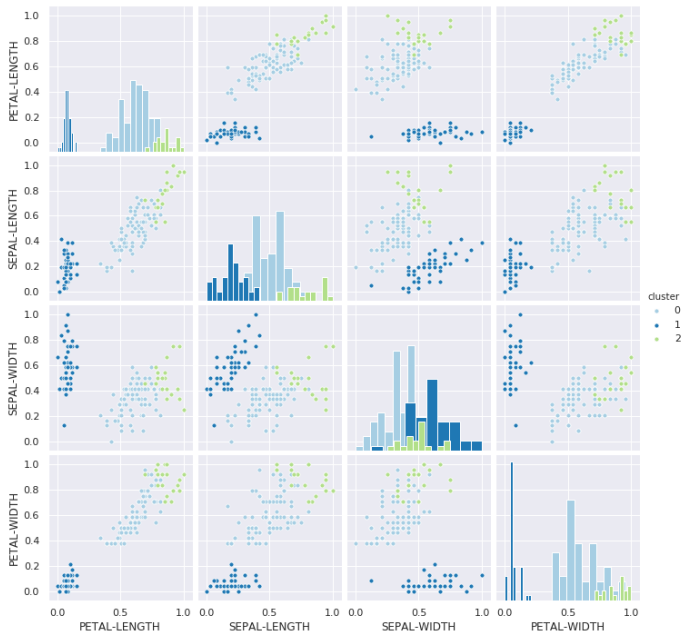
Para Mean Shift, se ha utilizado el siguiente código en python y se ha obtenido la siguiente agrupación de las muestras:

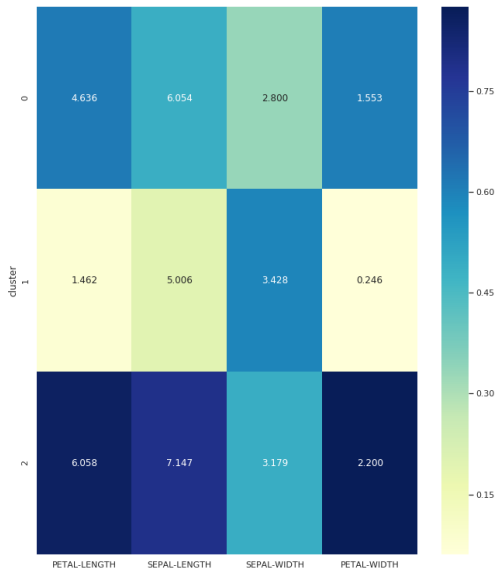
```
MeanShift(bandwidth=estimate_bandwidth(X_normal,  
                                         quantile=0.67, n_samples=400))
```

```
cluster 0: 81 (54.00%)
```

```
cluster 1: 50 (33.33%)
```

```
cluster 2: 19 (12.67%)
```





Referencias I



Chire, *Cluster analysis with optics on a density-based data set.*,
[https://commons.wikimedia.org/wiki/File:
OPTICS-Gaussian-data.svg](https://commons.wikimedia.org/wiki/File:OPTICS-Gaussian-data.svg), October 2011.



Understanding data mining clustering methods.