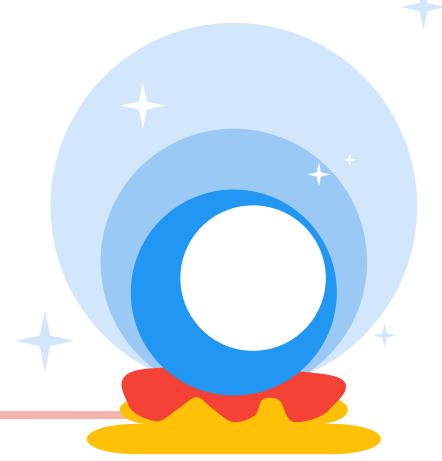
# Métodos de clustering



Diplomado de Minería de Datos para la toma de decisiones

## Contenido

- Introducción
- Clustering jerárquico
- Clustering no-jerárquico
  - Ejercicio práctico 1

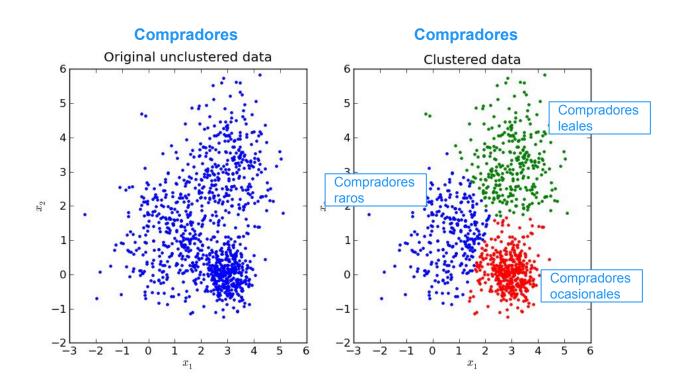


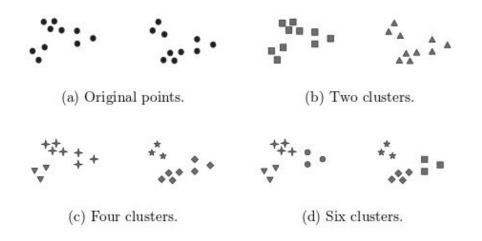
## Introducción

- Dos enfoques diferentes al problema de clasificación
- Enfoque 1:
  - Grupos están bien definidos (i.e. se conocen a priori) y se trata de determinar un criterio para etiquetar cada individuo como perteneciente a alguno de los grupos
  - Vimos varios métodos: regresión logística, análisis discriminante, máquinas de soporte vectorial y redes neuronales
- Enfoque 2:
  - No se conocen los grupos y se quiere encontrarlos (si hay)
  - Métodos: análisis de clusters

- También se conoce como análisis de conglomerados o análisis de agrupaciones
- Estos modelos pertenecen al análisis no-supervisado, en donde no hay individuos etiquetados (clasificados) pero aún así se desea encontrar patrones en los datos
- La gran mayoría de los datos existentes NO están etiquetados (es costoso, difícil y tardado etiquetarlos)
- Aseguradora: muchos datos de los asegurados, al principio no se conoce a qué grupo de riesgo pertenecen: alto, medio, bajo

- Teléfonos móviles: muchos datos, apps bajadas, apps usadas, compras, perfiles de facebook, clicks
- Datos de compradores de Amazon: ¿qué patrones hay?, ¿se pueden definir grupos?
- Muy útil para diseñar estrategias de marketing
- Encuentro los patrones de compra, los perfiles de los compradores y ahora puedo diseñar marketing inteligente
- No es lo mismo venderle al comprador leal a la marca a uno que no lo es
- Muy usado en business intelligence





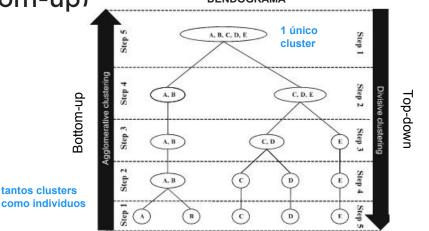
Diferentes maneras de hacer clusters de los mismos datos

- Las variables pueden ser de cualquier tipo: de razón o categóricas
- O sea que podemos trabajar en espacios no euclídeos
- Pero se complica porque hay que poder interpretar las distancias entre los elementos
- iEs bueno trabajar con variables de razón!
- Existen métodos que funcionan bien con variables categóricas: mapas autoorganizados

- ¿Cómo construimos estos grupos?
- Parecido a Análisis Discriminante: queremos que los individuos dentro los grupos se parezcan y fuera de los grupos no
- Necesitamos una noción general de similitud/disimilitud: idistancia!
- Individuos distantes serán diferentes (dispersión), individuos cercanos serán parecidos (cohesión)
- No hay un método único para hacer análisis de clústers
- Clustering jerárquico (clústers, luego # de clústers), k-means (# de clústers, luego clústers), mapas auto-organizados

- La similaridad sería la distancia entre los individuos
- Con clustering jerárquico se puede hacer clustering de variables

 Hay dos tipos de clustering jerárquico: divisivo (top-down) y aglomerativo (botom-up)

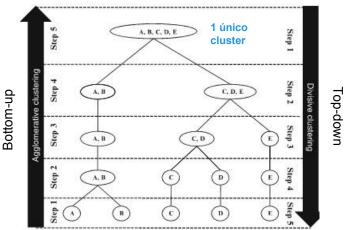


Jerarquías de clústers (hierarchical)

El dendograma es una representación gráfica de estas jerarquías de conformación de clústers

- En clustering aglomerativo un cluster no puede dividirse, sólo puede combinarse con otros
- La complejidad del aglomerativo es O(n²log(n)), del divisivo O(2<sup>n</sup>)
- En la práctica se usa más el aglomerativo porque es más rápido

Necesitamos una condición de paro en ambos casos: un único clúster no nos sirve, tantos clústers como individuos tampoco



#### 3 pasos:

- Criterio para determinar la similaridad
- Criterio para decidir qué clusters se combinan en cada paso
- Criterio para decidir el número de clústers
- NO hay un número de clústers óptimo (no es trivial decidirlo)
- En cada iteración debemos ver los clústers formados y al final decidir cuál es el número de clústers más adecuado a nuestras necesidades
- También necesitamos tener variables relevantes al problema que queremos resolver

#### **Similaridad**

• La noción de distancia es MUY general • Euclideana: 
$$d(x,y) = \sqrt{\sum_{i=1}^{m} (x_i - y_i)^2}$$

• Minkowski: 
$$d(x,y) = \left(\sum_{i=1}^{m} |x_i - y_i|^r\right)^{r}$$
 • X

- Manhattan:  $d(x,y) = \sum_{i=1}^{m} |x_i y_i|$
- Coseno:



#### Similaridad

- Mahalanobis(vector a vector):  $\sqrt{(a-b)^{\top}S^{-1}(a-b)}$ . Distancia de un vector a al vector b con S la matriz de Covarianza
  - Sin unidades y toma en cuenta correlaciones
  - Si S es la matriz identidad entonces corresponde a la distancia euclidea usual
- Mahalanobis (vector a media): cuántas desviaciones estándar está un punto del vector de medias:  $D_M(\vec{x}) = \sqrt{(\vec{x} \vec{\mu})^T S^{-1} (\vec{x} \vec{\mu})}$ .
- Euclideana normalizada: quitamos el efecto de la desviación estándar:  $d(\vec{x}, \vec{y}) = \sqrt{\sum_{i=1}^{N} \frac{(x_i y_i)^2}{s_i^2}},$

#### Conformación de clústers

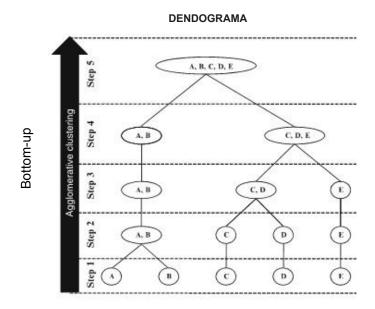
- Lo anterior nos permite calcular la distancia entre individuos:
  ¿qué hay de los clústers?
- El criterio de "enlace" (linkage) determina la distancia entre clústers usando la distancia predefinida entre individuos.

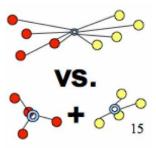
Names	Formula
Maximum or complete-linkage clustering	$\max  \{  d(a,b) : a \in A,  b \in B  \}.$
Minimum or single-linkage clustering	$\min\{d(a,b):a\in A,b\in B\}.$
Mean or average linkage clustering, or UPGMA	$rac{1}{ A  B }\sum_{a\in A}\sum_{b\in B}d(a,b).$
Centroid linkage clustering, or UPGMC	$\ c_s-c_t\ $ where $c_s$ and $c_t$ are the centroids of clusters $s$ and $t$ , respectively.

- Minimizar la varianza intra-cluster
- La disminución en la varianza por el cluster a unir (método de Ward)

#### Conformación de clústers

 En cada paso el par de clusters con la distancia más pequeña se fusiona en un único cluster



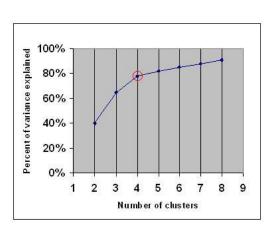


$$TD_{c_1 \cup c_2} = \sum_{x \in c_1 \cup c_2} D(x, \mu_{c_1 \cup c_2})^2$$

Si uniéramos a c<sub>1</sub> con c<sub>2</sub> ¿cómo cambiaría la distancia total a los centroides?

Número de clústers

- ¿Cómo saber cuántos clusters son?
- Problema MUY difícil, No hay una solución óptima
- Idea: debemos escoger un # de clústers tal que al añadir otro clúster no obtenemos una mejora considerable
- Criterio del codo, pero hay otros
- A veces es mejor explorar visualmente



#### K-means

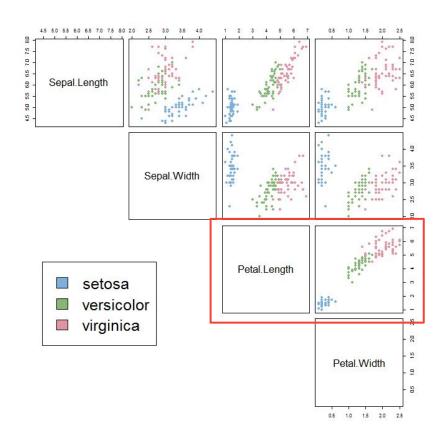
- 1. Especificar k, el número de clusters
- Escoger k puntos al azar como centroides (hay que definir una semilla)
- 3. Asignar a cada individuo a su cluster más cercano
- 4. Calcular los centroides para cada clúster (medias)
- 5. Esos centroides serán los nuevos centros de los clústers
- 6. Iterar hasta que nos centros de los clústers "no cambien"

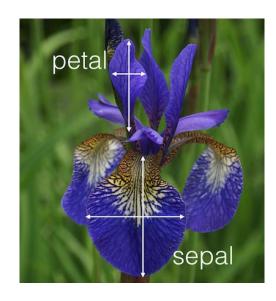
Desventaja: Los resultados dependen de la semilla, es un método local

# Ejercicio práctico

**Iris Dataset** 

## Graficando las observaciones de iris





## Gracias