

AI & CHATBOT

Aula 19 – Aprendizado de Máquina Não Supervisionado: Algoritmos de Agrupamento

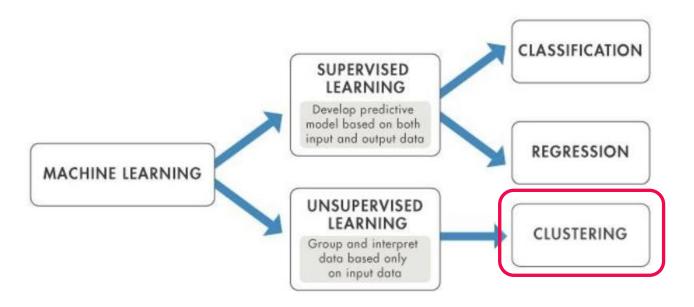
> Prof. Henrique Ferreira Prof. Miguel Bozer Prof. Guilherme Aldeia Prof. Michel Fornaciali Prof. Daniel Gomes Prof. Daniel Petrini



Aprendizado não supervisionado



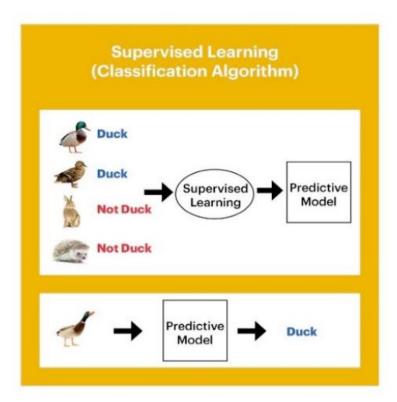
- No aprendizado não supervisionado não sabemos a priori os rótulos das classes.
- Com essas técnicas gostaríamos de resolver problemas de:
 - Agrupamento (ou clusterização)
 - Regras de Associação
 - Redução de Dimensionalidade
 - Detecção de Outlier

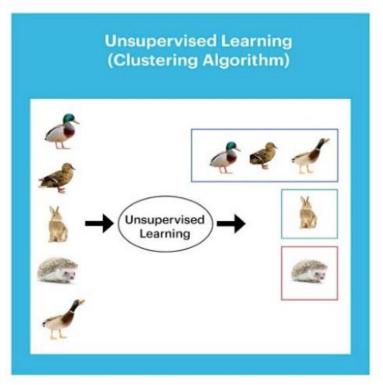


Aprendizado não supervisionado



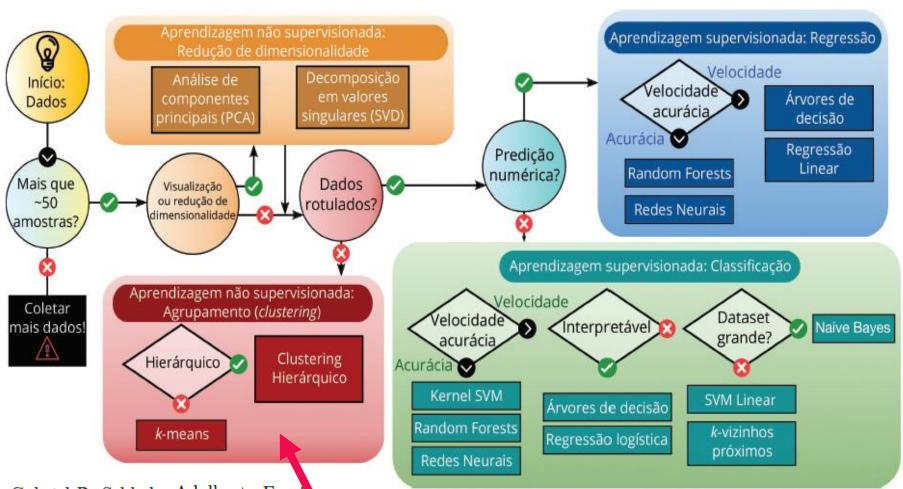
- Na classificação nosso atributo alvo é um objeto (string) previamente conhecido (dado rotulado);
- Na clusterização nosso atributo alvo é um número (int) previamente desconhecido (dado não rotulado);





Aprendizado não supervisionado

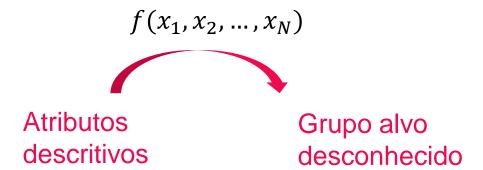




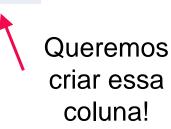
Gabriel R. Schleder Adalberto Fazzit Revista Brasileira de Ensino de Física, vol. 43, suppl. 1, e20200407 (2021)



Agrupamento é uma técnica não supervisionada!



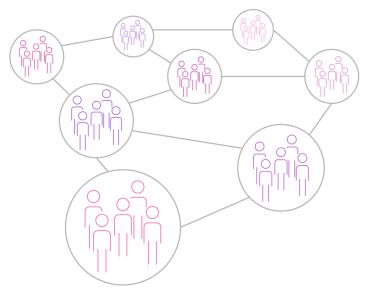
Índice da linha	x1	x2	•••	xn	ŷ
1	548.4	-9789		0.4875	?
2	689.4	-10235		-0.358	?
3	3154.8	-1031858	•••	-0.1458	?
k	803.54	-20000		1.054	,





GERAÇÃO DE GRUPOS OU CLUSTERS

- Os grupos são formados de maneira a maximizar a similaridade entre os elementos de um grupo (similaridade intragrupo) e minimizar a similaridade entre elementos de grupos diferentes (similaridade intergrupos).
- Aprendizado n\u00e3o supervisionado.



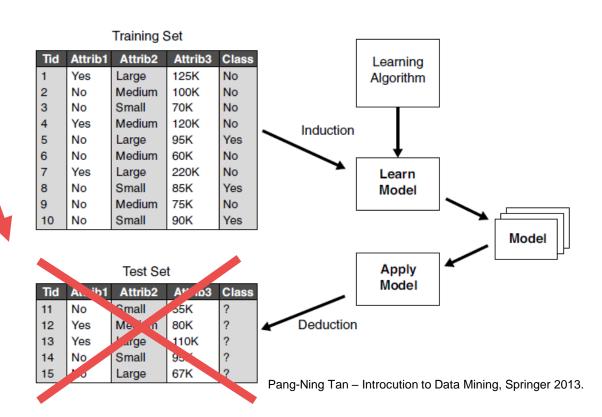


Em algoritmos de agrupamento não temos como testar com as respostas esperadas, já que não sabemos qual é exatamente essa resposta.

A etapa de

Avaliação de

Desempenho para
algoritmos de
Agrupamento é
diferente do que a
usada nos algoritmos
de Aprendizado
Supervisionado.

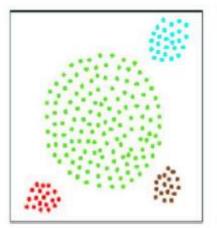




ALGORITMOS DE CLUSTERIZAÇÃO



- Matematicamente:
 - Homogeneidade (coesão interna similaridade)
 - Heterogeneidade (separação entre grupos dissimilaridade);
 - Queremos maximizar a similaridade intra-grupo e minimizar a similaridade inter-grupos;
- Um grupo é um conjunto de entidades semelhantes, que pode ser definido com uma aglomeração de pontos no espaço.



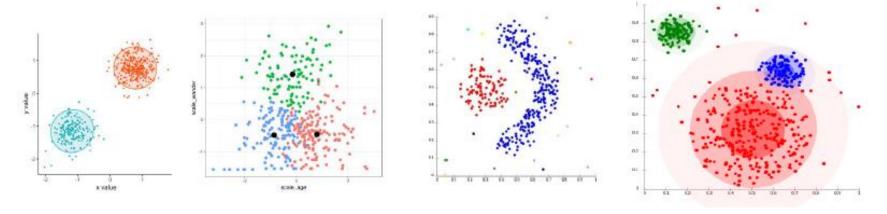




I. Zhang, Density-Based Clustering Algorithms, cs.hku.hk/~dbgroup/seminar/



- Grupos podem:
 - Ter diferentes tamanhos, formas e densidades;
 - Formar uma hierarquia;
 - Ter sobreposição ou serem disjuntos

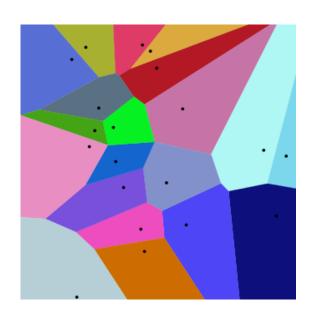


- Existem muitos algoritmos diferentes para fazer agrupamento.
 Alguns deles são baseados em:
 - Ligações como Agrupamento Hierárquico;
 - Densidade como o DBSCAN;
 - Partições como o K-Means;
 - Grid como o STING e o WaveCluster
 - Modelos como o SOM, redes neurais e Mistura Gaussiana;

Baseado em Partição – k-Means



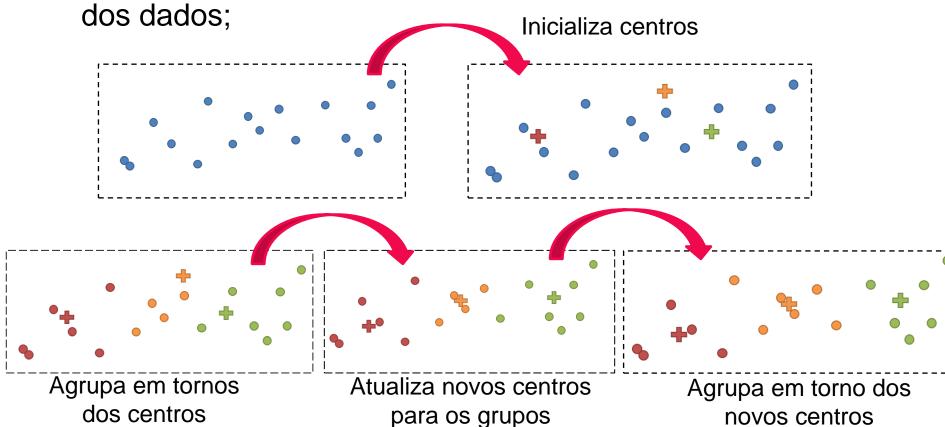
- O k-Means é um dos métodos mais antigos (referências originais datam de 1956, 1965 e 1967) e mais utilizados;
- Stuart P. Lloyd propôs em 1957, enquanto trabalhava nos Laboratórios Bell, um algoritmo bastante semelhante ao moderno k-means para fazer modulação PCM. O algoritmo é conhecido como Algoritmo de Lloyd ou Relaxação de Voronoi (devido ao diagrama de Voronoi ou Mosaico de Dirichelet);
- O k-means é simples e intuitivo, baseado na ideia de se quebrar o espaço multidimensional em partições a partir do centróide dos dados;



Baseado em Partição – k-Means



- O k-Means é um dos métodos mais antigos (referências originais datam de 1956, 1965 e 1967) e mais utilizados;
- Ele é simples e intuitivo, baseado na ideia de se quebrar o espaço multidimensional em partições a partir do centróide dos dados:



k-Means – Algoritmo



O pseudocódigo do k-Means pode ser sumarizado como:

- 1. Escolher aleatoriamente k centros para os clusters;
- Atribuir cada objeto para o cluster de centro mais próximo segundo alguma métrica de distância (ex: euclidiana);
- 3. Mover cada centro para a média (centróide) dos objetos do cluster correspondente;
- 4. Repetir os passos 2 e 3 até que algum critério de convergência seja atendido (ex: número máximo de interação, limiar mínimo de mudança nos centróides).

k-Means – Algoritmo / Métrica



- Precisamos usar uma métrica de distância entre os centróides e os pontos de dados;
- Podemos usar diferentes métricas. A mais comum é a distância Euclidiana:

$$d(A,B) = \sqrt{\sum_{i=1}^{n} (A_{x_i} - B_{x_i})^2}$$

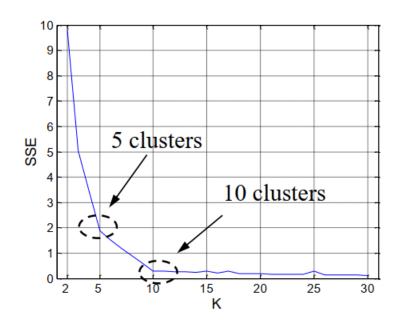
identifier	class name	args	distance function
"euclidean"	Euclidean Distance	•	$sqrt(sum((x - y)^2))$
"manhattan"	ManhattanDistance	•	sum(x - y)

Outras métricas:

k-Means – Algoritmo / Hiperparâmetro



- O k-Means tem o hiperparâmetro k que é o número de grupos;
- Como saber qual é o melhor número de k?
- Podemos usar a Soma dos Erros Quadráticos (SSE) em relação ao centróide para encontrar o "joelho" da curva de otimização:



$$SSE = \sum_{i=1}^{K} \sum_{x \in C_i}^{K} dist(c_i, x)^2$$

- dist é a distância euclidiana;
- c_i é o centro do i-ésimo agrupamento;
- x são os dados pertencentes ao iésimo agrupamento.

k-Means – Vantagens e Desvantagens



Vantagens:

- Implementação simplificada.
- Facilidade em lidar com qualquer medida de similaridade e por consequência, qualquer tipo de atributo.

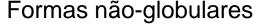
Desvantagens:

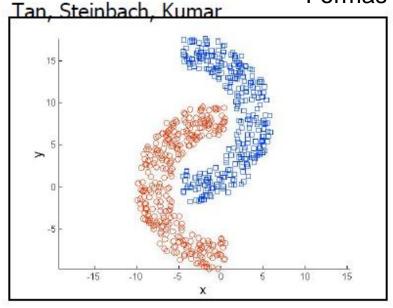
- Dificuldade na definição do valor de "k".
- Suscetível a outliers e a ausência de normalização.

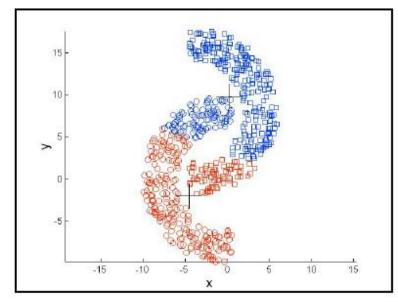
k-Means - Problemas



K-means é mais suscetível a problemas quando os clusters são de diferentes tamanhos, densidades ou de formas não-globulares (ex: dados do grupo distribuídos ao longo um retângulo muito comprido e muito fino)



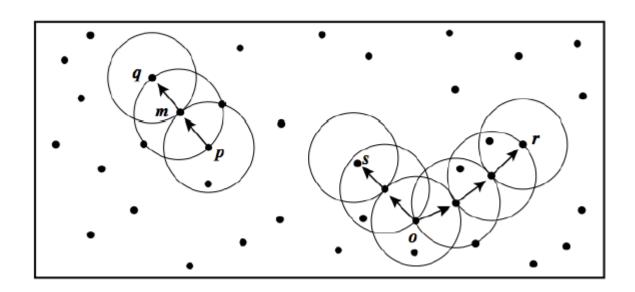




Baseado em Densidade - DBSCAN



- Em um algoritmo baseado em densidade os clusters são determinados por regiões com alta concentração de objetos (pontos) e a separação se dá por regiões com baixa concentração de pontos;
- DBSCAN (Density-Based Spatial Clustering and Application with Noise) é algoritmo mais conhecido de agrupamento baseado na densidade dos pontos;



DBSCAN - Hiperparâmetros



- O DBSCAN tem dos hiperparâmetros principais
 - eps ou ε: raio ao redor de um dado ponto;
 - MinPts: mínimo de pontos dentro do raio para que seja definido um agrupamento;
- Com esses parâmetros o algoritmo irá classificar cada ponto de dado em core, border e noise;

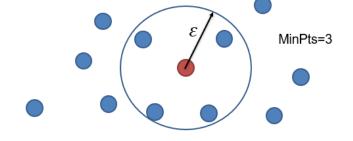
epsilon	MinPnt	Resultado
Alto	Alto	Poucos clusters, grandes e densos.
Baixo	Alto	Mais clusters, pequenos e densos
Alto	Baixo	Menos clusters, grandes e pouco densos
Baixo	Baixo	Muitos clusters, pequenos e pouco densos

DBSCAN - Algoritmo



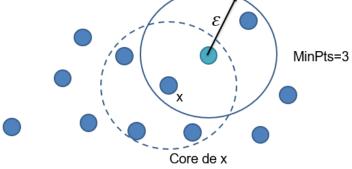
Core: qualquer ponto com uma quantidade de vizinhos maior ou igual a

MinPts;

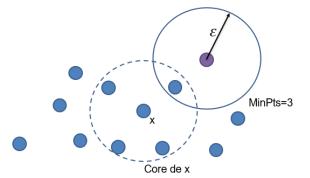


Border (ponto de fronteira): se o número de vizinhos é menor que MinPts,

mas está contido em um ----



Noise (ruído): se não é nem um core nem um border;



DBSCAN - Algoritmo

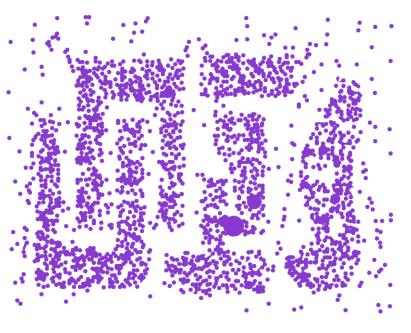


O pseudocódigo do DBSCAN pode ser sumarizado como:

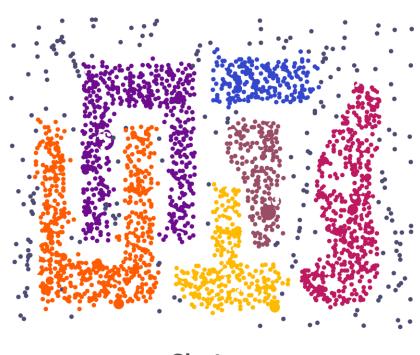
- Percorra os dados e rotule os objetos como core, border ou noise;
- 2. Elimine os objetos rotulados como **noise**;
- Insira uma aresta entre cada par de objetos core vizinhos (2 objetos são vizinhos se um estiver dentro do raio eps do outro);
- 4. Faça cada componente conexo resultante ser um cluster;
- 5. Atribua cada **border** ao **cluster** de um de seus **cores** associados (resolva empates se houver objetos core associados de diferentes clusters).

DBSCAN - Algoritmo





Pontos Originais



Clusters

DBSCAN – Vantagens e Desvantagens



Vantagens:

- Resistência ao ruído e capacidade de trabalhar com outliers;
- Trabalha com grandes volumes de dados (linhas).

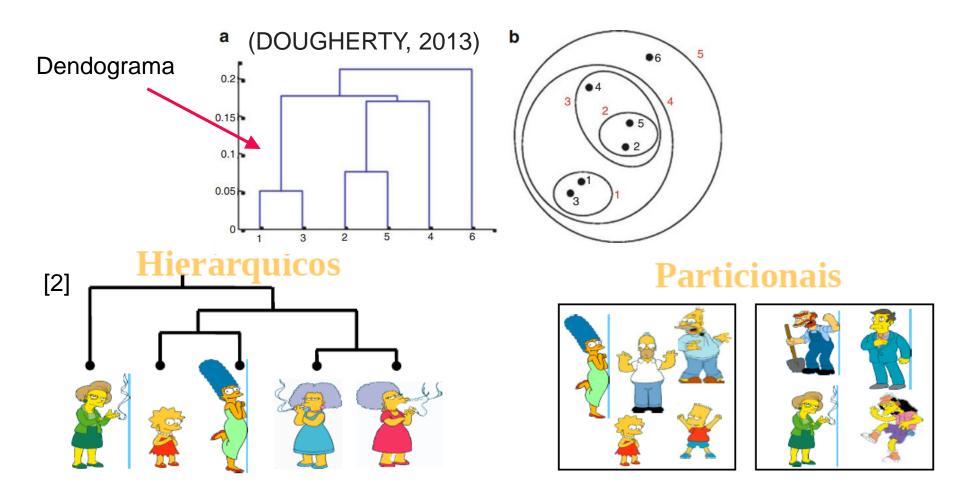
Desvantagens:

- Grupos com diferentes densidades;
- Dados em alta-dimensão;
- Dificuldade na clusterização de clusters concêntricos (um cluster dentro do outro);
- Conjunto de dados cuja distância média entre as amostras seja muito distinta entre clusters (clusters mais densos que outros); o DBSCAN pode encontrar dificuldades em função do raio de vizinhança (eps);
- Dados com alta dimensionalidade (colunas).

Baseado em Ligações – Agrupamento Hierárquico | - | / \ | - |

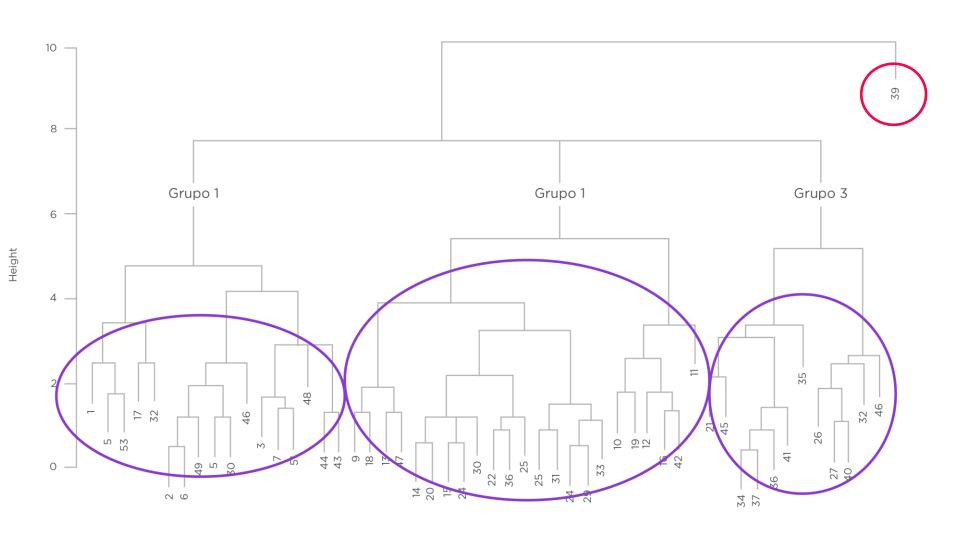


No agrupamento hierárquico as partições tem ligações entre si, através de regras mais gerais. Pode-se pensar em conjuntos e subconjuntos, ou ainda em uma organização em árvore.



Baseado em Ligações – Agrupamento Hierárquico | - | / \ | - |

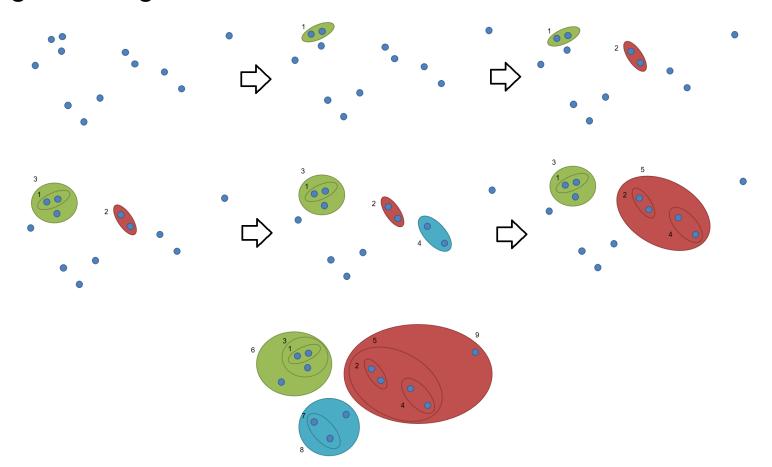




Agrupamento Hierárquico – Algoritmo



 Podemos agrupar hierarquicamente indo de baixo para cima (aglomerativos bottom-up) ou de cima para baixo (divisivos top-down); Vejamos a sequência de um algoritmo aglomerativo:



Agrupamento Hierárquico - Hiperparâmetros | - | / \ | - |



Quando estamos fazendo a união dos agrupamentos uma pergunta pode surgir: qual o critério que devemos adotar?

 Na biblioteca do scikit-learn temos: ☐ Ward: Minimiza a variância dos agrupamentos que serão unidos ☐ Average: Usa a média das distâncias entre cada dado dos dois clusters. ☐ Complete or Maximum linkage: Usa a distância máxima entre os dados dos dois agrupamentos; ☐ Single: usa o mínimo das distâncias entre todas as observações dos dois conjuntos;

Hierárquico – Vantagens e Desvantagens



Vantagens:

- Implementação simplificada;
- Facilidade em lidar com qualquer medida de similaridade e por consequência, qualquer tipo de atributo.

Desvantagens:

- Dificuldade na definição de qual nível da árvore (dendrograma)
 melhor representa a clusterização;
- Suscetível a outliers e ausência de normalização.



MÉTRICAS DE DESEMPENHO DE AGRUPAMENTO

Métricas de Desempenho



Se temos dois algoritmos de **Aprendizado de Máquina não Supervisionado de Agrupamento**, qual deles é "melhor" para resolver um determinado problema/dataset?

Em termos de "assertividade" (lembre-se, não temos os rótulos verdadeiros dos dados), precisamos de uma métrica de desempenho para poder comparar. Temos métricas de índice interno e de índice externo:

Interno: quão bom foi meu agrupamento "por si só"?

Externo: quão semelhantes foram duas técnicas de

agrupamento?

- Silhouette
- Dunn
- Davies-Bouldin

EXTERNO

- Rand Index
- Adjusted Rand Index
- Jaccard
- Folkes e Mallows

Rand Index



O Rand Index é utilizado para comparar coincidência de dois métodos distintos de agrupamento ou métodos com critérios distintos;

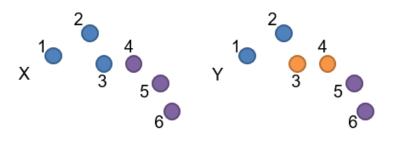
O Rand Index utiliza os seguintes conceitos:

a: número de **pares de elementos** nos mesmos clusters para método X e método Y

b: número de pares de elementos em diferentes clusters para método X e método Y

c: número de pares de elementos no mesmo cluster para o método X em diferentes clusters para o método Y

d: número de pares de elementos em diferentes clusters para o método X e nos mesmos clusters para o método Y



$$a = [(1,2);(5,6)] = 2$$
 pares

b =
$$[(1,4),(1,5),(1,6),(2,4),(2,5)(2,6);$$

(3,5),(3,6)] = 8 pares

$$c = [(1,3);(2,3);(4,5);(4,6)] = 4 pares$$

$$d = [(3,4)] = 1 par$$

Rand Index



O Rand Index é definido como:

$$R = \frac{a+b}{a+b+c+d}$$

No nosso exemplo:

$$R = \frac{2+8}{2+8+4+1} = 0,667$$

```
Método 1:

>>> from sklearn import metrics

>>> labels_true = [0, 0, 0, 1, 1, 1]

>>> labels_pred = [0, 0, 1, 1, 2, 2]

>>> metrics.rand_score(labels_true, labels_pred)

0.66...
```

Adjusted Rand Index



Um dos problemas desse método é que caso sejam fornecidos dois datasets com labels gerados aleatoriamente, o *Rand Index* não nos garante um resultado igual a zero.

Para isso, surge o Adjusted Rand index:

$$AR = \frac{\binom{n}{2}(a+d) - [(a+b)(a+c) + (c+d)(b+d)]}{\binom{n}{2}^2[(a+b)(a+c) + (c+d)(b+d)]}$$

Onde:

$$\binom{n}{k} = \frac{n!}{k!(n-k)!}$$

```
>>> metrics.rand_score(labels_true, labels_pred)
0.66...
>>> metrics.adjusted_rand_score(labels_true, labels_pred)
0.24...
```

Adjusted Rand Index



Labels que estão muito diferentes terão valores negativos ou próximos de 0 com o **Adjusted Rand Index**, enquanto que com o **Rand Index** o valor pode não ser tão baixo assim:

```
>>> labels_true = [0, 0, 0, 0, 0, 0, 1, 1]
>>> labels_pred = [0, 1, 2, 3, 4, 5, 5, 6]
>>> metrics.rand_score(labels_true, labels_pred)
0.39...
>>> metrics.adjusted_rand_score(labels_true, labels_pred)
-0.07...
```

Labels idênticos tem resultado igual a 1:

```
>>> labels_pred = labels_true[:]
>>> metrics.rand_score(labels_true, labels_pred)
1.0
>>> metrics.adjusted_rand_score(labels_true, labels_pred)
1.0
```

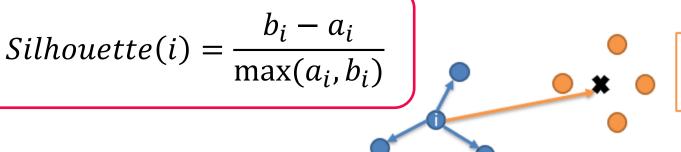
Silhouette



O Silhouette é uma métrica que avalia o "formato" dos clusters obtidos.

Ele é obtido calculando a distância média entre um dado de um agrupamento com todos os outros dados do mesmo cluster (a) e com a média desse mesmo dado com todos os dados do agrupamento mais próximo.

Essa métrica é definida como:



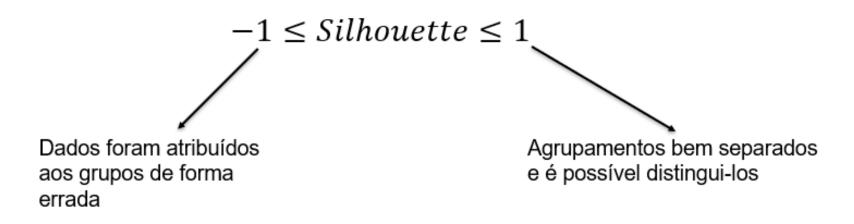
b: distância entre i e o agrupamento mais próximo

a: distância média entre i e todos os pontos de seu agrupamento

Silhouette



A média do Silhouette de todos os dados nos define o quão bom é o nosso agrupamento:



Agrupamentos com problemas

Agrupamentos ok

Referências



- [1] Miguel Bozer, Inteligência Artificial e Computacional, FIAP 2021
- [2] Ronaldo Prati, Mineração de Dados, UFABC 2021.
- [3] Sarajane Peres e Clodoaldo Lima, Técnicas de Agrupamento, USP 2015.
- [4] Andriy Burkov, Machien Learning Engineering, 2020.
- [5] Aurélien Géron, Handos-on Machine Learning with Scikit-Learn & TensorFlow: Concepts, Tools, and Technoques to Build Intelligent Systems, O'Reilly, 2017.





Copyright © 2022 Prof. Henrique Ferreira dos Santos

Todos direitos reservados. Reprodução ou divulgação total ou parcial deste documento é expressamente proíbido sem o consentimento formal, por escrito, do Professor (autor).