PECL4 - Fundamentos de la ciencia de datos

Mario Adï¿½n Herrero Alberto Gonzï¿½lez Martï¿½nez
Branimir Stefanov Yanev Diego Gutiï¿½rrez Marco

22 de diciembre de 2020

Resumen

En el siguiente documento se presentan los resultados y la soluciï¿½n de la PECL4 del laboratorio de Fundamentos de la Ciencia de los Datos. En esta ocasiï¿½n realizaremos una clasificaciï¿½n no supervisada de los datos siguiendo el ejercicio realizado en teoria. Para la resoluciï¿½n del ejercicio utilizaremos el mï¿½todo k-means, que nos permite clasificar estos elementos en funciï¿½n de diferentes centroides.

1. Introducciï¿½n - Clasificaciï¿½n no supervisada

En esta prï¿½ctica utilizaremos el mï¿½todo de clasificaciï¿½n no supervisada k-means como algoritmo para realizar la clasificaciï¿½n. Partiendo de una muestra dada, utilizaremos la media aritmï¿½tica para definir los diferentes centroides de los datos, clasificando asï¿½ los elementos en varios conjuntos, cada uno asociado a uno de los centroides utilizados.

2. Apartado 1 - Anï¿½lisis de clasificaciï¿½n no supervisada

2.1. Introducciï¿½n

En este apartado seguiremos el ejercicio de clasificaciï¿½n no supervisada visto en clase, donde clasificamos los datos de la muestra en en dos clusters. Se tienen los siguientes datos en forma (x,y):

1. (4, 4)
2. (3, 5)
3. (1, 2)
4. (5, 5)
5. (0, 1)
6. (2, 2)
7. (4, 5)

8. (2, 1)

Lo primero que debemos hacer es cargar los datos de la muestra. Para ello los introducimos directamente en la declaraciï¿½n de la matriz: No necesitamos cargar ninguna liberï¿½a adicional ya que nos sirve con el paquete base.

```
> #Cargamos datos matriz
> matriz_datos_iniciales<-matrix(c(4,4,
+                                  3,5,
+                                  1,2,
+                                  5,5,
+                                  0,1,
+                                  2,2,
+                                  4,5,
+                                  2,1),
+                                # Filas, columnas
+                                2,8)
> matriz_datos_iniciales<-t(matriz_datos_iniciales)
```

Ahora podemos establecer los centroides:

```
> #Establecemos los centroides
> centroides <- matrix(c(0,1,2,2),2,2)
> centroides <- t(centroides)
```

Realizamos la clasificaciï¿½n llamando al mï¿½todo k-means. Con 4 iteraciones es suficiente para clasificar los datos:

```
> clasificacion_kmeans = kmeans(matriz_datos_iniciales, centroides, 4)
```

Al imprimir vemos una tabla cuya primera columna indica el centroide asociado al par de datos, mostrados en la segunda y tercera columna:

```
> matriz_datos_clasificados <- cbind(clasificacion_kmeans$cluster,
+                                    matriz_datos_iniciales)
```

Para separar los datos en funciï¿½n del clï¿½ster al que pertenecen, creamos dos vectores y vamos aï¿½adiendo datos a cada uno de los clï¿½sters.

```
> #Matriz de datos del primer cluster
> matriz_cluster1 <- subset(matriz_datos_clasificados,
+                           matriz_datos_clasificados[,1]==1)
> #Matriz de datos del segundo cluster
> matriz_cluster2 <- subset(matriz_datos_clasificados,
+                           matriz_datos_clasificados[,1]==2)
> matriz_cluster1<- matriz_cluster1[,-1]
> matriz_cluster2<- matriz_cluster2[,-1]
> print(matriz_cluster1)
```

```
     [,1] [,2]
[1,]    1    2
[2,]    0    1
[3,]    2    2
[4,]    2    1
```

```
> print(matriz_cluster2)
```

```
     [,1] [,2]
[1,]    4    4
[2,]    3    5
[3,]    5    5
[4,]    4    5
```

3. Apartado 2 - Clasificaciï¿½n no supervisada modificado

En este apartado, desarrollaremos nuestro propio enunciado y la soluciï¿½n de este, realizando un anï¿½lisis de clasificaciï¿½n no supervisada con R.

Vamos a realizar la clasificaciï¿½n de los clientes de una empresa, con el fin de realizar estrategias de marketing enfocadas a sus clientes mï¿½s fieles. Los datos que tenemos serï¿½n las edades de los clientes y el total de compras que han realizado.

```
> # Introducimos los datos
> clientes <- data.frame(edad = c(21,35,26,53,23,43,32,42,45,31,19,53),
+                        compras = c(5,4,6,3,8,3,4,4,2,2,5,1))
```

Realizamos la clasificaciï¿½n por medio del algoritmo k-means, con 3 clï¿½sters.

```
> # Aplicamos k-means
> resultado_kmeans <- kmeans(clientes, 3)
```

Visualizamos, en una tabla, resultado del algoritmo k-means. Podemos observar que la primera columna representa el clï¿½ster y las otras dos columnas, los datos (edad y total de compras).

```
> matriz_resultado <- cbind(resultado_kmeans$cluster, clientes)
```

Separamos, en vectores, la matriz resultante del algortimo k-means, segï¿½n el clï¿½ster al que pertenezcan los datos.

```
> m1 <- subset(matriz_resultado,
+                            matriz_resultado[,1]==1)
> m2 <- subset(matriz_resultado,
+                            matriz_resultado[,1]==2)
> m3 <- subset(matriz_resultado,
+                            matriz_resultado[,1]==3)
> m1<- m1[,-1]
> m2<- m2[,-1]
> m3<- m3[,-1]
> print(m1)
```

```
   edad compras
1    21       5
3    26       6
5    23       8
```

```
7    32       4
10   31       2
11   19       5
```

```
> print(m2)
```

```
  edad compras
2   35       4
6   43       3
8   42       4
9   45       2
```

```
> print(m3)
```

```
   edad compras
4    53       3
12   53       1
```

4. Apartado 3 - Anï¿½lisis paquete de R

Para la tercera y ï¿½ltima parte de la prï¿½ctica, analizaremos y utilizaremos el paquete LearnCrust, el cual, permite hacer cï¿½lculos mediante algoritmos de clustering jerï¿½quico.

Para poder utilizar el paquete primero lo instalamos y cargamos en nuestro entorno de trabajo:

```
> install.packages("LearnClust")
> library(LearnClust)
```

A continuaciï¿½n, haremos uso de algunas funciones de este paquete, las cuales son las siguientes:

**** ENUMERAR TODOS LOS PAQUETES ****

1. AgglomerativeHC
2.
3.
4.

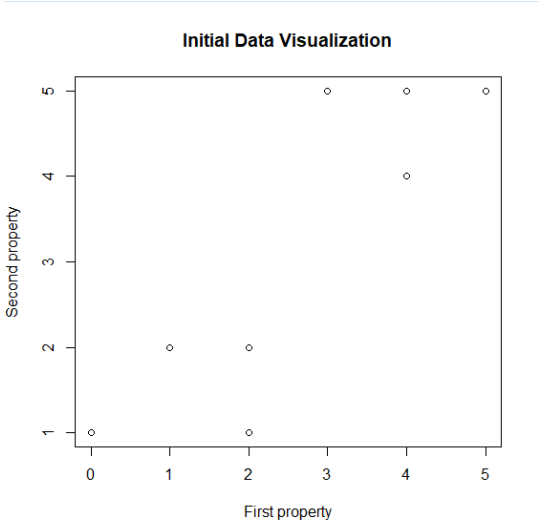
Prueba de funciones del paquete con el enunciado del ejercicio del primer apartado. (Meter mas funciones y comentar lo que hacen)

4.1. Funciï¿½n AgglomerativeHC

Esta funciï¿½n ejecuta el algoritmo de agrupamiento jerï¿½rquico especificando la distancia y tipo de acercamiento. El algoritmo convierte los datos que creamos en un objeto, crea los clusters y calcula una matriz de distancias con los clusters creados aplicando la distancia y acercamiento inidcados a la funciï¿½n. Agrupa los clusters en uno nuevo y repite el mismo proceso hasta que existe un ï¿½nico cluster.

```
> matriz<-matrix(c(4,4,3,5,1,2,5,5,0,1,2,2,4,5,2,1),2,8)
> agglomerativeHC(matriz,'EUC','MAX')

$dendrogram
Number of objects: 2


$clusters
$clusters[[1]]
  X1 X2
1  4  3

$clusters[[2]]
  X1 X2
1  4  5

$clusters[[3]]
  X1 X2
1  4  3
2  4  5


$groupedClusters
  cluster1 cluster2
1        1        2

> lista<-toList(matriz)
```

**** INSERTAMOS LA IMAGEN DE LA GRAFICA Y COMENTAR ****



4.2. Funciï¿½n getCluster

Esta funciï¿½n forma parte del mï¿½todo de agrupamiento jerï¿½rquico. Usando el valor distancia que le pasamos a la funciï¿½n, la funciï¿½n obtiene el cluster con la menor distancia.

```
> distance = 3
> getCluster(distance,matriz)
```

4.3. Funciï¿½n chebyshevDistance

Esta funciï¿½n forma parte del mï¿½todo de agrupamiento jerï¿½rquico. Calcula la distancia de Chebyshev entre dos clusters.

```
> x<-c(1,2,3,4)
> y<-c(5,6,7,8)
> matrizX<-matrix(x,ncol=4)
> matrizY<-matrix(y,ncol=4)
> chebyshevDistance(x,y)

[1] 4

> chebyshevDistance(matrizX,matrizY)

[1] 4
```

4.4. Funciï¿½n normalizeWeight

Esta funciï¿½n permite normalizar pesos. Si el primer parï¿½metro toma valor TRUE, la funciï¿½n convertirï¿½ cualquier valor de paso como un valor "[0:1]". En caso de que el primer parï¿½metro sea FALSE, la funciï¿½n no harï¿½ ningï¿½n cambio y los pesos serï¿½n los mismos.

```
> datos <- data.frame(matrix(c(1:10),ncol = 2))
> weight1 <- c(6.3,3.2)
> weight2 <- c(4.5,3.0)
> normalizeWeight(TRUE, weight1, datos)

[1] 0.6631579 0.3368421

> normalizeWeight(FALSE, weight1, datos)

[1] 6.3 3.2

> normalizeWeight(TRUE, weight2, datos)

[1] 0.6 0.4

> normalizeWeight(FALSE, weight2, datos)

[1] 4.5 3.0
```

4.5. Funciï¿½n newCluster

Esta funciï¿½n forma parte del mï¿½todo de agrupamiento jerï¿½rquico. Crea un cluster a partir de dos clusters dados. Aï¿½ade el nuevo cluster a una lista.

```
> data <- c(1:10)
> list <- toList(data)
> clusters <- c(1,2)
> newCluster(list,clusters)

[[1]]
     [,1] [,2] [,3]
[1,]    1    2    0

[[2]]
     [,1] [,2] [,3]
[1,]    3    4    0

[[3]]
     [,1] [,2] [,3]
[1,]    5    6    1

[[4]]
     [,1] [,2] [,3]
[1,]    7    8    1

[[5]]
     [,1] [,2] [,3]
[1,]    9   10    1

[[6]]
     [,1] [,2] [,3]
[1,]    1    2    1
[2,]    3    4    1
```

5. Conclusiones

En esta prï¿½ctica, se han realizado anï¿½lisis de clasificaciï¿½n no supervisada de datos con R, aplicando el algoritmo k-means, algortimo de clusterizaciï¿½n encargado de agrupar objetos en k grupos basï¿½ndose en sus caracterï¿½sticas. Tambiï¿½n, se ha aplicado y analizado el paquete de R LearnClust, un paquete que contiene funciones que aplican algoritmos clï¿½sicos del agrupamiento jerï¿½rquico ademï¿½s de funciones adicionales que sirve para explicar estos algoritmos paso a paso.