聚类算法

K-Means 层次聚类 DBSCAN



聚类算法简介

■■非监督学习

• 在监督学习任务中,我们有一系列标签的数据 $D = \{X_i, y_i\}_{i=1}^N$,我们需要据此拟合一个函数,使得这个函数能表示输入x与输出y之间的关系。

● 在非监督学习中,我们只有一系列点 $D = \{X_i\}_{i=1}^N$,却没有标签的数据y。

● 在非监督学习中,我们需要将一系列无标签的训练数据,输入到一个算法中, 这个算法将寻找这个数据的内在结构。

■₩聚类

聚类就是对大量未知标注的数据集,按数据的内在相似性将数据集划分为多个 类别,使类别内的数据相似度较大而类别间的数据相似度较小。

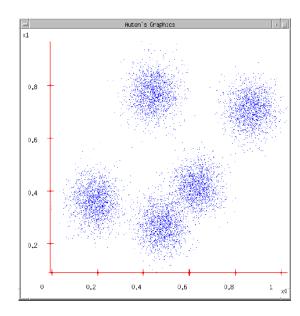
划分原则

• 作用

□ 计算:使用聚类中心而不是原始数据

□ 统计:识别/去除离群点(outliers)

□ 可视化/理解



物以类聚、人以群分

■ 相似度/距离计算方法总结

□ 闵可夫斯基距离Minkowski/欧式距离

$$dist(X,Y) = \left(\sum_{i=1}^{n} |x_i - y_i|^p\right)^{\frac{1}{p}}$$

□ 杰卡德相似系数(Jaccard)

$$J(A,B) = \frac{|A \cap B|}{|A \cup B|}$$

□ 余弦相似度(cosine similarity)

$$\cos(\theta) = \frac{a^T b}{|a| \cdot |b|}$$

□ Pearson相似系数

$$\rho_{XY} = \frac{\text{cov}(X,Y)}{\sigma_X \sigma_Y} = \frac{E[(X - \mu_X)(Y - \mu_Y)]}{\sigma_X \sigma_Y} = \frac{\sum_{i=1}^n (X_i - \mu_X)(Y_i - \mu_Y)}{\sqrt{\sum_{i=1}^n (X_i - \mu_X)^2} \sqrt{\sum_{i=1}^n (Y_i - \mu_Y)^2}}$$

■■聚类的基本思想

- 给定一个有N个对象的数据集,划分聚类技术将构造数据的k个划分, 每一个划分代表一个簇,k≤n。也就是说,聚类将数据划分为k个簇, 而且这k个划分满足下列条件:
 - □ 每一个簇至少包含一个对象
 - □ 每一个对象属于且仅属于一个簇
- 基本思想:对于给定的k,算法首先给出一个初始的划分方法,以后通过反复迭代的方法改变划分,使得每一次改进之后的划分方案都较前一次更好



K-MEANS

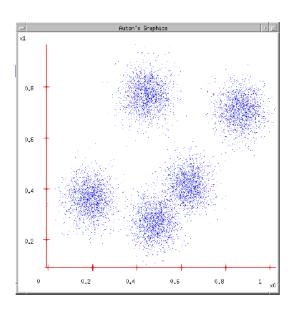
K-means

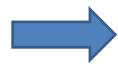
● K-means算法,也被称为k-平均或k-均值,是一种得到最广泛使用的聚类算法,或者成为其他聚类算法的基础。

- 算法首先随机地选择k个对象,每个对象初始地代表了一个簇的平均值或中心。对剩余的每个对象根据其与各个簇中心的距离,将它赋给最近的簇。然后重新计算每个簇的平均值。这个过程不断重复,直到准则函数收敛。
 - □ 准则函数常常使用最小平方误差MSE
 - Minimum Squared-Error

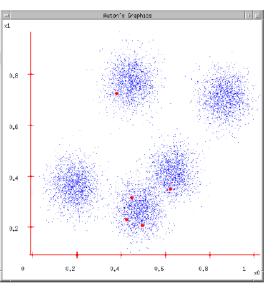
■ K-means步骤(一)

1、给定数据



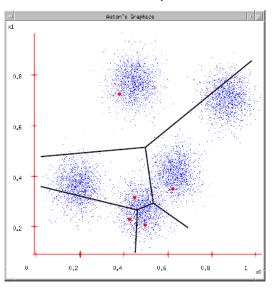


2、确定类别数K(如K=5), 并初始化K个类的中心(如 随机选择K个点)



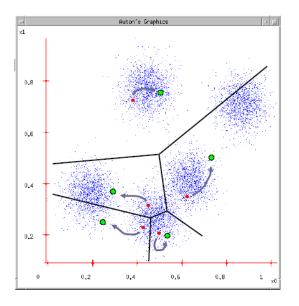
■ K-means步骤(二)

3、对每个数据点,计算离其最近的类(使得每个类拥有自己的一些数据)



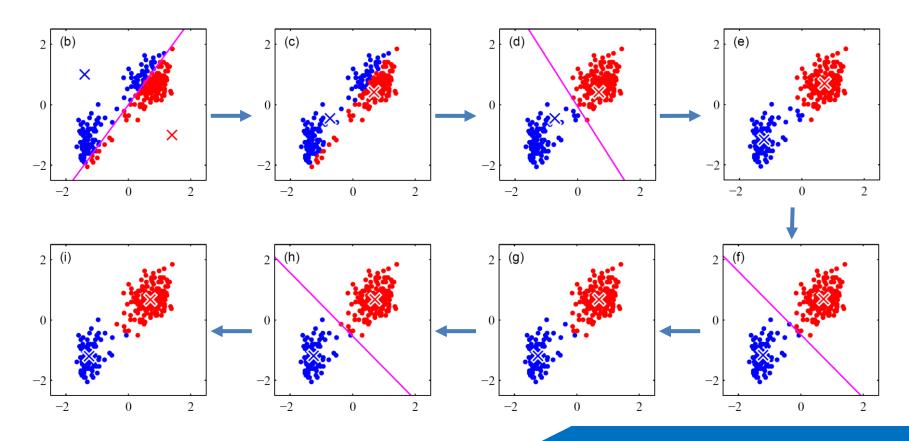


4、对每个类,计算其所有数据的中心,并跳到新的中心



5、重复3~4步,直到数据点所属类别类不再改变

■ K-means过程



■ K-means的优化目标

• 均值µ和数据点所属集合C的势能函数为

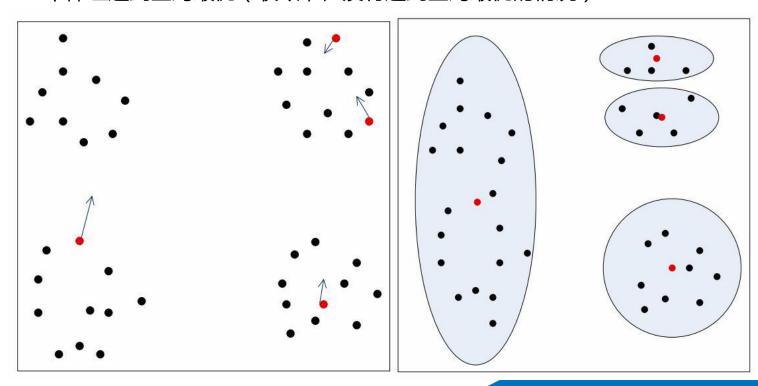
$$F\left(\mathbf{\mu},C\right) = \sum_{i=1}^{N} \left(\mathbf{\mu}_{C(i)} - \mathbf{x}_{i}\right)^{2}$$

$$- C(i): 样本点i所属的簇$$
 平方误差损失

• K-means的优化目标 $\min_{\mathbf{u}} \min_{C} F(\mathbf{\mu}, C)$

■ K-means初值敏感

K-means不保证达到全局最优(收敛,但没有达到全局最优的情况)



■■解决方案

- 仔细寻找初始值
 - □ 随机确定第一个类的中心,其他类中心的位置尽量远离已有类的中心;
 - □ Scikit learn中K-means实现中参数(init='k-means++')将初始化centroids(质心)彼此远离,得到比随机初始化更好的结果。

● 重复多次(如10次),每次初始值不同,最后选择使目标函数最小的结果

■ K-means聚类的优缺点

- 优点
 - □ 是解决聚类问题的一种经典算法,简单、快速
 - □ 对处理大数据集,该算法保持可伸缩性和高效率
 - □ 当结果簇是密集的,它的效果较好

● 缺点

- □ 在簇的平均值可被定义的情况下才能使用,可能不适用于某些应用
- □ 必须事先给出k(要生成的簇的数目),而且对初值敏感,对于不同的初始值,可能会导致不同结果。
- □ 不适合于发现非凸形状的簇或者大小差别很大的簇
- □ 对躁声和孤立点数据敏感

■ Scikit learn中的K-means实现

- class sklearn.cluster.KMeans(n_clusters=8, init=' kmeans++' , n_init=10, max_iter=300, tol=0.0001, precompute_distances=' auto' , verbose=0, random_state=None, copy_x=True, n_jobs=1,algorithm=' auto')
 - □ n_clusters: 聚类数量, 默认为8
 - □ init: 初始化质心,可以是 'k-means++' 、 'random' 或者数组
 - □ n_init: 重复次数。为了弥补初始质心的影响而使算法陷入局部极值点,算法默认会初始10个质心,实现聚类,然后返回多次聚类的最好结果。
 - □ precompute_distances: 这个参数会在空间和时间之间做权衡
 - True: 存储样本之间的距离(快但是占用更多内存)
 - False: 不预计算存储样本之间的距离
 - auto: 在数据样本大于featurs*samples 的数量大于12M时设置为False

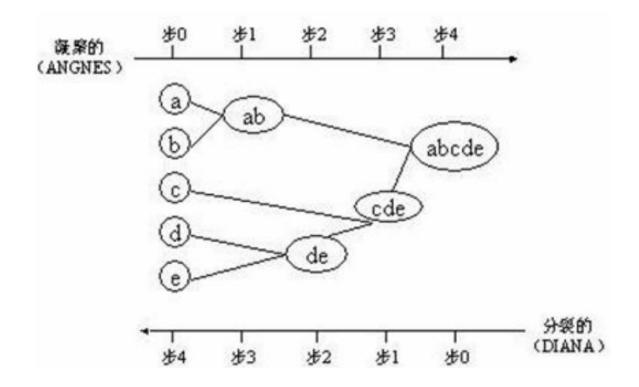


层级聚类

■■ 层次聚类方法

- 层次聚类 (Hierarchical clustering, 也称系统聚类法) 是最经 典和常用的聚 类方法之一
 - □ 能找到任意形状的类,而且不需指定别数能找到任意形状的类,而且不需指定别数 K
 - □ 需要 度量样本点之间的 距离以及类 与距离以及类 与之间的联接 之间的联接 (linkage) 程度
- 系统聚类法包括两种
 - 聚合方法 (agglomerative) / 自下而上 自下而上:
 - 初始:每个样本作为单独的一类
 - 聚合:根据类间联接程度,合并相近的类,直到所有成一个合并相近的类,直到所有成一个
 - □ 分裂 方法 (divisive) / 自上而 自上而 下
 - 初始: 所有样本置于一个类
 - 分裂:一个类不断地分为更小的类,直到每个样本体单独为一更小的类,直到每个样本体单独为一更小的类,直到每个样本体单独为一更小的类,直到每个样本体单独为一更小的类,直到每个样本体单独为一更小的类,直到每个样本体单独为一个类

■ 层次聚类



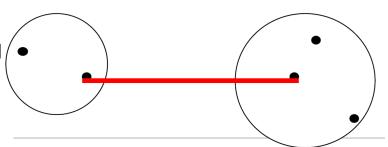
■■ 类间联系程度度量

在合并两个最近的类别时,需要度量两个类别之间的距离。距离度量可选:

1.最小距离法

- 极小异常值在实际中不多出现,避免极大值的影响,
- 趋向于产生一个长链

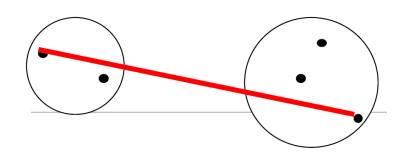
$$d_{\min}\left(C_{k}, C_{k'}\right) = \min_{x \in C_{k}, x' \in C_{k'}} \left\|\mathbf{x} - \mathbf{x'}\right\|$$



2. 最大距离法

- 可能被异常极大值扭曲,删除这些值之后再聚类
- 趋向于产生产生一些紧致的类别

$$d_{\max}\left(C_{k}, C_{k'}\right) = \max_{\mathbf{x} \in C_{k}, \mathbf{x}' \in C_{k'}} \|\mathbf{x} - \mathbf{x}'\|$$



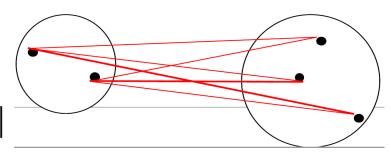
■■ 类间联系程度度量

在合并两个最近的类别时,需要度量两个类别之间的距离。距离度量可选:

3. 类平均距离法

- 类间所有样本点的平均距离
- 利用了所有样本的信息,被认为是较好的系统聚类

$$d_{avg}\left(C_{k}, C_{k'}\right) = \frac{1}{N_{k}N_{k'}} \sum_{\mathbf{x} \in C_{k}} \sum_{\mathbf{x}' \in C_{k'}} \|\mathbf{x} - \mathbf{x}'\|$$

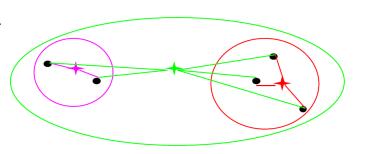


4. 离差平方和法

● 分别计算类Ck和Ck'内各点到其均值的欧氏距离平方和Wk和Wk';然后将两个类的点合并为一个类Cm并计算Wm

$$d_{ward} = W_{\rm m} - W_{C_k} - W_{C_{k'}}$$

- 对异常值很敏感;
- 对较大的类倾向产生较大的距离,从而不易合并,较符合实际需要。



■ Scikitlearn中的层次聚类

sklearn.cluster.AgglomerativeClustering(n_clusters=2, affinity='euclidean', memory=None, connectivity=None, compute_full_tree='auto', linkage='ward', pooling_func=<function mean at 0x174b938>)

```
□ n_clusters:聚类数量,默认为2
□ affinity:距离度量。默认为" euclidean";如果linkage选择为 'ward',只能用" euclidean";
□ linkage: { "ward", "complete", "average"}, optional, 默认为 "ward"
```

• ward: 最小距离法

• complete: 最大距离法

• average: 类平均距离法

■■ 层次聚类的总结

- 得到层次化的结果,而不是一堆无组织类别
 - □ 一棵表示类别及其之间距离的树(称为 dendrogram dendrogram)
- 层次聚类是一个确定的过程:没有参数
 - □ 如果只想得到 K类,则剪掉 K-1个最长的类

- 但对层次聚类没有统计和信息基础
- 运算量较大,适用于不太大规模的数据
- 一旦完成 一个 步骤 (合并或分裂), 就不能撤销或修正



DBSCAN

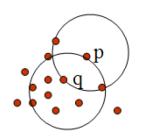
■■ 基于密度的聚类方法

- 密度聚类方法的指导思想是,只要一个区域中的点的密度大于某个阈值, 就把它加到与之相近的聚类中去。
- 能克服基于距离的算法只能发现"类圆形"(凸)的聚类的缺点,可发现任意形状的聚类,且对噪声数据不敏感。但计算密度单元的计算复杂度大,需要建立空间索引来降低计算量。
- 但计算密度过程的计算复杂度大,需要建立空间索引来降低计算量,且对数据维的伸缩性较差。
- DBSCAN是一个有代表性的基于密度的聚类算法。可在有"噪声"的空间数据库中发现任意形状。

■■基本概念

DBSCAN基本思想涉及的一些概念:

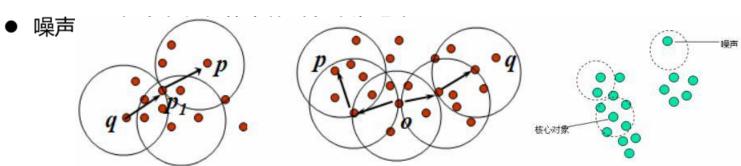
- 对象的ε-邻域:给定对象在半径ε内的区域。
- 核心对象:对于给定的数目Minpts为m,如果一个对象的ε-邻域至少包含m个对象,则称该对象为核心对象。
- 直接密度可达:给定一个对象集合D,如果p是在q的ε-邻域内,而q是一个核心对象,我们说对象p从对象q出发是直接密度可达的



- ε=1 , MinPts=5 , q是一个核心对象
- 对象p从对象q出发是直接密度可达的

■■基本概念

- 密度可达:如果存在一个对象链 p_1, p_2, \cdots, p_n , $p_1 = q$, $p_n = p$, 对 $p_i \in D$, (1≤i ≤n), p_{i+1} 是从 p_i 关于 ϵ 和m直接密度可达的,则对象p是从对象q关于 ϵ 和m密度可达的。
- 密度相连:如果对象集合D中存在一个对象ο,使得对象p和q是从ο关于ε和m密度可达的,那么对象p和q是关于ε和m密度相连的。
- 簇:一个基于密度的簇是最大的密度相连对象的集合。



DBSCAN

DBSCAN通过检查数据集中每个对象的ε-邻域来寻找聚类。

- 参数:
 - 给定聚类对象的半径ε-邻域
 - □ ε-邻域中最小包含的对象数 MinPts
- 如果一个点p的ε-邻域包含多于Minpts个对象,则创建一个p作为核心对象的新簇。
- 反复地寻找从这些核心对象直接密度可达的对象,这个过程可能涉及密度可 达簇的合并。当没有新的点可以被添加到任何簇时,该过程结束。
 - □ 一个基于密度的簇是可达性最大相连对象集合
- 不包含在任何簇中的对象被认为是"噪声"。

DBSCAN

DBSCAN通过检查数据集中每个对象的ε-邻域来寻找聚类。

- 参数:
 - 给定聚类对象的半径ε-邻域
 - □ ε-邻域中最小包含的对象数 MinPts
- 如果一个点p的ε-邻域包含多于Minpts个对象,则创建一个p作为核心对象的新簇。
- 反复地寻找从这些核心对象直接密度可达的对象,这个过程可能涉及密度可 达簇的合并。当没有新的点可以被添加到任何簇时,该过程结束。
 - □ 一个基于密度的簇是可达性最大相连对象集合
- 不包含在任何簇中的对象被认为是"噪声"。

■ 例子

下面给出一个样本事务数据库(见左表),对它实施DBSCAN算法。以下为算法的步骤(设n=12,用户输入 $\epsilon=1$,MinPts=4)

样本事务数据库

DBSCAN算法执行过程示意

12

_10

11

序号	属性1	属性2
1	1	0
2	4	0
3	0	1
4	1	1
5	2	1
6	3	1
7	4	1
8	5	1
9	0	2
10	1	2
11	4	2
12	1	3

			2.9	
步骤	选择的点	在ε中点的个数	通过计算可达点而找到的新簇	. 3
1	1	2	无	1
2	2	2	无	0
3	3	3	无	
4	4	5	簇C ₁ : {1, 3, 4, 5, 9, 10}	
5	5	3	己在一个簇C ₁ 中	
6	6	3	无	
7	7	5	簇C ₂ : {2, 6, 7, 8, 11}	
8	8	2	己在一个簇C ₂ 中	
9	9	3	己在一个簇C ₁ 中	
10	10	4	簇C ₁ : {1, 3, 4, 5, 9, 10, 12}	
11	11	2	己在一个簇C ₂ 中	
12	12	2	已在一个簇C ₁ 中	

聚出的类为{1, 3, 4, 5, 9, 11, 12}, {2, 6, 7, 8, 10}。

■ Scikitlearn中DBSCAN算法的实现

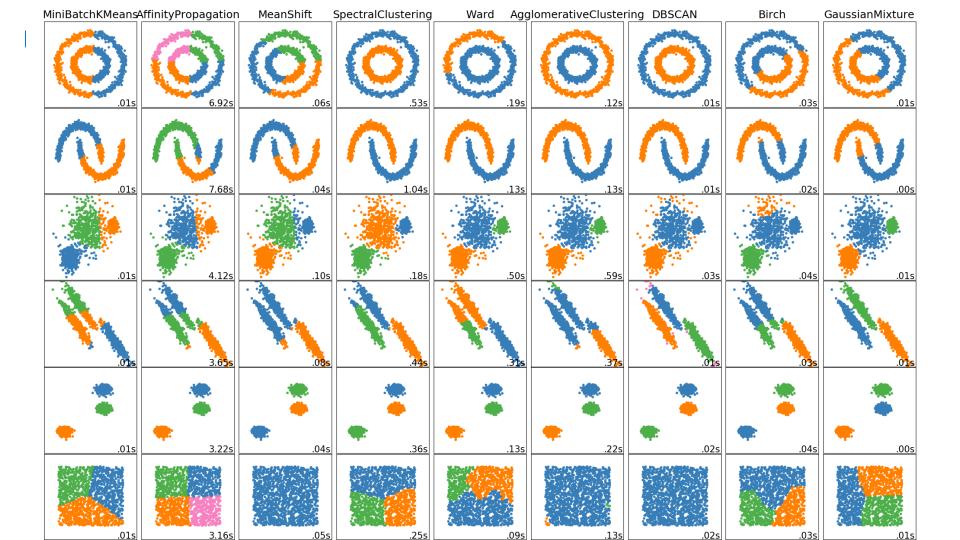
class sklearn.cluster.DBSCAN(eps=0.5, min_samples=5, metric='euclidean', metric_params=None, algorithm='auto', leaf_size=30, p=None, n_jobs=1)

```
□ Eps:为ε,定于邻域大小
```

- □ min_samples:为MinPts,定于核心节点的条件,即邻域内样本点的最小数目。
- □ algorithm为最近邻的搜索算法,可 'auto', 'ball_tree', 'kd_tree', 'brute'



案例分析



■■案列分析

MNIST手写数字识别聚类