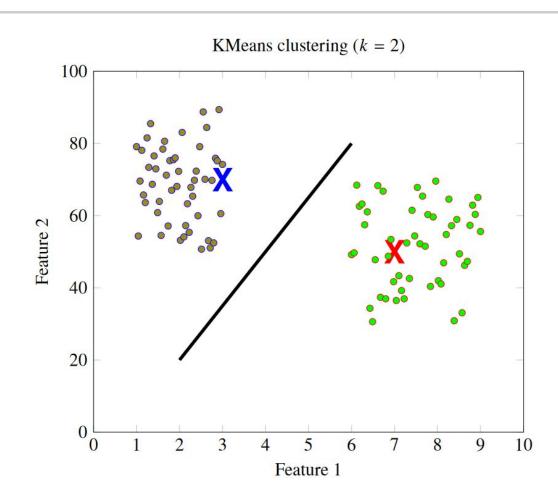
# Machine Learning

# Clustering

Christian Oliva Moya Pedro Ramón Ventura Gómez

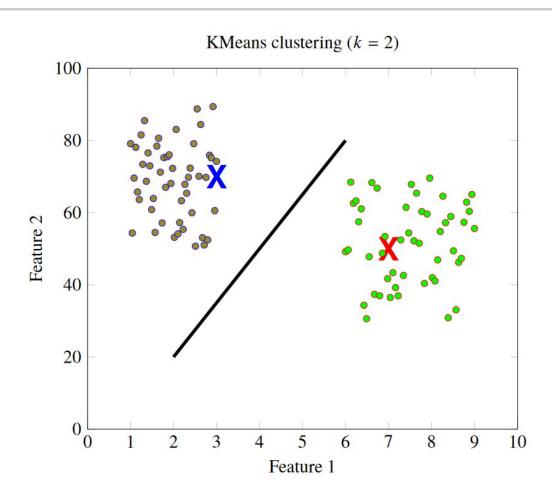
- ¿Qué es clustering?
- ¿Diferencias entre aprendizaje supervisado y no supervisado?
- ¿Cuál es el objetivo de los algoritmos de clustering?
- ¿Qué significa proximidad o similitud?

¿Esto es clustering?

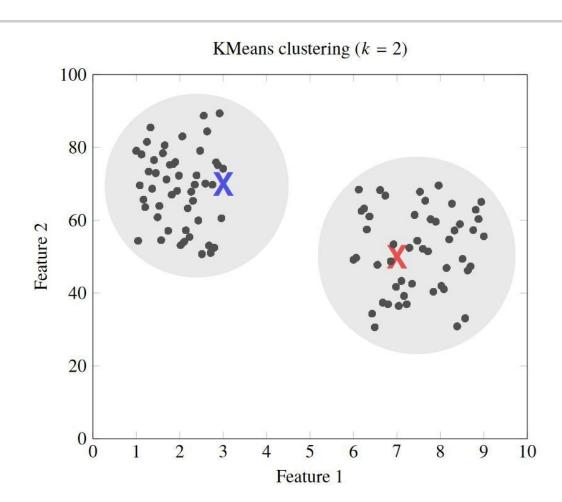


¿Esto es clustering?

NO!! Es un clasificador lineal



Esto SÍ es clustering



#### Introducción - Recordatorio

Clasificación	Clustering
Los datos están etiquetados (supervisado)	No hay etiquetas (no supervisado)

Los nuevos datos se agrupan según una métrica de proximidad

Objetivo: Objetivo:

Etiquetar correctamente datos no vistos Identificar estructuras/patrones en los datos

# Introducción - Objetivos del clustering

Escalabilidad

El algoritmo debe ser escalable incluso con grandes cantidades de datos

Robustez

Los outliers deben detectarse con precisión

Independencia del orden

Diferente orden en la entrada no debe conducir a diferentes resultados finales

Mínima elección de hiperparámetros definidos por el usuario

#### Introducción - Distancia

Distancia Minkowski

$$d(x_i, x_j) = (|x_{i,1} - x_{j,1}|^g + |x_{i,2} - x_{j,2}|^g + \dots + |x_{i,p} - x_{j,p}|^g)^{1/g}$$

Si 
$$g = 2 \Rightarrow Euclidean$$

Si 
$$g = 1 \Rightarrow Manhattan$$

# Introducción - ¿Qué vamos a ver?

- Clustering jerárquico (o de conectividad)
  - Aglomerativo
- Clustering basado en centroides
  - K-means y K-medoids
- Clustering basado en mezcla de gaussianas
  - Expectation Maximization
- Clustering basado en densidades
  - DBSCAN

# Clustering Aglomerativo

Jerárquico

Clustering jerárquico (o de conectividad):

Los datos se van conectando (agrupando) de forma escalonada según los más próximos

Veamos un ejemplo:

Clustering jerárquico (o de conectividad):

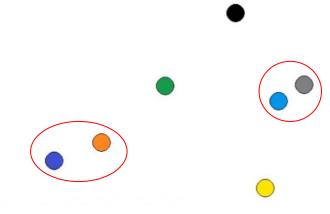
Los datos se van conectando (agrupando) de forma escalonada según los más próximos

Paso 1:

Clustering jerárquico (o de conectividad):

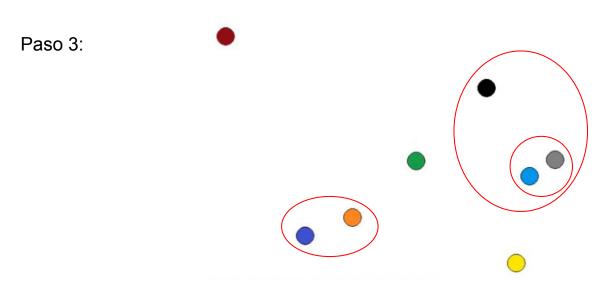
Los datos se van conectando (agrupando) de forma escalonada según los más próximos

Paso 2:



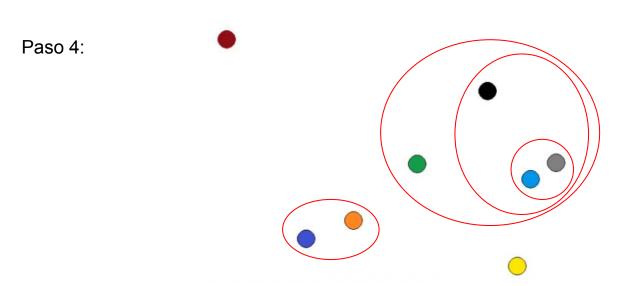
Clustering jerárquico (o de conectividad):

Los datos se van conectando (agrupando) de forma escalonada según los más próximos



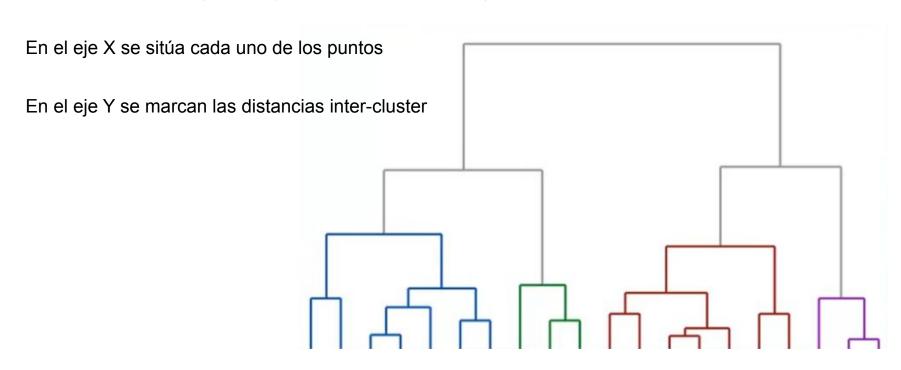
Clustering jerárquico (o de conectividad):

Los datos se van conectando (agrupando) de forma escalonada según los más próximos



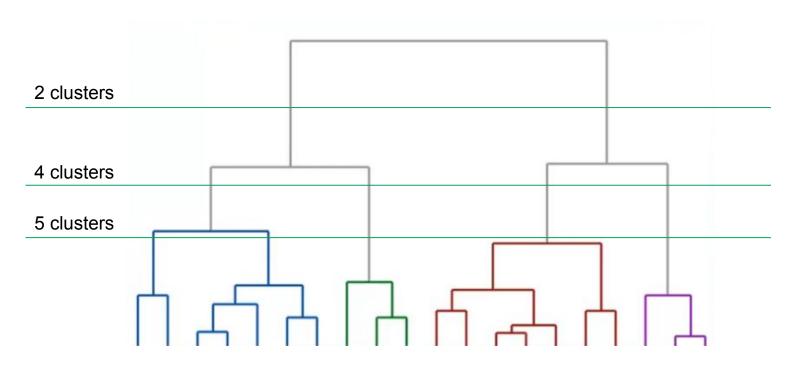
# Clustering jerárquico - Dendrograma

El resultado de los algoritmos jerárquicos es un dendrograma:



# Clustering jerárquico - Dendrograma

Se obtiene el clustering cortando el dendrograma a nivel deseado



## Clustering jerárquico - Dendrograma

#### Ventajas

- Particiones múltiples: no es necesario especificar el número de clusters, puedo elegir el número de particiones a posteriori partiendo el dendrograma
- El dendrograma da mucha información para interpretar los datos

#### Inconvenientes

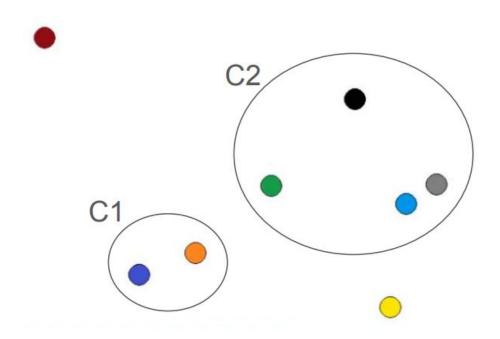
Es un algoritmo Greedy. No se pueden deshacer los pasos previos

Es necesario definir cómo medimos las distancias inter-cluster

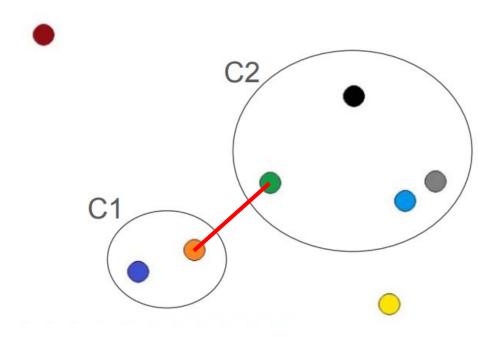
# Clustering jerárquico - Algoritmo

- Inicialmente, cada punto forma un singleton cluster
- El objetivo es ir conectando clusters cuya distancia sea mínima
- Estrategias de enlazado (Linkage):
  - Single-link: distancia mínima entre puntos
  - Average-link: distancia media entre puntos
  - Complete-link: distancia máxima entre puntos
  - Centroid-link: distancia entre los centroides de los clusters
  - Otros

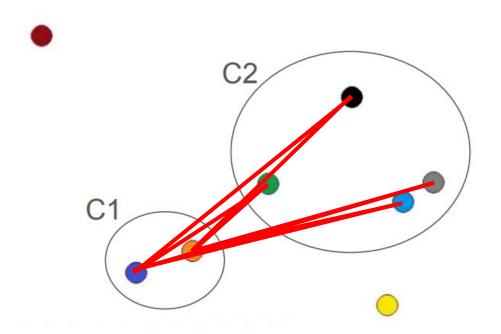
• ¿Cómo defines la distancia entre los clusters C1 y C2?



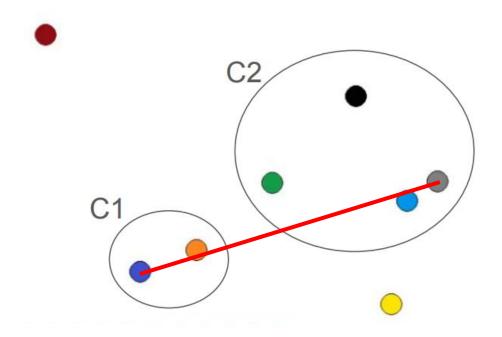
Single Linkage: distancia mínima: dist(C1, C2).min()



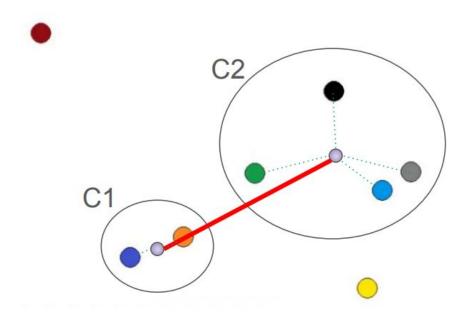
• Average Linkage: distancia media: dist(C1, C2).mean()



• Complete Linkage: distancia máxima: dist(C1, C2).max()



Centroid Linkage: distancia entre centroides: dist(C1.mean(), C2.mean())



## Clustering jerárquico - Algoritmo aglomerativo

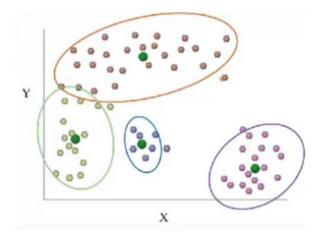
- En el notebook 11\_1\_clustering\_aglomerativo.ipynb tenéis:
  - Una implementación manual del algoritmo aglomerativo
  - La explicación del uso de las librerías linkage y fcluster de scipy.cluster.hierarchy
  - Un ejemplo de clustering sobre los datos de MNIST

# Clustering K-Means

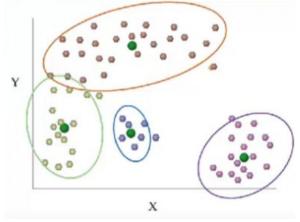
Basado en centroides

# Clustering basado en centroides

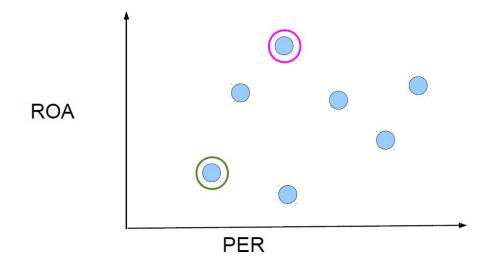
- Es necesario definir cuántos grupos se van a formar (hiperparámetro K)
- Estos grupos se basan en la similitud a los centroides
   Como ya hemos visto, un centroide es el punto promedio de los puntos de un cluster
- El centroide puede representar al grupo correspondiente



- Se define previamente el valor K
- Se inicializan los centroides en K instancias del conjunto de entrenamiento
- Proceso iterativo: Mientras los centroides se vayan modificando
  - Asignación: Asignar a cada instancia el cluster más cercano
  - Actualización: Calcular los centroides de los K clusters



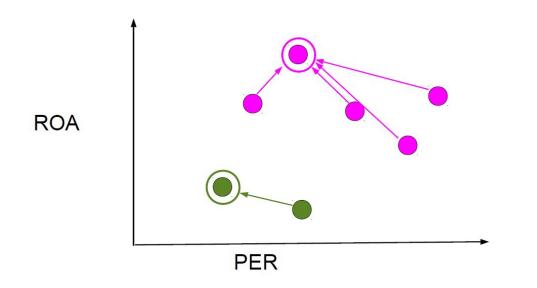
- Se muestra un ejemplo:
  - Se define K = 2 como hiperparámetro
  - Se inicializan los centroides en K=2 instancias aleatorias del conjunto de entrenamiento



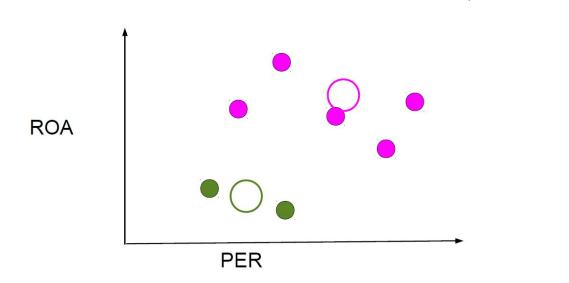
- Mientras los centroides se vayan modificando:
  - Asignación: Asignar a cada instancia el cluster más cercano



Actualización: Calcular los centroides de los K clusters



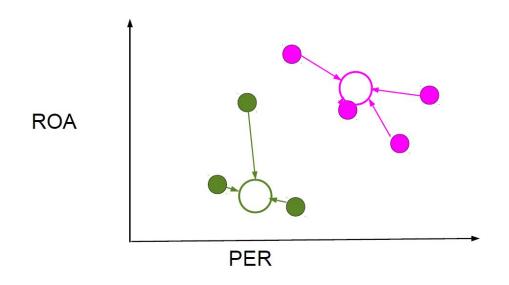
- Mientras los centroides se vayan modificando:
  - Asignación: Asignar a cada instancia el cluster más cercano
  - o Actualización: Calcular los centroides de los K clusters



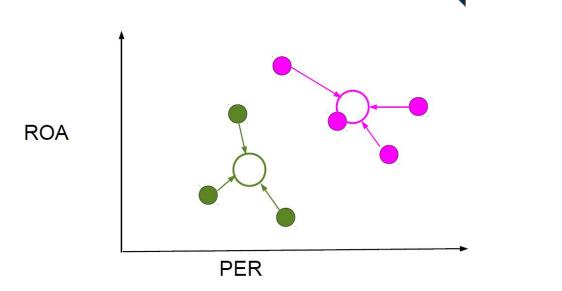
- Mientras los centroides se vayan modificando:
  - Asignación: Asignar a cada instancia el cluster más cercano



Actualización: Calcular los centroides de los K clusters



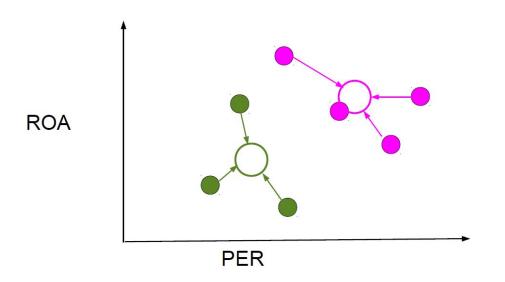
- Mientras los centroides se vayan modificando:
  - Asignación: Asignar a cada instancia el cluster más cercano
  - o Actualización: Calcular los centroides de los K clusters



- Mientras los centroides se vayan modificando:
  - Asignación: Asignar a cada instancia el cluster más cercano



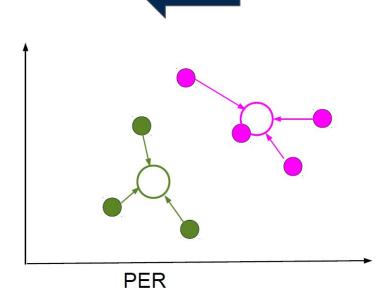
Actualización: Calcular los centroides de los K clusters



- Mientras los centroides se vayan modificando:
  - Asignación: Asignar a cada instancia el cluster más cercano
  - o Actualización: Calcular los centroides de los K clusters

Ya no se mueven los centroides. Fin del algoritmo

ROA



#### Ventajas:

- Baja complejidad y fácil interpretación
- Adaptabilidad a datos dispersos

#### Inconvenientes:

- Alta sensibilidad a la partición inicial
- Alta sensibilidad a datos ruidosos y outliers
- Válido solo para datos numéricos (hay que definir la media)
- Necesario definir el valor K. No es trivial

### Clustering basado en centroides - K-means

Vamos al notebook 11\_2\_kmeans.ipynb

En este notebook vamos a ver también un poco sobre proyección a 2D para visualizar

#### Clustering basado en centroides - K-medoids

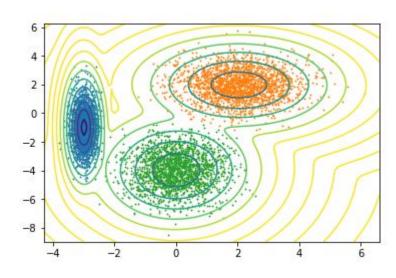
- K-medoids es similar a K-means, pero los centroides se reemplazan por medoids
   Un medoid es el ejemplo más cercano al centroide del cluster
- El algoritmo PAM (Partitioning Around Medoids) consiste en lo siguiente:
  - Se define previamente el valor K
  - Se inicializan los medoids en K instancias del conjunto de entrenamiento
  - o Proceso iterativo: Mientras se mejore la función de coste durante la iteración
    - Asignación: Asignar a cada instancia el medoid más cercano
    - Actualización: Calcular el coste de intercambiar cada instancia con su medoid. El nuevo medoid será la instancia cuyo intercambio genera menor coste.

## Clustering EM

Basado en mezcla de Gaussianas

Expectation-Maximization (EM) describe probabilísticamente los grupos
 K-means asume que los datos se organizan en K grupos según los centroides (medias)
 EM asume K distribuciones estadísticas (Gaussianas: medias y varianzas)

 Es un algoritmo SOFT, donde un punto pertenece a varios clusters con una probabilidad



Teorema de Bayes

$$P(G_j|x_i) = \frac{P(x_i|G_j)P(G_j)}{P(x_i)}$$

donde:

- $\circ$   $P(G_i | x_i)$  es la probabilidad de que  $x_i$  pertenezca a  $G_i \to Probabilidad a posteriori$
- $\circ$   $P(G_i)$  es la probabilidad de pertenecer a la gaussiana  $G_i \to Probabilidad$  a priori
- o  $P(x_i)$  es la probabilidad de seleccionar el elemento  $x_i \rightarrow \text{Evidencia}$
- $\circ$   $P(x_i | G_i)$  es la verosimilitud (likelihood), que sigue una distribución gaussiana:

$$P(x_i|G_i) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma_j^2}} exp(-\frac{(x_i - \mu_j)^2}{2\sigma_j^2})$$

$$P(G_j|x_i) = \frac{P(x_i|G_j)P(G_j)}{P(x_i)}$$

$$P(x_i|G_i) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma_j^2}} exp(-\frac{(x_i - \mu_j)^2}{2\sigma_j^2})$$

- Asumimos que:
  - o  $P(G_j)$  es la probabilidad de pertenecer a la gaussiana  $G_j \to \text{Probabilidad a priori}$ No conocemos los prioris  $\to P(G_i) = 1$  / K para todas las gaussianas.
  - P(x<sub>i</sub>) es la probabilidad de seleccionar el elemento x<sub>i</sub> → Evidencia
     La probabilidad de cada punto es igual para todos → P(x<sub>i</sub>) = 1 / n para todos los puntos.

#### • Ejemplo:

$$X = (x_1 = 3, x_2 = 2, x_3 = -3, x_4 = -2) \text{ y } K = 2$$
  
 $G_1 = (\mu_1 = 2.0, \sigma_1 = 1.0) \text{ y } G_2 = (\mu_2 = -2.0, \sigma_2 = 1.0)$ 

Calculamos los prioris y las evidencias:

$$P(G_j|x_i) = \frac{P(x_i|G_j)P(G_j)}{P(x_i)}$$

$$P(x_i|G_i) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma_j^2}} exp(-\frac{(x_i - \mu_j)^2}{2\sigma_j^2})$$

$$P(G_j|x_i) = \frac{P(x_i|G_j)P(G_j)}{P(x_i)}$$

#### Ejemplo:

$$X = (x_1 = 3, x_2 = 2, x_3 = -3, x_4 = -2)$$
 y  $K = 2$   
 $G_1 = (\mu_1 = 2.0, \sigma_1 = 1.0)$  y  $G_2 = (\mu_2 = -2.0, \sigma_2 = 1.0)$ 

$$P(x_i|G_i) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma_j^2}} exp(-\frac{(x_i - \mu_j)^2}{2\sigma_j^2})$$

#### Calculamos los prioris y las evidencias:

$$P(G_1) = P(G_2) = 1/2 = 0.5$$
  
 $P(x_1) = P(x_2) = P(x_3) = P(x_4) = 1/4 = 0.25$ 

Calculamos verosimilitudes G1:

Calculamos verosimilitudes G2:

$$P(G_j|x_i) = \frac{P(x_i|G_j)P(G_j)}{P(x_i)}$$

#### • Ejemplo:

$$X = (x_1 = 3, x_2 = 2, x_3 = -3, x_4 = -2)$$
 y  $K = 2$   
 $G_1 = (\mu_1 = 2.0, \sigma_1 = 1.0)$  y  $G_2 = (\mu_2 = -2.0, \sigma_2 = 1.0)$ 

# $P(x_i|G_i) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma_j^2}} exp(-\frac{(x_i - \mu_j)^2}{2\sigma_j^2})$

Calculamos las probabilidades:

#### Calculamos los prioris y las evidencias:

$$P(G_1) = P(G_2) = 1/2 = 0.5$$
  
 $P(x_1) = P(x_2) = P(x_3) = P(x_4) = 1/4 = 0.25$ 

#### Calculamos verosimilitudes G1:

#### Calculamos verosimilitudes G2:

$$P(x1 | G1) = ... = 0.241971$$
  $P(x1 | G2) = ... = 0.000001$   $P(x2 | G1) = ... = 0.398942$   $P(x2 | G2) = ... = 0.000134$   $P(x3 | G1) = ... = 0.000001$   $P(x3 | G2) = ... = 0.241971$   $P(x4 | G1) = ... = 0.000134$   $P(x4 | G2) = ... = 0.398942$ 

$$P(G_j|x_i) = \frac{P(x_i|G_j)P(G_j)}{P(x_i)}$$

#### Ejemplo:

$$X = (x_1 = 3, x_2 = 2, x_3 = -3, x_4 = -2)$$
 y  $K = 2$   
 $G_1 = (\mu_1 = 2.0, \sigma_1 = 1.0)$  y  $G_2 = (\mu_2 = -2.0, \sigma_2 = 1.0)$ 

$$P(x_i|G_i) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma_j^2}} exp(-\frac{(x_i - \mu_j)^2}{2\sigma_j^2})$$

#### Calculamos los prioris y las evidencias:

$$P(G_1) = P(G_2) = 1/2 = 0.5$$
  
 $P(x_1) = P(x_2) = P(x_3) = P(x_4) = 1/4 = 0.25$ 

#### Calculamos verosimilitudes G1:

#### $P(x1 \mid G1) = ... = 0.241971$

$$P(x2 \mid G1) = \dots = 0.398942$$

$$P(x3 \mid G1) = \dots = 0.000001$$

$$P(x4 \mid G1) = \dots = 0.000134$$

#### Calculamos verosimilitudes G2:

$$P(x1 \mid G2) = ... = 0.000001$$

$$P(x2 \mid G2) = ... = 0.000134$$

$$P(x3 \mid G2) = \dots = 0.241971$$

$$P(x4 \mid G2) = ... = 0.398942$$

#### Calculamos las probabilidades:

$$P(G1 \mid x1) = ... = 0.483941$$

$$P(G1 \mid x2) = ... = 0.797884$$

$$P(G1 \mid x3) = ... = 0.000003$$

$$P(G1 \mid x4) = ... = 0.000268$$

$$P(G2 \mid x1) = ... = 0.000003$$

$$P(G2 \mid x2) = ... = 0.000268$$

$$P(G2 \mid x3) = ... = 0.483941$$

$$P(G2 \mid x4) = ... = 0.797884$$

#### Ejemplo:

Asignamos al cluster con mayor probabilidad:

$$P(G_1 | x_1) = \dots = 0.483941 \rightarrow 0.9999999$$
 $P(G_2 | x_1) = \dots = 0.000003 \rightarrow 0.000001$ 
 $P(G_1 | x_2) = \dots = 0.797884 \rightarrow 0.999664$ 
 $P(G_2 | x_2) = \dots = 0.000268 \rightarrow 0.000336$ 
 $P(G_1 | x_3) = \dots = 0.000003 \rightarrow 0.000001$ 
 $P(G_2 | x_3) = \dots = 0.483941 \rightarrow 0.999999$ 
 $P(G_1 | x_4) = \dots = 0.000268 \rightarrow 0.000336$ 
 $P(G_2 | x_4) = \dots = 0.797884 \rightarrow 0.999664$ 

#### Algoritmo EM:

- Inicializar de forma aleatoria las gaussianas. Por ejemplo:
   Los K puntos de partida son puntos del conjunto de datos de entrenamiento
   Se calculan las K medias y varianzas de los datos más cercanos a cada punto de partida
- Mientras no converja el algoritmo:
  - Paso 1: Expectation (asignación a grupos)
  - Paso 2: Maximization (actualización de medias y varianzas)

• Paso 1: Expectation: Asignar cada elemento  $x_i$  al cluster  $S_i$  cuya verosimilitud sea máxima:

$$P(x_{i}|G_{i}) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma_{j}^{2}}} exp(-\frac{(x_{i} - \mu_{j})^{2}}{2\sigma_{j}^{2}})$$

$$\theta_{ij} = P(G_{j}|x_{i}) = \frac{P(x_{i}|G_{j})P(G_{j})}{P(x_{i})}$$

$$S_i = S_i \cup \{ argMax(\theta_{ij}) \text{ for each } j \text{ in range}(K) \}$$

Paso 2: Maximization: Recalcular los parámetros para cada Gaussiana G<sub>i</sub>

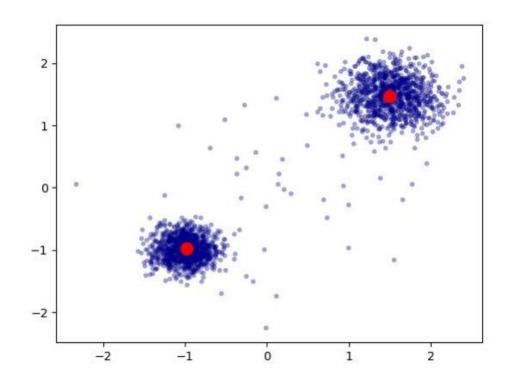
$$\mu_j^{(t+1)} = \frac{\sum \theta_{ij}^{(t)} x_i}{\sum \theta_{ij}^{(t)}} \quad \sigma_j^{2:(t+1)} = \frac{\sum \theta_{ij}^{(t)} (x_i - \mu_j^{(t+1)})^2}{\sum \theta_{ij}^{(t)}}$$

Notebook 11\_3\_clustering\_em.ipynb

# Clustering DBScan

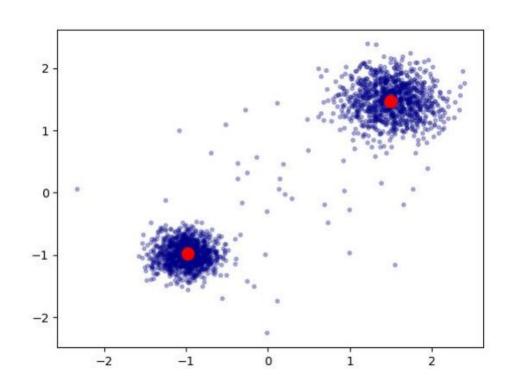
Basado en densidades

- ¿Qué es clustering?
- ¿Esto es clustering?

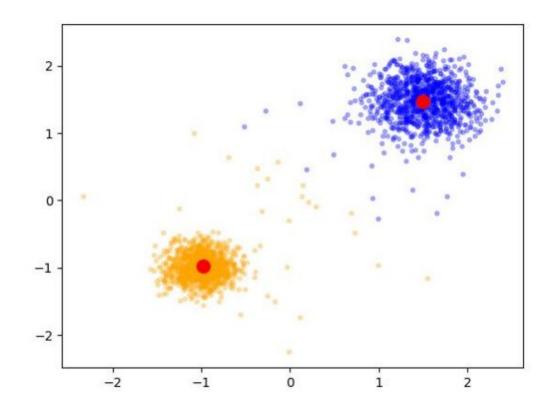


- ¿Qué es clustering?
- ¿Esto es clustering?

Sí, ya que encuentro dos grupos

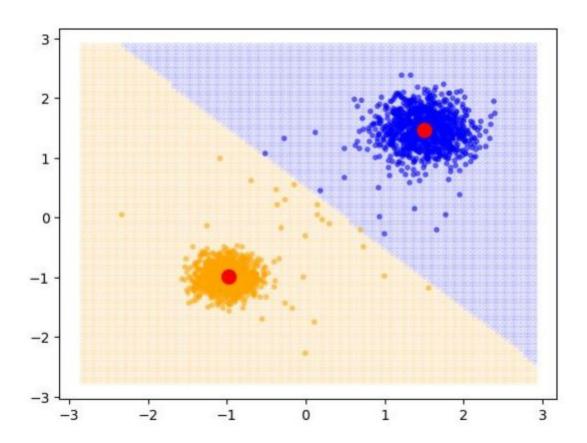


- ¿Qué es clustering?
- ¿Estoy haciendo clustering?



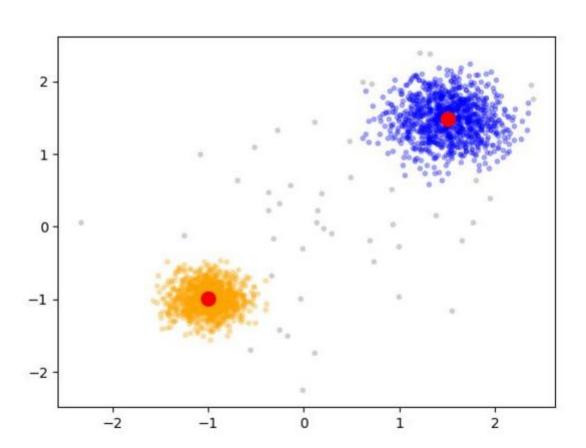
- ¿Qué es clustering?
- ¿Estoy haciendo clustering?

#### **DEPENDE**

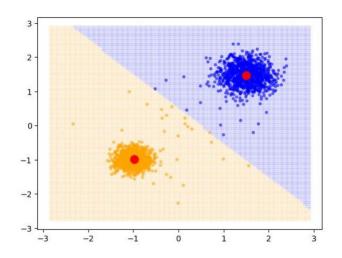


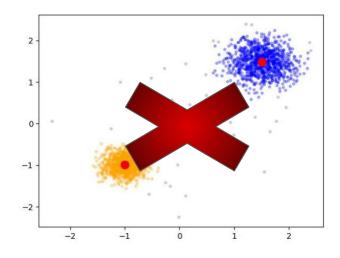
- ¿Qué es clustering?
- ¿Estoy haciendo clustering?

#### **DEPENDE**

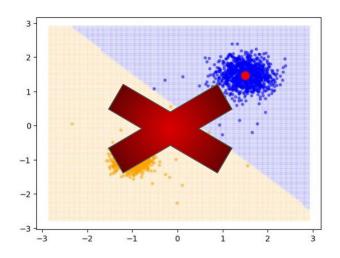


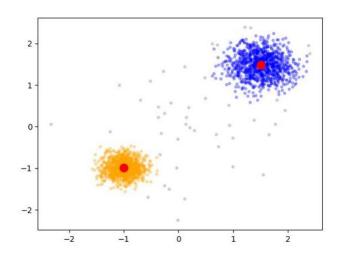
- ¿Qué es clustering?
  - Si es una colección de patrones basados en una similitud
  - Si es una región en el espacio con una alta densidad de puntos





- ¿Qué es clustering?
  - Si es una colección de patrones basados en una similitud
  - o Si es una región en el espacio con una alta densidad de puntos





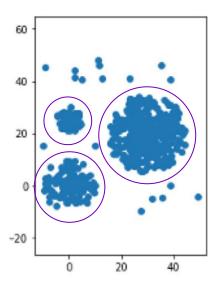
- Los algoritmos particionales (K-means, EM) dividen el espacio en regiones separadas
  - Definiendo K clusters
  - Definiendo una métrica de similitud

Asumen que todos los puntos pertenecen al cluster más cercano

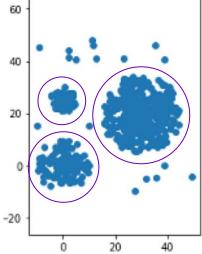
- Los algoritmos basados en densidades (DBSCAN) identifica zonas muy pobladas
  - Definiendo una métrica de similitud

Puede haber puntos que no pertenecen a ningún cluster

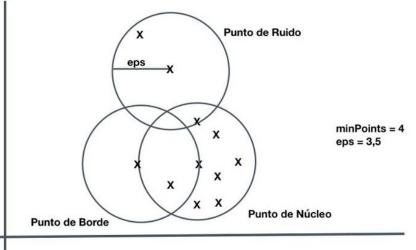
- DBSCAN surge de un método intuitivo de agrupamiento humano
- Al mirar la figura, cualquiera identifica fácilmente tres grupos junto con varios puntos ruidosos
- ¿Qué estamos observando?
  - La densidad de los puntos, es decir, cuán agrupados están los puntos



- DBSCAN no necesita definir el hiperparámetro K, en contraposición necesitamos definir:
  - Épsilon (eps): especifica lo cerca que deben estar los puntos entre sí para ser considerados
     parte de un cluster. Si la distancia entre dos puntos es menor
     o igual que eps, esos dos puntos son vecinos.
  - Puntos mínimos (minPts): el número de puntos necesarios para formar una región densa.



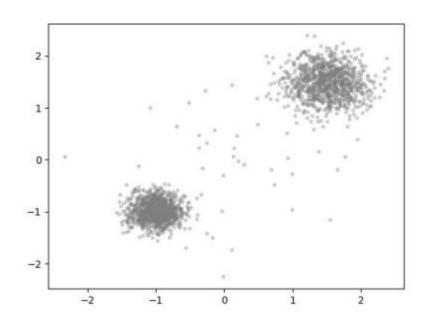
- Con los valores de eps y minPts, tenemos tres tipologías de puntos:
  - Puntos de núcleo: Tiene más de un número especificado de puntos minPts en su radio.
  - Puntos de borde: Tiene menos de un número especificado de puntos minPts pero es vecino
     de un punto de núcleo.
  - Puntos de ruido: Todos los demás.



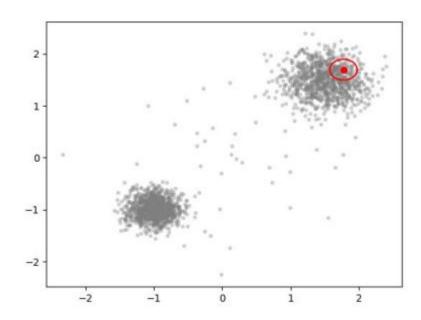
#### Algoritmo DBSCAN:

- Selecciona un punto arbitrario que no haya sido previamente visitado. Se calculan las distancias a todos y la información de su vecindario se recupera según el valor de eps.
- Si es punto de núcleo (contiene minPts o más puntos en el vecindario):
  - Todos los puntos del vecindario forman un cluster, además de todos los vecinos de aquellos vecinos que son también puntos de núcleo.
- o Si no:
  - Se etiqueta como punto de ruido. Este punto podrá ser modificado más adelante si se encuentra en el vecindario de otro punto de núcleo (era punto de borde).

- Ejemplo de ejecución
  - o eps = 0.2
  - $\circ$  minPts = 10

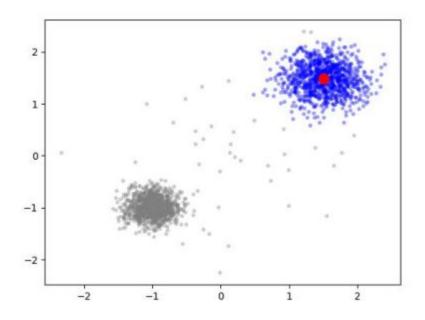


- Selecciona un punto al azar y traza el círculo con radio eps:
  - $\circ$  eps = 0.2
  - o minPts = 10

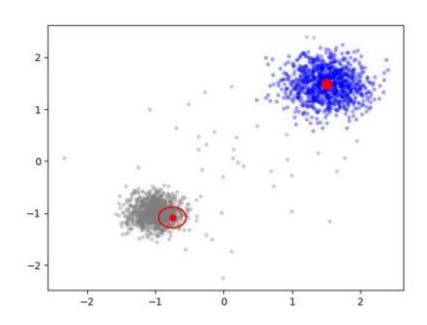


Como es un punto de núcleo, es decir, hay más de minPts dentro del radio → De forma recursiva,
 todos los vecinos forman un cluster

$$\circ$$
 eps = 0.2

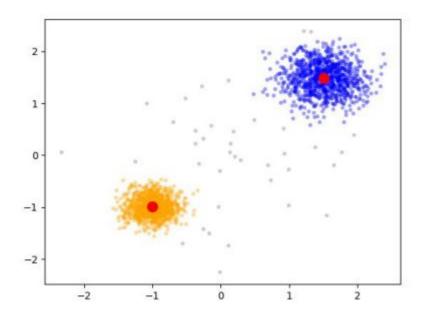


- Selecciona un punto al azar y traza el círculo con radio eps:
  - $\circ$  eps = 0.2
  - minPts = 10

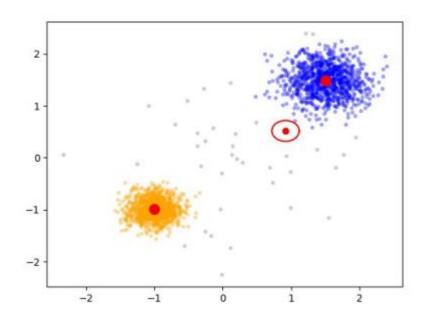


Como es un punto de núcleo, es decir, hay más de minPts dentro del radio → De forma recursiva,
 todos los vecinos forman un cluster

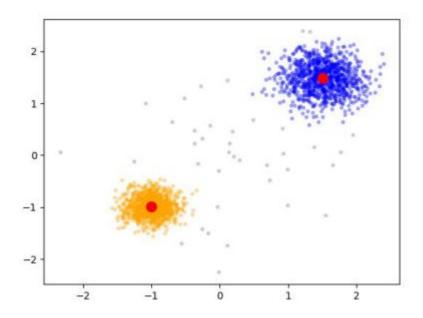
$$\circ$$
 minPts = 10



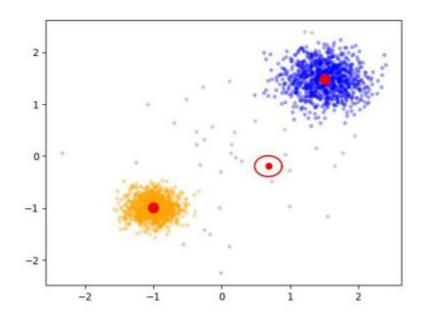
- Selecciona un punto al azar y traza el círculo con radio eps:
  - $\circ$  eps = 0.2
  - $\circ$  minPts = 10



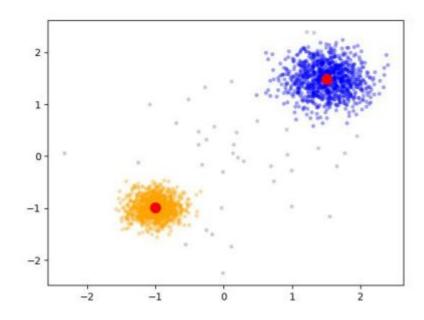
- Como es un punto de ruido, es decir, hay menos de minPts dentro del radio → no hago nada
  - o eps = 0.2
  - $\circ$  minPts = 10



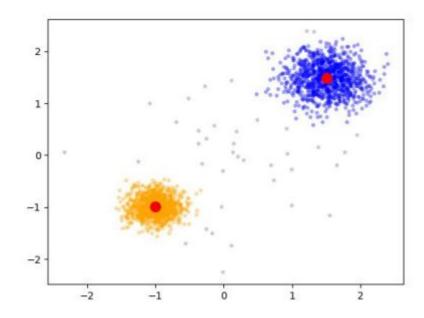
- Selecciona un punto al azar y traza el círculo con radio eps:
  - $\circ$  eps = 0.2
  - $\circ$  minPts = 10



- Como es un punto de ruido, es decir, hay menos de minPts dentro del radio → no hago nada
  - o eps = 0.2
  - $\circ$  minPts = 10



- Así sucesivamente hasta que todos los puntos sin color han sido visitados.
- Se acaba el algoritmo y tenemos 2 clusters



#### Ventajas:

- No requiere el valor K
- Puede encontrar cualquier forma de cluster
- Discrimina muy bien el ruido y los valores atípicos
- Es excelente para separar clusters de alta densidad frente a otros
- Es visualmente atractivo e intuitivo

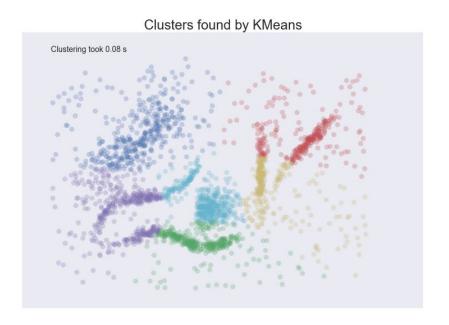
#### Inconvenientes

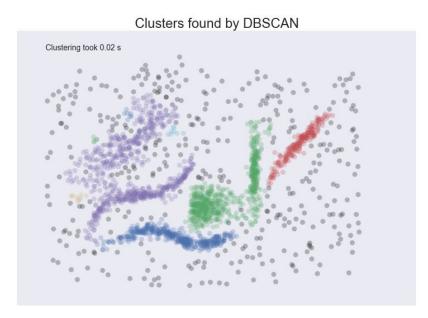
Es sensible a los hiperparámetros eps y minPts

- En el notebook 11\_4\_DBSCAN.ipynb tenéis:
  - Ejemplo manual de DBSCAN utilizado en las diapositivas
  - Ejemplo de uso de DBSCAN con MNIST
  - Ejemplo de implementación "más compleja" con MNIST

### Clustering basado en densidades - K-means vs DBSCAN

Comparación K-means vs DBSCAN





- Cuidado con la alta dimensionalidad en clustering. Cada nuevo atributo hace que los elementos estén más alejados. Las medidas de distancias acaban siendo inútiles
- Alternativas:
  - Aplicar un algoritmo de reducción de dimensionalidad
    - Selección de características (Correlación, Permutación, etc)
    - Transformación de características (PCA, Autoencoders, etc)

- ¿Cómo comparar el resultado de diferentes algoritmos de clustering?
- Podemos medir las siguientes propiedades:
  - Cohesión intra-cluster: cómo de cerca están los puntos de un mismo cluster
  - Separación inter-cluster: cómo de lejos están unos clusters de otros
- Ejemplo con K-means:
  - ¿Cómo de cerca están los puntos de un cluster a su centroide?
  - ¿Cómo de lejos están los centroides unos de otros?

- Validación Silhouette: medimos la similitud entre los miembros de un cluster comparado con la similitud a otros clusters:
  - o a(i): promedio de la distancia de  $x_i$  a los miembros de su propio cluster
  - $\circ$  b(i): promedio de la distancia de  $x_i$  a los miembros del cluster diferente más cercano

$$s(i) = \frac{b(i) - a(i)}{max\{a(i), b(i)\}}$$

Coeficiente de Silhouette: Media de s(i) para todas las instancias

- En el notebook 11\_5\_comparacion\_clustering.ipynb tenéis:
  - Dos ejercicios para hacer en clase probando dos problemas sintéticos
  - Selección del mejor modelo con coeficiente de silhouette

### Ejemplos de clustering en problemas financieros

- Clustering de activos
  - Mediante ventanas de momentum
  - ?...Y si...?
- Clustering de fondos de inversión mediante atributos cuantitativos
  - Incluye una sección de XAI usando árboles para explicar la clusterización

### No-Code Data Analytics

- Graphext es una herramienta online (con versión gratuita) No-Code para data análisis.
- Incluye lo siguiente:
  - Visualización de atributos
  - o Implica la aplicación de un algoritmo de reducción de dimensionalidad no lineal (UMAP)
  - Implica la aplicación de un algoritmo de clustering (algoritmo Louvain)
  - Implica la aplicación de un meta-modelo para regresión y clasificación (CatBoost)

https://www.graphext.com/