



# Projeto de Disciplina Algoritmos de Clusterização

python v. 3.13.5 jupyter v. 5.9.1

- Fabio Ferreira Figueiredo

## Sobre o Projeto

- **Modelo:** Se trata de um modelo de clusterização não supervisionado, com o objetivo de agrupar países com base em seus dados socioeconômicos e de saúde.
- **Objetivo:** usar dados socioeconômicos e de saúde para agrupar países e identificar o grupo em extrema necessidade de ajuda humanitária.

Este notebook está organizado para atender às especificações do trabalho:

- Parte 1: Infraestrutura (ambiente local, venv, bibliotecas, requirements, evidências).
- Parte 2: Escolha de base de dados e Análise Exploratória (EDA).
- Parte 3: Clusterização (K-Médias e Hierárquica), interpretação e comparação.
- Parte 4: Escolha de algoritmos (passos do K-médias, variante com medóide, discussão de outliers e DBSCAN).

## Parte 1: Infraestrutura (checagens + evidências)

- Versão do Python (3.13.5).
- Está em um ambiente virtual (Virtualenv) - `python3 -m venv clusterizacao`.
- Caminhos do Python e do pip.

### Evidências de ambiente e execução (montagem consolidada):

```
(clusterizacao) (base) fabiofigueiredo@MacBook-Air-de-fabio-2 ~ % python -V && which python
Python 3.13.5
/Users/fabiofigueiredo/Documents/Pós Infnet/Clusterização/PD/PD Fabio/clusterizacao/bin/python
(clusterizacao) (base) fabiofigueiredo@MacBook-Air-de-fabio-2 ~ % "/Users/fabiofigueiredo/Documents/Pós Infnet/Clusterização/PD/PD Fabio/clusterizacao/bin/python" - << 'PY'
import sys, shutil, subprocess
print('Python executable:', sys.executable)
print('pip (which):', shutil.which('pip'))
print('python -m pip version:')
subprocess.run([sys.executable, '-m', 'pip', '--version'])
print('pip (shell) version:')
subprocess.run(['pip', '--version'])
PY
heredoc> []
```

## Observações:

- Todas as bibliotecas necessárias estão listadas no arquivo `requirements.txt`.
- Modelo extraído do kaggle: <https://www.kaggle.com/datasets/rohan0301/unsupervised-learning-on-country-data>
- Para submissão, gere `requirements.txt` com `pip freeze`.

```
import sys, os, shutil
```

```

print('Python version:', sys.version)
print('Python executable:', sys.executable)

# Detecta se venv está ativo (Virtualenv/Conda)
is_venv = sys.prefix != getattr(sys, 'base_prefix', sys.prefix)
print('Ambiente virtual ativo:', is_venv)

# Caminhos úteis
print('pip path:', shutil.which('pip'))
print('python -m pip path:', shutil.which('python'))

# Dica: tire um print desta célula para evidência de execução local e venv.

```

```

Python version: 3.13.5 | packaged by Anaconda, Inc. | (main, Jun 12 2025, 11:23:37) [C
lang 14.0.6 ]
Python executable: /Users/fabiofigueiredo/Documents/Pós Infnet/Clusterização/PD/PD Fab
io/clusterizacao/bin/python
Ambiente virtual ativo: True
pip path: /Users/fabiofigueiredo/Documents/Pós Infnet/Clusterização/PD/PD Fabio/cluste
rizacao/bin/pip
python -m pip path: /Users/fabiofigueiredo/Documents/Pós Infnet/Clusterização/PD/PD Fa
bio/clusterizacao/bin/python

```

## Imports e configuração geral

- Pacotes necessários: numpy, pandas, scikit-learn, scipy, matplotlib, seaborn, kaggle (para download).

```

import numpy as np
import pandas as pd
import matplotlib.pyplot as plt
import seaborn as sns

from pathlib import Path

# Diretório para imagens dos gráficos (para exportação HTML com alt text)
IMAGES_DIR = Path('images')
IMAGES_DIR.mkdir(parents=True, exist_ok=True)

from sklearn.preprocessing import StandardScaler
from sklearn.decomposition import PCA
from sklearn.cluster import KMeans, AgglomerativeClustering
from sklearn.metrics import silhouette_score

from scipy.cluster.hierarchy import linkage, dendrogram

sns.set(style='whitegrid', context='notebook')
np.random.seed(42)

DATA_DIR = Path('data')
DATA_DIR.mkdir(exist_ok=True)

print('Ambiente OK: imports carregados.')

```

Ambiente OK: imports carregados.

## Parte 2: Baixar/Carregar base de dados (Kaggle)

Base: <https://www.kaggle.com/datasets/rohan0301/unsupervised-learning-on-country-data>

```

import subprocess

def ensure_dataset(dataset='rohan0301/unsupervised-learning-on-country-data', dest_di
    # Procura arquivo localmente (case-insensitive)

```

```

candidates = list(dest_dir.glob('Country-data.csv')) + list(dest_dir.glob('countr
if candidates:
    print('Encontrado arquivo local:', candidates[0])
    return candidates[0]

kaggle_json = Path.home() / '.kaggle' / 'kaggle.json'
kaggle_cli = shutil.which('kaggle')

if kaggle_cli and kaggle_json.exists():
    print('Tentando baixar via Kaggle CLI...')
    try:
        # Baixa e descompacta no diretório data/
        cmd = ['kaggle', 'datasets', 'download', '-d', dataset, '-p', str(dest_di
        res = subprocess.run(cmd, capture_output=True, text=True)
        print('stdout:', res.stdout[:500])
        print('stderr:', res.stderr[:500])
    except Exception as e:
        print('Falha no download via Kaggle:', e)

# Checa novamente após tentativa de download
candidates = list(dest_dir.glob('Country-data.csv')) + list(dest_dir.glob('countr
if candidates:
    print('Arquivo disponível em:', candidates[0])
    return candidates[0]

raise FileNotFoundError("Dataset não encontrado. Coloque 'Country-data.csv' em da

```

dataset\_path = ensure\_dataset()  
dataset\_path

Encontrado arquivo local: data/Country-data.csv

PosixPath('data/Country-data.csv')

```

# Carrega o dataset
df = pd.read_csv(dataset_path)
print('Shape:', df.shape)
print('Colunas:', list(df.columns))

# Conferência de nomes e tipos
df.head()

```

n', 'life\_expec', 'total\_fer', 'gdpp']

	country	child_mort	exports	health	imports	income	inflation	life_expec	total_fer	gd
0	Afghanistan	90.2	10.0	7.58	44.9	1610	9.44	56.2	5.82	5
1	Albania	16.6	28.0	6.55	48.6	9930	4.49	76.3	1.65	40
2	Algeria	27.3	38.4	4.17	31.4	12900	16.10	76.5	2.89	44
3	Angola	119.0	62.3	2.85	42.9	5900	22.40	60.1	6.16	35
4	Antigua and Barbuda	10.3	45.5	6.03	58.9	19100	1.44	76.8	2.13	122

```

# Quantos países existem no dataset?
col_country = 'country' if 'country' in df.columns else [c for c in df.columns if c.l
n_paises = df[col_country].nunique()
print(f'Número de países no dataset: {n_paises}')

# Identificação de variáveis numéricas

```

```

num_cols = df.select_dtypes(include=[np.number]).columns.tolist()
print('Variáveis numéricas:', num_cols)

# Estatísticas básicas e faixa dinâmica
stats = df[num_cols].describe().T
stats[['min', 'max', 'mean', 'std']]

```

Número de países no dataset: 167

Variáveis numéricas: ['child\_mort', 'exports', 'health', 'imports', 'income', 'inflation', 'life\_expec', 'total\_fer', 'gdpp']

	<b>min</b>	<b>max</b>	<b>mean</b>	<b>std</b>
<b>child_mort</b>	2.6000	208.00	38.270060	40.328931
<b>exports</b>	0.1090	200.00	41.108976	27.412010
<b>health</b>	1.8100	17.90	6.815689	2.746837
<b>imports</b>	0.0659	174.00	46.890215	24.209589
<b>income</b>	609.0000	125000.00	17144.688623	19278.067698
<b>inflation</b>	-4.2100	104.00	7.781832	10.570704
<b>life_expec</b>	32.1000	82.80	70.555689	8.893172
<b>total_fer</b>	1.1500	7.49	2.947964	1.513848
<b>gdpp</b>	231.0000	105000.00	12964.155689	18328.704809

## Gráficos da faixa dinâmica das variáveis (antes da clusterização)

```

# Boxplots por variável
fig_box = plt.figure(figsize=(12, 6))
sns.boxplot(data=df[num_cols], orient='h')
plt.title('Faixa dinâmica (boxplots) das variáveis numéricas')
plt.tight_layout()
fig_box.savefig(str(IMAGES_DIR / 'boxplots_variaveis_numericas.png'), dpi=150, bbox_inches='tight')
plt.close(fig_box)

# Histograma por variável
df[num_cols].hist(figsize=(14, 10), bins=20)
plt.suptitle('Distribuições (histogramas) das variáveis numéricas')
fig_hist = plt.gcf()
fig_hist.tight_layout()
fig_hist.savefig(str(IMAGES_DIR / 'histogramas_variaveis_numericas.png'), dpi=150, bbox_inches='tight')
plt.close(fig_hist)

print('Antes da clusterização, recomenda-se padronizar as variáveis (StandardScaler).')

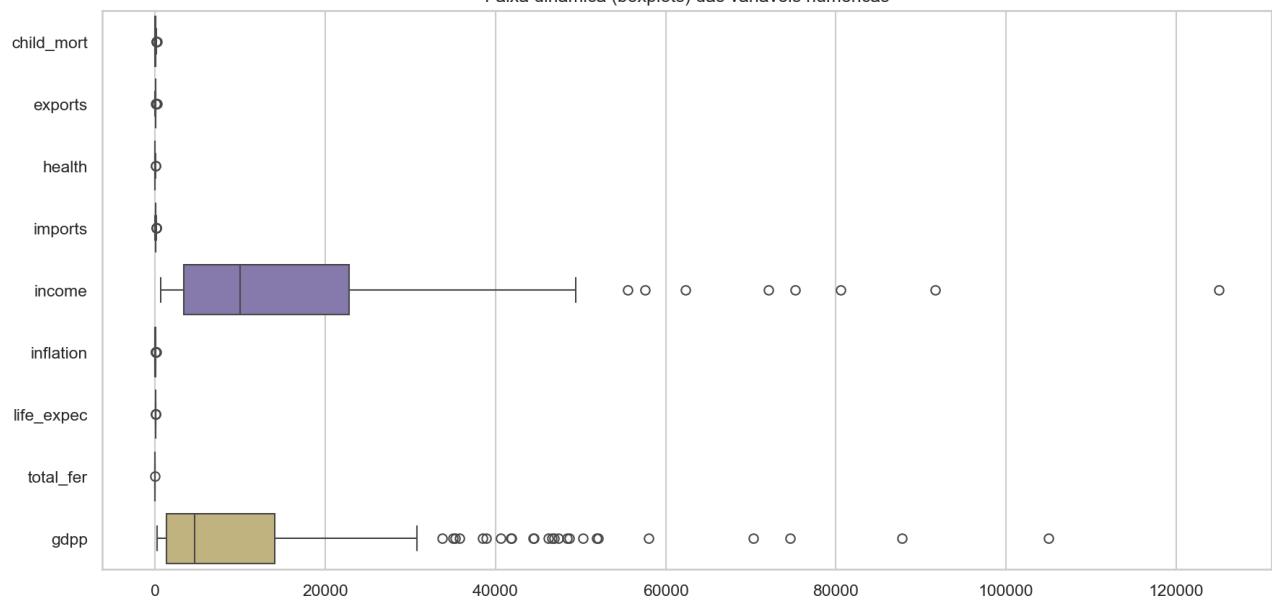
```

Antes da clusterização, recomenda-se padronizar as variáveis (StandardScaler).

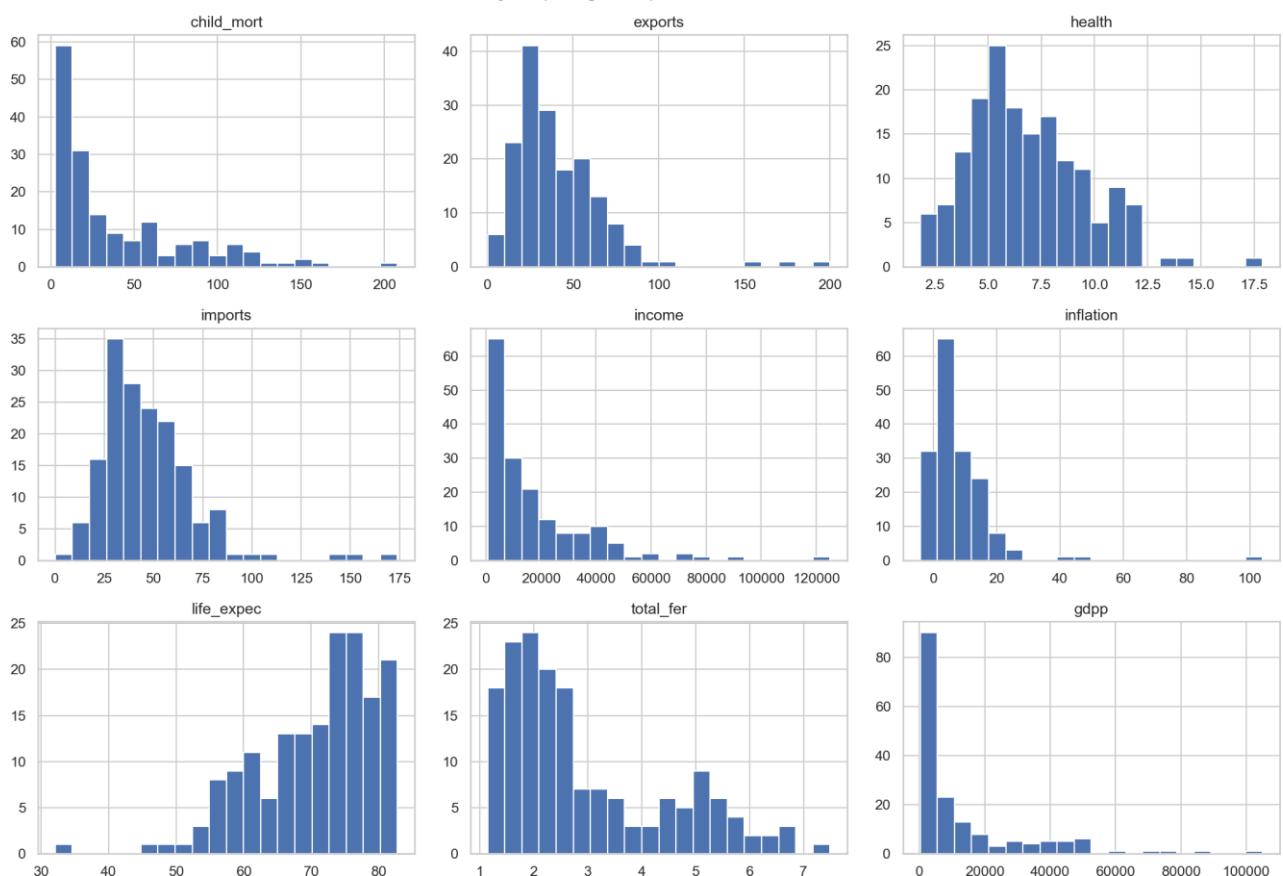
## Pré-processamento

- Tratar ausentes (se houver).
- Padronizar variáveis numéricas.

Faixa dinâmica (boxplots) das variáveis numéricas



Distribuições (histogramas) das variáveis numéricas



Legenda: Histogramas por variável numérica; verifique assimetria e multimodalidade.

- Interpretação: caudas longas (skew) ou múltiplos picos (multimodalidade) podem afetar métricas de distância.
- Consideração: padronização (StandardScaler) já aplicada adiante; transforme apenas se necessário (ex.: log para estritamente positivas).

### Verificando se existem dados nulos

```
df.isnull().sum()
```

```

country          0
child_mort      0
exports          0
health           0
imports          0
income            0
inflation         0
life_expec       0
total_fer        0
gdpp             0
dtype: int64

```

## Verificando se existe dados Duplicados

```

df[df['country'].duplicated() == True]['country']

Series([], Name: country, dtype: object)

# Tratamento simples de ausentes: imputação por mediana (se houver NA / não existe ca
df[num_cols] = df[num_cols].fillna(df[num_cols].median())

scaler = StandardScaler()
X_scaled = scaler.fit_transform(df[num_cols])
df_scaled_features = pd.DataFrame(X_scaled, columns=num_cols)

print('Pré-processamento OK: dados padronizados gerados (df_scaled_features).')
df_scaled_features.head()

df_scaled = pd.concat([df[['country']], df_scaled_features], axis=1)
df_scaled.head()

```

	country	child_mort	exports	health	imports	income	inflation	life_expec
0	Afghanistan	1.291532	-1.138280	0.279088	-0.082455	-0.808245	0.157336	-1.619092
1	Albania	-0.538949	-0.479658	-0.097016	0.070837	-0.375369	-0.312347	0.647866
2	Algeria	-0.272833	-0.099122	-0.966073	-0.641762	-0.220844	0.789274	0.670423
3	Angola	2.007808	0.775381	-1.448071	-0.165315	-0.585043	1.387054	-1.179234
4	Antigua and Barbuda	-0.695634	0.160668	-0.286894	0.497568	0.101732	-0.601749	0.704258

## Parte 3: Clusterização - K-Médias (k=3)

- Ajustar KMeans em dados padronizados.
- Calcular centróides e medóides (país mais próximo ao centróide) por cluster.
- Visualizar no espaço PCA (2D).

Dados usados e variáveis-chave:

- `df_scaled_features` : dados padronizados gerados com `StandardScaler` a partir de `num_cols`.
- `labels_kmeans` : rótulos dos clusters atribuídos pelo KMeans.
- `df_kmeans['cluster_kmeans']` : coluna com o cluster de cada país (para agregações e interpretação).
- `perfil_clusters` : médias das variáveis por cluster (perfil socioeconômico/saúde típico).

## Medóide por cluster (interpretação):

- Função calcula o país mais próximo do centróide no espaço padronizado (menor distância euclidiana).
- Útil para comunicação: um país representativo por cluster ajuda a explicar o perfil do grupo.

## Considerações do K-Means:

- Assume agrupamentos aproximadamente esféricos/convexos e usa distância Euclidiana.
- Sensível a outliers e escala: por isso padronizamos previamente.
- `n_init=10` : múltiplas inicializações para reduzir risco de mínimo local.

```
# Ajuste de KMeans
k = 3
kmeans = KMeans(n_clusters=k, random_state=42, max_iter=300, n_init=10)
kmeans.fit(df_scaled_features)

labels_kmeans = kmeans.labels_
df_kmeans = df.copy()
df_kmeans['cluster_kmeans'] = labels_kmeans

# Perfil dos clusters (médias das variáveis numéricas)
perfil_clusters = df_kmeans.groupby('cluster_kmeans')[num_cols].mean()
print('Perfil de médias por cluster (KMeans):')
perfil_clusters

# Função para medóides: país mais próximo ao centróide do cluster (no espaço padronizado)
def compute_medoids_from_kmeans(X_scaled_df, labels, centroids, countries):
    medoid_indices = {}
    medoid_countries = {}
    X = X_scaled_df.values
    for c in np.unique(labels):
        idx = np.where(labels == c)[0]
        Xc = X[idx]
        centroid = centroids[c]
        dists = np.linalg.norm(Xc - centroid, axis=1)
        local_min = np.argmin(dists)
        medoid_idx = idx[local_min]
        medoid_indices[c] = medoid_idx
        medoid_countries[c] = countries[medoid_idx]
    return medoid_indices, medoid_countries

countries = df[col_country].values
medoid_idx_map, medoid_country_map = compute_medoids_from_kmeans(
    df_scaled_features, labels_kmeans, kmeans.cluster_centers_, countries
)

print('Medóides por cluster (KMeans):')
for c in sorted(medoid_country_map.keys()):
    print(f'Cluster {c}:', medoid_country_map[c])

Perfil de médias por cluster (KMeans):
Medóides por cluster (KMeans):
Cluster 0: Iceland
Cluster 1: Guinea
Cluster 2: Jamaica
```

## Visualização em 2D via PCA

Transformamos os dados padronizados e os centróides do KMeans para o espaço PCA (2 componentes).

- Cada eixo (PC1, PC2) é uma combinação linear das variáveis originais (após padronização).

- Pontos coloridos: países; o 'X' preto marca o centroíde transformado do K-Means em 2D.
- Leitura: clusters bem separados em PCA sugerem boa discriminação; sobreposição indica proximidade entre grupos.
- Nota: PCA reduz dimensionalidade e pode perder variações pequenas; use apenas como visual de apoio.

```
pca = PCA(n_components=2, random_state=42)
X_pca = pca.fit_transform(df_scaled_features)
df_pca = pd.DataFrame(X_pca, columns=['Principal Component 1', 'Principal Component 2']
df_pca['cluster_kmeans'] = labels_kmeans

centroids_pca = pca.transform(kmeans.cluster_centers_)

plt.figure(figsize=(8, 6))
sns.scatterplot(data=df_pca, x='Principal Component 1', y='Principal Component 2', hue=labels_kmeans)
plt.scatter(centroids_pca[:, 0], centroids_pca[:, 1], c='black', s=120, marker='X', label='Centroids')
plt.title('KMeans em PCA (2D)')
plt.legend()
plt.tight_layout()
fig_pca = plt.gcf()
fig_pca.savefig(str(IMAGES_DIR / 'pca_2d_clusters.png'), dpi=150, bbox_inches='tight')
plt.close(fig_pca)

print('Centróides K-Means transformados para 2 componentes principais:')
print(centroids_pca)
```

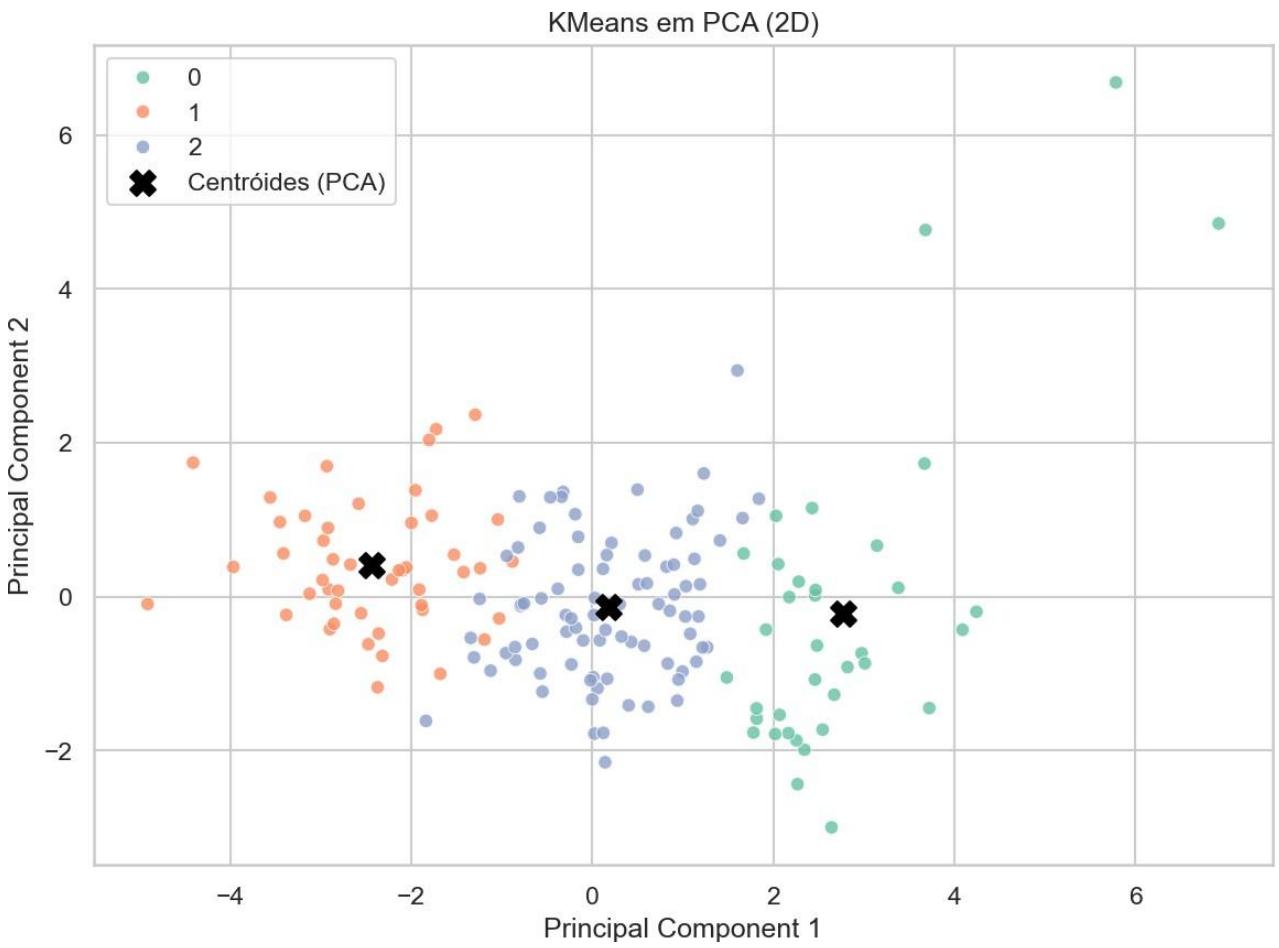
Centróides K-Means transformados para 2 componentes principais:

```
[[ 2.76977273 -0.21301421]
 [-2.43461995  0.41127566]
 [ 0.17518237 -0.13882672]]
```

```
/Users/fabiofigueiredo/Documents/Pós Infnet/Clusterização/PD/PD Fabio/clusterizacao/lib/python3.13/site-packages/sklearn/utils/validation.py:2749: UserWarning: X does not have valid feature names, but PCA was fitted with feature names
warnings.warn(
```

## Clusterização Hierárquica + Dendrograma

- Método: `linkage='ward'` minimiza a variância intracluster e usa distância euclidiana. Por isso, é essencial padronizar as variáveis (`StandardScaler`) antes de aplicar.
- Guia de leitura do dendrograma:
  - Altura representa a distância de fusão: junções altas indicam grupos mais distintos; junções baixas indicam subgrupos próximos.
  - O truncamento (`p=5`) mostra apenas os níveis superiores; se precisar ver todos os níveis e microgrupos, remova o truncamento.
  - A escolha de `k` pode ser feita por um corte horizontal onde haja um "gap" claro nas alturas. O número de ramos interceptados = quantidade de clusters.
- `AgglomerativeClustering` com `k=3` é usado para comparar com KMeans e verificar a estabilidade dos grupos sob outro critério.
- Avaliação: utilize o índice de silhouette e a tabela de contingência (crosstab) KMeans vs Hierárquico para medir concordância e qualidade.
  - Silhouette ~0.25-0.35 indica separação moderada; valores maiores sugerem separação mais nítida.
  - No crosstab, valores altos na diagonal indicam forte concordância entre métodos; valores fora da diagonal indicam reagrupamentos.
- Diferenças esperadas entre KMeans e Hierárquico: sensibilidade a outliers, formas não esféricas dos clusters, e efeitos de inicialização (KMeans). Ward tende a favorecer grupos compactos.



Legenda: Redução para 2 componentes principais; separação aproximada dos clusters no plano.

```

# Dendrograma
Z = linkage(df_scaled_features, method='ward')
fig_den = plt.figure(figsize=(12, 5))
dendrogram(Z, truncate_mode='level', p=5)
plt.title('Dendrograma (Ward, truncado)')
plt.xlabel('Países')
plt.ylabel('Distância')
plt.tight_layout()
fig_den.savefig(str(IMAGES_DIR / 'dendrograma_ward_truncado.png'), dpi=150, bbox_inches='tight')
plt.close(fig_den)

# Clusterização hierárquica com 3 grupos
agg = AgglomerativeClustering(n_clusters=3, linkage='ward')
labels_agg = agg.fit_predict(df_scaled_features)
df_agg = df.copy()
df_agg['cluster_agg'] = labels_agg

# Comparação KMeans vs Agglomerative
ct = pd.crosstab(df_kmeans['cluster_kmeans'], df_agg['cluster_agg'])
print('Crosstab KMeans vs Hierárquico:')
ct

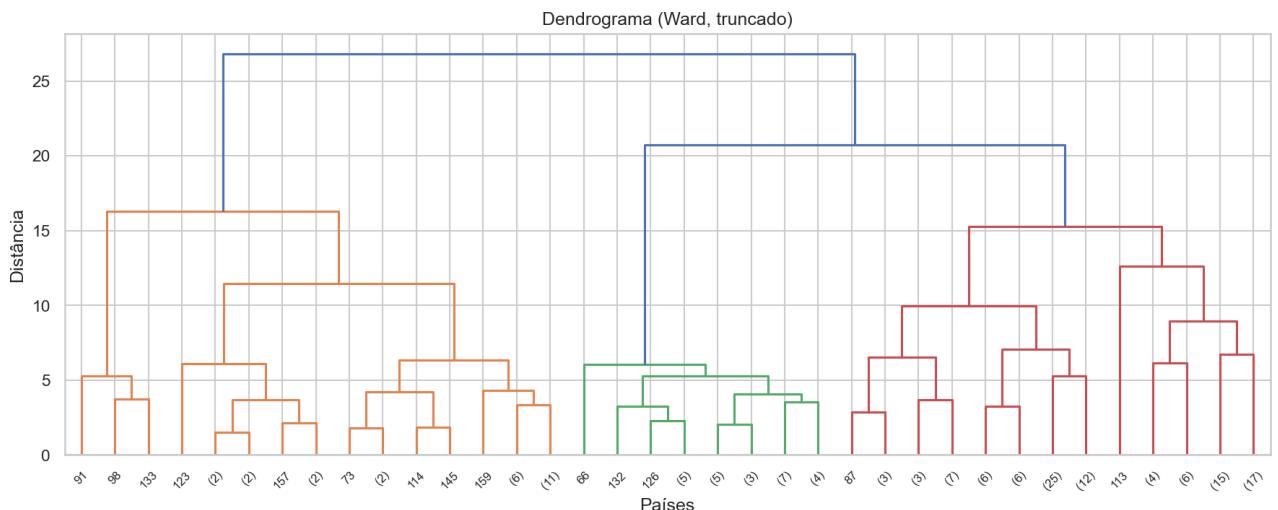
# Silhouette (apenas como indicação de qualidade)
sil_kmeans = silhouette_score(df_scaled_features, labels_kmeans)
sil_agg = silhouette_score(df_scaled_features, labels_agg)
print(f'Silhouette - KMeans: {sil_kmeans:.3f}, Agglomerative: {sil_agg:.3f}')

```

Crosstab KMeans vs Hierárquico:  
 Silhouette - KMeans: 0.283, Agglomerative: 0.246

## Interpretação dos Resultados

- K-Médias: descreva a distribuição das dimensões (médias por cluster) e o país que melhor representa cada grupo (medóide).
- Hierárquico: com base no dendrograma, descreva as fusões tardias (galhos mais altos) e o racional do corte em  $k \approx 3$ ; destaque quais grupos parecem mais distintos e quais são subgrupos próximos.
- Qualidade e concordância: utilize silhouette e o crosstab (KMeans vs Hierárquico). Diagonal alta no crosstab = maior concordância; valores fora da diagonal indicam divergências a serem explicadas (formas de cluster, outliers, etc.).
- Compare os dois resultados: semelhanças, diferenças e possíveis razões (sensibilidade a inicialização, forma dos clusters, Ward favorece grupos compactos).



Leitura sugerida: faça um corte horizontal onde há maior "gap" nas alturas e conte os ramos interceptados ( $\approx 3$ ), sinalizando  $k \approx 3$ . Ramos que se unem em alturas maiores representam grupos mais distintos; junções baixas sugerem subgrupos com alta similaridade. Observação: o truncamento ( $p=5$ ) exibe os níveis superiores do dendrograma; para analisar níveis inferiores e microgrupos, gere a figura sem truncamento.

```
# Relatório automático de interpretação (KMeans vs Hierárquico)
# Usa variáveis já calculadas: df, df_kmeans, labels_kmeans, perfil_clusters, medoid_
analysis_lines = []
analysis_lines.append(f'Número de países no dataset: {n_paises}.')
dist = df_kmeans['cluster_kmeans'].value_counts().sort_index()
analysis_lines.append('Distribuição por cluster (KMeans): ' + ', '.join([f'{i}: {cnt}' for i, cnt in dist.items()]))
global_mean = df[num_cols].mean()
for c in sorted(perfil_clusters.index):
    dif = (perfil_clusters.loc[c] - global_mean)
    top_vars = dif.abs().sort_values(ascending=False).head(3).index.tolist()
    med = medoid_country_map.get(c, 'N/A')
    analysis_lines.append(
        f'Cluster {c}: medóide = {med}; variáveis mais distintivas (diferença vs média)')
analysis_lines.append(f'Silhouette (KMeans): {sil_kmeans:.3f}; Silhouette (Hierárquico): {sil_hierarchical:.3f}')
analysis_lines.append('Crosstab KMeans vs Hierárquico:\n' + ct.to_string())
for _line in analysis_lines:
    print(_line)

# Também devolve tabelas úteis para inspeção
perfil_clusters
```

Número de países no dataset: 167.  
Distribuição por cluster (KMeans): 0: 36, 1: 47, 2: 84  
Cluster 0: medóide = Iceland; variáveis mais distintivas (diferença vs média global): gdpp, income, child\_mort

Cluster 1: medóide = Guinea; variáveis mais distintivas (diferença vs média global): income, gdpp, child\_mort

Cluster 2: medóide = Jamaica; variáveis mais distintivas (diferença vs média global): gdpp, income, child\_mort

Silhouette (KMeans): 0.283; Silhouette (Hierárquico): 0.246.  
Crosstab KMeans vs Hierárquico:

cluster_agg	0	1	2
cluster_kmeans			
0	31	5	0
1	0	20	27
2	3	81	0

cluster_kmeans	child_mort	exports	health	imports	income	inflation	life_expe
0	5.000000	58.738889	8.807778	51.491667	45672.222222	2.671250	80.12777
1	92.961702	29.151277	6.388511	42.323404	3942.404255	12.019681	59.18723
2	21.927381	40.243917	6.200952	47.473404	12305.595238	7.600905	72.81428

## Interpretação dos Resultados – K-Means

- Distribuição por cluster (K-Means): 0 = 36 países; 1 = 47; 2 = 84.\n
- Qualidade: Silhouette – K-Means = 0,283; Hierárquico = 0,246 (separação moderada no K-Means).\n
- Correspondência entre métodos (crosstab): Cluster 0 (K-Means) casa fortemente com Cluster 0 (Hierárquico); Cluster 2 (K-Means) casa majoritariamente com Cluster 1 (Hierárquico); Cluster 1 (K-Means) divide-se entre Hierárquico 1 e 2.

### Cluster 0 – Países desenvolvidos

- Medóide (país representativo): Iceland (Islândia).
- Principais médias (ver tabela acima perfil\_clusters ):
  - child\_mort: 5\n
  - income: 45.672\n
  - life\_expec: 80,13 anos\n
  - total\_fer: 1,75\n
  - inflation: 2,67%\n
  - exports: 58,74% do PIB\n
  - imports: 51,49% do PIB\n
  - health: 8,81% do PIB\n
  - gdpp: 42.494\n
- Destaques: baixíssima mortalidade infantil, altíssima renda/PIB per capita e alta expectativa de vida; variáveis mais distintivas vs média global: gdpp , income , child\_mort .

### Cluster 1 – Países de baixa renda / alta vulnerabilidade

- Medóide: Guinea (Guiné).

- Principais médias:
  - child\_mort: 92,96\n
  - income: 3.942\n
  - life\_expec: 59,19 anos\n
  - total\_fer: 5,01\n
  - inflation: 12,02%\n
  - exports: 29,15% do PIB\n
  - imports: 42,32% do PIB\n
  - health: 6,39% do PIB\n
  - gdpp: 1.922\n
- Destaques: alta mortalidade infantil e fertilidade, baixa renda/PIB per capita e inflação elevada; grupo mais vulnerável socioeconomicamente. Distintivos vs média global: child\_mort , gdpp , income .

## Cluster 2 – Países em desenvolvimento / intermediários

- Medóide: Jamaica.
- Principais médias:
  - child\_mort: 21,93\n
  - income: 12.306\n
  - life\_expec: 72,81 anos\n
  - total\_fer: 2,31\n
  - inflation: 7,60%\n
  - exports: 40,24% do PIB\n
  - imports: 47,47% do PIB\n
  - health: 6,20% do PIB\n
  - gdpp: 6.486\n
- Destaques: valores intermediários em quase todas as dimensões; perfil típico de países em estágio de desenvolvimento intermediário. Distintivos vs média global: gdpp , income , child\_mort .

## Complementos e observações

- A forte correspondência do Cluster 0 entre métodos reforça a estabilidade do perfil "desenvolvido" no dataset.
- O Cluster 1 fragmenta-se mais no Hierárquico, indicando heterogeneidade interna e possível subestrutura.
- Para decisões práticas, foque em child\_mort , income , gdpp como variáveis de maior poder discriminativo.

## Visualização complementar

O gráfico de barras abaixo resume as médias por variável em cada cluster para facilitar a leitura visual dos perfis.

```
# Gráficos de barras por variável: médias por cluster (K-Means)
import matplotlib.pyplot as plt

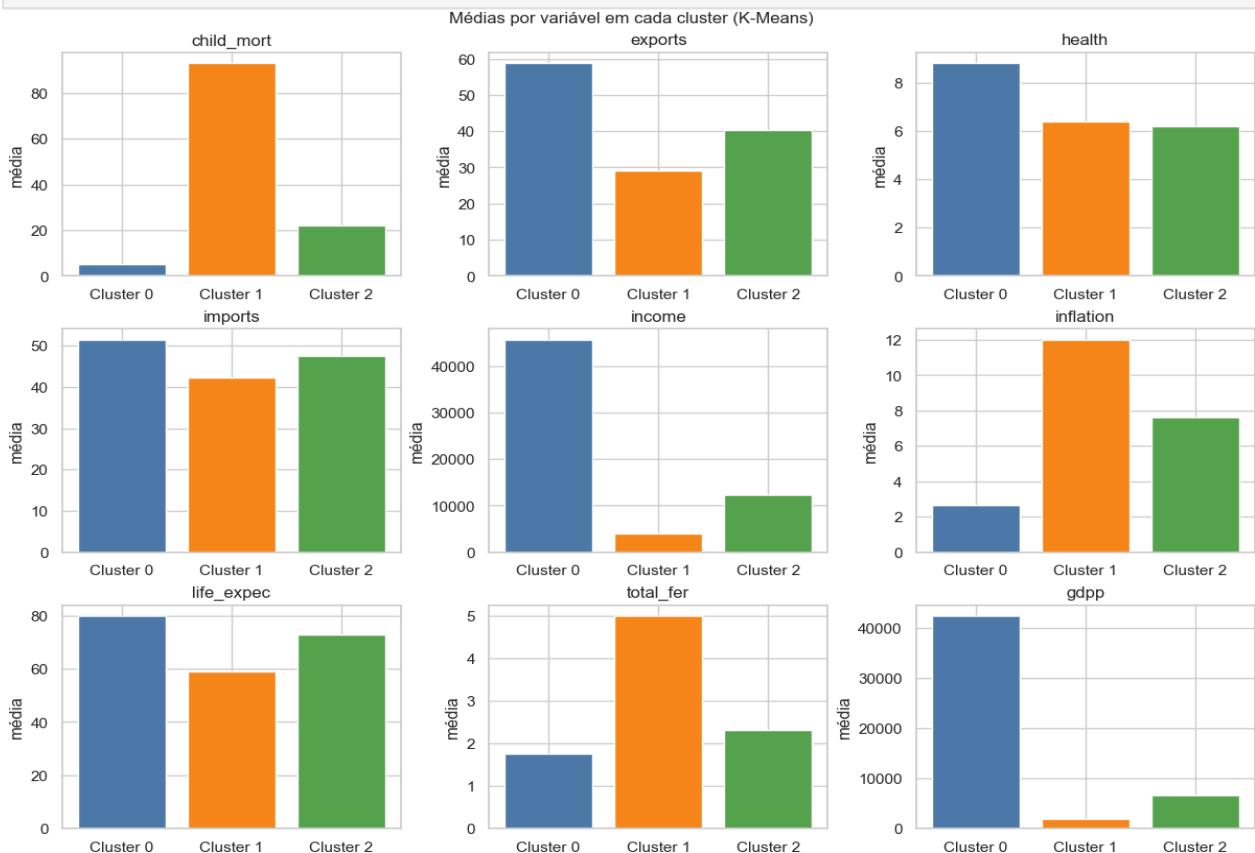
pc = perfil_clusters.copy()
pc.index = [f'Cluster {i}' for i in pc.index] # rótulos no eixo X
vars_ = pc.columns.tolist()
n_vars = len(vars_)
cols = 3
rows = (n_vars + cols - 1) // cols
```

```

fig, axes = plt.subplots(rows, cols, figsize=(cols*4, rows*3), constrained_layout=True)
axes = axes.flatten() if hasattr(axes, 'flatten') else [axes]
for i, var in enumerate(vars_):
    ax = axes[i]
    ax.bar(pc.index, pc[var], color=['#4C78A8', '#F58518', '#54A24B'])
    ax.set_title(var)
    ax.set_ylabel('média')
    ax.set_xticklabels(pc.index, rotation=0)
# Esconde subplots não usados
for j in range(i+1, len(axes)):
    axes[j].set_visible(False)
fig.suptitle('Médias por variável em cada cluster (K-Means)', fontsize=12)
plt.show()

# Salvar figura (opcional)
try:
    fig.savefig('images/perfil_clusters_barras.png', dpi=120, bbox_inches='tight')
except Exception as e:
    print('Aviso ao salvar figura:', e)

```



## Parte 4: Escolha de Algoritmos

### Etapas do algoritmo K-médias (até a convergência)

1. Inicialização: escolher "k" centróides (aleatoriamente ou via heurísticas).
2. Atribuição: associar cada ponto ao centróide mais próximo (por distância, e.g., Euclidiana).
3. Atualização: recalcular cada centróide como a média dos pontos atribuídos ao cluster.
4. Convergência: repetir etapas 2-3 até que os centróides mudem muito pouco (ou atingir max de iterações).

A seguir, implementamos uma variante que "representa" cada cluster pelo medóide (ponto real mais próximo ao seu baricentro) em todas as iterações.

```

from sklearn.metrics import pairwise_distances

def k_medoids(X, k, max_iter=200, random_state=42):
    """
    Implementação simplificada de K-medoids:
    - Inicializa medóides (pontos reais) aleatórios.
    - Atribui cada ponto ao medóide mais próximo.
    - Atualiza cada medóide escolhendo o ponto do cluster que minimiza a soma de dist
    - Repete até estabilizar ou atingir max_iter.
    """

    rng = np.random.default_rng(random_state)
    n = X.shape[0]
    # Inicialização por amostragem sem reposição
    medoid_indices = rng.choice(n, size=k, replace=False)
    D = pairwise_distances(X, X) # matriz de distâncias completa

    for it in range(max_iter):
        # Atribuição
        distances_to_medoids = D[:, medoid_indices] # (n, k)
        labels = np.argmin(distances_to_medoids, axis=1)

        updated = False
        # Atualização por cluster
        for c in range(k):
            cluster_points = np.where(labels == c)[0]
            if len(cluster_points) == 0:
                continue
            # Soma das distâncias de cada candidato aos outros pontos do
            # cluster
            intra_D = D[np.ix_(cluster_points,
            cluster_points)] costs =
            intra_D.sum(axis=1)
            best_idx_in_cluster = cluster_points[np.argmin(costs)]
            if best_idx_in_cluster != medoid_indices[c]:
                medoid_indices[c] =
                best_idx_in_cluster updated = True
            if not updated:
                break
        return labels, medoid_indices
    #Executa K-medoids sobre os dados padronizados
    labels_kmedoids, medoids_idx = k_medoids(df_scaled_features.values, k=3,
    max_iter=200 medoids_countries = df[col_country].iloc[medoids_idx].tolist()
    print('Medóides (K-medoids) por cluster:', medoids_countries)

    # Comparação simples entre KMeans e K-medoids (medóides representativos)
    print('Medóides (KMeans) por cluster:')
    for c in sorted(medoid_country_map.keys()):
        Medóides (K-medoids) por cluster: ['Ghana', 'Tunisia',
        'Finland'] Medóides (KMeans) por cluster:
        Cluster 0: Iceland
        Cluster 1: Guinea

```

K-médias é sensível a outliers. Explique.

- O K-médias utiliza a média dos pontos para definir os centróides. A média é fortemente afetada por valores extremos; portanto, poucos outliers podem deslocar significativamente o centróide de um cluster, levando a atribuições incorretas e deteriorando a qualidade dos agrupamentos.

Por que DBSCAN é mais robusto a outliers?

- O DBSCAN define clusters como regiões de alta densidade separadas por regiões de baixa densidade. Pontos isolados (outliers) tendem a ser classificados como "ruído" (label -1) e não influenciam o centro do cluster. Além disso, não pressupõe formato globular nem exige número de clusters pré-definido, sendo mais robusto a diferentes formas e à presença de outliers.