

九、聚类

2017南京大学机器学习导论课程专用所有权保留

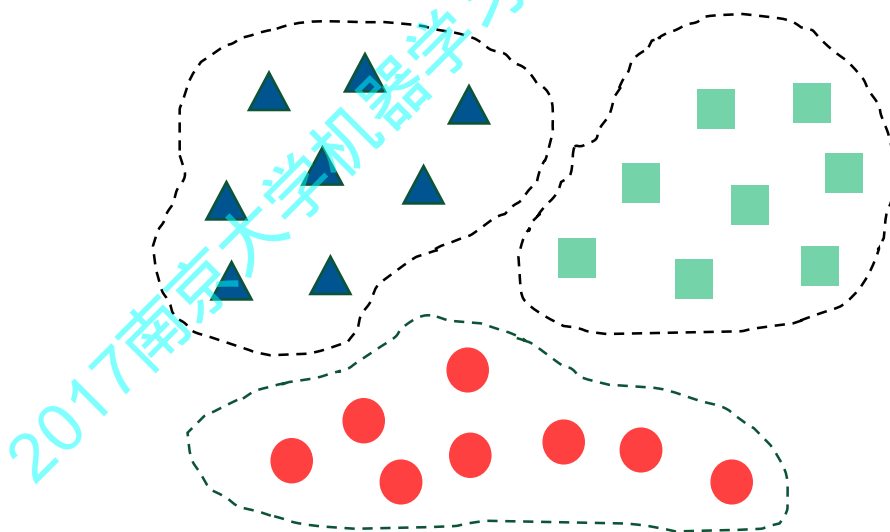
主讲教师：周志华

聚类 (Clustering)

在“无监督学习”任务中研究最多、应用最广

目标：将数据样本划分为若干个通常不相交的“簇” (cluster)

既可以作为一个单独过程（用于找寻数据内在的分布结构）
也可作为分类等其他学习任务的前驱过程



性能度量

聚类性能度量，亦称聚类“有效性指标” (validity index)

□ 外部指标 (external index)

将聚类结果与某个“参考模型” (reference model) 进行比较
如 Jaccard 系数, FM 指数, Rand 指数

□ 内部指标 (internal index)

直接考察聚类结果而不用任何参考模型
如 DB 指数, Dunn 指数等

基本想法:

- “簇内相似度” (intra-cluster similarity) 高, 且
- “簇间相似度” (inter-cluster similarity) 低

距离计算

距离度量 (distance metric) 需满足的基本性质:

非负性: $\text{dist}(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j) \geq 0$;

同一性: $\text{dist}(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j) = 0$ 当且仅当 $\mathbf{x}_i = \mathbf{x}_j$;

对称性: $\text{dist}(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j) = \text{dist}(\mathbf{x}_j, \mathbf{x}_i)$;

直递性: $\text{dist}(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j) \leq \text{dist}(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_k) + \text{dist}(\mathbf{x}_k, \mathbf{x}_j)$.

常用距离形式:

闵可夫斯基距离 (Minkowski distance)

$$\text{dist}_{\text{mk}}(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j) = \left(\sum_{u=1}^n |x_{iu} - x_{ju}|^p \right)^{\frac{1}{p}}$$

$p = 2$: 欧氏距离 (Euclidean distance)

$p = 1$: 曼哈顿距离 (Manhattan distance)

距离计算(续)

□ 对无序(non-ordinal)属性, 可使用 VDM (Value Difference Metric)

令 $m_{u,a}$ 表示属性 u 上取值为 a 的样本数, $m_{u,a,i}$ 表示在第 i 个样本簇中在属性 u 上取值为 a 的样本数, k 为样本簇数, 则属性 u 上两个离散值 a 与 b 之间的 VDM 距离为

$$VDM_p(a, b) = \sum_{i=1}^k \left| \frac{m_{u,a,i}}{m_{u,a}} - \frac{m_{u,b,i}}{m_{u,b}} \right|^p$$

□ 对混合属性, 可使用 MinkovDM

$$\text{MinkovDM}_p(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j) = \left(\sum_{u=1}^{n_c} |x_{iu} - x_{ju}|^p + \sum_{u=n_c+1}^n \text{VDM}_p(x_{iu}, x_{ju}) \right)^{\frac{1}{p}}$$

必须记住



聚类的“好坏”不存在绝对标准

**the goodness of clustering depends on
the opinion of the user**

常见聚类方法

□ 原型聚类

- 亦称“基于原型的聚类” (prototype-based clustering)
- 假设：聚类结构能通过一组原型刻画
- 过程：先对原型初始化，然后对原型进行迭代更新求解
- 代表：**k均值聚类**，**学习向量量化(LVQ)**，**高斯混合聚类**

□ 密度聚类

- 亦称“基于密度的聚类” (density-based clustering)
- 假设：聚类结构能通过样本分布的紧密程度确定
- 过程：从样本密度的角度来考察样本之间的可连接性，并基于可连接样本不断扩展聚类簇
- 代表：**DBSCAN**，**OPTICS**，**DENCLUE**

□ 层次聚类 (hierarchical clustering)

- 假设：能够产生不同粒度的聚类结果
- 过程：在不同层次对数据集进行划分，从而形成树形的聚类结构
- 代表：**AGNES** (自底向上)，**DIANA** (自顶向下)

k-means

每个簇以该簇中所有样本点的“均值”表示

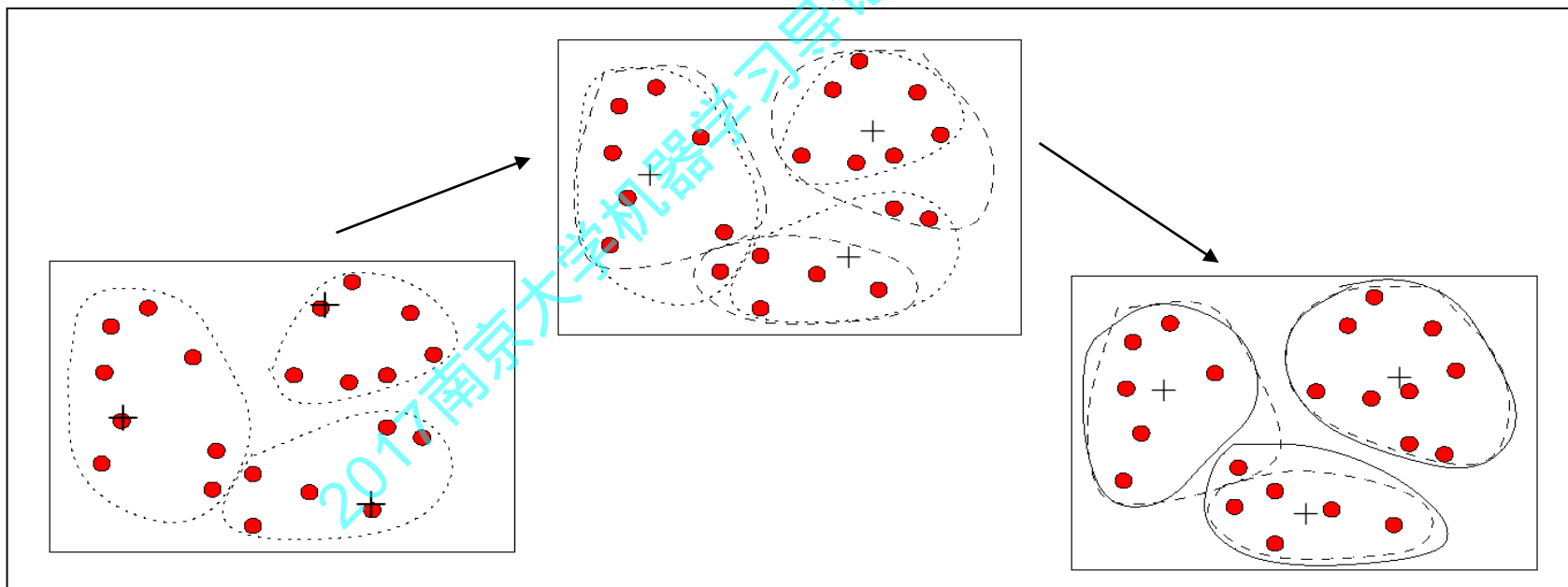
若不以均值向量为原型，而是以距离它最近的样本点为原型，则得到 k-medoids 算法

Step1: 随机选取k个样本点作为簇中心

Step2: 将其他样本点根据其与簇中心的距离，划分给最近的簇

Step3: 更新各簇的均值向量，将其作为新的簇中心

Step4: 若所有簇中心未发生改变，则停止；否则执行 Step 2



学习向量量化 (Learning Vector Quantization, LVQ)

也是试图找到一组原型向量来刻画聚类结构，但假设数据样本带有类别标记

实际上是通过聚类来形成类别的“子类”结构，每个子类对应一个聚类簇

输入： 样本集 $D = \{(x_1, y_1), (x_2, y_2), \dots, (x_m, y_m)\}$;
原型向量个数 q , 各原型向量预设的类别标记 $\{t_1, t_2, \dots, t_q\}$;
学习率 $\eta \in (0, 1)$.

过程：

- 1: 初始化一组原型向量 $\{p_1, p_2, \dots, p_q\}$
- 2: **repeat**
- 3: 从样本集 D 随机选取样本 (x_j, y_j) ;
- 4: 计算样本 x_j 与 p_i ($1 \leq i \leq q$) 的距离: $d_{ji} = \|x_j - p_i\|_2$;
- 5: 找出与 x_j 距离最近的原型向量 p_{i^*} , $i^* = \arg \min_{i \in \{1, 2, \dots, q\}} d_{ji}$;
- 6: **if** $y_j = t_{i^*}$ **then**
- 7: $p' = p_{i^*} + \eta \cdot (x_j - p_{i^*})$ x_j 与 p_{i^*} 的类别相同
- 8: **else**
- 9: $p' = p_{i^*} - \eta \cdot (x_j - p_{i^*})$ x_j 与 p_{i^*} 的类别不同
- 10: **end if**
- 11: 将原型向量 p_{i^*} 更新为 p'
- 12: **until** 满足停止条件

输出： 原型向量 $\{p_1, p_2, \dots, p_q\}$

高斯混合聚类 (Gaussian Mixture Clustering, GMM)

采用概率模型来表达聚类原型

n 维样本空间中的随机向量 \mathbf{x} 若服从高斯分布, 则其概率密度函数为

$$p(\mathbf{x}) = \frac{1}{(2\pi)^{\frac{n}{2}} |\Sigma|^{\frac{1}{2}}} e^{-\frac{1}{2}(\mathbf{x}-\mu)^T \Sigma^{-1}(\mathbf{x}-\mu)}$$

假设样本由下面这个高斯混合分布生成:

生成式模型

$$p_{\mathcal{M}}(\mathbf{x}) = \sum_{i=1}^k \alpha_i \cdot p(\mathbf{x} \mid \mu_i, \Sigma_i)$$

- 根据 $\alpha_1, \alpha_2, \dots, \alpha_k$ 定义的先验分布选择高斯混合成分, 其中 α_i 为选择第 i 个混合成分的概率;
- 然后, 根据被选择的混合成分的概率密度函数进行采样, 从而生成相应的样本

高斯混合聚类 (续)

样本 \mathbf{x}_j 由第 i 个高斯混合成分生成的后验概率为：

$$p_{\mathcal{M}}(z_j = i \mid \mathbf{x}_j) = \frac{P(z_j = i) \cdot p_{\mathcal{M}}(\mathbf{x}_j \mid z_j = i)}{p_{\mathcal{M}}(\mathbf{x}_j)} = \frac{\alpha_i \cdot p(\mathbf{x}_j \mid \boldsymbol{\mu}_i, \boldsymbol{\Sigma}_i)}{\sum_{l=1}^k \alpha_l \cdot p(\mathbf{x}_j \mid \boldsymbol{\mu}_l, \boldsymbol{\Sigma}_l)}$$

简记为 γ_{ji} ($i = 1, 2, \dots, k$)

参数估计可采用极大似然法，考虑最大化对数似然

$$LL(D) = \ln \left(\prod_{j=1}^m p_{\mathcal{M}}(\mathbf{x}_j) \right) = \sum_{j=1}^m \ln \left(\sum_{i=1}^k \alpha_i \cdot p(\mathbf{x}_j \mid \boldsymbol{\mu}_i, \boldsymbol{\Sigma}_i) \right)$$

EM 算法：

- (E步) 根据当前参数计算每个样本属于每个高斯成分的后验概率 γ_{ji}
- (M步) 更新模型参数 $\{(\alpha_i, \boldsymbol{\mu}_i, \boldsymbol{\Sigma}_i) \mid 1 \leq i \leq k\}$

DBSCAN

关键概念:

- 核心对象(core object): 若 x_j 的 ϵ -邻域至少包含 $MinPts$ 个样本, 即 $|N_\epsilon(x_j)| \geq MinPts$, 则 x_j 是一个核心对象;
- 密度直达(directly density-reachable): 若 x_j 位于 x_i 的 ϵ -邻域中, 且 x_i 是核心对象, 则称 x_j 由 x_i 密度直达;
- 密度可达(density-reachable): 对 x_i 与 x_j , 若存在样本序列 p_1, p_2, \dots, p_n , 其中 $p_1 = x_i, p_n = x_j$ 且 p_{i+1} 由 p_i 密度直达, 则称 x_j 由 x_i 密度可达;
- 密度相连(density-connected): 对 x_i 与 x_j , 若存在 x_k 使得 x_i 与 x_j 均由 x_k 密度可达, 则称 x_i 与 x_j 密度相连.

令 $MinPts = 3$,

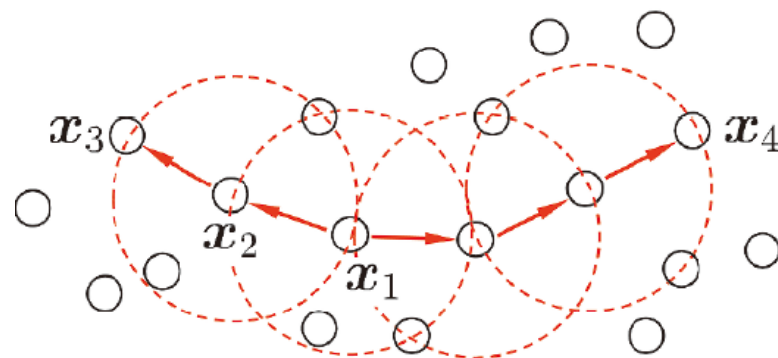
虚线显示出 ϵ 邻域

x_1 是核心对象

x_2 由 x_1 密度直达

x_3 由 x_1 密度可达

x_3 与 x_4 密度相连

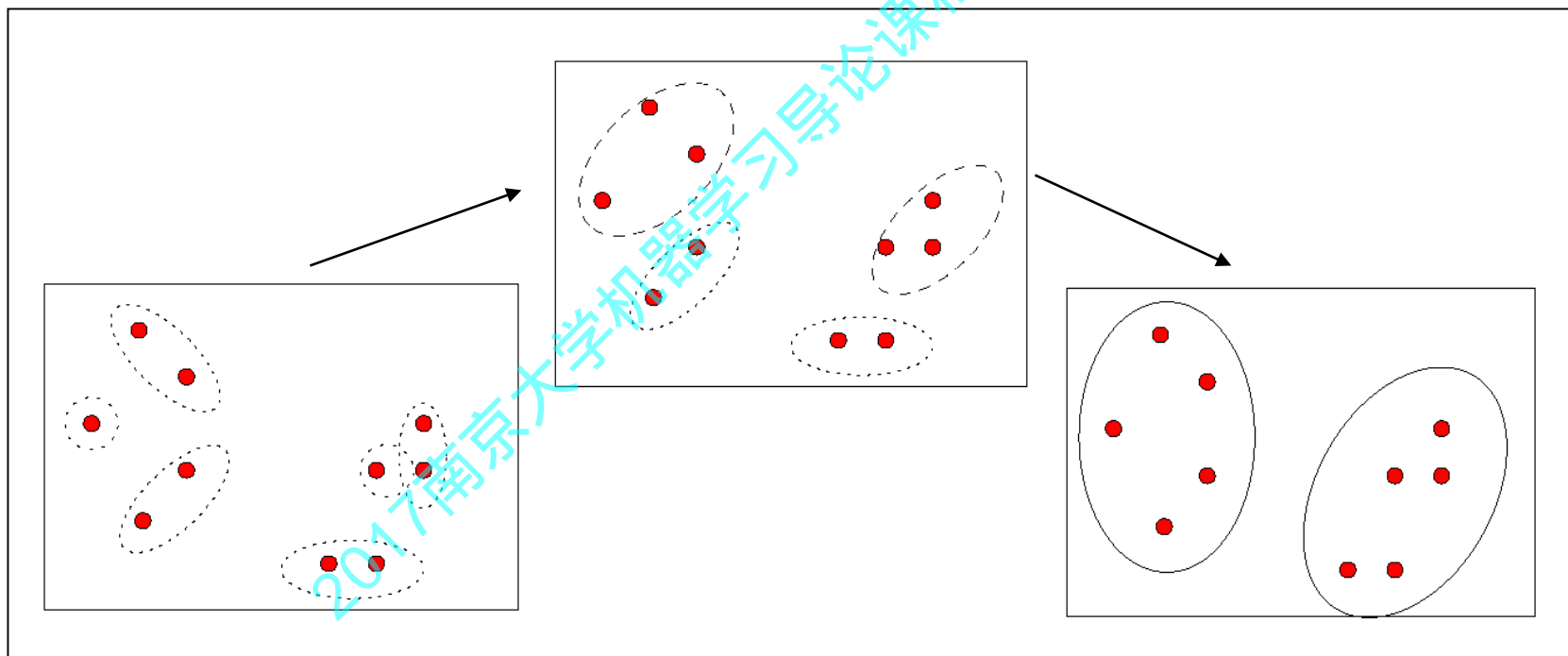


AGNES (AGglomerative NESting)

Step1: 将每个样本点作为一个簇

Step2: 合并最近的两个簇

Step3: 若所有样本点都存在与一个簇中，则停止；否则转到 Step2



AGNES

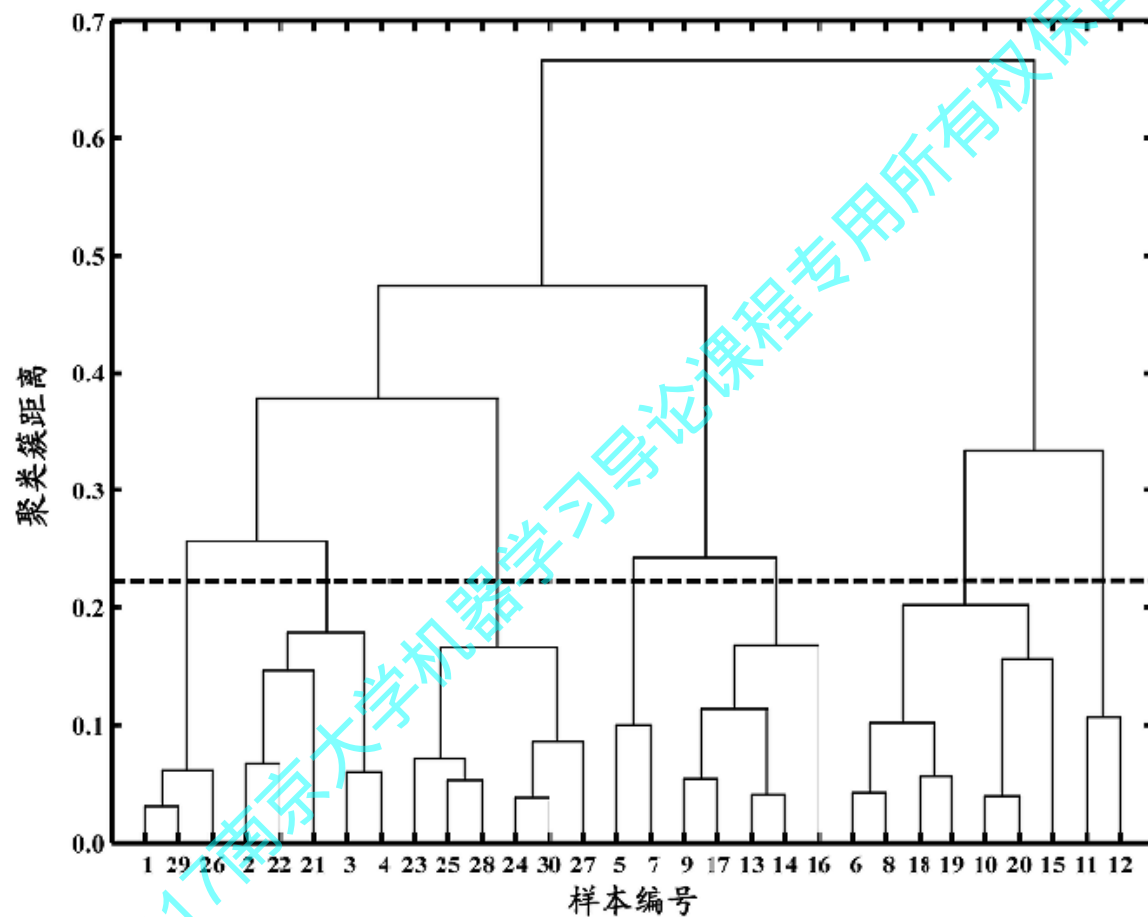


图 9.12 西瓜数据集 4.0 上 AGNES 算法生成的树状图(采用 d_{\max}). 横轴对应于样本编号, 纵轴对应于聚类簇距离.

聚类常用软件/工具包

□ Kmeans (Parallel implementation)

<http://www.ece.northwestern.edu/~wkliao/Kmeans/index.html>

□ Agnes etc. (Hierarchical clustering in R 'cluster' package)

<https://stat.ethz.ch/R-manual/R-devel/library/cluster/html/agnes.html>

□ Spectral Clustering

<https://www.cis.upenn.edu/~jshi/software/>

□

前往第十站.....

