

Ciencia de Datos

Clustering

Dr. José Ramón Iglesias

DSP-ASIC BUILDER GROUP Director Semillero TRIAC Ingenieria Electronica Universidad Popular del Cesar

Clustering Conglomerados

""Clasificación" NO supervisada

Mapa de Ruta

- 1. <u>Intuición</u> general de clustering
- 2. Conocimiento de los Datos e Información Relevante al problema
- 3. Importancia del conocimiento de dominio
- 4. Similaridad y/o Distancia entre datos
- 5. Algoritmos de agrupamiento
- 6. Evaluación de resultados: Visualización, Medidas y relevancia: utilidad o impacto

Clustering o agrupamiento

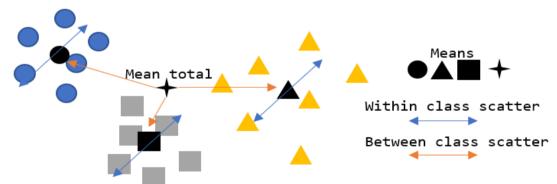
Agrupar objetos semejantes, parecidos

- Entrada: n objetos o individuos en un espacio m-dimensional:
 X en R^{nxm}, cada fila representa un objeto (vector con m valores)
- <u>Salida</u>: una **solución** con conglomerados (**clusters**) de objetos semejantes (semejantes → cercanos en el espacio o similares)
 - Se minimiza la distancia entre los objetos de un mismo conglomerado
 - Se maximiza la distancia entre los objetos de distintos conglomerados

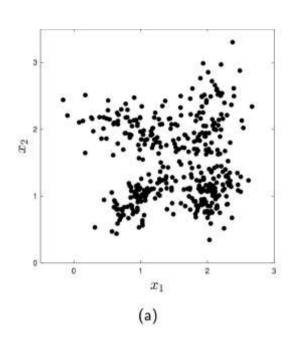
Cómo funciona clustering

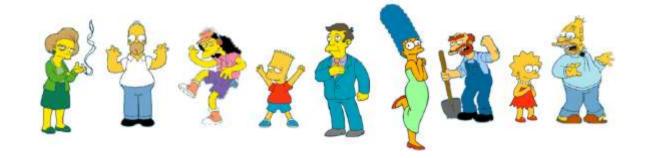
У

- Objetos de un mismo grupo son similares
- Objetos de distintos clusters son distantes o distintos



Mis Datos...





- ¿Cómo es el espacio? ¿Cómo represento mis problemas?
- ¿Cómo se calcula la distancia (semejanza) en este espacio?

Pre-procesamiento

Para atributos continuos:

- > Para evitar que unas variables dominen sobre otras los valores de los atributos se escalan o estandarizan a priori
- > sklearn.preprocessing: Preprocessing and Normalization
 - StandarScaler (z-score), c/variable o columna de media 0 y varianza 1
 - MinMaxScaler, por variable
- En algunas aplicaciones conviene normalizar por fila
- **normalize** (por defecto por fila, c/vector de norma 1, unitario)

 Notar que estamos haciendo una transformación de los datos-> Embedding ! Eh??!!

Pre-procesamiento

- Atributos categoricos
 - encoding mediante transformaciones
 - https://scikit-learn.org/stable/modules/preprocessing.html#preprocessing-categorical-features

Transformación de los datos-> Embedding

- Euclídea
- Distancia de Manhattan
- Distancia de mahalanobis
- * "distancia" del Coseno → primero normalizado por longitud de cada vector/fila,
- Similitud del coseno: considera el producto punto entre vectores, es alta cuando están alineados

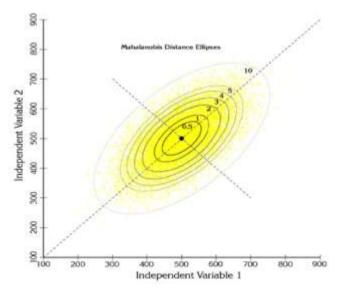
Distancia Euclídea

$$\underline{x} = (x_{1}, x_{2}, ..., x_{m})
\underline{y} = (y_{1}, y_{2}, ..., y_{m})
d(\underline{x}, \underline{y}) = [(\underline{x} - \underline{y})'(\underline{x} - \underline{y})]^{(\frac{1}{2})}
= [(x_{1} - y_{1})^{2} + (x_{2} - y_{2})^{2} + ... + (x_{m} - y_{m})^{2}]^{(\frac{1}{2})}
\underline{x} = (2, 2, 1)
\underline{y} = (1, 2, 1)
\underline{w} = (8, 8, 4)
d(\underline{x}, \underline{y}) = 1 = [(2 - 1)^{2} + (2 - 2)^{2} + (1 - 1)^{2}]^{(\frac{1}{2})}
d(x, w) = 9 = [(8 - 2)^{2} + (8 - 2)^{2} + (4 - 1)^{2}]^{(\frac{1}{2})}$$

Distancia de Mahalanobis

$$d(\vec{x},\vec{y}) = \sqrt{(\vec{x}-\vec{y})^T \Sigma^{-1} (\vec{x}-\vec{y})}.$$

- Considera las correlaciones entre variables.
- No depende de la escala de medida.



Distancia de Minkowski

$$d_r(x,y) = \left(\sum_{j=1}^{J} |x_j - y_j|^r\right)^{\frac{1}{r}}, \quad r \ge 1$$

Distancia de Manhattan (r=1) / city block / taxicab

$$d_1(x,y) = \sum_{j=1}^{J} |x_j - y_j|$$

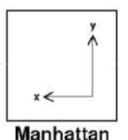
Distancia euclídea (r=2):

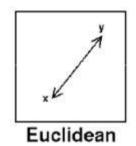
$$d_2(x,y) = \sqrt{\sum_{j=1}^{J} (x_j - y_j)^2}$$

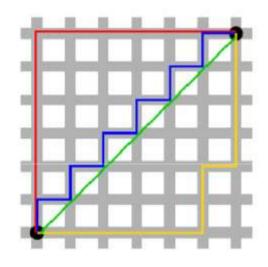
■ Distancia de Chebyshev (r→∞) / dominio / chessboard

$$d_{\infty}(x,y) = \max_{j=1...J} |x_j - y_j|$$

Distancia de Minkowski







- Distancia de Manhattan = 12
- Distancia euclídea ≈ 8.5
- Distancia de Chebyshev = 6

(roja, azul o amarilla)

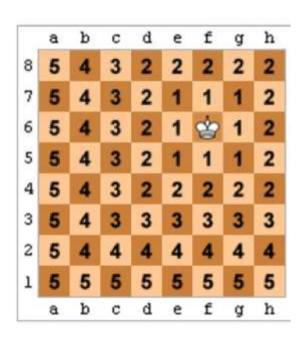
(verde - continua)

(verde - discreta)

Distancia de Chebyshev

$$d_{\infty}(x,y) = \max_{j=1..J} |x_j - y_j|$$

También conocida como distancia de tablero de ajedrez (chessboard distance): Número de movimientos que el rey ha de hacer para llegar de una casilla a otra en un tablero de ajedrez.



Distancias: datos discretos

Distancia de edición = Distancia de Levenshtein

Número de operaciones necesario para transformar una cadena en otra.

```
d("data mining", "data minino") = 1
d("efecto", "defecto") = 1
d("poda", "boda") = 1
d("night","natch") = d("natch","noche") = _
```

Aplicaciones: Correctores ortográficos, reconocimiento de voz, detección de plagios, análisis de ADN...

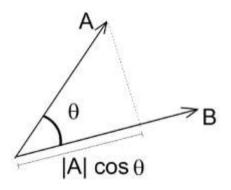
Para datos binarios: Distancia de Hamming

Similaridades

Medidas de correlación

Producto escalar

$$S_{\cdot}(x,y) = x \cdot y = \sum_{j=1}^{J} x_j y_j$$



"Cosine similarity"

$$\cos(\vec{x}, \vec{y}) = \sum_{i} \frac{x_i \cdot y_i}{\sqrt{\sum_{i} x_i^2} \cdot \sqrt{\sum_{i} y_i^2}}$$

Coeficiente de Tanimoto

$$s(\vec{X}, \vec{Y}) = \frac{\vec{X}^t \cdot \vec{Y}}{\vec{X}^t \cdot \vec{X} + \vec{Y}^t \cdot \vec{Y} - \vec{X}^t \cdot \vec{Y}},$$

Similaridad vs Distancia

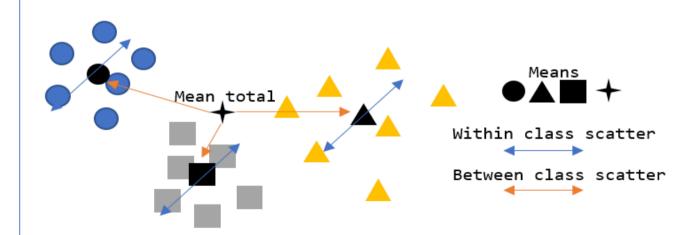
¿Cuál es la diferencia?

Algoritmos de clustering

- k-Medias, PAM/CLARA/CLARANS
- Mezcla de gaussianas (GMM), MeanShift
- DBSCAN, Optics, DenClue
- Clustering jerárquico
 - ➤ Ward, Diana/Agnes, BIRCH, CURE, Chameleon, ROCK

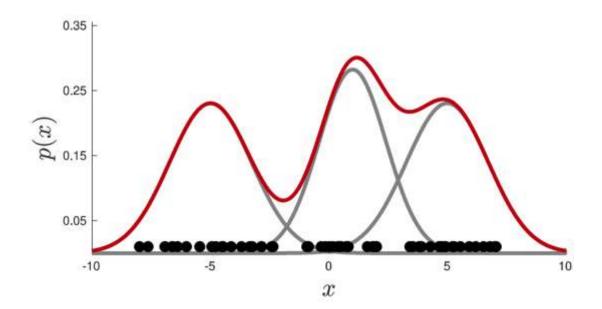
K-means

- Particiona usando distancia a k centroides (k-medias)

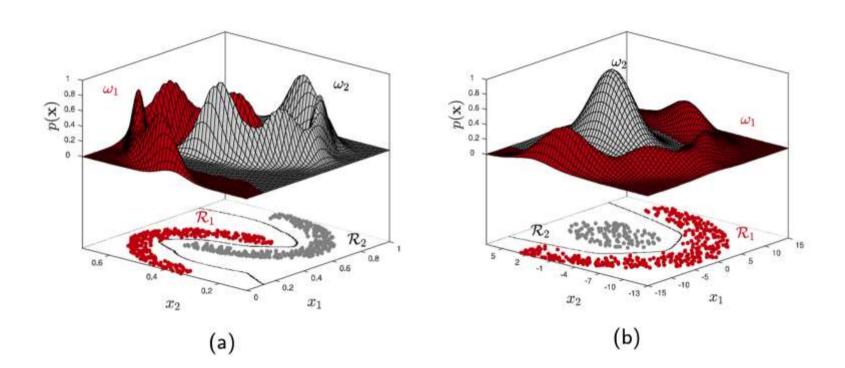


Mezcla de Gaussianas (GMM)

- Supongamos tener alguna información
 - > Datos numéricos (reales),
 - > producidos por una densidad mezcla de Gaussianas,



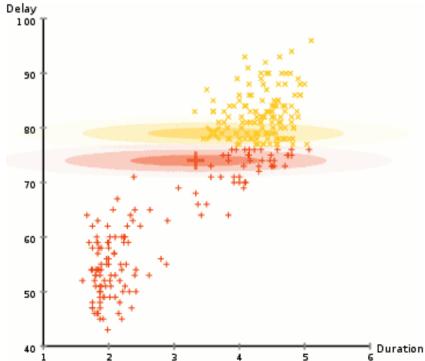
Mezcla de Gaussianas



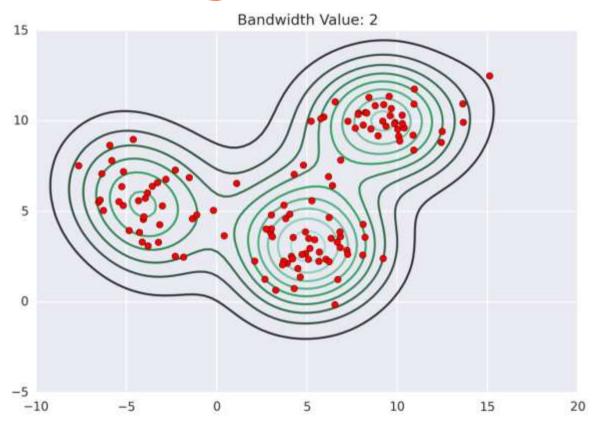
Como funciona el GMM?

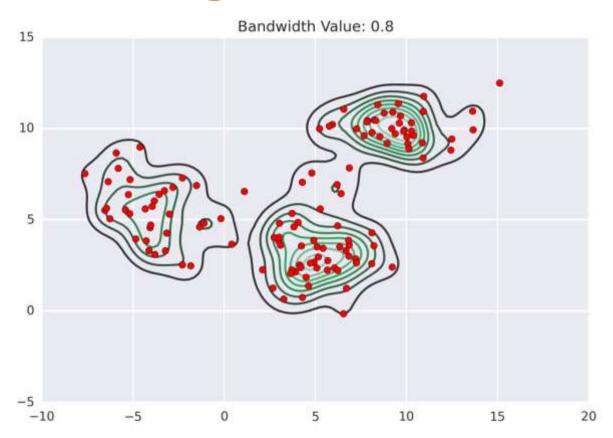
Comenzamos con una partición aleatoria de la cual se sacan los parámetros

de inicio y desde allí se itera



- Parámetro **bandwidth** debe ser fijado a priori, le define un entorno de influencia o cercanía a cada dato y media móvil.
 - el algorimto se define inicializado con cada dato, considera el entorno de cercanía de este y calcula la media de los datos de ese entorno, el dato se <u>cambia por esa media</u> y se repite el algoritmo de forma iterativa hasta converger.
- El parámetro también se utiliza para definir un kernel de densidad
 - ➤ Intuitivamente se suman esas densidades y se encuentran los centros o regiones más densos y la cantidad de estas.





- Parámetro bandwidth fijado a priori.
- Puede ser estimado utilizando la teoría no paramétrica, dependiendo de que kernel se use.
- Note_fig4.ipynb tiene un ejemplo de Mean Shift automático
- (No tiene sentido usar medidas de bondad de ajuste BIC o AIC pues no se está fijando un modelo paramétrico)

Notebook

Demo CIED04_clustering_2_fifa2019.ipynb

Dbscan

Hay dos parámetros en este algoritmo: min_samples y eps, donde min_samples son los datos mínimos requeridos en un entorno de radio eps, los cuales definen la noción de zona densa.

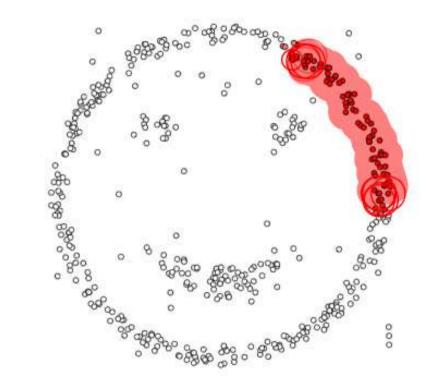
Un cluster es un conjunto de puntos de núcleo cercanos unos con otros, junto a un conjunto de puntos no núcleo que están cercanos a algún punto de núcleo.

Dbscan

El algoritmo empieza con una muestra aleatoria y encuentra todos los puntos en el entorno de radio eps.

Si el número de puntos es mayor a min_number se etiqueta ese punto como un punto de núcleo, si no es un punto outlier.

Dbsca



epsilon = 1.00 minPoints = 4

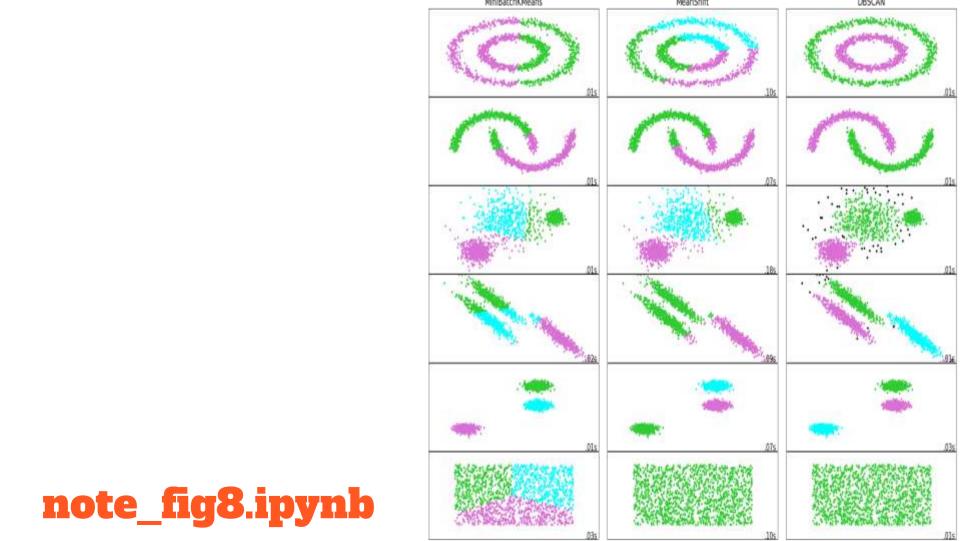
Restart

Pause

Dbscan

Todos los puntos del entorno se etiquetan como puntos no núcleo de cluster. Se realiza el mismo procedimiento para cada uno de ellos, cambiando a punto con su etiqueta y agregando nuevos puntos, o marcando outliers.

Si no hay más puntos en un entorno eps de cada punto del cluster, se salta a otro punto aleatoriamente y se continúa hasta que todo punto es bien un punto de cluster o un outlier.



Clustering jerárquico

Si no queremos especificar k...

Algoritmos jerárquicos que generan una

taxonomía jerárquica de clusters (dendrograma)

- Interpretación más rica
- Más difícil de interpretar
- El corte del árbol tiene que ser ortogonal

