Introduction à la fouille de données

 $\begin{array}{c} M.~Ledmi \\ m_ledmi@esi.dz \end{array}$

Département d'Informatique Khenchela

2020/2021





Plan

- Segmentation (Clustering)
 - Introduction
 - Problématique
 - Distance et Dissimilarité
 - Algorithme k-Means





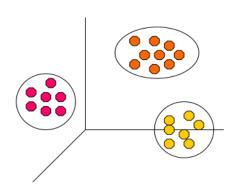
Vous êtes ici

- Segmentation (Clustering)
 - Introduction
 - Problématique
 - Distance et Dissimilarité
 - Algorithme k-Means



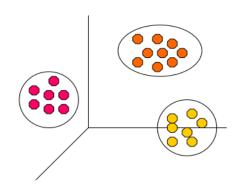


- Elle est aussi appelée classification non supervisée.
- Un cluster est une collection d'objets de données :
 - Similaires les uns aux autres dans le même segment,
 - Différents des objets dans d'autres segment.





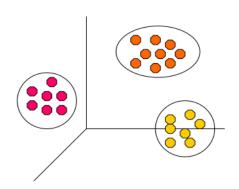
- Elle est aussi appelée classification non supervisée.
- Un cluster est une collection d'objets de données :
 - Similaires les uns aux autres dans le même segment,
 - Différents des objets dans d'autres segments





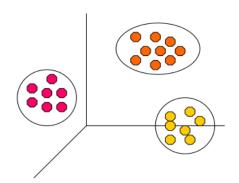


- Elle est aussi appelée classification non supervisée.
- Un cluster est une collection d'objets de données :
 - Similaires les uns aux autres dans le même segment,
 - Différents des objets dans d'autres segments





- Elle est aussi appelée classification non supervisée.
- Un cluster est une collection d'objets de données :
 - Similaires les uns aux autres dans le même segment,
 - Différents des objets dans d'autres segments.



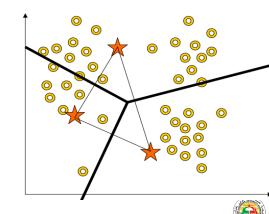


- Créer un partitionnement initial.
- Utiliser une stratégie de contrôle itérative pour l'optimiser.

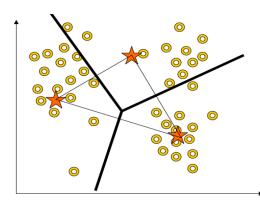




- Méthode de partitionnement :
 - Créer un partitionnement initial.
 - Utiliser une stratégie de contrôle itérative pour l'optimiser.



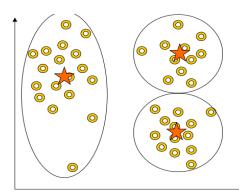
- Créer un partitionnement initial.
- Utiliser une stratégie de contrôle itérative pour l'optimiser.







- Créer un partitionnement initial.
- Utiliser une stratégie de contrôle itérative pour l'optimiser.





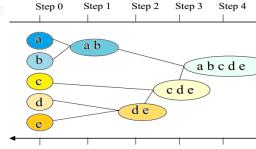


- Créer un partitionnement initial.
- Utiliser une stratégie de contrôle itérative pour l'optimiser.





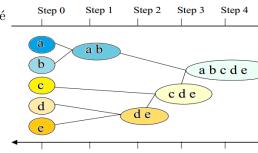
- Construire une hiérarchie de clusters (appele dendrogramme),
- Non seulement un partitionnement unique des obiets.
- Utiliser une condition de terminaison. (ex. Nombre de clusters).
- Méthodes basées sur la densité : utiliser les fonctions de densité de voisinage.







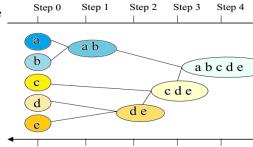
- Construire une hiérarchie de clusters (appelé dendrogramme),
- Non seulement un partitionnement unique des obiets.
- Utiliser une condition de terminaison. (ex. Nombre de clusters).
- Méthodes basées sur la densité : utiliser les fonctions de densité de voisinage.







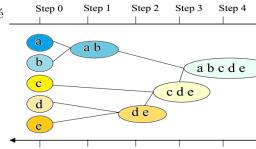
- Construire une hiérarchie de clusters (appelé dendrogramme),
- Non seulement un partitionnement unique des objets.
- Utiliser une condition de terminaison. (ex. Nombre de clusters).
- Méthodes basées sur la densité : utiliser les fonctions de densité de voisinage.







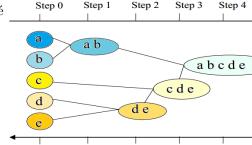
- Construire une hiérarchie de clusters (appelé dendrogramme),
- Non seulement un partitionnement unique des objets.
- Utiliser une condition de terminaison. (ex. Nombre de clusters).
- Méthodes basées sur la densité : utiliser les fonctions de densité de voisinage.







- Construire une hiérarchie de clusters (appelé dendrogramme),
- Non seulement un partitionnement unique des objets.
- Utiliser une condition de terminaison. (ex. Nombre de clusters).
- Méthodes basées sur la densité : utiliser les fonctions de densité de voisinage.







- La reconnaissance de formes et le traitement d'images.
- Analyse des données spatiales : créer des cartes thématiques dans les systèmes d'information géographique (SIG).
- Bioinformatique : la détermination des groupes de signatures à partir d'une base de données de gènes.
- Web : clustering des fichiers log pour découvrir des modèles d'accès similaires.





- La reconnaissance de formes et le traitement d'images.
- Analyse des données spatiales : créer des cartes thématiques dans les systèmes d'information géographique (SIG).





- La reconnaissance de formes et le traitement d'images.
- Analyse des données spatiales : créer des cartes thématiques dans les systèmes d'information géographique (SIG).
- Bioinformatique : la détermination des groupes de signatures à partir d'une base de données de gènes.





- La reconnaissance de formes et le traitement d'images.
- Analyse des données spatiales : créer des cartes thématiques dans les systèmes d'information géographique (SIG).
- Bioinformatique : la détermination des groupes de signatures à partir d'une base de données de gènes.
- Web : clustering des fichiers log pour découvrir des modèles d'accès similaires.





Problèmatique

Problèmatique

Soit \mathcal{P} une polpulation d'instances de données à N attributs, trouver un partitionnement en K clusters (groupes) $\{C_1, C_2, \dots C_K\}$ de \mathcal{P} telque :

$$\bigcup_{k=1}^{K} C_k = \mathcal{P}$$

Où les clusters C_k soient :

- Homogènes que possible (similaires au sein d'un même groupe).
- Distincts que possible (dissimilaires quand ils appartiennent à des groupes différents).





Problèmatique

Problèmatique

Soit \mathcal{P} une polpulation d'instances de données à N attributs, trouver un partitionnement en K clusters (groupes) $\{C_1, C_2, \dots C_K\}$ de \mathcal{P} telque :

$$\bigcup_{k=1}^{K} C_k = \mathcal{P}$$

Où les clusters C_k soient :

- Homogènes que possible (similaires au sein d'un même groupe).
- Distincts que possible (dissimilaires quand ils appartiennent à des groupes différents).





Problèmatique

Problèmatique

Soit \mathcal{P} une polpulation d'instances de données à N attributs, trouver un partitionnement en K clusters (groupes) $\{C_1, C_2, \dots C_K\}$ de \mathcal{P} telque :

$$\bigcup_{k=1}^{K} C_k = \mathcal{P}$$

Où les clusters C_k soient :

- Homogènes que possible (similaires au sein d'un même groupe).
- Distincts que possible (dissimilaires quand ils appartiennent à des groupes différents).





- Une bonne méthode de clustering produira des clusters d'excellente qualité avec :
 - Similarité intra-classe importante
 - Similarité inter-classe faible.
- La qualité d'un clustering dépend de :
 - L'implémentation de la mesure de similarit
- La qualité d'une méthode de clustering est évaluée par son abilité à découvrir certains ou tous les "pattern" cachés.





- Une bonne méthode de clustering produira des clusters d'excellente qualité avec :
 - Similarité intra-classe importante.
 - Similarité inter-classe faible.
- La qualité d'un clustering dépend de :
- a La qualitá d'una máthada da alustaring
- La qualité d'une méthode de clustering est évaluée par son abilité à découvrir certains ou tous les "pattern" cachés.





- Une bonne méthode de clustering produira des clusters d'excellente qualité avec :
 - Similarité intra-classe importante.
 - Similarité inter-classe faible.
- La qualité d'un clustering dépend de :
 La mesure de similarité utilisée.
- La qualité d'une méthode de clustering est évaluée par son abilité à découvrir certains ou tous les "pattern" cachés.





- Une bonne méthode de clustering produira des clusters d'excellente qualité avec :
 - Similarité intra-classe importante.
 - Similarité inter-classe faible.
- La qualité d'un clustering dépend de :
 - La mesure de similarité utilisée.
 - L'implémentation de la mesure de similarité.
- La qualité d'une méthode de clustering est évaluée par son abilité à découvrir certains ou tous les "pattern" cachés.





- Une bonne méthode de clustering produira des clusters d'excellente qualité avec :
 - Similarité intra-classe importante.
 - Similarité inter-classe faible.
- La qualité d'un clustering dépend de :
 - La mesure de similarité utilisée.
 - L'implémentation de la mesure de similarité
- La qualité d'une méthode de clustering est évaluée par son abilité à découvrir certains ou tous les "pattern" cachés.





- Une bonne méthode de clustering produira des clusters d'excellente qualité avec :
 - Similarité intra-classe importante.
 - Similarité inter-classe faible.
- La qualité d'un clustering dépend de :
 - La mesure de similarité utilisée.
 - L'implémentation de la mesure de similarité.
- La qualité d'une méthode de clustering est évaluée par son abilité à découvrir certains ou tous les "pattern" cachés.





- Une bonne méthode de clustering produira des clusters d'excellente qualité avec :
 - Similarité intra-classe importante.
 - Similarité inter-classe faible.
- La qualité d'un clustering dépend de :
 - La mesure de similarité utilisée.
 - L'implémentation de la mesure de similarité.
- La qualité d'une méthode de clustering est évaluée par son abilité à découvrir certains ou tous les "pattern" cachés.





® Distance

On appelle distance sur un ensemble E, une application $d: E \times E \leftarrow \mathbb{R}^+$ telle que :

- Séparation : $\forall (x,y) \in E^2 : d(x,y) = 0 \text{ ssi } x = y$
- Symétrie: $\forall (x,y) \in E^2 : d(x,y) = d(y,x)$
- **3** $Inégalité triangulaire : <math>\forall (x, y, z) \in E^3 : d(x, z) \leq d(x, y) + d(y, y)$

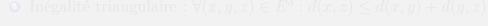




® Distance

On appelle distance sur un ensemble E, une application $d: E \times E \leftarrow \mathbb{R}^+$ telle que :

- Séparation : $\forall (x,y) \in E^2 : d(x,y) = 0 \text{ ssi } x = y$
- Symétrie: $\forall (x,y) \in E^2 : d(x,y) = d(y,x)$







® Distance

On appelle distance sur un ensemble E, une application $d: E \times E \leftarrow \mathbb{R}^+$ telle que :

- Séparation : $\forall (x,y) \in E^2 : d(x,y) = 0 \text{ ssi } x = y$
- Symétrie : $\forall (x,y) \in E^2 : d(x,y) = d(y,x)$
- $\ \ \, \ \,$ Inégalité triangulaire : $\forall (x,y,z) \in E^3: d(x,z) \leq d(x,y) + d(y,z)$

 Une dissimilarité est une application qui a les propriétés de la distance sauf éventuellement l'inégalité triangulaire.



® Distance

On appelle distance sur un ensemble E, une application $d: E \times E \leftarrow \mathbb{R}^+$ telle que :

- Séparation : $\forall (x,y) \in E^2 : d(x,y) = 0 \text{ ssi } x = y$
- Symétrie : $\forall (x,y) \in E^2 : d(x,y) = d(y,x)$
- $\ \ \, \ \,$ Inégalité triangulaire : $\forall (x,y,z) \in E^3: d(x,z) \leq d(x,y) + d(y,z)$

 Une dissimilarité est une application qui a les propriétés de la distance sauf éventuellement l'inégalité triangulaire.



Oblistance

On appelle distance sur un ensemble E, une application $d: E \times E \leftarrow \mathbb{R}^+$ telle que :

- Séparation : $\forall (x,y) \in E^2 : d(x,y) = 0 \text{ ssi } x = y$
- \bullet Inégalité triangulaire : $\forall (x,y,z) \in E^3 : d(x,z) \leq d(x,y) + d(y,z)$
- Une dissimilarité est une application qui a les propriétés de la distance sauf éventuellement l'inégalité triangulaire.



Définir une distance sur chacun des attributs :

- Distance : d(x, y) = |x y|,
- Distance normalisée : $d(x,y) = \frac{|x-y|}{d_{max}}$





Définir une distance sur chacun des attributs :

- Distance : d(x, y) = |x y|,
- Distance normalisée : $d(x,y) = \frac{|x-y|}{d_{max}}$





Définir une distance sur chacun des attributs :

• Distance : d(x, y) = |x - y|,

• Distance normalisée : $d(x,y) = \frac{|x-y|}{d_{max}}$

Exemple: Age, taille, poids.





- Données binaires: d(0,0) = d(1,1) = 0, d(0,1) = d(1,0) = 1.
- Données énumératives : distance nulle si les valeurs sont égales et 1 sinon
- Données énumératives ordonnées : On peut définir une distance utilisant la relation d'ordre.
- Données de types complexes : textes, images, données génétiques, ... etc.





- Données binaires : d(0,0) = d(1,1) = 0, d(0,1) = d(1,0) = 1.
- Données énumératives : distance nulle si les valeurs sont égales et 1 sinon
- Données énumératives ordonnées : On peut définir une distance utilisant la relation d'ordre.
- Données de types complexes : textes, images, données génétiques, ... etc.





- Données binaires : d(0,0) = d(1,1) = 0, d(0,1) = d(1,0) = 1.
- Données énumératives : distance nulle si les valeurs sont égales et 1 sinon.
- Données énumératives ordonnées : On peut définir une distance utilisant la relation d'ordre.
- Données de types complexes : textes, images, données génétiques, ... etc.





- Données binaires : d(0,0) = d(1,1) = 0, d(0,1) = d(1,0) = 1.
- Données énumératives : distance nulle si les valeurs sont égales et 1 sinon.
- Données énumératives ordonnées : On peut définir une distance utilisant la relation d'ordre.
- Données de types complexes : textes, images, données génétiques, ... etc.





- Attributs discrets :
 - Données binaires : d(0,0) = d(1,1) = 0, d(0,1) = d(1,0) = 1.
 - Données énumératives : distance nulle si les valeurs sont égales et 1 sinon.
 - Données énumératives ordonnées : On peut définir une distance utilisant la relation d'ordre.
- Données de types complexes : textes, images, données génétiques, ... etc.





Standardiser les données

• Calculer l'écart absolu moyen :

$$S_f = \frac{1}{n}(|x_{1f} - M_f| + |x_{2f} - M_f| + \dots + |x_{nf} - M_f|)$$
 où $M_f = \frac{1}{n}(x_{1f} + x_{2f} + \dots + x_{nf})$

• Calculer la mesure standardisée (z-score) : $z_{if} = \frac{x_{if} - M_f}{S_f}$

Utiliser une distance : Soient $x = (x_1, \ldots, x_n)$ et $y = (y_1, \ldots, y_n)$

- Distance Euclidienne : $d(x,y) = \sqrt{\sum_{i=1}^{n} (x_i y_i)^2}$
- Distance de Manhattan : $d(x,y) = \sum_{i=1}^{n} |x_i y_i|$
- Distance de **Minkowski** : $d(x,y) = \sqrt[q]{\sum_{i=1}^{n} |x_i y_i|^q}$





Standardiser les données

• Calculer l'écart absolu moyen :

$$S_f = \frac{1}{n}(|x_{1f} - M_f| + |x_{2f} - M_f| + \dots + |x_{nf} - M_f|)$$
 où $M_f = \frac{1}{n}(x_{1f} + x_{2f} + \dots + x_{nf})$

• Calculer la mesure standardisée (z-score) : $z_{if} = \frac{x_{if} - M_f}{S_f}$

Utiliser une distance : Soient $x = (x_1, \ldots, x_n)$ et $y = (y_1, \ldots, y_n)$

- Distance Euclidienne : $d(x,y) = \sqrt{\sum_{i=1}^{n} (x_i y_i)^2}$
- Distance de Manhattan : $d(x,y) = \sum_{i=1}^{n} |x_i y_i|$
- Distance de Minkowski : $d(x,y) = \sqrt[q]{\sum_{i=1}^{n} |x_i y_i|^q}$





Standardiser les données

• Calculer l'écart absolu moyen :

$$S_f = \frac{1}{n}(|x_{1f} - M_f| + |x_{2f} - M_f| + \dots + |x_{nf} - M_f|)$$
 où $M_f = \frac{1}{n}(x_{1f} + x_{2f} + \dots + x_{nf})$

• Calculer la mesure standardisée (z-score) : $z_{if} = \frac{x_{if} - M_f}{S_f}$

Utiliser une distance : Soient $x = (x_1, \ldots, x_n)$ et $y = (y_1, \ldots, y_n)$

- Distance Euclidienne : $d(x,y) = \sqrt{\sum_{i=1}^{n} (x_i y_i)^2}$
- Distance de Manhattan : $d(x,y) = \sum_{i=1}^{n} |x_i y_i|$
- Distance de **Minkowski** : $d(x,y) = \sqrt[q]{\sum_{i=1}^n |x_i y_i|^q}$





Exemple:

• Calculer d(P1,P2), d(P1,P3) sans standardiser les données :

Conclusion : P1 ressemble plus à P2 qu'à P3

 Calculer d(P1,P2), d(P1,P3) après avos standardisé les données :
 Conclusion : P1 ressemble plus à P3 qu'à P2

| | Age | Salaire |
|----|-----|---------|
| P1 | 50 | 11000 |
| P2 | 70 | 11100 |
| Р3 | 60 | 11122 |
| P4 | 60 | 11074 |

d(P1,P2)=120 d(P1,P3)=132

Exemple:

• Calculer d(P1,P2), d(P1,P3) sans standardiser les données :

Conclusion : P1 ressemble plus à P2 qu'à P3

 Calculer d(P1,P2), d(P1,P3) après avoir standardisé les données :
 Conclusion : P1 ressemble plus à P3 qu'à P2

| | Age | Salaire |
|----|-----|---------|
| P1 | 50 | 11000 |
| P2 | 70 | 11100 |
| P3 | 60 | 11122 |
| P4 | 60 | 11074 |

$$d(P1,P2)=120 d(P1,P3)=132$$



Exemple:

• Calculer d(P1,P2), d(P1,P3) sans standardiser les données :

Conclusion : P1 ressemble plus à P2 qu'à P3

 Calculer d(P1,P2), d(P1,P3) après avoir standardisé les données :
 Conclusion : P1 ressemble plus à P3 qu'à P2

| | Age | Salaire |
|----|-----|---------|
| P1 | 50 | 11000 |
| P2 | 70 | 11100 |
| P3 | 60 | 11122 |
| P4 | 60 | 11074 |

$$d(P1,P2)=120 d(P1,P3)=132$$



Exemple:

• Calculer d(P1,P2), d(P1,P3) sans standardiser les données :

Conclusion : P1 ressemble plus à P2 qu'à P3

• Calculer d(P1,P2), d(P1,P3) après avoir standardisé les données :

Conclusion: P1 ressemble plus à P3 au'à P2

| | Age | Salaire |
|----|-----|---------|
| P1 | 50 | 11000 |
| P2 | 70 | 11100 |
| Р3 | 60 | 11122 |
| P4 | 60 | 11074 |

| d(P1,P2)=120 | d(P1,P3) |) = 132 |
|--------------|----------|---------|
|--------------|----------|---------|



Exemple:

• Calculer d(P1,P2), d(P1,P3) sans standardiser les données :

Conclusion : P1 ressemble plus à P2 qu'à P3

• Calculer d(P1,P2), d(P1,P3) après avoir standardisé les données :

Conclusion : P1 ressemble plus à P3 au'à P2

| | Age | Salaire |
|----|-----|---------|
| P1 | 50 | 11000 |
| P2 | 70 | 11100 |
| P3 | 60 | 11122 |
| P4 | 60 | 11074 |

| d(| (P1 | ,P2 | 2) = | 120 | d(P) | 1,P3 |)=132 |
|----|-----|-----|------|-----|------|------|-------|
|----|-----|-----|------|-----|------|------|-------|

| | Age | Salaire |
|----|-----|---------|
| P1 | -2 | -2 |
| P2 | 2 | 0.7 |
| P3 | 0 | 1.3 |
| P4 | 0 | 0 |



Exemple:

• Calculer d(P1,P2), d(P1,P3) sans standardiser les données :

Conclusion : P1 ressemble plus à P2 qu'à P3

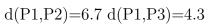
• Calculer d(P1,P2), d(P1,P3) après avoir standardisé les données :

Conclusion : P1 ressemble plus à P3 qu'à P2

| | Age | Salaire |
|----|-----|---------|
| P1 | 50 | 11000 |
| P2 | 70 | 11100 |
| P3 | 60 | 11122 |
| P4 | 60 | 11074 |

$$d(P1,P2)=120 d(P1,P3)=132$$

| | Age | Salaire |
|----|-----|---------|
| P1 | -2 | -2 |
| P2 | 2 | 0.7 |
| P3 | 0 | 1.3 |
| P4 | 0 | 0 |





Exemple:

• Calculer d(P1,P2), d(P1,P3) sans standardiser les données :

Conclusion : P1 ressemble plus à P2 qu'à P3

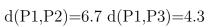
• Calculer d(P1,P2), d(P1,P3) après avoir standardisé les données :

Conclusion : P1 ressemble plus à P3 qu'à P2

| | Age | Salaire |
|----|-----|---------|
| P1 | 50 | 11000 |
| P2 | 70 | 11100 |
| P3 | 60 | 11122 |
| P4 | 60 | 11074 |

d(P1,P2)=120 d(P1,P3)=132

| | Age | Salaire |
|----|-----|---------|
| P1 | -2 | -2 |
| P2 | 2 | 0.7 |
| P3 | 0 | 1.3 |
| P4 | 0 | 0 |





• Coefficient de correspondance simple : (similarité invariante, si la variable binaire est *symétrique*) :

$$d(i,j) = \frac{b+c}{a+b+c+d}$$

• Coefficient de Jaccard : (similarité non invariante, si la variable binaire est asymétrique) :

$$d(i,j) = \frac{b+c}{a+b+c}$$

| | | | Objet J | | |
|---------|-------|-------|---------|-------|--|
| | | 1 | 0 | Somme | |
| Objet I | 1 | a | b | a+b | |
| Objet 1 | 0 | c | d | c+d | |
| | Somme | a + c | b+d | n | |

Table de dissimilarité





• Coefficient de correspondance simple : (similarité invariante, si la variable binaire est *symétrique*) :

$$d(i,j) = \frac{b+c}{a+b+c+d}$$

• Coefficient de Jaccard : (similarité non invariante, si la variable binaire est asymétrique) :

$$d(i,j) = \frac{b+c}{a+b+c}$$

| | | Obj | | |
|---------|-------|-------|-----|-------|
| | | 1 | 0 | Somme |
| Objet I | 1 | a | b | a + b |
| Objet 1 | 0 | c | d | c+d |
| | Somme | a + c | b+d | n |

Table – Table de dissimilarité



Exemple:

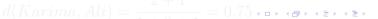
| Nom | Fièvre | Toux | Test-1 | Test-2 | Test-3 | Test-4 |
|--------|--------|------|--------|--------|--------|--------|
| Salim | Oui | N | P | N | N | N |
| Karima | Oui | N | P | N | P | N |
| Ali | Oui | Р | N | N | N | N |

Table – Table de patients

$$d(Salim, Karima) = \frac{0+1}{2+0+1} = 0.33$$

$$d(Salim, Ali) = \frac{1+1}{1+1+1} = 0.67$$





Exemple:

| Nom | Fièvre | Toux | Test-1 | Test-2 | Test-3 | Test-4 |
|--------|--------|------|--------|--------|--------|--------|
| Salim | Oui | N | P | N | N | N |
| Karima | Oui | N | P | N | P | N |
| Ali | Oui | Р | N | N | N | N |

Table – Table de patients

$$d(Salim, Karima) = \frac{0+1}{2+0+1} = 0.33$$

$$d(Salim, Ali) = \frac{1+1}{1+1+1} = 0.67$$



Exemple:

| Nom | Fièvre | Toux | Test-1 | Test-2 | Test-3 | Test-4 |
|--------|--------|------|--------|--------|--------|--------|
| Salim | Oui | N | P | N | N | N |
| Karima | Oui | N | P | N | P | N |
| Ali | Oui | Р | N | N | N | N |

Table – Table de patients

$$d(Salim, Karima) = \frac{0+1}{2+0+1} = 0.33$$

$$d(Salim, Ali) = \frac{1+1}{1+1+1} = 0.67$$





Exemple:

| Nom | Fièvre | Toux | Test-1 | Test-2 | Test-3 | Test-4 |
|--------|--------|------|--------|--------|--------|--------|
| Salim | Oui | N | P | N | N | N |
| Karima | Oui | N | P | N | P | N |
| Ali | Oui | Р | N | N | N | N |

Table – Table de patients

$$d(Salim, Karima) = \frac{0+1}{2+0+1} = 0.33$$

$$d(Salim, Ali) = \frac{1+1}{1+1+1} = 0.67$$

$$d(Karima, Ali) = \frac{2+1}{1+2+1} = 0.75$$





- Généralisation des variables binaires, avec plus de 2 états : rouge, jaune, bleu, vert . . . etc.
- $M\'{e}thode\ 1$: Correpondance simple m:# de correspondances, p:# total de variables

$$d(i,j) = \frac{p-m}{p}$$

• Méthode 2: Utiliser un grand nombre de variables binaires





- Généralisation des variables binaires, avec plus de 2 états : rouge, jaune, bleu, vert . . . etc.
- $M\'{e}thode\ 1$: Correpondance simple m: # de correspondances, p: # total de variables

$$d(i,j) = \frac{p-m}{p}$$

Méthode 2 : Utiliser un grand nombre de variables binaires :
Créer une variable binaire pour chaque modalité (ex : variable rouge qui prend les valeurs vrai ou faux).





- Généralisation des variables binaires, avec plus de 2 états : rouge, jaune, bleu, vert . . . etc.
- $M\'{e}thode\ 1$: Correpondance simple m: # de correspondances, p: # total de variables

$$d(i,j) = \frac{p-m}{p}$$

- Méthode 2 : Utiliser un grand nombre de variables binaires :
 - Créer une variable binaire pour chaque modalité (ex : variable rouge qui prend les valeurs vrai ou faux).





- Généralisation des variables binaires, avec plus de 2 états : rouge, jaune, bleu, vert ... etc.
- $M\'{e}thode\ 1$: Correpondance simple m: # de correspondances, p: # total de variables

$$d(i,j) = \frac{p-m}{p}$$

- Méthode 2 : Utiliser un grand nombre de variables binaires :
 - Créer une variable binaire pour chaque modalité (ex : variable rouge qui prend les valeurs vrai ou faux).

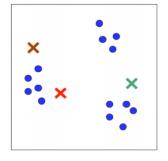




 ${\bf Entrées}$: un ensemble de m enregistrements

$$x_1,\ldots,x_m$$

- 1 Choisir k centres initiaux c_1, \ldots, c_k ;
- 2 Répartir chacun des m enregistrements dans le groupe i dont le centre c_i est le plus proche.;
- 3 Si aucun élément ne change de groupe alors arrêt et sortir les groupes;
- 4 Calculer les nouveaux centres : pour tout i, c_i est la moyenne des éléments du groupe i.;
- 5 Aller en 2.;



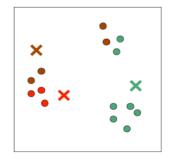




Entrées : un ensemble de m enregistrements

$$x_1,\ldots,x_m$$

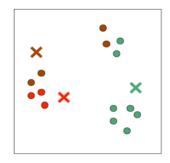
- 1 Choisir k centres initiaux c_1, \ldots, c_k ;
- 2 Répartir chacun des m enregistrements dans le groupe i dont le centre c_i est le plus proche.;
- 3 Si aucun élément ne change de groupe alors arrêt et sortir les groupes;
- 4 Calculer les nouveaux centres : pour tout i, c_i est la moyenne des éléments du groupe i.;
- 5 Aller en 2.;







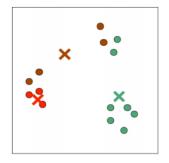
- 1 Choisir k centres initiaux c_1, \ldots, c_k ;
- 2 Répartir chacun des m enregistrements dans le groupe i dont le centre c_i est le plus proche.;
- 3 Si aucun élément ne change de groupe alors arrêt et sortir les groupes;
- 4 Calculer les nouveaux centres : pour tout i, c_i est la moyenne des éléments du groupe i.;
- 5 Aller en 2.;







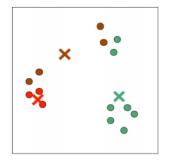
- 1 Choisir k centres initiaux c_1, \ldots, c_k ;
- 2 Répartir chacun des m enregistrements dans le groupe i dont le centre c_i est le plus proche.;
- 3 Si aucun élément ne change de groupe alors arrêt et sortir les groupes;
- 4 Calculer les nouveaux centres : pour tout i, c_i est la moyenne des éléments du groupe i.;
- 5 Aller en 2.;







- 1 Choisir k centres initiaux c_1, \ldots, c_k ;
- 2 Répartir chacun des m enregistrements dans le groupe i dont le centre c_i est le plus proche.;
- 3 Si aucun élément ne change de groupe alors arrêt et sortir les groupes;
- 4 Calculer les nouveaux centres : pour tout i, c_i est la moyenne des éléments du groupe i.;
- 5 Aller en 2.;



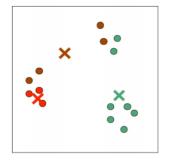




Entrées : un ensemble de m enregistrements

$$x_1,\ldots,x_m$$

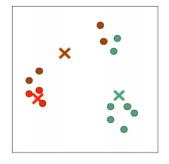
- 1 Choisir k centres initiaux c_1, \ldots, c_k ;
- **2** Répartir chacun des m enregistrements dans le groupe i dont le centre c_i est le plus proche.;
- 3 Si aucun élément ne change de groupe alors arrêt et sortir les groupes;
- 4 Calculer les nouveaux centres : pour tout i, c_i est la moyenne des éléments du groupe i.;
- 5 Aller en 2.;







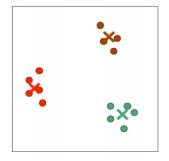
- 1 Choisir k centres initiaux c_1, \ldots, c_k ;
- 2 Répartir chacun des m enregistrements dans le groupe i dont le centre c_i est le plus proche.;
- 3 Si aucun élément ne change de groupe alors arrêt et sortir les groupes;
- 4 Calculer les nouveaux centres : pour tout i, c_i est la moyenne des éléments du groupe i.;
- 5 Aller en 2.;







- 1 Choisir k centres initiaux c_1, \ldots, c_k ;
- 2 Répartir chacun des m enregistrements dans le groupe i dont le centre c_i est le plus proche.;
- 3 Si aucun élément ne change de groupe alors arrêt et sortir les groupes;
- 4 Calculer les nouveaux centres : pour tout i, c_i est la moyenne des éléments du groupe i.;
- 5 Aller en 2.;



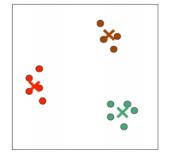




Entrées : un ensemble de m enregistrements

$$x_1, \dots, x_m$$

- 1 Choisir k centres initiaux c_1, \ldots, c_k ;
- 2 Répartir chacun des m enregistrements dans le groupe i dont le centre c_i est le plus proche.;
- 3 Si aucun élément ne change de groupe alors arrêt et sortir les groupes;
- 4 Calculer les nouveaux centres : pour tout i, c_i est la moyenne des éléments du groupe i.;
- 5 Aller en 2.;







Entrées : un ensemble de m enregistrements

$$x_1,\ldots,x_m$$

- 1 Choisir k centres initiaux c_1, \ldots, c_k ;
- **2** Répartir chacun des m enregistrements dans le groupe i dont le centre c_i est le plus proche.;
- 3 Si aucun élément ne change de groupe alors arrêt et sortir les groupes;
- 4 Calculer les nouveaux centres : pour tout i, c_i est la moyenne des éléments du groupe i.;
- 5 Aller en 2.;







- 1 Choisir k centres initiaux c_1, \ldots, c_k ;
- 2 Répartir chacun des m enregistrements dans le groupe i dont le centre c_i est le plus proche.;
- 3 Si aucun élément ne change de groupe alors arrêt et sortir les groupes;
- 4 Calculer les nouveaux centres : pour tout i, c_i est la moyenne des éléments du groupe i.;
- 5 Aller en 2.;







- 8 points A, B, \ldots, H de l'espace euclidien 2D. k = 2 (2 groupes)
- Tire aléatoirement 2 centres : B et D choisi

| Point | Centre | |
|--------|--------|--|
| | B(2,2) | |
| | D(2,4) | |
| A(1,3) | В | |
| B(2,2) | В | |
| C(2,3) | В | |
| D(2,4) | D | |
| E(4,2) | В | |
| F(5,2) | В | |
| G(6,2) | В | |
| H(7,3) | В | |





- 8 points A, B, \ldots, H de l'espace euclidien 2D. k = 2 (2 groupes)
- ullet Tire aléatoirement 2 centres : B et D choisi.

| Point | Centre | Centre | |
|--------|--------|--------------|--|
| | B(2,2) | D(2,4) | |
| | D(2,4) | I(27/7,17/7) | |
| A(1,3) | В | D | |
| B(2,2) | В | D | |
| C(2,3) | В | D | |
| D(2,4) | D | D | |
| E(4,2) | В | I | |
| F(5,2) | В | I | |
| G(6,2) | В | I | |
| H(7,3) | В | I | |





- 8 points A, B, \ldots, H de l'espace euclidien 2D. k = 2 (2 groupes)
- ullet Tire aléatoirement 2 centres : B et D choisi.

| Point | Centre | Centre | |
|--------|--------|--------------|--|
| | B(2,2) | D(2,4) | |
| | D(2,4) | I(27/7,17/7) | |
| A(1,3) | В | D | |
| B(2,2) | В | D | |
| C(2,3) | В | D | |
| D(2,4) | D | D | |
| E(4,2) | В | I | |
| F(5,2) | В | I | |
| G(6,2) | В | I | |
| H(7,3) | В | I | |





- 8 points A, B, \ldots, H de l'espace euclidien 2D. k = 2 (2 groupes)
- ullet Tire aléatoirement 2 centres : B et D choisi.

| Point | Centre | Centre | Centre |
|--------|--------|--------------|-------------|
| | B(2,2) | D(2,4) | J(7/4,12/4) |
| | D(2,4) | I(27/7,17/7) | K(22/4,9/4) |
| A(1,3) | В | D | J |
| B(2,2) | В | D | J |
| C(2,3) | В | D | J |
| D(2,4) | D | D | J |
| E(4,2) | В | I | K |
| F(5,2) | В | I | K |
| G(6,2) | В | I | K |
| H(7,3) | В | I | K |



