Clusterização Hierárquica

EST0133 - Introdução à Modelagem de Big Data

Marcus Nunes https://introbigdata.org/ https://marcusnunes.me/

Universidade Federal do Rio Grande do Norte



Introdução

- · Outra maneira de clusterizar dados
- Enquanto o k-means se utiliza de somas de quadrados e distância euclidiana, a clusterização hierárquica se baseia em outras distâncias e similaridades
- É outro algoritmo que também pode ser baseado no vizinho mais próximo
- Busca coesão interna (intra grupo) e isolamento externo (entre grupos)



- · Distância é um conceito bem definido em matemática
- · Uma distância em um espaço métrico X é qualquer função

$$d: X \times X \to [0, \infty)$$

que satisfaça as quatro condições abaixo para todo $x, y, z \in X$:

- i) $d(x,y) \geq 0$
- ii) $d(x,y) = 0 \Leftrightarrow x = y$
- iii) d(x, y) = d(y, x)
- iv) $d(x,z) \leq d(x,y) + d(y,z)$

- Distância discreta: se x = y, então d(x, y) = 0. Caso contrário, d(x,y) = 1.
- Distância euclidiana: sejam $X = \mathbb{R}^k$ e sejam $x, y \in \mathbb{R}^k$ tais que $x = (x_1, \dots, x_n)$ e $y = (y_1, \dots, y_n)$. Assim,

$$d(x,y) = \sqrt{(x_1 - y_1)^2 + \cdots + (x_n - y_n)^2} = \left[\sum_{i=1}^n (x_i - y_i)^2\right]^{\frac{1}{2}}$$

· Distância de Manhattan:

$$d(\mathbf{x},\mathbf{y}) = \sum_{i=1}^{n} |\mathbf{x}_i - \mathbf{y}_i|$$

· Distância de Minkowski (ou norma-*p*):

$$d(\mathbf{x},\mathbf{y}) = \left[\sum_{i=1}^{n} |\mathbf{x}_i - \mathbf{y}_i|^p\right]^{\frac{1}{p}}$$

- · Como Escolher a Distância a ser Usada?
- A distância euclidiana funciona muito bem em casos lineares, mas é sensível a outliers
- A distância Manhattan funciona melhor em casos com muitas observações aberrantes ou num espaço com muitas dimensões
- · Outras distâncias podem ser usadas em outros casos
- · Essa escolha é arbitrária



Ligação

- Outro critério a ser utilizado na clusterização hierárquica é o método de ligação
- Assim como a distância escolhida, o método de ligação influenciará na clusterização final
- · Também é uma escolha arbitrária

Ligação

Sejam $x \in X$ e $y \in Y$ vetores nos conjuntos X e Y e d(x,y) alguma distância entre estes vetores

- Simples: mínima distância ou vizinho mais próximo $min\{d(x,y)\}$
- · Completa: máxima distância ou vizinho mais distante $\max\{d(x,y)\}$
- Ward: mínima variância min $||x y||^2$
- · E muitos outros



Algoritmo

- 1. Para a clusterização aglomerativa, comece com *n* nós de singletons (isto é, de um sujeito por nó)
- 2. Calcule a similaridade dois a dois entre todos os pares de nós
- 3. Junte os dois nós mais similares entre si em um nó
- 4. Repita os passos 2. e 3. até obter o número desejado de conglomerados

Algoritmo

- O pesquisador deve definir que tipo de medida de similaridade utilizar para esta análise
- É preciso decidir o melhor tipo de medida de distância/similaridade entre os sujeitos (distância euclidiana, correlação etc.) e método de ligação
- · Em geral, os dados são apresentados em um dendrograma

- Assim como no caso do k-means, precisamos determinar o número correto de clusters
- É uma tarefa difícil, que é melhor executada com conhecimentos a priori sobre os dados
- Vamos ver como utilizar a estatística gap para escolher o número de clusters

- Seja W_k a estatística gap para k clusters
- W_k parte do pressuposto de que, se as unidades amostrais não formassem grupos, ela seria aproximadamente uniforme para qualquer número de grupos
- Se existem grupos nos dados, então W_R forma um cotovelo no número ótimo de grupos

• W_k é dada por

$$W_k = \sum_{i=1}^k \frac{1}{2n_r} D_r,$$

em que $D_r = \sum_{i,j \in C_r} d_{ij}$ e

- · k é o número de clusters
- · n_r é o número de observações em cada cluster C_r
- · d_{ij} é a distância entre as observações i e j

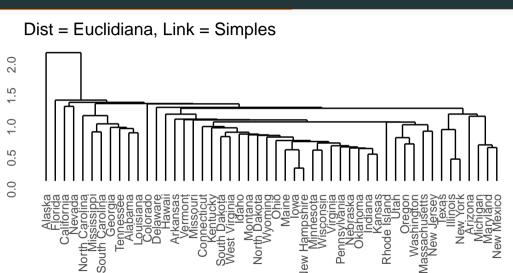


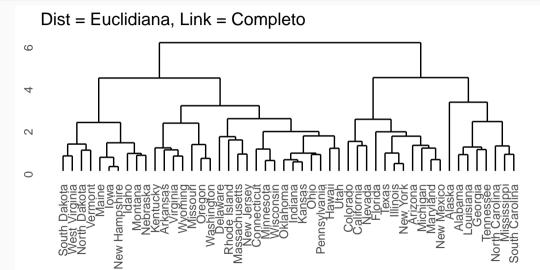
- · Utilizaremos os dados sobre prisões nos Estados Unidos
- Esse conjunto de dados traz as seguintes taxas:
 - Murder: prisões por assassinato (a cada 100.000 habitantes)
 - · Assault: prisões por assalto (a cada 100.000 habitantes)
 - · UrbanPop: percentual de população urbana
 - · Rape: prisões por estupro (a cada 100.000 habitantes)
- · Os dados são em nível estadual, coletados em 1973
- Veremos como combinar distância, métodos de ligação e número de clusters nas nossas análises

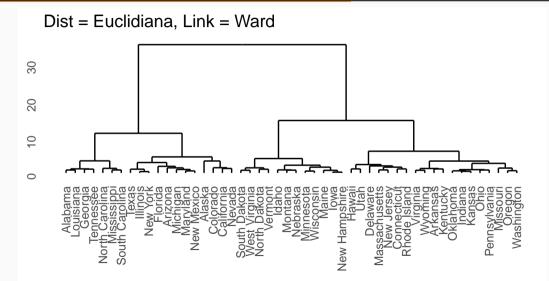
```
> library(tidyverse)
> library(ggdendro)
> library(factoextra)
>
> prisoes <- scale(USArrests)
>
> prisoes.euclidiana <- dist(prisoes, method = "euclidean")
>
> prisoes.manhattan <- dist(prisoes, method = "manhattan")</pre>
```

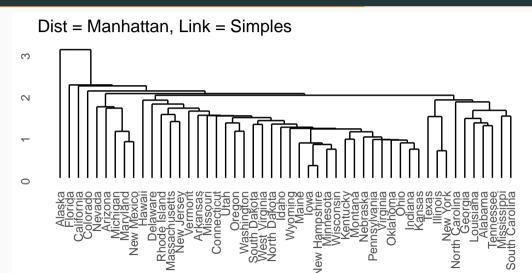
```
> ggdendrogram(hclust(prisoes.euclidiana, method = "single")) +
+ labs(title = "Dist = Euclidiana, Link = Simples")
> 
> ggdendrogram(hclust(prisoes.euclidiana, method = "complete")) +
+ labs(title = "Dist = Euclidiana, Link = Completo")
> 
> ggdendrogram(hclust(prisoes.euclidiana, method = "ward.D")) +
+ labs(title = "Dist = Euclidiana, Link = Ward")
```

```
> ggdendrogram(hclust(prisoes.manhattan, method = "single")) +
+ labs(title = "Dist = Manhattan, Link = Simples")
> 
> ggdendrogram(hclust(prisoes.manhattan, method = "complete")) +
+ labs(title = "Dist = Manhattan, Link = Completo")
> 
> ggdendrogram(hclust(prisoes.manhattan, method = "ward.D")) +
+ labs(title = "Dist = Manhattan, Link = Ward")
```

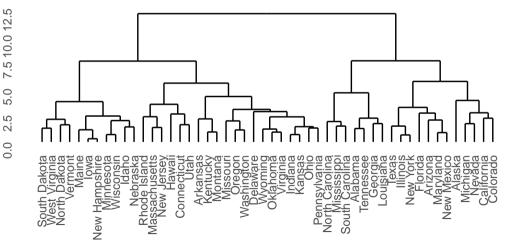


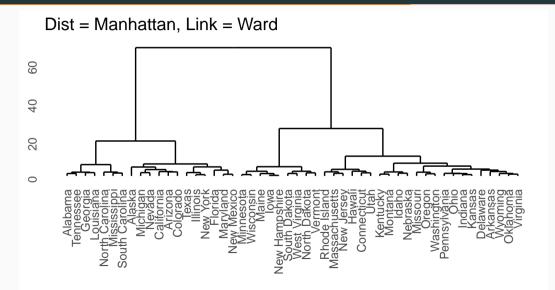






Dist = Manhattan, Link = Completo

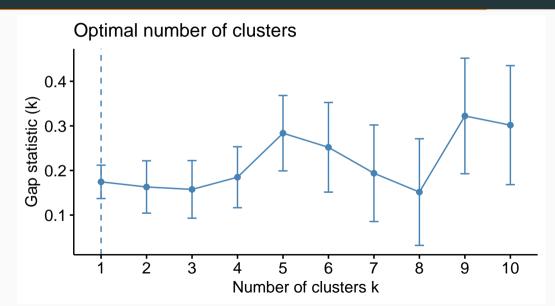


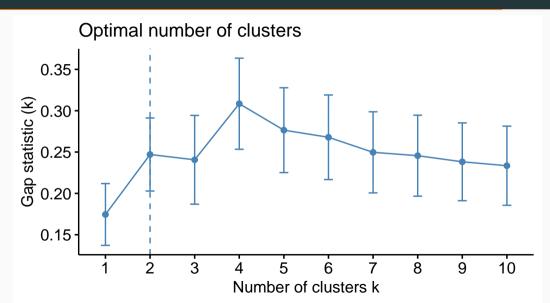


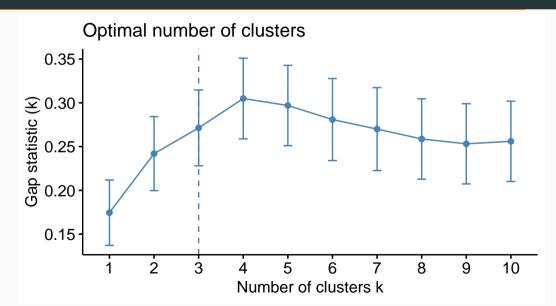
```
> euclidiana single <- function(x, k) {</pre>
    list(cluster = cutree(hclust(dist(x),
                                  method = "single"),
+
                           k=k)
>
> fviz_nbclust(prisoes,
               FUNcluster = euclidiana_single,
+
               method = "gap_stat",
               nboot = 100)
```

```
> euclidiana complete <- function(x, k) {</pre>
    list(cluster = cutree(hclust(dist(x),
                                   method = "complete"),
+
                           k=k)
>
> fviz_nbclust(prisoes,
               FUNcluster = euclidiana_complete,
+
               method = "gap_stat",
               nboot = 100)
```

```
> euclidiana ward <- function(x, k) {</pre>
    list(cluster = cutree(hclust(dist(x),
                                   method = "ward.D"),
+
                           k=k)
>
> fviz_nbclust(prisoes,
               FUNcluster = euclidiana_ward,
+
               method = "gap_stat",
               nboot = 100)
```







- O número correto de clusters vai ser definido de acordo com o interesse ou conhecimento do pesquisador
- · A distância a ser utilizada depende dos dados
- · Esta é outra ferramenta de análise exploratória

Exercícios

Exercícios

- 1. O arquivo AlimentacaoReinoUnido.txt mostra o consumo de diversos alimentos no Reino Unido em 1997. Importe este conjunto de dados para o R.
- 2. Faça a clusterização hierárquica deste conjunto de dados utilizando a distância euclidiana.
- 3. Faça a clusterização hierárquica deste conjunto de dados utilizando a distância de Manhattan.
- 4. Há algum padrão interessante nos dados? Qual ou quais?
- 5. Refaça a análise para o conjunto de dados com a transposta da matriz original de dados. O que mudou? O que é possível perceber com esta nova análise?

Exercícios

6. Repita os exercícios do slide anterior para o conjunto de dados **heptatlo**

Clusterização Hierárquica

EST0133 - Introdução à Modelagem de Big Data

Marcus Nunes https://introbigdata.org/ https://marcusnunes.me/

Universidade Federal do Rio Grande do Norte