# Relatório de Análise Estatística (SAR)

# Otimização de hiperparâmetros de clusterização hierárquica para identificação de deputados evangélicos de corporações pentecostais eleitos em 2018

**DOCUMENTO: SAR-2021-017-JG-v01** 

De: Felipe Figueiredo Para: Josir Gomes

2021-11-18

# **SUMÁRIO**

1 LIS	TA DE ABREVIATURAS	2
2 CC	NTEXTO	2
2.	Objetivos	2
2.	Recepção e tratamento dos dados	2
3 ME	TODOLOGIA	3
3.	Variáveis	
	3.1.1 Desfechos primário e secundário	3
	3.1.2 Covariáveis	3
	2 Análises Estatísticas	
	SULTADOS	
4.	Espaço de hiperparâmetros	4
	2 Silhuetas das soluções ótimas	
5 OE	SERVAÇÕES E LIMITAÇÕES1	0
6 CC	NCLUSÕES1	1
	-ERÊNCIAS1	
8 AP	ÊNDICE1	1
8.	Disponibilidade1	1
8.	2 Dados utilizados1	1

FF Consultoria em Bioestatística e Epidemiologia		Versão	Ano	Página
CNPJ: 42.154.074/0001-22	SAR			
https://philsf-biostat.github.io/		1	2021	1 / 12

#### Relatório de Análise Estatística (SAR)

# Otimização de hiperparâmetros de clusterização hierárquica para identificação de deputados evangélicos de corporações pentecostais eleitos em 2018

#### Histórico do documento

Versão	Alterações
01	Versão inicial

# 1 LISTA DE ABREVIATURAS

 AGP: receita que veio do partido ao invés de apoiadores privados (empresariais ou não)

# 2 CONTEXTO

Dados de deputados federais evangélicos, eleitos em 2018, com labels identificando quais pertencem a corporações pentecostais. As corporações pentecostais foram definidas como as entidades evangélicas com interesse predominantemente financeiro e/ou político, diferenciando-se das instituições religiosas tradicionais.

As corporações pentecostais foram previamente identificadas na base de dados recebida.

# 2.1 Objetivos

Identificar a seleção de hiperparâmetros que maximiza a silhueta média (global) do agrupamento hierárquico de deputados federais evangélicos.

# 2.2 Recepção e tratamento dos dados

Base de dados recebida contendo características dos deputados federais eleitos em 2018.

As receitas recebidas pelos deputados evangélicos foram divididas entre duas fontes: AGP e outras. As outras receitas foram a soma total das receitas recebidas subtraída da receita AGP.

FF Consultoria em Bioestatística e Epidemiologia		Versão	Ano	Página
CNPJ: 42.154.074/0001-22	SAR			
https://philsf-biostat.github.io/		1	2021	2 / 12

#### Relatório de Análise Estatística (SAR)

Todas as variáveis numéricas foram escalonadas para a clusterização de modo a manter os valores observados em um intervalo de amplitude de aproximada 2 unidades (**SAR-2021-011-JG-v01**). Todas as receitas foram escalonadas por milhão de reais. O número de votos será escalonado por milhão de votos. O posicionamento político varia de -1 a 1 e portanto já está limitado a um intervalo de amplitude 2. A capilaridade e os decis foram mantidos na escala original.

# **3 METODOLOGIA**

## 3.1 Variáveis

# 3.1.1 Desfechos primário e secundário

O desfecho primário está definido como a combinação de hiperparâmetros k, métrica de distância e método de ligação que maximiza a silhueta média do agrupamento hierárquico.

## 3.1.2 Covariáveis

As seguintes características dos deputados federais foram incluídas na análise: Receitas (divididas em AGP e outras fontes), número de votos recebidos, posicionamento político e capilaridade. As seguintes características dos partidos foram consideradas para inclusão na análise: decil do número de deputados eleitos e decil do número de filiados.

## 3.2 Análises Estatísticas

Modelos de clusters hierárquico foram ajustados aos dados numéricos. Foi criado um algoritmo para percorrer o espaço de hiperparâmetros e calcular a silhueta de cada combinação.

Os índices de silhueta média foram visualizados em um gráfico de dispersão (silhueta por k). Cada ponto foi identificado pela métrica de distância e método de ligação (mapeados em cores e formas) para identificação visual da qualidade dos agrupamentos avaliados. A combinação ótima foi destacada textualmente, e outras combinações com valores de silhueta mais altos podem ser identificados.

Hiperparâmetros a ser avaliados:

- Número de clusters k: variando de 2 a 10
- Métricas de distância
  - Norma 2 (Euclidiana)
  - Norma 1 (Manhattan)
  - Norma infinito (máxima)
  - Norma p (Minkowski) com p = 0.5 e 1.5

FF Consultoria em Bioestatística e Epidemiologia		Versão	Ano	Página
CNPJ: 42.154.074/0001-22	SAR			_
https://philsf-biostat.github.io/		1	2021	3 / 12

#### Relatório de Análise Estatística (SAR)

- Canberra
- Métodos de ligação
  - Completa (máximo)
  - Single (mínimo)
  - Média (UPGMA)
  - Ward sem critério de Ward (1963)
  - Ward com critério de Ward (1963)
  - Mediana \*
  - Centroide \*

Esta análise foi realizada utilizando-se o software R versão 4.1.1.

# 4 RESULTADOS

# 4.1 Espaço de hiperparâmetros

Ao todo foram incluídas 378 combinações dos três hiperparâmetros, com suas respectivas clusterizações hierárquicas geradas e silhuetas médias calculadas.

A fim de facilitar o uso dos resultados desta análise, foi escolhido descrever os conjuntos de parâmetros de acordo com os argumentos das funções da linguagem R. Desta forma, a escolha de hiperparâmetros baseada nas análises de silhueta média podem ser diretamente aplicados na implementação. Os detalhes dos argumentos a seguir podem ser vistos na documentação das funções dist e holust, do R base (pacote stats).

As métricas de distância descritas nesta seção são:

- canberra: Métrica de Canberra;
- euclidian: Métrica Euclidiana (norma 2);
- manhattan: Métrica de Manhattan (norma 1);
- **maximum**: Métrica do supremo (norma infinito);
- **minkowski 0.5**: Métrica de Minkowski (norma p), p = 0.5;
- minkowski\_1.5: Métrica de Minkowski (norma p), p = 1.5.

Os métodos de ligação descritos nesta seção são:

- average: Método de ligação média (distância média);
- centroid: Método de ligação centroide;
- complete: Método de ligação completa (distância máxima);

FF Consultoria em Bioestatística e Epidemiologia		Versão	Ano	Página
CNPJ: 42.154.074/0001-22	SAR			
https://philsf-biostat.github.io/		1	2021	4 / 12

<sup>\*</sup> Os métodos de ligação por mediana e centroide podem gerar inversões na clusterização hierárquica e foram excluídos das recomendações. Sua inclusão no algoritmo de otimização terá apenas fins informativos.

#### Relatório de Análise Estatística (SAR)

- median: Método de ligação da mediana;
- single: Método de ligação single (distância mínima);
- ward.D: Método de ligação de Ward (sem critério de Ward 1963);
- ward.D2: Método de ligação de Ward (com critério de Ward 1963).

Como a visualização de um espaço com quatro dimensões é desafiadora, vamos inicialmente considerar as projeções em espaços bidimensionais e avaliar a variabilidade de performance mensurado pelas silhuetas médias em cada hiperparâmetro.

Trocando as métricas de distância (Figura 1) a melhor performance foi obtida pela métrica maximum, com silhueta média 0.461, seguida da métrica de Minkowski com p = 0.5 (silhueta média 0.424). As métricas de Minkowski com p = 1.5 e Canberra tiveram a pior performance geral com as maiores silhuetas médias atingindo 0.383 e 0.335, respectivamente. As menores silhuetas médias foram observadas na métrica de Minkowski com p = 0.5 e Manhattan (silhueta média -0.0857 e 0.00716, respectivamente).

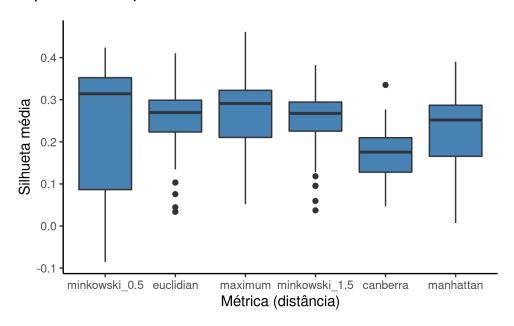


Figura 1 Silhuetas médias de clusters hierárquicos para diferentes métricas.

Trocando os métodos de ligação (Figura 2) o maior valor de silhueta foi observado simultaneamente em três métodos: centroide, mediana e single com silhueta média 0.461. O segundo maior valor observado foi outro empate, desta vez entre os métodos ward.D e ward.D2 (0.424). Os dois menores valores de silhueta foram observados com o método single (-0.0857) e mediana (-0.0628).

FF Consultoria em Bioestatística e Epidemiologia	Versão	Ano	Página	
CNPJ: 42.154.074/0001-22	SAR			
https://philsf-biostat github io/		1	2021	5 / 12

## Relatório de Análise Estatística (SAR)

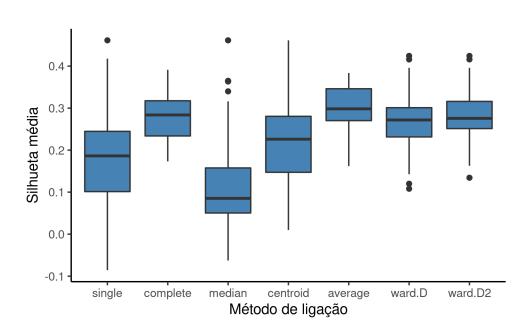


Figura 2 Silhuetas médias de clusters hierárquicos para diferentes métodos de ligação.

Trocando o número k de clusters (Figura 3) o maior valor de silhueta média foi observado com k=2 (0.461), seguido de k=10 (0.424) e k=9 (0.416). Os valores mais baixos de silhueta observados foram -0.0857 para k=8 e -0.0628 para k=6.

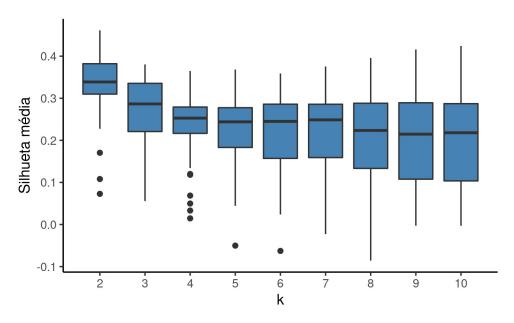


Figura 3 Silhuetas médias de clusters hierárquicos para diferentes valores de k.

FF Consultoria em Bioestatística e Epidemiologia		Versão	Ano	Página
CNPJ: 42.154.074/0001-22	SAR			
https://philsf-biostat.github.io/		1	2021	6 / 12

#### Relatório de Análise Estatística (SAR)

No geral, as silhuetas médias observadas variaram entre -0.0857 e 0.461. A Tabela 1 mostra os dez maiores valores de silhueta, e as combinações de hiperparâmetros que os geraram. A Figura 4 mostra todas as 378 combinações de hiperparâmetros avaliadas. Foi necessário acrescentar um pequeno *jitter* horizontal para permitir a visualização de pontos sobrepostos, e a paleta de cores foi organizada para desenfatizar os métodos de ligação que não serão recomendados na aplicação dos resultados desta análise (centroide e mediana). A listagem completa de valores de silhueta média podem ser consultados neste link.

Observa-se na figura 4 a dificuldade em se estabelecer uma escolha com base em um único hiperparâmetro. O método de ligação "single" pode ser usado para ilustrar esta dificuldade pois as silhuetas geradas com este método se espalham por toda a amplitude observada de silhuetas deste espaço de hiperparâmetros, desde o melhor resultado obtido nesta otimização até valores negativos. O método de ligação de Ward (ward.D2) parece ter um comportamento mais consistente, com valores de silhueta acima de 0.1. Por outro lado, o método "median" pareceu se concentrar em valores mais baixos, acompanhada do método "centroid".

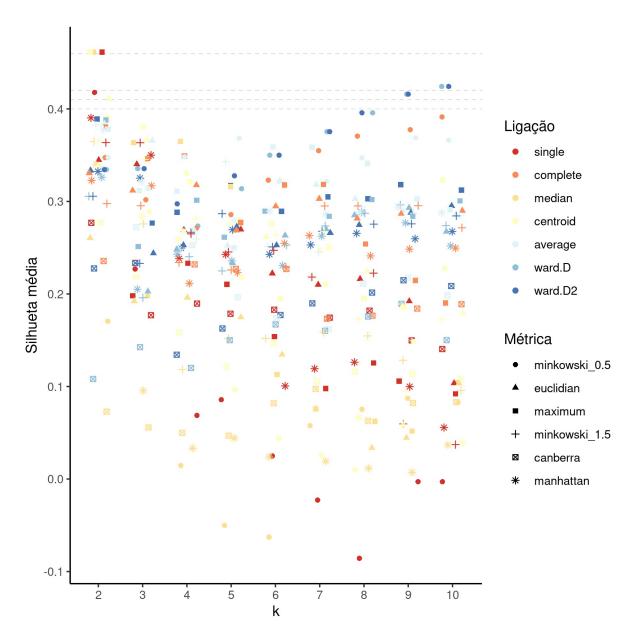
A escolha de hiperparâmetros na caracterização dos deputados evangélicos filiados a corporações pentecostais deve considerar os resultados dos clusters em si. Não há porque acreditar que alguma combinação seria capaz de reproduzir a classificação providenciada mas, conforme observado no relatório **SAR-2021-011-JG-v01**, é possível que um número maior de clusters agrupe os deputados sob investigação em um número pequeno de clusters, posicionando os outliers em grupos isolados.

**Tabela 1** Combinações de hiperparâmetros com os dez maiores valores de silhueta média.

	k	Métrica (distância)	Método de ligação	Silhueta média
1	2	maximum	single	0.4614
2	2	maximum	median	0.4614
3	2	maximum	centroid	0.4614
4	10	minkowski_0.5	ward.D	0.4243
5	10	minkowski_0.5	ward.D2	0.4243
6	2	minkowski_0.5	single	0.4178
7	9	minkowski_0.5	ward.D	0.4159
8	9	minkowski_0.5	ward.D2	0.4159
9	2	euclidian	centroid	0.4107
10	8	minkowski_0.5	ward.D	0.3958
11	8	minkowski_0.5	ward.D2	0.3958

FF Consultoria em Bioestatística e Epidemiologia		Versão	Ano	Página
CNPJ: 42.154.074/0001-22	SAR			
https://philsf-biostat.github.io/		1	2021	7 / 12

## Relatório de Análise Estatística (SAR)



**Figura 4** Silhuetas médias das combinações de hiperparâmetros avaliadas. Linhas tracejadas indicam os dez maiores valores de silhueta média observados.

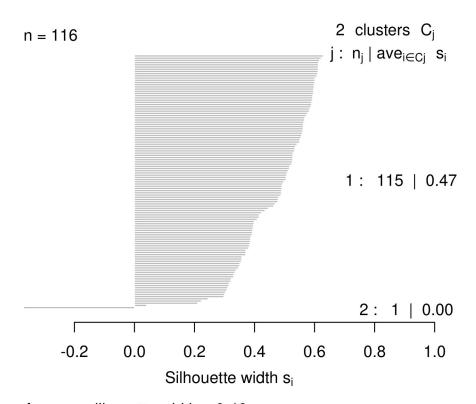
# 4.2 Silhuetas das soluções ótimas

De acordo com os critérios de exclusão especificados no plano analítico (**SAP-2021-017-JG-v01**) os métodos de ligação da mediana e do centroide não são recomendados pois podem gerar inversões nas clusterizações hierárquicas.

FF Consultoria em Bioestatística e Epidemiologia		Versão	Ano	Página
CNPJ: 42.154.074/0001-22	SAR			_
https://philsf-biostat.github.io/		1	2021	8 / 12

#### Relatório de Análise Estatística (SAR)

O maior valor de silhueta foi observado com três conjuntos de hiperparâmetros. Duas destas combinações incluem métodos excluídos da avaliação (mediana e centroide). A terceira combinação é composta pela métrica "maximum", o método de ligação "single" e k=2. Esta combinação de hiperparâmetros gera uma clusterização hierárquica com silhueta média 0.4614 (Figura 5). As silhuetas médias de cada cluster são, respectivamente 0.47 e 0. Este conjunto de hiperparâmetros gerou um cluster com um único deputado, e como este resultado não atende ao objetivo estabelecido, esta combinação de hiperparâmetros foi rejeitada.



Average silhouette width: 0.46

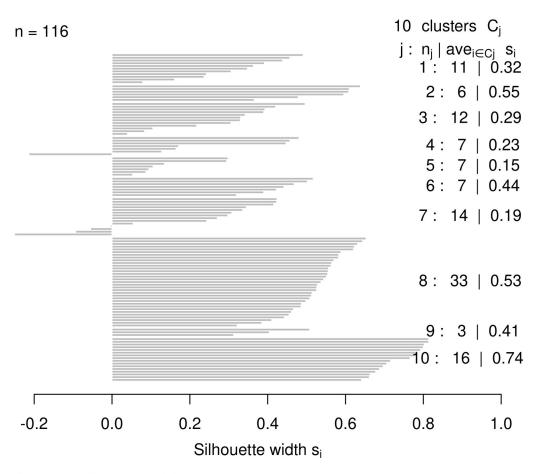
**Figura 5** Silhuetas do cluster hierárquico gerado com métrica "maximum", o método de ligação "single" e k=2.

O segundo maior valor de silhueta média (0.4243) foi observado com dois conjuntos de hiperparâmetros. Ambas as combinações usaram a métrica de Minkowski com p=0.5, e k=10, diferindo apenas pelo método de ligação: um com ward.D e a outra com ward.D2. Optando assim pelo método de ligação ward.D2 (ver seção Observações) vemos as silhuetas da clusterização hierárquica gerada com este conjunto de hiperparâmetros na

FF Consultoria em Bioestatística e Epidemiologia		Versão	Ano	Página
CNPJ: 42.154.074/0001-22	SAR			
https://philsf-biostat.github.io/		1	2021	9 / 12

#### Relatório de Análise Estatística (SAR)

figura 6. Os tamanhos dos clusters gerados variaram entre 3 e 33 observações. As silhuetas médias dos clusters variaram entre 0.1526 e 0.7376. As silhuetas das observações individuais variaram entre -0.2507 e 0.8139.



Average silhouette width: 0.42

**Figura 6** Silhuetas do cluster hierárquico gerado com métrica de Minkowski com p=0.5, o método de ligação de Ward e k=10.

# 5 OBSERVAÇÕES E LIMITAÇÕES

O método de ligação ward.D era usado historicamente em versões anteriores da linguagem R e a documentação indica que o método ward.D2 é sugerido na literatura específica, além de ser a única opção em outra implementação (na função agnes do

FF Consultoria em Bioestatística e Epidemiologia		Versão	Ano	Página
CNPJ: 42.154.074/0001-22	SAR			_
https://philsf-biostat.github.io/		1	2021	10 / 12

#### Relatório de Análise Estatística (SAR)

pacote cluster). Por estes motivos, em caso de empate entre as duas versões do método de Ward, foi recomendado aqui o uso do método de ligação de Ward ward.D2.

# **6 CONCLUSÕES**

O maior valor de silhueta média foi observado com o conjunto de hiperparâmetros composto pela métrica "maximum", o método de ligação "single" e k=2. Este conjunto de hiperparâmetros gerou um cluster com um deputado, e como este resultado não atende ao objetivo estabelecido, esta combinação de hiperparâmetros foi rejeitada.

O segundo maior valor de silhueta média válido foi observado com a métrica de Minkowski com p=0.5, o método de ligação de Ward e k=10. A silhueta média deste conjunto de hiperparâmetros foi 0.4243.

# 7 REFERÊNCIAS

- SAP-2021-017-JG-v01 Plano Analítico para Otimização de hiperparâmetros de clusterização hierárquica para identificação de deputados evangélicos de corporações pentecostais eleitos em 2018
- **SAR-2021-011-JG-v01** Clusterização hierárquica para determinação do número ótimo de clusters de deputados federais evangélicos eleitos em 2018

# 8 APÊNDICE

# 8.1 Disponibilidade

Tanto este documento como o plano analítico correspondente (**SAP-2021-017-JG-v01**) podem ser obtidos no seguinte endereço:

https://philsf-biostat.github.io/SAR-2021-017-JG/

## 8.2 Dados utilizados

Os dados utilizados neste relatório não podem ser publicados online por questões de sigilo.

**Tabela A1** Estrutura da tabela de dados analíticos

id	corp_pentecosta l	receita_ag P	receita_outra s	num_voto s	capilaridad e	posica o	decil_filiado s	decil_deputado s
1								
2								
3								

FF Consultoria em Bioestatística e Epidemiologia	Versão	Ano	Página	
CNPJ: 42.154.074/0001-22	SAR			
https://philsf-biostat.github.io/		1	2021	11 / 12

# Relatório de Análise Estatística (SAR)

116				

FF Consultoria em Bioestatística e Epidemiologia

CNPJ: 42.154.074/0001-22

https://philsf-biostat.github.io/

Versão Ano Página

SAR

1 2021 12 / 12