

Khoa Công Nghệ Thông Tin Trường Đại Học Cần Thơ



Giải thuật gom cụm Clustering algorithms

Nội dung

- Giới thiệu về clustering
- Hierarchical clustering
- K-Means
- Kết luận và hướng phát triển

Nội dung

- Giới thiệu về clustering
- Hierarchical clustering
- K-Means
- Kết luận và hướng phát triển

3

Clustering

Giới thiệu về clustering Hierarchical clustering

K-Means Két luận và hướng phát triển

- Gom nhóm-cum/clustering
 - Gom nhóm: mô hình gom cụm dữ liệu (không có nhãn) sao cho các dữ liệu cùng nhóm có các tính chất tương tự nhau và dữ liệu của 2 nhóm khác nhau sẽ có các tính chất khác nhau

Clustering Clustering Courtenant Clusters Document Clusters

- Phương pháp học không giám sát
- Dữ liệu thường không có nhiều thông tin sẵn có như lớp (nhãn)

Một số ứng dụng của phương pháp clustering

Phương pháp Clustering được sử dụng rộng rãi trong nhiều ứng dụng như nghiên cứu thị trường, tìm kiếm thông tin, phân tích dữ liệu, và xử lý hình ảnh

- ■Có thể giúp các nhà tiếp thị khám phá các nhóm khách hàng riêng biệt. Và họ có thể đặc trưng nhóm khách hàng của họ dưa trên các lịch sử mua hàng.
- ■Trong lĩnh vực sinh học, clustering được sử dụng để phân loại thực vật và động vật, phân loại gen có chức năng tương tự
- Clustering cũng giúp trong việc phân loại tài liệu trên web để phát hiên thông tin.

Một số ứng dụng của phương pháp clustering

- Clustering cũng được sử dụng trong các ứng dụng phát hiện outlier như phát hiện các gian lận thẻ tín dụng.
- Bảo hiếm: Xác định các nhóm chính sách bảo hiếm xe máy. Chủ sở hữu được bồi thường chi phí trung bình, cao, thấp khác nhau tuỳ đối tượng.
- Clustering cũng giúp trong việc xác định các khu vực sử dụng đất tương tự trong một cơ sở dữ liệu quan sát trái đất. Nó cũng giúp trong việc xác định các nhóm nhà ở một thành phố theo kiểu nhà, giá trị, và vị trí địa lý.

Clustering

- Giới thiệu về clustering
- Hierarchical clustering
- K-Means
- Kết luận và hướng phát triển
- có nhiều nhóm giải thuật khác nhau
 - hierarchical clustering,
 - K-Means (Partitional clustering),
 - Dendrogram,
 - SOM, EM,...

7

Clustering

- gom nhóm
 - thường dựa trên cơ sở khoảng cách
 - nên chuẩn hóa dữ liệu
 - khoảng cách được tính theo từng kiểu của dữ liệu
 - Kiểu số,
 - Kiểu nhị phân
 - Kiểu rời rạc (nominal type),

Gom nhóm: mô hình gom cụm dữ liệu (không có nhãn) sao cho các dữ liệu cùng nhóm có các tính chất **tương tự nhau** và dữ liệu của 2 nhóm khác nhau sẽ có các tính chất khác nhau

Các độ đo khoảng cách - Kiểu số

■ Khoảng cách *Minkowski*

$$d(i,j) = \sqrt{(|x_{i1} - x_{j1}|^q + |x_{i2} - x_{j2}|^q + ... + |x_{ip} - x_{jp}|^q)}$$

$$i = (x_{i1}, x_{i2}, ..., x_{ip}) \text{ và } j = (x_{j1}, x_{j2}, ..., x_{jp}) \text{ là 2 phần tử dữ liệu trong } p\text{-dimensional, } q \text{ là số nguyên dương}$$

- nếu q=I, d là khoảng cách Manhattan $d(i,j) = |x_{i1} x_{j1}| + |x_{i2} x_{j2}| + ... + |x_{ip} x_{jp}|$
- nếu q = 2, d là khoảng cách Euclid

$$d(i,j) = \sqrt{(|x_{i_1} - x_{j_1}|^2 + |x_{i_2} - x_{j_2}|^2 + \dots + |x_{i_p} - x_{j_p}|^2)}$$

9

Kiểu rời rạc (nominal type)

- Giới thiệu về clustering
 Hierarchical clustering
 K-Means
- VD: thuộc tính color có giá trị là red, green, blue, etc.
 - phương pháp matching đơn giản,
 - m là số lượng matches và
 - p là tổng số biến (thuộc tính),
 - khoảng cách được định nghĩa :

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

Giới thiệu về clusteri

- Hierarchical clustering
- K-Means
- Kết luân và hướng phát triển

Kiểu rời rạc (nominal type)

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

- m là số lượng matches và
- p là tổng số biến (thuộc tính),

	Màu tóc	Màu mắt	Chiều cao	Cân nặng	Trình độ
Nam	Đen	Đen	Cao	Trung bình	Cao đẳng
Lan	Nâu	Đen	Thấp	Trung bình	Đại học

d(Nam, Lan) =?

11

Các độ đo khoảng cách - Kiểu nhị phân

	Object j					
		1	0	sum		
Object i	1	a	b	a+b		
Objecti	0	c	d	c+d		
	sum	a+c	b+d	p		

- khoảng cách đối xứng: $d(i, j) = \frac{b+c}{a+b+c+d}$
- khoảng cách bất đối xứng : $d(i, j) = \frac{b+c}{a+b+c}$
- hệ số Jaccard bất đối xứng : $sim_{Jaccard}(i,j) = \frac{a}{a+b+c}$

Giới thiệu về clustering

- Hierarchical clustering K-Means
- Kết luận và hướng phát triển

Kiểu nhị phân

■ Binary variables/attributes

Ví dụ

Name	Gender	Fever	Cough	Test-1	Test-2	Test-3	Test-4
Jack	M	Y	N	P	N	N	N
Mary	F	Y	N	P	N	P	N
Jim	M	Y	P	N	N	N	N

- gender: symmetric
- Binary attributes còn lại: asymmetric
- $Y, P \rightarrow 1, N \rightarrow 0$

$$d (jack , mary) = \frac{0+1}{2+0+1} = 0.33$$

$$d (jack , jim) = \frac{1+1}{1+1+1} = 0.67$$

$$d (jim , mary) = \frac{1+2}{1+1+2} = 0.75$$

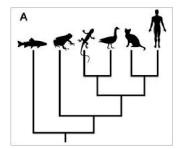
13

Nội dung

- Giới thiệu về clustering
- **■** Hierarchical clustering
- K-Means
- Kết luận và hướng phát triển

Hierarchical Clustering

Xây dựng một cây phân cấp dựa trên sự phân loại theo cấp bậc từ một tập hợp các dữ liệu

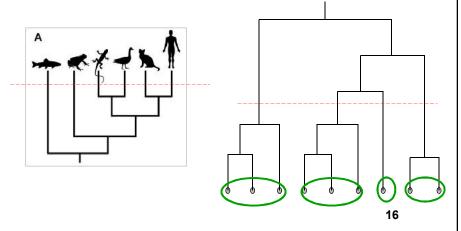


 Dựa trên điểm cắt ở đâu mà ta thu được các cụm tương ứng

15

Hierarchical Clustering

 Dựa trên điểm cắt ở đâu mà ta thu được các cụm tương ứng

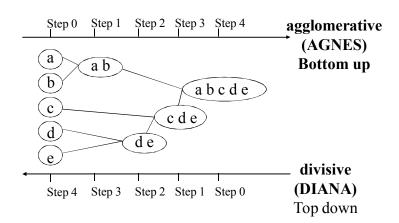


Hierarchical clustering

- bottom up
 - bắt đầu với những clusters chỉ là 1 phần tử
 - ở mỗi bước, merge 2 clusters gần nhau thành 1
 - khoảng cách giữa 2 clusters : 2 điểm gần nhất từ 2 clusters, hoặc khoảng cách trung bình, etc.
- top down
 - bắt đầu với 1 cluster là tất cả dữ liêu
 - tìm 2 clusters con
 - tiếp tục đệ quy trên 2 clusters con
- kết quả sinh ra dendrogram

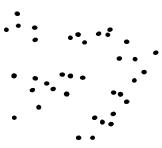
17

Hierarchical clustering



Hierarchical clustering (Single link)

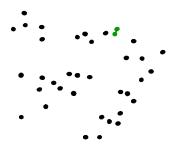
- Giới thiệu về clustering
 Hierarchical clustering
 - K-Means
 - Kết luận và hướng phát triển



1 Khởi đầu, mỗi điểm là một nhóm/cụm riêng biệt

Hierarchical clustering (Single link)

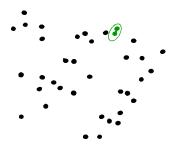
Giới thiệu về clustering
Hierarchical clustering
K-Means
Vất hiện về bượng nhất triể



- ① Khởi đầu, mỗi điểm là một nhóm/cụm riêng biệt
- ② Tìm "khoảng cách" tương tự nhất giữa các cặp cụm

Hierarchical clustering (Single link)

- Giới thiệu về clustering
 Hierarchical clustering
- K-Means
- Kết luận và hướng phát triển



- ① Khởi đầu, mỗi điểm là một nhóm/cụm riêng biệt
- Tìm "khoảng cách" tương tự nhất giữa các cặp cụm



3 Kết hợp từng 2 cặp điểm thành một cụm mẹ/cụm lớn hơn

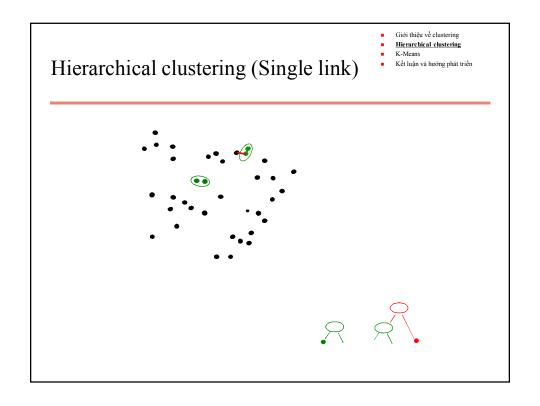
Hierarchical clustering (Single link)

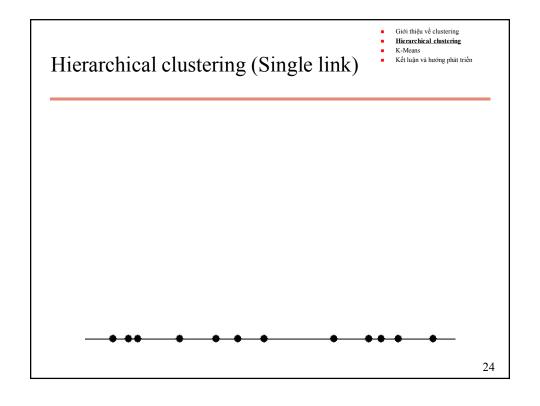
- Giới thiệu về clustering
 Hierarchical clustering
 K-Means

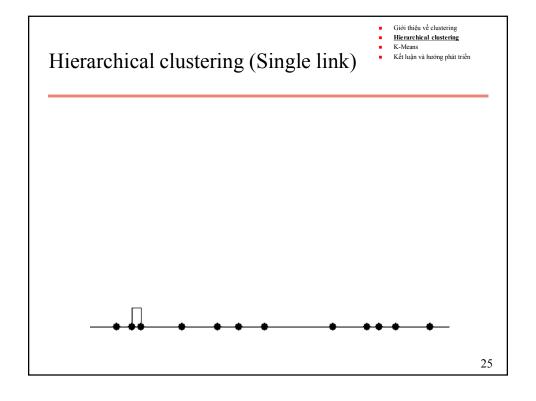
 Khans
- •
- ① Khởi đầu, mỗi điểm là một nhóm/cụm riêng biệt
- ② Tìm "khoảng cách" tương tự nhất giữa các cặp cụm
- 3 Kết hợp từng 2 cặp điểm thành một cụm mẹ/cụm lớn hơn
- 4 Lặp lại...

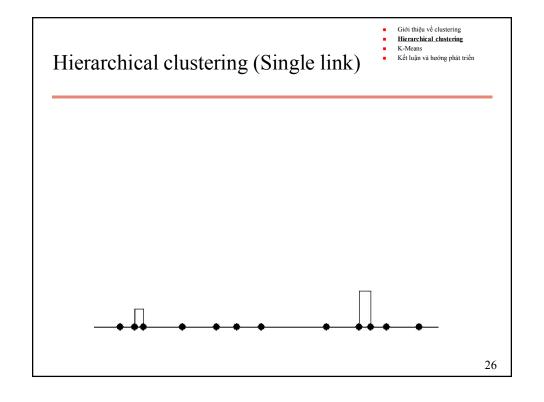


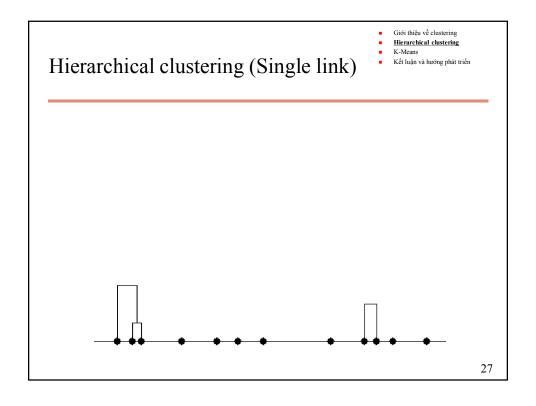


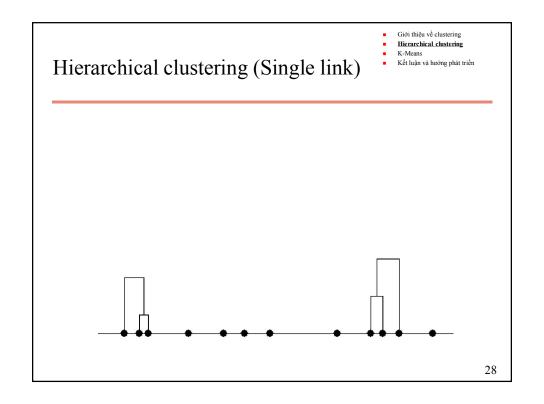


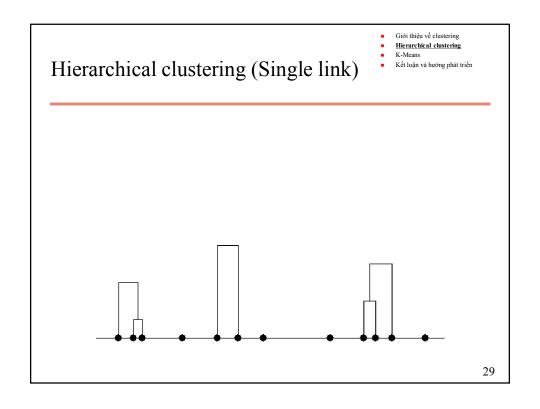


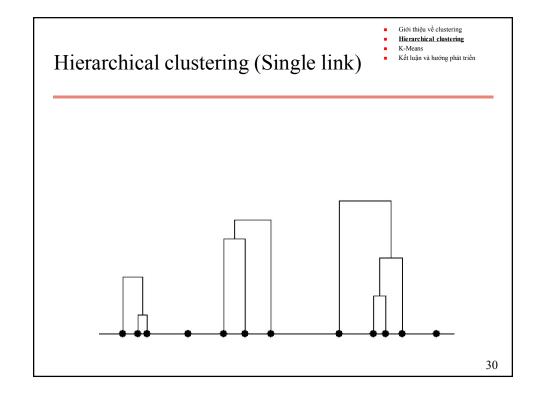


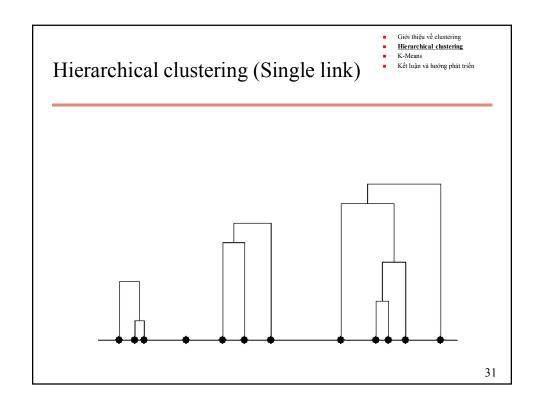


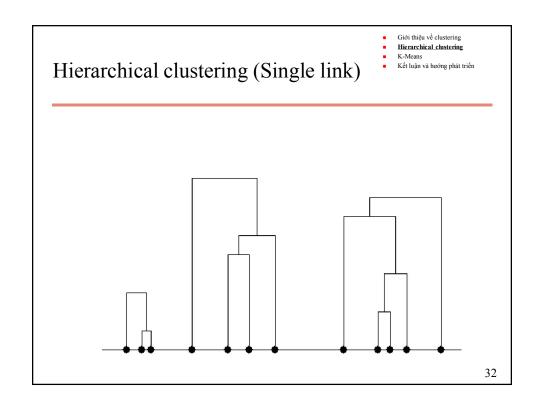


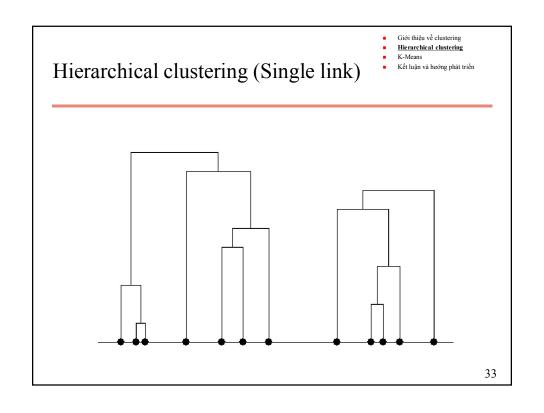


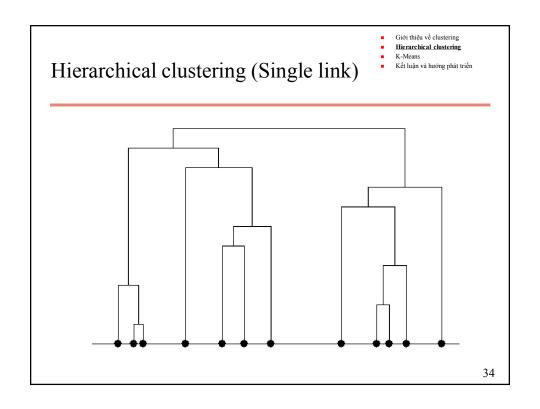


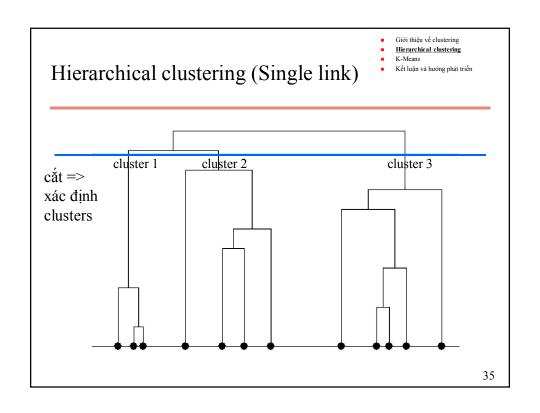


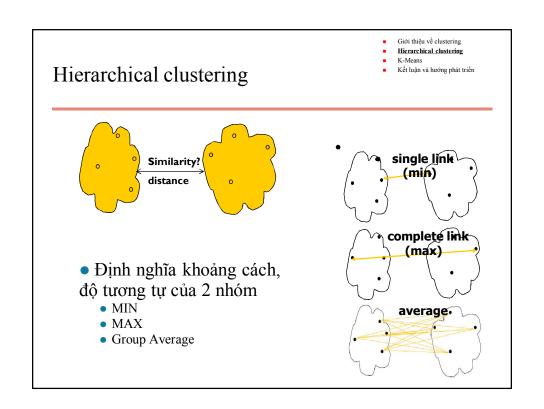






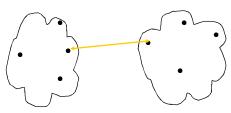






Hierarchical clustering

- Giới thiệu về clustering
- Hierarchical clustering
- K-Means
- Kết luận và hướng phát triển



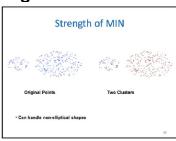
- distance = shortest distance, nearest neighbor clustering algorithm
- MIN Linkage
- MAX Linkage
- Group Average

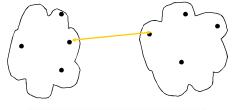
Hierarchical clustering

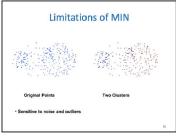
- Giới thiệu về clustering
- Hierarchical clustering
- K-Means
- Kết luận và hướng phát triển

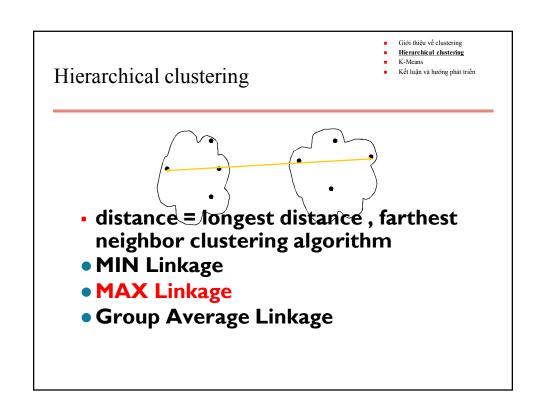


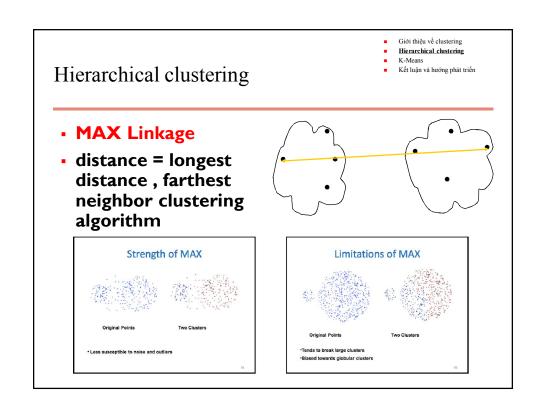
 distance = shortest distance, nearest neighbor clustering algorithm





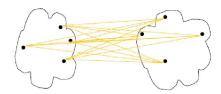






Hierarchical clustering

- Giới thiệu về clustering
- Hierarchical clustering
- K-Means
- Kết luận và hướng phát triển



average-link clustering, distance = average distance

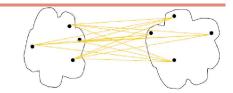
- MIN Linkage
- MAX Linkage
- Group Average Linkage

Hierarchical clustering

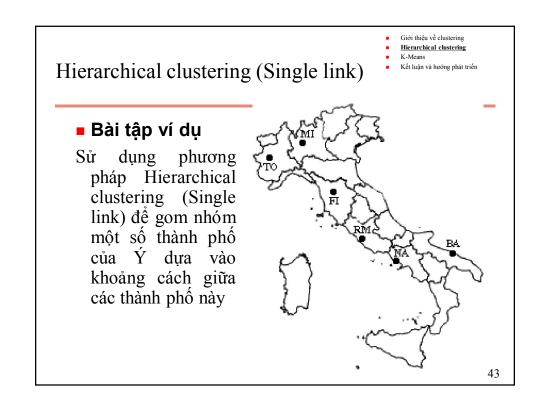
- Giới thiệu về clustering Hierarchical clustering
- Kết luận và hướng phát triển

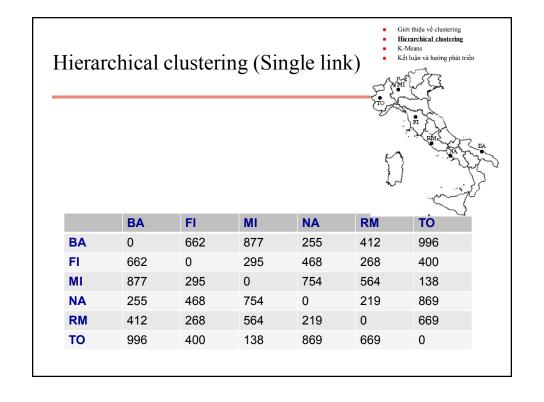
Group Average Linkage

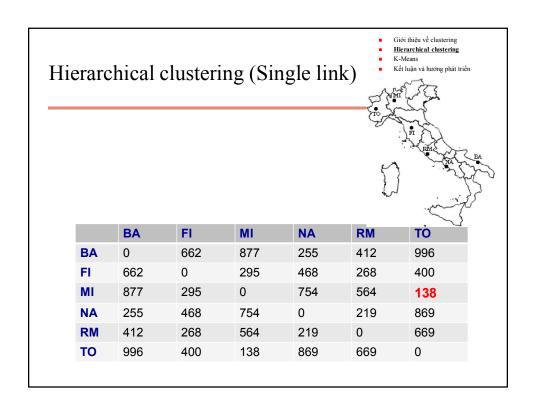
average-link clustering, distance = average distance



• Ít nhạy cảm với nhiễu và outliers







Bước 1:

Cặp vực thành phố gần nhau nhất là MI và TO, ở khoảng cách 138 Chúng được sáp nhập vào một cụm duy nhất được gọi là "MI / TO".

Mức độ cluster mới là L (MI / TO) = 138 và số thứ tự mới là m = 1 thì ta tính khoảng cách từ đối tượng hợp chất mới này cho tất cả các đối tượng khác.

	ВА	FI	MI/TO	NA	RM
BA	0	662	877	255	412
FI	662	0	295	468	268
MI/TO	877	295	0	754	564
NA	255	468	754	0	219
RM	412	268	564	219	0



Nguyên tắc trong Hierarchical clustering (Single link): khoảng cách từ cụm/nhóm đối tượng mới tạo đến các đối tượng khác bằng với khoảng cách ngắn nhất từ các thành viên của cụm/nhóm đến các đối tượng bên ngoài. Vì vậy, khoảng cách từ "MI / TO" đến RM được chọn là 564, đó là khoảng cách từ MI đển RM, vv

	ВА	FI	MI/TO	NA	RM
ВА	0	662	877	255	412
FI	662	0	295	468	268
MI/TO	877	295	0	754	564
NA	255	468	754	0	219
RM	412	268	564	219	0

Bước 2

 $\min d(i,j) = d(NA,RM) = 219$

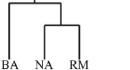
=> Trộn NA và RM thành nhóm mới gọi là NA/RM Khoảng cách của nhóm mới là L(NA/RM) = 219 m = 2

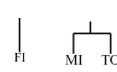


	ВА	FI	MI/TO	NA/RM
ВА	0	662	877	255
FI	662	0	295	268
MI/TO	877	295	0	564
NA/RM	255	268	564	0

Bước 3

min d(i,j) = d(BA,NA/RM) = 255 => Gom BA vàNA/RM vào nhóm mới gọi là BA/NA/RM L(BA/NA/RM) = 255 m = 3





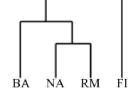
	BA/NA/RM	FI	MI/TO
BA/NA/RM	0	268	564
FI	268	0	295
MI/TO	564	295	0

Bước 4

min d(i,j) = d(BA/NA/RM,FI) = 268

=> Gom cụm BA/NA/RM vào FI tạo thành nhóm mới gọi là BA/FI/NA/RM

L(BA/FI/NA/RM) = 268m = 4

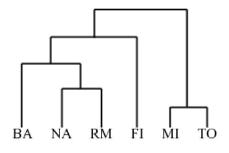




	BA/FI/NA/RM	MI/TO
BA/FI/NA/RM	0	295
MI/TO	295	0

Bước cuối cùng

Trộn 2 nhóm có giá trị khoảng cách 295 với nhau, tao được cây kết quả



Hierarchical clustering

- Giới thiệu về clustering
- Hierarchical clustering

- nhân xét
 - 1. giải thuật đơn giản
 - 2. cho kết quả dễ hiểu
 - 3. không cần tham số
 - 4. chạy chậm
 - 5. BIRCH (Zhang et al., 1996) sử dụng cấu trúc index để xử lý dữ liệu lớn

Nội dung

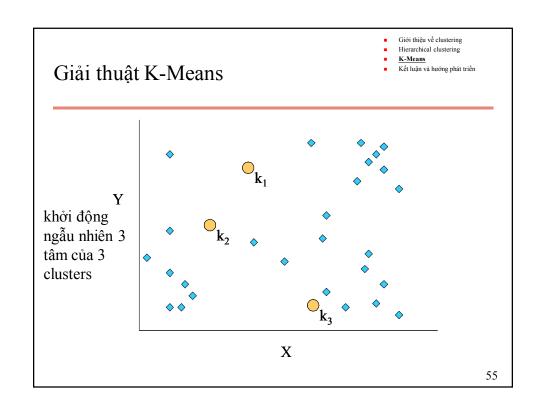
- Giới thiệu về clustering
- Hierarchical clustering
- **K-Means**
- Kết luận và hướng phát triển

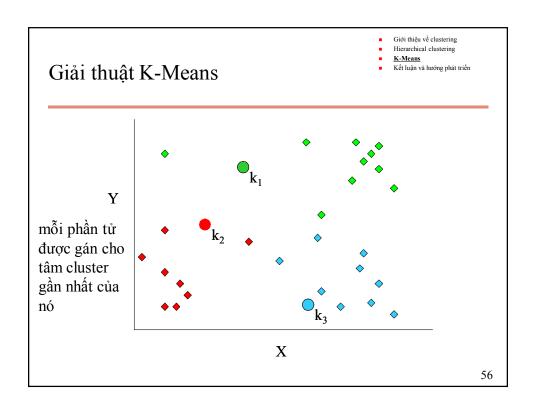
53

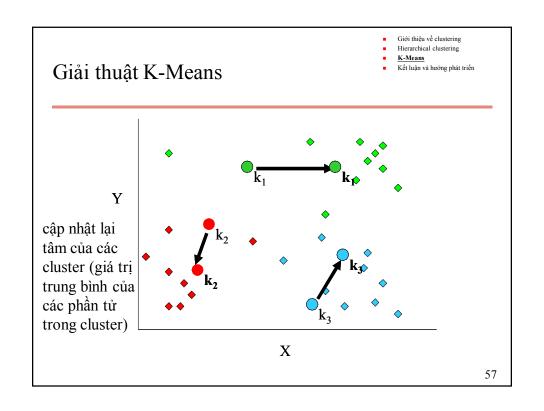
Giải thuật K-Means

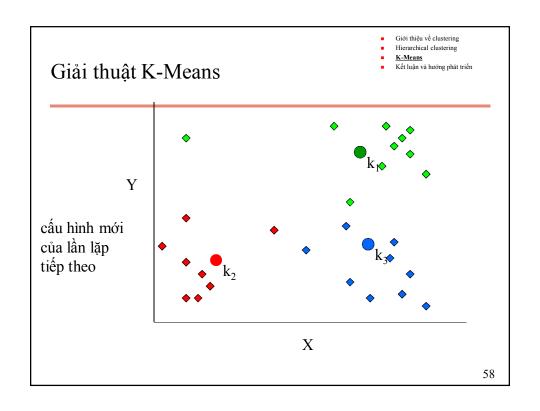
- Giới thiệu về clustering Hierarchical clustering
- K-Means Kết luân và hướng phát triển

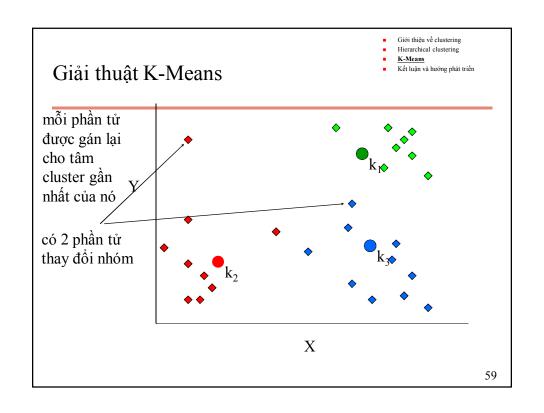
- giải thuật
 - khởi động ngẫu nhiên K tâm (center) của K clusters
 - 2. mỗi phần tử được gán cho tâm gần nhất với phần tử dựa vào khoảng cách (e.g. khoảng cách Euclid)
 - 3. cập nhật lại các tâm của K clusters, mỗi tâm là giá trị trung bình (mean) của các phần tử trong cluster của nó
 - 4. lặp lại bước 2,3 cho đến khi hội tụ

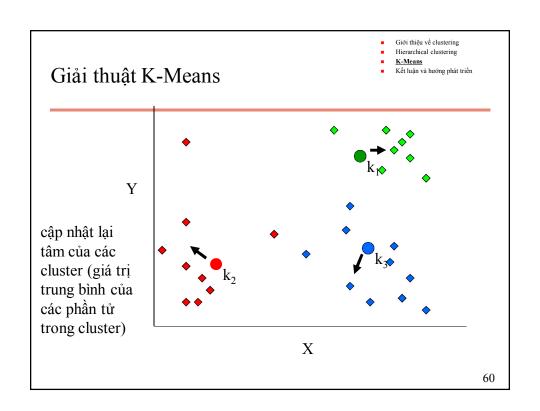


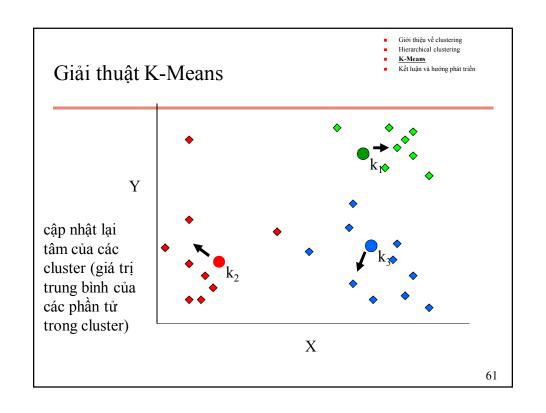


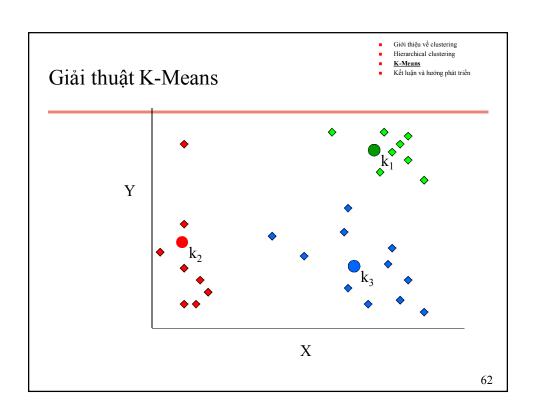










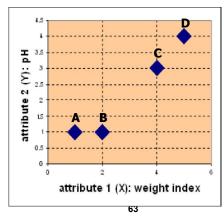


Bài tập 1:

Cho 4 loại thuốc mỗi loại có 2 thuộc tính pH và Weight

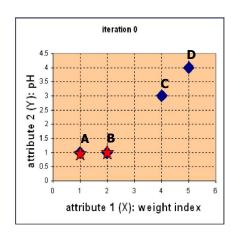
Yêu cầu nhóm những loại thuốc này thành 2 nhóm sử dụng khoảng cách Euclidea với 2 điểm khởi tạo là A và B

Medicin e	Weight	pH- Index
Α	1	1
В	2	1
С	4	3
D	5	4



Bài tập 1

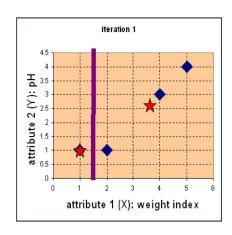
Bước 1: khởi tạo các trọng tâm: A,B: trọng tâm nhóm 1/2; tính khoảng cách của các điểm còn lại đến 2 trọng tâm này



$$\begin{aligned} \mathbf{c}_1 &= \mathbf{A}, \, \mathbf{c}_2 = \mathbf{B} \\ \mathbf{D}^0 &= \begin{bmatrix} 0 & 1 & 3.61 & 5 \\ 1 & 0 & 2.83 & 4.24 & \mathbf{c}_2 = (2,1) & group - 1 \\ A & B & C & D & \mathbf{Euclidean \ distance} \\ & \begin{bmatrix} 1 & 2 & 4 & 5 \\ 1 & 1 & 3 & 4 \end{bmatrix} & X \\ \mathbf{d}(D, c_1) &= \sqrt{(5-1)^2 + (4-1)^2} = 5 \\ d(D, c_2) &= \sqrt{(5-2)^2 + (4-1)^2} = 4.24 \end{aligned}$$

Assign each object to the cluster with the nearest seed point

Bước 2: tính lại 2 trọng tâm mới dựa vào các thành viên của nhóm vừa tạo ra ở bước 1



$$\mathbf{D^0} = \begin{bmatrix} 0 & 1 & 3.61 & 5 \\ 1 & 0 & 2.83 & 4.24 \end{bmatrix} \quad \mathbf{c_1} = (1,1) \quad group - 1 \\ A & B & C & D \\ \begin{bmatrix} 1 & 2 & 4 & 5 \\ 1 & 1 & 3 & 4 \end{bmatrix} \quad X \\ Y$$

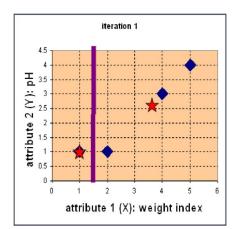
$$c_1 = (1, 1)$$

$$c_2 = \left(\frac{2+4+5}{3}, \frac{1+3+4}{3}\right)$$
$$= \left(\frac{11}{3}, \frac{8}{3}\right)$$

65

Bài tập 1

Bước 2: Tính lại các thành viên theo 2 trọng tâm mới



Compute the distance of all objects to the new centroids

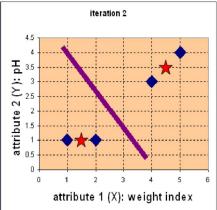
$$\mathbf{D}^{1} = \begin{bmatrix} 0 & 1 & 3.61 & 5 \\ 3.14 & 2.36 & 0.47 & 1.89 \end{bmatrix} \quad \mathbf{c}_{1} = (1,1) \quad group - 1$$

$$A \quad B \quad C \quad D$$

$$\begin{bmatrix} 1 & 2 & 4 & 5 \\ 1 & 1 & 3 & 4 \end{bmatrix} \quad X$$

Assign the membership to objects

Bước 3: Lặp lai 2 bước đâu tiên cho đến khi hội tụ



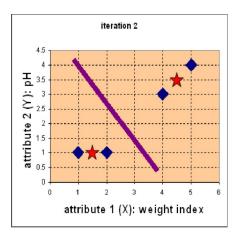
Knowing the members of each cluster, now we compute the new centroid of each group based on these new memberships.

$$c_1 = \left(\frac{1+2}{2}, \frac{1+1}{2}\right) = \left(1\frac{1}{2}, 1\right)$$
$$c_2 = \left(\frac{4+5}{2}, \frac{3+4}{2}\right) = \left(4\frac{1}{2}, 3\frac{1}{2}\right)$$

67

Bài tập 1

Bước 3: Lặp lai 2 bước đầu tiên cho đến khi hội tụ



Compute the distance of all objects to the new centroids

$$\mathbf{D}^{2} = \begin{bmatrix} 0.5 & 0.5 & 3.20 & 4.61 \\ 4.30 & 3.54 & 0.71 & 0.71 \end{bmatrix} \quad \mathbf{c}_{1} = (1\frac{1}{2}, 1) \quad group - 1$$

$$A \quad B \quad C \quad D$$

$$\begin{bmatrix} 1 & 2 & 4 & 5 \\ 1 & 1 & 3 & 4 \end{bmatrix} \quad X$$

Stop due to no new assignment Membership in each cluster no longer change

- Cho tập dữ liệu gồm 10 phần tử có 2 thuộc tính x₁, x₂ được mô tả trong bảng bên cạnh. Anh, chị hãy thực hiện gom dữ liệu trên thành 2 nhóm bằng giải thuật Kmeans, với các thông tin sau:
- Các tâm khởi động ngẫu nhiên: c1(3,2); c2(5,3).
- Khoảng cách sử dụng: khoảng cách Euclid

STT	\mathbf{x}_1	\mathbf{x}_2
1.	1	2
2.	2	1
3.	3	2
4.	3	3
5.	5	2
6.	7	4
7.	5	3
8.	7	1
9.	6	3
10.	7	2

Lần lặp 1: Tính khoảng cách từ các phần tử đến 2 tâm c1(3,2); c2(5,3)

I	x ₁	X ₂	d²(1,x1)			d²(1,x2)	Nhóm gân nhất
1.	1	2	4	2	4.123105626	17	1
2.	2	1	2	1.414213562	3.605551275	13	1
3.	3	2	0	0	2.236067977	5	<mark>1</mark>
4.	3	3	1	1	2	4	1
5.	5	2	4	2	1	1	2
6.	7	4	20	4.472135955	2.236067977	5	2
7.	5	3	5	2.236067977	0	0	2
8.	7	1	17	4.123105626	2.828427125	8	2
9.	6	3	10	3.16227766	1	1	2
10.	7	2	16	4	2.236067977	5	2

Cập nhật lại tâm: c1((1+2+3+3)/4,(2+1+2+3)/4)= (2.25;2) C2((5+7+5+7+6+7)/6, (2+4+3+1+3+2)/6= (6.17; 2.5)

Lần lặp 2: Tính khoảng cách từ các phần tử đến 2 tâm c1 (2.25;2) và c2 (6.17; 2.5)

I	x ₁	X ₂	d²(I,x1)			d ² (I,x2)	Nhóm gân nhất
1.	1	2	1.5625	1.25	5.190837012	26.94478889	1
2.	2	1	1.0625	1.030776406	4.428474781	19.61138889	1
3.	3	2	0.5625	0.75	3.205930269	10.27798889	1
4.	3	3	1.5625	1.25	3.205930269	10.27798889	1
5.	5	2	7.5625	2.75	1.269326156	1.61118889	2
6.	7	4	26.5625	5.153882032	1.715922169	2.94438889	2
7.	5	3	8.5625	2.926174978	1.269326156	1.61118889	2
8.	7	1	23.5625	4.85412196	1.715922169	2.94438889	2
9.	6	3	15.0625	3.881043674	0.527056819	0.27778889	2
10.	7	2	22.5625	4.75	0.971796733	0.94438889	2

Các phần tử trong nhóm không thay đổi, giải thuật dừng lại ta có thông tin nhóm 1 gồm 4 phần tử đàu tiên, nhóm 2 gồm 6 phần tử còn lại

Bài tập 2: k=2

Individual	Variable 1	Variable 2
1	1.0	1.0
2	1.5	2.0
3	3.0	4.0
4	5.0	7.0
5	3.5	5.0
6	4.5	5.0
7	3.5	4.5

<u>Bước 1:</u> Khởi tạo k=2 trọng tâm: m1=(1.0,1.0) và m2=(5.0,7.0).

Individual	Variable 1	Variable 2
1	1.0	1.0
2	1.5	2.0
3	3.0	4.0
4	5.0	7.0
5	3.5	5.0
6	4.5	5.0
7	3.5	4.5

	Individual	Mean Vector
Group 1	1	(1.0, 1.0)
Group 2	4	(5.0, 7.0)

Bước 2:

- Sau bước 1 ta được 2 nhóm: {1,2,3} và {4,5,6,7}.
- Their new centroids are:

$$m_1 = (\frac{1}{3}(1.0 + 1.5 + 3.0), \frac{1}{3}(1.0 + 2.0 + 4.0)) = (1.83, 2.33)$$

$$m_2 = (\frac{1}{4}(5.0 + 3.5 + 4.5 + 3.5), \frac{1}{4}(7.0 + 5.0 + 5.0 + 4.5))$$

$$=(4.12,5.38)$$

Individual	Centrold 1	Centrold 2		
1	0	7.21		
2 (1.5, 2.0)	1.12	6.10		
3	3.61	3.61		
4	7.21	0		
5	4.72	2.5		
6	5.31	2.06		
7	4.30	2.92		

$$d(m_1,2) = \sqrt{|1.0 - 1.5|^2 + |1.0 - 2.0|^2} = 1.12$$

$$d(m_2,2) = \sqrt{|5.0 - 1.5|^2 + |7.0 - 2.0|^2} = 6.10$$

Step 3:

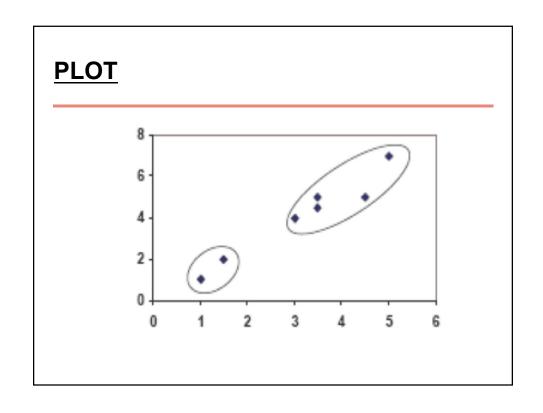
Nhóm mới: {1,2} and {3,4,5,6,7}

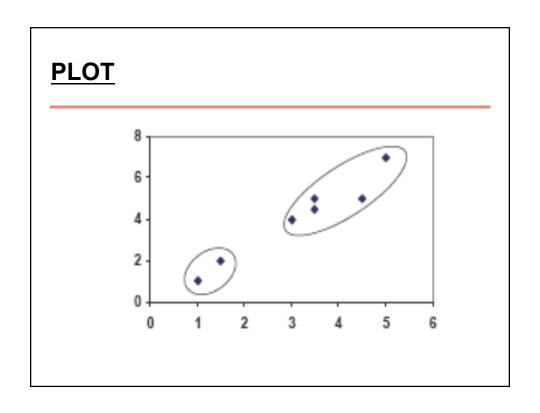
■ Trọng tâm mới: m1=(1.25,1.5) và m2 = (3.9,5.1)

Individual	Centroid 1	Centroid 2
1	1.57	5.38
2	0.47	4.28
3	2.04	1.78
4	5.64	1.84
5	3.15	0.73
6	3.78	0.54
7	2.74	1.08

- Bước 4: Nhóm: {1,2} và {3,4,5,6,7}
- = > các thành viên trong nhóm không thay đổi => giải thuật dừng, ta có 2 nhóm {1,2} và {3,4,5,6,7}.

Individual	Centroid 1	Centroid 2
1	0.56	5.02
2	0.56	3.92
3	3.05	1.42
4	6.66	2.20
5	4.16	0.41
6	4.78	0.61
7	3.75	0.72



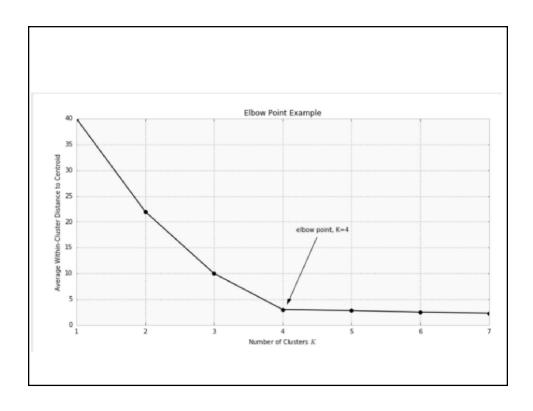


Giới thiệu về clustering

- Hierarchical clustering
- K-Means
- Kết luận và hướng phát triển

Giải thuật K-Means

- nhận xét
 - 1. giải thuật đơn giản
 - 2. cho kết quả dễ hiểu
 - 3. cần cho tham số K (số lượng clusters)
 - 4. kết quả phụ thuộc vào việc khởi động ngẫu nhiên K tâm (center) của K clusters : có thể khắc phục bằng cách khởi động lại nhiều lần.
 - 5. khả năng chịu đựng nhiễu không tốt (ảnh hưởng bởi các phần tử outliers) : có thể khắc phục bằng K-Medoids, không sử dụng giá trị trung bình, nhưng sử dụng phần tử ngay giữa



Nội dung

- Giới thiệu về clustering
- Hierarchical clustering
- K-Means
- Kết luận và hướng phát triển

81

Giải thuật clustering

- Giới thiệu về clustering
- Hierarchical clustering
- K-Means
- Kết luận và hướng phát triển

- còn nhiều phương pháp khác
 - density-based: DBSCAN (Ester et al., 1996), OPTICS (Ankerst et al., 1999), DENCLUE (Hinneburg & Keim, 1998)
 - model-based : EM (Expected maximization), SOM (Kohonen, 1995)

Hướng phát triển

- Giới thiệu về clustering
- Hierarchical clustering K-Means
- Kết luận và hướng phát triển

- các kiểu dữ liệu phức tạp
- tăng tốc độ xử lý
- các tham số đầu vào của giải thuật
- diễn dịch kết quả sinh ra
- phương pháp kiểm chứng chất lượng mô hình



•	Giới	thiệu	vê	c	lus	ter	in

- Hierarchical clustering
- K-Means
- Kết luận và hướng phát triển

Kiểu nhị phân		Object j		
		1	0	sum
Okiosti	1	а	b	a+b
Object i	0	c	b d	c+d
	sum		b+d	p

- khoảng cách đối xứng : $d(i,j) = \frac{b+c}{a+b+c+d}$
- khoảng cách bất đối xứng : $d(i, j) = \frac{b+c}{a+b+c}$
- hệ số Jaccard bất đối xứng : $sim_{Jaccard}(i,j) = \frac{a}{a+b+c}$

85

Hierarchical clustering

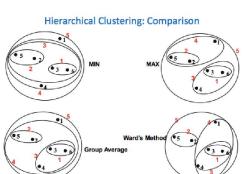
- Giới thiệu về clustering
- Hierarchical clustering

Group Average Linkage

average-link clustering, distance = average distance

• Strengths-Less susceptible to

noise and outliers• **Limitations- Biased towards** globular clusters



What Is Good Clustering?

- A good clustering method will produce high quality clusters with
 - high intra-class similarity
 - low inter-class similarity
- The <u>quality</u> of a clustering result depends on both the similarity measure used by the method and its implementation.
- The <u>quality</u> of a clustering method is also measured by its ability to discover some or all of the <u>hidden</u> patterns.