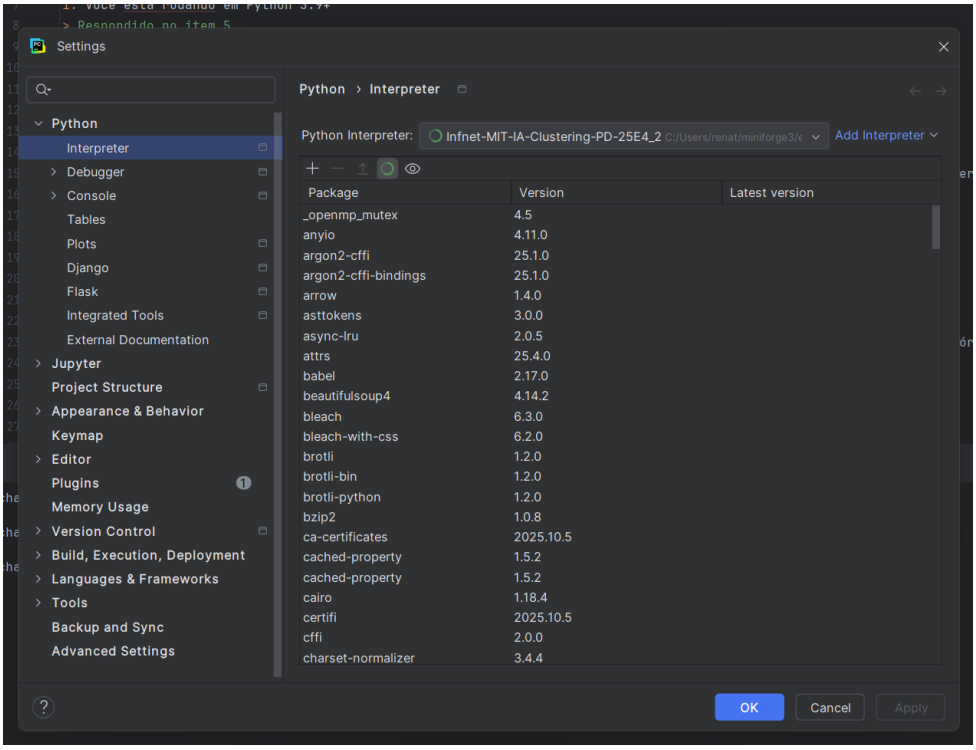
Projeto de Disciplina - Algoritmos de Inteligência Artificial para Clusterização [25E4_2]

Infraestrutura

Para as questões a seguir, você deverá executar códigos em um notebook Jupyter, rodando em ambiente local, certifique-se que:

1. Você está rodando em Python 3.9+
2. Você está usando um ambiente virtual: Virtualenv ou Anaconda
3. Todas as bibliotecas usadas nesse exercícios estão instaladas em um ambiente virtual específico

> 
>

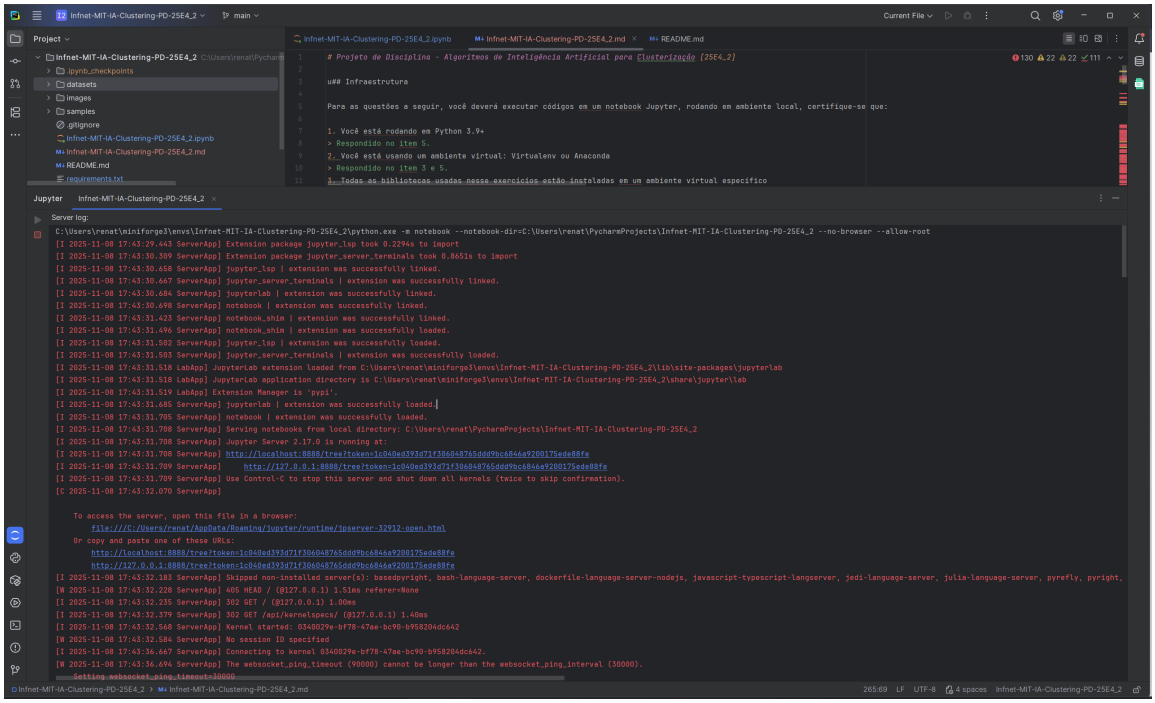
> Respondido no item 3 e 5.

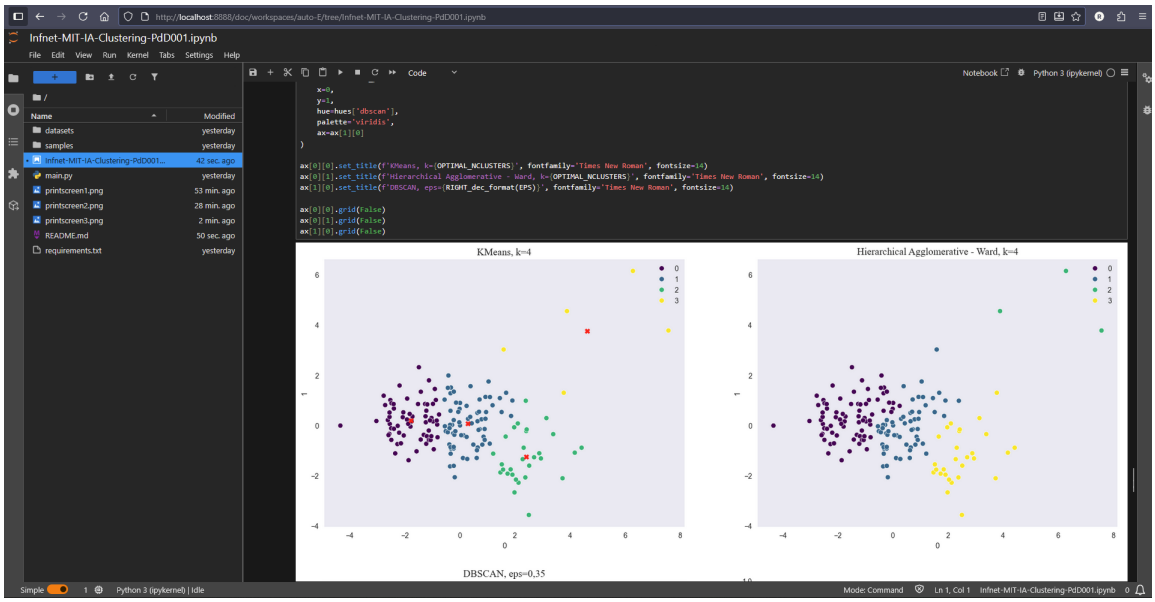
> Respondido no item 5.

4. Gere um arquivo de requerimentos (requirements.txt) com os pacotes necessários. É necessário se certificar que a versão do pacote está disponibilizada.

> requirements.txt

5. Tire um printscreen do ambiente que será usado rodando em sua máquina.





6. Disponibilize os códigos gerados, assim como os artefatos acessórios (requirements.txt) e instruções em um repositório GIT público. (se isso não for feito, o diretório com esses arquivos deverá ser enviado compactado no moodle).

> https://github.com/rabreu/Infnet-MIT-IA-Clustering-PD-25E4_2

Escolha de base de dados

Para as questões a seguir, usaremos uma base de dados e faremos a análise exploratória dos dados, antes da clusterização.

1. Baixe os dados disponibilizados na plataforma Kaggle sobre dados sócio-econômicos e de saúde que determinam o índice de desenvolvimento de um país. Esses dados estão disponibilizados através do link: https://www.kaggle.com/datasets/rohan0301/unsupervised-learning-on-country-data
2. Quantos países existem no dataset?
3. Mostre através de gráficos a faixa dinâmica das variáveis que serão usadas nas tarefas de clusterização. Analise os resultados mostrados. O que deve ser feito com os dados antes da etapa de clusterização?
4. Realize o pré-processamento adequado dos dados.

> Pré-processamento da massa de dados

> Análise da distribuição da-massa de dados

> Definição da quantidade de países como variável global

> Importação e Normalização dos Dados

Clusterização

Para os dados pré-processados da etapa anterior você irá:

1. Realizar o agrupamento dos países em 3 grupos distintos. Para tal, use:
   - K-Médias

     > Execução K-Means, Hierarquical Agglomerative e DBSCAN para k=3

   - Clusterização Hierárquica

     > Execução K-Means, Hierarquical Agglomerative e DBSCAN para k=3

2. Para os resultados, do K-Médias:
   - Interprete cada um dos clusters obtidos citando:
     - Qual a distribuição das dimensões em cada grupo

       > Podemos separar três grupos por diferenças socioeconomicas:
       > Países desenvolvidos, em desenvolvimento e subdesenvolvidos.

- O país, de acordo com o algoritmo, melhor representa o seu agrupamento. Justifique

> Países que melhores representam seu agrupamento

3. Para os resultados da Clusterização Hierárquica, apresente o dendograma e interprete os resultados

4. Compare os dois resultados, aponte as semelhanças e diferenças e interprete.

> Comparação entre K-Means e Hierarchical Agglomerative

> Dendrogramas e Análise

Escolha de algoritmos

1. Escreva em tópicos as etapas do algoritmo de K-médias até sua convergência.

> - Escolher o número de clusters K.
> - Selecionar centróides iniciais.
> - Atribuir cada ponto ao centróide mais próximo.
> - Recalcular os centróides (média dos pontos).
> - Repetir até os centróides não mudarem mais.

2. O algoritmo de K-médias converge até encontrar os centróides que melhor descrevem os clusters encontrados (até o deslocamento entre as interações dos centróides ser mínimo). Lembrando que o centróide é o baricentro do cluster em questão e não representa, em via de regra, um dado existente na base. Refaça o algoritmo apresentado na questão 1 a fim de garantir que o cluster seja representado pelo dado mais próximo ao seu baricentro em todas as iterações do algoritmo. Obs: nesse novo algoritmo, o dado escolhido será chamado medóide.

> - Escolher K pontos reais como medóides.
> - Atribuir cada ponto ao medóide mais próximo.
> - Calcular o novo medóide (ponto real mais próximo do centro).
> - Repetir até os medóides não mudarem mais.

3. O algoritmo de K-médias é sensível a outliers nos dados. Explique.

> Sim. As médias dos *outliers* acabam *puxando* o centróide para fora do centro causando uma distorção.

4. Por que o algoritmo de DBScan é mais robusto à presença de outliers?

> Porque ele não se baseia em média - que é a raiz do problema acima - mas na densidade (parâmetro *eps/epsilon*), entretanto é necessário ajustar

> essa entrada dependendo dos objetivos da análise.

Assim que terminar, salve o seu arquivo PDF e poste no Moodle. Utilize o seu nome para nomear o arquivo, identificando também a disciplina no seguinte formato: "nomedoaluno_nomedadisciplina_pd.PDF".

Importação de bibliotecas

In [1]:
```
import pandas as pd
import matplotlib.pyplot as plt
import seaborn as sb
import numpy as np
from sklearn.datasets import make_blobs
from sklearn import preprocessing as preproc
from scipy.cluster import hierarchy
from sklearn.cluster import KMeans, DBSCAN, AgglomerativeClustering
from sklearn_extra.cluster import KMedoids
from yellowbrick.cluster import SilhouetteVisualizer, KElbowVisualizer
from sklearn.decomposition import PCA

# Macros
RIGHT_dec_format = lambda x: x.__str__().replace(',','').replace('.',',')
```

In [2]:
```
print("Pandas version:", pd.__version__)
print("Matplotlib version:", plt.matplotlib.__version__)
print("Seaborn version:", sb.__version__)
print("Numpy version:", np.__version__)
```

```
Pandas version: 2.3.3
Matplotlib version: 3.10.7
Seaborn version: 0.13.2
Numpy version: 1.26.4
```

Importação e Normalização dos Dados

In [3]:
```
csv = pd.read_csv("datasets/Country-data.csv")
labels = pd.read_csv("datasets/data-dictionary.csv")
dataset_raw = pd.DataFrame(csv)
labels = pd.DataFrame(labels)
```

In [4]:
```
dataset_raw.head()
```

Out[4]:

	country	child_mort	exports	health	imports	income	inflation	life_expec	total_fe
0	Afghanistan	90.2	10.0	7.58	44.9	1610	9.44	56.2	5.8
1	Albania	16.6	28.0	6.55	48.6	9930	4.49	76.3	1.6
2	Algeria	27.3	38.4	4.17	31.4	12900	16.10	76.5	2.8
3	Angola	119.0	62.3	2.85	42.9	5900	22.40	60.1	6.1
4	Antigua and Barbuda	10.3	45.5	6.03	58.9	19100	1.44	76.8	2.1

In [5]:
```
dataset_raw.info()
```

```
<class 'pandas.core.frame.DataFrame'>
RangeIndex: 167 entries, 0 to 166
Data columns (total 10 columns):
 #   Column      Non-Null Count  Dtype  
---  ------      --------------  -----  
 0   country     167 non-null    object 
 1   child_mort  167 non-null    float64
 2   exports     167 non-null    float64
 3   health      167 non-null    float64
 4   imports     167 non-null    float64
 5   income      167 non-null    int64  
 6   inflation   167 non-null    float64
 7   life_expec  167 non-null    float64
 8   total_fer   167 non-null    float64
 9   gdpp        167 non-null    int64  
dtypes: float64(7), int64(2), object(1)
memory usage: 13.2+ KB
```

Definição da quantidade de países como variável global

Define como variável global a quantidade de países para usá-la como entrada na quantidade de amostras (*n_samples*):

In [6]:
```
N_COUNTRIES=dataset_raw['country'].count()
```

Pré-processamento da massa de dados

In [7]:
```
dataset = preproc.StandardScaler().fit_transform(dataset_raw.iloc[:,1:])
dataset
```

Out[7]:
```
array([[ 1.29153238, -1.13827979,  0.27908825, ..., -1.61909203,
         1.90288227, -0.67917961],
       [-0.5389489 , -0.47965843, -0.09701618, ...,  0.64786643,
        -0.85997281, -0.48562324],
       [-0.27283273, -0.09912164, -0.96607302, ...,  0.67042323,
        -0.0384044 , -0.46537561],
       ...,
       [-0.37231541,  1.13030491,  0.0088773 , ...,  0.28695762,
        -0.66120626, -0.63775406],
       [ 0.44841668, -0.40647827, -0.59727159, ..., -0.34463279,
         1.14094382, -0.63775406],
       [ 1.11495062, -0.15034774, -0.33801514, ..., -2.09278484,
         1.6246091 , -0.62954556]])
```

In [8]:
```
dataset = pd.DataFrame(dataset, columns=labels.iloc[1:, 0].apply(lambda column : co
dataset
```

Out[8]:

Column Name	child_mort	exports	health	imports	income	inflation	life_expec	tota
0	1.291532	-1.138280	0.279088	-0.082455	-0.808245	0.157336	-1.619092	1.90
1	-0.538949	-0.479658	-0.097016	0.070837	-0.375369	-0.312347	0.647866	-0.85
2	-0.272833	-0.099122	-0.966073	-0.641762	-0.220844	0.789274	0.670423	-0.03
3	2.007808	0.775381	-1.448071	-0.165315	-0.585043	1.387054	-1.179234	2.12
4	-0.695634	0.160668	-0.286894	0.497568	0.101732	-0.601749	0.704258	-0.54
...	...	...	...	...	...	...	...	
162	-0.225578	0.200917	-0.571711	0.240700	-0.738527	-0.489784	-0.852161	0.36
163	-0.526514	-0.461363	-0.695862	-1.213499	-0.033542	3.616865	0.546361	-0.31
164	-0.372315	1.130305	0.008877	1.380030	-0.658404	0.409732	0.286958	-0.66
165	0.448417	-0.406478	-0.597272	-0.517472	-0.658924	1.500916	-0.344633	1.14
166	1.114951	-0.150348	-0.338015	-0.662477	-0.721358	0.590015	-2.092785	1.62

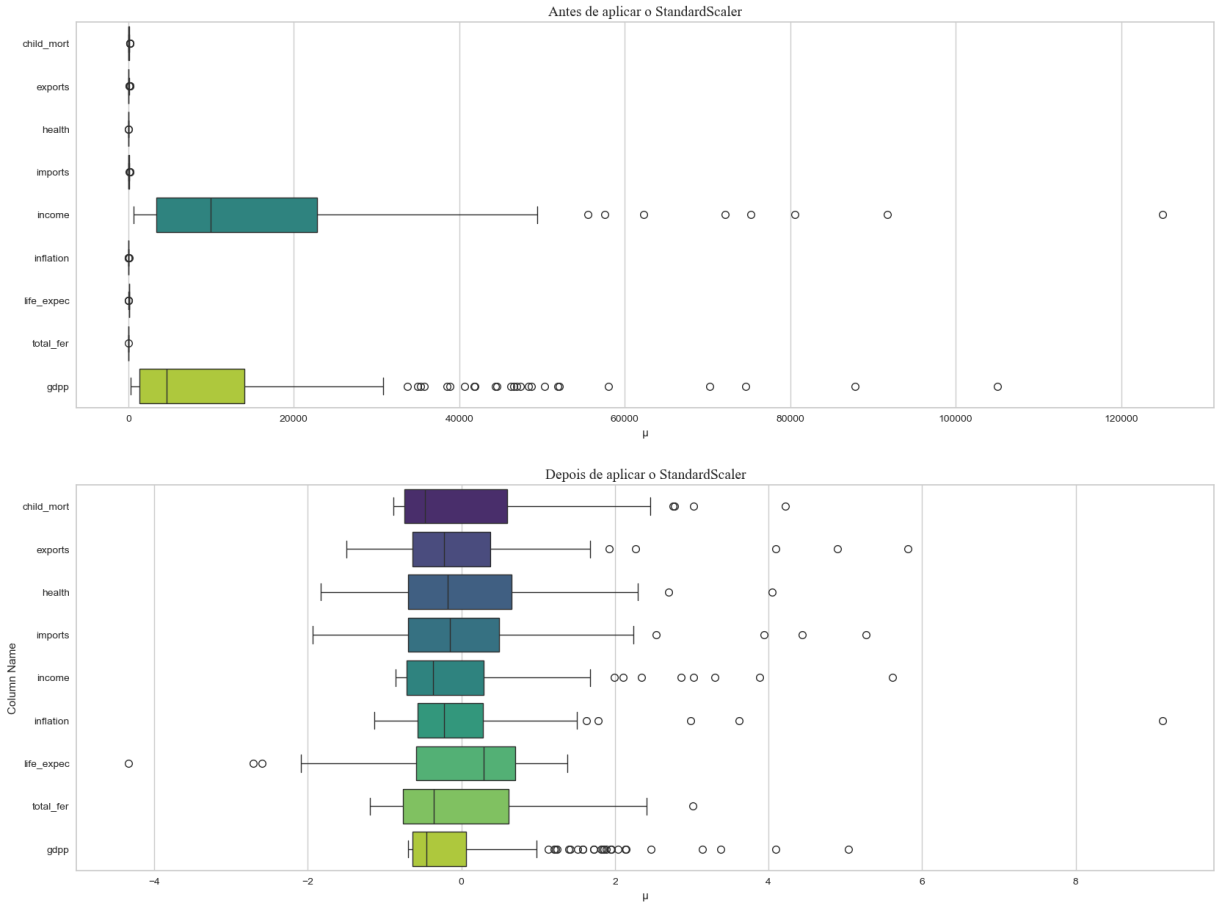
167 rows × 9 columns

In [9]:
```
pca_2 = PCA(n_components=2)
dataset_pca = pca_2.fit_transform(dataset)
```

Análise da distribuição da massa de dados

In [10]:
```
f, ax = plt.subplots(2, 1)
f.set_figheight(15)
f.set_figwidth(20)

sb.boxplot(dataset_raw, ax=ax[0], orient='h', palette='viridis')
sb.boxplot(
    data=dataset,
```

```
    ax=ax[1],
    orient='h',
    palette='viridis'
)

ax[0].set_title(f'Antes de aplicar o StandardScaler', fontfamily='Times New Roman',
ax[0].set_xlabel('μ')
ax[1].set_title(f'Depois de aplicar o StandardScaler', fontfamily='Times New Roman'
ax[1].set_xlabel('μ')
plt.show()
```

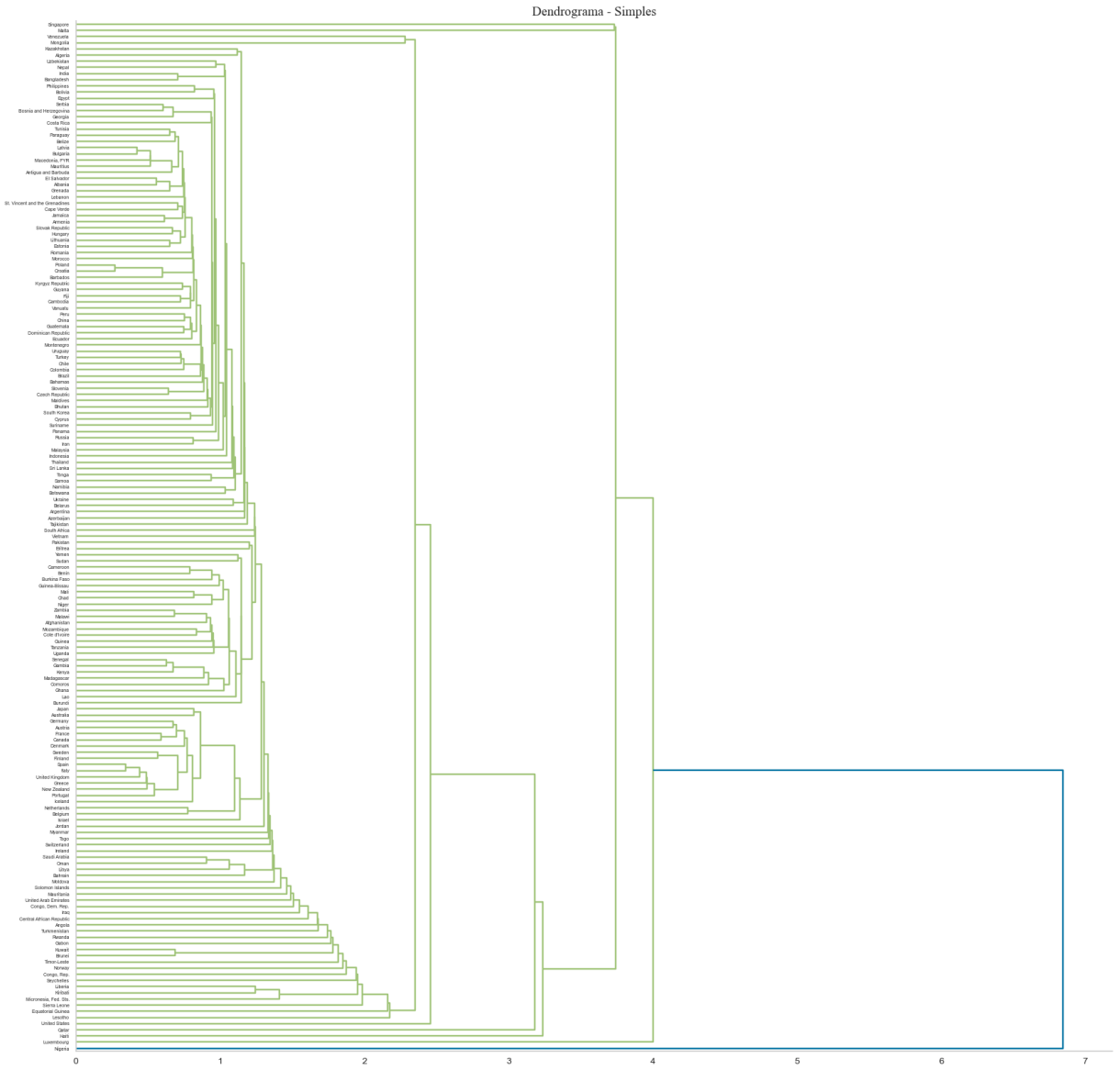


Comparando os dois gráficos *box-plot* podemos observar uma mudança na distribuição tornando-as mais padronizadas. A primeira impressão parece que os valores menores foram *puxados* para cima para que se igualassem ao *income* e *gdpp* - essa impressão se dá pela mudança de escala - mas o que aconteceu na verdade foi o inverso: o *income* e *gdpp* foram *puxados* para perto da média (μ).

Dendrogramas, análise e conclusões

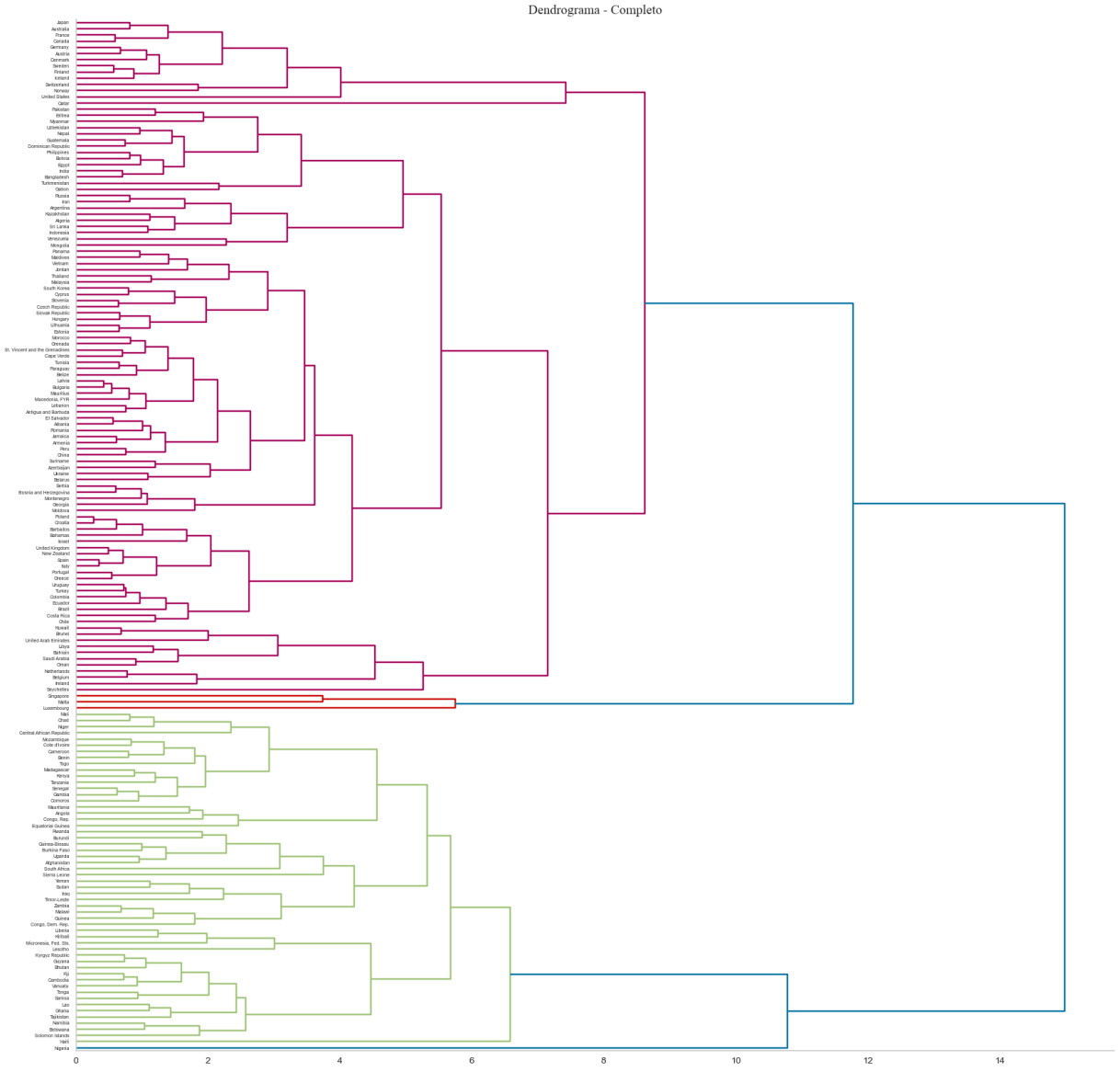
In [11]:
```
f, ax = plt.subplots(1, 1)
f.set_figheight(20)
f.set_figwidth(20)

single_link = hierarchy.linkage(
    dataset,
    metric='euclidean',
```

```
    method='single'
)

hierarchy.dendrogram(
    single_link,
    labels=dataset_raw['country'].values,
    ax=ax,
    orientation='right'
)

ax.set_title('Dendrograma - Simples', fontfamily='Times New Roman', fontsize=14)

ax.grid(False)
sb.despine()
```



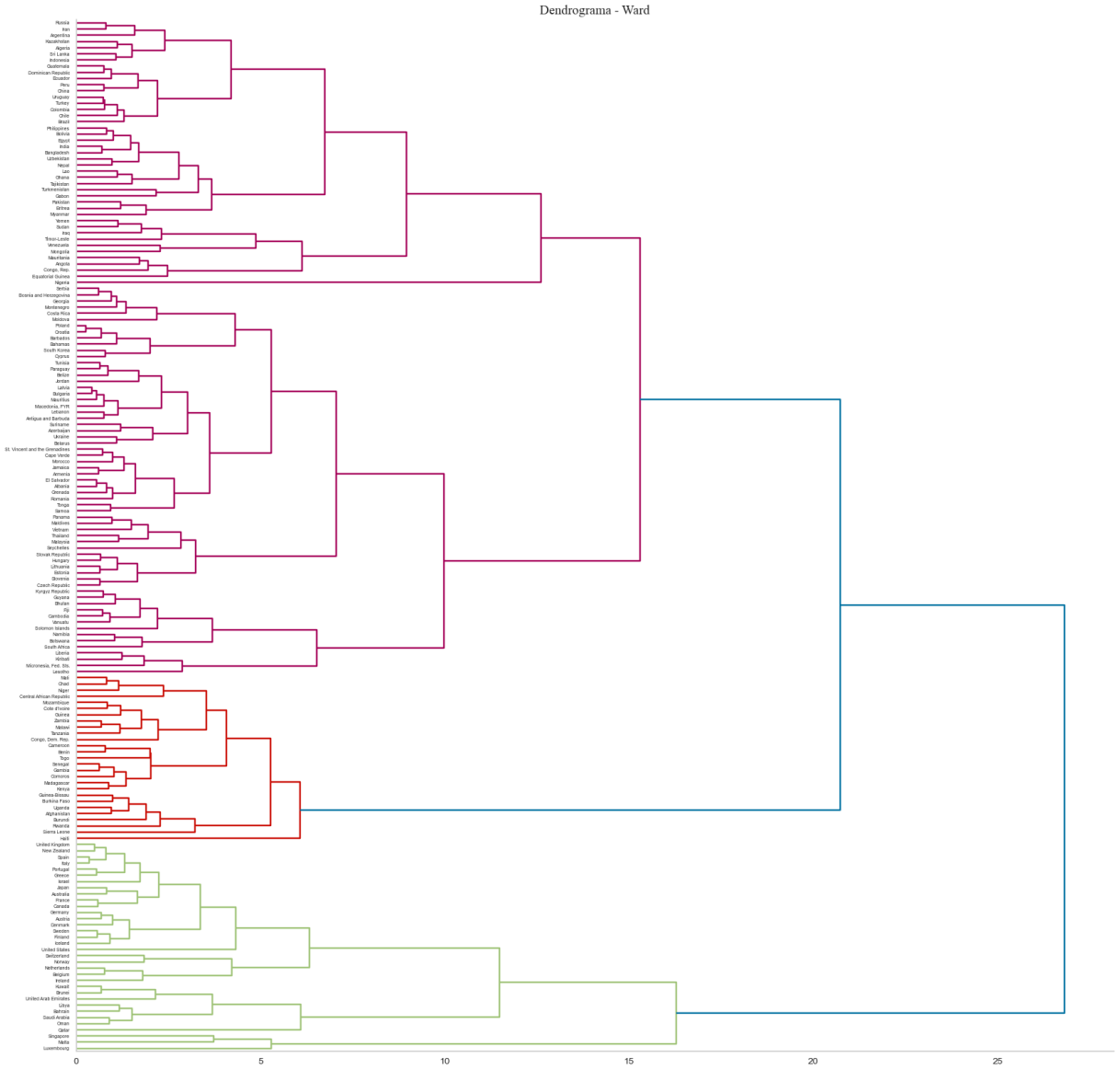
In [12]:
```
f, ax = plt.subplots(1, 1)
f.set_figheight(20)
f.set_figwidth(20)

complete_link = hierarchy.linkage(
    dataset,
```

```
    metric='euclidean',
    method='complete'
)

hierarchy.dendrogram(
    complete_link,
    labels=dataset_raw['country'].values,
    ax=ax,
    orientation='right'
)

ax.set_title('Dendrograma - Completo', fontfamily='Times New Roman', fontsize=14)

ax.grid(False)
sb.despine()
```



In [13]:
```
f, ax = plt.subplots(1, 1)
f.set_figheight(20)
f.set_figwidth(20)

ward_link = hierarchy.linkage(
```

```
    dataset,
    metric='euclidean',
    method='ward'
)

hierarchy.dendrogram(
    ward_link,
    labels=dataset_raw['country'].values,
    ax=ax,
    orientation='right'
)

ax.set_title('Dendrograma - Ward', fontfamily='Times New Roman', fontsize=14)

ax.grid(False)
sb.despine()
```



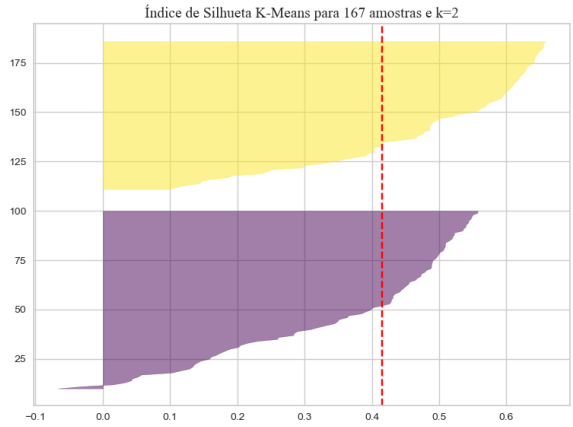
Dendrograma	Conclusões
Simples	Visualmente difícil de analisar, não é o mais recomendável leitura visual.

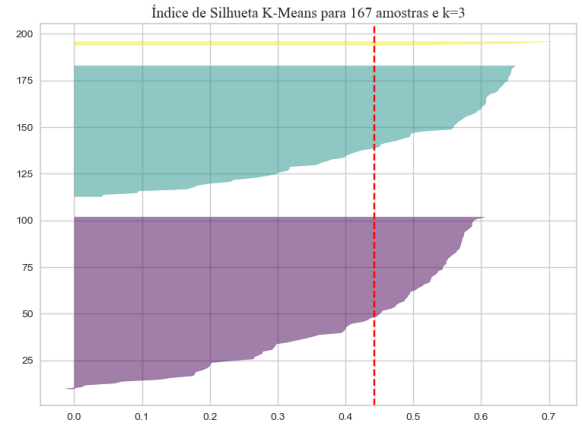
Dendrograma	Conclusões
Completo	Separou em três grupos distintos. Dois deles foram claramente pelas caracteristicas socioeconômicas contidos no *datasheet*, separando-os entre os *mais* e *menos* desenvolvidos e o grupo menor como os países que se afastaram demais destes dois grupos e não puderam ser agrupados.
Ward	Separou em três grupos distintos de forma clara pelas caracteristicas socioeconômicas, sem excluir nenhum deles.

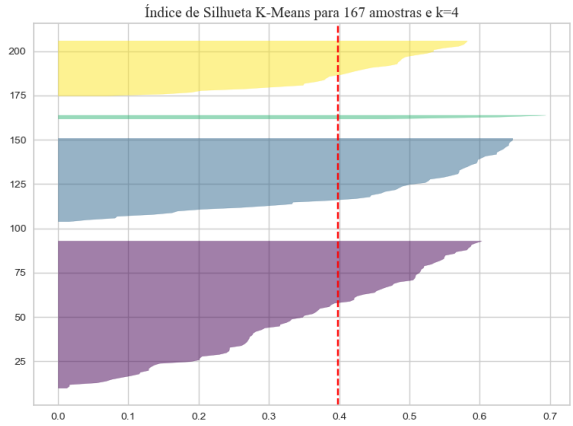
Índice de Silhueta

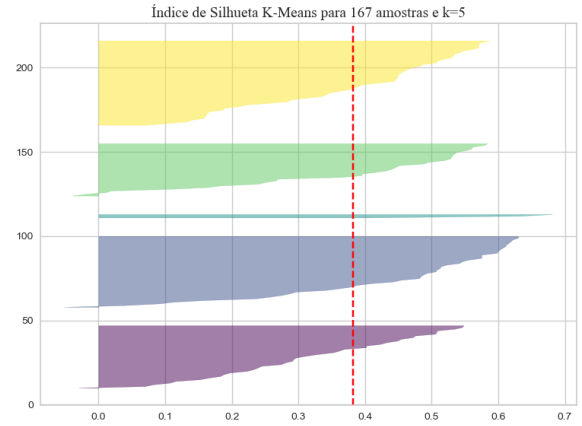
In [14]:
```
X, labels = make_blobs(n_samples=N_COUNTRIES, n_features=2, random_state=42)
```

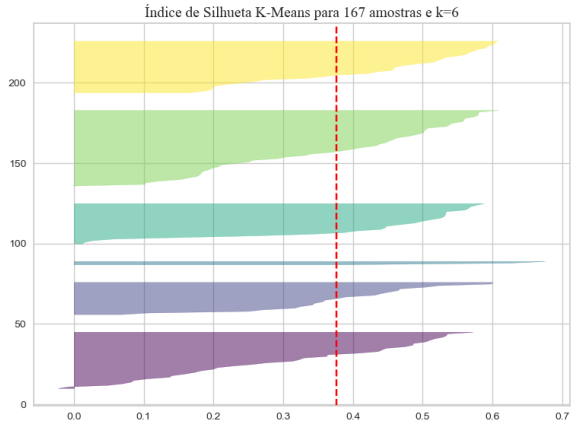
In [15]:
```
f, ax = plt.subplots(4, 2)
f.set_figheight(30)
f.set_figwidth(20)

for i in range(2,10):
    kmeans = KMeans(n_clusters=i, random_state=42, n_init='auto')
    q, mod = divmod(i, 2)
    sv = SilhouetteVisualizer(
        kmeans,
        colors='viridis',
        is_fitted='auto',
        ax=ax[q-1][mod-2]
    )
    ax[q-1][mod-2].set_title(f'Índice de Silhueta K-Means para {len(X)} amostras e
    sv.fit(dataset_pca)
```

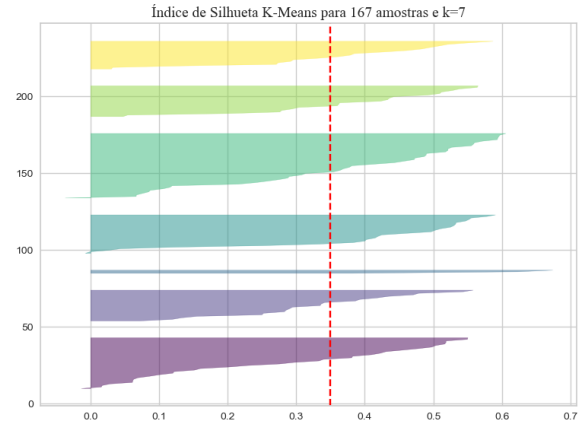


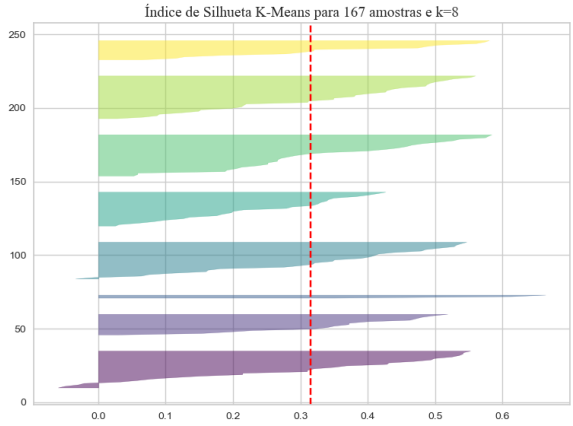


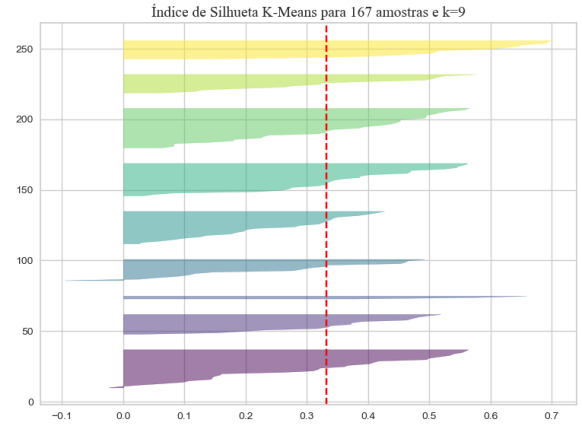












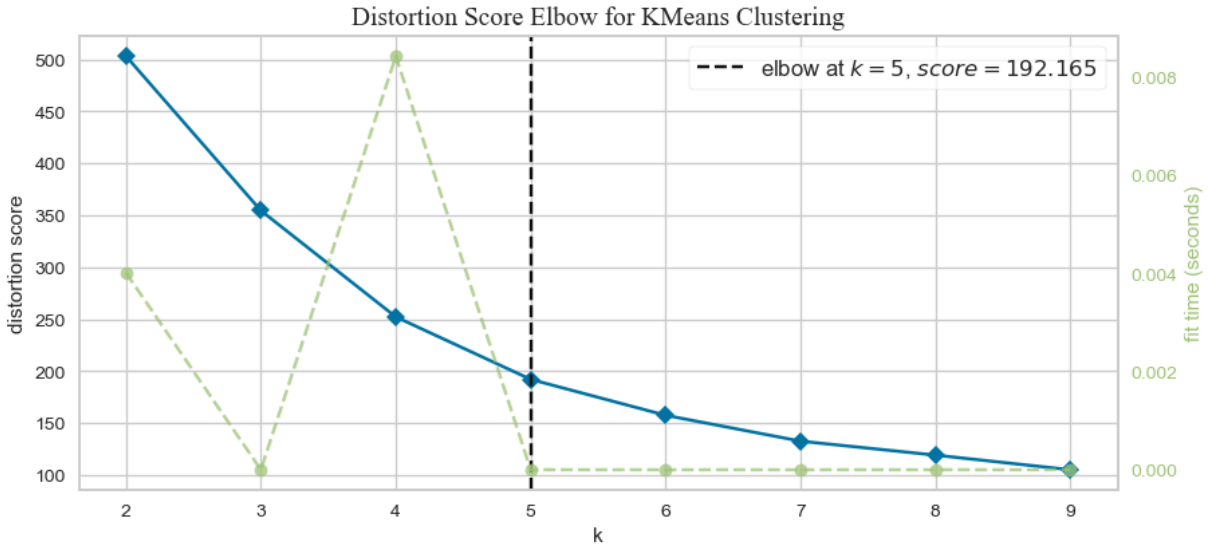
Clusters **Conclusões**

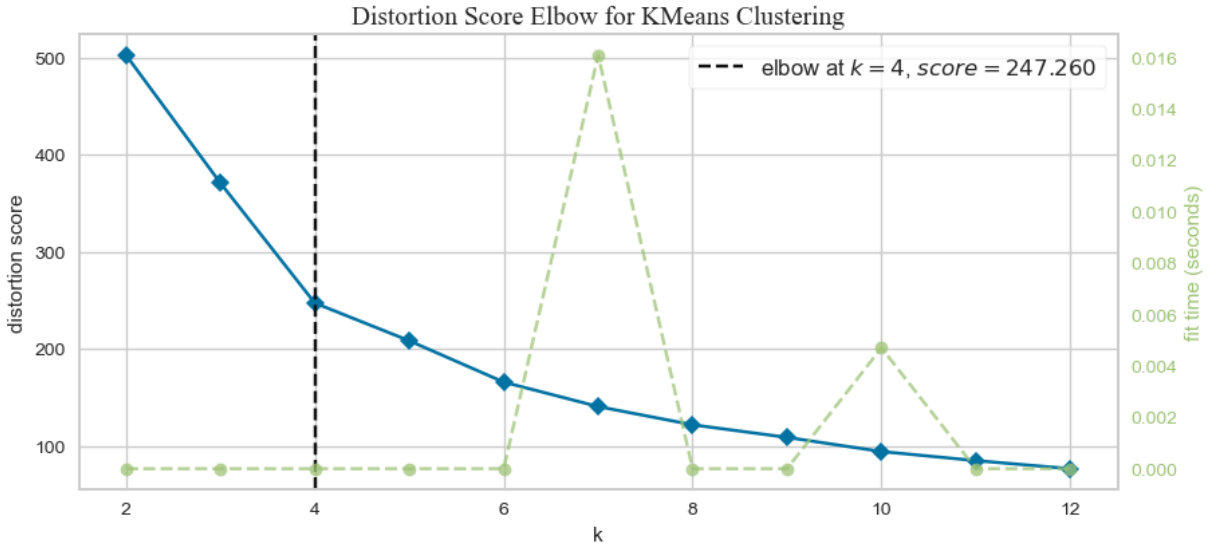
Clusters	Conclusões
k=2 e k=3	Ambos os casos os clusters possuem as silhuetas muito grandes, indicando a necessidade de mais clusters.
k=4 e k=5	Apesar de k=4 possuir um cluster a menos que k=5, sua média é maior e suas sulhuetas não são tão maiores em comparação a mesma. A silhueta mais fina indica os dados discrepantes que não fora removidos no preprocessamento.
k=6 até k=9	Tamanho não igualitário entre os clusters. Visivelmente há clusters menores e outros maiores, o que indica excesso de clusters.

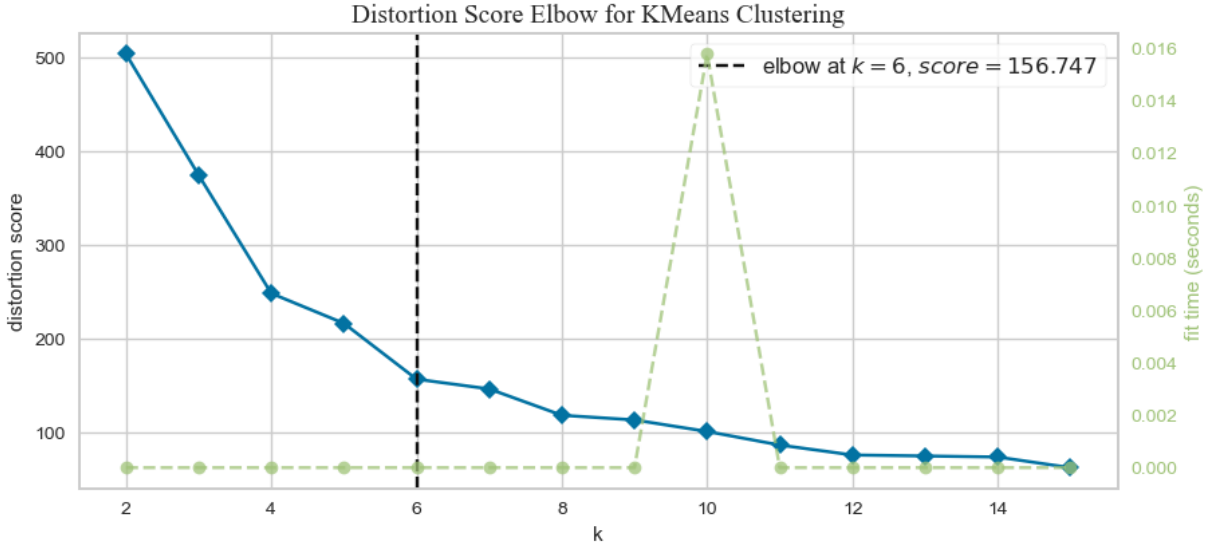
Método Cotovelo

Também foi utilizado o Método do Cotovelo para descobrir a quantidade ótima de clusters, o que confirmou que o resultado do método anterior.

In [16]:
```
f, ax = plt.subplots(3)
f.set_figheight(15)
f.set_figwidth(10)

v1 = KElbowVisualizer(KMeans(n_init='auto'), k=9, ax=ax[0])
v1.fit(dataset_pca)
v1.finalize()

v2 = KElbowVisualizer(KMeans(n_init='auto'), k=12, ax=ax[1])
v2.fit(dataset_pca)
v2.finalize()

v3 = KElbowVisualizer(KMeans(n_init='auto'), k=15, ax=ax[2])
v3.fit(dataset_pca)
v3.finalize()

for x in range(len(ax)):
    ax[x].set_title(label="Distortion Score Elbow for KMeans Clustering", fontfamil

plt.show()
```







Define como variável global a quantidade ótima de clusters encontrada para utiliza-la como entrada.

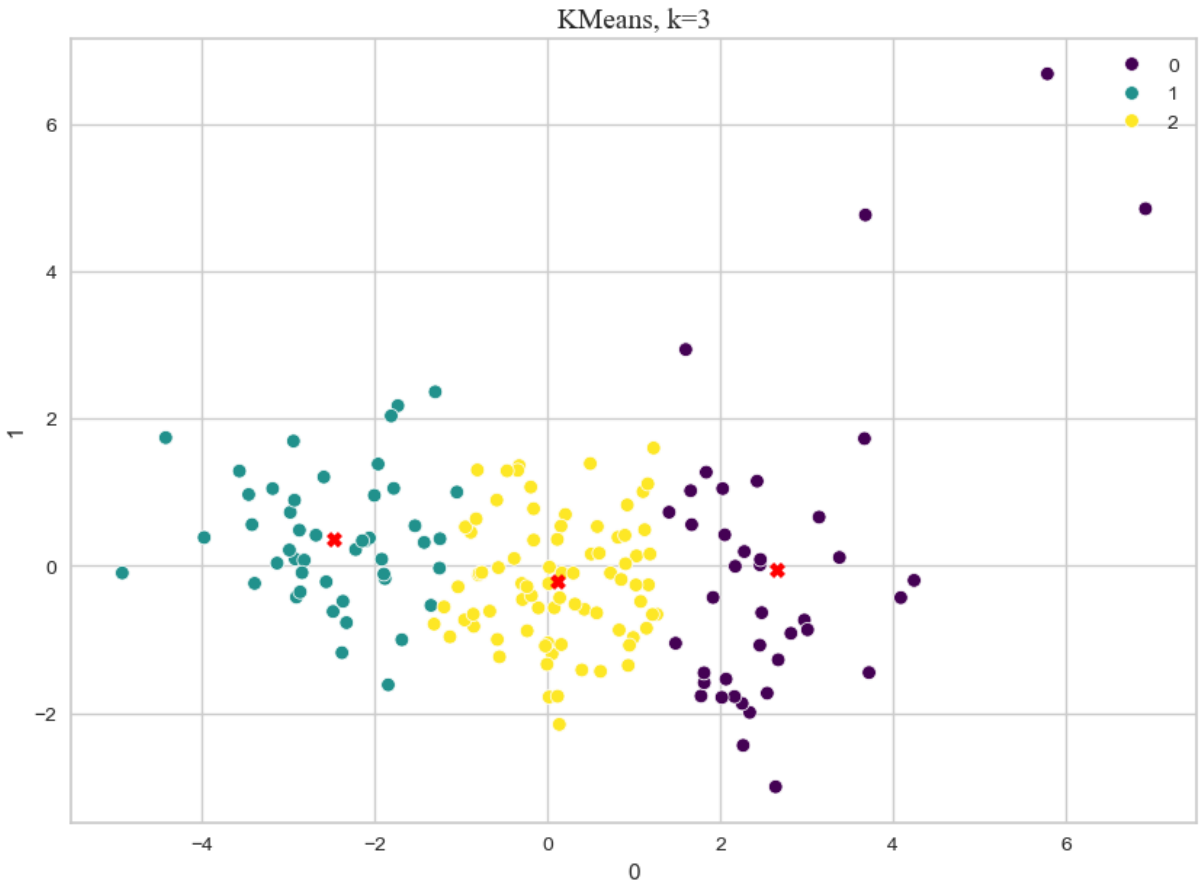
In [17]:
```
OPTIMAL_NCLUSTERS=4
```

Execução K-Means, Hierarquical Agglomerative e DBSCAN para k=3

In [33]:
```
hues = pd.Series()
EPS=0.35
NCLUSTERS=3

kmeans = KMeans(n_clusters=NCLUSTERS, n_init='auto').fit(dataset_pca)
hues['kmeans'] = kmeans.labels_

ward = AgglomerativeClustering(n_clusters=NCLUSTERS, linkage='ward', metric='euclid
hues['ward'] = ward.labels_

dbscan = DBSCAN(eps=EPS, min_samples=5, n_jobs=-1, metric='euclidean').fit(dataset_
hues['dbscan'] = dbscan.fit_predict(dataset_pca)

dataset_pca = pd.DataFrame(dataset_pca)
```

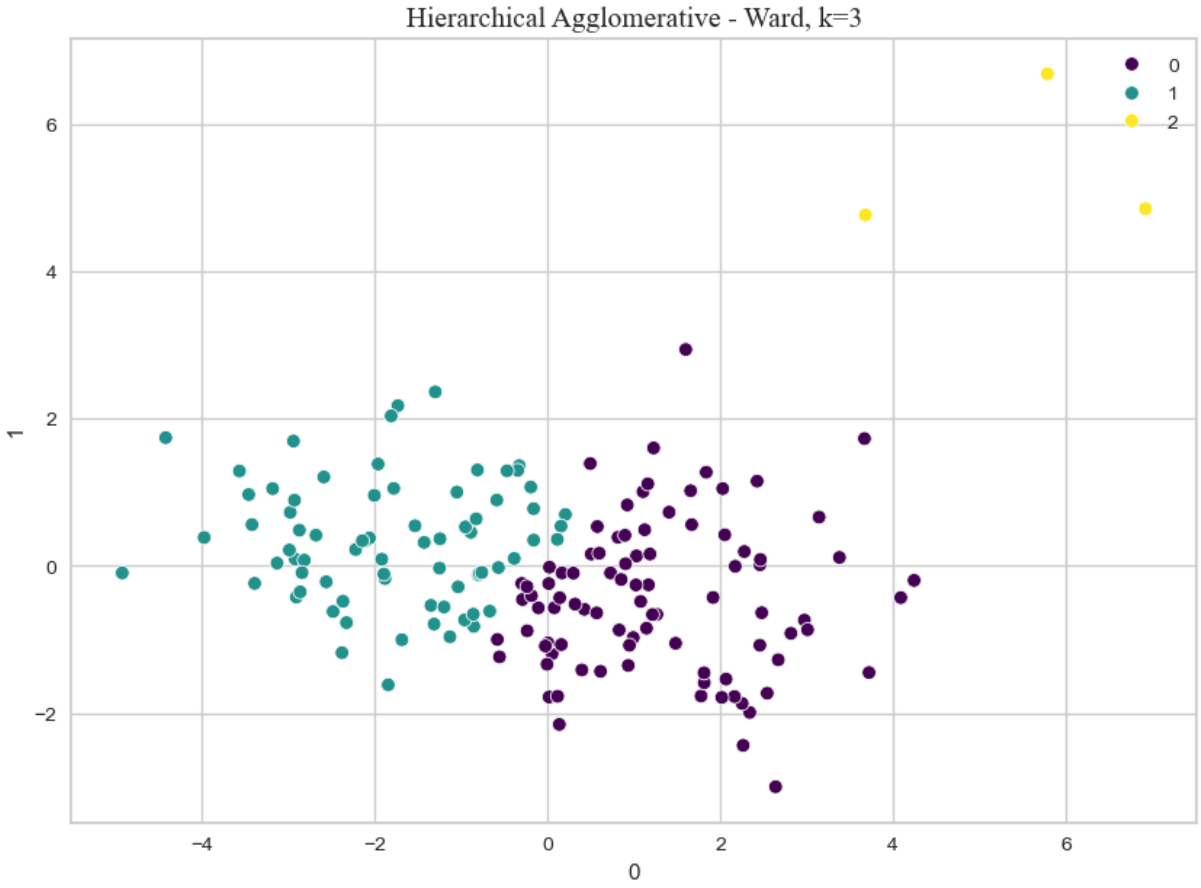
In [34]:
```
f, ax = plt.subplots(1, 1)
f.set_figheight(7)
f.set_figwidth(10)

sb.scatterplot(
    data=dataset_pca,
    x=0,
    y=1,
    hue=hues['kmeans'],
    palette='viridis',
    ax=ax
)

ax.scatter(
    [x for x, _ in kmeans.cluster_centers_],
    [y for _, y in kmeans.cluster_centers_],
    marker='X',
    color='red'
)

ax.scatter(
    [x for x, _ in kmeans.cluster_centers_],
    [y for _, y in kmeans.cluster_centers_],
    marker='X',
    color='red'
)

ax.set_title(f'KMeans, k={NCLUSTERS}', fontfamily='Times New Roman', fontsize=14)
```

Out[34]:
```
Text(0.5, 1.0, 'KMeans, k=3')
```



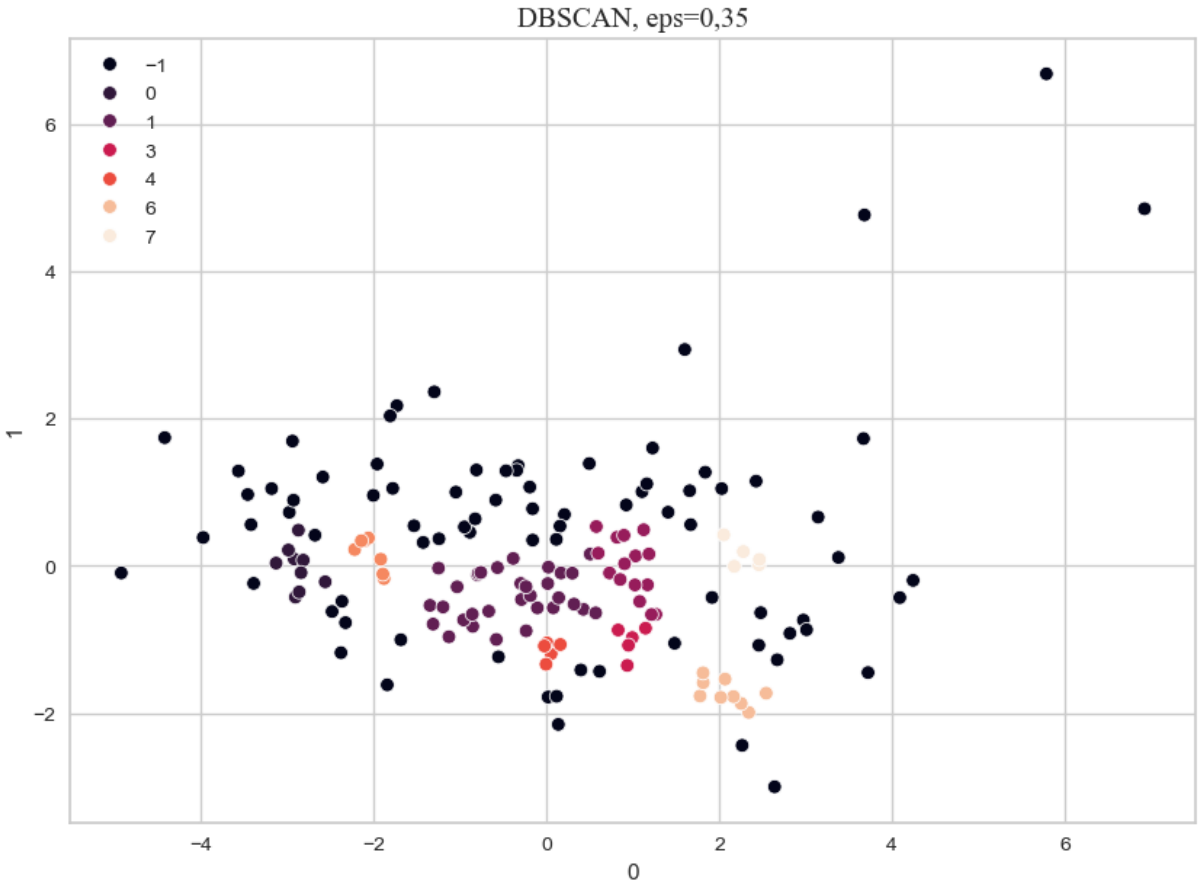
In [35]:
```
f, ax = plt.subplots(1, 1)
f.set_figheight(7)
f.set_figwidth(10)

kmeans_lm = sb.scatterplot(
    data=dataset_pca,
    x=0,
    y=1,
    hue=hues['ward'],
    palette='viridis',
    ax=ax
)

ax.set_title(f'Hierarchical Agglomerative - Ward, k={NCLUSTERS}', fontfamily='Times
```

Out[35]: Text(0.5, 1.0, 'Hierarchical Agglomerative - Ward, k=3')



In [36]:
```
f, ax = plt.subplots(1, 1)
f.set_figheight(7)
f.set_figwidth(10)

sb.scatterplot(
    data=dataset_pca,
    x=0,
    y=1,
    hue=hues['dbscan'],
    palette='rocket',
    ax=ax
)

ax.set_title(f'DBSCAN, eps={RIGHT_dec_format(EPS)}', fontfamily='Times New Roman',
```

Out[36]: Text(0.5, 1.0, 'DBSCAN, eps=0,35')



Comparação entre K-Means e Hierarchical Agglomerative

Algoritmo	Conclusões
K-Means	Os três grupos são separados conforme definimos de forma socioeconomica. Os países mais dispersos foram incluídos no grupo 1. Podemos verificar também que os grupos 0 e 2 são mais densos - respectivamentes - em comparação ao grupo 3.
Hierarchical Agglomerative - Ward	Foram divididos em três grupos. Um dos grupos somente para os países influênciados pelo *outliers*. Os outros dois foram divididos por caracteristicas socioeconomicas.

Países que melhores representam seu agrupamento

In [37]:
```
kmedoids = KMedoids(n_clusters=NCLUSTERS).fit(dataset_pca)

countries_meloids = []

for k in range(len(kmedoids.medoid_indices_)):
    countries_meloids.append(dataset_raw.iloc[kmedoids.medoid_indices_[k], 0])

countries_meloids
```

Out[37]:
```
['Morocco', 'Benin', 'South Korea']
```

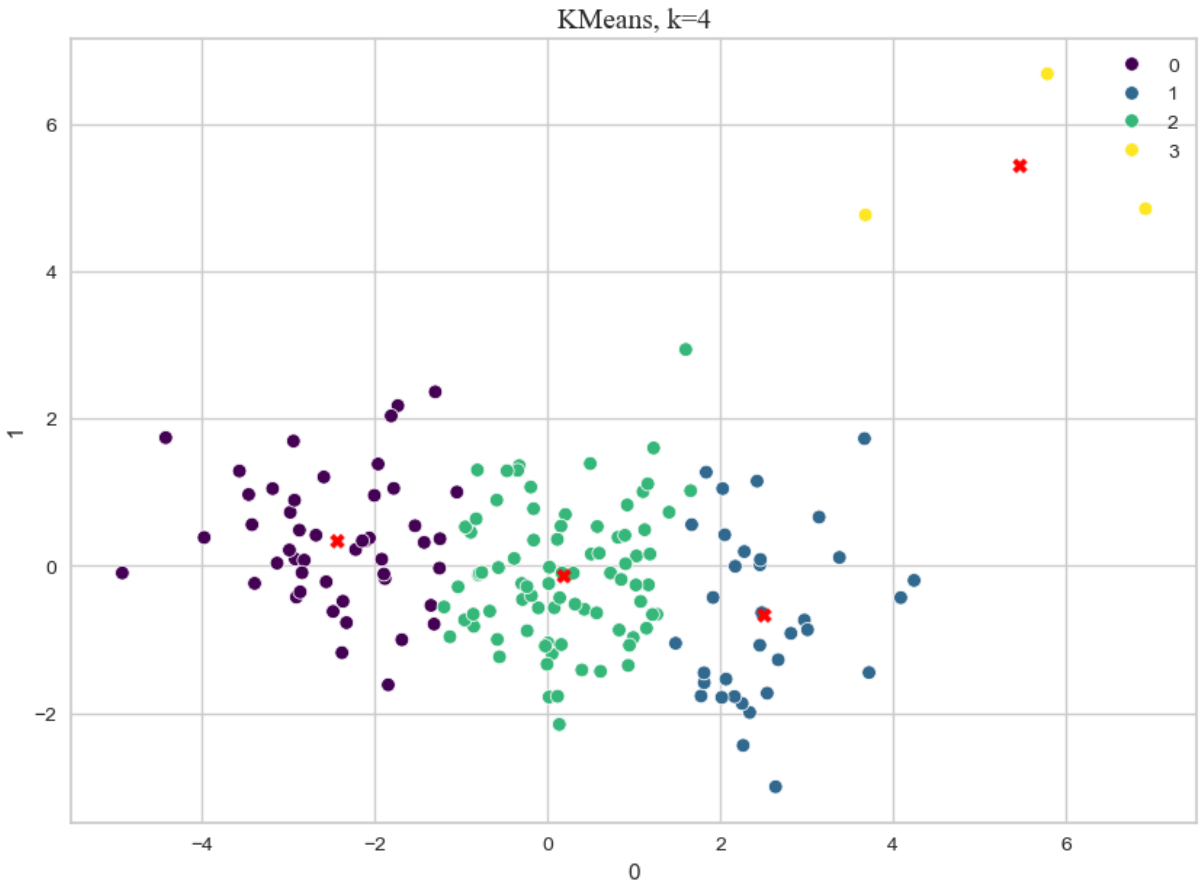
O melóide de cada cluster é o que melhor representa seu cluster.

Execução K-Means, Hierarquical Agglomerative e DBSCAN para k=4 (Quantidade Ótima)

In [38]:
```
hues = pd.Series()
EPS=0.35

kmeans = KMeans(n_clusters=OPTIMAL_NCLUSTERS, n_init='auto').fit(dataset_pca)
hues['kmeans'] = kmeans.labels_

ward = AgglomerativeClustering(n_clusters=OPTIMAL_NCLUSTERS, linkage='ward', metric
hues['ward'] = ward.labels_

dbscan = DBSCAN(eps=EPS, min_samples=5, n_jobs=-1, metric='euclidean').fit(dataset_
hues['dbscan'] = dbscan.fit_predict(dataset_pca)

dataset_pca = pd.DataFrame(dataset_pca)
```

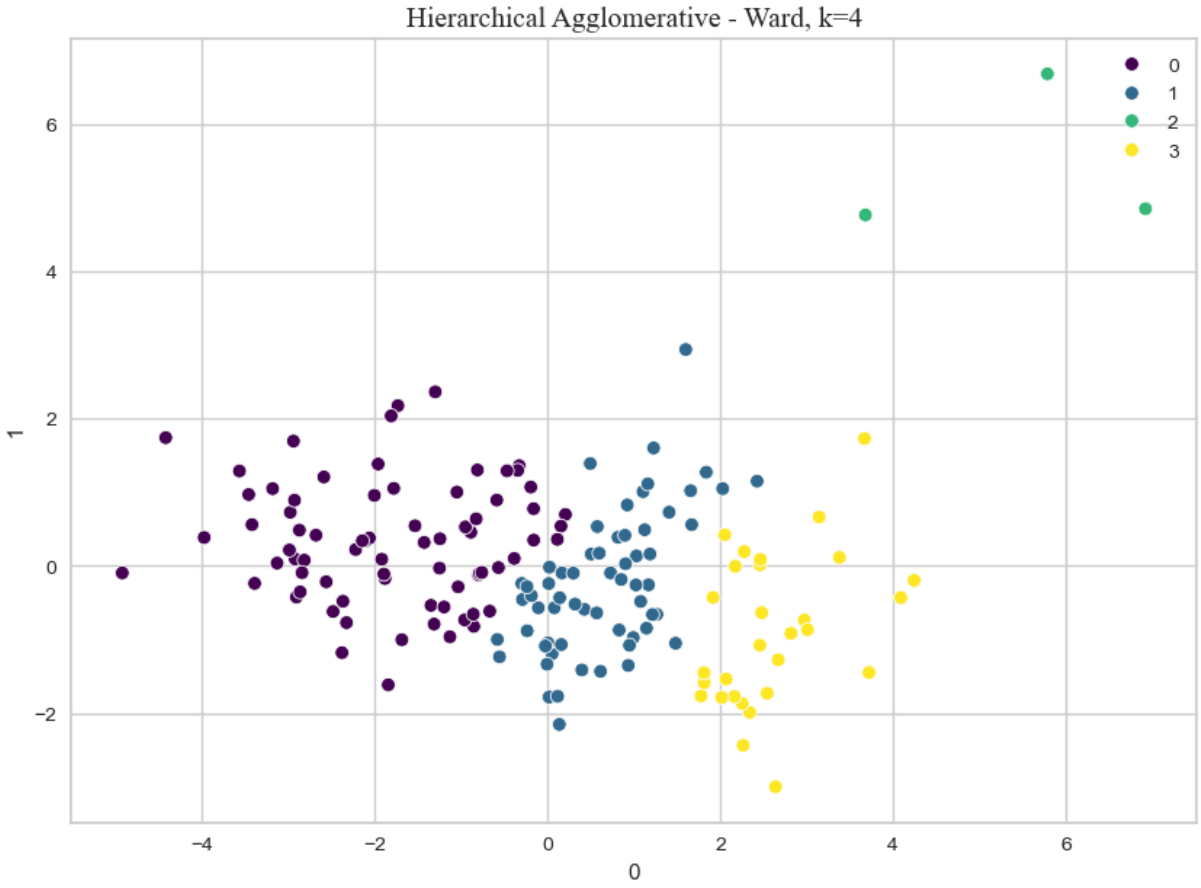
In [39]:
```
f, ax = plt.subplots(1, 1)
f.set_figheight(7)
f.set_figwidth(10)

sb.scatterplot(
    data=dataset_pca,
    x=0,
    y=1,
    hue=hues['kmeans'],
    palette='viridis',
    ax=ax
)

ax.scatter(
    [x for x, _ in kmeans.cluster_centers_],
    [y for _, y in kmeans.cluster_centers_],
    marker='X',
    color='red'
)

ax.set_title(f'KMeans, k={OPTIMAL_NCLUSTERS}', fontfamily='Times New Roman', fontsi
```

Out[39]:
```
Text(0.5, 1.0, 'KMeans, k=4')
```



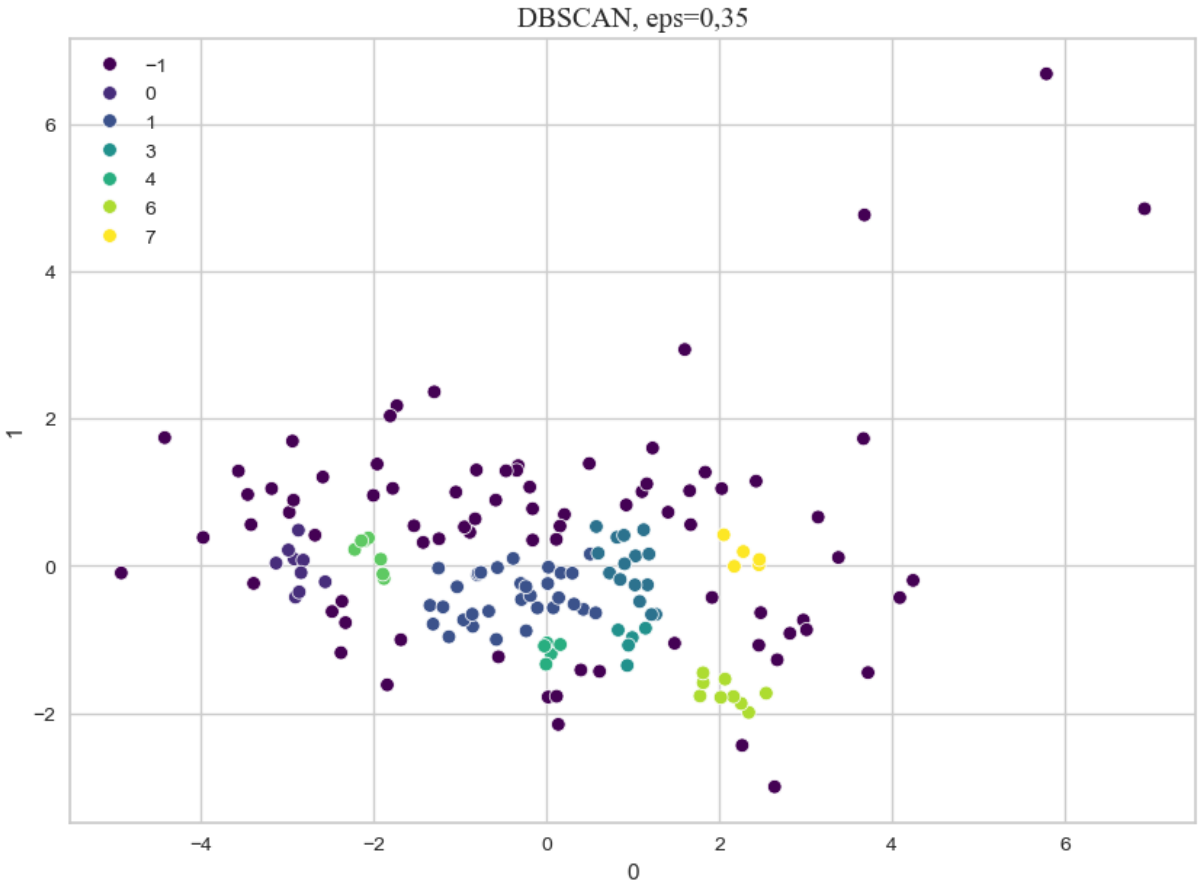
In [40]:
```
f, ax = plt.subplots(1, 1)
f.set_figheight(7)
f.set_figwidth(10)

kmeans_lm = sb.scatterplot(
    data=dataset_pca,
    x=0,
    y=1,
    hue=hues['ward'],
    palette='viridis',
    ax=ax
)

ax.set_title(f'Hierarchical Agglomerative - Ward, k={OPTIMAL_NCLUSTERS}', fontfamil
```

Out[40]: Text(0.5, 1.0, 'Hierarchical Agglomerative - Ward, k=4')



In [41]:
```
f, ax = plt.subplots(1, 1)
f.set_figheight(7)
f.set_figwidth(10)

sb.scatterplot(
    data=dataset_pca,
    x=0,
    y=1,
    hue=hues['dbscan'],
    palette='viridis',
    ax=ax
)

ax.set_title(f'DBSCAN, eps={RIGHT_dec_format(EPS)}', fontfamily='Times New Roman',
```

Out[41]: Text(0.5, 1.0, 'DBSCAN, eps=0,35')

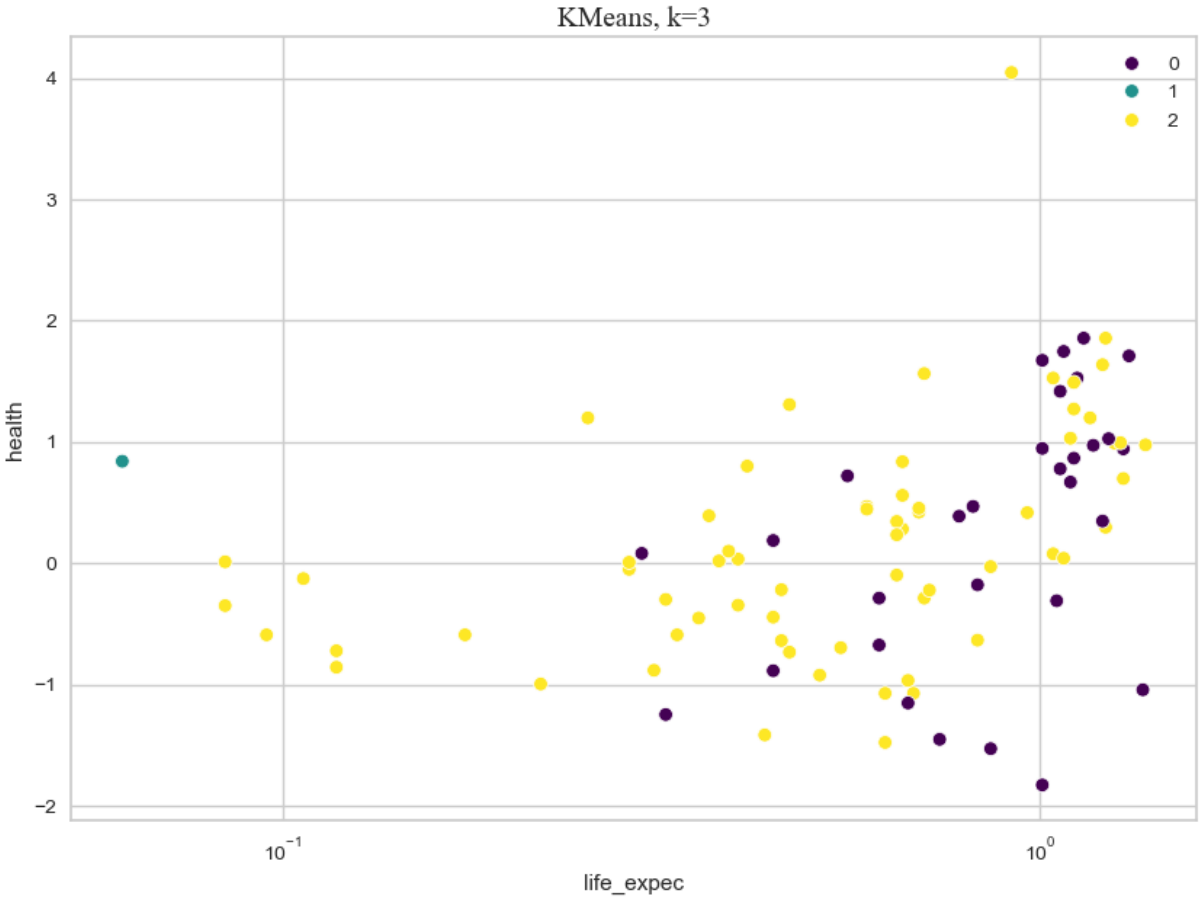


Outros experimentos

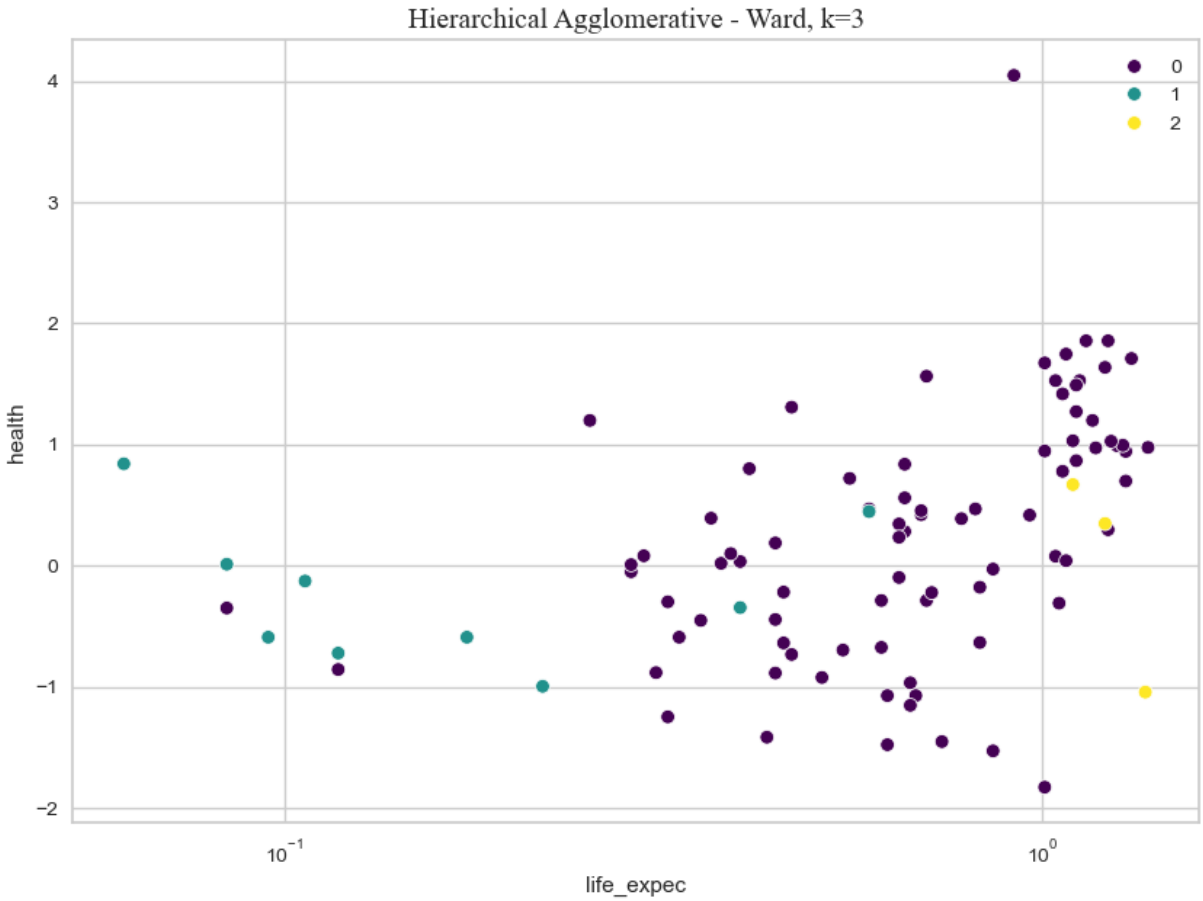
In [42]:
```
hues = pd.Series()
EPS=0.35
NCLUSTERS=3

kmeans = KMeans(n_clusters=NCLUSTERS, n_init='auto').fit(dataset_pca)
hues['kmeans'] = kmeans.labels_

ward = AgglomerativeClustering(n_clusters=NCLUSTERS, linkage='ward', metric='euclid
hues['ward'] = ward.labels_

dbscan = DBSCAN(eps=EPS, min_samples=5, n_jobs=-1, metric='euclidean').fit(dataset_
hues['dbscan'] = dbscan.fit_predict(dataset_pca)
```

In [43]:
```
f, ax = plt.subplots(1, 1)
f.set_figheight(7)
f.set_figwidth(10)

sb.scatterplot(
    data=dataset,
    x='life_expec',
    y='health',
    hue=hues['kmeans'],
    palette='viridis',
    ax=ax
)
```

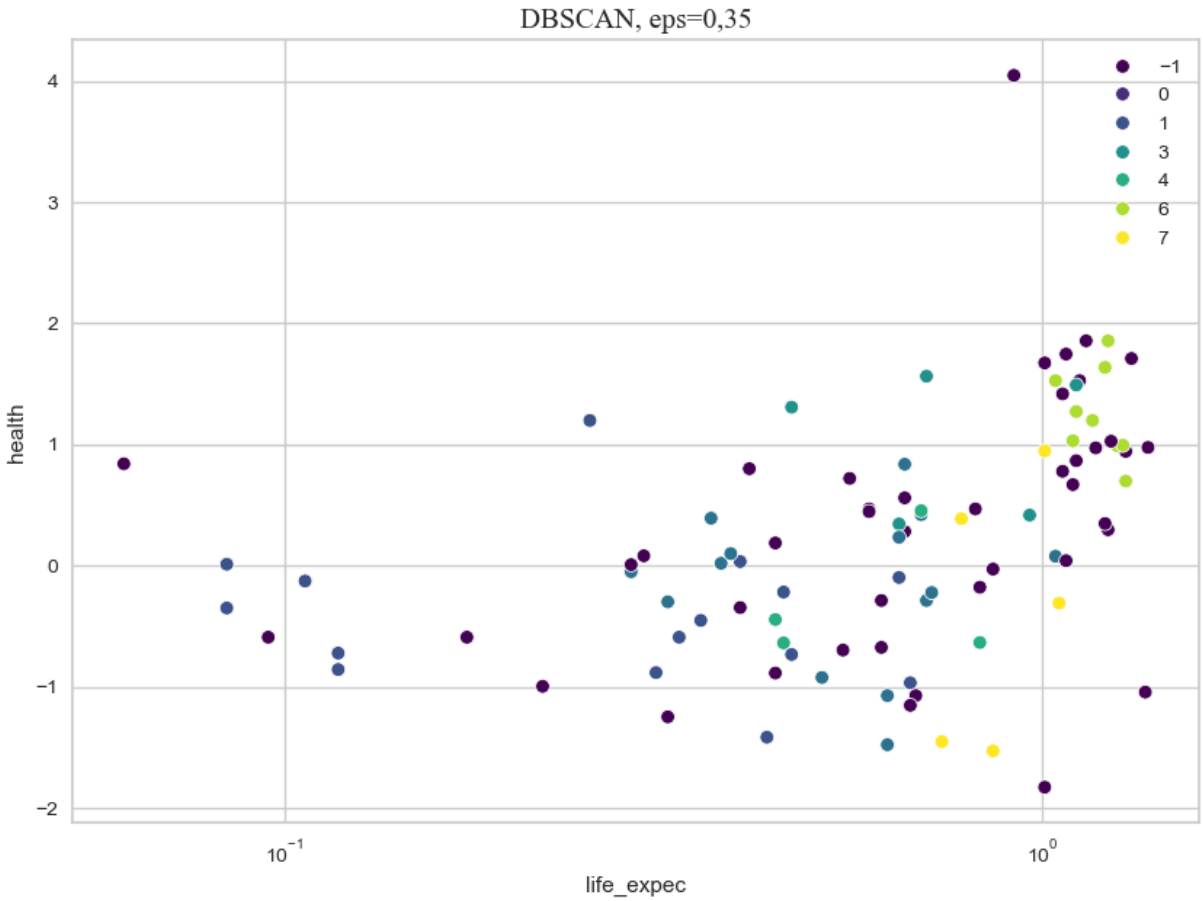
```
ax.set_title(f'KMeans, k={NCLUSTERS}', fontfamily='Times New Roman', fontsize=14)

ax.set_xscale('log')
ax.set_yscale('linear')

plt.show()
```



In [44]:
```
f, ax = plt.subplots(1, 1)
f.set_figheight(7)
f.set_figwidth(10)

kmeans_lm = sb.scatterplot(
    data=dataset,
    x='life_expec',
    y='health',
    hue=hues['ward'],
    palette='viridis',
    ax=ax
)

ax.set_title(f'Hierarchical Agglomerative - Ward, k={NCLUSTERS}', fontfamily='Times

ax.set_xscale('log')
ax.set_yscale('linear')

plt.show()
```



In [45]:
```
f, ax = plt.subplots(1, 1)
f.set_figheight(7)
f.set_figwidth(10)


sb.scatterplot(
    data=dataset,
    x='life_expec',
    y='health',
    hue=hues['dbscan'],
    palette='viridis',
    ax=ax
)

ax.set_title(f'DBSCAN, eps={RIGHT_dec_format(EPS)}', fontfamily='Times New Roman',

ax.set_xscale('log')
ax.set_yscale('linear')

plt.show()
```


DBSCAN, eps=0,35
−1
0
1
3
4
6
7
health
life_expec
4
3
2
1
0
−1
−2
10^{-1}
10^{0}