**Validação de Agrupamento por Densidade**

Algoritmo: DBSCAN clássico

Parâmetros:

Raio: *eps* = **0.015**

Mínimo de objetos: *min\_samples* = **3**

Algoritmo de distância: **distância do Cosseno**

Total de itens/imagens/amostras: **1845**

Número de grupos conhecido: **10**

**Estatísticas de validação**

Número de grupos estimado: **8**

Número de ruídos/outliers estimado: **824**

Informação Mútua Ajustada (AMI): **0.363**

Mede a concordância das atribuições dos rótulos verdadeiros conhecidos contra os rótulos estimados, ignorando permutações, mas normalizado contra o acaso.

*Rand Index*: **0.471**

Mede a similaridade das atribuições dos rótulos verdadeiros conhecidos e rótulos estimados, ignorando as permutações e com a normalização do acaso.

Homogeneidade: **0.278**

Cada cluster contém apenas membros de uma única classe (queremos que seja o maior possível).

Completude: **0.556**

Todos os membros de uma determinada classe são atribuídos ao mesmo cluster (seja o maior possível na classe correta).

V-*measure*: **0.371**

Mostra uma dependência entre o número de clusters e o número de amostras, a medida aumenta significativamente conforme o número de grupos está mais próximo do número total de amostras usadas para calcular a medida.

Adjusted Mutual Information: 0.363

Coeficiente de silhueta: **0.060**

O coeficiente de silhueta (Si) mede a similaridade de um objeto i aos outros objetos em seu próprio cluster em relação aos do cluster vizinho. Valores de Si variam de 1 a - 1:

- Um valor de Si próximo a 1 indica que o objeto está bem agrupado.

- Um valor de Si próximo a -1 indica que o objeto está mal agrupado e que a designação para algum outro cluster provavelmente melhoraria os resultados.

- Próximo de 0 indica *overlapping clusters*.

