Taula de contingut

[Format d´entrega 2](#_Toc530585103)

[Exercici 1 4](#_Toc530585104)

[Exercici 2 5](#_Toc530585105)

[Requisits 5](#_Toc530585106)

[Preparació de les dades 6](#_Toc530585107)

[Determinació del nombre de clústers 8](#_Toc530585108)

[Mètode d´agregació *k-means* 12](#_Toc530585109)

[Exercici 3 17](#_Toc530585110)

[Mètode d´agregació *k-medoids* 17](#_Toc530585111)

[Estimació del nombre òptim de clùsters 18](#_Toc530585112)

[Càlcul del mètode PAM 19](#_Toc530585113)

[El mètode aglomeradors *AGNES* 23](#_Toc530585114)

[Mesures de similitud 23](#_Toc530585115)

[Càlcul de l´arbre jeràrquic 24](#_Toc530585116)

[Tallar el dendograma en diferents grups 25](#_Toc530585117)

[Comparació dels mètodes d´agrupació 31](#_Toc530585118)

[Bibliografia 35](#_Toc530585119)

# Format d´entrega

Aquest document s´ha realitzat mitjançant **Markdown**[[1]](#footnote-1) amb l´ajuda de l´entorn de desenvolupament **RStudio**[[2]](#footnote-2) utilitzant les característiques que aquest ofereix per a la creació de documents **R** reproduïbles.

La documentació generada en la realització de la pràctica es troba allotjada en **GitHub** al següent repositori:

* <https://github.com/rsanchezs/data-minig>

En aquest repositori es poden trobar els següents fitxers:

* Aquest document en formats **pdf** i **docx** amb el nom rsanchezs\_PAC2.
* Un document **R Markdown**[[3]](#footnote-3) que es pot utilitzar per a reproduir tots els exemples presentats a la PAC.
* El conjunt de dades utilitzades.



# 

# Exercici 1

En relació amb el cas pràctic que vaig desenvolupar a la PAC1 es tractava d´implementar un *recommender system* (de l´anglès, sistemes de recomanació). És per això que, utilitzar els mètodes no supervistats no seria un bona elecció.

Avui dia, l´algoritme *Nearest Neighborhood* (de l´anglès, algoritme del veí més proper), és el més utilitzat avui dia en els sistemes de recomanació.

Els algoritmes de veïns més pròxims s´han desenvolupat en dues perspectives possibles: recomanació de veïns pròxims per usuari i per ítem:

* **Centrats en usuari *(User kNN)*:** Es recomanen a l’usuari ítems que han agradat a usuaris similars.
* **Centrats en ítem *(Item kNN)*:** Es recomanen a l’usuari ítems que es pareixen a ítems que li han agradat.

# 

# Exercici 2

## Requisits

Per començar, per a la realització del nostre anàlisi necessitarem els següents paquets:

* cluster per a la computació dels algoritmes d´agregació.
* factoextra per a la visualització de resultats d´agregació i que es fonamenta en el paquet ggplot2.[[4]](#footnote-4)
* clValid que s´utilitza per a comparar els mètodes d´agregació.

El paquet factoextra conté funcions per anàlisi de *clustering* i visualització dels resultats:

|  |  |
| --- | --- |
| Funció | Descripció |
| dist(fviz\_dist, get\_dist) | Visualització i computació de la matriu de distàncies |
| get\_clust\_tendency | Avaluació de la tendència d´agregació |
| fviz\_nbclust(fviz\_gap\_stat) | Determinació del nombre òptim de clústers |
| fviz\_dend | Visualització de dendrogrames |
| fviz\_cluster | Visualització dels resultats d´agrupament |
| fviz\_mclust | Visualització dels resultats del model d´agrupament |
| fviz\_silhouette | Visualització de la informació de la silueta |
| hkmeans | K-means jeràrquic |
| eclust | Visualització de l´anàlisi de agrupament |

Podem instal·lar els dos paquets com es mostra en la següent línia de codi:

# Instalació paquets clustering  
install.packages(c("cluster", "factoextra", "clValid"))

En acabat, ens caldrà carregar les llibreries a la sessió R:

# Carreguem les llibreries  
library(cluster)  
library(factoextra)  
library(clValid)

## Preparació de les dades

D´entrada, per a realitzar una anàlisi d´agregació en R cal assegurar-se d´unes quantes coses:

* Que les files es corresponen a observacions (individuals) i les columnes a variables.
* Qualsevol valor desconegut en el nostre conjunt de dades ha de ser o bé eliminat o bé substituït per exemple amb el valor de la mitjana o per el valor més freqüent.
* Les dades han de ser estar discretitzades.

Per il·lustrar l´anàlisi d´agregació farem ús del conjunt de dades USArrests, que conté dades estadístiques d´agressions, assassinats i violacions en cada un dels 50 estats d´USA l´any 1973.

# Carreguem les dades  
data("USArrests")  
df <- USArrests

En primer lloc, podem eliminar els valors desconeguts en el nostre conjunt de dades com es mostra a continuació:

# Eliminem valors desconeguts  
df <- na.omit(df)

En segon lloc, discretitzarem les nostres dades estandaritzant-les amb l´ajuda de la funció scale():

# Estandaritzem les variables  
df <- scale(df)  
head(df, n = 3)

## Murder Assault UrbanPop Rape  
## Alabama 1.24256408 0.7828393 -0.5209066 -0.003416473  
## Alaska 0.50786248 1.1068225 -1.2117642 2.484202941  
## Arizona 0.07163341 1.4788032 0.9989801 1.042878388

## 

## Determinació del nombre de clústers

Per a determinar el nombre de clústers farem ús de la funció fviz\_nbclust() del paquet factoextra que calcula els mètodes **Elbow**, **Silhouhette** i **Gap**.

El prototip de la funció es el següent:

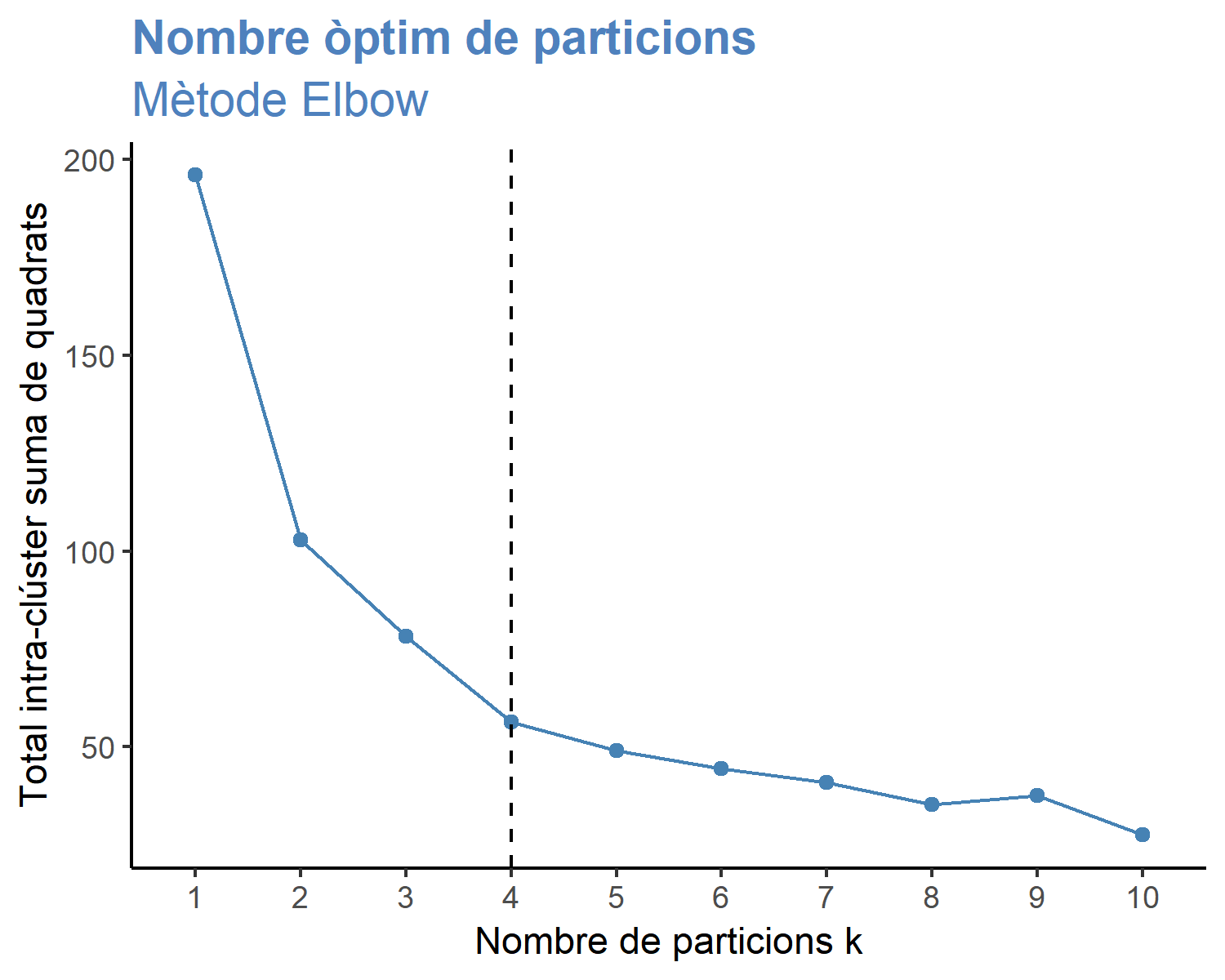
fviz\_nbclust(x, FUNcluster, method = c("silhouette", "wss", "gap\_stat"))

on els arguments són els següents:

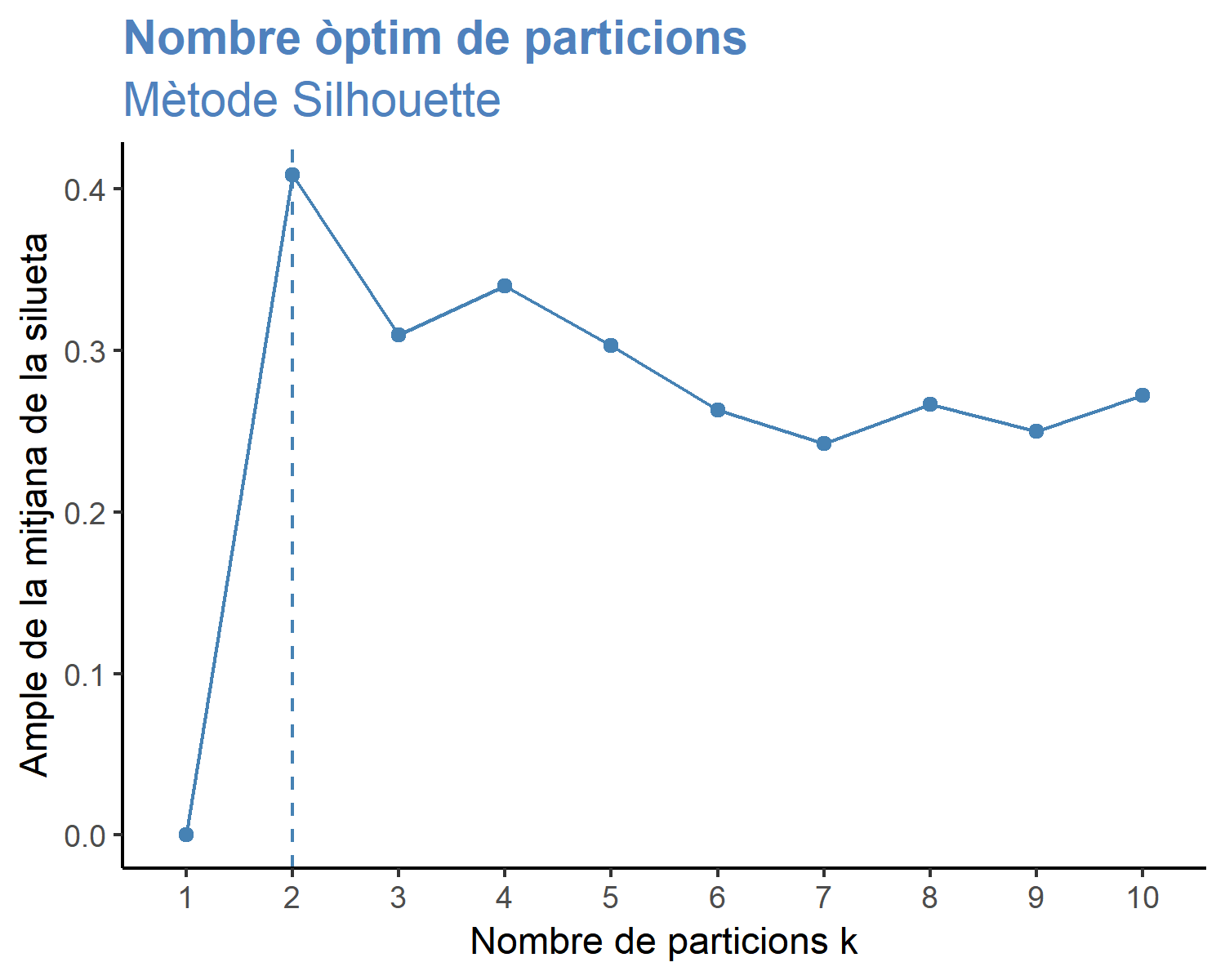
* **x:** matriu o data frame.
* **FUNcluster:** una funció d´agregació. Valors possibles: kmeans, pam, clara i hcut.
* **method:** mètode per a determinar el nombre òptim de clústers. Valors possibles: **Elbow**, **Silhouhette** i **Gap**

A continuació, es mostra com determinar el nombre òptim de particions per al mètode ***k-means***:

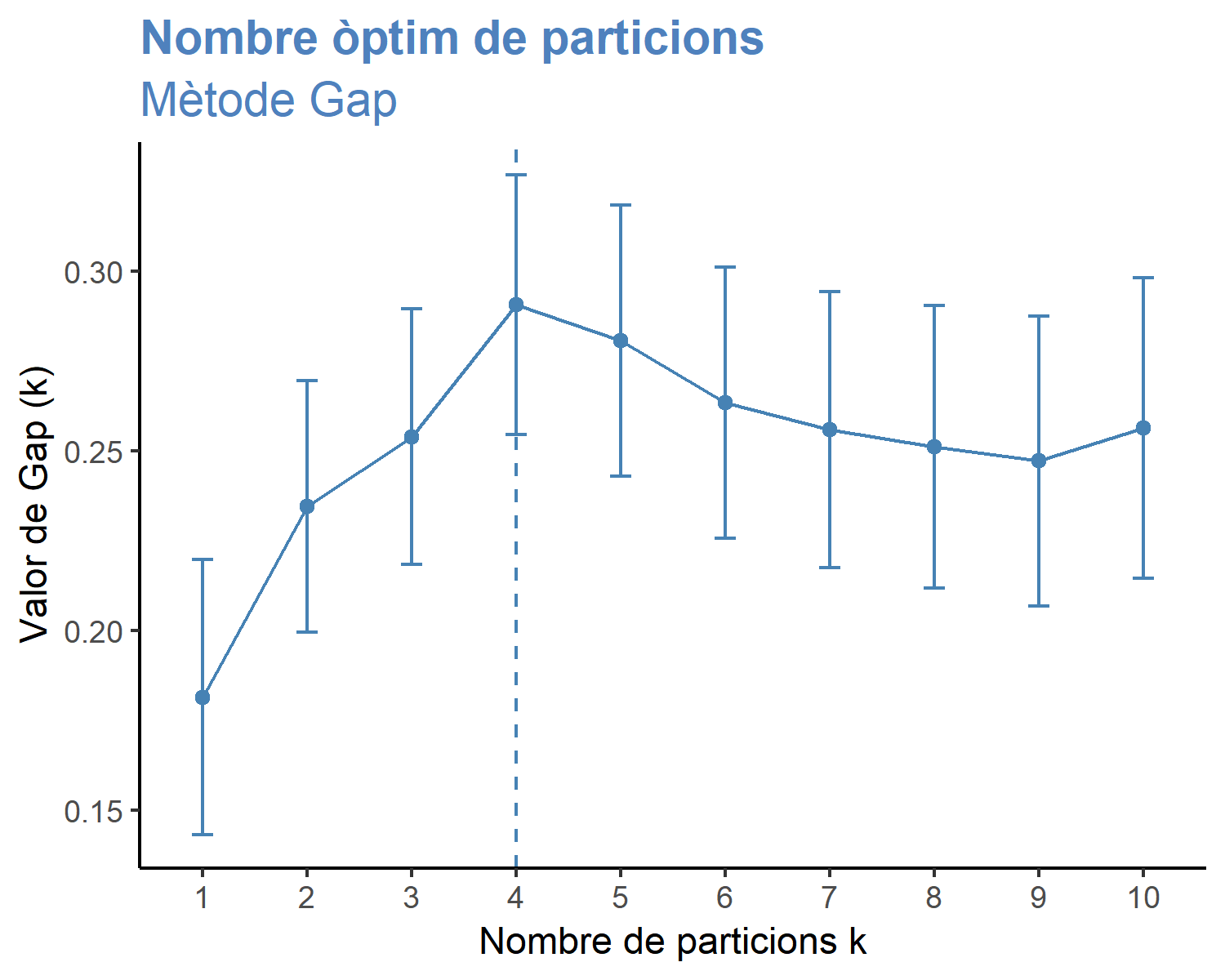
# Mètode elbow  
fviz\_nbclust(df, kmeans, method = "wss") +  
 geom\_vline(xintercept = 4, linetype = 2) +  
 labs(x = "Nombre de particions k",   
 y = "Total intra-clúster suma de quadrats",  
 title = "Nombre òptim de particions",  
 subtitle = "Mètode Elbow") +  
 theme\_classic() +  
 theme(plot.title = element\_text(color="#4F81BD", size=14, face="bold"),  
 plot.subtitle = element\_text(color="#4F81BD", size=14))



# Mètode Silhouette  
fviz\_nbclust(df, kmeans, method = "silhouette") +  
 labs(x = "Nombre de particions k",   
 y = "Ample de la mitjana de la silueta",  
 title = "Nombre òptim de particions",   
 subtitle = "Mètode Silhouette") +  
 theme\_classic() +  
 theme(plot.title = element\_text(color="#4F81BD", size=14, face="bold"),  
 plot.subtitle = element\_text(color="#4F81BD", size=14))



# Mètode Gap  
set.seed(123)  
fviz\_nbclust(df, kmeans, nstart = 25,   
 method = "gap\_stat", nboot = 500) +  
 labs(x = "Nombre de particions k",   
 y = "Valor de Gap (k)",  
 title = "Nombre òptim de particions",  
 subtitle = "Mètode Gap") +  
 theme\_classic() +  
 theme(plot.title = element\_text(color="#4F81BD", size=14, face="bold"),  
 plot.subtitle = element\_text(color="#4F81BD", size=14))



Com podem observar en els gràfics:

* El mètode Elbow ens suggereix 4 clústers.
* El mètode Silhoutte ens suggereix 2 clústers.
* El mètode Gap ens sugereix 4 clústers.

Així és que, segons aquestes observacions podem considerar *k* = 4 com el nombre òptim de clústers.

## Mètode d´agregació *k-means*

A causa de que, l´algoritme *k-means* comença seleccionant un centroide aleatòriament, es recomanable fer ús de la funció set.seed() a l´efecte de aconseguir resultats reproduïbles. Així el lector d´aquest document obtindrà els mateixos resultats que es presenten tot seguit.

A continuació es mostra com aplicar l´algorisme k-means amb k = 4:

# Execució k-means amb k = 4  
set.seed(123)  
kmeansFit <- kmeans(df, 4, nstart = 25)

Podem mostrar per pantalla els resultats amb la següent línia de codi:

# Mostrem els resultats  
print(kmeansFit)

## K-means clustering with 4 clusters of sizes 13, 16, 13, 8  
##   
## Cluster means:  
## Murder Assault UrbanPop Rape  
## 1 -0.9615407 -1.1066010 -0.9301069 -0.96676331  
## 2 -0.4894375 -0.3826001 0.5758298 -0.26165379  
## 3 0.6950701 1.0394414 0.7226370 1.27693964  
## 4 1.4118898 0.8743346 -0.8145211 0.01927104  
##   
## Clustering vector:  
## Alabama Alaska Arizona Arkansas California   
## 4 3 3 4 3   
## Colorado Connecticut Delaware Florida Georgia   
## 3 2 2 3 4   
## Hawaii Idaho Illinois Indiana Iowa   
## 2 1 3 2 1   
## Kansas Kentucky Louisiana Maine Maryland   
## 2 1 4 1 3   
## Massachusetts Michigan Minnesota Mississippi Missouri   
## 2 3 1 4 3   
## Montana Nebraska Nevada New Hampshire New Jersey   
## 1 1 3 1 2   
## New Mexico New York North Carolina North Dakota Ohio   
## 3 3 4 1 2   
## Oklahoma Oregon Pennsylvania Rhode Island South Carolina   
## 2 2 2 2 4   
## South Dakota Tennessee Texas Utah Vermont   
## 1 4 3 2 1   
## Virginia Washington West Virginia Wisconsin Wyoming   
## 2 2 1 1 2   
##   
## Within cluster sum of squares by cluster:  
## [1] 11.952463 16.212213 19.922437 8.316061  
## (between\_SS / total\_SS = 71.2 %)  
##   
## Available components:  
##   
## [1] "cluster" "centers" "totss" "withinss"   
## [5] "tot.withinss" "betweenss" "size" "iter"   
## [9] "ifault"

Podem observar en la sortida el següent:

* La mitjana de clústers: una matriu, on les files són el nombre de clúster i les columnes són les variables.
* El vector de particions: un vector d´enters (de 1:k) que indica el clúster on cada observació ha sigut agrupada.

Així mateix, és recomanable realitzar un gràfic amb els resultats del model. Ja sigui, per a escollir el nombre de clústers, ja sigui per a comparar diferents anàlisis.

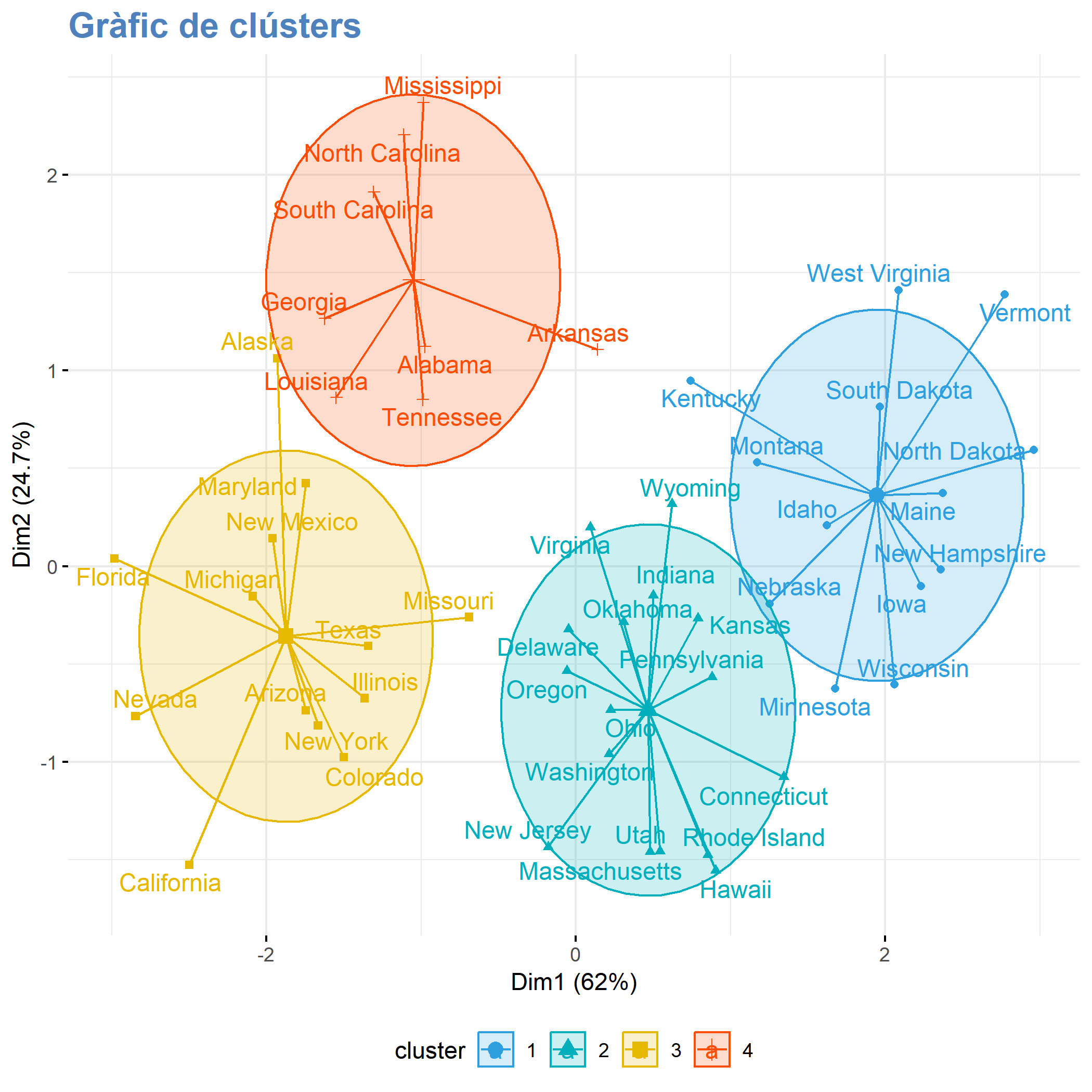
Una possible opció és visualitzar les dades en un diagrama de dispersió acolorint cada observació d’acord al grup assignat.

El problema és que el nostre conjunt de dades conté més de 2 variables i no és possible representar el model en dues dimensions.

Convé fer ressaltar que, una possible solució és reduir la dimensionalitat fent ús d´un algoritme de reducció del nombre d´atributs, com per exemple **Principal Component Analysis (PCA)**.

En aquest sentit, farem ús de la funció fviz\_cluster() que ens permetrà visualitzar els clústers i que utilitza PCA quan el nombre de variables és més gran de 2. Passarem com a arguments el resultat del model i el conjunt de dades original:

# Visualitzem els clústers  
fviz\_cluster(kmeansFit, data = df,  
 main = "Gràfic de clústers",  
 palette = c("#2E9FDF", "#00AFBB", "#E7B800", "#FC4E07"),  
 ellipse.type = "euclid",   
 star.plot = TRUE,  
 repel = TRUE,  
 ggtheme = theme\_minimal()) +   
 theme(legend.position = "bottom",  
 plot.title = element\_text(color="#4F81BD", size=16, face="bold"))



Podem observar en el gràfic que les observacions són representades mitjançant punts i que en el nostre cas s´ha usat PCA. A més, s´han dibuixat el.lipses per tal de diferenciar cada clúster.

# Exercici 3

## Mètode d´agregació *k-medoids*

El següent apartat tracta del mètode d´agregació **k-medoids** i la seva implementació mitjançant l´algoritme de **Partició al voltant de Medoids PAM)**.

Igual com k-means, K-medoid és una tècnica clàssica de partició de grups que divideix les dades conformades per n objectes en k grups (amb k fixat *a priori*).

És més robust davant el soroll i valors atípics que k-means perquè minimitza una suma de dissimilituds (entre parells de punts) en comptes d’una suma de distàncies euclidiana quadrades.

Un **medoid** pot ser definit com l’objecte d’un grup on la seva dissimilitud mitjana a tots els objectes en el grup és mínima. És el punt situat més cap al centre en tot el grup.[[5]](#footnote-5)

Per a determinar el nombre de clústers farem ús de la funció pam() del paquet cluster.

El prototip de la funció es el següent:

pam(x, k, metric = "euclidean", stand = FALSE)

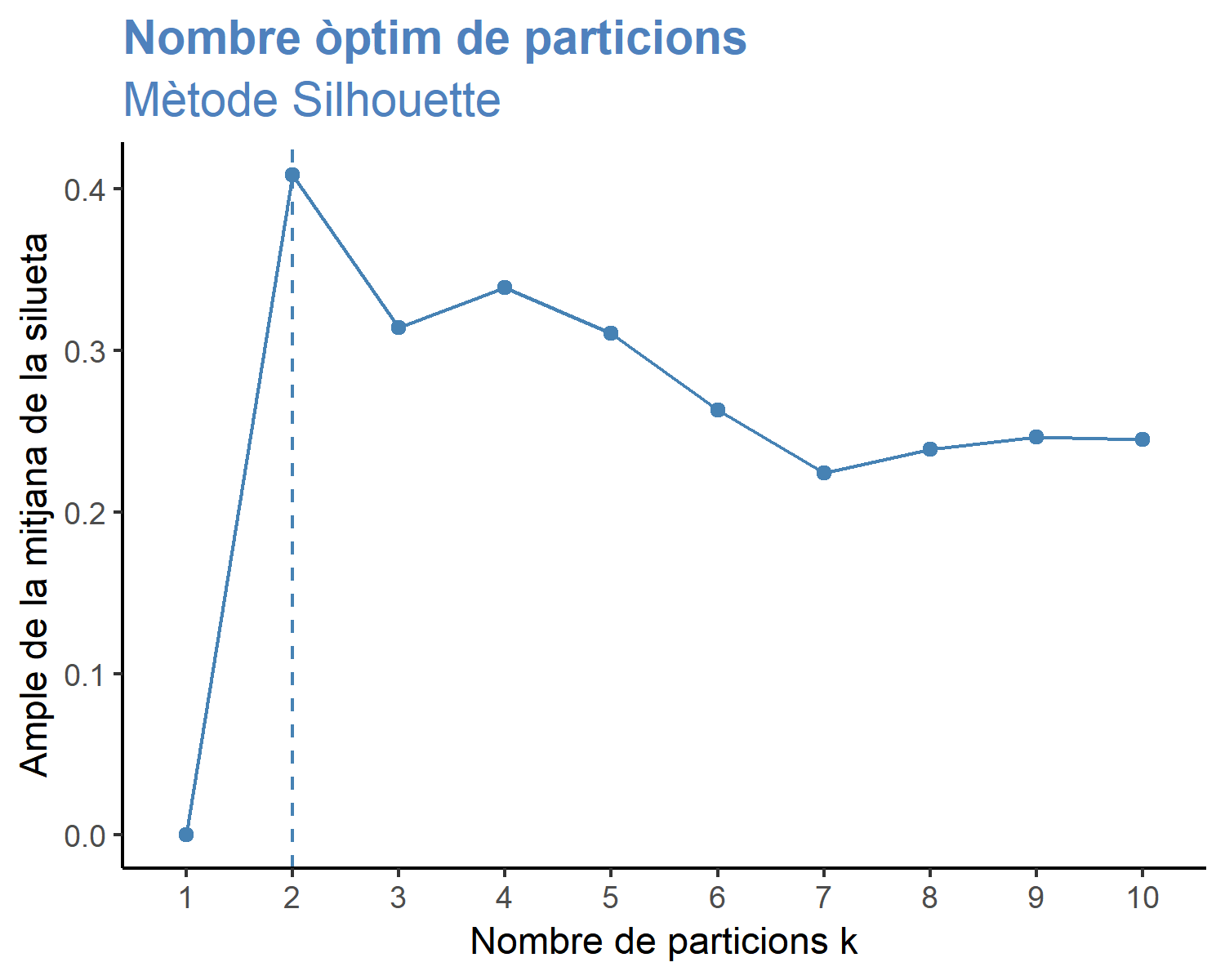
on els arguments són els següents:

* **x:** on x pot ser:
* Una matriu o data frame de tipus numèric: cada fila correspon a una observació i cada columna a una variable.
* Una matriu de dissimilituds: en aquest cas x es normalment la sortida o bé de la funció daisy() o bé de dist().
* **K:** el nombre de clústers.
* **metric:** la mesura de similitud. O bé “euclidiana” o bé “manhattan”.
* **stand:** un valor de tipus lògic; si es TRUE, les variables en x són estandarditzades.

### Estimació del nombre òptim de clùsters

Per a estimar el nombre òptim de clústers utilitzarem la mètrica de Silhoutte. La idea central és calcular l´algoritme PAM amb diferents valors de k. Per a la realització d´aquesta tasca farem ús de la funció fviz\_nbclust():

# Obtenció de k utilitzant la mètrica Silhoutte  
fviz\_nbclust(df, pam, method = "silhouette") +  
 labs(x = "Nombre de particions k",   
 y = "Ample de la mitjana de la silueta",  
 title = "Nombre òptim de particions",   
 subtitle = "Mètode Silhouette") +  
 theme\_classic() +  
 theme(plot.title = element\_text(color="#4F81BD", size=14, face="bold"),  
 plot.subtitle = element\_text(color="#4F81BD", size=14))



Com podem observar en el gràfic el resultat per al mètode Silhoutte ens suggereix 2 clústers.

### Càlcul del mètode PAM

El següent codi calcula el mètode PAM amb k = 2:

# Execució de l´algoritme PAM  
pamFit <- pam(df, 2)  
# Visualització de resultats  
print(pamFit)

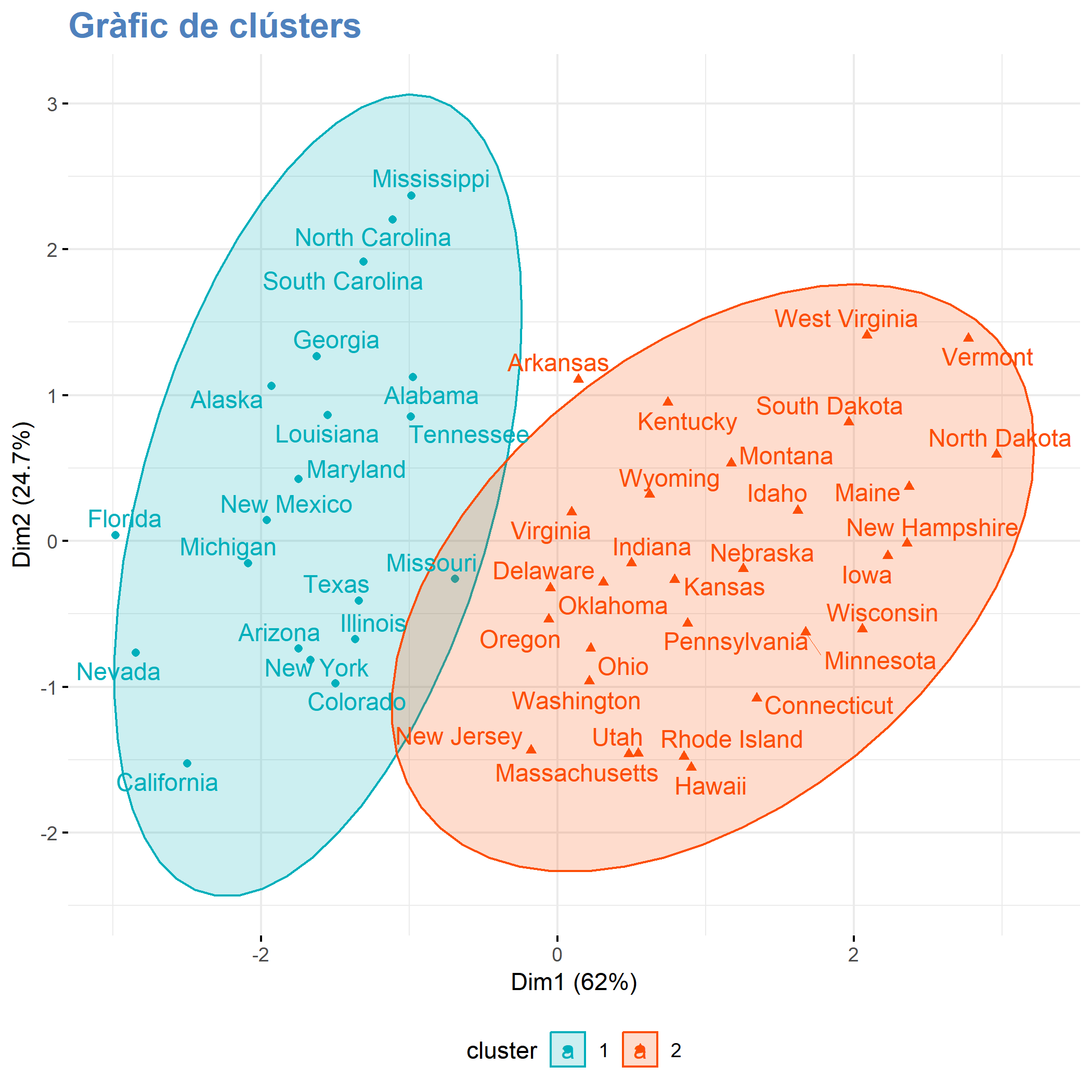
## Medoids:  
## ID Murder Assault UrbanPop Rape  
## New Mexico 31 0.8292944 1.3708088 0.3081225 1.1603196  
## Nebraska 27 -0.8008247 -0.8250772 -0.2445636 -0.5052109  
## Clustering vector:  
## Alabama Alaska Arizona Arkansas California   
## 1 1 1 2 1   
## Colorado Connecticut Delaware Florida Georgia   
## 1 2 2 1 1   
## Hawaii Idaho Illinois Indiana Iowa   
## 2 2 1 2 2   
## Kansas Kentucky Louisiana Maine Maryland   
## 2 2 1 2 1   
## Massachusetts Michigan Minnesota Mississippi Missouri   
## 2 1 2 1 1   
## Montana Nebraska Nevada New Hampshire New Jersey   
## 2 2 1 2 2   
## New Mexico New York North Carolina North Dakota Ohio   
## 1 1 1 2 2   
## Oklahoma Oregon Pennsylvania Rhode Island South Carolina   
## 2 2 2 2 1   
## South Dakota Tennessee Texas Utah Vermont   
## 2 1 1 2 2   
## Virginia Washington West Virginia Wisconsin Wyoming   
## 2 2 2 2 2   
## Objective function:  
## build swap   
## 1.441358 1.368969   
##   
## Available components:  
## [1] "medoids" "id.med" "clustering" "objective" "isolation"   
## [6] "clusinfo" "silinfo" "diss" "call" "data"

Podem observar en la sortida el següent:

* Els grups medoids: una matriu, on les files són els medoids i les columnes són les variables.
* El vector de particions: un vector d´enters (de 1:k) que indica el clúster on cada observació ha sigut agrupada.

Igual com hem fet en l´exercici anterior utilitzarem la funció fviz\_cluster() del paquet factoextra per a visualitzar les particions:

# Visualitzem els clústers  
fviz\_cluster(pamFit,  
 main = "Gràfic de clústers",  
 palette = c("#00AFBB", "#FC4E07"),  
 ellipse.type = "t",   
 repel = TRUE,  
 ggtheme = theme\_minimal()) +   
 theme(legend.position = "bottom",  
 plot.title = element\_text(color="#4F81BD", size=16, face="bold"))



## 

## El mètode aglomeradors *AGNES*

En el mètode de *k-means* sempre es comença per un nombre fix de grups coneguts *a priori*. Això fa que sigui útil quan tenim alguna idea de quants grups hi ha en realitat.

Ara bé, hi ha situacions en què el nostre desconeixement del domini d’aplicació és encara més gran. Per tant, ni tan sols és possible fixar una quantitat *k* de punts inicials entorn dels quals anar formant els grups.

En aquest cas, cal reflectir aquest desconeixement adoptant una actitud neutra respecte a les dades. Una de les maneres de resoldre el problema és mitjançant els *mètodes aglomeradors*.

Els **mètodes aglomeradors** (en àngles, *Agglomerative Nesting*) comencen considerant que cada objecte forma un grup per si mateix (un grup d’un sol element) i llavors avaluen les distàncies entre grups (o objectes, en el primer pas) i creen per aglomeració els diversos grups finals.

### Mesures de similitud

Amb la finalitat de decidir quins objectes han de ser agrupats i quins clústers dividits, hem de fer ús de les mesures de similitud entre els elements.

Tal com s´ha estudiat en l’apartat 3 dels apunts de l´assignatura existeixen diferents mètodes per a calcular la di(similitud), com per exemple les distancies Euclidià i *Hamming*.

Podem calcular les distancies entre cada par d´elements amb l´ajuda de la funció `dist():

# Calcula la matriu de disimilitud  
matrixDist <- dist(df, method = "euclidean")

El resultat de la línia de codi anterior és la matriu de distàncies o dissimilituds. Per defecte, la funció dist() calcula la distància Euclidià, no obstant podem indicar altres mètriques passant-les a l’argument method.

### Càlcul de l´arbre jeràrquic

Així doncs, donada una matriu de distàncies calculada amb la funció dist(), podem crear un arbre jeràrquic amb l´ajuda de la funció hclust():

hcFit <- hclust(d = matrixDist, method = "ward.D2")

Cal fer una especial referència, als diferents tipus de mètodes aglomeratius. Tot seguit, es mostren els més habituals:

* Maximum o *complete linkage*: La distància entre dos clústers es defineix com el màxim valor de totes les distàncies de cada par d´elements entre els elements del clúster 1 i els elements del clúster 2. Aquest mètode tendeix a produir particions compactes.
* Minium o *single linkage*: La distància entre dos clústers es defineix com el mínim valor de totes les distàncies de cada par d´elements entre els elements del clúster 1 i els elements del clúster 2. Aquest mètode tendeix a produir particions molt grans.
* Mean o *average linkage*: La distància entre dos clústers es defineix com la distància mitjana entre els elements de la partició 1 i els elements de la partició 2.
* *Centroid linkage*: La distància entre dos clústers es defineix com la distància entre el centroide de la particio 1 i el centroide de la partició 2.
* *Ward´s minium variance method*: Aquest mètode minimitza la variància intra-clústers.

Convé destacar que, es recomanable utilitzar el mètode *Ward´s* o *complete linkage*.

### Tallar el dendograma en diferents grups

Un dels problemes amb el clustering jeràrquic és que com no proporcionem el nombre de clústers *a priori*, no sabem on tallar l´arbre per a formar clústers.

Podem fer ús de la funció cutree() per a tallar un arbre passant el nombre de particions o l´altura de l´arbre:

# Talla l´argre en 4 groups  
grp <- cutree(hcFit, k = 4)  
head(grp, n = 4)

## Alabama Alaska Arizona Arkansas   
## 1 2 2 3

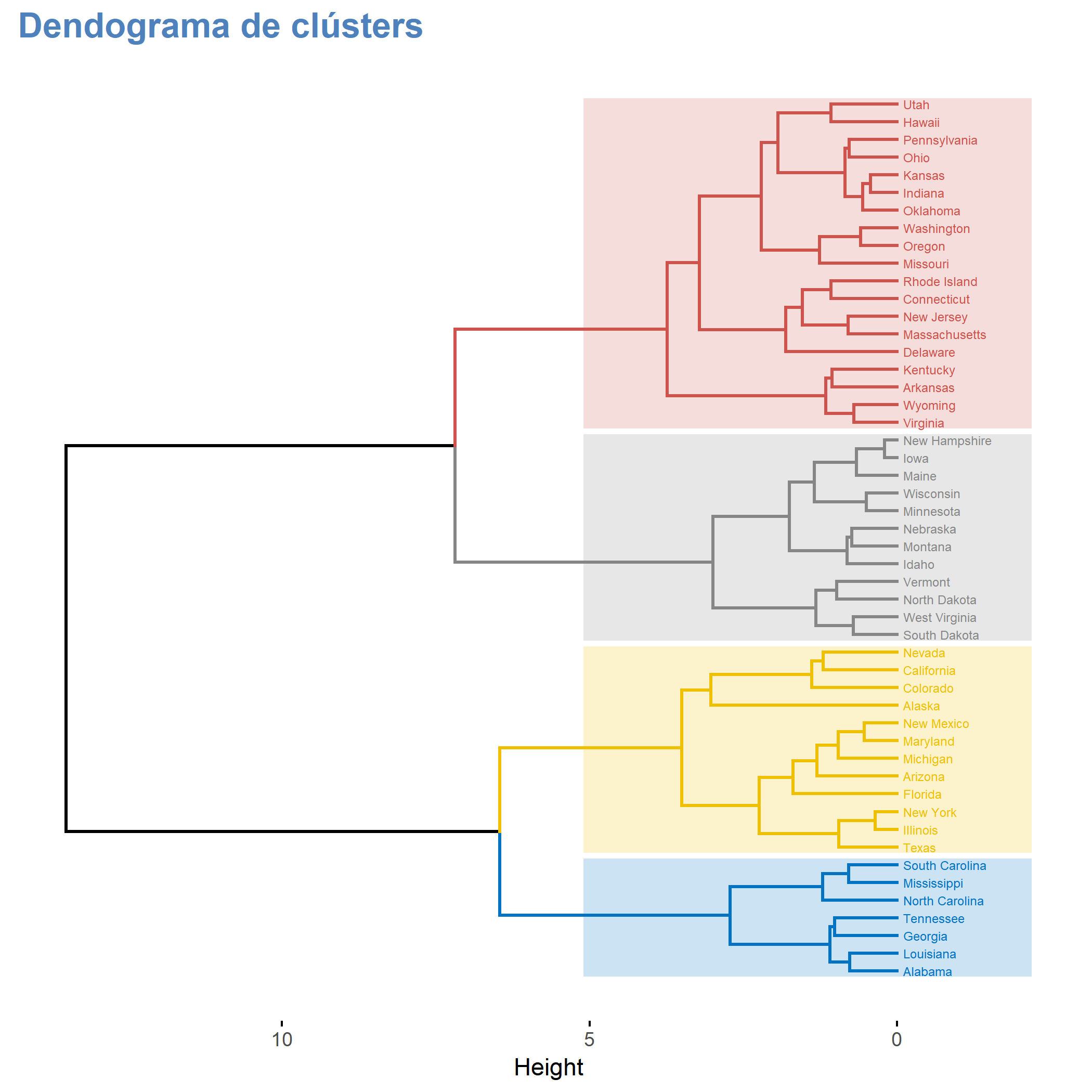
Podem conèixer el nombre d´elements en cada partició com es mostra a continuació:

# Nombre de elements en cada partició  
table(grp)

## grp  
## 1 2 3 4   
## 7 12 19 12

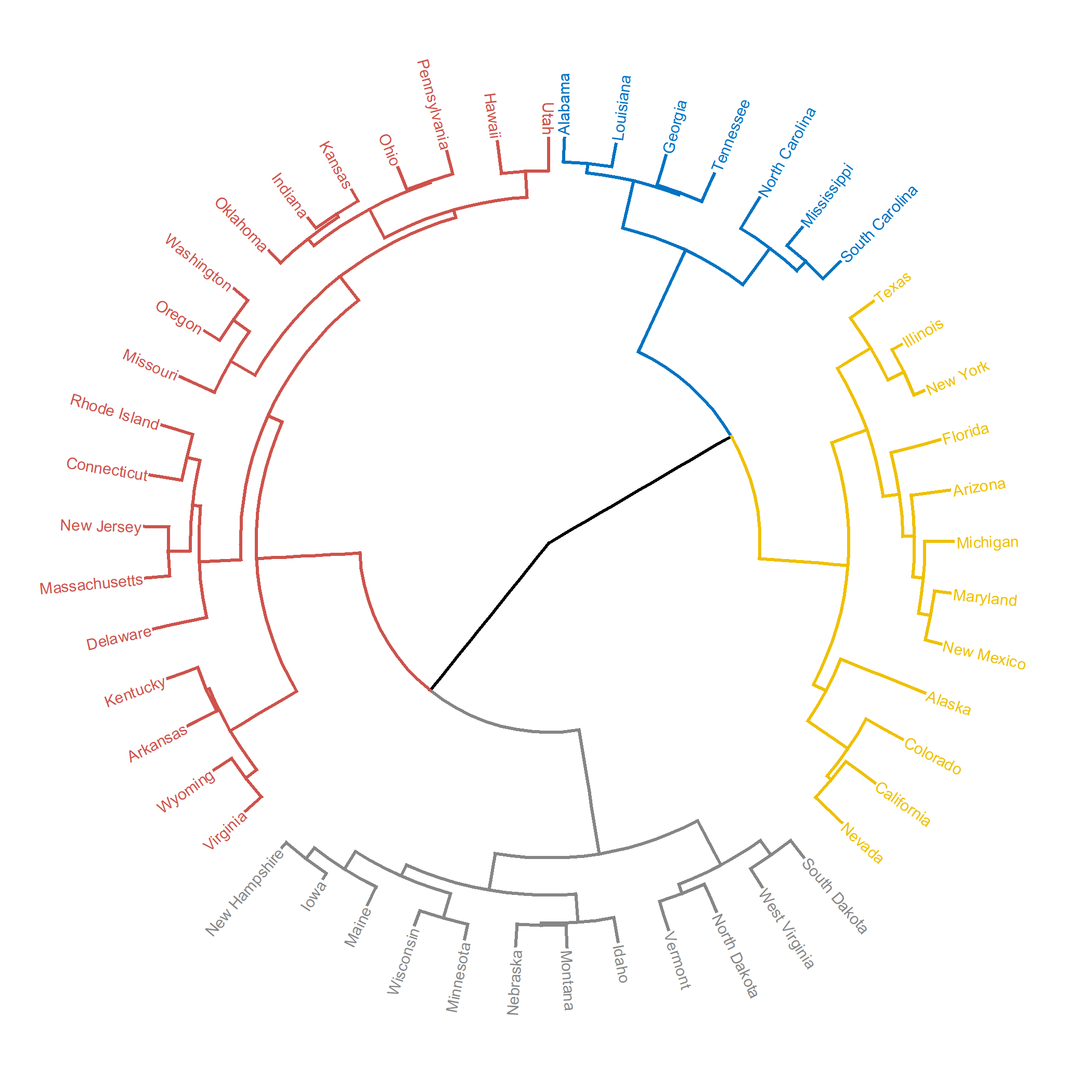
A continuació, es mostra la representació gràfica de l´arbre jeràrquic. Aquest gràfic es coneix com a dendrograma:

# Talla en 4 groups i acoloreix per grups  
fviz\_dend(hcFit, k = 4,  
 main = "Dendograma de clústers",  
 horiz = TRUE,  
 cex = 0.4,   
 k\_colors = "jco",  
 color\_labels\_by\_k = TRUE,   
 rect = TRUE,  
 rect\_border = "jco",  
 rect\_fill = TRUE) +  
 theme(legend.position = "bottom",  
 plot.title = element\_text(color="#4F81BD", size=16, face="bold"))



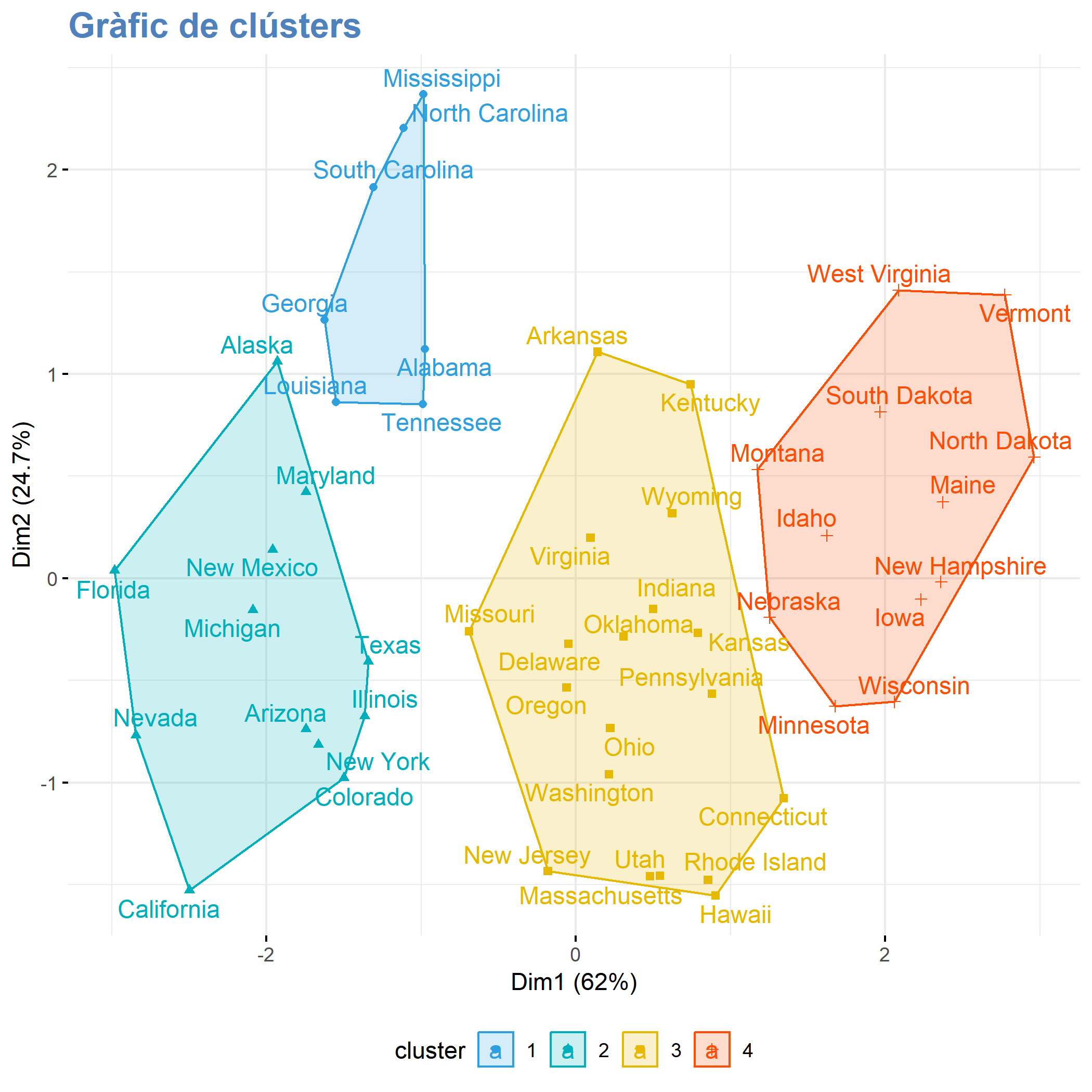
També, podem obtindre un dendrograma circular mitjançant la opció type = "circular":

fviz\_dend(hcFit, cex = 0.5, k = 4,  
 k\_colors = "jco", type = "circular")



Amb l´ajuda de la funció fviz\_cluster(), podem visualitzar el resultat en un diagrama de dispersió. Els elements són representats mitjançant punts, a més s´utilitza PCA:

# Diagrama de clústers  
fviz\_cluster(list(data = df, cluster = grp),  
 main = "Gràfic de clústers",  
 palette = c("#2E9FDF", "#00AFBB", "#E7B800", "#FC4E07"),  
 ellipse.type = "convex",   
 repel = TRUE,   
 show.clust.cent = FALSE, ggtheme = theme\_minimal()) +  
 theme(legend.position = "bottom",  
 plot.title = element\_text(color="#4F81BD", size=16, face="bold"))



## 

## Comparació dels mètodes d´agrupació

Recollint tot el que s´ha dit, farem ús de la funció clValid() del paquet clValid per a comparar els diferents mètodes d´agrupació.

El prototip de la funció és el següent:

clValid(obj, nClust, clMethods = "hierarchical",  
validation = "stability", maxitems = 600,  
metric = "euclidean", method = "average")

on els arguments són:

* **obj**: Una matriu o data frame numèric. Les files son els elements que s´han d´agrupar i les columnes són les observacions.
* **nClust**: Un vector numèric especificant el nombre de particions que s´han d´avaluar.
* **validation**: El tipus de mètrica de validació. Possibles valors són “internal”, “stability”, and “biological. També, permet escollir varies mètriques a la vegada.
* **maxitems**: El nombre màxim d´elements (files en la matriu) que han de ser agrupades.
* **metric**: La mètrica utilitzada per a determinar la matriu de distàncies. Possibles valors són “euclidean”, “correlation”, i “manhattan”.
* **method**: Per a agrupacions jeràrquiques, el mètode d´aglomeració a utilitzar. Les opcions disponibles són “ward”, “single”, “complete” i “average”.

Per exemple, considerant el conjunt de dades USArrests que hem estat utilitzant per a il·lustrar els diferents mètodes d´aglomeració, podem utilitzar la funció clValid() com es mostra tot seguit per a calcular les diferents mètriques internes:

# comparació dels mètodes d´agrupació  
clmethods <- c("hierarchical", "kmeans", "pam")  
intern <- clValid(df, nClust = 2:6,  
 clMethods = clmethods, validation = "internal")  
# Resúm  
summary(intern)

##   
## Clustering Methods:  
## hierarchical kmeans pam   
##   
## Cluster sizes:  
## 2 3 4 5 6   
##   
## Validation Measures:  
## 2 3 4 5 6  
##   
## hierarchical Connectivity 6.6437 9.5615 13.9563 22.5782 31.2873  
## Dunn 0.2214 0.2214 0.2224 0.2046 0.2126  
## Silhouette 0.4085 0.3486 0.3637 0.3213 0.2720  
## kmeans Connectivity 6.6437 13.6484 16.2413 24.6639 33.7194  
## Dunn 0.2214 0.2224 0.2224 0.1983 0.2231  
## Silhouette 0.4085 0.3668 0.3573 0.3377 0.3079  
## pam Connectivity 6.6437 13.8302 20.4421 29.5726 38.2643  
## Dunn 0.2214 0.1376 0.1849 0.1849 0.2019  
## Silhouette 0.4085 0.3144 0.3390 0.3105 0.2630  
##   
## Optimal Scores:  
##   
## Score Method Clusters  
## Connectivity 6.6437 hierarchical 2   
## Dunn 0.2231 kmeans 6   
## Silhouette 0.4085 hierarchical 2

Com es pot observar el métode jerárquic amb dos clústers obté valors òptims en les métriques *Connectivity* i *Silhouette* . Per altra banda, el mètode k-means obté una bona puntuació en la mètrica *Dunn* amb un valor òptim de *k* = 6.

# 

# 

# Bibliografia

[1] Daniel T. Larouse, Chantal D. Larouse: Data Mininig and Predictive Analytics.USA, John Wiley & Sons,2015,ISBN 978-1-118-11619-7

[2] Jordi Gironés Roig, Jordi Casas Roma, Julià Minguillón Alfonso, Ramon Caihuelas Quiles : Minería de Datos: Modelos y Algoritmos. Barcelona, Editorial UOC, 2017, ISBN: 978-84-9116-904-8.

[3] Jiawe Han, Michellie Chamber & Jian Pei: Data mining : concepts and techniques. 3º Edition. USA, Editorial Elsevier, 2012, ISBN 978-0-12-381479-1

1. La documentació oficial es pot trobar a: <http://www.sthda.com/english/rpkgs/factoextra>. [↑](#footnote-ref-1)
2. Per a més informació: <https://es.wikipedia.org/wiki/K-medoids> [↑](#footnote-ref-2)
3. <https://rmarkdown.rstudio.com/> [↑](#footnote-ref-3)
4. La documentació oficial es pot trobar a: <http://www.sthda.com/english/rpkgs/factoextra>. [↑](#footnote-ref-4)
5. Per a més informació: <https://es.wikipedia.org/wiki/K-medoids> [↑](#footnote-ref-5)