

Khoa Công Nghệ Thông Tin Trường Đại Học Cần Thơ



Giải thuật gom cụm Clustering algorithms

Đỗ Thanh Nghị

dtnghi@cit.ctu.edu.vn Trần Nguyễn Minh Thư tnmthu@cit.ctu.edu.vn

> Cần Thơ 12/2008 – 08/2014

Nội dung

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

Nội dung

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

3

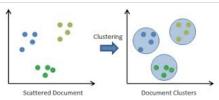
Clustering

Giới thiệu về clustering Kết 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



- 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 liêu, và xử lý hình ảnh

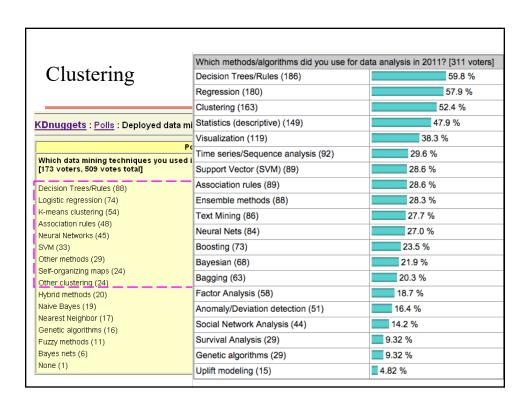
- ■Có thể giúp các nhà tiếp thị khám phá các nhóm khách hàng riêng biệt. Và họ có thể đặc trưng nhóm khách hàng của họ dựa trên các lịch sử mua hàng.
- ■Trong lĩnh vực sinh học, clustering được sử dụng để phân loại thực vật và động vật, phân loại gen có chức năng tương tư
- ■Clustering cũng giúp trong việc phân loại tài liệu trên web để phát hiện 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 dung.
- Bảo hiểm: Xác định các nhóm chính sách bảo hiểm xe máy. Chủ sở hữu được chi phí bồi thường trung bình, cao, thấp khác nhau tuỳ đối tương.
- 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 thiêu 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,...



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 liêu của 2 nhóm khác nhau sẽ có các tính chất khác nhau

9

Các độ đo khoảng cách - Kiểu số

■ Khoảng cách Minkowski

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

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

■ nếu q=I, d là khoảng cách Manhattan $d(i,j) = |x_{i_1} - x_{j_1}| + |x_{i_2} - x_{j_2}| + ... + |x_{i_p} - x_{j_p}|$

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

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

Kiểu rời rạc (nominal type)

- 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:

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

11

Kiểu rời rạc (nominal type)

Giới thiêu về clustering
Hierarchical clustering
K-Means
Kết luân và hướng phát triểi

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

- 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

Các độ đo khoảng cách - Kiểu nhị phân

Object j						
		1	0	sum		
Object i	1	а	b	a+b		
	0	С	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 : $sim_{Jaccard}(i,j) = \frac{a}{a+b+c}$

13

Kiểu nhị phân

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

- 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
- $^{\square} Y, P \rightarrow 1, N \rightarrow 0$

$$d(jack, mary) = \frac{0+1}{2+0+1} = 0.33$$
$$d(jack, jim) = \frac{1+1}{1+1+1} = 0.67$$
$$d(jim, mary) = \frac{1+2}{1+1+2} = 0.75$$

Nội dung

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

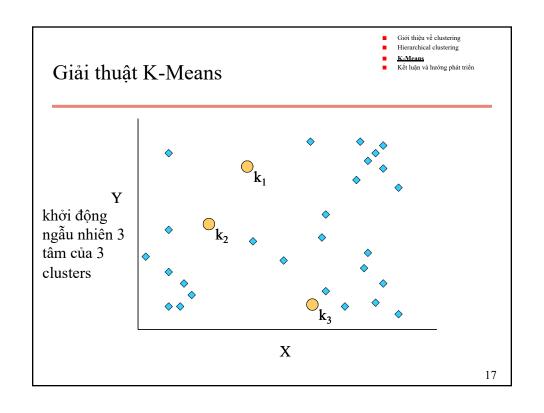
15

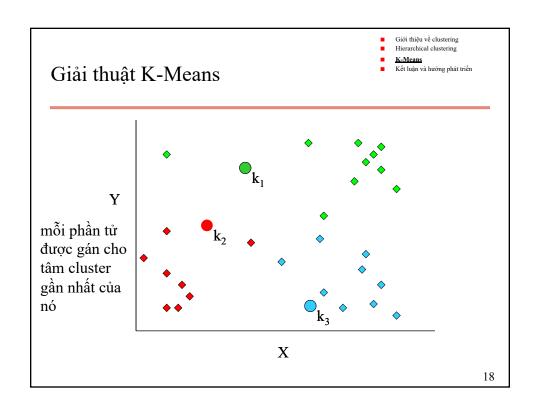
Giải thuật K-Means

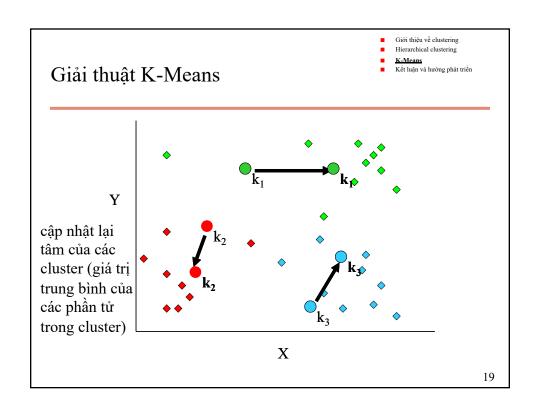
Giới thiệu về clustering
 Hierarchical clustering
 K-Means

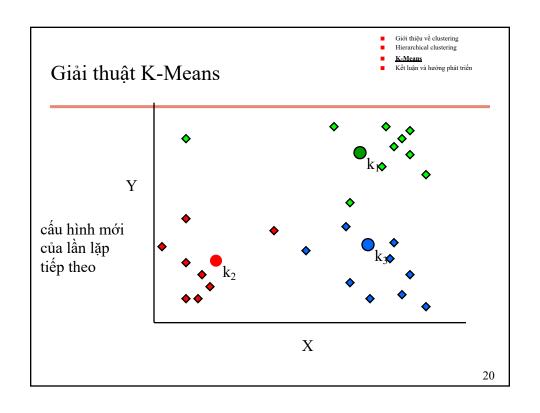
Kết luận và hướng phát triển

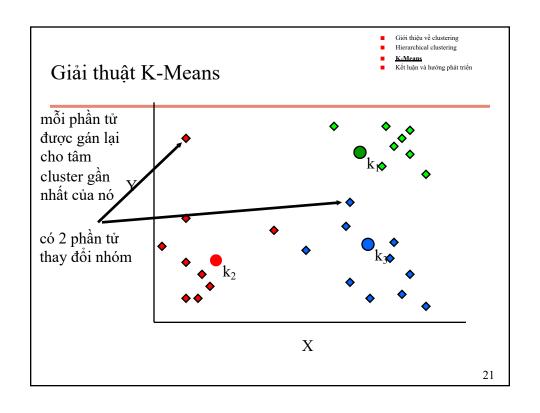
- giải thuật
 - khởi động ngẫu nhiên K tâm (center) của K clusters
 - 2. mỗi phần tử được gán cho tâm gần nhất với phần tử dựa vào khoảng cách (e.g. khoảng cách Euclid)
 - 3. cập nhật lại các tâm của K clusters, mỗi tâm là giá trị trung bình (mean) của các phần tử trong cluster của nó
 - 4. lặp lại bước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

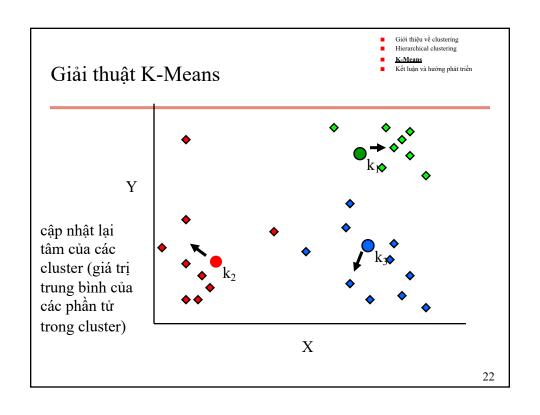


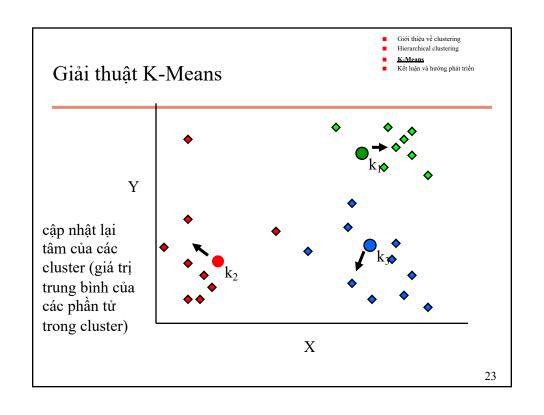


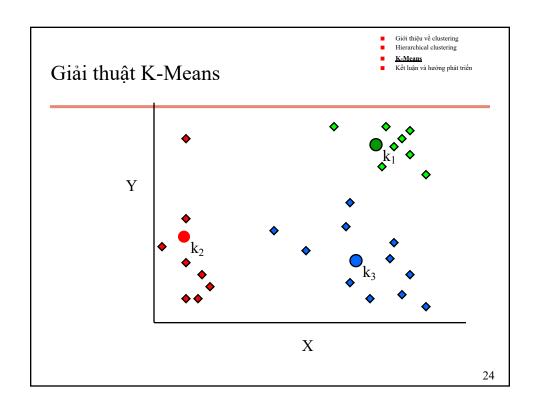










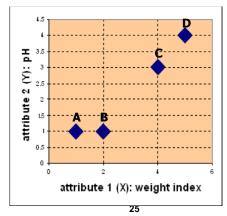


Bài tập

Bài tập 1:

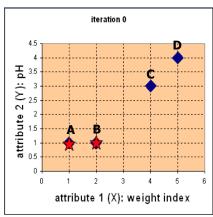
Cho 4 loại thuốc mỗi loại có 2 thuộc tính pH và Weight Yêu cầu nhóm những loại thuốc này thành 2 nhóm sử dụng khoảng cách Euclidea với 2 điểm khởi tạo là A và B

Medicin e	Weight	pH- Index
А	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



$$c_1 = A, c_2 = B$$

$$\mathbf{D}^0 = \begin{bmatrix} 0 & 1 & 3.61 & 5 \\ 1 & 0 & 2.83 & 4.24 \end{bmatrix} \quad \begin{array}{c} \mathbf{c}_1 = (1,1) & group - 1 \\ \mathbf{c}_2 = (2,1) & group - 2 \end{array}$$

$$A \quad B \quad C \quad D \qquad \qquad \boxed{ Euclidean \ distance }$$

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

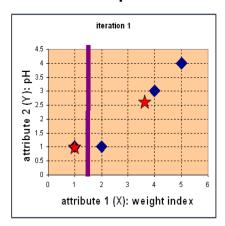
$$d(D, c_1) = \sqrt{(5-1)^2 + (4-1)^2} = 5$$

$$d(D, c_2) = \sqrt{(5-2)^2 + (4-1)^2} = 4.24$$

Assign each object to the cluste with the nearest seed point

Bài tập 1

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



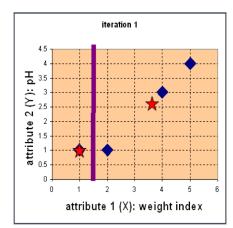
$$c_1 = (1, 1)$$

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

27

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

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

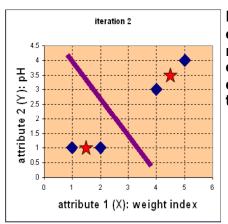
$$A \quad B \quad C \quad D$$

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

Assign the membership to objects

Bài tập 1

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



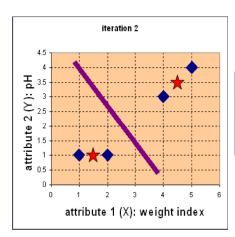
Knowing the members of each cluster, now we compute the new centroid of each group based on these new memberships.

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

29

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

$$\mathbf{J}^{2} = \begin{bmatrix} 0.5 & 0.5 & 3.20 & 4.61 \\ 4.30 & 3.54 & 0.71 & 0.71 \end{bmatrix} \quad \mathbf{c}_{1} = (1\frac{1}{2},1) \quad group - 1 \\ \mathbf{c}_{2} = (4\frac{1}{2},3\frac{1}{2}) \quad group - 2 \\ A \quad B \quad C \quad D \\ \begin{bmatrix} 1 & 2 & 4 & 5 \\ 1 & 1 & 3 & 4 \end{bmatrix} \quad X \\ Y$$

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

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:

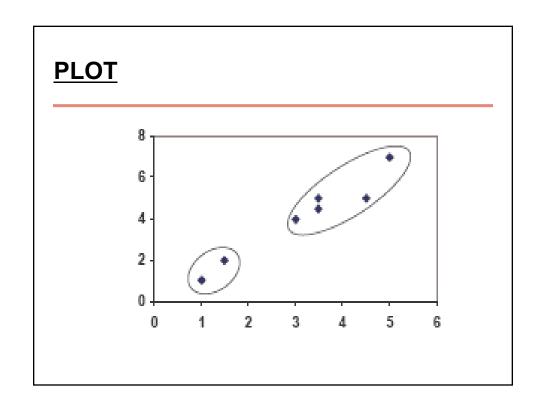
Nhóm mới: {1,2} and {3,4,5,6,7}

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

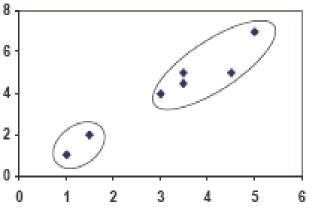
Individual	Centroid 1	Centroid 2
1	1.57	5.38
2	0.47	4.28
3	2.04	1.78
4	5.64	1.84
5	3.15	0.73
6	3.78	0.54
7	2.74	1.08

- 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







Giải thuật K-Means

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

- 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
- <u>Kết luận và hướng phát triển</u>

39

Giải thuật clustering

- Giới thiệu về clustering Hierarchical clustering
- K-Means
- Kết luận và hướng phát triể
- còn nhiều phương pháp khác
 density-based: DBSCAN (Ester et al.
 - 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 luân và hướng phát tri

- 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

