#### 周志华著

### 

## 机器学习

清华大学出版社

#### 崔磊

Tel: 15829735700(M)

QQ: 362626744

E-Mail: leicui@nwu.edu.cn

本章课件致谢:

魏秀参

# 第九章:聚类

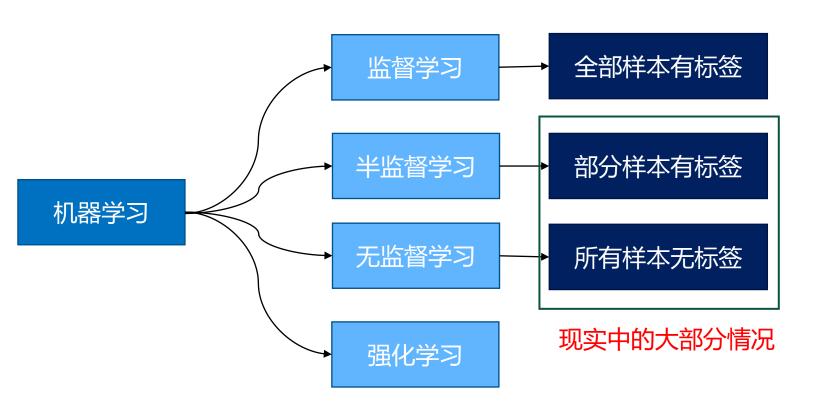
### 大纲

- □ 聚类概述
- □ 性能度量
- □ 距离计算
- □ 原型聚类
- □ 密度聚类
- □ 层次聚类

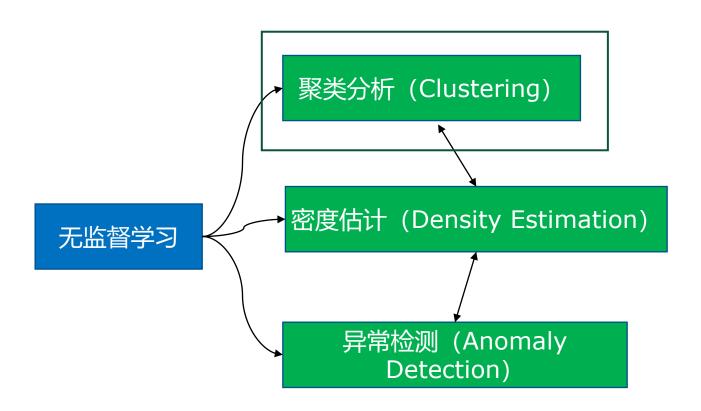
### 大纲

- □ 聚类概述
- □ 性能度量
- □ 距离计算
- □原型聚类
- □ 密度聚类
- □ 层次聚类

### 聚类概述

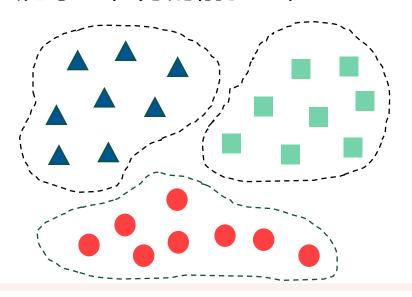


### 聚类概述



### 聚类任务

- □ 在 "无监督学习"任务中研究最多、应用最广.
- □ 聚类目标:将数据集中的样本划分为若干个通常不相交的子集 ("簇", cluster).
- 聚类既可以作为一个单独过程(用于找寻数据内在的分布结构),也可作为分类等其他学习任务的前驱过程.



### 聚类任务

#### □ 形式化描述

假定样本集  $D = \{x_1, x_2, \cdots, x_m\}$  包含 m 个无标记样本,每个样本  $x_i = (x_{i1}; x_{i2}; \cdots; x_{in})$  是一个n 维的特征向量,聚类算法将样本集 D 划分成 k 个不相交的簇  $\{C_l | l = 1, 2, ..., k\}$  。其中  $C_l \cap_{l \neq l} C_l = \phi$  ,且  $D = \bigcup_{l=1}^k C_l$  。

相应地,用  $\lambda_j \in \{1,2,\cdots,k\}$  表示样本  $x_j$  的 "簇标记" (即cluster label),即  $x_j \in C_{\lambda_j}$  。于是,聚类的结果可用包含 m 个元素的簇标记 向量  $\lambda = \{\lambda_1; \lambda_2; \cdots; \lambda_m\}$  表示。

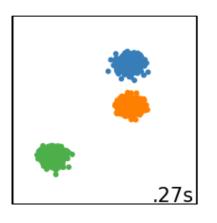
### 大纲

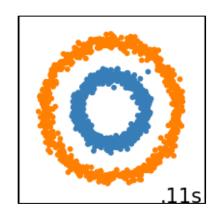
- □ 聚类任务
- □ 性能度量
- □ 距离计算
- □原型聚类
- □ 密度聚类
- □ 层次聚类

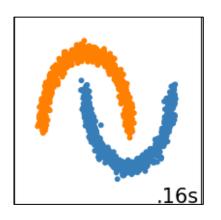
### 性能度量

- □ 聚类性能度量,亦称为聚类"有效性指标" (validity index)
- □ 直观来讲:

我们希望"物以类聚",即同一簇的样本尽可能彼此相似,不同簇的样本尽可能不同。换言之,聚类结果的"簇内相似度"(intra-cluster similarity)高,且"簇间相似度"(inter-cluster similarity)低,这样的聚类效果较好.







### 性能度量

#### □ 聚类性能度量:

- 外部指标 (external index)将聚类结果与某个"参考模型" (reference model)进行比较。
- 内部指标 (internal index)直接考察聚类结果而不用任何参考模型。

### 性能度量

对数据集  $D = \{x_1, x_2, \dots, x_m\}$ , 假定通过聚类得到的簇划分为

 $C = \{C_1, C_2, ..., C_k\}$ ,参考模型给出的簇划分为  $C^* = \{C_1^*, C_2^*, ..., C_s^*\}$  。相应 地,令  $\lambda$  与  $\lambda^*$  分别表示与 C 和  $C^*$  对应的簇标记向量。

#### 我们将样本两两配对考虑, 定义

$$a = |SS|, SS = \{(x_i, x_j) | \lambda_i = \lambda_j, \lambda_i^* = \lambda_j^*, i < j\}$$

$$b = |SD|, SD = \{(x_i, x_j) | \lambda_i = \lambda_j, \lambda_i^* \neq \lambda_j^*, i < j\}$$

$$c = |DS|, DS = \{(x_i, x_j) | \lambda_i \neq \lambda_j, \lambda_i^* = \lambda_j^*, i < j\}$$

$$d = |DD|, DD = \{(x_i, x_j) | \lambda_i \neq \lambda_j, \lambda_i^* \neq \lambda_j^*, i < j\}$$

### 性能度量 - 外部指标

□ Jaccard系数 (Jaccard Coefficient, JC)

$$JC = \frac{a}{a+b+c}$$

□ FM指数 (Fowlkes and Mallows Index, FMI)

$$FMI = \sqrt{\frac{a}{a+b} \cdot \frac{a}{a+c}}$$

□ Rand指数 (Rand Index, RI)

$$RI = \frac{2(a+d)}{m(m-1)}$$

[0,1]区间内, 越大越好.

### 性能度量 - 内部指标

□ 考虑聚类结果的簇划分  $C = \{C_1, C_2, ..., C_k\}$ ,定义 簇C内样本间的平均距离

$$avg(C) = \frac{2}{|C|(|C|-1)} \sum_{1 \le i \le j \le |C|} dist(x_i, x_j)$$

簇 C 内样本间的最远距离

$$diam(C) = max_{1 \le i \le j \le |C|} dist(x_i, x_j)$$

簇C<sub>i</sub>与簇C<sub>j</sub>最近样本间的距离

$$d_{min}(C) = min_{x_i \in C_i, x_j \in C_j} dist(x_i, x_j)$$

簇 $C_i$ 与簇 $C_j$ 中心点间的距离

$$d_{cen}(C) = dist(\mu_i, \mu_j)$$

### 性能度量 - 内部指标

□ DB指数 (Davies-Bouldin Index, DBI)

$$DBI = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^{k} \max_{j \neq i} \left( \frac{avg(C_i) + avg(C_j)}{d_{cen}(\mu_i, \mu_j)} \right)$$
 越少越好.

□ Dunn指数 (Dunn Index, DI)

$$DI = \min_{1 \le i \le k} \left\{ \min_{j \ne i} \left( \frac{d_{min}(C_i, C_j)}{\max_{1 \le l \le k} diam(C_l)} \right) \right\}$$
 越大越好

### 大纲

- □ 聚类任务
- □ 性能度量
- □ 距离计算
- □原型聚类
- □ 密度聚类
- □ 层次聚类

#### □ 距离度量的性质:

非负性:  $dist(x_i, x_j) \geq 0$ 

同一性:  $dist(x_i, x_j) = 0$  当且仅当  $x_i = x_j$ 

对称性:  $dist(x_i, x_j) = dist(x_j, x_i)$ 

直递性:  $dist(x_i, x_j) \leq dist(x_i, x_k) + dist(x_k, x_j)$ 

□ 距离度量的性质:

非负性:  $dist(x_i, x_j) \geq 0$ 

同一性:  $dist(x_i, x_j) = 0$  当且仅当  $x_i = x_j$ 

对称性:  $dist(x_i, x_i) = dist(x_i, x_i)$ 

直递性:  $dist(x_i, x_j) \leq dist(x_i, x_k) + dist(x_k, x_j)$ 

□ 常用距离:

闵可夫斯基距离 (Minkowski distance):

$$dist(x_i, x_j) = \left(\sum_{u=1}^{n} |x_{iu} - x_{ju}|^p\right)^{\frac{1}{p}}$$

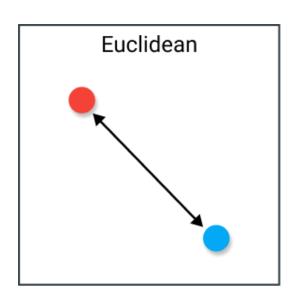
p=2: 欧氏距离 (Euclidean distance) .

p=1: 曼哈顿距离 (Manhattan distance) .

#### 1、欧式距离(Euclidean Distance)

对于两个n维度向量 $x_a$ 和 $x_b$ , 其两者之间的欧式距离计算方式为

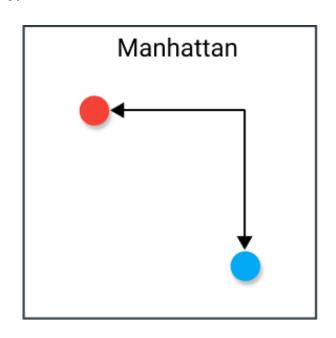
$$d_{ab} = \sqrt{\sum_{k=1}^{n} (x_{ak} - x_{bk})^2}$$



#### 2、曼哈顿距离(Manhattan Distance)

曼哈顿距离又被称为城市街区距离。对于两个n维度向量 $x_a$ 和 $x_b$ ,其两者之间的曼哈顿距离计算方式为

$$d_{ab} = \sum_{k=1}^{n} |x_{ak} - x_{bk}|$$



#### □ 属性介绍

- 连续属性 (continuous attribute)在定义域上有无穷多个可能的取值
- 离散属性 (categorical attribute)在定义域上是有限个可能的取值

#### □ 属性介绍

- 连续属性 (continuous attribute)在定义域上有无穷多个可能的取值
- 离散属性 (categorical attribute)在定义域上是有限个可能的取值
- 有序属性 (ordinal attribute)
   例如定义域为{1,2,3}的离散属性, "1" 与 "2" 比较接近、与 "3" 比较远, 称为 "有序属性"。
- 无序属性 (non-ordinal attribute)
   例如定义域为{飞机,火车,轮船}这样的离散属性,不能直接在属性值上进行计算,称为"无序属性"。

### 距离度量

□ Value Difference Metric, VDM (处理无序属性):

令  $m_{u,a}$  表示属性 u 上取值为 a 的样本数,  $m_{u,a,i}$  表示在第 i 个样本簇中在属性 u 上取值为 a 的样本数, k 为样本数, 则属性 u 上两个离散值 a 与 b 之间的VDM距离为

$$VDM_p(a,b) = \sum_{i=1}^{k} \left| \frac{m_{u,a,i}}{m_{u,a}} - \frac{m_{u,b,i}}{m_{u,b}} \right|^p$$

### 距离度量

■ MinkovDMp(处理混合属性):

$$MinkovDM_p(x_i, x_j) = \left(\sum_{u=1}^{n_c} |x_{iu} - x_{ju}|^p + \sum_{u=n_c+1}^n VDM_p(x_{iu}, x_{ju})\right)^{\frac{1}{p}}$$

□ 加权距离 (样本中不同属性的重要性不同时):

$$dist(x_i, x_j) = (\omega_1 \cdot |x_{i1} - x_{j1}|^p + \dots + \omega_n \cdot |x_{in} - x_{jn}|^p)^{\frac{1}{p}}$$

$$\omega_i \ge 0, \sum_{i=1}^n \omega_i = 1$$

### 大纲

- □ 聚类任务
- □ 性能度量
- □ 距离计算
- □ 原型聚类
- □ 密度聚类
- □ 层次聚类

### 原型聚类

□ 原型聚类

也称为"基于原型的聚类" (prototype-based clustering), 此类算法假设聚类结构能通过一组原型刻画。

□ 算法过程:

通常情况下,算法先对原型进行初始化,再对原型进行迭代更新 求解。

□ 接下来,介绍几种著名的原型聚类算法
k均值算法、学习向量量化算法、高斯混合聚类算法。

给定数据集  $D = \{x_1, x_2, \dots, x_m\}$ , k 均值算法针对聚类所得簇划分  $C = \{C_1, C_2, \dots, C_k\}$  最小化平方误差

$$E = \sum_{i=1}^{\kappa} \sum_{x \in C_j} \|x - \mu_i\|_2^2$$

其中,  $\mu_i$ 是簇  $C_i$  的均值向量。

NP问题,难以求解,利用贪心算法迭代求解

E 值在一定程度上刻画了簇内样本围绕簇均值向量的紧密程度, E 值越小,则簇内样本相似度越高。

给定数据集  $D = \{x_1, x_2, \dots, x_m\}$  , k均值算法针对聚类所得簇划分  $C = \{C_1, C_2, \dots, C_k\}$  最小化平方误差

$$E = \sum_{i=1}^{k} \sum_{x \in C_j} ||x - \mu_i||_2^2$$

其中,  $\mu_i$ 是簇  $C_i$  的均值向量。

E 值在一定程度上刻画了簇内样本围绕簇均值向量的紧密程度, E 值越小,则簇内样本相似度越高。

- □ 算法流程(迭代优化): 初始化每个簇的均值向量
  - repeat
    - 1. (更新) 簇划分;
    - 2. 计算每个簇的均值向量

until 当前均值向量均未更新

#### □ 算法伪代码:

```
输入: 样本集D = \{x_1, x_2, \dots, x_m\};
        聚类簇数k.
过程:
 1: 从D中随机选择k个样本作为初始均值向量\{\mu_1, \mu_2, \dots, \mu_k\}
 2: repeat
     \diamondsuit C_i = \emptyset \ (1 < i < k)
     for j = 1, \ldots, m do
 4:
         计算样本x_i与各均值向量\mu_i (1 \leq i \leq k)的距离: d_{ji} = ||x_j - \mu_i||_2;
         根据距离最近的均值向量确定x_j的簇标记: \lambda_j = \arg\min_{i \in \{1,2,...,k\}} d_{ji};
         将样本x_i划入相应的簇: C_{\lambda_i} = C_{\lambda_i} \cup \{x_i\};
 7:
 8:
      end for
      for i = 1, \ldots, k do
 9:
         计算新均值向量: \mu'_i = \frac{1}{|C_i|} \sum_{\boldsymbol{x} \in C_i} \boldsymbol{x};
10:
     if \mu_i' \neq \mu_i then
11:
            将当前均值向量\mu_i更新为\mu'_i
12:
         else
13:
            保持当前均值向量不变
14:
         end if
15:
      end for
16:
17: until 当前均值向量均未更新
18: return 簇划分结果
输出: 簇划分\mathcal{C} = \{C_1, C_2, \ldots, C_k\}
```

#### □ k均值算法实例

接下来以表9-1的西瓜数据集4.0为例,来演示k均值算法的学习过程。将编号为i的样本称为 $x_i$ .

编号	密度	含糖率	编号	密度	含糖率	编号	密度	含糖率
1	0.697	0.460	11	0.245	0.057	21	0.748	0.232
2	0.774	0.376	12	0.343	0.099	22	0.714	0.346
3	0.634	0.264	13	0.639	0.161	23	0.483	0.312
4	0.608	0.318	14	0.657	0.198	24	0.478	0.437
5	0.556	0.215	15	0.360	0.370	25	0.525	0.369
6	0.403	0.237	16	0.593	0.042	26	0.751	0.489
7	0.481	0.149	17	0.719	0.103	27	0.532	0.472
8	0.437	0.211	18	0.359	0.188	28	0.473	0.376
9	0.666	0.091	19	0.339	0.241	29	0.725	0.445
10	0.243	0.267	20	0.282	0.257	30	0.446	0.459

#### ■ k均值算法实例

假定聚类簇数k=3,算法开始时,随机选择3个样本  $x_6, x_{12}, x_{27}$ 作为初始均值向量,即  $\mu_1=(0.403;0.237), \mu_2=(0.343;0.099), \mu_3=(0.533;0.472)$ 

考察样本  $x_1 = (0.697; 0.460)$  ,它与当前均值向量  $\mu_1, \mu_2, \mu_3$  的距离分别为 0.369, 0.506, 0.166 ,因此  $x_1$ 将被划入簇  $C_3$ 中。类似的,对数据集中的所有样本考察一遍后,可得当前簇划分为

$$C_1 = \{x_5, x_6, x_7, x_8, x_9, x_{10}, x_{13}, x_{14}, x_{15}, x_{17}, x_{18}, x_{19}, x_{20}, x_{23}\}$$

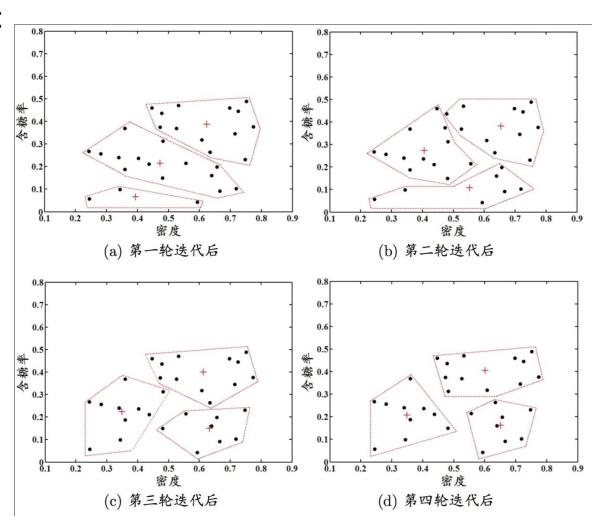
$$C_2 = \{x_{11}, x_{12}, x_{16}\}$$

$$C_3 = \{x_1, x_2, x_3, x_4, x_{21}, x_{22}, x_{24}, x_{25}, x_{26}, x_{27}, x_{28}, x_{29}, x_{30}\}$$

#### 于是,可以从分别求得新的均值向量

 $\mu_1'=(0.473;0.214), \mu_2'=(0.394;0.066), \mu_3'=(0.623;0.388)$ 不断重复上述过程,如下图所示。

#### □ 聚类结果:



### 原型聚类 - 学习向量量化

□ 学习向量量化 (Learning Vector Quantization, LVQ)

与一般聚类算法不同的是,LVQ假设数据样本带有类别标记,学习过程中利用样本的这些监督信息来辅助聚类。

给定样本集  $D = \{(x_1, y_1), (x_2, y_2), \cdots, (x_m, y_m)\}$ , LVQ的目标是学得一组 n 维原型向量  $\{p_1, p_2, \cdots, p_q\}$ , 每个原型向量代表一个聚类簇。

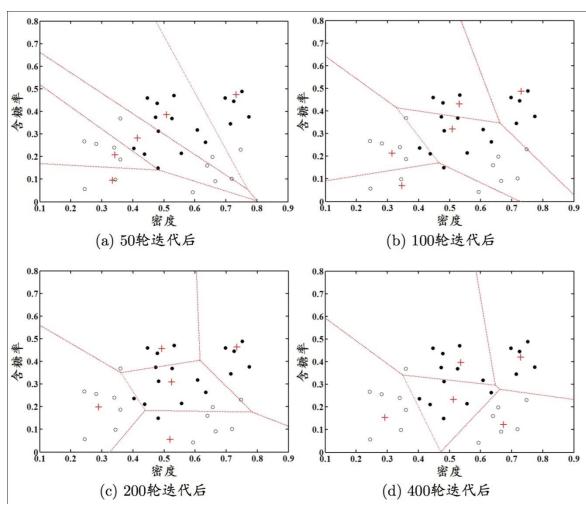
### 原型聚类 - 学习向量量化

#### □ 算法伪代码:

```
输入: 样本集D = \{(x_1, y_1), \dots, (x_m, y_m)\};
        原型向量个数q, 各原型向量预设的类别标记\{t_1, t_2, \ldots, t_a\};
        学习率η ∈ (0,1).
讨程:
 1: 初始化一组原型向量{p_1, p_2, ..., p_q}
 2: repeat
       从样本集D随机选取样本(x_i, y_i);
       计算样本x_i与p_i (1 \le i \le q)的距离: d_{ji} = ||x_j - p_i||_2;
       找出与x_i距离最近的原型向量; i^* = \arg\min_{i \in \{1,2,\ldots,q\}} d_{ji};
       if y_i = t_{i^*} then
 6:
      oldsymbol{p}' = oldsymbol{p}_{i^*} + \eta \cdot (oldsymbol{x}_i - oldsymbol{p}_{i^*})
 8:
    else
      oldsymbol{p}' = oldsymbol{p}_{i^*} - \eta \cdot (oldsymbol{x}_i - oldsymbol{p}_{i^*})
 9:
       end if
10:
       将原型向量p_{i*}更新为p'
12: until 满足停止条件
13: return 当前原型向量
输出: 原型向量\{p_1, p_2, \ldots, p_q\}
```

### 原型聚类 - 学习向量量化

#### □ 聚类效果:



### 原型聚类 - 高斯混合聚类

#### 什么是高斯混合模型 (Gaussian Mixture Model)

高斯混合模型(Gaussian Mixture Model)通常简称GMM,是一种业界广泛使用的聚类算法,该方法使用了高斯分布<sup>°</sup>作为参数模型,并使用了期望最大(Expectation Maximization,简称EM)算法进行训练。

#### 1 什么是高斯分布?

高斯分布(Gaussian distribution)有时也被称为正态分布(normal distribution),是一种 在自然界大量的存在的、最为常见的分布形式。在提供精确数学定义前,先用一个简单的例子来说 明。

如果我们对大量的人口进行身高数据的随机采样,并且将采得的身高数据画成柱状图,将会得到如下图1所示的图形。这张图模拟展示了334个成人的统计数据,可以看出图中最多出现的身高在180cm左右2.5cm的区间里。

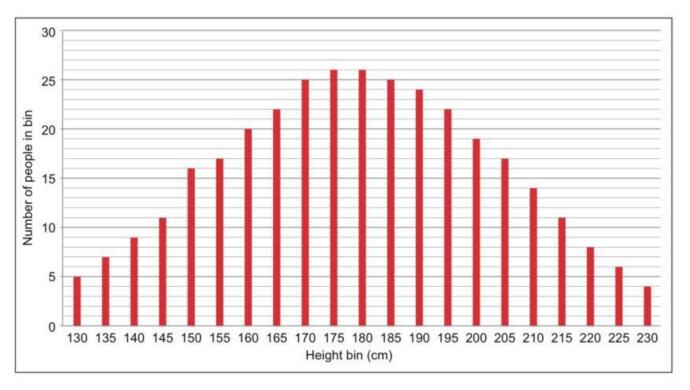


Figure 2.9 Histogram of a normal distribution, in this case the height of 334 fictitious people. The modal (most frequently occurring) bin is centered at 180 cm.

这个图形非常直观的展示了高斯分布的形态。接下来看下严格的高斯公式定义,高斯分布的概率密度函数<sup>4</sup>公式如下:

$$f(x\mid \mu,\sigma^2) = rac{1}{\sqrt{2\sigma^2\pi}}e^{-rac{(x-\mu)^2}{2\sigma^2}}$$

公式中包含两个参数,参数  $\mu$  表示均值,参数  $\sigma$  表示标准差,均值对应正态分布的中间位置,在本例中我们可以推测均值在180cm附近。标准差衡量了数据围绕均值分散的程度。

回到之前的例子来评估下参数和对应的实际数据。假设我们用柱状线来表示分布概率,每个柱状线指相应身高值在334个人中的分布概率,用每个身高值对应的人数除以总数(334)就可以得到对应概率值,图2用左侧的红色线(Sample Probability)来表示。

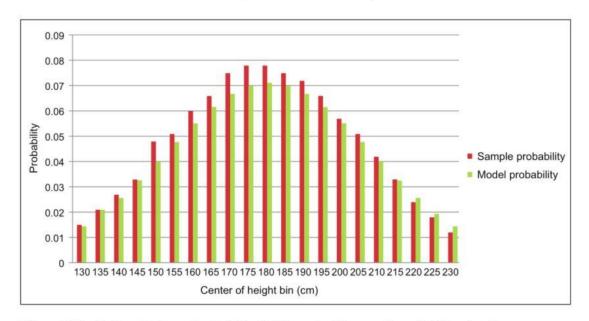


Figure 2.10 Fictional data on the height of 334 people. The sample probability of a given user occurring in a given height range is shown in red (the bar on the left in each pair). The probability from a Gaussian model, with parameters  $\mu$ =180, $\sigma$ =28, is shown in green (the bar on the right).

如果我们设置参数  $\mu$  =180 ,  $\sigma$  =28 , 使用累积密度函数来计算对应的概率值——右侧绿色线 (Model Probability ) , 可以肉眼观察到模型拟合的精度。

#### 2 期望最大与高斯模型训练

模型的EM训练过程,直观的来讲是这样:我们通过观察采样的概率值和模型概率值的接近程度,来判断一个模型是否拟合良好。然后我们通过调整模型以让新模型更适配采样的概率值。反复迭代这个过程很多次,直到两个概率值非常接近时,我们停止更新并完成模型训练。

现在我们要将这个过程用算法来实现,所使用的方法是模型生成的数据来决定似然值,即通过模型来计算数据的期望值。通过更新参数μ和σ来让期望值最大化。这个过程可以不断迭代直到两次迭代中生成的参数变化非常小为止。该过程和k-means<sup>Q</sup>的算法训练过程很相似(k-means不断更新类中心来让结果最大化),只不过在这里的高斯模型中,我们需要同时更新**两个参数:分布的均值**和标准美

#### 和标准差

#### 3 高斯混合模型 (GMM)

高斯混合模型是对高斯模型进行简单的扩展,GMM使用多个高斯分布的组合来刻画数据分布。

举例来说:想象下现在咱们不再考察全部用户的身高,而是要在模型中同时考虑男性和女性的身高。假定之前的样本里男女都有,那么之前所画的高斯分布其实是两个高斯分布的叠加的结果。相比只使用一个高斯来建模,现在我们可以用两个(或多个)高斯分布 :

#### □ 多元高斯分布的定义

对 n 维样本空间中的随机向量 x ,若 x 服从高斯分布,其概率密度 函数为

$$p(x) = \frac{1}{(2\pi)^{\frac{n}{2}} |\Sigma|^{\frac{1}{2}}} e^{-\frac{1}{2}(x-\mu)^T \Sigma^{-1}(x-\mu)}$$

其中  $\mu$ 是 n 维均值向量,  $\Sigma$ 是  $n\times n$  的协方差矩阵。也可将概率密度 函数记作  $p(x|\mu,\Sigma)$  。

### EM算法简单回顾

EM(Expectation Maximization)方法解决:

- 先设定男生和女生的身高分布参数(初始值),例如男生的身高分布为 $N(\mu_1 = 172, \sigma_1^2 = 5^2)$ , 女生的身高分布为 $N(\mu_2 = 162, \sigma_2^2 = 5^2)$ ,当然了,刚开始肯定没那么准;
- 然后计算出每个人更可能属于第一个还是第二个正态分布中的 (例如,这个人的身高是180,那很明显,他极大可能属于男生),这个是属于E步;
- 按上面的方法将这 200 个人分为男生和女生两部分,接着根据极大似然估计分别对男生和女生的身高分布参数进行估计,这个是属于M步;
- 经过M步,这两个分布的参数得到更新,每一个样本来自女生分布还是男生分布的概率又变了,那么需要调整E步;
- ·····如此往复,直到参数基本不再发生变化或满足结束条件为 止。

□ 高斯混合分布的定义

$$p_M(x) = \sum_{i=1}^k \alpha_i p(x|\mu_i, \Sigma_i)$$

该分布由 k 个混合分布组成,每个分布对应一个高斯分布。其中, $\mu_i$  与  $\Sigma_i$  是第 i 个高斯混合成分的参数。而  $\alpha_i > 0$  为相应的 "混合系数", $\sum_{i=1}^k \alpha_i = 1$ 

i

□ 假设样本的生成过程由高斯混合分布给出:

首先,根据 $\alpha_1, \alpha_2, \cdots, \alpha_k$  定义的先验分布选择高斯混合成分,其中 $\alpha_i$ 为选择第i个混合成分的概率;

然后,根据被选择的混合成分的概率密度函数进行采样,从而生成相应的样本。

□ 模型求解: 最大化 (对数) 似然

$$LL(D) = \ln \left( \prod_{j=1}^{m} p_M(x_j) \right)$$
$$= \sum_{j=1}^{m} \ln \left( \sum_{i=1}^{k} \alpha_i \cdot p\left(x_j | \mu_i, \Sigma_i\right) \right)$$

令:

# 高斯混合聚类 - 模型求解 (续)

令:

$$\frac{\partial LL(D)}{\partial \Sigma_i} = 0 \qquad \longrightarrow \qquad \Sigma_i = \frac{\sum_{j=1}^m \gamma_{ji} (x_j - \mu_i) (x_j - \mu_i)^T}{\sum_{j=1}^m \gamma_{ji}}$$

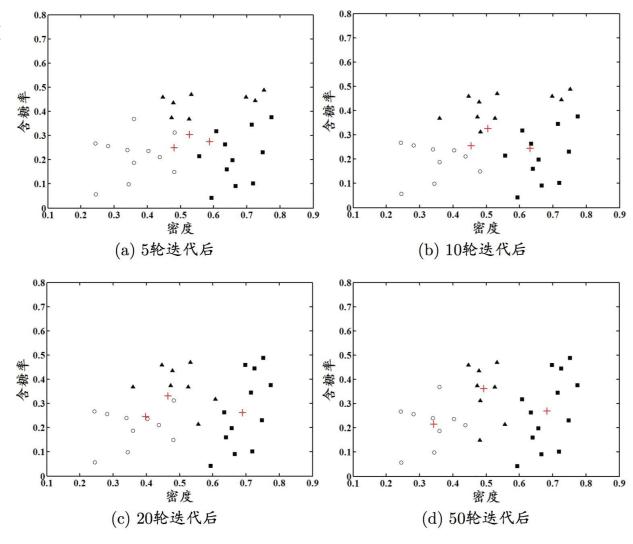
### 高斯混合聚类

#### □ 算法伪代码:

```
输入: 样本集D = \{x_1, x_2, \ldots, x_m\};
          高斯混合成分个数k.
 过程:
 1: 初始化高斯混合分布的模型参数\{(\alpha_i, \mu_i, \Sigma_i) | 1 \le i \le k\}
 2: repeat
        for j = 1, ..., m do
            根据(9.30)计算x_i由各混合成分生成的后验概率,即
 4:
            \gamma_{ii} = p_{\mathcal{M}}(z_i = i \mid \boldsymbol{x}_i) \ (1 \le i \le k)
 5.
        end for
      for i = 1, \ldots, k do
 6:
           计算新均值向量: \mu'_i = \frac{\sum_{j=1}^m \gamma_{ji} \boldsymbol{x}_j}{\sum_{i=1}^m \gamma_{ji}};
 7:
            计算新协方差矩阵: \Sigma_i' = \frac{\sum_{j=1}^m \gamma_{ji} (x_j - \mu_i') (x_j - \mu_i')^\top}{\sum_{j=1}^m \gamma_{ji}};
            计算新混合系数: \alpha_i' = \frac{\sum_{j=1}^m \gamma_{ji}}{m};
         end for
10:
         将模型参数\{(\alpha_i, \boldsymbol{\mu}_i, \boldsymbol{\Sigma}_i) \mid 1 \leq i \leq k\}更新为\{(\alpha'_i, \boldsymbol{\mu}'_i, \boldsymbol{\Sigma}'_i) \mid 1 \leq i \leq k\}
12: until 满足停止条件
13: C_i = \emptyset \ (1 \le i \le k)
14: for j = 1, ..., m do
      根据(9.31)确定x_i的簇标记\lambda_i;
        将x_i划入相应的簇: C_{\lambda_i} = C_{\lambda_i} \bigcup \{x_i\}
17: end for
18: return 簇划分结果
输出: 簇划分\mathcal{C} = \{C_1, C_2, \dots, C_k\}
```

### 高斯混合聚类

□ 聚类效果:

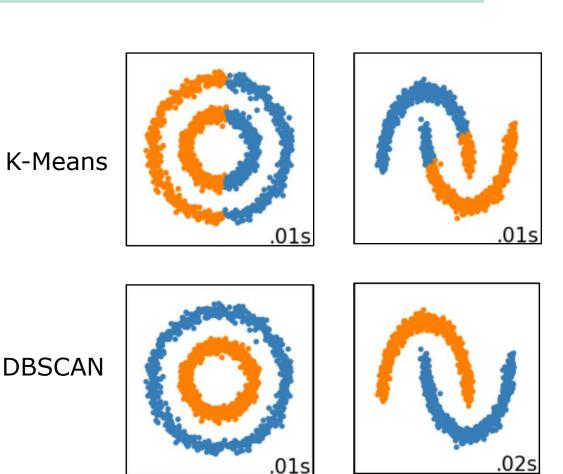


# 大纲

- □ 聚类任务
- □ 性能度量
- □ 距离计算
- □原型聚类
- □ 密度聚类
- □ 层次聚类

K-Means对于非凸数 据集效果有限。 对于这样的数据集, DBSCAN这类基于密 度的方法往往能取得 更好的效果。

文



#### □ 密度聚类的定义

密度聚类也称为"基于密度的聚类" (density-based clustering)。 此类算法假设聚类结构能通过样本分布的紧密程度来确定。

通常情况下,密度聚类算法从样本密度的角度来考察样本之间的可 连接性,并基于可连接样本不断扩展聚类簇来获得最终的聚类结果。

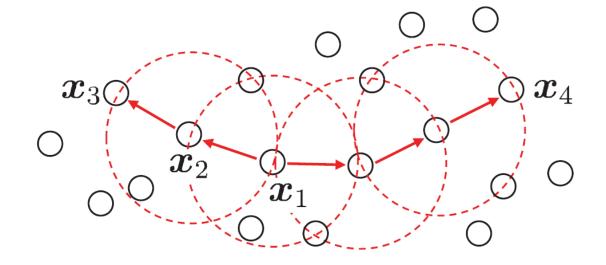
接下来介绍DBSCAN这一密度聚类算法。

- □ DBSCAN算法: 基于一组"邻域"参数  $(\epsilon, MinPts)$  来刻画样本分布的紧密程度。
- □ 基本概念:
  - $\epsilon$  邻域: 对样本 $x_j \in D$  , 其 $\epsilon$  邻域包含样本集 D 中与 $x_j$  的距离不大于  $\epsilon$  的样本;
  - 核心对象: 若样本 $x_j$ 的 $\epsilon$ 邻域至少包含MinPts个样本,则该样本点为一个核心对象;
  - 密度直达: 若样本  $x_j$  位于样本 $x_i$ 的  $\epsilon$  邻域中,且 $x_i$ 是一个核心对象,则称样本  $x_j$  由  $x_i$  密度直达;
  - 密度可达:对样本 $x_i$ 与 $x_j$ ,若存在样本序列 $p_1, p_2, \dots, p_n$ ,其中  $p_1 = x_i, p_n = x_j$ 且 $p_{i+1}$ 由 $p_i$ 密度直达,则该两样本密度可达;
  - 密度相连:对样本 $x_i$ 与 $x_j$ ,若存在样本 $x_k$ 使得两样本均由 $x_k$ 密度可达,则称该两样本密度相连。

### □ 一个例子

令MinPts = 3,则 虚线显示出  $\epsilon$  领域。  $x_1$ 是核心对象。  $x_2$ 由  $x_1$  密度直达。  $x_3$ 由  $x_1$  密度可达。

 $x_3$ 与 $x_4$ 密度相连。



- □ 对 "簇" 的定义 由密度可达关系导出的最大密度相连样本集合。
- □ 对"簇"的形式化描述

给定领域参数, 簇是满足以下性质的非空样本子集:

连接性:  $x_i \in C, x_j \in C \Rightarrow x_i \vdash x_j$  密度相连

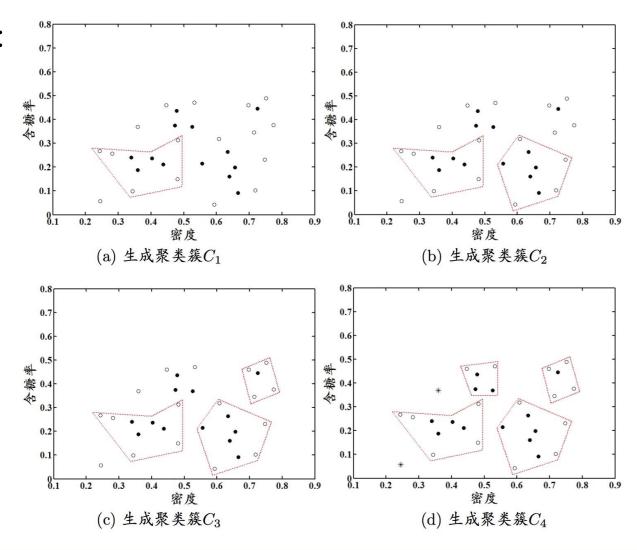
最大性:  $x_i \in C$ ,  $x_i$ 与 $x_j$ 密度可达 $\Rightarrow x_j \in C$ 

实际上,若x为核心对象,由x密度可达的所有样本组成的集合记为 $X = \{x' \in D \mid x'$ 由x密度可达 $\}$ ,则x为满足连接性与最大性的簇。

#### □ DBSCAN算法伪代码:

```
输入: 样本集D = \{x_1, x_2, \dots, x_m\};
         邻域参数(\epsilon, MinPts).
 过程:
 1: 初始化核心对象集合: \Omega = \emptyset
 2: for j = 1, ..., m do
     确定样本x_i的\epsilon-邻域N_{\epsilon}(x_i);
     if |N_{\epsilon}(\boldsymbol{x}_i)| \geq MinPts then
          将样本x_i加入核心对象集合: \Omega = \Omega \bigcup \{x_i\}
 5:
       end if
 7: end for
 8: 初始化聚类簇数: k=0
 9: 初始化未访问样本集合: \Gamma = D
10: while \Omega \neq \emptyset do
     记录当前未访问样本集合: \Gamma_{\text{old}} = \Gamma;
       随机选取一个核心对象\mathbf{o} \in \Omega, 初始化队列 Q = \langle \mathbf{o} \rangle;
      \Gamma = \Gamma \setminus \{o\};
      while Q \neq \emptyset do
14:
15:
      取出队列Q中的首个样本q;
         if |N_{\epsilon}(q)| \geq MinPts then
16:
         \diamondsuit \Delta = N_{\epsilon}(\mathbf{q}) \cap \Gamma;
17:
        将\Delta中的样本加入队列Q;
18:
      \Gamma = \Gamma \setminus \Delta;
19:
     end if
20:
21:
     end while
     k = k + 1, 生成聚类簇C_k = \Gamma_{\text{old}} \setminus \Gamma;
      \Omega = \Omega \setminus C_k
24: end while
25: return 簇划分结果
输出: 簇划分C = \{C_1, C_2, \dots, C_k\}
```

□ 聚类效果:



# 大纲

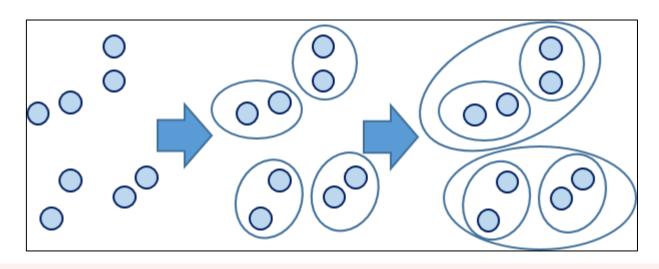
- □ 聚类任务
- □ 性能度量
- □ 距离计算
- □原型聚类
- □密度聚类
- □ 层次聚类

# 层次聚类

- □ 层次聚类试图在不同层次对数据集进行划分,从而形成树形的聚 类结构。数据集划分既可采用"自底向上"的聚合策略,也可采用 "自顶向下"的分拆策略。
- □ AGNES算法 (自底向上的层次聚类算法)

首先,将样本中的每一个样本看做一个初始聚类簇,然后在算法 运行的每一步中找出距离最近的两个聚类簇进行合并,该过程不断重 复,直到达到预设的聚类簇的个数。

这里两个聚类簇  $C_i$  和  $C_j$  的距离,可以有3种度量方式。



## 层次聚类

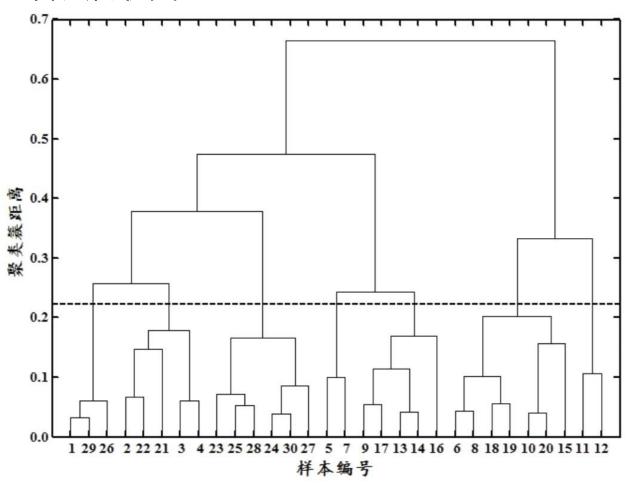
最小距离: 
$$d_{min}(C_i, C_j) = \min_{x \in C_i, z \in C_j} dist(x, z)$$

最大距离: 
$$d_{max}(C_i, C_j) = \max_{x \in C_i, z \in C_j} dist(x, z)$$

平均距离: 
$$d_{avg}(C_i, C_j) = \frac{1}{|C_i||C_j|} \sum_{x \in C_i} \sum_{z \in C_j} dist(x, z)$$

### 层次聚类 - 树状图

### □ AGNES算法树状图:



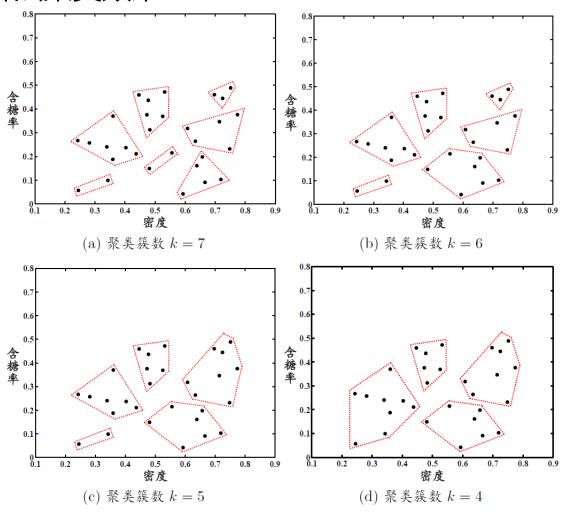
### 层次聚类 – AGNES算法

#### □ AGNES算法伪代码:

```
输入: 样本集D = \{x_1, x_2, \dots, x_m\};
       聚类簇距离度量函数d \in \{d_{\min}, d_{\max}, d_{\text{avg}}\};
       聚类簇数k.
过程:
1: for j = 1, ..., m do
 2: C_j = \{ \boldsymbol{x}_j \}
 3: end for
 4: for i = 1, ..., m do
 5: for j = i, ..., m do
6: M(i,j) = d(C_i, C_j);
 7: M(j,i) = M(i,j)
8: end for
9: end for
10: 设置当前聚类簇个数: q=m
11: while q > k do
      找出距离最近的两个聚类簇(C_{i*}, C_{i*});
     合并(C_{i^*}, C_{j^*}): C_{i^*} = C_{i^*} \bigcup C_{j^*};
      for j = j^* + 1, ..., q do
14:
      将聚类簇C_i重编号为C_{i-1}
15:
     end for
16:
      删除距离矩阵M的第j*行与第j*列;
      for j = 1, ..., q - 1 do
18:
    M(i^*,j) = d(C_{i^*},C_i);
19:
      M(j, i^*) = M(i^*, j)
20:
21:
     end for
      q = q - 1
23: end while
24: return 簇划分结果
输出: 簇划分C = \{C_1, C_2, \ldots, C_k\}
```

### 层次聚类

### □ AGNES算法聚类效果:



# 学了聚类可以做什么?

