



Clustering

© Fernando Berzal, berzal@acm.org

Clustering



- Introducción
- Medidas de similitud
 - Para atributos continuos: Métricas de distancia.
 - Para atributos no continuos, p.ej. distancia de edición.
- Métodos de agrupamiento
 - Clustering basado en particiones: K-Means
 - Clustering basado en densidad: DBSCAN
 - Clustering jerárquico
 - Clustering en subespacios: CLIQUE
- Evaluación de resultados
- Validación de resultados
- Teorema de imposibilidad



Introducción



Agrupamiento [clustering]



Modelo

Descriptivo.



Objetivo

Clasificación no supervisada de observaciones (patrones, casos o ejemplos) en grupos (clusters).



Datos

Numéricos o categóricos (con medidas de similitud).



Variantes y extensiones Detección de comunidades...



Introducción



"Sinónimos" según el contexto...

- Clustering (IA)
- Aprendizaje no supervisado (IA)
- Ordenación (Psicología)
- Segmentación (Marketing)

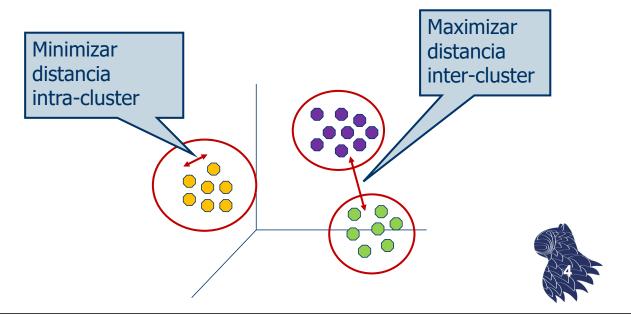


Introducción



Objetivo

Encontrar agrupamientos de tal forma que los objetos de un grupo sean similares entre sí y diferentes de los objetos de otros grupos [*clusters*].



Introducción

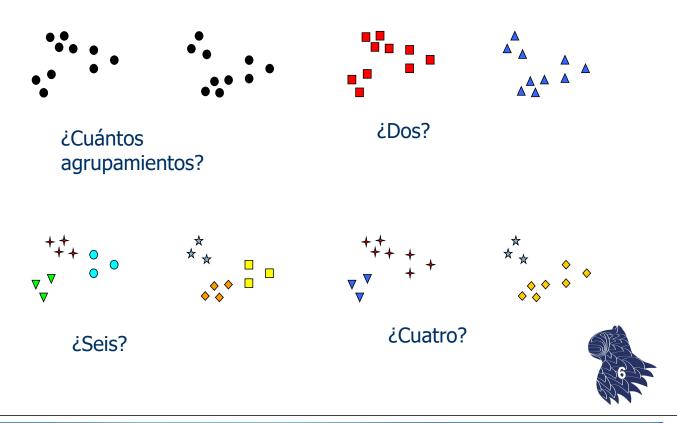


- Aprendizaje no supervisado: No existen clases predefinidas.
- Los resultados obtenidos dependerán de:
 - El algoritmo de agrupamiento seleccionado.
 - El conjunto de datos disponible.
 - La medida de similitud utilizada para comparar objetos (usualmente, definida como medida de distancia).



Introducción





Introducción



Aplicaciones

- Reconocimiento de formas.
- Mapas temáticos (GIS)
- Marketing: Segmentación de clientes
- Clasificación de documentos
- Análisis de web logs (patrones de acceso similares)
- **...**

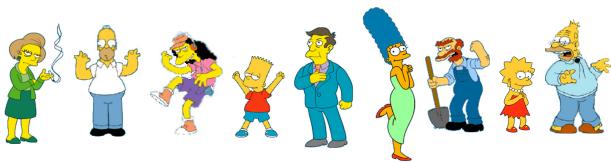
También se usa como paso previo a otras técnicas de Minería de Datos:

- Exploración de datos (segmentación & outliers)
- Preprocesamiento (p.ej. reducción de datos)

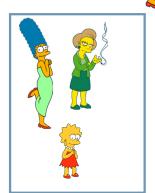




¿Cuál es la forma natural de agrupar los personajes?



Mujeres vs. Hombres







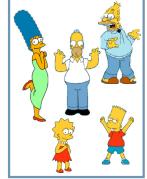
Medidas de similitud



¿Cuál es la forma natural de agrupar los personajes?



Simpsons vs. Empleados de la escuela de Springfield

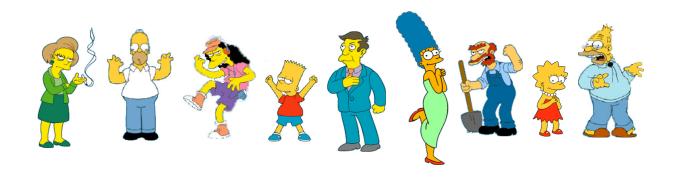








¿Cuál es la forma natural de agrupar los personajes?



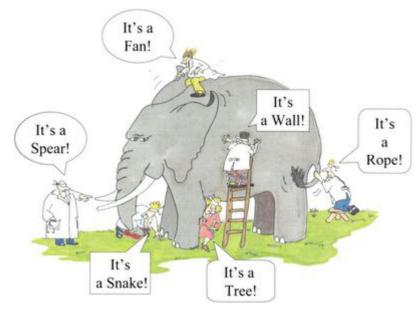
iii El clustering es subjetivo !!!



Medidas de similitud



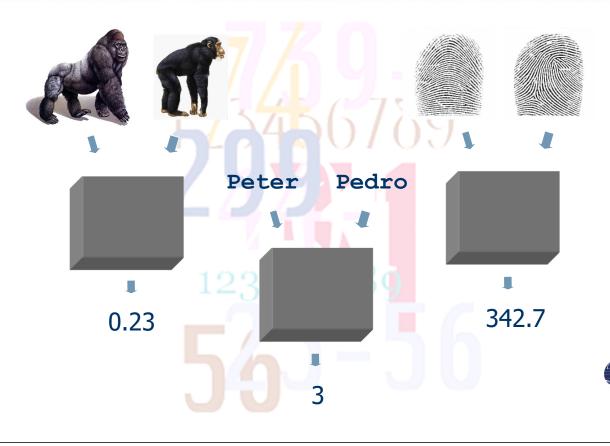
Diferentes perspectivas...



En la práctica, hay que ofrecer alternativas (identificando sus posibles pros y contras)







Medidas de similitud



	id	sexo	fechnac	educ	catlab	salario	salini	T.emp	expprev	minoría
	121	Mujer	6-ago-1936	15	Administrativo	\$18.750	\$10.500	90	54	No
	122	Mujer	26-sep-1965	15	Administrativo	\$32.550	\$13.500	90	22	No
Grupo 1	123	Mujer	24-abr-1949	12	Administrativo	\$33.300	\$15.000	90	3	No
	124	Mujer	29-may-1963	16	Administrativo	\$38.550	\$16.500	90	Ausente	No
1	125	Hombre	6-ago-1956	12	Administrativo	\$27.450	\$15.000	90	173	Sí
Grupo 2	126	Hombre	21-ene-1951	15	Seguridad	\$24.300	\$15.000	90	191	Sí
orupo 2	127	Hombre	1-sep-1950	12	Seguridad	\$30.750	\$15.000	90	209	Sí
———	128	Mujer	25-jul-1946	12	Administrativo	\$19.650	\$9.750	90	229	Sí
Grupo 3	129	Hombre	18-jul-1959	17	Directivo	\$68.750	\$27.510	89	38	No
	130	Hombre	6-sep-1958	20	Directivo	\$59.375	\$30.000	89	6	No
•	131	Hombre	8-feb-1962	15	Administrativo	\$31.500	\$15.750	89	22	No
-	132	Hombre	17-may-1953	12	Administrativo	\$27.300	\$17.250	89	175	No
	133	Hombre	12-sep-1959	15	Administrativo	\$27.000	\$15.750	89	87	No

NOTA: No será posible que todas las variables tengan valores similares en un mismo grupo, por lo que habrá que usar una medida global de semejanza entre los elementos de un mismo grupo.





id	sexo	fechnac	educ	catlab	salario	salini	T.emp	expprev	minoría
121	Mujer	6-ago-1936	15	Administrativo	\$18.750	\$10.500	90	54	No
122	Mujer	26-sep-1965	15	Administrativo	\$32.550	\$13.500	90	22	No
123	Mujer	24-abr-1949	12	Administrativo	\$33.300	\$15.000	90	3	No

A la hora de calcular la similitud entre dos objetos:

- No tienen por qué utilizarse todos los atributos disponibles en nuestro conjunto de datos.
- Hay que tener cuidado con las magnitudes de cada variable.



Medidas de similitud



Atributos continuos

Para evitar que unas variables dominen sobre otras, los valores de los atributos se "normalizan" a priori:

Desviación absoluta media:

$$s_f = \frac{1}{n}(|x_{1f} - m_f| + |x_{2f} - m_f| + \dots + |x_{nf} - m_f|)$$

$$m_f = \frac{1}{n}(x_{1f} + x_{2f} + \dots + x_{nf}).$$

z-score (medida estandarizada): $z_{if} = \frac{x_{if} - m_f}{s_f}$





Usualmente, se expresan en términos de distancias:

nos indica que el objeto i es más parecido a k que a j

La definición de la métrica de similitud/distancia será distinta en función del tipo de dato y de la interpretación semántica que nosotros hagamos.

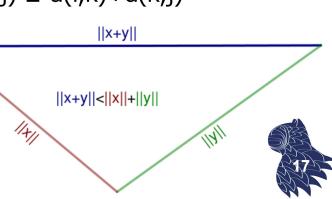


Medidas de similitud



Se suelen usar medidas de distancia (a.k.a. métricas) que verifican las siguientes propiedades:

- Propiedad reflexiva d(i,j) = 0 si y sólo si i=j
- Propiedad simétrica d(i,j) = d(j,i)
- Desigualdad triangular $d(i,j) \le d(i,k)+d(k,j)$





Métricas de distancia:

Distancia de Minkowski

$$d_r(x,y) = \left(\sum_{j=1}^{J} |x_j - y_j|^r\right)^{\frac{1}{r}}, \quad r \ge 1$$

Distancia de Manhattan (r=1) / city block / taxicab / L₁

$$d_1(x,y) = \sum_{j=1}^{J} |x_j - y_j|$$

Distancia euclídea (r=2) / L₂

$$d_2(x,y) = \sqrt{\sum_{j=1}^{J} (x_j - y_j)^2}$$

Distancia de Chebyshev (r→∞) / dominio / chessboard

$$d_{\infty}(x,y) = \max_{j=1..J} |x_j - y_j|$$

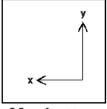


Medidas de similitud

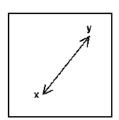


Métricas de distancia:

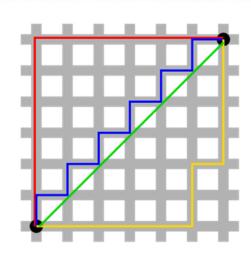
Distancia de Minkowski



Manhattan



Euclidean



- Distancia de Manhattan = 12
- Distancia euclídea ≈ 8.5
- > Distancia de Chebyshev = 6

(roja, azul o amarilla)

(verde - continua)

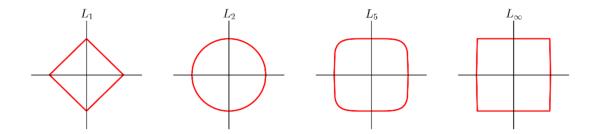
(verde - discreta)





Métricas de distancia:

Distancia de Minkowski



Puntos a la misma distancia del origen en función de la métrica utilizada

- Distancia de Manhattan, L₁
- Distancia euclídea, L₂
- $\,\,\,\,\,\,\,\,\,$ Distancia de Chebyshev, L $_{\!\scriptscriptstyle \infty}$



Medidas de similitud

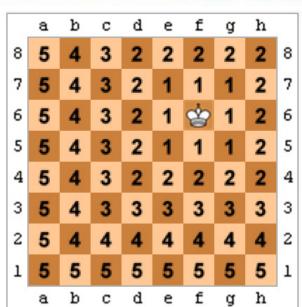


Métricas de distancia:

Distancia de Chebyshev

$$d_{\infty}(x,y) = \max_{j=1..J} |x_j - y_j|$$

También conocida como distancia de tablero de ajedrez (chessboard distance): Número de movimientos que el rey ha de hacer para llegar de una casilla a otra en un tablero de ajedrez.





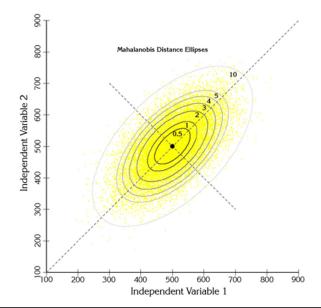


Métricas de distancia:

Distancia de Mahalanobis

$$d(\vec{x},\vec{y}) = \sqrt{(\vec{x}-\vec{y})^T \Sigma^{-1} (\vec{x}-\vec{y})}.$$

- Considera las correlaciones entre variables.
- No depende de la escala de medida.





Medidas de similitud



Métricas de distancia para atributos no continuos:

Distancia de edición = Distancia de Levenshtein

Número de operaciones necesario para transformar una cadena en otra.



Aplicaciones: Correctores ortográficos, reconocimiento de voz, detección de plagios, análisis de ADN...

Para datos binarios: Distancia de Hamming





Métricas de distancia para atributos no continuos:

Coincidencias en vectores binarios

Número de coincidencias en un vector binario de características:

$$x = 1000000000$$
 $f_{00} = 7$ $f_{01} = 2$
 $y = 0000001001$ $f_{10} = 1$ $f_{11} = 0$

SMC [Simple Matching Coefficient]

= coincidencias / atributos

SMC =
$$(f_{11} + f_{00}) / (f_{01} + f_{10} + f_{11} + f_{00}) = 7 / 10 = 0.7$$

J [Jaccard Coefficient]

= presencias coincidentes / atributos presentes

$$J = f_{11} / (f_{01} + f_{10} + f_{11}) = 0 / 3 = 0.0$$



Medidas de similitud



Métricas de similitud para atributos no continuos:

Modelos basados en Teoría de Conjuntos

Modelo de Tversky

$$s(a,b) = \theta f(A \cap B) - \alpha f(A - B) - \beta f(B - A),$$
donde $\theta, \alpha, \beta \ge 0$

Modelo de Restle

$$-S_{Restle}(A, B) = |A \square B|$$

$$-S_{\square}(A, B) = \sup_{x} \mu_{A \square B}(x)$$

Intersección

$$S_{MinSum}(A, B) = |A \cap B|$$
$$-S_{Enta}(A, B) = 1 - \sup_{x} \mu_{A \cap B}(x)$$





Métricas de similitud para atributos no continuos:

Modelos basados en Teoría de Conjuntos

Modelo proporcional

$$s(a,b) = \frac{f(A\cap B)}{f(A\cap B) + \alpha f(A-B) + \beta f(B-A)}$$
 donde $\alpha,\beta\geq 0$

Modelo de Gregson = Coeficiente de Jaccard

$$S_{Gregson}(A, B) = \frac{|A \cap B|}{|A \cup B|}$$

Distancia de Tanimoto

$$T(S_1, S_2) = \frac{|S_1| + |S_2| - 2|S_1 \cap S_2|}{|S_1| + |S_2| - |S_1 \cap S_2|}$$



Medidas de similitud



Otras medidas de similitud:

Modelos basados en Teoría de la Información Entropía

$$H(X) = -\sum_{i=1}^{n} p_i \log_2 p_i$$

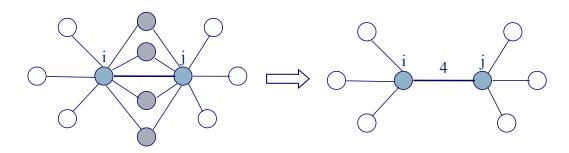
- Información mutua: I(X,Y) = H(X) + H(Y) H(X,Y)donde entropía conjunta $H(X,Y) = -\sum_{i} \sum_{j} p_{ij} \log_2 p_{ij}$
- MIC [Maximal Information Coefficient] Reshef et al.: "Detecting novel associations in large data sets." Science 334(6062):1518-1524, 2011.





Otras medidas de similitud:

Vecinos compartidos



"Mutual Neighbor Distance"

$$MND(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j) = NN(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j) + NN(\mathbf{x}_j, \mathbf{x}_i),$$

donde $NN(x_i,x_j)$ es el número de vecino de x_j con respecto a x_i



Medidas de similitud

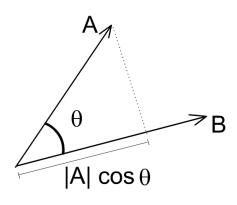


Otras medidas de similitud:

Medidas de correlación

Producto escalar

$$S_{\cdot}(x,y) = x \cdot y = \sum_{j=1}^{J} x_j y_j$$



Medida del coseno [cosine similarity]

$$\cos(\vec{x}, \vec{y}) = \sum_i \frac{x_i \cdot y_i}{\sqrt{\sum_i x_i^2} \cdot \sqrt{\sum_i y_i^2}}$$

Coeficiente de Tanimoto

$$s(\vec{X}, \vec{Y}) = \frac{\vec{X}^t \cdot \vec{Y}}{\vec{X}^t \cdot \vec{X} + \vec{Y}^t \cdot \vec{Y} - \vec{X}^t \cdot \vec{Y}},$$





El comportamiento de las distintas medidas es diferente frente a transformaciones en las variables:

Propiedad	Distancia euclídea	Distancia del coseno	Coeficiente de correlación	
Invarianza de escala (multiplicación)	No	Sí	Sí	
Invarianza de traslación (suma)	No	No	Sí	

EJEMPLO

$$x = (1, 2, 4, 3, 0, 0, 0)$$

 $y = (1, 2, 3, 4, 0, 0, 0)$
 $ys = y * 2$ (versión escalada)
 $yt = y + 5$ (versión trasladada)

Medida	(x , y)	(x , y _s)	(x, y_t)
Distancia ecuclídea	1.4142	5.8310	14.2127
Distancia del coseno	0.9667	0.9667	0.7940
Coeficiente de correlación	0.9429	0.9429	0.9429



Medidas de similitud



En función del tipo de variable:

- Las distancias se utilizan con variables continuas (pueden usarse con valores enteros e incluso ordinales asimilables a enteros, pero con cuidado).
- Los índices de semejanza son adecuados cuando se trabaja con factores binarios y pueden utilizarse con variables nominales no ordinales transformándolas en un conjunto de factores binarios.
- Cuando se trata de valores nominales, se pueden utilizar relaciones de semejanza previas (p.ej. difusas).



Puede ser problemático mezclar enfoques directamente cuando se tienen varios tipos de variables.

Hay que establecer combinaciones de distancias y/o semejanzas convenientemente normalizadas.

Preparación de datos y selección de medida de similitud son cruciales en los problemas de agrupamiento.

Normalmente, es un proceso largo de ensayo y error.



Métodos de agrupamiento



Tipos de algoritmos de clustering:

- Agrupamiento por particiones k-Means, CLARANS
- Métodos basados en densidad DBSCAN
- Clustering jerárquico
 BIRCH, ROCK, CHAMELEON



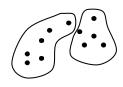
Métodos de agrupamiento

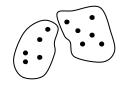


Clustering por particiones (suele fijarse k)

Grupos disjuntos







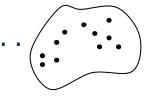
Clustering jerárquico (no se fija k)

Jerarquía de agrupamientos anidados









Se obtiene como resultado final un conjunto de agrupamientos.

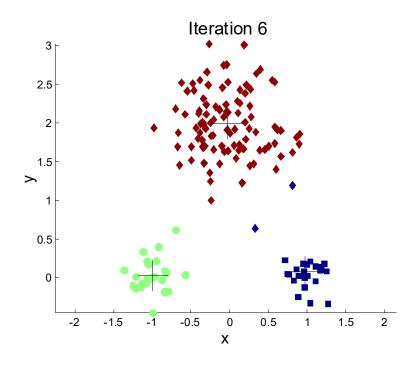


k-Means



- Algoritmo de agrupamiento por particiones.
- Número de clusters conocido (k).
- Cada cluster tiene asociado un centroide (centro geométrico del cluster).
- Los puntos se asignan al cluster cuyo centroide esté más cerca (utilizando cualquier métrica de distancia).
- Iterativamente, se van actualizando los centroides en función de las asignaciones de puntos a clusters, hasta que los centroides dejen de cambiar.

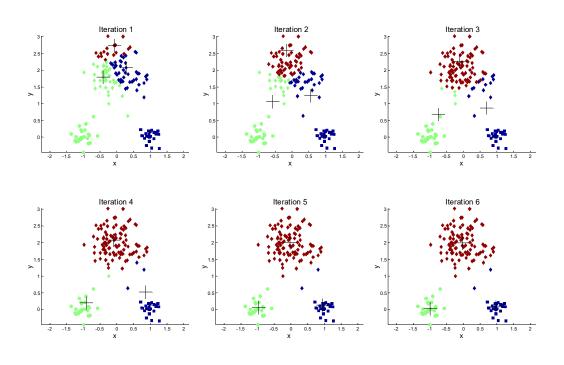






k-Means









Inicialización

- Escoger k centroides aleatoriamente (hay métodos más sofisticados).
- Formar k grupos,
 asignando cada punto al centroide más cercano

Proceso iterativo

Mientras que los centroides cambien:

- Calcular las distancias de todos los puntos a los k centroides.
- Formar k grupos, asignando cada punto al centroide más cercano.
- Recalcular los nuevos centroides.



k-Means



Complejidad

n = número de puntos,

k = número de clusters,

I = número iteraciones,

d = número de atributos

Problema NP si k no se fija.

Ahora bien, si fijamos los parámetros n, k, d, I:

O(n*k*I*d)





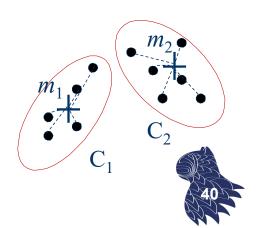
¿Cómo se recalculan los centroides?

Partiendo de k grupos de puntos, cada grupo determinará un nuevo centroide m_i.

Se elige una medida global (función objetivo)

$$SSE = \sum_{i=1}^{K} \sum_{x \in C_i} d^2(m_i, x)$$

Se escogen los valores de m_i que minimizan dicha función.



k-Means



¿Cómo se recalculan los centroides?

$$SSE = \sum_{i=1}^{K} \sum_{x \in C_i} d^2(m_i, x)$$

 Cuando se utiliza la distancia euclídea,
 SSE se minimiza usando la media aritmética (por cada atributo o variable)

$$x_a = (0.4, 0.6, 0.6, 0.7)$$

 $x_b = (0.3, 0.2, 0.1, 0.4)$
 $x_c = (0.3, 0.2, 0.2, 0.4)$
 $m_1 = (0.33, 0.33, 0.3, 0.5)$

- Cuando se emplea la distancia de Manhattan,
 SSE se minimiza usando la mediana.
- La media funciona bien con muchas distancias (por ejemplo, cualquier divergencia de Bregman).

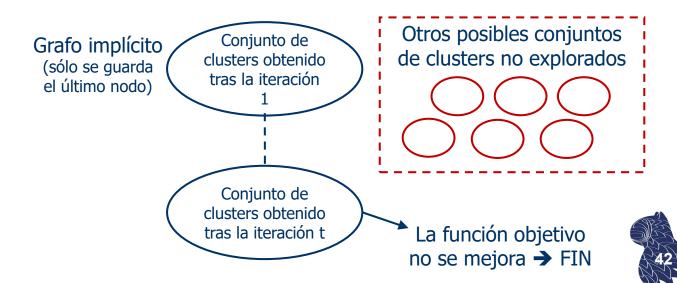




Estrategia de control en la búsqueda:

Ascensión de colinas por la máxima pendiente

Después de cada iteración, no se recuerda el estado para volver atrás y probar otros posibles centroides.



k-Means



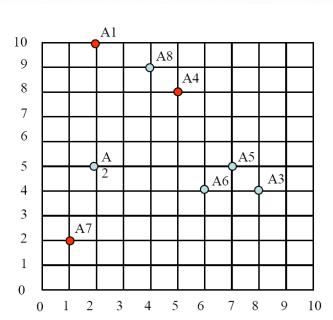
Ejercicio

Agrupar los 8 puntos de la figura en 3 clusters usando el algoritmo de las K medias.

Centroides iniciales: A1, A7 y A8

Métricas de distancia:

- Distancia euclídea.
- Distancia de Manhattan.
- Distancia de Chebyshev.







Ejercicio resuelto

Distancia euclídea

	A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8
A1	0	$\sqrt{25}$	$\sqrt{36}$	$\sqrt{13}$	$\sqrt{50}$	$\sqrt{52}$	$\sqrt{65}$	$\sqrt{5}$
A2		0	$\sqrt{37}$	$\sqrt{18}$	$\sqrt{25}$	$\sqrt{17}$	$\sqrt{10}$	$\sqrt{20}$
A3			0	$\sqrt{25}$	$\sqrt{2}$	$\sqrt{2}$	$\sqrt{53}$	$\sqrt{41}$
A4				0	$\sqrt{13}$	$\sqrt{17}$	$\sqrt{52}$	$\sqrt{2}$
A5					0	$\sqrt{2}$	$\sqrt{45}$	$\sqrt{25}$
A6						0	$\sqrt{29}$	$\sqrt{29}$
A7							0	√58
A8								0

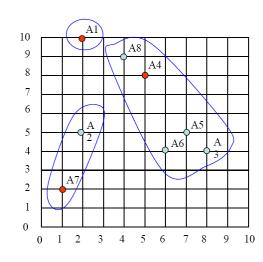


k-Means

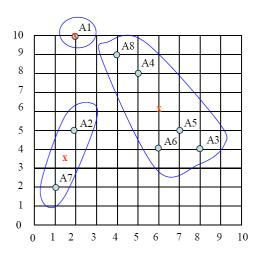


Ejercicio resuelto

Distancia euclídea



Primera iteración



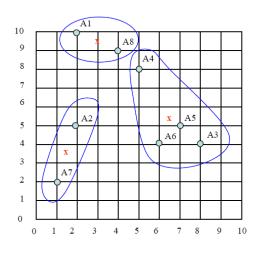
Segunda iteración

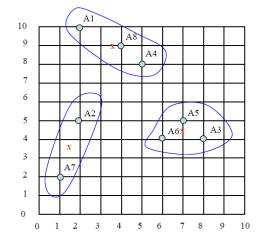




Ejercicio resuelto

Distancia euclídea





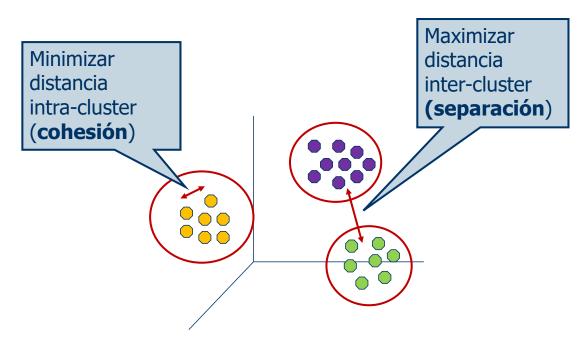
Tercera iteración

Configuración final



Evaluación de resultados



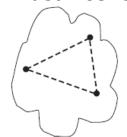


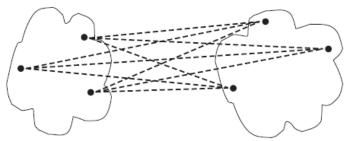




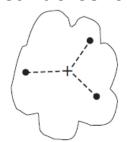
Formas de medir cohesión y separación:

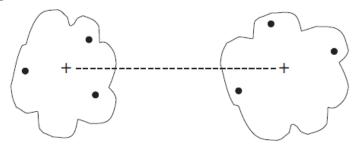
Sin usar centroides:





Usando centroides:







Evaluación de resultados



Cuando la distancia utilizada es la distancia euclídea:

1. El uso de centroides no influye al medir la cohesión:

$$\sum_{x \in C_i} dist^2(m_i, x) = \frac{1}{2(\#C_i)} \sum_{x \in C_i} \sum_{y \in C_i} dist^2(x, y)$$

$$SSE = \sum_{i=1}^K \sum_{x \in C_i} dist^2(m_i, x) = \sum_{i=1}^K \frac{1}{2(\#C_i)} \sum_{x \in C_i} \sum_{x \in C_i} dist^2(x, y)$$

 Minimizar cohesión y maximizar separación son equivalentes.





Así pues, cuando se usa la distancia euclídea, SSE es una buena medida del grado de ajuste (cohesión y separación) de los centroides hallados.

$$SSE = \sum_{i=1}^{K} \sum_{x \in C_i} d^2(m_i, x)$$

Por otro lado, ya sabíamos que, en cada iteración del algoritmo de las k-medias, se minimizaba SSE al calcular los centroides usando la media aritmética.

¿Garantiza lo anterior que los centroides finales sean los que minimicen SSE globalmente? NO

Evaluación de resultados



Cuando usamos la distancia euclídea, el centroide determinado en cada iteración por el vector de medias garantiza la mejor solución con respecto a SSE, pero considerando:

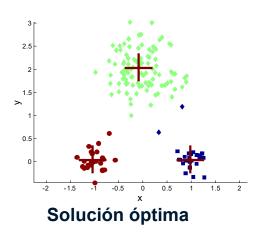
- un valor de k fijo, y
- los centroides dados por la iteración anterior.

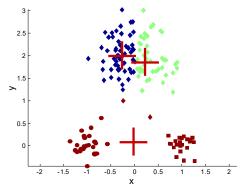
La solución final no será la óptima:

El algoritmo de las k medias **no garantiza** que los centroides finales obtenidos sean los que minimizan globalmente la función objetivo SSE.







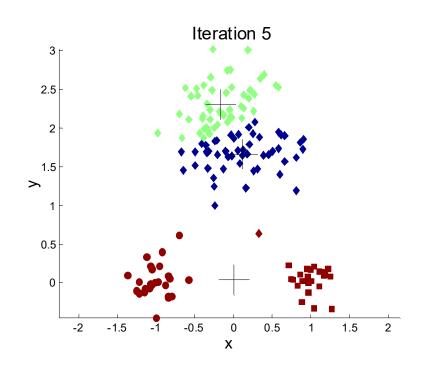


Posible resultado proporcionado por k-means **Óptimo local**



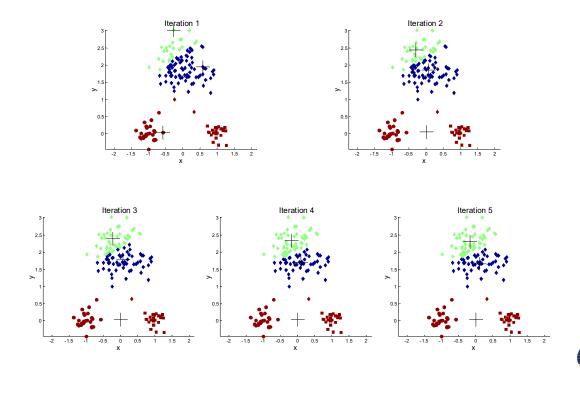
Evaluación de resultados









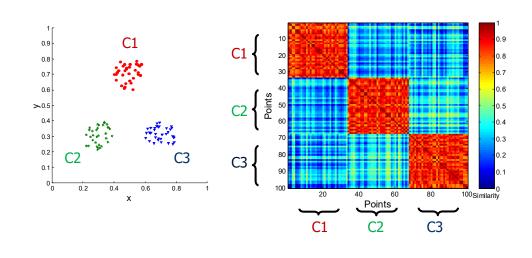


Evaluación de resultados



Matriz de similitud

Ordenamos los datos en la matriz de similitud con respecto a los clusters en los que quedan los datos e inspeccionamos visualmente...

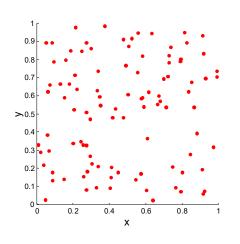


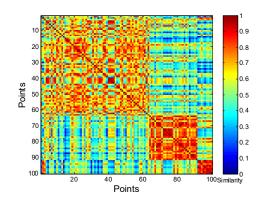


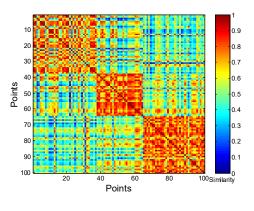


Problema

Incluso en datos aleatorios, si nos empeñamos, encontramos clusters: DBSCAN (arriba) y k-Means (abajo)





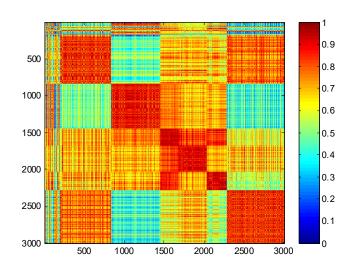


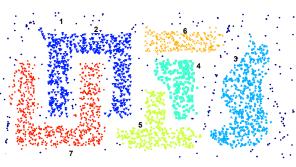


Evaluación de resultados



Matriz de similitud DBSCAN









Problema

Sensible a la elección inicial de los centroides.

Posibles soluciones

- Realizar varias ejecuciones con varios conjuntos de centroides iniciales y comparar resultados (GRASP).
- Estimar a priori unos buenos centroides:
 - Métodos específicos: k-means++
 - Escoger una muestra y aplicar un método jerárquico

k-Means



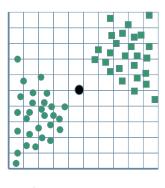
Problema

Hay que elegir a priori el valor de k (a priori, no sabemos cuántos grupos puede haber).

Posibles soluciones

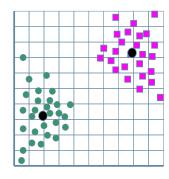
- Usar un método jerárquico sobre una muestra de los datos (por eficiencia) para estimar el valor de k.
- Usar un valor de k alto, ver los resultados y ajustar. Siempre que se aumente el valor de k, disminuirá el valor SSE. Lo normal será ir probando con varios valores de k y comprobar cuándo no hay una mejora significativa en SSE.





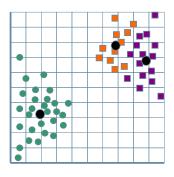
$$k = 1$$

SSE = 873.0



$$k = 2$$

SSE = 173.1

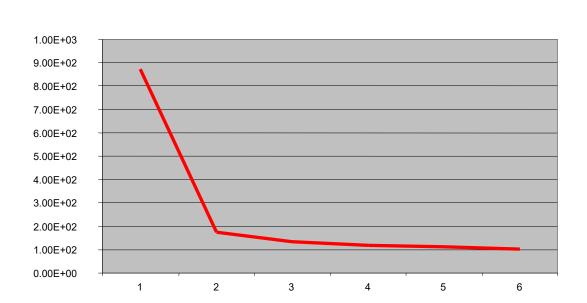


$$k = 3$$

SSE = 133.6



k-Means



El codo en k=2 sugiere que éste es el valor más adecuado para el número de agrupamientos.





Problema

Cuando se usan la media para calcular los centroides, el método es sensible a outliers (valores anómalos).

Posibles soluciones

- Usar medianas en vez de medias (aun con la distancia euclídea).
- Eliminar previamente los outliers.
 iOjo! Los outliers pueden ser valores interesantes
- Usar k-medoids: En vez de usar el vector de medias como centroide, se usa el vector correspondiente a un dato real (un representante).



k-Means



Problema

Manejo de atributos no numéricos.

Posibles soluciones

 Extender la medida de similitud para que incluya atributos nominales, p.ej.

$$d(a,b) = 1$$
 si $a=b$, 0 en otro caso

Elegir como representante en el centroide la moda de los datos asignados a dicho cluster (método k-mode).





Problema

K-Means no funciona bien cuando los clusters son:

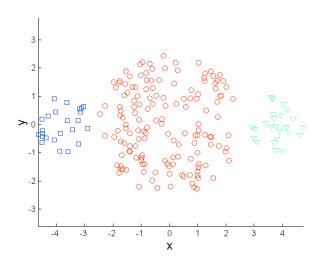
- de distinto tamaño
- de diferente densidad
- no convexos



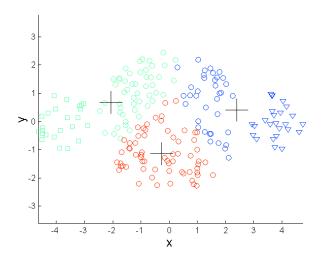
k-Means



Clusters de distinto tamaño



Puntos originales

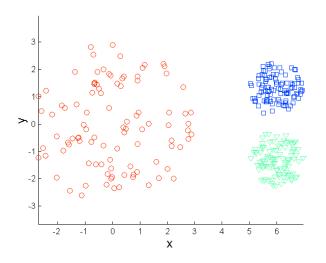


k-Means (3 clusters)

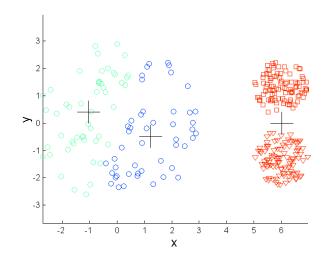




Clusters de distinta densidad



Puntos originales



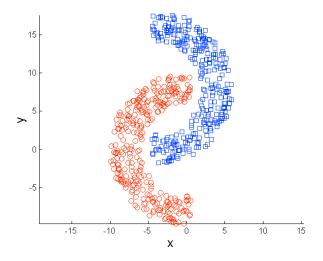
k-Means (3 clusters)



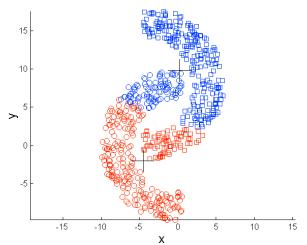
k-Means



Clusters no convexos



Puntos originales



k-Means (2 clusters)





Problema

K-Means no funciona bien cuando los clusters son:

- de distinto tamaño
- de diferente densidad
- no convexos

Posibles soluciones

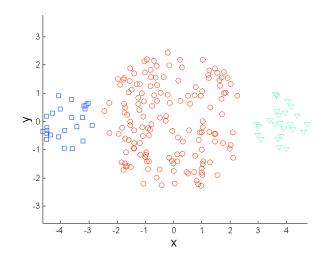
- Métodos ad-hoc.
- Usar un valor de k alto y revisar los resultados.
- "Spectral clustering"

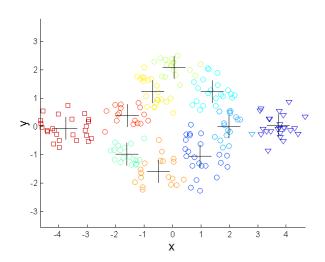


k-Means



Clusters de distinto tamaño

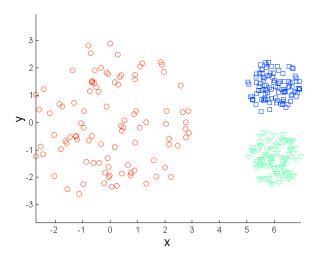


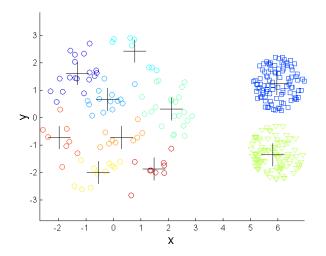






Clusters de distinta densidad



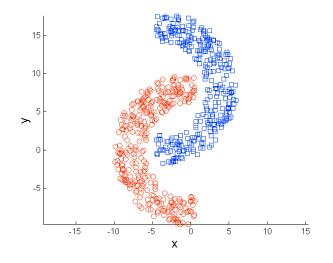


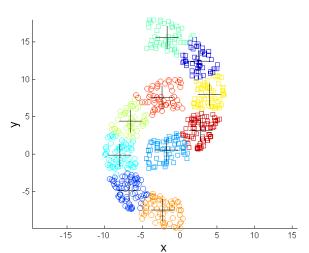


k-Means



Clusters no convexos







k-Means



Pre-procesamiento

- Normalizar los datos.
- Detectar outliers (eliminarlos, en su caso).

Post-procesamiento

- Eliminar pequeños clusters que puedan representar outliers.
- Dividir clusters dispersos ('loose' clusters); esto es, clusters con un SSE relativamente alto.
- Combinar clusters cercanos que tengan un SSE relativamente bajo.

NOTA: Estos criterios se pueden incluir en el propio algoritmo de clustering (p.ej. algoritmo ISODATA).



k-Means



Variantes

- GRASP [Greedy Randomized Adaptive Search Procedure] para evitar óptimos locales.
- k-Modes (Huang'1998) utiliza modas en vez de medias (para poder trabajar con atributos de tipo categórico).
- k-Medoids utiliza medianas en vez de medias para limitar la influencia de los outliers.
 - vg. PAM (Partitioning Around Medoids, 1987) CLARA (Clustering LARge Applications, 1990) CLARANS (CLARA + Randomized Search, 1994)



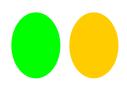


Métodos basados en densidad

- Un cluster en una región densa de puntos, separada por regiones poco densas de otras regiones densas.
- Útiles cuando los clusters tienen formas irregulares, están entrelazados o hay ruido/outliers en los datos.









DBSCAN



Métodos basados en densidad

Criterio de agrupamiento local: **Densidad de puntos**

Regiones densas de puntos separadas de otras regiones densas por regiones poco densas.

Características

- Identifican clusters de formas arbitrarias.
- Robustos ante la presencia de ruido.
- Escalables: Un único recorrido del conjunto de datos





Algoritmos basados en densidad

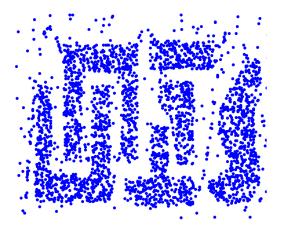
- DBSCAN: Density Based Spatial Clustering of Applications with Noise (Ester et al., KDD'1996)
- OPTICS: Ordering Points To Identify the Clustering Structure (Ankerst et al. SIGMOD'1999)
- **DENCLUE**: DENsity-based CLUstEring (Hinneburg & Keim, KDD'1998)
- CLIQUE: Clustering in QUEst (Agrawal et al., SIGMOD'1998)
- **SNN** (Shared Nearest Neighbor) density-based clustering (Ertöz, Steinbach & Kumar, SDM'2003)

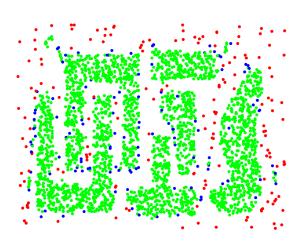


DBSCAN



Detecta regiones densas de puntos separadas de otras regiones densas por regiones poco densas:





Parámetros: Epsilon = 10, MinPts = 4

Puntos: **core** (cluster), **border** (frontera) y **noise** (ruido)

Eficiencia: O(n log n)





O (n * tiempo necesario para encontrar los vecinos a distancia Epsilon)

- En el peor caso, O (n²)
- Si no hay demasiadas dimensiones, se pueden emplear estructuras de datos para encontrar los vecinos más cercanos, p.ej. R*trees, k-d trees...

O(nlogn)

También se pueden paralelizar...



DBSCAN



Ejercicio

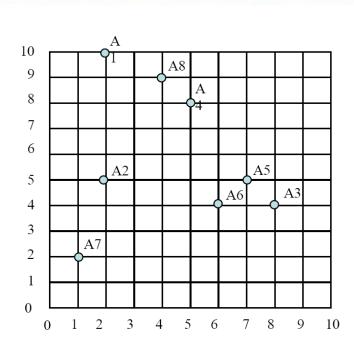
Agrupar los 8 puntos de la figura utilizando el algoritmo DBSCAN.

Número mínimo de puntos en el "vecindario":

MinPts = 2

Radio del "vecindario":

Epsilon $\sqrt{2} \Rightarrow \sqrt{10}$







Ejercicio resuelto

Distancia euclídea

	A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8
A1	0	$\sqrt{25}$	$\sqrt{36}$	$\sqrt{13}$	$\sqrt{50}$	$\sqrt{52}$	$\sqrt{65}$	$\sqrt{5}$
A2		0	$\sqrt{37}$	$\sqrt{18}$	$\sqrt{25}$	$\sqrt{17}$	$\sqrt{10}$	$\sqrt{20}$
A3			0	$\sqrt{25}$	$\sqrt{2}$	$\sqrt{2}$	$\sqrt{53}$	$\sqrt{41}$
A4				0	$\sqrt{13}$	$\sqrt{17}$	$\sqrt{52}$	$\sqrt{2}$
A5					0	$\sqrt{2}$	$\sqrt{45}$	$\sqrt{25}$
A6						0	$\sqrt{29}$	$\sqrt{29}$
A7							0	√58
A8								0



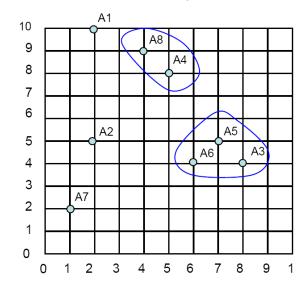
DBSCAN



Ejercicio resuelto

Epsilon =
$$\sqrt{2}$$

A1, A2 y A7 no tienen vecinos en su vecindario, por lo que se consideran "outliers" (no están en zonas densas):



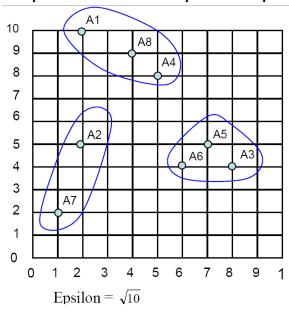




Ejercicio resuelto

Epsilon = $\sqrt{10}$

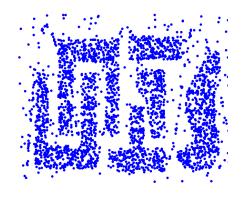
Al aumentar el valor del parámetro Epsilon, el vecindario de los puntos aumenta y todos quedan agrupados:

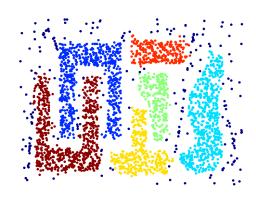




DBSCAN





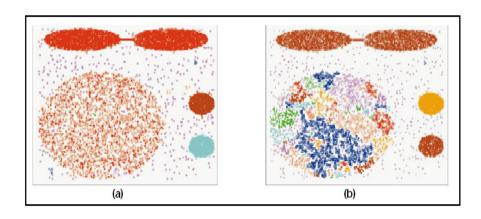


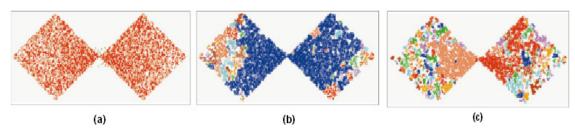
Clusters



DBSCAN... cuando funciona bien :-)





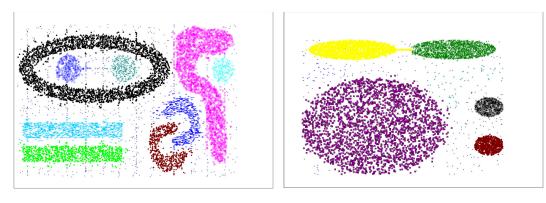


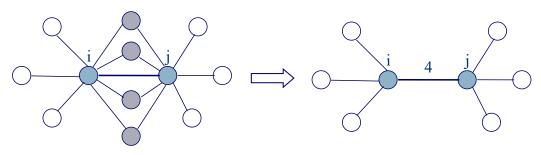
DBSCAN... cuando no funciona :-(



DBSCAN++



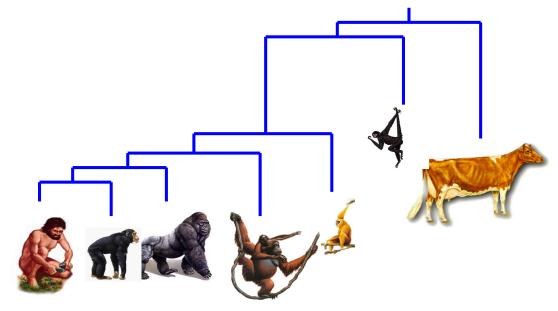




SNN density-based clustering... O(n²)



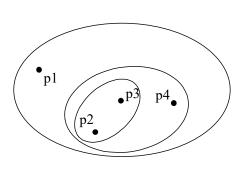




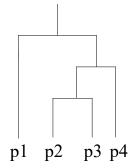
DENDROGRAMA: La similitud entre dos objetos viene dada por la "altura" del nodo común más cercano.

Clustering jerárquico

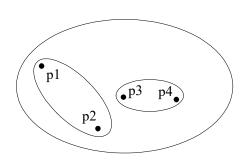




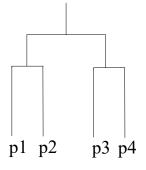
Tradicional



DENDROGRAMA

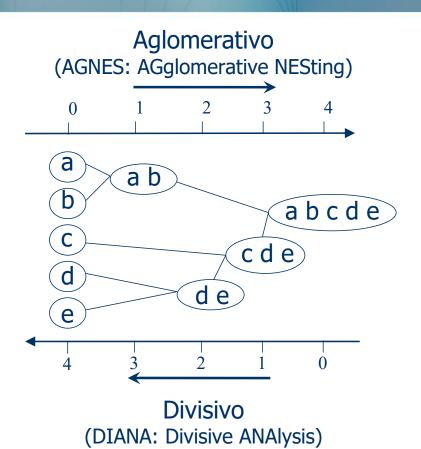


No tradicional











Clustering jerárquico



Dos tipos de técnicas de clustering jerárquico

Técnicas aglomerativas

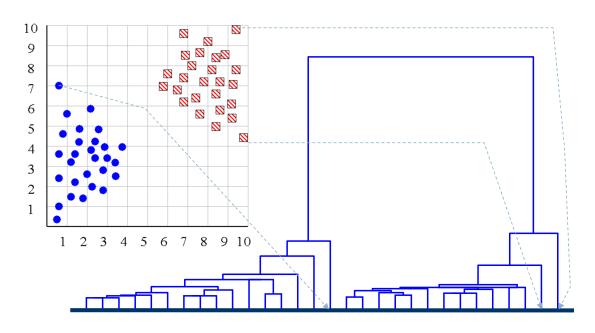
- Comenzar con cada caso como cluster individual.
- En cada paso, combinar el par de clusters más cercano hasta que sólo quede uno (o k).

Técnicas divisivas

- Comenzar con un único cluster que englobe todos los casos de nuestro conjunto de datos.
- En cada paso, partir un cluster hasta que cada cluster contenga un único caso (o queden k clusters).



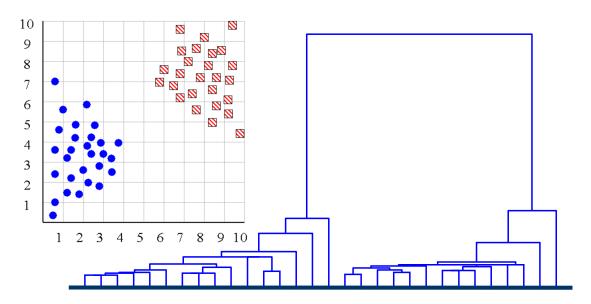






Clustering jerárquico





El **dendrograma** nos puede ayudar a determinar el número adecuado de agrupamientos (aunque normalmente no será tan fácil).

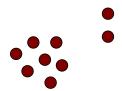




Ejemplo

Construir el correspondiente dendrograma.

¿Cuál es el número ideal de clusters?





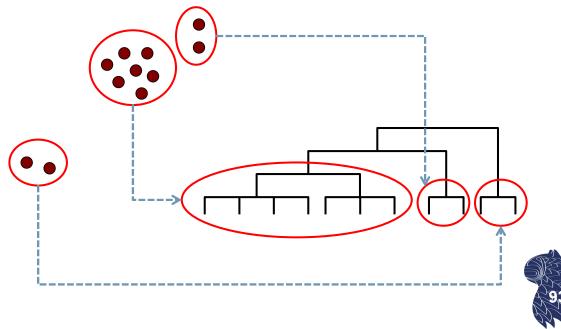
Clustering jerárquico



Ejemplo

Construir el correspondiente dendrograma.

¿Cuál es el número ideal de clusters?

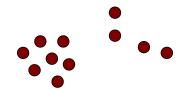




Ejemplo

Construir el correspondiente dendrograma.

¿Cuál es el número ideal de clusters?





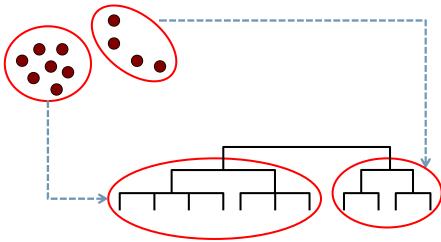
Clustering jerárquico



Ejemplo

Construir el correspondiente dendrograma.

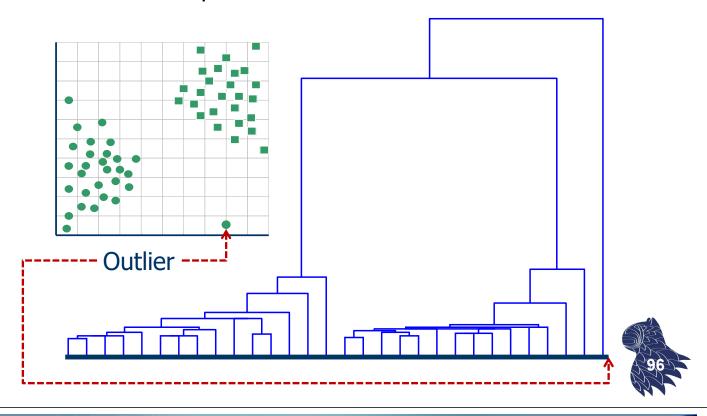
¿Cuál es el número ideal de clusters?







Detección de la presencia de outliers:



Clustering jerárquico



Algoritmo básico (aglomerativo)

Calcular la matriz de similitud/distancias Inicialización: Cada caso, un clúster Repetir

Combinar los dos clústers más cercanos Actualizar la matriz de similitud/distancias hasta que sólo quede un clúster

Estrategia de control irrevocable (greedy):
 Cada vez que se unen dos clusters,
 no se reconsidera otra posible unión.

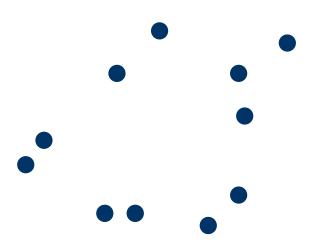


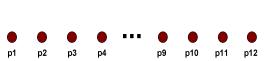


Inicialización:

Clusters de casos individuales y matriz de distancias

	р1	p2	р3	p4	р5	
p1						
p2						
рЗ						
р4						
р5						



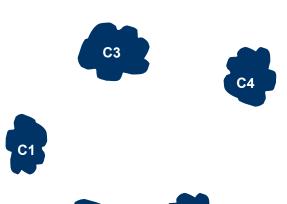




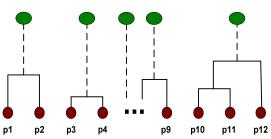
Clustering jerárquico



Tras varias iteraciones: Varios clusters...



\Box	C1	C2	C3	C4	C5
C1					
C2					
СЗ					
C4					
C5					







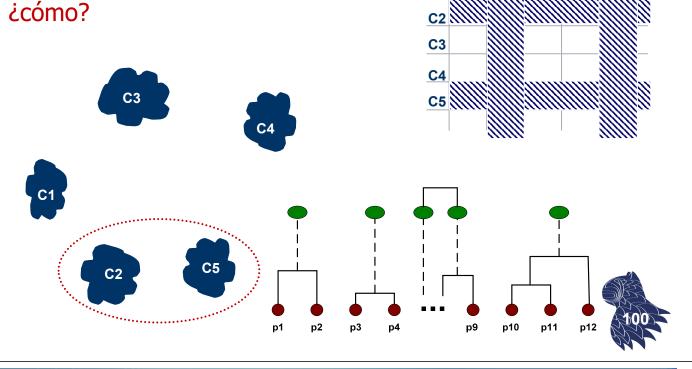
C4 C5

C1 C2

C1

C3

Combinamos los clusters 2 y 5 y actualizamos la matriz de distancias ¿cómo?

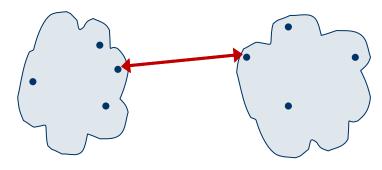


Clustering jerárquico

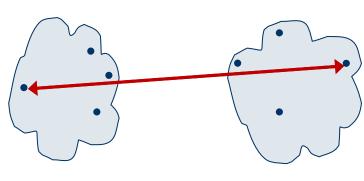


¿Cómo se mide la distancia entre clusters?

MIN single-link



MAXcompletelinkage(diameter)

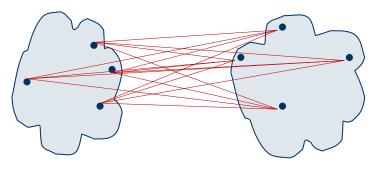




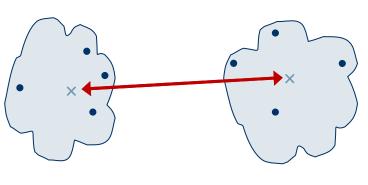


¿Cómo se mide la distancia entre clusters?

Promedio



Centroides p.ej. BIRCH

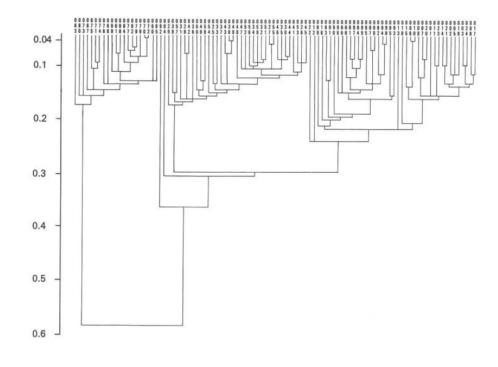




Clustering jerárquico



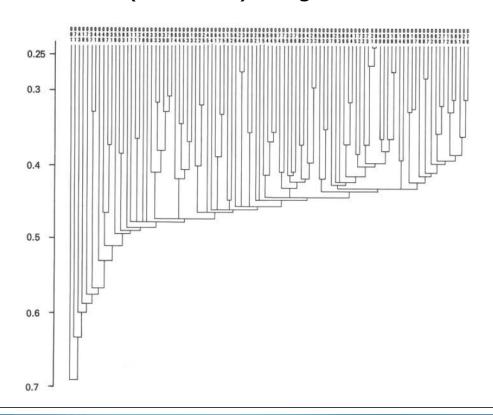
Datos sintéticos (4 clusters): Single-link







Datos sintéticos (aleatorios): Single-link

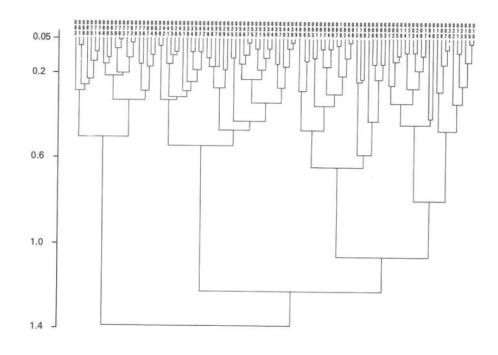




Clustering jerárquico



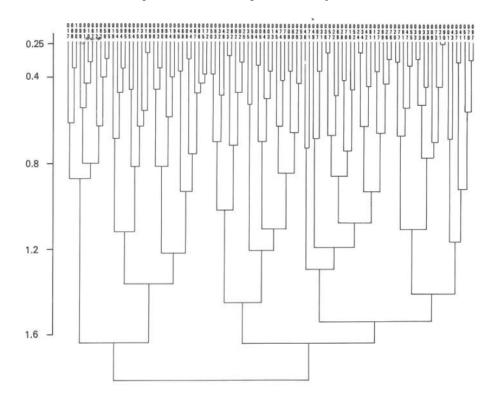
Datos sintéticos (4 clusters): Complete-link







Datos sintéticos (aleatorios): Complete-link





Clustering jerárquico



Ejercicio

Utilizar un algoritmo aglomerativo de clustering jerárquico para agrupar los datos descritos por la siguiente matriz de distancias:

	A	В	С	D
A	0	1	4	5
В		0	2	6
C			0	3
D				0

Variantes:

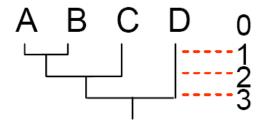
- Single-link (mínima distancia entre agrupamientos).
- Complete-link (máxima distancia entre agrupamientos).



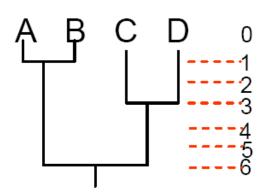


Ejercicio resuelto

Single-link



Complete-link





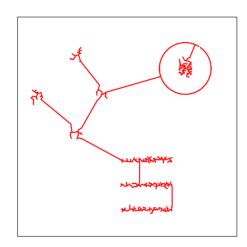
Clustering jerárquico



NOTA:

El agrupamiento de enlace simple [single-link clustering] es equivalente a encontrar el árbol generador minimal [MST: mínimum spanning tree]









Algoritmo de Johnson

(forma general de Lance y Williams)

En cada iteración, se combinan en K los grupos R y S de distancia mínima:

- Se eliminan filas y columnas de R y S de la matriz de distancias.
- Se actualiza la matriz de distancias para K:

$$D(K,T) = \alpha(R)D(R,T) + \alpha(S)D(S,T) + \beta D(R,S) + \gamma |D(R,T) - D(S,T)|$$
 para todo T distinto de K



Clustering jerárquico



Algoritmo de Johnson

(forma general de Lance y Williams)

$$D(K,T) = \alpha(R)D(R,T) + \alpha(S)D(S,T) + \beta D(R,S) + \gamma |D(R,T) - D(S,T)|$$

Método	α (Χ)	β	γ
Simple	1/2	0	-1/2
Completo	1/2	0	1/2
Promedio	X / K	0	0
Centroide	X /(X + T)	- R S / K ²	0
Ward	(X + T)/(K + T)	- T /(K + T)	0
McQuitty	1/2	0	0
Mediana	1/2	-1/4	0





Principal inconveniente del clustering jerárquico

Baja escalabilidad $\geq O(n^2)$

Por este motivo, si se usa un método jerárquico para estimar el número de grupos k (para un k-means), se suele emplear una muestra de los datos y no el conjunto de datos completo.



Clustering jerárquico

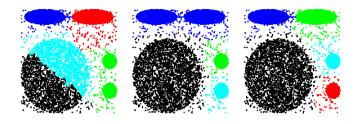


Algoritmos de clustering jerárquico

- BIRCH: Balanced Iterative Reducing and Clustering using Hierarchies (Zhang, Ramakrishnan & Livny, SIGMOD'1996)
- ROCK: RObust Clustering using linKs (Guha, Rastogi & Shim, ICDE'1999)
- CURE: Clustering Using REpresentatives (Guha, Rastogi & Shim, SIGMOD'1998)
- CHAMELEON: Hierarchical Clustering Using Dynamic Modeling (Karypis, Han & Kumar, 1999)

✓ SPSS: Two-Step Clustering (variante de BIRCH)





a) BIRCH

b) MST METHOD c) CURE

























b) MST METHOD









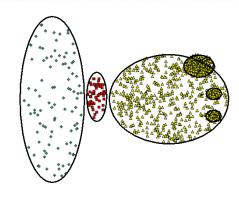




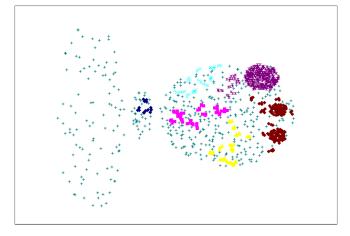
Clustering jerárquico



Agrupamientos con varias densidades

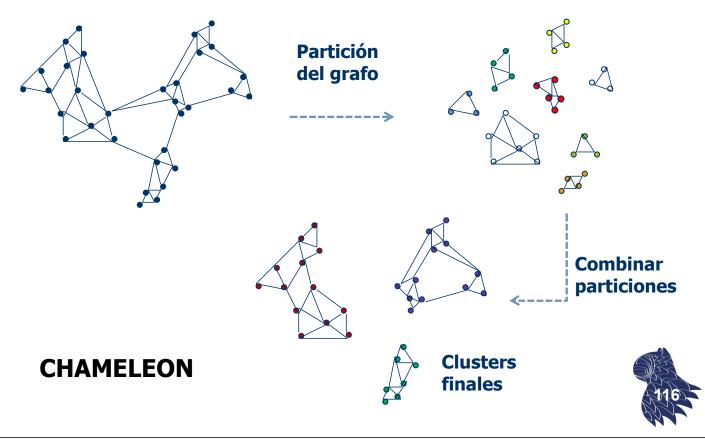






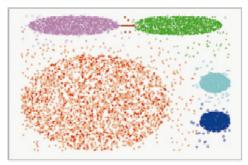


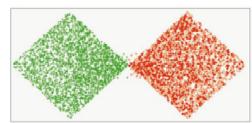




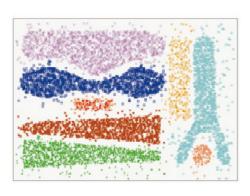
Clustering jerárquico











CHAMELEON

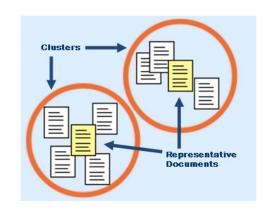


Clustering en subespacios

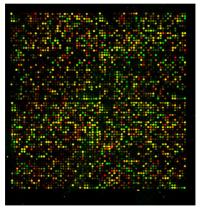


La maldición de la dimensionalidad

En muchas aplicaciones, la dimensionalidad de los datos es elevada.



Clustering de documentos



DNA Microarrays

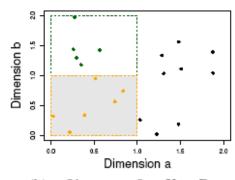


Clustering en subespacios

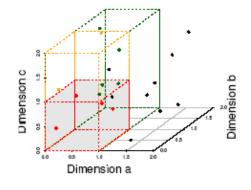


¿Por qué es un problema?

- Los datos en una dimensión están relativamente cerca
- Al añadir una nueva dimensión, los datos se alejan.
- Cuando tenemos muchas dimensiones, las medidas de distancia dejan de ser útiles ("equidistancia").



(b) 6 Objects in One Unit Bin



(c) 4 Objects in One Unit Bin



Clustering en subespacios



 La existencia de dimensiones irrelevantes puede enmascarar la presencia de clusters en el conjunto de datos.

Los clusters puede que existan sólo en algunos

subespacios.



Clustering en subespacios



Posibles soluciones

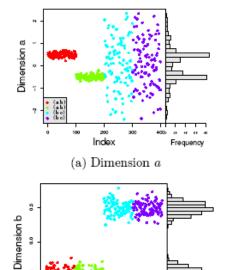
- Transformación de características (PCA, SVD) para reducir la dimensionalidad de los datos, útil sólo si existe correlación/redundancia.
- Selección de características (wrapper/filter) útil si se pueden encontrar clusters en subespacios.
- "Subspace clustering"
 Buscar clusters usando distintas combinaciones de atributos, vg. CLIQUE o PROCLUS.



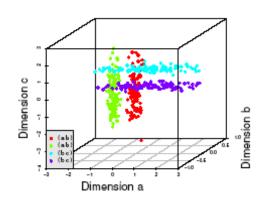
Clustering en subespacios

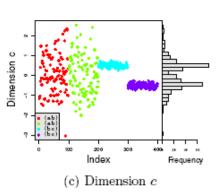


Proyecciones 1D



(b) Dimension b



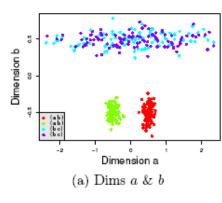


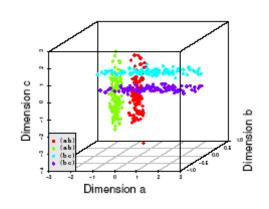


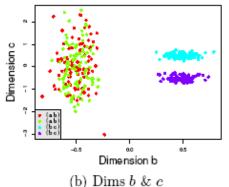
Clustering en subespacios

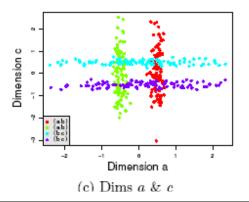


Proyecciones 2D













CLIQUE = CLustering In QUEst

Agrawal, Gehrke, Gunopulos & Raghavan (SIGMOD'98)

QUEST:

Proyecto original de minería de datos en IBM (1996-)



The Quest data mining project at the IBM Almaden Research Center has developed innovative technologies to discover useful patterns in large databases. Our technologies include mining for association rules, sequential patterns, classification, and time-series clustering. IBM is making these technologies available through its data mining product, IBM Intelligent Mine

CLIQUE



Objetivos

- Identificar automáticamente subspacios en un espacio de alta dimensionalidad de forma que se puedan obtener mejores clusters que en el espacio original.
- Mejorar la interpretabilidad de los resultados proporcionando una descripción comprensible de los resultados del algoritmo de clustering
- Obtener un método escalable (con respecto al tamaño del conjunto de datos y al número de dimensiones del problema).

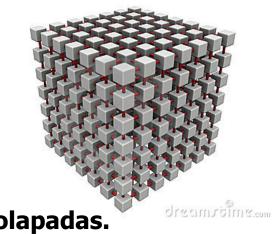




CLIQUE puede interpretarse como un método de agrupamiento basado en grids:

 Se divide cada dimensión en el mismo número de intervalos (de la misma longitud, i.e. "equiwidth partitioning").

 Se particiona un espacio m-dimensional en un conjunto de unidades rectangulares no solapadas.





CLIQUE



CLIQUE puede considerarse un método basado en densidad:

- Una unidad se considera densa si la fracción de puntos contenida en ella excede un parámetro del modelo.
- Un cluster es un conjunto maximal de unidades densas conectadas en un subespacio determinado.





Etapas del algoritmo

- Particionar el espacio de datos y calcular el número de puntos que quedan dentro de cada celda de la partición.
- Identificar los subespacios que contienen clusters utilizando el principio Apriori.
- Identificar los clusters.
- Generar una descripción mínima de los clusters.



CLIQUE



Identificación de subespacios con clusters

Propiedad (monotonicidad): Si una unidad k-dimensional es densa, también lo son todas sus proyecciones en un espacio (k-1)-dimensional.

Algoritmo ascendente (tipo Apriori):

- Se determinan las unidades densas unidimensionales.
- Se obtienen las unidades densas k-dimensionales combinando unidades densas (k-1)-dimensionales.
 - Podemos descartar las unidades k-dimensionales candidatas que tienen proyecciones no densas en (k-1) dimensiones.



Identificación de los clusters

Se determinan los conjuntos de unidades densas conectadas en todos los subespacios de interés:

- A partir del conjunto D de unidades densas de cada subespacio k-dimensional, se crea una partición con los conjuntos conexos de unidades densas
- Algoritmo: DFS (búsqueda en profundidad sobre el grafo de unidades densas)



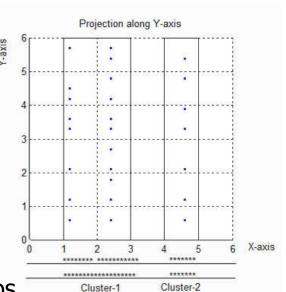
CLIQUE



Ejemplo

Grid 6x6 Umbral de soporte = 3

- Ninguna celda es densa.
- Si proyectamos sobre el eje X, hay 3 unidades densas.
- Dos de estas unidades están conectadas, por lo que las unimos.
- Se obtienen dos clusters







Descripción de los clusters

- Se determinan las regiones maximales que cubren cada cluster de unidades densas conexas.
- Se determina un recubrimiento mínimo para los conjuntos de regiones asociados a cada cluster.
- Se construye una expresión DNF para cada cluster identificado.



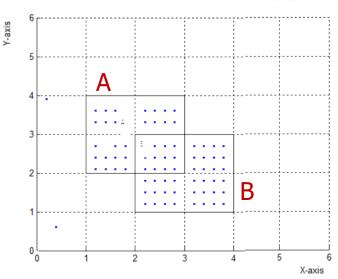
CLIQUE



Ejemplo

Grid 6x6 Umbral de soporte = 3

- A U B es un cluster.
- A o B son las regiones maximales del cluster (A ∩ B no lo es).



■ La descripción mínima de este cluster en DNF es $((2 \le x \le 4) \land (1 \le y \le 3)) \lor ((1 \le x \le 3) \land (2 \le y \le 4))$





Ventajas

- Encuenta automáticamente los subespacios de máxima dimensionalidad en los que existen clusters de alta densidad.
- No depende del orden de presentación de los datos ni presupone ninguna distribución de datos.
- Escala linealmente con el tamaño de la entrada.

Limitación

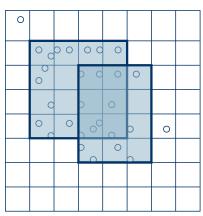
 La exactitud de los resultados del clustering puede verse degradada por la simplicidad del método.



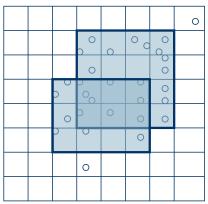
CLIQUE



Horas de trabajo

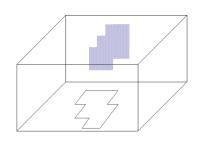


Sueldo



Edad

Edad



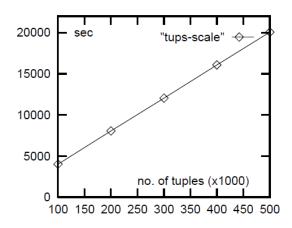
Descripción del cluster: 20 <= Edad <= 60







CLIQUE escala linealmente con respecto al tamaño del conjunto de datos (en cuanto a su número de tuplas)



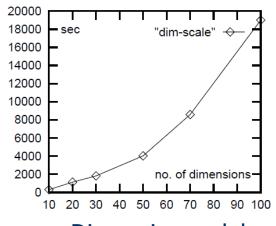
Escalabilidad con el número de tuplas



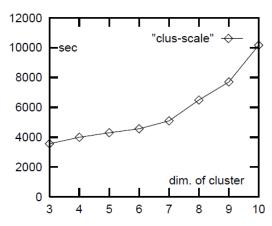
CLIQUE



CLIQUE tiene una "buena" escalabilidad conforme aumenta el número de dimensiones (del conjunto de datos y de los clusters ocultos).



Dimensiones del conjunto de datos



Dimensiones de los clusters ocultos





Algoritmos de subspace clustering

- CLIQUE [CLustering In QUEst]
- Projected Clustering: PROCLUS & ORCLUS
- SUBCLU [Density-connected SUBspace CLUstering]
- SSC [Sparse Subspace Clustering]
- RSC [Robust Subspace Clustering]



Validación de resultados



¿Cómo se puede evaluar la calidad de los clusters obtenidos?

Depende de lo que estemos buscando...

Hay situaciones en las que nos interesa:

- Evitar descubrir clusters donde sólo hay ruido.
- Comparar dos conjuntos de clusters alternativos.
- Comparar dos técnicas de agrupamiento.



Validación de resultados



Criterios externos

(aportando información adicional)

p.ej. entropía/pureza (como en clasificación), correlación, coeficiente de Jaccard, estadístico de Rand...

Criterios internos

(a partir de los propios datos), p.ej. SSE ("Sum of Squared Error")

- > para comparar clusters
- > para estimar el número de clusters

Otras medidas:

cohesión, separación, coeficientes de silueta...

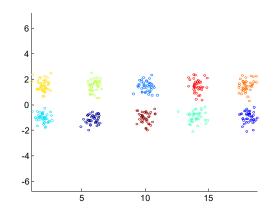
Julio-Omar Palacio-Niño & Fernando Berzal: "Evaluation Metrics for Unsupervised Learning Algorithms", 2019. https://arxiv.org/abs/1905.05667

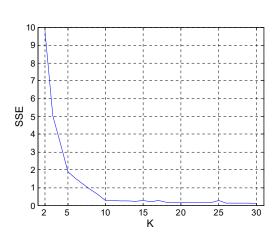


Validación de resultados



SSE ("Sum of Squared Error")



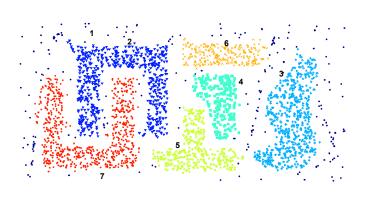


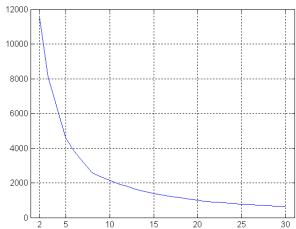


Validación de resultados



SSE ("Sum of Squared Error")







Algoritmos de clustering



Requisitos del algoritmo "perfecto"

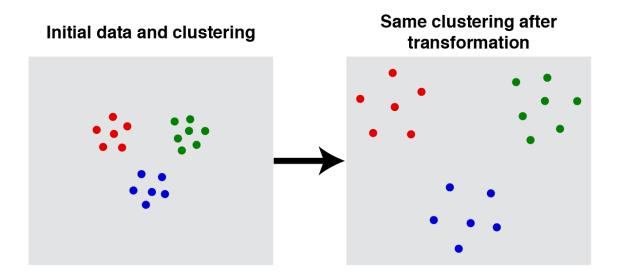
- Escalabilidad.
- Manejo de distintos tipos de datos.
- Identificación de clusters con formas arbitrarias.
- Número mínimo de parámetros.
- Tolerancia frente a ruido y outliers.
- Independencia con respecto al orden de presentación de los patrones de entrenamiento.
- Posibilidad de trabajar en espacios con muchas dimensiones diferentes.
- Capacidad de incorporar restricciones especificadas por el usuario ("domain knowledge").
- Interpretabilidad / Usabilidad.



Teorema de imposibilidad



Invarianza frente a cambios de escala

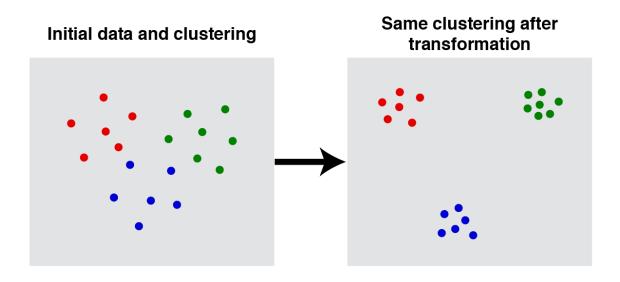




Teorema de imposibilidad



Consistencia

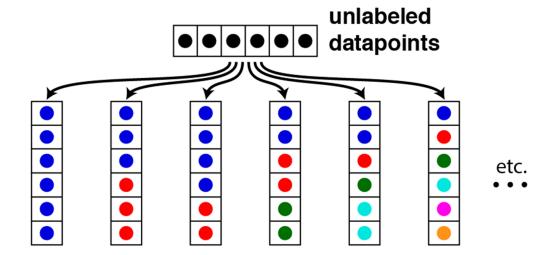




Teorema de imposibilidad



Riqueza





Teorema de imposibilidad



Ningún algoritmo de agrupamiento puede cumplir simultáneamente las 3 propiedades siguientes:

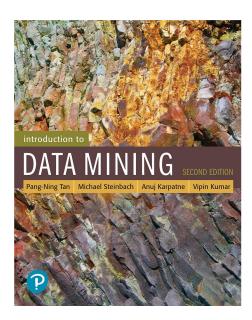
- Invarianza frente a cambios de escala.
- Consistencia.
- Riqueza.

Jon Kleinberg: "An Impossibility Theorem for Clustering" 15th International Conference on Neural Information Processing Systems, NIPS'02, pages 463–470, 2002

Bibliografía



Pang-Ning Tan,
Michael Steinbach,
Vipin Kumar &
Anuj Karpatne:
Introduction to Data Mining,
2nd edition, Addison Wesley, 2018.
ISBN 0133128903



5 Cluster Analysis: Basic Concepts and Algorithms 8 Cluster Analysis: Additional Issues and Algorithms

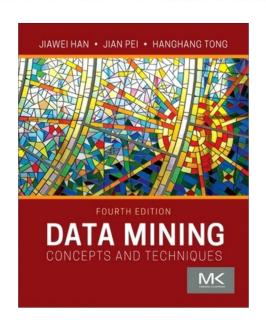
10.5 Statistical Testing for Cluster Analysis



Bibliografía



Jiawei Han,
Jian Pei &
Hanghang Tong: **Data Mining: Concepts and Techniques**,
4th edition, Moran Kaufmann, 2022.
ISBN 0128117605



8 Cluster Analysis: Basic Concepts and Algorithms

9 Cluster Analysis: Advanced Methods

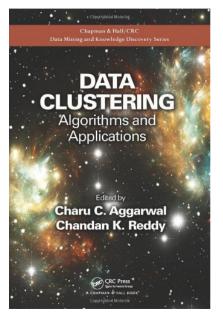


Bibliografía



Charu C. Aggarwal & Chandan K. Reddy (editors):
 Data Clustering: Algorithms and Applications.
 Chapman & Hall / CRC Press, 2014.

ISBN 1466558210.





Bibliografía



- R. Agrawal, J. Gehrke, D. Gunopulos & P. Raghavan: Automatic subspace
 clustering of high dimensional data for data mining applications. SIGMOD'98
- M. Ankerst, M. Breunig, H.-P. Kriegel & J. Sander: Optics: Ordering points to identify the clustering structure, SIGMOD'99.
- L. Ertöz, M. Steinbach & V. Kumar: Finding clusters of different sizes, shapes, and densities in noisy, high-dimensional data, SDM'2003
- M. Ester, H.-P. Kriegel, J. Sander & X. Xu: A density-based algorithm for discovering clusters in large spatial databases. KDD'96.
- D. Fisher: Knowledge acquisition via incremental conceptual clustering. Machine Learning, 2:139-172, 1987.
- D. Gibson, J. Kleinberg & P. Raghavan: Clustering categorical data: An approach based on dynamic systems. VLDB'98
- S. Guha, R. Rastogi & K. Shim: Cure: An efficient clustering algorithm for large databases. SIGMOD'98.
- S. Guha, R. Rastogi & K. Shim: ROCK: A robust clustering algorithm for categorical attributes. ICDE'99, Sydney, Australia, March 1999.

Bibliografía



- A. Hinneburg & D.A. Keim: An Efficient Approach to Clustering in Large Multimedia Databases with Noise. KDD'98.
- G. Karypis, E.-H. Han & V. Kumar. CHAMELEON: A Hierarchical Clustering Algorithm Using Dynamic Modeling. COMPUTER, 32(8): 68-75, 1999.
- L. Parsons, E. Haque & H. Liu: Subspace Clustering for High Dimensional Data: A Review , SIGKDD Explorations, 6(1), June 2004
- G. Sheikholeslami, S. Chatterjee & A. Zhang: WaveCluster: A multi-resolution clustering approach for very large spatial databases. VLDB'98.
- A. K. H. Tung, J. Hou & J. Han. Spatial Clustering in the Presence of **Obstacles**, ICDE'01
- H. Wang, W. Wang, J. Yang & P.S. Yu. Clustering by pattern similarity in large data sets, SIGMOD' 02.
- W. Wang, J. Yang, & R. Muntz: STING: A Statistical Information grid **Approach to Spatial Data Mining**, VLDB'97.
- T. Zhang, R. Ramakrishnan & M. Livny: BIRCH: an efficient data clustering method for very large databases. SIGMOD'96.

Apéndice: Notación O



El impacto de la eficiencia de un algoritmo...

n	10	100	1000	10000	100000
O(n)	10ms	0.1s	1s	10s	100s
O(n·log ₂ n)	33ms	0.7s	10s	2 min	28 min
O(n²)	100ms	10s 3 4	17 min	28 horas	s 115 días
O(n³)	1s	17min	12 días	31 años	32 milenio

17min 12 días 31 años 32 milenios



Grids multiresolución

Ist layer

 STING, a STatistical Information Grid approach (Wang, Yang & Muntz, VLDB 1997)

(i-1)-st layer

 WaveCluster, basado en wavelets (Sheikholeslami, Chatterjee & Zhang, VLDB'1998)

i-th layer

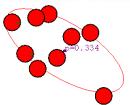
 CLIQUE: CLustering In QUEst (Agrawal et al., SIGMOD'1998)



Apéndice Otros métodos de clustering







Ajustar los datos a un modelo matemático (se supone que los datos provienen de la superposición de varias distribuciones de probabilidades)

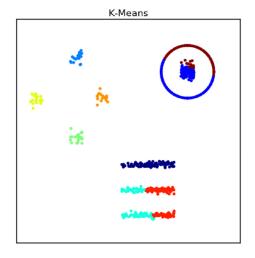


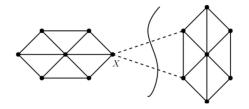
- Estadística:
 - **EM** [Expectation Maximization], **AutoClass**
- Clustering conceptual (Machine Learning): COBWEB, CLASSIT
- Redes neuronales:SOM [Self-Organizing Maps]

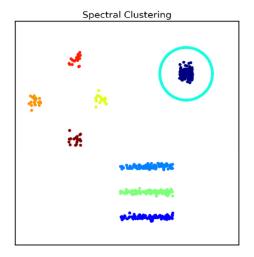


Clustering espectral

Cortes en grafos





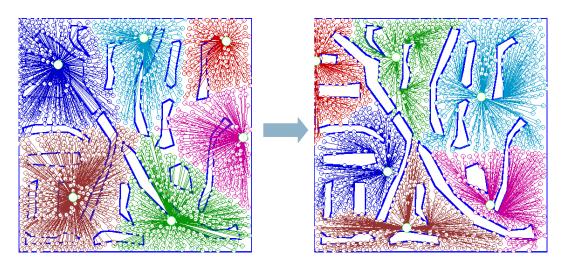




Apéndice Otros métodos de clustering

Clustering con restricciones

p.ej. Clustering con obstáculos



Posibles aplicaciones:

Distribución de cajeros automáticos/supermercados...



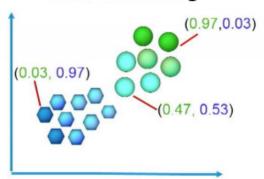
Clustering con solapamiento

Agrupamientos no exclusivos

Hard Clustering



Soft Clustering

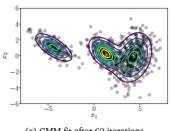


GMM
[Gaussian Mixture Models]
Clustering difuso,
p.ej. Fuzzy C-Means

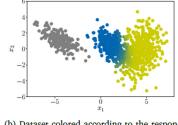
Apéndice Otros métodos de clustering

Clustering con solapamiento

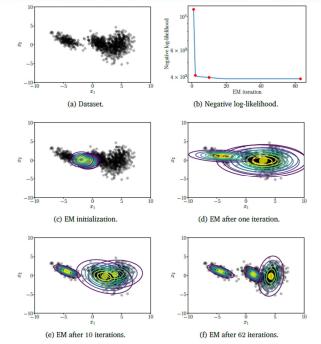
GMM [Gaussian Mixture Model], generalización de K-Means Algoritmo EM [Expectation Maximization]



(a) GMM fit after 62 iterations.



(b) Dataset colored according to the responsibilities of the mixture components.





Clustering difuso

