

# Segmentação

Adilson dos Anjos



# Segmentação

## Objetivo

- ▶ O objetivo dessa aula é apresentar alguns métodos de Segmentação.
- ▶ As análises serão realizadas com uso do R;

## Pacotes utilizados nessa aula

- ▶ FactoMineR
- ▶ readxl
- ▶ bpca
- ▶ graphics
- ▶ cluster
- ▶ fpc
- ▶ ape

## Conjuntos de dados utilizados nessa aula

- ▶ cafe.xls

# Introdução

- ▶ Sinônimos de Segmentação:
  - ▶ Análise de Agrupamentos;
  - ▶ Cluster Analysis.

## Aplicações em Análise Sensorial

- ▶ Marketing:
  - ▶ definição de grupos focais;
  - ▶ estratégias de propaganda para cada segmento;
- ▶ Economia:
  - ▶ análise de grupos de consumidores de um produto;
  - ▶ análise de perfis de consumo/preferência;
- ▶ Estudos demográficos: agrupamento por regiões;

- ▶ Objetivo: formar grupos considerando características que permitam medir a similaridade ou dissimilaridade;
- ▶ Os grupos devem ser homogêneos internamente e heterogêneos externamente;

- ▶ O número de grupos pode ser definido por algum critério subjetivo;
- ▶ “Use sua experiência para decidir sobre o número de grupos!!”

- ▶ Com poucas variáveis, pode-se definir grupos por uma simples inspeção gráfica (gráfico de dispersão com duas variáveis)
- ▶ Existem várias medidas que podem ser utilizadas para realizar o agrupamento: coeficiente de correlação, alguma medida de associação, distância euclidiana entre outras;

- ▶ Distância Euclidiana: considere o vetor  $x$  de coordenadas reais  $(x_1, x_2, \dots, x_p)$  descrevendo os objetos que serão agrupados quanto a semelhança.
- ▶ A distância euclidiana que indica a proximidade entre dois objetos A e B é definida por:

$$d(A, B) = \sqrt{\sum_{i=1}^p (x_i(A) - x_i(B))^2}$$

Existem vários algoritmos para formação de grupos:

► **Técnicas Hierárquicas:**

- ▶ os elementos são classificados em grupos em diferentes etapas, de maneira hierárquica (árvore de classificação);
- ▶ Os agrupamentos são formados a partir de uma matriz de parecença, que é atualizada a cada união de um par de objetos.
- ▶ Neste prodedimento, os objetos individuais vão se juntando sucessivamente.

► **Técnicas de Partição:**

- ▶ Os elementos são agrupados formando uma partição do conjunto como um todo;
- ▶ Fazem o caminho oposto aos métodos hierárquicos aglomerativos.
- ▶ Neste método, um único grupo de objetos é subdividido em dois com a maior distância. Estes subgrupos são então particionados sucessivamente até se obter os objetos individuais.

## Método Hierárquico

- ▶ Método da Centróide: formar grupos com elementos com a menor distância entre si;
- ▶ Método das médias das distâncias:
- ▶ Método do Vizinho mais Próximo/Perto (Ligaçāo Simples)
- ▶ Método do Vizinho mais Distante/Longe (Ligaçāo Completa)
- ▶ Método de Ward (**mais empregado**)

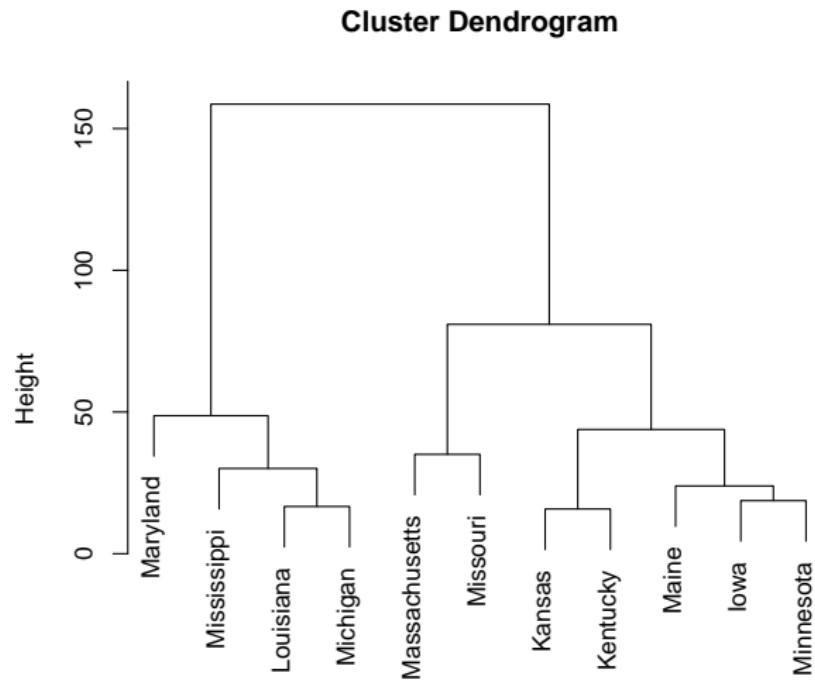
Método Hierárquico: Método de Ward - minimiza a variância dentro do cluster.

- ▶ Minimizar a Soma de Quadrados dentro do grupo e maximizar a Soma de quadrados entre Grupos: ANOVA
  - ▶ Passo 1: Calcular SQDP para os possíveis  $(n-1)$  grupos distintos e selecionar o agrupamento com a menor SQDP;
  - ▶ Passo 2: Calcular SQDP para os possíveis  $(n-2)$  grupos distintos (fixada a união obtida no Passo 1) e selecionar o agrupamento com a menor SQDP;
  - ▶ Os próximos passos consistem na formação de  $(n-3), (n-4), \dots, 1$  grupos, selecionando-se sempre o agrupamento com menor SQDP;
  - ▶ O número de grupos é definido em função dos saltos em cada passo.

## Métodos de partição (Não Hierárquico) Método das k-médias

- ▶ Passo 1: Formação de uma partição inicial. Em geral, adota-se  $k$  observações como sementes do algoritmo para formação de  $k$  grupos.
- ▶ Passo 2: Percorrer a lista de observações e calcular as distâncias de cada uma delas ao CENTRÓIDE (médias) do grupo. Fazer a realocação da observação ao grupo em que ela apresentar menor distância. Recalcular os centróides dos grupos que ganharam e perderam observações.
- ▶ Passo 3: Repetir o passo dois até que nenhuma alteração seja feita.
- ▶ Passo 4: Em cada passo, pode-se calcular SQDP como função objetivo para avaliação da partição e então procurar identificar novas mudanças que possam levar a uma melhora na partição.

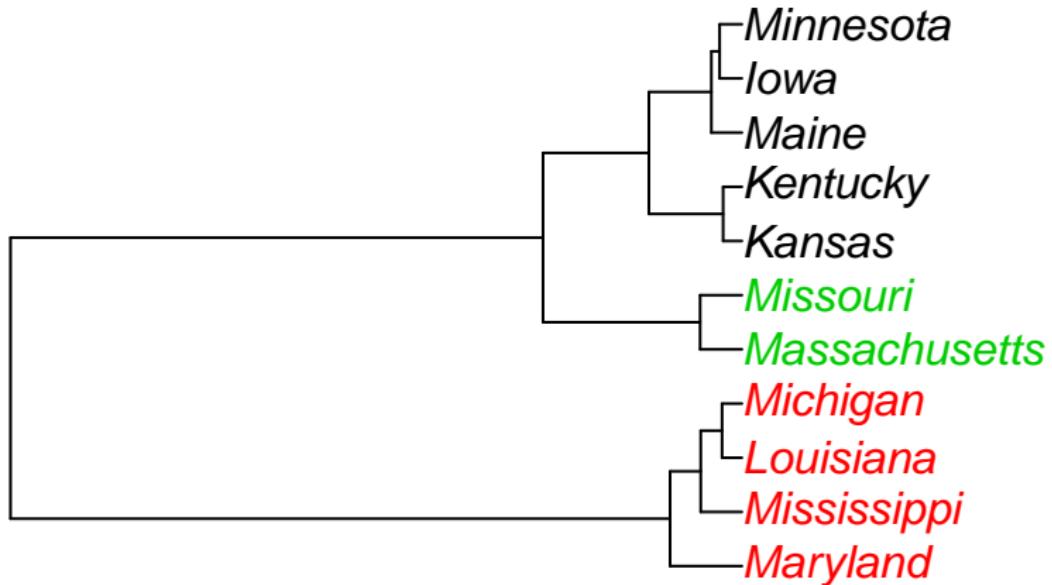
# Representação gráfica: Dendrograma.



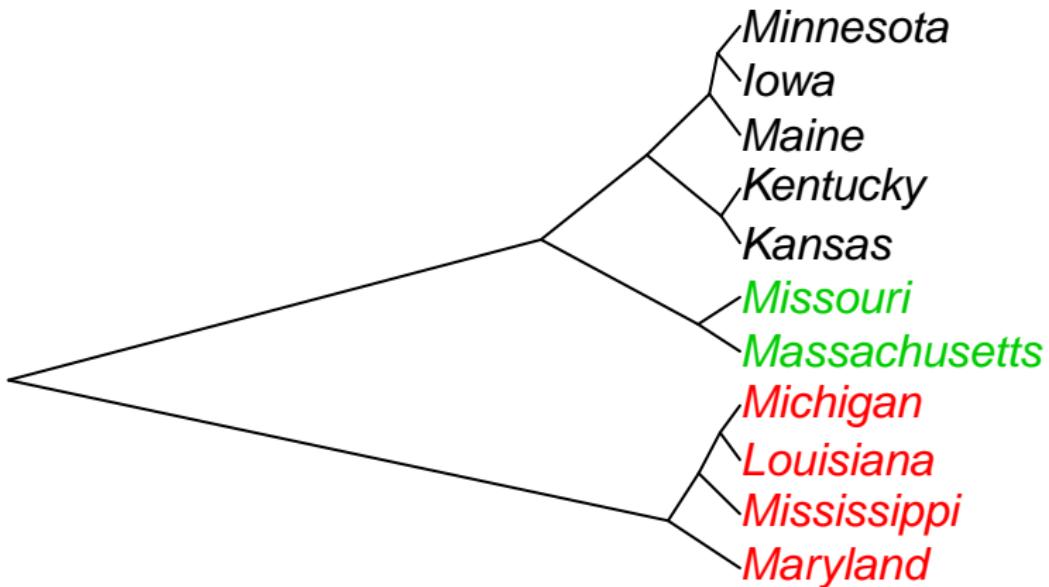
No pacote *ape* do R existem outras formas de representação:

```
library(ape)
hc <- hclust(dist(USArrests[15:25,]), "ward.D")
grupos<-cutree(hc, k=3)
hc.phylo<-as.phylo(hc)
```

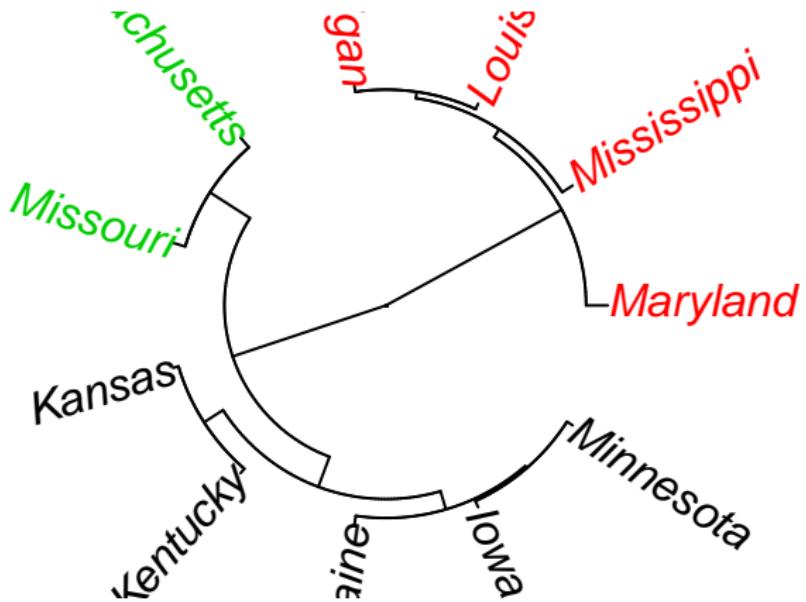
```
plot(hc.phylo, type='phylogram', tip.color=grupos)
```



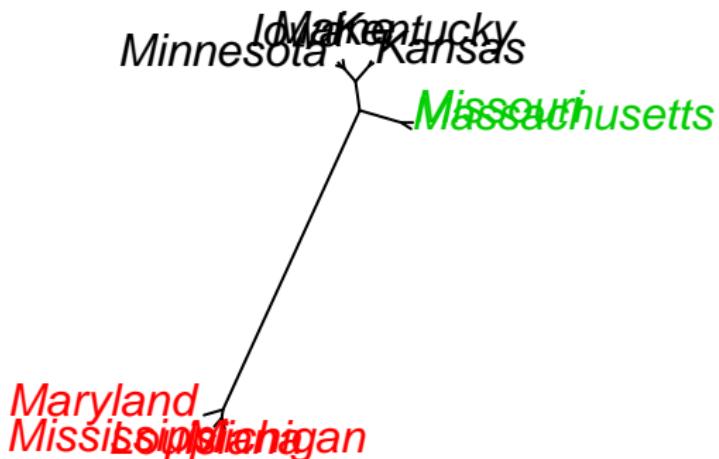
```
plot(hc.phylo, type='cladogram', tip.color=grupos)
```



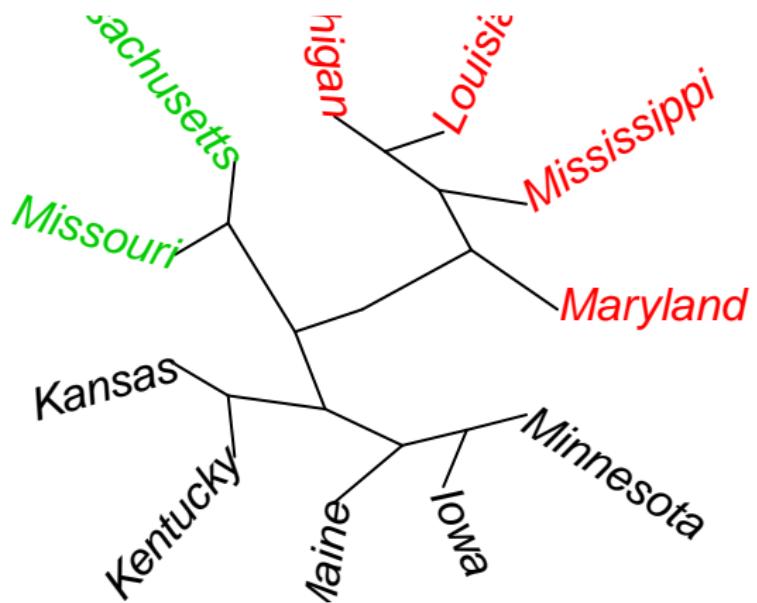
```
plot(hc.phylo, type='fan', tip.color=grupos)
```



```
plot(hc.phylo, type='unrooted', tip.color=grupos)
```



```
plot(hc.phylo, type='radial', tip.color=grupos)
```



Após a formação dos grupos:

- ▶ Avaliar os grupos formados: comparar médias entre grupos, por exemplo;
- ▶ Obter estatísticas descritivas de cada grupo.

## Uso de Componentes Principais

- ▶ Agrupamento Hierárquico baseado em Componentes Principais;
- ▶ Componentes principais são representações Euclidianas;
- ▶ Combina-se a ideia de agrupamento e Componentes Principais;
- ▶ no R: função HCPC combina a informação da posição do elemento no espaço das Componentes Principais com o método hierárquico de classificação;

# Exemplos

Carregar os pacotes:

```
library(FactoMineR)
library(readxl)
library(bPCA)
library(graphics)
library(cluster)
library(fpc)
```

## Cluster hierárquico: Dados sobre café

```
cafe<-read_excel('cafe.xls')
```

```
head(cafe)
```

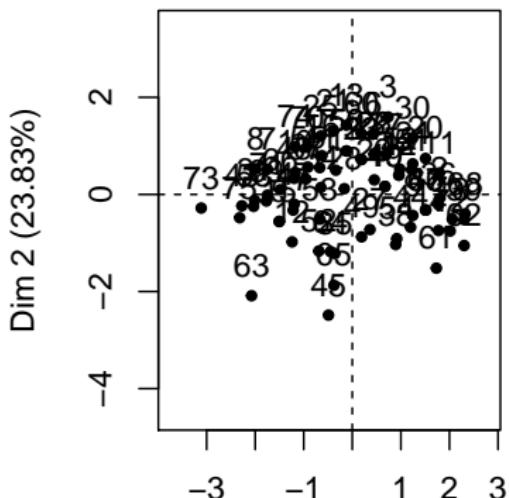
```
# A tibble: 6 x 4
  Consumidor     A     B     C
  <chr>    <dbl> <dbl> <dbl>
1 C1          8     7     3
2 C2          9     4     7
3 C3          9     8     7
4 C4          8     3     7
5 C5          3     7     4
6 C6          7     8     8
```

Obtendo as componentes principais

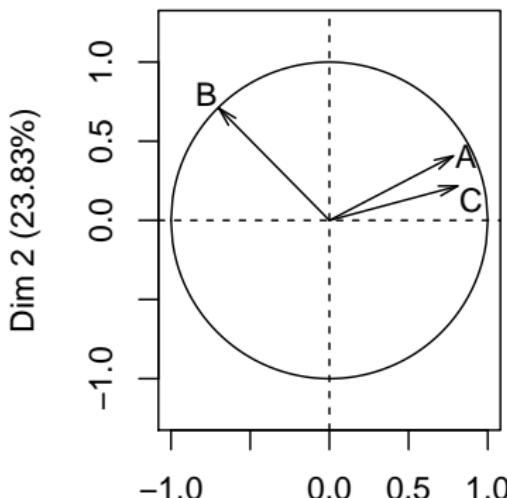
Outra maneira de se obter os gráficos de consumidores e produtos:

```
par(mfrow=c(1,2))
plot(cafe.pca, choix=c('ind')) # linhas: consumidores
plot(cafe.pca, choix=c('var')) # colunas: produtos
```

Individuals factor map (PCA)



Variables factor map (PCA)



Qual a contribuição de cada um nas dimensões?

```
head(round(cafe.pca$ind$contrib[,1:2],2), n=10) # consumid
```

	Dim.1	Dim.2
1	0.09	0.46
2	2.45	0.01
3	0.41	4.75
4	2.39	1.03
5	1.72	0.58
6	0.14	2.87
7	2.32	0.50
8	3.00	0.52
9	1.18	0.35
10	1.05	0.38

```
round(cafe.pca$var$contrib[,1:2],2) # produtos
```

	Dim.1	Dim.2
A	34.87	23.22
B	27.75	70.20
C	37.38	6.58

Qual a correlação entre produtos e componentes e a variação explicada por cada componente?

```
round(cafe.pca$var$coord[,1:2],2)
```

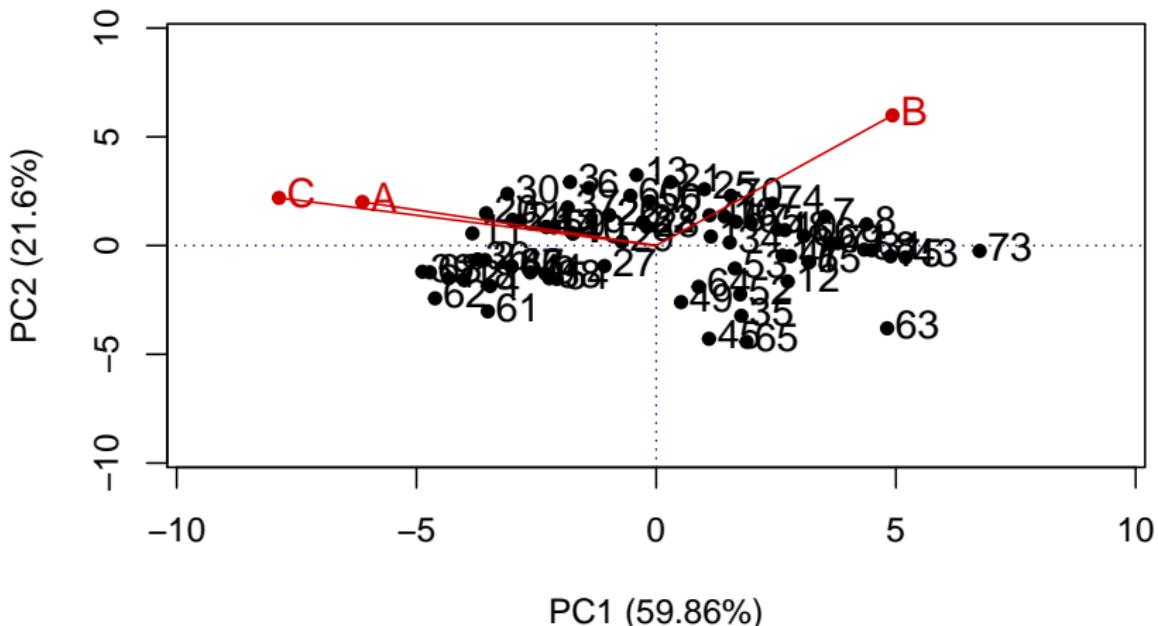
	Dim.1	Dim.2
A	0.78	0.41
B	-0.70	0.71
C	0.81	0.22

```
round(cafe.pca$eig,2)
```

	eigenvalue	percentage of variance	cumulative percentage
comp 1	1.76		58.53
comp 2	0.71		23.83
comp 3	0.53		17.64

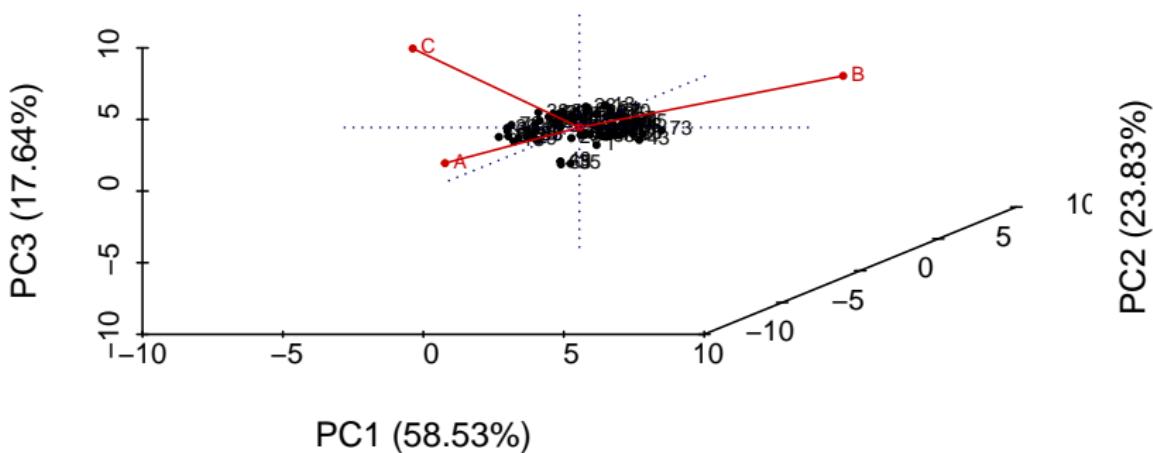
## Utilizando o pacote bPCA

```
bp2 <- bPCA(cafe[,2:4], d=1:2, scale=F)
plot.bPCA.2d(bp2, var.cex=1.2, obj.cex=1.2, var.offset=.2,
  var.factor=.45)
```



## Utilizando 3 dimensões

```
bp3 <- bPCA(cafe[,2:4], d=1:3)  
plot.bPCA.3d(bp3)
```



Experimente rotacionar o gráfico

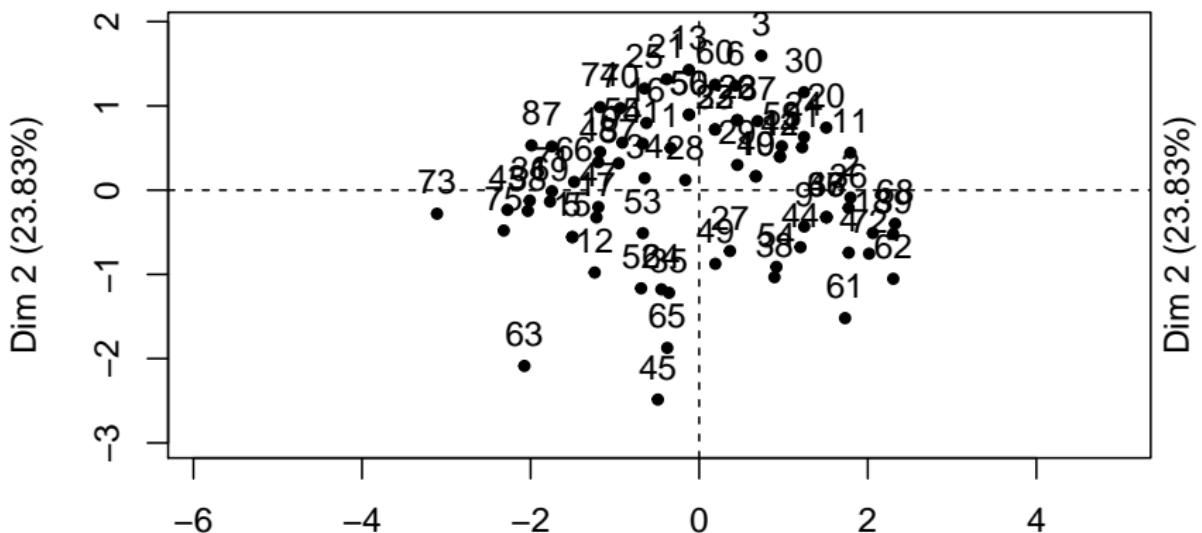
```
plot.bPCA.3d(bp3, rgl=T)
```

## Utilizando a função HCPC

Quantos grupos foram sugeridos?

```
cafe.hpc<-HCPC(PCA(cafe[,2:4]),graph=FALSE)
```

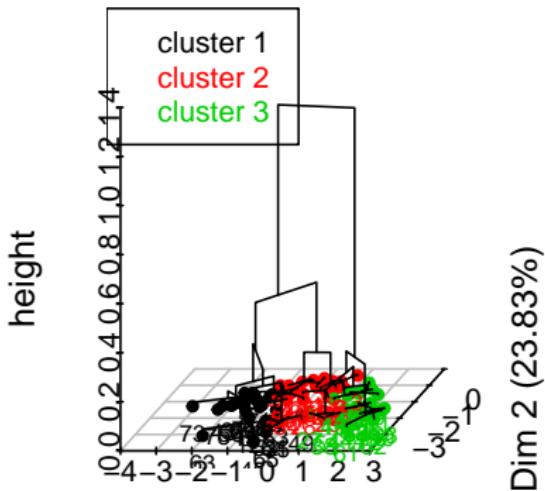
Individuals factor map (PCA)



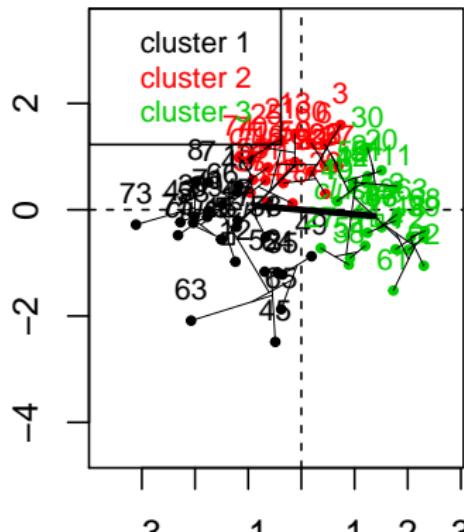
## Representação gráfica

```
par(mfrow=c(1,2))
plot(cafe.hpc)
plot(cafe.hpc, choice = 'map')
```

archical clustering on the factor



Factor map



Observe as notas de cada consumidor para cada um dos produtos:

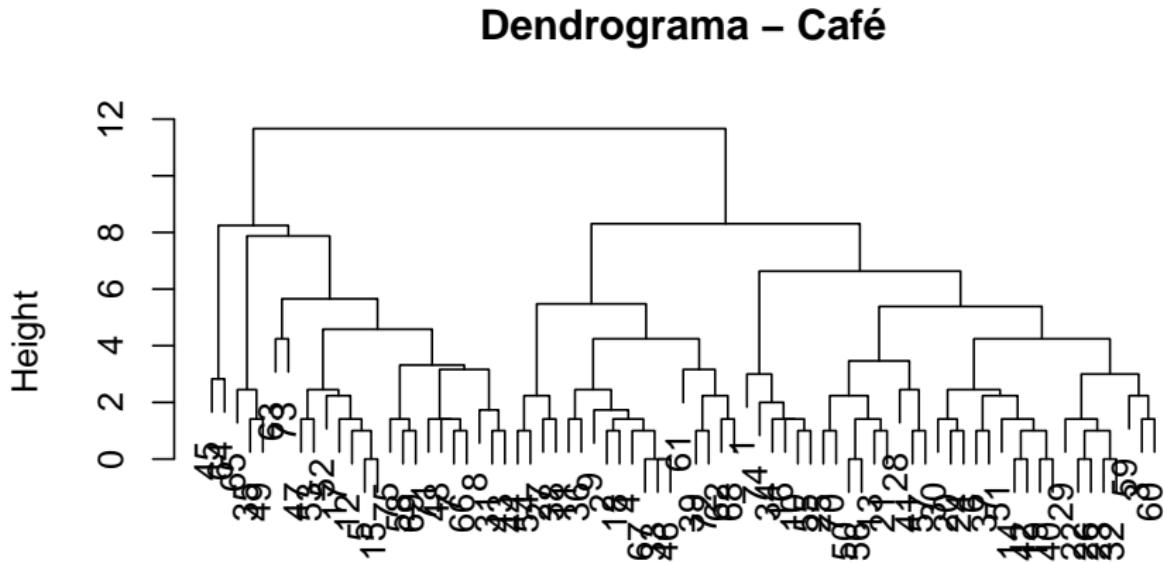
```
cafe.hpc$data.clust
```

	A	B	C	clust
1	8	7	3	2
2	9	4	7	3
3	9	8	7	2
4	8	3	7	3
5	3	7	4	1
6	7	8	8	2
7	4	9	4	1
8	5	9	2	1
9	8	4	6	3
10	6	8	3	1
11	9	5	8	3
12	3	6	4	1

```
cafe.d<-dist(cafe[,2:4]) # matriz de distâncias  
hc1<-hclust(cafe.d) # ligação completa
```

## Dendrograma

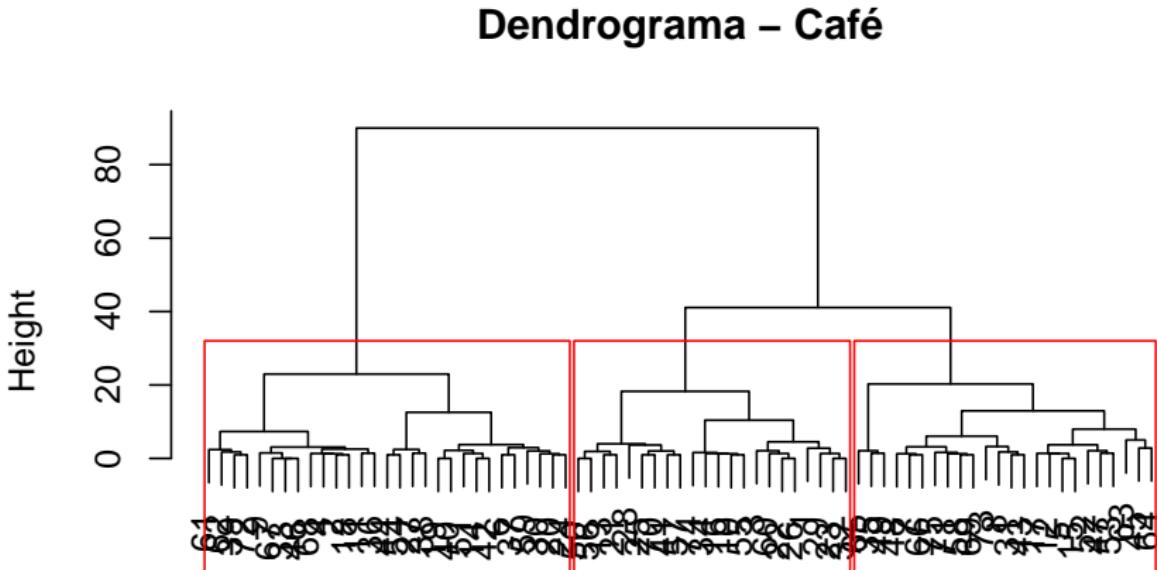
```
plot(hc1, main= "Dendrograma - Café", xlab="Café", sub="Ligaçõ
```



```
hc2 <- hclust(cafe.d,method="ward.D") # Ward
```

Criando o dendrograma e identificando os grupos:

```
plot(hc2, main= "Dendrograma - Café", xlab="Café", sub="War  
rect.hclust(hc2, k = 3, border = 'red') # k=3 grupos
```



## Identificando os consumidores

```
cafe.g <- cutree(hc2, k=3) # identificando consumidores  
cafe.g
```

```
[1] 1 2 1 2 3 2 3 3 2 1 2 3 1 2 3 1 3 2 2 2 1 1 1 2 1 1 2  
[36] 2 2 2 2 2 1 2 3 2 3 2 3 3 3 1 2 3 3 2 1 1 1 3 2 1 2 2  
[71] 3 2 3 1 3
```

```
names(cafe)
```

```
[1] "Consumidor" "A"           "B"           "C"
```

```
table(cafe.g, cafe$Consumidor)
```

```
cafe.g C1  C10 C11 C12 C13 C14 C15 C16 C17 C18 C19 C2  C20 C21  
1    1    1    0    0    1    0    0    1    0    0    0    0    0    0    0  
2    0    0    1    0    0    1    0    0    0    1    1    1    1    1  
3    0    0    0    1    0    0    1    0    1    0    0    0    0    0    0
```

```
cafe.g C25 C26 C27 C28 C29 C3   C30 C31 C32 C33 C34 C35 C36 C37  
1    1    1    0    1    1    1    0    0    1    0    1    0    0    0    0  
2    0    0    1    0    0    0    0    1    0    0    1    0    0    0    1  
3    0    0    0    0    0    0    0    0    1    0    0    0    1    0    0
```

```
cafe.g C40 C41 C42 C43 C44 C45 C46 C47 C48 C49 C5   C50 C51 C52  
1    0    1    0    0    0    0    0    0    0    0    0    0    0    1    0
```

## Número de observações por grupo

```
table(cafe.hpc$data.clust$clus)
```

	1	2	3
25	23	27	

## Outras descrições

- ▶ **para** - indivíduos típicos do cluster
- ▶ **dist** - indivíduos mais distantes do cluster

```
cafe.hpc$desc.ind$para
```

Cluster: 1

17	47	5	15	71
0.3889737	0.5273408	0.6057734	0.6057734	0.6470441

---

Cluster: 2

50	56	25	60	22
0.5642345	0.5642345	0.6799459	0.6834437	0.7808691

---

Cluster: 3

36	33	46	67	44
0.4101621	0.5592715	0.5592715	0.5592715	0.6678750

```
cafe.hpc$desc.ind$dist
```

Cluster: 1

63	45	73	65	35
3.489146	3.237696	3.136740	3.120972	2.851907

---

Cluster: 2

13	21	28	3	60
2.373666	2.242346	2.048836	2.004520	1.992492

---

Cluster: 3

62	61	39	68	72
3.114985	3.055524	2.828082	2.814811	2.753213

## Método não hierárquico: k-means

### Dados Café

```
head(cafe)
```

```
# A tibble: 6 x 4
  Consumidor     A     B     C
  <chr>    <dbl> <dbl> <dbl>
1 C1        8     7     3
2 C2        9     4     7
3 C3        9     8     7
4 C4        8     3     7
5 C5        3     7     4
6 C6        7     8     8
```

## Utilizando a função kmeans:

```
cafe.k<-kmeans(cafe[,2:4],3)  
  
table(cafe.k$cluster)
```

	1	2	3
27	22	26	

## Identificando os grupos

```
cafe.k$cluster
```

```
[1] 2 1 2 1 3 2 3 3 1 3 1 3 2 1 3 2 3 1 1 1 2 2 2 1 2 2 1 1  
[36] 1 2 1 1 1 2 1 3 1 3 1 3 3 3 2 1 3 3 1 2 2 2 3 1 2 1 1  
[71] 3 1 3 2 3
```