

Dorota Rozmus

Uniwersytet Ekonomiczny w Katowicach

PORÓWNANIE STABILNOŚCI TAKSONOMII SPEKTRALNEJ ORAZ ZAGREGOWANYCH ALGORYTMÓW TAKSONOMICZNYCH

Wprowadzenie

Stosując metody taksonomiczne w jakimkolwiek zagadnieniu klasyfikacji, ważną kwestią jest zapewnienie wysokiej poprawności wyników grupowania. Od niej bowiem zależy skuteczność wszelkich decyzji podjętych na ich podstawie. Stąd też w literaturze wciąż proponowane są nowe rozwiązania, które mają przynieść poprawę dokładności grupowania w stosunku do tradycyjnych metod (np. k -średnich, metod hierarchicznych). Przykładem mogą tu być metody polegające na zastosowaniu podejścia zagregowanego oraz algorytmy spektralne.

Podejście zagregowane w taksonomii można sformułować następująco: mając wyniki wielokrotnie przeprowadzonego grupowania, należy znaleźć zagregowany podział ostateczny. Taksonomia spektralna natomiast polega na zastosowaniu wartości własnych pochodzących ze spektralnej dekompozycji macierzy podobieństwa, opisującej badane obiekty.

Pożądaną cechą algorytmu taksonomicznego jest, by był on odporny na niewielkie zmiany w zbiorze danych czy też w wartościach parametrów tych metod (np. losowo wybierane załączki skupień w metodzie k -średnich). Wyniki empiryczne pokazują, że podejście zagregowane jest stabilniejsze niż klasyczne metody taksonomiczne. Celem tego artykułu natomiast jest porównanie stabilności zagregowanych i spektralnych algorytmów taksonomicznych.

1. Taksonomia zagregowana

Idea podejścia zagregowanego pojawiła się w taksonomii w ostatnich latach jako próba przeniesienia koncepcji podejścia wielomodelowego z zagadnień dyskryminacji i regresji. Zasadniczo podejście zagregowane w taksonomii pole-

ga na połączeniu wyników wielokrotnie przeprowadzonego grupowania i ma za zadanie przede wszystkim podnieść dokładność rozpoznawania rzeczywistej struktury klas, zwiększyć odporność oraz zmniejszyć zmienność wyników grupowania (Fern, Brodley, 2003; Fred, 2002; Fred, Jain, 2002; Kuncheva, Vetrov, 2006; Strehl, Gosh, 2002). W ostatnich latach liczne badania w tej dziedzinie ugruntowały już nowy obszar w tradycyjnej taksonomii. Istnieje wiele możliwości zastosowania idei podejścia zagregowanego w taksonomii, wśród których do najważniejszych należy zaliczyć:

- a) łączenie wyników grupowania uzyskanych za pomocą różnych metod;
- b) uzyskanie różniących się między sobą podziałów z zastosowaniem różnych podzbiorów danych, np. poprzez losowanie bootstrapowe;
- c) zastosowanie różnych podzbiorów zmiennych (łącznych lub rozłącznych);
- d) wielokrotne zastosowanie określonego algorytmu z różnymi wartościami parametrów lub punktami startowymi (np. losowo wybranymi załączkami skupień w metodzie k -średnich).

Do ciekawych propozycji metod agregacji w dziedzinie taksonomii należy zaliczyć algorytmy oparte na idei metody *bagging* przedstawione przez Leischa (1999), Duidoit i Fridlyand (2003), Hornika (2005) oraz podejście oparte na macierzy współwystąpień przedstawione przez Fred i Jain (2002).

Metoda *bagging* w taksonomii jest pewną ogólną ideą, w ramach której narodziło się kilka szczegółowych rozwiązań. Została ona zaczerpnięta z dyskryminacji (Breiman, 1996) i generalnie polega na losowaniu B prób bootstrapowych i dokonywaniu ich grupowania w celu uzyskania podziałów składowych, które będą łączone. Różnice w poszczególnych rozwiązaniach w taksonomii polegają na zastosowaniu różnych operatorów agregacji.

1.1. Metoda *bagging* w taksonomii – propozycja Leischa

Leisch (1999) zaproponował połączenie metod iteracyjno- optymalizacyjnych z hierarchicznymi. Na podstawie każdej próby bootstrapowej określone są rezultaty grupowania przy zastosowaniu tzw. bazowej metody taksonomicznej, którą jest jedna z metod iteracyjno- optymalizacyjnych, np. metoda k -średnich. W kolejnym etapie ostateczne centra skupień przekształcane są w nowy zbiór danych, który poddawany jest podziałowi za pomocą metod hierarchicznych.

Algorytm zaproponowany przez Leischa przebiega w następujących krokach:

1. Z pierwotnego n -elementowego zbioru $G = \{x_1, \dots, x_n\}$ należy wylosować B prób bootstrapowych $G_n^1, G_n^2, \dots, G_n^B$, losując n obserwacji przy wykorzystaniu schematu losowania ze zwracaniem.
2. Na podstawie każdego podzbioru za pomocą metod iteracyjno- optymalizacyjnych (np. k -średnich) dokonuje się podziału na grupy obserwacji podobnych do siebie,

uzyskując w ten sposób $B \times K$ załączków skupień $c_{11}, c_{12}, \dots, c_{1K}, c_{21}, \dots, c_{BK}$, gdzie K oznacza liczbę skupień w metodzie bazowej, a c_{bk} jest k -tym załączkiem znalezionym na podstawie próby G_n^b .

3. Niech załączki skupień uzyskane na podstawie kolejnych prób bootstrapowych utworzą nowy zbiór danych $C^B(K) = \{c_{11}, \dots, c_{BK}\}$.
4. Do tak skonstruowanego zbioru należy zastosować hierarchiczną metodę taksonomiczną, uzyskując w ten sposób dendrogram.
5. Niech $c(x_i)$ oznacza załączek skupienia znajdujący się najbliżej obserwacji x_i , $i = 1, \dots, n$. Podział na grupy pierwotnego zbioru danych określany jest w ten sposób, że dendrogram uzyskany na podstawie zbioru $C^B(K)$ jest cięty na określonym przez badacza poziomie, co prowadzi do uzyskania grup obiektów podobnych C_1^B, \dots, C_m^B , gdzie $1 \leq m \leq BK$. Każda obserwacja x_i z pierwotnego zbioru danych G jest przydzielana do tej grupy, w której znajduje się najbliżej leżący załączek $c(x_i)$.

1.2. Metoda *bagging* w taksonomii – propozycja Dudoit i Fridlyand

Metoda *bagging* w wersji zaproponowanej przez Dudoit i Fridlyand (2003) wykorzystuje algorytm iteracyjno- optymalizacyjny do oryginalnego zbioru danych i do poszczególnych prób bootstrapowych. Następnie, po dokonaniu permutacji etykiet grup w poszczególnych próbach, tak by zachodziła jak największa zbieżność z podziałem obiektów z oryginalnego zbioru danych, stosuje głosowanie majorzacyjne w celu określenia ostatecznego grupowania zagregowanego.

Kroki zaproponowanego przez nich algorytmu można ująć następująco.

Dla założonej liczby klas K :

1. Zastosuj iteracyjno- optymalizacyjny algorytm taksonomiczny T do pierwotnego zbioru danych $G = \{x_1, \dots, x_n\}$, uzyskując w ten sposób etykiety klas $T(x_i, G) = \hat{y}_i$ dla każdej obserwacji x_i , $i = 1, \dots, n$.
2. Skonstruuj b -tą próbę bootstrapową $G_n^b = \{x_1^b, \dots, x_n^b\}$.
3. Zastosuj metodę taksonomiczną T do skonstruowanej próby bootstrapowej G_n^b , uzyskując podział na klasy: $T(x_i^b, G_n^b)$ dla każdej obserwacji w zbiorze G_n^b .
4. Dokonaj permutacji etykiet klas przyznanych obserwacjom w próbie bootstrapowej G_n^b , tak by zachodziła jak największa zbieżność z podziałem obiektów z oryginalnego zbioru danych G . Niech PR_K oznacza zbiór wszystkich permutacji zbioru liczb całkowitych $1, \dots, K$. Znajdź permutację $\tau^b \in PR_K$ maksymalizującą:

$$\sum_{i=1}^n I(\tau(T(x_i^b, G_n^b)) = T(x_i^b, G)), \quad (1)$$

gdzie $I(\cdot)$ to funkcja wskaźnikowa, równa 1, gdy zachodzi prawda, natomiast 0 w przypadku przeciwnym.

5. Powtórz kroki 2-4 B razy. Ostatecznie zaklasyfikuj i -tą obserwację, stosując głosowanie majoryzacyjne, zatem przydzielając ją do tej grupy, dla której zachodzi:

$$\arg \max_{1 \leq k \leq K} \sum_{b: x_i \in G_n^b} I(\tau^b(T(x_i, G_n^b)) = k). \quad (2)$$

1.3 Metoda *bagging* w taksonomii – propozycja Hornika

W metodzie tej (Hornik, 2005) po skonstruowaniu B prób bootstrapowych i zastosowaniu do nich algorytmu taksonomicznego, uzyskuje się podziały składowe. Grupowanie zagregowane natomiast jest uzyskiwane za pomocą tzw. podejścia optymalizacyjnego, które ma za zadanie zminimalizować funkcję o postaci:

$$\sum_{b=1}^B \text{dist}(c, c_b)^2 \Rightarrow \min_{c \in C}, \quad (3)$$

gdzie:

C – zbiór wszystkich możliwych podziałów zagregowanych,

dist – odległość Euklidesowa,

(c_1, \dots, c_B) – grupowania wchodzące w skład podziału zagregowanego.

1.4. Podejście zagregowane oparte na macierzy współwystąpień

Innym rozwiązaniem jest zaproponowana przez Fred i Jain (2002) idea łączenia wyników wielokrotnie dokonanego grupowania w celu konstrukcji macierzy współwystąpień. Biorąc pod uwagę wystąpienie pary obiektów w tej samej grupie jako wskazówkę istnienia związku między nimi, wyniki wielokrotnie przeprowadzonego podziału są przekształcane w $n \times n$ -wymiarową macierz opisującą podobieństwo między obiektami. W dalszym kroku macierz ta może zostać potraktowana bądź jako macierz odległości, która jest podstawą do przeprowadzenia grupowania (np. za pomocą metod hierarchicznych), albo może też zostać potraktowana jako macierz opisująca zbiór danych.

Szczegółowo kroki służące konstrukcji macierzy współwystąpień mogą zostać sformułowane następująco:

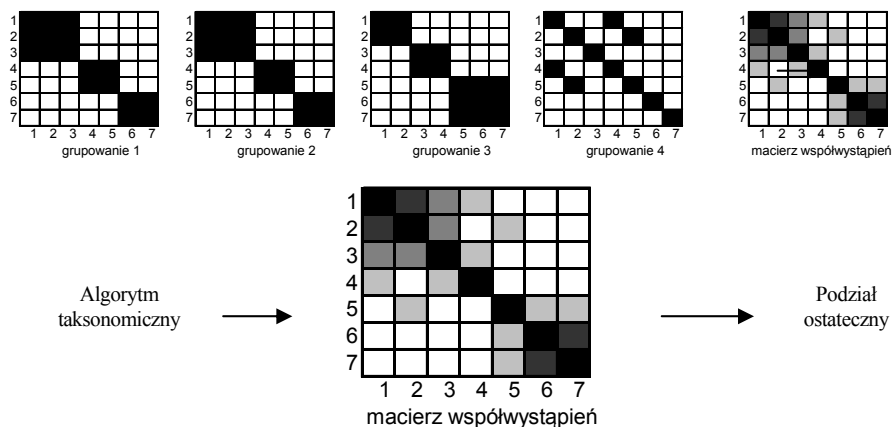
1. Wielokrotna klasyfikacja. Dla założonej liczby składowych S macierzy współwystąpień dokonaj grupowania obiektów np. za pomocą metody k -średnich, uzyskując różniące się między sobą rezultaty dzięki losowo wybranym załączkom skupień.
2. Agregacja. U podstaw tego podejścia leży założenie, że obiekty należące do tej samej grupy najprawdopodobniej będą lokowane w tej samej grupie wśród tych S podziałów. Biorąc zatem współwystąpienie pary obiektów w tej samej grupie jako wskazówkę istnienia związku między nimi, wyniki podziałów uzyskane dzięki wielokrotnie zastosowanej metodzie k -średnich przekształcane są w macierz współwystąpień o wymiarach $n \times n$:

$$co_assoc(a,b) = votes_{ab}, \quad (4)$$

gdzie $votes_{ab}$ zlicza, ile razy para obiektów a i b zaliczona została do tej samej grupy, wśród tych S składowych podziałów.

3. Ostateczny podział. W celu określenia podziału ostatecznego zastosuj dowolny algorytm taksonomiczny do skonstruowanej macierzy współwystąpień.

Konstrukcja macierzy współwystąpień jest zilustrowana na rys. 1.



Rys. 1. Konstrukcja macierzy współwystąpień i ostateczny podział

2. Taksonomia spektralna

Taksonomia spektralna polega na zastosowaniu wartości własnych pochodzących ze spektralnej dekompozycji macierzy podobieństwa opisującej badane obiekty. Następnie największe wartości własne oraz odpowiadające im wektory własne są wykorzystywane do ostatecznego podziału obserwacji. W literaturze zaproponowano kilka metod spektralnych, a w każdej z nich w nieco inny spo-

sób stosuje się wektory własne (Kannan et al., 2004; Ng et al., 2001; Shi i Malik, 2000). W niniejszym badaniu zastosowana zostanie metoda zaproponowana przez Ng et al. (2001).

Dany jest zbiór obserwacji $G = \{x_1, \dots, x_n\}$ w przestrzeni R^l , który należy podzielić na k grup:

1. Skonstruuj macierz podobieństwa (ang. *affinity matrix*) $A \in R^{n \times n}$, której elementy są zdefiniowane jako:

$$A_{ij} = \exp\left(-\|x_i - x_j\|^2 / 2\sigma^2\right), \quad (5)$$

gdy $i \neq j$ oraz $A_{ii} = 0$. σ to parametr skalujący dobierany przez badacza.

2. Zdefiniuj D jako macierz diagonalną, której element (i, i) jest sumą i -tego wiersza macierzy A i na jej podstawie skonstruuj macierz:

$$L = D^{-1/2} A D^{-1/2}. \quad (6)$$

3. Znajdź k pierwszych wektorów własnych (z_1, z_2, \dots, z_k) macierzy L i zestawiając je w kolumny, skonstruuj macierz:

$$Z = [z_1, \dots, z_k] \in R^{n \times k}. \quad (7)$$

4. Skonstruuj macierz Y poprzez normalizację każdego wiersza macierzy Z tak, by miały jednakową długość, tj.:

$$y_{ij} = z_{ij} / \left(\sum_j z_{ij}^2\right)^{1/2}. \quad (8)$$

5. Traktując każdy wiersz macierzy Y jako punkt w przestrzeni R^k , podziel je na k grup z zastosowaniem metody k -średnich (lub innej).
6. Ostatecznie przydziel każdą pierwotną obserwację x_i do j -tej grupy wtedy i tylko wtedy, gdy i -ty wiersz macierzy Y został przydzielony do j -tej grupy.

3. Badania empiryczne

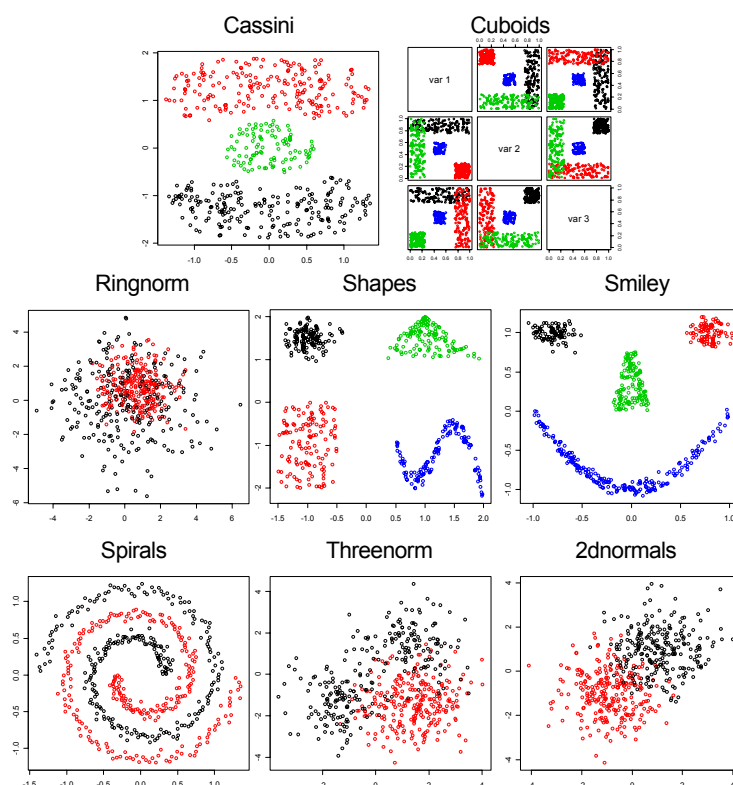
W badaniach empirycznych zastosowano sztucznie generowane zbiory danych, które standardowo wykorzystywane są w badaniach porównawczych w taksonomii*. Są to takie zbiory, w których przynależność obiektów do grup jest z góry znana. Ich krótka charakterystyka znajduje się w tab. 1, natomiast struktura przedstawiona jest na rys. 2.

* Zbiory zostały zaczerpnięte z pakietu mlbench z programu R.

Tabela 1

Charakterystyka zastosowanych zbiorów danych

Zbiór danych	Liczba obiektów	Liczba cech	Liczba klas
<i>Cassini</i>	500	2	3
<i>Cuboids</i>	500	3	4
<i>Ringnorm</i>	500	2	2
<i>Shapes</i>	500	2	4
<i>Smiley</i>	500	2	4
<i>Spirals</i>	500	2	2
<i>Threenorm</i>	500	2	2
<i>2dnormals</i>	500	2	2



Rys. 2. Struktura zastosowanych zbiorów danych

W metodzie *bagging* według Leischa jako metodę bazową zastosowano metodę *k*-średnich, natomiast ostatecznego grupowania dokonano z zastosowaniem metod*: najbliższego sąsiedztwa (*bc_single*), najdalszego sąsiedztwa

* W nawiasach podano notację stosowaną na rys. 3.

(bc_complete), średniej odległości między skupieniami (bc_average), środka ciężkości (bc_centroid), mediany (bc_median), warda (bc_ward). W metodzie Dudoit i Fridlyand oraz Hornika utworzono 50 prób bootstrapowych oraz na ich podstawie określano podziały składowe z zastosowaniem metody c -średnich i k -średnich; natomiast agregacja przebiegała z zastosowaniem równania 2 w metodzie Dudoit i Fridlyand oraz 3 w metodzie Hornika*. Macierz współwystąpień była konstruowana za pomocą dwóch metod, tj. metody c -średnich i k -średnich, a jej późniejszego podziału dokonano za pomocą metod: c -średnich, k -średnich, k -medoidów (pam) oraz clara**.

W taksonomii spektralnej macierz Y grupowana była z zastosowaniem metody k -średnich (specc).

W celu porównania stabilności grupowania badanych metod zastosowano miarę opartą na Indeksie Randa. Definicja Indeksu Randa (R) jest następująca (Rand, 1971). Niech U i V będą wynikami dwóch różnych podziałów zbioru G mającego n elementów. Przez a oznaczmy liczbę obiektów znajdujących się w tej samej grupie w podziale U i w tej samej grupie w podziale V (pary zgodne), b – liczbę obiektów znajdujących się w różnych grupach w podziale U i w różnych grupach w podziale V (pary zgodne), c – liczbę obiektów znajdujących się w tej samej grupie w podziale U i w różnych grupach w podziale V (pary niezgodne) oraz przez d – liczbę obiektów znajdujących się w różnych grupach w podziale U i w tej samej grupie w podziale V (pary niezgodne). Wtedy Indeks Randa dany jest wzorem:

$$R(U, V) = \frac{a + b}{a + b + c + d} = \frac{a + b}{n(n-1)/2}. \quad (9)$$

Miara Randa mierzy odsetek par obiektów zgodnych w obydwu podziałach U i V w ogólnej liczbie par obiektów określonych na zbiorze obiektów G .

Miarę stabilności można zdefiniować jako:

$$Stab = \frac{2}{Z \cdot (Z - 1)} \sum_{\substack{1 \leq z, l \leq Z \\ z < l}} R(P_z, P_l), \quad (10)$$

gdzie:

Z – liczba badanych grupowań,

R – Indeks Randa,

* Na rys. 4 i 5 stosowano skróty cl_bagg_k i cl_consensus_k, jeżeli grupowania składowe określone były z zastosowaniem metody k -średnich oraz cl_bagg_c i cl_consensus_c, gdy wykorzystywano metodę c -średnich.

** Na rys. 6 i 7 pierwszy człon nazwy odnosi się do sposobu konstrukcji macierzy współwystąpień, a drugi – do sposobu jej późniejszego podziału.

P_z – podział na podstawie z -tego grupowania,

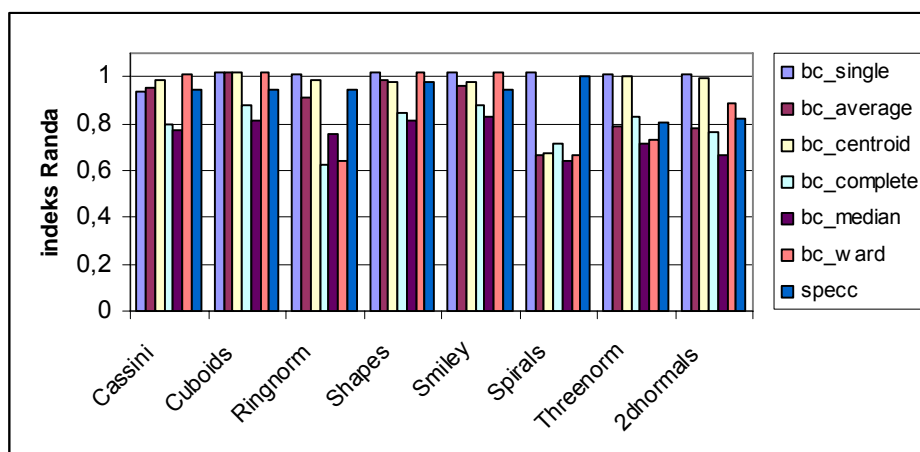
P_l – podział na podstawie l -tego grupowania.

Miara ta ocenia stabilność poprzez pomiar podobieństwa wyników podziałów, które na ich podstawie zostały uzyskane.

4. Wyniki badań empirycznych

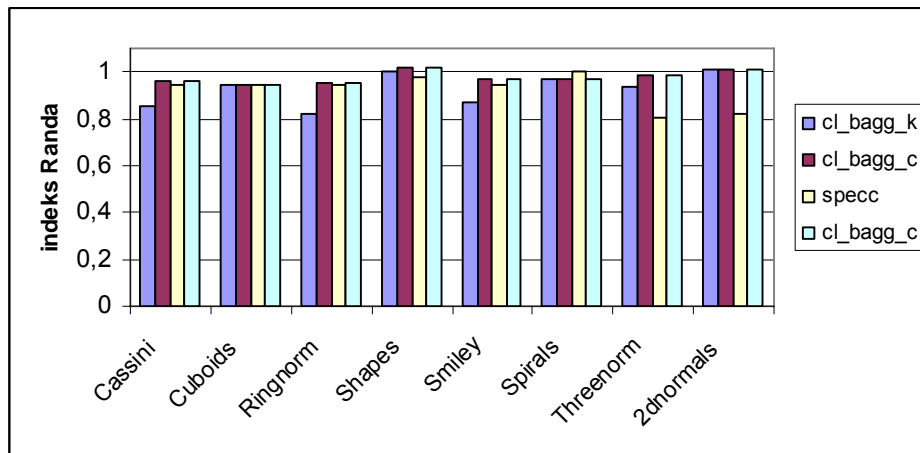
W przypadku wszystkich metod dla zbiorów *Threenorm* i *2dnormals* taksonomia spektralna daje niższą stabilność niż podejście zagregowane (rys. 3-7). Jedynymi wyjątkami są warianty *bc_median*, *kmeans_kmeans* i *cmeans_kmeans*, a także dodatkowo *bc_ward* dla zbioru *Threenorm* i *bc_complete* dla zbioru *2dnormals*. Te dwa zbiory zostaną pominięte w dalszej analizie.

Porównując wyniki dla metody *bagging* wg Leischa (rys. 3), można stwierdzić, że taksonomia spektralna zawsze daje wyższą stabilność niż warianty zagregowane *bc_complete*, *bc_median*, ale niższą niż *bc_single*, *bc_average* i *bc_centroid* (za wyjątkiem wariantu *bc_average* dla zbioru *Ringnorm*).



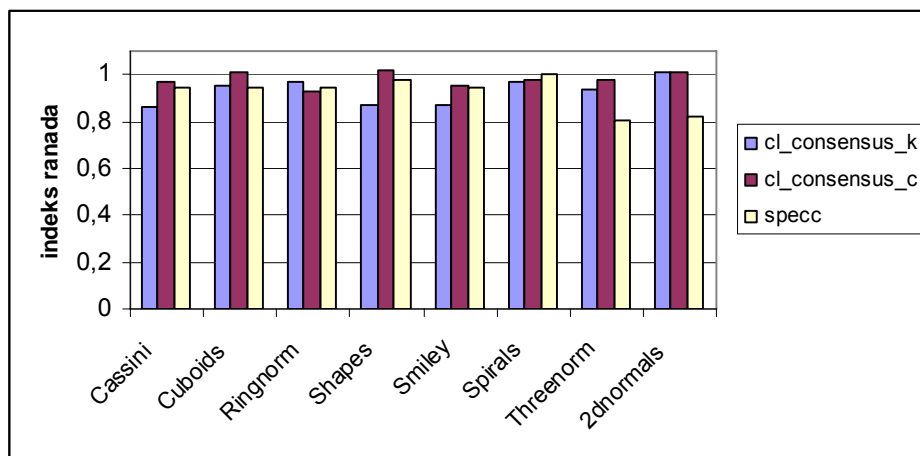
Rys. 3. Porównanie stabilności metody *bagging* według Leischa oraz podejścia spektralnego

W przypadku wyników dla metody *bagging* według Dudoit i Frydland i taksonomii spektralnej (rys. 4) można zauważyć, że obydwa podejścia dają zbliżoną stabilność, za wyjątkiem wariantu *cl_bagg_k* dla zbiorów *Cassini*, *Ringnorm* i *Smiley*.

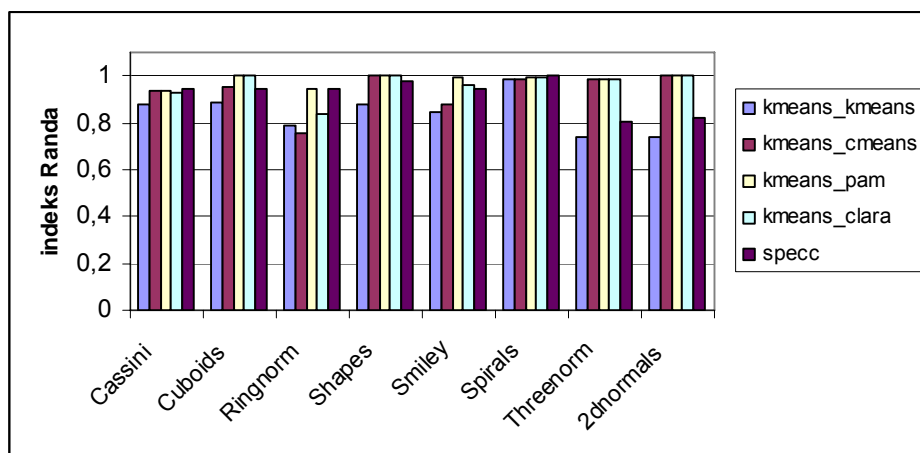


Rys. 4. Porównanie stabilności metody *bagging* według Dudoit i Fridlyand oraz podejścia spektralnego

Wyniki dla metody *bagging* według Hornika i taksonomii spektralnej (rys. 5) pokazują, że dla zbiorów *Cassini*, *Shapes* i *Smiley* metody spektralne zawsze dają nieco niższą stabilność niż *cl_consensus_c*, ale znacznie wyższą niż *cl_consensus_k*. Dla zbioru *Spirals* metody spektralne wydają się najbardziej stabilne, a dla zbioru *Cuboids* – najmniej stabilne.

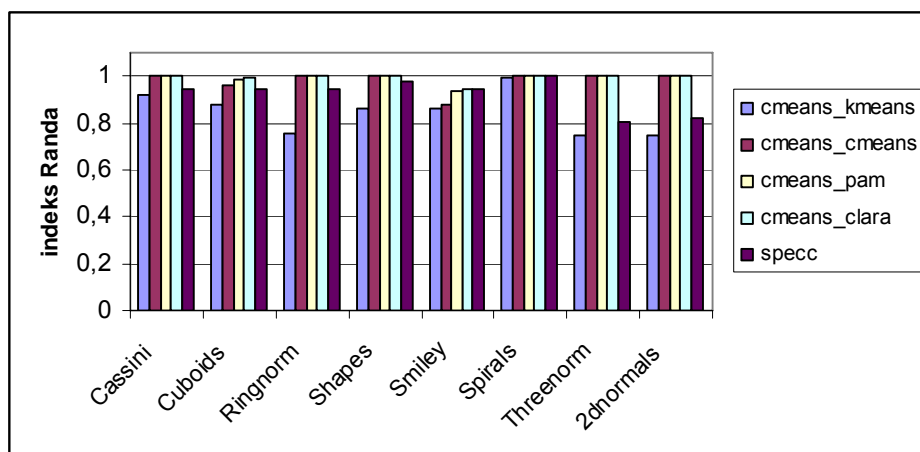


Rys. 5. Porównanie stabilności metody *bagging* według Hornika oraz podejścia spektralnego



Rys. 6. Porównanie stabilności taksonomii spektralnej oraz taksonomii zagregowanej opartej na macierzy współwystąpień konstruowanej za pomocą metody k -średnich

W przypadku metody zagregowanej opartej na macierzy współwystąpień konstruowanej za pomocą metody k -średnich (rys. 6) można zauważyć, że dla zbiorów *Cassini* i *Spirals* taksonomia spektralna daje bardzo zbliżone rezultaty, jak podejście zagregowane. Dla zbiorów *Cuboids*, *Shapes* i *Smiley* taksonomia spektralna daje niższą stabilność niż warianty zagregowane *kmeans_pam* i *kmeans_clara*, ale wyższą niż *kmeans_kmeans*. W przypadku zbioru *Ringnorm* zastosowanie metod spektralnych nie wydaje się dobrym rozwiązaniem w porównaniu z podejściem zagregowanym.



Rys. 7. Porównanie stabilności taksonomii spektralnej oraz taksonomii zagregowanej opartej na macierzy współwystąpień konstruowanej za pomocą metody c -średnich

Dla metody zagregowanej opartej na macierzy współwystąpień konstruowanej za pomocą metody *c*-średnich (rys. 7), w przypadku zbiorów *Cassini*, *Cuboids*, *Ringnorm* i *Shapes* taksonomia spektralna daje niższą stabilność niż warianty zagregowane *cmeans_cmeans*, *cmeans_pam* i *cmeans_clara*, ale wyższą niż *cmeans_kmeans*. Dla zbiorów *Smiley* i *Spirals* metody spektralne dają podobną bądź nieco wyższą stabilność niż rozpatrywane warianty metody opartej na macierzy współwystąpień.

Podsumowanie

Podsumowując całość przeprowadzonych badań, można stwierdzić, że w przypadku zbiorów danych z trudno separowalnymi grupami (np. *Threenorm*, *2dnormals*) taksonomia spektralna może dawać niższą stabilność niż podejście zagregowane. Podejście spektralne jest zawsze bardziej stabilne niż warianty zagregowane *bc_median*, *bc_complete*, *kmeans_kmeans* i *cmeans_kmeans*, ale równie bądź mniej stabilne niż *bc_single*, *kmeans_pam* i *cmeans_clara*.

Bibliografia

- Breiman L. (1996): *Bagging predictors*. „Machine Learning”, 26(2).
- Dudoit S., Fridlyand J. (2003): *Bagging to Improve the Accuracy of a Clustering Procedure*. „Bioinformatics”, 19(9).
- Fern X.Z., Brodley C.E. (2003): *Random Projection for High Dimensional Data Clustering: A Cluster Ensemble Approach*. „Proceedings of the 20th International Conference on Machine Learning”.
- Fred A. (2002): *Finding Consistent Clusters in Data Partitions*. „Proceedings of the International Workshop on Multiple Classifier Systems”.
- Fred N.L., Jain A.K. (2002): *Combining Multiple Clusterings Using Evidence Accumulation*. „IEEE Transactions on PAMI”, 27(6).
- Hornik K. (2005): *A CLUE for CLUster Ensembles*. „Journal of Statistical Software”, 14.
- Kannan R., Vempala S., Vetta A. (2000): *On Clusterings – Good, Bad, and Spectral*. „Proceedings of the 41st Annual Symposium on Foundations of Computer Science”.
- Kuncheva L., Vetrov D. (2006): *Evaluation of Stability of k-means Cluster Ensembles with Respect to Random Initialization*. „IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence”, Vol. 28, No. 11.
- Leisch F. (1999): *Bagged Clustering*. „Adaptive Information Systems and Modeling in Economics and Management Science”, Working Paper 51.

Ng A.Y., Jordan M.I, Weiss, Y. (2001): *On Spectral Clustering: Analysis and an Algorithm*. „Advances in Neural Information Processing Systems”.

Shi J., Malik J. (2000): *Normalized Cuts and Image Segmentation*. „IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence”, 22(8).

Strehl A., Ghosh J. (2002): *Cluster Ensembles - A Knowledge Reuse Framework for Combining Multiple Partitions*. „Journal of Machine Learning Research”, 3.

COMPARISON OF SPECTRAL CLUSTERING AND CLUSTER ENSEMBLES STABILITY

Summary

High accuracy of the results is very important task in any grouping problem (clustering). It determines effectiveness of the decisions based on them. Therefore in the literature there are proposed methods and solutions that main aim is to give more accurate results than traditional clustering algorithms (e.g. k-means or hierarchical methods). Examples of such solutions can be cluster ensembles or spectral clustering algorithms. A desirable quality of any clustering algorithm is also stability of the method with respect to small perturbations of data (e.g. data subsampling, small variations in the feature values) or the parameters of the algorithm (e.g. random initialization). Empirical results shown that cluster ensembles are more stable than traditional clustering algorithms. Here, we carry out an experimental study to compare stability of spectral clustering and cluster ensembles.