1.实验内容

- 1.单细胞数据如表 1 所示;
- 2.由于单细胞数据的高维度,使用降维方法进行降维;
- 3.将聚类结果与金标结果进行对比、计算 ARI/NMI 指标;
- 4.可视化聚类结果。

表1数据集列表

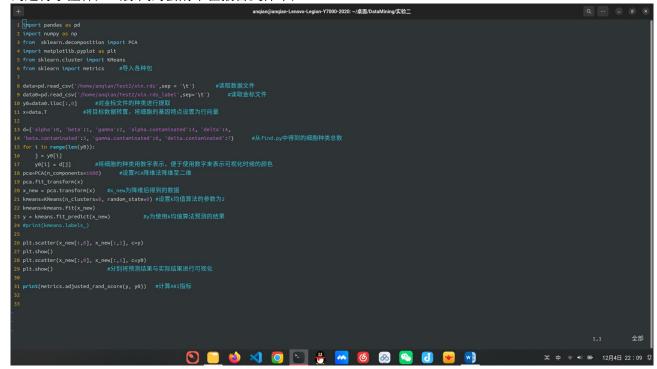
单细胞数据	细胞数	基因数	类型数
Klein	2717	24175	4
Lake	3042	25123	16
Romanov	2881	24341	7
Xin	1600	39851	8
Zeisel	3005	19972	9

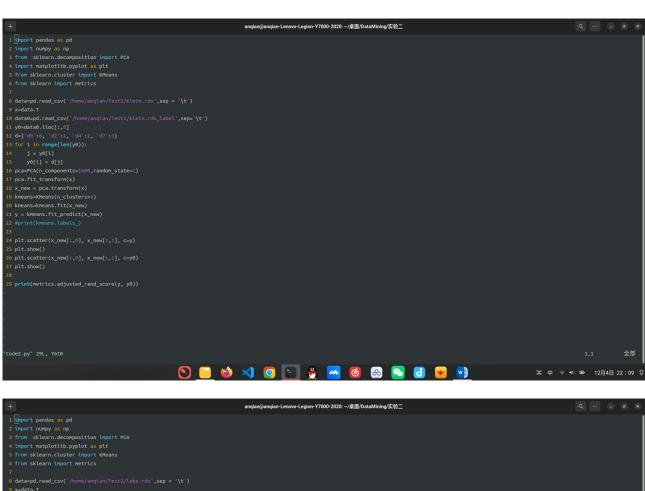
2.分析及设计

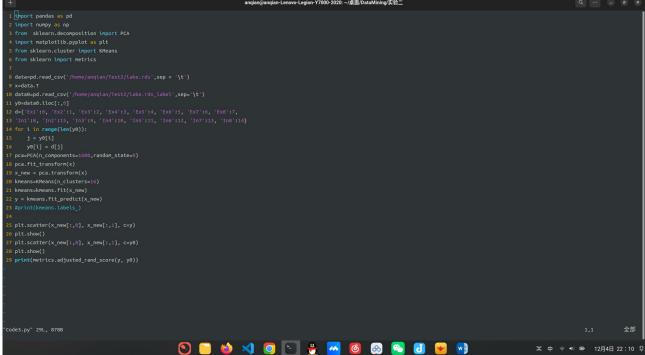
- 1.由于细胞的基因数较多,因此直接进行聚类会拥有巨大的计算量,因此我们考虑对数据进行降维处理,在本次实验中我使用了 PCA 降维的方法对数据集进行了降维。
- 2.对数据集进行降维之后, 我采用了 K 均值算法来进行聚类分析。通过对得到的结果与 实际结果进行对比, 求得 ARI 值。
 - 3.可视化时采用 matplotlib.pyplot 包中的 plt.scatter()函数来实现。

3.详细实现

(代码注释较为详细,且五个程序的源代码具有非常高的相似度,因此仅对这一个源代码进行了注释)(源代码会附带在报告文件中)





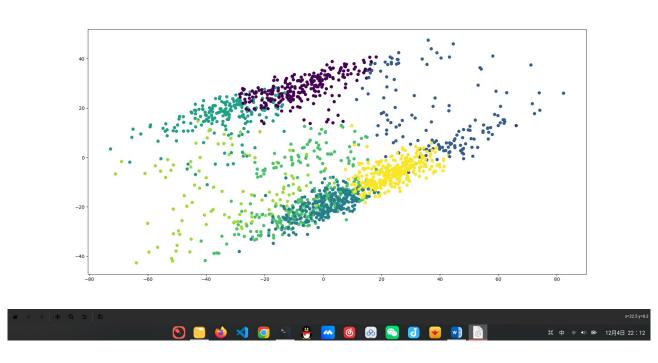


```
nqian-Lenovo-Legion-Y7000-2020: ~/桌面/DataMining/实验二
 thoport pandas as pd
2 import numpy as np
3 from skitearn.decomposition import PCA
4 import natplotlib.pyplot as plt
5 from skitearn.cluster import KMeans
6 from skitearn import metrics
1. pca.ttc_transform(x)
18 x_new = pca.transform(x)
19 kmeans=KMeans(n_clusters=7)
20 kmeans=kmeans.fit(x_new)
21 y = kmeans.fit_predict(x_new)
22 #print(kmeans.labels_)
 25 plt.show()
26 plt.scatter(x_new[:,0], x_new[:,1], c=y0)
27 plt.show()
                                                                                                                            S = (4) ★ (5) ★ (7) ★ (8) ★ (12月4日 22:10 様)
                                                                                                                                                                             angian@angian-Lenovo-Legion-Y7000-2020: ~/桌面/DataMining/实验二
 1 Import pandas as pd
2 Import numpy as np
3 from sklearn.decomposition import PCA
4 import matplottib.pyplot as plt
5 from sklearn.cluster import KMeans
6 from sklearn import metrics
 . 8 data=pd.read_csv('/home/anqian/Test2/zeisel.rds',sep = '\t')
9 x=data.T
10 data0=pd.read_csv('/home/anqian/Test2/zeisel.rds_label',sep='\t')
10 data@=pd.read_csv('/home/anqlan/Test2/zetsel.rds_label',sep='\t')
11 y@=data@-tloc(:,0]
12 def'(calpy=ntdal':0, 'oligodendrocytes':1, 'sipyramidal':2, 'interneurons':3, 'astrocytes':4,
13 'endotheltal':5, 'intcrogita':6, 'mural':7, 'ependymal':0}
14 for t in range(len(y0)):
15 j = y0[t]
16 y0[t] = d[j]
17 pca=PCA(m_components=1600,random_state=0)
18 pca.ftt_transform(x)
19 x_new = pca.transform(x)
20 kneans=KMeans(n_clusters=0)
21 kneans=kMeans.ftt(x_new)
22 y = kneans.ftt_x_new)
23 #print(kneans.labels_)
```

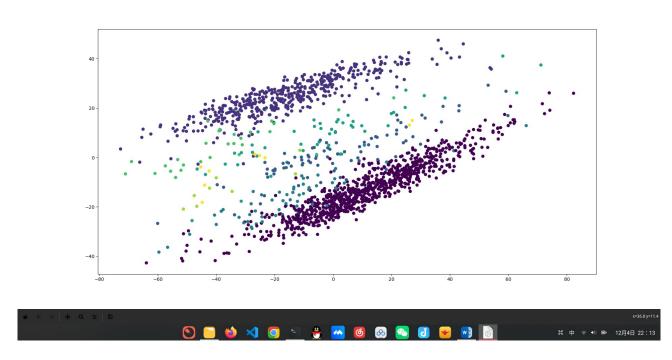
(S) | (a) | (b) | (c) | (c) | (d) |

4.实验结果 xin 实验结果:





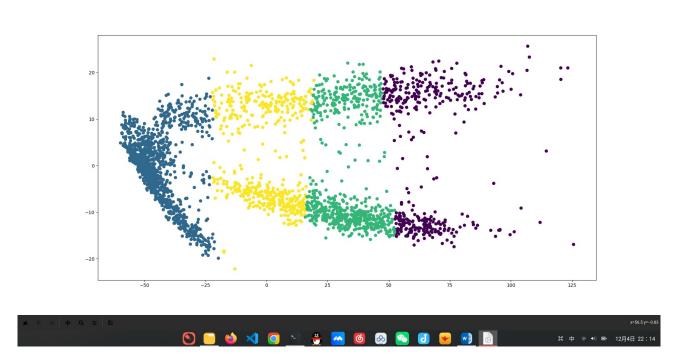
xin 实际结果:



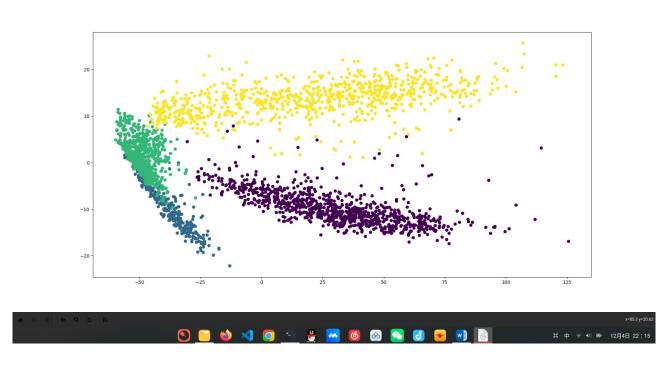
ARI 值: 0.29928340168714584

klein 实验结果:





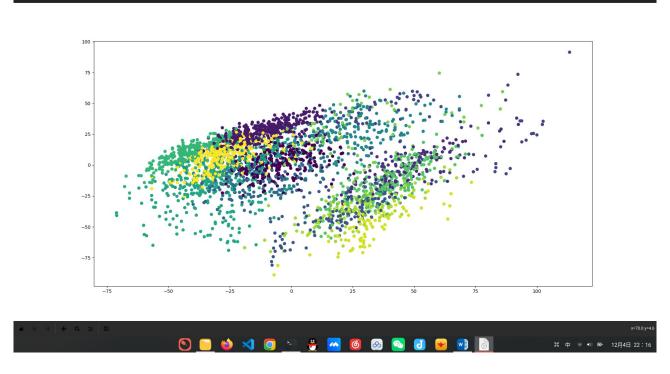
klein 实际结果:



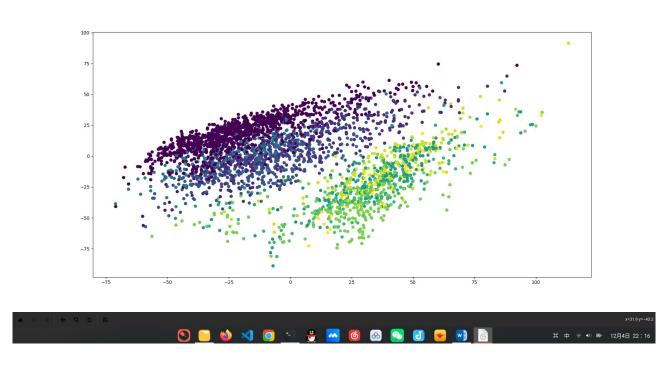
ARI 值: 0.2881879897918303

lake 实验结果:





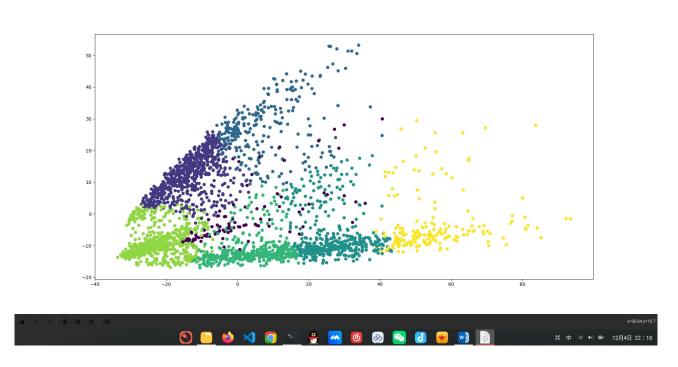
lake 实际结果:



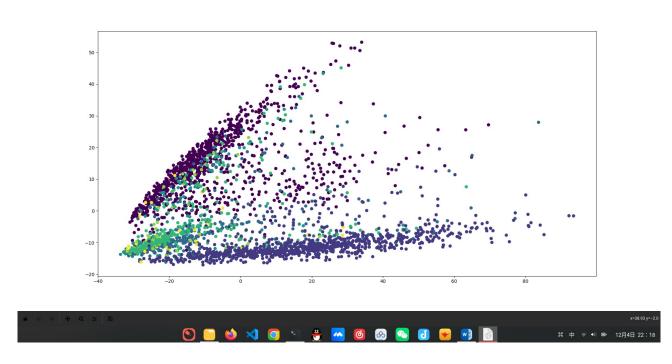
ARI 值: 0.3444637296732852

romanov 实验结果:





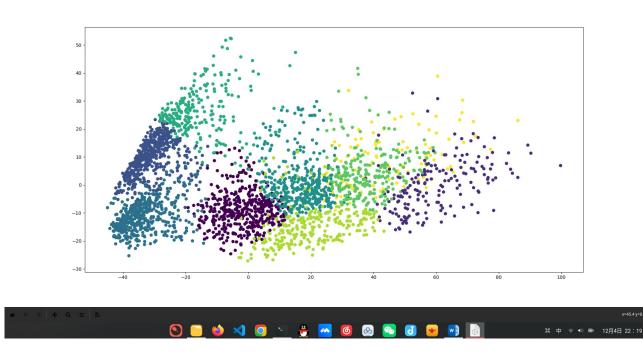
romanov 实际结果:



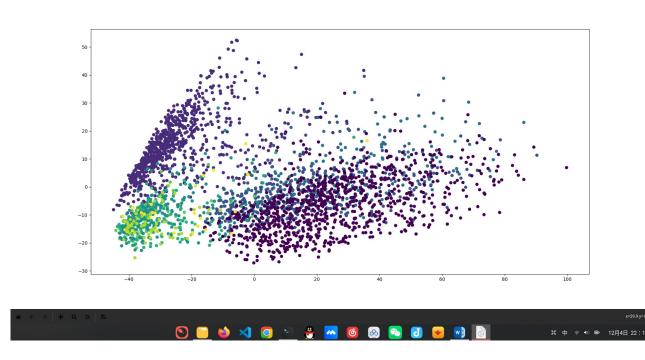
ARI 值: 0.28581596510492296

zeisel 实验结果:





zeisel 实际结果:



ARI 值: 0.31187227567201975

5.心得体会

在本次实验中我学习了如何使用 Python 对数据集进行降维,并学习了如何使用 Python 中的 sklearn 进行 K 均值算法的聚类,在期间也是对 Python 各种包中的工具进行了比较深入的了解。同时,我也对 K 均值算法的原理了解地更加深入了。

令人比较遗憾的是, 我在使用 K 均值算法得到的结果中并没有看到与实际结果有很大的

相似度,ARI 指标也并未达到我的预期,或许是自己对 Python 包中的工具使用不当,也可能是降维过多,导致数据特征不明显,从而难以得到准确的可视化结果。相信在以后的深入学习中能够了解到更多的解决措施。

最后,在本次实验的开始阶段,我对于 rds 后缀的文件不知所措。在开始的时候我把它转换成了 csv 文件,但是在使用 Python 读取的时候总是会报出格式错误,多次尝试改动后无果,搜集了大量的资料依然没有找到合适的方法来读取 rds 文件,后来了解到 rds 文件的源头大多数是 Rstudio,即使用 R 语言创造的,因此我考虑使用 R 语言来做本次实验。我尝试安装了 R 语言。可能是依赖的问题,在使用 R 语言进行文件读取的时候依然会报出一些奇怪的错误,多次寻求解决后无果。最后考虑使用 Python 中的 rpy2 包来读取 rds 文件,结果使用 pip 安装 rpy2 会报错,多次尝试解决后无果。可能是自己的解决方式不对,最终解决上面的几个问题花费了我数天时间,绞尽脑汁也没有搞定这几个问题。最后还是班级里的一位同学解答了我的疑惑,直接使用 pandas 中的 read_csv 就可以做到读取 rds 文件,这一难题直接迎刃而解了,剩下的实验内容倒没有花费过多时间。这一次真切的感受到了在实验过程中需要多问问题,同学们的互帮互助会无形之中解决掉很多的麻烦。同时我认为我的问题可能也代表了一部分同学的问题,也非常希望老师能够在布置实验任务的同时,能够简要介绍一下实验的必要工具,这样可以减少很多不必要的小问题,帮助同学们少走很多弯路~