



Unidad 3 - Análisis exploratorio de datos: Medidas de Resumen

Fundamentos de ciencia de datos



Introducción

Una de las primeras tareas que tenemos que realizar antes de comenzar a trabajar con los datos que recibimos es el análisis exploratorio de los datos. Esta tarea surge naturalmente cuando la consigna del análisis no está definida pero es muy posible pasarla por alto cuando nos piden realizar X análisis usando ciertos datos.

En esta unidad vamos a estudiar medidas de resumen que nos permitan entender los datos a partir de ciertos valores. En la próxima unidad, vamos a explorar los datos a través de visualizaciones.

Para esta unidad vamos a utilizar la “Encuesta Nacional de Factores de Riesgo (ENFR) 2018” disponible [aquí](#)

Contenido de la unidad

1. Medidas de centralidad: media, mediana, moda
2. Cuartiles y percentiles
3. Medidas de dispersión: rango, varianza, desvío estándar, rango intercuartílico, desviación mediana absoluta (MAD)
4. Valores atípicos
5. Tablas de frecuencia, proporciones y porcentajes
6. Métricas de correlación: covarianza, correlación lineal, correlación de Spearman
7. Matriz de covarianza y matriz de correlación
8. Métricas de distancia y similaridad

Glosario

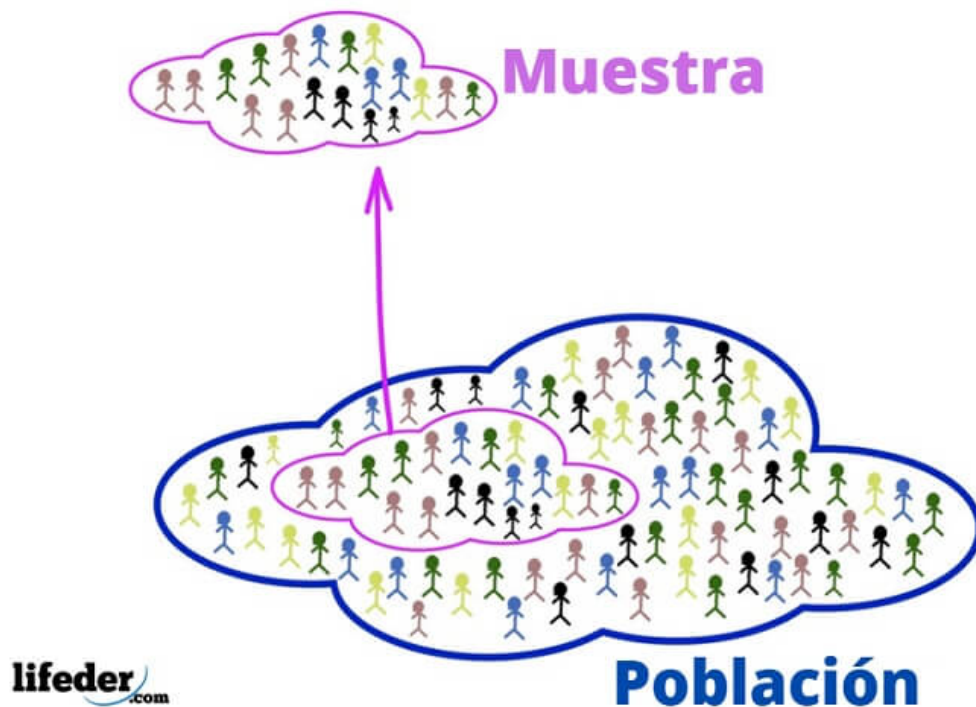
Población

En estadística, la población se refiere al conjunto total de individuos, objetos, eventos o medidas que comparten una característica común de interés y que son de interés para un estudio en particular. La población puede ser tan grande o tan pequeña como se desee y puede estar formada por personas, animales, objetos, empresas, países, entre otros.

Muestra

Por otro lado, una muestra se refiere a una porción o subconjunto seleccionado de la población. La muestra se utiliza para inferir información sobre la población en su conjunto. La muestra debe ser seleccionada de manera aleatoria y representativa para garantizar que los resultados sean confiables y generalizables a la población en su conjunto.

Por ejemplo, si se desea estudiar la estatura de las mujeres adultas en un país en particular, se podría seleccionar una muestra aleatoria de mujeres adultas y medir su estatura. Si la muestra es representativa y suficientemente grande, se puede inferir información sobre la estatura promedio de todas las mujeres adultas en ese país.



Medidas de centralidad

Las medidas de centralidad describen el centro de la distribución de los datos. Las más comunes son Media, Moda y Mediana, las cuales repasamos a continuación.



Algunas medidas de resumen se calculan de forma diferente dependiendo si el cálculo se realiza con la población o con una muestra.

Media/Promedio

El promedio de la población se representa con la letra μ mientras que el promedio de la muestra se representa con \bar{x} . Ambos promedios se calculan sumando todos los valores no nulos de la variable X y dividiendo por la cantidad de valores no nulos de X . Se utiliza la siguiente ecuación:

$$\bar{x} = \frac{\sum_{i=1}^n x_i}{n}$$

La media es sensible a valores atípicos, por lo tanto, cuando nos encontramos en presencia de los mismos es importante utilizar otras medidas de resumen para describir los datos de una mejor manera.

Mediana

La mediana, cuartil 2 o percentil 50, se define como el valor que se encuentra en el medio de una lista ordenada. En los casos en los que no existe un único valor central, es decir cuando la cantidad de valores estudiados es par, se calcula el promedio de los dos valores centrales.

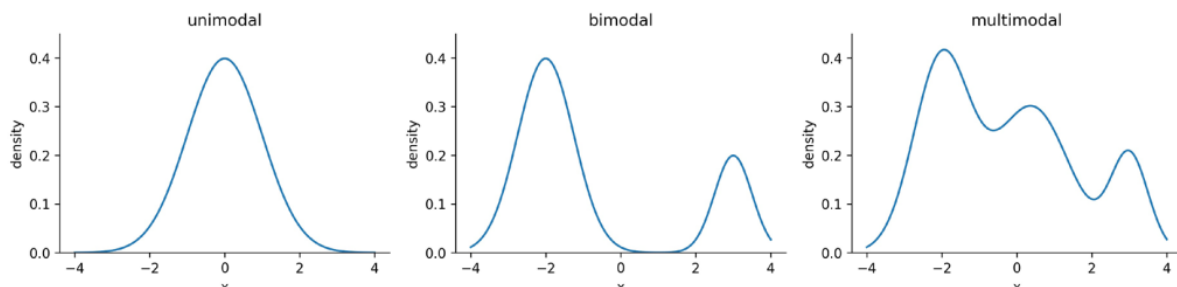
Veamos un ejemplo:

1. Tenemos la variable X cuyas observaciones son [40, 2, 2, 3, 9, 10, 11, 11, 1, 3, 10, 5, 1, 3, 3]
2. Ordenamos los valores de la variable [1, 1, 2, 2, 3, 3, 3, 3, 5, 9, 10, 10, 11, 11, 40]
3. El valor intermedio es 3

En nuestros datos parece haber un valor atípico, el 40. Como discutimos arriba, la media, 7.6, se ve afectada por este valor, mientras que la mediana no.

Moda

Es el valor que aparece con mayor frecuencia en nuestra medición. En el caso anterior podemos observar que la moda es el 3. Algunas distribuciones pueden presentar más de una moda, es decir valores que se destacan por su alta frecuencia comparada con el resto. De esta manera, tenemos distribuciones unimodales, bimodales o multimodales.



Libro "Hands-On Data Analysis with Pandas" Stefanie Molin.

Pandas cuenta con funciones específicas para calcular estas medidas:

```
import pandas as pd
data = pd.read_csv('ENFR 2018 - Base usuario.txt', delimiter = '|')

# Mean
data.bh1h01.mean()
2446.65

# Median
```

```
data.bh1h01.median()  
18000  
  
# Mode  
data.bh1h01.mode()  
20000
```

Medidas de Posición: Cuartiles y Percentiles

Los cuartiles y percentiles son útiles para identificar valores atípicos o extremos en un conjunto de datos y para analizar la distribución de los datos. Por ejemplo, si los valores de un conjunto de datos están concentrados en un rango estrecho, los cuartiles y percentiles estarán muy cercanos entre sí, mientras que si los valores están muy dispersos, los cuartiles y percentiles estarán más separados.

Percentil

Supongamos que tenemos la siguiente lista ordenada de datos con 11 elementos:

$$l = [1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11]$$

Una vez ordenados los datos de una variable X de menor a mayor, el percentil i es el valor de la variable que deja al $i\%$ de los datos por debajo de sí y al $100 - i\%$ por encima de sí.

El percentil 10 es 2, puesto que deja 1 valor por debajo de sí y 9 valores por encima de sí.

```
data.bh1h01.quantile(0.1)  
6000
```

A esta función podemos especificarle cómo queremos que se calcule el valor del percentil cuando el mismo cae entre otros dos valores.

Cuartiles

Los cuartiles son un tipo de percentil que divide a la variable X en 4 partes iguales:

- Cuartil 1 (Q1) es el valor por debajo del que cae 25% de los datos
- Cuartil 2 (Q2) es el valor por debajo del que cae 50% de los datos (Coincide con la Mediana)
- Cuartil 3 (Q3) es el valor por debajo del que cae 75% de los datos

Existen varios métodos para calcular cuartiles y percentiles en general. El método R-7, también conocido como "R-7 de Hyndman & Fan", es una variante del método de interpolación lineal. En este método, la posición de un percentil específico en una serie de datos ordenada se calcula utilizando la siguiente fórmula:

```
# percentil puede ser 25, 50 o 75 según el caso Q1, Q2 y Q3 respectivamente  
pos = 1 + (percentil / 100) * (N - 1)
```



Atención: esta fórmula nos indica la posición del cuartil, no el valor del cuartil.

Donde **percentile** es el percentil deseado y **N** es el número total de elementos en la serie de datos.

Cuando **pos** no es un entero, se interpola linealmente entre los dos valores adyacentes en la posición fraccionaria en la serie de datos ordenada. El método R-7 es utilizado tanto por NumPy como por Pandas para calcular cuartiles y percentiles.

Los otros métodos R (R-1 a R-9), son una familia de métodos de estimación de percentiles propuestos por Hyndman y Fan en su artículo "Sample Quantiles in Statistical Packages" (1996). Estos métodos difieren en la forma en que se calcula la posición y en cómo se interpola entre valores adyacentes cuando la posición no es un entero.

Es importante destacar que no existe un enfoque "correcto" único para calcular cuartiles y percentiles, ya que cada método tiene sus propias ventajas y desventajas en función de la distribución y características de los datos en cuestión. Por lo tanto, es útil conocer los diferentes métodos y seleccionar el que mejor se adapte a las necesidades del análisis de datos.

Ejemplos:

La siguiente lista de longitud 8 está dividida en 4 partes iguales y pintada acorde **[2, 2, 4, 5, 5, 6, 7, 8]**

El Q1 es un valor que se ubica entre el índice 2 y el 3 (Pos. índice 2.75) para que la lista quede dividida en dos partes, por un lado el 25% de los datos y por el otro el 75%. La lista debería quedar de la siguiente manera **[2, 2, 4, 5, 5, 6, 7, 8]**. El Q1 en este caso es 3.5 si utilizamos la interpolación lineal para calcular el valor.

Posición del cuartil Q1 = $(1 + 0.25 * (8 - 1)) = 2.75$

Valor del cuartil Q1 = $2 + 0.75 * (4 - 2) = 3.5$

El Q2 es un valor que se ubica entre el índice 4 y 5 (Pos. índice 4.5). Como ambos índices tienen el mismo valor, 5, no hay dudas de que el Q2 es igual a 5. La lista quedaría dividida de esta manera **[2, 2, 4, 5, 5, 6, 7, 8]** con 50% de los datos por debajo del valor y 50% de los datos por encima.

Posición del cuartil Q2 = $(1 + 0.5 * (8 - 1)) = 4.5$

Valor del cuartil Q2 = $5 + 0.5 * (5 - 5) = 5$

Finalmente, el Q3, es un valor que se ubica entre el índice 6 y 7 (Pos. índice 6.25) para que la lista quede dividida en 75-25%, **[2, 2, 4, 5, 5, 6, 7, 8]**. En este caso el Q3 es 6.25.

Posición del cuartil Q3 = $(1 + 0.5 * (8 - 1)) = 6.25$

Valor del cuartil Q3 = $6 + 0.25 * (7 - 6) = 6.25$

En el siguiente ejemplo, mostramos como calcular los cuartiles con Pandas con la función **quantile**, pero también desarrollando las fórmulas en Python "a mano".

```
import pandas as pd
import math
serie = pd.Series([2, 2, 4, 5, 5, 6, 7, 8])

# Cálculo de la posición según método R7 (Mismo que en Excel, R, Pandas, Numpy)
q1_pos = 1 + (25 / 100) * (serie.size - 1)
q2_pos = 1 + (50 / 100) * (serie.size - 1)
q3_pos = 1 + (75 / 100) * (serie.size - 1)

# Obtenemos la parte decimal de la posición calculada
parte_frac, _ = math.modf(q1_pos)
# ¡Restamos 1 a la posición, ya que nuestra serie se basa en 0!
index = int(q1_pos) - 1
# Valor del cuartil Q1 = 2 + 0.75 * (4 - 2) = 3.5
q1_valor = serie[index] + parte_frac * (serie[index + 1] - serie[index])

# Obtenemos la parte decimal de la posición calculada
parte_frac, _ = math.modf(q2_pos)
```

```
# ¡Restamos 1 a la posición, ya que nuestra serie se basa en 0!
index = int(q2_pos) - 1
# Valor del cuartil Q2 = 5 + 0.5 * (5 - 5) = 5
q2_valor = serie[index] + parte_frac * (serie[index + 1] - serie[index])

# Obtenemos la parte decimal de la posición calculada
parte_frac, _ = math.modf(q3_pos)
# ¡Restamos 1 a la posición, ya que nuestra serie se basa en 0!
index = int(q3_pos) - 1
# Valor del cuartil Q3 = 6 + 0.25 * (7 - 6) = 6.25
q3_valor = serie[index] + parte_frac * (serie[index + 1] - serie[index])

# Ahora usamos pandas para calcular los cuartiles.
# Por defecto Pandas usa siempre la interpolación "linear"
q1_pandas = serie.quantile(0.25, interpolation="linear")
q2_pandas = serie.quantile(0.50, interpolation="linear")
q3_pandas = serie.quantile(0.75, interpolation="linear")

# Los valores calculados a mano en Python, son iguales a Pandas
print('Posic.', '\t\t', 'Python', '\t', 'Pandas')
print(q1_pos, '\t\t', q1_valor, '\t\t', q1_pandas)
print(q2_pos, '\t\t', q2_valor, '\t\t', q2_pandas)
print(q3_pos, '\t\t', q3_valor, '\t\t', q3_pandas)

# Resultado
"""
Posic.   Python   Pandas
2.75     3.5     3.5
4.5      5.0     5.0
6.25     6.25    6.25
"""
```

Volviendo a los datos de ingreso reportados en la encuesta de nuestro dataset, podemos realizar los siguientes cálculos:

```
# Cuartil 1 (Q1)
data.bh1h01.quantile(0.25)
10000

# Cuartil 2 (Q2)
data.bh1h01.quantile(0.5)
18000

# Cuartil 3 (Q3)
data.bh1h01.quantile(0.75)
30000
```

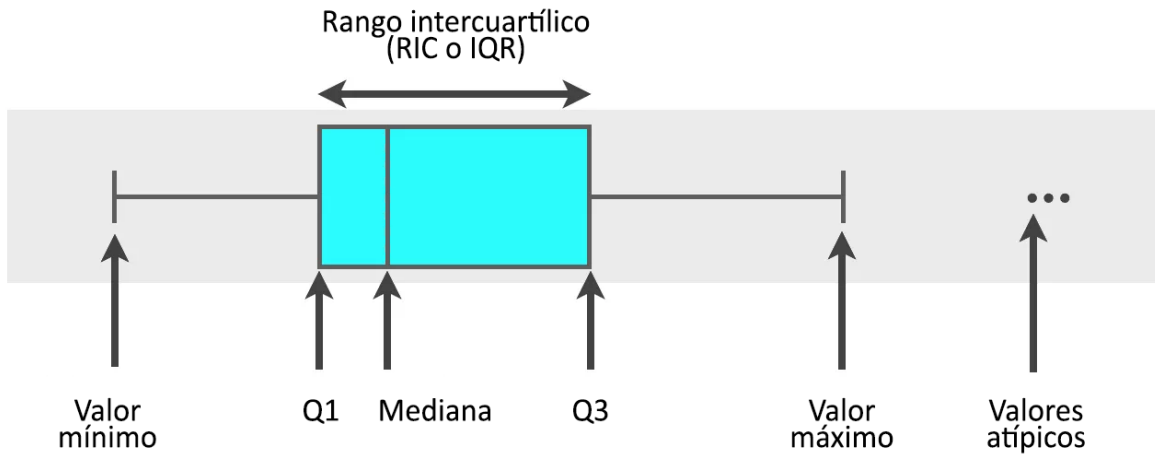
Diagrama de caja y bigotes (Boxplots)

Los boxplots (también conocidos como diagramas de caja y bigotes) se utilizan para representar gráficamente la distribución de un conjunto de datos numéricos y mostrar la presencia de valores atípicos (outliers).

El boxplot muestra cinco estadísticas resumen del conjunto de datos: la mediana (el valor medio), el primer cuartil (el valor que divide al conjunto de datos en dos partes, dejando el 25% de los datos a la izquierda y el 75% a la derecha), el tercer cuartil (el valor que divide al conjunto de datos en dos partes, dejando el 75% de los datos a la izquierda y el 25% a la derecha), el valor mínimo y el valor máximo.

Además se compone de una caja que se extiende desde el primer cuartil hasta el tercer cuartil, y una línea dentro de la caja que representa la mediana. Dos líneas (bigotes) se extienden desde la caja hasta el valor mínimo y máximo, excluyendo los valores atípicos que se encuentran más allá de los bigotes.

Los boxplots son útiles para comparar la distribución de datos entre diferentes grupos o conjuntos de datos, y para identificar valores atípicos que pueden estar influyendo en la distribución de los datos. A continuación se muestra un ejemplo de como se interpretan los diagramas de boxplots:



Los bigotes se extienden desde los bordes de la caja hasta los valores mínimos y máximos dentro de un rango determinado. Este rango se calcula utilizando un múltiplo del IQR. Usualmente, este múltiplo es 1.5, aunque puede variar según la convención o la preferencia del analista. Por lo tanto, el rango de los bigotes se define como:

- Límite inferior: $Q1 - 1.5 * IQR$
- Límite superior: $Q3 + 1.5 * IQR$

Los bigotes no siempre llegan exactamente a estos límites; en cambio, llegan hasta el valor de los datos más cercano a estos límites dentro del conjunto de datos.

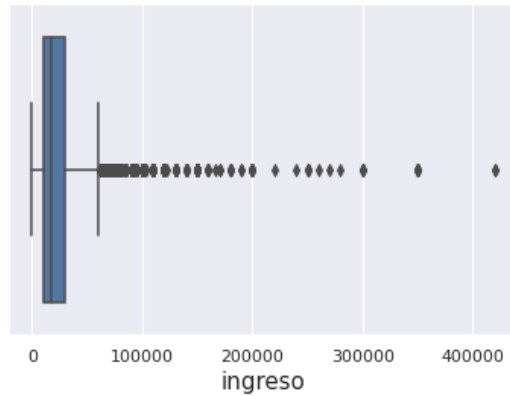
Volviendo a nuestro dataset inicial, si plotamos la distribución de los ingresos, vemos que coincide con lo calculado. Para eso usaremos un boxplot realizado con seaborn:

```
import seaborn as sns
import matplotlib.pyplot as plt

sns.boxplot(data=data, x='bhih01', orient='h')
plt.xlabel('ingreso')
plt.show()
```

Para calcular percentiles en pandas podemos usar la función `DataFrame.quantile` a la que le podemos pasar el valor del percentil dividido por 100. Continuando con el ejemplo de arriba:

Y el diagrama resultante es:



Medidas de dispersión

Rango

Rango o amplitud, es la distancia entre el dato de menor valor y el de mayor valor. Dada un grupo de datos llamado *valores*, el rango se define como:

$$R = \max(\text{valores}) - \min(\text{valores})$$

Por ejemplo, para el grupo de datos [5, 7, 29, 9, 60, 1, 100, 45, 50, 80], el rango es 99.

Usando los datos de la encuesta de salud obtendríamos:

```
data.bh1h01.max() - data.bh1h01.min()
420000
```

Varianza

La varianza calcula cuál es la dispersión de los datos con respecto a la media aritmética. La fórmula depende de si se está calculando para la población o para la muestra (la explicación de esto lo verán en Probabilidad y Estadística).

La varianza para la población se calcula como:

$$\sigma^2 = \frac{\sum_{i=1}^N (x_i - \mu)^2}{N}$$

La varianza para la muestra se calcula con:

$$s^2 = \frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2}{n - 1}$$

Donde:

N : Cantidad de datos en la población

n : Cantidad de datos en la muestra

μ : Media de la población

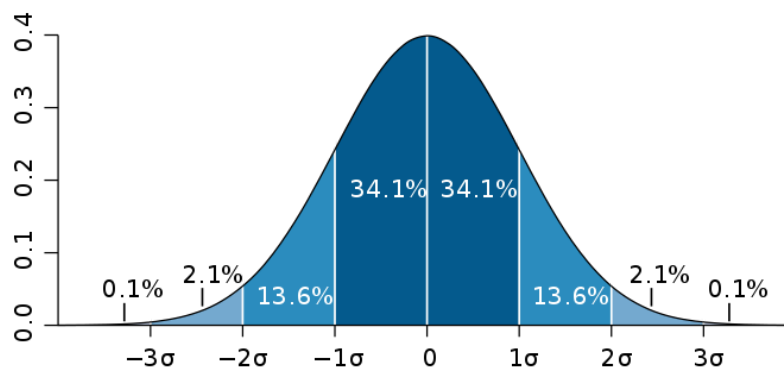
\bar{x} : Media de la muestra



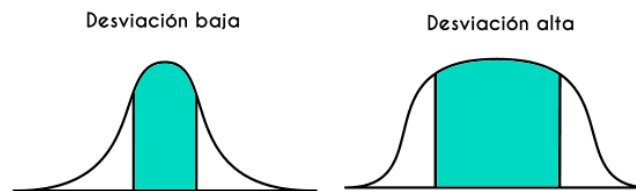
La varianza se utiliza en diversos campos como la economía, finanzas, psicología, biología, física, entre otros, para evaluar qué tan dispersos están los valores en un conjunto de datos. Si la varianza es pequeña, significa que los datos están agrupados en torno a la media; si es grande, los datos están más dispersos.

Desvío Estándar

El desvío estándar, es una medida que se utiliza para cuantificar la variación o la dispersión de un conjunto de datos numéricos. Una desviación estándar baja indica que la mayor parte de los datos de una muestra tienden a estar agrupados cerca de su media (también denominada el *valor esperado*), mientras que una desviación estándar alta indica que los datos se extienden sobre un rango de valores más amplio. Se utiliza la letra griega sigma " σ " para referirse al desvío estándar.



Una gráfica de la distribución normal (o curva en forma de campana, o curva de Gauss), donde cada banda tiene un ancho de una vez la desviación estándar



Una desviación estándar alta indica una mayor variabilidad en los datos, mientras que una desviación estándar baja indica una menor variabilidad.

El desvío estándar es la raíz cuadrada de la varianza. El problema principal de la varianza es que sus unidades no representan a las unidades de la variable para la cual la estamos calculando. Por ejemplo, si estamos calculando la varianza de una variable que mide precios, sus unidades serán en $\2 . Por esta razón surge la desviación estándar cuyas fórmulas mostramos a continuación:

Desviación estándar para la población:

$$\sigma = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^N (x_i - \mu)^2}{N}}$$

Desviación estándar para la muestra:

$$s = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2}{n - 1}}$$

El caso que estamos estudiando, la encuesta de factores de riesgo, es una muestra ya que no tenemos datos para toda la población. Pandas cuenta con la función `pd.std` que calcula la desviación estándar de la muestra:

```
import pandas as pd
data = pd.read_csv('ENFR 2018 - Base usuario.txt', delimiter = '|')

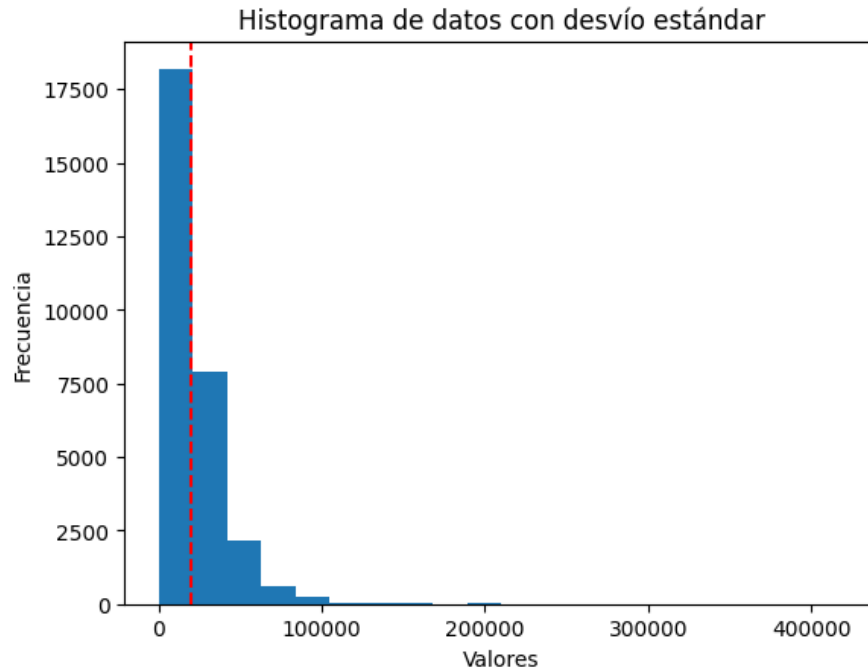
# Desviación estándar
data.bh1h01.std()
19756.58
```

Podemos graficar un histograma con los ingresos de los encuestados, destacando el valor de la desviación estándar:

```
import matplotlib.pyplot as plt

desvio_estandar = data.bh1h01.std()

plt.hist(data.bh1h01, bins=20) # Crear un histograma de los datos con 20 bins
plt.axvline(x=desvio_estandar, color='red', linestyle='--') # Agregar una línea vertical que represente el desvío estándar
plt.title('Histograma de datos con desvío estándar') # Agregar un título al gráfico
plt.xlabel('Valores') # Agregar una etiqueta al eje x
plt.ylabel('Frecuencia') # Agregar una etiqueta al eje y
plt.show() # Mostrar el gráfico
```



Rango intercuartílico

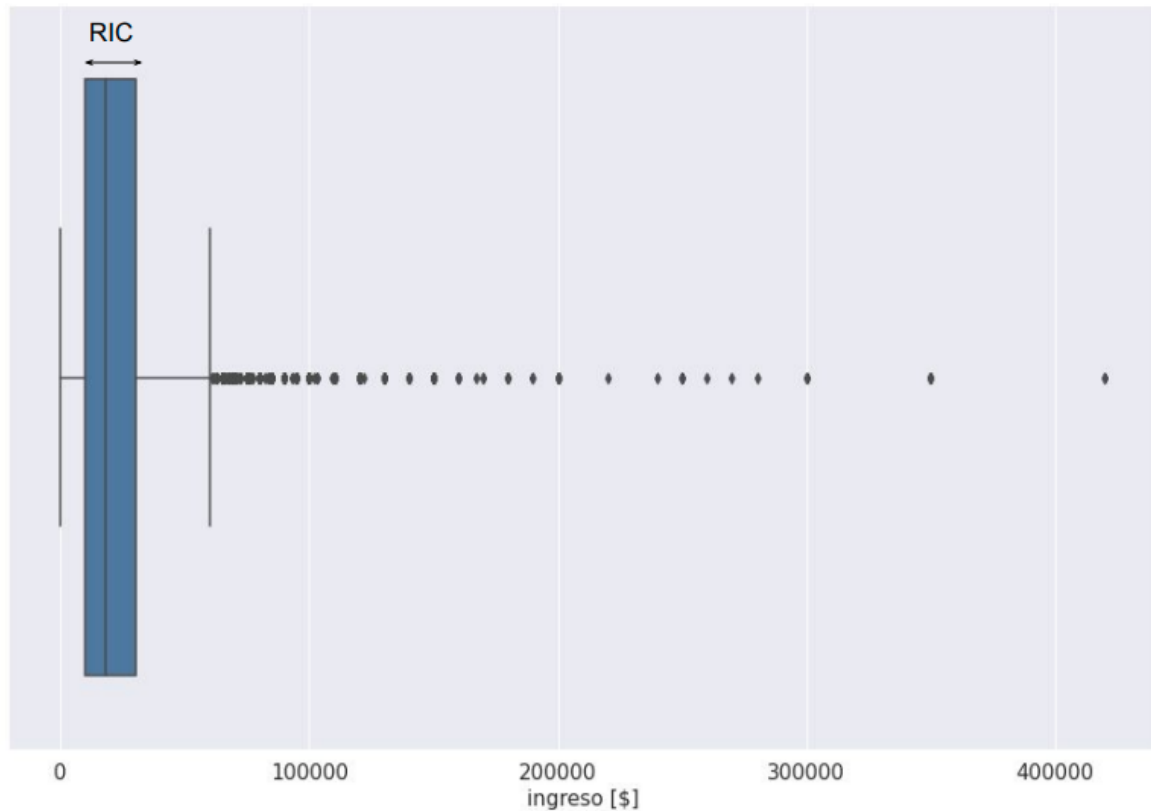
El rango intercuartílico es la diferencia entre el tercer y primer cuartil y se define como:

$$RIC = Q_3 - Q_1$$

El rango intercuartílico se define como la diferencia entre el tercer y el primer cuartil: $RIC = Q_3 - Q_1$. Esto representa el rango de valores que contiene el 50% central de los datos, es decir, los datos que quedan entre el primer y el tercer cuartil.

El rango intercuartílico se usa para construir diagramas de caja y bigote (boxplots) que, a su vez, sirven para visualizar la variabilidad de una variable, comparar sus distribuciones, y ubicar valores extremos. En general, se representa gráficamente como la anchura de las cajas en los diagramas de cajas. El RIC se usa para identificar la presencia de valores atípicos o extremos en un conjunto de datos. Los valores atípicos son valores que están muy alejados del resto de los datos y pueden afectar negativamente el análisis estadístico. Si un valor está por encima del tercer cuartil más 1,5 veces el rango intercuartílico, o por debajo del primer cuartil menos 1,5 veces el rango intercuartílico, se considera un valor atípico y puede ser excluido del análisis estadístico.

El rango intercuartílico es una medida de dispersión robusta, ya que no se ve afectada por los valores atípicos o extremos que pueden distorsionar otras medidas de dispersión, como la desviación estándar. Por lo tanto, es una medida útil para resumir la variabilidad de un conjunto de datos, especialmente cuando hay valores extremos que pueden influir en otras medidas.



Desviación Mediana Absoluta (MAD)

La desviación mediana absoluta se define como la mediana de la desviación de cada punto con respecto a la mediana:

$$MAD = Mediana(|X_i - X_{mediana}|)$$

Supongamos que tenemos la nuestra lista de 11 elementos [1,2,3,4,5,6,7,8,9,10,11] para calcular la MAD seguimos los siguientes pasos:

1. Calcular la mediana: 6
2. Calcular la desviación absoluta con la mediana: [5, 4, 3, 2, 1, 0, 1, 2, 3, 4, 5]
3. Ordenar la lista de desviaciones absolutas: [0, 1, 1, 2, 2, 3, 3, 4, 4, 5, 5]
4. Calcular mediana de las desviaciones absolutas: 3

La MAD se utiliza para estimar la variabilidad de los datos en diferentes campos, como la estadística, la ciencia de datos, entre otros. A diferencia de la desviación estándar, la MAD es una medida robusta, lo que significa que no se ve afectada por los valores extremos o atípicos que pueden influir en otras medidas de dispersión.

La MAD se utiliza a menudo en conjunción con la mediana, para proporcionar una descripción completa de la tendencia central y la variabilidad de los datos. Por ejemplo, si queremos describir la distribución de un conjunto de datos que contiene valores atípicos o extremos, la mediana y la MAD pueden proporcionar una medida más precisa de la tendencia central y la variabilidad de los datos, que la media y la desviación estándar.

Coeficiente de Variación

El coeficiente de variación (CV) es una medida de dispersión relativa que se utiliza para comparar la variabilidad de diferentes poblaciones o muestras en términos de su relación con la media. Se define como la desviación estándar, dividida la media (primera ecuación para la población y segunda para la muestra).

$$\nu = \sigma / \mu$$

$$\nu = s / \bar{x}$$

Este coeficiente resulta de utilidad a la hora de comparar dos distribuciones, ya que nos permite independizarnos de las unidades (es un coeficiente adimensional).

El CV se utiliza en diferentes campos, como la economía, la ciencia de datos, la ingeniería, entre otros. En la economía, el CV se utiliza para medir la variabilidad de los precios o los ingresos, por ejemplo. En la ciencia de datos, el CV se utiliza para comparar la variabilidad de diferentes características de un conjunto de datos, que pueden tener diferentes unidades de medida.

El CV proporciona una medida de la variabilidad relativa, lo que significa que es independiente de la escala de los datos. Esto permite comparar la variabilidad de diferentes conjuntos de datos, incluso si tienen diferentes unidades de medida o escalas.

Por ejemplo, si queremos comparar la variabilidad de los precios de dos productos que tienen diferentes unidades de medida, el CV nos permitiría hacerlo de manera más adecuada. Si el producto A tiene un precio promedio de \$100 con una desviación estándar de \$10, y el producto B tiene un precio promedio de \$50 con una desviación estándar de \$5, el CV de ambos productos sería:

$$CV A = (10 / 100) \times 100\% = 10\%$$

$$CV B = (5 / 50) \times 100\% = 10\%$$

En este caso, el CV es el mismo para ambos productos, lo que indica que la variabilidad relativa del precio es similar en ambos casos, independientemente de las unidades de medida utilizadas.

Valores atípicos

Los valores atípicos son aquellos cuyo valor se encuentra alejado del grupo de datos. Supongamos que realizamos una encuesta para estudiar viajes al trabajo en el área metropolitana de Rosario. Cuando estamos estudiando la distribución encontramos que algunos viajes duran más de 3 horas. Estos viajes, si bien ocurren, no son de nuestro interés, porque alguien que tarda 3 horas o más para llegar a su lugar de trabajo probablemente no viva dentro del área que estamos estudiando y sus patrones de movilidad no nos interesen demasiado. Es más, considerarlos puede llegar a sesgar nuestro estudio. Por esta razón, vamos a tener que pensar qué tratamiento se les va a dar, por ejemplo, eliminarlos.

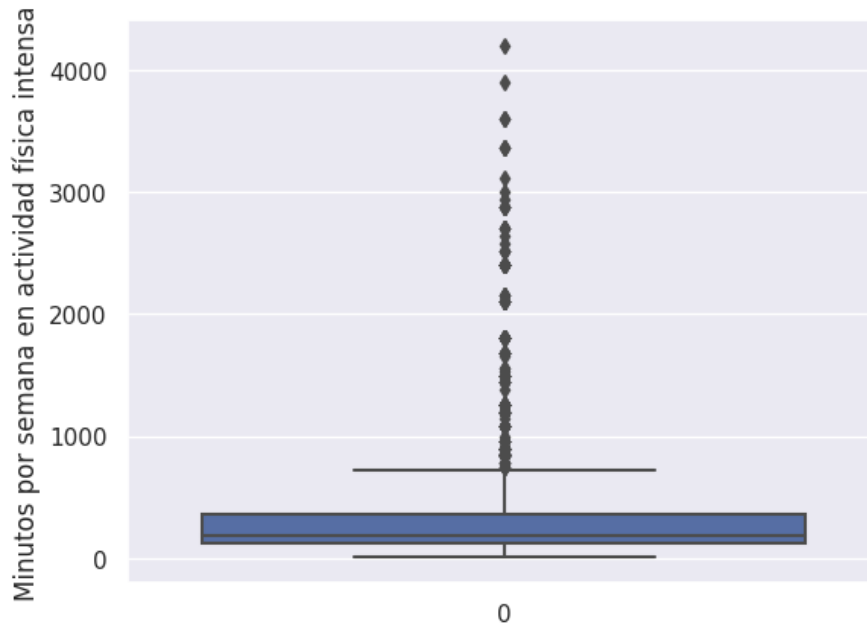
Existen varias formas de definir valores atípicos. Cuando graficamos un boxplot usando seaborn, como en el gráfico de arriba, como default, seaborn clasifica como outliers a todo punto que este fuera del rango ($Q_1 - 1.5 * RIC, Q_3 + 1.5 * RIC$).

A continuación mostramos un ejemplo de búsqueda de valores atípicos para la variable "minutos durante los cuales realizó actividad física intensa la semana pasada".

```
import pandas as pd
import matplotlib.pyplot as plt
import seaborn as sns
sns.set()
```

```
data = pd.read_csv('ENFR 2018 - Base usuario.txt', delimiter = '|')

# minutos actividad física
sns.boxplot(data.biaf02_m)
plt.ylabel('Minutos por semana en actividad física intensa')
```



En este caso vemos que por encima de 720 minutos (12 horas) seaborn comienza a plotear los valores atípicos. Sin embargo, es nuestra decisión si queremos incluirlos en el análisis o no, o si queremos considerar otra medida para distinguir valores atípicos. Por ejemplo, puede ser que en nuestro estudio no queramos considerar deportistas profesionales. Entonces, deberíamos buscar un valor de minutos de entrenamiento semanal por el cual rechazamos a la observación si esta se encuentra por encima de ese valor, por ejemplo 1000 minutos.

Tabla de Frecuencia

La frecuencia es el número de veces que se repite un valor en un conjunto de datos. Es una medida simple pero importante para resumir y entender la distribución de los datos.

Es una tabla que muestra la cantidad de veces que se repite el valor de una variable/atributo X . En la encuesta de Factores de Riesgo, se registra la provincia a la que pertenece cada persona que respondió la encuesta. Entonces, podemos elaborar una tabla que nos indique por provincia cuántas personas fueron encuestadas.

provincia	frecuencia
Buenos Aires	5572
Córdoba	1985
Santa Fe	1773
Entre Ríos	1611
Río Negro	1441
Ciudad de Buenos Aires	1372
Salta	1283
Misiones	1150
Corrientes	1063
Chaco	1021
Formosa	1004
Jujuy	991
Mendoza	983
Chubut	951
Tucumán	948
San Luis	943
Catamarca	865
Neuquén	749
La Rioja	738
San Juan	654
Santiago del Estero	632
La Pampa	621
Santa Cruz	553
Tierra del Fuego	321

Para obtener la tabla de arriba usamos el siguiente código:

```
import pandas as pd

data = pd.read_csv('ENFR2018_baseusuario/ENFR 2018 - Base usuario.txt', delimiter = '|')

# Usando el diccionario de datos, mapeamos los códigos a nombres para que la tabla
# sea más fácil de entender
map_dict = {2: "Ciudad de Buenos Aires",
            6: "Buenos Aires",
            10: "Catamarca",
            14: "Córdoba",
            18: "Corrientes",
            22: "Chaco",
            26: "Chubut",
            30: "Entre Ríos",
            34: "Formosa",
            38: "Jujuy",
            42: "La Pampa",
            46: "La Rioja",
            50: "Mendoza",
            54: "Misiones",
            58: "Neuquén",
            62: "Río Negro",
```

```

66: "Salta",
70: "San Juan",
74: "San Luis",
78: "Santa Cruz",
82: "Santa Fe",
86: "Santiago del Estero",
90: "Tucumán",
94: "Tierra del Fuego",}
data['provincia'] = data['cod_provincia'].apply(lambda x: map_dict[x])

#Series.value_counts() es la encargada de generar la tabla de frecuencia.
#El resto del código es para embellecer el resultado
df = data.provincia.value_counts().reset_index()
df.rename(columns = {'index': 'provincia', 'provincia': 'frecuencia'}, inplace = True)
df.set_index('provincia', inplace = True)

```

frecuencia	
provincia	
Buenos Aires	5572
Córdoba	1985
Santa Fe	1773
Entre Ríos	1611
Río Negro	1441

Extracto de la tabla del ejemplo anterior

El ejemplo de arriba expresa la frecuencia en valores absolutos pero también podemos expresar la frecuencia como proporciones, frecuencia relativa. Es decir, saber qué porcentaje de la muestra pertenece a cada provincia. Este dato lo obtenemos dividiendo la frecuencia absoluta por el total de personas encuestadas. Podemos multiplicarlo por 100 para obtener los resultados en %.

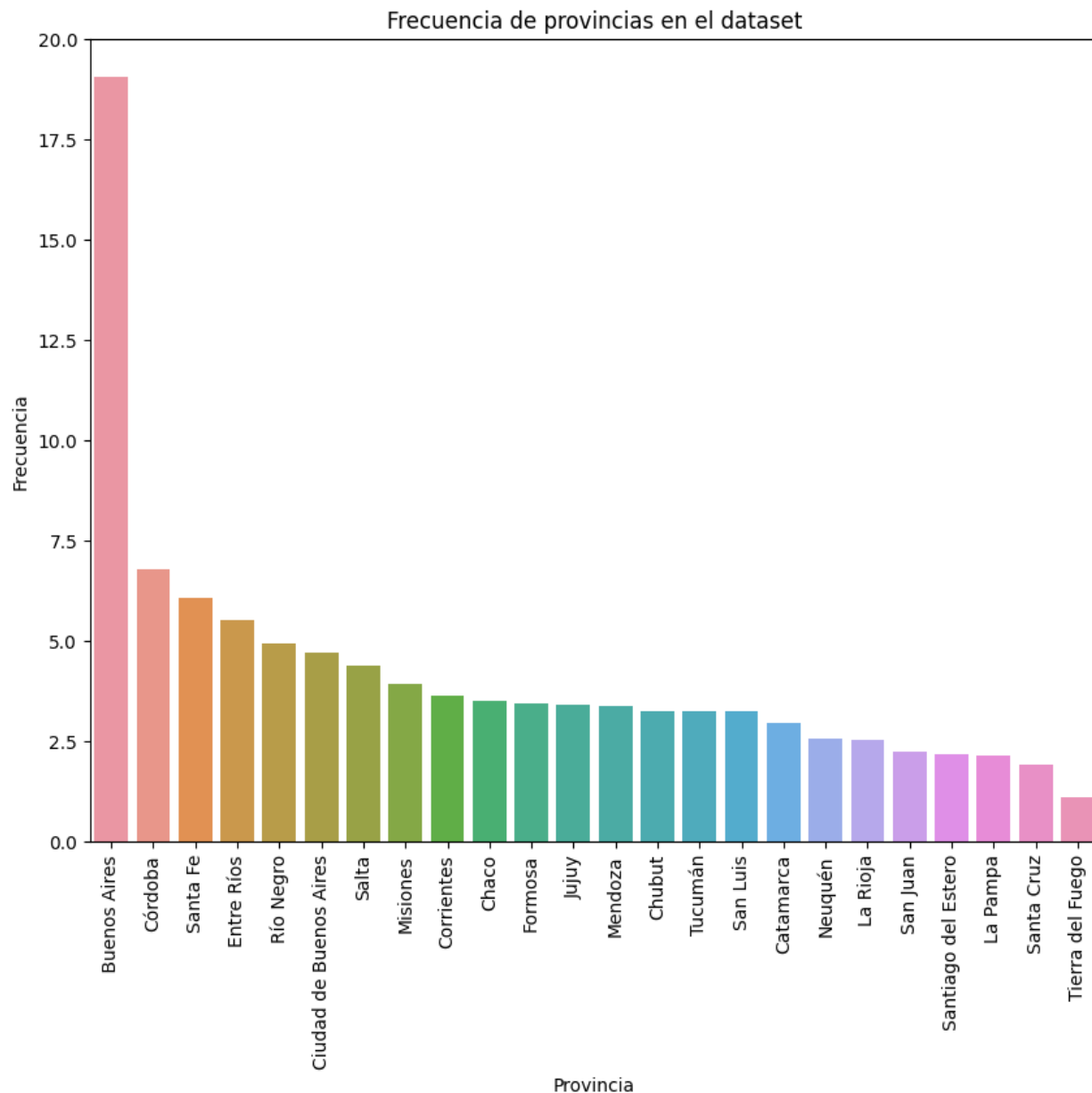
```

# Proporción de 0 a 1
df['proporción'] = df['frecuencia'] / df['frecuencia'].sum()

# Proporción de 0 a 100
df['proporción'] = df['frecuencia'] / df['frecuencia'].sum() * 100

```


	frecuencia	proporción
provincia		
Buenos Aires	5572	0.190665
Córdoba	1985	0.067924
Santa Fe	1773	0.060669
Entre Ríos	1611	0.055126
Río Negro	1441	0.049309
Ciudad de Buenos Aires	1372	0.046948
Salta	1283	0.043902
Misiones	1150	0.039351
Corrientes	1063	0.036374
Chaco	1021	0.034937
Formosa	1004	0.034355
Jujuy	991	0.033910
Mendoza	983	0.033637
Chubut	951	0.032542
Tucumán	948	0.032439
San Luis	943	0.032268
Catamarca	865	0.029599
Neuquén	749	0.025630
La Rioja	738	0.025253
San Juan	654	0.022379
Santiago del Estero	632	0.021626
La Pampa	621	0.021250
Santa Cruz	553	0.018923
Tierra del Fuego	321	0.010984



Visualización gráfica de la frecuencia. Los valores fueron convertidos a % (de 0 100)

La tabla de arriba nos sirve para evaluar si la toma de muestra fue realizada correctamente, entre otras aplicaciones que podemos encontrarle. Cuando se hace un muestreo se plantea que la muestra debe representar de alguna forma a la población. En nuestro caso esta representación puede estar dada a través de la premisa que

La distribución de personas encuestadas por provincia sea similar a la distribución de personas por provincia.

Para hacer esta comparación, debemos generar además una tabla de frecuencias relativas de la población por provincias. Luego comparamos las dos tablas de frecuencias relativas, la de la población y la de la muestra, y evaluamos que tanto “se parecen”.



La evaluación de la correspondencia de la muestra con la población es un proceso más complejo en el cual se emplea más de una variable.

Segmentación

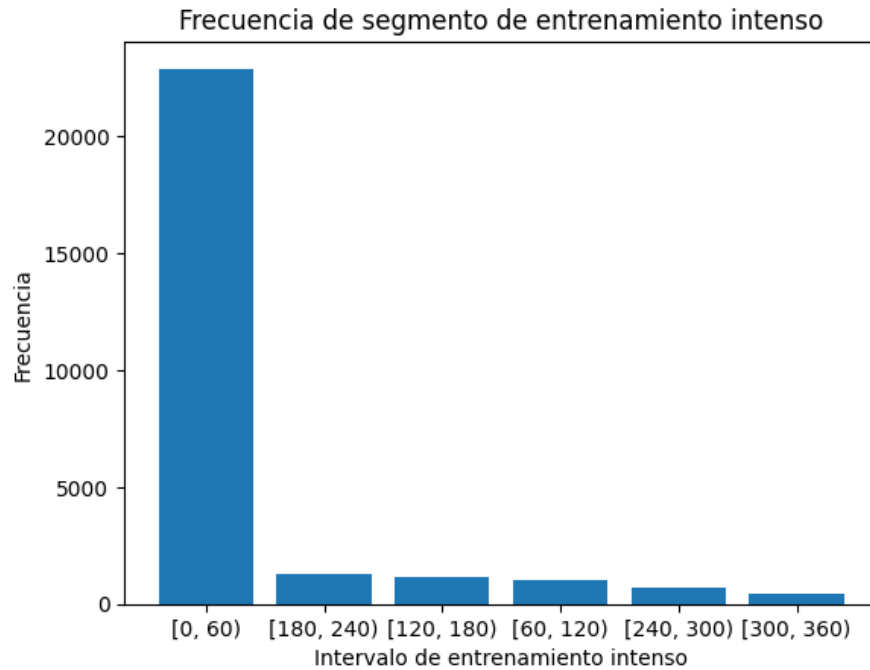
La frecuencia se puede expresar de diferentes maneras, dependiendo del tipo de datos. Cuando trabajamos con variables continuas, es necesario segmentarlas para poder realizar la tabla de frecuencias (y que la misma sea legible/útil). En el caso de minutos entrenados intensamente por semana podríamos realizar la siguiente segmentación por horas:

- Menos de una hora: [0-60)
- De una a dos horas: [60-120)
- De dos a tres horas: [120-180)
- De tres a cuatro horas: [180- 240)
- etc.

```
data.biaf02_m.fillna(0, inplace = True)
data['segmento entrenamiento intenso'] = pd.cut(data.biaf02_m, [x for x in range(0, 4200, 60)], right = False)

df = data['segmento entrenamiento intenso'].value_counts()
df/df.sum() #frecuencias relativas
```

[0, 60)	0.784040
[180, 240)	0.044486
[120, 180)	0.039900
[60, 120)	0.035041
[240, 300)	0.022790
...	
[1860, 1920)	0.000000
[1740, 1800)	0.000000
[1320, 1380)	0.000000
[1020, 1080)	0.000000
[4080, 4140)	0.000000



Frecuencia acumulada

En algunos casos, sobre todo cuando estudiamos variables continuas, resulta de utilidad realizar la tabla de frecuencia acumulada donde se suman las frecuencias, ya sea absolutas o relativas. Siguiendo con el ejemplo de arriba, podríamos calcular la siguiente tabla de la que podemos extraer conclusiones como:

- El 10% de la población realiza más de 4 horas de entrenamiento intenso por semana.
- El 85% de la población realiza menos de 3 horas de entrenamiento intenso por semana.

```
df_relativo = (df/df.sum()).reset_index()
# Ordenamos los valores por segmento es decir [0,60), [60, 120), etc
df_relativo.sort_values('index', inplace = True)
df_relativo.set_index('index', inplace = True)
```

```
df_relativo.cumsum()
```

index	segmento entrenamiento intenso
[0, 60)	0.784040
[60, 120)	0.819081
[120, 180)	0.858981
[180, 240)	0.903466
[240, 300)	0.926257
...	...
[3840, 3900)	0.999966
[3900, 3960)	1.000000
[3960, 4020)	1.000000
[4020, 4080)	1.000000
[4080, 4140)	1.000000



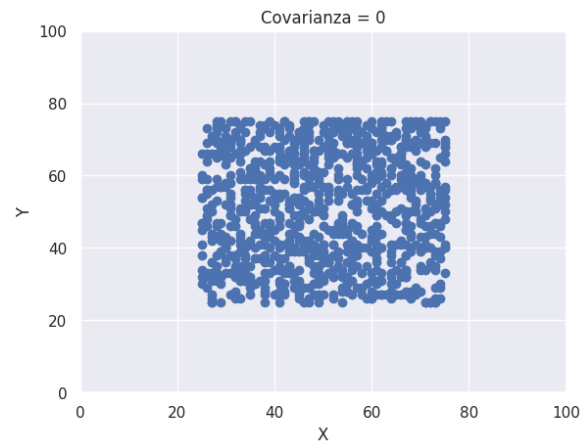
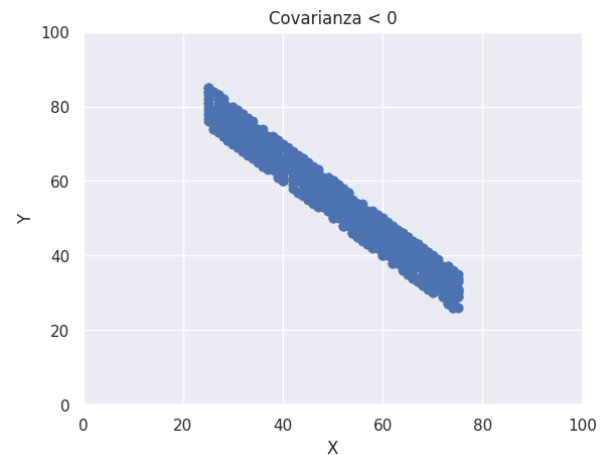
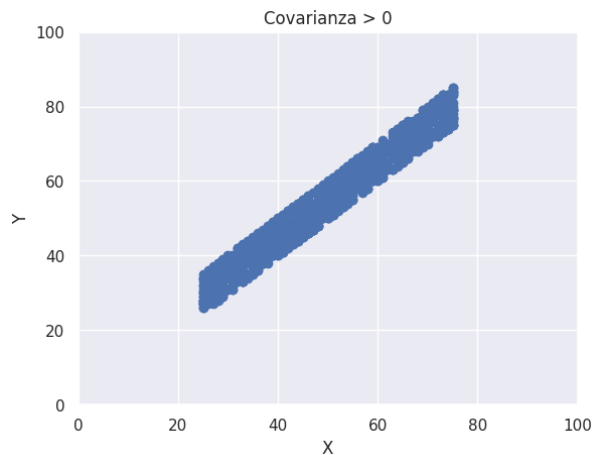
Notar que para realizar la tabla de frecuencias acumuladas los valores deben estar ordenados por la variable en estudio, no por su frecuencia.

Métricas de correlación

Covarianza

La covarianza es una medida estadística que indica el grado en que dos variables varían en conjunto. Siempre pensando en relaciones lineales.

Si observamos que a medida que los valores de la variable X aumentan, los de Y también lo hacen, la covarianza es positiva. Pero si vemos lo contrario, cuando X aumenta, Y disminuye, entonces la covarianza es negativa. Cuando no existe relación entre las variables, la covarianza es cero.



Un ejemplo podría ser precio de chocolate (Y) y porcentaje de cacao (X). Probablemente, si estudiamos diferentes marcas de chocolate en el mercado y registramos el precio de venta por gramo y el porcentaje de cacao, vamos a observar que a medida que el porcentaje de cacao aumenta, también lo hace el precio. Por lo tanto, la covarianza en este caso sería positiva.

La fórmula de la covarianza (población) se define con la siguiente fórmula:

$$COV(X, Y) = E[(X - E[X])(Y - E[Y])]$$

Donde:

$E[X], E[Y]$: es el valor esperado de la variable X, Y respectivamente. Es decir, la media poblacional.



Las E que vemos en la ecuación de arriba indican que se calcula el valor esperado de una variable aleatoria. El tema variables aleatorias se desarrolla con profundidad en PyE.

A continuación vamos a desglosar la fórmula de arriba y vamos a desarrollar algunas intuiciones sobre la misma.

$(X - E[X])$ calcula la distancia entre cada valor X y la media de X

$(Y - E[Y])$ calcula la distancia entre cada valor de Y y la media de Y

- Si, la distancia de X e Y a sus respectivas medias es “grande” y multiplicamos estas distancias, vamos a obtener un valor “grande”.
- Si ambas variables se alejan de sus medias en la misma dirección, es decir ambas son mayores o menores que las mismas, la multiplicación va a ser positiva. Pero, si se alejan en sentidos opuestos, la multiplicación va a ser negativa.
- Para que la covarianza adquiera un valor que se aleja de 0, ya sea positivo o negativo, la multiplicación de las distancias de la mayoría de los valores que asumen X, Y deben estar en el mismo sentido. Si obtenemos multiplicaciones positivas y negativas balanceadas, el valor esperado de eso va a ser cero.
- Si X, Y se alejan “poco” de sus medias, no vamos a tener mucha variación de por sí y la covarianza va a ser “chica”

Aunque la covarianza es útil para identificar tendencias y relaciones en los datos, también presenta algunas debilidades y limitaciones:

1. Escala de medida: La covarianza depende de las unidades de medida de las variables, lo que puede dificultar la interpretación y comparación de los valores de covarianza entre diferentes pares de variables. Por ejemplo, si las unidades de medida de una variable son metros y las de la otra variable son grados Celsius, la covarianza entre estas dos variables será en unidades de metros por grados Celsius, lo que no es fácilmente interpretable.
2. Sensibilidad a cambios de escala: La covarianza es sensible a cambios de escala en las variables. Si una de las variables se multiplica por una constante, la covarianza también se multiplicará por esa constante, lo que podría dar lugar a interpretaciones incorrectas de la relación entre las variables.

3. Falta de normalización: A diferencia del coeficiente de correlación de Pearson, la covarianza no está normalizada en un rango de -1 a 1. Esto dificulta la comparación de la fuerza de las relaciones entre diferentes pares de variables, ya que no hay un valor máximo o mínimo absoluto para la covarianza.
4. Interpretación de la fuerza de la relación: La covarianza no proporciona información directa sobre la fuerza de la relación entre las variables. Aunque una covarianza positiva indica una relación directa y una covarianza negativa indica una relación inversa, no se puede deducir cuán fuerte es esa relación a partir del valor de la covarianza en sí.
5. Relaciones lineales únicamente: La covarianza solo puede capturar relaciones lineales entre las variables. Si existe una relación no lineal (por ejemplo, cuadrática o exponencial) entre las variables, la covarianza no será un indicador adecuado de esa relación.

Correlación Lineal o Coeficiente de Correlación de Pearson

El coeficiente de correlación mide el grado de correlación lineal entre dos variables y es una normalización de la covarianza, por lo tanto, su valor está siempre comprendido entre -1 y 1. La fórmula para la población se define como:

$$\rho_{X,Y} = \frac{COV(X,Y)}{\sigma_X \sigma_Y}$$

Al ser un valor normalizado, nos permite comparar pares de variables independizándonos de las unidades.

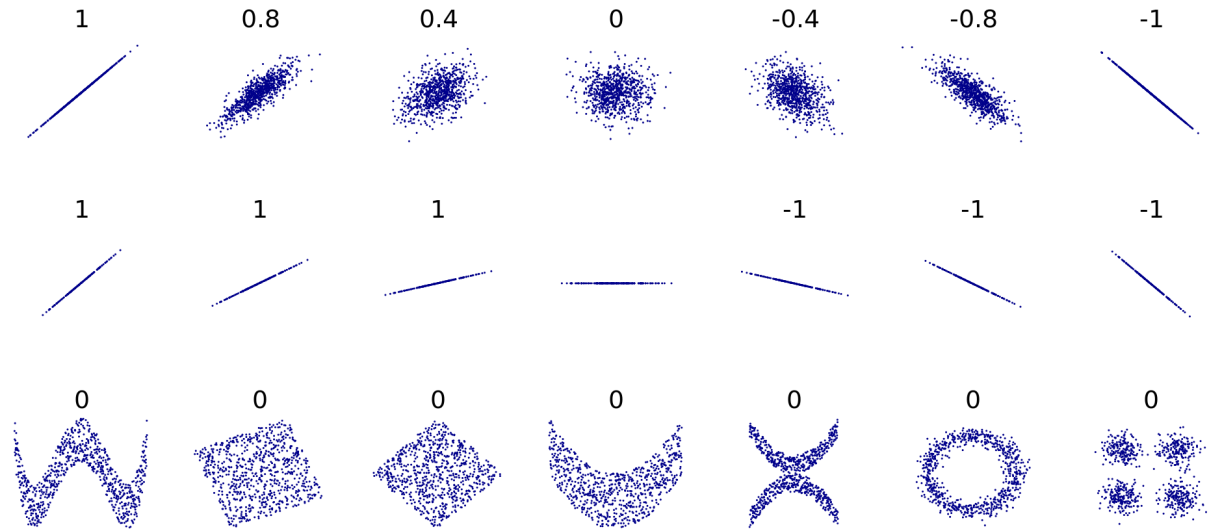
En la encuesta de Factores de Riesgo podríamos pensar en estudiar las siguientes correlaciones:

X	Y	Valor
Edad	Minutos entrenamiento intenso	- 0.16
Ingresos	Minutos entrenamiento intenso	0.04
Edad	Minutos de caminata	- 0.03
Ingresos	Edad cuando fumó por primera vez	- 0.03

Hay muchas maneras de calcular el coeficiente de variación en Python. Usando pandas podemos hacerlo de la siguiente forma:

```
# bhch04 es la edad y biaf02_m es la cantidad de minutos entrenados de forma intensa
# en la semana. El método por default es 'pearson'
data.bhch04.corr(data.biaf02_m, method = 'pearson')
```

Ejemplos:



Ejemplos de correlaciones de variables con el método de Pearson

El coeficiente de correlación de Pearson es una medida estadística que indica el grado y la dirección de la relación lineal entre dos variables. Presenta varias ventajas en comparación con otras medidas de relación, como la covarianza:

1. Normalización: El coeficiente de correlación de Pearson está normalizado en un rango de -1 a 1, lo que facilita la interpretación y comparación de la fuerza de las relaciones entre diferentes pares de variables. Un valor de 1 indica una relación lineal positiva perfecta, un valor de -1 indica una relación lineal negativa perfecta y un valor de 0 indica que no hay relación lineal entre las variables.
2. Independencia de la escala de medida: A diferencia de la covarianza, el coeficiente de correlación de Pearson es independiente de las unidades de medida de las variables y de los cambios de escala en los datos. Esto significa que el coeficiente de correlación de Pearson es el mismo, independientemente de si las variables están en metros, grados Celsius o cualquier otra unidad de medida.
3. Interpretación de la fuerza de la relación: El coeficiente de correlación de Pearson proporciona información sobre la fuerza y la dirección de la relación lineal entre dos variables. Los valores cercanos a -1 o 1 indican relaciones lineales fuertes, mientras que los valores cercanos a 0 indican relaciones lineales débiles o inexistentes. Esto facilita la identificación y comparación de las relaciones más fuertes y débiles entre pares de variables en un conjunto de datos.
4. Facilidad de cálculo: El coeficiente de correlación de Pearson se puede calcular fácilmente utilizando fórmulas matemáticas sencillas o a través de herramientas estadísticas y de software comunes.

A pesar de estas ventajas, es importante tener en cuenta que el coeficiente de correlación de Pearson solo puede capturar relaciones lineales entre las variables. Si existe una relación no lineal (por ejemplo, cuadrática o exponencial) entre las variables, el coeficiente de correlación de Pearson no será un indicador adecuado de esa relación. En estos casos, se pueden utilizar otras medidas de correlación, como el coeficiente de correlación de Spearman o de Kendall, que son más adecuadas para capturar relaciones no lineales o de orden.

Correlación de Spearman

Para poder entender la correlación de Spearman primero necesitamos revisar el ranking

Ranking

Un ranking es una lista ordenada de elementos o entidades en función de algún criterio de clasificación específico. El objetivo del ranking es proporcionar una forma de clasificar y comparar los elementos o entidades de interés.

Los rankings se utilizan comúnmente en una variedad de campos, como deportes, negocios, educación, ciencias, entre otros. Por ejemplo, en los deportes, los rankings se utilizan para clasificar a los equipos o jugadores en función de su rendimiento en la temporada actual o en temporadas anteriores. En los negocios, los rankings se utilizan para clasificar a las empresas en función de su tamaño, ingresos, beneficios, entre otros criterios. En la educación, los rankings se utilizan para clasificar a las universidades en función de su reputación, calidad académica, entre otros criterios.

Los rankings pueden basarse en diferentes criterios de clasificación, como puntuaciones, tiempos, ingresos, tamaño, popularidad, entre otros. Es importante tener en cuenta que el criterio de clasificación utilizado para crear un ranking puede afectar la posición de los elementos o entidades en la lista.

Los rankings pueden tener un impacto significativo en la percepción pública y el éxito de los elementos o entidades clasificados. Sin embargo, es importante recordar que los rankings no siempre son una medida precisa o completa del rendimiento o calidad de los elementos o entidades clasificados, y que deben interpretarse con precaución.

El ranking establece una relación entre los valores que asume una variable de forma tal que sabemos el orden de la misma sin que nos importe el valor en si. Por ejemplo, la satisfacción con un producto podría ser rankeada de esta forma

- 😍 : 1
- 😊 : 2
- 😐 : 3
- 😞 : 4
- 😡 : 5

Otro ejemplo podría ser rankear la variable **edad** de nuestro ejemplo. Para eso ordenamos las edades y le asignamos el valor 1 a la edad más grande y la cantidad de personas encuestadas al valor más chico. Luego, las edades intermedias reciben el correspondiente rango intermedio. Un ejemplo se vería así:

[18, 20, 22, 30, 34, 35, 40, 47, 50, 51]

[10, 9, 8, 7, 6, 5, 4, 3, 2, 1]

Lo que hicimos arriba es posible porque en nuestro ejemplo las edades no se repiten, lo cual es poco real. Cuando los valores se repiten esto se llama empate y tenemos que buscar una estrategia para asignarles el ranking. Supongamos que tenemos las siguientes edades:

[18, 20, 22, 22, 30, 34, 35, 35, 35, 40, 47, 50, 51]

A continuación listamos algunas estrategias para rankearlas, [fuente Wikipedia](#).

Ranking de competición estándar

En la clasificación de competición, los elementos que se comparan y resultan iguales reciben el mismo número de clasificación y luego se deja un espacio en los números de clasificación. La cantidad de números de clasificación que se omiten en este espacio es uno menos que la cantidad de elementos que se compararon como iguales. De manera equivalente, el número de clasificación de cada elemento es 1 más la cantidad de elementos clasificados por encima de él. Esta estrategia de clasificación se adopta frecuentemente en competencias, ya que significa que si dos (o más) competidores empatan en una posición en la clasificación, la posición de todos aquellos clasificados por debajo de ellos no se ve afectada (es decir, un competidor solo queda en segundo lugar si exactamente una

persona obtiene una puntuación mejor que ellos, tercero si exactamente dos personas obtienen una puntuación mejor que ellos, cuarto si exactamente tres personas obtienen una puntuación mejor que ellos, etc.).

En nuestro ejemplo, obtendríamos este ranking:

[1, 2, 3, 3, 5, 6, 7, 7, 7, 10, 11, 12, 13]

Ranking de competición modificado

A veces, la clasificación de competición se realiza dejando los espacios en los números de clasificación antes de los conjuntos de elementos con clasificación igual (en lugar de después de ellos, como en la clasificación de competición estándar). La cantidad de números de clasificación que se omiten en este espacio sigue siendo uno menos que la cantidad de elementos que se compararon como iguales. De manera equivalente, el número de clasificación de cada elemento es igual a la cantidad de elementos clasificados iguales o por encima de él. Esta clasificación garantiza que un competidor solo queda en segundo lugar si obtiene una puntuación más alta que todos menos uno de sus oponentes, tercero si obtiene una puntuación más alta que todos menos dos de sus oponentes, etc. El ranking nos quedaría de este modo:

[1, 2, 4, 4, 5, 6, 9, 9, 9, 10, 11, 12, 13]

Ranking denso

En la clasificación densa, los elementos que se comparan de manera igual reciben el mismo número de clasificación y los siguientes elementos reciben el número de clasificación inmediatamente posterior. De manera equivalente, el número de clasificación de cada elemento es 1 más la cantidad de elementos clasificados por encima de él que son distintos con respecto al orden de clasificación. El ranking nos quedaría de este modo:

[1, 2, 3, 3, 4, 5, 6, 6, 6, 7, 8, 9, 10]

Ranking ordinal

En la clasificación ordinal, todos los elementos reciben números ordinales distintos, incluidos los elementos que se comparan como iguales. La asignación de números ordinales distintos a elementos que se comparan igual se puede hacer de manera aleatoria o arbitraria, pero generalmente es preferible utilizar un sistema que sea arbitrario pero consistente, ya que esto proporciona resultados estables si la clasificación se realiza varias veces. Un ejemplo de un sistema arbitrario pero consistente sería incorporar otros atributos al orden de clasificación (como el orden alfabético del nombre del competidor) para garantizar que no haya dos elementos que coincidan exactamente. El ranking nos quedaría de este modo:

[1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13]

Ranking fraccional

Los elementos que se comparan igual reciben el mismo número de clasificación, que es la media de lo que tendrían bajo las clasificaciones ordinales; de manera equivalente, el número de clasificación de 1 más la cantidad de elementos clasificados por encima de él más la mitad de la cantidad de elementos iguales a él. Esta estrategia tiene la propiedad de que la suma de los números de clasificación es la misma que en la clasificación ordinal. El ranking nos quedaría de este modo:

[1, 2, 3.5, 3.5, 5, 6, 8, 8, 8, 10, 11, 12, 13]

Con `pandas`, podemos rankear una serie con diferentes métodos de ranking:

```
import pandas as pd

data = [18, 20, 22, 22, 30, 34, 35, 35, 35, 40, 47, 50, 51]
serie = pd.Series(data)
```

```

# min: Ranking de competición estándar
# max: Ranking de competición modificado
# dense: Ranking denso
# average: Ranking fraccional
# first: Ranking ordinal
ranking_methods = ['average', 'min', 'max', 'dense', 'first']

for method in ranking_methods:
    ranked = serie.rank(method=method)
    print(f"Método de Ranking: {method}")
    print(ranked.tolist())
    print("\n")

"""
Ranking method: average
[1.0, 2.0, 3.5, 3.5, 5.0, 6.0, 8.0, 8.0, 8.0, 10.0, 11.0, 12.0, 13.0]

Ranking method: min
[1.0, 2.0, 3.0, 3.0, 5.0, 6.0, 7.0, 7.0, 7.0, 10.0, 11.0, 12.0, 13.0]

Ranking method: max
[1.0, 2.0, 4.0, 4.0, 5.0, 6.0, 9.0, 9.0, 9.0, 10.0, 11.0, 12.0, 13.0]

Ranking method: dense
[1.0, 2.0, 3.0, 3.0, 4.0, 5.0, 6.0, 6.0, 6.0, 7.0, 8.0, 9.0, 10.0]

Ranking method: first
[1.0, 2.0, 3.0, 4.0, 5.0, 6.0, 7.0, 8.0, 9.0, 10.0, 11.0, 12.0, 13.0]
"""

```

Correlación de Spearman

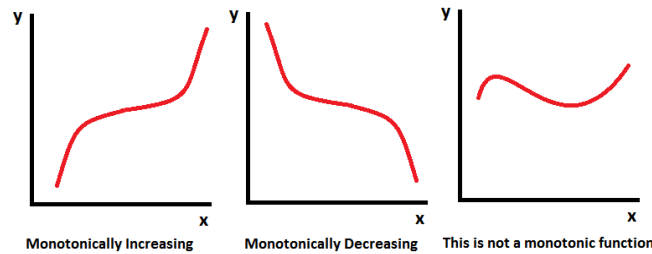
La correlación de Spearman se define como el coeficiente de correlación de Pearson para las variables rankeadas. Esto nos permite evaluar si existe una relación monotónica entre dos variables, es decir si crecen/decrecen juntas, sin importar si la relación es lineal o no, a diferencia de Pearson. Además el valor obtenido es menos sensible a valores atípicos que el coeficiente de Pearson.

La fórmula general es:

$$\rho = \frac{COV(R(X), R(Y))}{\sigma_{R(X)} \sigma_{R(Y)}}$$

La correlación de Spearman tiene una relación directa con los rankings (rangos) porque se basa en los rangos de los datos en lugar de sus valores originales. Al calcular la correlación de Spearman, convertimos los valores de las dos variables en rangos antes de evaluar la asociación entre ellas. Esta característica hace que la correlación de Spearman sea especialmente útil para analizar datos ordinales, donde la información más importante es el orden o la clasificación de las observaciones en lugar de sus valores numéricos exactos.

Cuando comparamos dos conjuntos de rankings, la correlación de Spearman nos indica qué tan bien estos rankings concuerdan entre sí. Si los rankings de las dos variables son idénticos, la correlación de Spearman será 1, lo que indica una relación monotónica creciente perfecta. Si los rankings son exactamente opuestos, la correlación de Spearman será -1, lo que indica una relación monotónica decreciente perfecta. Un valor cercano a 0 sugiere que no hay una relación monotónica evidente entre los rankings de las dos variables.



Ejemplos de variables monotónicas y no monotónicas

Antes de calcular la correlación de Spearman, debemos convertir los valores de las variables en rangos. Aquí se detallan los pasos para convertir los datos en rangos:

1. Ordenar los valores de cada variable (X e Y) en orden ascendente, de menor a mayor.
2. Asignar un rango a cada valor en función de su posición en la lista ordenada. El valor más pequeño recibirá el rango 1, el siguiente valor más pequeño recibirá el rango 2 y así sucesivamente.
3. En caso de empates (valores iguales), utilizar el método de ranking ordinal.

Repita estos pasos para ambas variables, X e Y. Al final, tendremos dos conjuntos de datos transformados en rangos, que se pueden utilizar para calcular el coeficiente de correlación de rango de Spearman (ρ).

Aquí hay un ejemplo para ilustrar el proceso:

Suponga que tiene dos variables, X e Y, con los siguientes valores:

X: [10, 25, 30, 45, 55]

Y: [2, 8, 10, 12, 22]

Primero, ordene los valores de cada variable y asígneles rangos:

X: 10 (R1 = 1), 25 (R2 = 2), 30 (R3 = 3), 45 (R4 = 4), 55 (R5 = 5)

Y: 2 (R1 = 1), 8 (R2 = 2), 10 (R3 = 3), 12 (R4 = 4), 22 (R5 = 5)

Luego la fórmula es:

$$\rho = 1 - (6 * \sum d^2) / (n * (n^2 - 1))$$

Donde:

- n es el número de observaciones (pares de datos)
- $\sum d^2$ es la suma de las diferencias al cuadrado de los rangos.

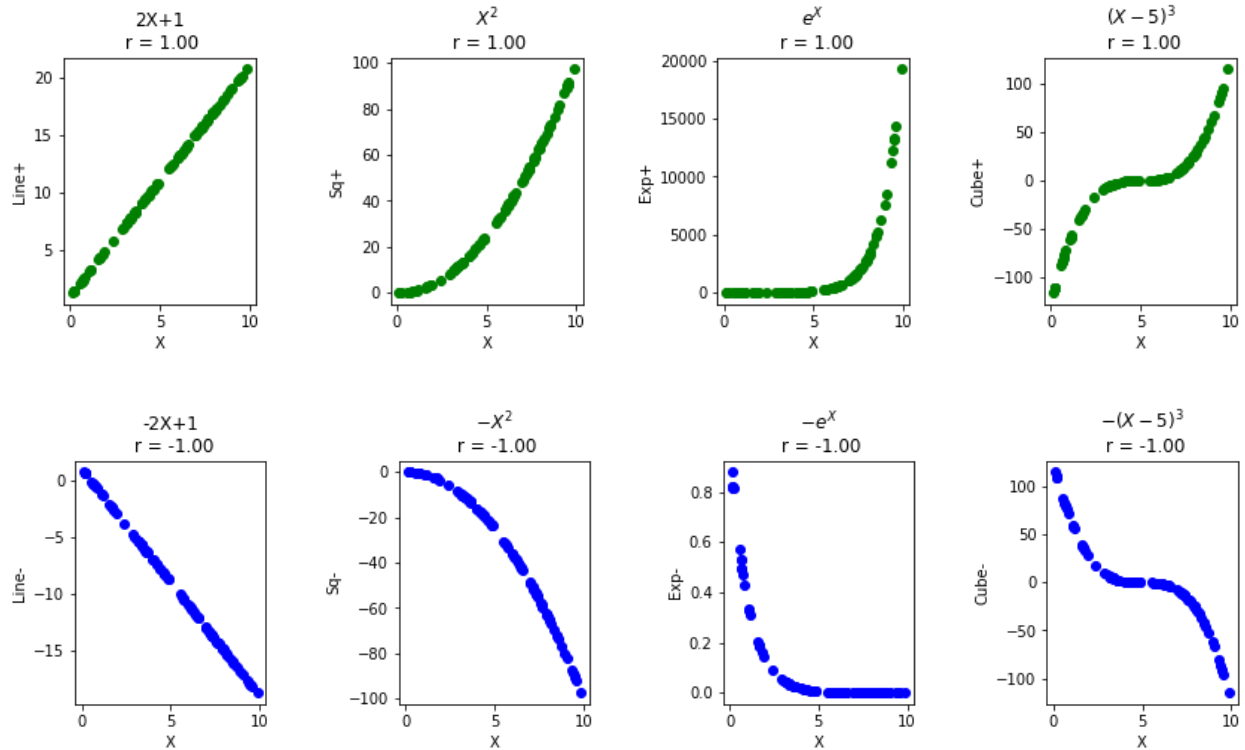
El coeficiente de correlación de Spearman (ρ) varía entre -1 y 1, donde:

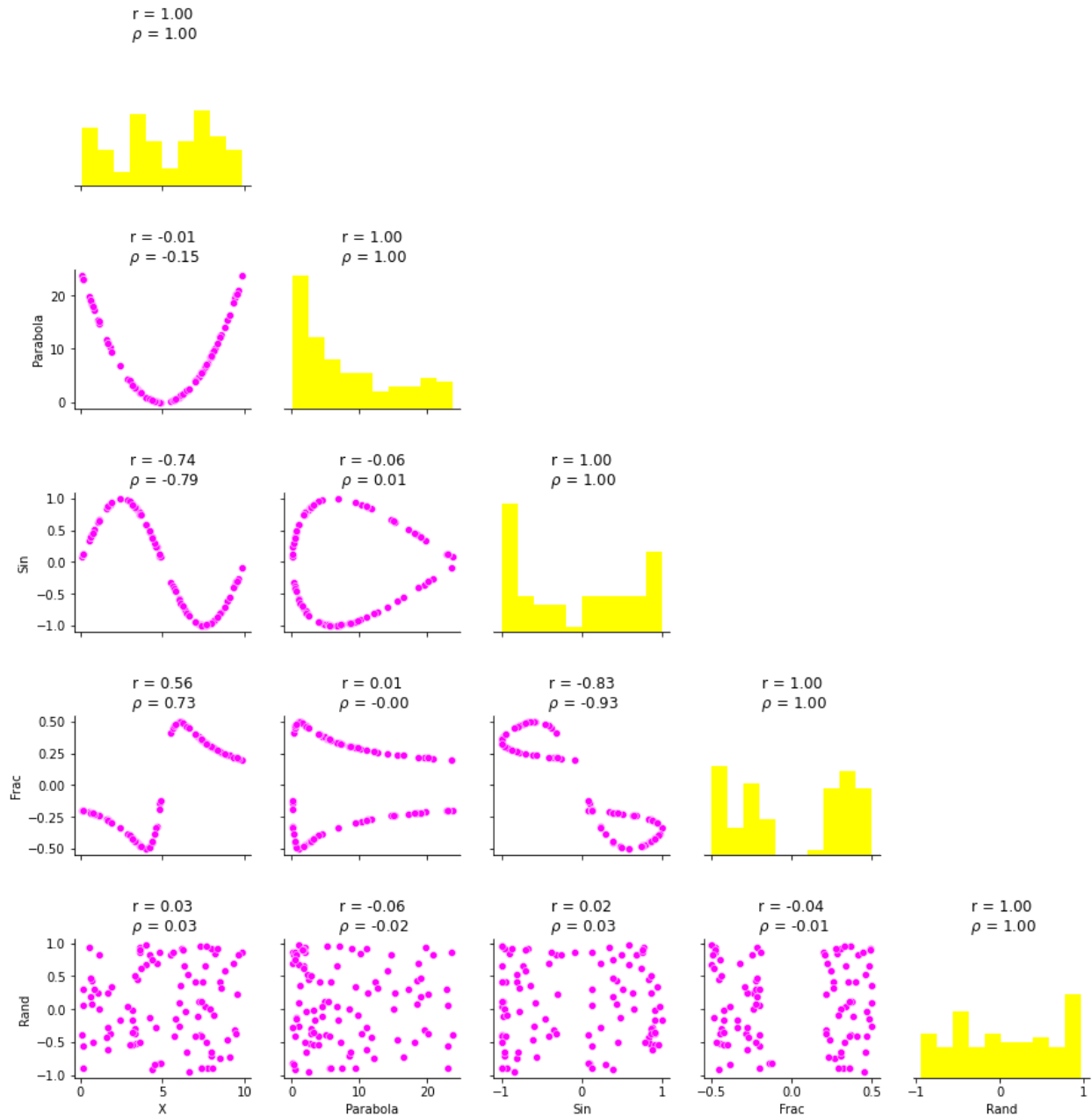
- $\rho = 1$ indica una relación monotónica creciente perfecta.
- $\rho = -1$ indica una relación monotónica decreciente perfecta.
- $\rho \approx 0$ sugiere que no hay una relación monotónica evidente entre las variables.

Si calculamos el coeficiente de Spearman con Pandas, la librería se encarga de facilitar el proceso de generación de rankings. El coeficiente se puede calcular de la misma forma que el coeficiente de correlación de Pearson pero cambiando el método

```
data.bhch04.corr(data.biaf02_m, method = 'spearman')
```

Aquí vemos el valor del coeficiente con diferentes funciones como ejemplo ([fuente](#)):





Matriz de Covarianza

La matriz de covarianza es una matriz cuadrada donde se muestra el coeficiente de covarianza entre múltiples variables. En el ejemplo de abajo mostramos la matriz de covarianza entre edad (bhch04), minutos semanales de actividad intensa (biaf02_m), ingreso (bhich01), minutos de caminata semanal (biaf06_m) y edad en que comenzó a fumar (bita02).

	bhch04	biaf02_m	bhih01	biaf06_m	bita02
bhch04	325.904134	-197.669117	-3.197003e+03	-244.882575	19.048651
biaf02_m	-197.669117	119386.280358	-2.343539e+05	22684.660067	-49.949359
bhih01	-3197.003163	-234353.924345	3.903227e+08	-1387.802899	-3187.926384
biaf06_m	-244.882575	22684.660067	-1.387803e+03	187127.571972	-53.261289
bita02	19.048651	-49.949359	-3.187926e+03	-53.261289	25.178019

Esta matriz nos permite ver de forma rápida si existe alguna relación lineal entre las variables y nos puede servir en el futuro como guía para selección de atributos para nuestros modelos.

Para construir la tabla de arriba usamos Pandas de la siguiente forma:

```
data[['bhch04', 'biaf02_m', 'bhih01', 'biaf06_m', 'bita02']].cov()
```

Matriz de Correlación

La matriz de correlación es similar a la anterior pero en lugar de mostrar el coeficiente de covarianza nos muestra el de correlación.

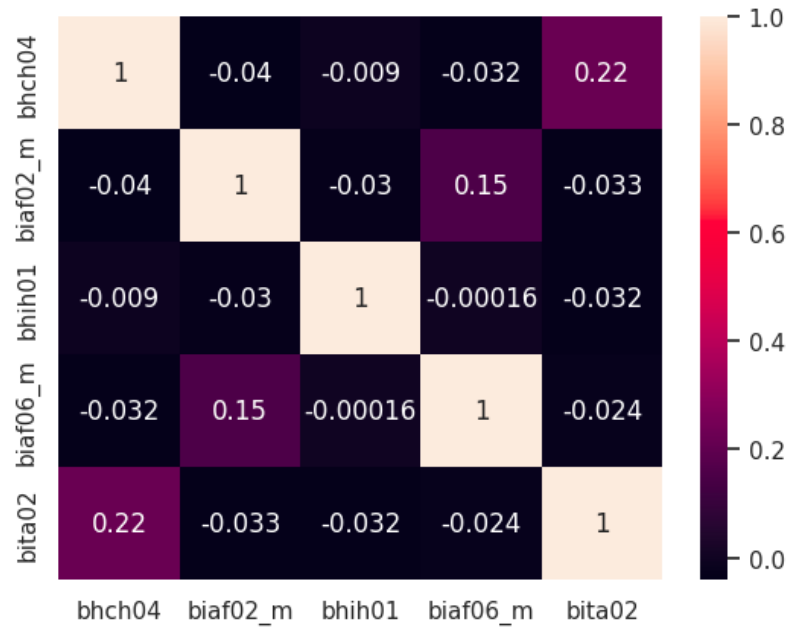
```
#en este caso el método por default es el de pearson
data[['bhch04', 'biaf02_m', 'bhih01', 'biaf06_m', 'bita02']].corr()
```

	bhch04	biaf02_m	bhih01	biaf06_m	bita02
bhch04	1.000000	-0.039621	-0.008964	-0.032041	0.218394
biaf02_m	-0.039621	1.000000	-0.030013	0.152384	-0.033025
bhih01	-0.008964	-0.030013	1.000000	-0.000157	-0.031884
biaf06_m	-0.032041	0.152384	-0.000157	1.000000	-0.023689
bita02	0.218394	-0.033025	-0.031884	-0.023689	1.000000

La diagonal siempre tiene el valor de 1 puesto que es la correlación de una variable consigo misma. Tanto en esta matriz como en la anterior, solo nos interesa mirar la parte que está por encima o debajo de la diagonal, puesto que estas matrices son siempre simétricas.

Una forma de visualizar rápidamente la correlación que existe entre un grupo de variables es imprimiendo la matriz de correlación con colores:

```
sns.heatmap(data[['bhch04', 'biaf02_m', 'bhih01', 'biaf06_m', 'bita02']].corr(), annot=True)
```



Temas avanzados

Métricas de Distancia y Similitud

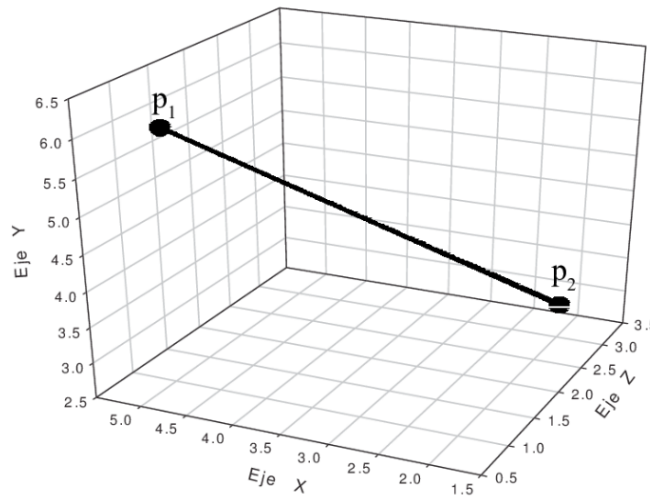
Son métricas que nos permiten definir cuánto se parecen dos puntos de datos, de forma similar a lo que vimos en la Unidad 2 con la similitud de Levenshtein o Jaro-Winkler. Existen diferentes formas de medir la similitud y la selección de la misma depende del análisis que se esté realizando. A continuación listamos algunas de ellas.

Distancia Euclídeana

La definición formal es que la distancia euclídeana es la distancia entre dos puntos en un espacio euclídeo. La forma de visualizar esto es pensarlo como la distancia en línea recta entre dos puntos en el espacio.

Si hablamos de un espacio de n dimensiones y queremos calcular la distancia entre los puntos P y Q , entonces:

$$d_{E(P,Q)} = \sqrt{\sum_{i=1}^n (p_i - q_i)^2}$$



Desventajas

Aunque es una medida de distancia común, la distancia euclidiana no es una escala invariante, lo que significa que las distancias calculadas pueden estar sesgadas según las unidades de las entidades. Por lo general, uno necesita normalizar los datos antes de usar esta medida de distancia.

Además, a medida que aumenta la dimensionalidad de sus datos, la distancia euclidiana se vuelve menos útil.

Casos de uso

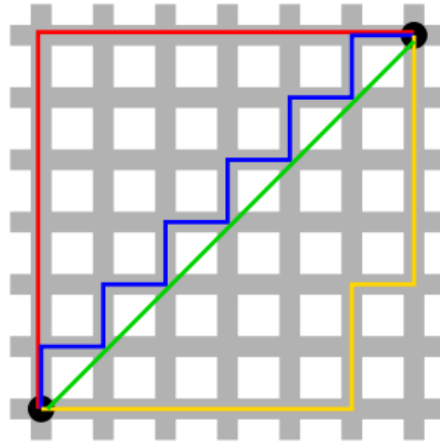
La distancia euclidiana funciona muy bien cuando tiene datos de baja dimensión y es importante medir la magnitud de los vectores. Métodos como kNN y HDBSCAN muestran excelentes resultados listos para usar si se usa la distancia euclidiana en datos de baja dimensión.

Distancia Manhattan

La distancia de Manhattan se calcula como la suma de la diferencia absoluta entre los componentes de dos vectores P y Q

$$d_{M(P,Q)} = \sum_{i=1}^n |p_i - q_i|$$

La distancia de Manhattan es la norma L1 de un vector mientras que la euclideana es la norma L2.



Distancia Manhattan contra distancia Euclidiana: Las líneas roja, azul y amarilla tienen la misma longitud (12) en las geometrías Euclidiana y taxicab. En la geometría Euclidiana, la línea verde tiene longitud $6\sqrt{2} \approx 8.48$, y es el único camino más corto. En la geometría taxicab, la línea verde tiene longitud 12, por lo que no es más corta que los otros caminos.

Desventajas

Aunque la distancia de Manhattan parece funcionar bien para datos de alta dimensión, es una medida algo menos intuitiva que la distancia euclidiana, especialmente cuando se usa en datos de alta dimensión.

Además, es más probable que proporcione un valor de distancia más alto que la distancia euclidiana, ya que no ofrece el camino más corto posible. Esto no necesariamente da problemas, pero es algo que debe tener en cuenta.

Casos de uso

Cuando su conjunto de datos tiene atributos discretos y/o binarios, Manhattan parece funcionar bastante bien, ya que tiene en cuenta las rutas que, de manera realista, podrían tomarse dentro de los valores de esos atributos. Tomar la distancia euclidiana, por ejemplo, crearía una línea recta entre dos vectores cuando en realidad esto podría no ser posible.

Similitud de Coseno

Mide el ángulo entre dos vectores en un espacio de varias dimensiones. Es una métrica popular para la comparación de documentos en procesamiento de lenguaje natural y sistemas de recomendación.

Sabemos que el producto punto entre dos vectores es igual al coseno del ángulo entre ellos por la longitud de los mismos

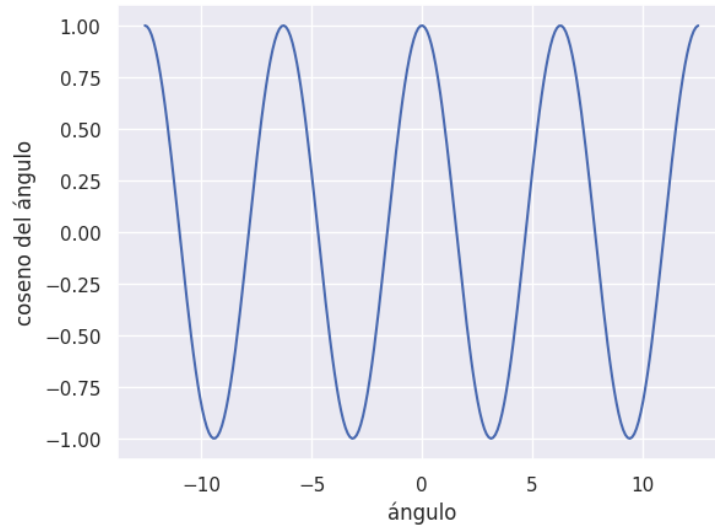
$$u.v = \cos(\theta)|u||v|$$

Con esto se define la similitud coseno de la siguiente forma

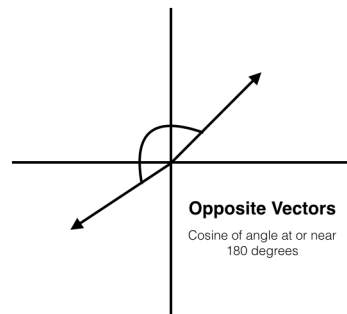
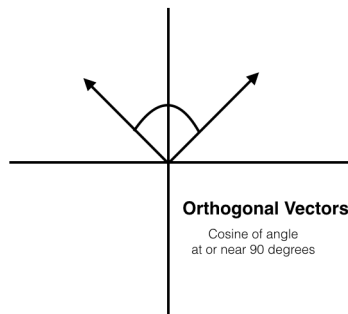
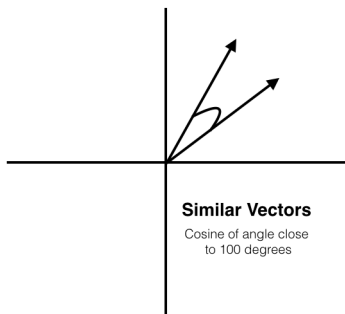
$$\cos(\theta) = \frac{u.v}{|u||v|}$$

Mirando la gráfica de la función coseno podemos decir que:

- Cuando θ es igual a 0, el coseno es igual a 1. En nuestro caso, los dos vectores coinciden perfectamente
- Cuando θ es igual a $\pi/2$, el coseno es igual a 0. En nuestro caso, los dos vectores son ortogonales
- Cuando θ es igual a π , el coseno es igual a -1. En nuestro caso, los dos vectores se encuentran en posición diametralmente opuesta



Notar que la magnitud de los vectores no entra en juego para esta similitud



Desventajas

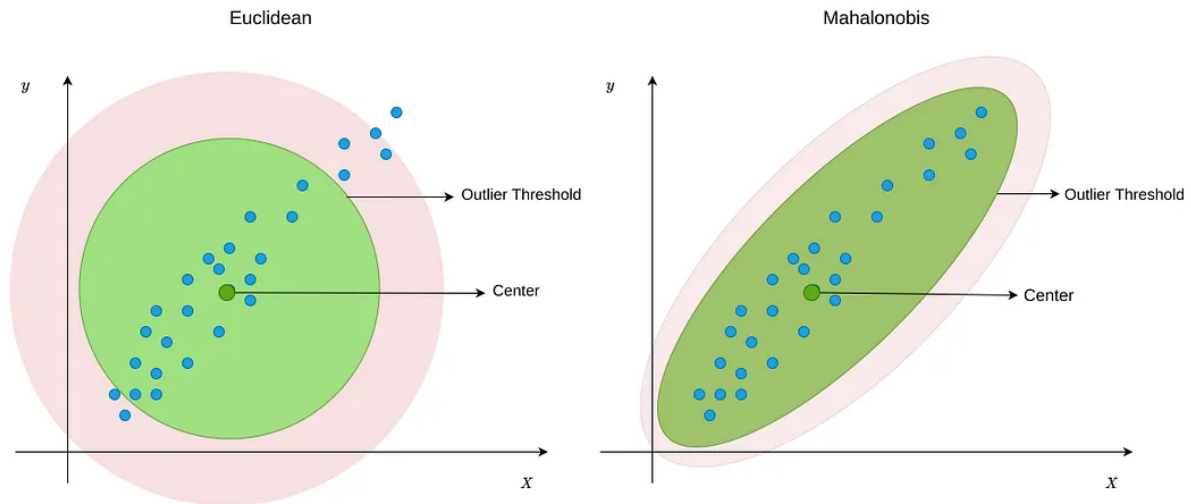
Una de las principales desventajas de la similitud del coseno es que no se tiene en cuenta la magnitud de los vectores, sino simplemente su dirección. En la práctica, esto significa que las diferencias de valores no se tienen plenamente en cuenta. Si toma un sistema de recomendación, por ejemplo, la similitud del coseno no tiene en cuenta la diferencia en la escala de calificación entre diferentes usuarios.

Casos de uso

Usamos la similitud del coseno a menudo cuando tenemos datos de alta dimensión y cuando la magnitud de los vectores no es importante. Para los análisis de texto, esta medida se utiliza con bastante frecuencia cuando los datos se representan mediante recuentos de palabras. Por ejemplo, cuando una palabra aparece con más frecuencia en un documento que en otro, esto no significa necesariamente que un documento esté más relacionado con esa palabra. Puede darse el caso de que los documentos tengan longitudes desiguales y la magnitud del conteo sea de menor importancia. Entonces, podemos usar mejor la similitud del coseno que no tiene en cuenta la magnitud.

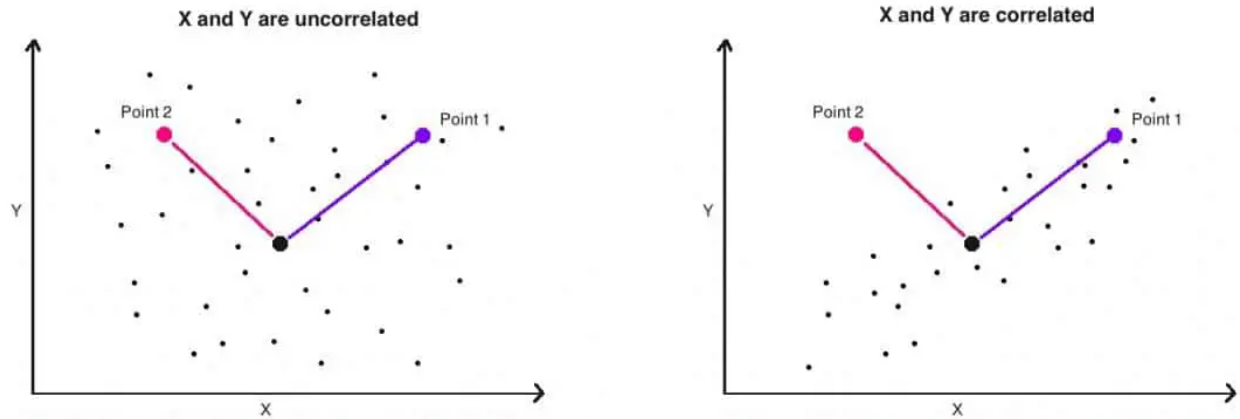
Distancia de Mahalanobis

En estadística, la distancia de Mahalanobis es una medida de distancia introducida por Mahalanobis en 1936. Su utilidad radica en que es una forma de determinar la similitud entre dos variables aleatorias multidimensionales. Se diferencia de la distancia euclídea en que tiene en cuenta la correlación entre las variables aleatorias.



La distancia de Mahalanobis (MD) es una métrica de distancia efectiva que encuentra la distancia entre el punto y la distribución. Funciona con bastante eficacia en datos multivariados porque utiliza una matriz de covarianza de variables para encontrar la distancia entre los puntos de datos y el centro. Esto significa que MD detecta valores atípicos en función del patrón de distribución de los puntos de datos, a diferencia de la distancia euclidiana.

En la siguientes figuras, el punto negro representa el centroide de la distribución. En la gráfica de la izquierda, tenemos una distribución no correlacionada. En ese caso, los valores atípicos serían los más alejados del centroide y se podría usar la distancia euclidiana para detectarlos. En el caso de la derecha, cuando las variables están correlacionadas, tiene más sentido usar Mahalanobis, ya que tiene en cuenta la correlación entre ambas variables. Allí el punto 2 sería un outlier, mientras que el punto 1 es parte de la distribución.



La distancia de Mahalanobis mide la distancia entre un punto P y el centroide de una distribución D y es igual a la distancia euclídeana cuando las variables no están correlacionadas.

Se define como:

$$d_{M(x,\mu,D)} = \sqrt{(x - \mu)^T S^{-1} (x - \mu)}$$

Y cuando nos interesa saber la distancia entre dos puntos, en vez de un punto y el centroide de los datos:

$$d_{M(x,y,D)} = \sqrt{(x - y)^T S^{-1} (x - y)}$$

Donde

x, y : puntos en el espacio

μ : media de la distribución D

S : matriz de covarianza

Crearemos un conjunto de datos que muestre el puntaje del examen de 20 estudiantes junto con la cantidad de horas que dedicaron a estudiar, la cantidad de exámenes de preparación que tomaron y su calificación actual en el curso::

```
import numpy as np
import pandas as pd
import scipy as stats
from scipy.stats import chi2

data = {'score': [91, 93, 72, 87, 86, 73, 68, 87, 78, 99, 95, 76, 84, 96, 76, 80, 83, 84, 73, 74],
        'hours': [16, 6, 3, 1, 2, 3, 2, 5, 2, 5, 2, 3, 4, 3, 3, 3, 4, 3, 4, 4],
        'prep': [3, 4, 0, 3, 4, 0, 1, 2, 1, 2, 3, 3, 3, 2, 2, 2, 3, 3, 2, 2],
        'grade': [70, 88, 80, 83, 88, 84, 78, 94, 90, 93, 89, 82, 95, 94, 81, 93, 93, 90, 89, 89]}

df = pd.DataFrame(data, columns=['score', 'hours', 'prep', 'grade'])

# Crear función para calcular la distancia de Mahalanobis
def mahalanobis(x=None, data=None, cov=None):

    x_mu = x - np.mean(data)
```

```

if not cov:
    cov = np.cov(data.values.T)
    inv_covmat = np.linalg.inv(cov)
    left = np.dot(x_mu, inv_covmat)
    mahal = np.dot(left, x_mu.T)
    return mahal.diagonal()

# Crea una nueva columna en el marco de datos que contiene
# la distancia de Mahalanobis para cada fila
df['mahalanobis'] = mahalanobis(x=df, data=df[['score', 'hours', 'prep', 'grade']])

# Calcular el valor p para cada distancia mahalanobis
df['p'] = 1 - chi2.cdf(df['mahalanobis'], 3)

# Mostrar valores p para las primeras cinco filas en el marco de datos
df.head()

"""
   score hours prep  grade mahalanobis p
0  91    16    3  70    16.501963  0.000895
1  93     6    4  88     2.639286  0.450644
2  72     3    0  80     4.850797  0.183054
3  87     1    3  83     5.201261  0.157639
4  86     2    4  88     3.828734  0.280562
"""

```

La interpretación de los valores p es la siguiente:

- Un valor p cercano a 1 indica que la probabilidad de que la observación sea un valor típico dentro de la distribución es alta, por lo que no se considera un valor atípico.
- Un valor p cercano a 0 indica que la probabilidad de que la observación sea un valor típico dentro de la distribución es baja, lo que sugiere que podría ser un valor atípico. Generalmente, se considera que una observación con un valor p inferior a 0.001 es un valor atípico. En este ejemplo, vemos un valor atípico en el primer registro.

Desventajas

Suposición de normalidad: La distancia de Mahalanobis supone que los datos siguen una distribución normal multivariante. Si esta suposición no se cumple, la distancia de Mahalanobis podría no ser apropiada o requeriría ajustes en la metodología.

Sensibilidad a la matriz de covarianza: La distancia de Mahalanobis depende de la matriz de covarianza, y el cálculo de su inversa puede ser numéricamente inestable en algunos casos. Esto puede ser un problema en conjuntos de datos de alta dimensionalidad o cuando hay multicolinealidad (variables altamente correlacionadas).

No apropiada para distribuciones no lineales: La distancia de Mahalanobis no es adecuada para conjuntos de datos con relaciones no lineales entre las variables, ya que solo considera las correlaciones lineales.

Casos de uso

Detección de valores atípicos: La distancia de Mahalanobis es útil para identificar valores atípicos en un conjunto de datos multivariante, ya que considera la correlación entre las variables y la variabilidad de cada variable. Los puntos con distancias de Mahalanobis grandes pueden ser considerados como valores atípicos.

Clasificación y reconocimiento de patrones: La distancia de Mahalanobis puede utilizarse en problemas de clasificación y reconocimiento de patrones, donde se intenta asignar un objeto desconocido a una de varias clases predefinidas. La distancia de Mahalanobis puede ser utilizada como métrica de similitud para determinar la cercanía entre un objeto desconocido y los objetos en cada clase.

Análisis de conglomerados (clustering): La distancia de Mahalanobis puede ser utilizada en algoritmos de clustering para medir la similitud entre puntos en un espacio multivariante. Algoritmos como K-means o agrupamiento jerárquico pueden utilizar la distancia de Mahalanobis en lugar de la distancia euclidiana para tener en cuenta la correlación entre variables y la variabilidad de cada variable.

Distancia de Jaccard

El coeficiente de similitud de Jaccard o índice de Jaccard mide la similitud entre dos conjuntos de muestras y fue concebido con la intención de comparar los tipos de flores presentes en un ecosistema de la cuenca de un río, con los tipos presentes en las regiones aledañas. Se define como la relación entre el tamaño de la intersección de ambos conjuntos y el tamaño de la unión:

$$sim_{J(A,B)} = \frac{|A \cap B|}{|A \cup B|}$$

La *distancia de Jaccard* mide la disimilitud entre dos conjuntos de muestras y se define como el complemento del coeficiente de Jaccard:

$$J(A, B) = 1 - sim_{J(A,B)}$$

El coeficiente de Jaccard toma valores entre 0 y 1, siendo 1 la coincidencia perfecta entre ambos conjuntos, cuando la intersección es igual a la unión

Esta distancia puede utilizarse en análisis de texto: La distancia de Jaccard se utiliza para comparar documentos o textos en función de la similitud entre sus conjuntos de palabras, caracteres o n-gramas, o puede ser útil también en sistemas de recomendación, para medir la similitud entre usuarios o elementos en función de los conjuntos de características, preferencias o comportamientos de los usuarios.

Desventajas

La distancia de Jaccard puede verse afectada por diferencias significativas en el tamaño de los conjuntos que se comparan. Por ejemplo, si un conjunto es mucho más grande que otro, la distancia de Jaccard puede ser alta incluso si hay una superposición considerable entre los conjuntos.

No apta para datos numéricos continuos: La distancia de Jaccard está diseñada para comparar conjuntos y, por lo tanto, no es adecuada para trabajar con datos numéricos continuos. Para datos continuos, es necesario utilizar otras medidas de distancia, como la distancia euclidiana o la distancia de Mahalanobis.

No considera la estructura interna de los datos: La distancia de Jaccard solo tiene en cuenta la presencia o ausencia de elementos en los conjuntos, pero no considera la estructura interna o las relaciones entre los elementos dentro de los conjuntos. En situaciones donde la estructura interna de los datos es importante, podrían ser más adecuadas otras medidas de similitud o técnicas de análisis.

Sensibilidad a la presencia de elementos irrelevantes: La distancia de Jaccard puede verse afectada por la presencia de elementos irrelevantes o ruidosos en los conjuntos. Estos elementos pueden aumentar la distancia de Jaccard entre dos conjuntos que, de lo contrario, serían muy similares.

Casos de uso

La distancia de Jaccard se utiliza a menudo en el análisis de texto para comparar la similitud entre documentos. Por ejemplo, se pueden comparar documentos en función de las palabras o términos que contienen, y luego agruparlos o clasificarlos según su similitud.

Comparación de comunidades biológicas: En ecología y biología, la distancia de Jaccard se utiliza a menudo para comparar la similitud entre comunidades biológicas, como la presencia de especies en diferentes hábitats o ecosistemas. También se puede aplicar en el análisis de datos genéticos para comparar la similitud entre diferentes genomas, especialmente en el contexto de datos de secuenciación de ADN.

Sistemas de recomendación: La distancia de Jaccard puede ser útil en sistemas de recomendación para medir la similitud entre usuarios o elementos en función de sus características binarias o categóricas. Por ejemplo, se puede utilizar para comparar la similitud entre usuarios en función de las películas que han visto o los productos que han comprado. También en el análisis de redes sociales, la distancia de Jaccard se utiliza a menudo para comparar la similitud entre los miembros de una red en función de sus conexiones o intereses compartidos.

Distancias entre palabras

Pueden consultar a la unidad 2 donde estudiamos distancia de Levensthein y de Jaro-Winkler

KPI Estándares