IA-Practica9-ClusterJeraquicoParticional

19 de mayo de 2023

0.1. Práctica 9: Clustering Jerárquico y Particional

Nombre: Recinos Hernández Luis Mario y Alcántara Guerrero Guadalupe Alfredo

No. Cuenta: 317244331 y 317218543

Email: lmrecinoshr@gmail.com y alfredoguadalupe.alcantara@gmail.com

Contexto

Estudios clínicos a partir de imágenes digitalizadas de pacientes con cáncer de mama de Wisconsin (WDBC, Wisconsin Diagnostic Breast Cancer)

Objetivo. Obtener grupos de pacientes con características similares, diagnosticadas con un tumor de mama, a través de clustering jerárquico y particional.

Fuente de datos:

https://archive.ics.uci.edu/ml/datasets/Breast+Cancer+Wisconsin+(Diagnostic)

- ID number: Identifica al paciente -Discreto-
- Diagnosis: Diagnostico (M=maligno, B=benigno) -Booleano-
- Radius: Media de las distancias del centro y puntos del perímetro -Continuo-
- Texture: Desviación estándar de la escala de grises -Continuo-
- Perimeter: Valor del perímetro del cáncer de mama -Continuo-
- Area: Valor del área del cáncer de mama -Continuo-
- Smoothness: Variación de la longitud del radio -Continuo-
- Compactness: Perímetro ^ 2 /Area - 1 -Continuo-
- Concavity: Caída o gravedad de las curvas de nivel -Continuo-
- Concave points: Número de sectores de contorno cóncavo -Continuo-
- Symmetry: Simetría de la imagen -Continuo-
- Fractal dimension: "Aproximación de frontera" - 1 -Continuo-

1) Importar las bibliotecas necesarias y los datos

[30]:
```
import pandas as pd                 # Para la manipulación y análisis de datos
import numpy as np                  # Para crear vectores y matrices n␣
 ↪dimensionales
import matplotlib.pyplot as plt     # Para la generación de gráficas a partir de␣
 ↪los datos
import seaborn as sns               # Para la visualización de datos basado en␣
 ↪matplotlib
%matplotlib inline
```

[31]:
```
BCancer = pd.read_csv('WDBCOriginal.csv')
BCancer
```

[31]:

	IDNumber	Diagnosis	Radius	Texture	Perimeter	Area	Smoothness	\
0	P-842302	M	17.99	10.38	122.80	1001.0	0.11840	
1	P-842517	M	20.57	17.77	132.90	1326.0	0.08474	
2	P-84300903	M	19.69	21.25	130.00	1203.0	0.10960	
3	P-84348301	M	11.42	20.38	77.58	386.1	0.14250	
4	P-84358402	M	20.29	14.34	135.10	1297.0	0.10030	
..	...	...	...	...	...	...	...	
564	P-926424	M	21.56	22.39	142.00	1479.0	0.11100	
565	P-926682	M	20.13	28.25	131.20	1261.0	0.09780	
566	P-926954	M	16.60	28.08	108.30	858.1	0.08455	
567	P-927241	M	20.60	29.33	140.10	1265.0	0.11780	
568	P-92751	B	7.76	24.54	47.92	181.0	0.05263	

	Compactness	Concavity	ConcavePoints	Symmetry	FractalDimension
0	0.27760	0.30010	0.14710	0.2419	0.07871
1	0.07864	0.08690	0.07017	0.1812	0.05667
2	0.15990	0.19740	0.12790	0.2069	0.05999
3	0.28390	0.24140	0.10520	0.2597	0.09744
4	0.13280	0.19800	0.10430	0.1809	0.05883
..	...	...	...	...	...
564	0.11590	0.24390	0.13890	0.1726	0.05623
565	0.10340	0.14400	0.09791	0.1752	0.05533
566	0.10230	0.09251	0.05302	0.1590	0.05648
567	0.27700	0.35140	0.15200	0.2397	0.07016
568	0.04362	0.00000	0.00000	0.1587	0.05884

[569 rows x 12 columns]

[32]:
```
BCancer.info()
```

```
<class 'pandas.core.frame.DataFrame'>
RangeIndex: 569 entries, 0 to 568
Data columns (total 12 columns):
 #   Column           Non-Null Count  Dtype
---  ------           --------------  -----
 0   IDNumber         569 non-null    object
 1   Diagnosis        569 non-null    object
 2   Radius           569 non-null    float64
 3   Texture          569 non-null    float64
 4   Perimeter        569 non-null    float64
 5   Area             569 non-null    float64
 6   Smoothness       569 non-null    float64
 7   Compactness      569 non-null    float64
 8   Concavity        569 non-null    float64
 9   ConcavePoints    569 non-null    float64
```

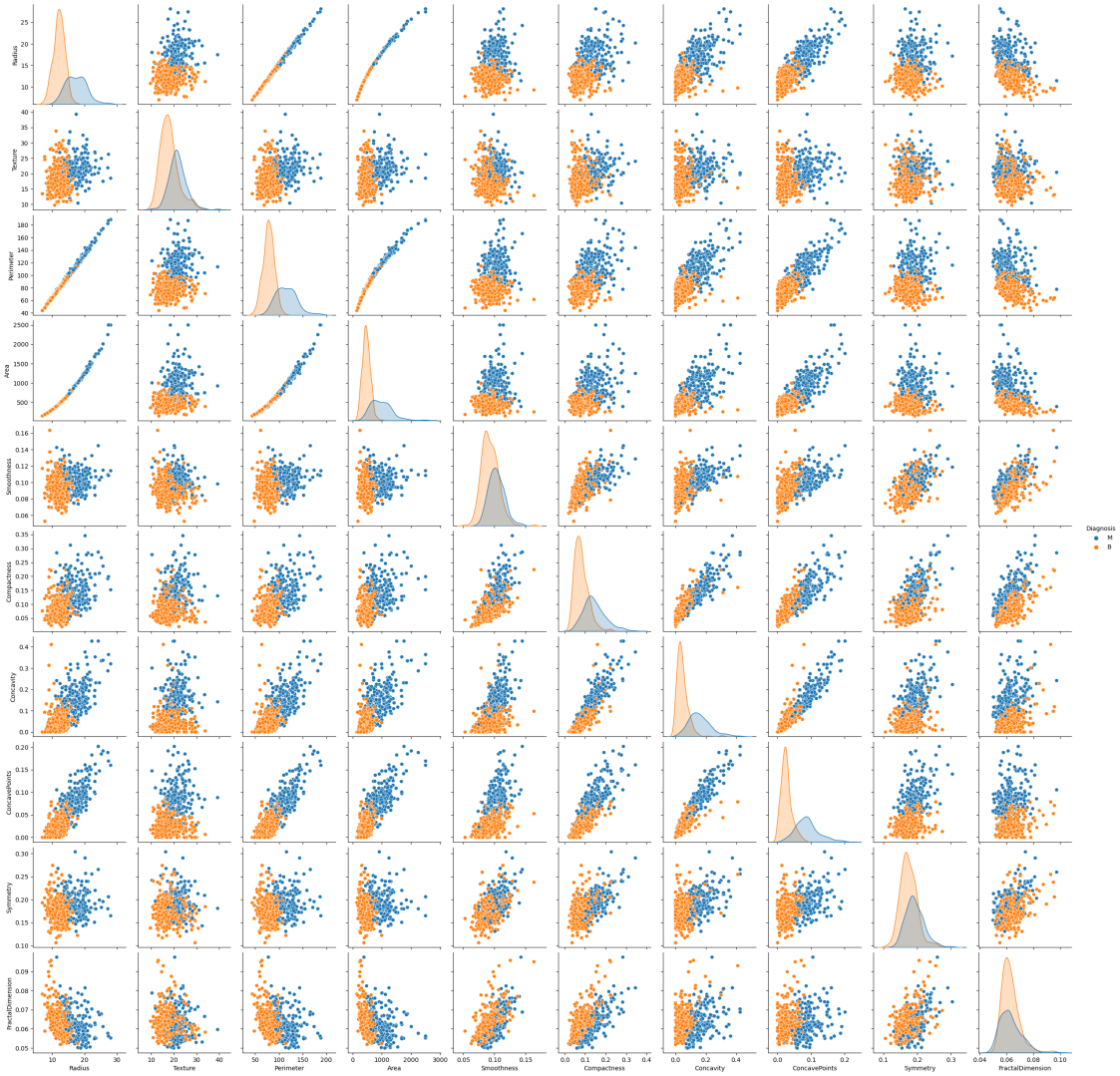
```
 10  Symmetry           569 non-null    float64
 11  FractalDimension   569 non-null    float64
dtypes: float64(10), object(2)
memory usage: 53.5+ KB
```

[33]:
```
print(BCancer.groupby('Diagnosis').size())
```

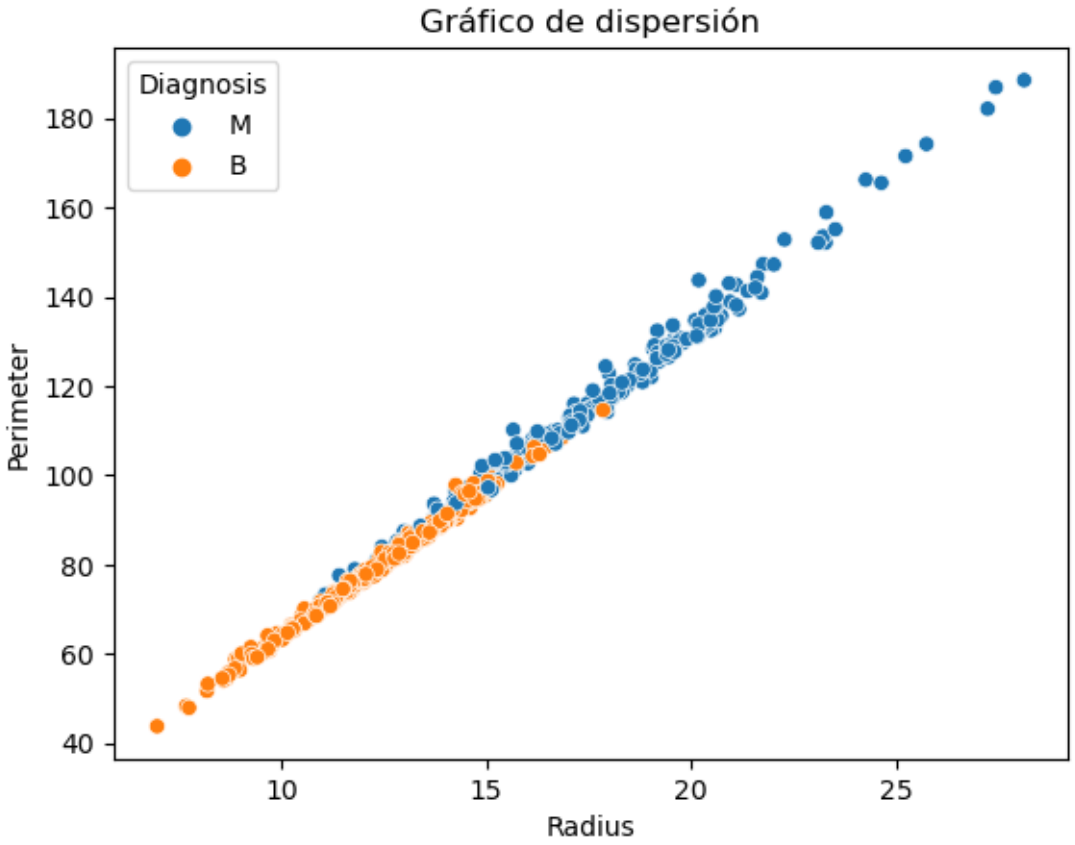
```
Diagnosis
B    357
M    212
dtype: int64
```

2) Selección de características Evaluación visual

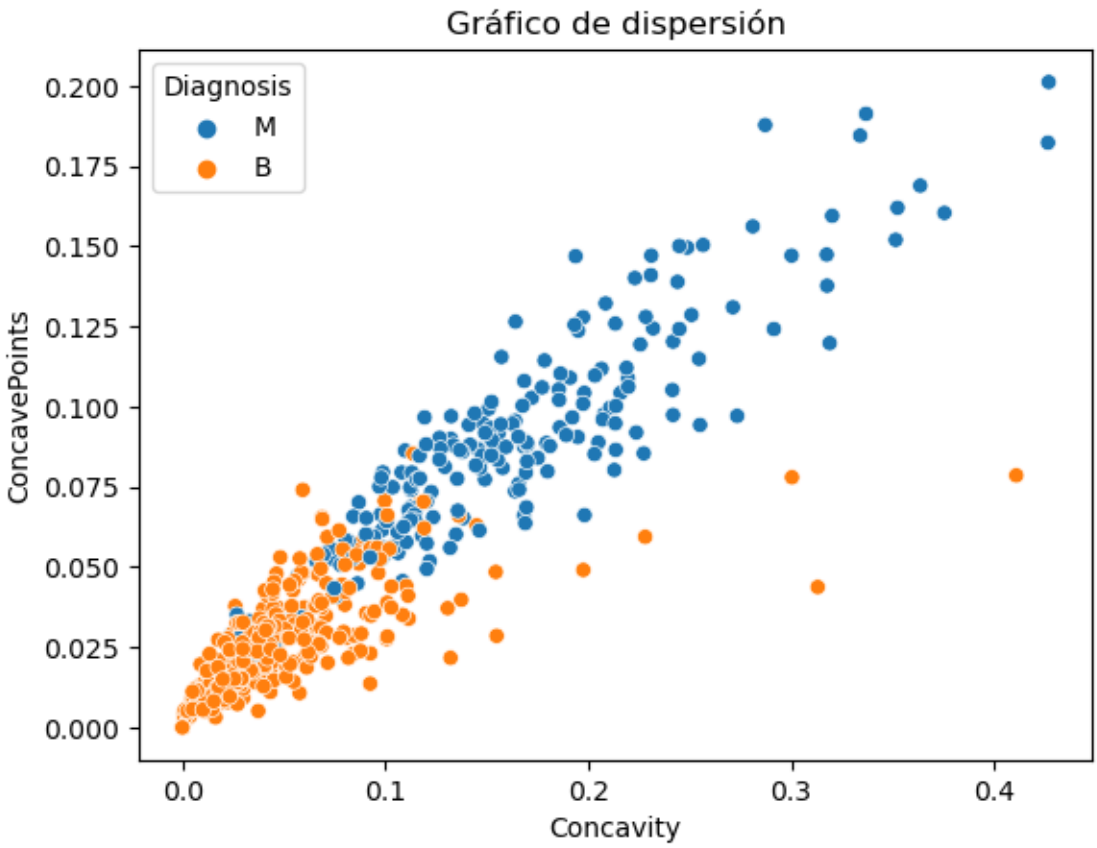
[34]:
```
sns.pairplot(BCancer, hue='Diagnosis')
plt.show()
```



[35]:
```
sns.scatterplot(x='Radius', y ='Perimeter', data=BCancer, hue='Diagnosis')
plt.title('Gráfico de dispersión')
plt.xlabel('Radius')
plt.ylabel('Perimeter')
plt.show()
```



[27]:
```
sns.scatterplot(x='Concavity', y ='ConcavePoints', data=BCancer, hue='Diagnosis')
plt.title('Gráfico de dispersión')
plt.xlabel('Concavity')
plt.ylabel('ConcavePoints')
plt.show()
```



Se genera una matriz de correlación Esto por medio de la asignación de una variable de correlación con los datos presentes en el archivo de datos.

[40]:
```
CorrBCancer = BCancer.corr(method='pearson')
CorrBCancer
```

[40]:

	Radius	Texture	Perimeter	Area	Smoothness	\
Radius	1.000000	0.323782	0.997855	0.987357	0.170581	
Texture	0.323782	1.000000	0.329533	0.321086	-0.023389	
Perimeter	0.997855	0.329533	1.000000	0.986507	0.207278	
Area	0.987357	0.321086	0.986507	1.000000	0.177028	
Smoothness	0.170581	-0.023389	0.207278	0.177028	1.000000	
Compactness	0.506124	0.236702	0.556936	0.498502	0.659123	
Concavity	0.676764	0.302418	0.716136	0.685983	0.521984	
ConcavePoints	0.822529	0.293464	0.850977	0.823269	0.553695	
Symmetry	0.147741	0.071401	0.183027	0.151293	0.557775	
FractalDimension	-0.311631	-0.076437	-0.261477	-0.283110	0.584792	

	Compactness	Concavity	ConcavePoints	Symmetry	\
Radius	0.506124	0.676764	0.822529	0.147741	

```
Texture              0.236702   0.302418       0.293464   0.071401
Perimeter            0.556936   0.716136       0.850977   0.183027
Area                 0.498502   0.685983       0.823269   0.151293
Smoothness           0.659123   0.521984       0.553695   0.557775
Compactness          1.000000   0.883121       0.831135   0.602641
Concavity            0.883121   1.000000       0.921391   0.500667
ConcavePoints        0.831135   0.921391       1.000000   0.462497
Symmetry             0.602641   0.500667       0.462497   1.000000
FractalDimension     0.565369   0.336783       0.166917   0.479921

                  FractalDimension
Radius                  -0.311631
Texture                 -0.076437
Perimeter               -0.261477
Area                    -0.283110
Smoothness               0.584792
Compactness              0.565369
Concavity                0.336783
ConcavePoints            0.166917
Symmetry                 0.479921
FractalDimension         1.000000
```

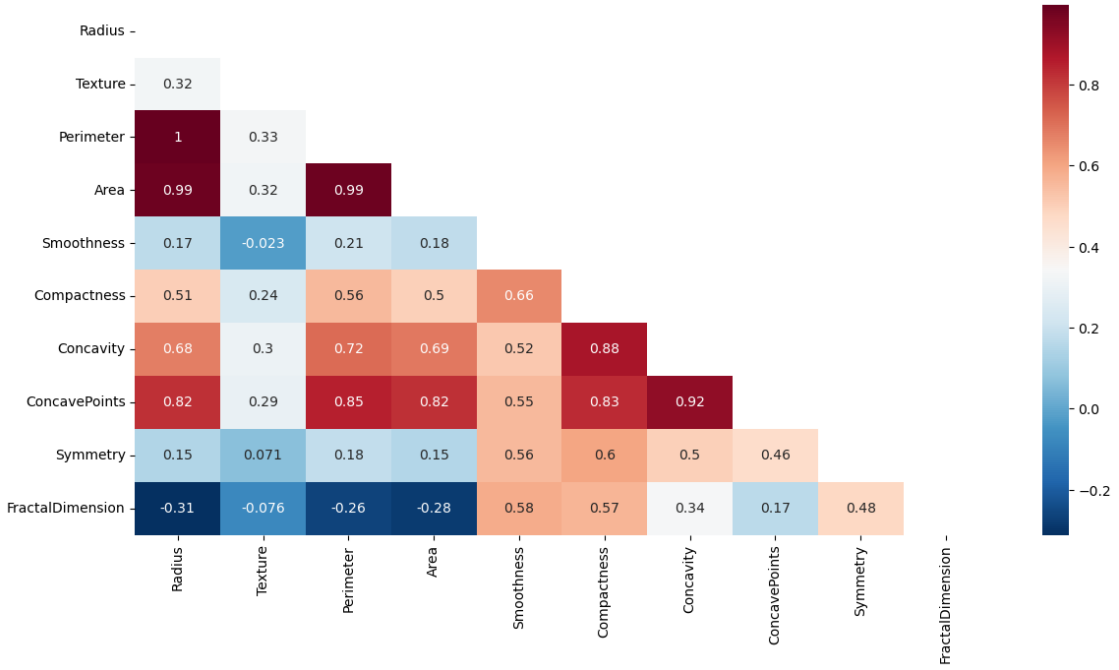
Generación de la matriz de correlación con base a la variable generada Considerar que la imperión de estos valores se hizo para el atributo de radio de entre los datos del hospital, con la sentencia "[: 10]" demandamos la impresión de solo los primeros 10 elementos de los datos consultados.

[41]:
```
print(CorrBCancer['Radius'].sort_values(ascending=False)[:10], '\n')
```

```
Radius              1.000000
Perimeter           0.997855
Area                0.987357
ConcavePoints       0.822529
Concavity           0.676764
Compactness         0.506124
Texture             0.323782
Smoothness          0.170581
Symmetry            0.147741
FractalDimension   -0.311631
Name: Radius, dtype: float64
```

Generación de mapa de calor Con la siguiente tabla, podemos presentar de manera gráfica las relaciones que existen entre los difenrtes grupos de datos dentro del archivo de datos. Entre mayor sea la interrelacióm entre los mismos, más oscuro será la coloración que los represente en el mapa. El mapa de calor es instanicado mediante la función "heatmap", que nos permite alimentar al gráfico con la información que nosotros necesitemos.

[43]:
```
plt.figure(figsize=(14,7))
MatrizInf = np.triu(CorrBCancer)
sns.heatmap(CorrBCancer, cmap='RdBu_r', annot=True, mask=MatrizInf)
plt.show()
```



Se comienza con la selección de variables para análisis Este procedimiento se relaiza mediante la generacón de una matriz con aquellas varbales de datos que nos sean de interés para llevar a cabo el análisis. En este caso, se utilizarán algunos de los datos mostrados enel reusltado de la línea "print(CorrBCancer['Radius'].sort_values(ascending=False)[:10], '')"

[45]:
```
MatrizVariables = np.array(BCancer[['Texture', 'Area', 'Smoothness',␣
 ↪'Compactness', 'Symmetry', 'FractalDimension']])
pd.DataFrame(MatrizVariables)
```

[45]:

	0	1	2	3	4	5
0	10.38	1001.0	0.11840	0.27760	0.2419	0.07871
1	17.77	1326.0	0.08474	0.07864	0.1812	0.05667
2	21.25	1203.0	0.10960	0.15990	0.2069	0.05999
3	20.38	386.1	0.14250	0.28390	0.2597	0.09744
4	14.34	1297.0	0.10030	0.13280	0.1809	0.05883
..	...	...	...	...	...	...
564	22.39	1479.0	0.11100	0.11590	0.1726	0.05623
565	28.25	1261.0	0.09780	0.10340	0.1752	0.05533
566	28.08	858.1	0.08455	0.10230	0.1590	0.05648
567	29.33	1265.0	0.11780	0.27700	0.2397	0.07016

```
568  24.54   181.0  0.05263  0.04362  0.1587  0.05884

[569 rows x 6 columns]
```

Estandarización de datos En aras de prevenir que algunos datos tomen mayor peso que otros por factoes externos a nuestro análisis, lelvamos a cabo una estandarización de datos usando funciones ya integradas en la libreta de trabajo

[46]:
```
from sklearn.preprocessing import StandardScaler, MinMaxScaler
estandarizar = StandardScaler()
MEstandarizada = estandarizar.fit_transform(MatrizVariables)
pd.DataFrame(MEstandarizada)
```

[46]:

	0	1	2	3	4	5
0	-2.073335	0.984375	1.568466	3.283515	2.217515	2.255747
1	-0.353632	1.908708	-0.826962	-0.487072	0.001392	-0.868652
2	0.456187	1.558884	0.942210	1.052926	0.939685	-0.398008
3	0.253732	-0.764464	3.283553	3.402909	2.867383	4.910919
4	-1.151816	1.826229	0.280372	0.539340	-0.009560	-0.562450
..	...	...	...	...	...	...
564	0.721473	2.343856	1.041842	0.219060	-0.312589	-0.931027
565	2.085134	1.723842	0.102458	-0.017833	-0.217664	-1.058611
566	2.045574	0.577953	-0.840484	-0.038680	-0.809117	-0.895587
567	2.336457	1.735218	1.525767	3.272144	2.137194	1.043695
568	1.221792	-1.347789	-3.112085	-1.150752	-0.820070	-0.561032

[569 rows x 6 columns]

##**Inicio de procesamiento para el Clustering Jerárquico**Un proceso que solo podemos iniciar cuando: - Tenemos una fuennte de información confiable (https://archive.ics.uci.edu/ml/datasets/Breast+Cancer+Wisconsin+(Diagnostic)) - Tenemos un grupo de datos coherentes (Conclusiones que podemos sacar del procesamiento de datos realizado antes de esta etapa en esta misma libreta) - Sabemos qué datos serán los protagonistas en nuestro estudio - Hemos generado una matriz de datos clave que contenga a las variables relevantes para nuestro estudio

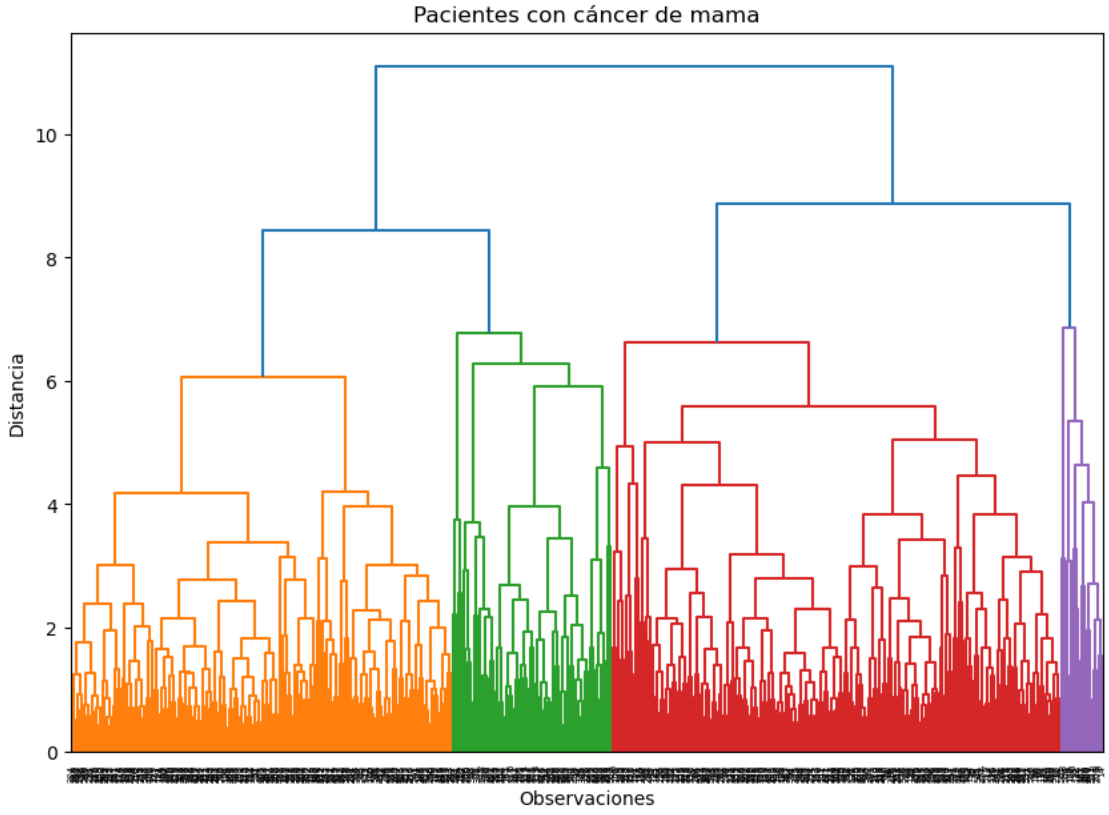
La generación de clusters de datos representa en materia de inteligencia artificial la capacidad de alienar ciertos grupos de datos y relaciones de entre un conjutno total de datos trnasaccionales y así poder orientar nuestro estudio a un sector en específico en un tema. En los métodos de procesamiento presentados a continuación, orientaremos el estudio de los datos del hospital a identificar pacientes con caracteristicas similares y así poder identificar que síntomas se relacionan más con ciertas enfermedades detectadas por el personal médico.

0.2. Cluster Jerárquico

En primera, instancia, el trabajo con clusters requiere de la importación de ciertas bibliotecas:

[47]:
```
import scipy.cluster.hierarchy as shc
from sklearn.cluster import AgglomerativeClustering
```

```
plt.figure(figsize=(10, 7))
plt.title("Pacientes con cáncer de mama")
plt.xlabel('Observaciones')
plt.ylabel('Distancia')
Arbol = shc.dendrogram(shc.linkage(MEstandarizada, method='complete',␣
 ↪metric='euclidean'))
```



Para facilitar su manejo, podemos asignar etiquetas a todos los datos obtenidos, esto ser realiza de la siguiente manera:

[49]:
```
MJerarquico = AgglomerativeClustering(n_clusters=4, linkage='complete',␣
 ↪affinity='euclidean')
MJerarquico.fit_predict(MEstandarizada)
MJerarquico.labels_
```

[49]:
```
array([0, 1, 1, 0, 1, 2, 1, 2, 0, 0, 3, 2, 1, 3, 0, 2, 3, 2, 1, 2, 2, 2,
       0, 1, 2, 0, 2, 1, 2, 2, 1, 2, 2, 1, 2, 2, 2, 3, 3, 2, 3, 2, 1, 2,
       2, 2, 3, 2, 2, 3, 3, 3, 3, 2, 3, 3, 1, 2, 3, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2,
       2, 3, 2, 2, 1, 2, 2, 2, 2, 1, 2, 2, 0, 2, 2, 2, 1, 1, 2, 2, 2, 2,
       3, 2, 3, 3, 3, 2, 2, 2, 2, 2, 3, 2, 3, 2, 3, 2, 2, 2, 2, 3, 0, 3,
       2, 2, 2, 2, 2, 3, 2, 2, 2, 1, 3, 2, 0, 2, 3, 3, 3, 1, 2, 1, 2, 2,
```

```
       2, 2, 1, 3, 3, 2, 2, 2, 3, 2, 2, 2, 3, 2, 0, 3, 2, 3, 2, 2, 2, 2,
       2, 3, 2, 1, 3, 3, 2, 1, 2, 3, 1, 3, 3, 1, 1, 2, 2, 3, 2, 2, 3, 3,
       2, 2, 3, 3, 1, 0, 1, 3, 3, 3, 1, 2, 2, 3, 0, 3, 3, 2, 2, 3, 2, 1,
       1, 2, 2, 1, 1, 0, 3, 3, 2, 1, 2, 3, 1, 3, 1, 1, 2, 2, 3, 3, 2, 1,
       3, 2, 2, 2, 3, 2, 2, 2, 3, 2, 2, 3, 3, 1, 3, 3, 1, 1, 3, 1, 2, 3,
       2, 3, 2, 2, 3, 2, 2, 2, 1, 3, 1, 1, 1, 2, 1, 0, 0, 1, 1, 3, 2, 3,
       2, 1, 3, 3, 2, 2, 3, 2, 1, 3, 3, 2, 3, 1, 3, 2, 1, 3, 1, 2, 3, 3,
       3, 3, 2, 3, 2, 2, 2, 3, 2, 3, 3, 2, 3, 3, 1, 3, 1, 2, 3, 3, 3, 3,
       3, 3, 3, 3, 3, 3, 2, 3, 3, 1, 2, 3, 2, 1, 2, 1, 3, 2, 3, 3, 2, 2,
       2, 2, 2, 3, 3, 2, 2, 2, 2, 1, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 3, 3, 3, 2, 3, 0,
       1, 1, 3, 3, 2, 3, 2, 2, 3, 3, 2, 1, 3, 1, 1, 2, 1, 1, 2, 3, 1, 1,
       3, 2, 2, 3, 3, 0, 2, 3, 3, 2, 3, 3, 3, 3, 2, 2, 2, 2, 2, 1, 2, 3,
       2, 3, 3, 3, 0, 3, 3, 2, 3, 2, 2, 3, 2, 3, 3, 2, 3, 2, 3, 2, 2, 2,
       3, 3, 3, 2, 2, 3, 2, 3, 2, 3, 3, 3, 2, 2, 1, 2, 3, 2, 3, 3, 3, 3,
       2, 3, 3, 2, 2, 2, 1, 2, 3, 1, 3, 1, 3, 2, 3, 3, 3, 3, 3, 3, 1, 1,
       3, 3, 3, 3, 3, 3, 2, 2, 2, 3, 3, 3, 2, 2, 3, 3, 2, 2, 3, 3, 2, 2,
       2, 2, 3, 1, 2, 1, 3, 3, 2, 3, 3, 3, 2, 3, 2, 1, 2, 2, 2, 1, 0, 0,
       2, 2, 2, 2, 2, 3, 2, 2, 3, 2, 1, 1, 2, 2, 2, 1, 3, 2, 2, 2, 2, 3,
       2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 1, 2, 0, 2, 2, 2, 3, 3, 3, 3, 3, 3, 3, 3, 3,
       3, 2, 3, 3, 3, 3, 2, 3, 3, 3, 1, 3, 1, 1, 1, 1, 3, 0, 3])
```

[50]:
```
BCancer['clusterH'] = MJerarquico.labels_
BCancer
```

[50]:

	IDNumber	Diagnosis	Radius	Texture	Perimeter	Area	Smoothness	\
0	P-842302	M	17.99	10.38	122.80	1001.0	0.11840	
1	P-842517	M	20.57	17.77	132.90	1326.0	0.08474	
2	P-84300903	M	19.69	21.25	130.00	1203.0	0.10960	
3	P-84348301	M	11.42	20.38	77.58	386.1	0.14250	
4	P-84358402	M	20.29	14.34	135.10	1297.0	0.10030	
..	...	...	...	...	...	...	...	
564	P-926424	M	21.56	22.39	142.00	1479.0	0.11100	
565	P-926682	M	20.13	28.25	131.20	1261.0	0.09780	
566	P-926954	M	16.60	28.08	108.30	858.1	0.08455	
567	P-927241	M	20.60	29.33	140.10	1265.0	0.11780	
568	P-92751	B	7.76	24.54	47.92	181.0	0.05263	

	Compactness	Concavity	ConcavePoints	Symmetry	FractalDimension	\
0	0.27760	0.30010	0.14710	0.2419	0.07871	
1	0.07864	0.08690	0.07017	0.1812	0.05667	
2	0.15990	0.19740	0.12790	0.2069	0.05999	
3	0.28390	0.24140	0.10520	0.2597	0.09744	
4	0.13280	0.19800	0.10430	0.1809	0.05883	
..	...	...	...	...	...	
564	0.11590	0.24390	0.13890	0.1726	0.05623	
565	0.10340	0.14400	0.09791	0.1752	0.05533	
566	0.10230	0.09251	0.05302	0.1590	0.05648	

```
567      0.27700    0.35140         0.15200    0.2397           0.07016
568      0.04362    0.00000         0.00000    0.1587           0.05884

     clusterH
0           0
1           1
2           1
3           0
4           1
..        ...
564         1
565         1
566         3
567         0
568         3

[569 rows x 13 columns]
```

[51]:
```
BCancer[BCancer.clusterH == 0]
```

[51]:
```
       IDNumber Diagnosis  Radius  Texture  Perimeter    Area  Smoothness  \
0      P-842302         M  17.990    10.38     122.80  1001.0      0.1184
3    P-84348301         M  11.420    20.38      77.58   386.1      0.1425
8      P-844981         M  13.000    21.82      87.50   519.8      0.1273
9    P-84501001         M  12.460    24.04      83.97   475.9      0.1186
14   P-84667401         M  13.730    22.61      93.60   578.3      0.1131
22    P-8511133         M  15.340    14.26     102.50   704.4      0.1073
25     P-852631         M  17.140    16.40     116.00   912.7      0.1186
78    P-8610862         M  20.180    23.97     143.70  1245.0      0.1286
108     P-86355         M  22.270    19.67     152.80  1509.0      0.1326
122    P-865423         M  24.250    20.20     166.20  1761.0      0.1447
146    P-869691         M  11.800    16.58      78.99   432.0      0.1091
181    P-873593         M  21.090    26.57     142.70  1311.0      0.1141
190    P-874858         M  14.220    23.12      94.37   609.9      0.1075
203     P-87880         M  13.810    23.75      91.56   597.8      0.1323
257    P-886776         M  15.320    17.27     103.20   713.3      0.1335
258    P-887181         M  15.660    23.20     110.20   773.5      0.1109
351    P-899667         M  15.750    19.22     107.10   758.6      0.1243
379   P-9013838         M  11.080    18.83      73.30   361.6      0.1216
400  P-90439701         M  17.910    21.02     124.40   994.0      0.1230
504    P-915186         B   9.268    12.87      61.49   248.7      0.1634
505    P-915276         B   9.676    13.14      64.12   272.5      0.1255
537    P-919812         B  11.690    24.44      76.37   406.4      0.1236
567    P-927241         M  20.600    29.33     140.10  1265.0      0.1178

     Compactness  Concavity  ConcavePoints  Symmetry  FractalDimension  \
0         0.2776    0.30010        0.14710    0.2419           0.07871
```

3	0.2839	0.24140	0.10520	0.2597	0.09744
8	0.1932	0.18590	0.09353	0.2350	0.07389
9	0.2396	0.22730	0.08543	0.2030	0.08243
14	0.2293	0.21280	0.08025	0.2069	0.07682
22	0.2135	0.20770	0.09756	0.2521	0.07032
25	0.2276	0.22290	0.14010	0.3040	0.07413
78	0.3454	0.37540	0.16040	0.2906	0.08142
108	0.2768	0.42640	0.18230	0.2556	0.07039
122	0.2867	0.42680	0.20120	0.2655	0.06877
146	0.1700	0.16590	0.07415	0.2678	0.07371
181	0.2832	0.24870	0.14960	0.2395	0.07398
190	0.2413	0.19810	0.06618	0.2384	0.07542
203	0.1768	0.15580	0.09176	0.2251	0.07421
257	0.2284	0.24480	0.12420	0.2398	0.07596
258	0.3114	0.31760	0.13770	0.2495	0.08104
351	0.2364	0.29140	0.12420	0.2375	0.07603
379	0.2154	0.16890	0.06367	0.2196	0.07950
400	0.2576	0.31890	0.11980	0.2113	0.07115
504	0.2239	0.09730	0.05252	0.2378	0.09502
505	0.2204	0.11880	0.07038	0.2057	0.09575
537	0.1552	0.04515	0.04531	0.2131	0.07405
567	0.2770	0.35140	0.15200	0.2397	0.07016

	clusterH
0	0
3	0
8	0
9	0
14	0
22	0
25	0
78	0
108	0
122	0
146	0
181	0
190	0
203	0
257	0
258	0
351	0
379	0
400	0
504	0
505	0
537	0
567	0

Obtención de Centrodides Con los datos debidamente procesados para su fácil manejo, podemos comenzar con la identificación de centrodides de entre todo el volumen de información

[54]:
```
CentroidesH = BCancer.groupby(['clusterH'])['Texture', 'Area', 'Smoothness',␣
↪'Compactness', 'Symmetry', 'FractalDimension'].mean()
CentroidesH
```

```
/var/folders/bt/fvlp_xd11ln3739bnzlm_j2w0000gn/T/ipykernel_5928/352068534.py:1:
FutureWarning: Indexing with multiple keys (implicitly converted to a tuple of
keys) will be deprecated, use a list instead.
  CentroidesH = BCancer.groupby(['clusterH'])['Texture', 'Area', 'Smoothness',
'Compactness', 'Symmetry', 'FractalDimension'].mean()
```

[54]:

clusterH	Texture	Area	Smoothness	Compactness	Symmetry	FractalDimension
0	20.133478	775.543478	0.124274	0.242200	0.240830	0.077839
1	22.540568	1243.728409	0.098441	0.137140	0.182560	0.058889
2	18.167540	561.336694	0.103316	0.114235	0.190486	0.065737
3	19.160095	505.403810	0.084217	0.063813	0.163030	0.059317

Interpretación

Una vez obetenidos estos diferentes clusters, deberemos de ser capaces de interpretarlos para identificar las mécinas y modelos que conforman a la naturaleza de los datos obtenidos

- **Clúster 1** Se alcanzan a ver 88 pacientes con algunos indicios de cancer, todas estas personas presentaron signos temrpanos similares, con una textura de 22 pixeles, presentaron un tumor relatiamente grande con un área de 1243 pixeles (el mayor tamaño de todos los clusters obtenidos de los datos del hospital). Así mismo, tuvieron una suavidad que apenas y alcanza por una centésima a los 0.1 pixeles. Los valores de compactado fueron de 0.13714 y una dimensión fractal promedio de 0.05.
- **Clúster 2** El segundo cluster, conformado por 248 pacientes presento una texura de 18.167 pixeles, acompañando a un pequeño tamaño de 561.33 pixeles, la suavidad de los siíntomas de los pacientes fue de 0.1 que a su vez tenia 0.11 pixeles de compactado. Así mismo, los pacientes mantuvieron una simetría del 0.19 y, por último, un promedio de dimensión fractal de 0.056
- **Clúster 3** Finalmente, los 210 pacientes agrupados en el tercer cluster demostraron tener el menor tamaño de tumores de entre todos los datos de los pacientes del hospital con 505.40 pixeles, las texturas y suavidad de los mismos fueron de 19.16 y 0.08 respectivamente. Los datos para el compactado de los tumores fue de 0.063 pixeles. Por útlimo, se tuvo una simetría de 0.16 pixeles y un promedio de dimensión fractal de 0.059
- **Clúster 0** Conformado por 23 pacientes con indicios de cáncer maligno por el tamaño del

tumor, con un área promedio de tumor de 775 pixeles y una desviación estándar de textura de 20 pixeles. Aparentemente es un tumor compacto (0.24 pixeles), cuya suavidad alcanza 0.12 pixeles, una simetría de 0.24 y una aproximación de frontera, dimensión fractal, promedio de 0.077 pixeles.

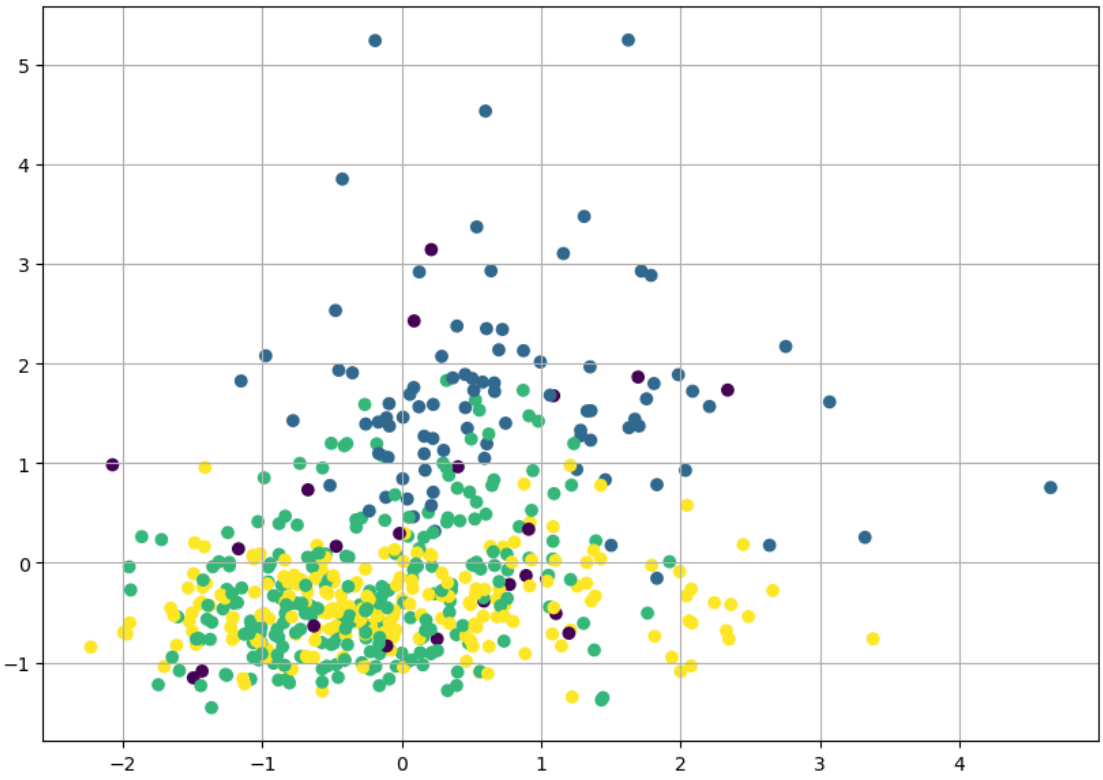
Parte de la información recabada en esta etapa del proceso salió de la impresión de la cantidad de elementos:

[53]:
```
BCancer.groupby(['clusterH'])['clusterH'].count()
```

[53]:
```
clusterH
0     23
1     88
2    248
3    210
Name: clusterH, dtype: int64
```

Gráficamente, la información recabada de los útimos clusters se podrá representar de la siguiente forma:

[56]:
```
plt.figure(figsize=(10, 7))
plt.scatter(MEstandarizada[:,0], MEstandarizada[:,1], c=MJerarquico.labels_)
plt.grid()
plt.show()
```



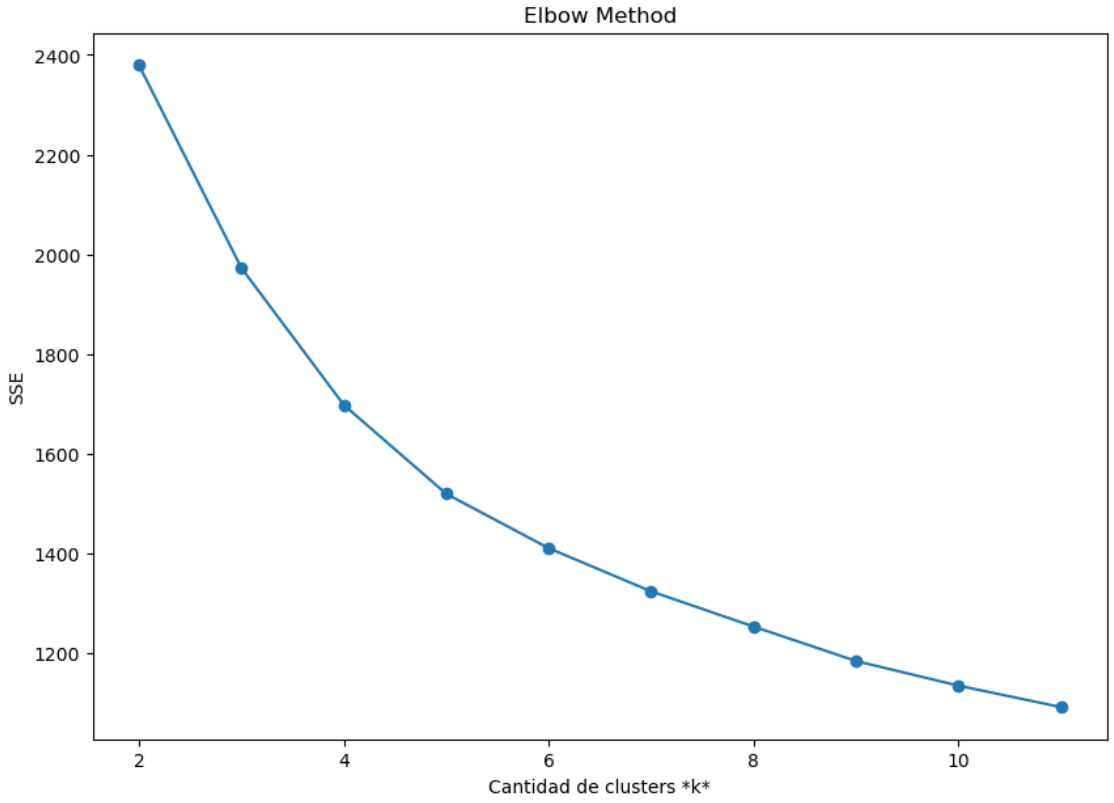
0.3. Cluster Particional (Con el algoritmo K-means)

Como en cualquier metodología para la generación y análisis de clusters, debemos de importar algunas bibliotecas especializadas:

[59]:
```
from sklearn.cluster import KMeans
from sklearn.metrics import pairwise_distances_argmin_min

SSE = []
for i in range(2, 12):
    km = KMeans(n_clusters=i, random_state=0)
    km.fit(MEstandarizada)
    SSE.append(km.inertia_)

plt.figure(figsize=(10, 7))
plt.plot(range(2, 12), SSE, marker='o')
plt.xlabel('Cantidad de clusters *k*')
plt.ylabel('SSE')
plt.title('Elbow Method')
plt.show()
```



[60]:
```
!pip install kneed
```

```
Collecting kneed
  Downloading kneed-0.8.3-py3-none-any.whl (10 kB)
Requirement already satisfied: scipy>=1.0.0 in
/Users/Mare/opt/anaconda3/lib/python3.9/site-packages (from kneed) (1.9.1)
Requirement already satisfied: numpy>=1.14.2 in
/Users/Mare/opt/anaconda3/lib/python3.9/site-packages (from kneed) (1.21.5)
Installing collected packages: kneed
Successfully installed kneed-0.8.3
```

[61]:
```
from kneed import KneeLocator
kl = KneeLocator(range(2, 12), SSE, curve="convex", direction="decreasing")
kl.elbow
```

[61]:
```
5
```

EL 5 mostrado como la salida de la línea de código pasada representa un "Knee point" que nos marca el punto exacto donde la gráfica de los datos se quiebra de manera más drástica. El punto 5 en el plano nos representa en este caso, donde se origina esta rodilla con la que asociamos este tipo de procesamiento de datos.

Una vez mas, nos generamos etiquetas para nuestros datos:

[62]:
```
MParticional = KMeans(n_clusters=5, random_state=0).fit(MEstandarizada)
MParticional.predict(MEstandarizada)
MParticional.labels_
```

[62]:
```
array([1, 4, 4, 1, 4, 1, 4, 1, 1, 1, 0, 3, 1, 0, 1, 1, 2, 1, 4, 2, 3, 3,
       1, 4, 4, 1, 1, 4, 4, 3, 4, 1, 1, 4, 3, 4, 3, 2, 0, 3, 0, 3, 4, 3,
       0, 4, 2, 3, 2, 0, 0, 2, 2, 4, 0, 2, 4, 3, 2, 3, 3, 3, 1, 3, 3, 3,
       3, 2, 3, 2, 4, 3, 4, 3, 2, 2, 3, 1, 1, 2, 3, 3, 4, 4, 3, 4, 0, 4,
       0, 3, 0, 0, 2, 2, 3, 4, 3, 2, 2, 3, 0, 3, 2, 3, 3, 1, 3, 2, 1, 0,
       3, 3, 3, 3, 3, 0, 3, 3, 1, 4, 2, 4, 1, 3, 2, 2, 0, 4, 3, 4, 3, 3,
       4, 2, 4, 0, 2, 2, 3, 3, 2, 3, 3, 2, 2, 3, 1, 2, 2, 2, 3, 3, 1, 2,
       2, 2, 4, 2, 2, 2, 3, 4, 4, 3, 4, 2, 2, 2, 4, 2, 2, 2, 3, 2, 2, 2,
       3, 4, 0, 2, 4, 1, 0, 2, 0, 2, 2, 2, 2, 2, 1, 0, 2, 3, 3, 2, 3, 0,
       4, 3, 3, 4, 4, 1, 3, 2, 3, 4, 3, 2, 4, 2, 4, 0, 3, 3, 3, 2, 4, 0,
       2, 3, 3, 3, 2, 2, 3, 2, 0, 1, 3, 0, 0, 4, 2, 0, 4, 4, 0, 0, 2, 2,
       3, 0, 4, 3, 2, 2, 0, 3, 4, 2, 4, 4, 4, 3, 4, 1, 1, 4, 4, 0, 4, 2,
       4, 4, 3, 0, 2, 3, 2, 2, 4, 2, 0, 3, 2, 2, 2, 2, 4, 2, 4, 3, 2, 2,
       0, 2, 3, 2, 3, 2, 3, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 0, 4, 2, 1, 3, 2, 0, 2, 2,
       2, 2, 2, 2, 2, 2, 3, 2, 2, 4, 1, 2, 3, 4, 3, 1, 2, 2, 2, 2, 3, 3,
       3, 3, 3, 2, 2, 4, 3, 4, 3, 4, 3, 3, 3, 4, 3, 3, 2, 2, 2, 3, 2, 1,
       4, 0, 2, 2, 3, 2, 2, 3, 2, 0, 2, 2, 2, 4, 4, 2, 4, 4, 4, 2, 4, 4,
       2, 3, 1, 0, 2, 1, 3, 2, 0, 3, 2, 0, 2, 2, 3, 4, 3, 3, 3, 4, 3, 2,
       3, 2, 2, 2, 1, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 0, 4, 2, 2, 3, 0, 0, 0, 3, 3, 3,
       2, 0, 2, 3, 3, 3, 3, 0, 3, 0, 2, 2, 1, 3, 4, 4, 2, 3, 2, 2, 2, 2,
       2, 0, 2, 2, 4, 3, 4, 2, 2, 4, 0, 4, 0, 3, 2, 0, 0, 0, 0, 0, 4, 4,
```

```
       0, 2, 2, 0, 0, 2, 4, 3, 3, 0, 2, 0, 3, 2, 0, 2, 3, 1, 2, 2, 3, 2,
       3, 3, 2, 4, 3, 0, 0, 2, 4, 2, 0, 2, 3, 2, 4, 4, 3, 1, 3, 4, 1, 1,
       3, 3, 2, 1, 2, 2, 3, 2, 2, 3, 4, 4, 3, 3, 1, 4, 2, 3, 2, 3, 3, 2,
       3, 3, 3, 3, 2, 4, 2, 4, 3, 1, 0, 3, 3, 0, 0, 0, 3, 0, 2, 2, 2, 0,
       0, 3, 0, 0, 0, 0, 3, 0, 0, 0, 0, 0, 1, 1, 4, 4, 0, 1, 0],
      dtype=int32)
```

[63]:
```
BCancer['clusterP'] = MParticional.labels_
BCancer
```

[63]:

	IDNumber	Diagnosis	Radius	Texture	Perimeter	Area	Smoothness	\
0	P-842302	M	17.99	10.38	122.80	1001.0	0.11840	
1	P-842517	M	20.57	17.77	132.90	1326.0	0.08474	
2	P-84300903	M	19.69	21.25	130.00	1203.0	0.10960	
3	P-84348301	M	11.42	20.38	77.58	386.1	0.14250	
4	P-84358402	M	20.29	14.34	135.10	1297.0	0.10030	
..	...	...	...	...	...	...	...	
564	P-926424	M	21.56	22.39	142.00	1479.0	0.11100	
565	P-926682	M	20.13	28.25	131.20	1261.0	0.09780	
566	P-926954	M	16.60	28.08	108.30	858.1	0.08455	
567	P-927241	M	20.60	29.33	140.10	1265.0	0.11780	
568	P-92751	B	7.76	24.54	47.92	181.0	0.05263	

	Compactness	Concavity	ConcavePoints	Symmetry	FractalDimension	\
0	0.27760	0.30010	0.14710	0.2419	0.07871	
1	0.07864	0.08690	0.07017	0.1812	0.05667	
2	0.15990	0.19740	0.12790	0.2069	0.05999	
3	0.28390	0.24140	0.10520	0.2597	0.09744	
4	0.13280	0.19800	0.10430	0.1809	0.05883	
..	...	...	...	...	...	
564	0.11590	0.24390	0.13890	0.1726	0.05623	
565	0.10340	0.14400	0.09791	0.1752	0.05533	
566	0.10230	0.09251	0.05302	0.1590	0.05648	
567	0.27700	0.35140	0.15200	0.2397	0.07016	
568	0.04362	0.00000	0.00000	0.1587	0.05884	

	clusterH	clusterP
0	0	1
1	1	4
2	1	4
3	0	1
4	1	4
..	...	...
564	1	4
565	1	4
566	3	0
567	0	1

```
568         3         0

[569 rows x 14 columns]
```

Se puede obsrvar que la columna "ClusterP" corresponde al numero de clusters totales dentro de los datos recopilados, la comparación se puede ver con la siguiente linea de código:

[65]:
```
BCancer.groupby(['clusterP'])['clusterP'].count()
```

[65]:
```
clusterP
0     85
1     48
2    184
3    153
4     99
Name: clusterP, dtype: int64
```

[66]:
```
BCancer[BCancer.clusterP == 0]
```

[66]:
```
       IDNumber Diagnosis  Radius  Texture  Perimeter   Area  Smoothness  \
10     P-845636         M   16.02    23.24     102.70  797.8     0.08206
13     P-846381         M   15.85    23.95     103.70  782.7     0.08401
38     P-855133         M   14.99    25.20      95.54  698.8     0.09387
40     P-855167         M   13.44    21.58      86.18  563.0     0.08162
44   P-85638502         M   13.17    21.81      85.42  531.5     0.09714
..          ...       ...     ...      ...        ...    ...         ...
559    P-925291         B   11.51    23.93      74.52  403.5     0.09261
560    P-925292         B   14.05    27.15      91.38  600.4     0.09929
561    P-925311         B   11.20    29.37      70.67  386.0     0.07449
566    P-926954         M   16.60    28.08     108.30  858.1     0.08455
568     P-92751         B    7.76    24.54      47.92  181.0     0.05263

     Compactness  Concavity  ConcavePoints  Symmetry  FractalDimension  \
10       0.06669    0.03299        0.03323    0.1528           0.05697
13       0.10020    0.09938        0.05364    0.1847           0.05338
38       0.05131    0.02398        0.02899    0.1565           0.05504
40       0.06031    0.03110        0.02031    0.1784           0.05587
44       0.10470    0.08259        0.05252    0.1746           0.06177
..           ...        ...            ...       ...               ...
559      0.10210    0.11120        0.04105    0.1388           0.06570
560      0.11260    0.04462        0.04304    0.1537           0.06171
561      0.03558    0.00000        0.00000    0.1060           0.05502
566      0.10230    0.09251        0.05302    0.1590           0.05648
568      0.04362    0.00000        0.00000    0.1587           0.05884

     clusterH  clusterP
10          3         0
13          3         0
```

```
38          3         0
40          3         0
44          2         0
..        ...       ...
559         3         0
560         1         0
561         3         0
566         3         0
568         3         0

[85 rows x 14 columns]
```

[69]:
```
CentroidesP = BCancer.groupby(['clusterP'])['Texture', 'Area', 'Smoothness',␣
↪'Compactness', 'Symmetry', 'FractalDimension'].mean()
CentroidesP
```

```
/var/folders/bt/fvlp_xd11ln3739bnzlm_j2w0000gn/T/ipykernel_5928/2465084932.py:1:
FutureWarning: Indexing with multiple keys (implicitly converted to a tuple of
keys) will be deprecated, use a list instead.
  CentroidesP = BCancer.groupby(['clusterP'])['Texture', 'Area', 'Smoothness',
'Compactness', 'Symmetry', 'FractalDimension'].mean()
```

[69]:

clusterP	Texture	Area	Smoothness	Compactness	Symmetry	FractalDimension
0	24.492706	559.569412	0.085045	0.074626	0.164491	0.059430
1	20.746875	738.941667	0.117829	0.211744	0.229617	0.075797
2	16.339891	511.619022	0.086801	0.063990	0.165405	0.059257
3	17.822680	480.716993	0.105121	0.112265	0.190299	0.067212
4	21.865354	1231.431313	0.099894	0.140528	0.187147	0.059145

Interpretación

Una vez mas, tras la obtención de los diferentes clusters de este conjunto de datos podremos dar pie al analisis de los mismos para juzgar los patrones descirtos entre la información del hospital.

- **Clúster 1** Se alcanzan a ver 100 pacientes con algunos indicios de cancer, todas estas personas presentaron signos tempranos similares, con una textura de 16 pixeles, presentaron un tumor relativamente grande con un área de 1228 pixeles (el mayor tamaño de todos los clusters obtenidos de los datos del hospital). Así mismo, tuvieron una suavidad que apenas y alcanza por dos centésimas a los 0.1 pixeles. Los valores de compactado fueron de 0.1406 y una dimensión fractal promedio de 0.05.

- **Clúster 2** El segundo cluster, conformado por 56 pacientes presentó una texura de 20.36 pixeles, acompañando a un tamaño de 705 pixeles, la suavidad de los síntomas de los pacientes fue de 0.11 que a su vez tenia 0.2 pixeles de compactado. Así mismo, los pacientes mantuvieron una simetría del 0.22 y, por último, un promedio de dimensión fractal de 0.07
- **Clúster 3** Finalmente, los 156 pacientes agrupados en el tercer cluster demostraron tener el menor tamaño de tumores de entre todos los datos de los pacientes del hospital con 476.33 pixeles, las texturas y suavidad de los mismos fueron de 17.73 y 0.104 respectivamente. Los datos para el compactado de los tumores fue de 0.107 pixeles. Por útlimo, se tuvo una simetría de 0.16 pixeles y un promedio de dimensión fractal de 0.066
- **Clúster 4** Es un grupo formado por 85 pacientes con un menor tamaño de tumor (potencialmente benigno), con un área promedio de tumor de 559 pixeles y una desviación estándar de textura de 24 pixeles. Es un tumor compacto (0.07 pixeles), cuya suavidad alcanza 0.08 pixeles, una simetría de 0.16 y una aproximación de frontera, dimensión fractal, promedio de 0.059 pixeles.
- **Clúster 0** Conformado por 172 pacientes con alta probabilidad de tener un tumor benigno (por su tamaño), con un área promedio de tumor de 514 píxeles y una desviación estándar de textura de 16 píxeles. Aparentemente es un tumor compacto (0.06 píxeles), cuya suavidad alcanza 0.08 píxeles, una simetría de 0.16 y una aproximación de frontera, dimensión fractal, promedio de 0.059 píxeles.

Las conclusiones observadas aquí de igual forma fueron sustentadas por la impresión de la cantidad de clusters que existían en los datos analizados, esta se muestra en la siguiente línea.:

[70]:
```
BCancer.groupby(['clusterP'])['clusterP'].count()
```

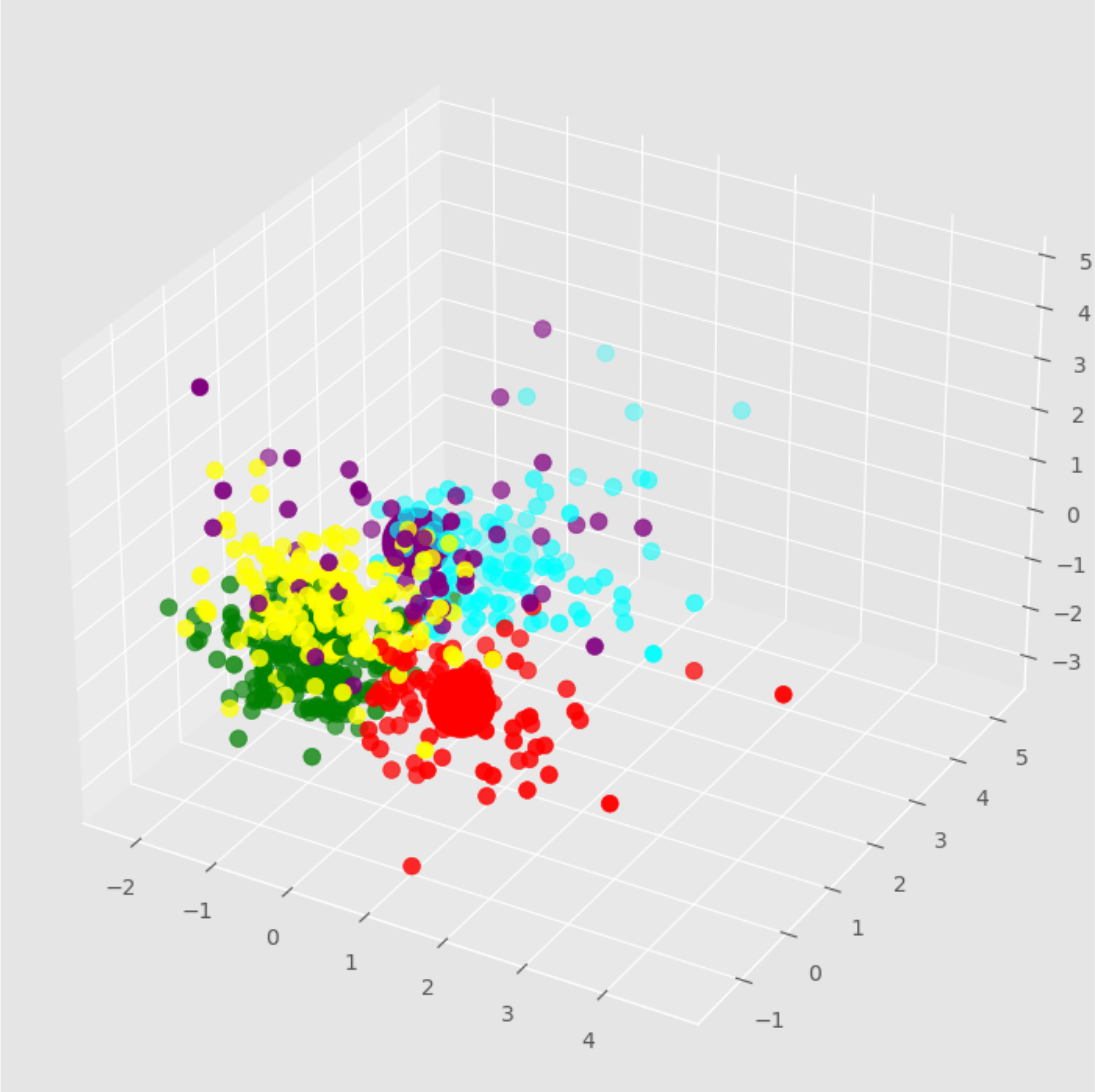
[70]:
```
clusterP
0     85
1     48
2    184
3    153
4     99
Name: clusterP, dtype: int64
```

[72]:
```
from mpl_toolkits.mplot3d import Axes3D
plt.rcParams['figure.figsize'] = (10, 7)
plt.style.use('ggplot')
colores=['red', 'purple', 'green', 'yellow', 'cyan']
asignar=[]
for row in MParticional.labels_:
    asignar.append(colores[row])

fig = plt.figure()
ax = Axes3D(fig)
ax.scatter(MEstandarizada[:, 0],
           MEstandarizada[:, 1],
           MEstandarizada[:, 2], marker='o', c=asignar, s=60)
ax.scatter(MParticional.cluster_centers_[:, 0],
```

```
            MParticional.cluster_centers_[:, 1],
            MParticional.cluster_centers_[:, 2], marker='o', c=colores, s=1000)
plt.show()
```

```
/var/folders/bt/fvlp_xd11ln3739bnzlm_j2w0000gn/T/ipykernel_5928/1494809793.py:10
: MatplotlibDeprecationWarning: Axes3D(fig) adding itself to the figure is
deprecated since 3.4. Pass the keyword argument auto_add_to_figure=False and use
fig.add_axes(ax) to suppress this warning. The default value of
auto_add_to_figure will change to False in mpl3.5 and True values will no longer
work in 3.6.  This is consistent with other Axes classes.
  ax = Axes3D(fig)
```



0.4. Conclusiones

Alcántara Guerrero Alfredo Guadalupe El objetivo de la práctica se cumplió ya que por medio del uso de los algoritmos de clustering jerárquico y particional pudimos obtener posibles clasificaciones para los pacientes en la base de datos y mediante el análisis de los cluster resultantes identificar cuales grupos podrían potencialmente tener cancer de acuerdo a algunas características del tumor, esta caracteristicas fueron previamente seleccionadas de acuerdo al nivel de correlación entre las variables quitando las que estén altamente relacionadas entre si, para lo cuál tuvimos que realizar previamente la normalización de los datos. Hacer uso del cluster jerárquico y particional sobre los datos de este tipo, ya sea que incluyan diágnostico o no, puede ser de gran ayuda para los medicos para saber el orden de prioridad de los pacientes y atender primero a los que según los cluster generados pueden presentar una alta probabilidad de tener cáncer, debido a que un diágnostico oportuno puede representar salvar la vida del paciente ya que mientras más rápido se detecte el cáncer es más sencillo curarlo.

Recinos Hernández Luis Mario El término de las actividades de la práctica 9 represnetó la comprensión de conceptos como la obtención, separación, abstracción, estandarización y procesado de datos a partir de un gran conjunto de los mismos. Con cada actividad en la práctica nos enfocamos en preparar un conjunto de datos provenientes de un hospital para identificar con ellos las similitudes que existian entre los perfiles de pacientes con indicios de cáncer. La generación de clusters a partir de la similitud de estos prefiles mencionados nos permitieron a nosotras y nosotros, como estudiantes sin conocimientos avanzados en medicina, dicernir entre patrones importantes que nos podrían avisar de la presencia de cáncer en una persona o no. Gracias a los conocimientos adquiridos en la práctica, me considero capaz de diseccionar datos desde una base para su apropiado procesamiento y analisis, dejándome con la capacidad de extrar información valiosa de datso transaccionales naturalmente producidos en añgún lugar operativo.