Universidad Nacional Autónoma de México
IIMAS
Programa de ciencia e ingeniería de la computación.

# Práctica 5

Preprocesamiento de datos con Python

Preprocesamiento de Datos para Ciencia de Datos
Dra. María del Pilar Angeles

Presentado por:
José Rodrigo Moreno López
Ajitzi Ricardo Quintana Ruiz
3 de Octubre de 2025

# Práctica 5 — Preprocesamiento de datos con Python

## Recomendaciones finales y comprobación de entregables

Puntos adicionales revisados para completar la práctica:

- Correlación alta entre variables: si detectas pares con correlación elevada (>0.8) considera:
- Normalización por norma unitaria (L2): funciona cuando los vectores de entrada no son nulos y se quiere comparar direcciones (cosine similarity). Es útil para k-NN con distancia coseno y para modelos donde la magnitud absoluta no aporta información útil. Para que la normalización "converja" en algoritmos iterativos (SGD, optimizadores de gradiente) los features deberían estar ya en rangos similares o estandarizados — esto acelera la convergencia.
- Binarización (umbral 0): en este notebook se aplicó sobre la versión Min-Max (0-1) marcando >0 como presencia. Ajusta el umbral si necesitas otra definición (por ejemplo >0.5).
- Imputación: usamos la mediana por ser robusta a valores extremos; puedes comparar con media, KNN-imputation o modelos para imputación si deseas mejorar performance.

## Importar las librerias necesarias

```
import sys
import subprocess

packages = ['pandas','numpy','matplotlib','seaborn','scikit-learn']
for p in packages:
    try:
        __import__(p)
    except Exception:
        subprocess.check_call([sys.executable, '-m', 'pip', 'install', p])

print('Dependencias comprobadas')
```

```
Looking in indexes: https://ajquintana:****@pypi.artifacts.furycloud.io
Requirement already satisfied: scikit-learn in /Users/ajquintana/miniforge3/lib/python3.12/site-packages (1.7.2)
Requirement already satisfied: numpy>=1.22.0 in /Users/ajquintana/miniforge3/lib/python3.12/site-packages (from scikit-
Requirement already satisfied: scipy>=1.8.0 in /Users/ajquintana/miniforge3/lib/python3.12/site-packages (from scikit-le
Requirement already satisfied: joblib>=1.2.0 in /Users/ajquintana/miniforge3/lib/python3.12/site-packages (from scikit-
Requirement already satisfied: threadpoolctl>=3.1.0 in /Users/ajquintana/miniforge3/lib/python3.12/site-packages (from s
Dependencias comprobadas
```

```
# Importar librerías
import pandas as pd
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
import seaborn as sns
from sklearn.preprocessing import MinMaxScaler, StandardScaler, Normalizer
import os

# Ruta del archivo
csv_path = 'pacientes.csv'

# Nombres de columnas según enunciado de la práctica
cols = ['Pregnancies','PlasmaGlucose','DiastolicBP','TricepsSkinFold','TwoHourInsulin','BMI','DiabetesPedigree','Age',

# Cargar datos
df = pd.read_csv(csv_path, header=None, names=cols)
print('Dimensiones:', df.shape)
```

```
Dimensiones: (768, 9)
```

## Actividad 1: Conocer los datos

- a) Identificar número de registros y campos
- b) Distribución de clases y observaciones sobre balanceo
- c) Estadística descriptiva por atributo

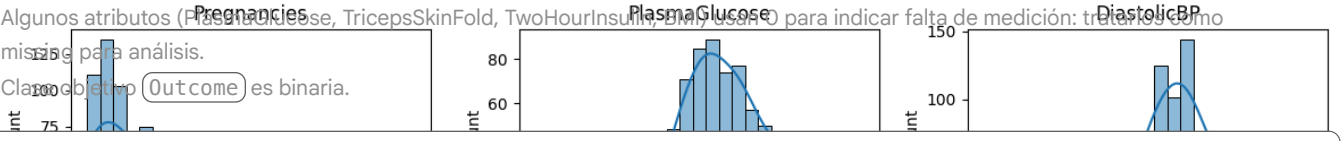
- d) Relaciones por correlación
- e) Histogramas univariados

```
# a) Número de registros y campos
print('Registros:', len(df))
print('Columnas:', df.columns.tolist())

# b) Distribución de clases (Outcome)
print('\nDistribución de la clase Outcome:')
print(df['Outcome'].value_counts())
print('\nPorcentajes:')
print(df['Outcome'].value_counts(normalize=True)*100)

# c) Estadística descriptiva
print('\nEstadística descriptiva (primeras columnas):')
print(df.describe().T)

# d) Correlación
corr = df.corr()
print('\nMatriz de correlación (pearson):')
print(corr)

# e) Histogramas y boxplots (se muestran, excepto en ejecuciones no interactivas)
plt.figure(figsize=(12,8))
for i, col in enumerate(cols[:-1], 1):
    plt.subplot(3,3,i)
    sns.histplot(df[col].dropna(), kde=True, bins=25)
    plt.title(col)
plt.tight_layout()
plt.show()

plt.figure(figsize=(12,6))
sns.heatmap(corr, annot=True, fmt='.2f', cmap='vlag')
plt.title('Correlaciones')
plt.show()
```

```
Registros: 768
Columnas: ['Pregnancies', 'PlasmaGlucose', 'DiastolicBP', 'TricepsSkinFold', 'TwoHourInsulin', 'BMI', 'DiabetesPedigree

Distribución de la clase Outcome:
Outcome
0    500
1    268
Name: count, dtype: int64

Porcentajes:
Outcome
0    65.104167
1    34.895833
Name: proportion, dtype: float64

Estadística descriptiva (primeras columnas):
                  count        mean         std     min       25%       50%  \
Pregnancies       768.0    3.845052    3.369578   0.000   1.00000    3.0000
PlasmaGlucose     768.0  120.894531   31.972618   0.000  99.00000  117.0000
DiastolicBP       768.0   69.105469   19.355807   0.000  62.00000   72.0000
TricepsSkinFold   768.0   20.536458   15.952218   0.000   0.00000   23.0000
TwoHourInsulin    768.0   79.799479  115.244002   0.000   0.00000   30.5000
BMI               768.0   31.992578    7.884160   0.000  27.30000   32.0000
DiabetesPedigree  768.0    0.471876    0.331329   0.078   0.24375    0.3725
Age               768.0   33.240885   11.760232  21.000  24.00000   29.0000
Outcome           768.0    0.348958    0.476951   0.000   0.00000    0.0000

                      75%     max
Pregnancies         6.00000   17.00
PlasmaGlucose     140.25000  199.00
DiastolicBP        80.00000  122.00
TricepsSkinFold    32.00000   99.00
TwoHourInsulin    127.25000  846.00
BMI                36.60000   67.10
DiabetesPedigree    0.62625    2.42
Age                41.00000   81.00
Outcome             1.00000    1.00

Matriz de correlación (pearson):
                  Pregnancies  PlasmaGlucose  DiastolicBP  TricepsSkinFold  \
Pregnancies          1.000000       0.129459     0.141282        -0.081672
PlasmaGlucose        0.129459       1.000000     0.152590         0.057328
DiastolicBP          0.141282       0.152590     1.000000         0.207371
TricepsSkinFold     -0.081672       0.057328     0.207371         1.000000
TwoHourInsulin      -0.073535       0.331357     0.088933         0.436783
BMI                  0.017683       0.221071     0.281805         0.392573
DiabetesPedigree    -0.033523       0.137337     0.041265         0.183928
Age                  0.544341       0.263514     0.239528        -0.113970
Outcome              0.221898       0.466581     0.065068         0.074752

                  TwoHourInsulin       BMI  DiabetesPedigree       Age  \
Pregnancies            -0.073535  0.017683         -0.033523  0.544341
PlasmaGlucose           0.331357  0.221071          0.137337  0.263514
DiastolicBP             0.088933  0.281805          0.041265  0.239528
TricepsSkinFold         0.436783  0.392573          0.183928 -0.113970
TwoHourInsulin          1.000000  0.197859          0.185071 -0.042163
BMI                     0.197859  1.000000          0.140647  0.036242
DiabetesPedigree        0.185071  0.140647          1.000000  0.033561
Age                    -0.042163  0.036242          0.033561  1.000000
Outcome                 0.130548  0.292695          0.173844  0.238356

                   Outcome
Pregnancies       0.221898
PlasmaGlucose     0.466581
DiastolicBP       0.065068
TricepsSkinFold   0.074752
TwoHourInsulin    0.130548
BMI               0.292695
DiabetesPedigree  0.173844
Age               0.238356
Outcome           1.000000
```

Observaciones iniciales:

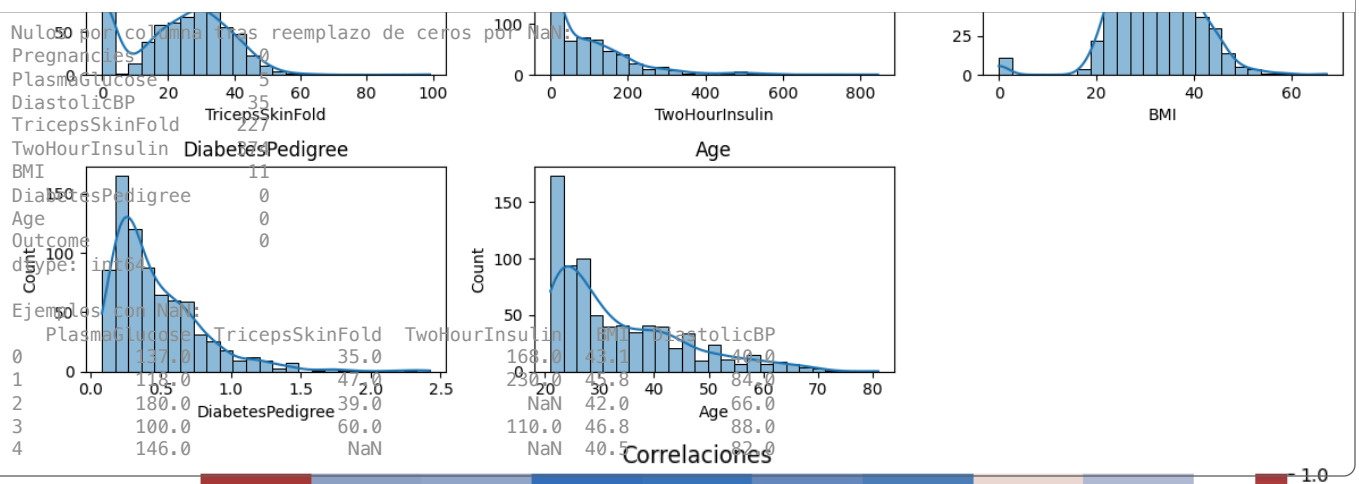
- Algunos atributos (PlasmaGlucose, TricepsSkinFold, TwoHourInsulin, BMI) usan 0 para indicar falta de medición: tratarlos como missing para análisis.
- Clase objetivo `Outcome` es binaria.




```
# Marcar ceros como NaN en ciertas columnas según convención Pima
cols_with_zeros_missing = ['PlasmaGlucose','TricepsSkinFold','TwoHourInsulin','BMI','DiastolicBP']
df_missing = df.copy()
for c in cols_with_zeros_missing:
    df_missing[c] = df_missing[c].replace(0, np.nan)
```

```
print('Nulos por columna tras reemplazo de ceros por NaN:')
print(df_missing.isnull().sum())

# Mostrar casos con missing
print('\nEjemplos con NaN:')
print(df_missing[cols_with_zeros_missing].head())
```

```
Nulos por columna tras reemplazo de ceros por NaN:
Pregnancies                 0
PlasmaGlucose               5
DiastolicBP                35
TricepsSkinFold           227
TwoHourInsulin            374
BMI                        11
DiabetesPedigree            0
Age                         0
Outcome                     0
dtype: int64

Ejemplos con NaN:
   PlasmaGlucose  TricepsSkinFold  TwoHourInsulin   BMI  DiastolicBP
0          137.0             35.0           168.0  43.1         40.0
1          116.0             47.0           230.0  45.8         84.0
2          180.0             39.0             NaN  42.0         66.0
3          100.0             60.0           110.0  46.8         88.0
4          146.0              NaN             NaN  40.5         82.0
```





## Actividad 2: Preprocesar los datos

- a) Re-escalar a rango 0-1 (Min-Max)
- b) Estandarizar (media 0, desviación 1)
- c) Re-escalar por norma unitaria (L2)
- d) Binarizar atributos con umbral 0 (valores > 0 → 1, <=0 → 0)

También se describe qué algoritmos se benefician de cada transformación.

```
# Preparar data para transformaciones: rellenar NaN con la mediana (opción razonable para este dataset)
df_fill = df_missing.copy()
for c in cols_with_zeros_missing:
    med = df_fill[c].median()
    df_fill[c] = df_fill[c].fillna(med)

# Separar features y target
X = df_fill[cols[:-1]].astype(float)
y = df_fill['Outcome']

# a) Min-Max scaling
scaler_minmax = MinMaxScaler()
X_minmax = pd.DataFrame(scaler_minmax.fit_transform(X), columns=X.columns)

# b) Standardization (z-score)
scaler_std = StandardScaler()
X_std = pd.DataFrame(scaler_std.fit_transform(X), columns=X.columns)

# c) L2 Normalizer (normalizar por muestra)
normalizer = Normalizer(norm='l2')
X_l2 = pd.DataFrame(normalizer.fit_transform(X), columns=X.columns)

# d) Binarización con umbral 0 (valores > 0 → 1, else 0)
# Aplicable sobre X_minmax para que >0 signifique diferencia respecto al min
X_binary = (X_minmax > 0).astype(int)

# Guardar resultados como CSV
out_dir = './'
X_minmax.join(y).to_csv(os.path.join(out_dir,'pacientes_minmax.csv'), index=False)
X_std.join(y).to_csv(os.path.join(out_dir,'pacientes_standardized.csv'), index=False)
X_l2.join(y).to_csv(os.path.join(out_dir,'pacientes_normalized_l2.csv'), index=False)
X_binary.join(y).to_csv(os.path.join(out_dir,'pacientes_binary_threshold0.csv'), index=False)

print('Archivos guardados en', out_dir)
print('Min-Max sample:')
print(X_minmax.head())
```

```
Archivos guardados en ./
Min-Max sample:
   Pregnancies  PlasmaGlucose  DiastolicBP  TricepsSkinFold  TwoHourInsulin  \
```

```
0          0.0       0.600000     0.163265         0.304348        0.185096
1          0.0       0.477419     0.612245         0.434783        0.259615
2          0.0       0.877419     0.428571         0.347826        0.133413
3          0.0       0.361290     0.653061         0.576087        0.115385
4          0.0       0.658065     0.591837         0.239130        0.133413

        BMI  DiabetesPedigree       Age
0  0.509202          0.943638  0.200000
1  0.564417          0.201964  0.166667
2  0.486708          0.774979  0.066667
3  0.584867          0.377455  0.166667
4  0.456033          0.727156  0.383333
```

Comentarios técnicos — qué algoritmos se benefician:

- Min-Max (0-1): útil para redes neuronales (sigmoid/tanh), k-NN, y cuando se desea preservar forma de distribución.
- Standardization (z-score): útil para SVM, regresión logística, PCA, y modelos que asumen datos centrados.
- L2 Normalization per-sample: útil cuando se usan distancias/cosine similarity o modelos basados en texto/vectores; también para k-NN en espacios con magnitudes distintas.
- Binarización: útil para modelos que consumen features binarias (reglas, árboles con features binarias, Naive Bayes Bernoulli).

```
# Medir efecto: comparar medias y desviaciones
summary = pd.DataFrame({
    'original_mean': X.mean(),
    'original_std': X.std(),
    'minmax_min': X_minmax.min(),
    'minmax_max': X_minmax.max(),
    'std_mean': X_std.mean(),
    'std_std': X_std.std()
})
print(summary.round(3))
```

```
                  original_mean  original_std  minmax_min  minmax_max  \
Pregnancies               3.845         3.370         0.0         1.0
PlasmaGlucose           121.656        30.438         0.0         1.0
DiastolicBP              72.387        12.097         0.0         1.0
TricepsSkinFold          29.108         8.791         0.0         1.0
TwoHourInsulin          140.672        86.383         0.0         1.0
BMI                      32.455         6.875         0.0         1.0
DiabetesPedigree          0.472         0.331         0.0         1.0
Age                      33.241        11.760         0.0         1.0

                  std_mean  std_std
Pregnancies            0.0    1.001
PlasmaGlucose          0.0    1.001
DiastolicBP           -0.0    1.001
TricepsSkinFold       -0.0    1.001
TwoHourInsulin         0.0    1.001
BMI                    0.0    1.001
DiabetesPedigree      -0.0    1.001
Age                    0.0    1.001
```

```
# Print report and conclusions instead of saving to file
print("="*60)
print("PRÁCTICA 5 - RESUMEN DE PREPROCESAMIENTO")
print("="*60)

print(f"\nDATOS ORIGINALES:")
print(f"   • Registros: {len(df)}")
print(f"   • Columnas: {len(df.columns)}")
print(f"   • Distribución de clases: {df['Outcome'].value_counts().to_dict()}")

print(f"\nVALORES NULOS DETECTADOS:")
print("   (Columnas con 0 convertidos a NaN):")
missing_dict = df_missing.isnull().sum().to_dict()
for col, count in missing_dict.items():
    if count > 0:
        print(f"   • {col}: {count} nulos ({count/len(df)*100:.1f}%)")

print(f"\nTRANSFORMACIONES APLICADAS:")
print("   • Min-Max Scaling (0-1) → pacientes_minmax.csv")
print("   • Standardización (z-score) → pacientes_standardized.csv")
print("   • Normalización L2 → pacientes_normalized_l2.csv")
print("   • Binarización (umbral 0) → pacientes_binary_threshold0.csv")

print(f"\nCONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES:")
```