### Universidad de Guanajuato División de Ciencias Naturales y Exactas

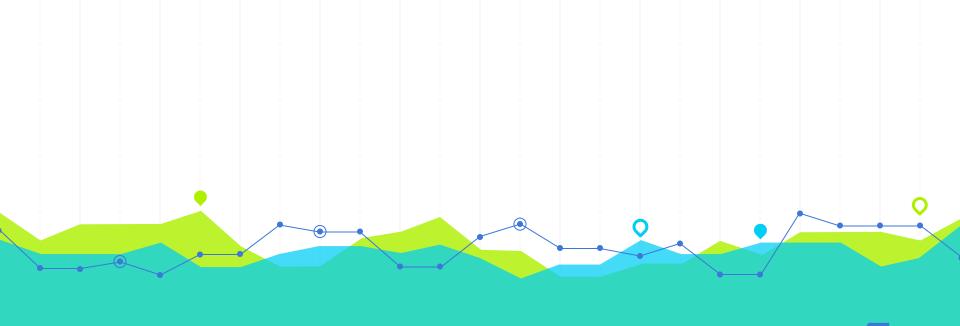


### **BIOESTADÍSTICA**

Luis Javier Torres Tetuan Jesús Hernández González Rodolfo Ferro Pérez



## ANÁLISIS DE DATOS EN TWITTER



## Introducción

¿Por qué hacer análisis de datos en redes sociales?

### 2. PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

Pretendemos **analizar** qué tan necesario es para 2 usuarios elegidos al azar, usar el total de caracteres permitidos en la red social (**Twitter**) para causar un mayor **impacto** en lo que desean postear.

Los individuos en cuestión son un usuario especializado en **biología** y uno especializado en **política**.





### **Diferencias**

entre un **tweet** de un **usuario** especializado en temas de **biología** y uno de **política**.







### 3. OBJETIVOS

- Análisis estadístico de la información de un usuario con contenido específico (Biología)
- Comparación estadística con otro tipo de usuarios (Política)

### 4. HIPÓTESIS

Las medias entre tweets de un usuario especializado en distintas áreas son iguales, es decir:

$$H_0$$
:  $\mu_E = \mu_P = \mu$ 

 $H_A$ :  $\mu_i \neq \mu_j$ , para  $i \neq j$ ,  $i, j = \{E, P\}$ 

#### Donde:

 $\mu$  es la media global

 $\mu_{\rm E}$  es la media de usuario especializado

 $\mu_P$  es la media de usuario promedio

## 5. Materiales:

- Computadora
- Lenguaje de Programación



### **6. PROCEDIMIENTO**

### 1. Creación de una aplicación en Twitter

Create New App

### 2. Extracción de la información

### In [4]: for tweet in tweets: print(tweet.text) print("Fecha de creación:", tweet.created\_at) print("Geolocalización:", tweet.geo) print("Longitud del tweet:", lent(tweet.text), '\n')

A cis cold memory element & amp; a trans epigenome reader med iate Polycomb silencing of FLC by vernalisation https://t.c o/83utueEB8G

Fecha de creación: 2016-11-29 17:26:04 Geolocalización: None Longitud del tweet: 131

Cytokinin response factors integrate auxin and cytokinin pat hways for female reproductive organ development https://t.c o/JBN8QzZuIt Fecha de creación: 2016-11-29 14:25:28

Fecha de Creacion: 2016-11-29 14:25:28 Geolocalización: None Longitud del tweet: 131

Ovary-derived precursor gibberellin A9 is essential for fema le flower development in cucumber https://t.co/VvCeCghuD8 Fecha de creación: 2016-11-29 14:25:10 Geolocalización: None Longitud del tweet: 117

### 3. Análisis de los datos

#### Histograma:

In [13]:
fig, ax = plt.subplots(figsize=(10,7.5))
plt.hist(data['Longitud'], normed=False,
color='lightseagreen', linewidth=1.5,

color='lightseagreen', linewidth=1.5,
edgecolor='white')
plt.title("Histograma de longitudes de Tweets")
plt.grid(True)

5 5 5 5 5 5 5 5

## BioStat\_FinalProject Final Project of my school subject.

**Twitter Apps** 

### 7. ANÁLISIS DE DATOS

- El análisis lo hicimos con base en la longitud de texto escrito en cada tweet
- Los tweets usados fueron los 200 más recientes de cada usuario
- Los usuarios analizados fueron 2:
  - @plantbiology
    @EPN

## Extrajimos 200 tweets para cada usuario y los ordenamos en una tabla de este tipo.

-		
	Tweet	Longitud
0	A cis cold memory element & amp; a trans epigen	131
1	Cytokinin response factors integrate auxin and	131
2	Ovary-derived precursor gibberellin A9 is esse	117
3	Demethylation of ERECTA receptor genes by IBM1	119
4	5000-year-old cobs reveal corn domestication i	79



#### **MEDIDAS DE TENDENCIA CENTRAL:**

#### Media aritmética:

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

```
In [8]:
```

```
np.mean(data['Longitud'])
```

Out[8]:

90.6

#### Mediana:

$$M_{pos} = \frac{n+1}{2}$$

#### In [10]:

```
np.median(data['Longitud'])
```

#### Out[10]:

85.5

#### Moda

#### In [9]:

```
np.argmax(np.bincount(data['Longitud'])
```

#### Out[9]:

83



#### **MEDIDAS DE TENDENCIA CENTRAL:**

#### Media armónica:

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

#### In [12]:

len(data['Longitud'])/np.sum(1./data['L
ongitud'])

#### Out[12]:

82.61347934524194

#### Media geométrica:

$$G=\sqrt[n]{x_1\cdots x_n}$$

#### In [11]:

np.prod(np.power(data['Longitud'], 1./1
en(data['Longitud'])))

#### Out[11]:

86.765131610856642

#### MEDICIÓN DE LA VARIABILIDAD:

#### Desviación estándar:

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

In [17]:

np.std(data['Longitud'])

Out[17]:

25.976912826585078

#### Varianza:

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

In [18]:

np.var(data['Longitud'])

Out[18]:

674.8000000000003



#### MEDICIÓN DE LA VARIABILIDAD:

#### Grados de libertad:

$$\gamma = N - 1$$

#### In [19]:

len(data['Longitud']) - 1

Out[19]:

199

#### Coeficiente de variación:

$$CV = \frac{\sigma}{\mu} \times 100$$

#### In [20]:

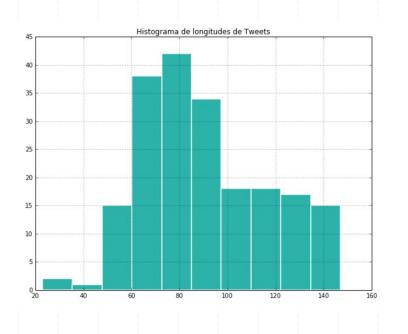
np.std(data['Longitud'])/np.mean(data[':
gitud'])\*100

#### Out[20]:

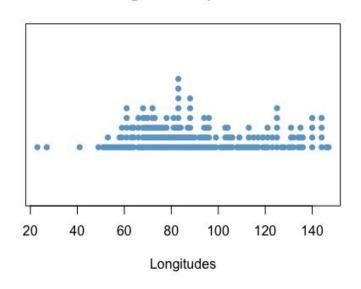
28.672089212566316

### 7.2 RESULTADOS GRÁFICOS

Frecuencia



#### Diagrama de puntos



### 7.2 RESULTADOS GRÁFICOS

#### Diagrama de tallo y hoja

```
2 | 3 7

4 | 1 9

5 | 1 2 3 3 4 5 6 7 8 8 9 9 9

6 | 0 1 1 1 1 1 1 2 3 3 3 4 4 4 6 6 6 6 7 8 8 8 9 9 9

7 | 0 0 0 0 1 1 1 1 1 2 2 2 2 2 2 3 3 3 3 4 4 4 5 5 5 6 6 6 7 7 7 8 8 8 8 8 9 9

8 | 0 0 1 1 1 1 1 2 2 2 3 3 4 4 4 5 5 5 6 6 6 6 7 8 8 9 9

9 | 0 0 1 2 2 3 3 4 4 4 4 5 5 5 6 6 8 8 9 9

10 | 1 2 3 3 3 3 4 4 4 5 5 6 6 6 8 9 9

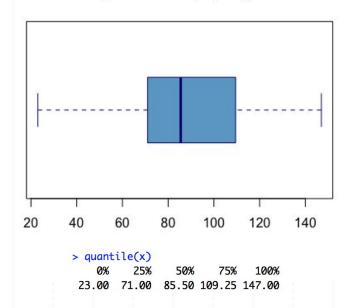
11 | 0 1 2 3 3 3 3 4 5 5 6 7 7 9 9

12 | 0 1 1 1 3 3 5 5 5 5 5 7 8

13 | 0 1 1 1 2 2 4 4 5 5 5 6 6

14 | 0 0 0 0 0 4 4 4 4 6 7
```

#### Diagrama de caja y bigotes



#### Comparación de medias (desv. est.):

Hipótesis:

$$H_0: \bar{x_1} = \bar{x_2}$$
  
 $H_A: \bar{x_1} \neq \bar{x_2}$   
 $F = \frac{s_1}{s_2}, F \ge 1$ 

```
In [28]: F = np.std(data['Longitud']) / np.std(p_data['Longitud'])
    print("F = {} > 1".format(F))
F = 1.708643605642507 > 1
```

Entonces,

$$F_0 = 1.7086,$$
  
 $GL_1 = GL_2 = 199.$ 

$F_0$	Comp.	$F_{0.05,199,199}$	$H_0$
1.7086	>	1.26	х

Se rechaza la hipótesis de tener la misma desv. estándar.

Ahora se calculan los estadísticos:

$$t = \frac{(\bar{x_1} - \bar{x_2})}{\sqrt{\frac{s_1^2}{n_1} + \frac{s_2^2}{n_2}}}$$

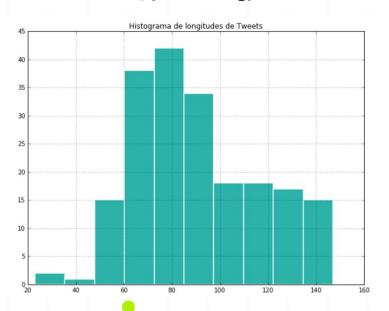
$$GL = \frac{\left(\frac{s_1^2}{n_1} + \frac{s_2^2}{n_2}\right)^2}{\left(\frac{s_1^4}{n_1^2(n_1 - 1)} + \frac{s_2^4}{n_2^2(n_2 - 1)}\right)}$$

Se hace la comparación:

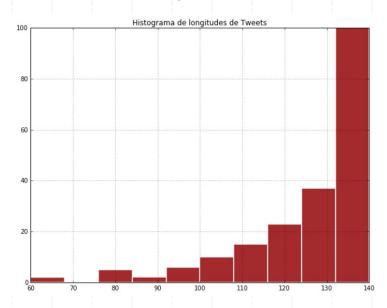
$t_0$	Comp.	t <sub>0.05,321</sub>	$H_0$
16.8866	>	1.96	х

Y de aquí se concluye que SÍ hay diferencia estadística entre las medias.

#### @plantbiology



#### @EPN



#### Comparación de medias (t pareada):

Hipótesis:

$$H_0: \mu_d = 0$$

Calculamos el estadístico:

$$t = \frac{\bar{d}\sqrt{n}}{s_d} = 18$$

$$GL = 200 - 1 = 199$$

Hacemos la comparación:

$t_0$	Comp.	t <sub>0.05,199</sub>	$H_0$
18	^	1.96	Χ

De aquí que hay consistencia en la diferencia estadística de las medias.

## 8. DISCUSION

# 140

Es el número máximo de caracteres que están disponibles para cada Tweet escrito por usuario.

## **Plant biology**

Con una media de 90.6 caracteres por tweet, de una muestra de 200 tweets.

## **EnriquePeñaNieto**

Con una media de 125.6 caracteres por tweet, en una muestra de 200 tweets.

### 8. DISCUSIÓN

Después de analizar los doscientos tweets de cada usuario, se puede estimar la **media** en su uso de caracteres, el límite se conoce en 140 y se nota que el usuario EPN utiliza en la mayoría de sus tweets el **máximo** posible, ya que trata de generar empatía y sentido de profesionalismo.

### 8. DISCUSIÓN

En cambio en el usuario especializado en biología Plant Biology busca ser **conciso, claro y directo** a la hora de postear para atraer la atención y expresar en **pocas palabras** la idea principal de un tema específico que usualmente profundiza dejando un link de acceso.

### 9. CONCLUSIONES

Los valores estadísticos para el uso de caracteres por parte del usuario especializado en **biología son menores** comparación a un usuario de índole **política**, tal vez se debe al ámbito en el que debe expresar cada usuario.

El político tiene a adornar sus tweets para aumentar sus seguidores, en cambio un usuario especializado sabe que debe ser claro y expresar en el menor número de palabras una idea principal para atraer atención del público en general

### 10. BIBLIOGRAFÍA

- Miller, Estadística y Quimiometría para Química Analítica, 2005.
- Jupyter Notebook Documentation: https://jupyter.readthedocs.io/en/latest/
- Tweepy Documentation: http://docs.tweepy.org/en/v3.5.0/

### ¿Alguna pregunta?

### **CRÉDITOS:**

- Rodolfo Ferro Pérez
- Luis Xavier Torres Tetuan
- Jesús Hernández González

https://rodolfoferro.github.io/biostat\_finalproj/