Pandas

Το pandas είναι μία βιβλιοθήκη σε python για ανάλυση δεδομένων. Υιοθετεί τη φιλοσοφία της Matlab και R για οργάνωση 2-διάστατων δεδομένων σε μία ειδική δομή που ονομάζεται data frame. Στη βιοπληροφορική το pandas συνήθως είναι χρήσιμο για να κάνουμε εργασίες που συνήθως γίνονται με το excel. Τα πλεονεκτήματα του pandas είναι:

- Πάρα πολύ γρήγορο. Είναι υλοποιημένο σε C (η python "τρέχει" από πάνω) και έχει πολύ καλή απόδοση για πίνακες που έχουν μέχρι και εκατομύρια από γραμμές.
- Παρέχει ένα interface το οποίο προσομοιάζει τις βάσεις δεδομένων. Με αυτόν τον τρόπο μπορούμε να γράφουμε σύντομες εκφράσεις που κάνουν πολύπλοκες διεργασίες.
  - Αναλύοντας σε όρους Computer Science το παραπάνω λέμε ότι η pandas προσφέρει μία "δηλωτική γλώσσα", σε αντίθεση με τη κλασσική python που δηλώνεις τη ροή εκτέλεσης μίας διεργασίας.
- Υποστηρίζεται από τρίτες βιβλιοθήκες για visualization, Machine Learning (π.χ. scikit) και στατιστική (π.χ. statmodels).
- Παρέχει δικές του μεθόδους για γρήγορο plotting και στατιστική ανάλυση
- Εύκολη και γρήγορο input / output σε διάφορα formats (excel included)

Συνήθως κάνουμε import το pandas ως εξής:

In [1]:
```
import pandas as pd
```

Αν δεν υπάρχει εγκαταστημένων τότε μπορείτε να το εγκαταστείσετε ως εξής:

```
pip install pandas
```

Προσοχή. Πρέπει το `pip` να βρίσκεται στην ίδια τοποθεσία που βρίσκεται και η python

In [146…
```
hs = pd.read_csv('https://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/gene/DATA/GENE_INFO/Mammalia
```

Το `sep='\t'` σημαίνει ότι οι στήλες χωρίζονται από tabs.

Οι πρώτες γραμμές:

In [10]:
```
hs.head()
```

Out[10]:

	#tax_id	GeneID	Symbol	LocusTag	Synonyms	
0	9606	1	A1BG	-	A1B|ABG|GAB|HYST2477	MIM:138670|HGNC
1	9606	2	A2M	-	A2MD|CPAMD5|FWP007|S863-7	MIM:103950|HGNC
2	9606	3	A2MP1	-	A2MP	HGNC:

	#tax_id	GeneID	Symbol	LocusTag	Synonyms	
3	9606	9	NAT1	-	AAC1|MNAT|NAT-1|NATI	MIM:108345|HGNC:HG

Οι τελευταίες:

In [11]:
```
hs.tail()
```

Out[11]:

	#tax_id	GeneID	Symbol	LocusTag	Synonyms	dbXrefs	chromosome	map_locatic
62011	741158	8923215	trnD	-	-	-	MT	
62012	741158	8923216	trnP	-	-	-	MT	
62013	741158	8923217	trnA	-	-	-	MT	
62014	741158	8923218	COX1	-	-	-	MT	
62015	741158	8923219	16S rRNA	-	-	-	MT	

Το ίδιο μπορούμε να κάνουμε με:

In [13]:
```
hs[:5] # Πρώτες 5 γραμμές
```

Out[13]:

	#tax_id	GeneID	Symbol	LocusTag	Synonyms	
0	9606	1	A1BG	-	A1B|ABG|GAB|HYST2477	MIM:138670|HGNC
1	9606	2	A2M	-	A2MD|CPAMD5|FWP007|S863-7	MIM:103950|HGNC
2	9606	3	A2MP1	-	A2MP	HGNC:
3	9606	9	NAT1	-	AAC1|MNAT|NAT-1|NATI	MIM:108345|HGNC:HG
4	9606	10	NAT2	-	AAC2|NAT-2|PNAT	MIM:612182|HGNC:HG

In [15]:
```
hs[-5:]
```

Out[15]:

	#tax_id	GeneID	Symbol	LocusTag	Synonyms	dbXrefs	chromosome	map_locatic
62011	741158	8923215	trnD	-	-	-	MT	
62012	741158	8923216	trnP	-	-	-	MT	
62013	741158	8923217	trnA	-	-	-	MT	
62014	741158	8923218	COX1	-	-	-	MT	

#tax_id	GeneID	Symbol	LocusTag	Synonyms	dbXrefs	chromosome	map_locatic

Ας δούμε όλες τις στήλες:

In [16]:
```
hs.columns
```

Out[16]:
```
Index(['#tax_id', 'GeneID', 'Symbol', 'LocusTag', 'Synonyms', 'dbXrefs',
       'chromosome', 'map_location', 'description', 'type_of_gene',
       'Symbol_from_nomenclature_authority',
       'Full_name_from_nomenclature_authority', 'Nomenclature_status',
       'Other_designations', 'Modification_date', 'Feature_type'],
      dtype='object')
```

Ή σε λίστα:

In [19]:
```
list(hs.columns.values)
```

Out[19]:
```
['#tax_id',
 'GeneID',
 'Symbol',
 'LocusTag',
 'Synonyms',
 'dbXrefs',
 'chromosome',
 'map_location',
 'description',
 'type_of_gene',
 'Symbol_from_nomenclature_authority',
 'Full_name_from_nomenclature_authority',
 'Nomenclature_status',
 'Other_designations',
 'Modification_date',
 'Feature_type']
```

Ωραία. Ας πάρουμε μόνο τρείς στήλες:

In [22]:
```
hs[['Symbol', 'chromosome', 'type_of_gene']][:5]
```

Out[22]:

	Symbol	chromosome	type_of_gene
0	A1BG	19	protein-coding
1	A2M	12	protein-coding
2	A2MP1	12	pseudo
3	NAT1	8	protein-coding
4	NAT2	8	protein-coding

Προσοχή! Το παραπάνω είναι ισοδύναμο με:

In [23]:
```
hs[:5][['Symbol', 'chromosome', 'type_of_gene']]
```

Out[23]:

	Symbol	chromosome	type_of_gene
0	A1BG	19	protein-coding
1	A2M	12	protein-coding
2	A2MP1	12	pseudo
3	NAT1	8	protein-coding
4	NAT2	8	protein-coding

Πόσες γραμμές και πόσες στήλες έχει το Data Frame;

```
In [25]: hs.shape
```

```
Out[25]: (62016, 16)
```

Indexes

Ένα dataframe πρέπει να έχει ένα index. Ή αλλιώς μία στήλη που έχει μοναδική τιμή για όλες τις γραμμές. Από default η στήλη αυτή είναι ο αύξων αριθμός της γραμμής. Μπορείτε με αυτό τον τρόπο να πάρετε οποιαδήποτε γραμμή με βάση το index της με την iloc:

```
In [43]: hs.iloc[10]
```

```
Out[43]: #tax_id
9606
GeneID
16
Symbol
AARS1
LocusTag
-
Synonyms                                                    AARS|CMT
2N|DEE29|EIEE29
dbXrefs                                 MIM:601065|HGNC:HGNC:20|Ensembl:
ENSG00000090861
chromosome
16
map_location
16q22.1
description                                                 alanyl-tR
NA synthetase 1
type_of_gene
protein-coding
Symbol_from_nomenclature_authority
AARS1
Full_name_from_nomenclature_authority                       alanyl-tR
NA synthetase 1
Nomenclature_status
O
Other_designations                  alanine--tRNA ligase, cytoplasmic|
alaRS|alanin...
Modification_date
20210404
Feature_type
-
New_date                                                    2021
-04-04 00:00:00
Name: 10, dtype: object
```

```
In [286…] hs.iloc[:2]
```

Out[286…]

	#tax_id	GeneID	Symbol	LocusTag	Synonyms	
0	9606	1	A1BG	-	A1B|ABG|GAB|HYST2477	MIM:138670|HGNC:HC
1	9606	2	A2M	-	A2MD|CPAMD5|FWP007|S863-7	MIM:103950|HGNC:HG

Οι γραμμές 100, 200 και 400:

```
In [287…] hs.iloc[[100, 200, 400]]
```

Out[287…

	#tax_id	GeneID	Symbol	LocusTag	Synonyms	
100	9606	119	ADD2	-	ADDB	MIM:102681|HGNC:HGNC:244|Ensei
200	9606	240	ALOX5	-	5-LO|5-LOX|5LPG|LOG5	MIM:152390|HGNC:HGNC:435|Ense
400	9606	479	ATP12A	-	ATP1AL1|H-K-ATPase|HK	MIM:182360|HGNC:HGNC:13816|E

Filtering

Με το όρο filtering εννοούμε το να εισάγουμε φίλτρα στα δεδομένα μας ώστε να εμφανιστούν μόνο αυτά που έχουν (ή δεν έχουν..) μια ιδιότητα. Ένας ανάλογος όρος είναι το query (ή querying), ή αλλιώς "επερώτηση", όπου "ρωτάμε" ποια δεδομένα έχουν μία ιδιότητα.

Η pandas και η numpy (θα τα δούμε σε επόμενη διάλεξη) έχουν έναν κοινό μηχανισμό για να κάνουν filter. Το ενδιαφέρον είναι ότι ο μηχανισμός αυτός είναι, επηρεασμένος από την R. Ας τον δούμε λίγο. Για αρχή πρέπει να φτιάξουμε μία λίστα η οποία να έχει το ίδιο μέγεθος με τις γραμμές του DataFrame. Η λίστα αυτή θα έχει μόνο τιμές True ή False. Στη συνέχεια δηλώνουμε αυτή τη λίστα σαν δείκτης σε μία λίστα. Ας το δούμε στη πράξη αυτό:

Ας υποθέσουμε ότι θέλουμε μόνο τις μονές γραμμές του dataframe. Φτιάχνουμε μία λίστα όπου οι μονές θέσεις περιέχουν τη τιμή True και οι άρτιες τη τιμή False:

In [26]:
```
rows = hs.shape[0]
l = [x%2==1 for x in range(rows)]
```

Τώρα το l μπορεί να λειτουργήσει σαν φίλτρο άν το περάσουμε σε ένα Data Frame:

In [27]:
```
hs_filtered = hs[l]
```

In [28]:
```
hs_filtered.shape # Οι μισές γραμμες
```

Out[28]:
```
(31008, 16)
```

In [29]:
```
hs_filtered.head()
```

Out[29]:

	#tax_id	GeneID	Symbol	LocusTag	Synonyms	
1	9606	2	A2M	-	A2MD|CPAMD5|FWP007|S863-7	MIM:103950|HGNC
3	9606	9	NAT1	-	AAC1|MNAT|NAT-1|NATI	MIM:108345|HGNC:HG
5	9606	11	NATP	-	AACP|NATP1	
7	9606	13	AADAC	-	CES5A1|DAC	MIM:600338|HGNC

	#tax_id	GeneID	Symbol	LocusTag	Synonyms	
9	9606	15	AANAT	-	DSPS|SNAT	MIM:600950|HGNC:I

Παρατηρούμε ότι έχει τους μονούς δείκτες.

OK, αλλά πως γίνεται αυτό να με βοηθήσει να κάνω filtering; Μπορούμε πολύ απλά να κάνουμε μία λογική πράξη με μία στήλη και το αποτέλεσμα είναι μία λίστα με λογικές τιμες η οποία μπορεί να χρησιμοποιειθεί σαν φίλτρο! Για παράδειγμα. Όλα τα γονίδια που ανήκουν στο χρωμόσωμα 8:

In [35]:
```
filter_chr_8 = hs['chromosome'] == '8'
```

In [37]:
```
filter_chr_8[:10] # Τυπώνουμε τα πρώτα 10d
```

Out[37]:
```
0    False
1    False
2    False
3     True
4     True
5     True
6    False
7    False
8    False
9    False
Name: chromosome, dtype: bool
```

Επιβεβαιώνουμε με:

In [38]:
```
hs['chromosome'][:10]
```

Out[38]:
```
0    19
1    12
2    12
3     8
4     8
5     8
6    14
7     3
8     2
9    17
Name: chromosome, dtype: object
```

τώρα μπορούμε να εφαρμόσουμε αυτό το φίλτρο:

In [41]:
```
hs[filter_chr_8][:10] # Τα πρώτα 10 γονίδια στο χρωμόσωμα 8
```

Out[41]:

	#tax_id	GeneID	Symbol	LocusTag	Synonyms	
3	9606	9	NAT1	-	AAC1|MNAT|NAT-1|NATI	MIM:108345|HGNC:H(
4	9606	10	NAT2	-	AAC2|NAT-2|PNAT	MIM:612182|HGNC:HG
5	9606	11	NATP	-	AACP|NATP1	
54	9606	66	ACTBP6	-	H8-PSI-BETA-AC3	

	#tax_id	GeneID	Symbol	LocusTag	Synonyms	
95	9606	114	ADCY8	-	AC8|ADCY3|HBAC1	MIM:103070|HGNC:H
125	9606	148	ADRA1A	-	ADRA1C|ADRA1L1|ALPHA1AAR	MIM:104221|HGNC:H
131	9606	155	ADRB3	-	BETA3AR	MIM:109691|HGNC:H
237	9606	284	ANGPT1	-	AGP1|AGPT|ANG1	MIM:601667|HGNC:H
238	9606	285	ANGPT2	-	AGPT2|ANG2	MIM:601922|HGNC:H

Αν αντικαταστήσουμε το `filter_chr_8` με το `hs['chromosome'] == '8'` (δες και κελί 35) θα έχουμε:

In [42]:
```
hs[hs['chromosome'] == '8'][:10]
```

Out[42]:

	#tax_id	GeneID	Symbol	LocusTag	Synonyms	
3	9606	9	NAT1	-	AAC1|MNAT|NAT-1|NATI	MIM:108345|HGNC:H
4	9606	10	NAT2	-	AAC2|NAT-2|PNAT	MIM:612182|HGNC:H
5	9606	11	NATP	-	AACP|NATP1	
54	9606	66	ACTBP6	-	H8-PSI-BETA-AC3	
95	9606	114	ADCY8	-	AC8|ADCY3|HBAC1	MIM:103070|HGNC:H
125	9606	148	ADRA1A	-	ADRA1C|ADRA1L1|ALPHA1AAR	MIM:104221|HGNC:H
131	9606	155	ADRB3	-	BETA3AR	MIM:109691|HGNC:H
237	9606	284	ANGPT1	-	AGP1|AGPT|ANG1	MIM:601667|HGNC:H
238	9606	285	ANGPT2	-	AGPT2|ANG2	MIM:601922|HGNC:H
239	9606	286	ANK1	-	ANK|SPH1|SPH2	MIM:612641|HGNC:H

Αυτό:

```
hs[hs['chromosome'] == '8']
```

Αξίζει να το ξαναδούμε. Καταρχήν μπορεί να "ξενίζει" η διπλή αναφορά στο hs και η διπλή χρήση του `..[..[` . Αλλά αν προσέξουμε μας δίνει ένα πολύ δυνατό και εκφραστικό εργαλείο να ορίζουμε φίλτρα δεδομένων. Επίσης δεν πρέπει να ξεχνάμε ότι ακριβώς τον ίδιο μηχανισμό χρησιμοποιεί η R και η Matlab. Αφού λοιπόν τα φίλτρα είναι πίνακες από λογικές τιμές, μπορούμε να κάνουμε λογικές πράξεις!

Τα γονίδια που ανήκουν στο χρωμόσωμα 8 και είναι pseudo genes:

In [45]:
```
hs[ (hs['chromosome'] == '8') & (hs['type_of_gene'] == 'pseudo') ]
```

Out[45]:

	#tax_id	GeneID	Symbol	LocusTag	Synonyms	
5	9606	11	NATP	-	AACP|NATP1	
54	9606	66	ACTBP6	-	H8-PSI-BETA-AC3	
568	9606	693	BTF3P1	-	HUMBTFA	
1289	9606	1587	ADAM3A	-	ADAM3|CYRN1|tMDCI	HGNC:HGNC:1
2019	9606	2503	FTH1P11	-	FTHL11	
...	...	...	...	...	...	
58933	9606	112268397	LOC112268397	-	-	
58934	9606	112268399	LOC112268399	-	-	
59895	9606	112935968	PTMAP15	-	-	
60739	9606	115482726	H2AZP7	-	-	HGNC:HGNC:544
61434	9606	117751737	HIKESHIP3	-	-	HGNC:HGNC:549

690 rows × 16 columns

ΠΡΟΣΟΧΗ! Οι παρενθέσεις είναι υποχρεωτικές:

```
hs[ (hs['chromosome'] == '8') & (hs['type_of_gene'] ==
'pseudo') ]
    ^                       ^   ^
^
```

Για μια στιγμή, γιατί δεν χρησιμοποιήσαμε τον αγαπημένο μας τελεστή and και χρησημοποιήσαμε αυτό το `&` ; Θυμόμαστε ότι το αποτέλεσμα της and είναι **πάντα** (ακόμα και στη pandas) λογικές τιμές (δηλαδή είτε True είτε False). Ναι αλλά εμείς δεν

θέλουμε True ή False θέλουμε λίστες από True ή False. Για να κάνουμε αυτή τη διάκριση χρησιμοποιούμε το & .

Οι τελεστές που μπορούμε να χρησιμοποιήσουμε είναι:

- & --> and
- | --> or
- ~ --> not

Για παράδειγμα: Όλα τα γονίδια που ΔΕΝ ανήκουν στο χρωμόσωμα 8 ή 9 και είναι pseudo genes (τυπώνουμε τα πρώτα 5):

In [54]:
```
hs[~((hs['chromosome'] == 8) | (hs['chromosome'] == 9)) & (hs['type_of_gene
```

Out[54]:

	#tax_id	GeneID	Symbol	LocusTag	Synonyms	dbXr
2	9606	3	A2MP1	-	A2MP	HGNC:HGNC:8|Ensembl:ENSG00000256(
5	9606	11	NATP	-	AACP|NATP1	HGNC:HGNC
51	9606	62	ACTBP2	-	-	HGNC:HGNC:
52	9606	63	ACTBP3	-	-	HGNC:HGNC:
53	9606	64	ACTBP4	-	-	HGNC:HGNC:

Υπάρχουν πολλές συναρτήσεις της pandas οι οποίες επιστρέφουν φίλτρα (λίστες από τιμές που είναι True / False). Για παράδειγμα:

Αν ένα πεδίο περιέχει ένα string:

In [19]:
```
hs[hs['description'].str.contains('membrane')][:5]
```

Out[19]:

	#tax_id	GeneID	Symbol	LocusTag	Synonyms	
243	9606	290	ANPEP	-	APN|CD13|GP150|LAP1|P150|PEPN	MIM:15
411	9606	490	ATP2B1	-	PMCA1|PMCA1kb	MIM:10
412	9606	491	ATP2B2	-	PMCA2|PMCA2a|PMCA2i	MIM:10
413	9606	492	ATP2B3	-	CFAP39|CLA2|OPCA|PMCA3|PMCA3a|SCAX1	MIM:30
414	9606	493	ATP2B4	-	ATP2B2|MXRA1|PMCA4|PMCA4b|PMCA4x	MIM:10

Το ίδιο με πριν αλλά κάνει match αγνοώντας μικρά/κεφαλαία:

In [18]:
```
hs[hs['description'].str.contains('membrane', case=False)][:5]
```

Out[18]:

	#tax_id	GeneID	Symbol	LocusTag	Synonyms	
243	9606	290	ANPEP	-	APN|CD13|GP150|LAP1|P150|PEPN	MIM:15
411	9606	490	ATP2B1	-	PMCA1|PMCA1kb	MIM:10
412	9606	491	ATP2B2	-	PMCA2|PMCA2a|PMCA2i	MIM:10
413	9606	492	ATP2B3	-	CFAP39|CLA2|OPCA|PMCA3|PMCA3a|SCAX1	MIM:30
414	9606	493	ATP2B4	-	ATP2B2|MXRA1|PMCA4|PMCA4b|PMCA4x	MIM:10

Series

Μία στήλη σε pandas ονομάζεται Series. Με τη describe μπορούμε να έχουμε μία καλή εικόνα των τιμών που περιέχει:

In [9]:
```
hs['type_of_gene'].describe()
```

Out[9]:
```
count              62016
unique                11
top       protein-coding
freq               19696
Name: type_of_gene, dtype: object
```

Οι πράξεις που μπορούμε να κάνουμε σε μία στήλη είναι

Να βρούμε όλες τις μοναδικές τιμές που έχει:

In [13]:
```
hs['type_of_gene'].unique()
```

Out[13]:
```
array(['protein-coding', 'pseudo', 'other', 'unknown', 'ncRNA', 'tRNA',
       'rRNA', 'scRNA', 'snoRNA', 'snRNA', 'biological-region'],
      dtype=object)
```

Να βρούμε το πλήθος από γραμμές που έχουν κάθε μοναδική τιμή:

In [16]:
```
hs['type_of_gene'].value_counts()
```

Out[16]:
```
protein-coding       19696
ncRNA                17513
pseudo               16556
biological-region     4754
unknown               1383
other                  840
tRNA                   595
snoRNA                 541
snRNA                   71
```

```
rRNA                    63
scRNA                    4
Name: type_of_gene, dtype: int64
```

Προσθέτοντας στήλες

Μπορούμε να φτιάξουμε ένα νέο Series από ένα άλλο χρησιμοποιώντας την apply. Η apply παίρνει μία συνάρτηση και την εφαρμόζει σε όλες τις γραμμές επιστρέφοντας ένα νέο Series. Μπορείτε να χρησιμοποιείσετε αυτό το Series σαν μία νέα στήλη.

Για παράδειγμα παρατηρούμε ότι η στήλη `dbXrefs` περιέχει πολλούς κωδικούς σε άλλες βάσεις δεδομένων. Μπορούμε να βάλουμε κάποιον από αυτούς τους κωδικούς σε μία νέα στήλη:

In [150…
```
import re
def create_ensembl(row):
    m = re.search(r'Ensembl:(ENSG\d+)', row['dbXrefs'])
    if not m:
        return pd.NA

    return m.group(1)

hs['ENSEMBL'] = hs.apply(create_ensembl, axis=1)
```

In [17]:
```
hs[:5]
```

Out[17]:

	#tax_id	GeneID	Symbol	LocusTag	Synonyms	
0	9606	1	A1BG	-	A1B|ABG|GAB|HYST2477	MIM:138670|HGNC
1	9606	2	A2M	-	A2MD|CPAMD5|FWP007|S863-7	MIM:103950|HGNC
2	9606	3	A2MP1	-	A2MP	HGNC:
3	9606	9	NAT1	-	AAC1|MNAT|NAT-1|NATI	MIM:108345|HGNC:HG
4	9606	10	NAT2	-	AAC2|NAT-2|PNAT	MIM:612182|HGNC:HG

Παρατηρούμε ότι η τελευταία στήλη περιέχει το ENSEMBL.

Μπορούμε να προσθέσουμε και μία νέα στήλη με τη map:

In [284…
```
hs['is_pseudo'] = hs['type_of_gene'].map(lambda x : x=='pseudo')
```

In [285…
```
hs[:5]
```

Out[285…

	#tax_id	GeneID	Symbol	LocusTag	Synonyms	
0	9606	1	A1BG	-	A1B|ABG|GAB|HYST2477	MIM:138670|HGNC

	#tax_id	GeneID	Symbol	LocusTag	Synonyms	
1	9606	2	A2M	-	A2MD|CPAMD5|FWP007|S863-7	MIM:103950|HGNC
2	9606	3	A2MP1	-	A2MP	HGNC:
3	9606	9	Mitsos	-	AAC1|MNAT|NAT-1|NATI	MIM:108345|HGNC:HG
4	9606	10	NAT2	-	AAC2|NAT-2|PNAT	MIM:612182|HGNC:HG

NA = Not Available

Τι είναι ομως αυτό το `pd.NA` ; Είναι η σταθερά της pandas για όταν δεν υπάρχει (Not Available) μία τιμή. Η pandas έχει μία μεγάλη συλλογή από συναρτήσεις για να διαχειριστείτε αυτή τη τιμη:

Έλεγχος:

In [151…
```
hs['ENSEMBL'].isna().value_counts()
```

Out[151…
```
False    35145
True     26871
Name: ENSEMBL, dtype: int64
```

Διέγραψε τις γραμμές που η στήλη ENSEMBL είναι NA:

In [152…
```
hs.dropna(subset=['ENSEMBL'])[:5]
```

Out[152…

	#tax_id	GeneID	Symbol	LocusTag	Synonyms	
0	9606	1	A1BG	-	A1B|ABG|GAB|HYST2477	MIM:138670|HGNC
1	9606	2	A2M	-	A2MD|CPAMD5|FWP007|S863-7	MIM:103950|HGNC
2	9606	3	A2MP1	-	A2MP	HGNC:
3	9606	9	Mitsos	-	AAC1|MNAT|NAT-1|NATI	MIM:108345|HGNC:HG
4	9606	10	NAT2	-	AAC2|NAT-2|PNAT	MIM:612182|HGNC:HG

Αντικατέστησε τις NA με μία τιμή:

In [153…
```
hs['ENSEMBL'].fillna('Does not exist')
```

Out[153…
```
0         ENSG00000121410
1         ENSG00000175899
2         ENSG00000256069
3         ENSG00000171428
4         ENSG00000156006
              ...
62011      Does not exist
62012      Does not exist
62013      Does not exist
62014      Does not exist
62015      Does not exist
Name: ENSEMBL, Length: 62016, dtype: object
```

Αλλάζοντας μία τιμή

Για να αλλάξουμε μία τιμή πρέπει να ξέρουμε τη γραμμή και τη στήλη. Για την ακρίβεια πρέπει να ξέρουμε το index της γραμμής.

In [155…
```
hs.at[3, 'Symbol'] = 'Mitsos'
```

In [156…
```
hs[:5]
```

Out[156…

	#tax_id	GeneID	Symbol	LocusTag	Synonyms	
0	9606	1	A1BG	-	A1B|ABG|GAB|HYST2477	MIM:138670|HGNC
1	9606	2	A2M	-	A2MD|CPAMD5|FWP007|S863-7	MIM:103950|HGNC
2	9606	3	A2MP1	-	A2MP	HGNC:
3	9606	9	Mitsos	-	AAC1|MNAT|NAT-1|NATI	MIM:108345|HGNC:HG
4	9606	10	NAT2	-	AAC2|NAT-2|PNAT	MIM:612182|HGNC:HG

Μετονομασία στήλης

In [157…
```
hs = hs.rename(columns={'ENSEMBL': 'ENSEMBL genes'})
```

Διαγραφή στήλης:

In [159…
```
hs = hs.drop('ENSEMBL genes', axis=1)
```

Ημερομηνίες

Πρατηρούμε ότι η στήλη: `hs['Modification_date']` έχει ημερομηνίες αλλά η pandas τα βλέπει σαν string. Μπορούμε να αλλάξουμε τον τύπο μίας στήλης και να δηλώσουμε ότι περιέχει ημερομηνίες.

Για να το κάνουμε αυτό πρέπει να δηλώσουμε το format της ημερομηνίας:

https://docs.python.org/3/library/datetime.html#strftime-and-strptime-behavior

In [34]:
```
hs['New_date'] = pd.to_datetime(hs['Modification_date'], format='%Y%m%d')
```

Προσέξτε τη διαφορά

In [35]:
```
hs[['New_date', 'Modification_date']][:10]
```

Out[35]:

	New_date	Modification_date
0	2021-03-02	20210302
1	2021-04-04	20210404
2	2021-03-02	20210302
3	2021-03-02	20210302
4	2021-03-22	20210322
5	2021-03-02	20210302
6	2021-03-07	20210307
7	2021-03-02	20210302
8	2021-03-02	20210302
9	2021-03-02	20210302

Τώρα μπορούμε να κάνουμε ταξινόμηση, filtering, κτλ με βάση την ημερομηνία. Ποιο είναι το γονίδιο το οποίο ανανεώθηκε πιο παλιά:

In [45]:
```
hs.iloc[hs['New_date'].idxmin()]
```

Out[45]:
```
#tax_id                                                      9606
GeneID                                                       7909
Symbol                                                       HEMC
LocusTag                                                        -
Synonyms                                                      HCI
dbXrefs                                                MIM:602089
chromosome                                                      -
map_location                                                    -
description                  hemangioma, capillary, hereditary
type_of_gene                                               unknown
Symbol_from_nomenclature_authority                              -
Full_name_from_nomenclature_authority                           -
Nomenclature_status                                             -
Other_designations                                              -
Modification_date                                        20170402
Feature_type                                                    -
New_date                                     2017-04-02 00:00:00
Name: 6234, dtype: object
```

Ταξινόμηση

Χρησημοποιούμε τη sort_values:

In [50]:
```
hs.sort_values('description')[:5]
```

Out[50]:

	#tax_id	GeneID	Symbol	LocusTag	Synonyms
57645	9606	110599572	LOC110599572	-	-
2120	9606	2632	GBE1	-	APBD|GBE|GSD4

	#tax_id	GeneID	Symbol	LocusTag	Synonyms	
8277	9606	10554	AGPAT1	-	1-AGPAT1|G15|LPAAT-alpha|LPAATA	I
8278	9606	10555	AGPAT2	-	1-AGPAT2|BSCL|BSCL1|LPAAB|LPAAT-beta	
13332	9606	56894	AGPAT3	-	1-AGPAT 3|LPAAT-GAMMA1|LPAAT3	

Από python --> pandas

Αν έχετε μία δομή σε python μπορείτε να τη μετασχηματίσετε ώστε να μπορεί να μπει σαν είσοδο στη DataFrame και να επιστρέψει ένα DataFrame.

Η DataFrame υποστηρίζει δύο διαφορετικές δομές:

Δομή 1η: Λίστα από dictionaries. Κάθε κλειδί στο dictionary είναι το όνομα μίας στήλης:

In [52]:
```
l = [
    {'col_1': 1, 'col_2': 1, 'col_3': 'test_1'},
    {'col_1': 2, 'col_2': 4, 'col_3': 'test_2'},
    {'col_1': 3, 'col_2': 5, 'col_3': 'test_5'},
    {'col_1': 1, 'col_2': 1, 'col_3': 'test_2'},
    {'col_1': 1, 'col_2': 2, 'col_3': 'test_4'},
]

df = pd.DataFrame(l)
df
```

Out[52]:

	col_1	col_2	col_3
0	1	1	test_1
1	2	4	test_2
2	3	5	test_5
3	1	1	test_2
4	1	2	test_4

Δομή 2η: Dictionaries με λίστες:

In [54]:
```
l = {
    'col_1': [1,2,3,1,1],
    'col_2': [1,4,5,1,2],
    'col_3': ['test_1', 'test_2', 'test_5', 'test_2', 'test_4'],
}
df = pd.DataFrame(l)
df
```

Out[54]:

	col_1	col_2	col_3
0	1	1	test_1
1	2	4	test_2
2	3	5	test_5

	col_1	col_2	col_3
3	1	1	test_2
4	1	2	test_4

Από pandas --> python

Με τη μέθοδο `to_dict` μπορείτε να μετατρέψετε σε dictionary ή λίστα:

In [57]:
```
df.to_dict('records') # Λίστα από dictionaries
```

Out[57]:
```
[{'col_1': 1, 'col_2': 1, 'col_3': 'test_1'},
 {'col_1': 2, 'col_2': 4, 'col_3': 'test_2'},
 {'col_1': 3, 'col_2': 5, 'col_3': 'test_5'},
 {'col_1': 1, 'col_2': 1, 'col_3': 'test_2'},
 {'col_1': 1, 'col_2': 2, 'col_3': 'test_4'}]
```

In [59]:
```
df.to_dict('index') # Dictionaies από dictionaries. Τα κλειδιά είναι τα inc
```

Out[59]:
```
{0: {'col_1': 1, 'col_2': 1, 'col_3': 'test_1'},
 1: {'col_1': 2, 'col_2': 4, 'col_3': 'test_2'},
 2: {'col_1': 3, 'col_2': 5, 'col_3': 'test_5'},
 3: {'col_1': 1, 'col_2': 1, 'col_3': 'test_2'},
 4: {'col_1': 1, 'col_2': 2, 'col_3': 'test_4'}}
```

In [62]:
```
df.to_dict('dict') # Dictionary από dictionaries. Τα κλειδιά είναι οι στήλε
```

Out[62]:
```
{'col_1': {0: 1, 1: 2, 2: 3, 3: 1, 4: 1},
 'col_2': {0: 1, 1: 4, 2: 5, 3: 1, 4: 2},
 'col_3': {0: 'test_1', 1: 'test_2', 2: 'test_5', 3: 'test_2', 4: 'test_4
'}}
```

In [63]:
```
df.to_dict('list') # Dictionary από λίστες. Τα κλειδιά είναι οι στήλες
```

Out[63]:
```
{'col_1': [1, 2, 3, 1, 1],
 'col_2': [1, 4, 5, 1, 2],
 'col_3': ['test_1', 'test_2', 'test_5', 'test_2', 'test_4']}
```

In [64]:
```
pd.DataFrame({0: {'col_1': 1, 'col_2': 1, 'col_3': 'test_1'},
 1: {'col_1': 2, 'col_2': 4, 'col_3': 'test_2'},
 2: {'col_1': 3, 'col_2': 5, 'col_3': 'test_5'},
 3: {'col_1': 1, 'col_2': 1, 'col_3': 'test_2'},
 4: {'col_1': 1, 'col_2': 2, 'col_3': 'test_4'}})
```

Out[64]:

	0	1	2	3	4
col_1	1	2	3	1	1
col_2	1	4	5	1	2
col_3	test_1	test_2	test_5	test_2	test_4

Σώζοντας ένα pandas DataFrame

Τα pandas είναι μία "εξωστρεφής" βιβλιοθήκη. Αυτό σημαίνει ότι μπορεί να σώζει και να φορτώνει από/σε πολλά φορμάτ. Το πιο κοινό είναι το csv:

In [65]:
```
df.to_csv('test.csv')
```

In [67]:
```
!cat test.csv # Για windows: !type test.csv
```

```
,col_1,col_2,col_3
0,1,1,test_1
1,2,4,test_2
2,3,5,test_5
```

```
3,1,1,test_2
```

In [69]:
```
df.to_csv('test.csv', index=None) # Σώζουμε χωρίς το index
```

In [70]:
```
!cat test.csv # Για windows: !type test.csv
```

```
col_1,col_2,col_3
1,1,test_1
2,4,test_2
3,5,test_5
1,1,test_2
1,2,test_4
```

Μπορούμε να σώσουμε ένα αρχείο σε φορμάτ excel:

In [71]:
```
df.to_excel('test.xlsx')
```

Και να διαβάσουμε από excel:

In [72]:
```
df2 = pd.read_excel('test.xlsx')
```

In [74]:
```
df2
```

Out[74]:

	Unnamed: 0	col_1	col_2	col_3
0	0	1	1	test_1
1	1	2	4	test_2
2	2	3	5	test_5
3	3	1	1	test_2
4	4	1	2	test_4

Διαβάστε εδώ: https://pandas.pydata.org/pandas-docs/stable/user_guide/io.html για τα διαφορετικά φορμάτ που μπορούμε να διαβάσουμε και να γράψουμε.

Iteration

Αν και σπάνια το χρειαζόμαστε (..και προσπαθούμε να αντίσταθούμε στον πειρασμό να το χρησιμοποιήσουμε) μπορούμε να κάνουμε iterate (επανάληψη) σε κάθε γραμμή του DataFrame. Αν και υπάρχουν πολλοί τρόποι για να το κάνουμε αυτό, εδω δείχνουμε το itertuples:

In [183…
```
for x in df2.itertuples():
    print ('Index: ', x.Index, 'col_2', x.col_2)
```

```
Index:  0 col_2 1
Index:  1 col_2 4
Index:  2 col_2 5
Index:  3 col_2 1
Index:  4 col_2 2
```

Grouping

Το grouping είναι μία από τις πιο βασικές λειτουργίες των βιβλιοθηκών που χειρίζονται 2-διάστατα δεδομένα. Στην ουσία με το grouping χωρίζουμε τις γραμμές σε groups. Από κάθε group παίρνουμε κάποιες στήλες και σε όλες τις τιμές του group της κάθε στήλης εφαρμόζουμε μία συνάρτηση. Με αυτόν τον τρόπο μπορούμε να κάνουμε πολύ χρήσιμες ερωτήσεις όπως: "για κάθε χρωμόσωμα ποιο είναι το μεγαλύτερο γονίδιο;", "για κάθε

νομό ποια είναι η μεγαλύτερη πόλη", "ποιος είναι ο μέσος όρος των γονιδίων που έχουν συσχετιστεί με τον καρκίνο για κάθε χρωμόσωμα;" κτλ..

Η pandas έχει μία βασική δομή για το grouping:

```
df.groupby( [ ... ] )[ [...] ].aggregate( ... )
               |         |                 |
               |         |                 > Συνάρτηση που θα
εφαρμόσουμε σε κάθε group-αρισμένη στήλη
               |         > Στήλες που θα group-αριστούν
               > Στήλες που περιέχουν τις τιμές με βάση τις οποίες
θα γίνει το  grouping.
               > Κάθε διαφορετική τιμή τους θα είναι και ένα group
```

Ας δούμε μερικά παραδείγματα. Φτιάχνουμε ένα random dataframe με 3 στήλες 20 γραμμές και τιμές από 1-4:

In [78]:
```
import random

d = {
    'col_1': [random.randint(1,4) for x in range(20)],
    'col_2': [random.randint(1,4) for x in range(20)],
    'col_3': [random.randint(1,4) for x in range(20)],
}
df = pd.DataFrame(d)
df
```

Out[78]:

	col_1	col_2	col_3
0	4	4	3
1	1	4	3
2	4	4	1
3	2	2	1
4	1	1	3
5	1	4	2
6	1	1	2
7	2	3	3
8	4	3	2
9	4	4	2
10	4	4	1
11	2	3	3
12	2	4	2
13	1	2	4
14	4	3	2
15	2	4	3
16	3	4	3
17	1	2	4
18	1	3	3
19	1	2	1

Για κάθε διαφορετική τιμή της στήλης col_1, ποια είναι η μικρότερη τιμή της col_2;

In [83]:
```
df.groupby(['col_1'])[['col_2']].aggregate('min')
```

Out[83]:

	col_2
col_1	
1	1
2	2
3	4
4	3

Για κάθε διαφορετική τιμή της στήλης `col_1` , ποια είναι η μικρότερη και μεγαλύτερη

τιμή της `col 2` :

```
In [85]: df.groupby(['col_1'])[['col_2']].aggregate(['min', 'max'])
```

Out[85]:

	col_2	
	min	max
col_1		
1	1	4
2	2	4
3	4	4
4	3	4

Για κάθε διαφορετική τιμή της στήλης `col_1` , ποια είναι η μικρότερη τιμή της στήλης `col_2` και μεγαλύτερη τιμή της στήλης `col_3` ;

```
In [88]: df.groupby(['col_1'])[['col_2', 'col_3']].aggregate({'col_2': 'min', 'col_3
```

Out[88]:

	col_2	col_3
col_1		
1	1	4
2	2	3
3	4	3
4	3	3

Για κάθε διαφορετική τιμή της στήλης `col_1` , ποια είναι η μικρότερη και μεγαλύτερη τιμή της στήλης `col_2` και μικρότερη και μεγαλύτερη τιμή της στήλης `col_3` ;

```
In [89]: df.groupby(['col_1'])[['col_2', 'col_3']].aggregate( ['min', 'max'] )
```

Out[89]:

	col_2		col_3	
	min	max	min	max
col_1				
1	1	4	1	4
2	2	4	1	3
3	4	4	3	3
4	3	4	1	3

Ένα group μπορεί να έχει παραπάνω από μία στήλες. Σε αυτή τη περίπτωση κάθε group περιέχει όλες τις διαφορετικές τιμές που προκύπτουν από τους συνδυασμούς των διαφορετικών τιμών των 2 (ή παραπάνω) στηλών.

Για όλες τις διαφορετικές τιμές της στήλης `col_1` και `col_2` ποια είναι η μικρότερη τιμή της στήλης `col_3` ;

```
In [91]: df.groupby(['col_1', 'col_2'])[['col_3']].aggregate('min')
```

Out[91]:

	col_3

col_1	col_2	
1	**1**	2
	2	1
	3	3
	4	2
2	**2**	1
	3	3
	4	2
3	**4**	3
4	**3**	2
	4	1

Σαν aggregate functions μπορείτε να βάλετε [πηγή]:

- `mean()` : Compute mean of groups
- `sum()` : Compute sum of group values
- `size()` : Compute group sizes
- `count()` : Compute count of group
- `std()` : Standard deviation of groups
- `var()` : Compute variance of groups
- `sem()` : Standard error of the mean of groups
- `describe()` : Generates descriptive statistics
- `first()` : Compute first of group values
- `last()` : Compute last of group values
- `nth()` : Take nth value, or a subset if n is a list
- `min()` : Compute min of group values
- `max()` : Compute max of group values

Ας δούμε μερικά παραδείγματα από τα "δικά μας" δεδομένα.

Πόσα γονίδια έχει κάθε χρωμόσωμα;

In [96]:
```
hs.groupby('chromosome')[['GeneID']].aggregate('count')
```

Out[96]:

	GeneID
chromosome	
-	146
1	5826
10	2463
10|19|3	1
11	3302
12	2826
13	1557
14	2290

chromosome	GeneID
15	2098
16	2255
17	2812
18	1122
19	2825
2	4471
20	1521
21	885
22	1409
3	3470
4	2743
5	2943
6	3478
7	3200
8	2470
9	2581
MT	110
Un	66
X	2492

Για κάθε ένα από τα χρωμοσώματα X και Y, πόσα διαφορετικά γονίδια υπάρχουν;

In [102…
```
hs[hs['chromosome'].isin(['X', 'Y'])].groupby(['chromosome', 'type_of_gene'
```

Out[102…

chromosome	type_of_gene	GeneID
X	biological-region	157
	ncRNA	442
	other	10
	protein-coding	830
	pseudo	906
	snoRNA	16
	tRNA	5
	unknown	126
Y	biological-region	11
	ncRNA	107
	other	29
	protein-coding	46

		GeneID

Ας αλλάξουμε τη σειρά των στηλών στο grouping:

In [104…
```
hs2 = hs[hs['chromosome'].isin(['X', 'Y'])].groupby(['type_of_gene', 'chrom
hs2
```

Out[104…

		GeneID
type_of_gene	**chromosome**	
biological-region	**X**	157
	Y	11
ncRNA	**X**	442
	Y	107
other	**X**	10
	Y	29
protein-coding	**X**	830
	Y	46
pseudo	**X**	906
	Y	389
snoRNA	**X**	16
tRNA	**X**	5
unknown	**X**	126
	Y	6

Κάτι αρκετά εξεζητημένο είναι ότι μπορούμε να εφαρμόσουμε μία συνάρτηση σε κάθε group με την apply. Για παράδειγμα Για κάθε type_of_gene ποιο είναι το ποσοστό που ανήκει στο χρωμόσωμα X και ποιο το αντίστοιχο για το χρωμόσωμα Y;

In [108…
```
hs2.groupby(level=0).apply(lambda x: 100 * x / float(x.sum()))
```

Out[108…

		GeneID
type_of_gene	**chromosome**	
biological-region	**X**	93.452381
	Y	6.547619
ncRNA	**X**	80.510018
	Y	19.489982
other	**X**	25.641026
	Y	74.358974
protein-coding	**X**	94.748858
	Y	5.251142
pseudo	**X**	69.961390
	Y	30.038610

		GeneID
type_of_gene	**chromosome**	
snoRNA	**X**	100.000000
tRNA	**X**	100.000000

Το level σημαίνει σε ποιο "group" (από τα δύο που έχουμε εφαρμόσουμε) να γίνει το apply. Η αλήθεια είναι οτι αφού το X έχει πολύ περισσότερα γονίδια από το Y ο παραπάνω πίνακας δεν μας λέει και πάρα πολλά. Ας κάνουμε apply με τη function στο δεύτερο level:

In [111…
```
hs3 = hs2.groupby(level=1).apply(lambda x: 100 * x / float(x.sum()))
hs3
```

Out[111…

		GeneID
type_of_gene	**chromosome**	
biological-region	**X**	6.300161
	Y	1.870748
ncRNA	**X**	17.736758
	Y	18.197279
other	**X**	0.401284
	Y	4.931973
protein-coding	**X**	33.306581
	Y	7.823129
pseudo	**X**	36.356340
	Y	66.156463
snoRNA	**X**	0.642055
tRNA	**X**	0.200642
unknown	**X**	5.056180
	Y	1.020408

Ενδιαφέρον: Στο χρωμόσωμα X το 33.3% των γονίδιων που περιέχει είναι protein-coding. Το αντίστοιχο ποσοστό για το Y είναι 7.8%. Ενώ για το Y το 66.2% των γονιδίων είναι pseudo και για το X είναι 36.3%. Μάλλον δεν κάνει και πολλά πράγματα το Y..

Μπορούμε να του πούμε: Το πρώτο group κάντο στήλες:

In [114…
```
hs3.unstack(0)
```

Out[114…

type_of_gene	biological-region	ncRNA	other	protein-coding	pseudo	snoRNA	tRNA
chromosome							
X	6.300161	17.736758	0.401284	33.306581	36.356340	0.642055	0.200642
Y	1.870748	18.197279	4.931973	7.823129	66.156463	NaN	NaN

Ή το 2ο group κάντο στήλες:

In [115…
```
hs3.unstack(1)
```

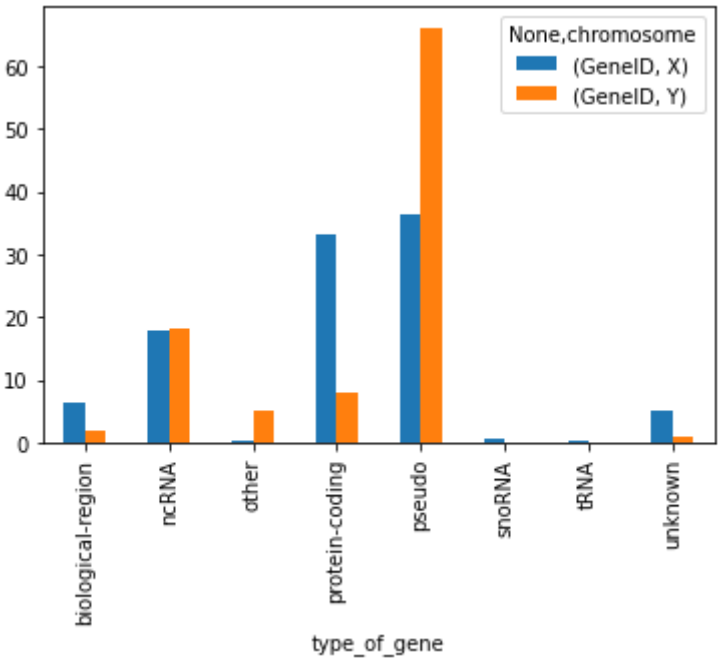
Out[115…

	GeneID	
chromosome	X	Y
type_of_gene		
biological-region	6.300161	1.870748
ncRNA	17.736758	18.197279
other	0.401284	4.931973
protein-coding	33.306581	7.823129
pseudo	36.356340	66.156463
snoRNA	0.642055	NaN
tRNA	0.200642	NaN
unknown	5.056180	1.020408

Το unstacking είναι σημαντικό γιατί μας επιτρέπει να κάνουμε τα groups μπάρες (δες και συνέχεια)

In [117…
```
hs3.unstack(1).plot(kind='bar')
```

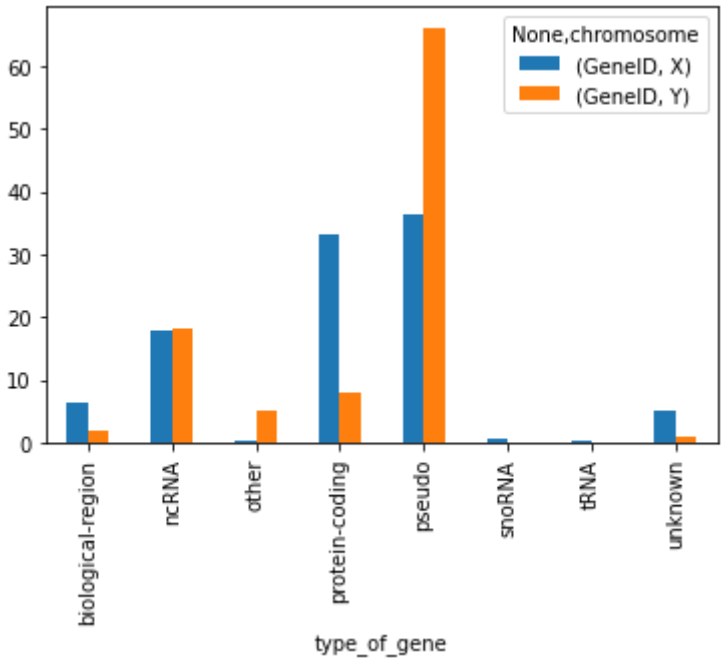
Out[117…
```
<AxesSubplot:xlabel='type_of_gene'>
```



Εδώ βλέπουμε πως κάναμε μία "επεξεργασία" των δεδομένων χωρίς να κάνουμε ούτε μία for, if, κτλ.. Αυτός είναι ο "δηλωτικός τρόπος προγραμματισμού". Συνιθίζεται όταν γράφουμε πολλές εντολές που κάνουν διαδοχικές επεξεργασίες να τις γράφουμε με αυτό το στυλ (method chaining):

In [125…
```
(hs[hs['chromosome'].isin(['X', 'Y'])]
 .groupby(['type_of_gene', 'chromosome'])[['GeneID']]
 .aggregate('count')
 .groupby(level=1)
 .apply(lambda x: 100 * x / float(x.sum()))
 .unstack(1)
 .plot(kind='bar')
)
```

Out[125…
```
<AxesSubplot:xlabel='type_of_gene'>
```



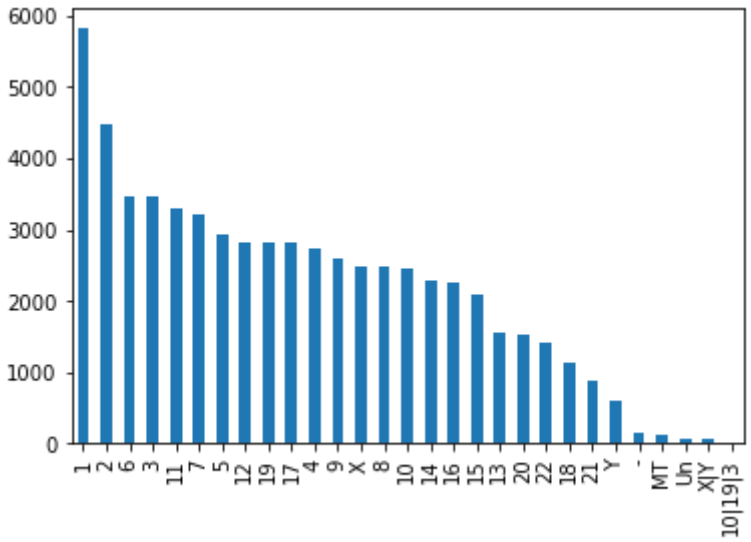
Plotting

Η pandas υποστηρίζει ένα μεγάλο πλήθος από plots. Σε μελλοντικό μάθημα θα ασχοληθούμε περισσότερο με το πως κάνουμε plots χωρίς της pandas.

Barplots: πλήθος απο γονίδια ανά χρωμόσωμα:

In [5]:
```
hs['chromosome'].value_counts().plot(kind='bar')
```

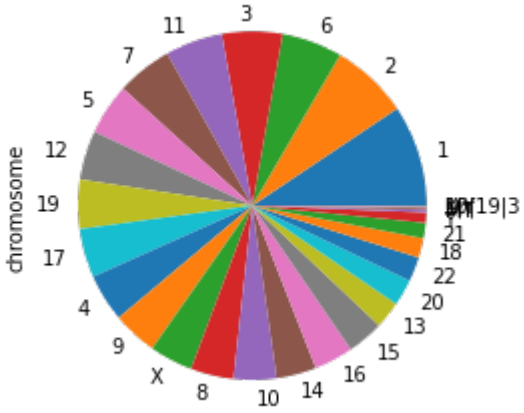
Out[5]:
```
<AxesSubplot:>
```



Το ίδιο σε piechart. **ΠΡΟΣΟΧΗ!!** Αποφεύγουμε να χρησιμοποιούμε piechart σε επιστημονικές δημοσιεύσεις! Google: `why are pie charts bad`

In [6]:
```
hs['chromosome'].value_counts().plot(kind='pie')
```

Out[6]:
```
<AxesSubplot:ylabel='chromosome'>
```



Ένα παράδειγμα με GWAS

Ας χρησιμοποιήσουμε έναν κατάλογο από GWA studies. Ο κατάλογος βρίσκεται σε αυτό το link: https://www.ebi.ac.uk/gwas/api/search/downloads/full για να το φορτώσετε τρέξτε (κάνει πολύ ώρα!):

In [160…
```
gwas = pd.read_csv('https://www.ebi.ac.uk/gwas/api/search/downloads/full',
```

```
/Users/admin/anaconda3/lib/python3.8/site-packages/IPython/core/interactive
shell.py:3146: DtypeWarning: Columns (9,11,12,23,27) have mixed types.Speci
fy dtype option on import or set low_memory=False.
  has_raised = await self.run_ast_nodes(code_ast.body, cell_name,
```

Οι στήλες:

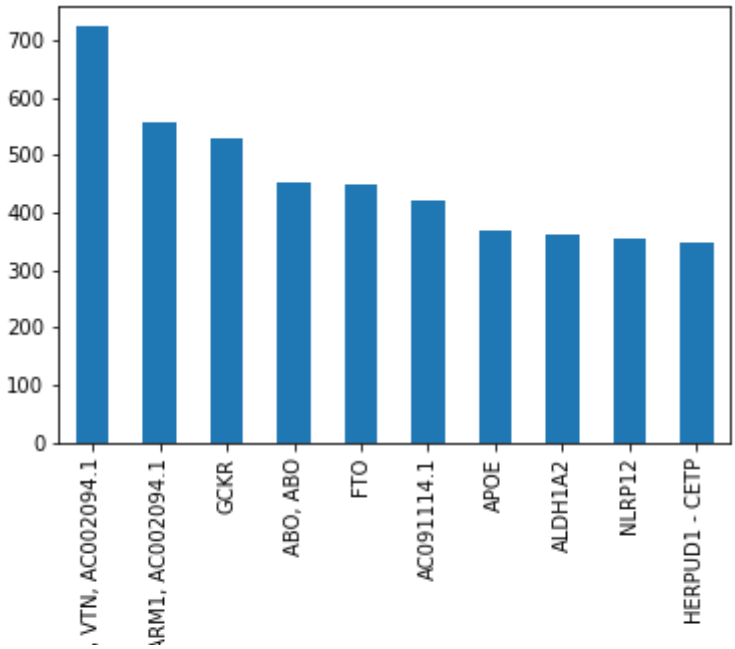
In [161…
```
gwas.columns
```

Out[161…
```
Index(['DATE ADDED TO CATALOG', 'PUBMEDID', 'FIRST AUTHOR', 'DATE', 'JOURNA
L',
       'LINK', 'STUDY', 'DISEASE/TRAIT', 'INITIAL SAMPLE SIZE',
       'REPLICATION SAMPLE SIZE', 'REGION', 'CHR_ID', 'CHR_POS',
       'REPORTED GENE(S)', 'MAPPED_GENE', 'UPSTREAM_GENE_ID',
       'DOWNSTREAM_GENE_ID', 'SNP_GENE_IDS', 'UPSTREAM_GENE_DISTANCE',
       'DOWNSTREAM_GENE_DISTANCE', 'STRONGEST SNP-RISK ALLELE', 'SNPS',
       'MERGED', 'SNP_ID_CURRENT', 'CONTEXT', 'INTERGENIC',
       'RISK ALLELE FREQUENCY', 'P-VALUE', 'PVALUE_MLOG', 'P-VALUE (TEXT)',
       'OR or BETA', '95% CI (TEXT)', 'PLATFORM [SNPS PASSING QC]', 'CNV'],
      dtype='object')
```

Ποια είναι τα 10 γονίδια στα οποία έχουν γίνει τα περισσότερα GWAS;

In [162…
```
gwas["MAPPED_GENE"].value_counts()[:10].plot(kind="bar")
```

Out[162…
```
<AxesSubplot:>
```



Μετατροπή του DATE από string σε datetime

In [163…
```
gwas['DATE'] = pd.to_datetime(gwas["DATE"]) # Μετατροπή του DATE από string
```

Ας δούμε μερικά χαρακτηριστικά της στήλης P-VALUE ;

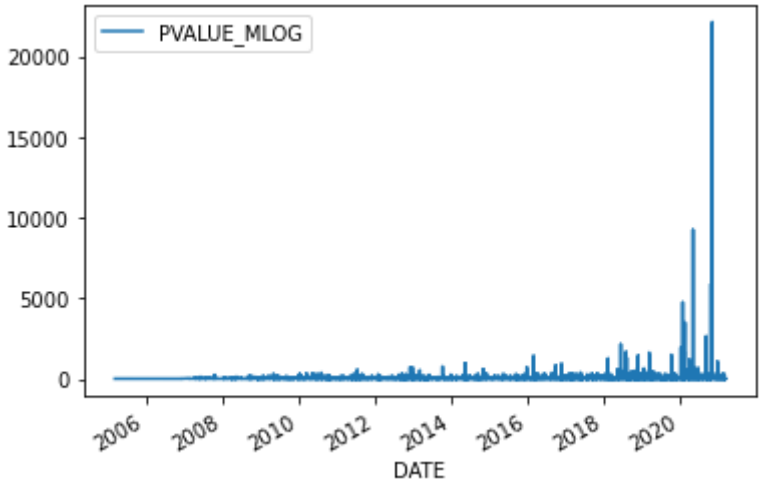
In [194…
```
gwas['PVALUE_MLOG'].describe()
```

Out[194…
```
count    251401.000000
mean         17.671208
std          66.731631
min           5.000000
25%           7.000000
50%           9.301030
75%          14.698970
max       22135.221849
Name: PVALUE_MLOG, dtype: float64
```

Ας τη κάνουμε plot με βάση τον χρόνο:

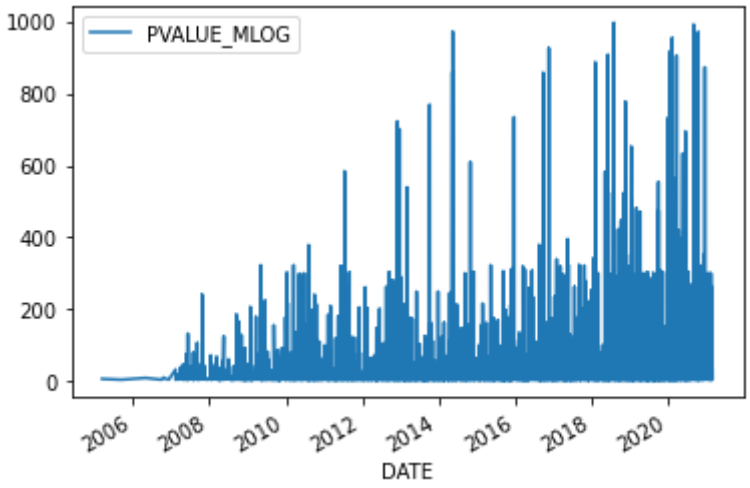
In [198…
```
gwas.plot(x='DATE', y='PVALUE_MLOG')
```

Out[198…
```
<AxesSubplot:xlabel='DATE'>
```



In [208…
```
gwas[gwas['PVALUE_MLOG']<1000].plot(x='DATE', y='PVALUE_MLOG')
```

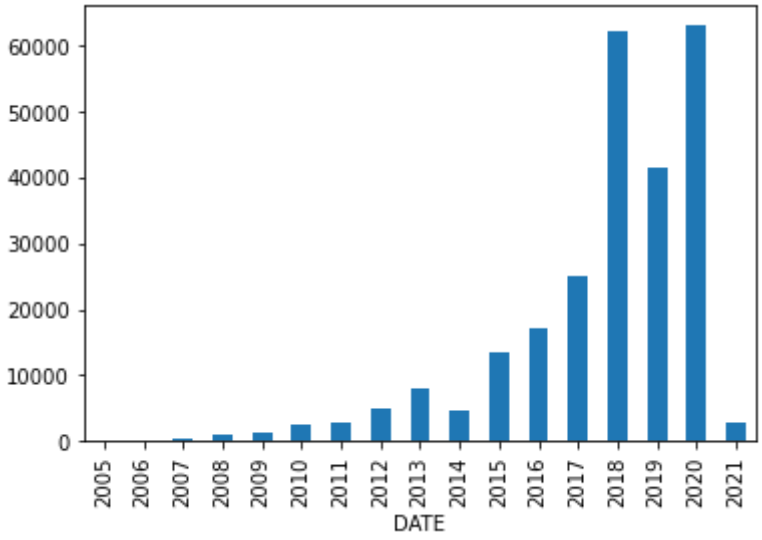
Out[208…
```
<AxesSubplot:xlabel='DATE'>
```



Πόσα gwas δημοσιεύονται κάθε χρόνο;

In [217…
```
gwas.groupby(gwas['DATE'].dt.year)['DATE'].count().plot(kind='bar')
```

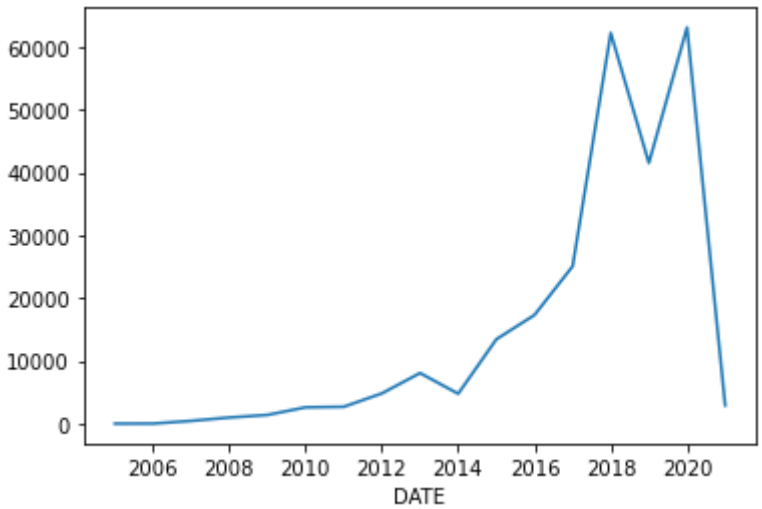
Out[217…
```
<AxesSubplot:xlabel='DATE'>
```



Ένας άλλος τρόπος να τα πλοτάρουμε:

In [218…
```
gwas.groupby(gwas['DATE'].dt.year)['DATE'].count().plot()
```

Out[218…
```
<AxesSubplot:xlabel='DATE'>
```

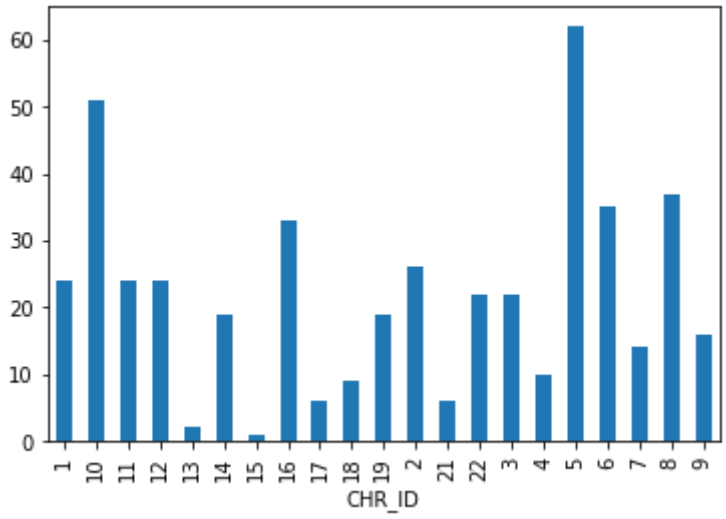


Ας πάρουμε όλα τα GWAS που έχουν γίνει σε ασθένειες ή φαινότυπους που έχουν μέσα

τη λέξη "Breast", και τα SNPs που έχουν βρεθεί έχουν συσχετιστεί με p-value<10^{-10}, και ας τα κατατάξουμε σε χρωμοσώματα:

In [220…
```
(
    gwas[ (gwas["DISEASE/TRAIT"].str.contains('Breast')) & (gwas["PVALUE_MI
    .groupby("CHR_ID")['CHR_ID']
    .aggregate('count').plot(kind='bar')
)
```

Out[220…
```
<AxesSubplot:xlabel='CHR_ID'>
```



Λογικό ότι το χρωμόσωμα 5 που έχει το BRCA2 gene είναι #1

Ποιος είναι ο ερευνητής που έχει τις περισσότερες δημοσιεύσεις στο Nature Genetics;

In [221…
```
(
    gwas[gwas['JOURNAL'] == 'Nat Genet']
    .groupby('FIRST AUTHOR')
    .aggregate('count')['PUBMEDID']
    .idxmax()
)
```

Out[221…
```
'Lee JJ'
```

Ποιο region περιέχει τις περισσότερες μελέτες σχετικά με καρκίνο;

In [225…
```
(
    gwas[gwas['DISEASE/TRAIT'].str.contains('cancer', case=False, na=False)
    .groupby('REGION')
    .aggregate('count')['PUBMEDID']
    .idxmax()
)
```

Out[225…
```
'8q24.21'
```

Ποιος είναι ο μέσος όρος και το median του allele_frequency για όλα τα variants που ανακαλύπτοντε κάθε χρόνο;

In [277…

```
gwas['RISK ALLELE FREQUENCY']=pd.to_numeric(gwas['RISK ALLELE FREQUENCY'],

gwas_2 = (
 gwas
 .groupby(gwas_2['DATE'].dt.year)['RISK ALLELE FREQUENCY']
 .aggregate(['mean', 'median'])
)
gwas_2
```

Out[277…

DATE	mean	median
2005.0	NaN	NaN
2006.0	0.370000	0.370000
2007.0	0.415373	0.400000
2008.0	0.389350	0.350000
2009.0	0.362769	0.320000
2010.0	0.358266	0.330000
2011.0	0.384316	0.340000
2012.0	0.340888	0.300000
2013.0	0.414986	0.380000
2014.0	0.420903	0.390000
2015.0	0.498522	0.477000
2016.0	0.367788	0.338245
2017.0	0.382940	0.335076
2018.0	0.473471	0.474000
2019.0	0.403819	0.381000
2020.0	0.438670	0.416900
2021.0	0.385103	0.359920

Ας κάνουμε ένα scatter plot με τον x να είναι το YEAR και το y να είναι τα mean και median

In [279…

```
gwas_2.plot(style='.')
```

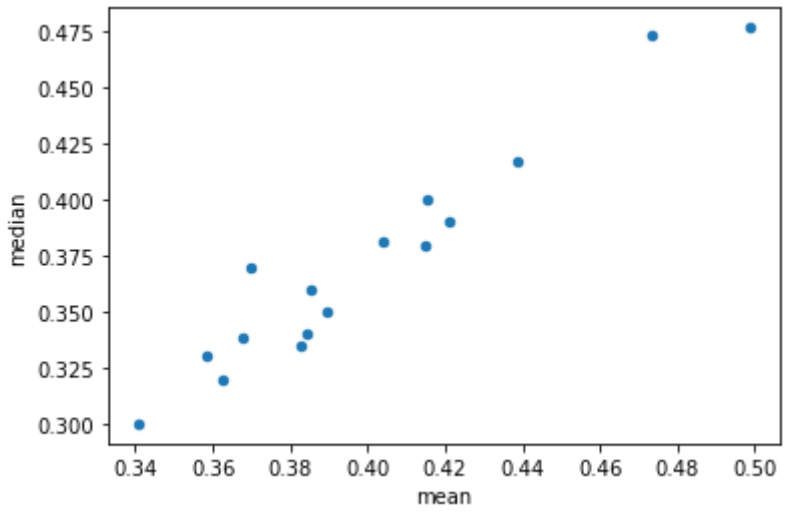
Out[279…

```
<AxesSubplot:xlabel='DATE'>
```

Και ένα scatter plot με το χ να είναι το mean και το y το median:

In [280…
```
gwas_2.plot.scatter(x='mean', y='median')
```

Out[280…
```
<AxesSubplot:xlabel='mean', ylabel='median'>
```



Περισσότερα

- Cheatsheet
- Introduction to Pandas . plotting with pandas
- 100 pandas puzzles

In [ ]: