Programación para Data Science

Unidad 7: Análisis de datos en Python

Instrucciones de uso

A continuación se presentarán explicaciones y ejemplos de análisis de datos en Python. Recordad que podéis ir ejecutando los ejemplos para obtener sus resultados.

Introducción

En este módulo trabajaremos con librerías que ya hemos presentado en los módulos anteriores (<u>numpy (http://www.numpy.org/)</u>, <u>pandas (http://pandas.pydata.org/)</u> y <u>scikit-learn (http://scikit-learn.org)</u>).

Este Notebook contiene ejemplos concretos de técnicas que pueden aplicarse para analizar los datos. Como en el módulo anterior, es importante destacar que se han seleccionado únicamente algunas técnicas pero, en la práctica, el conjunto de técnicas que se aplican para el análisis de datos es mucho más amplio. Además, para la mayoría de ejemplos usaremos las configuraciones por defecto incorporadas en las librerías, pero algunas de las funciones que probaremos tienen multitud de parámetros que podemos aiustar.

Primeros pasos

Para empezar, cargamos el conjunto de datos de flores de Iris:

```
In [122]: from sklearn import datasets
# Cargamos el dataset de Iris:
iris = datasets.load_iris()
```

Análisis exploratorio de datos

En primer lugar, observaremos las características principales de los datos que utilizaremos en este Notebook. Conocer los datos con los que trabajaremos nos ayudará después en la creación de modelos y la validación de hipótesis.

Podemos echar un vistazo a la descripción del dataset:

In [13]: print iris.DESCR

Iris Plants Database

Notes

Data Set Characteristics:

:Number of Instances: 150 (50 in each of three classes)

:Number of Attributes: 4 numeric, predictive attributes and the class

:Attribute Information:

- sepal length in cm
- sepal width in cm
- petal length in cm - petal width in cm
- class:
 - Iris-Setosa
 - Iris-Versicolour
 - Iris-Virginica

:Summary Statistics:

=======================================	==== Min	==== Max	====== Mean	===== SD	Class Cor	====== relation
=========	====	====	======	=====	========	=======
sepal length:	4.3	7.9	5.84	0.83	0.7826	
sepal width:	2.0	4.4	3.05	0.43	-0.4194	
petal length:	1.0	6.9	3.76	1.76	0.9490	(high!)
petal width:	0.1	2.5	1.20	0.76	0.9565	(high!)

:Missing Attribute Values: None

:Class Distribution: 33.3% for each of 3 classes.

:Creator: R.A. Fisher

:Donor: Michael Marshall (MARSHALL%PLU@io.arc.nasa.gov)

:Date: July, 1988

This is a copy of UCI ML iris datasets. http://archive.ics.uci.edu/ml/datasets/Iris

The famous Iris database, first used by Sir R.A Fisher

This is perhaps the best known database to be found in the pattern recognition literature. Fisher's paper is a classic in the field and is referenced frequently to this day. (See Duda & Hart, for example.) The data set contains 3 classes of 50 instances each, where each class refers to a type of iris plant. One class is linearly separable from the other 2; the latter are NOT linearly separable from each other.

References

- Fisher,R.A. "The use of multiple measurements in taxonomic problems" Annual Eugenics, 7, Part II, 179-188 (1936); also in "Contributions to Mathematical Statistics" (John Wiley, NY, 1950).

 - Duda, R.O., & Hart, P.E. (1973) Pattern Classification and Scene Analysis. (0327.D83) John Wiley & Sons. ISBN 0-471-22361-1. See page 218.

 - Dasarathy, B.V. (1980) "Nosing Around the Neighborhood: A New System Structure and Classification Rule for Recognition in Partially Exposed
- Environments". IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, Vol. PAMI-2, No. 1, 67-71.
 Gates, G.W. (1972) "The Reduced Nearest Neighbor Rule". IEEE Transactions
- on Information Theory, May 1972, 431-433.
- See also: 1988 MLC Proceedings, 54-64. Cheeseman et al"s AUTOCLASS II conceptual clustering system finds 3 classes in the data.
- Many, many more ...

En el conjunto Iris que acabamos de cargar, los datos están organizados de la siguiente forma: cada fila es una muestra y por cada muestra, las columnas (las características) son: longitud del sépalo, ancho del sépalo, longitud del pétalo y ancho del pétalo.

Representar visualmente los datos también nos permite realizar una primera aproximación a los mismos. Vamos a generar un scatter plot con los dos primeros atributos.

```
In [3]: %matplotlib inline

# Importamos las librerías
import matplotlib.pyplot as plt
from sklearn import datasets

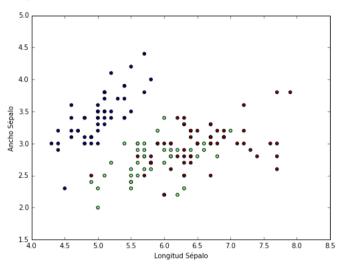
# Importamos el dataset
iris = datasets.load_iris()

# Seleccionamos solo los dos primeros atributos
X = iris.data[:, :2]
Y = iris.target

# Creamos la figura
plt.figure(1, figsize=(8, 6))
plt.clf()

# Coloreamos utilizando la categoría
plt.scatter(X[:, 0], X[:, 1], c=Y)
plt.xlabel(u'Longitud Sépalo')
plt.ylabel(u'Longitud Sépalo')
```

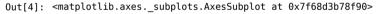
Out[3]: <matplotlib.text.Text at 0x7f78016cae10>

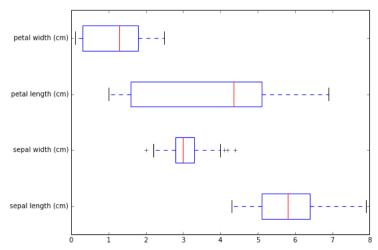


Después, creamos un box plot que resume los datos de todos los atributos disponibles.

```
In [3]: # Cargamos los datos en un dataframe de pandas
import pandas as pd
df = pd.DataFrame(iris.data, columns=iris.feature_names)
```

In [4]: # Mostramos un box plot con los 4 atributos
df.plot.box(vert=False, figsize=(8, 6))





Finalmente, mostramos histogramas para los valores de cada atributo.

```
In [5]: # Generamos los histogramas
          df.diff().hist(alpha=0.7, bins=20)
Out[5]: array([[<matplotlib.axes._subplots.AxesSubplot object at 0x7f68b258c210>,
                    <matplotlib.axes._subplots.AxesSubplot object at 0x7f68aed0a390>],
                   [<matplotlib.axes._subplots.AxesSubplot object at 0x7f68aec8aa90>
                    <matplotlib.axes._subplots.AxesSubplot object at 0x7f68aebf8d50>]], dtype=object)
                 petal length (cm)
                                             petal width (cm)
           45
40
35
30
25
20
15
10
5
                                       30
                                       25
20
                                       15
10
                                            -0.5 0.0 0.5 1.0
sepal width (cm)
                -2 –1 0 1 2 3
sepal length (cm)
           30
                                       30
           25
                                       25
           20
                                       20
           15
                                       15
                                       10
           10
```

Clasificación

0

Existen múltiples algoritmos de clasificación. Veamos un ejemplo de cómo usar un clasificador k nearest neighbors para predecir el tipo de especies de Iris.

0 -1.5-1.0-0.5 0.0 0.5 1.0 1.5

[1 2 0 0 1 2 2 2 2 1]

0.7

```
In [141]: # Importamos el clasificador KNeighborsClassifier de la librería sklearn
           from sklearn.neighbors import KNeighborsClassifier
           # Importamos numpy
           import numpy as np
           # Seleccionamos las dos primeras características (usaremos únicamente dos características para
           # poder representar gráficamente los resultados en 2D)
           X = iris.data[:, :2]
           y = iris.target
           # Separamos los datos (de manera aleatoria) en dos subconjuntos: el de aprendizaje y el de test
           indices = np.random.permutation(len(iris.data))
           iris X train = X[indices[:-10]]
           iris_v_train = x[indices[:-10]]
iris_v_train = y[indices[:-10]]
iris_v_test = x[indices[-10:]]
           # Creamos el clasificador
           knn = KNeighborsClassifier()
           # Entrenamos el clasificador
           knn.fit(iris_X_train, iris_y_train)
           # Probamos el clasificador
           iris_y_test_predicted = knn.predict(iris_X_test)
           # Mostramos los resultados de la predicción sobre el conjunto de test
           print "Clases reales: \t\t" + str(iris_y_test)
print "Clases predichas: \t" + str(iris_y_test_predicted)
           print "Accuracy: \t\t" + str(knn.score(iris_X_test, iris_y_test))
           Clases reales:
                                      [1 2 0 0 1 2 2 1 1 2]
```

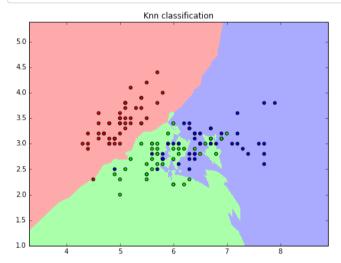
Podemos visualizar gráficamente el clasificador aprendido:

Clases predichas:

Accuracy:

```
In [142]: %matplotlib inline
             # Importamos la librería
import matplotlib.pyplot as plt
              from matplotlib.colors import ListedColormap
              # Creamos los mapas de colores que usaremos para la representación
cmap_light = ListedColormap(['#FFAAAA', '#AAFFAA', '#AAAAFF'])
cmap_bold = ListedColormap(['#FF0000', '#00FF00', '#0000FF'])
              # Calculamos los límites de la visualización
              x_min, x_max = X[:, 0].min() - 1, X[:, 0].max() + 1

y_min, y_max = X[:, 1].min() - 1, X[:, 1].max() + 1
              # Realizamos la predicción
              xx, yy = np.meshgrid(np.arange(x min, x max, h), np.arange(y min, y max, h))
              Z = knn.predict(np.c_[xx.ravel(), yy.ravel()])
              # Mostramos el resultado en una figura
              plt.figure(1, figsize=(8, 6))
              Z = Z.reshape(xx.shape)
              plt.pcolormesh(xx, yy, Z, cmap=cmap_light)
              # Mostramos las muestras utilizadas en el aprendizaje
              plt.scatter(iris_X_train[:, 0], iris_X_train[:, 1], c=iris_y_train, cmap=cmap_bold)
              plt.xlim(xx.min(), xx.max())
plt.ylim(yy.min(), yy.max())
plt.title("Knn classification")
              plt.show()
```



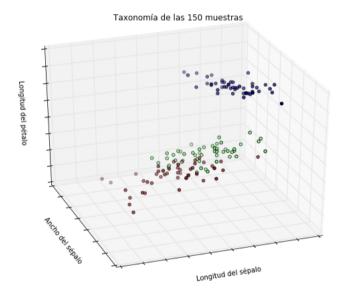
Clústering

Como con los algoritmos de clasificación, actualmente existen multitud de algoritmos de clústering. Veámos un ejemplo de utilización del algoritmo k-means.

En primer lugar, generamos una visualización del conjunto de muestras. A continuación tenéis un código de ejemplo en el que representamos la taxonomía de las diferentes muestras (coloreamos por clase de Iris) dependiendo de la longitud del sépalo (columna 0), ancho del sépalo (columna 1) y longitud del pétalo (columna 2):

```
In [4]: %matplotlib inline
             # Cargamos las librerías necesarias import matplotlib.pyplot as plt
             from mpl_toolkits.mplot3d import Axes3D
             from sklearn import datasets
             # Cargamos el dataset
             iris = datasets.load_iris()
             # Datos de la muestra
             X_iris = iris.data
             # Categorías de la muestra (tres tipos de Iris)
             Y_iris = iris.target
             # Creamos una figura
             fig = plt.figure(1, figsize=(8, 6))
             # De tipo 3D
             ax = Axes3D(fig, elev=-150, azim=110)
             # Y representamos los diferentes puntos, coloreando por tipo de Iris
ax.scatter(X_iris[:,[0]], X_iris[:,[1]], X_iris[:,[2]], c=Y_iris)
            # Leyendas y títulos
ax.set_title(u"Taxonomía de las 150 muestras")
ax.set_xlabel(u"Longitud del sépalo")
ax.w_xaxis.set_ticklabels([])
ax.set_ylabel(u"Ancho del sépalo")
ax.w_yaxis.set_ticklabels([])
ax.set_zlabel(u"Longitud del pétalo")
ax.w_zaxis.set_ticklabels([])
             ax.w_zaxis.set_ticklabels([])
```

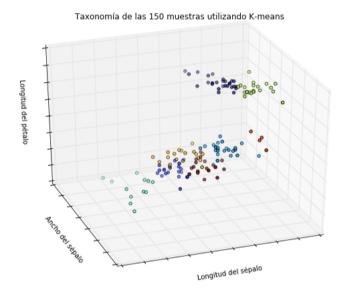
Out[4]: []



Ahora vamos a hacer el siguiente experimento: utilizando el algoritmo de clústering *k-mean*s, vamos a colorear utilizando los grupos que calcule el algoritmo y no las clases que ya conocemos:

```
In [5]: %matplotlib inline
          import matplotlib.pyplot as plt
from mpl_toolkits.mplot3d import Axes3D
          from sklearn import cluster, datasets
          iris = datasets.load_iris()
          X_iris = iris.data
          # Cargamos el algoritmo K-means y hacemos fit a nuestros datos:
          k_means = cluster.KMeans()
          k_means.fit(X_iris)
          fig = plt.figure(1, figsize=(8, 6))
          ax = Axes3D(fig, elev=-150, azim=110)
ax.scatter(X_iris[:,[0]], X_iris[:,[1]], X_iris[:,[2]], c=k_means.labels_)
ax.set_title(u"Taxonomía de las 150 muestras utilizando K-means")
          ax.set_xlabel(u"Longitud del sépalo")
          ax.w_xaxis.set_ticklabels([])
          ax.set_ylabel(u"Ancho del sépalo")
          ax.w yaxis.set ticklabels([])
          ax.set zlabel(u"Longitud del pétalo")
          ax.w_zaxis.set_ticklabels([])
```

Out[5]: []

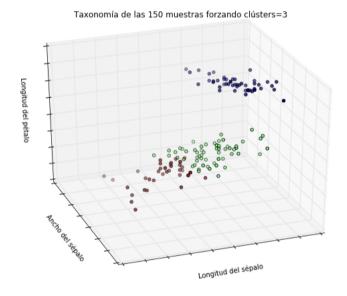


¡Notad que en **ningún momento se utiliza la clase de la muestra** (iris.target) para entrenar el algoritmo ni para evaluarlo! Ahora estamos utilizando un algoritmo de clústering, que agrupará las muestras en función de las características de las mismas. El resultado del algoritmo es el grupo al que pertenece cada muestra (pero el algoritmo no intenta predecir la clase de la muestra). Los nombres de los grupos generados son arbitrarios (en este caso, valores enteros del 0 al número de grupos - 1).

Vamos ahora a forzar que el número de clústers sea igual a 3 y vamos a representar el resultado:

```
In [6]: %matplotlib inline
         import matplotlib.pyplot as plt
from mpl_toolkits.mplot3d import Axes3D
         from sklearn import cluster, datasets
         iris = datasets.load_iris()
         X_iris = iris.data
         # Cargamos el algoritmo K-means y hacemos fit a nuestros datos
         # esta vez forzando el número de clústers a 3:
         k_means = cluster.KMeans(n_clusters=3)
         k means.fit(X iris)
          fig = plt.figure(1, figsize=(8, 6))
         ax = Axes3D(fig, elev=-150, azim=110)
ax.scatter(X_iris[:,[0]], X_iris[:,[1]], X_iris[:,[2]], c=k_means.labels_)
         ax.set_title(u"Taxonomía de las 150 muestras forzando clústers=3")
         ax.set_xlabel(u"Longitud del sépalo")
         ax.w xaxis.set ticklabels([])
         ax.set ylabel(u"Ancho del sépalo")
         ax.w_yaxis.set_ticklabels([])
ax.set_zlabel(u"Longitud del pétalo")
         ax.w_zaxis.set_ticklabels([])
```

Out[6]: []



Recordad que utilizando un algoritmo de clústering no aprendemos a qué clase pertenece cada muestra sino que simplemente agrupamos las muestras en grupos (clústers).

Validación del modelo

Debemos evitar evaluar los modelos con los mismos datos que se han utilizado para el aprendizaje. En el ejemplo de clasificación, hemos separado los datos de manera aleatoria en dos conjuntos, uno para el aprendizaje y uno para el test. Está técnica se conoce como holdout. En el ejemplo de la clasificación hemos usado numpy para crear los dos conjuntos. En la unidad 6 vimos cómo realizar este mismo proceso usando las funciones sobre dataframes que ofrece la libería pandas. Ahora veremos cómo podemos hacerlo usando sklearn:

```
In [89]: # Importamos la función train_test_split
    from sklearn.model_selection import train_test_split

# Separamos las muestras utilizando un 20% para test y el resto para aprendizaje
X_train, X_test, y_train, y_test = train_test_split(iris.data, iris.target, test_size=0.2, random_state=0)

print "Total de muestras: " + str(len(iris.data))
    print "Aprendizaje: " + str(len(X_train)), "(" + str(float(len(X_train))/len(iris.data)*100) + "%)"

print "Test: " + str(len(X_test)), "(" + str(float(len(X_test))/len(iris.data)*100) + "%)"

Total de muestras: 150
Aprendizaje: 120 (80.0%)
Test: 30 (20.0%)
```

También podemos usar otras técnicas para evaluar los modelos, por ejemplo, kfold o Leave One Out:

```
In [108]: # Importamos la función KFold
              from sklearn.model_selection import KFold
              # Importamos numpy
              import numpy as np
              # Particionamos un conjunto de 9 muestras usando 3-Fold y mostramos el resultado
             X = np.array(range(9))
kf = KFold(n_splits=3)
              for train, test in kf.split(X):
    print("%s %s" % (X[train], X[test]))
              [3 4 5 6 7 8] [0 1 2]
[0 1 2 6 7 8] [3 4 5]
[0 1 2 3 4 5] [6 7 8]
In [110]: # Importamos la función LeaveOneOut
              from sklearn.model_selection import LeaveOneOut
              # Importamos numpy
              import numpy as np
              # Particionamos un conjunto de 9 muestras usando LeaveOneOut y mostramos el resultado
              X = np.array(range(9))
loo = LeaveOneOut()
              for train, test in loo.split(X):
    print("%s %s" % (X[train], X[test]))
              [1 2 3 4 5 6 7 8] [0]
[0 2 3 4 5 6 7 8] [1]
              [0 1 3 4 5 6 7 8] [2] [0 1 2 4 5 6 7 8] [3]
              [0 1 2 3 5 6 7 8] [4]
              [0 1 2 3 4 6 7 8] [5]
[0 1 2 3 4 5 7 8] [6]
[0 1 2 3 4 5 6 8] [7]
```

[0 1 2 3 4 5 6 7] [8]