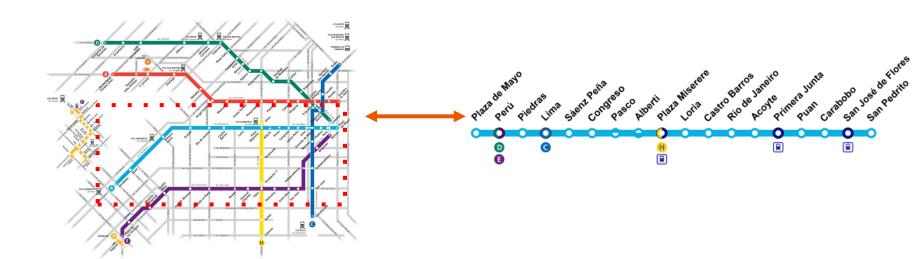
Organización de Datos Ing. Juan M. Rodríguez

Visualización de datos en una dimensión menor (2D o 3D), preservando características importantes de estos como distancias, correlaciones, etc.

- Visualización de datos para entender su distribución
  - detección de patrones inherentes a simple vista
- Reducción del ruido
- Aceleración de los tiempos de entrenamiento de un modelo
- Compresión de la información
- Presentación de resultados a interesados (quienes no siempre conocen de ciencia de datos)





Hay varios algoritmos que resuelven este problema, con diversos usos, ventajas y debilidades

- o :PCA :
- ISOMAP
- o LLE
- Proyecciones aleatorias
- MDS
- :t-SNE
- LDA
- UMAP

Estos son los algoritmos que veremos en clase

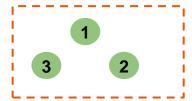
Puntaje por tema en un examen de ciencia de datos

Puntos	Alumno 1	Alumno 2	Alumno 3	Alumno 4	Alumno 5	Alumno 6		
árboles	9	10	8	3	2	1		Estos alumnos tienen notas
								parecidas
				-	6 - 5	4		3 1 2
							árboles	i;

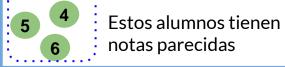
Puntaje por tema en un examen de ciencia de datos

Puntos	A 1	A 2	A 3	A 4	A 5	A 6
árboles	9	10	8	3	2	1
RNA	6	4	5	3	2.8	1

Estos alumnos tienen notas parecidas



RNA



árboles

Puntaje por tema en un examen de ciencia de datos

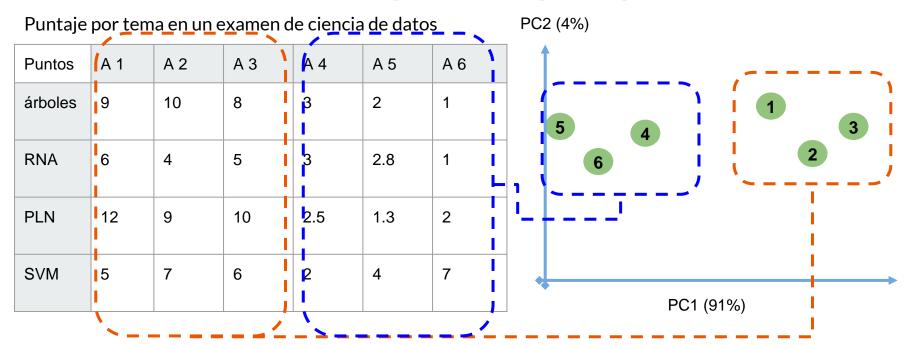
Puntos	A 1	A 2	A 3	A 4	A 5	A 6
árboles	9	10	8	3	2	1
RNA	6	4	5	3	2.8	1
PLN	12	9	10	2.5	1.3	2

Estos alumnos tienen notas parecidas **PLN** Estos alumnos tienen notas parecidas

árboles

RNA

# ¿Qué pasa si tengo 4 o más variables?



Puntaje por tema en un examen de ciencia de datos

Puntos	A 1	A 2	A 3	A 4	A 5	A 6
árboles	9	10	8	3	2	1
RNA	6	4	5	3	2.8	1

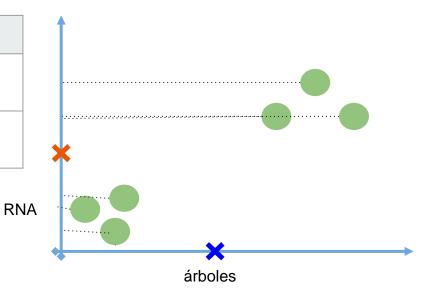
RNA

árboles

Calculamos el valor promedio para árboles (variable 1)

Puntaje por tema en un examen de ciencia de datos

Puntos	A 1	A 2	A 3	A 4	A 5	A 6
árboles	9	10	8	3	2	1
RNA	6	4	5	3	2.8	1



Calculamos el valor promedio para RNA (variable 2)

Puntaje por tema en un examen de ciencia de datos

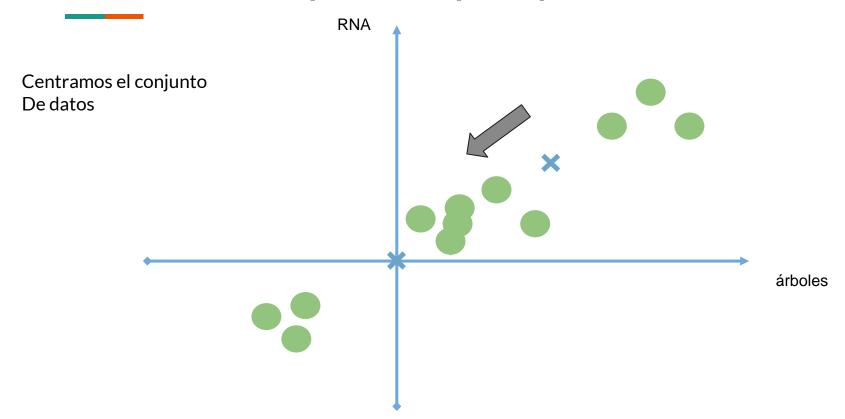
Puntos	A 1	A 2	A 3	A 4	A 5	A 6
árboles	9	10		3	2	1
RNA	6	4	5	3	2.8	1

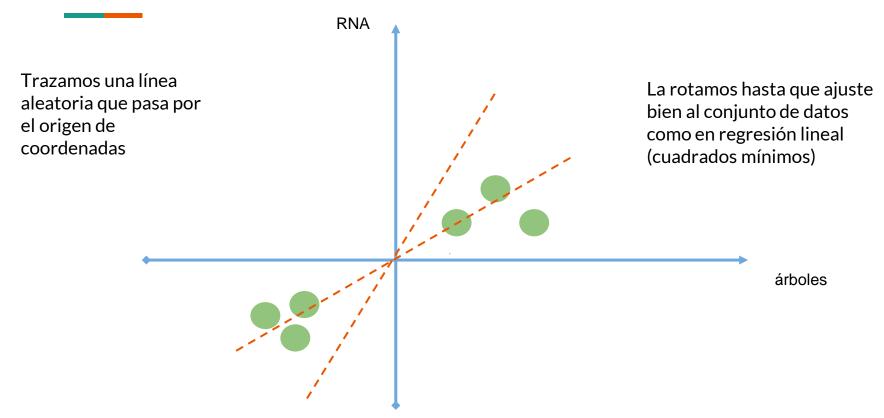
No necesitamos mirar los datos para lo que sigue

RNA \*\*\*

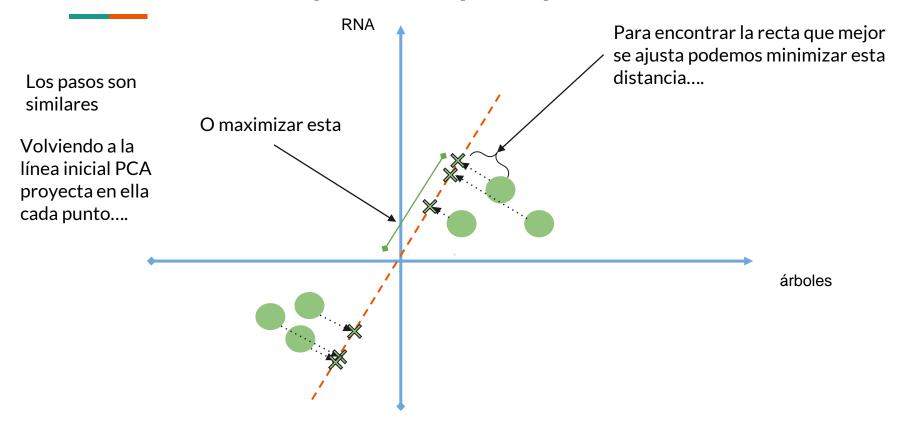
árboles

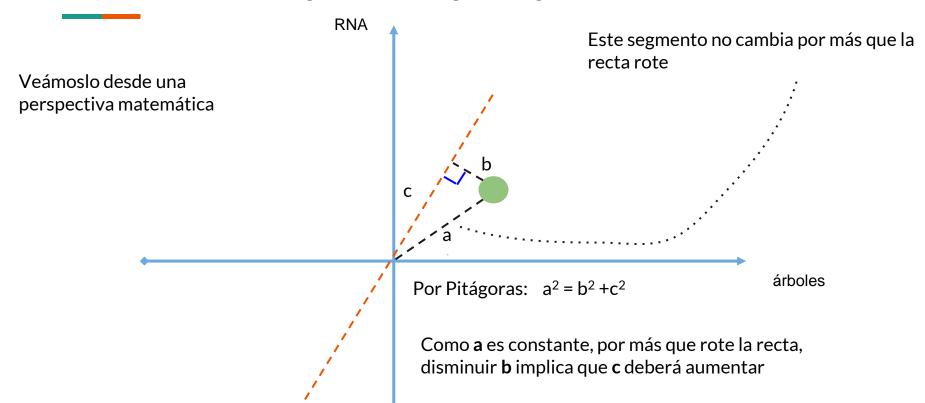
Calculamos el centro del conjunto de datos





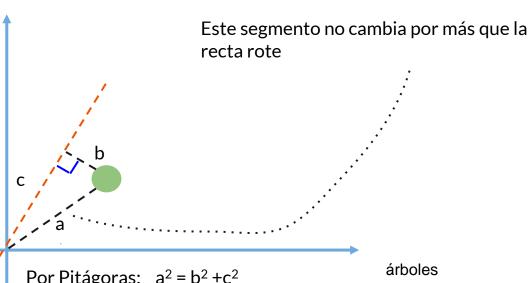
# PCA por dentro





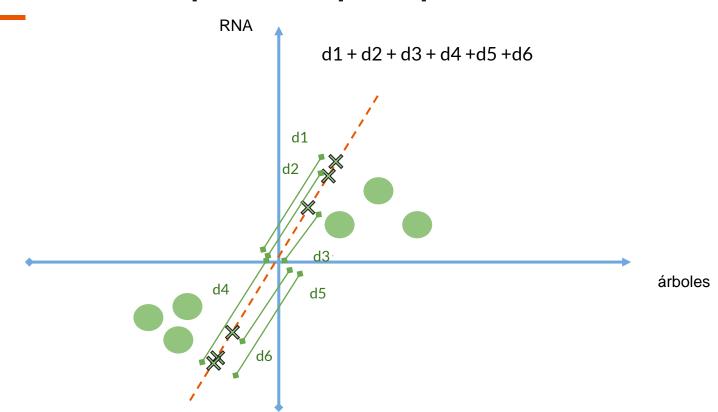
RNA

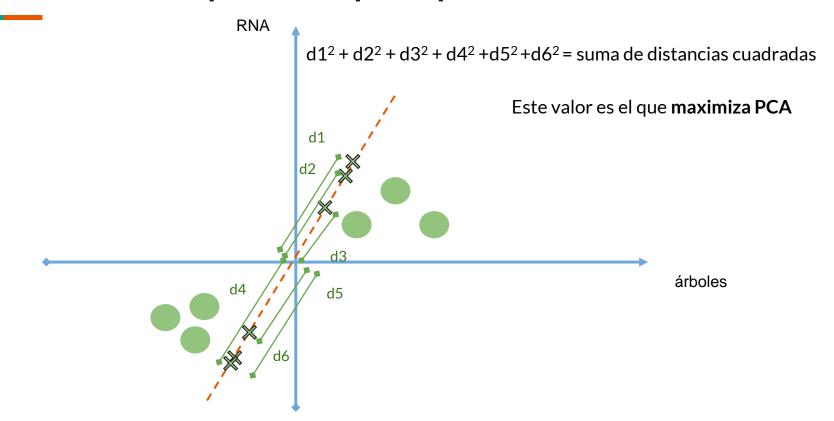
**PCA** lo que hace es buscar la recta que mejor ajusta maximizando la suma de las distancias al cuadrado. medidas desde los puntos proyectados sobre la recta hasta el origen de coordenadas, es decir: c<sup>2</sup>



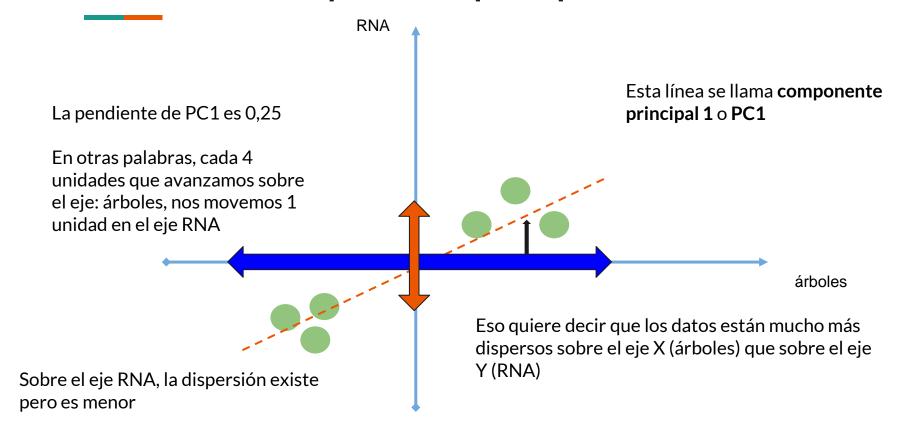
Por Pitágoras:  $a^2 = b^2 + c^2$ 

Como a es constante, por más que rote la recta, disminuir **b** implica que **c** deberá aumentar





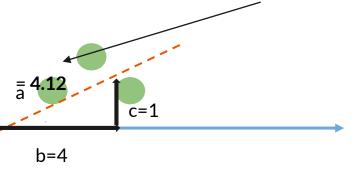
Volviendo a la recta ya ajustada



RNA

Cómo **PC1** es una mezcla de los ejes **RNA** y **árboles** (en una relación de 1 árbol cada 4 RNA), se la llama: **combinación lineal de variables** 

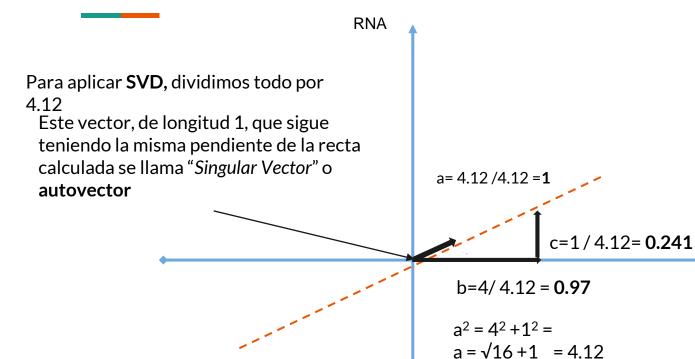
Cuando se combina PCA con **SVD**, esta longitud se escala para que sea igual a 1



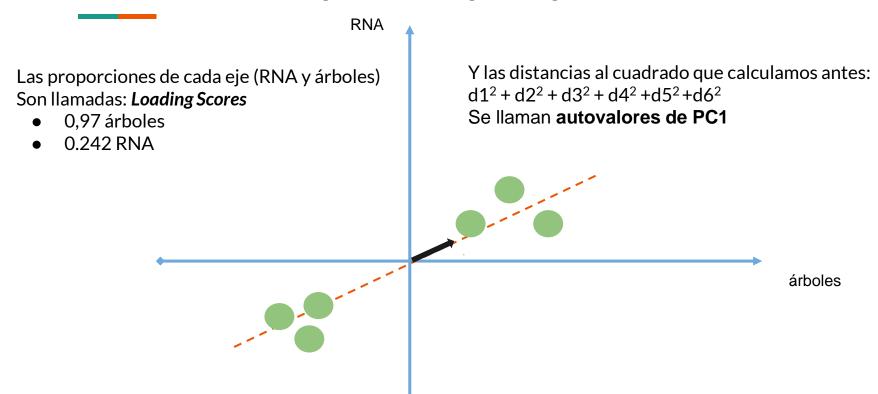
árboles

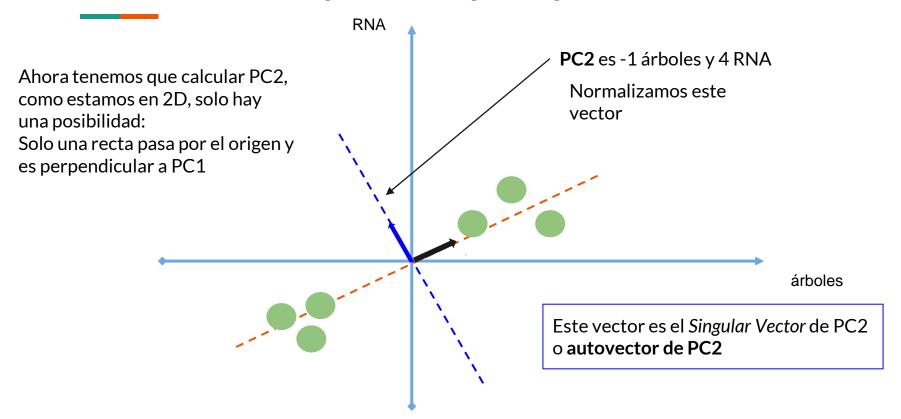
$$a^2 = 4^2 + 1^2 =$$
  
 $a = \sqrt{16 + 1} = 4.12$ 

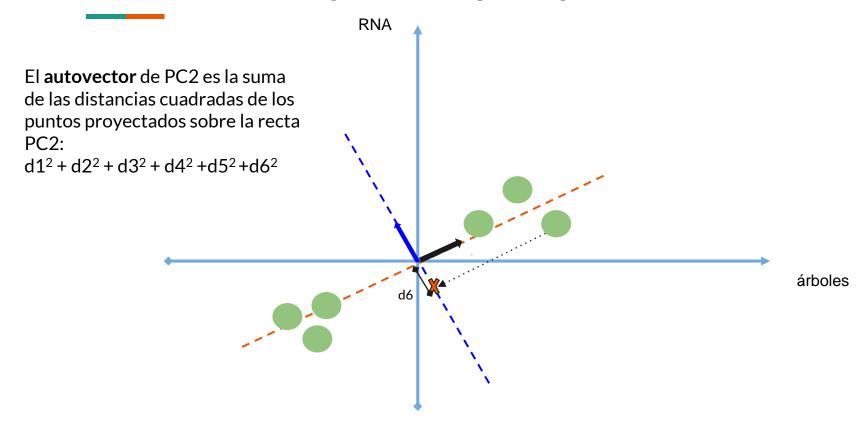
**SVD**: Singular Value Decomposition

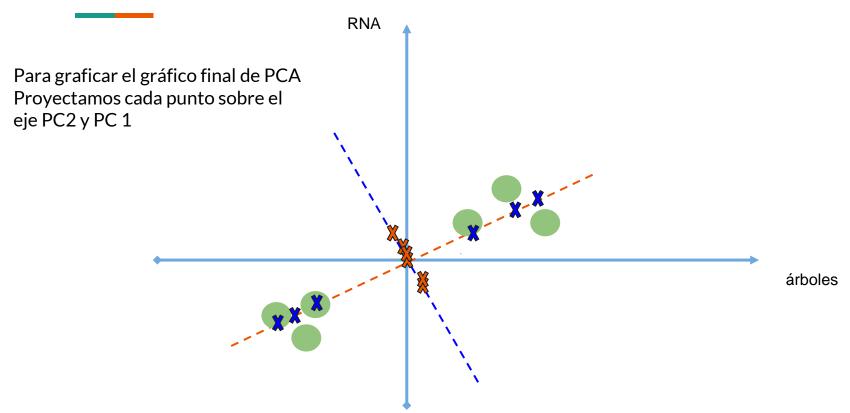


árboles

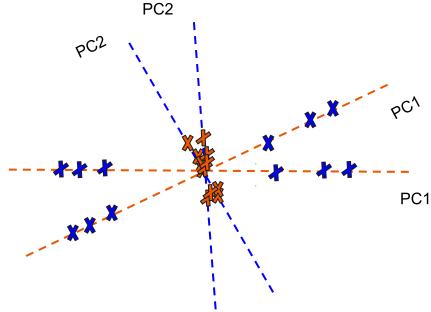


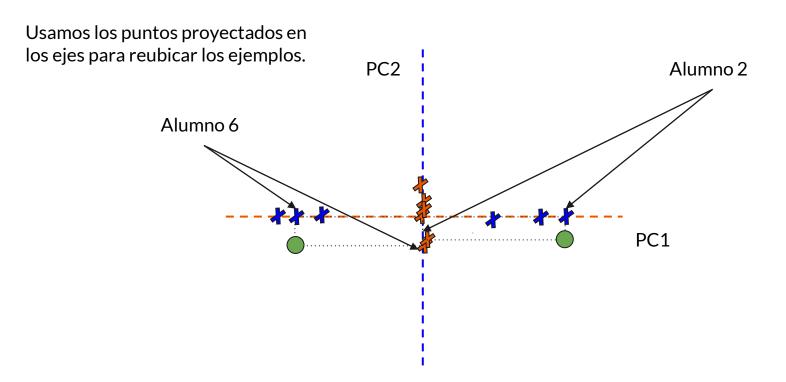






Rotamos los ejes, dejando a PC1, horizontal





Suma distancias cuadradas de PC1 = autovalor de PC1 Suma distancias cuadradas de PC2 = autovalor de PC2

Podemos calcular la variación centrada en el origen:

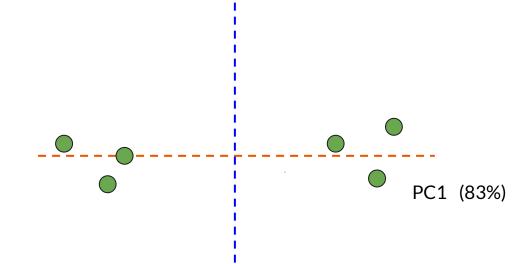
<u>Suma distancias cuadradas de PC1</u> = variación de PC1 n-1

<u>Suma distancias cuadradas de PC2</u> = variación de PC2 n-1

Imaginemos que la variación de PC1 es **15**, y la de PC2 es **3**. La variación total es 15+3 = 18

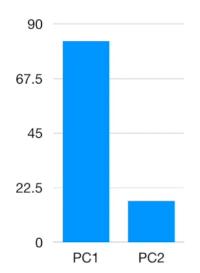
Eso quiere decir que PC1 acumula el 83 % de la variación total. (15/18 = 0.83)

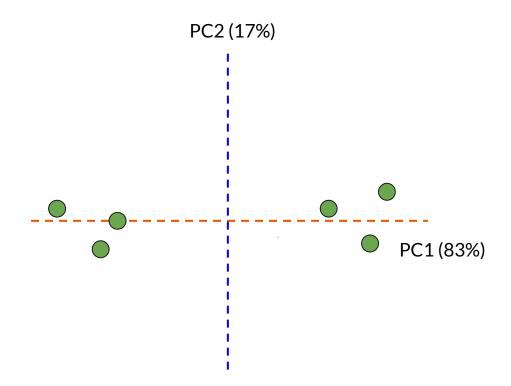
Y PC2, el **17**% (3/18 = 0.17)



PC2 (17%)

Scree plot es un gráfico donde se representa el porcentaje de variación de cada PC (componente principal)

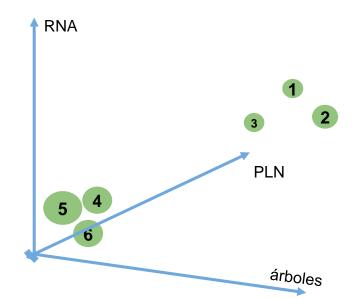




# 3 Variables = 3 dimensiones

Puntaje por tema en un examen de ciencia de datos

Puntos	A 1	A 2	A 3	A 4	A 5	A 6
árboles	9	10	8	3	2	1
RNA	6	4	5	3	2.8	1
PLN	12	9	10	2.5	1.3	2



Los pasos son los mismos

- 1. Centramos los datos en el eje de coordenadas
- 2. Buscamos la recta que mejor ajuste que pase por el eje de coordenadas

La recta será PC1

Solo que en este caso, la recta tiene 3 coordenadas:

Árboles, RNA y PLN

- 0.62 árboles
- 0.15 RNA
- 0.77 PLN

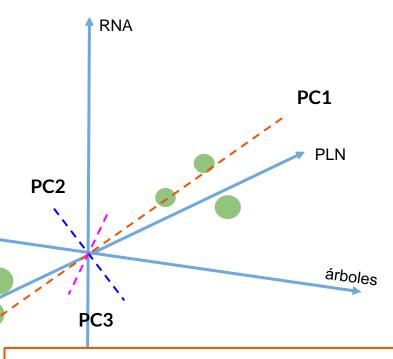
Esta vez PLN tiene más peso en la ecuación, es decir los datos están más dispersos en torno a este eje RNA PC1 PLN árboles

Luego buscamos PC2 Esta vez hay varias posibilidades, buscamos aquella que:

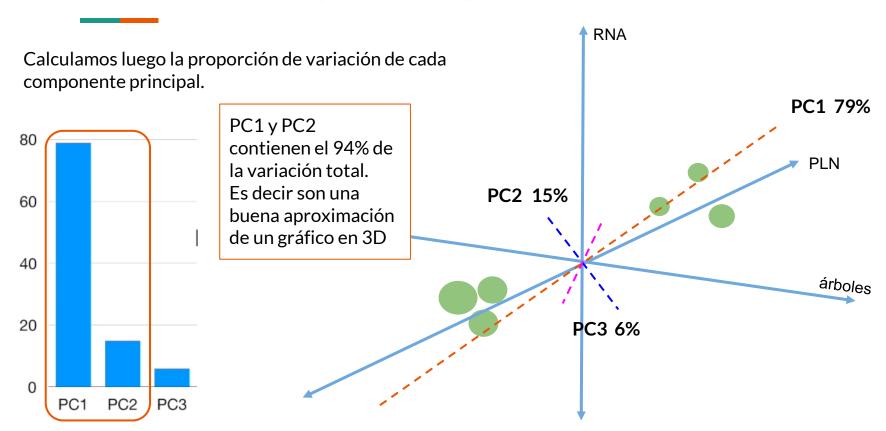
- 1. Pase por el origen
- 2. Sea perpendicular a PC1
- Y tenga el mejor ajuste, según se vio, maximizando su autovector

#### Finalmente calculamos PC3:

- Perpendicular a las otras dos
- Pase por el origen

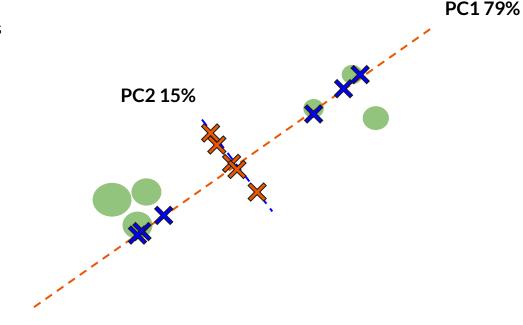


Si tuviésemos más variables seguimos calculando componentes principales. Uno por variable.



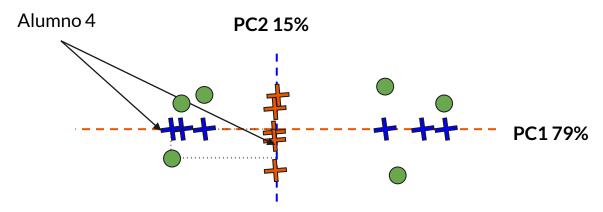
Para convertir el gráfico actual en un gráfico de 2D. Eliminamos todo, dejamos solo PC1 y PC2

Proyectamos los ejemplos sobre los ejes



Rotamos el gráfico hasta que PC1 quede horizontal.

Graficamos los ejemplos usando las proyecciones



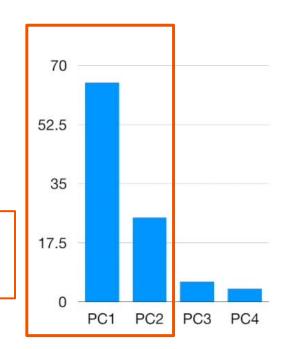
4D

#### Puntaje por tema en un examen de ciencia de datos

Puntos	A 1	A 2	A 3	A 4	A 5	A 6
árboles	9	10	8	3	2	1
RNA	6	4	5	3	2.8	1

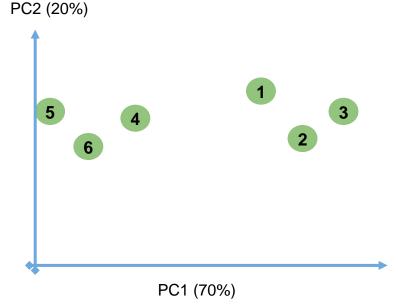
PLN PC1 y PC2 se llevan el 90% de la variación total, eso quiere decir que podemos tener una buena representación 2D, de cuán dispersos están los datos.

SVM\_\_\_\_\_\_

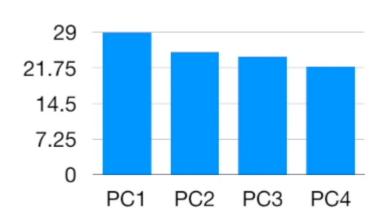


#### Puntaje por tema en un examen de ciencia de datos

Puntos	A 1	A 2	A 3	A 4	A 5	A 6
árboles	9	10	8	3	2	1
RNA	6	4	5	3	2.8	1
PLN	12	9	10	2.5	1.3	2
SVM	5	7	6	2	4	7

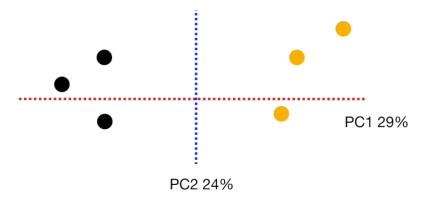


#### ¿Qué pasa si el gráfico de Scree es así?



Usar la representación de PC1 y PC2 no será suficientemente buena para ver la dispersión de los datos.

De todas formas, aún es factible detectar agrupamiento de ejemplos



#### Resumen:

- El análisis de componentes principales, o PCA, nos sirve para identificar si hay agrupamiento de datos en el espacio de entrada.
- Podemos identificar correlaciones, *clusters* o bien entender cuán dispersos están los datos y sobre todo, sobre qué ejes o variables.
- Es útil especialmente cuando no podemos representar el espacio de entrada sobre un eje cartesiano.