数据挖掘（课程作业一）

——马的疝病分析

姓名：石鹏飞

学号：2120161037

数据挖掘（课程作业一）
——马的疝病分析

目　录

分析过程报告

本报告尽可能详尽地给出数据分析过程，在给出的 368 个样本，27 个特征中，根据其特征详细说明，确定了各个特征属性，其中数值属性有 7 个，分别为：rectal temperature，pulse，respiratory rate，nasogastric reflux PH，packed cell volume，total protein，abdomcentesis total protein；标称属性 16 个，分别为 surgerynan，Age，temperature of extremities，peripheral pulse，mucous membranes，capillary refill time，pain，peristalsis，abdominal distension，nasogastric tube，nasogastric reflux，rectal examination－feces，abdomen，abdominocentesis appearance，outcome 和 cp_data；其余 4 个为固定代码，不予处理。

一、问题的描述

疝病是描述马胃肠痛的术语，这种病不一定源自马的胃肠问题，其他问题也可能引发马疝病，所给数据集是医院检测的一些指标，将该数据集按要求予以处理。

二、数据摘要和可视化

（一）数据摘要。

1、对于 16 个标称属性，给出每个可能取值的频数，相关预处理后的数据如下：

Age

		频率	百分比	有效百分比	累积百分比
有效	1	340	92.4	92.4	92.4
	9	28	7.6	7.6	100.0
	合计	368	100.0	100.0	

peripheral pulse

		频率	百分比	有效百分比	累积百分比
有效	1	151	41.0	41.0	41.0
	2	6	1.6	1.6	42.7
	3	116	31.5	31.5	74.2
	4	12	3.3	3.3	77.4
	nan	83	22.6	22.6	100.0
	合计	368	100.0	100.0	

surgerynan

		频率	百分比	有效百分比	累积百分比
有效	1	214	58.2	58.2	58.2
	2	152	41.3	41.3	99.5
	nan	2	.5	.5	100.0
	合计	368	100.0	100.0	

temperature of extremities

		频率	百分比	有效百分比	累积百分比
有效	1	95	25.8	25.8	25.8
	2	39	10.6	10.6	36.4
	3	135	36.7	36.7	73.1
	4	34	9.2	9.2	82.3
	nan	65	17.7	17.7	100.0
	合计	368	100.0	100.0	

mucous membranes

		频率	百分比	有效百分比	累积百分比
有效	1	98	26.6	26.6	26.6
	2	38	10.3	10.3	37.0
	3	81	22.0	22.0	59.0
	4	50	13.6	13.6	72.6
	5	28	7.6	7.6	80.2
	6	25	6.8	6.8	87.0
	nan	48	13.0	13.0	100.0
	合计	368	100.0	100.0	

pain

		频率	百分比	有效百分比	累积百分比
有效	1	49	13.3	13.3	13.3
	2	77	20.9	20.9	34.2
	3	82	22.3	22.3	56.5
	4	47	12.8	12.8	69.3
	5	50	13.6	13.6	82.9
	nan	63	17.1	17.1	100.0
	合计	368	100.0	100.0	

capillary refill time

		频率	百分比	有效百分比	累积百分比
有效	1	232	63.0	63.0	63.0
	2	96	26.1	26.1	89.1
	3	2	.5	.5	89.7
	nan	38	10.3	10.3	100.0
	合计	368	100.0	100.0	

abdominal distension

		频率	百分比	有效百分比	累积百分比
有效	1	101	27.4	27.4	27.4
	2	75	20.4	20.4	47.8
	3	85	23.1	23.1	70.9
	4	42	11.4	11.4	82.3
	nan	65	17.7	17.7	100.0
	合计	368	100.0	100.0	

peristalsis

		频率	百分比	有效百分比	累积百分比
有效	1	49	13.3	13.3	13.3
	2	22	6.0	6.0	19.3
	3	154	41.8	41.8	61.1
	4	91	24.7	24.7	85.9
	nan	52	14.1	14.1	100.0
	合计	368	100.0	100.0	

nasogastric reflux

		频率	百分比	有效百分比	累积百分比
有效	1	141	38.3	38.3	38.3
	2	45	12.2	12.2	50.5
	3	49	13.3	13.3	63.9
	nan	133	36.1	36.1	100.0

	合计	368	100.0	100.0	

nasogastric tube

		频率	百分比	有效百分比	累积百分比
有效	1	89	24.2	24.2	24.2
	2	121	32.9	32.9	57.1
	3	27	7.3	7.3	64.4
	nan	131	35.6	35.6	100.0
	合计	368	100.0	100.0	

rectal examination - feces

		频率	百分比	有效百分比	累积百分比
有效	1	68	18.5	18.5	18.5
	2	14	3.8	3.8	22.3
	3	61	16.6	16.6	38.9
	4	97	26.4	26.4	65.2
	nan	128	34.8	34.8	100.0
	合计	368	100.0	100.0	

abdomen

		频率	百分比	有效百分比	累积百分比
有效	1	31	8.4	8.4	8.4
	2	24	6.5	6.5	14.9
	3	19	5.2	5.2	20.1
	4	55	14.9	14.9	35.1
	5	96	26.1	26.1	61.1
	nan	143	38.9	38.9	100.0
	合计	368	100.0	100.0	

outcome

		频率	百分比	有效百分比	累积百分比
有效	1	225	61.1	61.1	61.1
	2	89	24.2	24.2	85.3
	3	52	14.1	14.1	99.5
	nan	2	.5	.5	100.0
	合计	368	100.0	100.0	

abdominocentesis appearance

		频率	百分比	有效百分比	累积百分比
有效	1	52	14.1	14.1	14.1
	2	62	16.8	16.8	31.0
	3	60	16.3	16.3	47.3

	nan	194	52.7	52.7	100.0
	合计	368	100.0	100.0	

cp_ data

		频率	百分比	有效百分比	累积百分比
有效	1	124	33.7	33.7	33.7
	2	244	66.3	66.3	100.0
	合计	368	100.0	100.0	

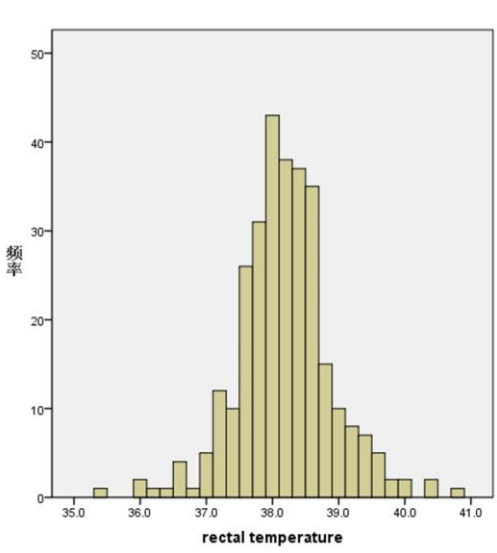
2、对于 7 个数值属性，给出最大、最小、均值、中位数、四分位数及缺失值的个数，相关预处理后的数据如下：

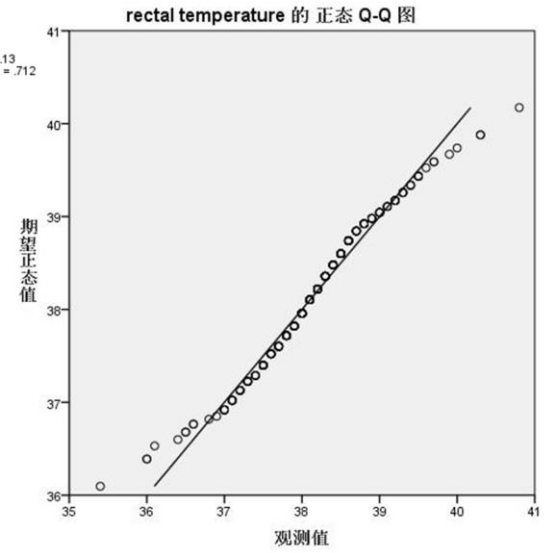
		rectal temper-ature	pulse	Respira t-ory rate	Nasogastr-ic reflux PH	packed cell volume	total protein	abdomc entesis total protein
N	有效	299	342	297	69	331	325	133
	缺失	69	26	71	299	37	43	235
均值		38.134	70.76	30.52	4.962	45.66	24.771	2.948
中位数		38.100	60.00	28.00	5.400	44.00	7.500	2.100
最小值		35.4	30	8	1.0	4	3.3	.1
最大值		40.8	184	96	8.5	75	89.0	10.1
百分位数	25	37.800	48.00	18.00	3.250	37.00	6.500	1.900
	50	38.100	60.00	28.00	5.400	44.00	7.500	2.100
	75	38.500	88.00	36.00	6.500	52.00	58.000	3.900

（二）数据的可视化。针对数值属性：

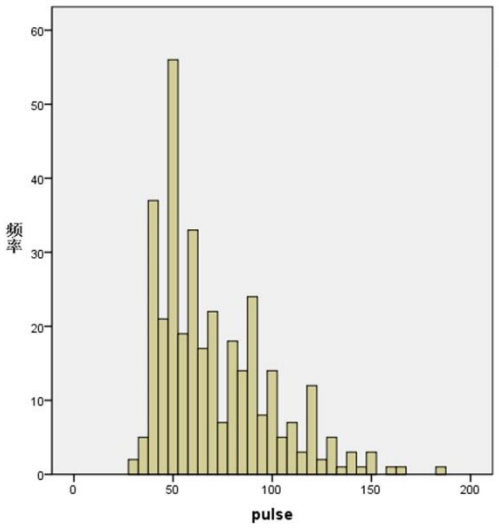
1、绘制直方图，用 qq 图检验其分布是否为正态分布。

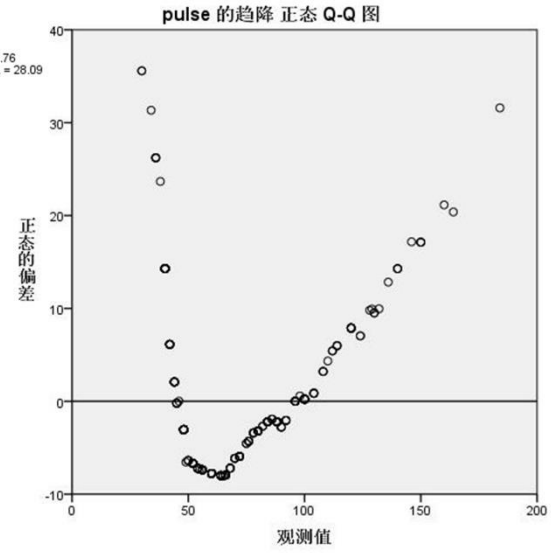
（1）rectal temperature 的直方图与验证 QQ 图



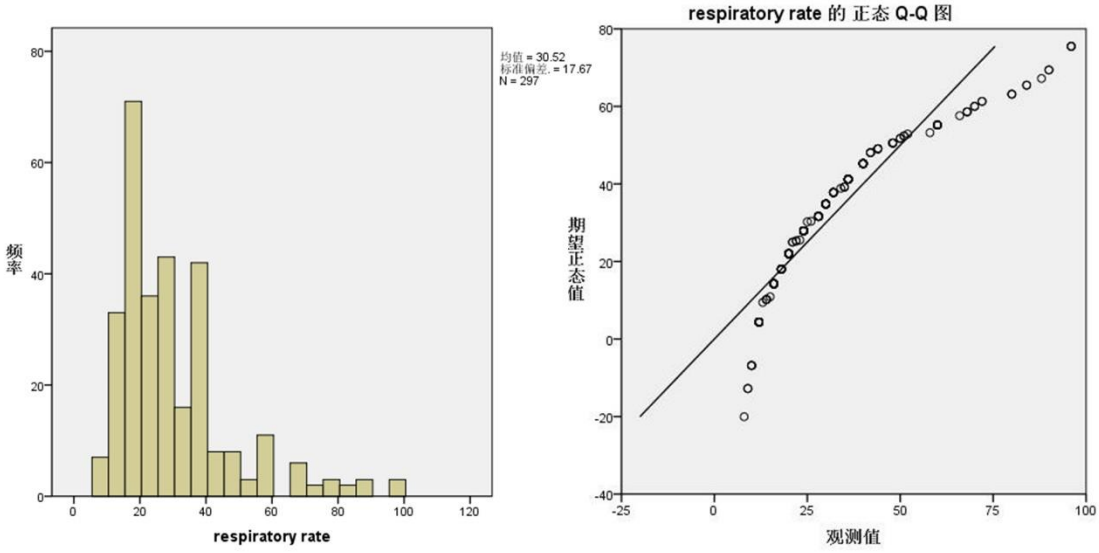


（2）pulse 的直方图与验证 QQ 图

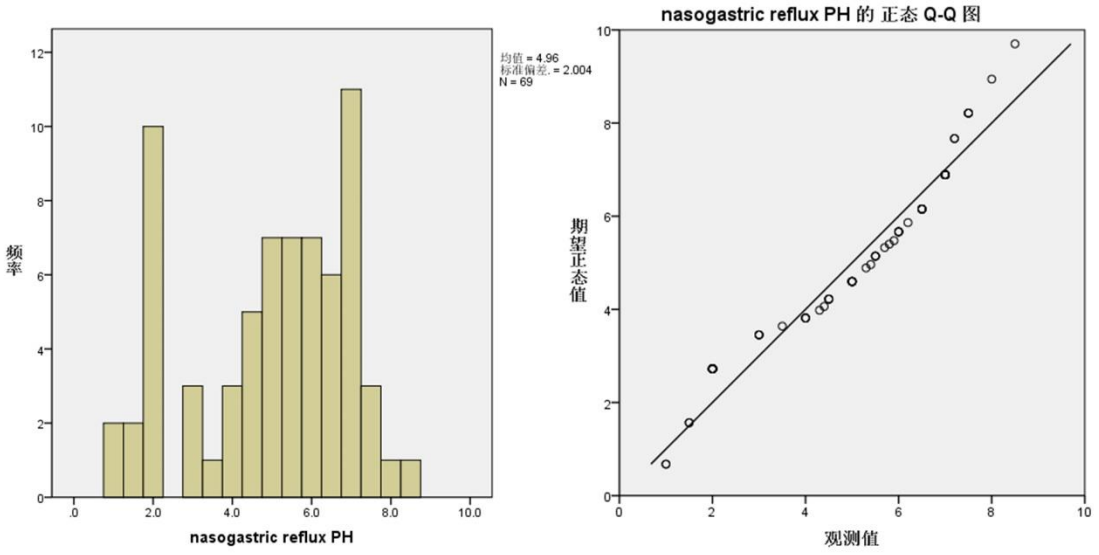




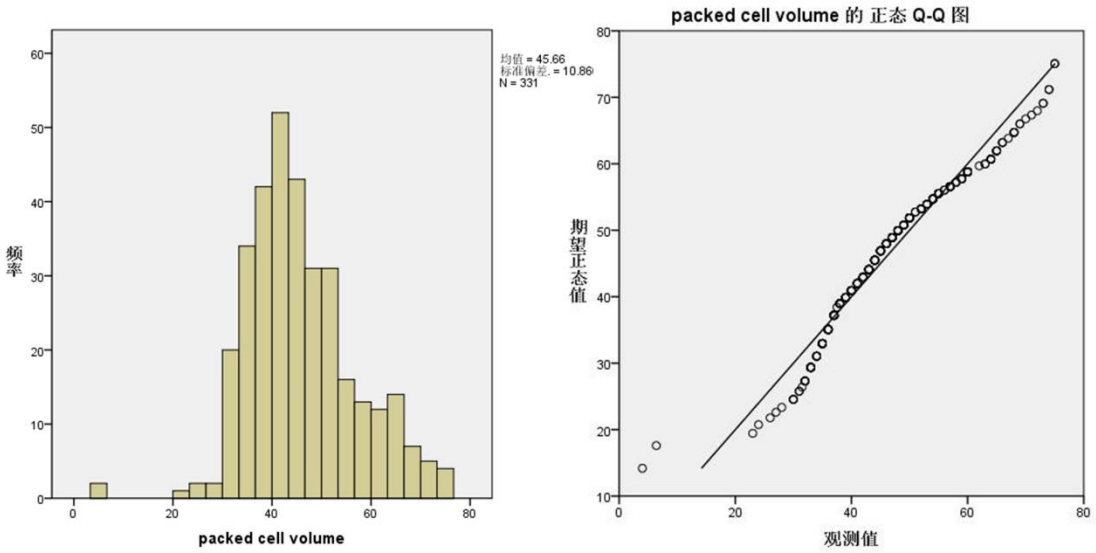
（3）respiratory rate 的直方图与验证 QQ 图



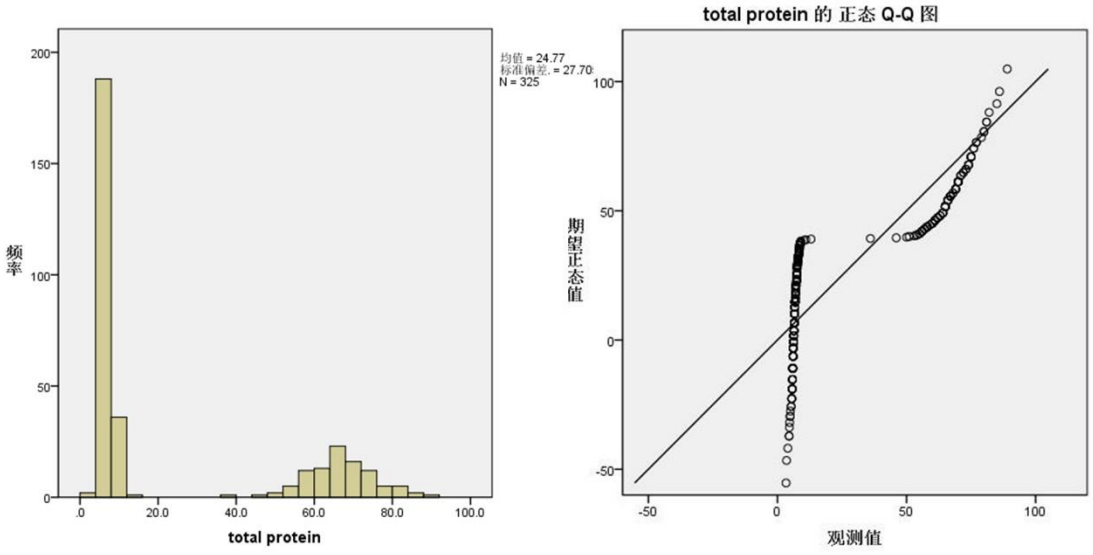
（4）nasogastric reflux PH 的直方图与验证 QQ 图



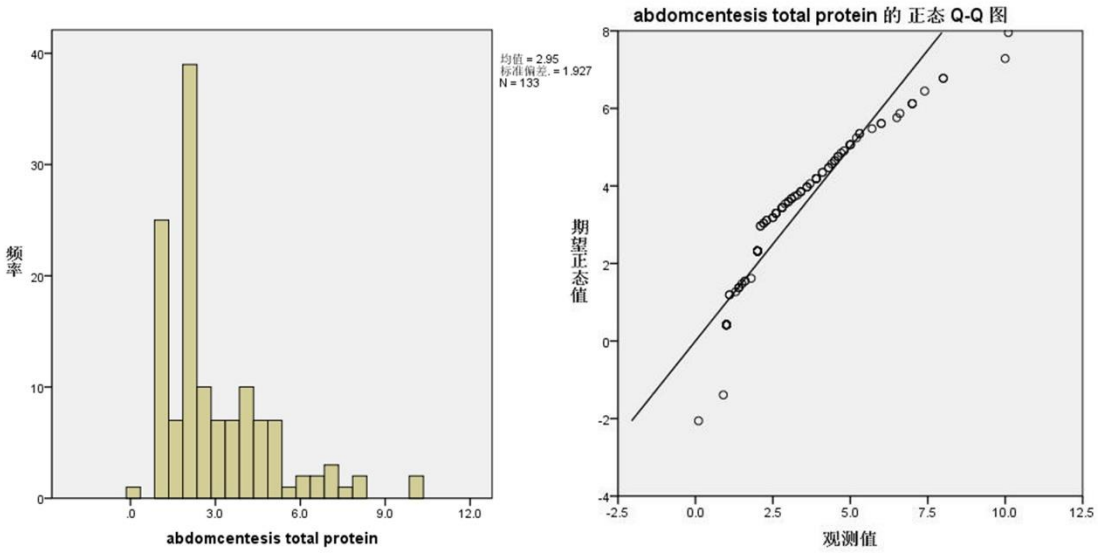
（5）packed cell volume 的直方图与验证 QQ 图



（6）total protein 的直方图与验证 QQ 图



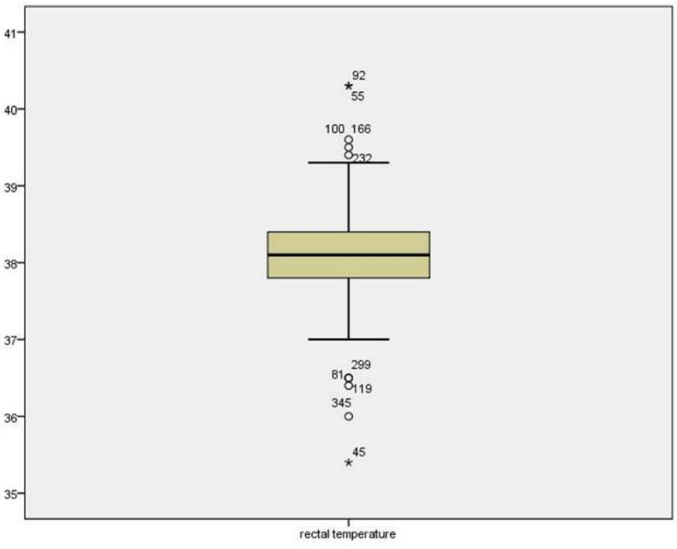
（7）abdomcentesis total protein 的直方图与验证 QQ 图



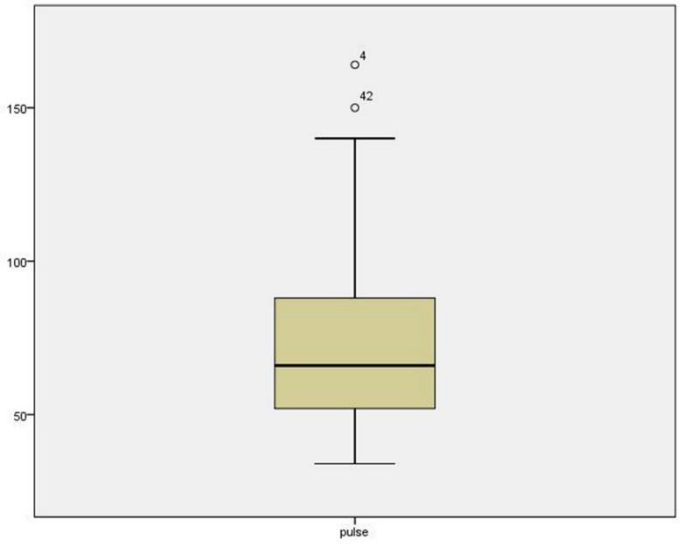
对比可知，数值属性的各个数据点分布服从正态分布。

2、绘制盒图，对离群值进行识别

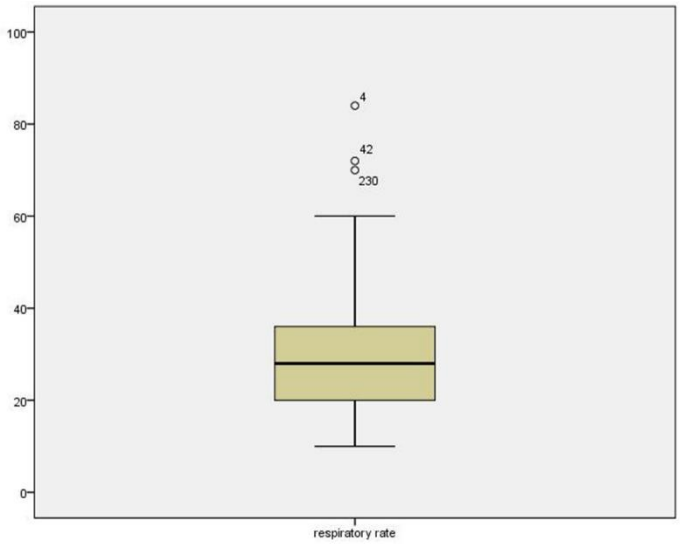
（1）rectal temperature 的盒图



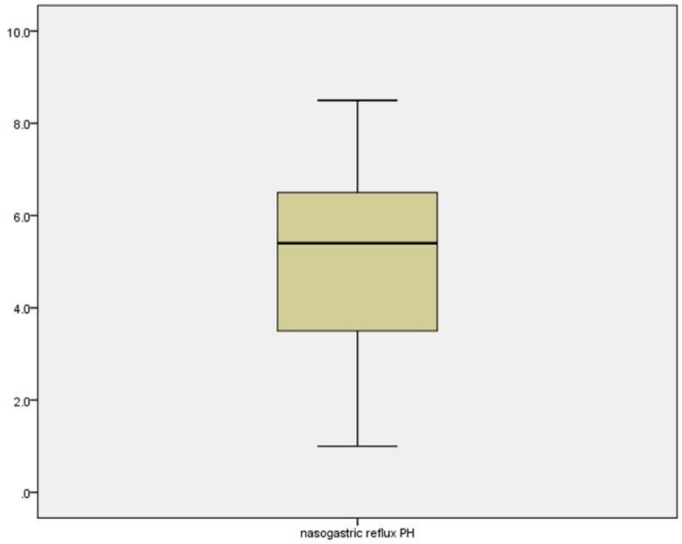
（2）pulse 的盒图



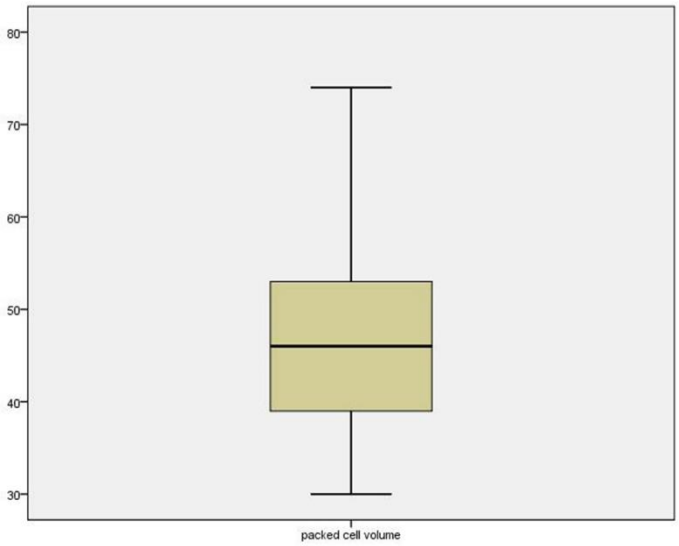
（3）respiratory rate 的盒图



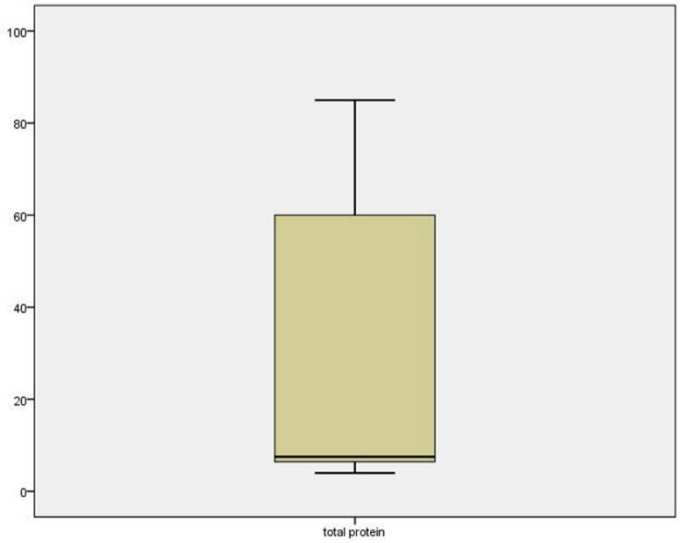
（4）nasogastric reflux PH 的盒图



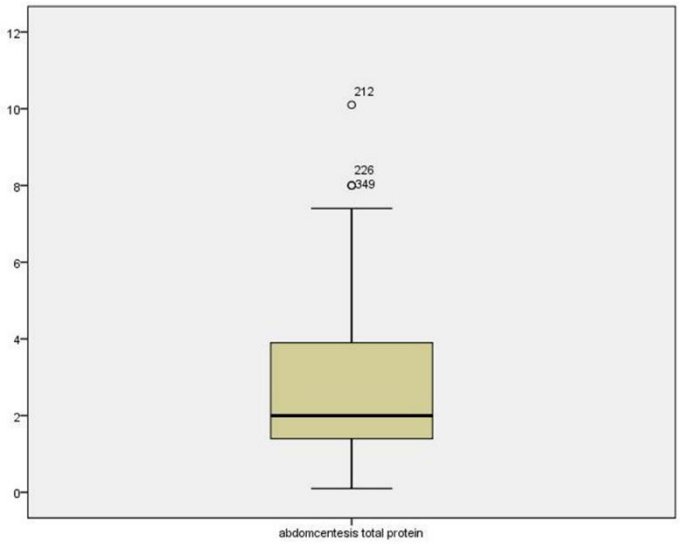
（5）packed cell volume 的盒图



（6）total protein 的盒图



（7）abdomcentesis total protein 的盒图



三、数据缺失的处理

数据集中有 30%的值是缺失的，因此需要先处理数据中的缺失值。分别使用下列四种策略对缺失值进行处理：

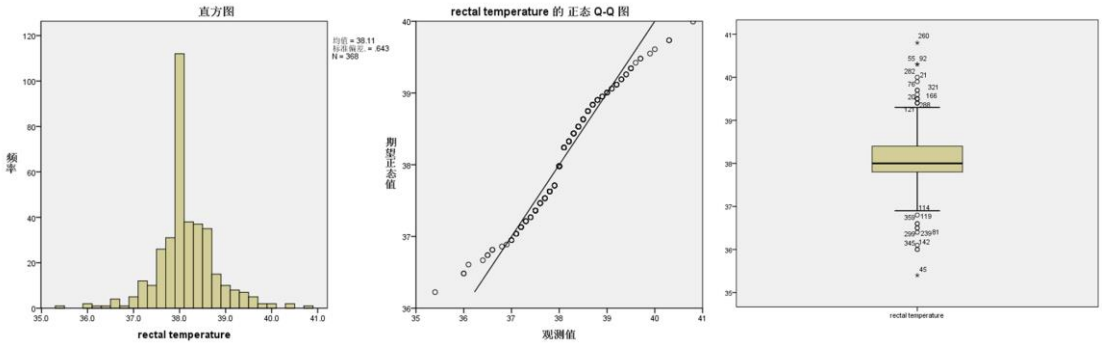
（一）将缺失部分剔除

去除掉所有样本 28 个属性中大于等于 10 个为 NaN 值的数据进行清除，共清除了 34 条（12.23%）数据。在使用 SPSS 工具绘制图形时，对空值的处理等价于直接剔除，结果与上一部分所绘图形一致，在此不再赘述。

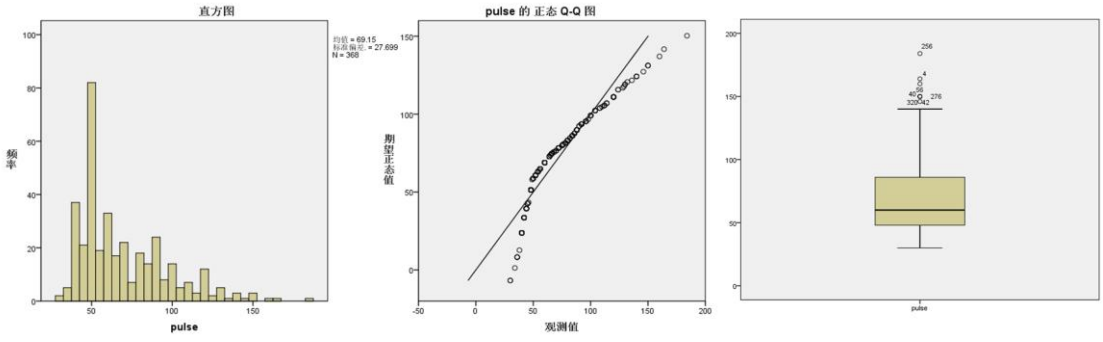
（二）用最高频率值来填补缺失值

这里的最高频率值，使用用最大频数的数据（标称属性）或者中位数（数值数据）来填补缺失值，结果如下：

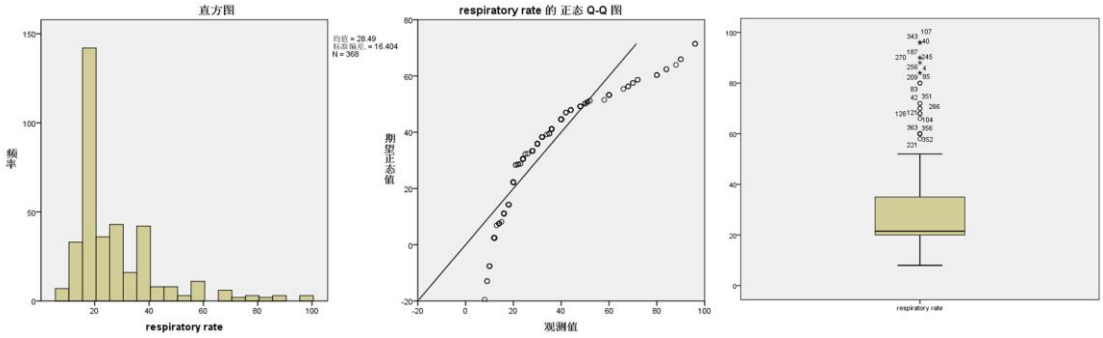
（1）rectal temperature 的直方图、验证 QQ 图与盒图



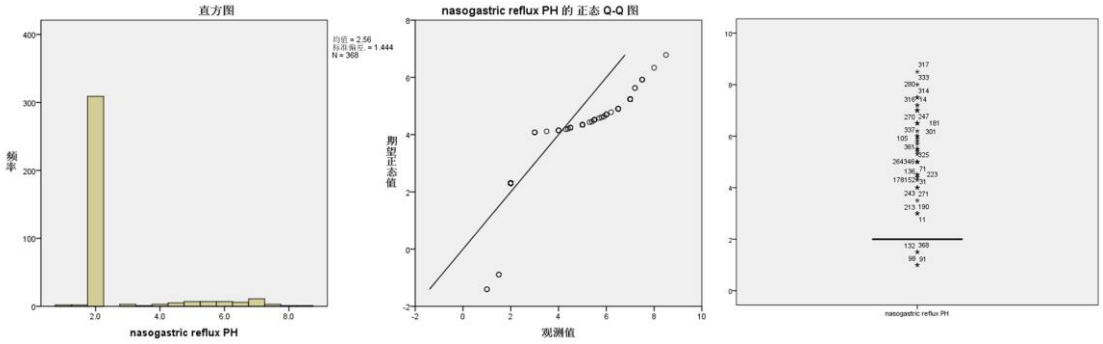
（2）pulse 的直方图、验证 QQ 图与盒图



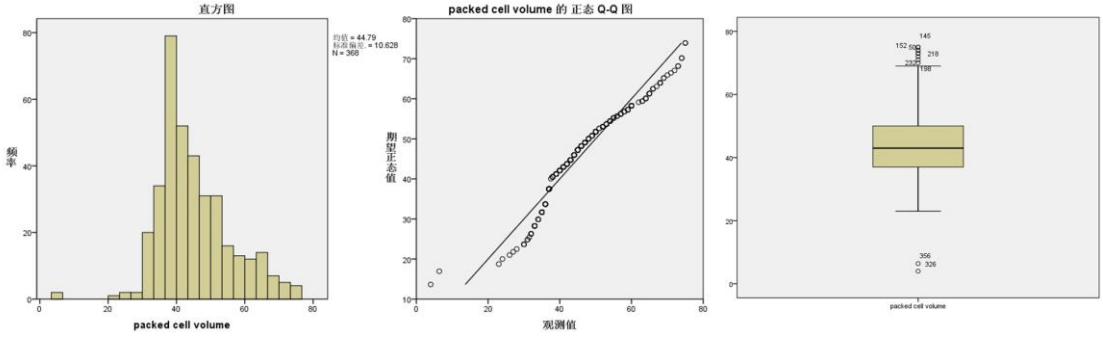
（3）respiratory rate 的直方图、验证 QQ 图与盒图



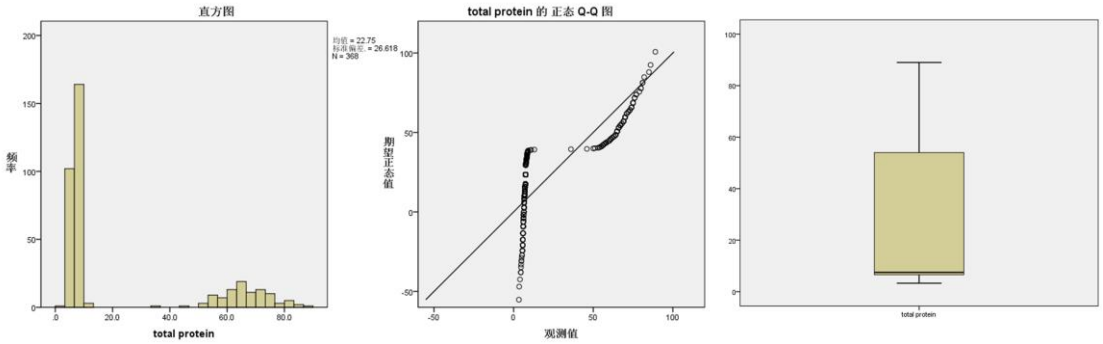
（4）nasogastric reflux PH 的直方图、验证 QQ 图与盒图



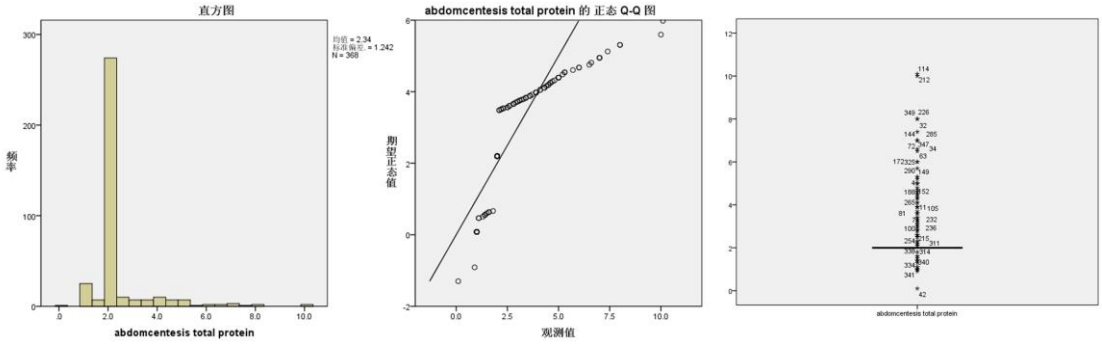
（5）packed cell volume 的直方图、验证 QQ 图与盒图



（6）total protein 的直方图、验证 QQ 图与盒图



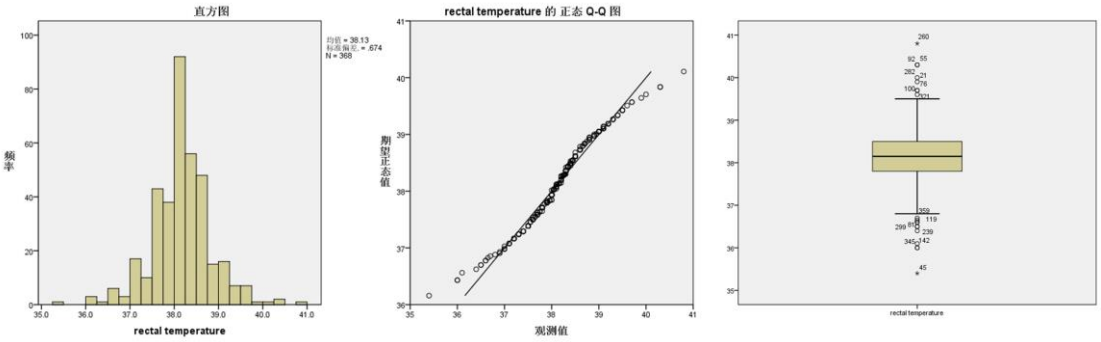
（7）abdomcentesis total protein 的直方图、验证 QQ 图与盒图



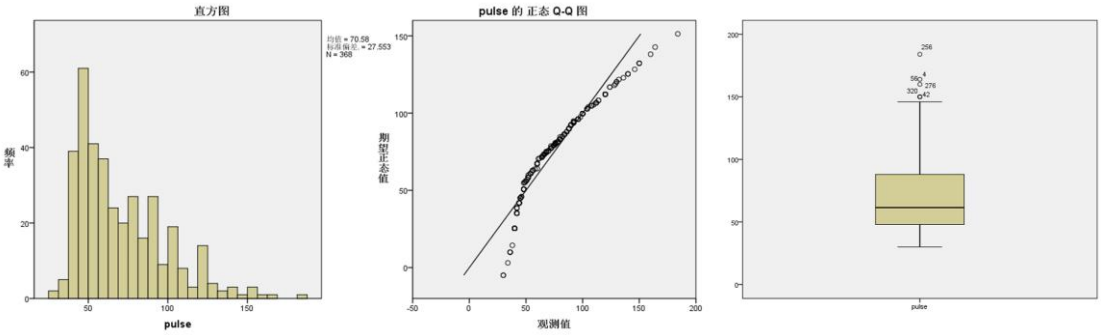
（三）通过属性的相关关系来填补缺失值

按照属性相关关系填补缺失值后，结果如下：

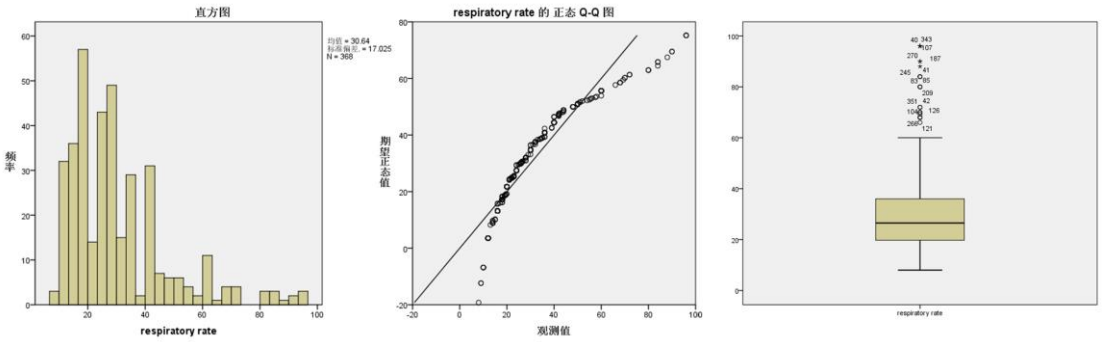
（1）rectal temperature 的直方图、验证 QQ 图与盒图



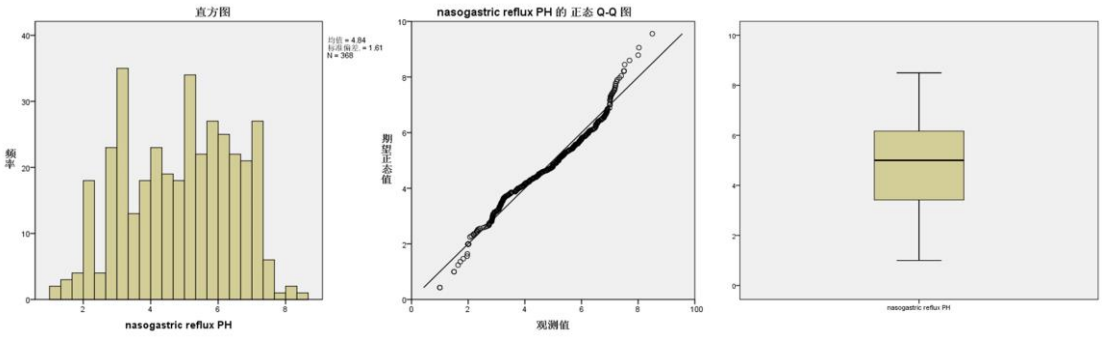
（2）pulse 的直方图、验证 QQ 图与盒图



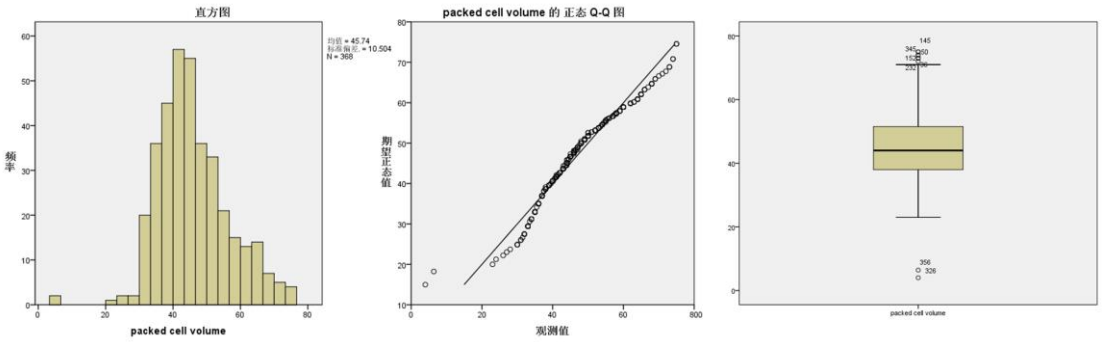
（3）respiratory rate 的直方图、验证 QQ 图与盒图



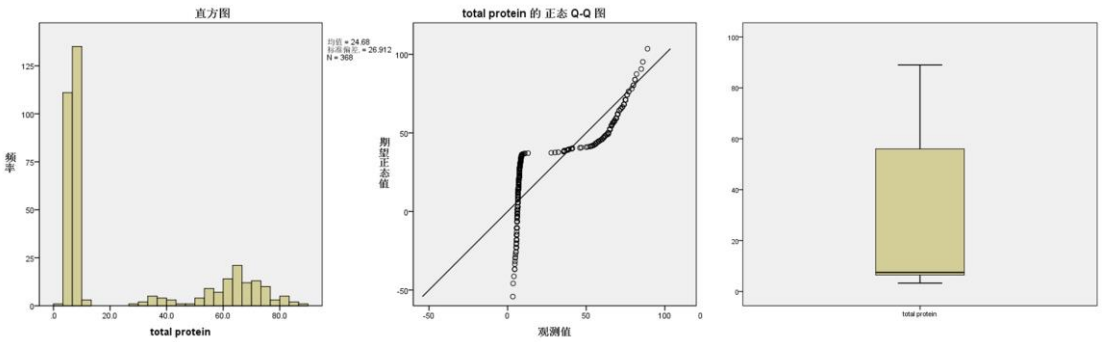
（4）nasogastric reflux PH 的直方图、验证 QQ 图与盒图



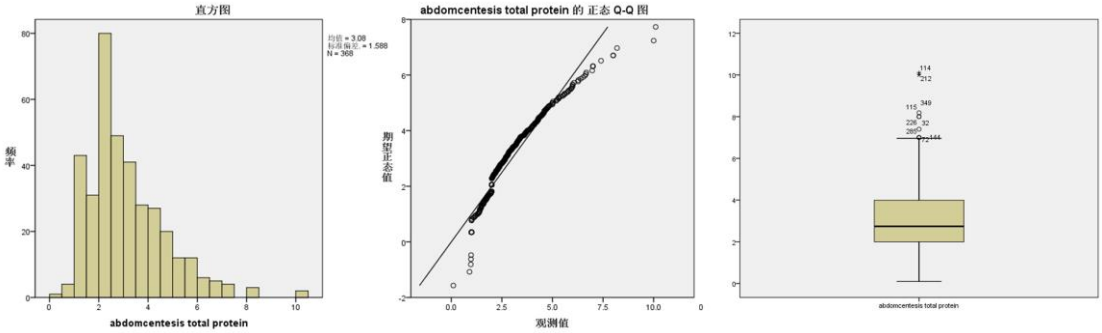
（5）packed cell volume 的直方图、验证 QQ 图与盒图



（6）total protein 的直方图、验证 QQ 图与盒图



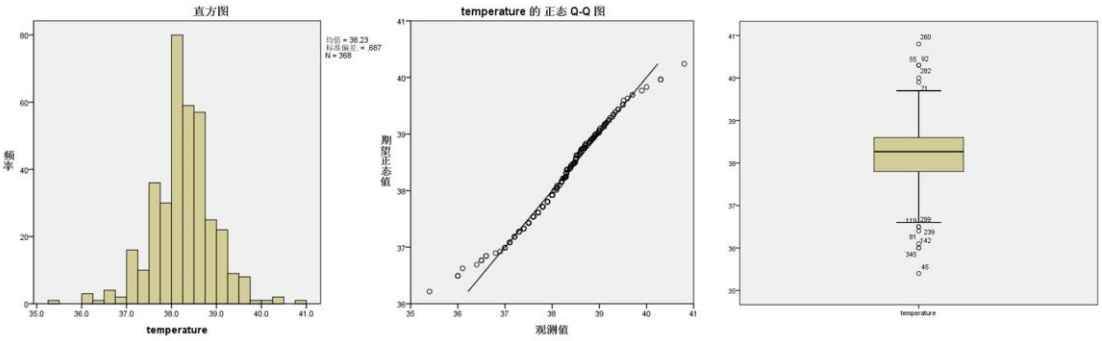
（7）abdomcentesis total protein 的直方图、验证 QQ 图与盒图



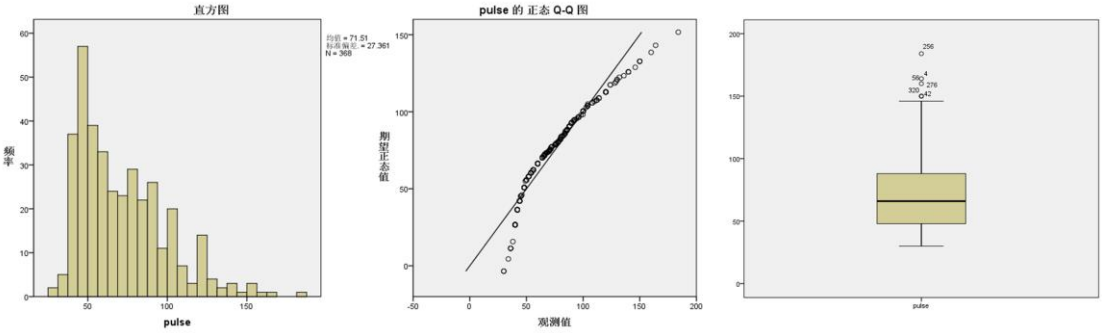
（四）通过数据对象之间的相似性来填补缺失值

数据对象之间的相似性我们采用了 K-means 聚类算法，将所有样本中这些属性都不为空的样本作为标准，计算要填充样本与他们的距离，寻找出最短的，将 NaN 补充。为了防止样本过于单一，我们每填充一个样本，就把它放到标准集中。

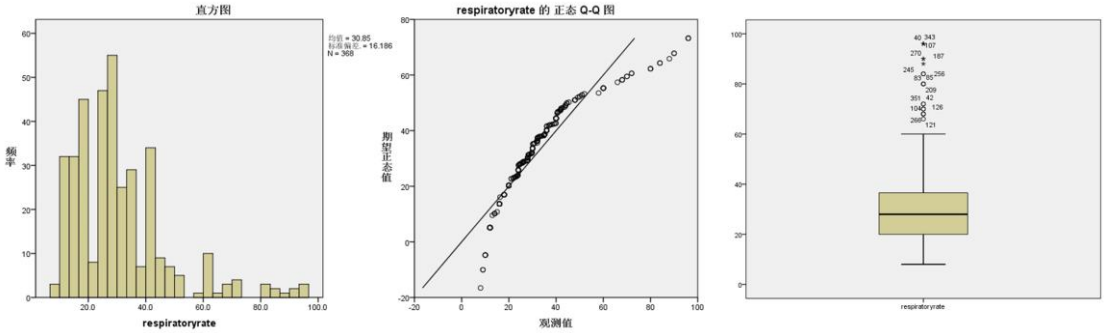
（1）rectal temperature 的直方图、验证 QQ 图与盒图



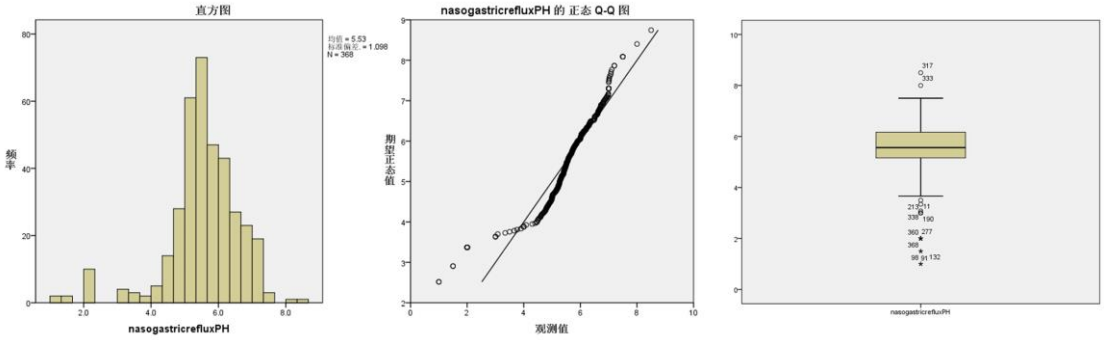
（2）pulse 的直方图、验证 QQ 图与盒图



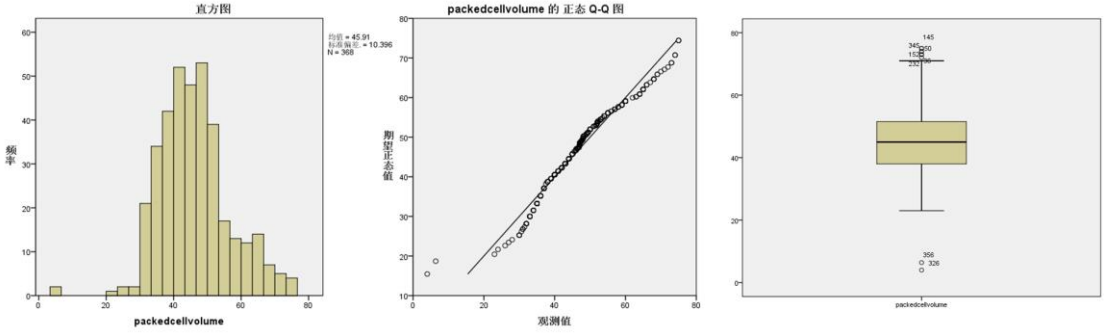
（3）respiratory rate 的直方图、验证 QQ 图与盒图



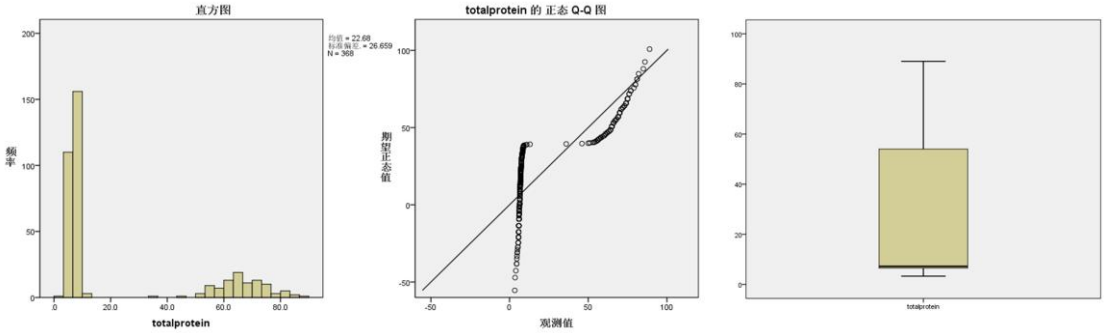
（4）nasogastric reflux PH 的直方图、验证 QQ 图与盒图



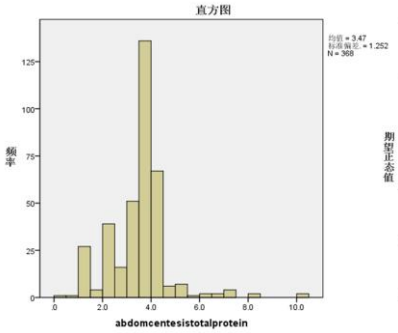
（5）packed cell volume 的直方图、验证 QQ 图与盒图

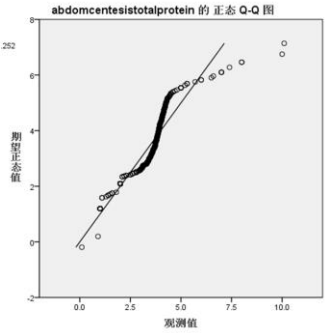


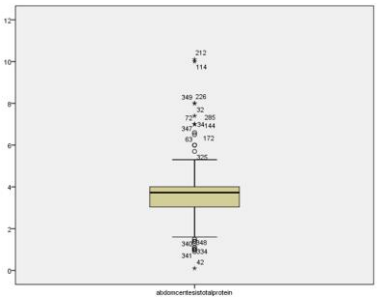
（6）total protein 的直方图、验证 QQ 图与盒图



（7）abdomcentesis total protein 的直方图、验证 QQ 图与盒图







处理后，通过可视化地对比新旧数据集，我们可以发现数据集得到了有效的补充，并且新数据集和旧数据集保持了很好的一致性。

分析程序

本作业中数据处理主要借助Python工具和R语言来进行。其中，数据摘要部分通过 Python 工具调用 Pandas 库来完成，数据可视化部分使用 SPSS（Statistical Product and Service Solutions）工具生成。在“数据缺失处理”部分“通过数据对象之间的相似性来填补缺失值”环节，使用 R 语言来解决，设计思路有两个：一是通过数据分析找出最相近个体，如果该个体中有样本缺失值，则用该个体数值填充；二是使用 K-means 聚类算法，采用距离作为相似性的评价指标，即认为两个对象的距离越近，其相似度就越大，簇是由距离靠近的对象组成的，因此把得到紧凑且独立的簇作为最终目标，找到相似个体后填充缺失值。在本作业中采用第二种算法来解决数据对象之间的相似性填充问题。

具体分析程序代码见同本作业一起提交的“数据挖掘第一次作业”文件夹内“分析程序”相关文档。

预处理后的数据

在本作业的分析报告中，已经尽可能多地给出了预处理后的数据，限于篇幅，一些预处理后的数据参见同本作业一起提交的“数据挖掘第一次作业”文件夹内“预处理后的数据”相关文档。

附录一：作业题目

马的疝病分析

一、问题描述

疝病是描述马胃肠痛的术语，这种病不一定源自马的胃肠问题，其他问题也可能引发马疝病，所给数据集是医院检测的一些指标。

二、数据说明

共 368 个样本，27 个特征。关于特征的详细说明见下载链接。原始数据集及说明见同本作业一起提交的“数据挖掘第一次作业”文件夹内“数据集及特征说明”相关文档。

三、数据分析要求

（一）数据可视化和摘要

1、数据摘要

- 对标称属性，给出每个可能取值的频数；
- 数值属性，给出最大、最小、均值、中位数、四分位数及缺失值的个数。

2、数据的可视化

针对数值属性：

- 绘制直方图，如 mxPH，用 qq 图检验其分布是否为正态分布。
- 绘制盒图，对离群值进行识别

（二）数据缺失的处理

数据集中有 30%的值是缺失的，因此需要先处理数据中的缺失值。分别使用下列四种策略对缺失值进行处理：

- 将缺失部分剔除
- 用最高频率值来填补缺失值
- 通过属性的相关关系来填补缺失值
- 通过数据对象之间的相似性来填补缺失值

处理后，可视化地对比新旧数据集。

四、提交内容

- 分析过程的报告
- 分析程序
- 预处理后的数据集

附录二：作业提交要求

一、作业提交截止时间：2017 年 4 月 17 日前。

二、作业提交的形式及要求：

作业应独立完成，并将相关的文档及代码放入个人的 Github 仓库中；完成后将 Github 仓库地址发送到 18010192975@163.com。

三、作业互评：

在课堂上将随机抽取 3-5 人进行课堂展示，其余的同学将在课后进行互评，每人至少需要评价 3 份作业。