Inteligência **Artificial**

Instrutores

Ph.D. Professor Aluisio Igor Rego Fontes







```
import pandas as pd
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
import seaborn as sns
from sklearn.preprocessing import StandardScaler
from sklearn.decomposition import PCA
```

Importando PCA, e StandartScaler que escala os dados de forma que a PCA entenda.

```
from sklearn.datasets import load_breast_cancer
cancer = load_breast_cancer()
```

load_breast_cancer é uma função do scikit-learn que importa um *Dataset* relacionado a diagnósticos de câncer de mama, nele além de informações sobre os nódulos existe a classificação entre maligno e benigno.



```
print(cancer['data'])
                                                                    Está em formato de numpy array
[[1.799e+01 1.038e+01 1.228e+02 ... 2.654e-01 4.601e-01 1.189e-01]
 [2.057e+01 1.777e+01 1.329e+02 ... 1.860e-01 2.750e-01 8.902e-02]
 [1.969e+01 2.125e+01 1.300e+02 ... 2.430e-01 3.613e-01 8.758e-02]
 [1.660e+01 2.808e+01 1.083e+02 ... 1.418e-01 2.218e-01 7.820e-02]
 [2.060e+01 2.933e+01 1.401e+02 ... 2.650e-01 4.087e-01 1.240e-01]
 [7.760e+00 2.454e+01 4.792e+01 ... 0.000e+00 2.871e-01 7.039e-02]]
print(cancer['target_names'])
                                                                  Mas já se pode notar as
['malignant' 'benign']
                                                                  classificações e colunas
print(cancer['feature_names'])
['mean radius' 'mean texture' 'mean perimeter' 'mean area'
 'mean smoothness' 'mean compactness' 'mean concavity'
 'mean concave points' 'mean symmetry' 'mean fractal dimension'
 'radius error' 'texture error' 'perimeter error' 'area error'
 'smoothness error' 'compactness error' 'concavity error'
 'concave points error' 'symmetry error' 'fractal dimension error'
 'worst radius' 'worst texture' 'worst perimeter' 'worst area'
 'worst smoothness' 'worst compactness' 'worst concavity'
 'worst concave points' 'worst symmetry' 'worst fractal dimension']
```

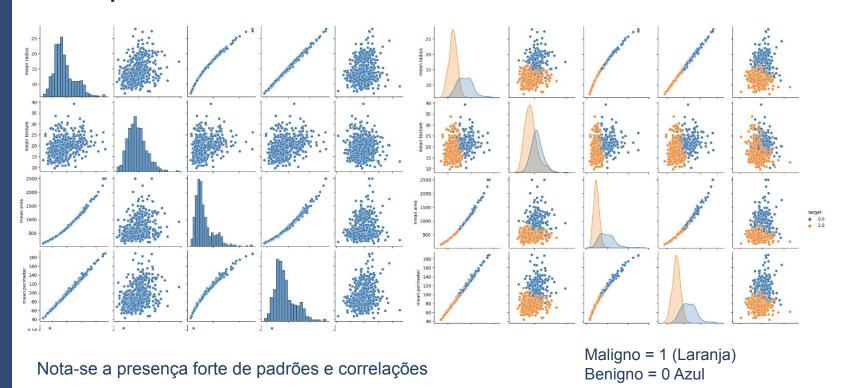


```
df_cancer = pd.DataFrame(np.c_[cancer['data'], cancer['target']], columns =
np.append(cancer['feature_names'], ['target']))
```

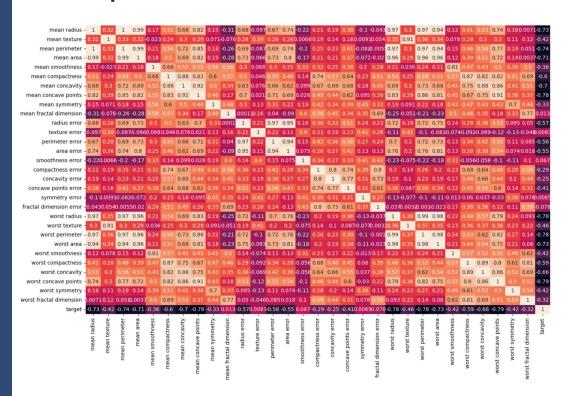
E assim se transforma em dataframe

```
df_cancer.shape
(569, 31)
df_cancer.head()
    radius texture perimeter
                                  area smoothness compactness concavity
     17.99
                10.38
                          122.80 1001.0
                                              0.11840
                                                            0.27760
                                                                        0.3001
                                                                                 0.14710
                                                                                             0.2419
                                                                                                        0.07871
      20.57
               17.77
                          132.90 1326.0
                                              0.08474
                                                            0.07864
                                                                                 0.07017
                                                                                             0.1812
                                                                                                        0.05667
               21.25
      19.69
                          130.00 1203.0
                                             0.10960
                                                            0.15990
                                                                        0.1974
                                                                                0.12790
                                                                                             0.2069
                                                                                                        0.05999
      11.42
               20.38
                           77.58 386.1
                                             0.14250
                                                            0.28390
                                                                                0.10520
                                                                                             0.2597
                                                                                                        0.09744
     20.29
               14.34
                          135.10 1297.0
                                                            0.13280
                                                                        0.1980 0.10430
                                             0.10030
                                                                                             0.1809
                                                                                                        0.05883
5 rows x 31 columns
```









Plotando o HeatMap nota-se ainda mais a presença de padrões, então vamos explorar a possibilidade de reduzir essas 31 dimensões utilizando PCA para fazer uma classificação.

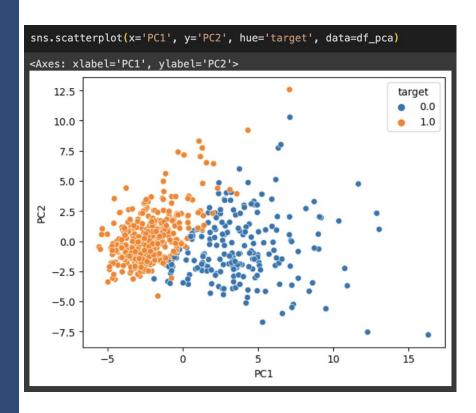


Aplicar PCA

```
X = df cancer.drop('target', axis=1)
y = df cancer['target']
scaler = StandardScaler()
X scaled = scaler.fit transform(X)
pca = PCA(n components=2)
X pca = pca.fit transform(X scaled)
df pca = pd.DataFrame(data=X pca, columns=['PC1', 'PC2'])
df pca['target'] = y
```



Resultado



De 31 colunas reduziu-se para 2 e agora pode-se obser dois clusters bem definidos.



Atividade

Faça a redução de dimensionalidade do dataset sobre o preço das casas na cidade de Melbourne - Austrália.

PCA é muito utilizado em problemas financeiros como o deste dataset, que possui muitas tabelas correlacionadas



Inteligência Artificial Slide 11