

sklearn中的数据预处理

② Reading time ~4 minutes

1.介绍

klearn.preprocessing提供了各种公共函数,来将raw feature vetor转换成另外一种更适合评估器工作的格式。

2.标准化(Standardization)、平均移除法(mean removal)和方差归一化(variance scaling)

数据集的标准化,在scikit中,对于众多机器学习评估器来说是必须的;如果各独立特征不进行标准化,结果标准正态分布数据差距很大:比如使用均值为0、方差为1的高斯分布.

实际上,我们经常忽略分布的形状,只是简单地通过移除每个feature的均值,将数据转换成中间值,接着通过分割非常数项的feature进行归一化。

例如,在机器学习的目标函数(objective function),比如SVM中的RBF或者线性模型中的L1和L2正则项,其中使用的元素,前提是所有的feature都是以0为中心,且方差的阶(order)都一致。如果一个feature的方差,比其它feature的阶(order)都大,那么它将在目标函数中占支配地位,从而使得estimator从其它feature上学习不到任何东西。

scale函数提供了一个快速而简单的方式:

第1页 共12页 2017/10/24 下午1:49

```
>>> X_scaled
array([[ 0. ..., -1.22..., 1.33...],
        [ 1.22..., 0. ..., -0.26...],
        [-1.22..., 1.22..., -1.06...]])
```

我们可以看到,归一化后的数据,均值为0,方差为1:

```
>>> X_scaled.mean(axis=0)
array([ 0.,  0.,  0.])

>>> X_scaled.std(axis=0)
array([ 1.,  1.,  1.])
```

preprocessing模块提供了另一个工具类:StandardScaler,它实现了Transformer API,来计算在一个训练集上的平均值和标准差(standard deviation),同样需要在测试集上使用相同的转换。该类也可以应用在sklearn.pipeline.Pipeline上。

scaler实例,可以用在新数据上,并可以以相同的方式在训练集上转换:

```
>>> scaler.transform([[-1., 1., 0.]])
array([[-2.44..., 1.22..., -0.26...]])
```

第2页 共12页 2017/10/24 下午1:49

通过在StandardScaler的构造函数中设置with_mean=False 或者 with_std=False ,可以禁止均值中心化(centering)和归一化(scaling)。

2.1 将feature归一化到一个范围内

另一种标准化方式是,将feature归一化到给定的最大、最小值范围内,比如:[0,1]之间,这样,每个feature的最大绝对值为1.可以使用:MinMaxScaler或者MaxAbsScaler。

使用归一化的动机是,阻止sparse中的0元素,让含有小标准差的feature变得更健壮.

下例:归一化至[0,1]

可以通过查看scaler的属性,来看下训练集上的转换是否合理.

如果MinMaxScaler给出了显式的范围:feature_range=(min, max)。那么对应完整的公式为:

第3页 共12页 2017/10/24 下午1:49

```
X_std = (X - X.min(axis=0)) / (X.max(axis=0) - X.min(axis=0))

X_scaled = X_std / (max - min) + min
```

MaxAbsScaler以相类似的方式运作,它的归一化会介于[-1, 1]之间,通过在每个feature上分隔最大值来实现。这意味着数据已经是以0为中心的,或者是稀疏数据。

这里我们使用一个示例数据:

```
>>> X_train = np.array([[ 1., -1., 2.],
         [ 2., 0., 0.],
             [ 0., 1., -1.]])
>>> max_abs_scaler = preprocessing.MaxAbsScaler()
>>> X train maxabs = max abs scaler.fit transform(X train)
>>> X train maxabs
                         # doctest +NORMALIZE WHITESPACE^
array([[ 0.5, -1. , 1. ],
   [1., 0., 0.],
    [0., 1., -0.5]
>>> X_test = np.array([[ -3., -1., 4.]])
>>> X_test_maxabs = max_abs_scaler.transform(X_test)
>>> X_test_maxabs
array([[-1.5, -1., 2.]])
>>> max_abs_scaler.scale_
array([ 2., 1., 2.])
```

如果你不想创造对象, scale模块提供了另外的函数: minmax_scale 和 maxabs_scale。

2.2 归一化sparse矩阵

如果对sparse数据进行中心化,会摧毁数据的稀疏性,十分敏感。我们可以对sparse数据进行特殊的归一化,尤其各种feature以不同的归一化方式进行。

MaxAbsScaler 和 maxabs_scale 是专门处理稀疏数据的,强烈推荐这种方式。然而,scale 和 StandardScaler 可以接受scipy.sparse的metrics作为输入,只要在构造函数中显示传入 with_centering=False。否则会抛出ValueError,打破sparsity,并且在执行时由于分配大量 内存而经常crash。 RobustScaler 不能对稀疏数据进行fit,但是你可以在稀疏数据输入上使用transform方法。

第4页 共12页 2017/10/24 下午1:49

注意:scaler接受压缩式稀疏数据行(Compressed Sparse Rows),以及压缩式稀疏数据列(Compressed Sparse Columns),分别参见:scipy.sparse.csr_matrix 和 scipy.sparse.csc_matrix。其它稀疏输入可以转换成CSR表示。为了避免不必要的内存拷贝,推荐你使用CSR或者CSC表示法。

最后,如果该中心化后的数据如预期般足够小,可以通过sparse matricses的toarray方法转成一个数组。

2.3 归一化异常数据

如果你的数据包含许多异常项(outliers),使用均值和方差的效果不会很好。在这种情况下,我们可以使用robust_scale 和 RobustScaler作为替代。它可以在你给定的中心或者范围内给出健壮的估计。

Scaling vs Whitening

对于独自进行中心化和归一化来说有时并不够好。因为下游的模型可能会基于feature的线性独立性做出一些假设。

你可以使用 sklearn.decomposition.PCA 或 sklearn.decomposition.RandomizedPCA,并设置whiten=True以便移除feature之间的线性相关性。

2.4 kernel matrics的中心化

如果你有一个kernel为K的kernel矩阵,通过定义函数phi计算在特征空间内的内积(点乘),KernelCenterer可以对kernel矩阵进行转换,以便它在移除空间的均值后,能包含通过phi函数定义的特征空间的内积。

3.正态分布化(Normalization)

Normalization用来将各个样本归一化为norm为1的正态分布。如果你要使用二项式形式 (比如点乘、或者其它kernel来确定样本相似性)

该假设是向量空间模型(VSM)的基础,经常用于文本分类和内容聚类。

第5页 共12页 2017/10/24 下午1:49

函数 normalize 提供了一个简单的方法来操作类似数组的数据集,使用I1或I2范式:

```
>>> X = [[ 1., -1., 2.],
... [ 2., 0., 0.],
... [ 0., 1., -1.]]
>>> X_normalized = preprocessing.normalize(X, norm='l2')

>>> X_normalized
array([[ 0.40..., -0.40..., 0.81...],
        [ 1. ..., 0. ..., 0. ...],
        [ 0. ..., 0.70..., -0.70...]])
```

preprocessing模块提供了一个工具类: Normalizer。

```
>>> normalizer = preprocessing.Normalizer().fit(X) # fit does nothing
>>> normalizer
Normalizer(copy=True, norm='|2')
```

normalizer实例可以作为转换器被用在样本向量上:

对于稀疏矩阵输入来说:

normalize和 Normalizer同时接受dense array、或者scipy.sparse输入。

对于sparse来说,数据被转换成CSR形式(scipy.sparse.csr_matrix)。

4.二值化(Binarization)

第6页 共12页 2017/10/24 下午1:49

Feature二值化可以将数值形(numerical)的feature进行阀值化得到boolean型数据。这对于下游的概率估计来说可能很有用(比如:数据分布为Bernoulli分布时)。例如,sklearn.neural_network.BernoulliRBM的case也是。

在文本处理社区中,使用二值feature也很常用(可以简化概率模型),如果归一化的count(比如:词频TF)或者TF-IDF值feature经常很有用。

对于 Normalizer来说,工具类 Binarizer可以在sklearn.pipeline.Pipeline的早期使用。

我们有可能调整binarizer的threshold:

对于StandardScaler或 Normalizer来说, preprocessing模块提供了另一个函数binarize。

5.将类别特征进行编码

经常,有些特征并不是连续的,可能是类别化的。比如:

● 性别:["male", "female"]

第7页 共12页 2017/10/24 下午1:49

- 国家:["from Europe", "from US", "from Asia"]
- 使用的浏览器:["uses Firefox", "uses Chrome", "uses Safari", "uses Internet Explorer"]

这样的feature可以用整型表示,例如:

- ["male", "from US", "uses Internet Explorer"]表示为:[0, 1, 3]
- ["female", "from Asia", "uses Chrome"]表示为:[1, 2, 1]
- 一些整型表示可以被直接用在sklearn的评估器上,当成连续输入,或者解释成类别。

将类别feature转换成sklearn评估器可用的feature的一种方式为:使用one-of-K,或者one-hot编码,它可以用 OneHotEncoder来实现。该评估器将m个可能的feature类别值转换成m个二元feature。

例如:

缺省的,每个feature可以取多少值可以从数据集中自动判断。通过使用n_values参数可以显示指定。在我们的数据集中有两个性别(gender),三个可能的大洲(continents),还有4种浏览器(web browser)。我们去拟合该estimator,并进行数据转换。在结果中,头两个数表示性别的编码,接下去的3个数表示大洲的编码,最后4个则用于浏览器。

详见字典载入feature

6.补充缺失值

出于其他原因,现实世界中,有许多数据集中包含着缺失值(missing values),经常编码成空格,NaN或者其它占位符。这样的数据集对于sklearn来说是不兼容的,它认为的输入数据必须是全是数值型的。一个基本策略是,使用不完整的数据(抛弃掉那些带缺失值的行)。然而,缺失的数据中也有可能含有有价值的信息(尽管不完整)。另一个更好地策略是,插

第8页 共12页 2017/10/24 下午1:49

入缺失值,比如:从已经数据中去模拟它们。

Imputer类提供了基本策略来补充缺失值,或者使用均值、中值、或者行中最常用的值、或者缺失值所在列中最常用的值。该类提供了不同的缺失值补充策略。

下面的代码段演示了如何使用np.nan替换缺失值,使用了包含了缺失值的列(axis 0)的均值:

Imputer类提支持稀疏策略:

注意,缺失值用0编码,并被显式地存于矩阵中。如果缺失值的数目比观测值还要多时,这种格式很合适。

Imputer可以用在Pipeline上,来构建一个支持插值(imputation)的组合estimator。详见 Imputing missing values before building an estimator

7.生成多项式特征(polynomial features)

第9页 共12页 2017/10/24 下午1:49

通常,由于考虑到输入数据的非线性feature的存在,你的模型变复杂。一个简单的方法是,使用多项式feature,它可以给出feature的高阶表示以及交叉项(interaction terms)。通过PolynomialFeatures实现:

X的feature可以通过(X1, X2) 转换成

在一些情况下,只有feature间的交叉项是必须的(忽略高阶项),可以通过 interaction_only=True来实现:

```
>>> X = np.arange(9).reshape(3, 3)
>>> X
array([[0, 1, 2],
       [3, 4, 5],
       [6, 7, 8]])
>>> poly = PolynomialFeatures(degree=3, interaction_only=True)
>>> poly.fit_transform(X)
array([[ 1.,  0.,  1.,  2.,  0.,  0.,  2.,  0.],
       [ 1.,  3.,  4.,  5.,  12.,  15.,  20.,  60.],
       [ 1.,  6.,  7.,  8.,  42.,  48.,  56.,  336.]])
```

X的feature可以从(X1,X2,X3)转换成

注意:多项式feature只能显示地用在核方法(比如: sklearn.svm.SVC, sklearn.decomposition.KernelPCA)上的多项式核函数(polynomial Kernel functions)上。

第10页 共12页 2017/10/24 下午1:49

Ridge regression的多项式内插 (Polynomial interpolation) 用它来创建多项式feature。

8.定制转换器

通常,你需要将一个存在的python函数转换成一个transformer来进行数据清洗和处理。你可以使用一个专用函数来实现一个转换器:FunctionTransformer。例如,我们可以在一个pipeline上使用一个log函数来进行转换:

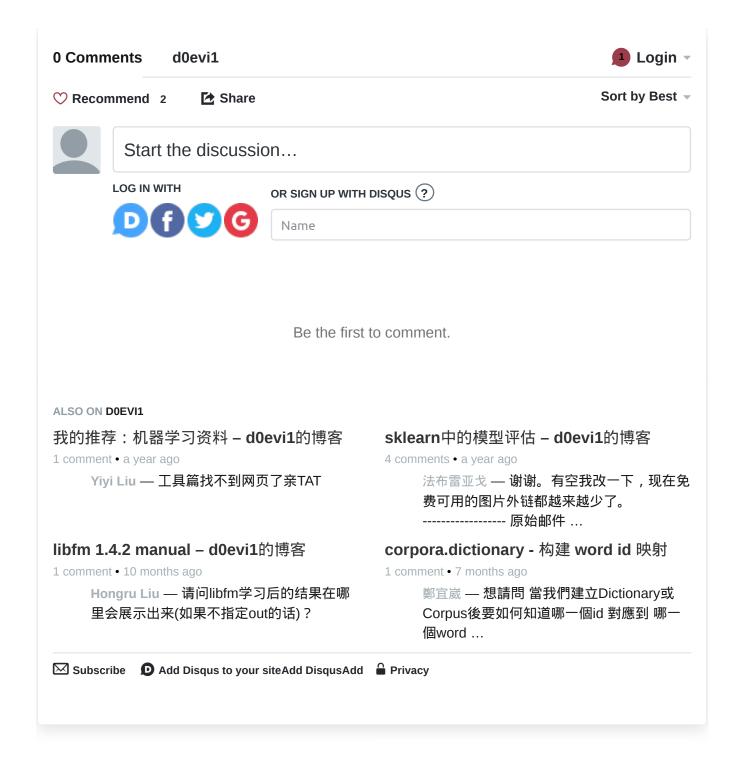
详见原文.

参考:

1.http://scikit-learn.org/stable/modules/preprocessing.html#preprocessing

¶LIKE ☑TWEET ☑+1

第11页 共12页 2017/10/24 下午1:49



© 2017 d0evi1. Powered by Jekyll using the HPSTR Theme.

第12页 共12页 2017/10/24 下午1:49