UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO NORTE INSTITUTO METROPOLE DIGITAL

IMD1101 - Aprendizado de Máquina — 2024.2 Aula05 — Pré-processamento e Amostragem

Visando exercitar os conceitos aprendidos nas aulas de limpeza, transformação de dados e Redução de casos (amostragem), escolha uma base de dados que possua atributos numéricos (int ou float) e discretos (object) no repositório abaixo (https://www.dropbox.com/sh/f6i1fj8qpjpud9c/AABMYB-Yfc7jTOZHB_qHPdGBa?dl=0):

CSV ®	JJ	AC PA S
② Recentes 🏠 Favoritos		
Nome ↑		Quem pode acessar
Abalone.csv	$\stackrel{\wedge}{\Box}$	2 membros
Adult.csv	☆	2 membros
Arrhythmia.csv	☆	2 membros
Breast_cancer.csv	☆	2 membros
■ Car.csv	☆	2 membros
Credit.csv	$\stackrel{\wedge}{\sim}$	2 membros
Dermatology.csv	$\stackrel{\wedge}{\sim}$	2 membros
Diabetes.csv	☆	2 membros
Ecoli.csv	☆	2 membros

Figura 1. Repositório contendo bases de dados em CSV.

De posse da base, utilizando Python (Pandas) imprima as características da mesma (número de instâncias e atributos), conforme Figura 2.

```
    Mostre as caracterísiticas dos atributos;

                                                    2. Mostre a média dos atributos (excluindo o atributos classe);
<class 'pandas.core.frame.DataFrame'>
                                                    Clump Thickness
                                                                            4.417740
RangeIndex: 699 entries, 0 to 698
                                                    Cell_Size_Uniformity
                                                                            3.134478
Data columns (total 10 columns):
                                                    Cell_Shape_Uniformity
                                                                            3,207439
                           Non-Null Count Dtype
# Column
                                                    Marginal_Adhesion
                                                                            2.806867
                           _____
                                                    Single Epi Cell Size
                                                                            3.216023
0 Clump Thickness
                           699 non-null
                                           int64
                                                    Bland Chromatin
                                                                            3.437768
    Cell Size Uniformity
                          699 non-null
                                           int64
                                                    Normal Nucleoli
                                                                            2.866953
    Cell_Shape_Uniformity 699 non-null
                                           int64
                                                    Mitoses
                                                                            1.589413
    Marginal_Adhesion
                           699 non-null
                                           int64
                                                    dtype: float64
    Single Epi Cell Size
                           699 non-null
                                           int64
                                                    3. Mostre a mediana dos atributos (excluindo o atributos classe);
     Bare Nuclei
                           699 non-null
                                           object
                                                    Clump_Thickness
                                                                            4.0
    Bland Chromatin
                           699 non-null
                                           int64
                                                    Cell_Size_Uniformity
                                                                            1.0
    Normal Nucleoli
                           699 non-null
                                           int64
                                                    Cell_Shape_Uniformity
                                                                            1.0
    Mitoses
                           699 non-null
                                           int64
 8
                                                    Marginal Adhesion
                                                                            1.0
    Class
                           699 non-null
                                           object
                                                    Single_Epi_Cell_Size
                                                                            2.0
dtypes: int64(8), object(2)
                                                    Bland Chromatin
                                                                            3.0
memory usage: 54.7+ KB
                                                    Normal Nucleoli
                                                                            1.0
None
                                                    Mitoses
                                                                            1.0
                                                    dtype: float64
```

Figura 2. Visualização das características da base – Python (Pandas).

A seguir, execute as seguintes etapas relacionas à limpeza e transformação dos atributos da base escolhida:

- 1. Verifique se há *missing values*. Se houver aplique um dos métodos relacionados a esse tipo de problema (mostrados nas aulas);
- 2. Aplique as transformações necessárias para os atributos numéricos e discretos;
- 3. Salve uma versão em CSV dessa base limpa e transformada.

De posse da versão limpa e transformada, crie diversas amostragens dos dados, de acordo com o que se pede abaixo:

- 1. Amostragem simples de 30% e sem reposição;
- 2. Amostragem simples de 30% e com reposição;
- 3. Amostragem simples de 50% e sem reposição;
- 4. Amostragem simples de 50% e com reposição;
- 5. Amostragem estratificada de 50% (mesmas proporções);
- 6. Amostragem simples de 70% e sem reposição;
- 7. Amostragem simples de 70% e com reposição;
- 8. Amostragem estratificada de 70% (mesmas proporções).

Por último, submeta, via SIGAA, o seu Jupyter Notebook que executa todos os passos utilizados para limpar e transformar a base de dados escolhida, além daqueles utilizados para criar as diversas amostragens exigidas. Sua submissão valerá a presença referente a essa aula assíncrona.