Задание

Для заданного набора данных постройте основные графики, входящие в этап разведочного анализа данных. В случае наличия пропусков в данных удалите строки или колонки, содержащие пропуски. Какие графики Вы построили и почему? Какие выводы о наборе данных Вы можете сделать на основании построенных графиков?

Набор данных: https://scikit-learn.org/stable/modules/generated/sklearn.datasets.load_wine.html#sklearn.datasets.load_wine

Столбцы:

- Алкоголь
- Яблочная кислота
- Пепел
- Щелочность золы
- Магний
- Всего фенолов
- Флавоноиды
- Нефлаваноидные фенолы
- Проантоцианы
- Интенсивность цвета
- оттенок
- OD280/OD315 разбавленных вин
- Пролин

Подгружаем необходимые библиотеки и датасет:

In [1]:
```
#Загружаем все бибилиотеки
import numpy as np
import pandas as pd
from sklearn.datasets import *
import seaborn as sns
import matplotlib.pyplot as plt
%matplotlib inline
sns.set(style="ticks")
```

Подключаем DataSet

In [2]:
```
#Преобразование формата в DataFrame - выгрузка датасета про вино
wine = load_wine()
```

In [3]:
```
type(wine)
```

Out[3]:
```
sklearn.utils._bunch.Bunch
```

In [4]:
```
#Датасет возвращается в виде словаря со следующими ключами
for x in wine:
    print(x)
```

Out[4]:
```
data
target
frame
target_names
DESCR
feature_names
```

In [5]:
```
#Выведем все колонки датасета
wine['feature_names']
```

Out[5]:
```
['alcohol',
 'malic_acid',
 'ash',
 'alcalinity_of_ash',
 'magnesium',
 'total_phenols',
 'flavanoids',
 'nonflavanoid_phenols',
 'proanthocyanins',
 'color_intensity',
 'hue',
 'od280/od315_of_diluted_wines',
 'proline']
```

In [6]:
```
#Преобразование в Pandas DataFrame
data = pd.DataFrame(data= np.c_[wine['data'], wine['target']],
                    columns = wine['feature_names']+ ['target'])
```

Размер набора данных

In [7]:
```
data.shape
```

Out[7]:
```
(178, 14)
```

Смотрим на сам датасет

In [8]:data

Out[8]:

	alcohol	malic_acid	ash	alcalinity_of_ash	magnesium	total_phenols	flavanoids	nonflavanoid_phenols	proanthocyanins	c
0	14.23	1.71	2.43	15.6	127.0	2.80	3.06	0.28	2.29	
1	13.20	1.78	2.14	11.2	100.0	2.65	2.76	0.26	1.28	
2	13.16	2.36	2.67	18.6	101.0	2.80	3.24	0.30	2.81	
3	14.37	1.95	2.50	16.8	113.0	3.85	3.49	0.24	2.18	
4	13.24	2.59	2.87	21.0	118.0	2.80	2.69	0.39	1.82	
...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	
173	13.71	5.65	2.45	20.5	95.0	1.68	0.61	0.52	1.06	
174	13.40	3.91	2.48	23.0	102.0	1.80	0.75	0.43	1.41	
175	13.27	4.28	2.26	20.0	120.0	1.59	0.69	0.43	1.35	
176	13.17	2.59	2.37	20.0	120.0	1.65	0.68	0.53	1.46	
177	14.13	4.10	2.74	24.5	96.0	2.05	0.76	0.56	1.35	

178 rows × 14 columns

In [9]:data.head(5)

Out[9]:

	alcohol	malic_acid	ash	alcalinity_of_ash	magnesium	total_phenols	flavanoids	nonflavanoid_phenols	proanthocyanins	col
0	14.23	1.71	2.43	15.6	127.0	2.80	3.06	0.28	2.29	
1	13.20	1.78	2.14	11.2	100.0	2.65	2.76	0.26	1.28	
2	13.16	2.36	2.67	18.6	101.0	2.80	3.24	0.30	2.81	
3	14.37	1.95	2.50	16.8	113.0	3.85	3.49	0.24	2.18	
4	13.24	2.59	2.87	21.0	118.0	2.80	2.69	0.39	1.82	

типы колонок

In [10]:*#Узнаем типы данных каждого столбца*
```
data.dtypes
```

Out[10]:
```
alcohol                         float64
malic_acid                      float64
ash                             float64
alcalinity_of_ash               float64
magnesium                       float64
total_phenols                   float64
flavanoids                      float64
nonflavanoid_phenols            float64
proanthocyanins                 float64
color_intensity                 float64
hue                             float64
od280/od315_of_diluted_wines    float64
proline                         float64
target                          float64
dtype: object
```

In [11]:*#Проверим количество пустых значений*
```
for col in data.columns:
    temp_null_count = data[data[col].isnull()].shape[0]
    print('{} - {}'.format(col, temp_null_count))
```

```
alcohol - 0
malic_acid - 0
ash - 0
alcalinity_of_ash - 0
magnesium - 0
total_phenols - 0
flavanoids - 0
nonflavanoid_phenols - 0
proanthocyanins - 0
color_intensity - 0
hue - 0
od280/od315_of_diluted_wines - 0
proline - 0
target - 0
```

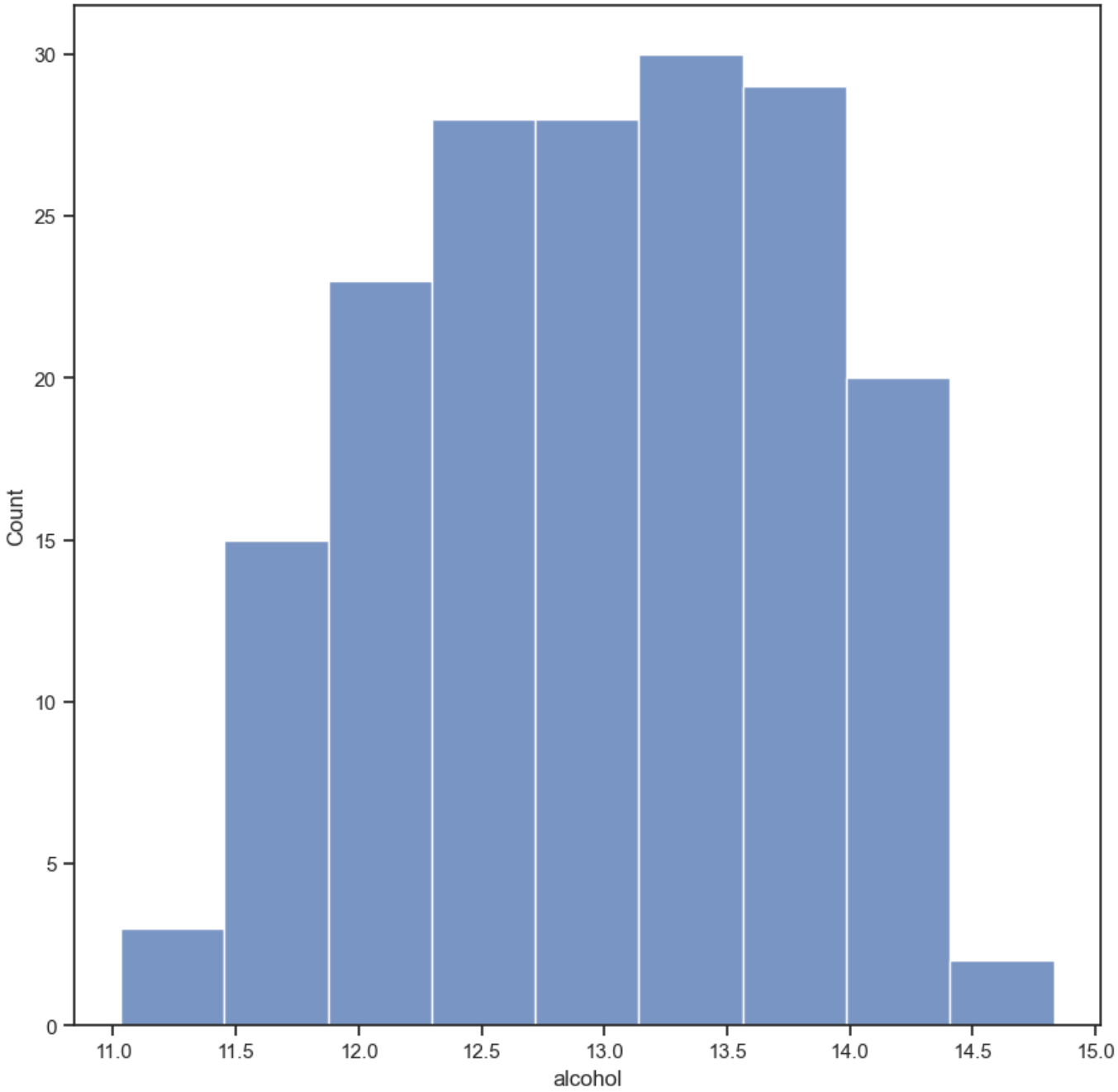
Визуальное исследование датасета

Гистограммы

Гистограмма распределения % алкоголя.

In [12]:
```
fig, ax = plt.subplots (figsize=(10,10))
    sns.histplot(data['alcohol'])
```

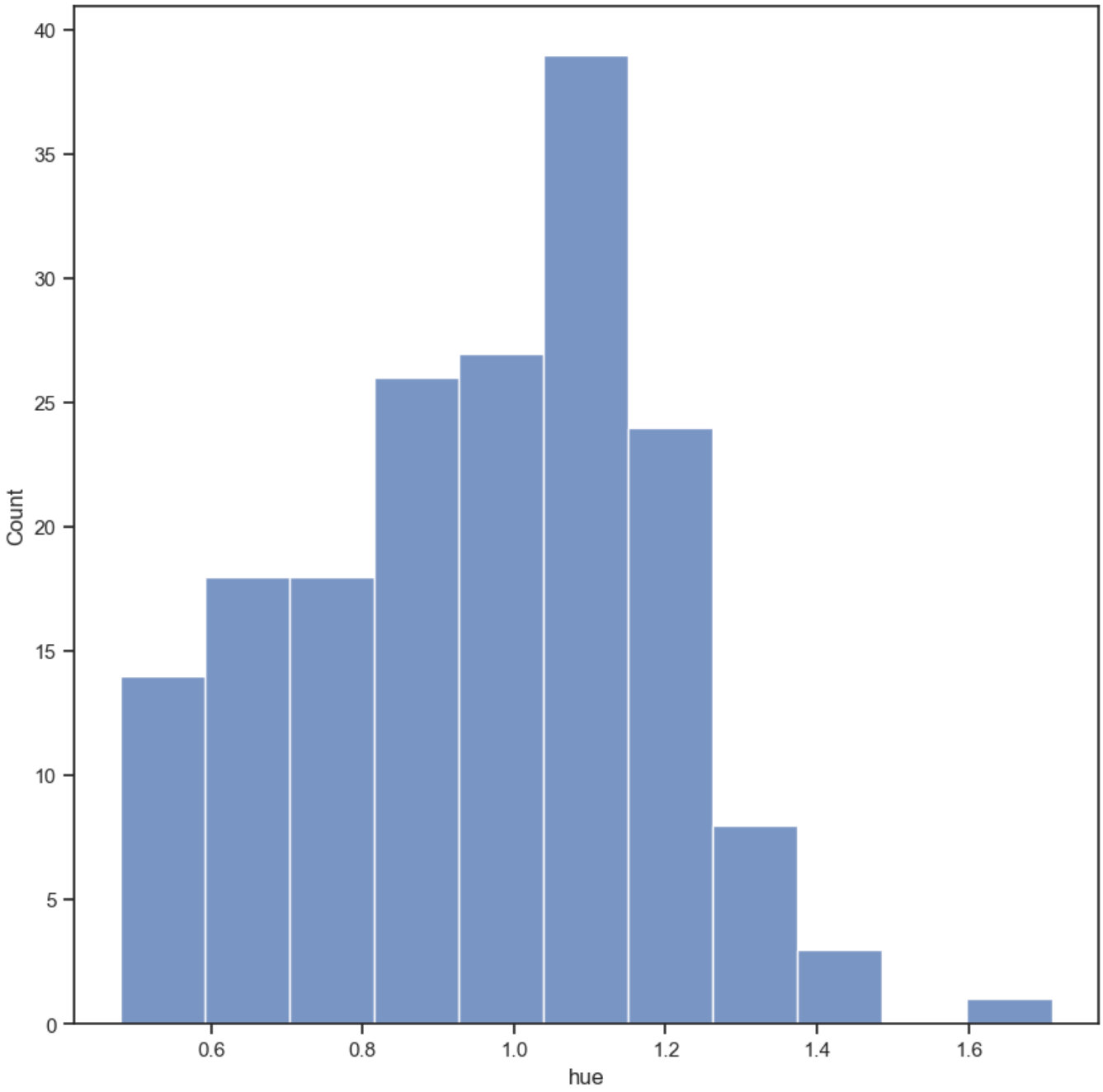
Out[12]:<AxesSubplot: xlabel='alcohol', ylabel='Count'>



Распределение оттенков

In [13]:
```
fig, ax = plt.subplots (figsize=(10,10))
    sns.histplot(data['hue'])
```

Out[13]:<AxesSubplot: xlabel='hue', ylabel='Count'>

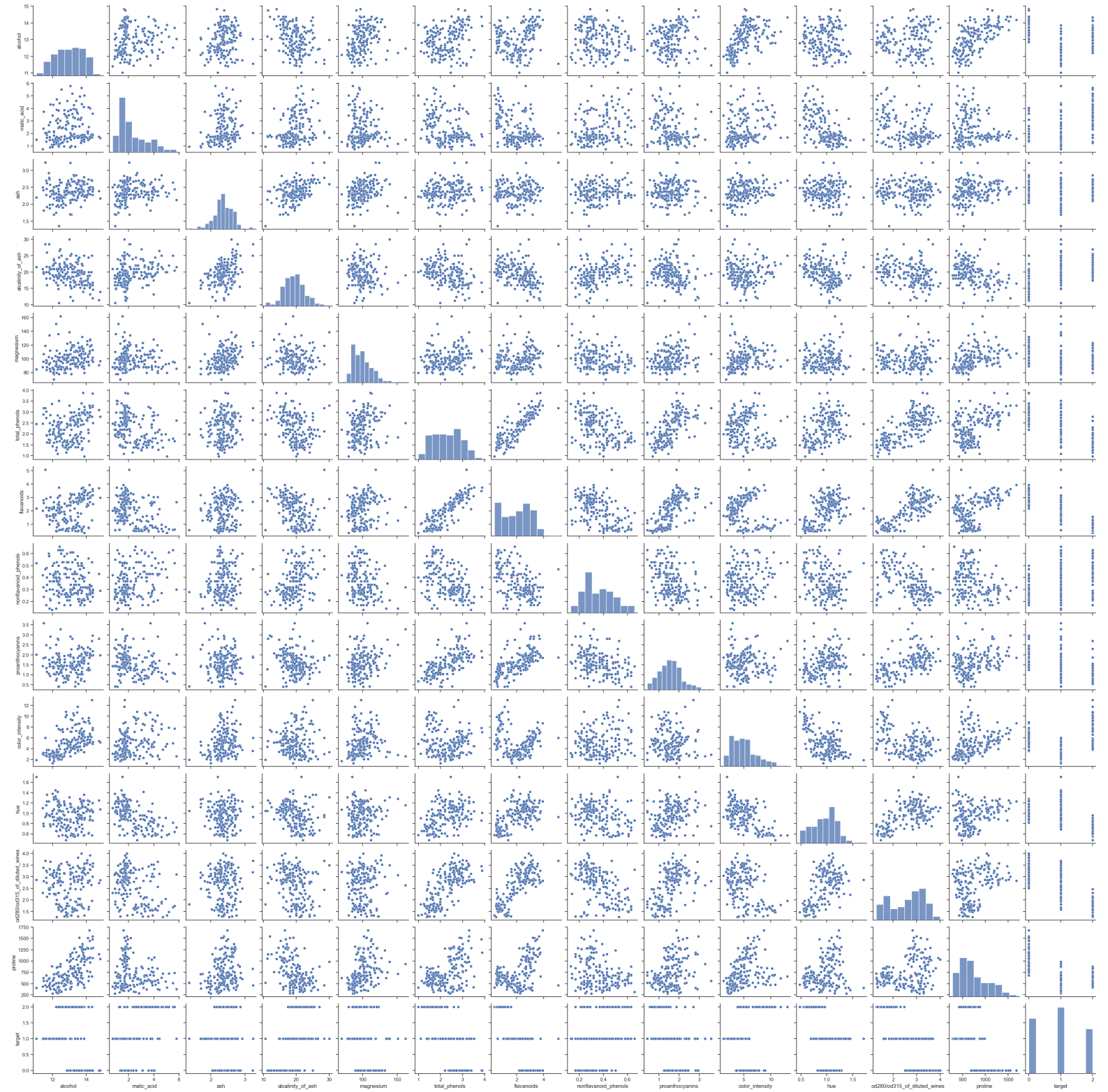


тут виден пропущенный оттенок, а также гистограмма не соотвествует закону нормального распределения.

Парные диаграммы

In [14]:sns.pairplot(data)

Out[14]:<seaborn.axisgrid.PairGrid at 0x278e644aa10>



Парные диаграммы позволяют построить большинство диаграмм. На них присутствуют также бессмысленные сравнения данных.

In [15]:*#Производим коррелляционный анализ*

```
data.corr()
```

Out[15]:

	alcohol	malic_acid	ash	alcalinity_of_ash	magnesium	total_phenols	flavanoids	nonflavar
alcohol	1.000000	0.094397	0.211545	-0.310235	0.270798	0.289101	0.236815	
malic_acid	0.094397	1.000000	0.164045	0.288500	-0.054575	-0.335167	-0.411007	
ash	0.211545	0.164045	1.000000	0.443367	0.286587	0.128980	0.115077	
alcalinity_of_ash	-0.310235	0.288500	0.443367	1.000000	-0.083333	-0.321113	-0.351370	
magnesium	0.270798	-0.054575	0.286587	-0.083333	1.000000	0.214401	0.195784	
total_phenols	0.289101	-0.335167	0.128980	-0.321113	0.214401	1.000000	0.864564	
flavanoids	0.236815	-0.411007	0.115077	-0.351370	0.195784	0.864564	1.000000	
nonflavanoid_phenols	-0.155929	0.292977	0.186230	0.361922	-0.256294	-0.449935	-0.537900	
proanthocyanins	0.136698	-0.220746	0.009652	-0.197327	0.236441	0.612413	0.652692	
color_intensity	0.546364	0.248985	0.258887	0.018732	0.199950	-0.055136	-0.172379	
hue	-0.071747	-0.561296	-0.074667	-0.273955	0.055398	0.433681	0.543479	
od280/od315_of_diluted_wines	0.072343	-0.368710	0.003911	-0.276769	0.066004	0.699949	0.787194	
proline	0.643720	-0.192011	0.223626	-0.440597	0.393351	0.498115	0.494193	
target	-0.328222	0.437776	-0.049643	0.517859	-0.209179	-0.719163	-0.847498	

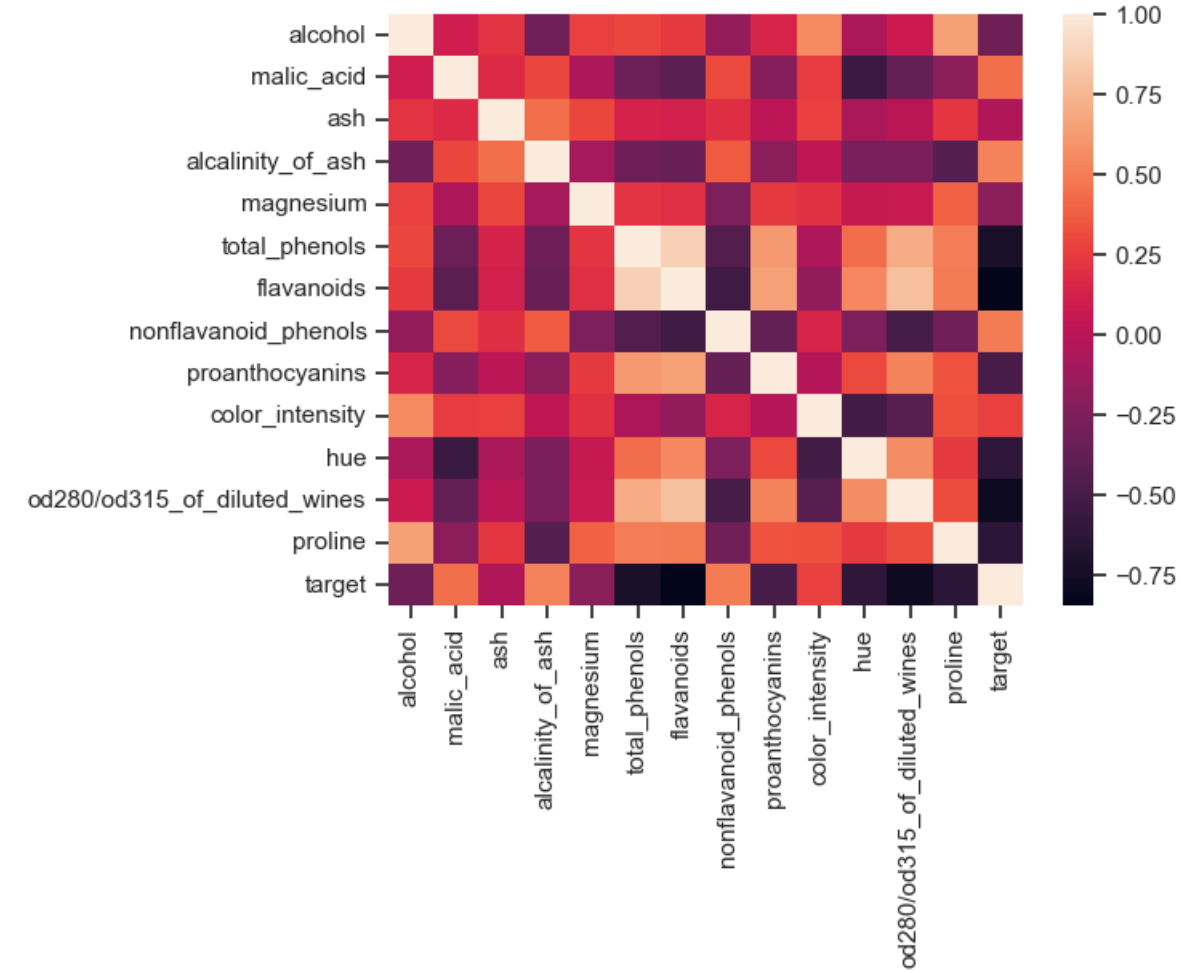
In [16]:
```
#Корелляционный анализ методом Спирмана
data.corr(method='spearman')
```

Out[16]:

	alcohol	malic_acid	ash	alcalinity_of_ash	magnesium	total_phenols	flavanoids	nonflavar
alcohol	1.000000	0.140430	0.243722	-0.306598	0.365503	0.310920	0.294740	
malic_acid	0.140430	1.000000	0.230674	0.304069	0.080188	-0.280225	-0.325202	
ash	0.243722	0.230674	1.000000	0.366374	0.361488	0.132193	0.078796	
alcalinity_of_ash	-0.306598	0.304069	0.366374	1.000000	-0.169558	-0.376657	-0.443770	
magnesium	0.365503	0.080188	0.361488	-0.169558	1.000000	0.246417	0.233167	
total_phenols	0.310920	-0.280225	0.132193	-0.376657	0.246417	1.000000	0.879404	
flavanoids	0.294740	-0.325202	0.078796	-0.443770	0.233167	0.879404	1.000000	
nonflavanoid_phenols	-0.162207	0.255236	0.145583	0.389390	-0.236786	-0.448013	-0.543897	
proanthocyanins	0.192734	-0.244825	0.024384	-0.253695	0.173647	0.666689	0.730322	
color_intensity	0.635425	0.290307	0.283047	-0.073776	0.357029	0.011162	-0.042910	
hue	-0.024203	-0.560265	-0.050183	-0.352507	0.036095	0.439457	0.535430	
od280/od315_of_diluted_wines	0.103050	-0.255185	-0.007500	-0.325890	0.056963	0.687207	0.741533	
proline	0.633580	-0.057466	0.253163	-0.456090	0.507575	0.419470	0.429904	
target	-0.354167	0.346913	-0.053988	0.569792	-0.250498	-0.726544	-0.854908	

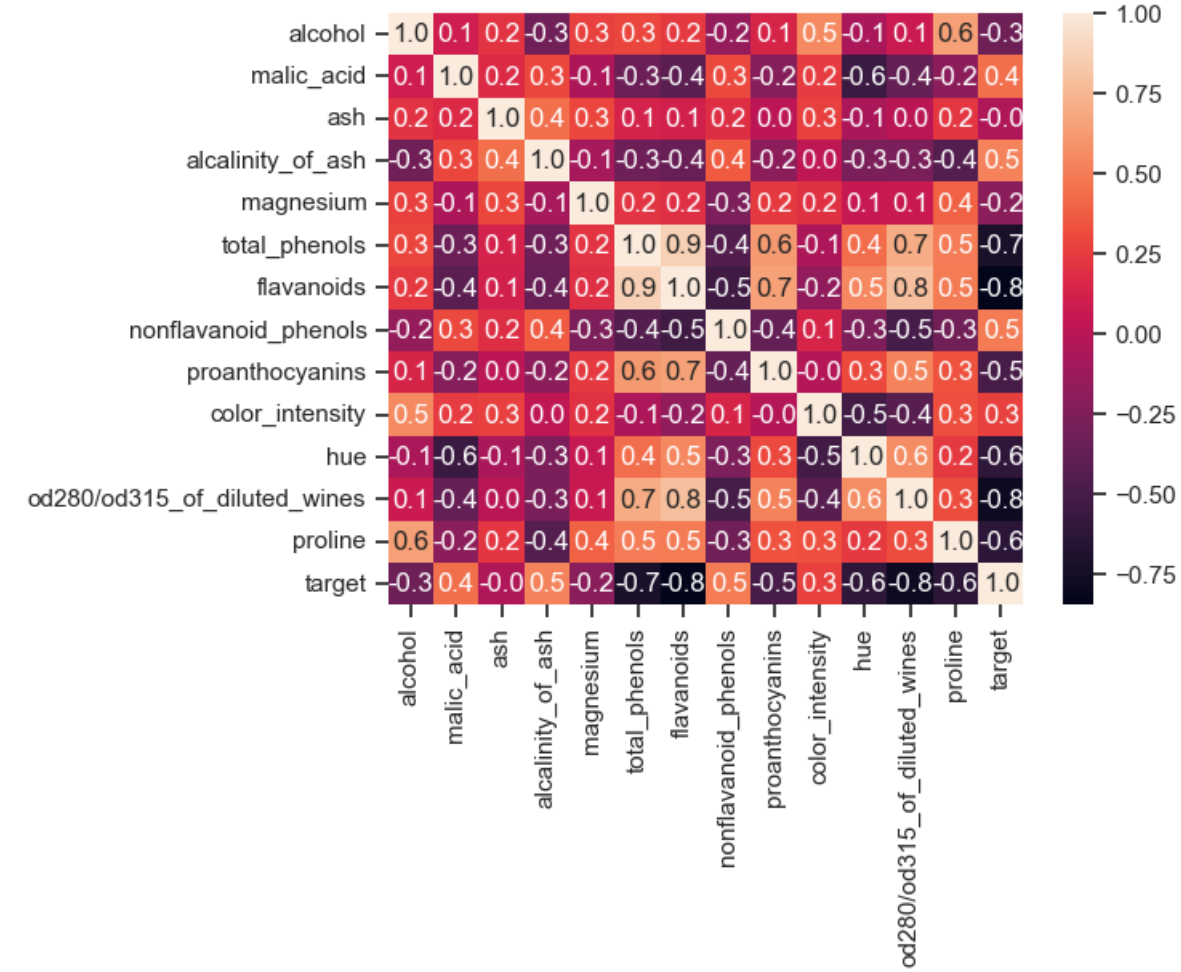
In [17]:
```
#Используем тепловые карты для того, чтобы показать степень корелляции различными цветами
sns.heatmap(data.corr())
```

Out[17]:<AxesSubplot: >



In [18]:sns.heatmap(data.corr(), annot=**True**, fmt='.1f')

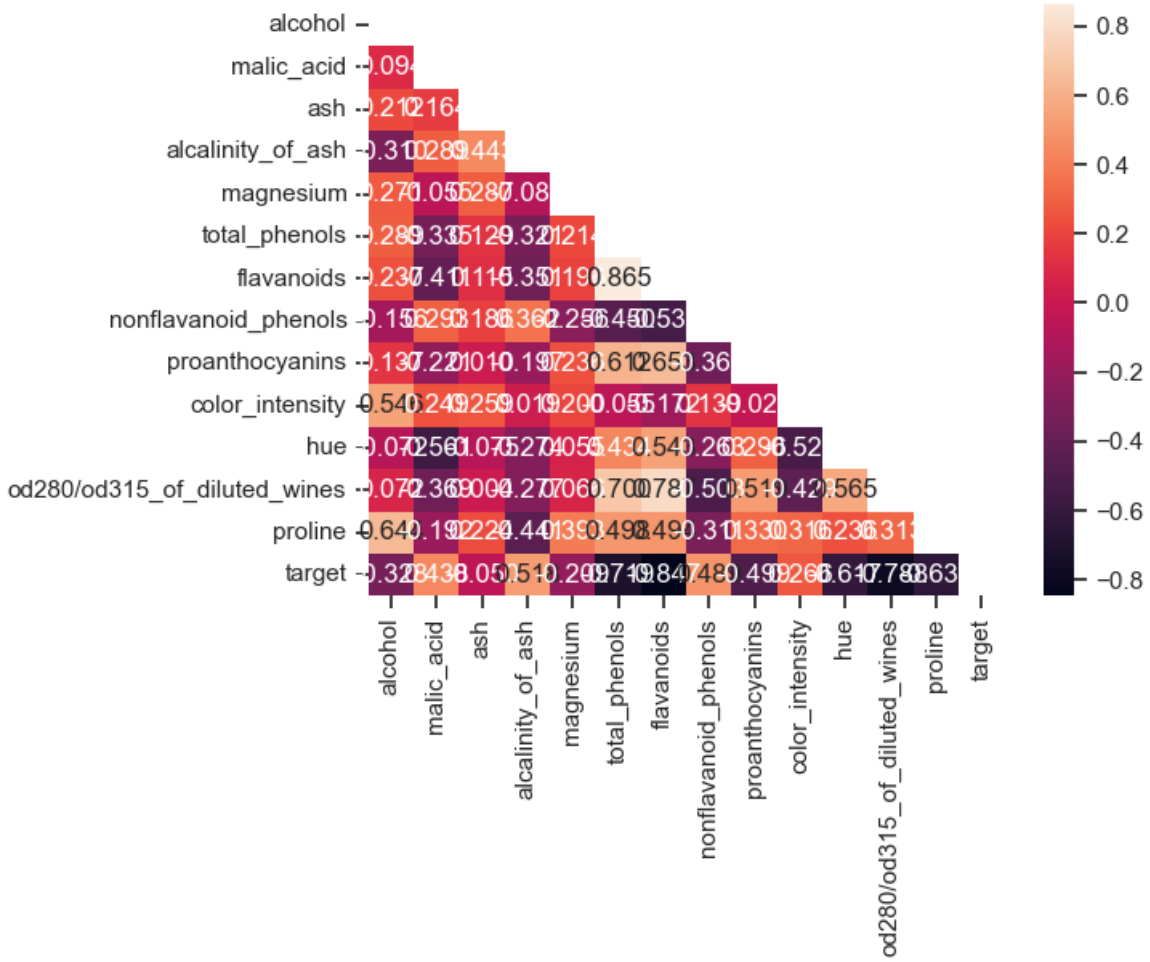
Out[18]:<AxesSubplot: >



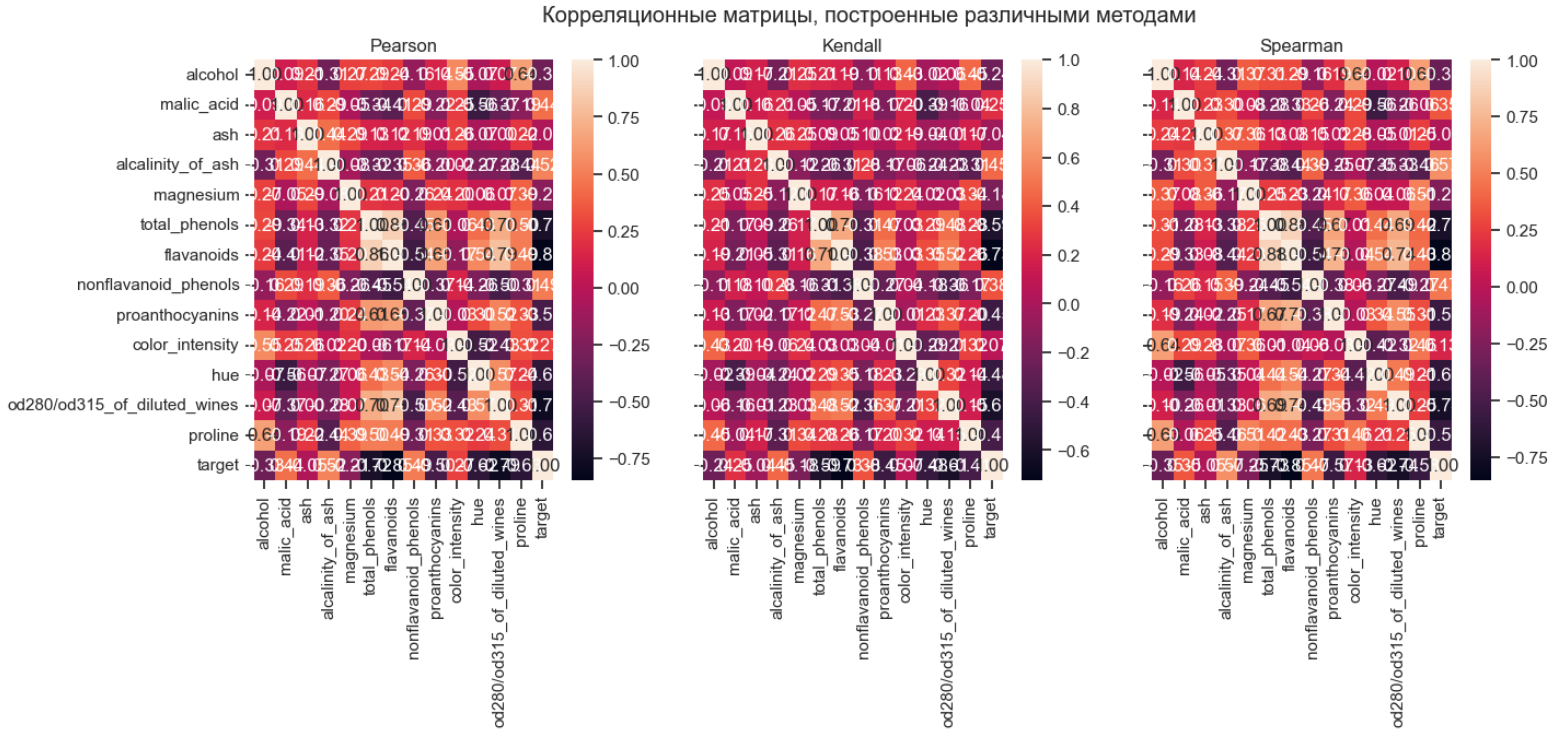
In [19]:*# Треугольный вариант матрицы*
mask = np.zeros_like(data.corr(), dtype=np.bool)
 # чтобы оставить нижнюю часть матрицы
mask[np.triu_indices_from(mask)] = **True**
 # чтобы оставить верхнюю часть матрицы

```
    #mask[np.tril_indices_from(mask)] = True
    sns.heatmap(data.corr(), mask=mask, annot=True, fmt='.3f')
```

```
C:\Users\MakVit\AppData\Local\Temp\ipykernel_11976\734738130.py:2: DeprecationWarning: `np.bool` is a deprecated alias for the builtin `bool`. To silence this warning, use `bool` by itself. Doing this will not modify any behavior and is safe. If you specifically wanted the numpy scalar type, use `np.bool_` here.
Deprecated in NumPy 1.20; for more details and guidance: https://numpy.org/devdocs/release/1.20.0-notes.html#deprecations
  mask = np.zeros_like(data.corr(), dtype=np.bool)
Out[19]:<AxesSubplot: >
```



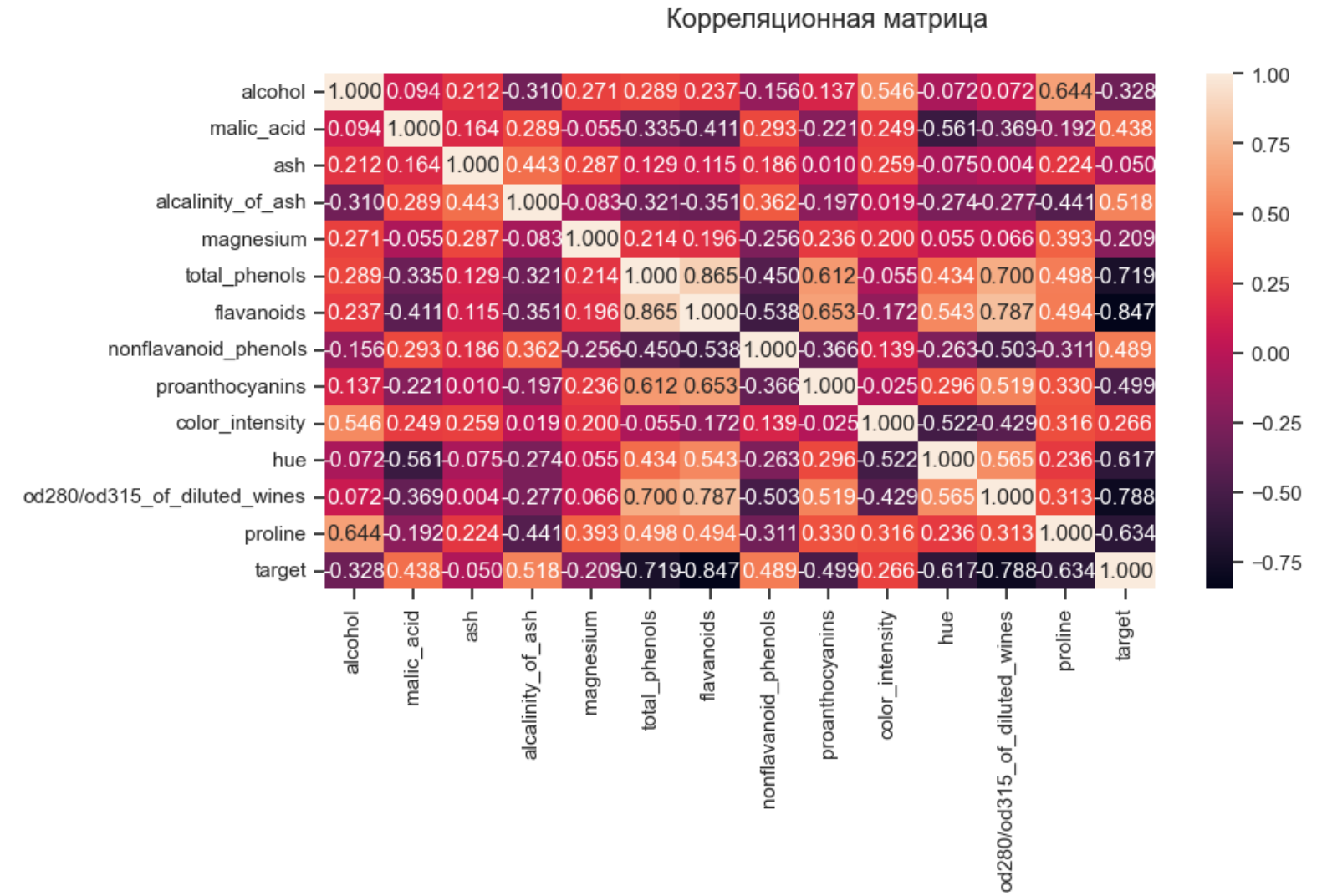

```
In [20]:fig, ax = plt.subplots(1, 3, sharex='col', sharey='row', figsize=(15,5))
    sns.heatmap(data.corr(method='pearson'), ax=ax[0], annot=True, fmt='.2f')
    sns.heatmap(data.corr(method='kendall'), ax=ax[1], annot=True, fmt='.2f')
    sns.heatmap(data.corr(method='spearman'), ax=ax[2], annot=True, fmt='.2f')
    fig.suptitle('Корреляционные матрицы, построенные различными методами')
    ax[0].title.set_text('Pearson')
    ax[1].title.set_text('Kendall')
    ax[2].title.set_text('Spearman')
```




```
In [21]:fig, ax = plt.subplots(1, 1, sharex='col', sharey='row', figsize=(10,5))
    fig.suptitle('Корреляционная матрица')
```

```
sns.heatmap(data.corr(), ax=ax, annot=True, fmt='.3f')
```

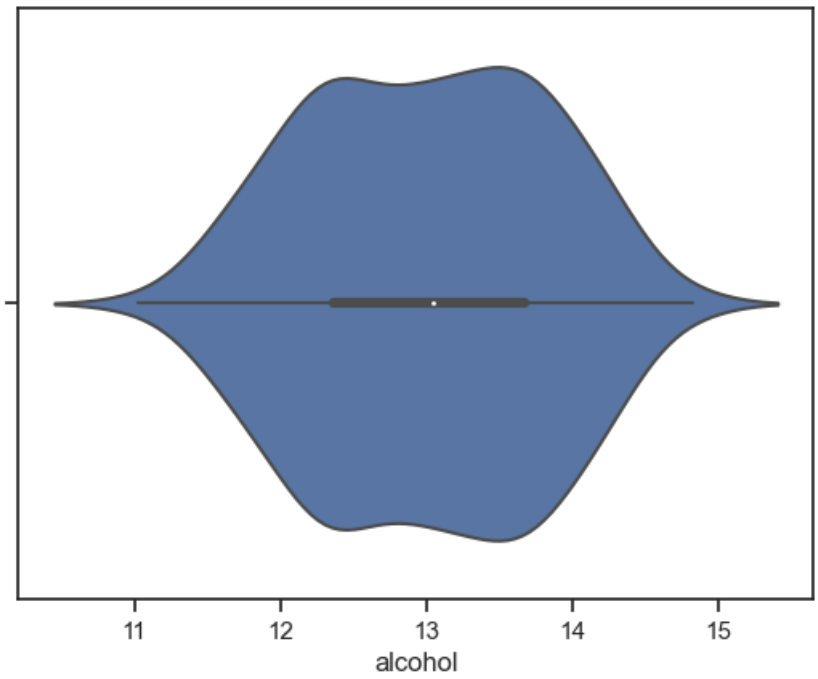
Out[21]:<AxesSubplot: >



In [22]:*#Дополнительное задание для группы ИУ5Ц-84Б - Скрипичная диаграмма (violin plot).*

```
sns.violinplot(x=data['alcohol'])
```

Out[22]:<AxesSubplot: xlabel='alcohol'>



In [ ]: