Análise Exploratória de Dados.

Unidade III - Análise Multivariada





Introdução a Análise Bivariada

- Analisa dois atributos em conjunto procurando encontrar correlações entre eles.
- Umas das formas é calcular os coeficientes de correlação entre eles para descobrir se são correlacionas ou não.
- Ela fornece perspectivas mais amplas do que a análise univariada.





Introdução a Análise Bivariada

- Para análise numérica podem ser utilizadas tabulação cruzada e matriz de correlação.
 - Tabulação Cruzada (tabelas de contingência) é utiliza para exibir o relacionamento entre duas ou mais variáveis categóricas, podendo ser nominais ou ordinais.
 - Matriz de Correlação é uma matriz que apresenta a correlação (influência) entre pares de variáveis contínuas.
- Na análise visual podem ser utilizados alguns gráficos para a análise bivariada.
 - Scatter plots (Gráfico de Dispersão).
 - Mosaic plots (Gráficos de Mosaico).
 - Histogramas.
 - Gráficos de Barras.
 - Heatmaps (Mapas de Calor).
 - Gráficos de linha.
 - Etc.





- O que é o coeficiente de correlação?
 - É uma medida estatística para compreender como duas variáveis/atributos estão correlacionados entre si.
 - o valor da correlação geralmente varia entre −1 e +1.
 - Valor positivo indica que as variáveis estão diretamente correlacionadas.
 - O valor zero indica ausência de qualquer correlação.
 - Valor negativo indica que as variáveis estão inversamente correlacionadas.
 - Uma correlação positiva ou negativa pode não implicar em causalidade.





- Tipos de coeficientes de correlação.
 - Coeficiente de correlação de Pearson.
 - Assume que os dados possuem distribuição normal (Gaussiana).
 - A covariância é a medida de como duas variáveis mudam juntas de maneira linear.
 - Pode detectar relacionamentos.





- Tipos de coeficientes de correlação.
 - Coeficiente de correlação de Spearman.
 - · É a versão não paramétrica da correlação de Pearson.
 - Usado quando os dados são de natureza ordinal e existe uma relação monotônica.





- ▶ Tipos de coeficientes de correlação.
 - Coeficiente de correlação de Kendal Tau.
 - É um coeficiente de correlação não paramétrico.
 - · É utilizado na mesma circunstância do Spearman.
 - Pode ter desempenho melhor ou pior do que o Spearman, dependendo das características dos dados.





Análise de Correlação

- red_wine_df.corr()
- red_wine_df.corr(method='pearson')
- red_wine_df.corr(method='kendall')
- red_wine_df.corr(method='spearman')





Análise de Correlação (Heatmap)

- sns.set(rc={'figure.figsize':(15,15)})
- ax = sns.heatmap(red_wine_df.corr(), annot=False, linewidths=1, fmt='.2f')
- ax = sns.heatmap(red_wine_df.corr(), annot=True, linewidths=1, fmt='.2f')
- > ax =
 sns.heatmap(red_wine_df.corr(method='spear
 man'), annot=True, linewidths=1, fmt='.2f')





Correlação não é causalidade

- Por quê correlação nem sempre é causalidade?
 - É um equívoco comum que, se houver alta correlação entre A e B, pode ser que A cause B ou vice-versa.
 - No entanto, apenas porque duas variáveis são altamente correlacionadas entre si, não significa necessariamente que haja qualquer causalidade entre elas.
 - Devemos usar nosso raciocínio para determinar se nossa análise faz sentido.
 - https://www.tylervigen.com/spurious-correlations





- É utilizado para visualizar o relacionamento entre as variáveis dos eixos x e y
- Utiliza pontos para apresentar a correlação entre as variáveis.
- É útil para identificar padrões nos dados, como outliers ou agrupamentos nos dados.





sns.scatterplot(data=red_wine_df, x='fixed acidity', y='pH')





A função regplot do seaborn inclui no gráfico um modelo de regressão linear.

sns.regplot(data=red_wine_df, x='fixed acidity', y='pH', ci = None)





PairPlot

- Gera os gráficos de correlação entre os pares de variáveis do conjunto de dados.
- sns.set(rc={'figure.figsize':(15,15)})
- sns.pairplot(red_wine_df)
- Na diagonal é gerado o gráfico de distribuição univariada.
- Para as demais colunas são gerados gráficos de dispersão.



PairPlot

- sns.set(rc={'figure.figsize':(15,15)})
- sns.pairplot(red_wine_df[['fixed acidity','pH','density']])





Joint plot

- A função jointplot do pandas inclui no gráfico de dispersão e o histograma de cada variável.
- sns.jointplot(x='alcohol', y='pH',
 data=red_wine_df, kind='reg', ci = None)
- sns.jointplot(x='fixed acidity', y='pH', data=red_wine_df, kind='scatter')





Box plot

- sns.set(rc={'figure.figsize':(15,15)})
- sns.boxplot(x='quality', y='alcohol', data=red_wine_df)
- sns.boxplot(x='quality', y='alcohol', data=red_wine_df, showfliers=False)





Box plot

- red_wine_df['total acidity'] =
 (red_wine_df['fixed acidity']+
 red_wine_df['citric acid']+
 red_wine_df['volatile acidity'])
- sns.boxplot(x='quality', y='total acidity', data=red_wine_df, showfliers=False)





Gráfico de Linha

- sns.lineplot(data=red_wine_df, x='quality', y='citric acid', errorbar = None)
- sns.lineplot(data=red_wine_df, x='quality', y='citric acid', errorbar=None)





Gráfico de Linha

- sns.lineplot(data=red_wine_df, x='quality', y='citric acid', errorbar='sd')
- media =
 red_wine_df.groupby('quality').mean()
- desvio_padrao =
 red_wine_df.groupby('quality').std()





Introdução a Análise Multivariada

- Do que é Análise Multivarida.
 - É a análise combinando mais de duas variáveis/atributos.
 - Fornece uma perspectiva mais ampla do que em uma análise bivariada ou univariada.
 - Algumas vezes as tendências podem ser de natureza multidimensional.
 - Auxilia na compreensão de dados que possuem tendências complexas com base na combinação de muitos atributos.





sns.scatterplot(data=red_wine_df, x='fixed acidity', y='pH', hue='quality', palette='viridis')





sns.relplot(x="fixed acidity", y="pH", hue="quality", data=red_wine_df, palette='viridis')





sns.relplot(data=Video_Games_df, x="NA_Sales", y="EU_Sales", size="Genre")





sns.relplot(data=Video_Games_df, x="NA_Sales", y="EU_Sales", size="Genre", sizes=(15,200))





- ax = sns.relplot(data=Video_Games_df, x='Global_Sales', y='EU_Sales', hue='Genre', style='Platform', size='Year_of_Release')
- sns.move_legend(ax, "upper left", bbox_to_anchor=(1, 1), ncol=3)
- plt.show()





- ax = sns.relplot(data=Video_Games_df, x='Global_Sales', y='EU_Sales', hue='Genre', style='Platform', size='Year_of_Release')
- sns.move_legend(ax, "upper left", bbox_to_anchor=(1, 1), ncol=4)
- plt.show()





- ax = sns.relplot(data=Video_Games_df, x="Global_Sales", y="EU_Sales", hue="Platform", style="Genre")
- sns.move_legend(ax, "upper left", bbox_to_anchor=(1, 1), ncol=2)
- plt.show()





sns.relplot(data=Video_Games_df, x='Global_Sales', y='EU_Sales', hue='Genre', style='Platform', col='Year_of_Release')





y = sns.relplot(x="NA_Sales", y="EU_Sales", hue="Platform", col="Genre", row="Rating", data=Video_Games_df)





PairPlot

- sns.set(rc={'figure.figsize':(15,15)})
- > sns.pairplot(red_wine_df, hue='quality', palette='viridis')





FacetGrid e g.maps

- Permite criar uma área com gráficos paralelos para análise.
- g = sns.FacetGrid(red_wine_df, col='quality')
- g = g.map(sns.regplot, "density", "alcohol", ci
 = None)
- g = sns.FacetGrid(red_wine_df, col="quality")
- g = g.map(sns.regplot, "total acidity", "pH", ci
 = None)





Gráfico de Linha

- fig = plt.subplots(figsize=(20, 10))
- g = sns.lineplot(y='residual sugar', x='alcohol', data=red_wine_df, style='quality' ,errorbar=None
 - , markersize=10).set(title='Alcohol
- vs Density vs Quality')
- sns.set_theme(font_scale=3)





Gráfico de Linha

- Video_Games_df = pd.read_csv('Video_Games_Sales_as_at_22_De c_2016.csv', delimiter=',')
- sns.set(rc={'figure.figsize':(20,8)})
- ax = sns.lineplot(x="Year_of_Release", y="count", hue="Genre",data=count_year_gen)





Countplot

- plt.figure(figsize=(15,15))
- sns.countplot(data=Video_Games_df, hue='Rating', x='Genre')
- plt.legend(title='Platform', loc='upper left', bbox_to_anchor=(1, 1))
- plt.show()





Countplot

- plt.figure(figsize=(15,15))
- sns.countplot(data=Video_Games_df, hue='Platform', x='Genre') # verificar se cabe outros parâmetros. Colocar gráfico do lado de fora do gráfico
- plt.legend(title='Platform', loc='upper left', bbox_to_anchor=(1, 1))
- plt.show()





Catplot

- Fornece acesso a várias funções que mostram a relação entre uma variável numérica e uma ou mais variáveis categóricas usando uma das várias representações visuais.
- O parâmetro kind seleciona o tipo de gráfico.





Catplot

- sns.catplot(data=red_wine_df, y="alcohol", x="quality")
- sns.catplot(data=red_wine_df, y="alcohol", x="quality", kind="box")
- g = sns.catplot(data=Video_Games_df, x =
 'Global_Sales', y='Platform', col="Genre")





Catplot

> g = sns.catplot(x="Genre", hue="Rating", data=Video_Games_df, kind="count",height=10)





Barplot

- count_year_gen = pd.DataFrame({'count' :
 Video_Games_df.groupby(["Genre",
 "Year_of_Release"]).size()}).reset_index()
- print(data_df.groupby(["Genre",
 "Year_of_Release"]).size())
- penre_region_other = pd.DataFrame({'Sales' :
 data_df.groupby("Genre")['Other_Sales'].sum()}
).reset_index()
- sns.barplot(x='Genre',y='Sales', data=genre_region_other)





Barplot

- penre_region_jp = pd.DataFrame({'Sales' :
 data_df.groupby("Genre")['JP_Sales'].sum()}).re
 set_index()
- sns.barplot(x='Genre',y='Sales', data=genre_region_jp)





Facegrid

- g = sns.FacetGrid(red_wine_df, col='quality')
- g = g.map(sns.regplot, "density", "alcohol")
- sns.regplot





Bokeh

https://bokeh.pydata.org/en/latest/docs/use r_guide/interaction/legends.html



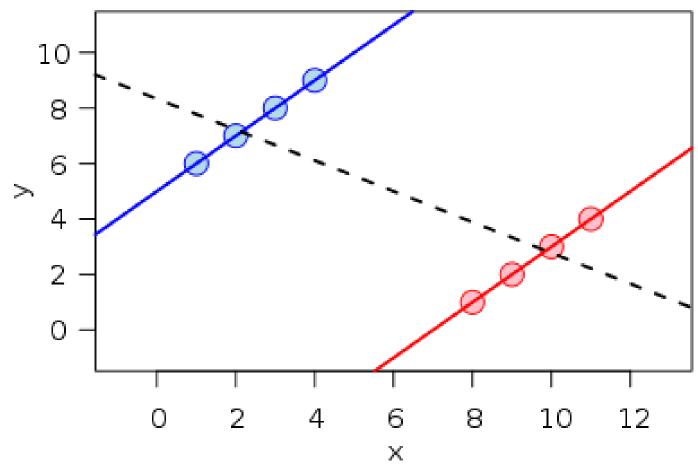


Paradoxo de Simpson

- O que é Parodoxo de Simpson?
 - É um fenômeno pelo qual uma tendência, que aparece separadamente em dois ou mais atributos, desaparece quando são combinados.
 - Isso pode levar ao surgimento de tendências paradoxais nos dados.
 - Geralmente ocorre quando vários fatores, que de outra forma influenciam as tendências ou estatísticas, não são levados em consideração ao fazer a análise.
 - Nesse caso é necessário fazer um aprofundamento nos vários fatores que não foram considerados ao fazer a análise.



Paradoxo de Simpson







- A discretização é o processo pelo qual podemos transformar variáveis contínuas em uma forma discreta (variáveis categóricas).
- Esse processo é realizado definindo categorias para faixas de valores contínuos.





- Os Cientistas de Dados precisam usar a Discretização por vários motivos:
 - Adequar os dados ao objetivo.
 - Minimiza alguns problemas quando são divididos e armazenados em categorias ou grupos significativos. Ex.: Faixa etária, peso, etc.
 - · Isso é útil quando não vemos nenhuma diferença significativa dentro da mesma classe.
 - Pequenas variações nos valores contínuos podem representar a mesma informação dependendo do objetivo.
 - Portanto, a discretização ajuda a tornar os dados mais fáceis de entender se eles se encaixarem no objetivo da análise.





- Os Cientistas de Dados precisam usar a Discretização por vários motivos:
 - Interpreta atributos/variáveis.
 - Recursos contínuos têm uma chance menor de se correlacionar com a variável objetivo devido aos infinitos valores que podem assumir, podendo resultar em um relacionamento não linear complexo.
 - Consequentemente podem ser mais difíceis de interpretar.
 - A discretização de uma variável em grupos, pode facilitar a compreensão através das classes obtidas.





- Os Cientistas de Dados precisam usar a Discretização por vários motivos:
 - Incompatibilidade com métodos.
 - Algumas análises podem ser incompatíveis com dados contínuos, neste caso a solução é a discretização das variáveis contínuas.





- Os Cientistas de Dados precisam usar a Discretização por vários motivos:
 - Ruído.
 - Muitas vezes pequenas variações podem ser consideradas como ruídos/erros.
 - Discretizando os dados, é possível reduzir o impacto de pequenas variações nos dados.
 - A divisão dos dados em classes suaviza as flutuações, reduzindo assim o ruído nos dados.





- Abordagens para discretização:
 - Não supervisionada:
 - Intervalos iguais Intervalo = (max min) / N
 - Frequências iguais Divide os valores em um N faixas/classes com a mesma quantidade de amostras.
 Os intervalos podem corresponder a valores quartis.
 - K-Means É aplicado o algoritmo de agrupamento K-Means a variável contínua, dividindo-a assim em grupos discretos.
 - Supervisionado:
 - Árvores de decisão





Discretização (Pandas)

- red_wine_df['pH_cat'] =
 pd.cut(x=red_wine_df['pH'], bins=4)
- red_wine_df['pH_cat'].unique()

- categorias = ['E', 'D', 'C', 'B', 'A']
- Video_Games_df['Critic_Score_Cat']=pd.cut(x =Video_Games_df['Critic_Score'], bins=[0,20,40,60,80,100], labels=categorias)





Discretização (scikit-learn)

- from sklearn import preprocessing
- red_wine_df = pd.read_csv('winequality-red.csv', delimiter=';')
- wine_continuos =
 red_wine_df.drop(labels='quality',axis=1)
- discretizer =
 preprocessing.KBinsDiscretizer(n_bins=5,
 encode='ordinal', strategy='uniform')
- red_wine_discretize_df = pd.DataFrame(discretizer.fit_transform(wine_continuo s), columns=wine_continuos.columns)
- red_wine_discretize_df['quality'] =
 red_wine_df['quality']
- red_wine_discretize_df





Discretização (scikit-learn)

- red_wine_df = pd.read_csv('winequality-red.csv', delimiter=';')
- wine_continuos =
 red_wine_df.drop(labels='quality',axis=1)
- discretizer =
 preprocessing.KBinsDiscretizer(n_bins=5,
 encode='ordinal', strategy='quantile')
- red_wine_discretize_df = pd.DataFrame(discretizer.fit_transform(wine_cont inuos), columns=wine_continuos.columns)
- red_wine_discretize_df['quality'] =
 red_wine_df['quality']
- red_wine_discretize_df





Padronização

- A padronização dos dados é utiliza para mudar o intervalo de valores dos atributos para a mesma escala numérica.
- Isso é importante, pois caso contrário os coeficientes que determinarão a correlação entre os atributos não serão comparáveis.
- Uma padronização alternativa é dimensionar os valores para ficarem entre um determinado valor mínimo e máximo.
- ▶ O intervalo pode ser entre 0 e 1 ou entre −1 e
 1.





Padronização

- # Para o intervalo [0,1]
- red_wine_df = pd.read_csv('winequality-red.csv', delimiter = ';')
- red_wine_df_new_range = red_wine_df.copy()
- coluna_original='fixed acidity'
- coluna_destino=coluna_original+'_range'
- red_wine_df_new_range[coluna_destino] = (red_wine_df[coluna_original] red_wine_df[coluna_original].min()) / (red_wine_df[coluna_original].max() red_wine_df[coluna_original].min())
- red_wine_df_new_range.describe()





Padronização (scikit-learn)

- # Para o intervalo entre 0 e 1
- red_wine_df = pd.read_csv('winequality-red.csv', delimiter=';')
- dados_reescaling =
 red_wine_df.drop(labels='quality',axis=1)
- min_max_scaler =
 preprocessing.MinMaxScaler(feature_range=(0,1))
- dados_minmax =
 min_max_scaler.fit_transform(dados_reescaling)
- dados_minmax
- wine_new_range_df = pd.DataFrame(dados_minmax, columns = dados_reescaling.columns)
- wine_new_range_df['quality'] = red_wine_df['quality']





Padronização (scikit-learn)

- # Para o intervalo entre -1 e 1
- red_wine_df = pd.read_csv('winequality-red.csv', delimiter=';')
- dados_reescaling =
 red_wine_df.drop(labels='quality',axis=1)
- min_max_scaler =
 preprocessing.MinMaxScaler(feature_range=(-1,1))
- dados_minmax =
 min_max_scaler.fit_transform(dados_reescaling)
- dados_minmax
- wine_new_range_df = pd.DataFrame(dados_minmax, columns = dados_reescaling.columns)
- wine_new_range_df['quality'] = red_wine_df['quality']





- A seleção de atributos é um conceito importante e tem um grande impacto nos modelos para tomada de decisão.
- Benefícios:
 - Reduz o overfitting: Dados menos redundantes significam menor risco de interferência de ruídos na tomada de decisão.
 - Melhora a precisão: Dados menos redundantes podem aumentar a precisão do modelo.
 - Menor tempo de treinamento: A redução no número de atributos reduz a complexidade do algoritmo e consequentemente o tempo de treinamento.





- scikit-learn VarianceThreshold
- É uma abordagem que remove todos os recursos cuja variância não atende ao limite definido.
- O padrão é remover todos os atribucos com variância zero, ou seja, atributos que possuem o mesmo valor em todas as amostras.
- Este algoritmo de seleção de atributos é nãosupervisionado.





- from sklearn.feature_selection import VarianceThreshold
- sel = VarianceThreshold(threshold=0)
- wine_selection_feature =
 pd.DataFrame(sel.fit_transform(red_wine_df.d
 rop(labels='quality',axis=1)),
 columns=sel.get_feature_names_out(sel.feature_names_in_))
- wine_selection_feature['quality'] =
 red_wine_df['quality']





- from sklearn.feature_selection import VarianceThreshold
- sel = VarianceThreshold(threshold=3)
- wine_selection_feature =
 pd.DataFrame(sel.fit_transform(red_wine_df.d
 rop(labels='quality',axis=1)),
 columns=sel.get_feature_names_out(sel.feature_names_in_))
- wine_selection_feature['quality'] =
 red_wine_df['quality']





- scikit-learn SelectKBest
- Selecione os atributos de acordo com as k pontuações mais altas.





- from sklearn.feature_selection import SelectKBest
- from sklearn.feature_selection import f_classif
- red_wine_df = pd.read_csv('winequality-red.csv', delimiter=';')
- X = red_wine_df.drop(labels='quality',axis=1)
- y = red_wine_df['quality']
- X.shape
- sel = SelectKBest(f_classif, k=3).fit(X,y)
- wine_selection_feature = pd.DataFrame(sel.fit_transform(X,y), columns=sel.get_feature_names_out(sel.feature_names_in_))
- wine_selection_feature['quality'] =
 red_wine_df['quality']





- from sklearn.feature_selection import SelectKBest
- from sklearn.feature_selection import f_classif
- X = red_wine_df.drop(labels='quality',axis=1)
- y = red_wine_df['quality']
- X.shape
- sel = SelectKBest(f_classif, k='all').fit(X,y)
- wine_selection_feature = pd.DataFrame(sel.fit_transform(X,y), columns=sel.get_feature_names_out(sel.feature_names_in_))
- wine_selection_feature['quality'] =
 red_wine_df['quality']





Análise de Componente Principais (PCA)

- E uma técnica para reduzir a dimensão de um conjunto de dados preservando, procurando manter ao máximo suas propriedades.
- Define novos atributos através da combinação linear do conjunto de atributos originais.
- Os novos atributos são classificados em ordem crescente dos autovalores.
- Frequentemente um subconjunto é selecionado baseado em seus autovalores de forma que sejam suficientes para explicar uma determinada proporção da variância dos dados.
- Considerando que a escala dos atributos afeta o resultado da análise de componentes principais, é comum normalizar todos os atributos antes da análise.



Análise de Componente Principais (PCA

- from sklearn.decomposition import PCA
- red_wine_df = pd.read_csv('winequalityred.csv',delimiter=';')
- dados_wine =
 red_wine_df.drop(labels='quality',axis=1)
- qualidade = red_wine_df['quality']
- pca = PCA(n_components=2)
- pca.fit(dados_wine)
- dados_wine = pca.transform(dados_wine)
- red_wine_new_df = pd.DataFrame(dados_wine, columns=pca.get_feature_names_out())
- red_wine_new_df['target'] = red_wine_df['quality']





Análise de Componente Principais (PCA

- pca.explained_variance_ratio_
- red_wine_new_df.describe()



