Министерство науки и высшего образования Российской Федерации

Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования

«Московский государственный технический университет имени Н.Э. Баумана

(национальный исследовательский университет)»

(МГТУ им. Н.Э. Баумана)

Факультет «Информатика и системы управления»

Кафедра ИУ5 «Системы обработки информации и управления»

Дисциплина: “Технологии машинного обучения ”

Рубежный контроль №1

Вариант: №3

Выполнил: Баркалова И.В.
Группа: ИУ5-63Б
Подпись:
Дата:

Преподаватель: Гапанюк Ю. Е.
Дата:
Подпись:

Москва. 2022 г.

Задание:

Для заданного набора данных проведите обработку пропусков в данных для одного категориального и одного количесвенного признака.

Текст программы и результаты ее выполнения:

In [21]:
```
#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")
```

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

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

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

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

```
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'])
```

In [7]:
```
data
```

Out[7]:

	alcohol	malic_acid	ash	alcalinity_of_ash	magnesium	total_phenols	flavanoids	nonflavanoid_phenols	proanthocyanins	color_intensity	hue	od280/od315_of_diluted_wines
0	14.23	1.71	2.43	15.6	127.0	2.80	3.06	0.28	2.29	5.64	1.04	3.92
1	13.20	1.78	2.14	11.2	100.0	2.65	2.76	0.26	1.28	4.38	1.05	3.40
2	13.16	2.36	2.67	18.6	101.0	2.80	3.24	0.30	2.81	5.68	1.03	3.17
3	14.37	1.95	2.50	16.8	113.0	3.85	3.49	0.24	2.18	7.80	0.86	3.45
4	13.24	2.59	2.87	21.0	118.0	2.80	2.69	0.39	1.82	4.32	1.04	2.93
...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...
173	13.71	5.65	2.45	20.5	95.0	1.68	0.61	0.52	1.06	7.70	0.64	1.74
174	13.40	3.91	2.48	23.0	102.0	1.80	0.75	0.43	1.41	7.30	0.70	1.56
175	13.27	4.28	2.26	20.0	120.0	1.59	0.69	0.43	1.35	10.20	0.59	1.56
176	13.17	2.59	2.37	20.0	120.0	1.65	0.68	0.53	1.46	9.30	0.60	1.62
177	14.13	4.10	2.74	24.5	96.0	2.05	0.76	0.56	1.35	9.20	0.61	1.60

178 rows × 14 columns

In [8]:
```
#Узнаем типы данных каждого столбца
data.dtypes
```

Out[8]:
```
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 [10]:
```
#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
```

In [11]:
```
#Производим корреляционный анализ
data.corr()
```

Out[11]:

	alcohol	malic_acid	ash	alcalinity_of_ash	magnesium	total_phenols	flavanoids	nonflavanoid_phenols	proanthocyanins	color_intensity	
alcohol	1.000000	0.094397	0.211545	-0.310235	0.270798	0.289101	0.236815	-0.155929	0.136698	0.546364	-0.0
malic_acid	0.094397	1.000000	0.164045	0.288500	-0.054575	-0.335167	-0.411007	0.292977	-0.220746	0.248985	-0.5
ash	0.211545	0.164045	1.000000	0.443367	0.286587	0.128980	0.115077	0.186230	0.009652	0.258887	-0.0
alcalinity_of_ash	-0.310235	0.288500	0.443367	1.000000	-0.083333	-0.321113	-0.351370	0.361922	-0.197327	0.018732	-0.2
magnesium	0.270798	-0.054575	0.286587	-0.083333	1.000000	0.214401	0.195784	-0.256294	0.236441	0.199950	0.0
total_phenols	0.289101	-0.335167	0.128980	-0.321113	0.214401	1.000000	0.864564	-0.449935	0.612413	-0.055136	0.4
flavanoids	0.236815	-0.411007	0.115077	-0.351370	0.195784	0.864564	1.000000	-0.537900	0.652692	-0.172379	0.5
nonflavanoid_phenols	-0.155929	0.292977	0.186230	0.361922	-0.256294	-0.449935	-0.537900	1.000000	-0.365845	0.139057	-0.2
proanthocyanins	0.136698	-0.220746	0.009652	-0.197327	0.236441	0.612413	0.652692	-0.365845	1.000000	-0.025250	0.2
color_intensity	0.546364	0.248985	0.258887	0.018732	0.199950	-0.055136	-0.172379	0.139057	-0.025250	1.000000	-0.5
hue	-0.071747	-0.561296	-0.074667	-0.273955	0.055398	0.433681	0.543479	-0.262640	0.295544	-0.521813	1.0
od280/od315_of_diluted_wines	0.072343	-0.368710	0.003911	-0.276769	0.066004	0.699949	0.787194	-0.503270	0.519067	-0.428815	0.5
proline	0.643720	-0.192011	0.223626	-0.440597	0.393351	0.498115	0.494193	-0.311385	0.330417	0.316100	0.2
target	-0.328222	0.437776	-0.049643	0.517859	-0.209179	-0.719163	-0.847498	0.489109	-0.499130	0.265668	-0.6

In [13]:
```
#Корелляционный анализ методом Спирмана
data.corr(method='spearman')
```

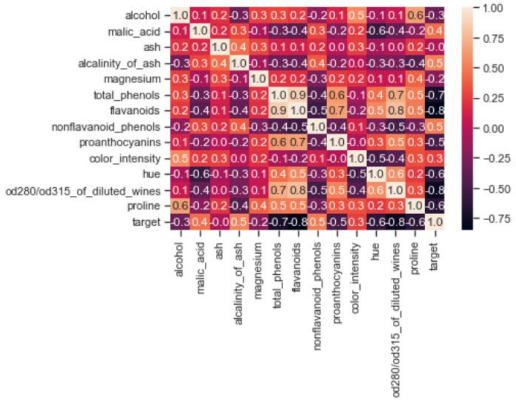
Out[13]:

	alcohol	malic_acid	ash	alcalinity_of_ash	magnesium	total_phenols	flavanoids	nonflavanoid_phenols	proanthocyanins	color_intensity	
alcohol	1.000000	0.140430	0.243722	-0.306598	0.365503	0.310920	0.294740	-0.162207	0.192734	0.635425	-0.0
malic_acid	0.140430	1.000000	0.230674	0.304069	0.080188	-0.280225	-0.325202	0.255236	-0.244825	0.290307	-0.5
ash	0.243722	0.230674	1.000000	0.366374	0.361488	0.132193	0.078796	0.145583	0.024384	0.283047	-0.0
alcalinity_of_ash	-0.306598	0.304069	0.366374	1.000000	-0.169558	-0.376657	-0.443770	0.389390	-0.253695	-0.073776	-0.3
magnesium	0.365503	0.080188	0.361488	-0.169558	1.000000	0.246417	0.233167	-0.236786	0.173647	0.357029	0.0
total_phenols	0.310920	-0.280225	0.132193	-0.376657	0.246417	1.000000	0.879404	-0.448013	0.666689	0.011162	0.4
flavanoids	0.294740	-0.325202	0.078796	-0.443770	0.233167	0.879404	1.000000	-0.543897	0.730322	-0.042910	0.5
nonflavanoid_phenols	-0.162207	0.255236	0.145583	0.389390	-0.236786	-0.448013	-0.543897	1.000000	-0.384629	0.059639	-0.2
proanthocyanins	0.192734	-0.244825	0.024384	-0.253695	0.173647	0.666689	0.730322	-0.384629	1.000000	-0.030947	0.3
color_intensity	0.635425	0.290307	0.283047	-0.073776	0.357029	0.011162	-0.042910	0.059639	-0.030947	1.000000	-0.4
hue	-0.024203	-0.560265	-0.050183	-0.352507	0.036095	0.439457	0.535430	-0.267813	0.342795	-0.418522	1.0
od280/od315_of_diluted_wines	0.103050	-0.255185	-0.007500	-0.325890	0.056963	0.687207	0.741533	-0.494950	0.554031	-0.317516	0.4
proline	0.633580	-0.057466	0.253163	-0.456090	0.507575	0.419470	0.429904	-0.270112	0.308249	0.457096	0.2
target	-0.354167	0.346913	-0.053988	0.569792	-0.250498	-0.726544	-0.854908	0.474205	-0.570648	0.131170	-0.6

In [22]:
```
#Используем тепловые карты для того, чтобы показать стеень корелляции различными цветами
sns.heatmap(data.corr())
```

In [15]:
```
sns.heatmap(data.corr(), annot=True, fmt='.1f')
```

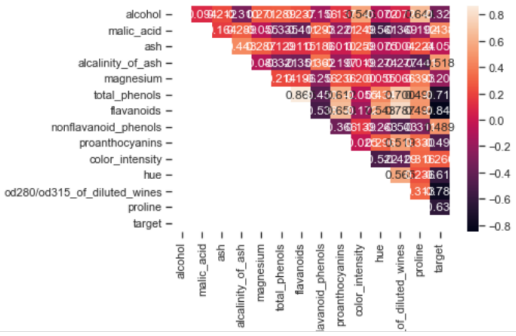
Out[15]:
```
<AxesSubplot:>
```



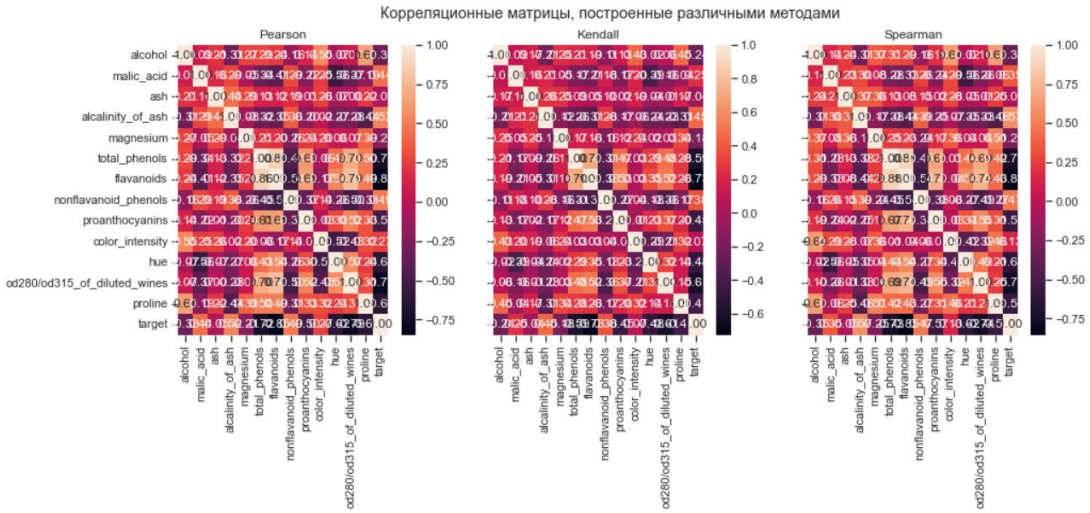
In [16]:
```
# Треугольный вариант матрицы
mask = np.zeros_like(data.corr(), dtype=np.bool)
# чтобы оставить нижнюю часть матрицы
# mask[np.triu_indices_from(mask)] = True
# чтобы оставить верхнюю часть матрицы
mask[np.tril_indices_from(mask)] = True
sns.heatmap(data.corr(), mask=mask, annot=True, fmt='.3f')
```

```
/var/folders/7p/qf20jzcs0857b0yp3vsrlzv00000gp/T/ipykernel_799/1935126924.py:2: DeprecationWarning: `np.bool` is a deprecated alias for the builtin `boo
l`. 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 typ
e, 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[16]:
```
<AxesSubplot:>
```

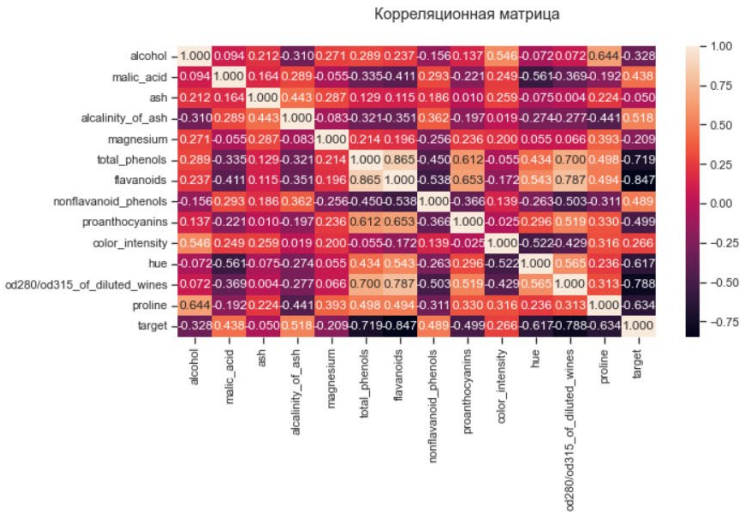


In [17]:
```
fig, ax = plt.subplots(1, 3, sharex='col', sharey='row', figsize=(15,5))
sns.heatmap(data.corr(method='pearson'), ax=ax[0], annot=True, fmt='.2f')
sns.heatmap(data.corr(method='kendall'), ax=ax[1], annot=True, fmt='.2f')
sns.heatmap(data.corr(method='spearman'), ax=ax[2], annot=True, fmt='.2f')
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 [18]:
```
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[18]:
```
<AxesSubplot:>
```



In [19]:
```
#Дополнительное задание для группы ИУ5-63Б - ящик с усами
sns.boxplot(x=data['malic_acid'])
```

Out[19]:
```
<AxesSubplot:xlabel='malic_acid'>
```