Московский государственный технический университет им. Н.Э. Баумана
Факультет «Информатика и системы управления»
Кафедра «Автоматизированные системы обработки информации и управления»


**Отчет**

**Лабораторная работа № 1**

**По курсу «Технологии машинного обучения»**

**ИСПОЛНИТЕЛЬ:**
Группа ИУ5-65Б
Погосян С. Л.

" " _____ 2021 г.

**ПРЕПОДАВАТЕЛЬ:**
Гапанюк Ю.Е.

_____

"__"_____2021 г.

Москва 2021

# Текстовое описание

Эти данные являются результатами химического анализа вин, выращенных в одном и том же регионе Италии тремя различными культиваторами. Существует тринадцать различных измерений, проведенных для различных компонентов, содержащихся в трех типах вина.

- Алкоголь
- Яблочная кислота
- Шлак
- Щелочность шлака
- Магний
- Всего фенолов
- Флаваноиды
- Нефлаваноидные фенолы
- Проантоцианы
- Интенсивность цвета:
- Оттенок
- OD280/OD315 разбавленных вин
- Пролин

# Импорт библиотек

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

# Загрузка данных

In [2]:
```
wine = load_wine()
```

# Основные характеристики датасета

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

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

In [4]:
```
wine.target[[10, 50, 85]]
```

Out[4]:
```
array([0, 0, 1])
```

In [5]:
```

```

```
wine['target_names']
```

Out[5]:
```
array(['class_0', 'class_1', 'class_2'], dtype='<U7')
```

In [6]:
```
wine['feature_names']
```

Out[6]:
```
['alcohol',
 'malic_acid',
 'ash',
 'alcalinity_of_ash',
 'magnesium',
 'total_phenols',
 'flavanoids',
 'nonflavanoid_phenols',
 'proanthocyanins',
 'color_intensity',
 'hue',
 'od280/od315_of_diluted_wines',
 'proline']
```

In [7]:
```
#Преобразование Scikit-learn в Pandas DataFrame.
def make_dataframe(ds_function):
    ds = ds_function()
    df = pd.DataFrame(data= np.c_[ds['data'], ds['target']],
                      columns= list(ds['feature_names']) + ['target'])
    return df
```

In [8]:
```
temp_df = make_dataframe(load_wine)
temp_df.head() #Выводятся первые 5 строк датасета
```

Out[8]:

| | alcohol | malic_acid | ash | alcalinity_of_ash | magnesium | total_phenols | flavanoids | nonflavanoi |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| **0** | 14.23 | 1.71 | 2.43 | 15.6 | 127.0 | 2.80 | 3.06 | |
| **1** | 13.20 | 1.78 | 2.14 | 11.2 | 100.0 | 2.65 | 2.76 | |
| **2** | 13.16 | 2.36 | 2.67 | 18.6 | 101.0 | 2.80 | 3.24 | |
| **3** | 14.37 | 1.95 | 2.50 | 16.8 | 113.0 | 3.85 | 3.49 | |
| **4** | 13.24 | 2.59 | 2.87 | 21.0 | 118.0 | 2.80 | 2.69 | |

In [9]:
```
wine['data'].shape
#Размерность датасета - 178 записей, 13 атрибутов
```

Out[9]:
```
(178, 13)
```

In [10]:
```
wine['target'].shape
#Размерность целевого признака
```

Out[10]:
```
(178,)
```

In [11]:
```
temp_df.columns
#Список атрибутов
```

Out[11]:
```
Index(['alcohol', 'malic_acid', 'ash', 'alcalinity_of_ash', 'magnesium',
```

```
       'total_phenols', 'flavanoids', 'nonflavanoid_phenols',
       'proanthocyanins', 'color_intensity', 'hue',
       'od280/od315_of_diluted_wines', 'proline', 'target'],
      dtype='object')
```

In [12]:
```
temp_df.dtypes
#Типы данных атрибутов
```

Out[12]:
```
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 [13]:
```
# Проверка наличия пустых значений в датасете
for col in temp_df.columns:
    temp_null_count = temp_df[temp_df[col].isnull()].shape[0]
    print('{} - {}'.format(col, temp_null_count))
     #Пустых значений нет
```

```
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 [14]:
```
# Основные статистические характеристки набора данных
temp_df.describe()
```

Out[14]:

| | alcohol | malic_acid | ash | alcalinity_of_ash | magnesium | total_phenols | flavanoic |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| **count** | 178.000000 | 178.000000 | 178.000000 | 178.000000 | 178.000000 | 178.000000 | 178.0000( |
| **mean** | 13.000618 | 2.336348 | 2.366517 | 19.494944 | 99.741573 | 2.295112 | 2.0292 |
| **std** | 0.811827 | 1.117146 | 0.274344 | 3.339564 | 14.282484 | 0.625851 | 0.9988 |
| **min** | 11.030000 | 0.740000 | 1.360000 | 10.600000 | 70.000000 | 0.980000 | 0.3400( |
| **25%** | 12.362500 | 1.602500 | 2.210000 | 17.200000 | 88.000000 | 1.742500 | 1.2050( |
| **50%** | 13.050000 | 1.865000 | 2.360000 | 19.500000 | 98.000000 | 2.355000 | 2.1350( |
| **75%** | 13.677500 | 3.082500 | 2.557500 | 21.500000 | 107.000000 | 2.800000 | 2.8750( |
| **max** | 14.830000 | 5.800000 | 3.230000 | 30.000000 | 162.000000 | 3.880000 | 5.0800( |

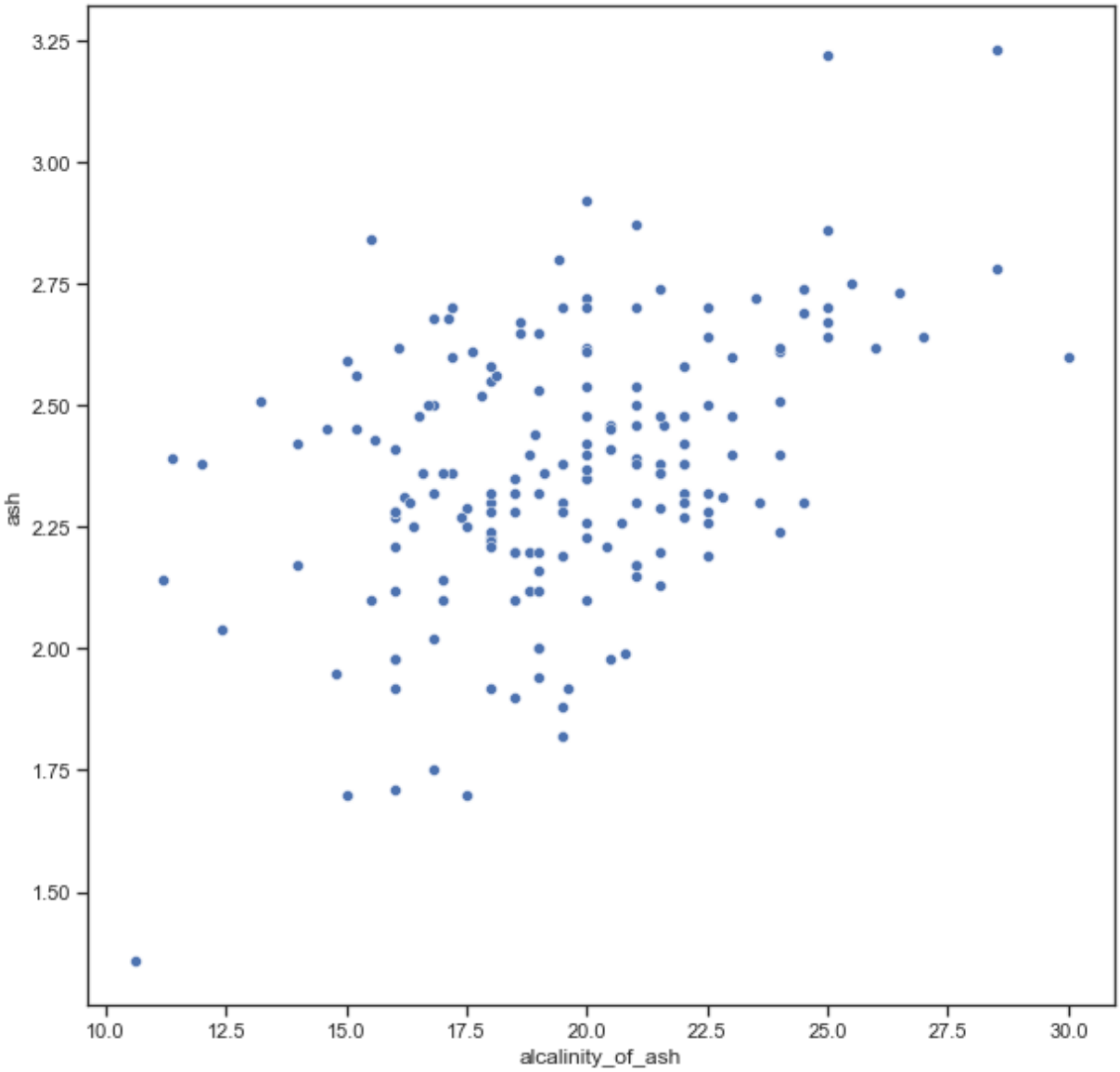
# Визуальное исследование датасета

Диаграмма рассеяния

Позволяет построить распределение двух колонок данных и визуально обнаружить наличие зависимости. Не предполагается, что значения упорядочены (например, по времени).

In [15]:
```
fig, ax = plt.subplots(figsize=(10,10))
sns.scatterplot(ax=ax, x='alcalinity_of_ash', y='ash', data=temp_df)
```

Out[15]:
```
<AxesSubplot:xlabel='alcalinity_of_ash', ylabel='ash'>
```




## Гистограмма

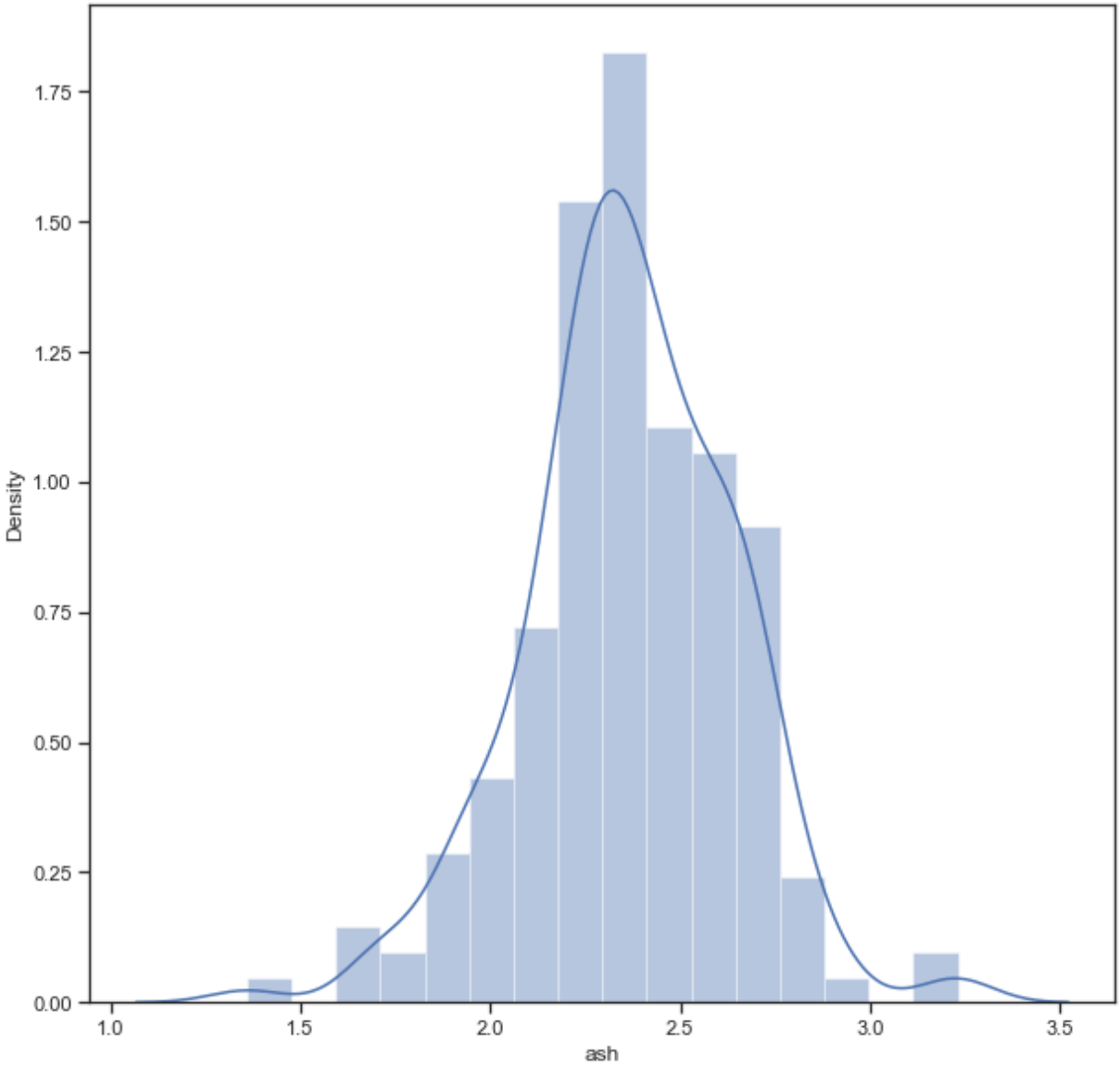
Позволяет оценить плотность вероятности распределения данных

In [16]:
```
fig, ax = plt.subplots(figsize=(10,10))
sns.distplot(temp_df['ash'])
```

```
/home/zeus/anaconda3/envs/tml_env/lib/python3.9/site-packages/seaborn/distrib
```

```
utions.py:2557: FutureWarning: `distplot` is a deprecated function and will b
e removed in a future version. Please adapt your code to use either `displot`
(a figure-level function with similar flexibility) or `histplot` (an axes-lev
el function for histograms).
  warnings.warn(msg, FutureWarning)
```

Out[16]: <AxesSubplot:xlabel='ash', ylabel='Density'>

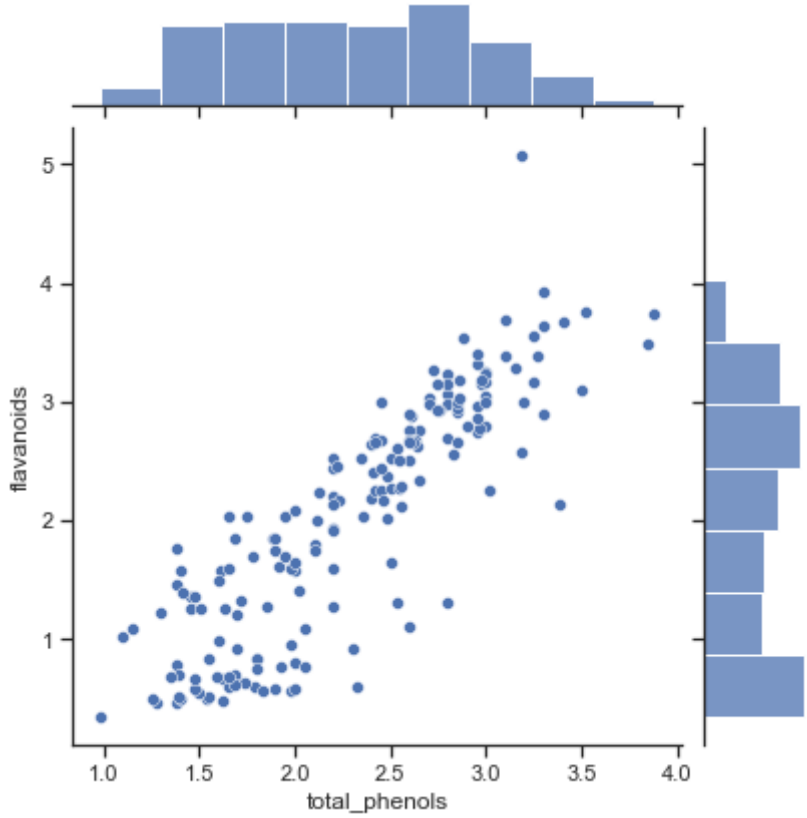



## Jointplot

Комбинация гистограмм и диаграмм рассеивания.

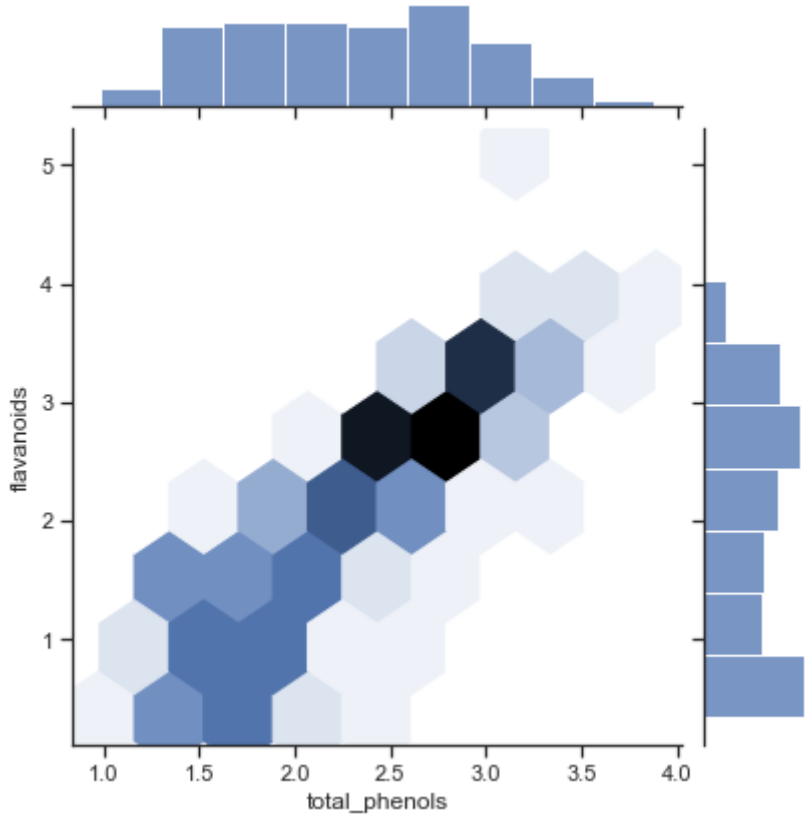
In [17]:
```
sns.jointplot(x='total_phenols', y='flavanoids', data=temp_df)
```

Out[17]: <seaborn.axisgrid.JointGrid at 0x7feb5b619580>




In [18]:
```
sns.jointplot(x='total_phenols', y='flavanoids', data=temp_df, kind = 'hex')
```

Out[18]: <seaborn.axisgrid.JointGrid at 0x7feb5b9bae80>



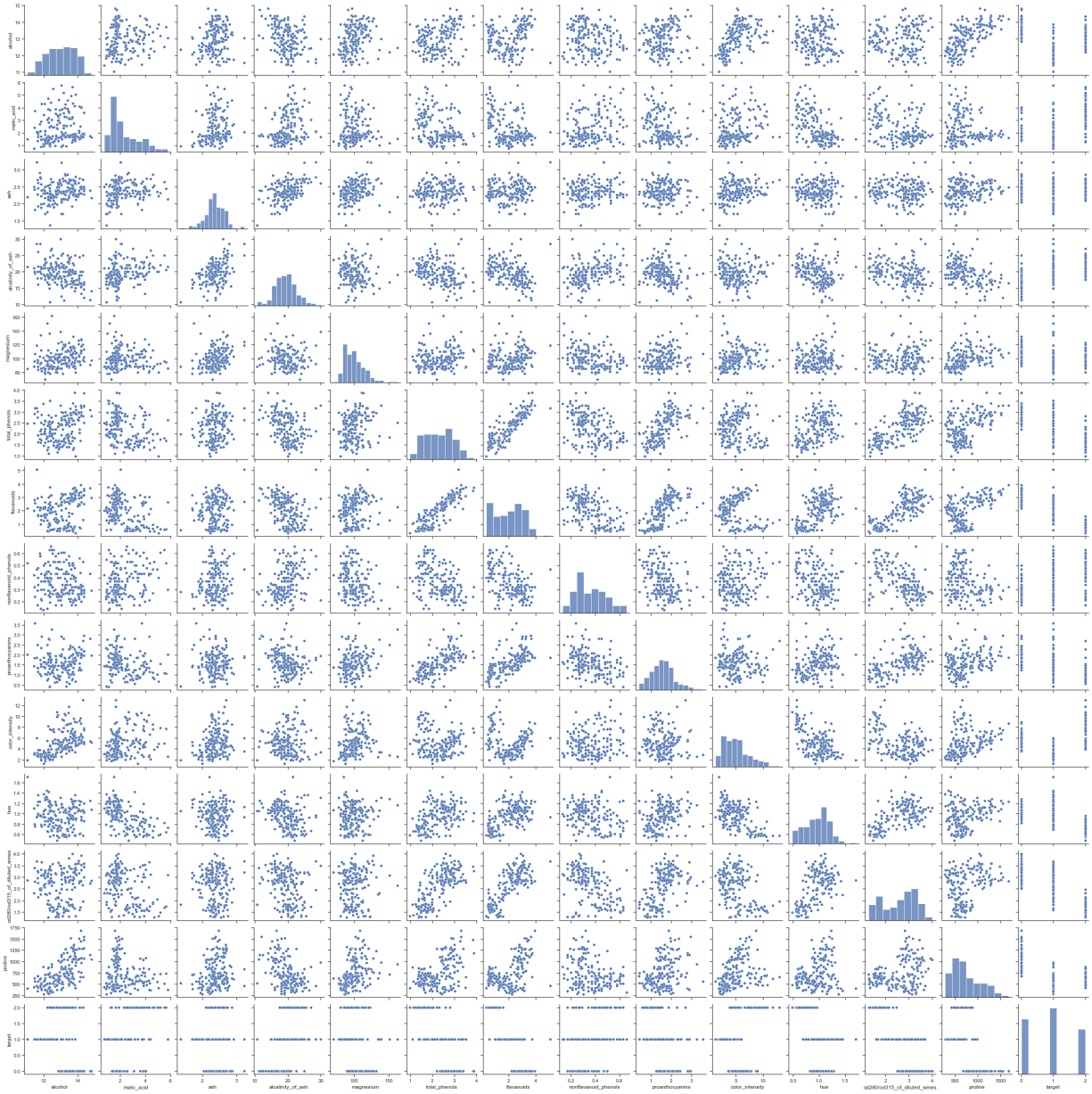

## Парные диаграммы

Комбинация гистограмм и диаграмм рассеивания для всего набора данных.

Выводится матрица графиков. На пересечении строки и столбца, которые соответствуют двум показателям, строится диаграмма рассеивания. В главной диагонали матрицы строятся гистограммы распределения соответствующих показателей.

In [19]:
```
sns.pairplot(temp_df)
```

Out[19]:
```
<seaborn.axisgrid.PairGrid at 0x7feb5b7b4730>
```

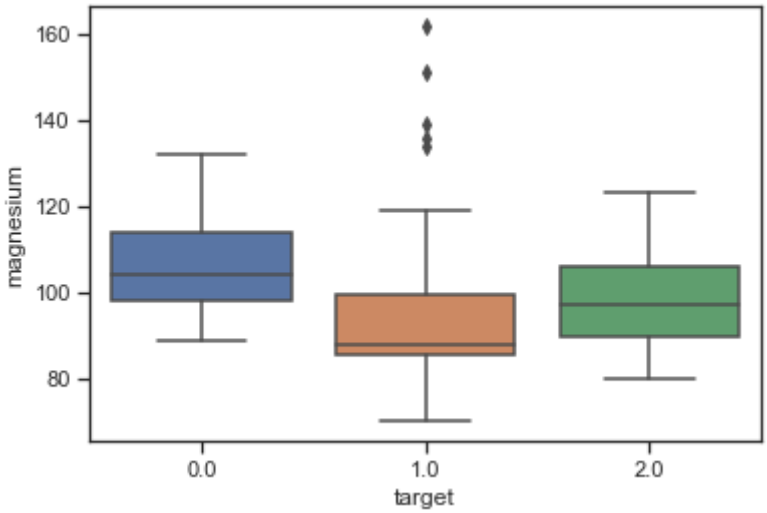


## Ящик с усами

Отображает одномерное распределение вероятности.

In [20]:
```
sns.boxplot(x='target', y='magnesium', data=temp_df)
```

Out[20]:
```
<AxesSubplot:xlabel='target', ylabel='magnesium'>
```



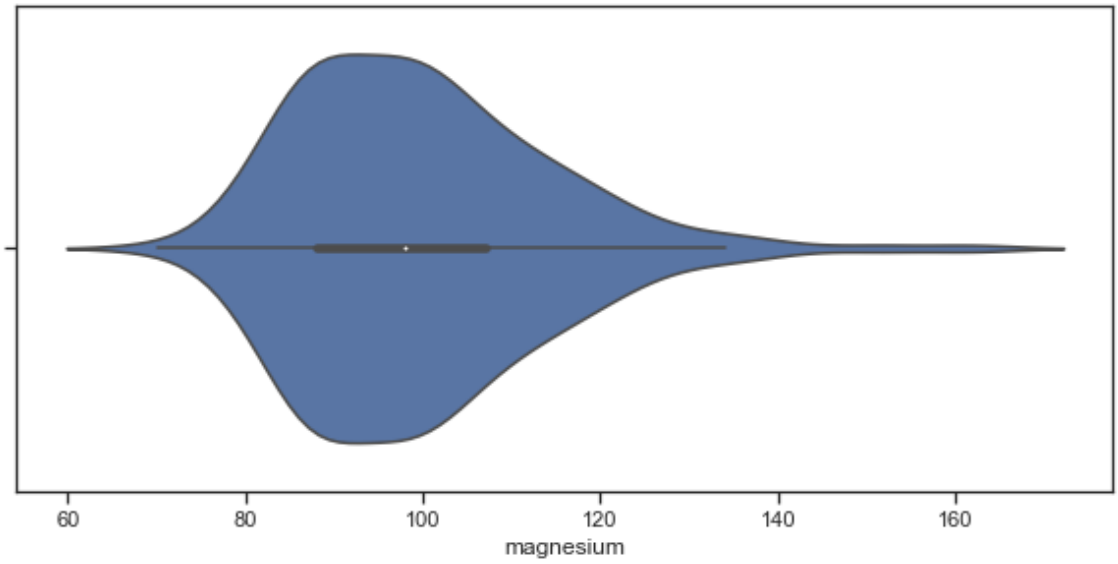

## Violin Plot

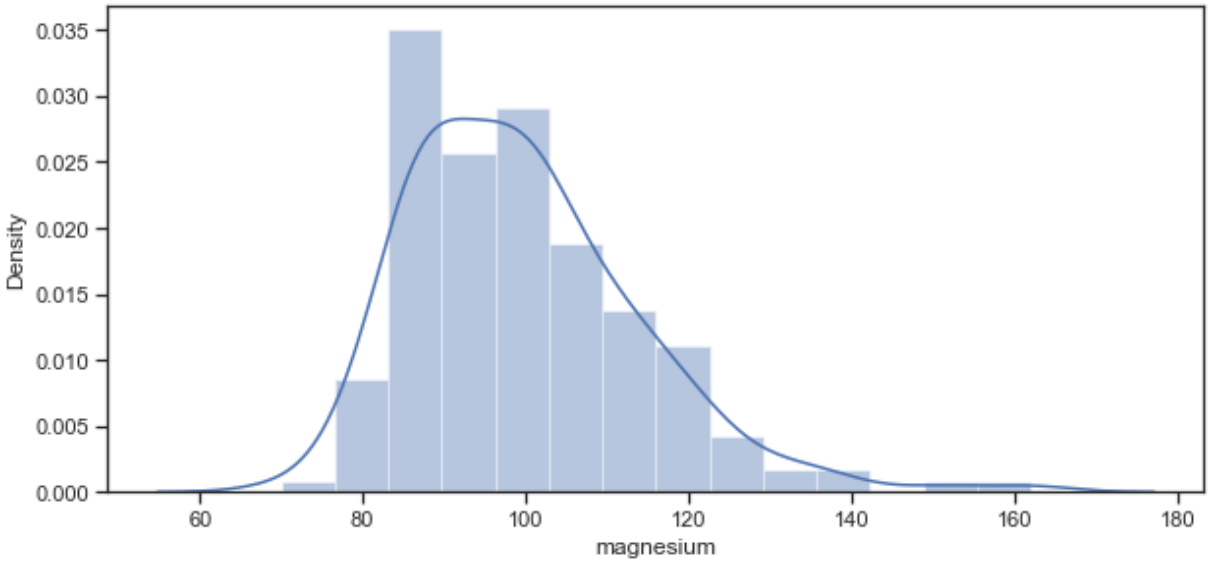
Распределение плотности

In [21]:
```
fig, ax = plt.subplots(2, 1, figsize=(10,10))
sns.violinplot(ax=ax[0], x=temp_df['magnesium'])
sns.distplot(temp_df['magnesium'], ax=ax[1])
```

```
/home/zeus/anaconda3/envs/tml_env/lib/python3.9/site-packages/seaborn/distrib
utions.py:2557: FutureWarning: `distplot` is a deprecated function and will b
e removed in a future version. Please adapt your code to use either `displot`
(a figure-level function with similar flexibility) or `histplot` (an axes-lev
el function for histograms).
  warnings.warn(msg, FutureWarning)
```

Out[21]:
```
<AxesSubplot:xlabel='magnesium', ylabel='Density'>
```




# Информация о корреляции признаков

Проверка корреляции признаков позволяет решить две задачи:

Понять какие признаки (колонки датасета) наиболее сильно коррелируют с целевым признаком (в нашем примере это колонка "target"). Именно эти признаки будут наиболее информативными для моделей машинного обучения. Признаки, которые слабо коррелируют с целевым признаком, можно попробовать исключить из построения модели, иногда это повышает качество модели. Нужно отметить, что некоторые алгоритмы машинного обучения автоматически определяют ценность того или иного признака для построения модели. Понять какие нецелевые признаки линейно зависимы между собой. Линейно зависимые признаки, как правило, очень плохо влияют на качество моделей. Поэтому если несколько признаков линейно зависимы, то для построения модели из них выбирают какой-то один признак.

In [22]:
```
temp_df.corr()
```

Out[22]:

| | alcohol | malic_acid | ash | alcalinity_of_ash | magnesium | tota |
|---|---|---|---|---|---|---|
| **alcohol** | 1.000000 | 0.094397 | 0.211545 | -0.310235 | 0.270798 | |

| | alcohol | malic_acid | ash | alcalinity_of_ash | magnesium | tota |
|---|---|---|---|---|---|---|
| **malic_acid** | 0.094397 | 1.000000 | 0.164045 | 0.288500 | -0.054575 | |
| **ash** | 0.211545 | 0.164045 | 1.000000 | 0.443367 | 0.286587 | |
| **alcalinity_of_ash** | -0.310235 | 0.288500 | 0.443367 | 1.000000 | -0.083333 | |
| **magnesium** | 0.270798 | -0.054575 | 0.286587 | -0.083333 | 1.000000 | |
| **total_phenols** | 0.289101 | -0.335167 | 0.128980 | -0.321113 | 0.214401 | |
| **flavanoids** | 0.236815 | -0.411007 | 0.115077 | -0.351370 | 0.195784 | |
| **nonflavanoid_phenols** | -0.155929 | 0.292977 | 0.186230 | 0.361922 | -0.256294 | |
| **proanthocyanins** | 0.136698 | -0.220746 | 0.009652 | -0.197327 | 0.236441 | |
| **color_intensity** | 0.546364 | 0.248985 | 0.258887 | 0.018732 | 0.199950 | |
| **hue** | -0.071747 | -0.561296 | -0.074667 | -0.273955 | 0.055398 | |
| **od280/od315_of_diluted_wines** | 0.072343 | -0.368710 | 0.003911 | -0.276769 | 0.066004 | |
| **proline** | 0.643720 | -0.192011 | 0.223626 | -0.440597 | 0.393351 | |
| **target** | -0.328222 | 0.437776 | -0.049643 | 0.517859 | -0.209179 | |

Корреляционная матрица содержит коэффициенты корреляции между всеми парами признаков.

Корреляционная матрица симметрична относительно главной диагонали. На главной диагонали расположены единицы (корреляция признака самого с собой).

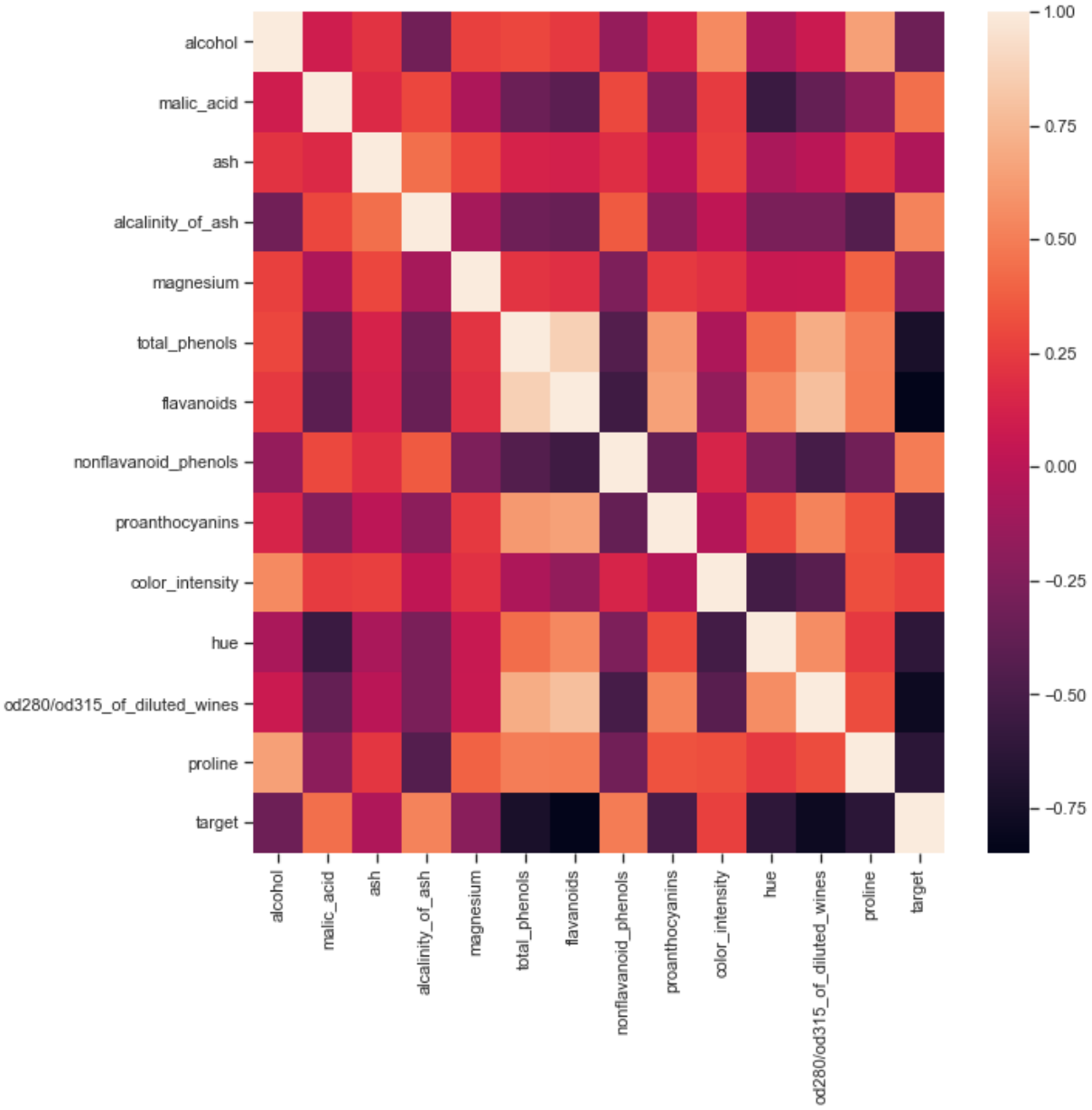
По умолчанию при построении матрицы используется коэффициент корреляции Пирсона. Возможно также построить корреляционную матрицу на основе коэффициентов корреляции Кендалла и Спирмена. На практике три метода редко дают значимые различия.

В случае большого количества признаков анализ числовой корреляционной матрицы становится неудобен.

Для визуализации корреляционной матрицы будем использовать "тепловую карту" heatmap которая показывает степень корреляции различными цветами.

In [23]:
```
fig, ax = plt.subplots(figsize=(10,10))
sns.heatmap(temp_df.corr())
```

Out[23]: <AxesSubplot:>

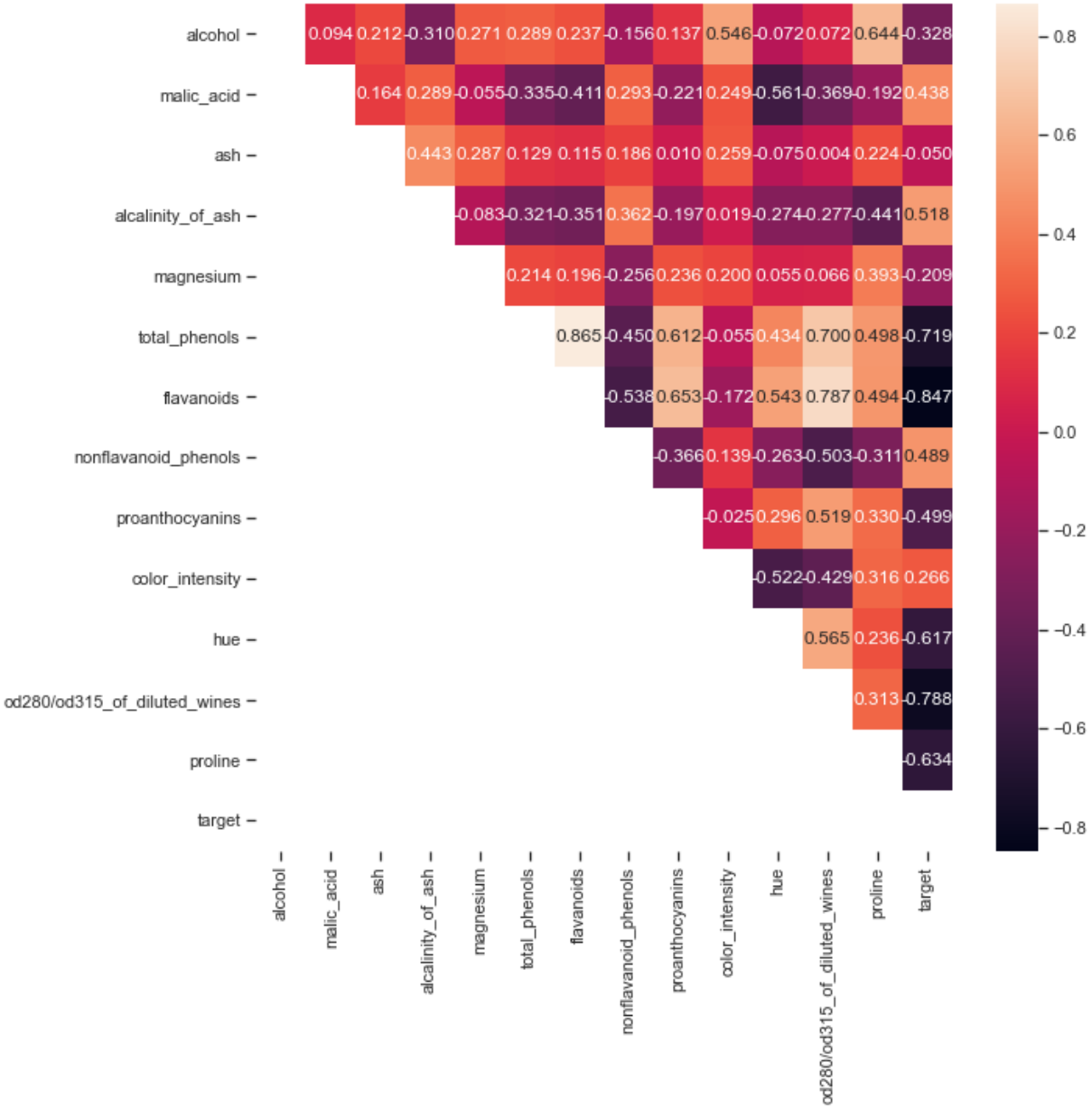



In [24]:

```
# Треугольный вариант матрицы
fig, ax = plt.subplots(figsize=(10,10))
mask = np.zeros_like(temp_df.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(temp_df.corr(), mask=mask, annot=True, fmt='.3f')
```

```
<ipython-input-24-4873b57a5c9d>:3: DeprecationWarning: `np.bool` is a depreca
ted alias for the builtin `bool`. To silence this warning, use `bool` by itse
lf. 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/de
vdocs/release/1.20.0-notes.html#deprecations
  mask = np.zeros_like(temp_df.corr(), dtype=np.bool)
```

Out[24]: <AxesSubplot:>




In [25]:

```
fig, ax = plt.subplots(1, 3, sharex='col', sharey='row', figsize=(15,5))
sns.heatmap(temp_df.corr(method='pearson'), ax=ax[0])
sns.heatmap(temp_df.corr(method='kendall'), ax=ax[1])
sns.heatmap(temp_df.corr(method='spearman'), ax=ax[2])
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')
```


Корреляционные матрицы, построенные различными методами
Pearson
Kendall
Spearman
alcohol
malic_acid
ash
alcalinity_of_ash
magnesium
total_phenols
flavanoids
nonflavanoid_phenols
proanthocyanins
color_intensity
hue
od280/od315_of_diluted_wines
proline
target

In [ ]: