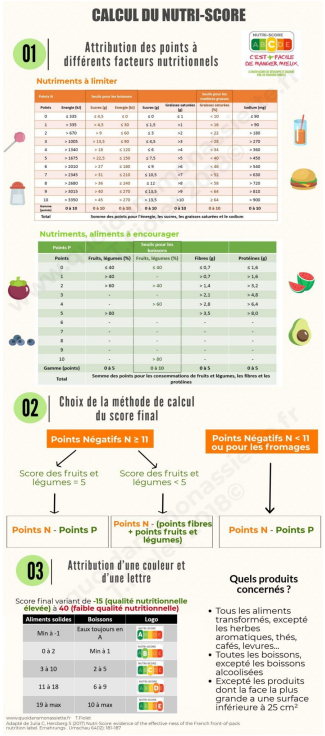
# Définition du besoin client

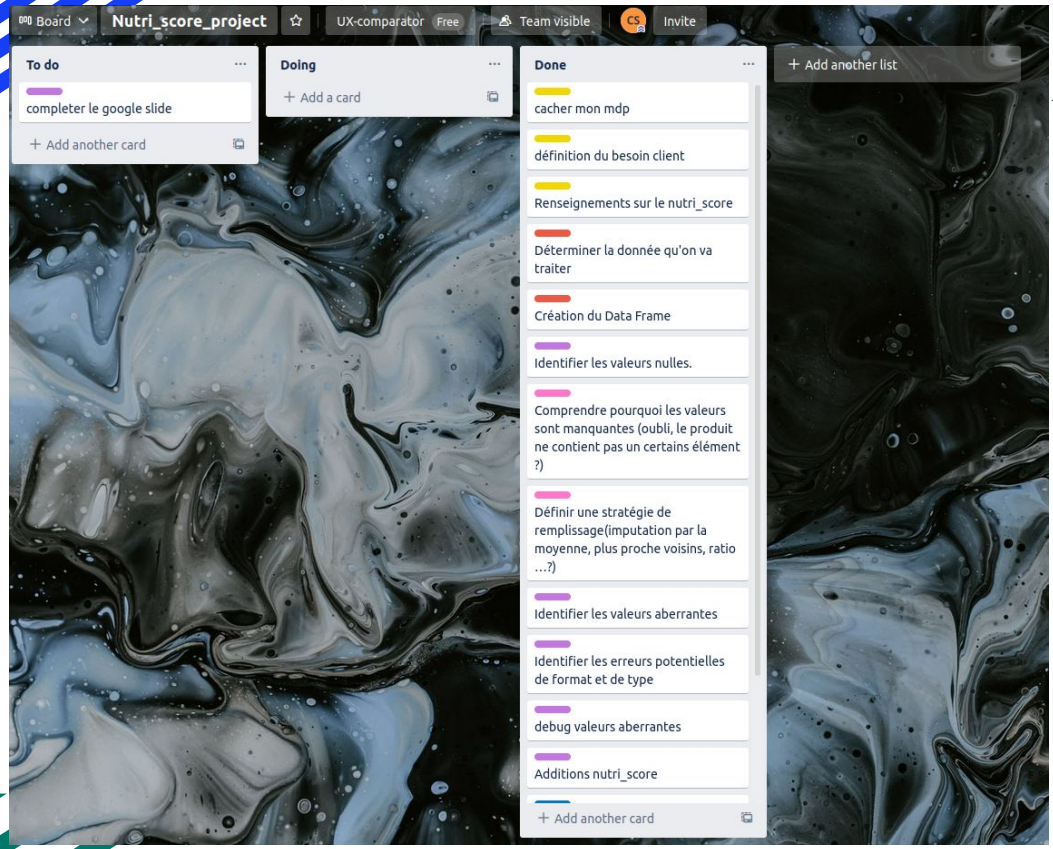
Réalisation d’un moteur de recommandation par mot-clés

# Nutri_score




**Notes pour plus tard:**

product_name
Énergie
Sodium
Sugar
fiber
protein
saturated_fat
nutrition_score
nutrition_grade




J'organise mon travail sur trello

main.py × __init__.py × conf.py ×

```python

import pandas as pd
import seaborn as sns
import matplotlib.pyplot as plt
import mysql.connector
import sqlalchemy
import sys
sys.path.insert(0,"/home/apprenant/PycharmProjects/db_recommandation/conf/conf.py"

def mysql_connect():
    from conf.conf import mysql_pseudo, mysql_mdp
    mysql_username = mysql_pseudo
    mysql_password = mysql_mdp
    database_name = 'nutri_score'
    database_connection = sqlalchemy.create_engine(
        'mysql+mysqlconnector://{0}:{1}@localhost/{2}'.format(mysql_username, mysql_password, database_name),
        pool_recycle=1, pool_timeout=57600).connect()
    return database_connection
print("done")
database_connection = mysql_connect()
print("done")
df = pd.read_csv("/home/apprenant/Downloads/recommandation.tsv", sep='\t', low_memory=False)
print("done")
#df.to_sql('nutri_all', database_connection, if_exists='replace', index=False)
print("done")
```

db_recommandation 〉 main.py

Project

- db_recommandation ~/PycharmProjects/db_recommandation
  - .ipynb_checkpoints
  - conf
    - __init__.py
    - conf.py
  - Analyse Nutriscore .ipynb
  - main.py
  - Traitement Nutriscore.ipynb
- External Libraries
- Scratches and Consoles

Je connecte ma data à sql et je lis mon fichier tsv

# Analyse

Structure de table | Vue relationnelle

| # | Nom | Type | Interclassement | Attributs | Null | Valeur par défaut | Commentaires | Extra | Action |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 1 | code | text | utf8mb4_0900_ai_ci | | Oui | | | | Modifier Supprimer Plus |
| 2 | url | text | utf8mb4_0900_ai_ci | | Oui | | | | Modifier Supprimer Plus |
| 3 | creator | text | utf8mb4_0900_ai_ci | | Oui | | | | Modifier Supprimer Plus |
| 4 | created_t | text | utf8mb4_0900_ai_ci | | Oui | | | | Modifier Supprimer Plus |
| 5 | created_datetime | text | utf8mb4_0900_ai_ci | | Oui | | | | Modifier Supprimer Plus |
| 6 | last_modified_t | text | utf8mb4_0900_ai_ci | | Oui | | | | Modifier Supprimer Plus |
| 7 | last_modified_datetime | text | utf8mb4_0900_ai_ci | | Oui | | | | Modifier Supprimer Plus |
| 8 | product_name | text | utf8mb4_0900_ai_ci | | Oui | | | | Modifier Supprimer Plus |
| 9 | generic_name | text | utf8mb4_0900_ai_ci | | Oui | | | | Modifier Supprimer Plus |
| 10 | quantity | text | utf8mb4_0900_ai_ci | | Oui | | | | Modifier Supprimer Plus |
| 11 | packaging | text | utf8mb4_0900_ai_ci | | Oui | | | | Modifier Supprimer Plus |
| 12 | packaging_tags | text | utf8mb4_0900_ai_ci | | Oui | | | | Modifier Supprimer Plus |
| 13 | brands | text | utf8mb4_0900_ai_ci | | Oui | | | | Modifier Supprimer Plus |
| 14 | brands_tags | text | utf8mb4_0900_ai_ci | | Oui | | | | Modifier Supprimer Plus |
| 15 | categories | text | utf8mb4_0900_ai_ci | | Oui | | | | Modifier Supprimer Plus |
| 16 | categories_tags | text | utf8mb4_0900_ai_ci | | Oui | | | | Modifier Supprimer Plus |
| 17 | categories_en | text | utf8mb4_0900_ai_ci | | Oui | | | | Modifier Supprimer Plus |
| 18 | origins | text | utf8mb4_0900_ai_ci | | Oui | | | | Modifier Supprimer Plus |
| 19 | origins_tags | text | utf8mb4_0900_ai_ci | | Oui | | | | Modifier Supprimer Plus |
| 20 | manufacturing_places | text | utf8mb4_0900_ai_ci | | Oui | | | | Modifier Supprimer Plus |
| 21 | manufacturing_places_tags | text | utf8mb4_0900_ai_ci | | Oui | | | | Modifier Supprimer Plus |
| 22 | labels | text | utf8mb4_0900_ai_ci | | Oui | | | | Modifier Supprimer Plus |
| 23 | labels_tags | text | utf8mb4_0900_ai_ci | | Oui | | | | Modifier Supprimer Plus |
| 24 | labels_en | text | utf8mb4_0900_ai_ci | | Oui | | | | Modifier Supprimer Plus |
| 25 | emb_codes | text | utf8mb4_0900_ai_ci | | Oui | | | | Modifier Supprimer Plus |
| 26 | emb_codes_tags | text | utf8mb4_0900_ai_ci | | Oui | | | | Modifier Supprimer Plus |
| 27 | first_packaging_code_geo | text | utf8mb4_0900_ai_ci | | Oui | | | | Modifier Supprimer Plus |

Je visualise ma data sur PHPmyAdmin

## Importation du fichier CSV et des packages + Mise en lien avec Pycharm

In [1]:
```
#!pip3 install seaborn
```

In [2]:
```
import pandas as pd
import matplotlib.pyplot as plt
%matplotlib inline
import seaborn as sns
print("Setup Complete")
```

```
Setup Complete
```

In [3]:
```
df = pd.read_csv("/home/apprenant/Downloads/recommandation.tsv", sep='\t', low_memory=False)
```

# ANALYSE DE MA DONNÉE

In [4]:
```
def info_df(df):
    print("Dataset : ",
          dict([(v, df[v].apply(lambda r: len(str(r)) if r != None else 0).max()) for v in df.columns.values]))

print(info_df(df))
```

```
Dataset :  {'code': 40, 'url': 652, 'creator': 68, 'created_t': 37, 'created_datetime': 46, 'last_modified_t': 31,
'last_modified_datetime': 35, 'product_name': 234, 'generic_name': 870, 'quantity': 194, 'packaging': 248, 'packag
ing_tags': 240, 'brands': 201, 'brands_tags': 198, 'categories': 651, 'categories_tags': 771, 'categories_en': 65
1, 'origins': 4240, 'origins_tags': 462, 'manufacturing_places': 558, 'manufacturing_places_tags': 539, 'labels':
666, 'labels_tags': 679, 'labels_en': 676, 'emb_codes': 331, 'emb_codes_tags': 308, 'first_packaging_code_geo': 1
9, 'cities': 3, 'cities_tags': 247, 'purchase_places': 89, 'stores': 341, 'countries': 328, 'countries_tags': 286,
'countries_en': 204, 'ingredients_text': 4468, 'allergens': 672, 'allergens_en': 77, 'traces': 229, 'traces_tags':
238, 'traces_en': 238, 'serving_size': 171, 'no_nutriments': 3, 'additives_n': 4, 'additives': 141411, 'additives_
tags': 281, 'additives_en': 869, 'ingredients_from_palm_oil_n': 3, 'ingredients_from_palm_oil': 3, 'ingredients_fr
om_palm_oil_tags': 58, 'ingredients_that_may_be_from_palm_oil_n': 3, 'ingredients_that_may_be_from_palm_oil': 3, '
ingredients_that_may_be_from_palm_oil_tags': 315, 'nutrition_grade_uk': 3, 'nutrition_grade_fr': 3, 'pnns_groups_1
': 23, 'pnns_groups_2': 32, 'states': 390, 'states_tags': 378, 'states_en': 339, 'main_category': 191, 'main_categ
ory_en': 191, 'image_url': 87, 'image_small_url': 87, 'energy_100g': 8, 'energy-from-fat_100g': 6, 'fat_100g': 13,
'saturated-fat_100g': 7, '-butyric-acid_100g': 3, '-caproic-acid_100g': 3, '-caprylic-acid_100g': 3, '-capric-acid
_100g': 4, '-lauric-acid_100g': 7, '-myristic-acid_100g': 4, '-palmitic-acid_100g': 3, '-stearic-acid_100g': 3, '-
arachidic-acid_100g': 5, '-behenic-acid_100g': 4, '-lignoceric-acid_100g': 3, '-cerotic-acid_100g': 3, '-montanic-
acid_100g': 4, '-melissic-acid_100g': 3, 'monounsaturated-fat_100g': 6, 'polyunsaturated-fat_100g': 7, 'omega-3-fa
t_100g': 7, '-alpha-linolenic-acid_100g': 7, '-eicosapentaenoic-acid_100g': 5, '-docosahexaenoic-acid_100g': 6, 'o
mega-6-fat_100g': 5, '-linoleic-acid_100g': 6, '-arachidonic-acid_100g': 6, '-gamma-linolenic-acid_100g': 6, '-dih
omo-gamma-linolenic-acid_100g': 18, 'omega-9-fat_100g': 4, '-oleic-acid_100g': 4, '-elaidic-acid_100g': 3, '-gondo
ic-acid_100g': 8, '-mead-acid_100g': 3, '-erucic-acid_100g': 3, '-nervonic-acid_100g': 3, 'trans-fat_100g': 7, 'ch
olesterol_100g': 14, 'carbohydrates_100g': 13, 'sugars_100g': 12, '-sucrose_100g': 4, '-glucose_100g': 4, '-fructo
se_100g': 5, '-lactose_100g': 5, '-maltose_100g': 4, '-maltodextrins_100g': 4, 'starch_100g': 5, 'polyols_100g':
5, 'fiber_100g': 13, 'proteins_100g': 13, 'casein_100g': 4, 'serum-proteins_100g': 3, 'nucleotides_100g': 6, 'salt
_100g': 18, 'sodium_100g': 20, 'alcohol_100g': 5, 'vitamin-a_100g': 10, 'beta-carotene_100g': 8, 'vitamin-d_100g':
10, 'vitamin-e_100g': 8, 'vitamin-k_100g': 9, 'vitamin-c_100g': 8, 'vitamin-b1_100g': 10, 'vitamin-b2_100g': 9, 'v
itamin-pp_100g': 9, 'vitamin-b6_100g': 8, 'vitamin-b9_100g': 9, 'folates_100g': 10, 'vitamin-b12_100g': 10, 'bioti
n_100g': 8, 'pantothenic-acid_100g': 9, 'silica_100g': 8, 'bicarbonate_100g': 8, 'potassium_100g': 9, 'chloride_10
0g': 8, 'calcium_100g': 8, 'phosphorus_100g': 7, 'iron_100g': 8, 'magnesium_100g': 9, 'zinc_100g': 8, 'copper_100g
': 9, 'manganese_100g': 8, 'fluoride_100g': 8, 'selenium_100g': 8, 'chromium_100g': 8, 'molybdenum_100g': 8, 'iodi
ne_100g': 8, 'caffeine_100g': 7, 'taurine_100g': 7, 'ph_100g': 6, 'fruits-vegetables-nuts_100g': 5, 'fruits-vegeta
bles-nuts-estimate_100g': 5, 'collagen-meat-protein-ratio_100g': 4, 'cocoa_100g': 5, 'chlorophyl_100g': 3, 'carbon
-footprint_100g': 9, 'nutrition-score-fr_100g': 5, 'nutrition-score-uk_100g': 5, 'glycemic-index_100g': 3, 'water-
hardness_100g': 3}
None
```

```
In [7]: df.iloc[:, [0,66]]
```

Out[7]:

| | code | saturated-fat_100g |
|---|---|---|
| **0** | 0000000003087 | NaN |
| **1** | 0000000004530 | 28.57 |
| **2** | 0000000004559 | 0.00 |
| **3** | 0000000016087 | 5.36 |
| **4** | 0000000016094 | NaN |
| **...** | ... | ... |
| **356022** | 99567453 | 0.00 |
| **356023** | 9970229501521 | NaN |
| **356024** | 9977471758307 | NaN |
| **356025** | 9980282863788 | NaN |
| **356026** | 999990026839 | NaN |

Je regarde en détail la colonne saturated_fat

#J'hésitais à inclure cette colonne dans mon dataframe. J'ai donc voulu en savoir plus. Savoir si elle était vraiment utile.

In [8]:
```
print(df['fruits-vegetables-nuts_100g'].shape)
print(df['fruits-vegetables-nuts_100g'].isnull().sum())
```

```
(356027,)
352799
```

#Je sélectionne les colonnes qui me semblent essentielles pour le nutri_score et je crée un dataframe indépendant pour passer au nettoyage et au traitement de ma data.

In [9]:
```
df_nutri_score = df[['product_name', 'energy_100g', 'sugars_100g', 'fiber_100g', 'proteins_100g', 'sodium_100g', 's
```

#Visualiser mes colonnes

In [10]:
```
print(df_nutri_score.columns)
```

```
Index(['product_name', 'energy_100g', 'sugars_100g', 'fiber_100g',
       'proteins_100g', 'sodium_100g', 'saturated-fat_100g',
       'nutrition-score-fr_100g', 'nutrition_grade_fr'],
      dtype='object')
```

Je regarde le nombre de valeurs nulles dans mes colonnes

#Je renomme mes colonnes

```
In [12]: df_nutri_score = df_nutri_score.rename(columns={'energy_100g': 'energy', 'sugars_100g': 'sugar', 'fiber_100g': 'fib
```

#Nombre de valeurs nulles dans chacune de mes colonnes

```
In [13]: print(df_nutri_score.isnull().sum())
```

```
product_name          17512
energy                60660
sugar                 76841
fiber                135344
protein               61866
sodium                66333
saturated_fat         92204
nutrition_score      101171
nutrition_echelon    101171
dtype: int64
```

Je renomme mes colonnes pour faciliter leur manipulation

#Visualiser le type de données de mes colonnes

```
In [14]: print(df_nutri_score.dtypes)
```

```
product_name          object
energy               float64
sugar                float64
fiber                float64
protein              float64
sodium               float64
saturated_fat        float64
nutrition_score      float64
nutrition_echelon     object
dtype: object
```

#Nombre de valeurs uniques dans chacune de mes colonnes

```
In [15]: print(df_nutri_score.nunique())
```

```
product_name         249245
energy                 4093
sugar                  4194
fiber                  1150
protein                2633
sodium                 5636
saturated_fat          2307
nutrition_score          55
nutrition_echelon         5
dtype: int64
```

Je regarde les valeurs uniques de mes colonnes

# Data cleaning

## Importation du fichier CSV et des packages + Mise en lien avec Pycharm

In [1]:
```
import pandas as pd
import matplotlib.pyplot as plt
%matplotlib inline
import seaborn as sns
import missingno as msno
import numpy as np; np.random.seed(42)
print("Setup Complete")
```

```
Setup Complete
```

In [2]:
```
df = pd.read_csv("/home/apprenant/Downloads/recommandation.tsv", sep='\t', low_memory=False)
```

## Création de mon DataFrame

In [3]:
```
#Je sélectionne les colonnes qui me semblent essentielles pour le nutri_score et je crée un dataframe indépendant p
df_nutri_score = df[['product_name', 'energy_100g', 'sugars_100g', 'fiber_100g', 'proteins_100g', 'sodium_100g', 'sa
```

In [4]:
```
#Je renomme mes colonnes
df_nutri_score = df_nutri_score.rename(columns={'energy_100g': 'energy', 'sugars_100g': 'sugar', 'fiber_100g': 'fib
```

Sur Jupyter notebook, je connecte mon pycharm et mes packages.
Je crée ensuite mon dataframe.

## Sélection de la France comme pays principal

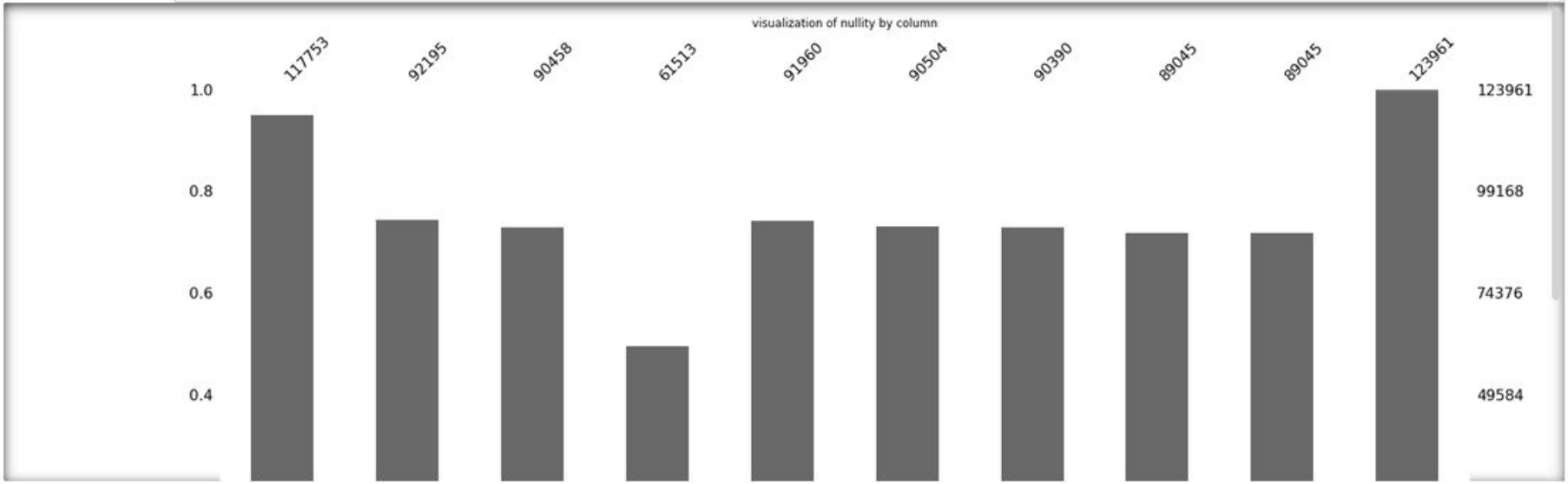
In [5]:
```
#test = df_nutri_score[df_nutri_score.distribution ]
#df_nutri_score[df_nutri_score.distribution] = df_nutri_score[df_nutri_score.distribution == 'France']
#print(df_nutri_score.head())

df_nutri_score_fr = df_nutri_score[df_nutri_score.distribution == 'France']
```

Je sélectionne la France comme pays principal

# MISSING DATA VISUALIZATION

In [6]:
```
msno.bar(df_nutri_score_fr);
plt.title("visualization of nullity by column");
```




Je visualise ma donnée manquante avec missingno

Pourcentage de données présentes par colonne

In [7]:
```
percentage_per_column_notmissing_value = ((df_nutri_score_fr.isnull().sum() * 100 / len(df_nutri_score_fr)) - 100).a
print(percentage_per_column_notmissing_value)
```

```
product_name          94.991973
energy                74.374198
sugar                 72.972951
fiber                 49.622865
protein               74.184623
sodium                73.010060
saturated_fat         72.918095
nutrition_score       71.833077
nutrition_echelon     71.833077
distribution         100.000000
dtype: float64
```

Pourcentage de données manquantes par colonne

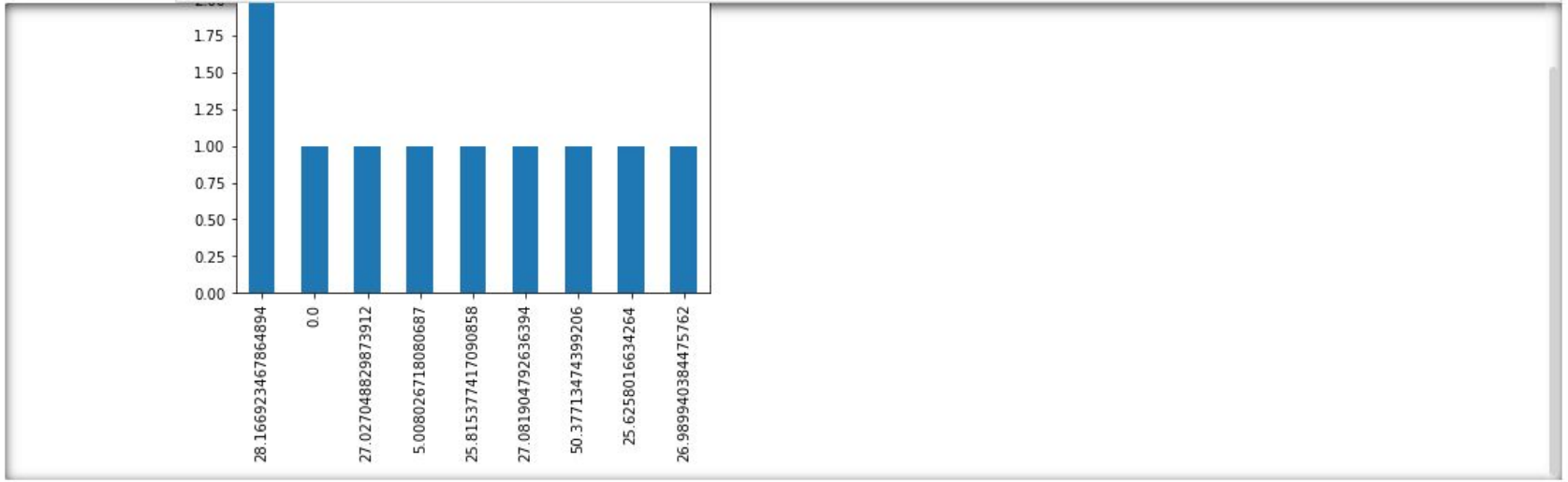
In [8]:
```
percentage_per_column_missing_value = df_nutri_score_fr.isnull().sum() * 100 / len(df_nutri_score_fr)
print(percentage_per_column_missing_value)
```

```
product_name          5.008027
energy               25.625802
sugar                27.027049
fiber                50.377135
protein              25.815377
sodium               26.989940
saturated_fat        27.081905
nutrition_score      28.166923
nutrition_echelon    28.166923
distribution          0.000000
dtype: float64
```

Je compare le pourcentage de données manquantes au pourcentage de données présentes

Visualiser le pourcentage de valeurs manquantes face à l'ensemble des valeurs:

In [9]:
```
percentage_per_column_missing_value.value_counts().plot(kind='bar');
plt.title("Purcentage per column of missig values");
```




Je visualise le pourcentage de données manquantes

## Cleaning valeurs manquantes

Je supprime les produits manquants:

In [11]:
```
df_nutri_score_fr=df_nutri_score_fr.dropna(subset = ['product_name'])
print(df_nutri_score_fr.isnull().sum())
```

```
product_name             0
energy               25919
sugar                27647
fiber                56435
protein              26153
sodium               27604
saturated_fat        27711
nutrition_score      29051
nutrition_echelon    29051
distribution             0
dtype: int64
```

Visualiser le tableau dans son ensemble

In [12]:
```
df_nutri_score_fr
```

Out[12]:

| | product_name | energy | sugar | fiber | protein | sodium | saturated_fat | nutrition_score | nutrition_echelon | distribution |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| **0** | Farine de blé noir | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | France |
| **46** | Naturablue original | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | France |
| **47** | Filet de bœuf | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | France |
| **51** | Naturakrill original | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | France |
| **138** | Twix x2 | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | France |
| **...** | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... |
| **356017** | Thé vert Earl grey | 21.0 | 0.5 | 0.2 | 0.5 | 0.01 | 0.2 | NaN | NaN | France |
| **356018** | Cheese cake thé vert, yuzu | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | France |
| **356019** | Rillette d'oie | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | France |
| **356024** | Biscottes bio | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | France |
| **356025** | Tomates aux Vermicelles | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | NaN | France |

117753 rows × 10 columns

Je supprime les lignes où le nom du produit est manquant

Je supprime les lignes où l'ensemble des colonnes hors celle de product_name sont vides

In [13]:
```
df_nutri_score_fr = df_nutri_score_fr.dropna(axis=0, subset=['energy', 'sugar', 'fiber', 'sodium', 'protein', 'satu
```

Il existe dans la db beaucoup de valeurs manquantes. J'ai supprimé les noms des produits manquants pour ne pas avoir de données oprhelines. Je vais traiter les valeurs nulles de l'energie, fibres, proteins etc. Pour ces colonnes, je ne peux pas me permettre de dupliquer la valeur d'à côté ou de supprimer la ligne en entier. La meilleure solution me semble être celle de remplacer la valeur manquante par 0. Après avoir regardé plusieurs produits, il me semble plus probable que NaN équivaut à une valeur nulle soit 0 et n'est pas un manque d'informations. exemple: Real Salt Granular NaN NaN NaN NaN 37.857 NaN NaN NaN

Je supprime les lignes où seul le nom du produit est présent et les reste des données des autres colonnes manquantes

```
In [51]: #Je remplace les données nulles de la colonne sucre par 0
df_nutri_score_fr['sugar'] = df_nutri_score_fr['sugar'].fillna(0)

In [52]: #Je remplace les données nulles de la colonne energy par 0
df_nutri_score_fr['energy'] = df_nutri_score_fr['energy'].fillna(0)

In [53]: #Je remplace les données nulles de la colonne fiber par 0
df_nutri_score_fr['fiber'] = df_nutri_score_fr['fiber'].fillna(0)

In [54]: #Je remplace les données nulles de la colonne protein par 0
df_nutri_score_fr['protein'] = df_nutri_score_fr['protein'].fillna(0)

In [55]: #Je remplace les données nulles de la colonne sodium par 0
df_nutri_score_fr['sodium'] = df_nutri_score_fr['sodium'].fillna(0)

In [56]: #Je remplace les données nulles de la colonne saturated_fat par 0
df_nutri_score_fr['saturated_fat'] = df_nutri_score_fr['saturated_fat'].fillna(0)

In [20]: #Je regarde ma quantité de data
df_nutri_score_fr.shape

Out[20]: (60781, 10)

In [21]: #Je regarde mes 10 premières lignes
df_nutri_score_fr

Out[21]:
```

| | product_name | energy | sugar | fiber | protein | sodium | saturated_fat | nutrition_score | nutrition_echelon | distribution |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| **185** | Root Beer | 215.0 | 13.60 | 0.0 | 0.00 | 0.024200 | 0.00 | 18.0 | e | France |
| **193** | Preparation mug cake chocolat-caramel au beurr... | 1632.0 | 42.00 | 0.0 | 7.00 | 0.383858 | 4.50 | 21.0 | e | France |
| **194** | Mini Confettis | 1753.0 | 87.70 | 0.9 | 0.60 | 0.003937 | 0.80 | 14.0 | d | France |
| **195** | Praliné Amande Et Noisette | 2406.0 | 50.30 | 3.9 | 9.50 | 0.001181 | 2.90 | 14.0 | d | France |
| **231** | Pepsi, Nouveau goût ! | 177.0 | 10.40 | 0.0 | 0.00 | 0.010000 | 0.00 | 13.0 | e | France |

Je remplace les données manquantes de mes éléments par 0

In [22]:
```
#le lien entre nutri_core et nutrition_echelon(grade) est évident du fait du même nombre de valeurs manquantes
print(df_nutri_score_fr['nutrition_score'].isnull().sum())
print(df_nutri_score_fr['nutrition_echelon'].isnull().sum())
```

```
592
592
```

## Je traite les valeurs manquantes de nutriscore et Echelon grade / Nutri score vide / Nutri score Grade vide

In [58]:
```
#Je remplace les données nulles de la colonne nutrition echelon par 'undefined' pour ne pas induire dans l'erreur l
df_nutri_score_fr['nutrition_echelon'] = df_nutri_score_fr['nutrition_echelon'].fillna('undefined')
print(df_nutri_score_fr['nutrition_echelon'].isnull().sum())
```

```
0
```

In [24]:
```
#éléments le plus fréquent par colonne
print(df_nutri_score_fr.mode())
```

```
  product_name  energy  sugar  fiber  protein  sodium  saturated_fat  \
0    Spaghetti     0.0    0.0    0.0      0.0     0.0            0.0

   nutrition_score nutrition_echelon distribution
0              0.0                d       France
```

In [25]:
```
df_nutri_score_limit = df_nutri_score_fr[(df_nutri_score_fr['nutrition_score'] >= -15) & (df_nutri_score_fr['nutrit
```

In [26]:
```
df_nutri_score_limit.shape
```

Out[26]:
```
(60189, 10)
```

In [27]:
```
df_nutri_score_fr = df_nutri_score_limit
```

In [28]:
```
df_nutri_score_fr.shape
```

Out[28]:
```
(60189, 10)
```

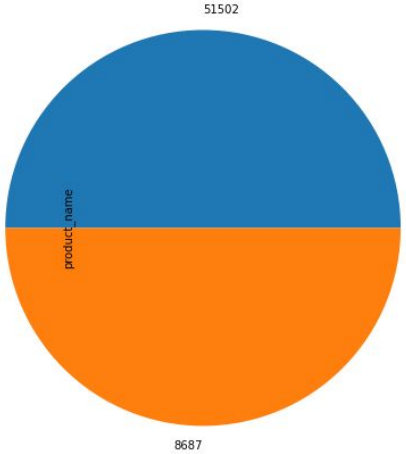
In [57]:
```
#Je remplace les données nulles de la colonne nutrition echelon par 'undefined' pour ne pas induire dans l'erreur l
df_nutri_score_fr['nutrition_score'] = df_nutri_score_fr['nutrition_score'].fillna('undefined')
print(df_nutri_score_fr['nutrition_score'].isnull().sum())
```

```
0
```

Le lien entre nutrition grade et échelon est évident du fait du nombre identique de données manquantes. Je remplace leur données manquantes par undefined. Je supprime simplement le nutrition score plus petit que -15 et plus grand que 40 car ce n’est pas possible.

# JE TRAITE LES VALEURS DOUBLES

In [30]:
```
#j'affiche les valeurs doubles dans la colonne product_name
valeurs_doubles_product_name = df_nutri_score_fr['product_name'].duplicated().value_counts()
valeurs_doubles_product_name.value_counts().plot(kind='pie',radius=2);
```




In [31]:
```
#Je mets à jour mon dataframe en supprimant les valeurs doubles
df_nutri_score_fr = df_nutri_score_fr.drop_duplicates(subset="product_name")
```

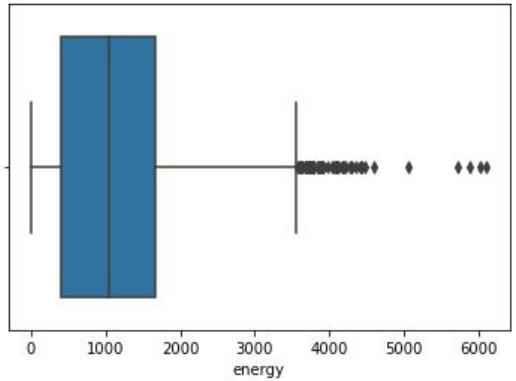
In [32]:
```
#les valeurs doubles dans la colonne 'produits' ont bien été supprimés
df_nutri_score_fr['product_name'].duplicated().value_counts()
```

Out[32]:
```
False    51502
Name: product_name, dtype: int64
```

Je traite les valeurs doubles de product_name

# JE TRAITE LES VALEURS ABERRANTES (<0, >100, Somme > 100)

```
In [34]: ax = sns.boxplot(x=df_nutri_score_fr['energy'])
```




Je traite les valeur aberrantes et visualise le boxplot de énergy

```
In [37]: df_nutri_score_energy = df_nutri_score_sugar[(df_nutri_score_sugar['energy'] >= 0) & (df_nutri_score_sugar['energy'

In [38]: #je visualise à chaque étape mon nombre de valeurs pour ne pas faire de fausses manipulations
         df_nutri_score_energy.shape

Out[38]: (51473, 10)

In [39]: df_nutri_score_fiber = df_nutri_score_energy[(df_nutri_score_energy['fiber'] >= 0) & (df_nutri_score_energy['fiber'

In [40]: #je visualise à chaque étape mon nombre de valeurs pour ne pas faire de fausses manipulations
         df_nutri_score_fiber.shape

Out[40]: (51465, 10)

In [41]: df_nutri_score_protein = df_nutri_score_fiber[(df_nutri_score_fiber['protein'] >= 0) & (df_nutri_score_fiber['prote

In [42]: #je visualise à chaque étape mon nombre de valeurs pour ne pas faire de fausses manipulations
         df_nutri_score_protein.shape

Out[42]: (51464, 10)

In [43]: df_nutri_score_sodium = df_nutri_score_protein[(df_nutri_score_protein['sodium'] >= 0) & (df_nutri_score_protein['s

In [44]: #je visualise à chaque étape mon nombre de valeurs pour ne pas faire de fausses manipulations
         df_nutri_score_sodium.shape

Out[44]: (51464, 10)

In [45]: df_nutri_score_saturated_fat = df_nutri_score_sodium[(df_nutri_score_sodium['saturated_fat'] >= 0) & (df_nutri_scor

In [46]: #je visualise à chaque étape mon nombre de valeurs pour ne pas faire de fausses manipulations
         df_nutri_score_saturated_fat.shape

Out[46]: (51464, 10)

In [47]: #j'écrase mon tableau sur la dernière version mise à jour
         df_nutri_score_fr = df_nutri_score_saturated_fat

In [48]: #Je compare le nombre de valeurs avec df_nutri_score_saturated_fat pour voir si mon nombre de valeurs est identique
         df_nutri_score_fr.shape
```

Je ne prends que les éléments compris entre 0 et 100g

In [49]:
```
df_nutri_score_fr.head(10)
```

Out[49]:

| | product_name | energy | sugar | fiber | protein | sodium | saturated_fat | nutrition_score | nutrition_echelon | distribution |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| **185** | Root Beer | 215.0 | 13.6 | 0.0 | 0.0 | 0.024200 | 0.0 | 18.0 | e | France |
| **193** | Preparation mug cake chocolat-caramel au beurr... | 1632.0 | 42.0 | 0.0 | 7.0 | 0.383858 | 4.5 | 21.0 | e | France |
| **194** | Mini Confettis | 1753.0 | 87.7 | 0.9 | 0.6 | 0.003937 | 0.8 | 14.0 | d | France |
| **195** | Praliné Amande Et Noisette | 2406.0 | 50.3 | 3.9 | 9.5 | 0.001181 | 2.9 | 14.0 | d | France |
| **231** | Pepsi, Nouveau goût ! | 177.0 | 10.4 | 0.0 | 0.0 | 0.010000 | 0.0 | 13.0 | e | France |
| **240** | Crêpes jambon fromage | 678.0 | 3.7 | 0.9 | 8.2 | 0.287402 | 1.7 | 0.0 | b | France |
| **242** | Tarte Poireaux Et Lardons | 1079.0 | 1.0 | 1.4 | 7.5 | 0.314961 | 11.0 | 15.0 | d | France |
| **248** | Marmite Original Pate A Tartiner 125G | 1046.0 | 1.0 | 3.5 | 39.0 | 3.858268 | 0.1 | 9.0 | c | France |
| **251** | Madeleines nature | 1900.0 | 26.0 | 1.5 | 6.0 | 0.259843 | 2.5 | 12.0 | d | France |
| **288** | Cakes Raisins | 1768.0 | 28.0 | 1.8 | 5.8 | 0.255906 | 2.5 | 13.0 | d | France |

In [50]:
```
df_nutri_score_fr.info()
```

```
<class 'pandas.core.frame.DataFrame'>
Int64Index: 51464 entries, 185 to 356005
Data columns (total 10 columns):
 #   Column             Non-Null Count  Dtype
---  ------             --------------  -----
 0   product_name       51464 non-null  object
 1   energy             51464 non-null  float64
 2   sugar              51464 non-null  float64
 3   fiber              51464 non-null  float64
 4   protein            51464 non-null  float64
 5   sodium             51464 non-null  float64
 6   saturated_fat      51464 non-null  float64
 7   nutrition_score    51464 non-null  float64
 8   nutrition_echelon  51464 non-null  object
 9   distribution       51464 non-null  object
dtypes: float64(7), object(3)
memory usage: 4.3+ MB
```

Je visualise mon tableau final après son nettoyage