Инструменты обработки и визуализации данных

Тема №3 – Препроцессинг данных

Препроцессинг данных включает в себя широкий круг методов для очистки, выбора и преобразования данных с целью улучшения качества последующего интеллектуального анализа данных.

Программные средства для препроцессинга данных имеются как в библиотеке Pandas, так и основной библиотеке машинного обучения scikit-learn (sklearn).

Загрузка данных из удаленного файла

Считаем набор данных “Ирисы” из репозитария UCI (http://archive.ics.uci.edu/) различными способами.

1. Считаем данные при помощи библиотеки `urllib.request`, выведем данные на экран и проанализируем форму данных (количество записей и количество признаков):

In [1]:
```
# данные из репозитария UCI
url = \
    "https://archive.ics.uci.edu/ml/"+\
    "machine-learning-databases/iris/iris.data"
```

In [2]:
```
import urllib.request

data = urllib.request.urlopen(url) # объект типа 'HTTPResponse'

xList = []
for line in data:
    row = line.strip().decode().split(",") # сплит по запятой
    if len(row) > 1:
        xList.append(row)
```

In [3]:
```
print('##### Набор данных Ирисы #####')
print("Число строк = ", len(xList))
print("Число столбцов = ", len(xList[1]))
xList[:10]
```

```
##### Набор данных Ирисы #####
Число строк =  150
Число столбцов =  5
```

Out[3]:
```
[['5.1', '3.5', '1.4', '0.2', 'Iris-setosa'],
 ['4.9', '3.0', '1.4', '0.2', 'Iris-setosa'],
 ['4.7', '3.2', '1.3', '0.2', 'Iris-setosa'],
 ['4.6', '3.1', '1.5', '0.2', 'Iris-setosa'],
 ['5.0', '3.6', '1.4', '0.2', 'Iris-setosa'],
 ['5.4', '3.9', '1.7', '0.4', 'Iris-setosa'],
 ['4.6', '3.4', '1.4', '0.3', 'Iris-setosa'],
 ['5.0', '3.4', '1.5', '0.2', 'Iris-setosa'],
 ['4.4', '2.9', '1.4', '0.2', 'Iris-setosa'],
 ['4.9', '3.1', '1.5', '0.1', 'Iris-setosa']]
```

Чтобы использовать считанные данные, нужно преобразовать их в правильный тип.

2. Скопируем файл из репозитария UCI на локальный диск, считаем набор данных при помощи функции `genfromtxt()` библиотеки NumPy и дополнительно рассчитаем средние значения признаков, матрицы ковариаций и корреляций признаков:

In [4]:
```
from urllib.request import urlopen
from contextlib import closing

# копируем удаленный файл на диск
with closing(urlopen(url)) as u, open("iris.csv", "w") as f:
    f.write(u.read().decode())
```

In [5]:
```
import numpy as np

data = np.genfromtxt( "iris.csv", delimiter=",", usecols=(0,1,2,3),
                      dtype=float )
targ = np.genfromtxt( "iris.csv", delimiter=",", usecols=(4),
                      dtype=str )
```

In [6]:
```
data[:10]
```

Out[6]:
```
array([[5.1, 3.5, 1.4, 0.2],
       [4.9, 3. , 1.4, 0.2],
       [4.7, 3.2, 1.3, 0.2],
       [4.6, 3.1, 1.5, 0.2],
       [5. , 3.6, 1.4, 0.2],
       [5.4, 3.9, 1.7, 0.4],
       [4.6, 3.4, 1.4, 0.3],
       [5. , 3.4, 1.5, 0.2],
       [4.4, 2.9, 1.4, 0.2],
       [4.9, 3.1, 1.5, 0.1]])
```

In [7]:
```
targ[:10]
```

Out[7]:
```
array(['Iris-setosa', 'Iris-setosa', 'Iris-setosa', 'Iris-setosa',
       'Iris-setosa', 'Iris-setosa', 'Iris-setosa', 'Iris-setosa',
       'Iris-setosa', 'Iris-setosa'], dtype='<U15')
```

In [8]:
```
iris_mean = np.mean( data, axis=0 ) # средние по столбцам
iris_cov  = np.cov( data.T )
```

```
iris_corr = np.corrcoef( data.T )

print( "*** Средние значения:\n", iris_mean )
print( "*** Матрица ковариаций:\n", iris_cov )
print( "*** Матрица корреляций:\n", iris_corr )
```

```
*** Средние значения:
 [5.84333333 3.054      3.75866667 1.19866667]
*** Матрица ковариаций:
 [[ 0.68569351 -0.03926846  1.27368233  0.5169038 ]
 [-0.03926846  0.18800403 -0.32171275 -0.11798121]
 [ 1.27368233 -0.32171275  3.11317942  1.29638747]
 [ 0.5169038  -0.11798121  1.29638747  0.58241432]]
*** Матрица корреляций:
 [[ 1.         -0.10936925  0.87175416  0.81795363]
 [-0.10936925  1.         -0.4205161  -0.35654409]
 [ 0.87175416 -0.4205161   1.          0.9627571 ]
 [ 0.81795363 -0.35654409  0.9627571   1.        ]]
```

3. Считаем теперь набор данных “Ирисы” при помощи пакета Pandas:

In [9]:
```
import pandas as pd

# считываем данные в объект DataFrame
my_data = pd.read_csv( url, header=None )
my_data
```

Out[9]:

	0	1	2	3	4
0	5.1	3.5	1.4	0.2	Iris-setosa
1	4.9	3.0	1.4	0.2	Iris-setosa
2	4.7	3.2	1.3	0.2	Iris-setosa
3	4.6	3.1	1.5	0.2	Iris-setosa
4	5.0	3.6	1.4	0.2	Iris-setosa
...	...	...	...	...	...
145	6.7	3.0	5.2	2.3	Iris-virginica
146	6.3	2.5	5.0	1.9	Iris-virginica
147	6.5	3.0	5.2	2.0	Iris-virginica
148	6.2	3.4	5.4	2.3	Iris-virginica
149	5.9	3.0	5.1	1.8	Iris-virginica

150 rows × 5 columns

In [10]:
```
my_data.info()
```

```
<class 'pandas.core.frame.DataFrame'>
RangeIndex: 150 entries, 0 to 149
Data columns (total 5 columns):
 #   Column  Non-Null Count  Dtype  
---  ------  --------------  -----  
 0   0       150 non-null    float64
 1   1       150 non-null    float64
 2   2       150 non-null    float64
 3   3       150 non-null    float64
 4   4       150 non-null    object 
dtypes: float64(4), object(1)
memory usage: 6.0+ KB
```

In [11]:
```
my_data.describe() # сводка данных для числовых столбцов
```

Out[11]:

	0	1	2	3
count	150.000000	150.000000	150.000000	150.000000
mean	5.843333	3.054000	3.758667	1.198667
std	0.828066	0.433594	1.764420	0.763161
min	4.300000	2.000000	1.000000	0.100000
25%	5.100000	2.800000	1.600000	0.300000
50%	5.800000	3.000000	4.350000	1.300000
75%	6.400000	3.300000	5.100000	1.800000
max	7.900000	4.400000	6.900000	2.500000

Плохое качество данных оказывает негативное воздействие на процесс анализа данных. Наиболее часто встречающиеся проблемы включают шум, выбросы, отсутствующие значения и дублирующиеся данные.

Работа с пропущенными значениями

Достаточно часто в данных отсутствуют (пропущено) одно или несколько значений признаков. Иногда не хватает информации, а иногда некоторые значения не подходят для признаков. Существуют различные подходы для работы с пропущенными (отсутствующими) значениями.

Рассмотрим инструментарий для работы с пропущенными значениями на примере синтетического набора данных.

In [12]:
```
df = pd.DataFrame(np.arange(0, 15).reshape(5, 3),
                  index=['r1', 'r2', 'r3', 'r4', 'r5'],
                  columns=['c1', 'c2', 'c3'])
df
```

Out[12]:

	c1	c2	c3
r1	0	1	2
r2	3	4	5
r3	6	7	8
r4	9	10	11
r5	12	13	14

Значение `nan` (not-a-number) представляет собой специальное значение, определенное в библиотеке NumPy и предназначенное для кодирования пустых значений:

In [13]:
```
np.nan, type(np.nan)
```

Out[13]:
```
(nan, float)
```

Сделаем в датафрейме ряд изменений:

In [14]:
```
df['c4'] = np.nan                # новый столбец со значениями NaN
df
```

Out[14]:

	c1	c2	c3	c4
r1	0	1	2	NaN
r2	3	4	5	NaN
r3	6	7	8	NaN
r4	9	10	11	NaN
r5	12	13	14	NaN

In [15]:
```
# метод (индексатор) `loc` работает с метками строк
df.loc['r6'] = np.arange(15,19) # новая строка со значениями от 15 ,
df.loc['r7'] = np.nan           # новая строка со значениями NaN
df
```

Out[15]:

	c1	c2	c3	c4
r1	0.0	1.0	2.0	NaN
r2	3.0	4.0	5.0	NaN
r3	6.0	7.0	8.0	NaN
r4	9.0	10.0	11.0	NaN
r5	12.0	13.0	14.0	NaN
r6	15.0	16.0	17.0	18.0
r7	NaN	NaN	NaN	NaN

In [16]:
```
df['c5'] = np.nan                # новый столбец со значениями NaN
df
```

Out[16]:

	c1	c2	c3	c4	c5
r1	0.0	1.0	2.0	NaN	NaN
r2	3.0	4.0	5.0	NaN	NaN
r3	6.0	7.0	8.0	NaN	NaN
r4	9.0	10.0	11.0	NaN	NaN
r5	12.0	13.0	14.0	NaN	NaN
r6	15.0	16.0	17.0	18.0	NaN
r7	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN

In [17]:
```
# df['c4']['r1'] = 20            # раньше делали так
df.loc['r1','c4'] = 20           # значение NaN заменяем на 20
df
```

Out[17]:

	c1	c2	c3	c4	c5
r1	0.0	1.0	2.0	20.0	NaN
r2	3.0	4.0	5.0	NaN	NaN
r3	6.0	7.0	8.0	NaN	NaN
r4	9.0	10.0	11.0	NaN	NaN
r5	12.0	13.0	14.0	NaN	NaN
r6	15.0	16.0	17.0	18.0	NaN
r7	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN

Значения `NaN` интерпретируются как неопределенные (пропущенные).

Поиск (отбор) пропущенных значений

In [18]:
```
df.isnull() # отбор элементов со значениями NaN
```

Out[18]:

	c1	c2	c3	c4	c5
r1	False	False	False	False	True
r2	False	False	False	True	True
r3	False	False	False	True	True
r4	False	False	False	True	True
r5	False	False	False	True	True
r6	False	False	False	False	True
r7	True	True	True	True	True

In [19]:
```
df.notnull() # отбор элементов со значениями, отличными от NaN
```

Out[19]:

	c1	c2	c3	c4	c5
r1	True	True	True	True	False
r2	True	True	True	False	False
r3	True	True	True	False	False
r4	True	True	True	False	False
r5	True	True	True	False	False
r6	True	True	True	True	False
r7	False	False	False	False	False

In [20]:
```
~df.isnull() # можно отобрать элементы и так
```

Out[20]:

	c1	c2	c3	c4	c5
r1	True	True	True	True	False
r2	True	True	True	False	False
r3	True	True	True	False	False
r4	True	True	True	False	False
r5	True	True	True	False	False
r6	True	True	True	True	False
r7	False	False	False	False	False

In [21]:
```
df.isnull().sum(axis=0) # подсчитываем кол-во NaN в каждом столбце
```

```
Out[21]: c1    1
         c2    1
         c3    1
         c4    5
         c5    7
         dtype: int64
```

```
In [22]: df.isnull().sum(axis=1) # подсчитываем кол-во NaN в каждой строке
```

```
Out[22]: r1    1
         r2    2
         r3    2
         r4    2
         r5    2
         r6    1
         r7    5
         dtype: int64
```

```
In [23]: df.count(axis=0) # кол-во значений, отличных от NaN, по каждому сто
```

```
Out[23]: c1    6
         c2    6
         c3    6
         c4    2
         c5    0
         dtype: int64
```

Удаление пропущенных значений

Отберем непропущенные значения в столбце `c4`:

```
In [24]: df['c4']
```

```
Out[24]: r1    20.0
         r2     NaN
         r3     NaN
         r4     NaN
         r5     NaN
         r6    18.0
         r7     NaN
         Name: c4, dtype: float64
```

```
In [25]: df.c4[df.c4.notnull()] # один вариант обращения к столбцу
```

```
Out[25]: r1    20.0
         r6    18.0
         Name: c4, dtype: float64
```

```
In [26]: df['c4'][df['c4'].notnull()] # другой вариант обращения к столбцу
```

```
Out[26]: r1    20.0
         r6    18.0
         Name: c4, dtype: float64
```

Можно удалить из столбца все значения NaN при помощи метода

`dropna()`:

In [27]:
```
df['c4'].dropna()
```

Out[27]:
```
r1    20.0
r6    18.0
Name: c4, dtype: float64
```

Метод `dropna()` возвращает копию с удаленными значениями, при этом исходный датафрейм (столбец) не изменяется.

In [28]:
```
df
```

Out[28]:

	c1	c2	c3	c4	c5
r1	0.0	1.0	2.0	20.0	NaN
r2	3.0	4.0	5.0	NaN	NaN
r3	6.0	7.0	8.0	NaN	NaN
r4	9.0	10.0	11.0	NaN	NaN
r5	12.0	13.0	14.0	NaN	NaN
r6	15.0	16.0	17.0	18.0	NaN
r7	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN

Метод `dropna()` при применении к датафрейму удаляет целиком строки, в которых есть по крайней мере одно значение NaN, поэтому из датафрейма будут удалены все строки:

In [29]:
```
df.dropna()
```

Out[29]:

c1	c2	c3	c4	c5

При использовании ключа `how='all'` удаляются лишь те строки, в которых все значения являются значениями NaN:

In [30]:
```
df.dropna(how = 'all')
```

Out[30]:

	c1	c2	c3	c4	c5
r1	0.0	1.0	2.0	20.0	NaN
r2	3.0	4.0	5.0	NaN	NaN
r3	6.0	7.0	8.0	NaN	NaN
r4	9.0	10.0	11.0	NaN	NaN
r5	12.0	13.0	14.0	NaN	NaN
r6	15.0	16.0	17.0	18.0	NaN

Можно изменить ось, чтобы удалить столбцы со значениями NaN вместо строк:

In [31]:
```
df.dropna(how='all', axis=1) # удаляем столбец c5
```

Out[31]:

	c1	c2	c3	c4
r1	0.0	1.0	2.0	20.0
r2	3.0	4.0	5.0	NaN
r3	6.0	7.0	8.0	NaN
r4	9.0	10.0	11.0	NaN
r5	12.0	13.0	14.0	NaN
r6	15.0	16.0	17.0	18.0
r7	NaN	NaN	NaN	NaN

Создадим копию датафрейма и заменим в двух ячейках значения NaN на значения 0:

In [32]:
```
df2 = df.copy()
df2.loc['r7','c1'] = 0 # df2.loc['r7'].c1=0 или df2.loc['r7']['c1']=
df2.loc['r7','c3'] = 0 # df2.loc['r7'].c3=0 или df2.loc['r7']['c3']=
df2
```

Out[32]:

	c1	c2	c3	c4	c5
r1	0.0	1.0	2.0	20.0	NaN
r2	3.0	4.0	5.0	NaN	NaN
r3	6.0	7.0	8.0	NaN	NaN
r4	9.0	10.0	11.0	NaN	NaN
r5	12.0	13.0	14.0	NaN	NaN
r6	15.0	16.0	17.0	18.0	NaN
r7	0.0	NaN	0.0	NaN	NaN

Удалим столбцы, в которых есть хотя бы одно значение NaN:

In [33]:
```
df2.dropna(how='any', axis=1)
```

Out[33]:

	c1	c3
r1	0.0	2.0
r2	3.0	5.0
r3	6.0	8.0
r4	9.0	11.0
r5	12.0	14.0
r6	15.0	17.0
r7	0.0	0.0

Оставим столбцы, в которых есть по крайней мере два значения, отличных от NaN:

In [34]:
```
df2.dropna(thresh=3, axis=1)
```

Out[34]:

	c1	c2	c3
r1	0.0	1.0	2.0
r2	3.0	4.0	5.0
r3	6.0	7.0	8.0
r4	9.0	10.0	11.0
r5	12.0	13.0	14.0
r6	15.0	16.0	17.0
r7	0.0	NaN	0.0

Заполнение пропущенных значений

Пропущенные значения могут быть заполнены константой:

In [35]:
```
df.fillna(0)
```

Out[35]:

	c1	c2	c3	c4	c5
r1	0.0	1.0	2.0	20.0	0.0
r2	3.0	4.0	5.0	0.0	0.0
r3	6.0	7.0	8.0	0.0	0.0
r4	9.0	10.0	11.0	0.0	0.0
r5	12.0	13.0	14.0	0.0	0.0
r6	15.0	16.0	17.0	18.0	0.0
r7	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0

Значения NaN не учитываются при вычислении средних значений:

In [36]:
```
df.mean()
```

Out[36]:
```
c1     7.5
c2     8.5
c3     9.5
c4    19.0
c5     NaN
dtype: float64
```

Поэтому после замены значений NaN на 0 получаем другие средние значения:

In [37]:
```
df.fillna(0).mean()
```

Out[37]:
```
c1    6.428571
c2    7.285714
c3    8.142857
c4    5.428571
c5    0.000000
dtype: float64
```

Пропущенные значения могут быть заполнены соседними значениями в прямом и обратном порядке:

In [38]:
```
df.c4
```

Out[38]:
```
r1    20.0
r2     NaN
r3     NaN
r4     NaN
r5     NaN
r6    18.0
r7     NaN
Name: c4, dtype: float64
```

In [39]:
```
df.c4.ffill() # прямой порядок
```

Out[39]:
```
r1    20.0
r2    20.0
r3    20.0
r4    20.0
r5    20.0
r6    18.0
r7    18.0
Name: c4, dtype: float64
```

In [40]:
```
df.c4.bfill() # обратный порядок
```

Out[40]:
```
r1    20.0
r2    18.0
r3    18.0
r4    18.0
r5    18.0
r6    18.0
r7     NaN
Name: c4, dtype: float64
```

Можно заполнить пропущенные значения для конкретных индексов строк при помощи соответствующего объекта `Series`:

In [41]:
```
fill_values = pd.Series([100, 101, 102], index=['r1', 'r2', 'r3'])
fill_values
```

Out[41]:
```
r1    100
r2    101
r3    102
dtype: int64
```

In [42]:
```
df.c4
```

Out[42]:
```
r1    20.0
r2     NaN
r3     NaN
r4     NaN
r5     NaN
r6    18.0
r7     NaN
Name: c4, dtype: float64
```

In [43]:
```
df.c4.fillna(fill_values)
```

Out[43]:
```
r1     20.0
r2    101.0
r3    102.0
r4      NaN
r5      NaN
r6     18.0
r7      NaN
Name: c4, dtype: float64
```

Заполним значения NaN в каждом столбце средним значением этого столбца (где оно может быть вычислено):

In [44]:
```
df.fillna(df.mean())
```

Out[44]:

	c1	c2	c3	c4	c5
r1	0.0	1.0	2.0	20.0	NaN
r2	3.0	4.0	5.0	19.0	NaN
r3	6.0	7.0	8.0	19.0	NaN
r4	9.0	10.0	11.0	19.0	NaN
r5	12.0	13.0	14.0	19.0	NaN
r6	15.0	16.0	17.0	18.0	NaN
r7	7.5	8.5	9.5	19.0	NaN

Рассмотрим теперь работу с пропущенными значениями на примере набора данных из репозитария UCI с информацией о пациентах с раком груди.

In [45]:
```
url = 'https://archive.ics.uci.edu/ml/machine-learning-databases/'+'
      'breast-cancer-wisconsin/breast-cancer-wisconsin.data'

data = pd.read_csv(url, header=None)
data.columns = ['Sample code', 'Clump Thickness',
                'Uniformity of Cell Size', 'Uniformity of Cell Shap
                'Marginal Adhesion', 'Single Epithelial Cell Size',
                'Bare Nuclei', 'Bland Chromatin',
                'Normal Nucleoli', 'Mitoses','Class']

data = data.drop(['Sample code'],axis=1) # удаляем ненужный столбец
print('Число записей = %d' % (data.shape[0]))
print('Число признаков = %d' % (data.shape[1]))
data.head()
```

```
Число записей = 699
Число признаков = 10
```

Out[45]:

	Clump Thickness	Uniformity of Cell Size	Uniformity of Cell Shape	Marginal Adhesion	Single Epithelial Cell Size	Bare Nuclei	Blan Chromati
0	5	1	1	1	2	1	
1	5	4	4	5	7	10	
2	3	1	1	1	2	2	
3	6	8	8	1	3	4	
4	4	1	1	3	2	1	

В наборах данных репозитария UCI пропущенные значения часто кодируются как символьная строка '?'. Первая задача состоит в конвертации пропущенных значений в значение nan.

In [46]:
```
data = data.replace('?', np.nan) # заменим '?' на np.nan
```

Далее подсчитаем количество пропущенных значений в каждом столбце набора данных.

In [47]:
```
data.columns
```

Out[47]:
```
Index(['Clump Thickness', 'Uniformity of Cell Size',
       'Uniformity of Cell Shape', 'Marginal Adhesion',
       'Single Epithelial Cell Size', 'Bare Nuclei', 'Bland Chroma
tin',
       'Normal Nucleoli', 'Mitoses', 'Class'],
      dtype='object')
```

In [48]:
```
print('Число записей = %d' % (data.shape[0]))
print('Число признаков = %d' % (data.shape[1]))

print('Число пропущенных значений:')
for col in data.columns:
    print('\t%s: %d' % (col,data[col].isna().sum()))
```

```
Число записей = 699
Число признаков = 10
Число пропущенных значений:
        Clump Thickness: 0
        Uniformity of Cell Size: 0
        Uniformity of Cell Shape: 0
        Marginal Adhesion: 0
        Single Epithelial Cell Size: 0
        Bare Nuclei: 16
        Bland Chromatin: 0
        Normal Nucleoli: 0
        Mitoses: 0
        Class: 0
```

In [49]:
```
data.info()
```

```
<class 'pandas.core.frame.DataFrame'>
RangeIndex: 699 entries, 0 to 698
Data columns (total 10 columns):
 #   Column                       Non-Null Count  Dtype
---  ------                       --------------  -----
 0   Clump Thickness              699 non-null    int64
 1   Uniformity of Cell Size      699 non-null    int64
 2   Uniformity of Cell Shape     699 non-null    int64
 3   Marginal Adhesion            699 non-null    int64
 4   Single Epithelial Cell Size  699 non-null    int64
 5   Bare Nuclei                  683 non-null    object
 6   Bland Chromatin              699 non-null    int64
 7   Normal Nucleoli              699 non-null    int64
 8   Mitoses                      699 non-null    int64
 9   Class                        699 non-null    int64
dtypes: int64(9), object(1)
memory usage: 54.7+ KB
```

Среди всех столбцов только столбец 'Bare Nuclei' содержит пропущенные значения. Заменим пропущенные значения в столбце 'Bare Nuclei' на медиану столбца при помощи метода `fillna()` (значения до и после замены показаны на подмножестве записей).

In [50]:
```
data2 = data['Bare Nuclei'].astype(float)

print('До замены отсутствующих значений:')
print(data2[20:25])
data2 = data2.fillna(data2.median())

print('\nПосле замены отсутствующих значений:')
print(data2[20:25])
```

```
До замены отсутствующих значений:
20    10.0
21     7.0
22     1.0
23     NaN
24     1.0
Name: Bare Nuclei, dtype: float64

После замены отсутствующих значений:
20    10.0
21     7.0
22     1.0
23     1.0
24     1.0
Name: Bare Nuclei, dtype: float64
```

Вместо замены пропущенных значений можно удалить записи (строки), содержащие пропущенные значения. Для этого можно использовать метод `dropna()`:

In [51]:
```
print('Число записей в исходных данных = %d' % (data.shape[0]))

data2 = data.dropna()
```

```
print('Число записей после удаления отсутствующих значений = %d' %
      (data2.shape[0]))
```

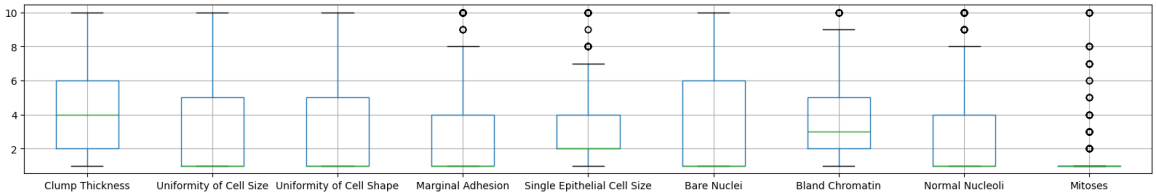
```
Число записей в исходных данных = 699
Число записей после удаления отсутствующих значений = 683
```

Выбросы

Выбросами (outliers) называются записи (строки) с характеристиками, которые существенно отличаются от характеристик остальных записей набора данных.

Ниже мы изобразим диаграммы размаха (boxplot) столбцов, чтобы найти столбцы таблицы, которые содержат выбросы. Так как столбец 'Bare Nuclei' идентифицирован Pandas как текстовый (из-за пропущенных значений, представленных строками '?'), нам придется конвертировать столбец в числовые значения при помощи функции `pd.to_numeric()` или метода `astype()` для того, чтобы использовать диаграмму размаха. В противном случае столбец не будет отображаться на рисунке.

In [52]:
```
data2 = data.drop(['Class'],axis=1)
data2['Bare Nuclei'] = pd.to_numeric(data2['Bare Nuclei'])
data2.boxplot(figsize=(20,3)); # rot=45
```



Диаграммы размаха показывают, что только пять столбцов (Marginal Adhesion, Single Epithetial Cell Size, Bland Cromatin, Normal Nucleoli, Mitoses) содержат ненормально большие значения.

Чтобы убрать выбросы, можно посчитать стандартизованную оценку (Z-score) для каждого признака и убрать записи, содержащие атрибуты с ненормально высоким или низким Z-score (например, $Z > 3$ или $Z < -3$). Для нормального распределения вероятность отклонения случайной величины от своего математического ожидания более чем на три стандартных отклонения практически равна нулю (правило трех сигм).

Следующий код показывает результаты стандартизации стоблцов с данными. Отсутствующие значения (NaN) не затрагиваются процессом стандартизации.

In [53]:
```
Z = (data2-data2.mean())/data2.std()
Z[20:25]
```

Out[53]:

	Clump Thickness	Uniformity of Cell Size	Uniformity of Cell Shape	Marginal Adhesion	Single Epithelial Cell Size	Bare Nuclei	Chr
20	0.917080	-0.044070	-0.406284	2.519152	0.805662	1.771569	0.(
21	1.982519	0.611354	0.603167	0.067638	1.257272	0.948266	1.
22	-0.503505	-0.699494	-0.742767	-0.632794	-0.549168	-0.698341	-0.5
23	1.272227	0.283642	0.603167	-0.632794	-0.549168	NaN	1.
24	-1.213798	-0.699494	-0.742767	-0.632794	-0.549168	-0.698341	-0.

In [54]:
```
Z.mean(), Z.std()
```

Out[54]:
```
(Clump Thickness               -5.082566e-17
 Uniformity of Cell Size       -5.082566e-17
 Uniformity of Cell Shape      -3.049540e-17
 Marginal Adhesion              9.656876e-17
 Single Epithelial Cell Size    9.148619e-17
 Bare Nuclei                   -2.080652e-17
 Bland Chromatin                0.000000e+00
 Normal Nucleoli               -8.132106e-17
 Mitoses                       -6.099079e-17
 dtype: float64,
 Clump Thickness                1.0
 Uniformity of Cell Size        1.0
 Uniformity of Cell Shape       1.0
 Marginal Adhesion              1.0
 Single Epithelial Cell Size    1.0
 Bare Nuclei                    1.0
 Bland Chromatin                1.0
 Normal Nucleoli                1.0
 Mitoses                        1.0
 dtype: float64)
```

Следующий код показывает результаты удаления строк, для которых $Z > 3$ или $Z < -3$. Число 9 соответствует количеству столбцов в Z.

In [55]:
```
print('Число записей до удаления выбросов = %d' % (Z.shape[0]))

Z2 = Z.loc[((Z >= -3).sum(axis=1)==9) & ((Z <= 3).sum(axis=1)==9),:
print('Число записей после удаления выбросов = %d' % (Z2.shape[0]))
```

```
Число записей до удаления выбросов = 699
Число записей после удаления выбросов = 632
```

Дублирующиеся данные

Некоторые наборы данных, особенно полученные слиянием данных из нескольких источников, могут содержать дублирующиеся записи.

Создадим синтетический датафрейм с дублирующимися строками:

In [56]:
```
data_dup = pd.DataFrame({'c1': ['x'] * 3 + ['y'] * 4,
                         'c2': [1, 1, 2, 3, 3, 4, 4]})
data_dup
```

Out[56]:

	c1	c2
0	x	1
1	x	1
2	x	2
3	y	3
4	y	3
5	y	4
6	y	4

Определим, какие строки являются дублирующимися, то есть какие строки уже ранее встречались в датафрейме:

In [57]:
```
data_dup.duplicated()
```

Out[57]:
```
0    False
1     True
2    False
3    False
4     True
5    False
6     True
dtype: bool
```

Удалим дублирующиеся записи (строки), каждый раз оставляя первую из дублирующихся записей:

In [58]:
```
data_dup.drop_duplicates()
```

Out[58]:

	c1	c2
0	x	1
2	x	2
3	y	3
5	y	4

Удалим дублирующиеся записи, каждый раз оставляя последнюю из дублирующихся записей:

In [59]:
```
data_dup.drop_duplicates(keep='last')
```

Out[59]:

	c1	c2
1	x	1
2	x	2
4	y	3
6	y	4

Добавим новый столбец и отследим дублирующиеся записи:

In [60]:
```
data_dup['c3'] = range(7)
data_dup
```

Out[60]:

	c1	c2	c3
0	x	1	0
1	x	1	1
2	x	2	2
3	y	3	3
4	y	3	4
5	y	4	5
6	y	4	6

In [61]:
```
data_dup.duplicated()
```

Out[61]:
```
0    False
1    False
2    False
3    False
4    False
5    False
6    False
dtype: bool
```

Теперь дублирующихся записей вообще нет, так как в столбце `c3` все значения отличаются. Но можно найти и удалить дублирующиеся записи с учетом значений в столбцах `c1` и `c2`, результаты будут выглядеть так:

In [62]:
```
data_dup.drop_duplicates(['c1', 'c2'])
```

Out[62]:

	c1	c2	c3
0	x	1	0
2	x	2	2
3	y	3	3
5	y	4	5

Подсчитаем дублирующиеся записи в наборе данных с информацией о пациентах:

In [63]:
```
dups = data.duplicated()
print('Число дублирующихся записей = %d' % (dups.sum()))
data.loc[[11,28]]
```

```
Число дублирующихся записей = 236
```

Out[63]:

	Clump Thickness	Uniformity of Cell Size	Uniformity of Cell Shape	Marginal Adhesion	Single Epithelial Cell Size	Bare Nuclei	Bla Chromat
11	2	1	1	1	2	1	
28	2	1	1	1	2	1	

Метод `duplicated()` возвращает булевский массив, который показывает является ли запись дубликатом какой-либо предыдущей записи в таблице. Результат означает, что в наборе данных пациентов с раком груди имеется 236 дублирующихся записей. Например, строка с индексом 11 имеет те же значения признаков, что и строка с индексом 28.

Хотя дублирующиеся записи могут соответствовать данным различных пациентов, допустим, что дублирующиеся записи соответствуют одному и тому же пациенту и удалим их:

In [64]:
```
print('Число записей до удаления дубликатов = %d' % (data.shape[0]))
data2 = data.drop_duplicates()
print('Число записей после удаления дубликатов = %d' % (data2.shape
```

```
Число записей до удаления дубликатов = 699
Число записей после удаления дубликатов = 463
```

Трансформация (преобразование) данных

Замена значений

1. метод `map()` (для объектов Series)

Создадим два объекта Series для иллюстрации процесса сопоставления

значений:

In [65]:
```
x = pd.Series({"r1": 1, "r2": 2, "r3": 3})
x
```

Out[65]:
```
r1    1
r2    2
r3    3
dtype: int64
```

In [66]:
```
y = pd.Series({1: "a", 2: "b", 3: "c"})
y
```

Out[66]:
```
1    a
2    b
3    c
dtype: object
```

Сопоставим индексам объекта `x` значения объекта `y`:

In [67]:
```
x.map(y)
```

Out[67]:
```
r1    a
r2    b
r3    c
dtype: object
```

Если между значением объекта `y` и индексной меткой объекта `x` не будет найдено соответствие, будет выдано значение nan:

In [68]:
```
y.loc[1:2]
```

Out[68]:
```
1    a
2    b
dtype: object
```

In [69]:
```
x.map(y.loc[1:2])
```

Out[69]:
```
r1      a
r2      b
r3    NaN
dtype: object
```

2. метод `replace()`

In [70]:
```
x.replace(2,2024) # заменяем 2 на 2024
```

Out[70]:
```
r1       1
r2    2024
r3       3
dtype: int64
```

In [71]:
```
x.replace([1,3],[111,333]) # заменяем значения 1, 3 на 111, 333
```

Out[71]:
```
r1    111
r2      2
r3    333
dtype: int64
```

In [72]:
```
x.replace({1:2021, 2:2024}) # замена по словарю
```

Out[72]:
```
r1    2021
r2    2024
r3       3
dtype: int64
```

Применение функций к данным

1. метод `apply()` применяется к строкам/столбцам

In [73]:
```
s = pd.Series(np.arange(0, 5))
s
```

Out[73]:
```
0    0
1    1
2    2
3    3
4    4
dtype: int64
```

In [74]:
```
s.apply(lambda v: v * 3)
```

Out[74]:
```
0     0
1     3
2     6
3     9
4    12
dtype: int64
```

Создадим датафрейм, чтобы проиллюстрировать применение операции суммирования к каждому столбцу:

In [75]:
```
df = pd.DataFrame(np.arange(12).reshape(4, 3),
                  columns=['a', 'b', 'c'])
df
```

Out[75]:

	a	b	c
0	0	1	2
1	3	4	5
2	6	7	8
3	9	10	11

Вычислим сумму элементов в каждом столбце:

In [76]:
```
df.apply(lambda col: col.sum())
```

Out[76]:
```
a    18
b    22
c    26
dtype: int64
```

Вычислим сумму элементов в каждой строке:

In [77]:
```
df.apply(lambda row: row.sum(), axis=1)
```

Out[77]:
```
0     3
1    12
2    21
3    30
dtype: int64
```

Создадим столбец `d` путем умножения столбцов `a` и `b`:

In [78]:
```
df['d'] = df.apply(lambda row: row.a * row.b, axis=1)
df
```

Out[78]:

	a	b	c	d
0	0	1	2	0
1	3	4	5	12
2	6	7	8	42
3	9	10	11	90

А теперь получим столбец `r` путем сложения столбцов `c` и `d`:

In [79]:
```
df['r'] = df.apply(lambda row: row.c + row.d, axis=1)
df
```

Out[79]:

	a	b	c	d	r
0	0	1	2	0	2
1	3	4	5	12	17
2	6	7	8	42	50
3	9	10	11	90	101

2. метод `map()` применяется ко всем элементам датафрейма:

In [80]:
```
df.map(lambda x: np.exp(x)/10)
```

Out[80]:

	a	b	c	d	r
0	0.100000	0.271828	0.738906	1.000000e-01	7.389056e-01
1	2.008554	5.459815	14.841316	1.627548e+04	2.415495e+06
2	40.342879	109.663316	298.095799	1.739275e+17	5.184706e+20
3	810.308393	2202.646579	5987.414172	1.220403e+38	7.307060e+42

Нормализация признака

Стандартизацией случайной величины X называют ее линейное преобразование, приводящее к случайной величине с математическим ожиданием 0 и стандартным отклонением 1:

$$\tilde{X} = \frac{X - \mathbb{E}[X]}{\sqrt{\mathbb{V}[X]}},$$

где $\mathbb{E}$ – операция вычисления математического ожидания, $\mathbb{V}$ – операция вычисления дисперсии.

Стандартизация набора данных является существенным условием для применения многих алгоритмов машинного обучения, а именно, алгоритмы дают приемлемый результат, только если отдельные признаки распределены примерно как стандартные нормальные величины (с нулевым матожиданием и единичной дисперсией).

Для **стандартизации признаков** набора данных может быть использована функция `scale()` из модуля `preprocessing`:

In [81]:
```
from sklearn import preprocessing
import numpy as np
X = np.array([[ 1., -1.,  2.],
              [ 2.,  0.,  0.],
              [ 0.,  1., -1.]])
X_scaled = preprocessing.scale(X)
print(X_scaled)
```

```
[[ 0.         -1.22474487  1.33630621]
 [ 1.22474487  0.         -0.26726124]
 [-1.22474487  1.22474487 -1.06904497]]
```

Стандартизованный набор данных имеет признаки с нулевыми средними и единичной дисперсией:

In [82]:
```
print(X_scaled.mean(axis=0))
print(X_scaled.std(axis=0))
```

```
[0. 0. 0.]
[1. 1. 1.]
```

Также модуль preprocessing содержит класс `StandardScaler`, который позволяет сохранить математическое ожидание и стандартное отклонение обучающей выборки и затем применять то же преобразование к другим выборкам.

Альтернативным вариантом нормализации является **масштабирование признака** между заданным минимальным и максимальным значениями (нормализация). Этот эффект может быть достигнут при помощи функций `MinMaxScaler()` или `MaxAbsScaler()`:

In [83]:
```
X = np.array([[ 1., -1.,  2.],
              [ 2.,  0.,  0.],
              [ 0.,  1., -1.]])
min_max_scaler = preprocessing.MinMaxScaler()
X_minmax = min_max_scaler.fit_transform(X)
X_minmax
```

Out[83]:
```
array([[0.5       , 0.        , 1.        ],
       [1.        , 0.5       , 0.33333333],
       [0.        , 1.        , 0.        ]])
```

Функция `MaxAbsScaler()` используется аналогично, но масштабирует данные в диапазон $[-1, 1]$.

Семплирование данных

Семплирование (от англ. sample — выборка), или методы управления выборкой данных, – это подход, направленный на:

1. сокращение объема данных для анализа данных и масштабирования алгоритмов для приложений с большими данными
2. количественную оценку неопределенностей из-за различного распределения данных

Существуют различные методы выборки данных, такие как выборка без замены, когда каждый выбранный экземпляр удаляется из набора данных, и выборка с заменой, где каждый выбранный экземпляр не удаляется, что позволяет выбирать его более одного раза.

В примере ниже мы применим выборку с заменой и без замены с набору данных пациентов с раком груди.

Выведем первые пять записей набора:

In [84]:
```
data.head()
```

Out[84]:

	Clump Thickness	Uniformity of Cell Size	Uniformity of Cell Shape	Marginal Adhesion	Single Epithelial Cell Size	Bare Nuclei	Blan Chromati
0	5	1	1	1	2	1	
1	5	4	4	5	7	10	
2	3	1	1	1	2	2	
3	6	8	8	1	3	4	
4	4	1	1	3	2	1	

Далее данные для выборки размера 3 (без замены) выбираются случайным образом из исходных данных.

In [85]:
```
sample = data.sample(n=3)
sample
```

Out[85]:

	Clump Thickness	Uniformity of Cell Size	Uniformity of Cell Shape	Marginal Adhesion	Single Epithelial Cell Size	Bare Nuclei	Bl Chrom
444	5	1	1	6	3	1	
544	2	1	3	2	2	1	
283	10	4	6	1	2	10	

В следующем примере мы случайным образом выбираем 1% данных (без замены) и выводим выбранные записи. Параметр `random_state` задает начальное значение для генератора случайных чисел.

In [86]:
```
sample = data.sample(frac=0.01, random_state=1)
sample
```

Out[86]:

	Clump Thickness	Uniformity of Cell Size	Uniformity of Cell Shape	Marginal Adhesion	Single Epithelial Cell Size	Bare Nuclei	Bl Chrom
584	5	1	1	6	3	1	
417	1	1	1	1	2	1	
606	4	1	1	2	2	1	
349	4	2	3	5	3	8	
134	3	1	1	1	3	1	
502	4	1	1	2	2	1	
117	4	5	5	10	4	10	

Наконец, выполним выборку с заменой размером, равным 1% всех

данных. Можно увидеть повторяющиеся записи в выборке, если увеличить ее размеры.

In [87]:
```
sample = data.sample(frac=0.01, replace=True, random_state=1)
sample
```

Out[87]:

	Clump Thickness	Uniformity of Cell Size	Uniformity of Cell Shape	Marginal Adhesion	Single Epithelial Cell Size	Bare Nuclei	Bl Chrom
37	6	2	1	1	1	1	
235	3	1	4	1	2	NaN	
72	1	3	3	2	2	1	
645	3	1	1	1	2	1	
144	2	1	1	1	2	1	
129	1	1	1	1	10	1	
583	3	1	1	1	2	1	

Дискретизация данных

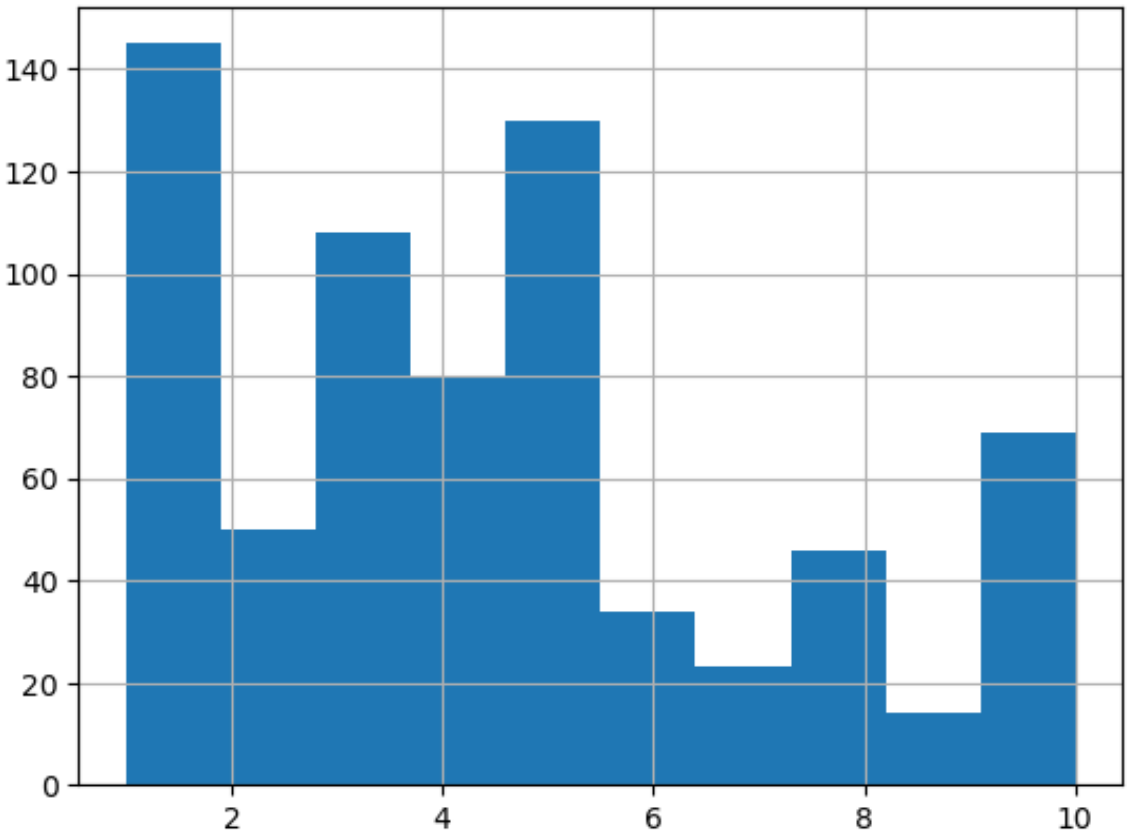
Дискретизация – это этап препроцессинга, который часто используется при преобразовании непрерывного признака в категориальный.

Пример ниже иллюстрирует два простых, но часто применяемых метода дискретизации (равной ширины, равных частот) для признака 'Clump Thickness' набора данных пациентов с раком груди.

Вначале нарисуем гистограмму, которая показывает распределение значений признака. Метод `value_counts()` также может быть использован, чтобы подсчитать частоты каждого значения признака.

In [88]:
```
%matplotlib inline
import matplotlib.pyplot as plt
```

In [89]:
```
data['Clump Thickness'].hist(bins=10)
plt.show()
data['Clump Thickness'].value_counts(sort=False)
```



Out[89]:
```
Clump Thickness
5     130
3     108
6      34
4      80
8      46
1     145
2      50
7      23
10     69
9      14
Name: count, dtype: int64
```

При использовании метода равной ширины можно задействовать функцию `cut()`, чтобы дискретизировать признак в 4 бина, имеющих равную ширину. Метод `value_counts()` может быть использован для определения числа записей в каждом из бинов.

In [90]:
```
bins = pd.cut(data['Clump Thickness'],4)
bins.value_counts(sort=False)
```

Out[90]:
```
Clump Thickness
(0.991, 3.25]    303
(3.25, 5.5]      210
(5.5, 7.75]       57
(7.75, 10.0]     129
Name: count, dtype: int64
```

При использовании метода равных частот можно задействовать функцию `qcut()` для разделения значений признака на 4 бина, имеющих

примерно равное число записей.

In [91]:
```
bins = pd.qcut(data['Clump Thickness'],4)
bins.value_counts(sort=False)
```

Out[91]:
```
Clump Thickness
(0.999, 2.0]    195
(2.0, 4.0]      188
(4.0, 6.0]      164
(6.0, 10.0]     152
Name: count, dtype: int64
```

Дискретизация также возможна при помощи средств библиотеки scikit-learn.

Кодирование категориальных признаков

В большинстве наборов данных присутствуют категориальные признаки, которые содержат значения в текстовом формате. Примерами являются цвета (“Red”, “Green”, “Yellow”, “Blue”), размеры (“Small”, “Medium”, “Large”, “Extra Large”), географические обозначения (страны, города и т.п.). Независимо от назначения категориальных признаков возникает вопрос, как использовать категориальные признаки при анализе данных. Многие алгоритмы машинного обучения поддерживают категориальные значения без необходимости каких-либо манипуляций с данными, однако есть и такие алгоритмы, которые требуют преобразования текстовых значений в числовые для дальнейшей обработки.

Набор данных

Рассмотрим набор данных Automobile из репозитария UCI, содержащий как категориальные, так и непрерывные признаки.

Импортируем данные, выполняя попутно обработку пропущенных значений:

In [92]:
```
# определяем метки столбцов
headers = ["symboling", "normalized_losses", "make", "fuel_type", "
    "num_doors", "body_style", "drive_wheels", "engine_location",
    "wheel_base", "length", "width", "height", "curb_weight",
    "engine_type", "num_cylinders", "engine_size", "fuel_system",
    "bore", "stroke", "compression_ratio", "horsepower", "peak_rpm"
    "city_mpg", "highway_mpg", "price"]
# считываем CSV файл и конвертируем значения "?" в NaN
url = "https://archive.ics.uci.edu/ml/machine-learning-databases/"+
      "autos/imports-85.data"
df = pd.read_csv(url, header=None, names=headers, na_values="?" )
df.head()
```

Out[92]:

	symboling	normalized_losses	make	fuel_type	aspiration	num_doors
0	3	NaN	alfa-romero	gas	std	two
1	3	NaN	alfa-romero	gas	std	two
2	1	NaN	alfa-romero	gas	std	two
3	2	164.0	audi	gas	std	four
4	2	164.0	audi	gas	std	four

5 rows × 26 columns

Чтобы понять, с какими типами данным мы имеем дело, рассмотрим свойство

In [93]:
```
df.dtypes
```

Out[93]:
```
symboling              int64
normalized_losses    float64
make                  object
fuel_type             object
aspiration            object
num_doors             object
body_style            object
drive_wheels          object
engine_location       object
wheel_base           float64
length               float64
width                float64
height               float64
curb_weight            int64
engine_type           object
num_cylinders         object
engine_size            int64
fuel_system           object
bore                 float64
stroke               float64
compression_ratio    float64
horsepower           float64
peak_rpm             float64
city_mpg               int64
highway_mpg            int64
price                float64
dtype: object
```

Так как нас интересуют только категориальные признаки, оставим в наборе столбцы с типом `“object”`. Pandas содержит удобный метод `select_dtypes()`, который можно использовать, чтобы оставить в наборе только столбцы с типом `“object”` (категориальные признаки):

In [94]:
```
obj_df = df.select_dtypes(include=['object']).copy()
obj_df.head()
```

Out[94]:

	make	fuel_type	aspiration	num_doors	body_style	drive_wheels	engi
0	alfa-romero	gas	std	two	convertible	rwd	
1	alfa-romero	gas	std	two	convertible	rwd	
2	alfa-romero	gas	std	two	hatchback	rwd	
3	audi	gas	std	four	sedan	fwd	
4	audi	gas	std	four	sedan	4wd	

Построенный набор содержит несколько строк с пропущенными значениями, которые нужно заполнить:

In [95]:
```
obj_df[obj_df.isnull().any(axis=1)]
```

Out[95]:

	make	fuel_type	aspiration	num_doors	body_style	drive_wheels	eng
27	dodge	gas	turbo	NaN	sedan	fwd	
63	mazda	diesel	std	NaN	sedan	fwd	

В наборе наиболее часто встречается значение "four" (4 двери):

In [96]:
```
obj_df["num_doors"].value_counts()
```

Out[96]:
```
num_doors
four    114
two      89
Name: count, dtype: int64
```

Для простоты заполним пропущенные значения этим значением:

In [97]:
```
obj_df = obj_df.fillna({"num_doors": "four"})
obj_df[obj_df.isnull().any(axis=1)]
```

Out[97]:

	make	fuel_type	aspiration	num_doors	body_style	drive_wheels	engine

Теперь набор не содержит пропущенных значений и мы можем приступить к кодированию категориальных значений.

Замена значений признаков

В двух столбцах набора данных текстовые значения представляют собой числа, а именно, число цилиндров в двигателе и число дверей в

автомобиле.

Признак "num_cylinders" принимает 7 значений, которые легко преобразуются в целые числа:

In [98]:
```
obj_df["num_cylinders"].value_counts()
```

Out[98]:
```
num_cylinders
four      159
six        24
five       11
eight       5
two         4
three       1
twelve      1
Name: count, dtype: int64
```

Метод `replace()` из Pandas имеет множество опций, в частности, опцию словаря, содержащего названия столбцов и словари для отображения старых значений в новые значения.

Словарь для преобразования признаков "num_doors" и "num_cylinders" в числовые значения задается следующим образом:

In [99]:
```
cleanup_nums = {"num_doors": {"four": 4, "two": 2},
    "num_cylinders": {"four": 4, "six": 6, "five": 5, "eight": 8,
    "two": 2, "twelve": 12, "three":3 }}
```

Для преобразования признаков в числовые значения выполним код:

In [100…
```
obj_df.replace(cleanup_nums, inplace=True)
obj_df.head()
```

```
/var/folders/17/3qzjrpyx1m3fyc0k390k2l940000gp/T/ipykernel_96495/680
814004.py:1: FutureWarning: Downcasting behavior in `replace` is dep
recated and will be removed in a future version. To retain the old b
ehavior, explicitly call `result.infer_objects(copy=False)`. To opt-
in to the future behavior, set `pd.set_option('future.no_silent_down
casting', True)`
  obj_df.replace(cleanup_nums, inplace=True)
```

Out[100…

	make	fuel_type	aspiration	num_doors	body_style	drive_wheels	engi
0	alfa-romero	gas	std	2	convertible	rwd	
1	alfa-romero	gas	std	2	convertible	rwd	
2	alfa-romero	gas	std	2	hatchback	rwd	
3	audi	gas	std	4	sedan	fwd	
4	audi	gas	std	4	sedan	4wd	

Pandas автоматически преобразует тип признаков в числовой (int64):

In [101…

```
obj_df.dtypes
```

Out[101…

```
make               object
fuel_type          object
aspiration         object
num_doors           int64
body_style         object
drive_wheels       object
engine_location    object
engine_type        object
num_cylinders       int64
fuel_system        object
dtype: object
```

Описанный подход работает в тех случаях, когда имеется понятный способ интерпретации текстовых значений как числовых.

Кодирование меток

Кодирование меток (label encoding) – это способ конвертации значений в столбцах в числа.

Например, столбец body_style содержит 5 различных значений. Можно закодировать их так:

```
convertible -> 0
hardtop -> 1
hatchback -> 2
sedan -> 3
wagon -> 4
```

Можно использовать Pandas, чтобы преобразовать столбец в категорию (категория – это тип данных в Pandas, принимающий несколько значений), а потом использовать значения категории для кодирования меток:

In [102…
```
obj_df["body_style"] = obj_df["body_style"].astype('category')
obj_df.dtypes
```

Out[102…
```
make                object
fuel_type           object
aspiration          object
num_doors            int64
body_style        category
drive_wheels        object
engine_location     object
engine_type         object
num_cylinders        int64
fuel_system         object
dtype: object
```

In [103…
```
obj_df
```

Out[103…

	make	fuel_type	aspiration	num_doors	body_style	drive_wheels	e
0	alfa-romero	gas	std	2	convertible	rwd	
1	alfa-romero	gas	std	2	convertible	rwd	
2	alfa-romero	gas	std	2	hatchback	rwd	
3	audi	gas	std	4	sedan	fwd	
4	audi	gas	std	4	sedan	4wd	
...	...	...	...	...	...	...	
200	volvo	gas	std	4	sedan	rwd	
201	volvo	gas	turbo	4	sedan	rwd	
202	volvo	gas	std	4	sedan	rwd	
203	volvo	diesel	turbo	4	sedan	rwd	
204	volvo	gas	turbo	4	sedan	rwd	

205 rows × 10 columns

Далее можно присвоить закодированные значения признака новому столбцу "body_style_cat" используя свойство `cat.codes`:

In [104…
```
obj_df["body_style_cat"] = obj_df["body_style"].cat.codes
obj_df[['body_style','body_style_cat']].head()
```

Out[104…

	body_style	body_style_cat
0	convertible	0
1	convertible	0
2	hatchback	2
3	sedan	3
4	sedan	3

Особенностью этого подхода является то, что появляется возможность использовать преимущества категорий Pandas (компактность данных, возможность упорядочения, поддержка визуализации), при этом категории могут быть легко конвертированы в числовые значения для дальнейшего анализа.

Прямое кодирование (One Hot Encoding)

Кодирование меток имеет преимущество в виде простоты реализации и недостаток, состоящий в том, что числовое значение может быть некорректно интерпретировано алгоритмами машинного обучения. Например, значение 0, очевидно, меньше значения 2, но соответствует ли эта зависимость реальной ситуации для текстовых значений?

Альтернативный подход (прямое кодирование) состоит в том, чтобы конвертировать каждую категорию в новый столбец, принимающий значения 1 или 0 (True/False). Преимуществом этого подхода является то, что между категориальными значениями не устанавливаются несуществующие связи, а недостатком – что в наборе данных появляются дополнительные столбцы.

Pandas поддерживает этот подход в функции `get_dummies()`, которая создает новые столбцы вида “столбец_значение”.

Рассмотрим пример для столбца drive_wheels со значениями 4wd , fwd, rwd. Используя `get_dummies()` мы конвертируем этот столбец в три столбца со значениями 1 или 0, соответствующими правильному значению исходного признака (столбца):

In [105…

```
pd.get_dummies(obj_df, columns=["drive_wheels"]).head()
```

Out[105…

	make	fuel_type	aspiration	num_doors	body_style	engine_location	e
0	alfa-romero	gas	std	2	convertible	front	
1	alfa-romero	gas	std	2	convertible	front	
2	alfa-romero	gas	std	2	hatchback	front	
3	audi	gas	std	4	sedan	front	
4	audi	gas	std	4	sedan	front	

Столбец "drive_wheels" пропал, при этом новый набор данных содержит три новых столбца:

- drive_wheels_4wd
- drive_wheels_rwd
- drive_wheels_fwd

В функцию `get_dummies()` можно передать несколько столбцов с категориальными признаками, а также передать префиксы для именования новых столбцов с целью упростить последующий анализ данных:

In [106…

```
pd.get_dummies(obj_df, columns=["body_style", "drive_wheels"], \
               prefix=["body", "drive"]).head()
```

Out[106…

	make	fuel_type	aspiration	num_doors	engine_location	engine_type
0	alfa-romero	gas	std	2	front	dohc
1	alfa-romero	gas	std	2	front	dohc
2	alfa-romero	gas	std	2	front	ohcv
3	audi	gas	std	4	front	ohc
4	audi	gas	std	4	front	ohc

Прямое кодирование является очень полезным инструментом, однако может приводить к резкому увеличению числа столбцов в наборе, если категориальные признаки имеют большое число различных значений.

Двоичное кодирование, управляемое пользователем

В зависимости от особенностей набора данных можно использовать различные комбинации кодирования меток и прямого кодирования,

которые в наибольшей степени соответствуют целям дальнейшего анализа.

Для иллюстрации двоичного кодирования, управляемого пользователем (custom binary encoding), рассмотрим следующий пример. В наборе данных имеется столбец engine_type (тип двигателя), который содержит несколько различных значений:

In [107…
```
obj_df["engine_type"].value_counts()
```

Out[107…
```
engine_type
ohc      148
ohcf      15
ohcv      13
dohc      12
l         12
rotor      4
dohcv      1
Name: count, dtype: int64
```

Допустим, что требуется выделить в отдельную группу все двигатели с верхней камерой (Overhead Cam или OHC). Другими словами, различные версии OHC эквивалентны для анализа. В это случае можно использовать свойство `str` и функцию `np.where`, чтобы создать новый столбец как индикатор того, что двигатель автомобиля имеет тип OHC.

In [108…
```
obj_df["OHC_Code"] = np.where(
    obj_df["engine_type"].str.contains("ohc"), 1, 0
)
obj_df["OHC_Code"].value_counts()
```

Out[108…
```
OHC_Code
1    189
0     16
Name: count, dtype: int64
```

В результате получаем набор данных, включающий столбец OHC_Code (показываем в наборе только три столбца):

In [109…
```
obj_df[["make", "engine_type", "OHC_Code"]].head()
```

Out[109…

	make	engine_type	OHC_Code
0	alfa-romero	dohc	1
1	alfa-romero	dohc	1
2	alfa-romero	ohcv	1
3	audi	ohc	1
4	audi	ohc	1

Данный подход является по-настоящему полезным, если имеется возможность консолидировать бинарные значения (да/нет) в новом столбце.

Возможности кодирования в библиотеке Scikit-Learn

Библиотека scikit-learn также содержит функционал для кодирования текстовых признаков.

Например, чтобы кодировать метки для производителей автомобиля, используем объект `LabelEncoder` и метод `fit_transform()` для столбца с данными:

In [110…

```
from sklearn.preprocessing import LabelEncoder
lb_make = LabelEncoder()
obj_df["make_code"] = lb_make.fit_transform(obj_df["make"])
obj_df[["make", "make_code"]].head(11)
```

Out[110…

	make	make_code
0	alfa-romero	0
1	alfa-romero	0
2	alfa-romero	0
3	audi	1
4	audi	1
5	audi	1
6	audi	1
7	audi	1
8	audi	1
9	audi	1
10	bmw	2

Scikit-learn также поддерживает бинарное кодирование при помощи

объекта `LabelBinarizer`. Можно использовать процедуру, аналогичную приведенной выше, чтобы преобразовать данные, но требуются некоторые дополнительные шаги.

In [111…
```
from sklearn.preprocessing import LabelBinarizer
lb_style = LabelBinarizer()
lb_results = lb_style.fit_transform(obj_df["body_style"])
pd.DataFrame(lb_results, columns=lb_style.classes_).head()
```

Out[111…

	convertible	hardtop	hatchback	sedan	wagon
0	1	0	0	0	0
1	1	0	0	0	0
2	0	0	1	0	0
3	0	0	0	1	0
4	0	0	0	1	0

На следующем шаге нужно включить эти данные в исходный набор данных.

Отбор признаков

Набор признаков, используемых для обучения модели, оказывает значительное влияние на качество результатов. Присутствие в наборе данных малоинформативных признаков приводит к снижению точности многих моделей, особенно моделей регрессии.

Отбор признаков (feature selection) – это процесс выбора признаков, обеспечивающий более высокое качество модели машинного обучения.

Отбор признаков перед построением модели обеспечивает следующие преимущества:

• Уменьшение переобучения. Чем меньше избыточных данных, тем меньше возможностей для модели принимать решения на основе «шума».

• Повышение точности. Чем меньше противоречивых данных, тем выше точность.

• Сокращение времени обучения. Чем меньше данных, тем быстрее обучается модель.

Будем работать с набором данных, содержащим информацию о качество вина.

Удаление признаков с низкой дисперсией

Простейшим подходом к отбору признаков является исключение признаков с низкой дисперсией. Если дисперсия признака равна нулю, то признак для всех записей имеет одно и то же значение и может не приниматься во внимание при анализе данных. Если дисперсия признака близка к нулю, то признак принимает значения, близкие к некоторому (среднему) значению и, скорее всего, является несущественным.

В качестве примера рассмотрим гипотетический набор данных с булевыми признаками и допустим, что мы хотим удалить все признаки, в которых нули или единицы составляют более чем 80% значений. Булевы признаки могут быть интепретированы как случайные величины с распределением Бернулли, имеющие дисперсию

$$V\left[X\right] = p\left(1 - p\right),$$

поэтому при отборе признаков можем использовать пороговое значение $0.8\left(1 - 0.8\right)$:

In [112…
```
from sklearn.feature_selection import VarianceThreshold
X = [[0, 0, 1],
     [0, 1, 0],
     [1, 0, 0],
     [0, 1, 1],
     [0, 1, 0],
     [0, 1, 1]]
sel = VarianceThreshold(threshold=(.8 * (1 - .8)))
sel.fit_transform(X)
```

Out[112…
```
array([[0, 1],
       [1, 0],
       [0, 0],
       [1, 1],
       [1, 0],
       [1, 1]])
```

Как и ожидалось, метод `VarianceThreshold` удалил первый столбец, для которого вероятность нулевого значения $p = \frac{5}{6} > 0.8$.

Одномерный отбор признаков

Признаки, имеющие наиболее выраженную взаимосвязь с целевой переменной, могут быть отобраны с помощью статистических критериев. Библиотека scikit-learn содержит класс `SelectKBest`, реализующий одномерный отбор признаков (univariate feature selection). Этот класс можно применять совместно с различными статистическими критериями для отбора заданного количества признаков.

В примере ниже используется критерий хи-квадрат (chi-squared test) для неотрицательных признаков, чтобы отобрать 4 лучших признака.

In [113…

```
# отбор признаков при помощи одномерных статистических тестов
from sklearn.feature_selection import SelectKBest,chi2

# загрузка данных - качество вина
url = "https://archive.ics.uci.edu/ml/machine-learning-databases/"+
      "wine-quality/winequality-red.csv"
df = pd.read_csv(url,sep=";")
print("\nИсходный набор данных:\n",df.head())
array = df.values
X = array[:,0:11] # входные переменные (11 признаков)
Y = array[:,11]   # выходная переменная - качество (оценка между 0

# отбор признаков
test = SelectKBest(score_func=chi2, k=4)
fit = test.fit(X, Y)

# оценки признаков
print("\nОценки признаков:\n",fit.scores_)

cols = test.get_support(indices=True)
df_new = df.iloc[:,cols]
print("\nОтобранные признаки:\n",df_new.head())
```

```
Исходный набор данных:
    fixed acidity  volatile acidity  citric acid  residual sugar  ch
lorides  \
0            7.4              0.70         0.00             1.9
0.076
1            7.8              0.88         0.00             2.6
0.098
2            7.8              0.76         0.04             2.3
0.092
3           11.2              0.28         0.56             1.9
0.075
4            7.4              0.70         0.00             1.9
0.076

   free sulfur dioxide  total sulfur dioxide  density    pH  sulphat
es  \
0                 11.0                  34.0   0.9978  3.51       0.
56
1                 25.0                  67.0   0.9968  3.20       0.
68
2                 15.0                  54.0   0.9970  3.26       0.
65
3                 17.0                  60.0   0.9980  3.16       0.
58
4                 11.0                  34.0   0.9978  3.51       0.
56

   alcohol  quality
0      9.4        5
1      9.8        5
2      9.8        5
3      9.8        6
4      9.4        5

Оценки признаков:
 [1.12606524e+01 1.55802891e+01 1.30256651e+01 4.12329474e+00
 7.52425579e-01 1.61936036e+02 2.75555798e+03 2.30432045e-04
 1.54654736e-01 4.55848775e+00 4.64298922e+01]

Отобранные признаки:
    volatile acidity  free sulfur dioxide  total sulfur dioxide  alc
ohol
0              0.70                 11.0                  34.0
9.4
1              0.88                 25.0                  67.0
9.8
2              0.76                 15.0                  54.0
9.8
3              0.28                 17.0                  60.0
9.8
4              0.70                 11.0                  34.0
9.4
```

Мы видим оценки для каждого признака и 4 отобранных признака (с наивысшими оценками): volatile acidity, free sulfur dioxide, total sulfur dioxide и alcohol.

Если выходная (зависимая) переменная представляет собой класс, то можно использовать статистические критерии `chi2` или `f_classif`. Если выходная (зависимая) переменная представляет собой признак, принимающий непрерывные значения, то следует использовать статистический критерий `f_regression`.

Метод главных компонент

Метод главных компонент (principal component analysis, PCA) позволяет уменьшить размерность данных с помощью преобразования на основе линейной алгебры. Пользователь может задать требуемое количество измерений (главных компонент) в результирующих данных.

Прочитаем набор данных "Ирисы" и сократим его размерность до двух:

In [114…
```
from sklearn.decomposition import PCA

url = "https://archive.ics.uci.edu/ml/machine-learning-databases/"+
      "iris/iris.data"

# считываем данные в объект data frame
my_data = pd.read_csv( url, header=None, usecols=(0,1,2,3) )

pca = PCA(n_components=2)

pcad = pca.fit_transform(my_data) # numpy array

print( "*** Первые 5 строк данных:" )
for x in range(0,5):
  print( pcad[x] )

print( "*** Дисперсии компонент:\n", pca.explained_variance_ratio_
```

```
*** Первые 5 строк данных:
[-2.68420713  0.32660731]
[-2.71539062 -0.16955685]
[-2.88981954 -0.13734561]
[-2.7464372  -0.31112432]
[-2.72859298  0.33392456]
*** Дисперсии компонент:
 [0.92461621 0.05301557]
```

Определим уровень объясняемой дисперсии для различных значений параметра `n_components`:

In [115…
```
for r in range(1,5):
  pca = PCA( n_components = r )
  pca.fit( my_data )
  print( "r =",r,"\tДисперсия =",
        sum(pca.explained_variance_ratio_)*100,"%" )
```

```
r = 1   Дисперсия = 92.46162071742742 %
r = 2   Дисперсия = 97.76317750248062 %
r = 3   Дисперсия = 99.48169145498107 %
r = 4   Дисперсия = 99.99999999999999 %
```

В примере ниже выделим 3 главных компоненты с помощью PCA.

In [116…
```
# загрузка данных – качество красного вина
url = "https://archive.ics.uci.edu/ml/machine-learning-databases/"+
      "wine-quality/winequality-red.csv"
df = pd.read_csv(url, sep=";")

array = df.values
X = array[:,0:11] # входные переменные (11 признаков)

# главные компоненты
pca = PCA(n_components=3)
fit = pca.fit(X)
features = fit.transform(X)

# результаты
print("Объясняемая дисперсия:", sum(fit.explained_variance_ratio_)*
print(features[0:5,:])
```

```
Объясняемая дисперсия: 99.75344527989401
[[-13.22490501  -2.02389981  -1.12682053]
 [ 22.03772361   4.40832155  -0.31037799]
 [  7.16267333  -2.50146086  -0.5818683 ]
 [ 13.43006283  -1.95112215   2.63403954]
 [-13.22490501  -2.02389981  -1.12682053]]
```

Результат преобразования (3 главных компоненты) совсем не похож на исходные данные и содержит отрицательные значения.

Визуализация данных

Чтобы вычислить матрицу корреляций между признаками и построить тепловую карту корреляций, можно поступить так:

In [117…
```
corr_matrix = df.corr()
corr_matrix
```

Out [117…

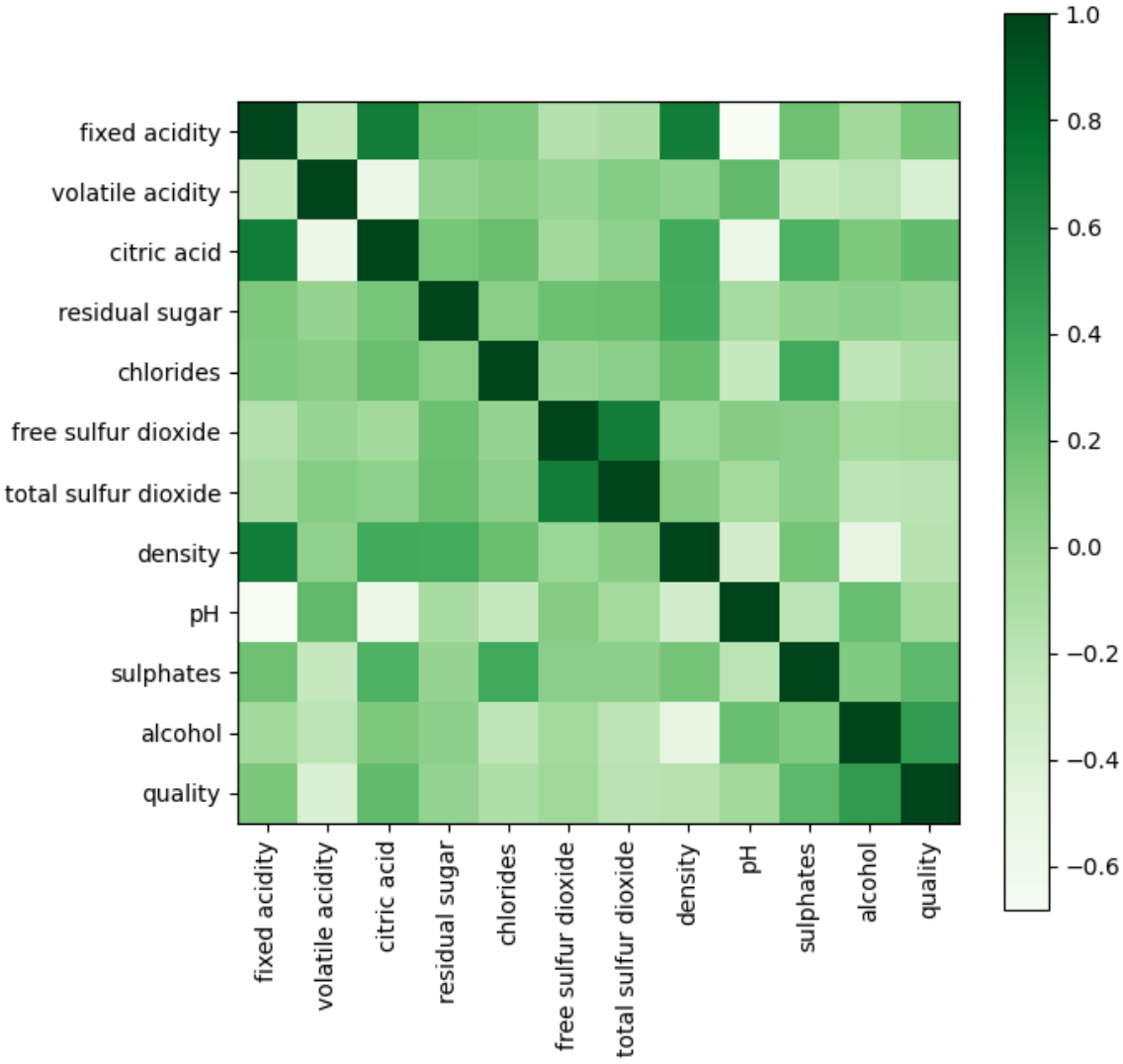
	fixed acidity	volatile acidity	citric acid	residual sugar	chlorides	fre sulfu dioxid
fixed acidity	1.000000	-0.256131	0.671703	0.114777	0.093705	-0.15379
volatile acidity	-0.256131	1.000000	-0.552496	0.001918	0.061298	-0.01050
citric acid	0.671703	-0.552496	1.000000	0.143577	0.203823	-0.06097
residual sugar	0.114777	0.001918	0.143577	1.000000	0.055610	0.18704
chlorides	0.093705	0.061298	0.203823	0.055610	1.000000	0.00556
free sulfur dioxide	-0.153794	-0.010504	-0.060978	0.187049	0.005562	1.00000
total sulfur dioxide	-0.113181	0.076470	0.035533	0.203028	0.047400	0.66766
density	0.668047	0.022026	0.364947	0.355283	0.200632	-0.02194
pH	-0.682978	0.234937	-0.541904	-0.085652	-0.265026	0.07037
sulphates	0.183006	-0.260987	0.312770	0.005527	0.371260	0.05165
alcohol	-0.061668	-0.202288	0.109903	0.042075	-0.221141	-0.06940
quality	0.124052	-0.390558	0.226373	0.013732	-0.128907	-0.05065

In [118…

```
import matplotlib.pyplot as plt

plt.figure(figsize=(7, 7))
plt.imshow(corr_matrix, cmap='Greens')
plt.colorbar()  # добавим шкалу интенсивности цвета

plt.xticks(
    range(len(corr_matrix.columns)), corr_matrix.columns, rotation='
)
plt.yticks(range(len(corr_matrix)), corr_matrix.index)
plt.show()
```



Приведем пример визуализации набора данных со сниженной размерностью (разными цветами) при помощи Matplotlib:

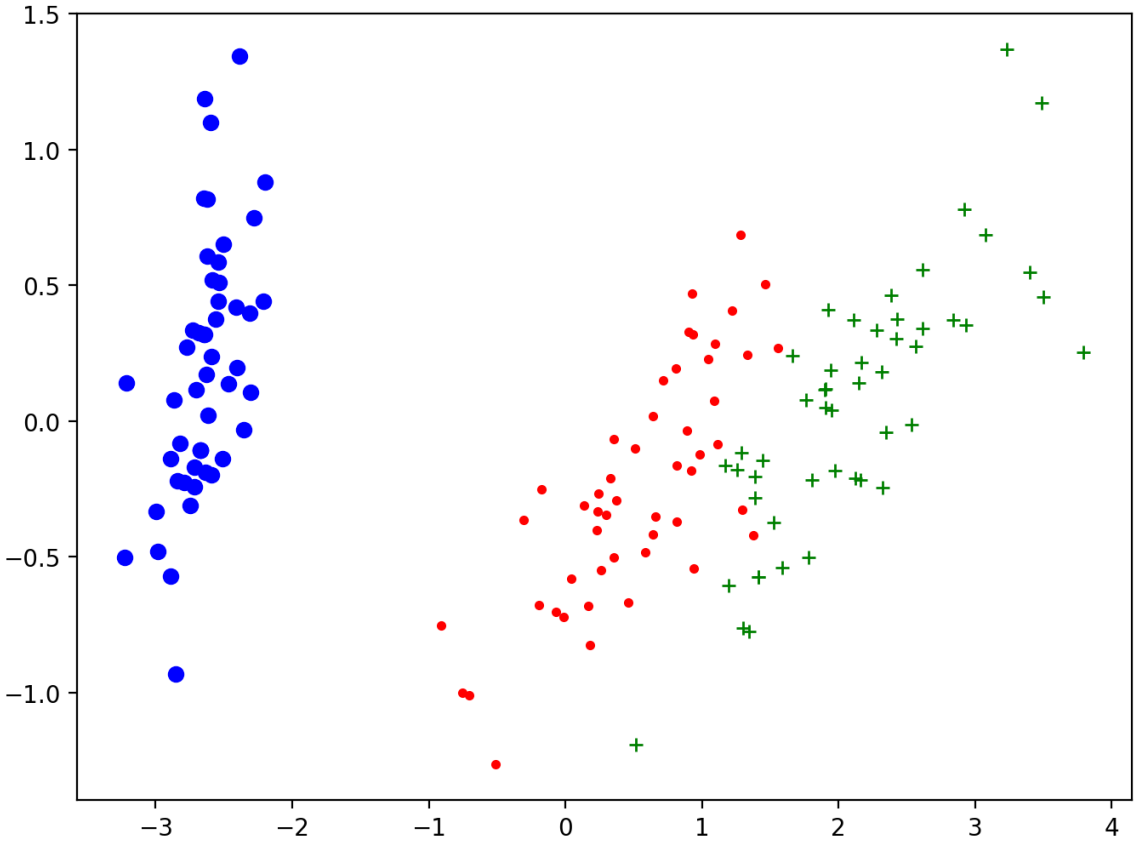
In [119…

```
data = np.genfromtxt(
    "iris.csv", delimiter=",", usecols=(0,1,2,3)
)
target = np.genfromtxt(
    "iris.csv", delimiter=",", usecols=(4), dtype=str
)

pca = PCA(n_components=2)
pcad = pca.fit_transform( data )

plt.clf()
plt.figure( figsize=(8, 6), dpi=200 )
plt.plot(pcad[target=="Iris-setosa",0],
         pcad[target=="Iris-setosa",1],"bo")
plt.plot(pcad[target=="Iris-versicolor",0],
         pcad[target=="Iris-versicolor",1],"r.")
plt.plot(pcad[target=="Iris-virginica",0],
         pcad[target=="Iris-virginica",1],"g+")
plt.show();
```

```
<Figure size 640x480 with 0 Axes>
```



Задание на лабораторную работу

В соответствии с индивидуальным заданием (вариантом), переданным через программу «Мессенджер Яндекс», выполните следующие работы:

1. Используя функционал библиотеки Pandas, считайте заданный набор данных из репозитария UCI (https://archive.ics.uci.edu). Набор данных задан ссылкой на страницу набора данных и названием файла с данными, который доступен из папки с данными (data folder).

2. Проведите исследование набора данных, выявляя числовые признаки. Если какие-то из числовых признаков были неправильно классифицированы, то преобразуйте их в числовые. Если в наборе для числовых признаков присутствуют пропущенные значения ('?' или другая строка), то заполните их **медианными значениями признаков**.

3. Определите столбец, содержащий метку класса (отклик). Если столбец, содержащий метку класса (отклик), принимает более 10 различных значений, то выполните **дискретизацию** этого столбца, перейдя к 4-5 диапазонам значений.

4. При помощи класса `SelectKBest` библиотеки scikit-learn найдите в наборе два признака, имеющих наиболее выраженную взаимосвязь с (дискретизированным) столбцом с меткой класса (откликом).

Используйте для параметра `score_func` значения `chi2` или `f_classif`. Выведите **названия найденных признаков**.

5. Для найденных признаков и (дискретизированного) столбца с меткой класса (откликом) вычислите матрицу корреляций и визуализируйте ее в виде **тепловой карты** (heat map).

6. Визуализируйте набор данных в виде **диаграммы рассеяния** на плоскости с координатами, соответствующими найденным признакам, отображая точки различных классов разными цветами. Подпишите оси и рисунок, создайте легенду набора данных.

7. Пользуясь методом главных компонент (PCA), снизьте размерность набора данных до двух признаков и изобразите полученный набор данных в виде **диаграммы рассеяния** на плоскости, образованной двумя полученными признаками, отображая точки различных классов разными цветами. Подпишите оси и рисунок, создайте легенду набора данных.

In [ ]: