

✓ РОССИЙСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ ДРУЖБЫ НАРОДОВ

Факультет искусственного интеллекта

Дисциплина: Инструменты обработки и визуализации данных

ОТЧЕТ ПО ЛАБОРАТОРНОЙ РАБОТЕ № 4

Студент: Князев Арсений

Группа: ЗФИбд-01-24

Hepatitis Data Set

1. Считайте из заданного набора данных репозитария UCI значения трех признаков и метки класса.
2. Если среди меток класса имеются пропущенные значения, то удалите записи с пропущенными метками класса. Если в признаках имеются пропущенные значения, то замените пропущенные значения средними значениями классов.
3. Определите минимальное и максимальное значения третьего признака, разбейте диапазон изменения значений третьего признака на 10 равных поддиапазонов. Визуализируйте набор данных в виде диаграммы рассеяния на плоскости с координатами, соответствующими двум первым признакам, отображая точки различных классов разными цветами и с маркерами переменных размеров в зависимости от индекса поддиапазона третьего признака. Подпишите оси и рисунок, создайте две легенды набора данных (для классов и поддиапазонов третьего признака).
4. Визуализируйте эмпирические функции распределения (Cdata) трех независимых признаков в виде трех рисунков, расположенных горизонтально, используя разные цвета и типы линий. Подпишите каждый из трех рисунков и его оси.
5. Определите два признака (из трех), имеющих наиболее высокую корреляцию, и визуализируйте набор данных в виде маржинальной гистограммы с осями, соответствующими двум найденным признакам. Отобразите точки различных классов разными цветами и создайте легенду. При помощи аннотаций укажите на визуализации точки данных, в которых достигаются минимальные и максимальные значения признаков.

```
#!unzip hepatitis.zip
```

```
Archive: hepatitis.zip
inflating: Index
creating: /Users/arsknz/osnov/code/viz_mark_pfur/lab_4/costs
```

```
inflating: costs/Index
inflating: costs/hepatitis README
inflating: costs/hepatitis.cost
inflating: costs/hepatitis.delay
inflating: costs/hepatitis.expense
inflating: costs/hepatitis.group
inflating: hepatitis.data
inflating: hepatitis.names
```

▼ Lib imports

```
import numpy as np
import pandas as pd
import matplotlib.pyplot as plt
from matplotlib.lines import Line2D
import seaborn as sns
```

▼ Some preparations

```
data = pd.read_csv("hepatitis.data", index_col=False, header=None)
```

```
data.sample(5)
```

	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19
150	1	46	1	2	2	1	1	1	2	2	2	1	1	1	7.60	?	242	3.3	50	2
124	2	50	1	2	2	2	2	2	2	1	1	1	2	2	1.00	85	75	4.0	72	2
95	2	40	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	2	2	0.60	40	69	4.2	67	2
105	2	25	1	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	0.60	?	34	6.4	?	2
145	2	31	1	1	2	1	2	2	2	2	2	2	2	2	1.20	75	173	4.2	54	2

```
data = data[[15, 17, 18, 19]]
data.sample(5)
```

	15	17	18	19
63	164	3.1	41	1
24	45	4.3	70	1
117	139	3.9	62	2
57	52	3.9	52	1
40	75	4.0	21	1

```
data.rename(  
    columns={15: "ALK PHOSPHATE ", 17: "ALBUMIN", 18: "PROTIME", 19: "HISTOLOGY"}  
    inplace=True,  
)  
data.sample(5)
```

	ALK PHOSPHATE	ALBUMIN	PROTIME	HISTOLOGY
129	82	3.3	30	2
144	?	2.4	?	2
125	70	4.1	100	2
3	46	4.0	80	1
114	141	3.3	?	2

Task 2

```
data = data.replace("?", np.nan)  
data.info()  
  
<class 'pandas.core.frame.DataFrame'>  
RangeIndex: 155 entries, 0 to 154  
Data columns (total 4 columns):  
 #   Column           Non-Null Count  Dtype     
---  --    
 0   ALK PHOSPHATE   126 non-null    object    
 1   ALBUMIN          139 non-null    object    
 2   PROTIME          88 non-null     object    
 3   HISTOLOGY        155 non-null    int64    
dtypes: int64(1), object(3)  
memory usage: 5.0+ KB
```

```
for col in data.columns:  
    if data[col].dtype == "object":  
        data[col] = pd.to_numeric(data[col])  
  
data.info()
```

```
<class 'pandas.core.frame.DataFrame'>  
RangeIndex: 155 entries, 0 to 154  
Data columns (total 4 columns):  
 #   Column           Non-Null Count  Dtype     
---  --    
 0   ALK PHOSPHATE   126 non-null    float64   
 1   ALBUMIN          139 non-null    float64   
 2   PROTIME          88 non-null     float64   
 3   HISTOLOGY        155 non-null    int64    
dtypes: float64(3), int64(1)  
memory usage: 5.0 KB
```

```
data.HISTOLOGY.isna().sum()
```

```
(np.int64(0), 155)
```

```
for col in data.columns:
    if col != "HISTOLOGY":
        data[col] = data[col].fillna(data[col].mean())
data.info()

<class 'pandas.core.frame.DataFrame'>
RangeIndex: 155 entries, 0 to 154
Data columns (total 4 columns):
 #   Column            Non-Null Count  Dtype  
 ---  -- 
 0   ALK PHOSPHATE    155 non-null    float64
 1   ALBUMIN           155 non-null    float64
 2   PROTIME           155 non-null    float64
 3   HISTOLOGY         155 non-null    int64  
dtypes: float64(3), int64(1)
memory usage: 5.0 KB
```

Task 3

```
data.columns = data.columns.str.strip().str.upper().str.replace(" ", "_")
```

```
third_feature = "PROTIME"
min_val = data[third_feature].min()
max_val = data[third_feature].max()

bins = np.linspace(min_val, max_val, 11)
data["PROTIME_BIN"] = np.digitize(data[third_feature], bins) - 1

classes = data["HISTOLOGY"].unique()
colors = plt.cm.tab10(np.linspace(0, 1, len(classes)))

# ④ Размеры маркеров в зависимости от поддиапазона (0–9 → 20–200)
sizes = np.linspace(20, 200, 10)
data["marker_size"] = data["PROTIME_BIN"].map(lambda i: sizes[i] if 0 <= i < 10 else 200)

# ⑤ Диаграмма рассеяния
fig, ax = plt.subplots(figsize=(16, 9))

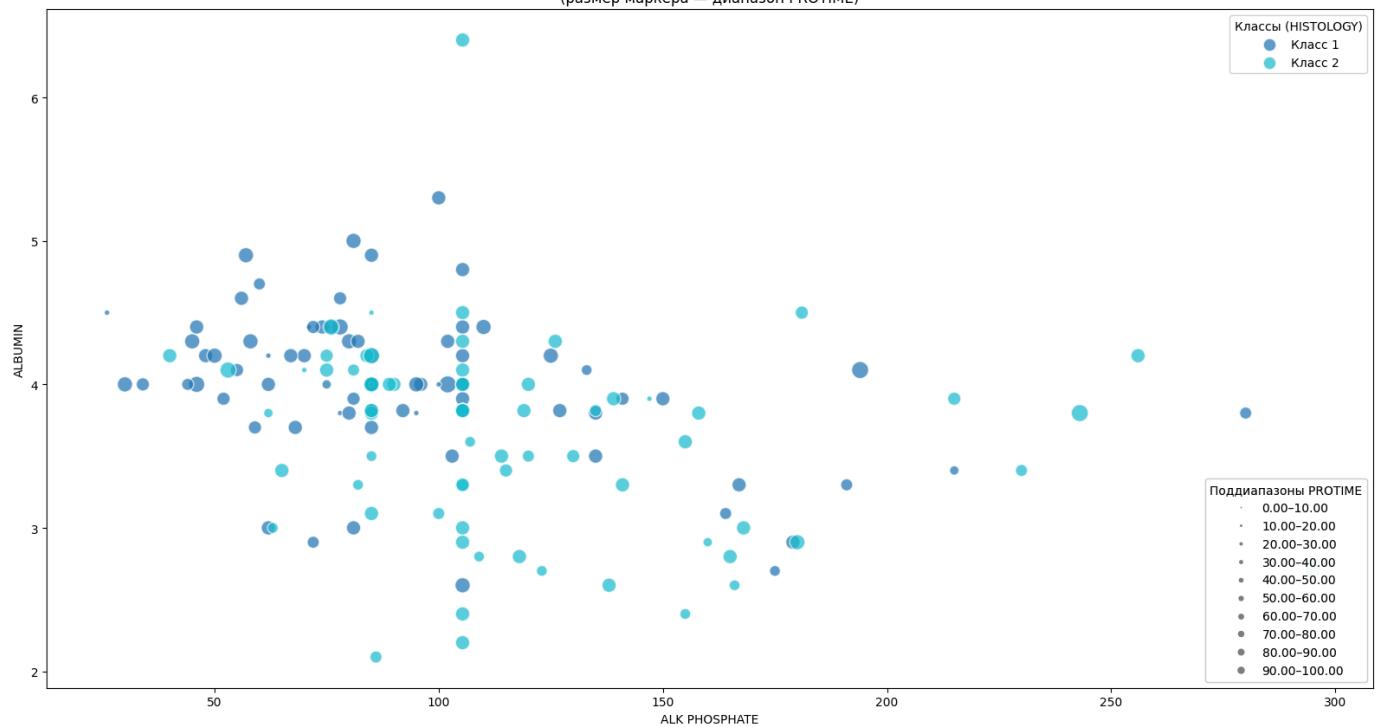
for i, cls in enumerate(classes):
    subset = data[data["HISTOLOGY"] == cls]
    ax.scatter(
        subset["ALK_PHOSPHATE"],
        subset["ALBUMIN"],
        s=subset["marker_size"],
        c=[colors[i]],
        label=f"Класс {cls}",
        alpha=0.7,
        edgecolors="w",
    )
```

```
# 6 Первая легенда – классы
legend1 = ax.legend(title="Классы (HISTOLOGY)", loc="upper right")
ax.add_artist(legend1)

# 7 Вторая легенда – поддиапазоны третьего признака
handles = [
    Line2D(
        [],
        [],
        marker="o",
        color="w",
        markerfacecolor="gray",
        markersize=np.sqrt(sizes[i]) / 2,
        label=f"{bins[i]:.2f}-{bins[i + 1]:.2f}",
    )
    for i in range(10)
]
legend2 = ax.legend(handles=handles, title="Поддиапазоны PROTOME", loc="lower right")
ax.add_artist(legend2)

# 8 Подписи и оформление
ax.set_xlabel("ALK PHOSPHATE")
ax.set_ylabel("ALBUMIN")
ax.set_title(
    "Диаграмма рассеяния по первым двум признакам\n(размер маркера – диапазон PRC"
)
plt.tight_layout()
plt.show()
```

Диаграмма рассеяния по первым двум признакам
(размер маркера – диапазон PROTUME)



Task 4

```
features = ["ALK_PHOSPHATE", "ALBUMIN", "PROTIME"]

colors = ["blue", "orange", "green"]
linestyles = ["-", "--", "-."]

fig, axes = plt.subplots(1, 3, figsize=(15, 4))

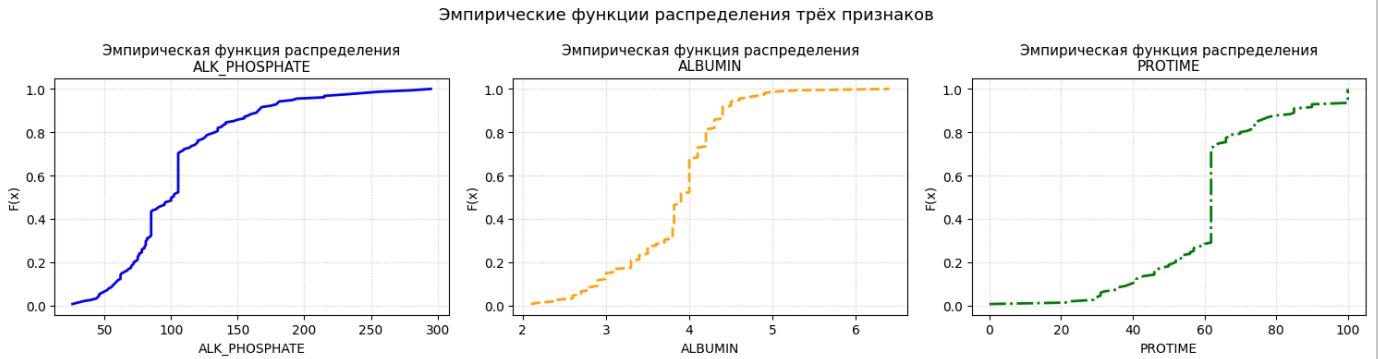
for i, feature in enumerate(features):
    x = np.sort(data[feature])
    y = np.arange(1, len(x) + 1) / len(x)
```

```

        axes[i].plot(x, y, color=colors[i], linestyle=linestyles[i], linewidth=2)
        axes[i].set_title(f"Эмпирическая функция распределения\n{feature}", fontsize=10)
        axes[i].set_xlabel(feature)
        axes[i].set_ylabel("F(x)")
        axes[i].grid(True, linestyle=":", alpha=0.6)

fig.suptitle("Эмпирические функции распределения трёх признаков", fontsize=13)
plt.tight_layout()
plt.show()

```

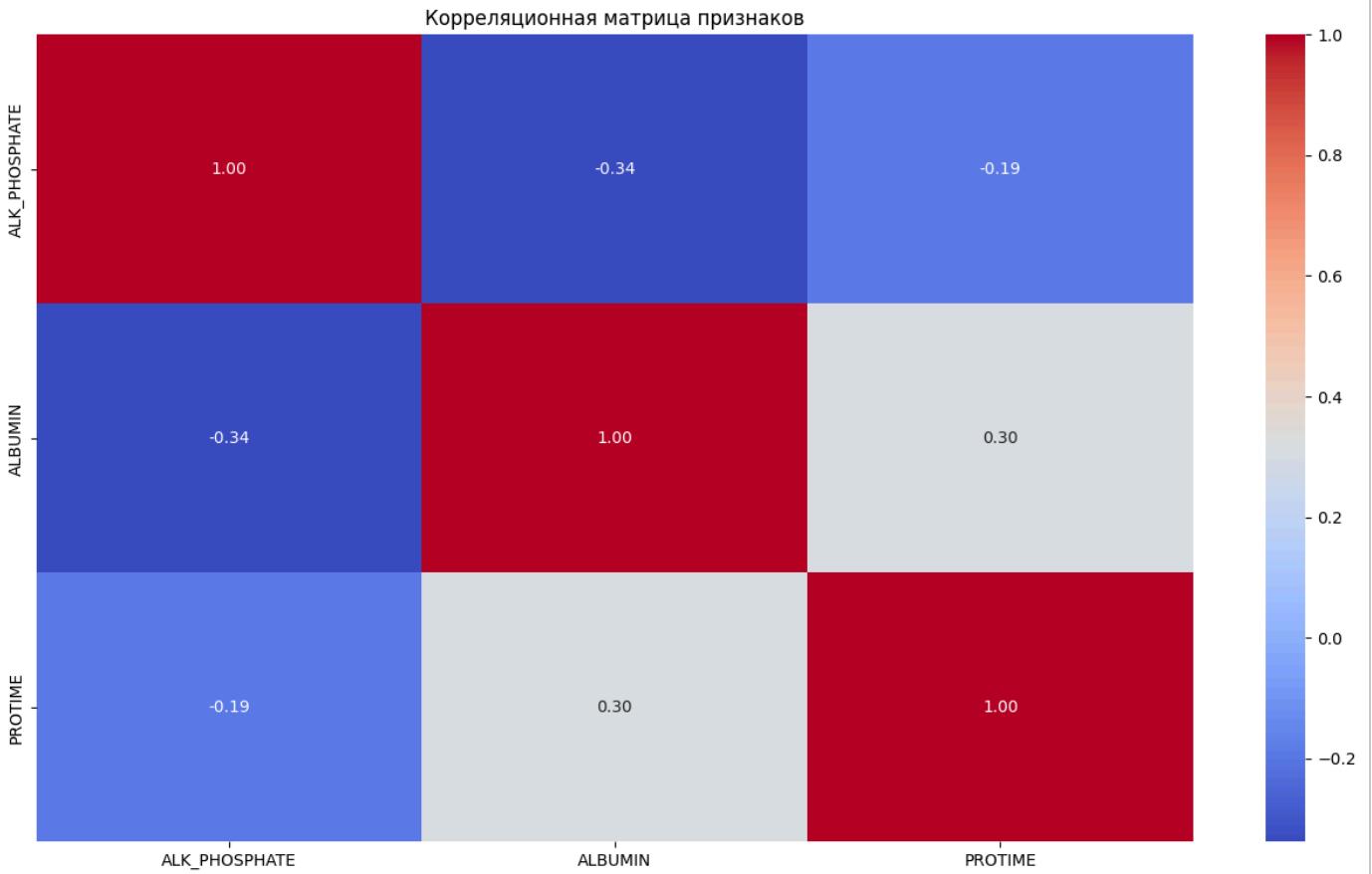


▼ Task 5

```

plt.figure(figsize=(16, 9))
sns.heatmap(data[features].corr(), annot=True, cmap="coolwarm", fmt=".2f")
plt.title("Корреляционная матрица признаков")
plt.show()

```



```

correlation_matrix = data[["ALK_PHOSPHATE", "ALBUMIN", "PROTIME"]].corr()

corr_values = correlation_matrix.values.copy()
np.fill_diagonal(corr_values, 0)
max_corr_idx = np.unravel_index(np.argmax(np.abs(corr_values)), corr_values.shape)
feature1 = correlation_matrix.columns[max_corr_idx[0]]
feature2 = correlation_matrix.columns[max_corr_idx[1]]
max_corr = correlation_matrix.iloc[max_corr_idx]

fig = plt.figure(figsize=(16, 9))
grid = plt.GridSpec(4, 4, hspace=0.5, wspace=0.3)

ax_main = fig.add_subplot(grid[:-1, :-1])

```

```

ax_right = fig.add_subplot(grid[:-1, -1], xticklabels=[], yticklabels[])
ax_bottom = fig.add_subplot(grid[-1, 0:-1], xticklabels=[], yticklabels[])

scatter = ax_main.scatter(
    data[feature1],
    data[feature2],
    c=data["HISTOLOGY"].astype("category").cat.codes,
    cmap="viridis",
    alpha=0.7,
    s=30,
)
ax_main.set_xlabel(feature1, fontsize=12)
ax_main.set_ylabel(feature2, fontsize=12)
ax_main.set_title(
    f"Маржинальная гистограмма: {feature1} vs {feature2}\n(корреляция: {max_corr:.
    fontsize=14,
)
ax_main.grid(True, alpha=0.3)

ax_right.hist(
    data[feature2].dropna(),
    bins=30,
    orientation="vertical",
    color="skyblue",
    alpha=0.7,
    density=True,
)
ax_right.set_ylabel(feature2)
ax_right.grid(True, alpha=0.3)

ax_bottom.hist(
    data[feature1].dropna(), bins=30, color="lightcoral", alpha=0.7, density=True
)
ax_bottom.set_xlabel(feature1)
ax_bottom.grid(True, alpha=0.3)

extreme_points = []

min_feature1_idx = data[feature1].idxmin()
max_feature1_idx = data[feature1].idxmax()
extreme_points.extend(
    [
        (
            min_feature1_idx,
            f"min {feature1}\n({data.loc[min_feature1_idx, feature1]:.3f})",
        ),
        (
            max_feature1_idx,
            f"max {feature1}\n({data.loc[max_feature1_idx, feature1]:.3f})",
        ),
    ]
)

min_feature2_idx = data[feature2].idxmin()

```

```

max_feature2_idx = data[feature2].idxmax()
extreme_points.extend(
    [
        (
            min_feature2_idx,
            f"min {feature2}\n({data.loc[min_feature2_idx, feature2]:.3f})",
        ),
        (
            max_feature2_idx,
            f"max {feature2}\n({data.loc[max_feature2_idx, feature2]:.3f})",
        ),
    ]
)

for idx, label in extreme_points:
    x_val = data.loc[idx, feature1]
    y_val = data.loc[idx, feature2]
    offset_x = 15 if "min" in label else -15
    offset_y = 15 if "min" in label else -15
    ax_main.scatter(x_val, y_val, color="red", s=80, edgecolor="k", zorder=5)
    ax_main.annotate(
        label,
        xy=(x_val, y_val),
        xytext=(offset_x, offset_y),
        textcoords="offset points",
        fontsize=8,
        bbox=dict(boxstyle="round,pad=0.3", facecolor="yellow", alpha=0.8),
        arrowprops=dict(arrowstyle="->", color="red", alpha=0.7),
    )

class_labels = [f"Class {cls}" for cls in sorted(data["HISTOLOGY"].unique())]
ax_main.legend(
    handles=scatter.legend_elements()[0],
    labels=class_labels,
    title="HISTOLOGY",
    loc="lower right",
)

plt.tight_layout()
plt.show()

```

/var/folders/g7/1pnn3np5387b0n86j69n94v40000gn/T/ipykernel_72205/2796131126.py:72:
plt.tight_layout()

Маржинальная гистограмма: ALK_PHOSPHATE vs ALBUMIN
(корреляция: -0.338)

