Отчет по проекту по анализу данных

Самородова Екатерина Борисовна, БПМИ174

30 ноября 2019 г.

Содержание

Домашнее задание №1

Для проекта были выбраны данные 768 пациенток Национального института диабета, болезней органов пищеварения и почек (NIDDK) в возрасте от 21 года, 268 из которых имеют диагноз "диабет". Датасет содержит следующие признаки:

1. Pregnancies - количество беременностей
2. Glucose - уровень глюкозы плазмы крови через 2 часа после углеводной нагрузки
3. BloodPressure - диастолическое артериальное давление, мм рт.ст.
4. SkinThickness - толщина складки кожи трицепса, мм
5. Insulin - сывороточный инсулин через 2 часа после углеводной нагрузки, мкЕд/мл
6. BMI - индекс массы тела, кг/м^2
7. DiabetesPedigreeFunction - функция, показывающая то, насколько вероятен данный диагноз, исходя из родословной пациентки
8. Age - возраст в годах
9. Outcome - целевая переменная, показывающая наличие диабета (1 - есть, 0 - нет)

Выбранные данные могут быть интересны с точки зрения выявления зависимостей между наличием диагноза и значениями некоторых сопутствующих признаков, например, ИМТ и возраста.

По заданию данные не должны содержать пробелов, так что в качестве предварительной подготовки были удалены строчки, в которых нулевым оказался хотя бы один из следующих признаков: Glucose, SkinThickness, BlooadPressure, BMI. После удаления пропусков в датасете осталось 532 записи, из которых у 177 Outcome = 1, а у 355 Outcome = 0. Фрагмент таблицы данных выглядит следующим образом:

	Pregnancies	Glucose	BloodPressure	SkinThickness	Insulin	BMI	DiabetesPedigreeFunction	Age	Outcome
95	6	144	72	27	228	33.9	0.255	40	0
63	2	141	58	34	128	25.4	0.699	24	0
328	2	102	86	36	120	45.5	0.127	23	1
665	1	112	80	45	132	34.8	0.217	24	0
393	4	116	72	12	87	22.1	0.463	37	0

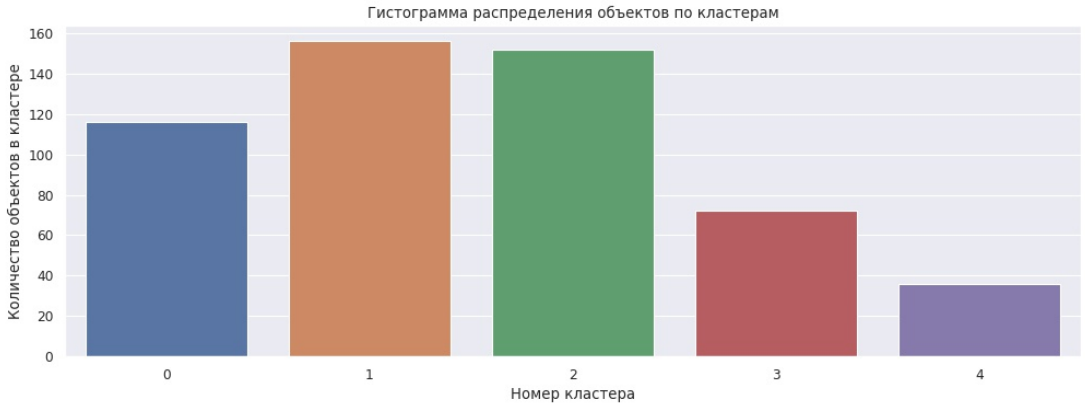
Данные: `https://www.kaggle.com/uciml/pima-indians-diabetes-database`

Домашнее задание №2

Для данного задания возьмем несколько количественных признаков: Glucose, BMI, BloodPressure, SkinThickness, Insulin. Для начала стоит перенормировать значения признаков, т.к. к примеру у DiabetesPedigreeFunction типичные значения около -1..1, тогда как у Glucose - от нескольких десятков до сотен. Нормирование будем делать по следующей формуле: $f = \frac{x - mean(x)}{max(x) - min(x)}$, где x - старое значение признака, а f - новое. После этого попробуем разбить всю выборку на 5 и 9 кластеров.

5 кластеров

После 100 запусков алгоритма K-Means (sklearn.cluster.KMeans) с инициализацией начальных центров в случайных элементах датасета получилось следующее распределение по кластерам для минимума суммы квадратов расстояний до внутрикластерных центров:



Минимум критерия в данном случае равен 28.6271.

Теперь займемся интерпретацией кластеров: рассмотрим таблицу 100 * (ClusterMeans - GreatMeans) / GreatMeans, чтобы посмотреть на разницу в процентах между внутрикластерными средними по выбранным признакам и средним по всем данным:

cluster	Glucose	BloodPressure	SkinThickness	Insulin	BMI
0	10.894352	4.392538	-14.095397	-2.321755	-9.573806
1	-13.265890	2.547049	25.009786	-21.960017	14.559403
2	-21.322296	-11.159013	-28.850242	-50.109524	-18.146774
3	40.288822	11.782171	23.743067	12.957938	18.415795
4	31.831328	-1.639459	11.368760	288.298951	7.546305

В нулевом и первом кластерах нет примечательных признаков. Во втором кластере на 50% снижено значение инсулина по сравнению со средним значением, тогда как в четвертый кластер характеризуется увеличением уровня инсулина на целых 288%! В

третьем кластере заметно увеличение уровня глюкозы. При этом кровяное давление и ИМТ ни в одном из кластеров не являются сколько-то показательными.

9 кластеров

Аналогично для 9 кластеров получилось расстояние около 21, т.е. на 25% меньше, чем в предыдущем случае:

Теперь рассмотрим относительную разницу внутрикластерных средних по каждому признаку и настоящих средних:

cluster	Glucose	BloodPressure	SkinThickness	Insulin	BMI
0	10.360363	13.600508	0.324142	-24.019304	-3.235222
1	-19.843156	-20.849288	-34.416175	-34.317230	-21.916180
2	18.786886	-6.750611	-14.821256	81.912250	-10.899495
3	50.145268	6.220278	11.966446	9.009680	7.991368
4	19.116399	18.372283	43.188406	56.350737	34.878688
5	37.938746	0.985779	21.739130	370.114755	11.887345
6	-8.482343	-13.274128	16.461263	-5.872411	11.030116
7	-19.533315	1.623687	-26.972553	-66.518456	-16.476368
8	-22.027758	10.231751	24.488915	-53.860871	14.423802

Интересны значения, по модулю превосходящие 30: Glucose (3-ий кластер, большое начение), SkinThickness (очень маленькие значения в 1-ом кластере и большое в 4-ом кластере), Insulin (примечательны все, кроме 0-го, 3-го и 6-го кластеров), BMI (высокие значения в 4-ом кластере).

Домашнее задание №3

В этом задании возьмем разбиение на 9 кластеров из предыдущей части.

1. Найдем с помощью бутстрэпа средние значения ИМТ всей выборки. Для этого сгенерируем таблицу случайных чисел от 0 до 531 (всего в выборке 532 объекта, нумерация индексов с нуля) из 531 столбца и 10000 строк с помощью NumPy.random.randint. После этого заменим элементы таблицы значениями BMI соответствующих строк таблицы данных и найдем средние арифметические по каждой строке, всего 10000 значений. Теперь нужно найти 95% доверительный интервал, что сделаем двумя способами:

   (a) С опорой: пусть mean - это среднее арифметическое полученных значений, а std - стандартное отклонение. Тогда типичные значения лежат в пределах $\text{mean} \pm 1.96 \cdot \text{std}$

   (b) Без опоры: отсортируем значения, уберем по 2.5% самых больших и самых маленьких значений (по 250 элементов с каждого конца), оставшиеся крайние значения и будут задавать доверительный интервал.

   Полученные результаты:

```
BMI mean = 0.000025, BMI std = 0.006145
pitvoting: left = -0.012020, right = 0.012070
no pivot: left = -0.011959, right = 0.011966
```

   То есть, оба доверительных интервала содержат 0. Более того, интервалы практически симметричны относительно нуля. Это является ожидаемым следствием центрирования и нормирования данных.

2. Для начала найдем средние по каждому выбранному признаку для всех 9 кластеров. Так же известно, что настоящие средние (всей выборки) приблизительно ноль из-за предобработки данных:

cluster	Glucose	BloodPressure	SkinThickness	Insulin	BMI
0	0.087686	0.113083	0.001028	-0.032647	-0.021760
1	-0.167945	-0.173354	-0.109168	-0.046644	-0.147409
2	0.159005	-0.056129	-0.047013	0.111336	-0.073310
3	0.424412	0.051719	0.037957	0.012246	0.053750
4	0.161794	0.152758	0.136993	0.076592	0.234595
5	0.321100	0.008196	0.068956	0.503062	0.079954
6	-0.071792	-0.110369	0.052215	-0.007982	0.074189
7	-0.165323	0.013500	-0.085557	-0.090412	-0.110820
8	-0.186435	0.085073	0.077679	-0.073208	0.097015

Для сравнения выберем признак BMI и кластеры номер 0 (среднее около -0.02) и номер 3 (среднее около 0.05), т.к. их средние не сильно отличаются как друг от друга, так и от нуля. В нулевой кластер попало 65 объектов, в третьем же 43, тогда количество строк в соответствующей таблице случайных индексов пусть будет 300. Аналогично предыдущему пункту, заменим индексы элементами из соответсвующих кластеров, найдем средние значения по каждой строке. Получилось две строки чисел по 300 значений в каждой - средние экспериментов для нулевого и третьего кластеров, вычтем поэлементно одну из другой и найдем доверительный интервал для полученной разницы:

```
diff mean = 0.002016, diff std = 0.026262
pitvoting: left = -0.049457, right = 0.053488
no pivot: left = -0.049130, right = 0.053743
```

Получилось, что средний размах разниц значений ИМТ между нулевым и третьим кластером покрывает ноль. Таким образом, нельзя отбросить гипотезу, что средние значения признака в этих кластерах и во всей выборке на самом деле совпадают. При этом полученные с помощью опоры и без нее границы отличаются лишь в четвертом знаке после запятой и практически совпадают.

3. Теперь сравним среднее значение того же признака из уже известного нулевого кластера (с минимальным по модулю средним значением BMI) со средним значением признака по всей таблице. Для этого сгенерируем 10000 строк со случайными числами от 0 до 531 (в таблице всего 532 объекта), из каждой строки выберем индексы элементов, принадлежащие нужному кластеру. После этого найдем средние отдельно по ним и по целым строкам, и далее с помощью двух знакомых методов сравним средние арифметические:

```
diff mean = -0.049919, diff std = 0.013158
pitvoting: left = -0.075709, right = -0.024128
no pivot: left = -0.076558, right = -0.024950
```

Можно заметить, что оба полученных интервала не покрывают ноль, а лежат в отрицательной части оси. Из этого можно сделать вывод, что значени ИМТ в нулевом кластере все-таки отличается от среднего значения по всей выборке в большую сторону.

Домашнее задание №4

Для следущего задания выберем три номинальных признака: целевым будет наличие диабета, т.е. признак Outcome, взятый из исходных данных. В качестве двух оставшихся признаков возьмем степень соответствия массы и роста человека (полученная из колонки BMI) и уровень сахара в крови (из колонки Glucose). В первом случае выделим 4 категории:

1. ИМТ $<$ 18.5 - недостаточный вес (Underweight)
2. 18.5 $\leq$ ИМТ $<$ 25 - нормальный вес (Healthy)
3. 25 $\leq$ ИМТ $<$ 30 - избыточный вес (Overweight)
4. ИМТ $\geq$ 30 - ожирение (Obesity)

Уровень сахара в крови через 2 часа после углеводной нагрузки разделим на категории следующим образом:

1. Glucose $\leq$ 7.8 - норма (Normal)
2. 7.8 $<$ Glucose $\leq$ 11.1 - нарушение толерантности к глюкозе (High level)
3. Glucose $>$ 11.1 - вероятен диабет (Very high)

После добавления новых номинальных признаков в данные случайный фрагмент таблицы выглядит следующим образом:

	Pregnancies	Glucose	BloodPressure	SkinThickness	Insulin	BMI	DiabetesPedigreeFunction	Age	Outcome	BMI_group	glucose_group
56	7	187	68	39	304	37.7	0.254	41	1	4	3
638	7	97	76	32	91	40.9	0.871	32	1	4	2
721	1	114	66	36	200	38.1	0.289	21	0	4	3
458	10	148	84	48	237	37.6	1.001	51	1	4	3
315	2	112	68	22	94	34.1	0.315	26	0	4	3

Теперь посчитаем таблицы сопряженности данных признаков:

	Underweight	Healthy	Overweight	Obesity	Total
Healthy	2	57	98	198	355
Diabetes	0	2	27	148	177
Total	2	59	125	346	532

	Normal	High	Very high	Total
Healthy	19	190	146	355
Diabetes	1	34	142	177
Total	20	224	288	532

Из данных таблиц можно получить условные вероятности значения признака Outcome при условии группы ИМТ или уровня глюкозы по формуле $P(H|G) = \frac{P(H \cap G)}{P(H)P(G)}$:

	Underweight	Healthy	Overweight	Obesity	Total
Healthy	1.000000	0.966102	0.784000	0.572254	0.667293
Diabetes	0.000000	0.033898	0.216000	0.427746	0.332707
Total	0.003759	0.110902	0.234962	0.650376	1.000000

	Normal	High	Very high	Total
Healthy	0.950000	0.848214	0.506944	0.667293
Diabetes	0.050000	0.151786	0.493056	0.332707
Total	0.037594	0.421053	0.541353	1.000000

Теперь посчитаем таблицу коэффициентов Кетле для каждого из признаков:

```
0.087351 0.161537
```

	Underweight	Healthy	Overweight	Obesity
Healthy	0.498592	0.447792	0.174896	-0.142424
Diabetes	-1.000000	-0.898114	-0.350780	0.285654

```
0.138306 0.240603
```

	Normal	High	Very high
Healthy	0.423662	0.271127	-0.240297
Diabetes	-0.849718	-0.543785	0.481952

Получилось, что средний индекс Кетле для весовых категорий приблизительно равен 0.087, что соответствует 8.7% вклада. При этом если бы отсутствовали отрицательные значения, данный признак в среднем давал бы почти 16.2%, т.е. в два раза больше! Аналогично для уровня глюкозы в крови: средний коэффициент Кетле около 0.138, или 13.8% вклада. Осталось проверить, что в вычислениях нет ошибки, и полученные значения совпадают с хи-квадратами:

$$\chi^2 = \sum \frac{(f_o - f_e)}{f_e},$$

где f_o и f_e - наблюдаемые (реальные) частоты и ожидаемые в предположении, что два признака независимы, т.е. что частоты их объединения ведут себя как произведение частот: $P(H \cap G) = P(H)P(G)$.

```
0.087351
```

	Underweight	Healthy	Overweight	Obesity
Healthy	0.000624	0.014839	0.004796	0.008803
Diabetes	0.001251	0.029762	0.009619	0.017657

```
0.138306
```

	Normal	High	Very high
Healthy	0.004503	0.020654	0.020859
Diabetes	0.009031	0.041424	0.041836

Всё верно!

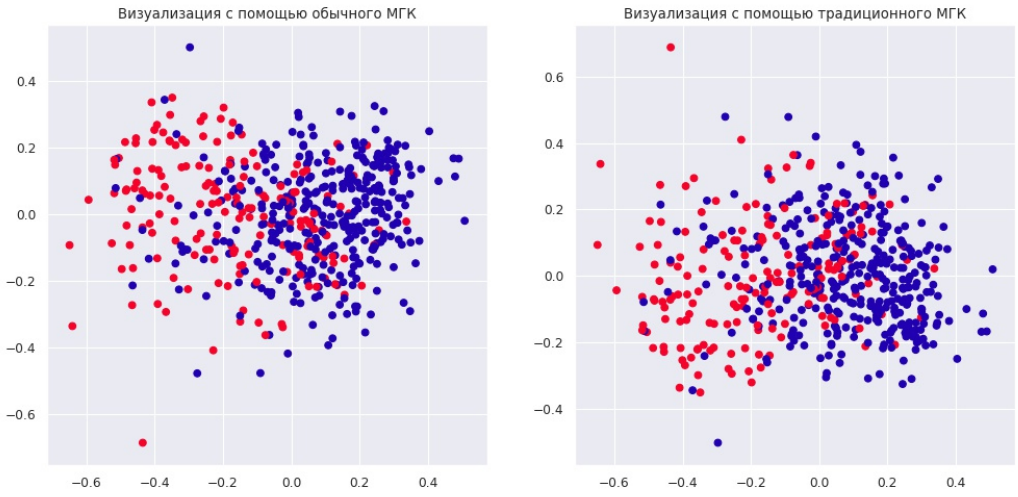
Домашнее задание №5

Для данного задания выберем 4 количественных признака: Glucose, BloodPressure, SkinThickness, BMI, после чего построим разложение с помощью метода главных компонент двумя способами.

1. Обычный способ: применим NumPy.linalg.svd к отнормированной размахом матрице признаков и нарисуем точками полученное разложение.

2. Теперь воспользуемся традиционным способом: пусть Y - нормированная размахом и центрированная матрица значений признаков. Тогда найдем матрицу ковариаций B $\in Mat_{4x4}$, а также собственные значения матрицы B и соответствующие собственные векторы с помощью функции NumPy.linalg.eig. Пусть λ_1 и λ_2 - это два наибольших собственных значения с (отнормированными) векторами v_1 и v_2. Тогда первыми двумя компонентами, которые будем использовать для визуализации, будут вектора $Y \cdot v_1$ и $Y \cdot v_2$ соответственно.

Посмотрим, какие результаты получились (красным выделены объекты, для которых Outcome = 1):



Интересно, что полученное облако точек по форме напоминает сердце.

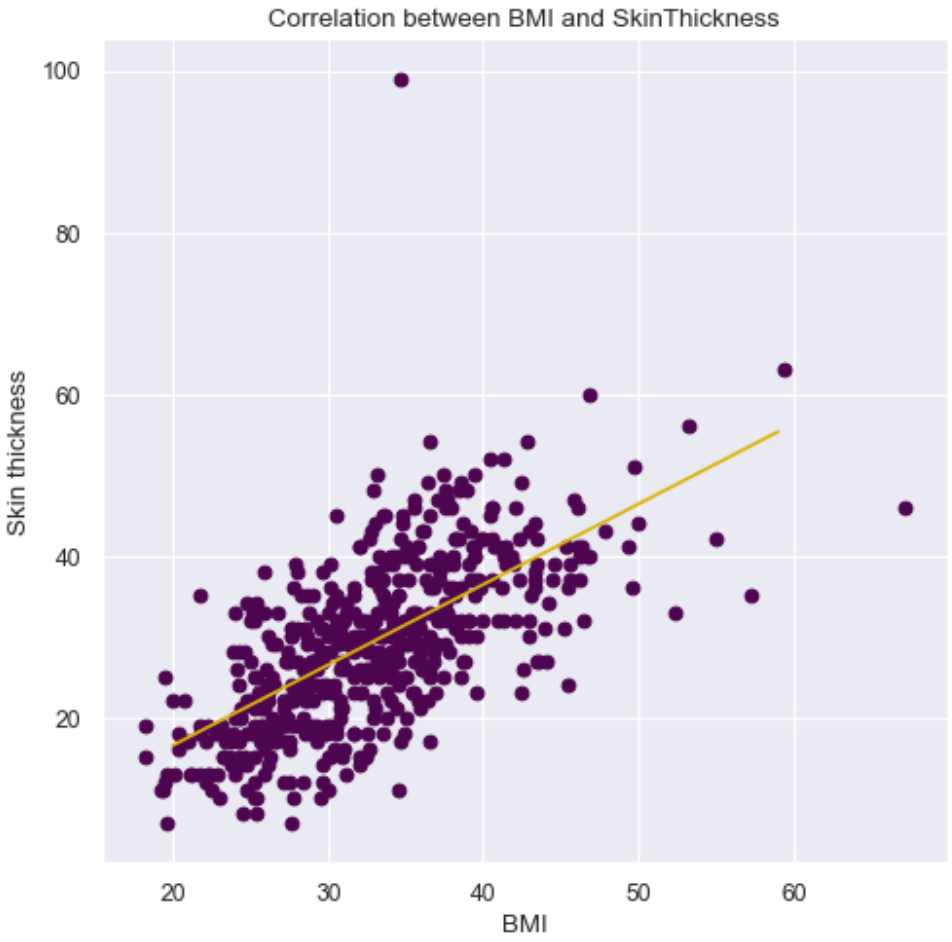
Заметим, что полученные изображения совпадают с точностью до знака одной из компонент. Это могло получиться в из-за того, что второй собственный вектор в разных методах получился с разным знаком, т.к. есть ограничение только на норму вектора, но не на его направление. Можно сделать вывод, что оба метода приводят к одинаковому результату (с точностью до симметрий).

Домашнее задание №6

Для последнего домашнего задания нужно выбрать два количественных признака, связанные линейным образом. Максимально похожую на линейную зависимость из всех признаков имеют ИМТ и толщины кожной складки:

Теперь с помощью sklearn.linear model.LinearRegression найдем коэффициенты линейной регресси и визуализируем полученную прямую $y = kx + b$:

```
k = 0.9952386813919191 , b = -3.402710787275762
```



Можно заметить, что коэффициент k практически равен 1, т.е. знаачения признаков отличаются по сути некоторым сдвигом. Теперь найдем коэффициент детерминации R^2 с помощью sklearn.metrics.r2 score, а также с помощью NumPy.corrcoef найдем значения коэффициента корреляции между двумя признаками. Последний метод возвращает матрицу ковариации (в данном случае 2x2), из которой нужен коэффициент над главной диагональю. Тогда получается, что $r = 0.64313795$, $R^2 = 0.413626$. Коэффициент детерминации показывает, что качество предсказания достаточно далеко от константного (т.е. от $R^2 = 0$), однако разброс исходных данных все-таки достаточно большой, вследствие чего R^2 не достигает даже 0.5

Приложение

1. Ссылка на код с картинками: https://github.com/ebsamorodova/DataAnalysis/blob/master/DiabetesProject.ipynb

2. Исходный код:

```
# coding: utf-8
# In[1]:
import pandas as pd

df = pd.read_csv("diabetes.csv")

# Для начала удалим "пропуски" из данных - строки с нулевыми значениями признаков,
# не подразумевающих этого.

# In[2]:
indexes = df[(df.Glucose == 0) | (df.SkinThickness == 0) |
             (df.BloodPressure == 0) | (df.BMI == 0.0)].index
df.drop(indexes, inplace=True)

# In[3]:
N = len(df)
print(N)
df.info()

# In[4]:
df.sample(5)

# Часть 2: попробуем кластеризовать данные с помощью алгоритма k-means.
# In[5]:
from sklearn.cluster import KMeans
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
import seaborn as sns
sns.set(style="darkgrid")
DPI = 80
SIZE_X, SIZE_Y = 15, 5
first_k, second_k = 5, 9

# В качестве количественных признаков признаков для данного задания выберем
# Glucose, BloodPressure, SkinThickness, Insulin и BMI:

# In[6]:
need_features = ['Glucose', 'BloodPressure', 'SkinThickness', 'Insulin', 'BMI']
other_features = ['Pregnancies', 'DiabetesPedigreeFunction', 'Age', 'Outcome']
iterations_number = 100

centered_df = pd.DataFrame()
for feature in need_features:
    mean_f, max_f, min_f = df[feature].mean(), df[feature].max(), df[feature].min()
    centered_df[feature] = (df[feature] - mean_f) / (max_f - min_f)
```

```
# In[7]:
min_distance = 10**10
true_clasters = None
for i in range(iterations_number):
    kmeans = KMeans(n_clusters=first_k, init='random',
                    random_state=np.random.randint(1000)).fit(centered_df)
    cluster_number = np.array(kmeans.labels_, dtype=int)
    centered_df['cluster'] = cluster_number

    new_centers = centered_df.groupby('cluster').mean().to_numpy()
    centered_df['dist'] = centered_df.apply(lambda x:
                          sum((x.to_numpy()[:-1] - new_centers[int(x.cluster)])**2), axis=1)

    distance = sum(centered_df.groupby('cluster').sum().dist)
    if distance < min_distance:
        true_clusters = cluster_number
        min_distance = distance
    centered_df.drop(columns=['dist', 'cluster'], inplace=True, axis=1)

# In[8]:
print("Минимальное расстояние по критерию K-Means для 5 кластеров: %.4f" % min_distance)

fig = plt.figure(dpi=DPI, figsize = (SIZE_X, SIZE_Y))
plt.title("Гистограмма распределения объектов по кластерам")
plt.grid(True)
sns.countplot(true_clusters)
plt.ylabel("Количество объектов в кластере")
plt.xlabel("Номер кластера")
fig.savefig("five_clusters.jpg")
plt.show()

# По гистограмме видно, что два кластера из пяти получились совсем малочисленными,
# поэтому скорее всего такое разделение не релевантно.

# In[9]:
# интерпретация данных кластеров:

cur_df = df.copy()[need_features]
great_means = cur_df.mean().to_numpy()
cur_df['cluster'] = true_clusters

cluster_diff = 100*(cur_df.groupby('cluster').mean() - great_means) / great_means
cur_df.drop('cluster', inplace=True, axis=1)
cluster_diff

# В нулевом и первом кластерах нет примечательных признаков.
# Во втором кластере на 50\% снижено значение инсулина по сравнению
# со средним значением, тогда как в четвертый кластер характеризуется
# увеличением уровня инсулина на 288\%! В третьем кластере заметно
# увеличение уровня глюкозы.
```

```
# Можно заметить, что кровяное давление и ИМТ ни в одном из кластеров
# не является сколько-то показательным.

# In[10]:
min_distance = 10**10
true_clasters = None
for i in range(iterations_number):
    kmeans = KMeans(n_clusters=second_k, init='random',
                    random_state=np.random.randint(1000)).fit(centered_df)
    cluster_number = np.array(kmeans.labels_, dtype=int)
    centered_df['cluster'] = cluster_number

    new_centers = centered_df.groupby('cluster').mean().to_numpy()
    centered_df['dist'] = centered_df.apply(lambda x:
                        sum((x.to_numpy()[:-1] - new_centers[int(x.cluster)])**2), axis=1)

    distance = sum(centered_df.groupby('cluster').sum().dist)
    if distance < min_distance:
        true_clusters = cluster_number
        min_distance = distance
    centered_df.drop(columns=['dist', 'cluster'], inplace=True, axis=1)

# In[11]:
print("Минимальное расстояние по критерию K-Means для 9 кластеров: %.4f" % min_distance)

fig = plt.figure(dpi=DPI, figsize = (SIZE_X, SIZE_Y))
plt.title("Гистограмма распределения объектов по кластерам")
plt.grid(True)
sns.countplot(true_clusters)
plt.ylabel("Количество объектов в кластере")
plt.xlabel("Номер кластера")
fig.savefig("nine_clusters.jpg")
plt.show()

# In[12]:

# интерпретация данных кластеров:
cur_df = df.copy()[need_features]
great_means = cur_df.mean().to_numpy()
cur_df['cluster'] = true_clusters

cluster_diff = 100*(cur_df.groupby('cluster').mean() - great_means) / great_means
cur_df.drop('cluster', inplace=True, axis=1)
cluster_diff

# Интересны значения, по модулю превосходящие 30:
# Glucose (3-ий кластер), SkinThickness(1-ый и 4-ый кластеры),
# Insulin(все, кроме 0-го, 3-го и 6-го кластеров), BMI (4-ый кластер)
# При различных случайных наборах центров получаются раличные кластеры,
# однако всегда хотя бы один кластер практически не содержит элементов.
```

```
146 # Часть 3: бутстрэп. Возьмем распределение на 9 кластеров.
147 # In[13]:
148 centered_df['cluster'] = true_clusters
149 grouped_cluster = centered_df.groupby('cluster').mean()
150 grouped_cluster
151
152 # In[16]:
153 centered_df.groupby('cluster').count()
154
155 # In[17]:
156 T = 10000
157 random_indexes = np.random.randint(low=N, size=(T, N))
158
159 bmi_trials = centered_df.BMI.to_numpy()[random_indexes]
160 trials_mean = bmi_trials.mean(axis=1)
161 bmi_mean, bmi_std = np.mean(trials_mean), np.std(trials_mean)
162 print("BMI mean = %.6f, BMI std = %.6f" % (bmi_mean, bmi_std))
163 print("pitvoting: left = %.6f, right = %.6f" %
164       (bmi_mean - 1.96 * bmi_std, bmi_mean + 1.96 * bmi_std))
165
166 left_q, right_q = np.percentile(trials_mean, 2.5), np.percentile(trials_mean, 97.5)
167 print("no pivot: left = %.6f, right = %.6f" % (left_q, right_q))
168
169 # In[18]:
170 first_cluster, second_cluster = 0, 3
171 n_first = len(np.where(true_clusters == first_cluster)[0])
172 n_second = len(np.where(true_clusters == second_cluster)[0])
173
174 T_features = 300
175 first_indexes = np.random.randint(low=n_first, size=(T_features, n_first))
176 second_indexes = np.random.randint(low=n_second, size=(T_features, n_second))
177
178 bmi_first = centered_df.BMI.to_numpy()[first_indexes]
179 bmi_second = centered_df.BMI.to_numpy()[second_indexes]
180
181 first_mean, second_mean = bmi_first.mean(axis=1), bmi_second.mean(axis=1)
182 trials_mean = first_mean - second_mean
183
184 bmi_mean, bmi_std = np.mean(trials_mean), np.std(trials_mean)
185 print("diff mean = %.6f, diff std = %.6f" % (bmi_mean, bmi_std))
186 print("pitvoting: left = %.6f, right = %.6f" %
187       (bmi_mean - 1.96 * bmi_std, bmi_mean + 1.96 * bmi_std))
188
189 left_q, right_q = np.percentile(trials_mean, 2.5), np.percentile(trials_mean, 97.5)
190 print("no pivot: left = %.6f, right = %.6f" % (left_q, right_q))
191 # In[19]:
192 T = 10000 # N столбцов и T строчек
193 random_indexes = np.random.randint(low=N, size=(T, N))
194 bmi_trials = centered_df.BMI.to_numpy()[random_indexes]
195 bmi_mean = bmi_trials.mean(axis=1)
```

```
need_cluster = 0
cluster_mean = []

for row in range(T):
    cur_indexes = np.where(true_clusters[random_indexes[row]] == need_cluster)[0]
    cur_trial = centered_df.BMI.to_numpy()[random_indexes[row][cur_indexes]]
    cluster_mean.append(cur_trial.mean())

trials_mean = bmi_mean - np.array(cluster_mean)
bmi_mean, bmi_std = np.mean(trials_mean), np.std(trials_mean)
print("diff mean = %.6f, diff std = %.6f" % (bmi_mean, bmi_std))
print("pitvoting: left = %.6f, right = %.6f" %
      (bmi_mean - 1.96 * bmi_std, bmi_mean + 1.96 * bmi_std))

left_q, right_q = np.percentile(trials_mean, 2.5), np.percentile(trials_mean, 97.5)
print("no pivot: left = %.6f, right = %.6f" % (left_q, right_q))

# Часть 4: выделение номинальных признаков, выделение целевого признака.
# Формирование таблиц сопряженности и коэффициентов Кетле.

# Целевым признаком будет наличие диабета (колонка `Outcome`),
# двумя другими номинальными признаками будут степень соответствия
# массы и роста человека и уровень сахара в крови
# через 2 часа после углеводной нагрузки.

# In[20]:
def BMIgroup(BMI):
    if BMI < 18.5:
        return 1 # "underweight"
    if BMI < 25:
        return 2 # "healty"
    if BMI < 30:
        return 3 # "overweight"
    return 4 # "obesity"

def GlucoseGroup(glucose):
    if glucose <= 78:
        return 1 # normal
    if glucose <= 111:
        return 2 # high
    return 3 # very high

df['BMI_group'] = df.apply(lambda x: BMIgroup(x.BMI), axis=1)
df['glucose_group'] = df.apply(lambda x: GlucoseGroup(x.Glucose), axis=1)

# In[22]:
grouped_by_bmi = df.groupby(by=['BMI_group'], as_index=False).sum()
grouped_by_glucose = df.groupby(by=['glucose_group'], as_index=False).sum()
```

```
# In[23]:
fig = plt.figure(dpi=DPI, figsize=(7, 5))
data = np.array(grouped_by_glucose.Outcome /
                (df.groupby(by="glucose_group", as_index=False).count().Outcome))

plt.title("Доля заболеваний в зависимости от уровня глюкозы")
sns.barplot(x=np.arange(1, 4), y=data)
xlabels = ["Normal", "High", "Very high"]
plt.ylabel("")
plt.xlabel("")
plt.xticks(np.arange(3), xlabels)
plt.show()
fig.savefig("density_glucose.jpg")

# In[24]:
#сделаем таблицу частот
glucose_table = np.zeros((3, 4))

glucose_table[1][:3] = grouped_by_glucose.Outcome # диабет при различном уровне сахара
glucose_table[1][-1] = sum(glucose_table[1][:3])
glucose_table[0][-1] = N - glucose_table[1][-1] # нет диабета
glucose_table[0][:3] =  np.array(df.groupby(by='glucose_group',
        as_index=False).count().Outcome) - glucose_table[1][:3]
glucose_table[2] = glucose_table[0] + glucose_table[1]

glucose_df = pd.DataFrame(glucose_table, dtype=int,
                      columns=["Normal", "High", "Very high", "Total"],
                      index=["Healthy", "Diabetes", "Total"])
glucose_df

# In[25]:
# условные вероятности
glucose_cond = np.copy(glucose_table)
glucose_cond[0] /= glucose_cond[-1]
glucose_cond[1] /= glucose_cond[-1]
glucose_cond[-1] /= glucose_cond[-1][-1]

glucose_cond_df = pd.DataFrame(glucose_cond, dtype=float,
                      columns=["Normal", "High", "Very high", "Total"],
                      index=["Healthy", "Diabetes", "Total"])
glucose_cond_df

# In[26]:
# обычные вероятности (количество / N)
glucose_table /= glucose_table[-1][-1]

glucose_df = pd.DataFrame(glucose_table, dtype=float,
                      columns=["Normal", "High", "Very high", "Total"],
                      index=["Healthy", "Diabetes", "Total"])
glucose_df
```

```
# In[27]:
# индексы Кетле и средний вклад признака
glucose_quetlet_table = np.zeros((2, 3))
glucose_quetlet_table[0][:3] = glucose_table[0][:3] / \
    (glucose_table[-1][:3] *        glucose_table[0][-1]) - 1
glucose_quetlet_table[1][:3] = \
    glucose_table[1][:3] / (glucose_table[-1][:3] * glucose_table[1][-1]) - 1

glucose_quetlet_mean = np.copy(glucose_quetlet_table)

glucose_quetlet_mean[0][:3] *= (glucose_table[0][:3] / glucose_table[-1][-1])
glucose_quetlet_mean[1][:3] *= (glucose_table[1][:3] / glucose_table[-1][-1])
print(np.round(sum(glucose_quetlet_mean[0][:3]) + sum(glucose_quetlet_mean[1][:3]), decimals=6),
      np.round(glucose_quetlet_mean[glucose_quetlet_mean > 0].sum(), decimals=6))

glucose_quetlet_df = pd.DataFrame(glucose_quetlet_table, dtype=float,
                      columns=["Normal", "High", "Very high"],
                      index=["Healthy", "Diabetes"])
glucose_quetlet_df

# In[28]:
# теперь посчитаем Xi-квадрат:

glucose_expected = np.zeros((2, 3))
glucose_expected[0] = glucose_table[-1][:3] * glucose_table[0][-1]
glucose_expected[1] = glucose_table[-1][:3] * glucose_table[1][-1]

xi_square = np.zeros((2, 3))
xi_square[0] = (glucose_table[0][:3] - glucose_expected[0]) ** 2 / glucose_expected[0]
xi_square[1] = (glucose_table[1][:3] - glucose_expected[1]) ** 2 / glucose_expected[1]

print(np.round(np.nansum(xi_square), decimals=6))
glucose_xi_square = pd.DataFrame(xi_square, dtype=float,
                      columns=["Normal", "High", "Very high"],
                      index=["Healthy", "Diabetes"])
glucose_xi_square

# In[29]:
fig = plt.figure(dpi=DPI, figsize=(8, 5.5))
data = np.array(grouped_by_bmi.Outcome /
                (df.groupby(by="BMI_group", as_index=False).count().Outcome))

plt.title("Доля заболеваний в зависимости от весовой категории")
sns.barplot(x=np.arange(4), y=data)
xlabels = ["Underweight", "Healthy", "Overweight", "Obesity"]
plt.ylabel("")
plt.xlabel("")
plt.xticks(np.arange(4), xlabels)
plt.show()
fig.savefig("density_bmi.jpg")
```

```
# In[30]:
#сделаем таблицу частот
bmi_table = np.zeros((3, 5))

bmi_table[1][:4] = grouped_by_bmi.Outcome # диабет в различных возрастных категориях
bmi_table[1][-1] = sum(bmi_table[1][:4])
bmi_table[0][-1] = N - bmi_table[1][-1] # нет диабета
bmi_table[0][:4] = \
    np.array(df.groupby(by='BMI_group', as_index=False).count().Outcome) - bmi_table[1][:4]
bmi_table[2] = bmi_table[0] + bmi_table[1]

bmi_df = pd.DataFrame(bmi_table, dtype=int,
                      columns=["Underweight", "Healthy", "Overweight", "Obesity", "Total"],
                      index=["Healthy", "Diabetes", "Total"])
bmi_df

# In[31]:
# условные вероятности

bmi_cond = np.copy(bmi_table)
bmi_cond[0] /= bmi_cond[-1]
bmi_cond[1] /= bmi_cond[-1]
bmi_cond[-1] /= bmi_cond[-1][-1]

bmi_cond_df = pd.DataFrame(bmi_cond, dtype=float,
                      columns=["Underweight", "Healthy", "Overweight", "Obesity", "Total"],
                      index=["Healthy", "Diabetes", "Total"])
bmi_cond_df

# In[32]:
# таблица вероятностей (количество / N)
bmi_table /= bmi_table[-1][-1]
bmi_df = pd.DataFrame(bmi_table, dtype=float,
                      columns=["Underweight", "Healthy", "Overweight", "Obesity", "Total"],
                      index=["Healthy", "Diabetes", "Total"])
bmi_df

# In[33]:
# теперь посчитаем индекс Кетле для веса
bmi_quetlet = np.zeros((2, 4))
bmi_quetlet[0] = bmi_table[0][:4] / (bmi_table[0][-1] * bmi_table[-1][:4]) - 1
bmi_quetlet[1] = bmi_table[1][:4] / (bmi_table[1][-1] * bmi_table[-1][:4]) - 1

# и средний вклад признака
bmi_quetlet_mean = np.copy(bmi_quetlet)
bmi_quetlet_mean[0] *= (bmi_table[0][:4] / bmi_table[-1][-1])
bmi_quetlet_mean[1] *= (bmi_table[1][:4] / bmi_table[-1][-1])
print(np.round(sum(bmi_quetlet_mean[0]) + sum(bmi_quetlet_mean[1]), decimals=6),
      np.round(bmi_quetlet_mean[bmi_quetlet_mean > 0].sum(), decimals=6))

```

```
bmi_quetlet_df = pd.DataFrame(bmi_quetlet,
                        columns=["Underweight", "Healthy", "Overweight", "Obesity"],
                        index=["Healthy", "Diabetes"])

bmi_quetlet_df

# In[34]:
# Здесь посчитаем xi-квадрат через ожидаемое кол-во наблюдений
# в предположении нулевой корреляции

bmi_expected = np.zeros((2, 4))
bmi_expected[0] = bmi_table[-1][:4] * bmi_table[0][-1]
bmi_expected[1] = bmi_table[-1][:4] * bmi_table[1][-1]

xi_square = np.zeros((2, 4))
xi_square[0] = (bmi_table[0][:4] - bmi_expected[0]) ** 2 / bmi_expected[0]
xi_square[1] = (bmi_table[1][:4] - bmi_expected[1]) ** 2 / bmi_expected[1]
print(np.round(np.nansum(xi_square), decimals=6))

bmi_xi_square = pd.DataFrame(xi_square,
                        columns=["Underweight", "Healthy", "Overweight", "Obesity"],
                        index=["Healthy", "Diabetes"])
bmi_xi_square

# Часть 5: для визуализации с помощью метода главных компонент
# выберем следующие признаки - уровень глюкозы в крови, давление,
# толщину кожной складки и ИМТ.
# In[35]:
need_features = ['Glucose', 'BloodPressure', 'SkinThickness', 'BMI']
centered_df = pd.DataFrame()

for feature in need_features: # нормализация размахом
    mean_f, max_f, min_f = df[feature].mean(), df[feature].max(), df[feature].min()
    centered_df[feature] = (df[feature] - mean_f) / (max_f - min_f)

target = df.Outcome.to_numpy()
Y = centered_df.to_numpy()

# In[37]:
color = ['xkcd:cherry red' if target[i] == 1 else 'xkcd:ultramarine'
         for i in range(len(centered_df))]

# 1: обыкновенный
from numpy.linalg import svd

U, S, VT = svd(Y, full_matrices=False)
x, y = U.dot(np.diag(S))[:,0], U.dot(np.diag(S))[:,1]

# 2: традиционный
from numpy.linalg import eig
```

```
446
447 B = np.cov(Y.T) # матрица ковариации
448 lambda_val, vectors = eig(B)
449 print("Собственные значения:", lambda_val) # уже в нужном порядке
450 first_vector = np.array(vectors[:,0], dtype='float')
451 first_component = Y.dot(first_vector)
452 second_vector = np.array(vectors[:,1], dtype='float')
453 second_component = Y.dot(second_vector)
454
455 fig = plt.figure(dpi=DPI, figsize=(15, 7))
456 plt.subplot(1, 2, 1)
457 plt.title("Визуализация с помощью обычного МГК")
458 plt.scatter(x, y, c=color)
459
460 plt.subplot(1, 2, 2)
461 plt.title("Визуализация с помощью традиционного МГК")
462 plt.scatter(first_component, second_component, c=color)
463
464 plt.show()
465 fig.savefig("both_svd.jpg")
466
467 # Полученные изображения одинаковы с точностью до знака одной из компонент.
468
469 # Часть 6: линейная регрессия
470 # В качестве двух численных признаков возьмем BMI и SkinThickness,
471 # относительно линейно зависящих друг от друга.
472
473 # In[38]:
474 first_feature, second_feature = 'BMI', 'SkinThickness'
475
476 fig = plt.figure(dpi=DPI, figsize=(7, 7))
477 plt.title(f'Correlation between {first_feature} and {second_feature}')
478 plt.scatter(df[first_feature], df[second_feature], color="xkcd:plum purple")
479 fig.savefig("scatterplot_features.jpg")
480 plt.show()
481
482 # In[39]:
483 from sklearn.linear_model import LinearRegression
484
485 train = df[(df[second_feature] < 60) & (df[second_feature] > 10)
486            & (df[first_feature] < 50) & (df[first_feature] > 20)]
487
488 need_features_index = np.where(df.columns == first_feature)
489 linear_model = LinearRegression().fit(train.iloc[:,need_features_index[0]], train[second_feature])
490
491 # In[40]:
492 print("k =", linear_model.coef_[0], ", b =", linear_model.intercept_)
493
494 x = np.arange(20, 60)
495 fig = plt.figure(dpi=DPI, figsize=(7, 7))
```

```
plt.title(f'Correlation between {first_feature} and {second_feature}')
plt.xlabel('BMI')
plt.ylabel('Skin thickness')
plt.plot(x, x * linear_model.coef_[0] + linear_model.intercept_, color='xkcd:gold')
plt.scatter(df[first_feature], df[second_feature], color="xkcd:plum purple")
fig.savefig("linear_regression.jpg")
plt.show()

# In[41]:
from sklearn.metrics import r2_score
cov = np.corrcoef(train[second_feature],
                  linear_model.predict(train.iloc[:,need_features_index[0]]))
print("R^2 = %.6f" % r2_score(train[second_feature],
                   linear_model.predict(train.iloc[:,need_features_index[0]])))
print("r = %.6f" % cov[0][1])
```