Projekt na przedmiot Rachunek Prawdopodobieństwa i Statystyka 2022/2023 Analiza statystyczna cech pingwinów z wysp Archipelagu PalmeraPotrzebne importy from palmerpenguins import load\_penguins import matplotlib.pyplot as plt import seaborn as sns import numpy as np from sklearn.linear\_model import LinearRegression from scipy.stats import norm, kurtosis from scipy.stats import kstest import scipy.stats C:\Users\Dell\anaconda3\lib\site-packages\scipy\\_\_init\_\_.py:138: UserWarning: A NumPy version >=1.16.5 and <1.23.0 is required for this version of SciPy (detected version 1.23.4) warnings.warn(f"A NumPy version >={np\_minversion} and <{np\_maxversion} is required for this version of " Zgrywamy dataset i usuwamy puste pola In [2]: df = load\_penguins() df.dropna(inplace=True) penguins = sns.load\_dataset('penguins') penguins.dropna(inplace=True) Chcemy dowiedzieć się podstawowych informacji o naszym datasetcie. Sprawdzamy minimalne i maksymalne wartości, średnie, odchylenia standardowe oraz kwartyle zmiennych. print(df.describe()) bill\_length\_mm bill\_depth\_mm flipper\_length\_mm body\_mass\_g \ 333.000000 333.000000 333.000000 333.000000 count 17.164865 43.992793 200.966967 4207.057057 mean std 5.468668 1.969235 14.015765 805.215802 13.100000 172.000000 2700.000000 min 32.100000 15.600000 190.000000 3550.000000 25% 39.500000 17.300000 50% 44.500000 197.000000 4050.000000 48.600000 75% 18.700000 213.000000 4775.000000 59.600000 21.500000 231.000000 6300.000000 max year 333.000000 count 2008.042042 mean 0.812944 std 2007.000000 min 25% 2007.000000 50% 2008.000000 75% 2009.000000 2009.000000 max Pokazujemy wykres ilości pingwinów z danego gatunku i płci penguins.groupby(['species','sex'])['sex'].value\_counts().plot(kind='bar',color='#967BB6') Out[64]: <AxesSubplot:xlabel='species, sex, sex'> 70 60 50 40 30 20 10 species,sex,sex Jak widać najwięcej jest pingwinów Adelie. Widać też, że jest po równo płci. Sprawdzamy korelacje i kowariancję zmiennych. In [10]: print(df.drop(['sex','year','species','island'],axis=1).cov()) print(df.drop(['sex','year','species','island'],axis=1).corr()) bill\_length\_mm bill\_depth\_mm flipper\_length\_mm \ bill\_length\_mm -2.462091 50.058195 29.906333 bill\_depth\_mm -2.462091 3.877888 -15.947248 50.058195 2595.623304 196.441677 flipper\_length\_mm -15.947248 9852.191649 body\_mass\_g -748.456122 body\_mass\_g bill\_length\_mm
bill\_depth\_mm 2595.623304 -748.456122 flipper\_length\_mm 9852.191649 body\_mass\_g 648372.487699 bill\_length\_mm bill\_depth\_mm flipper\_length\_mm \
 1.000000 -0.228626 0.653096 bill\_length\_mm bill\_depth\_mm -0.577792 -0.228626 1.000000 flipper\_length\_mm 0.653096 -0.577792 1.000000 body\_mass\_g 0.589451 -0.472016 0.872979 body\_mass\_g bill\_length\_mm 0.589451 -0.472016 bill\_depth\_mm flipper\_length\_mm 0.872979 1.000000 body\_mass\_g Pokazujemy wizualne rozłożenie danych ze względu na gatunek sns.set(style="white", color\_codes=True, palette='mako') sns.pairplot(penguins, hue='species') Out[47]: <seaborn.axisgrid.PairGrid at 0x2a139af98e0> 60 55 50 bill\_length\_ 35 20 18 16 14 species Adelie 230 Chinstrap E 220 Gentoo 210 length 200 190 180 170 6000 5000 4000 bill\_length\_mm bill\_depth\_mm flipper\_length\_mm body\_mass\_g Pokazujemy wizualne rozłożenie danych ze względu na płeć sns.set(style="white", color\_codes=True, palette='mako\_r') sns.pairplot(penguins, hue='sex') Out[46]: <seaborn.axisgrid.PairGrid at 0x2a139247820> 55 bill\_length\_mm 8 8 8 35 14 230 Female 220 210 200 190 180 180 170 6000 5000 5000 4000 6 Sam Apod 3000 15 175 200 225 250 2000 4000 bill\_length\_mm bill\_depth\_mm flipper\_length\_mm body\_mass\_g In [13]: df.drop(['sex','year','island','species'],axis=1,inplace=True) In [ ]: Pokazujemy wykres zależności pomiędzy zmiennymi In [14]: sns.heatmap(df.corr(), annot=True) Out[14]: <AxesSubplot:> - 1.0 -0.23 0.65 bill\_length\_mm -0.6 -0.23 -0.58 -0.47 bill\_depth\_mm - 0.4 - 0.2 -0.58 flipper\_length\_mm - 0.0 -0.2 -0.47 0.87 body\_mass\_g -0.4 Widać, że masa pingwina i długość płetwy są mocno zależne od siebie, a długość i głębokość dziobu są mało zależne od siebie Pokazujemy wykres masy od gatunku In [15]: sns.set(style="white", color\_codes=True, palette='mako') sns.stripplot(x='species', y='body\_mass\_g', data=penguins) sns.despine() 6000 5500 5000 4500 4000 3500 3000 Adelie Chinstrap Gentoo species Pokazujemy wykres masy od płci sns.set(style="white", color\_codes=True, palette='flare') sns.stripplot(x='sex', y='body\_mass\_g', data=penguins) sns.despine() 6000 5500 ි 5000 4500 4000 3500 3000 Male Female sex Pokazujemy wykres masy od gatunku i płci In [38]: sns.set(style="white", color\_codes=True, palette='viridis\_r') sns.stripplot(x='species', y='body\_mass\_g', hue='sex', data=penguins) sns.despine() 6000 Male Female 5500 <sup>D</sup> 5000 4500 g 4000 3500 3000 Adelie Chinstrap Gentoo species Pokazujemy wykres długości płetw od płci i gatunku In [39]:  $\verb|sns.set(style="white", color_codes=True, palette="rocket_r")|\\$ sns.stripplot(x='species', y='flipper\_length\_mm', hue='sex', data=penguins) sns.despine() 230 sex Male Female 220 \_length\_mm\_ 200 190 180 170 Adelie Chinstrap Gentoo species Pokazujemy wykres głębokości dziobu od płci i gatunku sns.set(style="white", color\_codes=True, palette='icefire\_r') sns.stripplot(x='species', y='bill\_depth\_mm', hue='sex', data=penguins) sns.despine() sex Male Female bill\_depth\_mm 18 14 Adelie Chinstrap Gentoo species Pokazujemy wykres długości dziobu od płci oraz gatunku In [44]: sns.set(style="white", color\_codes=True, palette='Spectral') sns.stripplot(x='species', y='bill\_length\_mm', hue='sex', data=penguins) sns.despine() Male Female bill\_length\_mm 6 45 50 Chinstrap Gentoo species Sprawdzamy czy istnieje korelacja, więc tworzymy wykres regresji długości płetw od masy i wyliczamy wartości współczynników regresji sns.set(style="white", color\_codes=True, palette='Spectral') sns.regplot(x='flipper\_length\_mm', y='body\_mass\_g', data=penguins) sns.despine() 6000 5500 ි 5000 4500 4000 3500 3000 2500 230 flipper\_length\_mm In [33]: X = df.drop(['bill\_length\_mm', 'bill\_depth\_mm'], axis=1) Y = df['body\_mass\_g'] reg = LinearRegression().fit(X, Y) print(reg.score(X,Y)) print(reg.coef\_) print(reg.intercept\_) 1.0 [5.91596047e-15 1.00000000e+00] -1.8189894035458565e-12 Sprawdzamy czy rozkład głębokości dziobu jest rozkładem normalnym print(kurtosis(df['bill\_depth\_mm'])) -0.8965872511276172 print(df['bill\_depth\_mm'].skew()) -0.1497202576146911 In [90]: sns.displot(penguins['bill\_depth\_mm']) Out[90]: <seaborn.axisgrid.FacetGrid at 0x2a13a6224c0> 40 20 10 20 bill\_depth\_mm In [87]: scipy.stats.probplot(penguins['bill\_depth\_mm'], dist="norm", plot=plt) plt.show() Probability Plot 22 20 Ordered Values 14 12 2 0 -3 -2 Theoretical quantiles In [88]: print(kstest(penguins['bill\_depth\_mm'], 'norm')) KstestResult(statistic=1.0, pvalue=0.0) Z testów wynika, że dystrybucja jest dystrybucją normalną