데이터 과학 기반의 파어 번에 비대이터 분석

[강의교안 이용 안내]

- 본 강의교안의 저작권은 한빛아카데미㈜에 있습니다.
- 이 자료를 무단으로 전제하거나 배포할 경우 저작권법 136조에 의거하여 처벌을 받을 수 있습니다.



통계 분석

목차

01 [기술 통계 분석 + 그래프] 와인 품질 등급 예측하기 02 [상관 분석 + 히트맵] 타이타닉호 생존율 분석하기

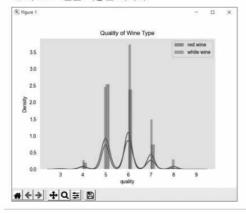
학습목표

- 빅데이터 분석의 가장 기본인 통계 분석 프로젝트를 실습할 수 있음
- 기술 통계를 이용하여 데이터를 확인하는 방법을 안음
- 회귀 분석과 상관 분석을 수행할 수 있음

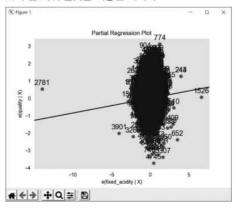
■ 분석 미리보기

와인 품 <mark>질 등급</mark> 예측	하기						
와인 속성을 분석하여 품질 등급을 예측한다.							
기술 통계, 회귀 분석, t-검정, 히스토그램							
레드 와인/화이트 와인 데이터셋: 캘리포니아 어바인 대학의 머신러닝 저장소에서 다운로드							
1. 정보 확인: info() 2. 기술 통계 확인: describe(), unique(), va	alue_counts()						
1. 데이터를 두 그룹으로 비교 분석 • 그룹별 기술 통계 분석: describe() • t-검정: scipy 패키지의 ttest_ind() • 회귀 분석: statsmodels.formula.api 패키지의 ols()	 2. 품질 등급 예측 생플을 독립 변수(x)로 지정 → 회귀 분석 모델 적용 → 종속 변수(y)인 품질 (quality) 예측 						
	와인 속성을 분석하여 품질 등급을 예측한다. 기술 통계, 회귀 분석, t-검정, 히스토그램 레드 와인/화이트 와인 데이터셋: 캘리포니아 아수집한 데이터 파일 병합 1. 정보 확인: info() 2. 기술 통계 확인: describe(), unique(), valued 등 그룹으로 비교 분석						

1. 히스토그램을 이용한 시각화



2. 부분 회귀 플롯을 이용한 시각화



■ 목표 설정

- 목표: 와인의 속성을 분석한 뒤 품질 등급을 예측하는 것
- 데이터의 기술 통계를 구함
- 레드 와인과 화이트 와인 그룹의 품질에 대한 t-검정을 수행
- 와인 속성을 독립 변수로, 품질 등급을 종속 변수로 선형 회귀 분석을 수행

■ 핵심 개념 이해

- 기술 통계 (요약 통계)
 - 데이터의 특성을 나타내는 수치를 이용해 분석하는 기본적인 통계 방법
 - 평균, 중앙값, 최빈값 등을 구할 수 있음

• 회귀 분석

- 독립 변수, x와 종속 변수, y 간의 상호 연관성 정도를 파악하기 위한 분석 기법
- 하나의 변수가 변함에 따라 대응 되는 변수가 어떻게 변하는지를 측정하는 것
- 변수 간의 인과관계를 분석 할 때 많이 사용
- 독립 변수가 한 개이면 단순 회귀 분석, 두 개 이상이면 다중 회귀 분석
- 독립 변수와 종속 변수의 관계에 따라 선형 회귀 분석과 비선형 회귀 분석으로 나눠짐
- 선형 회귀 분석 식: $y = b_0 + b_1 x_1 + b_2 x_2 + \dots + b_n x_n$

• t-검정

- 데이터에서 찾은 평균으로 두 그룹에 차이가 있는지 확인하는 방법
- 예) A와 인의 품질이 1등급인지 2등급인지에 따라 가격에 차이가 있는지를 확인할 때 사용

• 히스토그램

- 데이터 값의 범위를 몇 개 구간으로 나누고 각 구간에 해당하는 값의 숫자나 상대적 빈도 크기를 차트로 나타낸 것

■ 데이터 수집

- 캘리포니아 어바인 대학의 머신러닝 저장소에서 제공하는 오픈 데이터를 사용
- 다운로드한 파일은 My_Python/7장_data 폴더를 만든 후에 저장

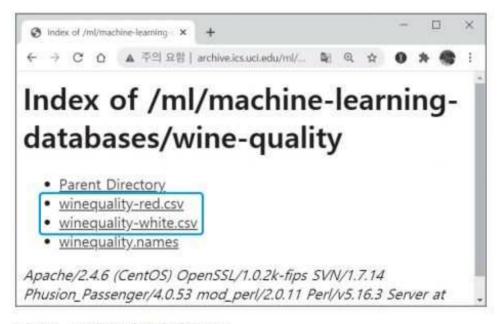


그림 7-1 와인 데이터 다운로드

- 1. 다운로드한 CSV 파일 정리하기
 - 엑셀은 CSV 파일을 열 때 쉼표를 열 구분자로 사용하므로 열이 깨진 것처럼 보임
 - 엑셀에서 세미콜론을 열 구분자 로 인식하도록 파일을 다시 저장해야 함

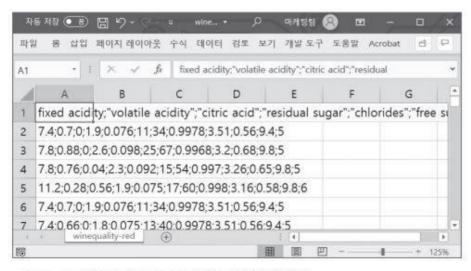


그림 7-2 다운로드한 CSV 파일을 엑셀에서 열기

- 1. 다운로드한 CSV 파일 정리하기
 - 1. 엑셀에서 열 구분자를 세미콜론으로 인식시키기

```
>>> import pandas as pd
>>> red_df = pd.read_csv('C:/Users/kmj/My_Python/7장_data/winequality-red.csv', sep = ';', header = 0, engine = 'python')
>>> white_df = pd.read_csv('C:/Users/kmj/My_Python/7장_data/winequality-white.csv', sep = ';', header = 0, engine= 'python')
>>> red_df.to_csv('C:/Users/kmj/My_Python/7장_data/winequality-red2.csv', index = False)
>>> white_df.to_csv('C:/Users/kmj/My_Python/7장_data/winequality-white2.csv', index = False)
```

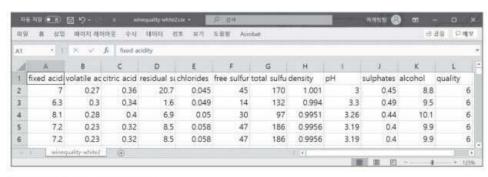
- 01행 테이블 형태의 CSV 파일을 다루기 위해 pandas 라이브러리 패키지를 pd 이름으로 로드
- 02~03행 pandas의 read_csv() 함수를 사용해 CSV 파일을 읽어온음 이때 CSV 파일 데이터의 열 구분자를 세미콜론으로 지정하기 위해 sep 매개변수 값을 ';'으로 지정
- 04~05행 pandas로 읽은 CSV 데이터는 테이블 형태의 DataFrame 객체(red_df, white_df)에 있음 이 상태 그대로 CSV 파일로 저장

■ 데이터 준비

- 1. 다운로드한 CSV 파일 정리하기
 - 2. 파이썬에서 저장한 CSV 파일을 엑셀에서 열어 상태를 확인



(a) winequality-red2,csv



(b) winequality-white2.csv

그림 7-3 엑셀의 열 구분자를 수정한 뒤 저장한 파일 다시 열기

- 2. 데이터 병합하기
 - 1. 레드 와인과 화이트 와인 파일 합치기

	·>> red_o xed acidi	ty volatile aci	dity citric acid		sulphates	alcohol	quality	
0	7.4	0.70			0.56	9.4	5	
1	7.8	0.88	0.00		0.68	9.8	5	
2	7.8	0.76	0.04		0.65	9.8	5	
3	11.2	0.28	0.56		0.58	9.8	6	
4	7.4	0.70	0.00		0.56	9.4	5	
02 >>	vs x 12 co ·> red_df ·> red_df	insert(0, colur	mn = 'type', val	ue =	'red')			
02 >>	·> red_df ·> red_df	insert(0, colur head()				alcohol	quality	
02 >> 03 >>	<pre>>> red_df >> red_df type</pre>	insert(0, colur head() fixed acidity	volatile acidity	/	sulphates			
02 >> 03 >>	red_dfred_dftypered	insert(0, colur head() fixed acidity 7.4	volatile acidity 0.70		sulphates 0.56	9.4	5	
02 >> 03 >> 0 1	<pre>>> red_df >> red_df type f red red</pre>	Linsert(0, colur Lhead() Fixed acidity 7.4 7.8	volatile acidity 0.70 0.88	/	sulphates 0.56 0.68	9.4 9.8	5	
02 >> 03 >> 0 1 2	<pre>>> red_df >> red_df type f red red red</pre>	Linsert(0, colur Lhead() Fixed acidity 7.4 7.8 7.8	volatile acidity 0.70 0.88 0.76	/	sulphates 0.56 0.68 0.65	9.4 9.8 9.8	5 5 5	
02 >> 03 >> 0 1	<pre>>> red_df >> red_df type f red red</pre>	Linsert(0, colur Lhead() Fixed acidity 7.4 7.8	volatile acidity 0.70 0.88	/	sulphates 0.56 0.68	9.4 9.8 9.8	5 5 5 6	
02 >> 03 >> 0 1 2	<pre>>> red_df >> red_df type f red red red</pre>	Linsert(0, colur Lhead() Fixed acidity 7.4 7.8 7.8	volatile acidity 0.70 0.88 0.76	/	sulphates 0.56 0.68 0.65	9.4 9.8 9.8	5 5 5	
02 >> 03 >> 0 1 2 3 4	<pre>red_df red red red red red red red</pre>	Einsert(0, colur Ehead() Fixed acidity 7.4 7.8 7.8 11.2	volatile acidity 0.70 0.88 0.76 0.28	/	sulphates 0.56 0.68 0.65 0.58	9.4 9.8 9.8 9.8	5 5 5 6	

- 2. 데이터 병합하기
 - 1. 레드 와인과 화이트 와인 파일 합치기

```
05 >>> white_df.head()
   fixed acidity volatile acidity citric acid ... sulphates alcohol quality
                       0.27
                                   0.36
                                                0.45
                                                           8.8
   0
        7.0
                                                                    6
         6.3
                                   0.34
                                                0.49
                                                           9.5
                       0.30
                                                                   6
        8.1
                      0.28
                                   0.40
                                                0.44
                                                          10.1
                                                                   6
   3
        7.2
                      0.23
                                   0.32
                                                0.40
                                                          9.9
                                                                   6
        7.2
                                   0.32
   4
                       0.23
                                                0.40
                                                           9.9
                                                                   6
   [5 rows x 12 columns]
06 >>> white_df.insert(0, column = 'type', value = 'white')
07 >>> white_df.head()
             fixed acidity
                            volatile acidity ... sulphates alcohol quality
      type
  0 white
                  7.0
                                 0.27
                                                  0.45
                                                            8.8
                                                                     6
  1 white
                  6.3
                                 0.30
                                                  0.49
                                                            9.5
                                                                     6
  2 white
             8.1
                                 0.28
                                                  0.44
                                                            10.1
  3 white
             7.2
                                 0.23
                                                  0.40
                                                            9.9
  4 white
                 7.2
                                 0.23
                                                                     6
                                                  0.40
                                                            99
  [5 rows x 13 columns]
08 >>> white df.shape
  (4898, 13)
09 >>> wine = pd.concat([red_df, white_df])
10 >>> wine.shape
  (6497, 13)
11 >>> wine.to_csv('C:/Users/kmj/My_Python/7장_data/wine.csv', index = False)
```

- 2. 데이터 병합하기
 - 1. 레드 와인과 화이트 와인 파일 합치기
 - [01~04행] 레드 와인 파일을 읽고 데이터프레임에 'type' 열 삽입하기
 - 01행 red df에 저장된 내용을 위에서부터 5개(0번~4번) 행만 출력하여 확인
 - 02행 이름이 'type'이고 값이 'red'인 열을 만들어 index = 0(첫 번째 열) 자리에 삽입
 - 03행 red df에 저장된 내용을 위에서부터 5개(0번~4번) 행만 다시 출력해 삽입된 'type'열을 확인
 - 04행 red df.shape를 이용하여 현재 red df의 크기를 '(행의 개수, 열의 개수)' 형태로 확인
 - [05~08행] 화이트 와인 파일을 읽고 데이터프레임에 'type' 열 삽입하기
 - 05행 white df에 저장된 내용을 위에서부터 5개(0번~4번) 행만 출력하여 확인
 - 06행 이름이 'type'이고 값이 'white'인 열을 만들어 index = 0(첫 번째 열) 자리에 삽입
 - 07행 white_df에 저장된 내용을 위에서부터 5개(0번~4번) 행만 다시 출력해 삽입된'type' 열을 확인
 - 08행 white_df.shape를 이용하여 현재 white_df의 크기를 '(행의 개수, 열의 개수)' 형태로 확인
 - [09~10행] red_df와 white_df를 하나의 데이터프레임 형식으로 결합하기
 - 09행 pd.concat() 함수를 이용하여 red_df와 white_df를 결합
 - 10행 결합된 wine의 현재 크기를 '(행의 개수, 열의 개수)' 형태로 확인
 - 11행 wine을 CSV 파일로 저장

- 2. 데이터 병합하기
 - 2. 결합된 파일 확인하기

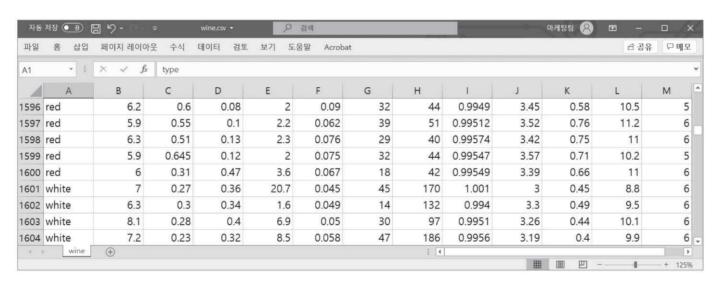


그림 7-4 레드 와인 데이터셋과 화이트 와인 데이터셋이 결합된 wine.csv 파일

■ 데이터 탐색

1. 기본 정보 확인하기

	ta columns (total 13 c Column	Non-Null Count	Dtype
0	type	6497 non-null	object
1	fixed acidity	6497 non-null	float64
2	volatile acidity	6497 non-null	float64
3	citric acid	6497 non-null	float64
4	residual sugar	6497 non-null	float64
5	chlorides	6497 non-null	float64
6	free sulfur dioxide	6497 non-null	float64
7	total sulfur dioxide	6497 non-null	float64
8	density	6497 non-null	float64
9	рН	6497 non-null	float64
10	sulphates	6497 non-null	float64
11	alcohol	6497 non-null	float64
12	quality	6497 non-null	int64

- 전체 샘플은 6,497개이고 속성을 나타내는 열은 13개, 각 속성의 이름은 type부터 quality까지
- 속성 중에서 실수 타입(float64)은 11개, 정수 타입(int64)은 1개(quality), 객체 타입(object)이 1개(type)
- 독립 변수(x)는 type부터 alcohol 까지 12개, 종속 변수(y)는 1개(quality)

■ 데이터 탐색

2. 함수를 사용해 기술 통계 구하기

typ	e fixed acidity	volatile acidity	 sulphates	alcohol	quality
0 red	7.4	0.70	 0.56	9.4	5
1 red	7.8	0.88	 0.68	9.8	5
2 red	7.8	0.76	 0.65	9.8	5
3 red	11.2	0.28	 0.58	9.8	6
4 red	7.4	0.70	 0.56	9.4	5
[5 rows	x 13 columns]				
3 >>> v	vine.describe()				
	fixed_acidity	volatile_acidity	 alcohol	qu	iality
count	6497.000000	6497.000000	 6497.000000	6497.	000000
mean	7.215307	0.339666	 10.491801	5.8	318378
std	1.296434	0.164636	 1.192712	0.8	873255
Min	3.800000	0.080000	 8.000000	3.0	000000
25%	6.400000	0.230000	 9.500000	5.0	000000
50%	7.000000	0.290000	 10.300000	6.0	000000
75%	7.700000	0.400000	 11.300000	6.0	000000
max	15.900000	1.580000	 14.900000	9.0	000000

■ 데이터 탐색

2. 함수를 사용해 기술 통계 구하기

- [01~04행] 열이름 정렬하기
 - 01행 열 이름에 공백이 있으면 밑줄로 바꾼 뒤 한 단어로 연결
 - 02행 변경된 열 이름을 확인
 - 03행 describe() 함수를 사용하여 속성별 개수, 평균, 표준편차, 최소값, 전체 데이터 백분율에 대한 25번째 백분위수(25%),
 중앙값인 50번째 백분위수(50%), 75번째 백분위수(75%) 그리고 100번째 백분위수인 최대값max을 출력
 - 04행 wine.quality.unique() 함수를 사용하여 quality 속성값 중에서 유일한 값을 출력
 이를 통해 와인 품질 등급quality은 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9의 7개 등급이 있다는 것을 알 수 있음
 - 05행 quality.value_counts() 함수는 quality 속성값에 대한 빈도수를 보여줌 6등급인 샘플이 2.826개로 가장 많고, 9등급인 샘플이 5개로 가장 적은 것을 알 수 있음

■ 데이터 모델링

1. describe() 함수로 그룹 비교하기

```
01 >>> wine.groupby('type')['quality'].describe()
                                std min 25% 50% 75% max
          count
                   mean
  type
  Red
         1599.0 5.636023 0.807569 3.0 5.0
                                                      6.0
                                                            8.0
                                                 6.0
  White 4898.0 5.877909 0.885639 3.0
                                                6.0 6.0 9.0
                                          5.0
02 >>> wine.groupby('type')['quality'].mean()
  type
  red
           5.636023
  white 5.877909
  Name: quality, dtype: float64
03 >>> wine.groupby('type')['quality'].std()
  type
  red
           0.807569
         0.885639
  white
  Name: quality, dtype: float64
04 >>> wine.groupby('type')['quality'].agg(['mean', 'std'])
          mean
                       std
  type
   red
                    0.807569
         5.636023
  white 5.877909
                    0.885639
```

- 01행 레드 와인과 화이트 와인을 구분하는 속성인 type을 기준으로 그룹을 나눈 뒤 그룹 안에서 quality 속성을 기준으로
 기술 통계를 구함
- 02~04행 기술 통계 전부를 구할 때는 describe() 함수를 사용하지만 mean() 함수로 평균만 구하거나 std() 함수로 표준편차만 따로 구할 수도 있음
 mean() 함수와 std() 함수를 묶어서 한 번에 사용하려면 04행과 같이 agg() 함수를 사용

■ 데이터 모델링

- 2. t-검정과 회귀 분석으로 그룹 비교하기
 - t-검정을 위해서는 scipy 라이브러리 패키지를 사용
 - 회귀 분석을 위해서는 statsmodels 라이브러리 패키지를 사용
 - 명령 프롬프트 창에서 다음과 같이 입력하여 statsmodels 패키지를 설치



```
01 >>> from scipy import stats
02 >>> from statsmodels.formula.api import ols, glm
03 >>> red_wine_quality = wine.loc[wine['type'] == 'red', 'quality']
04 >>> white_wine_quality = wine.loc[wine['type'] == 'white', 'quality']
05 >>> stats.ttest_ind(red_wine_quality, white_wine_quality, equal_var = False)
        Ttest_indResult(statistic = -10.149363059143164, pvalue = 8.168348870049682e-24)
06 >>> Rformula = 'quality ~ fixed_acidity + volatile_acidity + citric_acid +
        residual_sugar + chlorides + free_sulfur_dioxide + total_sulfur_dioxide +
        density + pH + sulphates + alcohol
07 >>> regression_result = ols(Rformula, data = wine).fit()
08 >>> regression_result.summary()
```

■ 데이터 모델링

2. t-검정과 회귀 분석으로 그룹 비교하기

OLS Regression Results										
Dep. Variable:	qı	uality	R-square	d:	0.292					
Model:		OLS	Adj. R-sq	uared:	0.291					
Method:	Least Squ	uares	F-statistic	:		243.3				
Date:	Tue, 28 Apr	2020	Prob (F-s	statistic):		0.00				
Time:	16:1	9:39	Log-Likel	ihood:	-7215.5 1.445e+04					
No. Observations:	(6497	AIC:							
Df Residuals:		6485	BIC:		1.4	54e+04				
Df Model: 11										
Covariance Type:	nonro	bust								
			.=======	:======:		0.0751				
	coef	std err	t	P> t	[0.025	0.975]				
Intercept	55.7627	11.894	4 4.688	0.000	32.447	79.079				
fixed_acidity	0.0677	0.016	4.346	0.000	0.037	0.098				
volatile_acidity	-1.3279	0.077	-17.162	0.000	-1.480	- 1.176				
citric_acid	-0.1097	0.080	-1.377	0.168	-0.266	0.046				
residual_sugar	0.0436	0.005	8.449	0.000	0.033	0.054				
chlorides	-0.4837	0.333	-1.454	0.146	-1.136	0.168				
free_sulfur_dioxide	0.0060	0.001	7.948	0.000	0.004	0.007				
total_sulfur_dioxide	e -0.0025	0.000	-8.969	0.000	-0.003	-0.002				
density	-54.9669	12.137	-4.529	0.000	-78.760	-31.173				
pH	0.4393	0.090	4.861	0.000	0.262	0.616				
			10000	0.000	0.640	0.047				
sulphates	0.7683	0.076	10.092	0.000	0.619	0.917				

■ 데이터 모델링

2. t-검정과 회귀 분석으로 그룹 비교하기

```
Omnibus:
                          144.075
                                     Durbin-Watson:
                                                             1.646
Prob(Omnibus):
                            0.000
                                   Jarque-Bera (JB):
                                                           324.712
                            -0.006 Prob(JB):
Skew:
                                                           3.09e-71
                            4.095 Cond. No.
                                                          2.49e+05
urtosis:
Warnings:
[1] Errors assume that the covariance matrix of the errors is correctly
specified.
[2] The condition number is large, 2.49e+05. This might indicate that
there are
strong multicollinearity or other numerical problems.
```

■ 데이터 모델링

- 2. t-검정과 회귀 분석으로 그룹 비교하기
 - 01~02행
 - t-검정에 필요한 scipy 패키지의 stats 함수와 회귀 분석에 필요한 statsmodels.formula.api 패키지의 ols, glm 함수를 로드
 - [03~04행] 그룹 분리하기
 - 03행 레드 와인 샘플의 quality 값만 찾아서 red_wine에 저장
 - 04행 화이트 와인 샘플의 quality 값만 찾아서 white_wine에 저장
 - 05행 scipy 패키지의 stats.ttest_ind() 함수를 사용하여 t-검정을 하고 두 그룹 간 차이를 확인
 - [06~08행] 선형 회귀 분석 수행하기
 - 06행 선형 회귀 분석식의 종속 변수(y)와 독립 변수(x1~x10)를 구성
 - 07행 선형 회귀 모델 중에서 OLSOrdinary Least Squares 모델을 사용
 - 08행 선형 회귀 분석과 관련된 통계값을 출력

■ 데이터 모델링

3. 회귀 분석 모델로 새로운 샘플의 품질 등급 예측하기

■ 데이터 모델링

3. 회귀 분석 모델로 새로운 샘플의 품질 등급 예측하기

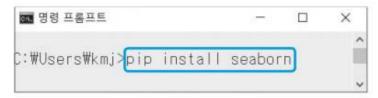
```
06 >>> data = {"fixed_acidity" : [8.5, 8.1], "volatile_acidity":[0.8, 0.5],
"citric_acid":[0.3, 0.4], "residual_sugar":[6.1, 5.8], "chlorides":[0.055,
0.04], "free_sulfur_dioxide":[30.0, 31.0], "total_sulfur_dioxide":[98.0,
99], "density":[0.996, 0.91], "pH":[3.25, 3.01], "sulphates":[0.4, 0.35],
"alcohol":[9.0, 0.88]}
07 >>> sample2 = pd.DataFrame(data, columns= sample1.columns)
08 >>> sample2
       alcohol chlorides ... total_sulfur_dioxide volatile_acidity
   0 9.00 0.055 ...
                                   98.0
                                                        0.8
       0.88 0.040 ...
                                   99.0
                                                        0.5
   [2 rows x 11 columns]
09 >>> sample2_predict = regression_result.predict(sample2)
10 >>> sample2_predict
   0 4.809094
  1 7.582129
   dtype: float64
```

■ 데이터 모델링

- 3. 회귀 분석 모델로 새로운 샘플의 품질 등급 예측하기
 - [01~02행] 예측에 사용할 첫 번째 샘플 데이터 만들기
 - 01행 wine에서 quality와 type 열은 제외하고, 회귀 분석 모델에 사용할 독립 변수만 추출하여 sample1에 저장
 - 02행 sample1에 있는 샘플 중에서 0번~4번 5개 샘플만 추출하고, sample1에 다시 저장하여 예측에 사용할 샘플을 제작
 - [03~05행] 첫 번째 샘플의 quality 예측하기
 - 03행 샘플 데이터를 회귀 분석 모델 regression_result의 예측 함수 predict()에 적용하여 수행한 뒤 결과 예측값을 sample1_predict에 저장
 - 04행 sample1_predict를 출력하여 예측한 quality를 확인
 - 05행 wine에서 0번부터 4번까지 샘플의 quality 값을 출력하여 sample1_predict이 맞게 예측되었는지 확인
 - [06~08행] 예측에 사용할 두 번째 샘플 데이터 만들기
 - 06행 회귀식에 사용한 독립 변수에 대입할 임의의 값을 딕셔너리 형태로 제작
 - 07행 딕셔너리 형태의 값과 sample1의 열 이름만 뽑아 데이터프레임으로 묶은 sample2를 제작
 - 08행 sample2를 출력하여 제대로 구성되었는지 확인
 - [09~10행] 두 번째 샘플의 quality 예측하기
 - 09행 샘플 데이터를 회귀 분석 모델 regression_result의 예측 함수 predict()에 적용하여 수행한 뒤 결과 예측값을 sample2_predict에 저장
 - 10행 sample2_predict를 출력하여 예측한 quality를 확인

■ 결과 시각화

- 1. 와인 유형에 따른 품질 등급 히스토그램 그리기
 - 1. 명령 프롬프트 창에서 다음 명령을 입력하여 seaborn 라이브러리 패키지를 설치 그 후 파이썬 셸 창으로 돌아와 임포트



2. 파이썬 셸 창에 명령을 입력

■ 결과 시각화

- 1. 와인 유형에 따른 품질 등급 히스토그램 그리기
 - 2. 파이썬 셸 창에 명령을 입력
 - 01~02행 시각화에 필요한 패키지를 로드
 - [03~08행] 커널 밀도 추정(kde)을 적용한 히스토그램 그리기
 - 03행 히스토그램 차트의 배경색 스타일을 설정
 - 04행 레드 와인에 대한 distplot 객체를 생성
 - 05행 화이트 와인에 대한 distplot 객체를 생성
 - 06행 차트 제목을 설정
 - 07행 차트 범례를 설정
 - 08행 설정한 내용대로 차트를 표시

• x축: qualit

• y축: 확률 밀도 함수값

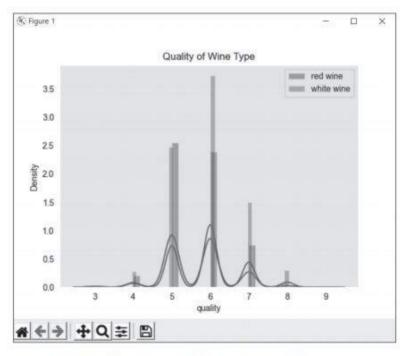


그림 7-5 와인 유형에 따른 품질 등급 히스토그램

■ 결과 시각화

- 2. 부분 회귀 플롯으로 시각화하기
 - 독립 변수가 2개 이상인 경우에는 부분 회귀 플롯을 사용하여 하나의 독립 변수가 종속 변수에 미치는 영향력을 시각화 함으로써 결과를 분석할 수 있음

■ 결과 시각화

- 2. 부분 회귀 플롯으로 시각화하기
 - 01행 부분 회귀 계산을 위해 statsmodels.api를 로드
 - [02~04행] fixed_acidity가 종속 변수 quality에 미치는 영향력을 시각화하기
 - 02행 부분 회귀에 사용한 독립 변수와 종속 변수를 제외한 나머지 변수 이름을 리스트 others로 추출
 - 03행 나머지 변수는 고정하고 fixed acidity가 종속 변수 quality에 미치는 영향에 부분회귀를 수행
 - 04행 부분 회귀의 결과를 플롯으로 시각화하여 나타냄

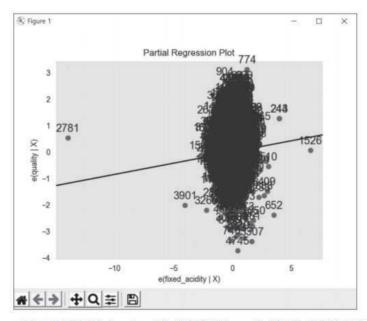


그림 7-6 독립 변수 fixed_acidity와 종속 변수 quality에 대한 부분 회귀 시각화

■ 결과 시각화

- 2. 부분 회귀 플롯으로 시각화하기
 - [05~07행] 각 독립 변수가 종속 변수 quality에 미치는 영향력을 시각화하기
 - 05행 차트의 크기를 지정
 - 06행 다중 선형 회귀 분석 결과를 가지고 있는 regression_result를 이용해 각 독립 변수의 부분 회귀 플롯을 구함
 - 07행 부분 회귀 결과를 플롯으로 시각화하여 나타냄

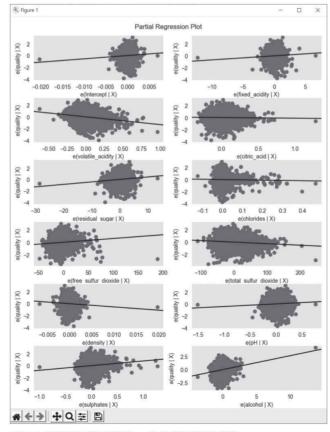


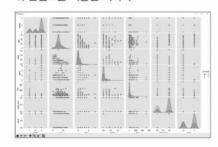
그림 7-7 각각의 독립 변수와 종속 변수 quality에 대한 부분 회귀 시각화

■ 분석 미리보기

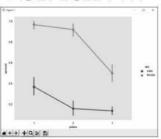
	타이타닉호 생존율 분석하기
목표	타이타닉호 승객 변수를 분석하여 생존율과의 상관관계를 찾는다.
핵심 개념	상관 분석, 상관 계수, 피어슨 상관 계수, 히트맵
데이터 수집	타이타닉 데이터: seaborn 내장 데이터셋
데이터 준비	결측치 치환: 중앙값 치환, 최빈값 치환
데이터 탐색	1. 정보 확인: info() 2. 차트를 통한 데이터 탐색: pie(), countplot()
데이터 모델링	1. 모든 변수 간 상관 계수 구하기 2. 지정한 두 변수 간 상관계수 구하기

결과 시각화

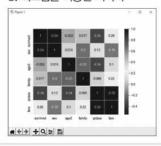
1. 산점도를 이용한 시각화



2. 특정 변수 간 상관관계 시각화



3. 히트맵을 이용한 시각화



■ 분석 미리보기

- 타이타닉호의 생존자와 관련된 변수의 상관관계를 찾아봄
- 생존과 가장 상관도가 높은 변수는 무엇인지 분석
- 상관 분석을 위해 피어슨 상관 계수를 사용
- 변수 간의 상관관계는 시각화하여 분석

■ 핵심 개념 이해

■ 상관 분석

- 두 변수가 어떤 선형적 관계에 있는지를 분석하는 방법
- 두 변수는 서로 독립적이거나 상관된 관계일 수 있는데, 두 변수의 관계의 강도를 상관관계 라고함
- 상관 분석에서는 상관관계의 정도를 나타내는 단위로 모상관 계수 ρ를 사용
- 상관 계수는 두 변수가 연관된 정도를 나타낼 뿐 인과 관계를 설명하지 않으므로 정확한 예측치를 계산할 수는 없음

• 단순 상관 분석

- 두 변수가 어느 정도 강한 관계에 있는지 측정
- 다중 상관 분석
 - 세 개 이상의 변수 간 관계의 강도를 측정
 - 편상관 분석: 다른 변수와의 관계를 고정하고 두 변수 간 관계의 강도를 나타내는 것

■ 상관 계수 p

- 변수 간 관계의 정도(0~1)와 방향(+, -)을 하나의 수치로 요약해주는 지수로 -1에서 +1 사이의 값을 가짐
- 상관 계수가 +이면 양의 상관관계이며 한 변수가 증가하면 다른 변수도 증가
- 상관 계수가 -이면 음의 상관관계이며 한 변수가 증가할 때 다른 변수는 감소
- 0.0 ~ 0.2: 상관관계가 거의 없음
- 0.2 ~ 0.4: 약한 상관관계가 있음
- 0.4 ~ 0.6: 상관관계가 있음
- 0.6 ~ 0.8: 강한 상관관계가 있음
- 0.8 ~ 1.0: 매우 강한 상관관계가 있음

■ 데이터 수집

```
01 >>> import seaborn as sns
02 >>> import pandas as pd
03 >>> titanic = sns.load_dataset("titanic")
04 >>> titanic.to_csv('C:/Users/kmj/My_Python/7장_data/titanic.csv', index = False)
```

- 01행 seaborn 패키지를 로드
- 03행 titanic 데이터를 로드
- 04행 데이터를 CSV 파일로 저장

■ 데이터 준비

Щ	일 홈	삼입 1	베이지 레이아	운 수식	데이터	검토	보기	도움임	Acrol	ait					8	유무배	Q
.1		- 1 >	· · fi	survivec	l)												
d	A	В	C	D	E	F		G	н	1)	K	L	M	N	0	
	survived	pclass	sex	age	sibsp	parch	-	are	embark	ed class	who	adult_ma	edeck	embark_to	alive	alone	
	()	3 male	22		1	0	7.25	5	Third	man	TRUE		Southamp	no	FALSE	
		1	1 female	38		1	0	71.2833	C	First	woman	FALSE	C	Cherbourg	yes	FALSE	
	1.5		3 female	26		0	0	7.925	5	Third	woman	FALSE		Southamp	yes	TRUE	
	1	1	1 female	35		1	0	53.1	S	First	woman	FALSE	C	Southamp	yes	FALSE	
		3	3 male	35		0	0	8.05	5	Third	man	TRUE		Southamp	no	TRUE	
		3	3 male			0	0	8.4583	Q	Third	man	TRUE		Queenstor	no	TRUE	

그림 7-8 다운로드한 파일(titanic.csv) 열기

- 저장한 titanic.csv 파일을 열어서 데이터 정리 작업이 필요한지 확인

```
01 >>> titanic.isnull().sum()
    survived
    pclass
    sex
                    177
    age
    sibsp
    parch
    fare
    embarked
    class
    who
    adult_male
    deck
                     688
    embark_town
    alive
    alone
    dtype: int64
02 >>> titanic['age'] = titanic['age'].fillna(titanic['age'].median())
03 >>> titanic['embarked'].value_counts()
         644
    S
         168
         77
    Name: embarked, dtype: int64
06 >>> titanic['embark_town'] = titanic['embark_town'].fillna('Southampton')
07 >>> titanic['deck'].value counts()
```

```
59
         47
         33
         32
         15
         13
         4
    G
    Name: deck, dtype: int64
08 >>> titanic['deck'] = titanic['deck'].fillna('C')
09 >>> titanic.isnull().sum()
    survived
    pclass
                     0
    sex
    age
    sibsp
    parch
    fare
    embarked
    class
                     0
    who
                     0
    adult male
    deck
                     0
    embark_town
    alive
                     0
    alone
                     0
    dtype: int64
```

■ 데이터 탐색

1. 데이터의 기본 정보 탐색하기

01		titanic info()		
	01 >>> titanic.info() <class 'pandas.core.frame.dataframe'=""></class>			
	·			
	RangeIndex: 891 entries, 0 to 890 Data columns (total 15 columns):			
				Dt
	#	Column	Non-Null Count	Dtype
()	survived	891 non-null	int64
•	1	pclass	891 non-null	int64
á	2	sex	891 non-null	object
3	3	age	891 non-null	float64
4	4	sibsp	891 non-null	int64
1	5	parch	891 non-null	int64
(5	fare 891	non-null	float64
-	7	embarked	891 non-null	object
8	3	class 891	non-null	category
Ç	9	who 891	non-null	object
•	10	adult_male	891 non-null	bool
	11	deck 891	non-null	category
•	12	embark_town	891 non-null	object
	13	alive	891 non-null	object
•	14	alone 891	non-null	bool
dtypes: bool(2), category(2), float64(2), int64(4), object(5)				
memory usage: 80.6+ KB				
02 >>> titanic.survived.value_counts()				
0		549		
1		342		
Name: survived, dtype: int64				

- 01행 타이타닉 데이터의 기본 정보를 확인
- 02행 survived 속성값의 빈도를 확인
- 전체 샘플의 수: 891개이고 속성은 15개
- 샘플 891명 중에서 생존자는 342명이고 사망자는 549명
- pclass, class: 객실 등급
- sibsp: 함께 탑승한 형제자매와 배우자 수
- parch: 함께 탑승한 부모/자식 수
- embarked, embark_town: 탑승 항구
- adult male: 성인 남자 여부
- alone: 동행 여부를 True/False로 나타냄

■ 데이터 탐색

2. 차트를 그려 데이터를 시각적으로 탐색하기

- 01행 차트를 그리기 위해 matplotlib.pyplot를 로드
- [02~07행] 남자 승객과 여자 승객의 생존율을 pie 차트로 그리기
 - 02행 한 줄에 두 개의 차트를 그리도록 하고 크기를 설정
 - 03행 첫 번째 pie 차트는 남자 승객의 생존율을 나타내도록 설정
 - 04행 두 번째 pie 차트는 여자 승객의 생존율을 나타내도록 설정
 - 05행 첫 번째 차트의 제목을 설정
 - 06행 두 번째 차트의 제목을 설정
 - 07행 구성한 차트를 나타낸다.

■ 데이터 탐색

2. 차트를 그려 데이터를 시각적으로 탐색하기

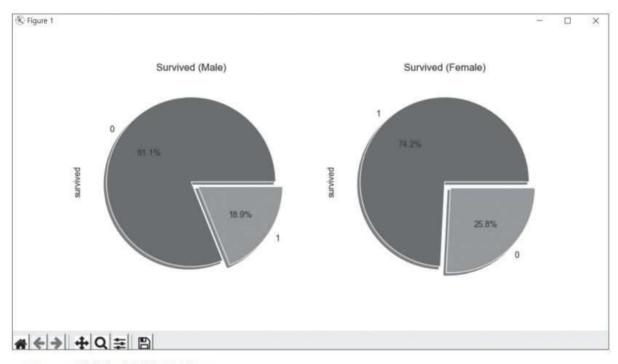


그림 7-9 성별에 따른 생존율 차트

- 남자 승객의 생존율: 18.9%
- 여자 승객의 생존율 74.2%

■ 데이터 탐색

3. 등급별 생존자 수를 차트로 나타내기

- 01행 pclass 유형 1,2,3을 x축으로 하고 survived =0과 survived =1의 개수를 계산하여 y축으로 하는 countplot을 설정
- 02행 차트 제목을 설정
- 03행 구성한 차트를 나타냄
- 생존자(1)는 1등급에서 가장 많음
- 사망자(0)는 3등급에서 월등히 많음

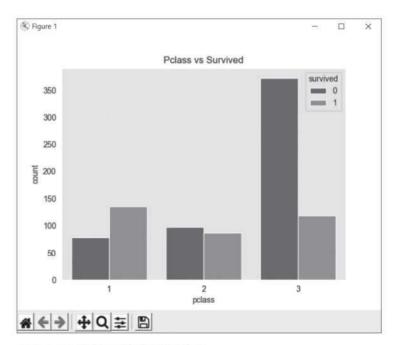


그림 7-10 객실 등급에 따른 생존자 수

■ 데이터 모델링

1. 상관 분석을 위한 상관 계수 구하고 저장하기

```
>>> titanic corr = titanic.corr(method = 'pearson')
   >>> titanic corr
02
            pclass
                                           adult male
   survived
                                 ... fare
                                                     alone
                       age
   survived 1.000000 -0.338481 -0.064910 ... 0.257307 -0.557080
                                                   -0.203367
    pclass
          -0.338481 1.000000 -0.339898 ... -0.549500 0.094035
                                                   0.135207
          -0.064910 -0.339898 1.000000 ... 0.096688 0.247704
                                                   0.171647
   age
          sibsp
                                                  -0.584471
          -0.583398
   parch
          0.257307 -0.549500 0.096688 ... 1.000000 -0.182024
   fare
                                                   -0.271832
   0.404744
           0.203367
                  1.000000
    alone -
   [8 rows x 8 columns]
   >>> titanic corr.to csv('C:/Users/kmj/My Python/7장 data/titanic corr.csv',
    index = False
```

- 01행 피어슨 상관 계수를 적용하여 상관 계수를 구함
- 02행 상관 계수를 출력
- 03행 상관 계수를 CSV 파일로 저장

■ 데이터 모델링

- 2. 상관 계수 확인하기
 - 남자 성인(adult_male): 생존(survived)과 음의 상관관계
 - 객실 등급(pclass): 음의 상관
 - 관계, 객실 요금fare은 양의 상관관계
 - 동행 없이 혼자 탑승한 경우(alone): 생존율이 떨어진다는 상관관계

- 3. 특정 변수 사이의 상관 계수 구하기

 - [01~02행] 두 변수 사이의 상관 계수 구하기
 - 01행 survived와 adult male 변수 사이의 상관 계수를 구함
 - 02행 survived와 fare 변수 사이의 상관 계수를 구함

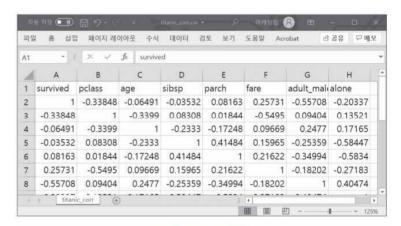


그림 7-11 titanic_corr.csv 파일에서 상관 계수 확인

■ 결과 시각화

1. 산점도로 상관 분석 시각화하기

- [01~02행] 변수 간의 상관 분석 시각화를 위해 pairplot() 그리기
 - 01행 pairplot() 함수를 사용하여 타이타닉 데이터의 차트를 그림, hue는 종속 변수를 지정
 - 02행 pairplot을 나타냄

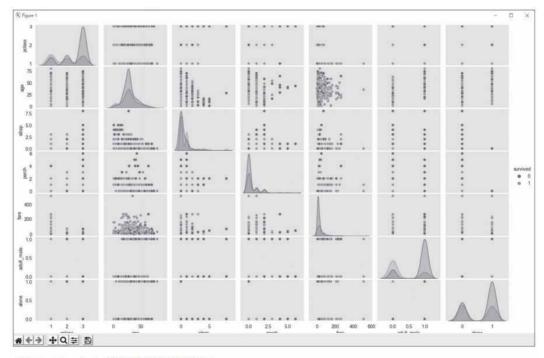


그림 7-12 pairplot() 함수를 이용한 산점도

■ 결과 시각화

1. 산점도로 상관 분석 시각화하기

- [01~02행] 변수 간의 상관 분석 시각화를 위해 pairplot() 그리기
 - 01행 pairplot() 함수를 사용하여 타이타닉 데이터의 차트를 그림, hue는 종속 변수를 지정
 - 02행 pairplot을 나타냄

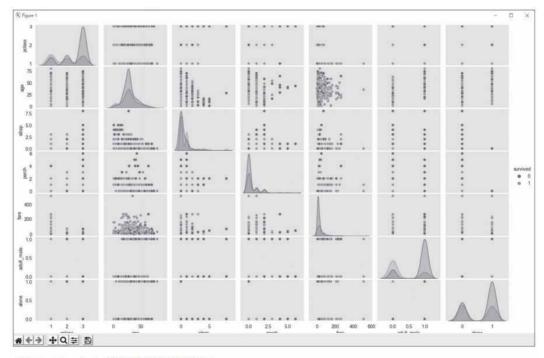


그림 7-12 pairplot() 함수를 이용한 산점도

■ 결과 시각화

2. 두 변수의 상관관계 시각화하기

- [01~02행] 생존자의 객실 등급과 성별 관계를 catplot()로 그리기
 - 01행 catplot() 함수를 사용하여 pclass와 survived 변수의 관계를 차트로 그림 hue인자를 이용하여 종속 변수를 sex로 지정
 - 02행 catplot을 나타냄

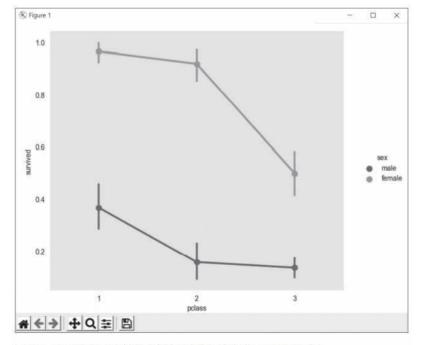


그림 7-13 객실 등급과 생존의 상관관계를 나타내는 catplot 차트

■ 결과 시각화

2. 변수 사이의 상관 계수를 히트맵으로 시각화하기

```
>>> def category_age(x):
                                     02
                                          >>> titanic['age2'] = titanic['age'].apply(category_age)
                                          >>> titanic['sex'] = titanic['sex'].map({'male':1, 'female':0})
if x < 10:
                                      03
                                            >>> titanic['family'] = titanic['sibsp'] + titanic['parch'] + 1
  return 0
                                      04
                                             >>> titanic.to_csv('C:/Users/kmj/My_Python/7장_data/titanic3.csv', index =
elif x < 20:
                                      05
  return 1
                                             False)
                                            >>> heatmap data = titanic[['survived', 'sex', 'age2', 'family', 'pclass',
elif x < 30:
                                      06
  return 2
                                             'fare']]
                                           >>> colormap = plt.cm.RdBu
elif x < 40:
                                            >>> sns.heatmap(heatmap_data.astype(float).corr(), linewidths = 0.1, vmax
  return 3
                                            = 1.0, square = True, cmap = colormap, linecolor = 'white', annot = True,
elif x < 50:
                                            annot kws = {"size": 10})
   return 4
                                            <matplotlib.axes. subplots.AxesSubplot object at 0x000001DD4C8DBF88>
elif x < 60:
  return 5
                                            >>> plt.show()
elif x < 70:
  return 6
else:
  return 7
```

■ 결과 시각화

- 3. 변수 사이의 상관 계수를 히트맵으로 시각화하기
 - [01~02행] age를 카테고리 값으로 바꾸어 age2 변수로 추가하기
 - 01행 10살 단위로 등급을 나누어 0~7의 값으로 바꿔주는 category_age 함수를 작성
 - 02행 category_age 함수를 적용하여 새로운 age2 열을 만들어 추가
 - 03행 성별을 male/female에서 1/0으로 치환
 - 04행 가족의 수를 구하여 family 열을 추가
 - 05행 수정된 데이터프레임을 titanic3.csv로 저장

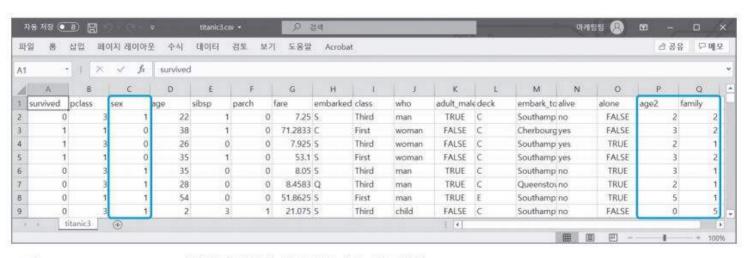


그림 7-14 titanic3.csv 파일에서 치환된 내용과 추가된 내용 확인

■ 결과 시각화

- 3. 변수 사이의 상관 계수를 히트맵으로 시각화하기
 - [06~09행] 상관 분석 결과를 히트맵으로 나타내기
 - 06행 히트맵에 사용할 데이터를 추출
 - 07행 히트맵에 사용할 색상맵을 지정
 - 08행 corr() 함수로 구한 상관 계수로 히트맵을 생성
 - 09행 생성한 히트맵을 나타냄

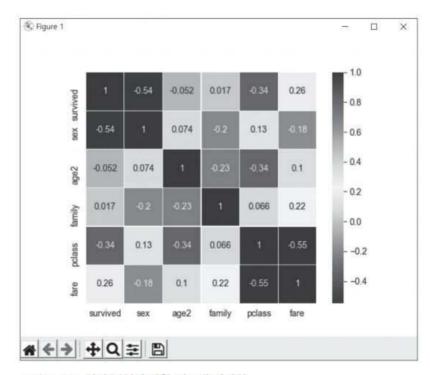


그림 7-15 상관 분석에 대한 히트맵 시각화



데이터 과학 기반의 파이 번에 비대이터 분석

감사합니음