Błażej Domagała - WED

Lista 1

Zadanie 1

a) Nazwa zbioru: Wine

```
> library(datasets)
>
> path = "C:\\Users\\petitoff\\Desktop\\repos\\UO\\rok 3\\Wprowadzenie do eksploracji danych\\lista1\\zadanie2"  # używając podwójnych ukośników
> setwd(path) ## ustawienie ścieżki
>
> ## zmiana nazwy kolumn:
>
> # załadowanie danych
> # Spróbuj wczytać dane z innym separatorem
> wine <- read.csv('wine\\wine.data', header=FALSE)
```

b) **Krótki tekstowy opis zbioru**

Zbiór danych "Wine" zawiera wyniki analizy chemicznej win wyprodukowanych w określonym regionie we Włoszech przez trzech różnych producentów. Analiza chemiczna dotyczy 13 różnych składników zawartych w winach.

```
>
> ## zmiana nazwy kolumn:
>
> # załadowanie danych
> # Spróbuj wczytać dane z innym separatorem
> wine <- read.csv('wine\\wine.data', header=FALSE)
>
> # Zmień nazwy kolumn
> names(wine) <- c('Class', 'Alcohol', 'Malic acid', 'Ash', 'Alcalinity of ash', 'Magnesium', 'Total phenols', 'Flavanoids', 'Nonflavanoid phenols', 'Proanthocy
anins', 'Color intensity', 'Hue', 'OD280/OD315 of diluted wines', 'Proline')
>
```

c) Liczba obserwacji w zbiorze: 178

```
>
> ## Liczba obserwacji w zbiorze
> nrow(wine)
[1] 178
>
```

d) Liczba kolumn: 14 (13 atrybutów + 1 kolumna identyfikująca klasę)

```
> ## Liczba kolumn
> print(names(wine))
 [1] "Class"                     "Alcohol"                   "Malic acid"                "Ash"
 [5] "Alcalinity of ash"         "Magnesium"                 "Total phenols"             "Flavanoids"
 [9] "Nonflavanoid phenols"      "Proanthocyanins"           "Color intensity"           "Hue"
[13] "OD280/OD315 of diluted wines" "Proline"
>
```

e) Zmienna celu:

- Nazwa kolumny z klasą: Class
- Liczba klas: 3 (Klasy 1, 2 i 3)

```
> ## Zmienna celu
> unique(wine$Class)
[1] 1 2 3
>
```

f) Wykaz i opis cech:

1. **Class**: Zmienna kategoryczna. Klasa wina.
2. **Alcohol**: Zmienna ilościowa. Zawartość alkoholu.
3. **Malic acid**: Zmienna ilościowa. Zawartość kwasu jabłkowego.
4. **Ash**: Zmienna ilościowa. Zawartość popiołu.
5. **Alcalinity of ash**: Zmienna ilościowa. Zasadowość popiołu.
6. **Magnesium**: Zmienna ilościowa. Zawartość magnezu.
7. **Total phenols**: Zmienna ilościowa. Całkowita zawartość fenoli.
8. **Flavanoids**: Zmienna ilościowa. Zawartość flawonoidów.
9. **Nonflavanoid phenols**: Zmienna ilościowa. Zawartość fenoli nieflawonoidowych.
10. **Proanthocyanins**: Zmienna ilościowa. Zawartość proantocyjanidyn.
11. **Color intensity**: Zmienna ilościowa. Intensywność koloru.
12. **Hue**: Zmienna ilościowa. Odcień.
13. **OD280/OD315 of diluted wines**: Zmienna ilościowa. Stosunek absorbancji przy 280 nm do 315 nm w rozcieńczonych winach.
14. **Proline**: Zmienna ilościowa. Zawartość prolina.

```
> summary(wine)
     Class            Alcohol        Malic acid         Ash        Alcalinity of ash   Magnesium      Total phenols    Flavanoids    Nonflavanoid phenols
 Min.   :1.000   Min.   :11.03   Min.   :0.740   Min.   :1.360   Min.   :10.60     Min.   : 70.00   Min.   :0.980   Min.   :0.340   Min.   :0.1300
 1st Qu.:1.000   1st Qu.:12.36   1st Qu.:1.603   1st Qu.:2.210   1st Qu.:17.20     1st Qu.: 88.00   1st Qu.:1.742   1st Qu.:1.205   1st Qu.:0.2700
 Median :2.000   Median :13.05   Median :1.865   Median :2.360   Median :19.50     Median : 98.00   Median :2.355   Median :2.135   Median :0.3400
 Mean   :1.938   Mean   :13.00   Mean   :2.336   Mean   :2.367   Mean   :19.49     Mean   : 99.74   Mean   :2.295   Mean   :2.029   Mean   :0.3619
 3rd Qu.:3.000   3rd Qu.:13.68   3rd Qu.:3.083   3rd Qu.:2.558   3rd Qu.:21.50     3rd Qu.:107.00   3rd Qu.:2.800   3rd Qu.:2.875   3rd Qu.:0.4375
 Max.   :3.000   Max.   :14.83   Max.   :5.800   Max.   :3.230   Max.   :30.00     Max.   :162.00   Max.   :3.880   Max.   :5.080   Max.   :0.6600
 Proanthocyanins Color intensity      Hue        OD280/OD315 of diluted wines    Proline
 Min.   :0.410   Min.   : 1.280   Min.   :0.4800   Min.   :1.270               Min.   : 278.0
 1st Qu.:1.250   1st Qu.: 3.220   1st Qu.:0.7825   1st Qu.:1.938               1st Qu.: 500.5
 Median :1.555   Median : 4.690   Median :0.9650   Median :2.780               Median : 673.5
 Mean   :1.591   Mean   : 5.058   Mean   :0.9574   Mean   :2.612               Mean   : 746.9
 3rd Qu.:1.950   3rd Qu.: 6.200   3rd Qu.:1.1200   3rd Qu.:3.170               3rd Qu.: 985.0
 Max.   :3.580   Max.   :13.000   Max.   :1.7100   Max.   :4.000               Max.   :1680.0
```

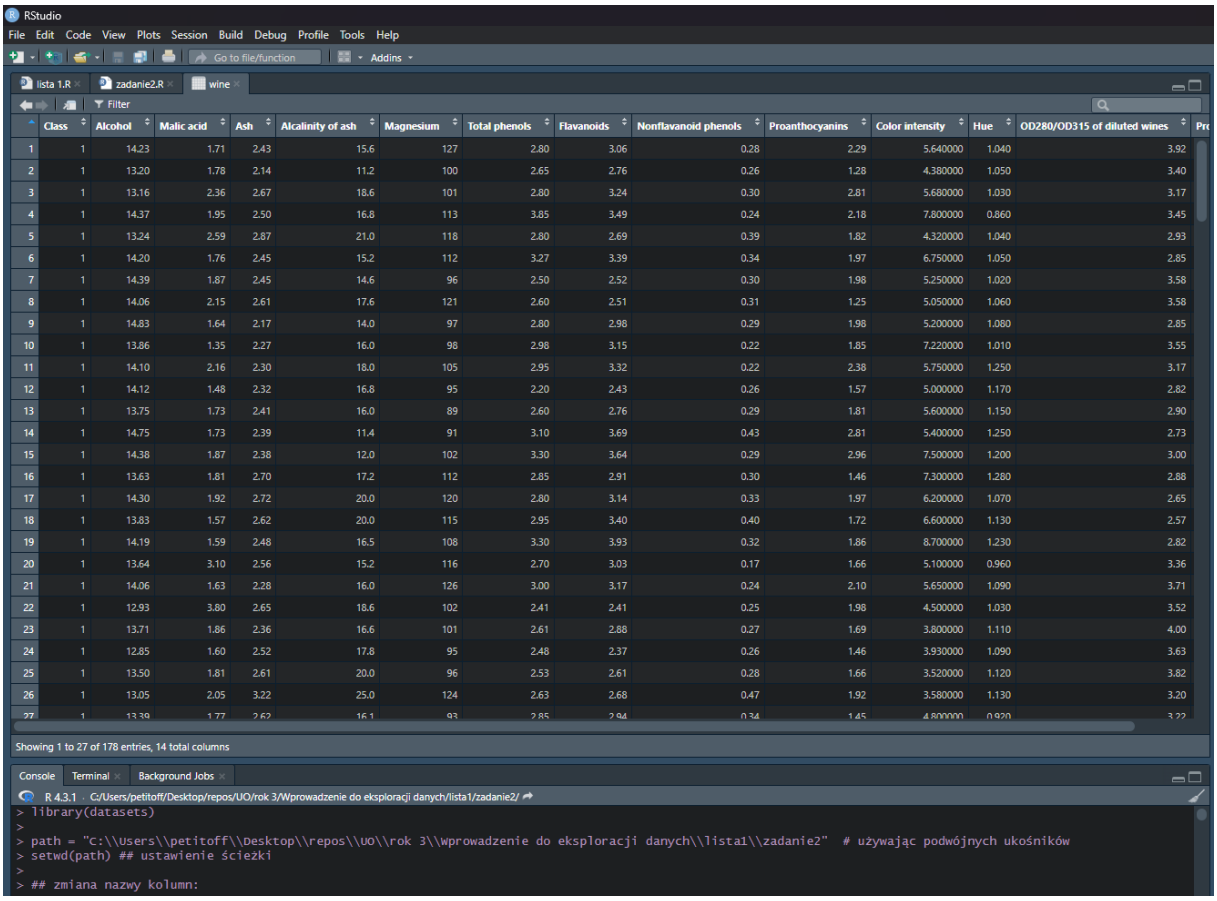
Zadanie 2

a) Zmiana nazw kolumn (pierwszą kolumnę – zmienną celu – proszę nazwać „Class”; nazwy pozostałych kolumn – atrybutów – są podane w pliku „wine.names”)

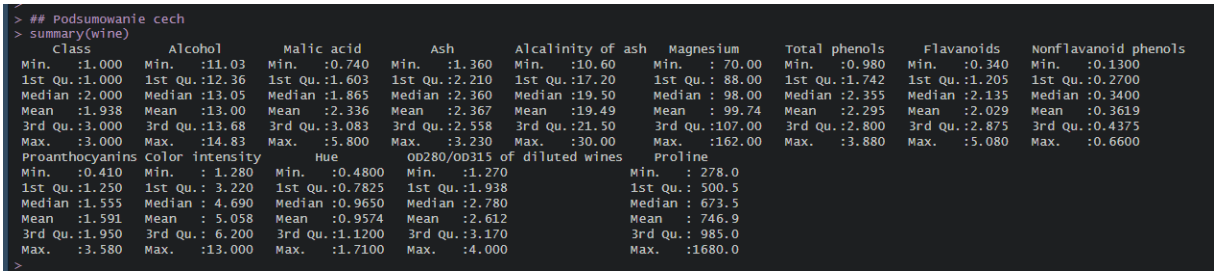
```
R 4.3.1 · C:/Users/petitoff/Desktop/repos/UO/rok 3/Wprowadzenie do eksploracji danych/lista1/zadanie2/
> library(datasets)
>
> path = "C:\\Users\\petitoff\\Desktop\\repos\\UO\\rok 3\\Wprowadzenie do eksploracji danych\\lista1\\zadanie2"  # używając podwójnych ukośników
> setwd(path) ## ustawienie ścieżki
>
> ## zmiana nazwy kolumn:
>
> # Załadowanie danych
> wine <- read.csv('wine\\wine.data', header=FALSE)
>
> # Zmień nazwy kolumn
> names(wine) <- c('Class', 'Alcohol', 'Malic acid', 'Ash', 'Alcalinity of ash', 'Magnesium', 'Total phenols', 'Flavanoids', 'Nonflavanoid phenols', 'Proanthocy
anins', 'Color intensity', 'Hue', 'OD280/OD315 of diluted wines', 'Proline')
>
```

b) Polecenie View (fragment print-screena z tabelką)

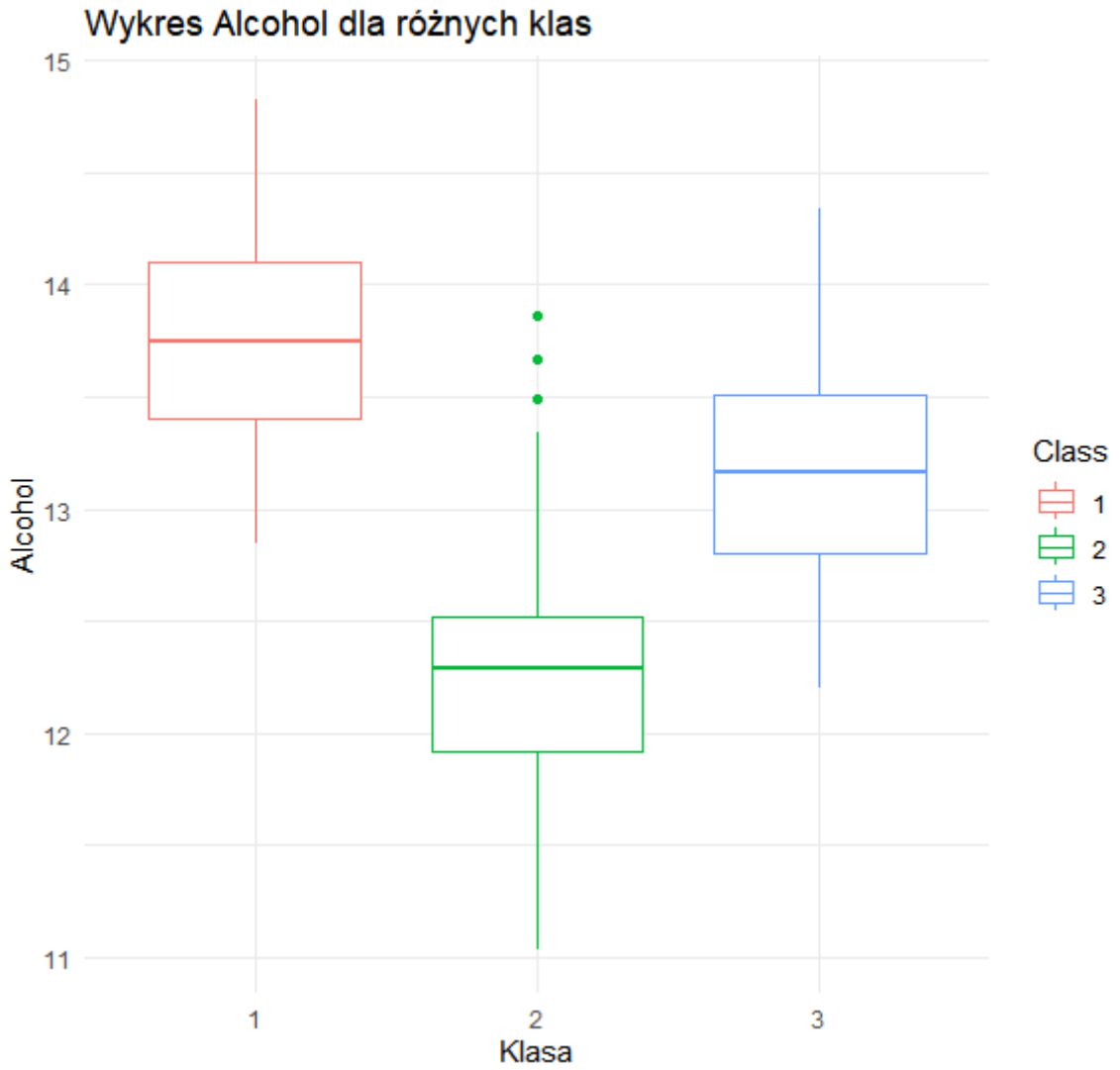
```
> ## ====================
> View(wine)
>
```



c) Podsumowanie cech (summary)

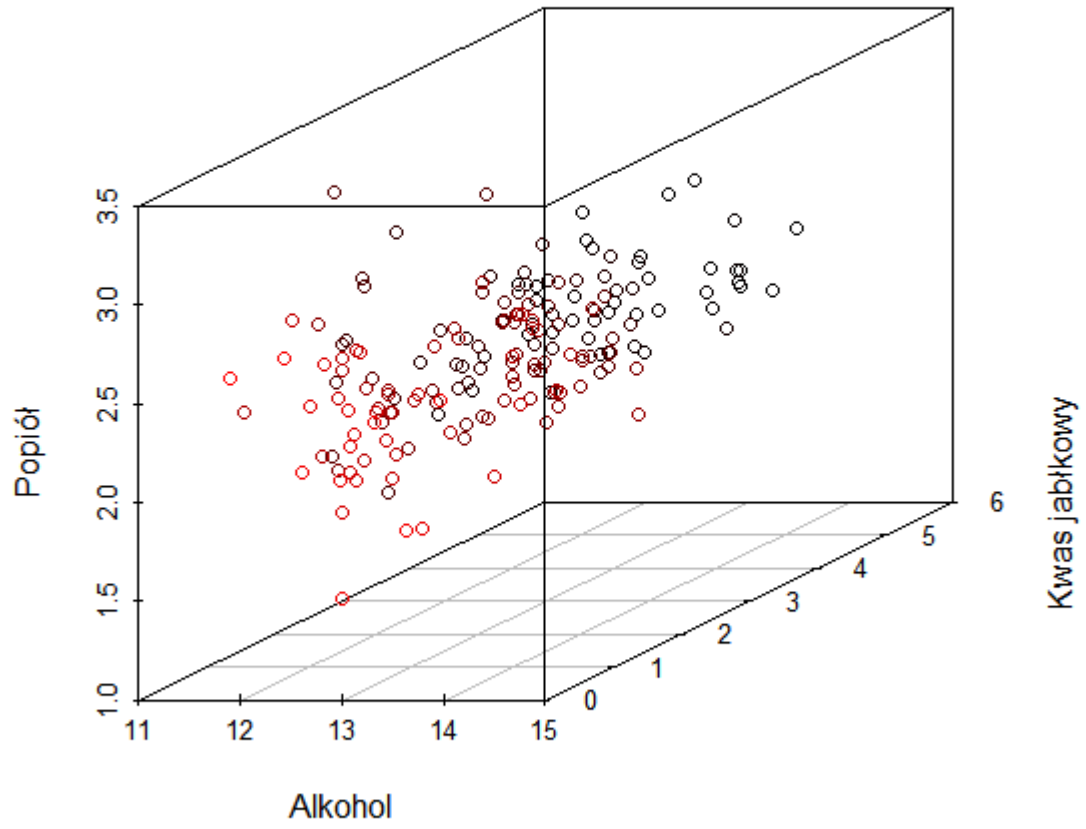


d) Wykres 2D ilustrujący wybraną cechę dla różnych klas




```
>
> ## Wykres 2D:
> data(wine, package = "datasets")
Komunikat ostrzegawczy:
W poleceniu 'data(wine, package = "datasets")':
  zbiór danych 'wine' nie został znaleziony
>
> # załadowanie biblioteki do tworzenia wykresów
> library(ggplot2)
>
> # Wybór cechy do przedstawienia na wykresie - np. "Alcohol"
> feature <- "Alcohol"
>
> # Konwersja zmiennej 'Class' na faktor
> wine$Class <- as.factor(wine$Class)
>
> # Stworzenie wykresu 2D z użyciem ggplot2
> p <- ggplot(wine, aes(x = Class, y = !!sym(feature), color = Class)) +
+   geom_boxplot() +
+   labs(title = paste("Wykres", feature, "dla różnych klas"),
+        x = "Klasa",
+        y = feature) +
+   theme_minimal()
>
> # Wyświetlenie wykresu
> print(p)
>
> ## Wykres 3D:
> library(scatterplot3d)
>
> # Stwórz wykres 3D dla wybranych cech
> scatterplot3d(wine$Alcohol, wine$`Malic acid`, wine$Ash,
+               xlab="Alkohol", ylab="Kwas jabłkowy", zlab="Popiół",
+               highlight.3d=TRUE, angle=30)
> # Zapis do pliku
> ggsave("C:\\Users\\petitoff\\Desktop\\repos\\UO\\rok 3\\Wprowadzenie do eksploracji danych\\lista1\\zadanie2\\wykres.png", plot = p, width = 10, height = 6, d
pi = 300)
>
```

e) Wykres 3D dla trzech wybranych cech (bez klasy)




```
> # Stwórz wykres 3D dla wybranych cech
> scatterplot3d(wine$Alcohol, wine$`Malic acid`, wine$Ash,
+               xlab="Alkohol", ylab="Kwas jabłkowy", zlab="Popiół",
+               highlight.3d=TRUE, angle=30)
>
```

Lista 2

a) Dla wybranej cechy wyświetlić wybrane wartości stosując: zakres wartości, sekwencję indeksów (np. co dziesiąty indeks), indeksy ujemne, warunki logiczne.

Kod:

```
path = "C:\\Users\\petitoff\\Desktop\\repos\\UO\\rok 3\\Wprowadzenie do eksploracji danych\\lista2"

setwd(path) ## ustawienie ścieżki


# Załadowanie danych

wine <- read.csv('wine\\wine.data', header = FALSE)


# Zmień nazwy kolumn

names(wine) <-

 c(

  'Class',

  'Alcohol',

  'Malic acid',

  'Ash',

  'Alcalinity of ash',

  'Magnesium',

  'Total phenols',

  'Flavanoids',

  'Nonflavanoid phenols',

  'Proanthocyanins',

  'Color intensity',

  'Hue',

  'OD280/OD315 of diluted wines',

  'Proline'

 )

# a)	Dla wybranej cechy wyświetlić wybrane wartości stosując: zakres wartości, sekwencję indeksów (np. co dziesiąty indeks), indeksy ujemne, warunki logiczne.

# Zakres wartości
```

```
wine$Alcohol[5:15]


# Sekwencja indeksów

wine$Alcohol[seq(1, nrow(wine), 10)]


# Indeksy ujemne

wine$Alcohol[-(1:5)]


# Warunki logiczne

wine$Alcohol[wine$Alcohol > 14]
```

```
> path = "C:\\Users\\petitoff\\Desktop\\repos\\UO\\rok 3\\Wprowadzenie do eksploracji danych\\lista2"
> setwd(path) ## ustawienie ścieżki
>
> # Załadowanie danych
> wine <- read.csv('wine\\wine.data', header=FALSE)
>
> # Zmień nazwy kolumn
> names(wine) <- c('Class', 'Alcohol', 'Malic acid', 'Ash', 'Alcalinity of ash', 'Magnesium', 'Total phenols', 'Flavanoi
ds', 'Nonflavanoid phenols', 'Proanthocyanins', 'Color intensity', 'Hue', 'OD280/OD315 of diluted wines', 'Proline')
>
> # head(wine)
>
> # a)  Dla wybranej cechy wyświetlić wybrane wartości stosując: zakres wartości, sekwencję indeksów (np. co dziesiąty i
ndeks), indeksy ujemne, warunki logiczne.
> # Zakres wartości
> wine$Alcohol[5:15]
 [1] 13.24 14.20 14.39 14.06 14.83 13.86 14.10 14.12 13.75 14.75 14.38
>
> # Sekwencja indeksów
> wine$Alcohol[seq(1, nrow(wine), 10)]
 [1] 14.23 14.10 14.06 13.73 13.56 13.05 12.33 12.29 12.00 12.08 12.08 11.46 11.45 12.86 12.93 13.50 12.36 12.20
>
> # Indeksy ujemne
> wine$Alcohol[-(1:5)]
  [1] 14.20 14.39 14.06 14.83 13.86 14.10 14.12 13.75 14.75 14.38 13.63 14.30 13.83 14.19 13.64 14.06 12.93 13.71
 [19] 12.85 13.50 13.05 13.39 13.30 13.87 14.02 13.73 13.58 13.68 13.76 13.51 13.48 13.28 13.05 13.07 14.22 13.56
 [37] 13.41 13.88 13.24 13.05 14.21 14.38 13.90 14.10 13.94 13.05 13.83 13.82 13.77 13.74 13.56 14.22 13.29 13.72
 [55] 12.37 12.33 12.64 13.67 12.37 12.17 12.37 13.11 12.37 13.34 12.21 12.29 13.86 13.49 12.99 11.96 11.66 13.03
 [73] 11.84 12.33 12.70 12.00 12.72 12.08 13.05 11.84 12.67 12.16 11.65 11.64 12.08 12.08 12.00 12.69 12.29 11.62
 [91] 12.47 11.81 12.29 12.37 12.29 12.08 12.60 12.34 11.82 12.51 12.42 12.25 12.72 12.22 11.61 11.46 12.52 11.76
[109] 11.41 12.08 11.03 11.82 12.42 12.77 12.00 11.45 11.56 12.42 13.05 11.87 12.07 12.43 11.79 12.37 12.04 12.86
[127] 12.88 12.81 12.70 12.51 12.60 12.25 12.53 13.49 12.84 12.93 13.36 13.52 13.62 12.25 13.16 13.88 12.87 13.32
[145] 13.08 13.50 12.79 13.11 13.23 12.58 13.17 13.84 12.45 14.34 13.48 12.36 13.69 12.85 12.96 13.78 13.73 13.45
[163] 12.82 13.58 13.40 12.20 12.77 14.16 13.71 13.40 13.27 13.17 14.13
>
> # Warunki logiczne
> wine$Alcohol[wine$Alcohol > 14]
 [1] 14.23 14.37 14.20 14.39 14.06 14.83 14.10 14.12 14.75 14.38 14.30 14.19 14.06 14.02 14.22 14.21 14.38 14.10
[19] 14.22 14.34 14.16 14.13
>
```

b) Wyświetlić wybrane wiersze i kolumny z tabeli.

```
# b) Wybranie wierszy i kolumn:

selected_rows_columns <- wine[1:10, c("Alcohol", "Malic acid")]

print(selected_rows_columns)


# indeksy
```

wine[5:15,]

```
> # b) Wybranie wierszy i kolumn:
> selected_rows_columns <- wine[1:10, c("Alcohol", "Malic acid")]
> print(selected_rows_columns)
   Alcohol Malic acid
1    14.23       1.71
2    13.20       1.78
3    13.16       2.36
4    14.37       1.95
5    13.24       2.59
6    14.20       1.76
7    14.39       1.87
8    14.06       2.15
9    14.83       1.64
10   13.86       1.35
>
> # indeksy
> wine[5:15, ]
   Class Alcohol Malic acid  Ash Alcalinity of ash Magnesium Total phenols Flavanoids Nonflavanoid phenols
5      1   13.24       2.59 2.87              21.0       118          2.80       2.69                 0.39
6      1   14.20       1.76 2.45              15.2       112          3.27       3.39                 0.34
7      1   14.39       1.87 2.45              14.6        96          2.50       2.52                 0.30
8      1   14.06       2.15 2.61              17.6       121          2.60       2.51                 0.31
9      1   14.83       1.64 2.17              14.0        97          2.80       2.98                 0.29
10     1   13.86       1.35 2.27              16.0        98          2.98       3.15                 0.22
11     1   14.10       2.16 2.30              18.0       105          2.95       3.32                 0.22
12     1   14.12       1.48 2.32              16.8        95          2.20       2.43                 0.26
13     1   13.75       1.73 2.41              16.0        89          2.60       2.76                 0.29
14     1   14.75       1.73 2.39              11.4        91          3.10       3.69                 0.43
15     1   14.38       1.87 2.38              12.0       102          3.30       3.64                 0.29
   Proanthocyanins Color intensity  Hue OD280/OD315 of diluted wines Proline
5             1.82            4.32 1.04                         2.93     735
6             1.97            6.75 1.05                         2.85    1450
7             1.98            5.25 1.02                         3.58    1290
8             1.25            5.05 1.06                         3.58    1295
9             1.98            5.20 1.08                         2.85    1045
10            1.85            7.22 1.01                         3.55    1045
11            2.38            5.75 1.25                         3.17    1510
12            1.57            5.00 1.17                         2.82    1280
13            1.81            5.60 1.15                         2.90    1320
14            2.81            5.40 1.25                         2.73    1150
15            2.96            7.50 1.20                         3.00    1547
>
```

c) Dodać do tabeli nową kolumnę z wartościami obliczonymi na podstawie innych wybranych kolumn.

```
# c) Dodanie nowej kolumny:

# Sprawdzanie, czy kolumna istnieje i zawiera dane

if ("Total phenols" %in% names(wine) &&

    !all(is.na(wine$`Total phenols`))) {

  # Dodanie nowej kolumny

  wine$Total.phenols.squared <- wine$`Total phenols` ^ 2

  head(wine)

} else {

  cat("Column 'Total phenols' does not exist or is empty.")

}
```

```
> # c) Dodanie nowej kolumny:
> # Sprawdzanie, czy kolumna istnieje i zawiera dane
> if ("Total phenols" %in% names(wine) && !all(is.na(wine$`Total phenols`))) {
+   # Dodanie nowej kolumny
+   wine$Total.phenols.squared <- wine$`Total phenols`^2
+   head(wine)
+ } else {
+   cat("Column 'Total phenols' does not exist or is empty.")
+ }
  Class Alcohol Malic acid  Ash Alcalinity of ash Magnesium Total phenols Flavanoids Nonflavanoid phenols
1     1   14.23       1.71 2.43              15.6       127          2.80       3.06                 0.28
2     1   13.20       1.78 2.14              11.2       100          2.65       2.76                 0.26
3     1   13.16       2.36 2.67              18.6       101          2.80       3.24                 0.30
4     1   14.37       1.95 2.50              16.8       113          3.85       3.49                 0.24
5     1   13.24       2.59 2.87              21.0       118          2.80       2.69                 0.39
6     1   14.20       1.76 2.45              15.2       112          3.27       3.39                 0.34
  Proanthocyanins Color intensity  Hue OD280/OD315 of diluted wines Proline Total.phenols.squared
1            2.29           5.64 1.04                         3.92    1065               7.8400
2            1.28           4.38 1.05                         3.40    1050               7.0225
3            2.81           5.68 1.03                         3.17    1185               7.8400
4            2.18           7.80 0.86                         3.45    1480              14.8225
5            1.82           4.32 1.04                         2.93     735               7.8400
6            1.97           6.75 1.05                         2.85    1450              10.6929
>
```

d) Podać wartości podstawowych statystyk dla wybranej kolumny: zakres, średnia, mediana,

```
# d) Statystyki podstawowe dla wybranej kolumny, np. "Alcohol"
cat("Statystyki dla kolumny 'Alcohol':", "\n")
cat("Zakres: ", min(wine$Alcohol), " - ", max(wine$Alcohol), "\n")
cat("Średnia: ", mean(wine$Alcohol), "\n")
cat("Mediana: ", median(wine$Alcohol), "\n")
cat("Odchylenie standardowe: ", sd(wine$Alcohol), "\n")
cat("Kurtoza: ", moments::kurtosis(wine$Alcohol), "\n")
cat("Skośność: ", moments::skewness(wine$Alcohol), "\n")
cat("Kwantyle: ", quantile(wine$Alcohol, probs = c(0.25, 0.5, 0.75)), "\n")
```

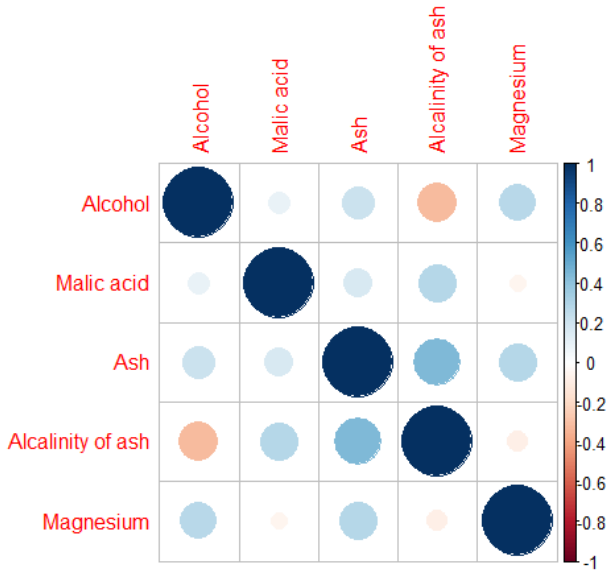
```
> # d) Statystyki podstawowe dla wybranej kolumny, np. "Alcohol"
> cat("Statystyki dla kolumny 'Alcohol':", "\n")
Statystyki dla kolumny 'Alcohol':
> cat("Zakres: ", min(wine$Alcohol), " - ", max(wine$Alcohol), "\n")
Zakres:  11.03  -  14.83
> cat("Średnia: ", mean(wine$Alcohol), "\n")
Średnia:  13.00062
> cat("Mediana: ", median(wine$Alcohol), "\n")
Mediana:  13.05
> cat("Odchylenie standardowe: ", sd(wine$Alcohol), "\n")
Odchylenie standardowe:  0.8118265
> cat("Kurtoza: ", moments::kurtosis(wine$Alcohol), "\n")
Kurtoza:  2.13774
> cat("Skośność: ", moments::skewness(wine$Alcohol), "\n")
Skośność:  -0.05104747
> cat("Kwantyle: ", quantile(wine$Alcohol, probs = c(0.25, 0.5, 0.75)), "\n")
Kwantyle:  12.3625 13.05 13.6775
>
```

e) Wyznaczyć i zilustrować na wykresie macierz korelacji dla wybranych pięciu zmiennych.

```
# e) Macierz korelacji dla wybranych pięciu zmiennych i jej wizualizacja
```

```
selected_vars <-
  wine[, c('Alcohol', 'Malic acid', 'Ash', 'Alcalinity of ash', 'Magnesium')]
cor_matrix <- cor(selected_vars)


library(corrplot)
corrplot(cor_matrix, method = "circle")
```

```
# e) Macierz korelacji dla wybranych pięciu zmiennych i jej wizualizacja
selected_vars <- wine[, c('Alcohol', 'Malic acid', 'Ash', 'Alcalinity of ash', 'Magnesium')]
cor_matrix <- cor(selected_vars)
```



f) Wydrukować histogramy dla trzech różnych zmiennych, przedyskutować wyniki.

```
# f) Histogramy dla trzech różnych zmiennych
par(mfrow = c(1, 3))  # ustawienie layoutu na 1 wiersz i 3 kolumny
hist(wine$Alcohol,
    main = 'Alcohol',
    xlab = '',
    col = 'skyblue')
hist(
  wine$`Malic acid`,
  main = 'Malic acid',
  xlab = '',
  col = 'skyblue'
```

)

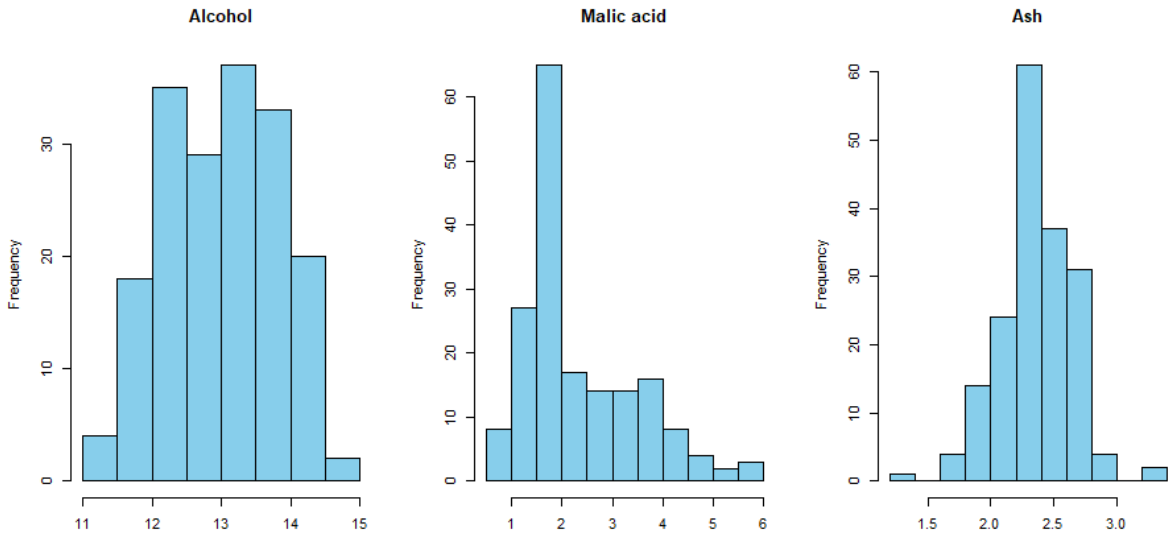
hist(wine$Ash,

main = 'Ash',

xlab = '',

col = 'skyblue')

```
61  # f) Histogramy dla trzech różnych zmiennych
62  par(mfrow=c(1,3))  # ustawienie layoutu na 1 wiersz i 3 kolumny
63  hist(wine$Alcohol, main='Alcohol', xlab='', col='skyblue')
64  hist(wine$`Malic acid`, main='Malic acid', xlab='', col='skyblue')
65  hist(wine$Ash, main='Ash', xlab='', col='skyblue')
```



Lista 3

a) Usuń kolumny z wartościami nominalnymi (identyfikatory, itp.) – jeżeli są, inne niż zmienna celu.

Zakładając, że zmienna celu to V1, a pozostałe kolumny to wartości liczbowe nie ma kolumn z wartościami nominalnymi do usunięcia.

Jeśli jednak byłyby takie kolumny, można by je usunąć za pomocą polecenia subset.

Przykład: Jeśli kolumna V2 była by zmienną nominalną, można by ją usunąć następująco:

```
wine <- subset(wine, select = -V2) # Usuń kolumnę V2 z ramki danych wine

View(wine) # Wyświetl dane po usunięciu kolumny V2
```

b) Zmień nazwy kolumn na nazwy w języku polskim. Nowe nazwy powinny być: krótkie, znaczące, bez polskich znaków i spacji. Wyświetl dane poleceniem View.

```
library(datasets)

path = "C:\\Users\\petitoff\\Desktop\\repos\\UO\\rok 3\\Wprowadzenie do eksploracji danych\\lista3\\"  # używając podwójnych ukośników

setwd(path) ## ustawienie ścieżki

# Załadowanie danych

wine <- read.csv('wine\\wine.data', header = FALSE)

# Oto kod zmieniający nazwy kolumn na nazwy w języku polskim:

nowe_nazwy <- c(
  "Klasa",
  'Alkohol',
  'Kwas jabłkowy',
  'Popiół',
  'Alkalność popiołu',
```

'Magnez',

'Całkowite fenole',

'Flawonoidy',

'Fenole nietrwałe',

'Proantocyjanidy',

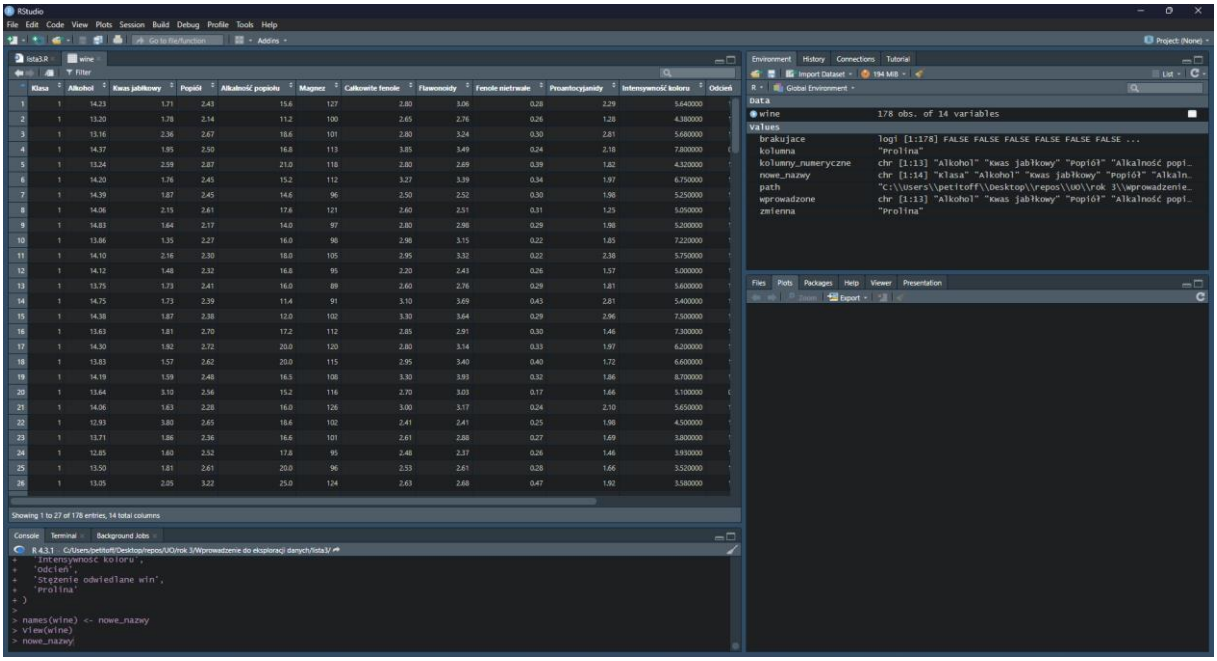
'Intensywność koloru',

'Odcień',

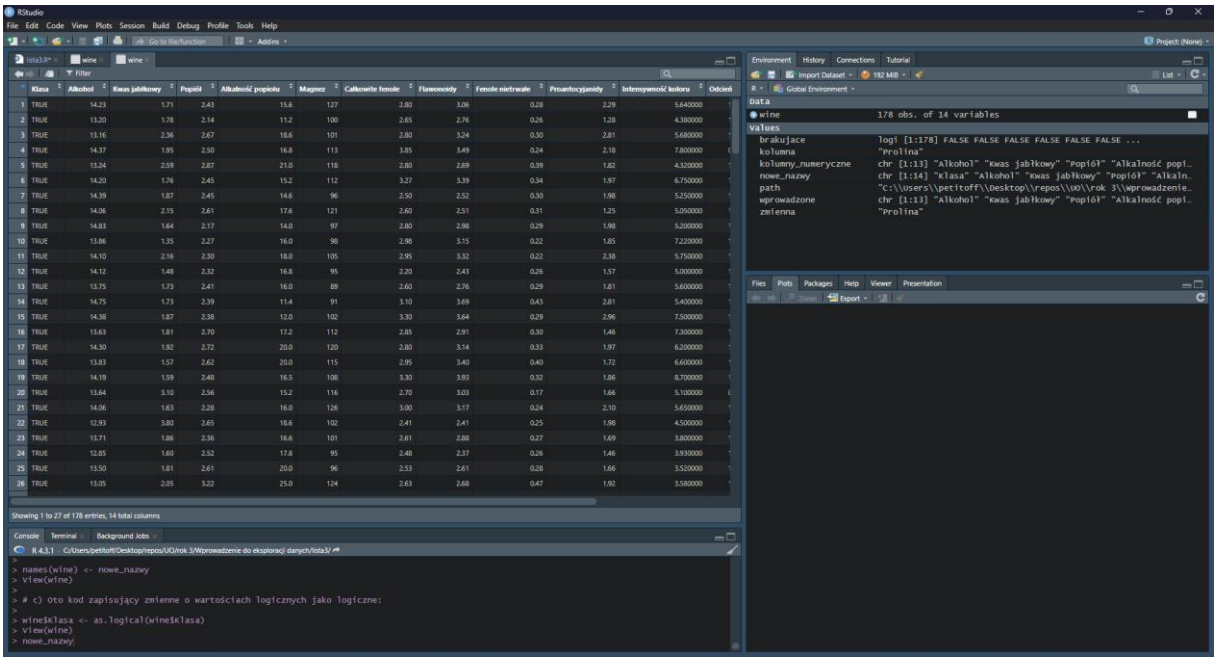
'Stężenie odwiedlane win',

'Prolina'

)



c) Zmienne o wartościach logicznych (jeżeli są) zapisz jako logiczne (polecenie as.logical).



wine$Klasa <- as.logical(wine$Klasa)

d) Upewnij się, że zmienne o wartościach liczbowych są typu liczbowego, a jeżeli nie są, to zapisz je jako numeryczne (as.numeric)

wprowadzone <- c('Alkohol', 'Kwas jabłkowy', 'Popiół', 'Alkalność popiołu', 'Magnez', 'Całkowite fenole', 'Flawonoidy', 'Fenole nietrwałe', 'Proantocyjanidy', 'Intensywność koloru', 'Odcień', 'Stężenie odwiedlane win', 'Prolina')

```
for (zmienna in wprowadzone) {
  if (class(wine[[zmienna]]) != "numeric") {
    wine[[zmienna]] <- as.numeric(wine[[zmienna]])
  }
}
```

e) Zmienną celu zapisz jako mającą wartości nominalne (polecenie as.factor).

wine$Klasa <- as.factor(wine$Klasa)

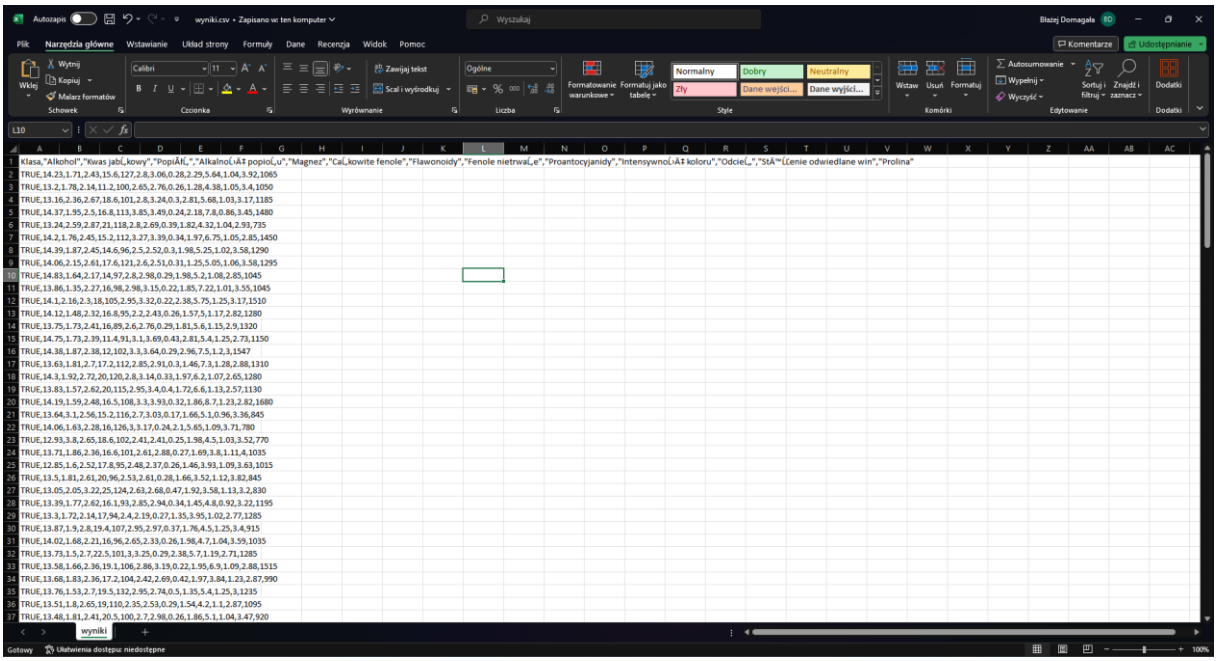
f) Policz brakujące wartości. Jeżeli są, to dla kolumn o wartościach liczbowych zastąp je wartościami średnimi dla kolumn.

kolumny_numeryczne <- c('Alkohol', 'Kwas jabłkowy', 'Popiół', 'Alkalność popiołu', 'Magnez', 'Całkowite fenole', 'Flawonoidy', 'Fenole nietrwałe', 'Proantocyjanidy', 'Intensywność koloru', 'Odcień', 'Stężenie odwiedlane win', 'Prolina')

```
for (kolumna in kolumny_numeryczne) {
  brakujace <- is.na(wine[[kolumna]])
  if (sum(brakujace) > 0) {
    srednia <- mean(wine[[kolumna]], na.rm = TRUE)
    wine[[kolumna]][brakujace] <- srednia
  }
}
```

g) Zapisz przetworzone dane do pliku (razem z nowymi nazwami kolumn). Załącz fragment print-screena zawartości (początku) pliku.

```
write.csv(wine, file = 'wyniki.csv', row.names = FALSE)
```



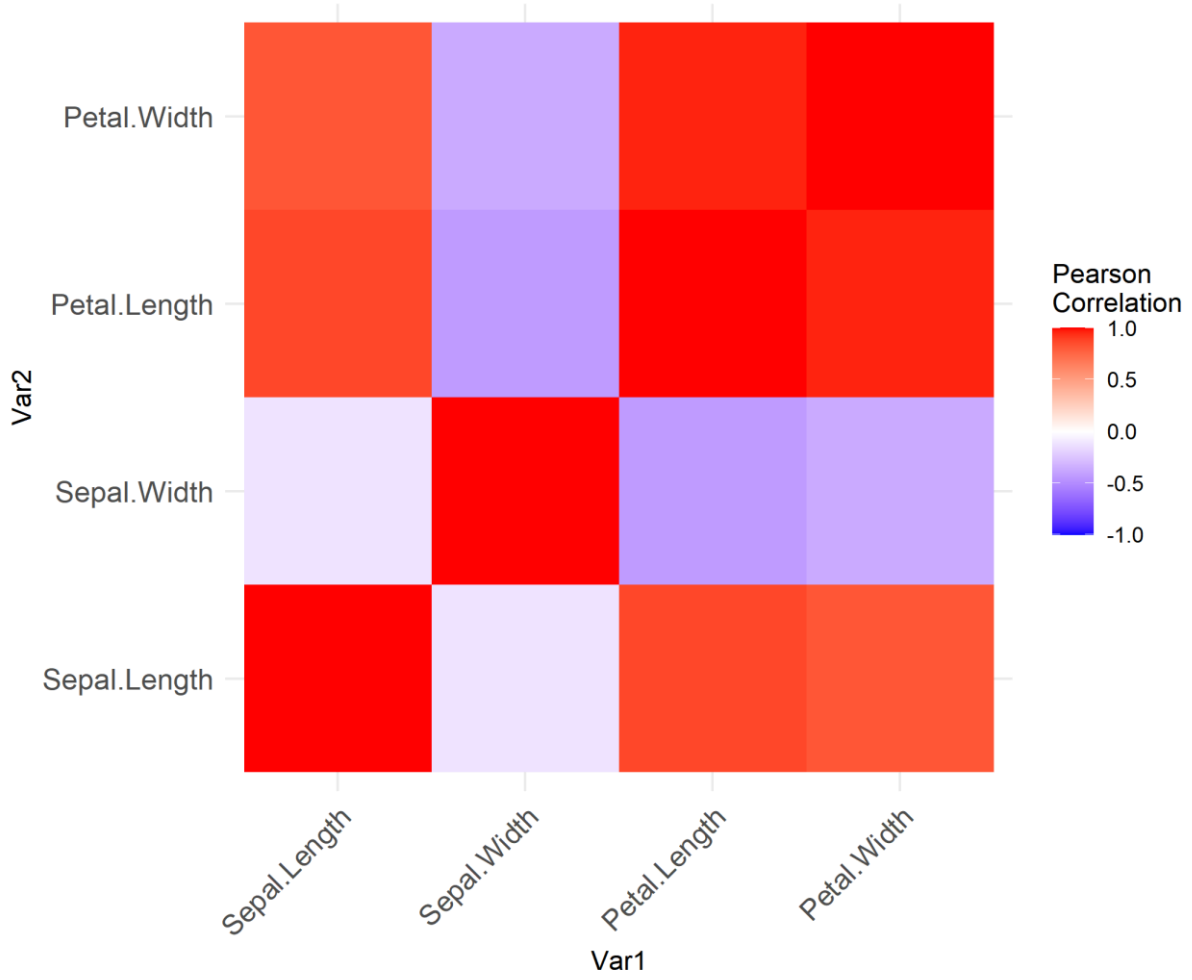
Lista 4

a) Obliczy i narysuje macierz korelacji zmiennych (bez zmiennej celu wyznaczającej klasy)

```
library(ggplot2)
library(reshape2)


correlation_matrix <- function(df, threshold) {
 # Obliczanie macierzy korelacji
 cor_matrix <- cor(df)

 # Rysowanie macierzy korelacji
 melted_cor_matrix <- melt(cor_matrix)
 plot <- ggplot(data = melted_cor_matrix, aes(x=Var1, y=Var2, fill=value)) +
  geom_tile() +
  scale_fill_gradient2(low = "blue", high = "red", mid = "white",
                midpoint = 0, limit = c(-1,1), space = "Lab",
                name="Pearson\nCorrelation") +
  theme_minimal() +
  theme(axis.text.x = element_text(angle = 45, vjust = 1,
                           size = 12, hjust = 1),
      axis.text.y = element_text(size = 12)) +
  coord_fixed()

 # Zapisywanie rysunku do pliku
 ggsave("correlation_matrix.png", plot)

 # Wypisywanie par zmiennych o korelacji większej niż zadany próg
 cor_pairs <- subset(melted_cor_matrix, abs(value) > threshold & Var1 != Var2)

 # Usuwanie powtórzeń
```

```
  cor_pairs <- cor_pairs[!duplicated(t(apply(cor_pairs[,c("Var1","Var2")],1,sort))),]

  return(cor_pairs)
}

# Załadowanie zestawu danych iris
data(iris)

# Usunięcie kolumny Species (bo to jest nasza zmienna celu)
df <- iris[,-5]

# Użycie funkcji na df z progiem 0.5
correlation_matrix(df, 0.5)
```

b) zapisze rysunek macierzy korelacji do pliku



c) wypisze pary (nazwy) zmiennych o korelacji większej niż zadany próg oraz odpowiadające im wartości korelacji (wartość progu powinna być argumentem funkcji).

- Proszę uwzględnić ujemne wartości korelacji; czyli przyjmujemy, że np. korelacja równa -0.95 jest powyżej progu 0.9, bo jest to silna korelacja, tylko ujemna (wraz ze wzrostem wartości jednej cechy następuje spadek wartości drugiej cechy).
- Pary proszę wypisać bez powtórek (czyli jeżeli mamy już korelację cechy x z cechą y,to nie wypisujemy korelacji cechy y z x).

Wyniki z konsoli:

```
Saving 7 x 7 in image
           Var1         Var2     value
3  Petal.Length Sepal.Length 0.8717538
4   Petal.Width Sepal.Length 0.8179411
12  Petal.Width Petal.Length 0.9628654
>
```

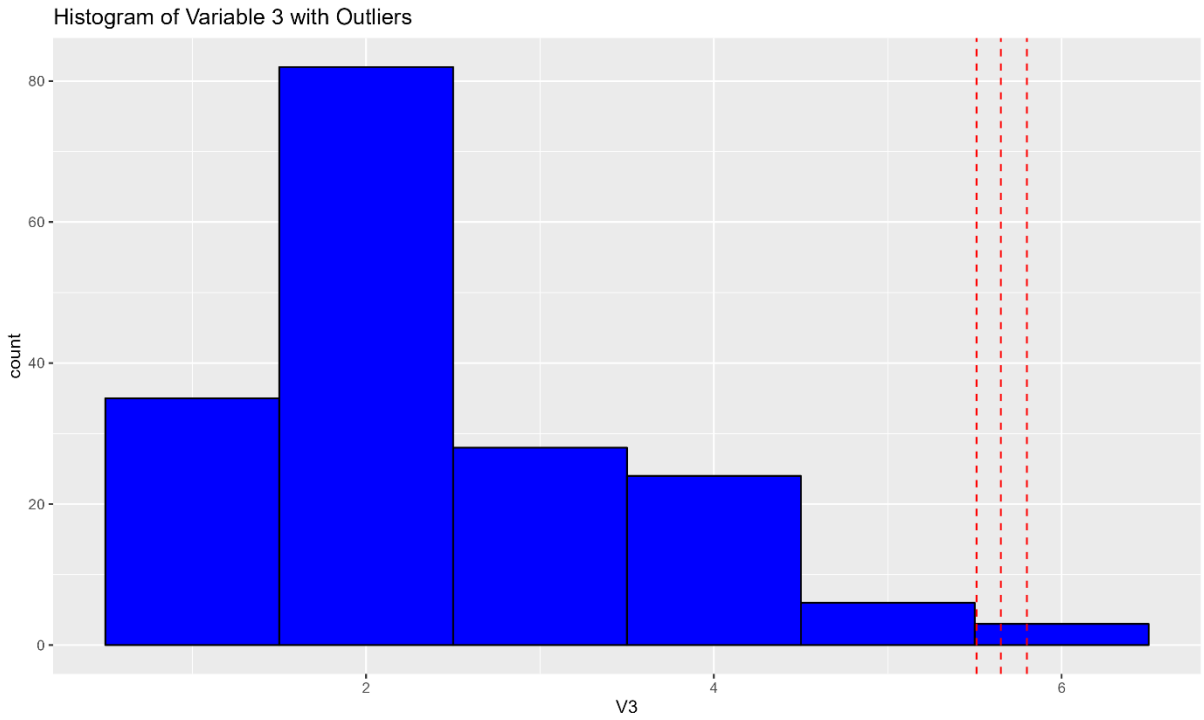
Lista 5

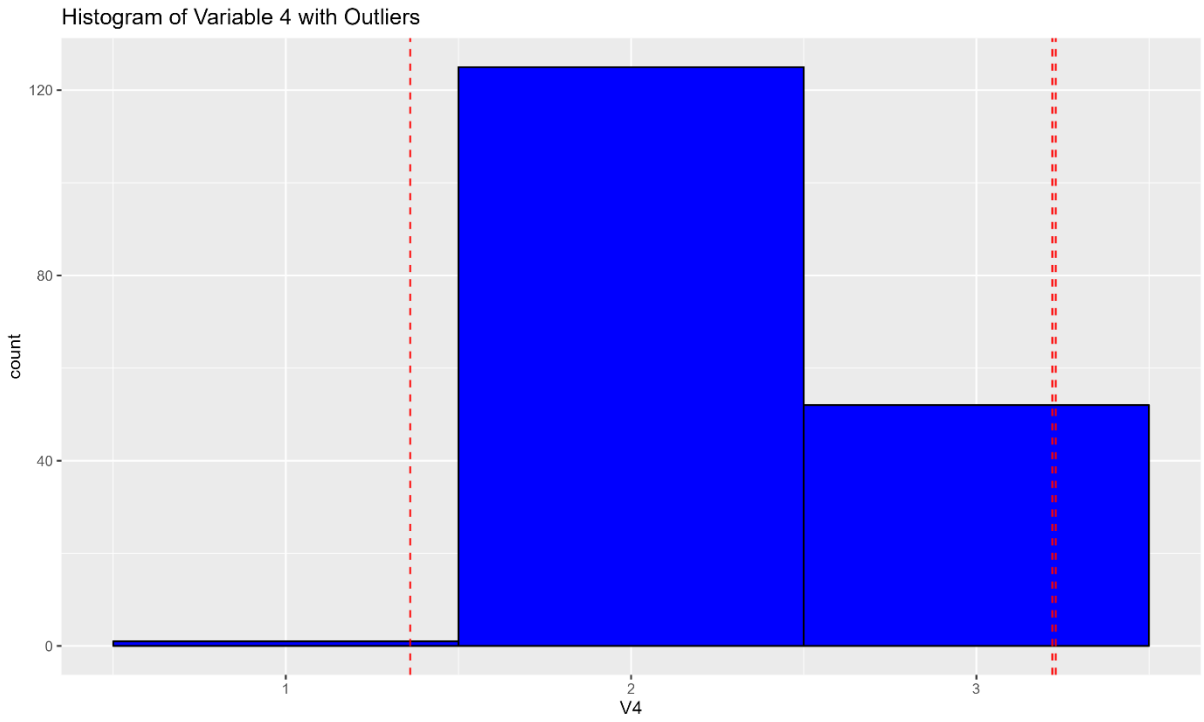
Dokumentacja Kodu R- Zadanie 2

```
# Biblioteka datasets

library(datasets)


# Ustawienie ścieżki dostępu do danych

path = "C:\\Users\\petit\\Desktop\\repos\\UO\\rok 3\\Wprowadzenie do
eksploracji danych\\lista5\\"

setwd(path)


# Wczytanie danych

wine <- read.csv('wine\\wine.data', header = FALSE)


# a) Wyszukiwanie punktów oddalonych dla każdej zmiennej

outliers <- list()

for (i in 1:ncol(wine)) {

  Q1 <- quantile(wine[[i]], 0.25)

  Q3 <- quantile(wine[[i]], 0.75)

  IQR <- Q3 - Q1

  lower_bound <- Q1 - 1.5 * IQR

  upper_bound <- Q3 + 1.5 * IQR


  outliers[[i]] <- which(wine[[i]] < lower_bound | wine[[i]] >
upper_bound)

  cat("Variable", i, ": Number of outliers =",
length(outliers[[i]]), "\n")

}
```

```
Variable 1 : Number of outliers = 0
Variable 2 : Number of outliers = 0
Variable 3 : Number of outliers = 3
Variable 4 : Number of outliers = 3
Variable 5 : Number of outliers = 4
Variable 6 : Number of outliers = 4
Variable 7 : Number of outliers = 0
Variable 8 : Number of outliers = 0
Variable 9 : Number of outliers = 0
Variable 10 : Number of outliers = 2
Variable 11 : Number of outliers = 4
Variable 12 : Number of outliers = 1
Variable 13 : Number of outliers = 0
Variable 14 : Number of outliers = 0
```

```
# b) Wykresy dla punktów oddalonych

for (i in 1:min(4, length(outliers))) {

  if (length(outliers[[i]]) > 0) {

    p <- ggplot(wine, aes_string(x=names(wine)[i])) +

      geom_histogram(binwidth = 1, fill="blue", color="black") +

      geom_vline(xintercept=wine[outliers[[i]], i], color="red",
linetype="dashed") +

      ggtitle(paste("Histogram of Variable", i, "with Outliers"))

    print(p)

    ggsave(paste("histogram_outliers_var", i, ".png", sep=""),
plot=p, width=10, height=6)

  }

}
```



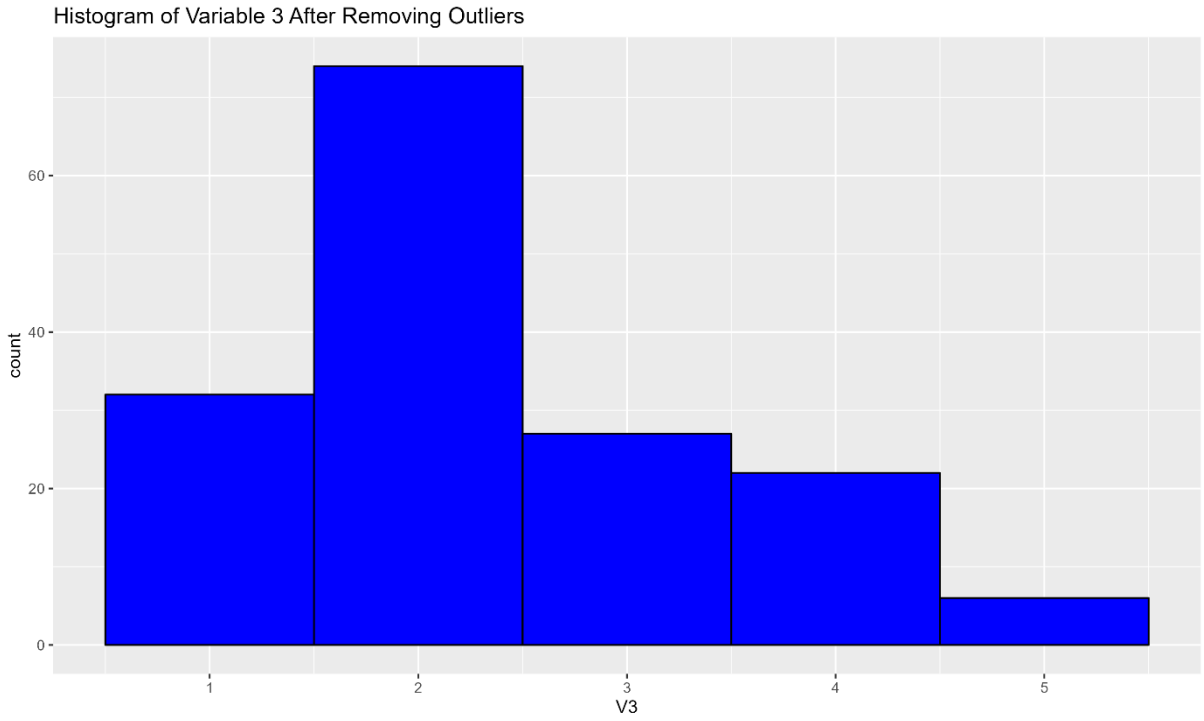


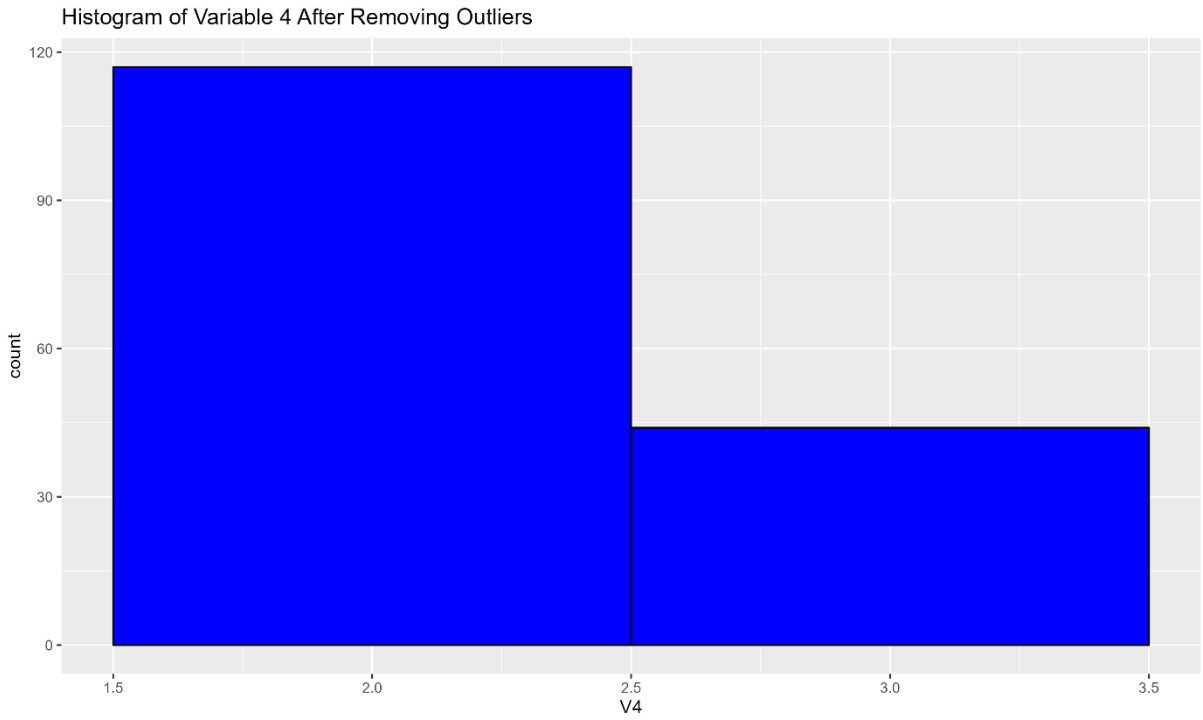

```
# c) Usuwanie punktów oddalonych

total_outliers_removed <- 0

outlier_indices <- unique(unlist(outliers)) # Zbieranie unikalnych
indeksów wierszy do usunięcia

total_outliers_removed <- length(outlier_indices)

wine <- wine[-outlier_indices, ] # Usunięcie wierszy jednorazowo
```

```
cat("Total outliers removed:", total_outliers_removed, "\n")

cat("Remaining data points:", nrow(wine), "\n")
```

```
>
> # c) Usuwanie punktów oddalonych
> total_outliers_removed <- 0
> outlier_indices <- unique(unlist(outliers)) # Zbieranie unikalnych indeksów wierszy do usunięcia
> total_outliers_removed <- length(outlier_indices)
> wine <- wine[-outlier_indices, ] # Usunięcie wierszy jednorazowo
>
> cat("Total outliers removed:", total_outliers_removed, "\n")
Total outliers removed: 17
> cat("Remaining data points:", nrow(wine), "\n")
Remaining data points: 161
```

```
# d) Ponowne sporządzenie wykresów

for (i in 1:selected_variables) {

  if (length(outliers[[i]]) > 0) {

    p <- ggplot(wine, aes_string(x=names(wine)[i])) +

      geom_histogram(binwidth = 1, fill="blue", color="black") +

      ggtitle(paste("Histogram of Variable", i, "After Removing
Outliers"))

    print(p)

    ggsave(paste("histogram_cleaned_var", i, ".png", sep=""),
plot=p, width=10, height=6)

  }

}
```






```
# e) Zapis zmodyfikowanego zbioru danych do pliku
write.csv(wine, "wine_cleaned.csv", row.names=FALSE)
```