**Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Московский государственный технический университет имени Н.Э. Баумана (национальный исследовательский университет)» (МГТУ им. Н.Э. Баумана)**

---

Факультет «Информатика и вычислительная техника»
Кафедра ИУ5 «Системы обработки информации и управления»

Курс «Технология машинного обучения»

# Отчет по лабораторной работе №1
# «Разведочный анализ данных. Исследование и визуализация данных.»

Выполнил:
студент группы ИУ5-63Б

Рыбина А.Д.
Подпись и дата:

Проверил:
преподаватель каф. ИУ5
Гапанюк Ю.Е.
Подпись и дата:

Москва, 2022 г.

## Цель лабораторной работы:

Изучение различных методов визуализация данных.

## Описание задания:

- Выбрать набор данных (датасет)
- Для первой лабораторной работы рекомендуется использовать датасет без пропусков в данных

Для лабораторных работ не рекомендуется выбирать датасеты большого размера.

- Создать ноутбук, который содержит следующие разделы:

1. Текстовое описание выбранного Вами набора данных.
2. Основные характеристики датасета.
3. Визуальное исследование датасета.

ТЕКСТОВОЕ ОПИСАНИЕ НАБОРА ДАННЫХ

В качестве набора данных мы будем использовать набор данных по вину. Рассмотрим такой DataSet для того, чтобы исследовать - какую опасность для нас несет алкоголь. Из данных получим сравнение фенолов и флаваноидов, а также щелочи и яблочной кислоты. Благодаря этому выясним, какое безопасное содержание данных примесей для нашего организма, а также узнаем, как они зависят друг от друга.

Датасет состоит из следующих значений: 1) alcohol - крепость вина 2) malic_acid - количество яблочной кислоты 3) ash - количество золы 4) alcalinity_of_ash - щелочность 5) magnesium - количество магния 6) total_phenols - количество фенолов 7) flavanoids - количество флавоноидов 8) nonflavanoid_phenols - количество нефлавоноидных фенолов 9) proanthocyanins - количество проантоцианинов 10) color_intensity - насыщенность цвета 11) hue - оттенок 12) od280/od315_of_diluted_wines - количество разбавленных винных ферментов 13) proline - количество пролина

ИМПОРТ БИБЛИОТЕК

Импортируем библиотеки с помощью команды import. Загрузим файлы датасета в помощью библиотеки Pandas.

In [4]:
```
#Импорт библиотек
import numpy as np
import pandas as pd
from sklearn.datasets import *
import seaborn as sns
import matplotlib.pyplot as plt
%matplotlib inline
sns.set(style="ticks")
```

In [5]:
```
#Преобразование формата в dataFrame - выгрузка датасета про вино
wine = load_wine()
```

In [6]:
```
type(wine)
```

Out[6]:
```
sklearn.utils.Bunch
```

ОСНОВНЫЕ ХАРАКТЕРИСТИКИ DATASET

In [7]:
```
# Датасет возвращается в виде словаря со следующими ключами
for x in wine:
    print(x)
```

```
data
target
frame
target_names
DESCR
feature_names
```

In [8]:
```
wine['target_names']
```

Out[8]:
```
array(['class_0', 'class_1', 'class_2'], dtype='<U7')
```

In [9]:
```
wine['feature_names']
```

Out[9]:
```
['alcohol',
 'malic_acid',
 'ash',
 'alcalinity_of_ash',
 'magnesium',
 'total_phenols',
 'flavanoids',
 'nonflavanoid_phenols',
 'proanthocyanins',
 'color_intensity',
 'hue',
 'od280/od315_of_diluted_wines',
 'proline']
```

In [10]:
```
# Размерность данных
wine['data'].shape
```

In [10]:
```
# Размерность данных
wine['data'].shape
```

Out[10]:
```
(178, 13)
```

In [11]:
```
# Размерность целевого признака
wine['target'].shape
```

Out[11]:
```
(178,)
```

In [12]:
```
# Преобразование в Pandas DataFrame
data1 = pd.DataFrame(data= np.c_[wine['data'], wine['target']],
                     columns= wine['feature_names'] + ['target'])
```

In [13]:
```
data1
```

Out[13]:

| | alcohol | malic_acid | ash | alcalinity_of_ash | magnesium | total_phenols | flavanoids | nonflavanoid_phenols | proanthocyanins | color_intensity | hue | od280/od315_of_dilut |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| **0** | 14.23 | 1.71 | 2.43 | 15.6 | 127.0 | 2.80 | 3.06 | 0.28 | 2.29 | 5.64 | 1.04 | |
| **1** | 13.20 | 1.78 | 2.14 | 11.2 | 100.0 | 2.65 | 2.76 | 0.26 | 1.28 | 4.38 | 1.05 | |
| **2** | 13.16 | 2.36 | 2.67 | 18.6 | 101.0 | 2.80 | 3.24 | 0.30 | 2.81 | 5.68 | 1.03 | |
| **3** | 14.37 | 1.95 | 2.50 | 16.8 | 113.0 | 3.85 | 3.49 | 0.24 | 2.18 | 7.80 | 0.86 | |
| **4** | 13.24 | 2.59 | 2.87 | 21.0 | 118.0 | 2.80 | 2.69 | 0.39 | 1.82 | 4.32 | 1.04 | |
| **...** | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | ... | |
| **173** | 13.71 | 5.65 | 2.45 | 20.5 | 95.0 | 1.68 | 0.61 | 0.52 | 1.06 | 7.70 | 0.64 | |
| **174** | 13.40 | 3.91 | 2.48 | 23.0 | 102.0 | 1.80 | 0.75 | 0.43 | 1.41 | 7.30 | 0.70 | |
| **175** | 13.27 | 4.28 | 2.26 | 20.0 | 120.0 | 1.59 | 0.69 | 0.43 | 1.35 | 10.20 | 0.59 | |
| **176** | 13.17 | 2.59 | 2.37 | 20.0 | 120.0 | 1.65 | 0.68 | 0.53 | 1.46 | 9.30 | 0.60 | |
| **177** | 14.13 | 4.10 | 2.74 | 24.5 | 96.0 | 2.05 | 0.76 | 0.56 | 1.35 | 9.20 | 0.61 | |

178 rows × 14 columns

In [14]:
```
# Количество строк в DataSet
total_count = data1.shape[0]
print('Всего строк: {}'.format(total_count))
```

```
Всего строк: 178
```

In [15]:
```
# Список колонок
data1.columns
```

Out[15]:
```
Index(['alcohol', 'malic_acid', 'ash', 'alcalinity_of_ash', 'magnesium',
       'total_phenols', 'flavanoids', 'nonflavanoid_phenols',
       'proanthocyanins', 'color_intensity', 'hue',
       'od280/od315_of_diluted_wines', 'proline', 'target'],
      dtype='object')
```

In [16]:
```
# Список типов данных всех переменных в DataSet
data1.dtypes
```

Out[16]:
```
alcohol                         float64
malic_acid                      float64
ash                             float64
alcalinity_of_ash               float64
magnesium                       float64
total_phenols                   float64
flavanoids                      float64
nonflavanoid_phenols            float64
proanthocyanins                 float64
color_intensity                 float64
hue                             float64
od280/od315_of_diluted_wines    float64
proline                         float64
target                          float64
dtype: object
```

In [17]:
```
# Проверка на пустые значения
for col in data1.columns:
    # Количество пустых значений - все значения заполнены
    temp_null_count = data1[data1[col].isnull()].shape[0]
    print('{} - {}'.format(col, temp_null_count))
```

```
alcohol - 0
malic_acid - 0
ash - 0
alcalinity_of_ash - 0
magnesium - 0
total_phenols - 0
flavanoids - 0
nonflavanoid_phenols - 0
proanthocyanins - 0
color_intensity - 0
hue - 0
od280/od315_of_diluted_wines - 0
proline - 0
target - 0
```

In [18]:
```
# Основные статистические характеристки набора данных
data1.describe()
```

Out[18]:

| | alcohol | malic_acid | ash | alcalinity_of_ash | magnesium | total_phenols | flavanoids | nonflavanoid_phenols | proanthocyanins | color_intensity | hue |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| **count** | 178.000000 | 178.000000 | 178.000000 | 178.000000 | 178.000000 | 178.000000 | 178.000000 | 178.000000 | 178.000000 | 178.000000 | 178.000000 |
| **mean** | 13.000618 | 2.336348 | 2.366517 | 19.494944 | 99.741573 | 2.295112 | 2.029270 | 0.361854 | 1.590899 | 5.058090 | 0.957449 |
| **std** | 0.811827 | 1.117146 | 0.274344 | 3.339564 | 14.282484 | 0.625851 | 0.998859 | 0.124453 | 0.572359 | 2.318286 | 0.228572 |
| **min** | 11.030000 | 0.740000 | 1.360000 | 10.600000 | 70.000000 | 0.980000 | 0.340000 | 0.130000 | 0.410000 | 1.280000 | 0.480000 |
| **25%** | 12.362500 | 1.602500 | 2.210000 | 17.200000 | 88.000000 | 1.742500 | 1.205000 | 0.270000 | 1.250000 | 3.220000 | 0.782500 |
| **50%** | 13.050000 | 1.865000 | 2.360000 | 19.500000 | 98.000000 | 2.355000 | 2.135000 | 0.340000 | 1.555000 | 4.690000 | 0.965000 |
| **75%** | 13.677500 | 3.082500 | 2.557500 | 21.500000 | 107.000000 | 2.800000 | 2.875000 | 0.437500 | 1.950000 | 6.200000 | 1.120000 |
| **max** | 14.830000 | 5.800000 | 3.230000 | 30.000000 | 162.000000 | 3.880000 | 5.080000 | 0.660000 | 3.580000 | 13.000000 | 1.710000 |

In [19]:
```
# Определим уникальные значения для целевого признака
data1['magnesium'].unique()
```

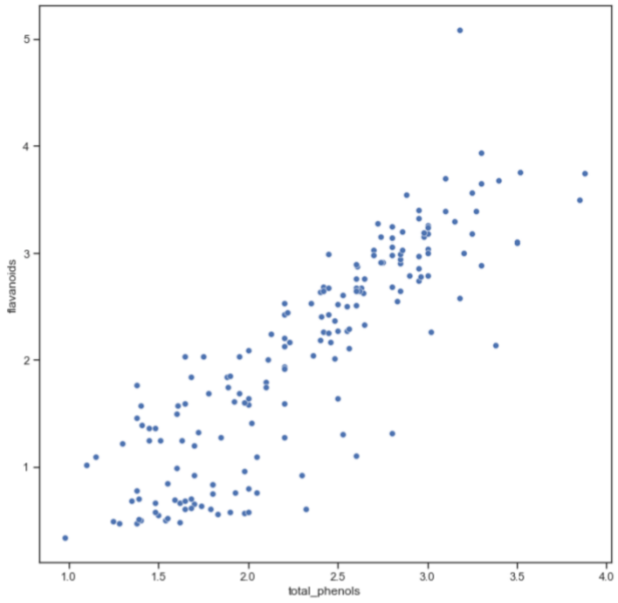
Out[19]:
```
array([127., 100., 101., 113., 118., 112.,  96., 121.,  97.,  98., 105.,
        95.,  89.,  91., 102., 120., 115., 108., 116., 126., 124.,  93.,
        94., 107., 106., 104., 132., 110., 128., 117.,  90., 103., 111.,
        92.,  88.,  87.,  78., 151.,  86., 139., 136.,  85.,  99.,  84.,
        70.,  81.,  80., 162., 134., 119.,  82., 122., 123.])
```

ВИЗУАЛИЗАЦИЯ DATASET

Для визуального исследования могут быть использованы различные виды диаграмм.

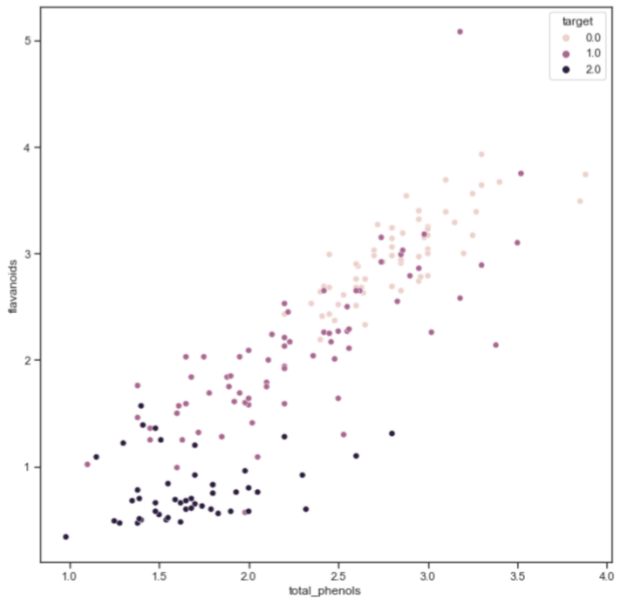
In [20]:
```
# Визуализация
fig, ax = plt.subplots(figsize=(10,10))
sns.scatterplot(ax=ax, x='total_phenols', y='flavanoids', data=data1)
```

Out[20]:
```
<AxesSubplot:xlabel='total_phenols', ylabel='flavanoids'>
```




In [126…
```
# Визуализация с группировкой по целевому признаку
fig, ax = plt.subplots(figsize=(10,10))
sns.scatterplot(ax=ax, x='total_phenols', y='flavanoids', data=data1, hue='magnesium')
```

Out[126…
```
<AxesSubplot:xlabel='total_phenols', ylabel='flavanoids'>
```

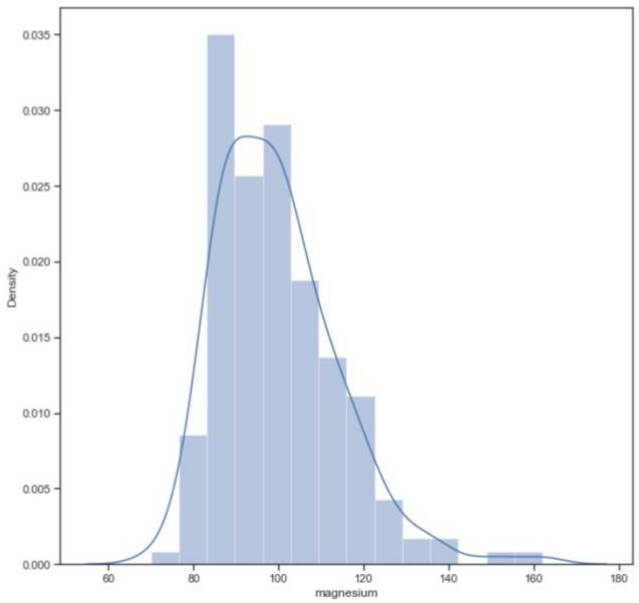


total_phenols

In [21]:
```
# Гистограмма позволяет оценить плотность вероятности распределения данных
fig, ax = plt.subplots(figsize=(10,10))
sns.distplot(data1['magnesium'])
```

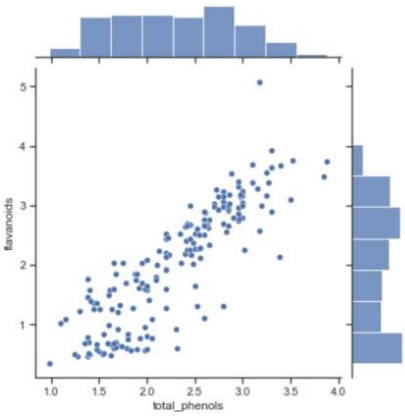
```
/Users/imac/opt/anaconda3/lib/python3.9/site-packages/seaborn/distributions.py:2619: FutureWarning: `distplot` is a deprecated function and will be removed in a future version. Please adapt your code to use either `displot` (a figure-level function with similar flexibility) or `histplot` (an axes-level function for histograms).
  warnings.warn(msg, FutureWarning)
```

Out[21]:
```
<AxesSubplot:xlabel='magnesium', ylabel='Density'>
```



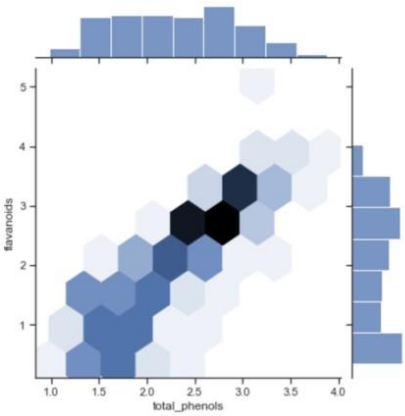

In [22]:
```
# Комбинация гистограмм и диаграмм рассеивания.
sns.jointplot(x='total_phenols', y='flavanoids', data=data1)
```

Out[22]:
```
<seaborn.axisgrid.JointGrid at 0x7fc2fb8ed190>
```




In [23]:
```
sns.jointplot(x='total_phenols', y='flavanoids', data=data1, kind="hex")
```

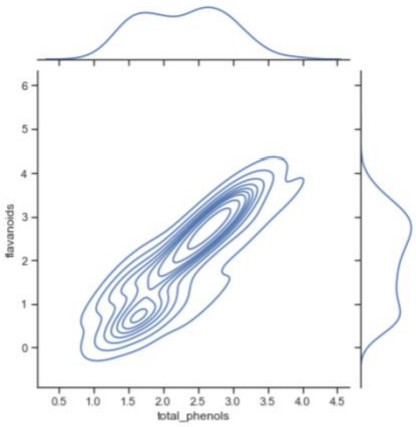
Out[23]:
```
<seaborn.axisgrid.JointGrid at 0x7fc2fb8ed280>
```



total_phenols

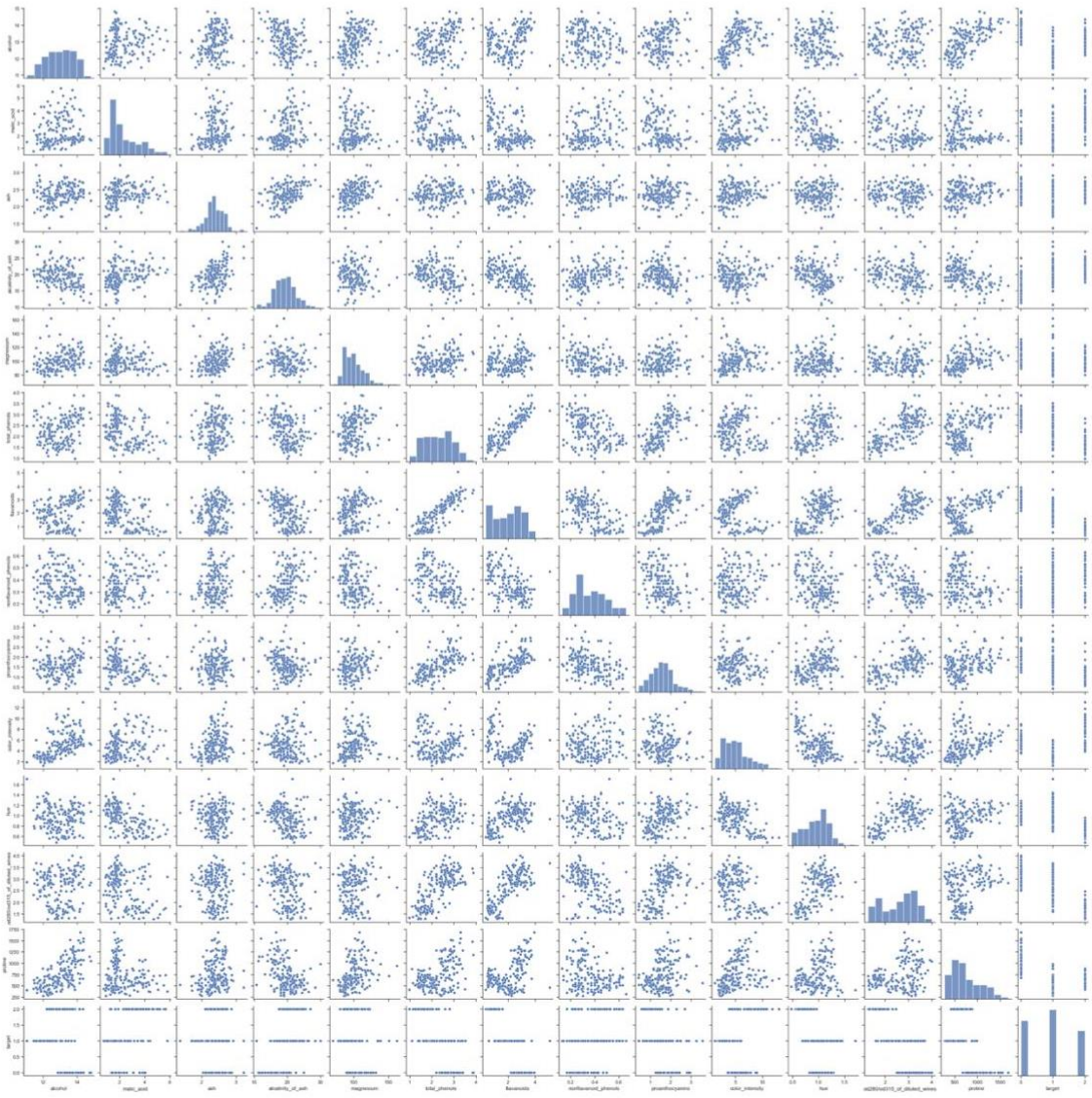
In [24]:
```
sns.jointplot(x='total_phenols', y='flavanoids', data=data1, kind="kde")
```

Out[24]:
```
<seaborn.axisgrid.JointGrid at 0x7fc2fc9032e0>
```



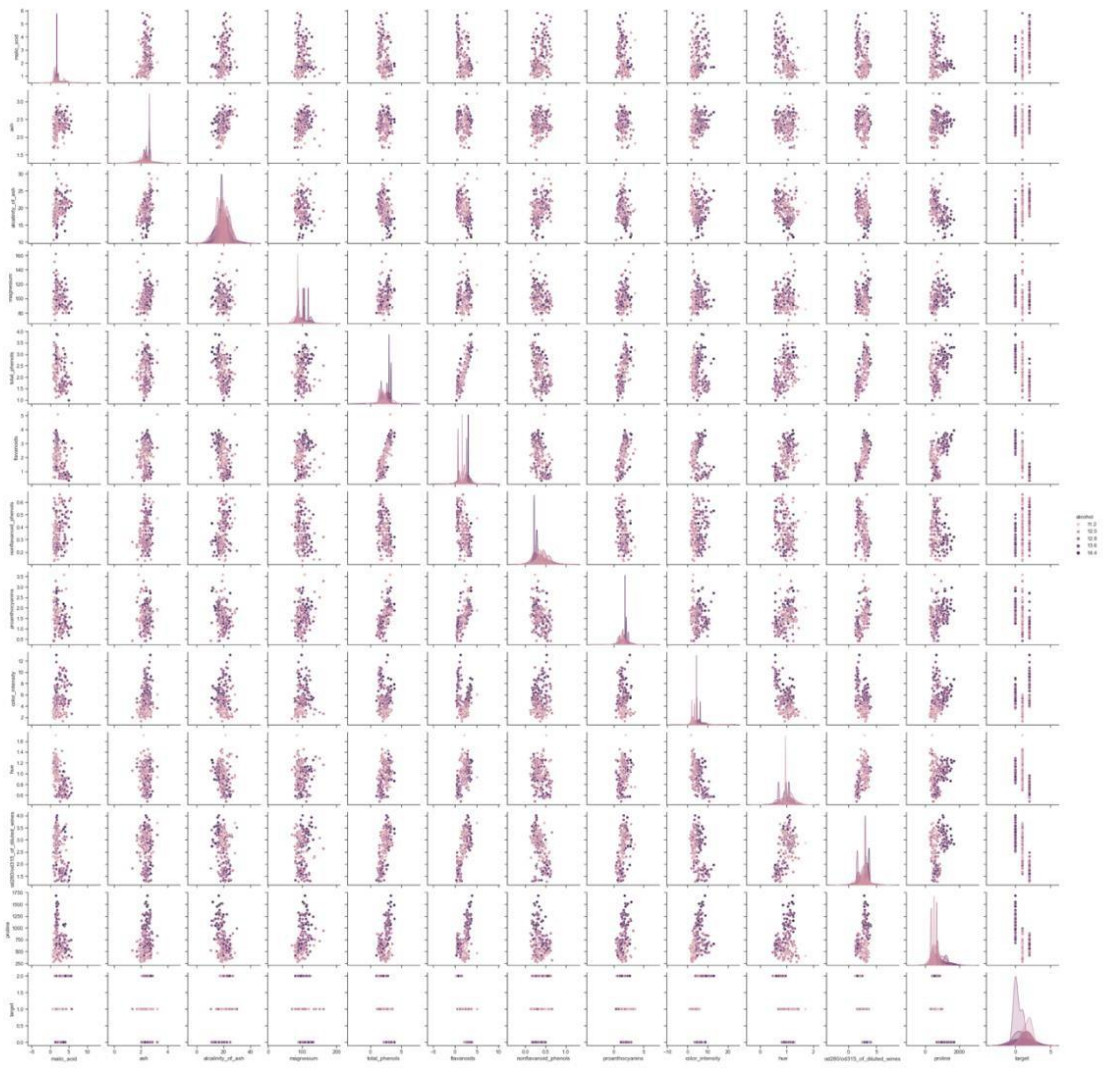

In [25]:
```
# Комбинация гистограмм и диаграмм рассеивания для всего набора данных.
sns.pairplot(data1)
```

Out[25]:
```
<seaborn.axisgrid.PairGrid at 0x7fc2fcad35e0>
```



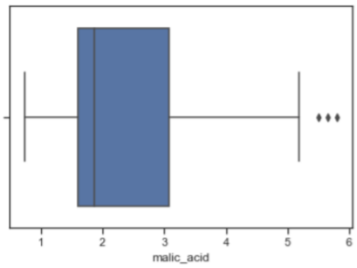
In [26]:
```
# С помощью параметра "hue" возможна группировка по значениям какого-либо признака.
sns.pairplot(data1, hue="alcohol")
```

Out[26]:
```
<seaborn.axisgrid.PairGrid at 0x7fc2e680afd0>
```



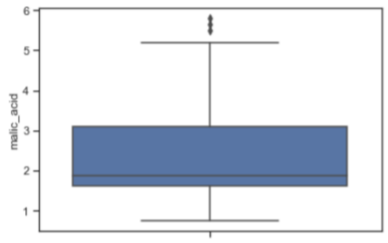
In [27]:
```
# Отображает одномерное распределение вероятности - Ящик с усами
sns.boxplot(x=data1['malic_acid'])
```

Out[27]:
```
<AxesSubplot:xlabel='malic_acid'>
```



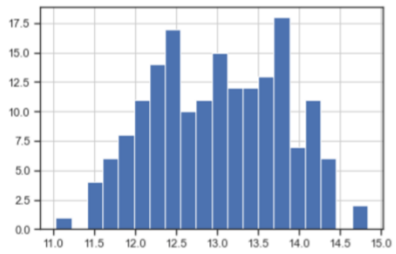

In [28]:
```
sns.boxplot(y=data1['malic_acid'])
```

Out[28]:
```
<AxesSubplot:ylabel='malic_acid'>
```



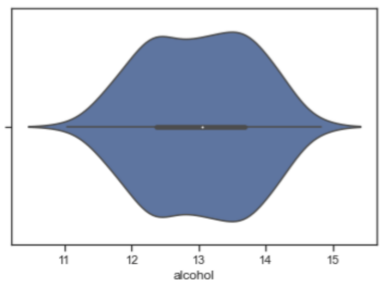

In [29]:
```
# Гистограмма по крепости алкоголя
data1['alcohol'].hist(bins=20)
```

Out[29]:
```
<AxesSubplot:>
```




In [30]:
```
# по краям отображаются распределения плотности
sns.violinplot(x=data1['alcohol'])
```

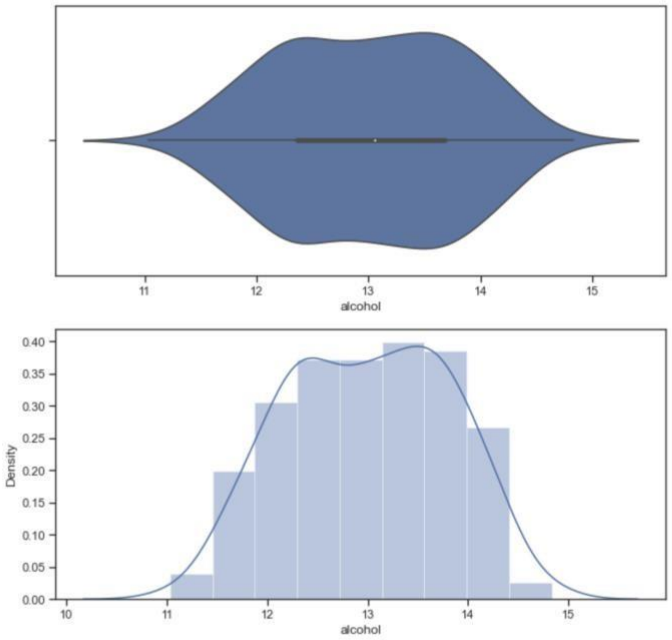
Out[30]:
```
<AxesSubplot:xlabel='alcohol'>
```



In [31]:
```
fig, ax = plt.subplots(2, 1, figsize=(10,10))
sns.violinplot(ax=ax[0], x=data1['alcohol'])
sns.distplot(data1['alcohol'], ax=ax[1])
```

```
/Users/imac/opt/anaconda3/lib/python3.9/site-packages/seaborn/distributions.py:2619: FutureWarning: `distplot` is a
deprecated function and will be removed in a future version. Please adapt your code to use either `displot` (a figu
re-level function with similar flexibility) or `histplot` (an axes-level function for histograms).
  warnings.warn(msg, FutureWarning)
```

Out[31]: <AxesSubplot:xlabel='alcohol', ylabel='Density'>




ИНФОРМАЦИЯ О КОРРЕЛЛЯЦИИ ПРИЗНАКОВ

Проверка корреляции признаков позволяет решить две задачи:

1) Понять какие признаки (колонки датасета) наиболее сильно коррелируют с целевым признаком (в нашем примере это колонка "Occupancy"). Именно эти признаки будут наиболее информативными для моделей машинного обучения. Признаки, которые слабо коррелируют с целевым признаком, можно попробовать исключить из построения модели, и ногда это повышает качество модели. Нужно отметить, что некоторые алгоритмы машинного обучения автоматически определяют ценность того или иного признака для построения модели.
2) Понять какие нецелевые признаки линейно зависимы между собой. Линейно зависимые признаки, как правило, оч ень плохо влияют на качество моделей. Поэтому если несколько признаков линейно зависимы, то для построения м одели из них выбирают какой-то один признак.

In [32]:
```
# Информация о корреллляции признаков
data1.corr()
```

Out[32]:

| | alcohol | malic_acid | ash | alcalinity_of_ash | magnesium | total_phenols | flavanoids | nonflavanoid_phenols | proanthocyanins |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| **alcohol** | 1.000000 | 0.094397 | 0.211545 | -0.310235 | 0.270798 | 0.289101 | 0.236815 | -0.155929 | 0.136698 |
| **malic_acid** | 0.094397 | 1.000000 | 0.164045 | 0.288500 | -0.054575 | -0.335167 | -0.411007 | 0.292977 | -0.220746 |
| **ash** | 0.211545 | 0.164045 | 1.000000 | 0.443367 | 0.286587 | 0.128980 | 0.115077 | 0.186230 | 0.009652 |
| **alcalinity_of_ash** | -0.310235 | 0.288500 | 0.443367 | 1.000000 | -0.083333 | -0.321113 | -0.351370 | 0.361922 | -0.197327 |
| **magnesium** | 0.270798 | -0.054575 | 0.286587 | -0.083333 | 1.000000 | 0.214401 | 0.195784 | -0.256294 | 0.236441 |
| **total_phenols** | 0.289101 | -0.335167 | 0.128980 | -0.321113 | 0.214401 | 1.000000 | 0.864564 | -0.449935 | 0.612413 |
| **flavanoids** | 0.236815 | -0.411007 | 0.115077 | -0.351370 | 0.195784 | 0.864564 | 1.000000 | -0.537900 | 0.652692 |
| **nonflavanoid_phenols** | -0.155929 | 0.292977 | 0.186230 | 0.361922 | -0.256294 | -0.449935 | -0.537900 | 1.000000 | -0.365845 |
| **proanthocyanins** | 0.136698 | -0.220746 | 0.009652 | -0.197327 | 0.236441 | 0.612413 | 0.652692 | -0.365845 | 1.000000 |
| **color_intensity** | 0.546364 | 0.248985 | 0.258887 | 0.018732 | 0.199950 | -0.055136 | -0.172379 | 0.139057 | -0.025250 |
| **hue** | -0.071747 | -0.561296 | -0.074667 | -0.273955 | 0.055398 | 0.433681 | 0.543479 | -0.262640 | 0.295544 |
| **od280/od315_of_diluted_wines** | 0.072343 | -0.368710 | 0.003911 | -0.276769 | 0.066004 | 0.699949 | 0.787194 | -0.503270 | 0.519067 |
| **proline** | 0.643720 | -0.192011 | 0.223626 | -0.440597 | 0.393351 | 0.498115 | 0.494193 | -0.311385 | 0.330417 |
| **target** | -0.328222 | 0.437776 | -0.049643 | 0.517859 | -0.209179 | -0.719163 | -0.847498 | 0.489109 | -0.499130 |

In [33]:
```
# Информация о корреллляции признаков разными методами
data1.corr(method='kendall')
```

Out[33]:

| | alcohol | malic_acid | ash | alcalinity_of_ash | magnesium | total_phenols | flavanoids | nonflavanoid_phenols | proanthocyanins |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| **alcohol** | 1.000000 | 0.093844 | 0.170154 | -0.212978 | 0.250506 | 0.209099 | 0.191087 | -0.109554 | 0.133526 |
| **malic_acid** | 0.093844 | 1.000000 | 0.158178 | 0.210119 | 0.050869 | -0.174929 | -0.211918 | 0.175129 | -0.168714 |
| **ash** | 0.170154 | 0.158178 | 1.000000 | 0.258352 | 0.254246 | 0.089855 | 0.049474 | 0.098937 | 0.018240 |
| **alcalinity_of_ash** | -0.212978 | 0.210119 | 0.258352 | 1.000000 | -0.121005 | -0.256669 | -0.309865 | 0.278091 | -0.171404 |
| **magnesium** | 0.250506 | 0.050869 | 0.254246 | -0.121005 | 1.000000 | 0.172195 | 0.161603 | -0.158361 | 0.117871 |
| **total_phenols** | 0.209099 | -0.174929 | 0.089855 | -0.256669 | 0.172195 | 1.000000 | 0.701999 | -0.310443 | 0.466517 |
| **flavanoids** | 0.191087 | -0.211918 | 0.049474 | -0.309865 | 0.161603 | 0.701999 | 1.000000 | -0.378099 | 0.534615 |
| **nonflavanoid_phenols** | -0.109554 | 0.175129 | 0.098937 | 0.278091 | -0.158361 | -0.310443 | -0.378099 | 1.000000 | -0.269189 |
| **proanthocyanins** | 0.133526 | -0.168714 | 0.018240 | -0.171404 | 0.117871 | 0.466517 | 0.534615 | -0.269189 | 1.000000 |
| **color_intensity** | 0.434353 | 0.195607 | 0.187786 | -0.057281 | 0.241781 | 0.028264 | 0.028674 | 0.036065 | -0.014962 |
| **hue** | -0.021717 | -0.388707 | -0.037234 | -0.239210 | 0.023760 | 0.289210 | 0.354372 | -0.179755 | 0.231071 |
| **od280/od315_of_diluted_wines** | 0.061513 | -0.162909 | -0.006341 | -0.226253 | 0.034307 | 0.478267 | 0.520448 | -0.363787 | 0.369104 |
| **proline** | 0.449387 | -0.044660 | 0.171574 | -0.313218 | 0.343016 | 0.280203 | 0.263661 | -0.174108 | 0.204172 |
| **target** | -0.238984 | 0.247494 | -0.038085 | 0.449402 | -0.184992 | -0.590404 | -0.725255 | 0.379234 | -0.450225 |

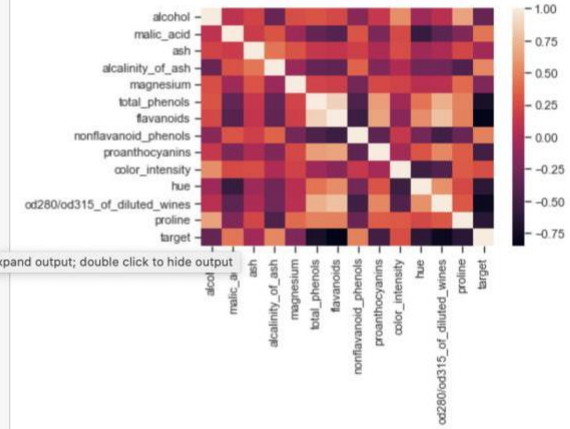
In [34]:
```
data1.corr(method='spearman')
```

Out[34]:

| | alcohol | malic_acid | ash | alcalinity_of_ash | magnesium | total_phenols | flavanoids | nonflavanoid_phenols | proanthocyanins |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| **alcohol** | 1.000000 | 0.140430 | 0.243722 | -0.306598 | 0.365503 | 0.310920 | 0.294740 | -0.162207 | 0.192734 |
| **malic_acid** | 0.140430 | 1.000000 | 0.230674 | 0.304069 | 0.080188 | -0.280225 | -0.325202 | 0.255236 | -0.244825 |
| **ash** | 0.243722 | 0.230674 | 1.000000 | 0.366374 | 0.361488 | 0.132193 | 0.078796 | 0.145583 | 0.024384 |
| **alcalinity_of_ash** | -0.306598 | 0.304069 | 0.366374 | 1.000000 | -0.169558 | -0.376657 | -0.443770 | 0.389390 | -0.253695 |
| **magnesium** | 0.365503 | 0.080188 | 0.361488 | -0.169558 | 1.000000 | 0.246417 | 0.233167 | -0.236786 | 0.173647 |
| **total_phenols** | 0.310920 | -0.280225 | 0.132193 | -0.376657 | 0.246417 | 1.000000 | 0.879404 | -0.448013 | 0.666689 |
| **flavanoids** | 0.294740 | -0.325202 | 0.078796 | -0.443770 | 0.233167 | 0.879404 | 1.000000 | -0.543897 | 0.730322 |
| **nonflavanoid_phenols** | -0.162207 | 0.255236 | 0.145583 | 0.389390 | -0.236786 | -0.448013 | -0.543897 | 1.000000 | -0.384629 |
| **proanthocyanins** | 0.192734 | -0.244825 | 0.024384 | -0.253695 | 0.173647 | 0.666689 | 0.730322 | -0.384629 | 1.000000 |
| **color_intensity** | 0.635425 | 0.290307 | 0.283047 | -0.073776 | 0.357029 | 0.011162 | -0.042910 | 0.059639 | -0.030947 |
| **hue** | -0.024203 | -0.560265 | -0.050183 | -0.352507 | 0.036095 | 0.439457 | 0.535430 | -0.267813 | 0.342795 |
| **od280/od315_of_diluted_wines** | 0.103050 | -0.255185 | -0.007500 | -0.325890 | 0.056963 | 0.687207 | 0.741533 | -0.494950 | 0.554031 |
| **proline** | 0.633580 | -0.057466 | 0.253163 | -0.456090 | 0.507575 | 0.419470 | 0.429904 | -0.270112 | 0.308249 |
| **target** | -0.354167 | 0.346913 | -0.053988 | 0.569792 | -0.250498 | -0.726544 | -0.854908 | 0.474205 | -0.570648 |

In [35]:
```
#Для визуализации корреляционной матрицы будем использовать "тепловую карту",
#которая показывает степень корреляции различными цветами.
sns.heatmap(data1.corr())
```

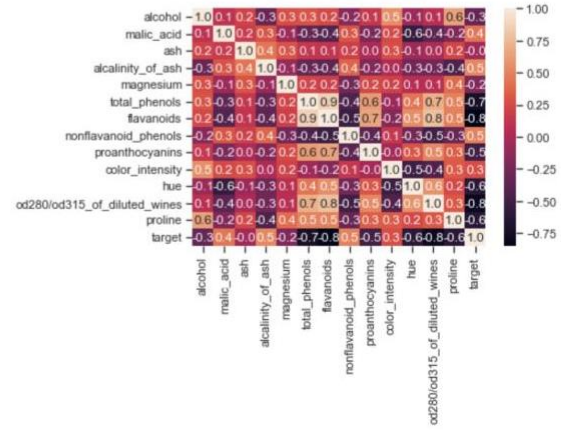
Out[35]:
```
<AxesSubplot:>
```




click to expand output; double click to hide output

In [36]:
```
# Вывод значений в ячейках
sns.heatmap(data1.corr(), annot=True, fmt='.1f')
```

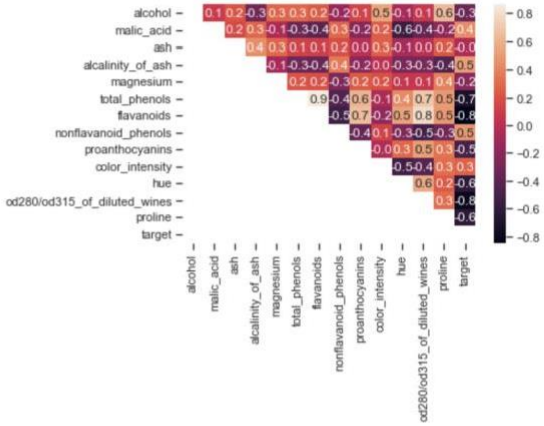
Out[36]:
```
<AxesSubplot:>
```



In [37]:
```
# Треугольный вариант матрицы
mask = np.zeros_like(data1.corr(), dtype=np.bool)
# чтобы оставить нижнюю часть матрицы
# mask[np.triu_indices_from(mask)] = True
# чтобы оставить верхнюю часть матрицы
mask[np.tril_indices_from(mask)] = True
sns.heatmap(data1.corr(), mask=mask, annot=True, fmt='.1f')
```

```
/var/folders/7p/qf20jzcs0857b0yp3vsrlzv00000gp/T/ipykernel_13637/174623946.py:2: DeprecationWarning: `np.bool` is a deprecated alias for the builtin `bool`. To silence this warning, use `bool` by itself. Doing this will not modify any behavior and is safe. If you specifically wanted the numpy scalar type, use `np.bool_` here.
Deprecated in NumPy 1.20; for more details and guidance: https://numpy.org/devdocs/release/1.20.0-notes.html#deprecations
  mask = np.zeros_like(data1.corr(), dtype=np.bool)
```

Out[37]: <AxesSubplot:>




In [38]:
```
fig, ax = plt.subplots(1, 3, sharex='col', sharey='row', figsize=(15,5))
sns.heatmap(data1.corr(method='pearson'), ax=ax[0], annot=True, fmt='.1f')
sns.heatmap(data1.corr(method='kendall'), ax=ax[1], annot=True, fmt='.1f')
sns.heatmap(data1.corr(method='spearman'), ax=ax[2], annot=True, fmt='.1f')
fig.suptitle('Корреляционные матрицы, построенные различными методами')
ax[0].title.set_text('Pearson')
ax[1].title.set_text('Kendall')
ax[2].title.set_text('Spearman')
```