

# Explorativna analyza

**Jakub Ševcech**

Materialy dostupne na <https://github.com/sevo/pewe-presentations> (<https://github.com/sevo/pewe-presentations>)

## Najskor oznamenie

**<http://web.tuke.sk/fei-cit/wikt2017/challenge.html>**  
**(<http://web.tuke.sk/fei-cit/wikt2017/challenge.html>)**

## Ciel prezentacie:

zrozumitelne vysvetlit a kategorizovat rozne techniky explorativnej analyzy dat podla toho, ake data spracovavame.

## Poviem si o:

- Metrikach na zobrazenie roznych vlastnosti atributov
- Vizualizacii dat a o tom ako ich interpretovat
- Prejdeme si zopar statistickych testov na to aby sme zistili ci su v datach nejake vzory alebo ci existuju vyznamne rozdiely medzi vzorkami

## Struktura prezentacie

### Analiza po jednom (Univariate analysis)

- Spojite atributy
- Kategoricke atributy

## Analyza po paroch atributov (Bivariate analysis)

- Spojite - Spojite
- Kategoricke - Spojite
- Kategoricke - Kategoricke

```
In [74]: %matplotlib inline
import pandas as pd
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
import scipy.stats as stats
import seaborn
from sklearn import linear_model as lm
```

```
In [75]: plt.rcParams['font.family'] = 'DejaVu Sans'
plt.rcParams['figure.figsize'] = (5, 3)
from IPython.display import Image, SVG, display
```

## Analyza po jednom (Univariate analysis)

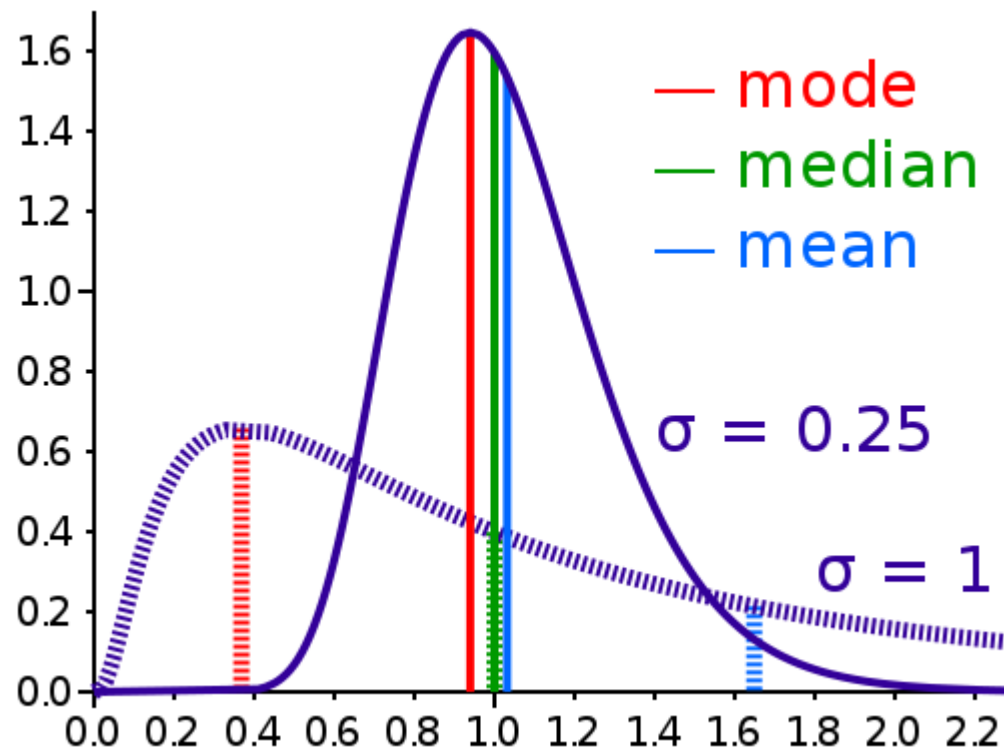
Zobrazenie vlastnosti jedneho atributu

### Spojite atributy

Chceme zobrazit aky je tvar rozdelenia dat, ci sa zoskupuju okolo nejakeho **centra**, aka je **rozptylenost** hodnot

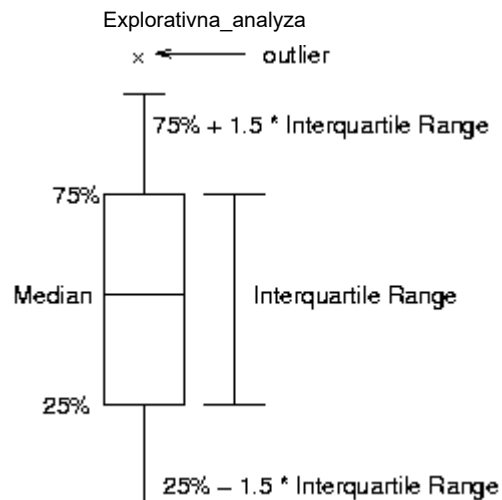
#### Zobrazenie centralnosti:

- mean (priemer)
- median (median, stredna hodnota, prostredna hodnota, centralna hodnota): hodnota, ktora rozdeluje vyssie a nizsie hodnoty
- mode (Modus, modálna hodnota, najpravdepodobnejšia hodnota): najcastejsia hodnota (hodnota s najvacsou pravdepodobnostou vyskytu)



## Rozptylenost

- range (rozsah): max - min
- quartile (kvartil): hodnota, od ktorej je 25% resp 75% hodnot vacsich
- percentile (percentil): hodnota, od ktorej je XX% hodnot vacsich
- inter quartile range (medzikvartilove rozpätie): rozdiel medzi 25% a 75% kvartilom, menej nachylne na outlierov ako rozsah



- variance (variancia): priemerna kvadraticka odchylka od priemeru

$$E[(X - E[X])^2]$$

- standard deviation (standardna odchylka): druha odmocnina variance, je v jednotkach meranej premennej
- skewness (vychylenost?): metrika symetrickosti rozdelenia, ci je rozdelenie navazene na jednu stranu
- kurtosis (zplostenost?): ake mnozstvo dat je vo chvoste rozdelenia

(zdroj obrazku: <https://taps-graph-review.wikispaces.com/Box+and+Whisker+Plots> (<https://taps-graph-review.wikispaces.com/Box+and+Whisker+Plots>))

## Skewness a Kurtosis

### Skewness

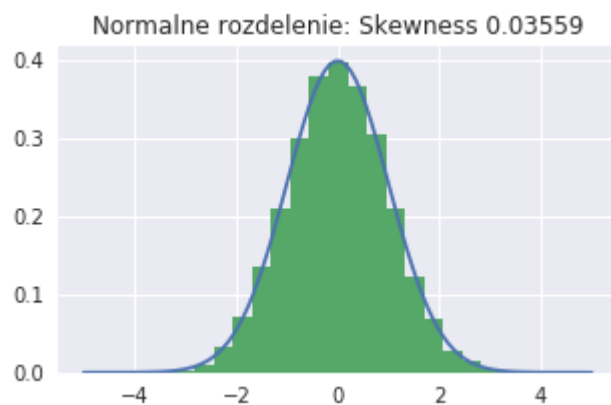
Skewness je metrika toho, ako je rozdelenie symetrické. Uplne symetrické rozdelenie ma hodnotu skewness rovnu 0. V podstate to porovna relatívnu veľkosť dvoch chvostov rozdelenia. Rozdelenie naklonene do ľava bude mať skewness väčšiu ako 0, naklonene doprava bude mať menej ako 1.

```
In [76]: sample_size = 10000

norm = stats.norm(0, 1)
x = np.linspace(-5, 5, 100)
sample = norm.rvs(sample_size)

plt.plot(x, norm.pdf(x))
plt.hist(sample, normed=True, bins=20)
plt.title("Normalne rozdelenie: " "Skewness %.5f" % (stats.skew(sample), ))
```

Out[76]: <matplotlib.text.Text at 0x7f38e6e8f748>

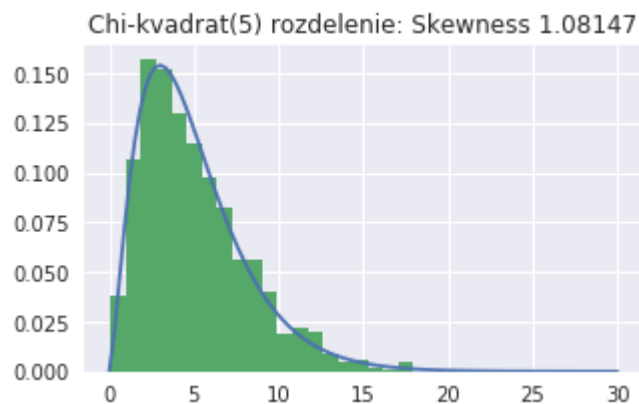


```
In [77]: sample_size = 1000

chi2 = stats.chi2(5)
x = np.linspace(0, 30, 100)
sample = chi2.rvs(sample_size)

plt.plot(x, chi2.pdf(x))
plt.hist(sample, normed=True, bins=20)
plt.title("Chi-kvadrat(5) rozdelenie: " "Skewness %.5f" % (stats.skew(sample), ))
```

Out[77]: <matplotlib.text.Text at 0x7f38e6e070f0>

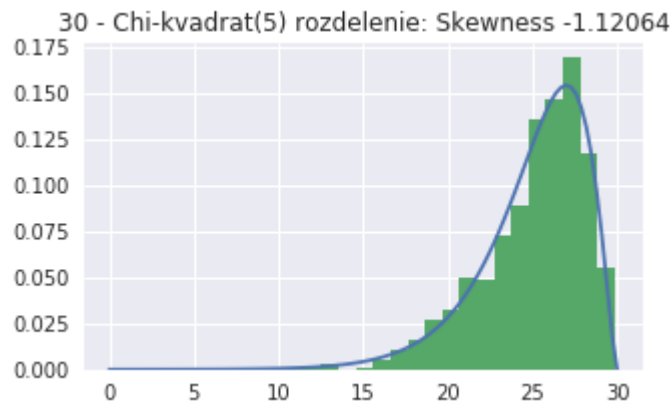


```
In [78]: sample_size = 1000

chi2 = stats.chi2(5)
x = np.linspace(0, 30, 100)
sample = 30 - chi2.rvs(sample_size)

plt.plot(x, chi2.pdf(30 - x))
plt.hist(sample, normed=True, bins=20)
plt.title("30 - Chi-kvadrat(5) rozdelenie: ""Skewness %.5f" % (stats.skew(sample), ))
```

Out[78]: <matplotlib.text.Text at 0x7f38e6ea7780>



## Kurtosis

Kurtosis hovorí ako je kombinovaná veľkosť chvostov. Meria množstvo dát sústredené v chvostoch. Veľmi často sa porovnáva k hodnote kurtosis normálneho rozdelenia, ktorá je 3. Ak je to viac ako 3, tak viac dát je sústredených na okrajoch. Ak menej ako 3, tak je menej dát v okrajoch.

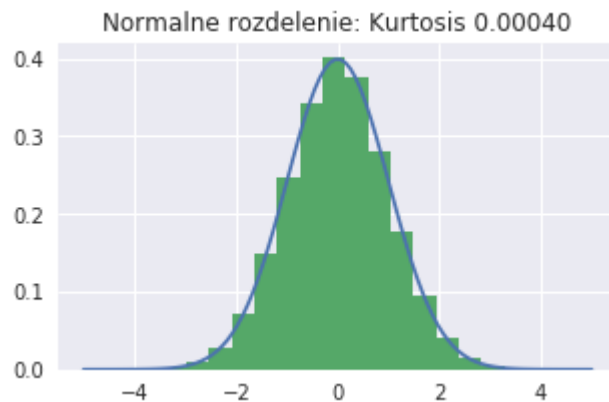
Často sa používa aj excess kurtosis, čo je rozdiel oproti normálnemu rozdeleniu, čiže kurtosis - 3.

```
In [79]: sample_size = 100000

norm = stats.norm(0, 1)
x = np.linspace(-5, 5, 100)
sample = norm.rvs(sample_size)

plt.plot(x, norm.pdf(x))
plt.hist(sample, normed=True, bins=20)
plt.title("Normalne rozdelenie: " "Kurtosis %.5f" % (stats.kurtosis(sample), ))
```

Out[79]: <matplotlib.text.Text at 0x7f38e43d9cf8>



Ocakavali sme, ze dostaneme hodnotu kurtosis okolo 3. V skutocnosti funkcia stats.kurtosis pocita pri predvolenych nastaveniach excess kurtosis

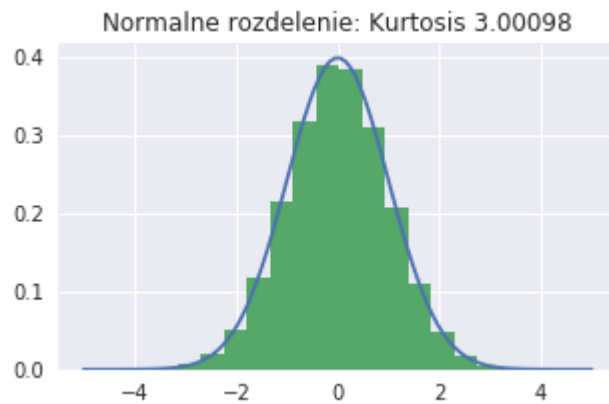


```
In [80]: sample_size = 100000

norm = stats.norm(0, 1)
x = np.linspace(-5, 5, 100)
sample = norm.rvs(sample_size)

plt.plot(x, norm.pdf(x))
plt.hist(sample, normed=True, bins=20)
plt.title("Normalne rozdelenie: " "Kurtosis %.5f" % (stats.kurtosis(sample, fisher=False), ))
# musime prestavit parameter fisher na False
```

Out[80]: <matplotlib.text.Text at 0x7f38e682a400>



A teraz ukazka na nejakych rozdeleniach, kde vieme pekne kontrolovat mnozstvo dat v chvoste. Naprikl lognormal

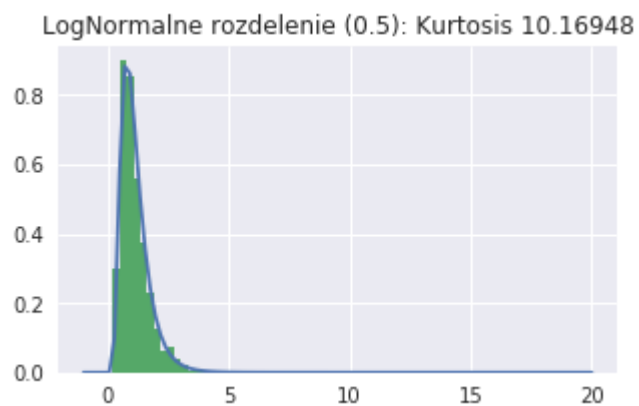
```
In [81]: sample_size = 1000

lognorm = stats.lognorm(0.5)
x = np.linspace(-1, 20, 100)
sample = lognorm.rvs(sample_size)

plt.plot(x, lognorm.pdf(x))
plt.hist(sample, normed=True, bins=20)

plt.title("LogNormalne rozdelenie (0.5): ""Kurtosis %.5f" % (stats.kurtosis(sample, fisher=False), ))
```

Out[81]: <matplotlib.text.Text at 0x7f38e6757a58>



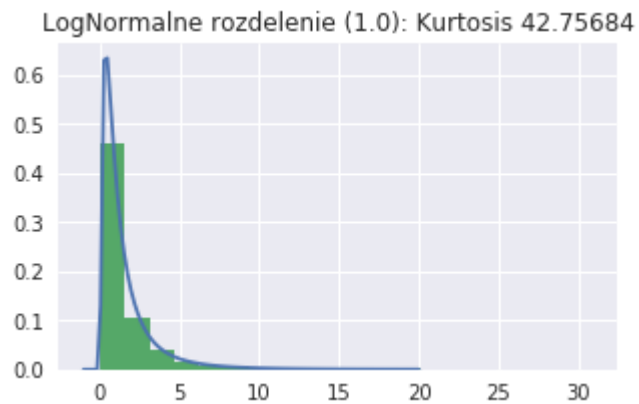
```
In [82]: sample_size = 1000

lognorm = stats.lognorm(1)
x = np.linspace(-1, 20, 100)
sample = lognorm.rvs(sample_size)

plt.plot(x, lognorm.pdf(x))
plt.hist(sample, normed=True, bins=20)

plt.title("LogNormalne rozdelenie (1.0): " "Kurtosis %.5f" % (stats.kurtosis(sample, fisher=False), ))
```

Out[82]: <matplotlib.text.Text at 0x7f38e6e466a0>



**A teraz viacero rozdeleni v jednom obrazku aby sa to dalo dobre predstavit**

```
In [83]: sample_size = 10000
x = np.linspace(-5, 50, 100)

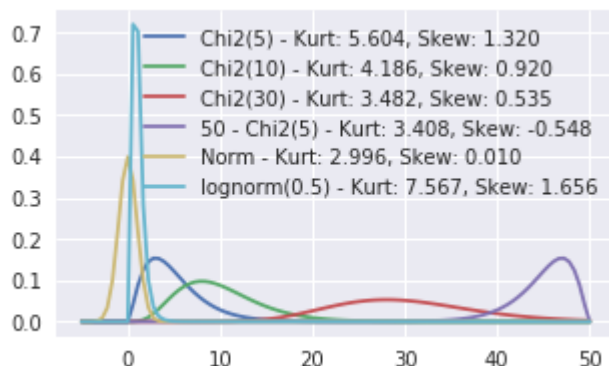
dists = [
    ("Chi2(5)", stats.chi2(5).pdf(x), stats.chi2(5).rvs(sample_size)),
    ("Chi2(10)", stats.chi2(10).pdf(x), stats.chi2(10).rvs(sample_size)),
    ("Chi2(30)", stats.chi2(30).pdf(x), stats.chi2(30).rvs(sample_size)),
    ("50 - Chi2(5)", stats.chi2(5).pdf(50 - x), 50 - stats.chi2(30).rvs(sample_size)),
    ("Norm", stats.norm(0, 1).pdf(x), stats.norm(0, 1).rvs(sample_size)),
    ("lognorm(0.5)", stats.lognorm(0.5).pdf(x), stats.lognorm(0.5).rvs(sample_size))
]

labels = []

for name, dist, sample in dists:
    plt.plot(x, dist)
    labels.append("%s - Kurt: %.3f, Skew: %.3f" % (name, stats.kurtosis(sample, fisher=False), stats.skew(sample)))

plt.legend(labels)
```

Out[83]: <matplotlib.legend.Legend at 0x7f38e66f68d0>



## Analyza po jednom - spojite atributy - vizualizacia

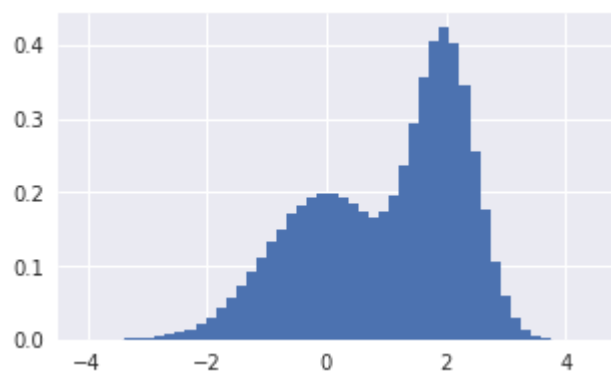
Ako ste uz urcite pochopili, tak primarne sposoby vizualizacie su histogram a box plot

```
In [84]: sample_size = 100000

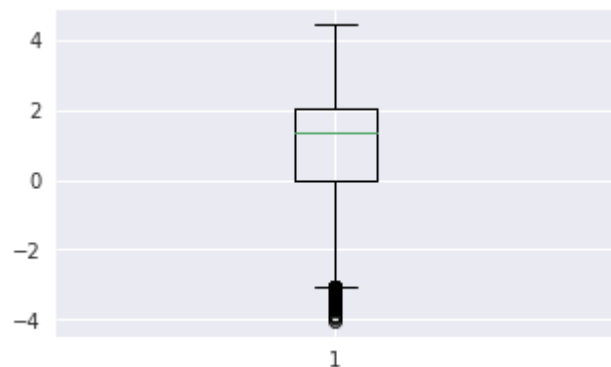
norm = stats.norm(0, 1)

x = np.linspace(-5, 5, 100)
sample = np.concatenate([
    stats.norm(0, 1).rvs(sample_size),
    stats.norm(2, 0.5).rvs(sample_size),
])
```

```
In [85]: _ = plt.hist(sample, normed=True, bins=50)
```



```
In [86]: plt.rc("lines", markeredgewidth=0.5)
_ = plt.boxplot(sample)
```

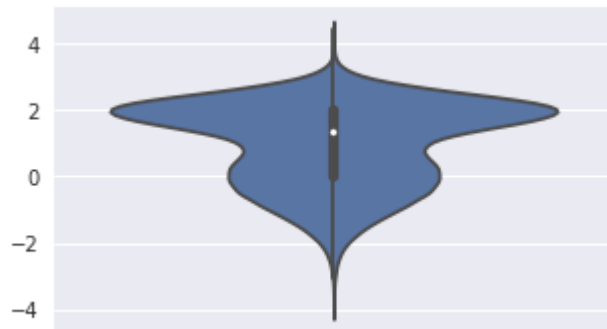


Osobne mam celkom rad spojenie boxplotu a histogramu do Violinplotu pretoze prehladne ukazuje tvar rozdelenia.

Castejsie sa ale pouziva vykreslenie dvoch obrazkov (aj histogram a aj boxplot). Spolu obsahuju viac informacii ako len jeden violinplot

```
In [87]: seaborn.violinplot(sample, orient='v')
```

```
Out[87]: <matplotlib.axes._subplots.AxesSubplot at 0x7f38e64dbef0>
```

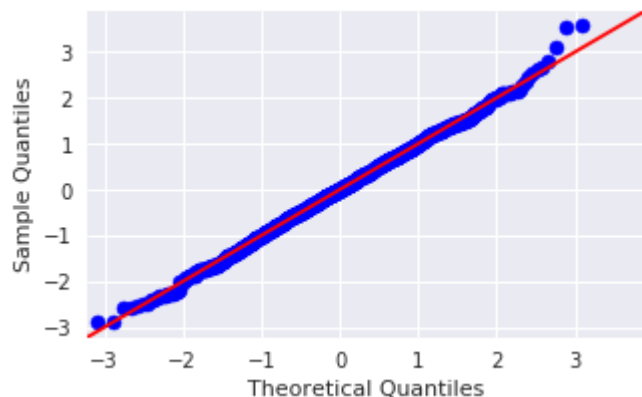


## QQ-plot

```
In [88]: import statsmodels.api as sm
```

```
In [89]: sample_size = 1000  
  
x = np.linspace(-5, 5, 100)  
sample = stats.norm(0, 1).rvs(sample_size)  
# sample = stats.norm(10, 5).rvs(sample_size)
```

```
In [90]: _ = sm.ProbPlot(sample, fit=True).qqplot(line='45')
```



QQ-plot je vizualna metoda na urcenie, ci dve datove sady pochadzaju z rovnakeho rozdelenia (probability plot porovna datovu sadu s teoretickym rozdelenim).

Probability plot porovna voci zvolenemu teoretickemu rozdeleniu. V tomto pripade normalnemu.

Porovna kvantily rozdeleni.

Osy su v jednotkach porovnavanych datovych sad

Bod na obrazku zobrazuje hodnotu kvantilu v prvom a druhom porovnavanom datasete.

Ak su datasety rovnako velke, tak je to len vykreslenie usporiadanych datasetov pomocou scatterplotu. Ak je jeden mensi, tak sa ten pouzije na urcenie kvartilov a hodnoty z druhého (vacšieho) datasetu sa interpoluju

### Na ake otazky vie odpovedat?

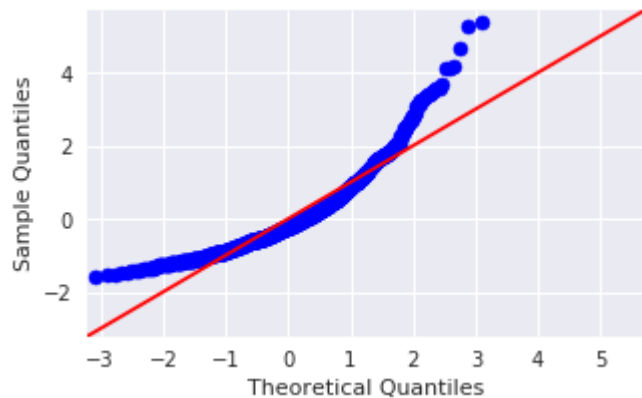
- Pochadzaju pozorovania z rovnakeho rozdelenia?
- Maju rozdelenia rovnaku skalu (priemer, standardnu odchylku)?
- Je tvar porovnavanych rozdeleni podobny (rovna ciara, bez ohladu na jej posunutie a sklon)?
- Maju rozdelenia podobne vlastnosti skewness a kurtosis?

```
In [ ]:
```

Pri zakladnom nastaveni porovna s normalnym rozdelenim. Co nam velmi nepomoze v pripade, ak nase pozorovania su z uplne ineho

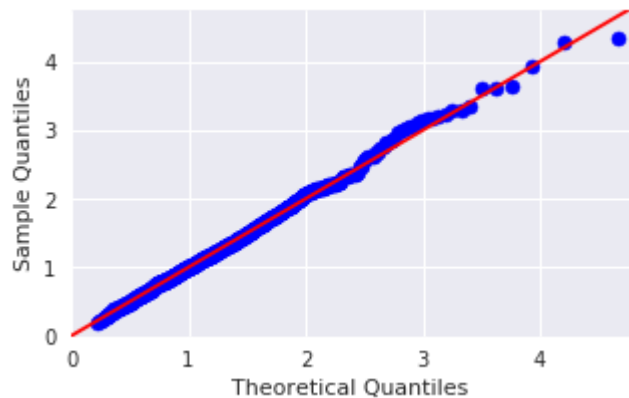
rozdelenia. Len nam to povie, ze je to nejake ine rozdelenie.

```
In [91]: x = np.linspace(-5, 5, 100)
lognorm_sample = stats.lognorm(0.5).rvs(sample_size)
_ = sm.ProbPlot(lognorm_sample, fit=True).qqplot(line='45')
```



Ocividne je hovadina porovnavat tieto nase pozorovania s uplne inou distribuciou, ale moze sa to hodit, ked mame ine pozorovania

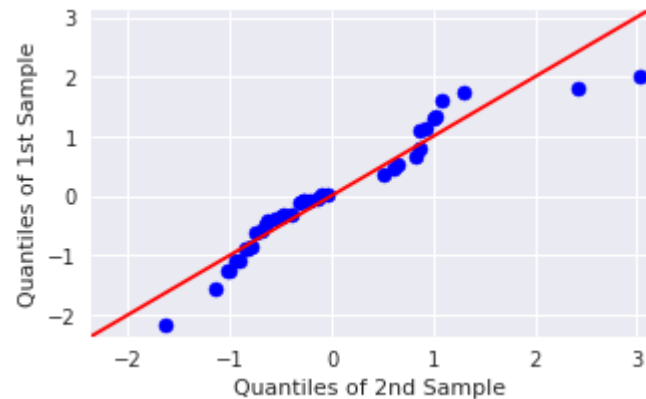
```
In [92]: _ = sm.ProbPlot(lognorm_sample, dist=stats.lognorm, fit=True).qqplot(line='45')
```



Nastastie vieme zmenit teoreticke rozdelenie a mozeme sa porovnan s nim

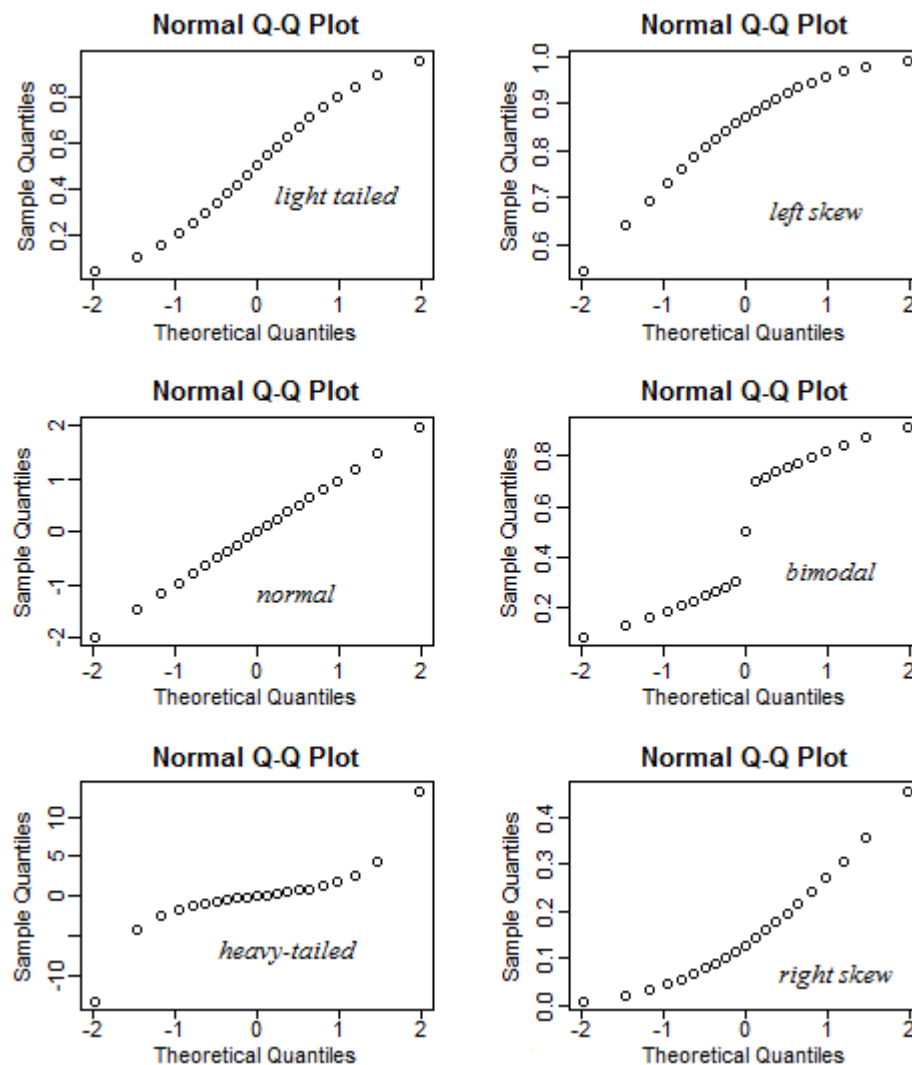


```
In [93]: import statsmodels.api as sm
x = stats.norm(8.25, 2.75).rvs(37)
y = stats.lognorm(0.5).rvs(37)
pp_x = sm.ProbPlot(x, fit=True)
pp_y = sm.ProbPlot(y, fit=True)
_ = pp_x.qqplot(line='45', other=pp_y)
```



**Velmi pekny prispevok o tom ako interpretovat QQ-plot**

<https://stats.stackexchange.com/questions/101274/how-to-interpret-a-qq-plot> (<https://stats.stackexchange.com/questions/101274/how-to-interpret-a-qq-plot>)



## Analyza po jednom - kategoricke atributy

Tu je najcastejsim sposobom zobrazenia frekvencna tabulka zobrazujuca bud pocty pozorovani per unikatna hodnota atrinutu alebo pomer voci celkovemu poctu pozoorvani.

Graficka vizualizacia je bar plot

```
In [94]: diamonds = pd.read_csv('data/diamonds.csv')
diamonds.head()
```

```
Out[94]:
```

	Unnamed: 0	carat	cut	color	clarity	depth	table	price	x	y	z
0	1	0.23	Ideal	E	SI2	61.5	55.0	326	3.95	3.98	2.43
1	2	0.21	Premium	E	SI1	59.8	61.0	326	3.89	3.84	2.31
2	3	0.23	Good	E	VS1	56.9	65.0	327	4.05	4.07	2.31
3	4	0.29	Premium	I	VS2	62.4	58.0	334	4.20	4.23	2.63
4	5	0.31	Good	J	SI2	63.3	58.0	335	4.34	4.35	2.75

```
In [95]: diamonds.color.value_counts()
```

```
Out[95]: G    11292
E     9797
F     9542
H     8304
D     6775
I     5422
J     2808
Name: color, dtype: int64
```

```
In [96]: diamonds.color.value_counts() / len(diamonds)
```

```
Out[96]: G    0.209344
E    0.181628
F    0.176900
H    0.153949
D    0.125603
I    0.100519
J    0.052058
Name: color, dtype: float64
```

```
In [97]: diamonds.color.value_counts().plot(kind='bar')
```

```
Out[97]: <matplotlib.axes._subplots.AxesSubplot at 0x7f38e5c30f28>
```



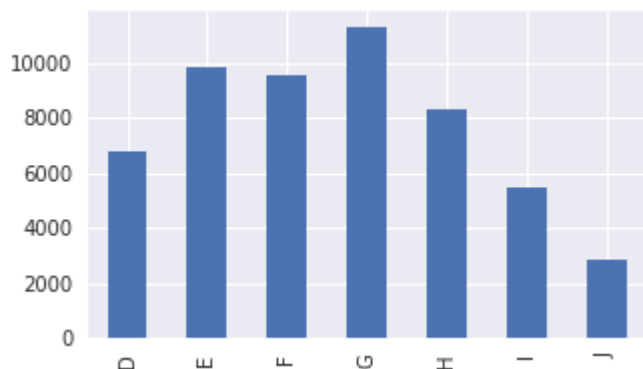
A samozrejme sa daju pouzít aj dalsie podobne typy na zobrazenie tychto istych dat. Napríklad kolacovy graf, aj ked ten sa cita trochu tazsie ako stlpcovy graf

Ak je atribut ordinalny, tak moze mat zmysel usporiadat hodnoty.

//asi nema zmysel usporiadavat farby, ale tie ich pomenovania ma k tomu nabadaju

```
In [98]: diamonds.color.value_counts()[['D', 'E', 'F', 'G', 'H', 'I', 'J']].plot(kind='bar')
```

```
Out[98]: <matplotlib.axes._subplots.AxesSubplot at 0x7f38e5c53d68>
```



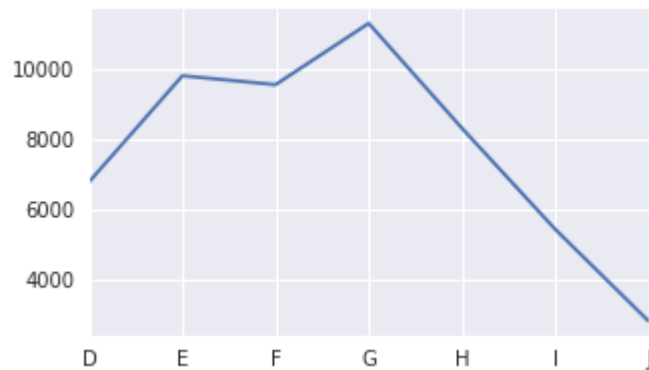
Ked mam atribut, v ktorom su nejake zavislosti (casova naslednost, ine poradie), tak moze mat zmysel zobrazít to pomocou ciaroveho

grafu, ktorý lepšie zobrazuje zmenu.

Pozor, používať to len v prípade ak sú tam závislosti medzi hodnotami.

```
In [99]: diamonds.color.value_counts()[['D', 'E', 'F', 'G', 'H', 'I', 'J']].plot(kind='line')
```

```
Out[99]: <matplotlib.axes._subplots.AxesSubplot at 0x7f38e5bc6b00>
```



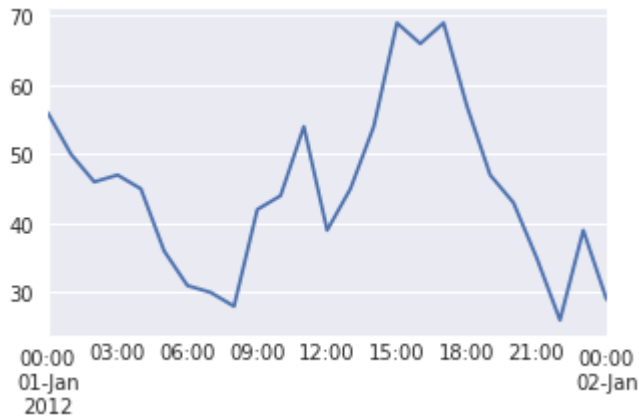
Najčastejšie sa tento graf používa pri časových radoch.

Napríklad sa dá použiť na zobrazenie vývoja niektorej meranej hodnoty v čase. V tomto konkrétnom prípade je to obsah NO<sub>2</sub> vo vzduchu

```
In [100]: import airbase
no2 = airbase.load_data()

no2["2012-01-01 00:00": "2012-01-02 00:00"].FR04012.plot()
```

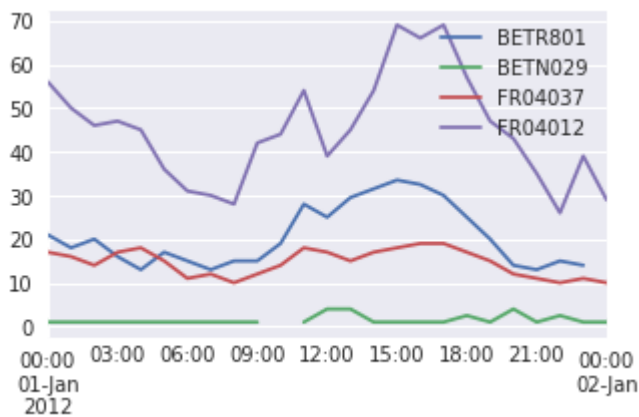
Out[100]: <matplotlib.axes.\_subplots.AxesSubplot at 0x7f38e5959278>



Obcas ma dokonca zmysel prekryvat viacere ciary cez seba, na to aby ste zobrazili viacero atributov / metrik / casovych obdobi ...

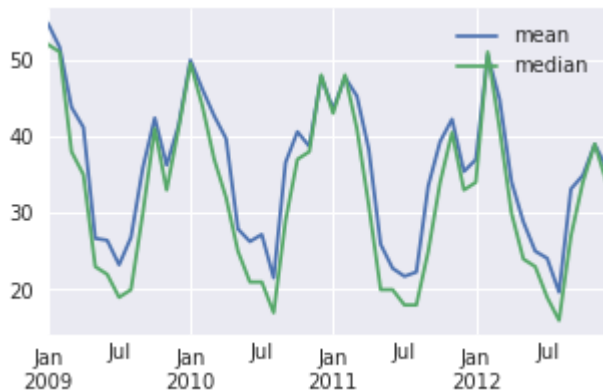
```
In [101]: no2["2012-01-01 00:00": "2012-01-02 00:00"].plot()
```

Out[101]: <matplotlib.axes.\_subplots.AxesSubplot at 0x7f38e5b10400>



```
In [102]: no2.loc['2009':, 'FR04037'].resample('M').agg(['mean', 'median']).plot()
```

```
Out[102]: <matplotlib.axes._subplots.AxesSubplot at 0x7f38e5a48e80>
```



## Analyza po paroch atributov (Bivariate analysis)

Analyza vzťahov dvoch atributov.

Kedže máme spojité a kategorické atribúty, tak môžu vzniknúť 3 rôzne kombinácie. Pre každú z nich existujú metódy, ktoré môžeme použiť na opísanie ich vzťahov a na ich vizualizáciu.

- Spojité - Spojité
- Kategorické - Spojité
- Kategorické - Kategorické

## Spojité - Spojité

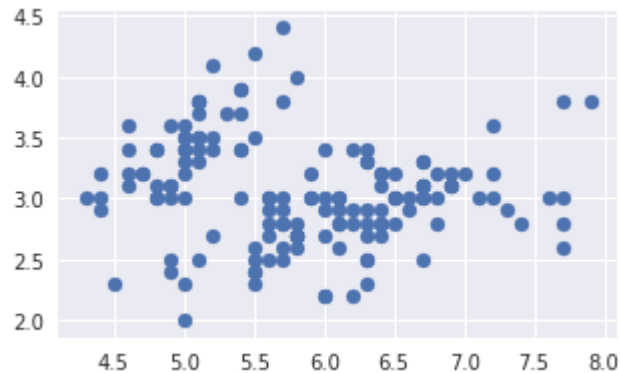
### Scatter plot

Najčastejší spôsob ako vizualizovať vzťah dvoch spojitých atributov. Zobrazuje rozmiestnenie v priestore hodnôt.

Da sa použiť aj na vizualizovanie skupín pozorovaní. Typicky na to aby sme zistili, či sú v dátach nejaké prirodzené zhluky

```
In [103]: iris = seaborn.load_dataset("iris")  
  
plt.scatter(iris.sepal_length, iris.sepal_width)
```

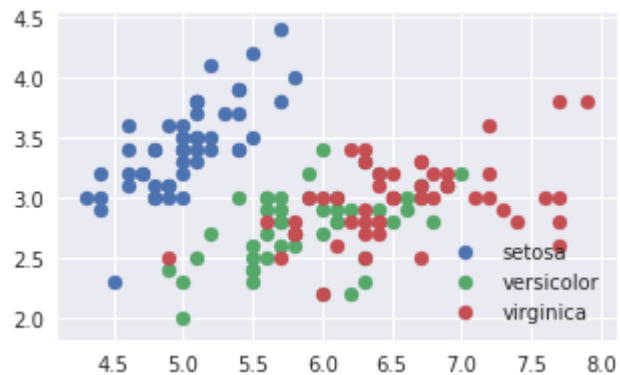
Out[103]: <matplotlib.collections.PathCollection at 0x7f38e58b7978>



Ak ide o oznackovane data, tak ich vieme ofarbit pomocou znacky a pozriet sa na to, ci sa daju na zaklade tychto atributov rozdelit do skupin.

```
In [104]: for name, group in iris.groupby("species"):  
           plt.scatter(group.sepal_length, group.sepal_width, label=name)  
  
plt.legend()
```

Out[104]: <matplotlib.legend.Legend at 0x7f38e58c8400>



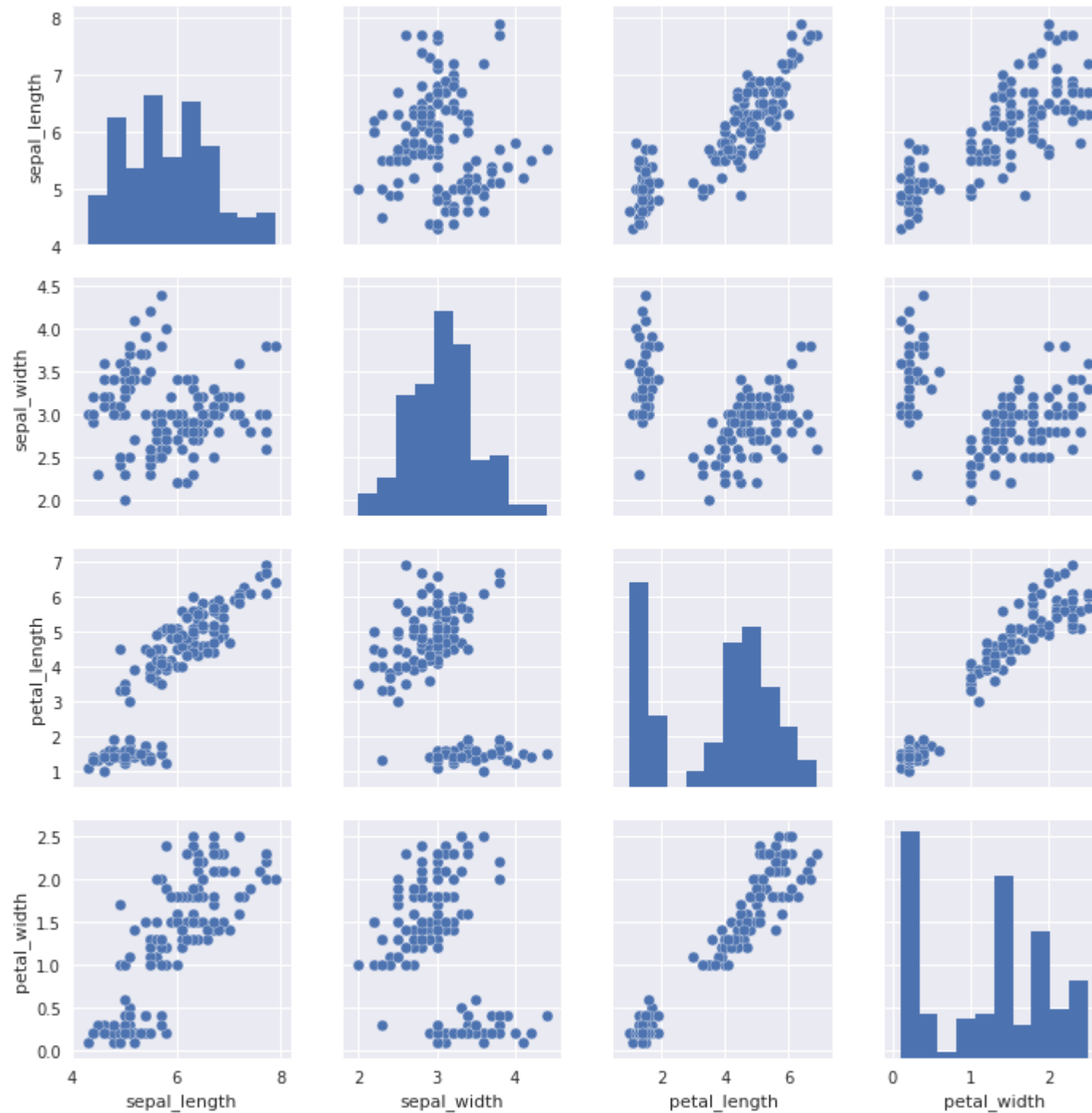


## **Ak chcem vizualizovat vzťah všetkých kombinácií atributov, tak môžem spraviť pairplot**

Pozor, pri veľkom počte atributov je to dosť neúčinné a veľmi dlho sa to vytvára

```
In [105]: seaborn.pairplot(iris)
```

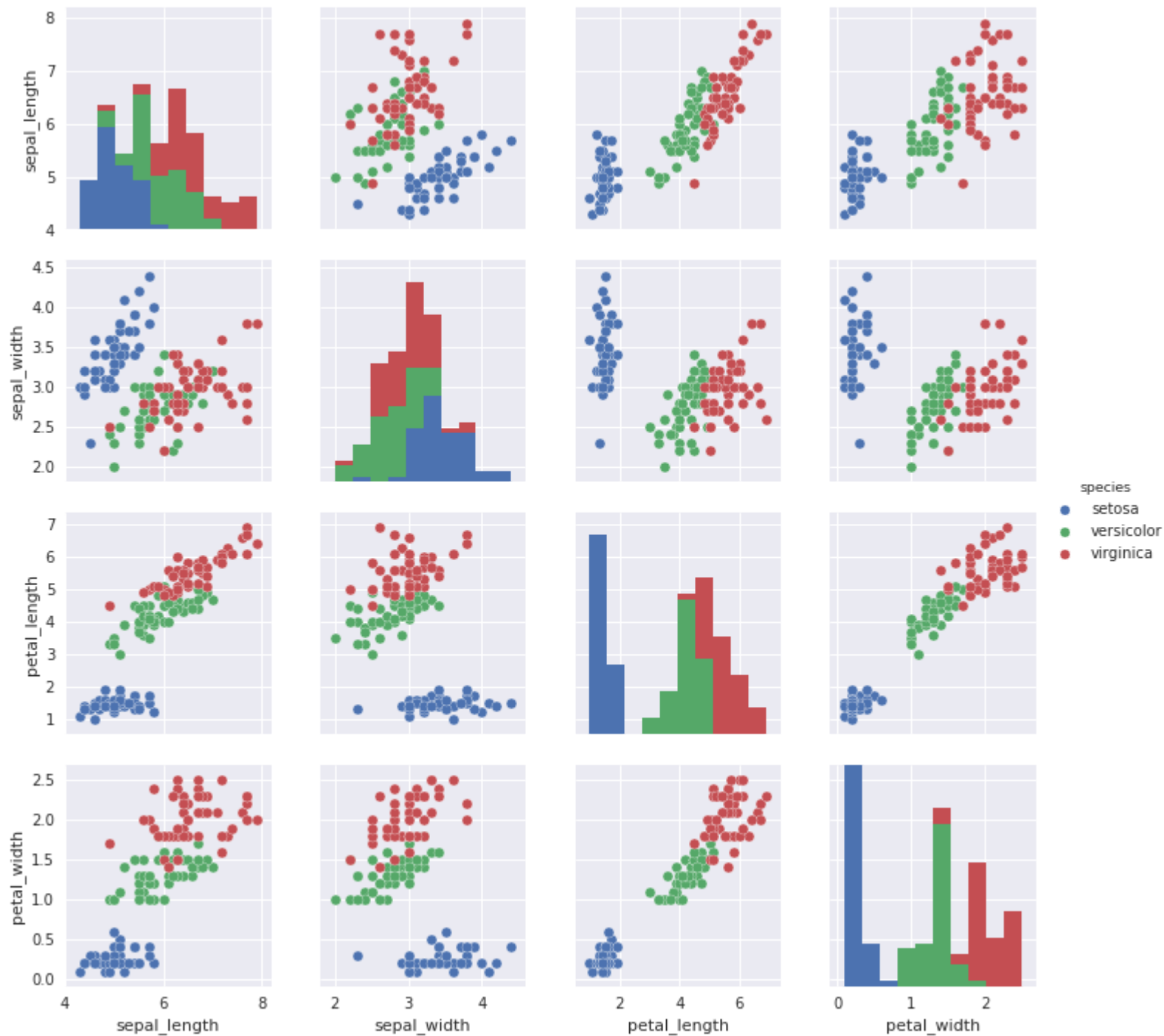
```
Out[105]: <seaborn.axisgrid.PairGrid at 0x7f38e59c5b70>
```



## **Samozrejme sa da aj pairplot ofarbit triedou**

```
In [106]: seaborn.pairplot(iris, hue="species")
```

```
Out[106]: <seaborn.axisgrid.PairGrid at 0x7f38e5fc8908>
```



ak by som chcel manualne vytvarat nejake pravidla na klasifikáciu, tak z tohto obrazku by som už nejake vedel vyrobiť

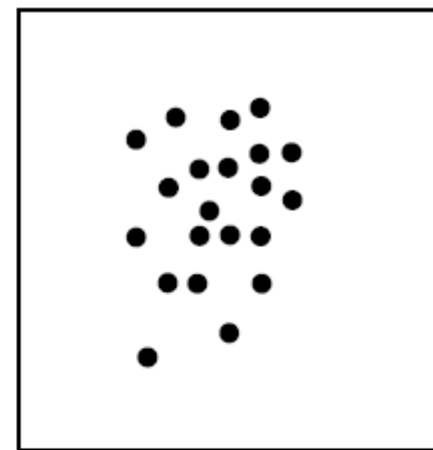
**Scatterplot sa da použiť nie len na vizualizovanie zhlukov ale aj korelácii / závislosti.**



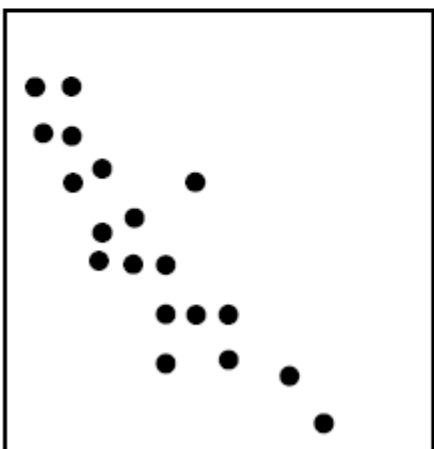
Strong positive correlation



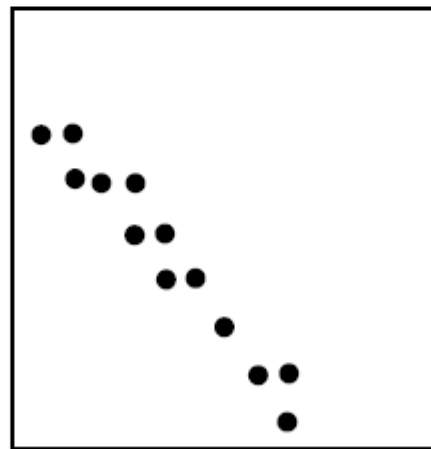
Moderate positive correlation



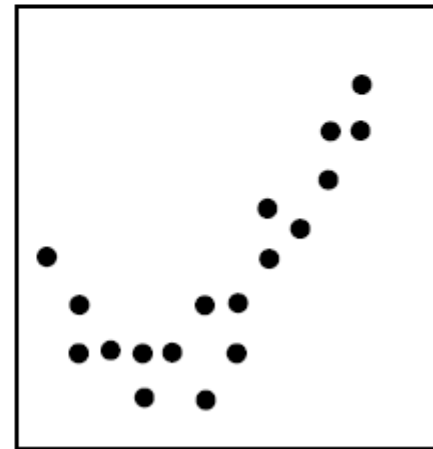
No correlation



Moderate negative correlation



Strong negative correlation



Curvilinear relationship

Nedokáže vsak kvantifikovať silu vzťahu. Na to potrebujeme nejakú inú metriku - koreláciu.

Zdroj obrázku: <https://www.analyticsvidhya.com/blog/2016/01/guide-data-exploration/#one>  
(<https://www.analyticsvidhya.com/blog/2016/01/guide-data-exploration/#one>)

## Korelacia

Hodnota v rozsahu [-1, 1], ktorá hovorí o tom, aký silný lineárny vzťah je medzi atribútmi.

- -1 perfektná negatívna korelácia
- 0 žiadna korelácia
- 1 perfektná kladná korelácia

Pearsonov korelačný koeficient:

$$\text{corr}(X, Y) = \frac{\text{cov}(X, Y)}{E[X]E[Y]} = \frac{E[(X - E[X])(Y - E[Y])]}{E[X]E[Y]}$$

```
In [107]: car_data = pd.read_csv('data/auto-mpg.data', delim_whitespace=True,
                                names = ['mpg', 'cylinders', 'displacement', 'horsepower',
                                          'weight', 'acceleration', 'model_year', 'origin', 'name'],
                                na_values='?')
car_data.head()
```

```
Out[107]:
```

	mpg	cylinders	displacement	horsepower	weight	acceleration	model_year	origin	name
0	18.0	8	307.0	130.0	3504.0	12.0	70	1	chevrolet chevelle malibu
1	15.0	8	350.0	165.0	3693.0	11.5	70	1	buick skylark 320
2	18.0	8	318.0	150.0	3436.0	11.0	70	1	plymouth satellite
3	16.0	8	304.0	150.0	3433.0	12.0	70	1	amc rebel sst
4	17.0	8	302.0	140.0	3449.0	10.5	70	1	ford torino



```
In [108]: car_data.describe()
```

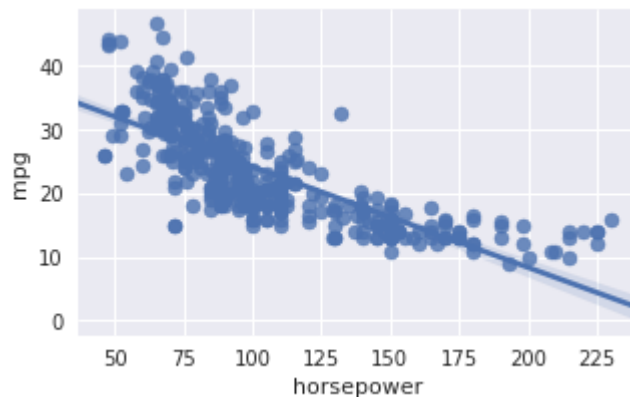
```
Out[108]:
```

	mpg	cylinders	displacement	horsepower	weight	acceleration	model_year	origin
<b>count</b>	398.000000	398.000000	398.000000	392.000000	398.000000	398.000000	398.000000	398.000000
<b>mean</b>	23.514573	5.454774	193.425879	104.469388	2970.424623	15.568090	76.010050	1.572864
<b>std</b>	7.815984	1.701004	104.269838	38.491160	846.841774	2.757689	3.697627	0.802055
<b>min</b>	9.000000	3.000000	68.000000	46.000000	1613.000000	8.000000	70.000000	1.000000
<b>25%</b>	17.500000	4.000000	104.250000	75.000000	2223.750000	13.825000	73.000000	1.000000
<b>50%</b>	23.000000	4.000000	148.500000	93.500000	2803.500000	15.500000	76.000000	1.000000
<b>75%</b>	29.000000	8.000000	262.000000	126.000000	3608.000000	17.175000	79.000000	2.000000
<b>max</b>	46.600000	8.000000	455.000000	230.000000	5140.000000	24.800000	82.000000	3.000000

```
In [109]: car_data = car_data.dropna()
```

```
In [110]: seaborn.regplot(x="horsepower", y="mpg", data=car_data)
print("Pearson correlation: %.3f" % car_data.horsepower.corr(car_data.mpg))
```

Pearson correlation: -0.778

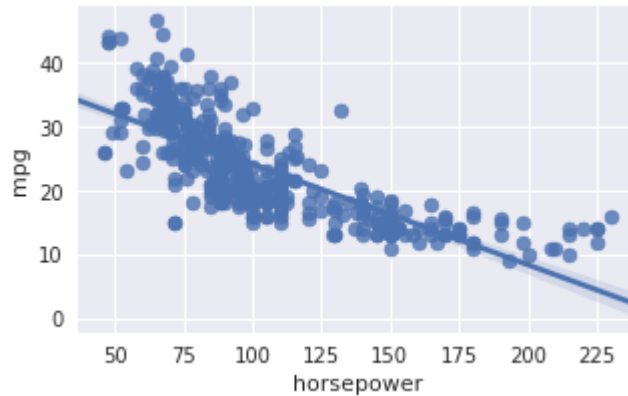


**Pozor** sklon regresnej ciary nehovori o sile korelacie. Len o smere.

```
In [111]: regr = lm.LinearRegression()
regr.fit(car_data.horsepower.values.reshape(len(car_data),1), car_data.mpg)

seaborn.regplot(x="horsepower", y="mpg", data=car_data)
print("Pearson correlation: %.3f, Regresion coefficient: %.3f" % (car_data.horsepower.corr(car_data.mpg), regr.coef[0]))
```

Pearson correlation: -0.778, Regresion coefficient: -0.158



Sklon regresnej krivky je uplne iny ako velkost korelacie. Len znamienko indikuje smer je rovnake.

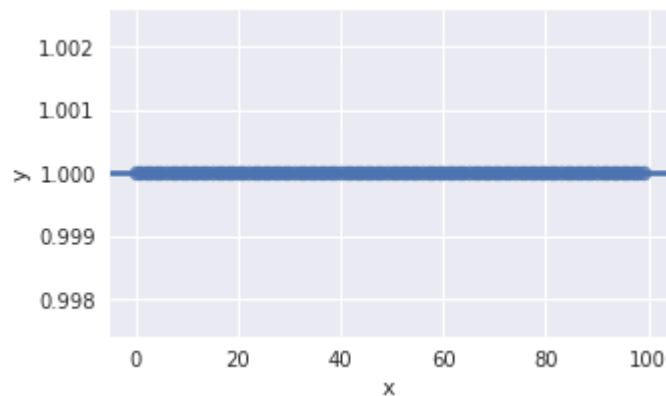
```
In [112]: x = np.arange(100)
y = np.ones(100)

synth_data = pd.DataFrame({
    'x': x,
    'y': y
})

regr = lm.LinearRegression()
regr.fit(synth_data.x.values.reshape(100,1), synth_data.y)

seaborn.regplot(x="x", y="y", data=synth_data)
print("Pearson correlation: %.3f, Regresion coefficient: %.3f" % (synth_data.x.corr(synth_data.y), regr.coef_[0]))
```

Pearson correlation: nan, Regresion coefficient: 0.000



Toto je extremny pripad, kde koreláciu nevieme spočítať, keďže jedna hodnota je len konštanta (nulová variácia), pričom je to pekna rovna čiara so sklonom 0.

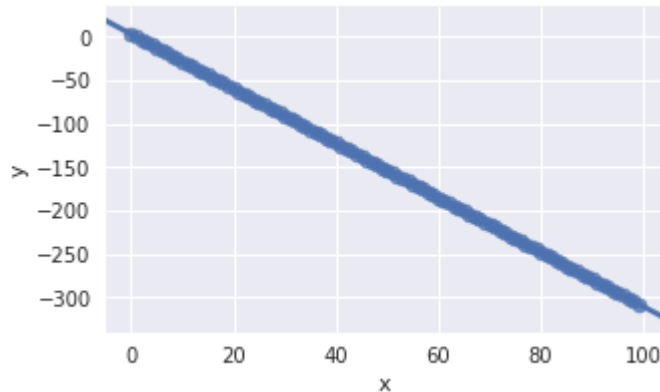
```
In [113]: x = np.arange(100)
y = x * (-3.14) + 3

synth_data = pd.DataFrame({
    'x': x,
    'y': y
})

regr = lm.LinearRegression()
regr.fit(synth_data.x.values.reshape(100,1), synth_data.y)

seaborn.regplot(x="x", y="y", data=synth_data)
print("Pearson correlation: %.3f, Regression coefficient: %.3f" % (synth_data.x.corr(synth_data.y), regr.coef_[0]))
```

Pearson correlation: -1.000, Regression coefficient: -3.140



Tu je perfektné lineárny vzťah, kde je jasne vidieť, že ten sklon je úplne iný.

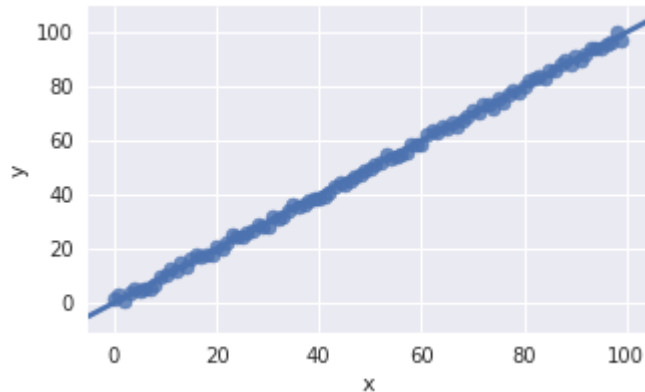
```
In [114]: x = np.arange(100)
y = x + stats.norm(0,1).rvs(100)

synth_data = pd.DataFrame({
    'x': x,
    'y': y
})

regr = lm.LinearRegression()
regr.fit(synth_data.x.values.reshape(100,1), synth_data.y)

seaborn.regplot(x="x", y="y", data=synth_data)
print("Pearson correlation: %.3f, Regression coefficient: %.3f" % (synth_data.x.corr(synth_data.y), regr.coef_[0]))
```

Pearson correlation: 0.999, Regression coefficient: 1.001



Aj keď pridáme trochu sumu, tak je to veľmi podobné

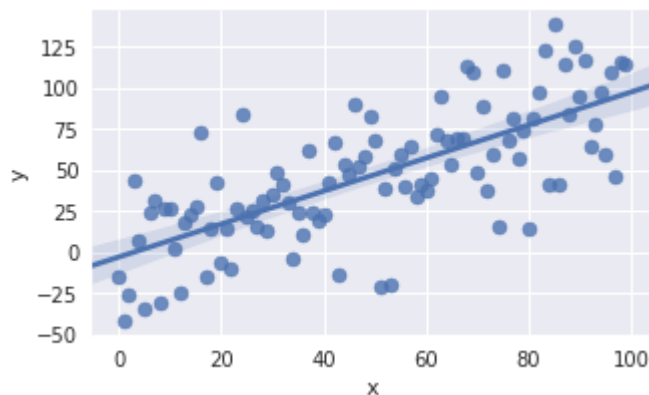
```
In [115]: x = np.arange(100)
y = x + stats.norm(0,30).rvs(100)

synth_data = pd.DataFrame({
    'x': x,
    'y': y
})

regr = lm.LinearRegression()
regr.fit(synth_data.x.values.reshape(100,1), synth_data.y)

seaborn.regplot(x="x", y="y", data=synth_data)
print("Pearson correlation: %.3f, Regression coefficient: %.3f" % (synth_data.x.corr(synth_data.y), regr.coef_[0]))
```

Pearson correlation: 0.719, Regression coefficient: 1.003



Ked ale pridame toho sumu trochu viac, tak sa nam ta korelacia zacne poriadne kazit a znova vidime, ze to s tym smerom nesuvisi.

## Spat k datasetu o autach

**Ak by sme sa chceli pozriet na korelaciou medzi vsetkymi dvojicami atributov, tak sa da pouzit takato korelacna matica**

In [116]: `car_data.corr()`

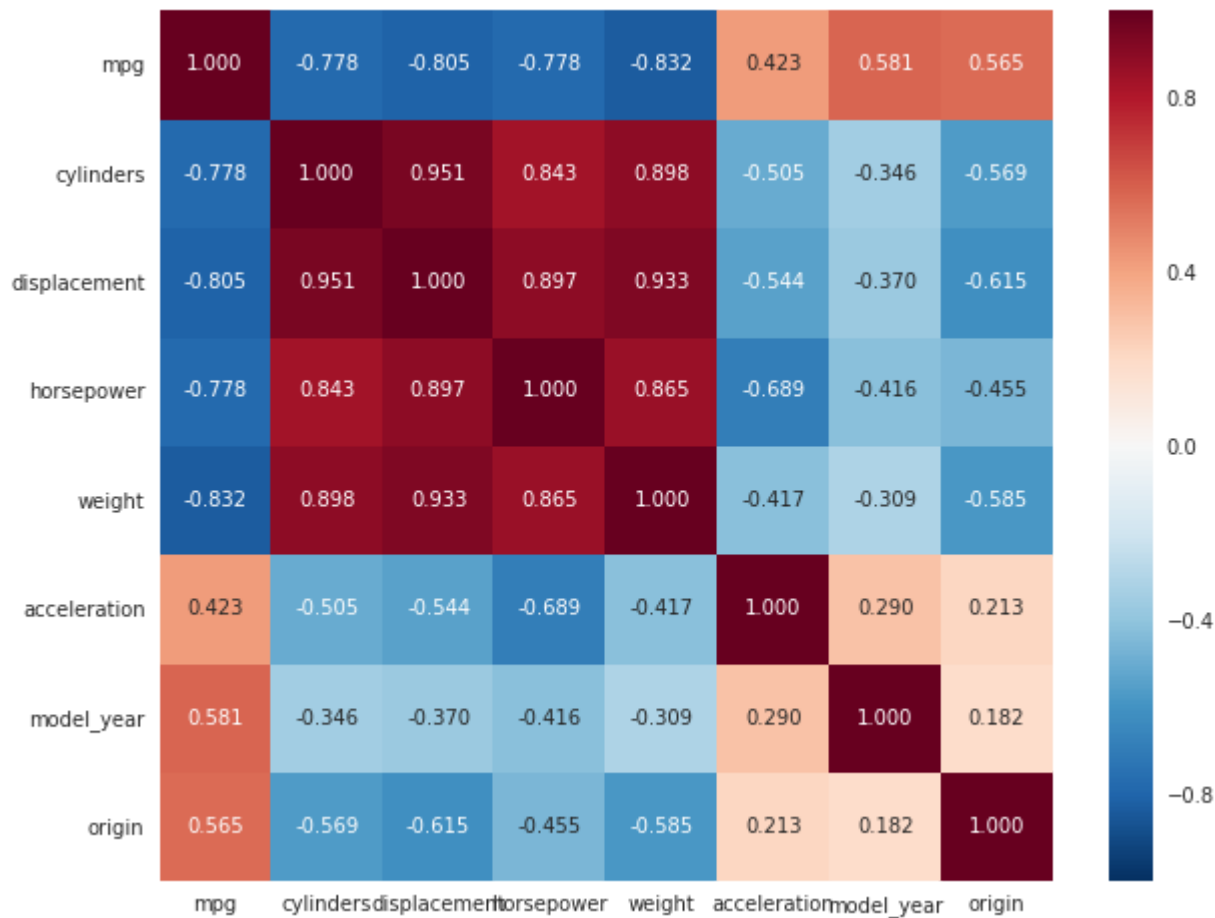
Out[116]:

	<b>mpg</b>	<b>cylinders</b>	<b>displacement</b>	<b>horsepower</b>	<b>weight</b>	<b>acceleration</b>	<b>model_year</b>	<b>origin</b>
<b>mpg</b>	1.000000	-0.777618	-0.805127	-0.778427	-0.832244	0.423329	0.580541	0.565209
<b>cylinders</b>	-0.777618	1.000000	0.950823	0.842983	0.897527	-0.504683	-0.345647	-0.568932
<b>displacement</b>	-0.805127	0.950823	1.000000	0.897257	0.932994	-0.543800	-0.369855	-0.614535
<b>horsepower</b>	-0.778427	0.842983	0.897257	1.000000	0.864538	-0.689196	-0.416361	-0.455171
<b>weight</b>	-0.832244	0.897527	0.932994	0.864538	1.000000	-0.416839	-0.309120	-0.585005
<b>acceleration</b>	0.423329	-0.504683	-0.543800	-0.689196	-0.416839	1.000000	0.290316	0.212746
<b>model_year</b>	0.580541	-0.345647	-0.369855	-0.416361	-0.309120	0.290316	1.000000	0.181528
<b>origin</b>	0.565209	-0.568932	-0.614535	-0.455171	-0.585005	0.212746	0.181528	1.000000

**A da sa aj vykreslit pomocou teplotnej mapy aby sa nam lepsie citala**

```
In [117]: fig, ax = plt.subplots(figsize=(10,8))
          seaborn.heatmap(car_data.corr(), ax=ax, annot=True, fmt=".3f")
```

```
Out[117]: <matplotlib.axes._subplots.AxesSubplot at 0x7f38e4e586a0>
```



## Kategoricky - Kategoricky

- Two-way table
- Heatmap
- Stacked bar plot
- Chi-kvadrat testy



```
In [118]: titanic = pd.read_csv('data/titanic/train.csv')
titanic.head()
```

```
Out[118]:
```

	PassengerId	Survived	Pclass	Name	Sex	Age	SibSp	Parch	Ticket	Fare	Cabin	Embarked
0	1	0	3	Braund, Mr. Owen Harris	male	22.0	1	0	A/5 21171	7.2500	NaN	S
1	2	1	1	Cumings, Mrs. John Bradley (Florence Briggs Th...)	female	38.0	1	0	PC 17599	71.2833	C85	C
2	3	1	3	Heikkinen, Miss. Laina	female	26.0	0	0	STON/O2. 3101282	7.9250	NaN	S
3	4	1	1	Futrelle, Mrs. Jacques Heath (Lily May Peel)	female	35.0	1	0	113803	53.1000	C123	S
4	5	0	3	Allen, Mr. William Henry	male	35.0	0	0	373450	8.0500	NaN	S

```
In [119]: # Frekvencna tabulka
titanic["Survived"].value_counts()
```

```
Out[119]: 0    549
1    342
Name: Survived, dtype: int64
```

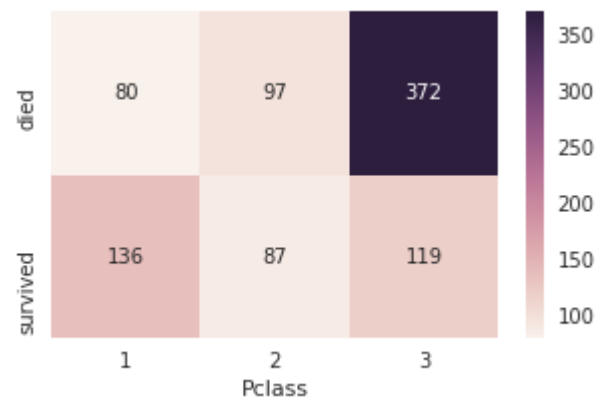
```
In [120]: survived_class = pd.crosstab(index=titanic["Survived"],
                                         columns=titanic["Pclass"])
survived_class.index= ["died", "survived"]
survived_class
```

```
Out[120]:
```

Pclass	1	2	3
died	80	97	372
survived	136	87	119

```
In [121]: seaborn.heatmap(survived_class, annot=True, fmt="d")
```

```
Out[121]: <matplotlib.axes._subplots.AxesSubplot at 0x7f38e4cc9588>
```



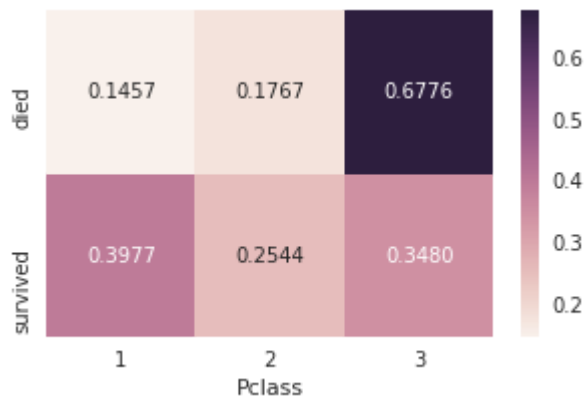
**Ak by sme chceli zobrazit percentualny podiel, tak sa da normalizovat po riadkoch, stlpcoch, alebo vsetkych datach**

```
In [122]: survived_class_perc = pd.crosstab(index=titanic["Survived"],
        columns=titanic["Pclass"],
        normalize='index') # 'columns', 'all'
survived_class_perc.index= ["died", "survived"]

seaborn.heatmap(survived_class_perc, annot=True, fmt=".4f")
survived_class_perc
```

```
Out[122]:
```

	Pclass	1	2	3
died		0.145719	0.176685	0.677596
survived		0.397661	0.254386	0.347953



**Daju sa tiez spravit aj tabulky s vyssimi dimenziami. Tam sa ale uz velmi rychlo straca prehľadnosť**

```
In [123]: pd.crosstab(index=titanic["Survived"],
                      columns=[titanic["Pclass"], titanic["Sex"]],
                      margins=True)
```

```
Out[123]:
```

Pclass		1		2		3		All
Sex		female	male	female	male	female	male	
Survived								
0		3	77	6	91	72	300	549
1		91	45	70	17	72	47	342
All		94	122	76	108	144	347	891

```
In [124]: pd.crosstab(index=titanic["Survived"],
                      columns=[titanic["Pclass"], titanic["Sex"], titanic["Embarked"]],
                      margins=True)
```

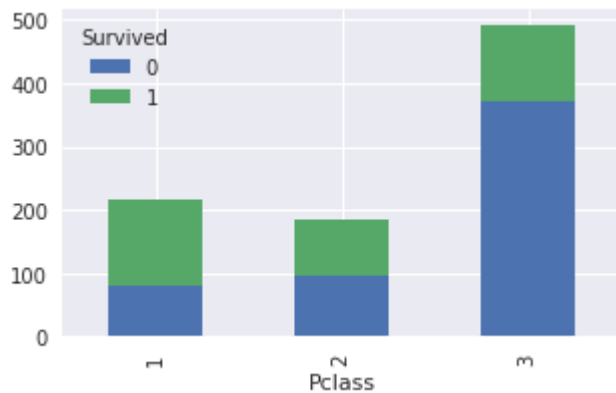
```
Out[124]:
```

Pclass		1						2						3						All
Sex		female			male			female			male			female			male			
Embarked		C	Q	S	C	Q	S	C	Q	S	C	Q	S	C	Q	S	C	Q	S	
Survived																				
0		1	0	2	25	1	51	0	0	6	8	1	82	8	9	55	33	36	231	549
1		42	1	46	17	0	28	7	2	61	2	0	15	15	24	33	10	3	34	340
All		43	1	48	42	1	79	7	2	67	10	1	97	23	33	88	43	39	265	889

## Stacked bar chart

```
In [125]: pd.crosstab(index=titanic["Pclass"], columns=titanic["Survived"]).plot.bar(stacked=True)
```

```
Out[125]: <matplotlib.axes._subplots.AxesSubplot at 0x7f38e4b29dd8>
```



## Chi-kvadrat (Chi-squared)

Tieto testy nie su zalozene na hodnotach atributov ako je to napríklad pri t-teste (kategoricka hodnota nema pre matematikov velky zmysel), ale na ich poctoch.

1. Chi-kvadrat test dobrej zhody (goodness-of-fit) Testuje, ci rozlozenie hodnot kategorickej premennej zodpoveda ocakavanemu rozdeleniu.
2. Chi-kvadrat test nezavislosti testuje, ci existuje zavislost medzi dvoma kategorickymi premennymi

zdroj prikladov: <http://hamelg.blogspot.sk/2015/11/python-for-data-analysis-part-25-chi.html> (<http://hamelg.blogspot.sk/2015/11/python-for-data-analysis-part-25-chi.html>)

## Chi-kvadrat test dobrej zhody

predstavte si, ze mame dve sady pozorovani a chceme urcit, ci su z rovnakeho rozdelenia.

Konkretny priklad: demograficke udaje pre cele USA a jeden stat v spojenych statoch

```
In [126]: national = pd.DataFrame(["white"]*100000 + ["hispanic"]*60000 +
                                   ["black"]*50000 + ["asian"]*15000 + ["other"]*35000)

minnesota = pd.DataFrame(["white"]*600 + ["hispanic"]*300 +
                           ["black"]*250 + ["asian"]*75 + ["other"]*150)
```

```
In [127]: national_table = pd.crosstab(index=national[0], columns="count")
national_table
```

```
Out[127]:
```

col_0	count
0	
asian	15000
black	50000
hispanic	60000
other	35000
white	100000

```
In [128]: minnesota_table = pd.crosstab(index=minnesota[0], columns="count")
minnesota_table
```

```
Out[128]:
```

col_0	count
0	
asian	75
black	250
hispanic	300
other	150
white	600

Vzorec na vypocet chi-kvadrat statistiky

$$\sum \frac{(observed - expected)^2}{expected}$$

```
In [129]: observed = minnesota_table

national_ratios = national_table/len(national) # pomery pre celu populaciu (referencne rozdelenie)
print('Ratios:', national_ratios)

expected = national_ratios * len(minnesota) # ocakavane hodnoty ak by mala sledovana vzorka rovnake rozdelenie
print("Expected:", expected) # ak su z rovnakeho rozdelenia, tak toto by malo byt velmi podobne ako obsah premen

chi_squared_stat = (((observed-expected)**2)/expected).sum()

print("Chi-squared", chi_squared_stat) # vysledna hodnota chi-kvadrat statistiky
```

```
Ratios: col_0      count
0
asian      0.057692
black      0.192308
hispanic   0.230769
other      0.134615
white      0.384615
Expected: col_0      count
0
asian      79.326923
black      264.423077
hispanic   317.307692
other      185.096154
white      528.846154
Chi-squared col_0
count      18.194805
dtype: float64
```

Nameranu statistiku musime porovnat s kritickou hodnotou

```
In [130]: crit = stats.chi2.ppf(q = 0.95, # 95% confidence
                                df = 4)  # pocet stupnov volnosti testu = pocet kategorii - 1

print("Critical value:", crit) # kriticka hodnota by mala byt mensia ako hodnota chi-kvadrat statistiky, ktoru sme
                                # zvolili na hranici istoty

p_value = 1 - stats.chi2.cdf(x=chi_squared_stat, # aka je p-hodnota nasho testu
                              df=4)
print("P value:", p_value)
```

Critical value: 9.48772903678

P value: [ 0.00113047]

Kriticka hodnota je mensia ako namerana hodnota statistiky na nasej vzorke a zaroven p-hodnota je mensia ako 0.01 na zvolenej hranici istoty, takze mozeme povedat ze pozorovania su z rovnakeho rozdelenia

### Pozor!

ak by p-hodnota nebola mensia ako 0.01, tak by sme nemohli povedat, ze mame statisticky dokaz toho, ze data su z rozneho rozdelenia. Mozeme povedat len to, ze nemame dostatok dokazov na to aby sme zamietli nulovu hypotezu a teda ze nevieme zamietnut hypotezu, ze su z rozneho rozdelenia.

```
In [131]: # pre pohodlnost existuje pripravena funkcia, ktora to spocita za nas
          # pozor na to, ze expected niesu namerane data pre celu populaciu ale ocakavane pocetnosti pri rovnakom pocte poz
          # sledovana datova sada
          stats.chisquare(f_obs= observed, f_exp=expected)
```

```
Out[131]: Power_divergenceResult(statistic=array([ 18.19480519]), pvalue=array([ 0.00113047]))
```

## Chi-kvadrat test nezávislosti

Testujeme, ci existuje závislost medzi dvoma kategorickymi atributmi



```

In [132]: np.random.seed(10)

# Sample data randomly at fixed probabilities
voter_race = np.random.choice(a= ["asian","black","hispanic","other","white"],
                               p = [0.05, 0.15 ,0.25, 0.05, 0.5],
                               size=1000)

# Sample data randomly at fixed probabilities
voter_party = np.random.choice(a= ["democrat","independent","republican"],
                               p = [0.4, 0.2, 0.4],
                               size=1000)

voters = pd.DataFrame({"race":voter_race,
                       "party":voter_party})

voter_tab = pd.crosstab(voters.race, voters.party, margins = True)
voter_tab

```

```

Out[132]:

```

	party	democrat	independent	republican	All
race					
asian		21	7	32	60
black		65	25	64	154
hispanic		107	50	94	251
other		15	8	15	38
white		189	96	212	497
All		397	186	417	1000

```
In [133]: observed = voter_tab.ix[0:5,0:3]
observed
```

```
Out[133]:
```

party	democrat	independent	republican
asian	21	7	32
black	65	25	64
hispanic	107	50	94
other	15	8	15
white	189	96	212

```
In [134]: # Na zaklade sum po riadkoch a stlpcoch vyrobime ocakavane data
expected = np.outer(voter_tab["All"][0:5],
                    voter_tab.ix["All"][0:3]) / 1000

expected = pd.DataFrame(expected)

expected.columns = ["democrat","independent","republican"]
expected.index = ["asian","black","hispanic","other","white"]

expected
```

```
Out[134]:
```

	democrat	independent	republican
asian	23.820	11.160	25.020
black	61.138	28.644	64.218
hispanic	99.647	46.686	104.667
other	15.086	7.068	15.846
white	197.309	92.442	207.249

toto vychadza z vety o sucine nezavyslich premennych:

Ak A a B su nezavysle premenne take ze  $P(A) > 0$  a  $P(B) > 0$ , tak

$$P(A \cap B) = P(A) \times P(B)$$

expected obsahuje ocakavane pocetnosti v pripade ak by tato nezavyslost platila.

```
In [135]: chi_squared_stat = (((observed-expected)**2)/expected).sum().sum()

print(chi_squared_stat)
```

7.16932128016

```
In [136]: crit = stats.chi2.ppf(q = 0.95, # Find the critical value for 95% confidence*
                                df = 8)  # pocet stupnov volnosti je sucin poctu kategorii pre kazdu premenny - 1.
                                           # Pocty su 3 a 5, teda 2 * 4 = 8

print("Critical value:", crit )

p_value = 1 - stats.chi2.cdf(x=chi_squared_stat, # Find the p-value
                             df=8)
print("P value:", p_value)
```

Critical value: 15.5073130559

P value: 0.518479392949

```
In [137]: # znova, existuje predpripravena funkcia, ktorej stacia pozorovane pocetnosti a vrati nam
           # chi-kvadrat statistiku, p-hodnotu, pocet stupnov volnosti a ocakavane pocetnosti
           stats.chi2_contingency(observed=observed)
```

```
Out[137]: (7.1693212801620589,
           0.51847939294884204,
           8,
           array([[ 23.82 ,  11.16 ,  25.02 ],
                  [ 61.138,  28.644,  64.218],
                  [ 99.647,  46.686, 104.667],
                  [ 15.086,   7.068,  15.846],
                  [197.309,  92.442, 207.249]]))
```

Vysledok tohto testu je, ze namerana hodnota chi-kvadrat statistiky je mensia ako kriticka hodnota a nam sa nepodarilo doukazat zavislost medzi tymito dvoma premennymi.

Co dava celkom zmysel, kedze sme data generovali z dvoch uplne nezavislich nahodnych premennych.

Nepodaril osa nam teda vyvratit nulovu hypotezu a nemame dostatok dokazov na to, aby sme povedali, ze existuje zavyslost medzi tymito dvoma premennymi

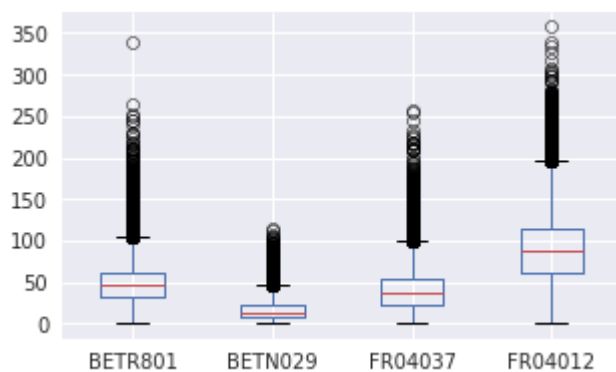
## Spojity - Kategoricky

Tu sa najcastejsie pouziva rozdelenie podla kategorickej hodnoty a zobrazovanie rozdeleni podmnozin numerickych hodnot napriklad pomocou histogramov alebo box-plotov.

Cize viacasobne pouzitie vizualizacii, ktore sa používajú na zobrazenie spojitych atributov

```
In [138]: no2.plot(kind='box')
```

```
Out[138]: <matplotlib.axes._subplots.AxesSubplot at 0x7f38e4cc91d0>
```

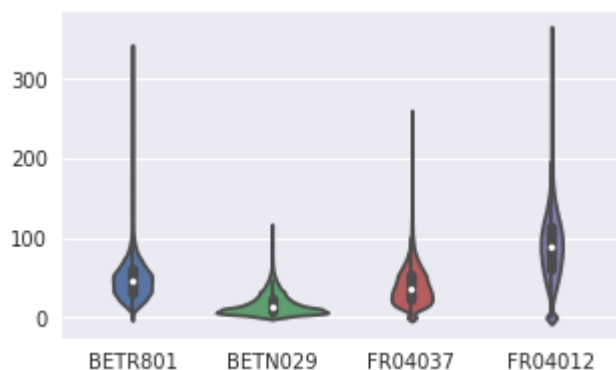


```
In [139]: seaborn.violinplot(no2)
```

```
/usr/local/lib/python3.5/dist-packages/seaborn/categorical.py:2342: UserWarning: The violinplot API has been changed. Attempting to adjust your arguments for the new API (which might not work). Please update your code. See the version 0.6 release notes for more info.
```

```
warnings.warn(msg, UserWarning)
```

```
Out[139]: <matplotlib.axes._subplots.AxesSubplot at 0x7f38e4c0e3c8>
```



Ak chceme overiť, či rôzne podmnožiny majú rovnaké/rozdielne vlastnosti, tak potrebujeme nejaké štatistické testy.

Najčastejšie testy sú tu t-test a Anova na overenie, či jednotlivé podmnožiny majú rôzne priemery. Anova sa používa ak porovnávame viac ako dve podmnožiny.

## T-test

Ak chceme porovnávať množinu s celou populáciou, tak potrebujeme jednovýberový t-test

Ak chceme porovnávať dve nezávislé množiny, tak potrebujeme dvojvýberový t-test.

Ak by sme chceli testovať rozdiely medzi dvoma vzorkami tej istej množiny, medzi ktorými je napríklad časová závislosť (zmena hodnoty po nejakom case/ukone (výsledky testu pred a po použití výchovnej metódy, váha pred a po diete ...)), tak musíme použiť párový t-test

Teraz chceme porovnávať dve množiny, tak si dáme ukážku Dvojvýberového a Párového t-testu

## Dvojvýberový t-test (Two sample t-test)

```
In [140]: np.random.seed(12)
ages1 = stats.poisson.rvs(loc=18, mu=33, size=30)
ages2 = stats.poisson.rvs(loc=18, mu=13, size=20)

print(ages1.mean(), ages2.mean())
```

```
50.2666666667 31.6
```

```
In [141]: stats.ttest_ind(a= ages1,
                        b= ages2,
                        equal_var=False)
```

```
Out[141]: Ttest_indResult(statistic=14.275775319478337, pvalue=6.8197171100240744e-19)
```

p-hodnota je menej ako 0.01, takže môžeme povedať, že sme našli statisticky významný rozdiel v priemerných hodnotách týchto dvoch vzoriek

## Parovy t-test

```

In [142]: np.random.seed(11)
          before= stats.norm.rvs(scale=30, loc=250, size=100)
          after = before + stats.norm.rvs(scale=5, loc=-1.25, size=100) # Upravime povodnu vzorku.
                                                                    # Simulujeme tak nejaky proces, po ktorom chceme ov
          weight_df = pd.DataFrame({"weight_before":before,
                                    "weight_after":after,
                                    "weight_change":after-before})

          weight_df.describe()

```

```

Out[142]:

```

	weight_after	weight_before	weight_change
<b>count</b>	100.000000	100.000000	100.000000
<b>mean</b>	249.115171	250.345546	-1.230375
<b>std</b>	28.422183	28.132539	4.783696
<b>min</b>	165.913930	170.400443	-11.495286
<b>25%</b>	229.148236	230.421042	-4.046211
<b>50%</b>	251.134089	250.830805	-1.413463
<b>75%</b>	268.927258	270.637145	1.738673
<b>max</b>	316.720357	314.700233	9.759282

```

In [143]: stats.ttest_rel(a = before,
                          b = after)

```

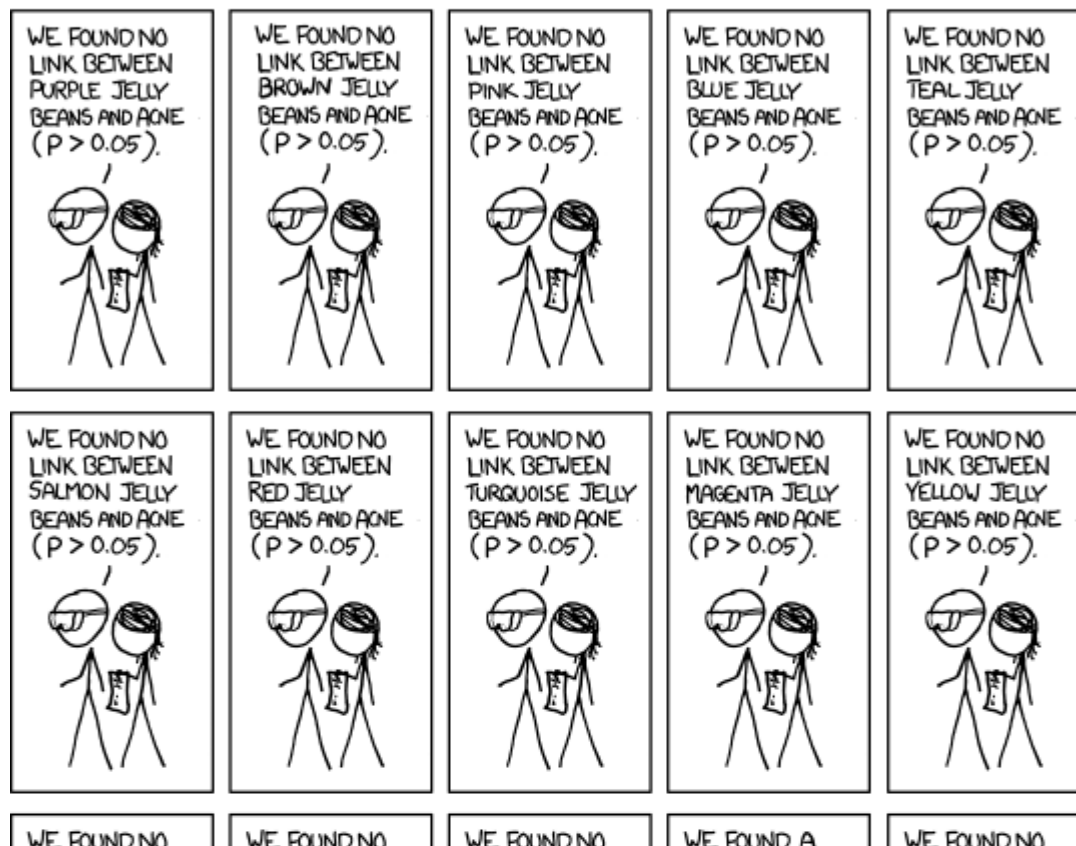
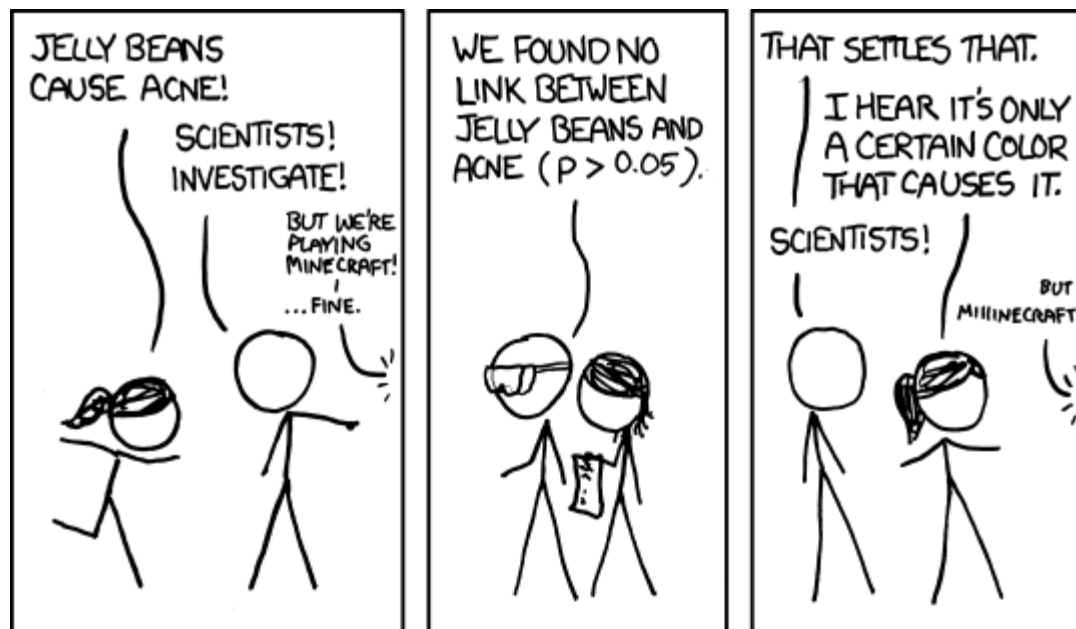
```

Out[143]: Ttest_relResult(statistic=2.5720175998568284, pvalue=0.011596444318439857)

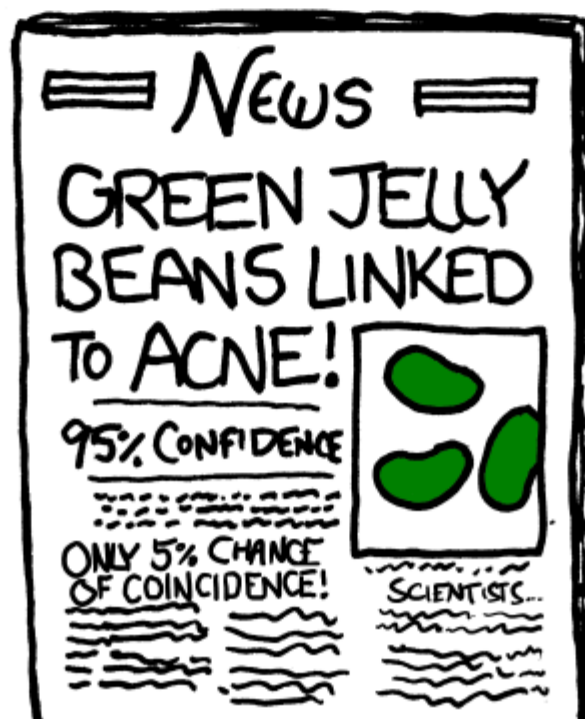
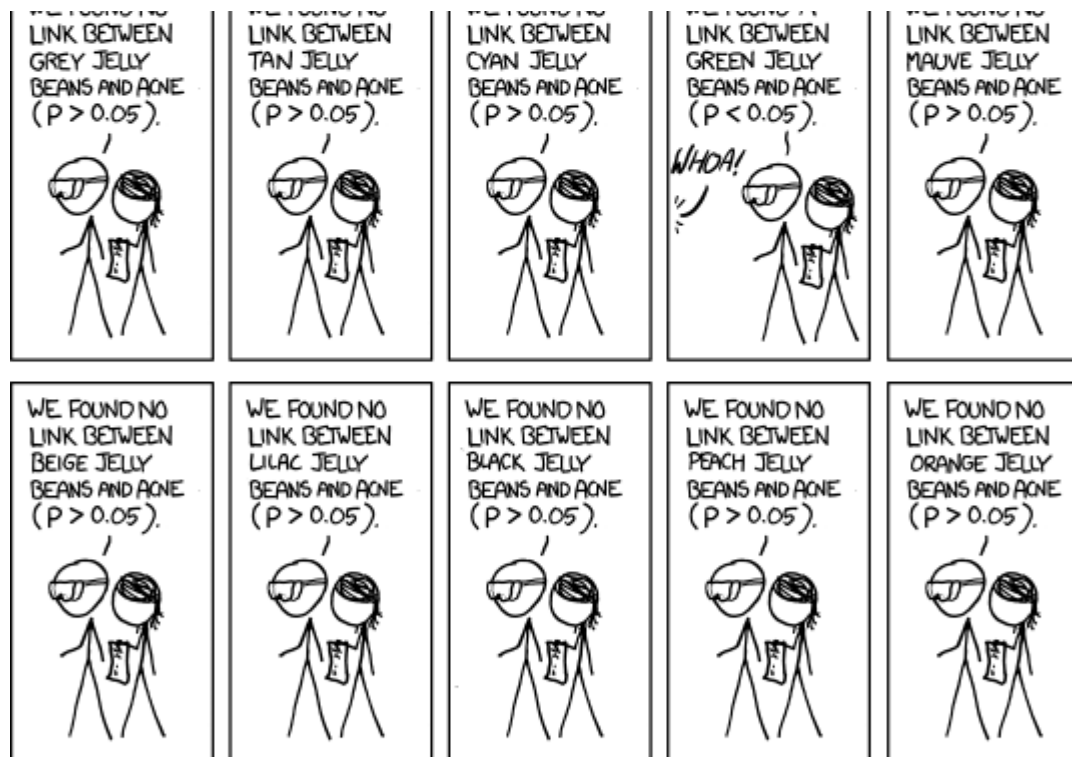
```

p-hodnota nieje mensia ako 0.01, takže mozeme povedat, ze sme nenasli dostatok dokazov na zamietnutie nulovej hypotezy a teda nevieme povedat, ci je tam rozdiel v strednych hodnotach

## ANOVA









zdroj obrazku: <https://xkcd.com/882/> (<https://xkcd.com/882/>)

Na zistenie rozdielov medzi viacerými skupinami by sme nemali robiť opakovaný t-test len tak. Hrozi nam, že najdeme nevyznamny vysledok len kvoli nahode. P-hodnota znamena, že s nejakou pravdepodobnostou dosiahnuty vysledok moze byt nahoda. Casta hranica je 5% alebo 1%. Ale aj toto je pravdepodobnost, ktora obcas nastane. Ak test opakujeme viac krat, tak sa nam to moze realne stat.

```
In [144]: np.random.seed(12)

races = ["asian","black","hispanic","other","white"]

# Generate random data
voter_race = np.random.choice(a= races,
                              p = [0.05, 0.15 ,0.25, 0.05, 0.5],
                              size=1000)

# Use a different distribution for white ages
white_ages = stats.poisson.rvs(loc=18,
                              mu=32,
                              size=1000)

voter_age = stats.poisson.rvs(loc=18,
                              mu=30,
                              size=1000)

voter_age = np.where(voter_race=="white", white_ages, voter_age)

# Group age data by race
voter_frame = pd.DataFrame({"race":voter_race,"age":voter_age})
groups = voter_frame.groupby("race").groups

# Extract individual groups
asian = voter_age[groups["asian"]]
black = voter_age[groups["black"]]
hispanic = voter_age[groups["hispanic"]]
other = voter_age[groups["other"]]
white = voter_age[groups["white"]]

# Perform the ANOVA
stats.f_oneway(asian, black, hispanic, other, white)
```

```
Out[144]: F_onewayResult(statistic=10.164699828386366, pvalue=4.5613242113994585e-08)
```

Anova nam povedala, ze je tam vyznamny rozdiel medzi priemernym vekom medzi niektorymi skupinami. Nepovedala nam ale medzi ktorymi.

Jeden mozny sposob ako zistit medzi ktorymi je spustit t-test nad kazdou dvojicou.

Tu ale hrozi, ze oznacime nevyznamne rozdiely ako vyznamne (vid XKCD).

```

In [145]: race_pairs = []

for race1 in range(len(races)):
    for race2 in range(race1+1,5):
        race_pairs.append((races[race1], races[race2]))

for race1, race2 in race_pairs:
    print(race1, race2)
    print(stats.ttest_ind(voter_age[groups[race1]],
                          voter_age[groups[race2]]))

asian black
Ttest_indResult(statistic=0.83864469097479799, pvalue=0.4027281369339345)
asian hispanic
Ttest_indResult(statistic=-0.42594691924932293, pvalue=0.67046690042407264)
asian other
Ttest_indResult(statistic=0.97952847396359999, pvalue=0.32988775000951509)
asian white
Ttest_indResult(statistic=-2.3181088112522881, pvalue=0.020804701566400217)
black hispanic
Ttest_indResult(statistic=-1.9527839210712925, pvalue=0.051561971719525937)
black other
Ttest_indResult(statistic=0.28025754367057176, pvalue=0.77957701111176592)
black white
Ttest_indResult(statistic=-5.3793038812818352, pvalue=1.039421216662395e-07)
hispanic other
Ttest_indResult(statistic=1.5853626170340225, pvalue=0.11396630528484335)
hispanic white
Ttest_indResult(statistic=-3.5160312714115376, pvalue=0.00046412986490666839)
other white
Ttest_indResult(statistic=-3.7638093220778721, pvalue=0.00018490576317593065)

```

Aby sme zamedzili označeniu nevýznamných rozdielov ako významných kvôli tomu, že sme opakovali veľa vyhodnotení podmnožín, tak musíme použiť korekciu. Najčastejšie sa používa zníženie p-hodnoty. Ak hľadáme signifikanciu na úrovni 5%, tak pri jednom teste musí byť p-hodnota  $< 0.05$ . Pri viacerých opakovaníach by sme mali túto hodnotu vydeliť počtom opakovaní experimentu. Čiže nová hranica signifikancie je  $0.05 / 10 = 0.005$ . Táto korekcia sa volá Bonferroniho korekcia.

Táto korekcia ale môže byť príliš konzervatívna. Namiesto nej sa používa Tukeyho test.

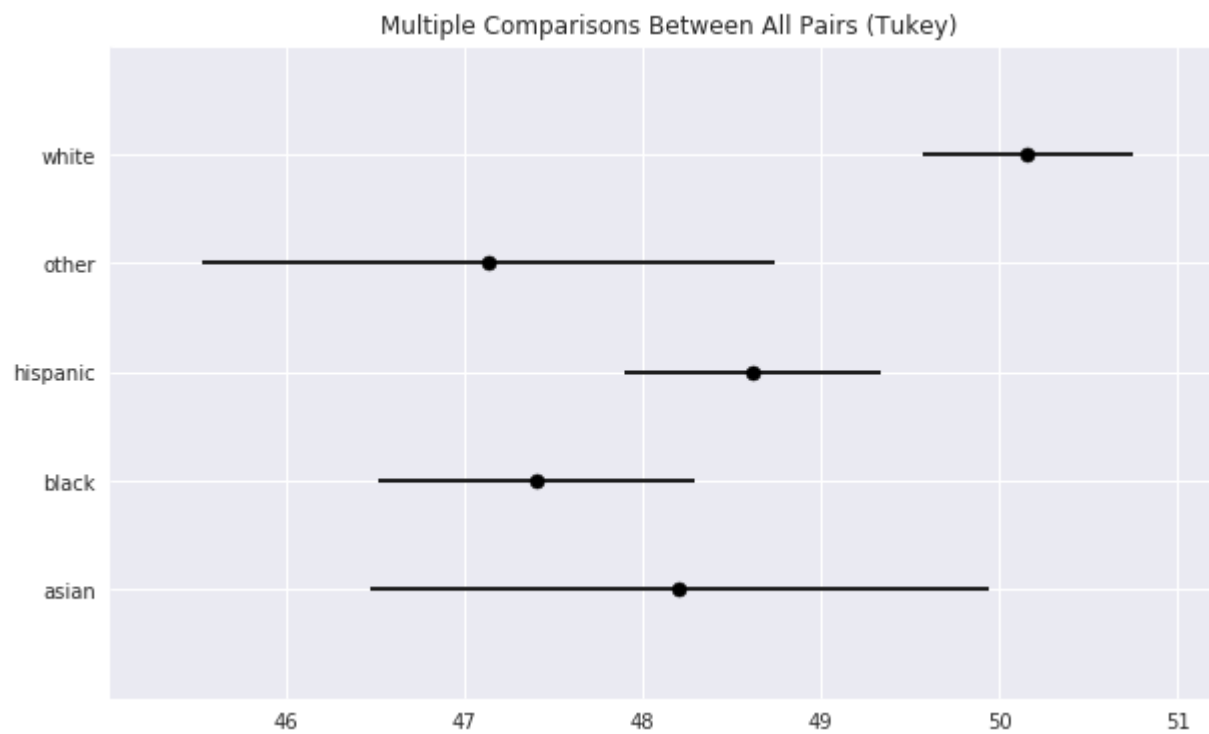
```
In [146]: from statsmodels.stats.multicomp import pairwise_tukeyhsd

tukey = pairwise_tukeyhsd(endog=voter_age,
                           groups=voter_race,
                           alpha=0.05)

tukey.plot_simultaneous()
tukey.summary()
```

Out[146]: Multiple Comparison of Means - Tukey HSD,FWER=0.05

group1	group2	meandiff	lower	upper	reject
asian	black	-0.8032	-3.4423	1.836	False
asian	hispanic	0.4143	-2.1011	2.9297	False
asian	other	-1.0645	-4.2391	2.11	False
asian	white	1.9547	-0.4575	4.3668	False
black	hispanic	1.2175	-0.386	2.821	False
black	other	-0.2614	-2.7757	2.253	False
black	white	2.7579	1.3217	4.194	True
hispanic	other	-1.4789	-3.863	0.9053	False
hispanic	white	1.5404	0.3468	2.734	True
other	white	3.0192	0.7443	5.2941	True



In [ ]: