Федоров И.Н. ИУ5-61Б

1 Оглавление

2 Задание (к оглавлению)

- Выбрать набор данных (датасет). Вы можете найти список свободно распространяемых датасетов здесь.
- Для первой лабораторной работы рекомендуется использовать датасет без пропусков в данных, например из Scikit-learn.
- Пример преобразования датасетов Scikit-learn в Pandas Dataframe можно посмотреть здесь.

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.
  4. Информация о корреляции признаков.

Сформировать отчет и разместить его в своем репозитории на github.

3 Импорт библиотек (к оглавлению)

Ввод [1]:
```
import numpy as np
import pandas as pd

from sklearn.datasets import load_diabetes

import seaborn as sns
import matplotlib.pyplot as plt
%matplotlib inline
```

4 Загрузка и первичный анализ данных (к оглавлению)

Ввод [2]:
```
X, y = load_diabetes(return_X_y=True)
print(load_diabetes()["DESCR"])
```

```
.. _diabetes_dataset:

Diabetes dataset
----------------

Ten baseline variables, age, sex, body mass index, average blood
pressure, and six blood serum measurements were obtained for each of n =
442 diabetes patients, as well as the response of interest, a
quantitative measure of disease progression one year after baseline.

**Data Set Characteristics:**

  :Number of Instances: 442

  :Number of Attributes: First 10 columns are numeric predictive values

  :Target: Column 11 is a quantitative measure of disease progression one year after baseline

  :Attribute Information:
      - age     age in years
      - sex
      - bmi     body mass index
      - bp      average blood pressure
      - s1      tc, total serum cholesterol
      - s2      ldl, low-density lipoproteins
      - s3      hdl, high-density lipoproteins
      - s4      tch, total cholesterol / HDL
      - s5      ltg, possibly log of serum triglycerides level
      - s6      glu, blood sugar level

Note: Each of these 10 feature variables have been mean centered and scaled by the standard deviation times
the square root of `n_samples` (i.e. the sum of squares of each column totals 1).

Source URL:
https://www4.stat.ncsu.edu/~boos/var.select/diabetes.html (https://www4.stat.ncsu.edu/~boos/var.select/diab
etes.html)

For more information see:
Bradley Efron, Trevor Hastie, Iain Johnstone and Robert Tibshirani (2004) "Least Angle Regression," Annals
 of Statistics (with discussion), 407-499.
(https://web.stanford.edu/~hastie/Papers/LARS/LeastAngle_2002.pdf)
```

Ввод [3]:
```
df1 = pd.DataFrame(X, columns=["age","sex","bmi","bp", "tc", "ldl", "hdl","tch", "ltg", "glu"])
df1
```

Out[3]:

	age	sex	bmi	bp	tc	ldl	hdl	tch	ltg	glu
0	0.038076	0.050680	0.061696	0.021872	-0.044223	-0.034821	-0.043401	-0.002592	0.019907	-0.017646
1	-0.001882	-0.044642	-0.051474	-0.026328	-0.008449	-0.019163	0.074412	-0.039493	-0.068332	-0.092204
2	0.085299	0.050680	0.044451	-0.005670	-0.045599	-0.034194	-0.032356	-0.002592	0.002861	-0.025930
3	-0.089063	-0.044642	-0.011595	-0.036656	0.012191	0.024991	-0.036038	0.034309	0.022688	-0.009362
4	0.005383	-0.044642	-0.036385	0.021872	0.003935	0.015596	0.008142	-0.002592	-0.031988	-0.046641
...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...
437	0.041708	0.050680	0.019662	0.059744	-0.005697	-0.002566	-0.028674	-0.002592	0.031193	0.007207
438	-0.005515	0.050680	-0.015906	-0.067642	0.049341	0.079165	-0.028674	0.034309	-0.018114	0.044485
439	0.041708	0.050680	-0.015906	0.017293	-0.037344	-0.013840	-0.024993	-0.011080	-0.046883	0.015491
440	-0.045472	-0.044642	0.039062	0.001215	0.016318	0.015283	-0.028674	0.026560	0.044529	-0.025930
441	-0.045472	-0.044642	-0.073030	-0.081413	0.083740	0.027809	0.173816	-0.039493	-0.004222	0.003064

442 rows × 10 columns

Ввод [4]:
```
df2 = pd.DataFrame(y, columns=["disease_progression"])
df2
```

Out[4]:

	disease_progression
0	151.0
1	75.0
2	141.0
3	206.0
4	135.0
...	...
437	178.0
438	104.0
439	132.0
440	220.0
441	57.0

442 rows × 1 columns

Ввод [5]:
```
df = pd.merge(df1,df2, left_index=True, right_index=True)
df
```

Out[5]:

	age	sex	bmi	bp	tc	ldl	hdl	tch	ltg	glu	disease_progression
0	0.038076	0.050680	0.061696	0.021872	-0.044223	-0.034821	-0.043401	-0.002592	0.019907	-0.017646	151.0
1	-0.001882	-0.044642	-0.051474	-0.026328	-0.008449	-0.019163	0.074412	-0.039493	-0.068332	-0.092204	75.0
2	0.085299	0.050680	0.044451	-0.005670	-0.045599	-0.034194	-0.032356	-0.002592	0.002861	-0.025930	141.0
3	-0.089063	-0.044642	-0.011595	-0.036656	0.012191	0.024991	-0.036038	0.034309	0.022688	-0.009362	206.0
4	0.005383	-0.044642	-0.036385	0.021872	0.003935	0.015596	0.008142	-0.002592	-0.031988	-0.046641	135.0
...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...
437	0.041708	0.050680	0.019662	0.059744	-0.005697	-0.002566	-0.028674	-0.002592	0.031193	0.007207	178.0
438	-0.005515	0.050680	-0.015906	-0.067642	0.049341	0.079165	-0.028674	0.034309	-0.018114	0.044485	104.0
439	0.041708	0.050680	-0.015906	0.017293	-0.037344	-0.013840	-0.024993	-0.011080	-0.046883	0.015491	132.0
440	-0.045472	-0.044642	0.039062	0.001215	0.016318	0.015283	-0.028674	0.026560	0.044529	-0.025930	220.0
441	-0.045472	-0.044642	-0.073030	-0.081413	0.083740	0.027809	0.173816	-0.039493	-0.004222	0.003064	57.0

442 rows × 11 columns

Ввод [6]:
```
df.describe()
```

Out[6]:

	age	sex	bmi	bp	tc	ldl	hdl	tch	ltg	
count	4.420000e+02	4.420000e+02	4.420000e+02	4.420000e+02	4.420000e+02	4.420000e+02	4.420000e+02	4.420000e+02	4.420000e+02	4.42000(
mean	-1.444295e-18	2.543215e-18	-2.255925e-16	-4.854086e-17	-1.428596e-17	3.898811e-17	-6.028360e-18	-1.788100e-17	9.243486e-17	1.35177(
std	4.761905e-02	4.761905e-02	4.761905e-02	4.761905e-02	4.761905e-02	4.761905e-02	4.761905e-02	4.761905e-02	4.761905e-02	4.76190
min	-1.072256e-01	-4.464164e-02	-9.027530e-02	-1.123988e-01	-1.267807e-01	-1.156131e-01	-1.023071e-01	-7.639450e-02	-1.260971e-01	-1.377(
25%	-3.729927e-02	-4.464164e-02	-3.422907e-02	-3.665608e-02	-3.424784e-02	-3.035840e-02	-3.511716e-02	-3.949338e-02	-3.324559e-02	-3.317
50%	5.383060e-03	-4.464164e-02	-7.283766e-03	-5.670422e-03	-4.320866e-03	-3.819065e-03	-6.584468e-03	-2.592262e-03	-1.947171e-03	-1.077(
75%	3.807591e-02	5.068012e-02	3.124802e-02	3.564379e-02	2.835801e-02	2.984439e-02	2.931150e-02	3.430886e-02	3.243232e-02	2.79170
max	1.107267e-01	5.068012e-02	1.705552e-01	1.320436e-01	1.539137e-01	1.987880e-01	1.811791e-01	1.852344e-01	1.335973e-01	1.35611

Ввод [7]:
```
df.shape
```

Out[7]:
```
(442, 11)
```

Ввод [8]:
```
df.info()
```

```
<class 'pandas.core.frame.DataFrame'>
RangeIndex: 442 entries, 0 to 441
Data columns (total 11 columns):
 #   Column               Non-Null Count  Dtype  
---  ------               --------------  -----  
 0   age                  442 non-null    float64
 1   sex                  442 non-null    float64
 2   bmi                  442 non-null    float64
 3   bp                   442 non-null    float64
 4   tc                   442 non-null    float64
 5   ldl                  442 non-null    float64
 6   hdl                  442 non-null    float64
 7   tch                  442 non-null    float64
 8   ltg                  442 non-null    float64
 9   glu                  442 non-null    float64
 10  disease_progression  442 non-null    float64
dtypes: float64(11)
memory usage: 38.1 KB
```

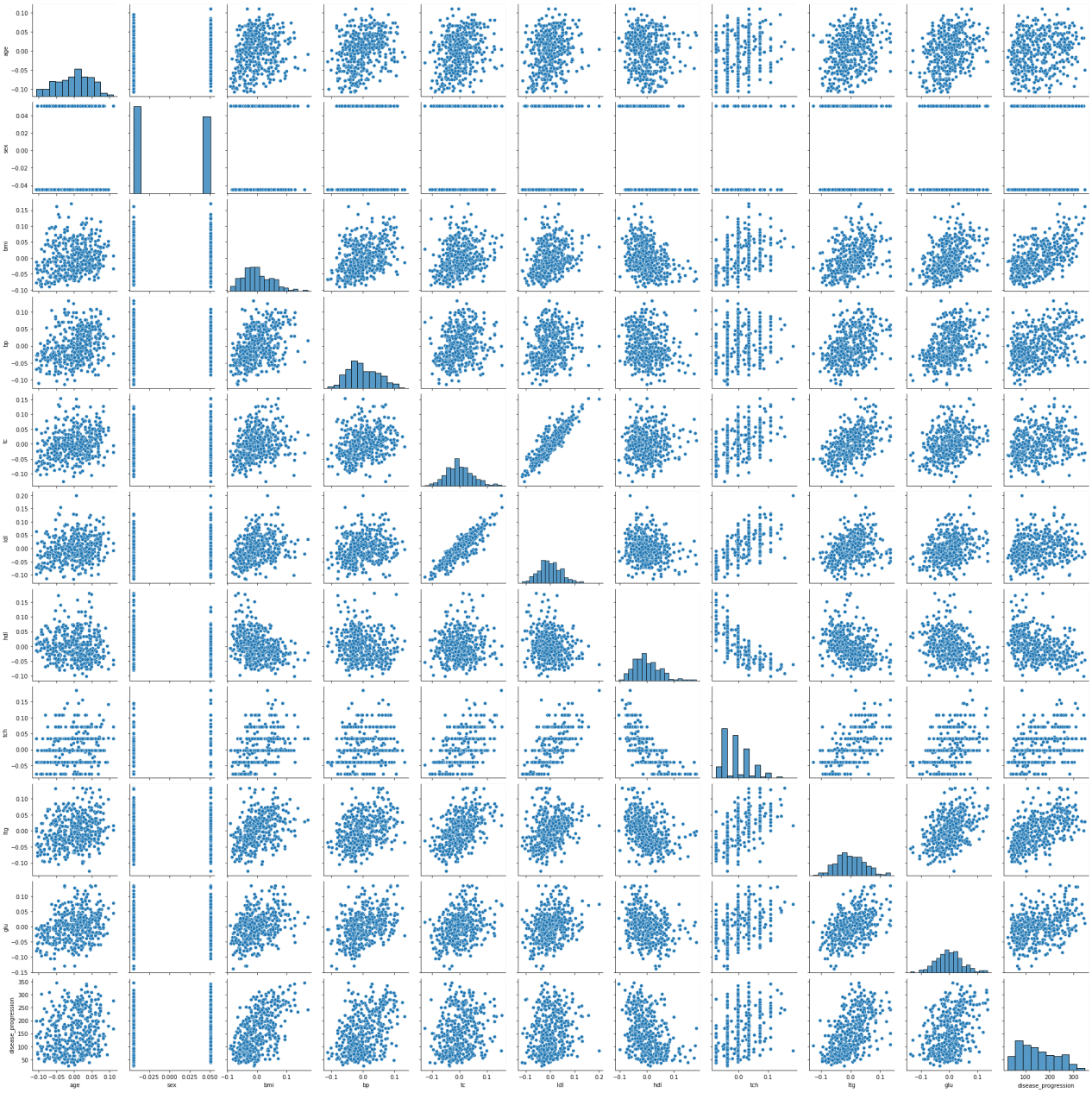
Ввод [9]:
```
# Количество пустых значений
total_count = df.shape[0]
for col in df.columns:
    temp_null_count = df[df[col].isnull()].shape[0]
    temp_perc = round((temp_null_count / total_count) * 100.0, 2)
    print('Колонка {} — {}, {}%'.format(col, temp_null_count, temp_perc))
```

```
Колонка age — 0, 0.0%
Колонка sex — 0, 0.0%
Колонка bmi — 0, 0.0%
Колонка bp — 0, 0.0%
Колонка tc — 0, 0.0%
Колонка ldl — 0, 0.0%
Колонка hdl — 0, 0.0%
Колонка tch — 0, 0.0%
Колонка ltg — 0, 0.0%
Колонка glu — 0, 0.0%
Колонка disease_progression — 0, 0.0%
```

5 Визуализация (к оглавлению)

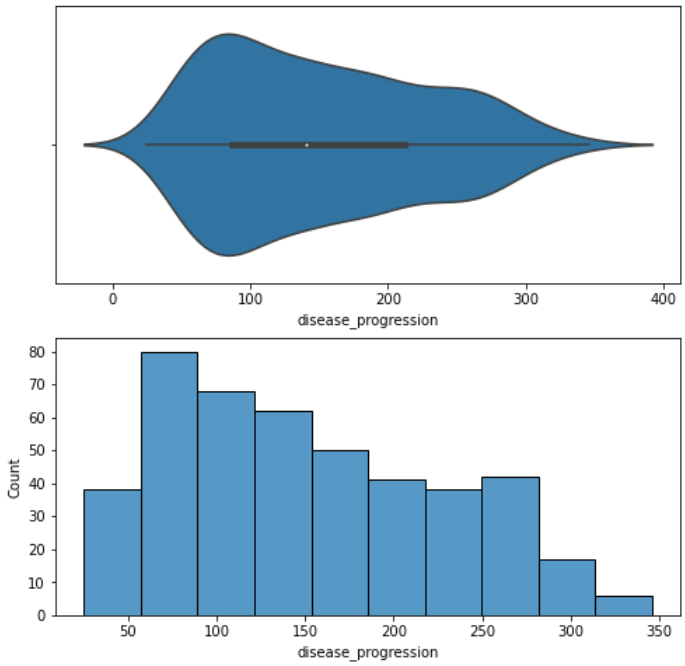
Ввод [10]:
```
sns.pairplot(df)
```

Out[10]:
```
<seaborn.axisgrid.PairGrid at 0x7f8891a25af0>
```



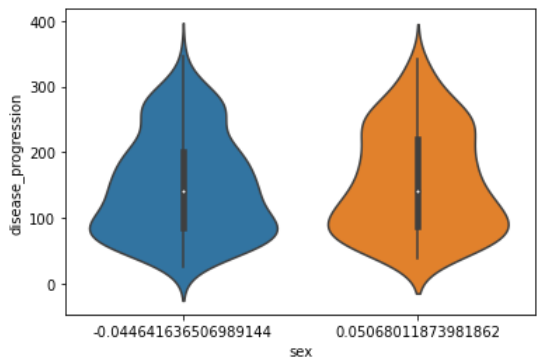
Ввод [11]:
```
fig, ax = plt.subplots(2, 1, figsize=(8,8))
sns.violinplot(ax=ax[0], x=df['disease_progression'])
sns.histplot(df['disease_progression'], ax=ax[1])
```

Out[11]: <AxesSubplot:xlabel='disease_progression', ylabel='Count'>

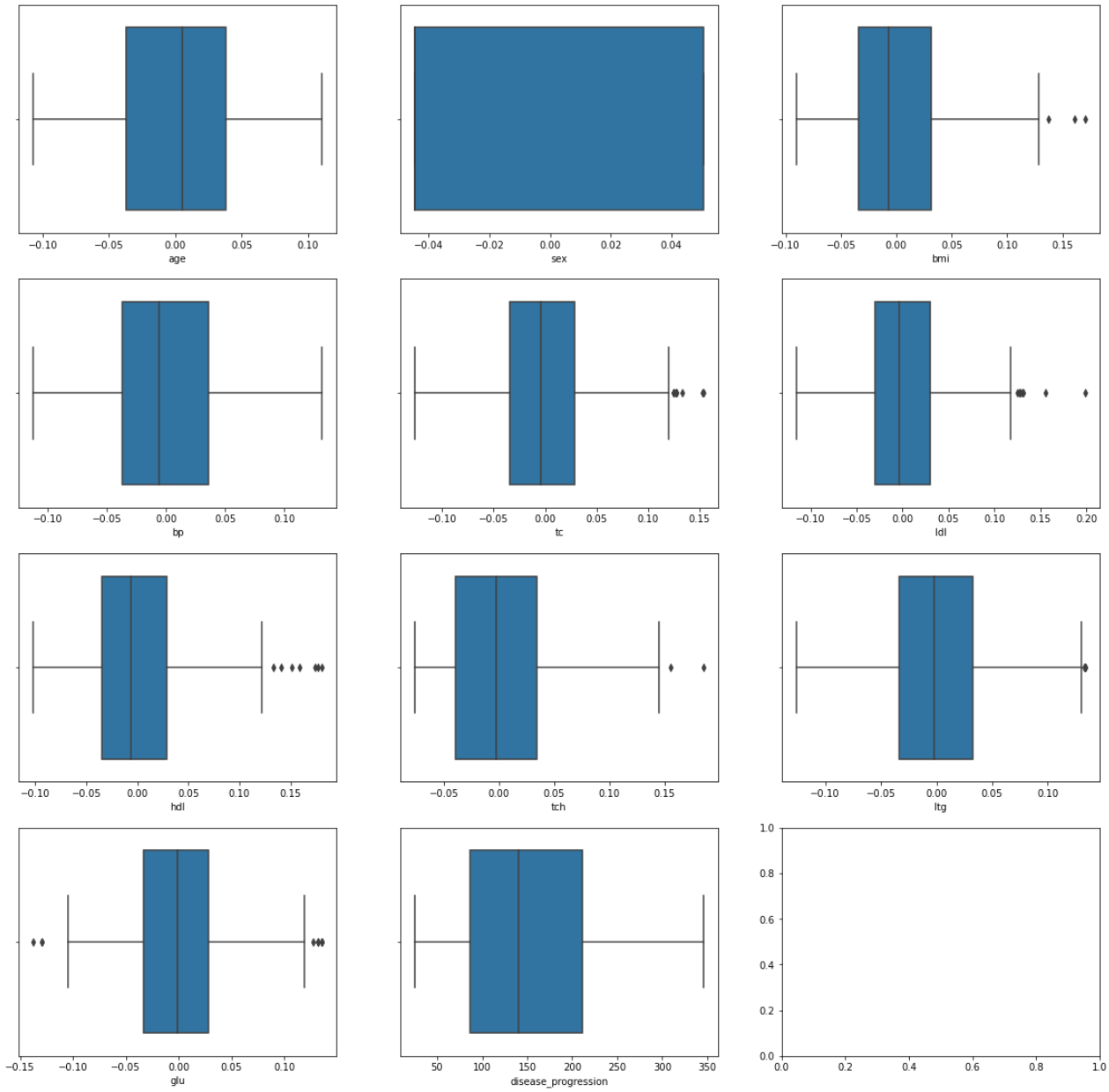


Ввод [12]:
```
# Распределение параметра disease_progression сгруппированные по sex.
sns.violinplot(x='sex', y='disease_progression', data=df)
```

Out[12]: <AxesSubplot:xlabel='sex', ylabel='disease_progression'>



Ввод [13]:
```
height = 4
width = 3
fig, ax = plt.subplots(height, width, figsize=(20,20))
for i in range(height):
    for j in range(width):
        if i * width+j != 11:
            sns.boxplot(x=df[df.columns[i * width+j]], ax=ax[i, j])
```



6 Корреляционный анализ (к оглавлению)

Ввод [14]:
```
df.corr()
```

Out[14]:

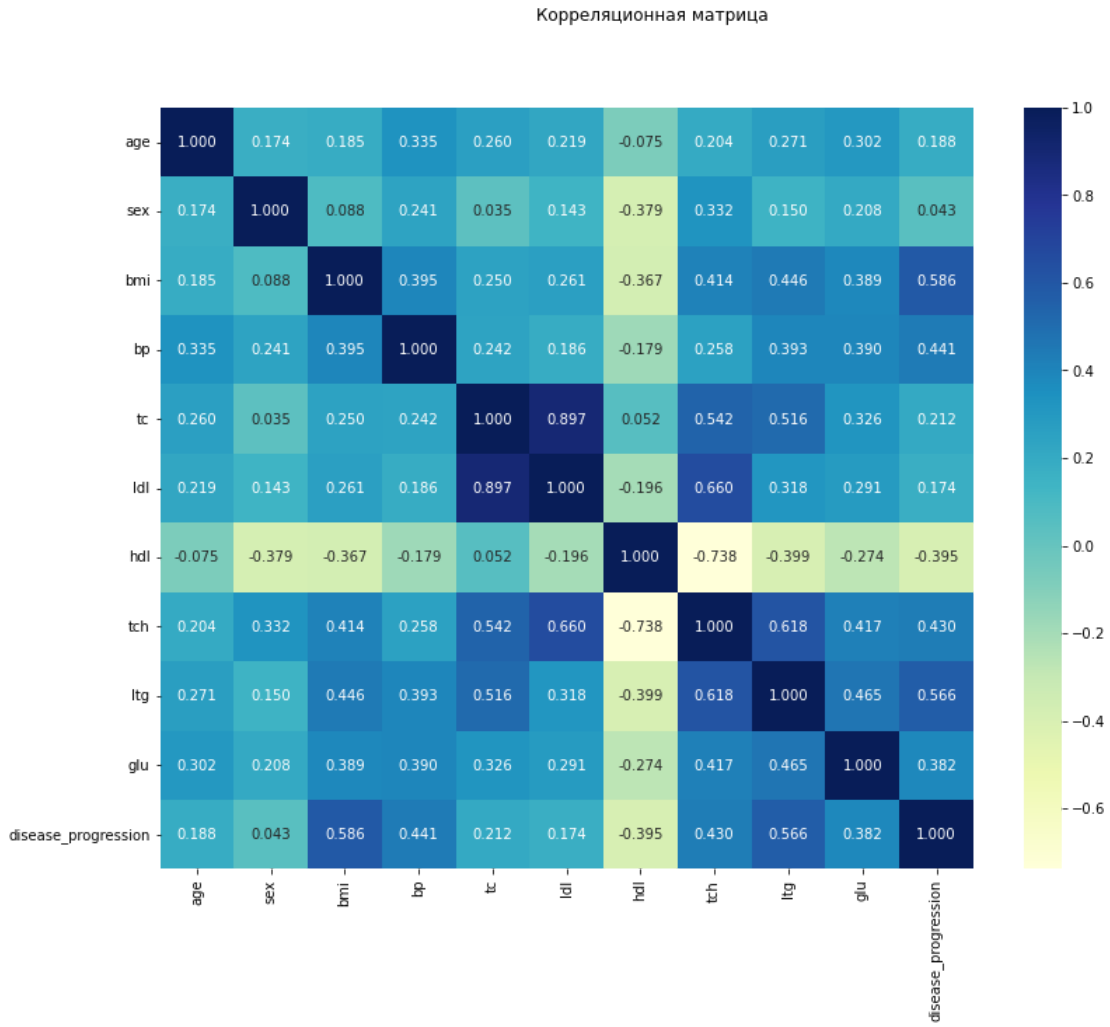
	age	sex	bmi	bp	tc	ldl	hdl	tch	ltg	glu	disease_progressi
age	1.000000	0.173737	0.185085	0.335428	0.260061	0.219243	-0.075181	0.203841	0.270774	0.301731	0.1878
sex	0.173737	1.000000	0.088161	0.241010	0.035277	0.142637	-0.379090	0.332115	0.149916	0.208133	0.0430
bmi	0.185085	0.088161	1.000000	0.395411	0.249777	0.261170	-0.366811	0.413807	0.446157	0.388680	0.5864
bp	0.335428	0.241010	0.395411	1.000000	0.242464	0.185548	-0.178762	0.257650	0.393480	0.390430	0.4414
tc	0.260061	0.035277	0.249777	0.242464	1.000000	0.896663	0.051519	0.542207	0.515503	0.325717	0.2120
ldl	0.219243	0.142637	0.261170	0.185548	0.896663	1.000000	-0.196455	0.659817	0.318357	0.290600	0.1740
hdl	-0.075181	-0.379090	-0.366811	-0.178762	0.051519	-0.196455	1.000000	-0.738493	-0.398577	-0.273697	-0.3947
tch	0.203841	0.332115	0.413807	0.257650	0.542207	0.659817	-0.738493	1.000000	0.617859	0.417212	0.4304
ltg	0.270774	0.149916	0.446157	0.393480	0.515503	0.318357	-0.398577	0.617859	1.000000	0.464669	0.5658
glu	0.301731	0.208133	0.388680	0.390430	0.325717	0.290600	-0.273697	0.417212	0.464669	1.000000	0.3824
disease_progression	0.187889	0.043062	0.586450	0.441482	0.212022	0.174054	-0.394789	0.430453	0.565883	0.382483	1.0000

Ввод [15]:
```
df.corr()['disease_progression']
```

Out[15]:
```
age                    0.187889
sex                    0.043062
bmi                    0.586450
bp                     0.441482
tc                     0.212022
ldl                    0.174054
hdl                   -0.394789
tch                    0.430453
ltg                    0.565883
glu                    0.382483
disease_progression    1.000000
Name: disease_progression, dtype: float64
```

Ввод [16]:
```
fig, ax = plt.subplots(1, 1, sharex='col', sharey='row', figsize=(13,10))
fig.suptitle('Корреляционная матрица')
sns.heatmap(df.corr(), ax=ax, annot=True, fmt='.3f', cmap='YlGnBu')
```

Out[16]: <AxesSubplot:>



На основе корреляционной матрицы можно сделать следующие выводы.

Лучше всего с целевым признаком `disease_progression` коррелируют следующие признаки:

Признак	Корреляция
bmi	0.586
bp	0.441
tch	0.430
ltg	0.566

При этом признак `sex` вообще не коррелирует с целевым признаком. Признаки `ldl` и `tc` сильно коррелируют между собой (0.897), следовательно, необходимо избавиться от одного из них (от `ldl` , т.к он меньше коррелирует с целевым признаком).