Matematyczne aspekty analizy danych
semestr zimowy 2024/2025

Dr Anna Muranova
UWM w Olsztynie

Wykład 11

Rozdział 7. Python: praca z plikami

Czytanie z plików

Proces czytania i zapisu danych do pliku to zadanie złożone. Python jak większość języków programowania pozwala wczytywać dane ze zbiorów zewnętrznych, jak i zapisywać dane do plików. Proces czytania można zrealizowaćć przy pomocy funkcji wbudowanych -`open()`, `read()` i `close()` lub – w przypadku danych o ustalonej strukturze – najczęściej tabelarycznej, można skorzystać z gotowych funkcji wspierających ten proces.

Aby odczytać plik tekstowy należy wykonać trzy polecenia:

- `open()` aby nawiązać połączenie z plikiem (nic nie zostaje wczytane)
- `read()` aby wczytać całą zawartość pliku do jednej zmiennej jako tekst
- `close()` zamknąć plik po zakończeniu czytania

Dodatkowo proces czytania lub zapisu wymaga znalezienia właściwego pliku, lub - w przypadku odczytu utworzenia nowego pliku.

Dalej używa się plik.txt z zawartością

abrakadabra
abra
kadabra

Czytanie z plików

Wczytanie niewielkiego pliku tekstowego znajdującego się w tym samym katalogu co nasz skrypt

```
f = open("plik.txt")
zawartosc = f.read()
f.close()
print(zawartosc)
```

```
abrakadabra
abra
kadabra
```

Funkcja `open()` nawiązuje połączenie z plikiem, ale nie wczytuje danych. Przypisuje jedynie do obiektu f wskaźnik do pliku. Wynika to z faktu że zbiór danych może być bardzo duży i programista powinien zachować kontrolę nad jego wczytywaniem. Funkcja `read()` wczytuje całą zawartość ze źródła f (pliku) do zmiennej zawartość. Następnie źródło zostaje zamknięte.

Funkcja open()

Podstawowa składnia tej funkcji jest następująca:

```
file = open('sciezka_do_pliku', 'tryb', encoding=None)
```

- 'r' – tryb odczytu (domyślny), pozwala na czytanie zawartości pliku.
- 'r+' – tryb odczytu i modyfikacji
- 'w' – tryb zapisu, tworzy nowy plik lub nadpisuje istniejący.
- 'a' – tryb dopisywania, dodaje nowe dane na końcu pliku bez nadpisywania istniejącej zawartości.
- 'x' – otwarte do wyłącznego tworzenia, kończy się niepowodzeniem, jeśli plik już istnieje
- 'x+' – otwarte do wyłącznego tworzenia z możliwością odczytywania

Każdy z tych trybów (oprócz ‚b') domyślnie otwiera plik do zapisu jako plik tekstowy. Jeżeli chcemy zapisywać plik formie binarnej musimy uzupełnić atrybut otwarcia o literę 'b', na przykład

Funkcja open()

- 'b' – tryb binarny, używany do pracy z plikami binarnymi.

Zwykle pliki są otwierane w trybie tekstowym, co oznacza, ze odczytujesz i zapisujesz z i do pliku ciągi znaków, które są zakodowane w określonym kodowaniu. Jeśli kodowanie nie jest określone, domyślne jest zależne od platformy. Ponieważ UTF-8 jest współczesnym standardem de facto, zaleca się encoding="utf-8", chyba że wiesz, że musisz użyć innego kodowania. Dodanie „b" do trybu otwiera plik w trybie binarnym. Dane w trybie binarnym są odczytywane i zapisywane jako obiekty bajtów. Nie możesz określić kodowania podczas otwierania pliku w trybie binarnym.

W trybie tekstowym, domyślnym ustawieniem podczas czytania jest konwersja zakończeń wierszy specyficznych dla platformy (`\n`) w systemie Unix, `\r`, `\n` w systemie Windows) na samo `\n`. Podczas pisania w trybie tekstowym, domyślnym ustawieniem jest konwersja wystąpień `\n` z powrotem na zakończenia wierszy specyficzne dla platformy. Ta modyfikacja danych pliku w tle jest w porządku dla plików tekstowych, ale uszkodzi dane binarne, takie jak te w plikach JPEG lub EXE. **Należy zachować szczególną ostrożność podczas korzystania z trybu binarnego podczas czytania i zapisywania takich plików.**

Metoda close()

Metoda close() zamyka otwarty plik.
Zawsze powinieneś zamykać swoje pliki! W niektórych przypadkach, z powodu buforowania, zmiany wprowadzone do pliku mogą nie być widoczne, dopóki nie zamkniesz pliku.

with

Używanie with podczas pracy z obiektami plików należy do dobrych praktyk. Zaletą tego podejścia jest to, że plik jest prawidłowo zamykany po zakończeniu jego bloku, nawet jeśli w pewnym momencie zostanie zgłoszony wyjątek. Użycie with jest również znacznie krótsze niż pisanie równoważnych bloków try - finally:

```
with open('plik.txt', encoding="utf-8") as f:
    read_data = f.read()
    print(read_data)

# Możemy sprawdzić, że plik został automatycznie zamknięty.
print(f.closed)#True
```

Uwaga! Wywołanie f.write() bez użycia with lub f.close() może spowodować, że argumenty f.write() nie zostaną w pełni zapisane na dysku, nawet jeśli program zakończy się pomyślnie.

Po zamknięciu obiektu pliku, zarówno przez instrukcję with, jak i f.close(), wszystkie próby użycia obiektu pliku automatycznie się nie powiodą.

Metody obiektów plików

Zakładamy, że obiekt pliku o nazwie f został już utworzony.

Aby odczytać zawartość pliku, należy wywołać polecenie f.read(size), które odczytuje pewną ilość danych i zwraca je jako ciąg znaków (w trybie tekstowym) lub obiekt bajtowy (w trybie binarnym). size jest opcjonalnym argumentem numerycznym. Gdy size jest pominięty lub ujemny, zostanie odczytana i zwrócona cała zawartość pliku. W przeciwnym razie odczytane i zwrócone zostanie co najwyżej size znaków (w trybie tekstowym) lub size bajtów (w trybie binarnym). Jeśli został osiągnięty koniec pliku, f.read() zwróci pusty ciąg znaków (''').

Wczytywanie po linii

W przypadku dużych plików lepiej zastosować procedurę czytania linia po linii. Czytanie linia po linii jest też operacją stosowaną, gdy chcemy odczytać z pliku konkretne linie:

```
f = open("plik.txt")
text = f.readline()
print(text, end="*\n")
text = f.readline()
print(text, end="*\n")
text = f.readline()
print(text, end="*\n")
f.close()
```

```
abrakadabra
*
abra
*
kadabra*
```

Wczytywanie po linii – to samo z with

```
with open("plik.txt") as f:
    text = f.readline()
    print(text, end="*\n")
    text = f.readline()
    print(text, end="*\n")
    text = f.readline()
    print(text, end="*\n")
```

```
abrakadabra
*
abra
*
kadabra*
```

Wczytywanie linii do końca pliku w listą

```
f = open("plik.txt")
text = f.readlines()
print(text)
f.close()
```

['abrakadabra\n', 'abra\n', 'kadabra']

Lub przy pomocy pętli:

```
f = open("plik.txt")
text = 1
while text:
    text = f.readline()
    print(text, end='*')

f.close()
```

abrakadabra
*abra
*kadabra**

Wczytywanie linii do końca pliku w listą, to samo z with

```
with open("plik.txt") as f:
    text = f.readlines()

print(text)
```

['abrakadabra\n', 'abra\n', 'kadabra']

Lub przy pomocy pętli:

```
with open("plik.txt") as f:
    text = 1
    while text:
        text = f.readline()
        print(text, end='*')
```

abrakadabra
*abra
*kadabra**

Jeszcze wczytywanie po linii w pętli

```
with open('plik.txt', 'r') as file:
    for line in file:
        print(line.strip())
```

abrakadabra
abra
kadabra

Funkcja strip() usuwa znaki białe (takie jak spacje i nowe linie) z początku i końca każdej linii, co jest przydatne do czyszczenia danych. Wszystkie użyte funkcje są funkcjami systemowymi wbudowanymi w interpreter języka, zatem nie musimy importować żadnych dodatkowych bibliotek.

Dalej zawsze będziemy używać with, a nie open()–close()

Zapisywanie danych do pliku

Zapis danych do pliku w Pythonie jest równie prosty jak ich odczyt. Aby zapisać dane do pliku, musimy otworzyć plik w trybie zapisu ('w') lub dopisywania ('a'). Warto nie mylić tych dwóch trybów – w pierwszym z nich jeżeli wskazany plik istnieje jego zawartość zostanie usunięta i zastąpiona przez nową. W drugim przypadku nowe dane zostaną dodane na końcu pliku. W obu przypadkach, jeżeli wskazany plik nie istnieje, zostanie on utworzony. Poniżej przykładu kodu w obu trybach:

- ```
  with open('output.txt', 'w') as file:
      file.write('To jest przykładowy tekst zapisany do pliku.')
  ```
- ```
  with open('output.txt', 'a') as file:
      file.write('\nDodajemy nową linię tekstu.')
  ```

Zapisywanie danych do pliku 'x'

Jest jeszcze jeden warty uwagi a mało znany tryb zwany Exclusive creation. Za jego pomocą otworzymy plik do zapisu, ale tylko jeśli plik nie istnieje. Jeśli plik istnieje, Python zgłosi błąd FileExistsError.

- ```
  with open('output1.txt', 'x') as file:
      file.write('To jest przykladowy tekst zapisany do pliku.')
  ```
- ```
  with open('plik.txt', 'x') as file:
      file.write('To jest przykladowy tekst zapisany do pliku.')
  ```

writelines

Metoda writelines() zapisuje elementy listy do pliku.
Miejsce, w którym zostaną wstawione teksty, zależy od trybu pliku i pozycji strumienia.

- 'a' – Teksty zostaną wstawione w bieżącej pozycji strumienia pliku, domyślnie na końcu pliku.
- 'w' – Plik zostanie opróżniony przed wstawieniem tekstów w bieżącej pozycji strumienia pliku, domyślnie 0.

```
with open("plik.txt", "a") as f:
    f.writelines(["See you soon!", "Over and out."])


#open and read the file after the appending:
with  open("plik.txt", "r") as f:
    print(f.read())
```

Metoda seek()

Metoda seek() ustawia bieżącą pozycję pliku w strumieniu plików.

Metoda seek() zwraca również nową pozycję.

- ```
  with open("plik.txt", "r") as f:
      a = f.seek(5)
      print(a)
      print(f.readline())
  ```

  ```
  5
  adabra
  ```

Metoda seekable() zwraca True, jeśli plik jest wyszukiwalny, False, jeśli nie. Plik jest wyszukiwalny, jeśli umożliwia dostęp do strumienia plików, tzn metoda seek().
  ```

Odczyt i zapis

Istnieją też tryby mieszane, które łączą tryby tekstowe z trybami binarnymi oraz operacje zapisu i odczytu. Dzięki nim możemy wykonywać bardziej zaawansowane operacje na plikach, które wymagają zarówno czytania, jak i modyfikowania zawartości pliku bez konieczności zamykania i ponownego otwierania go w innym trybie. Tryby mieszane są szczególnie przydatne w scenariuszach, gdzie dane muszą być dynamicznie aktualizowane lub weryfikowane, a następnie zapisywane z powrotem do tego samego pliku. Tryby mieszane poznamy po tym, że w atrybutach ich otwarcia znajduje się znak '+'. Przykładowo:

```
with open('plik.txt', 'r+') as file:
    content = file.read()
    file.write('Dopisana zawartosc.')
```

Powyższe kod otwiera plik do odczytu i zapisu. Jeśli plik nie istnieje, Python zgłosi błąd FileNotFoundError.

Po odczytywaniu wskaźnik jest na końcu plika, i treść do zapisywania zapisuje się na koniec.

Gdzie się zapisujemy?

Porównaj z poprzednim:

- Treść do zapisywania zapisuje się na początku pliku.

```
with open('plik.txt', 'r+') as file:
    file.write('Dopisana zawartosc.')
```

- ```
  with open('plik.txt', 'r+') as file:
      file.seek(5)
      file.write('Dopisana zawartosc.')
  ```

Metoda seek() ustawia bieżącą pozycję pliku w strumieniu plików.
  ```

Porownaj

- ```
  with open("plik.txt", "r+") as f:
      a = f.seek(5)
      print(a)
      f.write('See you soon!')
      f.seek(0)
      print(f.read())
  ```

  ```
  5
  abrakSee you soon!adabra
  ```

- ```
  with open("plik.txt", "r+") as f:
      a = f.seek(5)
      print(a)
      print(f.write('See you soon!'))
      print(f.read())
      f.seek(0)
      print(f.read())
  ```

  ```
  5
  13
  adabra
  abrakSee you soon!adabra
  ```

Inne metody

- Metoda tell() zwraca bieżącą pozycję pliku w strumieniu plików.
- Metoda readable() zwraca True, jeśli plik jest czytelny, lub False w przeciwnym razie.
- Metoda writable() zwraca True, jeśli do pliku można zapisywać, lub False w przeciwnym razie.

truncate()

- Metoda truncate() zmienia rozmiar pliku do podanej liczby bajtów.

```
with open("plik.txt", "a") as f:
    f.truncate(10)

#open and read the file after the truncate:
with open("plik.txt", "r") as f:
    print(f.read())
```

abrakadabr

Przykład

Źródło:
`https://www.flynerd.pl/2018/01/python-metody-typu-string.html`

Wyobraź sobie, że jesteś bioinformatykiem i otrzymujesz kod genetyczny do analizy w pliku tekstowym.
Kod DNA składa się z 4 zasad azotowych: adeniny(A), cytozyny(D), guaniny(G), tyminy(T). Idealny kod DNA wygląda następująco:

TGCACGATCATGTCTACTATCCTCTCTATGGTGGGGTT...

Zdarza się, jednak, że kod zawiera małe jak i duże litery. Kolejny problem to maszyny sekwencjonujące nie są wolne od błędów. W zależności od maszyny błędy sekwencjonowania mogą zostać zamienione na znak – czy literę N.

- wczytaj plik
- policz ile razy występuje w kodzie każda zasada azotowa - adenina, cytozyna, guanina, tymina.

Przykład: rozwiązanie

```
with open("DNA.txt", "r") as f:
    seq0 = f.read()

seq = seq0.strip().upper()
print(seq)
n = len(seq)
occurences ={}
for x in 'ACGT':
    occurences[x] = seq.count(x)

print(occurences)
```

Przykład dalej

W dokumentacji znajduje się następujący zapis:
gdy jakość sekwencji nie pozwala dokładnie odczytać rodzaju zasady azotowej wstawiany jest znak „-” Natomiast, gdy laser sczytujący ześlizgnie się, wstawiane są litery „N”, jednocześnie ostatnia wartość zasady jest ponownie odczytywana bez ubytku zasady w tym miejscu.
Co za przydatna informacja!

- Oczyść DNA z błędów typu N.
- Policz wystąpienia sekwencji GAGA
- Znajdź miejsce (indeks) w łańcuchu, gdzie występuje 7 guanin z rzędu
- Znajdź miejsce (indeks) , gdzie od końca łańcucha występuje 6 cytozyn
- Policz ile razy w kodzie pojawiła się sekwencja CTGAAA
- W sekwencji CTGAAA czasem mutuje ostania litera A, wówczas jakość ostatniej litery może być wątplia. Ile sekwencji znajdziesz, jeśli weźmiesz pod uwagę wątpliwą, ostatnią adeninę?
- Na podstawie czystej nici utwórz odpowiadającą jej nić RNA (nić RNA w miejscu tyminy będzie mieć uracyl (U)). Nic RNA zapisz do nowego pliku RNA.txt

Przykład: rozwiązanie dalej

```
with open("DNA.txt", "r") as f:with open("DNA.txt", "r") as f:
    seq0 = f.read()

seq = seq0.strip().upper()
print(seq)
n = len(seq)
DNA = seq.replace("N", "")
GAGA = DNA.count("GAGA")
print("Liczba wystąpień sekw. GAGA", GAGA)

CTGAAA = DNA.count("CTGAAA")
print("Liczba wystąpień sekw. CTGAAA", CTGAAA)

CTGAA_ = DNA.count("CTGAA-")
print("Liczba wystąpień sekw. CTGAAA i CTGAA-", CTGAAA + CTGAA_)

RNA = DNA.replace("T", "U")
with open("RNA.txt", "w") as f:
    f.write(RNA)
```

Czytanie i przetwarzanie plików tabelarycznych

Ponieważ python wczytuje dane w postaci pojedynczej zmiennej tekstowej, jeżeli wczytane dane zamierzamy poddać obliczeniom, należy je odpowiednio przekształcić, najczęściej do postaci tabelarycznej oraz zmodyfikować typy danych z tekstowych do numerycznych. Do tego celu służą poznane już funkcje split() oraz funkcje konwersji zmiennych. Procedura czytania danych jest następująca:

- W pierwszysm kroku nawiązywane jest połączenie z plikiem (zawartość zostaje wyświetlona)
- Dane zostają podzielone na listę łańcuchów tekstowych, względem znaku "\ną następnie każda linia zostaje podzielona na listy wewnętrzne na podstawie przecinka lub srednika (separator w csv). Wynik zostaje wyświetlony jako lista zagnieżdżona
- Połączenie zosaje zamknięte
- Z listy zostaje usunięta 1 linia (nagłówek)
- Z listy zostaje usunięta ostatnia pusta linia (z reguły występuje w plikach tekstowych)

Punkty 1-3 łącząc się przy pomocy with

Czytanie i przetwarzanie plików tabelarycznych

```
f = open("tab.csv") #1
dane = f.read() #
print(dane)
dane = dane.split('\n') #2 podziel po liniach
dane = [l.split(';') for l in dane] #2 podziel po wierszach
print(dane)
f.close() #3
header = dane.pop(0) #4 nagłówek
dane.pop() #5 usunięcie ostatniego, pustego wiersza
```

```
Ulica;Nomer domu;Kod;Miejscowosc
Pasikonika ;20;81-098;Lubowo
Biedronki;15;81-789;Bobowo
Zuczka;10;61-874;Rabowo
Gasienicy;33;41-879;Warbowo
[['Ulica', 'Nomer domu', 'Kod', 'Miejscowosc'],
['Pasikonika ', '20', '81-098', 'Lubowo'],
['Biedronki', '15', '81-789', 'Bobowo'],
['Zuczka', '10', '61-874', 'Rabowo'],
['Gasienicy', '33', '41-879', 'Warbowo'], ['']]
```

Czytanie i przetwarzanie plików tabelarycznych:with

```
with open("tab.csv") as f:#1
    dane = f.read() #

print(dane)
dane = dane.split('\n') #2 podziel po liniach
dane = [l.split(';') for l in dane] #2 podziel po wierszach
print(dane)
header = dane.pop(0) #4 nagłówek
dane.pop() #5 usunięcie ostatniego, pustego wiersza
```

```
Ulica;Nomer domu;Kod;Miejscowosc
Pasikonika ;20;81-098;Lubowo
Biedronki;15;81-789;Bobowo
Zuczka;10;61-874;Rabowo
Gasienicy;33;41-879;Warbowo
[['Ulica', 'Nomer domu', 'Kod', 'Miejscowosc'],
['Pasikonika ', '20', '81-098', 'Lubowo'],
['Biedronki', '15', '81-789', 'Bobowo'],
['Zuczka', '10', '61-874', 'Rabowo'],
['Gasienicy', '33', '41-879', 'Warbowo'], ['']]
```

Transponowanie danych

Dane są przechowywane w postaci listy list, gdzie każda lista zagnieżdżona to pojedynczy wiersz składający się z danych różnego typu. Ponieważ operowanie na wierszach zawierających dane różnego typu nie jest wygodne, można przekształcić listę zagnieżdżoną do postaci kolumnowej (dokonać transpozycji) przy pomocy funkcji zip(), którą omówimy za chwile. Dane przekazujemy z * czyli rozwijamy przekazaną listę do postaci: dane[0], dane[1],...,dane[n-1]

```
dane = zip(*dane)
trans = list(dane)
print(trans)
```

[('Pasikonika ', 'Biedronki', 'Zuczka', 'Gasienicy'), ('20', '15', '10', '33'), ('81-098', '81-789', '61-874', '41-879'), ('Lubowo', 'Bobowo', 'Rabowo', 'Warbowo')]

Przekształcenie typów danych

```
dane = zip(*dane)
trans = list(dane)
print(trans)
```

[('Pasikonika ', 'Biedronki', 'Zuczka', 'Gasienicy'), ('20', '15', '10', '33'), ('81-098', '81-789', '61-874', '41-879'), ('Lubowo', 'Bobowo', 'Rabowo', 'Warbowo')]

W ostatnim kroku możemy przekształcić 2 i 3 linię do typu integer.

```
trans[1] = tuple(int(x) for x in trans[1])
print(trans)

trans[2] = tuple(int(x[:2]+x[3:]) for x in trans[2])
print(trans)
```

Funkcja zip() – 1

Podstawy: funkcja zip łączy ze sobą elementy z różnych obiektów iterowalnych, takich jak listy, krotki, zbiory, i zwraca nam iterator. Możemy jej użyć to połączenia ze sobą dwóch list

```
id = [1, 2, 3, 4]
id = [1, 2, 3, 4]
leaders = ['Elon Mask', 'Tim Cook', 'Bill Gates', 'Yang Zhou']
record = zip(id, leaders)

print(record)
# <zip object at 0x7f266a707d80>

print(list(record))
# [(1, 'Elon Mask'), (2, 'Tim Cook'), (3, 'Bill Gates'), (4, 'Yang Zhou
```

Jak widać powyżej, funkcja zip zwraca iterator z krotkami, gdzie n-ta krotka zawiera n-ty element z każdej z list

Funkcja zip() – 2

Tak naprawdę to funkcja zip ma w Pythonie o wiele większe możliwości od normalnego suwaka - może ona działać z dowolną liczbą obiektów iterowalnych, a nie tylko z dwoma. Jeśli przekażemy do funkcji zip listę:

- Jeśli przekażemy do funkcji zip listę:

```
id = [1, 2, 3, 4]
record = zip(id)
print(list(record))
# [(1,), (2,), (3,), (4,)]
```

- Albo trzy listy:

```
id = [1, 2, 3, 4]
leaders = ['Elon Mask', 'Tim Cook', 'Bill Gates', 'Yang Zhou']
sex = ['male', 'male', 'male', 'male']
record = zip(id, leaders, sex)

print(list(record))
# [(1, 'Elon Mask', 'male'), (2, 'Tim Cook', 'male'),
(3, 'Bill Gates', 'male'), (4, 'Yang Zhou', 'male')]
```

Funkcja zip() – 3

Prawdziwe dane nie zawsze są czyste i pełne - czasami musimy uporać się z nierówną długością obiektów iterowalnych. Wynik funkcji zip jest domyślnie oparty na najkrótszym z obiektów iterowalnych.

```
id = [1, 2]
leaders = ['Elon Mask', 'Tim Cook', 'Bill Gates', 'Yang Zhou']
record = zip(id, leaders)

print(list(record))
# [(1, 'Elon Mask'), (2, 'Tim Cook')]
```

Funkcja zip() – 4

A co by było, gdybyśmy otrzymali listę record z poprzedniego przykładu i chcielibyśmy rozpakować ją do osobnych list? Niestety Python nie ma przeznaczonej do tego funkcji. Chociaż, jeśli znamy specjalne użycia *, to rozpakowywanie stanie się niezwykle proste.

```
record = [(1, 'Elon Mask'), (2, 'Tim Cook'),
                (3, 'Bill Gates'), (4, 'Yang Zhou')]
id, leaders = zip(*record)
print(id)
# (1, 2, 3, 4)
print(leaders)
# ('Elon Mask', 'Tim Cook', 'Bill Gates', 'Yang Zhou')
```

Funkcja zip() – 5

Dzięki funkcji zip, tworzenie i aktualizowanie dict opartego na oddzielnych listach jest dosyć proste. Mamy tutaj dwa jednolinijkowe rozwiązania:

- Używanie wyrażeń słownikowych razem z zip
- Używanie funkcji dict razem z zip

Funkcja zip() – 5

- Używanie wyrażeń słownikowych razem z zip

```
id = [1, 2, 3, 4]
leaders = ['Elon Mask', 'Tim Cook', 'Bill Gates', 'Yang Zhou']

# create dict by dict comprehension
leader_dict = {i: name for i, name in zip(id, leaders)}
print(leader_dict)
# {1: 'Elon Mask', 2: 'Tim Cook', 3: 'Bill Gates', 4: 'Yang Zhou'}
```

- Używanie funkcji dict razem z zip

```
# create dict by dict function
leader_dict_2 = dict(zip(id, leaders))
print(leader_dict_2)
# {1: 'Elon Mask', 2: 'Tim Cook', 3: 'Bill Gates', 4: 'Yang Zhou'}
```

Funkcja zip() – dodawanie elementów do słownika

```
leader_dict = {1: 'Elon Mask', 2: 'Tim Cook',
                    3: 'Bill Gates', 4: 'Yang Zhou'}

# update
other_id = [5, 6]
other_leaders = ['Larry Page', 'Sergey Brin']
leader_dict.update(zip(other_id, other_leaders))
print(leader_dict)
# {1: 'Elon Mask', 2: 'Tim Cook', 3: 'Bill Gates', 4: 'Yang Zhou',
# 5: 'Larry Page', 6: 'Sergey Brin'}
```

Korzystanie z funkcji zip w pętlach for

Często zdarza się, że używamy wielu obiektów iterowalnych na raz. Funkcja zip ma tutaj spore pole do popisu, jeśli będziemy jej używać z pętlami for.

Sprawdźmy, jak to wygląda:

```
products = ["cherry", "strawberry", "banana"]
price = [2.5, 3, 5]
cost = [1, 1.5, 2]
for prod, p, c in zip(products, price, cost):
    print(f'The profit of a box of {prod} is £{p-c}!')
# The profit of a box of cherry is £1.5!
# The profit of a box of strawberry is £1.5!
# The profit of a box of banana is £3!
```

pliki do numpy: numpy.genfromtxt

```
ala ma kota, a marek ma psa
```

```
import numpy as np

data = np.genfromtxt("plik.txt", dtype=str)
print(data)#['ala' 'ma' 'kota,' 'a' 'marek' 'ma' 'psa']
print(type(data))
data = np.genfromtxt("plik.txt", dtype=str, delimiter=',')
print(data)#['ala ma kota' ' a marek ma psa']
print(type(data))
```

pliki do numpy: numpy.genfromtxt

```
1 2 3 2
2 5 7 4
```

```
import numpy as np

data = np.genfromtxt("plik.txt", dtype=int)
print(data)
#[[1 2 3 2]
# [2 5 7 4]]
data = np.genfromtxt("plik.txt", dtype=float)
print(data)
#[[1. 2. 3. 2.]
# [2. 5. 7. 4.]]
```

numpy.genfromtxt: opcje 1

- **fname**: To jest nazwa pliku, na którym będziemy wykonywać operacje.
- **dtype**: Określa typ danych naszej wynikowej tablicy. Domyślną wartością jest float.
- **comments**: Znak, który definiuje każdą linię komentarza. Domyślnie jest to #.
- **delimiter**: Ciąg znaków lub znak oddzielający dwie lub więcej wartości. Domyślnie jest to spacja, ale można to określić jako , lub .
- **skip_header**: Liczba linii, które funkcja ma pominąć na początku pliku.
- **skip_footer**: Liczba linii, które funkcja ma pominąć na końcu pliku.
- **converters**: Mapa przypisująca numer kolumny do funkcji konwertujących dane w tych kolumnach.
- **missing_values**: Określa, jakie ciągi znaków powinny być traktowane jako brakujące wartości.

numpy.genfromtxt: opcje 2

- **filling_values**: Określa wartość używaną do wypełniania brakujących danych.
- **usecols**: Wskazuje, które kolumny należy odczytać. Na przykład usecols=(0, 2) oznacza, że zostaną odczytane dokładnie pierwsza i trzecia kolumna.
- **names**: Jeśli ustawione na True, nazwy pól są pobierane z pierwszej linii po nagłówku.
- **unpack**: Jeśli ustawione na True, zwracana tablica jest transponowana.
- **replace_space**: Wskazuje, jaki typ znaku będzie zastępował każdą spację.
- **max_rows**: Wskazuje maksymalną liczbę wierszy, które funkcja ma odczytać z danych.
- **encoding**: Ten parametr służy do dekodowania danych tekstowych w pliku.
- **like**: Pomaga porównywać dwa obiekty w pliku.

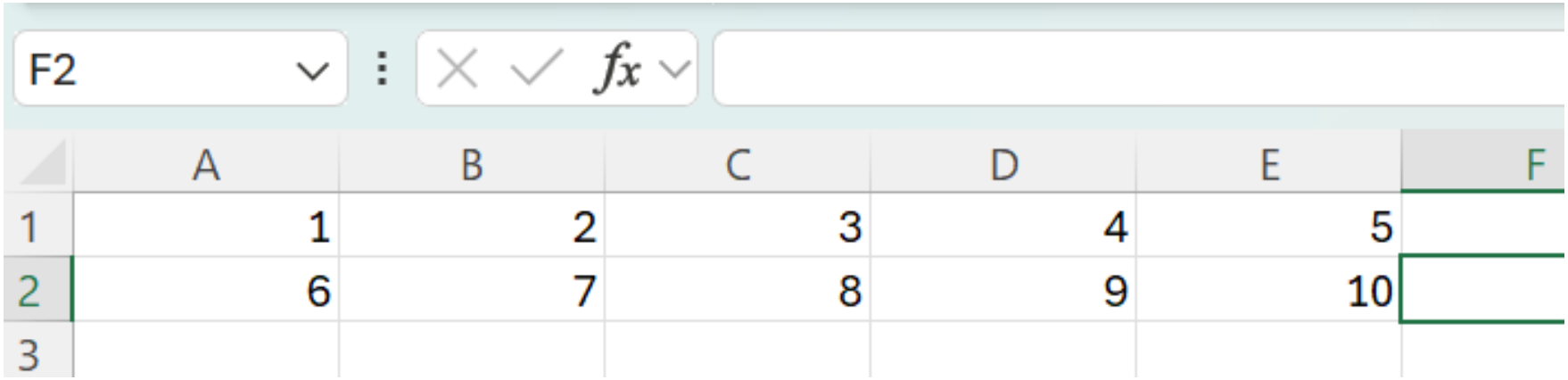
pliki do numpy: jeszcze przykład

```
1, 2, 3, ,
#komentarz
2, 5, 7, 4,
```

```
import numpy as np

data = np.genfromtxt("plik.txt", dtype=int,
                           missing_values=' ', delimiter=',')
print(data)
#[[ 1  2  3 -1 -1]
# [ 2  5  7  4 -1]]
data = np.genfromtxt("plik.txt", dtype=int,
       missing_values=' ', delimiter=',', filling_values=0)
print(data)
#[[1 2 3 0 0]
# [2 5 7 4 0]]
```

Można tez używać do plików csv




```
import numpy as np

data = np.genfromtxt('plik11.csv', delimiter=";", dtype=int)
print(data)
#[[ 1  2  3  4  5]
# [ 6  7  8  9 10]]
```

Można tez używać do plików csv

A1 | id

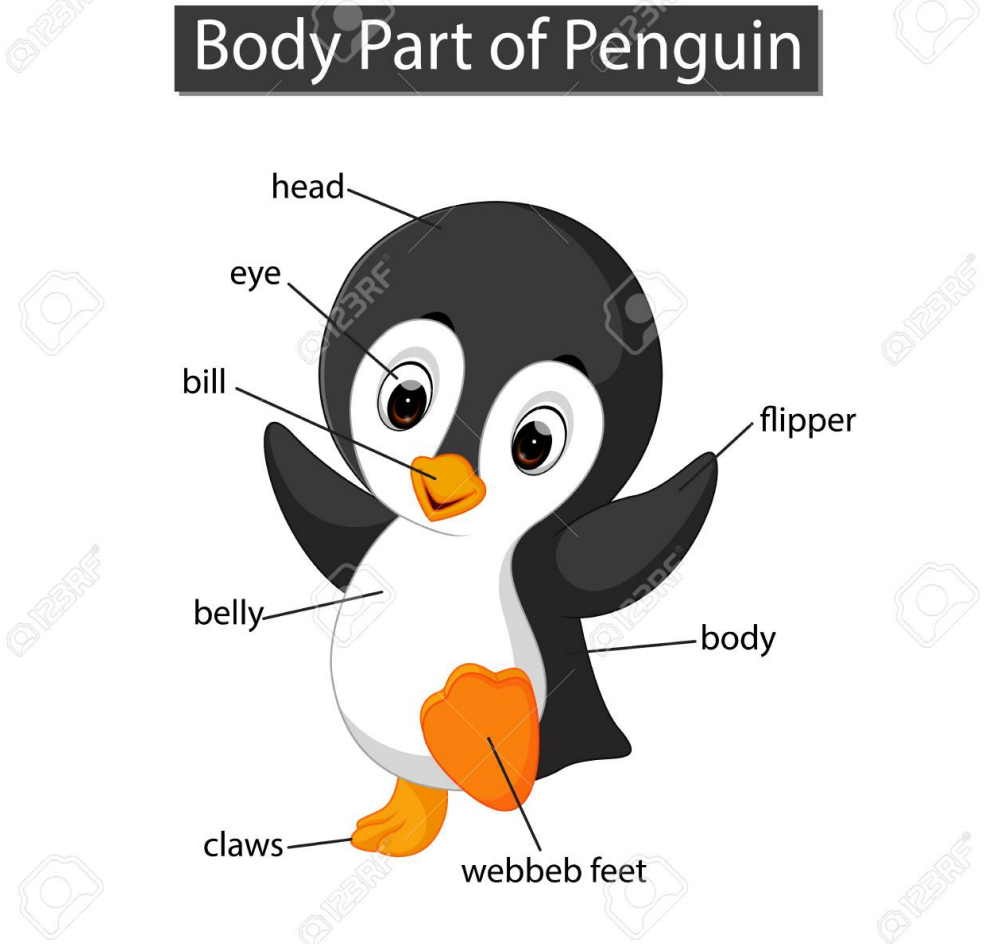
	A	B	C	D	E	F
1	id	name	age	coding score	coding score	total
2	1	Marek	30	22,5	13,4	35,9
3	2	Ala	23		10,2	10,2
4	3	Kinga	14	4,3	25,3	29,6
5	4	Anna	33	13,2	12,5	25,7
6						

Można tez używać do plików csv

```
import numpy as np

data = np.genfromtxt('scores.csv', delimiter=";", dtype=str, encoding =
data = np.char.replace(data, ',', '.')
names = data[:,1][1:]
age = data[:,2][1:].astype(int)
cod1 = data[:,3][1:]
cod1 = (cod1[cod1!='']).astype(float)
cod2 = data[:,4][1:]
cod2 = cod2[cod2!=''].astype(float)
total = data[:,5][1:].astype(float)
#srednia
print(np.mean(total))#25.349999999999998
#kto wygral
print(names[total==np.max(total)])#['Marek']
```

Pingwiny



`https://github.com/mwaskom/seaborn-data`

Zaawansowany przykład

```
import numpy as np

data = np.genfromtxt('penguins.csv', delimiter=",", dtype=str)
data = np.char.replace(data, ',', '.')
species = data[:,1][1:]
body_mass_g = data[:,6][1:]
print(body_mass_g)
body_mass_g1 = (body_mass_g[body_mass_g!='NA']).astype(float)
species1 = species[body_mass_g!='NA']
#srednia
print(np.mean(body_mass_g1))#4201.754385964912
print(species)
for i in set(species):
    print(f'{i}: {np.mean(body_mass_g1[species1==i])}')
#"Gentoo": 5076.016260162602
#"Chinstrap": 3733.0882352941176
#"Adelie": 3700.662251655629
```

Rozdział 8. Python: biblioteka Pandas

Biblioteka `Pandas`

Pandas to biblioteka Python, która umożliwia efektywną pracę z danymi w postaci tabelarycznej. Pandas współpracuje z biblioteką Matplotlib i umożliwia szybkie generowanie wykresów.
"the name is derived from the term "panel data", an econometrics term for multidimensional structured data sets."
Ściągawka: `https://github.com/pandas-dev/pandas/blob/master/doc/cheatsheet/Pandas_Cheat_Sheet.pdf`

```
import pandas as pd
```

Dzięki Pandas łatwo jesteśmy w stanie przeprowadzać takie operacje jak: czyszczenie danych, normalizacja danych, wizualizacja danych, analiza statyczna, ładowanie oraz zapisywanie danych i wiele więcej.
Głównym celem biblioteki Pandas jest ułatwienie pracy z danymi, dlatego Pandas wprowadza dwie struktury danych: Series i DataFrame. Zrozumienie tych struktur jest kluczowe do efektywnego korzystania z tej biblioteki.

Series

Series to jednowymiarowa struktura danych, a właściwie tablicy (ndarray), podobna do listy lub kolumny w tabeli. Każdy element (np. liczby całkowite, listy, obiekty, tuple) w Series ma przypisany identyfikator, który nazywany jest indeksem. Series przechowuje dane jednego typu.

```
import pandas as pd

s_int = pd.Series([1, 32, -37, 91, 12, 11, -5],
                          index = ['a','b','c','d','e','f','g'])
s_str = pd.Series(['My', 'name','is', 'Anna', 'Muranova','.'])
print(s_int)
print(s_str)
my_list = [4, 3, 2, 1, 0 ,-1, -2, -3, -4]
s_list = pd.Series(my_list)
print(s_list)
int_list = s_int.tolist()
print(int_list)
s_float = pd.Series([1.5, 32.3, -37.1, 91, 12.9, 11, -5.2],
                index = ['a','b','c','d','e','f','g'])
print(s_float[(s_float < 0)])
```

Data Frame

DataFrame to dwuwymiarowa struktura danych podobna do tabeli w bazie danych lub arkusza kalkulacyjnego Excela. DataFrame składa się z wierszy i kolumn – każda kolumna w DataFrame to Series. Jak pewnie się domyślasz, mimo że dana kolumna zawiera tylko jeden typ danych, to DataFrame może zawierać wiele kolumn, z których każda ma dane innego typu.

```
import pandas as pd

my_list = [1, 32, -37, 91, 12, 11, -5]
df_list = pd.DataFrame (my_list, index = ['a','b','c','d','e','f','g'],
                columns = ['numbers'])
print(df_list)
df = pd.DataFrame ([[1, 2, 4, 5],[-3, 8, 0.5, 10],[2, -5, 7, 3]],
            index = ['l1','l2','l3'], columns = ['a','b','c','d'])
print(df)
print(df.iloc[1,1:3])
#print(df[1,1:3])
print(df.max())
print(df['a'].max())
#print(df['l2'].max())
print(df.sort_values('a'))
```

Przykład

Dla podanych tablic stworzymy ramki danych (numery jako indeksy, nazwy `Name`, `Age`, `...` jako nazwy kolumn)

ID	Name	Age
2312	Anna	21
2336	Zofia	40
2942	Sylwia	13
9840	Katarzyna	31
2794	Teresa	34
2933	Zenon	28

ID	Name	W	H	Glasses
2942	Sylwia	64	151	F
9840	Katarzyna	69	177	T
2794	Teresa	74	170	F
8891	Tomasz	61	157	T
8111	Cezary	66	151	F
2933	Zenon	61	153	T

Tworzenie

```
import pandas as pd

df1 = pd.DataFrame([[2942,9840,2794,8891,8111,2933,8301,9125],
        [ 'Sylwia', 'Katarzyna', 'Teresa', 'Tomasz', 'Cezary',
        'Zenon', 'Filip', 'Adrian'],[13, 31, 34, 14, 13, 28, 20, 15]]).
df1.columns = ['ID', 'Name','Age']
weight = [65, 80, 64, 69, 74, 61, 66, 61]
height = [179, 179, 151, 177, 170, 157, 151, 153]
glasses = [False, True, False, True, False, True, False, True]
df2 = pd.DataFrame([[2312,2336,2942,9840,2794,8891,8111,2933],
       ['Anna', 'Zofia', 'Sylwia', 'Katarzyna', 'Teresa', 'Tomasz',
        'Cezary', 'Zenon'],weight,height,glasses]).T
df2.columns = ['ID','Name','W', 'H','Gl']
print(df2)
```

Rożny przykłady

```
#Laczenie inner
df0 = pd.merge(df1,df2)
print(df0)
#sortowanie imion
print(df0.sort_values(by=['Name']))
#imiona osób noszących okulary
DfGl=df0[df0['Gl']]
print(DfGl)
# imiona osób w wieku z przedziału lat $[20, 30]$
DfA=df0[(df0['Age']>20)*(df0['Age']<30)]
print(DfA)
#kolumną z bmi
df0['bmi']=(df0['W']*10000/df0['H']**2).astype(float).round()
                  .astype(int)
print(df0)
średni wiek i wyświetl na konsoli.
print(df0['Age'].mean().round(decimals=2))
#Grupowanie
print(df0.groupby(by='Gl'))
print(df0.groupby(by='Gl')['bmi'].mean().round(decimals=2))
print(df0.groupby(by='Gl')['Age'].mean().round(decimals=2))
```

Wczytywanie danych z pliku

```
import pandas as pd

data = pd.read_csv('penguins.csv', sep=',', index_col=False,
          encoding='UTF-8')
print(data)
```

Przykłady

```
#średnia waga w każdej plecie
print(data.groupby('sex')['body_mass_g'].mean())

#średnia waga w każdej plecie,
print(data.dropna().groupby('sex')['body_mass_g'].mean())
#średnia waga z podziałem na płeć  i gatunek
print(data.dropna().groupby(by=['sex','species'])
['body_mass_g'].mean())

#wszystkie wartości dla pingwinów z najmniejsza waga.
print(data[data['body_mass_g']==data['body_mass_g'].min()])
print(data[data['body_mass_g']==data['body_mass_g'].min()].to_string())

#ilość pingwinów gatunku 'Adelie' na każdej wyspie
print(data[data['species']=='Adelie'].groupby('island').size())

#ilość pingwinów każdego gatunku na każdej wyspie
print(data.groupby(by =['species','island']).size())
```

Wykresy 1

```
import pandas as pd
import matplotlib.pyplot as plt

data = pd.read_csv('penguins.csv', sep=',', index_col=False,
 encoding='UTF-8')

#wykres słupkowy ilości pingwinów w zależności od wyspy.
data.groupby(['island']).size().plot.bar()
plt.show()

#wykres punktowy zależności  szerokości dzióba od długości.
data.plot.scatter(x = 'bill_length_mm',y ='bill_depth_mm')
plt.show()

#w ktorym kolor punktów zależy od plecie, a rozmiar - od wagi.
```

Wykresy 2

```
import pandas as pd
import matplotlib.pyplot as plt
import numpy as np

data = pd.read_csv('penguins.csv', sep=',', index_col=False,
                           encoding='UTF-8')

colors = np.where(data['sex']=='MALE','blue','red')
weight = ((data['body_mass_g']/2000)**5).astype(float)



#wykres punktowy zależności  szerokości dzióba od długości.
#w ktorym kolor punktów zależy od plecie, a rozmiar - od wagi.

data.plot.scatter(x = 'bill_length_mm',y ='bill_depth_mm',
                          c = colors, s = weight)
plt.show()
```

Rozdział 9. Python: biblioteka Seaborn

Biblioteka Seaborn

Seaborn, to zgrabna oraz efektywna biblioteka, pozwalająca na szybkie tworzenie atrakcyjnych wykresów, w Python. Została, zbudowana na bazie biblioteki Matplotlib, jednocześnie wzbogacona o dodatkowe typy wykresów.

`https://seaborn.pydata.org/`

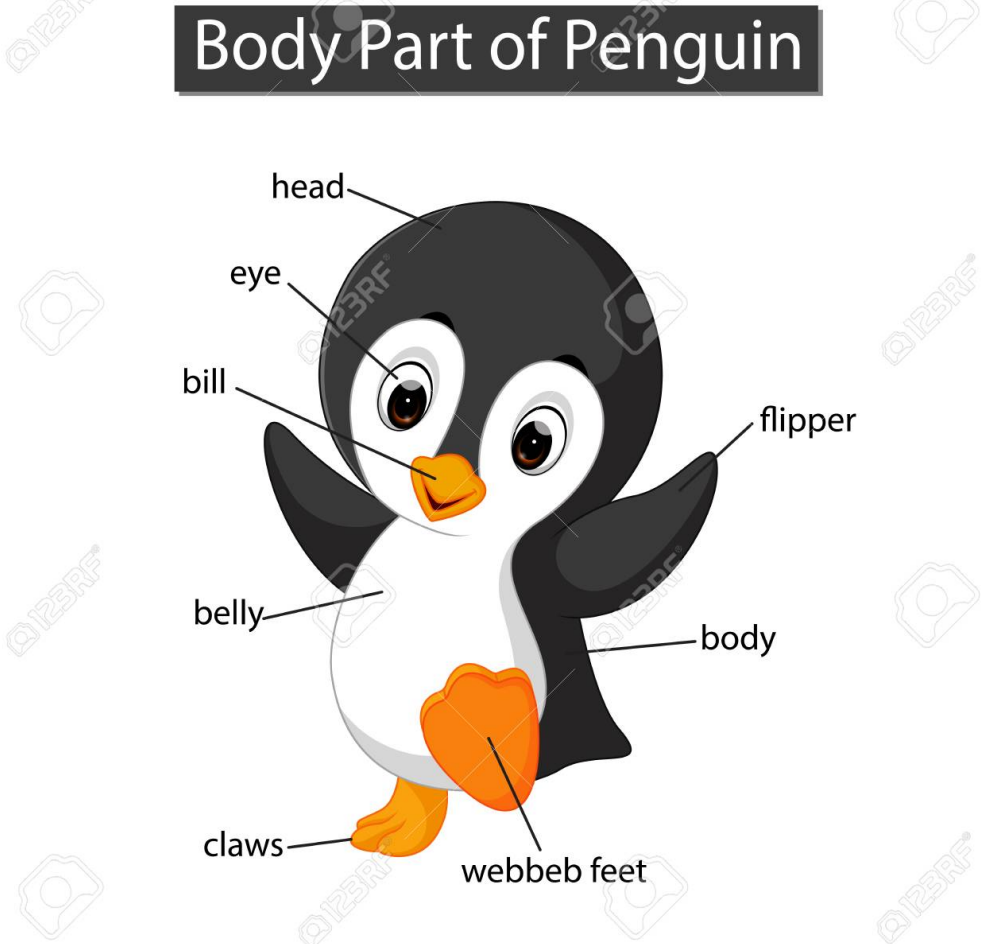
Porównaj:

```
import numpy as np
#import seaborn as sns
import matplotlib.pyplot as plt


def sinplot(flip=1):
    x = np.linspace(0, 14, 100)
    for i in range(1, 5):
        plt.plot(x, np.sin(x + i * .5) * (7 - i) * flip)

#sns.set_style("whitegrid")
#sns.set_palette("husl")
sinplot()
#print(sns.axes_style())
plt.show()
```

Pingwiny



`https://github.com/mwaskom/seaborn-data`

Seaborn: pingwiny

```
import seaborn as sns
import pandas as pd
import matplotlib.pyplot as plt

# Apply the default theme
sns.set_theme()

#penguins = sns.load_dataset("penguins")
penguins = pd.read_csv('penguins.csv', index_col=None,
encoding="UTF-8")

sns.relplot(
    data=penguins,
    x="bill_length_mm", y="bill_depth_mm",
    hue="sex", style="species", size="body_mass_g",)

plt.show()
```

Seaborn: jeszcze pingwiny

```
import matplotlib.pyplot as plt

import seaborn as sns
sns.set_theme(style="ticks")

df = sns.load_dataset("penguins")
sns.pairplot(df, hue="species")
plt.show()
```

4 główne typy wykresów w Seaborn

Seaborn, posiada całkiem rozbudowany arsenał wykresów. Szczegóły dotyczące wszystkich z nich, znajdziemy na stronie produktu. My skupimy się na nauce pakietu oraz na 4 najczęściej stosowanych typach wykresów. Mianowicie

1. Wykresy relacyjne
2. Wykresy z kategoriami
3. Wykresy z regresją
4. Wykresy dystrybucji oraz korelacji (histogram)

Wykresy relacyjne: funkcja relplot()

Podstawowe parametry:

data – wskazujemy zbiór danych
x, y – wskazujemy dane, które mają być umieszczone na osi x oraz y
hue – jeżeli chcemy, aby dane były kolorystycznie różne, w zależności od wartości zmiennej, to tutaj ją podajemy
col, row – w ilu kolumnach i wierszach mają się wyświetlić wykresy
kind – typ wykresu – czy liniowy, czy z punktami
aspect – szerokość wykresu

Wykresy relacyjne: przykład 1

```
import matplotlib.pyplot as plt

import seaborn as sns
sns.set_theme(style="ticks")

tips = sns.load_dataset("tips")
sns.relplot(x="total_bill",
            y="tip",
            aspect=2.5,
            data=tips,
            size='size',
            hue='smoker',
            kind="scatter");
plt.show()#
```

Wykresy relacyjne: przykład 2

```
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
import pandas as pd

import seaborn as sns


x0=np.linspace(0,10,100)
print(x0)
sns.relplot(x=x0,
            y=np.sin(x0),
            kind="line");
plt.show()
```

Wykresy z kategoriami

Kolejne, popularne wykresy, to wykresy słupkowe różnego typu. Podstawową funkcją, którą powinniśmy poznać, jest 'catplot()'. Nazwa, od category plot. Podobnie, jak w przypadku funkcji 'relplot()', mamy kilka rodzajów wykresów słupkowych. Count, bar, box itd.

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

df = sns.load_dataset("penguins")
sns.catplot(x="species",
            y="body_mass_g",
            data=df,
            hue = 'sex',
#kind = 'box'
#kind = 'violin'
)
plt.show()
```

Wykresy z kategoriami

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

df = sns.load_dataset("penguins")
sns.catplot(x="species",
            data=df,
            hue = 'sex',
            kind = 'count'
            )
plt.show()
```

Wykresy z regresja

Regresja liniowa:

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

df = sns.load_dataset("penguins")
sns.lmplot(data=df,
           x="bill_length_mm",
           y="bill_depth_mm",
           aspect=2.5,)
plt.show()
```

Histogram

Histogram

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

df = sns.load_dataset("penguins")
sns.histplot(data=df, y="flipper_length_mm")
#sns.histplot(data=df, y="flipper_length_mm",
hue='species', multiple='stack')
plt.show()
```