G4
Faculdade de Medicina da USP

inteli
instituto
de tecnologia
e liderança

Controle do Documento

Histórico de revisões

Data	Autor	Versão	Resumo da atividade
01/02/2023	Luiz Fernando Covas	1.0	Criação do documento e 4.1.4 Atualização da seção 2.7
01/02/2023	Rafael Techio	1.1	Atualização 4.1.3
02/02/2023	Henrique Burle	1.2	Atualização 4.1.5
04/02/2023	Giuliano Bontempo	1.3	Atualização da seção 4.1.6
06/02/2023	Esther Hikari	1.4	Atualização da seção 4.1.2 (Análise SWOT).
06/02/2023	Felipe Moura	1.5	Preenchimento seção 4.1.7
06/02/2022	Renan Ribeiro	1.6	Introdução 4.0
06/02/2023	Renan Ribeiro	1.6	Contexto da Indústria 4.1.1
10/02/2023	Rafael Techio e Luiz Fernando Covas	1.7	Revisão geral para entrega 1
10/02/2023	Giuliano Bontempo	1.8	Revisão para a entrega 1
16/02/2023	Esther Hikari	1.9	Correção
16/02/2023	Giuliano Bontempo	1.9.1	Correção da seção 4.1.6
25/02/2023	Luiz Fernando Covas	2.0	Preenchimento das seções 4.2.1 e 4.2.2
26/02/2023	Esther Hikari	2.1	Revisão geral, adição e preenchimento da seção 4.2.4 (Política de privacidade LGPD)
27/02/2023	Esther Hikari	2.2	Preenchimento da seção 4.2.3 (Hipóteses)
27/02/2023	Giuliano Bontempo	2.3	Complemento da seção 4.2.2
10/03/2023	Felipe Moura	3.1	Preenchimento seção 4.3.1 e 4.3.2
11/03/2023	Luiz Fernando Covas	3.2	Preenchimento seção 3
12/03/2023	Rafael Techio	3.3	Preenchimento da seção 4.3.3

25/03/2023	Giuliano Bontempo	4.1	Preenchimento da seção 4.4

Sumário

1. Introdução

O Instituto de Câncer do Estado de São Paulo(ICESP) – Octavio Frias de Oliveira, nosso parceiro neste módulo, é uma das unidades do Hospital das Clínicas da Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo (HCFMUSP), com atendimento exclusivo para pacientes da rede pública de saúde do SUS (Sistema Único de Saúde). Inaugurado em maio de 2008, o ICESP é administrado pela Organização Social de Saúde (OSS) e a Fundação Faculdade de Medicina, por meio do Contrato de Gestão nº 01/2022, Processo HCFMUSP nº 68.919/2021.

Após mais de uma década de funcionamento, o ICESP já atendeu mais de 121 mil pacientes do SUS, sendo que 36 mil permanecem em atendimento. A assistência com excelência é premissa básica no atendimento realizado pelo ICESP e transcende o ato de cuidar do paciente que se encontra em suas dependências.

Nestes 14 anos desde a sua implantação, o ICESP se consolidou como referência no atendimento oncológico do país, com elevada qualidade técnica, e desenvolvendo pesquisas e atividades de ensino em todas as áreas relacionadas à oncologia.

Entre outros benefícios garantidos por lei, o usuário do SUS tem direito a começar o tratamento do câncer – incluindo cirurgia, quimioterapia ou radioterapia –, em até 60 dias a partir da data em que foi emitido o laudo do exame que comprovou a doença.

O câncer de mama é uma doença causada pela multiplicação desordenada de células da mama. Esse processo gera células anormais que se multiplicam, formando um tumor. Visto que, a evolução do câncer de mama e sua resposta a tratamentos convencionais é muito variável. Conseguimos identificar padrões preditivos dessa variabilidade a partir de dados clínicos e do seguimento desses pacientes?

Para responder esta pergunta, foi nos proposto a criação de modelos preditivos a partir de cortes de pacientes acompanhados em projetos de pesquisa do Instituto do Câncer do Estado de São Paulo/Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo.

2. Objetivos e Justificativa

2.1. Objetivos

Desenvolver um modelo preditivo construído com base no dataset fornecido pelo ICESP para prever a melhor tomada de decisão em relação ao tipo de tratamento que se deve sugerir para pacientes portadores do câncer de mama, sendo eles, neoadjuvante ou adjuvante.

2.2. Proposta de Solução

Na área de saúde, o diagnóstico de um paciente com câncer de mama apresenta muitas variáveis que influenciam na hora de decidir qual o melhor tratamento a ser seguido. Assim, por um modelo preditivo, podemos identificar informações específicas que agrupem pacientes com base nessas variáveis genéticas, auxiliando o médico na tomada de decisão entre neoadjuvante ou adjuvante, aumentando a taxa de sucesso dos tratamentos e impactando diretamente a vida dessas pessoas.

2.3. Justificativa

Com a implementação do nosso modelo preditivo, poderemos ajudar os médicos na tomada de decisão de qual será o melhor tratamento para cada paciente baseado em dados passados. Assim, aprimoramos e aumentamos a taxa de efetividade na escolha. Dessa forma, conseguiremos aumentar o tempo de sobrevida dos pacientes portadores de câncer.

3.Metodologia

A metodologia utilizada em nosso projeto foi o framework CRISP-DM (Cross Industry Standard Process for Data Mining) um modelo que serve como base para o processo de desenvolvimento de produtos de DataScience, por orientar quais as etapas que deve-se seguir para um bom desempenho no projeto e mostra possíveis necessidades de correção de etapas já trabalhadas para aprimoramento do modelo.

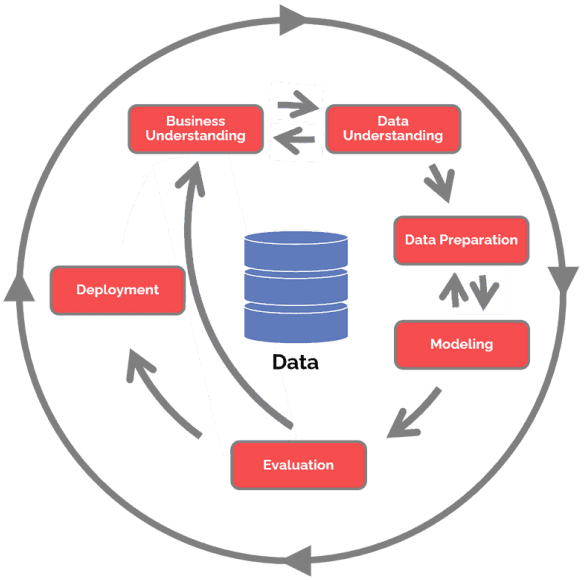


Diagrama CRISP-DM. Inspirado na Wikipédia

A metodologia CRISP-DM traz diversos benefícios e por isso se tornou a metodologia mais utilizada em projetos de ciência de dados conforme mostra o gráfico abaixo:

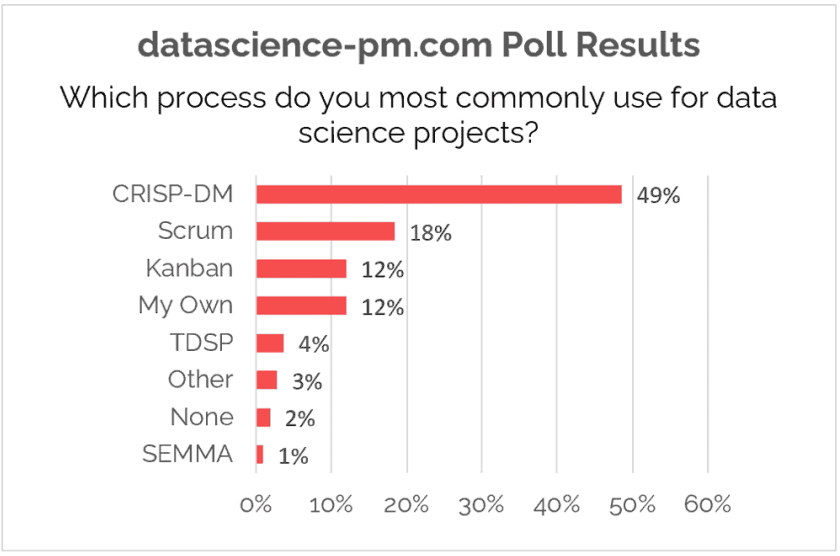


Gráfico referente a pesquisa realizada pelo www.datascience-pm.com em 2020

A metodologia CRISP-DM foi implementada em nosso projeto através de seis fases, sendo elas:

Compreensão do negócio — O que a empresa precisa?

Qualquer bom projeto começa com uma profunda compreensão das necessidades do cliente. A fase de compreensão do negócio se concentra na compreensão dos objetivos e requisitos do projeto. Para isso precisamos entender completamente o que o cliente quer para então definirmos o critério de sucesso. Enquanto muitas equipes se apressam nessa fase, estabelecer um forte entendimento de negócios é como construir a base de uma casa, absolutamente essencial.

Compreensão de dados — Que dados temos/precisamos? É limpo?

Em seguida, é a fase de compreensão de dados. Somando-se à base do Business Understanding, ele direciona o foco para identificar, coletar e analisar os conjuntos de dados que podem ajudar a atingir as metas do projeto. Aqui é onde acontece a coleta de dados e aprofundamento da análise, explorando os dados, a fim de identificar relações entre eles. E nessa etapa verificamos o quão limpo/sujos são nossos dados.

Preparação de dados — Como organizamos os dados para modelagem?

Nessa fase devemos preparar os conjuntos de dados finais para modelagem, selecionarmos os dados e documentarmos os motivos de inclusão/exclusão desses dados, feito isso seguimos para o tratamento, onde corrigimos, imputamos ou removemos valores errôneos/Nan. Aqui também pode-se criar novos conjuntos de dados combinando dados de várias fontes ou resumi-los em apenas um. Por fim, podemos converter valores de cadeia de caracteres que armazenam “strings” em valores numéricos para poder executar operações matemáticas.

Modelagem — Quais técnicas de modelagem devemos aplicar?

Aqui é onde se cria e avalia vários modelos com base em técnicas de modelagem diferentes, determinando quais algoritmos utilizaremos (ex: regressão, rede neural). Para isso deve-se dividir os dados em conjuntos de treinamento, teste e validação.

Avaliação — Qual modelo atende melhor aos objetivos do negócio?

A fase avaliação analisa mais amplamente qual modelo melhor atende ao negócio e o que fazer a seguir. Aqui precisamos avaliar se os resultados atendem aos critérios de sucesso do negócio e se podemos aprová-los para realização do deploy, ou seja, deve se revisar todo o trabalho realizado a fim de identificar se algo foi esquecido, se todas as etapas foram executadas corretamente e corrigir se necessário para então segui com a implementação.

Implantação — Como as partes interessadas acessam os resultados?

Por fim, na implantação se inicia o processo de desenvolvimento dos modelos criados e avaliados nas etapas anteriores (precisamos ter obtido sucesso em todas as etapas anteriores). Para realizar a implantação precisamos desenvolver e documentar um plano para que isso ocorra da melhor forma possível a fim de desenvolver um plano completo de

monitoramento e manutenção para evitar problemas futuros (fase operacional ou fase pós-projeto)

4. Desenvolvimento e Resultados

4.1. Compreensão do Problema

4.1.1. Contexto da indústria

Um estudo feito pelo Observatório de Oncologia em 2016 revelou que o custo médio por paciente do tratamento para câncer de mama no estágio inicial fica em torno de R$11,3 mil. No terceiro estágio, o valor médio por pessoa sobe para R$55 mil.

Apesar do alto custo do tratamento do câncer de mama, todos os procedimentos oncológicos podem ser realizados gratuitamente pelo SUS (Sistema Único de Saúde).

Segundo dados divulgados pelo Ministério da Saúde, entre 2019 e 2021 a pasta investiu mais de R$379 milhões para a realização de 8,7 milhões de exames de mamografia. Além disso, mais de R$14,5 milhões foram desembolsados para 16,1 mil em reconstruções mamárias e R$21,7 milhões foram destinados a 51,4 mil cirurgias para o tratamento do câncer. Outros R$714 milhões foram usados para 4,2 milhões de tratamentos de radioterapia e quimioterapia, no mesmo período.

De acordo com dados da pesquisa "Número de casos e gastos com câncer de mama no Brasil atribuíveis à alimentação inadequada, excesso de peso e inatividade física", elaborada pela Coordenação de Prevenção e Vigilância (Conprev) do INCA e apresentada em 2021, cerca de 13% dos casos de câncer de mama no Brasil ocorridos no ano passado poderiam ser evitados pela redução de fatores de risco relacionados ao estilo de vida, em especial, da inatividade física.

A pesquisa também apontou que quase 13% dos gastos federais do SUS em 2018 com o tratamento de câncer de mama (R$102 milhões) seriam poupados pela redução de fatores de risco comportamentais, mais uma vez com atenção especial à atividade física, que detém a maior fração (5%) dos casos de câncer de mama evitáveis pela adoção da prática.

Muitos avanços vêm ocorrendo no tratamento do câncer de mama nas últimas décadas. Há hoje mais conhecimento sobre as variadas formas de apresentação da doença e diversas terapêuticas estão disponíveis.

O tratamento do câncer de mama depende da fase em que a doença se encontra (estadiamento) e do tipo do tumor. Pode incluir cirurgia, radioterapia, quimioterapia, hormonoterapia e terapia biológica (terapia alvo).

Quando a doença é diagnosticada no início, o tratamento tem maior potencial curativo. No caso de a doença já possuir metástases (quando o câncer se espalhou para outros órgãos), o tratamento visa prolongar a sobrevida e melhorar a qualidade de vida.

O tratamento varia no estadiamento da doença, as características biológicas do tumor e as condições do paciente (idade, se já passou ou não pela menopausa, doenças preexistentes e preferências).

Modelo de negócio

O ICESP é uma instituição de atendimento especializado em tratamento oncológico que segue os princípios do SUS.

O hospital atende apenas pacientes encaminhados pela rede estadual de saúde, ou seja, que foram diagnosticados com câncer em atendimentos médicos realizados nas Unidades Básicas de Saúde (UBS), Ambulatórios de Especialidades (AMES) e hospitais gerais.

O encaminhamento para o ICESP é viabilizado por meio de uma Central de Regulação de Vagas (CROSS) da Secretaria de Estado da Saúde (SES), priorizando regiões da cidade que tenham o Instituto do Câncer como referência.

O trabalho da CROSS, portanto, é garantir que os pacientes sejam encaminhados para os centros especializados em tratamento oncológico localizados próximos de sua residência, baseado em protocolos clínicos de atendimento e, em alinhamento com os fluxos de contrarreferenciamento de retorno para a região de origem.

Concorrentes

O ICESP (Instituto do Câncer do Estado de São Paulo) tem tanto concorrentes do setor público, como também do setor privado. Hospitais como Albert Einstein, São Luiz e Sírio Libanês. A seguir alguns exemplos de competidores:

Hospital Israelita Albert Einstein:

O Hospital Israelita Albert Einstein é um hospital brasileiro, privado e localizado no distrito do Morumbi, zona sul do município de São Paulo. Além de o hospital ter sido reconhecido pelo segundo ano consecutivo, o Centro de Oncologia e Hematologia Einstein alcançou a 20° posição no ranking mundial e em relação a 2021, melhorou de posição. Um reconhecimento que ressalta o compromisso da instituição em oferecer excelência a todos os pacientes

Criado para ser o mais avançado polo de prevenção e tratamento do câncer na América Latina, o Centro de Oncologia e Hematologia Einstein Família Dayan – Daycoval combina tecnologias de última geração, recursos humanos altamente qualificados e abordagem multi e interdisciplinar para proporcionar aos pacientes cuidados completos e integrados. Do diagnóstico ao tratamento, além de uma vasta gama de serviços de suporte, como medicina integrativa, nutrologia, odontologia e cuidados paliativos, entre vários outros, o Centro congrega toda a cadeia de atendimento. Isso assegura uma abordagem holística, contemplando todas as dimensões-chave para uma assistência oncológica diferenciada, comparável à prestada nos centros de referência internacional.

O Einstein conta, ainda, com um pioneiro Centro de Medicina Personalizada. Seu laboratório de Genômica realiza sequenciamento genético e oferece um leque de cerca de 700 exames baseados em tecnologias genéticas e genômicas. São recursos que possibilitam maior precisão no diagnóstico e caracterização dos tumores, permitindo a individualização do tratamento e a identificação do medicamento mais eficaz para cada caso. A genética também é um trunfo fundamental para a detecção de risco hereditário de câncer (e de outras doenças) e para o estabelecimento de um plano de tratamento e/ou prevenção mais assertivo.

Hospital São Luiz:

Trata-se de um hospital privado, com sede em São Paulo e Brasília. O Centro de Oncologia São Luiz tem um corpo clínico altamente qualificado e integrado a uma equipe multiprofissional preparada, composta por psicólogos, nutricionistas, fisioterapeutas, fonoaudiólogos e enfermeiros.

Considerando que a agilidade entre a suspeita do diagnóstico e o início do tratamento são fatores decisivos para elevar o índice de cura em patologia oncológicas, foi implantado o conceito Linha Verde, visando reduzir o tempo entre o primeiro contato com o serviço, a realização dos exames, a identificação da doença e o início do tratamento.

O paciente tem um suporte completo em todas as fases e estágios da doença, incluindo quimioterapia, cirurgias oncológicas minimamente invasivas ou guiadas por robô, radiologia intervencionista, contando com a retaguarda e a segurança de um complexo hospitalar de alto padrão.

Sírio Libanês:

Criado em 2003, o Núcleo de Mastologia do Sírio-Libanês é formado por especialistas que aliam conhecimento e experiência, com agilidade de resolução, sofisticação tecnológica, atendimento integral multidisciplinar e, acima de tudo, atenção humanizada. O Núcleo atende mulheres e homens; crianças, adolescentes, adultos e idosos.

Os pacientes recebem assistência das equipes de Oncogenética, Oncogeriatria, Cardio-Oncologia, Cuidados Paliativos, Cuidados Integrativos e do Serviço de Voluntários do Hospital, o que confere ao atendimento um caráter integral e, em simultâneo, especializado e humanizado.

5 Forças de Porter

As 5 forças de Porter é o nome dado para um modelo criado por Michael Porter visando entender as forças do mercado que influenciam no desempenho de uma empresa. A seguir, uma análise do ICESP seguindo o modelo de Porter:

Rivalidade entre concorrentes

Tendo em vista que o ICESP é um hospital referência no tratamento de câncer de mama, ocorre haver uma disputa por parte de pacientes, tanto de classe média baixa (que não tem condições de arcar com o tratamento) quanto de classe média alta (que mesmo tendo condições de pagar por um tratamento em um hospital particular, preferem um tratamento com maior chances de um resultado promissor, em um hospital público como o Instituto de Câncer do Estado de São Paulo). Sendo assim, o ICESP compete não só com outros hospitais públicos, mas também com o setor privado.

Poder de barganha dos fornecedores

O poder de barganha dos fornecedores é relativamente baixo, pois pelo fato do ICESP se tratar de um dos hospitais de referência do país, o que o faz ter uma alta demanda de consumos para tratamentos relacionados a câncer, o hospital possui um maior poder de barganha em relação aos insumos por consumir em abundância, sendo um cliente importante para seus fornecedores e em relação à mão de obra por ser um hospital onde muitos médicos almejam trabalhar devido ao seu prestígio no mercado.

Poder de barganha dos compradores

O poder de barganha dos compradores é bem baixo, o que se deve principalmente à gravidade da doença e ao fato de o ICESP ser a principal referência no tratamento de câncer. Como o câncer é uma ameaça direta à vida das pessoas afetadas por ele, elas colocam como sua prioridade máxima garantir o melhor tratamento possível, ou seja, ir na melhor instituição da sua região, que, para a maioria dos paulistanos, é o ICESP. Assim,

devido à alta infraestrutura, qualificação dos médicos e fama do ICESP, o poder de barganha dos compradores é baixo, já que ninguém barganha quando o assunto é a sua saúde.

Ameaça de novos entrantes:

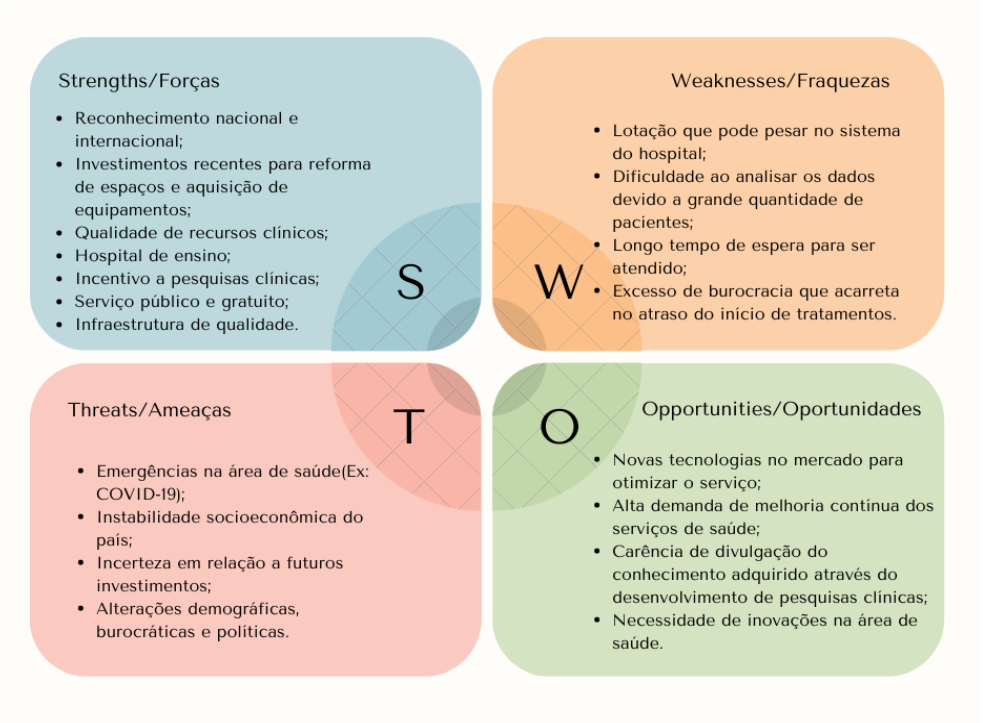
A ameaça de novos entrantes, como outros hospitais públicos, se qualificarem e se tornarem referência no tratamento do câncer, ou que novos hospitais particulares possam surgir é relativamente baixa. Isso ocorre por se tratar de um tratamento muito complexo, que necessita de muito investimento. Dificilmente haverá algum hospital com tanto conhecimento sobre o assunto e com o nível de experiência que o ICESP possui.

Ameaça de produtos ou serviços substitutos

Podemos considerar baixa a ameaça de substitutos por se tratar de um assunto muito complexo, o qual demanda muito estudo, pesquisa e investimento. Sendo assim, a probabilidade de surgir um novo tratamento como uma possível cura ou algo nesse sentido é reduzida.

4.1.2. Análise SWOT

Figura 1: Canva Análise SWOT.



Fonte: Desenvolvido pelo próprio grupo através do canva.com

4.1.3. Planejamento Geral da Solução

3.1) Qual é o problema a ser resolvido

Dificuldade na tomada de decisão do melhor tratamento e na análise dos dados disponíveis.

3.2) Qual a solução proposta (visão de negócios)

Desenvolver um modelo preditivo com o intuito de auxiliar médicos a encontrar de forma mais rápida e assertiva a melhor opção de tratamento entre a abordagem neoadjuvante (quimioterapia seguida de cirurgia) e adjuvante (cirurgia seguida de quimioterapia) nos casos de câncer de mama.

3.3) Como a solução proposta deverá ser utilizada

A solução será implementada em um site web de modo que o médico poderá selecionar características clínicas da paciente e assim obter como resultado o tratamento ideal.

Futuramente, o algoritmo de modelo preditivo poderá ser implementado no sistema hospitalar de modo a automatizar o processo de consulta ou até mesmo estar inserido em uma API para poder ser acessado de vários outros sistemas.

3.4) Quais os benefícios trazidos pela solução proposta

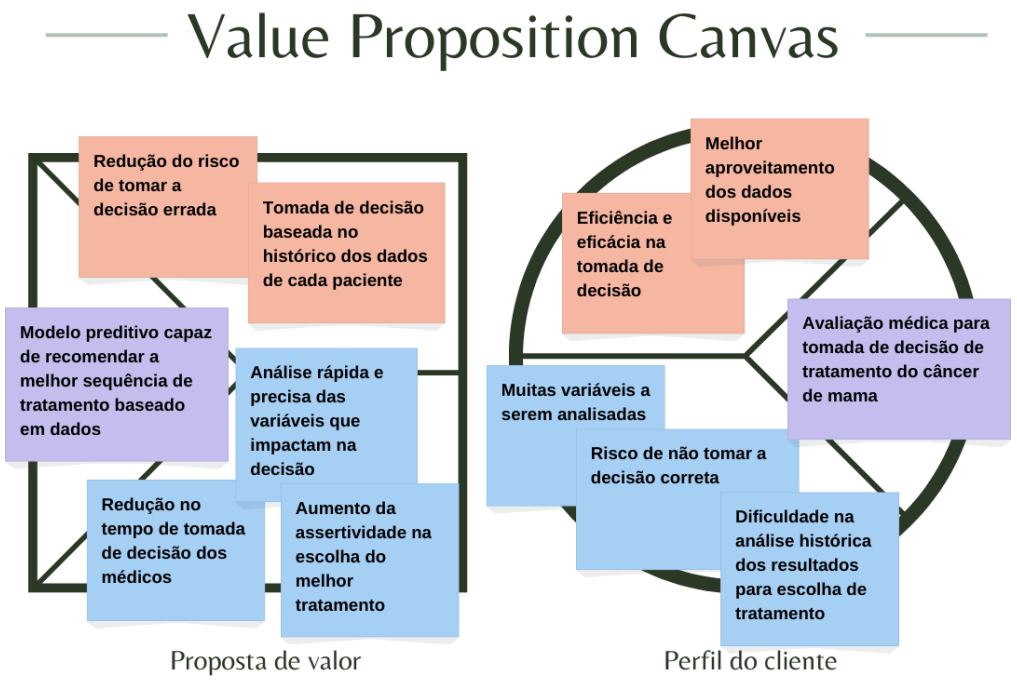
O auxílio ao médico responsável por definir qual tratamento o paciente deverá seguir com maior assertividade e um possível impacto na cura do paciente, além de um melhor aproveitamento dos dados disponíveis.

3.5) Qual será o critério de sucesso e qual medida será utilizada para o avaliar

O critério de sucesso será definido a partir da taxa de assertividade dos testes realizados. Os testes do algoritmo serão avaliados comparando suas respostas às análises de casos disponibilizadas pela USP, considerando todas as variáveis genéticas existentes nestes tratamentos e entregando um resultado que seja conciso com o tipo de tumor do paciente, assim como outros fatores.

4.1.4. Value Proposition Canvas

Figura 2: Value Proposition Canvas.



Fonte: Desenvolvido pelo próprio grupo através do Canva.com.

4.1.5. Matriz de Riscos

Figura 3: Matriz de risco.

Probabilidade	Ameaças					Oportunidades					Possibilidade
90%						Ajuda no combate ao câncer de mama	Aprendizado para membros do grupo				90%
70%			Tarefas mal divididas	Problemas com dados							70%
50%					O modelo não atender as demandas						50%
30%				Não entender os dados	Instabilidade de algoritmos						30%
10%			Faltar engajamento dos participantes	Grupo se desentender							10%
	Muito Baixo	Baixo	Moderado	Alto	Muito Alto	Muito Alto	Alto	Moderado	Baixo	Muito Baixo	

Fonte: Desenvolvido pelo próprio grupo através do Excel.

4.1.6. Personas

Marco Aurélio — Utiliza o modelo

Figura 4: Persona 1.

Maria Helena — Afetada pelo modelo

Figura 5: Persona 2.

4.1.7. Jornadas do Usuário

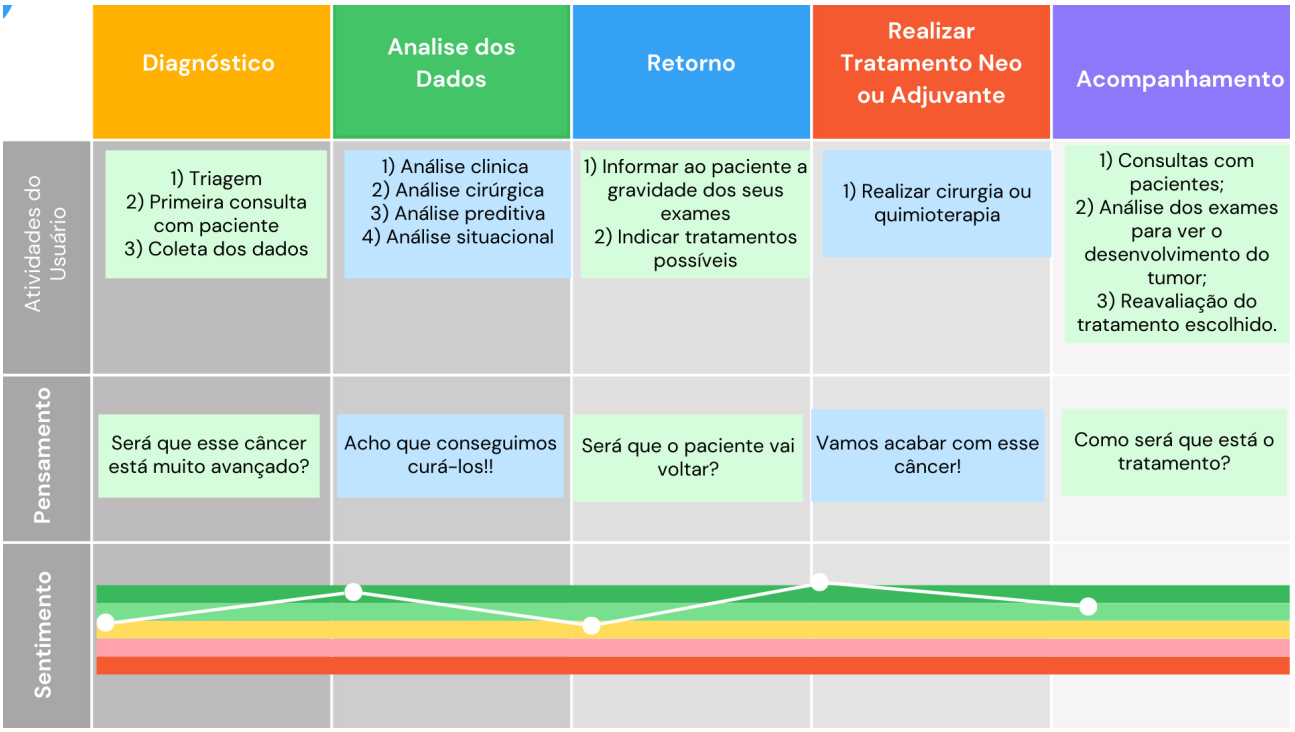
Uma jornada do usuário é uma visualização do processo pelo qual uma pessoa passa para atingir um objetivo. É essencial para que toda a equipe tenha uma percepção comum sobre o processo, motivações, ações, sentimentos, pensamentos e expectativas do usuário.

Usuário: Marco Aurélio

Cenário: Marco Aurélio é um médico oncologista do ICESP que trabalha com diversos casos de câncer de mama. No hospital suas atividades são o diagnóstico, escolha do tratamento e acompanhamento dos seus pacientes. Hoje, o hospital tem uma base de dados enorme que mostra os resultados dos pacientes conforme a escolha do tratamento, o problema é que esses dados não são passíveis de uma análise preditiva, por falta de tratamento de dados e um modelo fidedigno.

Expectativas: Melhorar a eficiência, eficácia e facilidade na escolha do tratamento ideal, tendo como suporte adicional uma análise preditiva dos dados históricos dos tratamentos realizados no hospital. Para que se possa ter mais um elemento respaldando suas escolhas.

Figura 6: Jornada do usuário.



Fonte: Desenvolvido pelo próprio grupo através do Canva.com

Oportunidades: Facilitar o preenchimento e uso do modelo, além de melhorar a visualização dos dados. Criar uma métrica por pesquisas quantitativas sobre a experiência do usuário com o modelo.

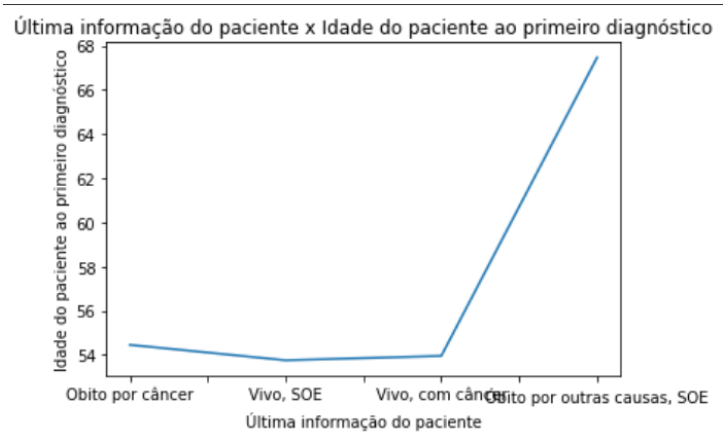
4.2. Compreensão dos Dados

4.2.1. Exploração de dados:

Após recebermos as quatro tabelas fornecidas pelo ICESP (Instituto do Câncer do Estado de São Paulo) com diversas informações, coletadas de prontuários médicos a respeito de pacientes portadoras do câncer de mama, começamos a explorar os dados a fim de entender e descobrir possíveis correlações entre as variáveis. Nesse processo levantamos algumas hipóteses, que nos ajudarão na criação do nosso modelo preditivo. Para isso, utilizamos algumas ferramentas como Colab, funções do python e algumas bibliotecas, para visualizarmos e entendermos melhor como estava estruturada a nossa base de dados.

Segue abaixo alguns gráficos, que plotamos em nosso notebook para visualizarmos melhor nossos dados e as variáveis disponíveis:

Figura 7: Gráfico relacionando os tipos de tratamento e a quantidade média de dias até a primeira recidiva.

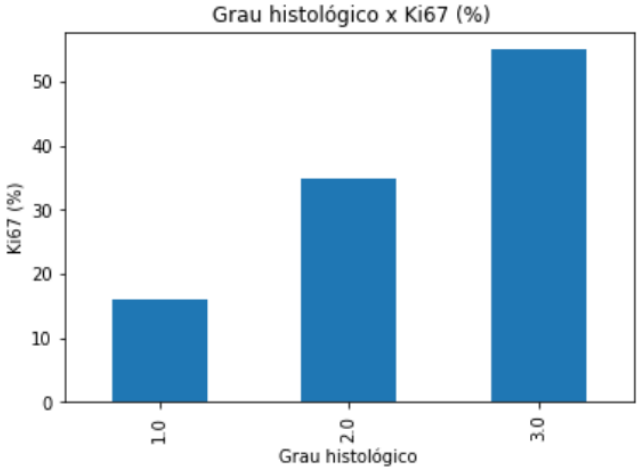


Fonte: Desenvolvido pelo próprio grupo através do Google Colab.

Grau Histológico x Ki67 (%)

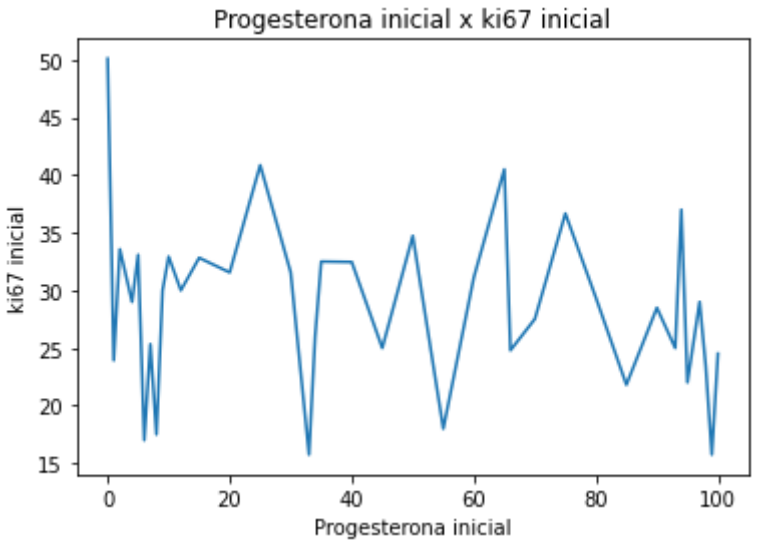
A substância Ki67 está relacionada ao grau da doença. Essa hipótese foi comprovada pois a substância Ki67 está diretamente relacionada à taxa de multiplicação das células cancerígenas, sendo mais presente em doenças de estágios mais avançados.

Figura 8: Gráfico relacionando o grau histológico e a quantidade de Ki67, substância liberada durante a divisão celular, presente no organismo do paciente.



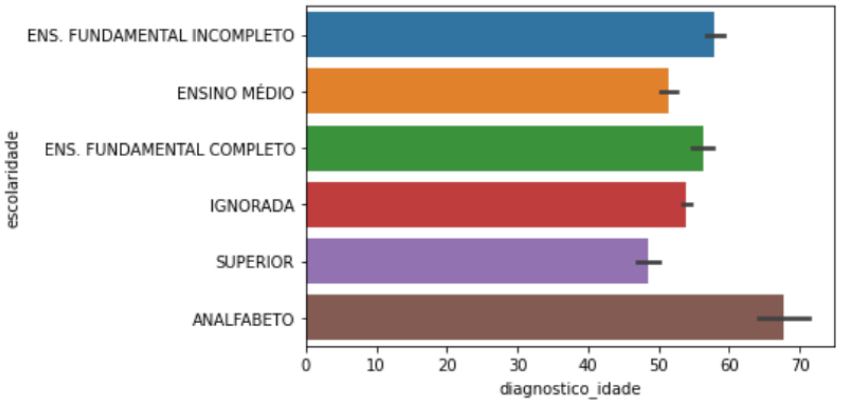
Fonte: Desenvolvido pelo próprio grupo através do Google Colab.

Figura 9: Gráfico relacionando o valor da progesterona inicial com a quantidade de Ki67 presente no organismo do paciente.



Fonte: Desenvolvido pelo próprio grupo através do Google Colab.

Figura 10: Gráfico relacionando o nível de escolaridade dos pacientes com o tempo para o diagnóstico de câncer.



Fonte: Desenvolvido pelo próprio grupo através do Google Colab.

a) Cite quais são as colunas numéricas e categóricas.

Para realizar a identificação da quantidade de colunas numéricas e categóricas que nosso DataFrame apresentava, utilizamos o método df.info(). Assim conseguimos obter o número total de linhas e colunas, o nome de cada coluna, o número de valores não nulos e o tipo de dados de cada coluna.

Figura 11: Método df.info() sendo utilizada no DataFrame peso e altura.

```
df_peso_altura.info()

<class 'pandas.core.frame.DataFrame'>
RangeIndex: 55654 entries, 0 to 55653
Data columns (total 7 columns):
 #   Column                  Non-Null Count  Dtype
---  ------                  --------------  -----
 0   Record ID               55654 non-null  int64
 1   Repeat Instrument       51382 non-null  object
 2   Repeat Instance         51382 non-null  float64
 3   Data:                   51354 non-null  object
 4   Peso                    45178 non-null  float64
 5   Altura (em centimetros) 49928 non-null  float64
 6   IMC                     51334 non-null  float64
dtypes: float64(4), int64(1), object(2)
memory usage: 3.0+ MB
```

Fonte: Desenvolvido pelo próprio grupo através do Google Colab.

Referente a tabela Demográficos temos:
Colunas numéricas:
Record ID;
Repeat Instrument ;
Repeat Instance;
Idade do paciente ao primeiro diagnóstico;

Tempo de seguimento (em dias) - desde o último tumor no caso de tumores múltiplos [dt_pci];
Quantas vezes ficou gráfida?;
Número de partos;
Idade na primeira gestação;
Por quanto tempo amamentou?;
Idade da primeira mentruação.

Colunas categóricas:
Escolaridade;
Sexo;
Raça declarada (Biobanco);
UF de nascimento do paciente;
UF de residência do paciente;
Data da última informação sobre o paciente;
Última informação do paciente;
Já ficou grávida?;
Abortou;
Amamentou na primeira gestação?;
Historia familiar de câncer relacionado a síndrome de câncer de mama e ovário hereditária? (choice=Não);
Historia familiar de câncer relacionado a síndrome de câncer de mama e ovário hereditária? (choice=Sim - 1º grau, apenas 1 caso);
Historia familiar de câncer relacionado a síndrome de câncer de mama e ovário hereditária? (choice=Sim - 1º grau, mais de 1 caso);
Historia familiar de câncer relacionado a síndrome de câncer de mama e ovário hereditária? (choice=Sim - 2º grau, apenas 1 caso);
Historia familiar de câncer relacionado a síndrome de câncer de mama e ovário hereditária? (choice=Sim - 2º grau, mais de 1 caso);
Faz uso de métodos contraceptivo?;
Qual método? (choice=Pílula anticoncepcional);
Qual método? (choice=DIU);
Qual método? (choice=camisinha);
Qual método? (choice=outros);
Qual método? (choice=não informou);
Já fez uso de drogas?;
Atividade Física;
Consumo de tabaco;
Consumo de álcool;
Possui histórico familiar de câncer?;
Grau de parentesco de familiar com cancer? (choice=primeiro (pais, irmãos, filhos));
Grau de parentesco de familiar com cancer? (choice=segundo (avós, tios e netos));

Grau de parentesco de familiar com cancer? (choice=terceiro (bisavós, tio avós, primos, sobrinhos));
Regime de Tratamento;
Hormonioterapia;
Data da cirurgia;
Tipo de terapia anti-HER2 neoadjuvante;
Radioterapia;
Data de início do tratamento quimioterapia;
Esquema de hormonioterapia;
Data do início Hormonioterapia adjuvante;
Data de início da Radioterapia.

Referente a tabela Histopatologia temos:
Colunas numéricas:
Record ID;
Repeat Instance;
Grau histológico;
Subtipo tumoral;
Indice H (Receptorde progesterona);
Ki67 (%).

Colunas categóricas:
Repeat Instrument;
Diagnostico primario (tipo histológico);
Receptor de estrogênio;
Receptor de progesterona;
Ki67 (>14%);
Receptor de progesterona (quantificação %);
Receptorde Estrogênio (quantificação %);
HER2 por IHC;
HER2 por FISH.

Referente a tabela Peso e Altura temos:
Colunas numéricas:
Record ID;
Repeat Instance;
Peso;
Altura (em centímetros);
IMC.

Colunas categóricas:
Repeat Instrument;
Data.

Referente a tabela Registro de tumor temos:

Colunas numéricas:

Record ID;
Repeat Instance;
Código da Morfologia de acordo com o CID-O;
Ano do diagnóstico;
Tempo desde o diagnóstico até a primeira recidiva.

Colunas categóricas:

Repeat Instrument;
Data da primeira consulta institucional [dt_pci];
Data do diagnóstico;
Código da Topografia (CID-O);
Estadio Clínico;
Grupo de Estadio Clínico;
Classificação TNM Clínico - T;
Classificação TNM Clínico - N;
Classificação TNM Clínico - M;
Metastase ao DIAGNÓSTICO - CID-O #1;
Metastase ao DIAGNÓSTICO - CID-O #2;
Metastase ao DIAGNOSTICO - CID-O #3;
Metastase ao DIAGNOSTICO - CID-O #4;
Data do tratamento;
Combinação dos Tratamentos Realizados no Hospital;
Lateralidade do tumor;
Data de Recidiva;
Local de Recidiva a distancia/ metastase #1 - CID-O - Topografia;
Local de Recidiva a distancia/ metástase #2 - CID-O - Topografia;
Local de Recidiva a distancia/ metástase #3 - CID-O - Topografia;
Local de Recidiva a distancia/ metástase #4 - CID-O - Topografia;
Descrição da Morfologia de acordo com o CID-O (CID-O - 3ª edição);
Descrição da Topografia;
Classificação TNM Patológico - N;
Classificação TNM Patológico - T;
Com recidiva à distância;
Com recidiva regional;
Com recidiva local.

b) Estatística descritiva das colunas.

Utilizamos o método df.describe() do pacote pandas para gerar um conjunto de estatísticas descritivas dos nossos DataFrames, onde conseguimos informações

extremamente relevantes para entendermos como está o nosso DataSet permitindo a fácil identificação de valores extremos, a distribuição geral dos dados e outras informações importantes.

Exemplo de utilização na tabela Demográficos:

Figura 12: Método df.describe() sendo utilizado no DataFrame Demográficos.

```
df_Demograficos.describe()
```

	Record ID	Repeat Instrument	Repeat Instance	Idade do paciente ao primeiro diagnóstico	Tempo de seguimento (em dias) - desde o último tumor no caso de tumores múltiplos [dt_pci]	Quantas vezes ficou gráfida?	Número de partos	Idade na primeira gestação	Por quanto tempo amamentou?	Idade da primeira mentruação
count	4272.000000	0.0	0.0	4092.000000	4270.000000	44.000000	2.000000	897.000000	688.000000	1025.000000
mean	48652.360487	NaN	NaN	54.247801	1475.003747	2.318182	1.500000	23.057971	19.043605	12.891707
std	20659.519622	NaN	NaN	13.574088	859.622377	1.410471	0.707107	5.665232	23.105060	2.104446
min	302.000000	NaN	NaN	22.000000	0.000000	1.000000	1.000000	0.000000	0.000000	0.000000
25%	31013.000000	NaN	NaN	45.000000	956.250000	1.000000	1.250000	19.000000	6.000000	12.000000
50%	53394.000000	NaN	NaN	54.000000	1282.000000	2.000000	1.500000	22.000000	12.000000	13.000000
75%	65816.750000	NaN	NaN	64.000000	1817.750000	3.000000	1.750000	26.000000	24.000000	14.000000
max	82240.000000	NaN	NaN	98.000000	4503.000000	7.000000	2.000000	53.000000	260.000000	37.000000

Fonte: Desenvolvido pelo próprio grupo através do Google Colab.

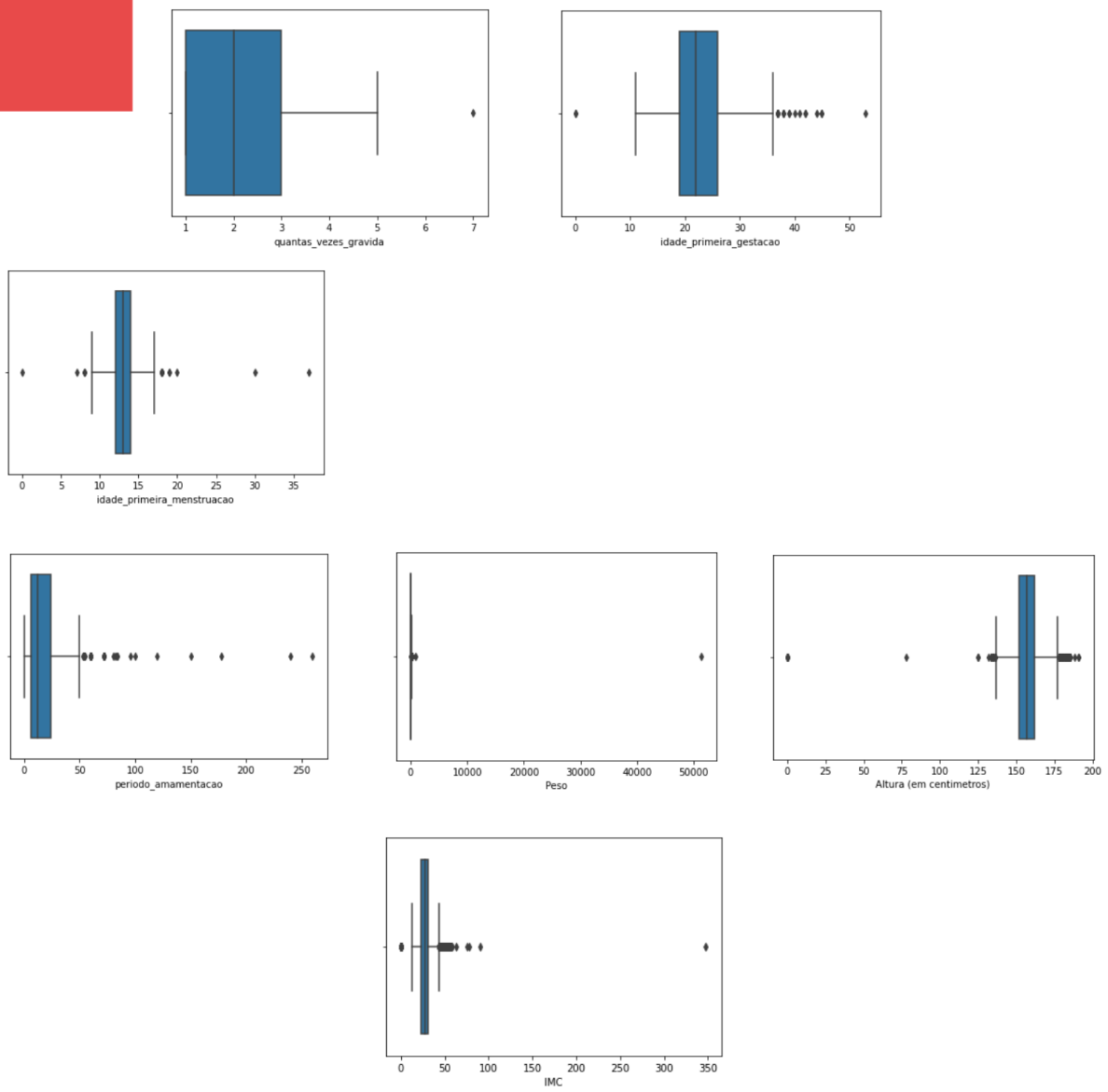
4.2.2. Pré-processamento dos dados:

Para realizarmos o pré-processamento excluímos algumas colunas que identificamos estarem sem dados preenchidos ou com pouquíssimos dados após a exploração, a fim de não enviesar o nosso modelo com o preenchimento de muitas informações. Após feito isso, partimos para a identificação dos outliers utilizando o boxplot e substituindo os valores por NaN. Na sequência começamos a tratar os missings numbers, onde para cada caso demos um peso diferente, algumas colunas utilizamos a média (tabela peso e altura), outras colunas utilizamos cálculos feitos por um intervalo da distribuição normal (tabela demográficos) e também fizemos combinações de variáveis para encontrar padrões como nas colunas da tabela Histopatologia. Por fim, realizamos a codificação das colunas categóricas para uma melhor análise do modelo.

a) Cite quais são os outliers e qual correção será aplicada.

Exemplo da aplicação do boxplot para identificação de outliers:

Figura 13: Gráficos representando outliers.



Fonte: Desenvolvido pelo próprio grupo através do Google Colab.

Após identificarmos os outliers através do boxplot, utilizamos a função abaixo para corrigi-los, substituindo-os por um valor nulo na tabela Demográficos.

Figura 14: Função excluir_outliers.

```
[72] numerical_cols = ['diagnostico_idade',
                       'tempo_de_seguimento',
                       'quantas_vezes_gravida',
                       'idade_primeira_gestacao',
                       'periodo_amamentacao',
                       'idade_primeira_menstruacao']

     def exclui_outliers(DataFrame, col_name):
       intervalo = 3*DataFrame[col_name].std()
       media = DataFrame[col_name].mean()
       DataFrame.loc[df_Demograficos[col_name] < (media - intervalo), col_name] = np.nan
       DataFrame.loc[df_Demograficos[col_name] > (media + intervalo), col_name] = np.nan

     for col in numerical_cols:
       exclui_outliers(df_Demograficos, col)
```

Fonte: Desenvolvido pelo próprio grupo através do Google Colab.

Já para os outliers encontrados na tabela peso e altura, utilizamos uma função que se aproveita do fato de termos várias entradas repetidas com o mesmo ID para lidar com os outliers e NaNs. Ela divide o dataframe em subgrupos com o mesmo ID e utiliza a mediana das colunas deste subgrupo para substituir os valores de outliers e números faltantes.

Figura 15: Função tira_na.

```
contagem = 0
def tira_na(id, df):
  global contagem
  # Trata a coluna de altura
  if math.isnan(df.iloc[contagem, 5]) or df.iloc[contagem, 5] == 0:
    (df.loc[contagem, "Altura (em centimetros)"]) = df[(df["Record ID"] == id)]["Altura (em centimetros)"].median()
  if math.isnan(df.loc[contagem, "Altura (em centimetros)"]):
    (df.loc[contagem, "Altura (em centimetros)"]) = df["Altura (em centimetros)"].median()
  # Trata a coluna de peso
  if math.isnan(df.loc[contagem, "Peso"]) or df.loc[contagem, "Peso"] >= 150 or df.loc[contagem, "Peso"] <= 20:
    (df.loc[contagem, "Peso"]) = df[(df["Record ID"] == id)]["Peso"].median()
  if math.isnan(df.loc[contagem, "Peso"]) or df.loc[contagem, "Peso"] <= 20:
    (df.iloc[contagem, 4]) = df["Peso"].median()
  # Trata a coluna de IMC
  if math.isnan(df.loc[contagem, "IMC"]) or df.loc[contagem, "IMC"] >= 50 or df.loc[contagem, "IMC"] <= 10:
    (df.loc[contagem, "IMC"]) = (df.loc[contagem, "Peso"]) / ((df.iloc[contagem, 5] / 100) ** 2).round(1)
  contagem += 1
df_peso_altura["Record ID"].apply(tira_na, args=(df_peso_altura,))
```

Fonte: Desenvolvido pelo próprio grupo através do Google Colab.

b) Normalização das colunas numéricas

Para normalizar as colunas utilizamos o módulo preprocessing da biblioteca sklearn. Mais especificamente, a sua classe MinMaxScaler. Alimentamos ele com as colunas numéricas e ele as normalizou.

Como ainda não separamos o dataframe em treino e teste, fizemos uma normalização geral. Futuramente isso será corrigido e o MinMaxScaler será treinado somente com o conjunto de treino.

Segue o código:

Figura 16: Normalização das colunas numéricas.

```python
# Normalizando os dados numéricos

"""Como ainda não separamos em treino e teste, fizemos uma normalização geral.
Futuramente isso será corrigido e o MinMaxScaler será treinado somente com o
conjunto de treino."""

from sklearn.preprocessing import MinMaxScaler

scaler = MinMaxScaler()

numerical_cols = df.select_dtypes(include='number').columns

# Removendo o record_id da normalização
numerical_cols = numerical_cols.drop('record_id')

df[numerical_cols] = scaler.fit_transform(df[numerical_cols])
df.head(3)
```

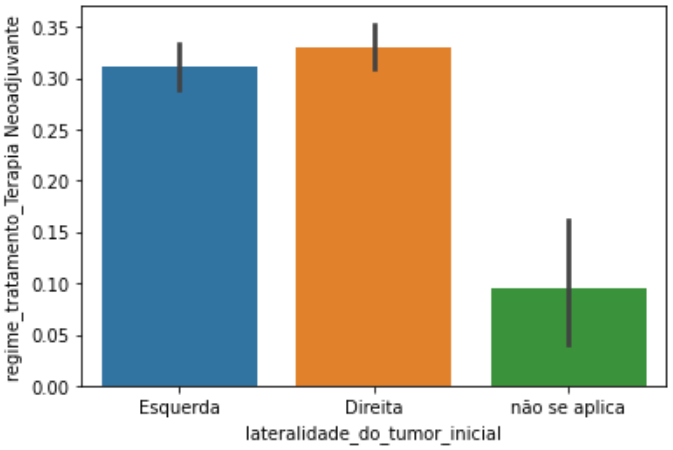
Fonte: Desenvolvido pelo próprio grupo através do Google Colab.

4.2.3. Hipóteses

a) Levantamento das três hipóteses com justificativa.

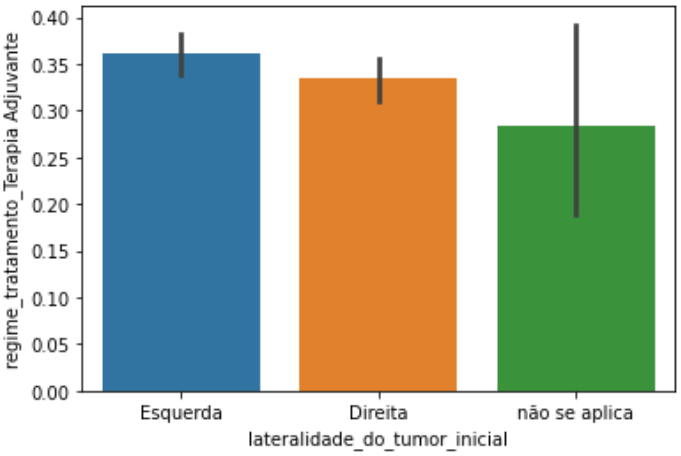
Hipótese 1: A lateralidade do tumor inicial influencia no tipo de tratamento escolhido

Figura 17: Gráfico relacionando a lateralidade do tumor inicial e o regime de tratamento Neoadjuvante.



Fonte: Desenvolvido pelo próprio grupo através do Google Colab.

Figura 18: Gráfico relacionando a lateralidade do tumor inicial e o regime de tratamento Adjuvante.

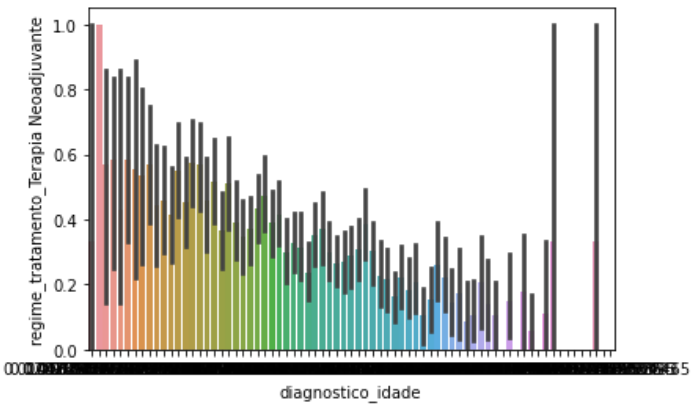


Fonte: Desenvolvido pelo próprio grupo através do Google Colab.

Justificativa: Com base no banco de dados disponível, desenvolvemos dois gráficos que mostram a relação entre a lateralidade do tumor e na escolha do tipo de tratamento, isso possibilitou observarmos uma relação entre os acontecimentos e questionar o impacto desta no tratamento do câncer de mama dos pacientes.

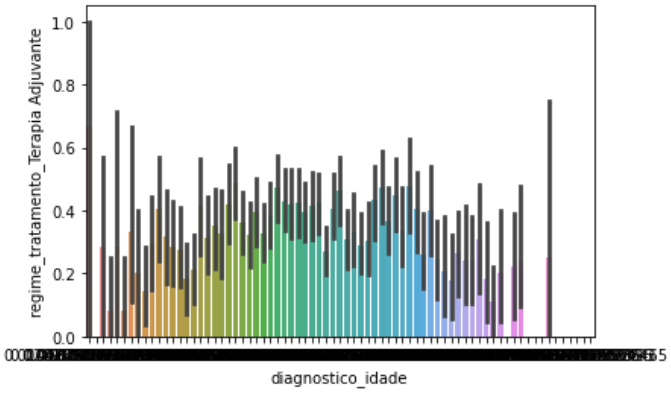
Hipótese 2: A idade do diagnóstico influencia na escolha de regime de tratamento

Figura 19: Gráfico relacionando o regime de tratamento Neoadjuvante com a idade do diagnóstico.



Fonte: Desenvolvido pelo próprio grupo através do Google Colab.

Figura 20: Gráfico relacionando o regime de tratamento Adjuvante com a idade do diagnóstico.

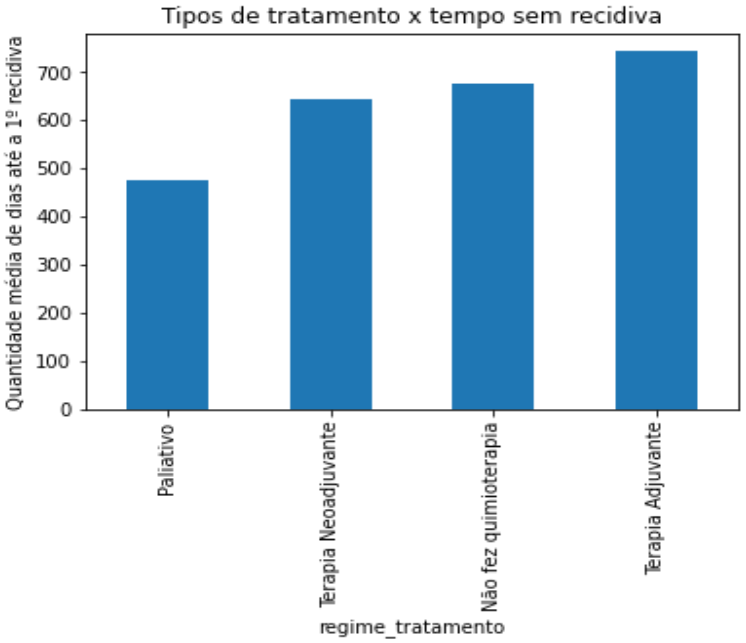


Fonte: Desenvolvido pelo próprio grupo através do Google Colab.

Justificativa: Durante a exploração dos dados, notamos a diferença de distribuição em relação à idade no primeiro diagnóstico e a escolha do regime de tratamento. Concluímos que essa relação pode impactar nas decisões e no procedimento que deverá ser seguido para o tratamento e desenvolvimento do modelo.

Hipótese 3: Existem grandes diferenças nos tempos sem recidiva de diferentes tratamentos

Figura 21: Gráfico relacionando os tipos de tratamento e a quantidade média de dias até a primeira recidiva.



Fonte: Desenvolvido pelo próprio grupo através do Google Colab.

Justificativa: O gráfico acima foi desenvolvido com base no banco de dados entregue pelo ICESP. Nele, observamos a relação entre o tipo de tratamento e o tempo sem recidiva. Concluímos que o tratamento escolhido influencia na sobrevida sem câncer.

4.2.4. Política de privacidade LGPD

Este modelo preditivo é mantido e operado pelo grupo G4, que está a desenvolver um modelo preditivo com objetivo de auxiliar os médicos na escolha do tratamento do câncer de mama.

Nós coletamos e utilizamos dados pessoais pertencentes aos pacientes que concordaram em compartilhar seus dados para o treinamento do nosso modelo. Ao fazê-lo, agimos na qualidade de **controlador** desses dados e estamos sujeitos às disposições da Lei Federal n. 13.709/2018 (Lei Geral de Proteção de Dados Pessoais - LGPD).

Nós cuidamos da proteção de seus dados pessoais e, por isso, disponibilizamos esta política de privacidade, que contém importantes informações.

1. Bases legais e informações sobre o tratamento de dados pessoais

Cada operação de tratamento de dados pessoais precisa ter um fundamento jurídico, ou seja, uma base legal, que nada mais é que uma justificativa que a autorize, prevista na Lei Geral de Proteção de Dados Pessoais.

Todas as nossas atividades de tratamento de dados pessoais possuem uma base legal que as fundamenta, dentre as permitidas pela legislação. Mais informações sobre as bases legais que utilizamos para operações de tratamento de dados pessoais específicas podem ser obtidas a partir de nossos canais de contato informados ao final desta Política.

2. Dados que coletamos, onde são coletados e motivos da coleta

Nosso modelo coleta e utiliza alguns dados pessoais dos pacientes do Instituto do Câncer do Estado de São Paulo, conforme o disposto nesta seção.

1. Dados sensíveis

O modelo poderá coletar os seguintes dados sensíveis dos usuários:

- Dados sobre a origem racial ou étnica;

- Dados genéticos;

- Dados relativos à saúde do usuário;

- Dados relativos à vida sexual do usuário.

Eles são coletados por intermédio do ICESP visando fornecer o melhor tratamento possível aos pacientes.

O grupo G4 usará os dados exclusivamente para fins médicos, com o intuito de sugerir o melhor tratamento possível para o bem-estar do paciente. Não compartilhamos esses dados com terceiros sem o consentimento explícito dos pacientes e do ICESP.

Em qualquer caso, o tratamento de dados pessoais sensíveis somente ocorrerá para atender a finalidades específicas expressas nesta política ou devidamente informadas ao usuário por outros meios.

3. Por quanto tempo seus dados pessoais serão armazenados e forma de armazenamento

Os dados pessoais coletados pelo modelo são armazenados e utilizados durante o período que corresponda ao necessário para atingir as finalidades elencadas neste documento e que considere os direitos de seus titulares, conforme o disposto no inciso I do artigo 15 da Lei 13.709/18.

Eles podem ser removidos ou anonimizados a pedido do usuário, excetuando os casos em que a lei oferecer outro tratamento.

Os dados coletados são armazenados em ambiente seguro e em servidor próprio ou de terceiro contratado para este fim.

4. Compartilhamento de dados pessoais com terceiros

Nós compartilhamos alguns dos dados pessoais mencionados nesta seção com terceiros. Os dados coletados serão, após o tratamento, compartilhados com os

médicos responsáveis pelo diagnóstico e tratamento de casos de câncer de mama, que utilizarão o modelo preditivo.

O grupo G4 usará os dados dos pacientes exclusivamente para fins médicos, com o intuito de sugerir ao médico o melhor tratamento possível. Não compartilharemos esses dados com terceiros sem o consentimento explícito dos pacientes e do ICESP.

Além das situações aqui informadas, é possível que compartilhemos dados com terceiros para cumprir alguma determinação legal ou regulatória, ou ainda, para cumprir alguma ordem expedida por autoridade pública.

Em qualquer caso, o compartilhamento de dados pessoais observará todas as leis e regras aplicáveis, buscando sempre garantir a segurança dos dados de nossos usuários, observados os padrões técnicos empregados no mercado.

5. Cookies ou dados de navegação

Os cookies referem-se a arquivos de texto enviados pela plataforma ao computador do usuário e visitante e que nele ficam armazenados, com informações relacionadas à navegação no site. Tais informações são relacionadas aos dados de acesso como local e horário de acesso, sendo armazenadas pelo navegador do usuário e visitante para que o servidor da plataforma possa lê-las posteriormente a fim de personalizar os serviços da plataforma.

O usuário e o visitante da plataforma manifestam conhecer e aceitar que pode ser utilizado um sistema de coleta de dados de navegação mediante a utilização de cookies.

O cookie persistente permanece no disco rígido do usuário e visitante depois que o navegador é fechado e será usado pelo navegador em visitas subsequentes ao site. Os cookies persistentes podem ser removidos seguindo as instruções do seu navegador. Já o cookie de sessão é temporário e desaparece depois que o navegador é fechado. É possível redefinir seu navegador da web para recusar todos os cookies, porém alguns recursos da plataforma podem não funcionar corretamente se a capacidade de aceitar cookies estiver desabilitada.

5. Como o titular pode solicitar e exercer seus direitos

O Titular tem direito a obter do G4 ou ICESP, em relação aos dados por ele tratados, a qualquer momento, e mediante requisição:

a) confirmação da existência de tratamento;

b) acesso aos dados;

c) correção de dados incompletos, inexatos ou desatualizados;

d) anonimização, bloqueio ou eliminação de dados desnecessários, excessivos ou tratados em desconformidade com o disposto na Lei n.º 13.709, de 2018;

e) portabilidade dos dados a outro empregador, mediante requisição expressa e observados os dispositivos da lei trabalhista, conforme a regulamentação do órgão Controlador;

f) eliminação dos dados pessoais tratados com o consentimento do(a) empregado(a), exceto nas hipóteses previstas no Art. 16 da Lei n.º 13.709, de 2018;

g) informação das entidades públicas e privadas com as quais o Controlador realizou uso compartilhado de dados;

h) informação sobre a possibilidade de não fornecer consentimento e sobre as consequências da negativa;

i) revogação do consentimento, nos termos do § 5º do Art. 8º da Lei n.º 13.709, de 2018.

Para garantir que o usuário que pretende exercer seus direitos é, de fato, o titular dos dados pessoais, poderemos solicitar documentos ou outras informações que possam auxiliar em sua correta identificação, a fim de resguardar nossos direitos e os direitos de terceiros. Isto será somente feito, porém, se for absolutamente necessário, e o requerente receberá todas as informações relacionadas.

6. Medidas de segurança no tratamento de dados pessoais

Empregamos medidas técnicas e organizativas aptas a proteger os dados pessoais de acessos não autorizados e de situações de destruição, perda, extravio ou alteração desses dados.

As medidas que utilizamos consideram a natureza dos dados, o contexto e a finalidade do tratamento, os riscos que uma eventual violação geraria para os direitos e liberdades do usuário, e os padrões atualmente empregados no mercado por empresas semelhantes ao nosso grupo.

O grupo G4 armazenará os dados dos pacientes de forma segura e protegida, usando medidas de segurança físicas e digitais. Apenas os funcionários autorizados terão acesso aos dados, e o modelo utilizado não estará livre para uso público, assim como os dados nele utilizados.

De qualquer forma, caso ocorra qualquer tipo de incidente de segurança que possa gerar risco ou dano relevante para qualquer de nossos usuários, comunicaremos os afetados e a Autoridade Nacional de Proteção de Dados acerca do ocorrido, conforme o disposto na Lei Geral de Proteção de Dados.

7. Alterações nesta política

A presente versão desta Política de Privacidade foi atualizada pela última vez em: 24/02/2023.

Reservamo-nos o direito de modificar, a qualquer momento, as presentes normas, especialmente para adaptá-las às eventuais alterações feitas em nosso modelo, seja pela disponibilização de novas funcionalidades, seja pela supressão ou modificação daquelas já existentes.

Sempre que houver uma modificação, nossos usuários serão notificados acerca da mudança.

8. Como entrar em contato conosco

Para esclarecer quaisquer dúvidas sobre esta Política de Privacidade ou sobre os dados pessoais que tratamos, entre em contato pelos canais oficiais do ICESP, ou com nosso Encarregado de Proteção de Dados Pessoais, pelo canal mencionado abaixo:

E-mail: inteli@inteli.edu.br

4.3. Preparação dos Dados e Modelagem

4.3.1 Modelagem para o problema

Para a entrega da sprint 3, decidimos fazer uma modelagem mais simples, escolhendo as features que temos certeza que impactam na escolha do tratamento. Fizemos isso através da conversa do último encontro e de estudos sobre o que cada coluna impacta na escolha do tratamento. Retiramos colunas que identificamos como geradoras de câncer, mas que não impactam na escolha do tratamento. Na próxima sprint, iremos aprofundar nas análises e utilizar a matriz de correlação entre as features e sucesso para excluir ou incluir outras colunas.

Além disso, vamos sanar algumas dúvidas no encontro com o parceiro, para otimizar nossa modelagem, através da inserção e/ou retirada de algumas colunas. Assim como um pré-processamento mais eficiente.

A seguir mostramos algumas tabelas e justificativas, das features escolhidas por banco de dados fornecido (“Histopatologia”, “Demográficos”, “Peso e Altura” e “Tumores”).,

FEATURES HISTOPATOLOGIA:

Coluna	Tipo	Encoding
subtipo_tumoral	Qualitativa Ordinal	Label Encoding
receptor_de_estrogenio	Qualitativa Ordinal	Label Encoding
estrogenio_qtd	Quantitativa	Não se Aplica
ki67 > 14	Qualitativa Ordinal	Label Encoding
progesterona_qtd	Quantitativa	Não se Aplica
ki67_qtd	Quantitativa	Não se Aplica
her2	Qualitativa Nominal	One Hot Encoding

A tabela histopatologia nos fornece o estudo microscópico dos tecidos, que permite identificar alterações celulares, teciduais e moleculares que ocorrem em um determinado tecido ou órgão. Ou seja, nos fornece dados clínicos sobre o câncer e, devido a isso, escolhemos features que

fornecem o tipo histológico do tumor, o grau de diferenciação celular, o tamanho do tumor, o grau de invasão do tecido adjacente, a presença de margens cirúrgicas livres ou comprometidas, a presença de células malignas em linfonodos regionais, entre outras características. Retiramos desse banco de dados, colunas que são informativas sobre o câncer e não impactam no desdobramento do tratamento.

FEATURES DEMOGRÁFICOS:

Coluna	Tipo	Encoding
regime_de_tratamento	Qualitativa Nominal	One Hot Encoding
atividade_fisica	Qualitativa Ordinal	Label Encoding
idade_primeiro_diagnostico	Quantitativa	Não se Aplica

A tabela de demográficos fornece informações sobre o histórico familiar do paciente, data de cirurgia, escolaridade, raça e outras informações sobre a saúde dos pacientes, como consumo de álcool, tabaco, idade de gestação, etc. Para selecionar as features, nós retiramos aquelas que não tinham dados o suficiente para ser levada em consideração, retiramos aquelas que poderiam enviesar nosso modelo (Ex: Escolaridade, onde por um gráfico identificamos que pessoas com escolaridade inferior tinham diagnósticos mais tardio e câncer mais avançados, o que resultaria em uma maior disposição ao fracasso) e retiramos aquelas colunas que impactam na geração do câncer, mas não na escolha do tratamento (Ex: Idade na primeira gestação). Deixamos apenas colunas que impactam na resposta do paciente ao tratamento, de acordo com sua saúde (Ex: Idade e prática de atividade física).

FEATURES PESO E ALTURA:

Coluna	Tipo	Encoding
imc	Quantitativa	Não se Aplica

Como a tabela informava apenas o histórico de peso e altura do paciente, decidimos criar uma nova coluna que calculava o IMC desse paciente, o IMC é uma medida de padronização de acordo com peso e altura do paciente e que nos fornece uma indicação da gordura corporal do paciente o que quanto maior, teoricamente mais impacta no sucesso do tratamento. Como um mesmo paciente tinha vários dados de peso e altura, escolhemos o dado do diagnóstico.

FEATURES TUMORES: 'estadio_clinico', 'classificacao_tnm_clinico_t ', 'classificacao_tnm_clinico_n' e classificacao_tnm_clinico_m

Coluna	Tipo	Encoding
estadio_clinico	Qualitativa Ordinal	Label Encoding
classificacao_tnm_clinico_t	Qualitativa Ordinal	Label Encoding
classificacao_tnm_clinico_n	Qualitativa Ordinal	Label Encoding
classificacao_tnm_clinico_m	Qualitativa Ordinal	Label Encoding

A tabela "Tumores" nos fornece informações qualitativas relacionadas ao diagnóstico do tumor como tipo, classificação, localização, morfologia, topografia e grau. Assim como nos fornece informações sobre data do tratamento, data do diagnóstico etc. Para a escolha das features escolhemos apenas as classificações TNM e o grupo de estadio clínico, porque classificação TNM é um sistema usado para descrever a extensão do câncer em um paciente, levando em consideração o tamanho do tumor primário (T), o envolvimento dos linfonodos regionais (N) e a presença de metástases a distância (M). Logo, essas features são ferramentas essenciais para avaliar a extensão do câncer de mama e determinar o tipo e duração do tratamento neoadjuvante ou adjuvante mais apropriado para cada paciente. Complementando a classificação TNM, temos o grupo de estadio clínico que é uma classificação dada ao câncer de acordo com sua classificação TNM.

4.3.2 Métricas relacionadas ao modelo

Acurácia: É definida como a razão entre o número de sucessos dentro do total de estimativas. Logo, uma acurácia de 90% significa que 90% das instâncias foram classificadas corretamente. Essa métrica fornece uma panorama geral da assertividade do modelo, mas deixa a desejar em entender o quão errado foram os erros e quais foram os tipos de erros mais comuns. Além disso, pode ser enganosa em conjuntos não balanceados, ou seja, conjuntos que têm percentual de sucesso muito alto. Logo, é essencial entendermos o percentual de sucesso dentro do nosso conjunto para não sermos enganados por uma alta precisão.

Revocação: É definida como a razão entre o número de verdadeiros positivos dividido pela soma do número de verdadeiros positivos e falsos negativos. Ou seja, ele mede a proporção de instâncias positivas que foram corretamente identificadas pelo modelo em relação ao total de instâncias que realmente são positivas. O recall é uma métrica que prioriza o aumento da detecção de verdadeiros positivos, mesmo que erre algumas previsões de forma a evitar que os

verdadeiros sejam perdidos. Ele funciona como o inverso da precisão, onde o recall abaixo a régua e a precisão aumenta.

Precisão: É definida como a razão entre o número de verdadeiros positivos sobre a soma de verdadeiros positivos e falsos positivos. Ou seja, mede a proporção de instâncias positivas classificadas corretamente pelo modelo. Como nosso modelo está relacionado à saúde das pessoas, é essencial procurarmos uma alta precisão, para que uma classificação incorreta não gera malefícios à saúde dos pacientes.

4.3.3 Primeiro modelo candidato

Com o objetivo de encontrar um modelo preditivo que melhor se adeque ao propósito inicial do projeto: encontrar a melhor escolha de tratamento entre neoadjuvante e adjuvante para os pacientes diagnosticados com câncer de mama do ICESP, foram aplicados quatro algoritmos de Machine Learning de natureza supervisionada a fim de validar qual tenha o melhor desempenho nas predições. São esses modelos:

1. **K-Nearest Neighbors (KNN)**: Modelo que prediz através do agrupamento dos K dados mais próximos, considerando a similaridade das features fornecidas sendo K um valor que pode ser alterado para melhorar o desempenho do modelo.
2. **Random Forest**: Modelo que utiliza um arranjo N de árvores de decisão treinadas em conjuntos aleatórios dos dados, e através da combinação da predição de todas as árvores de decisão, seleciona a mais comum entre elas.
3. **Naive Bayes**: Modelo baseado no Teorema de Bayes que utiliza de métodos probabilísticos entre cada uma das opções de target e suas opções de features mais comuns.
4. **Support Vector Machines (SVM)**: Modelo baseado no cálculo de vetores de suporte para encontrar o hiperplano que melhor diferencia as classes de dados.

Através da implementação dos quatro modelos apresentados sobre a base de dados pré-processada, foram observadas as três métricas citadas no tópico 4.3.2 em dados de teste, em conjunto da acurácia de treino de cada algoritmo, com o propósito de entender o comportamento das predições e eleger o modelo candidato. Os testes foram feitos sobre uma base de dados contendo 2212 linhas sendo 1769 usadas para treino e 443 separadas de maneira aleatória para teste (20% do total). Para o KNN foram testadas diferentes opções de K e para o Random Forest foram testadas diferentes opções de max_depth com o intuito de escolher a versão que performe melhor nos dados de teste. As métricas de precisão e revocação foram obtidas analisando os casos de terapia adjuvante, pois são os mais numerosos (1532) em comparação com os casos de terapia neoadjuvante (680) As métricas observadas são:

Modelo	Acurácia (Treino)	Acurácia (Teste)	Precisão (Teste)	Revocação (Teste)
KNN (K=9)	76%	71%	57%	35%
Random Forest (max_depth=15)	99%	71%	56%	35%
SVM	71%	69%	53%	33%
Naive Bayes	43%	45%	36%	94%

Para enumerar os melhores resultados, foram somadas as métricas de **acurácia (teste)** e **precisão (teste)** pois foram consideradas as mais importantes devido à natureza do problema: escolher a melhor alternativa de tratamento.

Assim, o modelo candidato escolhido foi o **KNN** por ser o mais performático. Vale ressaltar que o Random Forest obteve resultados parecidos e além de ter a somatória dos resultados considerados menores que o algoritmo vencedor, em sua melhor performance também pode-se observar um overfitting entre o treinamento e o teste (> 10%), elencando-o em segundo lugar. O algoritmo SVM fica em terceiro lugar e o Naive Bayes em último, podendo ser considerado um caso de underfitting, não sendo capaz de alcançar métricas satisfatórias em primeira análise.

4.4. Comparação de Modelos

a) Escolha da métrica e justificativa.

De todas as métricas analisadas, a escolhida é a acurácia de teste. Isso se deve ao fato de a acurácia ser a métrica mais imparcial e direta, ou seja, ela não prioriza classes específicas e é simples de interpretar. Ela é calculada a partir da divisão da quantidade de predições corretas por a quantidade total de predições. A escolha da de teste em detrimento à de treino ocorre devido ao fato de a primeira representar melhor a capacidade de generalização fora de um ambiente controlado.

Alternativas consideradas foram métricas como precisão, revocação, ou f1 score (que é a combinação de precisão e revocação), mas essas são úteis em casos onde há especificidades entre as classes. Por exemplo, em um teste de uma doença muito contagiosa a prioridade é não deixar nenhum resultado positivo ser classificado como negativo, já que isso teria graves consequências. Nesse caso a métrica mais recomendada seria uma que penalizasse falsos negativos, ou seja, o recall.

No caso da classificação do regime de tratamento, não há distinção entre as classes. O objetivo é classificar o maior número de casos de forma correta, independente do regime específico. Para isso, como explicitado anteriormente, a acurácia de teste é a métrica mais recomendada.

b) Modelos otimizados.

Os algoritmos utilizados foram KneighborsClassifier (KNN), RandomForestClassifier, AdaBoostClassifier e SVC Classifier.

K-Nearest Neighbors (KNN): O algoritmo calcula a proximidade dos dados que ele está tentando prever com os dados com os quais ele foi treinado. Com isso ele encontra os K vizinhos mais próximos, sendo K um número predefinido, e classifica o que ele está tentando prever baseando-se na classe predominante dentre esses K vizinhos.

Random Forest: Modelo que utiliza um arranjo N de árvores de decisão treinadas em conjuntos aleatórios dos dados, e através da combinação da predição de todas as árvores de decisão, seleciona a mais comum entre elas.

Ada Boost: Algoritmo de aprendizado de máquina que combina vários modelos fracos para criar um modelo forte. Ele treina iterativamente cada modelo para que os erros dos dados sejam ponderados de acordo com a sua dificuldade, dando mais atenção aos dados mal classificados e criando um modelo final que é a soma ponderada dos modelos individuais.

Support Vector Classification (SVC): Modelo baseado no cálculo de vetores de suporte para encontrar o hiperplano que melhor diferencia as classes de dados.

Os quatro foram otimizados utilizando RandomizedSearchCV. A escolha do Randomized Search ao invés do Grid Search ocorre devido ao tempo que leva para executar cada um. O Grid Search demora muito mais, mas testa todas as possibilidades de combinação dos parâmetros passados, enquanto o Randomized Search testa uma seleção reduzida de combinações dos mesmos. Isso implica no fato de que, levando o mesmo tempo para executar, o Randomized Search consegue testar um escopo maior de variáveis do que o Grid Search. Isso permite aumentar a amplitude dos valores que serão testados, garantindo mais confiança no resultado, ao correr menos risco de que a combinação ideal de parâmetros esteja fora do escopo passado para o algoritmo de ajuste de hiperparâmetros.

Seguem os resultados:

Modelo	Acurácia (Treino)	Acurácia (Teste)	Precisão (Teste)	Revocação (Teste)
KNN	68%	66%	30%	6%
Random Forest	80%	70%	58%	20%
Ada Boost	72%	69%	52%	24%

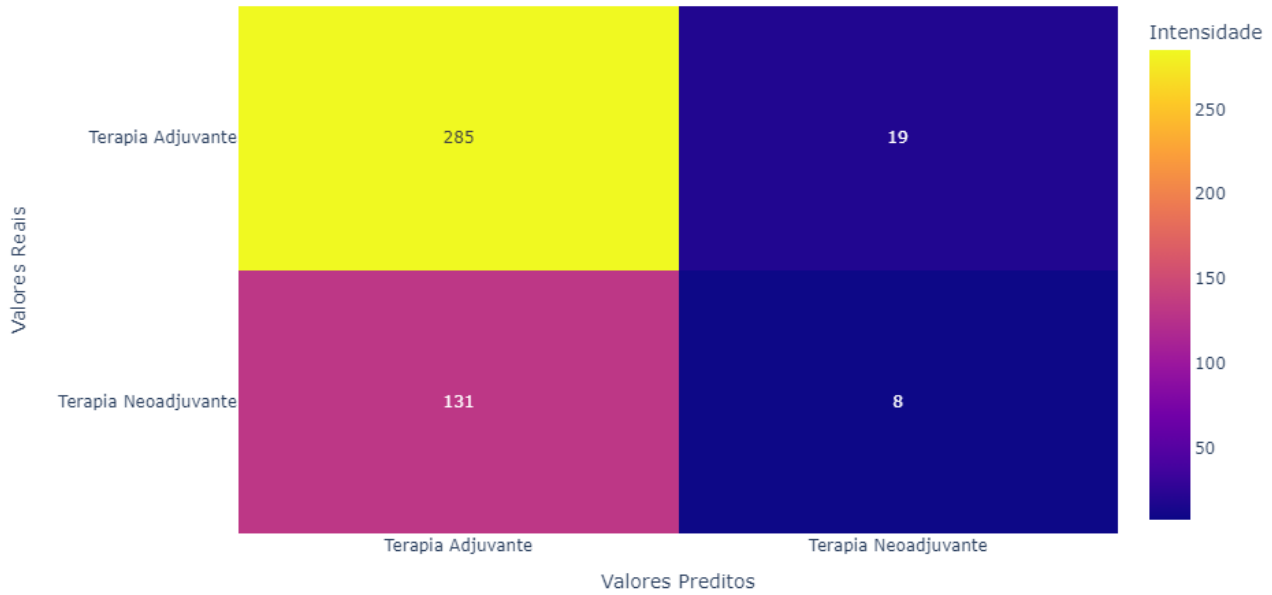
SVM	70%	70%	53%	35%

Análise dos resultados:

Um dos primeiros pontos a se considerar é que, comparando os resultados obtidos após a otimização com os resultados anteriores, fica evidenciada uma piora na maior parte das métricas, o que, a princípio, pode parecer bem contraintuitivo. Isso ocorre devido à validação cruzada, uma técnica que leva em conta diversas divisões dos dados entre treino e teste, e que foi utilizada para aumentar a capacidade de generalização dos modelos. Anteriormente, os modelos já faziam uso de funções que procuravam os melhores parâmetros, mas elas só levavam em conta aquela divisão específica de treino e teste, então ajustavam-se muito bem a ela. O Randomized Search também procura os parâmetros que dão os melhores resultados, mas considerando 5 divisões de treino e teste, ao invés de só uma. Isso leva a melhores resultados quando o modelo for utilizado fora de um ambiente controlado, mas, em contrapartida, gera piores resultados para a divisão específica de treino e teste utilizada, o que justifica a queda na acurácia.

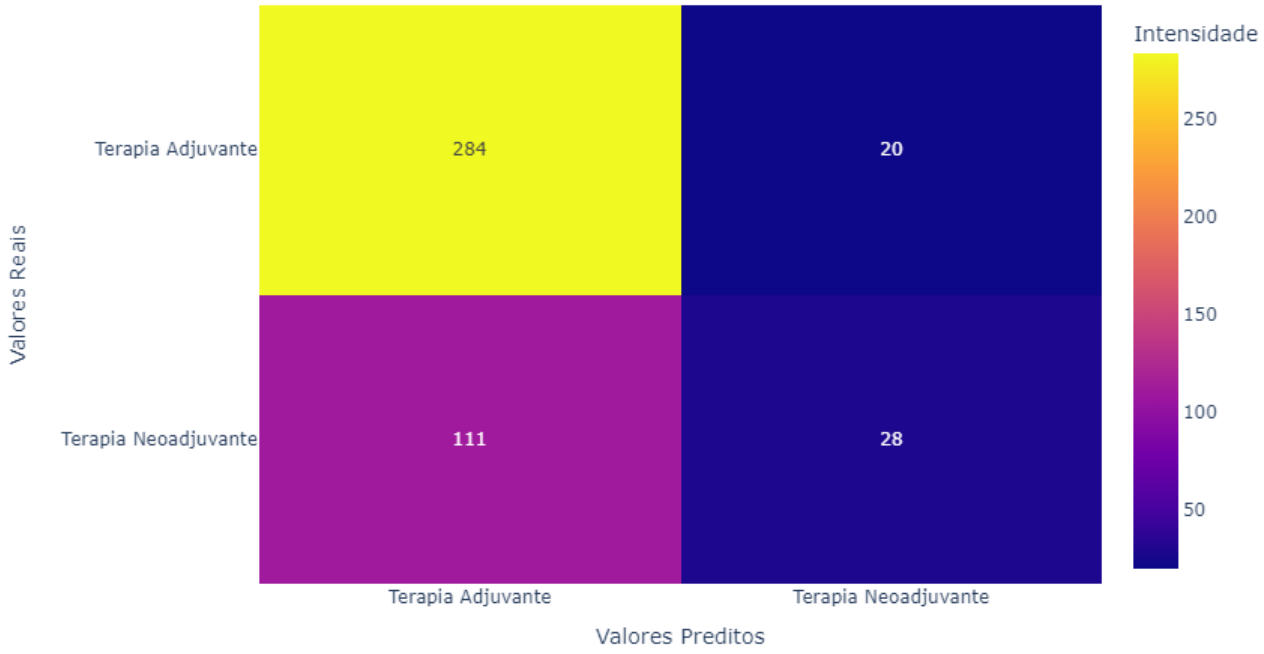
Por último, mas talvez a análise mais importante a ser realizada a respeito dos resultados, é uma que só pode ser feita a partir da observação da matriz de confusão de cada modelo. Uma matriz de confusão é uma tabela que mostra os valores que o modelo previu em um eixo (neste caso o X), e os valores reais no outro (neste caso o Y). Aqui estão:

Figura 22: Matriz de confusão do algoritmo KNN ajustado por hiperparâmetros.



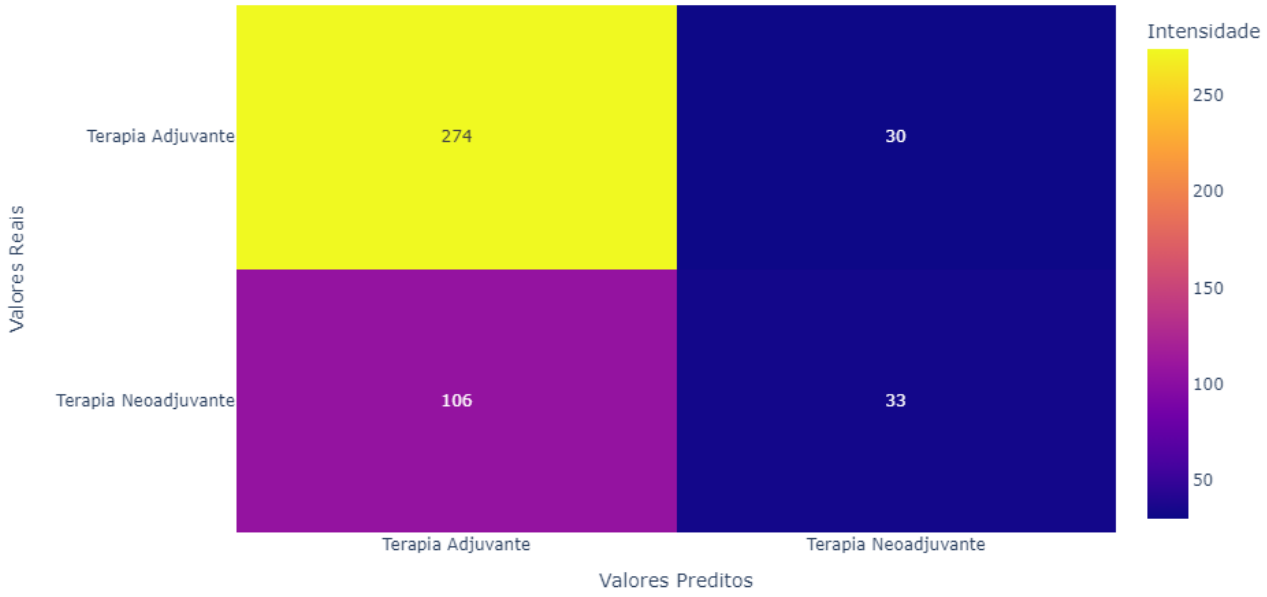
Fonte: Desenvolvido pelo próprio grupo através do Google Colab.

Figura 23: Matriz de confusão do algoritmo Random Forest ajustado por hiperparâmetros.



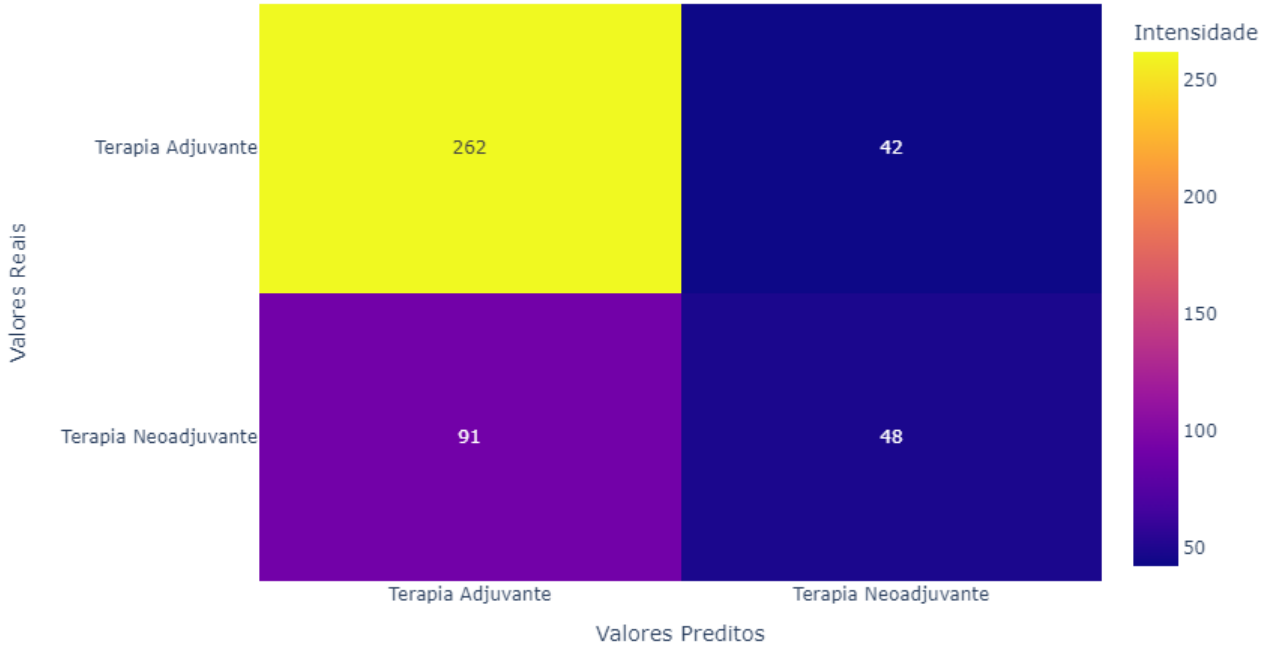
Fonte: Desenvolvido pelo próprio grupo através do Google Colab.

Figura 24: Matriz de confusão do algoritmo Ada Boost ajustado por hiperparâmetros.



Fonte: Desenvolvido pelo próprio grupo através do Google Colab.

Figura 25: Matriz de confusão do algoritmo SVM ajustado por hiperparâmetros.

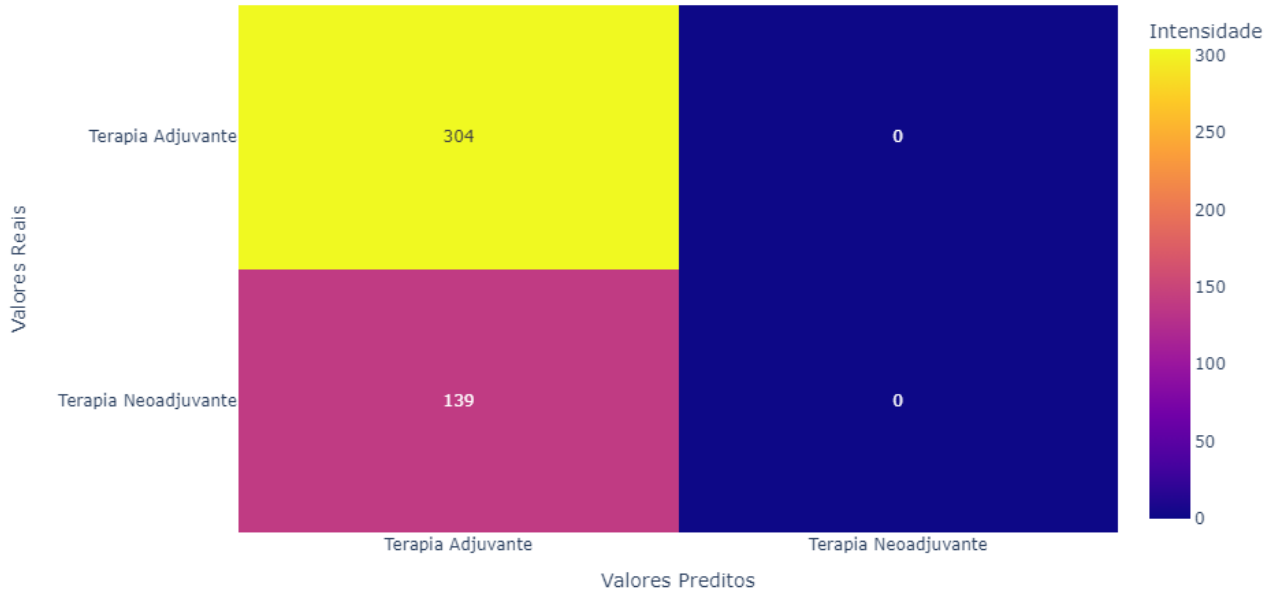


Fonte: Desenvolvido pelo próprio grupo através do Google Colab.

Sabendo que os valores preditos estão no eixo x, fica evidente que os algoritmos priorizaram muito a recomendação do tratamento adjuvante. Isso ocorre pois há um claro desbalanceamento de classes, fenômeno que ocorre quando há muito mais dados de uma classe do que da outra. No caso, foram passados para o modelo final 1532 casos em que o tratamento recomendado é o adjuvante, e somente 680 casos em que é neoadjuvante. Assim, já que o modelo é ajustado para conseguir a melhor acurácia, ele acaba sendo beneficiado por prever adjuvante, já que, na maioria dos casos que recebeu, esse tratamento é de fato o mais indicado.

Isso se torna um problema, e fica mais claro ainda, quando analisada a matriz de confusão dos outros modelos testados (que não deram certo justamente devido ao desbalanceamento de classes, então não estão sendo considerados e não tiveram seus resultados adicionados à tabela). Segue como exemplo a matriz de confusão do Naive Bayes

Figura 25: Matriz de confusão do algoritmo Naive Bayes, ajustado por hiperparâmetros.



Fonte: Desenvolvido pelo próprio grupo através do Google Colab.

O Naive Bayes previu que o tipo de tratamento mais recomendado é, em todos os casos, o adjuvante.

A solução do desbalanceamento de classes será o maior objetivo da última sprint, e, caso resolvido, deve gerar uma melhora significativa na performance dos modelos.

c) Definição do modelo escolhido e justificativa.

Os modelos tiveram performances bem parecidas no quesito da métrica escolhida (acurácia de teste). Dito isso, tanto o SVM quanto o Random Forest Classifier foram levemente superiores ao outros nesse quesito, mas estão empatados entre si. Assim, é necessário recorrer a algum critério de desempate.

Observando a matriz de confusão, pode-se inferir que o SVM foi, de todos os modelos, o que mais vezes recomendou tratamento neoadjuvante, demonstrando ser o que melhor lidou com o desbalanceamento de classes (apesar de ainda ter sido muito afetado por ele). Como esse é o principal problema no momento, e o SVM foi quem melhor lidou com ele, é o modelo escolhido desta sprint.

4.5. Avaliação

Descreva a solução final de modelo preditivo e justifique a escolha. Alinhe sua justificativa com a Seção 4.1, resgatando o entendimento do negócio e explicando de que formas seu modelo atende os requisitos. Descreva também um plano de contingência para os casos em que o modelo falhar em suas predições.

Além disso, discuta sobre a explicabilidade do modelo e realize a verificação de aceitação ou refutação das hipóteses.

Se aplicável, utilize equações, tabelas e gráficos de visualização de dados para melhor ilustrar seus argumentos.

5. Conclusões e Recomendações

Escreva, de forma resumida, sobre os principais resultados do seu projeto e faça recomendações formais ao seu parceiro de negócios em relação ao uso desse modelo. Você pode aproveitar este espaço para comentar sobre possíveis materiais extras, como um manual de usuário mais detalhado na seção "Anexos".

Não se esqueça também das pessoas que serão potencialmente afetadas pelas decisões do modelo preditivo e elabore recomendações que ajudem seu parceiro a tratá-las de maneira estratégica e ética.

Incluir as principais referências de seu projeto, para que seu parceiro possa consultar caso ele se interessar em aprofundar.

Um exemplo de referência de livro:

*LUCK, Heloisa. **Liderança em gestão escolar**. 4. ed. Petrópolis: Vozes, 2010.*

*SOBRENOME, Nome. **Título do livro**: subtítulo do livro. Edição. Cidade de publicação: Nome da editora, Ano de publicação.*

https://www.nngroup.com/articles/journey-mapping-101/ (Referência 4.1.7)

What is CRISP DM? - Data Science Process Alliance (datascience-pm.com)

Anexos

7. Glossário

7.1. Ajuste de hiperparâmetros:

No aprendizado de máquina, a otimização ou ajuste de hiperparâmetros é o problema de escolher um conjunto de hiperparâmetros ideais para um algoritmo de aprendizado. Um hiperparâmetro é um parâmetro cujo valor é usado para controlar o processo de aprendizado.

Link para aprofundamento: Hyperparameter Tuning

7.2. Validação cruzada:

A validação cruzada é uma técnica para avaliar a capacidade de generalização de um modelo, a partir de um conjunto de dados. Para isso, ela testa o modelo utilizando diversas divisões dos dados em treino e teste, e não só uma.

Link para aprofundamento: Cross Validation in Machine Learning

7.3. Matriz de confusão:

É uma tabela 2x2 que mostra as frequências de classificação para cada classe do modelo. Na diagonal principal ficam os acertos, e na diagonal secundária os equívocos.

Link para aprofundamento: Matriz de Confusão

7.4. Desbalanceamento de classes:

Dados Desbalanceados podem ser definidos pela pequena incidência de uma categoria dentro de um dataset (classe minoritária) em comparação com as demais categorias (classes majoritárias). Isso pode levar o modelo de machine learning a prever a classe minoritária muito menos do que o correto.

Link para aprofundamento: Dados desbalanceados