Uso de Machine Learning para previsão de doenças Projeto Integrado - Engenharia Informática - UÉvora

Ana Sapata, 42255 José Azevedo, 45414 Raquel Lopes, 42075

October 13, 2019

1

1 Introdução

Este trabalho é realizado no âmbito da disciplina de Projeto Integrado, da licenciatura de Engenharia Informática da Universidade de Évora.

Como objetivos do mesmo pretende-se aprender a utilizar bibliotecas especificas do Pyhton como o Numpy, Matplotlib e Scikit-Learning, utilizadas em projetos relacionados com Machine Learning. Sendo assim, o trabalho consiste na realizao de um projeto na área de Machine Learning, mais concretamente na implementação do artigo Building meaningful machine learning models for disease prediction (https://shiring.github.io/machine_learning/2017/03/31/webinar_code) em Pyhton, atraves das bibliotecas anteriormente referidas.

Primeiramente irão ser apresentados conceitos básicos de Pyhton, bem como das bibliotecas a utilizar, passando de seguida à implemantação do projeto.

2 Python

2.1 Conceitos Básicos

• Definição de variaveis:

```
<nome_variavel> = <valor>
```

Exemplos:

```
string = "Olá!"
inteiro = 4
decimal = 3.14
```

Arrays

Os arrays são criados com parentesis retos [], estando os elementos do mesmo dentro destes separados por vírgulas.

```
\langle nome\_array \rangle = [elem1, elem2, ..., elemN]
```

Exemplo:

```
array = [1, 2, 3, "a\_dog"]
```

- Adicionar elementos

Para adicionar elementos a um array utiliza-se o método append, seguido do elemento que se pretende adicionar.

Exemplo:

```
array.append(5)

print(array)

[1, 2, 3, "a_dog", 5]
```

- Selecionar elementos de um array

Para se selecionar elementos de um array, utiliza-se o índice do elemento que pretendemos selecionar dentro de parentesis retos, a seguir ao nome do array.

Exemplo:

```
#Selectionar a string "a dog" do array, sendo o seu indice 3
print(array[3])
          a dog

#selectionar o numero 3 do array, sendo o seu indice 2, e atribuir
#o mesmo à variavel num
num = array[2]
print(num)
3
```

- Eliminar elementos de um array

Para eliminar elementos de um array é utilizada a função del sendo dado como o seu parametro o nome do array seguido do indice do elemento que se pretende eliminar entre parentesis retos [].

Exemplo:

```
#queremos apenas que o array contenha numeros, pelo que se irá eliminar #a string "a dog" contido no indice 3 del(array[3]) print(array) [1, 2, 3, 5]
```

- Adicionar elementos num indice específico

Para se adicionar elementos ao array, num indice especifico é utilizado o método insert aplicado ao array seguido do indice onde se pretende adicionar e o elemento que se pretende adicionar no mesmo.

```
<nome_array >.insert(<indice>, <elemento>)
```

Exemplo:

```
#inserir novamente a string "a dog" no array no indice 3,
#onde estava anteriormente
array.insert(3, "a_dog")
print(array)
    [1, 2, 3, "a_dog", 5]
```

- Selecionar um subconjunto do array

```
<nome_array > [indice_inicial:indice_final]
```

Exemplo:

```
array [2:4]
[3, "a_dog"]
```

• Ciclo for

Exemplo:

```
for x in range (0,3):
    print "We're_on_time" + x
```

Quando x pertence ao intervalo [0;3[(range(a,b) cria o intervalo/sequencia [a.b[) escreve/imprime a frase We're on time x, substituindo x pelo respetivo valor

• Ciclo while

```
x = 1
while x < 3:
    print "We're Lon Ltime" + x
x += 1</pre>
```

Enquanto x for inferior a 3, imprime We're on time x, substituindo x pelo respetivo valor, incrementando de seguida 1 ao mesmo

• Condicionais if/else

Se a variavel num for maior ou igual que zero imprime a frase "Positivo ou zero", caso contrário imprime a frase "Negativo"

• Definição de funções:

Exemplo:

```
def soma (a, b):

return a + b
```

2.2 Numpy

URL Tutorial:

https://numpy.org/devdocs/user/quickstart.html

Para utilizar a biblioteca numpy comea-se por utilizar o comando

#importação da biblioteca numpy passando a ser denominado por np daqui para a frente import numpy as np

Podem criar-se matrizes de zeros ou com os elementos que pretendemos. Para se criar uma matriz de zeros com n linhas e m colunas é utilizado o comando

```
x = np.zeros((n, m))
```

Para se criar uma matriz com os elementos pretendidos, é utilizada a função array da biblioteca numpy, sendo dados como argumentos as linhas da matriz.

Exemplos:

Para se saber as dimensões da matriz aplica-se o método shape à matriz em questão.

```
#a matriz x composta por 2 linha e 3 colunas x.shape (2,3) #a matrix y composta por 3 linhas e 2 colunas y.shape (3,2)
```

Se pretendermos saber o número total de elementos existentes na matriz aplica-se o método size à mesma

```
x.size 6
```

Para além de matrizes também é possível a criação de arrays, uma vez que estes são considerados matrizes com apenas uma linha, como é possível verificar no seguinte exemplo

```
a = np.array([2, 3, 4])
print(a)
[2 3 4]
```

Sendo assim possível a construo com números num determinado intervalo, para tal é utilizada a função arange que recebe como argumentos o valor inicial do intervalo, o valor final e o passo utilizado entre cada elemento.

Exemplo:

```
#array cujos elementos começam no valor 10 e terminam no 25, uma vez que o 30 já #não irá entrar no intervalo, variando de 5 em 5 b = np.arange (10, 30, 5) print (b) [10 15 20 25]
```

Também é possivel dizer apenas os valores iniciais e finais que pretendemos e o número de elementos que irão constituir o array, usando para tal a função linspace.

Exemplo:

```
#array cujos elmentos começam no valor 0 e terminam no 2, sendo o mesmo composto #por 9 elementos c = np.linspace(0, 2, 9) print(c) [0. 0.25 0.5 0.75 1. 1.25 1.5 1.75 2.]
```

2.3 Pandas

URL Getting Started:

https://pandas.pydata.org/pandas-docs/stable/getting_started/index.html Tutorial Pandas, implementar

2.4 Matplotlib

URL Tutorial:

https://matplotlib.org/tutorials/introductory/usage.html#sphx-glr-tutorials-introductory-usage-py

2.5 scikit-learn

URL Tutorial:

https://scikit-learn.org/stable/tutorial/index.html

3 Uso de Machine Learning para previsão de doenças

Os dados utilizados no projeto podem ser obtidos a partir do repositório de Machine Learning da UCI (http://archive.ics.uci.edu/ml/datasets/Breast+Cancer+Wisconsin+%28Diagnostic%29), estando os mesmos relacionados com o diagnostico de cancro.

Tratamento e análise dos dados 3.1

Inicialmente comeou por se fazer o download dos dados, e transformar os mesmo no formato de data frame, de modo a facilitar a sua posterior análise.

Para os dados serem carregados no python e ao mesmo tempo transformados numa data frame, foi utilizado o comando read_csv e guardado o resultado na variavel df.

```
\#importação da biblioteca pandas, quando for necess\'ario usar a mesma ir\'a ser utilizado
#pd em vez de pandas
import pandas as pd
# Leitura do ficheiro dos dados, especificando que o mesmo não tem nome para as colunas
\#(header = None)
# Comando read_csv da biblioteca Pandas
                                             o equivalente ao read.table do R, uma vez que
# temos o ficheiro em formato csv
df = pd.read_csv('/home/anasapata/Personal/ProjetoIntegrado/Uso-de-Machine-Learning
-para-previs-o-de-doen-as/breast-cancer-wisconsin.data.csv',
                  header = None
# Mostra as primeiras 5 linhas do ficheiro/data frame
print(df.head())
  Após guardados os dados na variavel df, uma vez que as colunas da data frame não tinha qualquer
```

nome associado foi necessário atribuir os respetivos nomes a estas.

```
# Uma vez que o ficheiro não tem nome para as colunas, tal como acontece
# posteriormente com a data frame então necessário atribuir os respetivos
# nomes às mesmas para tal
df.columns = ['sample_code_number',
               'clump_thickness',
              'uniformity_of_cell_size',
              'uniformity_of_cell_shape',
               ' marginal_adhesion ',
              'single_epithelial_cell_size',
              'bare_nuclei',
              'bland_chromatin',
              'normal_nucleoli',
              'mitosis',
              'classes']
```

Mostrar novamente as primeira 5 linhas de modo a confirmar que os nomes das # colunas lhes foram atribuidos print(df.head())

De seguida foi tratada a coluna classes de modo a ter o valor "benign" quando esta era 2, "malignant" quando era 4 e NA nos restantes casos.

```
# Quando classes tem o valor 2 deverá torna-se "benign", quando tem o valor 4
# deverá tornar-se "malignant" e nos restantes casos NA
df. classes.replace([2, 4], ['benign', 'malignant'], inplace = True)
```

Verificar que alterou os valores

```
print(df.head())
print(df.tail())
```

Uma vez organizada a coluna *classes*, pretende-se agora verificar a existência de valores NA. Sabe-se que existem celulas cujo seu valor é '?' pelo que primeiramente estes valores terão de passar a NA. O equivalente ao NA na biblioteca numpy é o NaN, tendo então utilizado este valor quando as células tinham o valor '?'.

```
import numpy as np
```

```
# Quando existe o valor ? atribuido ao mesmo o valor NaN (equivalente ao NA) df.replace('?', np.NaN, inplace = True)
```

Após efetuada a alteração, verificou-se quais as colunas que continham valores NaN e quantas linhas existiam com os mesmos.

```
# Verifica quais as colunas com valores nulos
null_columns = df.columns[df.isnull().any()]
# Conta o n mero de celulas com valores nulos
print(df[null_columns].isnull().sum())
```