# Trabajo Práctico RNA - 1C 2019: Prediciendo enfermedad cardiaca en individuos

# Resumen

**En el siguiente trabajo práctico. Utilizaremos el dataset de enfermedad cardiaca proporcionado por Kaggle. Nuestro objetivo es analizarlo a grandes rasgos y construir una Red Neuronal Artifical, utilizando el modelo Multi Layer Perceptron y el método de aprendizaje Back-propagation.**

**Para esto, utilizaremos Python 3 como lenguaje y sklearn como librería para hacer feature-engineering en el dataset e inicializar la red. Este documento fue generado mediante Jupyter, un proyecto que permite hacer Explanatory Data Analysis mediante código y explicación escrita.**

## EDA (Explanatory Data Analisys)

El objetivo de un EDA es presentar al lector un análisis estadístico de un set de datos. En el presente trabajo, consideramos que hacer uno añade valor al mismo. Explicaremos paso a paso qué se hace en cada tramo de código y brindaremos explicaciones teóricas del mismo.

## 1.- Inspeccionemos el dataset

In [1]:

```
import pandas as pd

df = pd.read_csv('heart.csv')
df.head()
```

Out[1]:

| | age | sex | cp | trestbps | chol | fbs | restecg | thalach | exang | oldpeak | slope | ca | thal | target |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| **0** | 63 | 1 | 3 | 145 | 233 | 1 | 0 | 150 | 0 | 2.3 | 0 | 0 | 1 | 1 |
| **1** | 37 | 1 | 2 | 130 | 250 | 0 | 1 | 187 | 0 | 3.5 | 0 | 0 | 2 | 1 |
| **2** | 41 | 0 | 1 | 130 | 204 | 0 | 0 | 172 | 0 | 1.4 | 2 | 0 | 2 | 1 |
| **3** | 56 | 1 | 1 | 120 | 236 | 0 | 1 | 178 | 0 | 0.8 | 2 | 0 | 2 | 1 |
| **4** | 57 | 0 | 0 | 120 | 354 | 0 | 1 | 163 | 1 | 0.6 | 2 | 0 | 2 | 1 |

Kaggle nos proporciona la siguiente información (en inglés) de las variables (que en adelante llamaremos `features`).

- `age` age in years
- `sex` (1 = male; 0 = female)
- `cp` chest pain type
- `trestbps` resting blood pressure (in mm Hg on admission to the hospital)
- `chol` serum cholestoral in mg/dl
- `fbs` (fasting blood sugar > 120 mg/dl) (1 = true; 0 = false)
- `restecg` resting electrocardiographic results
- `thalach` maximum heart rate achieved
- `exang` exercise induced angina (1 = yes; 0 = no)
- `oldpeak` ST depression induced by exercise relative to rest
- `slope` the slope of the peak exercise ST segment
- `ca` number of major vessels (0-3) colored by flourosopy
- `thal` 3 = normal; 6 = fixed defect; 7 = reversable defect
- `target` 1 or 0

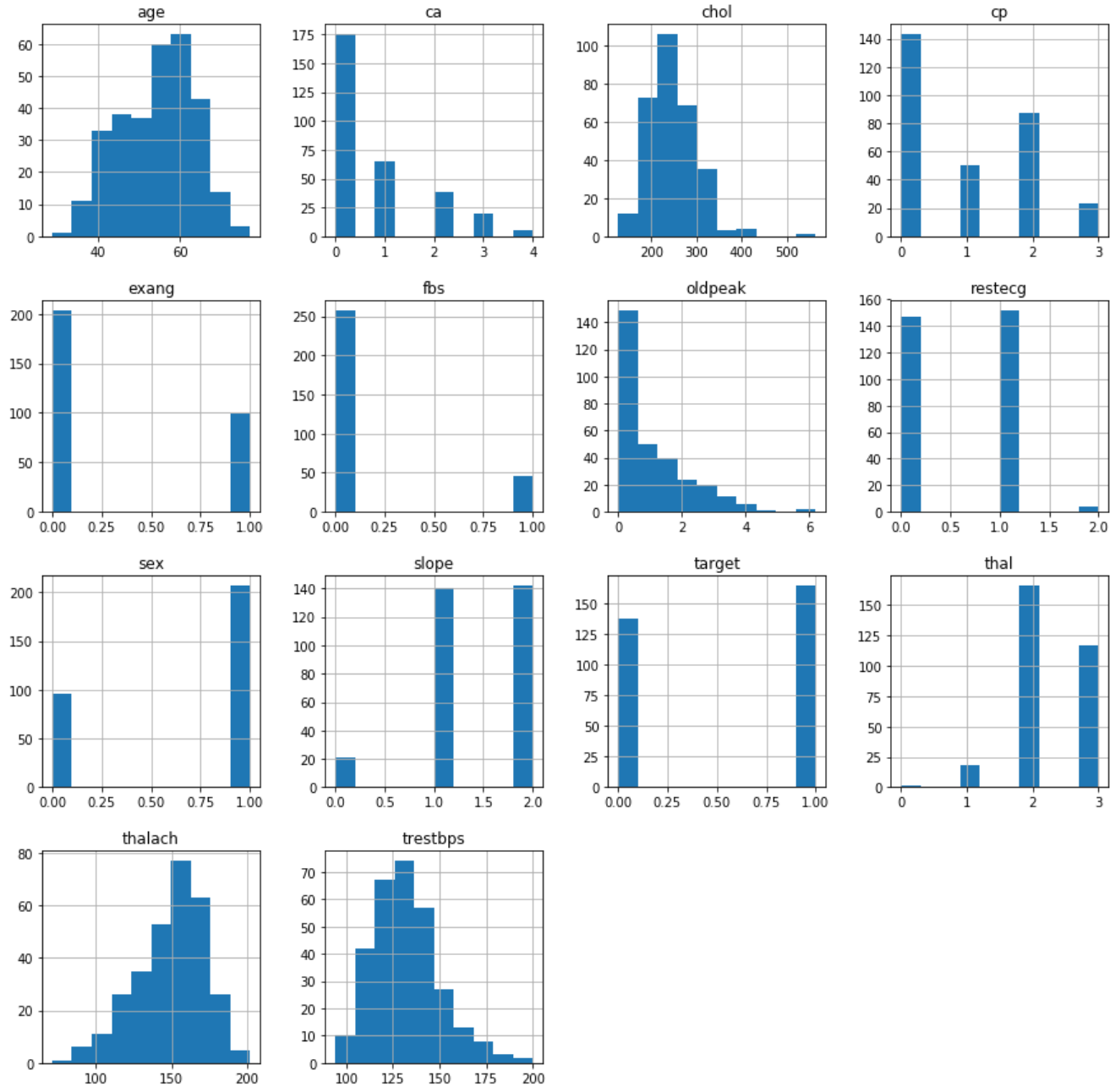
Nuestra variable `y` (dependiente) será `target` ya que como mencionamos, nuestro objetivo es predecir enfermedad cardiaca en individuos en base a las `features` proporcionada por el dataset.

# Veamos la distribución de las variables

In [3]:

```
import matplotlib.pyplot as plt

df.hist(figsize=(15,15))
plt.show()
```




Algunos *insights* que vemos de las distribuciones:

- La mayoría de individuos tiene entre 40 y 65 años aproximadamente. Con la media estando en 50-55 años.
- La media de colesterol ronda 250mg/dl. Con una persona por arriba de 500mg/dl 😲
- Hay mitad de personas que presentan dolor de pecho, la mayoría presenta un dolor tipo 2, que consideramos un dolor "medio".
- La mayoría de los individuos del estudio son hombres.
- La mayoría de los individuos presentan un ritmo cardiaco máximo bastante normal ( `thalach` ), tomando como referencia la imagen debajo (fuente: *American Heart Association*).

Separamos las features con la variable a predecir.

In [5]:

```
X = df.iloc[:, :-1].values
y = df.iloc[:, -1].values
```

## 2.- Separación del dataset

Dividamos el dataset en un set de entrenamiento y otro para pruebas. Hagamos un 20% para pruebas. Esto nos permite usar el 80% del mismo para entrenar el modelo y el 20% restante para probarlo. Si usaramos el 100% del dataset para entrar y lo probaramos con el mismo dataset, estaríamos cometiendo una suerte de falacia, ya que estamos usando los mismos datos que entraron a la red, para predecir los mismos datos.

In [6]:

```
from sklearn.model_selection import train_test_split
X_train, X_test, y_train, y_test = train_test_split(X, y, test_size = 0.2, random_state = 0)
```

Procesemos un poco el dataset. Hagamos que la media de cada feature sea 0 y su desviación estándar 1. Esto sirve mucho para algoritmos de machine learning en general, como está descrito en este artículo.

In [7]:

```
from sklearn.preprocessing import StandardScaler
scaler = StandardScaler()
scaler.fit(X_train)
X_train = scaler.transform(X_train)
# apply same transformation to test data
X_test = scaler.transform(X_test)
```

## Ahora la parte divertida! 😁

## 3.- Generemos el modelo y alimentémoslo con los datos de entrenamiento

In [8]:

```
import numpy as np
from sklearn.neural_network import MLPClassifier
from sklearn.metrics import accuracy_score
```

**Probemos diferentes configuraciones de redes neuronales. Vayamos de 1 hidden layer con 3 neuronas a 5 capas con 6 neuronas cada una. Serían 5 x 4 combinaciones.**

In [9]:

```
mlp_accuracies_df = pd.DataFrame(columns=['neurons', 'layers', 'score'])

for layers in range(1,5+1):
    for neurons in range(3,6+1):
        clf = MLPClassifier(solver='lbfgs', alpha=1e-5, hidden_layer_sizes=(neurons, layers), rando
m_state=1)
        clf.fit(X_train, y_train)
        y_pred = clf.predict(X_test)
        accuracy = accuracy_score(y_test, y_pred)
        mlp_accuracies_df = mlp_accuracies_df.append({'neurons': neurons, 'layers': layers, 'score'
: accuracy}, ignore_index=True)
```

In [10]:

```
mlp_accuracies_df.sort_values(by='score', ascending=False)
```

Out[10]:

| | neurons | layers | score |
|---|---|---|---|
| **6** | 5.0 | 2.0 | 0.868852 |
| **10** | 5.0 | 3.0 | 0.836066 |
| **12** | 3.0 | 4.0 | 0.836066 |
| **19** | 6.0 | 5.0 | 0.836066 |
| **8** | 3.0 | 3.0 | 0.819672 |
| **9** | 4.0 | 3.0 | 0.819672 |
| **14** | 5.0 | 4.0 | 0.819672 |
| **16** | 3.0 | 5.0 | 0.819672 |
| **5** | 4.0 | 2.0 | 0.803279 |
| **7** | 6.0 | 2.0 | 0.803279 |
| **1** | 4.0 | 1.0 | 0.803279 |
| **11** | 6.0 | 3.0 | 0.803279 |
| **2** | 5.0 | 1.0 | 0.803279 |
| **3** | 6.0 | 1.0 | 0.786885 |
| **15** | 6.0 | 4.0 | 0.786885 |
| **4** | 3.0 | 2.0 | 0.754098 |
| **18** | 5.0 | 5.0 | 0.737705 |
| **17** | 4.0 | 5.0 | 0.704918 |
| **13** | 4.0 | 4.0 | 0.672131 |
| **0** | 3.0 | 1.0 | 0.557377 |

In [11]:

```
clf
```

Out[11]:

```
MLPClassifier(activation='relu', alpha=1e-05, batch_size='auto', beta_1=0.9,
       beta_2=0.999, early_stopping=False, epsilon=1e-08,
       hidden_layer_sizes=(6, 5), learning_rate='constant',
       learning_rate_init=0.001, max_iter=200, momentum=0.9,
       n_iter_no_change=10, nesterovs_momentum=True, power_t=0.5,
       random_state=1, shuffle=True, solver='lbfgs', tol=0.0001,
       validation_fraction=0.1, verbose=False, warm_start=False)
```

## 4.- Analicemos el modelo hecho

Podemos ver los atributos que maneja la clase de Multi-Layer Perceptron Classifier. Posee un `learning_rate` de $1e-5$ (alpha) y usa como función de activación la ReLU.

En este caso, podemos ver que comparando el `accuracy scoring` (acertados/total) que la configuración de 2 capas escondidas con 5 neuronas cada una ( `hidden_layer_sizes` ) es la más óptima para este dataset.

A su vez, la documentación de Sklearn nos dice que su clase utiliza *back-propagation* aquí.

## 5.- Veamos qué tan bien va el modelo con los datos de prueba

In [18]:

```
clf = MLPClassifier(solver='lbfgs', alpha=1e-5, hidden_layer_sizes=(5, 2), random_state=1)
clf.fit(X_train, y_train)
y_pred = clf.predict(X_test)

from sklearn.metrics import confusion_matrix
cm = confusion_matrix(y_test, y_pred)
```

In [19]:

```
cm
```

Out[19]:

```
array([[25,  2],
       [ 6, 28]])
```

# Conclusiones

Podemos ver en la variable `cm` la matriz de confusión. Acertamos a 25 negativos y 28 positivos — ya que en nuestro caso, los indices son `0` para "no tiene enfermedad cardiaca" y `1` para "posee enfermedad cardiaca".

También podemos ver que nuestro mejor scoring de precisión es del $86.89\%$. Es relativamente bueno teniendo en cuenta que poseemos un dataset relativamente chico de $242$ ejemplos.