Călugărița Amalia-Alexandra

312CC

Partea 1

PROIECT PCLP3

- Clasificarea stării de sănătate a pacienților –

Acest proiect are ca scop realizarea unui model de clasificare binara care prezice starea de sanatate (bolnav sau sanator) a unor pacienti pe baza unor factori precum: varsta (numere intregi) , sexul (valori categorice: feminism sau masculine) , greutatea (numere reale), daca fumeaza sau nu (1 – pacientul fumeaza, 0 – nu fumeaza), febra (numere reale), istoricul familia (varibile categorice: 1 – pacientul are memebrii ai familiei diagnosticati ca fiind bolnavi, 0 – contrat), daca consuma sau nu fast food (1 – da, 0 – nu), stilul de viata (valori categorice: active, moderat, sedentar). Setul de data, atat cel care antreneaza modelul cat si cel de testare, sunt generate sintetic, iar algoritmul de baza folosit este regresia logistica.

Implementarea proiectului este facuta in fisierul sursa proiect.py, in care ne folosim de biblioteci si functii din Python (pandas, numpy, seaborn, matplotlib, os, scikit-learn), sau de functii definite de mine (generate_data din fisierul generate.py).

Fisierul generate.py: defineste functia generate_data care creaza un data frame cu n randuri (care reprezinta n pacienti) necesar pentru implementarea modelului de clasificare. Fiecare pacient (fiecare rand) este caracterizat prin factorii descrisi anterior. Datele sunt generate random, folosind un seed oarecare pentru a avea de fiecare data acelasi output.

Modul de generare a datelor:

Varsta (age) : este generata aleator, cu valori intregi intre 18 si 90 de ani.

Sexul (sex) : este selectat aleatory intre “male” si “female” cu probabilitate egala

Greutatea (weight) : este generate astfel incat majoritatea valorilor sa fie in jurul lui 70 cu o deviatie de 10 dar fara sa depaseasca intervalul (45, 100). Pentru a face datele mai realiste si pentru a putea trata cazul valorilor aberante, am adaugat intentionat cateva valori aberante (10) la pacienti selectati random (greutati dn intervalul 110 150).

Fumatul (smokes) : generat astfel incat sa fie o probabilitate de 40% ca pacientul sa fumeze (smokes = 1)

Temperatura (fever) : valori random intre 36 si 40. Am adaugat si aici cateva valori aberante: 5 valori din intervalul (32, 35) si 5 valori din (41, 43).

Istoria familiala (family_history) : generat astfel incat sa existe o probabilitate de 30% ca sa fie adevarat

Fast food (eats_fast_food) : identic cu smokes

Stilul de viata (lifestyle) : este selectat random dintre “active”, “moderate” si “sedentary” si apoi mapat la un scor de risc (0 – active, 0.5 – moderat, 1 – sedentar) pentru a-l putea lua in calcul mai usor la aflarea starii de sanatate a pacientilor.

Starea de sanatate (sick) : este eticheta finala care decide daca pacientul este sau nu bolnav (1- da, 0 – nu) si este calculate ca o combinatie ponderaata a factorilor de risc descrisi anterior. Daca suma factorilor de risc (fiecare luat cu o anumita pondere) depaseste valoarea de prag = 2, atunci pacientul este considerat bolnav.

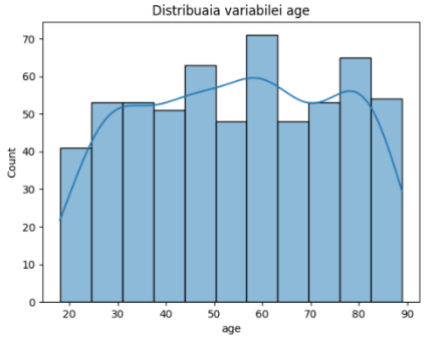
Pentru a indeplini si cerinta in care trebuie sa tratam valorile lipsa, am adaugat intentionat astfel de valori : 5% penntru coloanele fever, lifestyle si family_history (fiecare este de tip diferit pentru a trata modul de alegere pentru a complete datele pentru fiecare tip de date).

Functia intoarce data frame-ul de care ne vom folosi mai departe.

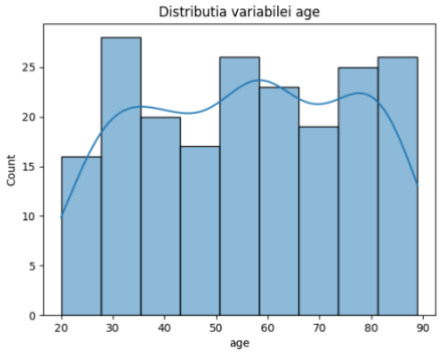
Fisierul proiect.py: pentru a descrie modul de implementare, vom imparti programul in mai multe parti:

1. Generam cele doua seturi de date (train si test) apeland functia generate_data. Setul de train va contine 600 de exemple (pacienti), iar cel de test, 200. Datele sunt salvate in format csv in fisierele train.csv si test.csv. Cream de asemenea si folderul “grafice” in care vom salva toate greficile pe care urmeaza sa le generam.
2. Analiza datelor lipsa : am definit functia missing_analysis care primeste ca parametru un data frame (fie cel de testare, fie cel de antrensmet) si un nume (train sau test) necesar pentru afisarea intuitive a rezultatelor. Functia verifica fiecare coloanal din data frameul transmis pentru a vedea cate valori lipsa exista (atat numeric, cat si ca procent) si creaza un data frame pentru acestea. In cazul in care nu exista valori lipsa (caz imposibil pentru modul in care am setat sa se genereze datele) se afiseaza un mesaj corespunzator, iar in caz afirmativ, data frame-ul creat. In exterior, apelam functia pentru ambele seturi de date.
3. Statistici descriptive: analizam ambele seturi de date pentru a observa statisciti precum: valori medii, valori maxime si minime.
4. Analiza distributiei variabilelor 1: in aceasta parte ne ocupam de analiza distributiei valorilor din fiecare coloanal numerica (age, weight, fever) cu ajutorul histogramelor. Astfel putem observa ce categorie de pacienti predomina din cei aflati in data frame-uri. Pentru exemplul generat de mine am obtinut:

Train, age:



Test, age:

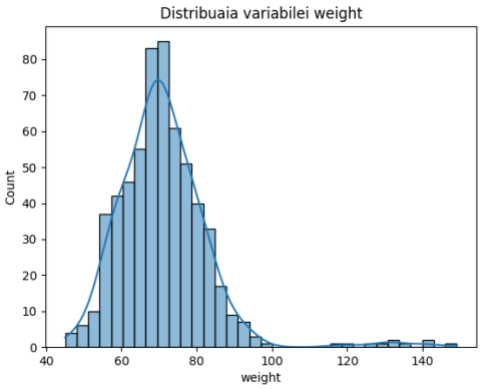


Observam ca nu exita diferenta majore intre cele doua histograme, la fiecare distributia varstei este relative uniforma. Pentru setul de train varstele sunt distribuite echilibrat, nu exista o categorie de vasrta care sa predomine exagerat (desigur observam ca personale cu varsta de 58-62 sunt predomnante iar cele cu varsta de 18-25 ceva mai rare, insa nu este o diferenta majora care ne poate afecta modelul). Pentru setul de train observam cateva variatii mai considerabile, datorate numarului mai redus de exemple (200 comparativ cu cele pentru train, 600).

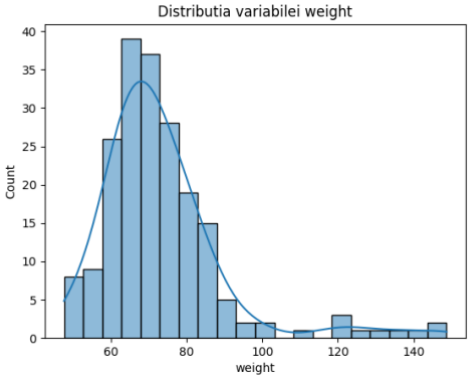
Nu sunt zone de varsta ignorate, deci nu riscam ca modelul sa nu fie antrenat pentru anumite cazuri.

Consider ca nu trebuie adusa nicio preprocesare, deoarece aveam de-a face cu valori numerice de tip continuu, fara valori lipsa si fara valori exagerate (reamintesc ca aceste valori le-am setat de mana dar in realitate pot exista).

Train, weight:



Test, weight:

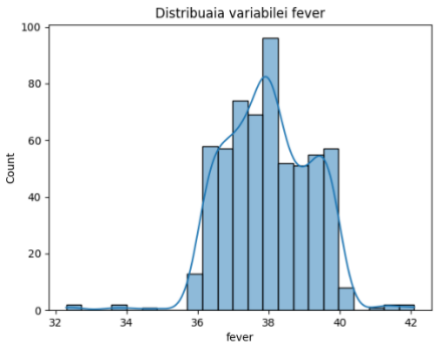


Ce observam : atat pentru train cat si pentru test, valorile se incadreaza in intervalul 45-100, mojiritatea concentrandu-se intre 65-75. Se observa si cateva valori aberante (introduce intentionat) in intervalul 110-150.

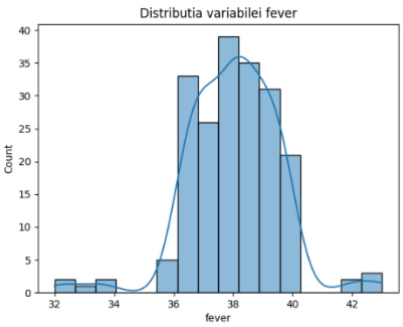
Ce idei putem formula: prezenta valorilor aberante poate influenta negativ antrenarea modelului si rezultatele date de acesta si trebuie tratate separat.

Ce proprocesari ar trebui sa aplicam: ar trebui sa detectam valorile aberante si sa gasim o modalitate de tartare a acestora, precum inlocuirea acestora cu o medie. De asemena pentru functionarea mai corecta a algoritmului este necesara o scalare (standard scaler) pentru ca toate variabilele sa se afle pe aceeasi scala si sa influenteze modelul intr-un mod mai echilibrat.

Train, fever:



Test, fever:

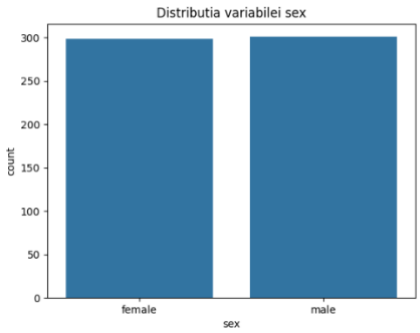


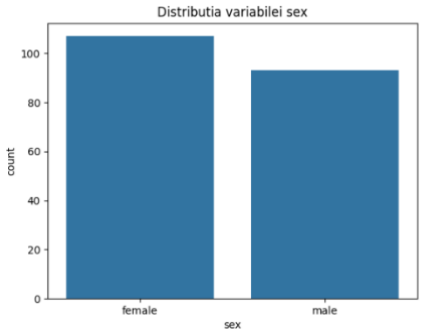
Ce observam : valorile sunt predominante in zona de 37-38, iar in intervalul 36,2- 39,4 excluzand intervalul 37-38 sunt distribuite relative uniform. Obervam si valorile aberante setate : 32-35 si 41-43 Ce idei putem formula: in cazul febrei, valorile aberante pot insemna risc ridicat de a fi bolnav, iar din cauza, iar in modelul nostru febrei ii este atribuit o anumita pondere in calcularea factorului de risc care poate scapa aceste cazuri de pacienti bolnavi. Asadar modelul ar trebui adaptat astfel incat sa ia mai semnificativ in considerare aceste valori aberante. De asemenea, la fel ca la age, trebuie sa scalam datele.

Ce preprocesari ar trebui sa aplicam: tratarea valorilor aberante, fie prin inlocuirea unei medii (nerecomandabil pentru motivul descries anterior) fie prin calcularea intr-un mod diferit a factorului de risc care sa tina cont de acestea. De asemena pentru functionarea mai corecta a algoritmului este necesara o scalare (standard scaler) pentru ca toate variabilele sa se afle pe aceeasi scala si sa influenteze modelul intr-un mod mai echilibrat.

5. Analiza distributiei variabilelor 2: : in aceasta parte ne ocupam de analiza distributiei valorilor din fiecare coloanal cu valori categorice (sex, smokes, family_history, eats_fast_food, lifestyle) cu ajutorul graficelor de tip countplot cu scopul de a observa frecventa fiecarei valori posibile a variabilei. Pentru exemplul generat de mine am obtinut:

   Train, sex: Test, sex:

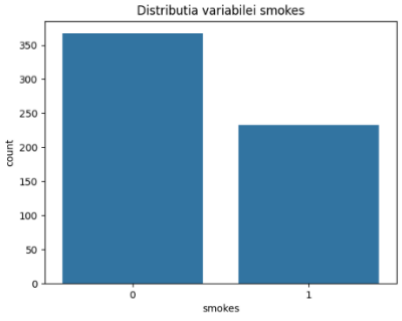


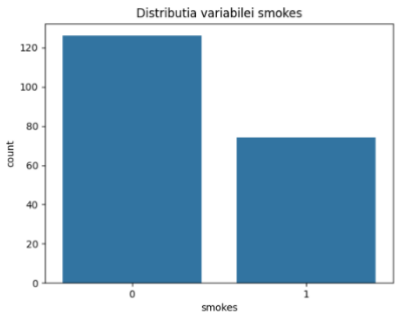


Ce observam si ce idei putem formula: pentru setul de train distributia este perfect echilibrata (datorita faptului ca am ales sa generam datele cu probabilitati egale pentru fiecare gren), iar pentru setul de train se obsrva o usoara diferenta: femeile au o frecventa mai mare. Desi am generat dateele in acelasi mod cu cele de train, aceasta diferenta poate fi causata de numarul mic de exemple.

Ce preprocesari putem aplica: putem transforma variabila categorica intr-un format numeric (1- female, 0- male) pentru calcularea factorului de risc

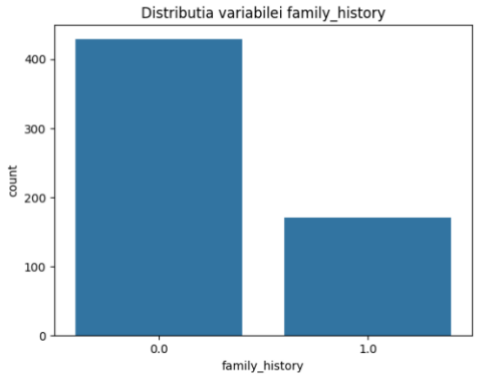
Train, smokes: Test, smokes:



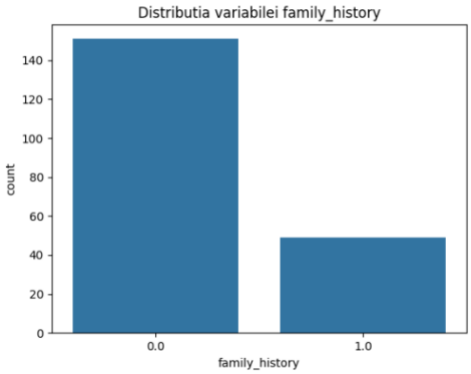


Observam ca in ambele seturi de date avem 60% personae fumatoare, 40% personae nefumatoare, lucru datorat felului in care am generat datele. Persoanele fumatoare vor avea un risc mai ridicat fata de cele nefumatoare (in formula pe care am folosit-o in calculul factorului de risc, pentru persoanele nefumatoare nu se va mai adauga variabila smokes). Nu consider ca trebuie adusa nicio preprocesare.

Train, family_history:

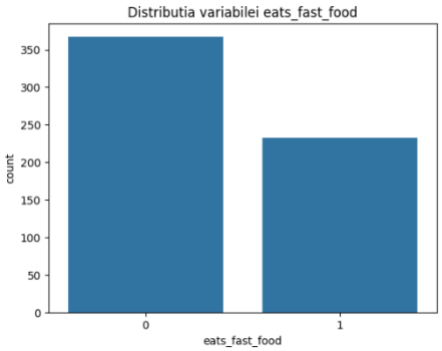


Test, family_history:

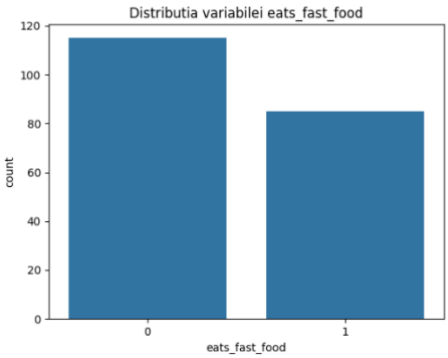


Observam ca pentru ambele seturi de date probabilitatile sunt de 70% la 30 % (nu exista si exista). Acest factor nu este unul foarte important in calcularea factorului de risc deci nu are o influenta masiva pentru model si nu este nevoie de preprocesari.

Train, eats_fast_food:

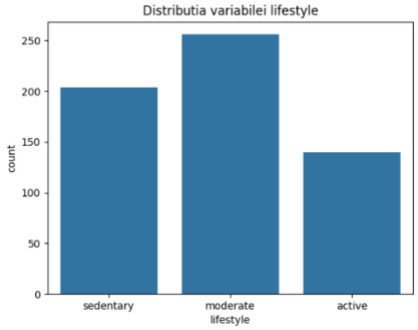


Test, eats_fast_food:

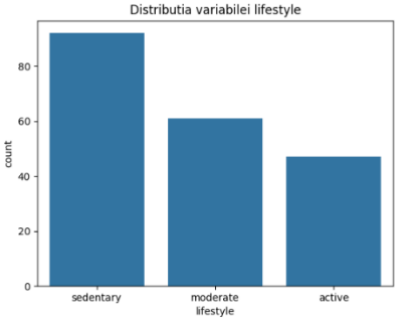


In ambele grafice observam ca majoritatea pacientilor nu consuma fast food (60% pentru valoarea 0). Aceasta varabila poate influenta destul de considerabil riscul de boala. Fiind o varibila binara nu necesita preprocesari.

Train, lifestyle:



Test, lifestyle:



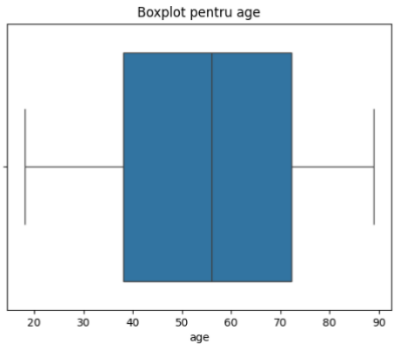
Ce observam: pentru setul de antrenament predominant este stilul de viata moderat, iar pentru cel de test, predominant sedentar. Elementul comun al celor doua seturi de date este frecventa scazuta pentru stilul de viata activ.

Ce idei putem formula: un stil de viata sedentar, poate fi un factor ce creste considerabil riscul de imbolnavire, mai ales alaturi de alti facori precum consumul de fast food sau fumatul.

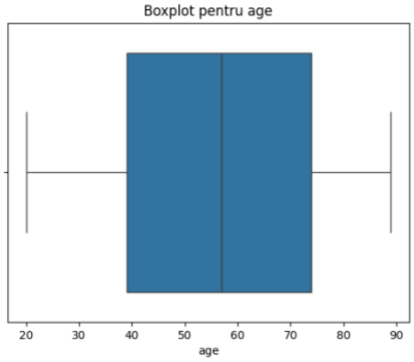
Ce preprocesari ar trebui sa aplicam: fiind o varibila categorica, este necesara o codificare pentru a putea manipula datele mai usor (label encoder). Observam ordinea aleasa: stilul de viata moderat nu este cel mai bun (comparative cu cel active care nu influenteaza factorul de risc), dar nu este la fel de rau precum cel sedentar.

6. Detectarea outlierilor: folosim boxplot-uri pentru a detecta valorile aberante. Am definit functia detect_outliers care primeste un data frame si evalueaza coloanele numerice (in cazul nostru age, weight si fever) si genereaza pentru acestea cate un boxplot in care se pot observa valorile aberante (daca exista). Apelam aceasta functie pentru ambele seturi de date.

Train, age:

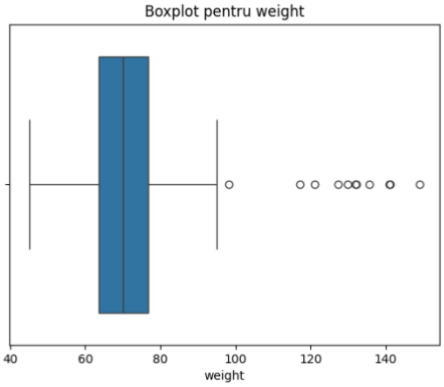


Test, age:

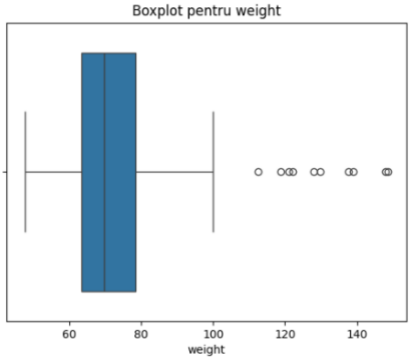


Observam ca nu exista valori aberante pentru niciun set din cele doua si, la fel ca la histograme observam o distribuire echilibrata a varstelor (medianele sunt plasate aproximativ in centru). Constatam, datorita asemanarii dintre cele doua seturi, ca modelul va fi bine antrenat (putea sa existe cazul in care antrenam modelul pentru o anumita categorie de pacienti, iar cei din setul de test sa nu se incadreze in standard, aparant erori). Nu necesita preprocesari.

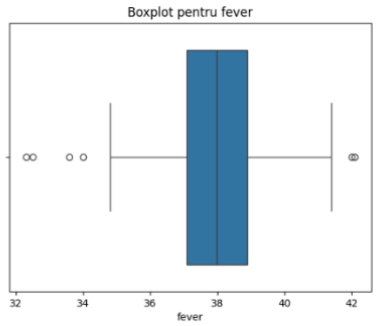
Train, weight:



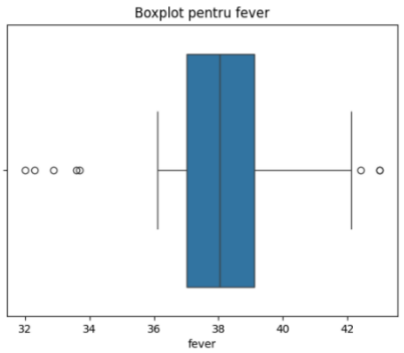
Test, weight:



Train, fever:



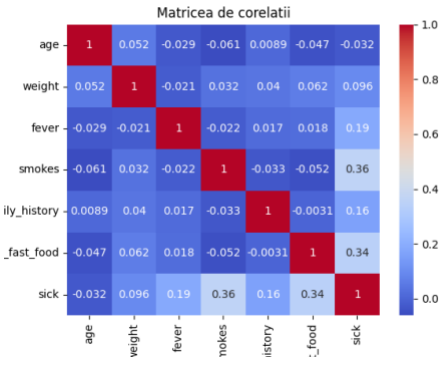
Test, fever:



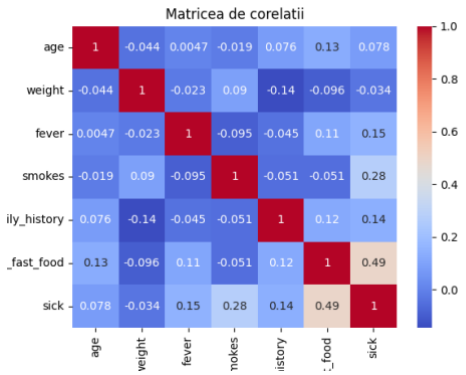
Observam ca atat pentru fever cat si pentru weight, pentru m=ambele seturi de date avem valori aberante (in intervalele pe care le-am setat), cazuri care trebuie tratate separate pentru a nu afecta acuratetea modelului. Putem inlocui valorile aberante cu media, desi in realitate aceste valori aberante pot semnifica o afectiune posibil grava, caz in care alegem sa le normalizam.

7. Analiza corelatiilor: ne vom folosi de matrice de corelatii pentru variabilele numerice. Variabila coeficientului de corelatie variaza intre -1 si 1: -1 reprezinta o cerelatie negativa (cand prima variabila creste, cea de-a doua creste in acelasi ritm, 0 absenta unei corelatii (variabilele sunt independente) iau 1 o corelatie pozitiva (cand prima variabila creste, cealalta scade). Facem acest lucru pentru ambele seturi de date. Primul lucru pe care il facem este sa selectam coloanele numerice si sa calculam corelatia.

Train:



Test:



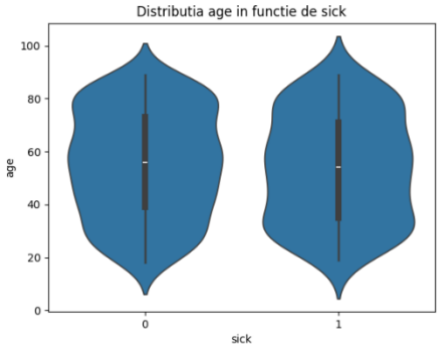
Ce observam: pentru ambele seturi de date, corelatia dintre factorii definiti (age, weight, fever, smokes, life_history, eats_fast_food) este una slaba (tinde spre 0) ceea ce inseamna ca nu se influenteaza reciproc. Analizand corelatia dintre sick si celelalte varibile constatam o legatura puternica positiva cu smokes si eats_fast_food, una moderata pozitiva cu fever si family_history). Uitandu-ne la corelatia dintre sick si age penru train observam o corelatie negative, cee ace inseamna ca oamenii varstnici sunt mai putin predispusi decat cei tineri la a se imbolnavi (desi initial pare aberant, deoarece oamenii varstnici de obicei sufera de mai multe afectiuni decat cei tinerii, acest rezultat se datoreaza faptului ca nu am introdus varsta ca un factored risc atunci cand am calculate sick)

Ce idei putem formule: cei mai considerabili factori de rist sunt smokes si eats_fast_food, iar cei mai putin semnificativi sunt age si weight.

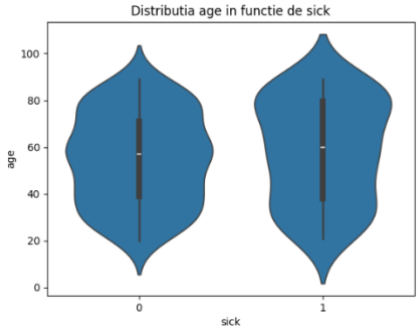
Ce preprocesari ar trebui sa aplicam: neavand corelatii mari intre variabile (excluzand sick) modelul functioneaza corect si nu trebuie sa aplicam preprocesari.

8. Analiza relatiilor cu variabila tinta: generam graficede tip violin pentru fiecare variabila numerica, nebinara (age, weight, fever) in functie de sick pentru a evidentia relatiile dintre acestea.

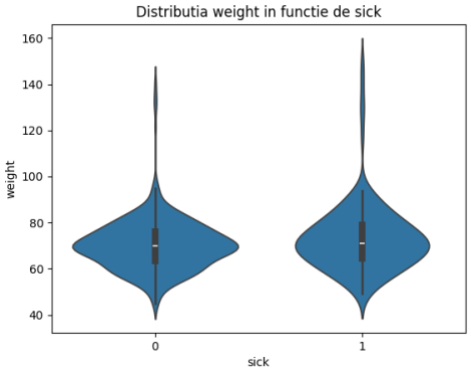
Train, age:



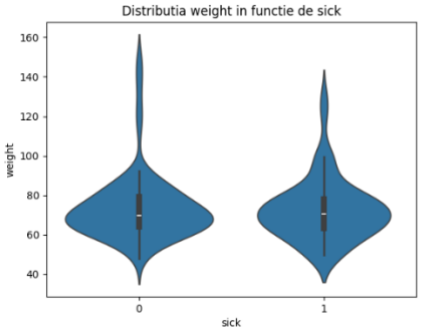
Test, age:



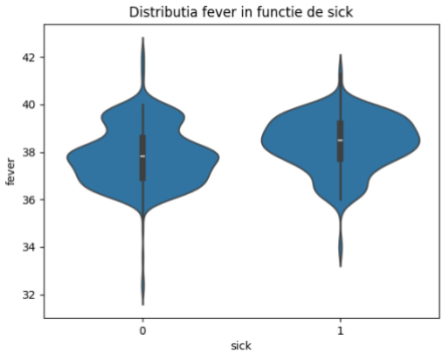
Train, weight:



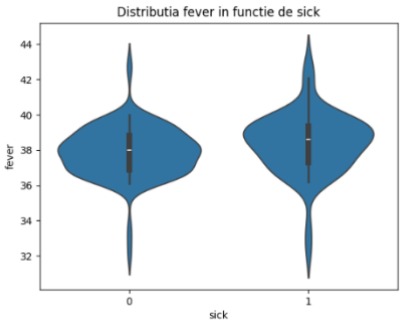
Test, weight:



Train, fever:



Test, fever:

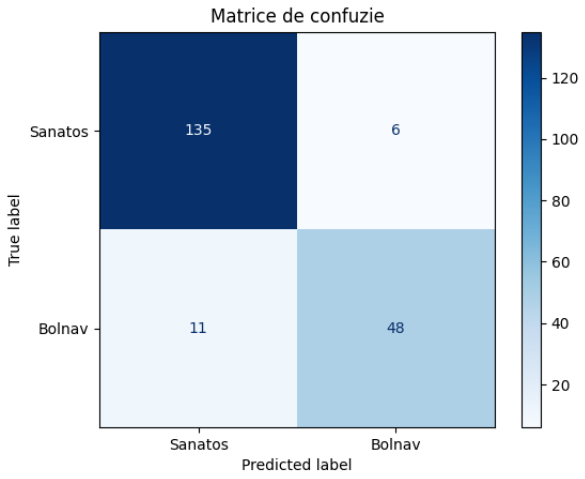


9. Antrenarea modelului: aceata parte a proiectului se ocupa de preprocesarea datelor si de antrenarea modelului. Mai intai combinam cele doua seturi de date, pentru a aplica transformarile o singura data. Valorile catelogice sunt convertite in valori numerice folosind

label encoder, iar cele numerice (nebinare) sunt scalate cu standard scaler. Dupa procesarea datelor, acestea sunt separate inapoi in setul de antrenamt si cel de test. Fiecare set este impartit astfel : intr-o matrice (X_train sau X_test) ce contine toate variabilele mai putin sick si intr-un vector (y_train si y_test) ce contine doar variabila sick. Matricele X reprezinta practice inputurile (liste de pacienti, fiecare pacient fiind caracterizat prin variabile) iar y outputurile (fiecare linie reprezinta diagnosticarea pacientulilor). Cream modelul de regresie logistica pe care il antrenam cu X_train si y_train. Folosim modelul pentru a face predictii pe setul de testare (X_test), rezultandu-ne un output y_pred cu predictiile realizate cu metoda logistic regression. Practic y_test reprezinta valorile reale ale setului de testare, iar y_pred reprezinta predictiile modelului. Comparand acesti doi vectori putem sa evaluam modelul.

10. Interpretarea datelor: se realizeaza folosind clasiification_report care ofeta evaluarea predictiilor. Practic analizam daca modelul este sau nu corect: daca este total corect atunci y_test si y_pred vor coincide. Aceasta functie ne returneaza acuratetea, prezicia, recall si f1-score. De asemena pentru a analiza si grafic rezultatele ne vom folosi de:

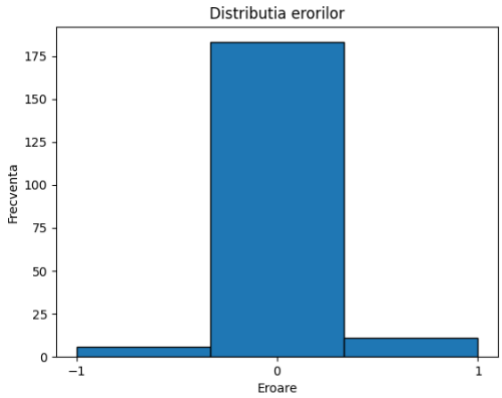
Matrice de confuzie:



Analizand acest graphic observam ca din cei 200 de pacienti:

- 135 erau sanatosi si au fost diagnosticati ca fiind sanatosi
- 48 erau bolnavi si au fost diagnosticati ca fiind bolnavi
- 6 erau sanatosi si au fost diagnosticati ca fiind bolnavi
- 11 erau bolnavi si au fost diagnosticati ca fiinf sanatosi . Acest aspect este unul negativ, deoarece intr-un scenario real, pacienti care ar fi avut devoie de tratament, nu il vor primi, cee ace poate adduce consecinte grave, spre deosebire de cei sanatosi si catalogati bolnavi.

Grafic de erori (histograma):



0 – prezis corect

-1 bolnav si diagnosticat snatos

1 sanatos si diagnosticat bolnav

11. Salvarea datelor: salvam predictiile intr-un fisier csv

GitHub: CalugaritaAmaliaAlexandra

https://github.com/CalugaritaAmaliaAlexandra/Proiect-PCLP3.git