

Projektarbeit: Vorhersage von Medikamentenverschreibungen basierend auf Patienteneigenschaften

Kurs: Maschinelles Lernen (MaLe-AD23-HS24)

Autor/in: Elisabeth Hermann

Datum: 23.12.2024

Einführung

Zusammenfassung des Projektinhalts

- **Welches Problem wird gelöst?**

Es soll ein Modell entwickelt werden, das anhand von Patientendaten (Alter, Geschlecht, Blutdruck, Cholesterinspiegel und Natrium-Kalium-Verhältnis im Blut) vorhersagt, welches Medikament (Drug A, B, C, X oder Y) für einen Patienten am besten geeignet ist.

- **Welche Daten werden verwendet?**

Das "Drug Classification Dataset", das 200 Patienteninformationen enthält, die Merkmale wie Alter, Geschlecht, Blutdruck (hoch/niedrig), Cholesterin (hoch/normal) und Natrium-Kalium-Verhältnis umfassen.

- **Welches ist die Zielvariable?**

Die Zielvariable ist `Drug`, die das Medikament angibt, das bei einem Patienten verabreicht wird.

- **Welche Features werden verwendet?**

- `Alter (Age)`, in Jahren
- `Geschlecht (Sex)`, F oder M
- `Blutdruck (BP)`, low, high oder normal
- `Cholesterinspiegel (Cholesterol)`, normal oder high
- `Natrium-Kalium-Verhältnis (Na_to_K)`, Index

- **Andere nützliche Informationen:**

Das Problem ist eine Klassifikationsaufgabe im Bereich des überwachten Lernens.

Wieso ist es sinnvoll, dieses Problem zu lösen?

Die richtige Medikamentenwahl ist entscheidend für den Heilungsprozess eines Patienten. Ein Modell, das anhand von Patientendaten die beste Medikamentenwahl vorhersagen kann, kann Ärzten dabei helfen, die richtige Entscheidung zu treffen und die Genesung der Patienten zu beschleunigen. Heute in unserer Welt die immer mehr von Technologie geprägt ist, ist es wichtig, dass auch im medizinischen Bereich Technologie eingesetzt wird, um die Genesung der Patienten zu beschleunigen und die richtige Behandlung zu gewährleisten. Auch die Kosten für die Behandlung können durch die richtige Medikamentenwahl gesenkt werden.

Setup

Anleitung: In diesem Abschnitt geht es darum, das Jupyter Notebook zu konfigurieren. Ihr braucht hier nicht viel zu machen.

```
In [1]: # Wichtige Bibliotheken importieren
import numpy as np
import pandas as pd
import seaborn as sns
import matplotlib.pyplot as plt
from sklearn import sklearn
from sklearn.preprocessing import OneHotEncoder, MinMaxScaler, StandardScaler, RobustScaler
from sklearn.model_selection import train_test_split
from sklearn.tree import DecisionTreeClassifier
from sklearn.metrics import accuracy_score, classification_report
from sklearn.model_selection import GridSearchCV
from sklearn.svm import SVC
from sklearn.ensemble import RandomForestClassifier
from sklearn.discriminant_analysis import LinearDiscriminantAnalysis
```

```
from sklearn.model_selection import cross_val_score, cross_val_predict
from sklearn.metrics import confusion_matrix, accuracy_score
```

```
In [2]: # Basic imports
import numpy as np
import seaborn as sns
import matplotlib.pyplot as plt
from sklearn.datasets import load_iris

# Enable vectorized graphics
%config InlineBackend.figure_formats = ["svg"]

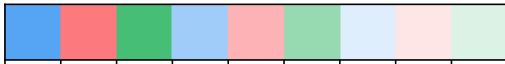
# Setup plotting
PALETTE = [ (0.341, 0.648, 0.962, 1.0),
            (0.990, 0.476, 0.494, 1.0),
            (0.281, 0.749, 0.463, 1.0),
            (0.629, 0.802, 0.978, 1.0),
            (0.994, 0.705, 0.715, 1.0),
            (0.595, 0.858, 0.698, 1.0),
            (0.876, 0.934, 0.992, 1.0),
            (0.998, 0.901, 0.905, 1.0),
            (0.865, 0.952, 0.899, 1.0) ]

# For more color palettes, see here:
# https://seaborn.pydata.org/tutorial/color_palettes.html
# https://matplotlib.org/stable/users/explain/colors/colormaps.html
#PALETTE = sns.color_palette("husl", 8)
#PALETTE = sns.color_palette("viridis", 10)

print("Our color palette:")
sns.palplot(PALETTE, size=0.5)

# Matplotlib und Seaborn konfigurieren
sns.set_style("whitegrid")
plt.rcParams["figure.dpi"] = 300
plt.rcParams["axes.prop_cycle"] = plt.cycler(color=sns.color_palette("muted", 5))
```

Our color palette:



Präprozessierung

Daten einlesen

Zuerst werden die Daten aus einer CSV-Datei namens **drug200.csv** eingelesen.

Überblick und statistische Beschreibung

Nach dem Einlesen der Daten wird eine Vorschau des Datensatzes angezeigt, um einen Überblick zu erhalten. Anschliessend werden die statistischen Informationen und Zusammenfassungen der Daten angezeigt. Ausserdem wird geprüft, ob fehlende Werte in den Daten vorhanden sind.

Trennung von Zielvariable und Features

Die Zielvariable **Drug** wird von den Features getrennt. Die Zielvariable wird in **y** gespeichert.

Kodierung kategorischer Variablen

Die kategorischen Variablen (**Sex**, **BP**, **Cholesterol**) werden mittels OneHot-Encoding kodiert. Dies ist notwendig, da maschinelles Lernen Algorithmen numerische Eingaben benötigen und kategoriale Daten in einem Format vorliegen, das diese Algorithmen nicht direkt verarbeiten können.

Skalierung kontinuierlicher Variablen

Die numerischen Variablen (**Age** und **Na_to_K**) werden skaliert. Hier wird der **RobustScaler** verwendet, der robust gegenüber Ausreissern in den Daten ist. Dies ist wichtig, um sicherzustellen, dass die numerischen Features auf einer ähnlichen Skala liegen und der Einfluss von Ausreissern minimiert wird. Aber auch andere Skalierer wie **StandardScaler** oder **MinMaxScaler** könnten verwendet werden, wurden auch getestet und der Vollständigkeit halber im Skript belassen, aber auskommentiert.

Zusammenführen der Features

Danach werden die skalierten numerischen Daten und die kodierten kategorischen Daten zu einem einzigen Datensatz zusammengeführt. Dieser finale Datensatz **X** enthält.

```
In [3]: # Daten einlesen
df = pd.read_csv('drug200.csv')

# Erster Überblick über die Daten
```

```
print("Datensatz Vorschau:")
display(df.head())
print("\nDatenzusammenfassung:")
df.info()
print("\nStatistische Beschreibung:")
display(df.describe())
```

Datensatz Vorschau:

	Age	Sex	BP	Cholesterol	Na_to_K	Drug
0	23	F	HIGH	HIGH	25.355	drugY
1	47	M	LOW	HIGH	13.093	drugC
2	47	M	LOW	HIGH	10.114	drugC
3	28	F	NORMAL	HIGH	7.798	drugX
4	61	F	LOW	HIGH	18.043	drugY

Datenzusammenfassung:

```
<class 'pandas.core.frame.DataFrame'>
```

```
RangeIndex: 200 entries, 0 to 199
```

```
Data columns (total 6 columns):
```

```
#    Column      Non-Null Count  Dtype
---  -
0    Age        200 non-null    int64
1    Sex        200 non-null    object
2    BP         200 non-null    object
3    Cholesterol 200 non-null    object
4    Na_to_K     200 non-null    float64
5    Drug       200 non-null    object
```

```
dtypes: float64(1), int64(1), object(4)
```

```
memory usage: 9.5+ KB
```

Statistische Beschreibung:

	Age	Na_to_K
count	200.000000	200.000000
mean	44.315000	16.084485
std	16.544315	7.223956
min	15.000000	6.269000
25%	31.000000	10.445500
50%	45.000000	13.936500
75%	58.000000	19.380000
max	74.000000	38.247000

```
In [4]: df.isna().sum()
```

```
Out[4]: Age        0
Sex        0
BP         0
Cholesterol 0
Na_to_K    0
Drug       0
dtype: int64
```

```
In [5]: # Zielvariable und Features trennen
y = df['Drug']
categorical_features = ['Sex', 'BP', 'Cholesterol']
numeric_features = ['Age', 'Na_to_K']
```

Kategorische Variablen kodieren

```
In [6]: # OneHot-Encoding für kategorische Variablen
encoder = OneHotEncoder(sparse_output=False)
df_categorical_encoded = pd.DataFrame(
    encoder.fit_transform(df[categorical_features]),
    columns=encoder.get_feature_names_out(categorical_features)
)
```

Kontinuierliche Variablen skalieren

```
In [7]: # Skalierung der numerischen Features
# scaler = MinMaxScaler()
# scaler = StandardScaler()
scaler = RobustScaler()

df_numeric_scaled = pd.DataFrame(
    scaler.fit_transform(df[numeric_features]),
    columns=numeric_features
)
```

Zusammenführen der Features

```
In [8]: X = pd.concat([df_numeric_scaled, df_categorical_encoded], axis=1)
X.head()
```

```
Out[8]:
```

	Age	Na_to_K	Sex_F	Sex_M	BP_HIGH	BP_LOW	BP_NORMAL	Cholesterol_HIGH	Cholesterol_NORMAL
0	-0.814815	1.278023	1.0	0.0	1.0	0.0	0.0	1.0	0.0
1	0.074074	-0.094409	0.0	1.0	0.0	1.0	0.0	1.0	0.0
2	0.074074	-0.427836	0.0	1.0	0.0	1.0	0.0	1.0	0.0
3	-0.629630	-0.687056	1.0	0.0	0.0	0.0	1.0	1.0	0.0
4	0.592593	0.459623	1.0	0.0	0.0	1.0	0.0	1.0	0.0

Explorative Datenanalyse

Verteilung der Zielvariable

Zur Darstellung der Verteilung der Zielvariablen **Drug** wird ein Balkendiagramm verwendet.

Verteilung der numerischen Variablen

Für jede numerische Variable werden Histogramme erstellt, um ihre Verteilung zu analysieren. Zusätzlich wird die Dichtefunktion (`kde`) in den Histogrammen dargestellt, um die Form der Verteilung besser erkennen zu können.

Kategorische Variablen

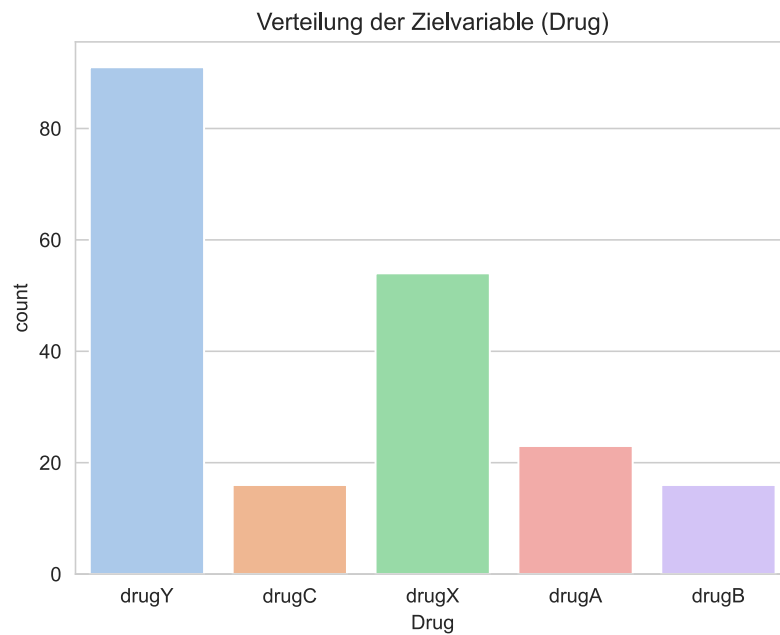
Für kategoriale Variablen, werden Balkendiagramme verwendet, um ihre Verteilung in Bezug auf die Zielvariable **Drug** darzustellen. Für jede Kategorie der Zielvariable **Drug** wird eine separate Korrelationsmatrix berechnet und mittels einer Heatmap visualisiert. Dies hilft, die Beziehungen zwischen den Variablen innerhalb jeder Drug-Kategorie zu verstehen. Die leeren Felder sind kategoriale Variablen, die in der jeweiligen Arzneimittelkategorie nicht vorkommen bzw. keine unterschiedlichen Werte haben.

Boxplots visualisieren die Beziehung zwischen den numerischen Variablen `Na_to_K` und `Age` und der Zielvariable `Drug`, während ein `Pairplot` paarweise Beziehungen zwischen den Variablen darstellt und Kreuztabellen Balkendiagramme für die Beziehungen zwischen den kategorischen Variablen `BP` und `Cholesterol` und der Zielvariable `Drug` erstellen.

Zielvariable analysieren

```
In [9]: # Verteilung der Zielvariable
sns.countplot(x='Drug', data=df, palette='pastel', hue = 'Drug')
plt.title("Verteilung der Zielvariable (Drug)")
```

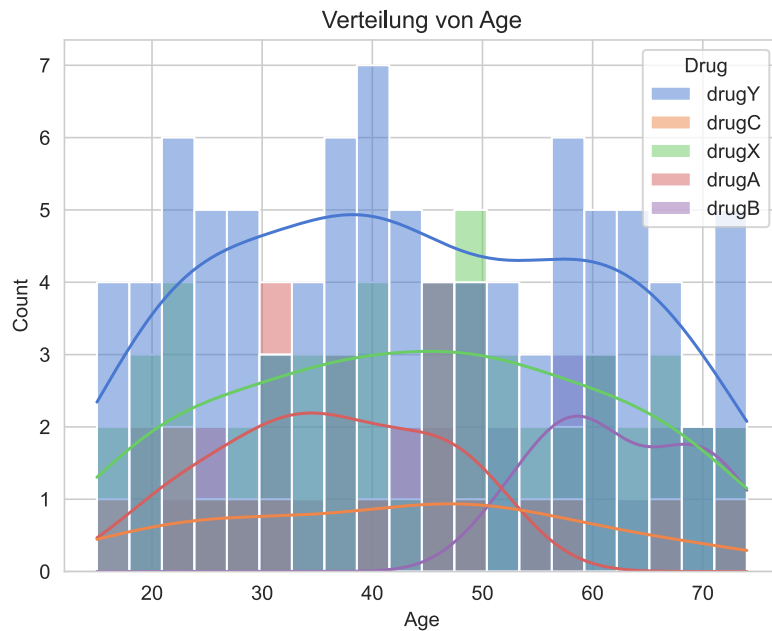
```
Out[9]: Text(0.5, 1.0, 'Verteilung der Zielvariable (Drug)')
```

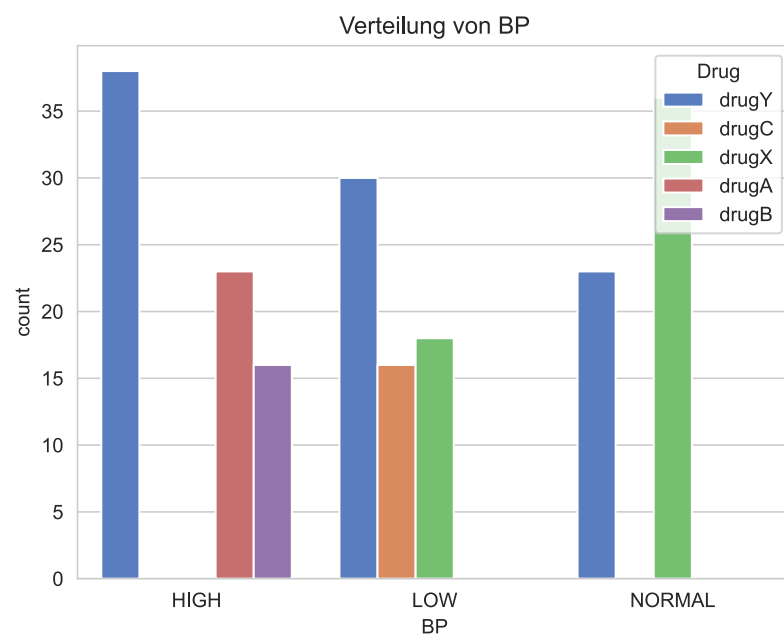
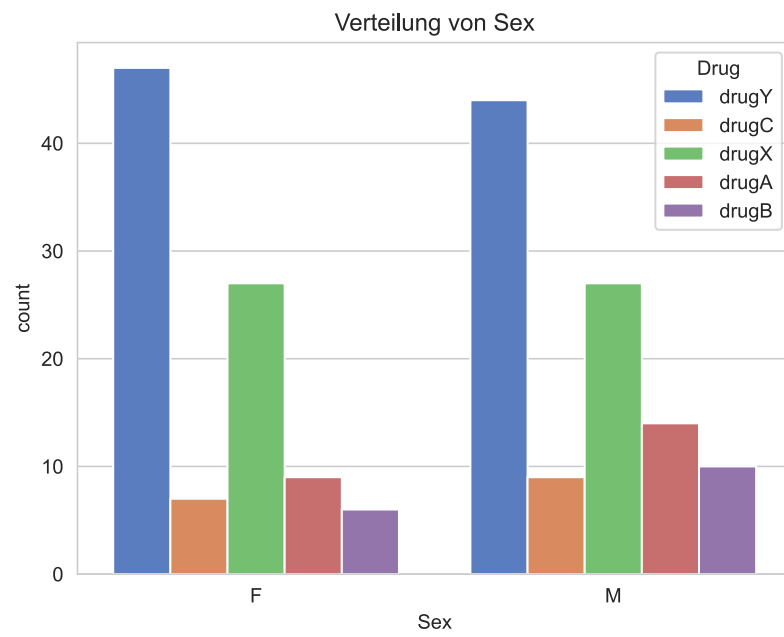
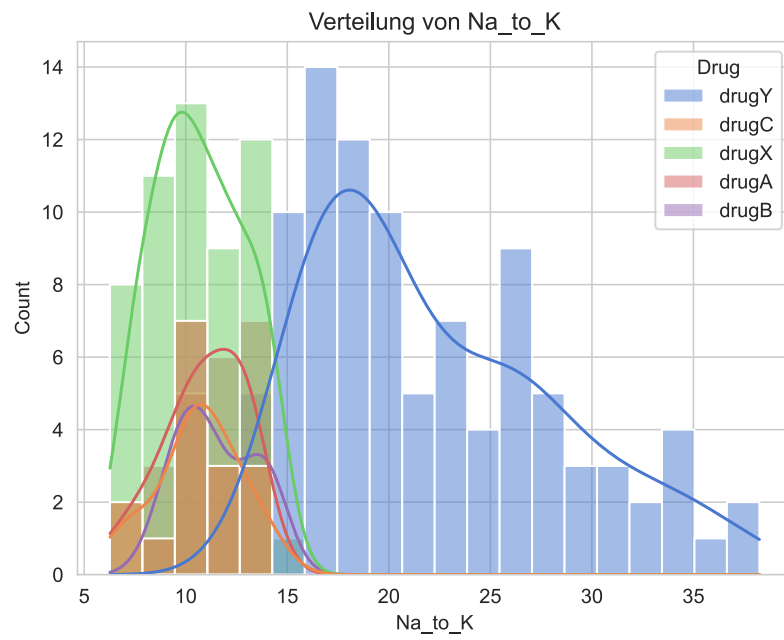


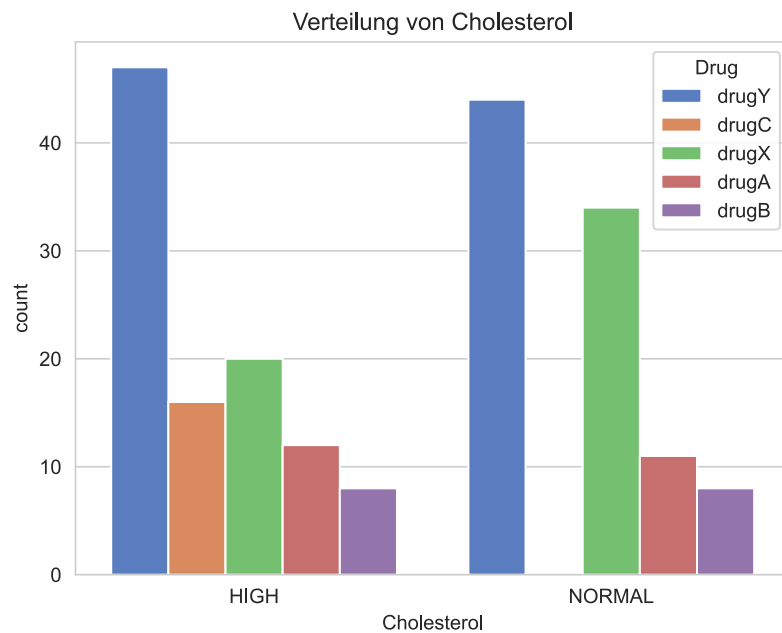
Verteilung der Features analysieren

```
In [10]: # Verteilung der numerischen Variablen
for feature in numeric_features:
    sns.histplot(data=df, x=feature, kde=True, bins=20, hue='Drug')
    plt.title(f"Verteilung von {feature}")
    plt.show()

# Kategorische Variablen
for feature in categorical_features:
    sns.countplot(x=feature, data=df, hue='Drug')
    plt.title(f"Verteilung von {feature}")
    plt.show()
```





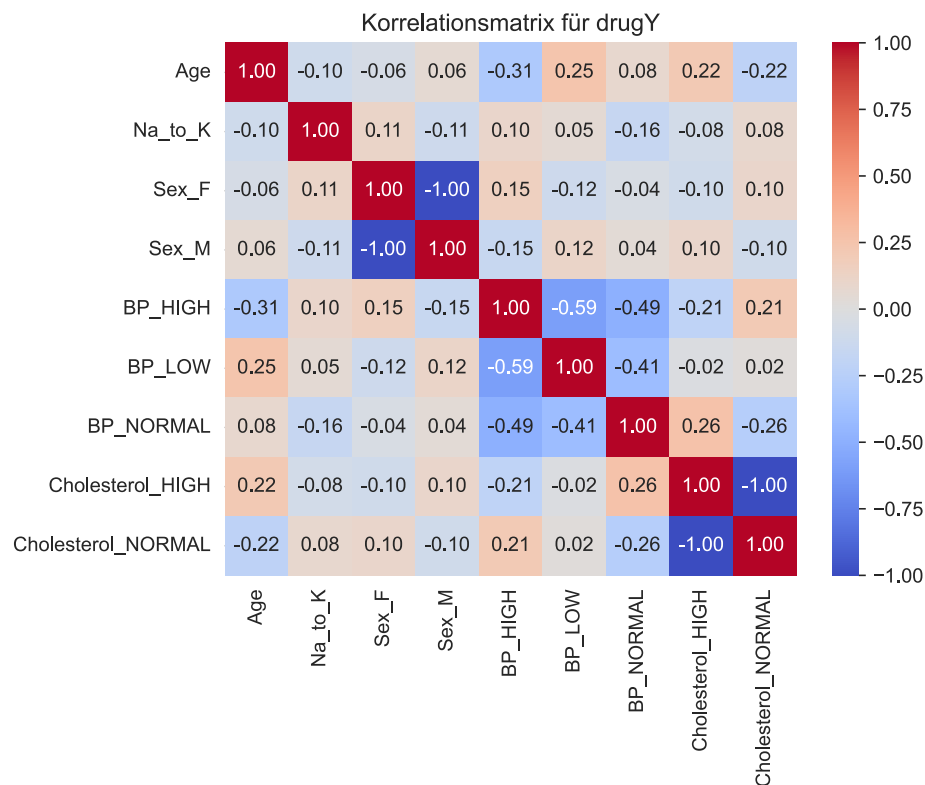


```
In [11]: # Für jede Drug-Kategorie eine eigene Korrelationsmatrix berechnen und plotten
drug_categories = df['Drug'].unique()

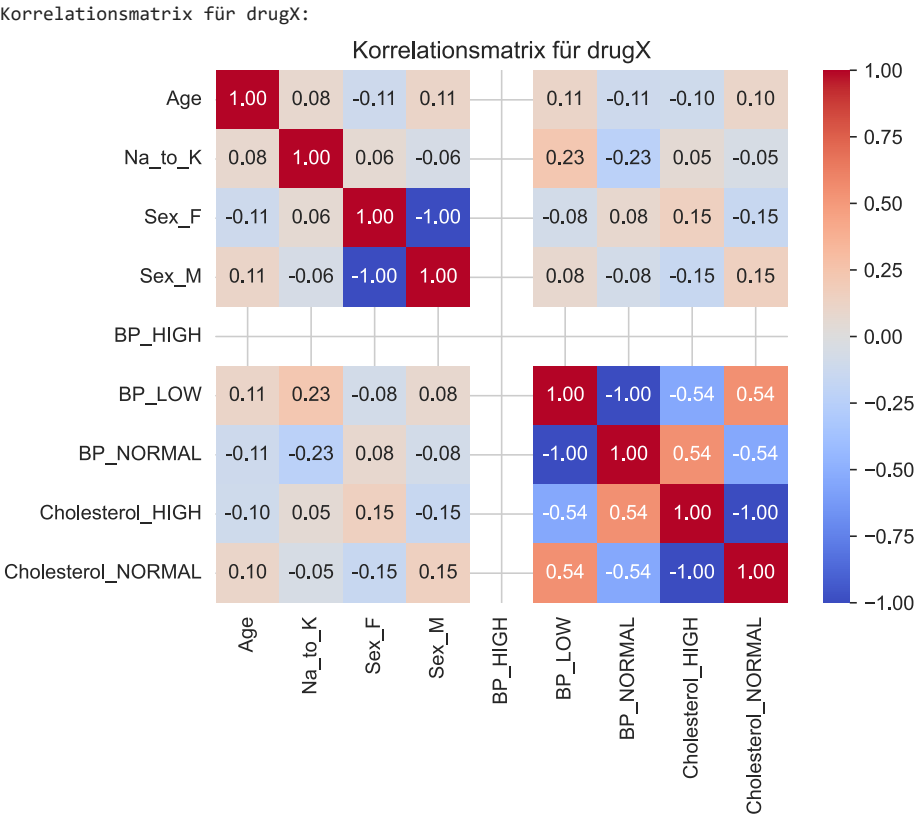
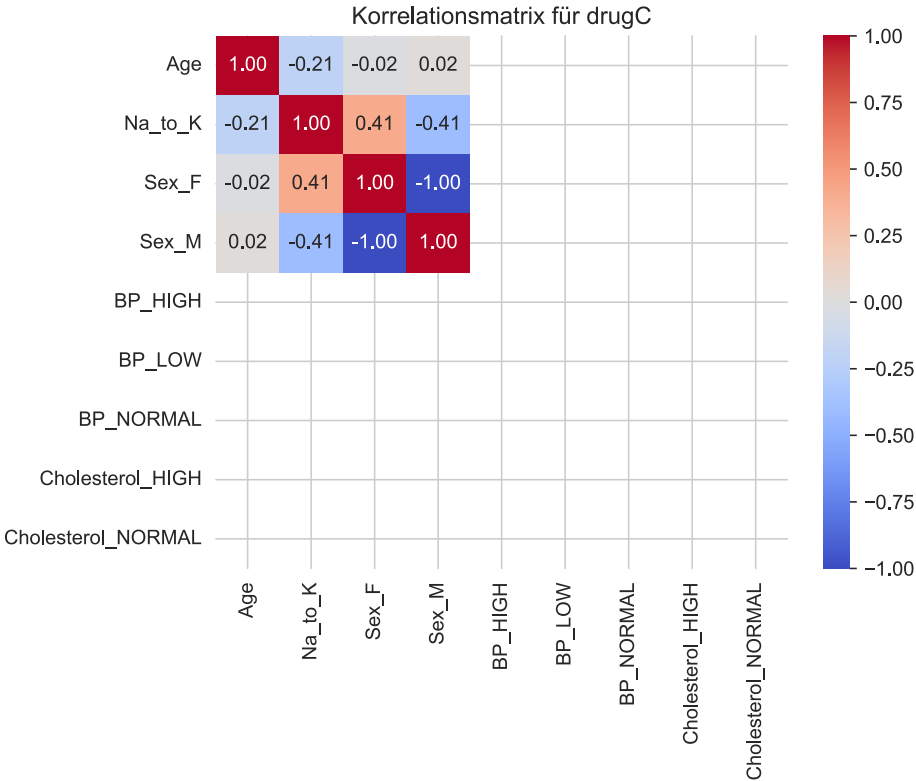
for drug in drug_categories:
    df_drug = df[df['Drug'] == drug]
    df_drug_encoded = pd.concat([df_drug[numeric_features], df_categorical_encoded[df['Drug'] == drug]], axis=1)

    correlation_matrix = df_drug_encoded.corr()
    print(f"\nKorrelationsmatrix für {drug}:")
    sns.heatmap(correlation_matrix, annot=True, cmap='coolwarm', fmt=".2f")
    plt.title(f"Korrelationsmatrix für {drug}")
    plt.show()
```

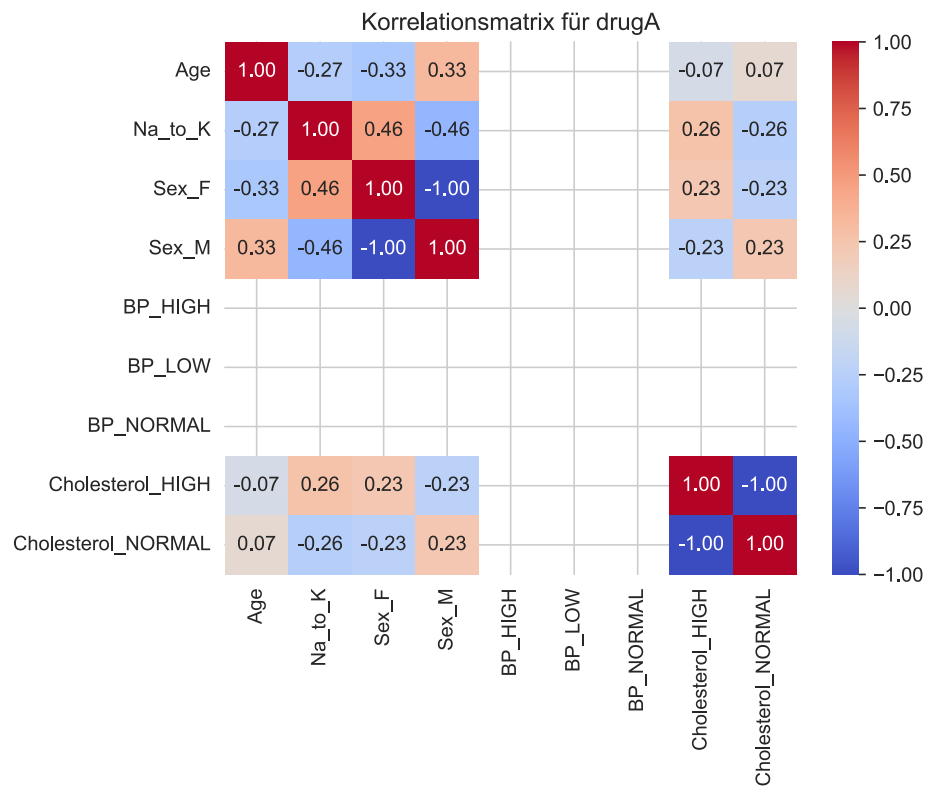
Korrelationsmatrix für drugY:



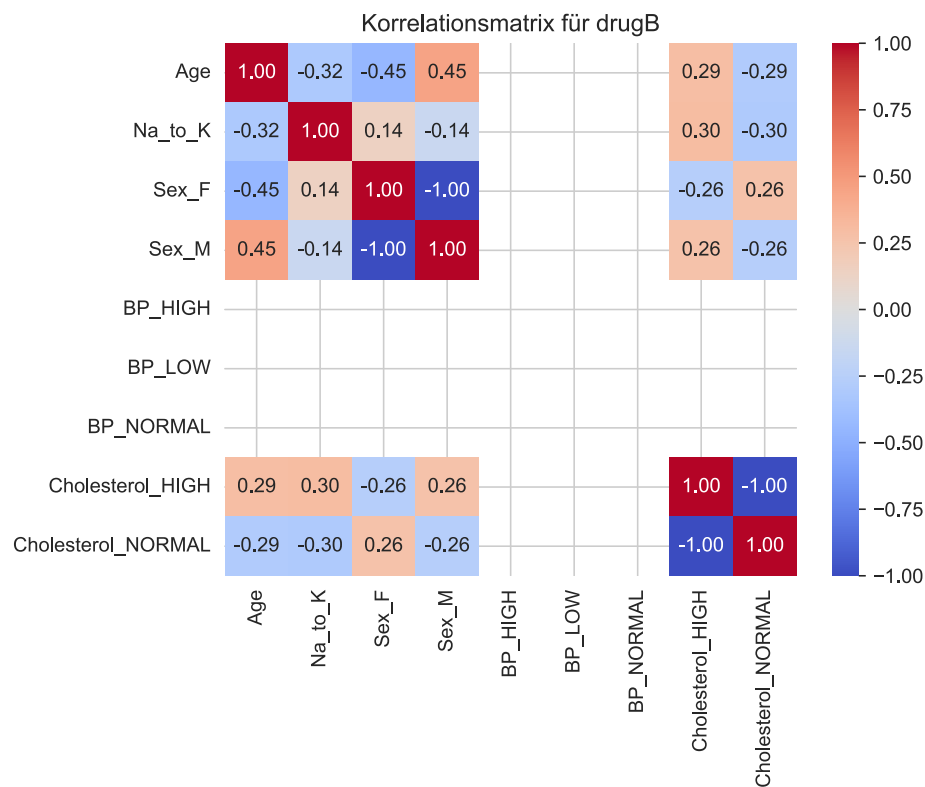
Korrelationsmatrix für drugC:



Korrelationsmatrix für drugA:



Korrelationsmatrix für drugB:



Korrelationsmatrix mit Drug-Kategorien

```
In [12]: # Korrelationsmatrix für den gesamten Datensatz berechnen und plotten

# Numerische Features in neue Variable speichern
numerical_features_drug = ['Age', 'Na_to_K']

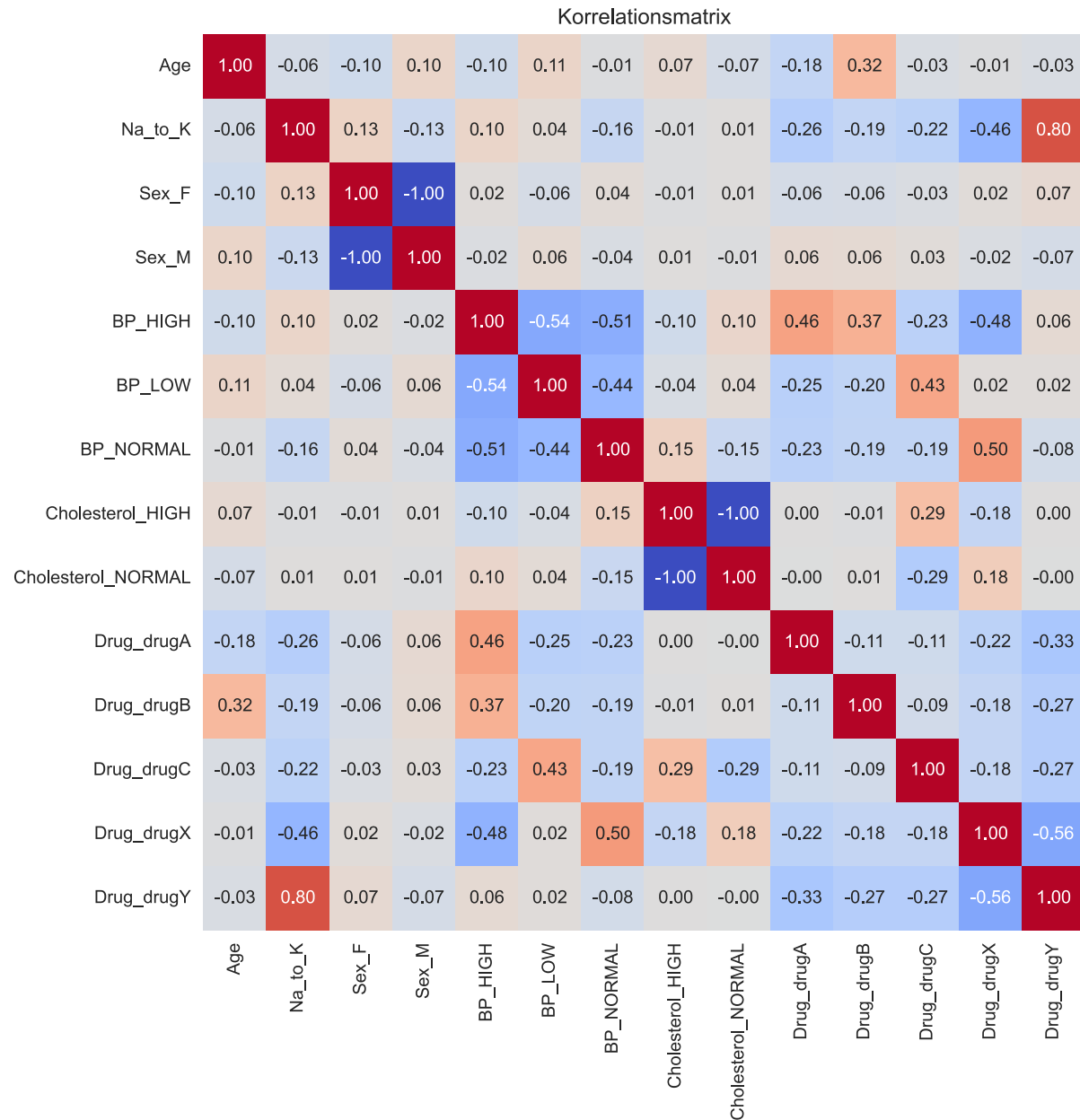
# Zielvariable in numerische Werte umwandeln
df_drug_encoded = pd.get_dummies(df['Drug'], prefix='Drug')

# Daten zusammenführen
df_encoded = pd.concat([df[numerical_features_drug], df_categorical_encoded, df_drug_encoded], axis=1)

# Korrelationsmatrix berechnen und plotten
correlation_matrix = df_encoded.corr()
plt.figure(figsize=(11, 9))
```

```
print("\nKorrelationsmatrix:")
sns.heatmap(correlation_matrix, annot=True, cmap='coolwarm', fmt=".2f")
plt.title("Korrelationsmatrix")
plt.show()
```

Korrelationsmatrix:

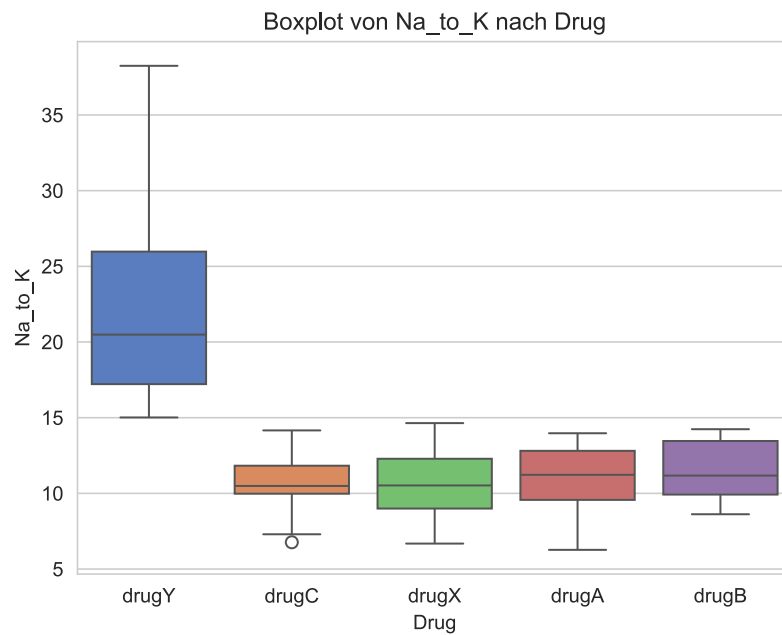


Beziehungen analysieren

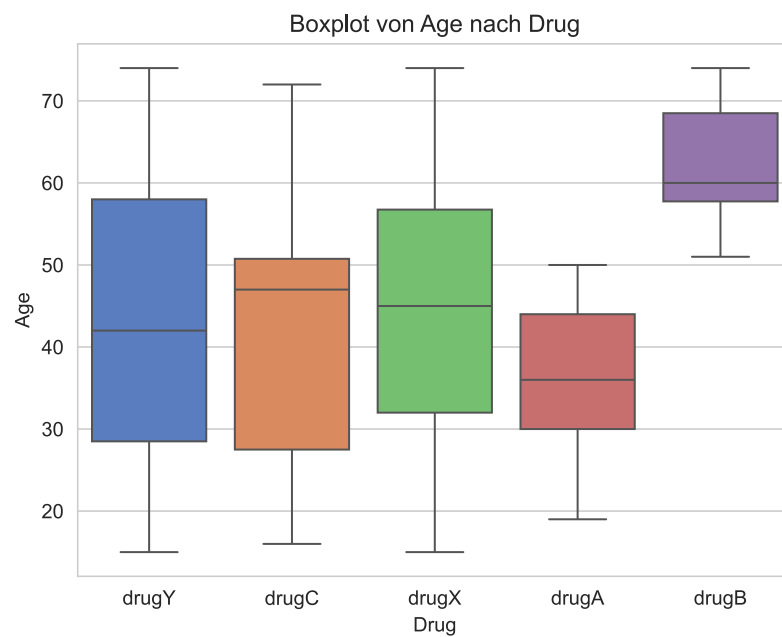
```
In [13]: # Beziehung zwischen numerischen Variablen und Zielvariable
print("\nBeziehung zwischen Na_to_K und Zielvariable (Drug):")
sns.boxplot(x='Drug', y='Na_to_K', data=df, hue='Drug')
plt.title("Boxplot von Na_to_K nach Drug")
plt.show()

print("\nBeziehung zwischen Age und Zielvariable (Drug):")
sns.boxplot(x='Drug', y='Age', data=df, hue='Drug')
plt.title("Boxplot von Age nach Drug")
plt.show()
```

Beziehung zwischen Na_to_K und Zielvariable (Drug):

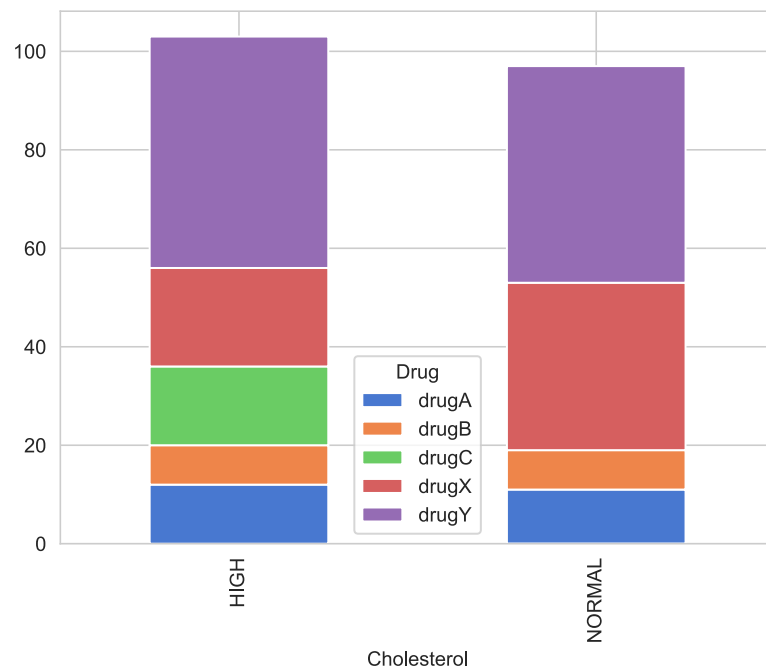
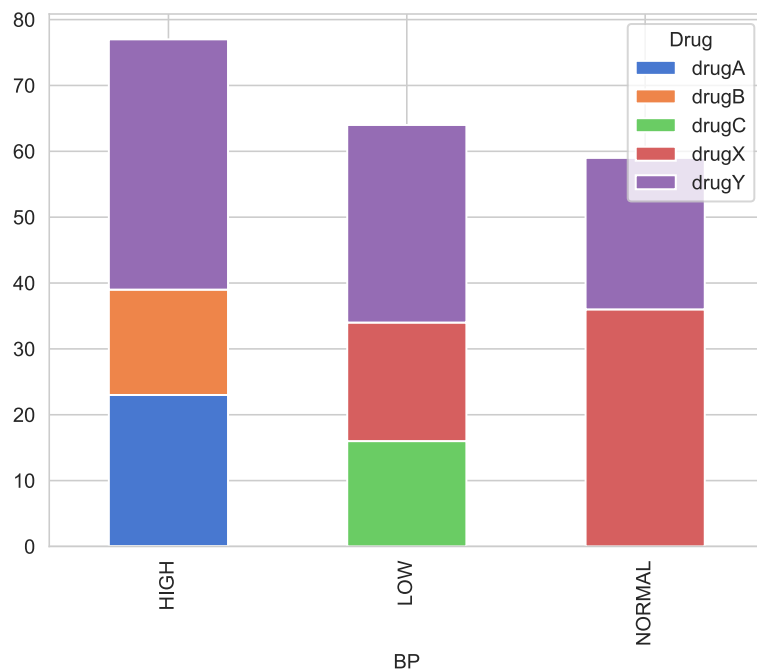


Beziehung zwischen Age und Zielvariable (Drug):



```
In [14]: pd.crosstab(df['BP'], df['Drug']).plot(kind='bar', stacked=True)
pd.crosstab(df['Cholesterol'], df['Drug']).plot(kind='bar', stacked=True)
```

```
Out[14]: <Axes: xlabel='Cholesterol'>
```



skim und ProfileReport Wurde zur Übersichtlichkeit durchgeführt aber wieder auskommentiert

```
In [15]: # skim(df)
```

```
In [16]: # from ydata_profiling import ProfileReport
# profile = ProfileReport(df,
#                          title="OUR DATASET",
#                          sort=None,
#                          sensitive=False,
#                          explorative=False)

# # Create and display the report
# profile.to_notebook_iframe() # Integrate into a Jupyter notebook
# #profile.to_widgets()       # Integrate into a Jupyter notebook, compact
# #profile.to_file("output.html") # Save the report to a file
# profile
```

Feature Engineering und Dimensionalitätsreduktion

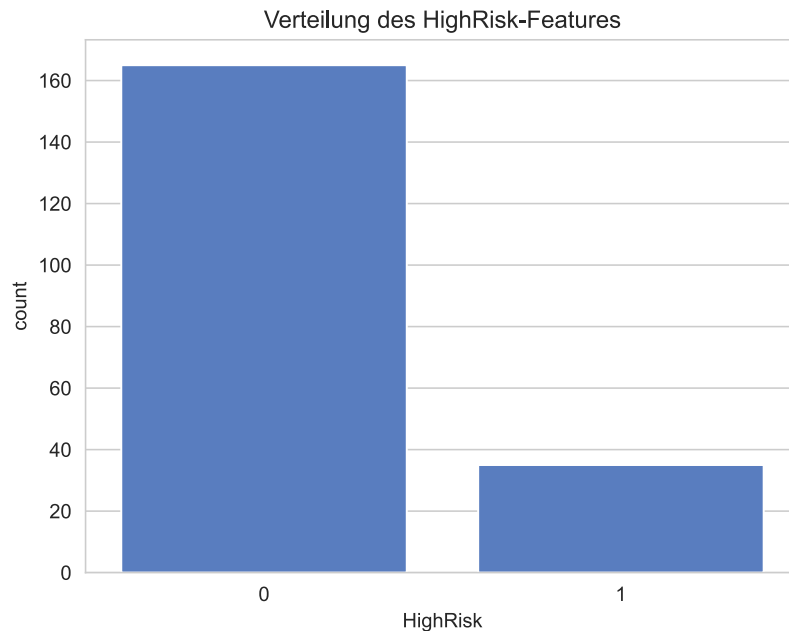
Basierend auf Bluthochdruck und Cholesterin wird ein neues Feature `HighRisk` erstellt und visualisiert. Die Wichtigkeit der Features wird mittels Random Forest bestimmt und in einem Balkendiagramm dargestellt. Unwichtige Features werden entfernt,

der reduzierte Datensatz wird angezeigt, und die Daten werden mit LDA analysiert, um die Klassifikationsgenauigkeit und die LDA-Scores zu visualisieren.

HighRisk-Feature erstellen

```
In [17]: # Neues Feature HighRisk
df['HighRisk'] = ((df['BP'] == 'HIGH') & (df['Cholesterol'] == 'HIGH')).astype(int)

# Verteilung des neuen Features
sns.countplot(x='HighRisk', data=df)
plt.title("Verteilung des HighRisk-Features")
plt.show()
```



```
In [18]: # HighRisk als kategorische Variable hinzufügen
df_categorical_encoded['HighRisk'] = df['HighRisk']
X = pd.concat([df_numeric_scaled, df_categorical_encoded], axis=1)
```

Trainings- und Testdaten aufteilen

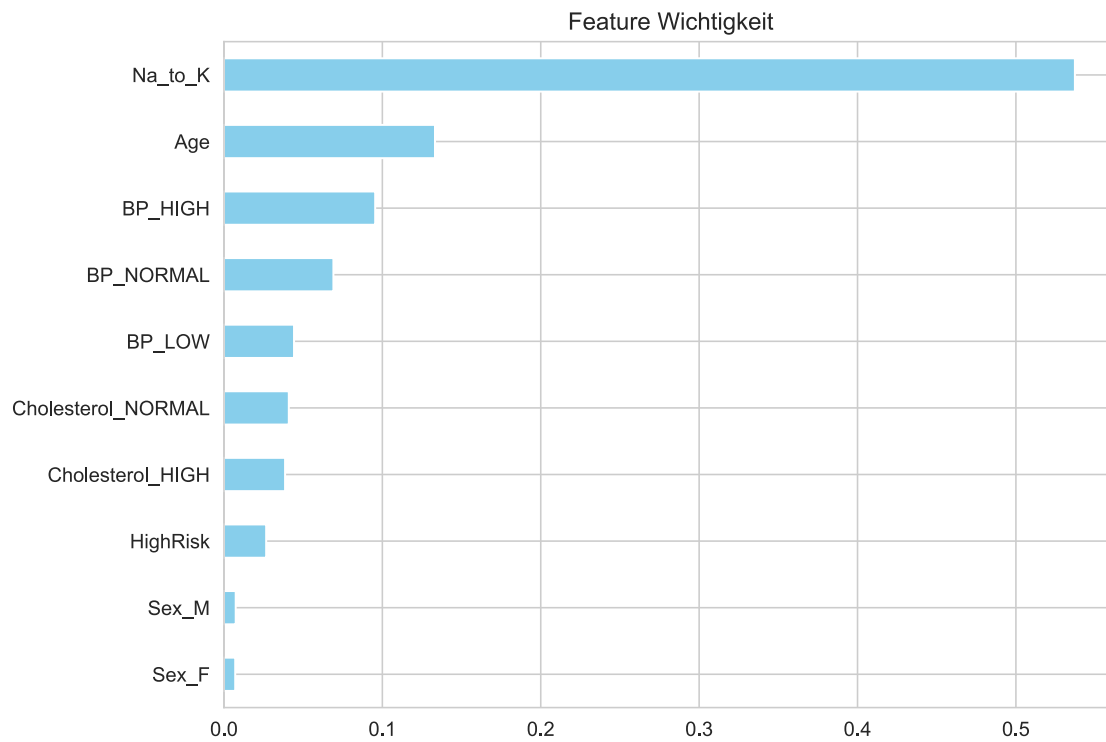
```
In [19]: # Trainings- und Testdaten splitten
X_train, X_test, y_train, y_test = train_test_split(X, y, test_size=0.2, random_state=42)

print(f"Trainingsdaten: {X_train.shape}, Testdaten: {X_test.shape}")
```

Trainingsdaten: (160, 10), Testdaten: (40, 10)

Feature-Wichtigkeit berechnen und visualisieren

```
In [20]: # Feature-Wichtigkeiten mit Random Forest berechnen
model = RandomForestClassifier(random_state=42)
model.fit(X, y)
importances = pd.Series(model.feature_importances_, index=X.columns)
importances.sort_values().plot(kind='barh', figsize=(8, 6), color='skyblue')
plt.title("Feature Wichtigkeit")
plt.show()
```



Dimensionalitätsreduktion aufgrund von Feature-Wichtigkeit

```
In [21]: # Schwellenwert setzen (z. B. Features mit Wichtigkeit < 0.01 entfernen)
# threshold = 0.01
threshold = 0.05
important_features = importances[importances > threshold].index

# Reduzierte Features
X_reduced = X[important_features]
print("Verwendete Features nach Reduktion:", X_reduced.columns)
```

Verwendete Features nach Reduktion: Index(['Age', 'Na_to_K', 'BP_HIGH', 'BP_NORMAL'], dtype='object')

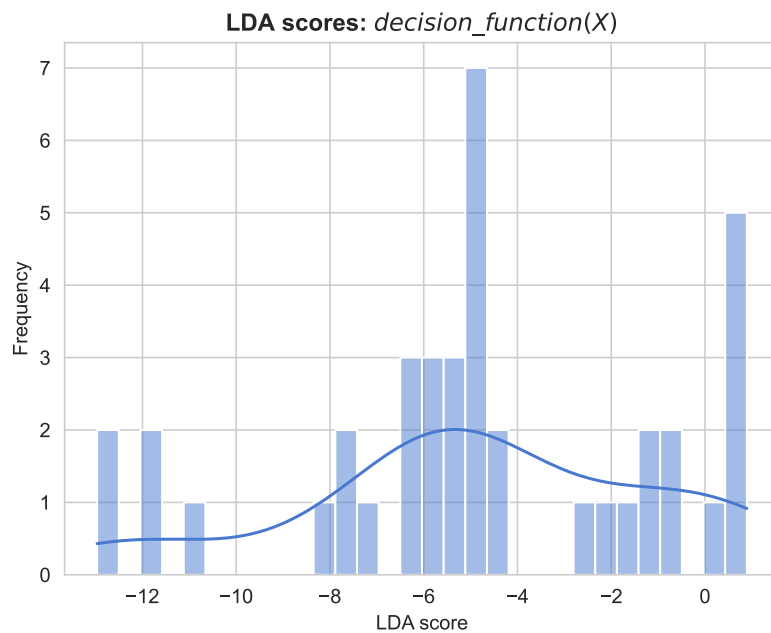
LDA zur Dimensionalitätsreduktion

```
In [22]: # LDA-Modell erstellen und anpassen
lda = LinearDiscriminantAnalysis()
lda.fit(X_train, y_train)

# LDA-Scores berechnen
scores = lda.decision_function(X_test)
if scores.ndim > 1:
    scores = scores[:, 0] # Wähle die erste Spalte, falls scores mehrdimensional ist

# LDA-Scores visualisieren
sns.histplot(x=scores, bins=30, kde=True)
plt.xlabel("LDA score")
plt.ylabel("Frequency")
plt.title("LDA scores: $decision\_function(X)$", fontweight="bold")
plt.show()

# Interpretation der LDA-Scores
print("LDA-Scores für die Testdaten:")
print(scores)
```



LDA-Scores für die Testdaten:

```
[ -4.77268758 -1.34159145 -4.93308146 -5.41530073 -12.96684943
 -1.71115755 -4.51489381 -6.40678472 -0.57310197 -6.17230376
  0.89382387 -4.96303211 -6.97592642  0.45074455  0.70848943
 -7.90707671 -0.76974309 -4.94892394 -4.32968574 -10.79998764
 -1.39964716 -5.792717 -4.67266237 -11.88310169 -12.96330271
 -11.97537873 -4.91444965 -5.05568953 -5.1469392 -5.94253195
 -7.80897227 -2.61039779 -5.72646144 -7.83664447  0.65738501
 -5.47818244 -6.11754806  0.11038202 -1.99534873  0.68234072]
```

Modellieren, Trainieren und Validieren

Hyperparameter-Tuning

```
In [23]: # Hyperparameter-Raster für Random Forest
rf_param_grid = {
    'n_estimators': [100, 200],
    'max_depth': [5, 10, None],
    'min_samples_split': [2, 5],
    'min_samples_leaf': [1, 2]
}

# Random Forest mit GridSearch
rf_grid_search = GridSearchCV(
    RandomForestClassifier(random_state=42),
    param_grid=rf_param_grid,
    cv=5,
    scoring='accuracy',
    n_jobs=-1
)

rf_grid_search.fit(X_train, y_train)

# Bestes Modell und Genauigkeit
rf_best_model = rf_grid_search.best_estimator_
print(f"Beste Hyperparameter für Random Forest: {rf_grid_search.best_params_}")
```

Beste Hyperparameter für Random Forest: {'max_depth': 5, 'min_samples_leaf': 1, 'min_samples_split': 2, 'n_estimators': 100}

```
In [24]: # Hyperparameter-Raster für SVM
svm_param_grid = {
    'C': [0.1, 1, 10],
    'kernel': ['linear', 'rbf'],
    'gamma': ['scale', 'auto']
}

# SVM mit GridSearch
svm_grid_search = GridSearchCV(
    SVC(probability=True, random_state=42),
    param_grid=svm_param_grid,
    cv=5,
    scoring='accuracy',
```

```

    n_jobs=-1
)

svm_grid_search.fit(X_train, y_train)

# Bestes Modell und Genauigkeit
svm_best_model = svm_grid_search.best_estimator_
print(f"Beste Hyperparameter für SVM: {svm_grid_search.best_params_}")

```

Beste Hyperparameter für SVM: {'C': 10, 'gamma': 'scale', 'kernel': 'linear'}

```

In [25]: # Random Forest Vorhersagen
rf_y_pred = rf_best_model.predict(X_test)
print("Random Forest Accuracy:", accuracy_score(y_test, rf_y_pred))
print("\nRandom Forest Classification Report:\n", classification_report(y_test, rf_y_pred))

# SVM Vorhersagen
svm_y_pred = svm_best_model.predict(X_test)
print("SVM Accuracy:", accuracy_score(y_test, svm_y_pred))
print("\nSVM Classification Report:\n", classification_report(y_test, svm_y_pred))

# LDA Vorhersagen
lda_y_pred = lda.predict(X_test)
print("LDA Accuracy:", accuracy_score(y_test, lda_y_pred))
print("\nKlassifikationsbericht für LDA:")
print(classification_report(y_test, lda_y_pred))

```

Random Forest Accuracy: 1.0

Random Forest Classification Report:

	precision	recall	f1-score	support
drugA	1.00	1.00	1.00	6
drugB	1.00	1.00	1.00	3
drugC	1.00	1.00	1.00	5
drugX	1.00	1.00	1.00	11
drugY	1.00	1.00	1.00	15
accuracy			1.00	40
macro avg	1.00	1.00	1.00	40
weighted avg	1.00	1.00	1.00	40

SVM Accuracy: 1.0

SVM Classification Report:

	precision	recall	f1-score	support
drugA	1.00	1.00	1.00	6
drugB	1.00	1.00	1.00	3
drugC	1.00	1.00	1.00	5
drugX	1.00	1.00	1.00	11
drugY	1.00	1.00	1.00	15
accuracy			1.00	40
macro avg	1.00	1.00	1.00	40
weighted avg	1.00	1.00	1.00	40

LDA Accuracy: 0.925

Klassifikationsbericht für LDA:

	precision	recall	f1-score	support
drugA	0.86	1.00	0.92	6
drugB	0.75	1.00	0.86	3
drugC	0.83	1.00	0.91	5
drugX	1.00	1.00	1.00	11
drugY	1.00	0.80	0.89	15
accuracy			0.93	40
macro avg	0.89	0.96	0.92	40
weighted avg	0.94	0.93	0.92	40

```

In [26]: # Cross-Validation für Random Forest
rf_scores = cross_val_score(rf_best_model, X, y, cv=10)
rf_predictions = cross_val_predict(rf_best_model, X, y, cv=10)
rf_accuracy = accuracy_score(y, rf_predictions)
rf_mean = np.mean(rf_scores)
rf_std = np.std(rf_scores)

print(f"Random Forest Accuracy: {rf_accuracy:.4f}")
print(f"Random Forest Mean Accuracy (μ): {rf_mean:.4f}")
print(f"Random Forest Standard Deviation (σ): {rf_std:.4f}")

```



```
# Cross-Validation für SVM
svm_scores = cross_val_score(svm_best_model, X, y, cv=10)
svm_predictions = cross_val_predict(svm_best_model, X, y, cv=10)
svm_accuracy = accuracy_score(y, svm_predictions)
svm_mean = np.mean(svm_scores)
svm_std = np.std(svm_scores)

print(f"SVM Accuracy: {svm_accuracy:.4f}")
print(f"SVM Mean Accuracy ( $\mu$ ): {svm_mean:.4f}")
print(f"SVM Standard Deviation ( $\sigma$ ): {svm_std:.4f}")
```

Random Forest Accuracy: 0.9900
Random Forest Mean Accuracy (μ): 0.9900
Random Forest Standard Deviation (σ): 0.0200
SVM Accuracy: 0.9750
SVM Mean Accuracy (μ): 0.9750
SVM Standard Deviation (σ): 0.0403

```
In [27]: # Konfusionsmatrix und Klassifikationsbericht für Random Forest
print("\nKonfusionsmatrix für Random Forest:")
rf_cm = confusion_matrix(y, rf_predictions)
sns.heatmap(rf_cm, annot=True, fmt='d', cmap='Blues')
plt.title('Konfusionsmatrix für Random Forest')
plt.xlabel('Vorhergesagte Klasse')
plt.ylabel('Tatsächliche Klasse')
plt.show()

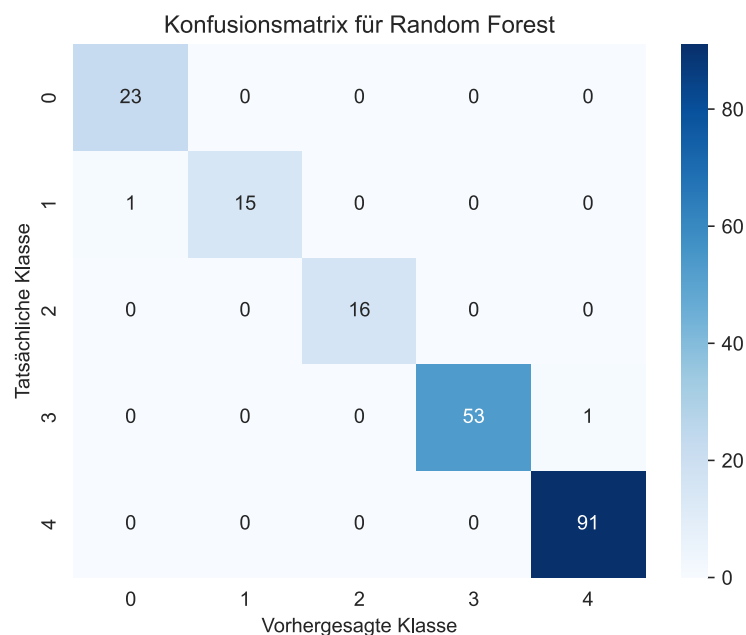
print("\nKlassifikationsbericht für Random Forest:")
print(classification_report(y, rf_predictions))

# Konfusionsmatrix und Klassifikationsbericht für SVM
print("\nKonfusionsmatrix für SVM:")
svm_cm = confusion_matrix(y, svm_predictions)
sns.heatmap(svm_cm, annot=True, fmt='d', cmap='Greens')
plt.title('Konfusionsmatrix für SVM')
plt.xlabel('Vorhergesagte Klasse')
plt.ylabel('Tatsächliche Klasse')
plt.show()

print("\nKlassifikationsbericht für SVM:")
print(classification_report(y, svm_predictions))

# Konfusionsmatrix
print("\nKonfusionsmatrix für LDA:")
lda_cm = confusion_matrix(y_test, lda_y_pred)
sns.heatmap(lda_cm, annot=True, fmt='d', cmap='Blues')
plt.title('Konfusionsmatrix für LDA')
plt.xlabel('Vorhergesagte Klasse')
plt.ylabel('Tatsächliche Klasse')
plt.show()
```

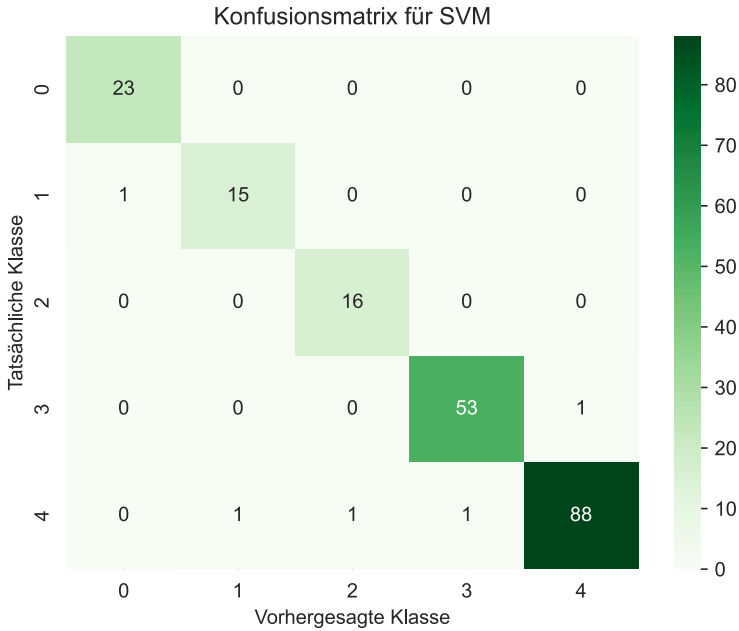
Konfusionsmatrix für Random Forest:



Klassifikationsbericht für Random Forest:

	precision	recall	f1-score	support
drugA	0.96	1.00	0.98	23
drugB	1.00	0.94	0.97	16
drugC	1.00	1.00	1.00	16
drugX	1.00	0.98	0.99	54
drugY	0.99	1.00	0.99	91
accuracy			0.99	200
macro avg	0.99	0.98	0.99	200
weighted avg	0.99	0.99	0.99	200

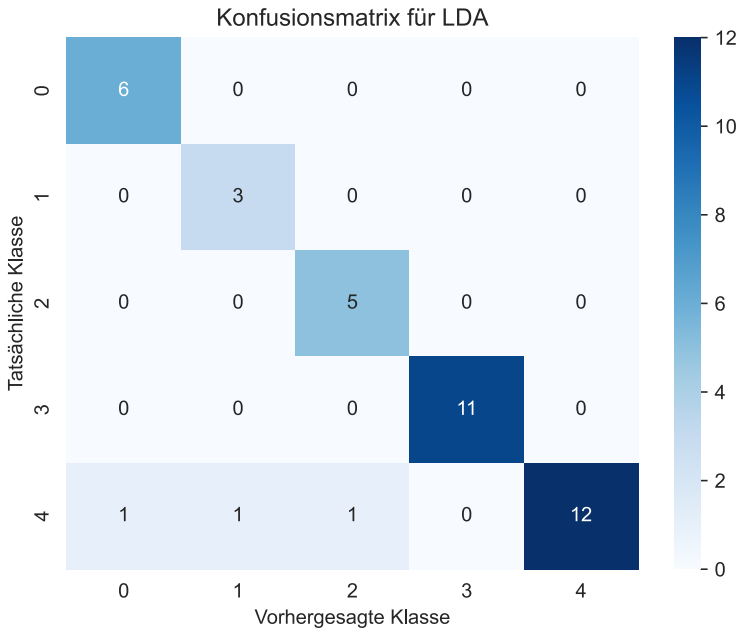
Konfusionsmatrix für SVM:



Klassifikationsbericht für SVM:

	precision	recall	f1-score	support
drugA	0.96	1.00	0.98	23
drugB	0.94	0.94	0.94	16
drugC	0.94	1.00	0.97	16
drugX	0.98	0.98	0.98	54
drugY	0.99	0.97	0.98	91
accuracy			0.97	200
macro avg	0.96	0.98	0.97	200
weighted avg	0.98	0.97	0.98	200

Konfusionsmatrix für LDA:



Diskussion und Fazit

Welches Datenmodell funktioniert am besten?

- **Random Forest:**

Die Genauigkeit (Accuracy) beträgt sowohl für den Testdatensatz als auch für die Kreuzvalidierung 1,0. Das Modell zeigt auch perfekte Präzision, Recall und F1-Score in allen Klassen (drugA, drugB, etc.). Dies deutet darauf hin, dass der Random Forest sehr effektiv bei der Erkennung von Mustern in den Daten ist. Die perfekte Leistung ist jedoch auch ein Zeichen dafür, dass das Modell möglicherweise overfitted ist.

- **SVM:**

Die Genauigkeit (Accuracy) beträgt ebenfalls 1.0 auf dem Testdatensatz und 0.9750 (± 0.0403) für die Kreuzvalidierung. Das Modell ist stabil, aber nicht so perfekt wie der Random Forest. Insbesondere in kleineren Klassen wie drugB zeigt die SVM eine leichte Schwäche gegenüber Random Forest, was sich in leicht niedrigeren Präzisionswerten zeigt.

- **LDA:**

Die LDA zeigt eine Genauigkeit von 0.925 auf dem Testdatensatz. Dies ist niedriger als bei Random Forest und SVM, was darauf hindeutet, dass das lineare Modell weniger gut mit den nicht-linearen Mustern in den Daten umgehen kann. Einige Klassen wie drugY haben einen Recall von 0.80, was bedeutet, dass LDA einige drugY-Instanzen nicht korrekt erkennt.

Fazit: Der Random Forest liefert die beste Leistung, ist aber anfälliger für Overfitting. Die SVM ist ebenfalls stark und möglicherweise generalisierbarer, insbesondere wenn zukünftige Daten variabler sind.

Wie gut lösen die Modelle das Problem?

- Alle drei Modelle lösen das Problem gut, da sie eine sehr hohe Genauigkeit erreichen.
- Random Forest und SVM sind besonders effektiv und erkennen alle Klassen mit hoher Präzision und Recall.
- Die LDA hat leichte Schwierigkeiten mit einigen Klassen.

Entsprechen die Ergebnisse den Erwartungen?

Ja, die Ergebnisse entsprechen den Erwartungen.

- Random Forest war aufgrund seiner Fähigkeit, nicht-lineare Zusammenhänge zu modellieren, als bestes Modell zu erwarten.
- SVM performt ebenfalls gut, da die Daten klare Trennungen zwischen den Klassen aufweisen.
- LDA erfüllt die Erwartungen eines linearen Modells, zeigt jedoch Schwächen bei komplexeren Klassenunterschieden.

Bemerkung: Die Perfektion des Random Forest auf dem Testdatensatz war überraschend und könnte ein Zeichen für Overfitting sein, insbesondere da die Datenmenge mit 200 Einträgen relativ klein ist.

Verbesserungsvorschläge für die Modelle

Datenmenge erhöhen: Eine grössere Datenmenge würde Overfitting reduzieren und die Generalisierung verbessern, insbesondere für den Random Forest.

Weitere Modelle testen:

- Gradient Boosting Modelle (z.B. XGBoost, LightGBM) könnten die Leistung verbessern, da sie oft robuster sind als Random Forest.
- Neural Networks könnten bei genügend Daten getestet werden, um komplexere Muster zu lernen.

Regularisierung des Random Forest: Begrenzung der maximalen Baumtiefe (max_depth) oder Erhöhung der Mindestanzahl von Samples pro Blatt (min_samples_leaf) könnte helfen, Overfitting zu vermeiden.

Featureengineering: Zusätzliche Features aus bestehenden Variablen ableiten, z.B. das Verhältnis von Age zu Na_to_K.

Lernerlebnisse und wichtigste Erkenntnisse

EDA ist unverzichtbar: Die Visualisierung der Verteilung der Features und ihrer Beziehungen zur Zielvariable hat geholfen, Muster zu erkennen und sinnvolle Features zu erstellen, HighRisk.

Ergebnisse der Skalierung

- RobustScaler zeigte die beste Performance, da er weniger anfällig für Ausreisser ist.
- MinMaxScaler zeigte schlechtere Ergebnisse, da er stark durch Ausreisser beeinflusst wird.

- StandardScaler zeigte eine stabile Leistung, war aber leicht unterlegen im Vergleich zum RobustScaler.

Warum funktioniert RobustScaler besser? Der RobustScaler normalisiert die Werte basierend auf den Perzentilen (z.B. Median und IQR), wodurch Ausreisser die Skalierung weniger stark beeinflussen. MinMaxScaler hingegen skaliert die Werte linear zwischen dem Minimum und Maximum, was bei Ausreissern zu Verzerrungen führen kann.

Warum Threshold = 0.05 und nicht 0.01? Beide Schwellenwerte führten zu identischer Modellgenauigkeit. Der höhere Schwellenwert (0.05) reduziert die Anzahl der Features, wodurch das Modell einfacher wird. Eine geringere Dimensionalität minimiert die Gefahr von Overfitting und verringert die Rechenkosten.

Zusammengefasst:

Modell	Test Accuracy	Cross-Validation ($\mu \pm \sigma$)	Stärken	Schwächen
Random Forest	1.0	0.99 \pm 0.02	Hohe Genauigkeit, Feature-Wichtigkeit interpretierbar	Anfällig für Overfitting
SVM	1.0	0.975 \pm 0.04	Stabil, gute Generalisierungsfähigkeit	Leichte Schwäche bei kleinen Klassen
LDA	0.925	-	Einfaches, schnelles Modell	Schwierigkeit mit nicht-linearen Mustern

Die **SVM** wird als bestes Modell empfohlen, da sie mit einer **Cross-Validation-Genauigkeit von 0.975 \pm 0.04** eine stabile und robuste Leistung zeigt. Obwohl der **Random Forest** ebenfalls eine Testgenauigkeit von 1.0 erreicht, deutet dies möglicherweise auf **Overfitting** hin. Im Gegensatz dazu bietet die SVM eine balancierte Performance über alle Klassen und ist besonders für kleine Datensätze geeignet. Das **LDA**-Modell zeigt mit einer Genauigkeit von 0.925 Schwächen bei der Erkennung nicht-linearer Muster. Insgesamt überzeugt die SVM durch ihre Generalisierungsfähigkeit und ist die beste Wahl für den aktuellen Datensatz.