Κοκολάκη Στέλλα Π2016177

Σαϊλάκης Κωσταντίνος Π2016121

Επιβλέπον: Θεμιστοκλής Έξαρχος

Συστήματα Υποστήριξης Απόφασης

Σύστημα Υποστήριξης Απόφασης για την Ηπατίτιδα

Στα πλαίσια του μαθήματος δημιουργήσαμε ένα dss με Weka και python. Για την αρχική ανάλυση των δεδομένων και την επιλογή αλγορίθμου του συστήματος υποστήριξης απόφασης εργαστήκαμε με Weka και έπειτα υλοποιήσαμε το σύστημα υποστήριξης απόφασης με python.

Με τη βοήθεια του Weka επιλέξαμε για τα δικά μας δεδομένα τον αλγόριθμο με τη καλύτερη ακρίβεια ανάμεσα στους αλγορίθμους j48, random forest, k-NN και naive Bayes. Η επιλογή μας έγινε σύμφωνα με τις τιμές των αλγορίθμων στις κατηγορίες Accuracy, TP Rate, FP Rate, Precision ,Recall, F-Measure. Εξαιτίας τον κοντινών τιμών που είχαν οι αλγόριθμοι στα πειραματα μας, συμβουλευτήκαμε ιδιαίτερα την τιμή της ακρίβειας F-Measure.

Τέλος διαπιστώσαμε ότι ο Naive Bayes είχε την καλύτερη απόδοση και υλοποιήσαμε την τελική προετοιμασία των δεδομένων αλλα και την εφαρμογή μας με python με αυτον.

Ο κώδικας της εφαρμογής είναι στο παρακάτω αποθετήριο στο github:

https://github.com/stellakokolaki/Hepatitis-DSS-

Για το μάθημα υλοποιήθηκε εφαρμογή για Mac OS όπου και παρουσιάστηκε στα πλαίσια του μαθήματος. Στον σύνδεσμο θα βρείτε τον κώδικα της εφαρμογής με εκτέλεση του απο το τερματικό με python3.

Προετοιμασία Δεδομένων

Για να εισαγάγουμε το αρχείο arff στην Python χρησιμοποιήσαμε την συνάρτηση io.arff.loadarff του πακέτου scipy. Αυτή η συνάρτηση μας επιτρέπει να φορτώσουμε το dataset σε ένα Pandas DataFrame. Το DataFrame είναι μία δομή δεδομένων που έχει δημιουργηθεί για επεξεργασία μεγάλων dataset από την βιβλιοθήκη Pandas και προσφέρει πολλές έτοιμες συναρτήσεις.

Το πρώτο πρόβλημα που αντιμετωπίζουμε είναι ότι η συνάρτηση <u>io.arff.loadarff</u> δεν μετατρέπει απευθείας τα strings του dataset σε αντικείμενα string της Python. Αντιθέτως τα εισαγάγει ως απλά bytes τα οποία δεν μπορούμε να επεξεργαστούμε απευθείας. Αυτό φαίνεται στην παρακάτω εικόνα:

Για να επιλύσουμε αυτό το πρόβλημα χρησιμοποιούμε την συνάρτηση decode της Python η οποία δέχεται ένα byte object και το μετατρέπει σε utf-8 string. Εφαρμόζουμε επαναληπτικά την συνάρτηση decode σε κάθε τιμή των στηλών 1 εώς 12, δηλαδή SEX εώς VARICES, καθώς και στις στήλες 18, 19 αφού και αυτές έχουν δεδομένα string.

Αφού τρέξουμε τον παραπάνω κώδικα και εκτυπώσουμε τα δεδομένα, διαπιστώνουμε το δεύτερο πρόβλημα που πρέπει να αντιμετωπίσουμε. Αυτό φαίνεται στην παρακάτω εικόνα:

Για να αντιμετωπίσουμε αυτό το πρόβλημα δημιουργούμε την συνάρτηση str_repl.



Χρησιμοποιούμε την συνάρτηση str_repl σε κάθε στήλη που έχουμε τιμές string και για κάθε στήλη χρησιμοποιούμε τις κατάλληλες πιθανότητες για "yes" και "no" σύμφωνα με τον αριθμό εμφάνισής τους.

Δημιουργία Διεπαφής

Για την δημιουργία της διεπαφής χρησιμοποιήσαμε την βιβλιοθήκη tinter. Δημιουργήσαμε ένα απλό παράθυρο που περιέχει ένα πεδίο συμπλήρωσης κειμένου για καθένα από τα χαρακτηριστικά των δεδομένων εκτός από την κλάση πρόβλεψης. Στο τέλος του παραθύρου βρίσκεται το κουμπί Submit το οποίο όταν πατηθεί εξαγαγάγει τις τιμές από τα πεδία κειμένου και ξεκινά την διαδικασία πρόβλεψης της κλάσης.

Αυτή η διαδικασία χρησιμοποιεί την συνάρτηση <u>LabelBinarizer</u> για να μετατρέψουμε τα string labels σε αριθμούς 0 ή 1. Έπειτα, εκπαιδεύουμε έναν NaiveBayesClassifier με τον 67% των δεδομένων και προβλέπουμε την κλαση του παραδείγματος που μας δόθηκε. Τέλος εμφανίζουμε ένα μήνυμα (popup) με το αποτέλεσμα στο παράθυρο της διεπαφής.

Τιμές που γίνονται δεκτές απο το DSS

Age	ακέραιος αριθμός
Sex	male, female
Steroid	yes, no
Antivirals	yes, no
Fatigue	yes, no
Malaise	yes, no
Anorexia	yes, no
Liver Big	yes, no
Liver Firm	yes, no
Spleen Palpable	yes, no
Spiders	yes, no
Ascites	yes, no
Verices	yes, no
Bilirubin	ακέραιος/δεκαδικός αριθμός
Alk Phosphate	ακέραιος αριθμός
SGOT	ακέραιος αριθμός
Albumin	ακέραιος/δεκαδικός αριθμός
Protime	ακέραιος/δεκαδικός αριθμός
Histology	yes, no

Γραφικό Περιβάλλον Εφαρμογής

