Lista 3

Lyncoln Sousa

25/07/2020

Carregue o banco de dados saude.csv. Lembre colocar a variável Sexo como um factor. Ele contém diversas informações sobre a saúde de diversos pacientes:

- Sexo;
- Idade em anos;
- ALT: Altura em polegadas;
- Peso: Peso em libras;
- CINT: Circunferência da cintura em cm;
- TXPUL: Taxa de pulsação em batimentos por minuto;
- SIST: Pressão sanguínea sistólica em mmHg;
- DIAST: Pressão sanguínea diastólica em mmHg;
- DIF: Diferença da pressão sanguínea em mmHg;
- COL: colesterol in mg;
- IMC: ìndice de massa corporal;
- Perna: comprimento da parte superior da perna em cm;
- COTOV: largura do cotovelo em cm;
- Pulso: largura do pulso em cm;
- Braço: circunferência do braço em cm.

Crédito: U.S. Department of Health and Human Services, National Center for Health Statistics, Third National Health and Nutrition Examination Survey.

```
library(caret);library(dplyr);library(readr)
data = read_csv2("saude.CSV") %>%
  mutate(Sexo = as.factor(Sexo))
```

1. Realize o pré processamento (fora do train()) para identicar e remover:

(a) variáveis de variância zero ou quase zero;

```
caret::nearZeroVar(data,saveMetrics = T)
```

```
##       freqRatio percentUnique zeroVar   nzv
## Sexo   1.000000          2.50   FALSE FALSE
```

```
## Idade  1.250000         46.25   FALSE FALSE
## ALT    1.000000         77.50   FALSE FALSE
## Peso   1.000000         96.25   FALSE FALSE
## CINT   1.000000         83.75   FALSE FALSE
## TXPUL  1.272727         15.00   FALSE FALSE
## SIST   1.000000         48.75   FALSE FALSE
## DIAST  1.200000         43.75   FALSE FALSE
## DIF    1.200000         43.75   FALSE FALSE
## COL    1.000000         95.00   FALSE FALSE
## IMC    1.333333         81.25   FALSE FALSE
## Perna  1.000000         76.25   FALSE FALSE
## COTOV  1.166667         37.50   FALSE FALSE
## Pulso  1.000000         26.25   FALSE FALSE
## Braco  1.333333         76.25   FALSE FALSE
```

```
#Não possui nenhuma variável para ser removida
```

(b) variáveis com correlação absoluta acima de 0.75;

Como seria muito massante observar os gráficos de dispersão para as 14 variáveis, iremos realiar a correlação pelo método de pearson e também de spearman.

```
#Pearson

corsP = cor(data[,2:15],method = "pearson")
summary(corsP[upper.tri(corsP)])
```

```
##    Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
## -0.2489  0.1059  0.3068  0.3290  0.5307  0.9083
```

```
#Existem variáveis muito correlacionadas
caret::findCorrelation(corsP,cutoff = 0.75,verbose = T)
```

```
## Compare row 3  and column  4 with corr  0.908
##   Means:  0.542 vs 0.345 so flagging column 3
## Compare row 4  and column  14 with corr  0.853
##   Means:  0.472 vs 0.317 so flagging column 4
## Compare row 12  and column  13 with corr  0.802
##   Means:  0.459 vs 0.29 so flagging column 12
## Compare row 14  and column  10 with corr  0.892
##   Means:  0.361 vs 0.26 so flagging column 14
## All correlations <= 0.75
```

```
## [1]  3  4 12 14
```

```
corAltaP = caret::findCorrelation(corsP, cutoff = 0.75, names = T)
corAltaP
```

```
## [1] "Peso"  "CINT"  "COTOV" "Braco"
```

```
#Spearman

corsS = cor(data[,2:15],method = "spearman")
summary(corsS[upper.tri(corsS)])
```

```
##    Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
## -0.2301  0.1450  0.3536  0.3397  0.5367  0.9065
```

```
#Existem variáveis muito correlacionadas
caret::findCorrelation(corsS,cutoff = 0.75,verbose = T)
```

```
## Compare row 3  and column  4 with corr  0.9
##   Means:  0.548 vs 0.352 so flagging column 3
## Compare row 4  and column  14 with corr  0.867
##   Means:  0.473 vs 0.323 so flagging column 4
## Compare row 12  and column  13 with corr  0.79
##   Means:  0.462 vs 0.297 so flagging column 12
## Compare row 14  and column  10 with corr  0.906
##   Means:  0.377 vs 0.271 so flagging column 14
## All correlations <= 0.75
```

```
## [1]  3  4 12 14
```

```
corAltaS = caret::findCorrelation(corsS, cutoff = 0.75, names = T)
corAltaS
```

```
## [1] "Peso"  "CINT"  "COTOV" "Braco"
```

Por ambos os métodos as variáveis para serem removidas foram as mesmas.

```
#Serão removidas as variáveis Peso, CINT, COTOV e Braco
data = dplyr::select(data, - dplyr::all_of(corAltaP))
```

(c) variáveis com dependência linear.

```
combLin = caret::findLinearCombos(data[2:11])
combLin
```

```
## $linearCombos
## $linearCombos[[1]]
## [1] 6 4 5
##
##
## $remove
## [1] 6
```

```
#Foi encontrado que as colunas 4 5 e 6 são combinações lineares. da base de dados
#sem contar a variável sexo iríamos remover a variavel 6, como temos que adicionar
#a coluna sexo, iremos remover a varíavel 7.
data = data[,-(combLin$remove+1)]
```

2. O objetivo é predizer o Sexo em função das demais variáveis. Para realizar tal tarefa, precisamos decidir qual o melhor método de treinamento do classicador. Queremos utilizar Support Vector Machine (SVM), mas não sabemos qual o melhor kernal, linear, polinomial ou radial. Realize validação cruzada para vericar qual é o melhor entre os 3 métodos acima (svmLinear, svmPoly, svmRadial) para construir o classicador.

- Utilize o banco de dados pré-processado.
- Utilize a mesma metodologia que utilizamos para avaliar classicadores.
- Utilize o método k-fold repetido, com k=10 e 3 repetições.
- Lembre de fixar o set.seed(1903) antes de cada treinamento.

- Ao final, redija um texto justicando qual método elegeu como melhor para esse pro- blema.

```
treino_metodo = caret::trainControl(method = "repeatedcv",
                                    number = 10,
                                    repeats = 3)

set.seed(1903)
svmLinear = caret::train(Sexo ~ .,
                         data = data,
                         method = "svmLinear",
                         trControl = treino_metodo)

set.seed(1903)
svmPoly = caret::train(Sexo ~ .,
                         data = data,
                         method = "svmPoly",
                         trControl = treino_metodo)

set.seed(1903)
svmRadial = caret::train(Sexo ~ .,
                         data = data,
                         method = "svmRadial",
                         trControl = treino_metodo)
```

Resultados descritivos

```
resultados = caret::resamples(list(Linear = svmLinear,
                                   Poly = svmPoly,
                                   Radial = svmRadial))
summary(resultados)
```

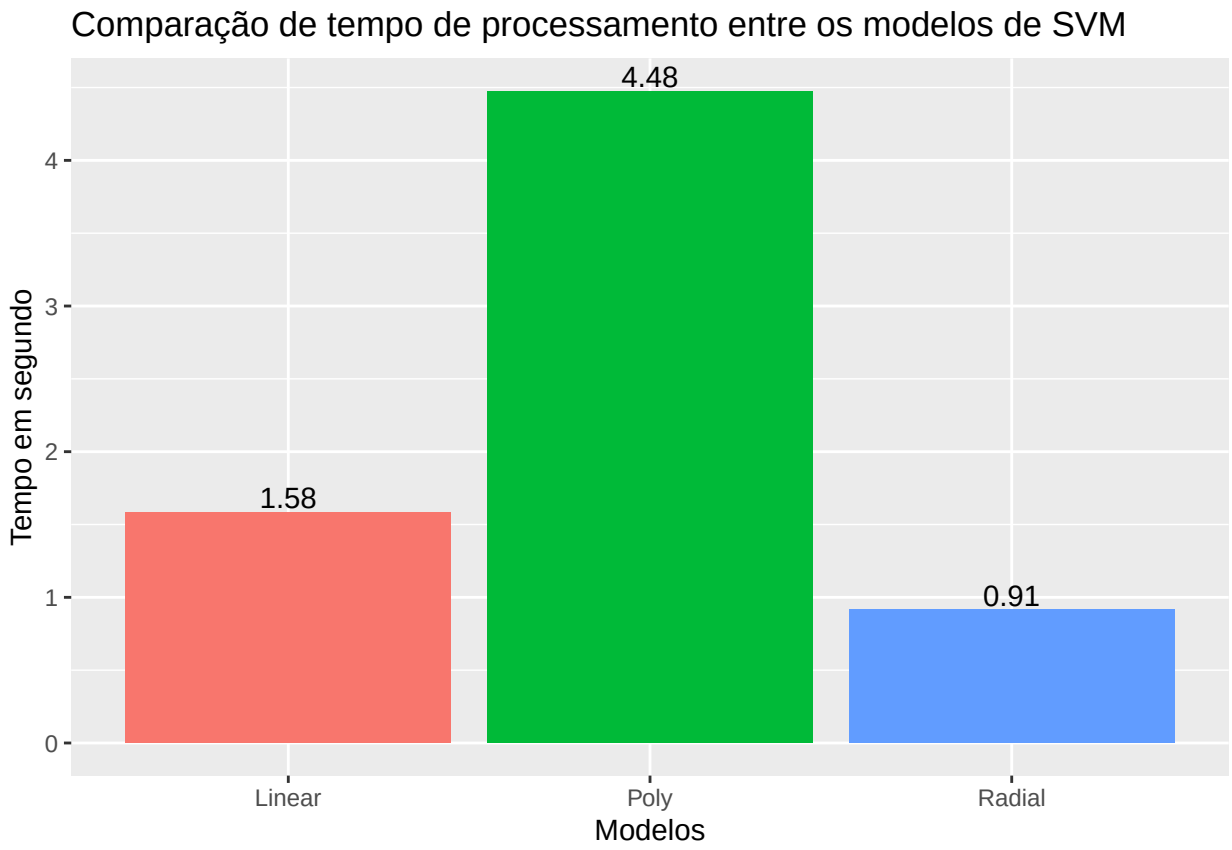
```
##
## Call:
## summary.resamples(object = resultados)
##
## Models: Linear, Poly, Radial
## Number of resamples: 30
##
## Accuracy
##         Min. 1st Qu. Median      Mean 3rd Qu. Max. NA's
## Linear 0.750   0.875  0.875 0.9083333       1    1    0
## Poly   0.750   0.875  1.000 0.9250000       1    1    0
## Radial 0.625   0.875  0.875 0.9125000       1    1    0
##
## Kappa
##        Min. 1st Qu. Median      Mean 3rd Qu. Max. NA's
## Linear 0.50    0.75   0.75 0.8166667       1    1    0
## Poly   0.50    0.75   1.00 0.8500000       1    1    0
## Radial 0.25    0.75   0.75 0.8250000       1    1    0
```

Obtiveram-se resultados bastante parecidos das métricas Kappa e Acurrácia para os 3 modelos, há somente uma diferença considerável em relação a mediana, que favorece o modelo svmPoly.

Comparação de tempo de execução

```
library(ggplot2)
ggplot(resultados$timings, aes(x = row.names(resultados$timings),
```

```
y = Everything,
fill = row.names(resultados$timings))) +
geom_bar(stat = "identity") +
labs(title = "Comparação de tempo de processamento entre os modelos de SVM",
y = "Tempo em segundo",
x = "Modelos") +
geom_text(aes(label = sprintf("%.2f", resultados$timings$Everything),
y= resultados$timings$Everything),vjust = -0.2)+
theme(legend.position = "none")
```



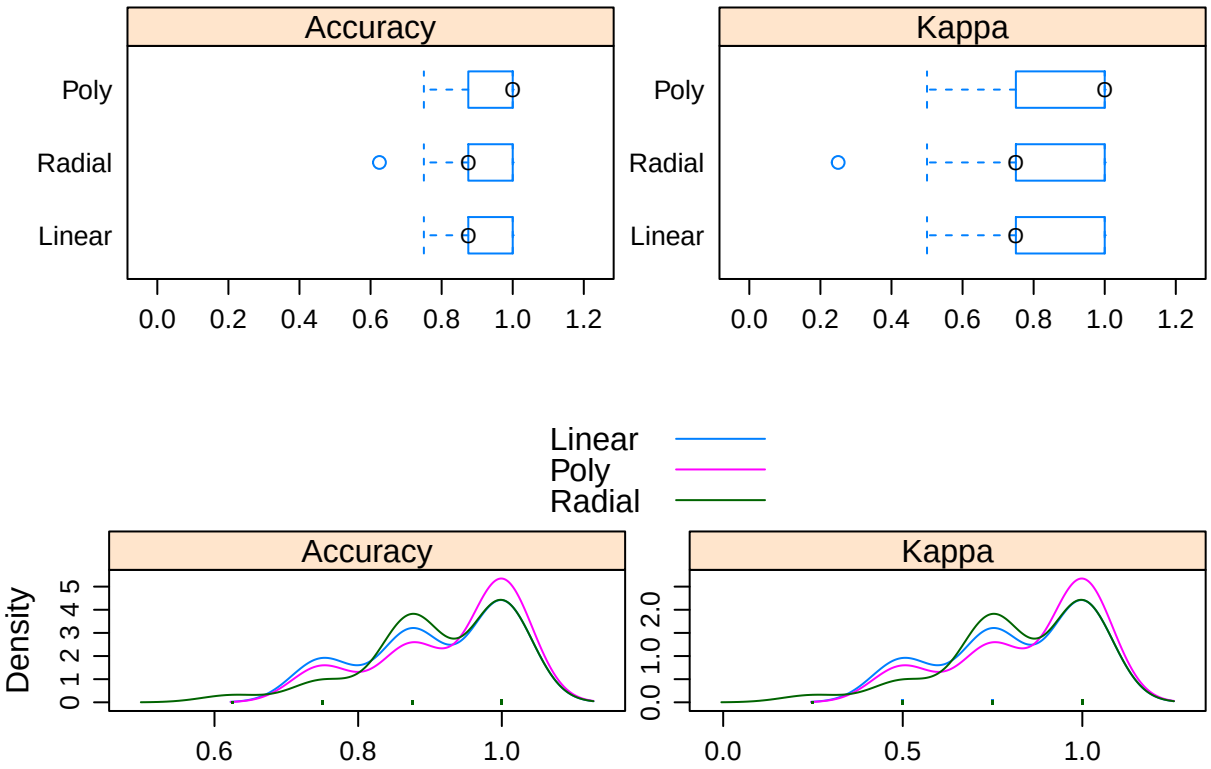
Apesar do modelo svmPoly ter apresentado melhor mediana, ele é o que mais demora para ser executado em relação aos demais.

Comparação visual de variablidade

```
escalas = list(x=list(relation="free" ),
               y=list(relation="free" ))


gridExtra::grid.arrange(
                        lattice::bwplot(resultados,
                                        scales = escalas,
                                        pch = "O",
                                        xlim = c(0,1.2)),
                        lattice::densityplot(resultados,
                                             scales = escalas,
                                              pch = ".",
                                              auto.key = TRUE),
```

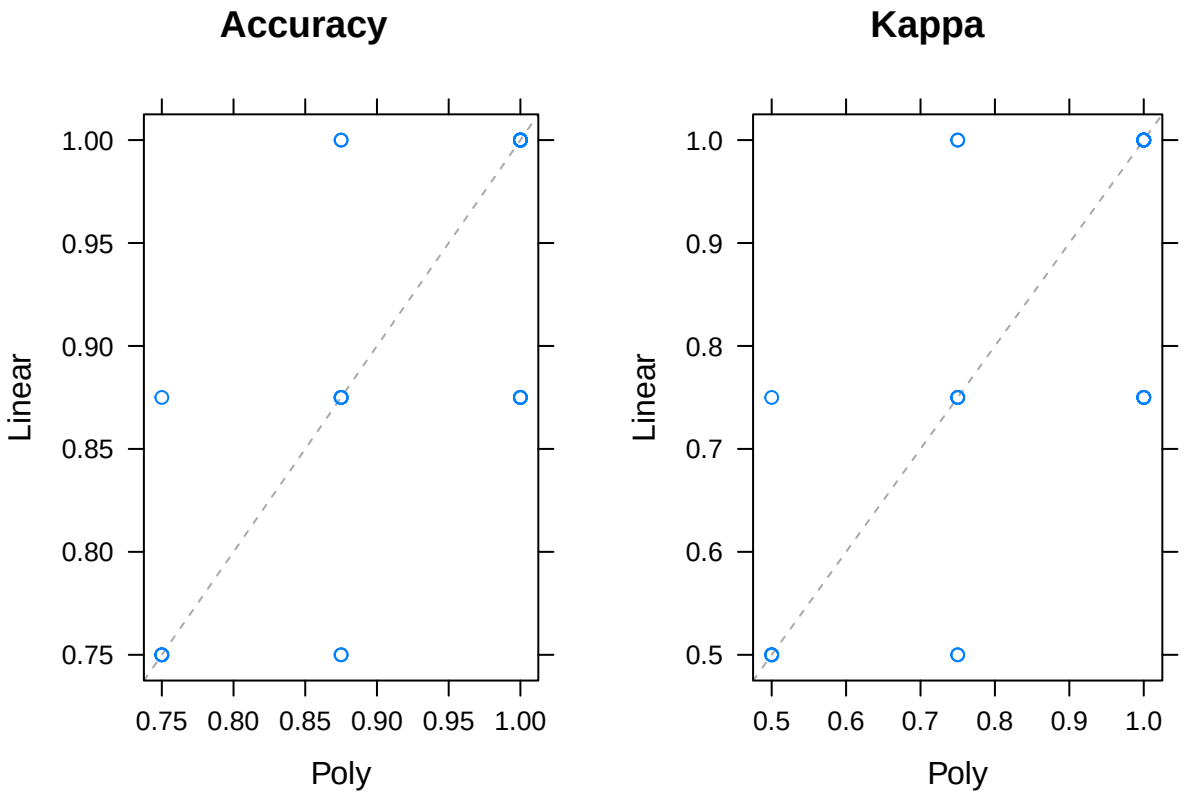
```
                    nrow = 2)
```



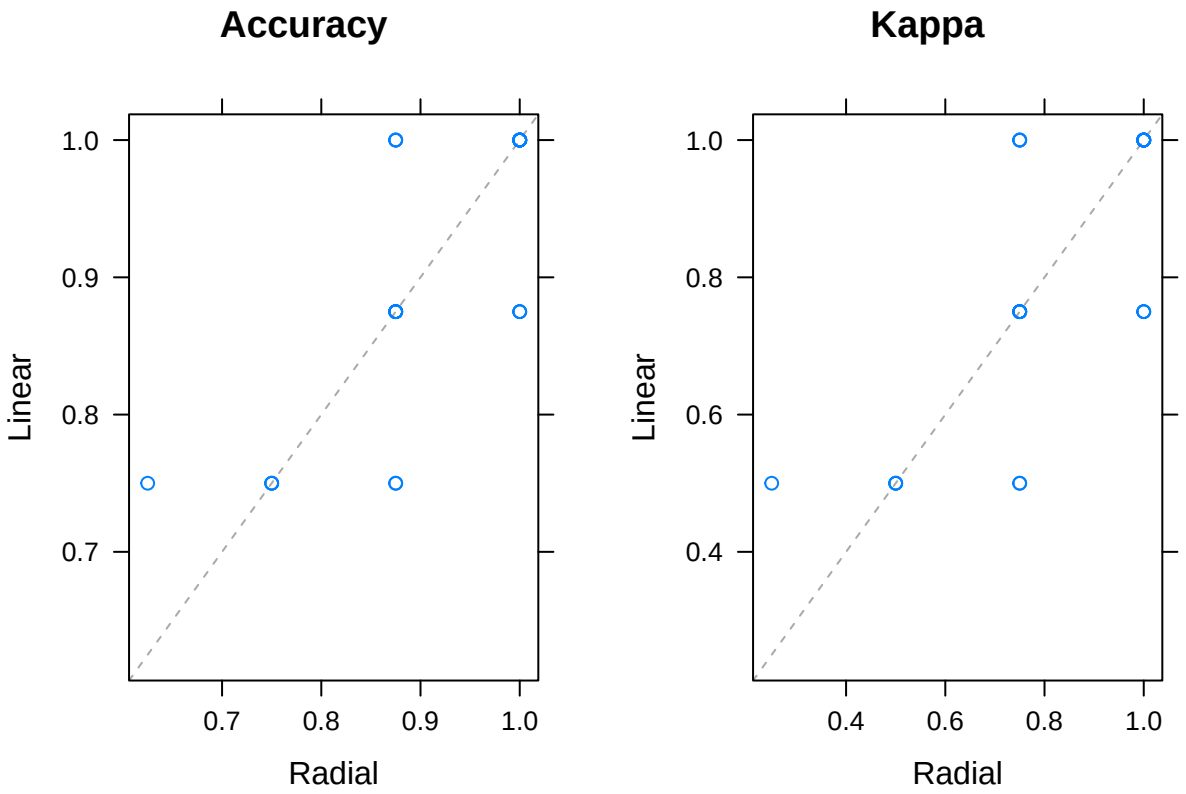
Apesar de possuir boxplots bastante parecidos, como já vimos, o modelo svmPoly possui as melhores medianas para as métricas testadas. Pelo gráfico de densidade, é possível notar que o modelo svmPoly também leva vantagem com comparação aos demais, tendo em vista que se concentra mais para valores maiores das métricas. Por essas observações, pode-se concluir que o modelo svmPoly é o modelo que melhor representa os dados empiricamente.

Comparação 2 a 2 dos kfolds

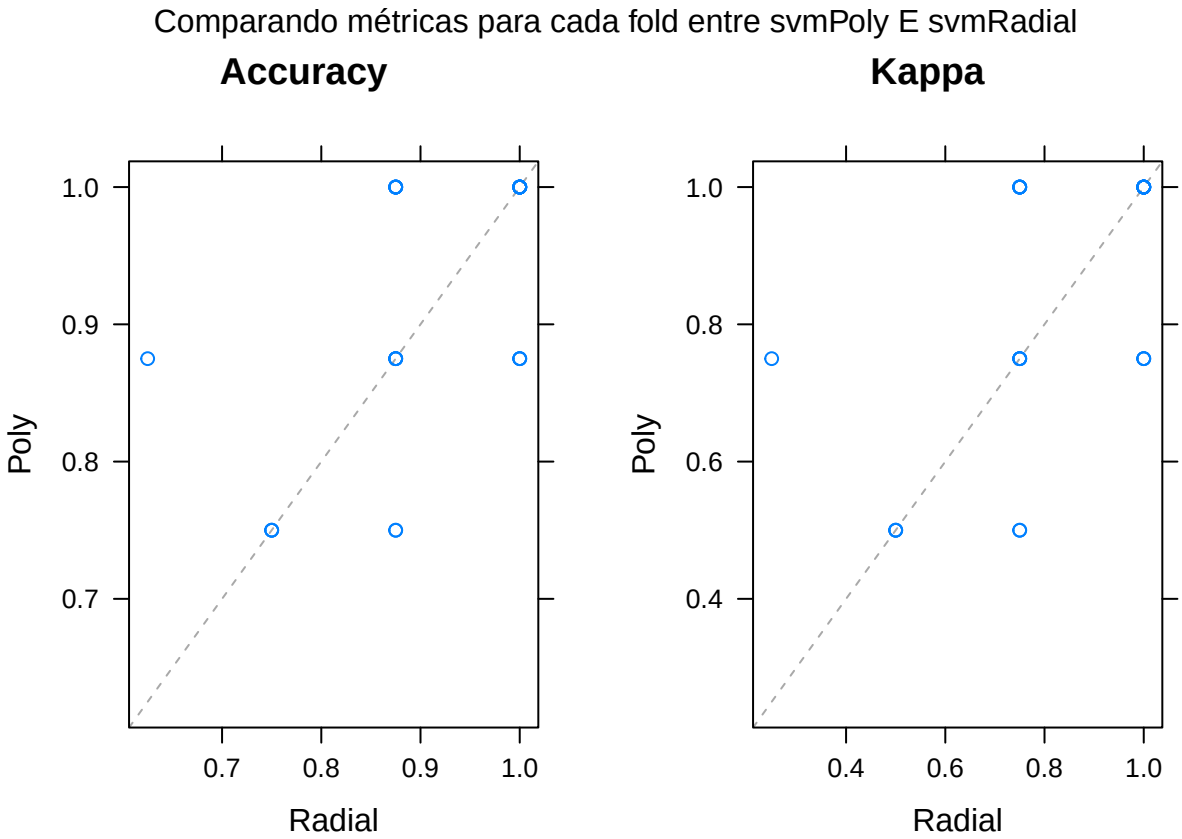
```
gridExtra::grid.arrange(
lattice::xyplot(resultados, models = c("Linear","Poly"), metric = "Accuracy"),
lattice::xyplot(resultados, models = c("Linear","Poly"), metric = "Kappa"),
ncol = 2,
top = "Comparando métricas para cada fold entre svmLinear E svmPoly"
)
```




```
gridExtra::grid.arrange(
lattice::xyplot(resultados, models = c("Linear","Radial"), metric = "Accuracy"),
lattice::xyplot(resultados, models = c("Linear","Radial"), metric = "Kappa"),
ncol = 2,
top = "Comparando métricas para cada fold entre svmLinear E svmRadial"
)
```



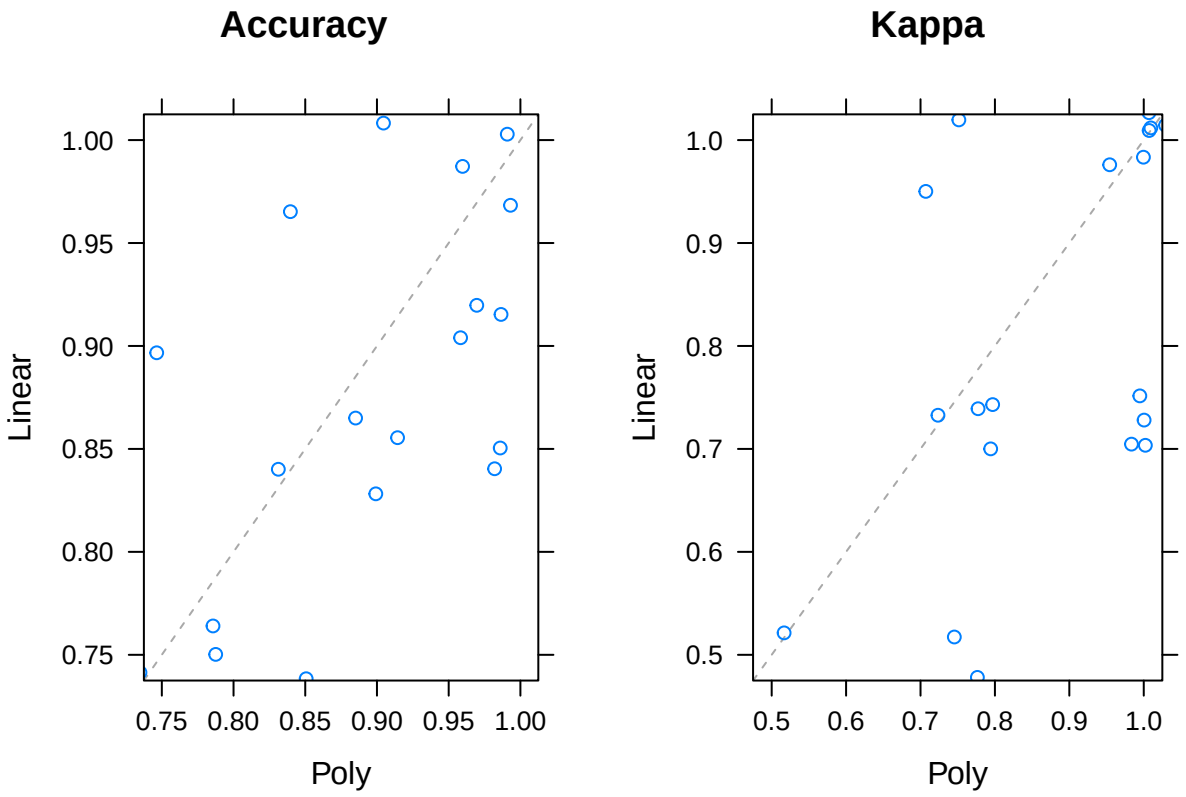

```
gridExtra::grid.arrange(
lattice::xyplot(resultados, models = c("Poly","Radial"), metric = "Accuracy"),
lattice::xyplot(resultados, models = c("Poly","Radial"), metric = "Kappa"),
ncol = 2,
top = "Comparando métricas para cada fold entre svmPoly E svmRadial"
)
```



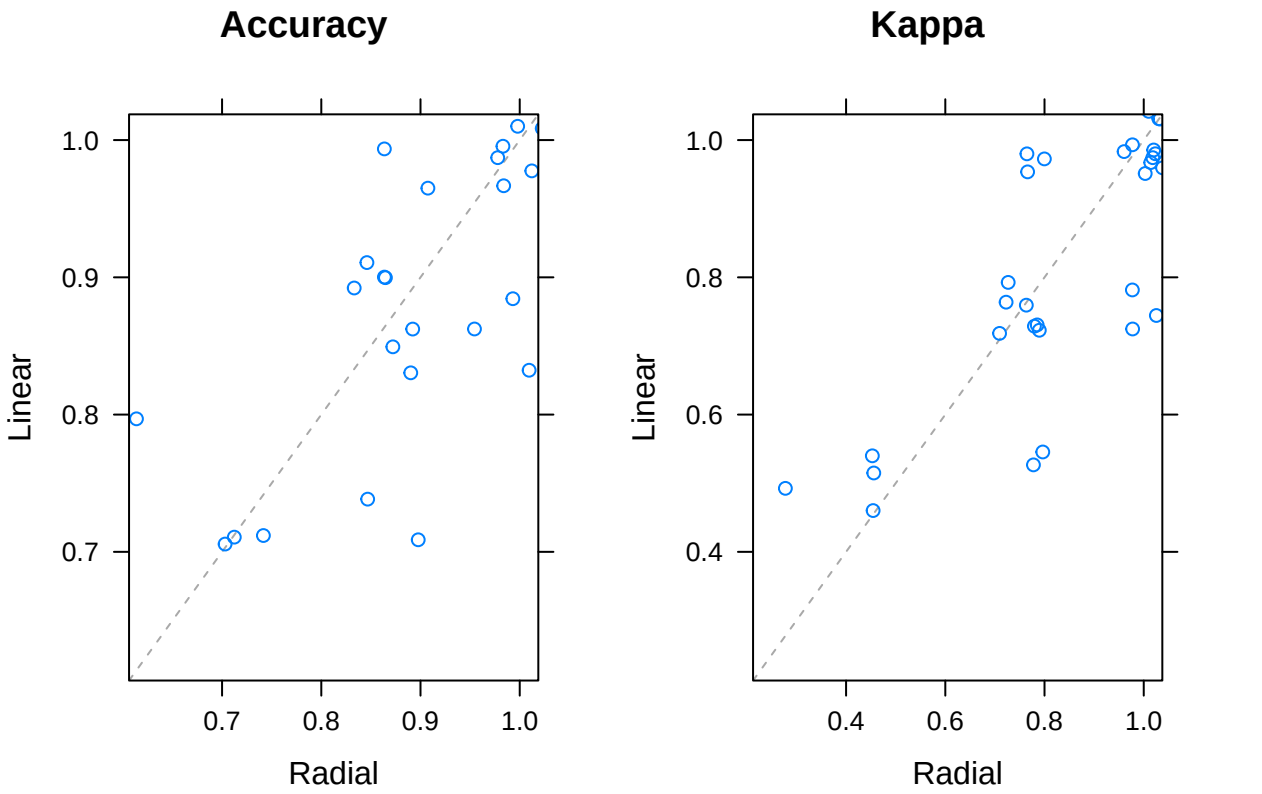
Vários folds obtiveram valores parecidos na comparação dois a dois para as estatísticas Acurácia e Kappa de todos os modelos. Por esse motivo, a interpretação desse tipo de gráfico fica imprecisa, pois vários pontos se sobrepoem e não é possível identificar visualmente qual dos modelos comparados obtiveram as melhores estatísticas por folds.

Comparação 2 a 2 dos kfolds com jitter

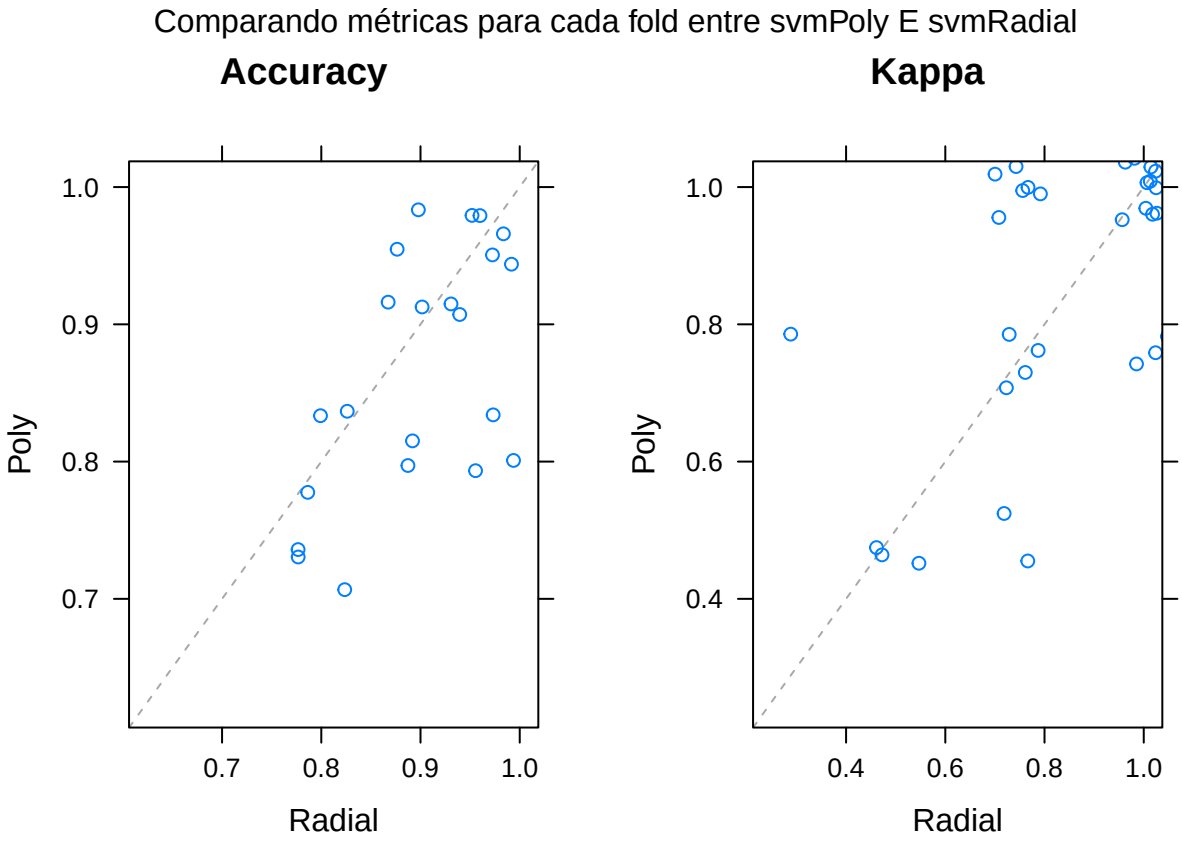
```
gridExtra::grid.arrange(
lattice::xyplot(resultados, models = c("Linear","Poly"), metric = "Accuracy",
                jitter.x = T,jitter.y = T, amount = 0.05, factor = 0.05),
lattice::xyplot(resultados, models = c("Linear","Poly"), metric = "Kappa",
                jitter.x = T,jitter.y = T, amount = 0.05, factor = 0.05),
ncol = 2,
top = "Comparando métricas para cada fold entre svmLinear E svmPoly"
)
```




```
gridExtra::grid.arrange(
lattice::xyplot(resultados, models = c("Linear","Radial"), metric = "Accuracy",
                jitter.x = T,jitter.y = T, amount = 0.05, factor = 0.05),
lattice::xyplot(resultados, models = c("Linear","Radial"), metric = "Kappa",
                jitter.x = T,jitter.y = T, amount = 0.05, factor = 0.05),
ncol = 2,
top = "Comparando métricas para cada fold entre svmLinear E svmRadial"
)
```




```
gridExtra::grid.arrange(
lattice::xyplot(resultados, models = c("Poly","Radial"), metric = "Accuracy",jitter.x = T,
                jitter.y = T, amount = 0.1, factor = 0.05),
lattice::xyplot(resultados, models = c("Poly","Radial"), metric = "Kappa",jitter.x = T,
                jitter.y = T, amount = 0.05, factor = 0.05),
ncol = 2,
top = "Comparando métricas para cada fold entre svmPoly E svmRadial"
)
```



Foi utilizado o argumento jitter.x e jitter.y como verdadeiro para que o seja aplicado o efeito que faça os pontos "se espalharem" nos eixos x e y para que não fiquem sobrepostos, assim, é possível ter uma ideia no comportamento dos folds. O argumento amount e factor = 0.05 foi feito de forma que essa variação dos pontos sobrepostos se movimentem até 0.05 em x e y do seu ponto original.

É possível observar pelos gráficos que a comparação das métricas por folds entre os modelos 2 a 2 é bastante parecida. Aparentemente nenhum modelo se destaca.

Testes de hipótese para diferença das métricas dos modelos dois a dois

```
difs = diff(resultados)
summary(difs)
```

```
##
## Call:
## summary.diff.resamples(object = difs)
##
## p-value adjustment: bonferroni
## Upper diagonal: estimates of the difference
## Lower diagonal: p-value for H0: difference = 0
##
## Accuracy
##        Linear Poly      Radial
## Linear        -0.016667 -0.004167
## Poly   0.6339            0.012500
## Radial 1.0000 1.0000
##
## Kappa
##        Linear Poly      Radial
```

```
## Linear        -0.033333 -0.008333
## Poly   0.6339            0.025000
## Radial 1.0000 1.0000
```

Adotando um nível de significância $\alpha = 0.05$, obteve-se que $\alpha > 0.05$ para todos os testes realizados, isso é, não rejeita-se nenhuma das hipóteses nulas H_0. Assim conclui-se que há evidências estatísticas que para a comparação dois a dois das métricas de todos os 3 modelos, eles possuem diferença = 0, ou seja, são iguais.

Mesmo obtendo pelos testes de hipótese que os modelos possuem métricas iguais, ira ser analisado os dados empíricos obtidos na validação cruzado com o método de treinamento executado. Mesmo com um tempo de execução maior, o modelo svmPoly obteve melhores resultados para as métricas acurácia e kappa, e por isso, será o modelo escolhido.

3. Uma vez escolhido o melhor método classicador, vamos criar o classicador de fato. Fixe a semente no valor 100. Crie amostras treino (75%) e teste (25%), utilizando os dados pré- processados. Utilize o método de re-amostragem bootstrap, com 20 re-amostragens. Treine o classicador pelo método escolhido e calcule uma estimativa para o erro fora da amostra.

```r
set.seed(100)
treino_index = caret::createDataPartition(data$Sexo,p = 0.75, list = F)
metodo_treino_boot = caret::trainControl(method = "boot", number = 20)
treino = data[treino_index,]
```

```
## Warning: The `i` argument of ``[`()` can't be a matrix as of tibble 3.0.0.
## Convert to a vector.
## This warning is displayed once every 8 hours.
## Call `lifecycle::last_warnings()` to see where this warning was generated.
```

```r
teste = data[-treino_index,]

set.seed(100)
modelo_boot_svmPoly = caret::train(Sexo ~ .,
                                   data = treino,
                                   method = "svmPoly",
                                   trControl = metodo_treino_boot)

# Fazendo a predição
pred_boot_svmPoly = predict(modelo_boot_svmPoly,
                                   teste)
# Matriz de confusão para a amostra teste
resultado_teste = caret::confusionMatrix(pred_boot_svmPoly,
                                   teste$Sexo,positive='F')
resultado_teste
```

```
## Confusion Matrix and Statistics
##
##           Reference
## Prediction F M
##          F 8 2
```

```
##          M 2 8
##
##                Accuracy : 0.8
##                  95% CI : (0.5634, 0.9427)
##     No Information Rate : 0.5
##     P-Value [Acc > NIR] : 0.005909
##
##                   Kappa : 0.6
##
##  Mcnemar's Test P-Value : 1.000000
##
##             Sensitivity : 0.8
##             Specificity : 0.8
##          Pos Pred Value : 0.8
##          Neg Pred Value : 0.8
##              Prevalence : 0.5
##          Detection Rate : 0.4
##    Detection Prevalence : 0.5
##       Balanced Accuracy : 0.8
##
##        'Positive' Class : F
##
```

4. Queremos entender o impacto do pré-processamento no classicador. Repita o item 3. com os dados brutos, ou seja, antes de realizar o pré-processamento. O que foi possível observar?

```
data_bruto = read_csv2("saude.CSV") %>%
  mutate(Sexo = as.factor(Sexo))
```

```
set.seed(100)
treino_index = caret::createDataPartition(data_bruto$Sexo,p = 0.75, list = F)
metodo_treino_boot = caret::trainControl(method = "boot", number = 20)
treino = data_bruto[treino_index,]
teste = data_bruto[-treino_index,]

set.seed(100)
modelo_boot_svmPoly = caret::train(Sexo ~ .,
                                   data = treino,
                                   method = "svmPoly",
                                   trControl = metodo_treino_boot)

# Fazendo a predição
pred_boot_svmPoly = predict(modelo_boot_svmPoly,
                                   teste)
# Matriz de confusão para a amostra teste
resultado_teste = caret::confusionMatrix(pred_boot_svmPoly,
                                   teste$Sexo)
resultado_teste
```

```
## Confusion Matrix and Statistics
```

```
##
##           Reference
## Prediction F M
##          F 9 1
##          M 1 9
##
##                Accuracy : 0.9
##                  95% CI : (0.683, 0.9877)
##     No Information Rate : 0.5
##     P-Value [Acc > NIR] : 0.0002012
##
##                   Kappa : 0.8
##
##  Mcnemar's Test P-Value : 1.0000000
##
##             Sensitivity : 0.90
##             Specificity : 0.90
##          Pos Pred Value : 0.90
##          Neg Pred Value : 0.90
##              Prevalence : 0.50
##          Detection Rate : 0.45
##    Detection Prevalence : 0.50
##       Balanced Accuracy : 0.90
##
##        'Positive' Class : F
##
```

Observa-se que o classificador criado utilizando os dados sem realizar as técnicas de pré-pocessamento obteve métricas maiores do que o criado utilizando, o que não era esperado. A etapa de pré-processamento foi realizada com o objetivo de melhorar a qualidade dos dados, mas mesmo assim, foi visto que o classificador criado sem utiliação dessas técnicas obteve um desempenho melhor.