PONTIFÍCIA UNIVERSIDADE CATÓLICA DE MINAS GERAIS
NÚCLEO DE EDUCAÇÃO A DISTÂNCIA
Pós-graduação *Lato Sensu* em Ciência de Dados e Big Data

Rodrigo Barbosa Leite

APLICAÇÃO DE ALGORITMOS DE *MACHINE LEARNING* PARA DEFINIÇÃO DE RETORNO MÉDICO EM PACIENTES PORTADORES DE DIABETES

Belo Horizonte
2023

Rodrigo Barbosa Leite

APLICAÇÃO DE ALGORITMOS DE *MACHINE LEARNING* PARA DEFINIÇÃO DE RETORNO MÉDICO EM PACIENTES PORTADORES DE DIABETES

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao Curso de Especialização em Ciência de Dados e Big Data como requisito parcial à obtenção do título de especialista.

Belo Horizonte
2023

SUMÁRIO

1. Introdução

1.1. Contextualização

A sociedade tecnológica atual atualiza-se em patamares cada vez mais rápidos, dando-se na área de dados foco de grandes mudanças sociais e empresariais. O termo *Big Data* já se encontra compreendido e integrado em soluções de problemas, quais forem, em corporações de várias vertentes. Dessa maneira um volume alto de profissionais e novas demandas circunscrevem e se adaptam as novas problemáticas desse ramo tecnológico, proporcionando soluções e avanços, principalmente em aplicações reais da sociedade ("O que é Big Data?", [1]).

Isso também se dá na área médica, que, como qualquer outra área, tem seus problemas respectivos e que devem ser sanados. Visto ao avanços de inteligência artificial, sistemas capazes de trabalhar com grande volume de dados, hospitais e ou centro de saúde, podem se beneficiar das aplicabilidades do "universo *Big Data*".

Prevenções de doenças por imagens, predições de futuras patologias, necessidades cirúrgicas ou integração em grupos de riscos, finalidades quais tendo disponibilização adequada dos dados, podem ser previstas por algoritmos de *Machine Leanrning* ("O que é Machine Learning?", [2]). A capacidade de conectar a área da saúde com intervenções de soluções de algoritmos de aprendizagem de máquina, impacta imensamente pacientes e profissionais, proporcionando resultados mais rápidos e precisos.

1.2. O problema proposto

Para a empregar os conceitos de ML foi escolhida uma base sobre retorno médico de pacientes com diabetes. Os valores que estão nessa base possibilitam a aplicação do conceito de *Machine Leanrning* em seu aspecto geral, tendo valores característicos, que posteriormente serão explicados. Essa base histórica, do ano de 1998 a 2008, de hospital do Estados Unidos da América (EUA), compreende dados sobre a saúde do paciente, consumo de determinados remédios, frequência de exames laboratoriais e informações como região, gênero, entre outros.

Isso tudo tem a finalidade de indicar se o paciente teve ou não retorno ao hospital, podendo ser o retorno superior ou inferior a 30 dias. Ademais toda a configuração do *dataset* permite a aplicabilidade no conceito dentro de ML que chamamos de classificação e de otimização (“Algoritmos de Classificação: o que são e como funcionam”, [3]).

2. Coleta de Dados

Nessa seção você deve deixar claro onde obteve os dados, o formato e estrutura dos *datasets*, o relacionamento entre os dados, entre outros. Caso os dados tenham sido obtidos na internet, informe a data e o link em que os dados foram obtidos. Sugere-se que você crie uma tabela com a descrição de cada campo/coluna de cada *dataset* conforme o exemplo a seguir:

Para o tratamento dos dados e aplicação do algoritmo foi coletado o seguinte *dataset*: *Diabetes -US hospitals for years 1999-2008*. O mesmo foi coletado no repositório da *UCI Machine Learning Repository* (“Diabetes 130-US hospitals for years 1999-2008 Data Set”, [4]). A seguir no Quadro 1 está a explicação dos valores contidos na bases de dados.

Quadro 1. Descrição *dataset*

Nome da coluna	Descrição	Tipo
Encounter ID	Identificador único de um encontro	Numérico
Patient number	Identificador único de um paciente	Numérico
Race	Valores: caucasiano, asiático, afro-americano, hispânico e outros	Categórico
Gender	Valores: masculino, feminino e desconhecido/inválido	Categórico
Age	Agrupados em intervalos de 10 anos: [0, 10), [10, 20), . . .,	Categórico

	[90, 100)	
Weight	Peso em libras	Numérico
Admission type	Identificador inteiro correspondente a 9 valores distintos, por exemplo, emergência, urgência, eletivo, recém-nascido e não disponível	Categórico
Discharge dispositon	Identificador inteiro correspondente a 29 valores distintos, por exemplo, descarregados para casa, expirou e não está disponível	Categórico
Admission source	Identificador inteiro correspondente a 21 valores distintos, por exemplo, encaminhamento médico, sala de emergência e transferência de um hospital	Categórico
Time in hospital	Número inteiro de dias entre a admissão e a alta	Numérico
Payer code	Identificador inteiro correspondente a 23 valores distintos, por exemplo, Blue Cross\Blue Shield, Medicare e autopagamento	Categórico
Medical speciality	valores, por exemplo, cardiologia, medicina interna, família\clínica geral	Categórico

	e cirurgião	
Number of lab procedures	Número de exames laboratoriais realizados durante o encontro	Numérico
Number of procedures	Número de procedimentos (exceto exames laboratoriais) realizados durante o encontro	Numérico
Number of medications	Número de nomes genéricos distintos administrados durante o encontro	Numérico
Number of outpatient visits	Número de consultas ambulatoriais do paciente no ano anterior ao encontro	Numérico
Number of emergency visits	Número de visitas de emergência do paciente no ano anterior ao encontro	Numérico
Number of inpatient visits	Número de visitas de internação do paciente no ano anterior ao encontro	Numérico
Diagnosis 1	O diagnóstico primário (codificado como os três primeiros dígitos do CID9); 848 valores distintos	Categórico
Diagnosis 2	Diagnóstico secundário (codificado como os três primeiros dígitos do CID9); 923 valores distintos	Categórico
Diagnosis 3	Diagnóstico secundário adicional (codificado como	Categórico

	os três primeiros dígitos do CID9); 954 distinto valores	
Number of diagnoses	Número de diagnósticos inseridos no sistema	Numérico
Glucose serum test result	Indica o intervalo do resultado ou se o teste não foi realizado. Valores: “>200,” “>300,” “normal” e “nenhum” se não for medido	Categórico
A1c test result	Indica o intervalo do resultado ou se o teste não foi realizado. Valores: “>8” se o resultado foi superior a 8%, “>7” se o resultado foi superior a 7% mas inferior a 8%, “normal” se o resultado for inferior a 7% e “nenhum” se não for medido	Categórico
Change of medications	Indica se houve alteração nos medicamentos para diabéticos (posologia ou genéricos) nome). Valores: “mudar” e “sem mudança”	Categórico
Diabetes medications	Indica se foi prescrito algum medicamento para diabéticos. Valores: “sim” e	Categórico

	“não”	
24 features for medications	Para os nomes genéricos: metformina, repaglinida, nateglinida, clorpropamida, glimepirida, acetohexamida, glipizida, gliburida, tolbutamida, pioglitazona, rosiglitazona, acarbose, miglitol, troglitazona, tolazamida, examida, sitagliptina, insulina, gliburida-metformina, glipizida-metformina, glimepirida-pioglitazona, metformina-rosiglitazona e metformina-pioglitazona, o recurso indica se o medicamento foi prescrito ou houve alteração na posologia. Valores: “up” se a dosagem foi aumentada durante o encontro, “down” se a dosagem foi diminuída, “steady” se a a dosagem não mudou e “não” se o medicamento não foi prescrito	Categórico
Readmitted	Dias para reinternação do paciente. Valores: “<30” se o paciente foi readmitido em menos de 30 dias, “>30” se o paciente	Categórico

	foi reinternado em mais de 30 dias e “Não” para nenhum registro de readmissão	

Fonte: Strack, et al., 2014 [5]

3. Processamento/Tratamento de Dados

A etapa de processamento e tratamento dos dados foi realizada em linguagem Python (versão 3.8.8) , utilizando a IDE do Jupyter Notebook (versão 6.3.0) (“Jupyter Project Documentation”, [5]) . Ademais todo o tratamento necessitou das seguintes bibliotecas, utilizadas no Python:

- *Pandas*: possibilita a leitura, manipulação e tratamento dos dados em sua estrutura;
- *Numpy*: para trabalhar com *arrays* e ter disponibilidade de tratamento numérico
- *Requests*: para trabalhar com requisições *API*;
- *Io*: para lidar com entradas e saídas de dados;
- *Zipfile*: para trabalhar com arquivos compactados.

Imagem 1. Bibliotecas importadas para tratamento

```
import pandas as pd
import requests
from zipfile import ZipFile
from io import BytesIO
import numpy as np
pd.set_option('display.max_columns', None)
```

Fonte: Própria autor

Após a importação das bibliotecas necessário se dá coleta do *dataframe*

Imagem 2. Coleta dos dados

```
response = requests.get("https://archive.ics.uci.edu/ml/machine-learning-databases/00296/dataset_diabetes.zip")
files = ZipFile(BytesIO(response.content))
df = pd.read_csv(files.open("dataset_diabetes/diabetic_data.csv"))
```

Fonte: própria autor

Na imagem acima usamos o método *get* da biblioteca *requests*, para acessar o *endpoint* onde está o arquivo compactado do *dataframe*, colocando-o numa variável chamada *response*. Após criamos a variável files, onde colocamos a entrada do arquivo *.zip*, pela funcionalidade da *BytesIO*. Pro fim criamos a variável *df* onde utilizamos o *pandas* para ler o csv *diabetes_data.csv*.

Com o comando *pd.set_option('display.max_columns', None)* consigo visualizar dentro da *IDE* toda a extensão das colunas. A seguir executo o comando para imprimir o *df* para visualização.

Imagem 3. *Dataframe*

```
df
```

	encounter_id	patient_nbr	race	gender	age	weight	admission_type_id	discharge_disposition_id	admission_source_id	time_in_hospital	pa
0	2278392	8222157	Caucasian	Female	[0-10)	?	6	25	1	1	
1	149190	55629189	Caucasian	Female	[10-20)	?	1	1	7	3	
2	64410	86047875	AfricanAmerican	Female	[20-30)	?	1	1	7	2	
3	500364	82442376	Caucasian	Male	[30-40)	?	1	1	7	2	
4	16680	42519267	Caucasian	Male	[40-50)	?	1	1	7	1	
...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...
101761	443847548	100162476	AfricanAmerican	Male	[70-80)	?	1	3	7	3	
101762	443847782	74694222	AfricanAmerican	Female	[80-90)	?	1	4	5	5	
101763	443854148	41088789	Caucasian	Male	[70-80)	?	1	1	7	1	
101764	443857166	31693671	Caucasian	Female	[80-90)	?	2	3	7	10	
101765	443867222	175429310	Caucasian	Male	[70-80)	?	1	1	7	6	

101766 rows × 50 columns

Fonte: própria autor

Ademais conseguimos obter informações mais precisas sobre os dados com o comando *info*. Podemos analisar que possui 50 colunas com 101.766 instâncias, sendo que o tipo das colunas se divide entre *int64* e *object*.

Imagem 4. Informações *dataframe*

```
df.info()
```

```
<class 'pandas.core.frame.DataFrame'>
RangeIndex: 101766 entries, 0 to 101765
Data columns (total 50 columns):
 #   Column                    Non-Null Count   Dtype
---  ------                    --------------   -----
 0   encounter_id              101766 non-null  int64
 1   patient_nbr               101766 non-null  int64
 2   race                      101766 non-null  object
 3   gender                    101766 non-null  object
 4   age                       101766 non-null  object
 5   weight                    101766 non-null  object
 6   admission_type_id         101766 non-null  int64
 7   discharge_disposition_id  101766 non-null  int64
 8   admission_source_id       101766 non-null  int64
 9   time_in_hospital          101766 non-null  int64
 10  payer_code                101766 non-null  object
 11  medical_specialty         101766 non-null  object
 12  num_lab_procedures        101766 non-null  int64
 13  num_procedures            101766 non-null  int64
 14  num_medications           101766 non-null  int64
 15  number_outpatient         101766 non-null  int64
 16  number_emergency          101766 non-null  int64
 17  number_inpatient          101766 non-null  int64
 18  diag_1                    101766 non-null  object
 19  diag_2                    101766 non-null  object
 20  diag_3                    101766 non-null  object
 21  number_diagnoses          101766 non-null  int64
 22  max_glu_serum             101766 non-null  object
 23  A1Cresult                 101766 non-null  object
 24  metformin                 101766 non-null  object
 25  repaglinide               101766 non-null  object
 26  nateglinide               101766 non-null  object
 27  chlorpropamide            101766 non-null  object
 28  glimepiride               101766 non-null  object
 29  acetohexamide             101766 non-null  object
 30  glipizide                 101766 non-null  object
 31  glyburide                 101766 non-null  object
 32  tolbutamide               101766 non-null  object
 33  pioglitazone              101766 non-null  object
 34  rosiglitazone             101766 non-null  object
 35  acarbose                  101766 non-null  object
 36  miglitol                  101766 non-null  object
 37  troglitazone              101766 non-null  object
 38  tolazamide                101766 non-null  object
 39  examide                   101766 non-null  object
 40  citoglipton               101766 non-null  object
 41  insulin                   101766 non-null  object
 42  glyburide-metformin       101766 non-null  object
 43  glipizide-metformin       101766 non-null  object
 44  glimepiride-pioglitazone  101766 non-null  object
 45  metformin-rosiglitazone   101766 non-null  object
 46  metformin-pioglitazone    101766 non-null  object
 47  change                    101766 non-null  object
 48  diabetesMed               101766 non-null  object
 49  readmitted                101766 non-null  object
dtypes: int64(13), object(37)
memory usage: 38.8+ MB
```

Fonte: própria autor

A seguir e necessário verificar os valores únicos das colunas categóricas e numéricas, para verificar a ocorrência de valores *missing*. Para isso precisa-se selecionar as colunas numéricas das categóricas, para melhor visualização dentro do laço *for*. Tal laço aplica a função *unique* que possibilita a visualização dos valores únicos de cada coluna.

Imagem 5. Código para geras valores únicos

```
#variavel para pegar as colunas do df em fomra de lista
cols = df.columns

#variavel para selecionar colunas numéricas do df
num_cols = df._get_numeric_data().columns

#variavel que diminui as colunas numéricas das colunas, obtendo-se as colunas categóricas
cat_col = list(set(cols) - set(num_cols))

#laço for para valores únicos categóricos
for coluna in cat_col:
    print(coluna + str(df[coluna].unique()) + '\n')

#laço for para valores únicos numéricos
for col in num_cols:
    print( str(type(col)) + col + str(df[col].unique()) + '\n')
```

Fonte: própria autor

Imagem 6. Valores únicos colunas categóricas

```
for coluna in cat_col:
    print(coluna + str(df[coluna].unique()) + '\n')
```

```
acarbose['No' 'Steady' 'Up' 'Down']

metformin-rosiglitazone['No' 'Steady']

tolbutamide['No' 'Steady']

metformin-pioglitazone['No' 'Steady']

glipizide['No' 'Steady' 'Up' 'Down']

weight['?' '[75-100)' '[50-75)' '[0-25)' '[100-125)' '[25-50)' '[125-150)'
 '[175-200)' '[150-175)' '>200']

troglitazone['No' 'Steady']

A1Cresult['None' '>7' '>8' 'Norm']

nateglinide['No' 'Steady' 'Down' 'Up']
```

Fonte: própria autor

Imagem 7. Valores únicos colunas numéricas

```
for col in num_cols:
    print( str(type(col)) + col + str(df[col].unique()) + '\n')
```

```
<class 'str'>encounter_id[ 88792836  88986678  89032962 ... 437959022 439577312 439606454]

<class 'str'>patient_nbr[100654011  58682736  69250302  62022042  30950811  58763808  63813420
  84387969 110949741  49167621  56356434 109527102  78098634  21850101
  99090900  79327116  83177253 106419474  83232054 108730161  49469211
  77730093 114086232  84746214  20875761  38644884   3749778  63002484
 107551395 101722149 110721573  99154062  63872937 110306691  85456377
  75016944   5347143  70932573  87758757  16352748 108564255  58151448
 113098887  80369244  97780491  50173128 113262084  67316697 109737909
  25685226 100627389 104373990  61658370  91441701  39852603  87254991
  74547189  70100586   2554614  87701625   2728863 105968844  46422936
  72874890  80348409  77525172  88485201  22855590 100179639  86806809
 103359609  16853211  60125787 100592829  75753909  16622676 107613405
  85160916  41828310 113203098  75511719  47738574  63453312  52100514
  53485947  38785977 114508206  65129058  94630329  64493568 102548961
   3771018  68278050  66399966  62785548  98244774  88116966 113452965
   5303844  78806592  87737328  28219392  62105535   1497051 108595224
 105565014  72537417  60014520 101705697  37413621  37247364  74804031
  91503747  59484456  75963663  59722938  69795441  79927353 100912059
```

Fonte: própria autor

Com isso é possível observar que existem valores como “*?*” e “*Unknowm/Invalid*”. A fim de deixar a base mais correta possível e para fins didáticos de aplicação do algoritmo de KNN exclui-se as linhas onde estão tais valores, não substituindo por outros, evitando-se a atribuição de pesos errôneos ao *df.*

Imagem 7. Valore excluídos

```
#valores a serem excluídos
drop_values = ["?","Unknown/Invalid"]

#lógica para excluir linhas que possuem valores na lista drop_values
df = df[~df.isin(drop_values).any(axis=1)]
```

Fonte: própria autor

Após a exclusão dos valores acima é necessário executar novamento o laço for para ratificar os valores únicos. Logo visualizamos que o *dataframe* passa a ter ainda 50 colunas e a 1043 linhas.

Imagem 8. *Shape df*

```
df.shape
```

```
(1043, 50)
```

Fonte: própria autor

Ademais para fins de otimização exclui-se as colunas que não agregam valores informacionais e pesos para o resultado. São as seguintes colunas: *payer_code*, *medical_speciality*, *encouter_id*, *admission_type_id*, *discharge_disposition_id* e *patient_nbr*. Usa-se o comando *drop, que deleta as colunas do* df.

Imagem 9. Colunas excluídas

```
colunas_excluidas = ['payer_code'
,'medical_specialty'
,'encounter_id'
,'admission_type_id'
,'discharge_disposition_id'
,'patient_nbr']

df = df.drop(colunas_excluidas, axis = 1)
```

Fonte: própria autor

Para facilitar o processamento do algoritmo atribuímos valores numéricos para as variáveis categóricas. Dessa maneira cada categoria dentro de uma coluna (ou variável) recebeu um peso inteiro e aleatório específico para cada ocorrência sua, isso realizado através da função *map*. Veja o quadro a seguir.

Quadro 2. Atribuição de valores as variáveis categóricas

Nome da coluna	Atribuição dos valores
Race	• Caucasian = 0 • AfricanAmerican = 1 • Asian = 2

	• Hispanic = 3 • Other = 4
Gender	• Male = 0 • Female =1
Age	• [0-10) = 0 • [10-20) = 1 • [20-30) = 2 • [30-40) = 3 • [40-50) = 4 • [509-60) = 5 • [60-70) = 6 • [70-80) = 7 • [80-90) = 8 • [90-100 = 9
Weight	• [0-25) = 0 • [25-50) = 1 • [50-75) = 2 • [75-100) = 3 • [100-125) = 4 • [125-150) = 5 • [150-175) = 6 • [175-200) = 7
Diagnosis 1	O diagnóstico primário (codificado como os três primeiros dígitos do CID9); 848 valores distintos
Diagnosis 2	Diagnóstico secundário (codificado como os três primeiros dígitos do CID9); 923 valores distintos

Diagnosis 3	Diagnóstico secundário adicional (codificado como os três primeiros dígitos do CID9); 954 distinto valores
max_glu_serum	• None = 0 • Norm = 1 • >200 = 2 • >300 = 3
A1c test result	• None = 0 • Norm = 1 • >8 = 2 • >7 = 3
Change of medications	• No = 0 • Ch = 1
Diabetes medications	• No = 0 • Yes = 1
24 features for medications	Para os nomes genéricos: metformina, repaglinida, nateglinida, clorpropamida, glimepirida, acetohexamida, glipizida, gliburida, tolbutamida, pioglitazona, rosiglitazona, acarbose, miglitol, troglitazona, tolazamida, examida, sitagliptina, insulina, gliburida-metformina, glipizida-metformina, glimepirida-pioglitazona, metformina-rosiglitazona e

	metformina-pioglitazona, o recurso indica se o medicamento foi prescrito ou houve alteração na posologia. Valores: “up” se a dosagem foi aumentada durante o encontro, “down” se a dosagem foi diminuída, “steady” se a a dosagem não mudou e “não” se o medicamento não foi prescrito. Variando conforme Imagem 13 e 12.
Readmitted	• NO = 0 • <30 = 1 • >30 = 1

Fonte: própria autor

Mesmo após a atribuição de valores ainda garanto a inexistência de valores nulos, dropando-os e verificando que ainda restaram mais de mil instâncias, o que corrobora para uma base sólida de dados para se aplicar ML.

Imagem 10. *Drop*

```
df = df.dropna()
```

```
df.shape
```

```
(1021, 44)
```

Fonte: Própria autor

Ademais para a colunas as seguintes colunas: *diag_1, diag_2* e *diag_3*; deu-se um tratamento diferente, pois de acordo com o artigo existem o seguintes intervalos de valores para cada patologia, que são: circulatória, respiratória, digestiva, diabetes, injurias, musculoesquelética, geniturinário, neoplasmática e outras. Cada intervalo de valor dentro das patologias respectivas foi substituído pelo nome da patologia no *dataset*.

Imagem 11: Descrição colunas diagnósticas

Group name	icd9 codes	Number of encounters	% of encounter	Description
Circulatory	390–459, 785	21,411	30.6%	Diseases of the circulatory system
Respiratory	460–519, 786	9,490	13.6%	Diseases of the respiratory system
Digestive	520–579, 787	6,485	9.3%	Diseases of the digestive system
Diabetes	250.xx	5,747	8.2%	Diabetes mellitus
Injury	800–999	4,697	6.7%	Injury and poisoning
Musculoskeletal	710–739	4,076	5.8%	Diseases of the musculoskeletal system and connective tissue
Genitourinary	580–629, 788	3,435	4.9%	Diseases of the genitourinary system
Neoplasms	140–239	2,536	3.6%	Neoplasms
Other (17.3%)	780, 781, 784, 790–799	2,136	3.1%	Other symptoms, signs, and ill-defined conditions
	240–279, without 250	1,851	2.6%	Endocrine, nutritional, and metabolic diseases and immunity disorders, without diabetes
	680–709, 782	1,846	2.6%	Diseases of the skin and subcutaneous tissue
	001–139	1,683	2.4%	Infectious and parasitic diseases
	290–319	1,544	2.2%	Mental disorders
	E–V	918	1.3%	External causes of injury and supplemental classification
	280–289	652	0.9%	Diseases of the blood and blood-forming organs
	320–359	634	0.9%	Diseases of the nervous system
	630–679	586	0.8%	Complications of pregnancy, childbirth, and the puerperium
	360–389	216	0.3%	Diseases of the sense organs
	740–759	41	0.1%	Congenital anomalies

Fonte: Strack, et al., 2014 [4]

Para cada patologia, menos a categoria *outras* e *diabetes*, criou uma lista através da biblioteca *Numpy*, onde atribui-se os valores referentes na tabelas do artigo, tratando-as para que seu valores tivessem saída no formato de *string*.

Imagem 12. Atribuição valores variáveis

```
df['glipizide-metformin'] = df['glipizide-metformin'].map({'No': 0}) #['No']
df['change'] = df['change'].map({'No': 0, 'Ch': 1}) #['Ch' 'No']
df['tolbutamide'] = df['tolbutamide'].map({'No': 0}) #['No']
df['examide'] = df['examide'].map({'No': 0}) #['No']
df['pioglitazone'] = df['pioglitazone'].map({'No': 0, 'Steady': 1,'Up': 2, 'Down': 3}) #['No' 'Steady' 'Up' 'Down']
df['diabetesMed'] = df['diabetesMed'].map({'No': 0, 'Yes': 1}) #['Yes' 'No']
df['citoglipton'] = df['citoglipton'].map({'No': 0}) #['No']
df['insulin'] = df['insulin'].map({'Steady': 0, 'No': 1,'Down': 2, 'Up': 3}) #['Steady' 'No' 'Down' 'Up']
df['troglitazone'] = df['troglitazone'].map({'No': 0}) #['No']
df['glimepiride-pioglitazone'] = df['glimepiride-pioglitazone'].map({'No': 0}) #['No']
df['glyburide-metformin'] = df['glyburide-metformin'].map({'No': 0}) #['No']
df['metformin-pioglitazone'] = df['metformin-pioglitazone'].map({'No': 0}) #['No']
df['miglitol'] = df['miglitol'].map({'No': 0}) #['No']
df['glyburide'] = df['glyburide'].map({'No': 0, 'Steady': 1,'Up': 2, 'Down':3}) #['No' 'Steady' 'Up' 'Down']
df['tolazamide'] = df['tolazamide'].map({'No': 0}) #['No']
df['max_glu_serum'] = df['max_glu_serum'].map({'None': 0, 'Norm': 1,'>200': 2, '>300':3}) #['None' '>300' 'Norm' '>200']
df['nateglinide'] = df['nateglinide'].map({'No': 0, 'Steady': 1}) #['No' 'Steady']
```

Fonte: própria autor

Imagem 13. Atribuição valores variáveis restantes

```
df['metformin-rosiglitazone'] = df['metformin-rosiglitazone'].map({'No': 0}) #['No']
df['glimepiride'] = df['glimepiride'].map({'No': 0, 'Steady': 1,'Down': 2, 'Up': 3}) #['No' 'Steady' 'Down' 'Up']
df['metformin'] = df['metformin'].map({'No': 0, 'Steady': 1,'Up': 2, 'Down': 3}) #['No' 'Steady' 'Up' 'Down']
df['A1Cresult'] = df['A1Cresult'].map({'None': 0, 'Norm': 1,'>8': 2, '>7': 3}) #['None' 'Norm' '>8' '>7']
df['chlorpropamide'] = df['chlorpropamide'].map({'No': 0}) #['No']
df['acetohexamide'] = df['acetohexamide'].map({'No': 0}) #['No']
df['rosiglitazone'] = df['rosiglitazone'].map({'No': 0, 'Steady': 1})
df['glipizide'] = df['glipizide'].map({'Steady': 0, 'No': 1,'Up': 2, 'Down': 3})
df['acarbose'] = df['acarbose'].map({'No': 0, 'Steady': 1})
df['repaglinide'] = df['repaglinide'].map({'No': 0, 'Steady': 1,'Up': 2})
df['readmitted'] = df['readmitted'].map({'NO': 0, '<30': 1,'>30': 1})
df["gender"] = df['gender'].map({'Male': 0, 'Female': 1})
df["age"] = df['age'].map({'[0-10)': 0, '[10-20)': 1, '[20-30)': 2, '[30-40)': 3, '[40-50)': 4, '[50-60)': 5, '[60-70)': 6, '[70
df['race'] = df['race'].map({'Caucasian': 0, 'AfricanAmerican': 1,'Asian': 2, 'Hispanic': 3, 'Other': 4})
df["weight"] = df['weight'].map({'[0-25)': 0, '[25-50)': 1, '[50-75)': 2, '[75-100)': 3, '[100-125)': 4, '[125-150)': 5, '[150-1
```

Fonte: própria autor

Imagem 14. Atribuição valore patologias

```
Circulatory = np.arange(390,460).tolist() + [785]
Circulatory_str = [str(elemento) for elemento in Circulatory]

Respiratory = np.arange(460,520).tolist() + [786]
Respiratory_str = [str(elemento) for elemento in Respiratory]

Digestive = np.arange(520,580).tolist() + [787]
Digestive_str = [str(elemento) for elemento in Digestive]

Injury = np.arange(800,1000).tolist() + [786]
Injury_str = [str(elemento) for elemento in Injury]

Musculoskeletal = np.arange(710,740).tolist() + [786]
Musculoskeletal_str = [str(elemento) for elemento in Musculoskeletal]

Genitourinary = np.arange(580,630).tolist() +  [788]
Genitourinary_str = [str(elemento) for elemento in Genitourinary]

Neoplasms = np.arange(140,240).tolist()
Neoplasms_str = [str(elemento) for elemento in Neoplasms]
```

Fonte: própria autor

Para a categoria *diabetes*, como se inicia com o valor “250” atribui-se a seguinte lógica:

Imagem 15. Atribuição valor fixo de “250”

```
df.loc[df['diag_1'].str.startswith('250'), 'diag_1'] = 'Diabetes'
df.loc[df['diag_2'].str.startswith('250'), 'diag_2'] = 'Diabetes'
df.loc[df['diag_3'].str.startswith('250'), 'diag_3'] = 'Diabetes'
```

Fonte: própria autor

No código a seguir a lógica do preenchimento das colunas com as listas de patologias:

Imagem 16. Lista patologias

```
df.loc[df['diag_1'].isin(Circulatory_str), 'diag_1'] = 'Circulatory'
df.loc[df['diag_1'].isin(Respiratory_str), 'diag_1'] = 'Respiratory'
df.loc[df['diag_1'].isin(Digestive_str), 'diag_1'] = 'Digestive'
df.loc[df['diag_1'].isin(Injury_str), 'diag_1'] = 'Injury'
df.loc[df['diag_1'].isin(Musculoskeletal_str), 'diag_1'] = 'Musculoskeletal'
df.loc[df['diag_1'].isin(Genitourinary_str), 'diag_1'] = 'Genitourinary'
df.loc[df['diag_1'].isin(Neoplasms_str), 'diag_1'] = 'Neoplasms'

df.loc[df['diag_2'].isin(Circulatory_str), 'diag_2'] = 'Circulatory'
df.loc[df['diag_2'].isin(Respiratory_str), 'diag_2'] = 'Respiratory'
df.loc[df['diag_2'].isin(Digestive_str), 'diag_2'] = 'Digestive'
df.loc[df['diag_2'].isin(Injury_str), 'diag_2'] = 'Injury'
df.loc[df['diag_2'].isin(Musculoskeletal_str), 'diag_2'] = 'Musculoskeletal'
df.loc[df['diag_2'].isin(Genitourinary_str), 'diag_2'] = 'Genitourinary'
df.loc[df['diag_2'].isin(Neoplasms_str), 'diag_2'] = 'Neoplasms'

df.loc[df['diag_3'].isin(Circulatory_str), 'diag_3'] = 'Circulatory'
df.loc[df['diag_3'].isin(Respiratory_str), 'diag_3'] = 'Respiratory'
df.loc[df['diag_3'].isin(Digestive_str), 'diag_3'] = 'Digestive'
df.loc[df['diag_3'].isin(Injury_str), 'diag_3'] = 'Injury'
df.loc[df['diag_3'].isin(Musculoskeletal_str), 'diag_3'] = 'Musculoskeletal'
df.loc[df['diag_3'].isin(Genitourinary_str), 'diag_3'] = 'Genitourinary'
df.loc[df['diag_3'].isin(Neoplasms_str), 'diag_3'] = 'Neoplasms'
```

Fonte: própria autor

Para o preenchimento da coluna *outras* criou-se a lista *patology*, que contém as patologias e caso algum valor não esteja nas colunas, dentre os valores da lista, é preenchido com o valor *Other*. E também se exclui a coluna *encounter_id* que servia de chave para aplicar os cortes e manipulações no *dataframe*.

Imagem 17. Lista “Other”

```
patology = ["Circulatory","Respiratory","Digestive","Injury","Musculoskeletal","Genitourinary","Neoplasms"]

df.loc[~df['diag_1'].isin(patology), 'diag_1'] = 'Other'

df.loc[~df['diag_2'].isin(patology), 'diag_2'] = 'Other'

df.loc[~df['diag_3'].isin(patology), 'diag_3'] = 'Other'

colunas_excluidas_2 = ['encounter_id']

df = df.drop(colunas_excluidas_2, axis = 1)
```

Fonte: própria autor

Para a última etapa do tratamento, fazendo com que os dados estejam todos com valores numéricos, aplica-se o seguinte dicionário com valores respectivos:

Imagem 18. Iteração nas colunas *diag_1*, *diag_2* e *diag_3*

```
diags = ['diag_1','diag_2','diag_3']
for diag in diags:
    df[diag] = df[diag].map({'Circulatory': 0, 'Respiratory': 1,'Digestive': 2, 'Injury': 3
                , 'Musculoskeletal': 4, 'Genitourinary': 5, 'Neoplasms': 6, 'Other': 7})
```

Fonte: própria autor

E para confirmar que se a quantidade de valores unitários dentre as colunas *diag_1*, *diag_2* e *diag_3*, aplicou-se a seguinte lógica, obtendo-se o valor *true*:

Imagem 19. Verifica das colunas

```
len(df["diag_1"].unique()) == len(df["diag_2"].unique()) == len(df["diag_3"].unique())
True
```

Fonte: própria autor

Todo esse tratamento foi para obter-se uma base de dados sólida e que facultasse a aplicação dos algoritmos de *machine learning*. Ratificando mais uma vez que o *dataframe*, mesmo com a exclusão de valores nulos ou sem significado, contém mais de mil instâncias, possibilitando uma varredura satisfatória do algoritmo.

Imagem 20. *Dataframe*

```
df
```

	race	gender	age	weight	time_in_hospital	num_lab_procedures	num_procedures	num_medications	number_outpatient
27068	0	1	7	3	10	65	1	28	1
27128	0	0	8	2	6	73	0	16	0
27147	0	0	6	4	2	58	3	12	0
27186	0	0	4	3	3	33	0	7	4
27236	0	0	5	4	2	5	4	11	0
...	...	...	...	...	...	...	...	...	...
101238	1	0	7	3	1	69	1	20	0
101330	0	0	3	4	4	49	1	7	0
101340	0	0	6	4	3	48	0	11	0
101449	0	1	7	2	13	82	1	22	7
101456	1	0	6	3	2	53	4	14	0

1021 rows × 43 columns

Fonte: própria autor

4. Análise e Exploração dos Dados

A etapa de exploração baseia-se no uso de duas bibliotecas: *collections* e *matplotlib*. A *collections* possibilita tanto a contagem dos valores quanto cada evento selecionado aparece. Já a *matplotlib* permite a visualização gráfica das regras e valores selecionados.

Imagem 21. Importação biblioteca para análise

```
from collections import Counter
import matplotlib.pyplot as plt
```

Fonte: própria autor

Para uma exploração mais fidedigna concentrou-se em analisar características intrínsecas dos pacientes, como: gênero, peso, idade e raça. Sob esse ponto de vista verifica-se o comportamento, pela visibilidade gráfica, o comportamento também da variável alvo, *readmitted*.

Primeiramente no *dataframe* verificou-se a quantidade de valores pelas faixas atribuídas anteriormente no tratamento. Para isso pode utilizar da função *counter*,

importada anteriormente, e nela aplica-se o *slice* da variável a ser contada. Realizando essa contagem percebe-se que o número de pacientes que foram e os que não foram readmitidos estão com valores próximos.

Imagem 22. Contagem de atributos

```
gender = Counter(df["gender"])
gender
```

```
Counter({1: 508, 0: 513})
```

```
age = Counter(df["age"])
age
```

```
Counter({7: 305, 8: 171, 6: 255, 4: 68, 5: 177, 2: 18, 3: 25, 0: 1, 1: 1})
```

```
weight = Counter(df["weight"])
weight
```

```
Counter({3: 431, 2: 270, 4: 220, 5: 46, 1: 26, 6: 16, 7: 6, 0: 6})
```

```
readmitted = Counter(df["readmitted"])
readmitted
```

```
Counter({1: 572, 0: 449})
```

```
race = Counter(df["race"])
race
```

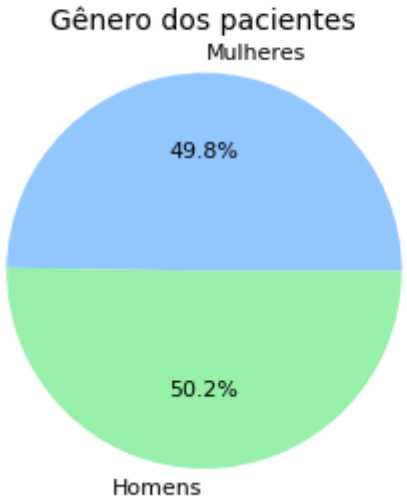
```
Counter({0: 977, 1: 30, 4: 13, 2: 1})
```

Fonte: própria autor

A seguir vê-se o gênero dos pacientes pelo gráfico de pizza, percebe-se também que há um valor equiparado. Com a leve presença masculina como pacientes, em torno de 50%.

Imagem 23. Gráfico divisão do sexo

```
plt.style.use('seaborn-pastel')
plt.pie(gender.values(), labels = ["Mulheres","Homens"],
autopct = '%1.1f%%', textprops={'fontsize': 11})
plt.axis("image")
plt.title("Gênero dos pacientes", fontsize=14,pad =12)
plt.show()
```



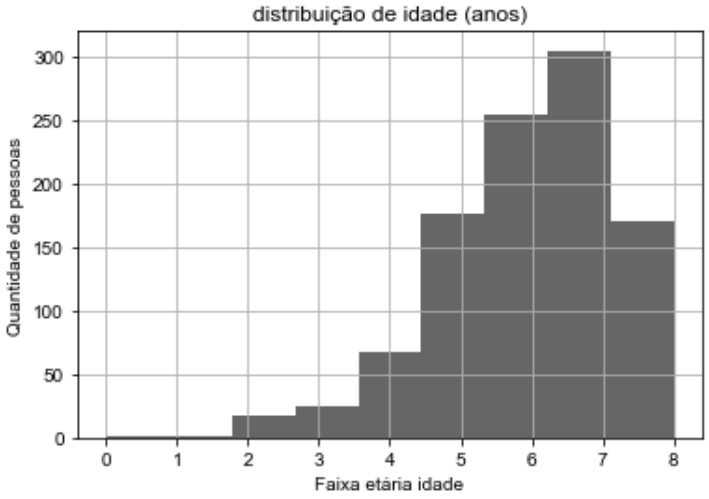
Fonte: própria autor

Outra característica discriminativa que pode ser obtida no conjunto de dados é a distribuição de valores na forma de histograma. Essa maneira ajuda a analisar onde se enquadram certas faixas de valores. No próximo histograma vê-se a distribuição de pessoas dentre os pacientes com uma faixa de idade mais avançada.

Imagem 24. Distribuição de idades

```
df.age.hist(bins=9, color = 'black', alpha = 0.6)
plt.style.use('seaborn-whitegrid')
plt.xlabel("Faixa etária idade")
plt.ylabel("Quantidade de pessoas")
plt.title("distribuição de idade (anos)")

plt.show()
```



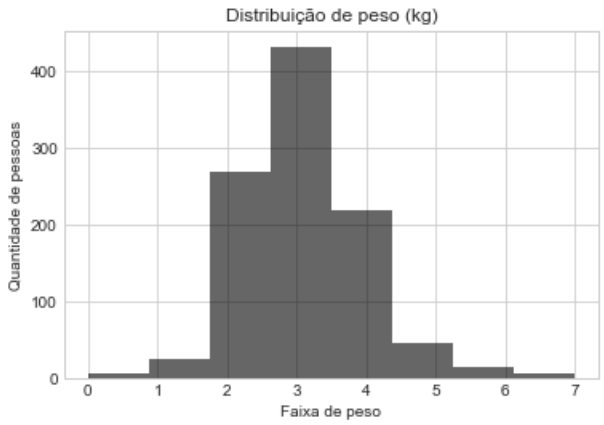
Fonte: própria autor

Outro fator importante de se analisar é a distribuição de peso, percebendo que houve um comportamento regular, enquadrando na curva normal, assim definido que a maior contração da faixa de peso dos pacientes está no valores centrais.

Imagem 25. Distribuição peso

```
df.weight.hist(bins=8, color = 'black', alpha = 0.6)
plt.style.use('seaborn-whitegrid')
plt.xlabel("Faixa de peso")
plt.ylabel("Quantidade de pessoas")
plt.title("Distribuição de peso (kg)")

plt.show()
```



Fonte: própria autor

Seguindo o mesmo modelo de raciocínio o *dataframe* foi divido em dois, com referência pela variável alvo, sendo: *df_readmitted* e o *df_no_readmitted*. O primeiro encontra-se valores de todas as variáveis de pacientes que foram readmitidos, o segundo os que não foram.

Imagem 26. Divisão do *dataframe*

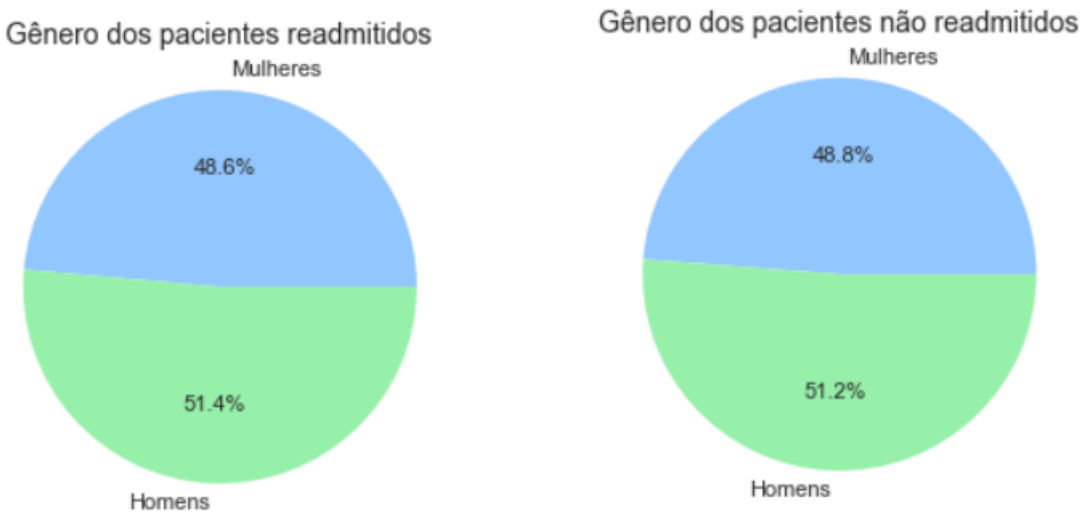
```
df_readmitted = df.loc[df['readmitted'] == 1 ]
```

```
df_not_readmitted = df.loc[df['readmitted'] == 0]
```

Fonte: própria autor

Com essa subdivisão conseguimos avaliar mais precisamente o comportamento da variável *target*, mostrando um comparativo entre os dois *dataframes*. A seguir compara-se o gênero dos pacientes, entre os readmitidos e não readmitidos. Percebe-se que a proporção entres os sexos está bem próxima, sendo que os homens predominam com a faixa de 51% em ambos os gráficos.

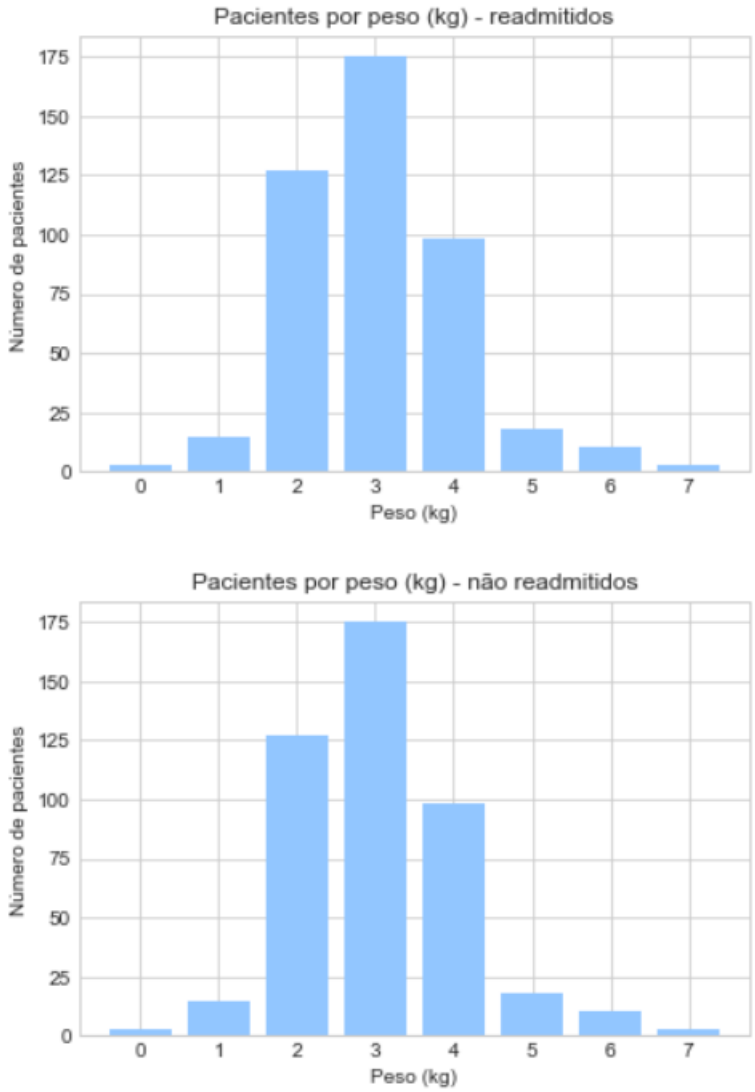
Imagem 27. Gênero por *dataframe*



Fonte: Própria autor

Também é possível analisar a destruição de peso entre os dois conjuntos de dados, analisando que paciente com uma faixa central de peso estão em predominância, que é em torno de 50 a 125 *pounds*.

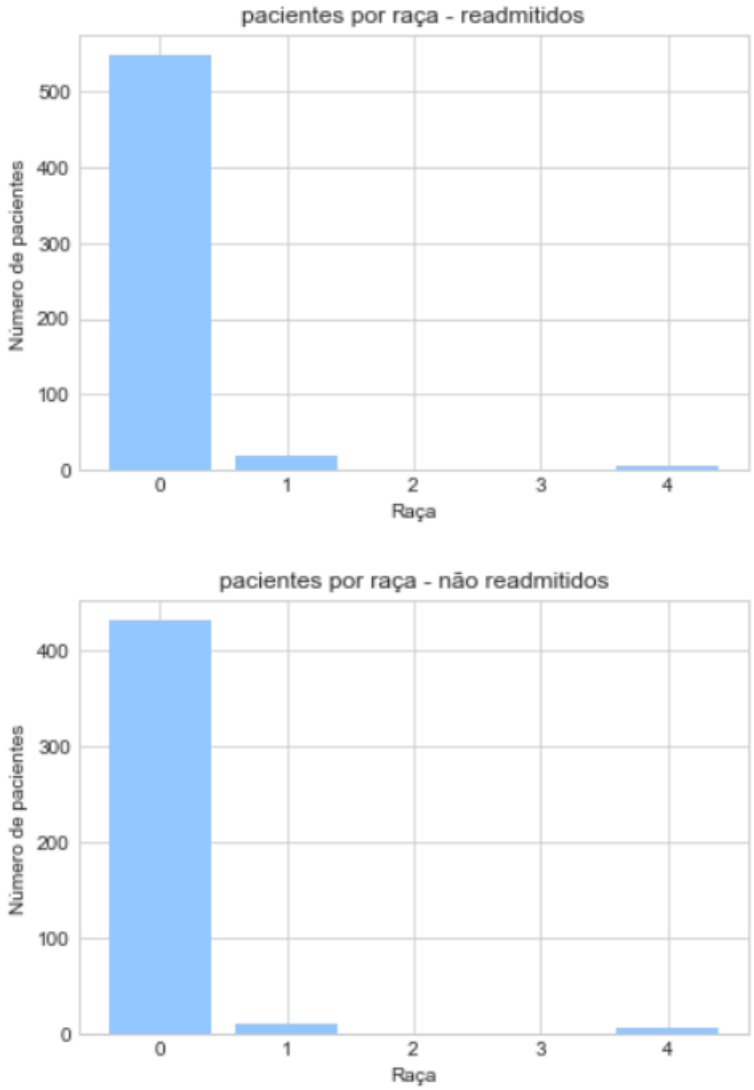
Imagem 28. Quantidade de peso dos pacientes por *datasets*



Fonte: própria autor

Outro fator interessante de se analisar é como se distribui as raças pelos pacientes, vendo que, segundo os dados, a maioria dos pacientes, readmitidos ou não, são declarados caucasianos.

Imagem 29. Quantidade de pacientes por raça nos *datasets*



Fonte: própria autor

5. Criação de Modelos de Machine Learning

Para essa parte do trabalho, a finalidade é a aplicar finalmente os algoritmos de *machine learning*, tendo a base de dados já tratada e analisada, possibilitando melhores parâmetros para verificar a variável alvo *readmitted*. Reforçando que tal variável implica o retorno ou não do paciente com diabetes devido a determinadas circunstâncias clínicas expostas do conjunto de dados.

Tendo a ideia primordial que é avaliar o retorno ou não, tende-se a aplicar o conceito de classificação e regressão. Tal conceito define-se a partir de bases definidas anteriormente e subdivide-se, ou classifica, em grupos ou subconjuntos, os valores de interesse, que se assemelham. Portanto a classificação dos pacientes pode ser analisada por esse viés, sabendo que ao fim do processo o interesse é definir os grupos de interesse de retorno ou não. Sendo o conceito básico de regressão que encontrar uma reta, tal qual se ajusta nos parâmetros observados.

Primeiramente aplicou-se o algoritmo K-Nearest Neighbors (KNN) ("O que é e como funciona o algoritmo KNN?". [6], sendo uma técnica de classificação de dados que calcula a probabilidade de um ponto de dados pertencer a um grupo ou outro com base nos pontos de dados mais próximos a ele. Este algoritmo é fácil de implementar, resistente a variações nos dados de treinamento e é eficaz quando lidando com grandes conjuntos de dados de treinamento. No entanto, uma desvantagem significativa do algoritmo é que ele requer muitos recursos computacionais para ser executado.

Outro algoritmo que se aplicou, dentro da ideia de classificação, foi o Naive Bayes ("O que é Naive Bayes e como funciona esse algoritmo de classificação", [7]). O algoritmo de Naive Bayes é construído sobre o teorema de Bayes, presumindo que cada par de valores seja independente. A característica fundamental deste algoritmo, que justifica a inclusão do termo "*naive*" (ingênuo) em seu nome, é a sua completa desconsideração da correlação existente entre as variáveis. As principais vantagens deste algoritmo incluem sua capacidade de estimar parâmetros com um volume de dados de treinamento relativamente pequeno e sua velocidade extremamente alta em relação a métodos mais sofisticados. No entanto, uma desvantagem significativa é que ele não é considerado um bom avaliador.

Por fim se usou o gradiente descendente ("Gradiente descendente", [8]). O algoritmo de gradiente descendente é um dos algoritmos mais bem-sucedidos em problemas de aprendizado de máquina, que funciona encontrando iterativamente os valores dos parâmetros que minimizam uma função de interesse. As principais vantagens deste algoritmo são sua eficiência e facilidade de implementação, no entanto, ele necessita de diversos hiper parâmetros e é sensível ao dimensionamento de recursos utilizados.

Adentrando-se nos pontos de análises principais para cada algoritmo acima citando, têm-se: acurácia, precisão, *recall* e *F1-score*. Acurácia sendo a quantidade de acertos dividido pelo total da amostra. Precisão resume-se ao acertos que realmente foram

verdadeiros, dentre os verdadeiros classificados, divido pelo total de verdadeiro positivos mais os falsos positivos. *Recall* são verdadeiros positivos divididos pelos mesmo, somando-se aos falsos negativos. E por fim o *F1-score*, média ponderada da precisão e acurácia.

A seguir define-se os *datasets* de treino e teste, além de importar as biblioteca do *sklearn* para análise, definindo o tamanho do teste para 30%.

Imagem 30. Importação e separação dos dados de treino e testes

```
from sklearn.model_selection import train_test_split
from sklearn.metrics import classification_report, accuracy_score

X = df.drop('readmitted',axis=1).values
y = df['readmitted'].values
X_train,X_test,y_train,y_test = train_test_split(X,y,test_size=0.3,random_state=0)
```

Fonte: própria autor

Após a definição dos *dataframes* de treinamento e teste e a escolha das medidas de avaliação, o próximo passo é a aplicação dos algoritmos previamente selecionados. O procedimento para todos eles serão o mesmo, começando pela importação do algoritmo correspondente e realizando o treinamento com a função *fit* nas duas bases de treinamento, seguido do registro da sua precisão com a função *score*. Em seguida, a função *predict* será utilizada na base de teste *X_teste* e sua saída será comparada com a série *y_teste*, gerando medidas de avaliação por meio das funções *accuracy_score* e *classification_report*.

Imagem 31. Algoritmo KNN

knn

```
from sklearn.neighbors import KNeighborsClassifier
knn = KNeighborsClassifier()
knn = knn.fit(X_train, y_train)
print("Acurácia: ", knn.score(X_train, y_train))
tp_knn = knn.predict(X_test)
print("Acurácia de previsão: ", accuracy_score(y_test, tp_knn))
print(classification_report(y_test, tp_knn))
```

```
Acurácia:  0.7058823529411765
Acurácia de previsão:  0.46579804560260585
              precision    recall  f1-score   support

           0       0.41      0.44      0.42       136
           1       0.52      0.49      0.50       171

    accuracy                           0.47       307
   macro avg       0.46      0.46      0.46       307
weighted avg       0.47      0.47      0.47       307
```

Fonte: própria autor

Imagem 32. Algoritmo Naive Bayes

bayes

```
from sklearn.naive_bayes import GaussianNB
from sklearn.metrics import accuracy_score, classification_report
nb = GaussianNB()
nb = nb.fit(X_train, y_train)
print("Acurácia: ", nb.score(X_train, y_train))
tp_nb = nb.predict(X_test)
print(classification_report(y_test, tp_nb))
```

```
Acurácia:  0.6386554621848739
              precision    recall  f1-score   support

           0       0.48      0.63      0.55       136
           1       0.61      0.46      0.53       171

    accuracy                           0.54       307
   macro avg       0.55      0.55      0.54       307
weighted avg       0.56      0.54      0.54       307
```

Fonte: própria autor

Imagem 33. Algoritmo Gradiente Descendente

gradiente descendente

```
from sklearn.linear_model import SGDClassifier
sgd = SGDClassifier()
sgd = sgd.fit(X_train, y_train)
print("Acurácia: ", sgd.score(X_train, y_train))
tp_sgd = sgd.predict(X_test)
print(classification_report(y_test, tp_sgd))
```

```
Acurácia:  0.6428571428571429
              precision    recall  f1-score   support

           0       0.52      0.43      0.47       136
           1       0.60      0.68      0.64       171

    accuracy                           0.57       307
   macro avg       0.56      0.56      0.55       307
weighted avg       0.56      0.57      0.56       307
```

Fonte: própria autor

6. Interpretação dos Resultados e Conclusão

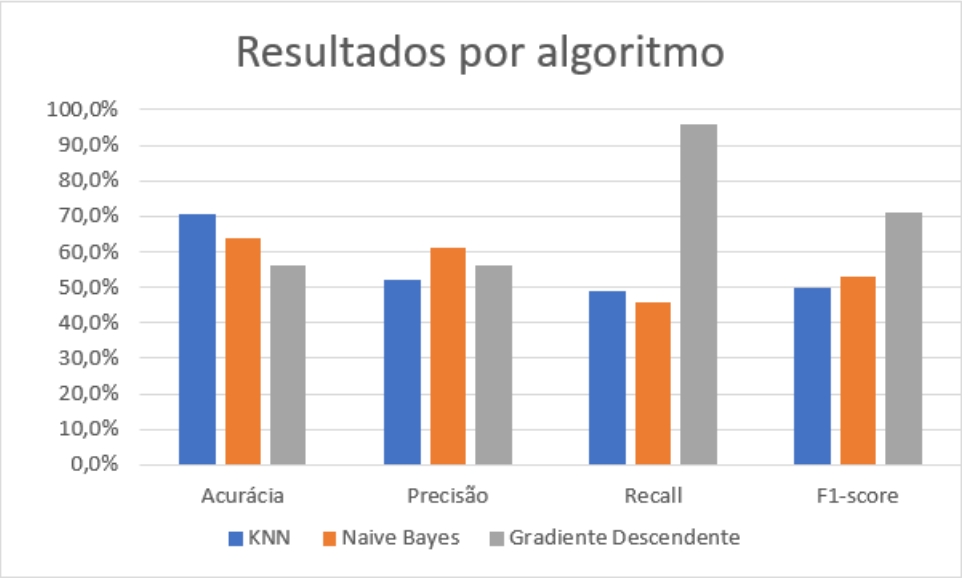
A seguir no quadro estão as principais métricas de cada algoritmo.

Imagem 34. Valores dos resultados dos algoritmos

Algoritmo	Acurácia	Precisão	Recall	F1-score
KNN	70,5%	52%	49%	50%
Naive Bayes	63,8%	61%	46%	53%
Gradiente Descendente	56,0%	56%	96%	71%

Fonte: própria autor

Imagem 35. Gráfico dos resultados por métrica



Fonte: própria autor

Percebe-se que o algoritmo KNN teve uma performance melhor em relação aos demais, nos valores de acurácia, 70,5 %. Já a melhor precisão foi do algoritmo Naive Bayes, alcançando 61 %. Já a pior média entre precisão e acurácia foi do modelo utilizando gradiente descendente.

Esses valores obtidos dão um norte programático em que se pode ajustar valores, modelagens e técnicas para se alcançar melhores resultados para a classificação dos pacientes. Logo dentre esses algoritmos é preferível trabalhar-se com o Naive Bayes e o KNN, podendo definir melhores métricas, uma quantidade ótima de vizinhos, entre outros fatores que contribuam para a performance.

Com isso podemos ter uma base teórica que os algoritmos de classificação apresentaram boa performance ao classificar se pacientes diabéticos podem ou não ter retorno ao hospital. Isso pode ser aplicado com ênfase na sociedade hospitalar, para que sirva de ferramenta médica, prevenindo e antecipando tratamentos.

7. Links

Aqui você deve disponibilizar os links para o vídeo com sua apresentação de 5 minutos e para o repositório contendo os dados utilizados no projeto, scripts criados, etc.

Vídeo:

https://www.youtube.com/watch?v=XyQwpdyMoqs

Github:

https://github.com/RodrigoLeite96/TCC-PUCMINAS-POS-GRADUACAO.git

REFERÊNCIAS

[1] **O que é Big Data?** Disponível em: <https://www.oracle.com/br/big-data/what-is-big-data/>. Acesso em: 30 mar. 2023.

[2] **O que é Machine Learning?** Disponível em: <https://www.oracle.com/br/artificial-intelligence/machine-learning/what-is-machine-learning/>. Acesso em: 30 mar. 2023.

[3] **Algoritmos de Classificação: o que são e como funcionam**. Disponível em: <https://awari.com.br/algoritmos-de-classificacao/?utm_source=blog>. Acesso em: 30 mar. 2023.

[4] **Diabetes 130-US hospitals for years 1999-2008 Data Set**. Disponível em: <https://archive.ics.uci.edu/ml/datasets/Diabetes+130-US+hospitals+for+years+1999-2008>. Acesso em: 30 mar. 2023.

[4] Strack, et al., 2014. **Impact of HbA1c Measurement on Hospital Readmission Rates: Analysis of 70,000 Clinical Database Patient Records.** Internacional, Hindawi Publishing Corporation, 2014.

[5] **Jupyter Project Documentation.** Disponível em: <https://docs.jupyter.org/en/latest/>. Acesso em: 30 mar. 2023.

[6] **O que é e como funciona o algoritmo KNN**? Disponível em: <https://didatica.tech/o-que-e-e-como-funciona-o-algoritmo-knn/#:~:text=O%20KNN%20%C3%A9%20muito%20utilizado,rela%C3%A7%C3%A3o%20aos%20vizinhos%20mais%20pr%C3%B3ximos.>. Acesso em: 30 mar. 2023.

[7] **O que é Naive Bayes e como funciona esse algoritmo de classificação.** Disponível em: <https://rockcontent.com/br/blog/naive-bayes/>. Acesso em: 30 mar. 2023.

[8] **Gradiente descendente**. Disponível em: <https://pt.d2l.ai/chapter_optimization/gd.html>. Acesso em: 30 mar. 2023.

APÊNDICE

Programação/Scripts

```
#importação das bibliotecas para leitura e exploração
import pandas as pd
import requests
from zipfile import ZipFile
from io import BytesIO
import numpy as np
pd.set_option('display.max_columns', None)

response = requests.get("https://archive.ics.uci.edu/ml/machine-learning-
databases/00296/dataset_diabetes.zip")
files = ZipFile(BytesIO(response.content))
df = pd.read_csv(files.open("dataset_diabetes/diabetic_data.csv"))

#variavel para pegar as colunas do df em fomra de lista
cols = df.columns

#variavel para selecionar colunas numéricas do df
num_cols = df._get_numeric_data().columns

#variavel que diminui as colunas numéricas das colunas, obtendo-se as colunas categóricas
cat_col = list(set(cols) - set(num_cols))

#laço for para valores únicos categóricos
for coluna in cat_col:
   print(coluna + str(df[coluna].unique()) + '\n')

#laço for para valores únicos numéricos
for col in num_cols:
   print( str(type(col)) + col + str(df[col].unique()) + '\n')

#valores a serem excluídos
drop_values = ["?","Unknown/Invalid"]
```

```
#lógica para excluir linhas que possuem valores na lista drop_values
df = df[~df.isin(drop_values).any(axis=1)]

cols = df.columns

#variavel para selecionar colunas numéricas do df
num_cols = df._get_numeric_data().columns

#variavel que diminui as colunas numéricas das colunas, obtendo-se as colunas categóricas
cat_col = list(set(cols) - set(num_cols))

#laço for para valores únicos categóricos
for coluna in cat_col:
   print(coluna + str(df[coluna].unique()) + '\n')

#laço for para valores únicos numéricos
for col in num_cols:
   print( str(type(col)) + col + str(df[col].unique()) + '\n')

df.shape

#lista para colunas a serem excluídas
colunas_excluidas = ['payer_code'
,'medical_specialty'
,'admission_type_id'
,'admission_source_id'
,'discharge_disposition_id'
,'patient_nbr']

df = df.drop(colunas_excluidas, axis = 1)

#colunas diagnoticos para o tipo string
df['diag_1'] = df['diag_1'].astype(pd.StringDtype())
df['diag_2'] = df['diag_2'].astype(pd.StringDtype())
df['diag_3'] = df['diag_3'].astype(pd.StringDtype())



#atribuição do diconarioa de valores para equalizar numericamente as variaveis
```

```
df['glipizide-metformin'] = df['glipizide-metformin'].map({'No': 0}) #['No']
df['change'] = df['change'].map({'No': 0, 'Ch': 1}) #['Ch' 'No']
df['tolbutamide'] = df['tolbutamide'].map({'No': 0}) #['No']
df['examide'] = df['examide'].map({'No': 0}) #['No']
df['pioglitazone'] = df['pioglitazone'].map({'No': 0, 'Steady': 1,'Up': 2, 'Down': 3}) #['No' 'Steady' 'Up' 'Down']
df['diabetesMed'] = df['diabetesMed'].map({'No': 0, 'Yes': 1}) #['Yes' 'No']
df['citoglipton'] = df['citoglipton'].map({'No': 0}) #['No']
df['insulin'] = df['insulin'].map({'Steady': 0, 'No': 1,'Down': 2, 'Up': 3}) #['Steady' 'No' 'Down' 'Up']
df['troglitazone'] = df['troglitazone'].map({'No': 0}) #['No']
df['glimepiride-pioglitazone'] = df['glimepiride-pioglitazone'].map({'No': 0}) #['No']
df['glyburide-metformin'] = df['glyburide-metformin'].map({'No': 0}) #['No']
df['metformin-pioglitazone'] = df['metformin-pioglitazone'].map({'No': 0}) #['No']
df['miglitol'] = df['miglitol'].map({'No': 0}) #['No']
df['glyburide'] = df['glyburide'].map({'No': 0, 'Steady': 1,'Up': 2, 'Down':3}) #['No' 'Steady' 'Up' 'Down']
df['tolazamide'] = df['tolazamide'].map({'No': 0}) #['No']
df['max_glu_serum'] = df['max_glu_serum'].map({'None': 0, 'Norm': 1,'>200': 2, '>300':3}) #['None' '>300'
'Norm' '>200']
df['nateglinide'] = df['nateglinide'].map({'No': 0, 'Steady': 1}) #['No' 'Steady']
df['metformin-rosiglitazone'] = df['metformin-rosiglitazone'].map({'No': 0}) #['No']
df['glimepiride'] = df['glimepiride'].map({'No': 0, 'Steady': 1,'Down': 2, 'Up': 3}) #['No' 'Steady' 'Down' 'Up']
df['metformin'] = df['metformin'].map({'No': 0, 'Steady': 1,'Up': 2, 'Down': 3}) #['No' 'Steady' 'Up' 'Down']
df['A1Cresult'] = df['A1Cresult'].map({'None': 0, 'Norm': 1,'>8': 2, '>7': 3}) #['None' 'Norm' '>8' '>7']
df['chlorpropamide'] = df['chlorpropamide'].map({'No': 0}) #['No']
df['acetohexamide'] = df['acetohexamide'].map({'No': 0}) #['No']
df['rosiglitazone'] = df['rosiglitazone'].map({'No': 0, 'Steady': 1})
df['glipizide'] = df['glipizide'].map({'Steady': 0, 'No': 1,'Up': 2, 'Down': 3})
df['acarbose'] = df['acarbose'].map({'No': 0, 'Steady': 1})
df['repaglinide'] = df['repaglinide'].map({'No': 0, 'Steady': 1,'Up': 2})
df['readmitted'] = df['readmitted'].map({'NO': 0, '<30': 1,'>30': 1})
df["gender"] = df['gender'].map({'Male': 0, 'Female': 1})
df["age"] = df['age'].map({'[0-10)': 0, '[10-20)': 1, '[20-30)': 2, '[30-40)': 3, '[40-50)': 4, '[50-60)': 5, '[60-70)': 6,
'[70-80)': 7, '[80-90)': 8, '[90-100': 9})
df["age"] = df['age'].map({'[0-10)': 0, '[10-20)': 1, '[20-30)': 2, '[30-40)': 3, '[40-50)': 4, '[50-60)': 5, '[60-70)': 6,
'[70-80)': 7, '[80-90)': 8, '[90-100': 9})
df['race'] = df['race'].map({'Caucasian': 0, 'AfricanAmerican': 1,'Asian': 2, 'Hispanic': 3, 'Other': 4})
df["weight"] = df['weight'].map({'[0-25)': 0, '[25-50)': 1, '[50-75)': 2, '[75-100)': 3, '[100-125)': 4, '[125-150)': 5,
'[150-175)': 6, '[175-200)': 7})
```

```
df[df['age'].isnull()]
df = df.dropna()
df.shape

#lista de atribuição das patologias
Circulatory = np.arange(390,460).tolist() + [785]
Circulatory_str = [str(elemento) for elemento in Circulatory]

Respiratory = np.arange(460,520).tolist() + [786]
Respiratory_str = [str(elemento) for elemento in Respiratory]

Digestive = np.arange(520,580).tolist() + [787]
Digestive_str = [str(elemento) for elemento in Digestive]

Injury = np.arange(800,1000).tolist() + [786]
Injury_str = [str(elemento) for elemento in Injury]

Musculoskeletal = np.arange(710,740).tolist() + [786]
Musculoskeletal_str = [str(elemento) for elemento in Musculoskeletal]

Genitourinary = np.arange(580,630).tolist() +  [788]
Genitourinary_str = [str(elemento) for elemento in Genitourinary]

Neoplasms = np.arange(140,240).tolist()
Neoplasms_str = [str(elemento) for elemento in Neoplasms]

Other = np.arange(240,250).tolist() + np.arange(251,280).tolist() +
[780,781,784,790,791,792,793,794,795,796,797,798,799]
Other_str = [str(elemento) for elemento in Other]

#atribuição das patologias dentre as colunas de diagnostico
df.loc[df['diag_1'].str.startswith('250'), 'diag_1'] = 'Diabetes'
df.loc[df['diag_2'].str.startswith('250'), 'diag_2'] = 'Diabetes'
df.loc[df['diag_3'].str.startswith('250'), 'diag_3'] = 'Diabetes'

df.loc[df['diag_1'].isin(Circulatory_str), 'diag_1'] = 'Circulatory'
df.loc[df['diag_1'].isin(Respiratory_str), 'diag_1'] = 'Respiratory'
df.loc[df['diag_1'].isin(Digestive_str), 'diag_1'] = 'Digestive'
```

```
df.loc[df['diag_1'].isin(Injury_str), 'diag_1'] = 'Injury'
df.loc[df['diag_1'].isin(Musculoskeletal_str), 'diag_1'] = 'Musculoskeletal'
df.loc[df['diag_1'].isin(Genitourinary_str), 'diag_1'] = 'Genitourinary'
df.loc[df['diag_1'].isin(Neoplasms_str), 'diag_1'] = 'Neoplasms'

df.loc[df['diag_2'].isin(Circulatory_str), 'diag_2'] = 'Circulatory'
df.loc[df['diag_2'].isin(Respiratory_str), 'diag_2'] = 'Respiratory'
df.loc[df['diag_2'].isin(Digestive_str), 'diag_2'] = 'Digestive'
df.loc[df['diag_2'].isin(Injury_str), 'diag_2'] = 'Injury'
df.loc[df['diag_2'].isin(Musculoskeletal_str), 'diag_2'] = 'Musculoskeletal'
df.loc[df['diag_2'].isin(Genitourinary_str), 'diag_2'] = 'Genitourinary'
df.loc[df['diag_2'].isin(Neoplasms_str), 'diag_2'] = 'Neoplasms'

df.loc[df['diag_3'].isin(Circulatory_str), 'diag_3'] = 'Circulatory'
df.loc[df['diag_3'].isin(Respiratory_str), 'diag_3'] = 'Respiratory'
df.loc[df['diag_3'].isin(Digestive_str), 'diag_3'] = 'Digestive'
df.loc[df['diag_3'].isin(Injury_str), 'diag_3'] = 'Injury'
df.loc[df['diag_3'].isin(Musculoskeletal_str), 'diag_3'] = 'Musculoskeletal'
df.loc[df['diag_3'].isin(Genitourinary_str), 'diag_3'] = 'Genitourinary'
df.loc[df['diag_3'].isin(Neoplasms_str), 'diag_3'] = 'Neoplasms'

patology = ["Circulatory","Respiratory","Digestive","Injury","Musculoskeletal","Genitourinary","Neoplasms"]

df.loc[~df['diag_1'].isin(patology), 'diag_1'] = 'Other'
df.loc[~df['diag_2'].isin(patology), 'diag_2'] = 'Other'
df.loc[~df['diag_3'].isin(patology), 'diag_3'] = 'Other'

#verificação da atribuiçãode valores
colunas_excluidas_2 = ['encounter_id']
df = df.drop(colunas_excluidas_2, axis = 1)
len(df["diag_1"].unique()) == len(df["diag_2"].unique()) == len(df["diag_3"].unique())

#laço for para atribuição
diags = ['diag_1','diag_2','diag_3']
for diag in diags:
    df[diag] = df[diag].map({'Circulatory': 0, 'Respiratory': 1,'Digestive': 2, 'Injury': 3
            , 'Musculoskeletal': 4, 'Genitourinary': 5, 'Neoplasms': 6, 'Other': 7})
```

```
df['age'] = df['age'].astype(int)

#importação da biblioteca para plotagem e exploração
from collections import Counter
import matplotlib.pyplot as plt

#slice das variaveis
gender = Counter(df["gender"])
gender
age = Counter(df["age"])
age
weight = Counter(df["weight"])
weight
readmitted = Counter(df["readmitted"])
readmitted
race = Counter(df["race"])
race

plt.style.use('seaborn-pastel')
plt.pie(gender.values(), labels = ["Mulheres","Homens"],
autopct = '%1.1f%%', textprops={'fontsize': 11})
plt.axis("image")
plt.title("Gênero dos pacientes", fontsize=14,pad =12)
plt.show()

df.age.hist(bins=9, color = 'black', alpha = 0.6)
plt.style.use('seaborn-whitegrid')
plt.xlabel("Faixa etária idade")
plt.ylabel("Quantidade de pessoas")
plt.title("distribuição de idade (anos)")
plt.show()

df.weight.hist(bins=8, color = 'black', alpha = 0.6)
plt.style.use('seaborn-whitegrid')
plt.xlabel("Faixa de peso")
plt.ylabel("Quantidade de pessoas")
plt.title("Distribuição de peso (kg)")
plt.show()
```

```
#slice dataframe pela variavel target
df_readmitted = df.loc[df['readmitted'] == 1 ]
df_not_readmitted = df.loc[df['readmitted'] == 0]

#slice do genero nos dataframes
gender_not_readmitted = Counter(df_not_readmitted["gender"])
gender_not_readmitted
gender_readmitted = Counter(df_readmitted["gender"])
gender_readmitted

plt.style.use('seaborn-pastel')
plt.pie(gender_readmitted.values(), labels = ["Mulheres","Homens"],
autopct = '%1.1f%%', textprops={'fontsize': 11})
plt.axis("image")
plt.title("Gênero dos pacientes readmitidos", fontsize=14,pad =12)
plt.show()

plt.style.use('seaborn-pastel')
plt.pie(gender_not_readmitted.values(), labels = ["Mulheres","Homens"],
autopct = '%1.1f%%', textprops={'fontsize': 11})
plt.axis("image")
plt.title("Gênero dos pacientes não readmitidos", fontsize=14,pad =12)
plt.show()

race_readmitted = Counter(df_readmitted["race"])
race_readmitted
race_not_readmitted = Counter(df_not_readmitted["race"])
race_not_readmitted
weight_readmitted = Counter(df_not_readmitted["weight"])
weight_readmitted
weight_not_readmitted = Counter(df_not_readmitted["weight"])
weight_not_readmitted

plt.style.use('seaborn-whitegrid')
plt.bar(['M','F'], gender_readmitted.values())
plt.ylabel('Número de pacientes')
```

```
plt.xlabel('Raça')
plt.title('pacientes por sexo - readmitidos')
plt.show()

plt.style.use('seaborn-whitegrid')
plt.bar(['M','F'], gender_not_readmitted.values())
plt.ylabel('Número de pacientes')
plt.xlabel('Raça')
plt.title('pacientes por sexo - não readmitidos')
plt.show()

plt.style.use('seaborn-whitegrid')
plt.bar(list(race_readmitted.keys()), race_readmitted.values())
plt.ylabel('Número de pacientes')
plt.xlabel('Raça')
plt.title('pacientes por raça - readmitidos')
plt.show()

plt.style.use('seaborn-whitegrid')
plt.bar(list(race_not_readmitted.keys()), race_not_readmitted.values())
plt.ylabel('Número de pacientes')
plt.xlabel('Raça')
plt.title('pacientes por raça - não readmitidos')
plt.show()

plt.style.use('seaborn-whitegrid')
plt.bar(['M','F'], gender_readmitted.values())
plt.ylabel('Número de pacientes')
plt.xlabel('Raça')
plt.title('pacientes por sexo - readmitidos')
plt.show()

plt.style.use('seaborn-whitegrid')
plt.bar(['M','F'], gender_not_readmitted.values())
plt.ylabel('Número de pacientes')
plt.xlabel('Raça')
plt.title('pacientes por sexo - não readmitidos')
plt.show()
```

```
plt.style.use('seaborn-whitegrid')
plt.bar(list(weight_readmitted.keys()), weight_readmitted.values())
plt.ylabel('Número de pacientes')
plt.xlabel('Peso (kg)')
plt.title('Pacientes por peso (kg) - readmitidos')
plt.show()

plt.style.use('seaborn-whitegrid')
plt.bar(list(weight_not_readmitted.keys()), weight_not_readmitted.values())
plt.ylabel('Número de pacientes')
plt.xlabel('Peso (kg)')
plt.title('Pacientes por peso (kg) - não readmitidos')
plt.show()

#importação das bibliotecas do sklearn
from sklearn.model_selection import train_test_split
from sklearn.metrics import classification_report, accuracy_score

#separação dados de treinno e teste
X = df.drop('readmitted',axis=1).values
y = df['readmitted'].values
X_train,X_test,y_train,y_test = train_test_split(X,y,test_size=0.3,random_state=0)

#aplicação algoritmo KNN
from sklearn.neighbors import KNeighborsClassifier
knn = KNeighborsClassifier()
knn = knn.fit(X_train, y_train)
print("Acurácia: ", knn.score(X_train, y_train))
tp_knn = knn.predict(X_test)
print("Acurácia de previsão: ", accuracy_score(y_test, tp_knn))
print(classification_report(y_test, tp_knn))
from sklearn.metrics import precision_score, accuracy_score, recall_score, f1_score
print(f"Accuracy: {round(accuracy_score(y_test, tp_knn), 2)}")
print(f"Precision: {round(precision_score(y_test, tp_knn), 2)}")
print(f"Recall: {round(recall_score(y_test, tp_knn), 2)}")
print(f"F1_score: {round(f1_score(y_test, tp_knn), 2)}")
```

```
#aplicação algoritmo Naive Bayes
from sklearn.naive_bayes import GaussianNB
from sklearn.metrics import accuracy_score, classification_report
nb = GaussianNB()
nb = nb.fit(X_train, y_train)
print("Acurácia: ", nb.score(X_train, y_train))
tp_nb = nb.predict(X_test)
print(classification_report(y_test, tp_nb))
from sklearn.metrics import precision_score, accuracy_score, recall_score, f1_score
print(f"Accuracy: {round(accuracy_score(y_test, tp_nb), 2)}")
print(f"Precision: {round(precision_score(y_test, tp_nb), 2)}")
print(f"Recall: {round(recall_score(y_test, tp_nb), 2)}")
print(f"F1_score: {round(f1_score(y_test, tp_nb), 2)}")

#aplicação algoritmo gradiente descendente
from sklearn.linear_model import SGDClassifier
sgd = SGDClassifier()
sgd = sgd.fit(X_train, y_train)
print("Acurácia: ", sgd.score(X_train, y_train))
tp_sgd = sgd.predict(X_test)
print(classification_report(y_test, tp_sgd))
from sklearn.metrics import precision_score, accuracy_score, recall_score, f1_score
print(f"Accuracy: {round(accuracy_score(y_test, tp_sgd), 2)}")
print(f"Precision: {round(precision_score(y_test, tp_sgd), 2)}")
print(f"Recall: {round(recall_score(y_test, tp_sgd), 2)}")
print(f"F1_score: {round(f1_score(y_test, tp_sgd), 2)}")
```