

# Trabalho final - Victor Henrique Silva Ribeiro

## Dados de dor crônica

June 9, 2023

Repositório com o código desenvolvido para realizar o trabalho  
(<https://github.com/VictorHenrique317/ml-projeto-final>)

```
[56]: import pandas as pd
from sklearn.model_selection import train_test_split
from sklearn.preprocessing import LabelEncoder
from sklearn.neural_network import MLPClassifier
from sklearn.impute import SimpleImputer
import numpy as np
from IPython.core.display import Image
from sklearn.metrics import accuracy_score
from sklearn.feature_selection import SelectKBest
from sklearn.feature_selection import f_classif
from sklearn.model_selection import cross_val_score
from sklearn.model_selection import KFold
from sklearn.metrics import log_loss
# %pip install xgboost
import matplotlib.pyplot as plt
import xgboost as xgb
from xgboost import plot_importance
import os
import shutil
from sklearn.preprocessing import StandardScaler
from sklearn.ensemble import RandomForestClassifier
```

Definindo os diferentes conjuntos de features. - X\_questions são as perguntas feitas para o paciente durante a consulta. - X\_drugs são os remédios que o paciente toma. - X é a junção de X\_Questions e X\_drugs. - X\_random é um conjunto de features aleatórias.

```
[57]: data = pd.read_csv('data.csv')

X_questions = data.iloc[:, 2:182] # As duas primeiras colunas são irrelevantes
↳ (id e data de nascimento)
X_questions = X_questions.drop('date_visit', axis=1) # Data de visita não é
↳ relevante
X_questions = X_questions.drop(X_questions.columns[[46, 133, 158, 161]],
↳ axis=1) # Essas colunas são constantes
```

```

X_drugs = data.iloc[:, 185:]
X_drugs = X_drugs.drop(X_drugs.columns[[50,51,61,92,101,111,114,121,137,140,141,
                                         142,143,148,151,152]], axis=1) # Essas
    ↪colunas são constantes

X_random = np.random.rand(X_questions.shape[0], 1) # Para comparar a performance
    ↪do modelo

X = np.concatenate((X_questions, X_drugs), axis=1) # A junção das duas tabelas
X = pd.DataFrame(X)

```

Extraindo as 3 diferentes variáveis que indicam se o paciente teve melhora ou não

```

[58]: Y = data.iloc[:, 182:185]

y_vas30 = Y.iloc[:, 0:1].values.ravel()
y_vas50 = Y.iloc[:, 1:2].values.ravel()
y_gic = Y.iloc[:, 2:3].values.ravel()

```

Nesse ponto temos 3 targets diferentes, temos que decidir qual faz mais sentido usar. Pensei que não faria sentido usar uma delas e ignorar o resto, então decidi criar uma nova variável que leva em consideração as 3 diferentes avaliações de melhora (2 do paciente e uma do médico).

Primeiro criei `y_perceived`, que é a melhora percebida pelo paciente. Ela é definida como a disjunção entre `y_vas30` e `y_vas50` pois quero captar qualquer tipo de melhora percebida pelo paciente, seja ela pequena ou grande.

```

[59]: y_perceived = np.logical_or(y_vas30, y_vas50)
      y_perceived = y_perceived.astype(int)

```

E finalmente o target (`y`) é definido como a interseção entre melhora percebida e GIC, pois o paciente deve perceber alguma melhora e o médico deve concordar, esse é o cenário mais conservador possível.

```

[60]: y = np.logical_and(y_perceived, y_gic)
      y = y.astype(int)
      y = pd.DataFrame(y)

```

Porém, ao fazer isso a distribuição dos dados fica desbalanceada, apenas 15% dos exemplos são de pacientes que melhoraram segundo nossa nova variável `y`.

Faz sentido a porcentagem de casos positivos ser baixa em `y`, pois como dito em nossa reunião a maior parte dos pacientes que sofrem com dor crônica não apresentam melhora.

```

[61]: print(f"A porcentagem de casos positivos em y_gic é {(np.sum(y_gic)/y_gic.
    ↪shape[0])*100:.2f}%")
      print(f"A porcentagem de casos positivos em y_vas30 é {(np.sum(y_vas30)/y_vas30.
    ↪shape[0])*100:.2f}%")
      print(f"A porcentagem de casos positivos em y_vas50 é {(np.sum(y_vas50)/y_vas50.
    ↪shape[0])*100:.2f}%")

```

```

print()
print(f"A porcentagem de casos positivos em y_perceived é {(np.sum(y_perceived)/
↳y_perceived.shape[0])*100:.2f}%")
print(f"A porcentagem de casos positivos em y é {(np.sum(y.values)/y.
↳shape[0])*100:.2f}%")

```

A porcentagem de casos positivos em y\_gic é 28.96%  
A porcentagem de casos positivos em y\_vas30 é 43.84%  
A porcentagem de casos positivos em y\_vas50 é 35.84%

A porcentagem de casos positivos em y\_perceived é 43.84%  
A porcentagem de casos positivos em y é 15.04%

Então para tornar o modelo igualmente habilidoso tanto na predição de casos negativos, quanto na predição de casos positivos é necessário remover alguns casos negativos para que a distribuição dos dados seja mais equilibrada.

Essa decisão tem um efeito adverso óbvio, o modelo terá uma menor qualidade devido a quantidade reduzida de dados. Porém, acredito que por se tratar de um modelo de grande responsabilidade (por atuar na área da saúde), ele deveria em tese identificar com a mesma confiabilidade tanto os casos positivos quanto os negativos para que não haja injustiças.

```

[62]: # Achando os indices das linhas que tem y=0
zero_rows = y.index[(y == 0).all(axis=1)]
# Selecionando aleatoriamente uma porcentagem dessas linhas para deletar
delete_rows = np.random.choice(zero_rows, size=int(len(zero_rows)/1.2),
↳replace=False)

# Deletando as linhas selecionadas de todos os conjuntos de features
X = X.drop(delete_rows)
X_drugs = X_drugs.drop(delete_rows)
X_questions = X_questions.drop(delete_rows)
X_random = np.delete(X_random, delete_rows, axis=0)

# Deletando as linhas selecionadas de todos os conjuntos targets
y_gic = np.delete(y_gic, delete_rows)
y_vas30 = np.delete(y_vas30, delete_rows)
y_vas50 = np.delete(y_vas50, delete_rows)
y_perceived = np.delete(y_perceived, delete_rows)
y = np.delete(y, delete_rows)

print(X.shape)
print(X_questions.shape)
print(X_drugs.shape)
print(y.shape)

```

(183, 312)  
(183, 175)

(183, 137)

(183,)

Pre-processamento dos dados

```
[63]: # Codificando as variáveis categóricas
le = LabelEncoder()
for col in X_questions.columns:
    if X_questions[col].dtype == 'bool':
        X_questions[col] = le.fit_transform(X_questions[col])

for col in X_drugs.columns:
    if X_drugs[col].dtype == 'bool':
        X_drugs[col] = le.fit_transform(X_drugs[col])

for col in X.columns:
    if X[col].dtype == 'bool':
        X[col] = le.fit_transform(X[col])

# Imputando os valores que faltam
imp = SimpleImputer(strategy='mean')
imp.fit(X_questions)
X_questions = imp.transform(X_questions)

imp = SimpleImputer(strategy='mean')
imp.fit(X_drugs)
X_drugs = imp.transform(X_drugs)

imp = SimpleImputer(strategy='mean')
imp.fit(X)
X = imp.transform(X)

# Normalizando os dados
scaler = StandardScaler()
X = scaler.fit_transform(X)
X_drugs = scaler.fit_transform(X_drugs)
X_questions = scaler.fit_transform(X_questions)
X_random = scaler.fit_transform(X_random)
```

Definindo as funções que irão treinar os diferentes algoritmos que selecionei. Os erros de teste são calculados usando Cross-Validation com 5 “folds” para serem uma melhor aproximação do erro esperado, as acuracias dos modelos também são registradas durante a validação cruzada.

Selecionei dois algoritmos que não precisam de muitos dados o XGBoosting e a RandomForest, e pela curiosidade também treinei MLP’s que naturalmente precisam de mais dados somente para comparar os resultados.

```
[64]: def trainClassifier(X, y, clf, print_accuracy=False):
    kf = KFold(n_splits=5)
```

```

empirical_losses = []
test_losses = []
empirical_accuracies = []
test_accuracies = []

for train_indices, test_indices in kf.split(X):
    X_train, X_test = X[train_indices], X[test_indices]
    y_train, y_test = y[train_indices], y[test_indices]

    clf.fit(X_train, y_train) # classificador generico

    empirical_loss = log_loss(y_train, clf.predict(X_train))
    test_loss = log_loss(y_test, clf.predict(X_test))

    empirical_accuracy = clf.score(X_train, y_train)
    test_accuracy = clf.score(X_test, y_test)

    empirical_losses.append(empirical_loss)
    test_losses.append(test_loss)

    empirical_accuracies.append(empirical_accuracy)
    test_accuracies.append(test_accuracy)

empirical_loss = np.mean(empirical_losses)
test_loss = np.mean(test_losses)

empirical_accuracy = np.mean(empirical_accuracies) * 100
test_accuracy = np.mean(test_accuracies) * 100

if print_accuracy:
    print(f"empirical_accuracy: {empirical_accuracy: .2f}% | test_accuracy: {test_accuracy: .2f}% ")

return (empirical_loss, test_loss)

def trainXGBBoostingClassifier(X, y, max_depth=0, gamma=0.0,
    print_accuracy=False, print_importance=False):
    clf = xgb.XGBClassifier(max_depth=max_depth, gamma=gamma, eta=0.01,
    min_child_weight=1, subsample=0.8,
        colsample_bytree=0.8, scale_pos_weight=1)

    if print_importance:
        clf.fit(X, y)
        feat_imp = pd.Series(clf.get_booster().get_fscore())
        feat_imp.index = pd.Index(feat_imp.index)
        feat_imp.sort_values(ascending=False, inplace=True)

```

```

        feat_imp.plot(kind='bar', title='Importância da feature', width=0.8,
↳ figsize=(20,10))
        plt.ylabel('Avaliação de importância da feature')

        return trainClassifier(X, y, clf, print_accuracy)

def trainMLPClassifier(X, y, hidden_layer_size=0, print_accuracy=False):
    clf = MLPClassifier(hidden_layer_sizes=(hidden_layer_size,), solver='sgd',
↳ learning_rate_init=0.01,
                        max_iter=2000, verbose=False)
    return trainClassifier(X, y, clf, print_accuracy)

def trainRandomForestClassifier(X, y, max_depth=0, print_accuracy=False):
    clf = clf = RandomForestClassifier(n_estimators=1000, max_depth=max_depth)
    return trainClassifier(X, y, clf, print_accuracy)

def createPlotDir(alg_name):
    if not os.path.exists(f"plots"):
        os.mkdir(f"plots")

    if not os.path.exists(f"plots/{alg_name}"):
        os.mkdir(f"plots/{alg_name}/")

def savePlot(data, alg_name, filename):
    x = sorted(data.keys())
    empirical_losses = [data[key][0] for key in x]
    test_losses = [data[key][1] for key in x]

    legend = ['test loss', 'empirical loss']
    plt.ylim((0,30))
    plt.grid()
    plt.plot(x, test_losses, color='blue', linestyle='dashed')
    plt.plot(x, empirical_losses, color='blue')
    plt.legend(legend)

    plt.savefig(f'plots/{alg_name}/{filename}.png')
    plt.clf()

```

Agora é a fase de seleção de modelos, para cada combinação (algoritmo, conjunto de features) plotei o gráfico de erro x capacidade para identificar o nível ideal de complexidade e o conjunto de features que é mais adequado para a classificação.

- A medida de complexidade para as MLP's de 3 camadas é o número de neurônios na camada oculta.
- A medida de complexidade para as Random Forests é a profundidade máxima das árvores (classificadores individuais).
- A medida de complexidade para o XGBoost é a profundidade máxima das árvores (classificadores individuais).

```
[ ]: def plotCapacityGraphsForMLP(X, y, filename, max_neuron_nb):
    createPlotDir('mlp')

    data = dict()
    for neuron_nb in range(1, max_neuron_nb+1, 10):
        print(f"{{(neuron_nb/max_neuron_nb)*100:.2f}}%...", end="\r")
        (empirical_loss, test_loss) = trainMLPClassifier(X, y,
        ↪hidden_layer_size=neuron_nb)
        data[neuron_nb] = (empirical_loss, test_loss)

    savePlot(data, 'mlp', filename)

max_neuron_nb = 200
plotCapacityGraphsForMLP(X, y, "x", max_neuron_nb)
plotCapacityGraphsForMLP(X_questions, y, "x_questions", max_neuron_nb)
plotCapacityGraphsForMLP(X_drugs, y, "x_drugs", max_neuron_nb)
plotCapacityGraphsForMLP(X_random, y, "x_random", max_neuron_nb)
```

```
[ ]: def plotCapacityGraphsForXGBoost(X, y, filename, max_depth,
    ↪print_accuracy=False):
    gamma = 0
    createPlotDir('xgboost')

    data = dict()
    for depth in range(1, max_depth+1):
        print(f"{{(depth/max_depth)*100:.2f}}%...", end="\r")
        (empirical_loss, test_loss) = trainXGBBoostingClassifier(X, y,
        ↪max_depth=depth, gamma=gamma, print_accuracy=print_accuracy)
        data[depth] = (empirical_loss, test_loss)

    savePlot(data, 'xgboost', filename)

max_depth = 10
plotCapacityGraphsForXGBoost(X, y, "x", max_depth) # Adicionar X_drugs parece
    ↪não ter efeito
plotCapacityGraphsForXGBoost(X_questions, y, "x_questions", max_depth,
    ↪print_accuracy=False) # Resultado diferente do aleatorio mas ainda sim
plotCapacityGraphsForXGBoost(X_drugs, y_gic, "x_drugs", max_depth) # X_drugs
    ↪parece ter nenhum poder preditivo
plotCapacityGraphsForXGBoost(X_random, y, "x_random", max_depth,
    ↪print_accuracy=False)
```

```
[46]: def plotCapacityGraphsForRandomForest(X, y, filename, max_depth):
    gamma = 0
    createPlotDir('random_forest')
```

```

data = dict()
for depth in range(1, max_depth+1):
    print(f"{{(depth/max_depth)*100:.2f}}%...", end="\r")
    (empirical_loss, test_loss) = trainRandomForestClassifier(X, y,
↪max_depth=depth)
    data[depth] = (empirical_loss, test_loss)

savePlot(data, 'random_forest', filename)

max_depth = 20
plotCapacityGraphsForRandomForest(X, y, "x", max_depth)
plotCapacityGraphsForRandomForest(X_questions, y, "x_questions", max_depth)
plotCapacityGraphsForRandomForest(X_drugs, y, "x_drugs", max_depth)
plotCapacityGraphsForRandomForest(X_random, y, "x_random", max_depth)

```

100.00%...

<Figure size 640x480 with 0 Axes>

Selecionei o XGBoost pois ele tem resultados ligeiramente melhores (menor erro de teste e maior acuracia) que os da random forest, e alem disso ele tem mais hiperparâmetros para ajustar a qualidade do modelo. Como esperado o desempenho da MLP é baixo e não consistente ao longo dos diferentes níveis de complexidade.

O ajuste de hiperparâmetros nesse contexto não é muito relevante, já que a qualidade geral dos modelos é bem baixa devido ao pequeno número de dados.

Comparei os diferentes modelos primeiro considerando apenas o conjunto de features X, depois de selecionado o modelo podemos ver como os diferentes conjuntos de features afetam a capacidade preditiva.

```

[66]: _ = trainRandomForestClassifier(X, y, max_depth=3, print_accuracy=True)
      _ =trainRandomForestClassifier(X_random, y, max_depth=3, print_accuracy=True)

```

```

empirical_accuracy: 81.97% | test_accuracy: 58.92%
empirical_accuracy: 69.80% | test_accuracy: 48.11%

```

```

[65]: _ = trainXGBBoostingClassifier(X, y, max_depth=3, gamma=0.7,
↪print_accuracy=True, print_importance=False)
      _ = trainXGBBoostingClassifier(X_random, y, max_depth=3, gamma=0.7,
↪print_accuracy=True)

```

```

empirical_accuracy: 81.69% | test_accuracy: 60.08%
empirical_accuracy: 69.12% | test_accuracy: 46.97%

```

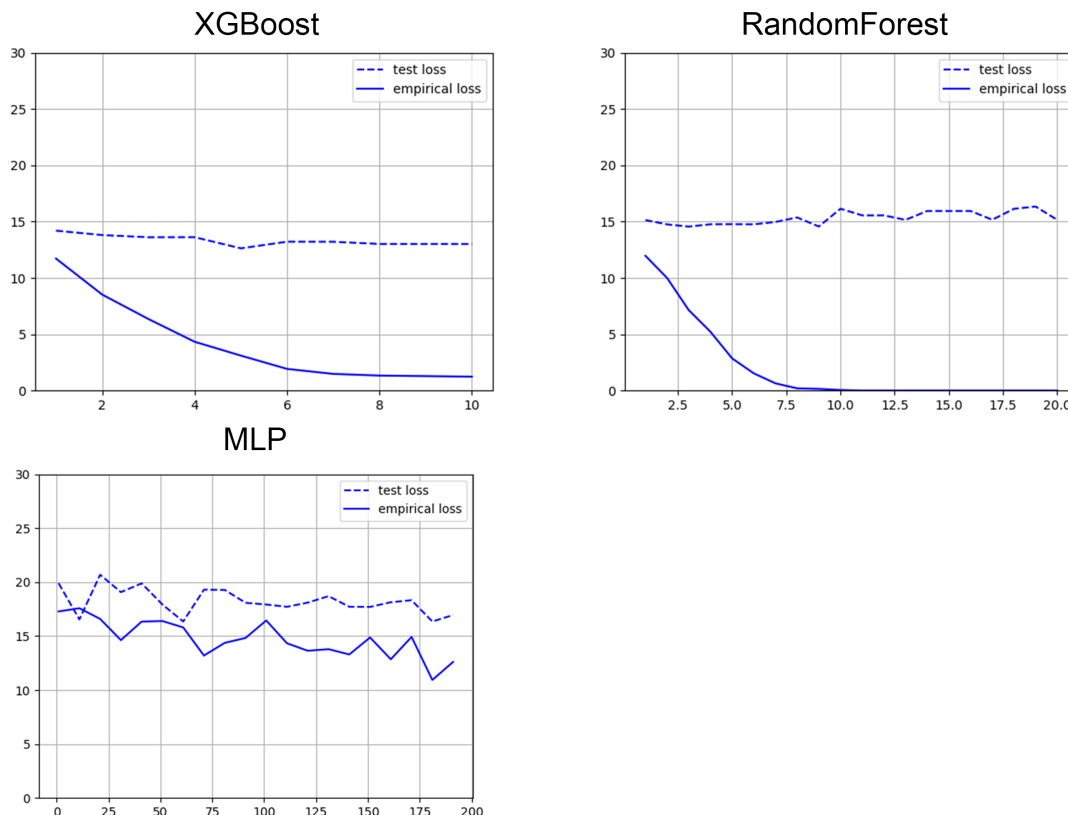
```

[48]: Image(filename='plots/manual/models_capacity_x.jpg')

```

[48]:





Agora que selecionamos o melhor modelo podemos analisar como os diferentes conjuntos de features afetam a capacidade preditiva. Para fins comparação gerei `X_random`, um conjunto de features aleatórias que nos permite ver o quão menor o erro de teste de cada conjunto está em relação ao erro de teste gerado a partir de valores aleatórios.

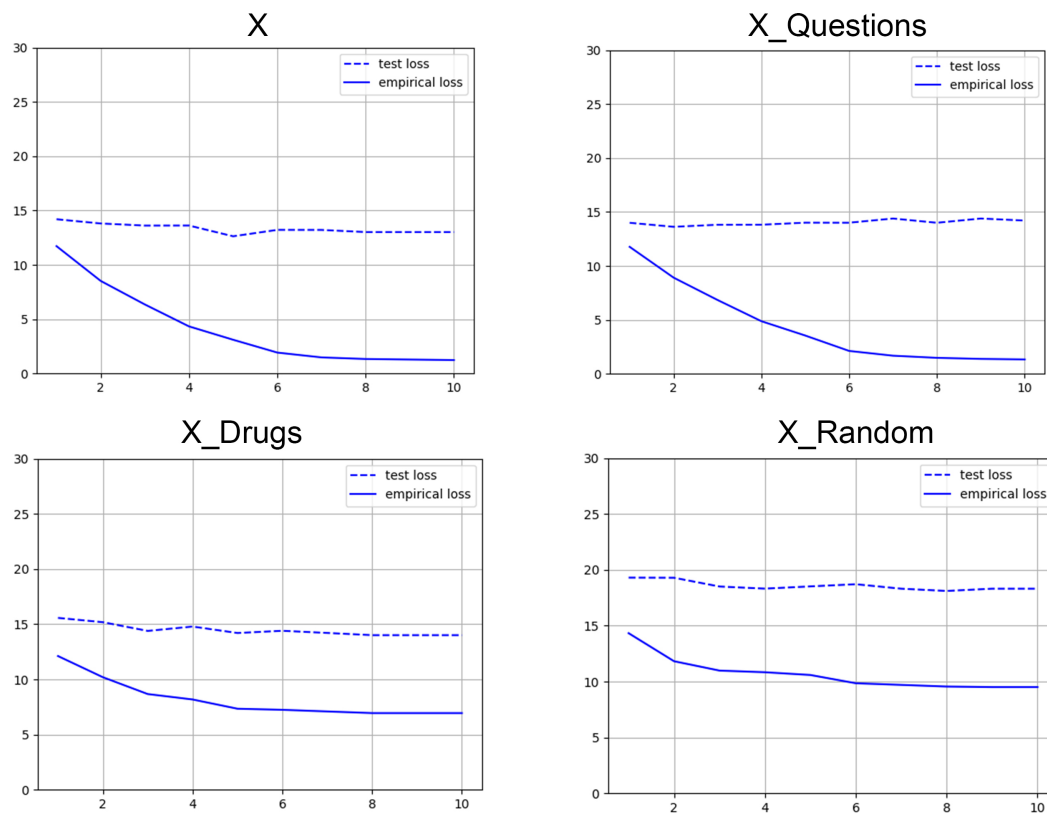
`X_questions` e `X_drugs` geram um desempenho semelhante, porém `x_questions` gera resultados levemente melhores. Quando usamos todas as features disponíveis (`X`) temos o melhor modelo por uma faixa bem pequena.

Com esses resultados não conseguimos afirmar com certeza se os remédios que o paciente toma podem ser usados para prever se ele vai ter uma melhora em sua dor crônica ou não. Isso porque o melhor desempenho do modelo que usa o conjunto `X` pode ser explicado tanto pela presença das features de remédios quanto pelo aumento da dimensionalidade dos dados. Lembrando que quanto maior a dimensionalidade dos dados maior a chance do modelo ser linearmente separável, e por consequência ter um melhor desempenho.

Porém, não podemos esquecer do fato que o modelo que usa `X_drugs` é tão bom quanto o que usa `X_questions`. Isso pode ser um indício que os remédios tem sim alguma capacidade preditiva, já que já foi comprovado que `X_questions` pode ser usado para fazer essa predição (como discutido em nossa reunião).

[68]: `Image(filename='plots/manual/xgboost_features.jpg')`

[68] :



Conclusão: Mais dados são necessários para afirmar responsavelmente se os remédios predizem (ou não) a melhora dos pacientes, principalmente dados de casos positivos.