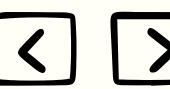


Sobre os dados





165 registos e 50 atributos



32 mulheres + 133 homens

63 morreram

idade média: 65 anos

maioria +60 anos

mais novo: 27 anos

sintomas: 79%

alcool: 76%

cirrose: 99%

maioria 1 ou 5 nódulos

lesões fígado: 100%

102 viveram

idade média: 63 anos

mais novo: 20 anos

mais velho: 93 anos

sintomas: 43%

alcool: 73%

cirrose: 91%

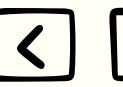
maioria 1 ou 5 nódulos

lesões fígado: 63%

Divisão do dataframe em atributos específicos

Será interessante encontrar um padrão e analisar que combinações entre atributos podem tornar mais ou menos provável a sobrevivência do paciente. Contudo, queremos entrar por outras vertentes e também analisar diferenças entre homens e mulheres, grupos etários, obesidade vs. não obesidade

LIMPEZA DOS DADOS

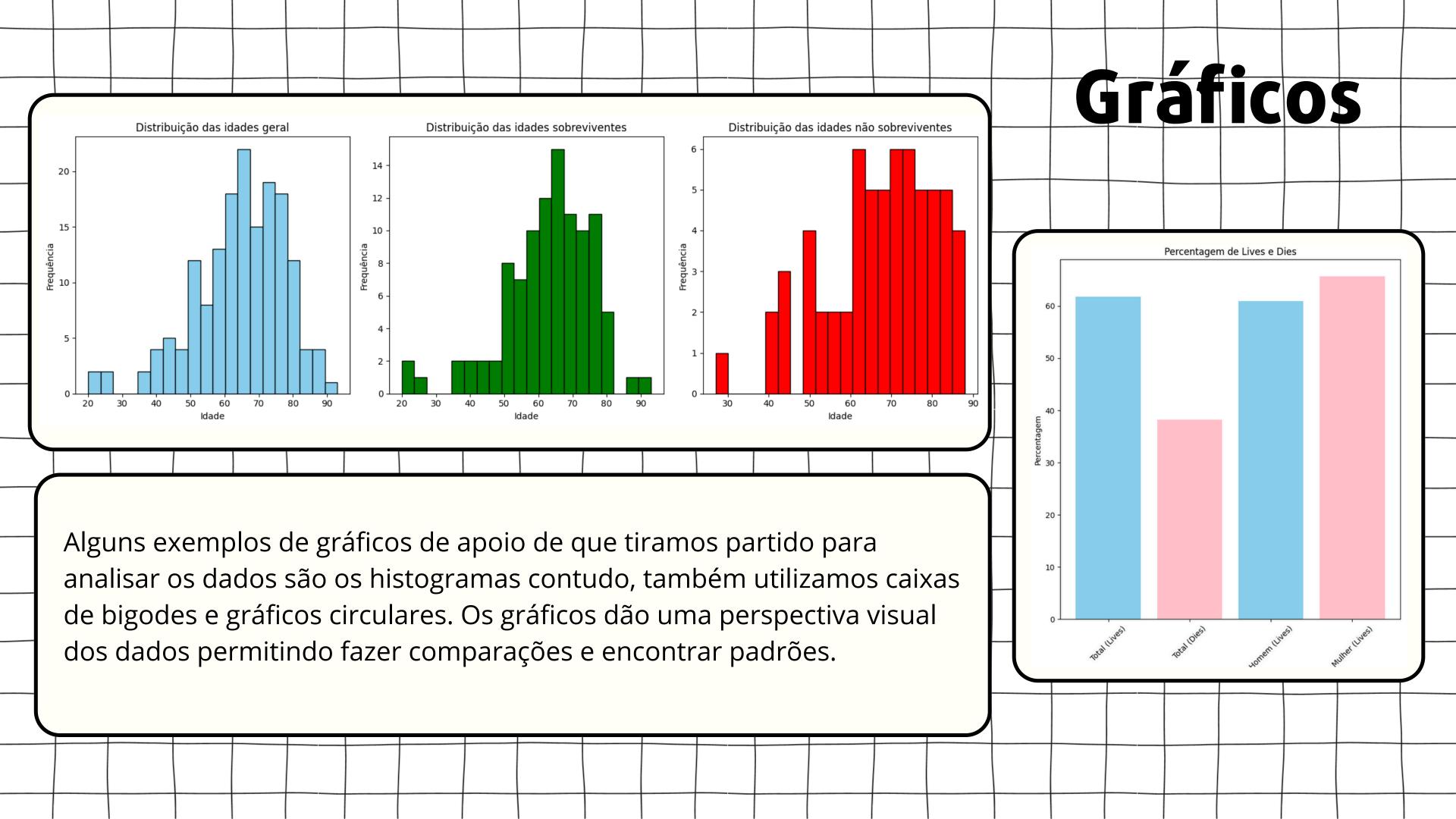




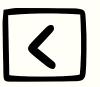
Inicialmente, reparámos na existência de bastantes atributos nulos, o que não permitia a construção do modelo e, por isso aplicamos uma limpeza aos dados para utilizar aqueles que realmente fossem importantes.

Para isso fizemos os seguintes passos:

- 1. Listamos os atributos numéricos e categóricos
- 2. Tornamos os atributos numéricos em float, pois o python estava a reconhecê-los como object
- 3. Filtramos aqueles que tinham mais de 20% de missing values
- 4. Transformamos os 'None' para 0
- 5. Verificamos se ainda haviam missing values, ou 'None', ou duplicados



Pré-Processamento



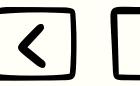


Antes de avançarmos para o modelo é necessário que preparemos os dados, de forma que o modelo seja bem aplicado e possamos assim treiná-lo de forma a ser o mais eficaz possível para, desta forma, tirarmos as melhores conclusões do dados observados.

Neste sentido, seguimos os seguintes passos:

- 1. Codificamos as variáveis categóricas 'Yes' ou 'No' para 0 ou 1
- 2. Utilizamos o KNNImputer para substituir os valores vazios pelo "vizinho mais próximo", já que o modelo não os permite
- 3. Eliminamos atributos sem variância
- 4. Removemos atributos redundantes (que estavam fortemente correlacionados com outros já utilizados)

Árvore de decisão



Definimos os features e a classe que era o alvo do estudo ('Class'):

X = df[atributos]

Y = df['Class']

X_train, X_test, Y_train, Y_test = train_test_split(X, Y, test_size=0.3, stratify=Y)

clf = DecisionTreeClassifier(max_leaf_nodes=5, criterion='gini', random_state=0)

clf.fit(X_train, Y_train)

Utilizamos a classe **DecisionTreeClassifier** do scikit-learn para construir o modelo de árvore de decisão e especificamos o critério de divisão ('gini') e o número máximo de nós (max_leaf_nodes=5) para controlar o crescimento da árvore. Realizamos previsões no conjunto de treino e teste e avaliamos o desempenho do modelo através da matriz de confusão.

Matrizes de confusão





As matrizes de confusão são tabelas que permitem visualizar o desempenho de um modelo de classificação. Foram então utilizadas para avaliar o desempenho do modelo de classificação, tanto nos dados de treino quanto nos dados de teste. Avaliamos assim 'precisian', 'negative_precisian', 'sensitivity' e 'accuracy' que tem os seguintes resultados:

Vida prevista Morte prevista

Vida de facto 65 6

Morte de facto 18 26

precisian: 0.7831325301204819

negative_precisian: 0.8125

sensitivity: 0.9154929577464789

specifity: 0.5909090909090909

accuracy: 0.7913043478260869

