Laboratoire de Mathématiques et Modélisation d'Évry

Licence Mathématiques & Applications

Rapport de stage : 2017/2018

L'apprentissage profond sur MIMIC-III : Prédiction de la mortalité sous 24 h

---

Auteur :
Ayoub Abraich

Encadrante :
Pr. Agathe Guilloux

2 juin 2018

Remerciements

Je tiens à remercier toutes les personnes qui ont contribué au succès de mon stage et qui m'ont aidé lors de la rédaction de ce rapport.

Tout d'abord,je tiens à remercier vivement mon maitre de stage, Madame Agathe Guilloux, responsable de M2 Data Science de l'université Evry val d'Essonne et Adjointe à la direction du LaMME , pour son accueil, le temps passé ensemble et le partage de son expertise au quotidien. Grâce aussi à sa confiance j'ai pu m'accomplir totalement dans mes missions. Elle fut d'une aide précieuse dans les moments les plus délicats.

J'adresse mes chaleureux remerciements à tous mes enseignants, qui m'ont aidé tout au long de l'année.

Enfin, je tiens à remercier toutes les personnes qui m'ont aidé et conseillé et relu lors de la rédaction de ce rapport de stage : ma famille,mes camarades de classe et mes amis : Mohammed Amine Moukadiri (CentraleSupelec), El Mehdi Bouchouat , Lahoucine Mouttaki , Mohammed Amin Soumih et Mehdi Izermine (UPMC) et Merci également et mes excuses à ceux et celles que j'aurais oublié de mentionner. Merci !

Table des matières

Introduction

Les unités de soins intensifs (USI) offrent un soutien aux patients les plus gravement malades dans un hôpital . Les patients sont étroitement surveillés au sein de l'unité de soins intensifs pour aider à la détection précoce et la correction de la détérioration avant qu'elle ne devienne fatale. Quantifier la santé des patients et prédire les résultats futurs est un domaine important de la recherche en soins intensifs. L'un des résultats les plus pertinents pour l'unité de soins intensifs est la mortalité des patients, qui a mené de nombreuses études vers l'élaboration de modèles de prévision de la mortalité. Généralement, les chercheurs cherchent à améliorer les mesures de performance publiées précédemment, telles que la sensibilité et la spécificité, mais d'autres objectifs peuvent inclure une meilleure interprétation du modèle et une nouvelle extraction de caractéristiques. [RL Kane]

Les progrès récents dans l'apprentissage automatique et le réseautage hospitalier ont facilité l'élaboration des meilleurs modèles de prédiction en utilisant des données granulaires plus détaillées. Cependant, interpréter des études qui rapportent des progrès dans la performance de la prédiction de la mortalité est souvent un défi, parce que la comparaison à l'identique est empêchée par le degré élevé d'hétérogénéité entre les études. Par exemple, les approches peuvent différer pour les critères d'exclusion, le nettoyage des données, la création d'ensembles de formation et de test etc , ce qui ne permet pas de déterminer clairement où les améliorations de performances ont été obtenues.

Dans de nombreux domaines de l'apprentissage automatique, des grands ensembles de données tels que ImageNet ont facilité l'analyse comparative et la comparaison entre les études. La clé de ces ensembles de données est qu'ils sont accessibles aux chercheurs, ce qui permet de partager du code et des données pour créer des études reproductibles. Les obstacles au partage de données tels que l'anonymisation des données et éventuellement d'autres obstacles potentiels classés en six catégories : technique, motivationnel, économique, politique, juridique et éthique [van Panhuis WG1], dans les soins de santé ont limité l'accessibilité des données cliniques hautement granulaires et avec beaucoup de patients ont largement empêché la publication d'études reproductibles. Depuis le 2 séptembre 2016 (v1.4) avec des ensembles de données librement disponibles tels que le Medical Information Mart for Intensive Care (MIMIC-III) [Johnson AEW] sont réalisables .

L'utilisation de modèles de prédiction de la mortalité pour évaluer les soins intensifs dans leur ensemble a été couronnée de succès, tant pour identifier les politiques utiles que pour comparer les populations de patients. Toutefois, afin de concentrer les contributions à l'état de l'art en matière de prédiction de la mortalité, il devrait être clair où la performance est acquise et des gains supplémentaires pourraient être réalisés. [Alistair E. W. Johnson]

Ce projet décrit la fouille de données sur la base MIMIC-III . L'objectif est de prédire le décès à l'hôpital sur la base MIMIC III.
On va suivre dans ce projet le processus Knowledge Discovery in Databases (KDD) qui est :

1. Sélection et extraction d'un ensemble de données de séries chronologiques multivariées à partir d'une base de données de rangées de millons en écrivant des requêtes SQL.
2. Prétraiter et nettoyer la série chronologique en un ensemble de données bien rangé en explorant les données, en gérant les données manquantes (taux de données manquantes$>$ 50%) et en supprimant le bruit / les valeurs aberrantes.
3. Développement d'un modèle prédictif permettant d'associer aux séries chronologiques biomédicales un indicateur de gravité (probabilité de mortalité) en mettant en œuvre plusieurs algorithmes tels que l'arbre de décision gradient boost et le k-NN (k-nearest neighbors) avec l'algorithme DTW (Dynamic time warping).
4. Résultat de 30% d'augmentation du score F1 (mesure de la précision d'un test) par rapport à l'indice de notation médical (SAPS II).

Dans cette étude on se base principalement sur les articles : [Sanjay Purushotham], [Wong], [Sheth], [Guilloux] et les codes sur MIMIC Code Repository [Johnson].

Chapitre 1

Exploration et analyse des données

1.1 Données MIMIC-III

1.1.1 Description de MIMIC-III

MIMIC III est une base de données de soins critiques accessible au public, mise à jour par le Laboratoire de physiologie computationnelle du Massachusetts Institute of Technology (MIT). Cette base de données intègre des données cliniques détaillées et non identifiées de patients admis dans une unité de soins intensifs du Beth Israel Deaconess Medical Center (BIDMC) à Boston, Massachusetts, entre 2001 et 2012. MIMIC-III contient des données associées à 53 423 hospitalisations distinctes pour les patients adultes (âgés de 15 ans ou plus) et 7870 nouveau-nés admis à l'USI au BIDMC.

1.1.2 Création de MIMIC-III dans une base locale Postgres

Les détails de création sont sur le site officiel : `https://mimic.physionet.org/tutorials/install-mimic-locally-ubuntu/`
Après avoir installé la base de données MIMIC-III, nous calculons le score SAPS-II en utilisant les données de la base de données.

Le score physiologique aigu simplifié (SAPS) II est utilisé comme modèle de référence. SAPS II est l'un des scores d'acuité largement appliqué dans les études cliniques [Wong]. Il est basé sur 12 variables physiologiques dans les 24 premières heures d'admission aux soins intensifs et l'état de santé à l'admission des patients .

Le code permettant de créer la vue matérialisée pour le score SAPS-II à partir de MIMIC-III est disponible dans GitHub. [Johnson]

1.2 Définition du problème de l'apprentissage

L'objectif est de prédire le décès à l'hôpital (défini comme positif lorsque la durée du séjour à l'hôpital est plus long que le temps de survie) sur la base d'un petit sous-ensemble de données de l'USI :

— les 24 premières heures du premier séjour en unité de soins intensifs
— 15 mesures

Les étapes nécessaires pour atteindre l'objectif sont :

1. Téléchargez les données MIMIC-III
2. Construire une base de données MIMIC-III PostgreSQL locale
3. Définir la cohorte
4. Prétraitement des données
5. Former les classificateurs pour prédire la mort à l'hôpital
6. Comparer les résultats

Comme on veut prédire la mortalité cedée sous forme binaire par la variable *ihd* définie après : C'est un problème de classification supervisé .
On résume les étapes suivies pour cette étude dans le schéma suivant :

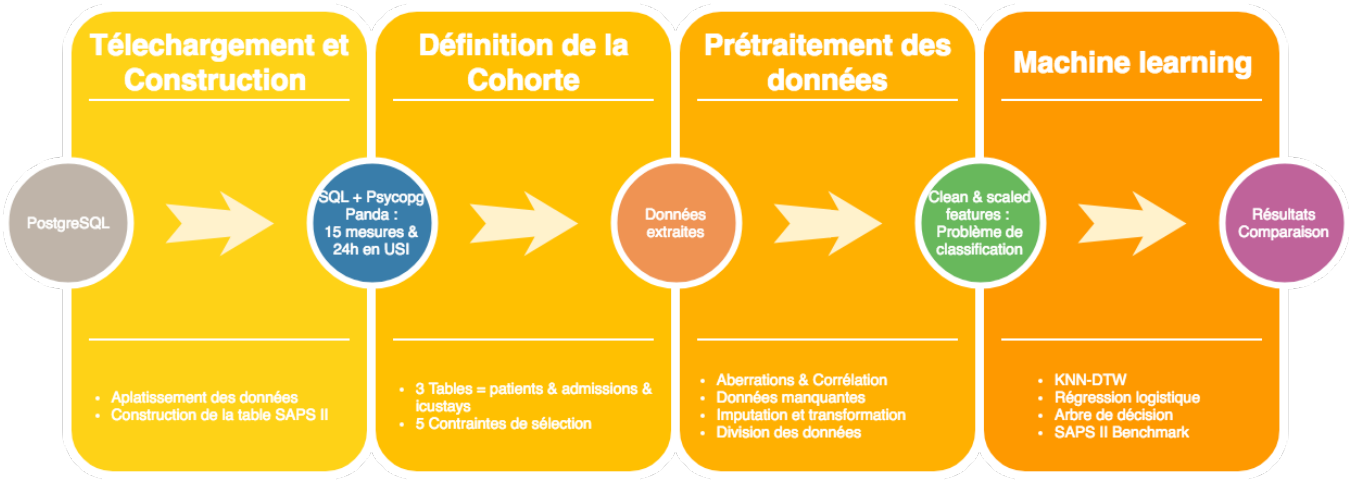


FIGURE 1.1 – Schéma résumant les étapes suivies

1.3 Extraction des données : définition de la cohorte

• Description des tables utilisées : Voir Annexe A.1 et Fig 1.2

Bien qu'il y ait 26 tables dans la base de données, nous ne considérons que certaines d'entre elles. Les tableaux relatifs au projet comprennent : admissions, patients, icustays,

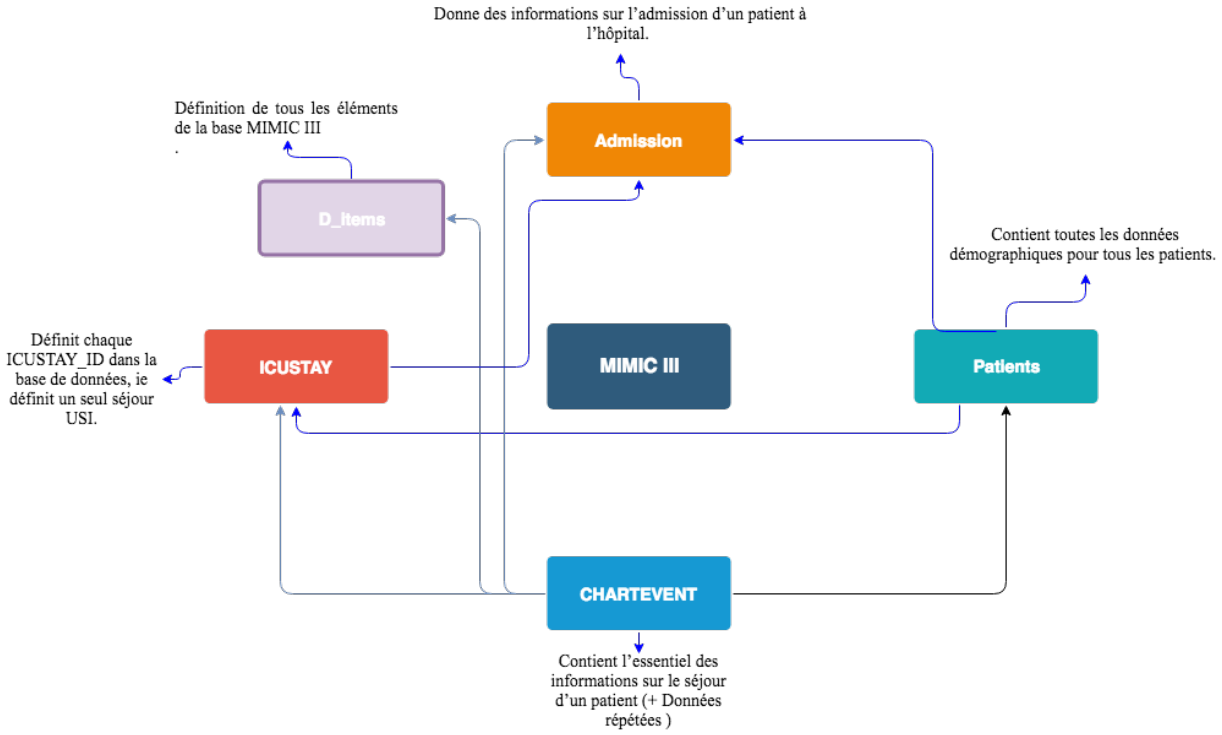


FIGURE 1.2 – Tables utilisées et liens entre elles

chartevents, d_items, outputevents, d_labitems, , labevents, et SAPSII : Voir Table A.1. Tout d'abord, nous définissons la cohorte (Figure 1.3) en fonction de trois tables : patients, admissions et icustays. Les informations contenues dans ces tableaux sont :

- patients : informations sur un patient qui ne change pas
- admissions :informations enregistrées à l'admission à l'hôpital
- icustays :informations enregistrées sur l'admission en unité de soins intensifs

Les contraintes utilisées dans la sélection de cohorte sont :

- excl_age : âge $\geq$ 16 ans
- excl_los : la durée du séjour en USI est supérieure à 1 jour mais inférieure à 10 jours pour s'assurer que les données extraites contiennent les 24 premières heures de séjour en USI
- excl_icustay : ne considérer que la première admission en unité de soins intensifs puisque le patient peut subir plusieurs admissions en unité de soins intensifs dans un hôpital.
- excl_plan : exclut les événements médicaux planifiés
- excl_chartevents : exclure les patients sans mesures physiologiques

La distribution d'exclusion sur la sélection des cohortes est illustrée à la figure 1.3.

Les conditions d'exclusion sur l'âge, la durée du séjour, le premier séjour en unité de

```
Dimensions de la table de cohorte: (61532, 13)

Out[9]:    subject_id  hadm_id  icustay_id    age   los admission_type  \
        0       58526   100001      275225  35.48  4.26      EMERGENCY
        1       54610   100003      209281  59.91  1.94      EMERGENCY
        2        9895   100006      291788  48.92  4.98      EMERGENCY
        3       23018   100007      217937  73.82  4.10      EMERGENCY
        4         533   100009      253656  60.80  2.49      EMERGENCY

           has_chartevents_data  icustay_order  excl_age  excl_los  excl_icustay  \
        0                     1              1         0         0             0
        1                     1              1         0         0             0
        2                     1              1         0         0             0
        3                     1              1         0         0             0
        4                     1              1         0         0             0

           excl_plan  excl_chartevents
        0          0                 0
        1          0                 0
        2          0                 0
        3          0                 0
        4          0                 0
```

FIGURE 1.3 – Table Cohorte

soins intensifs et l'événement médical prévu contribuent à la plupart des exclusions. Seule une infime partie des patients est exclue en raison des mesures médicales manquantes. Après la sélection de la cohorte, le nombre d'observations est de 24037, ce qui représente environ 39% du total des observations dans MIMIC-III.

1.4 Définition de la variable à prédire

Les données démographiques de la cohorte sont ensuite extraites, dans lesquelles la mort à l'hôpital, ihd, est calculée par :

$$ihd := \begin{cases} 1\ ,\ si\ heure\ de\ sortie < date\ de\ deces \\ 0\ ,\ sinon \end{cases}$$

Les données démographiques des patients sont sauvegardées au format CSV et étiquetées «patient_details.csv».

14 séries chronologiques de mesures physiologiques des 24 premières heures de séjour des patients en USI sont extraites. Les mesures comprennent bilirubine, azote uréique du sang (BUN), fraction d'oxygène inspiré (FIO2), échelle de coma glasgow (GCS), bicarbonate (HCO3), pression partielle d'oxygène (PO2), globule blanc (WBC), fréquence car-

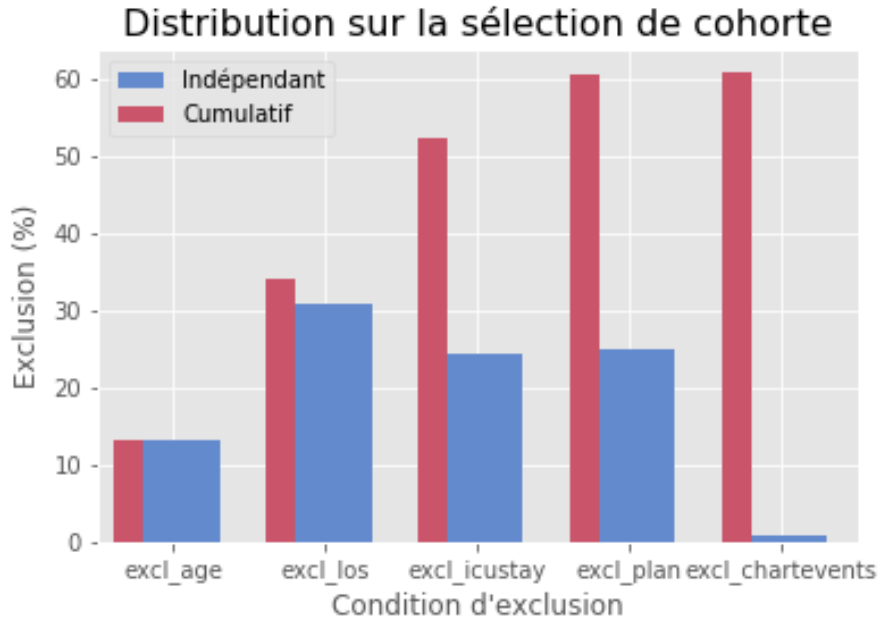


FIGURE 1.4 – La distribution d'exclusion sur la sélection des cohortes

diaque, potassium, fréquence respiratoire (resp_rate), sodium, tension artérielle systolique (sys_BP), température et volume de sortie d'urine (urine_out).

Ces mesures sont choisies puisqu'elles sont liées au calcul du score SAPS-II. De plus, le score SAPS-II est extrait de la table SAPSII. Enfin, ces données sont stockées séparément dans les fichiers 'chartdata.csv', 'labdata.csv', 'outputdata.csv' et 'sapsii_score.csv'. Les scripts pour extraire ces fichiers de la base de données MIMIC-III sont disponibles dans le fichier Jupyter notebook 'data_extraction' voir Annexe C .

1.5 Données cibles

Nous fusionnons d'abord les données extraites dans la dernière section en deux tables décrivant les variables et les données cibles. 'Chartdata.csv', 'labdata.csv' et 'outputdata.csv' sont fusionnés pour représenter les données d'entité. 'Patient_details.csv' et 'sapsii_score.csv' sont fusionnés pour représenter les données cibles voir Figure 1.5.

Les détails de la fusion sont indiqués dans le bloc-notes de Jupyter, 'data_analyse.ipynb' Annexe E.

Les données caractéristiques résultantes sont décrites par une série temporelle multivariée à indices multiples (identifiant et heure du patient) avec 15 caractéristiques différentes, représentant diverses mesures médicales.Les données cibles résultantes sont décrites par un

icustay_id	in_hospital_death	sapsii_prob	sapsii_prediction
200003	0	0.106398	0
200007	0	0.029295	0
200014	0	0.305597	0
200019	1	0.552904	1
200021	0	0.326364	0

FIGURE 1.5 – La tête de la table : données cibles

tableau 2D da taille $n = 24034 \times 3$, dans lequel n est le nombre d'observations. Il y a 3 variables dans les données cibles, à savoir le décès à l'hôpital, le score SAPS-II et sa probabilité.

1.6 Données longitudinales

Les variables sont stockées dans les fichiers chartdata, labdata et outputdata CSV. D'abord, nous chargeons les données de ces trois fichiers,puis nous concaténons ces data-frames selon l'axe = 0. En outre, nous convertissons la colonne 'time' en ajoutant la date actuelle.Nous faisons ensuite pivoter la table en faisant passer les colonnes en catégories de telle sorte que chaque rangée montre toutes les variables d'une observation à un temps donné, ce qui est un peu plus près des données ordonnées (Annexe D).Voir Figure 1.6 pour un example sur un patient .

```
In [43]: feature_df.head()
```

Out[43]:

icustay_id	time	BILIRUBIN	BUN	FIO2	GCS	HCO3	PO2	WBC	heart rate	potassium	resp_rate	sodium	sys_BP	temperature	urine_out	age
200003	2018-05-20 21:49:56	3.5	21.0	NaN	NaN	23.0	NaN	14.8	NaN	3.1	NaN	140.0	NaN	NaN	NaN	48.3
	2018-05-21 00:09:56	NaN	NaN	NaN	5.0	NaN	NaN	NaN	119.0	NaN	35.0	NaN	91.0	NaN	NaN	48.3
	2018-05-21 00:24:56	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	230.0	48.3
	2018-05-21 01:09:56	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	122.0	NaN	34.0	NaN	81.0	39.0	NaN	48.3
	2018-05-21 01:34:56	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	115.0	NaN	33.0	NaN	98.0	NaN	NaN	48.3

FIGURE 1.6 – Features

1.7 Aberrations et Corrélation

Le nettoyage des données est principalement effectué pour les données de caractéristiques. Nous définissons d'abord les valeurs aberrantes. La plage normale de GCS est comprise entre 1 et 5, de sorte que les observations hors de cette plage sont considérées comme aberrantes. Pour la variable «age», la plage doit être comprise entre 16 et 91,4 (âge maximum) et les valeurs hors de cette plage sont considérées comme aberrantes. Pour le reste des variables, z-score est calculé et est utilisé pour définir les valeurs aberrantes. Le score z est utilisé pour comparer une observation à une variable normale standard et est calculé par :

$$z := \frac{x_{i,j}^k - E_j(x)}{\sigma_j(x)}$$

Où $x_{i,j}^k$ représente la valeur de la caractéristique j dans l'observation à l'instant i pour le patient avec k ID. $E_j(x)$ est l'attente de x_j tout le temps et des patients, et $\sigma_j(x)$ est la dérivation standard de x_j sur tous les temps et les patients. En expression mathématique :

$$E_j(x) := \frac{\sum_{i,k} x_{i,j}^k}{n}$$

$$\sigma_j(x) := \sqrt{\frac{\sum_{i,k}(x_{i,j}^k - E_j(x))^2}{n-1}}$$

Si l'observation n'est pas comprise entre 3,5 et -3,5 dérivations standard de la moyenne, ce qui suggère qu'elle est loin de la moyenne et peut être considérée comme une valeur aberrante. Tous les outiers sont considérés comme des données manquantes et d'autres traitements sont nécessaires. La distribution du score z après suppression des valeurs aberrantes est illustrée à la Figure 1.7

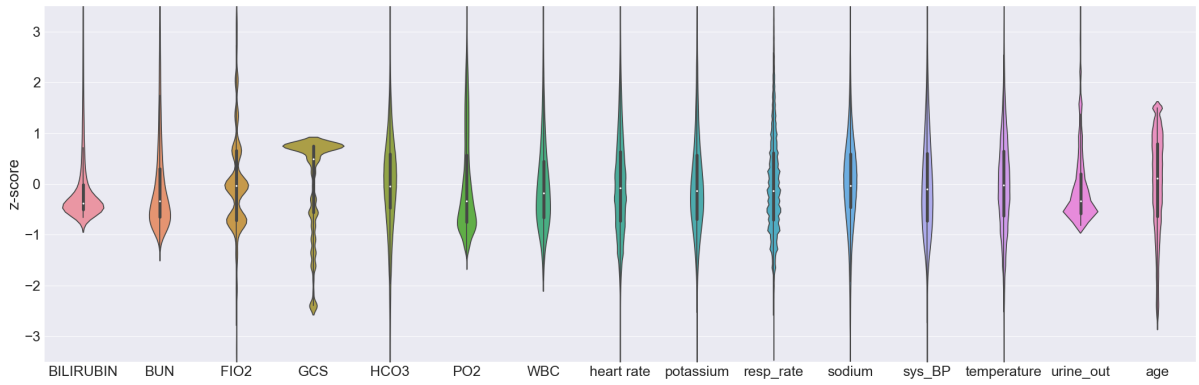


FIGURE 1.7 – La distribution du score z

La matrice de corrélation de la série temporelle multivariée est calculée et la matrice est visualisée à l'aide d'une carte thermique illustrée à la figure 1.8. À partir de la courbe, il n'y

a pas de corrélation significative entre les caractéristiques. Par conséquent, nous devrions considérer toutes les caractéristiques dans l'analyse ultérieure.

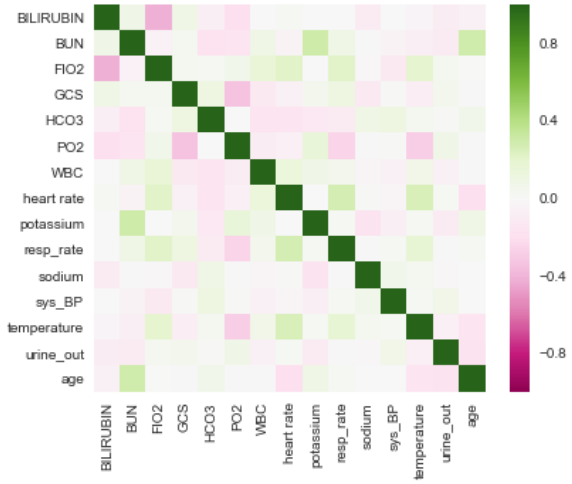


FIGURE 1.8 – La matrice de corrélation de la série temporelle multivariée.

1.8 Données manquantes

Les données obtenues contiennent beaucoup de données manquantes puisque les mesures ne couvrent pas les 24 premières heures du séjour en USI voir Figure 1.3 et Figure 2.5.

Le rapport des données manquantes dans les 24 premières heures est résumé dans Figure 1.9.

Nous rééchantillons les séries chronologiques irrégulières en séries temporelles régulières avec un intervalle de temps de 2 heures voir Figure 1.10.

Idéalement, nous voulons une série temporelle multivariée complète qui peut capturer l'information temporelle. Malheureusement, la moitié des variables ont plus de 75% de données manquantes dans ce cas. Seuls le volume de sortie d'urine, la fréquence respiratoire, la pression artérielle systolique, la fréquence cardiaque et l'âge ont plus de 50% des données.

1.8.1 Imputation et transformation des données

Les données manquantes sont traitées par imputation selon les étapes suivantes :
• Appliquer une interpolation linéaire sur chaque série chronologique multivariée pour chaque patient

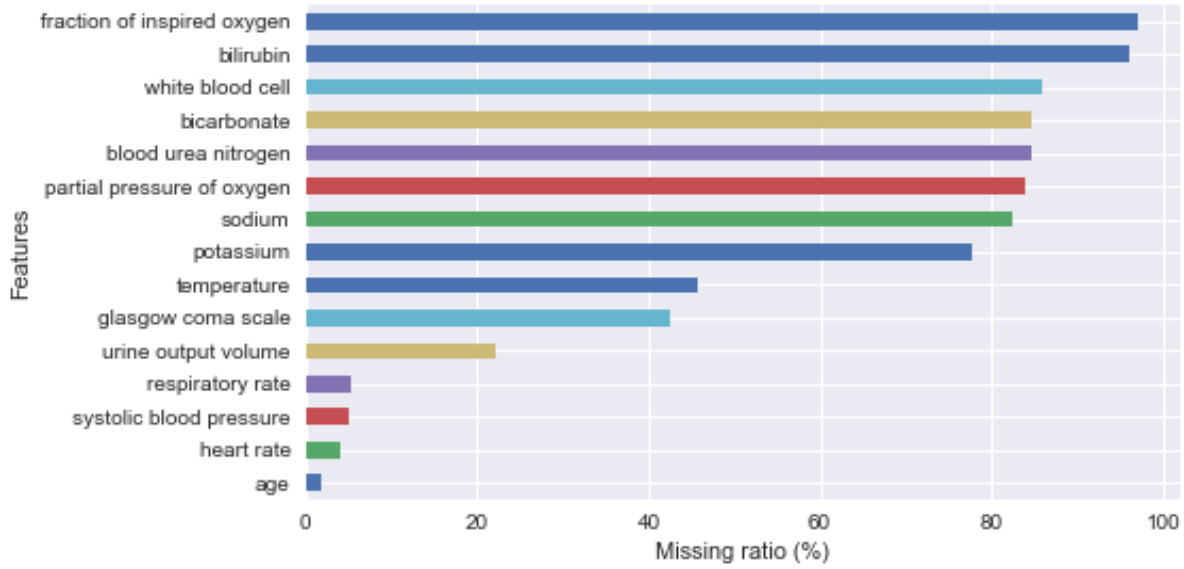


FIGURE 1.9 – Rapport des données manquantes dans les 24 premières heures

• Remplir les données manquantes en utilisant la prochaine observation valide pour chaque patient

Certaines observations sont toujours manquantes après ces imputations, car il y a des données manquantes pour certaines variables chez certains patients. Dans ce cas, nous imputons en utilisant la moyenne si toute la série temporelle est manquante voir Figure 1.11. La fonction 'MinMaxScalar' dans Sklearn est appliquée pour transformer les entités

		BILIRUBIN	BUN	FIO2	GCS	HCO3	PO2	WBC	heart rate	potassium	resp_rate	sodium	sys_BP	temperature	urine_out	age
icustay_id	time															
200003	2018-05-25 00:00:00	NaN	NaN	NaN	5.0	NaN	NaN	NaN	118.200000	NaN	32.60	NaN	89.000000	39.00	230.00	48.3
	2018-05-25 02:00:00	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	114.400000	NaN	31.20	NaN	85.800000	38.03	90.00	48.3
	2018-05-25 04:00:00	3.4	20.0	NaN	5.0	18.0	NaN	40.2	112.166667	3.2	33.00	141.0	96.333333	36.83	128.50	48.3
	2018-05-25 06:00:00	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	91.0	NaN	109.000000	NaN	33.25	NaN	104.800000	36.44	263.75	48.3
	2018-05-25 08:00:00	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	93.000000	NaN	37.00	NaN	112.500000	NaN	300.00	48.3

FIGURE 1.10 – Séries temporelles régulières avec un intervalle de temps de 2 heures

en mettant à l'échelle chaque caractéristique dans la plage de [0, 1].

Deux séries temporelles multivariées pour deux patients imputées et transformées est représentée à titre d'exemple voir Figure 1.12 et Figure 1.13

icustay_id	time	BILIRUBIN	BUN	FIO2	GCS	HCO3	PO2	WBC	heart rate	potassium	resp_rate	sodium	sys_BP	temperature	urine_out	age
200003	2018-05-25 00:00:00	0.187845	0.180952	0.499414	1.0	0.333333	0.132075	0.805221	0.749606	0.314815	0.854054	0.578947	0.308176	0.850250	0.067565	0.42823
	2018-05-25 02:00:00	0.187845	0.180952	0.499414	1.0	0.333333	0.132075	0.805221	0.719685	0.314815	0.816216	0.578947	0.288050	0.688852	0.026385	0.42823
	2018-05-25 04:00:00	0.187845	0.180952	0.499414	1.0	0.333333	0.132075	0.805221	0.702100	0.314815	0.864865	0.578947	0.354298	0.489185	0.037709	0.42823
	2018-05-25 06:00:00	0.191298	0.179762	0.499414	1.0	0.359848	0.132075	0.814508	0.677165	0.312500	0.871622	0.588816	0.407547	0.424293	0.077492	0.42823
	2018-05-25 08:00:00	0.194751	0.178571	0.499414	1.0	0.386364	0.139365	0.823795	0.551181	0.310185	0.972973	0.598684	0.455975	0.420133	0.088155	0.42823

FIGURE 1.11 – Scaling et Imputation

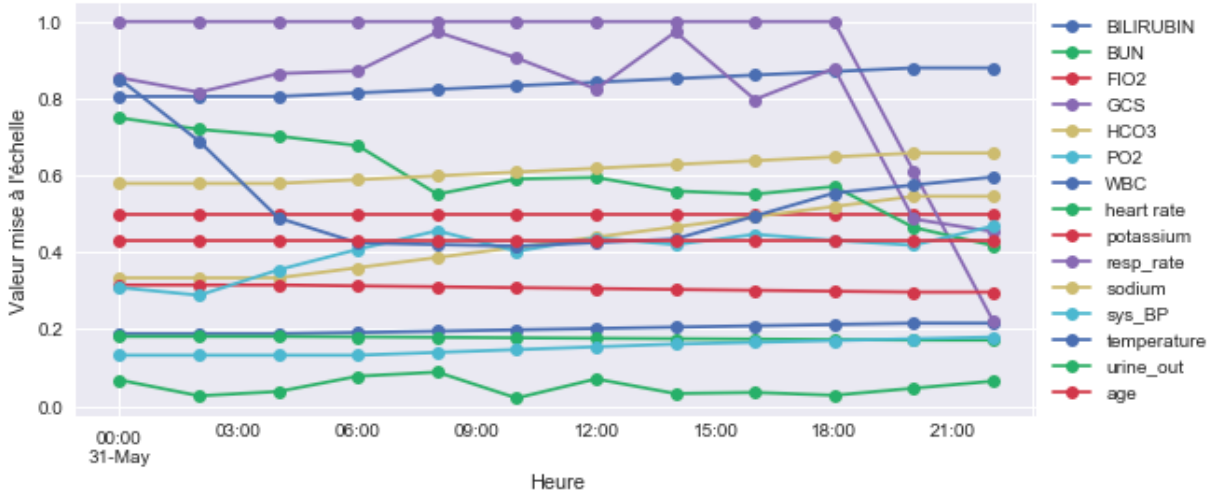


FIGURE 1.12 – Exemple : Patient 1

1.9 Division des données

L'ensemble de données est déséquilibré et contient environ 11,4% d'échantillons positifs. Afin de préserver le pourcentage d'échantillons pour chaque classe, une répartition aléatoire stratifiée est appliquée à l'ensemble de données,la taille de test est définie sur 20% de l'ensemble de données d'origine, qui contient 4806 échantillons. D'un autre côté, l'ensemble de données d'apprentissage contient 19220 échantillons. Enfin, les ensembles de données d'entraînement et de test sont divisés en 'X_train' Figure 1.14 , 'X_test' Figure 1.15, 'y_train' et 'y_test' Figure 1.16.

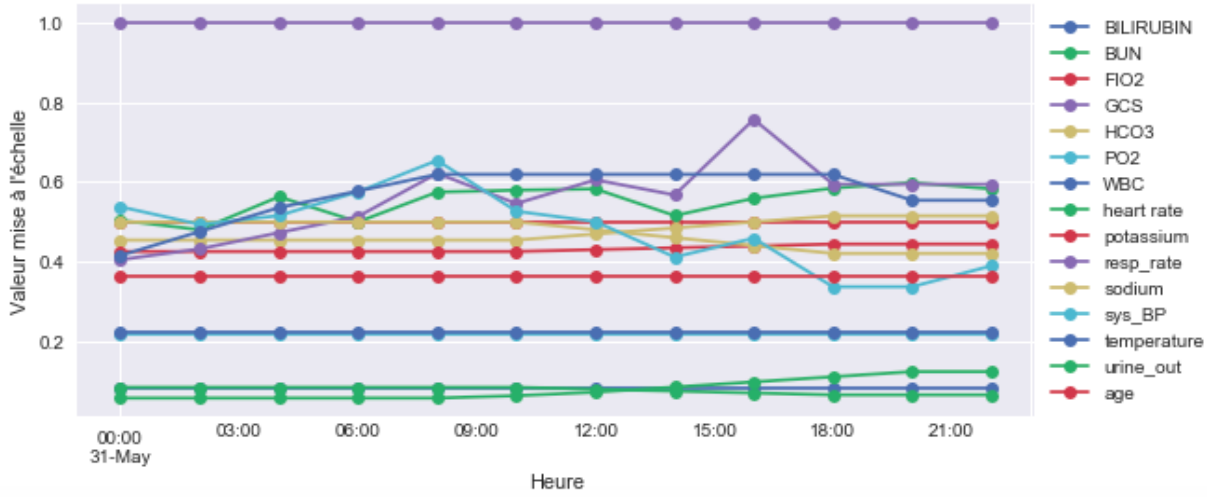


FIGURE 1.13 – Exemple : Patient 2

		BILIRUBIN	BUN	FIO2	GCS	HCO3	PO2	WBC	heart rate	potassium	resp_rate	sodium	sys_BP	temperature	urine_out	age
id	time															
0	0	0.082443	0.171429	0.499414	1.0	0.484848	0.219736	0.068273	0.307087	0.222222	0.513514	0.631579	0.723270	0.564060	0.014619	1.0
	1	0.082443	0.171429	0.499414	1.0	0.484848	0.219736	0.068273	0.232283	0.222222	0.432432	0.631579	0.691824	0.512895	0.014619	1.0
	2	0.082443	0.171429	0.499414	1.0	0.515152	0.219736	0.074297	0.225722	0.305556	0.445946	0.605263	0.603774	0.461730	0.058740	1.0
	3	0.082443	0.171429	0.499414	1.0	0.545455	0.219736	0.080321	0.267717	0.388889	0.500000	0.578947	0.679245	0.397671	0.026385	1.0
	4	0.082443	0.171429	0.499414	1.0	0.575758	0.219736	0.086345	0.275591	0.472222	0.581081	0.552632	0.676101	0.401830	0.073448	1.0

FIGURE 1.14 – Tête de table : X_train

		BILIRUBIN	BUN	FIO2	GCS	HCO3	PO2	WBC	heart rate	potassium	resp_rate	sodium	sys_BP	temperature	urine_out	age
id	time															
0	0	0.082443	0.171429	0.499414	1.0	0.484848	0.219736	0.068273	0.307087	0.222222	0.513514	0.631579	0.723270	0.564060	0.014619	1.0
	1	0.082443	0.171429	0.499414	1.0	0.484848	0.219736	0.068273	0.232283	0.222222	0.432432	0.631579	0.691824	0.512895	0.014619	1.0
	2	0.082443	0.171429	0.499414	1.0	0.515152	0.219736	0.074297	0.225722	0.305556	0.445946	0.605263	0.603774	0.461730	0.058740	1.0
	3	0.082443	0.171429	0.499414	1.0	0.545455	0.219736	0.080321	0.267717	0.388889	0.500000	0.578947	0.679245	0.397671	0.026385	1.0
	4	0.082443	0.171429	0.499414	1.0	0.575758	0.219736	0.086345	0.275591	0.472222	0.581081	0.552632	0.676101	0.401830	0.073448	1.0

FIGURE 1.15 – Tête de table : X_test

```
1 y_train.head()
```

id	in_hospital_death	sapsii_prob	sapsii_prediction
0	0.0	0.096698	0.0
1	0.0	0.391926	0.0
2	0.0	0.140051	0.0
3	0.0	0.096698	0.0
4	0.0	0.152870	0.0

```
1 y_test.head()
```

id	in_hospital_death	sapsii_prob	sapsii_prediction
19220	0.0	0.004584	0.0
19221	0.0	0.079390	0.0
19222	1.0	0.166523	0.0
19223	0.0	0.052195	0.0
19224	0.0	0.305597	0.0

FIGURE 1.16 – Têtes de tables : y_train et y_test

Chapitre 2

Machine learning

2.1 Métriques

En USI, il est mauvais d'avoir beaucoup de faux négatifs puisque nous ne voulons pas manquer de patients à haut risque. Dans ce cas, le rappel doit être pris en compte, car un rappel plus élevé indique un taux de faux négatifs plus faible. Cependant, un classificateur naïf qui prédit toujours positif peut atteindre 100% de rappel, mais il reste un mauvais classificateur puisqu'il ne se classe pas du tout. La lacune du rappel peut être résolue en considérant la précision. On rappelle les définitions :

— Rappel : combien d'éléments pertinents sont sélectionnés ? := $\frac{n_{vp}}{n_{vp}+n_{fn}}$

— Précision : combien d'éléments sélectionnés sont pertinents ? := $\frac{n_{vp}}{n_{vp}+n_{fp}}$

Il existe plusieurs façons pour définir un score unique en fonction du rappel et de la précision, par exemple, une moyenne simple d'entre eux, peut être utilisé pour représenter la performance du classificateur. Dans notre cas, le score F1 qui est un moyen harmonique de rappel et de précision est choisi car il est robuste aux données déséquilibrées. L'expression mathématique du score F1 est [Wong] :

$$F1 := \frac{2 \cdot rappel \cdot precision}{rappel + precision}$$

Le coefficient de corrélation de Matthews (MCC) est une autre métrique qui est robuste sur les données déséquilibrées, et il considère également le vrai négatif. Le MCC est calculé par :

$$MCC := \frac{n_{vp} \cdot n_{vn} - n_{fp} \cdot n_{fn}}{\sqrt{(n_{vp} + n_{fp})(n_{vp} + n_{fn})(n_{vn} + n_{fp})(n_{vn} + n_{fn})}}$$

où n_{vp} est le nombre de vrais positifs, n_{vn} est le nombre de vrais négatifs, n_{fp} est le nombre de faux positifs, et n_{fn} est le nombre de faux négatifs. De plus, si l'une des quatre sommes du dénominateur est zéro, MCC est égal à zéro.

'F1_ score' et *'matthews_ corrcoef'* sont importés du module *'sklearn.metrics'* pour calculer le score F1 et le coefficient de corrélation de Matthews (MCC).

2.2 Algorithmes

La méthode de classification des séries temporelles choisie [Z.Xing] est l'algorithme des k-plus proches voisins (k-NN) . Cet algorithme utilise une matrice de distance entre individus. Comme nos variables mesurées sur les patients sont des séries temporelles multivariées, nous avons considéré le "Dynamic Time Warping" (DTW) qui est une des mesures de similarité qui calcule les meilleures correspondances entre deux séries temporelles. Une fois la similarité de distance entre deux séries de temps définie, un algorithme basé sur la distance classique tel que k-NN, SVM peut être appliqué pour classer les séries temporelles. DTW avec k-NN est l'une des meilleures solutions connues pour les problèmes de séries chronologiques dans une variété de domaines [Keogh]. Par conséquent, nous essayons d'abord de classer notre série temporelle médicale multivariée en utilisant DTW avec le classificateur k-NN. Les algorithmes DTW et k-NN sont implémentés via Python dans 'dtw.py' et 'KNN.py'.(Github) - Voir Annexe B

Nous présentons les principes des algorithmes utilisés :

2.2.1 k-plus proches voisins : k-NN

C'est méthode très intuitive qui classe les exemples non étiquetés sur la base de leur similarité avec les exemples de la base d'apprentissage [k NN].
k-NN nécessite seulement :

- Un entier k
- Une base d'apprentissage
- Une métrique

Exemple :
• Dans l'exemple de la figure 2.1 on a 3 classes et le but est de trouver la classe de l'inconnu x.
• On prend la distance Euclidienne et k=5 voisins.
• Des 5 plus proches voisins, 4 appartiennent à $\omega 1$ et 1 appartient à $\omega 3$, donc x est affecté à $\omega 1$, la classe majoritaire.
Formellement :
• On considère l'ensemble I_x composé des k indices de $\{1, \cdots, n\}$ pour lesquels les distances $\|x - X_i\|$ sont minimales.
• On pose :

$$\hat{c}(x) := \underset{k}{\operatorname{argmax}} \, \#\{i \in I_x), Y_i = k\}$$

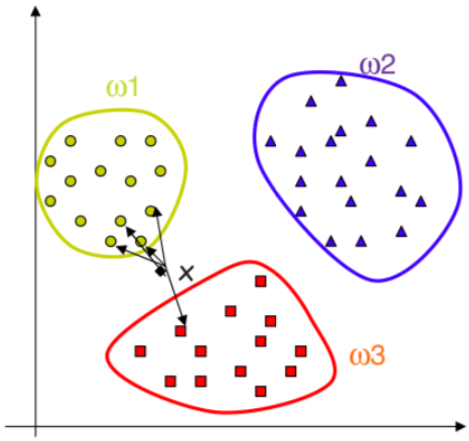


FIGURE 2.1 – Exemple : 5-NN

- En pratique, il faut choisir la distance et k .
- La complexité temporelle de k-NN est $O(nk)$ [Z.Xing]

2.2.2 Dynamic Time Warping : DTW

Dans cette section, nous décrivons l'algorithme DTW [Z.Xing], qui est utilisé pour mesurer la distance entre deux séries chronologiques. Il a été initialement proposé en 1978 par Sakoe et Chiba [?] pour la reconnaissance vocale, et il a été utilisé jusqu'à aujourd'hui pour l'analyse de séries temporelles. DTW est l'une des mesures les plus utilisées de la similarité entre deux séries chronologiques, et calcule l'alignement global optimal entre deux séries chronologiques, en exploitant les distorsions temporelles entre elles voir Figure 2.2.

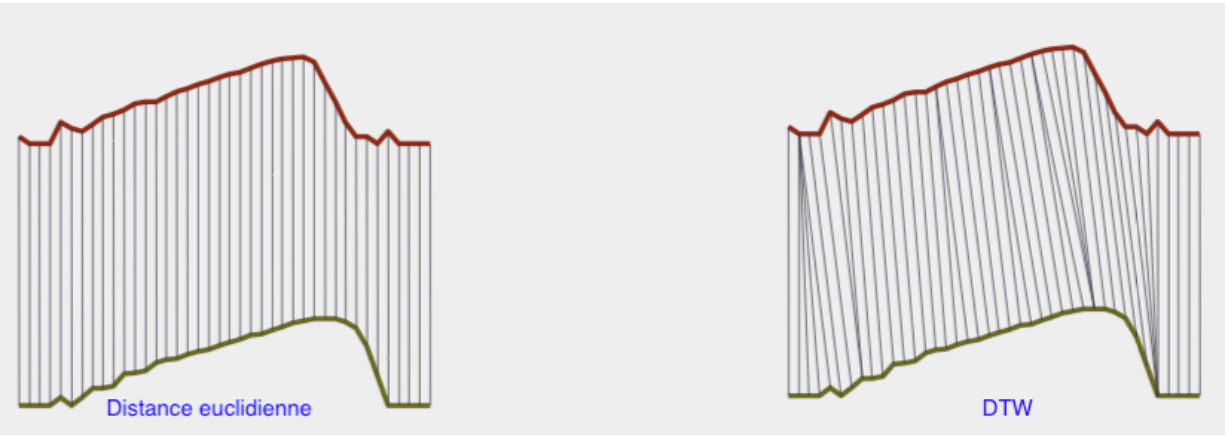


FIGURE 2.2 – Distance euclidienne Vs DTW

Calcul du DTW : [Elsworth] Soient $X := \{x_i\}_{i=1}^{m}$ et $Y := \{y_i\}_{i=1}^{n}$ deux series temporelles , les étapes suivantes sont suivies par l'algorithme :

1. Construction de la matrice D de taille $n \times m$ définie par : $D_{i,j} := d(x_i, y_j)$ où $d(x_i, y_i) = |x_i - y_i|$: voir figure 2.4.
2. Un chemin de déformation w est un ensemble contigu d'éléments de matrice qui définit un mappage entre X et Y qui satisfait aux conditions suivantes : voir figure 2.3 :
   (a) Conditions aux limites : $w_1 = (1, 1)$ et $w_k = (m, n)$ où k est la longueur du chemin de déformation.
   (b) Continuité : si $w_i = (a, b)$ alors $w_{i-1} = (a', b')$ où $a - a' \leq 1$ et $b - b' \leq 1$.
   (c) Monotonie : si $w_i = (a, b)$ alors $w_{i-1} = (a', b')$ où $a - a' \geq 0$ et $b - b' \geq 0$.
3. La distance DTW est donc : $d_{DTW}(X, Y) = min \sum_{i=1}^{k} D(w_i)$
4. En pratique, l'algorithme utilise la programmation dynamique pour empêcher la construction de la matrice entière . On définit $\gamma(i, j)$ la distance cumulée comme :

$$\gamma(i, j) := d(x_i, y_j) + min(\gamma(i-1, j-1), \gamma(i-1, j), \gamma(i, j-1))$$

   voir figure 2.5.

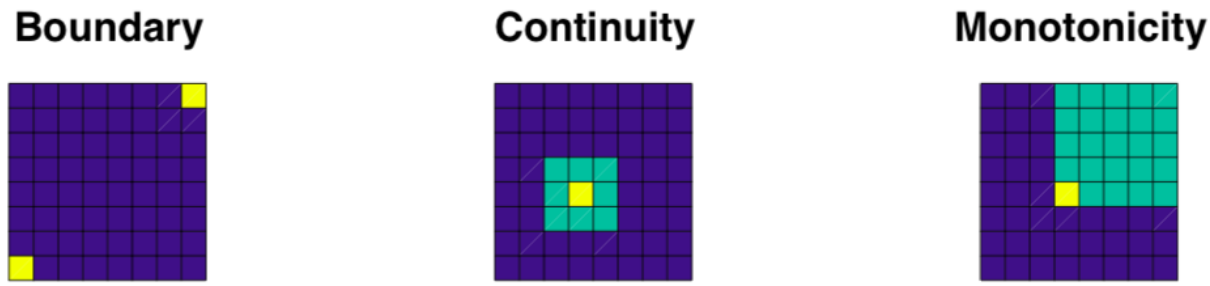


FIGURE 2.3 – Conditions : Chemain de déformation

- La complexité temporelle de DTW est $O(n^2)$ [Z.Xing]

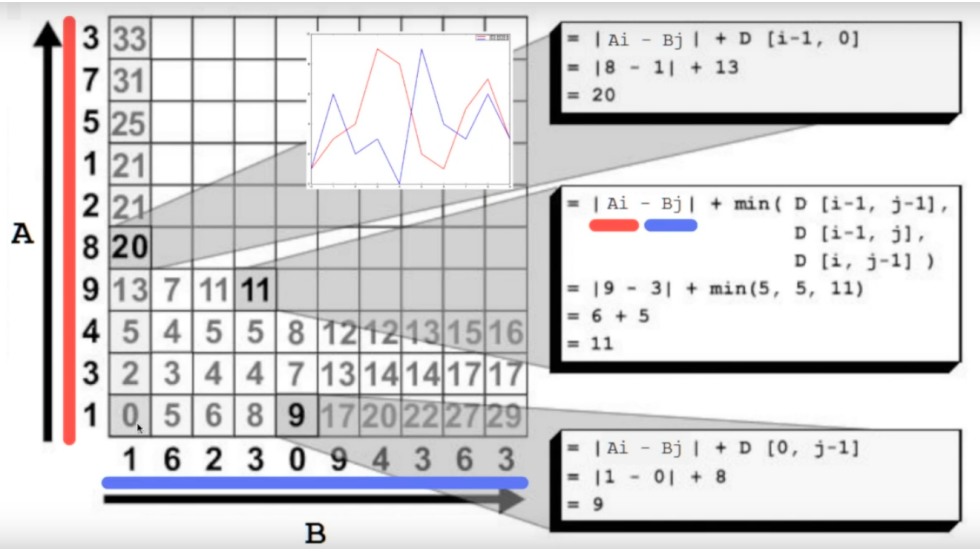


FIGURE 2.4 – Exemple : Construction de la matrice D

En plus d'utiliser le DTW & k-NN, nous utilisons également des classificateurs conventionnels tels que la régression logistique , l'arbre de classification , Multilayer perceptron (MLP) et Gradient boosting , pour prédire la mortalité. Il faut noter que la régression logistique , l'arbre de classification , Multilayer perceptron (MLP) ont des hyperparamètres, la raison pour laquelle on les a choisi . Nous formons d'abord le modèle avec un sous-ensemble de données d'entraînement et de test pour une meilleure gestion du temps. 1922 (10%) et 480 (10%) observations d'entraînement et de test sont utilisées. Le résultat du classificateur DTW 3-NN est résumé dans le Tableau 2.2.2 : l'algorithme naïf est l'algorithme prédit toujours positif .

	Temps de formation (s)	Temps de prédiction (s)	Score F1	Score MCC
DTW kNN	0.003	2244	0.2749	0.2612
Algorithme naïf	NA	NA	0.22	0.0

Le classificateur k-NN, le classifieur paresseux, ne forme pas un modèle . Cependant, il a fallu environ 2244 secondes pour prédire les labels du sous-ensemble de données de test, ce qui suggère qu'il est coûteux en calcul. La performance de la prédiction DTW k-NN n'est pas prometteuse car le classifieur naïf qui prédit toujours positif peut atteindre un score F1 comparable à celui-ci. Bien que l'utilisation de l'ensemble de données d'apprentissage complet puisse améliorer les performances de DTW k-NN, le coût de calcul est trop élevé. De plus, le taux manquant de la série temporelle multivariée est élevé comme le montre la figure 1.9, qui indique que certaines variables peuvent contenir moins d'informations temporelles. La perte d'information temporelle a un impact négatif sur le classificateur basé sur DTW, ce qui est démontré dans l'article [Mikalsen].

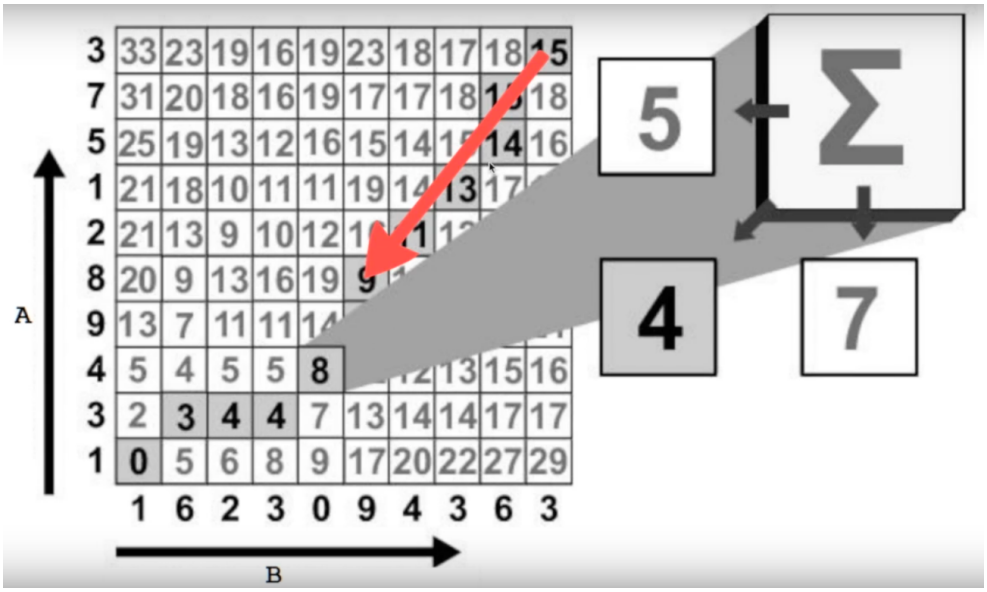


FIGURE 2.5 – Exemple : calcul de la distance cumulée

La deuxième tentative de ce projet consiste à extraire de nouvelles variables de la série chronologique multivariée. Cela supprime la dépendance temporelle des données et réduit les données d'apprentissage de 3 dimensions à 2 dimensions de sorte que les méthodes de classification habituelles telles que la régression logistique sont applicables.
Dans ce projet, la régression logistique, l'arbre de décision, gradient boosting, et le classificateur MLP sont utilisés.

2.2.3 Régression logistique

La régression logistique est le plus utilisé des algorithmes de classification. Elle a un temps d'apprentissage rapide . Par conséquent, il est utilisé comme classificateur de base. En régression logistique, nous formons une fonction de la forme,

$$P(y = 1 \mid x) = \sigma(\theta^T x) = \frac{1}{1 + exp(-\theta^T x)}$$

pour minimiser la fonction de coût :

$$J(\theta) := -\sum_i (y_i \mathbf{log}(P(y = 1 \mid x_i)) + (1 - y_i)\mathbf{log}(1 - P(y = 1 \mid x_i)))$$

C'est un problème de minimisation convexe et régulier, il y a de nombreux algorithmes (descente de gradient, Newton, etc). $\underset{\theta}{\text{Argmin}}\, J(\theta)$ renvoie θ, qui est utilisé pour calculer la probabilité d'être positif ou négatif basé sur x.

2.2.4 Arbre de classification

L'arbre de classification est un apprenant basé sur la logique, qui partitionne récursivement l'espace échantillon de sorte que les échantillons de la même classe sont regroupés.
• Construction d'un arbre de classification :
Approche "top-bottom" : voir figure 2.6 :

— On commence par une région qui contient toutes les données
— On coupe récursivement les régions par rapport à une variable et une valeur de cette variable

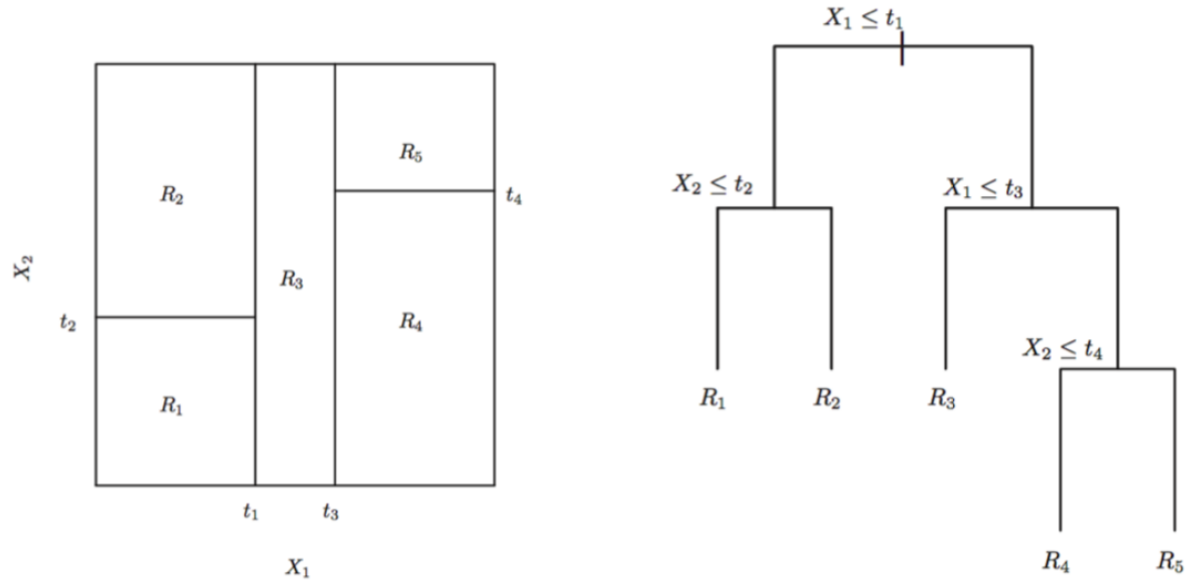


FIGURE 2.6 – Construction d'un arbre de classification

• Critère de segmentation :
Usuellement, les algorithmes pour construire les arbres de décision sont construits en divisant l'arbre du sommet vers les feuilles en choisissant à chaque étape une variable d'entrée qui réalise le meilleur partage de l'ensemble d'objets, comme décrit précédemment. Pour choisir la variable de séparation sur un nœud, les algorithmes testent les différentes variables d'entrée possibles et sélectionnent celle qui maximise un critère donné.
Dans le cas des arbres de classification, il s'agit d'un problème de classification automatique. Le critère d'évaluation des partitions caractérise l'homogénéité (ou le gain en homogénéité) des sous-ensembles obtenus par division de l'ensemble. Ces métriques sont appliquées à chaque sous-ensemble candidat et les résultats sont combinés (par exemple, moyennés) pour produire une mesure de la qualité de la séparation.
Il existe un grand nombre de critères de ce type, les plus utilisés sont l'entropie de Shannon, l'indice de diversité de Gini et leurs variantes.[Wikipedia]
Dans *Sklearn* , le classifieur par défaut est formé pour réduire l'impureté moyenne de Gini

afin d'obtenir un gain d'information par itération. L'impureté moyenne de Gini est :

$$I_G(S, A) := \sum_i \frac{|S_i|}{|S|} I_G(S_i)$$

où S_i est la taille de la partition, $I_G(S_i)$ est l'impureté de Gini de la partition S_i :

$$I_G(S_i) := 1 - \sum_j p_j^2$$

où p_j représente la proportion d'exemples de la classe j sur S_i.

2.2.5 Gradient boosting

Gradient boosting est une technique d'apprentissage automatique pour les problèmes de régression et de classification, qui produit un modèle de prédiction sous la forme d'un ensemble de modèles de prédiction faibles, typiquement des arbres de décision. Il construit le modèle par étapes comme les autres méthodes de boosting, et il les généralise en permettant l'optimisation d'une fonction de perte différentiable arbitraire. [Wikipedia]
L'ensemble d'apprenants mis à jour est :[Wong]

$$F_{i,m+1}(x) := F_{i,m}(x) + \eta h_i(x)$$

où η est un taux d'apprentissage, $h_i(x)$ est le nouvel apprenant,$F_{i,m}$ est le modèle de la classe i et est utilisé pour calculer la probabilité d'être en classe i en :

$$P_i := \frac{exp(F_i)}{\sum_i exp(F_i)}$$

Le nouvel apprenant peut être calculé en minimisant la KL-divergence (entropie relative) :

$$h_i(x) := y_i(x) - P_i(x)$$

où y_i est la vraie probabilité (le vrai étiquetage). Les prédictions faites à partir de ces apprenants sont donc pondérées donnant une prédiction globale au problème. De plus, le boosting peut contrôler à la fois le biais et la variance pour améliorer la performance de prédiction. Cependant, il est coûteux en calcul parce que plusieurs modèles sont requis. Puisque de nombreux apprenants sont impliqués, il est difficile d'interpréter la prédiction faite.

2.2.6 Multilayer perceptron : MLP

Le MLP est un algorithme d'apprentissage supervisé qui apprend une fonction $f : \mathbb{R}^n \to \mathbb{R}^m$ en s'entraînant sur un ensemble de données, où n est le nombre de dimensions

de l'entrée et m est le nombre des dimensions de sortie. Étant donné un ensemble de caractéristiques $X := [x_1, x_2, ..., x_m]$ et une cible y, il peut apprendre une non linéaire fonction approximatrice pour la classification ou la régression. Il est différent de la régression logistique, en ce sens qu'entre la couche d'entrée et la couche de sortie, il peut y avoir une ou plusieurs couches non linéaires, appelées couches masquées. La figure 2.7 montre une couche MLP cachée avec une sortie scalaire. [learn documentation]

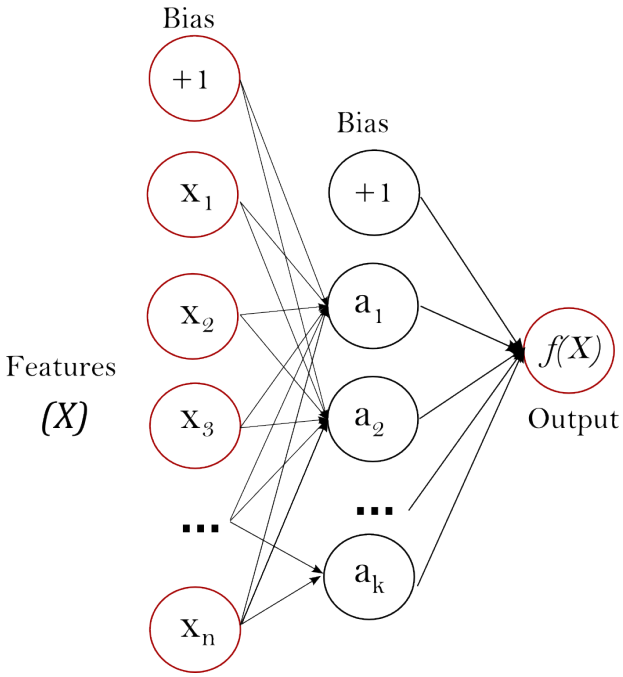


FIGURE 2.7 – Une couche MLP cachée

Les avantages de MLP sont :

— Capacité d'apprendre des modèles non linéaires.
— Capacité à apprendre des modèles en temps réel (apprentissage en ligne).

2.2.7 Benchmark

Le SAPS II a été calibré pour permettre la conversion du score calculé en probabilité de mortalité. Afin de calculer les scores F1 et MCC (Matthews correlation coefficient :mesure de la qualité des classifications binaires) du benchmark, un seuil est requis pour convertir la probabilité en label prédit. Dans ce projet, nous fixons le seuil à 0,5, c'est-à-dire que si la probabilité basée sur SAPS-II est supérieure à 0,5, alors la mort à l'hôpital est prédite. En terme mathématique : $l_{SAPS} := 1$ si $P_{SAPS} > 0.5$, 0 sinon .
Le label de probabilité et de prédiction SAPS-II est stockée dans 'y_test' et 'y_train' voir figure 1.5.

Les scores F1 et MCC du système de notation SAPS-II se comparent aux scores F1 et MCC des classificateurs d'apprentissage automatique.

2.3 Implémentation des algorithmes

1. Première tentative : DTW avec KNN : Des scripts 'dtw.py' et 'KNN.py' voir Annexe B personnalispersonnalisés sont implémentés. 'Distance.euclidean' de la bibliothèque scipy est importé pour être utilisé comme mesure de distance pour calculer la similarité entre deux séries temporelles. De plus, les 3 voisins sont choisis pour le classificateur k-NN.
2. Seconde tentative : 'LogisticRegression', 'DecisionTreeClassifier', 'GradientBoostingClassifier' et 'KerasClassifier' sont importés de 'sklearn.linear_model', 'sklearn.tree', 'sklearn.ensemble', et 'keras.wrappers.scikit_learn' pour construire les apprenants correspondants.
   Tout d'abord, nous avons mis en place un pipeline (est un ensemble d'éléments de traitement de données connectés en série, où la sortie d'un élément est l'entrée de l'élément suivant) pour former les quatre classificateurs aux données d'apprentissage afin d'obtenir des résultats préliminaires.
   Les classificateurs par défaut sont utilisés dans 'LogisticRegression', 'DecisionTreeClassifier', 'Gradient- BoostingClassifier'. Voir Annexe B
   Le code pour créer ces classificateurs est :

```
clf_A = LogisticRegression(random_state = 0)
clf_B = DecisionTreeClassifier(random_state = 0)
clf_C = GradientBoostingClassifier(random_state=0)
```

   L'architecture MLP est montrée ici :

```
def keras_model():
    clf_MLP = Sequential()
    clf_MLP.add(Dense(128, activation="relu",
    input_shape= data_agg["X_train"].shape[1:]))
    clf_MLP.add(Dropout(0.1))
    clf_MLP.add(Dense(32, activation="relu"))
    clf_MLP.add(Dropout(0.1))
    clf_MLP.add(Dense(8, activation="relu"))
    clf_MLP.add(Dropout(0.1))
    clf_MLP.add(Dense(1, activation="sigmoid"))
    clf_MLP.compile(optimizer= "adam", loss="binary_crossentropy")
    return clf_MLP
```

   Le nombre de neutrons est choisi pour rendre le nombre total de paramètres (17969 pour ce MLP) inférieur aux données d'apprentissage qui est 19220 pour réduire le risque de sur-ajustement.

Chapitre 3

Résultats

3.1 Évaluation et validation du modèle

Les données d'apprentissage contiennent 19220 échantillons et les données de test contiennent 4806 échantillons. Nous formons les classifieurs de différentes tailles, 1%, 10% et 100% des données de l'apprentissage . Nous calculons les scores en utilisant les ensembles complets de l'apprentissage et de test.

3.2 Justification

L'arbre de décision montre le résultat le plus faible comme indiqué sur la figure 3.1.

L'arbre de décision donne le score F1 et le MCC le plus élevé dans les données d'apprentissage. Cependant, sa performance dans le test des données est pire que celle du benchmark (SAPS II), ce qui suggère fortement que l'classifieur de l'arbre de décision est sur-ajusté pendant le processus de l'apprentissage. La régression logistique, le Gradient boosting et le MLP réalisent de meilleures performances que le benchmark dans le test des données, comme le montre la figure 3.1.

Bien que la régression logistique soit un simple classificateur, elle fonctionne mieux que le benchmark en atteignant un coefficient de corrélation de Matthews (MCC) plus élevé. De plus, en comparant les scores entre les ensembles de l'apprentissage et de test, cela ne surpasse pas l'classifieur.
Le Gradient boosting et le MLP réalisent de bonnes améliorations et performent mieux le classificateur de régression logistique.
Le choix entre Gradient boosting et MLP dépend du nombre d'échantillons dans les données d'apprentissage. Lorsque les données sont suffisantes (100%), MLP peut mieux performer que le Gradient boosting. Cependant, il fonctionne mal lorsque la taille de l'échantillon

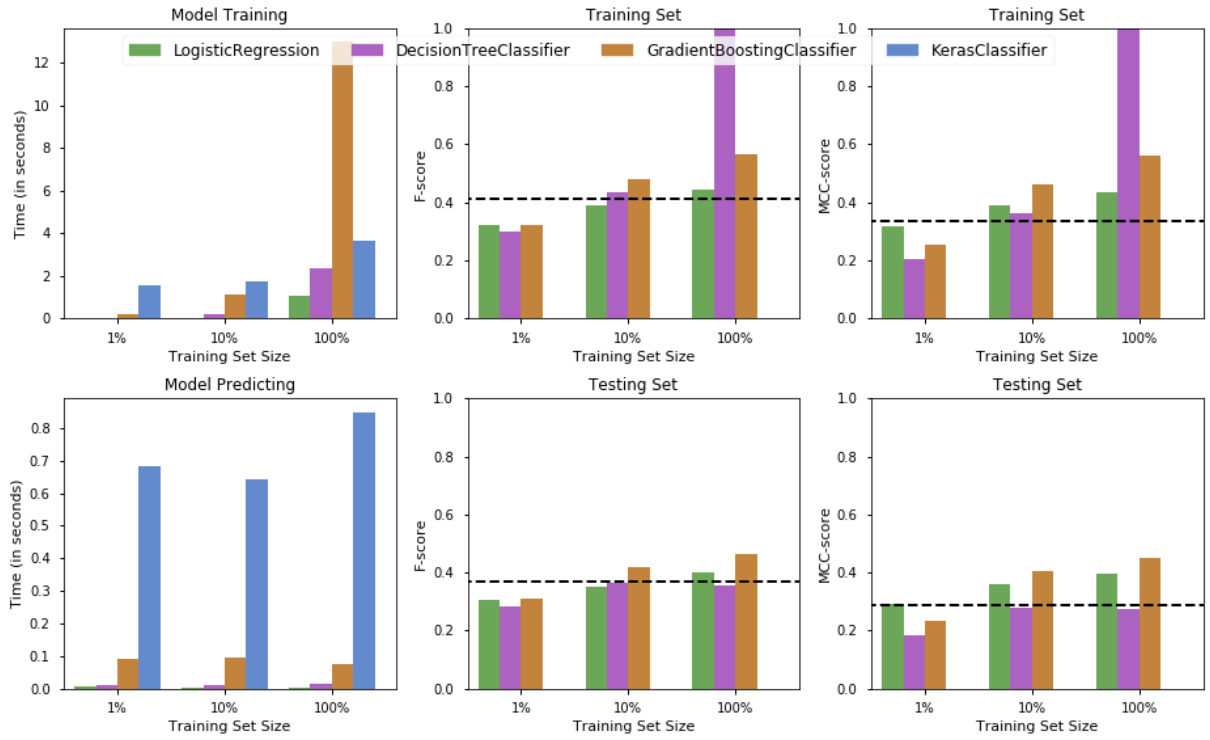


FIGURE 3.1 – Performance des métriques pour la régression logistique, l'arbre de décision, le Gradient boosting et le MLP. La ligne noire représente le score F1 et le MCC du SAPS II.

est faible (1% ou 10%). Puisque nous pouvons supposer qu'il y a suffisement de données médicales , le MLP pourrait avoir une meilleure position. Un des inconvénients du Gradient boosting et MLP est le temps de l'apprentissage qui est plus long. Cependant, le temps de l'apprentissage (<20 s dans notre jeu de données) est toujours acceptable à condition qu'il y ait une amélioration des performances de prédiction. [Wong]
Enfin, les scores F1 et MCC de prédiction de l'ensemble de données de test sont générés à l'aide du modèle MLP amélioré comme indiqué dans le Tableau 3.2 : La performance des classificateurs de Gradient boosting et MLP intiales et améliorés. Les scores SAPS-II dans F1 et MCC sont montrés pour la comparaison.

Classificateur	F1	MCC
SAPS II	0.371	0.290
Initial Gradient boosting	0.465	0.452
Initial MLP	0.511	0.474
Tuned Gradient boosting	0.484	0.448
Tuned MLP	0.485	0.447

Chapitre 4

Conclusion

Le but du projet était de comparer des algorithmes de machine learning pour obtenir un meilleur pouvoir prédectif sur les décès à l'hôpital à l'USI, sur la base du même ensemble de données avec le système expert médical, le score SAPS-II. Comme les classificateurs MLP et le gradient boosting améliorés obtiennent des scores F1 et MCC significativement plus élevés que les scores obtenus avec le système SPAS-II, ils suggèrent que ces classifieurs ont le potentiel d'etre utilisés en USI pour prendre de meilleures décisions cliniques et réduire les temps d'attente pour des interventions médicales.

• Amélioration :

La variété des données (15 séries chronologiques) qui ont été extraites de la base de données MIMIC-III peut ne pas être suffisante pour atteindre une complétude élevée. Par conséquent, l'une des approches pour améliorer le pouvoir prédictif est d'utiliser le MIMIC-III complet . Nous pouvons aussi chercher les meilleurs hyperparamètres (sélection des variables pour la régression logistique) afin d'améliorer les résultats .

• Réflexion :

MIMIC-III est une base de données riche, environ 50% du temps passé dans le projet est sur l'extraction de données et le prétraitement des données. Il y a plusieurs difficultés au cours de ce processus :

- commencer avec un minimum de connaissances en science médicale
- apprendre à écrire des scripts SQL complexes
- décider du format final des données extraites
- gérer les données manquantes

La classification des séries chronologiques multivariées n'est pas simple, et j'ai beaucoup appris pendant ce stage . Au début, la revue de la littérature me suggère d'appliquer DTW avec kNN sur le problème. Cependant, au cours de la mise en œuvre, j'ai trouvé que c'était lent et le résultat n'est pas très prometteur. Je me suis donc tourné vers d'autres méthodes d'apprentissage automatique .

Bibliographie

[Alistair E. W. Johnson] Roger G. Mark Alistair E. W. Johnson Tom J. Pollard. Reproducibility in critical care :a mortality prediction case study.

[Elsworth] SSteven Elsworth. Dynamic Time Warping.

[Guilloux] Agathe Guilloux. "Introduction au Machine learning M1MINT.

[Johnson] David J. Stone Leo A. Celi Johnson Alistair EW et Tom J. Pollard. "The MIMIC Code Repository : enabling reproducibility in critical care research." Journal of

[Johnson AEW] Shen L Lehman L Feng M Ghassemi M Moody B Szolovits P Celi LA Johnson AEW Pollard TJ et Mark RG. A freely accessible critical care database. Scientific Data 3 :160035 doi : 10.1038/sdata.2016.35

[k NN] k NN. k plus proches voisins - http ://webia.lip6.fr/ rifqi/COURS2001-2002/IA/knn.pdf.

[Keogh] Eamonn Keogh et Chotirat Ann Ratanamahatana. Everything you know about dy- namic time warping is wrong.2004.

[learn documentation] Scikit learn documentation.

[Mikalsen] Karl Oyvind Mikalsen. Karl Oyvind Mikalsen, Filippo Maria Bianchi, Cristina Soguero-Ru

[RL Kane] C Mueller S Duval RL Kane TA Shamliyan et T J Wilt. The association of registered nurse staffing levels and patient outcomes : Systematic review and

[Sanjay Purushotham] Zhengping Che Yan Liu Sanjay Purushotham Chuizheng Meng. Benchmark of Deep Learning Models on Large Healthcare MIMIC Datasets.

[Sheth] Mallory Sheth. Predicting Mortality for Patients in Critical Care : a Univariate Flagging App

[van Panhuis WG1] Emerson C Grefenstette J Wilder R Herbst AJ Heymann D Burke DS. van Panhuis WG1 Paul P. A systematic review of barriers to data sharing in public health.

[Wikipedia] Wikipedia.

[Wong] Ka Hung Wong. MLND Capstone Project : Predicting In-Hospital Mortality of ICU Patients.

[Z.Xing] Jian Pei Z.Xing et Eamonn Keogh. A brief survey on sequence classifica- tion.SIGKDD Explo

Annexe A

Description des Tables utilisées

Table	Description
admissions	Donne des informations sur l'admission d'un patient à l'hôpital. Étant donné que chaque visite hospitalière unique pour un patient se voit attribuer un HADM_ID unique, la table peut être considérée comme une table de définition pour HADM_ID. Nombre de lignes : 58976 Liens vers : - *PATIENTS sur SUBJECT_ID*
patients	Contient toutes les données cartographiques pour tous les patients. Nombre de lignes : 46 520 Liens vers : - *ADMISSIONS sur SUBJECT_ID* - *ICUSTAYS sur SUBJECT_ID*
icustays	Définit chaque ICUSTAY_ID dans la base de données, c'est-à-dire définit un seul séjour USI. Nombre de rangs : 61 532 Liens vers : - *PATIENTS sur SUBJECT_ID* - *ADMISSIONS sur HADM_ID*

chartevents	CHARTEVENTS contient toutes les données cartographiques disponibles pour un patient. Pendant leur séjour en USI, le référentiel principal de l'information d'un patient est leur carte électronique. La carte électronique affiche les signes vitaux de routine des patients et toutes les informations supplémentaires pertinentes pour leurs soins : réglages du ventilateur, valeurs du laboratoire, statut du code, état mental, etc. En conséquence, l'essentiel des informations sur le séjour d'un patient est contenu dans CHARTEVENTS. En outre, même si les valeurs de laboratoire sont capturées ailleurs (LABEVENTS), elles sont fréquemment répétées dans CHARTEVENTS. Cela se produit parce qu'il est souhaitable d'afficher les valeurs de laboratoire sur la carte électronique du patient, et ainsi les valeurs sont copiées à partir de la base de données stockant les valeurs de laboratoire dans la base de données stockant les CHARTEVENTS. *Nombre de lignes :* 330 712 483 Liens vers : - *PATIENTS sur SUBJECT_ID* - *ADMISSIONS sur HADM_ID* - *ICUSTAYS sur ICUSTAY_ID* - *D_ITEMS sur ITEMID* - *CAREGIVERS sur CGID*
d_items	Tableau de définition pour tous les éléments des bases de données de l'USI. Nombre de lignes : 12 487 Liens vers : - *CHARTEVENTS sur ITEMID* - *DATETIMEEVENTS sur ITEMID* - *INPUTEVENTS_CV sur ITEMID* - *INPUTEVENTS_MV sur ITEMID* - *MICROBIOLOGYEVENTS sur SPEC_ITEMID, ORG_ITEMID ou AB_ITEMID* - *OUTPUTEVENTS sur ITEMID* - *PROCEDUREEVENTS_MV sur ITEMID*

outputevents	Données de sortie pour les patients. Nombre de lignes : 4 349 218 Liens vers : - *PATIENTS sur SUBJECT_ID* - *ADMISSIONS sur HADM_ID* - *ICUSTAYS sur ICUSTAY_ID* - *D_ITEMS sur ITEMID* - *CAREGIVERS sur CGID*
d_labitems	Tableau de définition pour toutes les mesures de laboratoire. *Nombre de lignes : 753* *Liens vers :* - *LABEVENTS sur ITEMID*
labevents	Contient toutes les mesures de laboratoire pour un patient donné, y compris les données patient. Nombre de lignes : 27 854 055 Liens vers : - *PATIENTS sur SUBJECT_ID* - *ADMISSIONS sur HADM_ID* - *D_LABITEMS sur ITEMID*
SAPSII	C'est un système de classification de gravité de la maladie. Son nom signifie «score de physiologie aiguë simplifiée» et est l'un des nombreux systèmes de notation ICU. Ce score est calculé à partir de 12 mesures physiologiques de routine au cours des 24 premières heures, d'informations sur l'état de santé antérieur et de certaines informations obtenues lors de l'admission.

Table A.1 – Description des tables utilisées

Annexe B

Codes : KNN & DTW

- KNN Code [Wong] :

```
import numpy as np
from scipy.spatial import distance
from collections import Counter

class KNNClassifier(object):
    """K-nearest neighbor classifier.
    """
    def __init__(self, n_neighbors=3, metric=distance.euclidean):
        """Initialize the kNN object.

        Args:
            n_neighbors (int, optional): number of neighbors to use by default
            for KNN (default = 3)

            metric (callable, optional): the metric used to calculate the
            distance between two arrays (default = distance.euclidean)
        """
        self.n_neighbors = n_neighbors
        self.metric = metric
        if not callable(self.metric):
            raise TypeError("metric must be callable")

    def _cdist(self, X, Y):
        """Computes distance between each pair of the two collections of inputs

        Args:
            X (list or array): array with length of mX.
            Y (list or array): array with length of mY.

```

```
        Returns:
            dm (array): A distance matric, D. For each (i,j) element, the
            metric(X_i, Y_j) is computed and stored in the distance matric.
        """
        X = np.array(X)
        Y = np.array(Y)
        mX = X.shape[0]
        mY = Y.shape[0]

        # Zero matric for starting
        dm = np.zeros((mX, mY), dtype=np.double)

        # Get the metric function
        metric = self.metric

        # Calculate the pairwise distance
        for i in range(0, mX):
            for j in range(0, mY):
                dm[i, j] = metric(X[i], Y[j])

        return dm

    def fit(self, training_data, training_label):
        """Fit the model by training data (training_data) and label
        (training_label)

        Args:
            training_data (list or array): the length of list or array
    should
            equal the number of data points.
            training_label (list or array): the length of list or array
    should
            equal the number of data points.
        """
        # check the dimension of training data and label
        training_data = np.array(training_data)
        training_label = np.array(training_label)
        data_samples = training_data.shape[0]
        label_samples = training_label.shape[0]

        if data_samples != label_samples:
            raise ValueError("Data and label samples must have same size.")
        if data_samples < self.n_neighbors:
            raise ValueError("Data size must be greater than n_neighbors.")
        if data_samples == 0:
            raise ValueError("Data size must be greater than 0.")

        # store the data and label for future training
        self.training_data = np.array(training_data)
```

```
        self.training_label = np.array(training_label).reshape(-1,)

    def _get_KNN_labels(self, d_matrix, n_neighbors):

        # Get the indices that would sort an array.
        sorted_indices = d_matrix.argsort()

        # Get the indices for the n nearest inputs
        KNN_indices = sorted_indices[:,:n_neighbors]

        # Get the k nearest labels
        KNN_labels = self.training_label[KNN_indices]

        return KNN_labels

    def predict(self, testing_data):
        """Predict the labeling for the testing data.
        Args:
            testing_data (list or array): length of list or array equal the
            number of testing data points.

        Returns:
            array: the predicted label
        """
        testing_data = np.array(testing_data)
        dm = self._cdist(testing_data, self.training_data)
        KNN_labels = self._get_KNN_labels(dm, self.n_neighbors)

        voting_statistics = [Counter(KNN_label).most_common() for KNN_label
    in KNN_labels]
        predicted_label = [vote[0][0] for vote in voting_statistics]

        return np.array(predicted_label)

if __name__ == "__main__":
    clf = KNNClassifier(n_neighbors=3, metric=distance.euclidean)
    print( clf.__class__.__name__)
```

• Dynamic Time Warping Code [Wong] :

```
"""Implementation de la deformation temporelle dynamique DTW pour calculer
    la distance de similarite entre deux  series chronologiques multivariees.
"""

import numpy as np
import pandas as pd

def dynamic_time_wraping(a, b, metric):
    """Returns the minimum cost between two time series, distance matrix,
    and
```

```
    the cost matrix.
    Args:
        a (list or numpy array): list/array with length n_a, which
    represents
        data points of the time series.
        b (list or numpy array): list/array with length n_a, which
    represents
        data points of the time series.
        metrix (callable): local distance function to calculate the distance
        between data points in two time series.

    Returns:
        float: the minimum cost between two time series.
        array: distance matrix
        array: cost matrix
    """
    # Check the inputs
    for x in (a,b):
        if not (isinstance(x, list) or isinstance(x, np.ndarray)):
            raise TypeError("input must be a list or numpy array")

    # Create cost matrix with shape [n_a, n_b]
    a, b = np.array(a), np.array(b)
    n_a, n_b = len(a), len(b)
    cost_matrix = np.zeros((n_a, n_b))

    # Initialize the first row and column
    cost_matrix[0,0] = metric(a[0],b[0])
    for i in range(1, n_a):
        cost_matrix[i, 0] = cost_matrix[i-1, 0] + metric(a[i],b[0])
    for j in range(1, n_b):
        cost_matrix[0, j] = cost_matrix[0, j-1] + metric(a[0], b[j])

    # Calculate the subsection of cost matrix
    for i in range(1, n_a):
        for j in range(1, n_b):
            cost_matrix[i, j] = min(cost_matrix[i-1, j-1], cost_matrix[i, j
    -1],
                    cost_matrix[i-1, j]) + metric(a[i],b[j])

    # Return DTW distance
    return np.sqrt(cost_matrix[n_a-1, n_b-1]), cost_matrix[1:,1:]

def wraping_path(cost_matrix):
    """Return the optimal warping path. Code is based on the algorithm from
    Chapter 4 in "Information Retrieval for Music and Motion".
    """
    # The last point of the optimal wraping path
    path = [[x-1 for x in cost_matrix.shape]]
```

```
55      n, m = path[-1]
56
57      while not (n == 0 and m == 0):
58          if n == 0:
59              m -= 1
60          elif m == 0:
61              n -= 1
62          else:
63              choices = [cost_matrix[n-1, m-1], cost_matrix[n-1, m],
    cost_matrix[n, m-1]]
64              index = np.argmin(choices)
65              if index == 0:
66                  n, m = n-1, m-1
67              elif index == 1:
68                  n -= 1
69              else:
70                  m -= 1
71          path.append([n,m])
72      path.reverse()
73
74      return np.array(path)
75
76  def LB_Keogh(s1,s2,r):
77      LB_sum=0
78      for ind,i in enumerate(s1):
79
80          lower_bound=min(s2[(ind-r if ind-r>=0 else 0):(ind+r)])
81          upper_bound=max(s2[(ind-r if ind-r>=0 else 0):(ind+r)])
82
83          if i>upper_bound:
84              LB_sum+=(i-upper_bound)**2
85          elif i<lower_bound:
86              LB_sum+=(i-lower_bound)**2
87
88      return np.sqrt(LB_sum)
89
90  def LB_MV(a, b, r):
91      """Returns the lower bound Keogh for multivariate time series.
92      Args:
93          a (list or numpy array): list/array with length n_a, which
    represents
94          data points of the time series.
95          b (list or numpy array): list/array with length n_a, which
    represents
96          data points of the time series.
97          metrix (callable): local distance function to calculate the distance
98          between data points in two time series.
99
100     Returns:
```

```
        float: the minimum cost between two time series.
        array: distance matrix
        array: cost matrix
    """

    LB_sum=0
    for ind,a_i in enumerate(a):
        #
        lower_bound=np.min(b[(ind-r if ind-r>=0 else 0):(ind+r)], axis=0)
        upper_bound=np.max(b[(ind-r if ind-r>=0 else 0):(ind+r)], axis=0)

        LB_sum += np.dot(a_i > upper_bound,(a_i-upper_bound)**2)
        LB_sum += np.dot(a_i < lower_bound,(a_i-lower_bound)**2)

    return np.sqrt(LB_sum)

def test():
    import matplotlib.pyplot as plt
    from scipy.spatial import distance
    from timeit import default_timer as timer

    metric = lambda x,y: np.sqrt(np.sum((x-y)**2))

    x=np.linspace(0,4*np.pi,48)
    ts1=np.random.rand(48,8)
    ts2=np.random.rand(48,8)

    plt.figure()
    plt.plot(x, ts1)
    plt.plot(x,ts2)

    r = int(round(len(ts1)/10.0))
    print(r)

    start = timer()
    print("DTW:", dynamic_time_wraping(ts1, ts2, metric)[0])
    end = timer()
    print('time:', end-start)


    start = timer()
    print("LB_MV:", LB_MV(ts1,ts2,r))
    end = timer()
    print(end-start)


if __name__ == "__main__":
    test()
```

Annexe C

Data-Extraction

extraction

May 29, 2018

Extraction de données: Le but de ce notebook est d'extraire les données, y compris les séries temporelles multivariées de la base de données MIMIC-III. Mise en place du MIMIC-III Ce projet utilise les données de la base de données Medical Information Mart for Intensive Care (MIMIC-III). MIMIC-III contient des informations relatives aux patients admis dans les unités de soins intensifs du Beth Israel Deaconess Medical Center à Boston, Massachusetts. Avant d'extraire des données, MIMIC-III est installé dans une base de données PostgreSQL locale sous Windows. Le tutoriel sur l'installation de la base de données est disponible sur le site officiel de MIMIC-III. Puisque nous utiliserons le score SAPS-II comme référence sur la prédiction de la mortalité, nous devons calculer le score dans la base de données. Le code permettant de créer une vue matérialisée pour le score SAPS-II est également disponible dans GitHub.

In [5]:
```
# Importer des bibliothèques
import numpy as np
import pandas as pd
import matplotlib.pyplot as plt
import psycopg2
import os
import seaborn as sns

# pour imprimer des jolies images utilisant Pandas
from IPython.display import display, HTML

%matplotlib inline
plt.style.use('ggplot')

# les informations utilisées pour créer une connexion à la base de données, stockées en
dbinfo = "user=postgres dbname=mimic password=postgres"
```

L'extraction de données commencera par l'écriture de certaines fonctions qui seront utilisées dans ce cahier.

In [14]:
```
def execute_query(query, dbinfo, params=None):
    """Exécute la requête sur la base de données locale.
    ăăăă
    ăăăă Args:
    ăăăăăăăă query (string): requête sql
    ăăăăăăăă dbinfo (string): chaînes de connexion, par exemple,
             "user = postgres dbname = mimic password = postgres"
```

```
ăăăăăăăă params (dictionnaire): paramètres pour les requêtes SQL
ăăăăăăăă
ăăăă Résultats:
ăăăăăăăă Pandas dataFrame ou exception.
ăăăă """

    try:
        with psycopg2.connect(dbinfo) as con:
            # use pandas to read the query
            df = pd.read_sql_query(query, con, params=params)
            return df

    except (Exception, psycopg2.DatabaseError) as error:
        print(error)

def get_path(filename, suffix):
    """Retourne le chemin
ăăăă
ăăăă Args:
ăăăăăăăă filename (string): nom du fichier
ăăăăăăăă suffix (string): extension du fichier
ăăăăăăăă
ăăăă Résultats:
ăăăăăăăă chemin
ăăăă """
# Créer le chemin pour le fichier
    cwd = os.getcwd()
    dir_name = os.path.join(cwd, 'data')

    return os.path.join(dir_name, filename + "." + suffix)

def save_to_csv(df, path):
    """Sauvegarde la donnée extraite dans le fichier csv sous le dossier" data ".
ăăăă
ăăăă Args:
ăăăăăăăă df (Pandas Dataframe): la base de données devait être sauvegardée
ăăăăăăăă filename (string): nom du fichier
ăăăăăăăă
ăăăă Résultats:
ăăăăăăăă Aucun
ăăăă """
    dir_name, filename = os.path.split(path)
    if not os.path.exists(dir_name):
        os.makedirs(dir_name)

    df.to_csv(path)
```

D'abord, nous pouvons plonger et obtenir une liste de toutes les tables dans MIMIC-

III. Il devrait y avoir 26 tables dans la base de données sous le nom de schéma "mimiciii" (https://mimic.physionet.org/).

```
In [17]: query = """select * from pg_tables where schemaname='mimiciii' and hasindexes"""

         # obtenir les tables
         tables = execute_query(query, dbinfo)

         print("Taille de la table:", tables.shape, "\n")

         print("Les 5 premières lignes de la table sont:")
         tables.head()
```

```
Taille de la table: (43, 8)

Les 5 premières lignes de la table sont:
```

```
Out[17]:   schemaname      tablename tableowner tablespace  hasindexes  hasrules  \
         0   mimiciii  chartevents_1   postgres       None        True     False
         1   mimiciii  chartevents_2   postgres       None        True     False
         2   mimiciii  chartevents_3   postgres       None        True     False
         3   mimiciii  chartevents_4   postgres       None        True     False
         4   mimiciii  chartevents_5   postgres       None        True     False

            hastriggers  rowsecurity
         0        False        False
         1        False        False
         2        False        False
         3        False        False
         4        False        False
```

Puisque nous nous concentrons sur les tables sous le nom de schéma "mimiciii", nous établissons un chemin de recherche pour plus de commodité.

```
In [8]: # schema name for setting a search path
        schema_name = 'mimiciii'
        query_schema = 'set search_path to ' + schema_name + ';'
```

Sélection de cohorte: La sélection de la cohorte est basée sur trois tableaux: patients, admissions et icustays. patients: informations sur un patient qui ne change pas - par ex. date de naissance, sexe génotypique admissions: informations enregistrées lors de l'admission à l'hôpital - type d'admission (option, urgence), heure d'admission icustays: informations enregistrées sur l'admission en unité de soins intensifs - principalement les heures d'admission et de sortie Les données que nous avons considérées lorsque ces conditions sont vraies: - Les patients ont plus de 16 ans - La durée du séjour en USI est supérieure à 1 jour mais inférieure à 10 jours - La première admission en unité de soins intensifs pendant le séjour en unité de soins intensifs - Les événements médicaux inattendus - Admissions avec des données de graphique

In [9]:
```
# les paramètres passeront à la requête SQL Pandas
cohort_params = {'year': 60.0*60.0*24.0*365.242, 'minage': 16, 'minstay': 1, 'maxstay':

cohort_query = query_schema + """
-- t0 est généré à partir de la table 'icustays'
WITH t0 AS
(
    SELECT icu.subject_id, icu.hadm_id, icu.icustay_id
    , round(cast(extract('epoch' from icu.intime - pat.dob)/%(year)s as numeric),2) AS a
    , round(cast(icu.los as numeric),2) as los
    , RANK() OVER (PARTITION BY icu.subject_id ORDER BY icu.intime) AS icustay_order
    , CASE
        WHEN round(cast(extract('epoch' from icu.intime - pat.dob)/%(year)s as numeric),
        ELSE 0 END AS excl_age
    , CASE
        WHEN (icu.los BETWEEN %(minstay)s AND %(maxstay)s) THEN 0 ELSE 1 END AS excl_los
    , CASE
        WHEN RANK() OVER (PARTITION BY icu.subject_id ORDER BY icu.intime) != 1 THEN 1
        ELSE 0 END AS excl_icustay
    FROM icustays icu INNER JOIN patients pat ON icu.subject_id = pat.subject_id
)
-- t1 est généré à partir de la table "admissions"
, t1 AS
(
    SELECT adm.admission_type, adm.hadm_id, adm.has_chartevents_data
    , CASE
        WHEN admission_type IN ('EMERGENCY', 'URGENT') THEN 0
        ELSE 1 END AS excl_plan
    , CASE
        WHEN adm.has_chartevents_data = 1 then 0 else 1 end as excl_chartevents
    FROM admissions as adm
)
SELECT
-- les attributs
t0.subject_id, t0.hadm_id, t0.icustay_id, t0.age, t0.los,
t1.admission_type, t1.has_chartevents_data,

-- exclusions
t0.icustay_order, t0.excl_age, t0.excl_los, t0.excl_icustay,
t1.excl_plan, t1.excl_chartevents

FROM t0 INNER JOIN t1 ON t0.hadm_id = t1.hadm_id
"""
#icustay_id is the primary key in cohort table
cohort_table = execute_query(cohort_query, dbinfo, params=cohort_params)

print("Dimensions de la table de cohorte:", cohort_table.shape)
```

```
cohort_table.head()
```

```
Dimensions de la table de cohorte: (61532, 13)
```

Out[9]:

	subject_id	hadm_id	icustay_id	age	los	admission_type
0	58526	100001	275225	35.48	4.26	EMERGENCY
1	54610	100003	209281	59.91	1.94	EMERGENCY
2	9895	100006	291788	48.92	4.98	EMERGENCY
3	23018	100007	217937	73.82	4.10	EMERGENCY
4	533	100009	253656	60.80	2.49	EMERGENCY

	has_chartevents_data	icustay_order	excl_age	excl_los	excl_icustay
0	1	1	0	0	0
1	1	1	0	0	0
2	1	1	0	0	0
3	1	1	0	0	0
4	1	1	0	0	0

	excl_plan	excl_chartevents
0	0	0
1	0	0
2	0	0
3	0	0
4	0	0

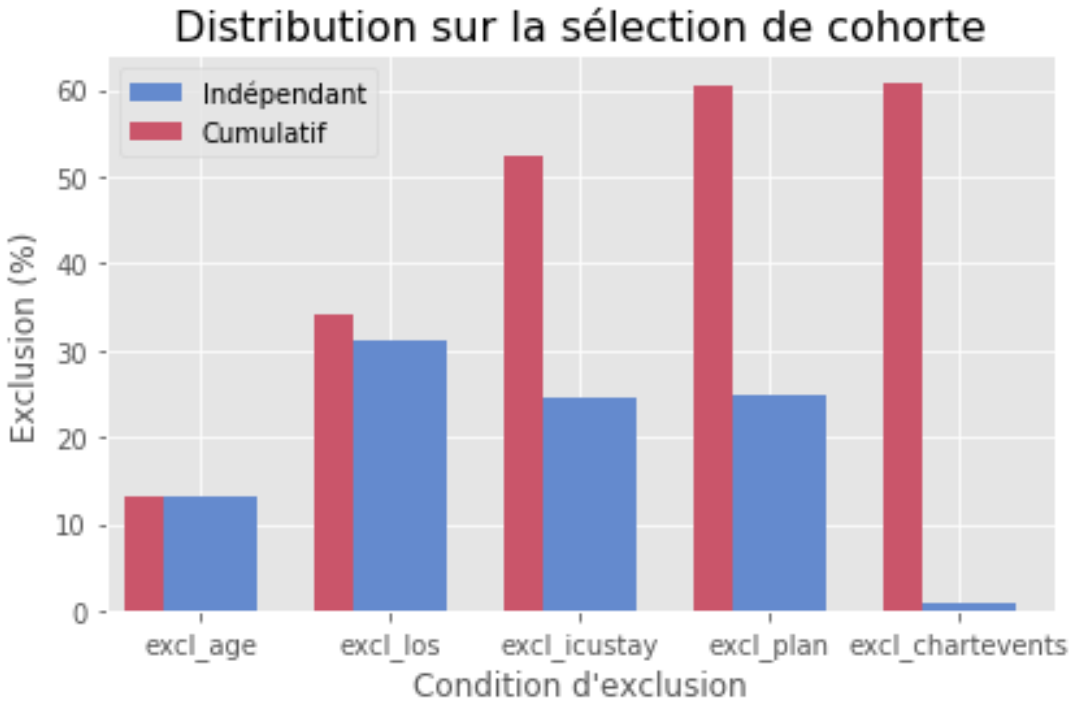
Puisque toutes les exclusions sont énumérées dans le tableau, les critères d'exclusion sont clairement énoncés. Nous résumons la sélection de la cohorte en totalisant les statistiques.

In [10]:
```
# imprimer les deux premières lignes
print( '{:25s} {:5s}'.format('Condition:', 'valeur(%)') )
print( '{:25s} {:5d} ({:2.2f}%)'.format('Total des observations', cohort_table.shape[0]

# créer une liste booléenne avec df.shape [0] comme index d'exclusion
idxExcl = np.zeros(cohort_table.shape[0],dtype=bool)

# créer un dictionnaire pour stocker les données
excl_contribution = []
excl_cumulative_sum = []
columns = []

# calcule le pourcentage d'exclusion pour chaque condition
for col in cohort_table.columns:
    if "excl_" in col:
        columns.append(col)
        count = cohort_table[col].sum()
        contribution = count*100.0/cohort_table.shape[0]
        print('{:25s} {:5d} ({:2.2f}%)'.format(col, count, contribution))
        idxExcl = (idxExcl) | (cohort_table[col]==1) # au niveau du bit ou
```

```
            cumulative_sum = idxExcl.sum() # compter la somme cumulée des cas d'exclusion
            excl_contribution.append(contribution)
            excl_cumulative_sum.append(cumulative_sum/cohort_table.shape[0]*100)

    # imprimer un résumé du nombre d'observations exclues en fonction des contraintes donné
    print('')
    print('{:25s} {:5d} ({:2.2f}%)'.format('Total exclu', np.sum(idxExcl), np.sum(idxExcl)*
    print('{:25s} {:5d} ({:2.2f}%)'.format('Total inclu', cohort_table.shape[0] - np.sum(id
                                           100 - np.sum(idxExcl)*100.0/cohort_table.shape[0

    # créer un graphique pour montrer l'exclusion
    def cohort_plot(contribution, cumulative_sum, columns):
        """

    ăăăă Afficher la sélection de cohrt.
    ăăăă
    ăăăă contributions:
    ăăăăăă - contirbution: (liste) la liste de la contribution indepdente de la condition d
    ăăăăăă - cumulative_sum: (liste) la liste de la somme cumulée des conditions données su
    ăăăăăă - colonnes: (liste) la liste des noms
    ăăăă
        """
        # Nombre de barres
        n = len(contribution)

        # Créer le graphique
        fig = plt.figure(figsize = (6,4))

        plt.title("Distribution sur la sélection de cohorte", fontsize = 16)
        plt.bar(np.arange(n), contribution, width = 0.6, align="center", color = '#648ace',
              label = "Indépendant")
        plt.bar(np.arange(n) - 0.3, cumulative_sum, width = 0.2, align = "center", color =
              label = "Cumulatif")
        plt.xticks(np.arange(n), columns)
        plt.xlim((-0.5, n-0.5))
        plt.ylabel("Exclusion (%)", fontsize = 12)
        plt.xlabel("Condition d'exclusion", fontsize = 12)
        plt.legend(loc = 'upper left')
        if not os.path.exists('plot'):
            os.makedirs('plot')
        plt.savefig('plot/distribution_sélection_cohorte')

        plt.tight_layout()
        plt.show()

    cohort_plot(excl_contribution, excl_cumulative_sum, columns)
```

```
Condition:                valeur(%)
```

```
Total des observations    61532 (100.00%)
excl_age                   8109 (13.18%)
excl_los                  19089 (31.02%)
excl_icustay              15056 (24.47%)
excl_plan                 15331 (24.92%)
excl_chartevents            481 (0.78%)

Total exclu               37495 (60.94%)
Total inclu               24037 (39.06%)
```



Au total, environ 61% des patients sont exclus pour les raisons que nous avons mentionnées. Nous pouvons maintenant obtenir les identifiants de séjour de la cohorte, qui seront utilisés pour l'exploration et l'analyse des données.

```
In [11]: # rejoindre toutes les conditions d'exclusion
         conditions = (cohort_table['excl_age']==0) & (cohort_table['excl_los']==0) \
                         & (cohort_table['excl_icustay']==0) & (cohort_table['excl_plan']==0) \
                         & (cohort_table['excl_chartevents']==0)

         # Sélectionnez la cohorte en fonction des conditions de jointure donnant
         cohort = cohort_table[conditions]

         # obtenir les cohortID
         cohortIDs = tuple([x for x in cohort['icustay_id']]) # cast to integer
```

```
print( 'Total des observations dans la cohorte:', cohort.shape[0])
cohort.head()
```

```
Total des observations dans la cohorte: 24037
```

Out[11]:

	subject_id	hadm_id	icustay_id	age	los	admission_type	\
0	58526	100001	275225	35.48	4.26	EMERGENCY	
1	54610	100003	209281	59.91	1.94	EMERGENCY	
2	9895	100006	291788	48.92	4.98	EMERGENCY	
3	23018	100007	217937	73.82	4.10	EMERGENCY	
4	533	100009	253656	60.80	2.49	EMERGENCY	

	has_chartevents_data	icustay_order	excl_age	excl_los	excl_icustay	\
0	1	1	0	0	0	
1	1	1	0	0	0	
2	1	1	0	0	0	
3	1	1	0	0	0	
4	1	1	0	0	0	

	excl_plan	excl_chartevents
0	0	0
1	0	0
2	0	0
3	0	0
4	0	0

Démographie de la cohorte Les détails généraux des patients peuvent être extraits des tableaux: patients et icustays. Le sexe, l'âge, le temps, le temps passé, la durée du séjour et la survie sont considérés. De plus, le décès à l'hôpital est également calculé.

In [20]:
```
# définir les paramètres
params = {'year': 60.0*60.0*24.0*365.242, 'day': 60.0*60.0*24.0, 'cohortIDs':cohortIDs}

# écrire la requête
query = query_schema + """
SELECT icu.subject_id, icu.hadm_id, icu.icustay_id, pat.gender, icu.dbsource
, ROUND(CAST(EXTRACT(epoch FROM icu.intime - pat.dob)/%(year)s AS numeric),2) AS age
, icu.intime
, round(cast(extract(epoch from adm.dischtime - icu.intime)/%(day)s as numeric), 2) as
, case
    when (pat.dod is not null)
    then round(cast(extract(epoch from pat.dod - icu.intime)/%(day)s as numeric), 2)
    else -1 end as survival
, case
    when round(cast(extract(epoch from adm.dischtime - icu.intime)/%(day)s as numeric),
         >= round(cast(extract(epoch from pat.dod - icu.intime)/%(day)s as numeric), 2)
    then 1 else 0 end as in_hospital_death
FROM icustays icu
```

```
INNER JOIN patients pat ON icu.subject_id = pat.subject_id
INNER JOIN admissions adm on adm.hadm_id = icu.hadm_id
WHERE icu.icustay_id in %(cohortIDs)s
ORDER BY icu.subject_id, icu.intime;
"""
# exécuter la requête
patient_details = execute_query(query, dbinfo, params=params)
print("Dimensions de la table des détails des patients:", patient_details.shape)

patient_details.head()
```

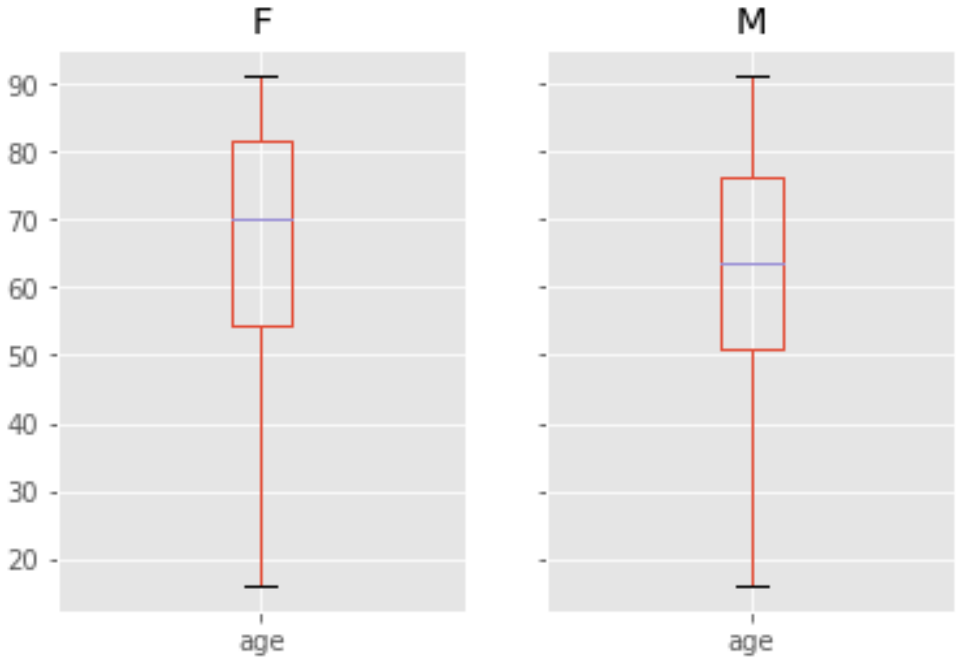
```
Dimensions de la table des détails des patients: (24037, 10)
```

Out[20]:

	subject_id	hadm_id	icustay_id	gender	dbsource	age	intime	los	survival	in_hospital_death
0	3	145834	211552	M	carevue	76.53	2101-10-20 19:10:11	10.78	236.20	0
1	4	185777	294638	F	carevue	47.85	2191-03-16 00:29:31	7.76	-1.00	0
2	9	150750	220597	M	carevue	41.79	2149-11-09 13:07:02	4.88	4.45	1
3	11	194540	229441	F	carevue	50.15	2178-04-16 06:19:32	25.53	211.74	0
4	13	143045	263738	F	carevue	39.87	2167-01-08 18:44:25	6.85	-1.00	0

Pour protéger la confidentialité du patient, toutes les dates dans la base de données ont été décalées. De plus, la date de naissance du patient a été décalée avant l'année 1900 si le patient est âgé de plus de 89 ans. Dans ces cas, l'âge du patient à la première admission a été fixé à 300 ans. L'âge médian pour ce groupe de patients est de 91,4 (https://mimic.physionet.org/mimictables/patients/). Par conséquent, l'âge des patients de plus de 89 ans est remplacé par la médiane, qui est de 91,4 ans.

In [21]:
```
# identifier le groupe dans lequel leurs âges sont décalés
shifted_age = patient_details['age'] >= 300

# remplacer l'âge avec 91,4
patient_details.loc[shifted_age, 'age'] = 91.4

# diagramme en boîte
age_bplot = patient_details[['gender','age']].groupby('gender').boxplot(return_type='ax
```



Dans la section suivante, la taille et le poids moyens des patients sont extraits des tableaux: charttime et icustay. La requête SQL est modifiée à partir de la requête SQL à partir du code dans GitHub.

```
In [22]: # the query to get the height and weight
         query = query_schema + """
         with rawdata as
             ( -- extraction, transformation et nettoyage de données
             SELECT c.charttime, c.itemid,c.subject_id, c.icustay_id,
             CASE
                 WHEN c.itemid IN (762, 763, 3723, 3580, 3581, 3582, 226512) THEN 'WEIGHT'
                 WHEN c.itemid IN (920, 1394, 4187, 3486, 3485, 4188, 226707) THEN 'HEIGHT'
             END AS category,
             -- Assurer que tous les poids sont en kg et que les hauteurs sont en centimètres
             CASE
                 WHEN c.itemid IN (3581, 226531) THEN c.valuenum * 0.45359237            -- lb e
                 WHEN c.itemid IN (3582) THEN c.valuenum * 0.0283495231                  -- once
                 WHEN c.itemid IN (920, 1394, 4187, 3486, 226707) THEN c.valuenum * 2.54 -- in e
                 ELSE c.valuenum
             END AS valuenum
             FROM chartevents c
                 WHERE c.icustay_id in %(cohortIDs)s
                       AND c.valuenum IS NOT NULL
                       -- exclude rows marked as error
                       AND c.error IS DISTINCT FROM 1 -- not 1
                       AND c.itemid IN (-- Carevue
```

```
                                    762, 763, 3723, 3580,                   -- Poids Kg
                                    3581,                                   -- Poids lb
                                    3582,                                   -- Poids oz
                                    920, 1394, 4187, 3486,                  -- taille inc
                                    3485, 4188,                             -- taille cm
                                    -- Metavision
                                    226707,                                 -- taille, cm
                                    226512)                                 -- Poids d'ad
                    AND c.valuenum <> 0
        )
    , singlefeature as
        ( -- feature selection
        SELECT distinct subject_id, icustay_id, category,
        avg(valuenum) over
            (partition BY subject_id, icustay_id, category
             order by charttime ROWS BETWEEN UNBOUNDED PRECEDING AND UNBOUNDED FOLLOWING) A
        FROM rawdata order by subject_id, icustay_id, category
        )
    , pivotfeatures AS
        (
        SELECT subject_id, icustay_id,
        MAX(case when category = 'HEIGHT' then avg_valuenum else NULL end) AS height_avg,
        MAX(case when category = 'WEIGHT' then avg_valuenum else NULL end) AS weight_avg
        FROM singlefeature GROUP BY subject_id, icustay_id
        )

    SELECT f.icustay_id, f.subject_id,
    ROUND(cast(f.height_avg as numeric),1) AS height_avg,
    ROUND(cast(f.weight_avg as numeric),1) AS weight_avg
    FROM pivotfeatures f ORDER BY subject_id, icustay_id;
    """

    patient_weightheight = execute_query(query, dbinfo, params=params)
    patient_weightheight.head()
```

Out[22]:

	icustay_id	subject_id	height_avg	weight_avg
0	211552	3	179.1	101.9
1	294638	4	NaN	53.6
2	220597	9	182.9	102.9
3	263738	13	144.8	73.6
4	217847	21	175.3	65.3

Ensuite, la relation poids / taille du patient est concaténée dans la relation détail patient. La relation résultante est enregistrée pour une utilisation future.

```
In [11]: # Pour concaténer les tables patient_details et patient_weightheight
    cols_to_use = patient_weightheight.columns.difference(patient_details.columns)
    patient_details = pd.concat([patient_details, patient_weightheight[cols_to_use]], axis=
```

```
        # Pour enregistrer l'élément de données dans 'patient_details'
        file_path = get_path('patient_details', 'csv')
        if not os.path.exists('data'):
            os.makedirs('data')
        save_to_csv(patient_details, file_path)
        print("Dimensions de la table concaténée :", patient_details.shape)

        # Afficher la table concaténée
        patient_details.head()
```

```
Dimensions de la table concaténée : (24037, 12)
```

Out[11]:

	subject_id	hadm_id	icustay_id	gender	dbsource	age	intime	\
0	3	145834	211552	M	carevue	76.53	2101-10-20 19:10:11	
1	4	185777	294638	F	carevue	47.85	2191-03-16 00:29:31	
2	9	150750	220597	M	carevue	41.79	2149-11-09 13:07:02	
3	11	194540	229441	F	carevue	50.15	2178-04-16 06:19:32	
4	13	143045	263738	F	carevue	39.87	2167-01-08 18:44:25	

	los	survival	in_hospital_death	height_avg	weight_avg
0	10.78	236.20	0	179.1	101.9
1	7.76	-1.00	0	NaN	53.6
2	4.88	4.45	1	182.9	102.9
3	25.53	211.74	0	144.8	73.6
4	6.85	-1.00	0	175.3	65.3

Mesures physiologiques: Les mesures physiologiques liées au score de SAPS-II ont été choisies pour caractériser l'état du patient. Ces mesures sont: fréquence cardiaque, pression artérielle systolique, fréquence respiratoire, température, GCS, urine, nombre de globules blancs, azote uréique sanguin, potassium, sodium, bicarbonate, pression partielle d'oxygène et fraction d'oxygène inspiré. La fréquence cardiaque, la fréquence respiratoire, la pression artérielle systolique, la GCS et la température sont enregistrées dans le tableau des caractéristiques. La sortie d'urine est enregistrée dans la table outputevents. Les globules blancs, l'azote uréique du sang, le potassium, le sodium, le bicarbonate, la pression partielle d'oxygène et la fraction d'oxygène inspiré sont enregistrés dans le tableau des laves. Nous commençons l'extraction des données de la table chartevents. La mesure est échantillonnée de manière irrégulière lorsque le patient est en réanimation, mais nous considérons uniquement les données générées à partir du premier jour de séjour en unité de soins intensifs car il est plus important d'identifier le patient à haut risque dans son séjour précoce en réanimation.

```
In [12]: # définir les paramètres : les élements  en chartevents, outputevents, et labevents son
         # les données du graphique ont deux sources, carevue et métavision. Les deux sont consi
         params = {'chartitems':(211,     # Heart rate
                                 220045,  # Heart rate
                                     51,  # Arterial BP [Systolic]
                                    442,  # Manual BP [Systolic]
                                    455,  # NBP [Systolic]
```

```
                6701,     # Arterial BP [Systolic]
               220179,     # Non Invasive Blood Pressure systolic
               220050,     # Arterial Blood Pressure systolic
                  676,     # Temperature C
                  677,     # Temperature C
                  678,     # Temperature F
                  679,     # Temperature F calc
               223762,     # Temperature C
               223761,     # Temperature F
                  723,     # GCSVerbal
                  454,     # GCSMotor
                  184,     # GCSEyes
               223900,     # GCS - Verbal Response
               223901,     # GCS - Motor Response
               220739,     # GCS - Eye Opening
                  618,     # Respiratory Rate
                  615,     # Resp Rate (Total)
               220210,     # Respiratory Rate
               224690      # Respiratory Rate (Total)
              ),
    'outputitems':(
                  40055, # "Urine Out Foley"
                  43175, # "Urine ."
                  40069, # "Urine Out Void"
                  40094, # "Urine Out Condom Cath"
                  40715, # "Urine Out Suprapubic"
                  40473, # "Urine Out IleoConduit"
                  40085, # "Urine Out Incontinent"
                  40057, # "Urine Out Rt Nephrostomy"
                  40056, # "Urine Out Lt Nephrostomy"
                  40405, # "Urine Out Other"
                  40428, # "Urine Out Straight Cath"
                  40086, # Urine Out Incontinent
                  40096, # "Urine Out Ureteral Stent #1"
                  40651, # "Urine Out Ureteral Stent #2"
                  226559, # "Foley"
                  226560, # "Void"
                  226561, # "Condom Cath"
                  226584, # "Ileoconduit"
                  226563, # "Suprapubic"
                  226564, # "R Nephrostomy"
                  226565, # "L Nephrostomy"
                  226567, # Straight Cath
                  226557, # R Ureteral Stent
                  226558, # L Ureteral Stent
                  227489  # GU Irrigant/Urine Volume Out
                 ),
    'labitems':(
```

```
                                51300, # WBC
                                51301, # WBC
                                51006, # BUN
                                50822, # Potassium
                                50971, # Potassium
                                50983, # Sodium
                                50824, # Sodium
                                50882, # HCO3
                                50821, # PO2
                                50816, # FIO2
                                50885  # 'BILIRUBIN'
            ),
                  'cohortIDs': cohortIDs}
```

Extraction de données de la table chartevents

```
In [20]: query = query_schema + """
         with cohort as
         ( -- select the ICU stay IDs of the cohort
         select icu.icustay_id, icu.intime FROM icustays icu
         where icu.icustay_id in %(cohortIDs)s
         ), rawdata as
         (-- only the data in the first day of ICU stay is considered
         select c.icustay_id, cohort.intime, c.charttime,
         cast(c.charttime - cohort.intime as interval) as time,
         c.itemid, c.valuenum
         from chartevents c inner join cohort on cohort.icustay_id = c.icustay_id
         where c.charttime between cohort.intime and cohort.intime + INTERVAL '1 day'
             and c.itemid in %(chartitems)s
             and c.valuenum IS NOT NULL
             and c.error IS DISTINCT FROM 1
             --and c.valuenum <> 0.0
         ), combination as
         (-- combine data
         select rd.icustay_id, rd.intime, rd.time, rd.itemid,
         case
             when rd.itemid in (211, 220045) then 'heart rate'
             when rd.itemid in (51, 442, 455, 6701, 220179, 220050) then 'sys_BP'
             when rd.itemid in (723, 223900, 454, 223901, 184, 220739) then 'GCS'
             when rd.itemid in (223762, 676, 677, 223761, 678, 679) then 'temperature'
             when rd.itemid in (618, 615, 220210, 224690) then 'resp_rate'
             --when rd.itemid in (646, 220277) then 'spO2'
         end as category,
         case
             when rd.itemid in (223762, 676, 677) and rd.valuenum > 20 and rd.valuenum < 45 then
             when rd.itemid in (223761, 678, 679) and rd.valuenum > 68 and rd.valuenum < 113 the
             when rd.itemid in (211, 220045) and rd.valuenum > 0 and rd.valuenum < 250 then rd.v
             when rd.itemid in (51, 442, 455, 6701, 220179, 220050) and rd.valuenum > 0 and rd.v
```

```
    when rd.itemid in (723, 223900, 454, 223901, 184, 220739) and rd.valuenum >= 1 and
    when rd.itemid in (618, 615, 220210, 224690) and rd.valuenum > 0 and rd.valuenum <
    else null
end as valuenum
from rawdata rd
where rd.itemid in %(chartitems)s
)
select comb.icustay_id, comb.intime, comb.time, comb.category,
round(cast(avg(comb.valuenum) as numeric),2) as valuenum
from combination comb group by comb.icustay_id, comb.intime, comb.time, comb.category
order by comb.icustay_id, comb.intime, comb.time, comb.category
"""

# Exécuter la requête
chartdata = execute_query(query, dbinfo, params=params)

# Enregistrer les données au format CSV
file_path = get_path('chartdata', 'csv')
if not os.path.exists('data'):
    os.makedirs('data')
save_to_csv(chartdata, file_path)

# Afficher les premières lignes du dataframe
chartdata.head()
```

Out[20]:

	icustay_id	intime	time	category	valuenum
0	200003	2199-08-02 19:50:04	00:09:56	GCS	5.0
1	200003	2199-08-02 19:50:04	00:09:56	heart rate	119.0
2	200003	2199-08-02 19:50:04	00:09:56	resp_rate	35.0
3	200003	2199-08-02 19:50:04	00:09:56	sys_BP	91.0
4	200003	2199-08-02 19:50:04	01:09:56	heart rate	122.0

print(artdata) Extraction de données à partir de la table labevents

In [21]:
```
query = query_schema + """
with cohort as
(-- sélectionnez les ID de séjour de l'unité de soins intensifs de la cohorte

select icu.icustay_id, icu.hadm_id, icu.intime FROM icustays icu
where icu.icustay_id in %(cohortIDs)s
), rawdata as
(
select cohort.icustay_id, cohort.intime, lab.charttime,
cast(lab.charttime - cohort.intime as interval) as time,
lab.itemid, lab.valuenum
from labevents lab inner join cohort on cohort.hadm_id = lab.hadm_id
where lab.charttime between (cohort.intime - interval '6' hour) and cohort.intime + INT
    and lab.itemid in %(labitems)s
```

```
    and lab.valuenum IS NOT NULL
    --and lab.valuenum <> 0.0
), combination as
(
select rd.icustay_id, rd.intime, rd.time, rd.itemid,
case
    -- when rd.itemid in (50820) then 'pH'
    when rd.itemid in (51300, 51301) then 'WBC'
    when rd.itemid in (51006) then 'BUN'
    when rd.itemid in (50822, 50971) then 'potassium'
    when rd.itemid in (50983, 50824) then 'sodium'
    when rd.itemid in (50882) then 'HCO3'
    when rd.itemid in (50821) then 'PO2'
    when rd.itemid in (50816) then 'FIO2'
    when rd.itemid in (50885) then 'BILIRUBIN'
end as category,
case
    when rd.itemid in (51300, 51301) and rd.valuenum > 0 and rd.valuenum < 1000 then rd
    when rd.itemid in (51006) and rd.valuenum > 0 and rd.valuenum < 300 then rd.valuenu
    when rd.itemid in (50822, 50971) and rd.valuenum > 0 and rd.valuenum < 30 then rd.v
    when rd.itemid in (50983, 50824) and rd.valuenum > 0 and rd.valuenum < 200 then rd.
    when rd.itemid in (50882) and rd.valuenum > 0 and rd.valuenum < 10000 then rd.value
    when rd.itemid in (50821) and rd.valuenum > 0 and rd.valuenum < 800 then rd.valuenu
    when rd.itemid in (50816) and rd.valuenum > 0 and rd.valuenum < 100 then rd.valuenu
    when rd.itemid in (50885) and rd.valuenum < 150 then rd.valuenum
else null end as valuenum
from rawdata rd
where rd.itemid in %(labitems)s
)
select comb.icustay_id, comb.intime, comb.time, comb.category,
round(cast(avg(comb.valuenum) as numeric),2) as valuenum
from combination comb group by comb.icustay_id, comb.intime, comb.time, comb.category
order by comb.icustay_id, comb.intime, comb.time, comb.category
"""
# Exécuter la requête
labdata = execute_query(query, dbinfo, params=params)

# Enregistrer les données au format CSV
file_path = get_path('labdata', 'csv')
if not os.path.exists('data'):
    os.makedirs('data')
save_to_csv(labdata, file_path)

# Imprimer les premières lignes de données
labdata.head()
```

Out[21]:

	icustay_id	intime	time	category	valuenum
0	200003	2199-08-02 19:50:04	-1 days +21:49:56	BILIRUBIN	3.5

```
1      200003 2199-08-02 19:50:04 -1 days +21:49:56        BUN      21.0
2      200003 2199-08-02 19:50:04 -1 days +21:49:56       HCO3      23.0
3      200003 2199-08-02 19:50:04 -1 days +21:49:56        WBC      14.8
4      200003 2199-08-02 19:50:04 -1 days +21:49:56  potassium       3.1
```

```
In [19]: print(labdata)
```

```
        icustay_id              intime              time   category  valuenum
0           200003 2199-08-02 19:50:04 -1 days +21:49:56  BILIRUBIN       3.5
1           200003 2199-08-02 19:50:04 -1 days +21:49:56        BUN      21.0
2           200003 2199-08-02 19:50:04 -1 days +21:49:56       HCO3      23.0
3           200003 2199-08-02 19:50:04 -1 days +21:49:56        WBC      14.8
4           200003 2199-08-02 19:50:04 -1 days +21:49:56  potassium       3.1
5           200003 2199-08-02 19:50:04 -1 days +21:49:56     sodium     140.0
6           200003 2199-08-02 19:50:04          05:56:56  BILIRUBIN       3.4
7           200003 2199-08-02 19:50:04          05:56:56        BUN      20.0
8           200003 2199-08-02 19:50:04          05:56:56       HCO3      18.0
9           200003 2199-08-02 19:50:04          05:56:56        WBC      40.2
10          200003 2199-08-02 19:50:04          05:56:56  potassium       3.2
11          200003 2199-08-02 19:50:04          05:56:56     sodium     141.0
12          200003 2199-08-02 19:50:04          06:04:56        PO2      88.0
13          200003 2199-08-02 19:50:04          07:51:56        PO2      94.0
14          200003 2199-08-02 19:50:04          14:58:56        PO2     108.0
15          200003 2199-08-02 19:50:04          21:46:56  BILIRUBIN       3.9
16          200003 2199-08-02 19:50:04          21:46:56        BUN      19.0
17          200003 2199-08-02 19:50:04          21:46:56       HCO3      25.0
18          200003 2199-08-02 19:50:04          21:46:56        WBC      43.9
19          200003 2199-08-02 19:50:04          21:46:56  potassium       3.1
20          200003 2199-08-02 19:50:04          21:46:56     sodium     144.0
21          200003 2199-08-02 19:50:04          22:01:56        PO2      74.0
22          200003 2199-08-02 19:50:04          22:49:56        PO2     163.0
23          200007 2109-02-17 10:03:37 -1 days +22:40:23        BUN      13.0
24          200007 2109-02-17 10:03:37 -1 days +22:40:23       HCO3      23.0
25          200007 2109-02-17 10:03:37 -1 days +22:40:23        WBC       7.9
26          200007 2109-02-17 10:03:37 -1 days +22:40:23  potassium       4.5
27          200007 2109-02-17 10:03:37 -1 days +22:40:23     sodium     140.0
28          200007 2109-02-17 10:03:37          10:56:23        BUN      10.0
29          200007 2109-02-17 10:03:37          10:56:23       HCO3      22.0
...            ...                 ...              ...        ...       ...
457405      299993 2149-11-13 21:01:05          03:35:55        PO2      70.0
457406      299993 2149-11-13 21:01:05          08:58:55  BILIRUBIN       0.5
457407      299993 2149-11-13 21:01:05          08:58:55        BUN      13.0
457408      299993 2149-11-13 21:01:05          08:58:55       HCO3      31.0
457409      299993 2149-11-13 21:01:05          08:58:55        WBC      12.2
457410      299993 2149-11-13 21:01:05          08:58:55  potassium       4.2
457411      299993 2149-11-13 21:01:05          08:58:55     sodium     135.0
457412      299993 2149-11-13 21:01:05          18:53:55        BUN      12.0
457413      299993 2149-11-13 21:01:05          18:53:55       HCO3      30.0
```

```
457414      299993 2149-11-13 21:01:05          18:53:55  potassium       3.4
457415      299993 2149-11-13 21:01:05          18:53:55     sodium     136.0
457416      299995 2116-03-04 17:44:39 -1 days +20:09:21  BILIRUBIN       0.3
457417      299995 2116-03-04 17:44:39 -1 days +20:09:21        BUN      10.0
457418      299995 2116-03-04 17:44:39 -1 days +20:09:21       HCO3      25.0
457419      299995 2116-03-04 17:44:39 -1 days +20:09:21        WBC      20.8
457420      299995 2116-03-04 17:44:39 -1 days +20:09:21  potassium       3.8
457421      299995 2116-03-04 17:44:39 -1 days +20:09:21     sodium     140.0
457422      299995 2116-03-04 17:44:39 -1 days +20:19:21  potassium       3.6
457423      299995 2116-03-04 17:44:39 -1 days +20:19:21     sodium     139.0
457424      299995 2116-03-04 17:44:39 -1 days +20:26:21       FIO2       NaN
457425      299995 2116-03-04 17:44:39 -1 days +20:26:21        PO2     145.0
457426      299995 2116-03-04 17:44:39          06:17:21        PO2     170.0
457427      299995 2116-03-04 17:44:39          06:17:21  potassium       3.3
457428      299995 2116-03-04 17:44:39          08:48:21        BUN       6.0
457429      299995 2116-03-04 17:44:39          08:48:21       HCO3      25.0
457430      299995 2116-03-04 17:44:39          08:48:21        WBC      24.2
457431      299995 2116-03-04 17:44:39          08:48:21  potassium       3.8
457432      299995 2116-03-04 17:44:39          08:48:21     sodium     140.0
457433      299995 2116-03-04 17:44:39          09:16:21        PO2     116.0
457434      299995 2116-03-04 17:44:39          09:16:21  potassium       3.8

[457435 rows x 5 columns]
```

Extraire le SAPS-II

```
In [17]: query = query_schema + """
         select icustay_id, sapsii_prob
         from SAPSII where icustay_id in %(cohortIDs)s
         """

         # Exécuter la requête
         sapsii = execute_query(query, dbinfo, params=params)

         # Enregistrer les données SAPS-II
         file_path = get_path('sapsii_score', 'csv')
         if not os.path.exists('data'):
             os.makedirs('data')
         save_to_csv(sapsii, file_path)

         # Afficher les premières lignes des données
         sapsii.head()
```

```
Out[17]:    icustay_id  sapsii_prob
         0      200003     0.106398
         1      200007     0.029295
         2      200014     0.305597
```

```
3       200019      0.552904
4       200021      0.326364
```

Annexe D

Data-Wrangling

Data-wrangling

May 29, 2018

Data wrangling Dans ce cahier, nous prétraiterons les jeux de données extraits de la base de données MIMIC-III.

In [31]:
```
# Importer les bibliothèques
import numpy as np
import pandas as pd
import matplotlib.pyplot as plt
import os
import datetime
import seaborn as sns
import urllib.request, urllib.parse, urllib.error
import zipfile

# pour avoir des jolies pandas dataframes
from IPython.display import display, HTML

%matplotlib inline
plt.style.use('seaborn-notebook')
```

In [12]:
```
# générer un dossier de données, nous stockons toutes les données dans ce dossier
if not os.path.exists('data'):
    os.makedirs('data')

# téléchargez et décompressez les rawdata
url = 'https://api.onedrive.com/v1.0/shares/u!aHR0cHM6Ly8xZHJ2Lm1zL3UvcyFBdk96S3k0djAyd
urllib.request.urlretrieve(url, "download.zip")

with zipfile.ZipFile("download.zip","r") as zip_ref:
    zip_ref.extractall("data/rawdata")
```

Collecte de données Les jeux de données sont stockés au format CSV dans le dossier 'data / rawdata'.

In [13]:
```
def get_path(filename, suffix):
    """Return the path

    Args:
        filename (string): name of the file
```

```
            suffix (string): extension of the file

        Returns:
            path
        """
    # Joindre le chemin du dossier "data"
        cwd = os.getcwd()
        dir_name = os.path.join(cwd, 'data/rawdata')

        return os.path.join(dir_name, filename + "." + suffix)
```

Recueillir les données de caractéristiques qui sont les séries temporelles multivariées Les fonctionnalités sont stockées dans les fichiers chartdata, labdata et outputdata CSV. D'abord, nous chargeons les données de ces trois fichiers.

```
In [14]: # obtenir les noms de fichiers
         filenames = ['chartdata',"labdata", "outputdata"]
         paths = [get_path(filename, 'csv') for filename in filenames]

         # Lire et stocker des données dans une liste
         rawdata = []
         for path in paths:
             df = pd.read_csv(path, index_col=0, converters={'intime':np.datetime64}, engine='py
             df.loc[:, 'time'] = pd.to_timedelta(df.loc[:, 'time']) # cast the dtype to timedelt
             rawdata.append(df)
```

Imprimez les informations des données et les premières lignes des données.

```
In [15]: # imprimer les types de données
         for i, filename in enumerate(filenames):
             print("Les types de données dans {} sont: \n".format(filename), rawdata[i].dtypes,
             print("Les 5 premières lignes de {} sont:\n".format(filename), rawdata[i].head(), "
```

```
Les types de données dans chartdata sont:
 icustay_id              int64
intime          datetime64[ns]
time           timedelta64[ns]
category                object
valuenum               float64
dtype: object

Les 5 premières lignes de chartdata sont:
    icustay_id              intime     time    category  valuenum
0       200003 2199-08-02 19:50:04 00:09:56         GCS       5.0
1       200003 2199-08-02 19:50:04 00:09:56  heart rate     119.0
2       200003 2199-08-02 19:50:04 00:09:56   resp_rate      35.0
3       200003 2199-08-02 19:50:04 00:09:56      sys_BP      91.0
4       200003 2199-08-02 19:50:04 01:09:56  heart rate     122.0
```

```
Les types de données dans labdata sont:
 icustay_id              int64
intime         datetime64[ns]
time          timedelta64[ns]
category               object
valuenum              float64
dtype: object

Les 5 premières lignes de labdata sont:
    icustay_id              intime              time   category  valuenum
0       200003 2199-08-02 19:50:04 -1 days +21:49:56  BILIRUBIN       3.5
1       200003 2199-08-02 19:50:04 -1 days +21:49:56        BUN      21.0
2       200003 2199-08-02 19:50:04 -1 days +21:49:56       HCO3      23.0
3       200003 2199-08-02 19:50:04 -1 days +21:49:56  potassium       3.1
4       200003 2199-08-02 19:50:04 -1 days +21:49:56     sodium     140.0

Les types de données dans outputdata sont:
 icustay_id              int64
intime         datetime64[ns]
time          timedelta64[ns]
category               object
valuenum              float64
dtype: object

Les 5 premières lignes de outputdata sont:
    icustay_id              intime     time   category  valuenum
0       200003 2199-08-02 19:50:04 00:24:56  urine_out     230.0
1       200003 2199-08-02 19:50:04 02:09:56  urine_out       NaN
2       200003 2199-08-02 19:50:04 03:09:56  urine_out      90.0
3       200003 2199-08-02 19:50:04 04:09:56  urine_out      37.0
4       200003 2199-08-02 19:50:04 05:09:56  urine_out     220.0
```

Nous concaténons ces dataframes selon l'axe = 0. En outre, nous convertissons la colonne 'time' du type timedelta en ajoutant la date actuelle.

```
In [16]: # concaténer les rawdata
         df = pd.concat(rawdata)
         df['time'] = df['time'] + datetime.date.today() # convert the timedelta to datetime

         # Imprimer le fichier de données résultant
         df.head()
```

```
Out[16]:    icustay_id              intime                time    category  valuenum
         0       200003 2199-08-02 19:50:04 2018-05-25 00:09:56         GCS       5.0
         1       200003 2199-08-02 19:50:04 2018-05-25 00:09:56  heart rate     119.0
         2       200003 2199-08-02 19:50:04 2018-05-25 00:09:56   resp_rate      35.0
```

```
3       200003 2199-08-02 19:50:04 2018-05-25 00:09:56       sys_BP      91.0
4       200003 2199-08-02 19:50:04 2018-05-25 01:09:56   heart rate     122.0
```

Nous faisons ensuite pivoter la table en faisant passer les colonnes en catégories de telle sorte que chaque rangée montre toutes les variables d'une observation, ce qui est un peu plus près des données ordonnées.

```
In [17]: # appliquer le pivot à la df
         feature_df = df.pivot_table('valuenum', index=['icustay_id', 'time'], columns='category
         feature_df = feature_df.sort_index()
         feature_df.head()
```

Out[17]:

category			BILIRUBIN	BUN	FIO2	GCS	HCO3	PO2	WBC	\
icustay_id	time									
200003	2018-05-24 21:49:56		3.5	21.0	NaN	NaN	23.0	NaN	14.8	
	2018-05-25 00:09:56		NaN	NaN	NaN	5.0	NaN	NaN	NaN	
	2018-05-25 00:24:56		NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	
	2018-05-25 01:09:56		NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	
	2018-05-25 01:34:56		NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	

category			heart rate	potassium	resp_rate	sodium	\
icustay_id	time						
200003	2018-05-24 21:49:56		NaN	3.1	NaN	140.0	
	2018-05-25 00:09:56		119.0	NaN	35.0	NaN	
	2018-05-25 00:24:56		NaN	NaN	NaN	NaN	
	2018-05-25 01:09:56		122.0	NaN	34.0	NaN	
	2018-05-25 01:34:56		115.0	NaN	33.0	NaN	

category			sys_BP	temperature	urine_out
icustay_id	time				
200003	2018-05-24 21:49:56		NaN	NaN	NaN
	2018-05-25 00:09:56		91.0	NaN	NaN
	2018-05-25 00:24:56		NaN	NaN	230.0
	2018-05-25 01:09:56		81.0	39.0	NaN
	2018-05-25 01:34:56		98.0	NaN	NaN

Recueillir les données cibles, y compris l'étiquette et le score SAPS-II L'étiquette et le score SAPS-II sont stockés dans les fichiers patient_details et sapsii_score. Nous chargeons les données de ces deux fichiers, puis les combinons ensemble.

```
In [18]: # charger les détails du patient à partir du fichier
         path = get_path('patient_details', 'csv')
         patient_df = pd.read_csv(path, index_col=0)
         patient_df = patient_df.set_index('icustay_id').sort_index()
         patient_df.head()
```

Out[18]:

	subject_id	hadm_id	gender	dbsource	age	\
icustay_id						
200003	27513	163557	M	carevue	48.30	

```
200007           20707   129310      M     carevue  43.35
200014            9514   127229      M     carevue  84.73
200019           21789   112486      F     carevue  82.88
200021           61691   109307      M  metavision  60.85

                         intime    los  survival  in_hospital_death  \
icustay_id
200003      2199-08-02 19:50:04  19.97     75.17                  0
200007      2109-02-17 10:03:37   3.24     -1.00                  0
200014      2105-02-16 23:16:48   4.60     10.03                  0
200019      2178-07-08 09:03:12   2.90      2.62                  1
200021      2114-12-26 19:45:12   1.95     -1.00                  0

            height_avg  weight_avg
icustay_id
200003             NaN        46.4
200007           153.7        79.9
200014           172.7        96.5
200019             NaN        72.9
200021             NaN        63.0
```

In [19]:
```
# charge le score patient SAPS-II
path = get_path('sapsii_score', 'csv')
sapsii_df = pd.read_csv(path, index_col=0)
sapsii_df = sapsii_df.set_index('icustay_id').sort_index()

# convertit la probabilité en étiquetage
sapsii_df['sapsii_prediction'] = np.where(sapsii_df['sapsii_prob']>0.5, 1, 0)
sapsii_df.head()
```

Out[19]:
```
            sapsii_prob  sapsii_prediction
icustay_id
200003         0.106398                  0
200007         0.029295                  0
200014         0.305597                  0
200019         0.552904                  1
200021         0.326364                  0
```

In [20]:
```
# Créer un dataframe
feature_index = np.sort(feature_df.index.get_level_values('icustay_id').unique().values
target_df = pd.DataFrame(index = feature_index)
target_df.index.name = 'icustay_id'

# Fusionner le patient_df et sapsii_df ensemble
target_df = pd.concat([target_df, patient_df['in_hospital_death'], sapsii_df], axis = 1
target_df.head()
```

Out[20]:
```
            in_hospital_death  sapsii_prob  sapsii_prediction
icustay_id
```

```
200003                    0     0.106398                    0
200007                    0     0.029295                    0
200014                    0     0.305597                    0
200019                    1     0.552904                    1
200021                    0     0.326364                    0
```

Nettoyage de données Copiez l'âge du patient dans la fonction Nous copions l'âge de patient_df à feature_df. Comme la durée des séjours en USI est courte par rapport à l'âge, on peut supposer que l'âge est une constante dans la série chronologique.

```
In [21]: feature_df = pd.merge(feature_df.reset_index(), patient_df['age'].reset_index(),
                              on="icustay_id").set_index(['icustay_id', 'time'])

In [22]: feature_df.head()
```

Out[22]:

icustay_id	time	BILIRUBIN	BUN	FIO2	GCS	HCO3	PO2	WBC
200003	2018-05-24 21:49:56	3.5	21.0	NaN	NaN	23.0	NaN	14.8
	2018-05-25 00:09:56	NaN	NaN	NaN	5.0	NaN	NaN	NaN
	2018-05-25 00:24:56	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN
	2018-05-25 01:09:56	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN
	2018-05-25 01:34:56	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN

icustay_id	time	heart rate	potassium	resp_rate	sodium
200003	2018-05-24 21:49:56	NaN	3.1	NaN	140.0
	2018-05-25 00:09:56	119.0	NaN	35.0	NaN
	2018-05-25 00:24:56	NaN	NaN	NaN	NaN
	2018-05-25 01:09:56	122.0	NaN	34.0	NaN
	2018-05-25 01:34:56	115.0	NaN	33.0	NaN

icustay_id	time	sys_BP	temperature	urine_out	age
200003	2018-05-24 21:49:56	NaN	NaN	NaN	48.3
	2018-05-25 00:09:56	91.0	NaN	NaN	48.3
	2018-05-25 00:24:56	NaN	NaN	230.0	48.3
	2018-05-25 01:09:56	81.0	39.0	NaN	48.3
	2018-05-25 01:34:56	98.0	NaN	NaN	48.3

Détecter les valeurs aberrantes Nous obtenons d'abord une brève statistique de la base de données de la fonctionnalité.

```
In [23]: feature_df.describe()
```

Out[23]:

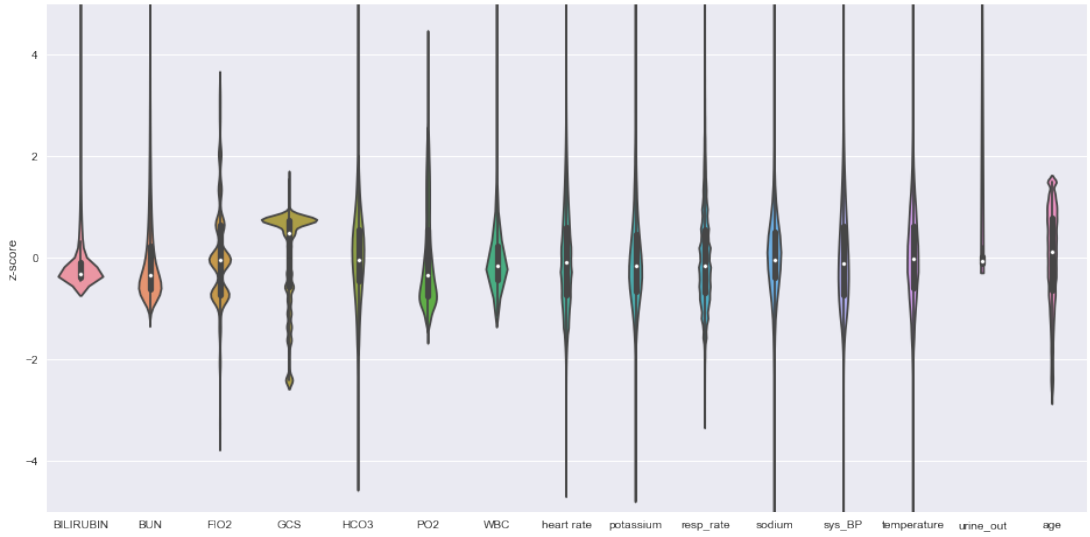
	BILIRUBIN	BUN	FIO2	GCS	HCO3
count	17413.000000	61019.000000	9781.000000	195545.000000	58402.000000
mean	2.122776	26.763787	50.414641	4.047260	23.237726
std	4.583922	22.705096	14.479749	1.268771	4.870280
min	0.000000	1.000000	0.300000	1.000000	2.000000

```
25%        0.400000     13.000000    40.000000       3.330000     21.000000
50%        0.700000     19.000000    50.000000       4.670000     23.000000
75%        1.700000     32.000000    60.000000       5.000000     26.000000
max       82.800000    272.000000    99.000000       6.000000     53.000000

                PO2           WBC     heart rate      potassium  \
count  71477.000000  57305.000000  727503.000000  100003.000000
mean     183.363753     12.365824      85.510838       4.226053
std      118.540812     10.725286      18.618176       0.786722
min       10.000000      0.100000       0.350000       0.600000
25%       94.000000      7.800000      72.000000       3.700000
50%      143.000000     10.800000      84.000000       4.100000
75%      251.000000     14.800000      97.000000       4.600000
max      689.000000    600.200000     222.000000      17.500000

           resp_rate        sodium         sys_BP    temperature  \
count  725291.000000  77621.000000  678309.000000  219675.000000
mean       18.841348    138.187536     119.567359      36.896975
std         5.542793      5.591240      22.951818       0.863139
min         1.000000      1.210000       0.350000      20.900000
25%        15.000000    136.000000     103.000000      36.390000
50%        18.000000    138.000000     117.000000      36.890000
75%        22.000000    141.000000     134.000000      37.440000
max        69.000000    182.000000     323.000000      42.780000

           urine_out           age
count  355367.000000  1.013695e+06
mean      138.546588  6.470788e+01
std       949.048086  1.774936e+01
min         0.300000  1.602000e+01
25%        40.000000  5.335000e+01
50%        80.000000  6.677000e+01
75%       170.000000  7.884000e+01
max    555975.000000  9.140000e+01
```

Basé sur les statistiques, certaines mesures sont loin de la distribution et pourraient être aberrantes. Nous utilisons ensuite le score z pour déterminer les valeurs aberrantes.

In [24]:
```
# Calcule le z-score des données
zscore = (feature_df - feature_df.mean()) / feature_df.std()

# Boxplot du z-score
boxplot_dims = (16, 8)
fig, ax = plt.subplots(figsize=boxplot_dims)
sns.violinplot(ax=ax, data=zscore)
ax.set_ylabel('z-score')
ax.set_ylim([-5,5])
```

Out[24]:
```
(-5, 5)
```

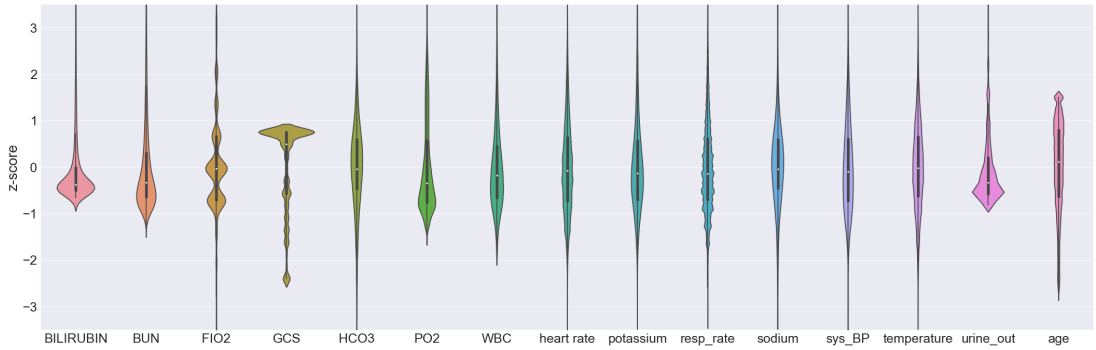


GCS est compris entre 1 et 5, les données hors de cette plage sont considérées comme des valeurs aberrantes. Pour la variable ńâgeż, la fourchette devrait être comprise entre 16 et 91,4 (l'âge maximum). Pour le reste des caractéristiques, nous considérons les observations comme aberrantes si leur z-score est supérieur ou inférieur à 3,5 ou -3,5. Ensuite, nous remplaçons la valeur des valeurs aberrantes par NaN.

```
In [26]: # Conditions des valeurs aberrantes
         for feature in (set(feature_df.columns) - set(['GCS','age'])):
             feature_df.loc[np.abs(zscore[feature]) > 3.5, feature] = np.nan

         # GCS moyen devrait être entre le plus bas (3/3 = 1) au plus haut (15/3 = 5)
         feature_df.loc[ (feature_df['GCS'] > 5) | (feature_df['GCS'] < 1), 'GCS'] = np.nan

         # La tranche d'âge se situe entre 16 et 91,4
         feature_df.loc[ (feature_df['age'] > 91.4) | (feature_df['age'] < 16), 'age'] = np.nan
```

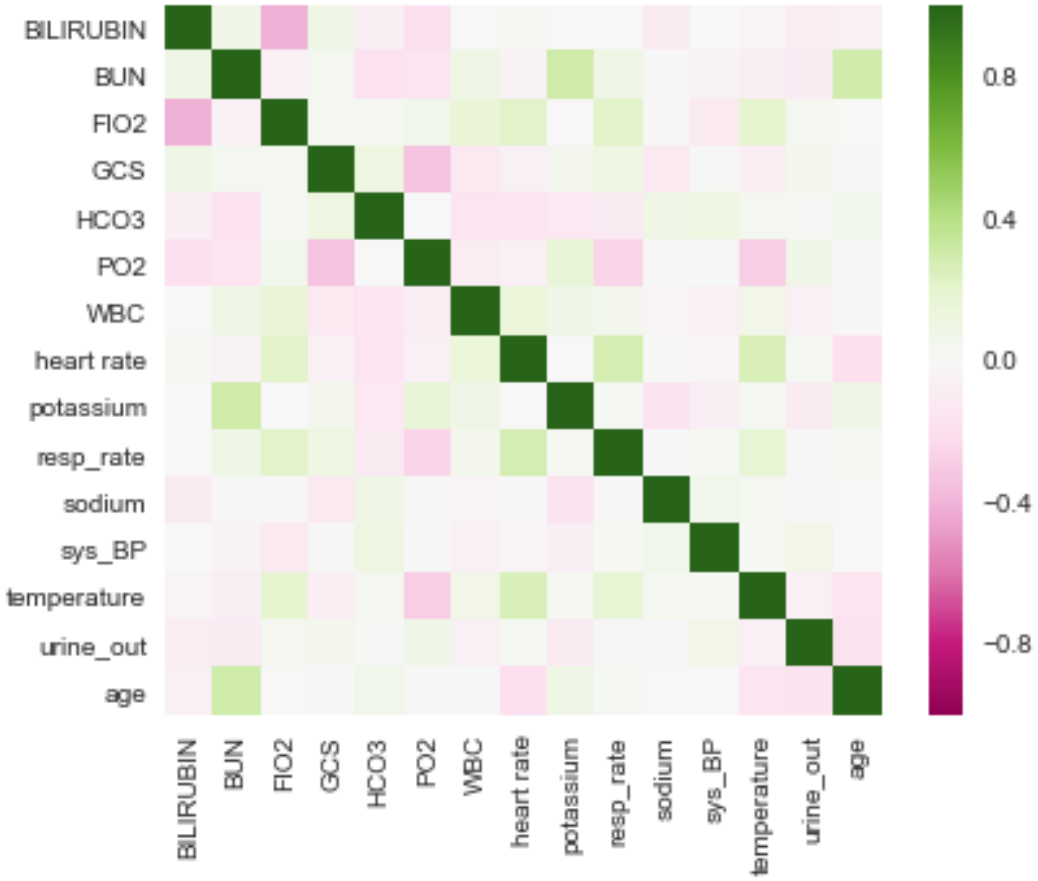
```
In [27]: # Calcule le score z des données
         zscore = (feature_df - feature_df.mean()) / feature_df.std()

         # Boxplot du score z
         boxplot_dims = (30, 10)
         sns.set(font_scale=2.5)
         fig, ax = plt.subplots(figsize=boxplot_dims)
         sns.violinplot(ax=ax, data=zscore)
         ax.set_ylabel('z-score')
         ax.set_ylim([-3.5,3.5])
         if not os.path.exists('plot'):
             os.makedirs('plot')
         plt.tight_layout()
         plt.savefig('plot/distribution_of_z-score')
```

```
plt.show()
plt.close()
```



Corrélation de fonctionnalité Ensuite, nous aimerions la corrélation entre chaque fonctionnalité.

```
In [25]: # calcule la matrice de corrélation
         corr_matrix = feature_df.corr()

         # tracer la carte de chaleur
         boxplot_dims = (6, 5)
         sns.set(font_scale=1)
         fig, ax = plt.subplots(figsize=boxplot_dims)
         sns.heatmap(ax=ax, data=corr_matrix,
                     xticklabels=corr_matrix.columns,
                     yticklabels=corr_matrix.columns,
                     cmap='PiYG',
                     vmin = -1,
                     vmax = 1)
         if not os.path.exists('plot'):
             os.makedirs('plot')
         plt.tight_layout()
         plt.savefig('plot/corr_matrix')
         plt.show()
         plt.close()

         corr_matrix
```



Out[25]:

	BILIRUBIN	BUN	FIO2	GCS	HCO3	PO2
BILIRUBIN	1.000000	0.084949	-0.417520	0.093124	-0.080506	-0.202875
BUN	0.084949	1.000000	-0.048806	0.041355	-0.186975	-0.152698
FIO2	-0.417520	-0.048806	1.000000	0.033098	0.024963	0.066359
GCS	0.093124	0.041355	0.033098	1.000000	0.104613	-0.336717
HCO3	-0.080506	-0.186975	0.024963	0.104613	1.000000	-0.004569
PO2	-0.202875	-0.152698	0.066359	-0.336717	-0.004569	1.000000
WBC	-0.004729	0.087703	0.168559	-0.123843	-0.165576	-0.094996
heart rate	0.017654	-0.039634	0.217693	-0.058132	-0.159880	-0.068285
potassium	-0.000558	0.300214	-0.000389	0.047847	-0.132456	0.159274
resp_rate	-0.003573	0.087007	0.216232	0.108720	-0.106846	-0.251019
sodium	-0.107307	-0.012524	-0.022445	-0.120784	0.090062	-0.012576
sys_BP	-0.005067	-0.045894	-0.118602	0.014297	0.107411	0.013034
temperature	-0.032358	-0.074448	0.200823	-0.089134	0.034297	-0.281525
urine_out	-0.100774	-0.103864	0.033038	0.047995	0.007984	0.084234
age	-0.060121	0.291713	0.000894	-0.013157	0.068086	-0.008825

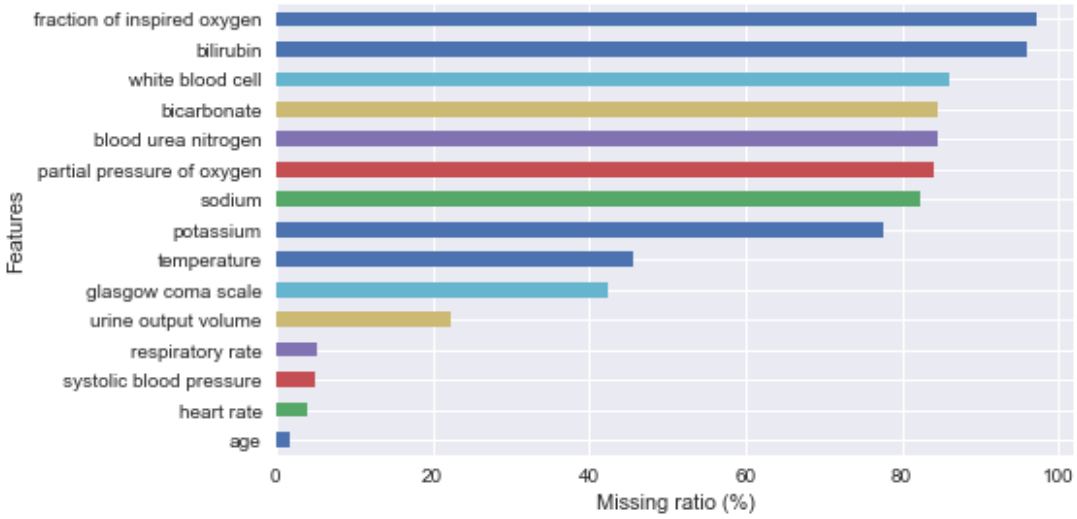
	WBC	heart rate	potassium	resp_rate	sodium	sys_BP

```
BILIRUBIN    -0.004729    0.017654  -0.000558  -0.003573 -0.107307 -0.005067
BUN           0.087703   -0.039634   0.300214   0.087007 -0.012524 -0.045894
FIO2          0.168559    0.217693  -0.000389   0.216232 -0.022445 -0.118602
GCS          -0.123843   -0.058132   0.047847   0.108720 -0.120784  0.014297
HCO3         -0.165576   -0.159880  -0.132456  -0.106846  0.090062  0.107411
PO2          -0.094996   -0.068285   0.159274  -0.251019 -0.012576  0.013034
WBC           1.000000    0.143979   0.085844   0.059692 -0.031238 -0.056317
heart rate    0.143979    1.000000  -0.003631   0.278479  0.009188 -0.030544
potassium     0.085844   -0.003631   1.000000   0.025003 -0.172057 -0.077325
resp_rate     0.059692    0.278479   0.025003   1.000000 -0.008487  0.024290
sodium       -0.031238    0.009188  -0.172057  -0.008487  1.000000  0.069074
sys_BP       -0.056317   -0.030544  -0.077325   0.024290  0.069074  1.000000
temperature   0.076042    0.264115   0.024961   0.175112  0.045899  0.016717
urine_out    -0.055682    0.015773  -0.104999  -0.008590 -0.017163  0.072786
age          -0.010598   -0.201844   0.093242   0.023649 -0.007173 -0.002676

             temperature  urine_out       age
BILIRUBIN      -0.032358  -0.100774 -0.060121
BUN            -0.074448  -0.103864  0.291713
FIO2            0.200823   0.033038  0.000894
GCS            -0.089134   0.047995 -0.013157
HCO3            0.034297   0.007984  0.068086
PO2            -0.281525   0.084234 -0.008825
WBC             0.076042  -0.055682 -0.010598
heart rate      0.264115   0.015773 -0.201844
potassium       0.024961  -0.104999  0.093242
resp_rate       0.175112  -0.008590  0.023649
sodium          0.045899  -0.017163 -0.007173
sys_BP          0.016717   0.072786 -0.002676
temperature     1.000000  -0.070302 -0.159375
urine_out      -0.070302   1.000000 -0.176012
age            -0.159375  -0.176012  1.000000
```

Rééchantillonnage, interpolation et imputation des données Nous rééchantillons les séries chronologiques irrégulières en séries temporelles régulières avec un intervalle de temps de 2 heures. Ensuite, nous interpolons la série chronologique par chaque patient. Enfin, nous imputons l'utilisation de la moyenne si toute la série temporelle est manquante

```
In [28]: # Rééchantillonner l'index temporel
         time_index = pd.date_range(datetime.date.today(), periods=12, freq='2h', name='time')
         resampled_df = feature_df.groupby(level=0).apply(lambda group:group.resample('2h', leve
         resampled_df = resampled_df.groupby(level=0).apply(lambda group: group.reset_index(leve

In [32]: # créer une étiquette
         labels = ['bilirubin', 'blood urea nitrogen', 'fraction of inspired oxygen', 'glasgow c
                   'partial pressure of oxygen', 'white blood cell', 'heart rate', 'potassium',
                   'sodium', 'systolic blood pressure', 'temperature', 'urine output volume', 'a
```

```
# calcule le taux manquant
missing_ratio = (100*(1 - resampled_df.count()/resampled_df.shape[0]))

# remplacer l'étiquette
missing_ratio.index = labels

# trier par valeurs
missing_ratio = missing_ratio.sort_values(ascending=True)

# créer une parcelle pour voir le ratio manquant
plot_dims = (8, 4)
fig, ax = plt.subplots(figsize=plot_dims)
missing_ratio.plot(ax=ax, kind = 'barh')
ax.set_ylabel('Features')
ax.set_xlabel('Missing ratio (%)')
if not os.path.exists('plot'):
    os.makedirs('plot')
plt.tight_layout()
plt.savefig('plot/missing_ratio')
plt.show()
plt.close()
```




```
In [33]: resampled_df.count()

Out[33]: BILIRUBIN       11470
         BUN             44356
         FIO2             8308
         GCS            165978
         HCO3            44229
```

```
PO2             46203
WBC             40430
heart rate     276461
potassium       64205
resp_rate      273042
sodium          50998
sys_BP         273612
temperature    156495
urine_out      224168
age            283368
dtype: int64
```

```
In [37]: resampled_df.head()
```

Out[37]:

icustay_id	time	BILIRUBIN	BUN	FIO2	GCS	HCO3	PO2	WBC
200003	2018-05-25 00:00:00	NaN	NaN	NaN	5.0	NaN	NaN	NaN
	2018-05-25 02:00:00	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN
	2018-05-25 04:00:00	3.4	20.0	NaN	5.0	18.0	NaN	40.2
	2018-05-25 06:00:00	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	91.0	NaN
	2018-05-25 08:00:00	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN	NaN

icustay_id	time	heart rate	potassium	resp_rate	sodium
200003	2018-05-25 00:00:00	118.200000	NaN	32.60	NaN
	2018-05-25 02:00:00	114.400000	NaN	31.20	NaN
	2018-05-25 04:00:00	112.166667	3.2	33.00	141.0
	2018-05-25 06:00:00	109.000000	NaN	33.25	NaN
	2018-05-25 08:00:00	93.000000	NaN	37.00	NaN

icustay_id	time	sys_BP	temperature	urine_out	age
200003	2018-05-25 00:00:00	89.000000	39.00	230.00	48.3
	2018-05-25 02:00:00	85.800000	38.03	90.00	48.3
	2018-05-25 04:00:00	96.333333	36.83	128.50	48.3
	2018-05-25 06:00:00	104.800000	36.44	263.75	48.3
	2018-05-25 08:00:00	112.500000	NaN	300.00	48.3

Les données manquantes sont traitées par imputation selon les étapes suivantes: appliquer une interpolation linéaire sur la série chronologique multivariée pour chaque patient remplir les données manquantes en utilisant la prochaine observation valide pour chaque patient Certaines observations sont toujours manquantes après ces imputations, car il y a des données manquantes pour certaines fonctions chez certains patients. Dans ce cas, nous remplissons la série chronologique en utilisant la moyenne de toutes les observations.

```
In [38]: from sklearn.preprocessing import Imputer, MinMaxScaler

         # Interpoler
         resampled_df = resampled_df.groupby(level=0).apply(lambda group: group.interpolate())
```

```
resampled_df = resampled_df.groupby(level=0).apply(lambda group: group.fillna(method='b

# Imputate utilisant la moyenne si toute la série temporelle est manquante
imp = Imputer(missing_values='NaN', strategy='mean', axis=0)
imputed_data = imp.fit_transform(resampled_df)

# mettre les données à l'échelle de [0,1]
scaler = MinMaxScaler()
scaled_data = scaler.fit_transform(imputed_data)

# Stocker l'image traitée en tant que processing_df
processed_feature_df = pd.DataFrame(scaled_data, index=resampled_df.index, columns=resa
```

In [39]:
```
processed_feature_df.head()
```

Out[39]:

		BILIRUBIN	BUN	FIO2	GCS	HCO3
icustay_id	time					
200003	2018-05-25 00:00:00	0.187845	0.180952	0.499414	1.0	0.333333
	2018-05-25 02:00:00	0.187845	0.180952	0.499414	1.0	0.333333
	2018-05-25 04:00:00	0.187845	0.180952	0.499414	1.0	0.333333
	2018-05-25 06:00:00	0.191298	0.179762	0.499414	1.0	0.359848
	2018-05-25 08:00:00	0.194751	0.178571	0.499414	1.0	0.386364

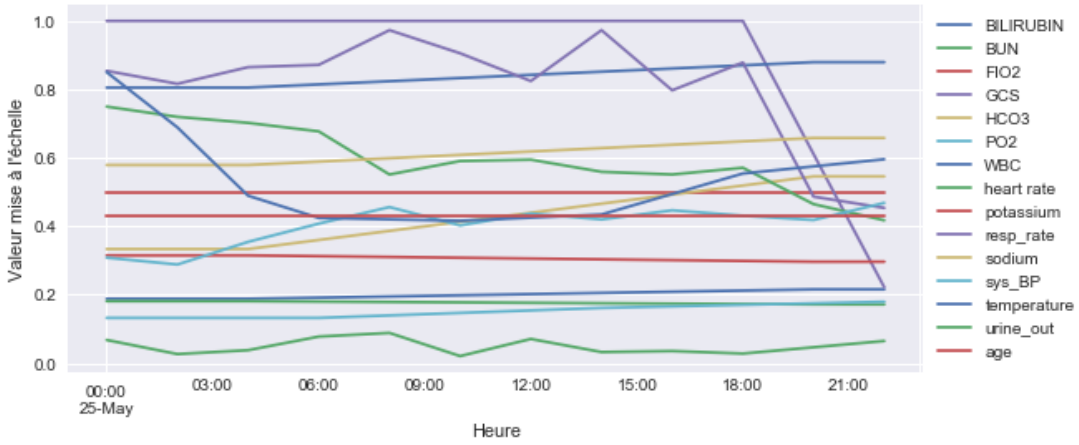
		PO2	WBC	heart rate	potassium
icustay_id	time				
200003	2018-05-25 00:00:00	0.132075	0.805221	0.749606	0.314815
	2018-05-25 02:00:00	0.132075	0.805221	0.719685	0.314815
	2018-05-25 04:00:00	0.132075	0.805221	0.702100	0.314815
	2018-05-25 06:00:00	0.132075	0.814508	0.677165	0.312500
	2018-05-25 08:00:00	0.139365	0.823795	0.551181	0.310185

		resp_rate	sodium	sys_BP	temperature
icustay_id	time				
200003	2018-05-25 00:00:00	0.854054	0.578947	0.308176	0.850250
	2018-05-25 02:00:00	0.816216	0.578947	0.288050	0.688852
	2018-05-25 04:00:00	0.864865	0.578947	0.354298	0.489185
	2018-05-25 06:00:00	0.871622	0.588816	0.407547	0.424293
	2018-05-25 08:00:00	0.972973	0.598684	0.455975	0.420133

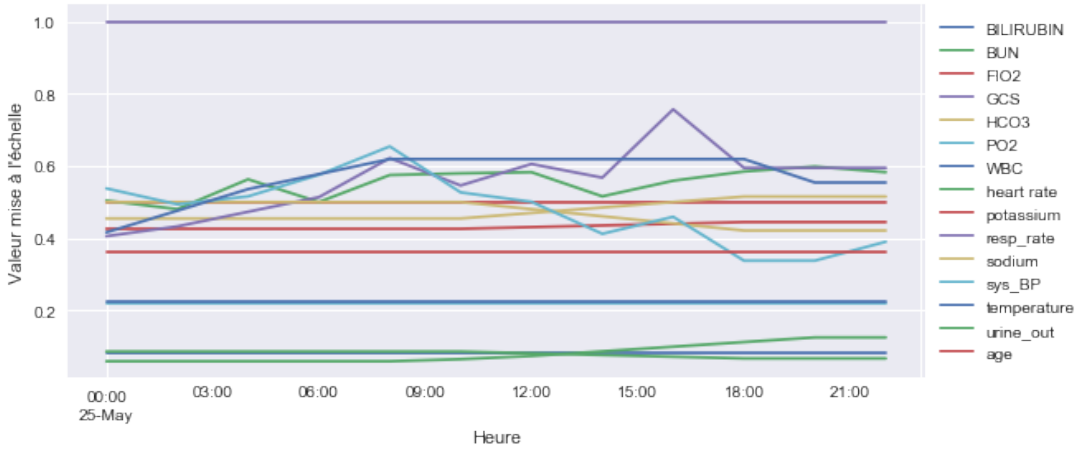
		urine_out	age
icustay_id	time		
200003	2018-05-25 00:00:00	0.067565	0.42823
	2018-05-25 02:00:00	0.026385	0.42823
	2018-05-25 04:00:00	0.037709	0.42823
	2018-05-25 06:00:00	0.077492	0.42823
	2018-05-25 08:00:00	0.088155	0.42823

Nous illustrons un exemple des données d'origine et des données traitées.

In [31]:
```
# tracer la série chronologique pour un patient
plot_dims = (8, 4)
fig, ax = plt.subplots(figsize=plot_dims)
processed_feature_df.loc[(200003), :].plot(ax=ax)
ax.set_ylabel("Valeur mise à l'échelle")
ax.set_xlabel('Heure')
ax.legend(loc='center left', bbox_to_anchor=(1, 0.5))
if not os.path.exists('plot'):
    os.makedirs('plot')
plt.tight_layout()
plt.savefig('plot/An_example_of_imputed_and_transformed_data')
plt.show()
plt.close()
```



In [40]:
```
# tracer la série chronologique pour un autre patient
plot_dims = (8, 4)
fig, ax = plt.subplots(figsize=plot_dims)


processed_feature_df.loc[(200007), :].plot(ax=ax)
ax.set_ylabel("Valeur mise à l'échelle")
ax.set_xlabel('Heure')
ax.legend(loc='center left', bbox_to_anchor=(1, 0.5))
if not os.path.exists('plot'):
    os.makedirs('plot')
plt.tight_layout()
plt.savefig('plot/An_example_of_imputed_and_transformed_data')
plt.show()
plt.close()
```



Créer un train, valide et tester des données

```
In [36]: postives = (target_df['in_hospital_death'] == 1).sum()
         negatives = (target_df['in_hospital_death'] == 0).sum()
         sum_all = postives + negatives
         postives = postives/sum_all*100
         negatives = negatives/sum_all*100

         print('Le pourcentage de positifs et de négatifs: ', postives, negatives)
```

```
Le pourcentage de positifs et de négatifs:  11.441771414301174 88.55822858569883
```

L'ensemble de données est déséquilibré et contient environ 11,4% d'échantillons positifs. Afin de préserver le pourcentage d'échantillons pour chaque classe, une répartition aléatoire stratifiée est appliquée à l'ensemble de données. La taille de la taille de test est définie sur 20% de l'ensemble de données d'origine, qui contient 4806 échantillons. D'un autre côté, l'ensemble de données d'apprentissage contient 19220 échantillons. Enfin, les ensembles de données d'entraînement et de test sont divisés en 'X_train', 'X_test', 'y_train' et 'y_test'.

```
In [38]: # Importer train_test_split
         #from sklearn.model_selection import train_test_split
         from sklearn.model_selection import StratifiedShuffleSplit

         # Transformer les données en liste de données
         features = []
         targets = []

         for icustay_id, sub_df in processed_feature_df.groupby(level=0):
             features.append(processed_feature_df.loc[icustay_id,:].values)
             targets.append(target_df.loc[icustay_id, :].values)
```

```
        # considèrer seulement l'étiquette
        target_vector = np.array(targets)[:,0]

        # Appliquer stratifiedShuffleSplit pour conserver l'ensemble déséquilibré
        sss = StratifiedShuffleSplit(n_splits=1, test_size=0.2, random_state=0)
        indexs  = next(iter(sss.split(features, target_vector)))

        X_train = [features[index] for index in indexs[0]]
        y_train = [targets[index] for index in indexs[0]]
        X_test = [features[index] for index in indexs[1]]
        y_test = [targets[index] for index in indexs[1]]

        # Afficher les résultats de la scission
        print("L'ensemble d'entraînement a {} échantillons.".format(len(X_train)))
        print("L'ensemble de test a {} échantillons.".format(len(X_test)))

        # Check the folds are made by preserving the percentage of samples for each class
        difference = abs(sum(np.array(y_train)[:,0])/len(y_train) - sum(np.array(y_test)[:,0])/
        print("La différence de la fraction d'échantillons positifs entre le train et les jeux
```

```
L'ensemble d'entraînement a 19220 échantillons.
L'ensemble de test a 4806 échantillons.
La différence de la fraction d'échantillons positifs entre le train et les jeux de données de te
```

Les données de caractéristiques sont une liste de tableaux, et il est préférable de convertir les données qui peuvent être stockées en utilisant le format csv. En outre, supprimez l'ID d'origine ICU-stay et l'intervalle de temps.

```
In [40]: # créer un index contient l'identifiant et l'heure pour les données d'apprentissage
         time_index = np.arange(0,12,1)
         id_index = np.arange(0, len(X_train), 1)
         combined_index = pd.MultiIndex.from_product([id_index, time_index], names=['id', 'time'

         # Convertir les données d'apprentissage en données
         X_train = pd.DataFrame(np.concatenate(X_train, axis =0), index=combined_index, columns=
         y_train = pd.DataFrame(np.array(y_train), index=id_index, columns=target_df.columns)
         y_train.index.name = 'id'

In [41]: # Convertir les données d'apprentissage en données
         id_index = np.arange(len(y_train), len(y_train) + len(y_test), 1)
         combined_index = pd.MultiIndex.from_product([id_index, time_index], names=['id', 'time'

         # convertir les données de test en données
         X_test = pd.DataFrame(np.concatenate(X_test, axis=0), index=combined_index, columns=pro
         y_test = pd.DataFrame(np.array(y_test), index=id_index, columns=target_df.columns)
         y_test.index.name = 'id'
```

```
In [42]: for filename, data in zip(['X_train', 'X_test', 'y_train', 'y_test'],
                                   [X_train, X_test, y_train, y_test]):
             data.to_csv(get_path(filename, 'csv'))
```

```
In [43]: X_train.head()
```

Out[43]:

id	time	BILIRUBIN	BUN	FIO2	GCS	HCO3	PO2	WBC
0	0	0.082443	0.171429	0.499414	1.0	0.484848	0.219736	0.068273
	1	0.082443	0.171429	0.499414	1.0	0.484848	0.219736	0.068273
	2	0.082443	0.171429	0.499414	1.0	0.515152	0.219736	0.074297
	3	0.082443	0.171429	0.499414	1.0	0.545455	0.219736	0.080321
	4	0.082443	0.171429	0.499414	1.0	0.575758	0.219736	0.086345

id	time	heart rate	potassium	resp_rate	sodium	sys_BP	temperature
0	0	0.307087	0.222222	0.513514	0.631579	0.723270	0.564060
	1	0.232283	0.222222	0.432432	0.631579	0.691824	0.512895
	2	0.225722	0.305556	0.445946	0.605263	0.603774	0.461730
	3	0.267717	0.388889	0.500000	0.578947	0.679245	0.397671
	4	0.275591	0.472222	0.581081	0.552632	0.676101	0.401830

id	time	urine_out	age
0	0	0.014619	1.0
	1	0.014619	1.0
	2	0.058740	1.0
	3	0.026385	1.0
	4	0.073448	1.0

```
In [44]: X_test.head()
```

Out[44]:

id	time	BILIRUBIN	BUN	FIO2	GCS	HCO3	PO2	WBC
19220	0	0.082443	0.104762	0.499414	1.0	0.545455	0.219736	0.251004
	1	0.082443	0.104762	0.499414	1.0	0.545455	0.219736	0.251004
	2	0.082443	0.104762	0.499414	1.0	0.545455	0.219736	0.251004
	3	0.082443	0.104762	0.499414	1.0	0.545455	0.219736	0.251004
	4	0.082443	0.104762	0.499414	1.0	0.545455	0.219736	0.251004

id	time	heart rate	potassium	resp_rate	sodium	sys_BP	temperature
19220	0	0.637795	0.407407	0.567568	0.447368	0.537736	0.720466
	1	0.669291	0.407407	0.432432	0.447368	0.591195	0.720466
	2	0.606299	0.407407	0.432432	0.447368	0.522013	0.720466
	3	0.614173	0.407407	0.513514	0.447368	0.515723	0.697171
	4	0.511811	0.407407	0.459459	0.447368	0.459119	0.673877

id	time	urine_out	age

```
          id    time
          19220 0      0.035209  0.050279
                1      0.029326  0.050279
                2      0.052858  0.050279
                3      0.041092  0.050279
                4      0.017560  0.050279
```

In [45]:
```
y_train.head()
```

Out[45]:

id	in_hospital_death	sapsii_prob	sapsii_prediction
0	0.0	0.096698	0.0
1	0.0	0.391926	0.0
2	0.0	0.140051	0.0
3	0.0	0.096698	0.0
4	0.0	0.152870	0.0

In [46]:
```
y_test.head()
```

Out[46]:

id	in_hospital_death	sapsii_prob	sapsii_prediction
19220	0.0	0.004584	0.0
19221	0.0	0.079390	0.0
19222	1.0	0.166523	0.0
19223	0.0	0.052195	0.0
19224	0.0	0.305597	0.0

Annexe E

Data-Analyse

analyse-data

May 29, 2018

L'analyse des données Le but de ce cahier est de prédire la mort à l'hôpital en visite à l'USI sur la base des 24 premières heures de séjour à l'unité de soins intensifs.

In [2]:
```
# Import libraries
import numpy as np
import pandas as pd
import matplotlib.pyplot as plt
from scipy.spatial import distance
import seaborn as sns
import urllib.request
import zipfile
import os
from time import time

# custom py files
import dtw
import KNN
import visuals as vs

# for pretty printing pandas dataframes
from IPython.display import display, HTML

%matplotlib inline
plt.style.use('seaborn-notebook')
```

Télécharger les donnéesű

In [3]:
```
# generate a data folder, we store all data in this folder
if not os.path.exists('data'):
    os.makedirs('data')

# download and unzip the rawdata
url = 'https://api.onedrive.com/v1.0/shares/u!aHR0cHM6Ly8xZHJ2Lm1zL3UvcyFBdk96S3k0djAydH
urllib.request.urlretrieve(url, "download.zip")

with zipfile.ZipFile("download.zip","r") as zip_ref:
    zip_ref.extractall("data")
```

Les fonctions

```
In [4]: def get_path(filename, suffix):
            """
            Return the path of the file.

            iuputs:
              - filename: string that points the file
              - suffic: string that indicates the file format
            """
            cwd = os.getcwd()
            dir_name = os.path.join(cwd, 'data')
            return os.path.join(dir_name, filename + "." + suffix)
```

Charger les données Ce sont des données de train, validation et de test, et toutes sont chargées dans un dictionnaire nommé 'data'. Le multi-index représente deux dimensions, l'id du patient et le temps.

```
In [6]: names = ['X_train', 'X_test', 'y_train', 'y_test']

        data = {(name):(pd.read_csv(get_path(name, 'csv'), index_col = [0,1]) if name.split('_')
                        else pd.read_csv(get_path(name, 'csv'), index_col = 0)) for name in name
```

Données DTW Ensuite, nous générons les données pour le classificateur kNN de distorsion temporelle dynamique (DTW).

```
In [10]: # data for DTW kNN classifier
         data_dtw = {}

         for X in ['X_test', 'X_train']:
             df = data[X]
             data_dtw[X] = []
             for key, value in df.groupby(level=0):
                 data_dtw[X].append(value.values)
             data_dtw[X] = np.array(data_dtw[X])
```

Données pour les classificateurs conventionnels En plus d'utiliser le DTN kNN, nous utilisons également des classificateurs conventionnels pour prédire la mort à l'hôpital. Mais, nous devons d'abord extraire de nouvelles fonctionnalités de la série temporelle multivariée et réduire les dimensions des données de la 3D à la 2D.

```
In [11]: # données pour les classificateurs conventionnels
         data_agg = {}

         # extraire les propriétés statistiques telles que moyenne, médiane, max, min, std pour
         for name, df in data.items():
             data_agg[name] = df.groupby('id').agg([np.median, max, min, np.mean, np.std])
             data_agg[name].columns = ['_'.join( ( col[0], col[1])) for col in data_agg[name].co
```

En outre, nous nous intéressons également au nombre de points de données au-dessous ou au-dessus des Q1 et Q3 globaux pour chaque patient.

In [12]:
```
# Fonction pour compter les points de données au-dessous / au-dessus du seuil
def count_below_threshold(array, threshold):
    '''Compter les points de données inférieurs au seuil dans la série chronologique'''
    return np.sum(array < threshold.reshape(1,array.shape[1]), axis=0)/array.shape[0]

def count_above_threshold(array, threshold):
    '''Compter les points de données au-dessus du seuil dans la série chronologique'''
    return np.sum(array > threshold.reshape(1,array.shape[1]), axis=0)/array.shape[0]

data_quartiles = {}

# constantes
count_funcs = [count_below_threshold, count_above_threshold]
column_names = ['below_Q1', 'above_Q3']
quartiles = {key: data["X_train"].quantile(value) \
             for (key,value) in zip(['Q1', 'Q3'], [0.25, 0.75])} # global quantiles of

# Boucle pour créer de nouvelles fonctionnalités et les stocker dans des quartiles de d
for name, df in data.items():
    if name.split('_')[0] == 'X': # Only consider the training data
        data_quartiles[name] = {}
        for Q, func, column in zip(['Q1', 'Q3'], count_funcs, column_names):
            data_quartiles[name][Q] = df.groupby('id').apply(lambda x: func(x, quartile
            data_quartiles[name][Q].columns = ['_'.join( ( col, column)) for col in dat

# Concat data_quantile into data_agg
for name in ['X_train', 'X_test']:
    combined_df = pd.concat( [data_quartiles[name]['Q1'], data_quartiles[name]['Q3'], d
    data_agg[name] = combined_df
```

Calcul des scores de Benchmark

In [13]:
```
from sklearn.metrics import f1_score, matthews_corrcoef

# stocker les partitions dans un dictionnaire
score_metrics = {'f1': f1_score, 'mcc': matthews_corrcoef}

# crée le score pour Benchmark
score_benchmark = {}

# performance de Benchmark
for name, func in score_metrics.items():
    score_benchmark[name+'_test'] = func(data['y_test']['in_hospital_death'], data['y_t
    score_benchmark[name+'_train'] = func(data['y_train']['in_hospital_death'], data['y

print("Le score F1 et le MCC du benchmark des données de test sont: {}, {}".format(scor
                                                                                  score_

# performance de naive learner
```

```
score_naive = {}
# sur le sous-ensemble d'échantillons de test
score_naive['f1_test'] = f1_score(data['y_test']['in_hospital_death'][:480], np.ones( (
score_naive['mcc_test'] = matthews_corrcoef(data['y_test']['in_hospital_death'][:480],

print("Le score F1 et le MCC du prédicteur naïf sont: {}, {}".format(score_naive['f1_te
```

```
Le score F1 et le MCC du benchmark des données de test sont: 0.3713768115942029, 0.2898101625079
Le score F1 et le MCC du prédicteur naïf sont: 0.2189239332096475, 0.0
```

```
/anaconda3/lib/python3.6/site-packages/sklearn/metrics/classification.py:538: RuntimeWarning: in
  mcc = cov_ytyp / np.sqrt(cov_ytyt * cov_ypyp)
```

Prédiction avec le classificateur DTN kNN Ici, c'est la première tentative de former l'apprenant en DTW avec un classificateur KNN.

In [14]:
```
results = {}

# Custom metric
def dtw_metric(a,b):
    similarity, _ = dtw.dynamic_time_wraping(a,b, distance.euclidean)
    return similarity

# initize the classifier
dtw_kNN_clf = KNN.KNNClassifier(metric=dtw_metric)

# First, we start with 1922 training samples since kNN is a slow classifier
start = time() # Get start time
dtw_kNN_clf.fit(data_dtw['X_train'][:1922], data['y_train']['in_hospital_death'][:1922]
end = time() # Get end time

# Record the training time
results['train_time'] = end - start

# Make predictions on train subset (with the size of test set) and test set
start = time() # Get start time
predictions_test = dtw_kNN_clf.predict(data_dtw['X_test'][:480])
end = time() # Get end time
results['pred_time'] = end - start

# Compute F-score on the train subset and test set
for name, func in score_metrics.items():
    results[name+'_test'] = func(data['y_test']['in_hospital_death'][:480], predictions

# Return the results
results
```

```
Out[14]: {'f1_test': 0.27499999999999997,
          'mcc_test': 0.2611594868357666,
          'pred_time': 2432.8259539604187,
          'train_time': 0.0040738582611083984}
```

Les résultats suggèrent que le classificateur DTN kNN est coûteux en calcul. Ses performances ne sont pas non plus très prometteuses.Prédiction avec les classificateurs conventionnels La deuxième tentative dans ce projet consiste à utiliser des méthodes de classification habituelles telles que la régression logistique. Dans ce projet, la régression logistique, l'arbre de décision, le boost de gradient, et les classificateurs de perceptron multicouche sont utilisés.

```
In [15]: def train_predict(learner, sample_size, X_train, y_train, X_test, y_test, metrics):
             '''
             contributions:
         ăăăăăăă - learner: l'algorithme d'apprentissage à former et à prédire sur
         ăăăăăăă - sample_size: la taille des échantillons (nombre) à tirer de l'ensemble d'appr
         ăăăăăăă - X_train: ensemble d'exercices de fonctionnalités
         ăăăăăăă - y_train: ensemble de formation au revenu
         ăăăăăăă - X_test: ensemble de tests de fonctionnalités
         ăăăăăăă - y_test: ensemble de tests de revenu
         ăăăăăăă - metrics: dictionnaire pour stocker les métriques
         ăăăă '''
             results = {}

             # Ajuster l'apprenant aux données d'apprentissage en les coupant avec 'sample_size'
             start = time() # Get start time
             learner.fit(X_train[:sample_size], y_train[:sample_size])
             end = time() # Get end time

             # Enregistrer le temps de formation
             results['train_time'] = end - start

             # Faire des prédictions sur les données de train
             start = time() # Get start time
             predictions_test = learner.predict(X_test)
             predictions_train = learner.predict(X_train)
             end = time() # Get end time
             results['pred_time'] = end - start

             for score, func in metrics.items():
             # Calculer le score sur le sous-ensemble du train et l'ensemble de test
                 results[score+"_train"] = func(y_train, predictions_train)
                 results[score+"_test"] = func(y_test, predictions_test)

             # Succès
             print("{} formé sur {} échantillons.".format(learner.__class__.__name__, sample_siz

         # Retourner les résultats
             return results
```

Formation initialeű

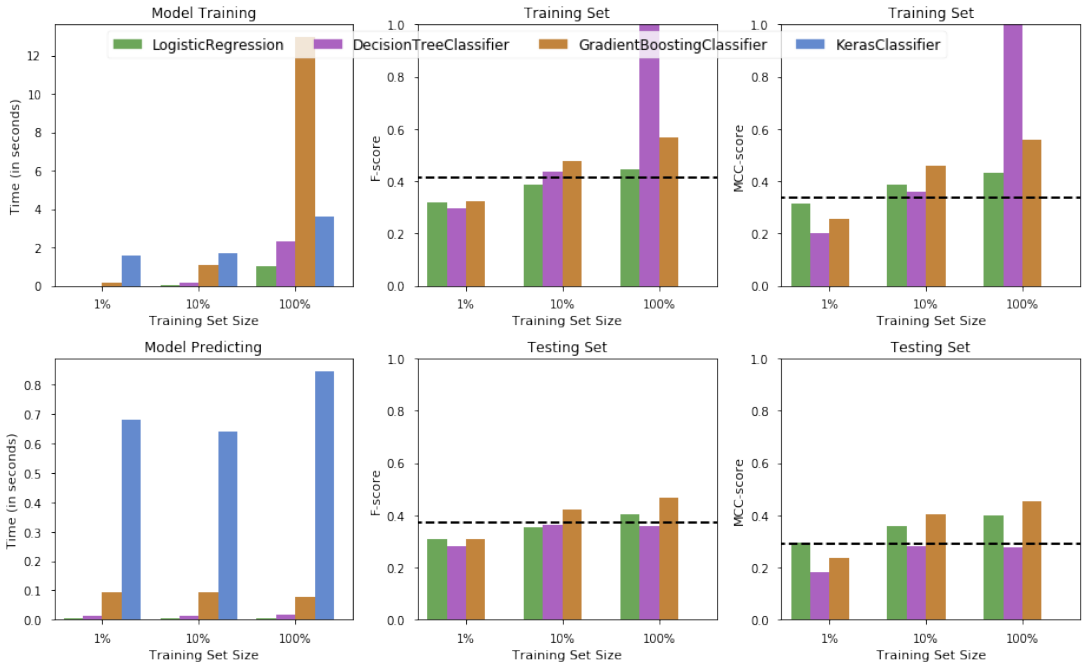
In [33]:
```
from sklearn.linear_model import LogisticRegression
from sklearn.tree import DecisionTreeClassifier
from sklearn.ensemble import GradientBoostingClassifier
from keras.models import Sequential
from keras.layers import Dense, Dropout, Flatten
from keras.wrappers.scikit_learn import KerasClassifier

# fixe la graine aléatoire pour la reproductibilité
seed = 0
np.random.seed(seed)

# créer un wrapper keras
def keras_model():
    # créer un modèle
    clf_MLP = Sequential()
    clf_MLP.add(Dense(128, activation='relu', input_shape= data_agg['X_train'].shape[1:
    clf_MLP.add(Dropout(0.1))
    clf_MLP.add(Dense(32, activation='relu'))
    clf_MLP.add(Dropout(0.1))
    clf_MLP.add(Dense(8, activation='relu'))
    clf_MLP.add(Dropout(0.1))
    clf_MLP.add(Dense(1, activation='sigmoid'))
    #clf_MLP.summary()
    clf_MLP.compile(optimizer= 'adam', loss='binary_crossentropy')
    return clf_MLP

# Initialiser les trois modèles avec les paramètres par défaut
clf_A = LogisticRegression(random_state = 0)
clf_B = DecisionTreeClassifier(random_state = 0)
clf_C = GradientBoostingClassifier(random_state=0)
clf_MLP = KerasClassifier(build_fn=keras_model, verbose=0)

# Calculez le nombre d'échantillons pour 1%, 10% et 100% des données d'entraînement
samples_100 = len(data['y_train'])
samples_10 = int(round(0.1*samples_100))
samples_1 = int(round(0.1*samples_10))

# Collecter les résultats sur les apprenants
results = {}
for clf in [clf_A, clf_B, clf_C, clf_MLP]:
    clf_name = clf.__class__.__name__
    results[clf_name] = {}
    for i, samples in enumerate([samples_1, samples_10, samples_100]):
        results[clf_name][i] = \
        train_predict(clf, samples,
                      data_agg['X_train'].values, data['y_train']['in_hospital_death'],
```

```
                                    data_agg['X_test'].values, data['y_test']['in_hospital_death'], s

        # visualiser les résultats
        vs.evaluate(results, score_benchmark)
```

```
LogisticRegression formé sur 192 échantillons.
LogisticRegression formé sur 1922 échantillons.
LogisticRegression formé sur 19220 échantillons.
DecisionTreeClassifier formé sur 192 échantillons.
DecisionTreeClassifier formé sur 1922 échantillons.
DecisionTreeClassifier formé sur 19220 échantillons.
GradientBoostingClassifier formé sur 192 échantillons.
GradientBoostingClassifier formé sur 1922 échantillons.
GradientBoostingClassifier formé sur 19220 échantillons.
```

```
/anaconda3/lib/python3.6/site-packages/sklearn/metrics/classification.py:1135: UndefinedMetricWa
  'precision', 'predicted', average, warn_for)
/anaconda3/lib/python3.6/site-packages/sklearn/metrics/classification.py:538: RuntimeWarning: in
  mcc = cov_ytyp / np.sqrt(cov_ytyt * cov_ypyp)
```

```
KerasClassifier formé sur 192 échantillons.
KerasClassifier formé sur 1922 échantillons.
KerasClassifier formé sur 19220 échantillons.
```



Réglage des hyperparamètres Nous avons mis en place une fonction pour utiliser sklearn GridSearch pour régler les hyperparamètres.

```
In [35]: # Import 'GridSearchCV', 'make_scorer', and any other necessary libraries
         from sklearn.model_selection import GridSearchCV
         from sklearn.metrics import make_scorer

         def gridsearch(clf, scorer, X_train, y_train, X_test, y_test, parameters):
             """ apply grid search on clf """
         # Effectuez une recherche de grille sur le classificateur en utilisant 'scorer' comme m

         # Ajoute l'objet de recherche de grille aux données d'apprentissage et trouve les param

         # Obtenez le meilleur estimateur, paramètres et cv_results    best_clf = grid_fit.best_
             best_score = grid_fit.best_score_
             best_params = grid_fit.best_params_

             cv_results = grid_fit.cv_results_
             means = cv_results['mean_test_score']
             stds = cv_results['std_test_score']
             params = cv_results['params']

             print("Best parameters: {}".format(best_params))
             print("Best score: {}".format(best_score))
             for mean, stdev, param in zip(means, stds, params):
                 print("mean: {:3f}, std: {:3f} for {}".format(mean, stdev, param))

             return best_score, best_params, cv_results
```

Réglage sur le classificateur boost boost.

```
In [34]: # initialiser le classificateur
         clf = GradientBoostingClassifier(random_state = 0)

         # Créer un objet de scoring fbeta_score en utilisant make_scorer ()
         scorer = make_scorer(f1_score)

         # Créez la liste des paramètres que vous souhaitez régler, en utilisant un dictionnaire
         # nous accordons d'abord le taux d'apprentissage du classificateur
         learning_rate = np.arange(0.1, 0.31, 0.1)
         n_estimators = np.arange(60,101,20)
         parameters = dict(learning_rate=learning_rate, n_estimators=n_estimators)

         best_clf, best_predictions, cv_results = gridsearch(clf, scorer,
                                                             data_agg['X_train'], data['y_train'
                                                             data_agg['X_test'], data['y_test'][
                                                             parameters)


         ---------------------------------------------------------------------------

         NameError                                 Traceback (most recent call last)
```

```
    <ipython-input-34-ee4c66f99fd5> in <module>()
     14                                                    data_agg['X_train'], data['y_tra
     15                                                    data_agg['X_test'], data['y_test
---> 16                                                    parameters)


    <ipython-input-31-d9f9738e88f0> in gridsearch(clf, scorer, X_train, y_train, X_test, y_t
     10
     11 # Obtenez le meilleur estimateur, paramètres et cv_results    best_clf = grid_fit.be
---> 12     best_score = grid_fit.best_score_
     13     best_params = grid_fit.best_params_
     14


    NameError: name 'grid_fit' is not defined
```

In [25]:
```
# learning rate = 0.2 in this case
clf = GradientBoostingClassifier(random_state = 0)

learning_rate = [0.2]
n_estimators = [100]
max_depth = np.arange(3, 12, 2)
min_samples_split = np.arange(100, 1001, 200)

parameters = dict(learning_rate=learning_rate, n_estimators=n_estimators,
                  max_depth=max_depth, min_samples_split=min_samples_split)

best_clf, best_predictions, cv_results = gridsearch(clf, scorer,
                                        data_agg['X_train'], data['y_train']['in_hospit
                                        data_agg['X_test'], data['y_test']['in_hospital
                                        parameters)
```

```
    ---------------------------------------------------------------------------

    NameError                                 Traceback (most recent call last)

    <ipython-input-25-58020eaf9456> in <module>()
     13                                          data_agg['X_train'], data['y_train']['in_hos
     14                                          data_agg['X_test'], data['y_test']['in_hospi
---> 15                                          parameters)


    <ipython-input-23-d9f9738e88f0> in gridsearch(clf, scorer, X_train, y_train, X_test, y_t
     10
     11 # Obtenez le meilleur estimateur, paramètres et cv_results    best_clf = grid_fit.be
```

```
---> 12     best_score = grid_fit.best_score_
     13     best_params = grid_fit.best_params_
     14


NameError: name 'grid_fit' is not defined
```

In [29]:
```
# learning rate = 0.25 in this case
clf = GradientBoostingClassifier(random_state = 0)

learning_rate = [0.2]
n_estimators = [100]
max_depth = [5]
min_samples_split = [100]
min_samples_leaf = np.arange(1, 81, 20)

parameters = dict(learning_rate=learning_rate, n_estimators=n_estimators,
                  max_depth=max_depth, min_samples_split=min_samples_split,
                  min_samples_leaf=min_samples_leaf)

best_clf, best_predictions, cv_results = gridsearch(clf, scorer,
                                          data_agg['X_train'], data['y_train']['in_hospit
                                          data_agg['X_test'], data['y_test']['in_hospital
                                          parameters)
```

```
Best parameters: {'learning_rate': 0.2, 'max_depth': 5, 'min_samples_leaf': 1, 'min_samples_spli
Best score: 0.506621848726305
mean: 0.506622, std: 0.010116 for {'learning_rate': 0.2, 'max_depth': 5, 'min_samples_leaf': 1,
mean: 0.501289, std: 0.021659 for {'learning_rate': 0.2, 'max_depth': 5, 'min_samples_leaf': 21,
mean: 0.493081, std: 0.010773 for {'learning_rate': 0.2, 'max_depth': 5, 'min_samples_leaf': 41,
mean: 0.493425, std: 0.021709 for {'learning_rate': 0.2, 'max_depth': 5, 'min_samples_leaf': 61,
```

In [30]:
```
tuned_GB_clf = GradientBoostingClassifier(random_state = 0, learning_rate=0.2, n_estima
                                          max_depth=5, min_samples_split=100, min_sampl

tuned_GB_clf.fit(data_agg['X_train'].values, data['y_train']['in_hospital_death'])

predictions_test = tuned_GB_clf.predict(data_agg['X_test'].values)

tuned_GB_clf_results = {}
for score, func in score_metrics.items():
# Compute score on the train subset and test set
    tuned_GB_clf_results[score+"_test"] = func(data['y_test']['in_hospital_death'], pre

print('tuned gradient boost:', tuned_GB_clf_results)
```

```
tuned gradient boost: {'f1_test': 0.48437500000000006, 'mcc_test': 0.4485994263811551}
```

In [31]:
```
# fix random seed for reproducibility
seed = 0
np.random.seed(seed)

# create keras wrapper
def keras_model():
    clf_MLP = Sequential()
    clf_MLP.add(Dense(128, activation='relu', input_shape= data_agg['X_train'].shape[1:
    clf_MLP.add(Dropout(0.1))
    clf_MLP.add(Dense(32, activation='relu'))
    clf_MLP.add(Dropout(0.1))
    clf_MLP.add(Dense(8, activation='relu'))
    clf_MLP.add(Dropout(0.1))
    clf_MLP.add(Dense(1, activation='sigmoid'))
    clf_MLP.compile(optimizer= 'adam', loss='binary_crossentropy')
    return clf_MLP

clf = KerasClassifier(build_fn=keras_model, verbose=0)

# Make an f1_score scoring object using make_scorer()
scorer = make_scorer(f1_score)

# define the grid search parameters
batch_size = [32, 256, 512]
epochs = [10, 50, 100]
parameters = dict(batch_size=batch_size, epochs=epochs)

best_clf, best_predictions, cv_results = gridsearch(clf, scorer,
                                        data_agg['X_train'].values, data['y_train']['in
                                        data_agg['X_test'].values, data['y_test']['in_h
                                        parameters)
```

```
Best parameters: {'batch_size': 32, 'epochs': 10}
Best score: 0.49446741356509083
mean: 0.494467, std: 0.034073 for {'batch_size': 32, 'epochs': 10}
mean: 0.471002, std: 0.015658 for {'batch_size': 32, 'epochs': 50}
mean: 0.456275, std: 0.018518 for {'batch_size': 32, 'epochs': 100}
mean: 0.481420, std: 0.019687 for {'batch_size': 256, 'epochs': 10}
mean: 0.491392, std: 0.032887 for {'batch_size': 256, 'epochs': 50}
mean: 0.481981, std: 0.018899 for {'batch_size': 256, 'epochs': 100}
mean: 0.448962, std: 0.013769 for {'batch_size': 512, 'epochs': 10}
mean: 0.492628, std: 0.022415 for {'batch_size': 512, 'epochs': 50}
mean: 0.465478, std: 0.015190 for {'batch_size': 512, 'epochs': 100}
```

In [32]:
```
# fix random seed for reproducibility
seed = 0
np.random.seed(seed)
```

```
# create model
tuned_MLP_clf = Sequential()
tuned_MLP_clf.add(Dense(128, activation='relu', input_shape= data_agg['X_train'].shape[
tuned_MLP_clf.add(Dropout(0.1))
tuned_MLP_clf.add(Dense(32, activation='relu'))
tuned_MLP_clf.add(Dropout(0.1))
tuned_MLP_clf.add(Dense(8, activation='relu'))
tuned_MLP_clf.add(Dropout(0.1))
tuned_MLP_clf.add(Dense(1, activation='sigmoid'))
tuned_MLP_clf.compile(optimizer='adam', loss='binary_crossentropy')

# train the model
if not os.path.exists('data'):
    os.makedirs('data')
tuned_MLP_clf.fit(data_agg['X_train'].values, data['y_train']['in_hospital_death'],
                  batch_size=512, epochs=50, verbose=1, shuffle=True)

# predict the labels
predictions_test = tuned_MLP_clf.predict(data_agg['X_test'].values) > 0.5

# record the results
tuned_MLP_clf_results = {}
for score, func in score_metrics.items():
    tuned_MLP_clf_results[score+"_test"] = func(data['y_test']['in_hospital_death'], pr

print('tuned MLP:', tuned_MLP_clf_results)
```

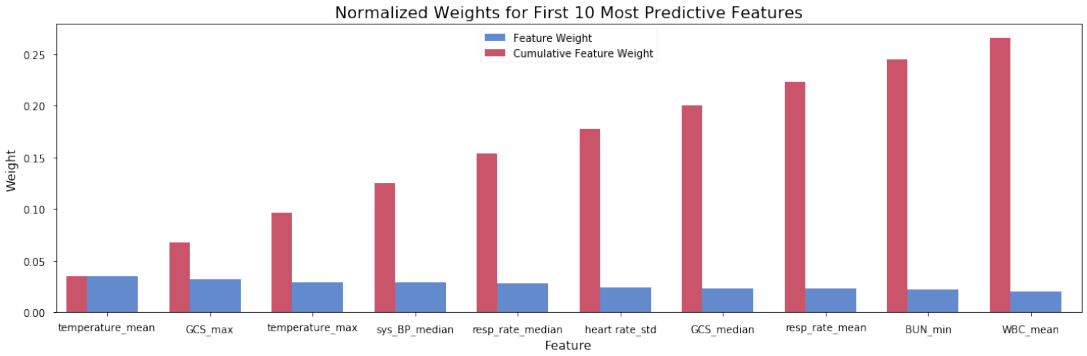
```
Epoch 1/50
19220/19220 [==============================] - 3s 163us/step - loss: 0.3992
Epoch 2/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2966
Epoch 3/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2734
Epoch 4/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2662
Epoch 5/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2630
Epoch 6/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2588
Epoch 7/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2564
Epoch 8/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2555
Epoch 9/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2540
Epoch 10/50
19220/19220 [==============================] - 0s 13us/step - loss: 0.2504
```

```
Epoch 11/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2501
Epoch 12/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2514
Epoch 13/50
19220/19220 [==============================] - 0s 15us/step - loss: 0.2502
Epoch 14/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2473
Epoch 15/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2460
Epoch 16/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2473
Epoch 17/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2437
Epoch 18/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2411
Epoch 19/50
19220/19220 [==============================] - 0s 13us/step - loss: 0.2372
Epoch 20/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2373
Epoch 21/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2355
Epoch 22/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2331
Epoch 23/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2320
Epoch 24/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2313
Epoch 25/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2318
Epoch 26/50
19220/19220 [==============================] - 0s 16us/step - loss: 0.2281
Epoch 27/50
19220/19220 [==============================] - 0s 15us/step - loss: 0.2303
Epoch 28/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2252
Epoch 29/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2271
Epoch 30/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2245
Epoch 31/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2239
Epoch 32/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2214
Epoch 33/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2193
Epoch 34/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2209
```

```
Epoch 35/50
19220/19220 [==============================] - 0s 15us/step - loss: 0.2195
Epoch 36/50
19220/19220 [==============================] - 0s 15us/step - loss: 0.2164
Epoch 37/50
19220/19220 [==============================] - 0s 17us/step - loss: 0.2161
Epoch 38/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2166
Epoch 39/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2147
Epoch 40/50
19220/19220 [==============================] - 0s 15us/step - loss: 0.2135
Epoch 41/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2165
Epoch 42/50
19220/19220 [==============================] - 0s 13us/step - loss: 0.2112
Epoch 43/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2093
Epoch 44/50
19220/19220 [==============================] - 0s 13us/step - loss: 0.2124
Epoch 45/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2084
Epoch 46/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2040
Epoch 47/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2060
Epoch 48/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2069
Epoch 49/50
19220/19220 [==============================] - 0s 14us/step - loss: 0.2065
Epoch 50/50
19220/19220 [==============================] - 0s 15us/step - loss: 0.2023
tuned MLP: {'f1_test': 0.4902386117136659, 'mcc_test': 0.4486404596797615}
```

Importance des fonctionnalités Nous voulons savoir comment la caractéristique liée à la mort à l'hôpital.

```
In [33]: # Train the supervised model on the training set using .fit(X_train, y_train)
         model = GradientBoostingClassifier(random_state = 0, learning_rate=0.2, n_estimators=10
                                            max_depth=5, min_samples_split=100, min_samples_leaf

         model.fit(data_agg['X_train'], data['y_train']['in_hospital_death'])

         # Extract the feature importances using .feature_importances_
         importances = model.feature_importances_

         # Plot
         vs.feature_plot(importances, data_agg['X_train'], data['y_train']['in_hospital_death'])
```


Normalized Weights for First 10 Most Predictive Features
Feature Weight
Cumulative Feature Weight
Weight
0.25
0.20
0.15
0.10
0.05
0.00
temperature_mean
GCS_max
temperature_max
sys_BP_median
resp_rate_median
heart rate_std
GCS_median
resp_rate_mean
BUN_min
WBC_mean
Feature