Ryzyko Zawału Serca

Łukasz Nowosielski

1 Baza danych

Do mojego projektu starłem się znaleźć bazę danych, która zawiera przynajmniej 20 kolumn i więcej niż 5000 rekordów. Zawały serca, czyli zawały mięśnia sercowego, w dalszym ciągu stanowią istotny problem zdrowotny na świecie. Wybrana baza danych obejmuje różnorodne czynniki, w tym wiek, poziom cholesterolu, ciśnienie krwi, nawyki palenia, aktywność fizyczna, preferencje żywieniowe i inne, a jego celem jest wyjaśnienie złożonego wzajemnego oddziaływania tych zmiennych w określaniu prawdopodobieństwa zawału serca.

Znaczenie poszczególnych kolumn:

- Patient ID - Id pacjenta
- Age - Wiek
- Sex - Płeć (Mężczyzna/Kobieta)
- Cholesterol - Poziom cholesterolu
- Blood Pressure - Ciśnienie krwi (Skurczowe/Rozkurczowe)
- Heart Rate - Tętno
- Diabetes - Cukrzyca (1:Tak, 0:Nie)
- Family History - Czy w rodzinie miał ktoś problemy z sercem (1:Tak, 0:Nie)
- Smoking - Czy pacjent pali papierosy (1:Tak, 0:Nie)
- Obesity - Czy pacjent jest otyły (1:Tak, 0:Nie)
- Alcohol Consumption - Poziom spożycia alkoholu (Brak/Niskie/Umiarkowane/Wysokie)
- Exercise Hours Per Week - Liczba godzin spędzonych na ćwiczeniach w tygodniu
- Diet - Nawyki żywieniowe (Zdrowe/Średnie/Niezdrowe)
- Previous Heart Problems - Czy pacjent miał już problemy z sercem (1:Tak, 0:Nie)
- Medication Use - Zażywanie leków (1:Tak, 0:Nie)
- Stress Level - Poziom stresu (1-10)
- Sedentary Hours Per Day - Liczba godzin dziennie siedząc
- Income - Dochód
- BMI - Wskaźnik masy ciała
- Triglycerides - Poziom trójglicerydów
- Physical Activity Days Per Week - Liczba godzin spędzonych aktywnie w tygodniu
- Sleep Hours Per Day - Liczba godzin snu
- Country - Kraj pacjenta
- Continent - Kontynent, na którym przebywa pacjent
- Hemisphere - Półkula, na której przebywa pacjent
- Heart Attack Risk - Ryzyko zawału Serca (1:Tak, 0:Nie)

```
df = pd.read_csv("dataset.csv")
print(df.shape)
(8763, 26)
print(f"Brakujące wartości: {df.isnull().sum().sum()}")
Brakujące wartości: 0
```

```
print(df.head())
  Patient ID  Age     Sex  Cholesterol Blood Pressure  ...  Sleep Hours Per Day    Country      Continent          Hemisphere  Heart Attack Risk
0    BMW7812   67    Male          208        158/88  ...                    6  Argentina  South America  Southern Hemisphere
 0
1    CZE1114   21    Male          389        165/93  ...                    7     Canada  North America  Northern Hemisphere
 0
2    BNI9906   21  Female          324        174/99  ...                    4     France         Europe  Northern Hemisphere
 0
3    JLN3497   84    Male          383       163/100  ...                    4     Canada  North America  Northern Hemisphere                 0
4    GFO8847   66    Male          318         91/88  ...                    5   Thailand           Asia  Northern Hemisphere                 0
```

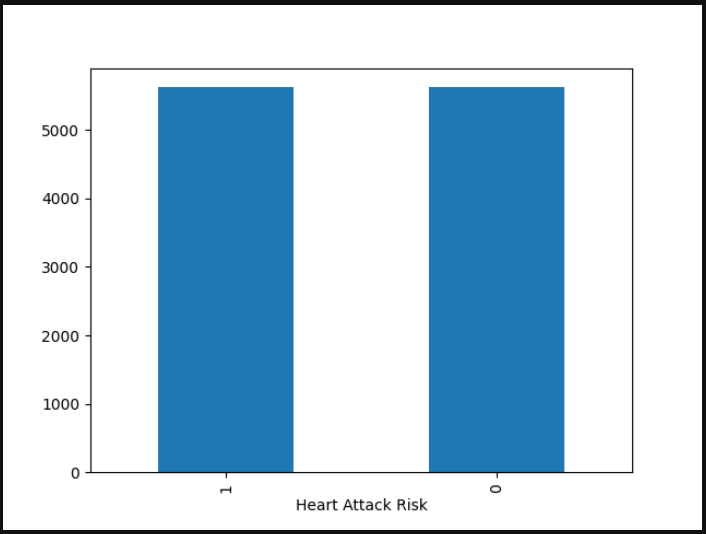
2 Preprocessing

Na początku dokonałem wstępnego preprocessingu danych. W tym celu usunąłem wiersze z brakującymi elementami, pozbyłem się kolumn: Patient ID, Blood Pressure, Country. Zmapowałem także wartości kategorialne na liczby i rozdzieliłem kolumnę Blood Pressure(ciśnienie krwi) na Systolic(skurczowe) oraz Diastolic(rozkurczowe).

```
mappings = {
    "Sex": {"Male": 0, "Female": 1},
    "Diet": {"Healthy": 0, "Average": 1, "Unhealthy": 2},
    "Hemisphere": {"Northern Hemisphere": 0, "Southern Hemisphere": 1},
    "Continent": {
        "Asia": 0,
        "Europe": 1,
        "South America": 2,
        "Australia": 3,
        "Africa": 4,
        "North America": 5,
    },
}

for column, mapping in mappings.items():
    df[column] = df[column].map(mapping)

df[["Systolic", "Diastolic"]] = (
    df["Blood Pressure"].str.strip().str.split("/", expand=True)
)
df["Systolic"] = df["Systolic"].astype(int)
df["Diastolic"] = df["Diastolic"].astype(int)

df = df.dropna()
df = df.drop(columns=["Patient ID", "Blood Pressure", "Country"])
```

Następnie dokonałem upsamplingu na danych, aby zrównoważyć klasy. To jest ważne, ponieważ nierównomierny rozkład klas może prowadzić do błędów w modelu, gdzie model może być stronniczy wobec klasy większościowej. Przez zrównoważenie klas, model ma równe szanse na naukę z obu klas, co zwykle prowadzi do lepszej ogólnej wydajności. Skorzystałem przy tym z techniki SMOTE, która generuje sytetyczne próbki klasy mniejszościowej poprzez kopiowanie istniejących danych i wprowadzając do nich niewielkich zmian. Jest to lepsze rozwiązanie niż powielanie poprzednich próbek, ponieważ mogłoby to doprowadzić do overfittingu.

```python
def balance_data(df):
    sm = SMOTE(random_state=285806)

    X = df.drop(["Heart Attack Risk"], axis=1)
    y = df["Heart Attack Risk"]

    X_res, y_res = sm.fit_resample(X, y)

    df_res = pd.concat([X_res, y_res], axis=1)

    return df_res
```




```
df.shape przed upsampling:
 (8763, 25)
df.shape po upsampling:
 (11248, 25)
```

3 Klasyfikacja

Wybraną bazę danych przebadałem pod kątem klasyfikacji, aby wybrać taki klasyfikator, który ma najwyższą dokładność oraz najwyższą wartość AUC-ROC. AUC-ROC, czyli Area Under the Receiver Operating Characteristic Curve, to metryka oceny modeli klasyfikacyjnych, która mierzy zdolność modelu do odróżniania między prawdziwie pozytywnymi a fałszywie pozytywnymi wynikami. Wysoka wartość AUC-ROC wskazuje na to, że model jest skuteczny w rozróżnianiu między klasami. Na koniec sprawdziłem również macierz błędów, która pozwoliła mi na zobaczenie, jak dobrze model radzi sobie z prawdziwie pozytywnymi i prawdziwie negatywnymi wynikami, a także jak często występują fałszywe pozytywne i fałszywe negatywne wyniki.

Porównałem ze sobą 5 różnych klasyfikatorów:

- Klasyfikator Lasów Losowych
- Drzewo Decyzyjne
- Naiwny Bayes
- K-najbliższych sąsiadów *k=3, k=5, k=11*
- Sieci Neuronowe

Na początku podzieliłem dane na zestaw treningowy i zestaw testowy:

```
def split_data(df):
    X = df.drop(["Heart Attack Risk"], axis=1)
    y = df["Heart Attack Risk"]
    X_train, X_test, y_train, y_test = train_test_split(X, y, test_size=0.3)

    return X_train, X_test, y_train, y_test
```

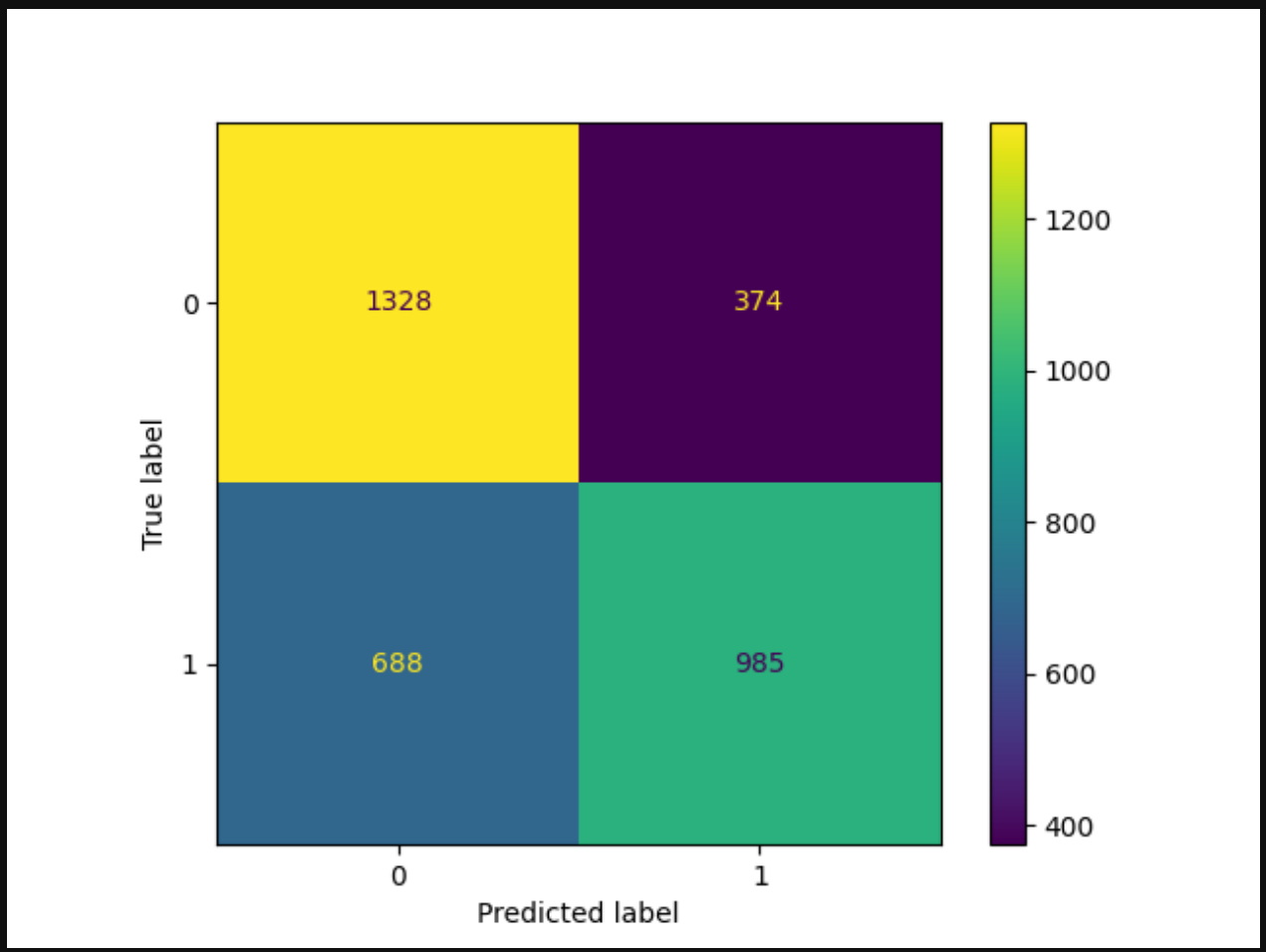
Następnie przeskalowałem dane za pomocą *StandardScaler* z biblioteki **sklearn**, która przeskalowuje każdą cechę tak, aby miała średnią równą zero i jednostkową wariancję.

```
def scale_data(X_train, X_test):
    scaler = StandardScaler()
    X_train = scaler.fit_transform(X_train)
    X_test = scaler.transform(X_test)

    return X_train, X_test
```

1. Klasyfikator Lasów Losowych

```
def rfc(X_train, y_train, X_test, y_test):
    clf = RandomForestClassifier(random_state=285806)
    clf = clf.fit(X_train, y_train)
    predict = clf.predict(X_test)
    acc = accuracy_score(y_test, predict) * 100
    roc = roc_auc_score(y_test, predict) * 100
    print("Random Forest")
    print(f"Accuracy: {acc}%")
    print(f"AUC ROC: {roc}%")

    cm = confusion_matrix(y_test, predict)
    cfd = ConfusionMatrixDisplay(confusion_matrix=cm, display_labels=clf.classes_)
    cfd.plot()
    plt.show()
```

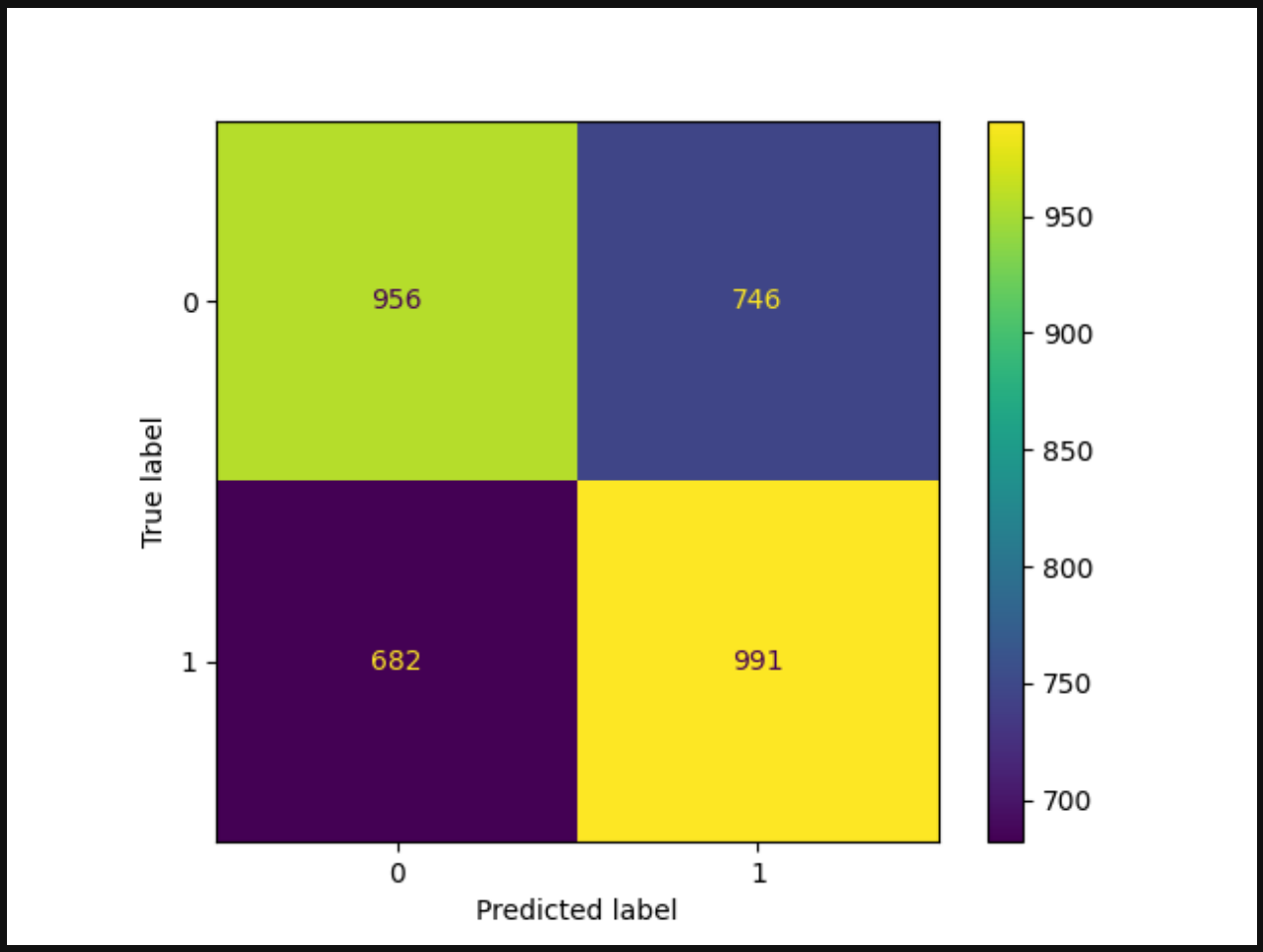
```
Random Forest
Accuracy: 68.53333333333333%
AUC ROC: 68.45106105611836%
```



2. Drzewo decyzyjne

```
def dtc(X_train, y_train, X_test, y_test):
    clf = DecisionTreeClassifier(random_state=285806)
    clf = clf.fit(X_train, y_train)
    predict = clf.predict(X_test)
    acc = accuracy_score(y_test, predict) * 100
    roc = roc_auc_score(y_test, predict) * 100
    print("Decision Tree")
    print(f"Accuracy: {acc}%")
    print(f"AUC ROC: {roc}%")

    cm = confusion_matrix(y_test, predict)
    cfd = ConfusionMatrixDisplay(confusion_matrix=cm, display_labels=clf.classes_)
    cfd.plot()
    plt.show()
```

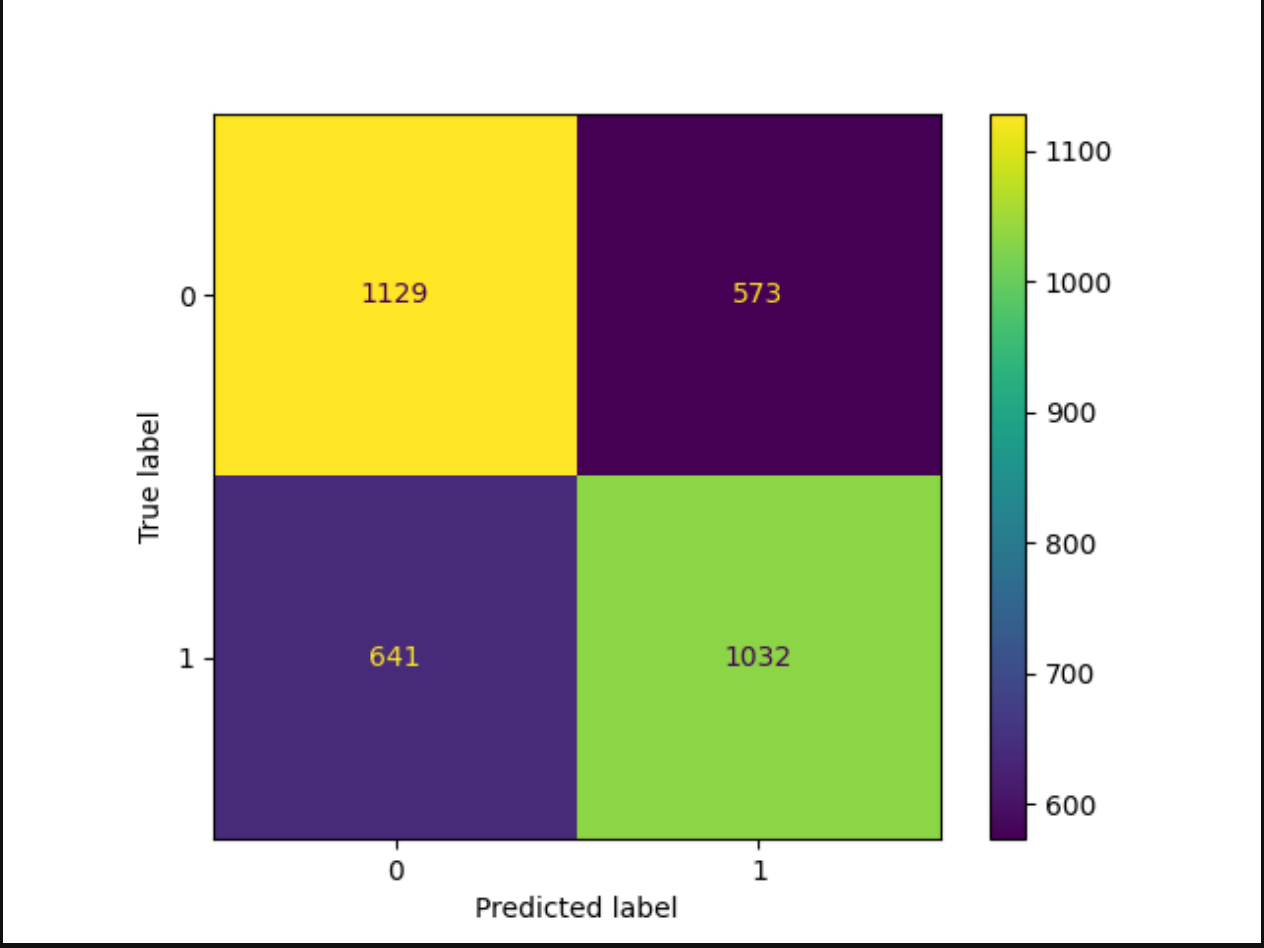
```
Decision Tree
Accuracy: 57.68888888888889%
AUC ROC: 57.70206002150699%
```



3. Naiwny Bayes

```
def gaussian(X_train, y_train, X_test, y_test):
    gnb = GaussianNB()
    gnb.fit(X_train, y_train)
    y_pred = gnb.predict(X_test)
    acc = accuracy_score(y_test, y_pred) * 100
    roc = roc_auc_score(y_test, y_pred) * 100
    print("Naive Bayes")
    print(f"Accuracy: {acc}%")
    print(f"AUC ROC: {roc}%")

    cm = confusion_matrix(y_test, y_pred)
    cfd = ConfusionMatrixDisplay(confusion_matrix=cm, display_labels=gnb.classes_)
    cfd.plot()
    plt.show()
```

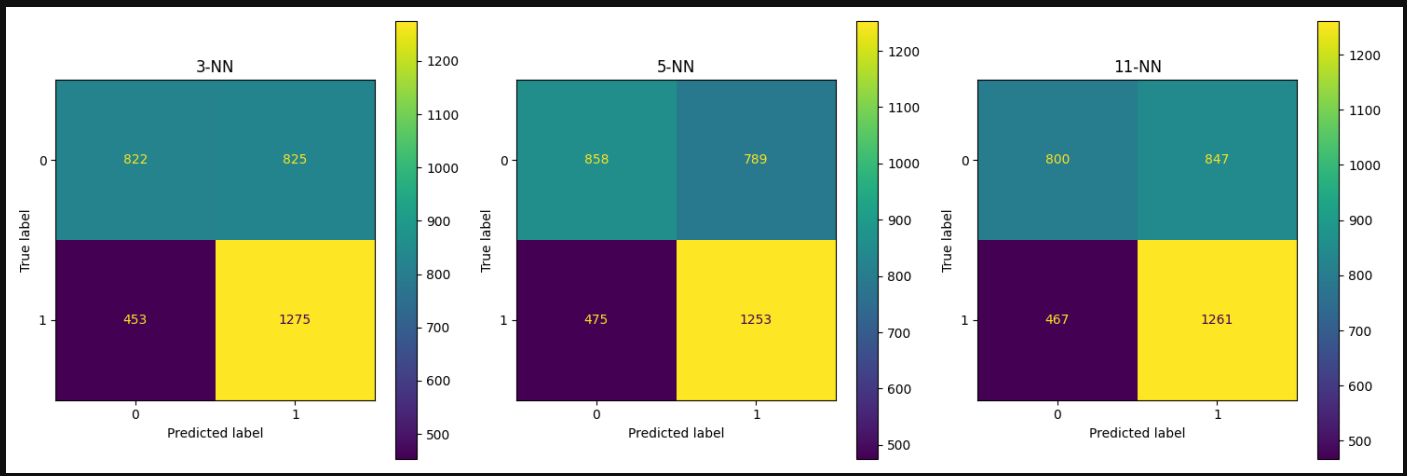
```
Naive Bayes
Accuracy: 64.02962962962962%
AUC ROC: 64.00965988468262%
```



4. K-najbliższych sąsiadów

```
def knn(X_train, y_train, X_test, y_test):
    fig, axes = plt.subplots(1, 3, figsize=(15, 5))

    for i, ax in zip([3, 5, 11], axes):
        knc = KNeighborsClassifier(n_neighbors=i)
        knc.fit(X_train, y_train)
        y_pred = knc.predict(X_test)

        acc = accuracy_score(y_test, y_pred) * 100
        roc = roc_auc_score(y_test, y_pred) * 100
        print(f"{i}NN")
        print(f"Accuracy: {acc}%")
        print(f"AUC ROC: {roc}%")

        cm = confusion_matrix(y_test, y_pred)
        cfd = ConfusionMatrixDisplay(confusion_matrix=cm, display_labels=knc.classes_)
        cfd.plot(ax=ax)
        ax.title.set_text(f"{i}-NN")

    plt.tight_layout()
    plt.show()
```

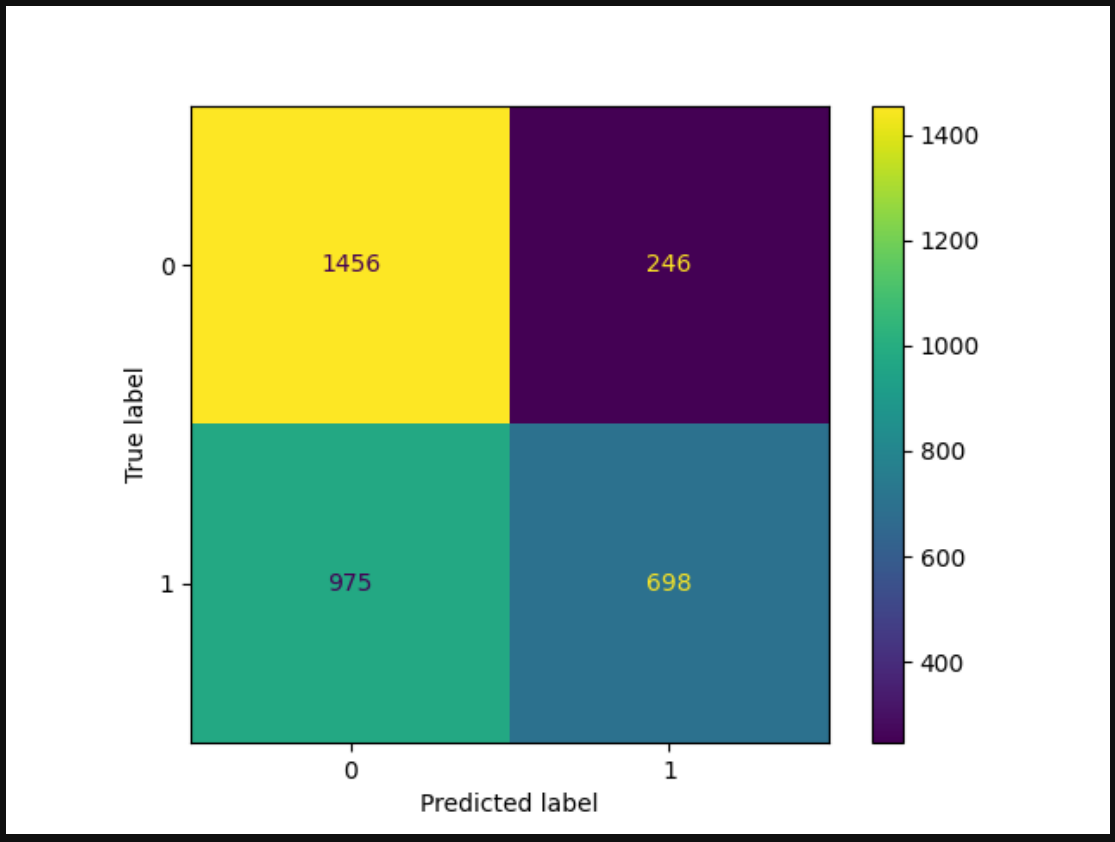
```
3NN
Accuracy: 63.25925925925926%
AUC ROC: 63.365012014275244%
5NN
Accuracy: 63.05185185185185%
AUC ROC: 63.15835313470387%
11NN
Accuracy: 60.533333333333333%
AUC ROC: 60.64346786558902%
```

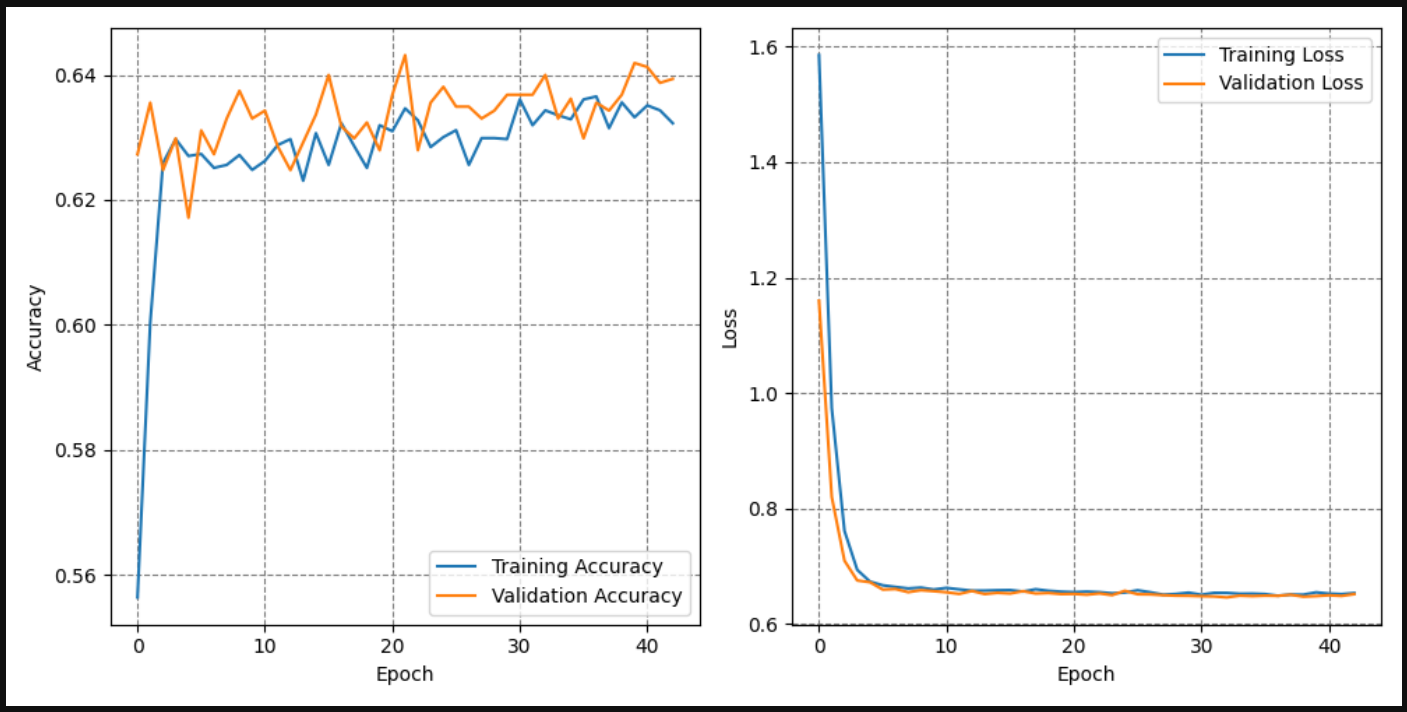


5. Sieci neuronowe

```python
def neural_network(X_train, y_train, X_test, y_test):
    model = Sequential(
        [
            Dense(
                64,
                activation="relu",
                input_shape=(X_train.shape[1],),
                kernel_regularizer=l2(0.01),
            ),
            Dropout(0.5),
            Dense(64, activation="relu", kernel_regularizer=l2(0.01)),
            Dense(32, activation="selu", kernel_regularizer=l2(0.01)),
            Dropout(0.5),
            Dense(1, activation="sigmoid"),
        ]
    )
    model.compile(optimizer="adam", loss="binary_crossentropy", metrics=["accuracy"])
    early_stopping = EarlyStopping(monitor="val_loss", patience=10)
    history = model.fit(
        X_train,
        y_train,
        epochs=50,
        batch_size=16,
        validation_split=0.2,
        callbacks=[early_stopping],
        verbose=0,
    )

    _, test_acc = model.evaluate(X_test, y_test)
    roc = roc_auc_score(y_test, model.predict(X_test)) * 100
    print("Neural Network")
    print(f"Accuracy: {test_acc * 100}%")
    print(f"AUC ROC: {roc}%")

    cm = confusion_matrix(
        y_test,
        np.round(model.predict(X_test)),
    )
    cfd = ConfusionMatrixDisplay(confusion_matrix=cm, display_labels=[0, 1])
    cfd.plot()
    plt.show()

    return history
```

```
Neural Network
Accuracy: 63.822221755981445%
AUC ROC: 67.494589888623%
```





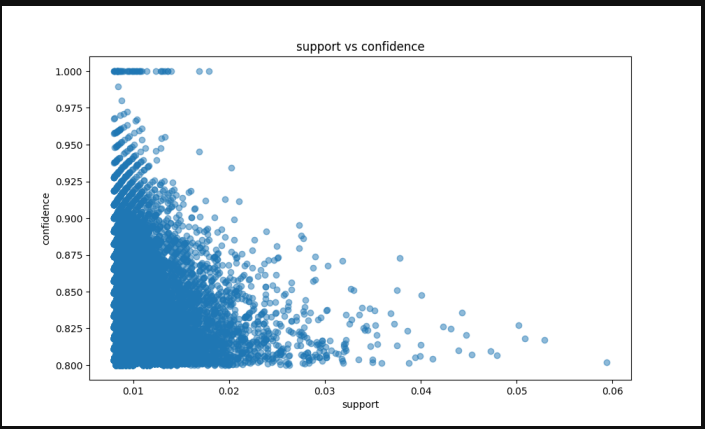
Jak widzimy model ten można nazwać dość dobrze dopasowanym, ponieważ osiąga podobne dokładność i stratę na zestawie treningowym i walidacyjnym, a do tego są one stabilne w czasie.

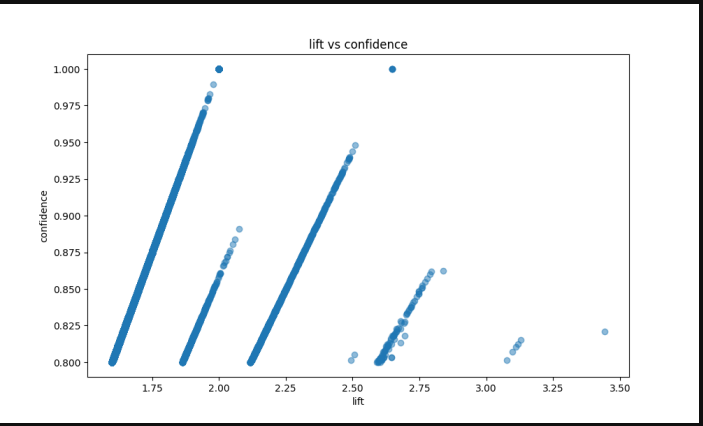
4 Reguły asocjacyjne

Na początku przekształciłem dane, dzieląc wartości numeryczne wybranych kolumn na przedziały "Low", "Medium" i "High", podczas gdy pozostałe kolumny pozostały numeryczne, żeby móc później łatwiej wyszukać ciekawe zależności. Następnie użyłem algorytmu *fpgrowth* do znalezienia często występujących zestawów elementów i wygenerowania z nich reguł asocjacyjnych. Wybrałem *fpgrowth* zamiast *apriori*, ponieważ jest bardziej wydajny oraz nie generuje i nie przechowuje dużych zestawów, co jest korzystne, gdy mamy do czynienia z dużymi zestawami danych. Zbadałem kilka ciekawych zależności między różnymi czynnikami np. palenie papierosów, występowanie cukrzycy, płeć pacjenta, otyłość, a ryzykiem zawału serca.

```python
def create_association_rules(df):
    selected_columns = [
        "Age",
        "Cholesterol",
        "Heart Rate",
        "Exercise Hours Per Week",
        "Sedentary Hours Per Day",
        "Income",
        "BMI",
        "Triglycerides",
        "Physical Activity Days Per Week",
        "Sleep Hours Per Day",
        "Systolic",
        "Diastolic",
    ]
    for col in selected_columns:
        df[col] = pd.cut(df[col], bins=3, labels=["Low", "Medium", "High"])

    for col in df.columns:
        if col in selected_columns:
            continue
        unique_values = df[col].nunique()
        labels = [i for i in range(unique_values)]
        df[col], _ = pd.cut(df[col], bins=unique_values, labels=labels, retbins=True)

    encoded_df = pd.get_dummies(df)

    frequent_itemsets = fpgrowth(encoded_df, min_support=0.008, use_colnames=True)
    rules = association_rules(frequent_itemsets, metric="confidence", min_threshold=0.8)

    rules = rules[rules["consequents"].apply(lambda x: "Heart Attack Risk_1" in str(x))]

    return rules
```

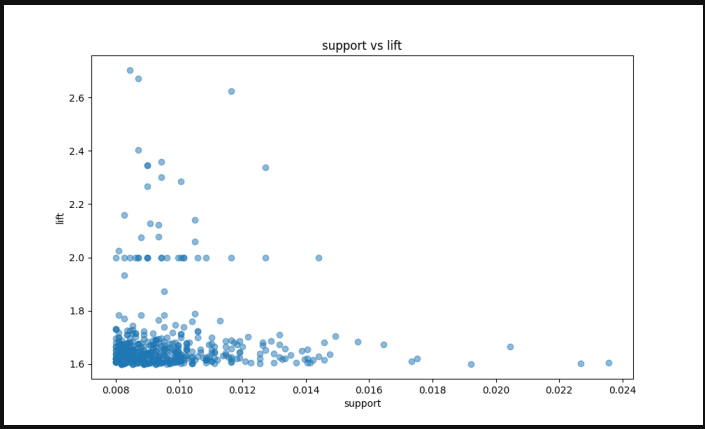
Ten wykres przedstawia zależności między osobami, które palą papierosy, a ryzykiem zawału serca. Wykorzystałem wskaźniki wsparcia i pewności, aby zrozumieć, jak często te dwie zmienne występują razem i jak silna jest ta zależność. Większość reguł ma niższe wsparcie i pewność, co widać po skupisku punktów w lewym dolnym rogu wykresu. Jednakże, istnieją również reguły z wyższym wsparciem i pewnością. To sugeruje, że choć większość reguł dotyczących palenia papierosów i ryzyka ataku serca, które spełniły minimalne wymagania występują rzadziej w danych, istnieją również reguły, które są częściej obserwowane i mają silniejszą zależność.





Ten wykres przedstawia zależność między pacjentami płci żeńskiej, a ryzykiem zawału serca dla wskaźników pewności (confidence) oraz lift. Wartości lift powyżej 1 wskazują na to, że między tymi regułami istnieje pewien związek. Widoczne są też reguły które osiągają wartość lift powyżej 3, co z kolei jest uważane za bardzo wysoką wartość.

Ten wykres przedstawia zależność między wsparciem (support), a wartością lift dla reguł asocjacyjnych, które łączą występowanie cukrzycy z ryzykiem zawału serca. Większość punktów na wykresie skupia się w lewym dolnym rogu, co może sugerować, że choć występowanie cukrzycy i ryzyko zawału serca mogą występować razem, nie są często spotykane zestawy. Jednakże, istnieją również punkty, które mają niskie wsparcie, ale osiągają wartość lift na poziomie 2.0 lub wyższą. Sugeruje to, że choć te reguły nie są często obserwowane, to kiedy cukrzyca występuje, ryzyko zawału serca jest wyższe.



5 Podsumowanie

Osiągnięte wyniki dokładności wahały się w granicach do 70%. Dzięki zastosowaniu StandardScaler udało mi się zwiększyć dokładność dla moich modeli w znacznej większości przypadków i niekiedy są to różnice kilku, bądź nawet kilkunastu procent jak w przypadku sieci neuronowej (ok. 14.25%), czy K-najbliższych sąsiadów (do 4.8%). Co więcej, wartości AUC-ROC, które są miarą jakości klasyfikacji, również poprawiły się po zastosowaniu standaryzacji. Najbardziej widoczny wzrost wartości AUC-ROC zaobserwowano dla sieci neuronowej, gdzie wartość wzrosła o 17.49%. To pokazuje, że standaryzacja danych może znacznie poprawić nie tylko dokładność, ale również ogólną jakość modeli klasyfikacyjnych.

Klasyfikator	**Dokładność/AUC-ROC bez ScandardScaler**	**Dokładność/AUC-ROC z ScandardScaler**
Lasy Losowe	68.59% / 68.51%	68.53% / 68.45%
Drzewo decyzyjne	57.57% / 57.58%	57.69% / 57.70%
Naiwny Bayes	57.16% / 57.32%	64.03% / 64.01%
KNN, n=3	59.47% / 59.54%	63.26% / 63.37%
KNN, n=5	58.25% / 58.33%	63.05% / 63.16%
KNN, n=11	56.68% / 56.74%	60.53% / 60.64%
Sieć neuronowa	49.57% / 50.00%	63.82% / 67.49%

6 Źródła

Baza danych: `https://www.kaggle.com/datasets/iamsouravbanerjee/heart-attack-prediction-dataset`
Wykłady