Data exploration and enrichment for supervised classification

Trabalho No 2

Carolina Proença – up202306055
Júlia Peixoto – up202306602
Maria Morais – up202304201

Data Preprocessing

Começamos por encontrar os valores em falta (“?”)

Substituímos valores “None” por “No” para não ser confundido com valore

Como não encontramos nenhum atributo com mais de 50% de valores em falta, não eliminamos nenhum.

Atributos numéricos: Em colunas de atributos numéricos, como a idade, usamos a mediana para imputar os valores em falta.

Atributos binários: Em colunas No/Yes, Mild/Severe e GradeI/II / Grade III/IV, substituímos os valores por 1/0, respetivamente, e imputamos os valores em falta com a moda. Na variável PS, atribuímos um número de 0 a 4, de acordo com o estado do paciente.

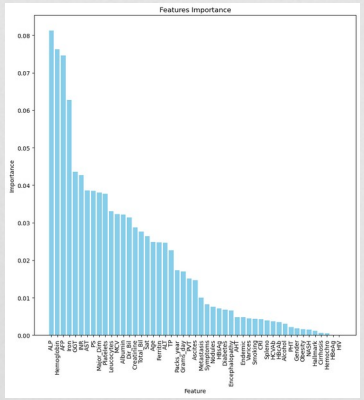
Qualidade das variáveis

Usámos 3 métodos para definir a qualidade das variáveis, criando um sistema de pontos com a combinação dos 3.

1 – Feature Importance e decision trees

Atributo mais importante:
Atributo mais importante: ALP

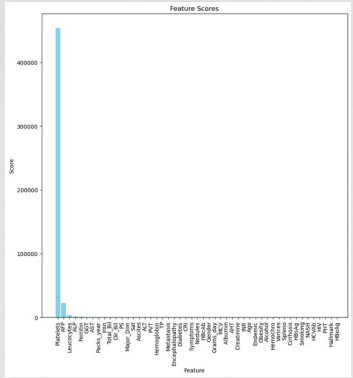
1



3 – Seleção de características com SelektBest

Atributo mais importante: Platelets

3



Quality of variables

Usámos 3 métodos para definir a qualidade das variáveis, criando um sistema de pontos com

2 – Seleção de Características com Recursive Feature Elimination

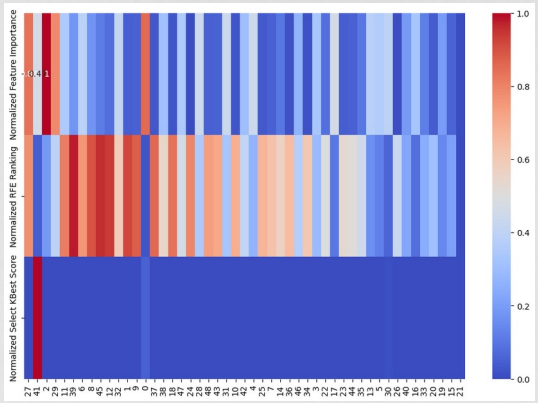
Atributo mais importante: PVT

2

4 – Combinação de todo

Atributo mais importante: Hemoglobin

4



Ao analisar o heat map, a variável 27 (hemoglobina) é a única que apresenta 2 colunas de cor quente em diferentes setores, daí ser a mais bem classificada no sistema de pontos.

Qualidade das variáveis

Analisamos também gráficos de todas as varíaveis em relação à variável objetivo, com o intuito de avaliar melhor a influência destas na sobrevivência dos pacientes.
Baseamos a nossa escolha de más variáveis em 2 parâmetros:

Se a presença da variável comparativamente à sua falta no dataset for inferior a 10%.

Se a presença ou falta da variável for substancialmente pequena comparativamente ao número de pacientes.

Symptoms and Diabetes – a distinção entre pacientes que vivem ou morrem é inferior a 10%

HbeAg, HIV – Apenas 1 ou 3 pacientes, respetivamente, de 165 têm este atributo a 1, então não é uma variável boa de analisar

Endemic, Hemochromatosis, Nash - Apenas 10, 7 ou 8 pacientes, respetivamente, de 165 têm este atributo a 1, então não é uma variável boa de analisar

HCVab, Grams_Day, INR, TP and Total_Bil – Não há diferença significativa nos pacientes que vivem e morrem.

Modelos que usamos - Comparação

Usamos 5 métodos para prever a sobrevivência dos pacientes

O train/test split foi constante igual a 70/30%

- Decision tree
- KNN
- Logistic Regression
- SVM
- Gradient Boosting

Para um teste mais preciso dos modelos acima, combinamos diferentes variáveis em cada caso abaixo enumerado.

1. **Todas as variáveis**
2. **Sem as variáveis onde com ou sem esse parâmetro existia menos de 10% das pessoas**
3. **Sem as varáveis consideradas como más a partir da leitura dos gráficos**
4. **Sem as piores 5 variáveis de acordo com o sistema de pontos**

Modelos que usamos - Comparação

5	Sem as melhores 3 variáveis, de acordo com o sistema de pontos
6	Sem as melhores 5 variáveis de acordo com o sistema de pontos
7	Apenas com as melhores 3 variáveis, de acordo com o sistema de pontos
8	Apenas com as melhores 5 variáveis, de acordo com o sistema de pontos
9	Apenas com as melhores 10 variáveis, de acordo com o sistema de pontos
10	Apenas com as variáveis consideradas más, de acordo com a análise dos gráficos

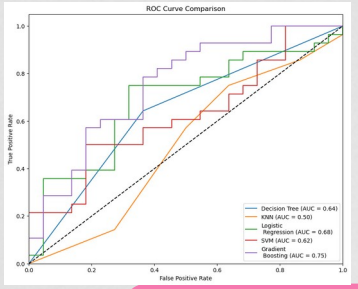
Bibliography

https://radiopaedia.org/articles/ecog-performance-status

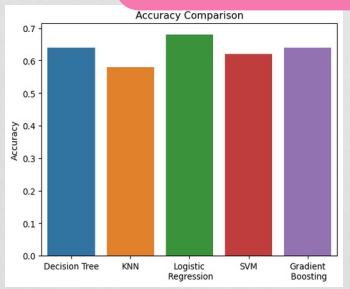
https://www.analyticsvidhya.com/blog/2021/04/how-to-handle-missing-values-of-categorical-variables/

Modelos que usamos - Comparação

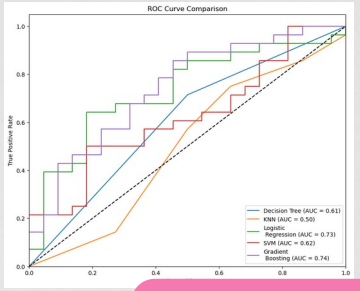
1



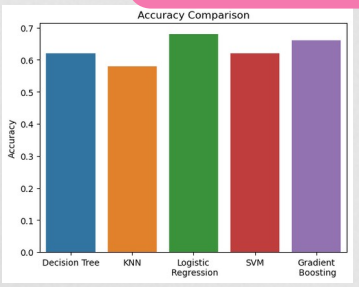
Melhor: logistic regression



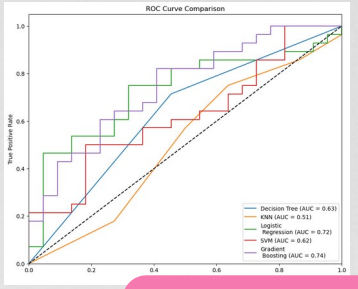
2



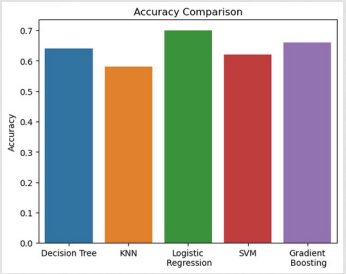
Melhor: Gradient Boosting



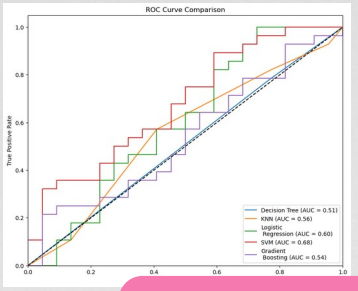
3



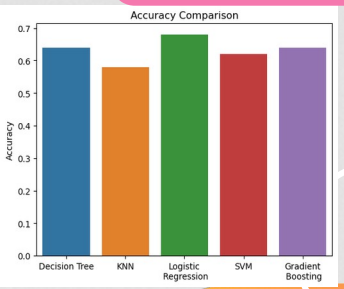
Melhor: Gradient Boosting



8



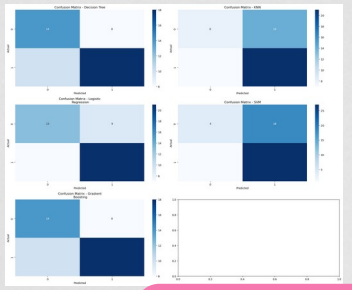
Melhor: Gradient Boosting



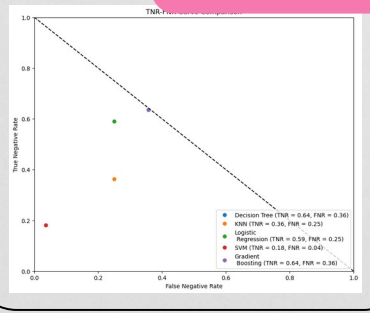
Usamos a curva ROC/AUC e gráfico de barras para avaliar a eficácia dos modelos

Models that we used – Comparison

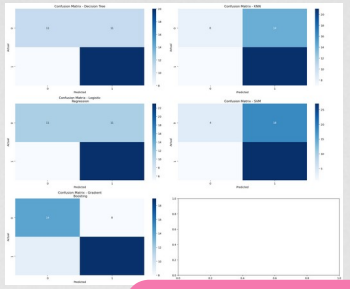
1



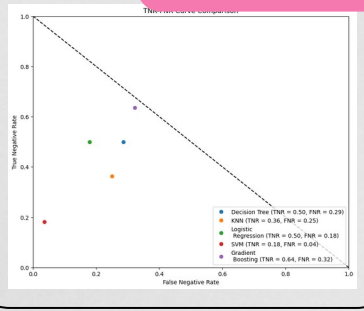
Melhor: Gradient Boosting



2

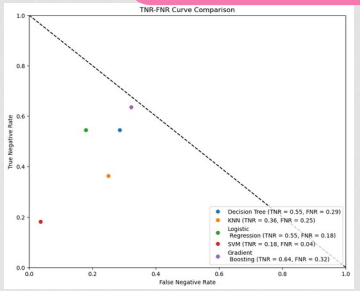


Melhor: Gradient Boosting



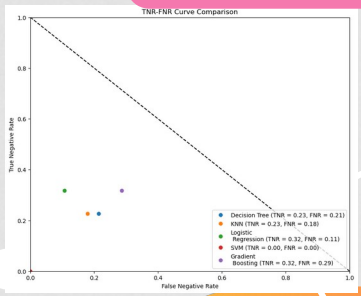
3

Melhor: Gradient Boosting



8

Melhor: SVM



Usamos a matriz de confusão e o gráfico TNF-FNR para determinar quantidade de falsos positivos e negativos.

Comentário

Para a interpretação do nosso problema, o pior erro que pode ocorrer é a previsão de um número elevado de falsos negativos pelos métodos de machine learning. Apesar de os falsos positivos também serem um erro significativo, este não é tão grave por comparação com os falsos negativos. O modelo de machine learning mais eficiente para avaliar o rácio de falsos negativos é o SVM, já o Decision Tree é o menos eficiente.

Para a Area Under the Curve, o modelo com melhor desempenho é o Gradient Boosting, e o com pior desempenho é o KNN. No entanto, observa-se que o Gradient Boosting apesar de resultar em muitos verdadeiros positivos, também resulta em muitos falsos negativos. Desta forma, perante o contexto de previsão de sobrevivência, não se pode considerar este modelo eficiente. Já em relação aos parâmetros accuracy e precision, o melhor modelo é o Gradient Boosting, e para o recall, o melhor modelo é o SVM. Mais uma vez, o modelo que se destaca pela negativa é o Decision Tree.

Numa visão mais geral, o modelo que se destaca pela positiva é o Gradient Boosting, pois é o que apresenta valores mais altos no conjunto dos três parâmetros. Fazendo uma análise geral, tendo em conta a percentagem de falsos negativos, o AUC, a accuracy, o recall e a precision, concluímos que o modelo que apresenta melhor desempenho é o SVM. A qualidade das variáveis também tem um impacto significativo no desempenho dos modelos. Por esta razão, o teste deste desempenho foi executado com 10 casos diferentes, cada um com um conjunto de variáveis diferentes, que justificam as alterações de média em relação ao caso base.