VISOKA ŠKOLA ELEKTROTEHNIKE I RAČUNARSTVA STRUKOVNIH STUDIJA

BEOGRAD

PROJEKTNI ZADATAK

Tema: “Otkrivanje dijabetesa kod žena Pima Indijanskog nasleđa”

Predmet: Veštačka inteligencija

Datum: *26.05.2022.*

Milanče Andrejić NRT-8/20

S A D R Ž A J

1. Uvod

Dijabetes je oboljenje koje nastaje usled nedovoljnog lučenja ili delovanja insulina. Insulin je hormon koji se stvara u žlezdi gušterači – pankreasu i odgovoran je za pravilan metabolizam ugljenih hidrata. Cilj je dijagnostikovati u što kraćem periodu kako bi se na vreme krenulo sa odgovarajućom terapijom i regulisanjem ishrane. Rano dijagnostikovanje dijabetesa može sprečiti neke od mnogo ozbiljnijih problema kao što su infarkt miokarda, moždani udar, pogoršanje vida ili smanjenje funkcije bubrega.

Istraživanja su pokazala da od dijabetesa češće oboljevaju žene i da je za njih dijabetes opasniji jer su šanse za infarkt miokarda duplo veće kod žena nego kod muškaraca obolelih od dijabetesa, a dijabetes takođe ima negativnog uticaja na plodnost žena.

U ovom slučaju ćemo raditi analizu podataka i obučavanje modela raditi na skupu podataka kod žena Pima Indijanskog porekla.

Ko su Indijanci Pima?

Pima (ili Akimel O'odham, koji se takođe piše Akimel O'otham, „Ljudi reke“, ranije poznati kao Pima) su grupa Indijanaca koji žive u oblasti koja se sastoji od današnje centralne i južne Arizone. Većinsko stanovništvo od dva preživela plemena Akimel O'odham su smeštena u dva rezervata: Keli Akimel O'otham na indijanskoj zajednici reke Gila i On'k Akimel O'odham na indijanskoj zajednici Salt River Pima-Maricopa.

Za potrebe ovog projekta korišćeni su *www.kaggle.com* za skup podataka i *jupyter* za realizaciju koda.

2. Opis problema koji se rešava

2.1. Opis skupa podataka

Pregnancies - Broj trudnoća

Glucose - Koncentracija glukoze u plazmi

BloodPressure - Izmeren krvni pritisak

SkinThickness - Debljina kože u predelu tricepsa

Insulin - Serum insulina

BMI - Indeks telesne mase

DiabetesPedigreeFunction - Genetska sklonost dijabetesu

Age - Broj godina osobe

Outcome - konačan ishod 1: dijagnostikovan dijabetes, 0: nije dijagnostikovan

2.2. Cilj projekta i analiza podataka

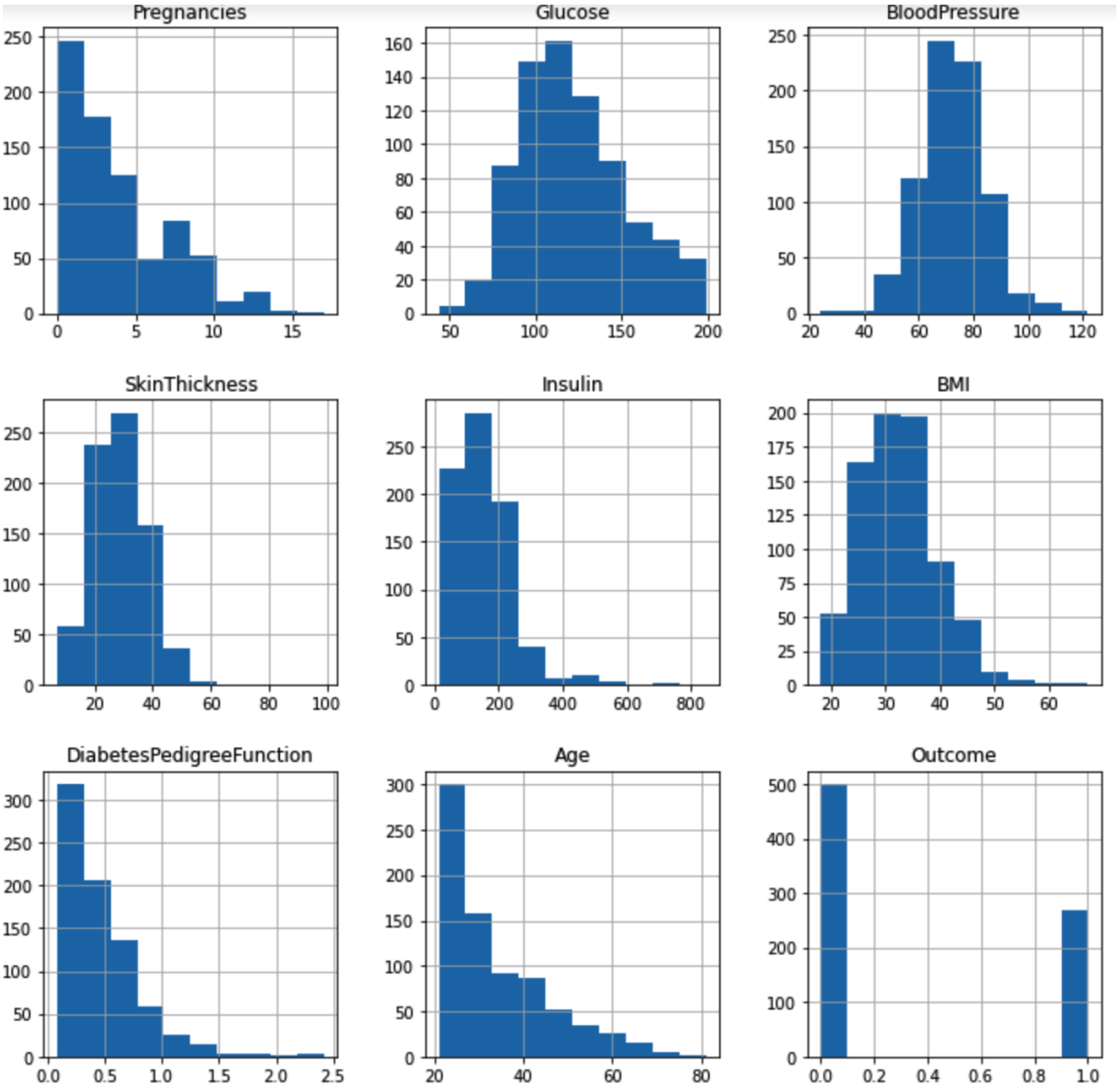
Cilj ovog projekta je da naučimo softver kako da prepozna dijabetes kod žena Pima Indijanskog porekla. Podaci pomoću kojih učimo softver su prikupljeni na *Nacionalnom institutu za dijabetes i digestivne i bubrežne bolesti* u SAD-u .

Pre svega ćemo analizirati prikupljene podatke, odrediti skup za obučavanje i validaciju softvera. Nakon toga ćemo testirati neke od algoritama za klasifikaciju i odabrati najpouzdaniji algoritam za evaluaciju našeg modela softvera. Na kraju ćemo testirati naš softver i izmeriti preciznost modela za odlučivanje.

```
Pregnancies                 0
Glucose                     5
BloodPressure              35
SkinThickness             227
Insulin                   374
BMI                        11
DiabetesPedigreeFunction    0
Age                         0
Outcome                     0
```

slika 2.2.1. - Broj NULL vrednosti u datasetu

U sledećem delu možemo primetiti veliki broj NULL vrednosti koje ćemo zameniti srednjom vrednošću plus minus standardna devijacija i takav skup podataka smo prikazali na slici 2.2.2.



slika 2.2.2. - Histogram podataka

Možemo primetiti da imamo skoro dvostruko više instanci kod kojih nije dijagnostikovan dijabetes, te ćemo ovu klasu posmatrati kao *Pozitivnu klasu* u matrici konfuzije.

Iako smo sredili podatke u datasetu, koristićemo originalne podatke koji nisu sređeni pošto se takav model pokazao uspešnijim usled unošenja greške prilikom sređivanja dataseta.

```
#Koristicemo originalni dataset koji nema sredjene podatke posto se pokazao kao uspesniji u odlucivanju

X = dataset.drop(columns=['Outcome'],axis=1) #odvajamo podatke od njihovog konačnog ishoda
Y = dataset['Outcome'] #odvajamo konačne ishode od podataka

X_train,X_test,y_train,y_test = train_test_split(X,Y,test_size=0.3,random_state=101)
```

slika 2.2.3.

Podelićemo originalni dataset na set za obučavanje modela i set za testiranje modela, tako da set za testiranje bude 30% originalnog dataseta.

2.3. Opis mogućih rešenja

Cilj projekta je da obučimo softver kako da prepozna dijabetes. Možemo koristiti različite algoritme za obučavanje modela ili napraviti veštačku neuralnu mrežu i istrenirati je.

U ovom projektu ćemo koristiti jednostavnije algoritme i testiraćemo algoritme:

- Logistička regresija
- K - najbližih suseda
- Naivni Bajes
- Support Vector Machine
- Stablo odlučivanja
- Linearna diskriminantna analiza

```
#dodajemo niz modela koje ćemo testirati

models = []

#Linearna Regresija
models.append(('LR', LogisticRegression(solver='liblinear',multi_class='ovr',max_iter=200)))

#K Nearest Neighbors
models.append(('KNN', KNeighborsClassifier()))

#Naive Bayes
models.append(('NB', GaussianNB()))

#Support Vector Machine
models.append(('SVM', SVC(C=0.5, kernel='linear')))

#Stablo odlučivanja
models.append(('CART', DecisionTreeClassifier()))

#Linear Discriminant Analysis
models.append(('LDA', LinearDiscriminantAnalysis()))
```

slika 2.3.1. - kreiranje niza modela za obučavanje

Testiraćemo svaki od ovih algoritama metodom kros validacije i odabrati najbolji algoritam.

```
#vršimo obučavanje svih algoritama primenom kros-validacije
#Prikazujemo rezutate obučavanja - prosečnu tačnost i standardnu devijaciju
results = []
names = []

for name, model in models:
    kfold = StratifiedKFold(n_splits=10, random_state=1, shuffle=True)

    cv_results = cross_val_score(model, X_train, y_train, cv=kfold, scoring='accuracy')
    results.append(cv_results)
    names.append(name)
    print('%s: %f (%f)' % (name, cv_results.mean(), cv_results.std()))
```

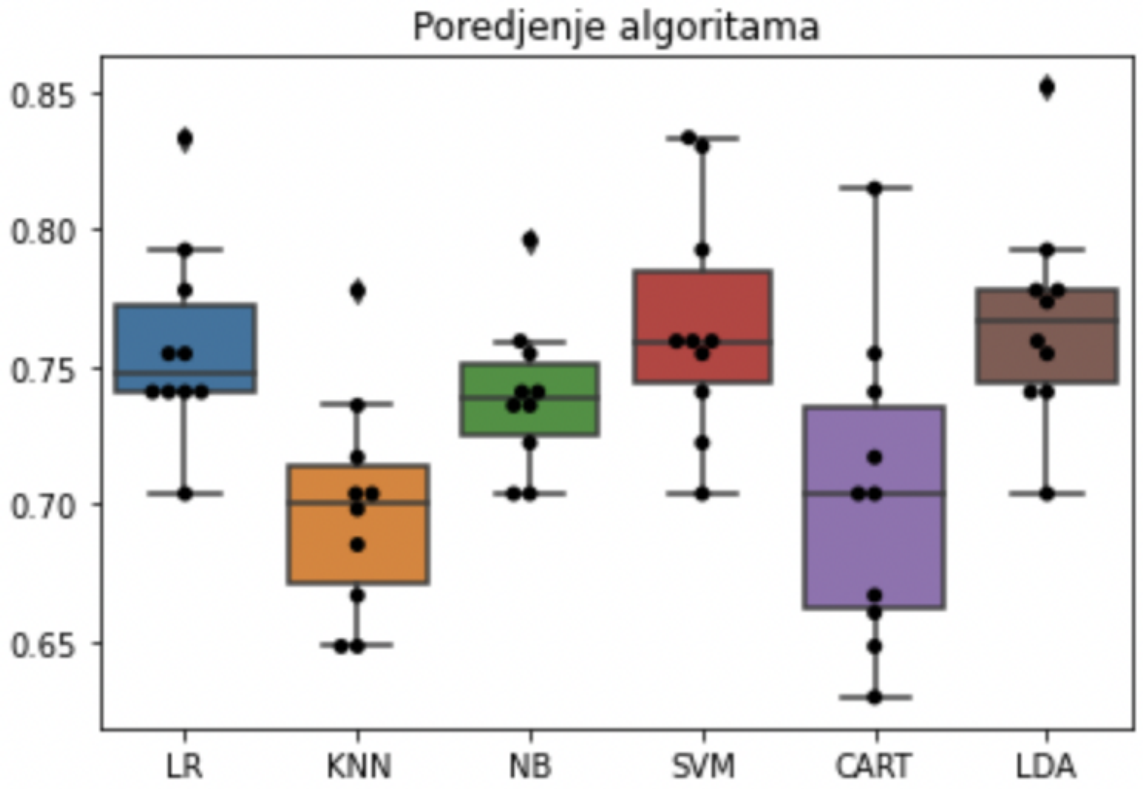
```
LR: 0.757966 (0.033785)
KNN: 0.698428 (0.037864)
NB: 0.739308 (0.025959)
SVM: 0.765514 (0.040063)
CART: 0.700140 (0.055560)
LDA: 0.767261 (0.037039)
```

slika 2.3.2. - validacija svih modela i prikaz preciznosti

Sa slike 2.3.2. možemo primetiti najbolje rezultate kod SVM i LDA algoritama.

3. Rešenje

3.1. Izbor modela



slika 3.1.1. - boxplot modela

Na prvi pogled iz boxplota ne možemo odrediti koji algoritam je bolji. SVM i LDA algoritmi su se pokazali kao približno tačni i pouzdani. Zato ćemo testirati oba modela i videti koji će dati bolji rezultat kroz matricu konfuzije.

```
model = LinearDiscriminantAnalysis()
model.fit(X_train,y_train)

predictions = model.predict(X_test)

print(classification_report(y_test,predictions))

print(confusion_matrix(y_test,predictions))

print(accuracy_score(y_test,predictions))
```

```
              precision    recall  f1-score   support

           0       0.80      0.89      0.84       150
           1       0.74      0.59      0.66        81

    accuracy                           0.78       231
   macro avg       0.77      0.74      0.75       231
weighted avg       0.78      0.78      0.78       231

[[133  17]
 [ 33  48]]
0.7835497835497836
```

slika 3.1.2. - obučavanje i testiranje LDA algoritma

```
model = SVC()
model.fit(X_train,y_train)

predictions = model.predict(X_test)

print(classification_report(y_test,predictions))

print(confusion_matrix(y_test,predictions))

print(accuracy_score(y_test,predictions))
```

```
              precision    recall  f1-score   support

           0       0.78      0.93      0.84       150
           1       0.79      0.51      0.62        81

    accuracy                           0.78       231
   macro avg       0.78      0.72      0.73       231
weighted avg       0.78      0.78      0.76       231

[[139  11]
 [ 40  41]]
0.7792207792207793
```

slika 3.1.3. - obučavanje i testiranje SVM algoritma

3.2. Evaluacija modela

U daljoj evaluaciji možemo primetiti da je LDA algoritam blago pouzdaniji u dijagnostikovanju dijabetesa. Takođe, LDA algoritam se pokazao bržim za obučavanje što predstavlja dodatni razlog da ga odaberemo.

Prilog (rešenje)

```
#uvoz biblioteka za rad sa podacima i linearnu algebru
import pandas as pd
import numpy as np
#uvoz biblioteka za vizuelizaciju
import matplotlib.pyplot as plt
import seaborn as sns
import mlxtend
from mlxtend.plotting import plot_decision_regions
#uvoz biblioteke za upozorenja
import warnings
#uvoz biblioteka za pripremu podataka
from sklearn.model_selection import train_test_split
from sklearn.model_selection import cross_val_score
from sklearn.model_selection import StratifiedKFold
from sklearn.impute import SimpleImputer
#uvoz biblioteka za testiranje modela
from sklearn.metrics import accuracy_score
from sklearn.metrics import confusion_matrix
from sklearn.metrics import classification_report
#uvoz algoritmima za obučavanje modela
from sklearn.linear_model import LogisticRegression
from sklearn.svm import SVC
from sklearn.neighbors import KNeighborsClassifier
from sklearn.naive_bayes import GaussianNB
from sklearn.tree import DecisionTreeClassifier
from sklearn.discriminant_analysis import LinearDiscriminantAnalysis
import scipy.stats as ss
from scipy import interp
from scipy.stats import randint as sp_randint
from scipy.stats import uniform as sp_uniform
```

```
#Učitavanje dataseta pomoću pandas biblioteke

#prikaz osnovnih podataka o datasetu

dataset = pd.read_csv('diabetes.csv')

display(dataset.info(),dataset.head())


#Sve nemoguce nule menjamo sa 'NaN'

#kreiramo kopiju originalnog dataseta zbog prikaza realnih podataka i pravljenja izmena

data_copy = dataset.copy(deep = True)

data_copy[['Glucose','BloodPressure','SkinThickness','Insulin','BMI']] =
data_copy[['Glucose','BloodPressure','SkinThickness','Insulin','BMI']].replace(0,np.NaN)

print(data_copy.isnull().sum()) #Prikazujemo broj NaN u datasetu(kopiji)

display(data_copy.head())


#Pravimo izmene tako što popunjavamo vrednost NaN za Glucose sa

#slučajnim brojevima između srednje vrednosti plus minus standardna devijacija

for data in data_copy:
    mean = data_copy["Glucose"].mean()
    std = data_copy["Glucose"].std()
    is_null = data_copy["Glucose"].isnull().sum()
    rand = np.random.randint(mean-std,mean+std,size=is_null)
    gluc = data_copy["Glucose"].copy()
    gluc[np.isnan(gluc)] = rand
    data_copy["Glucose"] = gluc
data_copy.info()
```

```
#isti postupak ponavljamo i za ostale kolone
```

```
#Pravimo izmene tako što popunjavamo vrednost NaN za BloodPressure sa
#slučajnim brojevima između srednje vrednosti plus minus standardna devijacija
for data in data_copy:
    mean = data_copy["BloodPressure"].mean()
    std = data_copy["BloodPressure"].std()
    is_null = data_copy["BloodPressure"].isnull().sum()
    rand = np.random.randint(mean-std,mean+std,size=is_null)
    bp = data_copy["BloodPressure"].copy()
    bp[np.isnan(bp)] = rand
   data_copy["BloodPressure"] = bp
data_copy.info()

#Pravimo izmene tako što popunjavamo vrednost NaN za SkinThickness sa
#slučajnim brojevima između srednje vrednosti plus minus standardna devijacija
for data in data_copy:
    mean = data_copy["SkinThickness"].mean()
    std = data_copy["SkinThickness"].std()
    is_null = data_copy["SkinThickness"].isnull().sum()
    rand = np.random.randint(mean-std,mean+std,size=is_null)
    st = data_copy["SkinThickness"].copy()
    st[np.isnan(st)] = rand
    data_copy["SkinThickness"] = st
data_copy.info()
```

```
#Pravimo izmene tako što popunjavamo vrednost NaN za SkinThickness sa
#slučajnim brojevima između srednje vrednosti plus minus standardna devijacija
for data in data_copy:
    mean = data_copy["SkinThickness"].mean()
    std = data_copy["SkinThickness"].std()
    is_null = data_copy["SkinThickness"].isnull().sum()
    rand = np.random.randint(mean-std,mean+std,size=is_null)
    st = data_copy["SkinThickness"].copy()
    st[np.isnan(st)] = rand
    data_copy["SkinThickness"] = st
data_copy.info()

#Pravimo izmene tako što popunjavamo vrednost NaN za BMI sa
#slučajnim brojevima između srednje vrednosti plus minus standardna devijacija
for data in data_copy:
    mean = data_copy["BMI"].mean()
    std = data_copy["BMI"].std()
    is_null = data_copy["BMI"].isnull().sum()
    rand = np.random.randint(mean-std,mean+std,size=is_null)
    bmi = data_copy["BMI"].copy()
    bmi[np.isnan(bmi)] = rand
    data_copy["BMI"] = bmi
data_copy.info()

#Prikazujemo korelaciju naših podataka grafički
pd.plotting.scatter_matrix(data_copy.drop(columns=['Outcome']),figsize=(20,20))
plt.show()

#Prikazujemo histogram podataka i ishoda
data_copy.hist(figsize=(12,12))
plt.show()
```

```
#vršimo odvajanje dataseta na set podataka za obučavanje i set za testianje

#NaN problem

npSkup = data_copy.values

imp = SimpleImputer(missing_values=np.nan, strategy='median')

tfSkup = imp.fit_transform(npSkup)


#Koristicemo originalni dataset koji nema sredjene podatke posto se pokazao kao uspesniji u
odlucivanju

X = dataset.drop(columns=['Outcome'],axis=1) #odvajamo podatke od njihovog konačnog ishoda

Y = dataset['Outcome'] #odvajamo konačne ishode od podataka

X_train,X_test,y_train,y_test = train_test_split(X,Y,test_size=0.3,random_state=101)


#dodajemo niz modela koje ćemo testirati

models = []

#Linearna Regresija

models.append(('LR', LogisticRegression(solver='liblinear',multi_class='ovr',max_iter=200)))


#K Nearest Neighbors

models.append(('KNN', KNeighborsClassifier()))


#Naive Bayes

models.append(('NB', GaussianNB()))


#Support Vector Machine

models.append(('SVM', SVC(C=0.5, kernel='linear')))


#Stablo odlučivanja

models.append(('CART', DecisionTreeClassifier()))


#Linear Discriminant Analysis

models.append(('LDA', LinearDiscriminantAnalysis()))
```

```
#vršimo obučavanje svih algoritama primenom kros-validacije
#Prikazujemo rezutate obučavanja - prosečnu tačnost i standardnu devijaciju
results = []
names = []
for name, model in models:
    kfold = StratifiedKFold(n_splits=10, random_state=1, shuffle=True)
    cv_results = cross_val_score(model, X_train, y_train, cv=kfold, scoring='accuracy')
    results.append(cv_results)
    names.append(name)
    print('%s: %f (%f)' % (name, cv_results.mean(), cv_results.std()))

warnings.filterwarnings("ignore")
#Uporedni prikaz algoritama(box) i prikaz prolazaka kroz krosvalidaciju(dots)
ax = sns.boxplot(data=results)
ax = sns.swarmplot(data=results, color = "black")
plt.xticks(np.arange(0,6),names)
plt.title('Poredjenje algoritama')
plt.show()
```

```
#U prethodnom mozemo primetiti da su LDA i SVM algoritam priblizno jednaki u uspesnosti ali iz matrica konfuzije

#mozemo zakljuciti da se LDA bolje pokazao u otkrivanju Dijabetesa

#Zbog jednostavnosti algoritma i brzine obucavanja izabracemo LDA algoritam za evaluaciju naseg modela

model = LinearDiscriminantAnalysis()

model.fit(X_train,y_train)

predictions = model.predict(X_test)

print(classification_report(y_test,predictions))

print(confusion_matrix(y_test,predictions))

print(accuracy_score(y_test,predictions))



model = SVC()

model.fit(X_train,y_train)

predictions = model.predict(X_test)

print(classification_report(y_test,predictions))

print(confusion_matrix(y_test,predictions))

print(accuracy_score(y_test,predictions))
```

Reference

https://www.beo-lab.rs/dijabetes-simptomi-dijagnostika-prevencija-i-kontrola-secerne-bolesti/

https://rs.n1info.com/zdravlje/a552292-zasto-je-dijabetes-opasniji-za-zene-nego-za-muskarce/

https://www.kaggle.com/datasets/mathchi/diabetes-data-set

Veštačka inteligencija - priručnik za laboratorijske vežbe, Emilija Kisić