# Trabajo práctico Inteligencia Artificial FIUBA

Pedro Grin 108937 Lucas Nahuel Vilas 108650 Lisandro Bachur 108572

Profesor Hernán Daniel Merlino

# Roadmap de la presentación (primer parte):

- Objetivo del trabajo
- Presentación de los datos y del problema
- Preprocesamiento de datos
- Entrenamiento de modelos
- Conclusiones (de la primer parte)
- Pasos a seguir

# Objetivo del trabajo

#### Objetivo del trabajo

Queríamos aplicar lo visto en clase a un problema de nuestro interés

Problema de interés social

Problema sobre un área ajena a la informática Ver como la informática, y particularmente la Inteligencia Artificial, puede ser fácilmente aplicable a diversas áreas para resolver problemas

Problema:

En base a datos
"fácilmente"
medibles por una
persona poder
decir si tiene o
no posibilidades
de sufrir un
problema cardíaco

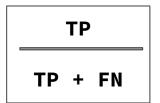
Mandar al paciente a hacerse un estudio específico

Recomendar cambiar algún hábito en específico

Poder centrarse o priorizar un hábito sobre otro

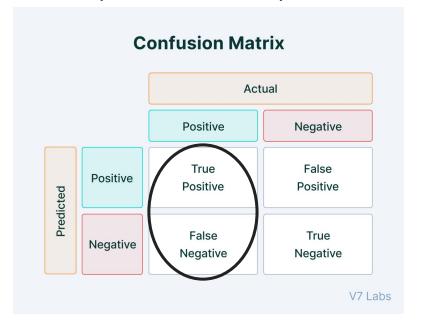
La métrica a optimizar, y en la que más hincapié haremos

será el recall



TP: True positives

FN: False negatives



Elegimos esta métrica porque es mucho más importante reducir los falsos negativos ya que un paciente podría tener un ataque al corazón y no llegar a prevenirlo

En cambio, si a un paciente lo envíamos a hacerse los estudios y finalmente no era nada (falso positivo) lo único que pierde es tiempo en hacerse los estudios, algo que tampoco es malo ya que deberíamos chequearnos continuamente

```
Smoking (binario)
  AlcoholDrinking (binario)
           Stroke (binario)
      DiffWalking (binario)
              Sex (binario)
AgeCategory (13 categorías)
        Race (6 categorías)
         Diabetic (binario)
 PhysicalActivity (binario)
   GenHealth (5 categorías)
           Asthma (binario)
    KidneyDisease (binario)
       SkinCancer (binario)
```

```
BMI (valores de 12.020 a 94.850)
PhysicalHealth (valores de 0 a 30)
MentalHealth (valores de 0 a 30)
SleepTime (valores de 1 a 24)
```

17 columnas entre categóricas y numéricas que buscan predecir **HeartDisease**, una variable categórica y binaria

1: HeartDisease

0: Not HeartDisease

Problema de clasificación binario

Pantallazo general:

- Gráficos
- Encodings
- Ahorro en memoria
- Undersampling
- Reducción de dimensiones

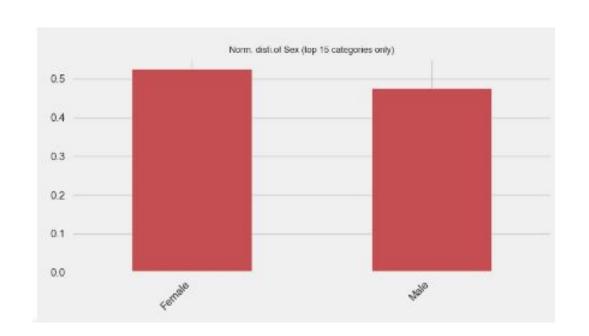
#### Gráficos:

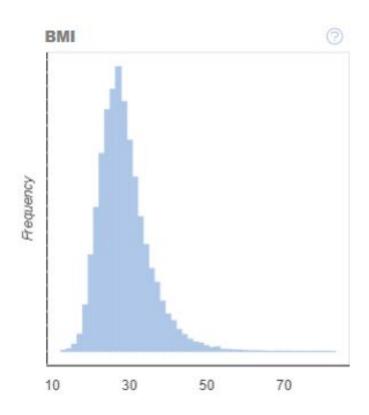
Nos sirven para visualizar los datos y así poder entenderlos mejor, ya sean sus distribuciones o el aporte que estos realizan.

Las librerías que utilizamos son Dataprep, AutoViz, Sweetviz, Dtale.

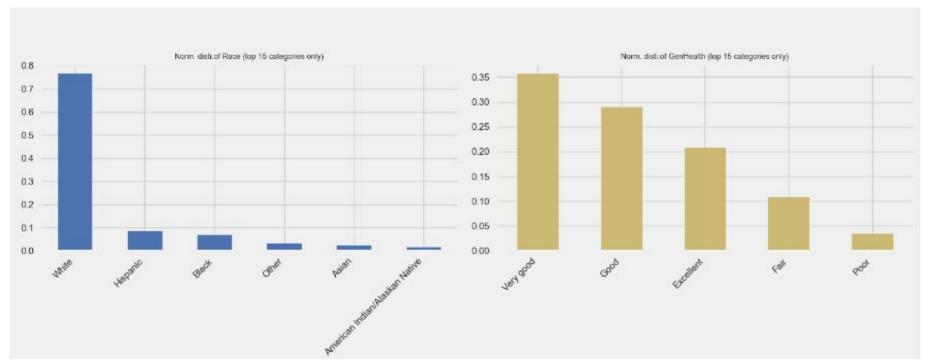
Todas estas librerías son para realizar gráficos automáticos, lo que nos ahorra tiempo de trabajo ya sea de pensar que graficar como también de la forma en realizarlos

Algunos gráficos interesantes



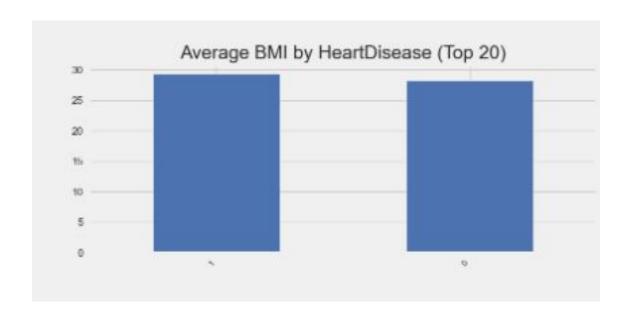


Algunos gráficos interesantes



\_\_\_\_

Algunos gráficos interesantes



#### Encodings:

- Preparación de los datos: En primer lugar, se recopila y se prepara el conjunto de datos de enfermedades del corazón. Esto puede incluir la limpieza de datos, el manejo de valores faltantes
- Codificación de variables categóricas: Si el conjunto de datos contiene variables categóricas, como el género o el tipo de enfermedad, es necesario codificarlas en una representación numérica adecuada para su procesamiento.

#### Encodings:

- Normalización de variables numéricas: Si hay variables numéricas, es común aplicar técnicas de normalización para escalar los valores y asegurar que todas las variables tengan un rango similar.
- División de los datos: Se divide el conjunto de datos en conjuntos de entrenamiento y prueba. El conjunto de entrenamiento se utiliza para entrenar el modelo, mientras que el conjunto de prueba se utiliza para evaluar su desempeño posteriormente.
- Aplicación de modelos de aprendizaje automático: Una vez que los datos se han codificado y dividido, se pueden aplicar diferentes algoritmos de aprendizaje automático, como árboles de decisión, regresión logística o redes neuronales, para construir un modelo que pueda predecir enfermedades del corazón o realizar otro tipo de análisis.

#### Ahorro en memoria:

Como ahora conocemos los datos que contiene cada columna, podemos transformar las columnas en distintos tipos de datos acorde a la información que almacena la columna

```
HeartDisease
                      319795 non-null object
    BMI
                      319795 non-null float64
    Smoking
                      319795 non-null object
    AlcoholDrinking
                      319795 non-null object
                      319795 non-null object
    Stroke
    PhysicalHealth
                      319795 non-null float64
    MentalHealth
                      319795 non-null float64
    DiffWalking
                      319795 non-null object
    Sex
                      319795 non-null object
    AgeCategory
                      319795 non-null object
                      319795 non-null object
    Race
    Diabetic
                      319795 non-null object
    PhysicalActivity 319795 non-null object
    GenHealth
                      319795 non-null object
    SleepTime
                      319795 non-null float64
    Asthma
                      319795 non-null
                                      object
    KidneyDisease
                      319795 non-null object
17 SkinCancer
                      319795 non-null object
dtypes: float64(4), object(14)
memory usage: 43.9+ MB
```

INICIAL VS FINAL

```
HeartDisease
                      319764 non-null int8
                      319764 non-null float64
    BMT
    Smoking
                      319764 non-null int8
    AlcoholDrinking
                      319764 non-null int8
    Stroke
                      319764 non-null int8
    PhysicalHealth
                      319764 non-null int8
    MentalHealth
                      319764 non-null int8
    DiffWalking
                      319764 non-null int8
                      319764 non-null category
    Sex
    AgeCategory
                      319764 non-null category
    Race
                      319764 non-null category
    Diabetic
                      319764 non-null int8
    PhysicalActivity 319764 non-null int8
    GenHealth
                      319764 non-null category
    SleepTime
                      319764 non-null int8
    Asthma
                      319764 non-null int8
16 KidneyDisease
                      319764 non-null int8
17 SkinCancer
                      319764 non-null int8
dtypes: category(4), float64(1), int8(13)
memory usage: 7.6 MB
```

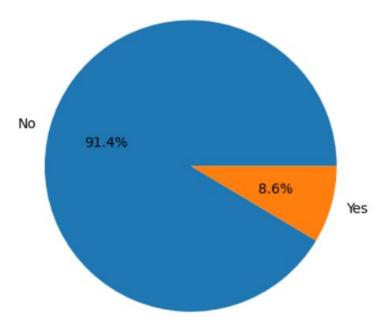
\_\_\_

#### Undersampling:

Técnica utilizada para equilibrar las clases, ya que nuestro modelo tenía muchos más datos sobre casos donde no había un problema de corazón frente a los casos en donde había un problema de corazón

\_\_\_\_

#### Undersampling:



Muy desequilibrados

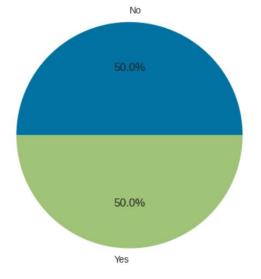
Undersampling:

orraci sampering.

len(df\_clase\_0), len(df\_clase\_1)

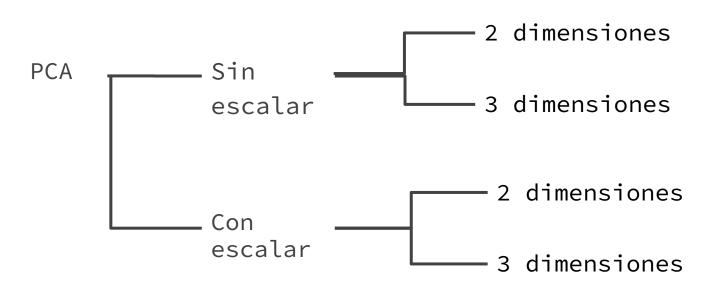
(292397, 27367)

df\_clase\_0 = df\_clase\_0[0:27367]

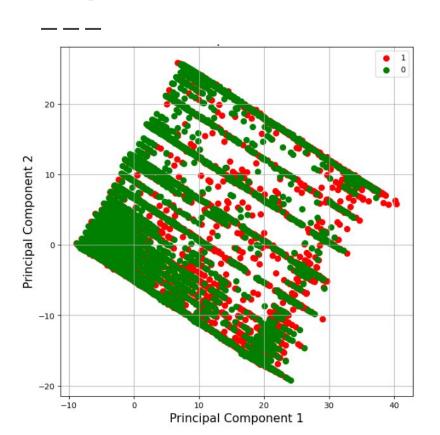


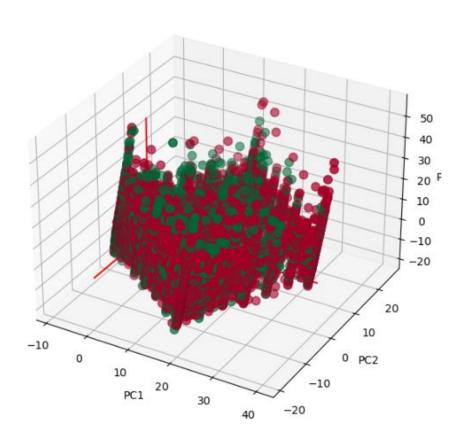
\_\_\_\_

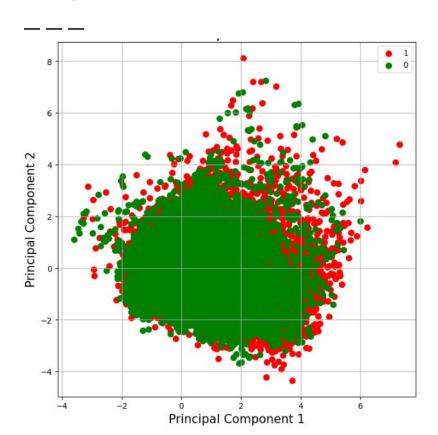
Reducción de dimensiones:



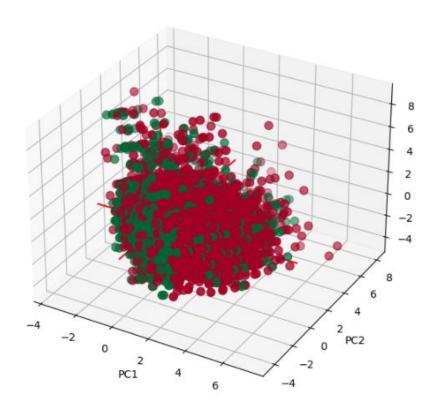
#### PCA sin escalar







#### PCA con escalar



\_\_\_\_

Gráficos interactivos de PCA:

https://colab.research.google.com/drive/1rSfxCYhfLoH4zMpxIq-Megpz0LF9toKe?usp=sharing

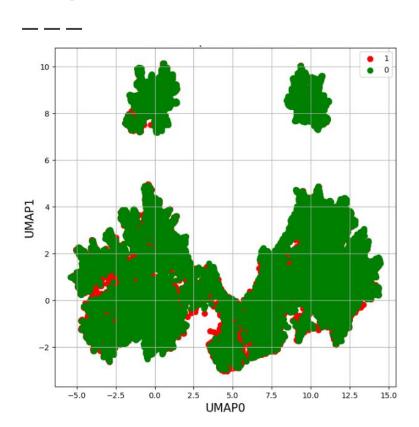
Reducción de dimensiones:

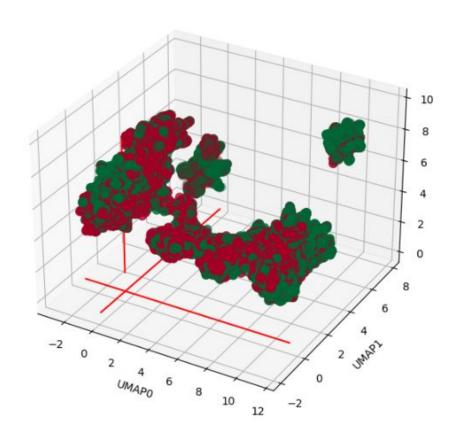
UMAP: Uniform Manifold Approximation and Projection for Dimension Reduction

Sirve tanto para reducción de dimensiones de datos lineales como no lineales

Documentación: <a href="https://umap-learn.readthedocs.io/en/latest/">https://umap-learn.readthedocs.io/en/latest/</a>

#### UMAP con escalar





Como nuestros datos no parecen ser lineales ya que no tienen mucha correlación entre ellos (ver matriz correlación en la próxima filmina)

Decidimos quedarnos con la reducción hecha por UMAP con 3 componentes, ya que sirve para datos no lineales

Agregamos esos 3 componentes como features al dataset para ayudar al entrenamiento de nuestros modelos

#### Matriz de correlación:

	HeartDisease	ВМІ	Smoking	AlcoholDrinking	Stroke	PhysicalHealth	MentalHealth	DiffWalking	Diabetic	PhysicalActivity	SleepTime	Asthma	KidneyDisease	SkinCancer
HeartDisease	1.000	0.052	0.108	-0.032	0.197	0.171	0.029	0.201	0.175	-0.100	0.008	4.141e-02	0.145	9.336e-02
ВМІ	0.052	1.000	0.023	-0.039	0.020	0.110	0.064	0.182	0.200	-0.151	-0.053	9.233e-02	0.051	-3.361e-02
Smoking	0.108	0.023	1.000	0.112	0.061	0.115	0.085	0.120	0.056	-0.097	-0.030	2.415e-02	0.035	3.401e-02
AlcoholDrinking	-0.032	-0.039	0.112	1.000	-0.020	-0.017	0.051	-0.035	-0.058	0.018	-0.005	-2.186e- 03	-0.028	-5.688e-03
Stroke	0.197	0.020	0.061	-0.020	1.000	0.137	0.046	0.174	0.105	-0.079	0.012	3.889e-02	0.091	4.808e-02
PhysicalHealth	0.171	0.110	0.115	-0.017	0.137	1.000	0.288	0.428	0.154	-0.232	-0.063	1.180e-01	0.142	4.172e-02
MentalHealth	0.029	0.064	0.085	0.051	0.046	0.288	1.000	0.152	0.030	-0.096	-0.122	1.140e-01	0.037	-3.339e-02
DiffWalking	0.201	0.182	0.120	-0.035	0.174	0.428	0.152	1.000	0.209	-0.278	-0.023	1.032e-01	0.153	6.484e-02
Diabetic	0.175	0.200	0.056	-0.058	0.105	0.154	0.030	0.209	1.000	-0.137	0.003	4.692e-02	0.149	3.408e-02
PhysicalActivity	-0.100	-0.151	-0.097	0.018	-0.079	-0.232	-0.096	-0.278	-0.137	1.000	0.005	-4.154e- 02	-0.082	-1.319e-03
SleepTime	0.008	-0.053	-0.030	-0.005	0.012	-0.063	-0.122	-0.023	0.003	0.005	1.000	-4.867e- 02	0.006	4.139e-02
Asthma	0.041	0.092	0.024	-0.002	0.039	0.118	0.114	0.103	0.047	-0.042	-0.049	1.000e+00	0.040	-3.771e-04
KidneyDisease	0.145	0.051	0.035	-0.028	0.091	0.142	0.037	0.153	0.149	-0.082	0.006	3.972e-02	1.000	6.177e-02
SkinCancer	0.093	-0.034	0.034	-0.006	0.048	0.042	-0.033	0.065	0.034	-0.001	0.041	-3.771e- 04	0.062	1.000e+00

Pantallazo general:

- Baseline
- Modelo LGBM
- Modelo XGBoost
- Modelo RandomForest
- Ensamble de modelos
- Red Neuronal

\_\_\_\_

#### Baseline:

"A simple model that acts as a reference in a machine learning project. Its main function is to contextualize the results of trained models. Baseline models usually lack complexity and may have little predictive power"

#### Baseline:

Utilizamos la librería de Pycaret ya que nos permite comparar distintos modelos rápidamente

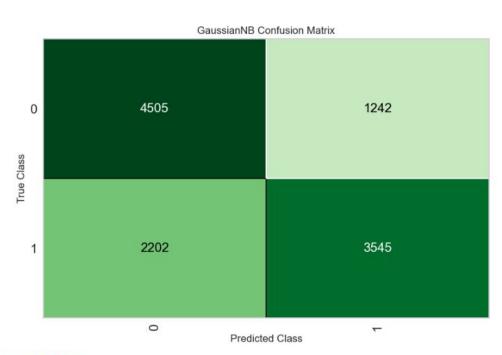
	Model	Accuracy	AUC	Recall	Prec.	F1	Kappa	MCC	TT (Sec)
lightgbm	Light Gradient Boosting Machine	0.7581	0.8322	0.7954	0.7402	0.7668	0.5161	0.5176	0.8840
gbc	Gradient Boosting Classifier	0.7505	0.8248	0.7614	0.7451	0.7532	0.5009	0.5011	1.9020
xgboost	Extreme Gradient Boosting	0.7501	0.8254	0.7804	0.7358	0.7574	0.5002	0.5012	1.3850
rf	Random Forest Classifier	0.7413	0.8112	0.7725	0.7272	0.7492	0.4827	0.4836	1.4070
ada	Ada Boost Classifier	0.7385	0.8089	0.7192	0.7481	0.7333	0.4770	0.4774	0.5620
lr	Logistic Regression	0.7309	0.8020	0.7122	0.7399	0.7258	0.4618	0.4621	1.8240
ridge	Ridge Classifier	0.7291	0.0000	0.7105	0.7380	0.7240	0.4582	0.4585	0.2730
lda	Linear Discriminant Analysis	0.7290	0.8005	0.7103	0.7379	0.7238	0.4580	0.4583	0.2840
et	Extra Trees Classifier	0.7288	0.7961	0.7511	0.7190	0.7347	0.4575	0.4580	1.2780
svm	SVM - Linear Kernel	0.7172	0.0000	0.6721	0.7418	0.7026	0.4345	0.4389	0.2690
knn	K Neighbors Classifier	0.7162	0.7758	0.7171	0.7158	0.7164	0.4323	0.4323	0.3940
nb	Naive Bayes	0.7043	0.7799	0.6183	0.7467	0.6764	0.4085	0.4148	0.2130
dt	Decision Tree Classifier	0.6642	0.6642	0.6608	0.6653	0.6631	0.3284	0.3285	0.2690
qda	Quadratic Discriminant Analysis	0.5446	0.5607	0.6315	0.5977	0.4755	0.0891	0.0875	0.2840
dummy	Dummy Classifier	0.5000	0.5000	0.1000	0.0500	0.0667	0.0000	0.0000	0.2600

Baseline:

Elegimos el modelo de Naive Bayes porque, si bien no es el que mejor métrica nos da, es el más rápido y en esta etapa buscamos eso: simplicidad y velocidad

Baseline:

Vemos que las métricas no son muy buenas
Cuando es 1 predice más veces 0 que cuando es 0 que predice menos veces 1
Y nosotros preferimos equivocarnos al revés, mandando a alguien a hacer estudios pero que se nos pasen los menos posibles que puedan tener un problema del corazón



Model	Accuracy	AUC	Recall	Prec.	F1	Kappa	MCC	
Naive Bayes	0.7004	0.7825	0.6168	0.7405	0.6731	0.4007	0.4064	

Selección de modelos:

Basados en este cuadro elegimos los modelos con mejor Recall

	Model	Accuracy	AUC	Recall	Prec.	F1	Kappa	MCC	TT (Sec)
lightgbm	Light Gradient Boosting Machine	0.7581	0.8322	0.7954	0.7402	0.7668	0.5161	0.5176	0.8840
gbc	Gradient Boosting Classifier	0.7505	0.8248	0.7614	0.7451	0.7532	0.5009	0.5011	1.9020
xgboost	Extreme Gradient Boosting	0.7501	0.8254	0.7804	0.7358	0.7574	0.5002	0.5012	1.3850
rf	Random Forest Classifier	0.7413	0.8112	0.7725	0.7272	0.7492	0.4827	0.4836	1.4070
ada	Ada Boost Classifier	0.7385	0.8089	0.7192	0.7481	0.7333	0.4770	0.4774	0.5620
Ir	Logistic Regression	0.7309	0.8020	0.7122	0.7399	0.7258	0.4618	0.4621	1.8240
ridge	Ridge Classifier	0.7291	0.0000	0.7105	0.7380	0.7240	0.4582	0.4585	0.2730
lda	Linear Discriminant Analysis	0.7290	0.8005	0.7103	0.7379	0.7238	0.4580	0.4583	0.2840
et	Extra Trees Classifier	0.7288	0.7961	0.7511	0.7190	0.7347	0.4575	0.4580	1.2780
svm	SVM - Linear Kernel	0.7172	0.0000	0.6721	0.7418	0.7026	0.4345	0.4389	0.2690
knn	K Neighbors Classifier	0.7162	0.7758	0.7171	0.7158	0.7164	0.4323	0.4323	0.3940
nb	Naive Bayes	0.7043	0.7799	0.6183	0.7467	0.6764	0.4085	0.4148	0.2130
dt	Decision Tree Classifier	0.6642	0.6642	0.6608	0.6653	0.6631	0.3284	0.3285	0.2690
qda	Quadratic Discriminant Analysis	0.5446	0.5607	0.6315	0.5977	0.4755	0.0891	0.0875	0.2840
dummy	Dummy Classifier	0.5000	0.5000	0.1000	0.0500	0.0667	0.0000	0.0000	0.2600

Modelo de LightGBM:

"LightGBM is a gradient boosting framework that uses tree based learning algorithms"

Boosting consiste básicamente en:

- 1. Entrenar algoritmo simple y analizar sus resultados
- Entrenar otro algoritmo simple en donde se le de mayor peso a los resultados para los cuales el anterior tuvo peor performance
- 3. Resultado final en base a un promedio ponderado

\_\_\_\_

Modelo de LightGBM:

Búsqueda de hiperparametros:

gs = GridSearchCV(lgbm, param\_grid = params, cv=5, scoring='recall')

Hiperparametros más importantes

Usamos cross-validation

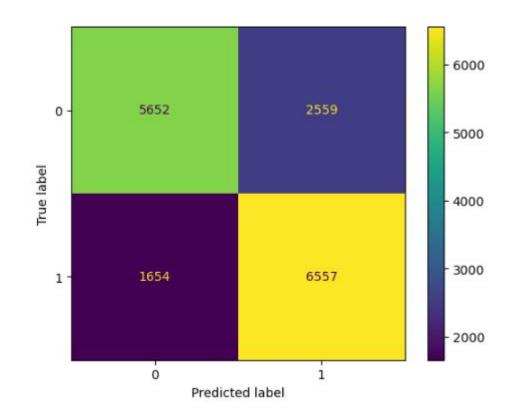
Optimizamos el recall

Modelo de LightGBM:

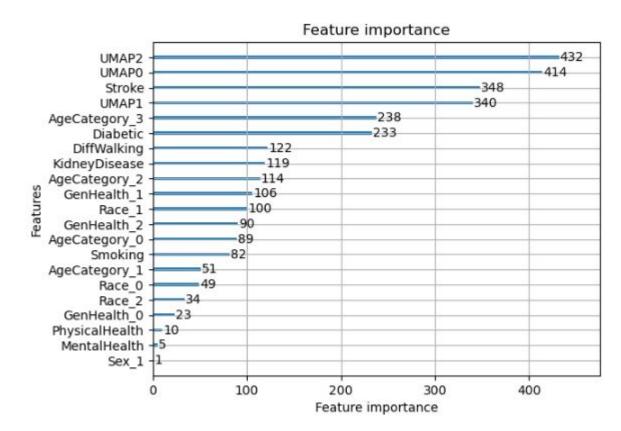
recall\_score(y\_test, preds)

0.7985629034222385

Documentación de LightGBM: https://lightgbm.readthed ocs.io/en/latest/index.ht ml



Modelo de LightGBM:



Modelo de Random Forest:

"Un Random Forest es un conjunto (ensemble) de árboles de decisión combinados con bagging"

Bagging consiste básicamente en:

- Aplicar el mismo clasificador n veces usando bootstrapping
- 2. Esto sería tomar muestras del set de train (con reemplazo) de igual tamaño
- 3. Promediamos sus resultados

Modelo de Random Forest:

Búsqueda de hiperparametros:

```
gs = GridSearchCV(rf, param_grid = params, cv=5, scoring='recall')
```

Hiperparametros más importantes

Usamos cross-validation

Optimizamos el recall

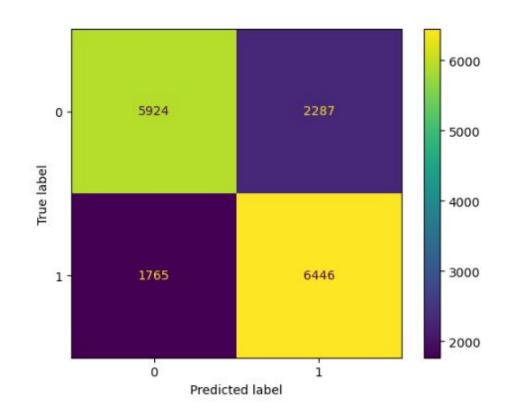
\_\_\_\_

Modelo de Random Forest:

recall\_score(y\_test, preds)

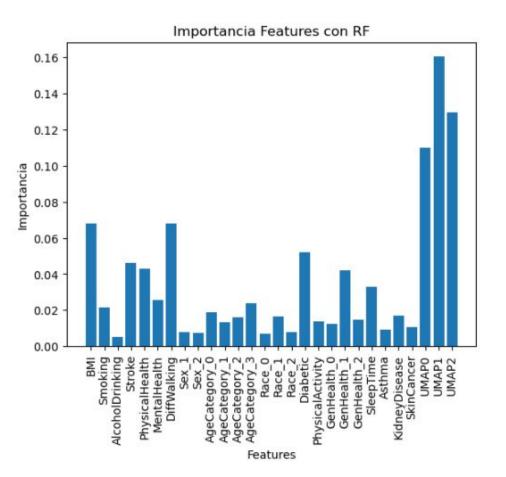
0.7850444525636342

Documentación de
RandomForest
(classifier):
<a href="https://scikit-learn.org/stable/modules/generated/sklearn.ensemble.RandomForestClassifier.html">https://scikit-learn.org/stable/modules/generated/sklearn.ensemble.RandomForestClassifier.html</a>



\_\_\_\_

Modelo de Random Forest:



Modelo de XGBoost:

"XGBoost provides a parallel tree boosting (also known as GBDT, GBM) that solve many data science problems in a fast and accurate way"

Boosting consiste básicamente en:

- 1. Entrenar algoritmo simple y analizar sus resultados
- Entrenar otro algoritmo simple en donde se le de mayor peso a los resultados para los cuales el anterior tuvo peor performance
- 3. Resultado final en base a un promedio ponderado

Modelo de XGBoost:

Búsqueda de hiperparametros:

gs = GridSearchCV(xgb\_clf, param\_grid = params, cv=5, scoring='recall')

Hiperparametros más importantes

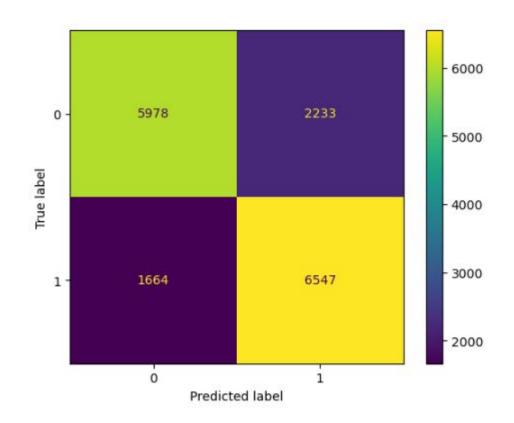
Usamos cross-validation

Optimizamos el recall

Modelo de XGBoost:

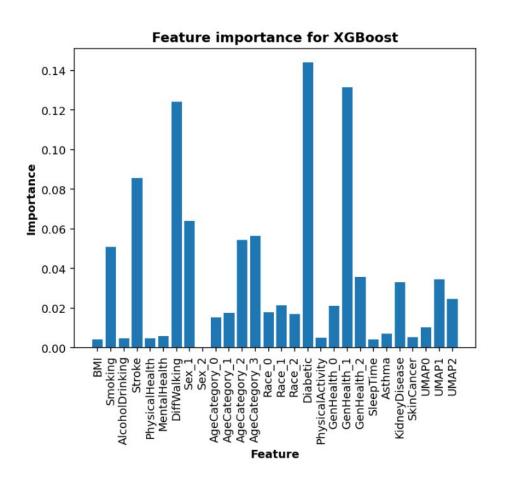
recall\_score(y\_test, preds) 0.7973450249665084

Documentación de XGBoost: <a href="https://xgboost.readthedocs.io/en/stable/">https://xgboost.readthedocs.io/en/stable/</a>



Modelo de XGBoost:

Pese a que internamente usa boosting como LightGBM vemos que hay una diferencia en las features más importantes para cada algoritmo



Ensamble de los 3 modelos (LightGBM, Random Forest, XGBoost) usando **Voting Classifier:** 

Esto consiste básicamente en:

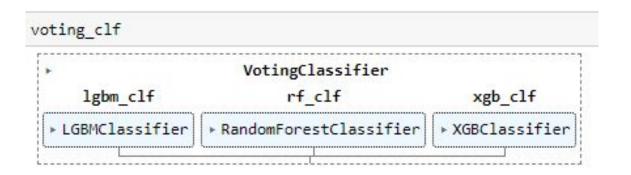
- 1. Cada clasificador realiza sus predicciones (1 o 0)
- 2. Cada clasificador aportará un voto

Ejemplos: Si nuestros 3 algoritmos predicen (1, 1, 0) será un 1 el resultado final.

En cambio si predicen (0,1,0) será un 0 el resultado final

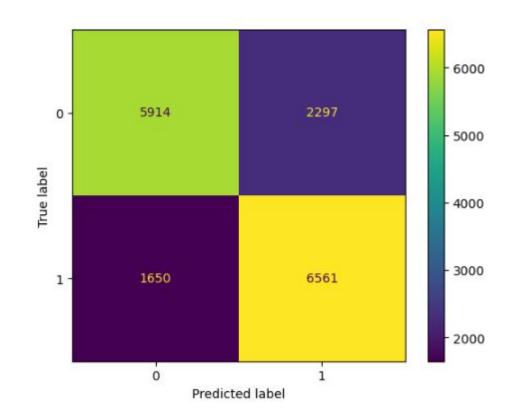
\_\_\_\_

Voting Classifier:



Voting Classifier:

recall\_score(y\_test, preds)
0.7990500548045305



Voting Classifier:

No mejora mucho frente a cada clasificador por separado en este caso

Creemos que se debe a que los 3 algoritmos realizan predicciones muy similares (ver matriz de confusión en cada modelo) y además los 3 están basados en árboles

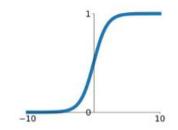
\_\_\_

#### Red Neuronal:

Hicimos dos redes diferentes, las funciones matemáticas que utilizamos son:

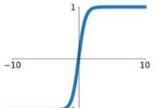
#### **Sigmoid**

$$\sigma(x) = \frac{1}{1 + e^{-x}}$$



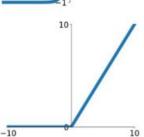
#### tanh

tanh(x)



#### ReLU

 $\max(0, x)$ 



#### Red Neuronal:

En ambos modelos la función sigmoide va en la última capa, que contiene solo 1 neurona

Esto nos dirá la probabilidad de un dato de ser 1, es decir, de tener riesgo de un problema cardíaco

Debemos aplicar entonces un threshold (límite que decidimos arbitrariamente) para clasificar los datos en 1 o en 0

Red Neuronal: Primer modelo

```
model = Sequential([
    Dense(1000, activation="tanh", input_shape=(28,)),
    Dense(100, activation="tanh"),
    Dense(10, activation="tanh"),
    Dense(1, activation="sigmoid")
])
model.summary()
```

Model: "sequential"

Layer (type)	Output Shape	Param #
dense (Dense)	(None, 1000)	29000
dense_1 (Dense)	(None, 100)	100100
dense_2 (Dense)	(None, 10)	1010
dense_3 (Dense)	(None, 1)	11

\_\_\_\_\_\_

Total params: 130,121 Trainable params: 130,121 Non-trainable params: 0

Red Neuronal: Primer modelo

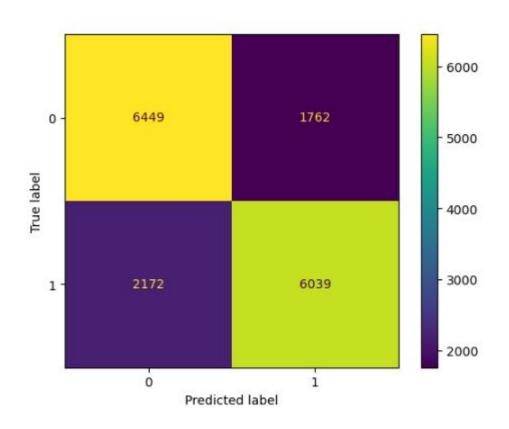
Si aplicamos un threshold en 0,5 (es decir de 0 a 0,5 clasificamos como 0 y de 0,5 a 1 clasificamos como 1)

recall\_score(y\_test, preds\_05)

0.7354767994154183

accuracy\_score(y\_test, preds\_05)

0.7604433077578857



No esta tan bueno

Red Neuronal: Primer modelo

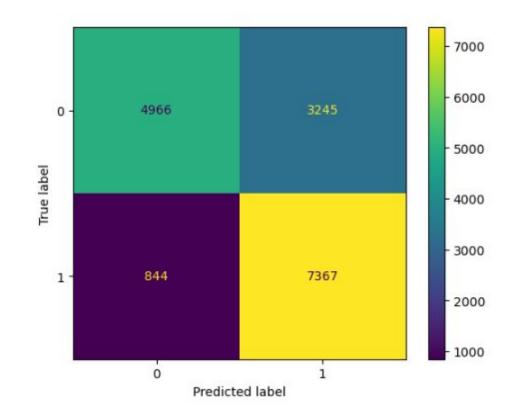
Si aplicamos un threshold en 0,3 (es decir de 0 a 0,3 clasificamos como 0 y de 0,3 a 1 clasificamos como 1)

recall\_score(y\_test, preds\_03)

0.897211058336378

accuracy\_score(y\_test, preds\_03)

0.7510047497259773



Red Neuronal: Primer modelo

Vemos que llegamos a un resultado mucho mejor

No perdemos casi nada de accuracy pero reducimos en gran cantidad los casos de falsos negativos, lo cual es muy bueno para nuestro problema en particular

Red Neuronal: Segundo modelo

```
model_1 = Sequential([
    Dense(1000, activation="relu", input_shape=(28,)),
    Dense(100, activation="relu"),
    Dense(10, activation="relu"),
    Dense(1, activation="sigmoid")
])
model.summary()
```

Model: "sequential"

Output Shape	Param #
(None, 1000)	29000
(None, 100)	100100
(None, 10)	1010
(None, 1)	11
	(None, 1000) (None, 100) (None, 10)

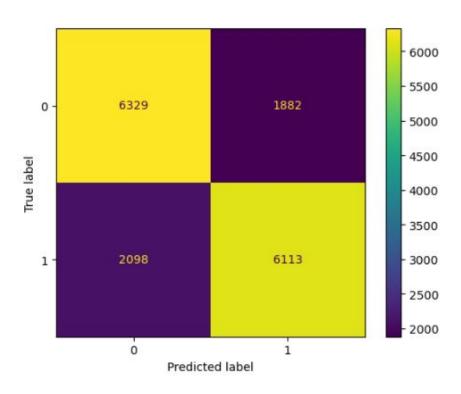
\_\_\_\_\_\_\_

Total params: 130,121 Trainable params: 130,121 Non-trainable params: 0

Red Neuronal: Segundo modelo

Si aplicamos un threshold en 0,5 (es decir de 0 a 0,5 clasificamos como 0 y de 0,5 a 1 clasificamos como 1)

recall\_score(y\_test, preds\_1\_05)
0.7444890999878212
accuracy\_score(y\_test, preds\_1\_05)
0.7576421873097064



No esta tan bueno nuevamente

Red Neuronal: Segundo modelo

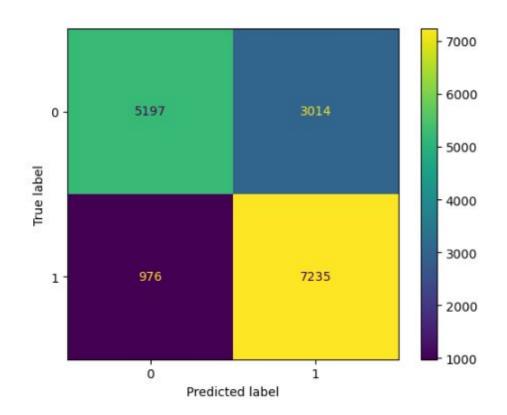
Si aplicamos un threshold en 0,3 (es decir de 0 a 0,3 clasificamos como 0 y de 0,3 a 1 clasificamos como 1)

recall\_score(y\_test, preds\_1\_03)

0.8811350627207405

accuracy\_score(y\_test, preds\_1\_03)

0.7570332480818415



Red Neuronal: Segundo modelo

Vemos que llegamos a un resultado mucho mejor como sucedió antes

No perdemos casi nada de accuracy pero reducimos en gran cantidad los casos de falsos negativos, lo cual es muy bueno para nuestro problema en particular

Pese a esto, el primer modelo sigue siendo mejor (ya que queremos optimizar el recall)

# Conclusiones (de la primer parte)

#### **Conclusiones**

En base a los modelos utilizados, decidimos quedarnos con la primer Red Neuronal que mostramos, con un threshold de 0,3 porque era en el que mejor métrica alcanzamos

Además, lo bueno de utilizar una red neuronal es que al predecir las probabilidades nosotros luego podemos decidir dónde aplicar el corte, como ya mostramos

Esto nos permite ser más o menos conservadores, obviamente se elegirá dependiendo el problema en particular que tratemos

# Hasta acá llegamos antes

# Roadmap de los pasos a seguir que trabajamos:

- No utilizar las reducciones (no UMAP)
- 2. Usar otros encodings
- 3. Utilizar solo los features más importantes
- 4. Encadenamiento de modelos

Antes hicimos una reducción de datos con UMAP en 3 dimensiones y agregamos esos datos al DataFrame

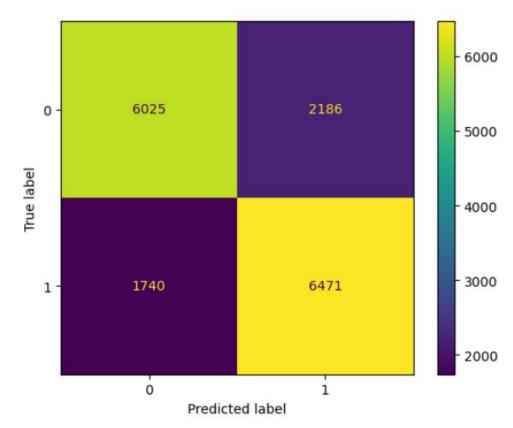
Ahora eliminamos esas 3 columnas para ver cómo se comportarían nuestros modelos sin estas

Es interesante hacer esta comparación ya que algunos modelos tenían como las features más importantes a las columnas creadas por la reducción

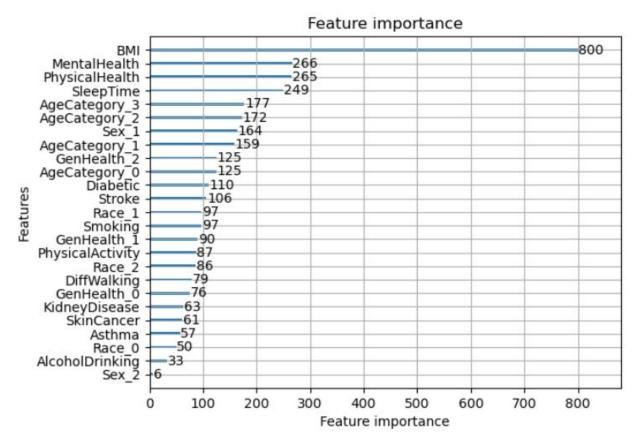
Modelo de LightGBM:

recall\_score(y\_test, preds)
0.7880891487029594

Búsqueda de hiperparametros igual que antes Usamos CV Optimizamos Recall



Modelo de LightGBM:

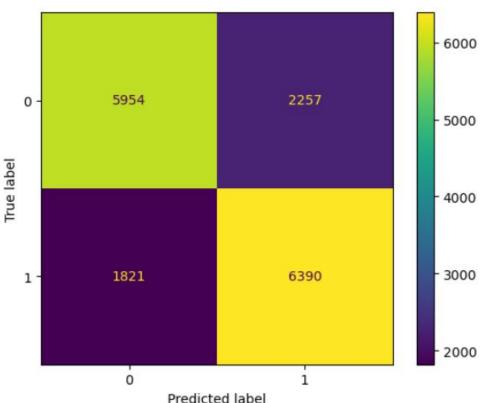


Modelo de RandomForest:

recall\_score(y\_test, preds)

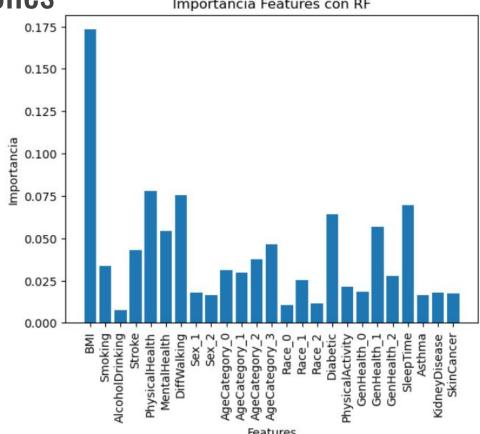
0.7782243332115455

Búsqueda de hiperparametros igual que antes Usamos CV Optimizamos Recall



Importancia Features con RF

Modelo de RandomForest:

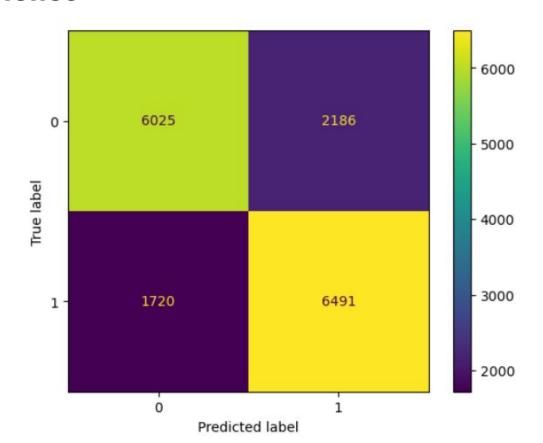


Modelo de XGBoost:

recall\_score(y\_test, preds)

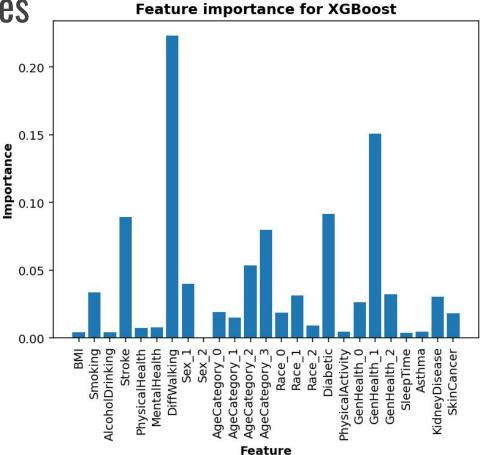
0.7905249056144197

Búsqueda de hiperparametros igual que antes Usamos CV Optimizamos Recall



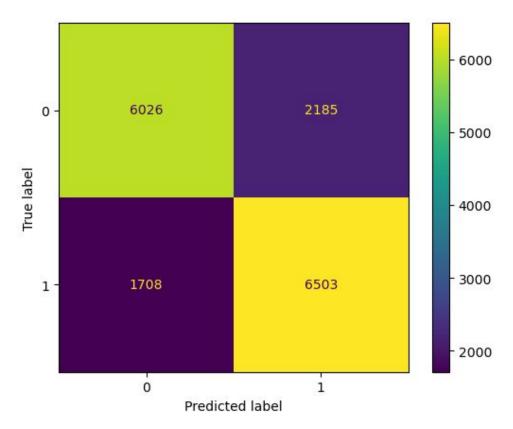
\_\_\_\_

Modelo de XGBoost:



Modelo de Voting Classifier:

recall\_score(y\_test, preds)



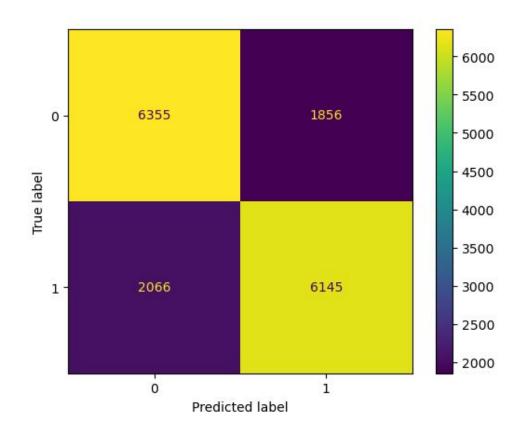
Red Neuronal: Primer modelo

Si aplicamos un threshold en 0,5 (es decir de 0 a 0,5 clasificamos como 0 y de 0,5 a 1 clasificamos como 1)

recall\_score(y\_test, preds\_05)

0.7483863110461576

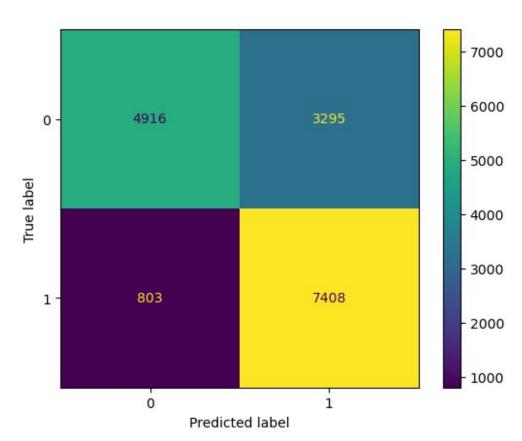
accuracy\_score(y\_test, preds\_05)



Red Neuronal: Primer modelo

Si aplicamos un threshold en 0,3 (es decir de 0 a 0,3 clasificamos como 0 y de 0,3 a 1 clasificamos como 1)

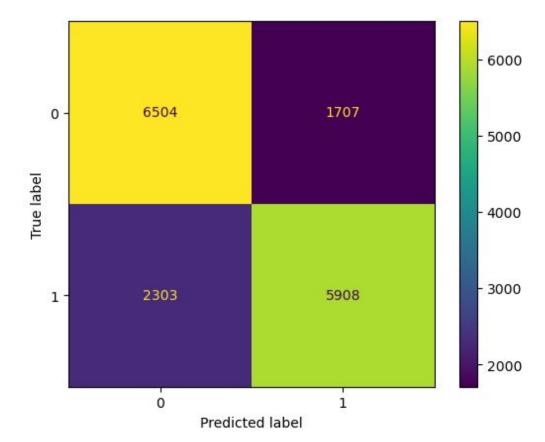
recall\_score(y\_test, preds\_03)
0.9022043600048715
accuracy\_score(y\_test, preds\_03)



Red Neuronal: Segundo modelo

Si aplicamos un threshold en 0,5 (es decir de 0 a 0,5 clasificamos como 0 y de 0,5 a 1 clasificamos como 1)

recall\_score(y\_test, preds\_1\_05)
0.7195225916453538
accuracy\_score(y\_test, preds\_1\_05)



Red Neuronal: Segundo modelo

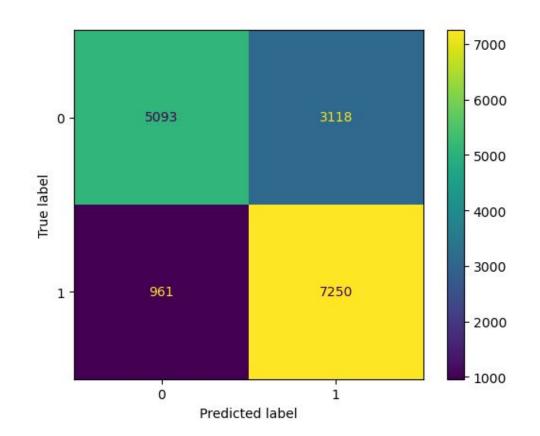
Si aplicamos un threshold en 0,3 (es decir de 0 a 0,3 clasificamos como 0 y de 0,3 a 1 clasificamos como 1)

recall\_score(y\_test, preds\_1\_03)

0.8829618804043357

accuracy\_score(y\_test, preds\_1\_03)

0.7516136889538424



Vamos a cambiar los encodings para las columnas con datos numéricos

Estas son BMI, PhysicalHealth, MentalHealth, SleepTime

Antes realizamos

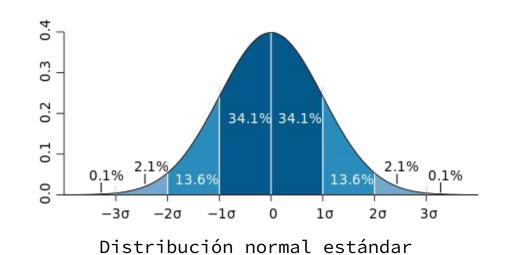
The standard score of a sample x is calculated as:

$$z = (x - u) / s$$

u: promedio

s: desviación estándar(σ)

$$s = \sqrt{rac{\sum_{i=1}^{N}(x_i - \overline{x})^2}{N-1}}.$$



Pero haciendo eso no quedaban los datos distribuidos de 0 a 1 (si bien se acercan al 0)

Por este motivo algunos algoritmos le daban más importancia a estos features ya que podían sacar más información de ellos

Entonces ahora aplicamos dos alternativas distintas para el encoding de estas features:

MinMaxScaler:

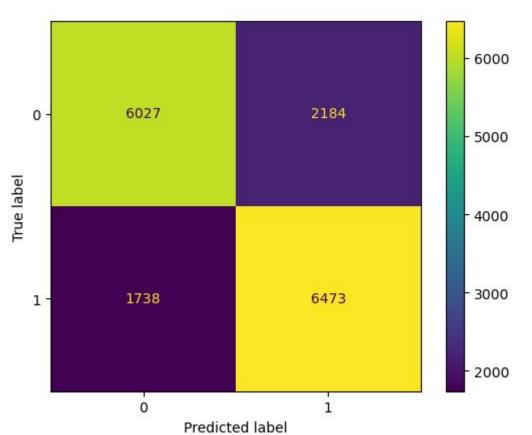
```
X_std = (X - X.min(axis=0)) / (X.max(axis=0) - X.min(axis=0))
X_scaled = X_std * (max - min) + min
Con max = 1 y min = 0 para tener el mismo rango que el resto
de features
Veamos los resultados
```

Modelo de LightGBM:

recall\_score(y\_test, preds)

0.7883327243941055

**Encoding MinMax** 

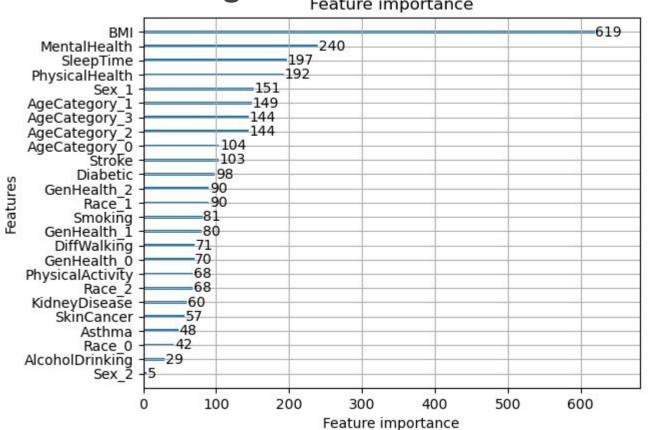


Feature importance

Modelo de

LightGBM:



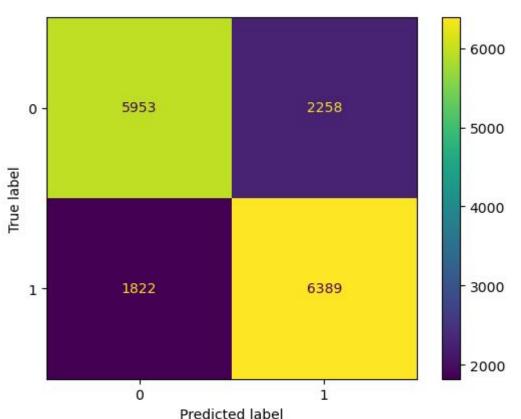


Modelo de RandomForest:

recall\_score(y\_test, preds)

0.7781025453659725

**Encoding MinMax** 

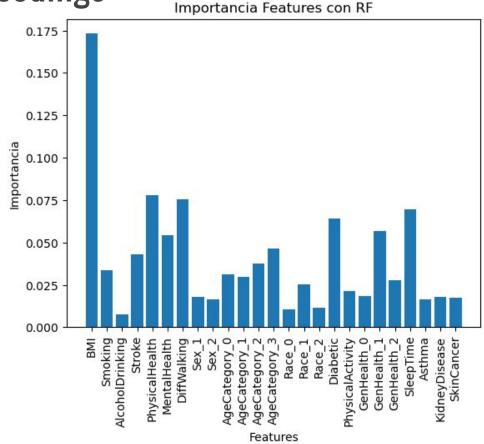


Modelo de

Random

Forest:



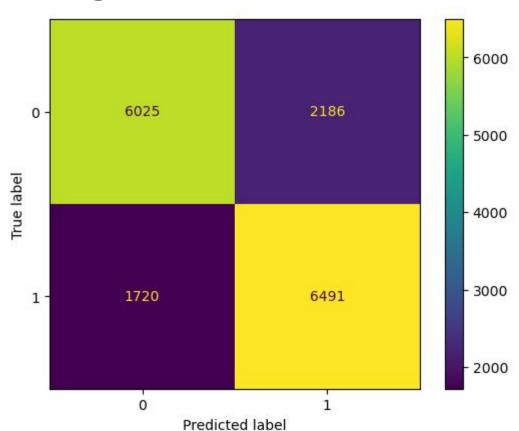


Modelo de XGBoost:

recall\_score(y\_test, preds)

0.7905249056144197

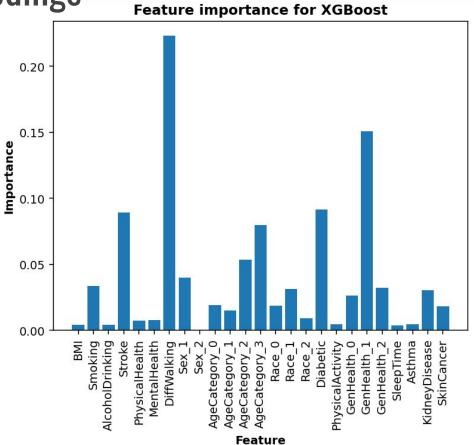
**Encoding MinMax** 



Modelo de

XGBoost:





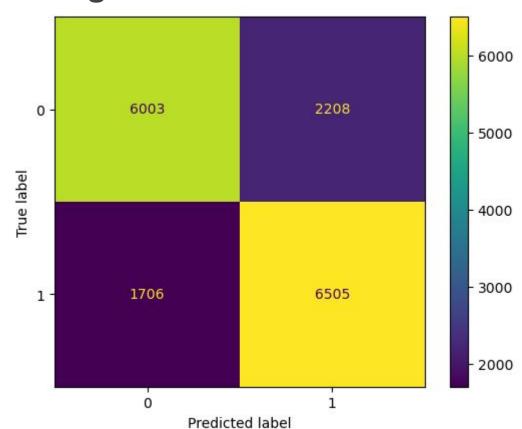
Modelo de

VotingClassifier:

recall\_score(y\_test, preds)

0.7922299354524418

**Encoding MinMax** 

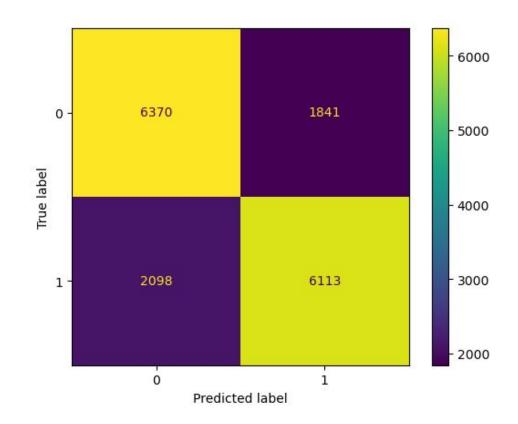


## Entrenamiento con otros encodings

Red Neuronal: Primer modelo

Si aplicamos un threshold en 0,5 (es decir de 0 a 0,5 clasificamos como 0 y de 0,5 a 1 clasificamos como 1)

```
recall_score(y_test, preds_05)
0.7444890999878212
accuracy_score(y_test, preds_05)
0.7601388381439532
```



### **Entrenamiento con otros encodings**

Red Neuronal: Primer modelo

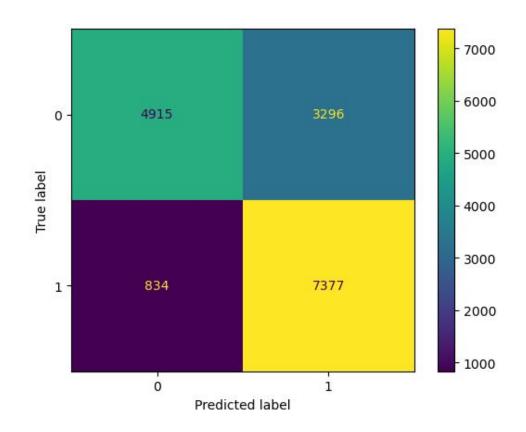
Si aplicamos un threshold en 0,3 (es decir de 0 a 0,3 clasificamos como 0 y de 0,3 a 1 clasificamos como 1)

```
recall_score(y_test, preds_03)

0.8984289367921081

accuracy_score(y_test, preds_03)

0.7485080988917306
```

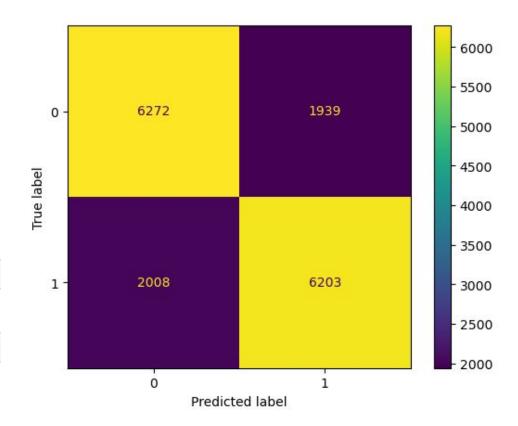


### Entrenamiento con otros encodings

Red Neuronal: Segundo modelo

Si aplicamos un threshold en 0,5 (es decir de 0 a 0,5 clasificamos como 0 y de 0,5 a 1 clasificamos como 1)

recall\_score(y\_test, preds\_1\_05)
0.7554500060893923
accuracy\_score(y\_test, preds\_1\_05)
0.7596516867616612



## Entrenamiento con otros encodings

Red Neuronal: Segundo modelo

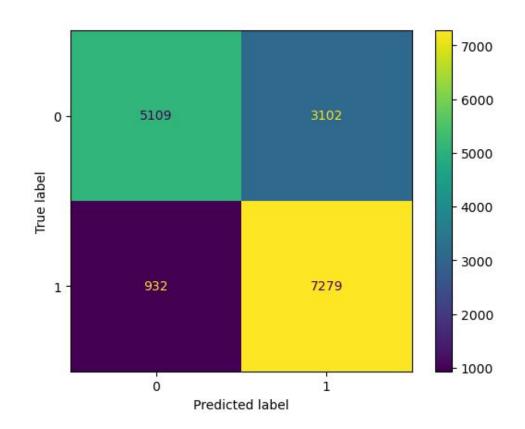
Si aplicamos un threshold en 0,3 (es decir de 0 a 0,3 clasificamos como 0 y de 0,3 a 1 clasificamos como 1)

recall\_score(y\_test, preds\_1\_03)

0.8864937279259529

accuracy\_score(y\_test, preds\_1\_03)

0.7543539154792351



Luego de este encoding seguiamos teniendo más información ya que estos features eran continuos de 0 a 1

Por este motivo algunos algoritmos le seguían dando más importancia a estos features ya que podían sacar más información de ellos

Entonces ahora aplicamos la otra alternativa:

\_\_\_\_

#### **Encoding binario:**

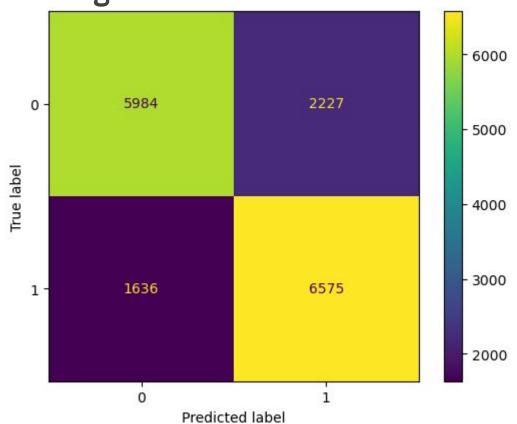
```
SleepTime: (5 <= x <=12): 1 y el resto: 0
MentalHealth y PhysicalHealth: (0 <= x <=10): 1 y el resto: 0
BMI: (18 <= x <= 30): 1 y el resto: 0
Veamos los resultados</pre>
```

Modelo de LightGBM:

recall\_score(y\_test, preds)

0.8007550846425526

**Encoding Binario** 

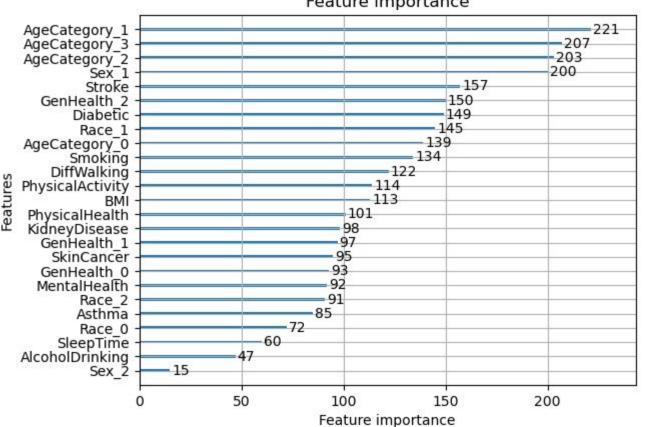


Feature importance

Modelo de

LightGBM:





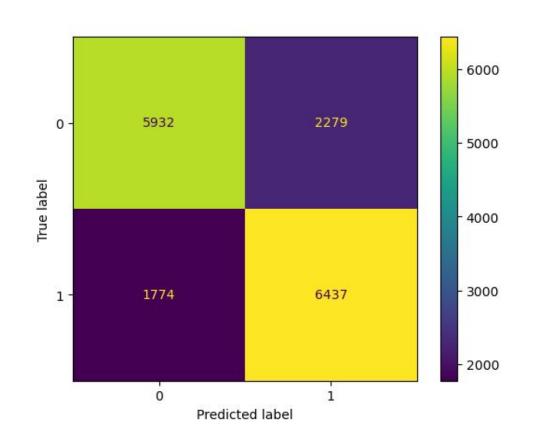
\_\_\_\_

Modelo de RandomForest:

recall\_score(y\_test, preds)

0.7839483619534771

**Encoding Binario** 

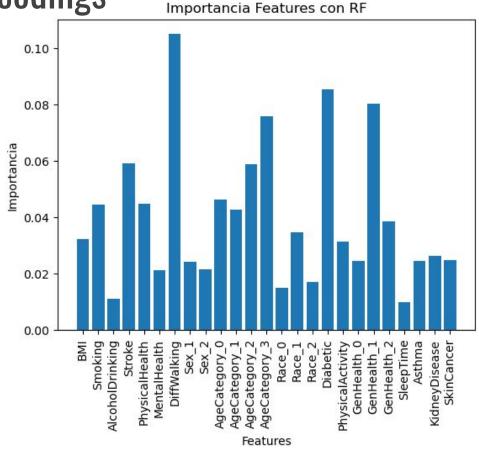


Modelo de

Random

Forest:



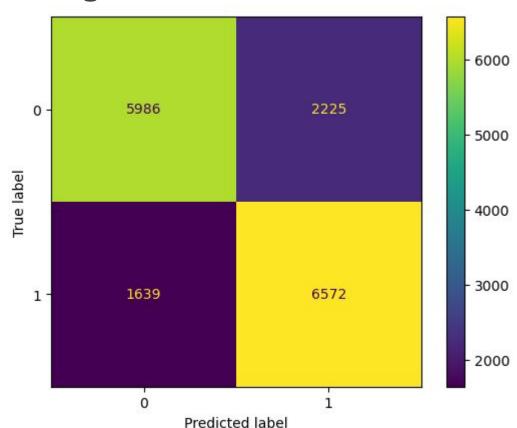


Modelo de XGBoost:

recall\_score(y\_test, preds)

0.8003897211058336

**Encoding Binario** 

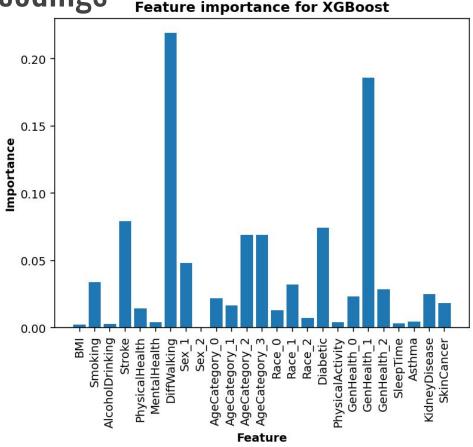


Feature importance for XGBoost

Modelo de

XGBoost:



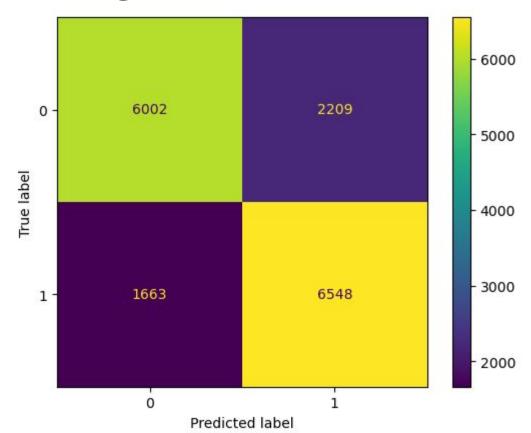


Modelo de

VotingClassifier:

recall\_score(y\_test, preds)
0.7974668128120813

**Encoding Binario** 



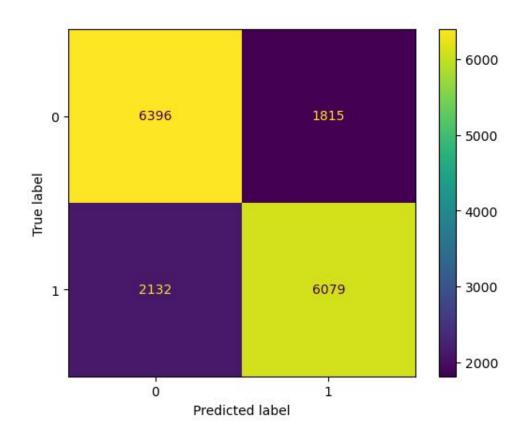
#### **Encoding Binario**

### **Entrenamiento con otros encodings**

Red Neuronal: Primer modelo

Si aplicamos un threshold en 0,5 (es decir de 0 a 0,5 clasificamos como 0 y de 0,5 a 1 clasificamos como 1)

recall\_score(y\_test, preds\_05)
0.7403483132383388
accuracy\_score(y\_test, preds\_05)



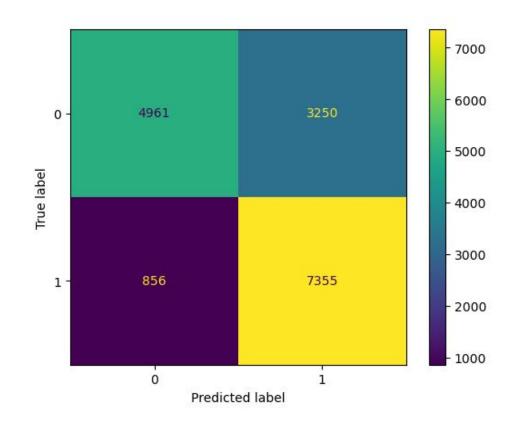
#### **Encoding Binario**

### **Entrenamiento con otros encodings**

Red Neuronal: Primer modelo

Si aplicamos un threshold en 0,3 (es decir de 0 a 0,3 clasificamos como 0 y de 0,3 a 1 clasificamos como 1)

recall\_score(y\_test, preds\_03)
0.8957496041895019
accuracy\_score(y\_test, preds\_03)
0.7499695530386068



#### **Encoding Binario**

### **Entrenamiento con otros encodings**

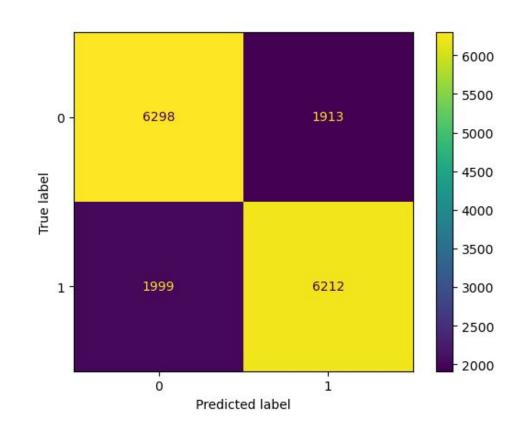
Red Neuronal: Segundo modelo

Si aplicamos un threshold en 0,5 (es decir de 0 a 0,5 clasificamos como 0 y de 0,5 a 1 clasificamos como 1)

recall\_score(y\_test, preds\_1\_05)

0.7565460966995494

accuracy\_score(y\_test, preds\_1\_05)



#### **Encoding Binario**

## Entrenamiento con otros encodings

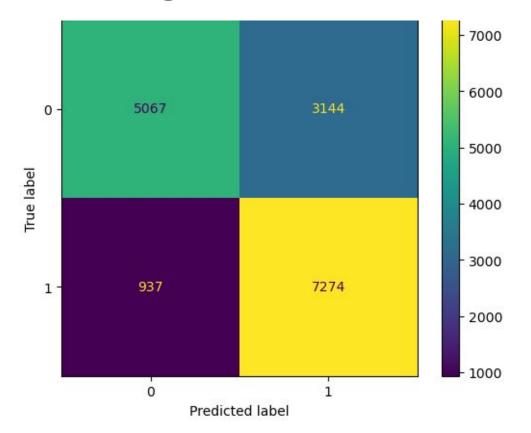
Red Neuronal: Segundo modelo

Si aplicamos un threshold en 0,3 (es decir de 0 a 0,3 clasificamos como 0 y de 0,3 a 1 clasificamos como 1)

recall\_score(y\_test, preds\_1\_03)

0.885884788698088

accuracy\_score(y\_test, preds\_1\_03)



# Usar otros encodings

Ahora con este encoding vemos que la feature importance de los modelos cambia, priorizando otras features por sobre las encodeadas

Sin embargo, vemos que no producen un resultado muy diferente al que veníamos teniendo

# Utilizar solo los features más importantes

# Utilizar solo los features más importantes

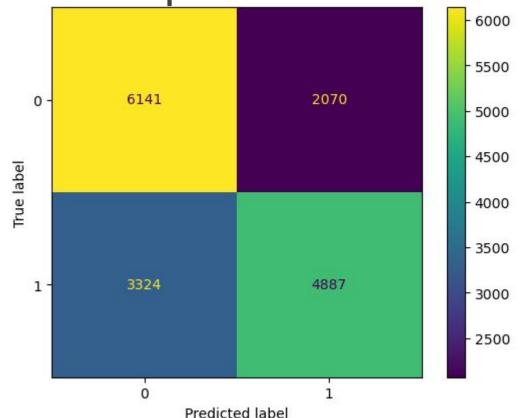
Basados en los feature importance de los modelos utilizados y en la matriz de correlación con HeartDisease elegimos los 5 features más importantes

Estos son DiffWalking, PhysicalHealth, Diabetic, BMI, SleepTime

El encoding para los features numéricos será el primero utilizado (normalización estándar)

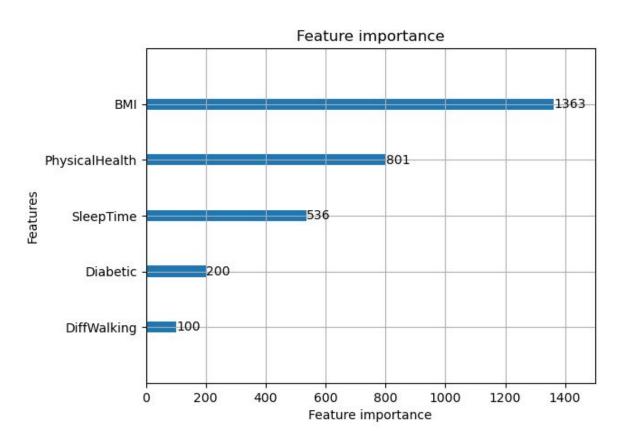
Modelo de LightGBM:

recall\_score(y\_test, preds)



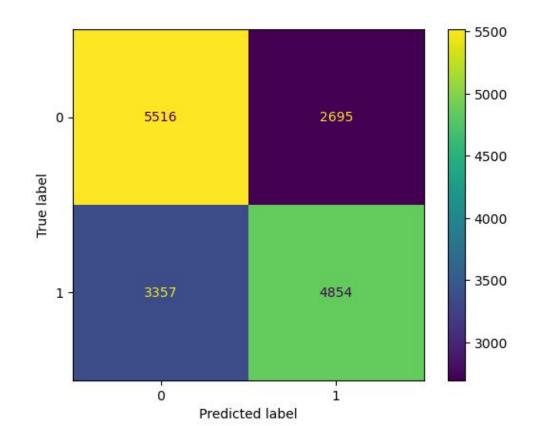
Modelo de

LightGBM:



Modelo de RandomForest:

recall\_score(y\_test, preds)
0.5911582024113994

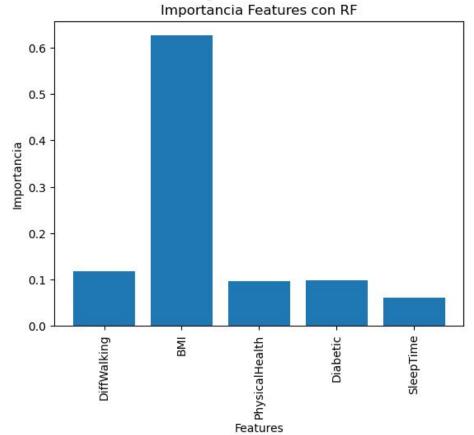


\_\_\_\_

Modelo de

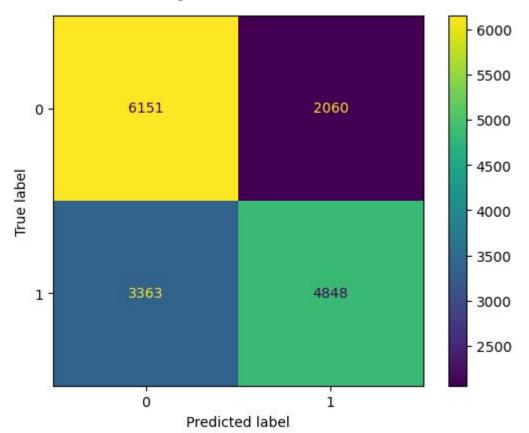
Random

Forest:



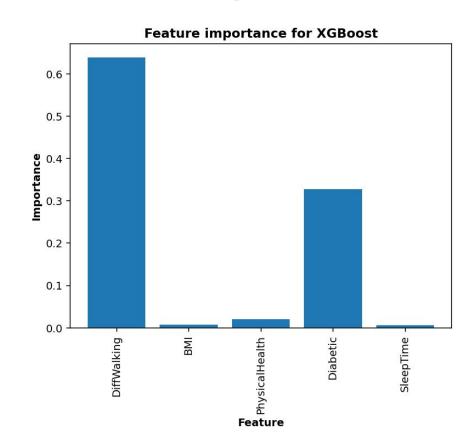
Modelo de XGBoost:

recall\_score(y\_test, preds)



Modelo de

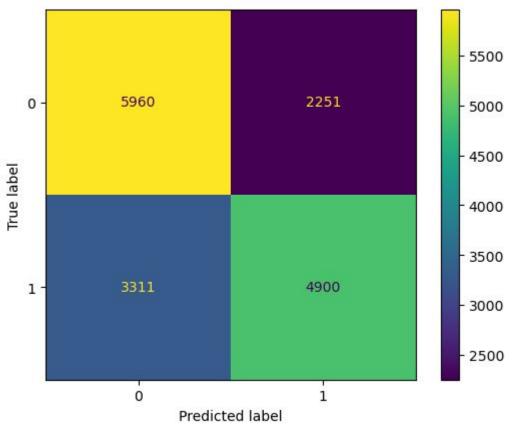
XGBoost:



Modelo de

VotingClassifier:

recall\_score(y\_test, preds)



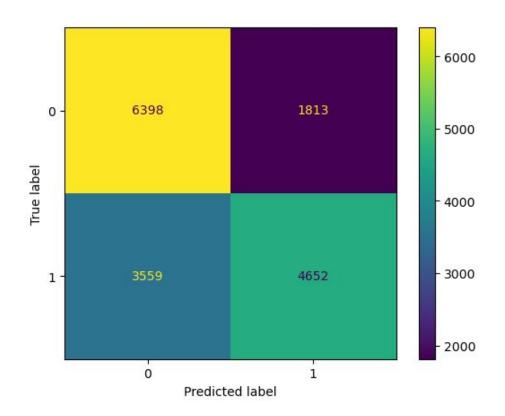
Red Neuronal: Primer modelo

Si aplicamos un threshold en 0,5 (es decir de 0 a 0,5 clasificamos como 0 y de 0,5 a 1 clasificamos como 1)

recall\_score(y\_test, preds\_05)

0.566557057605651

accuracy\_score(y\_test, preds\_05)



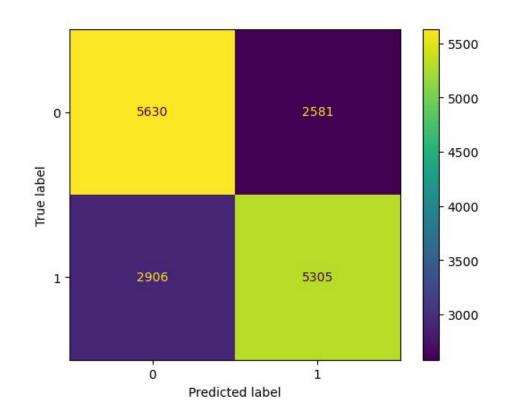
Red Neuronal: Primer modelo

Si aplicamos un threshold en 0,3 (es decir de 0 a 0,3 clasificamos como 0 y de 0,3 a 1 clasificamos como 1)

recall\_score(y\_test, preds\_03)

0.6460845207648277

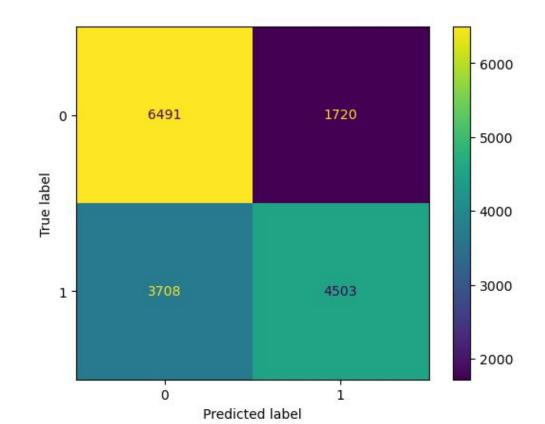
accuracy\_score(y\_test, preds\_03)



Red Neuronal: Segundo modelo

Si aplicamos un threshold en 0,5 (es decir de 0 a 0,5 clasificamos como 0 y de 0,5 a 1 clasificamos como 1)

recall\_score(y\_test, preds\_1\_05)
0.5484106686152722
accuracy\_score(y\_test, preds\_1\_05)
0.6694677871148459

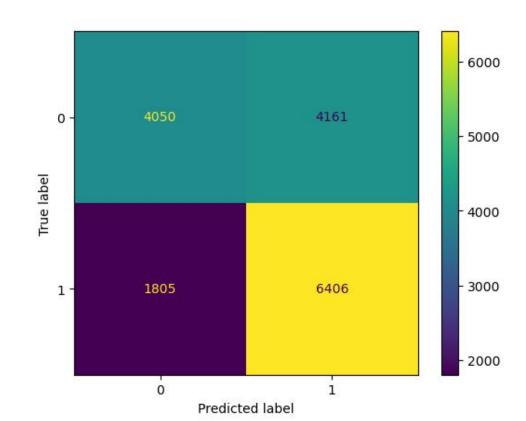


Red Neuronal: Segundo modelo

0.6367068566557058

Si aplicamos un threshold en 0,3 (es decir de 0 a 0,3 clasificamos como 0 y de 0,3 a 1 clasificamos como 1)

```
recall_score(y_test, preds_1_03)
0.7801729387407137
accuracy_score(y_test, preds_1_03)
```



# Utilizar solo los features más importantes

Como vimos recién reducir nuestro DataSet a los 5 features más importantes empeora nuestros modelos

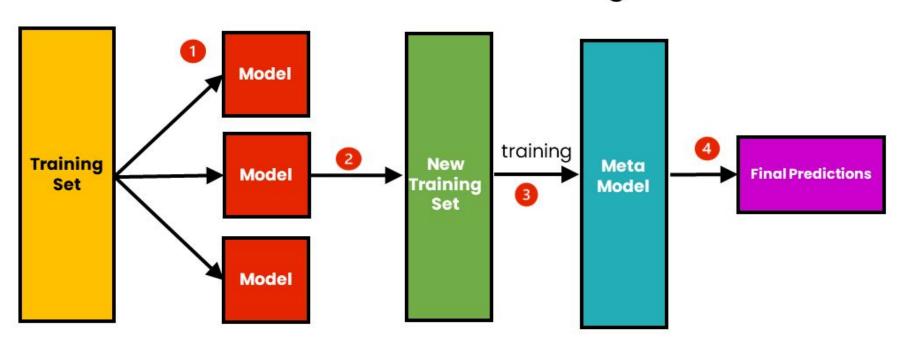
Como ventaja tenemos que podemos ahorrar gran cantidad de memoria, y mejorar la velocidad

Poniendo en la balanza las ventajas y desventajas, para nuestro problema, al estar tratando un problema de salud preferimos necesitar más datos y que sea más lento pero obtener un mejor recall, ya que es importante equivocarnos lo menos posible

# Stacking: Encadenamiento de modelos

# Stacking: Encadenamiento de modelos

### The Process of Stacking



# Stacking: Encadenamiento de modelos

En nuestro caso lo haremos de 3 formas distintas:

- 1. Usaremos LGBM, RandomForest, XGBoost para luego aplicar una regresión logística
- 2. LGBM -> RandomForest -> XGBoost
- 3. LGBM, RandomForest, XGBoost para luego aplicar una red neuronal

Vamos con el primer modelo

LGBM, RandomForest, XGBoost para luego aplicar una regresión logística

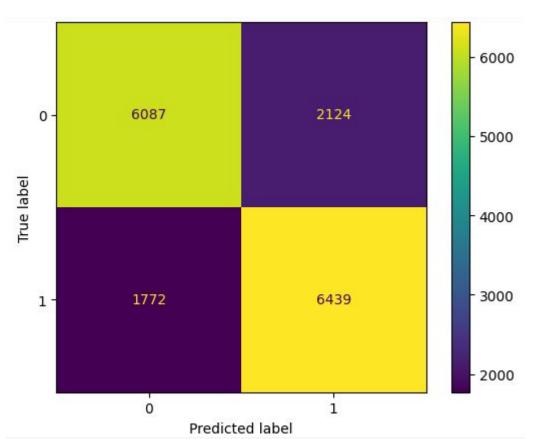
Usaremos para esto el stacking classifier de sklearn

Documentación:

https://scikit-learn.org/stable/modules/generated/skl
earn.ensemble.StackingClassifier.html

Primer modelo:

recall\_score(y\_test, preds)



Vamos con el segundo modelo

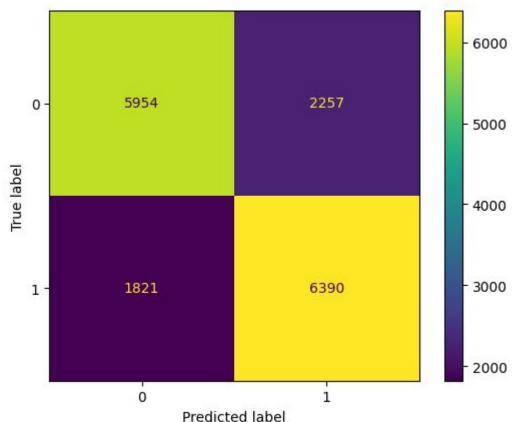
#### LGBM -> RandomForest -> XGBoost

Entrenaremos un modelo de LGBM, luego esas predicciones irán al dataset para entrenar un modelo de RandomForest, y por último, lo mismo para entrenar un modelo de XGBoost

El orden fue elegido arbitrariamente

Segundo modelo:

recall\_score(y\_test, preds)



Vamos con el último modelo

LGBM -> RandomForest -> XGBoost -> Red Neuronal

Es muy parecido al anterior modelo, pero le agregamos una red neuronal al final

El orden fue elegido arbitrariamente nuevamente

La red neuronal es la del primer modelo de red neuronal que usamos antes

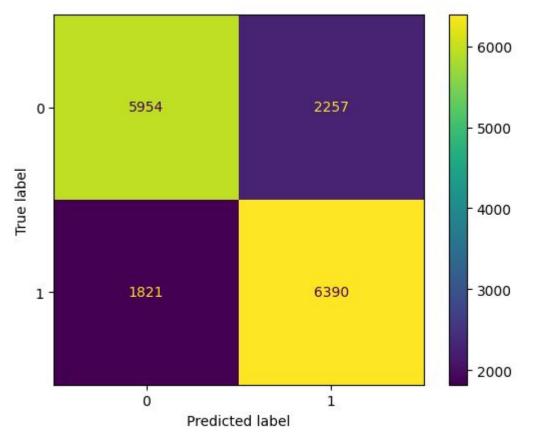
Último modelo:

Con threshold 0.5

recall\_score(y\_test, preds\_05)

0.7782243332115455

accuracy score(y test, preds 05)



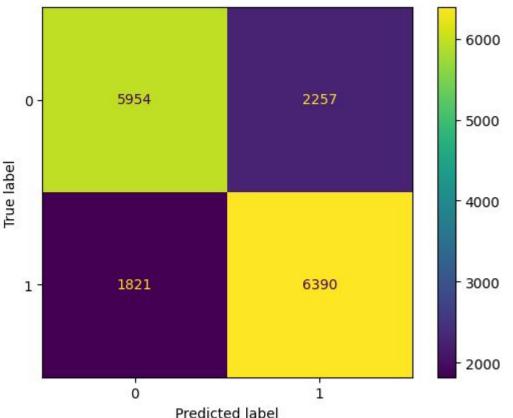
Último modelo:

Con threshold 0.3

recall\_score(y\_test, preds\_03)

0.7782243332115455

accuracy\_score(y\_test, preds\_03)



Vemos que son exactamente iguales aunque cambiemos el threshold

Esto se da porque ahora, analizando un poco las predicciones, vemos que las probabilidades que arroja el modelo son muy cercanas al 0 o muy cercanas al 1

# Comparación y conclusión

# Comparación

Luego de entrenar diversos modelos, utilizando distintas técnicas y variando en las formas haremos una tabla comparativa basados en el recall para seleccionar el modelo que más nos convenza

Los modelos son LGBM, RandomForest, XGBoost, VotingClassifier, RedNeuronal 1 y 2 con threshold 0.5, RedNeuronal 1 y 2 con threshold 0.3

# Comparación

Las técnicas utilizadas fueron:

- Entrenar con reducciones de UMAP para 3 dimensiones
- Entrenar sin reducciones
- Entrenar con encoding MinMax columnas numéricas
- Entrenar con encoding Binario columnas numéricas
- Entrenar con los 5 features más importantes
- Entrenar con encadenamiento de modelos

# Comparación

	Con reduc	Sin reduc	MinMax	Binario	F + imp	Stacking
LGBM	0.79856	0.78808	0.78833	0.80075	0.59517	Primer Modelo: 0.78419
RF	0.78504	0.77822	0.77810	0.78394	0.59115	
XGB	0.79734	0.79052	0.79052	0.80038	0.59042	Segundo Modelo: 0.77822
VotingC	0.79905	0.79198	0.79222	0.79746	0.59676	
Red 0.5	0.73547	0.74838	0.74448	0.74034	0.56655	Tercer Modelo: 0.77822
Red_2 0.5	0.74448	0.71952	0.75545	0.75654	0.54841	
Red 0.3	0.89721	0.90220	0.89842	0.89574	0.64608	Tercer Modelo: 0.77822
Red_2 0.3	0.88113	0.88296	0.88649	0.88588	0.78017	

### Conclusión

Luego de entrenar todos los distintos modelos y distintas técnicas utilizadas decidimos quedarnos con la primer Red Neuronal con threshold 0.3 sin reducciones

Es con el modelo al que mejor score llegamos, y al no tener reducciones tenemos menos memoria consumida y es menos costoso predecir (ya que antes teníamos que predecir también para el algoritmo de la reducción que era UMAP)

### Conclusión

Pese a que haya un modelo un poquito superior en recall que el resto, vemos que esta diferencia es sutil

Casi todos los modelos llegan a un score parecido sea cual sea la técnica aplicada

Podemos concluir que llegamos a un máximo para cada modelo, donde hagamos lo que hagamos no va a cambiar mucho el resultado

### Conclusión

El desarrollo de este trabajo fue un proceso iterativo incremental

Fuimos de a poco descubriendo un poco más sobre nuestros datos y aplicando distintos modelos según se nos venían a la mente

Más que nada esto aplica a la segunda parte del trabajo, donde se nos iban ocurriendo distintos encodings, distintas formas de combinar los algoritmos, etc.

Importancia de la recolección de datos de calidad:

El éxito de los modelos de inteligencia artificial depende en gran medida de la calidad de los datos utilizados.

Es crucial asegurar que el dataset utilizado esté bien recopilado, balanceado, limpio y representativo de la población objetivo.

En base a hábitos fácilmente medibles como si fumas, si haces actividad física, horas de sueño, la edad, si tomas alcohol...

Podemos hacer un modelo que sirve como filtro para determinar si tenemos más o menos chances de sufrir un ataque al corazón sin necesidad de nada muy complejo, simplemente completar unas preguntas

Esto ayuda a la medicina y a la sociedad en general con un problema de índole general que todos podemos sufrir como son los ataques al corazón

También para nuestro caso en particular es muy importante ver no sólo la métrica, sino porque se llega a predecir un 1 o un 0

La interpretabilidad de nuestro modelo es crucial ya que no podemos decirle a alguien simplemente que tiene grandes chances de tener un ataque al corazón

Tenemos que explicar porque sucede eso, qué factores son los más importantes, en que debe centrarse, y así poder intentar ayudar al paciente a prevenir el ataque

Para esto tenemos que ver dos cosas:

- Interpretabilidad global: nos dirá que es lo más importante en general
- Interpretabilidad local: nos dirá que es lo más importante para un caso en particular

Con estas dos formas de interpretar los datos podremos advertir tanto a la gente en general como a un paciente en particular, viendo en que se centra el modelo para su caso

Utilizamos la librería de eli5 para esto

Si bien nosotros nos centramos en los ataques al corazón, queremos dejar en claro que este modelo y forma de trabajo podría adaptarse a otras enfermedades como la detección de algún tipo de cáncer, alzheimer, asma y cualquier otra enfermedad que se nos ocurra

Obviamente deberíamos tener otros datos que sean relevantes para la enfermedad que se quiere diagnosticar

## Datos y Notebooks

\_\_\_\_

Por último

Datos utilizados:

https://www.kaggle.com/datasets/kamilpytlak/personal-key-ind
icators-of-heart-disease

Desarrollo del trabajo:

https://github.com/pedrogrin/TP-IA-FIUBA/upload/main

# Muchas gracias por ver!