# LG U+ 프로젝트 데이터 모델링 보고 서

### Step1. 개요

- 1. 목적 : 사용자가 입력한 건강 정보 데이터를 바탕으로 건강 상태를 파악 후 맞춤 건강 정보 영상을 제공하는 서비스를 제작한다.
- 2. 한계: 사용자의 건강 검진 및 건강 정보 데이터를 바탕으로 건강 상태를 예측하는 모델을 만들기에는 데이터 수집과 데이터 라벨링 하기가 까다롭다.

### 3. 대안:

- kaggle에서 병 위험군 분류 예측하기 쉬운 여러 데이터 셋을 가지고 머신 러닝 모델을 만든다.
- 병 위험군 분류 모델의 성능이 좋으면 데이터 셋을 선택하여 모델을 만들고 성능이 안 좋으면 데이터 셋을 선택하지 않는다.
- 만든 모델의 Feature Importance와 사용자에게 받기 쉬운 Feature인지를 고려하여 Feature Selection을 한 뒤 하이퍼 파라미터 튜닝 및 성능 검증을 통해 최적의모델을 만든다.
- 최종 모델의 Feature에 해당하는 건강 정보를 웹 UI를 통해 사용자에게 전달 받은 다음 전달 받은 건강 정보들을 만든 최종 모델에 적용하여 병 위험군인지 분류하여 사용자의 건강 상태를 파악한다.

### 4. 분류 성능 지표: F1\_Score사용

- 사용 이유
  - 모델이 병 위험군을 잘 판정 하는 것에 대한 직관적으로 해석 가능한 성능 지표 이다.
  - 불균형 데이터에서도 모델의 전반적인 성능을 공정하게 평가할 수 있다.

∘ F1\_Score : 정밀도와 재현율의 조화평균이고 식은 다음과 같다.

$$F1\text{-}Score = 2 \cdot \frac{Precision \cdot Recall}{Precision + Recall}$$

정밀도: 모델이 Positive로 예측한 데이터 중에서 실제로 Positive인 데이터
 의 비율

재현율 : 실제 Positive인 데이터 중에서 모델이 Positive로 올바르게 예측한 비율

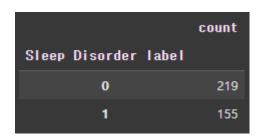
- 5. 모델 선택 과정
  - 병 위험군 분류하기 위해 데이터 전처리 이후 여러 머신러닝 모델을 사용 후 F1\_Score가 가장 높은 모델을 선택

# Step2-1. 수면 장애 위험군 분류 데이터 (Sleep Disorder)

- ▼ 데이터 구성 및 전처리
  - 1. Data: Sleep Health and Lifestyle Dataset (kaggle)
  - 2. Data Info확인

<pre><class #="" 'pandas.core.frame.data="" (total="" 0="" 13="" 374="" column<="" columns="" data="" entries,="" pre="" rangeindex:="" to=""></class></pre>	373	Dtype 
4 Sleep Duration 5 Quality of Sleep 6 Physical Activity Level 7 Stress Level 8 BMI Category 9 Blood Pressure 10 Heart Rate	374 non-null 374 non-null 374 non-null 374 non-null 374 non-null 374 non-null 374 non-null	object int64 object float64 int64 int64 object object int64 int64

### 3. Data Imbalance 확인



### 4. 데이터 전처리 과정

- NaN값 처리 : Sleep Disorder값이 NaN이면 0, NaN이 아니면 1로 처리 한 뒤 Sleep Disorder Label 칼럼 추가하고 Sleep Disorder칼럼 삭제
- Blood Pressure의 데이터 값과 형식은 125/88 (Str)이다. 이를 'Systolic'(수축기 혈압), 'Diastolic'(이완기 혈압)으로 분리하고 각각 Int값으로 들어가도록처리
- 범주형 변수인 'Gender'와 'BMI Category' 칼럼에 각각 원-핫 인코딩, 라벨 인코딩 적용

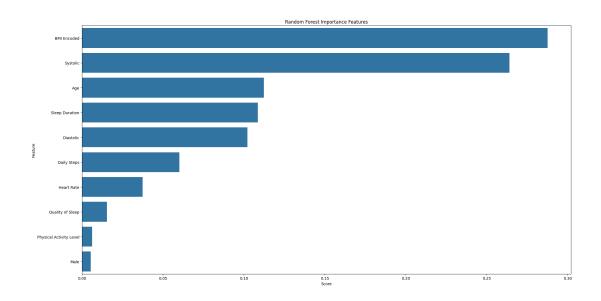
## Step2-2. 수면 장애 위험군 분류 모델 (Sleep Disorder)

### ▼ 데이터 모델링

1. 선택 모델: Random Forest

### 2. 모델링 과정

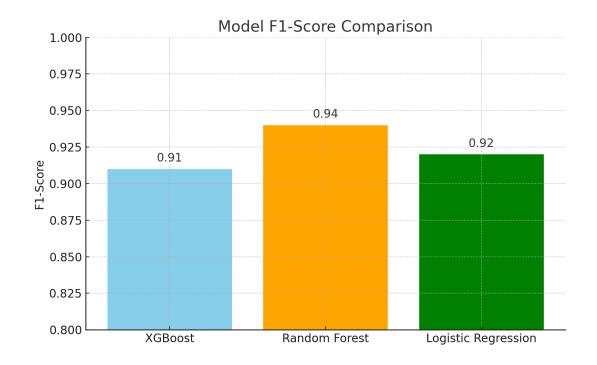
- 하이퍼 파라미터 튜닝 : n\_estimators, max\_depth에 for loop방식을 이용하여 최적의 파라미터 선택
- Feature Selection : Feature Importance를 계산 후 점수가 높은 것과 사용 자에게 받기 쉬운 정보 인지를 고려하여 Feature를 선택



- 최종 모델에 선택된 Feature: 'BMI Encoded', 'Age', 'Sleep Duration',
  'Systolic', 'Diastolic', 'Daily Steps'
- 모델 평가 지표: F1\_Score = 0.94

#### 3. 다른 분류 모델과 성능 비교 (F1\_Score)

• 데이터가 많지 않아 Logistic Regression을 사용했고 분류 모델의 Baggig및 Boosting방식의 대표 알고리즘인 Random Forest와 XGBoost을 사용했다. 이 중 F1\_Score가 가장 높은Randon Forest를 최종 선택했다.



# Step3-1 심혈과 질환 위험군 분류 데이터 (Cardiovascular Disease)

- ▼ 데이터 구성 및 전처리
  - 1. Data: Cardiovascular Disease dataset
  - 2. Data info확인

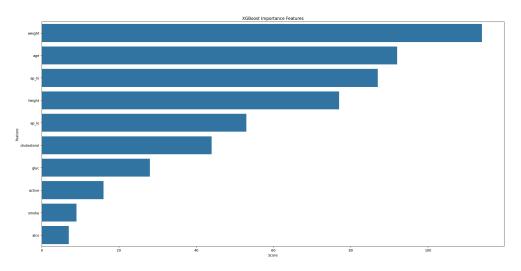
```
<class 'pandas.core.frame.DataFrame'>
RangeIndex: 70000 entries, 0 to 69999
Data columns (total 13 columns):
    Column
                  Non-Null Count
     id
                  70000 non-null
                                  int64
                  70000 non-null
                                  int64
    age
                  70000 non-null
                                  int64
     gender
                                  int64
                  70000 non-null
    height
    weight
                  70000 non-null
                                  float64
    ap_hi
                                  int64
                  70000 non-null
                                  int64
    ap_lo
                  70000 non-null
    cholesterol 70000 non-null
                                  int64
                                  int64
    gluc
                  70000 non-null
                  70000 non-null
                                  int64
    smoke
 10 alco
                  70000 non-null
                                  int64
 11 active
                  70000 non-null
                                  int64
 12 cardio
                  70000 non-null
                                  int64
dtypes: float64(1), int64(12)
memory usage: 6.9 MB
```

3. Data Imbalance확인

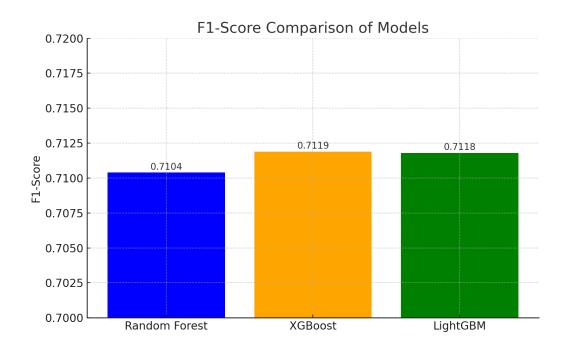


# Step3-2. 심혈관 질환 위험군 분류 모델 (Cardiovascular Disease)

- ▼ 데이터 모델링
  - 1. 사용모델: XGBoost
  - 2. 모델링과정
    - 하이퍼 파라미터 튜닝 : n\_estimators, learning\_rate, max\_depth, reg\_alpha에 for loop방식을 이용하여 최적의 파라미터 선택
    - Feature Selection : Feature Importance를 계산 후 점수가 높은 것과 사용자에게 받기 쉬운 정보 인지를 고려하여 Feature를 선택



- 최종 모델에 선택된 Feature: 'ap\_hi', 'ap\_lo', 'age', 'weight', 'height', 'cardio'
- 모델 평가 지표: F1\_Score = 0.7119
- 3. 다른 분류 모델과 성능 비교 (F1\_Score)
  - 분류 모델의 Baggig및 Boosting방식의 대표 알고리즘인 Random Forest와 XGBoost을 사용했고 추가로 데이터가 많은 편이라 LightGBM 모델을 사용하여 F1\_Score가 가장 높은 XGBoost를 최종 선택했다.



# Step4-1. 당뇨 위험군 분류 데이터 (Diabetes)

- ▼ 데이터 셋 구성 및 전처리
  - 1. Data: Diabetes Health Indicators Dataset (kaggle)
  - 2.Data Info확인

<class 'pandas.core.frame.dataframe'=""> RangeIndex: 236378 entries, O to 236377</class>					
	Data columns (total 22 columns):				
#	Column	Non-Null Count	Dtype 		
0	Diabetes_012	236378 non-null	float64		
ī	HighBP	236378 non-null			
2	HighChol	236378 non-null			
3	CholCheck	236378 non-null	int64		
4	BMI	236378 non-null	float64		
5	Smoker	236378 non-null	float64		
6	Stroke	236378 non-null	float64		
7	HeartDiseaseorAttack	236378 non-null			
8	PhysActivity	236378 non-null			
9	Fruits	236378 non-null			
10	Veggies	236378 non-null			
11	HvyAlcoholConsump	236378 non-null	int64		
12	AnyHealthcare	236378 non-null			
13	NoDocbcCost	236378 non-null			
14	GenHIth	236378 non-null			
15	MentHith	236378 non-null 236378 non-null			
16 17	PhysHlth DiffWalk				
		236378 non-null			
18 19	Sex Age	236378 non-null 236378 non-null			
	Education	236378 non-null			
21	Income	236378 non-null	float64		
dtypes: float64(13), int64(9)					

3. data Imbalance 확인



### 4. 데이터 전처리 과정

- 데이터 컬럼 이름 정리: 원활한 작업을 위해 알아보기 쉬운 컬럼명 으로 변경 (예시: HvyAlcoholConsump을 Alco)
- Diabetes\_012 컬럼 값 처리: Diabetes\_012값이 0,1,2로 구성 되어있는데, 기획한 서비스 내용에 맞게 1을 제거 후, 2를 1로 변경



- Smoker, HighChol, Diabetes\_012의 데이터 값과 형식은 0/1 (float64)이다. 이를 int값으로 들어가도록 처리
- 데이터 불균형 해결: SMOTE-Tomek을 사용해 데이터 불균형 해결

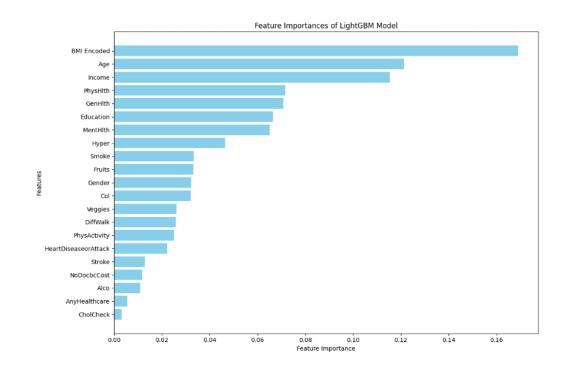
# Step4-2. 당뇨 위험군 분류 모델 (Diabetes)

### ▼ 데이터 모델링

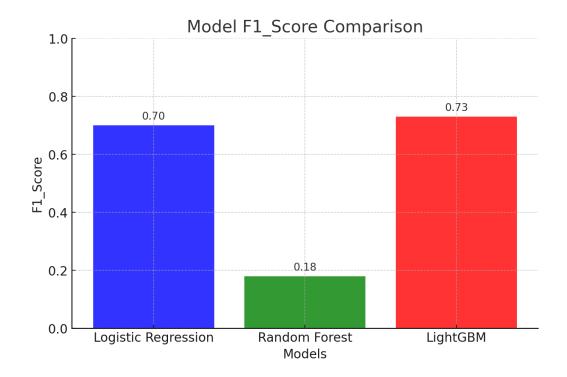
1. 사용 모델: LightGBM

2. 모델링 과정

- 하이퍼 파라미터 튜닝: RandomizedSearchCV을 사용하여 최적의 파라미터 선택
- Feature Selection: Feature Importance를 계산 후 점수가 높은 것과 사용 자에게 받기 쉬운 정보 인지를 고려하여 Feature를 선택



- 선택된 Feature: "Gender", "Age", "Hyper", "BMI Encoded", "Smoke", "Col", "Alco"
- 가중치: 선택 변수인 Diabetes의 예측 성능을 개선하기 위해 Diabetes 가중치 조정
- 모델 평가 지표: F1\_Score = 0.73
- 3. 다른 분류 모델과 성능 비교 (F1\_Score)
  - 데이터가 많아 대규모 데이터셋에 적합한 LightGBM을 사용했고 대중적인 분류 모델인 Logistic Regression과 Random Forest를 사용했다. 이 중 F1\_Score가 가장 높은 LightGBM을 최종 선택했다.

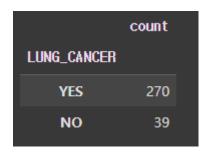


# Step5-1 폐암 위험군 분류 데이터 (lung cancer)

- ▼ 데이터 구성 및 전처리
  - 1. Data: Survey Lung Cancer
  - 2. Data Info확인

<pre><class 'pandas.core.frame.dataframe'=""> RangeIndex: 309 entries, 0 to 308 Data columns (total 16 columns):</class></pre>				
#	Column	Non-Null Count	Dtype	
0	Gender	309 non-null	object	
1	Age	309 non-null	-	
	Smoke	309 non-null		
	YELLOW_FINGERS	309 non-null		
	ANXIETY	309 non-null		
5		309 non-null		
	CHRONIC DISEASE			
	Tired	309 non-null		
		309 non-null		
	ALLERGY	309 non-null		
	WHEEZING Alco	309 non-null		
		309 non-null		
	COUGHING	309 non-null		
	SHORTNESS OF BREATH			
	SWALLOWING DIFFICULTY			
	CHEST PAIN	309 non-null		
	LUNG_CANCER	309 non-null	object	
dtypes: int64(14), object(2)				

### 3. data Imbalance 확인



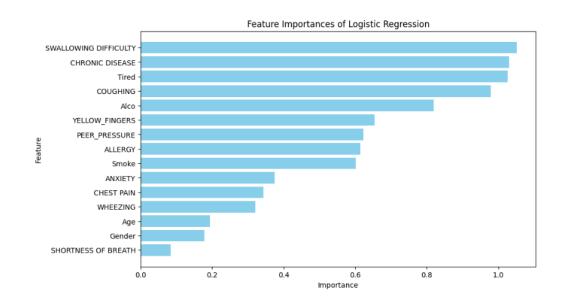
### 4. 데이터 전처리 과정

- 데이터 컬럼 이름 정리: 원활한 작업을 위해 알아보기 쉬운 컬럼명 으로 변경 (예시: FATIGUE을 Tired)
- 데이터 공백 제거
- 범주형 변수인 'LUNG\_CANCER'와 'Gender' 컬럼에 각각 문자를 이진 숫자 데이터로 처리, 라벨 인코딩 적용

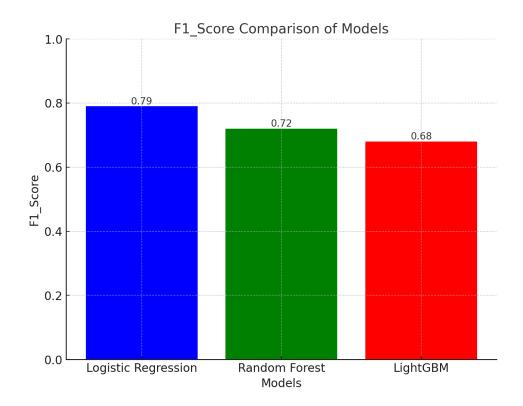
• 데이터 불균형 해결: SMOTE을 사용해 데이터 불균형 해결

### Step5-2. 폐암 위험군 분류 모델 (lung cancer)

- ▼ 데이터 모델링
  - 1. 사용 모델: Logistic Regression
  - 2. 모델링 과정
  - 하이퍼 파라미터 튜닝: GridSearchCV을 사용하여 최적의 파라미터 선택
  - Feature Selection: Feature Importance를 계산 후 점수가 높은 것과 사용자에 게 받기 쉬운 정보 인지를 고려하여 Feature를 선택



- 선택된 Feature: 'Gender', 'Age', 'Smoke', 'Tired', 'Alco'
- 모델 평가 지표: F1\_Score = 0.79
- 3. 다른 분류 모델과 성능 비교 (F1\_Score)
  - 데이터가 많지 않아 소규모 데이터셋에 적합한 LogisticRegression을 선택했고 변수 중요도 평가 가능한 Random Forest와 카테고리형 변수 자동 처리 가능한 LightGBM을 사용했다. 이 중 F1\_Score가 가장 높은 LogisticRegression을 최종 선택했다.

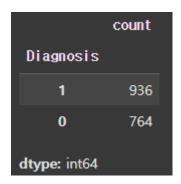


# Step6-1. 간암 위험군 분류 데이터 (Liver\_disease)

- ▼ 데이터 셋 구성 및 전처리
  - 1. Data: Survey Lung Cancer
  - 2. Data Info 확인

<pre><class 'pandas.core.frame.dataframe'=""> RangeIndex: 1700 entries, 0 to 1699 Data columns (total 11 columns): # Column Non-Null Count Dtype</class></pre>				
0	Age	1700 non-null	int64	
1	Gender BMI	1700 non-null 1700 non-null	int64 float64	
3 4	AlcoholConsumption Smoking	1700 non-null 1700 non-null	float64 int64	
5	GeneticRisk	1700 non-null	int64	
6 7	PhysicalActivity Diabetes	1700 non-null 1700 non-null	float64 int64	
8	Hypertension LiverFunctionTest			
10	Diagnosis	1700 non-null		
dtypes: float64(4), int64(7)				

### 3. Data Imbalance 확인



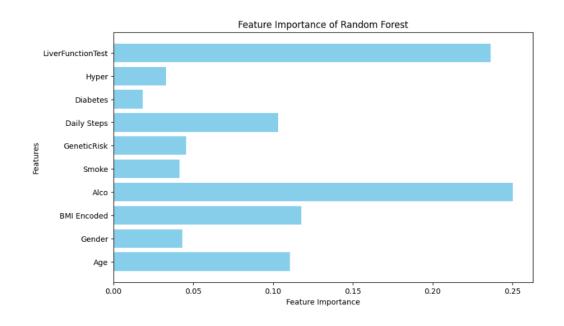
### 4. 데이터 전처리 과정

- 데이터 컬럼 이름 정리: 원활한 작업을 위해 알아보기 쉬운 컬럼명 으로 변경 (예시: PhysicalActivity을 Daily Steps)
- 데이터 공백 제거
- Alco 컬럼의 값을 이진화

• Daily Steps 컬럼의 값을 신체 활동 기준으로 30분 걷기를 약 3000걸음으로 간주해서 계산, 1~5의 범주형 값으로 변환, int로 변환, Nan 값을 최소값(1) 으로 처리

### Step6-2. 간암 위험군 분류 모델 (Liver\_disease)

- ▼ 데이터 모델링
  - 1. 사용 모델: Random Forest
  - 2. 모델링 과정
    - 하이퍼 파라미터 튜닝: GridSearchCV을 사용하여 최적의 파라미터 선택
    - Feature Selection: Feature Importance를 계산 후 점수가 높은 것과 사용 자에게 받기 쉬운 정보 인지를 고려하여 Feature를 선택



- 선택된 Feature: 'Age', 'Gender', 'BMI Encoded', 'Alco', 'Smoke', 'Daily Steps', 'Hyper'
- 모델 평가 지표: F1 Score = 0.72
- 3. 다른 분류 모델과 성능 비교 (F1\_Score)
  - 데이터가 많지 않아 소규모 데이터셋에 적합한 LogisticRegression을 선택했고 변수 중요도 평가 가능한 Random Forest와 카테고리형 변수 자동 처리 가

능한 LightGBM을 사용했다. 이 중 F1\_Score가 가장 높은 Random Forest을 최종 선택했다.

