PROGETTO APPLICAZIONE DATA INTENSIVE

Bernardini Yuri

Matricola 830601

Caso di Studio: Classificazione di Probabilità di Ictus

- Secondo l' Organizzazione Mondiale della Sanità (OMS), l'ictus è la seconda causa di morte a livello globale.
- E' responsabile del 11% dei decessi totali.
- Utilizzo questo set di dati per prevedere la probabilità che un paziente possa contrarre un Ictus in base ad una serie di informazioni personali, che andrò a spiegare successivamente.
- Il set di dati è stato preso da Kaggle.com, il link è [questo](#).

Vengono implementati gli import delle principali librerie che andrò ad utilizzare

```
import numpy as np
import pandas as pd
import sklearn
import matplotlib.pyplot as plt
```

- - Abilito anche il render grafico per jupyter

```
%matplotlib inline
```

```
#import warnings #Per togliere i warning
#warnings.filterwarnings("ignore")
```

Caricamento e Comprensione dei dati

```
URL = "https://bitbucket.org/YuriBernardini/progettodataintensive/raw/a02eefdc63
```

```
data = pd.read_csv(URL, sep = ",")
```

Osserviamo le prime 5 colonne e le ultime 5

```
data.head(5)
```

	id	gender	age	hypertension	heart_disease	ever_married	work_type
0	9046	Male	67.0	0	1	Yes	Private
1	51676	Female	61.0	0	0	Yes	Self-employed
2	31112	Male	80.0	0	1	Yes	Private
3	60182	Female	49.0	0	0	Yes	Private
4	1665	Female	79.0	1	0	Yes	Self-

```
data.tail(5)
```

	id	gender	age	hypertension	heart_disease	ever_married	work_typ
5105	18234	Female	80.0	1	0	Yes	Privat
5106	44873	Female	81.0	0	0	Yes	Sel employe
5107	19723	Female	35.0	0	0	Yes	Sel employe
5108	37544	Male	51.0	0	0	Yes	Privat

Significato delle Variabili

- **id**: Identificatore Univoco.
- **gender**: Genere:
    - "Male": Maschio.
    - "Female": Femmina.
    - "Other": Non specificato.
- **age**: Età del paziente.
- **hypertension**: Ipertensione arteriosa:
    - 0: il paziente Non soffre di Ipertensione.
    - 1: il paziente Soffre di Ipertensione.
- **heart_disease**: Presenza Malattie Cardiache o Cardiopatia:
    - 0: il paziente non ha Malattie Cardiache.
    - 1: il paziente ha una Malattia Cardiache
- **ever_married**: Il paziente è mai stato Sposato? (Yes / No).
- **work_type**: Tipologia di Occupazione:
    - "children": Si tratta di un Bambino.
    - "Govt_jov": Lavoro Governativo.
    - "Never_worked": Non ha Mai Lavorato.
    - "Private": Lavoratore Privato, Dipendente.
    - "Self-employed": Lavoratore Autonomo.
- **Residence_type**: Luogo di Abitazione:
    - "Rural": Campagna.
    - "Urban": Urbana.
- **avg_glucose_level**: Livello medio Glucosio nel sangue (Glicemia), misurato in mg/dL.
- **bmi**: Indice Massa Corporea (BMI), è un parametro ottenuto tramite relazione tra peso e statura di un soggetto, noto a livello Mondiale.
- **smoking_status**: Fumatore:
    - "formerly smoked": Fumatore Occasionale.
    - "never smoked": Mai fumato.
    - "smokes": Fumatore.
    - "Unknown": Informazione non conosciuta.
- **stroke**: Infarto: *(Variabile da Predire)*
    - 1: Il paziente ha avuto un Ictus.
    - 0: il paziente Non ha avuto un Ictus.

Osserviamo più in dettaglio il Dataset

- Si può notare che si hanno 5110 istanze e 12 colonne.

```
data.shape
```

```
(5110, 12)
```

- Mentre i tipi di dato sono i seguenti:

```
data.dtypes
```

```
id                   int64
gender              object
age                float64
hypertension         int64
heart_disease        int64
ever_married        object
work_type           object
Residence_type      object
avg_glucose_level  float64
bmi                float64
smoking_status      object
stroke               int64
dtype: object
```

- Notiamo che i dati *gender, ever_married, work_type, Residence_type, smoking_status* sono Object.
  La quantità di dati occupata in memoria è la seguente:

```
data.info(memory_usage="deep")
```

```
<class 'pandas.core.frame.DataFrame'>
RangeIndex: 5110 entries, 0 to 5109
Data columns (total 12 columns):
 #   Column             Non-Null Count  Dtype  
---  ------             --------------  -----  
 0   id                 5110 non-null   int64  
 1   gender             5110 non-null   object 
 2   age                5110 non-null   float64
 3   hypertension       5110 non-null   int64  
 4   heart_disease      5110 non-null   int64  
 5   ever_married       5110 non-null   object 
 6   work_type          5110 non-null   object 
 7   Residence_type     5110 non-null   object 
 8   avg_glucose_level  5110 non-null   float64
 9   bmi                4909 non-null   float64
 10  smoking_status     5110 non-null   object 
 11  stroke             5110 non-null   int64  
dtypes: float64(3), int64(4), object(5)
memory usage: 1.8 MB
```

- Sappiamo però che le colonne sopra citate sono Categoriche quindi ricarico il dataframe assegnando il nuovo tipo.

```
custom_dtypes = {
    "gender": "category",
    "ever_married": "category",
    "work_type": "category",
    "Residence_type": "category",
    "smoking_status": "category",
}
data = pd.read_csv(URL, dtype=custom_dtypes, sep=",")
```

- Naturalmente i dati sono gli stessi

```
data.head(5)
```

	id	gender	age	hypertension	heart_disease	ever_married	work_type
0	9046	Male	67.0	0	1	Yes	Private
1	51676	Female	61.0	0	0	Yes	Self-employed
2	31112	Male	80.0	0	1	Yes	Private
3	60182	Female	49.0	0	0	Yes	Private
4	1665	Female	79.0	1	0	Yes	Self-

- Ma lo spazio in memoria è di molto migliorato.

```
data.info(memory_usage="deep")
```

```
<class 'pandas.core.frame.DataFrame'>
RangeIndex: 5110 entries, 0 to 5109
Data columns (total 12 columns):
 #   Column             Non-Null Count  Dtype
---  ------             --------------  -----
 0   id                 5110 non-null   int64
 1   gender             5110 non-null   category
 2   age                5110 non-null   float64
 3   hypertension       5110 non-null   int64
 4   heart_disease      5110 non-null   int64
 5   ever_married       5110 non-null   category
 6   work_type          5110 non-null   category
 7   Residence_type     5110 non-null   category
 8   avg_glucose_level  5110 non-null   float64
 9   bmi                4909 non-null   float64
 10  smoking_status     5110 non-null   category
 11  stroke             5110 non-null   int64
dtypes: category(5), float64(3), int64(4)
memory usage: 306.1 KB
```

- Facendo questo, si è imposto che ad ogni colonna possono essere contenuti solo alcuni specifici valori;
- Ad esempio si visualizza lo stato civile:
    - E' un tipo categorico.
    - I valori possibilit sono Yes/ No.

```
data["ever_married"].head(3)
```

```
0    Yes
1    Yes
2    Yes
Name: ever_married, dtype: category
Categories (2, object): ['No', 'Yes']
```

- Inoltre si nota facilmente che la colonna id costituisce l'indice per la tabella.
- Settiamo quindi questa colonna come indice tramite il comando **set_index**.

```
data.set_index("id", inplace=True)
```

```
data.head()
```

id	gender	age	hypertension	heart_disease	ever_married	work_type	Res
9046	Male	67.0	0	1	Yes	Private	
51676	Female	61.0	0	0	Yes	Self-employed	
31112	Male	80.0	0	1	Yes	Private	
60182	Female	49.0	0	0	Yes	Private	
1665	Female	79.0	1	0	Yes	Self-	

Analisi Esplorativa dei Dati e 'Data Cleaning'

> Utilizziamo la funzione **describe** di Pandas per visualizzare diverse informazioni relative ai dati numerici:
>
> - Numero di istanze.
> - Media di ciascuna feature.
> - Deviazione standard di ciascuna feature.
> - Valore minimo di ogni feauture.
> - Valore massimo di ogni feauture.
> - Percentili di ciascuna feauture (25%, 50% e 75%).
> - Valore massimo di ciascuna feature.

```
data.describe()
```

	age	hypertension	heart_disease	avg_glucose_level	bmi
count	5110.000000	5110.000000	5110.000000	5110.000000	4909.000000
mean	43.226614	0.097456	0.054012	106.147677	28.893237
std	22.612647	0.296607	0.226063	45.283560	7.854067
min	0.080000	0.000000	0.000000	55.120000	10.300000
25%	25.000000	0.000000	0.000000	77.245000	23.500000
50%	45.000000	0.000000	0.000000	91.885000	28.100000
75%	61.000000	0.000000	0.000000	114.090000	33.100000
max	82.000000	1.000000	1.000000	271.740000	97.600000

- Abbiamo visto che l'età è un numero float, quindi decimale;
- Scelgo di arrotondarla all'intero più vicino.

```
data['age'] = data['age'].apply(lambda x : round(x))
```

```
data.describe()
```

	age	hypertension	heart_disease	avg_glucose_level	bmi
count	5110.000000	5110.000000	5110.000000	5110.000000	4909.000000
mean	43.226614	0.097456	0.054012	106.147677	28.893237
std	22.612731	0.296607	0.226063	45.283560	7.854067
min	0.000000	0.000000	0.000000	55.120000	10.300000
25%	25.000000	0.000000	0.000000	77.245000	23.500000
50%	45.000000	0.000000	0.000000	91.885000	28.100000
75%	61.000000	0.000000	0.000000	114.090000	33.100000
max	82.000000	1.000000	1.000000	271.740000	97.600000

- Osservo che un paziente analizzato non ha il genere specificato.

```
data["gender"].value_counts()
```

```
Female    2994
Male      2115
Other        1
Name: gender, dtype: int64
```

- Per semplicità presumo sia un *Maschio*.

```
data.gender = data.gender.replace({'Other': 'Male'})
```

```
data["gender"].value_counts()
```

```
Female    2994
Male      2116
Name: gender, dtype: int64
```

- Inoltre, dopo aver effettuato una ricerca su Google, ho constatato che i valori possibili per l' Indice di Massa Corporea sono i seguenti:
  - Sottopeso severo < 16,5
  - Sottpeso da 16,5 a 18,4
  - Normale da 18,5 a 24,9
  - Sovrappeso da 25 a 30
  - Obesità primo grado da 30,1 a 34,9
  - Obesità secondo grado da 35 a 40
  - Obesità terzo grado > 40
- Noi però ci ritroviamo alcuni valori dell'indice BMI fuori range;
- Questo può essere stato causato da un errore del macchinario difettoso di misurazione o semplicemente da errori in fase registrazione.
- Quindi, per evitare errori e/o la compromissione del set di dati, imposto i valori <12 o >60 a *NaN*.

```
data['bmi'] = data['bmi'].apply(lambda bmi_value: bmi_value if 12 < bmi_value <
```

- Verifichiamo quindi presenza di valori nulli all'interno di tutto il mio db.

> Notiamo che sono presenti alcuni valori nulli.
> *(Il set di dati presentava già inizialmente 201 valori nulli per l'indice BMI;*
> *Il precedente passaggio ne ha aggiungi altri 17)*.

```
data.isnull().values.any()
```

```
True
```

- Osserviamo quindi 218 valori nulli, il che significa che per alcune persone l'indice di massa corporea non è noto.

```
data.isna().sum()
```

```
gender                 0
age                    0
hypertension           0
heart_disease          0
ever_married           0
work_type              0
Residence_type         0
avg_glucose_level      0
bmi                  218
smoking_status         0
stroke                 0
dtype: int64
```

- Adesso:
  - Ordino il set di dati in base al Genere, poi in base all'Età
  - Utilizzo banalmente **Ffill()** di Pandas per completare i valori nulli per l'indice BMI:
    - Questo comando inserisce per il campo vuoto l'informazione più vicina ad esso.

```
data.sort_values(['gender', 'age'], inplace=True)
data.reset_index(drop=True, inplace=True)
data['bmi'].ffill(inplace=True)
```

- Ora possiamo osservare che non sono più presenti valori nulli.

```
data.isna().sum()
```

```
gender               0
age                  0
hypertension         0
heart_disease        0
ever_married         0
work_type            0
Residence_type       0
avg_glucose_level    0
bmi                  0
smoking_status       0
stroke               0
dtype: int64
```

- Visualizziamo il numero di pazienti in percentuale che hanno avuto un infarto.

> notiamo che il numero di pazienti che hanno avuto un infarto è circa il 5%.

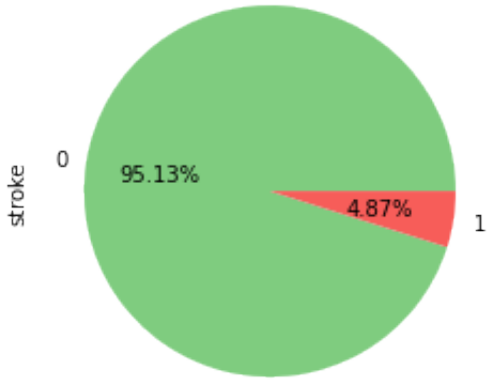
- Ci troviamo quindi un dataset **Sbilanciato**.
- Si applicherà successivamente un metodo per trattare il problema.

```
# data["stroke"].value_counts(normalize = True) * 100  # Per vedere la Percentua
data["stroke"].value_counts()
```

```
0    4861
1     249
Name: stroke, dtype: int64
```

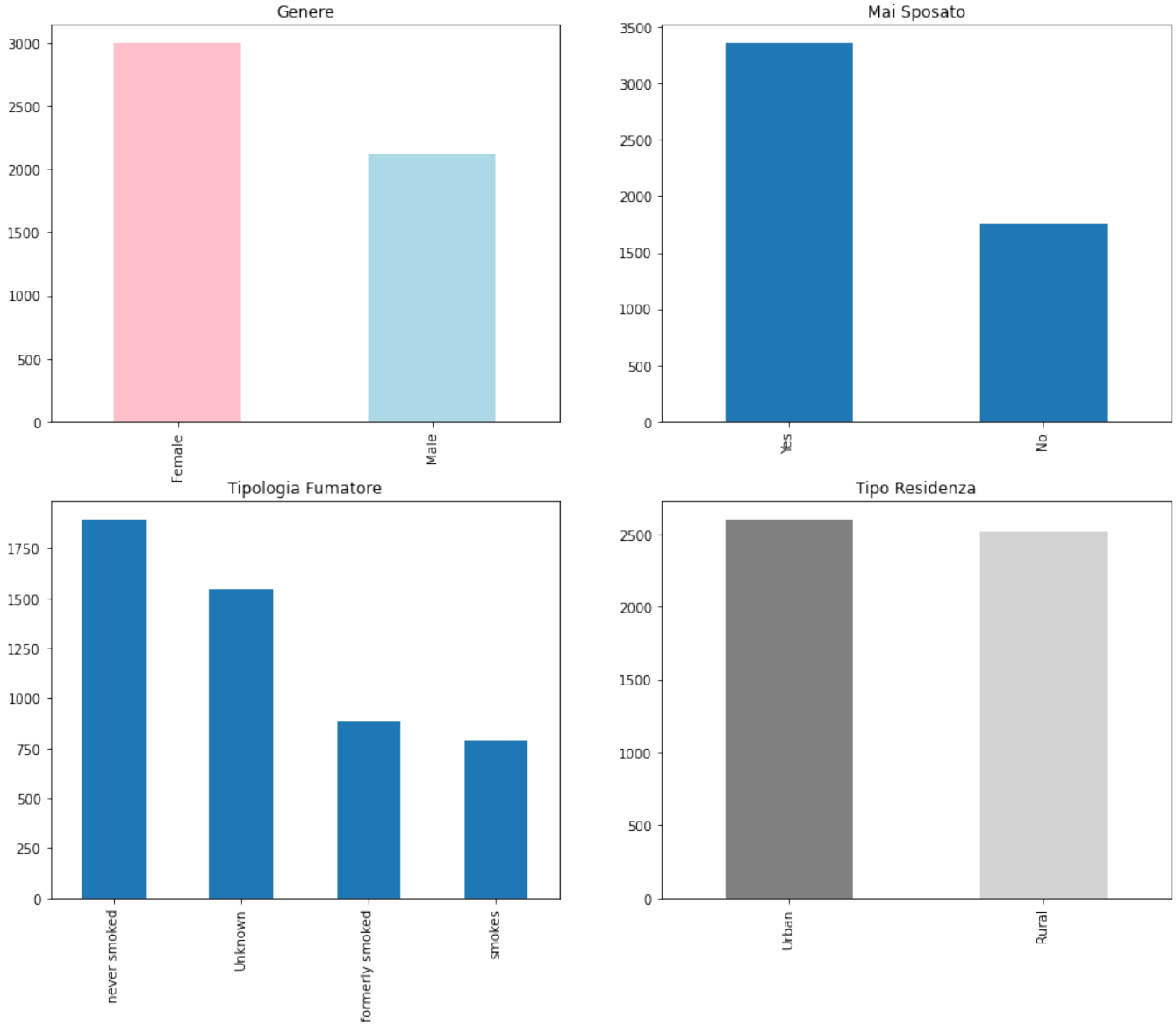
- Mostriamo lo stesso dato, questa volta in percentuale, in un grafico a torta.

```
data["stroke"].value_counts().plot.pie(colors=["#7FCC7F", "#F75D59"], autopct="%
```



- Osserviamo anche altri grafici delle features.

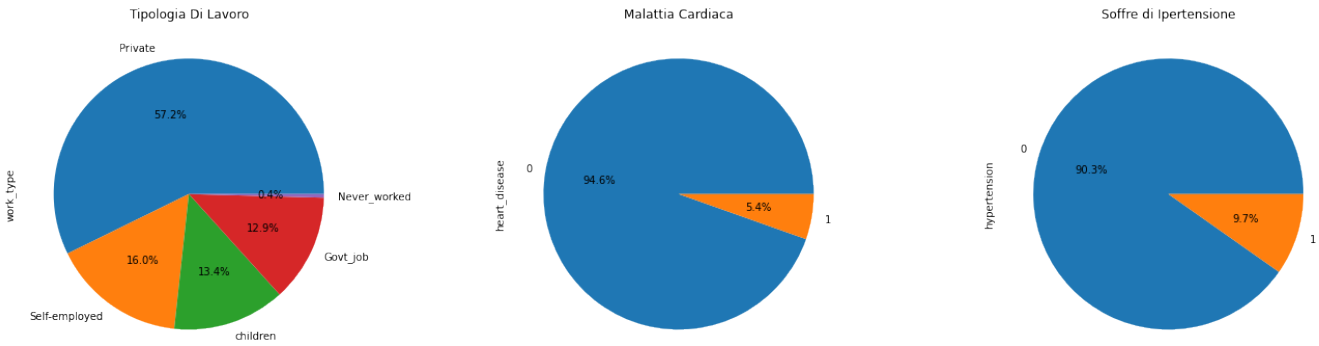
```
plt.figure(figsize=(15, 12))
data["gender"].value_counts().plot.bar(ax=plt.subplot(2,2,1), title="Genere", co
data["ever_married"].value_counts().plot.bar(ax=plt.subplot(2,2,2), title="Mai S
data["smoking_status"].value_counts().plot.bar(ax=plt.subplot(2,2,3), title="Tip
data["Residence_type"].value_counts().plot.bar(ax=plt.subplot(2,2,4), title="Tip
```



- Da questi semplici grafici si osserva che:
    - La maggior parte dei pazienti analizzati sono donne.
    - La maggior parte è sposato/a.
    - Solo una minoranza di persone ha dichiarato di fumare.
    - Osservando la residenza si nota che sono equamente suddivisi tra chi vive in città o più in campagna. (Urbani / Rurali).

Analizziamo altri 3 grafici:

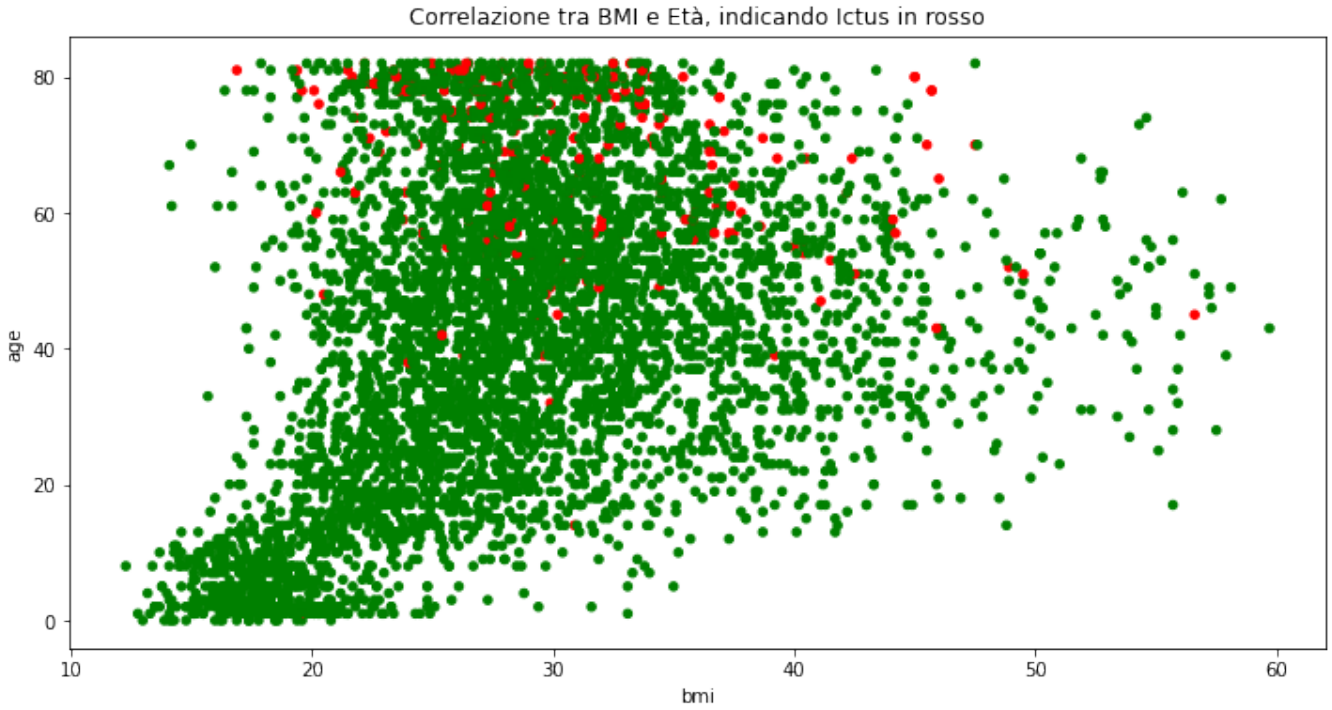
```
plt.figure(figsize=(24, 6))
data["work_type"].value_counts().plot.pie(ax=plt.subplot(1,3,1), title="Tipologi
data["heart_disease"].value_counts().plot.pie(ax=plt.subplot(1,3,2), title="Mala
data["hypertension"].value_counts().plot.pie(ax=plt.subplot(1,3,3), title="Soffr
```



- Dal primo grafico si osserva la tipologia di Occupazione dei Pazienti analizzati.
- Dal secondo che poco più del 5% ha una malattia cardiaca.
- Dal terzo si osserva che circa il 10% dei pazienti soffre di Ipertensione.

Imposto un grafico a dispersione con Età ed Indice Di Massa Corporeo, in cui evidenzio in Rosso gli Ictus registrati.

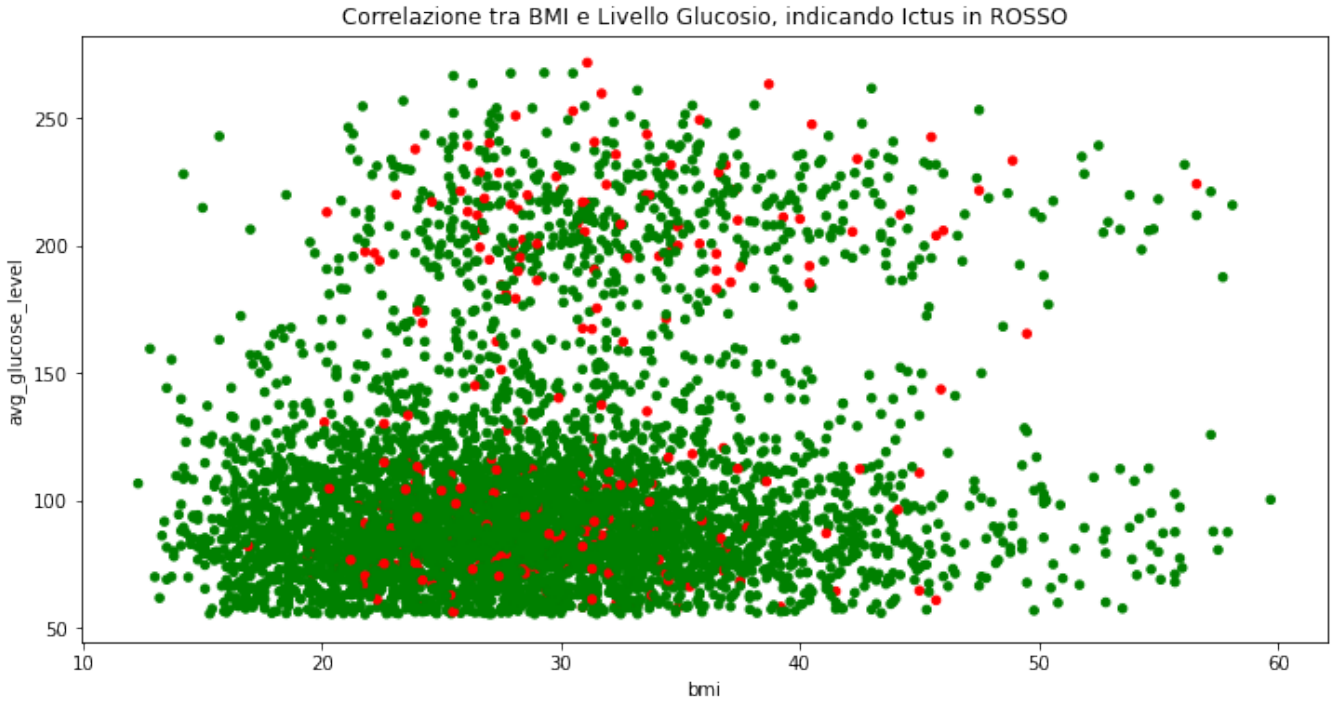
```
stroke_colors = { 0: "green", 1: "red"}
data.plot.scatter(x="bmi",
                  y="age",
                  c=data["stroke"].map(stroke_colors),
                  title="Correlazione tra BMI e Età, indicando Ictus in rosso",
                  figsize=(12,6));
```



- Dalla correlazione tra l' Età e il BMI possiamo chiaramente notare che le persone di età dai 40 anni in su hanno una possibilità maggiore di contrarre un Ictus.
  Questa probabilità dopo l'età di 60 anni aumenta ancora maggiormente.
  Inoltre, purtroppo, le persone con indice BMI superiore a 25 hanno una chance superiore delle altre.
- Dunque è chiaro che le persone con più di 40 anni e con indice BMI >25 hanno una probabilità maggiore di contrarre un Ictus.

Imposto un grafico similite dove però ora metto a correlazione l'indice do Massa Corporea e il Livellodi Glucosio registrato, sempre evidenziando in rosso gli Ictus.

```
stroke_colors = { 0: "green", 1: "red"}
data.plot.scatter(x="bmi",
                  y="avg_glucose_level",
                  c=data["stroke"].map(stroke_colors),
                  title="Correlazione tra BMI e Livello Glucosio, indicando Ictu
                  figsize=(12,6));
```



- Premettendo che i livelli ottimali di Glucosio nel sangue è compreso tra 60 e 110 mg/dL Si può notare che coloro che hanno valori alti, soffrendo quindi di Iperglicemia (ad esempio Diabete o altre malattie legate) hanno una maggiore probabilità di Ictus.
- Sempre come detto dal precedente grafico chi ha un indice BMI > 25 ha più probabilità di Infarti.
- Naturalmente la combinazione di entrambi i casi, ovverto una persona fortemente obesa e che soffre anche di Iperglicemia ha una probabilità molto più alta.

Correlazione tra le variabili

- Utilizziamo il comando **corr()**;
    - Questo comando indica, per ciascuna features, quanto essa pesi nel determinare il verificarsi di un *Ictus* o meno.
- Naturalmente le features non hanno un peso particolarmente alto se prese singolarmente, quindi incidono poco sulla possibilità di contrarre un infarto;

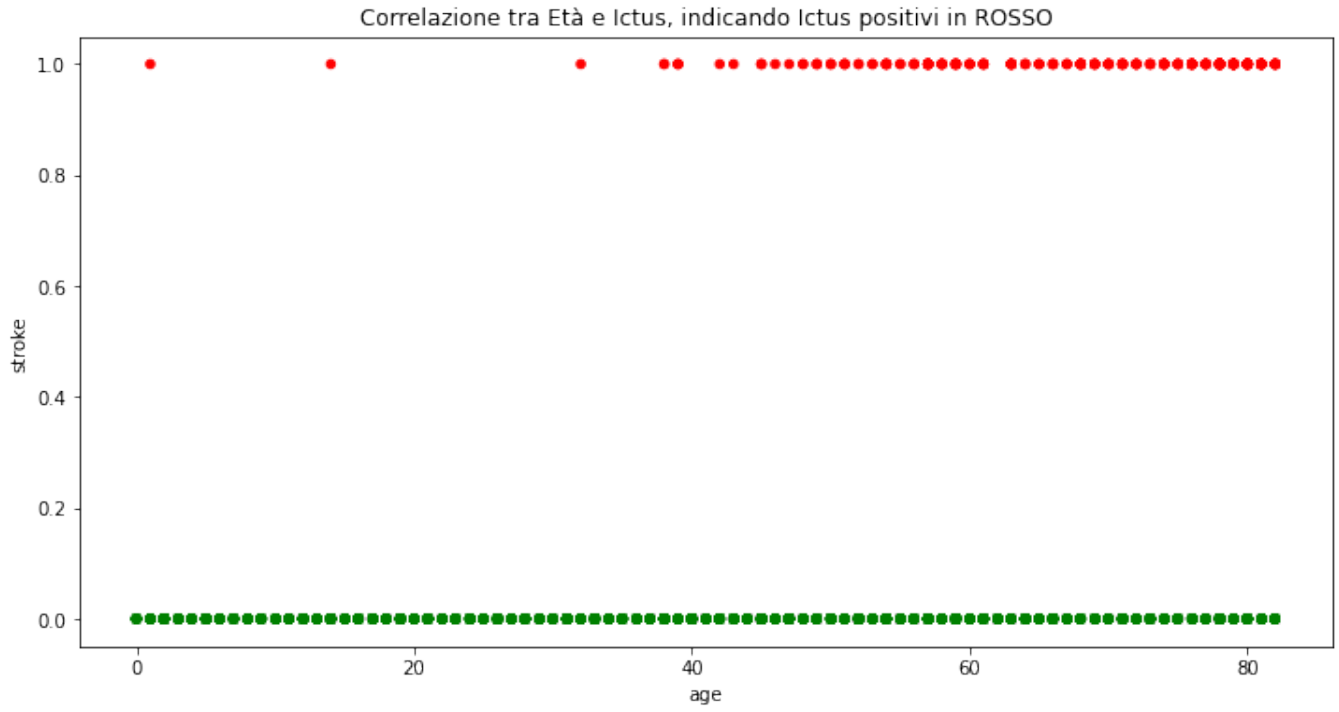
```
corr = data.corr()
corr.style.background_gradient(cmap='coolwarm').set_precision(2) #set_precision(
```

	age	hypertension	heart_disease	avg_glucose_level	bmi	stroke
age	1.00	0.28	0.26	0.24	0.35	0.25
hypertension	0.28	1.00	0.11	0.17	0.16	0.13
heart_disease	0.26	0.11	1.00	0.16	0.05	0.13
avg_glucose_level	0.24	0.17	0.16	1.00	0.17	0.13
bmi	0.35	0.16	0.05	0.17	1.00	0.05
stroke	0.25	0.13	0.13	0.13	0.05	1.00

- Si nota che in ordine di incidenza, le features più rilevanti sono:
  - età.
  - ipertensione, malattia cardiaca o glicemia con una stessa percentuale.

- Osserviamo allora se c'è una correlazione tra Età ed Infarti:

```
stroke_colors = { 0: "green", 1: "red"}
data.plot.scatter(x="age",
                  y="stroke",
                  c=data["stroke"].map(stroke_colors),
                  title="Correlazione tra Età e Ictus, indicando Ictus positivi
                  figsize=(12,6));
```



- Si può notare che la maggior parte degli ictus avvengono dopo la soglia dei 45/ 50 anni.

Preparazione per l'addestramento

```
data.head(3)
```

	gender	age	hypertension	heart_disease	ever_married	work_type	Resider
0	Female	0	0	0	No	children	
1	Female	0	0	0	No	children	
2	Female	0	0	0	No	children	

- Il mio modello presenta 2 categorie di dati: **categorici** e **numerici**.
- I metodi di regressione e classificazione più semplici funzionano con variabili predittive numeriche.
- Questi modelli non funzionano in presenza di variabili categoriche.
    - Sarà necessario usare funzioni per trattare il problema.

- Definisco due categorie per gestire i miei tipi di dati.

```
numeric_vars = ["age", "hypertension", "heart_disease", "avg_glucose_level", "bm
categorical_vars = ["gender", "ever_married", "work_type", "Residence_type", "sm
```

- Ora **Suddividiamo** i dati:
    - Prendiamo come y la variabile **stroke** cioè quella da predire.
    - Prendiamo come X le altre colonne di mio interesse:

```
y = data["stroke"]

X = data.iloc[:, :-1]
```

- Osserviamo quindi la composizione della X.

```
X.head(3)
```

	gender	age	hypertension	heart_disease	ever_married	work_type	Resider
0	Female	0	0	0	No	children	
1	Female	0	0	0	No	children	
2	Female	0	0	0	No	children	

- E quella della y.

```
y.head(3)
```

```
0    0
1    0
2    0
Name: stroke, dtype: int64
```

- Stampiamo anche la *dimensione* delle 2 variabili.

```
y.shape, X.shape
```

```
((5110,), (5110, 10))
```

- Ora suddividiamo i dati in **training set** e **validation set**.
- Utilizziamo 2/3 dei dati per l'addestramento e 1/3 dei dati per il validation.
- Utilizzo un **random_state** per la riproducibilità dei dati.

```
from sklearn.model_selection import train_test_split
X_train, X_val, y_train, y_val = train_test_split(
    X, y,             # dati da suddividere
    test_size=1/3,    # proporzione: 2/3 training, 1/3 validation
    random_state=42   # seed per la riproducibilità
)
```

- Osserviamo cosi la composizione del Training Set.

```
X_train.shape, y_train.shape
```

```
((3406, 10), (3406,))
```

```
pd.DataFrame(y_train)["stroke"].value_counts()
```

```
0    3236
1     170
Name: stroke, dtype: int64
```

- E quella del Validation.

```
X_val.shape, y_val.shape
```

```
((1704, 10), (1704,))
```

```
pd.DataFrame(y_val)["stroke"].value_counts()
```

```
0    1625
1      79
Name: stroke, dtype: int64
```

Come trattare le mie variabili Categoriche

Osserviamo come funziona il metodo OneHotEncoder

```
X_train_cat = X_train[categorical_vars]
X_train_num = X_train[numeric_vars]
```

- Importiamo la classe **OneHotEncoder** che mi servirà per gestire le variabili categoriche come numeriche.

```
from sklearn.preprocessing import OneHotEncoder
```

- Creiamo un **encoder**;
- Osserviamo il suo comportamento **a scopo dimostrativo**.
    - `sparse=False` indica di generare dei normali array NumPy.

```
encoder = OneHotEncoder(sparse=False)
encoder.fit_transform(X_train_cat)
```

```
array([[1., 0., 0., ..., 0., 0., 1.],
       [1., 0., 0., ..., 0., 0., 0.],
       [0., 1., 1., ..., 1., 0., 0.],
       ...,
       [0., 1., 1., ..., 0., 0., 0.],
       [0., 1., 0., ..., 0., 0., 0.],
       [1., 0., 0., ..., 0., 1., 0.]])
```

- Vediamo che l'**encoder crea una colonna binaria per ogni valore categorico**.

```
encoder.get_feature_names()
```

```
array(['x0_Female', 'x0_Male', 'x1_No', 'x1_Yes', 'x2_Govt_job',
       'x2_Never_worked', 'x2_Private', 'x2_Self-employed', 'x2_children',
       'x3_Rural', 'x3_Urban', 'x4_Unknown', 'x4_formerly smoked',
       'x4_never smoked', 'x4_smokes'], dtype=object)
```

- Assegnamo un nome più leggibile.

```
encoder.get_feature_names(X_train_cat.columns)
```

```
array(['gender_Female', 'gender_Male', 'ever_married_No',
       'ever_married_Yes', 'work_type_Govt_job', 'work_type_Never_worked',
       'work_type_Private', 'work_type_Self-employed',
       'work_type_children', 'Residence_type_Rural',
       'Residence_type_Urban', 'smoking_status_Unknown',
       'smoking_status_formerly smoked', 'smoking_status_never smoked',
       'smoking_status_smokes'], dtype=object)
```

- Osserviamo quindi cosa accade ai dati categorici dopo aver usato un **encoder**.

```
pd.DataFrame(
    encoder.transform(X_train_cat),
    columns=encoder.get_feature_names(X_train_cat.columns)
).head(5)
```

	gender_Female	gender_Male	ever_married_No	ever_married_Yes	work_type_
0	1.0	0.0	0.0	1.0	
1	1.0	0.0	0.0	1.0	
2	0.0	1.0	1.0	0.0	
3	0.0	1.0	0.0	1.0	
4	1.0	0.0	1.0	0.0	

Addestramento sul Primo Modello

- Dopo aver studiato i dati proviamo il primo modello.
- Utilizzo subito una **Pipeline** per migliorare la leggibilità e compattare il codice.
  - Usiamo anche il filtro **ColumnTrasformer** per indicare come trattare i miei dati.
  - Otteniamo così un singolo oggetto contenente il modello e i filtri da usare sui dati.
    - Come visto precedentemente utilizzo un **encoder**.
- Per iniziare utilizziamo un **Perceptron**.

```
from sklearn.pipeline import Pipeline
from sklearn.linear_model import Perceptron


from sklearn.compose import ColumnTransformer


preprocessor = ColumnTransformer([
    ("numeric"    , "passthrough" , numeric_vars    ),
    ("categorical", OneHotEncoder() , categorical_vars)
])
model = Pipeline([
    ("preproc", preprocessor),
    ("perceptron" , Perceptron(n_jobs=-1, random_state=42))
])
```

- Addestriamo il modello.

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

```
Pipeline(memory=None,
         steps=[('preproc',
                 ColumnTransformer(n_jobs=None, remainder='drop',
                                   sparse_threshold=0.3,
                                   transformer_weights=None,
                                   transformers=[('numeric', 'passthrough',
                                                  ['age', 'hypertension',
                                                   'heart_disease',
                                                   'avg_glucose_level',
                                                   'bmi']),
                                                 ('categorical',
                                                  OneHotEncoder(categories=
                                                                drop=None,
                                                                dtype=<clas
                                                                handle_unkn
                                                                spar...
                                                  ['gender', 'ever_married'
                                                   'work_type',
                                                   'Residence_type',
                                                   'smoking_status'])],
                                   verbose=False)),
                ('perceptron',
                 Perceptron(alpha=0.0001, class_weight=None,
                            early_stopping=False, eta0=1.0, fit_intercept=T
                            max_iter=1000, n_iter_no_change=5, n_jobs=-1,
                            penalty=None, random_state=42, shuffle=True,
                            tol=0.001, validation_fraction=0.1, verbose=0,
                            warm_start=False))],
         verbose=False)
```

- Osserviamo il punteggio ottenuto.

```
model.score(X_val, y_val)
```

```
0.9530516431924883
```

- Prima di analizzare il risultato ottenuto, ripeto subito il modello;
    - Questa volta inserisco anche *un metodo di standardizzazione per i dati numerici*: **StandardScaler**.

```
from sklearn.preprocessing import StandardScaler
```

```
preprocessor = ColumnTransformer([
    ("numeric"    , StandardScaler() , numeric_vars    ),
    ("categorical", OneHotEncoder() , categorical_vars)
])
model = Pipeline([
    ("preproc", preprocessor),
    ("perceptron" , Perceptron(n_jobs=-1, random_state=42))
])
```

- Addestro il modello sul training set.

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

```
Pipeline(memory=None,
         steps=[('preproc',
                 ColumnTransformer(n_jobs=None, remainder='drop',
                                   sparse_threshold=0.3,
                                   transformer_weights=None,
                                   transformers=[('numeric',
                                                  StandardScaler(copy=True,
                                                                 with_mean=
                                                                 with_std=T
                                                  ['age', 'hypertension',
                                                   'heart_disease',
                                                   'avg_glucose_level',
                                                   'bmi']),
                                                 ('categorical',
                                                  OneHotEncoder(categories=
                                                                drop=None,
                                                                dtype=<clas
                                                  ['gender', 'ever_married'
                                                   'work_type',
                                                   'Residence_type',
                                                   'smoking_status'])],
                                   verbose=False)),
                ('perceptron',
                 Perceptron(alpha=0.0001, class_weight=None,
                            early_stopping=False, eta0=1.0, fit_intercept=T
                            max_iter=1000, n_iter_no_change=5, n_jobs=-1,
                            penalty=None, random_state=42, shuffle=True,
                            tol=0.001, validation_fraction=0.1, verbose=0,
                            warm_start=False))],
         verbose=False)
```

- Stampo il punteggio ottenuto.

```
model.score(X_val, y_val)
```

```
0.8380281690140845
```

- Osserviamo anche la media delle variabili numeriche.

```
pd.Series(
    model.named_steps["preproc"].named_transformers_["numeric"].mean_,
    index=numeric_vars
)
```

```
age                  43.397827
hypertension          0.100411
heart_disease         0.054903
avg_glucose_level    106.547522
bmi                   28.863858
dtype: float64
```

- I Due modelli hanno ottenuto i seguenti punteggi:
    - Perceptron con standardizzazione dati numerici: circa 83%.
    - Perceptron senza standardizzazione dati numerici: circa 95%.
- In questo caso avendo standardizzato le features ho **peggiorato** il risultato.

- Solitamente questa operazione va a migliorare i modelli.

> **Ma nel mio caso mi ritrovo in un Dataset SBILANCIATO;**
> **Quindi il modello può aver avuto un Abbaglio,**
> **L'Accuratezza ottenuta è Sbagliata.**

Come gestire modelli Sbilanciati - **SMOTE**.

- Utilizziamo un metodo di **SMOTE**;
- Questo medodo mi crea dati fittizzi per il mio set di training.
- Grazie a questo metodo bilancio la mia classe.
    - Solitamente usando questo metodo, l'accuratezza migliora.

- Per il mio specifico caso importiamo la funzione **SMOTENC**, che equivale a SMOTE.
    - Aggiunge però funzioni per trattare dati sia numerici che categorici.
    - SMOTE Numerical-Categorical (SMOTE-NC)

```
from imblearn.over_sampling import SMOTENC
```

- Usiamo la funzione SmoteNC.
    - Gli passo l'indice delle colonne categoriche del mio set di dati.

```
smt = SMOTENC(categorical_features=[0,4,5,6,9])
```

- E la **applico alle variabili di Training.**

```
X_train_sm, y_train_sm = smt.fit_resample(X_train, y_train)
```

- Stampo la nuova composizione dele variabili di training.

```
X_train_sm.shape, y_train_sm.shape
```

```
((6472, 10), (6472,))
```

- Osserviamo la composizione della variabile da predire *y [stroke]*.
    - Ora il mio dataset è completamente **Bilanciato**
    - Abbiamo la stesso numero di casi.

```
pd.DataFrame(y_train_sm)[0].value_counts()
```

```
1    3236
0    3236
Name: 0, dtype: int64
```

1° caso: Perceptron.

- Riscrivo il modello precedente (**Perceptron**).
- Questa volta utilizzo i miei dati dopo aver applicato la tecnica di SMOTE sul validation set.

```
preprocessor = ColumnTransformer([
    ("numeric"    , StandardScaler() , numeric_vars    ),
    ("categorical", OneHotEncoder() , categorical_vars)
])
model_p = Pipeline([
    ("preproc", preprocessor),
    ("perceptron" , Perceptron(n_jobs=-1, random_state=42))
])
```

- Addestriamo il modello

```
#trasformo X_train Smoted in pd Dataframe
X_train_sm = pd.DataFrame(X_train_sm, columns=X_train.columns)
X_train_sm.head(1)
```

	gender	age	hypertension	heart_disease	ever_married	work_type	Resider
0	Female	80	0	1	Yes	Self-employed	

```
model_p.fit(X_train_sm, y_train_sm)
```

```
     Pipeline(memory=None,
              steps=[('preproc',
                      ColumnTransformer(n_jobs=None, remainder='drop',
                                        sparse_threshold=0.3,
                                        transformer_weights=None,
                                        transformers=[('numeric',
                                                       StandardScaler(copy=True,
                                                                      with_mean=
                                                                      with_std=T
                                                       ['age', 'hypertension',
                                                        'heart_disease',
                                                        'avg_glucose_level',
                                                        'bmi']),
                                                      ('categorical',
                                                       OneHotEncoder(categories=
                                                                     drop=None,
                                                                     dtype=<clas
                                                       ['gender', 'ever_married'
                                                        'work_type',
                                                        'Residence_type',
                                                        'smoking_status'])],
                                        verbose=False)),
                     ('perceptron',
                      Perceptron(alpha=0.0001, class_weight=None,
                                 early_stopping=False, eta0=1.0, fit_intercept=T
                                 max_iter=1000, n_iter_no_change=5, n_jobs=-1,
                                 penalty=None, random_state=42, shuffle=True,
                                 tol=0.001, validation_fraction=0.1, verbose=0,
                                 warm_start=False))],
              verbose=False)
```

- Osserviamo che anche i pesi delle variabili numeriche sono cambiati.

```
pd.Series(
    model_p.named_steps["preproc"].named_transformers_["numeric"].mean_,
    index=numeric_vars
)
```

```
age                  55.509491
hypertension          0.189741
heart_disease         0.126118
avg_glucose_level    120.157932
bmi                   29.530488
dtype: float64
```

- Infine stampiamo l'accuratezza del modello.
    - Notiamo che il risultato è più scarso dei precedenti.
        - Avendo usato una tecnica di *Smote* l'accuratezza è diminuita.
    - Ma siamo sicuri che **ora il modello è più veritiero**.

```
model_p.score(X_val, y_val)
```

```
0.7353286384976526
```

2° caso: **LogisticRegression**

- Osserviamo se con una Logistic Regression si ottengono migliori risultati.
- Addestriamo quindi un nuovo modello.

```
from sklearn.linear_model import LogisticRegression
```

```
preprocessor = ColumnTransformer([
    ("numeric"    , StandardScaler() , numeric_vars    ),
    ("categorical", OneHotEncoder() , categorical_vars)
])
model_lr = Pipeline([
    ("preproc", preprocessor),
    ("logreg",  LogisticRegression(random_state=42))
])
```

```
model_lr.fit(X_train_sm, y_train_sm)
```

```
Pipeline(memory=None,
         steps=[('preproc',
                 ColumnTransformer(n_jobs=None, remainder='drop',
                                   sparse_threshold=0.3,
                                   transformer_weights=None,
                                   transformers=[('numeric',
                                                  StandardScaler(copy=True,
                                                                 with_mean=
                                                                 with_std=T
                                                  ['age', 'hypertension',
                                                   'heart_disease',
                                                   'avg_glucose_level',
                                                   'bmi']),
                                                 ('categorical',
                                                  OneHotEncoder(categories=
                                                                drop=None,
                                                                dtype=<clas
                                                  ['gender', 'ever_married'
                                                   'work_type',
                                                   'Residence_type',
                                                   'smoking_status'])],
                                   verbose=False)),
                ('logreg',
                 LogisticRegression(C=1.0, class_weight=None, dual=False,
                                    fit_intercept=True, intercept_scaling=1
                                    l1_ratio=None, max_iter=100,
                                    multi_class='auto', n_jobs=None,
                                    penalty='l2', random_state=42,
                                    solver='lbfgs', tol=0.0001, verbose=0,
                                    warm_start=False))],
         verbose=False)
```

- Osserviamo l'accuratezza.
    - Si nota che l'accuratezza del modello non è molto migliorata rispetto a prima.

```
model_lr.score(X_val, y_val)
```

```
0.7623239436619719
```

- Usiamo altri modi per visualizzare l'accuratezza del modello:
    - Confrontando le classi predette da un classificatore su un set di dati con quelle reali, possiamo ottenere una ***matrice di confusione***
    - Ogni cella in riga i e colonna j indica quanti esempi della classe i-esima sono stati etichettati dal classificatore come di classe j-esima
    - lungo la diagonale (i=j) abbiamo quindi le quantità di classificazioni corrette, al di fuori abbiamo invece le quantità di errori

```
from sklearn.metrics import confusion_matrix
```

```
y_pred = model_lr.predict(X_val)      # effettuiamo predizioni sul validation se
cm = confusion_matrix(y_val, y_pred)  # matrice di confusione
```

```
pd.DataFrame(cm, columns=model_lr.named_steps["logreg"].classes_, index=model_lr
```

	0	1
0	1249	376
1	29	50

- Verifichiamo anche **Precision, Recall e F1 Score**.
    - La **precision** indica la percentuale di esempi classificati come "Stroke" che sono realmente tali.
    - La **recall** indica la percentuale di esempi realmente di classe "Stroke" che sono stati rilevati essere tali dal modello.
    - lo **score F1** è la media armonica tra i due indicatori precedenti:

$$F_1 = \frac{2 \cdot P \cdot R}{P + R}$$

```
from sklearn.metrics import  precision_score, recall_score, f1_score
```

- Precision

```
precision_score(y_val, y_pred, average = None)
```

```
array([0.97730829, 0.11737089])
```

- Recall

```
recall_score(y_val, y_pred, average = None)
```

```
array([0.76861538, 0.63291139])
```

- F1 Score

```
f1_score(y_val, y_pred, average = None)
```

```
array([0.86048915, 0.1980198 ])
```

Regolarizzazione L2.

- Ora proviamo a regolarizzare sempre attraverso la LogisticRegression;
- Usiamo il parametro solver = 'Saga' per usare la Regolarizzazione.
- Se non specifico nulla, di default si ha la regolarizzazione **L2**.

```
model_lrl2 = Pipeline([
    ("preproc", preprocessor),
    ("logreg", LogisticRegression(solver="saga", random_state=42, C=1000))   # C
])
model_lrl2.fit(X_train_sm, y_train_sm)
```

```
Pipeline(memory=None,
         steps=[('preproc',
                 ColumnTransformer(n_jobs=None, remainder='drop',
                                   sparse_threshold=0.3,
                                   transformer_weights=None,
                                   transformers=[('numeric',
                                                  StandardScaler(copy=True,
                                                                 with_mean=
                                                                 with_std=T
                                                  ['age', 'hypertension',
                                                   'heart_disease',
                                                   'avg_glucose_level',
                                                   'bmi']),
                                                 ('categorical',
                                                  OneHotEncoder(categories=
                                                                drop=None,
                                                                dtype=<clas
                                                  ['gender', 'ever_married'
                                                   'work_type',
                                                   'Residence_type',
                                                   'smoking_status'])],
                                   verbose=False)),
                ('logreg',
                 LogisticRegression(C=1000, class_weight=None, dual=False,
                                    fit_intercept=True, intercept_scaling=1
                                    l1_ratio=None, max_iter=100,
                                    multi_class='auto', n_jobs=None,
                                    penalty='l2', random_state=42,
                                    solver='saga', tol=0.0001, verbose=0,
                                    warm_start=False))],
         verbose=False)
```

```
model_lrl2.score(X_val, y_val)
```

```
0.7623239436619719
```

Regolarizzazione L1.

- Abbiamo notato che l'accuratezza non è cambiata.
- Proviamo a farlo con regolarizzazione L1. (**Lasso**)

```
model_lrl1 = Pipeline([
                      ("preproc", preprocessor),
                      ("logreg", LogisticRegression(solver="saga", random_state
])
model_lrl1.fit(X_train_sm, y_train_sm)
```

```
Pipeline(memory=None,
         steps=[('preproc',
                 ColumnTransformer(n_jobs=None, remainder='drop',
                                   sparse_threshold=0.3,
                                   transformer_weights=None,
                                   transformers=[('numeric',
                                                  StandardScaler(copy=True,
                                                                 with_mean=
                                                                 with_std=T
                                                  ['age', 'hypertension',
                                                   'heart_disease',
                                                   'avg_glucose_level',
                                                   'bmi']),
                                                 ('categorical',
                                                  OneHotEncoder(categories=
                                                                drop=None,
                                                                dtype=<clas
                                                  ['gender', 'ever_married'
                                                   'work_type',
                                                   'Residence_type',
                                                   'smoking_status'])],
                                   verbose=False)),
                ('logreg',
                 LogisticRegression(C=0.01, class_weight=None, dual=False,
                                    fit_intercept=True, intercept_scaling=1
                                    l1_ratio=None, max_iter=100,
                                    multi_class='auto', n_jobs=None,
                                    penalty='l1', random_state=42,
                                    solver='saga', tol=0.0001, verbose=0,
                                    warm_start=False))],
         verbose=False)
```

```
model_lrl1.score(X_val, y_val)
```

```
0.7482394366197183
```

- L'accuratezzaa è diminuita.

Regolarizzazione L1+L2 .

- Proviamo adesso usando sia la regolarizzazione L1 che L2. (**ElasticNet**)

```
model_en = Pipeline([
                      ("preproc", preprocessor),
                      ("logreg", LogisticRegression(solver="saga", random_state
])
model_en.fit(X_train_sm, y_train_sm)
```

```
Pipeline(memory=None,
         steps=[('preproc',
                 ColumnTransformer(n_jobs=None, remainder='drop',
                                   sparse_threshold=0.3,
                                   transformer_weights=None,
                                   transformers=[('numeric',
                                                  StandardScaler(copy=True,
                                                                 with_mean=
                                                                 with_std=T
                                                  ['age', 'hypertension',
                                                   'heart_disease',
                                                   'avg_glucose_level',
                                                   'bmi']),
                                                 ('categorical',
                                                  OneHotEncoder(categories=
                                                                drop=None,
                                                                dtype=<clas
                                                  ['gender', 'ever_married'
                                                   'work_type',
                                                   'Residence_type',
                                                   'smoking_status'])],
                                   verbose=False)),
                ('logreg',
                 LogisticRegression(C=10000, class_weight=None, dual=False,
                                    fit_intercept=True, intercept_scaling=1
                                    l1_ratio=0.01, max_iter=100,
                                    multi_class='auto', n_jobs=None,
                                    penalty='elasticnet', random_state=42,
                                    solver='saga', tol=0.0001, verbose=0,
                                    warm_start=False))],
         verbose=False)
```

```
model_en.score(X_val, y_val)
```

```
0.7623239436619719
```

- L'accuratezza è uguale al modello con regolarizzazione L2.

K-Cross e Grid Search I

- Ora che abbiamo visto alcuni modelli, si può utilizzare la k-cross validation insieme alla grid search per trovare i migliori iperparametri dato un modello iniziale.
- Per dividere i Fold creiamo sia uno splitter **KFold** sia uno **StratifiedKFold** con stessi parametri (3 fold).
    - StratifiedKFold è una variante di KFold che garantisce uguale distribuzione delle classi tra un fold e l'altro.

```
from sklearn.model_selection import KFold, StratifiedKFold, GridSearchCV
from sklearn.preprocessing import PolynomialFeatures


kf = KFold(3, shuffle=True, random_state=42)
skf = StratifiedKFold(3, shuffle=True, random_state=42)
```

- Osserviamo le differenze.

```
# KFold
for train, val in kf.split(X_train_sm, y_train_sm):
    print(pd.DataFrame(y_train_sm).iloc[val].value_counts())
```

```
0    1102
1    1056
dtype: int64
1    1104
0    1053
dtype: int64
0    1081
1    1076
dtype: int64
```

```
# StratifiedKFold
for train, val in skf.split(X_train_sm, y_train_sm):
    print(pd.DataFrame(y_train_sm).iloc[val].value_counts())
```

```
1    1079
0    1079
dtype: int64
0    1079
1    1078
dtype: int64
1    1079
0    1078
dtype: int64
```

- D'ora in poi per testare i miei modelli utilizzerò solamente skf -> **StatifiedKFold**

Logistic Regression

```
model = Pipeline([
    ("preproc", ColumnTransformer([
        ("numeric", PolynomialFeatures(include_bias=False), numeric_vars),
        ("categorical", OneHotEncoder(), categorical_vars)
    ])),
    ("logreg" , LogisticRegression(solver="saga"))
])
grid = {
    "preproc__numeric__degree": [1, 2, 3],
    "logreg__C": [0.01, 1, 100]
}
gs = GridSearchCV(model, grid, cv=skf)
gs.fit(X_train_sm, y_train_sm)
```

```
GridSearchCV(cv=StratifiedKFold(n_splits=3, random_state=42, shuffle=True),
             error_score=nan,
             estimator=Pipeline(memory=None,
                                steps=[('preproc',
                                        ColumnTransformer(n_jobs=None,
                                                          remainder='drop',
                                                          sparse_threshold=
                                                          transformer_weigh
                                                          transformers=[('n
                                                                         Po



                                                                         ['
                                                                          '
                                                           intercept_scalin
                                                           l1_ratio=None,
                                                           max_iter=100,
                                                           multi_class='aut
                                                           n_jobs=None,
                                                           penalty='l2',
                                                           random_state=Non
                                                           solver='saga',
                                                           tol=0.0001,
                                                           verbose=0,
                                                           warm_start=False
                                        verbose=False),
             iid='deprecated', n_jobs=None,
             param_grid={'logreg__C': [0.01, 1, 100],
                         'preproc__numeric__degree': [1, 2, 3]},
             pre_dispatch='2*n_jobs', refit=True, return_train_score=False,
             scoring=None, verbose=0)
```

- Stampiamo i migliori iperparametri.

```
gs.best_params_
```

```
{'logreg__C': 1, 'preproc__numeric__degree': 1}
```

- Stampiamo anche il punteggio.

```
gs.score(X_val, y_val)
```

```
0.7124413145539906
```

Logistic Regression + PolynomialFeatures

- Ripetiamo il modello precedente andando però ad inserire anche un metodo di **PolynomialFeatures**

```
model = Pipeline([
    ("preproc", ColumnTransformer([
        ("numeric", Pipeline([
            ("scale", StandardScaler()),
            ("poly", PolynomialFeatures(include_bias=False))
        ]), numeric_vars),
        ("categorical", OneHotEncoder(), categorical_vars)
    ])),
    ("logreg" , LogisticRegression(solver="saga"))
])
grid = {
    "preproc__numeric__poly__degree": [1, 2, 3],
    "logreg__C": [0.01, 1, 100]
}
gs = GridSearchCV(model, grid, cv=skf)
gs.fit(X_train_sm, y_train_sm)
```

```
     GridSearchCV(cv=StratifiedKFold(n_splits=3, random_state=42, shuffle=True),
                  error_score=nan,
                  estimator=Pipeline(memory=None,
                                     steps=[('preproc',
                                             ColumnTransformer(n_jobs=None,
                                                               remainder='drop',
                                                               sparse_threshold=
                                                               transformer_weigh
                                                               transformers=[('n
                                                                              Pi
                                                                              l1_ratio=None,
                                                                              max_iter=100,
                                                                              multi_class='aut
                                                                              n_jobs=None,
                                                                              penalty='l2',
                                                                              random_state=Non
                                                                              solver='saga',
                                                                              tol=0.0001,
                                                                              verbose=0,
                                                                              warm_start=False
                                     verbose=False),
                  iid='deprecated', n_jobs=None,
                  param_grid={'logreg__C': [0.01, 1, 100],
                              'preproc__numeric__poly__degree': [1, 2, 3]},
                  pre_dispatch='2*n_jobs', refit=True, return_train_score=False,
                  scoring=None, verbose=0)
```

- Osservo i parametri migliori.

```
gs.best_params_
```

```
{'logreg__C': 100, 'preproc__numeric__poly__degree': 2}
```

- E lo score ottenuto.

```
gs.score(X_val, y_val)
```

```
0.8403755868544601
```

- Osserviamo in un Dataframe i **migliori 15 modelli** della LogisticRegression stampandone i dati.

```
pd.DataFrame(gs.cv_results_).sort_values("rank_test_score").head(15)
```

	mean_fit_time	std_fit_time	mean_score_time	std_score_time	param_logre
7	0.249671	0.006063	0.010482	0.000296	
4	0.260683	0.008539	0.009537	0.001182	
8	0.407180	0.007434	0.009879	0.000973	
5	0.403105	0.004625	0.009682	0.000910	
2	0.410740	0.002658	0.012479	0.004064	
1	0.145908	0.009938	0.009237	0.001149	
3	0.181655	0.002981	0.008549	0.001009	
6	0.184605	0.001125	0.007808	0.000061	
0	0.062086	0.001281	0.016160	0.006995	

- Stampo anche la matrice di confusione.

```
cm = confusion_matrix(y_val, y_pred)
pd.DataFrame(cm, columns = gs.classes_, index = gs.classes_) #Matrice di confusi
```

	0	1
0	1249	376
1	29	50

Alberi - Decision Tree Classifier

- Osserviamo il comportamento di un DecisionTree Classifier.
- Per osservare il comportamento lo **testo sul X train numerico**.

- Eseguiamo gli import.
- Definiamo il modello.
- Addestro il modello.

```
from sklearn.tree import DecisionTreeClassifier
model_dt = DecisionTreeClassifier(max_depth=5, random_state=42)
model_dt.fit(X_train_num, y_train);
```

- osserviamo la **composizione dell'albero.**

```
from sklearn.tree import export_text
print(export_text(model_dt, feature_names=numeric_vars))
```

```
|--- age <= 67.50
|   |--- age <= 44.50
|   |   |--- age <= 37.50
|   |   |   |--- avg_glucose_level <= 57.93
|   |   |   |   |--- avg_glucose_level <= 57.92
|   |   |   |   |   |--- class: 0
|   |   |   |   |--- avg_glucose_level >  57.92
|   |   |   |   |   |--- class: 1
|   |   |   |--- avg_glucose_level >  57.93
|   |   |   |   |--- age <= 1.50
|   |   |   |   |   |--- class: 0
|   |   |   |   |--- age >  1.50
|   |   |   |   |   |--- class: 0
|   |   |--- age >  37.50
|   |   |   |--- bmi <= 26.35
|   |   |   |   |--- bmi <= 26.20
|   |   |   |   |   |--- class: 0
|   |   |   |   |--- bmi >  26.20
|   |   |   |   |   |--- class: 0
```

```
|   |   |   |--- bmi >  26.35
|   |   |   |   |--- bmi <= 45.60
|   |   |   |   |   |--- class: 0
|   |   |   |   |--- bmi >  45.60
|   |   |   |   |   |--- class: 0
|   |--- age >  44.50
|   |   |--- heart_disease <= 0.50
|   |   |   |--- bmi <= 27.65
|   |   |   |   |--- avg_glucose_level <= 211.45
|   |   |   |   |   |--- class: 0
|   |   |   |   |--- avg_glucose_level >  211.45
|   |   |   |   |   |--- class: 0
|   |   |   |--- bmi >  27.65
|   |   |   |   |--- bmi <= 28.55
|   |   |   |   |   |--- class: 0
|   |   |   |   |--- bmi >  28.55
|   |   |   |   |   |--- class: 0
|   |   |--- heart_disease >  0.50
|   |   |   |--- avg_glucose_level <= 110.75
|   |   |   |   |--- class: 0
|   |   |   |--- avg_glucose_level >  110.75
|   |   |   |   |--- avg_glucose_level <= 122.20
|   |   |   |   |   |--- class: 1
|   |   |   |   |--- avg_glucose_level >  122.20
|   |   |   |   |   |--- class: 0
|---- age >  67.50
|   |--- bmi <= 44.85
|   |   |--- avg_glucose_level <= 162.04
|   |   |   |--- bmi <= 25.85
|   |   |   |   |--- age <= 77.50
|   |   |   |   |   |--- class: 0
|   |   |   |   |--- age >  77.50
|   |   |   |   |   |--- class: 0
|   |   |   |--- bmi >  25.85
|   |   |   |   |--- age <= 75.50
|   |   |   |   |   |--- class: 0
|   |   |   |   |--- age >  75.50
|   |   |   |   |   |--- class: 0
|   |   |--- avg_glucose_level >  162.04
|   |   |   |--- avg_glucose_level <= 200.66
|   |   |   |   |--- age <= 81.50
```

- Stampiamo anche il **Numero Foglie**

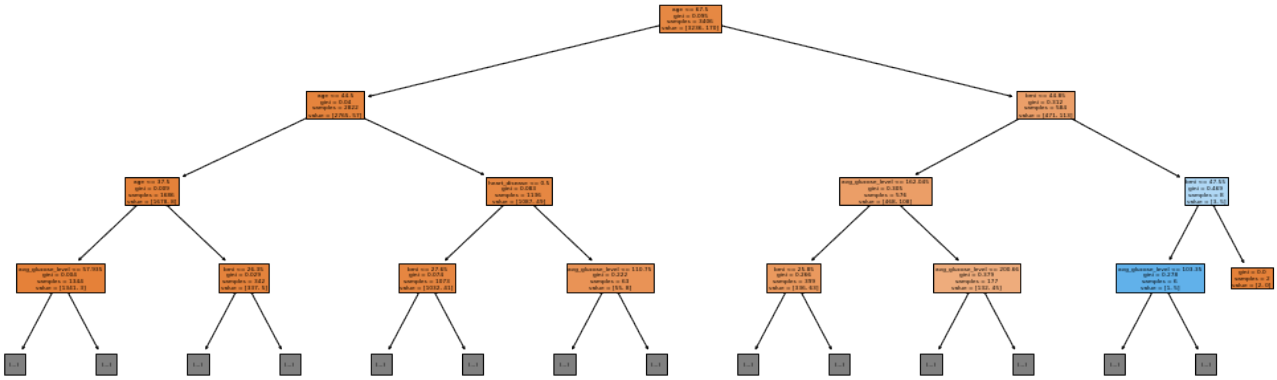
```
model_dt.get_n_leaves()
```

```
27
```

- Disegnamo con classe **plot_tree** l'albero del modello appena ottenuto.

```
from sklearn.tree import plot_tree
```

```
plt.figure(figsize=(18, 6))
plot_tree(model_dt, feature_names=numeric_vars, max_depth=3, filled=True);
```



- Stampiamo il punteggio del modello.
    - Sia sulle variabili di training numeriche.
    - Sia sulle variabili di validation numeriche.

```
model_dt.score(X_train_num, y_train)
```

```
0.9530240751614797
```

```
X_val_cat = X_val[categorical_vars]
X_val_num = X_val[numeric_vars]
```

```
model_dt.score(X_val_num, y_val)
```

```
0.9530516431924883
```

K-Cross e Grid Search II

Decision Tree

- Aggiungiamo ad un modello **Decision Tree** una **grid search** su **SkF**.
- Addestriamo i modelli.

```
model_dt = Pipeline([
    ("preproc", ColumnTransformer([
        ("numeric", ..., numeric_vars),
        ("categorical", OneHotEncoder(), categorical_vars)
    ])),
    ("tree", DecisionTreeClassifier(random_state=42))
])
grid_dt = {
    "preproc__numeric": ["drop", "passthrough"],
    "tree__max_depth": [5, 10, None],
    "tree__min_samples_split": [2, 50, 100]
}
gs_dt = GridSearchCV(model_dt, grid_dt, cv=skf)
gs_dt.fit(X_train_sm, y_train_sm)
```

```
GridSearchCV(cv=StratifiedKFold(n_splits=3, random_state=42, shuffle=True),
             error_score=nan,
             estimator=Pipeline(memory=None,
                                steps=[('preproc',
                                        ColumnTransformer(n_jobs=None,
                                                          remainder='drop',
                                                          sparse_threshold=
                                                          transformer_weigh
                                                          transformers=[('n
                                                                         El
                                                                         ['
                                                                          '
                                                                          '
                                                                          '
                                                                          '
                                                                        ('c
                                                                         On
                                                              min_samples_
                                                              min_weight_f
                                                              presort='dep
                                                              random_state
                                                              splitter='be
                                       verbose=False),
             iid='deprecated', n_jobs=None,
             param_grid={'preproc__numeric': ['drop', 'passthrough'],
                         'tree__max_depth': [5, 10, None],
                         'tree__min_samples_split': [2, 50, 100]},
             pre_dispatch='2*n_jobs', refit=True, return_train_score=False,
             scoring=None, verbose=0)
```

- Stampiamo i parametri del miglior modello ottenuto.

```
gs_dt.best_params_
```

```
{'preproc__numeric': 'passthrough',
 'tree__max_depth': None,
 'tree__min_samples_split': 2}
```

- Stampiamo anche il punteggio del miglior modello.

```
gs_dt.score(X_val, y_val)
```

```
0.8838028169014085
```

- Siamo arrivati ad ottenere un punteggio del **88% Tramite l'utilizzo di un Decision Tree.**

Random Forest

- Importiamo le librerie necessarie.

```
from sklearn.ensemble import RandomForestClassifier
import math
```

- Definiamo il modello e (ridefiniamo) i paramentri.

```
forest_model = Pipeline([
    ("preproc", ColumnTransformer([
        ("numeric", ..., numeric_vars),
        ("categorical", OneHotEncoder(), categorical_vars)
    ])),
    ("forest", RandomForestClassifier(n_jobs=-1, random_state=42))
])

forest_grid = {
             'preproc__numeric': ["drop", "passthrough"],
             'forest__n_estimators': range(5, 10),
             'forest__min_samples_split': range(2, 5),
             'forest__max_depth': [None] + [i for i in range(1, 3)]
             }

gs_rf = GridSearchCV(forest_model, forest_grid, cv=skf)
gs_rf.fit(X_train_sm, y_train_sm)
```

```
     GridSearchCV(cv=StratifiedKFold(n_splits=3, random_state=42, shuffle=True),
                  error_score=nan,
                  estimator=Pipeline(memory=None,
                                     steps=[('preproc',
                                             ColumnTransformer(n_jobs=None,
                                                               remainder='drop',
                                                               sparse_threshold=
                                                               transformer_weigh
                                                               transformers=[('n
                                                                              El
                                                                              ['
                                                                               '
                                                                               '
                                                                               '
                                                                               '
                                                                              ('c
                                                                               On
                                                                    n_jobs=-1,
                                                                    oob_score=Fa
                                                                    random_state
                                                                    verbose=0,
                                                                    warm_start=F
                                     verbose=False),
                  iid='deprecated', n_jobs=None,
                  param_grid={'forest__max_depth': [None, 1, 2],
                              'forest__min_samples_split': range(2, 5),
                              'forest__n_estimators': range(5, 10),
                              'preproc__numeric': ['drop', 'passthrough']},
                  pre_dispatch='2*n_jobs', refit=True, return_train_score=False,
                  scoring=None, verbose=0)
```

- Stampiamo i parametri del miglior modello ottenuto.

```
gs_rf.best_params_
```

```
{'forest__max_depth': None,
 'forest__min_samples_split': 4,
 'forest__n_estimators': 9,
 'preproc__numeric': 'passthrough'}
```

- Ed il suo punteggio.

```
gs_rf.score(X_val, y_val)
```

```
0.9043427230046949
```

XGB

- Definiamo gli import necessari

```
from xgboost import XGBClassifier
from sklearn.preprocessing import StandardScaler
from sklearn.pipeline import Pipeline
```

- Defiamo il modello e i parametri.

```
std_xgb = Pipeline([
    ("preproc", ColumnTransformer([
        ("numeric", ..., numeric_vars),
        ("categorical", OneHotEncoder(), categorical_vars)
    ])),
    ('xgb', XGBClassifier(nthread=8, objective='binary:logistic'))
])

parameters = {
    'preproc__numeric': ["drop", "passthrough"],
    'xgb__eta': [0.002, 0.1, 0.5],
    'xgb__max_depth': [6],
    'xgb__n_estimators': [150, 300],
    'xgb__alpha': [0.0001, 0.001]
}

xgb_gs = GridSearchCV(std_xgb, parameters, cv=skf)
xgb_gs.fit(X_train_sm, y_train_sm)
```

```
GridSearchCV(cv=StratifiedKFold(n_splits=3, random_state=42, shuffle=True),
             error_score=nan,
             estimator=Pipeline(memory=None,
                                steps=[('preproc',
                                        ColumnTransformer(n_jobs=None,
                                                          remainder='drop',
                                                          sparse_threshold=
                                                          transformer_weigh
                                                          transformers=[('n
                                                                         El
                                                                         ['
                                                                          '
                                                                          '
                                                                          '
                                                                          '
                                                                        ('c
                                                                         On
                                                    scale_pos_weight=1,
                                                    seed=None, silent=Non
                                                    subsample=1,
                                                    verbosity=1))],
                                verbose=False),
             iid='deprecated', n_jobs=None,
             param_grid={'preproc__numeric': ['drop', 'passthrough'],
                         'xgb__alpha': [0.0001, 0.001],
                         'xgb__eta': [0.002, 0.1, 0.5], 'xgb__max_depth': [
                         'xgb__n_estimators': [150, 300]},
             pre_dispatch='2*n_jobs', refit=True, return_train_score=False,
             scoring=None, verbose=0)
```

- Stampiamo i parametri del migliore ottenuto.

```
xgb_gs.best_params_
```

```
{'preproc__numeric': 'passthrough',
 'xgb__alpha': 0.0001,
 'xgb__eta': 0.002,
 'xgb__max_depth': 6,
 'xgb__n_estimators': 300}
```

- Stampiamo anche il suo punteggio.

```
xgb_gs.score(X_val, y_val)
```

```
0.937206572769953
```

Valutazione dei Modelli con calcolo degli Intervalli di confidenza fissati al 95%

- Creo la funzione per Calcolare l'intervallo di Confidenza al 95%.

```
def conf_interval(a, N, Z=1.96): # 1 - = 0.95 ( =0.05), Z = 1.96
  c = (2 * N * a + Z**2) / (2 * (N + Z**2))
  d = Z * np.sqrt(Z**2 + 4*N*a - 4*N*a**2) / (2 * (N + Z**2))
  return c - d, c + d
```

```
from scipy.stats import norm
def model_conf_interval(model, X, y, level=0.95):
  a = model if type(model) == float else model.score(X, y)
  N = len(X)
  Z = norm.ppf((1 + level) / 2)
  return conf_interval(a, N, Z)
```

- Stampo tutti gli intervalli di confidenza dei precedenti modelli.

```
model_conf_interval(model_p, X_val, y_val)#perceptron
```

```
(0.7138698789209629, 0.755728745622208)
```

```
model_conf_interval(model_en, X_val, y_val)#elastic net
```

```
(0.7415375770248268, 0.7819302164185581)
```

```
model_conf_interval(gs, X_val, y_val)#Logistic Regression con Grid
```

```
    (0.822222679125673, 0.8569972765726788)
```

```
model_conf_interval(gs_dt, X_val, y_val)# DecisionTree con Grid
```

```
    (0.8677165608364834, 0.8981624926578649)
```

```
model_conf_interval(gs_rf, X_val, y_val)# Random Forest con Grid
```

```
    (0.8894543967934043, 0.9174120678206721)
```

```
model_conf_interval(xgb_gs, X_val, y_val)# XGB con Grid
```

```
    (0.9246758796331986, 0.9477704427724427)
```

- Si può osservare che l'intervallo di confidenza migliore si ottiene con il modello: **XGB**

Analisi del miglior Modello

- Prima proviamo velocemente l'accuratezza di un modello casuale, tramite **DummyClassifier**.

```
from sklearn.dummy import DummyClassifier
```

```
random = DummyClassifier(strategy="uniform", random_state=42)
random.fit(X_train_sm, y_train_sm)
```

```
random.score(X_val, y_val)
```

```
    0.4988262910798122
```

- Naturalmente **tutti i precedenti** sono **migliori** di un Modello Casuale.

Detto ciò, analizzo il mio dataset:
Come è facile da capire il Dataset è molto complesso da prevedere.

- Tratta un argomento molto delicato, che segna la morte di 240mila persone solo in Italia.
- Purtroppo ad oggi nessuno sa da cosa sia causato e come lo si possa evitare.
- Ad oggi anche avendo uno stile di vita sano e con l'utilizzo di farmaci non riusciamo ad evitare il problema.
- Con questo Progetto ho voluto cercare il miglior modello che meglio poteva categorizzare la situazione;
  Questi modelli analizzavano le diverse feature e, decidendone la loro importanza,prendevano una decisione di classificazione (1/0).
- Il risultato che ho ottenuto può essere cosiderato molto Buono in confronto al Problema.

- Osseviamo anche il punteggio proveniente dai dati, ottenuto dai 2 migliori modelli trovati.

Dunque i migliori modelli sono **XGB** e **Random Forest**.

- Osserviamo la predizione con una Matrice di Confusione, Score, Precision, Recall, F1 score.

```
y_pred = gs_rf.predict(X_val)
cm = confusion_matrix(y_val, y_pred)
print("RANDOM FOREST")
pd.DataFrame(cm, columns = gs_rf.classes_, index = gs_rf.classes_) #Matrice di c
```

```
RANDOM FOREST
```

	0	1
0	1526	99
1	64	15

```
print ("Random Forest:",
       "\nScore: \t\t", gs_rf.score(X_val, y_val),
       "\nPrecision score:", precision_score(y_val, y_pred, average=None),
       "\nRecall score: \t", recall_score(y_val, y_pred, average=None),
       "\nF1 score: \t", f1_score(y_val, y_pred, average=None),
       "\nF1 mean: \t", f1_score(y_val, y_pred, average="macro"))
```

```
Random Forest:
Score:           0.9043427230046949
Precision score: [0.95974843 0.13157895]
Recall score:    [0.93907692 0.18987342]
F1 score:        [0.94930016 0.15544041]
F1 mean:         0.5523702850143837
```

- in confronto a...

```
y_pred = xgb_gs.predict(X_val)
cm = confusion_matrix(y_val, y_pred)
print("XGB")
pd.DataFrame(cm, columns = xgb_gs.classes_, index = xgb_gs.classes_) #Matrice di
```

```
XGB
```

	0	1
0	1589	36
1	71	8

```
print ("XGB:",
       "\nScore: \t\t", xgb_gs.score(X_val, y_val),
       "\nPrecision score:", precision_score(y_val, y_pred, average=None),
       "\nRecall score: \t", recall_score(y_val, y_pred, average=None),
       "\nF1 score: \t", f1_score(y_val, y_pred, average=None),
       "\nF1 mean: \t", f1_score(y_val, y_pred, average="macro"))
```

```
XGB:
Score:           0.937206572769953
Precision score: [0.95722892 0.18181818]
Recall score:    [0.97784615 0.10126582]
F1 score:        [0.9674277 0.1300813]
F1 mean:         0.5487545012436426
```

- Come visto prima, possiamo dire che **XGB** è in generale **il miglior modello** tra quelli testati;
- Possiamo, però, notare che anche se entrambi fanno fatica ad essere sicuri di categorizzare un Infarto Certo.
    - Random Forest ha categorizzato giustamente più Ictus come 1 (VeriPositivi).
    - Dunque i veri positivi vengono indovinati meglio da RandomForest.