

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE ALFENAS**

**JOÃO CARLOS PEREIRA ALVES**

**ALGORITMOS DE APRENDIZADO DE MÁQUINA APLICADOS NA PREVISÃO  
CLÍNICA DE PACIENTES COM INSUFICIÊNCIA CARDÍACA E UMA REVISÃO  
PARA DADOS LIMITADOS**

**ALFENAS/MG**

**2024**

**JOÃO CARLOS PEREIRA ALVES**

**ALGORITMOS DE APRENDIZADO DE MÁQUINA APLICADOS NA PREVISÃO  
CLÍNICA DE PACIENTES COM INSUFICIÊNCIA CARDÍACA E UMA REVISÃO  
PARA DADOS LIMITADOS**

Dissertação apresentada como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Estatística Aplicada e Biometria pela Universidade Federal de Alfenas. Área de concentração: Estatística Aplicada.

Orientador: Prof. Dr. Eric Batista Ferreira.

Coorientador: Prof. Dr. Iago Augusto de Carvalho.

**ALFENAS/MG**

**2024**

Sistema de Bibliotecas da Universidade Federal de Alfenas  
Biblioteca Central

Alves, João Carlos Pereira .

Algoritmos de aprendizado de máquina aplicados na previsão clínica de pacientes com insuficiência cardíaca e uma revisão para dados limitados / João Carlos Pereira Alves. - Alfenas, MG, 2024.

49 f. : il. -

Orientador(a): Eric Batista Ferreira.

Dissertação (Mestrado em Estatística Aplicada e Biometria) - Universidade Federal de Alfenas, Alfenas, MG, 2024.

Bibliografia.

1. Classificadores. 2. Escassez de dados. 3. Few-shot learning. 4. Seleção de variáveis. I. Ferreira, Eric Batista , orient. II. Título.

## JOÃO CARLOS PEREIRA ALVES

ALGORITMOS DE APRENDIZADO DE MÁQUINA APLICADOS NA PREVISÃO CLÍNICA DE PACIENTES COM INSUFICIÊNCIA CARDÍACA E UMA REVISÃO PARA DADOS LIMITADOS

O Presidente da banca examinadora abaixo assina a aprovação da Dissertação apresentada como parte dos requisitos para a obtenção do título de Mestre em Estatística Aplicada e Biometria pela Universidade Federal de Alfenas. Área de concentração: Estatística Aplicada e Biometria

Aprovada em: 8 de março de 2024.

Prof. Dr. Eric Batista Ferreira  
Presidente da Banca Examinadora  
Instituição: Universidade Federal de Alfenas - UNIFAL-MG

Prof. Dr. Anderson Luiz Ara Souza  
Instituição: Universidade Federal do Paraná - UFPR

Prof. Dr. Luiz Alberto Beijo  
Instituição: Universidade Federal de Alfenas - UNIFAL-MG

Prof. Dr. Iago Augusto de Carvalho  
Instituição: Universidade Federal de Alfenas - UNIFAL-MG



Documento assinado eletronicamente por **Eric Batista Ferreira, Presidente**, em 05/04/2024, às 17:02, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site [https://sei.unifal-mg.edu.br/sei/controlador\\_externo.php?acao=documento\\_conferir&id\\_orgao\\_acesso\\_externo=0](https://sei.unifal-mg.edu.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0), informando o código verificador **1207674** e o código CRC **6A0F6337**.

## AGRADECIMENTOS

Primeiramente, agradeço a Deus, que tornou possível a realização dos meus objetivos ao longo de todos os meus anos de estudo. À minha mulher, Lídia, pelo apoio constante, motivação e incentivo nos momentos mais desafiadores destes últimos anos. À minha mãe, Myrian, pelas orações e suporte durante toda a minha vida acadêmica. Ao meu irmão, Karlos Emanuel, pelo apoio incondicional ao longo de todo o período em que me dediquei a este trabalho. Ao professor Eric Ferreira, meu orientador, pela dedicação, amizade, conselhos e paciência com que guiou meu aprendizado. Ao professor Iago Carvalho, pelos conselhos, correções e ensinamentos que me permitiram alcançar um desempenho melhor. À UNIFAL-MG e ao Departamento de Estatística, essenciais na minha formação profissional. Por fim, agradeço a todos que, direta ou indiretamente, participaram do desenvolvimento deste trabalho de pesquisa, enriquecendo meu processo de aprendizado.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

## RESUMO

O uso do aprendizado de máquina na área da saúde representa uma revolução significativa nos métodos de diagnóstico e tratamento de doenças. Essa tecnologia aproveita a capacidade computacional avançada para identificar padrões complexos em dados médicos. Essa abordagem representa significativo o potencial de melhorar substancialmente a eficiência dos diagnósticos relacionados a doenças graves como o caso da Insuficiência Cardíaca Congestiva. No entanto, enfrenta-se um desafio contínuo nesta área: a aplicação efetiva de aprendizado de máquina em cenários de escassez de dados, isto é, em situações onde as amostras disponíveis são limitadas. Este desafio estimula o estudo do aprendizado de máquina com pequenas amostras, uma abordagem que busca adaptar e otimizar os modelos de aprendizado de máquina para funcionar eficientemente mesmo com um número restrito de dados. Esta dissertação, composta por uma coleção de artigos, explora aplicações de algoritmos de aprendizado de máquina na previsão clínica de pacientes com Insuficiência Cardíaca e a revisão de técnicas de aprendizado de máquina em cenários de poucos dados. O primeiro artigo apresenta uma aplicação prática que utiliza modelos de aprendizado de máquina para prever a sobrevivência e o tempo de internamento de pacientes com Insuficiência Cardíaca Congestiva, com enfoque nas variáveis mais significativas associadas aos fatores de risco e os resultados destacam o potencial dos modelos de aprendizado de máquina na previsão de desfechos clínicos em pacientes com ICC. O segundo artigo realiza uma análise teórica, investigando a aplicabilidade e eficácia de técnicas de aprendizado de máquina em contextos caracterizados pela escassez de dados. Este estudo destaca a importância dos modelos de aprendizado de máquina, técnicas como a seleção de variáveis, e o uso de dados médicos no campo do aprendizado de máquina, com contribuições na área da saúde, onde decisões baseadas em dados podem ter impactos consideráveis na vida dos pacientes.

Palavras-chave: Classificadores; Escassez de dados; Few-shot learning; Seleção de variáveis.

## **ABSTRACT**

The use of machine learning in the healthcare field represents a significant revolution in diagnostic and treatment methods for diseases. This technology harnesses advanced computational capability to identify complex patterns in medical data. This approach holds significant potential to substantially improve the efficiency of diagnoses related to serious illnesses such as Congestive Heart Failure. However, a continuous challenge in this area is the effective application of machine learning in data-scarce scenarios, i.e., situations where available samples are limited. This challenge stimulates the study of machine learning with small samples, an approach that seeks to adapt and optimize machine learning models to function efficiently even with a restricted number of data points. This dissertation, comprised of a collection of articles, explores applications of machine learning algorithms in the clinical prediction of patients with Heart Failure and reviews machine learning techniques in low-data scenarios. The first article presents a practical application using machine learning models to predict survival and hospitalization time for Congestive Heart Failure patients, focusing on the most significant variables associated with risk factors. The results highlight the potential of machine learning models in predicting clinical outcomes in patients with CHF. The second article conducts a theoretical analysis, investigating the applicability and effectiveness of machine learning techniques in contexts characterized by data scarcity. This study underscores the importance of machine learning models, techniques such as variable selection, and the use of medical data in the field of machine learning, with contributions to the healthcare sector, where data-driven decisions can have considerable impacts on patients' lives.

**Keywords:** Classifiers; Data scarcity; Few-shot learning; Variable selection.

## SUMÁRIO

<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO GERAL.....</b>	<b>9</b>
1.1	OBJETIVOS.....	11
<b>1.1.1</b>	<b>Objetivos gerais.....</b>	<b>11</b>
<b>1.1.2</b>	<b>Objetivos específicos.....</b>	<b>11</b>
1.2	ORGANIZAÇÃO DO DOCUMENTO.....	12
<b>2</b>	<b>PREVISÃO CLÍNICA DE PACIENTES COM ICC.....</b>	<b>13</b>
<b>3</b>	<b>APRENDIZAGEM DE MÁQUINA COM PEQUENAS AMOSTRAS.</b>	<b>30</b>
<b>4</b>	<b>CONSIDERAÇÕES FINAIS.....</b>	<b>48</b>
	<b>REFERÊNCIAS .....</b>	<b>49</b>

## 1 INTRODUÇÃO GERAL

A era digital trouxe consigo uma explosão de dados, gerando um vasto oceano de informações que, se adequadamente analisadas, podem revelar *insights* valiosos para praticamente todos os campos do conhecimento humano. A evolução da tecnologia da informação e a crescente disponibilidade de dados têm propiciado avanços significativos em várias áreas, incluindo a saúde. Nesse contexto, a Aprendizagem de Máquina (AM), que pode ser vista como subcampo da Inteligência Artificial (IA), desempenha um papel crucial neste desenvolvimento, oferecendo ferramentas poderosas para análise e interpretação de grandes volumes de dados.

A AM aplicada na área da saúde, em especial, representa uma revolução significativa no diagnóstico e tratamento de doenças, aproveitando a capacidade computacional para identificar padrões complexos. Este campo multidisciplinar da AM, com raízes em estatísticas, álgebra, processamento e análise de dados, oferece métodos para previsão de doenças, apoio à decisão clínica, personalização do tratamento, entre outras. Com o crescimento dos dados de saúde, impulsionado pela digitalização dos registros médicos de pacientes, o AM se torna uma ferramenta fundamental na medicina moderna, permitindo avanços significativos no diagnóstico e manejo de doenças, como doenças cardíacas, diabetes, câncer de mama, distúrbios da tireoide, entre outras (Shailaja; Seetharamulu; Jabbar, 2018).

Neste contexto, a aplicação da AM na previsão clínica de pacientes tem revelado resultados promissores, especialmente no campo da cardiologia, onde a insuficiência cardíaca congestiva (ICC) é uma condição preocupante, associada a um índice significativo de mortalidade. A ICC é uma doença crônica que afeta milhões de pessoas em todo o mundo, caracterizada pela incapacidade do coração de bombear sangue em quantidade suficiente para atender às demandas do corpo. Como consequência, o sangue pode se acumular nos pulmões, resultando em dificuldade respiratória e edema pulmonar, ou nos tecidos, levando ao desenvolvimento de edemas nas extremidades do corpo dos pacientes (UK, 2010).

A urgência por avanços no prognóstico e tratamento dessa síndrome motiva a busca por novas abordagens que possam auxiliar neste desafio. Dessa forma, uma estratégia promissora é utilizar dados médicos para treinar modelos de AM, capazes de antecipar a sobrevivência e o tempo de internação dos pacientes com ICC. Assim, tais modelos poderiam identificar pacientes com maior risco que enfrentar complicações graves ou morte, possibilitando intervenções preventivas e personalizadas (Jahmunah et al., 2019).

Entretanto, é crucial reconhecer que, embora em alguns casos haja abundância de dados na área da saúde, existem situações em que a quantidade de dados disponíveis é intrinsecamente limitada. Observações notáveis incluem doenças raras, condições médicas específicas com baixa prevalência, ou cenários clínicos emergentes, como o surgimento de novos vírus, no qual os dados acumulados são ainda escassos (Dingemans *et al.*, 2023; Jadon, 2021; Kourou *et al.*, 2015). Nestes contextos, a aprendizagem com pequenas amostras emerge como uma solução promissora, permitindo a realização de previsões e análises clínicas mais precisas e personalizadas mesmo com um volume reduzido de informações.

A importância das técnicas de aprendizagem com pequenas amostras na saúde é multifacetada e profundamente significativa. Em primeiro lugar, a coleta de dados médicos pode ser limitada por considerações éticas, privacidade do paciente, e pela singularidade de condições de saúde raras ou emergentes, resultando em amostras de dados menores do que as ideais para análises tradicionais (Castilho; Kalil, 2005). Ademais, a qualidade e a relevância dos dados coletados são de suma importância, uma vez que as decisões clínicas baseadas em análises de dados podem ter implicações diretas na saúde e no bem-estar dos pacientes. Portanto, as técnicas que permitem uma análise eficaz e precisa de pequenas amostras de dados são vitais para avançar no diagnóstico, tratamento e prevenção de doenças, principalmente em algumas ocasiões onde os dados são escassos ou altamente especializados.

Neste contexto de escassez de dados, o uso de técnicas de AM, como o *Few-Shot Learning* (FSL), surge como uma solução promissora para superar esses obstáculos. O FSL se destaca por capacitar modelos de AM a funcionar de forma eficaz com pequenas amostras de dados, permitindo análises precisas mesmo em cenários com dados restritos. Ele é efetivo não apenas em sua aplicação mais conhecida e de fácil compreensão, o processamento de imagens, mas também no tratamento de dados tabulados, focando em adaptar os modelos de AM para lidar com pequenas amostras (Zheng; Others, 2019).

Além disso, ainda há situações nas quais a falta de dados pode gerar desbalanceamento, o que impacta na performance dos modelos de AM. Nesse contexto, o *Synthetic Minority Over-sampling Technique* (SMOTE) pode ser uma solução, pois é capaz de criar observações sintéticas da classe minoritária (a classe com menos observações), a fim de balancear o conjunto para melhorar os modelos de AM. Esta abordagem ajuda a mitigar o problema de desbalanceamento de classes, criando novas observações sintéticas e melhorando a generalização e eficácia dos modelos em prever resultados em conjuntos de dados desbalanceados (Chawla *et al.*, 2002).

Evidentemente a aplicação da AM na área da saúde tem um grande potencial. A capacidade de lidar com grandes volumes de dados e realizar previsões oferece uma oportunidade para avanços na medicina. No entanto, é importante reconhecer que não há intenção de desafios, especialmente cenários de escassez de dados em certos contextos. Nesses casos, técnicas avançadas como o FSL podem oferecer soluções promissoras. Podendo não apenas diminuir os custos e o tempo envolvidos, mas também facilitar análises eficazes mesmo com recursos limitados. No entanto, garantir que os modelos de AM sejam precisos, imparciais e clinicamente relevantes é fundamental para o sucesso e a confiabilidade de suas aplicações, principalmente na área da saúde.

## 1.1 OBJETIVOS

### 1.1.1 Objetivos gerais

Aplicar algoritmos de AM na previsão clínica de pacientes com ICC, utilizando características mais associadas aos fatores de risco e realizar uma revisão sobre modelos de AM para dados limitados.

### 1.1.2 Objetivos específicos

- a) Utilizar modelos de AM para realizar a previsão do tempo de hospitalização e sobrevivência de pacientes com ICC;
- b) Selecionar as características mais relevantes relacionadas aos fatores de risco da ICC e realizar a previsão clínica utilizando apenas esses dados;
- c) Realizar uma revisão de literatura a respeito dos modelos de AM adequados para dados limitados, visando identificar abordagens eficazes para lidar com cenários de restrição de dados.

## 1.2 ORGANIZAÇÃO DO DOCUMENTO

- a) O Capítulo 2 é apresentado o primeiro artigo sobre aplicação de modelos de AM na previsão clínica de pacientes com ICC;
- b) O Capítulo 3 é apresentado o segundo artigo de revisão da literatura a respeito de algoritmos de AM para dados limitados;
- c) O Capítulo 4 apresenta as considerações finais.

## 2 PREVISÃO CLÍNICA DE PACIENTES COM ICC

Neste capítulo, é apresentado um estudo apresentado no artigo “Algoritmos de Aprendizado de Máquina Aplicados na Previsão Clínica de Pacientes Com Insuficiência Cardíaca”, que constitui um dos resultados desta dissertação. O artigo concentra-se na utilização efetiva de modelos de AM para a previsão de resultados clínicos em pacientes acometidos por Insuficiência Cardíaca Congestiva, enfocando nas características mais significativas associadas aos fatores de risco. A pesquisa revelou que a seleção de um conjunto restrito de características pode gerar previsões clínicas, gerando melhores resultados, em várias instâncias, do que métodos que incorporam o espectro completo de características disponíveis no conjunto de dados original.

Essa abordagem representa significativo o potencial de melhorar substancialmente a eficiência dos diagnósticos relacionados à ICC. Ao utilizar modelos de AM de forma seletiva e criteriosa, focando nas variáveis mais relevantes, podemos aprimorar a precisão das previsões clínicas e agilizar o processo diagnóstico. Isso pode permitir intervenções médicas mais rápidas e direcionadas, contribuindo para reduzir o impacto da ICC na saúde pública. Com diagnósticos mais eficientes, os profissionais de saúde podem implementar estratégias de tratamento mais adequadas, melhorando a qualidade de vida dos pacientes e reduzindo complicações associadas a essa condição cardíaca. Essa abordagem não só avança o conhecimento científico no AM aplicada à medicina, mas também pode trazer benefícios tangíveis para pacientes e sistemas de saúde.

Além disso, é importante ressaltar que o referido artigo está sendo preparado para submissão à revista acadêmica *Learning and NonLinear Models* (ISSN 1676-2789), que é um periódico oficialmente reconhecido pela Sociedade Brasileira de Inteligência Computacional (SBIC). Esta revista tem como foco principal a publicação de artigos que relatam tanto avanços teóricos quanto práticos em diversas áreas da Inteligência Computacional, incluindo, mas não se limitando a, métodos de AM, modelos não lineares e suas aplicações em problemas do mundo real. A escolha desta revista para submissão reflete a relevância e o escopo do trabalho realizado, bem como o interesse em compartilhar os resultados com a comunidade científica.

# ALGORITMOS DE APRENDIZADO DE MÁQUINA APLICADOS NA PREVISÃO CLÍNICA DE PACIENTES COM INSUFICIÊNCIA CARDÍACA

João Carlos Pereira Alves; Ricardo Menezes Salgado;  
Eric Batista Ferreira; Iago Augusto Carvalho

Universidade Federal de Alfenas - Unifal-MG

joao.carlos@sou.unifal-mg.edu.br

**Resumo** – A insuficiência cardíaca congestiva é uma condição médica grave, associada a altos índices de mortalidade anual. Para melhorar o prognóstico e tratamento, é essencial explorar novas estratégias. Este estudo investiga o uso de registros médicos eletrônicos para treinar modelos de aprendizado de máquina na previsão da sobrevivência e tempo de internação de pacientes com ICC. Foram testados diversos classificadores, incluindo *MLPClassifier*, regressão logística, *Random Forests*, Árvore de decisão, *k-Nearest Neighbors*, *Naive Bayes* e *Gradient Boosting*, utilizando dados de 299 pacientes coletados em Faisalabad, Paquistão. Os resultados revelaram taxas de erro de 16% na previsão de sobrevivência e 26% na previsão de tempo de internação, com base em variáveis como idade, CPK, fração de ejeção, plaquetas, sódio, creatinina sérica e tempo. Esses achados destacam o potencial dos modelos de aprendizado de máquina na previsão de desfechos clínicos em pacientes com ICC, representando uma abordagem inovadora para melhorar a eficiência dos diagnósticos e reduzir o impacto dessa condição na saúde pública.

**Palavras-chave** – Insuficiência Cardíaca Congestiva; Aprendizado de Máquina; Predição Clínica; Classificadores.

**Abstract** – Congestive heart failure is a serious medical condition associated with high annual mortality rates. To improve prognosis and treatment, it is essential to explore new strategies. This study investigates the use of electronic medical records to train machine learning models in predicting survival and length of hospital stay for patients with CHF. Various classifiers were tested, including *MLPClassifier*, logistic regression, *Random Forests*, decision tree, *k-Nearest Neighbors*, *Naive Bayes*, and *Gradient Boosting*, using data from 299 patients collected in Faisalabad, Pakistan. The results revealed error rates of 16% in survival prediction and 26% in length of hospital stay prediction, based on variables such as age, CPK, ejection fraction, platelets, sodium, serum creatinine, and time. These findings underscore the potential of machine learning models in predicting clinical outcomes in CHF patients, representing an innovative approach to improving diagnostic efficiency and reducing the impact of this condition on public health.

**Keywords** – Congestive Heart Failure; Machine Learning; Clinical Prediction; Classifiers.

## 1. INTRODUÇÃO

Segundo a Organização Mundial da Saúde (OMS), a ICC é uma das principais causas de morte no mundo, responsável por cerca de 8,9 milhões de óbitos anualmente. Sendo uma condição clínica grave e crescente, com mais de 37 milhões de indivíduos afetados em todo o mundo segundo estimativas da OMS. Caracterizada pela incapacidade do coração de bombear sangue suficiente para atender às necessidades do organismo, ela pode levar a uma série de complicações graves, incluindo insuficiência renal, anemia e até mesmo a morte. Com o envelhecimento da população e o aumento do número de casos de doenças cardíacas, a ICC tem se tornado uma crescente preocupação de saúde pública, com alto custo de tratamento e impactos significativos na expectativa e qualidade de vida das pessoas acometidas, bem como na sociedade em geral [1–3].

Esta condição é bastante complexa e pode se manifestar de diferentes formas, resultando em vários tipos de ICC, como Insuficiência Cardíaca (IC) com Fração de Ejeção Reduzida (ICFER) e Insuficiência Cardíaca com Fração de Ejeção Preservada (ICFEP). A ICFER, ou insuficiência sistólica, envolve perda/disfunção miocárdica significativa, potencialmente decorrente de infarto, anormalidades genéticas ou toxinas, reduzindo a capacidade de bombeamento do coração. Por outro lado, a ICFEP, ou insuficiência diastólica, é caracterizada pela rigidez do músculo cardíaco, impedindo o relaxamento e enchimento adequados durante a diástole, mas mantendo uma fração de ejeção geralmente acima de 50%, e resultando em aumento da pressão nos vasos e no coração, desencadeando sintomas de insuficiência cardíaca [4].

Além destes tipos, outros problemas cardíacos podem contribuir para a ICC, como estenose da válvula aórtica, onde a válvula entre o ventrículo esquerdo do coração e a aorta estreita, dificultando o fluxo sanguíneo e sobrecarregando o coração. Outro fator é a disfunção do sistema elétrico cardíaco, que regula os batimentos cardíacos; distúrbios neste sistema, como arritmias graves, podem resultar em função cardíaca ineficiente, contribuindo para o desenvolvimento da ICC. A hipertrofia cardíaca, caracterizada pelo aumento anormal do músculo cardíaco, também desempenha um papel na ICC, que pode ocorrer em resposta à pressão arterial alta de longo prazo ou outras condições que colocam uma carga significativa sobre o coração, resultando em bombeamento de sangue menos eficaz [5–7].

A ICC pode ter várias causas; no entanto, entre as causas mais comuns estão doença cardíaca isquêmica, hipertensão, cardiomiopatia, doenças valvulares, entre outras. Mais de uma causa pode estar presente em um paciente com ICC, e alguns pacientes têm mais de uma doença subjacente. A gravidade da ICC é classificada de acordo com a capacidade do paciente de realizar atividades diárias e a necessidade de hospitalização [8].

Os sintomas da ICC incluem fadiga, falta de ar durante atividades físicas ou mesmo em repouso, edema nos tornozelos e pernas, ganho de peso súbito, tosse com expectoração espumosa e dificuldade para dormir. A gravidade dos sintomas pode variar dependendo da progressão da doença e da causa subjacente. A ICC também pode desencadear uma série de repercussões adversas à saúde, com atenção especial à sua relação com a insuficiência renal. É crucial entender que a insuficiência renal pode não apenas complicar, mas também piorar exponencialmente a condição da ICC. Além disso, a presença desta condição cardíaca debilitante pode contribuir para o desenvolvimento de outras complicações, como anemia e desequilíbrios eletrolíticos [9].

Seu diagnóstico é baseado em uma avaliação clínica abrangente, incluindo histórico médico, exame físico, testes laboratoriais e exames de imagem, como ecocardiografia e ressonância magnética cardíaca. Isso, combinado com exames de sangue com testes laboratoriais e de imagem, pode auxiliar no diagnóstico do paciente. Durante o exame físico, são procurados sinais de ICC, como edema nos tornozelos e pernas, aumento da pressão arterial, aumento da frequência cardíaca, sons cardíacos anormais e sons pulmonares anormais. Os testes laboratoriais podem incluir um hemograma completo, análise de eletrólitos, testes de função renal e hepática, e testes de biomarcadores cardíacos, como BNP e troponina. Exames de imagem, como ecocardiografia, ressonância magnética cardíaca e cintilografia miocárdica, podem ajudar a avaliar a função cardíaca, identificar problemas estruturais do coração e determinar o estágio da ICC [10, 11].

O tratamento da ICC é multifatorial e inclui mudanças no estilo de vida, como perda de peso, exercício regular e uma dieta saudável, bem como o uso de uma gama de medicamentos essenciais para controlar a hipertensão e diminuir a demanda cardíaca, tais como diuréticos, inibidores da enzima conversora de angiotensina (IECAs), betabloqueadores e vasodilatadores. Estes últimos ajudam a expandir os vasos sanguíneos, otimizando o fluxo sanguíneo. Além da farmacoterapia, procedimentos cirúrgicos como a inserção de dispositivos de assistência ventricular ou intervenções valvulares podem ser necessários. Esta combinação de tratamentos tem como objetivo atenuar os sintomas da ICC e elevar a qualidade de vida do paciente, buscando reduzir os riscos de complicações adicionais [10].

A ICC é uma condição grave e progressiva, mas com tratamento adequado e controle dos fatores de risco, é possível manter uma boa qualidade de vida e prevenir complicações graves. Nesse contexto, a análise de dados desempenha um papel crucial no diagnóstico da ICC. Ela permite a identificação de pacientes com alto risco de desenvolver a doença, bem como aqueles em risco de morte ou necessidade de hospitalização prolongada. Essas determinações, baseadas no histórico médico e fatores de risco, combinadas com abordagens de inteligência artificial, constituem uma ferramenta poderosa para avaliar o risco de deterioração e mortalidade em pacientes.

Nos últimos anos, técnicas de aprendizado de máquina (AM) têm sido amplamente utilizadas na medicina para auxiliar no diagnóstico, tratamento e prevenção de diversas doenças. O trabalho de [12], utilizou uma comparação entre os diferentes classificadores como Árvore de Decisão (J48), Percepção Multi-Camada (MLP), *Naive Bayes* (NB), Otimização Sequencial Mínima (SMO) e Baseado em Instâncias para Vizinho Mais Próximo (IBK) em três bancos de dados no problema de diagnóstico de câncer de mama obteve o resultado que a classificação usando SMO somente ou usando fusão de SMO e MLP ou SMO e IBK é superior aos outros classificadores. Mostrando a capacidade da utilização de algoritmos de classificação no problema de diagnóstico de câncer de mama.

Em um problema mais atual, como a COVID-19, o trabalho de [13] utiliza-se de modelos de rede neural profunda na análise de imagens de raio-x para classificar o estado do paciente como caso positivo ou negativo de COVID-19. Os resultados do estudo mostrou a capacidade da aplicação de modelos de aprendizado profundo para classificar COVID-19 em imagens de raio-x, sendo uma útil ferramenta para o diagnóstico de COVID-19 em pacientes com suspeita.

Em problemas relacionados a aplicação de técnicas de AM na ICC, o trabalho de [14] utiliza-se de uma base de dados em comum a outros estudos visando melhorar os resultados anteriores usando modelos de aprendizado de máquina selecionados. A base de dados utilizada contém registros de 303 pacientes e 14 atributos selecionados como os mais úteis para prever a doença cardíaca em um paciente. Os resultados mostraram que os modelos de aprendizado de máquina usados tiveram um desempenho significativamente melhor do que os trabalhos anteriores. O trabalho mostra que modelos de aprendizado de máquina podem ser usados para prever a doença cardíaca com maior precisão, ajudando médicos a diagnosticar a doença cardíaca de forma mais rápida e precisa.

O trabalho de [15] propõe uma arquitetura de aprendizado profundo baseada no Hybrid Alexnet-SVM (Support Vector Machine) na classificação de sinais ECG de Ritmo Sinusal Normal, Arritmia Anormal e ICC. Os resultados do trabalho mostram que a arquitetura de aprendizado profundo é eficaz na classificação de sinais ECG com maior precisão do que outros classificadores convencionais de aprendizado de máquina. Isso mostra a eficácia desses modelos no monitoramento pacientes com problemas cardíacos.

O trabalho de [16] desenvolveram um método para detectar a falha cardíaca congestiva usando sinais de som do coração. Usando características de tempo, frequência e estatísticas para distinguir entre indivíduos saudáveis e pacientes com falha cardíaca congestiva. Os resultados mostram que o método desenvolvido obteve a maior precisão, indicando a significância prática dos resultados. Desta forma, o estudo contribui para o desenvolvimento de métodos de aprendizado de máquina para monitorar estados fisiológicos e psicológicos humanos usando sensores vestíveis.

Por outro lado, temos em destaque o trabalho de [17] temos o uso de AM na previsão de sobrevivência de pacientes com ICC apenas com dois de treze atributos do conjunto de dados, creatinina sérica e fração de ejeção. O estudo mostra que os dois atributos são suficientes para prever a sobrevivência de pacientes com ICC, no entanto, não é realizado para a previsão do tempo de internação. Assim, o estudo mostra a utilidade do AM para a previsão de sobrevivência de pacientes com ICC e abre espaço para novas investigações.

No campo da ICC, o AM pode ser uma ferramenta essencial para identificar padrões, auxiliando na tomada de decisões diagnósticas e na seleção de tratamentos. O AM mostra promessa na identificação de pacientes com maior risco de desenvolver a doença ou enfrentar complicações graves e morte. Seu uso na ICC pode melhorar a precisão diagnóstica, aumentar a eficácia do tratamento e prever e prevenir complicações sérias [8].

Neste trabalho, demonstraremos o poder das técnicas de AM para prever o agravamento e a morte de pacientes com ICC. Nossos modelos e técnicas foram desenvolvidos usando um conjunto de dados coletados no Instituto de Cardiologia de Faisalabad e no Hospital Aliado em Faisalabad (Punjab, Paquistão) durante o período de abril a dezembro de 2015. Este conjunto de dados contém informações de 299 pacientes com ICC (105 mulheres e 194 homens com idades entre 40 a 95 anos) com 13 características clínicas e de saúde. Este conjunto de dados foi previamente utilizado em outros modelos de AM que lidam com pacientes com ICC [17].

O principal objetivo é prever a sobrevivência e o tempo de hospitalização dos pacientes utilizando as variáveis mais significativas associadas aos fatores de risco, sem a necessidade de utilizar a totalidade das características do conjunto de dados original. Com isso sendo uma métrica crucial para avaliar o estado de saúde, a gravidade da doença, a complexidade do tratamento e a recuperação do paciente sem a necessidade de obter uma grande quantidade de dados nos exames. Essa previsão pode auxiliar os profissionais de saúde a tomar decisões informadas e alocar recursos hospitalares de maneira mais eficiente. Avaliamos seis diferentes modelos de classificação multiclasse para prever o tempo de hospitalização e seis diferentes modelos de classificação binária para prever a sobrevivência do paciente, incluindo *MLPClassifier*, Regressão Logística, *Random Forests*, *One Rule*, *K-Nearest Neighbors*, *Naive Bayes*, *Arvore de Decisão* e *Gradient Boosting*. Os resultados indicam que, por mais que se disponha de estratégias e modelos específicos de AM para cenários de dados escassos, apenas a classificação de um número reduzido de variáveis pôde fornecer previsões clínicas, superando abordagens que utilizam a totalidade das características do conjunto de dados original.

O presente artigo encontra-se organizado conforme a seguinte sequência: A Seção 3.2 apresenta a base dos modelos de AM empregados nesta pesquisa. A Seção 3.3 analisa e descreve o conjunto de dados, enquanto a Seção 3.4 delinea a metodologia utilizada. Os resultados são apresentados e discutidos na Seção 3.5. Finalmente, a Seção 3.6 conclui o trabalho.

## 2 MODELOS DE APRENDIZADO DE MÁQUINA

A classificação de variáveis é uma tarefa fundamental e crucial em AM, permitindo que algoritmos aprendam a categorizar dados em grupos distintos com base em padrões e características. Esse processo é aplicado em uma ampla gama de campos, desde a detecção de spam em e-mails até o diagnóstico de doenças em imagens médicas, tornando-o um componente essencial no campo do AM.

Os modelos de AM que realizam tarefas de classificação são conhecidos como classificadores. Eles são treinados usando conjuntos de dados rotulados, onde cada entrada de dados já está associada a uma categoria específica. Durante o treinamento, o modelo aprende a associar padrões nos dados a estas categorias pré-definidas. Uma vez treinado, o classificador pode ser usado para prever a categoria de novos dados não vistos anteriormente. Existem vários tipos de algoritmos de classificação, cada um com suas próprias forças e fraquezas, adequados para diferentes tipos de problemas de dados. Nesta seção será explicado a teoria e funcionamento de cada modelo utilizado no trabalho.

### 2.1 Modelo de Regressão Logística

A regressão logística é um método estatístico utilizado para prever a probabilidade de uma variável dependente binária, isto é, uma variável que assume dois possíveis valores, como 0 e 1, sucesso e fracasso, ou sim e não. Este modelo estatístico é amplamente aplicado em diversas áreas para avaliar a influência de uma ou mais variáveis independentes sobre a probabilidade de ocorrência de um determinado evento [18].

Na formulação matemática da regressão logística, a probabilidade de ocorrência do evento é modelada usando a função logística ou sigmoide, que garante que as probabilidades estimadas fiquem sempre entre 0 e 1. A equação básica do modelo é expressa como a função sigmoide da combinação linear das variáveis independentes. Os coeficientes desta combinação linear são estimados utilizando o método da máxima verossimilhança, buscando maximizar a probabilidade dos dados observados sob o modelo. A forma básica da função logística pode ser expressa na Equação 1.

$$P(Y = 1) = \frac{1}{1 + e^{-(\beta_0 + \beta_1 X + \dots + \beta_n X_n)}} \quad (1)$$

Na qual,  $P(Y = 1)$  é a probabilidade de que a variável dependente  $Y$  seja igual a 1, dada uma combinação linear das variáveis independentes  $X_1, X_2, \dots, X_n$  com seus respectivos coeficientes  $\beta_0, \beta_1, \dots, \beta_n$ . A exponencial na função logística garante que mesmo uma pequena mudança nos valores de  $X$  pode resultar em grandes mudanças na probabilidade, refletindo a natureza não linear da relação entre as variáveis independentes e a probabilidade de ocorrência do evento. Essa função é particularmente útil porque ela pode transformar valores que variam de  $-\infty$  a  $+\infty$  (na combinação linear das  $X$ 's) em valores limitados entre 0 e 1, adequados para representar probabilidades.

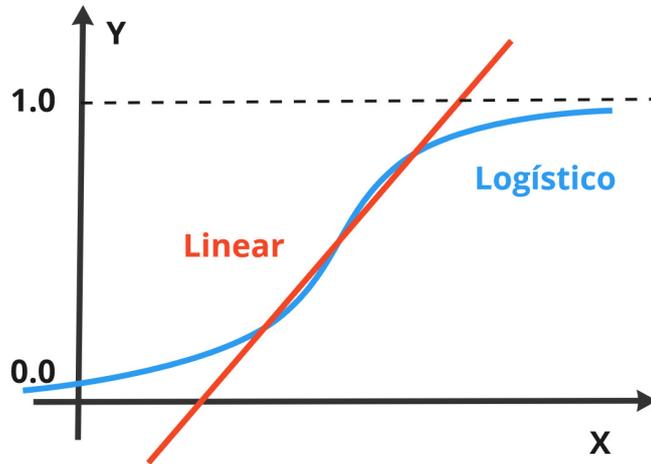


Figura 1: Comparação logística e linear. Fonte: Adaptada de [18].

No gráfico apresentado na Figura 1 mostra a comparação entre a resposta logística e linear em relação ao aumento da variável independente  $X$  é ilustrada. Observa-se que a resposta logística é caracterizada por uma curva em forma de S, limitada entre 0 e 1, indicando a probabilidade de ocorrência de um evento. Conforme  $X$  aumenta, a probabilidade se aproxima de 1 assintoticamente. Em contraste, a resposta linear continua aumentando indefinidamente com  $X$ , o que não é adequado para modelar probabilidades, pois extrapola o intervalo  $[0,1]$ .

## 2.2 Modelo de Árvore de Decisão

O modelo de Árvore de Decisão é uma ferramenta matemática e estatística usada para tomada de decisões e previsões com base em dados. Se baseia em uma estrutura de árvore para classificar ou prever a variável resposta com base em um conjunto de variáveis explicativas. Este modelo opera dividindo um grande conjunto de dados em subconjuntos menores com base em testes de atributos, criando uma representação em forma de árvore. Matematicamente, a seleção de atributos para divisão é baseada no conceito de ganho de informação, calculado a partir da entropia, uma medida da desordem ou impureza nos dados como visto na Equação 2 [19].

$$H(S) = - \sum_{i=1}^n p_i \log_2 p_i \quad (2)$$

Na qual,  $H(S)$  é a entropia de um conjunto  $S$ , onde  $p_i$  é a proporção de elementos da classe  $i$  no conjunto  $S$ , e  $n$  é o número de classes distintas. O ganho de informação, então, é dado pela redução na entropia após a divisão de um conjunto  $S$  usando um atributo  $A$ . Como pode ser visto na Equação 3, o ganho  $gan(A)$  é a diferença entre a entropia inicial do conjunto de dados  $H(S)$  e a entropia esperada  $E(A)$  após a divisão do conjunto de dados com base no atributo  $A$ :

$$gan(A) = H(S) - E(A) \quad (3)$$

A expressão da Equação 3 quantifica a redução na incerteza ou impureza dos dados resultante da divisão do conjunto de dados com base em um atributo específico. O objetivo é maximizar essa redução de incerteza, selecionando o atributo que oferece o maior ganho de informação.

Para a formação da árvore, como mostra a Figura 2, o ganho de informação é utilizado para determinar qual atributo testar em cada nó da árvore. Por exemplo, se o nó raiz da árvore estiver decidindo qual atributo usar primeiro para dividir o conjunto de dados, ele calculará o ganho de informação para cada atributo disponível e selecionará o que resultar em maior ganho. Isso implica que o atributo escolhido é o mais eficaz em reduzir a incerteza sobre a classificação dos objetos, levando a subconjuntos de dados mais homogêneos em relação às classes alvo.

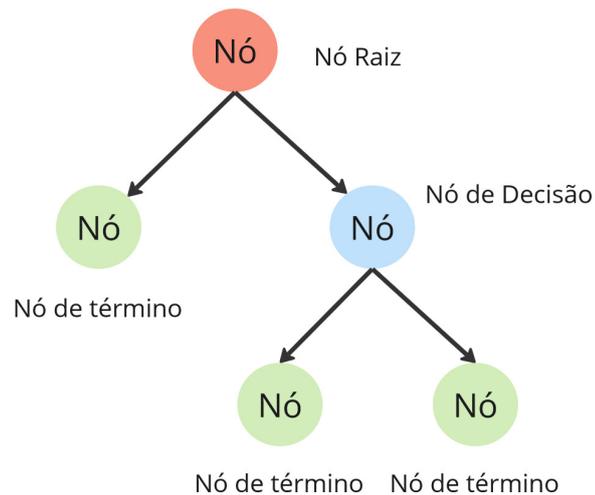


Figura 2: Exemplo de uma árvore de decisão. Fonte: Autores.

### 2.3 Modelo Random Forest

O modelo de Floresta Aleatória ou *Random Forest* é fundamentado em uma estrutura ou conjunto de árvores (ou floresta) de decisão onde nó término detém uma classificação ou decisão como mostra a Figura 2. Ao treinar cada árvore em um subconjunto aleatório dos dados com substituição, e ao escolher um subconjunto aleatório de características para dividir em cada nó, o *Random Forest* aumenta a diversidade entre as árvores. Essa diversidade torna o modelo mais eficaz para uma ampla gama de tarefas de classificação e regressão [20].

Esse processo de criação das árvores aleatórias é repetido recursivamente até que a árvore cresça até sua extensão máxima permitida ou até que não seja possível fazer mais nenhuma divisão significativa. Cada árvore é treinada de forma independente com uma amostra com reposição do conjunto de dados. A decisão final do modelo *Random Forest* é uma agregação das decisões das árvores individuais, geralmente pela votação majoritária para classificação ou pela média para regressão.

### 2.4 Modelo Gradient boosting

O modelo *Gradient Boosting* uma técnica de AM baseada na ideia de otimização numérica no espaço das funções, em vez do espaço dos parâmetros. A abordagem geral consiste em construir um modelo aditivo de forma iterativa, realizando a minimização gradiente em cada passo. Cada novo modelo é construído para corrigir os erros deixados pelo modelo anterior. Basicamente, funciona como um processo de aprimoramento contínuo [21].

O processo começa com um modelo inicial,  $F_0(x)$ , sendo simplesmente uma constante que minimiza a função de perda  $L(y, F(x))$ . Em cada iteração  $m$ , um novo modelo,  $h(x, \beta)$  é ajustado aos resíduos do modelo anterior. Esse novo modelo é então adicionado ao modelo composto com um coeficiente de escala,  $\rho_m$ , escolhido para minimizar a função de perda quando adicionado ao modelo composto existente. Matematicamente, a atualização em cada etapa pode ser observada na Equação 4.

$$F_m(x) = F_{m-1}(x) + \rho_m h(x, \beta) \quad (4)$$

Nesse caso,  $F_m(x)$  representa o modelo composto após  $m$  iterações,  $h(x, \beta)$  é o novo modelo ajustado aos resíduos, e  $\rho_m$  é o coeficiente de escala. O objetivo é minimizar a função de perda  $L(y, F(x))$  sobre a distribuição conjunta de todos os valores  $y$  e  $x$ . O *Gradient Boosting* ajusta-se a uma ampla gama de funções de perda, tornando-o aplicável a diversos problemas estatísticos e de AM. A otimização é realizada em um sentido funcional, considerando cada  $F(x)$  como um *parâmetro* e buscando a melhor função  $F^*(x)$  que minimiza a expectativa da função de perda. Este processo iterativo de construção do modelo aditivo e de minimização gradiente em relação à função de perda confere ao *Gradient Boosting* sua flexibilidade e poder.

Um exemplo simples deste processo de aprimoramento, seria como se estivesse tentando acertar um alvo no escuro e, a cada tentativa, alguém diz para ajustar. No início, talvez erre por muito, mas com cada dica (ou correção), tende ao alvo. No contexto do *Gradient Boosting*, o alvo é a previsão mais precisa possível, e cada dica é um novo modelo que corrige os erros do anterior, ajustando-se aos pontos previstos incorretamente até então. Assim, a cada repetição, o modelo fica um pouco melhor, até chegar o mais próximo possível da previsão ideal.

## 2.5 Modelo Naive Bayes

Os algoritmos que empregam a técnica *Naive Bayes* constituem uma categoria de métodos fundamentados em princípios probabilísticos. Ele assume que as características (atributos) de um dado são condicionalmente independentes entre si, dada a classe. Essa suposição simplifica o cálculo das probabilidades a posteriori, tornando o modelo eficiente e fácil de implementar. O modelo assume que as características de um dado são condicionalmente independentes entre si, dada a classe. Essa suposição simplifica o cálculo da probabilidade a posteriori [22].

Teorema de Bayes, que é a base do modelo, é um princípio fundamental em estatística, que descreve a probabilidade de um evento, baseado em conhecimento prévio de condições que podem estar relacionadas a esse evento. De forma matemática, ele relaciona a probabilidade condicional de um evento  $A$  dado  $B$  com a probabilidade condicional de  $B$  dado  $A$ , bem como as probabilidades marginais de  $A$  e  $B$ . A expressão matemática que expressa o teorema é dado na Equação 5.

$$P(A|B) = \frac{P(B|A).P(A)}{P(B)} \quad (5)$$

Na qual,  $P(A|B)$  representa a probabilidade posterior de  $A$  dado  $B$ ,  $P(B|A)$  a probabilidade a posteriori de  $B$  dado  $A$ ,  $P(A)$  a a probabilidade a priori de  $A$  e  $P(B)$  a probabilidade total de  $B$ . Em termos simples, o teorema permite atualizar as probabilidades de hipóteses à medida que se obtêm mais evidências. Assim, se torna uma ferramenta poderosa para fazer inferências a partir de dados, permitindo-nos ajustar e refinar nossas estimativas de probabilidade com base em novas informações.

No contexto de AM, o Teorema de *Bayes* é utilizado para classificar ou prever dados. Em problemas de classificação, a abordagem *naive* (ingênua) assume que as características observadas são independentes entre si, dado o resultado da classificação. Utilizando o teorema, o modelo calcula a probabilidade posterior de cada classe, com base nas probabilidades anteriores e na verossimilhança das características observadas. Essencialmente, ele ajusta a probabilidade de uma classe ser verdadeira à medida que recebe mais dados, permitindo a classificação de novas instâncias com base em evidências acumuladas. Esse processo torna o Naive Bayes um método eficaz e computacionalmente eficiente para tarefas de classificação, apesar da simplificação na suposição de independência.

## 2.6 Modelo KNN

O *K-Nearest Neighbors* (KNN) é um modelo de AM supervisionado que pode ser usado tanto para classificação quanto para regressão. Matematicamente, o KNN calcula a distância entre o ponto de dado de teste e todos os pontos de dados de treinamento. As distâncias mais comuns utilizadas são a distância euclidiana, a distância de Manhattan, ou a distância de *Minkowski*. Para um ponto de dado de teste  $x$ , a distância euclidiana até um ponto de dado de treinamento  $x_i$  é dada pela Equação 6 [22].

$$d(x, x_i) = \sqrt{\sum_{j=1}^n (x_j - x_{ij})^2} \quad (6)$$

Onde  $n$  é o número de características. Após calcular as distâncias, o algoritmo seleciona os  $k$  vizinhos mais próximos, onde  $k$  é um parâmetro especificado pelo usuário. A predição é então feita com base na maioria de votos para classificação ou pela média para regressão.

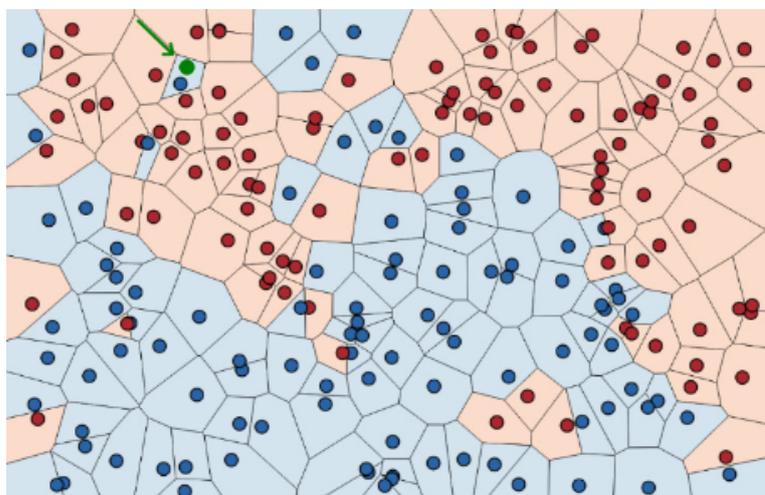


Figura 3: Exemplo de classificação usando 1-NN. Fonte: Retirada de 22.

Estatisticamente, o modelo KNN assume que pontos de dados similares existem em proximidade imediata. Portanto, a escolha do número de vizinhos,  $k$ , é crucial, pois um  $k$  muito baixo pode levar a um alto viés por ruídos, enquanto um  $k$  muito alto pode suavizar demais os limites de decisão do modelo, como pode ser visto no exemplo de classificação usando o modelo para  $k=1$  na Figura 3. Para otimizar o valor de  $k$ , geralmente realiza-se uma validação cruzada, testando o modelo com diferentes valores de  $k$  e selecionando aquele que apresenta o melhor desempenho de acordo com uma métrica de avaliação, como a precisão para classificação ou o erro quadrático médio para regressão.

## 2.7 MLPClassifier

O modelo *MLPClassifier* é uma implementação específica do *Perceptron* Multicamadas (MLP) para classificação. o MLP é composto por várias camadas de neurônios, incluindo uma camada de entrada, uma ou mais camadas ocultas e uma camada de saída como mostra o exemplo da Figura 4. Normalmente utilizado em problemas não-linearmente separáveis, e podem ser resolvidos por redes que tenham pelo menos uma camada intermediária (oculta) para transformar o problema em linearmente separável, ao ter pelo menos três camadas ocultas é chamado de *Multilayer Perceptron* [23].

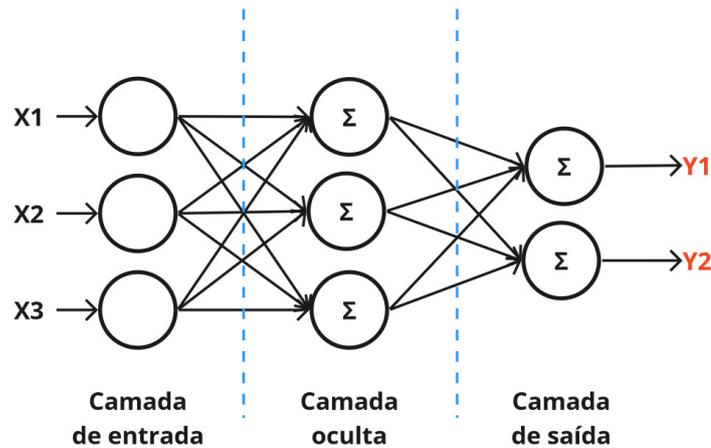


Figura 4: Exemplo de rede MLP com uma camada oculta. Fonte: Autores.

A aprendizagem é tratada como um processo de ajuste dos pesos das conexões entre os neurônios, baseando-se em procedimentos de descida de gradiente para minimizar o erro de predição da rede. Essencialmente, o MLP é modelado como uma série de camadas de neurônios, onde cada neurônio em uma camada está conectado a todos os neurônios na próxima camada através de pesos. A entrada é processada camada por camada, com a ativação de cada neurônio sendo calculada como uma função não-linear da soma ponderada de suas entradas.

A aprendizagem ocorre ajustando os pesos das conexões de forma a minimizar a diferença entre a saída produzida pela rede e a saída desejada para um conjunto de dados de treinamento. O algoritmo de retropropagação é comumente usado para esse ajuste, calculando o gradiente do erro em relação a cada peso pela regra da cadeia e ajustando os pesos na direção oposta ao gradiente para reduzir o erro. Se  $y$  é a saída da rede,  $t$  é a saída desejada e  $w$  são os pesos, a atualização de pesos ocorre como mostra a definição da Equação 7. O parâmetro  $w$  na Equação 7 representa o vetor de pesos, os quais são atribuídos a cada conexão entre os neurônios nas diferentes camadas da rede neural do modelo MLP,  $\eta$  é a taxa de aprendizagem e  $\nabla E$  é o gradiente do erro  $E = 1/2(y - t)^2$  em relação a  $w$ .

$$w := w - \eta \nabla \left[ \frac{1}{2}(u - t)^2 \right] \quad (7)$$

## 3 BALANCEAMENTO DE DADOS

No desenvolvimento do trabalho, dentre as técnicas de balanceamento de dados, foi empregado o Oversampling da Minoridade Sintética, conhecido pela sigla *Synthetic Minority Over-sampling Technique* (SMOTE), é uma técnica avançada de pré-processamento de dados utilizada para tratar o desequilíbrio de classes em conjuntos de dados de AM. O principal objetivo do SMOTE é criar um equilíbrio entre as classes minoritárias e majoritárias, aumentando artificialmente o número de observações da classe minoritária por meio da geração de instâncias sintéticas [24].

O procedimento do SMOTE é realizado através da seleção de observações da classe minoritária e da geração de novas instâncias sintéticas que são interpoladas entre as observações selecionadas e seus vizinhos mais próximos. Dessa maneira, é garantido que o espaço de características da classe minoritária seja melhor representado, proporcionando um conjunto de dados mais equilibrado. Esta técnica difere do oversampling tradicional, que simplesmente replica as observações da classe minoritária, podendo levar a um overfitting do modelo.

A seleção dos vizinhos mais próximos é feita com base em uma métrica de distância, geralmente a distância euclidiana, onde cada exemplo da classe minoritária é considerado juntamente com seus  $k$  vizinhos mais próximos. Para cada exemplo selecionado, uma instância sintética é criada ao selecionar aleatoriamente um dos  $k$  vizinhos e interpolar entre o exemplo e o vizinho escolhido.

A importância do SMOTE reside na sua capacidade de melhorar a performance de modelos de AM em tarefas de classificação com desequilíbrio de classes. Foi demonstrado que modelos treinados em conjuntos de dados balanceados por SMOTE tendem a apresentar melhor sensibilidade, especificidade e precisão em relação aos modelos treinados em conjuntos de dados desequilibrados. No presente estudo, a técnica SMOTE foi empregada para balancear a variável *meses*, uma variável multiclasse que representa a quantidade de meses que o paciente ficou internado.

Apesar de suas vantagens, o SMOTE não está livre de limitações. A geração de instâncias sintéticas pode introduzir ruído se as observações da classe minoritária estiverem dispersos ou se houver sobreposição entre as classes. Essa abordagem, em alguns casos, pode falhar em capturar a verdadeira distribuição e características da classe minoritária, produzindo observações que não representam adequadamente seus padrões. Essa discrepância entre a teoria e a prática pode resultar em modelos de AM que mostram alta eficácia em ambientes controlados ou de teste, mas que não mantêm o mesmo nível de desempenho quando aplicados em situações reais [25].

Apesar dos desafios associados, técnicas como o SMOTE são de grande utilidade para base de dados desbalanceadas. Elas oferecem uma maneira de melhorar a representatividade da classe minoritária, possibilitando que os modelos de AM aprendam padrões mais complexos e sutis que podem ser negligenciados em conjuntos de dados desequilibrados. Quando aplicadas com cautela e complementadas por uma avaliação rigorosa, essas técnicas podem aumentar significativamente a eficácia dos modelos em aplicações práticas, tornando-os mais robustos e adaptáveis a diferentes cenários.

## 4 SELEÇÃO DE CARACTERÍSTICAS

A seleção de características em AM é um processo fundamental que visa identificar e selecionar as características mais relevantes para a construção de modelos preditivos eficazes, que utilizam menor quantidade de características e otimize os resultados. Dentre as diversas técnicas utilizadas para essa finalidade, a Redução da Precisão Média (*Mean Decrease Accuracy - MDA*) e a Impureza de Gini destacam-se por suas abordagens únicas na avaliação da importância das características. Ambas as técnicas oferecem métodos para quantificar o impacto de cada característica no desempenho do modelo, permitindo assim uma seleção mais informada de características [26].

A técnica de Redução da Precisão Média opera pela avaliação do impacto de cada variável ou característica na precisão do modelo. É realizada uma alteração sistemática nos valores de uma característica, mantendo constantes os demais atributos, para medir como essa alteração afeta a precisão do modelo. Esse procedimento é repetido para cada característica do conjunto de dados. A ideia subjacente é que, se a alteração dos valores de uma característica resulta em uma diminuição significativa da precisão do modelo, essa característica é considerada importante. Por outro lado, se a alteração dos valores de uma característica não afeta significativamente a precisão, essa característica pode ser considerada menos relevante. A técnica MDA é particularmente útil para identificar características que contribuem positivamente para o desempenho do modelo, permitindo assim uma redução eficaz da dimensionalidade sem perda significativa de informação.

Por outro lado, a Impureza de Gini é uma métrica utilizada principalmente em árvores de decisão e modelos baseados em ensemble, como Random Forest, para avaliar a importância das características. A Impureza de Gini mede a frequência com que um elemento aleatório do conjunto seria incorretamente classificado se fosse aleatoriamente etiquetado conforme a distribuição das etiquetas na subdivisão. Características que produzem subdivisões com baixa impureza de Gini são consideradas importantes, ao indicarem que a característica é eficaz na separação das classes. Durante o treinamento de uma árvore de decisão, a redução na impureza de Gini resultante da divisão em uma característica específica é usada para avaliar a importância dessa característica. Assim, características resultantes em maiores reduções de impureza são valorizadas mais altamente.

Ambas as técnicas, MDA e Impureza de Gini, fornecem *insights* valiosos sobre a relevância das características para a construção de modelos preditivos. Enquanto a MDA foca no impacto direto das características na precisão do modelo, a Impureza de Gini avalia a capacidade das características de separar eficazmente as classes no conjunto de dados. A escolha entre essas técnicas depende do tipo de modelo a ser construído e dos objetivos específicos da análise.

## 5 CONJUNTO DE DADOS

O conjunto de dados<sup>1</sup> analisado foi coletado em duas instituições médicas em Faisalabad, no Paquistão, entre os meses de abril a dezembro de 2015. Ele contém informações sobre 299 pacientes com insuficiência cardíaca, compreendendo 105 mulheres e 194 homens, com idades variando de 40 a 95 anos. Todos os pacientes apresentavam disfunção sistólica do ventrículo esquerdo e insuficiência cardíaca prévia [27].

<sup>1</sup>Disponível em: <https://archive.ics.uci.edu/dataset/519/heart+failure+clinical+records>

O conjunto de dados inclui 13 características que descrevem informações clínicas, corporais e de estilo de vida dos pacientes, incluindo anemia, pressão alta, diabetes, gênero e tabagismo. Algumas dessas características são binárias e são representadas por 0 ou 1. Por exemplo, um paciente é considerado anêmico se os níveis de hematócrito estiverem abaixo de 36%. No entanto, pressão alta não tem uma definição clara fornecida pelo artigo original do conjunto de dados.

Algumas características quantitativas incluem *creatina quinase (CPK)*, *fração de ejeção*, *creatinina sérica* e *sódio*. CPK indica o nível da enzima no sangue e pode ser usado para identificar lesões cardíacas ou insuficiência. A fração de ejeção indica a porcentagem de sangue bombeada pelo ventrículo esquerdo a cada contração. A creatinina sérica é um indicador da função renal, enquanto o sódio é importante para o funcionamento adequado dos músculos e dos nervos.

A característica de *evento de morte*, juntamente com o *tempo* de hospitalização, demonstra um potencial significativo como alvo para treinamento de modelos de IA, uma vez que esses dois atributos encapsulam informações cruciais sobre os resultados clínicos e a progressão do paciente. O primeiro indica se o paciente morreu ou sobreviveu antes do final do período de acompanhamento, e o último mostra a duração da hospitalização. Infelizmente, não há informações sobre se algum paciente tinha doença renal primária ou o tipo de acompanhamento realizado. O conjunto de dados é desequilibrado, com 203 pacientes sobreviventes e 96 pacientes falecidos, ou seja, 67,89% negativos e 32,11% positivos.

Tabela 1: Descrição quantitativa das características categóricas.

Variáveis categóricas	Pacientes mortos		Pacientes sobreviventes	
	Valor	Proporção	Valor	Proporção
Anemia (0: negativo)	50	52,08	120	59,11
Anemia (1: positivo)	46	47,92	3	40,89
Diabete (0: negativo)	56	58,33	118	58,13
Diabete (1: positivo)	40	41,67	85	41,87
Pressão alta (0: negativo)	57	59,38	137	67,49
Pressão alta (1: positivo)	39	40,62	66	32,51
Sexo (0: mulher)	34	35,42	71	34,98
Sexo (1: homem)	62	64,58	132	65,02
Tabagismo (0: negativo)	66	68,75	137	67,49
Tabagismo (1: positivo)	30	31,23	66	32,51

Inicialmente, a análise estatística descritiva dos dados fornece uma ideia geral da distribuição. Como visto na Tabela 1, temos uma análise estatística descritiva das características (ou variáveis) categóricas dos pacientes, dividindo-os em grupos de pacientes que sobreviveram e aqueles que não. É apresentada as características binárias, como pressão alta, se o paciente tem hipertensão, anemia, mostrando uma diminuição das células vermelhas do sangue ou hemoglobina, se o paciente tem diabetes, se o paciente fuma ou não e o gênero. Ela detalha a distribuição de características como anemia, pressão alta, diabetes, sexo e tabagismo, mostrando o número e a porcentagem de pacientes em cada categoria, tanto no grupo total quanto nos subgrupos de pacientes que sobreviveram e que morreram. Com isso é possível observar como estas condições categóricas estão distribuídas entre os pacientes e sua relação potencial com os resultados de sobrevivência.

Tabela 2: Descrição quantitativa das características numéricas.

Variáveis numéricas	Pacientes mortos			Pacientes sobreviventes		
	Média	Mediana	$\sigma$	Média	Mediana	$\sigma$
Idade (anos)	65,22	65,00	13,21	60,00	58,76	10,64
CPK (mcg/L)	670,20	259,00	1316,58	540,10	245,00	753,80
Fração de ejeção (%)	33,47	30,00	12,53	40,27	38,00	10,86
Plaquetas (k plaq/AM)	256,38	258,50	98,53	266,66	263,00	97,53
Creat. sérica (mg/dL)	1,84	1,30	1,47	1,19	1,00	0,65
Sódio (mEq/L)	135,40	135,50	5,00	137,20	137,00	3,98
Tempo (dias)	70,89	44,50	62,38	158,30	172,00	67,74

A Tabela 2 fornece uma descrição quantitativa estatística das características numéricas do estudo, divididas entre a amostra de pacientes falecidos e pacientes sobreviventes. Nela é destacada características quantitativas, como a idade do paciente (anos), creatina fosfoquinase (CPK), que fornece o nível da enzima CPK no sangue (mcg/L), fração de ejeção, que indica a porcentagem de sangue que deixa o coração a cada contração, plaquetas sanguíneas, nível de creatinina sérica no sangue (mg/dL), nível de sódio sérico no sangue (mEq/L) e período de acompanhamento (dias).

Analisando os dados contidos na Tabela 2, comparamos as médias e medianas das variáveis para verificar a semelhança nos resultados. Observou-se que nas variáveis *fração de ejeção*, *idade* e *nível de sódio sérico no sangue*, há uma pequena diferença entre a média e a mediana, indicando que a distribuição dos dados é simétrica. No entanto, nas variáveis *CPK* e *tempo*, a diferença é significativa, o que significa que a distribuição dos dados é assimétrica e, conseqüentemente, a média e a mediana diferem.

## 6 METODOLOGIA

Nesta seção, serão descritos os métodos e técnicas utilizados, descrevendo como foi empregado os modelos de AM na previsão clínica de pacientes. O esboço da metodologia empregada pode ser observado no fluxograma da Figura 5, no qual modelos de classificação foram treinados e testados para a previsão binária da sobrevivência e para a previsão multiclasse do período de acompanhamento. Por fim, foi realizada a seleção das variáveis mais significativas associadas aos fatores de risco e repetido o processo, a fim de realizar a previsão clínica com apenas a um número reduzido de variáveis.

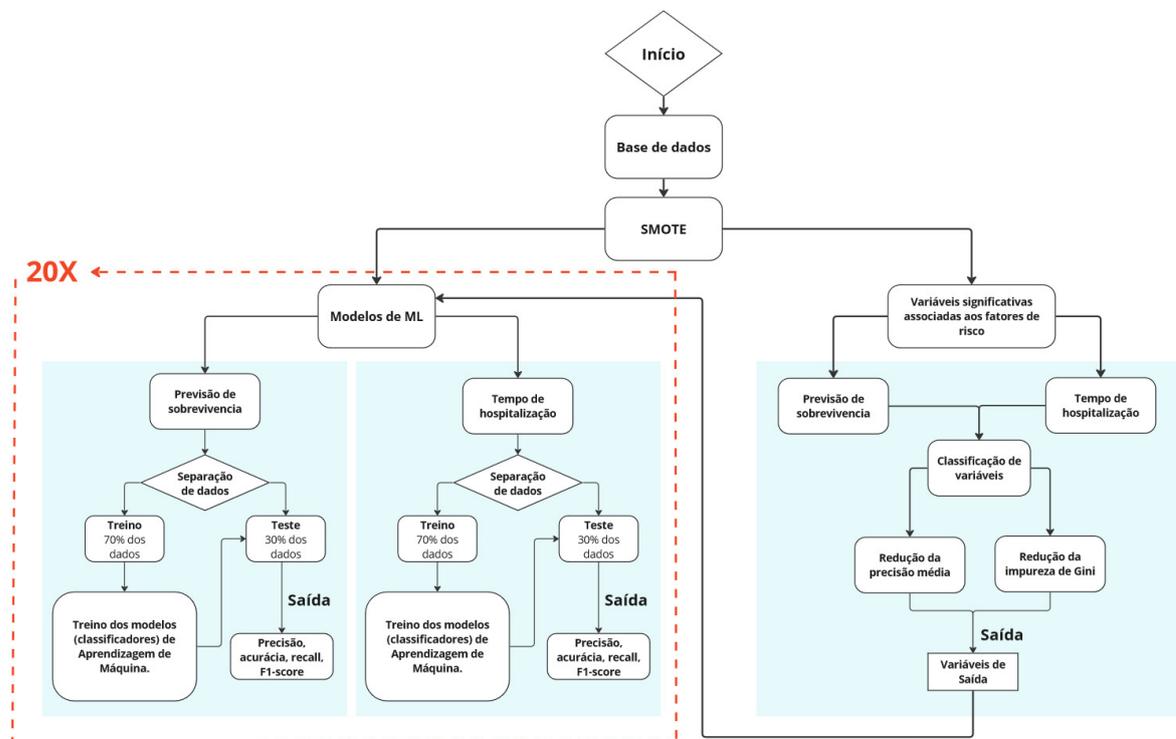


Figura 5: Fluxograma da metodologia utilizada. Fonte: Autores.

### 6.1 Previsão de sobrevivência e tempo de hospitalização

A metodologia adotada para a realização de previsões clínicas de pacientes segue parcialmente o procedimento delineado por 17, servindo como um ponto de referência comparativo. Utilizaram-se modelos de AM para selecionar as variáveis mais relevantes (*creatinina sérica* e *fração de ejeção*) para a previsão de sobrevivência de pacientes, com base no mesmo conjunto de dados utilizado nesse estudo. Contudo, a abordagem metodológica deste trabalho expande-se ao incluir a previsão da duração do internamento em pacientes com ICC e a utilização da técnica de SMOTE para o balanceamento de classes.

Para o desenvolvimento do estudo, optou-se pela utilização da linguagem de programação Python, versão 3.11.5, em conjunto com bibliotecas especializadas, como a scikit-learn na versão 1.2.2. Implementou-se uma estratégia de divisão aleatória dos dados, onde 70% foram destinados ao treinamento (totalizando 209 pacientes) e 30% aos testes (equivalente a 90 pacientes). A fim de assegurar a replicabilidade dos resultados em estudos futuros, o parâmetro *random\_state* foi estabelecido com o valor 42. Diversas metodologias de classificação binária foram investigadas, abrangendo modelos de classificação como Árvores de Decisão, *Gradient boosting*, *K-Nearest Neighbors*, *MLPClassifier*, Regressão logística, *Random Forests* e *Naive Bayes*. Além disso, esses modelos foram integrados em um sistema de conjunto ou *Ensemble*, no qual se aplicou as previsões combinadas destes modelos visando melhorar a robustez e a precisão da predição final em comparação ao uso de um único modelo na previsão da sobrevivência dos pacientes.

Para avaliar a eficácia dos modelos de classificação, foram utilizadas métricas comuns de matriz de confusão, como precisão, acurácia, *recall* ou sensibilidade e pontuação F1 como parâmetros de qualidade. A precisão representa o quão bem um modelo pode prever corretamente classes ou valores-alvo em um conjunto de dados, sendo calculada dividindo o número de previsões corretas pelo total de previsões em um conjunto de teste. Outra métrica foi utilizada para estimar a performance das previsões dos modelos, a curva da *Receiver Operating Characteristic Curve* (ROC) representa a taxa de verdadeiros positivos em relação à taxa de falsos positivos, sendo a área sob a curva uma métrica de desempenho para um modelo de classificação. Quanto maior o valor ROC, melhor o desempenho do modelo em distinguir entre classes positivas e negativas. O uso combinado dessas métricas e da curva ROC fornece uma avaliação abrangente das diferentes capacidades dos modelos em previsão, classificação e discriminação entre classes.

Para prever o tempo de hospitalização dos pacientes, foi utilizada a técnica de pré-processamento de dados conhecida como *Binning*. Essa técnica envolve a agrupação de valores de uma variável contínua em intervalos chamados *bins*. Para avaliar esse aspecto, a variável de tempo original no conjunto de dados (incluindo os dias de acompanhamento) foi mapeada para uma variável *mês*, onde o mês 0 corresponde a um período inferior a 30 dias, o mês 1 corresponde a um período entre 30 e 60 dias, o mês 2 corresponde a um período entre 60 e 90 dias e assim por diante.

Ao analisar as variáveis *morte* e *mês*, verificou-se que elas estavam desequilibradas, ou seja, havia um número desproporcional de observações para cada um dos seus respectivos valores. Para corrigir esse desequilíbrio, foi aplicada a técnica de SMOTE, sendo uma técnica de balanceamento de classes em que novas observações sintéticas são criadas para a classe minoritária usando combinações lineares de observações existentes. Essa técnica ajuda a melhorar a capacidade do modelo de AM para lidar com dados desequilibrados, resultando em melhor precisão e desempenho geral do modelo.

O processo de treinamento e teste dos modelos de classificação para a previsão de sobrevivência de pacientes foi repetido 100 vezes em todo o experimento, realizando um novo sorteio da base de treino e teste a cada repetição, com o propósito de coletar dados estatísticos, como a média e o desvio padrão das métricas de desempenho. Esta abordagem permitiu uma análise mais refinada e confiável dos resultados. A importância dessa repetição reside na capacidade de assegurar a robustez e a generalizabilidade dos modelos desenvolvidos, minimizando as chances de resultados serem influenciados por variações aleatórias nos dados de treinamento e teste.

## 6.2 Seleção das características mais importantes

Nesta fase do modelo, o foco foi na seleção das características ou variáveis mais relevantes associadas aos fatores de risco para a previsão de sobrevivência e tempo de internação. Para atingir esse objetivo, diferentes técnicas de seleção de características foram empregadas, cada uma com suas próprias vantagens e limitações. A primeira foi a redução média na precisão, que se baseia na avaliação da importância das características a partir das árvores de decisão do modelo *Random Forest*, usando a mesma divisão de 70% para dados de treinamento e 30% para dados de teste. Este método descarta características com menor importância até que o número desejado seja alcançado ou até que um limiar especificado, seja atingido. A segunda técnica aplicada foi a redução da impureza de Gini, que mede a impureza ou incerteza em um conjunto de dados, sendo usada para avaliar a importância de cada característica em um modelo de classificação.

Avaliar a importância relativa de cada característica no modelo é crucial para entender quais variáveis foram mais relevantes para classificar a sobrevivência do paciente e o tempo de hospitalização. A combinação dessas informações ajudou a selecionar as características mais importantes ou mais relacionadas aos fatores de risco, assim realizando a previsão clínica sem utilizar a totalidade de dados.

Os modelos de previsão de sobrevivência e tempo de hospitalização foram aplicados novamente, mas desta vez considerando apenas as características classificadas. Ao considerar apenas as características mais relevantes, o modelo pode se concentrar em fatores específicos que realmente afetam a sobrevivência e o tempo de hospitalização dos pacientes com insuficiência cardíaca, em vez de ser influenciado por variáveis menos importantes ou irrelevantes. A principal vantagem é a capacidade de obter uma previsão precisa e confiável mesmo utilizando menor quantidade de dados.

## 7 RESULTADOS

Nesta Sessão é apresentado os resultados relativos às previsões clínicas de pacientes por meio da aplicação de modelos de classificação de AM. Inicialmente é descrito os resultados obtidos na previsão de sobrevivência e tempo de hospitalização no conjunto de dados, seguidos pelos resultados obtidos na seleção de características e os resultados obtidos na previsão de sobrevivência e tempo de hospitalização usando apenas as características classificadas.

### 7.1 Previsão de sobrevivência de pacientes

Os métodos apresentados na Sessão 2 foram usados para prever a sobrevivência de pacientes. Cada modelo de classificação binária da variável *Morte* foi aplicado e as pontuações são relatadas na Tabela 3. A Tabela 3 apresenta os modelos de classificação e seus respectivos resultados de acurácia, precisão, sensibilidade e pontuação F1.

Tabela 3: Resultados de modelos de AM para previsão de sobrevivência.

Modelos	Precisão	Acurácia	Recall	F1-score
Árvore de decisão	0,81 ± 0,05	0,82 ± 0,03	0,82 ± 0,05	0,82 ± 0,03
<i>Random Forest</i>	0,87 ± 0,04	0,88 ± 0,03	0,89 ± 0,04	0,88 ± 0,03
<i>Gradient boosting</i>	0,86 ± 0,04	0,87 ± 0,03	0,88 ± 0,05	0,87 ± 0,05
<i>Naive Bayes</i>	0,79 ± 0,05	0,79 ± 0,03	0,78 ± 0,04	0,78 ± 0,04
KNN	0,60 ± 0,06	0,61 ± 0,04	0,64 ± 0,06	0,62 ± 0,05
<i>MLPClassifier</i>	0,72 ± 0,03	0,48 ± 0,03	0,50 ± 0,05	0,33 ± 0,03
Regressão logística	0,78 ± 0,07	0,78 ± 0,04	0,80 ± 0,06	0,78 ± 0,04
<i>Ensemble</i>	0,87 ± 0,03	0,86 ± 0,03	0,84 ± 0,05	0,86 ± 0,03

No modelo *MLPClassifier*, foram utilizados 10 neurônios em uma camada oculta para treinar a rede neural artificial. A função de ativação *tanh* e o otimizador *adam* foram escolhidos sendo treinado com 1000 épocas, que representam a quantidade de vezes que o conjunto de dados completo foi apresentado à rede durante o treinamento, com o objetivo de assegurar a convergência do algoritmo e melhorar o aprendizado. Os parâmetros otimizados foram a quantidade de neurônios na camada oculta, a função de ativação e o otimizador. O modelo de regressão logística foi utilizado apenas uma instância, deixando os parâmetros ajustados por padrão. O modelo *Random Forests* foi treinado com 500 árvores de decisão para reprodutibilidade, sem otimização de parâmetros.

Os resultados indicam que o modelo *Random Forest* foi o mais eficiente na tarefa de previsão. A acurácia obtida pelo modelo foi de 88%, o que significa que ele classificou corretamente 88% das amostras. Além disso, conseguiu identificar com precisão 87% das amostras positivas. O *recall* foi de 89%, o que mostra que modelo identificou corretamente 89% das observações positivas do conjunto de dados de teste. O *f1-score*, sendo uma medida que considera tanto a precisão quanto o *recall*, foi de 88%, o que representa um equilíbrio entre a capacidade de identificar amostras positivas e negativas.

Por outro lado, o modelo com o desempenho inferior foi o *MLPClassifier*, que classificou corretamente 48% das amostras. A precisão teve um resultado melhor de 72%, no entanto, o *recall* e *f1-score* foram de 50% e 33% respectivamente. O Ensemble também apresentou bons resultados, como o esperado, com uma acurácia de 86%, uma precisão de 87%, *recall* de 84% e um *f1-score* de 86%. Esses resultados indicam que o modelo Ensemble é uma boa opção para a tarefa de previsão.

Os resultados destacam que o sucesso do modelo *Random Forest*, baseado em árvores de decisão e aprendizado de conjunto, pode ser atribuído a sua habilidade de combinar previsões de diversas árvores, reduzindo overfitting e aumentando a estabilidade das previsões. Em contraste, o desempenho um pouco inferior do modelo *MLPClassifier*, mostra a discrepância entre a alta precisão e o baixo *recall* pode sugerir que o modelo é muito conservador nas suas previsões, ou seja, prefere não rotular uma instância como positiva a menos que esteja muito certo, resultando em muitos falsos negativos.

Na Figura 6 é possível observar o gráfico de curva ROC que compara o desempenho dos modelos utilizados. O modelo *Random Forest* teve a melhor pontuação ROC, enquanto o modelo KNN teve o pior desempenho. O destaque do modelo *Random Forest* com a melhor pontuação ROC pode ser atribuído à sua capacidade inerente de combinar múltiplas árvores de decisão para criar previsões robustas e estáveis.

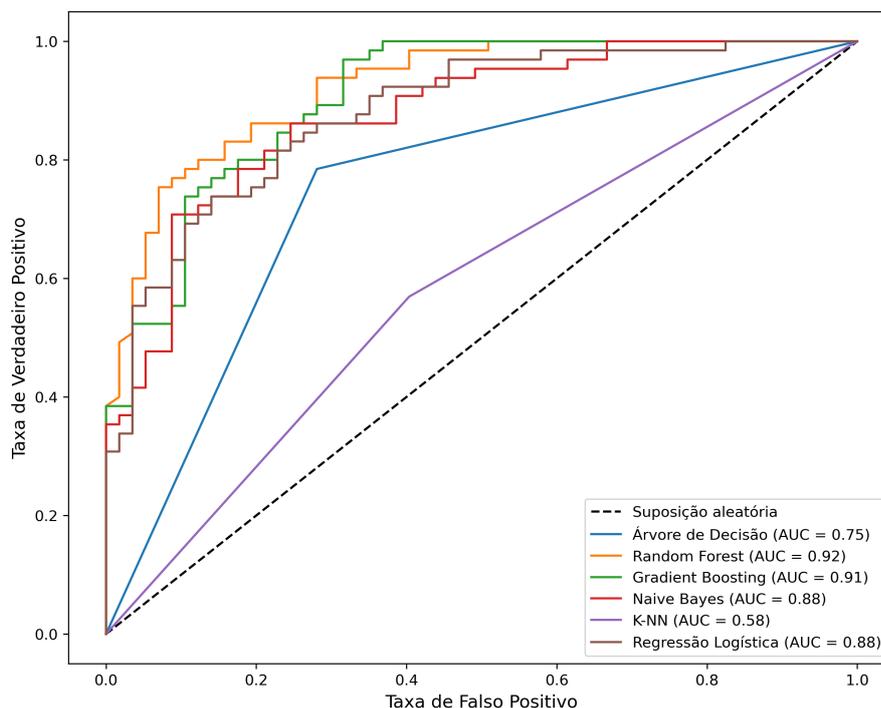


Figura 6: Gráfico de curva ROC dos modelos de AM para previsão de sobrevivência. Fonte: Autores.

Para avaliar o desempenho dos modelos empregados neste estudo, foi realizada uma comparação dos resultados obtidos com o do trabalho de Chico et. al 2020 17, no qual foram utilizados modelos de classificação semelhantes, como *Random Forests*, *KNN* e *Naive Bayes*.

Tabela 4: Comparação dos resultados dos modelos de AM para previsão de sobrevivência.

Modelos	Este estudo		Estudo de referencia 17	
	Acurácia	F1-score	Acurácia	F1-score
Random Forests	0,88	0,88	0,74	0,54
Árvore de decisão	0,82	0,82	0,73	0,55
Gradient Boosting	0,87	0,87	0,73	0,52
Naive Bayes	0,79	0,78	0,62	0,14
KNN	0,61	0,62	0,69	0,36

Os resultados dessa comparação são apresentados na Tabela 4, tendo sido observado que resultados significativamente melhores foram apresentados por este trabalho em relação ao estudo de referência. Com base nas métricas de desempenho, embora haja variações entre os modelos, todos apresentaram resultados promissores. Além disso, a curva ROC da Figura 6 demonstrou que os modelos apresentaram uma boa taxa de verdadeiros positivos em relação aos falsos positivos. Esses resultados sugerem que a ferramenta proposta pode ser consideravelmente útil nessa situação na previsão de sobrevivência de pacientes.

## 7.2 Previsão de tempo de internação de pacientes

Assim como na seção anterior, foram utilizados modelos para prever o tempo de internação de pacientes. Para essa análise, foi inicialmente aplicada a técnica de *Binning*, um processo de dividir uma variável contínua em intervalos, ou *bins*, e então substituí-los por um valor representativo ou categoria para cada *bin*. Dessa forma, foi transformada a variável numérica *Tempo (dias)* em uma variável multiclasse *Mês*, que agrupou os dados em diferentes faixas de valores. Em seguida, a variável foi balanceada utilizando o método SMOTE para evitar o desequilíbrio da classe minoritária.

Os resultados obtidos, apresentados na Tabela 5, indicam que todos os modelos apresentaram equilíbrio geral entre as métricas. E como previsto, o Ensemble performou bem, o que é esperado, já que ele é a combinação de todos os modelos individuais. Novamente, os resultados indica uma boa capacidade desses modelos em classificar corretamente as amostras, mantendo um equilíbrio entre a capacidade de identificar amostras positivas e negativas.

Tabela 5: Resultados dos modelos de AM para previsão de tempo de internação.

Modelo	Precisão	Acurácia	<i>recall</i>	<i>F1-score</i>
Árvore de Decisão	0,99 ± 0,08	0,98 ± 0,09	0,98 ± 0,09	0,98 ± 0,09
Random Forest	0,91 ± 0,02	0,91 ± 0,03	0,92 ± 0,02	0,91 ± 0,03
Regressão Logística	0,75 ± 0,04	0,74 ± 0,04	0,75 ± 0,04	0,74 ± 0,04
Naive Bayes	0,91 ± 0,02	0,91 ± 0,02	0,92 ± 0,02	0,91 ± 0,02
Gradient Boosting	0,99 ± 0,01	0,98 ± 0,01	0,99 ± 0,01	0,98 ± 0,01
Ensemble	0,98 ± 0,01	0,98 ± 0,01	0,98 ± 0,01	0,98 ± 0,01

Por outro lado, apenas o modelo de Regressão Logística demonstraram desempenho inferior, o que pode refletir limitações na captura da complexidade das relações nos dados de saúde. Esses achados reiteram a importância de selecionar e afinar cuidadosamente os modelos de AM para tarefas específicas de previsão na área da saúde, considerando as características únicas do conjunto de dados em questão.

Como o tempo de internação foi classificado em meses, não foi possível plotar a curva ROC. Como descrito, essa curva é uma ferramenta amplamente utilizada na avaliação do desempenho de classificadores binários e não pode ser aplicada diretamente em problemas de classificação multiclasse, como no caso deste estudo. Mesmo assim, os resultados apresentados, por meio das métricas de avaliação, foram satisfatórios.

## 7.3 seleção de características

Inicialmente, foi aplicada a técnica de Redução da Precisão Média, que avalia a importância das características com base no modelo *Random Forest* para a classificação de sobrevivência. Essa avaliação pode ser visualizada na Figura 7 (à esquerda). Características com menor importância foram descartadas até que o número desejado de características fosse alcançado ou o limite especificado fosse atingido. Aplicou-se também a técnica de Redução de impureza Gini, sendo uma medida de impureza ou incerteza em um conjunto de dados, visando avaliar a importância relativa de cada característica no modelo e, em seguida, descartar aquelas com importância mínima, como pode ser observado na Figura 7 (à direita).

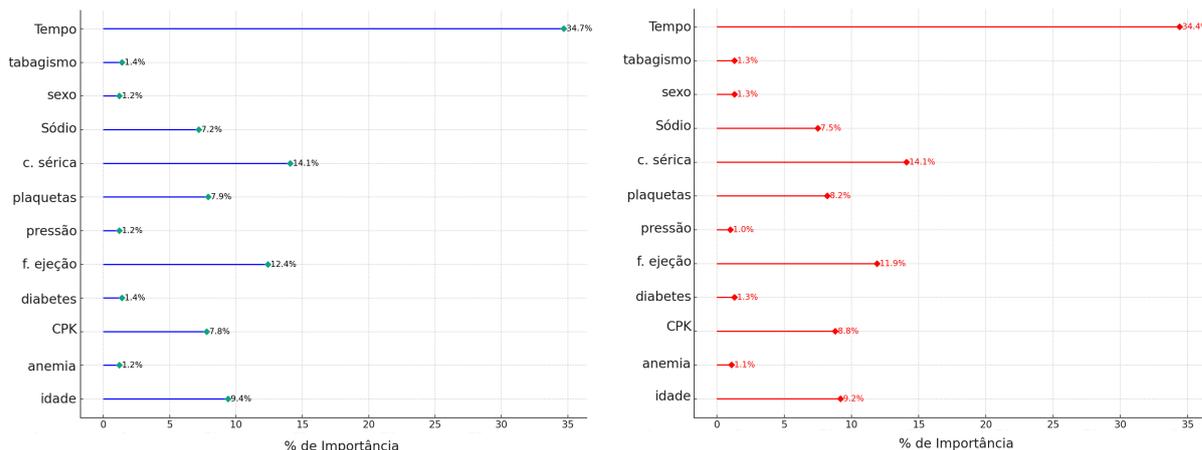


Figura 7: Porcentagem de importância do recurso em relação à sobrevivência do paciente. À esquerda, redução média da redução da precisão e, à direita, redução da impureza de Gini. Fonte: Autores.

Na Figura 7, é possível observar a seleção de características utilizando dois métodos distintos: redução de precisão média e redução de impureza Gini. Para o primeiro método, um threshold de importância de 0,1 foi definido, o que implicou na seleção apenas das características com importância igual ou superior a 10%. Como resultado, foram selecionadas três características: fração de ejeção, creatinina sérica e Tempo. Essas variáveis foram consideradas as mais relevantes para a tarefa de classificação, por apresentarem maior impacto na predição do desfecho clínico.

No segundo método, da redução da impureza Gini, foram obtidos resultados similares aos do método de redução da precisão média. As mesmas três características foram selecionadas: fração de ejeção, creatinina sérica e tempo. Essas variáveis apresentaram as maiores porcentagens de importância sendo consideradas as mais relevantes para a tarefa de classificação. Essa seleção ocorreu porque as informações fornecidas por essas características têm o potencial de influenciar diretamente na predição do desfecho clínico dos pacientes com ICC.

Também foi realizada a investigação da importância das variáveis para a variável multiclasse de tempo de internação. Para esse propósito, foram aplicadas técnicas de redução de precisão média (com o mesmo threshold de importância de 10%) e impureza Gini para a classificação do tempo de acompanhamento, como apresentado na Figura 8.

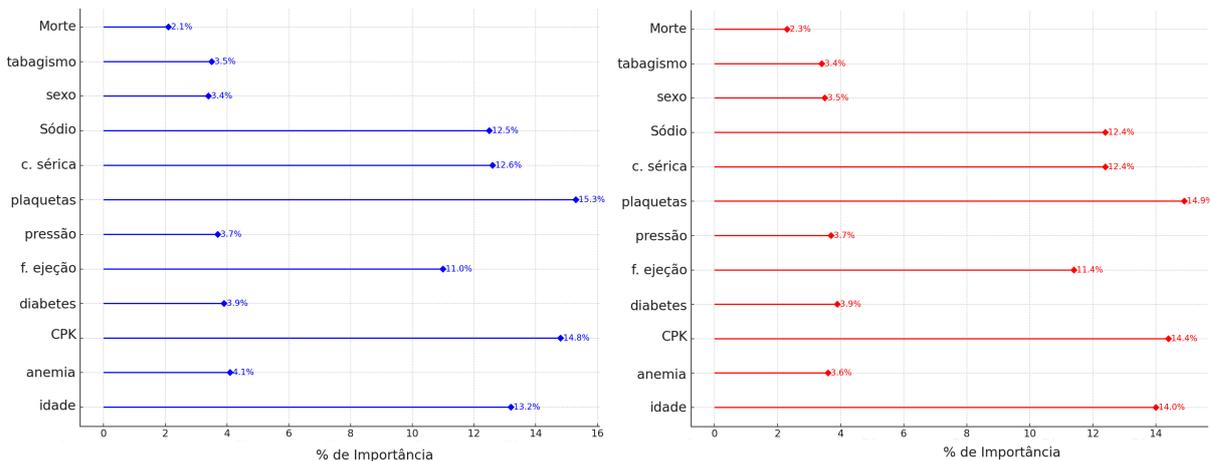


Figura 8: Porcentagem de importância do recurso em relação ao tempo de internação. À esquerda, redução média da redução da precisão e, à direita, redução da impureza de Gini. Fonte: Autores.

Foram obtidas, em ambos os casos, seis características selecionadas: idade, CPK, fração de ejeção, plaquetas, creatinina sérica e sódio. Foi observado haver mais características relevantes para a classificação do tempo de internação do que para a classificação da sobrevivência.

#### 7.4 Previsão clínica utilizando somente as características classificadas

Para a previsão de sobrevivência de pacientes com ICC, utilizando as características classificadas, usando as três variáveis *fração de ejeção*, *creatinina sérica* e *tempo* para comparação com os resultados obtidos no trabalho de [17], no qual utilizaram *creatinina sérica* e *fração de ejeção* desconsiderando o tempo de internação, que no presente trabalho foi considerado. Cada método de classificação binária foi aplicado e a pontuação foi relatada na Tabela 6.

Tabela 6: Comparação dos resultados dos modelos de AM para previsão de sobrevivência.

Modelos	Este estudo		Estudo de referencia 17	
	Acurácia	F1-score	Acurácia	F1-score
Random Forests	0,86	0,86	0,58	0,75
Gradient Boosting	0,86	0,86	0,58	0,75

Os resultados indicam que os modelos *Random Forest*, *MLPClassifier*, e *Ensemble* foram os mais eficientes na tarefa de previsão, com uma acurácia destacada de 84%, superando todos os outros métodos. Dentre os modelos adicionados, *Árvore de Decisão* e *Gradient Boosting* também mostraram bons desempenhos, com acurácias de 80% e 83%, respectivamente, posicionando-se bem no espectro de eficiência.

Os resultados obtidos no estudo sugerem que a *idade*, *CPK*, *fração de ejeção*, *plaquetas*, *sódio*, *creatinina sérica* e *tempo* são variáveis importantes para a predição da sobrevivência e tempo de internação de pacientes com ICC. De fato, essas variáveis foram suficientes para treinar um modelo com um bom desempenho preditivo, indicando que esses fatores podem ser considerados indicadores úteis para avaliar o prognóstico desses pacientes.

## 8 CONCLUSÕES

Em conclusão, o estudo demonstrou a utilidade de modelos de AM para prever a sobrevivência e a duração da hospitalização de pacientes com ICC. As técnicas de seleção de características aplicadas durante a análise permitiram a identificação de variáveis-chave associadas aos fatores de risco que impactam significativamente a previsão de resultados clínicos nesses pacientes.

O estudo apresentou resultados significativos no uso de modelos de classificação para prever a sobrevivência e o tempo de hospitalização de pacientes com ICC. Os resultados, em comparação ao estudo de referência, se mostraram melhores com a utilização da técnica de SMOTE para o balanceamento de classes. Além disso, o trabalho foi além ao prever a duração do tempo de internação de pacientes com a doença.

O uso de métodos de seleção de características permitiu identificar os principais atributos que são relevantes e importantes para prever o desfecho clínico desses pacientes. Somente com as características selecionadas, foi possível realizar a previsão clínica. Esses resultados sugerem que a abordagem de AM é uma ferramenta eficiente e precisa para auxiliar na tomada de decisões clínicas, que pode ser integrada ao cuidado clínico para melhorar o prognóstico do paciente.

A capacidade de prever a sobrevivência do paciente pode apoiar os profissionais de saúde na personalização dos tratamentos para cada paciente, aumentando assim suas chances de sobrevivência e melhorando sua qualidade de vida geral. Além disso, prever a duração da hospitalização pode ajudar na otimização da alocação de recursos hospitalares, garantindo um número apropriado de leitos e equipe de saúde baseado na demanda. Esses modelos têm o potencial de causar um impacto significativo na saúde pública ao aprimorar a entrega de cuidados de saúde e reduzir a pressão sobre os sistemas de saúde.

## REFERÊNCIAS

- [1] C. C. d. D. de Insuficiência. «Cardíaca. Diretriz Brasileira de Insuficiência Cardíaca Crônica e Aguda. Diretriz Brasileira de Insuficiência Cardíaca Crônica e Aguda». *Arq Bras Cardiol*, vol. 111, no. 3, pp. 436–539, 2018.
- [2] L. Casado, L. M. Vianna and L. C. S. Thuler. «Fatores de risco para doenças crônicas não transmissíveis no Brasil: uma revisão sistemática». *Revista brasileira de cancerologia*, vol. 55, no. 4, pp. 379–388, 2009.
- [3] *National Clinical Guideline Centre (UK)*, London. *Chronic Heart Failure: National Clinical Guideline for Diagnosis and Management in Primary and Secondary Care: Partial Update*, August 2010. PMID: 22741186.
- [4] B. A. Borlaug and M. M. Redfield. «Diastolic and systolic heart failure are distinct phenotypes within the heart failure spectrum». *Circulation*, vol. 123, no. 18, pp. 2006–2014, 2011.
- [5] R. F. Lee, T. K. Glenn and S. S. Lee. «Cardiac dysfunction in cirrhosis». *Best Practice & Research Clinical Gastroenterology*, vol. 21, no. 1, pp. 125–140, 2007.
- [6] C. M. Otto and B. Prendergast. «Aortic-valve stenosis—from patients at risk to severe valve obstruction». *New England Journal of Medicine*, vol. 371, no. 8, pp. 744–756, 2014.

- [7] I. Shimizu and T. Minamino. «Physiological and pathological cardiac hypertrophy». *Journal of molecular and cellular cardiology*, vol. 97, pp. 245–262, 2016.
- [8] V. Jahmunah, S. L. Oh, J. K. E. Wei, E. J. Ciaccio, K. Chua, T. R. San and U. R. Acharya. «Computer-aided diagnosis of congestive heart failure using ECG signals—A review». *Physica Medica*, vol. 62, pp. 95–104, 2019.
- [9] T. A. McDonagh, R. S. Gardner, A. L. Clark and H. Dargie. *Oxford textbook of heart failure*. Oxford University Press, Oxford, 2011.
- [10] M. Gombert-Maitland, D. A. Baran and V. Fuster. «Treatment of congestive heart failure: guidelines for the primary care physician and the heart failure specialist». *Archives of internal medicine*, vol. 161, no. 3, pp. 342–352, 2001.
- [11] N. C. G. C. UK. «Chronic Heart Failure: National Clinical Guideline for Diagnosis and Management in Primary and Secondary Care [Internet]». 2010.
- [12] G. I. Salama, M. Abdelhalim and M. A.-e. Zeid. «Breast cancer diagnosis on three different datasets using multi-classifiers». *Breast Cancer (WDBC)*, vol. 32, no. 569, pp. 2, 2012.
- [13] E. E.-D. Hemdan, M. A. Shouman and M. E. Karar. «Covidx-net: A framework of deep learning classifiers to diagnose covid-19 in x-ray images». *arXiv preprint arXiv:2003.11055*, 2020.
- [14] F. S. Alotaibi. «Implementation of machine learning model to predict heart failure disease». *International Journal of Advanced Computer Science and Applications*, vol. 10, no. 6, 2019.
- [15] A. Çınar and S. A. Tuncer. «Classification of normal sinus rhythm, abnormal arrhythmia and congestive heart failure ECG signals using LSTM and hybrid CNN-SVM deep neural networks». *Computer methods in biomechanics and biomedical engineering*, vol. 24, no. 2, pp. 203–214, 2021.
- [16] M. Gjoreski, A. Gradišek, B. Budna, M. Gams and G. Poglajen. «Machine learning and end-to-end deep learning for the detection of chronic heart failure from heart sounds». *Ieee Access*, vol. 8, pp. 20313–20324, 2020.
- [17] D. Chicco and G. Jurman. «Machine learning can predict survival of patients with heart failure from serum creatinine and ejection fraction alone». *BMC medical informatics and decision making*, vol. 20, no. 1, pp. 1–16, 2020.
- [18] A. DeMaris. «A tutorial in logistic regression». *Journal of Marriage and the Family*, pp. 956–968, 1995.
- [19] J. R. Quinlan. «Induction of decision trees». *Machine learning*, vol. 1, pp. 81–106, 1986.
- [20] L. Breiman. «Random forests». *Machine learning*, vol. 45, pp. 5–32, 2001.
- [21] J. H. Friedman. «Greedy function approximation: a gradient boosting machine». *Annals of statistics*, pp. 1189–1232, 2001.
- [22] É. Fontana. «Introdução aos algoritmos de aprendizagem supervisionada». *Departamento de Engenharia Química, Universidade Federal do Paraná*, 2020.
- [23] G. E. Hinton. «Connectionist learning procedures». In *Machine learning*, pp. 555–610. Elsevier, 1990.
- [24] N. V. Chawla, K. W. Bowyer, L. O. Hall and W. P. Kegelmeyer. «SMOTE: synthetic minority over-sampling technique». *Journal of artificial intelligence research*, vol. 16, pp. 321–357, 2002.
- [25] A. S. Tarawneh, A. B. Hassanat, G. A. Altarawneh and A. Almuhaimeed. «Stop oversampling for class imbalance learning: A review». *IEEE Access*, vol. 10, pp. 47643–47660, 2022.
- [26] H. Han, X. Guo and H. Yu. «Variable selection using mean decrease accuracy and mean decrease gini based on random forest». In *2016 7th IEEE International Conference on Software Engineering and Service Science (ICSESS)*, pp. 219–224. IEEE, 2016.
- [27] T. Ahmad, A. Munir, S. Bhatti, M. Aftab and M. Raz. «Heart Failure Clinical Records Dataset. UCI Machine Learning Repository», 2020.

### 3 APRENDIZAGEM DE MÁQUINA COM PEQUENAS AMOSTRAS

Neste capítulo, é apresentado um artigo intitulado “Aprendizagem de poucas amostras na era do Big Data: uma revisão de literatura sobre perspectivas e desafios”, destacando-se como resultado desta dissertação. Na área da saúde, frequentemente surgem situações em que a quantidade de dados disponíveis para treinar modelos de AM é limitada, o que pode impactar negativamente nos resultados. Sejam por questões éticas, de privacidade, condições de saúde raras ou emergentes, entre outras, acabam por impactar na quantidade de dados disponíveis, como em algumas vezes acontecem em pesquisas médicas baseadas em questionários de opinião. Por isso, torna-se vital o desenvolvimento de trabalhos que ofereçam soluções para treinamento de modelos de AM com dados limitados.

Em contextos médicos, na personalização de tratamentos com base em características individuais do paciente e previsão de resultados clínicos específicos, o FSL pode oferecer uma solução promissora. Em casos onde um paciente apresenta sintomas atípicos e raros, o FSL pode ser empregado para treinar um modelo capaz de identificar padrões sutis e correlações relevantes, mesmo com uma quantidade limitada de dados disponíveis. Ao adaptar os modelos de AM para funcionar eficazmente com pequenas amostras, o FSL possibilita avanços significativos na medicina personalizada e na melhoria da qualidade dos cuidados de saúde. Assim, a aplicação do FSL na área da saúde tem o potencial de agregar valor significativo, contribuindo para avanços importantes no campo da medicina e da saúde pública.

O trabalho apresentado neste artigo tem como foco realizar uma revisão da literatura e uma análise teórica voltada para o AM com poucas amostras. São exploradas técnicas de FSL e suas aplicações, visando treinar modelos capazes de generalizar e realizar inferências precisas a partir de conjuntos de dados reduzidos. Para facilitar a compreensão do conceito, o modelo de FSL é explicado por meio de exemplos visuais. A análise crítica revela o potencial dessas técnicas para o aprimoramento de modelos de AM, especialmente em cenários em que o acesso a grandes volumes de dados é restrito ou difícil.

O referido artigo foi publicado na revista *Sigmae* (ISSN: 2317-0840), como parte da edição especial volume 12 N° 3 (2023) do congresso *67ª RBRAS e 20ª SEAGRO*. A escolha desta revista para submissão reflete a relevância e o escopo do trabalho realizado, uma vez que, para a revista, Matemática e Estatística “aplicadas” são consideradas em qualquer área do conhecimento. Além disso, a seleção da revista se deve ao interesse em compartilhar o trabalho com a comunidade científica como uma “porta de entrada” para futuros estudos em AM para dados limitados.

## Aprendizagem com pequenas amostras na era do Big Data: uma revisão de literatura sobre perspectivas e desafios

João Carlos P. Alves<sup>1†</sup>, Eric B. Ferreira<sup>2</sup>, Iago A. Carvalho<sup>3</sup>

<sup>1</sup>*Programa de Pós-graduação em Estatística Aplicada e Biometria (PPGEAB), Universidade Federal de Alfenas (UNIFAL-MG).*

<sup>2</sup>*Departamento de Estatística, Universidade Federal de Alfenas (UNIFAL-MG).*

<sup>3</sup>*Departamento de Ciência da Computação, Universidade Federal de Alfenas (UNIFAL-MG).*

**Resumo:** *O avanço do Big Data trouxe um grande volume de dados que possibilitou o uso de técnicas de aprendizagem de máquina para a tomada de decisões em diferentes áreas. Contudo, a efetividade desses modelos depende da disponibilidade de grandes quantidades de dados, levantando o desafio de como lidar com a aprendizagem com pequenas amostras. Aprender a partir de pequenas amostras é importante em muitas aplicações quando grandes volumes não estão disponíveis, como no caso de pesquisas de opinião, devido aos desafios da coleta de informações, principalmente devido à falta de engajamento e participação em questionários. Esta abordagem pode facilitar ou minimizar o uso de questionários de opinião. No entanto, existem desafios que precisam ser superados para obter um desempenho preciso em tarefas de aprendizagem com pequenas amostras, como a seleção de amostras relevantes, a escolha de métodos de treinamento adequados, entre outros. Diante disso, discutiremos as perspectivas e desafios da aprendizagem com pequenas amostras na era do Big Data. Será realizada uma revisão das técnicas de Few-shot learning e suas aplicações como uma alternativa para lidar com pequenas amostras. A revisão dessas técnicas e sua aplicação em conjuntos de dados limitados podem fornecer insights valiosos para a melhoria de modelos de aprendizagem de máquina em diferentes áreas de aplicação.*

**Palavras-chave:** *Aprendizagem de máquina; Few-shot learning; Big Data; pequenas amostras; Questionários de opinião.*

## Few-shot learning in the era of Big Data: a literature review on perspectives and challenges

**Abstract:** *The advancement of Big Data has brought a large volume of data that has enabled the use of machine learning techniques for decision-making in different fields. However, the effectiveness of these models depends on the availability of large amounts of data, raising the challenge of dealing with learning from few samples. Learning from few samples is important in many applications when large volumes are not available, such as opinion surveys, due to the challenges of data collection, primarily due to lack of engagement and participation in questionnaires. This approach can facilitate or minimize the use of opinion surveys. However, there are challenges that need to be overcome to achieve accurate performance in few-shot learning tasks, such as the selection of relevant samples, and the choice of appropriate training methods, among others. In light of this, we will discuss the perspectives and challenges of learning from few samples in the era of Big Data. A review of Few-shot learning techniques and their applications will be conducted as an alternative to deal with few samples. Reviewing these techniques and their application on limited datasets can provide valuable insights for improving machine learning models in different application domains.*

**Keywords:** *Machine Learning; Few-shot learning; Big Data; Few samples; Opinion surveys.*

## Introdução

Nos últimos anos, o avanço do *Big Data* tem proporcionado um crescimento exponencial no volume de dados disponíveis, impulsionando o uso de técnicas de aprendizagem de máquina para a tomada de decisões em uma ampla variedade de áreas. Esses avanços têm demonstrado o potencial da análise de dados em larga escala para obter *insights* valiosos e melhorar a precisão dos modelos de aprendizado. No entanto, é importante ressaltar que a efetividade desses modelos depende da disponibilidade de grandes quantidades de dados para treinamento.

---

<sup>†</sup>Autor correspondente: [joao.carlos@sou.unifal-mg.edu.br](mailto:joao.carlos@sou.unifal-mg.edu.br).

Essa dependência de dados em grande escala pode se tornar um desafio significativo em situações em que a quantidade de dados disponíveis é limitada. Em muitas aplicações do mundo real, é comum encontrar cenários em que a coleta de um grande número de amostras é impraticável, custosa ou até mesmo inviável. Essas limitações são especialmente relevantes em pesquisas de opinião, estudo de doenças raras, desenvolvimento de novos dispositivos, por exemplo, os dados disponíveis são escassos.

Nesses contextos, a aprendizagem com pequenas amostras desempenha um papel crucial. Trata-se de uma abordagem que visa aprender com um número limitado de exemplos, permitindo a tomada de decisões mesmo quando grandes volumes de dados não estão prontamente disponíveis. A ideia fundamental por trás da aprendizagem com pequenas amostras é aproveitar ao máximo as informações limitadas disponíveis para generalizar para novos exemplos e realizar inferências precisas.

Uma técnica popular para lidar com a aprendizagem com pequenas amostras é o *Few-shot learning* (FSL) (WANG et al., 2020), que se concentra em treinar modelos de aprendizado capazes de generalizar para novas tarefas ou classes com base em um número limitado de exemplos de treinamento. Essa abordagem tem sido explorada como uma alternativa promissora para superar os desafios da escassez de dados.

O conceito de FSL foi primeiramente registrado nos anos 2000 (LU et al., 2020). Não obstante, essa abordagem começou a ganhar destaque e projeção mais significativa com o advento das Redes Neurais Convolucionais (CNN) a partir de 2015. Esse desenvolvimento pode ser atribuído, em parte, ao aprimoramento e à popularização de técnicas de treinamento de modelos, à disponibilidade de grandes conjuntos de dados, e ao aumento substancial no poder computacional, possibilitando a implementação de modelos mais complexos e robustos. Ademais, o interesse crescente nesta abordagem é justificado pela sua capacidade de desenvolver modelos de aprendizagem de máquina que podem realizar inferências precisas, mesmo quando o volume de dados de treinamento é restrito, conferindo assim um potencial considerável para uma variedade de aplicações práticas e cenários onde a coleta de dados é desafiadora.

O FSL se destaca por sua capacidade de aprender com eficiência a partir de um número reduzido de amostras de treinamento, permitindo a adaptação rápida a novos contextos e a tomada de decisões mesmo diante da escassez de dados. Ao invés de depender exclusivamente de enormes conjuntos de dados rotulados, o FSL concentra-se em extrair informações úteis e relevantes dos poucos exemplos disponíveis.

Uma característica chave do FSL é a sua habilidade de aproveitar o conhecimento prévio adquirido em tarefas ou domínios relacionados. Por meio de técnicas como a transferência de conhecimento, os modelos de aprendizado são capazes de generalizar a partir de experiências anteriores e aplicar esse conhecimento em novos contextos com pequenas amostras disponíveis. Essa capacidade de transferir aprendizados anteriores permite que o modelo obtenha um desempenho promissor, mesmo quando os dados de treinamento são limitados.

Além disso, a escolha de métodos de treinamento apropriados também é um desafio importante na aprendizagem com pequenas amostras. Diferentes algoritmos e estratégias podem ser empregados para lidar com a escassez de dados, como técnicas de transferência de conhecimento, modelagem de distribuições latentes ou uso de redes neurais generativas. Cada abordagem tem suas vantagens e desvantagens, e a escolha adequada depende do contexto específico do problema e dos recursos disponíveis.

Um desafio crucial é a capacidade de generalização para novas amostras com base em um conjunto reduzido de exemplos. A capacidade de extrapolar informações a partir de um número limitado de amostras é essencial para garantir a aplicabilidade dos modelos de aprendizado em cenários do mundo real. Estratégias como regularização, aumento de dados e técnicas de adaptação de domínio podem ajudar a melhorar a capacidade de generalização dos modelos de aprendizado com pequenas amostras.

Diante dessas questões, este artigo tem como objetivo discutir em detalhes as perspectivas e desafios da aprendizagem com pequenas amostras na era do *Big Data*. Para isso, será realizada uma revisão abrangente das técnicas de FSL e suas aplicações como uma alternativa para lidar com a escassez de dados. Ao serem examinadas as abordagens existentes e explorados exemplos de aplicação do FSL, espera-se fornecer uma visão abrangente das estratégias mais eficazes e identificar lacunas de pesquisa que precisam ser abordadas. A compreensão e a superação dos desafios da aprendizagem com pequenas amostras são fundamentais para impulsionar o avanço da inteligência artificial em um contexto em que o acesso a grandes conjuntos de dados pode ser limitado.

Espera-se que esta revisão das técnicas de FSL e sua aplicação em conjuntos de dados limitados forneça *insights* valiosos para a melhoria de modelos de aprendizagem de máquina em diferentes áreas de aplicação. Através dessa abordagem, podemos explorar maneiras inovadoras de lidar com a escassez de dados e avançar na busca por soluções eficazes para problemas de aprendizagem com pequenas amostras na era do *Big Data*.

Este artigo está organizado da seguinte forma: na seção 2, apresenta-se a metodologia do trabalho, incluindo a descrição do método usado para selecionar os estudos incluídos na revisão. Na sessão 3, é apresentada uma revisão da literatura sobre a contextualização de aprendizagem com pequenas amostras, incluindo conceitos fundamentais e principais abordagens. Na seção 4, discutiremos em detalhes os desafios enfrentados na aprendizagem com pequenas amostras, abordando questões relacionadas à seleção de amostras, métodos de treinamento e capacidade de generalização. Na seção 5, apresentaremos exemplos de aplicações práticas do FSL em diferentes domínios. Por fim, na seção 6, concluiremos o artigo, resumindo as principais contribuições e apontando direções para pesquisas futuras.

## Metodologia

Para a elaboração desta revisão de literatura, foi empregada uma estratégia de busca sistemática visando identificar trabalhos relevantes ao tema de FSL na era do *Big Data*. Os critérios de inclusão para os estudos foram: (1) trabalhos publicados recentemente, no período da última década (exceto trabalhos históricos de introdução a conceitos importantes); (2) artigos escritos em português ou inglês; e (3) estudos que fossem experimentais e teóricos, focalizando especificamente modelos de FSL em Aprendizado Baseados em Similaridade;

Com base nesses critérios, foi realizada uma busca detalhada em bases de dados acadêmicas mais conhecidas, incluindo [Google Acadêmico](#), [IEEE Xplore](#) e [ACM Digital Library](#), visando a obtenção de uma amostra representativa e atualizada de trabalhos na área. Foram excluídos da revisão trabalhos que não atendiam aos critérios de inclusão previamente definidos, assim como aqueles que não eram diretamente pertinentes ao tema de interesse, garantindo assim a relevância e a especificidade dos estudos incluídos.

Os artigos selecionados foram, então, analisados de forma crítica e sistemática, com enfoque nas abordagens metodológicas empregadas, nos resultados alcançados e nas conclusões apresentadas pelos autores. Desta forma, esta revisão busca proporcionar um panorama abrangente e conciso dos avanços recentes, das tendências emergentes e dos desafios persistentes no campo da aprendizagem de pequenas amostras na contemporaneidade do *Big Data*.

## Fundamentação Teórica

Nessa sessão é apresentado conceitos-chave que formam a base estrutural do estudo, tais como Inteligência Artificial, um ramo da ciência da computação que visa criar sistemas capazes de realizar tarefas que, normalmente, necessitariam da inteligência humana; Aprendizado de Máquina (*Machine Learning*), uma subárea da Inteligência Artificial que foca no desenvolvimento de algoritmos que permitem que os sistemas aprendam e façam previsões ou tomadas de

decisão; *Big Data*, que se refere a conjuntos de dados extremamente grandes e complexos, os quais são analisados computacionalmente para revelar padrões, tendências e associações; e *Few-shot Learning*, uma técnica de aprendizado de máquina que procura construir modelos precisos com o emprego de um número muito reduzido de exemplos.

## Inteligência Artificial

De acordo com Russell e Norvig (2013), a Inteligência Artificial (IA) abrange a disciplina científica dedicada ao projeto de máquinas capazes de realizar tarefas que exigem inteligência semelhante à humana. O principal propósito da IA está em criar máquinas e computadores capazes de executar atividades atualmente consideradas intrínsecas ao domínio humano, como compreensão da linguagem falada, dedução lógica, assimilação e adaptação.

Os estudos e aplicações da IA se iniciaram na década de 40, sendo um dos primeiros trabalhos realizados em 1943 por Warren McCulloch e Walter Pitts na Universidade de Illinois. Eles propuseram um modelo de neurônios artificiais, onde cada neurônio se caracteriza por “ligado” ou “desligado”, desse modo, o estado de um neurônio era analisado como “equivalente em termos concretos a uma proposição que definia seu estímulo adequado”. Sendo essa a marco inicial da chamada *neural networks* ou redes neurais (MCCULLOCH; PITTS, 1943).

Graças aos recentes avanços, a IA se tornou imensamente relevante para inúmeras áreas do conhecimento além da computação. Desde o controle de carros autônomos com processamento de imagens até diagnósticos de doenças, a IA está cada vez mais presente. Sendo esta uma poderosa ferramenta para a solução de problemas no qual se possui a necessidade cumprir tarefas específicas ao processar abundância de dados ou até mesmo reconhecer padrões em base de dados reduzidas.

## Aprendizado de Máquina e Big Data

O Aprendizado de Máquina (AM) ou *Machine Learning (ML)* pode ser vista como uma subárea da IA, centralizando seu foco em desenvolver modelos capazes de adquirir conhecimento de forma autônoma, aprimorando-se continuamente mediante experiências acumuladas. O AM é fundamentado na implantação de algoritmos aptos a processar dados e, a partir destes, fazer inferências e tomar decisões, utilizando como referência experiências pregressas e soluções previamente consolidadas. O funcionamento do ML é sustentado por aprendizado indutivo, uma modalidade de inferência lógica que possibilita a generalização de conclusões partindo de um conjunto específico de dados. Este aprendizado é categorizado, primariamente, como supervisionado, não supervisionado e semisupervisionado.

No aprendizado supervisionado, o algoritmo é treinado com um conjunto onde a classe de cada exemplo é conhecida, desta forma obtendo um estimador que possa definir a nova classe de novos exemplos. Diferente do aprendizado supervisionado, o não-supervisionado a classe de cada exemplo não é conhecida. Desta forma é comum o trabalho de agrupamento, analisando os exemplos fornecidos e determinar se alguns deles podem ser agrupados de alguma maneira (devido suas características), formando agrupamento ou *clusters*. Por fim, o aprendizado semisupervisionado seria o meio-termo entre aprendizado supervisionado e não-supervisionado. No qual o algoritmo de aprendizado trabalha com um conjunto de treinamento formado por exemplos classificados e um conjunto de dados não classificados (SANCHES, 2003).

Apesar do poder analítico inerente ao ML, é imperativo reconhecer a inexistência de um algoritmo universal, apto a solucionar quaisquer problemas de forma eficaz. Esta constatação evidencia a necessidade de compreender as limitações intrínsecas aos algoritmos de ML, bem como empregar métricas de otimização como a Precisão, Acurácia, Erro Quadrático Médio (EQM), raiz do EQM (REQM), entre outras, para refinar os modelos e mensurar a taxa de erro em situações de classificação ou regressão (MONARD; BARANAUSKAS, 2003).

O campo de ML e o fenômeno do *Big Data* estão intrinsecamente interligados, representando dois pilares fundamentais na transformação digital e na inovação tecnológica contemporânea. O

*Big Data* refere-se ao processamento e à análise de volumes massivos de dados, que são gerados incessantemente por diferentes fontes, como redes sociais, sensores e transações online. Essa avalanche de dados, caracterizada por sua velocidade, variedade e volume, oferece um terreno fértil para o desenvolvimento e a aplicação de algoritmos de ML. Estes algoritmos, por sua vez, têm a capacidade de identificar padrões, fazer previsões e gerar *insights* valiosos a partir desses dados, permitindo a extração de conhecimento e a tomada de decisões informadas em diversos domínios, como saúde, finanças e ciências ambientais (RAUTENBERG; CARMO, 2019).

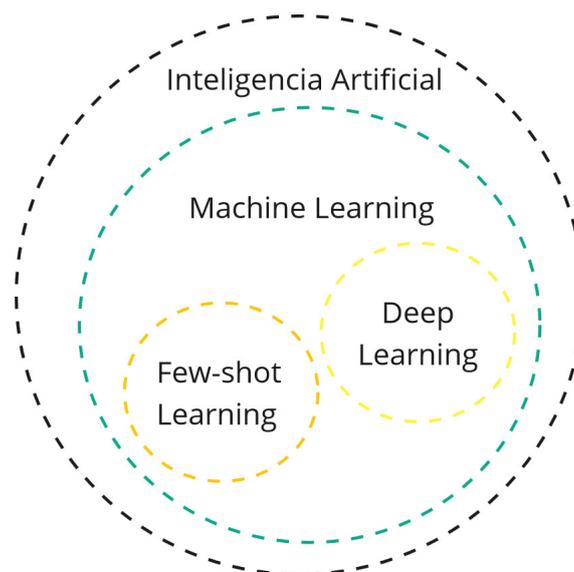
Na conjuntura do *Big Data*, onde volumes imensos de dados são gerados continuamente, o ML apresenta-se como uma ferramenta valiosa para extrair *insights* e conhecimentos. Contudo, paradoxalmente, em diversas situações práticas, como em pesquisas de opinião, estudo de doenças raras, desenvolvimento de novos dispositivos e equipamentos, entre outros, os dados disponíveis são escassos. Nesse cenário, os modelos de ML baseado em aprendizagem com pequenas amostras tornam-se indispensáveis, oferecendo soluções alternativas quando a disponibilidade de dados é limitada.

### Few-shot Learning

A aprendizagem com pequenas amostras, também conhecida como *Few-Shot learning* (FSL) é uma área de pesquisa em aprendizado de máquina que se dedica a treinar modelos capazes de generalizar e realizar inferências precisas em tarefas ou classes para as quais há disponibilidade limitada de exemplos de treinamento. Redes de aprendizado profundo convencionais conseguem um bom desempenho na extração de estatísticas complexas, entretanto precisam de uma grande quantidade de dados para aprender. Contudo, os modelos convencionais sofrem com baixa eficiência para pequenas quantidades de dados. Essa abordagem se torna essencial em cenários em que a coleta de grandes volumes de dados é impraticável, custosa ou inviável (ZHENG et al., 2019).

Pode-se representar relação entre FSL com ML em um diagrama de Venn, como mostra a Figura 1. No qual, FSL juntamente com DL são sub-áreas do ML, que por sua vez seria uma subárea da IA.

Figura 1: Diagrama de Venn: Relação entre IA, AM, *Deep Learning* (DL) e FSL

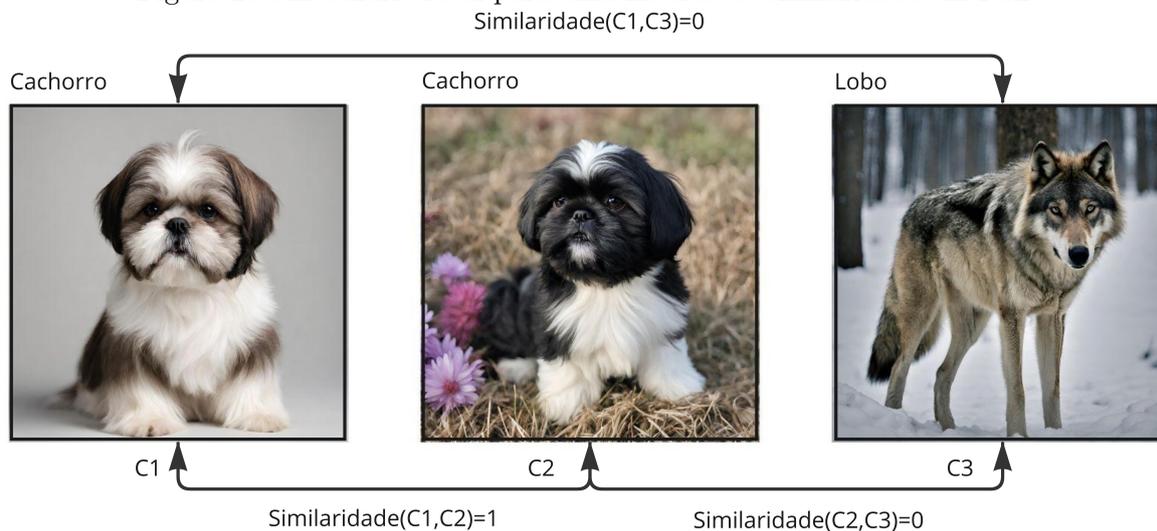


Fonte: Autores.

O objetivo principal na aprendizagem FSL é aprender uma função de similaridade que possa mapear as semelhanças entre as classes nos conjuntos de suporte e de consulta. Normalmente,

funções de similaridade produzem um valor de probabilidade para a semelhança. No exemplo da Figura 2, uma função de similaridade ideal deveria resultar em um valor de 1,0 ao comparar duas imagens de cachorro (C1 e C2). Nos outros dois casos, onde as imagens de cachorros são confrontadas com uma imagem de um lobo, o resultado da similaridade deveria ser 0.0. No entanto, isto é um cenário idealizado. Na prática, os valores poderiam ser 0,95 para C1 e C2 e um valor pequeno superior a 0 para os outros dois casos (como 0,02 e 0,03).

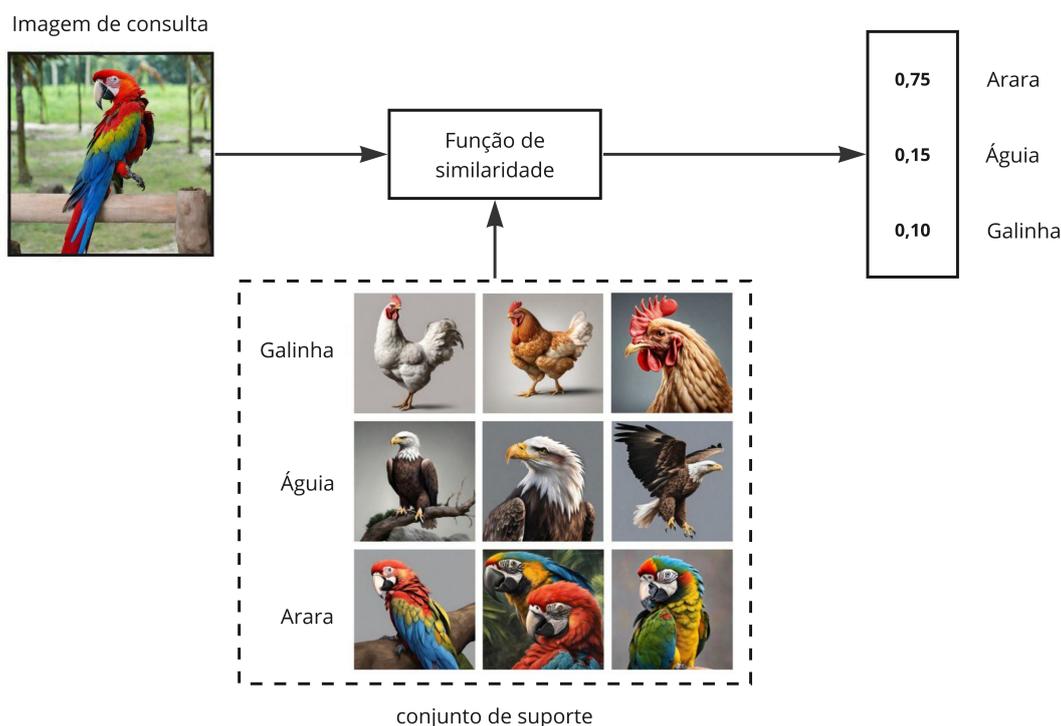
Figura 2: Um cenário ideal para uma medida de similaridade em FSL.



Normalmente o exemplo dado na Figura 2 é empregado em um conjunto de dados rotulados para treinar os parâmetros de tal função de similaridade. O conjunto de treinamento utilizado para o pré-treino do modelo profundo de maneira supervisionada pode servir a este propósito. Uma vez que os parâmetros da função de similaridade estão treinados, eles podem ser empregados na fase de FSL para determinar a similaridade no conjunto de consulta utilizando as informações do conjunto de suporte. Então, para cada amostra do conjunto de consulta, a classe com a maior similaridade proveniente do conjunto de suporte será inferida como a previsão da etiqueta de classe pelo modelo de FSL. Um exemplo de tal procedimento é ilustrado na Figura 3, no qual uma função de similaridade resulta em um valor de 0,75 ao classificar a imagem da arara.

A aprendizagem FSL, é uma ideia relativamente nova na área de estudo, com suas raízes se estendendo até o começo dos anos 2000, conforme citado por Lu et al. (2020). O desenvolvimento desta abordagem se deu inicialmente em entender como humanos aprendem, visando criar algoritmos capazes de generalizar a partir de um número limitado de exemplos. Como no estudo de Miller, Matsakis e Viola (2000), no qual está entre os primeiros que exploraram este campo de estudo. Não muito tempo depois, o trabalho de Fe-Fei et al. (2003) começaram a desenvolver e formalizar o conceito de aprendizado baseado em um único exemplo, também conhecido como *one-shot learning*. Em outra fase, a de aprendizado profundo, a ascensão do FSL foi, em parte, catalisada por trabalhos como o de Koch et al. (2015). Eles introduziram um dos primeiros estudos que integram Redes Neurais Convolucionais (*Convolutional Neural Networks* - CNN) com aprendizagem FSL, marcando um importante desenvolvimento na interseção destas tecnologias.

Figura 3: Panorama de como um modelo de FSL realiza uma previsão



Fonte: Autores.

Os trabalhos iniciais que mesclam CNN e FSL aproveitaram os benefícios das CNNs na extração de características representativas, elevando o FSL a um novo patamar de desenvolvimento acelerado. Koch et al. (2015) introduziram um modelo de redes siamesas para classificação em tarefas one-shot. As estratégias empregadas focaram no refinamento dos modelos profundos para abordar os desafios do FSL, integrando aprendizagem, métrica e meta-aprendizagem, elementos presentes em abordagens contemporâneas de ponta em FSL.

O progresso em FSL evidenciou significativas transformações nas estruturas de modelo durante a transição para técnicas mais avançadas. A interseção de CNNs, aprendizagem métrica, e meta-aprendizagem tornou-se uma estratégia recorrente. Por mais que seja um campo recente, o FSL é um tema recorrente em estudos de visão computacional, recebendo considerável interesse da comunidade de aprendizagem de máquinas.

## Modelos de Aprendizado Baseados em Similaridade

Os modelos baseados em similaridade, métricos ou *learninf-to-measure* - *L2M* (LU et al., 2020), são caracterizados por adquirirem conhecimento através da avaliação da semelhança em imagens. Um exemplo característico de modelo L2M é o apresentado na Figura 3 constituído por um extrator de características de imagem baseado em CNN, juntamente com uma função de similaridade, empregada para distinguir imagens no espaço de características. Alguns dos atributos distintivos desses modelos métricos são sua simplicidade e eficácia ao comparar características para a generalização de imagens, mesmo quando baseados em um número reduzido de exemplos durante o treinamento.

Quando os dados relativos a um específico desafio são escassos para o adestramento de modelos de aprendizagem, a aquisição de conhecimento por meio de problemas que possuem dados análogos emerge como uma alternativa viável. Isso justifica por que a aprendizagem FSL, é frequentemente interpretada como um dilema de meta-aprendizagem por diversas estratégias. Nesta ótica, a meta-aprendizagem se destaca por capacitar modelos na extração de *insights* a

partir de tarefas com características semelhantes, otimizando a capacidade de generalização do modelo em cenários data-sparse, promovendo assim uma adaptabilidade mais eficaz a novos contextos e desafios.

### Meta-aprendizagem

No contexto da aprendizagem com pequenas amostras, existem algumas abordagens e técnicas fundamentais que merecem destaque. Uma delas é a abordagem de “meta-aprendizado” (*meta-learning*), que visa treinar modelos capazes de aprender a aprender. Segundo Finn e Others (2019), tomam a abordagem de que aprendendo uma inicialização de rede que pode se adaptar rapidamente a novas tarefas, esta seria uma forma de meta-aprendizagem ou “aprendendo a aprender”. Para facilitar o aprendizado com poucos dados e corrigir o modelo rapidamente, a meta-aprendizagem é usado para simular várias tarefas durante o treinamento, para projetar o algoritmo correto para adaptação ou aprendizado em um ambiente de recursos compartilhados para classificação baseada em protótipos.

### Tarefa K-shot e N-way

A competência de um algoritmo em realizar aprendizado FSL é comumente mensurada pelo seu desempenho em atividades de n-shot, k-way. Neste cenário, um modelo é confrontado com uma amostra de consulta de uma classe inédita e, simultaneamente, recebe um conjunto de suporte,  $S$ , formado por  $n$  exemplos de  $k$  classes distintas e também inéditas. Adicionalmente, existe um parâmetro suplementar e implícito,  $q$ , que representa a quantidade de exemplos de consulta para cada classe. Em contraste com métodos de aprendizagem convencionais, que necessitam de um acervo mais amplo de dados, a aprendizagem few-shot opera com uma quantidade limitada de exemplos para treinamento em cada classe, resultando numa variação comum do parâmetro  $K$  entre 1 e 10. O parâmetro  $N$  pode, contudo, variar consoante o modelo ou a metodologia experimental utilizada (KNAGG, 2022).

Os conjuntos de imagens de suporte e de consulta em uma tarefa são simbolizados por  $S = N \times K$  e  $Q = N \times q$ , respectivamente. A meta do modelo é categorizar as imagens do conjunto de consulta  $Q$ , correlacionando-as com as  $N$  classes da tarefa, baseando-se em um critério de semelhança. O conjunto original de treinamento é fragmentado em imagens de suporte e consulta. Estas últimas são empregadas para aferir a capacidade do modelo em cada atividade de classificação.

O treinamento e os testes de modelos de FSL são executados por meio de atividades de classificação, utilizando um conjunto destinado, ou conjunto alvo, também segmentado entre imagens de suporte e de consulta. Isso permite a determinação da acurácia média do modelo few-shot. Este método, inserido no contexto de meta-aprendizagem, emprega estratégias distintas de treinamento e teste para otimizar o aprendizado e validação dos modelos.

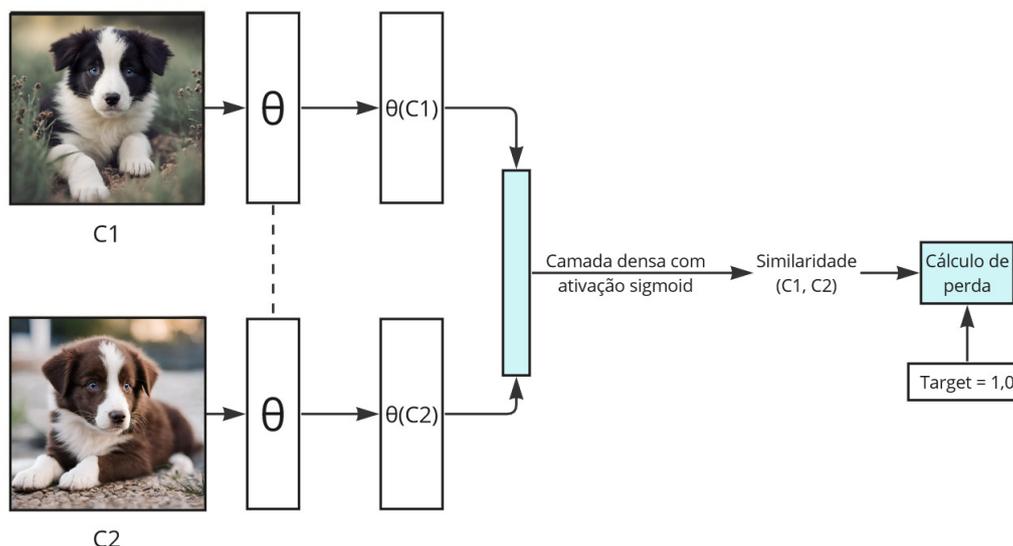
### Rede Siamesa

Na literatura de FSL, funções de similaridade não necessitam ser estritamente “funções”. Elas também podem ser, e comumente são, redes neurais; um dos exemplos mais populares é a Rede Siamesa. O nome é derivado do fato de que “gêmeos siameses” são fisicamente conectados. Em contraste com as redes neurais tradicionais, que possuem um ramo de entrada e um de saída, uma Rede Siamesa tem dois ou três ramos de entrada (dependendo do método de treinamento) e um ramo de saída. Existem duas formas de treinar uma Rede Siamesa, sendo a Similaridade de Pares e Redes de Trigêmeos (KUNDU, 2022).

Na primeira, por similaridade de pares, uma Rede Siamesa recebe duas entradas juntamente com seus rótulos correspondentes (utilizando o conjunto de treinamento empregado para o extrator de características pré-treinado). Primeiramente, selecionamos uma amostra de forma aleatória de um conjunto de dados, por exemplo, escolhemos a imagem de um cachorro (Figura

4). Posteriormente, escolhemos novamente uma amostra de forma aleatória do conjunto de dados. Se a segunda amostra pertence à mesma classe da primeira, ou seja, se a segunda imagem também é de um cachorro, então atribuímos um rótulo de “1,0” como verdade básica para a Rede Siamesa. Para todas as outras classes, um rótulo de “0,0” é atribuído como verdade básica.

Figura 4: Visão geral da aprendizagem de similaridade de pares em redes siamesas.



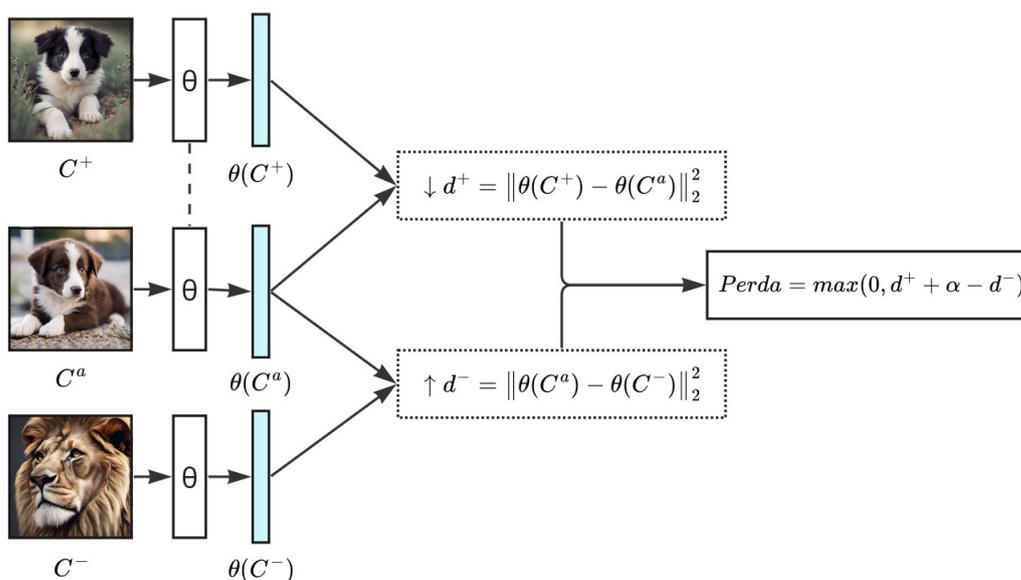
Fonte: Autores.

Portanto, essa rede aprende, fundamentalmente, um critério de correspondência de semelhança por meio de exemplos rotulados, como foi demonstrado com exemplo (Figura 4). Inicialmente, as imagens são processadas individualmente por um extrator de características pré-treinado (normalmente, uma CNN) para obter suas representações correspondentes. Em seguida, as duas representações adquiridas são concatenadas e submetidas a camadas densas e uma função de ativação sigmoide para obter a pontuação de semelhança. Já é de nosso conhecimento se as amostras pertencem ou não à mesma classe, então essa informação é utilizada como a pontuação de semelhança verdadeira para o cálculo da perda e a execução da retropropagação.

Na segunda, Redes de Trigêmeos, fundamenta-se em um critério de “perda tripla”, e pode ser vista como uma expansão da Similaridade de Pares, embora empregue uma estratégia de treinamento distinta. Inicialmente, selecionamos aleatoriamente uma amostra de dados do conjunto de treinamento, denominada amostra “âncora”. Posteriormente, escolhemos outras duas amostras de dados: uma da mesma classe da amostra âncora, chamada de amostra “positiva”, e outra de uma classe diferente, denominada amostra “negativa”.

Uma vez selecionadas, estas três amostras são processadas pela mesma rede neural para obter suas respectivas representações no espaço de incorporação. Posteriormente, calculamos a distância L2 normalizada entre as representações da amostra âncora e da amostra positiva (designemo-la por “ $d^+$ ”) e a distância L2 normalizada entre as representações da amostra âncora e da amostra negativa (designemo-la por “ $d^-$ ”). Estes parâmetros permitem-nos definir uma função de perda que deve ser minimizada, conforme ilustrado na Figura 5.

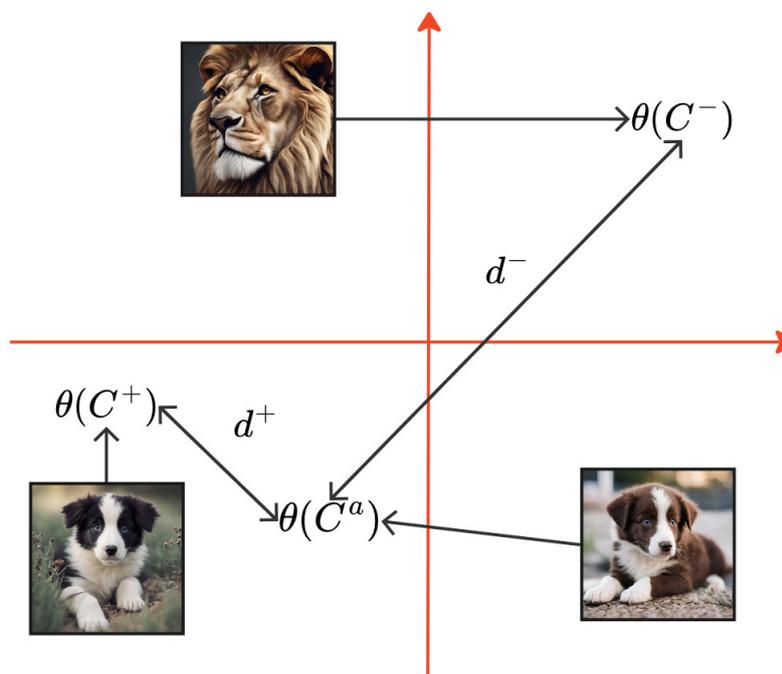
Figura 5: Visão geral da aprendizagem de redes de trigêmeos em redes siamesas.



Fonte: Autores.

Onde se tem “ $> 0$ ” representa uma margem que impede que os dois termos da função max sejam equivalentes. O objetivo é distanciar ao máximo as representações da âncora e das amostras negativas no espaço de incorporação, enquanto aproxima o máximo possível as representações da âncora e das amostras negativas. Na Figura 6 é possível observar representações de amostras de dados no espaço de incorporação, no qual o ideal é que o  $d^+$  seja mínimo.

Figura 6: Exemplo de como as representações de amostras de dados no espaço de incorporação são alinhadas.

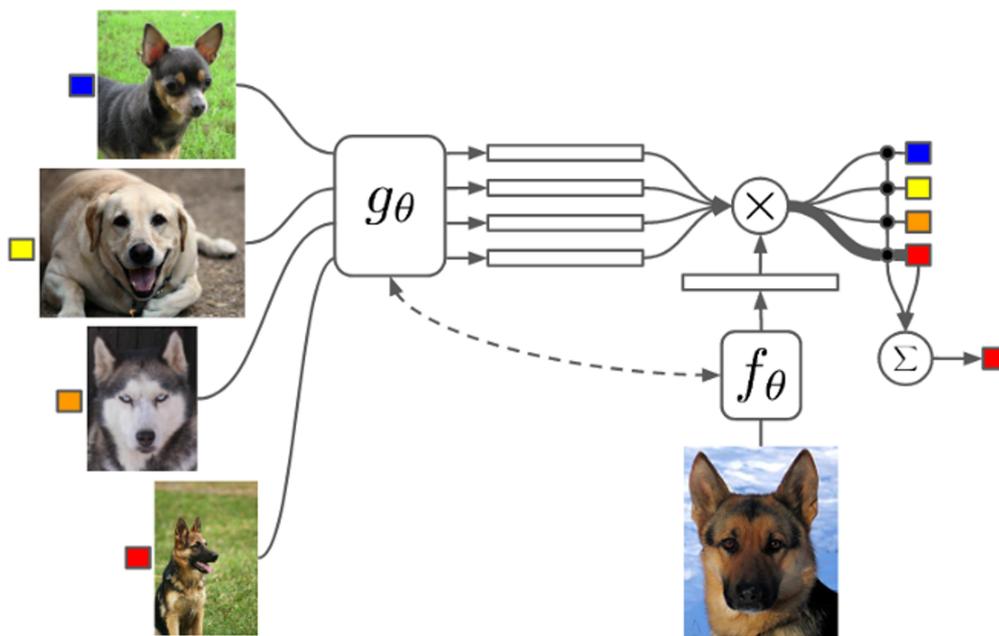


Fonte: Autores.

## Redes de correspondência

Redes de correspondência, ou redes Matching (VINYALS et al., 2016), foram concebidas para analisar a concordância entre dois conjuntos distintos de dados. Essas são estruturas voltadas para classificação de múltiplas categorias, que empregam sistemas específicos para a extração de atributos das imagens de suporte e de consulta, avaliando a semelhança através da distância de cosseno entre os *embeddings*, oferecendo assim uma solução refinada e consistente para desafios de classificação. Conforme ilustrado na Figura 7, as imagens de suporte e consulta são processadas por estruturas  $f_\theta$  e  $g_\theta$  respectivamente para a obtenção de atributos (podendo ser, em determinados contextos, consideradas como  $f_\theta = g_\theta$ ). A concordância é aferida pela distância do cosseno entre os embeddings ao invés da distância direta, fornecendo um panorama mais acurado e detalhado da semelhança intrínseca entre os conjuntos analisados.

Figura 7: Redes de correspondência com 4-way e 1-shot, com 1 imagem de consulta  $q$ .



Fonte: Adaptado de Vinyal et al. (2016).

Inicialmente, as Redes de correspondência incorporam uma amostra de alta dimensão em um espaço de baixa dimensão e, em seguida, realizam uma forma generalizada de classificação baseada em vizinhos mais próximos, conforme descrito pela equação 1.

$$\hat{y} = \sum_{i=1}^k a(\hat{x}, x_i) y_i \quad (1)$$

A previsão do modelo se dá pela soma ponderada dos rótulos  $y_i$  do conjunto de suporte, sendo os pesos uma função de similaridade par a par,  $a(\hat{x}, x_i)$ , entre o exemplo de consulta,  $\hat{x}$ , e as amostras do conjunto de suporte  $x_i$ . Os rótulos  $y_i$  nesta equação são vetores de rótulos codificados em one-hot.

Se escolher a função de similaridade como  $1/k$  para as  $k$  amostras mais próximas da amostra de consulta e 0 para as outras, recuperamos o algoritmo k-vizinhos mais próximos. O ponto crucial é que as Redes de Correspondência são totalmente diferenciáveis, desde que a função de atenção  $a(\hat{x}, x_i)$  também seja.

No trabalho de Vinyals et al. (2016), os autores optam por uma softmax simples sobre similaridades de cosseno no espaço de incorporação como sua função de atenção. A função de

incorporação utilizada é uma CNN, que por sua vez, é diferenciável, tornando a Redes de Correspondência totalmente diferenciável, tornando simples a tarefa de ajustar o modelo inteiro se necessário.

$$a(\hat{x}, x_i) = \frac{e^{c(f(\hat{x}), g(x_i))}}{\sum_{j=1}^k e^{c(f(\hat{x}), g(x_j))}} \quad (2)$$

Na equação 2,  $c$  representa a similaridade de cosseno e as funções  $f(\hat{x})$  e  $g(x_i)$  são as funções de incorporação para as amostras do conjunto de consulta e suporte, respectivamente. Outra interpretação é que o conjunto de suporte atua como uma forma de memória, e ao visualizar novas amostras, a rede gera uma previsão recuperando os rótulos de amostras semelhantes dessa memória.

Na prática, os autores do trabalho de Vinyals et al. (2016) utilizam um *Long Short-Term Memory (LSTM)*, um tipo de especial de CNN que adequado para aprender padrões em sequências de dados para calcular o *Full Context Embeddings (FCE)*, um processo introduzido pelos autores de calcular incorporações (embeddings) levando em consideração o contexto completo das informações disponíveis. Com atenção para modificar a incorporação da amostra de consulta, os autores obtiveram um aumento notável de desempenho, apesar de introduzir mais cálculos e uma ordenação um pouco arbitrária do conjunto de suporte. Sendo esse, um artigo inovador que aprimora a ideia de um algoritmo de vizinhos neural totalmente diferenciável.

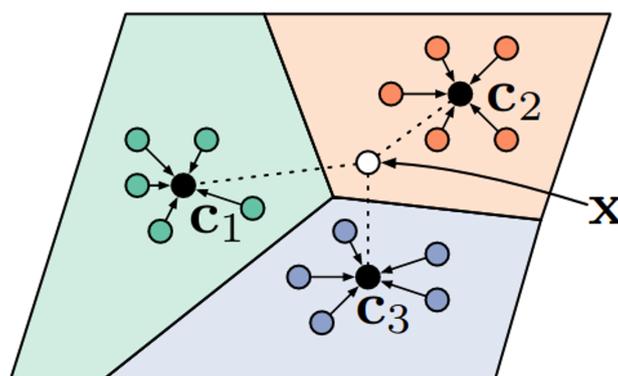
### Redes Prototípicas

Nas Redes Prototípicas, Snell, Swersky e Zemel (2017) aplicam um viés indutivo persuasivo na forma de protótipos de classe para alcançar um desempenho de few-shot notável, superando as Redes de Correspondência sem a complicação do FCE. A suposição central é de que existe uma incorporação onde amostras de cada classe se agrupam em torno de uma única representação prototípica, que é simplesmente a média das amostras individuais. Essa concepção simplifica a classificação n-shot quando  $n > 1$ , já que a classificação é realizada simplesmente atribuindo o rótulo do protótipo de classe mais próximo. A equação 3 de Redes Prototípicas calcula protótipos de classe.  $S_k$  é o conjunto de suporte pertencente à classe  $k$  e  $f_\phi$  é a função de incorporação.

$$c_k = \frac{1}{|S_k|} \sum_{(x_i, y_i) \in S_k} f_\phi(x_i) \quad (3)$$

O modelo, basicamente, adquire uma métrica no espaço de atributos de imagens que simboliza uma semelhança por distância, visando a projeção de uma imagem com base no centroide da classe. As imagens de consulta recebem rótulos ao identificar o protótipo de classe mais próximo, conforme ilustrado na Figura 8.

Figura 8: Redes Prototípicas.



Fonte: SNELL et al., 2017.

## Aplicações Práticas

Nessa sessão é apresentado trabalhos e estudos que demonstram o emprego efetivo do FSL em distintas áreas de aplicação. Será dada ênfase em como o FSL está sendo utilizado em tarefas como a classificação de imagens, uma técnica crucial para o reconhecimento e categorização de imagens em diversos contextos; a detecção de objetos, processo essencial para identificar e localizar objetos dentro de imagens; e a geração de linguagem natural, que modela a capacidade de sistemas de computador de gerar texto coerente e contextualmente relevante. Através da exposição desses trabalhos, busca-se mostrar como o FSL está sendo usado em diferentes campos.

### Classificação com FSL de imagens

No trabalho de Leao et al. (2022), é apresentado um método que emprega FSL para detectar pneumonia associada à COVID-19 em imagens radiológicas de raio-x. Os dados radiológicos desempenham um papel vital, agindo como substratos cruciais para o diagnóstico e subsequente tratamento de quadros clínicos associados à COVID-19 e pneumonia. A utilização do FSL empregado a bases de imagens de raio-x para detecção de COVID-19 se mostrou especialmente útil em conjuntos de dados com pequenas amostras.

O estudo utiliza a abordagem de FSL acoplada a uma Rede Siamesa visando categorizar imagens radiográficas do tórax associadas à COVID-19. O modelo utilizado foi uma Rede Siamesa, que consiste em duas redes neurais idênticas que compartilham os mesmos pesos. Essas redes recebem como entrada duas imagens de raio-x: uma imagem de teste e uma instância do conjunto de suporte, que é um pequeno conjunto de imagens rotuladas utilizado no momento do teste. A ideia é comparar a imagem de teste com as instâncias do conjunto de suporte e determinar a similaridade entre elas.

Diferentemente de outros trabalhos, este estudo realiza uma avaliação externa dos modelos, comparando os resultados com a avaliação interna. Duas abordagens de geração do conjunto de suporte são investigadas: seleção aleatória de imagens para cada classe e cálculo da representação média das imagens de cada classe. O modelo de Rede Siamesa utilizado é baseado na MobileNet (HOWARD et al., 2017) e a perda é calculada utilizando a Entropia Cruzada Categórica. Quatro repositórios de imagens foram utilizados para compor os conjuntos de dados.

No cenário de avaliação interna, o modelo obteve resultados promissores, alcançando mais de 96% de acurácia, precisão e sensibilidade. No entanto, no cenário de avaliação externa, o modelo não conseguiu generalizar para fontes de dados diferentes. Os resultados obtidos na avaliação interna demonstraram um desempenho promissor, com alta acurácia, precisão e sensibilidade. No entanto, os desafios encontrados na avaliação externa ressaltam a necessidade de aprimorar a representatividade dos conjuntos de dados e a seleção de protótipos mais adequados. Esses *insights* podem direcionar futuras pesquisas e contribuir para o desenvolvimento de métodos mais eficazes na detecção de pneumonia relacionada à COVID-19, auxiliando no diagnóstico e tratamento dessa doença.

### Detecção de objetos com FSL via reponderação de atributos

O trabalho conduzido por Kang et al. (2019) apresenta um modelo inovador de detecção de objetos com base em pequenas amostras, o qual se destaca pela sua habilidade de aprender a identificar novos objetos utilizando apenas alguns exemplos anotados. Baseado em FSL utilizando CNNs para a detecção de objetos, este modelo se constrói sobre classes de base plenamente rotuladas e demonstra uma adaptabilidade acelerada a novas classes, por intermédio de um aprendiz de características meta e um módulo de reponderação, ambos integrados em uma arquitetura de detecção unificada.

O modelo delineado neste artigo, articula-se em torno de dois módulos cruciais: um aprendiz de características meta e um módulo de reponderação. O aprendiz de características meta é

meticulosamente treinado empregando classes de base integralmente rotuladas, visando a inferência de características altamente generalizáveis, aptas a operar na identificação de objetos abrangendo uma diversidade de classes. Em paralelo, o módulo de reponderação emprega exemplos de suporte provenientes de classes emergentes para discernir a relevância das características meta na detecção de objetos correlatos.

O procedimento de treinamento do modelo é executado de forma episódica, ancorado em uma estratégia de aprendizado que valoriza a otimização baseada em pequenas amostras. Em cada episódio, um conjunto diversificado de classes de base é escolhido aleatoriamente, juntamente com um compilado de exemplos de suporte para cada classe nova introduzida. Subsequentemente, o aprendiz de características meta é induzido a extrair peculiaridades relevantes desses exemplos, enquanto o módulo de reponderação se aprimora na conversão desses exemplos de suporte em coeficientes de ponderação. Estes últimos são então instrumentalizados para recalibrar as características meta no contexto da detecção de objetos.

Uma vez concluído o treinamento, o modelo demonstra proficiência em identificar novos objetos com um escopo reduzido de exemplos anotados. Os experimentos realizados validam a preeminência deste modelo em comparação com métodos referenciados, evidenciando superioridade na detecção de objetos com escassas amostras em diversos datasets. Adicionalmente, o modelo exibe uma adaptabilidade dinâmica e eficaz a classes inéditas, consolidando sua capacidade de aprender a detectar objetos de forma precisa, mesmo quando confrontado com uma quantidade limitada de exemplos anotados.

O valor intrínseco deste artigo é ressaltado pelo impacto significativo do modelo apresentado. Este é notadamente útil em contextos onde a aquisição de dados rotulados é uma tarefa desafiadora, oferecendo soluções práticas para áreas como visão computacional, robótica e segurança, onde a precisão na detecção de objetos é imperativa. Portanto, o modelo introduzido nesta pesquisa manifesta-se como uma inovação relevante, com potencial para transformações práticas em domínios que demandam rigor e adaptabilidade na identificação de objetos.

## Geração de Linguagem Natural com FSL para Diálogo Orientado a Tarefas

O trabalho de Peng e Others (2020), apresenta um novo conjunto de dados de referência chamado *FEW-SHOT WOZ*, um conjunto de dados de referência que simula cenários de aprendizado com pequenas amostras para avaliar a geração de linguagem natural (NLG) em sistemas de diálogo orientados por tarefas. Os autores propõem um modelo chamado SC-GPT, que é pré-treinado em um grande corpus de NLG e refinado com rótulos limitados específicos do domínio. Os resultados experimentais mostram que o SC-GPT supera os métodos existentes no conjunto de dados de referência e alcança um desempenho de ponta no conjunto de dados de diálogo orientado por tarefas em múltiplos domínios (MultiWOZ).

O novo conjunto de dados de referência introduzido no trabalho, contém sete domínios e possui um número menor de instâncias de treinamento por domínio, visando avaliar a capacidade de aprendizado com pequenas amostras. Com a proposta dos autores do modelo pré-treinado (SC-GPT), obtiveram resultados que supera em termos de generalização e controle na geração de respostas de diálogo o SC-LSTM. SC-LSTM é um modelo de NLG baseado em LSTM (Long Short-Term Memory) que utiliza um vetor adicional de ato de diálogo e um mecanismo de leitura para informar a geração de respostas em sistemas de diálogo orientados por tarefas.

O SC-GPT é treinado em três etapas. Primeiro, é realizado um pré-treinamento em larga escala. Em seguida, é realizado um pré-treinamento controlado por ato de diálogo, onde o modelo é treinado para gerar respostas condicionadas a atos de diálogo específicos. Por fim, o modelo é refinado com rótulos limitados específicos do domínio usando o conjunto de dados *FEW-SHOT WOZ*.

Os resultados experimentais mostram que o SC-GPT supera outros métodos de referência em termos de métricas de avaliação automática e humana. O modelo alcança um desempenho de ponta no conjunto de dados MultiWOZ e demonstra uma capacidade de generalização e controle

na geração de respostas de diálogo. Com isso, pode-se afirmar que o conjunto de dados *FEW-SHOT WOZ* e o modelo SC-GPT fornecem uma base sólida para o desenvolvimento de sistemas de diálogo orientados por tarefas com capacidade de aprendizado com pequenas amostras.

O conjunto de dados *FEW-SHOT WOZ* permite simular cenários de aprendizado com pequenas amostras, enquanto o modelo SC-GPT demonstra uma capacidade de generalização e controle na geração de respostas de diálogo. Essas contribuições são importantes para avançar o campo da geração de linguagem natural em sistemas de diálogo e podem ser aplicadas no desenvolvimento de sistemas de diálogo mais flexíveis e eficazes. Isso tem um impacto significativo no desenvolvimento de sistemas de diálogo mais flexíveis, controláveis e capazes de generalizar para novos domínios. O artigo contribui para avançar o campo da geração de linguagem natural em sistemas de diálogo e fornece uma base sólida para pesquisas futuras nessa área.

## Desafios e Perspectivas

O FSL emergiu como um campo proeminente na aprendizagem de máquinas, onde se procura construir modelos capazes de reconhecer padrões e tomar decisões acertadas com a exposição a um número pequeno de exemplos. A abordagem tem o potencial de simular a habilidade humana de aprender rapidamente conceitos novos, apontando para inovações significativas na área de IA. No entanto, a implementação eficiente de técnicas de FSL enfrenta um conjunto de desafios e contempla diversas perspectivas futuras.

Um dos principais desafios em FSL é a construção de modelos que possam generalizar bem a partir de um conjunto muito limitado de dados, uma tarefa notoriamente difícil dada a vasta diversidade e complexidade dos dados na realidade. A preservação da precisão e robustez do modelo, na presença de restrições de dados, exige uma reavaliação contínua de métodos e estratégias empregados, orientando a busca por otimizações e melhorias na arquitetura, nos métodos de treinamento e nas técnicas de regularização.

Outro desafio é a capacidade de generalização para novas tarefas ou classes com pequenas amostras. Os modelos de aprendizagem com pequenas amostras devem ser capazes de extrapolar informações a partir de um número limitado de exemplos e aplicar esse conhecimento a situações inéditas. Essa capacidade de generalização é crucial para garantir a aplicabilidade do modelo em cenários do mundo real.

Além disso, o desenvolvimento de métodos de FSL que possam ser aplicados de maneira universal a uma variedade de tarefas e domínios é crucial. A transposição de métodos bem-sucedidos de um domínio para outro ainda é um obstáculo, e explorar abordagens que promovam a adaptabilidade e a flexibilidade é um aspecto preponderante para avançar na aplicação prática de técnicas de FSL.

As perspectivas futuras para o FSL são amplas e promissoras, à medida que a comunidade científica explora novas fronteiras e se aprofunda nas nuances deste paradigma de aprendizagem. A contínua investigação de métodos de meta-aprendizagem, técnicas de transferência de aprendizado e o desenvolvimento de estratégias de aprendizagem não supervisionadas são vistas como etapas essenciais para a realização do potencial pleno do FSL. Ademais, a integração de FSL com outros avanços em aprendizagem de máquinas, como aprendizagem profunda e aprendizagem por reforço, pode resultar em sistemas mais coesos e eficientes, expandindo as capacidades e aplicações do FSL.

A necessidade de expandir a aplicabilidade do FSL a domínios mais amplos e diversificados impulsionará a inovação, e a resolução dos desafios atuais poderá abrir portas para a emergência de tecnologias mais avançadas e sistemas de aprendizagem de máquinas mais versáteis e intuitivos. Portanto, é imprescindível a continuidade do aprofundamento teórico e experimental no campo de FSL, visando superar os obstáculos existentes e explorar todo o espectro de possibilidades que este ramo promissor da IA tem a oferecer.

## Considerações Finais

O foco central deste artigo foi a intersecção entre o FSL e o *Big Data*, com especial atenção aos Modelos de Aprendizado Baseados em Similaridade. Uma variedade de trabalhos foi revista, permitindo um entendimento profundo sobre métodos, aplicações e desafios inerentes à aplicação de FSL na era de grandes volumes de dados.

Uma visão integrada e multifacetada dos desenvolvimentos e avanços recentes foi proporcionada através da revisão da literatura sobre FSL. Uma compreensão mais detalhada sobre a operacionalização e as abordagens metodológicas empregadas foi obtida, revelando *insights* valiosos sobre a eficácia e aplicabilidade destes modelos em contextos e domínios diversos.

Foi evidenciado que os Modelos de Aprendizado Baseados em Similaridade são instrumentos vitais no universo do FSL, apresentando soluções inovadoras para os desafios associados ao aprendizado com conjuntos de dados limitados. Ao se basearem na comparação e identificação de similaridades entre instâncias, estratégias de aprendizado mais robustas e adaptáveis são habilitadas, sendo essenciais em cenários onde dados são restritos.

Contudo, também foram revelados diversos desafios e limitações, destacando-se a necessidade de desenvolvimento e aprimoramento contínuo das técnicas de FSL. A qualidade dos dados, a representatividade das amostras e a capacidade de generalização dos modelos são questões que precisam de atenção e pesquisas adicionais, assegurando a validade e eficácia dos modelos em cenários práticos.

Espera-se que, ao consolidar um conjunto de conhecimentos sobre FSL e Modelos de Aprendizado Baseados em Similaridade, este trabalho possa contribuir para o entendimento científico deste importante campo da aprendizagem de máquina e servir como um fundamento sólido para futuras inovações e explorações de novas abordagens e soluções.

Contudo, é imperativo reconhecer as limitações inerentes a este estudo. A seleção e o enfoque temático dos trabalhos analisados correspondem a um segmento específico, abrindo caminho para futuras investigações e análises numa gama mais extensa de modelos e técnicas de aprendizado de poucos exemplos, com o objetivo de tratar problemas distintos que vão além da classificação de imagens, objetos e geração de linguagem natural. Ao analisar campos como pesquisa de opinião, por exemplo, nos quais a disponibilidade de dados pode ser limitada devido à dificuldade de respostas, evidencia-se que a criação de estratégias de FSL pode tornar-se crucial. Assim sendo, em estudos futuros, é vivamente recomendada a exploração de métodos de FSL em contextos diversificados, com carência de dados, possibilitando a obtenção de uma percepção mais diversificada das competências e implementações do FSL.

Conclui-se ressaltando a importância do FSL em um contexto contemporâneo de abundância de dados. Deseja-se que este artigo seja um recurso informativo e inspiracional para aqueles interessados em avançar no campo da aprendizagem de máquina com pequenas amostras. A continuidade da pesquisa e o intercâmbio entre diferentes áreas do conhecimento são vistos como fundamentais para explorar novas fronteiras e construir um conhecimento mais holístico e transformador no campo da aprendizagem de máquina.

## Referências

- FE-FEI, L. et al. A bayesian approach to unsupervised one-shot learning of object categories. In: IEEE. *proceedings ninth IEEE international conference on computer vision*. [S.l.], 2003. p. 1134–1141.
- FINN, C.; OTHERS. Online meta-learning. In: PMLR. *International Conference on Machine Learning*. [S.l.], 2019. p. 1920–1930.
- HOWARD, A. G.; ZHU, M.; CHEN, B.; KALENICHENKO, D.; WANG, W.; WEYAND, T.; ANDREETTO, M.; ADAM, H. Mobilenets: Efficient convolutional neural networks for mobile vision applications. *arXiv preprint arXiv:1704.04861*, 2017.

- KANG, B.; LIU, Z.; WANG, X.; YU, F.; FENG, J.; DARRELL, T. Few-shot object detection via feature reweighting. In: ICCV. *Proceedings of the IEEE/CVF International Conference on Computer Vision*. [S.l.], 2019. p. 8420–8429.
- KNAGG, O. *Advances in Few-Shot Learning: A Guided Tour*. 2022. Acessado em 31 de dezembro de 2023. Disponível em: (<https://shorturl.at/cEHX3>).
- KOCH, G.; ZEMEL, R.; SALAKHUTDINOV, R.; OTHERS. Siamese neural networks for one-shot image recognition. In: *ICML Deep Learning Workshop*. [S.l.: s.n.], 2015. v. 2, p. 0.
- KUNDU, R. *Few-Shot Learning*. 2022. Acessado em 31 de dezembro de 2023. Disponível em: (<https://blog.paperspace.com/few-shot-learning/>).
- LEAO, P. P. de S.; SANTOS, E. M. dos; PINTO, R. A.; EVANGELISTA, L. G. C. Detecção de pneumonia causada por covid-19 utilizando few-shot learning. In: SBC. *Anais do XXII Simpósio Brasileiro de Computação Aplicada à Saúde*. [S.l.], 2022. p. 391–400.
- LU, J.; GONG, P.; YE, J.; ZHANG, C. *Learning from very few samples: A survey*. 2020. ArXiv preprint arXiv:2009.02653.
- MCCULLOCH, W. S.; PITTS, W. A logical calculus of the ideas immanent in nervous activity. *The bulletin of mathematical biophysics*, Springer, v. 5, p. 115–133, 1943.
- MILLER, E. G.; MATSAKIS, N. E.; VIOLA, P. A. Learning from one example through shared densities on transforms. In: IEEE. *Proceedings IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR 2000)*. [S.l.], 2000. p. 464–471.
- MONARD, M. C.; BARANAUSKAS, J. A. Conceitos sobre aprendizado de máquina. *Sistemas inteligentes-Fundamentos e aplicações*, v. 1, n. 1, p. 32, 2003.
- PENG, B.; OTHERS. *Few-shot natural language generation for task-oriented dialog*. 2020. ArXiv preprint arXiv:2002.12328.
- RAUTENBERG, S.; CARMO, P. R. V. D. Big data e ciência de dados: complementariedade conceitual no processo de tomada de decisão. *Brazilian Journal of Information Science*, v. 13, n. 1, p. 56–67, 2019.
- RUSSELL, S.; NORVIG, P. *Inteligência Artificial*. 3. ed. São Paulo: Elsevier, 2013.
- SANCHES, M. K. *Aprendizado de máquina semi-supervisionado: proposta de um algoritmo para rotular exemplos a partir de poucos exemplos rotulados*. Tese (Doutorado) — Universidade de São Paulo, 2003.
- SNELL, J.; SWERSKY, K.; ZEMEL, R. Prototypical networks for few-shot learning. In: *Advance in Neural Information Processing Systems*. [S.l.]: Curran Associates, Inc., 2017. v. 30. (<https://shorturl.at/afmO>).
- VINYALS, O.; BLUNDELL, C.; LILICRAP, T.; WIERSTRA, D.; OTHERS. Matching networks for one shot learning. *Advances in neural information processing systems*, v. 29, p. 3630–3638, 2016.
- WANG, Y.; YAO, Q.; KWOK, J. T.; NI, L. M. Generalizing from a few examples: A survey on few-shot learning. *ACM computing surveys (csur)*, ACM New York, NY, USA, v. 53, n. 3, p. 1–34, 2020.
- ZHENG, Y.; OTHERS. Principal characteristic networks for few-shot learning. *Journal of Visual Communication and Image Representation*, v. 59, p. 563–573, 2019.

## 4 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Nesta dissertação, foi realizada uma investigação sobre o emprego de modelos de AM em dados médicos de pacientes com ICC, com um enfoque particular na eficácia desses modelos utilizando as variáveis mais relacionadas aos fatores de risco. A aplicação prática destes algoritmos na previsão clínica de pacientes foi explorada, buscando identificar as características mais relevantes e associadas aos fatores de risco a fim de obter resultados mais robustos. Além disso, foi realizada uma investigação sobre as técnicas de AM em possíveis cenários com um número limitado de dados, visando compreender suas capacidades nessas condições específicas. Essa abordagem permitiu não apenas aplicar os algoritmos de AM de forma eficaz, mas também realizar uma revisão abrangente sobre os modelos de AM para dados limitados, contribuindo assim para o avanço do conhecimento nessa área.

O primeiro artigo se debruçou sobre a demonstração e aprofundamento nas técnicas de AM para a previsão de sobrevivência e tempo de internação de pacientes com ICC, recorrendo a modelos de classificação. Apesar dos desafios, os modelos de AM lograram resultados significativos, tanto na previsão de sobrevivência quanto na estimativa do tempo de internação. Também foi utilizado métodos de seleção de características, sendo possível realizar as previsões utilizando somente as características relacionadas aos fatores de risco da ICC. Esta pesquisa salientou a eficácia dessas técnicas como ferramenta que pode auxiliar na decisão clínica, sugerindo o potencial para a otimização de tratamentos e a gestão de recursos hospitalares na realização de exames. Estes resultados reforçam a viabilidade e o impacto positivo do emprego de AM no âmbito da saúde.

O segundo artigo destacou a revisão de literatura e a fundamentação teórica acerca de métodos e aplicações do aprendizado com pequenas amostras. Foi enfatizada a eficácia de modelos baseados em similaridade em contextos de dados limitados, evidenciando suas aplicações. A pesquisa sublinhou a importância da qualidade e representatividade das amostras, assim como a capacidade de generalização dos modelos. O propósito deste estudo é ser um material introdutório para futuras aplicações das técnicas de FSL em AM.

Conclui-se que esta dissertação proporcionou sua contribuição ao expandir a compreensão das potencialidades associadas ao uso de modelos de AM em diferentes contextos. Os estudos apresentados mostram a importância da escolha adequada de modelos e técnicas de AM que possam de maneira eficaz lidar com as limitações de dados, ao mesmo tempo, em que destacam o papel crítico da AM na promoção de avanços significativos na área da saúde, especialmente na previsão clínica de condições complexas como a ICC.

## REFERÊNCIAS

- CASTILHO, E. A. d.; KALIL, J. **Ética e pesquisa médica: princípios, diretrizes e regulamentações**, [S.l.]: SciELO Brasil, 2005. 344–347 p.
- CHAWLA, N. V.; BOWYER, K. W.; HALL, L. O.; KEGELMEYER, W. P. Smote: synthetic minority over-sampling technique. **Journal of artificial intelligence research**, [S.l.], v. 16, p. 321–357, 2002.
- DINGEMANS, A. J.; HINNE, M.; TRUIJEN, K. M.; GOLTSTEIN, L.; REEUWIJK, J. V.; LEEUW, N. D.; SCHUURS-HOEIJMAKERS, J.; PFUNDT, T.; DIETS, I. J.; HOED, J. D. *et al.* Phenoscore quantifies phenotypic variation for rare genetic diseases by combining facial analysis with other clinical features using a machine-learning framework. **Nature Genetics**, Nature Publishing Group US New York, v. 55, n. 9, p. 1598–1607, 2023.
- JADON, S. Covid-19 detection from scarce chest x-ray image data using few-shot deep learning approach. In: SPIE. **Medical Imaging 2021: Imaging Informatics for Healthcare, Research, and Applications**, [S.l.], 2021. v. 11601, p. 161–170.
- JAHMUNAH, V.; OH, S. L.; WEI, J. K. E.; CIACCIO, E. J.; CHUA, K.; SAN, T. R.; ACHARYA, U. R. Computer-aided diagnosis of congestive heart failure using ecg signals—a review. **Physica Medica**, Elsevier, [S.l.], v. 62, p. 95–104, 2019.
- KOUROU, K.; EXARCHOS, T. P.; EXARCHOS, K. P.; KARAMOUZIS, M. V.; FOTIADIS, D. I. Machine learning applications in cancer prognosis and prediction. **Computational and structural biotechnology journal**, Elsevier, [S.l.], v. 13, p. 8–17, 2015.
- SHAILAJA, K.; SEETHARAMULU, B.; JABBAR, M. Machine learning in healthcare: A review. In: IEEE. **2018 Second international conference on electronics, communication and aerospace technology (ICECA)**, [S.l.], 2018. p. 910–914.
- UK, N. C. G. C. Chronic heart failure: National clinical guideline for diagnosis and management in primary and secondary care [internet]. Royal College of Physicians (UK), London, 2010.
- ZHENG, Y.; OTHERS. Principal characteristic networks for few-shot learning. **Journal of Visual Communication and Image Representation**, [S.l.], v. 59, p. 563–573, 2019.