

# Danie\_Ramos\_Cancer

Daniel Ramos

6/2/2021

## Clasificación del cancer

En el siguiente documento se utilizan los datos extraídos de <https://www.kaggle.com/uciml/breast-cancer-wisconsin-data> para hacer competir modelos de Boosting y Random Forest a la hora de clasificar si un cancer es benigno o maligno.

### Carga de datos y limpieza

Se cargan los datos y se eliminan 2 columnas que no nos interesan para clasificar datos y aparte uno de ellos contenia NA's

```
set.seed(2021)
#Cargamos los datos
cancer <- read.csv("archive/data.csv")
View(cancer)

summary(cancer)
#Podemos observar que los datos estan "balanceados" ya que diagnosis_number
#tiene un a media de 0.62 y sus valores van entre 0 y 1
attach(cancer)
#No nos interesa la variable "id" ni "X"
cancer <- subset(cancer, select = -c(id))
cancer <- subset(cancer, select = -c(X))
```

### Prueba con regresión logística

Aquí realizamos una regresión logística para poder observar de manera rápida la precisión con la que se clasifican los datos y el margen de mejora que tenemos.

```
#Diagnosis esta dividido entre B (Benigno) y M (Maligno)
#B = 1 y M = 0
cancer$diagnosis_number = ifelse(diagnosis=="B",1,0)

#Simplemente hacemos la regresión logística con variables escogidas al azar
#para que que margen de mejora tenemos
glm.fit = glm(diagnosis_number~radius_mean + perimeter_mean, data = cancer, family = binomial)
summary(glm.fit)
glm.probs=predict(glm.fit,type="response")
glm.probs[1:5]
```

```

glm.pred=ifelse(glm.probs>0.5,"B","M")
table(glm.pred,diagnosis)
mean(glm.pred==diagnosis)
#Se puede observar que la predicción con la regresión logística es muy alta.

#Eliminamos diagnosis number de los datos para que no interfiera en los analisis posteriores
cancer <- subset(cancer, select = -c(diagnosis_number))

```

Se observa que la precisión de los datos es muy buena ya que con logit ya obtenemos una precisión de 90%.

## Comparación de Random Forest con Boosting

Hacemos competir Boosting con Random Forest, para ellos utilizamos el paquete caret para combinar diversos parametros de cada modelo y Nested CV para testear los distintos modelos de manera independiente:

```

#Creamos una lista del 75% de la filas del dataset original, que utilizaremos
#para entrenar el modelo.
# create a list of 75% of the rows in the original dataset we can use for training
validation_index <- createDataPartition(cancer$diagnosis, p=0.75, list=FALSE)
#Seleccionamos un 25% de la muestra para validar
validation <- cancer[-validation_index,]
#Utilizamos el 75% restante para entrenar y testear los modelos
dataset <- cancer[validation_index,]

#Dividimos los datos en 5 grupos CV = 5
ntrain=length(dataset$diagnosis)
train.ext=createFolds(dataset$diagnosis,k=5,returnTrain=TRUE)
test.ext=lapply(train.ext,function(x) (1:ntrain)[-x])

#Elegimos los parametros de la función train
fitControl <- trainControl(method = 'cv', number = 5, summaryFunction=defaultSummary)

#Escogemos los valores del grid para el modelo gbm
gbmGrid <- expand.grid(interaction.depth = c(1,4,7,10),
                      n.trees = c(500,1000,2000),
                      shrinkage = c(.005, .02,.05),
                      n.minobsinnode = 10)

gbmGrid

getModelInfo()$rf$parameters
#mtry max:
#Este deberia ser el valor hasta el cual deberia llegar mtry, pero es este caso
#elegiré un valor más bajo para no hacer el cálculo tan largo.
ncol(cancer)-1

#Escogemos los valores del grid para el modelo rf
rfGrid <- expand.grid(mtry = c(2,3,4,6,9,12))
rfGrid

#Inicializamos la precisión de los modelos a 0
gbmacc <- 0

```

```

rfacc <- 0

#Guardamos el modelo optimo en su tune correspondiente.
#nrow es 5, porque usamos 5 inner folds, ncol depende de cuantos parametros de "tuneo"
gbmtune = matrix(nrow = 5, ncol = 4)
dimnames(gbmtune) = list(c("k1", "k2", "k3", "k4", "k5"),          # row names
                          c("n.trees", "interaction.depth", "shrinkage", "n.minobsinnode"))
# column names
rftune = matrix(nrow = 5, ncol = 1)
dimnames(rftune) = list(c("k1", "k2", "k3", "k4", "k5"),          # row names
                        c("mtry")) # column names

#Bucle para el CV
for (i in 1:5){

  usedata = cancer[train.ext[[i]],]
  valdata = cancer[test.ext[[i]],]

  fit.gbm <- train(diagnosis~., data=usedata, method = 'gbm', trControl=fitControl, tuneGrid=gbmGrid, metric=auc)
  fit.gbm

  boost.caret.pred <- predict(fit.gbm,valdata)

  gbmacc[i]=mean(boost.caret.pred==valdata$diagnosis)
  gbmtune[i,1:4] = as.matrix(fit.gbm$bestTune)

  fit.rf <- train(diagnosis~., data=usedata, method = 'rf', trControl=fitControl, tuneGrid=rfGrid, metric=auc)
  fit.rf

  rf.caret.pred <- predict(fit.rf,valdata)

  rfacc[i]=mean(rf.caret.pred==valdata$diagnosis)
  rftune[i,1] = as.matrix(fit.rf$bestTune)

}

#Obtenemos la precisión de clasificación de los 5 CV
gbmacc #0.9883721 0.9534884 0.9651163 0.9764706 0.9761905
rfacc #0.9651163 0.9302326 0.9069767 0.9764706 0.9761905

#La media de las precisiones
mean(gbmacc) #0.9719276
mean(rfacc) #0.9509973

#La mejores opciones para cada "tuneo"
gbmtune
rftune

```

El modelo ganador es boosting ya que tiene un precisión mayor, en concreto, 97%. Mientras que Random Forest 95%.

## Modelo ganador

Finalmente el modelo ganador es Boosting, por tanto, volvemos a hacer el “tuning” de boosting para evitar una combinación de las diferentes k del CV anterior.

```
#Elegimos boosting porque es más preciso
fit.gbm <- train(diagnosis~., data=dataset, method = 'gbm', trControl=fitControl, tuneGrid=gbmGrid, met
fit.gbm
fit.gbm$bestTune

boost.caret.pred <- predict(fit.gbm,validation)
table(boost.caret.pred,validation$diagnosis)
#   B   M
#B 85   1
#M  4  52
mean(boost.caret.pred==validation$diagnosis)
#0.9647887
#Observamos que la predicción ha bajado un poco
```

Finalmente observamos que el modelo ganador de Boosting es un modelo con 2000 árboles, interaction.depth de 4, shrinkage de 0.05 y n.minobsinnode de 10 predice con una precisión de 96%. Hay que destacar que el modelo final es mejorable ya que podríamos incrementar el número de árboles a 3000, en shrinkage también podríamos añadir el valor 0.1. Si estos valores mencionados anteriormente volviesen a aparecer como el mejor modelo, podríamos incrementar estos valores nuevamente y comprobar si la precisión aumenta. En el caso de Random Forest tendríamos que haber llegado hasta un mtry igual a el número de variables menos 1, en este caso, mtry máximo sería igual a 30.

En todos estos casos se ha optado por escoger menos opciones a la hora de crear el grid para ambos modelos ahorrando tiempo de ejecución, ya que la potencia de cálculo del ordenador sobre el cuál se han ejecutado estos modelos es de potencia limitada.

El propósito final de este documento no es clasificar el cancer de la mejor manera posible sino demostrar que se han asimilado los conceptos explicados durante el curso y su aplicación en este trabajo.