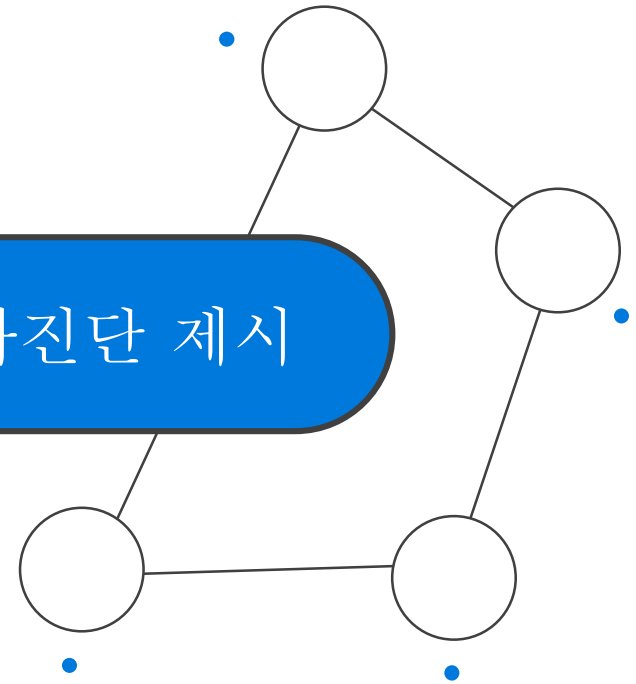
데이터 마이닝

증상에 따른 유방암 자가진단 제시

강민지 (경영학과, 20161211)



주제 선정 이유

- 요즘 유튜브나 sns를 보면 젊은 현대인들이 암에 걸린 경우가 많다.
  유방암은 특히 전조 증상이 딱히 없어 예방하기 위해서는 자가진단을 해야한다.
  어떤걸 중점으로 자가진단을 해야하는지 알아보기 위해 주제를 선정했다.

위스콘신 유방암 진단 데이터

- **위스콘신 대학교에서 제공한 유방암 진단 결과 데이터**

```
> str(df)
'data.frame':   569 obs. of  32 variables:
 $ id               : int  87139402 8910251 905520 868871 9012568 906539 925291 87880 862989 89827
 ...
 $ diagnosis        : chr  "B" "B" "B" "B" ...
 $ radius_mean      : num  12.3 10.6 11 11.3 15.2 ...
 $ texture_mean     : num  12.4 18.9 16.8 13.4 13.2 ...
 $ perimeter_mean   : num  78.8 69.3 70.9 73 97.7 ...
 $ area_mean        : num  464 346 373 385 712 ...
 $ smoothness_mean  : num  0.1028 0.0969 0.1077 0.1164 0.0796 ...
 $ compactness_mean : num  0.0698 0.1147 0.078 0.1136 0.0693 ...
 $ concavity_mean   : num  0.0399 0.0639 0.0305 0.0464 0.0339 ...
 $ points_mean      : num  0.037 0.0264 0.0248 0.048 0.0266 ...
 $ symmetry_mean    : num  0.196 0.192 0.171 0.177 0.172 ...
 $ dimension_mean   : num  0.0595 0.0649 0.0634 0.0607 0.0554 ...
 $ radius_se        : num  0.236 0.451 0.197 0.338 0.178 ...
 $ texture_se       : num  0.666 1.197 1.387 1.343 0.412 ...
 $ perimeter_se     : num  1.67 3.43 1.34 1.85 1.34 ...
 $ area_se          : num  17.4 27.1 13.5 26.3 17.7 ...
 $ smoothness_se    : num  0.00805 0.00747 0.00516 0.01127 0.00501 ...
 $ compactness_se   : num  0.0118 0.03581 0.00936 0.03498 0.01485 ...
 $ concavity_se     : num  0.0168 0.0335 0.0106 0.0219 0.0155 ...
 $ points_se        : num  0.01241 0.01365 0.00748 0.01965 0.00915 ...
 $ symmetry_se      : num  0.0192 0.035 0.0172 0.0158 0.0165 ...
 $ dimension_se     : num  0.00225 0.00332 0.0022 0.00344 0.00177 ...
 $ radius_worst     : num  13.5 11.9 12.4 11.9 16.2 ...
 $ texture_worst    : num  15.6 22.9 26.4 15.8 15.7 ...
 $ perimeter_worst  : num  87 78.3 79.9 76.5 104.5 ...
 $ area_worst       : num  549 425 471 434 819 ...
 $ smoothness_worst : num  0.139 0.121 0.137 0.137 0.113 ...
 $ compactness_worst: num  0.127 0.252 0.148 0.182 0.174 ...
 $ concavity_worst  : num  0.1242 0.1916 0.1067 0.0867 0.1362 ...
 $ points_worst     : num  0.0939 0.0793 0.0743 0.0861 0.0818 ...
 $ symmetry_worst   : num  0.283 0.294 0.3 0.21 0.249 ...
 $ dimension_worst  : num  0.0677 0.0759 0.0788 0.0678 0.0677 ...
```

- _mean: 평균값
- _se: 표준오차
- _worst: 각 세포별 구분들에서 제일 큰 3개의 값 평균

변수 설명

Id: 환자 식별 번호

Diagnosis: 양성 여부(M=악성, B: 양성)

각 세포에 대한 정보들

Radius: 반경(중심에서 외벽까지 거리들의 평균값)

Texture: 질감

Perineter: 둘레

Area: 면적

Smmothness: 매끄러움(반경 길이의 국소적 변화)

Compactness: 조그만 정도 (둘레^2/면적-1)

Concavity: 오목함(윤곽의 오목한 부분의 정도)

Points: 오목한 점의 수

Symmetry: 대칭

Dimension: 프랙탈 차원

위스콘신 유방암 진단 데이터

```
> data.rej %>% str()
'data.frame':   569 obs. of  31 variables:
 $ radius_mean       : num  12.3 10.6 11 11.3 15.2 ...
 $ texture_mean      : num  12.4 18.9 16.8 13.4 13.2 ...
 $ perimeter_mean    : num  78.8 69.3 70.9 73 97.7 ...
 $ area_mean         : num  464 346 373 385 712 ...
 $ smoothness_mean   : num  0.1028 0.0969 0.1077 0.1164 0.0796 ...
 $ compactness_mean  : num  0.0698 0.1147 0.078 0.1136 0.0693 ...
 $ concavity_mean    : num  0.0399 0.0639 0.0305 0.0464 0.0339 ...
 $ points_mean       : num  0.037 0.0264 0.0248 0.048 0.0266 ...
 $ symmetry_mean     : num  0.196 0.192 0.171 0.177 0.172 ...
 $ dimension_mean    : num  0.0595 0.0649 0.0634 0.0607 0.0554 ...
 $ radius_se         : num  0.236 0.451 0.197 0.338 0.178 ...
 $ texture_se        : num  0.666 1.197 1.387 1.343 0.412 ...
 $ perimeter_se      : num  1.67 3.43 1.34 1.85 1.34 ...
 $ area_se           : num  17.4 27.1 13.5 26.3 17.7 ...
 $ smoothness_se     : num  0.00805 0.00747 0.00516 0.01127 0.00501 ...
 $ compactness_se    : num  0.0118 0.03581 0.00936 0.03498 0.01485 ...
 $ concavity_se      : num  0.0168 0.0335 0.0106 0.0219 0.0155 ...
 $ points_se         : num  0.01241 0.01365 0.00748 0.01965 0.00915 ...
 $ symmetry_se       : num  0.0192 0.035 0.0172 0.0158 0.0165 ...
 $ dimension_se      : num  0.00225 0.00332 0.0022 0.00344 0.00177 ...
 $ radius_worst      : num  13.5 11.9 12.4 11.9 16.2 ...
 $ texture_worst     : num  15.6 22.9 26.4 15.8 15.7 ...
 $ perimeter_worst   : num  87 78.3 79.9 76.5 104.5 ...
 $ area_worst        : num  549 425 471 434 819 ...
 $ smoothness_worst  : num  0.139 0.121 0.137 0.137 0.113 ...
 $ compactness_worst: num  0.127 0.252 0.148 0.182 0.174 ...
 $ concavity_worst   : num  0.1242 0.1916 0.1067 0.0867 0.1362 ...
 $ points_worst      : num  0.0939 0.0793 0.0743 0.0861 0.0818 ...
 $ symmetry_worst    : num  0.283 0.294 0.3 0.21 0.249 ...
 $ dimension_worst   : num  0.0677 0.0759 0.0788 0.0678 0.0677 ...
 $ 구분              : Factor w/ 2 levels "악성","양성": 2 2 2 2 2 2 2 1 2 2 ...
```

데이터 전처리

```
#id 변수제거
data <- df %>% select(-id)
data
#diagnosis변수 인자 변수로 변환
data$구분 <- factor(ifelse(data$diagnosis=='B','양성','악성'))
data$구분
data.rej <- data[,-1]
```

- id 변수 제거
- M,B로 구분되어 있던 Diagnosis변수를 양성, 악성으로 구분하는 벡터로 변환
- Diagnosis(양성, 악성 구분)변수 제거

위스콘신 유방암 진단 데이터

```
> data.rej %>% str()
'data.frame':   569 obs. of  31 variables:
 $ radius_mean       : num  12.3 10.6 11 11.3 15.2 ...
 $ texture_mean      : num  12.4 18.9 16.8 13.4 13.2 ...
 $ perimeter_mean    : num  78.8 69.3 70.9 73 97.7 ...
 $ area_mean         : num  464 346 373 385 712 ...
 $ smoothness_mean   : num  0.1028 0.0969 0.1077 0.1164 0.0796 ...
 $ compactness_mean  : num  0.0698 0.1147 0.078 0.1136 0.0693 ...
 $ concavity_mean    : num  0.0399 0.0639 0.0305 0.0464 0.0339 ...
 $ points_mean       : num  0.037 0.0264 0.0248 0.048 0.0266 ...
 $ symmetry_mean     : num  0.196 0.192 0.171 0.177 0.172 ...
 $ dimension_mean    : num  0.0595 0.0649 0.0634 0.0607 0.0554 ...
 $ radius_se         : num  0.236 0.451 0.197 0.338 0.178 ...
 $ texture_se        : num  0.666 1.197 1.387 1.343 0.412 ...
 $ perimeter_se      : num  1.67 3.43 1.34 1.85 1.34 ...
 $ area_se           : num  17.4 27.1 13.5 26.3 17.7 ...
 $ smoothness_se     : num  0.00805 0.00747 0.00516 0.01127 0.00501 ...
 $ compactness_se    : num  0.0118 0.03581 0.00936 0.03498 0.01485 ...
 $ concavity_se      : num  0.0168 0.0335 0.0106 0.0219 0.0155 ...
 $ points_se         : num  0.01241 0.01365 0.00748 0.01965 0.00915 ...
 $ symmetry_se       : num  0.0192 0.035 0.0172 0.0158 0.0165 ...
 $ dimension_se      : num  0.00225 0.00332 0.0022 0.00344 0.00177 ...
 $ radius_worst      : num  13.5 11.9 12.4 11.9 16.2 ...
 $ texture_worst     : num  15.6 22.9 26.4 15.8 15.7 ...
 $ perimeter_worst   : num  87 78.3 79.9 76.5 104.5 ...
 $ area_worst        : num  549 425 471 434 819 ...
 $ smoothness_worst  : num  0.139 0.121 0.137 0.137 0.113 ...
 $ compactness_worst: num  0.127 0.252 0.148 0.182 0.174 ...
 $ concavity_worst   : num  0.1242 0.1916 0.1067 0.0867 0.1362 ...
 $ points_worst      : num  0.0939 0.0793 0.0743 0.0861 0.0818 ...
 $ symmetry_worst    : num  0.283 0.294 0.3 0.21 0.249 ...
 $ dimension_worst   : num  0.0677 0.0759 0.0788 0.0678 0.0677 ...
 $ 구분              : Factor w/ 2 levels "악성","양성": 2 2 2 2 2 2 2 1 2 2 ...
>
```

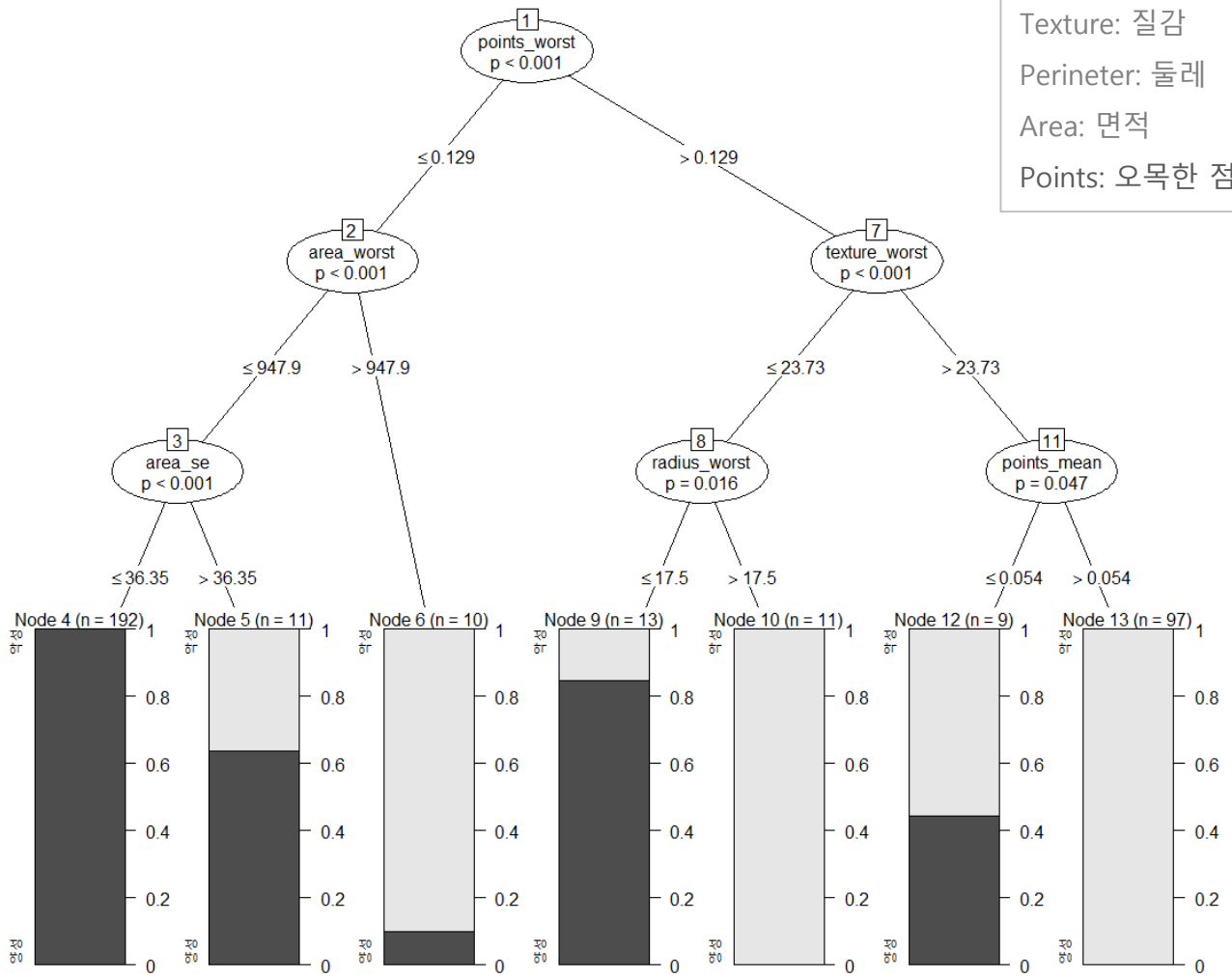
데이터 전처리

```
set.seed(1234)

inTrain <- createDataPartition(y = data$구분,
                               p = 0.6,
                               list = FALSE)

# 훈련용과 검정용 자료를 저장
intrain <- data.rej[inTrain,]
intest <- data.rej[-inTrain,]

head(intrain)
summary(intrain)
```

- 샘플 수 맞춰줌
- createDataPartition을 이용하여 훈련 데이터와 테스트 데이터로 분할

의사결정나무

Radius: 반경
Texture: 질감
Perineter: 둘레
Area: 면적
Points: 오목한 점의 수



과정

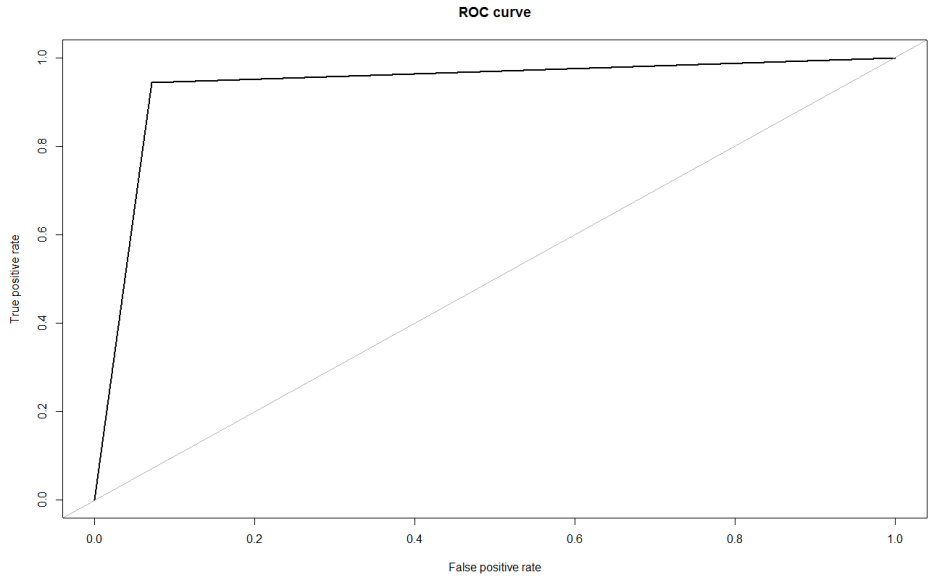
```
tree <- ctree(구분 ~ .,data= intrain)

plot(tree)

testpred <- predict(tree, newdata=intest)

table(intest$구분, testpred)

caret::confusionMatrix(reference=intest$구분,
                       data=testpred, positive="양성")

roc.curve(intest$구분, testpred)
```

해석

- Points(오목한 점의 수)가 0.129 이하이면 거의 양성이지만 area가 947.9 초과이면 악성일 가능성이 높음
- Points(오목한 점의 수)가 0.129 초과이면 질감에 따라 분류
- Texture(질감)이 23.73 초과이면 Points로 분류되지만 point가 작아도 악성일 가능성 높음
- Texture(질감)이 23.73 이하이면 radius(반경)으로 분류

의사결정나무

```
> caret::confusionMatrix(reference=intest$구분, data=testpred, positive="양성")
Confusion Matrix and Statistics

          Reference
Prediction 악성 양성
      악성   78    8
      양성    6  134

               Accuracy : 0.9381
                 95% CI : (0.8982, 0.9657)
    No Information Rate : 0.6283
    P-Value [Acc > NIR] : <2e-16

                  Kappa : 0.868

 Mcnemar's Test P-Value : 0.7893

            Sensitivity : 0.9437
            Specificity : 0.9286
         Pos Pred Value : 0.9571
         Neg Pred Value : 0.9070
             Prevalence : 0.6283
         Detection Rate : 0.5929
   Detection Prevalence : 0.6195
      Balanced Accuracy : 0.9361

       'Positive' Class : 양성
```




```
> roc.curve(intest$구분, testpred)
Area under the curve (AUC): 0.936
```

- **caret::confusionMatrix**

  Accuracy로 정확도 측정
- **Table()함수를 통한 분류 확인**

  (정오분류표)

정확도: (78+134)/(78+134+6+8) = 0.9380531

ROC curve 확인

- AUC가 0.936

-> 정확도가 높은 편이다.

SVM(support vector machine)

```
svm.1 <- svm(구분~., data=intrain, type="C-classification",
             kernel="radial", cost=10,gamma=0.1)
summary(svm.1)

pred.1 <- predict(svm.1, intest, decision.values = TRUE)
table(pred.1, intest$구분)
```

```
> table(pred.1, intest$구분)

pred.1 악성 양성
  악성   79    5
  양성    5  137
```

- **Predict() 함수를 통한 예측 수행**
- **Table() 함수를 통한 분류 확인**
- 정확도: (79+137)/(79+137+5+5) = 0.9557522

```
> tuned <- tune.svm(구분~., data=intrain,
+                   gamma = 10^(-6:-1), cost = 10^(1:2))
> summary(tuned)

Parameter tuning of 'svm':

- sampling method: 10-fold cross validation

- best parameters:
 gamma cost
 0.001   10

- best performance: 0.02327731

- Detailed performance results:
   gamma cost      error dispersion
1  1e-06   10 0.37327731 0.06609552
2  1e-05   10 0.31226891 0.07865035
3  1e-04   10 0.05840336 0.03373054
4  1e-03   10 0.02327731 0.03318128
5  1e-02   10 0.02613445 0.02507417
6  1e-01   10 0.04361345 0.02467674
7  1e-06  100 0.31226891 0.07865035
8  1e-05  100 0.05840336 0.03373054
9  1e-04  100 0.02327731 0.03318128
10 1e-03  100 0.03201681 0.03189946
11 1e-02  100 0.03487395 0.02632234
12 1e-01  100 0.04361345 0.02467674
```

Tune() 함수를 통한 초모수 조율

- 최적의 모수: Gamma: 0.001, cost: 10

SVM(support vector machine)

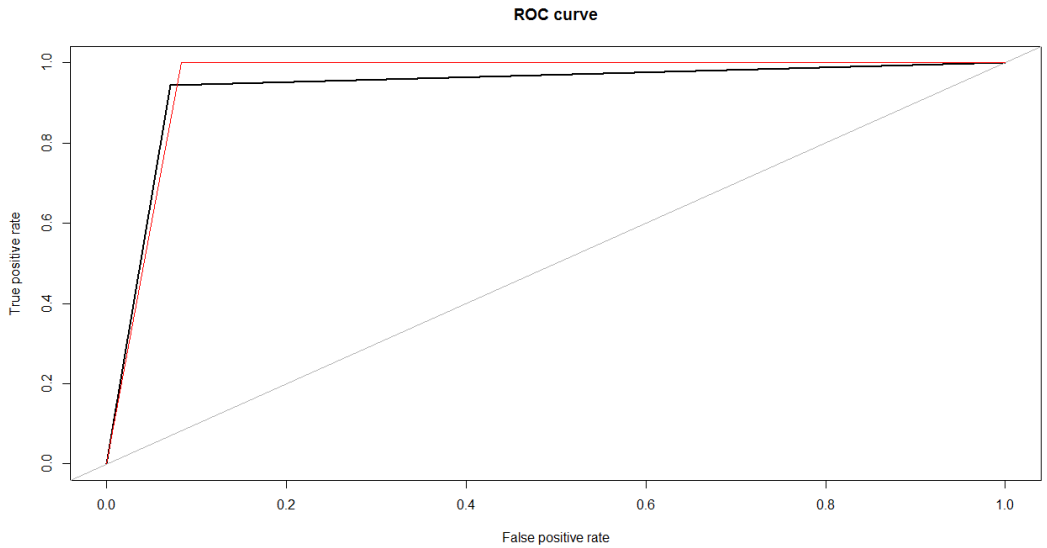
```
#최적의 모수 SVM
svm.2 <- svm(구분~., data=intrain, type="C-classification",
             kernel="radial", cost=10,gamma=0.001)
summary(svm.2)

pred.2 <- predict(svm.2, intest, decision.values = TRUE)
table(pred.2, intest$구분)
```

```
> table(pred.2, intest$구분)

pred.2 악성 양성
  악성   77    0
  양성    7  142
```

최적의 모수를 가지고 SVM 수행

Table() 함수를 통한 분류 확인

정확도: (77+142)/(77+142+7)= 0.9690265




```
> roc.curve(intest$구분, pred.2, add.roc = T, col="red")
Area under the curve (AUC): 0.958
```

ROC curve 확인

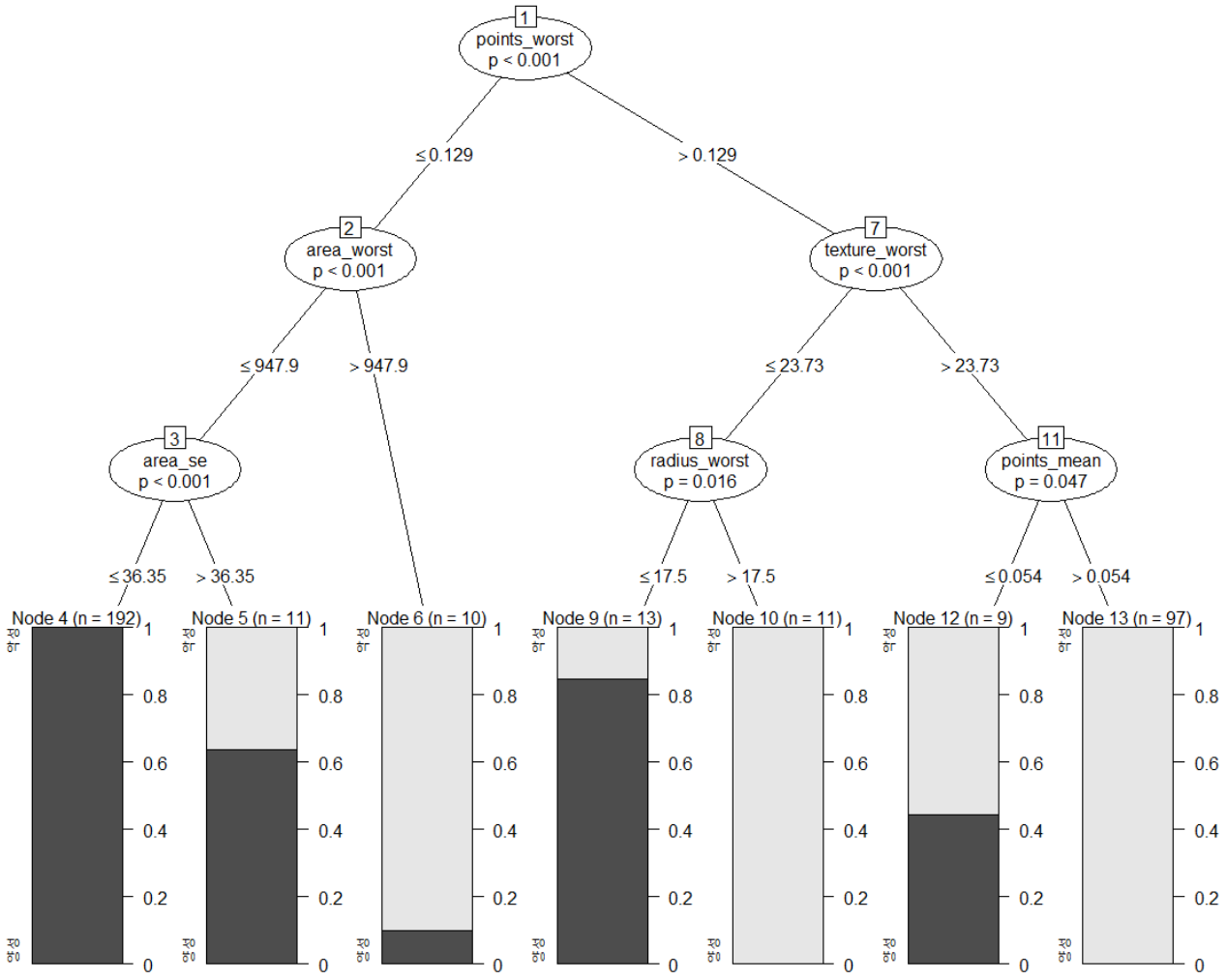
- AUC가 0.958

ROC curve 비교

- **SVM 이 의사결정나무보다 정확도가 높음**

-> SVM모형이 더 우수

결론



Radius: 반경
Texture: 질감
Perineter: 둘레
Area: 면적
Point: 오목한 점의 수

의사결정나무 모형을 보았을 때
낭종 수, 질감, 둘레, 반경, 면적
위주로 한번씩 자가진단을 하는 것이
예방하는, 초기에 치료받을 수 있는 방법이
라고 생각한다.

출처

https://gomguard.tistory.com/52

https://m.blog.naver.com/audgnsdl115/221516274600

https://kuklife.tistory.com/53