Предикција рака дојке

Даница Газдић SV12/2020 Милош Обрадовић SV55/2020

Циљ пројекта

Досадашња истраживања у медицини показују велику потребу за применом експертских система и метода у дијагностици болести. Циљ пројекта је дијагностиковати тумор на основу познатих обележја која представљју физичке и морфолошке карактеристике.

Подаци

Коришћен је скуп података који је прикупљен у америчким здравственим установама у Висконсину. Садржи 11 колона:

- Идентификација
- Дебљина грудвице
- Величина ћелија
- Облик ћелија
- Маргинална адхезија
- Величина епителне ћ.. 4(малигни). Подела 70:30

Величине имају вредности у распону 1-10 Последња колона има вредности 2(бенигни) и

Коришћене методологије

За израду пројекта коришћен је python 3.9. Коришћена је библиотека pandas за припрему података, а за моделе машинског учења користили смо библиотеку scikit-learn, из које смо користили и могућност оцене прецизности, и сопствену имплементацију неуронске мреже.

У препроцесирању смо дефинисали две технике рада са подацима који су имали непотпуне вредности: одбацити неисправне и вршити израчунавање непознате вредсноти на основу сличних случајева података.

Укупно је коришћено 5 алгоритама, и то:

- 1. Decision Tree
- 2. Random Forest
- 3. K Neighbords
- 4. SciKit NN
- 5.**FTN NN**

Прецизност смо рачунали као бр. тачних/бр. укупних.

Евалуација решења



Као што можемо приметити, сопствена имплементација неуронске мреже се показала најпрецизније за постављене вредности броја епоха и величине беча. Такође се да приметити да је прецизност свих модела преко 90%, што је више него прихватљиво.

Даљи рад

Сакупити више података и поново покренути тестове, истражити напредније техника руковања недостајућим подацима.