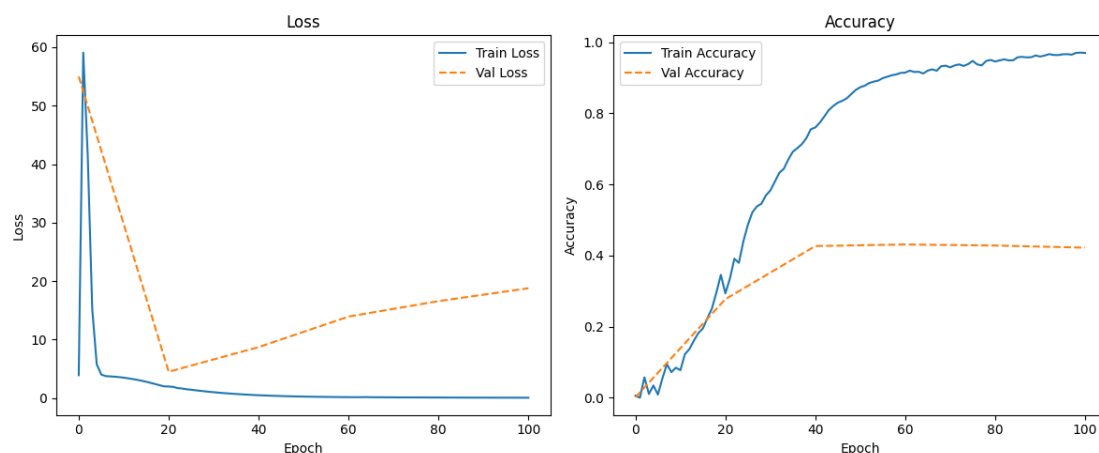


# Klasyfikacja nowotworów na podstawie mutacji somatycznych i ekspresji RNA

Agnieszka Prudło

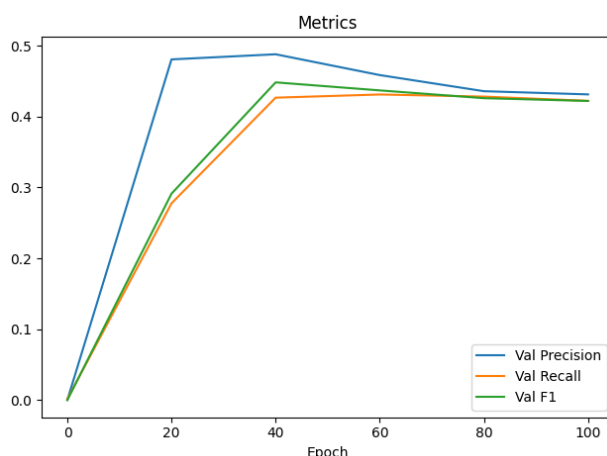
W trakcie wykonywania zadania dotyczącego stworzenia modelu klasyfikacji nowotworów uzyskano metryki dotyczące jakości przewidywań opisane poniżej.

## 1. Wyniki straty i dokładności dla zbioru treningowego i walidacyjnego



Widać, że strata dla zbioru treningowego dosyć szybko maleje i osiąga zadowalający poziom. Jednakże dla zbioru walidacyjnego najpierw spada, ale potem zaczyna wzrastać i zatrzymuje się na poziomie około 0.2. Patrząc na dokładność widzimy, że dla zbioru treningowego stale rośnie zbliżając się do 1, a dla zbioru walidacyjnego następuje stagnacja na poziomie około 0.4 po 40 epocach. Oba te zjawiska świadczą o przeuczeniu się modelu.

## 2. Metryki zbioru walidacyjnego



Wszystkie trzy metryki (precision, recall, F1) dla zbioru walidacyjnego stabilizują się na poziomie około 0.4. Jest to słaby wynik i pokazuje, że model niewystarczająco dobrze uczy się klasyfikować nowotwory, których nie widział w zbiorze treningowym.

Podsumowując, model zdecydowanie się przeuczył i mimo świetnej dokładności w zbiorze treningowym i zastosowaniu wag klas w trakcie uczenia, nie umie klasyfikować nowotworów w ogólnym przypadku. Aby poprawić działanie modelu można by zastosować Dropout (wyłączanie losowych neuronów podczas treningu, co zmusza sieć do uczenia się bardziej ogólnych wzorców), L2-weight Decay (dodać karę za zbyt duże wagi, co ogranicza złożoność modelu), oversampling (częstsze „pokazywanie” modelowi rzadszych klas) lub zmniejszyć liczbę i rozmiar warstw.