Breast Cancer (Diagnosis) Predicction using ML

EDWIN MOLINA
FRANCISCO PORRAS

BIG DATA EXPERT
UNIVERSIDAD VERITAS

Tabla de Contenidos

En todo el mundo, el cáncer de mama es el tipo de cáncer más frecuente en las mujeres y el segundo en cuanto a tasas de mortalidad. El diagnóstico del cáncer de mama se realiza cuando se encuentra un bulto anormal (a partir de una autoexploración o una radiografía) o se ve una pequeña mota de calcio (en una radiografía). Tras encontrar un bulto sospechoso, el médico realizará un diagnóstico para determinar si es canceroso y, en caso afirmativo, si se ha extendido a otras partes del cuerpo.

DATASET

Este conjunto de datos sobre el cáncer de mama se obtuvo de los Hospitales de la Universidad de Wisconsin, Madison, del Dr. William H. Wolberg.

HTTPS://WWW.KAGGLE.COM/MERISHNASUWAL/BREAST-CANCER-PREDICTION-DATASET

Descripción de dataset

Filas
569

Columnas
6

Exploración de variables

Mean_radius

Es el promedio de las distancias entre el centro a los puntos del perímetro.

Mean_texture

Es la desviación estandar de los valores de la escala de grises en la imágen.

Mean_perimeter

Es el promedio del tamaño del núcleo del tumor.

Exploración de variables

Mean_area

Es la media del área del nucleo del tumor.

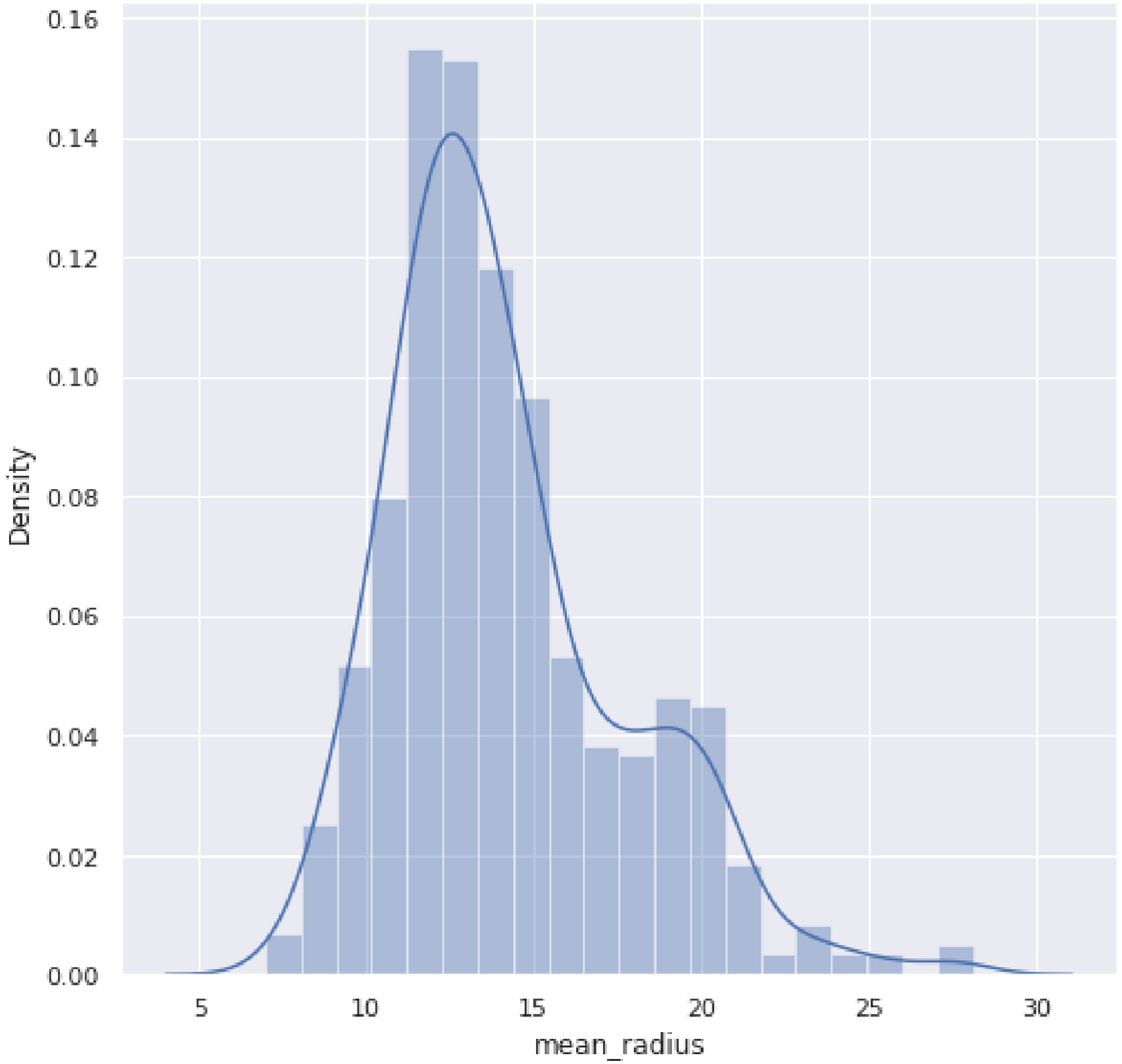
Mean_smoothnes

Es la media de la variación local de las longitudes del radio del tumor.

Diagnosis

Es el diagnóstico del tejido mamario. 1 es maligno, 0 es benigno, donde maligno significa que la enfermedad es peligrosa.

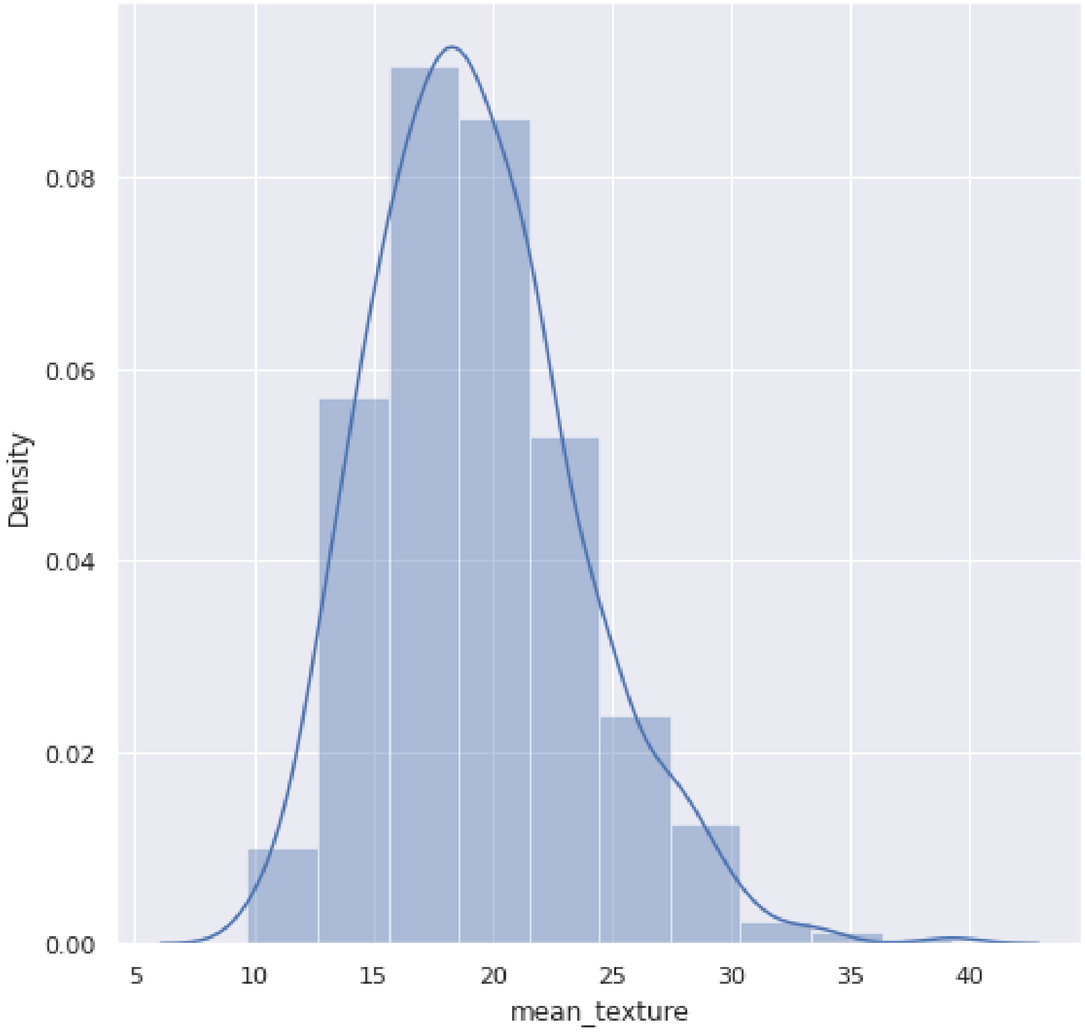
mean_radius



Moda: 12.34
Media: 14.13
Mediana: 13.37
Primer Cuartil: 11.7
Segundo Cuartil: 13.37
Tercer Cuartil: 15.78
Mínimo: 6.981
Máximo: 28.11
Varianza: 12.42
Desviación Estandar: 3.52 con respecto a la media.

Esto puede indicar si fuera una distribución normal, que el 68% de las datos van desde los 10.60 y los 17.65 en este índice y que el 95% de las datos van desde los 7.08 y los 21.18 . Asimetría: La curva de frecuencia cuenta con una leve asimetría positiva

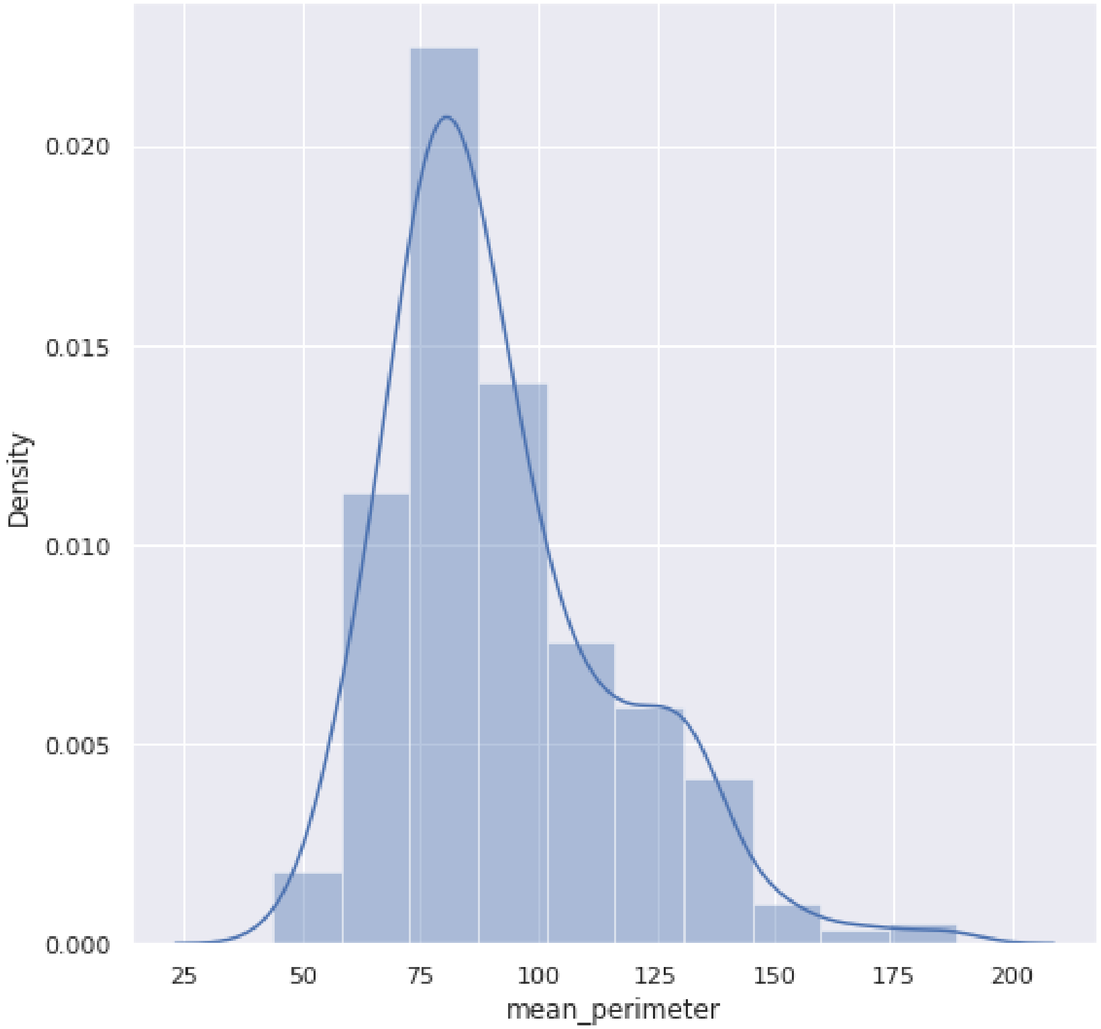
mean_texture



Modas: 14.93, 15.7, 16.84, 16.85, 17.46, 18.22, 18.9 19.83, 20.52
Media 19.29
Mediana: 18.84
Primer Cuartil: 16.17
Segundo Cuartil: 18.84
Tercer Cuartil: 21.8
Mínimo: 9.71
Máximo: 39.28
Varianza:18.50
Desviación Estandar: 4.30 con respecto a la media.

Esto puede indicar si fuera una distribución normal, que el 68% de las datos van desde los 14.99 y los 23.59 en este índice y que el 95% de las datos van desde los 10.69 y los 27.89 . Asimetría: La curva de frecuencia cuenta con una leve asimetría positiva.

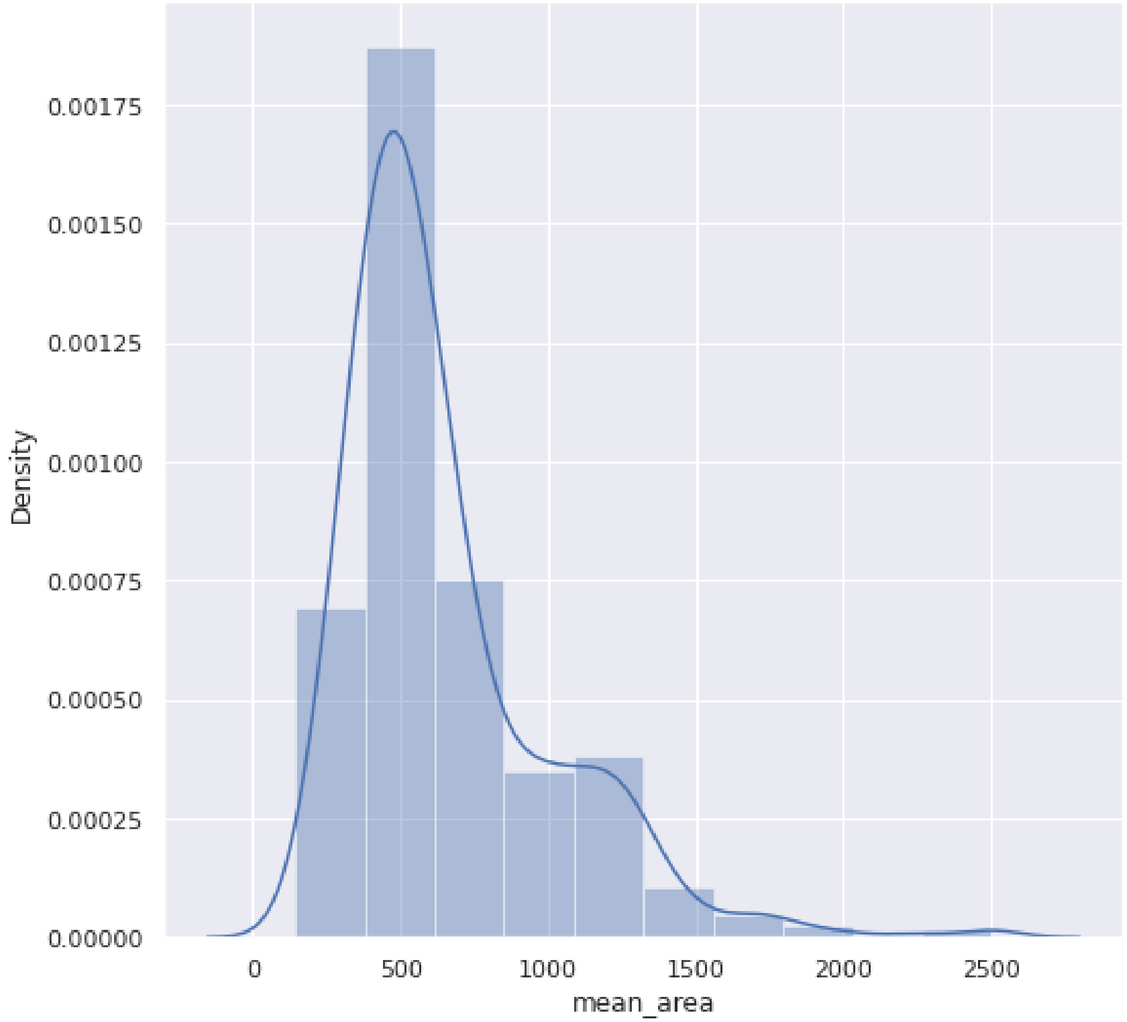
mean_perimeter



Modas: 82.61, 87.76, 134.7
Media: 91.96
Mediana: 86.24
Primer Cuartil: 75.17
Segundo Cuartil: 86.24
Tercer Cuartil: 104.1
Mínimo: 43.79
Máximo: 188.5
Varianza: 590.44 con respecto a la media
Desviación Estandar: 24.30 con respecto a la media.

Esto puede indicar si fuera una distribución normal, que el 68% de las datos van desde los 67.67 y los 116.27 en este índice y que el 95% de las datos van desde los 43.37 y los 140.57 . Asimetría: La curva de frecuencia cuenta con una leve asimetría positiva

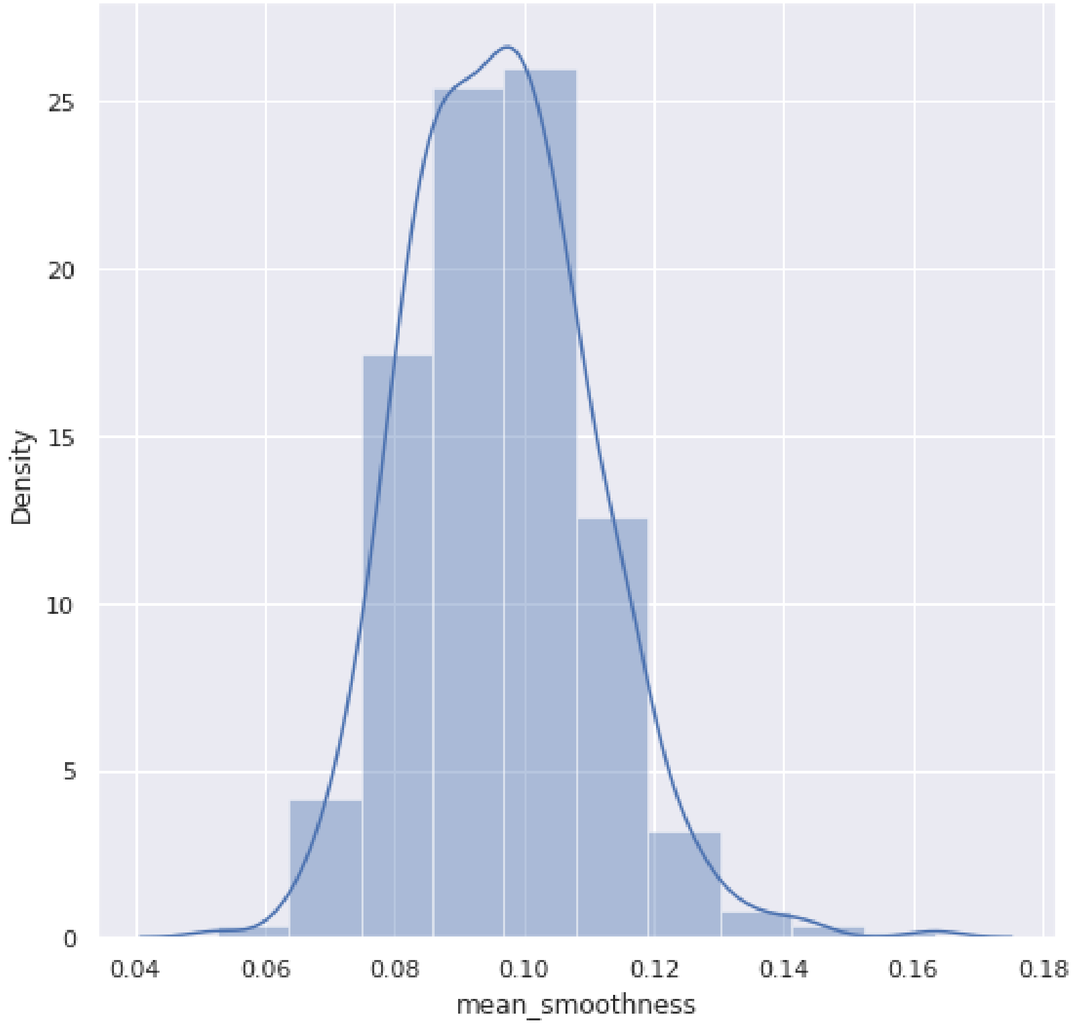
mean_area



Moda: 512.2
Media: 654.88
Mediana: 551.1
Primer Cuartil: 420.3
Segundo Cuartil: 551.1
Tercer Cuartil: 782.7
Mínimo: 143.5
Máximo: 2501.0
Desviación Estandar: 351.91 con respecto a la media.

Esto puede indicar si fuera una distribución normal, que el 68% de las datos van desde los 302.97 y los 1006.80 en este índice y que el 95% de las datos van desde los 48.94 y los 1358.72 . Asimetría: La curva de frecuencia cuenta con una asimetría positiva muy marcada

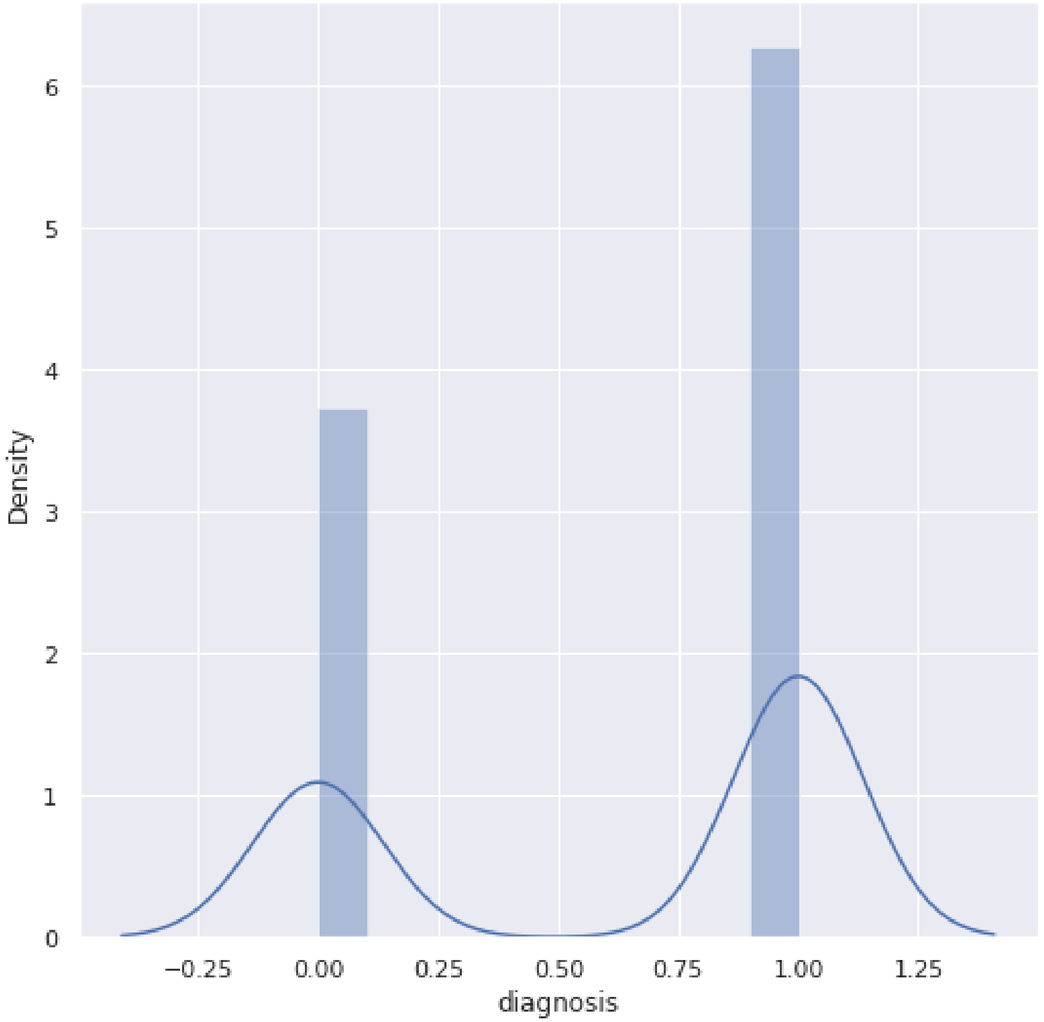
mean_smoothness

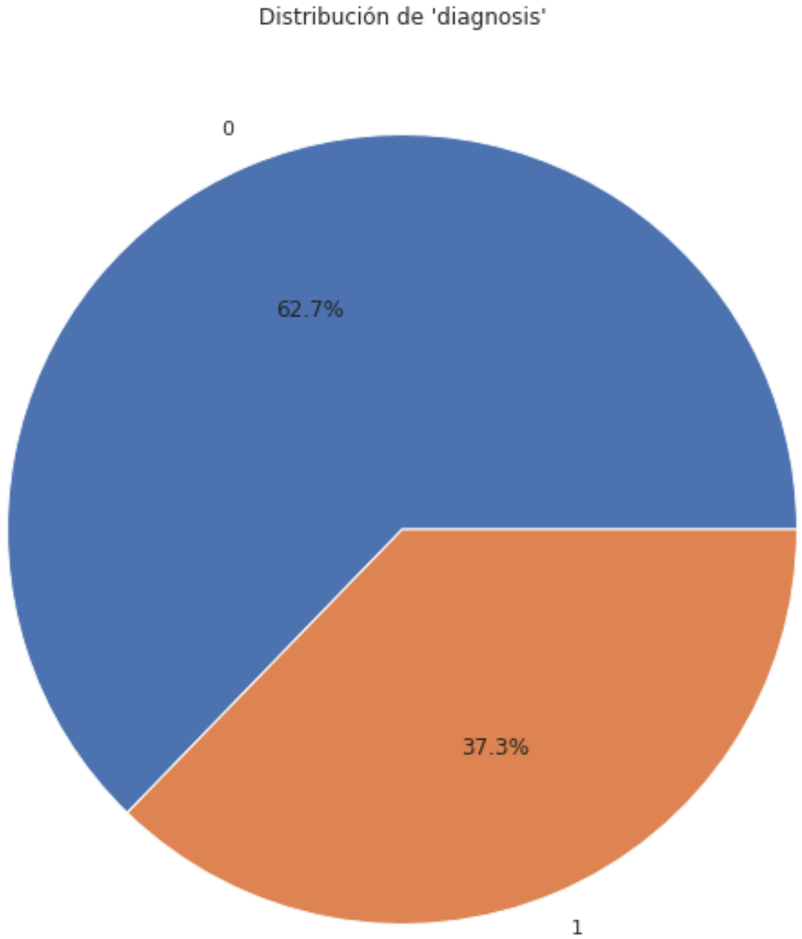


Moda: 0.1007
Media: 0.096
Mediana: 0.095870
Primer Cuartil: 0.08637
Segundo Cuartil: 0.0958700
Tercer Cuartil: 0.1053
Mínimo: 0.052629
Máximo: 0.1634
Desviación Estandar: 0.01 con respecto a la media.

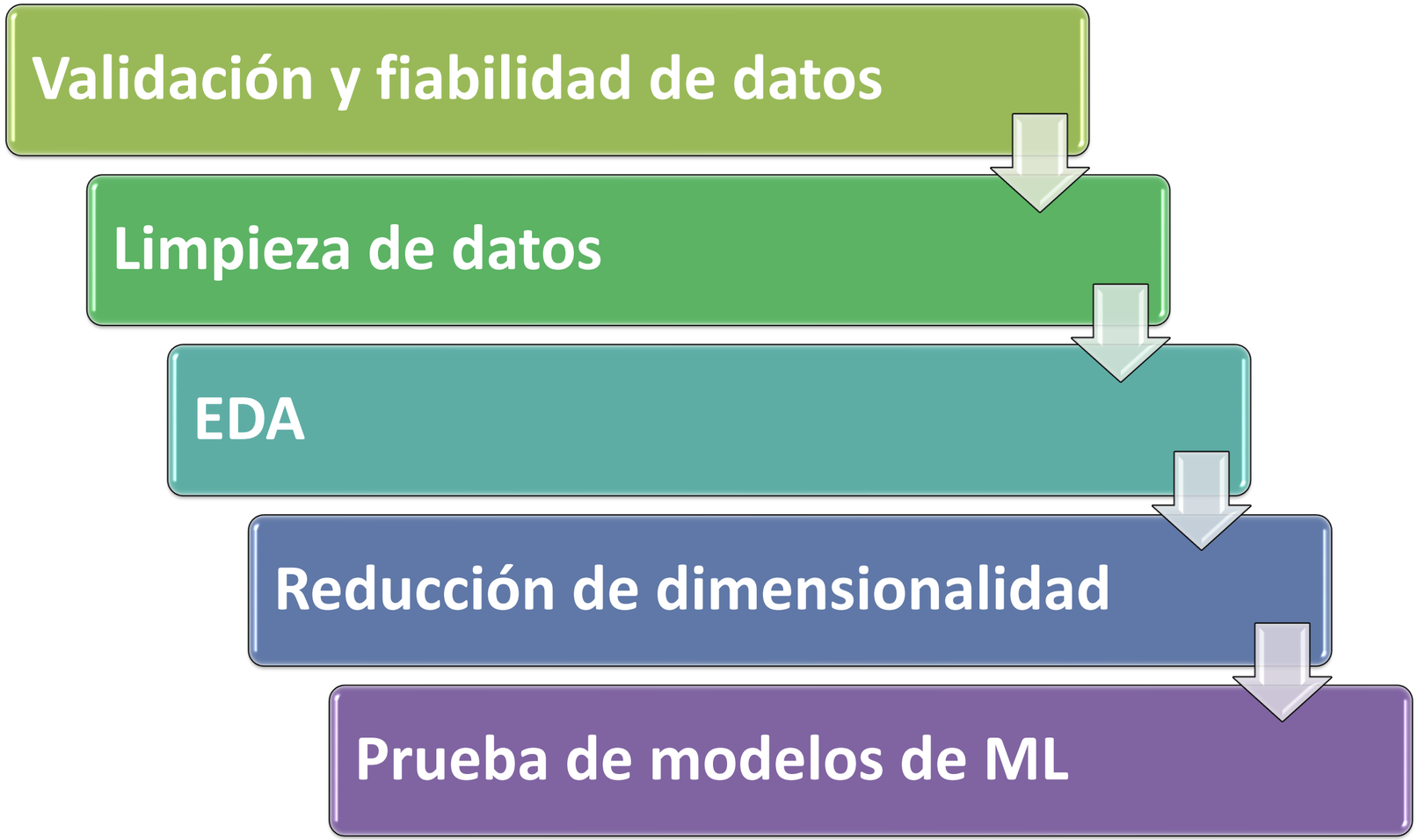
Esto puede indicar si fuera una distribución normal, que el 68% de las datos van desde los 0.08 y los 0.11 en este índice y que el 95% de las datos van desde los 0.07 y los 0.12 . Asimetría: La curva de frecuencia cuenta con una leve asimetría positiva

Diagnosis


Density
diagnosis
0
1
2
3
4
5
6
−0.25
0.00
0.25
0.50
0.75
1.00
1.25

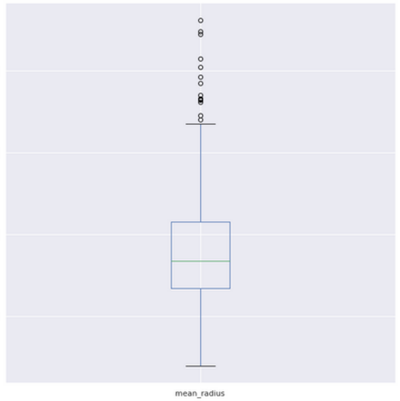
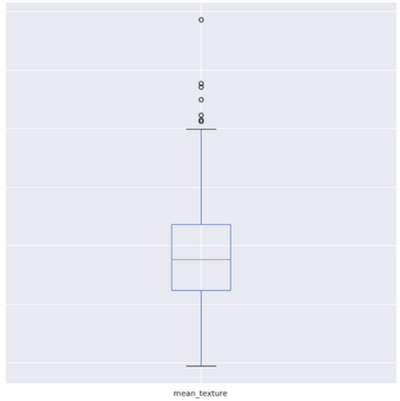
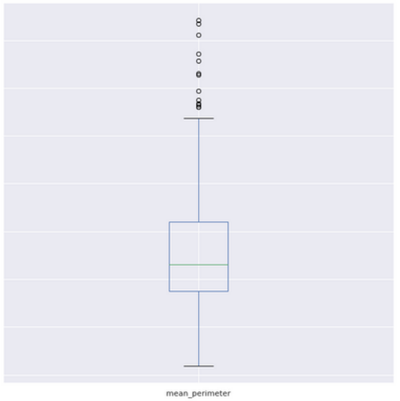
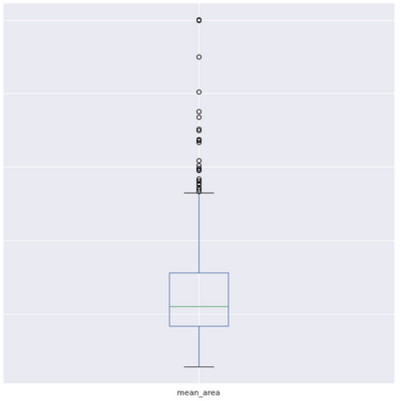
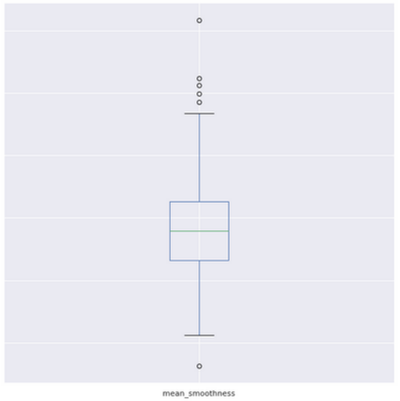
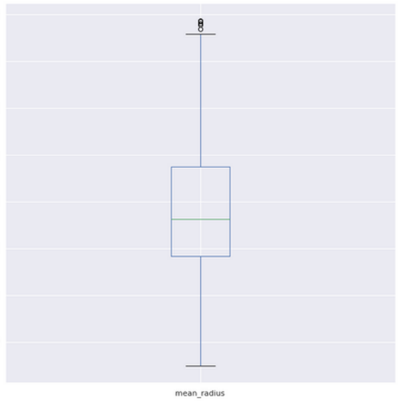
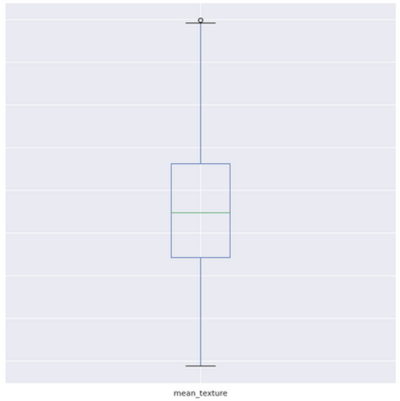
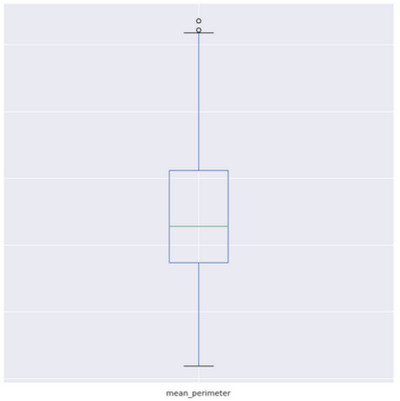
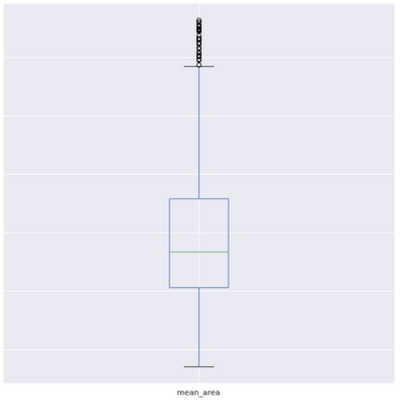
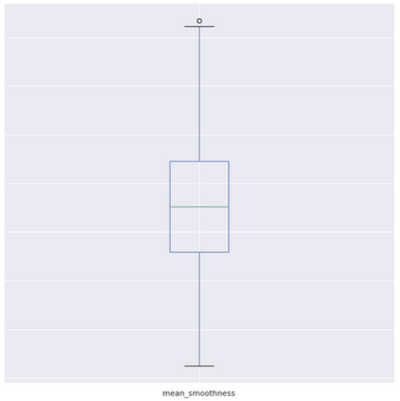

Distribución de 'diagnosis'
0
62.7%
37.3%
1

Proceso

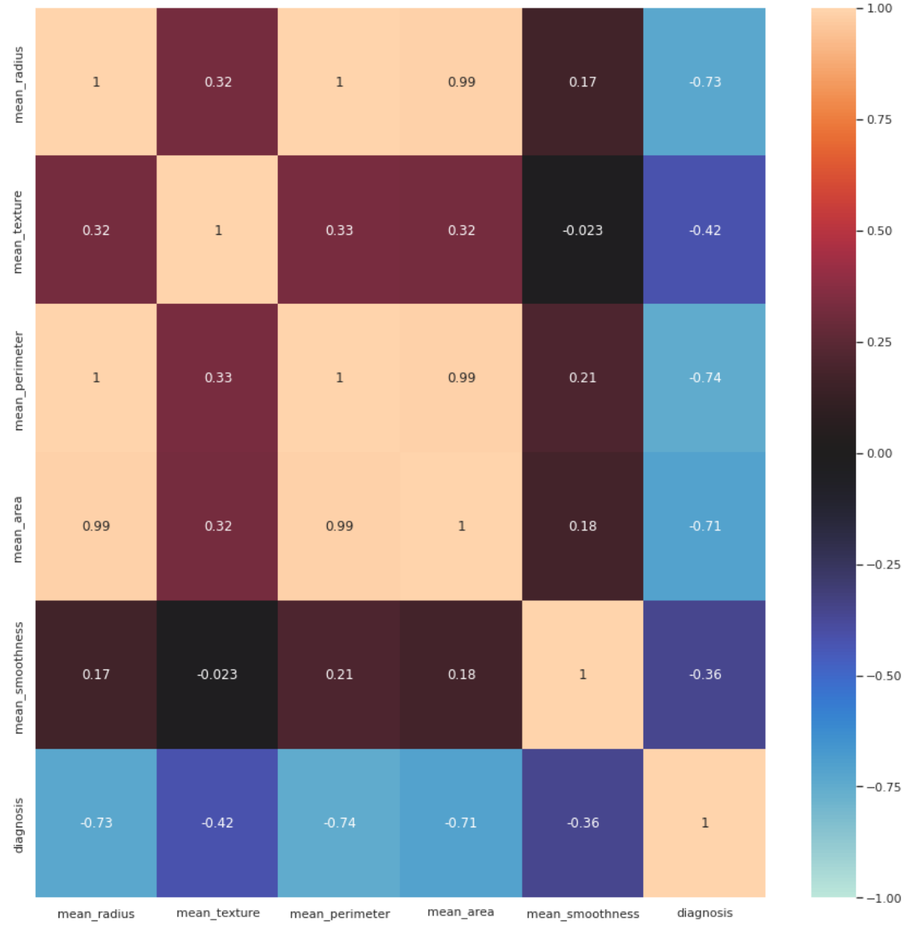

Validación y fiabilidad de datos
Limpieza de datos
EDA
Reducción de dimensionalidad
Prueba de modelos de ML

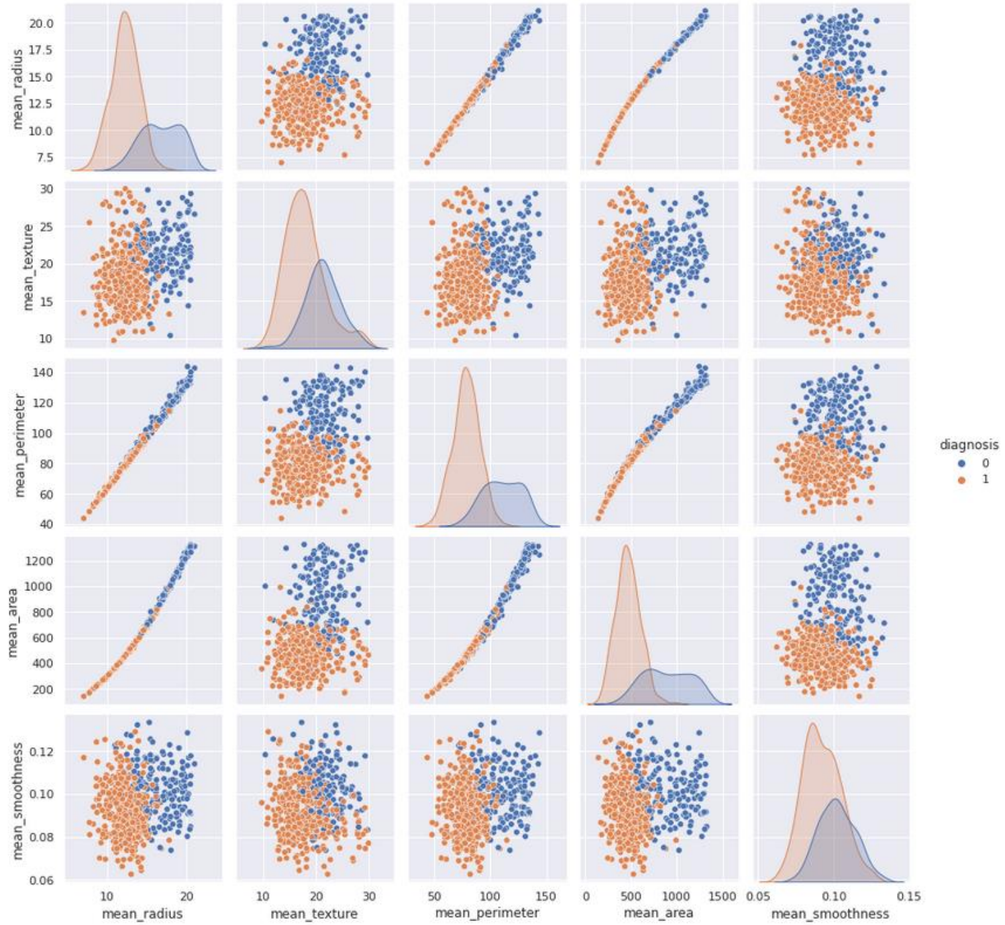
Preparación de los datos

Transformación y limpieza

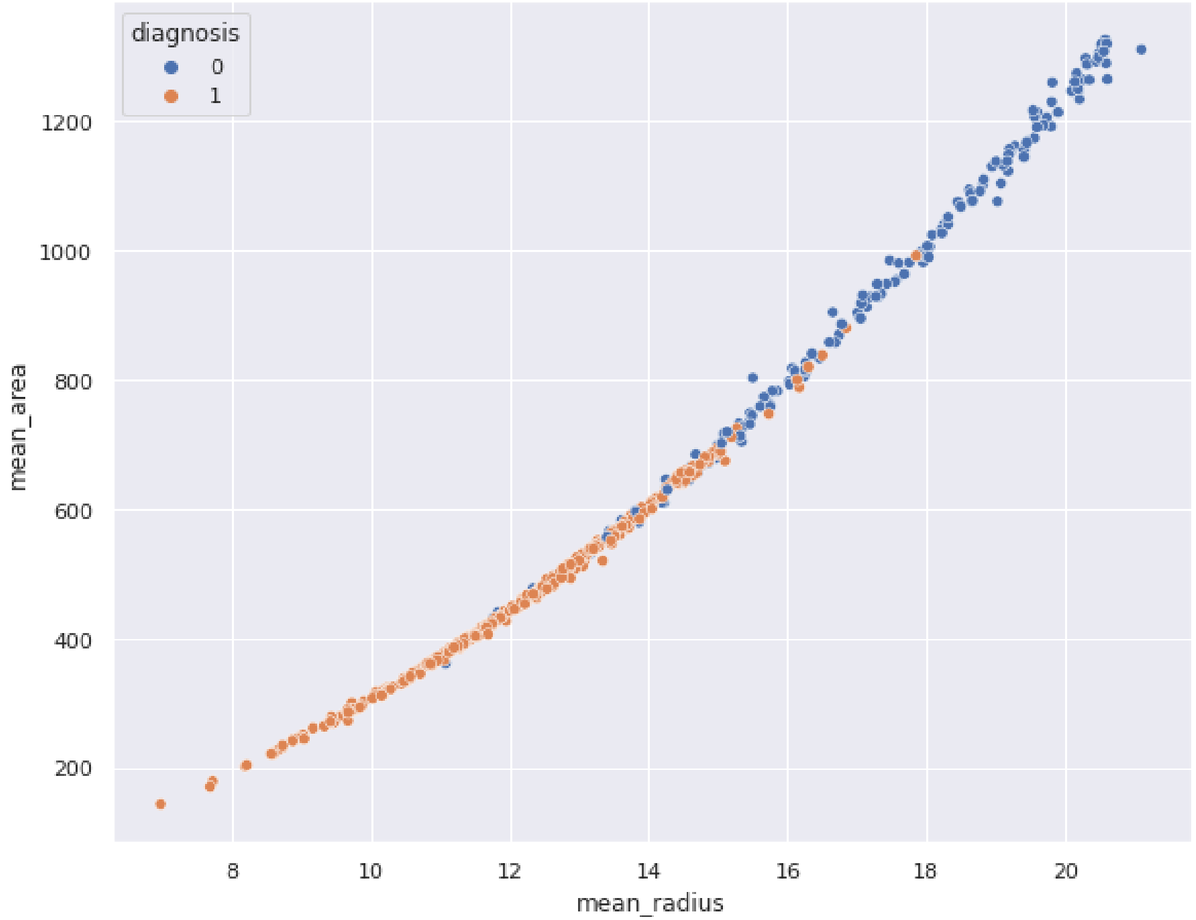
	mean_radius	mean_texture	mean_perimeter	mean_area	mean_smoothness
Todos los datos					
Quitando valores atípicos					

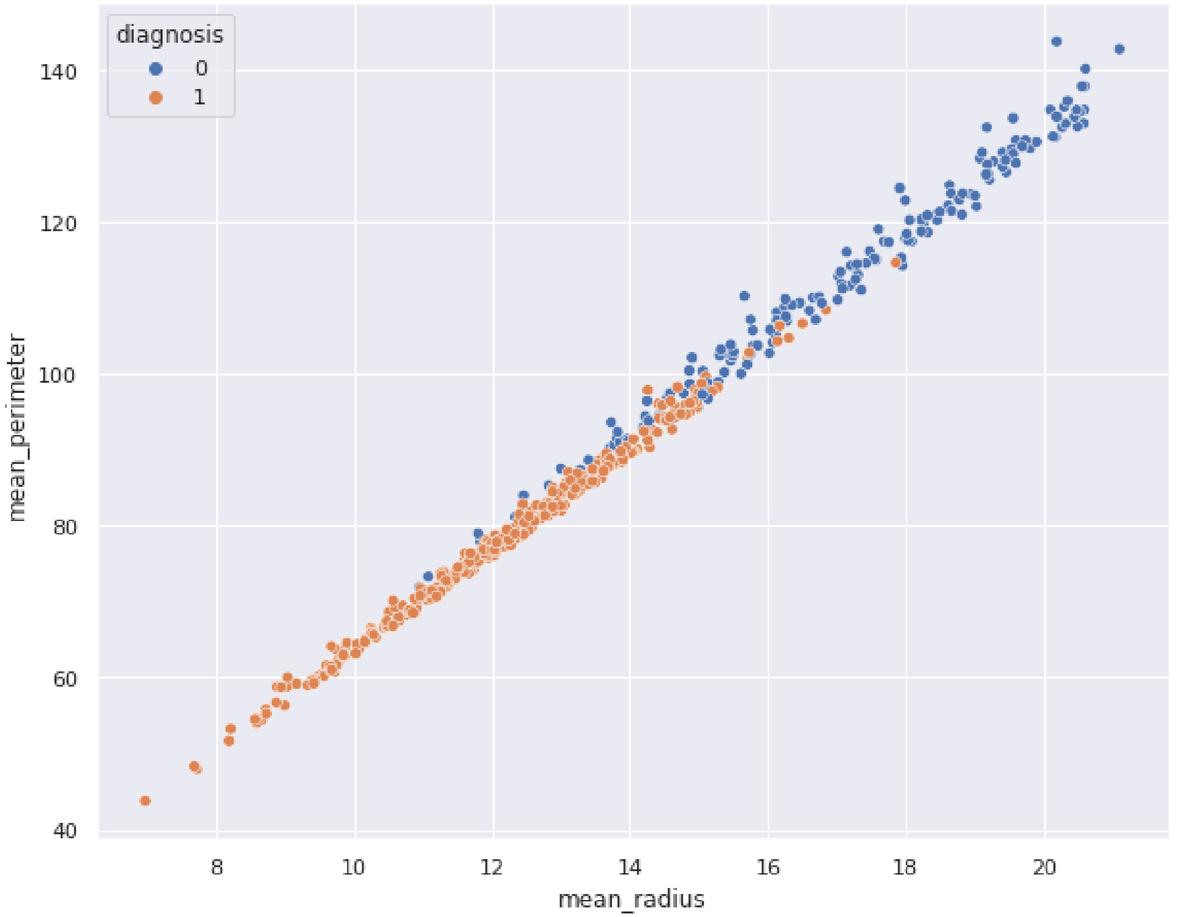
Evaluacion de datos





Evaluacion de datos





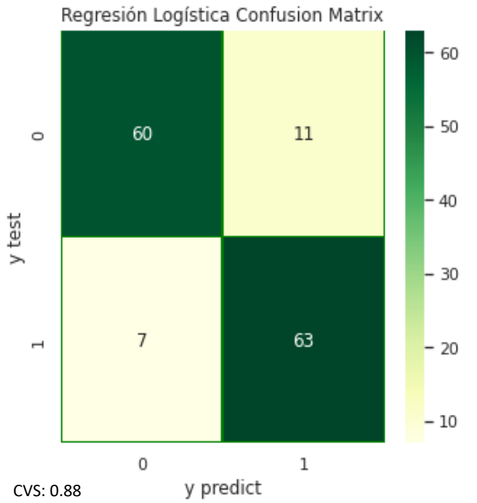
Modelos Supervisados

MACHINE LEARNING

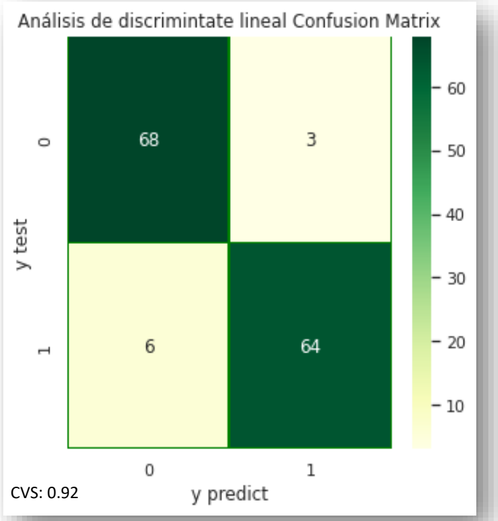
Modelos supervisados

- Se realizó limpieza de datos atípicos
- Se utilizó upsampling mediante el método SMOTE
- Se utilizaron las variables independientes:
  - Mean_textura
  - Mean_perimeter
  - Mean_smothness
- Se utilizó la variable independiente:
  - diagnosis
- Se compararon los siguientes modelos:
  - Regresión logística
  - Análisis de discriminante lineal
  - Clasificador de K-Neighbors
  - Clasificador de Árbol de Decisión
  - Gaussian Naive Bayes
  - SVC
  - Red Neuronal

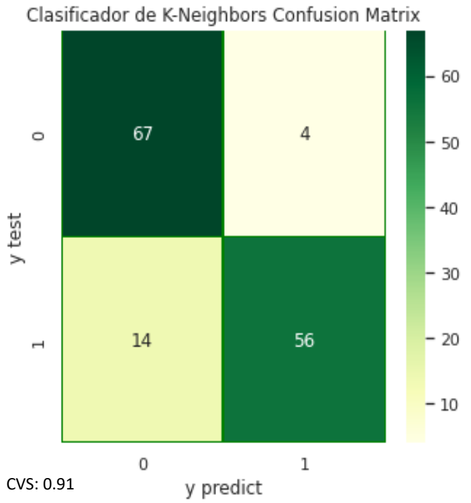
Resultados de modelos



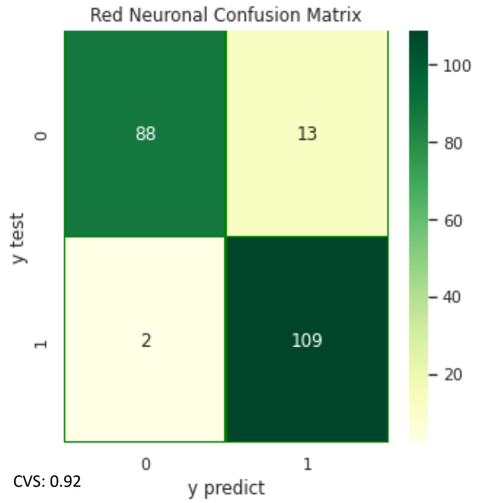
CVS: 0.88



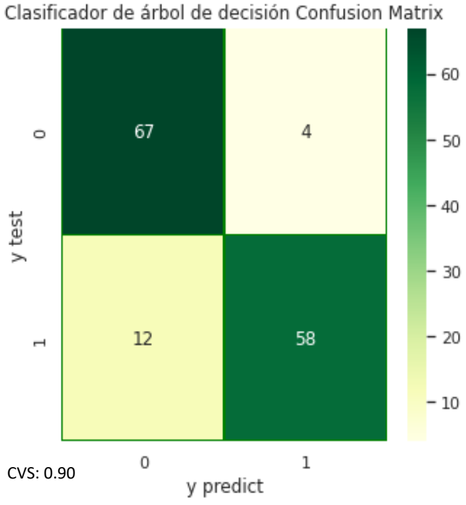
CVS: 0.92



CVS: 0.91

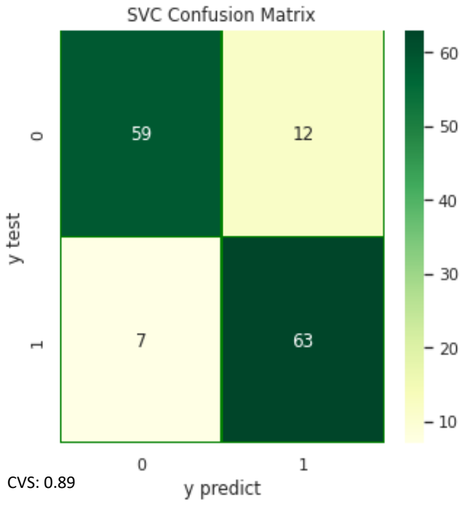


CVS: 0.92



CVS: 0.90

CVS: 0.93



CVS: 0.89

Mejores resultados

Predicción de cancer de mama

01

Gaussian Naive Bayes 93%

02

Análisis de discriminante lineal 92%

03

Clasificador de K-Neighbors 91%

A través de la implantación de modelos supervisados de ML, se logra identificar la clasificación de las categorías en estudio en cuanto a la predicción del cáncer de mama.

Al utilizar los modelos de ML se obtienen los siguientes resultados:

- Regresión Logística: 0.880949 (0.062688)
- Análisis de discrimintate lineal: 0.924980 (0.058848)
- Clasificador de K-Neighbors: 0.914387 (0.047660)
- Clasificador de árbol de decisión: 0.900395 (0.065743)
- Gaussian Naive Bayes: 0.928538 (0.054154)
- SVC: 0.889802 (0.059542)

Conclusiones

- Se notó una mejoría significativa al balancear los datos usando un método de upsampling.

- Encontramos que la prueba con mejores resultados en la matriz de confusión es el modelo de Análisis de discriminante lineal Este modelo parece seleccionar con bastante precisión si el tumor es benigno o maligno, lo cual puede ayudar a los médicos y pacientes a tener un diagnóstico más temprano.

Conclusiones

- El análisis para predecir el diagnosis demuestra cierta valores de predictibilidad al utilizar modelos de ML.

- Al utilizar modelos basados en procesos como el PCA o las redes neuronales se observo una mejoría en la predictibilidad de los diagosticos.

- Al utilizar procesos de clasificación aumenta considerablemente la precisión de las predicciones.

Muchas gracias.