

Previendo Ocorrência de Câncer

Lucas Braga

06/03/2022

O objetivo é analisar dados reais sobre exames de câncer de mama realizado com mulheres nos EUA e então prever a ocorrência de novos casos. Os dados do câncer da mama incluem 569 observações de biópsias de câncer, cada um com 32 características (variáveis). Uma característica é um número de identificação (ID), outro é o diagnóstico de câncer, e 30 são medidas laboratoriais numéricas. O diagnóstico é codificado como “M” para indicar maligno ou “B” para indicar benigno.

Coletando os dados

```
# Coletando os dados
dados <- read.csv("bc_data.csv", stringsAsFactors = FALSE)
```

```
# Explorando os dados
dados <- dados[-1]
str(dados)
```

```
## 'data.frame': 569 obs. of 31 variables:
## $ 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 ...
```

```
# Verificando se existem dados NA
any(is.na(dados))
```

```
## [1] FALSE
```

```
# Muitos classificadores requerem que as variáveis sejam do tipo fator
table(dados$diagnosis)
```

```
##
##      B      M
## 357 212
```

```
dados$diagnosis <- factor(dados$diagnosis, levels = c("B", "M"), labels = c("Benigno", "Maligno"))
str(dados$diagnosis)
```

```
## Factor w/ 2 levels "Benigno","Maligno": 1 1 1 1 1 1 1 2 1 1 ...
```

```
# Verificando a proporção
round(prop.table(table(dados$diagnosis)) * 100, digits = 1)
```

```
##
## Benigno Maligno
##      62.7      37.3
```

Medidas de Tendência Central

```
# Detectamos aqui um problema de escala entre os dados, que precisarão ser normalizados
summary(dados[c("radius_mean", "area_mean", "smoothness_mean")])
```

```
##      radius_mean      area_mean      smoothness_mean
## Min.   : 6.981    Min.   : 143.5    Min.   :0.05263
## 1st Qu.:11.700    1st Qu.: 420.3    1st Qu.:0.08637
## Median :13.370    Median : 551.1    Median :0.09587
## Mean   :14.127    Mean   : 654.9    Mean   :0.09636
## 3rd Qu.:15.780    3rd Qu.: 782.7    3rd Qu.:0.10530
## Max.   :28.110    Max.   :2501.0    Max.   :0.16340
```

```
# Criando uma função de normalização
normalizar <- function(x) {
  return((x - min(x)) / (max(x) - min(x)))
}

# Testando a função de normalização - os resultados devem ser idênticos
normalizar(c(1, 2, 3, 4, 5))
```

```
## [1] 0.00 0.25 0.50 0.75 1.00
```

```
normalizar(c(10, 20, 30, 40, 50))
```

```
## [1] 0.00 0.25 0.50 0.75 1.00
```

```
# Normalizando os dados
dados_norm <- as.data.frame(lapply(dados[2:31], normalizar))

# Conferindo que a normalização ocorreu
summary(dados[c("radius_mean", "area_mean", "smoothness_mean")])
```

```
##   radius_mean      area_mean    smoothness_mean
##   Min.      : 6.981    Min.      : 143.5    Min.      :0.05263
##   1st Qu.:11.700    1st Qu.: 420.3    1st Qu.:0.08637
##   Median :13.370    Median : 551.1    Median :0.09587
##   Mean   :14.127    Mean   : 654.9    Mean   :0.09636
##   3rd Qu.:15.780    3rd Qu.: 782.7    3rd Qu.:0.10530
##   Max.   :28.110    Max.   :2501.0    Max.   :0.16340
```

```
summary(dados_norm[c("radius_mean", "area_mean", "smoothness_mean")])
```

```
##   radius_mean      area_mean    smoothness_mean
##   Min.      :0.0000    Min.      :0.0000    Min.      :0.0000
##   1st Qu.:0.2233    1st Qu.:0.1174    1st Qu.:0.3046
##   Median :0.3024    Median :0.1729    Median :0.3904
##   Mean   :0.3382    Mean   :0.2169    Mean   :0.3948
##   3rd Qu.:0.4164    3rd Qu.:0.2711    3rd Qu.:0.4755
##   Max.   :1.0000    Max.   :1.0000    Max.   :1.0000
```

Treinando o Modelo

```
library(class)

# Criando dados de treino e teste
dados_treino <- dados_norm[1:469, ]
dados_teste <- dados_norm[470:569,]

# Criando os labels para os dados de treino e de teste
dados_treino_labels <- dados[1:469, 1]
dados_teste_labels <- dados[470:569, 1]
```

```
# KNN
# Criando o modelo
modelo <- knn(train = dados_treino, test = dados_teste, cl = dados_treino_labels, k = 21)

# A função knn() retorna um objeto do tipo fator com as previsões de cada exemplo no dataset de teste
class(modelo)
```

```
## [1] "factor"
```

Avaliando a Performance do Modelo

```
# Avaliando a Performance do Modelo
library(gmodels)

# Criando uma tablea cruzada dos dados previstos x dados atuais
CrossTable(x = dados_teste_labels, y = modelo, prop.chisq = FALSE)
```

```
##
##
##      Cell Contents
## |-----|
## |                N |
## |      N / Row Total |
## |      N / Col Total |
## |      N / Table Total |
## |-----|
##
##
## Total Observations in Table:  100
##
##
##              | modelo
## dados_teste_labels |   Benigno |   Maligno | Row Total |
## -----|-----|-----|-----|
##           Benigno |         61 |          0 |         61 |
##                   |         1.000 |         0.000 |         0.610 |
##                   |         0.968 |         0.000 |
##                   |         0.610 |         0.000 |
## -----|-----|-----|-----|
##           Maligno |          2 |         37 |         39 |
##                   |         0.051 |         0.949 |         0.390 |
##                   |         0.032 |         1.000 |
##                   |         0.020 |         0.370 |
## -----|-----|-----|-----|
##      Column Total |         63 |         37 |         100 |
##                   |         0.630 |         0.370 |
## -----|-----|-----|-----|
##
##
```

```

# Interpretação dos Resultados
# A tabela cruzada mostra 4 possíveis valores, que representam os falso/verdadeiro positivos e negativos
# A primeira coluna lista os labels originais nos dados observados
# As duas colunas do modelo (Benigno e Maligno) do modelo, mostram os resultados da previsão
# Temos os seguintes cenários:
# Cenário 1: Célula Benigno (label) x Benigno (modelo) - 61 casos - true negative
# Cenário 2: Célula Benigno (label) x Maligno (modelo) - 00 casos - false positivo
# Cenário 1: Célula Maligno (label) x Benigno (modelo) - 02 casos - false negative (o modelo errou)
# Cenário 1: Célula Maligno (label) x Maligno (modelo) - 37 casos - true positive

# True Negative = o modelo previu que a pessoa NÃO tinha a doença e acertou
# False Positive = o modelo previu que a pessoa tinha a doença e os dados mostraram que NÃO tinha
# False Negative = o modelo previu que a pessoa NÃO tinha a doença e os dados mostraram que tinha
# True Positive = o modelo previu que a pessoa tinha a doença e os dados mostraram que tinha

# Falso Positivo - Erro tipo I
# Falso Negativo - Erro tipo II

# Taxa de acerto do Modelo: 98%

## Otimizando o Modelo

# Usando a função scale() para padronizar o z-score
dados_z <- as.data.frame(scale(dados[-1]))

# Conferindo a transformação realizada com sucesso
summary(dados_z$area_mean)

```

```

##      Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
## -1.4532 -0.6666 -0.2949  0.0000  0.3632  5.2459

```

```

# Criando novos datasets de treino e de teste
dados_treino <- dados_z[1:469, ]
dados_teste <- dados_z[470:569, ]

dados_treino_labels <- dados[1:469, 1]
dados_teste_labels <- dados[470:569, 1]

```

Reclassificando

```

# Reclassificando
modelo_v2 <- knn(train = dados_treino, test = dados_teste, cl = dados_treino_labels, k = 21)

# Criando a cross table para comparar dados previstos com os dados reais
CrossTable(x = dados_teste_labels, y = modelo_v2, prop.chisq = FALSE)

##
##
##      Cell Contents
## |-----|

```

```
## |               N |
## |      N / Row Total |
## |      N / Col Total |
## |      N / Table Total |
## |-----|
##
##
## Total Observations in Table:  100
##
##
##               | modelo_v2
## dados_teste_labels |   Benigno |   Maligno | Row Total |
## -----|-----|-----|-----|
##           Benigno |         61 |          0 |         61 |
##                   |         1.000 |         0.000 |         0.610 |
##                   |         0.924 |         0.000 |         |
##                   |         0.610 |         0.000 |         |
## -----|-----|-----|-----|
##           Maligno |          5 |         34 |         39 |
##                   |         0.128 |         0.872 |         0.390 |
##                   |         0.076 |         1.000 |         |
##                   |         0.050 |         0.340 |         |
## -----|-----|-----|-----|
##           Column Total |         66 |         34 |         100 |
##                   |         0.660 |         0.340 |         |
## -----|-----|-----|-----|
##
##
```

```
# Testando diferentes valores para k
# Criando dados de treino e dados de teste
# dados_treino <- dados_norm[1:469, ]
# dados_teste <- dados_norm[470:569, ]
# Criando os labels para os dados de treino e de teste
# dados_treino_labels <- dados[1:469, 1]
# dados_teste_labels <- dados[470:569, 1]
# dados_test_pred <- knn(train = dados_treino, test = dados_teste, cl = dados_treino_labels, k=1)
# CrossTable(x = dados_teste_labels, y = dados_test_pred, prop.chisq=FALSE)
# dados_test_pred <- knn(train = dados_treino, test = dados_teste, cl = dados_treino_labels, k=5)
# CrossTable(x = dados_teste_labels, y = dados_test_pred, prop.chisq=FALSE)
# dados_test_pred <- knn(train = dados_treino, test = dados_teste, cl = dados_treino_labels, k=11)
# CrossTable(x = dados_teste_labels, y = dados_test_pred, prop.chisq=FALSE)
# dados_test_pred <- knn(train = dados_treino, test = dados_teste, cl = dados_treino_labels, k=15)
# CrossTable(x = dados_teste_labels, y = dados_test_pred, prop.chisq=FALSE)
# dados_test_pred <- knn(train = dados_treino, test = dados_teste, cl = dados_treino_labels, k=21)
# CrossTable(x = dados_teste_labels, y = dados_test_pred, prop.chisq=FALSE)
# dados_test_pred <- knn(train = dados_treino, test = dados_teste, cl = dados_treino_labels, k=27)
# CrossTable(x = dados_teste_labels, y = dados_test_pred, prop.chisq=FALSE)
```

Calculando a taxa de erro

```

# Calculando a taxa de erro
prev = NULL
taxa_erro = NULL

suppressWarnings(
  for(i in 1:20){
    set.seed(101)
    prev = knn(train = dados_treino, test = dados_teste, cl = dados_treino_labels, k = i)
    taxa_erro[i] = mean(dados$diagnosis != prev)
  }
)

# Obtendo os valores de k e das taxas de erro
library(ggplot2)
k.values <- 1:20
df_erro <- data.frame(taxa_erro, k.values)
df_erro

```

```

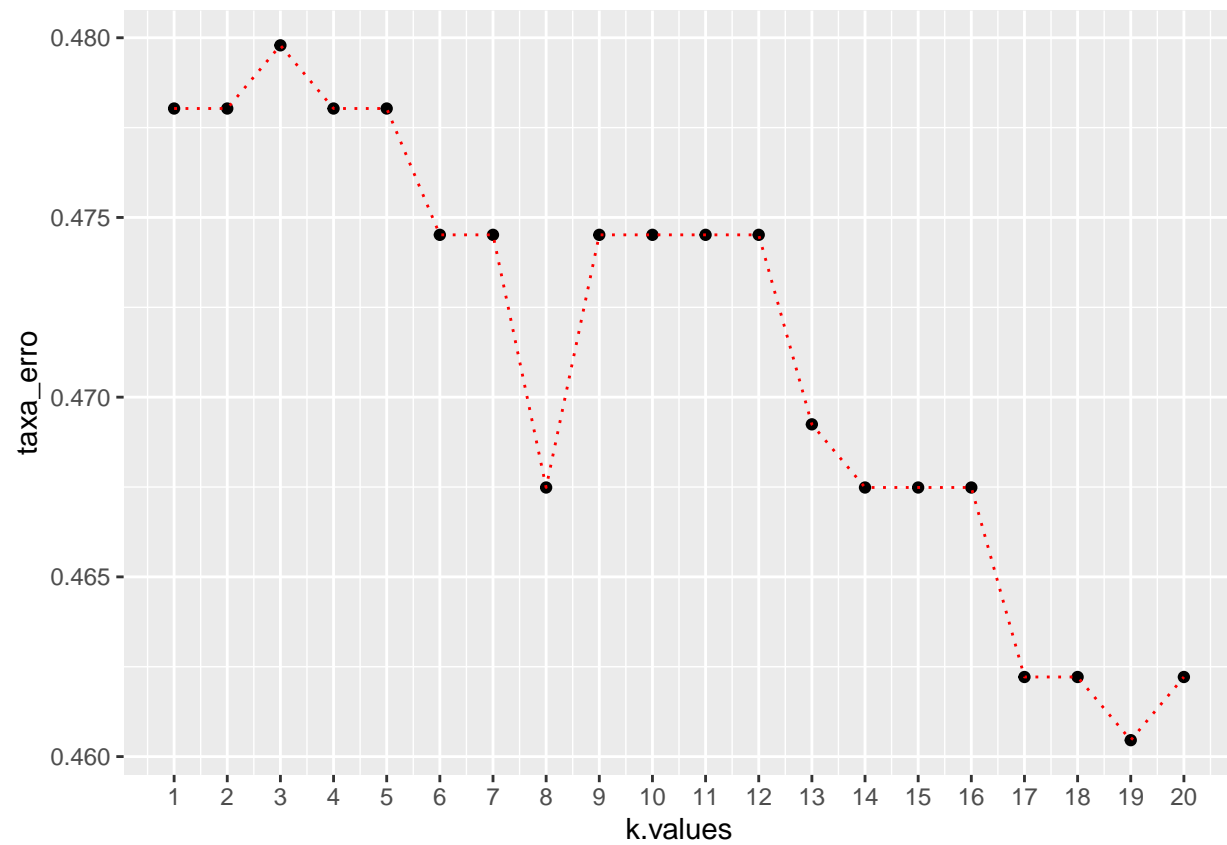
##      taxa_erro k.values
## 1  0.4780316      1
## 2  0.4780316      2
## 3  0.4797891      3
## 4  0.4780316      4
## 5  0.4780316      5
## 6  0.4745167      6
## 7  0.4745167      7
## 8  0.4674868      8
## 9  0.4745167      9
## 10 0.4745167     10
## 11 0.4745167     11
## 12 0.4745167     12
## 13 0.4692443     13
## 14 0.4674868     14
## 15 0.4674868     15
## 16 0.4674868     16
## 17 0.4622144     17
## 18 0.4622144     18
## 19 0.4604569     19
## 20 0.4622144     20

```

```

# À medida que aumentamos k, diminuimos a taxa de erro do modelo
ggplot(df_erro, aes(x = k.values, y = taxa_erro)) + geom_point() + geom_line(lty = "dotted", color = 'red') +
  scale_x_continuous(breaks=seq(0, 20, 1))

```



O melhor valor para k é 19.