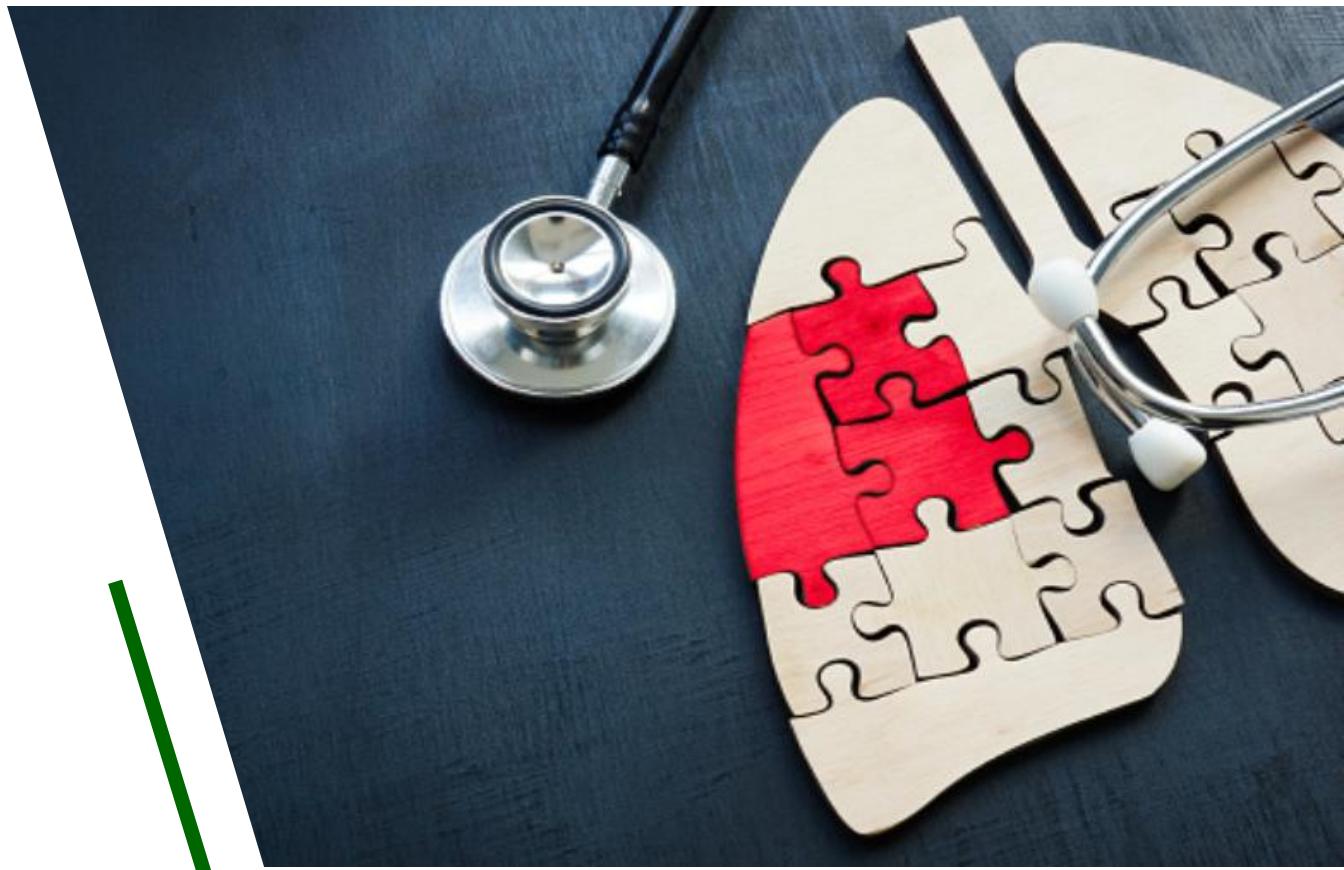


폐암 발병 가능성 예측



Contents

폐암 발병 가능성 예측



01 문제 정의

폐암이란

02 데이터 수집

데이터 설명

03 EDA

이상치 확인
결측치 확인

04 데이터 전처리

데이터 타입 변환
랜덤 샘플링

05 데이터 분석

상관분석
로지스틱 회귀분석

06 결과 & 예측

01 문제 정의

폐암 발병 가능성 예측



- 2021년 통계청 자료 한국인 사망 원인 1위
- 2020년 보건복지부 자료 발생 2위 암종

24개 암종별	발생자수 (명)	상대빈도 (%)
모든 암(C00-C96)	247,952	100.0
갑상선(C73)	29,180	11.8
폐(C33-C34)	28,949	11.7
대장(C18-C20)	27,877	11.2
위(C16)	26,662	10.8
유방(C50)	24,923	10.1

(단위: 인구 10만 명당 명)			
순위	사망원인	사망률	'20년 순위 대비
1	악성신생물(암)	161.1	-
2	심장 질환	61.5	-
3	폐렴	44.4	-
4	뇌혈관 질환	44.0	-
5	고의적 자해(자살)	26.0	-
6	당뇨병	17.5	-
7	알츠하이머병	15.6	-
8	간질환	13.9	-
9	폐혈증	12.5	↑ (+1)
10	고혈압성 질환	12.1	↓ (-1)

02 데이터 수집

폐암 발병 가능성 예측



- 캐글에서 제공하는 폐암 발병 여부 데이터
- 성별, 연령, 흡연 여부, 가슴 통증 여부 등 총 16개 변수
- 총 309개의 데이터

```
> names(d)
[1] "GENDER"           "AGE"              "SMOKING"
[4] "YELLOW_FINGERS"   "ANXIETY"          "PEER_PRESSURE"
[7] "CHRONIC.DISEASE"  "FATIGUE"          "ALLERGY"
[10] "WHEEZING"         "ALCOHOL.CONSUMING" "COUGHING"
[13] "SHORTNESS.OF.BREATH" "SWALLOWING.DIFFICULTY" "CHEST.PAIN"
[16] "LUNG_CANCER"
```

```
> ncol(d)
[1] 16
> nrow(d)
[1] 309
```

03 EDA

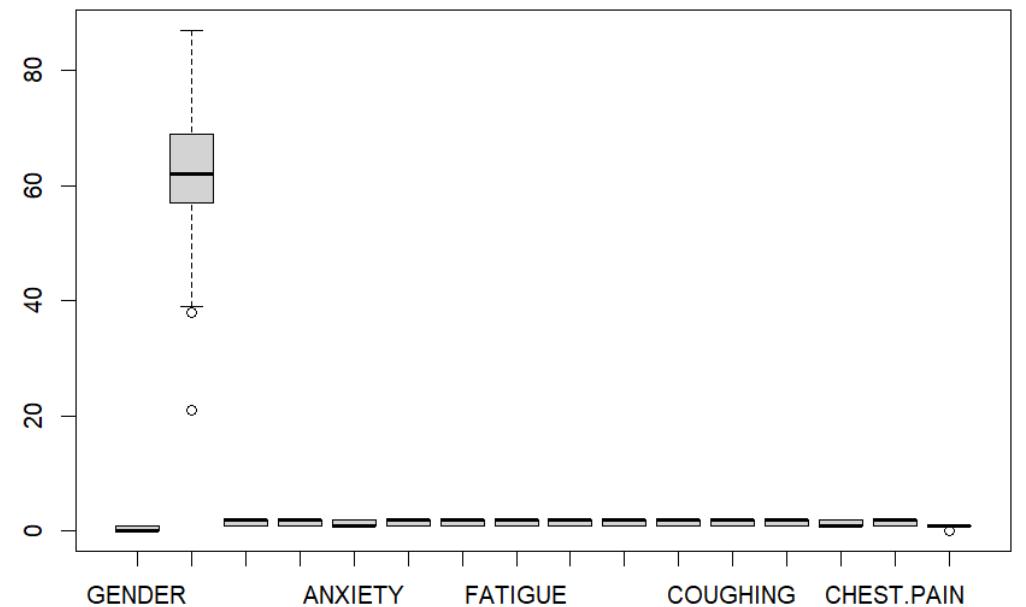
폐암 발병 가능성 예측



- 데이터 타입, 데이터 개수, 변수 개수 확인
- 이상치 확인
- 결측치 확인

```
> str(d)
'data.frame': 309 obs. of 16 variables:
 $ GENDER      : chr  "M" "M" "F" "M" ...
 $ AGE         : int  69 74 59 63 63 75 52 51 68 53 ...
 $ SMOKING     : int  1 2 1 2 1 1 2 2 2 2 ...
 $ YELLOW_FINGERS: int  2 1 1 2 2 2 1 2 1 2 ...
 $ ANXIETY     : int  2 1 1 2 1 1 1 2 2 2 ...
 $ PEER_PRESSURE: int  1 1 2 1 1 1 1 2 1 2 ...
 $ CHRONIC.DISEASE: int  1 2 1 1 1 2 1 1 1 2 ...
 $ FATIGUE     : int  2 2 2 1 1 2 2 2 2 1 ...
 $ ALLERGY      : int  1 2 1 1 1 2 1 2 1 2 ...
 $ WHEEZING    : int  2 1 2 1 2 2 2 1 1 1 ...
 $ ALCOHOL.CONSUMING: int  2 1 1 2 1 1 2 1 1 2 ...
 $ COUGHING    : int  2 1 2 1 2 2 2 1 1 1 ...
 $ SHORTNESS.OF.BREATH: int  2 2 2 1 2 2 2 2 1 1 ...
 $ SWALLOWING.DIFFICULTY: int  2 2 1 2 1 1 1 2 1 2 ...
 $ CHEST.PAIN   : int  2 2 2 2 1 1 2 1 1 2 ...
 $ LUNG_CANCER  : chr  "YES" "YES" "NO" "NO" ...
```

```
boxplot(d) > is.null(d)
[1] FALSE
```



04 데이터 전처리

폐암 발병 가능성 예측



- 성별, 폐암 발병 여부 변수 수치형으로 변환
- 데이터의 개수를 맞추어 랜덤하게 샘플 추출

```
> d[d$LUNG_CANCER == "NO", "LUNG_CANCER"] = 0  
> d[d$LUNG_CANCER == "YES", "LUNG_CANCER"] = 1  
> d[d$GENDER == "M", "GENDER"] = 0  
> d[d$GENDER == "F", "GENDER"] = 1  
> d$GENDER = as.numeric(d$GENDER)  
> d$LUNG_CANCER = as.numeric(d$LUNG_CANCER)  
> str(d)  
'data.frame': 309 obs. of 16 variables:  
 $ GENDER : num 0 0 1 0 1 1 0 1 1 0 ...  
 $ AGE : int 69 74 59 63 63 75 52 51 68 53 ...  
 $ SMOKING : int 1 2 1 2 1 1 2 2 2 2 ...  
 $ YELLOW_FINGERS : int 2 1 1 2 2 2 1 2 1 2 ...  
 $ ANXIETY : int 2 1 1 2 1 1 1 2 2 2 ...  
 $ PEER_PRESSURE : int 1 1 2 1 1 1 1 2 1 2 ...  
 $ CHRONIC.DISEASE : int 1 2 1 1 1 2 1 1 1 2 ...  
 $ FATIGUE : int 2 2 2 1 1 2 2 2 2 1 ...  
 $ ALLERGY : int 1 2 1 1 1 2 1 2 1 2 ...  
 $ WHEEZING : int 2 1 2 1 2 2 2 1 1 1 ...  
 $ ALCOHOL.CONSUMING : int 2 1 1 2 1 1 2 1 1 2 ...  
 $ COUGHING : int 2 1 2 1 2 2 2 1 1 1 ...  
 $ SHORTNESS.OF.BREATH : int 2 2 2 1 2 2 2 2 1 1 ...  
 $ SWALLOWING.DIFFICULTY: int 2 2 1 2 1 1 1 2 1 2 ...  
 $ CHEST.PAIN : int 2 2 2 2 1 1 2 1 1 2 ...  
 $ LUNG_CANCER : num 1 1 0 0 0 1 1 1 0 1 ...
```

```
library(dplyr)  
library(PerformanceAnalytics)  
library(magrittr)
```

```
> length(which(d$LUNG_CANCER==0))  
[1] 39  
> length(which(d$LUNG_CANCER==1))  
[1] 270
```

```
s = d[d$LUNG_CANCER==1,]  
head(s)  
s1 = sample_n(s, 40, replace = F)  
s2 = d[d$LUNG_CANCER==0,]  
S = rbind(s1, s2)
```

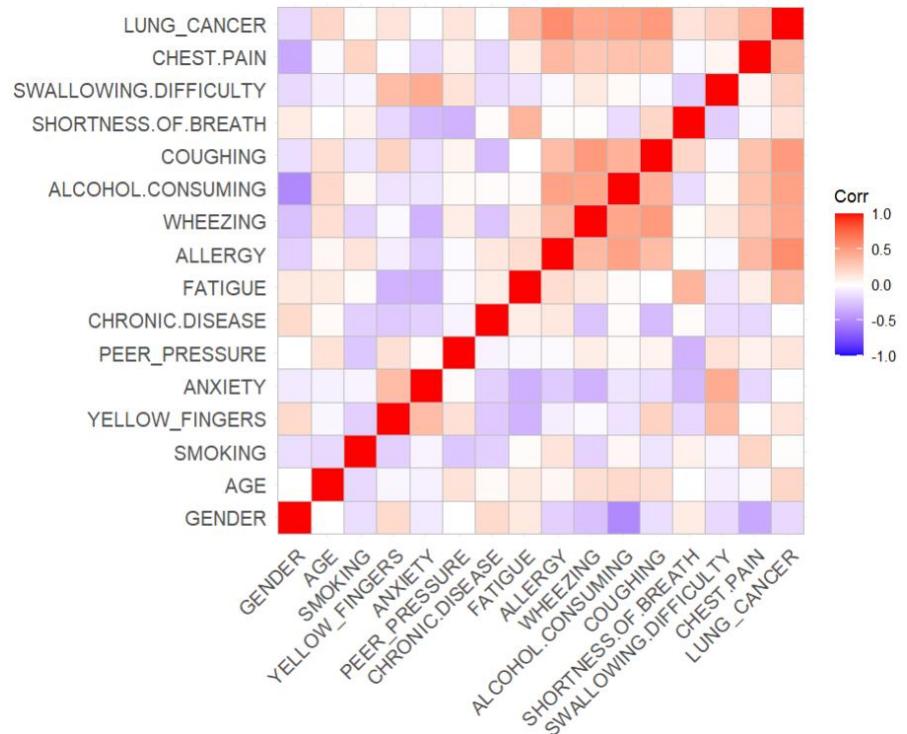
05 데이터 분석

폐암 발병 가능성 예측



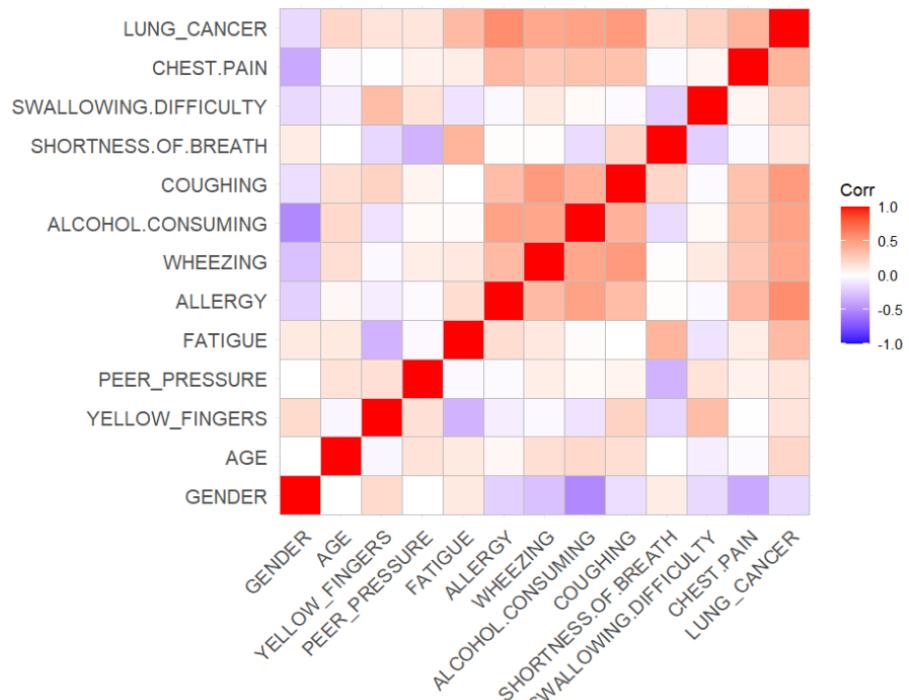
- 상관분석 진행

```
S_cor = cor(S)
round(S_cor, 2)
library(ggcorrplot)
ggcorrplot(S_cor) # 상관분석 그래프
```



- 종속변수와의 상관계수가 ± 0.01 인 변수 제거 후 상관분석

```
D = subset(S, select=-c(SMOKING, ANXIETY, CHRONIC.DISEASE)) # 0.01 변수를 제거
round(cor(D), 2)
library(ggcorrplot)
ggcorrplot(cor(D))
```



05 데이터 분석

폐암 발병 가능성 예측



- train 데이터와 test 데이터 분리
- 변수 선택을 위해 stepwise selection 시행

```
train = sample_frac(D, size = 0.7)
test = sample_frac(D, size = 0.3)
```

```
#변수 선택
model = glm(LUNG_CANCER ~ 1, data = train)
ss = step(model, direction = "both", scope = LUNG_CANCER ~ GENDER + ALLERGY +
YELLOW_FINGERS + SWALLOWING.DIFFICULTY + PEER_PRESSURE + FATIGUE +
AGE + SHORTNESS.OF.BREATH + WHEEZING + ALCOHOL.CONSUMING + COUGHING +
CHEST.PAIN)
> summary(ss)
```

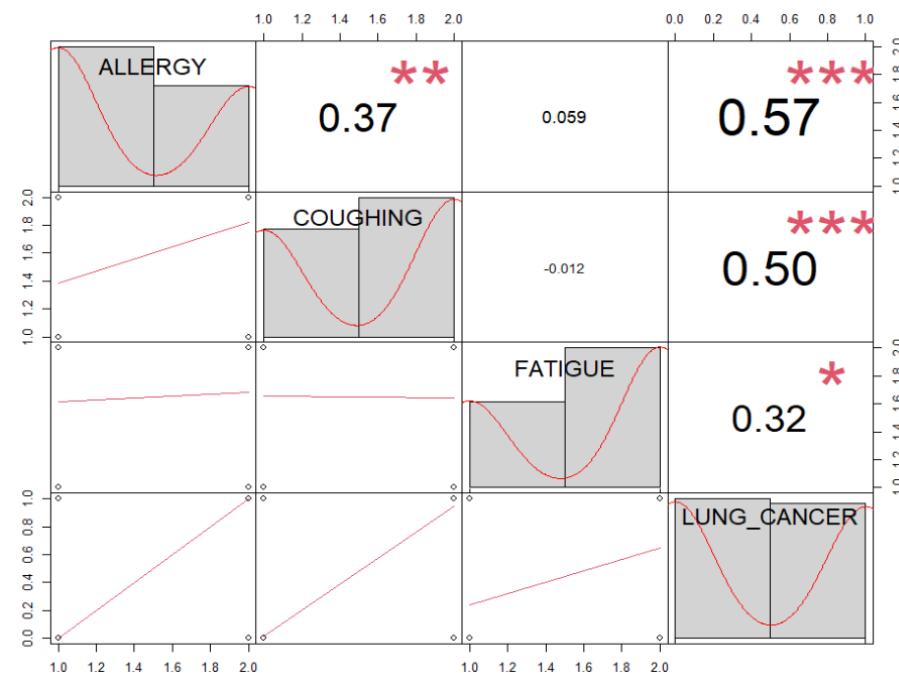
```
Call:
glm(formula = LUNG_CANCER ~ ALLERGY + COUGHING + FATIGUE + SWALLOWING.DIFFICULTY +
AGE, data = train)
```

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)	
(Intercept)	-2.002848	0.367371	-5.452	1.62e-06	***
ALLERGY	0.402881	0.099339	4.056	0.000179	***
COUGHING	0.298677	0.101445	2.944	0.004939	**
FATIGUE	0.280527	0.095283	2.944	0.004940	**
SWALLOWING.DIFFICULTY	0.329582	0.117572	2.803	0.007229	**
AGE	0.009755	0.005298	1.841	0.071608	.
SWALLOWING.DIFFICULTY	3.0774	1.7971	1.712	0.086817	.

- 로지스틱 회귀 모델 생성

```
# 최종 모델
result = glm(LUNG_CANCER ~ ALLERGY + COUGHING + FATIGUE,
             data = train, family = binomial())
train %>% select_at(vars(ALLERGY, COUGHING,
                           FATIGUE, LUNG_CANCER)) %>% chart.Correlation(histogram = TRUE, pch=20)
```



06 결과 & 예측

폐암 발병 가능성 예측



- 모델 성능 확인
- train 데이터: 84%, test 데이터: 88%

```
> coef(result)
(Intercept)      ALLERGY      COUGHING      FATIGUE
-13.726140     2.978732     2.782049     3.009662
```

```
> library(rsq)
> rsq(result)
[1] 0.5262261
```

```
Train = train[c("ALLERGY", "COUGHING", "FATIGUE", "LUNG_CANCER")]
Test = test[c("ALLERGY", "COUGHING", "FATIGUE", "LUNG_CANCER")]
SSS = D[c("ALLERGY", "COUGHING", "FATIGUE", "LUNG_CANCER")]
```

#오버 / 언더 피팅 확인

```
p1 <- predict(result, newdata=Train, type="response")
round(p1)
table(round(p1), Train$LUNG_CANCER)
```

0	1
0	21 2
1	7 25

```
p2 <- predict(result, newdata=Test, type="response")
round(p2)
table(round(p2), Test$LUNG_CANCER)
```

0	1
0	12 1
1	2 9

06 결과 & 예측

폐암 발병 가능성 예측



- 알레르기 증상 여부, 기침 여부, 극심한 피로감 여부
- 알레르기 증상 여부: 1 = 없음 / 2 = 있음
- 기침 여부: 1 = 없음 / 2 = 있음
- 극심한 피로감 여부: 1 = 없음 / 2 = 있음
- 폐암 발병 여부: 0 = 발병하지 않음 / 1 = 발병
- 사람1,2는 폐암이 발병하지 않았고
사람3,4는 폐암이 발병했을 것이라고 예측

```
#예측
man1 = data.frame(rbind(c(1,1,1)))
names(man1) = names(SSS)[1:3]
pred = predict(result, man1, type="response")
pred

man2 = data.frame(rbind(c(1,2,1)))
names(man2) = names(SSS)[1:3]
pred2 = predict(result, man2, type="response")
pred2

man3 = data.frame(rbind(c(2,1,2)))
names(man3) = names(SSS)[1:3]
pred3 = predict(result, man3, type="response")
pred3

man4 = data.frame(rbind(c(2,2,2)))
names(man4) = names(SSS)[1:3]
pred4 = predict(result, man4, type="response")
pred4

> pred          > pred2
      1           1
0.006993908  0.1021419

> pred3         > pred4
      1           1
0.7374384   0.9784321
```

A grayscale photograph of a hospital corridor. In the foreground, a medical cart with various equipment is visible. The corridor leads to several doors, one of which has a sign that reads "Ausgang" with an arrow pointing right. The ceiling has a grid of fluorescent lights.

THANK YOU