

Metody Systemowe i Decyzyjne
RAPORT Z CZĘŚCI III PROJEKTU

Róża Mazurek 280508

1. Analiza zbioru danych

1.1 Ogólny opis danych

Zbiór danych obejmuje kobiety z rakiem przewodowym i zrazikowym piersi, u których diagnozę postawiono w latach 2006–2010.

Wybrany zbiór danych zawiera 4024 rekordy oraz 16 cech, w tym 5 cech numerycznych oraz 11 cech kategorialnych.

Cechy numeryczne:

Age	Wiek pacjentki
Regional Node Examined	Okręsła liczbę węzłów chłonnych, które zostały zbadane przez lekarzy
Regional Node Positive	Mówią o liczbie węzłów chłonnych, w których wykryto obecność komórek nowotworowych.
Tumor Size	Rozmiar guza
Survival Months	Liczba miesięcy, które pacjentka przeżyła po diagnozie raka piersi

Cechy kategorialne:

Race	Rasa pacjentki
Marital Status	Stan cywilny pacjentki
T Stage	Opisuje rozmiar guza oraz jego lokalne rozprzestrzenienie w piersi i otaczających tkankach.
N Stage	Okręsła zajęcie regionalnych węzłów chłonnych przez komórki nowotworowe.
6th Stage	Sposób klasyfikacji zaawansowania raka piersi określany na podstawie kombinacji T,N i M.
Progesterone Status	Okręsła, czy nowotwór rośnie pod wpływem hormonu progesteronu. Wartość positive lub negative.
Estrogen Status	Okręsła, czy nowotwór rośnie pod wpływem hormonu estrogenu.

	Wartość positive lub negative.
Status	Oznacza aktualny stan pacjentki: Alive lub Dead
Differentiate	Odnosi się do stopnia zróżnicowania (differentiation) komórek nowotworowych.
Grade	Określa stopień złośliwości raka.
A Stage	Odnosi się do zakresu rozprzestrzenienia nowotworu.

1.2 Podstawowe statystyki dla cech

Wykorzystując bibliotekę pandas udało się obliczyć podstawowe statystyki:

1. Dla cech numerycznych:

- średnia - Mean
- mediana - Median
- odchylenie standardowe - Standard_Deviation
- 5. percentyl
- 95. percentyl
- liczba brakujących wartości

2. Dla cech kategorialnych:

- Unikalne klasy - Unique_Classes
- Udział poszczególnych klas w zbiorze - Class_Proportions
- liczba brakujących danych

Wyniki dla cech numerycznych:

Tabela statystyk numerycznych:									
Cecha	Typ	Średnia	Median	Odch. std	5. percentyl	95. percentyl	Braki		
Age Numeryczna	Numeryczna	53.97	54.0	8.96	39.00	68.0	0		
Tumor Size Numeryczna	Numeryczna	30.47	25.0	21.12	9.00	75.0	0		
Regional Node Examined Numeryczna	Numeryczna	14.36	14.0	8.10	2.00	28.0	0		
Reginol Node Positive Numeryczna	Numeryczna	4.16	2.0	5.11	1.00	15.0	0		
Survival Months Numeryczna	Numeryczna	71.30	73.0	22.92	26.15	103.0	0		

- Dane są kompletne, nie ma brakujących wartości.
- Cecha Tumor Size, Regional Node Examinated, Regional Node Positive zmiennych wykazuje asymetrię (mediana i średnia znacząco się różnią) i dużą zmienność (duże odchylenie standardowe). Potrzebna standaryzacja lub transformacja cech.
- Rozkład danych dla cechy Age oraz Survival Months jest dość symetryczny ($\text{średnia} \approx \text{mediana}$).

Wyniki dla cech kategorialnych:

Tabela statystyk kategorialnych :		Klasa	Proporcja	Braki (NaN)
Cecha	Typ			
6th Stage	Kategorialna	IIA	32.43%	0
6th Stage	Kategorialna	IIB	28.08%	0
6th Stage	Kategorialna	IIIA	26.09%	0
6th Stage	Kategorialna	IIIC	11.73%	0
6th Stage	Kategorialna	IIIB	1.67%	0
A Stage	Kategorialna	Regional	97.71%	0
A Stage	Kategorialna	Distant	2.29%	0
Estrogen Status	Kategorialna	Positive	93.32%	0
Estrogen Status	Kategorialna	Negative	6.68%	0
Grade	Kategorialna	2	58.42%	0
Grade	Kategorialna	3	27.61%	0
Grade	Kategorialna	1	13.49%	0
Grade	Kategorialna	anaplastic; Grade IV	0.47%	0
Marital Status	Kategorialna	Married	65.68%	0
Marital Status	Kategorialna	Widowed	5.84%	0
Marital Status	Kategorialna	Single	15.28%	0
Marital Status	Kategorialna	Divorced	12.08%	0
Marital Status	Kategorialna	Separated	1.12%	0
N Stage	Kategorialna	N1	67.89%	0
N Stage	Kategorialna	N2	20.38%	0
N Stage	Kategorialna	N3	11.73%	0
Progesterone Status	Kategorialna	Positive	82.65%	0
Progesterone Status	Kategorialna	Negative	17.35%	0
Race	Kategorialna	White	84.82%	0
Race	Kategorialna	Other	7.95%	0
Race	Kategorialna	Black	7.23%	0
Status	Kategorialna	Alive	84.69%	0
Status	Kategorialna	Dead	15.31%	0
T Stage	Kategorialna	T2	44.38%	0
T Stage	Kategorialna	T1	39.84%	0
T Stage	Kategorialna	T4	2.53%	0
T Stage	Kategorialna	T3	13.25%	0
differentiate	Kategorialna	Moderately differentiated	58.42%	0
differentiate	Kategorialna	Poorly differentiated	27.61%	0
differentiate	Kategorialna	Well differentiated	13.49%	0
differentiate	Kategorialna	Undifferentiated	0.47%	0

- Dane kategorialne są kompletne (0 braków).
- Większość zmiennych ma silnie niezbalansowane klasy. Potrzebne balansowanie, wagowanie, oversampling undersampling itp.
- Niektóre cechy mają klasy o bardzo małej liczebności – można je połączyć lub rozważyć ich usunięcie z modelowania.

6th Stage :

- Najczęstsze klasy: IIA (32.4%), IIB (28.1%), IIIA (26.1%).
- Klasy IIIC i IIIB rzadziej występują.

A Stage :

- Zdecydowana dominacja klasy Regional (97.7%), bardzo mało przypadków typu Distant (2.3%).

Estrogen & Progesterone Status:

- Estrogen: 93.3% Positive, 6.7% Negative.
- Progesterone: 82.7% Positive, 17.3% Negative.

Grade :

- Grade 2 (58.4%) dominuje, potem Grade 3 (27.6%).
- Bardzo rzadkie przypadki: Grade 1 (13.5%) i anaplastic (0.47%).

Marital Status :

- Najwięcej pacjentek było zamężnych (65.7%).
- Inne klasy: Single (15.3%), Divorced (12%), reszta marginalna.

N Stage :

- Najwięcej przypadków: N1 (67.9%), potem N2 i N3.

Race:

- White dominuje (84.8%), inne klasy: Other (7.9%), Black (7.2%).

Status :

- 84.7% Alive, 15.3% Dead.

T Stage :

- Najczęściej: T2 (44.4%), T1 (39.8%), T3 i T4 dużo rzadziej.

Differentiate :

- Najwięcej: Moderately differentiated (58.4%), potem Poorly i Well.
- Undifferentiated (0.47%) bardzo rzadkie.

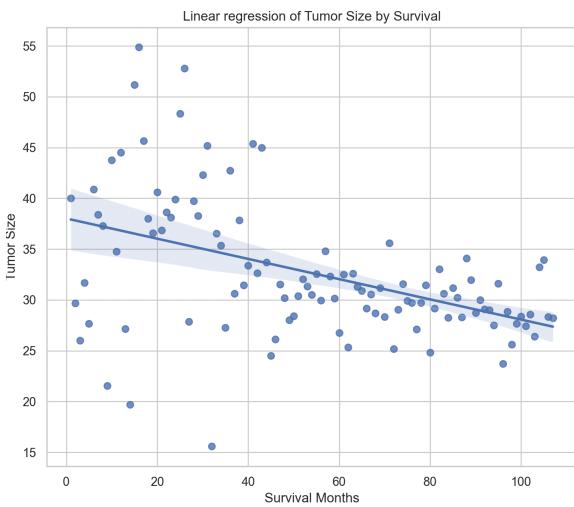
1.3 Analiza cech modelowanych w części II projektu

W części II projektu opracowano modele dla cech :

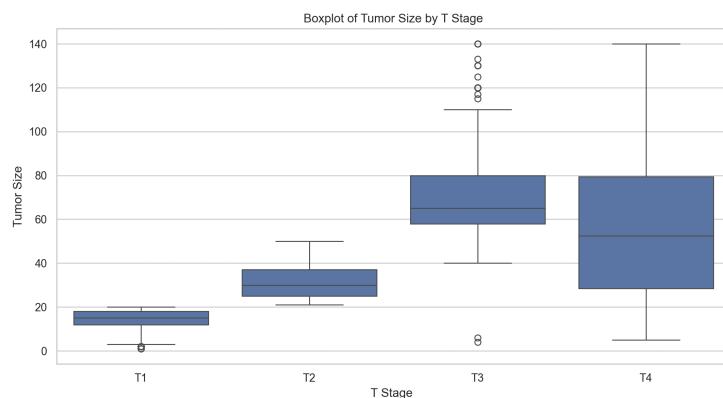
1. Tumor Size
2. 6th Stage
3. Status

Poniżej przedstawiono dokładniejszą analizę powyższych cech:

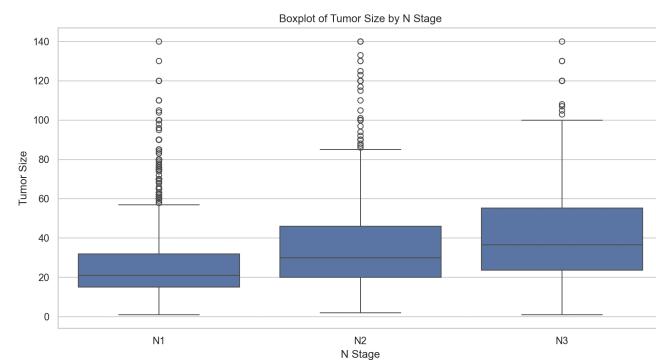
Tumor Size:



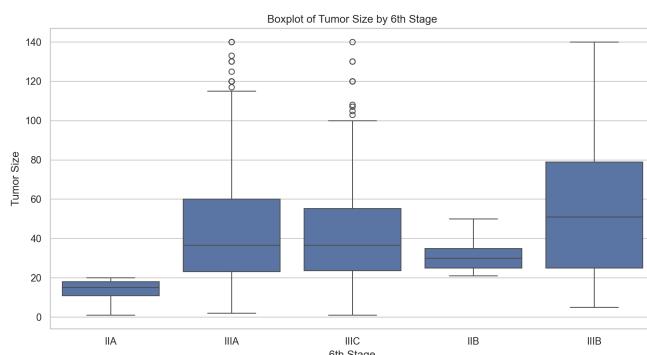
Wykres pokazuje, że wraz ze wzrostem Survival Months, Tumor Size się zmniejsza. Punkty są położone w pobliżu linii wykresu, a obszar błędu jest mały. Może to oznaczać zależność liniową cechy

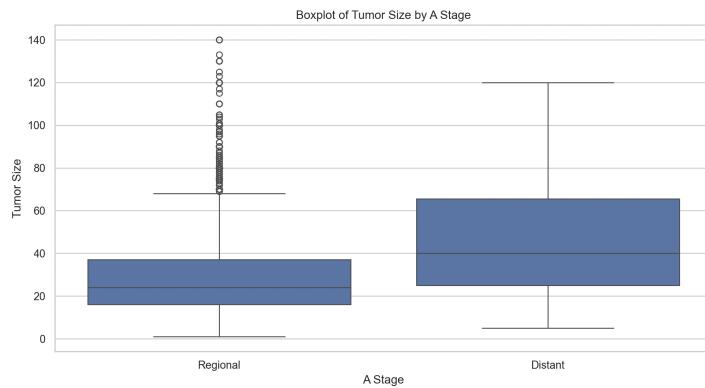
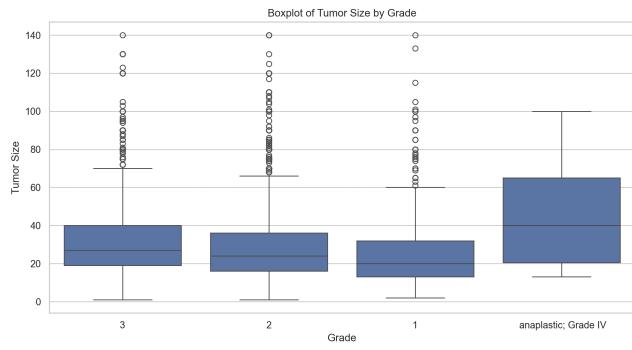


Z wykresy typu Boxplot możemy wywnioskować, że dla każdej kategorii T Stage zakres wartości Tumor Size jest inny i może to być kryterium pomocne do przewidywania rozmiaru guza.

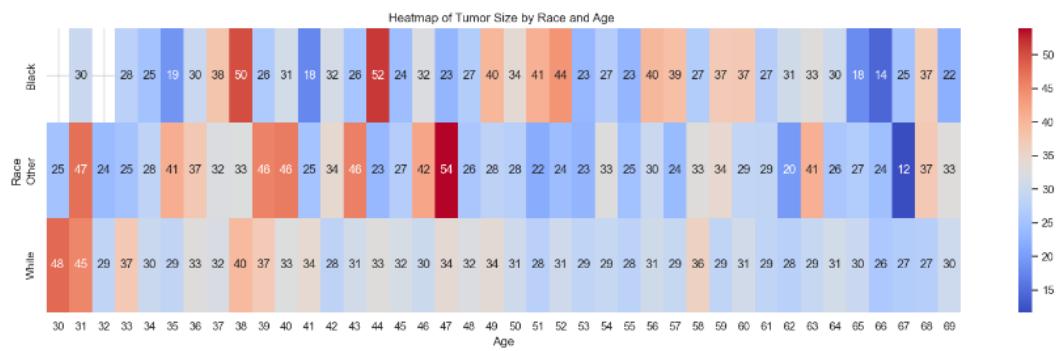


Na wszystkich 3 wykresach Boxplot zakresy wartości Tumor Size poszczególnych kategorii N Stage , 6th Stage, Grade nachodzą na siebie i różnią się od siebie głównie dla skrajnych wartości. Może to sugerować, że cechy te nie będą miały znaczącego wpływu na wyniki przewidywań lub będą wymagały głębszej analizy.

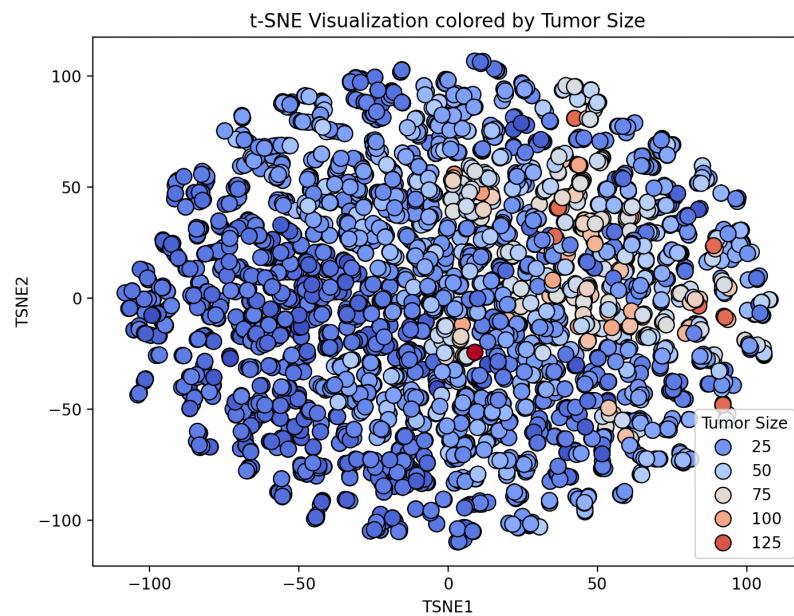




Zakres Tumor Size jest różny dla A Stage Regional i Distant, ale zdecydowana większość pacjentek i tak posiada cechy A Stage Regional, więc bez oversamplingu lub undersamplingu wykorzystanie tej cechy nie będzie miało większego sensu.

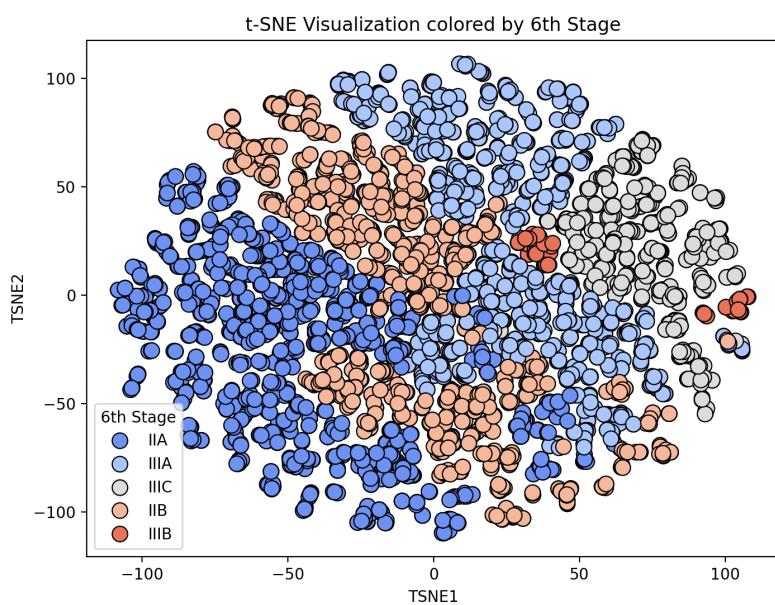


Z heatmapy możemy odczytać, że większe rozmiary raka częściej występują u młodszych pacjentek, niezależnie od ich rasy. Heatmapa pokazuje również, że dla kobiet o rasie białej (White) wartości wielkości nowotworu przyjmują stosunkowo podobne wartości, wahające się wokół 30 mm dla większości przedziałów wiekowych. Natomiast dla kobiet o rasie czarnej (Black) oraz innych ras (Other) wielkości guza są bardziej zróżnicowane w zależności od wieku pacjentek.

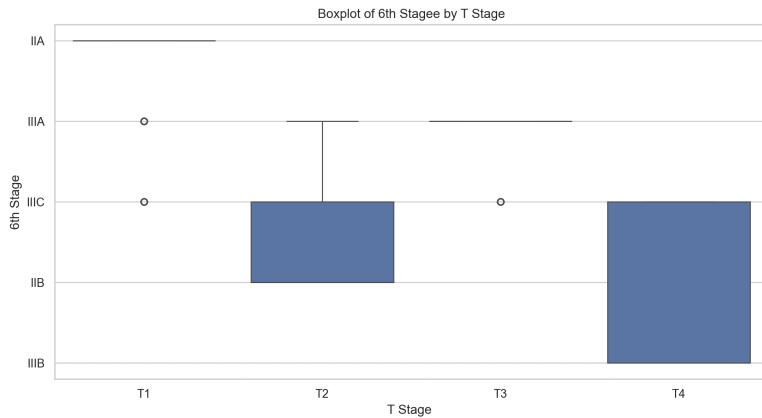


Rozmiary guzów są rozproszone w całej przestrzeni t-SNE, bez wyraźnie odseparowanych klastrów. Istnieją pewne lokalne skupiska większych guzów (czerwone punkty), co może wskazywać na potencjalne zależności z innymi cechami w tych obszarach.

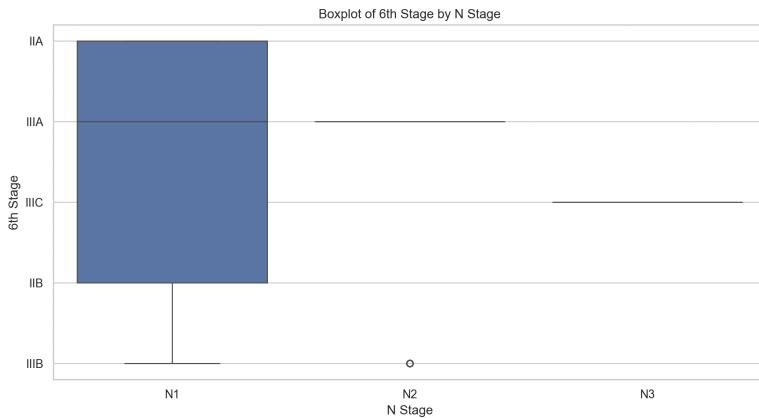
6th Stage:



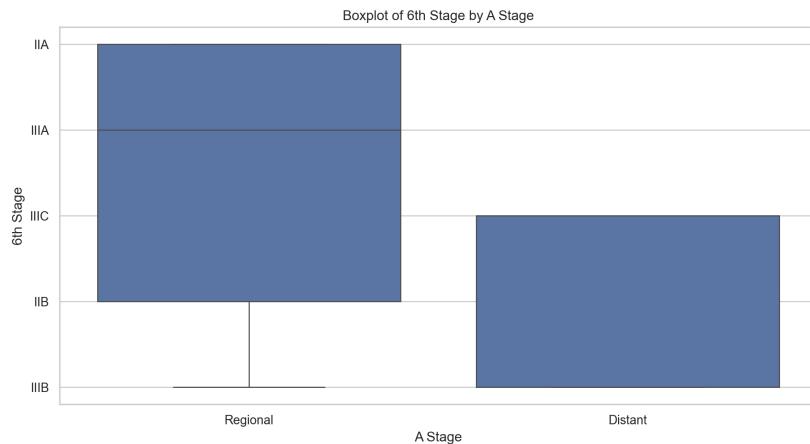
Stadium choroby tworzy wyraźne klastry. Poszczególne stadia (szczególnie IIA i IIIB) są względnie dobrze odseparowane w przestrzeni t-SNE. To sugeruje, że klasyfikacja stadium na podstawie cech jest możliwa z użyciem odpowiednich modeli nadzorowanych.



T1 i T2 pojawia się w niższych stadiach (IIA–IIIA), a T4 silnie w IIIB. Może być dobrym predyktorem.

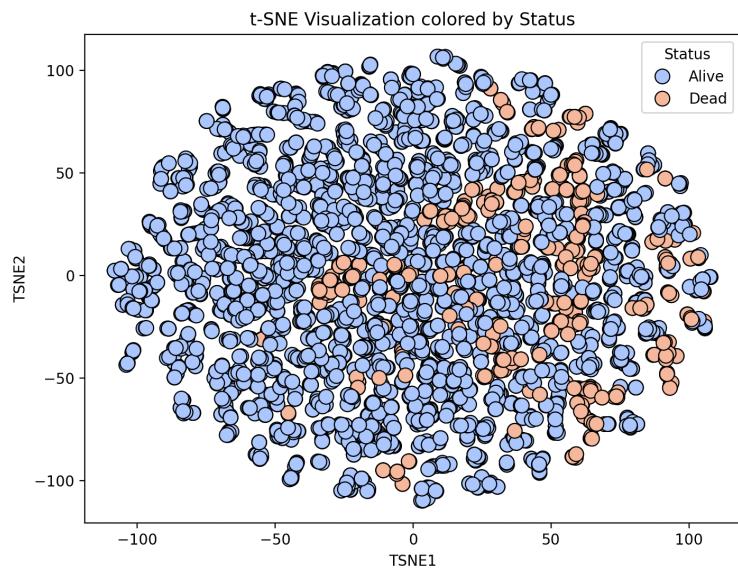


Wyższe N (N2, N3) są skorelowane z bardziej zaawansowanymi stadami choroby (IIIC, IIIB). N Stage może być silny m predyktorem.

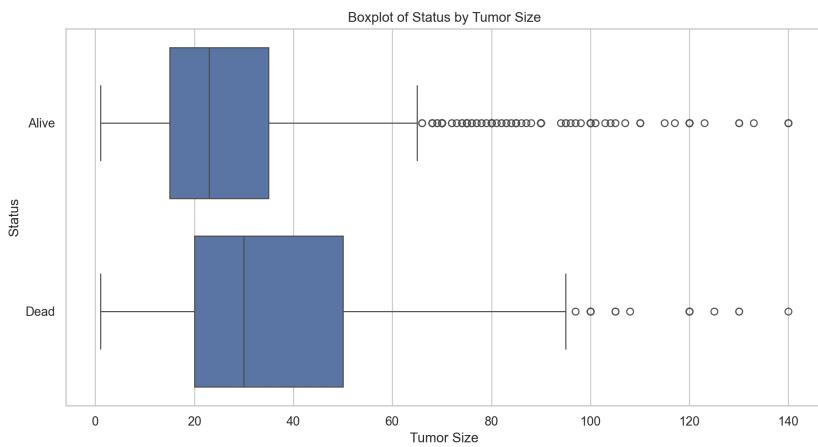


Pacjenci z „Distant” mają głównie późniejsze stadia (IIB, IIIB), a „Regional” są rozproszeni. A Stage dobrze różnicuje wczesne i późne etapy.

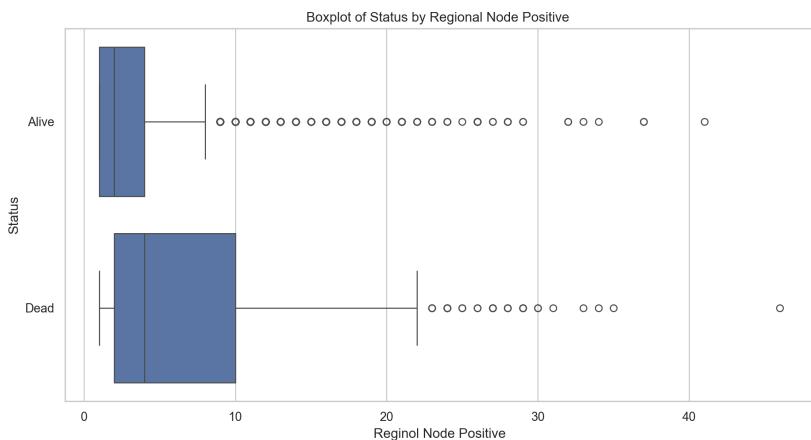
Status:



Zarówno statusy Alive jak i Dead są rozproszone w całej przestrzeni wykresu. Może to oznaczać, że te same statusy nie wykazują silnie wspólnych cech s klasyfikacja może być trudna do zrealizowania.



Zarówno Tumor Size jak i Regional Node Positive mają wpływ na klasyfikację statusu, wpływ ten widać zwłaszcza dla większych wartości.



2. Analiza wyników z części II

2.1 Model klasyfikujący 6th Stage:

Modele z modulu scikit-learn:

Model	Numeric Stantalyzer	Cathegorical Estimator	Train Accuracy	Validation Accuracy	Test Accuracy
LogisticRegression	StandardScaler	OneHotEncoder	0.951705	0.948874	0.951987
ExtraTreesClassifier	MinMaxScaler	OrdinalEncoder	0.993253	0.960265	0.963576
RandomForestClassifier	StandardScaler	OrdinalEncoder	0.993253	0.973510	0.968543
SVC	StandardScaler	OrdinalEncoder	0.952770	0.918874	0.945364

Train Precision	Validation Precision	Test Precision	Train F1	Validation F1	Test F1
0.951619	0.921261	0.953253	0.951235	0.917509	0.951611
0.993318	0.960315	0.964635	0.993256	0.960219	0.963627
0.993349	0.973696	0.969304	0.993266	0.973479	0.968606
0.952753	0.920284	0.946623	0.952228	0.917326	0.944611

Gradient Descent z wykorzystaniem binarnej regresji logistycznej:

1- IIIa stage, 0- nie III Stage

Train Accuracy	Train Precision	Train F1	Test Accuracy	Test Precision	Test F1
0.83	0.79	0.80	0.81	0.76	0.77

2.2 Model regresyjny – Tumor Size

Modele z modulu scikit-learn:

Model	Numeric Stantalyzer	Cathegorical Estimator	Train R^2	Validation R^2	Test R^2
GradientBoostingRegressor	StandardScaler	OrdinalEncoder	0.817181	0.721329	0.725347
SVR	MinMaxScaler	OrdinalEncoder	0.687129	0.670430	0.689174
RandomForestRegressor	StandardScaler	OneHotEncoder	0.963063	0.712192	0.716287

Model	Numeric Stantalyzer	Cathegorical Estimator	Train MEA	Validation MEA	Test MEA	Train MSE	Validation MSE	Test MSE
GradientBoostingRegressor	StandardScaler	OrdinalEncoder	6.150733	7.338645	7.307256	77.596688	134.561592	139.436356
SVR	MinMaxScaler	OrdinalEncoder	7.090107	7.551871	7.380677	132.796880	159.139418	157.800642
RandomForestRegressor	StandardScaler	OneHotEncoder	2.631697	7.649321	7.547318	15.677838	138.973955	144.036177

Regresja liniowa z zamkniętą formułą:

Train R^2	Train MEA	Train MSE	Validation R^2	Validation MEA	Validation MSE	Test R^2	Test MEA	Test MSE
0.772290	6.718522	96.650375	0.733229	7.342680	128.815210	0.733818	7.261547	135.135471

Gradient Descent z wykorzystaniem regresji liniowej:

Parametry:

Learning rate = 0,01

Epochs=500

Batch_size=64

Train R^2	Train MEA	Train MSE	Test R^2	Test MEA	Test MSE
0.771751	6.717444	96.879081	0.731180	7.274846	136.474717

2.3 Model klasyfikujący – Status

	Train time	Test Accuracy	Test Precision	Test Recall	Test F1-Score
CPU	6.528s	0.9019	0.7971	0.4583	0.5820
GPU	5.762s	0.9056	0.8235	0.4667	0.5975

3. Wyniki części III

3.1 Studium ablacyjne

Wyniki Tumor Size :

Model	Numeric Stantalyzer	Test R^2	Test MEA	Test MSE
GradientBoostingRegressor	StandardScaler	0.725347	7.307256	139.436356

Train R^2	Train MEA	Train MSE	Validation R^2	Validation MEA	Validation MSE
0.817181	6.150733	77.596688	0.721329	7.338645	134.561592

Po dodaniu cross validation:

Test R^2	Test MEA	Test MSE
0.7066256313150707	7.483241641878422	148.94085285996468

Po zwiększeniu złożoności modelu:

Test R^2	Test MEA	Test MSE
0.7193121096920956	7.322677802033126	142.32375394738932

Po dodaniu regularyzacji (Ridge zamiast GradientBoostingRegressor):

Test R^2	Test MEA	Test MSE
0.7338905389339745	7.330553260042643	128.49615078996743

Po optymalizacji hiperparametrów dla Gradient Boosting Regressor

Test R^2	Test MEA	Test MSE
0.7304453470546488	7.292150317720379	136.84801464428276

Po zastosowaniu metod ensemble – Voting Regressor

Test R^2	Test MEA	Test MSE
0.7303414534077501	7.247889048066045	136.90075956690558

Po zastosowaniu metody Mixed Of Experts:

Test R^2	Test MEA	Test MSE
0.7344605864231011	7.20219740756288	134.8095503481177

Wyniki 6th Stage :

Model	Numeric Stantalyzer	Cathegorical Estimator	Test Accuracy	Test Precision	Test F1
RandomForestClassifier	StandardScaler	OrdinalEncoder	0.968543	0.969304	0.968606

Train Accuracy	Train Presision	Train F1	Validation Precision	Validation Accuracy	Validation F1
0.993253	0.993349	0.993266	0.973696	0.973510	0.973479

Po dodaniu Cross-Validation:

Test Accuracy	Test precision	Test F1
0.9685430463576159	0.969304061504862	0.9686063424359115

Po dodaniu regularyzacji (Ridge) – nie sprawdza się, gorsze wyniki:

Test Accuracy	Test precision	Test F1
0.9172185430463576	0.9172185430463576	0.9172185430463576

Po optymalizacji hiperparametrów dla RandomForestClassifier:

Test Accuracy	Test precision	Test F1
0.9867549668874173	0.9870239156538825	0.9867625830974235

Po zastosowaniu metod ensemble – Voting Classifier:

Test Accuracy	Test Precision	Test F1
0.985099337748 3444	0.9854619769 717038	0.9850932785167 356

3.2 Wyniki i analiza dla najlepszego modelu.

Dla Tumor Size – Mixed of Experts z modelami po optymalizacji hiperparametrów, niektóre z tych modeli po regularyzacji.

Dla 6th Stage – Metoda ensemble Voting Classifier z modelami po optymalizacji hiperparametrów, niektóre z tych modeli po regularyzacji.

3.3 Wyniki cross – validation

Dla Tumor Size – model GradientBoostingRegressor ze StandardScaler i OrdinalEncoder

Podział na 3 sety danych pozwolił uzyskać najlepsze wyniki:

Nr setu	Validation R^2	Validation MEA	Validation MSE
1	0.745042	7.084861	108.839102
2	0.721511	7.143077	119.982633
3	0.751028	6.610123	103.115873

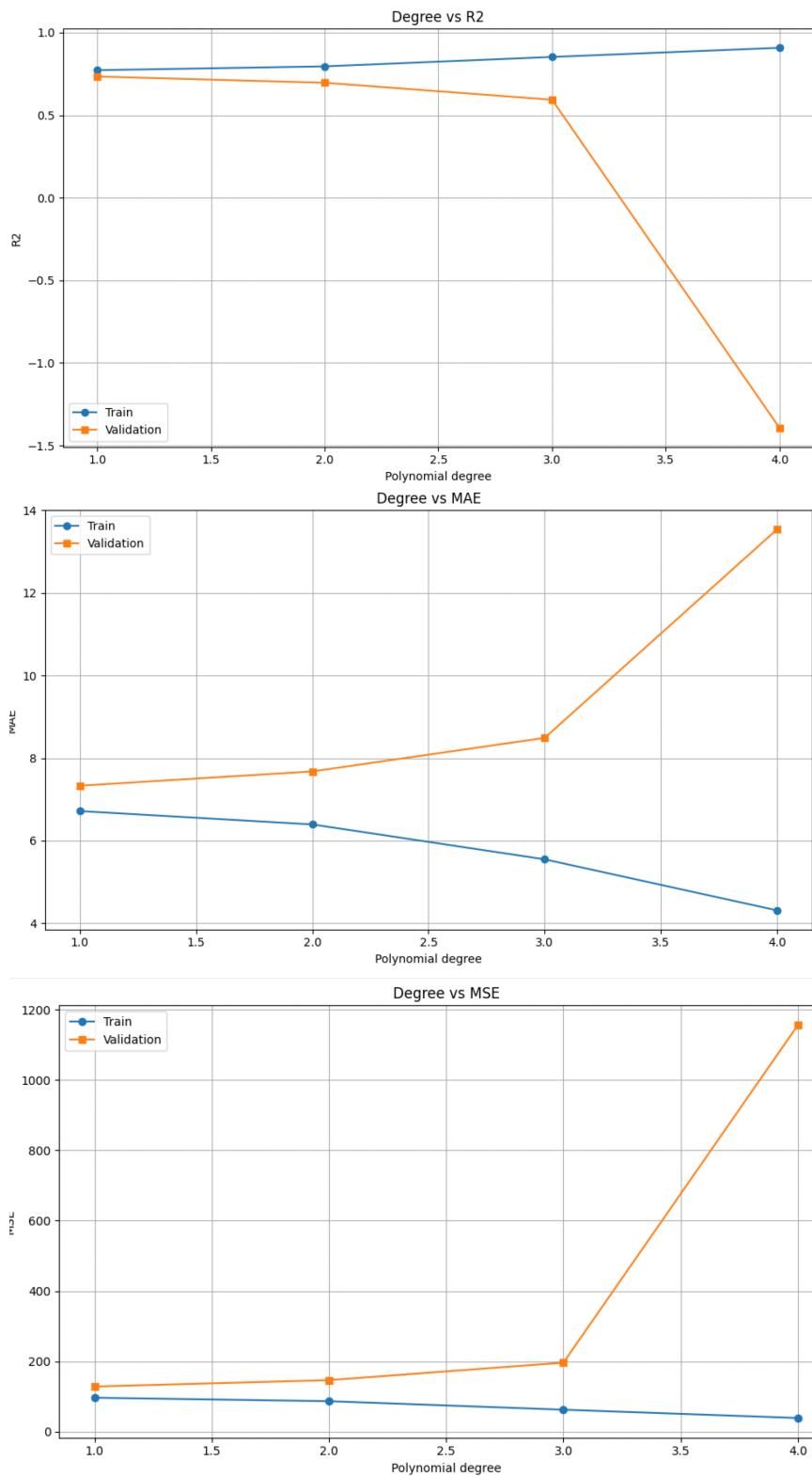
Dla 6th Stage – model RandomForestClassifier ze StandardScaler i OrdinalEncoder

Podział na 4 sety danych pozwolił uzyskać najlepsze wyniki:

Nr setu	Validation Accuracy	Validation Precision	Validation Recall	Validation F1
1	0.975852	0.976730	0.975852	0.975881
2	0.973011	0.973426	0.973011	0.973005
3	0.967330	0.968298	0.967330	0.967473
4	0.977273	0.977335	0.977273	0.977202

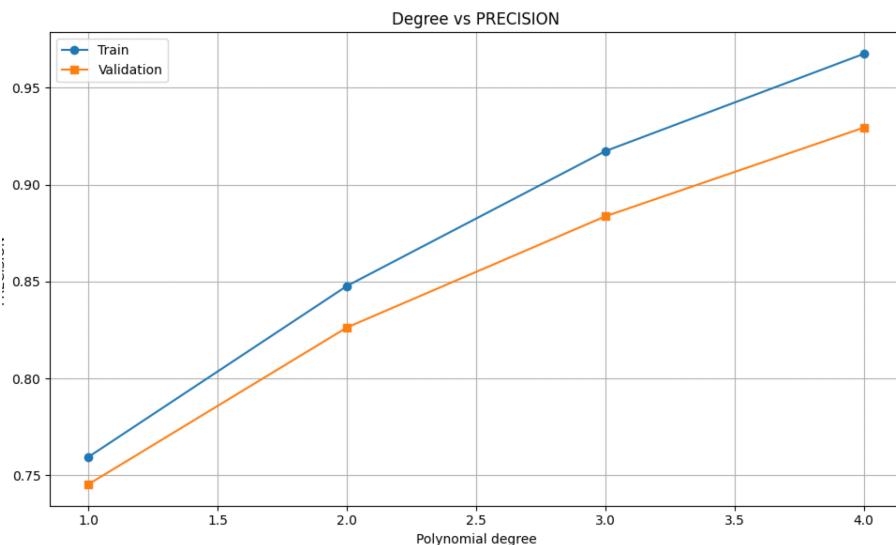
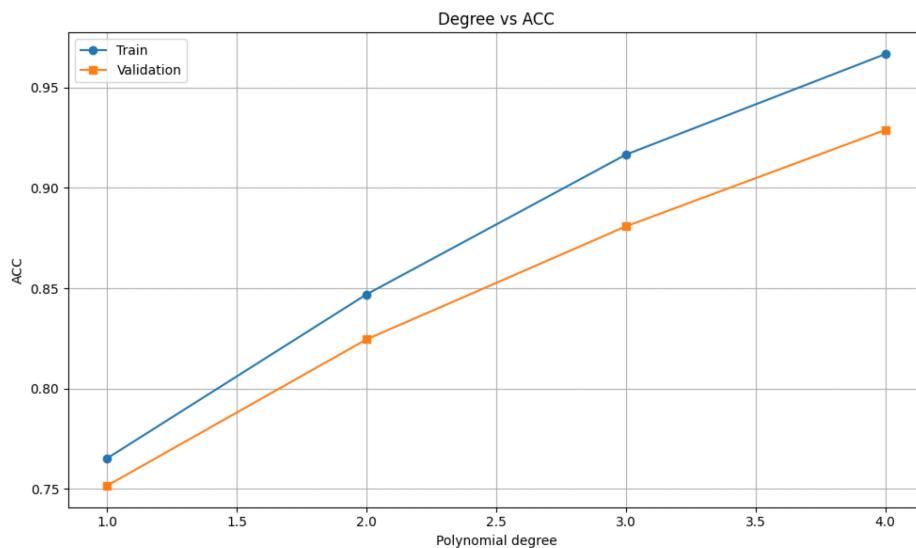
3.4 Wykresy zbieżności

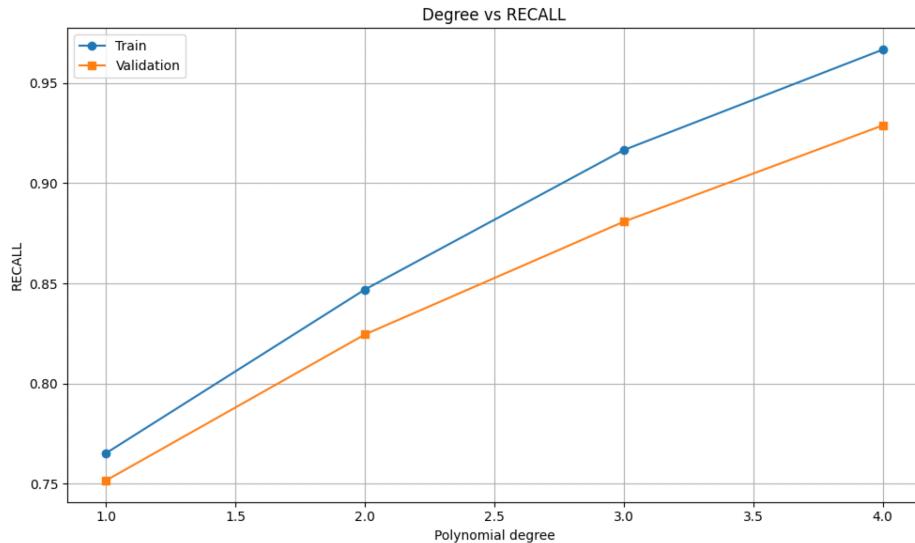
Dla modelu analizującego Tumor Size wyniki na Train oraz Validation Set są nieco lepsze niż wyniki na Test Set co może sugerować overfitting. W celu poprawy jakości modelu jego złożoność została zwiększena poprzez dodanie dodatkowych cech – PolynomialFeatures, co przedstawiają wykresy poniżej:



Przeprowadzona analiza zależności między stopniem wielomianu a jakością modelu (miarą R^2) wykazała, że zwiększanie złożoności modelu poprzez dodawanie cech wielomianowych nie poprawia ogólnej skuteczności predykcji. Dla wyższych stopni (3 i 4) obserwujemy silny overfitting – model bardzo dobrze dopasowuje się do danych treningowych, ale traci zdolność generalizacji, co objawia się znacznym spadkiem wartości R^2 na zbiorze walidacyjnym. Najlepsze wyniki osiągnięto dla stopnia 1–2, co sugeruje, że dalsze zwiększanie złożoności modelu nie jest uzasadnione w tym przypadku.

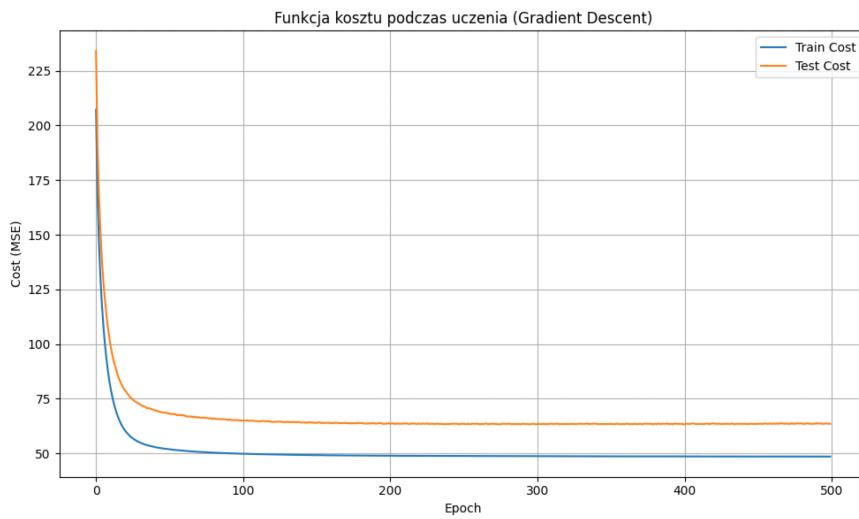
Dla modelu analizującego 6th Stage nie wykryto problemu z overfittingiem lub underfittingiem. Potwierdzeniem mogą być poniższe wykresy:





Zarówno na treningu, jak i walidacji dokładność systematycznie się poprawia wraz ze wzrostem złożoności modelu (stopnia wielomianu). Może to sugerować, że dodawanie cech (PolynomialFeatures) pomaga w lepszym dopasowaniu. Chociaż różnica między dokładnością na treningu a walidacji nieco rośnie, to nadal jest umiarkowana. Oznacza to, że model generalizuje całkiem dobrze — nawet przy wyższym stopniu.

Wykres funkcji kosztu na podzbiorach treningowym oraz testowym względem epoki dla Gradient Descent Tumor Size:



W trakcie trenowania modelu regresji metodą gradientu prostego funkcja kosztu (MSE) początkowo gwałtownie spadała zarówno na zbiorze treningowym, jak i testowym, by ostatecznie osiągnąć stabilne wartości błędu, co świadczy o zbieżności procesu optymalizacji.

3.5 Wyniki regularyzacji

Porównanie jakości predykcji - regresja liniowa dla Tumor Size:

Model	R ²	MAE	MSE
Bez regularyzacji	0.7332	7.34	128.82
Ridge (L2)	0.7339	7.33	128.50
Lasso (L1)	0.7344	7.24	128.27

Dodanie regularyzacji lekko poprawia jakość predykcji — szczególnie Lasso osiąga najlepsze wyniki (najniższy MSE i MAE). Różnice są jednak niewielkie.

Wpływ na wagę cech:

Ridge (L2):

- Redukuje wartości wag, ale nie zeruje ich.
- Model nadal wykorzystuje większość cech, tylko z niższą intensywnością.

Lasso (L1):

- Zeruje część wag całkowicie – działa jako forma selekcji cech.
- W wynikach wiele cech ma wagę dokładnie 0

Wartości wag przed i po regularyzacji:

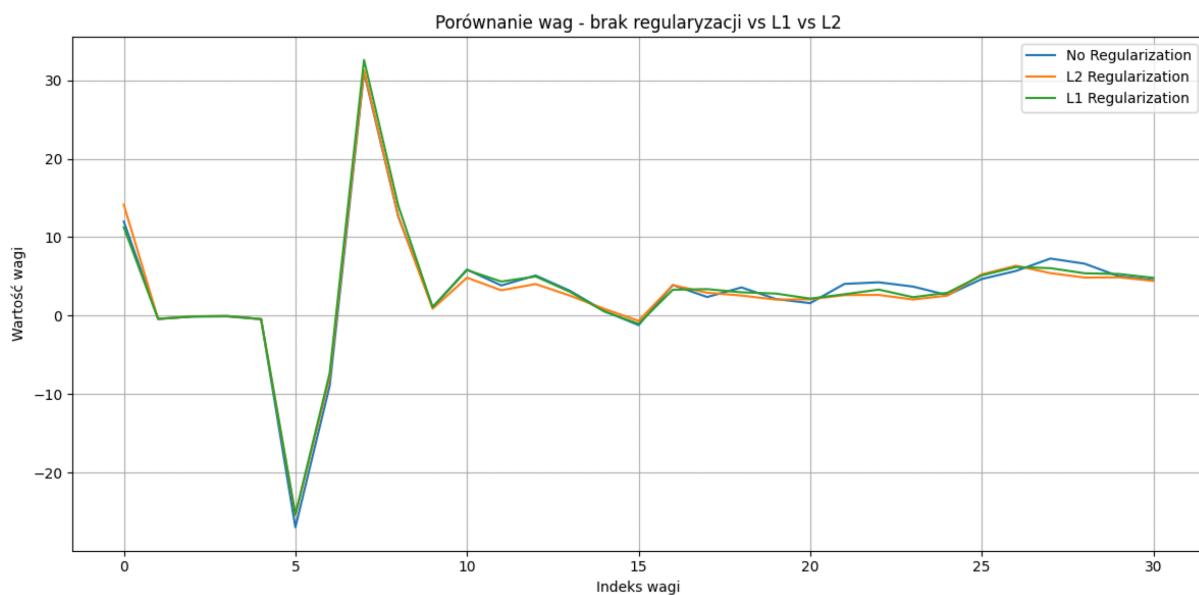
Dla 10 cech z najwyższymi wagami:

Przed regularyzacja	Ridge	Lasso
cat__T Stage_T1 30.354475	cat__T Stage_T1 29.937116	at__T Stage_T1 31.049950
cat__T Stage_T3 27.940901	cat__T Stage_T3 28.016787	cat__T Stage_T3 23.231482
cat__T Stage_T4 14.537568	cat__T Stage_T4 13.765679	cat__T Stage_T2 14.496837
cat__T Stage_T2 12.123993	cat__T Stage_T2 11.845349	cat__N Stage_N1 1.764458
cat__6th Stage_IIB 8.103699	cat__6th Stage_IIB 7.177717	cat__T Stage_T4 1.388302
cat__6th Stage_IA 4.637791	cat__6th Stage_IA 4.175817	num__Survival Months 0.405161
cat__N Stage_N1 3.141418	cat__N Stage_N1 3.014437	num__Age 0.363842
cat__6th Stage_IIB 2.514429	cat__6th Stage_IIB 2.193707	num__Reginol Node Positive 0.339624
cat__N Stage_N2 1.908637	cat__N Stage_N2 1.823153	cat__Progesterone Status_Negative 0.130143
cat__6th Stage_IIC 1.23278	cat__6th Stage_IIC 1.191284	cat__N Stage_N3 0.045550

	Przed regularyzacja	Ridge	Lasso
Liczba cech z wagą == 0	0	0	18
Średnia wartość absolutna wag	3.7353	3.6232	2.4405
Maksymalna wartość wag	27.9409	28.0168	23.2315
Minimalna wartość wag	-30.3545	28.0168	-31.0500

Dla własnej implementacji Gradient Descent dla Tumor Size:

	No Regularization	L2 Regularization	L1 Regularization
0	9.364849	14.391915	12.764242
1	-0.420610	-0.443751	-0.419717
2	-0.111442	-0.113879	-0.097537
3	-0.092056	-0.091917	-0.044951
4	-0.420812	-0.447191	-0.422306
5	-26.137583	-25.461071	-25.462658
6	-8.088088	-7.878166	-7.407546
7	31.847376	31.211585	32.463419
8	12.956348	12.485912	14.407108
9	2.638491	1.571848	1.252912



3.6 Wyniki przed i po zbalansowaniu danych

Porównanie dla Status (Alive or Dead), gdzie zdecydowana większość rekordów posiadała status Alive przed oraz po zastosowaniu oversamplingu, a także undersamplingu:

	Test Accuracy	Test Precision	Test Recall	Test F1
Przed Oversamplingiem	0.9056	0.8143	0.4750	0.6000

Po Oversamplingu	0.8348	0.7689	0.8167	0.5957
Po Undersamplingu	0.8360	0.8360	0.4703	0.5901

Interpretacja:

Accuracy:

- Najlepsze przed oversamplingiem (0.9056), ale może być mylące — model skupia się głównie na klasie Alive

Precision:

- Najlepsza po undersamplingu (0.8360) — model rzadziej daje fałszywe alarmy.
- Po SMOTE (0.7689) też bardzo dobra — model zbalansowany, ale mniej zachowawczy.

Recall:

- Zdecydowanie najlepszy po SMOTE (0.8167) — najwięcej poprawnych wykryć Dead.
- Bardzo słaby przy braku balansu i undersamplingu — dużo przypadków Dead pominiętych.

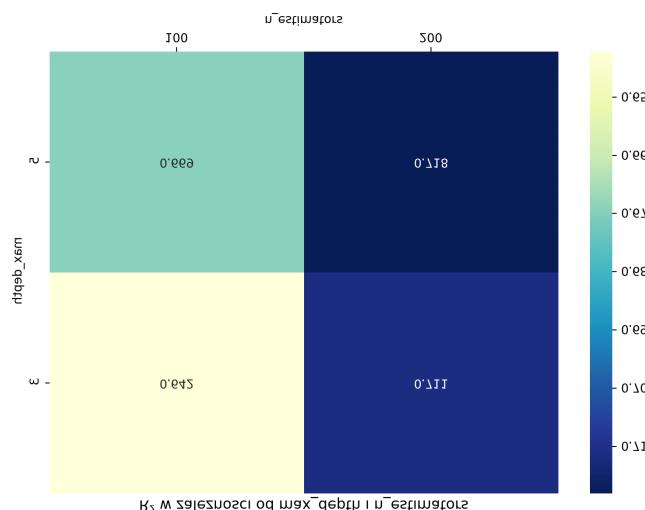
F1-score:

- Wszystkie metody bardzo zbliżone (~0.59–0.60).

3.7 Wyniki przeszukiwania hiperparametrów

Dla modelu z Tumor Size:

Dla GradientBoostingRegressor:



Najlepsze parametry:

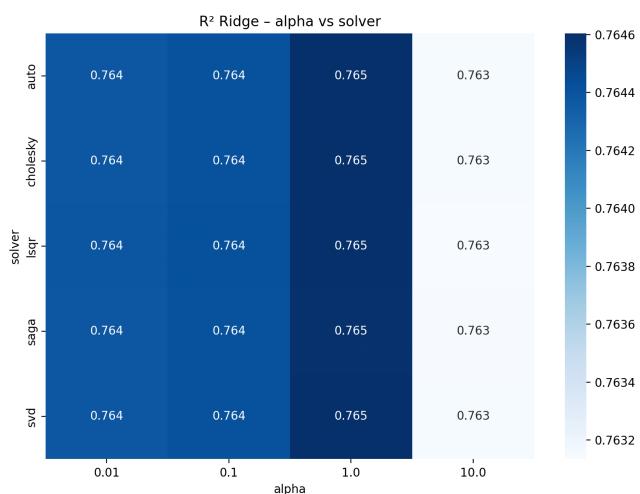
```
regressor_learning_rate: 0.1  
regressor_max_depth: 3  
regressor_max_features: 'log2'  
regressor_min_samples_leaf: 3  
regressor_min_samples_split: 5  
regressor_n_estimators: 100  
'regressor_subsample: 0.8
```

Najlepszy wynik R2: 0.7529156120805826

Wyniki :

Test R2	Test MAE	Test MSE
0.7304453470546488	7.292150317720379	136.84801464428276

Dla Ridge



Najlepsze parametry:

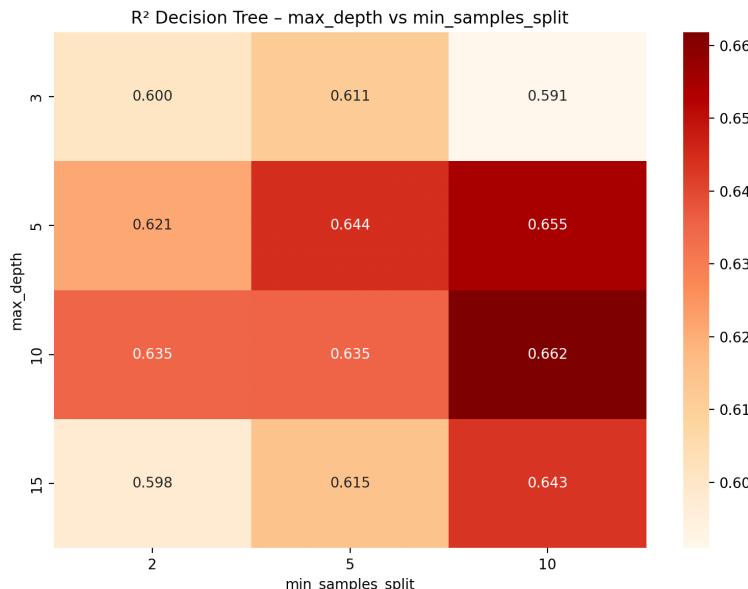
```
regressor_alpha: 1.0  
regressor_fit_intercept: True  
regressor_solver: lsqr
```

Najlepszy wynik R2 : 0.7646052969620163

Wyniki :

Test R2	Test MAE	Test MSE
0.7332332845381633	7.259273246458694	135.4326292840134

Dla DecisionTreeRegressor:



Najlepsze parametry:

regressor__max_dept: 3

regressor__max_features: None

regressor__min_samples_leaf: 4

regressor__min_samples_split: 2

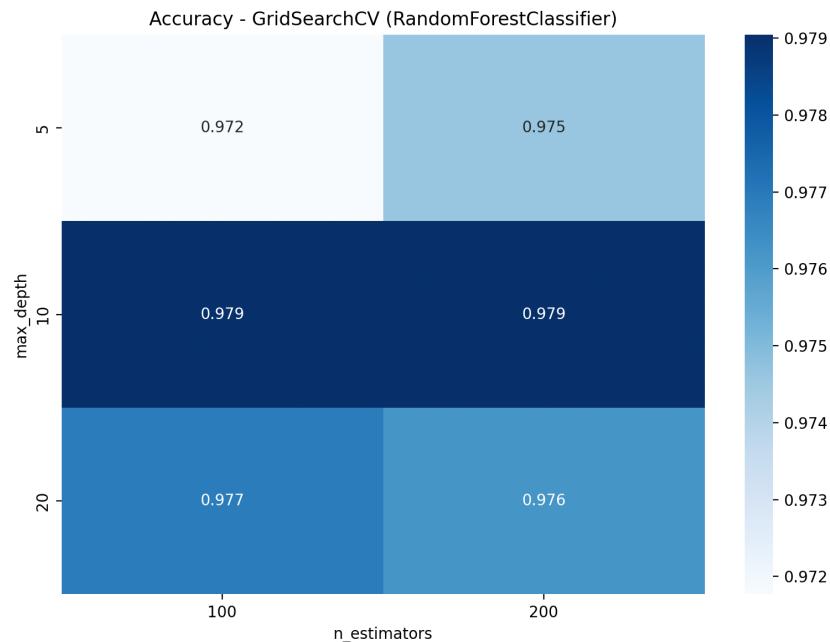
Najlepszy wynik R2 : 0.7527007166894165

Wyniki :

Test R2	Test MAE	Test MSE
0.7299272865105606	7.233757528669724	135.4326292840134

Dla modelu z 6th Stage:

Dla RandomForestClassifier:



Najlepsze parametry:

classifier__max_depth: 5

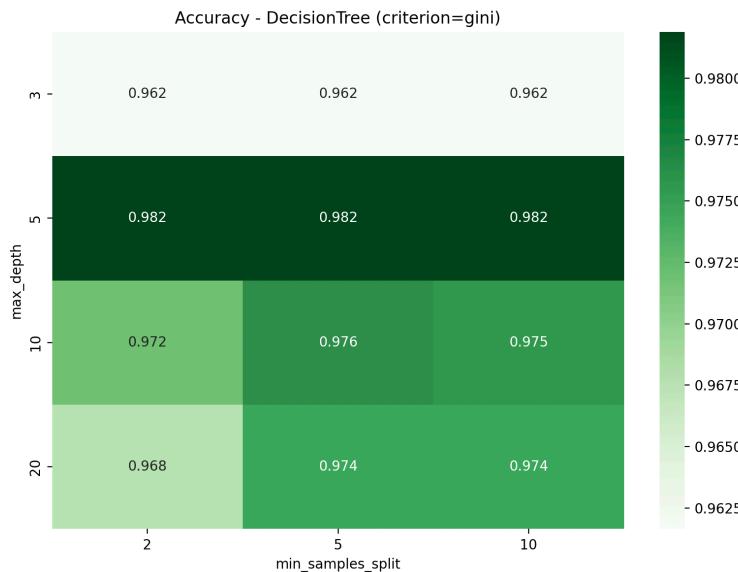
classifier__max_features: log2

classifier__n_estimators : 200

Najlepsza dokładność : 0.9808231018950585

Test Accuracy	Test precision	Test recall	Test F1
0.986754966887417 3	0.987023915653882 5	0.986754966887417 3	0.986762583097423 5

Dla DecisionTree:



Najlepsze parametry:

classifier_criterion: 'gini'

classifier_max_dept:

classifier_min_samples_split: 2

Najlepsza dokładność: 0.9818884430729359

Test Accuracy	Test precision	Test recall	Test F1
0.9850993377483444	0.9854619769717038	0.9850993377483444	0.9850932785167356

3.8 Wyniki metod ensemble

Dla Tumor Size, połączenie Ridge, DecisionTreeRegressor oraz GradientBoostingRegressor z najlepszymi hyperparametrami:

	R2	MAE	MSE
VotingRegressor	0.7303414534077501	7.247889048066045	136.90075956690558
StackingRegressor	0.7220291339307814	7.246834089204454	141.12077359776265

Dla 6th , połączenie RandomForestClassifier, HistGradientBoostingClassifier, DecisionTreeClassifier z najlepszymi hyperparametrami

	Accuracy	Precision	Recall	F1
VotingClassifier	0.9850993377483444	0.9854619769717038	0.9850993377483443	0.9850932785167356
StackingClassifier	0.9834437086092715	0.9837789646807427	0.9834437086092715	0.9833873623549098

3.9 Wyniki Mixed Of Experts

Dla Tumor Size

Eksperci:

Ridge, DecisionTreeRegressor oraz GradientBoostingRegressor z najlepszymi hyperparametrami:

Wynikami:

Test R2	Test MAE	Test MSE
0.7344605864231011	7.20219740756288	134.8095503481177