Trường Đại học Khoa học Tự nhiên, ĐHQG-HCM

Khoa Công nghệ Thông tin

---o0o---

Đồ Án 2 – Triển Khai Mô Hình Phân Loại Bệnh Ung Thư Vú

Môn: Khai Thác Dữ Liệu Và Ứng Dụng

Giảng viên lý thuyết: - Lê Ngọc Thành

Giảng viên thực hành: - Nguyễn Thái Vũ

Sinh Viên:

- **Vương Thành An**
- **Trần Minh Thiện**
- **Lê Tâm Anh**

Mục lục

I. Tổng quan:

1. Thông tin nhóm:

STT	MSSV	Họ và Tên
1	19127330	Lê Tâm Anh
2	19127326	Vương Thành An
3	19127281	Trần Minh Thiện

2. Đánh giá mức độ hoàn thành của mỗi yêu cầu:

STT	Yêu cầu	Hoàn thành
1	Xây dựng ứng dụng gồm 2 chức năng chính: - Phân tích dữ liệu: - Triển khai mô hình phân lớp:	100%
2	Báo cáo: - Chuẩn bị dữ liệu - Huấn luyện mô hình - Báo cáo kết quả, độ chính xác	100%

3. Mức độ hoàn thành của từng thành viên:

MSSV	Họ và Tên	Nhiệm vụ	Hoàn thành
19127326	Vương Thành An	- Tiền xử lí và xây dựng mô hình học máy - Hoàn thành báo cáo	100%
19127330	Lê Tâm Anh	- Xây dựng giao diện cho app	100%
19127281	Trần Minh Thiện	- Tiền xử lí và xây dựng mô hình học máy - Hoàn thành báo cáo	100%

II. Mô tả về dữ liệu:

- Các đặc điểm được tính toán từ hình ảnh số hóa của một kim hút nhỏ (FNA) của khối vú. Chúng mô tả các đặc điểm của nhân tế bào có trong hình ảnh. N-không gian 3 chiều được mô tả trong: [K. P. Bennett và O. L. Mangasarian: "Phân biệt lập trình tuyến tính mạnh mẽ của hai tập hợp tuyến tính không thể tách rời", Phương pháp và phần mềm tối ưu hóa 1, 1992, 23-34].

III. Khám phá dữ liệu

1. Load dữ liệu vào

```
df=pd.read_csv('data.csv')
df.head()
```

	id	diagnosis	radius_mean	texture_mean	perimeter_mean	area_mean	smoothness_mean	compactness_mean
0	842302	M	17.99	10.38	122.80	1001.0	0.11840	0.27760
1	842517	M	20.57	17.77	132.90	1326.0	0.08474	0.07864
2	84300903	M	19.69	21.25	130.00	1203.0	0.10960	0.15990
3	84348301	M	11.42	20.38	77.58	386.1	0.14250	0.28390
4	84358402	M	20.29	14.34	135.10	1297.0	0.10030	0.13280

2. Dữ liệu có bao nhiêu dòng và bao nhiêu cột?

- Dữ liệu bao gồm 569 dòng và 33 cột.

3. Mỗi dòng dữ liệu thể hiện điều gì?

- Các chỉ số bệnh ung thư vú của bệnh nhân đã mắc bệnh.

4. Các dòng dữ liệu có bị lặp không?

- Các dòng trong tập dữ liệu không bị lặp.

Dữ liệu gồm có bao nhiêu dòng và bao nhiêu cột?

```
num_rows,num_cols=df.shape
print('Dữ liệu bao gồm: {} dòng và {} cột'.format(num_rows,num_cols))
```

```
Dữ liệu bao gồm: 569 dòng và 33 cột
```

Mỗi dòng có ý nghĩa gì? Có vấn đề các dòng có ý nghĩa khác nhau không?

- Mỗi dòng dữ liệu thể hiện những chỉ số bệnh ung thư vú của bệnh nhân đã mắc bệnh

Dữ liệu có các dòng bị lặp không?

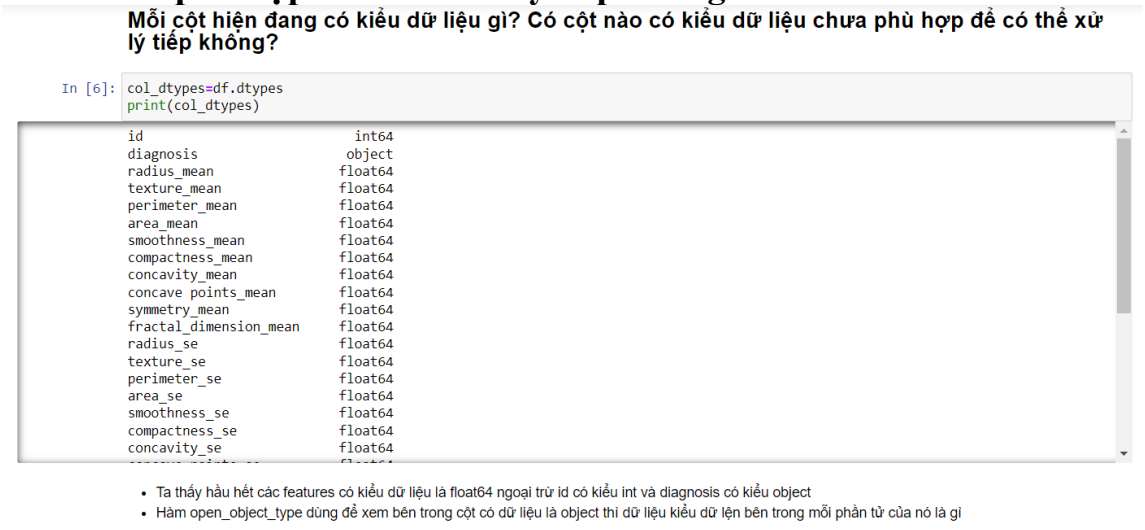
```
have_duplicated_rows=df.duplicated().any()
print(have_duplicated_rows)
```

```
False
```

5. Mỗi cột có ý nghĩa gì?

- ID number: ID của ca bệnh
- Diagnosis: kết quả chẩn đoán (M = malignant (cấp tính), B = benign(giai đoạn đầu))
- radius: bán kính
- perimeter: chu vi = radius*2*pi
- area: diện tích = (radius)^2 * pi
- texture là độ lệch chuẩn của giá trị gray-scale
- smoothness local variation trong độ dài bán kính
- compactness được tính bằng công thức compactness = (perimeter^2 / area) - 1.
- concavity: mức độ nghiêm trọng của các phần lõm của đường viền
- concave points số phần lõm của đường viền
- symmetry: đối xứng
- fractal dimension: số chiều của fractal = coastline approximation - 1
- Các giá trị mean, standard error, worst được tính toán trên mỗi hình ảnh và mỗi giá trị tương ứng với các field trên ảnh:
  - _mean giá trị trung bình của 3 giá trị
  - _se(standard error) là độ lỗi chuẩn của biến
  - _worst

6. Mỗi cột hiện đang có kiểu dữ liệu gì? Có cột nào có kiểu dữ liệu chưa phù hợp để có thể xử lý tiếp không?



Mỗi cột hiện đang có kiểu dữ liệu gì? Có cột nào có kiểu dữ liệu chưa phù hợp để có thể xử lý tiếp không?

In [6]:
```
col_dtypes=df.dtypes
print(col_dtypes)
```

```
id                         int64
diagnosis                 object
radius_mean              float64
texture_mean             float64
perimeter_mean           float64
area_mean                float64
smoothness_mean          float64
compactness_mean         float64
concavity_mean           float64
concave points_mean      float64
symmetry_mean            float64
fractal_dimension_mean   float64
radius_se                float64
texture_se               float64
perimeter_se             float64
area_se                  float64
smoothness_se            float64
compactness_se           float64
concavity_se             float64
```

- Ta thấy hầu hết các features có kiểu dữ liệu là float64 ngoại trừ id có kiểu int và diagnosis có kiểu object
- Hàm open_object_type dùng để xem bên trong cột có dữ liệu là object thì dữ liệu kiểu dữ lện bên trong mỗi phần tử của nó là gì

In [7]:
```
def open_object_dtype(s):
    df=pd.Series(s)
    a=df.apply(lambda x : type(x)).unique()
    dtypes = set(a)
    return dtypes
```

In [8]:
```
objects_key=(df.loc[:, df.dtypes == object]).keys()
print("numer of object columns:",len(objects_key))
for key in objects_key:
    print("types of ",key," is ",open_object_dtype(df[key]))
```

```
numer of object columns: 1
types of  diagnosis  is  {<class 'str'>}
```

In [9]:
```
print(df.diagnosis.unique())
```

```
['M' 'B']
```

- Ở đây ta thấy mỗi diagnosis là có kiểu dữ liệu là object và bên trong nó chứa các string
- Ta in ra thì thấy chỉ có 2 giá trị là M và B như là các string
- Do đó ta sẽ chuyển dữ liệu của cột về dạng string

- Ở đây ta thấy mỗi diagnosis là có kiểu dữ liệu là object và bên trong nó chứa các string.
- Ta in ra thì thấy chỉ có 2 giá trị là M và B như là các string.
- Do đó ta sẽ chuyển dữ liệu của cột về dạng string.

7. Một số thống kê của dữ liệu

```
df.describe()
```

	id	radius_mean	texture_mean	perimeter_mean	area_mean	smoothness_mean	compactness_mean	concavity_mean	concave points_mean	symmetr
count	5.690000e+02	569.000000	569.000000	569.000000	569.000000	569.000000	569.000000	569.000000	569.000000	569
mean	3.037183e+07	14.127292	19.289649	91.969033	654.889104	0.096360	0.104341	0.088799	0.048919	
std	1.250206e+08	3.524049	4.301036	24.298981	351.914129	0.014064	0.052813	0.079720	0.038803	
min	8.670000e+03	6.981000	9.710000	43.790000	143.500000	0.052630	0.019380	0.000000	0.000000	
25%	8.692180e+05	11.700000	16.170000	75.170000	420.300000	0.086370	0.064920	0.029560	0.020310	
50%	9.060240e+05	13.370000	18.840000	86.240000	551.100000	0.095870	0.092630	0.061540	0.033500	
75%	8.813129e+06	15.780000	21.800000	104.100000	782.700000	0.105300	0.130400	0.130700	0.074000	
max	9.113205e+08	28.110000	39.280000	188.500000	2501.000000	0.163400	0.345400	0.426800	0.201200	

8 rows × 32 columns

8. Với mỗi cột có kiểu dữ liệu dạng numeric, các giá trị được phân bố như thế nào?

Với mỗi cột có kiểu dữ liệu dạng numeric, các giá trị được phân bố như thế nào?

```
numeric_cols=list(set(df.keys()))
numeric_cols.remove('diagnosis')
nume_col_profiles_df=pd.DataFrame(index=['missing_ratio','min','max'],columns=numeric_cols)
nume_col_profiles_df.loc['missing_ratio',numeric_cols]=np.float64(df[numeric_cols].isna().mean()*100)

nume_col_profiles_df.loc['min',numeric_cols]=np.float64(df[numeric_cols].min())

nume_col_profiles_df.loc['max',numeric_cols]=np.float64(df[numeric_cols].max())

nume_col_profiles_df=nume_col_profiles_df.astype(np.float64)
print(nume_col_profiles_df)
```

```
                symmetry_mean  fractal_dimension_worst  concave points_mean  \
missing_ratio           0.000                  0.00000               0.0000
min                     0.106                  0.05504               0.0000
max                     0.304                  0.20750               0.2012

                area_worst  concave points_worst  perimeter_worst  \
missing_ratio          0.0                 0.000             0.00
min                  185.2                 0.000            50.41
max                 4254.0                 0.291           251.20

                smoothness_se  radius_se  area_mean  smoothness_mean  ...  \
missing_ratio        0.000000     0.0000        0.0          0.00000  ...
min                  0.001713     0.1115      143.5          0.05263  ...
max                  0.031130     2.8730     2501.0          0.16340  ...

                compactness_mean  perimeter_se  fractal_dimension_se  \
missing_ratio            0.00000         0.000              0.000000
min                      0.01938         0.757              0.000895
max                      0.34540        21.980              0.029840

                smoothness_worst  radius_mean           id  Unnamed: 32  \
missing_ratio            0.00000        0.000          0.0        100.0
min                      0.07117        6.981       8670.0          NaN
max                      0.22260       28.110  911320502.0          NaN

                texture_mean  compactness_se  symmetry_worst
missing_ratio           0.00        0.000000          0.0000
min                     9.71        0.002252          0.1565
max                    39.28        0.135400          0.6638
```

- Có thể thấy hầu như các giá trị đều bình thường không bị thiếu giá trị từ cột Unnamed: 32 với tỉ lệ thiếu giá trị là 100% chúng ta sẽ loại bỏ cột này

9. Với mỗi cột có kiểu dữ liệu dạng categorical, các giá trị được phân bố như thế nào?

```
def missing_ratio(s):
    return s.isna().mean() * 100
def num_diff_vals(s):
    return s.dropna().nunique()

def diff_vals(s):
    return s.dropna().unique()
```

```
cate_cols=['id','diagnosis']

index=['missing_ratio', 'num_diff_vals', 'diff_vals']
cate_col_profiles_df=pd.DataFrame(
     index=index,
     columns=cate_cols)
cate_col_profiles_df = df[cate_cols].agg([missing_ratio,num_diff_vals,diff_vals])

print(cate_col_profiles_df)
```

```
                                                    id diagnosis
missing_ratio                                      0.0       0.0
num_diff_vals                                      569         2
diff_vals      [842302, 842517, 84300903, 84348301, 84358402,...    [M, B]
```

- 2 cột categorical cũng không có gì bất thường.

- Nhưng để dùng cho vẽ biểu đồ hay nhận xét thì ta sẽ loại bỏ cột id vì không cần thiết.

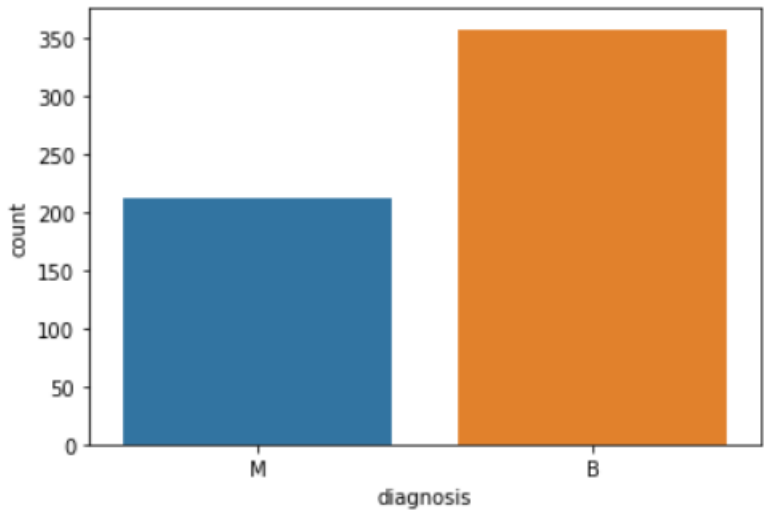
IV. Tiền xử lý và chọn lọc dữ liệu:

1. Loại bỏ 2 cột id và Unnamed 32:

```
list_drop=['id','Unnamed: 32']
df=df.drop(list_drop,axis=1)
```

2. Phân bố của biến diagnosis:

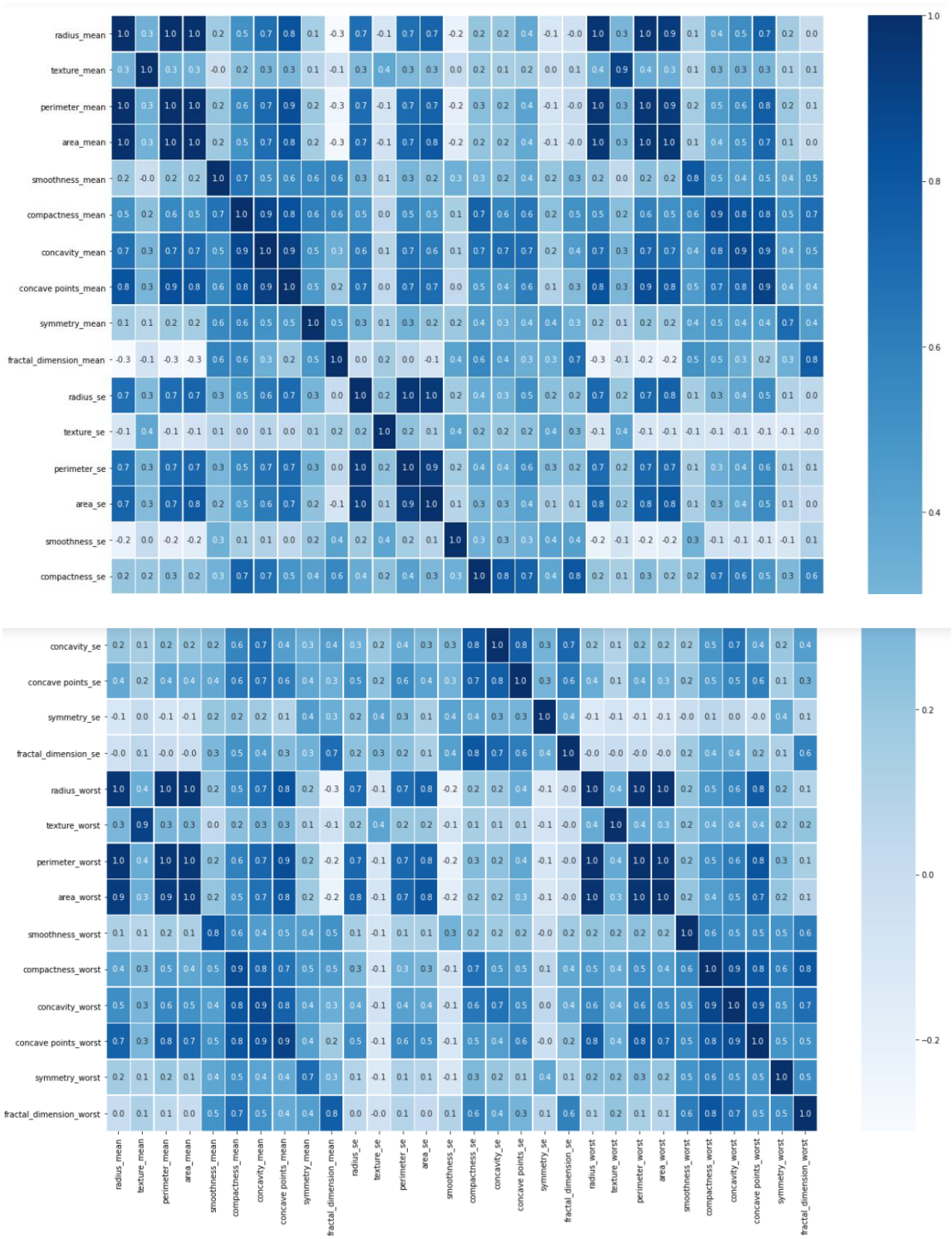
```
ax = sns.countplot(x="diagnosis", data=df)
```



- Ta có thể thấy số bệnh nhân được chẩn đoán là ung thư giai đoạn đầu(B) chiếm nhiều hơn với hơn khoảng 150 so với số bệnh nhân được chẩn đoán là ung thu mãn tính (M).

3. Drop cột diagnosis ra, vẽ heatmap sau đó quan sát và tìm các features có độ tương quan cao

```
heat_map=df
heat_map=heat_map.drop('diagnosis',axis=1)
f,ax = plt.subplots(figsize=(20,25))
sns.heatmap(heat_map.corr(), annot=True, linewidths=.6, fmt= '.1f',ax=ax,cmap="Blues")
```



4. **Dựa trên correlation matrix ta thử chọn ra 3 thuộc tính có độ tương quan cao(>0.9) với nhau:**

- Đó là là radius_mean, perimeter và area_mean.

```
feature_select=heat_map
```

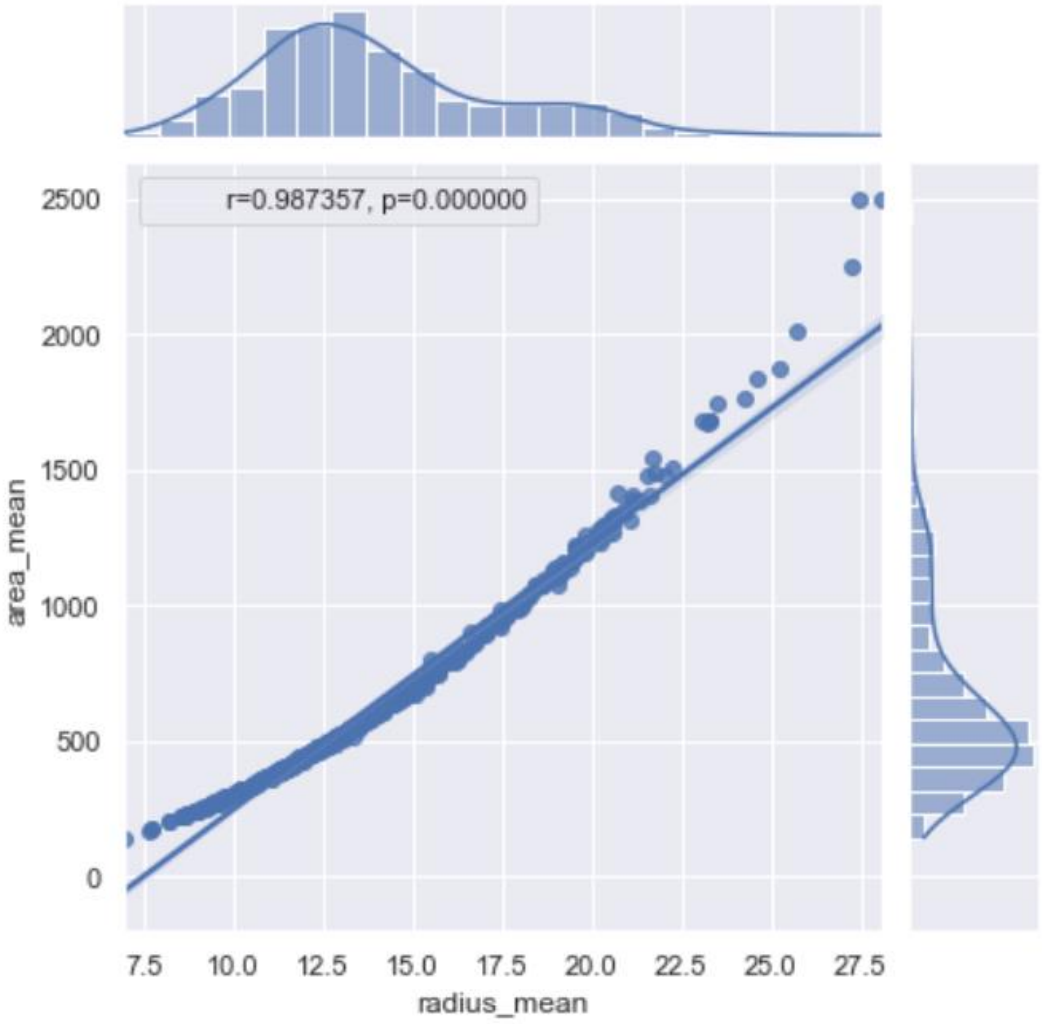
```
graph = sns.jointplot(x="radius_mean", y="area_mean", data=feature_select, kind="reg")

r, p = stats.pearsonr(x=feature_select['radius_mean'], y=feature_select['area_mean'])

phantom, = graph.ax_joint.plot([], [], linestyle="", alpha=0)

graph.ax_joint.legend([phantom],['r={:f}, p={:f}'.format(r,p)])

rcParams['figure.figsize'] = 20,15
```

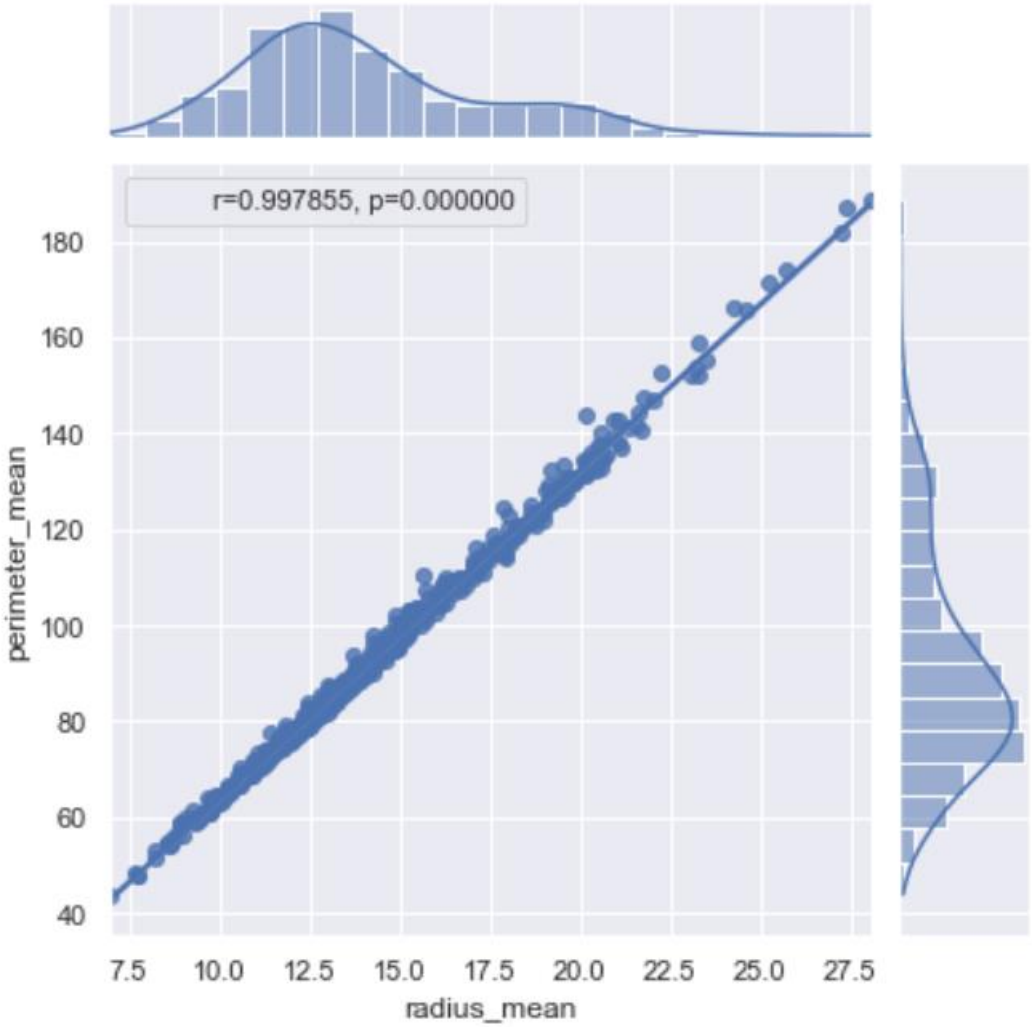


```
graph = sns.jointplot(x="radius_mean", y="perimeter_mean", data=feature_select, kind="reg")

r, p = stats.pearsonr(x=feature_select['radius_mean'], y=feature_select['perimeter_mean'])

phantom, = graph.ax_joint.plot([], [], linestyle="", alpha=0)

graph.ax_joint.legend([phantom],['r={:f}, p={:f}'.format(r,p)])
```



- Ta có thể thấy quá rõ ràng 2 thuộc tính này phụ thuộc lẫn nhau nghĩa là khi thuộc tính này tăng thì thuộc tính kia tăng với độ tương quan là 0.987.
- Tương tự peimeter cũng có sự phụ thuộc với thuộc tính radius_mean
- Như vậy với 3 thuộc tính phụ thuộc lẫn nhau ta phải quyết định chỉ giữ lại một thuộc tính vì khi những thuộc tính phụ thuộc lẫn nhau mà để vào mô hình thì:

- Mô hình có thể bị quá chú tâm vào những thuộc tính phụ thuộc đó nếu chúng có giá trị lớn dẫn đến bỏ qua những sự quan trọng của các thuộc tính khác.
- Việc đưa những thuộc tính phụ thuộc vào dẫn đến việc dư thừa thuộc tính dẫn đến mô hình tính toán lâu hơn.

- Tuy nhiên làm sao để chọn 1 trong 3 thuộc tính thì ở đây ta có thể đoán được rằng chu vi và diện tích của hình tròn được tính dựa trên bán kính
  - area= radius^2 * pi.
  - perimeter= radius*2*pi.
  - cùng thử tính với một.

```
drop_ar_per=['perimeter_mean','area_mean','area_se',
    'perimeter_se','area_worst','perimeter_worst','area_worst']
```

```
feature_select=feature_select.drop(drop_ar_per,axis=1)
```

- Như vậy các thuộc tính liên quan đến perimeter và area sẽ bị xóa:
  - area_mean
  - area_se
  - area_worst
  - perimeter_mean
  - perimeter_se
  - perimeter_worst

5. Tiếp tục tìm kiếm những thuộc tính có độ correlation hơn 0.8 khi đã loại bỏ area và perimeter:

- Lọc ra các cặp feature còn lại có độ tương quan lớn hơn 0.8.

Tiếp tục tìm kiếm những thuộc tính có độ correlation hơn 0.9 khi đã loại bỏ area và perimeter

```
list_key=feature_select.keys()
list_high_corr=[]
for i in range(0,len(list_key)-1):
    for j in range(1,len(list_key)):
        r, p = stats.pearsonr(x=feature_select[list_key[i]], y=feature_select[list_key[j]])
        if(r>0.8 and r<0.9999999):
            temp_list=[list_key[i],list_key[j],r]
            list_high_corr.append(temp_list)
```

```
list_high_corr
df_high_corr = pd.DataFrame(list_high_corr, columns =['feature1', 'feature2','r'])
df_high_corr=df_high_corr.sort_values(by=['r'], ascending=False)
df_high_corr.head(60)
```

	feature1	feature2	r
0	radius_mean	radius_worst	0.969539
1	concavity_mean	concave points_mean	0.921391
2	concave points_mean	concavity_mean	0.921391
3	texture_worst	texture_mean	0.912045
4	texture_mean	texture_worst	0.912045
5	concave points_worst	concave points_mean	0.910155
6	concave points_mean	concave points_worst	0.910155
7	compactness_worst	concavity_worst	0.892261
8	concavity_worst	compactness_worst	0.892261
9	concavity_worst	concavity_mean	0.884103
10	concavity_mean	concavity_worst	0.884103
11	concavity_mean	compactness_mean	0.883121
12	compactness_mean	concavity_mean	0.883121
13	compactness_worst	compactness_mean	0.865809
14	compactness_mean	compactness_worst	0.865809
15	concavity_mean	concave points_worst	0.861323
16	concave points_worst	concavity_mean	0.861323
17	concavity_worst	concave points_worst	0.855434
18	concave points_worst	concavity_worst	0.855434
19	concave points_mean	compactness_mean	0.831135

20	compactness_mean	concave points_mean	0.831135
21	concave points_mean	radius_worst	0.830318
22	radius_worst	concave points_mean	0.830318
23	radius_mean	concave points_mean	0.822529
24	concavity_worst	compactness_mean	0.816275
25	compactness_mean	concavity_worst	0.816275
26	compactness_mean	concave points_worst	0.815573
27	concave points_worst	compactness_mean	0.815573
28	compactness_worst	fractal_dimension_worst	0.810455
29	smoothness_worst	smoothness_mean	0.805324
30	smoothness_mean	smoothness_worst	0.805324
31	fractal_dimension_se	compactness_se	0.803269
32	compactness_se	fractal_dimension_se	0.803269
33	concavity_se	compactness_se	0.801268
34	compactness_se	concavity_se	0.801268
35	compactness_worst	concave points_worst	0.801080
36	concave points_worst	compactness_worst	0.801080

- Ta có thể thấy convavity, concave points,compactness cũng có sự tương quan rất lớn với nhau độ tương quan lớn hơn 0.8

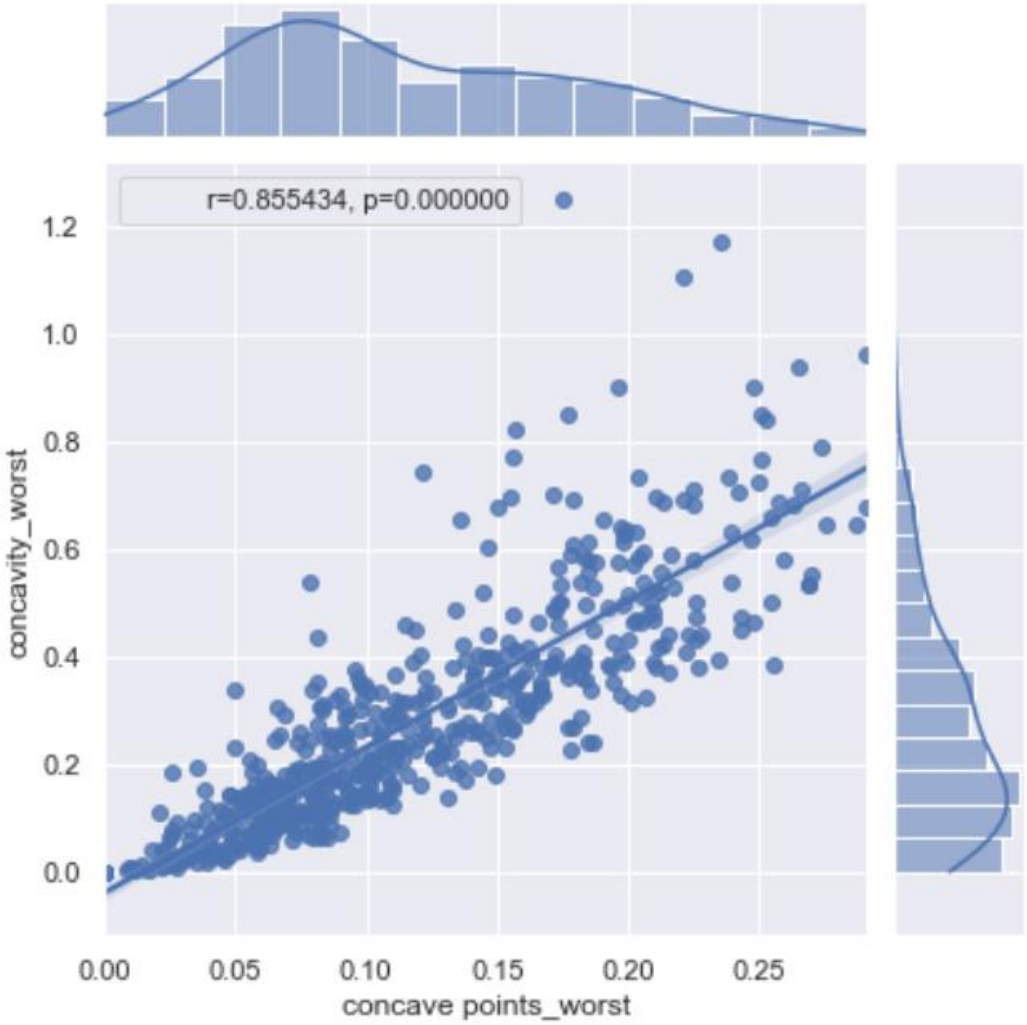
6. Thử vẽ ra concave points_worst và concavity_worst với độ tương quan >0.85

```
graph = sns.jointplot(x="concave points_worst", y="concavity_worst", data=feature_select, kind="reg")

r, p = stats.pearsonr(x=feature_select['concave points_worst'], y=feature_select['concavity_worst'])

phantom, = graph.ax_joint.plot([], [], linestyle="", alpha=0)

graph.ax_joint.legend([phantom],['r={:f}, p={:f}'.format(r,p)])
```



- Rõ ràng ta vẫn có thể nhìn thấy rõ được sự phụ thuộc của 2 thuộc tính concave points_worst và concavity_worst.
- Khi concave points_worst tăng thì concavity_worst cùng tăng
- Khi vẽ những biểu đồ liên quan trong 3 thuộc tính concavity, concave points,compactness thì cũng sẽ nhận thấy sự tương tự và bây giờ chúng ta sẽ đưa ra quyết định chọn 1 trong 3 để giữ lại.
    - Loại bỏ compactness trước vì
      compactness = (perimeter^2 / area - 1.0), perimeter và area có thể được tính bằng radius.
    - Loại bỏ concave points vì concavity là độ tập trung của các điểm cong trên viền nó đã thể hiện luôn phần nào vẽ những điểm cong là concave points. Bên cạnh đó khi ta tìm trên bảng các thuộc tính có độ

tương quan lớn hơn 0.8 có thể thấy radius và concave points có sự tương quan với nhau với 0.83. Một phần là vì khi bỏ thuộc tính này vào thì làm giảm độ chính xác của mô hình.

- Như vậy ta sẽ giữ lại các thuộc tính liên quan đến concavity và loại bỏ compactness và concave points
  - compactness_mean
  - concave points_mean
  - compactness_worst
  - concave points_worst
  - compactness_se
  - concave points_se

7. Các thuộc tính được giữ lại bao gồm 18 features:

```
drop_conPoint_compact = ['concave points_mean','concave points_se','concave points_worst',
    'compactness_worst','compactness_mean',
    'compactness_se']

# Updated scaled features dataset
features_scaled=df
feature_select = feature_select.drop(drop_conPoint_compact,axis = 1)
```

```
(569, 18)
```

```
num_rows,num_cols=feature_select.shape
print('Dữ liệu sau khi tiền xử lí bao gồm: {} dòng và {} cột'.format(num_rows,num_cols))
```

```
Dữ liệu sau khi tiền xử lí bao gồm: 569 dòng và 18 cột
```

- radius
- texture
- smoothness
- concavity
- symmetry
- fractal_dimension
- Ta sẽ không loại bỏ các giá trị mean, se, worst mặc dù chúng có độ tương quan cao giữa các tập giá trị.

V. Mô hình học máy

1. Tiến hành tách tập dữ liệu ra thành tập train và tập validation

- Chia thành tập X và y target(diagnosis).
- Tập train chứa 60%.
- Tập Valid chứa 40%.

```
y_sr = df["diagnosis"]
X_df = feature_select
```

```
# Tách tập huấn luyện và tập validation theo tỉ lệ 60%:40%
train_X_df, val_X_df, train_y_sr, val_y_sr = \
                              train_test_split(X_df, y_sr,
                                               test_size=0.4,
                                               stratify=y_sr,
                                               random_state=35)
```

2. Xử lí các giá trị bị thiếu

- Preprocessor: dùng để thay đổi các giá trị bị thiếu của các feature bằng giá trị mean của những feature đó. Khi người dùng nhập dữ liệu vào nếu nhập không đủ cho tất cả các features thì nó sẽ tự thay bằng mean.

```
numeric_features = train_X_df.keys()
numeric_transformer = Pipeline(
    steps=[("imputer", SimpleImputer(missing_values=np.nan, strategy='mean'))]
)


preprocessor = ColumnTransformer(
    transformers=[
        ("num", numeric_transformer, numeric_features),
    ],remainder="passthrough"
)
```

3. Chuẩn hóa dữ liệu

- StandardScaler: dùng để cân bằng giá trị dữ liệu giữa các cột giúp mô hình không quá tập trung vào một cột dữ liệu nào đó có giá trị quá lớn so với những cột còn lại.

4. Mô hình Multi-layer Perceptron Classifier

- Là một mô hình học có giám sát sử dụng thuật toán Backpropagation để huấn luyện tập dữ liệu.
- Với các thuộc tính của dữ liệu X và dữ liệu target y mô hình sẽ ước lượng và cho ra kết quả.
- Nó khác biệt với logistic regression là có thể sử dụng một hoặc nhiều layer gọi là hidden-layer.
- Các parameter:
  - hidden_layer_size=50: số neuron trong mỗi hidden-layer.
  - activation=relu: function dùng để kích hoạt hidden-layer.
  - solver=lbfgs: giải pháp cho việc tối ưu hóa các trọng số.
  - alpha: L2 pennalty, chỉ số alpha sẽ được thay đổi liên tục trong suốt quá trình huấn luyện để tìm được mô hình có độ chính xác cao nhất.
  - random_sate=0: số lần random cho các trọng số.
  - max_iter=10000: số lần lặp tối đa.

```
mlp = MLPClassifier(hidden_layer_sizes=(50),activation='relu', solver='lbfgs', alpha=1,
                    random_state=0, max_iter=10000)
```

5. Sử dụng Pipeline để kết hợp việc chuẩn hóa và mô hình

- Các giá trị alpha sẽ bao gồm [0,0.01,0.1, 1,5, 10,20,30,40,50] thay đổi qua các lần lặp.
- Sử dụng pipeline để fit với tập train.
- Sau đó tính toán độ chính xác trên tập train và tập valid rồi lưu vào từng list tương ứng.

- Tính thêm độ lỗi của mỗi mô hình với biến alpha khác nhau bằng cách sử dụng hàm cross_val_score với số lần lặp là 10 cho mỗi lần tính. Độ lỗi tính xong sẽ được lưu vào biến list error_rate kết quả này sẽ hỗ trợ ta chọn ra mô hình tốt hơn nếu các giá trị alpha cùng cho ra độ chính xác trên tập valid là như nhau.

```
full_pipeline=Pipeline(steps=[("preprocessor",preprocessor),("scal", StandardScaler()),("mlp",mlp)])
train_accs = []
val_accs = []
alphas = [0,0.01,0.1, 1,5, 10,20,30,40,50]
error_rate = []
best_val_acc = 0
best_alpha = None
for alpha in alphas:
        full_pipeline.set_params(mlp__alpha=alpha)
        full_pipeline.fit(train_X_df,train_y_sr)
        train_acc=np.sum(np.equal(train_y_sr, full_pipeline.predict(train_X_df))*100 / len(train_y_sr))
        val_acc=np.sum(np.equal(val_y_sr, full_pipeline.predict(val_X_df))*100 / len(val_y_sr))
        train_accs.append(train_acc)
        val_accs.append(val_acc)
        scores = cross_val_score(mlp, train_X_df,train_y_sr, cv=10, scoring='accuracy')
        error_rate.append(1 - scores.mean())
        if val_acc> best_val_acc:
            best_alpha=alpha
            best_val_acc=val_acc
```

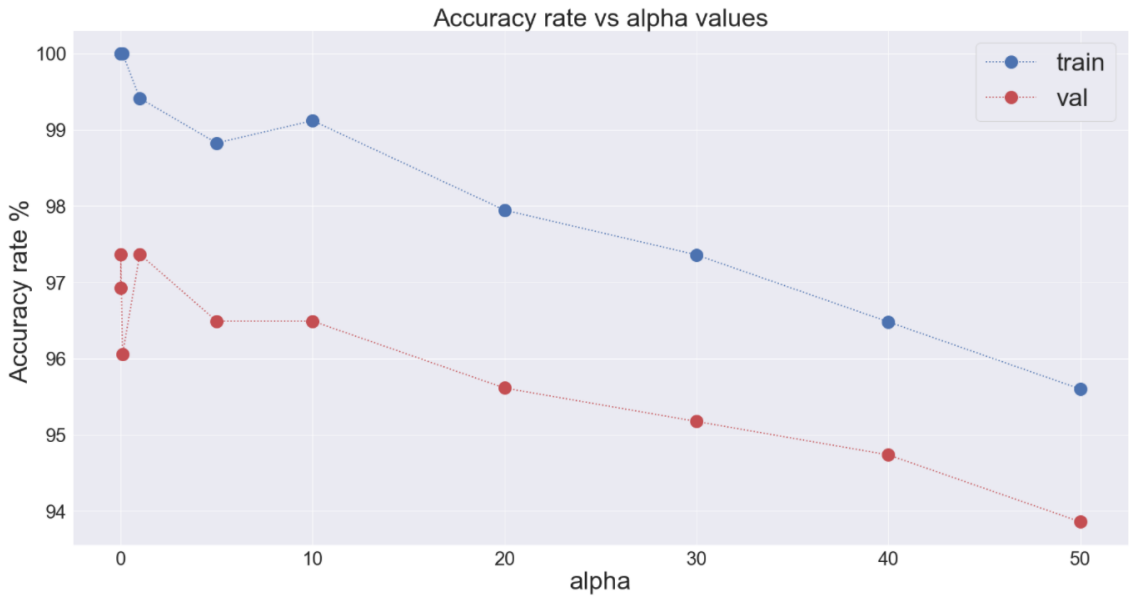
6. Trực quan hóa độ chính xác của mô hình qua các giá trị alpha

- Vẽ trên 3 điểm alpha đầu tiên do quá nhỏ so với biểu đồ lớn.

```
x = [0,0.01,0.1]
y1 = train_accs[:3:]
y2 = val_accs[:3:]
plt.plot(x, y1, "-b", label="train",linestyle='dotted',marker='o',linewidth=2, markersize=12)
plt.plot(x, y2, "-r", label="val",linestyle='dotted',marker='o',linewidth=2, markersize=12)
plt.legend(loc="upper right",fontsize=20)
plt.xlabel('alpha', fontsize=20)
plt.ylabel('Accuracy rate', fontsize=20)
plt.tick_params(labelsize=18)
plt.rcParams["figure.figsize"] = (30,15)
plt.title('Accuracy rate vs alpha values',fontsize=20)
plt.show()
```

- Vẽ trên toàn bộ điểm alpha.

```
x = alphas
y1 = train_accs
y2 = val_accs
plt.plot(x, y1, "-b", label="train",linestyle='dotted',marker='o',linewidth=2, markersize=20)
plt.plot(x, y2, "-r", label="val",linestyle='dotted',marker='o',linewidth=2, markersize=20)
plt.legend(loc="upper right",fontsize=40)
plt.xlabel('alpha', fontsize=40)
plt.ylabel("Accuracy rate % " , fontsize=40)
plt.tick_params(labelsize=30)
plt.title('Accuracy rate vs alpha values',fontsize=40)
plt.show()
```



- Ở tập train ta thấy gần như tỉ lệ chính xác của mô hình sẽ giảm dần khi alpha tăng lên. Vì khi tăng alpha sẽ giúp điều chỉnh độ phân tán của dữ liệu hay nói cách khác là làm giảm việc overfitting của dữ liệu do đó alpha thấp thì ở tập huấn luận mô hình gần như khớp với dữ liệu của tập huấn luyện nên cho kết quả 100% và khi alpha càng cao thì số điểm trên tập huấn luyện cũng càng giảm.

- Ở tập validation khi tăng alpha thì số điểm của mô hình trên tập validation sẽ tăng và ngược lại. Vì như đã nói ở trên thì khi tăng alpha sẽ làm giảm việc mô hình bị overfitting nên sẽ làm cho số điểm của mô hình trên tập validation ngày càng tăng.Tuy nhiênsố điểm của mô hình tăng đến ngưỡng trong trường hợp này là alpha=1 thì giảm khi lên 50 nghĩa là nếu tăng quá cao thì số điểm sẽ giảm xuống. Điều này là do nếu tăng alpha quá cao thì sẽ dẫn đến việc mô hình bị bias, việc giữa alpha ở mức ổn định không quá cao cũng không quá thấp sẽ giúp mô hình tránh bị overfitting hoặc underfitting.
- Kết quả cho thấy giá trị alpha tốt nhất là **0.01 và 1** với độ chính xác hơn 97%. Theo lý thuyết ta sẽ chọn alpha=1 vì nó sẽ giúp giảm overfitting trên mô hình nhưng để đảm bảo an toàn ta sẽ tiếp xem về độ lỗi khi alpha thay đổi.

7. Trực quan hóa độ lỗi của mô hình qua các giá trị alpha

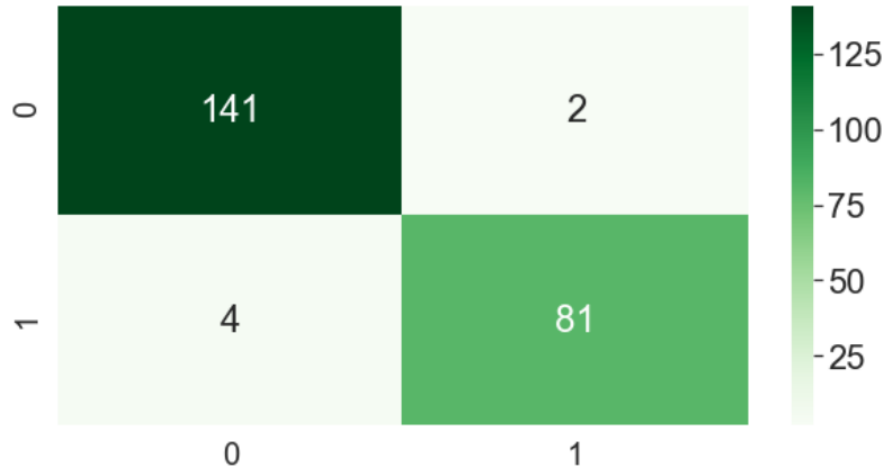
```
ax = sns.barplot(alphas,error_rate)
plt.xlabel('alpha', fontsize=20)
plt.ylabel('Error rate %', fontsize=20)
plt.title('Error rate vs alpha values')
rcParams['figure.figsize'] = 20,8
```

- Tiếp tục ta sẽ quan sát độ lỗi của các mô hình khi biến alpha thay đổi và ta thấy được:
  - Ta có thể thấy khi alpha tăng cao thì độ lỗi sẽ càng tăng.
  - Ở phía trên alpha=0.01 và alpha=1 cho độ chính xác cao nhất và đúng như dự đoán alpha=1 cho độ lỗi thấp hơn so với alpha=0.01 vì vậy chúng ta sẽ chọn alpha=1 sẽ được chọn làm mô hình chính để dự đoán cho app.

8. Kết quả confusion matrix của mô hình có alpha=1

```
full_pipeline.set_params(mlp__alpha=1)
full_pipeline.fit(train_X_df,train_y_sr)
predict=full_pipeline.predict(val_X_df)
```

```
rcParams['figure.figsize'] = 10,5
sns.heatmap(confusion_matrix(val_y_sr,predict), annot=True,cmap='Greens',fmt='g')
plt.tick_params(labelsize=20)
sns.set(font_scale=2)
```



- Từ đó ta có được ma trận và kết quả này sẽ được sử dụng để tính toán cho các thông số metric của mô hình để đưa ra kết luận chĩnh xác hơn:
  - TP(True positive): 141 lần dự đoán đúng bệnh nhân giai đoạn B.
  - TN(True negative): 81 lần dự đoán đúng bệnh nhân giai đoạn M.
  - FP(False positive): 4 lần dự đoán sai bệnh nhân giai đoạn B.
  - FP(False negative): 2 lần dự đoán sai bệnh nhân giai đoạn M.

9. Một vài thông số metrics của mô hình

Một vài thông số metrics của mô hình

```
print("Các thông số metrics của mô hình\n")
accuracy=np.sum(np.equal(val_y_sr, predict)*100 / len(val_y_sr))
print("accuracy=",accuracy,"\n")
print(classification_report(val_y_sr, predict))
```

```
Các thông số metrics của mô hình

accuracy= 97.36842105263156

              precision    recall  f1-score   support

           B       0.97      0.99      0.98       143
           M       0.98      0.95      0.96        85

    accuracy                           0.97       228
   macro avg       0.97      0.97      0.97       228
weighted avg       0.97      0.97      0.97       228
```

- Accuracy: độ chính xác mô hình trên tổng thể toàn bộ tập dữ liệu test, với độ chính xác hơn 97% thì có thể nói đây là một mô hình tốt, tuy nhiên để hiểu rõ hơn mô hình đã dự đoán tốt ở chỗ nào hay còn điểm nào chưa tốt thì ta tiếp tục với các thông số bên dưới.
- Precision: được định nghĩa là tỉ lệ số điểm true positive trong số những điểm được phân loại là positive, precision= TP/(TP+FP)
  - Ở đây ta có thể thấy tỉ lệ dự đoán đúng bệnh nhân đang ở giai đoạn đầu của bệnh ung thư là 97%.
  - Tỉ lệ dự đoán đúng của bệnh nhân đang ở giai đoạn mãn tính là 98%.
  - Hai con số này không có quá nhiều sự chênh lệch và đều rất cao chứng tỏ độ chính xác của các điểm tìm được là rất cao
- Recall: được sử dụng để đo phần nhỏ các mẫu tích cực được phân loại chính xác. Đối với lớp phủ định thì nó được gọi là tính đặc hiệu được tính bằng công thức recall= TP/(TP+FN
  - Kết quả recall của chẩn đoán ung thư giai đoạn đầu là 0.99.
  - Kết quả recall của chẩn đoán ung thư giai đoạn mãn tính là 0.95.
  - Nhìn sơ qua thì hai kết quả này đều rất cao tuy nhiên nó có phần hơi lệch quá cho việc chẩn đoán ra bệnh nhân đang ở giai đoạn đầu của bệnh ung thư, đây là một điều nên hạn chế và mô hình nên được chấn chỉnh lại để cho hai tỉ lệ gần cân bằng với nhau hoặc ít nhất tỉ lệ dự đoán ra M nên cao hơn dự đoán B một chút, vì nếu bệnh nhân ở giai đoạn mãn tính mà chẩn đoán ra giai đoạn đầu thì tới lúc phát hiện ra sự thật rất khó để cứu chữa.
  - Nguyễn nhân của việc lệch này có thể do số lượng bệnh nhân ung thư giai đoạn B có số lượng hơn 1.5 lần so với ung thư giai đoạn M

- F1-score: được tính theo trung bình của precision và recall, ta có hai kết quả không bị quá chênh lệch như ở recall và hai con số cũng gần tiệm cận đến 1 chúng tỏ, bộ phân lớp của mô hình là tốt.

VI. Xây dựng ứng dụng chẩn đoán bệnh bằng thư viện streamlit

1. Link video

- **Google drive:** **https://drive.google.com/file/d/1S2iLs32qcSCmJEqOb5KpYNY0NWRP1xMd/view?usp=sharing**
- **Youtube:** **https://youtu.be/FB00pRVL4H0**

2. Import thư viện

```
import streamlit as st
import math
from PIL import Image
```

- Sử dụng thư viện streamlit để xây dựng ứng dụng
- Đầu tiên sử dụng câu lệnh pip install streamlit để cài đặt thư viện
- Import thư viện streamlit và PIL để load hình ảnh

3. Vẽ các biểu đồ

```
1  st.sidebar.markdown("## Side Panel")
2  st.sidebar.markdown('Use this panel to explore the dataset and create own viz.')
3
4  def load_data(load_data,nrows):
5      df = pd.read_csv(load_data, nrows = nrows)
6      lowercase = lambda x:str(x).lower()
7      df.rename(lowercase, axis='columns',inplace=True)
8      return df
9
10
```

- Hàm load_data để load file dữ liệu vào, nrows là số dòng tối đa muốn load vào.
- st.header để in ra tiêu đề.
- data_load_state.text để thông báo về tình trạng load dữ liệu vào.

```
st.markdown("Tick the box on the side panel to explore the dataset."
if st.sidebar.checkbox('Basic info'):
    if st.sidebar.checkbox('Dataset Quick Look'):
        st.subheader('Dataset Quick Look:')
        st.write(df.head())

    if st.sidebar.checkbox('Num rows,Num cols'):
        st.subheader('Num rows,Num cols: ')
        st.write(df.shape)

    if st.sidebar.checkbox('Check Duplicate Rows'):
        st.subheader('Check Duplicate Rows: ')
        have_duplicated_rows=df.duplicated().any()
        if (have_duplicated_rows== True) :
            st.write("duplicated rows: True")
        else:
            st.write("duplicated rows: Flase")

    if st.sidebar.checkbox('Type Collumns'):
        st.subheader('Type Collumns List')
        string=df.dtypes
        st.write(string.astype(str))
        if st.sidebar.checkbox('object real type'):
                st.subheader('diagnosis collumn real type:')
                s=df['diagnosis']
                series= pd.Series(s)
                real_type=series.apply(lambda x : type(x))
                real_type=real_type.unique()
                dtypes = set(real_type)
                st.write(dtypes)
```

- Sau đó lần lượt kết hợp các if để tạo ra ô tích vào (check box) khi mà người dùng tick vào ô nào thì các nội dung của ô đó sẽ hiện ra, các nội dung như thống kê của dữ liệu sẽ được code trong các dòng code này, tương tự cho mục vẽ biểu đồ và dự đoán bệnh ung thư.

4. Triển khai mô hình phân lớp

```
    features_scaled=df
    features_updated = features_scaled.drop(drop_list,axis = 1)
    y_sr = df["diagnosis"] # sr là viết tắt của series
    X_df = features_updated
    train_X_df, val_X_df, train_y_sr, val_y_sr = \
                               train_test_split(X_df, y_sr,
                                                test_size=0.4,
                                                stratify=y_sr,
                                                random_state=35)
    numeric_features = features_updated.keys()
    numeric_transformer = Pipeline(
        steps=[("imputer", SimpleImputer(missing_values=0, strategy='mean'))]
    )

    preprocessor = ColumnTransformer(
        transformers=[
            ("num", numeric_transformer, numeric_features),
        ],remainder="passthrough"
    )
    preprocess_pipeline = Pipeline(
        steps=[("preprocessor", preprocessor), ("scal", StandardScaler())]
    )
    clf = MLPClassifier(hidden_layer_sizes=(50),alpha=3, activation='relu', solver='lbfgs',
                    random_state=0, max_iter=10000)
    full_pipeline=Pipeline(steps=[("preprocessor", preprocessor)
                                  , ("scal", StandardScaler()),("mlp",clf)])

    full_pipeline.set_params(mlp__alpha=1)
    full_pipeline.fit(train_X_df,train_y_sr)
```

```
radius_mean=np.nan
radius_se=np.nan
radius_worst=np.nan
texture_mean=np.nan
texture_se=np.nan
texture_worst=np.nan
smoothness_mean=np.nan
smoothness_se=np.nan
smoothness_worst=np.nan
concavity_mean=np.nan
concavity_se=np.nan
concavity_worst=np.nan
symmetry_mean=np.nan
symmetry_se=np.nan
symmetry_worst=np.nan
fractal_dimension_mean=np.nan
fractal_dimension_se=np.nan
fractal_dimension_worst=np.nan
```

```
 smoothness_mean= st.number_input('Insert a smoothness_mean')
 st.write('The current number is ', smoothness_mean)


 concavity_mean= st.number_input('Insert a concavity_mean')
 st.write('The current number is ', concavity_mean)

 symmetry_mean= st.number_input('Insert a symmetry_mean')
 st.write('The current number is ', symmetry_mean)


 fractal_dimension_mean= st.number_input('Insert a fractal_dimension_mean')
 st.write('The current number is ', fractal_dimension_mean)

 texture_se= st.number_input('Insert a texture_se')
 st.write('The current number is ', texture_se)


test = {
  'radius_mean': radius_mean,
    'texture_mean':texture_mean,
    'smoothness_mean':smoothness_mean,
    'concavity_mean':concavity_mean,
       'symmetry_mean':symmetry_mean,
    'fractal_dimension_mean':fractal_dimension_mean,
    'radius_se':radius_se,
    'texture_se':texture_se,
    'smoothness_se':smoothness_se,
    'concavity_se':concavity_se,
       'symmetry_se':symmetry_se,
    'fractal_dimension_se':fractal_dimension_se,
    'radius_worst':radius_worst,
    'texture_worst':texture_worst,
    'smoothness_worst':smoothness_worst,
    'concavity_worst':concavity_worst,
    'symmetry_worst':symmetry_worst,
       'fractal_dimension_worst':fractal_dimension_worst
}
```

```
test=pd.DataFrame(test,index =['1'])
count_features=np.count_nonzero(test.iloc[0])
st.write(count_features)
if(count_features >= 9):
    if st.button("Start the predict: "):
        a=full_pipeline.predict(test)
        st.subheader('final result')
        if a=="B":
            st.write("Benign Cancer")

        else:
            st.write("Malignant Cancer")
else :
    st.write("please input at least 9 values to predict")
```

- Kiểm tra số giá trị người dùng đã nhập vào đã đủ hoặc nhiều hơn 9 feature hay chưa(ví nếu quá ít feature sẽ dẫn đến chẩn đoán sai). Nếu đã đủ thì cho người dùng bấm nút Start the predict để tiến hành chẩn đoán.
- Trường hợp người dùng nhập không đủ 18 feature thì những giá trị thiếu sẽ được thay thế bằng giá trị trung bình của mỗi feature tương ứng.

5. Cách chạy ứng dụng

- Tạo nút để người dùng xác nhận các giá trị mình vừa nhập và in ra tình trạng bệnh.
- Sử dụng file AppDataVisualization.ipynb để xuất ra file AppDataVisualization.py và dùng Anaconda prompt cd đến đường dẫn chứa file, cuối cùng chạy câu lệnh streamlit run app.py để chạy ứng dụng.

VII. Tài liệu tham khảo

1. https://www.geeksforgeeks.org/scraping-covid-19-statistics-using-beautifulsoup/
2. https://www.topcoder.com/thrive/articles/data-visualization-with-streamlit-part-i
3. Lab03 môn Nhập Môn Khoa Học Dữ Liệu

4. **Homework3 và Đồ án cuối kì môn Lập Trình Cho Khoa Học Dữ Liệu**
5. **https://www.kaggle.com/code/jagadish13/wisconsin-breast-cancer-classification-using-knn**
6. **https://www.kaggle.com/code/yusueframadan/starter-breast-cancer-wisconsin-3bc4908e-4**
7. **https://www.kaggle.com/code/natigmamishov/knn-from-scratch-on-breast-cancer-dataset**
8. **https://towardsdatascience.com/build-your-first-data-visualization-web-app-in-python-using-streamlit-37e4c83a85db?fbclid=IwAR0ynsHBkttYs_3E74t8pjcjsYmIdxVGczPKMeW1z3rPxq95rxPBlP4fhHw**